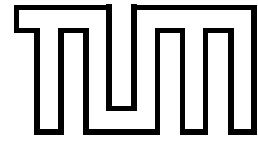


Institut für Informatik
der Technischen Universität München



Orthopädische Navigation auf der Basis von Kernspin-Bilddatensätzen

Dissertation

Stefan Burkhardt

Institut für Informatik
der Technischen Universität München
Lehrstuhl Univ.-Prof. Dr. B. Radig

**Orthopädische Navigation auf der
Basis von Kernspin-Bilddatensätzen**

Stefan Burkhardt

Vollständiger Abdruck der von der Fakultät für Informatik der Technischen Universität München zur Erlangung des akademischen Grades eines

Doktors der Naturwissenschaften (Dr. rer. nat.)

genehmigten Dissertation.

Vorsitzender: Univ.-Prof. R. Bayer, Ph.D.

Prüfer der Dissertation:

1. Univ.-Prof. Dr. A. Schweikard
Universität zu Lübeck
2. Univ.-Prof. Dr. Th. Huckle

Die Dissertation wurde am 22.09.2003 bei der Technischen Universität München eingereicht und durch die Fakultät für Informatik am 17.12.2003 angenommen.

Kurzfassung

Computergestützte Systeme für orthopädische Operationen verwenden präoperativ erstellte 3D-Daten zur Planung und Unterstützung der chirurgischen Eingriffe. Die dominierende Bildgebungsmodalität ist hierbei die Computertomographie (CT). Sie liefert hochaufgelöste und geometrisch korrekte dreidimensionale Datensätze der betreffenden Region des Patienten. Nachteilig ist die Belastung mit ionisierender Strahlung, der der Patient während der Aufnahme der Datensätze ausgesetzt ist und der geringe Weichteilkontrast. Eine in diesen Punkten bessere Bildgebungsmodalität ist die Kernspintomographie (MR-Tomographie). Sie gilt als gesundheitlich unschädlich für den Patienten und bietet einen hohen Weichteilkontrast.

Das Ziel dieser Arbeit ist die ausschließliche Verwendung von MR-Daten in der computergestützten orthopädischen Navigation. Problematisch dabei ist, daß MR-Daten geometrisch verzerrt sind. Die Verzerrungen entstehen durch das unterschiedliche magnetische Verhalten des menschlichen Körpers und der Luft im MR-Scanner. Sie sind individuell vom Patienten abhängig. Der Einsatz von MR-Daten in der Navigationsumgebung erfordert daher zunächst eine geometrische Korrektur der Daten. Zwei weitere entstehende Probleme sind die Segmentierung der MR-Daten und die intraoperative Registrierung der Daten auf den Patienten. Das Anliegen dieser Arbeit besteht in der Lösung dieser drei Probleme.

Zunächst werden die Daten segmentiert. Das Ergebnis der Segmentierung wird an zwei Stellen verwendet: Für die geometrische Korrektur müssen wir zwischen Gewebe und Luft (Hintergrund) unterscheiden können. Weiterhin wird eine Referenzstruktur, der Knochen, für die Planung und intraoperative Lageerkennung benötigt. Sind mehrere Datensätze vorhanden, müssen die Daten zunächst aufeinander registriert werden. Hierfür kommen Mutual Information und χ^2 -basierte Registrierungsverfahren mit einer rigiden Abbildung zum Einsatz. Die Segmentierung erfolgt einzeln in den 2D-Schichten oder für das gesamte 3D-Volumen. Hierbei wird darauf geachtet, die Interaktion mit dem Anwender auf ein Minimum zu begrenzen. Gleichzeitig wird eine einfache Möglichkeit zum Eingriff in den Prozeß geboten.

Ein zentrales Anliegen dieser Arbeit ist die Erfassung der geometrischen Verzeichnungen und deren Korrektur. Es wird ein schnelles, multigridbasiertes numerisches Verfahren angewandt, um die Verteilung der magnetischen Feldstärke im MR-Scanner während der Aufnahme zu berechnen. Mit diesem Verfahren werden die zu erwarteten Verzeichnungen berechnet und analysiert. Weiterhin werden Verfahren für die geometrische Korrektur vorgestellt.

Ein dritter Schwerpunkt der Arbeit ist die intraoperative Registrierung der Daten. Aus Geschwindigkeitsgründen erfolgt eine Trennung in die initiale Lageerkennung und die Nachoptimierung. Für die initiale Lageschätzung muß der Anwendung einige, wenige anatomische Strukturen markieren. Diese sind leicht auffindbar und werden für eine erste Registrierung verwendet. Das Ergebnis wird während der Nachoptimierung verfeinert. Hierfür kommt ein schnelles, Octree-Spline basiertes Verfahren zum Einsatz.

Danksagung

Die vorliegende Arbeit entstand während meiner Tätigkeit am Lehrstuhl für Bildverstehen und Wissensbasierte Systeme der Fakultät für Informatik an der Technischen Universität München.

Meinem Doktorvater, Herrn Prof. Achim Schweikard, danke ich für die Möglichkeit, die Arbeit in einer interessanten Thematik schreiben zu können und für die wohlwollende Betreuung.

Ebenfalls danke ich Herrn Prof. Thomas Huckle für die bereitwillige Übernahme des zweiten Gutachtens.

Ein besonderer Dank gilt auch meinem klinischen Kooperationspartner, Herrn Dr. Rainer Burgkart, aus dem Klinikum rechts der Isar in München. Er stand stets als Diskussionspartner zur Verfügung und ermöglichte durch seine Begeisterung gegenüber neuen Ansätzen und sein Engagement die Beschaffung der Bilddaten sowie eine klinische Evaluierung der Registrierungsverfahren in Kapitel 7.

Meinen Kollegen möchte ich für die gute Zusammenarbeit danken. Insbesondere seien an dieser Stelle Michael Roth und mein Zimmerkollege Ernst Bartels erwähnt. Sie standen während der Entstehung der Arbeit stets als diskussionsfreudige Ansprechpartner zur Verfügung.

Meinen Eltern danke ich für ihre Unterstützung während der Zeit meines Studiums und der Promotion sowie für die ohne Frage aufwändige orthographische Durchsicht der Arbeit.

Danke!

München, den 18. September 2003

Stefan Burkhardt

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
1.1	Umfeld	1
1.2	Ziele	1
1.3	Computerunterstützte Navigation	2
1.3.1	MR-Tomograph	3
1.3.2	Das Fluoroskopiesystem	3
1.3.3	Echtzeit-Tracking	3
1.4	Übersicht	4
2	Stand der Forschung	7
2.1	Orthopädische Navigation	7
2.1.1	Orthopädische Eingriffe	7
2.1.2	Klinische Anwendung in der Orthopädie	9
2.2	Probleme bei MR-basierter Navigation	10
2.3	Ansätze zur Verzeichnungskorrektur	10
2.4	Registrierung	13
3	MR-Tomographie	15
3.1	Grundlagen	15
3.2	Kontrastparameter	17
3.3	Ortskodierung	19
3.3.1	Schichtauswahl	19
3.3.2	Frequenzkodierung des Echos	20
3.3.3	Phasenkodierung des Echos	20
3.3.4	3D-MR-Sequenzen	21
3.4	Verzeichnungen	22
3.4.1	Ursachen	22
3.4.2	Auswirkungen auf die Ortskodierung	23
3.4.3	Verzeichnungen im Datensatz	25
4	MR-Segmentierung	27
4.1	Motivation	27
4.2	Unterschiede zur CT-Segmentierung	28
4.3	Definitionen	29
4.3.1	Bilder	29

4.3.2	Histogramme	31
4.3.3	Räumliche Transformationen	31
4.4	Registrierung	31
4.4.1	Rigide und affine Abbildungen	32
4.4.2	Ähnlichkeitsfunktionen	34
4.4.3	Optimierung	35
4.4.4	Implementierung	37
4.4.5	Praktische Ergebnisse	38
4.5	Ansätze zur Segmentierung	38
4.6	2D-Segmentierung	40
4.6.1	Livewire und Livelane	40
4.6.2	Texturbasierte geodätische aktive Konturen	41
4.7	3D-Segmentierung	45
4.8	Fazit	47
5	Verzeichnungsanalyse	49
5.1	Das magnetische Feld	49
5.1.1	Magnetische Eigenschaften	49
5.1.2	Berechnung des Magnetfeldes	49
5.2	Lösungsansätze	50
5.3	Numerische Berechnung des B-Feldes	51
5.3.1	Überführung der Differentialgleichung in eine Differenzgleichung	51
5.3.2	Multigrid-Löser	53
5.3.3	Implementierung	55
5.3.4	Vergleich des berechneten Feldes mit Referenzmethoden	56
5.4	Verzeichnungsanalyse	60
5.4.1	Distaler Femur	60
5.4.2	Unterleib	64
5.4.3	Femur mit Titanimplantat	64
5.5	Fehlerbetrachtungen	66
5.5.1	Vergleich zwischen individueller und allgemeiner Zuweisung von Suszeptibilitäten	66
5.5.2	Berücksichtigung der Gradientenfelder bei der Feldberechnung	67
5.6	Verzerrungsfreie MR-Sequenzen	68
6	Geometrische Korrektur von MR-Daten	73
6.1	Grundlagen	73
6.2	Korrektur durch Berechnung der Magnetfeldverteilung	74
6.2.1	Algorithmen	74
6.2.2	Entzerrung eines Datensatzes	75
6.2.3	Evaluierung	75
6.2.4	Verbesserung am Beispiel MR/CT-Registrierung	79
6.3	Modellbasierte geometrische Korrektur	82
6.3.1	Grundlagen	82
6.3.2	Erstellung einer Datenbank	83
6.3.3	Matching einer individuellen Anatomie	83

6.3.4	Evaluierung	85
6.4	Experimentelle Messung der Feldverteilung	88
6.5	Bestimmung von Sequenzparametern	88
6.5.1	Auslesen aus dem Gerät	89
6.5.2	Bestimmung aus den Sequenzinformationen	90
6.5.3	Bestimmung durch Kalibrierung	93
7	Intraoperative Registrierung	99
7.1	Ziel	99
7.2	Segmentierung der Fluoroskopieaufnahmen	99
7.3	Initiale Registrierung	102
7.3.1	Bestimmung anatomischer Strukturen am proximalen Femur	102
7.3.2	Automatische Lageschätzung am proximalen Femur	112
7.3.3	Bestimmung anatomischer Strukturen am distalen Femur	117
7.4	Nachoptimierung	118
7.4.1	Rekonstruktion eines 3D-Datensatzes aus den Fluoroskopieaufnahmen	119
7.4.2	Registrierung anhand ausgeprägter Objektkanten	120
7.5	Anmerkung zur Wahl der Aufnahmerichtungen	123
8	Zusammenfassung	129
A	Kalibrierung des C-Bogen-Systems	131
A.1	Aufgabe	131
A.2	Intraoperative Kalibrierung	132
B	Ähnlichkeitsfunktionen in der Bildregistrierung	135
B.1	Mutual Information	135
B.2	Chi-Quadrat-basierte Ähnlichkeitsfunktion	136
C	Implementierung der geodätischen, aktiven Konturen	139
	Literaturverzeichnis	141

Abbildungsverzeichnis

1.1	Fluoroskopiesystem	3
1.2	Tracking-Marker an chirurgischen Instrumenten und Referenzrahmen an einem Femur	4
1.3	Ein optischer Tracker verfolgt die Position eines Knochens	5
2.1	Orthopädische Eingriffe	8
3.1	Ausrichtung der magnetischen Momente in einem statischen Magnetfeld.	16
3.2	Die Bildung des Echos im MR	19
3.3	Auswirkung einer Abweichung vom Magnetfeld auf einzelne Punkte	26
4.1	MR- und CT-Aufnahme des distalen Femurs	28
4.2	Das Koordinatensystem eines Datensatzes	29
4.3	Die Schnittebenen des menschlichen Körpers	30
4.4	Uphill-Simplex-Algorithmus zum Maximieren einer Funktion $F : \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}$	36
4.5	Ergebnisse der Registrierung	38
4.6	Mit Hilfe des Livewire-Verfahren segmentierte Kanten	42
4.7	Segmentierung mit dem Verfahren der geodätischen aktiven Konturen	44
4.8	T1- und T2-gewichtete MR-Aufnahme eines Oberschenkels und die Segmentierungen	48
5.1	Der Zusammenhang zwischen feinem und groben Netz im Multigrid-Verfahren	55
5.2	Vorgehen für die Berechnung von Φ_M	56
5.3	Magnetisches Feld für eine Kugel	57
5.4	Feldverteilung entlang der z-Richtung	58
5.5	Feldverteilung einer Kugel berechnet mit dem Verfahren nach Bhagwandien	59
5.6	MR-Daten, aufgenommene und berechnete Feldkarten	59
5.7	Axiale Schicht des Datensatzes vom Femur und Unterleib	61
5.8	Feldverteilung für einen Femur	62
5.9	Verschiebung eines Voxel abhängig von der Schicht	63
5.10	Verschiebung eines Voxels in verschiedenen Spalten	63
5.11	Vergleichung der Verzerrung mit und ohne Implantat	66
5.12	CT-Datensatz und die Segmentierung in Luft, Weichgewebe, Kortikalis und Spongiosa	67
5.13	Magnetisches Feld in einer Schicht eines Datensatzes für eine individuelle Zuweisung der magnetischen Suszeptibilitäten und der Annahme einer konstanten Suszeptibilität sowie die Differenz in der berechneten Feldstärke.	67
5.14	Fehler durch Annahme von idealen, linearen Gradientenfeldern während der Verzeichnungsanalyse	69

6.1	Die Schritte für eine geometrische Korrektur eines MR-Datensatzes	76
6.2	Mittlerer und maximaler Fehler bei der Verzeichnungskorrektur einer 3D-MR-Sequenz .	77
6.3	Mittlerer und maximaler Fehler bei der Verzeichnungskorrektur einer 2D-MR-Sequenz .	78
6.4	MR/CT-Registrierung vor und nach der geometrischen Korrektur	80
6.5	MI- und χ^2 -Kurve für die MR/CT-Registrierung vor und nach der Korrektur	81
6.6	Algorithmus zum Aufsuchen einer passenden Kontur in der Datenbank	84
6.7	Auswirkung der Anzahl der Stützstellen in der Referenz auf die Genauigkeit und die Rechenzeit der modellbasierten geometrischen Korrektur von MR-Daten.	87
6.8	Mittlerer und maximaler Fehler für die modellbasierte Entzerrung	87
6.9	Softwarebasiertes Einstellen der Sequenzdaten und Auslesen der Gradientenstärken im MR-Scanner	91
6.10	Absoluter und relativer Fehler der Gradientenbestimmung in einer 3D-MR-Sequenz . . .	96
6.11	Relativer Fehler der Gradientenbestimmung in einer 2D-MR-Sequenz	97
7.1	Fluoroskopieaufnahmen des proximalen und distalen Femurs	100
7.2	Änderung in der Kontur der äußeren Kortikaliskante abhängig von der Kameraposition am Beispiel eines proximalen Femurs	101
7.3	Anatomie des Femurs.	103
7.4	Schematische Darstellung eines proximalen Femurs	105
7.5	Femurkopf, -hals, -schaft und Trochanter minor in Fluoroskopieaufnahmen	106
7.6	Aus zwei 2D-Fluoroskopieaufnahmen rekonstruierte 3D-Geometrie des proximalen Femurs	106
7.7	Initiale Registrierung anhand der nutzerdefinierten Strukturen am proximalen Femur . .	107
7.8	Schrittweise automatische Definition anatomischer Strukturen am Beispiel zwei verschiedener Fluoroskopieaufnahmen eines proximalen Femurs	114
7.9	Automatische Definition von Femurkopf, -hals und -schaft anhand eines 3D-Oberflächenmodells, Segmentierung und eingezeichnete Strukturen	115
7.10	Automatische Definition von Femurkopf, -hals und -schaft anhand eines in den 2D-Projektionen eines 3D-Oberflächenmodells	116
7.11	Berechnung der Zentrierung der Femurschaftachse	122
7.12	Position des 3D-Modells vor und nach der Registrierung	124
7.13	Rotatorische und translatorische Restfehler der Nachoptimierung in Abhängigkeit von der initialen Positionierung bei einem Aufnahmewinkel von 30° zwischen den Fluoroskopieaufnahmen.	125
7.14	Rotatorische und translatorische Restfehler der Nachoptimierung in Abhängigkeit von der initialen Positionierung bei einem Aufnahmewinkel von 60° zwischen den Fluoroskopieaufnahmen.	126
7.15	Rotatorische und translatorische Restfehler der Nachoptimierung in Abhängigkeit von der initialen Positionierung bei einem Aufnahmewinkel von 90° zwischen den Fluoroskopieaufnahmen.	127
A.1	Definition der Lochkamera im C-Bogen-System	132
A.2	Intraoperative Kalibrierung	133
A.3	Fluoroskopieaufnahmen mit Markern von der Kalibrierung	133

Tabellenverzeichnis

3.1	T_1 - und T_2 -Zeiten für verschiedene Gewebetypen bei einer Feldstärke von $B_0 = 1,5T$. . .	19
4.1	Ergebnisse (Abbildungsparameter) der Registrierung	39
5.1	Feldverteilung in einem Datensatz vom distalen Femur	61
5.2	Feldverteilung in einem Datensatz vom Unterleib	64
5.3	Feldverteilung in einem Datensatz vom distalen Femur mit einem hypothetischem Titanimplantat	65
5.4	Voxelgrößen und Gradientenstärken der betrachteten MR-Sequenzen	70
5.5	Berechnete maximale Verzerrungen der Voxel am distalen Femur für die MR-Sequenzen	70
6.1	Relevante Informationen im DICOM-Header	92
6.2	Parametersätze für die Positionierung des Referenzkörpers im MR-Scanner	96
7.1	Vergleich verschiedener Ansätze zur initialen Registrierung	102
7.2	Genauigkeit und Reproduzierbarkeit der Definition des Femurkopfes in 2D-Fluoroskopieaufnahmen.	110
7.3	Genauigkeit und Reproduzierbarkeit der Definition des Femurhalses in 2D-Fluoroskopieaufnahmen.	110
7.4	Genauigkeit und Reproduzierbarkeit der Definition der Femurschaftachse in 2D-Fluoroskopieaufnahmen.	110
7.5	Fehler bei der initialen Lageschätzung am proximalen Femur.	111
7.6	Fehler bei der automatischen initialen Lageschätzung am proximalen Femur.	113

Kapitel 1

Einleitung

1.1 Umfeld

Im Lauf der letzten Jahre nahm der Einsatz computergestützter Systeme im Operationssaal, beispielsweise in der Orthopädie oder der Neurochirurgie, sehr stark zu. Derartige Systeme dienen heute als wichtige Hilfsmittel zur Unterstützung komplizierter Operationen, wie z.B. beim Ersatz des Kniegelenks. Der Vorteil dieser neuen, computergestützten Techniken besteht in einer größeren Genauigkeit der Operationen bei einer gleichzeitigen Minimierung der notwendigen Verletzungen[95]. Der Zeitaufwand kann durch eine bessere präoperative Planung gesenkt werden. Schließlich werden weniger intraoperative Röntgenaufnahmen benötigt, wodurch sich die Strahlenbelastung sowohl für den Patienten als auch den Chirurgen minimieren läßt.

Die Aufgabe von computerunterstützter Navigation besteht momentan weniger in der Entwicklung vollkommen neuer Operationstechniken als vielmehr in der Unterstützung und Optimierung bei der Durchführung von Operationen. Diese Optimierung erstreckt sich auf vier Punkte [108]:

- Eine optimale präoperative Planung durch den Einsatz multimodaler Bilddaten, beispielsweise Kernspintomographie (auch MR-Tomographie) oder Computertomographie (CT),
- eine genaue Übertragung dieser Planung auf den Patienten während der Operation (Registrierung),
- minimale Invasivität, d.h. die Reduktion der Verletzungen während der Operation durch eine genaue Bestimmung der Zielregion, sowie
- die Erhöhung der Sicherheit bei komplizierten Eingriffen.

Eine bedeutende Optimierungsmöglichkeit kommt dabei dem intraoperativen Einsatz von präoperativ gewonnenen 3D-Bilddaten zu. Allerdings sind die ersten beiden Punkte eng miteinander verbunden. Der Einsatz von Bilddaten bestimmter Modalitäten zieht deshalb auch eine Optimierung in der intraoperativen Übertragung der Planung nach sich.

1.2 Ziele

Das Ziel dieser Arbeit besteht darin, die Möglichkeit von computerunterstützten orthopädischen Operationen zu untersuchen, die vollständig auf Kernspintomographie¹ basieren. Für diesen Ansatz sprechen

¹auch Magnetresonanztomographie (MR-Tomographie) genannt. Die Bilddaten werden in dieser Arbeit als Kernspin- bzw. MR-Daten bezeichnet.

die folgenden Gründe:

- Im Gegensatz zur Computertomographie (CT) ist der Patient bei der Kernspintomographie (MR-Tomographie) keinerlei ionisierender Strahlung ausgesetzt. Untersuchungen [99] zeigen, daß die Anwendung der MR-Tomographie keine schädigenden Wirkungen auf den Körper besitzt.
- Bestimmte Krankheitsbilder, wie beispielsweise initiale aseptische Knochennekrosen, lassen sich nur in MR-Bildern erkennen. Um derartige Läsionen mit computerassistierter Navigation anzubohren, ist das Einbringen von MR-Aufnahmen in die Navigationsumgebung erforderlich.
- Im Gegensatz zu CT-Aufnahmen besitzen MR-Aufnahmen einen weitaus besseren Weichteilkontrast.

Jedoch bringt der Einsatz von MR-Tomographie auch eine Reihe von Problemen mit:

- MR-Aufnahmen sind geometrisch verzeichnet.
- Die kortikale Knochenstruktur und die Knochenhaut können im MR nicht voneinander abgegrenzt werden. Dies erschwert auch die intraoperative Lageerkennung.
- MR-Aufnahmen lassen sich erheblich schwerer segmentieren als CT-Daten.

Die Arbeit wird sich daher mit drei Schwerpunkten beschäftigen:

- Die MR-Daten müssen segmentiert werden. Ein Ziel dabei ist, die Interaktion mit dem Anwender auf ein minimal notwendiges Maß zu beschränken. Gleichzeitig sollen aber auch Möglichkeiten für eine manuelle Steuerung offen gehalten werden. Werden Daten aus mehreren Datensätzen verwendet, ist zusätzlich eine Registrierung der einzelnen Datensätze erforderlich. Das Ergebnis dieses Segmentierungsschrittes ist ein 3D-Modell des Knochens und insbesondere der Zielregion.
- Es erfolgt eine Analyse und Korrektur der geometrischen Verzeichnungen. Es muß erkannt werden, ob der Datensatz von geometrischen Verzeichnungen betroffen ist. Sind derartige Verzeichnungen vorhanden, muß eine Korrektur derselbigen erfolgen. An dieser Stelle ist es für einen praktischen Einsatz äußerst wichtig, daß die Verfahren möglichst vollautomatisch und vor allem schnell arbeiten.
- Letztendlich muß die intraoperative Übertragung der Planung ermöglicht werden. Dies geschieht, indem das während der Segmentierung erstellte 3D-Modell auf dem Patienten registriert wird. Es ist ein schnelles, genaues und robustes Verfahren für diese Aufgabe erforderlich.

1.3 Computerunterstützte Navigation

Dieser Abschnitt beschäftigt sich mit den Komponenten eines Navigationssystems, die im Rahmen dieser Arbeit benötigt werden.

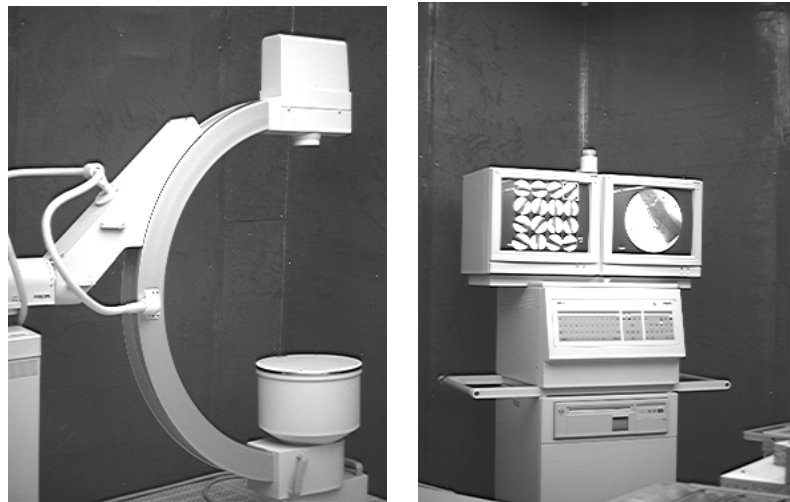


Abbildung 1.1: Fluoroskopiesystem

1.3.1 MR-Tomograph

Ein wesentlicher Bestandteil von Navigationssystemen ist die Verwendung von präoperativen 3D-Bild-daten. Es handelt sich dabei um Aufnahmetechniken zur Erstellung von Volumendatensätzen der be-trachteten Region. Als in Frage kommende Aufnahmetechniken stehen die Computer-Tomographie (CT) und die Kernspin- bzw. Magnetresonanztomographie (MR) zur Verfügung. Aus den bereits genannten Gründen wird in dieser Arbeit die Verwendung von CT-Daten ausgeschlossen. Es kommen ausschließlich MR-Daten zur Anwendung.

1.3.2 Das Fluoroskopiesystem

Für Referenzierungszwecke wird für die Navigation eine intraoperative Bildgebungsmodalität benötigt. Hierfür kann das Fluoroskopiesystem (C-Bogen), welches ohnehin oft bereits standardmäßig im Opera-tionssaal vorhanden ist, in den Navigationsprozeß eingebunden werden [105].

Das Fluoroskop ist ein mobiles Röntgengerät, bestehend aus einer Röntgenquelle und einem Bild-verstärker. Beide sind durch einen C-förmigen Arm fest miteinander verbunden (Abb. 1.1, links). Der Bildverstärker wandelt die einfallenden Röntgenstrahlen in ein digitales Bild um, welches sofort zur Verfügung steht (Abb. 1.1, rechts).

Intraoperativ wird das Fluoroskopiesystem bislang eingesetzt, um Röntgenbilder des Patienten zu erstellen. Dadurch kann die Chirurg beispielsweise die Lage von Implantaten beurteilen. Die Verstell-barkeit des Gerätes ermöglicht dabei eine weitgehend freie Wahl der Durchleuchtungsrichtung. Die Ein-bindung in die Navigationsumgebung erfolgt mit dem Ziel, intraoperativ Referenzdaten zu erhalten. Die präoperativen Daten werden auf diesen registriert.

1.3.3 Echtzeit-Tracking

Weiterhin wird für die Navigation die Möglichkeit benötigt, die Position sowohl der Zielregion im Pati-enten als auch die der chirurgischen Instrumente zu bestimmen.

Dafür werden auf den Instrumenten Marker angebracht (Abb. 1.2, links). Das zentrale Element des Trackingsystems ist eine Kamera, die diese Marker im Raum identifizieren und deren Position bestimmen

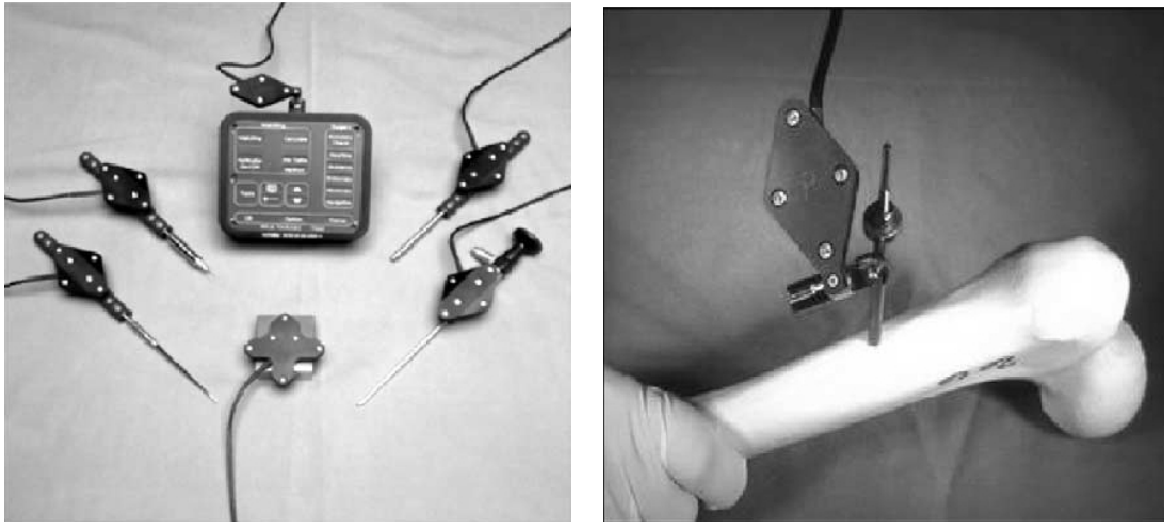


Abbildung 1.2: Tracking-Marker (LEDs) an chirurgischen Instrumenten (links) und Referenzrahmen an einem Femur (rechts). Quelle der Bilder: [95]

kann, Daraus wird die momentane Lage der Instrumente bestimmt [95].

Um eine weitgehende Freiheit während der Operation zu erreichen, muß die Lage der Zielregion im Patienten ebenfalls überwacht werden. Dafür wird ein spezieller Referenzrahmen am Knochen des Patienten angebracht (Abb. 1.2, rechts). Das System kann aus der Position dieses Rahmens die Lage der Zielregion bestimmen (Abb. 1.3).

Die Aufgaben des Trackingsystems erstrecken sich auf die folgenden Gebiete:

- Definition eines gemeinsamen Referenzkoordinatensystems für den Patienten, das Fluoroskopie-system und die chirurgischen Instrumente,
- Überwachung der Position und Orientierung des Fluoroskopiesystems während der Aufnahmen und
- Verfolgung der Zielregion sowie der Instrumente nach einer initialen Registrierung des 3D-Modells auf die Fluoroskopiedaten bzw. nach der Kalibrierung der Instrumente.

1.4 Übersicht

Neben dieser Einführung und der Zusammenfassung in Kapitel 8 besteht diese Arbeit aus sechs weiteren Kapiteln.

In Kapitel 2 wird zunächst ein Überblick über den aktuellen Stand der Technik in dem betrachteten Themengebiet gegeben. Im Vordergrund stehen existierende Ansätze zur Verzeichnungskorrektur in Kernspinaufnahmen und zur intraoperativen Lageerkennung. Ihre Vor- und Nachteile werden diskutiert.

Kapitel 3 beschäftigt sich mit den Grundlagen der Kernspin- bzw. Magnetresonanztomographie (MR). Es wird auf die Grundlagen der Bildentstehung eingegangen. Ein wesentlicher Bestandteil des Kapitels bildet die Ortskodierung im MR. Die grundlegenden Verfahren werden vorgestellt. Weiterhin wird auf die Ursache und die Art der Verzeichnungen eingegangen. Es erfolgt eine mathematische Analyse der geometrischen Verzerrungen.



Abbildung 1.3: Ein optischer Tracker verfolgt die Position eines Knochens. Quelle [95]

Für die präoperative Planung und die intraoperative Navigation ist die Erstellung von 3D-Modellen von bestimmten Strukturen erforderlich. In unserem Fall sind dies die knöchernen Strukturen. Die Erstellung dieser Modelle erfolgt aus einem oder mehreren Datensätzen. Werden mehrere Datensätze verwendet, müssen diese aufeinander registriert werden. Kapitel 4 beschäftigt sich mit Verfahren zur Registrierung und Segmentierung der MR-Daten. Dieses Kapitel baut teilweise auf der Diplomarbeit des Autors und den daraus entstandenen Veröffentlichungen [23, 26] auf.

Der Inhalt von Kapitel 5 umfaßt die Verzeichnungsanalyse in MR-Daten. Dafür ist es zunächst notwendig, die Verteilung der Feldstärke im MR-Scanner während der Bildaufnahme zu berechnen. Es wird ein schnelles, multigridbasiertes Verfahren für diese Berechnung vorgestellt. Die Ergebnisse werden mit existierenden analytischen und numerischen Lösungen für bekannte Objekte verglichen. Ein weiterer zentraler Punkt dieses Kapitels ist die Analyse der Stärke der in der Kernspintomographie zu erwartenden geometrischen Verzeichnungen. Dabei wird auch auf die Möglichkeit von Metallimplantaten im Aufnahmevolumen Rücksicht genommen. Schließlich beschäftigt sich das Kapitel mit einer kurzen Analyse sogenannter verzerrungsfreier MR-Sequenzen. Teile des Kapitels sind bereits in [28, 30] veröffentlicht worden.

In Kapitel 6 werden Verfahren vorgestellt, mit denen eine Korrektur der geometrischen Verzeichnungen in MR-Daten möglich ist. Ein erstes Verfahren leitet die während der Aufnahme aufgetretenen Verzeichnungen aus dem verzerrten Datensatz ab. Basierend auf den verzerrten Daten wird die Feldverteilung berechnet. Anschließend werden daraus die Stärke und die Richtungen der Verzeichnungen abgeleitet. Eine weitere Möglichkeit ist die modellbasierte Verzeichnungskorrektur. Ähnlich geformte Objekte werden auch zu ähnlichen geometrischen Verzeichnungen führen. Im Lauf der Zeit sammeln sich mit der Entzerrung von Datensätzen auch Informationen über die verzerrten Daten und die dazugehörigen

geometrisch korrigierten an. Das Ziel ist es, diese Informationen in eine Datenbank einzubringen. Aus der Datenbank soll dann ein passendes verzerrtes Objekt herausgesucht werden und aus der Kenntnis des dazugehörigen unverzerrten Originals die Korrekturinformationen abgeleitet werden. Außerdem wird die Möglichkeit vorgestellt, zusammen mit der Aufnahme der anatomischen Daten Feldkarten und damit Informationen über die Stärke der Verzeichnungen zu erstellen. Verfahren zur Bestimmung der für die Korrektur benötigten Informationen schliessen das Kapitel ab. Teile dieses Kapitels sind bereits in [24, 28, 29] veröffentlicht.

Ist die präoperative Planung abgeschlossen, müssen diese Daten im Operationssaal auf den Patienten registriert werden. Kapitel 7 beschäftigt sich mit Möglichkeiten dafür. Die vorgestellten Verfahren werden anschließend hinsichtlich ihrer Genauigkeit, Robustheit und Geschwindigkeit evaluiert. Teile des Kapitels enthält die Publikation [25].

Kapitel 2

Stand der Forschung

2.1 Orthopädische Navigation

Zunächst erfolgt ein Einblick in den Bereich der computergestützten, orthopädischen Operationen. Es werden in diesem Abschnitt verschiedene orthopädische Eingriffe sowie existierende Systeme zur Navigation in den jeweiligen Anwendungsfeldern vorgestellt.

2.1.1 Orthopädische Eingriffe

Nachfolgend werden fünf typische orthopädische Eingriffe beispielhaft beschrieben [107]. Es wird darauf eingegangen, wie sich Operationen durch den Einsatz von computerassistierter Navigation unterstützen lassen. Abbildung 2.1 zeigt eine Veranschaulichung der Operationen.

Zu den typischen orthopädischen Eingriffen gehören unter anderem die folgenden Operationen:

- Setzen von Pedikelschrauben

Bei dieser Operation werden einzelne Wirbel der Wirbelsäule fest mit einer Metallplatte verbunden, um die betroffenen Wirbel zu fixieren. Hierzu werden Schrauben in den Wirbelkörper eingebracht (Abb. 2.1, oben links). Die Schwierigkeit besteht darin, daß die einzelnen Schrauben entlang der Achse eines langen, dünnen Zylinders, der vollständig im Knochen liegt, eingebracht werden müssen. Eine hohe Genauigkeit ist notwendig, damit die Schraube vollständig im Knochen verläuft. Eine Fehlplatzierung kann zu Schäden an Nerven oder sogar dem Rückenmark führen. Mittels präoperativer 3D-Modelle lassen sich die Positionen der Schrauben und die Stellen, an denen sie eingesetzt werden, vorab planen. Die Navigation ermöglicht, die Schrauben auf die geplante Art und Weise während der Operation einzusetzen.

- Totaler Hüftgelenkersatz

Bei diesem Eingriff wird der Femurkopf vollständig entfernt und durch ein Implantat, bestehend aus einer Kugel und einem Schaft ersetzt (Abb. 2.1, oben rechts). Der Schaft wird in einen gefrästen Kanal am proximalen Ende des Femurknochens eingeführt. Dafür muß das Knochenende entsprechend ausgefräst werden. Der Schaft wird anschließend mittels Zement darin befestigt. Fehlplatzierungen sind häufig ein Grund für später auftretende Komplikationen. Eine sehr genaue Präparation der ausgefrästen Stelle kann es zudem ermöglichen, den Schaft ohne Zement zu befestigen und damit ein besseres Verwachsen mit dem Knochen zu gewährleisten. Computergestützte Systeme unterstützen den Chirurgen bei der Auswahl der Prothesen und der genauen Planung und

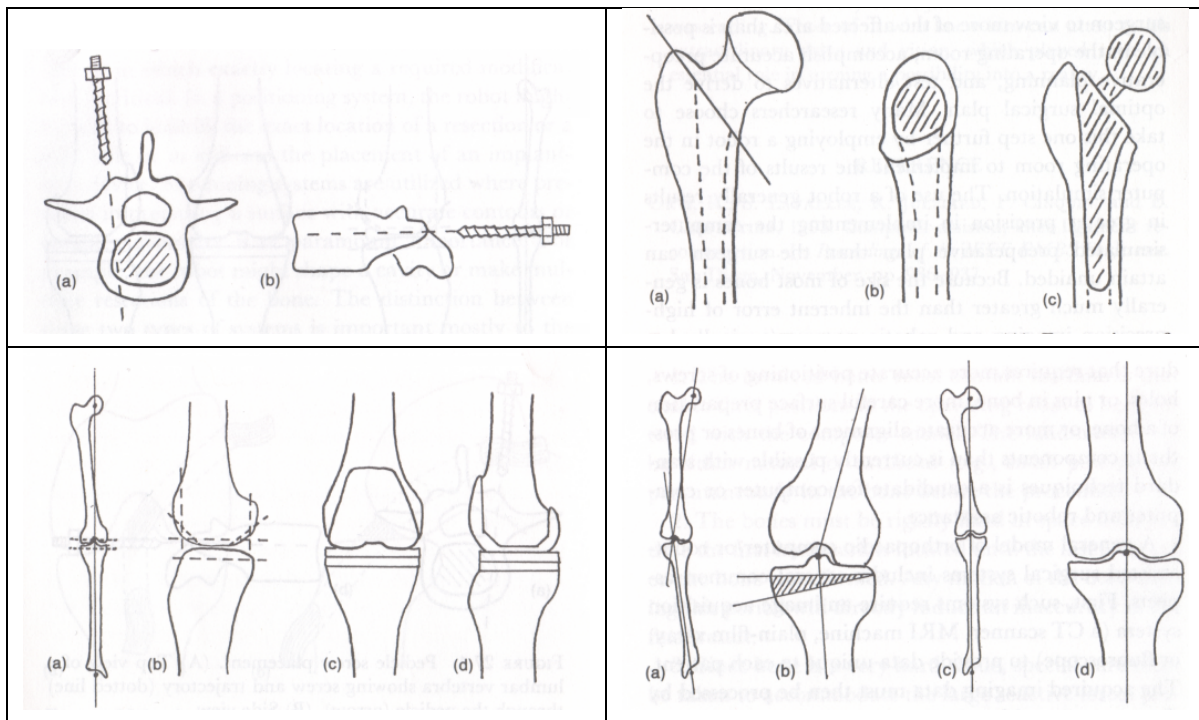


Abbildung 2.1: Orthopädische Eingriffe (Quelle [107]). Schematisch dargestellt ist das Einsetzen von Pedikelschrauben (oben, links), totaler Hüftgelenkersatz (oben, rechts), totaler Kniegelenkersatz (unten, links) und eine Umstellungsosteotomie (unten, rechts).

Durchführung der Operation. Sie können dabei nach der Auswahl und Ausrichtung des zu verwendenden Implantats die Fräsung genau planen. Intraoperativ läßt sich überwachen, ob die Fräsung genau mit der Planung übereinstimmt. Das Implantat wird entsprechend der Planung kontrolliert eingesetzt.

- Totaler Kniegelenkersatz

Bei einem totalen Kniegelenkersatz werden die Oberflächen des Kniegelenks durch Metall- und Plastikimplantate ersetzt (Abb. 2.1, unten links). Der Erfolg dieser Operation hängt von der Genauigkeit ab, mit der diese Implantate eingesetzt werden. Mittels Schablonen und Stangen werden vom Chirurgen die Achsen des Beines und die Ausrichtung der Prothesen bestimmt. Mit dem Einsatz von präoperativen 3D-Bilddaten ist es möglich, Informationen über das gesamte Bein bereitzustellen und u.a. die mechanischen Achsen des Femurs und der Tibia zu ermitteln. Dies ermöglicht dem Chirurgen die Auswahl der Implantate und die Bestimmung ihrer optimalen Position. Intraoperativ werden mit dem Navigationssystem die Achsen des Femurs und der Tibia am Patienten bestimmt. Navigierte Instrumente erlauben es dann, die präoperativ geplanten Schnitte und Knochenresektionen präzise durchzuführen.

- Osteotomien

Fehlausrichtungen der Knochen, wie beispielsweise des Femurs oder der Tibia, führen zu einer ungleichmäßigen Abnutzung der Kniegelenks. Wird die Fehlausrichtung rechtzeitig erkannt, bevor der Schaden zu groß geworden ist, kann eine Neuausrichtung der Knochen zu einer Heilung führen oder zumindest einen totalen Kniegelenkersatz verzögern. Während einer Osteotomie wird

die Ausrichtung des Knochens korrigiert, indem ein Stück aus ihm entfernt wird (Abb. 2.1, unten rechts). Für diese Korrektur macht der Chirurg zwei Schnitte an vorher genau geplanten Stellen (b) und fügt den Knochen neu zusammen (c). Der Knochen verheilt in der neuen Position, und das Ergebnis ist eine Neuausrichtung der Achsen (d). Mittels präoperativen 3D-Daten läßt sich die Operation am Computer genau planen und für verschiedene Planungsszenarien der Ergebnis berechnen. Die Navigation ermöglicht schließlich intraoperativ, die Schnitte an den geplanten Stellen durchzuführen und die Knochenteile wie geplant zusammensetzen [22].

- Traumachirurgie

Weitere orthopädische Eingriffe erfolgen beispielsweise in der Traumachirurgie. In diesem Fall geht es darum, lange Knochen nach Knochenbrüchen durch Verschrauben zu stabilisieren. Durch Navigationssysteme ist es möglich, die Position der Schrauben zu planen und zu kontrollieren. Die Ausrichtung der Knochenstücke kann vorab geplant und optimiert werden. Fehlausrichtungen der einzelnen Teile lassen sich dadurch vermeiden.

2.1.2 Klinische Anwendung in der Orthopädie

Nachfolgend werden beispielhaft einige, bereits im orthopädischen Umfeld eingesetzte Systeme zur computergestützten Operation näher beschrieben [95].

Die erste Anwendung von Navigationssystemen in der Orthopädie war für die Platzierung von Pedikelschrauben ausgelegt. Mit der herkömmlichen Technik, der Platzierung der Schrauben mit fluoroskopiebasierter Führung, trat eine Fehlplatzierung in bis zu 40% der Fälle auf [76].

Nolte et. al. stellen in [81, 82] ein System zur computergestützten Einbringung von Pedikelschrauben vor. Sie kombinieren präoperative CT-Aufnahmen mit intraoperativer, fluoroskopiebasierter Navigation. Die während der Operation freigelegte Rückseite der Wirbel des Patienten wird mit einem navigierten Instrument erfaßt. Die Abtastung vieler Punkte liefert eine Beschreibung der Oberfläche, die mit dem Wirbel aus dem präoperativen CT-Datensatz registriert wird. Durch eine Überwachung aller Instrumente ist es möglich, die jeweils aktuelle Lage der einzuführenden Schraube und ihrer Achse im CT-Datensatz zu visualisieren. Weiterhin ist eine Analyse möglich, was passiert, wenn die Schraube in der aktuellen Position eingesetzt wird. Potenzielle Fehlplatzierungen werden so frühzeitig erkannt, und es wird verhindert, daß die Schraube beim Einsetzen die knöchernen Strukturen verläßt und das Rückenmark beschädigt. Schlenzka et. al. [96] berichten von 95,7% korrekt im Pedikel positionierten Schrauben durch den Einsatz dieses Systems.

Weitere Navigationssysteme existieren in der Hüftchirurgie zur Unterstützung eines totalen Hüftgelenkersatzes. Die Navigation ermöglicht dabei sowohl den Einsatz des Hüftkopimplantates sowie auch der Hüftkopfflange. Ein sehr bekanntes System für diese Anwendung ist das System ROBODOC.

ROBODOC war das erste computer- und robotergestützte System, das Teile der Operation selbst ausführen konnte. Es besteht aus einer präoperativen Planungskomponente und einem Roboter mit fünf Freiheitsgraden für den intraoperativen Einsatz. Die präoperative Planung wird in CT-Daten durchgeführt. Mit ihr kann die optimale Ausrichtung für jeden Patienten individuell bestimmt werden. Anschließend werden die Planungsdaten zum Roboter übertragen, der das Ausfräsen des Knochens übernimmt. Studien zeigten, daß mittels ROBODOC eine signifikant bessere Ausrichtung der Prothesen erzielt werden konnte. Gleichzeitig wurde die Gefahr von Knochenbrüchen während der Operation reduziert [104].

Für die computergestützte Planung und Durchführung von Osteotomien präsentieren Langlotz et. al. [64] zwölf Fälle in der Behandlung. Alle Instrumente werden über das Navigationssystem verfolgt. Der Eingriff war in allen Fällen zufriedenstellend. Mittels Navigationssystemen ist ebenfalls eine präoperative Vorhersage des Ergebnisses möglich [80].

2.2 Probleme bei MR-basierter Navigation

MR-Aufnahmen finden in orthopädischen Navigationssystemen bislang nur eine geringe Verwendung. Meistens erfolgt eine Verwendung zusammen mit CT-Aufnahmen. Ein ausschließlicher Einsatz erfolgt nicht.

Als Gründe dafür können angesehen werden:

- MR-Aufnahmen enthalten geometrische Verzerrungen. Die abgebildeten räumlichen Verhältnisse stimmen mit den realen Gegebenheiten nicht genau überein. Diese Verzeichnungen sind durch das Aufnahmeverfahren bedingt. Allerdings erfordern Navigationsumgebungen geometrisch korrekte Aufnahmetechniken, um die hohen Anforderungen an die Genauigkeit erfüllen zu können. Um dies zu erfüllen, wird üblicherweise eine Aufnahmetechnik hinzugezogen, die frei von derartigen geometrischen Verzeichnungen ist, wie beispielsweise CT-Aufnahmen. Werden MR-Daten zur Navigation verwendet, erfolgt eine, zumeist elastische, Registrierung auf diese CT-Daten. Damit läßt sich die geometrische Verzeichnung erfassen und korrigieren.
- MR-Aufnahmen können keine kortikalen Knochenstrukturen abbilden. Die MR-Aufnahmetechnik kann nur Regionen abbilden, die möglichst viele Protonen, wie sie beispielsweise in Wasser oder Fett vorkommen, enthalten. Protonenarme Regionen können dagegen nicht abgebildet werden. Die äußere Struktur der Knochen, die Kortikalis, besteht zu einem großen Teil aus Kalziumkarbonat (CaCO_3) und ist protonenarm. Damit liefert sie kein Signal im MR. Allerdings basiert eine Reihe von intraoperativen Registrierungstechniken gerade auf der äußeren Kortikaliskante, da sie in Fluoroskopieaufnahmen sehr gut erkennbar ist. Zudem kann die Knochenoberfläche intraoperativ mit Zeigeinstrumenten abgetastet und zur Registrierung herangezogen werden.
- MR-Aufnahmen lassen sich schwerer segmentieren als CT-Daten. Der Grund dafür ist, daß MR-Daten kontrastreicher als CT-Aufnahmen sind, weshalb auch ein Einsatz in Navigationssystemen wünschenswert ist. Dies führt aber auch dazu, daß diese Bilder schwerer zu segmentieren sind. Während bei CT-Daten einfache schwellwertbasierte Verfahren oft schnell zum Ziel führen (beispielsweise zur Knochensegmentierung), schlagen diese bei MR-Aufnahmen dagegen fehl.

Damit erfordert der ausschließliche Einsatz von MR-Daten eine Korrektur der geometrischen Verzeichnungen ohne Zuhilfenahme von CT-Daten, effiziente Segmentierungsverfahren sowie modifizierte Verfahren zur intraoperativen Registrierung.

2.3 Ansätze zur Verzeichnungskorrektur

Jeder Stoff besitzt eine spezifische magnetische Eigenschaft, charakterisiert durch die magnetische Suszeptibilität bzw. Permeabilität. Die MR-Tomographie basiert auf der Grundlage, daß der Körper durch ein starkes, statisches Magnetfeld, das B_0 -Feld, magnetisiert wird. Es wird angenommen, daß dieses Feld

homogen ist. Dies ist in der Praxis allerdings nicht der Fall. Der Hauptgrund hierfür sind die unterschiedlichen magnetischen Suszeptibilitäten der Gewebe im Körper und der den Körper umgebenden Luft. Das Resultat ist eine Störung der Homogenität des B_0 -Magnetfeldes. Diese Inhomogenitäten führen sowohl zu geometrischen Verzeichnungen in den Daten als auch zu Intensitätsinhomogenitäten [11, 100].

Diese geometrischen Verzeichnungen sind kritisch für Anwendungen, die eine hohe Genauigkeit erfordern. Als Beispiele seien hierfür neben computerunterstützten Operationen auch stereotaktische Operationen am Gehirn [54, 86] sowie die Bestrahlungsplanung [14, 47, 78] erwähnt. In diesen Fällen wird übereinstimmend festgestellt, daß originale MR-Daten aufgrund ihrer geometrischen Inhomogenitäten für den Einsatz in Operationen, die eine sehr hohe Genauigkeit erfordern, nur bedingt verwendet werden können. Stattdessen werden geometrisch korrekte Referenzdaten oder Verfahren bzw. spezielle Aufnahmeprotokolle benötigt, die für geometrisch korrekte MR-Daten sorgen.

Bislang ist nur in sehr wenigen Arbeiten das Problem der Verzeichnungen in Kernspinaufnahmen betrachtet worden. Einige Publikationen beschäftigen sich mit den Auswirkungen, die die Verzeichnungen auf die medizinische Diagnostik haben [36, 45, 84, 98, 109]. Erste qualitative analytische Untersuchungen zu diesem Thema sind bei Bakker et. al. [7, 8] zu finden. Sie untersuchen den Einfluß unterschiedlicher magnetischer Suszeptibilitäten am Beispiel von Kugeln und Koaxialzylindern. Der Schwerpunkt liegt auf der Simulation von MR-Aufnahmen dieser Objekte und dem Vergleich mit den realen Aufnahmen derselben.

Eine wichtige Voraussetzung für die Analyse und Korrektur suszeptibilitätsbedingter geometrischer Verzeichnungen im MR ist die Möglichkeit, die Feldverteilung B im MR-Scanner, die während der Aufnahme herrschte, zu berechnen. Gegeben sind die statische Feldstärke B_0 des Scanners sowie die räumliche Verteilung der magnetischen Suszeptibilität χ bzw. Permeabilität μ . Für einfache räumliche Geometrien, wie homogene Kugeln und Zylinder, sind die resultierenden Maxwell'schen Gleichungen analytisch gelöst. Daneben existieren einige numerische Methoden [57]. Eine neuere Anwendung dieser Verfahren ist in Bhagwandien et. al. [13, 15, 16] zu finden, wo zwei numerische Verfahren zur Berechnung der Feldverteilung in 2D und 3D vorgestellt werden. Sie lösen die Maxwellgleichung

$$\operatorname{div}(\mu \nabla \Phi_M) = 0. \quad (2.1)$$

Das magnetische Potential Φ_M kann berechnet werden, wenn die Verteilung der magnetischen Permeabilität μ bekannt ist. Um diese Gleichung zu lösen, überführen sie Bhagwandien et. al. in eine Diffusionsgleichung und führen eine zusätzliche Koordinate, den Zeitparameter τ , ein. Die Lösung wird für $\tau \rightarrow \infty$ angenommen. Weiterhin werden Rand- und Anfangsbedingungen gesetzt. Die Werte von Φ_M für die erste und letzte Schicht werden aus der Kenntnis der statischen Feldstärke B_0 des Scanners gesetzt. Alle anderen Ränder werden so gesetzt, daß keine Gradienten über sie existieren. Dieser Ansatz ist der erste, welcher das magneto-statische Problem für eine beliebige Verteilung der magnetischen Eigenschaften löst. Jedoch besitzt er zwei Einschränkungen:

1. Es wird angenommen, daß das magnetische Feld stets parallel zur Schichtrichtung im MR-Datensatz verläuft. Allerdings ist es im MR möglich, im Gegensatz beispielsweise zum CT, die Schichtrichtung beliebig festzulegen. Daher stellt diese Annahme eine wesentliche Einschränkung dar.
2. Die Berechnung erfordert die Festlegung einer Schrittweite $\Delta\tau$. Die Geschwindigkeit wird davon wesentlich beeinflusst. Die optimale Wahl von $\Delta\tau$ ist aber bei jedem Datensatz verschieden, und selbst mit einem optimalen Wert ist die Berechnung sehr langsam. Bhagwandien berichtet von einer sechsständigen Berechnung für einen $64 \times 64 \times 64$ -Datensatz im Jahr 1994. Dieses Experiment

läßt sich heute in wenigen Sekunden wiederholen. Für einen MR-Datentyp mit typischer Größe ($256 \times 256 \times 100$ Voxel) beträgt die Rechenzeit heutzutage immer noch ca. vier Stunden¹.

Ein anderer Ansatz wird von de Munck et. al. [41] vorgestellt. Die Grenzen zwischen den Regionen mit unterschiedlichen magnetischen Suszeptibilitäten werden markiert und als Dreiecksfläche extrahiert. Anschließend kann die magnetische Feldstärke für jedes Voxel separat berechnet werden. Allerdings benötigt die Berechnung für größere Teile des Datensatzes noch immer viel Zeit. De Munck gibt an, daß die Rechenzeit in der Größenordnung des Ansatzes von Bhagwandien liegt [41]. Weiterhin sind die verwendeten Gleichungen nicht für Punkte definiert, die nahe den Grenzen zwischen Regionen mit unterschiedlichen Suszeptibilitäten liegen. Aber gerade diese Bereiche sind oft von Interesse, weil von ihnen die größten Inhomogenitäten ausgehen.

Die Abweichungen von der statischen Magnetfeldstärke führen sowohl zu geometrischen Verzerrungen als auch zu Intensitätsinhomogenitäten. Diese sind abhängig von der Art der Bilderzeugung. Für die Korrektur dieser Störungen existieren einige Verfahren. Sie werden unterteilt in Verfahren, basierend auf der Phasenkodierung [12, 77, 114], die Aufnahme von Verzeichnungsfeldern [56, 83] und feldkartenbasierte Methoden [59, 97].

- Verfahren, basierend auf Phasenkodierung, verwenden die Tatsache, daß in den räumlichen Richtungen, die mittels Phasenkodierung aufgenommen werden, keine geometrischen Verzerrungen auftreten. So werden beispielsweise bei der 3D-MR-Aufnahmetechnik die Schichtrichtung und eine Richtung innerhalb der Schicht mittels Phasenkodierung erstellt. Das Ergebnis ist, daß die Verzeichnungen minimiert werden und nur noch in einer räumlichen Richtung auftreten. Prinzipiell könnten auch alle drei Richtungen mittels Phasenkodierung aufgenommen werden. Allerdings führt dies zu einem starken Anstieg der Aufnahmezeiten in den Bereich von mehreren Stunden für eine einzige Aufnahme. Aus diesem Grund werden derartige Verfahren im medizinischen Bereich nicht eingesetzt und auch von keinem dem Autor bekannten MR-Scanner unterstützt.
- Eine weitere Möglichkeit ist die Erstellung und Verwendung von Verzeichnungsfeldern. Hierbei wird eine MR-Aufnahme von einem Phantom mit bekannter Geometrie erstellt. Das Phantom bildet den realen Körper in seiner Form und den magnetischen Eigenschaften nach. Ausgehend von der Aufnahme wird aus der Kenntnis der Geometrie ein Verzeichnungsfeld abgeleitet. Die Anwendung dieses Feldes auf die MR-Aufnahme eines Patienten soll ein unverzerrtes Bild liefern. Jedoch sind die Verzeichnungen abhängig von der genauen Form des Körpers. Weiterhin ist es mit einem derartigen Phantom nicht möglich, Verzerrungen im Inneren des Körpers zu erfassen.
- Schließlich existieren Verfahren, die auf experimentell aufgenommenen Feldkarten basieren. In diesem Fall wird die Feldverteilung während der Aufnahme im Scanner durch eine zusätzliche Aufnahme gemessen. Diese Verfahren kommen bei der geometrischen Korrektur von EPI-Sequenzen in funktionalen MR-Aufnahmen zum Einsatz [59, 97]. Sie ermöglichen eine direkte, patientenspezifische Methode für die Verzeichnungskorrektur. Weiterhin erübrigt sich die Lösung der Maxwell'schen Gleichungen. Nachteilig ist die zusätzliche Aufnahmezeit, die der Patient im MR-Scanner verbringen muß. Außerdem lassen sich diese Feldkarten nicht mehr zu einem späteren Zeitpunkt aufnehmen und einbringen.

¹Dieser und alle folgenden Versuche in dieser Arbeit verwenden als Rechner einen Intel Pentium III, 800 MHz unter Linux und g++.

Bhagwandien [13] stellt die These auf, daß die Korrektur von MR-Daten durch eine Simulation des MR-Aufnahmeprozesses auf den verzerrten Daten durchgeführt werden kann. Hierzu werden dieselben Sequenzparameter, aber mit negierten Gradientenstärken verwendet. Das Ergebnis ist ein Bild mit korrekten geometrischen Verhältnissen und korrigierten Intensitätsinhomogenitäten.

Dies führt auf die Frage, woher man die Sequenzparameter erhalten kann. Viele der Parameter sind im Normalfall in den Headern der Datensätze enthalten. Allerdings sind die Informationen über die Gradientenstärken, die für eine Korrektur äußerst wichtig sind, im allgemeinen nicht erhältlich. Arbeiten, die sich mit einer Messung der Gradientenstärken ohne einen Eingriff in die Interna des Scanner beschäftigen, sind auch keine bekannt.

Eine weitere Möglichkeit sind die sogenannten verzerrungsfreien MR-Sequenzen, wie sie von Martel et. al. [75] vorgestellt werden. Hierbei sollen durch speziell gesetzte Sequenzparameter die auftretenden Verzerrungen minimiert werden. Seinen Ansatz validiert Martel sowohl an künstlichen Objekten als auch an anatomischen Präparaten. Er kann eine Genauigkeit in der Größenordnung der als geometrisch korrekt geltenden CT-Daten nachweisen. Allerdings erfordert dieser Ansatz die Verwendung spezieller Sequenzen. Es ist nicht gesichert, ob bei einem konkreten MR-Scanner diese Sequenz verwendet werden kann. Im Normalfall hat der Anwender nur sehr geringe Möglichkeiten, neue Sequenzen einzustellen. Weiterhin erfolgt die Wahl der Sequenz zumeist unter diagnostischen Gesichtspunkten.

Chang und Fitzpatrick [33] stellen Aufnahmeprotokolle vor, in denen die Auswirkungen der Magnetfeldinhomogenitäten berücksichtigt werden sollen. Glowinski et. al. [46] versuchen, ein Modell zu entwickeln, um experimentell Artefakte von in den Körper eingeführten Nadeln zu separieren.

2.4 Registrierung

Ein weiteres Kapitel der Arbeit beschäftigt sich mit der intraoperativen Registrierung. Sie dient der Patientenlageerkennung und ist damit letztendlich die Voraussetzung für die Übertragung der präoperativen Planung in die intraoperative Umgebung. Intraoperativ werden Fluoroskopieaufnahmen des Patienten erstellt, die mit präoperativ erstellten 3D-Daten registriert werden. Für die Registrierung von präoperativen CT-Aufnahmen mit intraoperativen Fluoroskopiedaten existieren einige Arbeiten. Für das Problem der MR / Fluoroskopieregistrierung im orthopädischen Bereich ist keine Publikation bekannt.

Ein erstes betrachtetes Verfahren ist der Ansatz von Lavallée et. al. [65, 66]. Hierbei geht es darum, Objekte anhand ihrer Oberflächen zu registrieren. Sowohl im präoperativen 3D-Datensatz als auch in den intraoperativen 2D-Fluoroskopieaufnahmen müssen die Kanten des Objektes segmentiert werden. Von jedem Punkt der segmentierten Kanten in den Fluoroskopien wird der Projektionsstrahl zur Strahlenquelle betrachtet und der mittlere quadratische Abstand zum aktuell positionierten 3D-Modell ermittelt. Das Modell wird so gedreht und verschoben, daß der mittlere quadratische Abstand über alle Punkte minimiert wird. Implizit wird hierbei angenommen, daß nach einer Registrierung die Kontur des projizierten 3D-Modells mit den Kanten in den 2D-Aufnahmen genau zur Deckung kommt. Für den Fall der CT/Fluoroskopieregistrierung funktioniert das Verfahren sehr gut. In unserem Fall, der MR/Fluoroskopieregistrierung, sind die Ergebnisse nicht sehr genau. Der Grund ist, daß sich im MR nur der innere Teil des Knochens, die Spongiosa, abbildet. Dagegen ist in den Fluoroskopieaufnahmen nur die äußere Kortikalis gut zu erkennen und abzugrenzen. Ein Vorteil des Verfahrens ist seine Schnelligkeit in Kombination mit dem Octree-Spline-Ansatz [94].

Ein weiteres Verfahren ist der Ansatz von Hamadeh et. al. [52, 53]. In ihm werden die Registrierung und gleichzeitig die Segmentierung der Fluoroskopiedaten kombiniert. Als Voraussetzung ist wieder

eine Segmentierung der präoperativen CT-Daten erforderlich. Das resultierende 3D-Modell wird zur Registrierung herangezogen. Analog zu Lavallée et. al. gilt allerdings die Voraussetzung, daß in beiden Bildern die gleichen Kanten segmentiert werden können.

Ein weiterer Ansatz entstammt der Dissertation von Roth [93]. Aus dem CT-Datensatz werden Fluoroskopieaufnahmen simuliert und mit den real erstellten Aufnahmen verglichen. Durch Rotation und Translation des Datensatzes soll eine möglichst genaue Übereinstimmung mit den intraoperativen Bilddaten erreicht werden. Allerdings setzt dieses Verfahren voraus, daß sich die intraoperativen Bilddaten durch die korrekte Position des 3D-Datensatzes im Raum auch wirklich simulieren lassen. Im Fall der CT/Fluoroskopieregistrierung ist dies möglich, da CT-Datensätze aus Röntgenprojektionen, ähnlich den Fluoroskopiedaten, erstellt werden. Der umgekehrte Weg ist damit ebenfalls möglich. Die Grauwerte im MR und in den Fluoroskopiedaten sind allerdings in keiner Weise miteinander vergleichbar. Es besteht im allgemeinen auch kein funktionaler Zusammenhang zwischen ihnen. Daher ist dieses Verfahren in unserem betrachteten Fall nicht einsetzbar.

Kapitel 3

MR-Tomographie

In diesem Kapitel werden die grundlegenden Funktionsweisen der MR-Tomographie vorgestellt (siehe auch [79, 90, 91]). Desweiteren wird auf die Ursache und das Ausmaß der geometrischen Verzerrungen eingegangen.

3.1 Grundlagen

Der menschliche Körper besteht zu ungefähr 70% aus Wasser. Jedes Wassermolekül enthält zwei Wasserstoffatome (Protonen), die eine kovalente Bindung zu einem Sauerstoffatom eingehen. Damit enthält der Körper eines Erwachsenen ca. 5×10^{27} Wasserstoffkerne.

Aufgrund seiner subpartikulären Gestalt kann jeder Wasserstoffkern, d.h. jedes Proton, als eine sich drehende positive Ladung aufgefaßt werden. Dies führt zur Induktion eines zugehörigen magnetischen Feldes. Man sagt, das Proton besitzt ein magnetisches Moment und kann damit als ein kleiner Stabmagnet, mit Nord- und Südpol, betrachtet werden.

Im Normalfall, d.h. ohne ein externes Magnetfeld, sind diese magnetischen Momente zufällig im Raum orientiert. Von außen ist keine resultierende Magnetisierung meßbar. Wird jedoch ein externes Magnetfeld angelegt, so richten sich die magnetischen Momente entlang der Feldlinien aus. Die Ausrichtung erfolgt entweder parallel oder antiparallel zur Richtung des externen Feldes. Diese beiden möglichen Ausrichtungen sind ein Ergebnis der zwei möglichen, quantenmechanischen Zustände. Die parallele Ausrichtung repräsentiert einen energieärmeren Zustand als die antiparallele und wird daher bevorzugt angenommen. Die Verteilung zwischen den beiden möglichen Ausrichtungen folgt der Boltzmannstatistik. Bei einer Temperatur von 0 K (-273,15°C) sind alle magnetischen Momente parallel ausgerichtet. Bei Zimmertemperatur sind nahezu gleich viele Protonen parallel wie antiparallel ausgerichtet. Die Differenz der Anzahl der magnetischen Momente zwischen paralleler und antiparalleler Ausrichtung wird als Überschußspins bezeichnet. Bei einer Temperatur von 25°C und einem externen Magnetfeld der Stärke 1,5T kommen auf eine Million Protonen durchschnittlich fünf Überschußspins. Diese Überschußspins führen zu einer resultierenden Magnetisierung (Abbildung 3.1).

Diese wenigen Überschußspins erzeugen schon eine ausreichend starke Magnetisierung, die bei der MR-Tomographie ausgenutzt wird. Sowohl aus der Boltzmannstatistik als auch aus praktischen Beobachtungen ist ableitbar, daß die Anzahl der Überschußspins mit zunehmender Feldstärke wächst. Jedoch begrenzen andere Faktoren, wie gesundheitliche Risiken [99] und technische Grenzen [40], die verwendbaren Feldstärken.

Das Magnetfeld im MR-Scanner wird im folgenden entsprechend der vorherrschenden Konvention

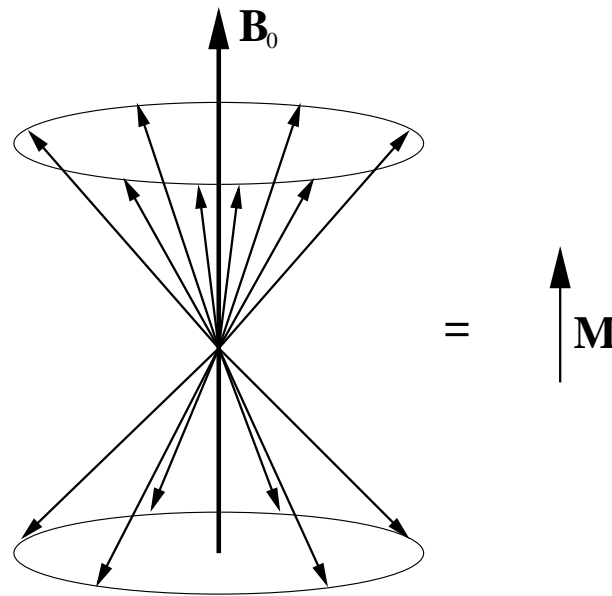


Abbildung 3.1: Ausrichtung der magnetischen Momente in einem statischen Magnetfeld B_0 . Die einzelnen Momente richten sich parallel bzw. antiparallel zur Richtung des Feldes aus. Die resultierende Magnetisierung wird durch den Magnetisierungsvektor \mathbf{M} beschrieben.

als \mathbf{B}_0 -Feld bezeichnet. Die Amplitude der Magnetisierung ist bestimmt durch das Verhältnis von parallelen und antiparallelen Ausrichtungen der magnetischen Momente. Die resultierende Magnetisierung wird im folgenden durch einen Vektor $\mathbf{M} = (M_x, M_y, M_z)^T$ mit euklidischer Norm M_0 beschrieben. Im Gleichgewichtszustand sind \mathbf{B}_0 und \mathbf{M} zueinander parallel. Ein kartesisches Koordinatensystem wird so definiert, daß seine positive z -Achse in Richtung des angelegten Magnetfeldes zeigt. In diesem Koordinatensystem gilt für die Magnetisierung im Gleichgewichtszustand $M_x = M_y = 0$ und $M_z = M_0$.

Wenn die Kerne entlang des Magnetfeldes ausgerichtet sind, so verbleiben sie nicht statisch in einer Position, sondern fangen an, eine Präzessionsbewegung auszuführen. Die Präzessionsgeschwindigkeit bzw. Kreisfrequenz ω wird durch die Feldstärke B des externen Magnetfeldes bestimmt und erfüllt die Larmorgleichung:

$$\omega = \gamma B . \quad (3.1)$$

γ bezeichnet das gyromagnetische Verhältnis und ist für Wasserstoff $\gamma/2\pi = 42,57\text{MHz/T}$.

Zur Erzeugung des MR-Signals wird der Gleichgewichtszustand gestört. Zu diesem Zweck wird kurzzeitig ein zweites Magnetfeld angelegt. Dieses Feld ist so gestaltet, daß es eine kohärente Auswirkung auf die Gesamtmagnetisierung hat. D.h., die Richtung des \mathbf{M} -Vektors bewegt sich allmählich und stetig von der z -Achse weg. Dies wird erreicht, indem dieses zweite Feld selbst um die z -Achse rotiert und zwar mit der Kreisfrequenz, die durch die Larmorgleichung gegeben ist.

Das rotierende Feld \mathbf{B}_1 besitzt eine Amplitude B_1 und erfüllt die Schwingungsgleichung

$$\mathbf{B}_1(t) = B_1 \cos(\omega_0 t) . \quad (3.2)$$

In der Praxis wird ein solches rotierendes magnetisches Feld durch einen Hochfrequenzpuls (HF-Puls) erzeugt. Der Winkel α zwischen der z -Achse und dem Magnetisierungsvektor, der sogenannte *Flip-Winkel*, hängt von der Stärke des zweiten Magnetfeldes B_1 und der zeitlichen Dauer τ des Pulses ab. Er

erfüllt die Gleichung

$$\alpha = \gamma B_1 \tau . \quad (3.3)$$

HF-Pulse werden normalerweise durch ihren resultierenden Flip-Winkel beschrieben. Beispielsweise führt ein 90° -Puls dazu, daß der Magnetisierungsvektor in die xy -Ebene ausgelenkt wird.

Wird während des Gleichgewichtszustandes ein 90° -HF-Puls geschaltet, ist der Magnetisierungsvektor \mathbf{M} hinterher in der xy -Ebene, senkrecht zur z -Achse, ausgerichtet. Allerdings hat keine Bewegung der Kerne stattgefunden, sondern lediglich eine Neuorientierung der Magnetisierung. Sofort nach dem Abschalten des HF-Feldes beginnt sich der Magnetisierungsvektor, um die z -Achse zu drehen und vollführt eine Präzessionsbewegung analog derer der Kerne im Gleichgewichtszustand. Alle Protonen sind in derselben Richtung orientiert und präzedieren mit der gleichen Geschwindigkeit, d.h. es besteht Phasenkohärenz. In einer senkrecht zur z -Achse stehenden Spule um das Untersuchungsvolumen führt dies zur Induktion einer Wechselspannung. Ihre Amplitude ist proportional zum xy -Anteil des Magnetisierungsvektors, die Frequenz gleich der Larmorfrequenz der Kerne. Das meßbare Signal wird als *Free Induction-Decay* (FID)-Signal bezeichnet.

3.2 Kontrastparameter

Die Amplitude des FID-Signals nimmt mit der Zeit ab. Der Grund dafür liegt in zwei verschiedenen Prozessen.

Der erste Prozeß ist die sogenannte longitudinale Relaxation, d.h., die Spins nehmen wieder ihren Gleichgewichtszustand ein. Während der Anregung wird den Kernen Energie zugeführt. Nach der Anregung ist der Gleichgewichtszustand der Spins gestört. Ohne einen weiteren HF-Puls beginnen die magnetischen Momente, sich wieder entlang des statischen Magnetfeldes auszurichten und nehmen so ihren Gleichgewichtszustand wieder ein. Bei diesem Prozeß wird die Energie, die während der Anregung aufgenommen wurde, wieder freigegeben. Die Wiederherstellung der z -Komponente der Magnetisierung in Abhängigkeit von der Zeit $M_z(t)$ kann durch eine exponentielle Funktion beschrieben werden, beeinflusst durch eine Zeitkonstante T_1 .

$$M_z(t) = M_0 \left(1 - e^{-\frac{t}{T_1}} \right) \quad (3.4)$$

Die T_1 -Konstante ist einerseits abhängig vom Gewebetyp, andererseits auch durch die Feldstärke B_0 bestimmt.

Aus Gleichung (3.4) ist ersichtlich, daß nach einer Zeit $t = T_1$ ca. 63 % der longitudinalen Komponente der Magnetisierung wiederhergestellt ist. Wird ein zweiter 90° -Puls nach dieser Zeit angelegt, hat das resultierende FID-Signal nur 63 % der Amplitude wie nach der vorhergehenden Anregung. Wenn die Zeit zwischen beiden Anregungspulsen den Wert $5 \cdot T_1$ überschreitet, werden mehr als 99 % der Kerne vom Anregungspuls erfaßt. Überschreitet die Zeit zwischen zwei Anregungspulsen, die Wiederholungszeit TR, fünf mal die längste T_1 -Zeit, die in den beobachteten Geweben erwartet werden kann, so werden identische Gewebetypen der folgenden Aufnahme mit gleichem Kontrast (Grauwert) dargestellt. Sind die Intervalle kürzer, werden die unterschiedlichen T_1 -Zeiten zu einer unterschiedlichen, für die Wiederanregung zur Verfügung stehenden, Magnetisierung führen. D.h., gleiche Anzahlen von Protonen in Geweben mit unterschiedlichen T_1 -Zeiten werden zu einem unterschiedlich starken Signal führen. Das bildet die Grundlage für den T_1 -Kontrast, bei dem die Intensität nicht nur die Protonendichte, sondern auch den lokalen T_1 -Wert widerspiegelt. Die Wiederholungszeit TR ist ein Parameter, der vom Anwender kontrolliert wird. Eine lange TR-Zeit führt zu einer Unempfindlichkeit des FID-Signals von dem

T_1 -Wert des Gewebes. Durch eine, relativ zu den T_1 -Zeiten, kurze TR-Zeit läßt sich eine Abhängigkeit des Signals von den T_1 -Zeiten erreichen.

Neben der T_1 -Konstanten bewirken allerdings noch andere Faktoren den Zerfall des FID-Signals. Denn, obwohl sich der longitudinale Relaxationsprozeß über einen Zeitraum von mehreren Sekunden hinzieht, nimmt die Amplitude des FID-Signals weitaus schneller ab. Der Grund liegt in den individuellen Komponenten der Magnetisierung, die geringfügig unterschiedliche Präzessionsgeschwindigkeiten besitzen. Im Lauf der Zeit nimmt die Amplitude des \mathbf{M}_{xy} -Vektors durch den Verlust der Phasenkohärenz ab. Die Magnetisierung in der xy -Ebene läßt sich durch folgende Gleichung beschreiben:

$$M_{xy}(t) = M_{xy}(0)e^{-\frac{t}{T_2^*}} . \quad (3.5)$$

Für einen 90° -Puls ist $M_{xy}(0)$ gleich dem Wert M_z zu Beginn des Anregungspulses. Der exponentielle Zerfall wird durch eine Zeitkonstante T_2^* bestimmt. Diese charakterisiert, wie schnell die Phasenkohärenz verloren geht. Der Grund für den Verlust dieser Phasenkohärenz liegt darin, daß die verschiedenen magnetischen Momente nach der Anregung mit unterschiedlichen Larmorfrequenzen präzedieren [90]. Dies ist bedingt durch lokale Feldinhomogenitäten und die Tatsache, daß die Larmorfrequenz direkt proportional zur lokalen magnetischen Feldstärke ist.

Neben statischen Feldinhomogenitäten, die durch eine Zeitkonstante T_2' beschrieben werden können, treten zufällige Fluktuationen im Magnetfeld auf, die durch die Interaktion der einzelnen Kerne untereinander hervorgerufen werden. Wenn sich ein Kern einem anderen nähert, entsteht während der Dauer der Interaktion ein zusätzliches zweites magnetisches Moment. Während der Zeit präzedieren die betroffenen Kerne etwas schneller bzw. langsamer und verlieren dadurch ihre Phasenkohärenz mit den anderen Kernen. Die Geschwindigkeit, mit welcher die Phasenkohärenz durch diese Spin-Spin-Interaktionen verloren geht, wird durch die T_2 -Zeitkonstante bestimmt. Der T_2 -Wert ist eine Funktion des Gewebetyps, welche im wesentlichen die mikroskopische Beweglichkeit der Wassermoleküle in einem Gewebe charakterisiert. Weil T_2^* von allen Arten des Zerfalls der Phasenkohärenz bestimmt wird, T_2 dagegen nur von den Spin-Spin-Interaktionen, ist für alle Gewebetypen stets $T_2^* \leq T_2$ [90]. Es gilt

$$\frac{1}{T_2} = \frac{1}{T_2'} + \frac{1}{T_2^*} . \quad (3.6)$$

Der Unterschied zwischen T_2^* und T_2 läßt sich am besten an der Bildung des Echos erklären (Abb. 3.2). Nach dem 90° -Puls sind die Kerne, wie oben beschrieben, in Phasenkohärenz. Diese Kohärenz zerfällt, bedingt sowohl durch die statischen, lokalen Magnetfeldinhomogenitäten als auch durch die zeitabhängigen Spin-Spin-Interaktionen. Nach einer Zeit t sind die magnetischen Momente unterschiedlich verteilt. Jetzt wird ein zweiter HF-Puls geschaltet mit einem 180° -Flipwinkel. Dadurch werden die magnetischen Momente an der z -Achse gespiegelt. Sie präzedieren weiterhin mit einer Larmorfrequenz, abhängig vom lokalen Feld. Die statischen Feldinhomogenitäten sind auch nach dem 180° -Puls unverändert. Damit stellt derselbe Prozeß, der zum anfänglichen Verlust der Phasenkohärenz führte, diese wieder her. Nach einer Zeit t nach dem Puls ist die Phasenkohärenz wiederhergestellt. Die Spins erzeugen ein *Spin-Echo* zu einer Zeit t nach dem 180° -Puls, die gleich der Zeit t zwischen dem 90° - und dem 180° -Puls ist. Die Echozeit TE ist gleich $2t$.

Es kann aber nur der Teil der Phasenkohärenz wiederhergestellt werden, der durch die lokal unterschiedlichen Präzessionsfrequenzen verloren gegangen ist. Dagegen führen die Spin-Spin-Interaktionen in der Zeit bis zur Bildung des Spin-Echos zu einem irreversiblen Verlust der Phasenkohärenz. Im Resultat hängt die Amplitude des Echosignals von der Echozeit TE und dem T_2 -Wert des Gewebes ab. Die

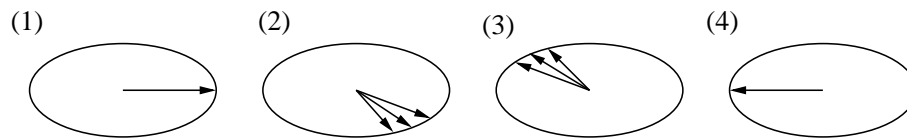


Abbildung 3.2: Die Bildung des Echos im MR. (1) Nach der Anregung sind die magnetischen Momente in Phasenkohärenz. (2) Durch geringfügig unterschiedliche Larmorfrequenzen geht die Phasenkohärenz verloren. (3) Durch den 180° -Puls werden die magnetischen Momente gespiegelt. Sie besitzen hinterher dieselbe Larmorfrequenz, aber ihre Drehrichtung hat sich geändert. (4) Derselbe Effekt, der zunächst zum Verlust der Phasenkohärenz geführt hat, erzeugt jetzt wieder eine Phasenkohärenz. Es entsteht das Echo.

Echozeit kann vom Anwender eingestellt werden. Dadurch ist es möglich, mit langen Echozeiten TE, Echos mit signifikanter Abhängigkeit vom T_2 -Wert zu erzeugen. Andererseits führen kurze Echozeiten zu einer Unempfindlichkeit gegenüber den T_2 -Werten.

Tabelle 3.1 zeigt die T_1 - und T_2 -Werte für verschiedene Gewebe und eine Feldstärke von $B_0 = 1,5T$. Es ist zu bemerken, daß die T_2 -Werte weitgehend unabhängig von der Feldstärke B_0 sind. Dagegen führt eine Erhöhung der B_0 -Feldstärke zu längeren T_1 -Zeiten. Kortikale Knochenstrukturen sind wasserarm. Sie enthalten sehr wenige Protonen und liefern daher kein meßbares MR-Signal.

Gewebe	T_1 [ms]	T_2 [ms]
Muskel	870	45
Fett	260	80
Knochen (Spongiosa)	analog Fett	
Knochen (Kortikalis)	kein MR-Signal	

Tabelle 3.1: T_1 - und T_2 -Zeiten für verschiedene Gewebetypen bei einer Feldstärke von $B_0 = 1,5T$. (Quelle [31])

3.3 Ortskodierung

In den letzten Abschnitten erfolgte eine Betrachtung über die Grundlagen der MR-Tomographie und die kontrastbestimmenden Parameter. Um einen kompletten 3D-Datensatz zu erhalten ist es allerdings zusätzlich erforderlich, das gemessene MR-Signal einzelnen Punkten im Aufnahmevolumen zuzuordnen. Mit dieser Thematik wird sich, angelehnt an [40, 79], dieser Abschnitt beschäftigen.

3.3.1 Schichtauswahl

In herkömmlichen Spin-Echo-Aufnahmen (sogenannte 2D-MR-Sequenzen) wird das Volumen, von dem ein Signal gemessen wird, zunächst eingrenzt. Dagegen wird in 3D-MR-Sequenzen das komplette Aufnahmevolumen angeregt [79].

Bei 2D-MR-Aufnahmen werden nur Protonen angeregt, die sich innerhalb eines begrenzten Bereiches befinden. Dabei wird ausgenutzt, daß der HF-Puls jene Protonen erfaßt, deren Larmorfrequenz gleich der Frequenz des Pulses ist. Für die Schichtwahl wird deshalb während der Anregung gleichzeitig

ein Schichtwahlgradient geschaltet. Dieser Gradient $G_z \left[\frac{\text{mT}}{\text{m}} \right]$ ist ein schwaches Magnetfeld. Es überlagert sich mit dem statischen Magnetfeld des Scanners. Das Gradientenfeld wird so geschaltet, daß an der aufzunehmenden Schicht z_0 keine Veränderung der Feldstärke eintritt. Das resultierende Magnetfeld, abhängig von der Position z , ist

$$B_z = B_0 + (z - z_0) G_z . \quad (3.7)$$

In diesem Zustand erfolgt die Anregung mit dem HF-Puls. Dieses Puls besitzt normalerweise eine Amplitude der Form der sinc-Funktion ($\sin x/x$). Der Puls hat eine Trägerfrequenz ω_{z_0} , die exakt der Larmorfrequenz ($\omega_{z_0} = \gamma B_0$) der anzuregenden Schicht entspricht und eine Bandbreite $2 \Delta f$. Typisch ist $\Delta f = 625\text{Hz}$. Dieser Puls regt die Protonen in einem kleinen Frequenzband $\pm \Delta f$ beidseitig der Larmorfrequenz an, die die Ungleichung

$$\omega_{z_0} - \Delta f \leq \gamma B_{z_0}(x, y, z) = \gamma(B_0 + (z - z_0) G_z) \leq \omega_{z_0} + \Delta f \quad (3.8)$$

erfüllen. Die Schicht besitzt die Dicke d_z

$$d_z = 2 \frac{\Delta f}{\gamma G_z} . \quad (3.9)$$

3.3.2 Frequenzkodierung des Echos

Während der Bildung des Echos zur Zeit TE, wird ein weiterer Gradient geschaltet. Er bewirkt durch die Änderung des Magnetfeldes eine Veränderung der Larmorfrequenz. D.h., verschiedene Kerne präzedieren mit unterschiedlicher Geschwindigkeit, und das in einer um das Aufnahmevervolumen angebrachten Spule induzierte Signal besteht aus einer Überlagerung von Signalen mit unterschiedlichen Frequenzen.

O.B.d.A. erfolge die Frequenzkodierung in x -Richtung. Während der Kodierung wird ein Gradient G_x geschaltet, der ein Magnetfeld B_x bewirkt mit

$$B_x = B_0 + (x - x_0) G_x , \quad (3.10)$$

dessen Stärke abhängig von der x -Koordinate ist. An der Stelle x_0 findet keine Änderung des Feldes statt. Der konkrete Wert von x_0 ist jedoch für das Ergebnis vernachlässigbar. In dieser Umgebung beträgt die Larmorfrequenz ω_x der Kerne an der Position x :

$$\omega_x = \gamma B_x = \gamma(B_0 + (x - x_0) G_x) . \quad (3.11)$$

Sei $A(x)$ die Amplitude des FID-Signal an der Stelle x , so können wir in der Spule eine Signalüberlagerung $F(t)$ der Gestalt

$$F(t) = \sum_x A(x) \cos(\omega_x t) \quad (3.12)$$

messen, d.h., jede Position x liefert einen Beitrag mit einer bestimmten Frequenz. Aus Kenntnis der Frequenz läßt sich wiederum gemäß Gleichung (3.11) die räumliche Position bestimmen. Eine Bestimmung der Amplituden der einzelnen Frequenzen erfolgt mit einer Fouriertransformation.

3.3.3 Phasenkodierung des Echos

Zu Beginn der Aufnahme erfolgt eine selektive Anregung der Protonen entlang einer Richtung. Während der Bildung des Echos erfolgt eine Frequenzkodierung entlang einer weiteren Richtung. An dieser Stelle muß jetzt noch die dritte räumliche Richtung festgelegt werden. Eine Frequenzkodierung in einer

weiteren Richtung schlägt fehl, die Larmorfrequenzen der Protonen wären in diesem Fall nicht mehr unabhängig voneinander. Das Ergebnis wäre eine Frequenzkodierung in einer Richtung, die sich durch eine Überlagerung der beiden Gradienten bestimmt [79].

Allerdings besteht das MR-Signal, wie alle Schwingungen, aus drei Bestandteilen: Amplitude, Frequenz und Phase. Zur weiteren räumlichen Lokalisation wird die Phase der Schwingung verwendet, indem die Phase des Signals entlang der dritten räumlichen Richtung gezielt verändert wird. Dies führt zu einer Phasenkodierung jeder Frequenz in der frequenzkodierten Richtung.

Zu diesem Zweck wird zwischen dem Anregungs- und dem Refokussierungspuls (180°-Puls) kurzzeitig ein weiteres Gradientenfeld, der Phasenkodiergradient, geschaltet. Während das Gradientenfeld aktiv ist, wird die Larmorfrequenz der Kerne entlang dieser Richtung verändert. O.B.d.A. bezeichnen wir diese Richtung als y -Richtung. An einer Stelle y_0 sei die Stärke des Gradientenfeldes gleich Null. Die resultierenden Frequenzen ω_y entlang dieser Richtung sind

$$\omega_y = \omega + \gamma (y - y_0) G_y . \quad (3.13)$$

Hat das Gradientenfeld eine Dauer τ , so werden die Phasen entlang der y -Richtung wie folgt verändert:

$$\Delta\phi_y = \tau \omega_y - \tau \omega \quad (3.14)$$

$$= \tau \gamma (y - y_0) G_y \quad (3.15)$$

Festzustellen ist, daß bei konstanter Zeit τ die Phasenverschiebung proportional zur Stärke des Gradientenfeldes ist. D.h., je stärker der Phasenkodiergradient, umso größer ist die Phasendifferenz.

Die vollständige MR-Aufnahme ist typischerweise eine Sammlung von 64 bis zu 512 Echos, die alle unter gleichen Bedingungen aufgenommen werden [79]. Lediglich die Stärke des Phasenkodiergradienten variiert von Aufnahme zu Aufnahme. Er wird bei jeder Aufnahme um einen Wert ΔG_y erhöht. Somit beträgt er bei der n -ten Aufnahme $n \Delta G_y$.

Die Phasenverschiebung $\Delta\phi(y, n)$ an der Stelle y während der n -ten Aufnahme beträgt somit

$$\Delta\phi(y, n) = \tau \gamma (y - y_0) n \Delta G_y . \quad (3.16)$$

Weiterhin beträgt an der Stelle y die Amplitude des Signals $A(y)$, und die Kreisfrequenz ω ist identisch der Larmorfrequenz. Beide Werte sind während der einzelnen Phasenkodierschritte konstant. Damit erhalten wir im n -ten Kodierschritt ein Signal $F_n(t)$

$$F_n(t) = \sum_y A(y) \cos(\omega t + \Delta\phi(y, n)) \quad (3.17)$$

$$= \sum_y ([A(y) \cos(\omega t)] \cos \Delta\phi(y, n) - [A(y) \sin(\omega t)] \sin \Delta\phi(y, n)) , \quad (3.18)$$

welches als eine Schwingung, abhängig von n , aufgefaßt werden kann. Nach Gleichung (3.16) ist die Kreisfrequenz dieser Schwingung gleich $\tau \gamma (y - y_0) \Delta G_y$ und somit nur abhängig von y . Mittels einer Fouriertransformation lassen sich die Informationen dekodieren und den einzelnen y -Werten zuordnen.

3.3.4 3D-MR-Sequenzen

In den bislang betrachteten MR-Sequenzen erfolgt die Schichtkodierung, indem während des Anregungspulses ein sogenannter Schichtwahlgradient geschaltet wird. Dieser beeinflusst das statische Magnetfeld und führt damit zu lokal unterschiedlichen Larmorfrequenzen der Kerne. Nur die Kerne, deren Larmorfrequenz gleich der Frequenz des Anregungspulses ist, werden ausgelenkt.

In den 3D-MR-Sequenzen erfolgt die Anregung, ohne daß ein Schichtwahlgradient geschaltet wird. Als Ergebnis davon werden alle Kerne im Aufnahmevolumen angeregt. Die räumliche Kodierung erfolgt bei diesen Sequenztypen durch eine Phasenkodierung auch in der Schichtwahlrichtung [40].

3.4 Verzeichnungen

3.4.1 Ursachen

Bislang sind wir davon ausgegangen, daß während des Aufnahmeprozesses ideale Bedingungen herrschen. Das heißt, daß wir ein homogenes B_0 -Magnetfeld haben und ideale, lineare Gradientenfelder.

Aufgrund einer Reihe von Umständen können diese Bedingungen nicht als gegeben angesehen werden. Diese Umstände können wie folgt klassifiziert werden:

- Scannerspezifische Ursachen:
 - inhomogenes B_0 -Feld

Für die gesamten Betrachtungen wird ein homogenes B_0 -Magnetfeld vorausgesetzt. Jedoch ist in der Praxis aufgrund technischer Grenzen und Toleranzen die Homogenität nicht gewährleistet. Diese Abweichung von der B_0 -Feldstärke verändert die Larmorfrequenz der Protonen und beeinflusst die Ortskodierung.
 - nichtlineare Gradientenfelder

Die Spulen, die für die Erzeugung der Gradientenfelder verantwortlich sind, weisen, bedingt durch die Herstellung, Toleranzen auf. Dadurch ist die Linearität der Gradientenfelder nicht gegeben. Außerdem führt das schnelle Schalten der Gradienten während der Bildgewinnung zu Nichtlinearitäten. Das Ergebnis sind Abweichungen in der Ortskodierung.
- Ursachen, die durch das aufzunehmende Objekt verursacht werden:
 - suszeptibilitätsbedingte Artefakte

Das aufzunehmende Objekt, der Patient, besteht physikalisch gesehen aus einer Mischung von Stoffen mit speziellen magnetischen Eigenschaften, charakterisiert durch die magnetische Suszeptibilität. Diese Suszeptibilitäten unterscheiden sich sowohl von dem magnetischen Verhalten der umgebenden Luft als auch untereinander. Dies beeinflusst die Homogenität des statischen Magnetfeldes entsprechend den Maxwell'schen Gleichungen. Das Ergebnis sind Abweichungen von der B_0 -Feldstärke im Scanner, welche einen Einfluß auf die Genauigkeit der Ortskodierung besitzen.
 - Chemical-Shift-Artefakte

Bei den Grundlagen der MR-Aufnahmetechnik wird von einer Larmorfrequenz ausgegangen, die nur von der Magnetfeldstärke und dem Kern abhängt. Jedoch haben Protonen unterschiedliche Larmorfrequenzen, je nachdem, ob sie sich in Fett- oder Muskelgewebe befinden. Dadurch können Protonen, die sich an derselben Stelle aber in verschiedenen Geweben befinden, unterschiedliche Larmorfrequenzen besitzen. Erfolgt die Ortskodierung mittels einer Frequenzkodierung des Echos, werden den Protonen entsprechend ihrer verschiedenen Larmorfrequenzen unterschiedliche Positionen zugewiesen.

Alle vier genannten Ursachen führen zu geometrischen Verzerrungen. Jedoch können die scanner-spezifischen Gründe als konstant für ein und denselben Scanner angesehen werden. Sind sie einmal ermittelt, lassen sie sich allgemein korrigieren. Eine Korrektur der Magnetfeldinhomogenität und der Gradientenfelder wird bereits in der scannerinternen Software vorgenommen.

Dagegen sind die patientenspezifischen Ursachen individuell vom Patienten abhängig. Chemical-Shift-Artefakte lassen sich durch sogenannte *fettgesättigte Sequenzen* vermeiden. Dabei wird die unterschiedliche Larmorfrequenz der Protonen in Fett und in Muskeln ausgenutzt. In einer Voranregung werden speziell die Protonen im Fett erfaßt. Danach erfolgt die eigentliche Anregung, für die die im Fett befindlichen Protonen nicht mehr zur Verfügung stehen, und daher auch kein Signal liefern. Mit der Korrektur der suszeptibilitätsbedingten Artefakte werden sich die Kapitel 5 und 6 beschäftigen.

Der nächste Abschnitt behandelt die Auswirkungen, die die Abweichung von der B_0 -Feldstärke auf die geometrische Genauigkeit hat. Erste analytische Untersuchungen zu dem Thema finden sich in Lüdecke et. al. [71].

3.4.2 Auswirkungen auf die Ortskodierung

Abweichungen von der Magnetfeldstärke können durch ein Differenzfeld ΔB modelliert werden. Damit ergibt sich das resultierende magnetische Feld B als

$$B(x, y, z) = B_0 + \Delta B(x, y, z) . \quad (3.19)$$

Schichtkodierung

Im idealen, ungestörten Fall erfaßt der Anregungspuls für die Schicht z_0 alle Kerne, die die Ungleichung (3.8) erfüllen. Mit der Berücksichtigung der Abweichung von der B_0 -Feldstärke verändert sich diese Ungleichung zu

$$\omega_{z_0} - \Delta f \leq \gamma(B_0 + \Delta B(x, y, z) + (z - z_0)G_z) \leq \omega_{z_0} + \Delta f . \quad (3.20)$$

D.h., alle Voxel (x, y, z) mit

$$z_0 - \frac{\Delta f}{\gamma G_z} \leq z + \frac{\Delta B(x, y, z)}{G_z} \leq z_0 + \frac{\Delta f}{\gamma G_z} \quad (3.21)$$

werden angeregt und liefern einen Beitrag zum Signal während der Messung. Dies führt in der Schichtwahlrichtung zu einer Verschiebung Δz des Voxels (x, y, z) von

$$\Delta z = \frac{\Delta B(x, y, z)}{G_z} . \quad (3.22)$$

Frequenzkodierung

Für die Kodierung der zweiten räumlichen Richtung wird eine Frequenzkodierung des Echos verwendet. Dazu wird während des Auftretens des Echos der Frequenzkodiergradient geschaltet. Bezieht man in die Betrachtungen von Kapitel 3.3.2 die Magnetfeldinhomogenität ein, so verändert sich Gleichung (3.10) zu

$$B_x(x, y, z) = B_0 + \Delta B(x, y, z) + (x - x_0) G_x . \quad (3.23)$$

Betrachten wir in dieser Umgebung einen konkreten Punkt (x, y, z) im Aufnahmevervolumen, so beträgt die Larmorfrequenz ω_x der Kerne an dieser Stelle

$$\omega_x = \gamma (B_0 + \Delta B(x, y, z) + (x - x_0) G_x) . \quad (3.24)$$

Dieser Punkt wird im Bild einem Punkt (x', y, z) zugewiesen, der im ungestörten Fall dieselbe Larmorfrequenz hat und die Gleichung

$$\omega_{x'} = \gamma (B_0 + (x' - x_0) G_x) \quad (3.25)$$

erfüllt. Damit führt die Magnetfeldinhomogenität an der Stelle (x, y, z) zu einer Verschiebung Δx der Größe

$$\Delta x = \frac{\Delta B(x, y, z)}{G_x} . \quad (3.26)$$

Phasenkodierung

Eine weiteres Verfahren zur räumlichen Lokalisation ist die Phasenkodierung des Echos. Wie bereits Miller und Garraway [77] festgestellt haben, ist die Phasenkodierung resistent gegenüber Inhomogenitäten des statischen Magnetfeldes. D.h., in phasenkodierten Richtungen treten vernachlässigbare geometrische Verzeichnungen auf. Auf den Grund wird im folgenden kurz eingegangen.

O.B.d.A. gehen wir für die Herleitung wieder von einer Phasenkodierung in y -Richtung mit einem Phasenkodiergradient der Stärke G_y und der Dauer τ_y aus. Entsprechend Gleichung (3.14) beträgt im ungestörten Fall die Phasenverschiebung $\Delta\phi(x, y, z)$ am Punkt (x, y, z) nach der Schaltung des Gradienten

$$\Delta\phi(x, y, z) = \tau_y \gamma (y - y_0) G_y . \quad (3.27)$$

Wird die Inhomogenität des Magnetfeldes in die Betrachtung mit einbezogen, so muß Gleichung (3.13) entsprechend angepaßt werden. Die Larmorfrequenz $\omega(x, y, z)$ der Kerne am Punkt (x, y, z) während der Schaltung des Gradientenfeldes beträgt damit

$$\omega(x, y, z) = \gamma (B_0 + \Delta B(x, y, z) + (y - y_0) G_y) . \quad (3.28)$$

Bei der Dauer τ_y des Gradienten beträgt die Phasenverschiebung $\Delta\phi^*(x, y, z)$ unter Berücksichtigung der Inhomogenität

$$\Delta\phi^*(x, y, z) = \tau \omega(x, y, z) - \tau \gamma (B_0 + \Delta B(x, y, z)) \quad (3.29)$$

$$= \tau \gamma (y - y_0) G_y \quad (3.30)$$

Diese Beziehung läßt sich analog der Gleichung (3.14) herleiten. Es ist zu erkennen, daß

$$\Delta\phi^*(x, y, z) = \Delta\phi(x, y, z) \quad (3.31)$$

gilt und damit die Phasendifferenz nach dem Anlegen des Gradientenfeldes unabhängig von der Abweichung $\Delta B(x, y, z)$ vom statischen Magnetfeld ist.

Entsprechend der Dekodierung nach den Gleichungen (3.13) - (3.18) tritt damit keine geometrische Verzeichnung in phasenkodierten Richtungen auf.

Besonderheiten bei 3D-MR-Sequenzen

Wie bereits erwähnt, existieren neben den 2D-MR-Sequenzen auch 3D-MR-Sequenzen. Während bei den 2D-Sequenzen gleichzeitig mit dem Anregungspuls ein Schichtwahlgradient geschaltet wird, um einen Teil des Volumens aufzunehmen, wird bei 3D-Sequenzen grundsätzlich das gesamte Volumen angeregt. Die Schichtrichtung wird über eine Phasenkodierung des Echos erzeugt.

Wie wir im vorhergehenden Abschnitt festgestellt haben, sind die Richtungen, die mittels einer Phasenkodierung des Echos erzeugt wurden, frei von geometrischen Verzeichnungen. Für 3D-Sequenzen bedeutet dies, daß auch in der Schichtwahlrichtung keine Verzeichnungen auftreten.

Grundsätzlich ist es auch möglich, alle drei räumlichen Richtungen mittels einer Phasenkodierung zu erzeugen. Der Vorteil wäre, daß der resultierende Datensatz keine räumlichen Verzeichnungen erhalten würde. Der limitierende Faktor hierbei ist jedoch die Aufnahmezeit. Für das Kodieren einer räumlichen Richtung mittels Frequenzkodierung reicht eine einzelne Aufnahme aus. Wird dieselbe Richtung mittels Phasenkodierung erzeugt, werden je nach Auflösung in heutigen Scannern zwischen 64 und 512 einzelne Aufnahmen erstellt. Die Aufnahmezeit verlängert sich entsprechend um den Faktor 64 bis 512.

Störungen in den Gradientenfeldern

Bei der Analyse der resultierenden geometrischen Verzeichnungen wurden in den vorangegangenen Abschnitten stets ideale, lineare Gradientenfelder vorausgesetzt. Jedoch gibt es Gründe, warum diese Felder ebenfalls gestört sein können [30]:

- Aufgrund technischer Grenzen erzeugt der Scanner keine idealen, linearen Gradientenfelder.
- Die Gradientenfelder werden aufgrund der Suszeptibilitätsverteilung ebenfalls gestört.

Während der erste Grund scannerspezifisch ist und durch geeignetes Hardware-Design reduziert werden kann, hängt der zweite vom aufzunehmenden Objekt ab. Allerdings ist die Stärke der Gradientenfelder nur ein kleiner Bruchteil des Magnetfeldes im Scanner. Damit sind die zu erwartenden Inhomogenitäten sehr klein, verglichen mit der Störung des statischen Magnetfeldes. Somit kann die Nichtlinearität der Gradientenfelder vernachlässigt, und sie können als linear angenommen werden [30]. Eine Analyse der Inhomogenitäten in den Gradientenfeldern und die Validierung dieser Annahme erfolgt im Abschnitt 5.5.

3.4.3 Verzeichnungen im Datensatz

Im letzten Abschnitt wurde die Auswirkung einer Abweichung ΔB vom B_0 -Feld auf die Ortskodierung an einem Punkt betrachtet. Demnach führen Inhomogenitäten im Magnetfeld des Scanners zu Verschiebungen in der frequenzkodierten Richtung und in 2D-MR-Datensätzen zusätzlich in der Schichtwahlrichtung. Diese Verschiebungen treten in jeder betroffenen räumlichen Richtung separat auf. Die resultierte Verschiebung ergibt sich durch vektorielle Addition der einzelnen Verschiebungen.

Wären die Abweichungen ΔB vom Magnetfeld im gesamten Aufnahmevolumen konstant und unabhängig von der Position, so würde jeder Punkt genau dieselbe Verschiebung erfahren. Als Ergebnis würde das gesamte Objekt verschoben werden, aber die geometrischen Verhältnisse blieben erhalten. Es würde keine Verzeichnung entstehen (Abb. 3.3, Mitte).

In der Realität sind die Abweichungen von statischen Magnetfeld allerdings abhängig von der konkreten Position im Aufnahmevolumen. Damit ist die Verschiebung an jeder Stelle individuell, und verschiedene Positionen erfahren im allgemeinen unterschiedliche Verschiebungen. Das Ergebnis ist eine Änderung der geometrischen Verhältnisse im Aufnahmevolumen (Abb. 3.3, rechts).

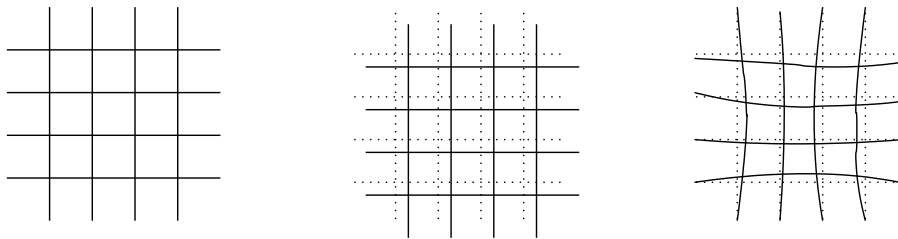


Abbildung 3.3: Auswirkung einer konstanten und variablen Abweichung vom statischen Magnetfeld auf die Voxel (Gitterpunkte) in einem Bild. Die gepunkteten Linien zeigen jeweils das originale Gitter. Links: Das unverzerrte Gitter. Mitte: Die Auswirkung einer konstanten Abweichung. Jedes Voxel erfährt eine konstante Verschiebung. Die Geometrie bleibt jedoch unverändert. Rechts: Die Auswirkung einer voxelabhängigen Abweichung. Jedes Voxel erfährt eine individuelle Verschiebung. Die Geometrie ändert sich.

Kapitel 4

MR-Segmentierung

Dieses Kapitel beschäftigt sich mit der Segmentierung der MR-Aufnahmen. Es wird davon ausgegangen, daß zur präoperativen Planung seitens des Arztes eine oder mehrere Kernspinaufnahmen erstellt werden.

4.1 Motivation

Eine Segmentierung der MR-Bilder wird aus folgenden Gründen notwendig:

- Für die Operationsplanung ist es notwendig, 3D-Modelle von speziellen Strukturen, wie beispielsweise den Knochen, zu erstellen. Im orthopädischen Bereich wird das im wesentlichen die Spongiosa und Kortikalis des Femurs sowie eventuell auch einige kritische Strukturen in den Weichteilen (z.B. Adern) umfassen.
- MR-Aufnahmen unterliegen geometrischen Verzerrungen, deren Stärke von der Verteilung der magnetischen Eigenschaften innerhalb des gesamten Aufnahmevolumens abhängt. Daher ist es notwendig, Bereiche mit verschiedenen magnetischen Eigenschaften zu trennen. Entsprechend [13, 41] ist eine Unterscheidung in Luft und Gewebe notwendig. Das komplette Gewebe kann als einheitliche Struktur bezüglich des magnetischen Verhaltens angesehen werden. Es muß daher eine Segmentierung in Gewebe und in Luft, die bei unseren orthopädischen Aufnahmen nur im Hintergrund vorkommt, erfolgen.
- Für die intraoperative Lageerkennung wird eine Referenzstruktur benötigt, auf der die Registrierung basiert. Im Fall des orthopädischen Bereiches handelt es sich dabei um die Knochen (beispielsweise den Femur). Daher muß eine Segmentierung der knöchernen Strukturen erfolgen.

Im Rahmen der Segmentierung von MR-Daten müssen somit folgende Aufgaben bewältigt werden:

- Es muß die Grenze zwischen der Luft, dem Hintergrund, und dem Patienten segmentiert werden.
- Eine Segmentierung des Knochens muß erfolgen.
- Für den Fall, daß mehrere MR-Aufnahmen verwendet werden, muß eine Registrierung der Bild Datensätze aufeinander vorgenommen werden.

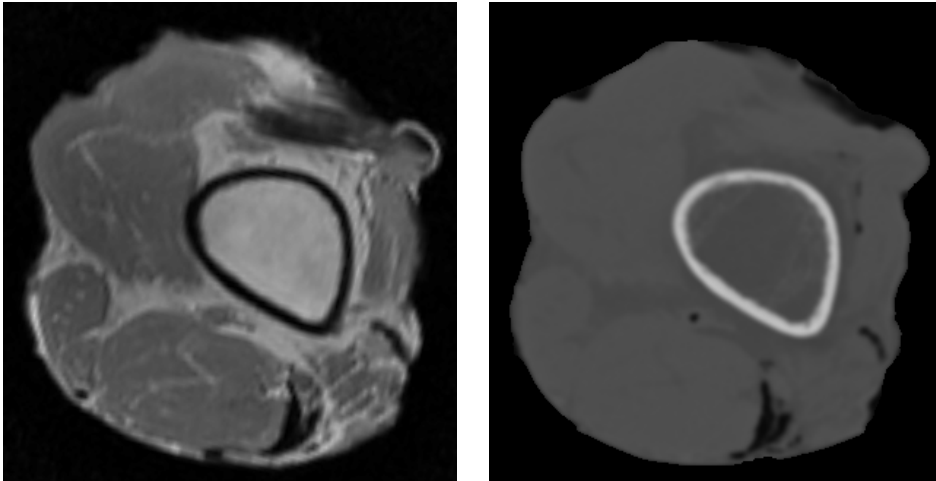


Abbildung 4.1: MR- (links) und CT-Aufnahme (rechts) eines distalen Femurs. Beide Bilder zeigen die gleiche Schnittebene.

4.2 Unterschiede zur CT-Segmentierung

Mit der Frage der Segmentierung von medizinischen Bilddaten im orthopädischen Bereich beschäftigen sich eine Reihe von Publikationen. Diese sind jedoch fast ausschließlich für CT-Aufnahmen optimiert. Aus drei Gründen können diese Verfahren daher nicht direkt auf MR-Daten angewendet werden:

- MR-Daten besitzen einen höheren Kontrast, insbesondere der Weichteile (Abb. 4.1). In CT-Aufnahmen kann lediglich zwischen Weichgewebe, Kortikalis und Spongiosa unterschieden werden. Jede dieser Regionen besitzt einen nahezu konstanten Grauwert. Dagegen sind MR-Aufnahmen kontrastreicher und erlauben z.B. eine Unterscheidung in Fett- und Muskelgewebe. Die Grauwerte der einzelnen Gewebetypen sind von den Kontrastparametern des MR (Echo- und Wiederholungszeit) abhängig.
- Die Grauwerte der Voxel in MR-Daten unterliegen Intensitätsinhomogenitäten. Sie resultieren aus den Abweichungen vom statischen B_0 -Feld des Scanners. Als Ergebnis schwankt der Grauwert für Voxel in derselben anatomischen Struktur, abhängig von der Position. Deshalb können einfache Thresholdingverfahren, wie sie bei der CT-Segmentierung oft zum Einsatz kommen, nicht angewendet werden.
- Im CT können vom Knochen sowohl die Spongiosa als auch die Kortikalis segmentiert werden. Im MR besitzen dagegen die Kortikalis und die angrenzende Knochenhaut nahezu denselben Grauwert und sind daher kaum bzw. oft auch überhaupt nicht abgrenzbar. D.h., im MR kann vom Knochen lediglich die Spongiosa sicher segmentiert werden.

Aufgrund der genannten Punkte können Algorithmen für die Segmentierung von CT-Aufnahmen nicht auf MR-Daten übertragen werden. Es sind daher neue Ansätze für eine Segmentierung dieser Bilddaten erforderlich.

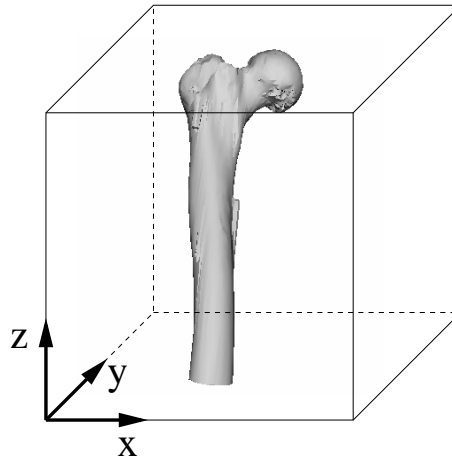


Abbildung 4.2: Das Koordinatensystem eines Datensatzes.

4.3 Definitionen

Dieser Abschnitt beschäftigt sich mit einigen grundlegenden Definitionen, auf die im Rest des Kapitels zurückgegriffen wird.

4.3.1 Bilder

Mathematisch können Grauwertbilder als Abbildungen von einer Trägermenge in eine Grauwertmenge beschrieben werden.

Definition 4.1 Ein n -dimensionales Bild b ist ein Tripel $b = (\mathcal{T}, \mathcal{G}, I)$, bestehend aus zwei Mengen $\mathcal{T} \subseteq \mathbb{R}^n$ und $\mathcal{G} \subseteq \mathbb{R}$ und einer Funktion $I: \mathcal{T} \rightarrow \mathcal{G}$. Die Menge \mathcal{T} heißt Trägermenge, die Menge \mathcal{G} Grauwertmenge.

Alle Bilder werden in der Menge \mathcal{B} zusammengefaßt.

Definition 4.2 Die Menge \mathcal{B} aller Bilder ist definiert als:

$$\mathcal{B} = \{(\mathcal{T}, \mathcal{G}, I) \mid \mathcal{T} \subseteq \mathbb{R}^n \text{ und } \mathcal{G} \subseteq \mathbb{R} \text{ und } I: \mathcal{T} \rightarrow \mathcal{G}\}$$

Sei eine Trägermenge $\mathcal{T} \subseteq \mathbb{R}^n$ fest vorgegeben. Die Menge $\mathcal{B}_{\mathcal{T}}$ aller Bilder mit der Trägermenge \mathcal{T} ist eine Teilmenge der Menge \mathcal{B} .

Definition 4.3 Die Menge $\mathcal{B}_{\mathcal{T}}$ aller Bilder mit Trägermenge \mathcal{T} ist definiert als:

$$\mathcal{B}_{\mathcal{T}} := \{(\mathcal{T}, \mathcal{G}, I) \mid \mathcal{G} \subseteq \mathbb{R} \text{ und } I: \mathcal{T} \rightarrow \mathcal{G}\}.$$

Die in dieser Arbeit verwendeten Kernspinbilder sind dreidimensional mit diskreter Trägermenge

$$\mathcal{T} = \{0, 1, \dots, n_c - 1\} \times \{0, 1, \dots, n_r - 1\} \times \{0, 1, \dots, n_s - 1\},$$

wobei das Bild n_s Schichten und in jeder Schicht $n_r \times n_c$ Voxel besitzt.

Der Datensatz stellt die Körperregion im Normalfall in einem dieser drei Schnitte dar [88]:

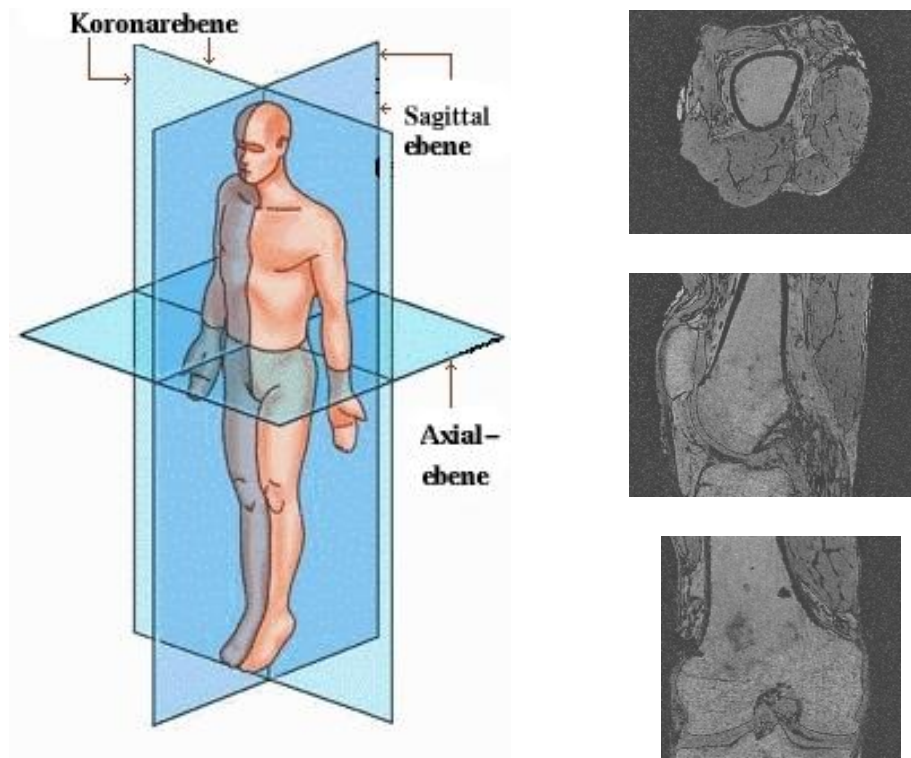


Abbildung 4.3: Die Schnittebenen des menschlichen Körpers. Schematische Darstellung (links, Quelle [4]) und ein axialer (rechts, oben), sagittaler (rechts, Mitte) und koronarer Schnitt (rechts, unten) im MR-Datensatz vom distalen Femur.

- Bei einer axialen Schnittrichtung sind die einzelnen Schnittebenen Axialebenen. Eine Axialebene ist jede Ebene senkrecht zur Körperachse.
- Die koronare Schnittdarstellung verwendet Koronarebenen. Eine Koronarebene ist jede Ebene, die parallel zur Stirn verläuft.
- In der sagittalen Schnittdarstellung sind die Schnittebenen Sagittalebene. Sie stehen senkrecht auf allen Axial- und Koronarebenen.

Die Schnittebenen und ein axialer, sagittaler und koronarer Schnitt eines MR-Datensatzes sind in Abb. 4.3 dargestellt.

Für die Segmentierung der MR-Daten vom Femur ist die sagittale Schnittdarstellung die günstigste und wird daher auch in vielen Arbeiten (z.B. [60, 69, 103, 113]) verwendet. Der Vorteil dieser Darstellung liegt in der Tatsache, daß sich in dieser Schnittdarstellung die Geometrie des Knochens zwischen den einzelnen Schichten nur geringfügig ändert. Insbesondere treten Effekte, wie die Aufteilung einer Struktur in zwei Strukturen in der nächsten Schicht bei axialen und koronaren Schnittdarstellungen, nicht auf. Liegt der Datensatz nicht in einer sagittalen Schnittdarstellung vor, läßt sich diese berechnen.

In jedem Datensatz läßt sich ein, von der Schnittdarstellung unabhängiges Koordinatensystem mit den folgenden Eigenschaften definieren (Abb. 4.2):

1. Der Koordinatenursprung befindet sich an einer beliebigen Stelle. Er kann sich auch außerhalb des Datensatzes befinden. Oft ist der Ursprung im Datensatz definiert. Andernfalls verwenden wir die Ecke links, unten, vorn als Koordinatenursprung.

2. Die x-Achse verläuft senkrecht zur Sagittalebene von links nach rechts.
3. Die y-Achse verläuft senkrecht zur Koronarebene. Die positive y-Achse ist nach hinten gerichtet.
4. Die positive z-Achse verläuft senkrecht zur Axialebene von unten nach oben.

Im Datensatz sind die einzelnen Achsen diskret und besitzen eine vom Datensatz abhängige Auflösung Δ_x , Δ_y bzw. Δ_z . Damit wird durch jedes Voxel ein Ausschnitt der Größe $\Delta_x \times \Delta_y \times \Delta_z$ des Raumes repräsentiert. Die genaue Kenntnis der Voxelgröße ist für die weitere Arbeit unerlässlich. Sie kann aus den Informationen im Datensatz entnommen werden.

4.3.2 Histogramme

Ein Histogramm gibt Aufschluß über die Grauwertverteilung in einem Bild.

Definition 4.4 Ein Histogramm von einem Bild $b = (\mathcal{T}, \mathcal{G}, I) \in \mathcal{B}$ ist eine Funktion $h_b : \mathcal{G} \rightarrow \mathbb{N}_0$, wobei $h_b(g) = |\{t \mid t \in \mathcal{T} \wedge I(t) = g\}|$.

Somit liefert das Histogramm eines Bildes $b = (\mathcal{T}, \mathcal{G}, I)$ für jeden Grauwert $g \in \mathcal{G}$ die Anzahl der Pixel im Bild, die diesen Grauwert besitzen.

Gemeinsame Histogramme mehrerer Bilder geben Aufschluß über die Grauwertverteilung in diesen Bildern mit gleicher Trägermenge \mathcal{T} . Im weiteren werden allerdings nur gemeinsame Histogramme zweier Bilder benötigt.

Definition 4.5 Ein gemeinsames Histogramm für zwei Bilder $b_1 = (\mathcal{T}, \mathcal{G}_1, I_1)$ und $b_2 = (\mathcal{T}, \mathcal{G}_2, I_2)$ ist eine Funktion $h_{b_1, b_2} : \mathcal{G}_1 \times \mathcal{G}_2 \rightarrow \mathbb{N}_0$, wobei

$$h_{b_1, b_2}(g_1, g_2) = |\{t \mid t \in \mathcal{T} \text{ und } I_1(t) = g_1 \text{ und } I_2(t) = g_2\}|.$$

4.3.3 Räumliche Transformationen

Eine räumliche Transformation definiert eine geometrische Beziehung zwischen den Pixeln zweier Bilder [58, 112].

Definition 4.6 Sei $n \in \mathbb{N}$. Eine räumliche Transformation T ist eine Abbildung $T : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$.

Werden räumliche Transformationen auf die Trägermenge \mathcal{T}_1 eines Bildes $b_1 = (\mathcal{T}_1, \mathcal{G}, I_1)$ eingeschränkt, so ist das Ergebnis ein Bild $b_2 = (\mathcal{T}_2, \mathcal{G}, I_2)$ mit $\mathcal{T}_2 = \{T(t) \mid t \in \mathcal{T}_1\}$ und $I_2(t_2) = I_1(T^{-1}(t_2))$ für alle $t_2 \in \mathcal{T}_2$. Die Schreibweise für diese Transformation ist im folgenden $b_2 = T(b_1)$. Soll das Bild b_2 eine bestimmte vorgegebene Trägermenge \mathcal{T}_2 haben, wird das durch die Schreibweise $b_2 = T_{\mathcal{T}_2}(b_1)$ dargestellt.

4.4 Registrierung

Werden von einer anatomischen Region zwei oder mehrere Bilder aufgenommen, ist es notwendig, diese Bilder in ein gemeinsames Koordinatensystem zu transformieren. Der Schritt der Registrierung dient dazu, für zwei Bilder eine räumliche Transformation von einem auf das andere Bild zu bestimmen. Ein Bild ist dabei das sogenannte Referenzbild R . Das andere Bild F , auch *Floating Image* genannt, wird auf dieses Bild abgebildet.

Die Registrierung kann folgenderweise definiert werden.

Definition 4.7 Gegeben sind zwei Bilder $R = (\mathcal{T}_R, \mathcal{G}_R, I_R)$ und $F = (\mathcal{T}_F, \mathcal{G}_F, I_F)$. Eine Registrierung definiert eine Abbildung $T : \mathcal{T}_F \rightarrow \mathcal{T}_R$ von dem Floating Image F auf das Referenzbild R .

Obwohl es für den Registrieralgorithmus unerheblich ist, welches Bild als Referenzbild und welches als Floating Image verwendet wird, orientiert sich die Bestimmung des Referenzbildes an einigen Gesichtspunkten:

- Grundsätzlich sollte das Bild mit der höchsten Auflösung als Referenz dienen. Der Grund liegt darin, daß durch die räumliche Transformation und die damit notwendig werdende Interpolation Informationen aus dem Bild verlorengehen. Dies ist im Fall des Bildes mit der höchsten Auflösung nicht wünschenswert.
- Abweichend davon sollte das Bild, welches den größten Teil der Körperregion abdeckt, als Referenz dienen.
- In bestimmten Fällen ist ein Bild so im Datensatz orientiert, daß sich bestimmte anatomische Strukturen an genau definierten Stellen im Datensatz befinden und diese Zuordnung nicht verändert werden darf. Dann sollte dieses Bild als Referenz verwendet werden.

Diese Punkte heben sich zum Teil gegenseitig auf. Daher liegt es zuletzt an der Abwägung der Faktoren durch den Anwender, welcher Datensatz als Referenz dient.

Zu einem Registrierungsverfahren gehören:

- eine Abbildung, die eine Beziehung zwischen den Voxeln im Referenzbild und dem zu registrierenden Bild herstellt und die sich mittels Parametern beeinflussen läßt,
- eine Ähnlichkeitsfunktion, die abhängig von den momentanen Abbildungsparametern die Anpassung beider Bilder aneinander bewertet und
- ein Optimierer, der die optimalen Parameter bestimmt.

Auf alle drei Komponenten wird im folgenden eingegangen.

4.4.1 Rigide und affine Abbildungen

Im Rahmen der Registrierung muß geklärt werden, welche Art von Abbildung zum Einsatz kommen soll. Es stehen dafür im wesentlichen drei Alternativen zur Verfügung.

- Die Registrierung erfolgt unter Verwendung einer rigiden Abbildung. Im diesem Fall wird davon ausgegangen, daß sich das zu registrierende Bild und das Referenzbild lediglich durch eine Rotation und eine Translation unterscheiden. Mögliche Verzeichnungen der Bilder und deren Korrektur werden nicht berücksichtigt.
- Die Verwendung einer affinen Abbildung ist geeignet, geometrische Verzeichnungen im MR näherungsweise zu modellieren. Hierbei wird eine Rotation, eine Translation und eine Skalierung entlang der Koordinatenachsen verwendet. Ein derartiger Ansatz wird beispielsweise in Burkhardt et. al. [23, 26] verfolgt.

- Im allgemeinsten Fall erfolgt die Verwendung von elastischen Abbildungen. Ein derartiges Verfahren ist sehr rechenintensiv und langsam und deshalb praktisch oft kaum einsetzbar. Allerdings wäre es unter Umständen geeignet, geometrische Verzeichnungen zwischen den Bildern zu erfassen und zu korrigieren. Ein Beispiel für ein derartiges Verfahren findet man bei Rohr et. al. [92], basierend auf dem Thin-Plate-Spline-Ansatz von Bookstein [17]. Die zur Referenzierung verwendeten Landmarken müssen entweder von Hand gesetzt oder können unter Umständen auch automatisch gefunden werden [18].

Im weiteren Teil der Arbeit werden wir mit einer Ausnahme rigide Abbildungen für die Registrierung verwenden. Dies ist dadurch begründet, daß keine geometrische Korrektur der MR-Daten während der Registrierung vorgenommen werden soll. Das würde eine unverzerrte Referenzaufnahme erfordern, die mit der MR-Tomographie im allgemeinen nicht zu erhalten ist. Auf die Frage der Korrektur der geometrischen Verzerrungen wird später in Kapitel 6 eingegangen.

Für den seltenen Fall, daß nicht korrigierte Bilder registriert werden sollen, wird die Verzeichnung, analog [23], mit einer affinen Abbildung näherungsweise modelliert. Diese Ergebnisse sind jedoch nur für diagnostische Zwecke zu gebrauchen und können nicht als Grundlage für die computerunterstützte Chirurgie verwendet werden.

Die verwendete rigide Abbildung setzt sich als Nacheinanderausführung einer Rotation und Translation zusammen. Die Rotation wird über drei Winkel beschrieben für die Drehung um die einzelnen Koordinatenachsen, die Translation über einen Translationsvektor $\mathbf{t} = (t_x, t_y, t_z)^T$. Damit ist das Bild \mathbf{p}' des Punktes \mathbf{p} durch die Abbildung

$$\mathbf{p}' = R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) \mathbf{p} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} \quad (4.1)$$

mit

$$R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} \end{pmatrix} \quad (4.2)$$

und

$$\begin{aligned} a_{11} &= \cos \phi_y \cos \phi_z, \\ a_{12} &= -(\sin \phi_x \sin \phi_y \cos \phi_z + \cos \phi_x \sin \phi_z), \\ a_{13} &= \sin \phi_x \sin \phi_z - \cos \phi_x \sin \phi_y \cos \phi_z, \\ a_{21} &= \cos \phi_y \sin \phi_z, \\ a_{22} &= \cos \phi_x \cos \phi_z - \sin \phi_x \sin \phi_y \sin \phi_z, \\ a_{23} &= -(\cos \phi_x \sin \phi_y \sin \phi_z + \sin \phi_x \cos \phi_z), \\ a_{31} &= \sin \phi_y, \\ a_{32} &= \sin \phi_x \cos \phi_y, \\ a_{33} &= \cos \phi_x \cos \phi_y. \end{aligned}$$

definiert.

Im Fall einer affinen Abbildung erfolgt vor der eigentlichen Transformation eine Skalierung in Richtung der drei Koordinatenachsen mit den Parametern s_x , s_y sowie s_z . Das Bild \mathbf{p}' des Punktes \mathbf{p} ergibt sich als

$$\mathbf{p}' = R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) \begin{pmatrix} s_x & 0 & 0 \\ 0 & s_y & 0 \\ 0 & 0 & s_z \end{pmatrix} \mathbf{p} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix}. \quad (4.3)$$

4.4.2 Ähnlichkeitsfunktionen

Ein wesentlicher Bestandteil von Registrierern ist die Ähnlichkeitsfunktion, mit deren Hilfe die Anpassung des zu registrierenden Bildes an das Referenzbild gemessen wird. Sie ist eine Funktion $A : \mathcal{B}_T \times \mathcal{B}_T \rightarrow \mathbb{R}$ und muß die Eigenschaft

$$\forall B_1, B_2 \in \mathcal{B}_T : A(B_1, B_2) \leq A(B_1, B_1) \quad (4.4)$$

erfüllen. D.h., wird ein Bild mit sich selbst bewertet, muß die Ähnlichkeitsfunktion ihr globales Maximum annehmen.

Für diese Arbeit werden zwei Funktionen als Ähnlichkeitsfunktionen verwendet, die Mutual Information und ein Ansatz auf der Basis des χ^2 -Tests.

Mutual Information

Die Registrierung auf Basis von Mutual Information wird zunehmend verbreitet eingesetzt. Eine der ersten Beschreibungen erfolgt in den Veröffentlichungen von Collignon [37] et. al. sowie Maes et. al. [73].

Gegeben seien das Referenzbild $R \in \mathcal{B}_T$ und das zu registrierende Bild $F \in \mathcal{B}_T$. Beide Bilder besitzen ein Histogramm H_R bzw. H_F sowie zusammen ein gemeinsames Histogramm H_{RF} .

Die Wahrscheinlichkeit $P_R(g)$ bzw. $P_F(g)$, daß ein Voxel im Bild R bzw. F den Grauwert g besitzt, ist durch

$$P_R(g) = \frac{H_R(g)}{\|\mathcal{T}\|} \quad \text{bzw.} \quad (4.5)$$

$$P_F(g) = \frac{H_F(g)}{\|\mathcal{T}\|} \quad (4.6)$$

gegeben. $\|\mathcal{T}\|$ bezeichnet die Kardinalität der Trägermenge \mathcal{T} . Weiterhin ist die Wahrscheinlichkeit $P_{RF}(g_1, g_2)$, daß ein Voxel im Bild R den Grauwert g_1 und dasselbe Voxel im Bild F den Grauwert g_2 besitzt, durch

$$P_{RF}(g_1, g_2) = \frac{H_{RF}(g_1, g_2)}{\|\mathcal{T}\|} \quad (4.7)$$

bestimmt. Als Maß der Anpassungsgüte wird der Abstand zwischen der Verteilung P_{RF} und der Verteilung $P_R \cdot P_F$ durch ein Kullback-Leibler-Maß gemessen. Dies führt auf die Definition der Mutual Information MI :

$$MI(R, F) = \sum_{g_1} \sum_{g_2} P_{RF}(g_1, g_2) \log_2 \frac{P_{RF}(g_1, g_2)}{P_R(g_1) \cdot P_F(g_2)}. \quad (4.8)$$

Für alle Bilder B_1, B_2 gilt (s. Anhang B):

$$MI(B_1, B_2) \leq MI(B_1, B_1). \quad (4.9)$$

Daher ist MI als Ähnlichkeitsfunktion geeignet.

Chi-Quadrat

Die Verwendung der χ^2 -Statistik wurde in [73] für die Registrierung der Bilddaten in Betracht gezogen.

Die χ^2 -Statistik basiert auf der Tatsache, daß die Gleichung $P_{RF}(g_1, g_2) = P_R(g_1) \cdot P_F(g_2)$ genau dann gilt, wenn die Zufallsvariablen statistisch unabhängig sind. Durch Aufsummieren der quadratischen Differenzen zwischen der aktuellen, gemeinsamen Wahrscheinlichkeitsverteilung und der Verteilung im Fall der Unabhängigkeit bewertet χ^2 den Fehler, den wir durch Annahme der Unabhängigkeit machen:

$$\chi^2(R, F) = \sum_{g_1} \sum_{g_2} \frac{P_{RF}(g_1, g_2) - P_R(g_1) \cdot P_F(g_2)}{P_R(g_1) \cdot P_F(g_2)}. \quad (4.10)$$

Wir können zeigen, daß für alle Bilder B_1, B_2 gilt (s. Anhang B):

$$\chi^2(B_1, B_2) \leq \chi^2(B_1, B_1). \quad (4.11)$$

Damit erfüllt die χ^2 -Statistik die notwendige Voraussetzung für den Einsatz als Ähnlichkeitsfunktion.

Kombinationen

Beide Ähnlichkeitsfunktionen, Mutual Information und χ^2 , besitzen neben dem globalen Maximum einige lokale Maxima. Dies kann bei der Registrierung dazu führen, daß der Optimierer ein lokales Maximum als Ergebnis ansieht. Neben Abhilfen wie die Verwendung eines globalen Optimierers, wie beispielsweise genetische Algorithmen oder Simulated Annealing [87, 102], oder die Einschränkung des Suchraumes durch eine initiale Positionierung gibt es die Möglichkeit, eine Kombination von zwei oder mehreren Ähnlichkeitsfunktionen anzuwenden.

Wie in Burkhardt et. al. [27] experimentell ermittelt wurde, besitzen Mutual Information und χ^2 zwar dasselbe globale Maximum, aber ihre lokalen Maxima sind verschieden. Diese Tatsache kann für eine Optimierung basierend auf einer Kombination beider Funktionen genutzt werden. Die Registrierung kann dann folgenderweise durchgeführt werden:

- Zuerst erfolgt eine Registrierung auf Basis der Mutual Information.
- Anschließend erfolgt die Registrierung durch Maximierung des χ^2 -Wertes. Als Startwert für den Optimierer wird das im letzten Schritt gefundene Optimierungsergebnis genommen.
- Führen beide Registrierungen zu demselben Ergebnis, wird dieses als Registrierungsergebnis genommen. Andernfalls wird die gesamte Registrierung mit einem anderen Startwert erneut gestartet.

Als Vorteil dieses Vorgehens ist anzusehen, daß lokale Optimierer zum Einsatz kommen können. Diese liefern bei wenig Rechenzeit genauere Ergebnisse als die aufwendige und teilweise wenig genaue Optimierung mit genetischen Algorithmen wie sie u.a. von Staib und Lei [102] verwendet wird.

4.4.3 Optimierung

Die Optimierung erfolgt mit dem bereits in [23] verwendeten Uphill-Simplex-Algorithmus. Der Einsatz des Powells-Algorithmus [87] hat, bezogen auf die Geschwindigkeit, zu keinen zufriedenstellenden Ergebnissen geführt.

Uphill-Simplex-Algorithmus zum Maximieren einer Funktion $F : \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}$

Start mit Parametern $\mathbf{P}_{start}, d_{start}, d_{stop}, \lambda_1, \dots, \lambda_m$

$d = d_{start}$

$\mathbf{P} = \mathbf{P}_{start}$

while $d \geq d_{stop}$ **do**

 Initialisierung:

$$\begin{aligned} \mathbf{v}_1 &= \mathbf{P} \\ \mathbf{v}_{i+1} &= \lambda_i \cdot d \cdot \mathbf{e}_i + \mathbf{v}_i \quad \text{für } i = 1, \dots, m \end{aligned}$$

repeat

 Bestimmung eines $\sigma \in S_{m+1}$ mit $F(\mathbf{v}_{\sigma(i)}) \geq F(\mathbf{v}_{\sigma(i+1)})$ für alle $i = 1, \dots, m$

for $i=1, \dots, m$ **do**

if $F(\text{refl}(\mathbf{v}_{\sigma(i)})) > F(\mathbf{v}_{\sigma(i)})$ **then**

$\mathbf{v}_{\sigma(i)} = \text{refl}(\mathbf{v}_{\sigma(i)})$

 Verlassen der FOR-Schleife

end if

end for

until im letzten Durchlauf wurde kein \mathbf{v}_i ersetzt

end while

while Im letzten Schleifendurchlauf wurde ein \mathbf{v}_i ersetzt **do**

$\mathbf{P} = \mathbf{v}_{\sigma(m+1)}$

$d = d/2$

end while

Ende mit Optimierungsergebnis \mathbf{P}

Abbildung 4.4: Uphill-Simplex-Algorithmus zum Maximieren einer Funktion $F : \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}$

Uphill-Simplex-Algorithmus

Der Uphill-Simplex-Algorithmus ist ein einfaches Verfahren, um Funktionen der Art $F : \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}$ zu maximieren. Der Grundgedanke des Verfahrens ist es, einen geometrischen Körper, ein Simplex, mit $(m+1)$ Punkten $\mathbf{v}_1, \dots, \mathbf{v}_{m+1} \in \mathbb{R}^m$ zu definieren. In Abhängigkeit der Funktionswerte $F(\mathbf{v}_i)$, $i = 1, \dots, (m+1)$ werden die Punkte \mathbf{v}_i solange ersetzt, bis die Abbruchbedingung erreicht ist. Das Optimierungsergebnis ist der Punkt mit dem größten Funktionswert.

Das hier verwendete Verfahren basiert auf dem in Press et. al. [87] vorgestellten Downhill-Simplex-Verfahren sowie der Freudenthal-Triangulierung [6]. Es hat den Vorteil, daß für die Triangulierung feste, definierte Gitterpunkte im \mathbb{R}^m herangezogen werden. Damit ist eine Entartung der Simplexes, wie sie bei [87] möglich ist, von vornherein ausgeschlossen.

Bei dieser Triangulierung ist das anfängliche Simplex durch eine affine Abbildung $A : \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}^m$ definiert, die die Punkte $\mathbf{a}_1, \dots, \mathbf{a}_{m+1}$ mit

$$\begin{aligned} \mathbf{a}_1 &= \mathbf{0} \\ \mathbf{a}_{i+1} &= \mathbf{a}_i + \mathbf{e}_i \quad i = 1, \dots, m \end{aligned}$$

auf die Punkte $\mathbf{v}_1, \dots, \mathbf{v}_{m+1}$ durch $\mathbf{v}_i = A(\mathbf{a}_i)$ abbildet. $\mathbf{e}_i \in \mathbb{R}^m$ bezeichnet den i -ten Einheitsvektor.

Weiterhin werden für jeden Punkt \mathbf{v}_i der Vorgänger $\text{pre}(\mathbf{v}_i)$ und der Nachfolger $\text{suc}(\mathbf{v}_i)$ wie folgt definiert:

$$\text{suc}(\mathbf{v}_i) = \begin{cases} \mathbf{v}_{i+1} & \text{für } i = 1, \dots, m \\ \mathbf{v}_1 & \text{für } i = m + 1 \end{cases} \quad (4.12)$$

$$\text{pre}(\mathbf{v}_i) = \begin{cases} \mathbf{v}_{i-1} & \text{für } i = 2, \dots, (m + 1) \\ \mathbf{v}_{m+1} & \text{für } i = 1 \end{cases} \quad (4.13)$$

Die Reflektion von \mathbf{v}_i in der Triangulierung ist durch

$$\text{refl}(\mathbf{v}_i) = \text{pre}(\mathbf{v}_i) - \mathbf{v}_i + \text{suc}(\mathbf{v}_i) \quad (4.14)$$

erklärt.

Die Implementierung (Abb. 4.4) verwendet mehrere Optimierungsdurchläufe. Ein Durchlauf läßt sich mit den folgenden Parametern steuern: einem Startpunkt $\mathbf{P}_0 \in \mathbb{R}^m$, der Gitterweite der Triangulierung $d \in \mathbb{R}$ und m Skalierungsfaktoren $\lambda_1, \dots, \lambda_m$. Das ursprüngliche Simplex $\mathbf{v}_1, \dots, \mathbf{v}_{m+1}$ ist durch

$$\mathbf{v}_1 = \mathbf{P}_0 \quad (4.15)$$

$$\mathbf{v}_{i+1} = \lambda_i \cdot d \cdot \mathbf{e}_i + \mathbf{v}_i \quad i = 1, \dots, m \quad (4.16)$$

definiert.

Beginnend mit diesen Werten von \mathbf{v}_1 bis \mathbf{v}_{m+1} wird die Funktion F für die Argumente \mathbf{v}_i ausgewertet. Aus dem Ergebnis läßt sich eine Permutation $\sigma \in S_{m+1}$ der natürlichen Zahlen $1, \dots, (m + 1)$ ableiten, so daß für alle $i = 1, \dots, m$ gilt: $F(\mathbf{v}_{\sigma(i)}) \leq F(\mathbf{v}_{\sigma(i+1)})$. Beginnend mit $i = 1$ wird getestet, ob $F(\text{refl}(\mathbf{v}_{\sigma(i)})) > F(\mathbf{v}_{\sigma(i)})$. Ist das der Fall, wird $\mathbf{v}_{\sigma(i)}$ durch $\text{refl}(\mathbf{v}_{\sigma(i)})$ ersetzt. Ansonsten wird i um eins erhöht und der Test erneut durchgeführt. Ist der Test auch für $i = m + 1$ fehlgeschlagen, wird der Durchlauf beendet und das Optimierungsergebnis ist $\mathbf{v}_{\sigma(m+1)}$.

Die Optimierung mit dem Uphill-Simplex-Algorithmus verwendet mehrere Optimierungsdurchläufe mit verschiedenen Gitterweiten d . Begonnen wird mit $d = d_{\text{start}}$. Ist das Optimierungsergebnis erreicht, wird d halbiert. Ist die neue Gitterweite d größer als d_{stop} , wird ein weiterer Durchlauf mit dieser und einem Startpunkt, der gleich dem Ergebnis des vorherigen Durchlaufs ist, gestartet. Das Optimierungsergebnis des Uphill-Simplex-Algorithmus ist das Ergebnis des letzten Optimierungsdurchlaufs.

Damit läßt sich der gesamte Algorithmus durch $m + 3$ Parameter steuern: dem Startpunkt $\mathbf{P}_{\text{start}}$, der Startgitterweite d_{start} , der Stoppgitterweite d_{stop} und den Skalierungsfaktoren $\lambda_1, \dots, \lambda_m$. Als Start- und Stoppgitterweite werden im folgenden stets $d_{\text{start}} = 1$ und $d_{\text{stop}} = 0,01$ verwendet. Die Skalierungsfaktoren werden für Rotationsparameter auf $\lambda = 5^\circ$ und Translationsparameter $\lambda = 5$ mm gesetzt.

4.4.4 Implementierung

Zur Implementierung des Registrierers werden die beschriebenen Bestandteile verwendet. D.h., es kommen rigide und affine Transformationen zum Einsatz, MI- und χ^2 -basierte Ähnlichkeitsfunktionen. Die Optimierung erfolgt mit dem Uphill-Simplex-Algorithmus.

Um die gesamte Registrierung zu beschleunigen wird von beiden Bildern, dem Referenzbild und dem zu registrierenden Bild, eine Auflösungs pyramid erstellt. Auf der Stufe mit der größten Auflösung erfolgt die initiale Lageschätzung. Die auf einer Stufe gefundenen Parameter werden auf der nächstfeineren Stufe weiter optimiert.

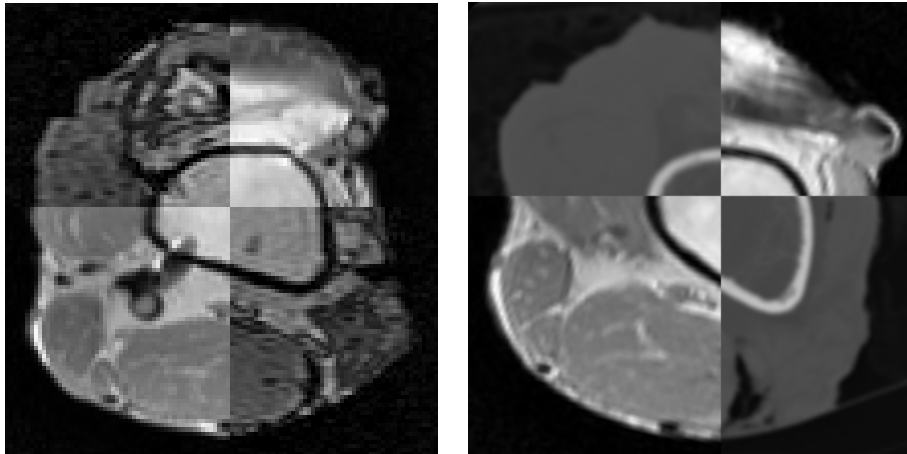


Abbildung 4.5: Ergebnisse der Registrierung. Überlagerung von Referenzbild und registrierten Floating Image für eine MR/MR-Registrierung (links) und eine MR/CT-Registrierung (rechts).

4.4.5 Praktische Ergebnisse

In diesem Abschnitt wird am Beispiel einiger Registrierungen das grundlegende Funktionieren des Verfahrens gezeigt. Zur Anwendung kommt ein MR-Datensatz, der auf einem zweiten MR- bzw. einem CT-Datensatz registriert wird. Alle Registrierungen erfolgen einmal unter Verwendung einer MI-basierten und einmal mit einer χ^2 -basierten Ähnlichkeitsfunktion. Zusätzlich kommt eine kombinierte Funktion zum Einsatz. Zum Einsatz kommt jeweils eine rigide und in einem Fall eine affine Abbildung. Die Ergebnisse sind in Tabelle 4.1 aufgeführt und Abbildung 4.5 dargestellt.

Den Ergebnissen in Tabelle 4.1 ist zu entnehmen, daß MI- und χ^2 basierte Ähnlichkeitsfunktionen zu nahezu denselben Registrierergebnissen führen. Dies entspricht auch der Feststellung, daß beide Ähnlichkeitsfunktionen dasselbe globale Maximum besitzen. Da die exakte Abbildung nicht bekannt ist, läßt sich über die Genauigkeit an dieser Stelle keine weitere Aussage treffen. Kommt eine kombinierte Funktion zum Einsatz, so ist in der Registrierstellung sowohl der MI- als auch der χ^2 -Wert geringfügig höher als bei einer separaten Optimierung. Dies deutet auf eine bessere Anpassung hin. Ein weiterer Vorteil dieser Kombination ist die Möglichkeit, Fehler in der Registrierung zu erkennen. Weichen die Ergebnisse der MI- und der anschließend χ^2 -basierten Registrierung erheblich voneinander (z.B. mehr als 1° bzw. 1 mm) ab, so kann dem Anwender eine Warnung über das Ergebnis gegeben werden.

Die Registrierungen mit der affinen Abbildung zeigen weitere Effekte. Die Skalierungsfaktoren für zwei der drei Richtungen sind in diesem Fall ungleich 1,0. D.h., es gibt geometrische Differenzen in den Datensätzen. Die gleichzeitig etwas höheren MI bzw. χ^2 -Werte zeigen, daß eine bessere Anpassung des Floating Images an das Referenzbild erreicht wird. Der MI-Wert ist um 2,4% höher, der χ^2 -Wert um 4,4%. Hier können wir die Auswirkung der geometrischen Verzeichnungen in den MR-Daten sehen. Wären alle Datensätze geometrisch korrekt, müßten die Skalierungsfaktoren identisch 1,0 sein. Das heißt, eine Korrektur der Verzeichnungen in den MR-Daten ist unbedingt notwendig.

4.5 Ansätze zur Segmentierung

Segmentierungsalgorithmen können entsprechend ihrer Eigenschaft, ob sie auf dem gesamten Datensatz oder nur auf einzelnen Schichten arbeiten, in 2D- und 3D-Segmentierungsverfahren unterteilt werden.

Referenz	ϕ_x	ϕ_y	ϕ_z	t_x	t_y	t_z	s_x	s_y	s_z	MI	χ^2	Zeit
Rigide Abbildung												
MR	0,10	0,06	0,05	-5,9	1,9	0,0	-	-	-	0,82	-	418
MR	0,04	0,12	0,44	-5,8	1,9	0,0	-	-	-	-	2,81	419
MR	-0,04	0,33	-0,09	-5,8	1,9	0,0	-	-	-	0,83	2,82	782
CT	-0,23	0,01	-13,55	10,2	12,2	-1,4	-	-	-	0,68	-	1043
CT	-0,03	0,10	-13,30	10,2	12,2	-1,5	-	-	-	-	2,24	2056
CT	-0,75	0,06	-14,39	10,5	12,1	-1,6	-	-	-	0,68	2,25	1369
Affine Abbildung												
MR	-0,06	-0,12	-0,45	-5,7	2,2	-0,2	1,00	1,02	1,01	0,84	-	912
CT	-0,79	-0,10	-13,69	-10,4	12,4	-1,7	1,00	1,02	1,01	0,71	-	2274

Tabelle 4.1: Ergebnisse der Registrierung. Es sind die Abbildungsparameter, die während der Registrierung ermittelt worden und die benötigte Rechenzeit aufgeführt. Weiterhin ist der MI-Wert bzw. χ^2 -Wert in der Registrierstellung für eine Registrierung mit MI bzw. χ^2 -basierter Ähnlichkeitsfunktion aufgeführt. Bei einer kombinierten Optimierung sind beide Werte angegeben. Die Rotationswinkel sind in Grad, die Translationen in mm, und die Zeit ist in Sekunden angegeben.

2D-Segmentierungsverfahren arbeiten auf einer einzelnen Schicht des Datensatzes. Derartige Ansätze werden unter anderem in [10, 42, 60] verfolgt. Die gesamte Segmentierung des 3D-Objektes ergibt sich durch ein nachträgliches Zusammensetzen der einzelnen Segmentierungen jeder Schicht. Als Vorteile eines solchen Vorgehens können angesehen werden:

- Mit 2D-Verfahren ist eine schnelle Segmentierung einzelner Schichten möglich.
- Es ist auf einfache Art und Weise eine Interaktion mit dem Benutzer möglich. Es können sehr einfach in einer Schicht beispielsweise Stützstellen definiert werden.

Nachteilig ist das nachträgliche Zusammensetzen der Segmentierungen. Dadurch werden Besonderheiten der zu segmentierenden Struktur, die sich zwischen den Schichten ergeben, kaum berücksichtigt.

3D-Segmentierungsverfahren gleichen diesen Nachteil aus. Sie segmentieren den kompletten Datensatz in einem Durchgang. Ein nachträgliches Zusammensetzen der 2D-Segmentierungsergebnisse entfällt. Ein weiterer Vorteil ist die höhere Geschwindigkeit bei der Segmentierung der gesamten 3D-Struktur im Vergleich zur Segmentierung jeder einzelnen Schicht. Dagegen wird aufgrund der 3D-Eigenschaft eine Interaktion mit dem Nutzer erschwert, ein Eingriff ist kaum möglich. 3D-Ansätze kommen u.a. in [35, 89] zum Einsatz.

In dieser Arbeit werden sowohl 2D- als auch 3D-Segmentierungsverfahren zum Einsatz kommen. Die 2D-Segmentierungen erfolgen mit dem Livewireansatz [9] und texturbasierten geodätischen aktiven Konturen [69] als semiautomatischen Verfahren. Diese Verfahren liefern mit sehr geringem Aufwand eine gute Segmentierung. Letzteres erfordert eine von Anwender zu definierende Vorsegmentierung, die allerdings auch weitgehend automatisiert werden kann. Für den 3D-Fall wird ein Verfahren, das ursprünglich im Rahmen der Diplomarbeit des Autors [23] für die Segmentierung von Kopf-MR-Daten entwickelt wurde, auf den Fall der Femurdatensätze angepaßt. Es kombiniert Clustering-Verfahren [67, 85] mit 3D-Konturmodellen.

4.6 2D-Segmentierung

4.6.1 Livewire und Livelane

Livewire [9] fällt in die Kategorie der semiautomatischen Verfahren. Es eignet sich für eine schnelle und effiziente Segmentierung von 2D-Bilddaten und führt zu gut reproduzierbaren Kanten. Das Livewire-Verfahren führt das Problem der Segmentierung auf die Suche in einem Graphen zurück. Das Ziel ist das Finden eines optimalen Pfades mit minimalen Kosten zwischen zwei Punkten. Die Interaktion mit dem Anwender beschränkt sich darauf, daß von ihm Stützpunkte auf der zu segmentierenden Kontur gesetzt werden. Livewire berechnet dann eine optimale Kante zwischen zwei benachbarten Stützpunkten, indem der Pfad mit minimalen Kosten zwischen beiden Punkten berechnet wird.

Seien $l(\mathbf{p}, \mathbf{q})$ die lokalen Kosten für einen Pfad zwischen zwei direkt benachbarten Pixeln \mathbf{p} und \mathbf{q} . Die lokalen Kosten sind definiert als

$$l(\mathbf{p}, \mathbf{q}) = \omega_G \cdot f_G(\mathbf{q}) + \omega_Z \cdot f_Z(\mathbf{q}) + \omega_D \cdot f_D(\mathbf{p}, \mathbf{q}). \quad (4.17)$$

Sie variieren abhängig davon, ob der Pfad zwischen \mathbf{p} und \mathbf{q} tatsächlich auf einer Kante oder einem Teil davon verläuft.

Ein Merkmal einer Kante ist, daß an ihrer Stelle der Grauwertgradient einen hohen Betrag besitzt. Die Berücksichtigung des lokalen Grauwertgradienten in der Funktion $f_G(\mathbf{q})$ führt somit zu einer Positionierung der Kante. f_G ist so definiert, daß Stellen mit einem großen Betrag des Gradienten niedrigen Kosten entsprechen. Damit ist f_G als

$$f_G(\mathbf{q}) = 1 - \frac{\|\nabla I(\mathbf{q})\|}{\max_{\mathbf{t} \in \mathcal{T}} \|\nabla I(\mathbf{t})\|} \quad (4.18)$$

definiert.

Eine weitere Möglichkeit, Kanten zu erkennen besteht in der Anwendung des Laplacefilters. Er gehört zu den Differenzoperatoren zweiter Ordnung und ist durch die Filtermaske

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & -4 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (4.19)$$

definiert [58]. An einer Kante besitzt der Filter einen Nulldurchgang. Die Funktion $f_Z(\mathbf{q})$ zieht den Nulldurchgang des Laplacefilters in Betracht. $f_Z(\mathbf{q}) = 0$ wird gesetzt, falls das Bild nach der Anwendung des Laplacefilters den Wert 0 an der Stelle \mathbf{q} besitzt oder falls \mathbf{q} ein Nachbarpixel mit einem anderen Vorzeichen hat. Andernfalls ist $f_Z(\mathbf{q}) = 1$.

Ein drittes verwendetes Kriterium für die Lokalisation einer Kante ist die Abweichung zwischen der Gradientenrichtung und der Strecke zwischen den Punkten \mathbf{p} und \mathbf{q} . Große Abweichungen führen zu hohen Kosten. Dies erfolgt mit der Funktion $f_D(\mathbf{p}, \mathbf{q})$. Sei $D(\mathbf{p})$ der Einheitsvektor senkrecht zur Gradientenrichtung im Punkt \mathbf{p} . Dann ergibt sich die Formulierung von $f_D(\mathbf{p}, \mathbf{q})$ als

$$f_D(\mathbf{p}, \mathbf{q}) = \frac{2}{3\pi} (\cos^{-1} d_p(\mathbf{p}, \mathbf{q}) + \cos^{-1} d_q(\mathbf{p}, \mathbf{q})) \quad (4.20)$$

mit

$$\begin{aligned} d_p(\mathbf{p}, \mathbf{q}) &= \langle D(\mathbf{p}), L(\mathbf{p}, \mathbf{q}) \rangle \\ d_q(\mathbf{p}, \mathbf{q}) &= \langle L(\mathbf{p}, \mathbf{q}), D(\mathbf{q}) \rangle \end{aligned}$$

und

$$L(\mathbf{p}, \mathbf{q}) = \begin{cases} \mathbf{q} - \mathbf{p} & \text{falls } D(\mathbf{p}) \cdot (\mathbf{q} - \mathbf{p}) \geq 0 \\ \mathbf{p} - \mathbf{q} & \text{sonst} \end{cases}$$

ist der normalisierte Verbindungsvektor zwischen den Pixel \mathbf{p} und \mathbf{q} . Entsprechend [9] setzen wir die Gewichtungsfaktoren $\omega_G = 0,43$, $\omega_Z = 0,43$ und $\omega_D = 0,14$.

Eine Segmentierung mit Livewire kann wie folgt erfolgen. Der Anwender setzt einen Startpunkt auf der Kante und fährt auf dieser entlang. Dabei wird mittels des Livewire-Verfahrens der optimale Pfad zwischen dem Startpunkt und der aktuellen Position berechnet. Weicht die Kante von der zu segmentierenden ab, setzt der Nutzer einen weiteren Stützpunkt an einer Stelle auf der Kante, an der die Segmentierung noch übereinstimmt. Die Kante wird jeweils zwischen der aktuellen Position und dem letzten Stützpunkt neu berechnet. Zur Frage, wie der kostengünstigste Pfad aufgefunden wird, sei an dieser Stelle auf den Artikel von Barrett et. al. [9] verwiesen.

Das Livewire-Verfahren wird verwendet, um die Kante zwischen Kortikalis und Spongiosa sowie die äußere Kante des Körpers in einer MR-Aufnahme zu segmentieren. Die vom Anwender gesetzten Stützstellen und das Ergebnis der Segmentierung sind in Abbildung 4.6 dargestellt.

Sowohl die Segmentierung des Knochens als auch des gesamten Körpers erfolgt mit dem Livewire-Verfahren problemlos. In den Bildern waren fünf Stützstellen für den Femur und sieben für das Gesamtvolumen notwendig. Die Segmentierung zeichnet sich durch eine sehr gute Anpassung an die Konturen bei gleichzeitig minimaler Interaktion mit dem Anwender aus. Insgesamt wurden in keiner Schicht des Volumens mehr als zwölf Stützstellen für eine Segmentierung benötigt. Die Zeit für eine Segmentierung lag bei ca. 30 Sekunden. Problematisch bei der Segmentierung des Femur kann die benachbarte Kante zum Weichgewebe werden. Deren Stärke zieht unter Umständen die Kontur an. Abhilfe schaffen in diesem Fall weitere Stützstellen auf der äußeren Spongiosakante. Daher resultieren die benötigten bis zu zwölf Stützstellen.

Bei der Segmentierung der MR-Daten mit dem Livewire-Verfahren hat sich die semiautomatische Gestalt als Vorteil herausgestellt. Das Verfahren ist robust, und die Ergebnisse lassen sich weitestgehend reproduzieren. Als nachteilig stellt sich der große Aufwand dar, falls ein kompletter Volumendatensatz segmentiert werden soll. Wird ein Aufwand von ca. 30 Sekunden für jede zu segmentierende Schicht angenommen, kann der Zeitbedarf bei typischen Größen der Datensätze von 40 Schichten ungefähr 20 Minuten betragen.

Eine Weiterentwicklung und Modifikation ist das Livelane-Verfahren [43]. Ausgehend von einem Startpunkt fährt der Anwender die zu segmentierende Kante einmal ab. Die optimale Pfad wird vom Startpunkt ausgehend in einer kleinen Umgebung (*Gasse*) um den vom Anwender vorgegebenen Pfad gesucht und nicht wie bei Livewire im gesamten Bild. Es ist möglich, die Breite dieser Gasse in Abhängigkeit von der Mausgeschwindigkeit zu setzen. Bei schnellen Bewegungen wird eine deutliche Kante angenommen und daher eine große Breite gesetzt. Dagegen werden schlecht erkennbare Kanten zu langsamen Bewegungen und damit zu einer geringen Breite führen.

4.6.2 Texturbasierte geodätische aktive Konturen

Ein weiteres Verfahren für die Segmentierung sind die geodätischen aktiven Konturen, zuerst vorgestellt von Cassles et. al. [32]. In der Erweiterung von Lorigo et. al. [69, 70] wird in diesen Ansatz die Textur des Bildes eingebracht.

Das Problem, eine Kurve zu finden, die die Kontur eines Objekts am besten umschließt, kann als



Abbildung 4.6: Mit Hilfe des Livewire-Verfahren segmentierte Kanten der Spongiosa (links) und des Gesamtvolumens (rechts). Gezeigt sind die vom Anwender gesetzten Stützpunkte (oben) und die berechnete Segmentierung (unten)

Minimierungsproblem über alle geschlossenen, planaren Kurven $C : [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}^2$ beschrieben werden. Es wird eine Kurve C bestimmt, so daß der Ausdruck

$$\int_0^1 g(\|\nabla I(C(q))\|) C'(q) dq \quad (4.21)$$

minimiert wird. I bezeichnet die Intensitätsfunktion des Bildes, und $g : [0, \infty) \rightarrow \mathbb{R}$ ist eine streng monoton fallende Funktion mit $g(r) \rightarrow 0$ für $r \rightarrow \infty$. Eine Möglichkeit ist, g als Funktion des Grauwertgradienten ∇I zu wählen:

$$g(\nabla I(\mathbf{p})) = \frac{1}{1 + \|\nabla I(\mathbf{p})\|^2}. \quad (4.22)$$

Um den Ausdruck (4.21) zu minimieren, wird C als eine Funktion des Zeit t und eines Parameters q angenommen. Dann läßt sich die Euler-Lagrange-Gleichung der zu minimierenden Funktion berechnen. Dies führt zu der Gleichung

$$\frac{\partial C(t)}{\partial t} = g \kappa \mathbf{n} - \langle \nabla g, \mathbf{n} \rangle \mathbf{n}. \quad (4.23)$$

Um eine Unabhängigkeit von der Parametrisierung der Kurve C zu erreichen, definieren wir eine Oberfläche $u : [0, a] \times [0, b] \rightarrow \mathbb{R}$, die den Abstand jedes Punktes zur Kurve C widerspiegelt. Anschließend wird u anstelle von C berechnet. Die Iterationsgleichung ist durch

$$u_t = g \cdot \kappa \cdot \|\nabla u\| + \langle \nabla g, \nabla u \rangle \quad (4.24)$$

mit der Krümmung κ :

$$\kappa = \operatorname{div} \left(\frac{\nabla u}{\|\nabla u\|} \right) \quad (4.25)$$

gegeben. Eine zusätzliche Konstante c wird verwendet, um die Konvergenzgeschwindigkeit zu erhöhen, und wir erhalten

$$u_t = g \cdot (c + \kappa) \cdot \|\nabla u\| + \langle \nabla g, \nabla u \rangle. \quad (4.26)$$

Das Vorgehen läßt sich auf vektorwertige Bilder übertragen. Sei $I : [0, a] \times [0, b] \rightarrow \mathbb{R}^m$ ein vektorwertiges Bild, dessen Pixel Vektoren aus dem \mathbb{R}^m sind. Die quadratische Form $dI^2(\mathbf{v})$ bezeichnet die Änderungsrate im Bild in der Richtung \mathbf{v} mit

$$dI^2 = \begin{pmatrix} du_1 \\ du_2 \end{pmatrix}^T \begin{pmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{21} & g_{22} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} du_1 \\ du_2 \end{pmatrix} \quad \text{mit} \quad (4.27)$$

$$g_{ij} = \left\langle \frac{\partial I}{\partial u_i}, \frac{\partial I}{\partial u_j} \right\rangle. \quad (4.28)$$

Die Extrema von dI^2 werden in der Richtung der Eigenvektoren des metrischen Tensors (g_{ij}) angenommen.

In unserem Fall ist I eine Funktion $I : [0, a] \times [0, b] \rightarrow \mathbb{R}^2$. Eine Komponente des Vektors enthält den Grauwert des jeweiligen Pixels, die zweite die Varianz, die in einem Fenster fester Größe um das Pixel berechnet wird. Wir wählen g als Funktion des größten Eigenwertes λ_+ :

$$g = \frac{1}{1 + \sqrt{\lambda_+}}. \quad (4.29)$$

Die numerische Implementierung des Verfahren erfolgt nach Kimmel [61]. Einzelheiten dazu sind in Anhang C zu finden.

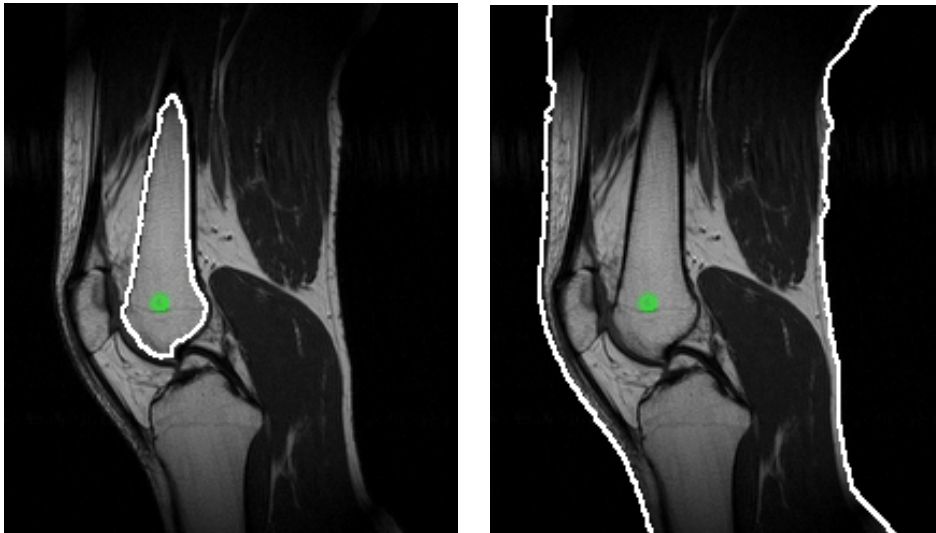


Abbildung 4.7: Segmentierung mit dem Verfahren der geodätischen aktiven Konturen mit initialer (grün) und angepaßter Kontur (weiß). Links: Segmentierung der Spongiosa. Rechts: Segmentierung des Gesamtvolumens.

Definition der initialen Konturen

Die Verwendung von geodätischen aktiven Konturen mit einer einfachen und effektiven Möglichkeit zur Definition der initialen Konturen reduziert den Nutzeraufwand und ermöglicht eine schnelle Segmentierung.

Wir benötigen für die Segmentierung der Kortikalis eine Struktur, die komplett innerhalb des Knochens verläuft. Weiterhin wird für die Segmentierung des gesamten Volumens ebenfalls eine entsprechende initiale Kontur gesucht, die innerhalb des gesamten Volumens liegt. Für beide Segmentierungen wird hierbei ein und dieselbe initiale Kontur verwendet. Einzig durch eine geeignete Änderung der Größe des Varianzfilters läßt sich einstellen, welche Kante segmentiert wird. Wir verwenden eine Größe von 3×3 für die Segmentierung der Kortikalis und 7×7 für das Gesamtvolumen. Die Werte der Konstanten c werden auf $c = -0,6$ für die Segmentierung des Spongiosa und $c = -1$ für das Gesamtvolumen gesetzt.

Weiterhin ist es vorteilhaft, wenn mit wenig Aufwand eine initiale Kontur für alle Schichten definiert werden kann. Um das zu ermöglichen, wird in der ersten und letzten Schicht, die den Knochen zeigt, jeweils ein Punkt innerhalb des Knochens gesetzt. Die beiden Punkte definieren die Achse eines Zylinders mit einem Durchmesser von wenigen Pixeln. Ein Durchmesser von fünf Pixeln ist für unsere Zwecke ausreichend. Die Punkte müssen so gesetzt werden, daß der Zylinder in den Schichten, die die Spongiosa zeigen, komplett innerhalb des Knochens verläuft. Weiterhin wird die erste und letzte Schicht, die das Volumen zeigt, markiert. Um eine initiale Kontur für die Segmentierung des Gesamtvolumens in Schichten, die keine Spongiosa zeigen, zu erreichen, wird der Zylinder bis in die markierten Schichten verlängert. Ausgehend von diesen initialen Konturen erfolgt die Anpassung der Konturen.

Beispiel für die Segmentierung

Die Segmentierung der Spongiosa und des Gesamtvolumens wird in Abbildung 4.7 für eine sagittale Schicht eines MR-Datensatzes gezeigt. Es ist eine gute Anpassung an die Konturen zu erkennen. Die

Zeit beträgt ca. 30 Sekunden pro Kontur, d.h. 60 Sekunden für die Segmentierung der Spongiosa und des Gesamtvolumens. Bei letzterer wird die schon fertige Spongiosakontur als Ausgang genommen.

Als Vorteil des Verfahrens erweist sich die sehr gute Segmentierung bei einer sehr minimalen Nutzerinteraktion. Nachteilig ist die benötigte Zeit von ca. 60 Sekunden für die komplette Segmentierung einer Schicht. Diese führt bei MR-Datensätzen mit typischer Größe (30 bis 40 Schichten) auf eine benötigte Zeit von 30 bis 40 Minuten. Diese Zeit läßt sich noch reduzieren, indem die bereits segmentierte Kontur der benachbarten Schicht als Ausgangspunkt verwendet wird. Damit liegt die Rechenzeit aber immer noch im Bereich von 15 Minuten.

Der hohe Zeitbedarf für die komplette Segmentierung des gesamten Datensatzes ist durch die 2D-Natur des Verfahrens begründet, weil es jede Schicht einzeln segmentiert. Im folgenden wird ein 3D-Verfahren vorgestellt, daß diese Nachteile vermeiden soll.

4.7 3D-Segmentierung

Eine weitere Möglichkeit besteht darin, statt einzelner Schichten gleich den gesamten Datensatz zu segmentieren. In diesem Abschnitt wird eine weitgehend automatische Segmentierung des gesamten Datensatzes mit einem Isodata-basierten Clustering und Balloonmodellen vorgestellt.

Dieses 3D-Verfahren, basierend auf dem Balloonmodell [62], kam bereits in [23, 26] bei der Segmentierung des Schädelknochens aus T1- und PD-gewichteten MR-Aufnahmen zur Anwendung. Die Segmentierung wird in eine Vorsegmentierung und eine Nachoptimierung unterteilt.

- Zuerst werden die Voxel im Bild mit dem Isodata-Verfahren in verschiedene Intensitätsklassen unterteilt. Dadurch ist die Trennung in Hintergrund und Gewebe möglich. Die Zugehörigkeit zu einer Klasse wird ausschließlich durch die Intensität bestimmt. Da gleiche Gewebe bei gleichen Kontrastparametern (TR, TE) ein ähnliches Verhalten zeigen, läßt sich die Anzahl der Klassen in Abhängigkeit der Gewichtung des Datensatzes vorab fest einstellen. Aus der Klassifizierung läßt sich sowohl eine initiale Segmentierung des Knochens als auch des gesamten Volumens gewinnen.
- Von der so gewonnen Vorsegmentierung wird die Oberfläche als 3D-Modell extrahiert. Mit Hilfe eines 3D-elastischen Modells erfolgt eine Anpassung an die gesuchte Kontur.

Die Vorsegmentierung erfolgt mit dem Isodata-Algorithmus. Dieses Verfahren unterteilt die Voxel $\mathbf{x} \in \mathcal{T}$ eines Bildes anhand ihres Grauwertes in k Intensitätsklassen $C_i, i = 1, \dots, k$, wobei die Klassen paarweise disjunkt sind und ihre Vereinigung wieder die Trägermenge \mathcal{T} des Bildes ergibt.

$$\bigcup_{i=1}^k C_i = \mathcal{T} \quad (4.30)$$

Jede Klasse besitzt ihrerseits ein Klassenzentrum z_i mit

$$z_i = \frac{1}{|C_i|} \sum_{\mathbf{x} \in C_i} I(\mathbf{x}) . \quad (4.31)$$

Die Unterteilung der Voxel erfolgt so, daß der Ausdruck

$$J = \sum_{i=1}^k \sum_{\mathbf{x} \in C_i} (I(\mathbf{x}) - z_i)^2 \quad (4.32)$$

minimal wird.

Der einzigste Parameter für dieses Verfahren ist die Anzahl der Klassen k , in die das Bild unterteilt werden soll. Bei PD- und T2-gewichteten MR-Aufnahmen haben sich dabei zwei Klassen als optimal herausgestellt, bei T1-gewichteten zwischen drei und vier. Die Art des Kontrastes läßt sich aus den Kontrastparametern TE und TR ablesen. Die Unterteilung in die einzelnen Bildtypen geschieht entsprechend der folgenden Tabelle.

Gewichtung	Echozeit TE	Wiederholzeit TR	Anzahl von Klassen
T1	-	< 2000ms	3-4
T2	> 20ms	\geq 2000ms	2
PD	\leq 20ms	\geq 2000ms	2

Bilder mit kurzen Wiederholzeiten TR und langen Echozeiten TE treten praktisch so gut wie überhaupt nicht auf. Aus diesem Grund werden alle Bilder mit kurzen Wiederholzeiten als T1-gewichtet betrachtet.

Die Vorsegmentierung des gesamten Volumens erfolgt automatisch. Entsprechend der Parameter Echo- und Wiederholzeit wird die Gewichtung des Bildes bestimmt und damit die Anzahl der Intensitätsklassen festgelegt, in die die Voxel unterteilt werden. Auf diese Weise erhalten wir eine Trennung des Bildes in den Hintergrund und in eine oder mehrere Intensitätsklassen für den Vordergrund. Eine morphologische Closing-Operation auf allen Gewebevoxeln liefert eine geschlossene, initiale Segmentierung für das gesamte Volumen. Hierbei hat sich ein kugelförmiges Strukturelement mit einem 8 mm Durchmesser bewährt. Mit einem Element dieser Größe sind alle Lücken in der Vorsegmentierung geschlossen.

Ein weiterer Schritt ist die Trennung des Knochens von dem ihm umgebenden Weichgewebe. An dieser Stelle muß der Anwender einmal eingreifen und einen beliebigen Punkt innerhalb des Knochens markieren. Anhand dieses Punktes wird ermittelt, welche Intensitätsklasse im Isodata-Algorithmus den Knochen umfaßt. Zur Heraustrennung des Knochens kann anschließend sehr gut ausgenutzt werden, daß im MR nur die Spongiosa des Knochens sichtbar ist. Die ihn überall umgebende Kortikalis gibt kein Signal und wird vom Isodata-Algorithmus, allerdings fälschlicherweise, als Hintergrund klassifiziert. Lediglich einzelne Voxelbrücken verbinden die Spongiosa mit dem Weichgewebe. Ein morphologisches Opening mit einem kugelförmigen Element mit 4 mm Durchmesser trennt die Brücken zwischen Knochen und Weichgewebe. Der Knochen kann herausgelöst werden.

Nach der Vorsegmentierung erfolgt eine Optimierung der segmentierten Strukturen. Dieser Schritt ist erforderlich, denn es treten Segmentierungsfehler auf, die ihre Ursachen vor allem in vier Gründen haben:

- Der Isodata-Algorithmus ist sehr rauschempfindlich. Von daher kann selbst ein geringes Rauschen die Zuordnung eines Voxels zu einer Klasse ändern.
- Die Trennung der einzelnen Komponenten mit morphologischen Operatoren führt zu Fehlern.
- Intensitätsinhomogenitäten in den MR-Aufnahmen können ebenfalls zu einer Änderung in der Klassenzuordnung führen.
- Die MR-Aufnahmen enthalten Flußartefakte. Diese treten auf, weil das Blut zwischen der Anregung der Kerne und der Messung des MR-Signals weiterfließt. Die entsprechenden Kerne geben ihr Signal dann an einer falschen Stelle ab.

Deshalb stimmt die Segmentierung stellenweise nicht mit dem Verlauf der Kante im Bild überein. Eine Anpassung der Vorsegmentierung mit einem elastischen Modell soll diese Fehler noch beseitigen.

Dazu ist es zunächst erforderlich, die Oberfläche der Segmentierung als Dreiecksnetz zu extrahieren. Hierbei werden der Marching Cubes [68] bzw. Marching Tetrahedra Ansatz [48] eingesetzt. Anschließend erfolgt eine Vereinfachung des 3D-Modells. In unserem Einsatzgebiet haben sich ca. 5000 Knoten im Modell als eine sinnvolle Anzahl herausgestellt.

Ausgehend von den initialen Positionen der Knoten $\mathbf{v}(0)$ erfolgt die Anpassung nach dem folgenden Schema:

$$\mathbf{v}(t+1) = \mathbf{v}(t) + \omega_{int} \mathbf{F}_{int} + \omega_{ext} F_{ext} \mathbf{n}. \quad (4.33)$$

\mathbf{F}_{int} und \mathbf{F}_{ext} bezeichnen die interne bzw. die externe Kraft und \mathbf{n} den nach außen gerichteten Einheitsvektor in Normalenrichtung am Knoten \mathbf{v} .

Die interne Kraft versucht, den Knoten zwischen seinen Nachbarn zu zentrieren und ist als

$$\mathbf{F}_{int} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (\mathbf{v}_i - \mathbf{v}) \quad (4.34)$$

definiert. \mathbf{v}_i bezeichnen die Nachbarn des Knotens \mathbf{v} , mit denen er direkt verbunden ist und N deren Anzahl.

Die Aufgabe der externen Kraft besteht darin, das Modell in einem Bereich zu fixieren, der sich durch einen bestimmten Grauwert auszeichnet. Sie wirkt in Richtung der Normalen und hat den Betrag

$$F_{ext} = \tanh \left(I(\mathbf{v}) - \frac{I_{mean}}{2} \right). \quad (4.35)$$

I_{mean} ist der mittlere Grauwert der in der Vorsegmentierung segmentierten Struktur. Liegt der Grauwert an der momentanen Knotenposition höher, wird das Modell nach außen gedrückt, andernfalls erfolgt eine Schrumpfung. Beide gesuchte Kanten, sowohl die Kante zwischen Spongiosa und Kortikalis als auch die äußere Abgrenzung des Körpers sind hell-dunkel-Übergänge. An beiden Kanten ist die Struktur im Inneren hell und außen dunkel.

Abschließend wird das beschriebene Vorgehen auf zwei MR-Datensätze vom distalen Femur angewendet. Verwendet wird ein T1- und ein T2-gewichtetes Bild. Beide Datensätze haben eine Größe von $256 \times 256 \times 50$ Voxeln bei einer Voxelgröße von $0,98 \times 0,98 \times 3,30$ mm. Die Ergebnisse in Abbildung 4.8 zeigen eine Schicht des Datensatzes. Weiterhin sind die Isodata-Klassifizierungen der Voxel sowie die Segmentierungen des Femurknochens und Gesamtvolumens dargestellt.

Das vorgestellte Verfahren zeichnet sich durch eine sehr hohe Genauigkeit aus. Alle Regionen, sowohl die Spongiosa des Femurknochens als auch die Außenkante des Gesamtvolumen werden sehr gut segmentiert. Die benötigte Rechenzeit lag für beide Datensätze im Bereich von zwei Minuten für die gesamte Segmentierung, d.h. einschließlich Vorsegmentierung und Nachoptimierung.

Eine weitere Möglichkeit für die Anpassung der initialen Segmentierung an die Kontur ist beispielsweise das dreidimensionale Level-Set-Verfahren von Rifai et. al. [89], welches allerdings aufgrund seiner höheren Rechenzeit hier nicht verwendet wird.

4.8 Fazit

Mit den hier vorgestellten Verfahren ist es möglich, bei wenig Interaktion mit dem Anwender eine Segmentierung des gesamten Volumens und der knöchernen Strukturen aus MR-Aufnahmen zu erhalten.

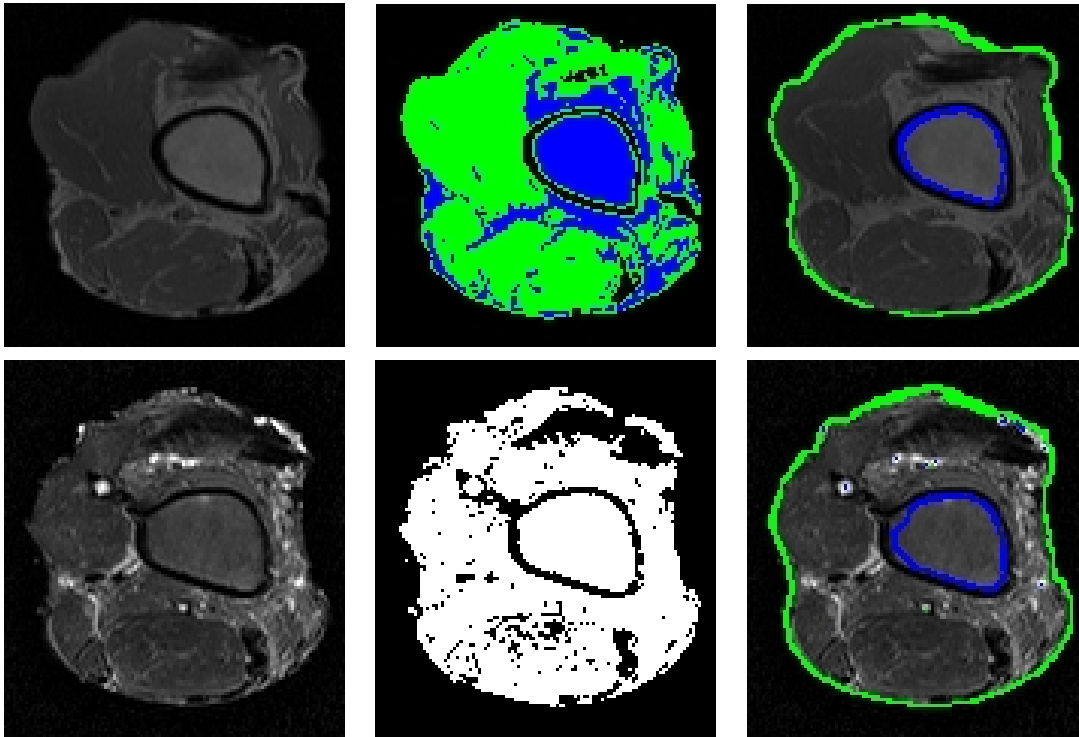


Abbildung 4.8: T1 (links)- und T2-gewichtete MR-Aufnahme (rechts) eines Oberschenkels und die Segmentierung des Femurknochens und des Gesamtvolumens. Links: originales Bild. Mitte: Vorsegmentierung des Femurs. Rechts: Segmentierung des Femurknochens (blau) und des gesamten Volumens (grün), eingezeichnet in das originale Bild.

Dies ist Voraussetzung für die geometrische Korrektur der Daten und die spätere intraoperative Lagererkennung.

Die Registrierung mehrerer Bilder ist vollautomatisch möglich. Zu beachten ist, daß Registrierungen mit nicht geometrisch korrigierten MR-Aufnahmen zu Fehler führen können. Die Korrektur der Aufnahmen ist der Gegenstand der nächsten Kapitel.

Kapitel 5

Verzeichnungsanalyse

5.1 Das magnetische Feld

Für die Korrektur der geometrischen Verzeichnungen ist es erforderlich, das Magnetfeld zu berechnen, welches während der Aufnahme im Scanner herrscht. Das Anliegen dieses Abschnittes ist es, die dafür notwendigen Grundlagen aufzuzeigen. Weiterhin werden die zu erwartenden Verzerrungen analysiert.

5.1.1 Magnetische Eigenschaften

Alle Stoffe, wie auch die verschiedenen menschlichen Gewebe, besitzen spezielle magnetische Eigenschaften. Diese werden durch die magnetische Suszeptibilität χ bzw. auch durch die relative magnetische Permeabilität μ charakterisiert. Der Zusammenhang beider Werte ist durch die Gleichung

$$\mu = 1 + \chi \quad (5.1)$$

gegeben.

Für die folgenden Berechnungen ist es notwendig, die magnetische Suszeptibilität für jeden Punkt im Aufnahmevolumen zu kennen. Eine individuelle Zuweisung erscheint aber als unmöglich. Sie würde erfordern, daß der entsprechende Wert an jeder Stelle im Volumen bestimmt werden könnte. Jedoch sind für die einzelnen Gewebe nur typische Wertebereiche für die Suszeptibilität bekannt. Eine detaillierte Aufstellung dieser Werte findet sich in [13, 110].

Aufgrund der Tatsache, daß der Hauptgrund für die Verzeichnungen der Luft-Gewebe-Übergang ist, ist es ohnehin ausreichend, nur Luft und Gewebe zu unterscheiden [13]. Für alle Gewebetypen wird derselbe Wert für die magnetische Suszeptibilität gesetzt. Wir verwenden im folgenden für Gewebe einen Wert von $\chi = -9 \times 10^{-6}$.

5.1.2 Berechnung des Magnetfeldes

Während des Aufnahmevorgangs wird das aufzunehmende Objekt, in unserem Fall der Patient, in dem homogenen Magnetfeld \mathbf{B}_0 des Scanner platziert. Durch das Objekt selbst wird das Magnetfeld beeinflusst. Betrachtet man das resultierende Magnetfeld \mathbf{B} , so setzt es sich aus zwei Komponenten zusammen:

$$\mathbf{B} = \mu_0 \mathbf{H} + \mathbf{M} . \quad (5.2)$$

Hierbei bezeichnet \mathbf{H} das magnetische Feld und \mathbf{M} die Magnetisierung, die abhängig von dem jeweiligen Stoff ist. μ_0 ist die Permeabilität vom Vakuum und beträgt $\mu_0 = 1,256 \times 10^{-6} \text{ Vs/Am}$. Nach den

Maxwellschen Gleichungen besitzt \mathbf{B} die grundlegende Eigenschaft [72]:

$$\operatorname{div} \mathbf{B} = 0 . \quad (5.3)$$

In unserem Fall kann das Vorkommen von ferromagnetischen Stoffen, wie beispielsweise Eisen, im System ausgeschlossen werden. Das heißt, die Magnetisierung erfolgt ausschließlich durch das magnetische Feld \mathbf{H} . Damit gilt für \mathbf{M}

$$\mathbf{M} = \mu_0 \chi \mathbf{H} . \quad (5.4)$$

Und die Gleichung (5.2) wird zu

$$\mathbf{B} = \mu_0 (1 + \chi) \mathbf{H} = \mu_0 \mu \mathbf{H} . \quad (5.5)$$

Die Maxwell-Gleichung für \mathbf{H} vereinfacht sich in unserem Fall, in dem keine Ströme und keine elektrischen Ladungen vorkommen, zu

$$\operatorname{rot} \mathbf{H} = 0 , \quad (5.6)$$

d.h. \mathbf{H} ist wirbelfrei. Deshalb kann zur Berechnung von \mathbf{H} ein Potentialfeld Φ_M (Einheit: Wb/m) angesetzt werden [16, 72]. Zwischen Φ_M und \mathbf{H} besteht der Zusammenhang

$$\mathbf{H} = -\nabla \Phi_M . \quad (5.7)$$

Die Gleichungen (5.5) und (5.7), eingesetzt in Gleichung (5.3), ergeben

$$\operatorname{div} (\mu \nabla \Phi_M) = 0 . \quad (5.8)$$

Abschließend sei bemerkt, daß das Ergebnis der Gleichung (5.5) ein Vektorfeld ist. Für die Analyse und Korrektur der geometrischen Verzeichnungen ist jedoch nur die euklidische Norm von \mathbf{B} von Interesse. Diese bezeichnen wir im folgenden mit B .

5.2 Lösungsansätze

Wie schon in Kapitel 2.3 erwähnt wurde, existieren bereits einige Verfahren, mit denen eine Berechnung der Feldverteilung im MR-Scanner möglich ist. Diese Verfahren lassen sich in analytische und numerische Verfahren aufteilen.

1. analytische Ansätze

Für einige einfache geometrische Körper, wie beispielsweise Kugeln und Zylinder, ist die analytische Lösung der obigen partiellen Differentialgleichung berechnet worden [34, 57].

2. numerische Ansätze

Bhagwandien überführt die Differentialgleichung in eine Diffusionsgleichung und löst diese. Allerdings erfordert das Verfahren die Einstellung einer Schrittweite, die individuell von Datensatz zu Datensatz optimiert werden müßte. Außerdem ist das Verfahren recht langsam. Es benötigt für einen durchschnittlichen MR-Datensatz ($256 \times 256 \times 40$ Voxel) ca. vier Stunden auf einem Intel Pentium III, 800 MHz, Linux.

Das Ziel des nun folgenden Abschnitts ist es, durch eine Überführung der elliptischen partiellen Differentialgleichung in eine Differenzgleichung und die anschließende Lösung unter Verwendung eines multigradbasierten Ansatzes eine schnelle Berechnung der Magnetfeldverteilung im Scanner zu ermöglichen.

5.3 Numerische Berechnung des B-Feldes

5.3.1 Überführung der Differentialgleichung in eine Differenzengleichung

Für eine numerische Lösung der Gleichung (5.8) ist es notwendig, sie in eine Differenzengleichung zu überführen. Anschließend können wir sie mit iterativen Lösern (beispielsweise Jacobi oder Gauss-Seidel) bzw. mit darauf aufbauenden Multigrid-Verfahren lösen.

Eine Substitution der div- und ∇ -Operatoren und Division durch μ führt uns auf die Gleichung

$$\frac{\partial^2 \Phi_M}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 \Phi_M}{\partial y^2} + \frac{\partial^2 \Phi_M}{\partial z^2} + \frac{1}{\mu} \frac{\partial \mu}{\partial x} \frac{\partial \Phi_M}{\partial x} + \frac{1}{\mu} \frac{\partial \mu}{\partial y} \frac{\partial \Phi_M}{\partial y} + \frac{1}{\mu} \frac{\partial \mu}{\partial z} \frac{\partial \Phi_M}{\partial z} = 0. \quad (5.9)$$

Die implizite Annahme $\mu \neq 0$ gilt für alle Stoffe. Im nächsten Schritt beschränken wir die Lösung der Gleichung auf die Punkte (x_i, y_j, z_k) , die durch die Voxelpositionen im Bild gegeben sind. Bei einer Gitterweite von Δ_x , Δ_y und Δ_z in x -, y -, und z -Richtung sind diese Punkte

$$x_i = i \cdot \Delta_x \quad (5.10)$$

$$y_j = j \cdot \Delta_y \quad (5.11)$$

$$z_k = k \cdot \Delta_z \quad (5.12)$$

Die Werte von Φ_M werden nur noch an diesen Stellen berechnet.

Dann werden die Ableitungen der Funktion Φ_M durch finite Differenzen ersetzt. Im folgenden bezeichnen wir mit $\Phi_{i,j,k}$ den Wert von $\Phi_M(x_i, y_j, z_k)$. Entsprechend dem Satz von Taylor läßt sich $\Phi_{i+1,j,k}$ als

$$\Phi_{i+1,j,k} = \Phi_{i,j,k} + \Delta_x \frac{\partial}{\partial x} \Phi_{i,j,k} + R_2(\xi) \quad \text{mit} \quad x_0 + i \Delta_x \leq \xi \leq x_0 + (i+1) \Delta_x \quad (5.13)$$

schreiben. Wir vernachlässigen das Restglied zweiter Ordnung $R_2(\xi)$ und können dadurch die erste Ableitung durch

$$\frac{\partial}{\partial x} \Phi_{i,j,k} = \frac{\Phi_{i+1,j,k} - \Phi_{i,j,k}}{\Delta_x} \quad (5.14)$$

approximieren. Eine analoge Herleitung für die Ableitungen nach y und z führt zu den Approximationen

$$\frac{\partial}{\partial y} \Phi_{i,j,k} = \frac{\Phi_{i,j+1,k} - \Phi_{i,j,k}}{\Delta_y} \quad \text{und} \quad (5.15)$$

$$\frac{\partial}{\partial z} \Phi_{i,j,k} = \frac{\Phi_{i,j,k+1} - \Phi_{i,j,k}}{\Delta_z}. \quad (5.16)$$

Für die Ersetzung der Ableitungen zweiter Ordnung wird wiederum auf den Satz von Taylor zurückgegriffen. Danach läßt sich $\Phi_{i+1,j,k}$ in die Taylorreihe

$$\Phi_{i+1,j,k} = \Phi_{i,j,k} + \Delta_x \frac{\partial}{\partial x} \Phi_{i,j,k} + \frac{1}{2} \Delta_x^2 \frac{\partial^2}{\partial x^2} \Phi_{i,j,k} + R_3(\xi) \quad (5.17)$$

entwickeln und $\Phi_{i-1,j,k}$ in die Reihe

$$\Phi_{i-1,j,k} = \Phi_{i,j,k} - \Delta_x \frac{\partial}{\partial x} \Phi_{i,j,k} + \frac{1}{2} \Delta_x^2 \frac{\partial^2}{\partial x^2} \Phi_{i,j,k} + R_3(\xi) \quad (5.18)$$

Die Vernachlässigung des Restgliedes dritter Ordnung $R_3(\xi)$ und eine Addition der letzten beiden Gleichungen führt auf die Approximation von $\partial^2 \Phi_{i,j,k} / \partial x^2$:

$$\frac{\partial^2}{\partial x^2} \Phi_{i,j,k} = \frac{\Phi_{i-1,j,k} - 2\Phi_{i,j,k} + \Phi_{i+1,j,k}}{\Delta_x^2}. \quad (5.19)$$

Die analoge Herleitung für die zweiten partiellen Ableitungen nach y und z führt auf die Approximationen

$$\frac{\partial^2}{\partial y^2} \Phi_{i,j,k} = \frac{\Phi_{i,j-1,k} - 2\Phi_{i,j,k} + \Phi_{i,j+1,k}}{\Delta_y^2} \quad \text{und} \quad (5.20)$$

$$\frac{\partial^2}{\partial z^2} \Phi_{i,j,k} = \frac{\Phi_{i,j,k-1} - 2\Phi_{i,j,k} + \Phi_{i,j,k+1}}{\Delta_z^2}. \quad (5.21)$$

Zuletzt ersetzen wir noch die partiellen Ableitungen von μ nach x , y und z . Dazu können wir dieselben Approximationen wie für die Ableitungen von Φ_M (Gleichungen (5.14), (5.15), (5.16)) verwenden. Dies führt auf

$$\frac{\partial}{\partial x} \mu_{i,j,k} = \frac{\mu_{i+1,j,k} - \mu_{i,j,k}}{\Delta_x}, \quad (5.22)$$

$$\frac{\partial}{\partial y} \mu_{i,j,k} = \frac{\mu_{i,j+1,k} - \mu_{i,j,k}}{\Delta_y} \quad \text{und} \quad (5.23)$$

$$\frac{\partial}{\partial z} \mu_{i,j,k} = \frac{\mu_{i,j,k+1} - \mu_{i,j,k}}{\Delta_z}. \quad (5.24)$$

Ein Einsetzen der Gleichungen (5.14)-(5.16), (5.19)-(5.21) sowie (5.22)-(5.24) in die Gleichung (5.9) führt auf die Gleichung

$$\begin{aligned} & \frac{\Phi_{i-1,j,k} - 2 \cdot \Phi_{i,j,k} + \Phi_{i+1,j,k}}{\Delta_x^2} + \\ & \frac{\Phi_{i,j-1,k} - 2 \cdot \Phi_{i,j,k} + \Phi_{i,j+1,k}}{\Delta_y^2} + \\ & \frac{\Phi_{i,j,k-1} - 2 \cdot \Phi_{i,j,k} + \Phi_{i,j,k+1}}{\Delta_z^2} + \\ & a_{i,j,k} \cdot \frac{\Phi_{i+1,j,k} - \Phi_{i,j,k}}{\Delta_x} + \\ & b_{i,j,k} \cdot \frac{\Phi_{i,j+1,k} - \Phi_{i,j,k}}{\Delta_y} + \\ & c_{i,j,k} \cdot \frac{\Phi_{i,j,k+1} - \Phi_{i,j,k}}{\Delta_z} = 0 \end{aligned} \quad (5.25)$$

mit

$$\begin{aligned} a_{i,j,k} &= \frac{1}{\mu_{i,j,k}} \cdot \frac{\mu_{i+1,j,k} - \mu_{i,j,k}}{\Delta_x}, \\ b_{i,j,k} &= \frac{1}{\mu_{i,j,k}} \cdot \frac{\mu_{i,j+1,k} - \mu_{i,j,k}}{\Delta_y}, \\ c_{i,j,k} &= \frac{1}{\mu_{i,j,k}} \cdot \frac{\mu_{i,j,k+1} - \mu_{i,j,k}}{\Delta_z}. \end{aligned}$$

Für die Lösung der Gleichung wird $\Phi_{i,j,k}$ auf einem Bereich betrachtet, der die folgenden Kriterien erfüllt:

- Er umfaßt zumindest den Bereich, in dem anatomische Strukturen im MR-Datensatz abgebildet sind.

- Der Bereich sollte möglichst klein sein.
- Der Bereich sollte aber auch so groß sein, daß an seinen Rändern keine Beeinflussung des Magnetfeldes durch das aufgenommene Objekt erfolgt.

Die erste Bedingung ist notwendig, um eine komplette Erfassung der Verzeichnungen, die das Objekt erzeugt, durchführen zu können. Ein möglichst kleiner Bereich ist notwendig, um den für eine Berechnung erforderlichen Speicher- und Zeitbedarf zu begrenzen. Die letzte Bedingung ist notwendig, um überhaupt eine Lösung des Problems zu ermöglichen. Uns liegen keine Informationen über die Feldverteilung vor. Deshalb muß der Bereich so groß gewählt werden, daß wir davon ausgehen können, daß am Rand keine Beeinflussung durch das Objekt erfolgt. In diesem Fall können die Randwerte von $\Phi_{i,j,k}$ so gesetzt werden, als wenn das Feld ideal ungestört wäre. Auf die Frage, wie die Randwerte von $\Phi_{i,j,k}$ aussehen wird im Kapitel 5.3.3 (Seite 55) genauer eingegangen.

Als Ergebnis erhalten wir einen definierten Bereich, der als Fortsetzung des eigentlichen Datensatzes betrachtet werden kann. Für jedes Voxel in diesem Bereich erhalten wir einen Wert von $\Phi_{i,j,k}$. Die Werte für Randvoxel sind bekannt. Für alle anderen gilt Gleichung (5.25). D.h., wir erhalten ein lineares Gleichungssystem, welches wir im folgenden lösen werden.

5.3.2 Multigrid-Löser

Betrachten wir nun einen Bereich der Größe $nx \times ny \times nz$ mit $c = nx \cdot ny \cdot nz$ Voxeln. Die Gleichung (5.25) kann als Matrix-Vektor-Gleichung geschrieben werden

$$\mathbf{A}\Phi = \mathbf{f} \quad (5.26)$$

wobei die Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{c \times c}$ die Koeffizientenmatrix bezeichnet, $\Phi \in \mathbb{R}^c$ die Werte von $\Phi_{i,j,k}$, angeordnet in Vektorform, und $\mathbf{f} \in \mathbb{R}^c$ die rechte Seite des Gleichungssystems. In unserem Fall ist $\mathbf{f} = 0$.

Konkret wird jedem Punkt im betrachteten Volumen eineindeutig ein Index zugewiesen. Der Punkt (i, j, k) erhält den Index $I(i, j, k)$

$$I(i, j, k) = i + nx \cdot (j + k \cdot ny) , \quad (5.27)$$

und entsprechend ist die Umkehrung I^{-1} definiert. $\Phi = (\phi_i)_{i=1}^c$ ergibt sich dann durch

$$\phi_i = \Phi_{I^{-1}(i)} . \quad (5.28)$$

Die Matrix $\mathbf{A} = (a_{ij})_{i,j=1}^c$ enthält die Koeffizienten des linearen Gleichungssystems und hat die folgende Gestalt:

$$a_{ij} = \begin{cases} -\left(\frac{2}{\Delta_x^2} + \frac{2}{\Delta_y^2} + \frac{2}{\Delta_z^2} + \frac{a_i}{\Delta_x} + \frac{b_i}{\Delta_y} + \frac{c_i}{\Delta_z}\right) & \text{falls } j = i \\ \frac{1}{\Delta_x^2} + \frac{a_i}{\Delta_x} & \text{falls } j = i + 1 \\ \frac{1}{\Delta_x^2} & \text{falls } j = i - 1 \\ \frac{1}{\Delta_y^2} + \frac{b_i}{\Delta_y} & \text{falls } j = i + nx \\ \frac{1}{\Delta_y^2} & \text{falls } j = i - nx \\ \frac{1}{\Delta_z^2} + \frac{c_i}{\Delta_z} & \text{falls } j = i + nx \cdot ny \\ \frac{1}{\Delta_z^2} & \text{falls } j = i - nx \cdot ny \\ 0 & \text{sonst} \end{cases} \quad (5.29)$$

mit

$$\begin{aligned} a_i &= \frac{\mu_{I^{-1}(i+1)} - \mu_{I^{-1}(i)}}{I^{-1}(i)\Delta_x}, \\ b_i &= \frac{\mu_{I^{-1}(i+nx)} - \mu_{I^{-1}(i)}}{I^{-1}(i)\Delta_y} \quad \text{sowie} \\ c_i &= \frac{\mu_{I^{-1}(i+nx \cdot ny)} - \mu_{I^{-1}(i)}}{I^{-1}(i)\Delta_z}. \end{aligned}$$

Das lineare Gleichungssystem (5.26) kann iterativ, beispielsweise durch das Jacobi- oder das Gauss-Seidel-Verfahren, gelöst werden. Allerdings benötigen diese Methoden eine sehr große Anzahl von Iterationen bis zur Konvergenz, so daß dieser Ansatz sehr langsam für große Bilder wäre. Im folgenden wird auf Gauss-Seidel-Iterationen eingegangen und erläutert, wie sich dieser Ansatz in ein Multigrid-Verfahren einbetten läßt.

Die Matrix \mathbf{A} kann in eine Diagonalmatrix \mathbf{D} , eine untere Dreiecksmatrix \mathbf{L} und eine obere Dreiecksmatrix \mathbf{R} zerlegt werden, so daß $\mathbf{A} = \mathbf{D} - \mathbf{L} - \mathbf{R}$. Weiterhin wird für die Lösung Φ ein initialer Wert $\Phi^{(0)}$ gesetzt. Eine Gauss-Seidel-Iteration ist gegeben durch

$$\Phi^{(i+1)} = (\mathbf{D} - \mathbf{L})^{-1} (\mathbf{f} + \mathbf{R}\Phi^{(i)}) \quad (5.30)$$

und die Lösung des Systems durch

$$\Phi = \lim_{i \rightarrow \infty} \Phi^{(i)}. \quad (5.31)$$

Die Basis des Multigrid-Verfahrens ist das *coarse grid correction scheme* [51, 87], wobei eine Näherungslösung auf einem groben Netz berechnet wird und diese anschließend auf dem originalen, feinen Netz verfeinert wird.

Nach i Gauss-Seidel-Iterationen erhalten wir eine Näherungslösung $\Phi^{(i)}$ für die Gleichung. Der Restfehler \mathbf{e} berechnet sich durch

$$\mathbf{e} = \Phi - \Phi^{(i)} \quad (5.32)$$

und das Residium \mathbf{r} ist durch

$$\mathbf{r} = \mathbf{f} - \mathbf{A}\Phi^{(i)} \quad (5.33)$$

gegeben. Damit erfüllt der Restfehler die Gleichung

$$\mathbf{A}\mathbf{e} = \mathbf{r}, \quad (5.34)$$

welche wiederum durch beispielsweise Gauss-Seidel-Iterationen gelöst werden kann. Allerdings wird diese Gleichung näherungsweise auf einen Netz mit einer groberen Auflösung gelöst. Dafür definieren wir zwei Operatoren. Der erste ist ein Restriktionsoperator \mathcal{R} , der das Residium von der originalen Repräsentation zu einer Repräsentation mit der halben Auflösung entlang jeder Achse führt. Weiterhin wird ein Prolongationsoperator \mathcal{P} benötigt, der von der halben zur vollen Auflösung führt. Analog zu Press et. al. [87] wird die Restriktion als Mittelwertbildung durchgeführt, die jede 27 Voxel Nachbarschaft durch ihren gewichteten Mittelwert ersetzt. Der Wert in der Mitte wird dabei mit $1/2$ gewichtet, alle 6-er Nachbarn mit $1/12$. Die Prolongation wird einfach als trilineare Interpolation durchgeführt. Den Zusammenhang zwischen feinen und groben Netz zeigt Abbildung 5.1, eingeschränkt auf den eindimensionalen Fall.

Damit ergibt sich das von uns verwendete Multigrid-Verfahren.

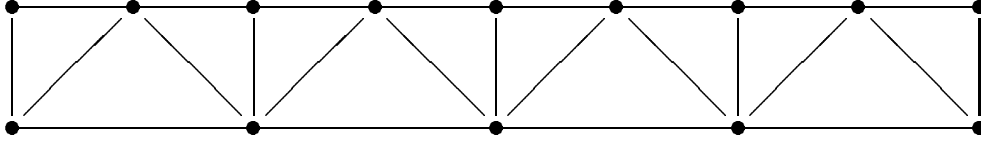


Abbildung 5.1: Der Zusammenhang zwischen dem feinen und dem groben Netz im Multigrid-Verfahren für ein 1D-Problem. Der Schritt vom feinen zum groben Netz wird durch einen gewichteten Mittelwert jeder 3 Voxel-Nachbarschaft ausgeführt. Um zu einem feineren Netz zu kommen, wird der Wert jedes zweiten Voxels durch eine lineare Interpolation bestimmt.

1. Ausgehend von einem Startvektor $\Phi^{(0)}$ werden i_1 Gauss-Seidel-Iterationen durchgeführt. Das Ergebnis ist eine Näherungslösung $\Phi^{(i_1)}$ für die Gleichung $\mathbf{A}\Phi = \mathbf{f}$.
2. Berechnung des Residiums $\mathbf{r} = \mathbf{f} - \mathbf{A}\Phi^{(i_1)}$.
3. Restriktion des Residiums auf ein Netz mit halber Auflösung $\mathbf{r}' = \mathcal{R}(\mathbf{r})$.
4. Lösung der Gleichung $\mathbf{A}'\mathbf{e}' = \mathbf{r}'$ auf dem groben Netz.
5. Prolongation des Fehlers auf eine Darstellung mit hoher Auflösung $\mathbf{e} = \mathcal{P}(\mathbf{e}')$.
6. Korrektur der Näherungslösung auf dem feinen Netz $\Phi^{(i_1+1)} = \Phi^{(i_1)} + \mathbf{e}$.
7. Ausführung von i_2 Gauss-Seidel-Iterationen auf dem feinen Netz, beginnend mit $\Phi^{(i_1+1)}$.

Das Lösen der Fehlergleichung auf dem groben Netz führt wiederum zu kleineren Fehlern. Diese werden durch weitere Gauss-Seidel-Iterationen in Schritt 7 reduziert. Für Konvergenzbeweise für das Multigrid-Verfahren sei auf die Arbeiten von Hackbusch [49, 50, 51] verwiesen.

5.3.3 Implementierung

Um das Randwertproblem zu lösen, ist es notwendig, den Wert von Φ_M an den Randvoxeln zu spezifizieren. Analog zu [13] wird dies in zwei Schritten durchgeführt. Eine graphische Darstellung des Vorgehens gibt Abbildung 5.2.

Ein Skalierungsfaktor f wird festgelegt. Zunächst wird das Objekt in einer Umgebung plaziert, die f -mal größer ist. Anschließend wird ein Downscaling des ganzen um den Faktor f durchgeführt. Das Ergebnis ist ein Datensatz mit derselben Größe wie der originale, aber mit einer geringeren Auflösung und damit einem kleineren, aufgenommenen Objekt. f sollte so gewählt werden, daß das Objekt keinen Einfluß auf die Ränder im neuen Bild hat. Ein Wert von $f = 4$ hat sich dabei als brauchbar herausgestellt.

Anschließend werden die Werte von Φ_M an den Rändern berechnet. Dazu nehmen wir an, das Bild hat $n_x = 2^k + 1$ Zeilen $\{0, \dots, 2^k\}$, $n_y = 2^l + 1$ Spalten $\{0, \dots, 2^l\}$ und $n_z = 2^m + 1$ Schichten $\{0, \dots, 2^m\}$ sowie die Voxelgröße $\Delta_x \times \Delta_y \times \Delta_z$. Falls das statische Magnetfeld B_0 ungestört wäre, ergibt sich das Potential Φ_M als

$$\Phi_M(x, y, z) = \frac{f}{2\mu_0} \mathbf{B}_0 \left((2^{k-1} - x) \Delta_x \mathbf{e}_x + (2^{l-1} - y) \Delta_y \mathbf{e}_y + (2^{m-1} - z) \Delta_z \mathbf{e}_z \right) \quad (5.35)$$

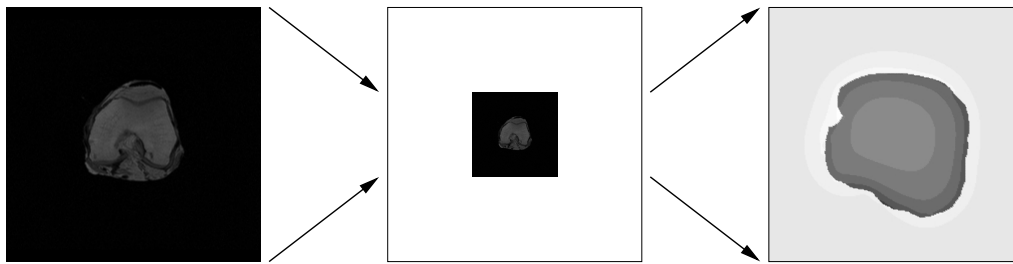


Abbildung 5.2: Prinzipielles Vorgehen für die Berechnung von Φ_M . Links: Das originale Bild, für welches die Suszeptibilitätsverteilung bekannt ist. Mitte: Das aufgenommene Objekt wird in einer größeren Umgebung plaziert, gefolgt von einem Downsampling. Φ_M wird zunächst auf diesen Bild berechnet. Rechts: Die Randwerte werden aus dem Ergebnis des mittleren Bildes extrahiert. Jetzt kann Φ_M auf dem originalen Bild berechnet werden.

mit den Einheitsvektoren \mathbf{e}_x , \mathbf{e}_y , \mathbf{e}_z und einem statischen Magnetfeld, dessen Richtung und Stärke durch \mathbf{B}_0 gegeben sind. Obwohl das Magnetfeld gestört ist, kann diese Gleichung verwendet werden, um Φ_M für die Randvoxel zu bestimmen. Φ_M ist bis auf eine additive Konstante eindeutig bestimmt. Diese Konstante wird so gewählt, daß $\Phi_M = 0$ in der Mitte des Bildes ist.

Nach der Berechnung der Werte von Φ_M für das größere Bild mit geringerer Auflösung, können daraus die Randwerte für das originale Bild abgelesen werden. Anschließend wird Φ_M für das originale Bild berechnet.

In den nächsten Schritten wird aus Φ_M das \mathbf{H} -Feld und daraus das \mathbf{B} -Feld berechnet.

Aus Gleichung (5.35) ist zu erkennen, das die Randwerte von Φ_M und damit die gesamte Verteilung des magnetischen Potentials proportional zur B_0 -Feldstärke sind. Daraus folgt, daß mit steigender B_0 -Feldstärke die suszeptibilitätsbedingten Inhomogenitäten im gleichen Ausmaß ebenfalls größer werden.

5.3.4 Vergleich des berechneten Feldes mit Referenzmethoden

Nachdem eine schnelle, numerische Berechnung der Feldverteilung mittels Multigrid-Verfahren möglich ist, wird diese Lösung mit bereits existierenden Verfahren verglichen. Die folgenden Verfahren dienen als Referenz:

1. Vergleich mit analytischen Lösungen

Für einfache Geometrien, wie Kugeln und Zylinder ist die analytische Lösung der Maxwellgleichung berechnet [34].

2. Vergleich mit Bhagwandiens Verfahren

Bhagwandien [13] stellt ebenfalls ein Verfahren zur numerischen Berechnung der Feldverteilung vor und vergleicht es mit analytischen Lösungen. Es wird als zweites Referenzverfahren genommen.

3. Vergleich mit aufgenommenen Feldkarten

Es existieren spezielle MR-Sequenzen, mit deren Hilfe sich die Feldverteilung im Scanner während der MR-Aufnahme messen läßt [59]. Dies ist die einzige Möglichkeit, reale Informationen über die Feldverteilung von Objekten zu bekommen, für deren Form und Gestalt die Maxwellschen Gleichungen nicht analytisch gelöst sind.

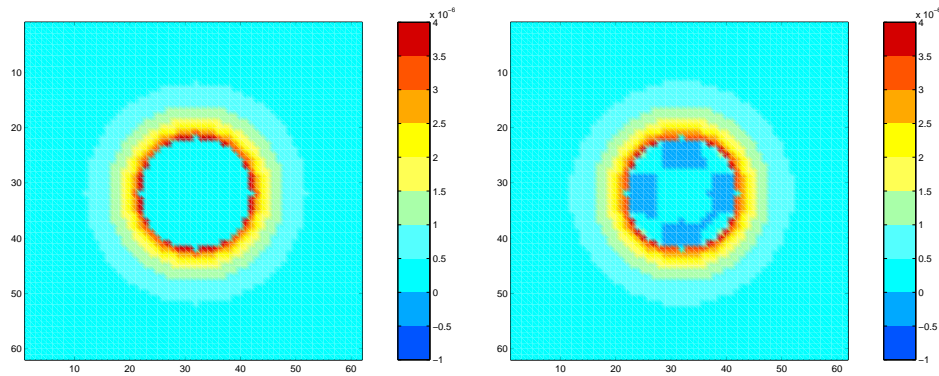


Abbildung 5.3: Magnetisches Feld für eine Kugel. Links: analytische Lösung. Rechts: numerische Lösung. Dargestellt ist die Abweichung (in T) von der B_0 -Feldstärke $B_0 = 1,5\text{T}$.

Es wird stets eine B_0 -Feldstärke von $B_0 = 1,5\text{T}$ angenommen. Zum Vergleich der Verfahren werden zwei Maße herangezogen. Zum einen wird die maximale absolute Differenz zwischen jeweils zwei Verfahren gemessen. Zum anderen wird die maximale Differenz in *ppm* (parts per million) angegeben. Der Fehler in ppm berechnet sich als

$$\text{Fehler}[\text{ppm}] = \left| \frac{B - B_{\text{Referenz}}}{B_{\text{Referenz}}} \right|. \quad (5.36)$$

B_{Referenz} ist in diesem Fall der Wert des jeweils zu vergleichenden Referenzverfahrens.

Vergleich mit analytischen Lösungen

Die Feldverteilung B für eine Kugel mit Mittelpunkt im Koordinatenursprung, Radius r und magnetischer Suszeptibilität χ_i in einem Medium mit Suszeptibilität χ_a ist durch

$$B(x, y, z) = \begin{cases} B_0 \left(1 + \frac{\chi_i}{3}\right) & \text{falls } x^2 + y^2 + z^2 \leq r^2 \\ B_0 \left(1 + \frac{\chi_a}{3} + \frac{(\chi_a - \chi_i) r^3 (x^2 + y^2 - 2z^2)}{3(x^2 + y^2 + z^2)^{\frac{3}{2}}}\right) & \text{sonst} \end{cases} \quad (5.37)$$

gegeben [34]. Wir betrachten eine Kugel mit einer magnetischen Suszeptibilität von $\chi_i = -8 \times 10^{-6}$, die der von Gewebe entspricht. Das umgebende Medium habe eine Suszeptibilität von $\chi_a = 0$. Das Bild hat eine Größe von $64 \times 64 \times 64$ bei einer Voxelgröße von $1\text{mm} \times 1\text{mm} \times 1\text{mm}$. Der Mittelpunkt der Kugel befindet sich in der Bildmitte. Die magnetische Feld hat eine Stärke von $B_0 = 1,5\text{T}$ und ist in Richtung der Schichtrichtung orientiert.

Abbildung 5.3 zeigt einen Vergleich der Feldverteilung. Links ist die mit Hilfe der analytischen Lösung berechnete Feldverteilung für die Schicht 32, d.h. der Schicht in der Mitte des Bildes, dargestellt. Die rechte Seite zeigt die mit Hilfe des Multigrid-basierten Ansatzes berechnete Verteilung. In Abbildung 5.4 wird der Verlauf der Feldstärke entlang der Schichtrichtung für eine Strecke gezeigt, die durch den Mittelpunkt der Kugel verläuft.

Wie sich durch einen Vergleich der Feldstärken aller Voxel in dem Bild feststellen läßt, beträgt der Unterschied zwischen der analytischen und unserer numerischen Lösung stets weniger als $1\mu\text{T}$, d.h. weniger als $0,7\text{ppm}$. Dabei werden die größten Differenzen an den Grenzen zwischen verschiedenen magnetischen Eigenschaften erreicht. Dagegen ist die maximale Differenz für alle anderen Voxel kleiner als $0,2\mu\text{T}$ bzw. $0,13\text{ppm}$. Eine mögliche Erklärung dafür ist die, im Vergleich zu den sich sehr schnell

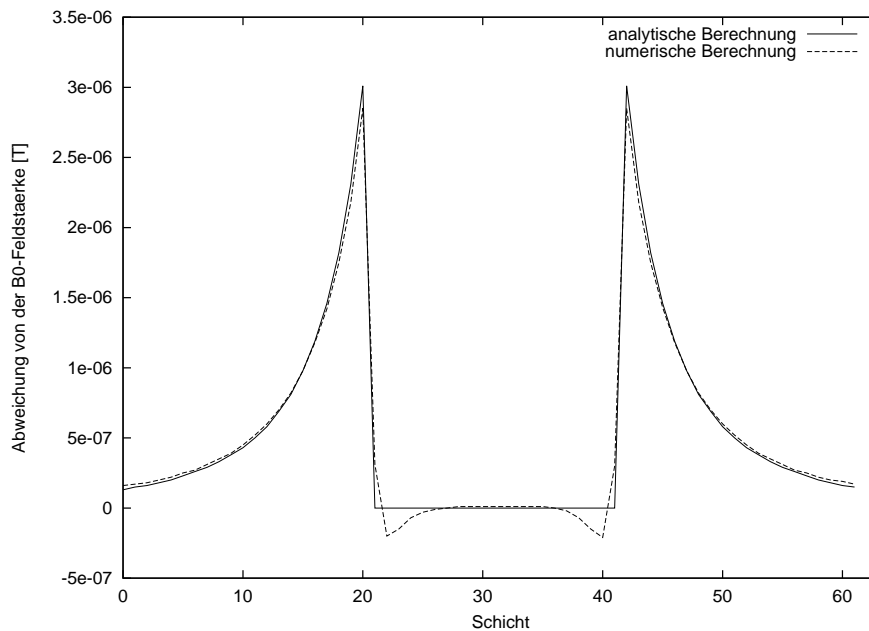


Abbildung 5.4: Feldverteilung entlang der z -Richtung für eine Strecke, die durch den Mittelpunkt der Kugel verläuft

ändernden Suszeptibilitäten, zu grobe Auflösung an den Übergängen. Die Rechenzeit für unsere numerische Lösung beträgt 4,8 Sekunden.

Vergleich mit Bhagwandiens Verfahren

Nachdem ein Vergleich mit einer analytischen Lösung stattgefunden hat, folgt an dieser Stelle der Vergleich zu einem anderen numerischen Verfahren, vorgestellt von Bhagwandien [13].

Zunächst erfolgt die Untersuchung anhand derselben Kugel, die bereits im letzten Abschnitt zum Vergleich mit der analytischen Lösung herangezogen wurde. Abbildung 5.5 zeigt die mit Hilfe von Bhagwandiens Verfahren berechnete Feldverteilung.

Die Zeit für diese Berechnung betrug 98 Sekunden. Es ist festzustellen, daß die Differenz unserer Lösung zu der von Bhagwandien stets unter $0,18\mu\text{T}$ ($0,12\text{ ppm}$) liegt. Dies ist noch geringer als die Differenz zwischen analytischer und unserer numerischer Lösung. Der Unterschied zwischen analytischer und numerischer Lösung liegt bei Bhagwandien [13] in analogen Größen wie bei dem hier vorgestellten numerischen Verfahren.

Ein weiterer Vergleich findet anhand eines konkreten anatomischen Objektes statt. Dafür wird eine MR-Aufnahme von einem Knie verwendet. Der Datensatz hat eine Größe von $256 \times 256 \times 50$ Voxeln bei einer Voxelgröße von $0,98 \times 0,98 \times 3,3\text{mm}$. Mit Hilfe der in Kapitel 4 vorgestellten Verfahren erfolgt eine Segmentierung in Vordergrund, d.h. Gewebe, und Hintergrund, welcher der umgebenden Luft entspricht. Der Hintergrund bekommt die Suszeptibilität $\chi = 0$ zugewiesen, der Vordergrund $\chi = -9 \times 10^{-6}$. Die Feldstärke beträgt $B_0 = 1,5\text{T}$. Das magnetische Feld wird mit Hilfe Bhagwandiens Verfahren und unserer Lösung berechnet.

Das hier vorgestellte numerische Verfahren benötigte für die Berechnung 8,9 Minuten. Dies ist erheblich geringer als die ca. vier Stunden mit dem Ansatz von Bhagwandien et. al. Die Abweichung in der berechneten Feldstärke zwischen beiden Verfahren betrug im gesamten Datensatz stets weniger als $0,96\mu\text{T}$

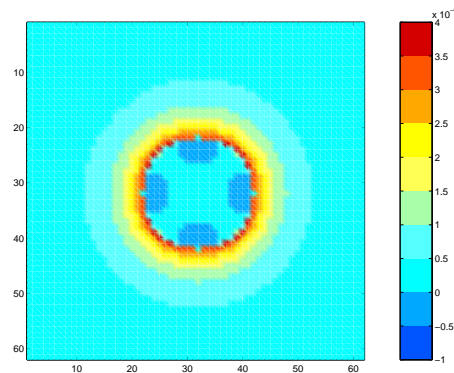


Abbildung 5.5: Feldverteilung einer Kugel. Das Feld wurde mit dem in Bhagwandien et. al. publizierten numerischen Verfahren berechnet.

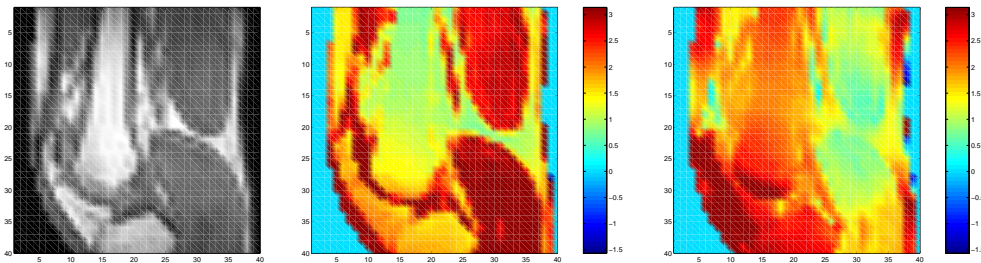


Abbildung 5.6: MR-Datensatz (links) sowie die Phasenkarten des ersten (Mitte) und zweiten Echos (rechts) eines distalen Femurs. Die Phasen liegen im Bereich zwischen $-\pi$ und π .

bzw. 0,63ppm. D.h., beide Verfahren liefern dieselben Ergebnisse. Allerdings ist die Multigrid-basierte Lösung der partiellen Differentialgleichung erheblich schneller und ermöglicht daher einen praktischen Einsatz.

Vergleich mit aufgenommenen Feldkarten

Ein letzter Vergleich wird mit im MR-Scanner aufgenommenen Feldkarten durchgeführt. Prinzipiell ist es mittels sogenannter Dual-Echo-MR-Sequenzen möglich, die Feldverteilung im Scanner während der Aufnahme zu messen.

Bei Dual-Echo-Sequenzen wird nach dem ersten Echo ein weiteres, zweites Echo derselben Kerne erzeugt. Dabei erfolgt zwischenzeitlich keine erneute Anregung. Die Echos erfolgen zu den Zeiten TE_1 und TE_2 . Aus diesen Zeiten und der Phasendifferenz $\Delta\phi$ des MR-Signals zu beiden Zeitpunkten läßt sich die Abweichung ΔB von der B_0 -Feldstärke berechnen. Sie erfüllt die Gleichung [59, 97]:

$$\Delta B = \frac{\Delta\phi}{2\pi\gamma(T E_2 - T E_1)} . \quad (5.38)$$

Eine Voraussetzung für die Feldkartenmessung ist jedoch, daß der MR-Scanner in der Lage ist, die Phaseninformationen zu exportieren und daß die Echozeiten sehr nah beieinander liegen.

Zum Vergleich wurden von einem distalen Femur mittels einer Dual-Echo-MR-Sequenz zwei MR-Bilder zusammen mit den Phaseninformationen zu unterschiedlichen Zeitpunkten aufgenommen. Aus diesen Daten lassen sich gleichzeitig anatomische MR-Datensätze rekonstruieren (Abb. 5.6), wodurch

keine Registrierung der Phaseninformationen auf den anatomischen Daten notwendig ist. Die beiden Echozeiten sind $TE_1 = 1,6791$ ms und $TE_2 = 4,0991$ ms sowie die B_0 -Feldstärke $B_0 = 1,5$ T. Damit beträgt die Differenz ΔTE der Echozeiten

$$\Delta TE = TE_2 - TE_1 = 2,42 \text{ ms} . \quad (5.39)$$

Um eine Zuordnung der Phasendifferenz zu den Magnetfeldinhomogenitäten ohne Aliaseffekte zu erreichen, muß $|\Delta\phi| < \pi$ sein. Damit läßt sich bei wasserstoffbasierter MR-Tomographie eine maximale Feldinhomogenität $|\Delta B|$ von

$$|\Delta B| < \frac{|\Delta\phi|}{2 \pi \gamma (TE_2 - TE_1)} = 4,85 \mu\text{T} \quad (5.40)$$

direkt messen.

Die Berechnung der Feldinhomogenitäten mit dem numerischen Verfahren führt auf Abweichungen von $|\Delta B| \leq 15 \mu\text{T}$. Um einen Vergleich beider Berechnungen zu ermöglichen, werden daher nicht die Feldstärken an den Voxeln direkt miteinander verglichen. Stattdessen wird auf den Wert für jedes Voxels in der Feldkarte eine Konstante addiert, so daß an einer Stelle, in unserem Fall in der Mitte des Datensatzes, die Werte der Feldstärken in beiden Datensätzen identisch sind. Anschließend wird die Differenz zwischen beiden Feldkarten, der berechneten und der gemessenen, voxelweise berechnet. Unter der Annahme, daß unser Verfahren bereits bei den Vergleichen mit analytischen Lösungen und Bhagwandians Verfahren eine hohe Genauigkeit gezeigt hat, ist dieses Vorgehen gerechtfertigt.

Die Auswertung der Differenzen zwischen der gemessenen und der berechneten Feldkarte führt auf eine maximale Differenz von $1,8 \mu\text{T}$ (1,2 ppm), wobei diese große Differenz am oberen und unteren Ende des sichtbaren Femurs auftritt. Der Grund ist die Annahme während der numerischen Berechnung, daß das gesamte Objekt bekannt sein würde. Dagegen ist auf den Daten aber nur ein Ausschnitt des Körpers zu sehen. Damit kommen fälschlicherweise zwei Luft/Gewebe-Übergänge in die Berechnung hinein. Im übrigen Datensatz ist die Differenz zwischen beiden Verfahren geringer als $1 \mu\text{T}$ (0,67 ppm). Um weitere Aussagen zu treffen, müßte allerdings ein MR-Scanner verwendet werden, der eine weitaus geringere Differenz zwischen beiden Echozeiten ermöglicht.

5.4 Verzeichnungsanalyse

Nachdem wir ein Verfahren für die effiziente und schnelle Berechnung der Magnetfeldverteilung für beliebige, räumliche Geometrien haben, erfolgt eine Analyse der zu erwartenden Verzeichnungen bei MR-Aufnahmen. Diese Experimente basieren auf CT-Daten. Der Grund dafür ist, daß CT-Daten als geometrisch verzerrungsfrei angesehen werden können und damit eine gute Ausgangsbasis für die Analyse der Verzeichnungen liefern.

5.4.1 Distaler Femur

Als erstes werden die Verzerrungen analysiert, die bei einer MR-Aufnahme des distalen Femurs zu erwarten sind. Das Experiment basiert auf einem CT-Datensatz von einem anatomischen Präparat. Die Größe einer Schicht des Datensatzes beträgt 256×256 Voxel bei 100 Schichten (Abb. 5.7, links). Die Voxelgröße ist $0,67 \times 0,67 \times 2,00$ mm. Es erfolgt eine Segmentierung in Hintergrund und Gewebe, wobei keine Unterscheidung zwischen einzelnen Gewebetypen (Muskel, Fett, Kortikalis, Spongiosa)

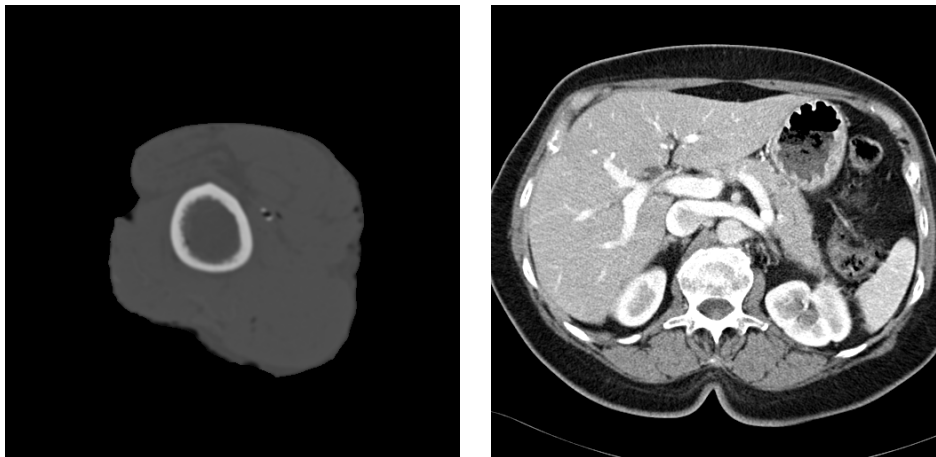


Abbildung 5.7: Axiale Schicht des Datensatzes vom Femur (links) und Unterleib (rechts)

erfolgt. Der Hintergrund bekommt die magnetische Suszeptibilität $\chi = 0$ zugewiesen, alle Gewebe die Suszeptibilität $\chi = -9 \times 10^{-6}$.

Die Berechnung der Magnetfeldverteilung benötigte neun Minuten. Zunächst erfolgt eine Analyse der Verteilungen der Feldstärken über den Datensatz. Ergebnisse sind in Tabelle 5.1 zu sehen.

Region	Minimum [μT]	Maximum [μT]	Differenz [μT]
kompletter Datensatz	-14,1	5,5	19,6
innerhalb des Körpers	-14,1	-7,4	6,7
innerhalb des Femurs	-12,6	-6,8	5,8

Tabelle 5.1: Minimum und Maximum der Feldstärke des statischen Magnetfeldes ($B_0 = 1,5 \text{ T}$ in einem Datensatz vom distalen Femur. Dargestellt ist die Abweichung von der B_0 -Feldstärke.

Daraus können die folgende Ergebnisse abgeleitet werden:

- Innerhalb des kompletten, betrachteten Datensatzes ergibt sich bei einer Feldstärke von $1,5 \text{ T}$ eine Störung im Magnetfeld von $-14,1 \mu\text{T}$ bis $5,5 \mu\text{T}$. Dies entspricht einer Differenz von $19,6 \mu\text{T}$ zwischen den minimalen und maximalen Wert der Feldstärke. Dabei ist zu bemerken, daß sich die Werte auf den gesamten Datensatz, also auch auf den Hintergrund, beziehen.
- Wird der betrachtete Bereich auf den Körper eingeschränkt, so ergibt sich in diesem eine Abweichung vom Magnetfeld von $-14,1 \mu\text{T}$ bis $-7,4 \mu\text{T}$. Die Differenz beträgt $6,7 \mu\text{T}$. Unterstellen wir eine Gradientenstärke von 3 mT/m , so sind Verzerrungen von bis zu ca. $2,2 \text{ mm}$ pro betroffener Richtung zu erwarten.
- Selbst innerhalb des Knochens beträgt die Abweichung vom Magnetfeld noch zwischen $-12,6 \mu\text{T}$ und $-6,8 \mu\text{T}$, eine Differenz von $5,8 \mu\text{T}$. Bei 3 mT/m Gradientenstärke ist damit eine Verzerrung von bis zu ca. $1,9 \text{ mm}$ zu erwarten. Selbst bei einer recht hohen Gradientenstärke von 10 mT/m ist die Verzerrung noch in der Größenordnung $0,58 \text{ mm}$ pro Richtung. In 2D-MR-Sequenzen ist sie dann effektiv $0,82 \text{ mm}$. Dies ist als kritisch zu bezeichnen, zumal einer möglichst genauen Modellierung der Knochenstrukturen als Referenzstrukturen für die Planung und die spätere intraoperative Lageerkennung eine sehr große Bedeutung zukommt.

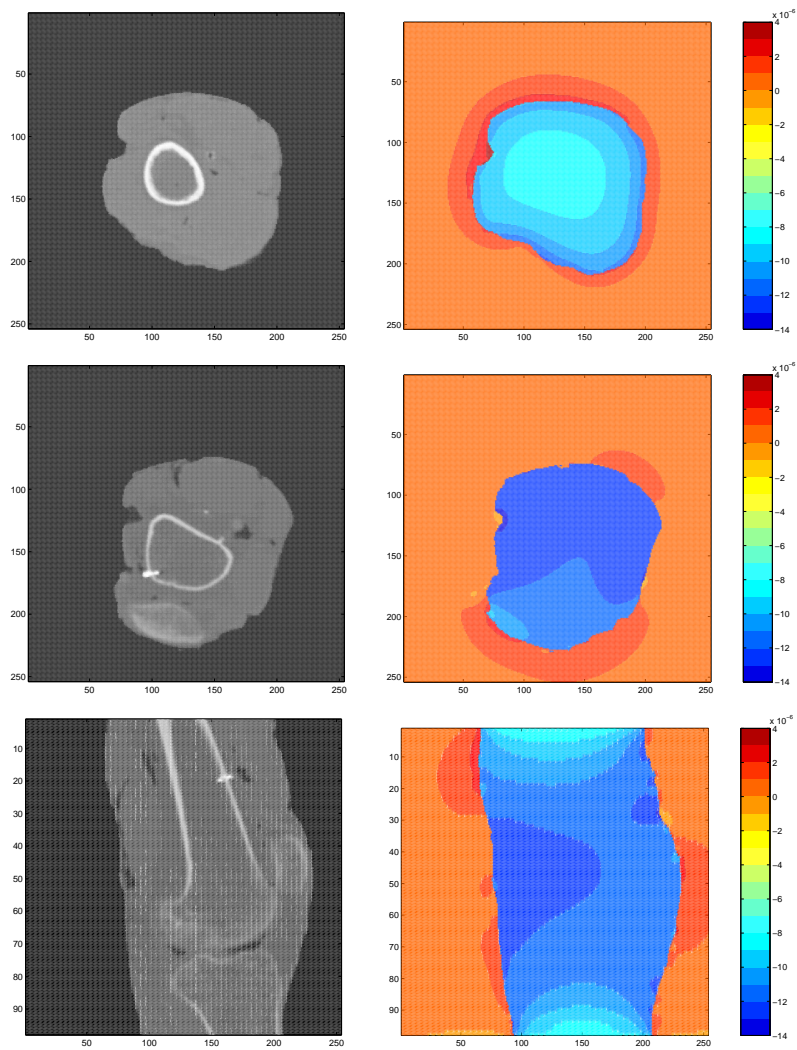


Abbildung 5.8: Feldverteilung für einen Femur für zwei axiale und einen sagittalen Schnitt. Links: das anatomische Bild, Mitte: die Feldverteilung, rechts: die erwartete Verschiebung relativ zum Bildmittelpunkt im Millimeter

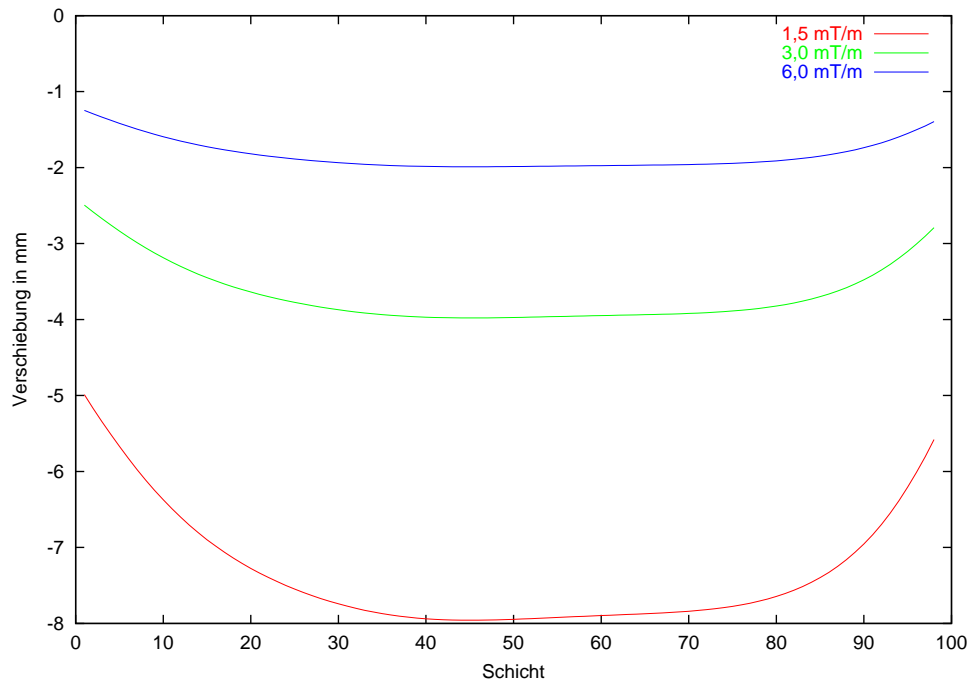


Abbildung 5.9: Verschiebung eines Voxels in derselben Zeile und Spalte und unterschiedlichen Schichten abhängig von Schicht und Gradientenstärke

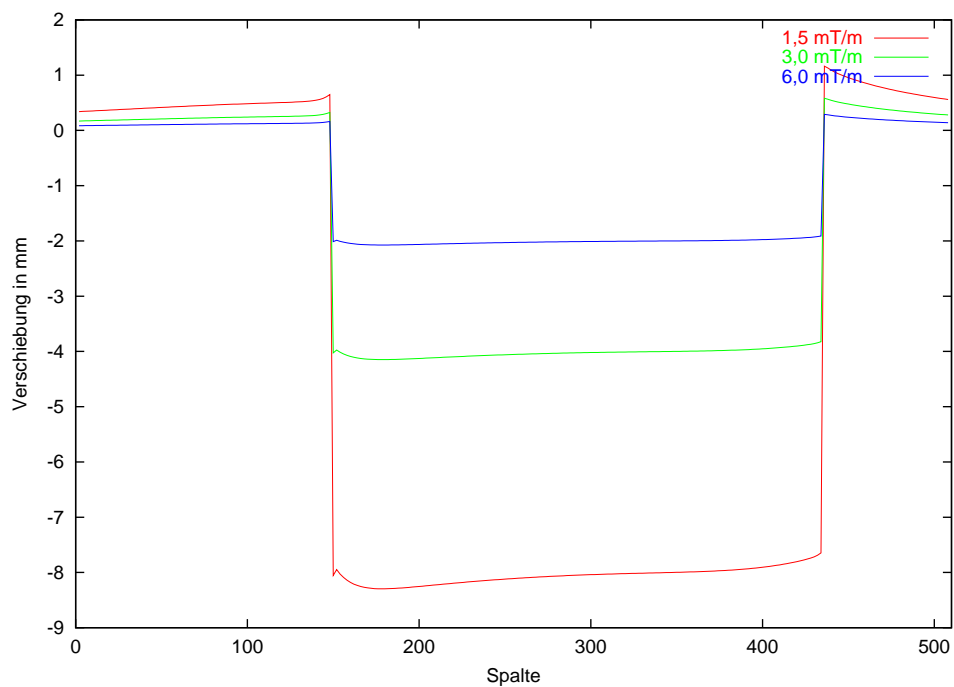


Abbildung 5.10: Verschiebung eines Voxels in derselben Schicht und Zeile, aber in verschiedenen Spalten, abhängig von der Spalte und der Gradientenstärke

Region	Minimum [μT]	Maximum [μT]	Differenz [μT]
kompletter Datensatz	-15,8	3,9	19,7
innerhalb des Körpers	-15,8	-8,1	7,7
innerhalb der Knochen	-11,5	-8,1	3,4

Tabelle 5.2: Minimum und Maximum der Feldstärke des statischen Magnetfeldes ($B_0 = 1,5\text{T}$) in einem Datensatz vom Unterleib. Dargestellt ist die Abweichung von der B_0 -Feldstärke.

Abb. 5.8 zeigt die Feldstärkeverteilung im Datensatz für drei Schnitte, zwei axiale und einen sagittalen. Die Abb. 5.9 und 5.10 zeigen die Verschiebungen für Voxel, die an derselben Position in verschiedenen Schichten bzw. in verschiedenen Spalten in derselben Schicht liegen.

5.4.2 Unterleib

Als nächstes werden die Verzerrungen analysiert, die bei MR-Aufnahmen des Unterleibes zu erwarten sind. Das Experiment basiert wieder auf einem CT-Datensatz. Die Schichtgröße beträgt 512×512 Voxel bei 45 Schichten. Die Voxelgröße ist $0,33 \times 0,33 \times 5$ mm. Eine axiale Schicht des Datensatzes ist in Abbildung 5.7 rechts gezeigt.

Die Aufstellung der Ergebnisse läßt sich aus der Tabelle 5.2 entnehmen. Analog der Ergebnisse zum distalen Femur lassen sich daraus folgende geometrische Verzerrungen ableiten:

- Die Abweichung von der B_0 -Feldstärke von 1,5 T beträgt im gesamten Datensatz zwischen $-15,8\mu\text{T}$ und $3,9\mu\text{T}$. Das ergibt eine Differenz von $19,7\mu\text{T}$. Allerdings entfällt ein Teil davon auf den Bereich außerhalb des Körpers.
- Im gesamten Körper ergibt sich eine Abweichung zwischen $-15,8\mu\text{T}$ und $-8,1\mu\text{T}$, d.h. eine Differenz von $7,7\mu\text{T}$. Bei einer Gradientenstärke von 3 mT/m sind von daher Verzerrungen von bis zu ca. 2,6 mm zu erwarten.
- Innerhalb der knöchernen Strukturen variiert die Abweichung zwischen $-11,5\mu\text{T}$ und $-8,1\mu\text{T}$. Die Differenz beträgt $3,4\mu\text{T}$. Bei einer angenommenen Gradientenstärke von 3 mT/m sind daher geometrische Verzerrungen bis ca. 1,1 mm zu erwarten.

Insgesamt fallen diese Verzerrungen geringer als beim Femurknochen aus. Sie können aber insbesondere bei niedrigen Gradientenstärken und 2D-MR-Sequenzen auf keinen Fall vernachlässigt werden.

5.4.3 Femur mit Titanimplantat

Die letzte Untersuchung betrachtet einen Femurknochen mit einem hypothetischen Implantat aus Titan. Es ist bekannt, daß derartige Implantate neben Intensitätsauslöschungen zu starken geometrischen Verzerrungen in den Bildern führen. In diesem Abschnitt wird untersucht, wie stark die zu erwartenden Verzerrungen ausfallen und welchen Bereich des Datensatzes sie betreffen.

Für die Untersuchung wird ein kugelförmiges Implantat aus Titan, dessen magnetische Suszeptibilität $\chi = 180,7 \times 10^{-6}$ beträgt, angenommen. Damit unterscheidet sich das Implantat in seinen magnetischen Eigenschaften wesentlich von denen des Gewebes und des Hintergrundes. Der Durchmesser des Implantats beträgt 4mm. Es ist vollständig im kortikalen Teil des Femurs untergebracht. Sein Mittelpunkt befindet sich in Schicht 10.

In diesem Datensatz wurde die Verteilung des Magnetfeldes berechnet. Anschließend wird die Feldverteilung betrachtet. Die Ergebnisse sind in Tabelle 5.3 dargestellt.

Region	Minimum [μT]	Maximum [μT]	Differenz [μT]
kompletter Datensatz	-31.4	264.0	295.4
innerhalb des Körpers	-31.4	264.0	295.4
innerhalb des Femurs	-31.4	264.0	295.4
Ignorieren einer Region um das Implantat mit 8mm Durchmesser			
kompletter Datensatz	-15.8	7.8	23.6
innerhalb des Körpers	-15.8	7.8	23.6
innerhalb des Femurs	-15.8	7.8	23.6
Ignorieren einer Region um das Implantat mit 15mm Durchmesser			
kompletter Datensatz	-14.4	4.7	19.1
innerhalb des Körpers	-14.4	3.9	18.3
innerhalb des Femurs	-12.7	3.1	15.8

Tabelle 5.3: Minimum und Maximum der Feldstärke des statischen Magnetfeldes ($B_0 = 1,5\text{T}$) in einem Datensatz vom distalen Femur mit hypothetischem Implantat. Dabei werden eine schrittweise vergrößerte Region um das Implantat ausgelassen.

Die Abweichungen von der B_0 -Feldstärke betragen zwischen $-31,4\mu\text{T}$ und $264,0\mu\text{T}$, d.h. die Differenz zwischen größtem und kleinstem Wert beträgt $295,4\mu\text{T}$, selbst innerhalb des Femurknochens. Demnach ist mit sehr großen geometrischen Verzeichnungen zu rechnen. Um die Ausmaße der Verzeichnungen zu beurteilen, wird aus der Betrachtung eine Region um das Implantat ausgelassen. Diese kugelförmige Region hat einmal den Durchmesser 8mm und einmal 15mm, d.h. die doppelte und ca. vierfache Größe des Implantats. Wird eine Region mit Durchmesser 8mm um das Implantat ignoriert, so variiert die Abweichung von der B_0 -Feldstärke im betrachteten Bereich noch zwischen $-15,8\mu\text{T}$ und $7,8\mu\text{T}$, Differenz $23,6\mu\text{T}$. Diese Werte gelten sowohl für den gesamten Datensatz als auch innerhalb des Femurs. D.h. in diesem Bereich sind bei einer Gradientenstärke von 3mT/m noch geometrische Verzerrung von ca. 7,9 mm zu erwarten und bei 10mT/m von ca. 2,4 mm. Wird eine Region von 15 mm um das Implantat ignoriert, so beträgt die Abweichung vom statischen Magnetfeld innerhalb des Femur zwischen $-12,7\mu\text{T}$ und $3,1\mu\text{T}$ (Differenz $15,8\mu\text{T}$) und innerhalb des Körper zwischen $-14,4\mu\text{T}$ und $3,9\mu\text{T}$ (Differenz $18,3\mu\text{T}$). D.h. bei 3mT/m Gradientenstärke sind die erwarteten Verzeichnungen in dem betrachteten Volumen ca. 6,1 mm innerhalb des Körpers und 5,3 mm innerhalb des Femurs. Auch wenn diese Werte schon erheblich besser ausfallen als wenn die nähere Umgebung um das Implantat mit betrachtet wird, so sind sie doch noch schlechter als die Werte für einen Femur ohne Implantat. Eine Verwendung der Bilder für die orthopädische Navigation ohne vorherige geometrische Korrektur ist nicht möglich. Für die Korrektur wird es jedoch erforderlich sein, evtl. eine Region um das Implantat zu ignorieren. Da aber derartige Implantate ohnehin zu einer Intensitätsauslöschung im Datensatz führen und daher nicht erkennbar sind, ist diese keine starke Einschränkung. Abbildung 5.11 zeigt die erwartete Verzerrung für einen Femur mit und ohne Implantat. Zu erkennen ist, daß die Fehler in Schicht 10, wo sich das Implantat befindet, sehr groß sind. Allerdings gleichen sich mit zunehmenden Abstand von der Störung die Fehler in den Datensätzen mit und ohne Implantat an, so daß die Auswirkung lokal begrenzt ist.

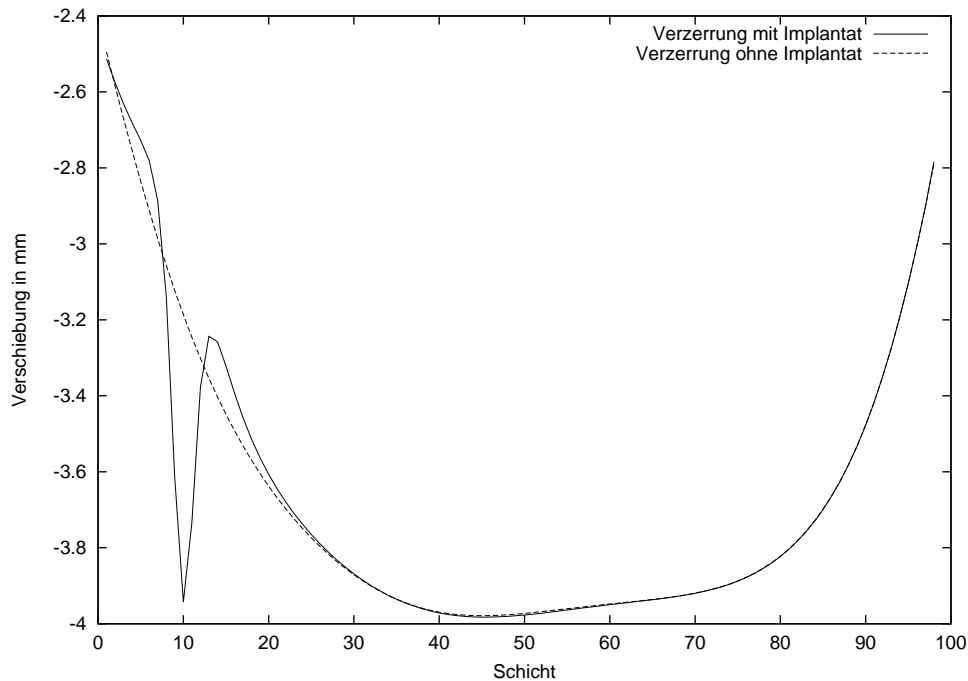


Abbildung 5.11: Vergleich der Verschiebung eines Voxel mit und ohne Implantat in Schicht 10 in derselben Zeile und Spalte und unterschiedlichen Schichten abhängig von Schicht.

5.5 Fehlerbetrachtungen

5.5.1 Vergleich zwischen individueller und allgemeiner Zuweisung von Suszeptibilitäten

Bereits in [13] wird vorgeschlagen, bei der Zuweisung der magnetischen Suszeptibilitäten nur zwischen Luft und Gewebe zu unterscheiden. Jedes Gewebe soll dabei dieselbe magnetische Suszeptibilität zugewiesen bekommen. Der dabei entstehende Fehler wird in der folgenden, kurzen Betrachtung analysiert.

Die Untersuchung basiert auf einer CT-Aufnahme vom distalen Femur. CT-Aufnahmen haben den Vorteil, daß sie im Gegensatz zu MR-Aufnahmen eine genaue Abgrenzung der Kortikalis und Spongiosa ermöglichen. Daher wird dieses Bild statt einer MR-Aufnahme an dieser Stelle verwendet. Es erfolgt eine Segmentierung in Luft bzw. Hintergrund, Weichgewebe (Muskel- und Fettgewebe), Kortikalis und Spongiosa. Die Segmentierung ist in Abb. 5.12 ersichtlich.

Bekommen die einzelnen Geweben unterschiedliche magnetische Suszeptibilitäten zugewiesen, werden folgende Werte angesetzt (entsprechend [13]): Luft $\chi = 0$, Weichgewebe $\chi = -9 \times 10^{-6}$, Kortikalis $\chi = -8,86 \times 10^{-6}$ und Spongiosa $\chi = -8 \times 10^{-6}$. Für die Annahme einer einheitlichen magnetischen Suszeptibilität wird für Luft $\chi = 0$ und für alle Gewebe $\chi = -9 \times 10^{-6}$ angesetzt. Es wird stets eine Feldstärke von $B_0 = 1,5\text{T}$ verwendet.

Die Berechnung erfolgte wieder mit dem vorgestellten numerischen Verfahren. Der Datensatz hat eine Größe von $256 \times 256 \times 50$ Voxeln bei einer Voxelgröße von $0,67 \times 0,67 \times 2,0\text{mm}$. Die Berechnung dauerte für beide Varianten 12 bzw. 10 Minuten.

Über den gesamten Datensatz tritt dabei eine Abweichung zwischen beiden Ansätzen von maximal $1,5 \mu\text{T}$ auf. Dies sind ca. 1 ppm. Die größten Fehler treten im Bereich der kortikalen Knochenstruktur auf. Neben der Änderung der magnetischen Suszeptibilität wird dieser Fehler durch die begrenzte räumliche Auflösung des numerischen Verfahrens hervorgerufen. Wie bereits in dem Vergleich zwischen

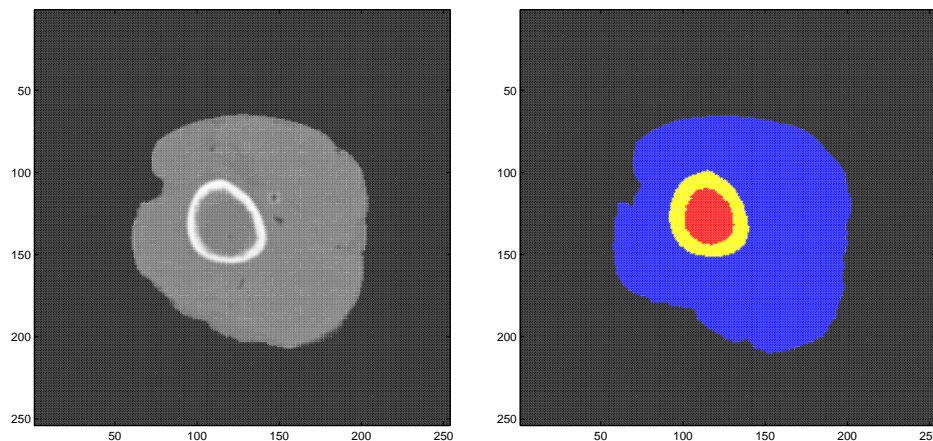


Abbildung 5.12: CT-Datensatz (links) und die Segmentierung (rechts) in Luft (schwarz), Weichgewebe (blau), Kortikalis (gelb) und Spongiosa (rot). Anhand dieser Segmentierung wird die Berechnung der Feldverteilung im MR-Scanner vorgenommen

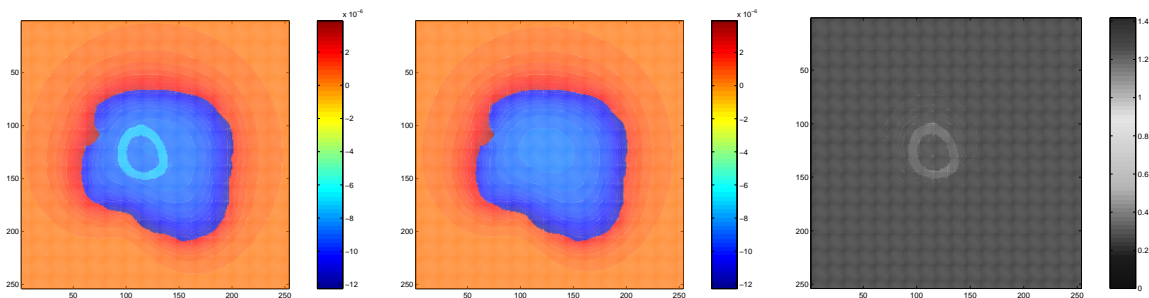


Abbildung 5.13: Magnetisches Feld in einer Schicht eines Datensatzes für eine individuelle Zuweisung der magnetischen Suszeptibilitäten (links) und der Annahme einer konstanten Suszeptibilität (Mitte) sowie die Differenz in der berechneten Feldstärke (rechts). Dargestellt ist die Abweichung von der B_0 -Feldstärke in T (links, Mitte) und der Fehler in μT (rechts).

analytischer und numerischer Lösung gesehen, führt diese begrenzte und im Vergleich zu den sich sehr schnell ändernden Suszeptibilitäten grobe Auflösung zu Fehlern in der Berechnung. Ignoriert man diesen Bereich, so verbleibt ein maximaler Fehler von weniger als $0,7\mu\text{T}$ (Abb.5.13).

5.5.2 Berücksichtigung der Gradientenfelder bei der Feldberechnung

Bei der Betrachtung der im MR auftretenden räumlichen Verzerrungen (Kapitel 3.4.2) wird stets angenommen, daß die Gradientenfelder ungestört sind. Auch während der Verzerrungsanalyse werden derartige ideale Gradientenfelder vorausgesetzt. In der Realität sind aber auch die Gradientenfelder gestört. Neben technischen Ursachen, wie beispielsweise Toleranzen bei der Fertigung der Gradientenspulen, ist dafür genau derselbe Grund wie für die Inhomogenitäten im statischen Magnetfeld verantwortlich: die unterschiedlichen magnetischen Suszeptibilitäten im Aufnahmevolumen.

Gradientenfelder sind sehr schwache Magnetfelder, die zum Zwecke der Ortskodierung mit dem statischen B_0 -Feld überlagert werden (siehe Kapitel 3.3). Um die Inhomogenitäten in diesem Magnetfeld zu berechnen, werden folgende Schritte ausgeführt:

1. Es wird die Verteilung des B -Feldes im Datensatz berechnet. Aus dieser berechneten Feldverteilung $B(x, y, z)$ und der Kenntnis der B_0 -Feldstärke läßt sich die Stärke $p(x, y, z)$

$$p(x, y, z) = \frac{B(x, y, z)}{B_0} \quad (5.41)$$

von der Feldstärke für jedes Voxel berechnen.

2. Es wird das Magnetfeld $B'(x, y, z)$ berechnet, das im idealen Fall, d.h. ohne eine Inhomogenität, nach dem Anlegen des Gradienten im Aufnahmevolumen existieren würde.
3. Auf dieses Magnetfeld wird die im ersten Schritt ermittelte Abweichung $p(x, y, z)$ angewendet. Es entsteht ein Feld $B_G(x, y, z)$ mit

$$B_G(x, y, z) = p(x, y, z) B'(x, y, z) . \quad (5.42)$$

Dieses Feld wird als das im Aufnahmevolumen existierende Feld während der Zeit, in der der Gradient aktiv ist, angesehen.

Die Untersuchung einer Auswirkung der Annahme idealer, unverzerrter Gradientenfelder auf die Verzeichnungsanalyse und später auch -korrektur, erfolgt beispielhaft an einer Frequenzkodierung. Angenommen wird für einen Datensatz eine Frequenzkodierung in x -Richtung mit verschiedenen Gradientenstärken G_x . Die Inhomogenität wird entsprechend des erläuterten Vorgehens ermittelt. Das resultierende Magnetfeld $B_G(x, y, z)$ ergibt sich in diesem Fall als

$$B_G(x, y, z) = \frac{B(x, y, z)}{B_0} (B_0 + x G_x) . \quad (5.43)$$

Die Betrachtung erfolgt für Gradientenstärken G_x im Bereich von 1mT/m bis 20mT/m. Ermittelt wird jeweils die Verschiebung der einzelnen Voxel mit und ohne Berücksichtigung der Inhomogenität in den Gradientenfeldern. Zur Bewertung wurde der Fehler, berechnet als Differenz der Ergebnisse zwischen beiden Verfahren, herangezogen. Abbildung 5.14 zeigt den maximalen Fehler in Abhängigkeit von verschiedenen Gradientenstärken. Dabei fällt der maximale Fehler von 0,87 mm bei $G_x = 1$ mT/m bis auf 0,04 mm bei $G_x = 20$ mT/m. Damit liegt er weit unterhalb der Verschiebungen, die aufgrund der Magnetfeldinhomogenität auftreten. Damit führt die Annahme von ungestörten Gradientenfeldern zu keinen weiteren nennenswerten Fehlern.

5.6 Verzerrungsfreie MR-Sequenzen

Aus den Betrachtungen in Kapitel 3.4.2 kann abgeleitet werden, daß jede mögliche MR-Sequenz von geometrischen Verzerrungen betroffen ist. Allerdings treten in der Literatur gelegentlich Sequenzen auf, die als verzerrungsfrei klassifiziert werden (beispielsweise Martel et. al. [75]). Dieses Kapitel wird sich nun der Frage widmen, in wieweit verzerrungsfreie MR-Sequenzen möglich sind.

Aus Kapitel 3.4.2 folgt, daß die Stärke der geometrischen Verzerrungen von drei Faktoren abhängt:

1. der Abweichung ΔB vom statischen Magnetfeld B_0 ,
2. der Art, wie die jeweilige räumliche Richtung kodiert wird und
3. der Stärke G des Gradienten in dieser Richtung.

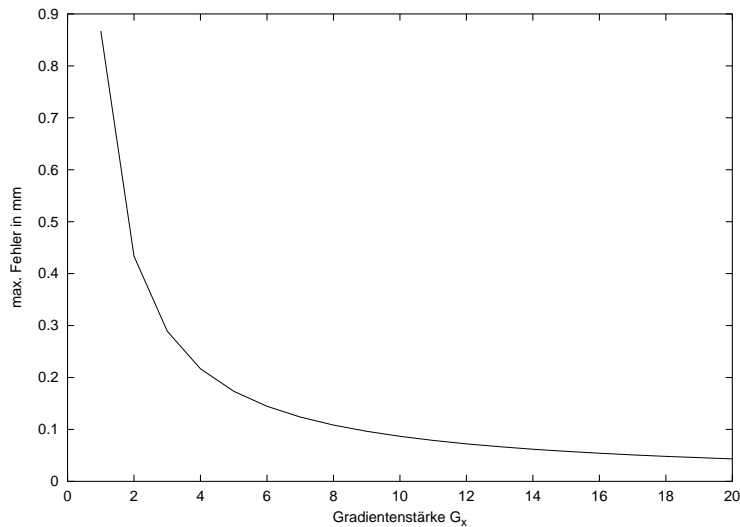


Abbildung 5.14: Fehler durch Annahme von idealen, linearen Gradientenfeldern während der Verzeichnungsanalyse. Dargestellt ist der maximale Fehler in Abhängigkeit von der Gradientenstärke, der durch die Annahme von idealen Gradientenfeldern während der Verzeichnungsanalyse und damit später auch bei der Verzeichnungskorrektur zu erwarten ist.

Für eine Verzerrungsanalyse sind nur die Bereiche des Datensatzes von Interesse, in denen sich der Vordergrund, d.h. der Patient oder auch beispielsweise Marker, befinden. In diesen Bereich definieren wir die maximale Abweichung $\max_{\Delta B}$ von der B_0 -Feldstärke als

$$\max_{\Delta B} = \max_{\mathbf{x} \in \text{Vordergrund}} |B(\mathbf{x}) - B_0|. \quad (5.44)$$

Die Ursache für die Verzerrungen sind allerdings nicht nur die Abweichungen von der B_0 -Feldstärke, sondern auch der Umstand, daß die Stärke der Abweichungen von der jeweiligen Position abhängt. Die Differenz diff_B zwischen den größten und kleinsten Wert der Feldstärke ergibt sich als

$$\text{diff}_B = \max_{\mathbf{x} \in \text{Vordergrund}} B(\mathbf{x}) - \min_{\mathbf{x} \in \text{Vordergrund}} B(\mathbf{x}) \quad (5.45)$$

Wie aus den Betrachtungen in Kapitel 5.4 ersichtlich ist, gilt im allgemeinen $\text{diff}_B \leq \max_{\Delta B}$. Kommen allerdings Implantate aus Metall in das Aufnahmevolumen hinein, so gilt $\text{diff}_B > \max_{\Delta B}$. Der Grund dafür liegt in der paramagnetischen Eigenschaft des Metalls ($\chi > 0$), die eine lokale Erhöhung der Magnetfeldstärke ($\Delta B > 0$) bewirkt. Dagegen führt der Diamagnetismus der Gewebe ($\chi < 0$) zu einer lokalen Verringerung ($\Delta B < 0$) der Feldstärke.

Eine Sequenz kann als geometrisch verzerrungsfrei betrachtet werden, wenn die maximale Verzerrung in jeder Richtung geringer ist als die Hälfte der Voxelgröße in dieser Richtung. Für eine Richtung mit Voxelgröße d und Gradientenstärke G heißt das somit

$$\frac{\text{diff}_B}{G} \leq \frac{1}{2} d. \quad (5.46)$$

Die Ungleichung gilt nicht für Richtungen, in denen die Ortskodierung mittels einer Phasenkodierung des Echos erfolgt. In dieser Richtung tritt aufgrund der Ortskodierung keine geometrische Verzerrung auf.

Damit läßt sich eine verzeichnungsfreie Sequenz wie folgt definieren:

	Sequenz 1	Sequenz 2	Sequenz 3
Sequenztyp	2D	2D	3D
Phasenkodierung	Spalte	Spalte	Zeile
Δ_x [mm]	0,9763	0,9763	1,0156
Δ_y [mm]	0,9763	0,9763	1,0156
Δ_z [mm]	3,3	3,3	1,0
$G_x \left[\frac{\text{mT}}{\text{m}} \right]$	-	-	18,0666
$G_y \left[\frac{\text{mT}}{\text{m}} \right]$	6,1403	3,3314	-
$G_z \left[\frac{\text{mT}}{\text{m}} \right]$	8,1551	8,1551	1,8744

Tabelle 5.4: Voxelgrößen und Gradientenstärken von drei betrachteten MR-Sequenzen. Die Schichtrichtung ist die z -Richtung, die Zeilen sind in y - und die Spalten in x -Richtung angeordnet. $\Delta_x, \Delta_y, \Delta_z$ bezeichnen die Voxelgrößen, G_x, G_y und G_z die Gradientenstärken. Die Gradientenstärken für die phasenkodierte Richtung innerhalb einer Schicht sind nicht angegeben.

	Sequenz 1	Sequenz 2	Sequenz 3
x -Richtung [mm]	0	0	0,371
y -Richtung [mm]	1,091	2,011	0
z -Richtung [mm]	0,822	0,822	0

Tabelle 5.5: Berechnete maximale Verzerrungen der Voxel am distalen Femur für die MR-Sequenzen bei der berechneten Differenz von $\text{diff}_B = 6, 7\mu\text{T}$

Definition 5.1 Eine MR-Sequenz heißt geometrisch verzeichnungsfrei, falls für jede räumliche Richtung gilt:

1. Die Ortskodierung in dieser Richtung erfolgt durch eine Phasenkodierung des Echos. Oder
2. die räumliche Richtung erfüllt die Ungleichung (5.46).

Für die Aufnahmen des distalen Femurs existieren drei MR-Aufnahmen mit bekannten Voxelgrößen und Gradientenstärken. Sie können Tabelle 5.4 entnommen werden. Der erste und dritte Datensatz dieser Tabelle kam bereits während der Registrierung in Kapitel 4.4 als zu registrierender Datensatz (Sequenz 1) bzw. als MR-Referenzbild (Sequenz 3) zum Einsatz.

Die Berechnung der Abweichungen von der B_0 -Feldstärke für den distalen Femur im Kapitel 5.4.1 führt auf eine Differenz $\text{diff}_B = 6, 7\mu\text{T}$. Die daraus entstehenden Verzerrungen für die drei MR-Sequenzen werden entsprechend der Gleichungen (3.22, 3.26) berechnet und sind in Tabelle 5.5 aufgezeigt.

Für die erste Sequenz sind in z -Richtung Verzeichnungen von bis zu 0,822 mm und in y -Richtung bis zu 1,091 mm zu erwarten. Die halbe Voxelgröße dieser Richtungen liegt bei 1,65 mm bzw. 0,488 mm. Demnach sind in der y -Richtung bemerkbare geometrische Verzeichnungen vorhanden. Daß diese wirklich auftreten, ist durch die Registrierung auf einem CT-Datensatz mit einer affinen Abbildung (Kapitel 4.4) belegt.

Die zweite Sequenz hat Verzeichnungen in der z -Richtung von bis zu 0,822 mm und in der y -Richtung von bis zu 2,011 mm. Die Hälfte der Voxelgröße in diesen Richtungen beträgt 1,65 mm sowie 0,488 mm. Demnach sind wiederum in der y -Richtung bemerkbare geometrische Verzeichnungen vorhanden. Diese können ebenfalls durch eine Registrierung belegt werden.

Bei der dritten Sequenz tritt lediglich in der z -Richtung eine Verzerrung von bis zu 0,371 mm auf. Die halbe Voxelgröße dagegen beträgt 1,0 mm. Damit sollten die Verzerrungen nicht bemerkbar sein. D.h., die Sequenz ist verzerrungsfrei. Dies kann in der Tat experimentell nachgewiesen werden. Sowohl eine Registrierung auf der CT-Aufnahme mit affiner Abbildung führt auf Skalierungsfaktoren, die identisch 1 sind, als auch die Verwendung einer rigiden Abbildung ergeben keinerlei Registrierungsfehler.

Zuletzt erfolgt noch eine Betrachtung der von Martel et. al. [75] vorgestellten, verzerrungsfreien Sequenz. In diesem Artikel wird eine 3D-MR-Sequenz mit einem Schichtwahlgradienten von 3,74 mT/m, einem Phasenkodiergradienten von 21,0 mT/m und einem Frequenzkodiergradienten von 11,5 mT/m verwendet. Sie berichten von einer Verzerrung von $0,70 \pm 0,42$ mm bei MR-Aufnahmen der Wirbelsäule. Diese Werte wurden anhand von Markern, die an der Wirbelsäule befestigt waren, gemessen. Bei unseren Betrachtungen dieser Körperregion (Kapitel 5.4.2) führte die Berechnung der Abweichung vom statischen Magnetfeld im Bereich der Wirbelsäule auf eine Abweichung von $\Delta B = 3,4 \mu\text{T}$. Aufgrund der 3D-Sequenz ist sowohl die Schicht- als auch die Phasenkodierichtung verzerrungsfrei. In der frequenzkodierten Richtung tritt mit diesen Werten eine Verzerrung von 0,32 mm auf. Der größere Wert von Martel et. al. begründet sich mit der nicht starren Wirbelsäule, die ihre Form zwischen den einzelnen Messungen geringfügig verändert hat [75]. Dennoch wurden durch diese Sequenz die geometrischen Verzerrungen minimiert.

Allerdings ist es praktisch oft unmöglich, solche speziell konstruierten Sequenzen zu verwenden. Der Gründe dafür sind:

- Die Auswahl des Sequenz erfolgt zumeist unter diagnostischen Gesichtspunkten. Die Gradientenstärke ergibt sich implizit aus den gewünschten Sequenzeigenschaften.
- Die Wurzel des Signal-Rausch-Abstandes ist umgekehrt proportional zur Gradientenstärke. Das heißt, eine hohe Gradientenstärke führt zu einer Verschlechterung der Bildqualität.

Außerdem kann die Existenz eines Implantats im Aufnahmevolumen zu sehr starken Abweichungen von der statischen Magnetfeldstärke führen. So ergab die Berechnung der Feldstärke an einem distalen Femur mit Implantat eine sehr große Differenz diff_B . Von dieser Seite betrachtet, existieren zwar verzerrungsfreie Sequenzen, ihr praktischer Einsatz kann aber nicht garantiert werden. Daher ist eine Verzeichnungskorrektur unumgänglich.

Kapitel 6

Geometrische Korrektur von MR-Daten

Nachdem sich das letzte Kapitel mit der Berechnung der Feldverteilung im Scanner und der Analyse der geometrischen Verzeichnungen beschäftigt hat, ist der Gegenstand dieses Abschnittes die geometrische Korrektur der MR-Daten.

6.1 Grundlagen

Wie man im letzten Kapitel erkennen kann, sind MR-Aufnahmen vom menschlichen Körper geometrisch verzeichnet. Die Verzeichnungen sind kritisch für den Einsatz der Daten in einer orthopädischen Navigationsumgebung und müssen daher korrigiert werden. Bereits in [13] wird ein Ansatz angesprochen, der eine Simulation der MR-Aufnahme auf dem verzerrten Datensatz durchführt.

Aus Kapitel 3.4 wird ersichtlich, daß bei einer Magnetfeldinhomogenität ΔB und einer Gradientenstärke G die Stärke der Verschiebung gleich $\Delta B/G$ ist. Dies betrifft die frequenzkodierte räumliche Richtung und in 2D-MR-Sequenzen auch die Schichtwahlrichtung. Phasenkodierte Richtungen sind frei von solchen Verzeichnungen. Mit diesen Kenntnissen ist es möglich, aus dem unverzerrten Datensatz bei Kenntnis der Magnetfeldverteilung im Scanner und der Sequenzparameter die geometrischen Verzerrungen zu berechnen.

Die Kenntnis der Magnetfeldinhomogenität an jedem Voxel im Bild ist eine notwendige Voraussetzung für die Korrektur der geometrischen Verzeichnungen. Für die Bestimmung dieser Inhomogenitäten bieten sich drei Wege an:

1. Die Berechnung der Feldverteilung durch die numerische Lösung der Maxwellschen Gleichung. Hierbei können die im Abschnitt beschriebenen Verfahren zum Einsatz kommen.
2. Die Erstellung einer Datenbank, die für eine Reihe von Sequenzparametern und Formen die Informationen über die Verteilung der magnetischen Feldstärke enthält.
3. Die Messung der Feldverteilung mittels spezieller MR-Sequenzen.

Die einzelnen Verfahren sind Gegenstand der folgenden Abschnitte.

6.2 Korrektur durch Berechnung der Magnetfeldverteilung

6.2.1 Algorithmen

Die erste Möglichkeit, die betrachtet wird, ist die Korrektur durch die numerische Berechnung der Feldverteilung im MR-Scanner. Ausgangspunkt dafür ist der aufgenommene, d.h. der geometrisch verzerrte MR-Datensatz. Außerdem werden die phasenkodierten Richtungen und die Gradientenstärken in den restlichen räumlichen Richtungen als bekannt vorausgesetzt.

Die geometrische Korrektur des verzerrten Datensatzes läuft in folgenden Schritten ab:

1. Zuerst erfolgt eine Segmentierung des Datensatzes in Hintergrund (Luft) und Körpergewebe. In diesem Schritt kommen die Routinen aus Kapitel 4 zur Anwendung. Da sich diese Arbeit mit dem orthopädischen Bereich beschäftigt, können Lufteinschlüsse im Körper in den Datensätzen ausgeschlossen werden. Beispielsweise bei Anwendungen im Kopfbereich wären die luftgefüllten Stirnhöhlen zu berücksichtigen.
2. Anschließend erfolgt eine Zuweisung der magnetischen Eigenschaften zu den Regionen. Den Luftregionen wird eine magnetische Suszeptibilität von $\chi = 0$ zugewiesen, die Gewebeteile erhalten eine konstante Suszeptibilität von $\chi = -9 \times 10^{-6}$. Wir haben bereits im Kapitel 5.5 gesehen, daß die Fehler, die durch diese Annahme entstehen, sehr klein sind und damit vernachlässigt werden können.
3. Die Verteilung des magnetischen Feldes im Datensatz wird berechnet. Hierbei kommen die in Kapitel 5.3 vorgestellten numerischen Verfahren zur Anwendung.
4. Aus der Kenntnis der Feldverteilung und damit der Magnetfeldinhomogenitäten kann die Verschiebung jedes Voxels in jeder räumlichen Richtung berechnet werden. Es ist bekannt, daß in räumlichen Richtungen, die mittels Phasenkodierung des Echos aufgenommen wurden, keine derartigen Verschiebungen auftreten. In allen anderen Richtungen haben die Verschiebungen die Stärke

$$\frac{\Delta B}{G},$$

wobei ΔB die lokale Feldinhomogenität und G die Gradientenstärke in der jeweiligen räumlichen Richtung bezeichnet.

5. Die Anwendung der negierten berechneten Verschiebungen für alle drei räumlichen Richtungen auf jedes Voxel führt zu einem geometrisch korrigierten Datensatz. Hierbei kommt es vor, daß die berechneten Positionen der Voxel nicht genau auf dem Gitter liegen, das durch den Datensatz vorgegeben wird. Dies erfordert den Einsatz von Interpolationsverfahren. Eine trilineare Interpolation ist in dem hier vorliegenden Fall ausreichend.

Es ist zu beachten, daß die Berechnung der Magnetfeldverteilung auf dem verzerrten Datensatz erfolgt. Dadurch kann es natürlich zu Ungenauigkeiten in der Feldstärke kommen. Deshalb wäre eigentlich ein iteratives Vorgehen bei der Berechnung der Feldstärkeverteilung und damit der geometrischen Korrektur vorzuziehen. Ausgehend von dem geometrischen verzerrten Bild $B^{(0)}$ wird dabei eine Folge $B^{(i)}$ mit folgenden Eigenschaften aufgebaut:

$$B^{(n+1)} = f(B^{(n)}, B^{(0)}) \quad \text{und} \quad (6.1)$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} B^{(n)} = B_{\text{geom.korrigiert}}. \quad (6.2)$$

Hierbei entsteht $B^{(n+1)}$ aus $B^{(n)}$ durch die Funktion f , die die folgenden Schritte ausführt:

1. Das verzerrte Bild $B^{(n)}$ wird in Luft und Gewebe segmentiert. Den einzelnen Teilen werden die entsprechenden magnetischen Eigenschaften zugewiesen.
2. Anschließend wird die magnetische Feldverteilung berechnet.
3. Mit Hilfe der gerade berechneten Feldverteilung wird das geometrisch verzerrte Bild $B^{(0)}$ korrigiert. Das Ergebnis ist ein Bild $B^{(n+1)}$.

Allerdings ist dieses Vorgehen sehr zeitaufwendig und damit praktisch nicht einsetzbar. Der Fehler durch das vereinfachte Vorgehen wird in der Evaluierung betrachtet.

6.2.2 Entzerrung eines Datensatzes

Als Beispiel für die geometrische Korrektur verwenden wir einen MR-Datensatz vom distalen Femur. Es handelt sich hierbei um eine 2D-MR-Sequenz mit axialer Schnittdarstellung und Phasenkodierung in Spaltenrichtung (x-Richtung). Der Schichtwahlgradient beträgt $G_z = 8,1551\text{mT/m}$, der Frequenzkodiergradient $G_y = 6,1403\text{mT/m}$ und die statische Feldstärke des Scanners $B_0 = 1,5\text{T}$. Die Voxelgröße ist $0,976 \times 0,976 \times 3,3\text{mm}$.

Auf diesen Datensatz wurde das Verfahren für die geometrische Korrektur angewendet. Das heißt:

1. Segmentierung in Gewebe und Luft,
2. Zuweisung einer magnetischen Suszeptibilität von $\chi = -9 \times 10^{-6}$ für Gewebe und $\chi = 0$ für Luft,
3. numerische Berechnung der Feldverteilung,
4. Berechnung des Verschiebungsfeldes für die von geometrischen Verzerrungen betroffenen räumlichen Richtungen und
5. Anwendung des inversen Verschiebungsfeldes auf die Voxel.

Die Ergebnisse sind in Abb. 6.1 dargestellt.

6.2.3 Evaluierung

Die Berechnung der Feldverteilung und der Verzerrungen erfolgt auf dem verzerrten Datensatz. Dadurch entstehen Fehler, deren Größen jetzt untersucht werden. Diese Untersuchung erfolgt an dem bereits während der Verzeichnungsanalyse verwendeten CT-Datensatz vom distalen Femur (Abb. 5.7, links). Es werden die folgenden Schritte ausgeführt:

- Berechnung der geometrischen Verzerrung.
 - Segmentierung des Datensatzes in Luft und Gewebe und Zuweisung der magnetischen Suszeptibilitäten $\chi = 0$ für Luft und $\chi = -9 \times 10^{-6}$ für Gewebe,
 - Berechnung der Feldverteilung,
 - geometrische Verzerrung des Datensatzes.

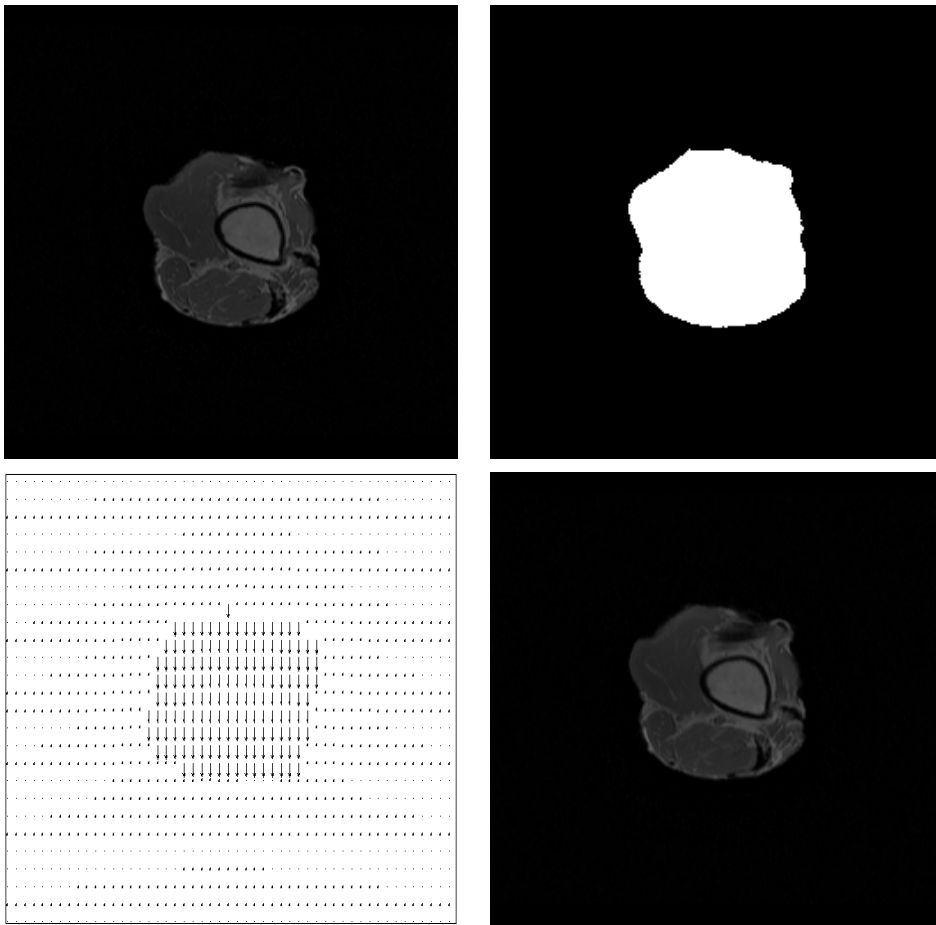


Abbildung 6.1: Die Schritte für eine geometrische Korrektur eines MR-Datensatzes. Oben: originaler, verzerrter MR-Datensatz (links), Segmentierung in Luft (schwarz) und Gewebe (weiß) und Zuweisung der spezifischen magnetischen Suszeptibilitäten (rechts), Unten: die aus der Feldverteilung berechneten Verschiebungsfelder für eine räumlichen Richtung (schematisch, links) und der geometrisch korrigierte Datensatz nach der Anwendung der inversen Verschiebungsfelder (rechts).

- Korrektur des verzerrten Bildes.

Hierbei kommt der beschriebene Algorithmus zum Einsatz.

Durch die Berechnung des verzerrten Bildes aus dem unverzerrten Datensatz ist für jedes Voxel (x, y, z) die Translation $\mathbf{t}(x, y, z)$ in die räumlichen Richtungen bekannt. Diese setzt sich zusammen aus einer generellen Translation \mathbf{t}_0 und einer individuellen Translation $\mathbf{t}_i(x, y, z)$ für jedes Voxel.

$$\mathbf{t}(x, y, z) = \mathbf{t}_0 + \mathbf{t}_i(x, y, z) \quad (6.3)$$

Zu berücksichtigen ist, daß verschiedene Werte \mathbf{t}_0 zwar zu unterschiedlichen Translationen führen. Jedoch die Verzerrung ist am Ende aber immer dieselbe. Aus diesem Grund muß der \mathbf{t}_0 -Wert geeignet normiert werden.

Während der Korrektur erhalten wir die mit dem Entzerrungsverfahren berechnete Verschiebung, wiederum eine Translation $\mathbf{t}_K(x, y, z)$. Diese läßt sich ebenfalls als

$$\mathbf{t}_K(x, y, z) = \mathbf{t}_{K,0} + \mathbf{t}_{K,i}(x, y, z) \quad (6.4)$$

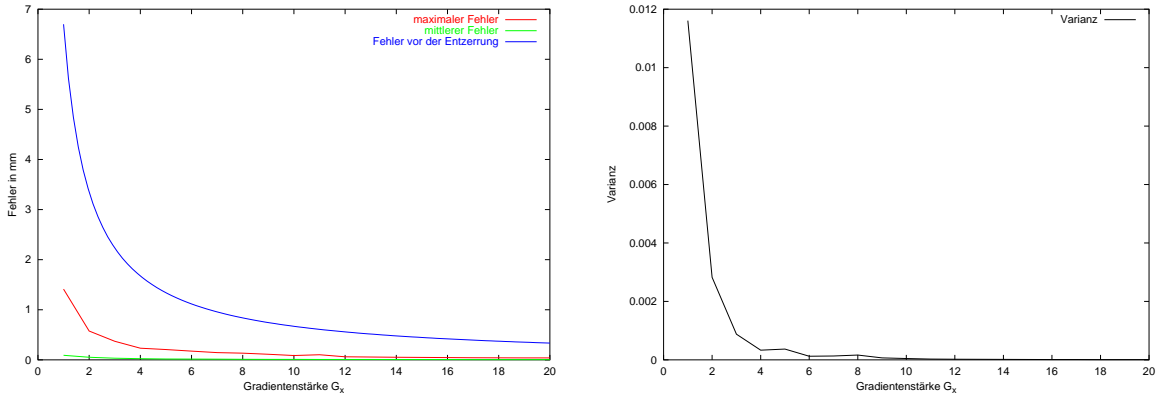


Abbildung 6.2: Links: Mittlerer (grüne Linie) und maximaler Fehler (rote Linie) bei der Verzeichnungskorrektur durch Simulation einer MR-Aufnahme auf dem verzerrten Datensatz. Es wurden Gradientenstärken von 1mT/m bis 20mT/m betrachtet. Zum Vergleich ist der maximale Fehler (blaue Linie) dargestellt, der ohne eine geometrische Entzerrung der Daten auftreten würde. Die Daten dazu entstammen der Betrachtung in Kapitel 5.4.1. Rechts: Varianz des verbleibenden Restfehlers nach der Korrektur.

schreiben. Der Fehler $\mathbf{e}(x, y, z)$ zwischen \mathbf{t} und \mathbf{t}_K für ein Voxel (x, y, z) ergibt sich als

$$\mathbf{e}(x, y, z) = \|\mathbf{t}(x, y, z) - \mathbf{t}_K(x, y, z)\| \quad (6.5)$$

$$= \|\mathbf{t}_0 + \mathbf{t}_i(x, y, z) - \mathbf{t}_{K,0} - \mathbf{t}_{K,i}(x, y, z)\| \quad (6.6)$$

$$= \|\mathbf{t}'_0 + \mathbf{t}_i(x, y, z) - \mathbf{t}_{K,i}(x, y, z)\|. \quad (6.7)$$

\mathbf{t}'_0 wird so bestimmt, daß für ein Voxel (x, y, z) innerhalb des sichtbaren Körpers im Datensatz $\mathbf{e}(x, y, z) = 0$ gilt. Hierfür wird das Voxel $(nx/2, ny/2, nz/2)$ in der Mitte des Datensatzes verwendet.

Die Evaluierung erfolgt beispielhaft an einer 2D- und einer 3D-MR-Sequenz. Es erfolgt o.B.d.A. stets eine Phasenkodierung in y-Richtung. Die x-Richtung ist frequenzkodiert mit Gradientenstärke G_x und die Schichten sind in z-Richtung mit Gradienten G_z orientiert. Es werden Gradientenstärken im Bereich von 1 mT/m bis 20 mT/m verwendet. Die Ergebnisse sind in Abb. 6.3 für 2D-MR-Sequenzen und in Abb. 6.2 für 3D-Sequenzen dargestellt. Entsprechend den Ausführungen in Kapitel 3 erfolgt bei 3D-MR-Sequenzen die Schichtkodierung ebenfalls über eine Phasenkodierung. Damit wird bei diesen Sequenzen nur der Frequenzkodiergradient G_x variiert.

Betrachten wir zunächst die Fehler, die bei 3D-MR-Sequenzen nach der Korrektur verbleiben. Für diesen Sequenztyp kann ein maximaler Fehler von 1,41 mm bei einer Gradientenstärke von $G_x = 1,0$ mT/m beobachtet werden (Abb. 6.2). Der mittlere Fehler beträgt 0,091 mm bei einer Varianz von 0,011 mm². Der maximale Fehler sinkt bei steigender Gradientenstärke bis auf 0,039 mm bei $G_x = 20$ mT/m. Der mittlere Fehler verringert sich dabei auf $4,8 \times 10^{-3}$ mm bei einer Varianz von 9×10^{-6} mm². Berechnet man dagegen anhand der in Kapitel 5.4.1 berechneten Feldinhomogenitäten die maximale geometrische Verzerrung in dem Datensatz, so erhält man hierfür Werte von 6,7 mm für $G_x = 1$ mT/m bis zu 0,34 mm für $G_x = 20$ mT/m (blaue Kurve in Abb. 6.2). Diese Werte liegen deutlich über den maximalen Restfehlern, die nach der Korrektur der Daten verbleiben. Aufgrund der sehr geringen Varianz auch für kleine Gradientenstärken dürften die maximalen Fehler ohnehin nur von einigen, wenigen Ausreißern verursacht werden. Damit bringt die Verzeichnungskorrektur im Falle von 3D-MR-Sequenzen eine deutliche Verbesserung im Ausmaß der geometrischen Verzeichnungen.

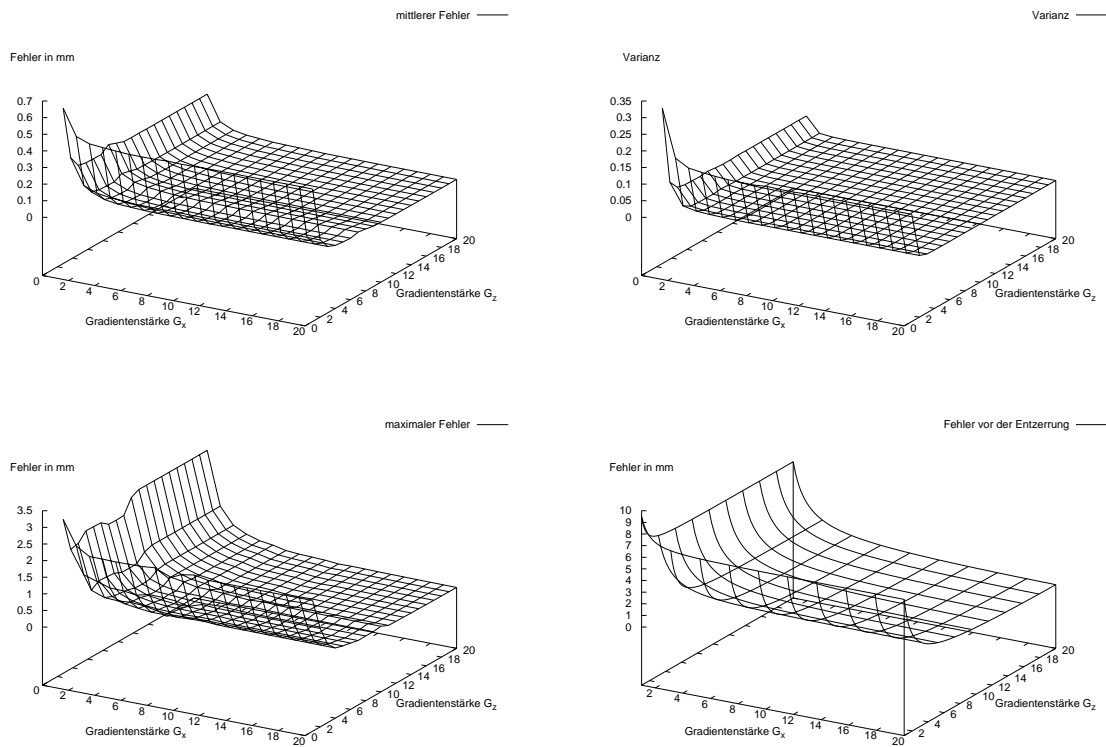


Abbildung 6.3: Evaluierung der Entzerrung durch die Simulation des MR-Aufnahmeprozesses auf dem verzerrten Bild. Dargestellt ist der maximale Fehler im Datensatz für eine 2D-MR-Sequenz und Gradientenstärken im Bereich 1 mT/m bis 20 mT/m.

Im Fall von 2D-MR-Sequenzen ist eine ähnliche Verbesserung zu beobachten. Aufgrund der Tatsache, daß in 2D-Sequenzen die geometrischen Verzerrungen in zwei räumlichen Richtungen auftreten, sollte das Ergebnis nach der Korrektur qualitativ etwas schlechter als für 3D-Sequenzen ausfallen. Es kamen für den Frequenzkodiergradienten G_x und den Schichtwahlgradienten G_z Stärken im Bereich 1 mT/m bis 20 mT/m zum Einsatz. Der schlechteste Fall ist für $G_x = 1$ mT/m und $G_z = 1$ mT/m zu erwarten. In diesem Fall treten die stärksten Verzerrungen auf. Mit den in Kapitel 5.4.1 ermittelten Feldinhomogenitäten ist eine Verzerrung von bis zu 9,48 mm (6,7 mm in jeder Richtung) zu erwarten. In diesem Fall hinterläßt die Korrektur einen maximalen Fehler von 3,19 mm. Der mittlere Fehler beträgt dagegen 0,65 mm bei einer Varianz von 0,32 mm². Durch steigende Gradientenstärken, sowohl beim Frequenzkodiergradienten G_x als auch beim Schichtwahlgradienten G_z , nehmen der maximale und mittlere Fehler sowie die Varianz ab. Bei $G_x = 20$ mT/m und $G_z = 20$ mT/m wird ein maximaler Fehler nach der Korrektur von 0,083 mm erreicht. Der mittlere Fehler beträgt hierbei $6,5 \times 10^{-3}$ mm bei einer Varianz von 32×10^{-6} mm². Zum Vergleich beträgt der Fehler vor der Korrektur 0,47 mm.

6.2.4 Verbesserung am Beispiel MR/CT-Registrierung

Als Beispiel für die Verbesserung durch die geometrische Korrektur der MR-Daten dient eine MR/CT-Registrierung. Zu der CT-Aufnahme in Abbildung 5.7, links, wurden weitere MR-Aufnahmen mit bekannten Gradientenstärken erstellt. Die hier verwendete Aufnahme ist ein 2D-MR-Datensatz mit einer Phasenkodierung des Echos in Spaltenrichtung (x -Richtung). Die Gradientenstärken betragen in Frequenzkodierrichtung (y -Richtung) $G_y = 3,33$ mT/m, und der Schichtwahlgradient (z -Richtung) ist $G_z = 8,16$ mT/m. Die MR-Aufnahme wurde unter Verwendung des in Kapitel 4.4 erwähnten Registrierungsalgorithmus auf dem CT-Bild registriert. Zur Anwendung kam eine MI- und eine χ^2 -basierte Registrierung mit rigider Abbildung. Zur Evaluierung wurden die CT- und die darauf registrierte MR-Aufnahme überlagert. Die Ergebnisse zeigt Abbildung 6.4. In der linken Spalte sind die Ergebnisse für die Registrierung des originalen MR-Datensatzes aufgezeigt. Für die rechte Spalte wurde der geometrisch korrigierte Datensatz verwendet. In der obersten Zeile erfolgt eine Überlagerung durch eine Mittelung der einzelnen Grauwerte. Die kortikale Knochenstruktur erscheint in der CT-Aufnahme sehr hell, im MR dagegen dunkel. Es wäre zu erwarten, daß der helle Bereich aus dem CT und der dunkle aus dem MR zur Deckung kommen. Bei Verwendung des originalen MR sind allerdings am Rand der Struktur dunkle Stellen zu erkennen. Dies deutet auf eine Fehlregistrierung hin. Die Knochen in beiden Bildern werden nicht genau aufeinander abgebildet. Wird dagegen das geometrisch korrigierte MR-Bild verwendet, so verschwinden diese dunklen Stellen. Weiterhin ist der Bereich des Femurknochens extrahiert und als Schachbrettmuster dargestellt (mittlere Reihe). Dabei sind bei der Überlagerung von originaler MR-Aufnahme mit dem CT Fehler am Knochen zu erkennen. Normalerweise müßte die Kante der Spongiosa durchgehend sein. Dies ist aber nicht der Fall. Nach der Korrektur stimmen die Knochenkanten auch hier überein. Letztendlich wird eine Überlagerung der inneren Kortikalkante, aus CT und MR segmentiert, dargestellt. Auch hier ist die bessere Übereinstimmung nach der Korrektur deutlich zu erkennen.

Nicht zuletzt läßt sich die Verbesserung durch die geometrische Korrektur der MR-Daten auch analytisch erfassen. Abbildung 6.5 zeigt die MI- und χ^2 -Kurve für die MR/CT-Registrierung mit dem originalen und dem korrigierten MR für eine Verschiebung t_x entlang der x -Richtung. Die Registrierstellung wird für eine Verschiebung von $t_x = 0$ erreicht. Beide Werte, MI und χ^2 , sind ein Maß für die Ähnlichkeit zweier Bilder. Höhere Werte entsprechen dabei einer besseren Anpassung. Hierbei ist zu erkennen, daß in dieser Stellung der MI-Wert im korrigierten Fall um 8% höher ist und der χ^2 -Wert sogar um 11%. Demnach wird nach der geometrischen Korrektur eine bessere Anpassung erreicht.

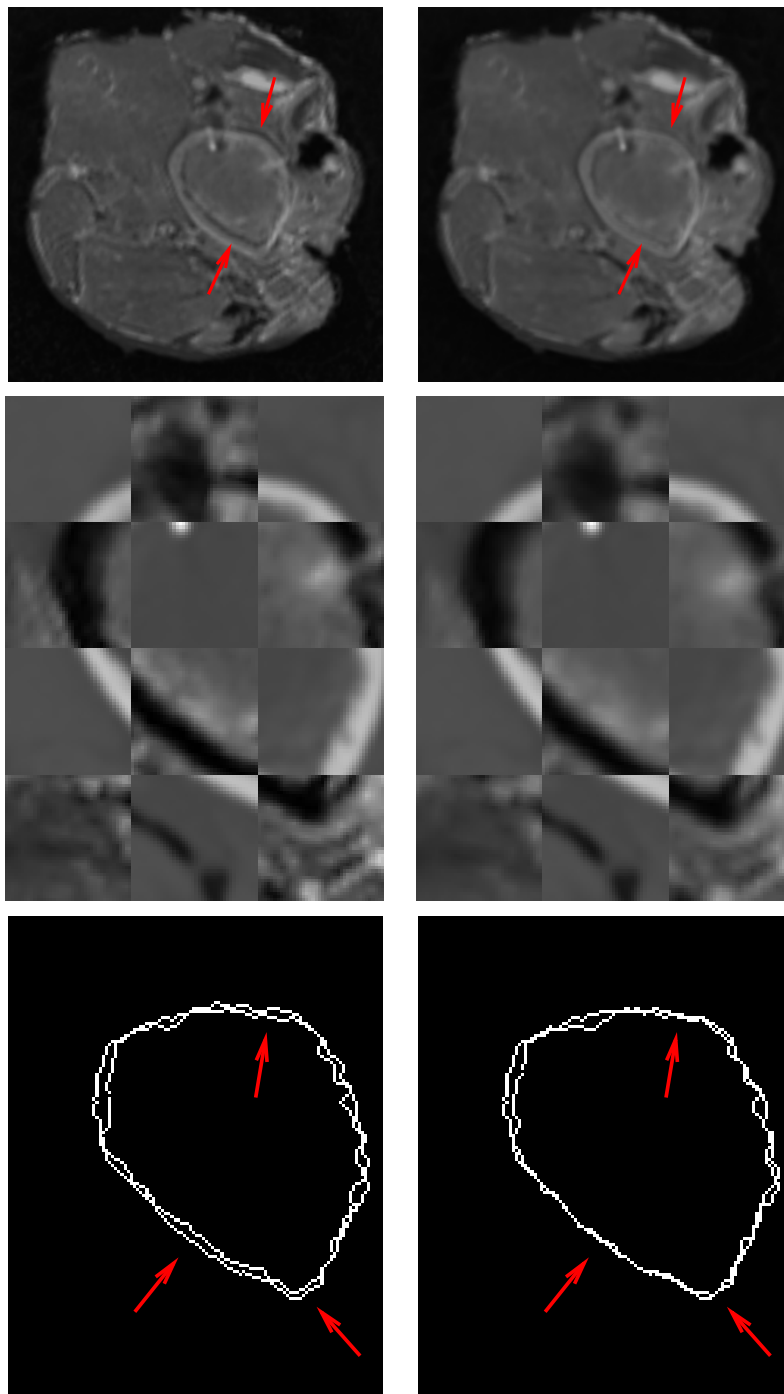


Abbildung 6.4: MR/CT-Registrierung vor (linke Spalte) und nach der geometrischen Korrektur der MR-Daten (rechte Spalte). Die roten Pfeile kennzeichnen Stellen, an denen der Unterschied zwischen dem originalen und dem korrigierten MR-Datensatz sehr deutlich zu erkennen ist.

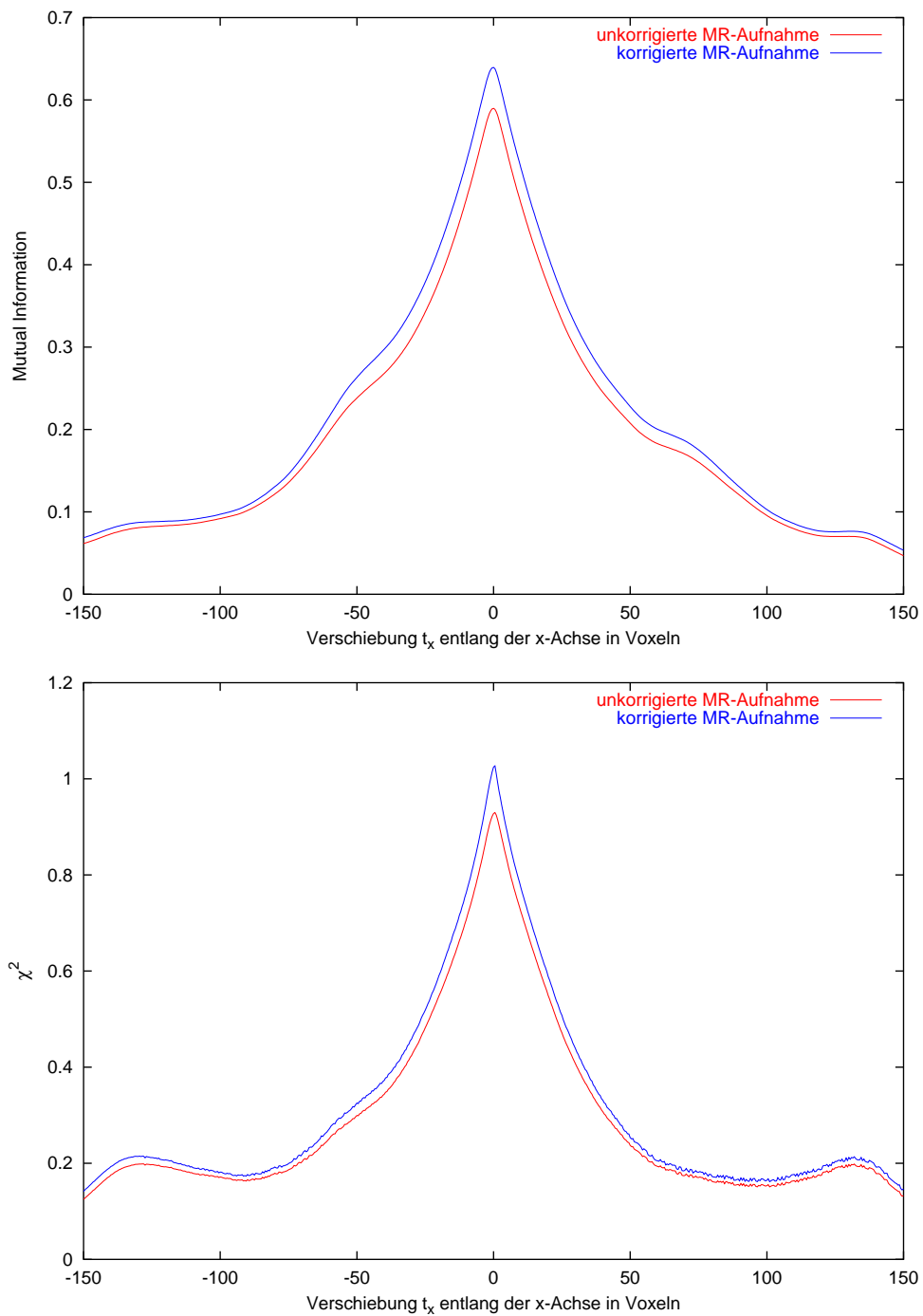


Abbildung 6.5: MI- (oben) und χ^2 -Kurve (unten) für die MR/CT-Registrierung vor (rote Kurve) und nach der Verzerrungskorrektur (blaue Kurve). Dargestellt sind die Werte für eine Verschiebung t_x entlang der x -Achse. Die Registrierungsstellung wird für $t_x = 0$ erreicht.

Weiterhin läßt sich der Effekt der Korrektur durch eine Registrierung mittels einer affinen Abbildung (s. Kapitel 4.4) beobachten. Bei einer Registrierung der originalen MR-Aufnahme auf dem CT-Datensatz erhalten wir die Skalierungsfaktoren $s_x = 1,00$, $s_y = 1,03$ und $s_z = 1,01$. Dies deutet auf unterschiedliche Größen des Volumens entlang der y - und z -Achse hin. In x -Richtung findet keine Skalierung statt. In dieser Richtung erfolgt eine Phasenkodierung des Echos, und damit sind entsprechend der Theorie auch keine geometrischen Verzeichnungen zu erwarten. Bei der Registrierung des geometrisch korrigierten Datensatzes auf dem CT-Datensatz sind alle Skalierungsfaktoren gleich 1,0. D.h., die Geometrie im MR-Datensatz stimmt äußerlich mit der Geometrie der CT-Aufnahme überein.

6.3 Modellbasierte geometrische Korrektur

6.3.1 Grundlagen

Aus der Gleichung (5.8) können die folgenden Fakten abgeleitet werden:

- Die Feldverteilung im MR-Scanner ist für ein und dasselbe Objekt translationsinvariant. D.h., wird das Objekt verschoben, verschiebt sich das magnetische Feld auf genau dieselbe Art.
- Ähnliche Objekte besitzen eine ähnliche Feldverteilung. Es ist zu erwarten, daß Objekte im MR-Scanner mit einer ähnlichen Form und damit einer ähnlichen räumlichen Verteilung der magnetischen Suszeptibilitäten zu einer ähnlichen Feldverteilung führen.

Daraus leitet sich die Idee ab, die geometrische Korrektur nicht durch eine Simulation des Aufnahmeprozesses auf dem verzerrten Bild durchzuführen. Stattdessen werden für eine Reihe geometrischer Formen die Feldverteilungen und die verzerrten Objekte berechnet. Aus diesen verzerrten Objekten wird dasjenige ausgewählt, welches dem zu entzerrenden Objekt am ähnlichsten ist. Von diesem wird die Verschiebung der Voxel genommen und damit das geometrisch verzerrte Bild korrigiert. Als Vorteil wird eine kürzere Rechenzeit und gegenüber der Berechnung der Feldverteilung auf dem verzerrten Bild eine genauere Korrektur erwartet. Es ist zu beachten, daß die magnetische Feldverteilung nicht rotationsinvariant ist. Verändert sich die Orientierung des aufzunehmenden Objektes im Scanner, ändert sich gleichzeitig die Feldverteilung.

Der Ansatz erfordert, das unverzerrte Bild, dessen Suszeptibilitätsverteilung und Magnetfeldverteilung in einer Datenbank zu speichern. Die Entzerrung kann dann in den folgenden vier Schritten vorgenommen werden:

1. Es werden die relevanten Sequenzparameter (phasenkodierte Richtungen, Gradientenstärken in den übrigen Richtungen, Richtung des magnetischen Feldes) bestimmt.
2. Für die in der Datenbank gespeicherten Objekte werden anhand ihrer Magnetfeldverteilungen und den Sequenzparametern die verzerrten Objekte berechnet.
3. Die Kontur des zu entzerrenden Bildes wird mit den Konturen der berechneten, verzerrten Objekte in der Datenbank verglichen. Das ähnlichste wird ausgewählt und mittels einer elastischen Abbildung an das zu entzerrende Bild angepaßt.
4. Die inverse Verzerrung wird auf das zu entzerrende Bild angewendet. Das Ergebnis ist ein korrigierter Datensatz.

Sollte sich in der Datenbank kein ähnliches Bild finden lassen, so erfolgt eine Entzerrung mit dem im Abschnitt 6.2 vorgestellten Verfahren. Anschließend kann das Objekt in die Datenbank aufgenommen werden.

Die einzelnen Details der modellbasierten Entzerrung werden in den nächsten Abschnitten vorgestellt. Dazu gehören der Aufbau und die Suche in der Datenbank sowie die Anpassung an eine individuelle Geometrie.

6.3.2 Erstellung einer Datenbank

Wir gehen an dieser Stelle davon aus, daß der Datensatz bereits segmentiert und in Regionen gleicher magnetischer Suszeptibilität unterteilt ist. Die Datenbank speichert die unverzerrten Geometrien zusammen mit ihren Feldverteilungen. Jeder Eintrag in der Datenbank muß daher folgende Informationen enthalten:

- die Konturen der einzelnen Regionen,
- die magnetischen Suszeptibilitäten der Regionen,
- die verwendete Feldstärke,
- die Feldverteilung im Scanner.

Die Schritte zur Aufnahme eines Objektes sind dann:

1. Das Objekt wird so gedreht, daß die Feldlinien des Magnetfeldes in einer genau definierten Richtung verlaufen (z.B. parallel zur z-Achse).
2. Aus dem segmentierten Bild werden die Kanten zwischen Regionen mit verschiedenen magnetischen Suszeptibilitäten extrahiert. Dies ist erforderlich, weil die Verteilung dieser Suszeptibilitäten einen erheblichen Einfluß auf die Feldverteilung besitzt. Diese Kanteninformation ist gleichzeitig das Schlüsselattribut in der Datenbank.
3. Für die gegebene Suszeptibilitätsverteilung wird für eine Feldstärke die Feldverteilung über den Datensatz berechnet. Hierbei können die Verfahren aus Kapitel 5 Anwendung finden.
4. Es werden die Kanteninformation, magnetischen Suszeptibilitäten, die verwendete Feldstärke und die Feldverteilung gespeichert.

6.3.3 Matching einer individuellen Anatomie

Ist die Datenbank aufgebaut, so kann mit ihrer Hilfe die Feldverteilung für ein beliebiges Objekt bestimmt werden. Voraussetzung ist, daß das Objekt bereits segmentiert ist und die Regionen verschiedener magnetischer Suszeptibilitäten markiert sind. Weiterhin müssen Informationen über den Sequenztyp, die phasenkodierten Richtungen und die Gradientenstärken vorhanden sein.

Für die Suche ist es notwendig, das zu entzerrende Objekt auf die in der Datenbank gespeicherten Konturen zu registrieren. Hierfür können Verfahren zum Einsatz kommen, die aus Referenzen zwischen Punkten die Abbildungsparameter berechnen (z.B. Horn [55]). Sind die Referenzen nicht bekannt, so können diese mittels des ICP-Algorithmus [67] bestimmt werden. Beide Verfahren liefern sowohl Rotations- als auch Translationsparameter.

Weil die Feldverteilung im Datensatz nicht rotationsinvariant ist, müssen die gespeicherten Konturen und die Konturen des zu entzerrenden Objekts dieselbe Orientierung besitzen. Es brauchen daher lediglich Translationsparameter bestimmt werden. Haben wir zwei Objekte mit Schwerpunkten s_1 und s_2 , so ist nach Horn [55] die Translation \mathbf{t} , die den mittleren quadratischen Abstand aller Punkte zu ihrer Referenz minimiert, als

$$\mathbf{t} = \mathbf{s}_1 - \mathbf{s}_2 \quad (6.8)$$

bestimmt. Hierbei erfolgt eine Abbildung von Objekt 2 auf Objekt 1. Diese Beziehung wird für das Auffinden der Kontur in der Datenbank verwendet. Das Auffinden des Objektes mit der passenden Kontur geschieht nach dem Algorithmus in Abb. 6.6.

Algorithmus zur Aufsuchen einer passenden, unverzerrten Kontur zu einer verzerrten Kontur c mit einer MR-Sequenz MR mit bekannten Parametern.

Gegeben ist eine Datenbank mit n Konturen c_1, \dots, c_n von unverzerrten Objekten sowie ihre Feldverteilung B_1, \dots, B_n .

Bestimmung des Schwerpunktes s_c der Kontur c

for $i=1, \dots, n$ **do**

Berechnung der verzerrten Kontur c_v zur Kontur c_i mit den Sequenzparametern der Sequenz MR

$$c_v = \text{VerzerrteKontur}(c_i, B_i, MR)$$

Bestimmung des Schwerpunktes s_{c_v} von c_v

$$s_{c_v} = \text{Schwerpunkt}(c_v)$$

Bestimmung der Translation \mathbf{t} von c nach c_v , die den mittleren quadratischen Abstand *error* der korrespondierenden Punkte minimiert

$$\mathbf{t} = \text{Translation}(c_v, c)$$

$$\text{error} = \text{MittlererQuadFehler}(c_v, c, \mathbf{t})$$

end for

Die Kontur mit dem minimalsten mittleren quadratischen Fehler ist die gesuchte Kontur.

Abbildung 6.6: Algorithmus zum Aufsuchen einer passenden Kontur in der Datenbank

Nach dem Ende der Suche können zwei Fälle unterschieden werden:

1. Ist der kleinste mittlere quadratische Fehler kleiner als eine vorgegebene Schranke, wird die Kontur akzeptiert.
2. Andernfalls ist die Suche fehlgeschlagen. Es wird mit einer Korrektur des MR-Datensatz entsprechend Kapitel 6.1 fortgefahren. Danach kann die Kontur zusammen mit ihrer Feldverteilung in die Datenbank aufgenommen werden.

Wird eine Kontur aus der Datenbank akzeptiert, erhalten wir für jeden Punkt des verzerrten Datensatzes die Verschiebung und damit Korrekturinformationen. Es kann jedoch vorkommen, daß zwischen der Kontur des zu entzerrenden Objekts und der gefundenen Kontur Differenzen bestehen. In diesem Fall

muß die gefundene Verzeichnungskorrektur angepaßt werden. Hierzu läßt sich der Thin-Plate-Spline-Ansatz von Bookstein [17] verwenden. Sind eine Anzahl korrespondierender Punkte gegeben, wird eine elastische Abbildung berechnet, die die Punkte aufeinander abbildet.

Zur Anpassung der Korrekturinformationen werden die folgenden Schritte ausgeführt:

1. Die zu entzerrende Kontur wird auf einige wenige, möglichst gleichmäßig verteilte Stützstellen ausgedünnt. Dann wird zu jedem Punkt der nächste Punkt der in der Datenbank gefundenen Kontur (Referenzkontur) gesucht.
2. Es wird eine Thin-Plate-Spline berechnet, die die korrespondierenden Punkte aufeinander abbildet.
3. Die Thin-Plate-Spline wird auf die Korrekturinformationen angewendet. Wir erhalten das Entzerrungsfeld für den Datensatz, der zu korrigieren ist.

Anschließend kann die Korrektur der MR-Daten mit den ermittelten Korrekturdaten durchgeführt werden.

6.3.4 Evaluierung

Für die Evaluierung der modellbasierten Entzerrung wird in den folgenden Schritten vorgegangen:

- Von einem Datensatz wird die äußere Kontur extrahiert. (Trennung zwischen Luft und Gewebe). Die Luft bekommt eine magnetische Suszeptibilität von $\chi = 0$ zugewiesen, das Gewebe von $\chi = -9 \times 10^{-6}$. Dieser Datensatz wird im folgenden als Testdatensatz bezeichnet. Es wird derselbe Datensatz wie im letzten Abschnitt verwendet.
- Auf diesem Datensatz wird die Feldverteilung berechnet.
- Aus dem Datensatz werden zwei Referenzdatensätze erstellt. Der erste entsteht, indem der Datensatz in jede räumliche Richtung mit dem Faktor 1,02 skaliert wird. Der zweite entsteht durch eine Drehung um die z -Achse um 5° . Für beide Referenzdatensätze wird das Magnetfeld berechnet.
- Die Entzerrung der Datensätze erfolgt mit dem beschriebenen Verfahren. Wir unterstellen hierbei eine 2D-MR-Sequenz mit Phasenkodierung in y -Richtung. Die verwendeten Gradientenstärken sind $G_x = 1, \dots, 20\text{mT/m}$ und $G_z = 1, \dots, 20\text{mT/m}$. Der Testdatensatz wird mit diesen Parametern geometrisch verzerrt. Anschließend erfolgt eine Entzerrung, jeweils mit beiden Referenzdatensätzen. Der Fehler wird analog dem letzten Abschnitt gemessen.
- Weiterhin wird für die Gradientenstärken $G_x = 10\text{mT/m}$, $G_z = 10\text{mT/m}$ und den ersten Referenzdatensatz die Abhängigkeit der Genauigkeit und der Rechenzeit von der Anzahl der Stützstellen ermittelt. Es werden 25, 50, 75, 100, 200, 300, 400, 500, 1000 und 2000 Stützstellen betrachtet.

Bei der Evaluierung muß berücksichtigt werden, daß der Aufbau der Datenbank schrittweise mit der Anwendung des Verfahrens erfolgt. Das führt dazu, daß zu Beginn nur selten ein Datensatz auf eine bereits vorhandene Struktur passen wird und daher das Einfügen in die Datenbank überwiegen wird. Dagegen wird in späteren Phasen sehr oft eine passende Kontur gefunden werden. Insbesondere führt dieser Effekt dazu, daß das Ergebnis der Korrektur wesentlich von den bereits vorhandenen Daten in der Datenbank abhängen wird. Für diese Evaluierung werden daher beispielhaft zwei Referenzdatensätze verwendet.

Zunächst schauen wir uns die Auswirkung der Stützstellenanzahl auf die Genauigkeit und die Rechenzeit an. Abb. 6.7 zeigt den mittleren verbleibenden Fehler (links) und die gemessene Rechenzeit (rechts) in Abhängigkeit der Anzahl an Stützstellen. Der Fehler beträgt 0,031 mm bei 25 Stützstellen und verringert sich bis auf 0,022 mm bei 100 und 0,020 mm bei 200 Stützstellen. Eine weitere Erhöhung der Stützstellenanzahl bringt keine weitere Verbesserung. Der Fehler verbleibt im Bereich von 0,020 mm. Dagegen steigt die Rechenzeit von 132s bei 25 Stützstellen auf 11781s bei 2000 Stützstellen. Bei 100 Stützstellen beträgt sie 420s, bei 200 ist sie 824s. Demnach existiert bei 100 Stützstellen ein Optimum. Die Genauigkeit verbessert sich mit einer weiterer Erhöhung der Anzahl nur noch sehr geringfügig, z.B. um 0,002 mm bei der Erhöhung auf 200 Stützstellen. Dagegen steigt die Rechenzeit sehr stark an. In den folgenden Versuchen wird daher die Anzahl von 100 Stützstellen verwendet.

Bei der Entzerrung mit Hilfe des ersten Referenzbildes ist ein maximaler Fehler von 2,87 mm bei $G_x = 1\text{mT/m}$ und $G_z = 1\text{mT/m}$ zu beobachten. Der Fehler wird mit steigenden Gradientenstärken kleiner und sinkt schließlich auf 0,07 mm bei $G_x = 20\text{mT/m}$, $G_z = 20\text{mT/m}$. Der mittlere Fehler bewegt sich bei diesen Gradientenstärken im Bereich von 0,61 mm und sinkt auf 0,007 mm. Damit wird in diesem Fall eine bessere und genauere Verzeichnungskorrektur ermöglicht als mit der Berechnung der Magnetfeldverteilung auf den verzerrten Daten.

Bei der Entzerrung mit Hilfe des zweiten Referenzbildes ist ein maximaler Fehler von 4,97 mm bei $G_x = 1\text{mT/m}$ und $G_z = 1\text{mT/m}$ zu beobachten. Der Fehler wird ebenfalls mit steigenden Gradientenstärken kleiner und nimmt bei $G_x = 20\text{mT/m}$, $G_z = 20\text{mT/m}$ einen Wert von 0,97 mm an. Der mittlere Fehler nimmt Werte zwischen 1,15 mm bei $G_x = 1\text{mT/m}$ und $G_z = 1\text{mT/m}$ an. Er reduziert sich bis auf 0,013 mm bei $G_x = 20\text{mT/m}$ und $G_z = 20\text{mT/m}$. Die Werte sind nicht nur schlechter als bei der Entzerrung mit dem ersten Referenzbild. Sie sind auch schlechter als bei der Entzerrung durch eine Berechnung der Feldverteilung auf dem verzerrten Bild. Die Erklärung liegt in der Entstehung des Referenzbildes. Durch die Drehung von 5° tritt bereits eine erhebliche Änderung der Kontur ein, und die Ähnlichkeit zwischen dem zu korrigierendem Bild und der Referenz ist zu gering.

Die beiden Experimente haben gezeigt, daß die modellbasierte Korrektur zu einer höheren Genauigkeit bei geringerer Rechenzeit führen kann. Die Zeit beträgt bei den verwendeten 100 Stützstellen ca. 7 Minuten und ist unabhängig von der konkreten Auflösung des Datensatzes. Die Berechnung des Magnetfeldes auf den verzerrten Daten benötigt dagegen ca. 10 Minuten und kann sich bei hochaufgelösten Datensätzen entsprechend verlängern. Die Genauigkeit der modellbasierten Entzerrung hängt jedoch wesentlich von den Referenzdaten in der Datenbank ab und kann unter Umständen schlechter sein als bei der Magnetfeldberechnung auf den verzerrten Daten. Als Vorteil des Verfahrens kann angesehen werden:

- Wird in der Datenbank eine ähnliche Kontur gefunden, ist eine sehr schnelle geometrische Korrektur mit einem geringeren Zeitaufwand als bei der Berechnung der Feldverteilung auf dem verzerrten Datensatz möglich.
- Die modellbasierte Entzerrung kann sehr leicht als verteilte Anwendung implementiert werden. Dabei wird die Datenbank auf einem sehr schnellen und damit entsprechend teuren Serverrechner gespeichert. Auf diesem findet gleichzeitig die Entzerrung statt. Die Rechner der Anwender (Clienten) können dagegen vergleichsweise langsam sein. Sie dienen nur zur Segmentierung des Datensatzes. Die Kontur wird zusammen mit den Sequenzdaten an den Server übertragen. Dort findet die Berechnung statt. Die Korrekturinformationen werden an den Clienten zurückgeliefert. Damit kann mit wenig Aufwand eine sehr schnelle Möglichkeit für die geometrische Korrektur in Umgebungen mit vielen Anwendern zur Verfügung gestellt werden.

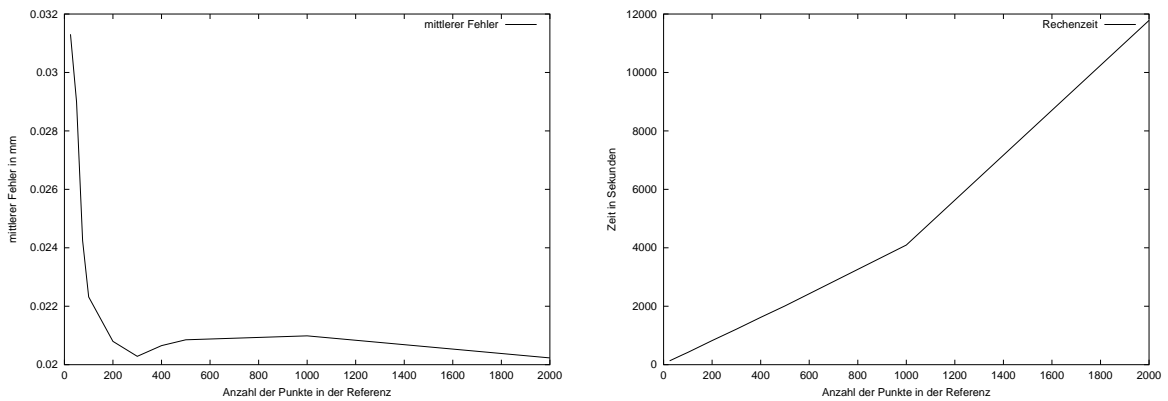


Abbildung 6.7: Auswirkung der Anzahl der Stützstellen in der Referenz auf die Genauigkeit und die Rechenzeit der modellbasierten geometrischen Korrektur von MR-Daten.

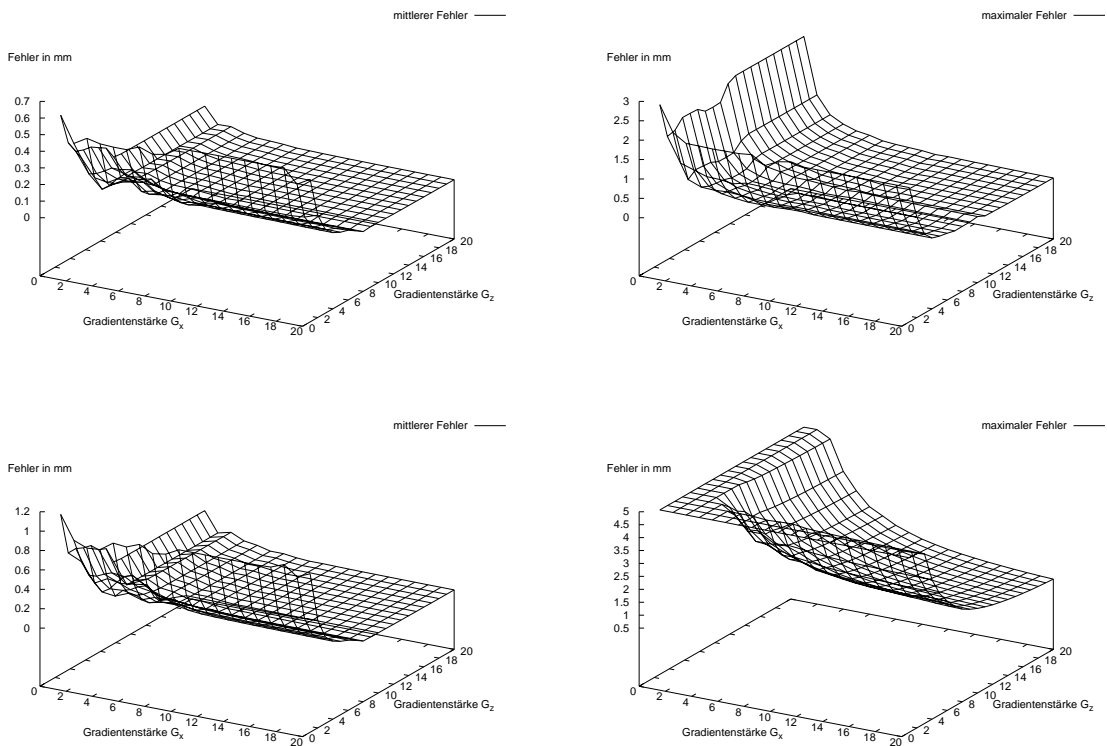


Abbildung 6.8: Mittlerer (links) und maximaler Fehler (rechts) der modellbasierten Entzerrung für die erste (oben) und zweite Referenz (unten).

Das Verfahren hat jedoch auch die beiden Nachteile:

- Die Suchzeit ist proportional zur Größe der Datenbank. Ist die Datenbank sehr groß, so können auch die Suchzeiten entsprechend länger werden. Abhilfe kann in diesem Fall durch zwei Maßnahmen geschaffen werden:
 1. Es wird eine Schranke $error_{min}$ definiert. Bei der ersten Kontur, bei der der Fehler kleiner als dieser Wert ist, wird die Suche abgebrochen.
 2. Zu den Objekten werden einfache Formparameter, wie beispielsweise die Rundheit, berechnet. Anhand dieser Parameter wird die Datenbank indiziert. Damit können zunächst gezielt Objekte ausgewählt werden, die dem zu entzerrenden Objekt ähnlich sind.
- Die Speicherung der Feldverteilung ist sehr speicherplatzintensiv. Dieses Problem läßt sich durch eine Komprimierung der Daten lösen. Es muß eine Extraktion der Feldstärkeinformationen, die für die Suche in der Datenbank benötigt werden, erfolgen. Dies sind nur die Feldstärken an den Punkten der gespeicherten Konturen. Der Rest der Feldstärkeverteilung wird komprimiert abgespeichert. Die Komprimierung kann beispielsweise mit dem Fanoansatz oder LZ77-basiert erfolgen.

6.4 Experimentelle Messung der Feldverteilung

Eine letzte Möglichkeit zur Ermittlung der Feldverteilung im Scanner und damit zur geometrischen Korrektur der MR-Daten ist die experimentelle Messung von Feldkarten. Auf diese Möglichkeit wurde bereits in Kapitel 5.3.4 eingegangen. Es handelt sich dabei um ein Verfahren, um mittels spezieller MR-Sequenzen die Abweichung von der B_0 -Feldstärke im Scanner direkt zu messen.

Als vorteilhaft ist anzusehen, daß diese Möglichkeit das genaueste Verfahren für die Korrektur ist. Es müssen keine Modellannahmen über die räumliche Verteilung der magnetischen Suszeptibilitäten gemacht werden. Als nachteilig ist der Punkt zu sehen, daß die Messung stets mit der Aufnahme des MR-Datensatzes erfolgen muß. Dies führt zu einer Verlängerung der Aufnahmezeit. In dieser Zeit können Bewegungen des Patienten das Ergebnis negativ beeinflussen. Außerdem ist eine spätere Aufnahme der Feldkarte nicht mehr möglich. Es würde erfordern, den Patienten submillimetergenau im Scanner zu repositionieren.

6.5 Bestimmung von Sequenzparametern

Letztendlich ist es für die Korrektur der geometrischen Verzeichnungen notwendig, die relevanten Parameter der MR-Sequenz zu kennen. Dazu zählen:

1. Die Magnetfeldstärke des MR-Scanners. Aus den Gleichungen in Kapitel 3.4.2 folgt, daß die Stärke der Verzeichnungen proportional zur Abweichung ΔB von der statischen Magnetfeldstärke B_0 ist. Weiterhin folgt aus Kapitel 5.1.2, daß die Abweichung bei konstantem Aufnahmeobjekt wiederum proportional zu B_0 ist. Aus diesen Gründen ist es für eine Korrektur der Verzeichnungen notwendig, die Magnetfeldstärke des Scanners zu kennen.
2. Die Richtung des Magnetfeldes. Grundsätzlich ist es möglich, die Schichtrichtung im MR frei und unabhängig von der Richtung des Magnetfeldes festzulegen. Für die Berechnung der Feldverteilung und damit die Korrektur der Verzeichnungen ist die Feldrichtung relevant (Gleichung (5.35)).

3. Die Art (2D oder 3D) der Sequenz. Wie bereits in Kapitel 3.3 erläutert, gibt es einen wesentlichen Unterschied in der Art, wie die einzelnen Schichten in 2D- und 3D-MR-Sequenzen kodiert werden. Während in 2D-Sequenzen dies über das Schalten eines Schichtwahlgradienten vor der Anregung der Kerne erfolgt, verwendet die Schichtkodierung in 3D-Sequenzen eine Phasenkodierung des Echos. Als Auswirkung treten in 2D-Sequenzen geometrische Verzeichnungen in Richtung der Schichten auf, in 3D-Sequenzen ist diese Richtung verzeichnungsfrei.
4. Die *Read-Out*-Richtung. In dieser Richtung erfolgt eine Frequenzkodierung des Echos. Wie in Kapitel 3.4.2 aufgezeigt, treten hier räumliche Verzerrungen auf.
5. Die Gradientenstärken. Die Stärke der Verzeichnungen ist umgekehrt proportional zu den Gradientenstärken in den betroffenen Richtungen. Daher ist es notwendig, diese zu kennen.

Für eine Bestimmung der Sequenzparameter können drei grundsätzliche Vorgehensweisen unterschieden werden:

1. Bestimmung aus der programmierten Sequenz. Grundsätzlich werden in einem MR-Scanner eine Anzahl von MR-Sequenzen fest einprogrammiert. Nachdem die gesuchten Parameter zwar sequenzabhängig, aber für eine bestimmte Sequenz konstant sind, kann man diese aus der Programmierung der Sequenz ermitteln. Allerdings ist für einen derartigen Eingriff in die Interna des Scanner eine spezielle Software erforderlich. Diese Software zählt nicht zur Standardausführung des Scanners und muß extra bezahlt werden, so daß ihr Vorhandensein im allgemeinen nicht vorausgesetzt werden kann.
2. Bestimmung anhand von Informationen, die zusammen mit dem Datensatz gespeichert werden. Zusammen mit den Bilddaten werden im Normalfall Informationen über den Patienten und die technischen und medizinischen Aufnahmebedingungen abgespeichert. Diese liegen, wie beispielsweise im DICOM-Standard, zusammen mit dem Datensatz vor. Es ist möglich, aus diesen Informationen die Sequenzparameter zu bestimmen.
3. Kalibrierung des Scanners. Anhand eines oder mehrerer in den Aufnahmebereich eingebrachten Kalibrierphantome mit genau bekannter Geometrie lassen sich ebenfalls die Sequenzparameter bestimmen.

In folgenden wird auf die einzelnen Möglichkeiten zur Bestimmung der Sequenzparameter eingegangen.

6.5.1 Auslesen aus dem Gerät

Im Normalfall sind in einem MR-Scanner eine Anzahl von Sequenzen fest einprogrammiert. Auf die internen Daten, wie beispielsweise die Gradientenstärken, kann nicht zugegriffen werden. Allerdings wird von den Herstellern zu den Scannern oft eine zusätzliche Software vertrieben, mit deren Hilfe sich neue Sequenzen programmieren lassen. Damit ist auch ein Zugriff auf die Sequenzparameter und damit die Gradientenstärken aller Sequenzen möglich.

Die Abbildung 6.9 zeigt zwei Ausschnitte einer solchen Software der Firma Bruker, Ettlingen. In der Abbildung oben ist ein Fenster des Teiles dargestellt, in dem die Sequenzdaten vom Anwender eingestellt werden können. Der untere Teil der Abbildung zeigt einen Ausschnitt, in welchem die Verläufe aller Signale und damit auch der drei Gradienten über die gesamte Aufnahmezeit dargestellt ist. Es kann zu jedem Zeitpunkt der Aufnahme die aktuelle Stärke eines jeden Gradienten bestimmt werden. Gleichzeitig

kann daraus abgelesen werden, welche Stärke ein Gradient zu einem speziellen Zeitpunkt, also beispielsweise während der Schichtauswahl, hatte. Das sind die für die geometrische Korrektur benötigten Werte der Gradientenstärken.

6.5.2 Bestimmung aus den Sequenzinformationen

Die Bestimmung der Sequenzparameter aus den zusammen mit dem Datensatz gespeicherten Informationen ist eindeutig als bevorzugte Variante anzusehen. Die Vorteile dieses Vorgehens sind:

- Man benötigt kein Wissen über den Scanner. Die für eine Korrektur der räumlichen Verzeichnungen notwendigen Sequenzparameter werden direkt aus dem Datensatz ausgelesen bzw. aus den dort gespeicherten Informationen abgeleitet. Deshalb muß auch kein Wissen über den verwendeten Scanner vorhanden sein. Der Eingriff in das Gerät mittels spezieller Software kann entfallen. Dies ermöglicht auch die problemlose Verarbeitung von Datensätzen, die mit einem fremden Scanner aufgenommen worden.
- Es ist keine Kalibrierung des Scanners erforderlich. Nachdem alle Informationen aus dem Datensatz abgeleitet werden können, kann die externe Bestimmung der Parameter entfallen. Insbesondere ist es nicht erforderlich, mit Hilfe speziell konstruierter Kalibrierkörper diese Informationen aufwendig zu bestimmen.

Der DICOM-Standard [1] bietet die Möglichkeit, Informationen über die Sequenz gemeinsam mit den Bilddaten in den Datensätzen abzuspeichern. DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine) ist ein Standard mit dem Ziel, ein einheitliches Format für den Austausch jeglicher medizinischer Bilddaten zu ermöglichen. Er soll als eine einheitliche Plattform zur Integration von verschiedenen Bildgebungsmodalitäten, also auch MR, dienen. DICOM ist der weltweit am meisten verbreitete Standard und wird im wesentlichen auch von allen MR-Scannern unterstützt.

Im DICOM-Standard ist den eigentlichen Bilddaten ein Header vorangestellt, der die Sequenzeinstellungen enthält. Die für unseren Zweck daraus benötigten Informationen sind in Tabelle 6.1 aufgeführt.

Wenden wir uns zunächst der Bestimmung der Gradientenstärke G in der Read-Out-Richtung zu. Wie in Kapitel 3.3 dargestellt ist, wird ein Gradient geschaltet, der während der Messung des MR-Signals die Larmorfrequenz abhängig von der Position verändert. Das Ergebnis ist ein Signal, das aus einer Vielzahl von Schwingungen mit verschiedenen Frequenzen besteht. Die Pixelbandbreite Δf_p gibt dabei an, welcher Frequenzbereich durch ein Pixel abgedeckt wird. Dies entspricht der Differenz zwischen den Larmorfrequenzen an den Pixelrändern. Gleichzeitig ist die Pixelgröße Δ_p bekannt. Dies führt auf

$$\gamma(\Delta_p G) = \Delta f_p . \quad (6.9)$$

Daraus folgt für die Gradientenstärke

$$G = \frac{\Delta f_p}{\gamma \Delta_p} . \quad (6.10)$$

Ein weiterer Schritt ist die Bestimmung der Stärke des Schichtwahlgradienten. Sie kann ermittelt werden, wenn die Bandbreite $2 \Delta f$ des Anregungspulses bekannt ist. In diesem Fall ergibt sich der Schichtwahlgradient G bei bekannter Schichtdicke Δ_s entsprechend Gleichung (3.9) als

$$G = \frac{2 \Delta f}{\gamma \Delta_s} . \quad (6.11)$$

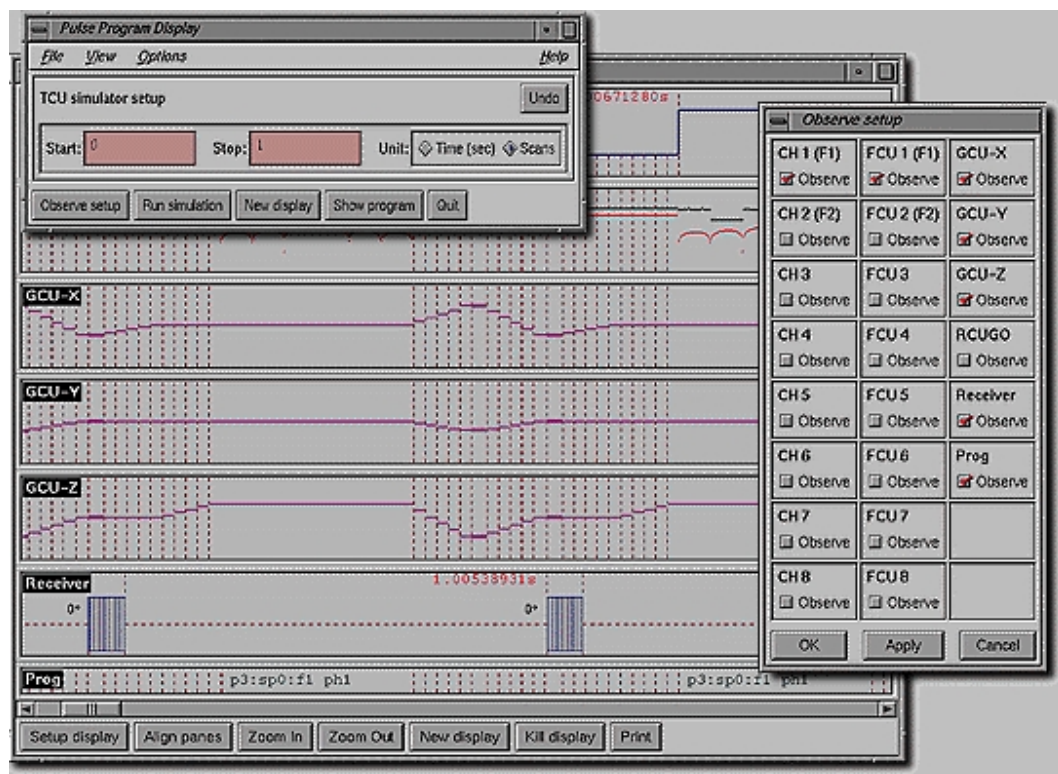
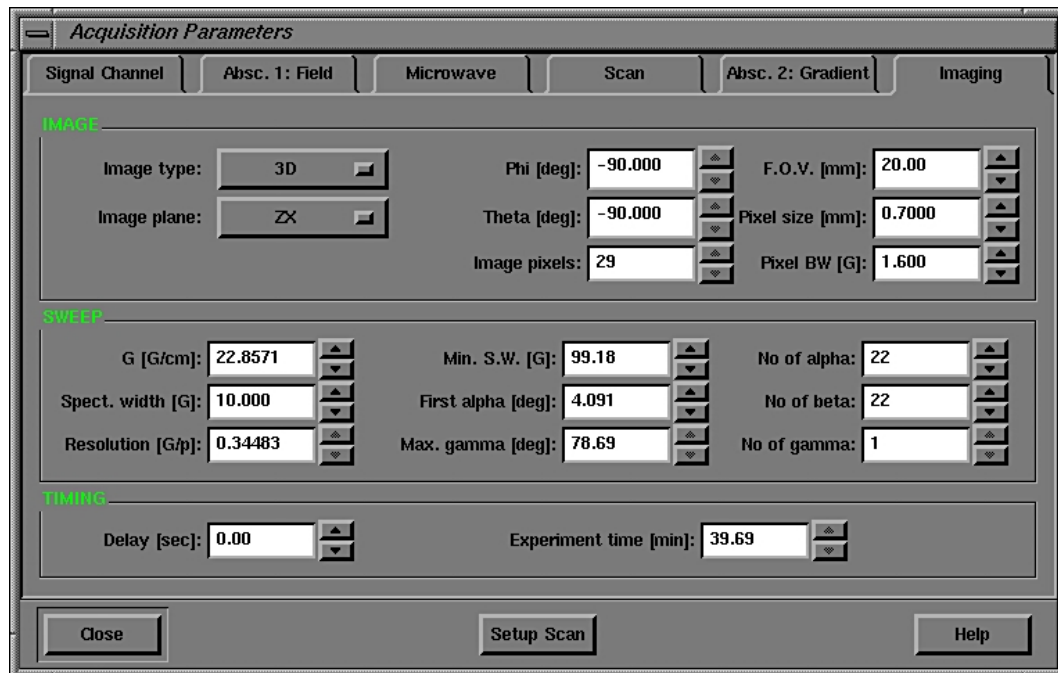


Abbildung 6.9: Softwarebasiertes Einstellen der Sequenzdaten und Auslesen der Gradientenstärken im MR-Scanner. Mittels spezieller, separat zu kaufender Software ist es möglich, MR-Sequenzen im Scanner zu programmieren (oben) bzw. die Verläufe aller drei Gradientenfelder über die Aufnahmezeit zu beobachten (unten). (Quelle der Abbildungen: Bruker Webseite [2, 3])

Tag	Beschreibung
MR Acquisition Type	Der Wert (2D oder 3D) gibt Informationen, ob es sich um eine 2D- oder eine 3D-MR-Sequenz handelt.
Slice Thickness	Hiermit wird die Dicke einer einzelnen Schicht gekennzeichnet.
Magnetic Field Strength	Dies ist die Angabe der statischen Magnetfeldstärke des verwendeten Scanners.
Pixel Bandwidth	Bezeichnet die Größe des Spektrums verschiedener Larmorfrequenzen für ein Pixel.
Phase Encoding Direction	Bezeichnet, welche Richtung innerhalb der Schicht mittels Phasenkodierung des Echos kodiert wurde.
Image Position Patient	Mit diesem Vektor aus dem \mathbb{R}^3 wird die Position der jeweiligen Schicht beschrieben.
Image Orientation Patient	Diese Information besteht aus zwei Vektoren aus dem \mathbb{R}^3 . Die beiden Vektoren definieren die Ebene, in der sich die Schicht befindet.
Pixel Spacing	Dieser Eintrag gibt Informationen über die Größe der Pixel innerhalb einer Schicht.

Tabelle 6.1: Für die Verzeichnungskorrektur relevante Informationen aus dem DICOM-Header.

Typischerweise hat der Anregungspuls eine Bandbreite von $2 \Delta f = 1250\text{Hz}$. Dieser Wert kann aber von Scanner zu Scanner verschieden sein. Aus DICOM-Datensätzen kann die Bandbreite nicht bestimmt werden. Daher kann diese Annahme zu Fehlern bei der Berechnung der Gradientenstärken und damit zu Fehlern bei der geometrischen Korrektur der MR-Daten führen. Aus diesem Grund ist die Berechnung der Gradientenstärken aus den Informationen im MR-Datensatz nur für 3D-MR-Sequenzen möglich. Aufgrund der genannten Probleme muß für 2D-Sequenzen auf andere Verfahren ausgewichen werden. Eine Möglichkeit ist die Kalibrierung der MR-Sequenz, die im folgenden Abschnitt beschrieben wird. Eine weitere Möglichkeit ist, eine bestimmte, typische Bandbreite anzunehmen und zusammen mit dem Patienten einen Kalibrierkörper aufzunehmen. Aus Kenntnis der genauen Geometrie des Kalibrierkörpers läßt sich dann überprüfen, ob die Annahme der Bandbreite korrekt war.

In der Praxis sieht es momentan so aus, daß zwar alle eingesetzten Geräte ihre Daten im DICOM-Format exportieren können, aber den Standard nicht vollständig einhalten. Zum einen existieren eine ganze Reihe herstellerepezifischer Erweiterungen, die dieselben Informationen speichern, aber eigene, vom Standard abweichende, Tags zur Kennzeichnung verwenden. Dies ist insofern kritisch, als daß diese Erweiterungen im allgemeinen nicht veröffentlicht sind und damit eine automatische Bestimmung der Sequenzparameter zumindest teilweise verhindern. Weiterhin werden unter Umständen auch nicht alle Informationen über die Sequenzen abgespeichert. So fehlt beispielsweise die Angabe der Pixelbandbreite in sehr vielen Datensätzen. Dagegen sind die Angaben über Pixelgröße, Schichtdicke, -abstand und -orientierung, Sequenztyp, phasenkodierte Richtung und B_0 -Feldstärke in allen bislang bekannten Datensätzen vorhanden.

Entsprechend [5] sind zumindest in Deutschland die Radiologen dazu verpflichtet, alle Informationen zusammen mit dem Datensatz festzuhalten, die notwendig sind, um die Aufnahme unter genau denselben technischen Aufnahmebedingungen zu wiederholen. Dies würde damit auch alle hier benötigten Parameter betreffen. Allerdings sind von dieser Pflicht für eine unbestimmte Übergangszeit vor allem ältere

Geräte befreit.

6.5.3 Bestimmung durch Kalibrierung

Sind auf die beiden bislang beschriebenen Arten keine Informationen über die MR-Sequenz zu bekommen, müssen die benötigten Gradientenstärken über eine Kalibrierung des Scanners bestimmt werden. Da die Gradientenstärken für ein und dieselbe Sequenz konstant sind, ist die Kalibrierung ein einmaliger Schritt. Wir betrachten die Kalibrierung zunächst für den Fall von 3D-MR-Sequenzen und darauf aufbauend für 2D-MR-Sequenzen.

Ein Kalibrierkörper mit genau bekannter Geometrie wird in den Scanner gebracht, und von ihm wird eine MR-Aufnahme erstellt. Aus den auftretenden geometrischen Verzeichnungen in dem MR-Bild kann dann auf die zu bestimmenden Gradientenstärken geschlossen werden. Als Kalibrierkörper wird ein würfelförmiger Körper verwendet, an dessen Ecken sich Kugeln (Marker) mit im MR sichtbaren Materialien befinden. Der gesamte Körper besteht aus Kunststoff.

3D-MR-Sequenzen

In jedem DICOM-Datensatz sind auf jeden Fall Informationen über den Sequenztyp und die phasen-kodierte Richtung innerhalb der Schichten zu finden. Daraus läßt sich die räumliche Richtung ermitteln, in der eine Frequenzkodierung des Echos erfolgt. Dies ist die Richtung, in der die Gradientenstärke bestimmt werden muß. Die Schichtwahlrichtung ist in der 3D-MR-Sequenz phasenkodiert.

O.B.d.A. erfolge die Frequenzkodierung in x -Richtung. Der Würfel hat acht Eckpunkte (x_i, y_i, z_i) , $i = 1, \dots, 8$. Sie erscheinen im MR-Bild an den Punkten (x'_i, y'_i, z'_i) . Diese stehen in folgendem Zusammenhang mit der Referenzgeometrie:

$$\begin{pmatrix} x'_i \\ y'_i \\ z'_i \end{pmatrix} = R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) \begin{pmatrix} x_i \\ y_i \\ z_i \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \frac{B_i - B_0}{G} \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad (6.12)$$

Konkret bedeutet das:

- Der Kalibrierkörper wird im Scanner plaziert. Der Zusammenhang zwischen dem MR- und dem Referenzkoordinatensystem, in dem die x_i , y_i und z_i gegeben sind, läßt sich durch eine Rotation $R(\phi_x, \phi_y, \phi_z)$ gefolgt von einer Verschiebung $(t_x, t_y, t_z)^T$ beschreiben. (ϕ_x, ϕ_y, ϕ_z) beschreiben die Rotationswinkel, $(t_x, t_y, t_z)^T$ die Translation.
- Auf die Kugeln im Scanner wirkt eine geometrische Verzeichnung in der x -Richtung. Diese ist, entsprechend Gleichung (3.26), abhängig von der lokalen Feldinhomogenität $\Delta B_i = B_i - B_0$ und der Gradientenstärke G .

Zunächst werden die fünf Parameter ϕ_x , ϕ_y , ϕ_z , t_y , t_z bestimmt. Sind diese korrekt bestimmt, ergeben sich die y'_i und z'_i auf der linken Seite der Gleichung exakt aus den (x_i, y_i, z_i) auf der rechten Seite. Dies gilt für alle Punkte. Die Ermittlung dieser Parameter erfolgt durch die Minimierung des Ausdrucks:

$$J(\phi_x, \phi_y, \phi_z, t_y, t_z) = \sum_{i=1}^8 \left((y'_i - y_i)^2 + (z'_i - z_i)^2 \right). \quad (6.13)$$

Eine Möglichkeit zur Optimierung ist die Bestimmung der Parameter ϕ_x , ϕ_y , ϕ_z , t_y und t_z durch einen Minimierer. Hierfür können für die Minimierung von J beispielsweise der Powells-Algorithmus

[87] oder der in Kapitel 4 vorgestellte Uphill-Simplex-Algorithmus, angepaßt auf eine Minimierung, zum Einsatz kommen. In allen Fällen ist es notwendig, den Bereich, in dem die Rotationsparameter gesucht werden, einzuschränken. Gehen wir davon aus, daß der Kalibrierkörper stets näherungsweise mit derselben Orientierung im Scanner plaziert wird, so stellt eine Begrenzung von $|\phi_i| \leq 15^\circ, i \in \{x, y, z\}$ keine Einschränkung dar. Als nachteilig kann sich herausstellen, daß das vom Optimierer bestimmte Minimum nur ein lokales ist und die bestimmten Parameter nicht die gesuchten sind.

Weitere Möglichkeiten sind unter anderem die direkte Bestimmung der gesuchten Parameter, wenn die Korrespondenzen der Punkte, wie in diesem Fall, bekannt sind. Ein derartiges Vorgehen wird erstmalig in Horn [55] vorgestellt. Hierbei werden für zwei Mengen von Punkten $\{\mathbf{p}_i\}$ und $\{\mathbf{q}_i\}$ mit $p_i = R(\phi_x, \phi_y, \phi_z)q_i + \mathbf{t}$ die Parameter direkt bestimmt. Es muß allerdings beachtet werden, daß die bei Horn der mittlere quadratische Fehler über alle drei Koordinaten berechnet wird. In unserem Fall muß die x -Koordinate vernachlässigt werden. Weitere Verfahren basieren auf dem Einsatz von linearer Optimierung, wie es beispielsweise bei den Kamerakalibrierungen in [44] erfolgt.

Anschließend können die Parameter t_x und G bestimmt werden. Ein Umstellen der obigen Gleichung nach t_x führt auf den funktionalen Zusammenhang

$$t_x = x'_i - \left[R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) \begin{pmatrix} x_i \\ y_i \\ z_i \end{pmatrix} \right]_x - \frac{\Delta B_i}{G}. \quad (6.14)$$

Diese Kurven schneiden sich theoretisch für alle i in genau einem Punkt. Aus diesem Punkt läßt sich sowohl der letzte Translationsparameter t_x als auch die Gradientenstärke G ablesen. Nur letztere ist die gesuchte Unbekannte.

Aufgrund von Toleranzen werden sich in der Praxis die Kurven nicht in genau einem Punkt schneiden. In diesen Fall bestimmen wir die Parameter $t_x^{(i,j)}$ und $G^{(i,j)}$ der paarweisen Schnittpunkte zweier Kurven für die Kugeln i und j . Der gesuchte Wert von t_x ergibt sich als Mittelwert

$$t_x = \frac{1}{28} \sum_{i=1}^8 \sum_{j=i+1}^8 t_x^{(i,j)} \quad (6.15)$$

aller $t_x^{(i,j)}$ der paarweisen Schnittpunkte. Durch Umstellen der Gleichung (6.14) läßt sich aus t_x für jeden Marker i einzeln die Gradientenstärke $G_x^{(i)}$ berechnen. Die gesuchte Gradientenstärke G ist schließlich der Mittelwert aller Gradientenstärken $G^{(i)}$

$$G_x = \frac{1}{8} \sum_{i=1}^8 G_x^{(i)}. \quad (6.16)$$

Auf diese Weise läßt sich der störende Einfluß von kleineren Ungenauigkeiten sehr gut begrenzen.

2D-MR-Sequenzen

Die Kalibrierung für 3D-MR-Sequenzen kann als ein Spezialfall der 2D-Sequenzen angesehen werden. Bei 2D-MR-Sequenzen erfolgt die Schichtwahl nicht über eine Phasenkodierung, sondern durch einen Schichtwahlgradienten während der Anregung. Daher treten in dieser Richtung auch Verzeichnungen auf, und die Kenntnis der Gradientenstärke ist notwendig. Ohne Beschränkung der Allgemeinheit erfolge die Schichtwahl in z -Richtung und die Frequenzkodierung in x -Richtung. Im folgenden wird der Schichtwahlgradient mit G_z und der Frequenzkodiergradient mit G_x bezeichnet.

Der Zusammenhang zwischen den Punkten (x'_i, y'_i, z'_i) in der MR-Aufnahme und (x_i, y_i, z_i) ist durch die Gleichung

$$\begin{pmatrix} x'_i \\ y'_i \\ z'_i \end{pmatrix} = R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) \begin{pmatrix} x_i \\ y_i \\ z_i \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \frac{\Delta B_i}{G_x} \\ 0 \\ \frac{\Delta B_i}{G_z} \end{pmatrix} \quad (6.17)$$

gegeben. Analog der Kalibrierung der 3D-Sequenzen wird hierbei die Position und Orientierung des Körpers im MR-Scanner und der Einfluß der Magnetfeldinhomogenität sowie der Gradientenstärken berücksichtigt. In einem ersten Schritt werden wieder die Rotationswinkel ϕ_x , ϕ_y und ϕ_z sowie der Translationsparameter t_y in der nicht von einer geometrischen Verzeichnung betroffenen y -Richtung ermittelt. Dies erfolgt durch eine Minimierung des Ausdrucks

$$J(\phi_x, \phi_y, \phi_z, t_y) = \sum_{i=1}^8 (y'_i - y_i)^2. \quad (6.18)$$

Die Optimierung des Ausdruckes erfolgt analog dem 3D-Fall. Es ist allerdings zu beachten, daß jetzt nur noch der mittlere quadratische Fehler über eine Koordinate berechnet wird.

Anschließend kann wieder der funktionale Zusammenhang zwischen den Translationsparametern t_x , t_z und den Gradientenstärken G_x und G_z aufgestellt werden. Analog dem 3D-Fall erhalten wir hier

$$t_x = x'_i - \left[R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) \begin{pmatrix} x_i \\ y_i \\ z_i \end{pmatrix} \right]_x - \frac{\Delta B_i}{G_x} \quad \text{und} \quad (6.19)$$

$$t_z = z'_i - \left[R(\phi_x, \phi_y, \phi_z) \begin{pmatrix} x_i \\ y_i \\ z_i \end{pmatrix} \right]_z - \frac{\Delta B_i}{G_z}. \quad (6.20)$$

Wie im 3D-Fall können auch hier wieder die Parameterpaare t_x und G_x sowie t_z und G_z bestimmt werden. Die Vorgehensweise ist genau dieselbe.

Evaluierung

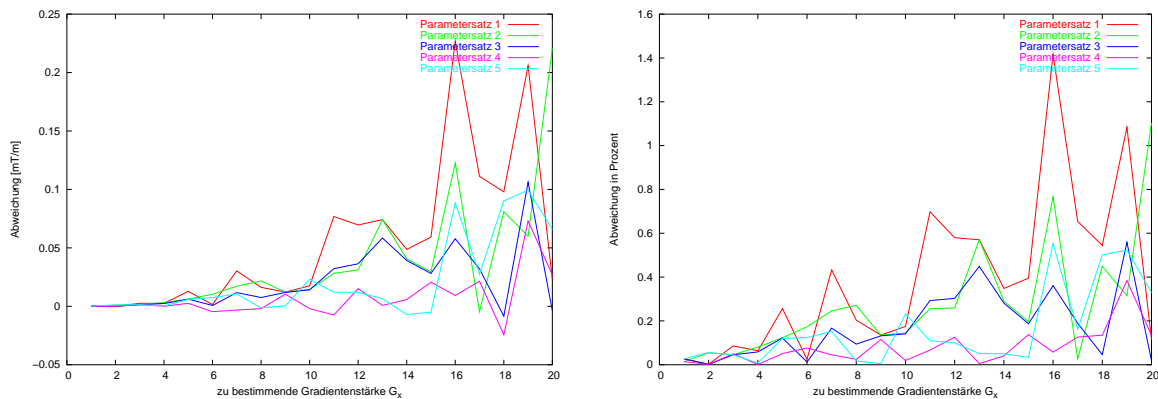
Für die Evaluierung nehmen wir einen Kalibrierkörper an, an dessen Ecken sich abwechselnd Kugeln, gefüllt mit Wasser und Gadolinium, einem MR-Kontrastmittel, befinden. Die magnetischen Suszeptibilitäten betragen $\chi = -9 \times 10^{-6}$ für Wasser und $\chi = 116,8 \times 10^{-6}$ für Gadolinium. Die Kantenlänge des Körpers beträgt 15 cm. Für die Platzierung des Körpers im Scanner werden o.B.d.A. fünf Parametersätze für die Rotations- und Translationsparameter verwendet. Diese sind in Tabelle 6.2 aufgeführt.

Zunächst erfolgt eine Evaluierung des 3D-Falles. Der Körper wird unter Verwendung der fünf Parametersätze im Scanner positioniert. Um die begrenzte Genauigkeit des Scanners und der Mittelpunktbestimmung der Kugeln nachzubilden, werden die berechneten Koordinaten auf die erste Nachkommastelle gerundet. Die Berechnung erfolgt für Gradientenstärken G_x im Bereich von 1mT/m bis 20mT/m. Es wird stets eine Feldstärke von $B_0 = 1,5\text{T}$ verwendet.

In Abb. 6.10 sind die absoluten und relativen Fehler für verschiedene Gradientenstärken und alle fünf Parametersätze dargestellt. Es fällt auf, daß die relativen Fehler mit steigender Gradientenstärke G_x größer werden. Der Grund hierfür liegt in der abnehmenden Stärke der geometrischen Verzeichnungen für steigende Gradientenstärken. Die Verschiebungen werden geringer, weshalb die Kalibrierung mit

Nr.	ϕ_x	ϕ_y	ϕ_z	t_x	t_y	t_z
1	7°	0°	0°	-5 mm	5 mm	-2 mm
2	5°	-8°	2°	0 mm	-4 mm	2 mm
3	5°	2°	-9°	-15 mm	12 mm	6 mm
4	5°	3°	-5°	4 mm	-4 mm	1 mm
5	-10°	8°	10°	5 mm	8 mm	-10 mm

Tabelle 6.2: Parametersätze für die Positionierung des Referenzkörpers im MR-Scanner

Abbildung 6.10: Absoluter (links) und relativer Fehler (rechts) der Gradientenbestimmung in einer 3D-MR-Sequenz. Gezeigt wird die Abweichung von der vorgegebenen und zu bestimmenden Gradientenstärke G_x für verschiedene Gradientenstärken und die fünf Parametersätze.

größeren Fehlern behaftet ist. Trotzdem liegen die relativen Fehler für alle Parametersätze und Gradientenstärken stets unter 1,42% und insbesondere für kleine Gradientenstärken sogar weit darunter.

Für die Evaluierung der Kalibrierung von 2D-MR-Sequenzen werden dieselben Parameter verwendet. Die zu bestimmenden Gradientenstärken sind der Frequenzkodiergradient G_x und der Schichtwahlgradient G_z . Beide Gradienten werden in einem Bereich von 1mT/m bis 20mT/m betrachtet.

Die graphische Darstellung der Ergebnisse findet sich in Abb. 6.11. Dargestellt ist die relative Abweichung der Gradientenstärken G_x und G_z von den vorgegebenen Stärken. Die Berechnung erfolgt für alle fünf Parametersätze. Die relativen Fehler werden bei steigenden Gradientenstärken wiederum größer. Der größte beobachtete Fehler liegt für alle Gradientenstärken und Parametersätze jedoch unter 1,60% und ist damit nur geringfügig größer als im 3D-Fall.

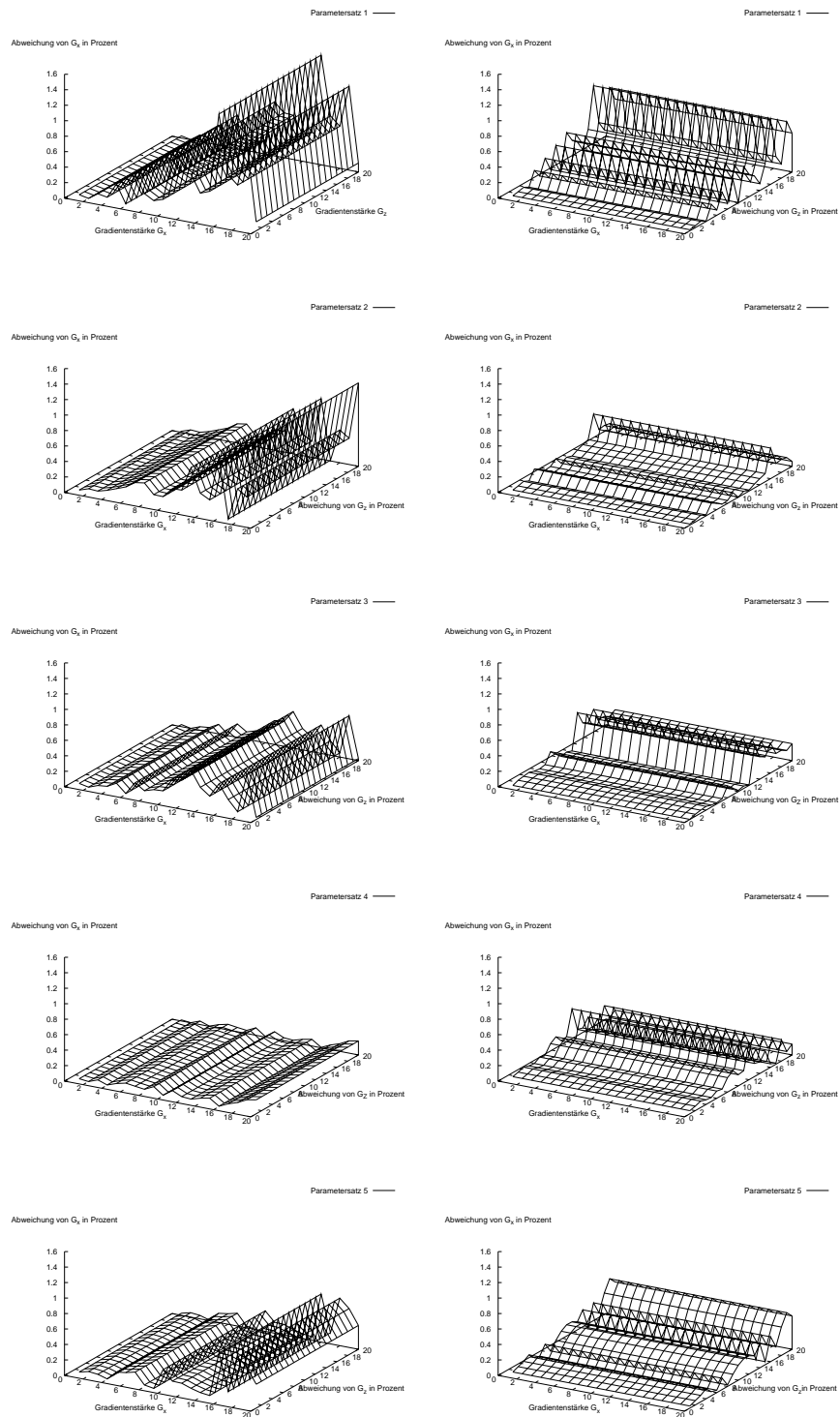


Abbildung 6.11: Relativer Fehler der Gradientenstärken G_x (links) und G_z (rechts) der Gradientenbestimmung in einer 2D-MR-Sequenz. Gezeigt wird die Abweichung von den vorgegebenen und zu bestimmenden Gradientenstärken G_x und G_z für verschiedene Gradientenstärken und die fünf Parametersätze.

Kapitel 7

Intraoperative Registrierung

7.1 Ziel

Bis jetzt sind die folgenden Punkte erledigt:

- Der Knochen ist aus den MR-Daten segmentiert worden und steht als 3D-Modell zur Verfügung.
- Es erfolgte eine Korrektur der geometrischen Verzeichnungen in den MR-Aufnahmen.

Damit steht die Grundlage zur Verfügung, anhand der der chirurgische Eingriff geplant werden kann. Anschließend ist es nötig, die Planung auf den Patienten während der Operation zu übertragen. Dies erfolgt durch eine Registrierung des 3D-Datensatzes mit den intraoperativ gewonnenen Fluoroskopieaufnahmen. Während die ersten Schritte der Segmentierung, Verzeichnungskorrektur und Planung vor der eigentlichen Operation erfolgen, ist die Registrierung als Bestandteil der Operation anzusehen. Damit kommt es bei den Verfahren nicht nur auf die Genauigkeit an, sondern es werden weitaus strengere Anforderungen an die Geschwindigkeit und die Robustheit gestellt.

Wie in Anhang A dargestellt, wird der C-Bogen als Lochkamera modelliert. Ein zusätzlich direkt vor dem Bildverstärker angebrachter Kalibrierkörper dient zum Erfassen geometrischer Verzeichnungen. Weiterhin wird mit dem Trackingsystem die Position und Orientierung der Kamera während der Aufnahmen bestimmt. Als Ergebnis der Kalibrierung erhalten wir für jede Aufnahme:

- Die Position und Orientierung der Lochkamera im Raum während der Aufnahme,
- die Brennweite, d.h. den Abstand zwischen Kamera und Bildebene sowie
- geometrisch korrigierte Fluoroskopieaufnahmen.

Diese Informationen werden während der folgenden Registrierung mit den präoperativen 3D-Daten verwendet. Einzelheiten zur Kalibrierung der Kamera sind in Anhang A aufgeführt.

7.2 Segmentierung der Fluoroskopieaufnahmen

Meistens ist eine intraoperative Segmentierung der Fluoroskopieaufnahmen notwendig. Dies ist vor allem dann erforderlich, wenn sich die Verfahren zur Registrierung der präoperativen Planung auf den intraoperativen Fluoroskopiedaten an vorhandenen Kanten orientieren. Die Kanten können Übergänge zwischen der Kortikalis und dem Weichgewebe bzw. der Spongiosa und der Kortikalis sein.

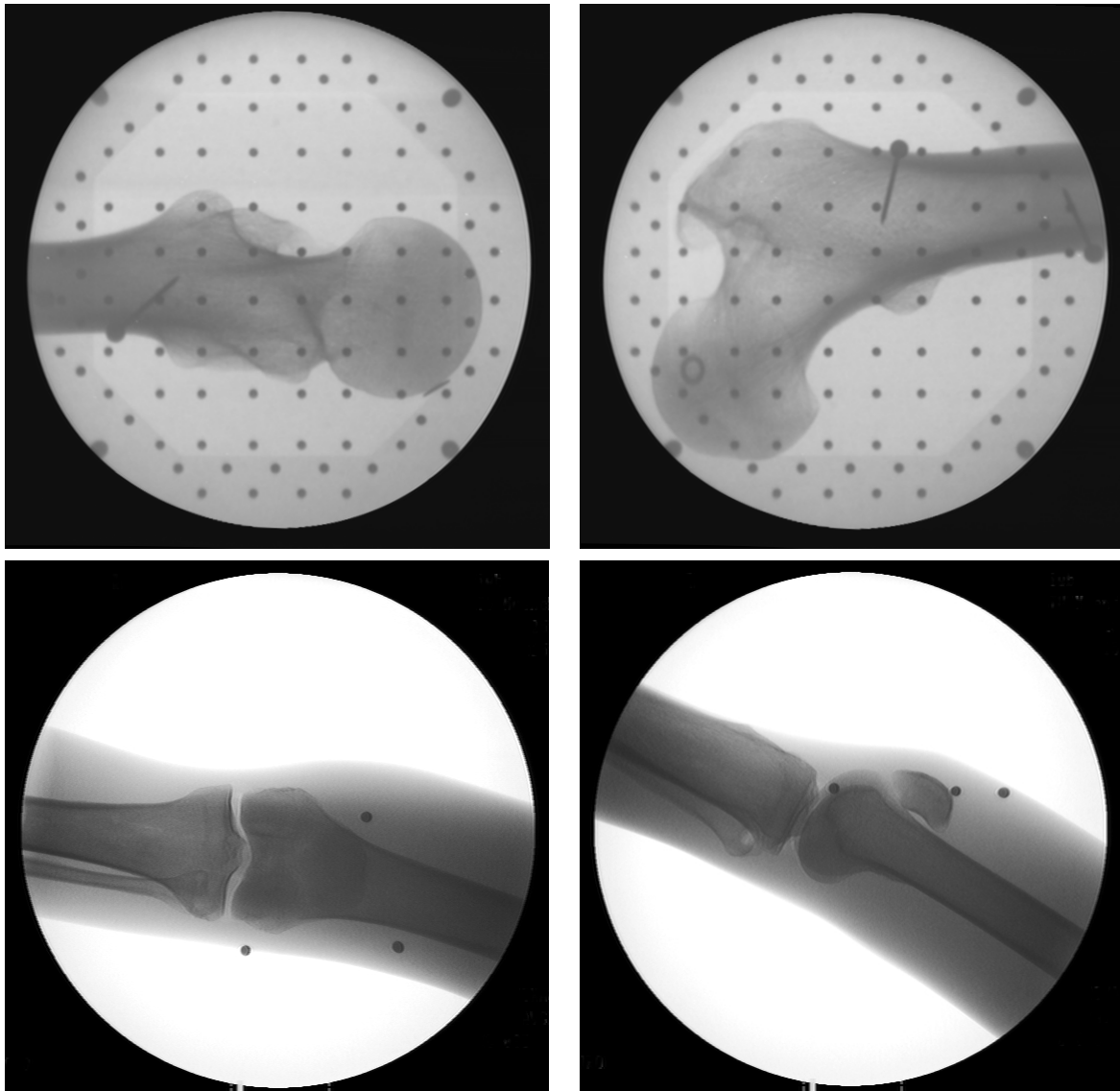


Abbildung 7.1: Fluoroskopieaufnahmen des proximalen (oben) und distalen Femurs (unten). Gezeigt sind jeweils zwei verschiedene Aufnahmerichtungen.

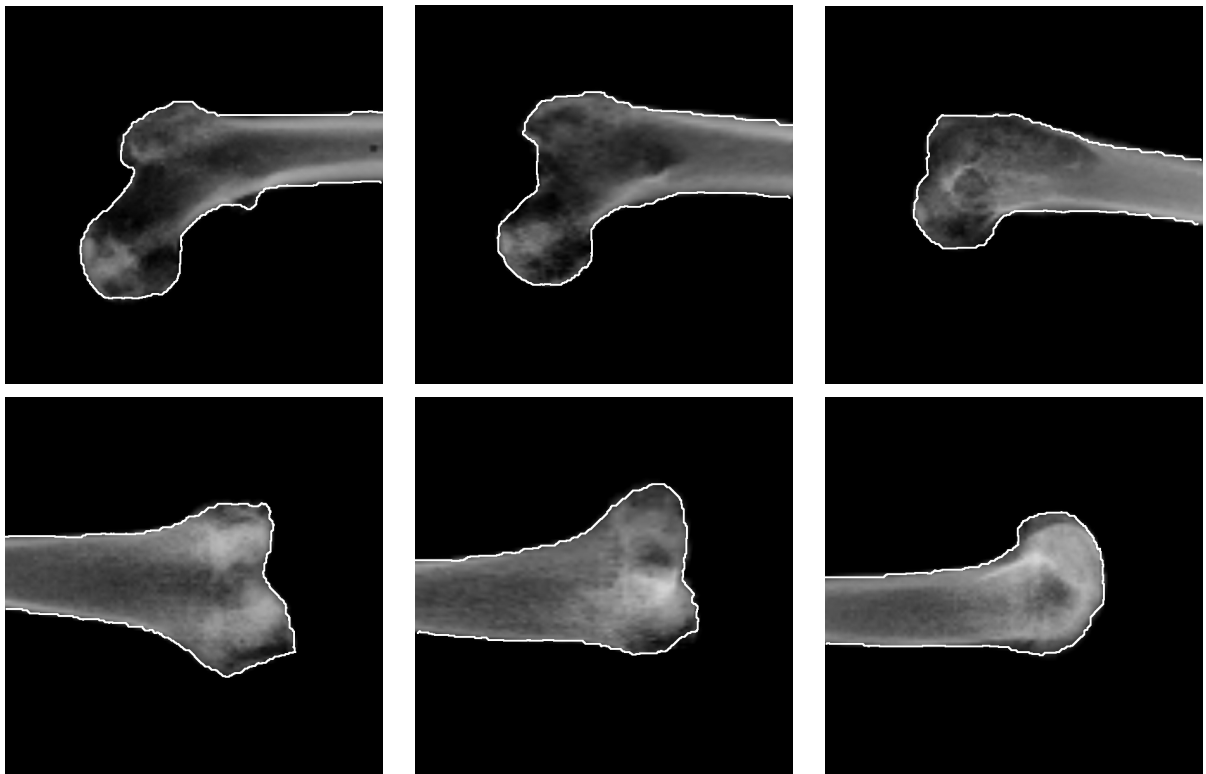


Abbildung 7.2: Änderung in der Kontur der äußeren Kortikaliskante abhängig von der Kameraposition am Beispiel eines proximalen (oben) und distalen Femurs (unten). Gezeigt ist die Fluoroskopieaufnahme sowie die Kontur (weiß). Die Aufnahmen sind aus einem CT-Datensatz des Femurs unter Verwendung des Shear-Warp-Verfahrens [63], künstlich berechnet worden. Der C-Bogen wird um die Femurshaftachse gedreht und von Aufnahme zu Aufnahme um jeweils 45 Grad weiterbewegt.

Für den intraoperativen Einsatz von Segmentierungsverfahren müssen jedoch sehr strikte Anforderungen an die Zeit und die Nutzerinteraktion gestellt werden:

- Die Segmentierung soll den klinischen Ablauf zeitlich möglichst nicht beeinflussen. Aus diesem Grund muß der verwendete Algorithmus automatisch ablaufen können.
- Es muß möglich sein, die Segmentierung von Anwender zu beeinflussen. Einmal können anatomische Besonderheiten dafür sorgen, daß vollautomatische Verfahren komplett versagen. Ein weiterer Grund ist die Tatsache, daß an dieser Stelle 2D-Projektionen eines 3D-Objektes betrachtet werden. Schon kleine Änderung in der Position der Kamera zum Objekt können eine erhebliche Änderung in der Kontur zur Folge haben (Abb. 7.2). Es ist kaum möglich, in vollautomatischen Verfahren alle diese Fälle zu berücksichtigen.

Aus den genannten Gründen wird für die Segmentierung das bereits in Kapitel 4 eingesetzte Livewire- bzw. Livelane-Verfahren [9, 43] verwendet. Problematisch ist jedoch die relativ schwach ausgeprägte Kante zwischen der Kortikalis und der Spongiosa. Einerseits ist es die Kante, die im MR abgebildet wird. Andererseits läßt sich diese Kante sehr schwer segmentieren. Die Segmentierung ist aufwendig. Aus diesem Grund erfolgt in unseren Anwendungen die Segmentierung der Kante zwischen Kortikalis und Weichgewebe. Diese Kante ist sehr gut ausgeprägt und selbst bei Patienten mit krankhaften

Verfahren	Nutzerinteraktion	Reproduzierbarkeit	Zeitbedarf
manuelle Positionierung	viel	kaum	hoch
Segmentierung anatomischer Strukturen	mittel bis gering	gut	gering
automatische Positionierung	mittel	sehr gut	gering

Tabelle 7.1: Vergleich verschiedener Ansätze zur initialen Registrierung hinsichtlich der Aspekte Nutzerinteraktion, Reproduzierbarkeit und Zeitbedarf des Anwenders.

Veränderung der knöchernen Strukturen, beispielsweise durch Osteoporose, noch gut erkennbar. Eine Segmentierung mit Livewire bzw. Livelane ist sehr gut möglich und erfordert nur wenige Stützstellen.

Eine weitergehende Automatisierung der Segmentierung kann unter Umständen noch durch den Template Matching Ansatz von Tagare [106] oder durch die Anwendung von Active Shape Models (siehe u.a. [10, 38, 39, 101]) erreicht werden. Letzteres erfordert allerdings während einer Trainingsphase wiederum eine manuelle Segmentierung der Kortikalis.

7.3 Initiale Registrierung

Die gesamte Registrierung wird in zwei Schritte untergliedert: die initiale Lageschätzung und die Nachoptimierung. Die Aufgabe der initialen Lageschätzung besteht darin, die Position des Modells im Aufnahmeraum näherungsweise zu bestimmen. Anschließend wird mittels einer Nachoptimierung für eine sehr hohe Genauigkeit gesorgt.

Für die initiale Positionierung kommen drei Möglichkeiten in Betracht:

1. Die vollständig manuelle Positionierung.

In diesem Fall ist es die Aufgabe des Anwenders, das 3D-Modell so im Raum zu platzieren, daß es sich mit den sichtbaren knöchernen Strukturen möglichst gut überdeckt. Die Positionierung erfolgt in allen Fluoroskopieaufnahmen.

2. Die Kennzeichnung bestimmter, klar erkennbarer anatomischer Strukturen/Landmarken.

Vom Anwender werden sowohl während der präoperativen Planung im 3D-Datensatz als auch intraoperativ in den Fluoroskopieaufnahmen spezielle, sehr gut zu definierende, anatomische Strukturen segmentiert. Die Berechnung der initialen Transformation erfolgt anhand dieser definierten Strukturen.

3. Eine automatische Erkennung.

Aus dem 3D-Modell und den 2D-Fluoroskopien werden eine Reihe von Merkmalen automatisch extrahiert. Die Bestimmung der initialen Abbildungsparameter erfolgt anhand dieser Merkmale.

In Tabelle 7.1 ist ein Vergleich zwischen den drei Möglichkeiten dargestellt. Auf die beiden letzteren gehen wir in den folgenden Abschnitten näher ein.

7.3.1 Bestimmung anatomischer Strukturen am proximalen Femur

Betrachten wir zuerst den Fall des proximalen Femurs (Abb. 7.3). Im 3D-Datensatz und auch auf den Fluoroskopien sind auf jeden Fall der Femurkopf, der Femurhals und ein Teil des Femurschaftes zu

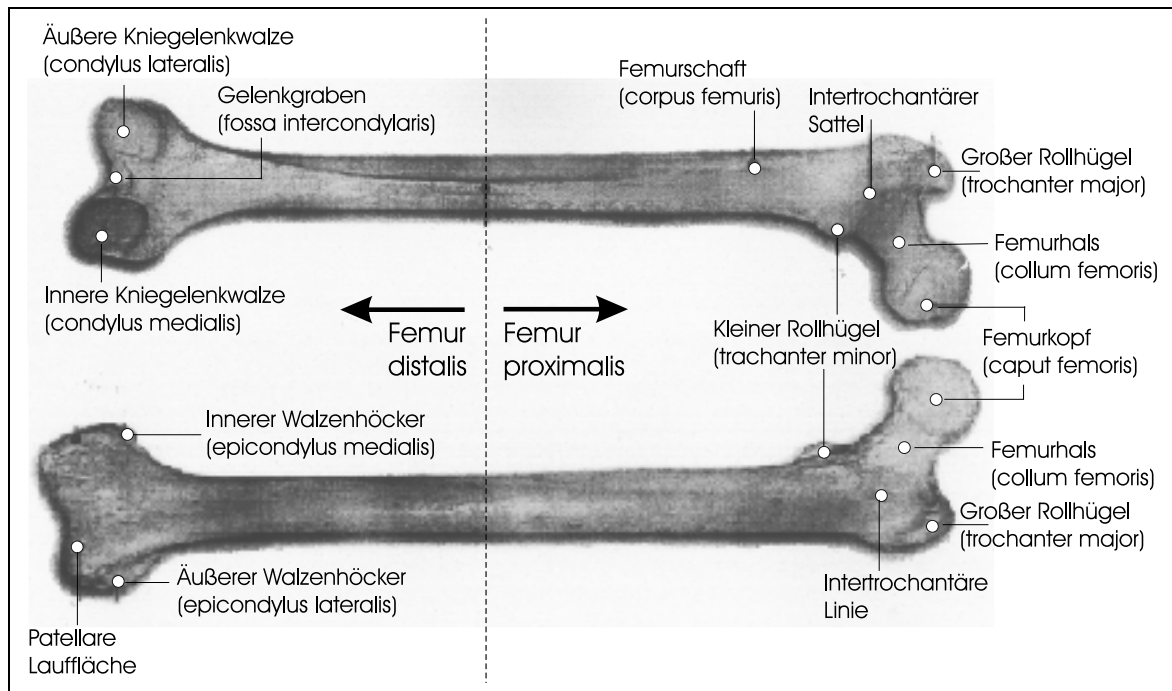


Abbildung 7.3: Anatomie des Femurs.

erkennen. Weiterhin sollte der Trochanter minor im 3D-Datensatz und in bestimmten Fluoroskopieaufnahmen zu erkennen sein. Wir gehen von den folgenden Annahmen aus:

- Der Femurkopf entspricht näherungsweise einer Kugel.
- Der Femurhals läßt sich durch einen, vollständig im Knochen verlaufenden Torus beschreiben.
- Der Femurschaft wird durch eine Strecke, die seiner Hauptachse folgt, beschrieben.

Präoperative Planung

Während der präoperativen Planung werden diese Geometrien zunächst im 3D-MR-Datensatz definiert. Zur Bestimmung des Femurkopfes wird in jeder Schicht im MR-Bild, in der der Femurkopf zu sehen ist, seine Außenkante durch einen Kreis umschrieben. Ein Kreis wird durch jeweils drei Punkte definiert. Sie werden so gesetzt, daß die sichtbare Struktur möglichst optimal umschlossen wird. Ist in jeder Schicht des Femurkopfes ein solcher Kreis eingezeichnet, läßt sich an diese Daten eine Kugel anpassen. Aus dem Abstand der Kreise zueinander, ihren Radien und Mittelpunkten läßt sich der Mittelpunkt und der Radius der Kugel schätzen. Seien die Schichten im 3D-Datensatz axial orientiert, d.h. zwei Schichten unterscheiden sich durch ihre z -Koordinate. Nehmen wir an, wir haben n Kreise mit Mittelpunkten (x_i, y_i) innerhalb einer Schicht und Radien r_i . Aus der Schicht, in der sich ein Kreis befindet, erhalten wir die dritte Koordinate z_i . Gesucht ist der Mittelpunkt $(x_K, y_K, z_K)^T$ und der Radius r_K der Kugel. Betrachten wir zwei beliebige Kreise i und j mit $i, j \leq n, i \neq j$. Dann gilt:

$$(z_i - z_K)^2 + r_i^2 = r_K^2 \quad \text{und} \quad (7.1)$$

$$(z_j - z_K)^2 + r_j^2 = r_K^2 \quad . \quad (7.2)$$

Die Subtraktion der zweiten von der ersten Gleichung und die Umstellung nach z_K führt auf

$$z_K = \frac{r_j^2 - r_i^2 + z_j^2 - z_i^2}{2(z_j - z_i)}. \quad (7.3)$$

Zur Bestimmung des Kugelmittelpunktes werden alle möglichen Kombinationen zwei verschiedener Kreise betrachtet und die z -Koordinate des Mittelpunktes berechnet. z_K ergibt sich dann als Mittelwert aller auf diese Weise bestimmten z_K -Werte. Ebenso werden x_K und y_K als Mittelwerte der x_i bzw. y_i berechnet. Damit ist der Mittelpunkt der Kugel durch

$$x_K = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (7.4)$$

$$y_K = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i \quad (7.5)$$

$$z_K = \frac{2}{(n-1)n} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n \frac{r_j^2 - r_i^2 + z_j^2 - z_i^2}{2(z_j - z_i)} \quad (7.6)$$

definiert. Zur Berechnung des Radius der Kugel wird ausgenutzt, daß für jeden Kreis i gilt

$$r_K = \sqrt{(z_i - z_K)^2 + r_i^2}. \quad (7.7)$$

Der auf diese Weise berechnete Radius wird wieder über alle Kreise gemittelt, und es gilt

$$r_K = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sqrt{(z_i - z_K)^2 + r_i^2}. \quad (7.8)$$

Obwohl für die Herleitung eine axiale Richtung der Schichten vorausgesetzt wurde, lassen sich die Gleichungen auch auf andere Schichtrichtungen (sagittal bzw. koronar) anpassen.

Für die Bestimmung des Femurhalses wird in den entsprechenden Schichten jeweils die dünnste Stelle markiert und in diese Punktmenge ein Torus eingepaßt.

Im dritten Schritt schließt sich die Definition des Femurschaftes an. Proximal und mindestens 2 cm distal des Trochanter minor werden auf der Femuroberfläche zwei gegenüberliegende Punkte markiert. Aus beiden gegenüberliegenden Punkten berechnet sich jeweils ein Endpunkt der Strecke. An dieser Stelle ist zu bemerken, daß sich die Genauigkeit, mit welcher der Femurschaft beschrieben wird, wesentlich vom Abstand zwischen den Endpunkten dieser Strecke abhängt. Im Idealfall wäre der gesamte Femur im MR-Datensatz zu erkennen. Dies ist jedoch nur äußerst selten der Fall. Mit der Einschränkung, zwei Punkte proximal und zwei Punkte mindestens zwei Zentimeter distal des Trochanter minor zu setzen, sollte für unsere initiale Registrierung eine ausreichende Genauigkeit erreicht werden.

Als Ergebnis erhalten wir eine 3D-Geometrie, die den proximalen Femur beschreibt. Diese wird im folgenden auch als 3D-Referenzgeometrie bezeichnet.

Intraoperatives Vorgehen

Intraoperativ werden zwei oder mehr Fluoroskopieaufnahmen der entsprechenden Region erstellt. In jeder dieser Aufnahmen werden die folgenden Strukturen eingezeichnet (Abb. 7.4,7.5):

- Es wird ein Kreis definiert, der den Femurkopf umschließt. Dafür werden drei Punkte gesetzt.



Abbildung 7.4: Schematische Darstellung eines proximalen Femurs. Die grüne Kreis kennzeichnet den Femurkopf, die gelbe Strecke den Femurhals. Die Gerade durch Femurkopfmittelpunkt und Femurhalsmittelpunkt ist als gelbe, gestrichelte Gerade eingezeichnet, die Femurschaftachse als rote, gestrichelte Gerade.

- Es wird die dünnste Stelle am Femurhals mittels zweier Punkte markiert.
- Der Femurschaft wird definiert, indem jeweils zwei gegenüberliegende Punkte distal und proximal des Trochanter minor gesetzt werden. Analog der 3D-Planung wird daraus die Strecke für den Femurschaft berechnet.

Diese Geometrien werden in allen 2D-Fluoroskopieaufnahmen definiert. Aufgrund der modellierten Lochkamera läßt sich daraus wiederum eine 3D-Geometrie berechnen (Abb. 7.6).

Lageschätzung

Für die initiale Lageschätzung wird die Referenzgeometrie auf diese 3D-Geometrie registriert. Dies erfolgt in den Schritten:

1. Abbildung der Femurkopfmittelpunkte aufeinander.
2. Rotation um den Femurkopfmittelpunkt, so daß die Femurhalsachsen, d.h. die gedachten Geraden durch den Femurkopfmittelpunkt und Femurhalsmittelpunkt parallel zueinander sind.
3. Rotation um die Femurhalsachse, so daß die Ebenen, definiert durch den Femurkopfmittelpunkt mit Normalen senkrecht zu Femurhalsachse und Femurschaftachse, parallel zueinander sind.

In diesen Schritten ist berücksichtigt, daß geringfügige Toleranzen zu leicht unterschiedlichen Geometrien führen können.

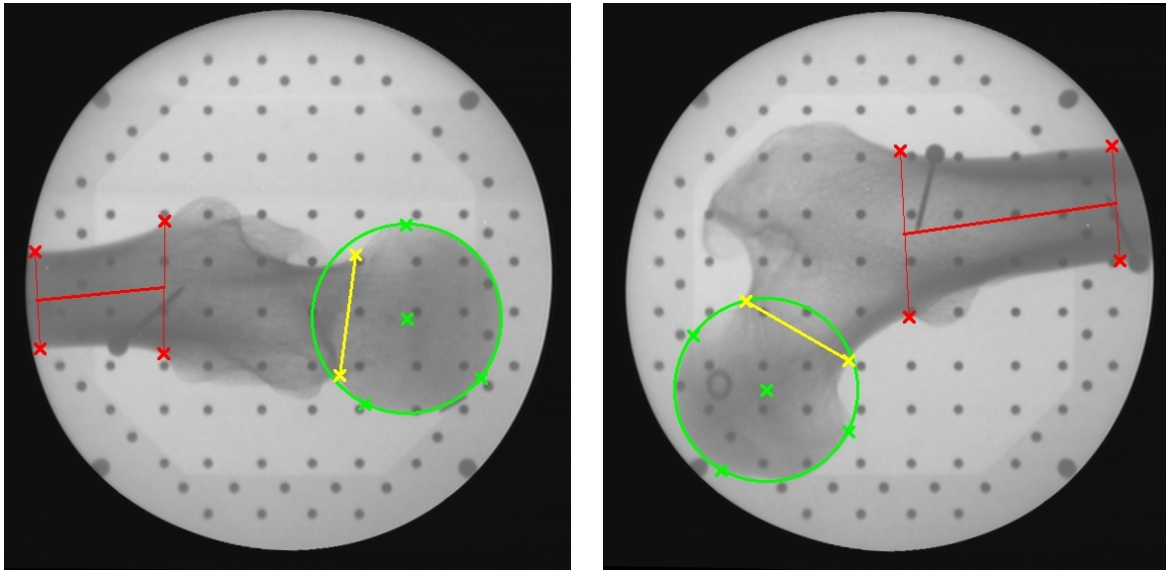


Abbildung 7.5: Femurkopf (grün), -hals (gelb) und -schaftachse (rot) eingezeichnet in Fluoroskopieaufnahmen vom proximalen Femur.

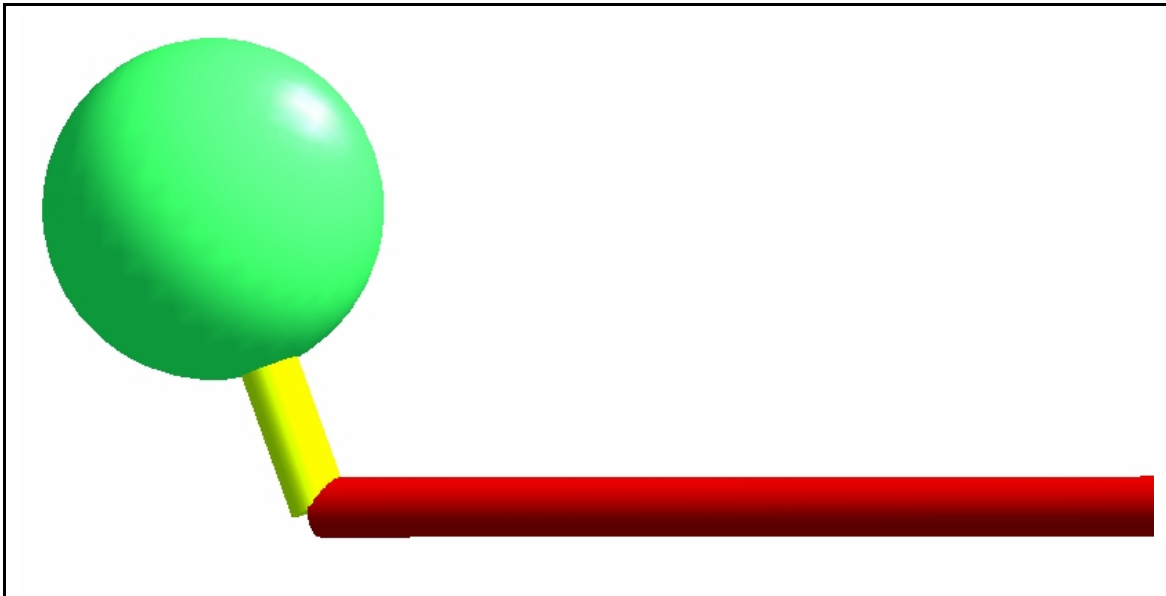


Abbildung 7.6: Aus zwei 2D-Fluoroskopieaufnahmen rekonstruierte 3D-Geometrie des proximalen Femurs

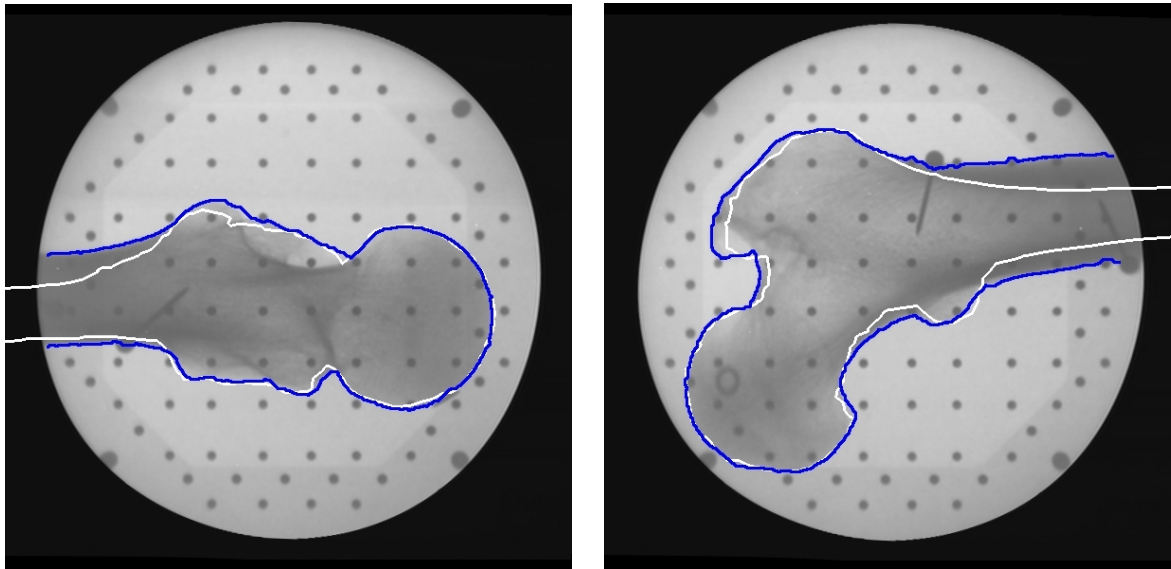


Abbildung 7.7: Initiale Registrierung anhand der nutzerdefinierten Strukturen am proximalen Femur. Dargestellt ist der projizierte Umriß des registrierten 3D-Oberflächenmodells der präoperativ segmentierten Spongiosa (weiße Kontur) und die äußere Kortikalis in den Fluoroskopieaufnahmen (blaue Kontur).

Evaluierung

Im folgenden schließen sich jetzt Betrachtungen zur Evaluierung dieses Verfahrens an. Dabei wird auf drei Punkte Rücksicht genommen: die Genauigkeit, die Reproduzierbarkeit und der Aufwand des Anwenders. Mit der Genauigkeit wird bewertet, wie stark die zu erwartenden Abweichungen von der Registrierstellung sind. Die Reproduzierbarkeit ist ein Maß dafür, in welchen Umfang sich dieselben Ergebnisse bei wiederholten Anwendungen wieder einstellen. Weiterhin wird damit gemessen, wie stark sich die Ergebnisse von verschiedenen Anwendern untereinander unterscheiden. Mit dem Aufwand wird der zusätzliche präoperative und intraoperative Zeitbedarf der Anwender zur Definition der Strukturen gemessen.

Zu diesem Zweck wurde eine Umgebung geschaffen, in der der Anwender die Planung vornehmen kann. Von fünf verschiedenen proximalen Femura wurden jeweils ein CT- und ein MR-Datensatz erstellt. Die MR-Daten wurden nach einer geometrischen Korrektur auf den jeweiligen CT-Daten registriert. Weiterhin werden aus den CT-Daten digitale Fluoroskopieaufnahmen erstellt, d.h. durch eine Simulation des Röntgengerätes berechnet. Hierzu definieren wir eine Lochkamera, die den realen Fluoroskopeinstellungen entspricht. Aus jedem CT-Datensatz wurde eine Reihe von künstlichen Fluoroskopieaufnahmen generiert. Zwischen den einzelnen Aufnahmen wurde die Kamera bzw. das Objekt gedreht, so daß wir eine Reihe von möglichst realen Bedingungen entsprechenden Fluoroskopien erhalten. Die Kenntnis der Kameraeinstellungen und der Abbildung der MR- auf die CT-Daten ergibt gleichzeitig die Referenz zwischen dem MR-Datensatz und den Fluoroskopieaufnahmen. Diese ist für die spätere Auswertung der Genauigkeit sehr wichtig.

Die auftretenden Rotationen bei der Positionierung des Femurs während der Operation können durch drei Winkel beschrieben werden:

- In Abhängigkeit von der Lage des Patienten tritt eine Drehung um die Femurschaftachse auf. Diese

Rotation wird im wesentlichen durch die Lage des Fußes bestimmt (nach außen gekippt, usw.). Der entsprechenden Winkel wird im folgenden mit ϕ_1 bezeichnet.

- Für verschiedene Fluoroskopieaufnahmen wird oft nicht der C-Bogen bewegt, sondern der Femur gedreht. Dieses entspricht einer Rotation um die Femurhalsachse um einen Winkel ϕ_2 .
- Weiterhin können Rotationen um eine Achse auftreten, die senkrecht auf Femurhalsachse steht und parallel zur Bildebene der Kamera ist. Dieser Drehwinkel wird mit ϕ_3 bezeichnet.

Für die Evaluierung werden die folgenden Winkelkombinationen verwendet:

ϕ_1	0°	-30°	-15°	15°	30°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°
ϕ_2	0°	0°	0°	0°	0°	30°	45°	60°	75°	90°	105°	75°	75°	75°	75°
ϕ_3	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	0°	-30°	-15°	15°	30°

Damit erhalten wir von jedem Datensatz 15 Fluoroskopieaufnahmen.

In der beschriebenen Umgebung wurde sowohl die präoperative als auch die intraoperative Planung von fünf verschiedenen Personen vorgenommen. Die präoperative Planung im 3D-MR-Datensatz wird hier nur am Rand evaluiert und wurde daher auch nur einmal von jedem Anwender in jedem Datensatz vorgenommen. Desweiteren hat jeder Anwender in jeder Fluoroskopieaufnahme die anatomischen Strukturen zweimal mit einem zeitlichen Abstand von ca. einer Woche definiert. Durch den zeitlichen Abstand ist ein Lerneffekt weitestgehend auszuschließen. Ausgewertet wurde sowohl die Genauigkeit und Reproduzierbarkeit in den 2D-Fluoroskopieaufnahmen als auch Genauigkeit der initialen Lageschätzung. Die Auswertung erfolgt für jedes Bild, d.h. jede 2D-Fluoroskopieaufnahme bzw. jeden 3D-Datensatz, einmal gemeinsam für alle Nutzer und einmal getrennt für jeden Anwender. Abstände werden in den 2D-Fluoroskopieaufnahmen in Pixeln, ansonsten in Millimetern angegeben. Insgesamt werden jedesmal die folgenden Punkte ausgewertet:

- Aus allen Femurkopfmittelpunkten eines Bildes wird ein Mittelpunkt berechnet und daraus der maximale Abstand aller Femurkopfmittelpunkte von diesem Mittelpunkt errechnet. Weiterhin wird aus allen Femurkopfradien ein mittlerer Radius errechnet und daraus die maximale Abweichung aller Radien von diesem Mittelwert bestimmt. Wir erhalten für jedes Bild jeweils einen Wert für Femurkopfmittelpunkt und -radius. Von den Werten über alle Bilder wird der minimale und maximale Wert, der Mittelwert und die Varianz bestimmt.
- Auf dieselbe Weise wird aus allen Femurhalsmittelpunkten und -radien ein Mittelpunkt bzw. mittlerer Radius und daraus die maximale Abweichung berechnet. Es werden wieder minimaler und maximaler Wert sowie der Mittelwert und die Varianz ermittelt.
- Weiterhin werden die Femurschaftachsen betrachtet. Es wird der maximale Winkel berechnet, den zwei definierte Femurschaftachsen in einer Fluoroskopieaufnahme haben. Von allen Werten wird wieder Minimum und Maximum sowie Mittelwert und Varianz über alle Daten bzw. Datensätze angegeben.
- Weiterhin wird der Zeitbedarf eines jeden Anwenders gemessen.
- Letztendlich erfolgt eine Analyse der Genauigkeit einer Registrierung anhand dieser definierten Strukturen. Bewertet werden die rotatorische und translatorische Abweichung.

Die Ergebnisse können den Tabellen 7.2, 7.3 und 7.4 entnommen werden. Der Femurkopf läßt sich demnach sehr gut reproduzieren. Alle betrachteten Personen kamen auf eine Abweichung des Mittelpunktes von maximal 6,4 Pixeln und des Radius von ca. 3,8 Pixeln. Ähnlich gut ist die Reproduzierbarkeit für den Femurhalsradius. Dagegen treten beim Femurhalsmittelpunkt schon größere Abweichungen auf, sowohl intra- als auch interpersonell. Bei Femurschaftachse sind ebenfalls große Abweichungen zu betrachten. So liegt der maximale Winkel zwischen zwei Achsen für alle Anwender bei ca. 70° . Selbst intrapersonell ist eine maximale Abweichung von noch ca. 41° zu beobachten. Zusammenfassend läßt sich sagen, daß der Femurkopf von allen Anwendern sehr präzise definiert werden kann. Die intra- und interpersonellen Differenzen sind gering und unterscheiden sich nicht. Dagegen ist beim Femurhalsmittelpunkt und der Femurschaftachse eine sehr große Abhängigkeit vom jeweiligen Anwender festzustellen. Bei der Femurschaftachse sind sogar die Abweichungen bei verschiedenen Versuchen ein und desselben Anwenders unter Umständen sehr groß (bis ca. 40°), eine gute Reproduzierbarkeit ist hier nicht bei allen Nutzern gegeben.

Verwenden wir nun diese Daten für die initiale Lageschätzung, so erhalten wir die in Tabelle 7.5 aufgeführten Ergebnisse. Weitgehend unabhängig von den Winkeln zwischen den Bildern beträgt der rotatorische Fehler im Durchschnitt ca. $3\text{-}4^\circ$. Die translatorische Abweichung beträgt durchschnittlich 1,5-2 mm.

Die benötigte Zeit für die präoperative Planung lag je nach Anwender zwischen zwei und fünf Minuten. Die intraoperative Planung benötigt ca. 30 Sekunden pro Bild.

Nr.	Femurkopfmittelpunkt				Femurkopfradius			
	Min.	Max.	Mittelwert	Varianz	Min.	Max.	Mittelwert	Varianz
1	0,04	3,86	1,41	0,71	0,02	1,96	0,61	0,20
2	0,14	5,00	1,67	1,11	0,00	3,82	0,92	0,64
3	0,11	6,40	2,03	1,46	0,01	3,06	0,94	0,59
4	0,24	5,71	1,56	0,99	0,01	2,25	0,79	0,26
5	0,20	5,94	1,98	1,42	0,00	3,45	1,13	0,64
gesamt	2,15	9,02	5,38	2,19	1,29	5,98	2,90	1,01

Tabelle 7.2: Genauigkeit und Reproduzierbarkeit der Definition des Femurkopfes in 2D-Fluoroskopieaufnahmen. Angaben in Pixeln.

Nr.	Femurhalsmittelpunkt				Femurhalsradius			
	Min.	Max.	Mittelwert	Varianz	Min.	Max.	Mittelwert	Varianz
1	0,35	8,14	2,90	3,90	0,03	2,82	0,76	0,40
2	0,25	9,03	1,92	2,43	0,00	4,57	0,67	0,51
3	0,25	11,50	3,78	6,72	0,08	8,04	1,44	1,72
4	0,35	16,65	3,23	7,69	0,01	4,95	1,12	1,08
5	0,25	10,08	3,50	6,21	0,00	6,85	1,29	1,51
gesamt	6,15	33,81	15,47	31,38	1,41	15,71	4,68	6,61

Tabelle 7.3: Genauigkeit und Reproduzierbarkeit der Definition des Femurhalses in 2D-Fluoroskopieaufnahmen. Alle Angaben sind in Pixeln.

Nr.	Femurschaftachse			
	Min.	Max.	Mittelwert	Varianz
1	0,00	17,11	3,96	16,07
2	0,14	41,04	11,56	146,42
3	0,13	40,28	7,44	65,80
4	0,13	15,26	3,66	13,64
5	0,04	39,62	4,52	38,30
gesamt	8,27	70,04	29,71	184,17

Tabelle 7.4: Genauigkeit und Reproduzierbarkeit der Definition der Femurschaftachse in 2D-Fluoroskopieaufnahmen. Angaben in Grad.

Winkel	rotatorische Abweichung			translatorische Abweichung		
	Durchschnitt	Varianz	Maximum	Durchschnitt	Varianz	Maximum
30°	3,28°	0,48°	4,37°	1,68 mm	1,02 mm	3,06 mm
45°	3,84°	1,34°	4,87°	1,70 mm	0,90 mm	3,30 mm
60°	4,32°	0,39°	5,09°	1,40 mm	0,47 mm	2,20 mm
75°	4,00°	1,42°	2,20°	1,57 mm	0,53 mm	2,56 mm
90°	4,26°	0,53°	5,12°	1,95 mm	0,25 mm	2,56 mm

Tabelle 7.5: Fehler bei der initialen Lageschätzung am proximalen Femur, ermittelt über fünf Datensätze und fünf Testpersonen, unterteilt nach dem Winkel zwischen den Aufnahmenrichtungen der Bilder.

7.3.2 Automatische Lageschätzung am proximalen Femur

Bislang werden die anatomischen Regionen von Hand eingezeichnet. Der Nachteil dieses Vorgehens besteht darin, daß es einen zusätzlichen Zeitaufwand für den Anwender bedeutet. Dabei wird der Knochen bereits präoperativ inklusive dieser Regionen segmentiert. Ein weiterer Weg besteht daher in der automatischen Erkennung der relevanten Strukturen und ihre Markierung basierend auf dieser Segmentierung. Falls eine intraoperative Segmentierung der äußeren Kortikalis in den Fluoroskopieaufnahmen stattfindet, wie sie während der Nachoptimierung erforderlich ist, kann ebenfalls auf das zusätzliche Einzeichnen von Femurkopf, -hals und -schaft verzichtet werden. Mit diesem Problem wird sich der nun folgende Abschnitt beschäftigen.

Intraoperative Planung in den Fluoroskopieaufnahmen

Zunächst wird die intraoperative Definition der Strukturen in den Fluoroskopieaufnahmen betrachtet. Wenngleich in der zeitlichen Abfolge zuvor die präoperative Planung in den 3D-MR-Daten kommt, so kann die automatische Erkennung von Femurkopf, -hals und -schaft in 3D-Daten auf den Fall von 2D-Daten zurückgeführt werden. Es wird jetzt davon ausgegangen, daß eine Segmentierung der äußeren Kortikalis bereits vorhanden ist. Diese ist eine Menge $\{\mathbf{p}_i\}_{i=1}^N$ von N Punkten $\mathbf{p}_i \in \mathbb{R}^2$. Dann werden die Strukturen in genau der Reihenfolge Femurkopf, Femurhals und zuletzt Femurschaft definiert.

Die Definition des Femurkopfes besteht in der Aufgabe, den Mittelpunkt $\mathbf{m} \in \mathbb{R}^2$ und Radius r eines Kreises zu bestimmen, der den Femurkopf optimal umschließt. Dies erfolgt unter Verwendung einer Houghtransformation (s. [58]). Für jeden Punkt \mathbf{p}_i der Segmentierung lassen sich Kreise mit Mittelpunkt \mathbf{m} und Radius r finden, so daß die Gleichung

$$(\mathbf{p}_i - \mathbf{m})^2 = r^2 \quad (7.9)$$

erfüllt ist. Die drei Unbekannten sind die beiden Komponenten des Vektors \mathbf{m} und der Radius r . Wir erhalten einen dreidimensionalen Houghraum. Dieser wird in jeder Dimension in Zellen der Größe 1 unterteilt. Jeder Punkt der Segmentierung definiert eine Kurve in diesem Houghraum als Zusammenhang zwischen dem Mittelpunkt des Kreises und dessen Radius. In jeder Zelle wird die Anzahl der Punkte gezählt, deren Kurve durch die Zelle verläuft. Die Parameter, die der Zelle mit der höchsten Anzahl entsprechen, ergeben Mittelpunkt und Radius unseres gesuchten Kreises.

Für die Bestimmung des Femurhalses werden alle Punkte der Segmentierung bestimmt, die außerhalb des Kreises vom Femurkopf und gleichzeitig innerhalb eines Kreises mit demselben Mittelpunkt und einem 1,3-fachen Radius liegen. Von diesen Punkten werden die Zusammenhangskomponenten bezüglich der 8-er Nachbarschaft berechnet und die beiden größten zusammenhängenden Komponenten ausgewählt. Der Femurhalsmittelpunkt ergibt sich als Schwerpunkt der Punkte in diesen beiden Komponenten. Als Radius wird der mittlere euklidische Abstand über alle Punkte zu diesem Mittelpunkt verwendet.

Für die nun folgende Berechnung des Femurschaftes werden zwei Annahmen gemacht:

- Die Strecke für den Femurschaft liegt genau in der Mitte.
- Die Richtung des Femurschaftes entspricht der Hauptachse der Punktwolke, die die Segmentierung beschreibt. Problematisch dabei ist nur die Asymmetrie, die durch den Femurkopf entsteht.

Zu bestimmen ist ein Punkt \mathbf{s} und die Richtung \mathbf{v} der Strecke. Der Punkt ergibt sich als der Mittelpunkt der Strecke, die beide Enden der Segmentierung miteinander verbindet. Zur Bestimmung der Richtung der

Strecke werden alle Punkte der Segmentierung herangezogen, die nicht innerhalb der zur Bestimmung des Femurhalses verwendeten Kreise liegen. Die Hauptachsen der verbleibenden Punktmenge werden bezogen auf den Punkt s berechnet.

Abbildung 7.8 zeigt graphisch die einzelnen Schritte der automatischen Definition, ausgehend von einer Segmentierung der äußeren Kortikalis.

Präoperative Planung im 3D-Datensatz

Eine Übertragung der obigen Schritte zur Bestimmung der Strukturen auf den 3D-Fall ist prinzipiell möglich. Allerdings ist mit einer erheblich steigenden Komplexität zu rechnen. Beispielsweise erhalten wir in diesem Fall einen vierdimensionalen Houghraum zur Bestimmung der Kugel für den Femurkopf.

Allerdings kann die präoperative Planung im 3D-MR-Datensatz auf den Fall von 2D-Fluoroskopieaufnahmen zurückgeführt werden. Dazu werden zwei orthogonale Projektionen des bereits segmentierten 3D-Modells erzeugt und dessen äußere Konturen in diesen Projektionen betrachtet. Die beiden Projektionsrichtungen sind senkrecht zur axialen Schnittrichtung. Beide Projektionsebenen stehen senkrecht aufeinander. Der Einfachheit halber lassen sich für diesen Zweck Parallelprojektionen verwenden.

Nach der Erstellung der beiden Projektionen des 3D-Modells und der Berechnung der äußeren Kontur in den Projektionsebenen werden mit dem Vorgehen für die 2D-Planung Femurkopf, -hals und -schaft definiert. Anschließend werden aus diesen Daten in beiden Projektionen die entsprechenden 3D-Geometrien berechnet. Eine Veranschaulichung des Vorgehens ist in den Abbildungen 7.9 und 7.10 zu finden.

Evaluierung

Die Möglichkeit, die für die initiale Lageschätzung notwendigen anatomischen Strukturen automatisch erkennen zu lassen, wird jetzt hinsichtlich ihrer Genauigkeit analysiert. Analog der Evaluierung der initialen Lageschätzung mit der manuellen Definition der Strukturen werden dafür wieder registrierte CT/MR-Datensätze verwendet. Aus dem CT-Datensatz werden dieselben simulierten Fluoroskopieaufnahmen erstellt.

Jede Fluoroskopieaufnahme und der MR-Datensatz wurden segmentiert. Hierbei kommt für die Fluoroskopiedaten das Livewire-Verfahren zum Einsatz und für die MR-Daten die vorgestellte 3D-Segmentierung. Anschließend erfolgt die automatische Erkennung von Femurkopf, Femurhals und der Femurschaftachse und daraus die Schätzung der initialen Lage. Die Ergebnisse sind in Tabelle 7.6 aufgeführt.

Winkel	rotatorische Abweichung			translatorische Abweichung		
	Durchschnitt	Varianz	Maximum	Durchschnitt	Varianz	Maximum
30°	4,49°	2,30°	6,06°	1,15 mm	3,46 mm	6,32 mm
45°	15,25°	401,44°	49,93°	8,57 mm	97,41 mm	25,55 mm
60°	1,88°	0,99°	3,58°	1,54 mm	0,05 mm	1,77 mm
75°	1,23°	0,21°	1,91°	1,23 mm	0,20 mm	1,97 mm
90°	1,92°	0,46°	3,09°	1,38 mm	0,04 mm	1,70 mm

Tabelle 7.6: Fehler bei der automatischen initialen Lageschätzung am proximalen Femur, ermittelt über fünf Datensätze, unterteilt nach dem Winkel zwischen den Aufnahmerichtungen der Bilder.

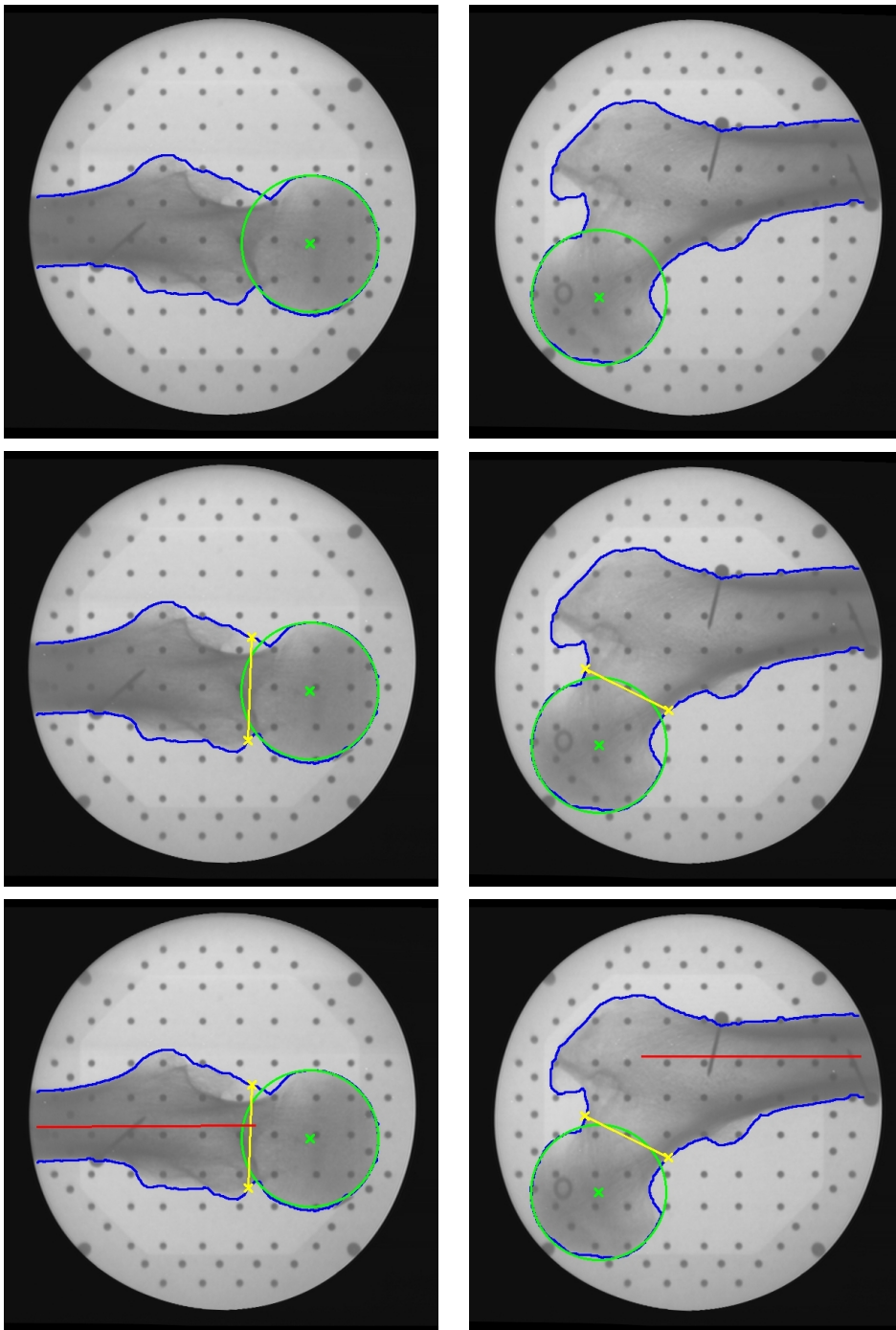


Abbildung 7.8: Schrittweise automatische Definition anatomischer Strukturen am Beispiel zwei verschiedener Fluoroskopieaufnahmen eines proximalen Femurs. Gezeigt sind jeweils von oben nach unten die Fluoroskopieaufnahme mit der Segmentierung der äußeren Kortikalis (blaue Kontur) und der Definition des Femurkopfes (grün), des Femurhalses (gelb) und letztendlich des Femurschaftes (rot).

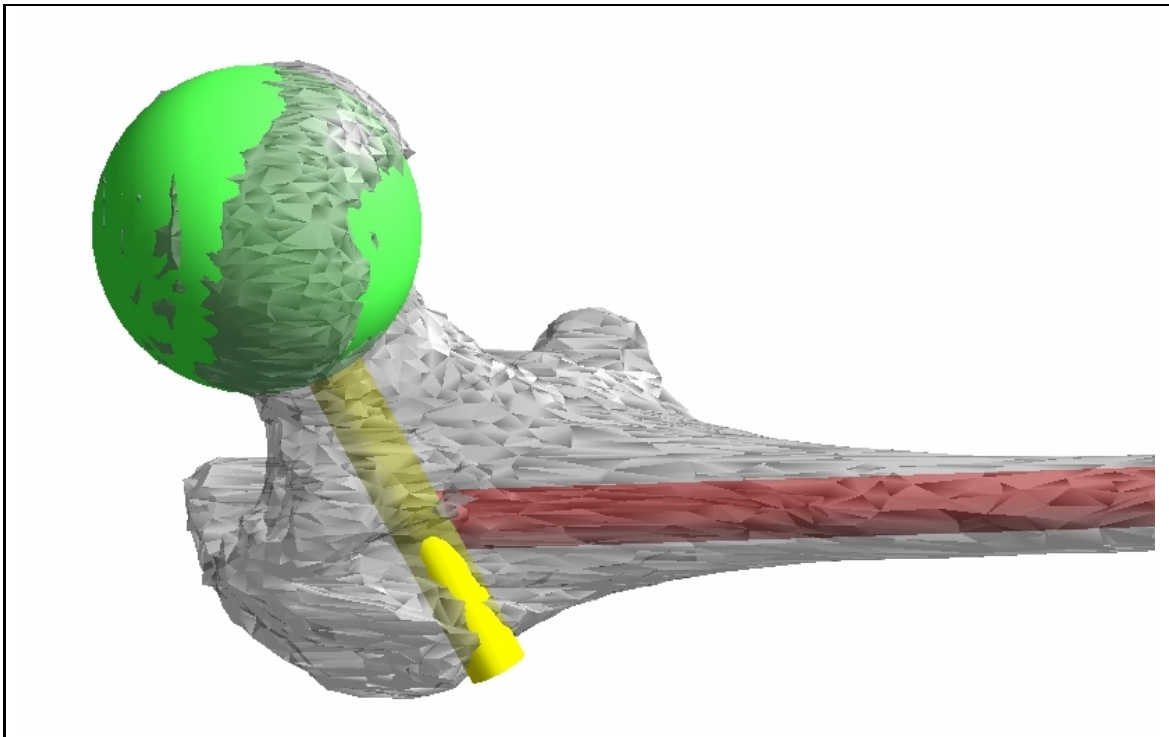


Abbildung 7.9: Automatische Definition von Femurkopf (grün), -hals (gelb) und -schaft (rot) anhand eines 3D-Oberflächenmodells. Gezeigt ist die Segmentierung der Spongiosa mit den eingezeichneten Strukturen

Die Ergebnisse in Tabelle 7.6 zeigen eine hohe Genauigkeit der Lageschätzung für alle betrachteten Winkel zwischen den beiden Aufnahmerichtungen. Lediglich bei 45° tritt ein Ausreißer auf. Sieht man von diesem ab, nimmt die mittlere und maximale translatorische und rotatorische Abweichung mit steigendem Winkel ab. Ein optimaler Wert liegt offenbar zwischen 75° und 90° . Die Fehler sind aber stets kleiner als $4,5^\circ$ bzw. 6,32 mm. Ab einem Winkel von 60° ist der translatorische Fehler sogar kleiner als 2 mm. Damit kann die automatische Lageschätzung in der Genauigkeit die manuelle Definition der anatomischen Strukturen ersetzen. Die benötigte Zeit beträgt ca. 20 Sekunden pro Fluoroskopieaufnahme und 35 Sekunden für den präoperativen MR-Datensatz. Das Verfahren ist vollautomatisch und benötigt keinen Nutzereingriff.

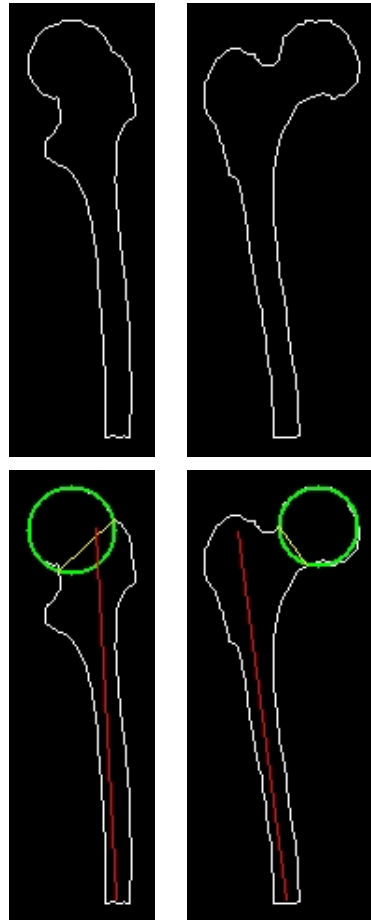


Abbildung 7.10: Automatische Definition von Femurkopf, -hals und -schaft in den 2D-Projektionen, generiert aus einem 3D-Oberflächenmodell. Gezeigt sind die Parallelprojektionen des Oberflächenmodells in sagittaler (links) und koronarer Richtung (rechts) sowie die definierten eingezeichneten Strukturen (unten).

7.3.3 Bestimmung anatomischer Strukturen am distalen Femur

Betrachten wir nun den Fall des distalen Femurs. Hier sind die folgenden, anatomischen Landmarken, die vom Anwender auf einfache Weise definiert werden können, zu finden (Abb. 7.3, Seite 103):

- Analog zum proximalen Femur läßt sich der Femurschaft durch eine Strecke, die der Hauptachse des Femurs folgt, beschreiben.
- Die inneren und äußeren Walzenhöcker werden, falls sie sichtbar sind, durch jeweils einen Punkt markiert.
- Der Gelenkgraben wird ebenfalls durch einen Punkt markiert.
- Sind die äußere und innere Kniegelenkwalze sichtbar, so werden auch diese durch jeweils einen Punkt gekennzeichnet.

Im Unterschied zum proximalen Femur ist zu beachten, daß diese Strukturen in den Fluoroskopieaufnahmen teilweise nicht erkennbar sind. So kann es durch Überlagerungen in den Projektionen dazu kommen, daß der Gelenkgraben, die Kniegelenkwalzen oder die Walzenhöcker nicht oder nicht eindeutig definiert werden können. In diesem Fall werden diese Strukturen vernachlässigt.

Präoperative Planung

In der präoperativen Planungsphase werden die Strukturen im 3D-MR-Datensatz definiert. Aufgrund der 3D-Darstellung kann es hierbei nicht zu Überlagerungen und Verdeckungen kommen. Alle anatomischen Strukturen und Landmarken sind sichtbar.

Analog der Planung am proximalen Femur erfolgt die Definition der Femurschaftachse. In zwei, möglichst weit voneinander entfernten Schichten werden jeweils zwei gegenüberliegende Punkte auf dem Femurschaft markiert. Der Mittelpunkt jedes der Punktpaare ergibt einen Endpunkt für die Strecke, die als Femurschaftachse verwendet wird.

Alle weiteren Strukturen, d.h. die inneren und äußeren Walzenhöcker, innere und äußere Kniegelenkwalze sowie der Gelenkgraben werden durch jeweils einen Punkt definiert.

Intraoperative Definition

Intraoperativ werden wieder zwei oder mehr Fluoroskopieaufnahmen von der Region erstellt. In jeder der Fluoroskopieaufnahmen wird zunächst der Femurschaft definiert. Hierzu werden an zwei, möglichst weit voneinander entfernten Stellen, zwei gegenüberliegende Punkte auf dem Femur gesetzt. Der Mittelpunkt jedes dieser zwei Paare ergibt einen Endpunkt für die Strecke, die die Femurschaftachse beschreibt.

Weiterhin werden, sofern sie sichtbar und eindeutig bestimmbar sind, die Walzenhöcker, die Kniegelenkwalzen sowie der Gelenkgraben durch jeweils einen Punkt definiert. Um die anschließende Registrierung zu ermöglichen, muß der Gelenkgraben sowie ein Punkt der Walzenhöcker oder Kniegelenkwalzen in mindestens einer Fluoroskopieaufnahme definiert werden.

Lageschätzung

Für die initiale Lageschätzung wird die präoperativ aus den MR-Daten erstellte Geometrie auf den intraoperativ definierten Strukturen registriert. Im Gegensatz zum proximalen Femur ist hierbei jedoch zu

beachten, daß mit Ausnahme des Femurschaftes einige anatomische Strukturen unter Umständen nur in einer bzw. auch in gar keiner Fluoroskopieaufnahme sichtbar sind. Sind sie nur in einer Aufnahme sichtbar, so läßt sich daraus kein Punkt im Raum rekonstruieren. Aus diesem Grund erfolgt die Registrierung im wesentlichen, indem die Projektionen der präoperativ erstellten 3D-Geometrie betrachtet werden.

Die Lageschätzung erfolgt in folgenden Schritten:

1. Aus den Strecken, die in den Fluoroskopieaufnahmen den Femurschaft beschreiben, wird eine Gerade im Raum durch Rückprojektion rekonstruiert. Die im 3D-MR-Datensatz definierte Femurschaftachse wird auf diese Achse abgebildet.
2. Der Femur wird entlang der Femurschaftachse verschoben, bis die Projektionen des in der präoperativen Geometrie definierten Gelenkgrabens auf die in den Fluoroskopieaufnahmen definierten Gelenkgräben abgebildet werden. Es wird hierbei der quadratische Abstand zwischen den Gelenkgräben in den Fluoroskopien und der Projektion minimiert.
3. Der Femur wird um die Femurschaftachse gedreht, so daß der mittlere quadratische Abstand zwischen den Punkten der Walzenhöcker und Kniegelenkwalzen in den Fluoroskopieaufnahmen und den Projektionen derselben Strukturen aus der präoperativ definierten Geometrie minimiert wird.

Sind bestimmte Punkte in einer Fluoroskopieaufnahme nicht definiert, so werden die Projektionen derselben Punkte aus der präoperativ erstellten 3D-Geometrie vernachlässigt.

7.4 Nachoptimierung

Die initiale Lagebestimmung führt zu Fehlern, die im Bereich von weniger als 4 mm für translatorische und kleiner als 5° für rotatorische Abweichungen liegen. Für den intraoperativen Einsatz ist es jedoch erforderlich, die Fehler noch weiter zu reduzieren. Aus diesem Grund folgt der initialen Lagebestimmung eine Nachoptimierung. Aufgrund der bekannten Restfehler der initialen Lageschätzung ist es jedoch möglich, diese Nachoptimierung schnell auszuführen.

Als prinzipielle Möglichkeiten für eine Nachoptimierung kommen in Betracht:

- Die Generierung von künstlich erzeugten Fluoroskopieaufnahmen aus dem MR-Datensatz.
In [93] wird ein Verfahren vorgestellt, um während der intraoperativen Registrierung aus dem CT künstliche Fluoroskopien zu erzeugen. Diese werden mit den real aufgenommenen Bildern verglichen. Die Optimierung der Abbildungsparameter erfolgt mit dem Ziel einer möglichst guten Übereinstimmung zwischen realen und künstlich erzeugten Fluoroskopien. Das ist möglich, weil ein 3D-CT-Datensatz aus 2D-Projektionen erzeugt wird. Damit wird in diesem Verfahren der umgekehrte Weg gegangen, und aus dem Datensatz werden wieder die Projektionen erzeugt. Die Werte im MR-Datensatz stehen dagegen in keinem funktionellen Zusammenhang mit den Schwächungskoeffizienten für die Röntgenstrahlen, die die 2D-Fluoroskopien zeigen. Aus diesem Grund wird ein analoger Weg an dieser Stelle nicht weiter verfolgt.
- Die intraoperative Rekonstruktion eines 3D-Datensatzes aus den Fluoroskopien.
Die 2D-Fluoroskopien widerspiegeln die Abschwächung der Röntgenstrahlen auf dem Weg durch das Aufnahmevolumen. Eine weitere Möglichkeit ist es, aus den 2D-Bildern einen 3D-Datensatz zu erstellen. Dabei können dieselben Algorithmen zum Einsatz kommen, die zur Erzeugung von

CT-Datensätzen genutzt werden (siehe [21]). Die Nachoptimierung würde dann auf einer MR/CT-Registrierung basieren.

- Die Registrierung anhand ausgeprägter Kanten.

Lavallée et. al. stellen Verfahren vor, 3D-Objekte anhand ihrer Konturen auf 2D-Projektionen dieser Konturen zu registrieren [65, 66]. Dies erfordert die Segmentierung des Femurs im 3D-MR-Datensatzes, welche wir bereits in Kapitel 4 erledigt haben. Weiterhin ist die Segmentierung derselben knöchernen Struktur in den 2D-Fluoroskopien notwendig.

7.4.1 Rekonstruktion eines 3D-Datensatzes aus den Fluoroskopieaufnahmen

Bei der Aufnahme eines CT-Datensatzes werden eine Anzahl von Röntgenprojektionen unter genau definierten Kamerawinkeln erstellt. Aus diesen Projektionen und der Kenntnis der Winkel läßt sich mittels in der 3D-Computertomographie angewandeter Rekonstruktionsverfahren [21] wieder ein 3D-Datensatz herstellen. Eine MR/CT-Registrierung ist auf Basis von Mutual Information (MI) auf einfache Weise möglich (siehe u.a. [73, 74]). Ein Vorteil von MI ist es, daß keine Segmentierung der Bilder und Datensätze notwendig ist, dafür sind die Berechnungen während der Registrierung aufwendiger. Außerdem sind Ansätze für die Volumendatenregistrierung bereits vorhanden.

3D-Rekonstruktion

Gegeben seien die 2D-Fluoroskopieaufnahmen zusammen mit den Kameraparametern für ihre Aufnahme. Sofern vorhanden, müssen die Referenzmarken (s. Anhang A), die während der Entzerrung der Aufnahmen benötigt wurden, geglättet werden. Andernfalls führen sie zu störenden Einflüssen während der Bildrekonstruktion. Ein Verfahren für die Glättung wird in [93] beschrieben.

Anschließend werden aus den Aufnahmen ein oder mehrere 3D-Volumendatensätze rekonstruiert. Die Rekonstruktion läuft in folgenden Schritten ab:

1. Auswahl der Bilder, die zur Rekonstruktion herangezogen werden. Ein wesentliches Kriterium für die Auswahl ist, daß die Projektionsverläufe aller verwendeten Kameras ein gemeinsames Volumen besitzen muß.
2. Rekonstruktion der Daten durch eine iterative Rekonstruktion [21].

Als Ergebnis erhalten wir einen oder mehrere Volumendatensätze, zusammen mit ihrer genauen Position im Raum während ihrer Aufnahme. Die Anzahl der Datensätze hängt von der Anzahl der Fluoroskopien und den Strahlenverläufen der Kameras ab.

Registrierung

Für die Registrierung kommt das Verfahren aus Kapitel 4 zum Ansatz. Es wird eine rigide Transformation angenommen. Die Bewertung der Anpassung der Bilder erfolgt durch Mutual Information und die Optimierung mit dem Uphill-Simplex-Algorithmus.

Bewertung

Als Vorteil dieser Vorgehensweise erweist sich folgender Punkt:

- Es muß keine Segmentierung der Daten erfolgen. Der zu betrachtende Bereich ist durch den Aufnahmebereich auf den Fluoroskopiebildern, den Kameras und den daraus resultierenden Überschneidungen in deren Strahlenverläufen gegeben. Somit wird keine Interaktion mit dem Anwender benötigt.

Allerdings erweisen sich eine ganze Reihe von Umständen eher als nachteilig.

- Es sind mehr als zwei Fluoroskopien notwendig, um ein akzeptables Ergebnis zu erhalten. Dies setzt den Patienten allerdings wieder einer zusätzlichen Strahlenbelastung aus, die nach Möglichkeit vermieden werden sollte.
- Die Rekonstruktion des 3D-Volumens aus den Fluoroskopieaufnahmen ist aufwendig und rechenintensiv.
- Die Rekonstruktion des 3D-Volumens und die Auswertung der Mutual Information ist sehr aufwendig. Die führt zu einer längeren Rechenzeit, die den intraoperativen Einsatz erschwert.
- Insbesondere bei Fluoroskopieaufnahmen vom proximalen Femur wird die Stellung des C-Bogens konstant gelassen. Stattdessen wird die Lage des Femurs verändert. Auch wenn dies im wesentlichen denselben Effekt für das Bild hat, so ändern sich die Verhältnisse im Bereich des Hüftkopfes erheblich. Der Grund dafür ist das nicht bewegte Becken im Vergleich zum bewegten Femurknochen. Die Rekonstruktion liefert dann im Bereich des Femurkopfes kein Ergebnis.

Insbesondere der letzte Nachteil und die hohe Rechenzeit rechtfertigen in den seltensten Fällen den intraoperativen Einsatz. Einzige Ausnahme ist hierbei der Einsatz eines C-Bogens, der automatisch eine 3D-Bildaufnahme ermöglicht, wie beispielsweise der Siremobil Iso-C von Siemens. Das Aufnahmevolumen wird im Zentrum des C-Bogens plaziert. Anschließend fährt er ähnlich einem CT-Gerät in diskreten Winkelschritten um das Aufnahmevolumen herum und rekonstruiert aus den gewonnenen Daten einen CT-ähnlichen Datensatz. Kommt ein derartiges Gerät ohnehin zum Einsatz, so wäre die Anwendung einer MR/CT-Registrierung akzeptabel.

Im folgenden werden wir uns daher mit einem weiteren Ansatz beschäftigen, der die Objektkonturen aufeinander abbildet und mit nur zwei Fluoroskopieaufnahmen auskommt.

7.4.2 Registrierung anhand ausgeprägter Objektkanten

Kapitel 4 beschäftigte sich bereits mit der Segmentierung des Femurknochens in einem MR-Datensatz. Das Ergebnis ist ein 3D-Oberflächenmodell. Aufgrund der Eigenschaften von MR-Aufnahmen erhalten wir jedoch nur ein Modell der Spongiosa, dem inneren Teil des Knochens.

Lavallée et. al. stellen Verfahren vor, um ein 3D-Modell mit projizierten 2D-Konturen zu registrieren. Von jedem Punkt auf den 2D-Konturen wird dabei der Projektionsstrahl zum Kameraursprung zurückverfolgt und dessen Abstand von der Oberfläche des 3D-Modells gemessen. Dabei werden Punkte innerhalb dieses Modells mit einer negativen Distanz versehen, Punkte außerhalb mit einer positiven. Die Minimierung der Abbildungsparameter erfolgt so, daß der mittlere quadratische Abstand über alle Projektionsstrahlen minimal wird.

Bezeichne $d_T(\mathbf{p})$ den Abstand des Punktes $\mathbf{p} \in \mathbb{R}^3$ vom 3D-Modell, auf das zusätzlich die Transformation T angewendet wird. Wir haben M Fluoroskopieaufnahmen. Die Ergebnisse der Segmentierungen dieser Aufnahmen sind M Konturen, wobei die Segmentierung der i -ten Aufnahme $N(i)$, $1 \leq i \leq M$,

Punkte enthält. Die Konturen werden im folgenden als $\{p_{ij}\}$ mit $1 \leq i \leq M$ und $1 \leq j \leq N(i)$ bezeichnet. Aus Kenntnis der Parameter und des Ursprungs c_i der Kamera i , $1 \leq i \leq M$ kann zu jedem Konturpunkt p_{ij} der Projektionsstrahl $l(c_i, p_{ij})$ verfolgt werden. Der kleinste Abstand vom Modell $d_{T,ij}$ entlang dieses Strahl ergibt sich als

$$d_{T,ij} = \min_{\lambda \in [0,1]} d_T(c_i + \lambda(p_{ij} - c_i)) \quad (7.10)$$

und der mittlere quadratische Abstand \tilde{d}_T als

$$\tilde{d}_T = \frac{1}{\sum_{i=1}^M N(i)} \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^{N(i)} d_{T,ij}. \quad (7.11)$$

Die Transformation T hängt in unserem Fall von sechs Parametern ab. Diese sind so zu bestimmen, daß \tilde{d}_T minimiert wird. Zu bemerken ist, daß die Konturen in den Bildern nicht zusammenhängend sein müssen. Es sind bereits einige einzelne Punkte für den Erfolg der Optimierung ausreichend [65].

Lavellée verwendet Octree-Splines zur Distanzberechnung, ähnlich wie in [94]. Mittels auf die Octree-Spline angepaßter, effizienter Algorithmen ist eine sehr schnelle Distanzberechnung möglich.

Segmentierung des Röntgenbildes

Für die Anwendung dieses Verfahrens wäre eine Segmentierung der Kante zwischen Spongiosa und Kortikalis im Röntgenbild erforderlich. Wie bereits festgestellt wurde, ist aufgrund der schwachen Ausprägung dieser Kante die Segmentierung in einer geringen Zeitspanne kaum möglich. Aus diesem Grund erfolgt mit dem schon erwähnten Verfahren eine Segmentierung der äußeren Kortikalis. Auf die Lösung der dadurch entstehenden Probleme wird im folgenden eingegangen. Die Segmentierung wird in jeder Fluoroskopieaufnahme durchgeführt.

Registrierung

Minimierung des quadratischen Abstandes Um die aktuelle Abbildung zu bewerten, wird das Octree-Spline-Verfahren eingesetzt. Hierbei wird auf die beschriebene Weise der mittlere quadratische Abstand der Projektionsstrahlen zum 3D-Modell berechnet.

Um die Berechnung zu beschleunigen werden nicht alle Punkte der segmentierten Kontur verwendet. Stattdessen werden m äquidistante Punkte ausgewählt. Die Berechnung erfolgt nur anhand dieser Punkte. Im praktischen Einsatz hat sich die Wahl von $m = 50$ bewährt.

Zentrierung der Femurschaftachse Aus den bereits beschriebenen Gründen wird für die Registrierung eine Segmentierung der äußeren Kortikalis verwendet. Problematisch ist, daß die Spongiosa innerhalb der Kortikalis und damit das 3D-Modell innerhalb der segmentierten Struktur liegt. Das führt dazu, daß auch in der Registrierstellung die Konturen nur an den Gelenken, d.h. dem Femurkopf oder dem Knie, aufeinander abgebildet werden. Am Femurschaft liegen die projizierten Konturen des 3D-Modells innerhalb der segmentierten Kortikalis und kommen mit dieser nicht zur Deckung. Der Octree-Spline-Ansatz geht jedoch davon aus, daß in der Registrierstellung die Konturen des 3D-Modells auf die segmentierten 2D-Konturen abgebildet werden. Die Folge kann eine Fehlregistrierung sein, weil die Konturen nicht genau aufeinander abgebildet werden können.

Aus diesem Grund wird neben dem mittleren quadratischen Abstand der Projektionsstrahlen vom 3D-Modell hier ein zweites Kriterium herangezogen. Mit diesem wird bewertet, wie stark die in den

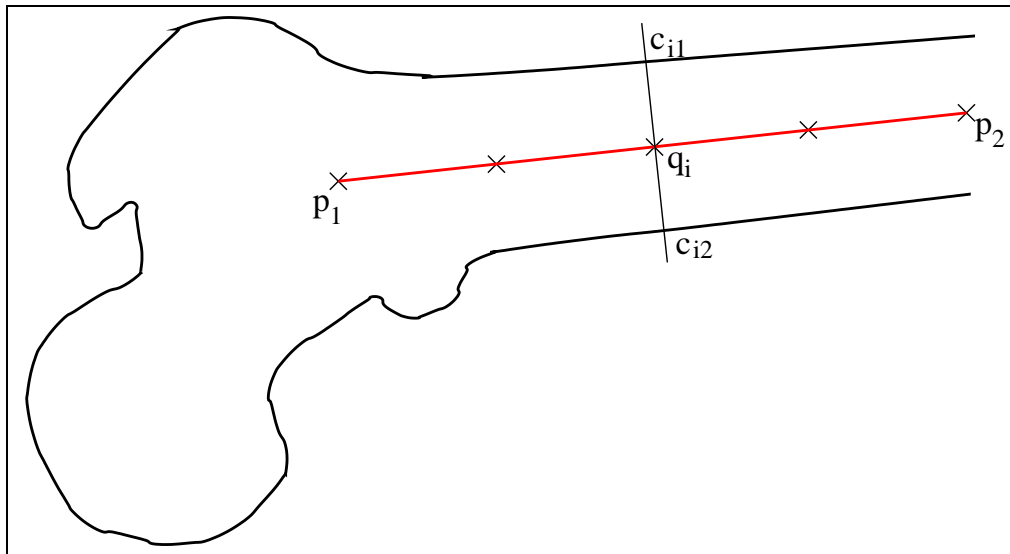


Abbildung 7.11: Berechnung der Zentrierung der Femurschaftachse als Verfahren zur Ausrichtung des 3D-Modells während der Registrierung. Eingezeichnet sind die Femurschaftachse (rot) und beispielhaft die für die Berechnung verwendeten Punkte.

2D-Fluoroskopieaufnahmen definierte Femurschaftachse von der Mitte des projizierten Modells unter der Abbildung T abweicht. Dieses Maß bezeichnen wir im folgenden mit $Z(T)$. Die Idee ist, daß in der Registrierstellung die Femurschaftachse in der Mitte der projizierten Kontur liegt.

Wir haben die projizierte Kontur $C(T)$ des 3D-Modells unter der Abbildung T und die beiden Punkte \mathbf{p}_1 und \mathbf{p}_2 , durch die die Femurschaftachse definiert wird. Dann berechnet sich dieses Maß wie folgt (Abb. 7.11):

1. Auf der Strecke $\mathbf{p}_1\mathbf{p}_2$ werden n äquidistante Punkte $\mathbf{q}_1, \dots, \mathbf{q}_n$ mit $\mathbf{q}_1 = \mathbf{p}_1$ und $\mathbf{q}_n = \mathbf{p}_2$ definiert.
2. In jedem dieser Punkte \mathbf{q}_i wird die Senkrechte S_i errichtet.
3. Für jede Senkrechte S_i werden die beiden Schnittpunkte $\mathbf{c}_{i,1}$ und $\mathbf{c}_{i,2}$ mit der Kontur $C(T)$ bestimmt.
4. In der Registrierstellung liegt die Femurschaftachse genau in der Mitte der projizierten Kontur. In diesem Fall ist der Abstand von \mathbf{q}_i zu $\mathbf{c}_{i,1}$ genau dem Abstand von \mathbf{q}_i zu $\mathbf{c}_{i,2}$. Um die Lage der Femurschaftachse zu der Kontur zu ermitteln, wird der Ausdruck $Z(T)$ durch

$$Z(T) = \sum_{i=1}^n (|\mathbf{c}_{i,1} - \mathbf{q}_i| + |\mathbf{c}_{i,2} - \mathbf{q}_i|)^2 \quad (7.12)$$

berechnet.

Im praktischen Einsatz wird $n = 10$ verwendet.

Zu minimierender Ausdruck Der während der Registrierung zu minimierende Ausdruck $F(T)$ setzt sich aus zwei Teilen zusammen: \tilde{d}_T für den mittleren quadratischen Abstand und $Z(T)$ für die Zentrierung der Femurschaftachse. Wir verwenden eine gewichtete Summe beider Teilausdrücke:

$$F(T) = \omega \tilde{d}_T + (1 - \omega) Z(T) . \quad (7.13)$$

Die Wahl von $\omega = 0,6$ hat sich hierbei während verschiedener Versuche als optimal herausgestellt.

Minimierung Wir erhalten mit $F(T)$ ein 6-dimensionales Minimierungsproblem. Die Minimierung der Funktion erfolgt mit dem Powells-Algorithmus (s. [87]). Dieses Verfahren benötigt zusätzlich einen 1-dimensionalen Minimierer. Hierfür kommt der Brent-Algorithmus zum Einsatz.

Evaluierung

Für die Evaluierung des Verfahrens wird einer der Datensätze des proximalen Femurs verwendet, die schon während der Evaluierung der initialen Registrierung benutzt wurden. Daher ist die zu bestimmende Abbildung schon bekannt und kann wiederum als Referenz verwendet werden. Die Registrierung erfolgt mit verschiedenen Fluoroskopiedaten, so daß der Winkel der Kameraeinstellungen zwischen beiden Aufnahmen in den einzelnen Versuchen 30° , 60° und 90° beträgt. Ausgegangen wird aufgrund der ermittelten Restfehler der initialen Lageschätzung jeweils von einer initialen Abweichung von $1, \dots, 5^\circ$ und $1, \dots, 5$ mm. Gemessen wird die benötigte Zeit sowie der rotatorische und translatorische Restfehler.

Die Ergebnisse sind in den Abbildungen 7.13, 7.14 und 7.15 dargestellt. Demnach beträgt bei einem Aufnahmewinkel von 30° der maximale festgestellte rotatorische Restfehler $2,7^\circ$, der maximale translatorische Restfehler 2,1 mm. Die mittleren Fehler liegen bei maximal $1,3^\circ$ bzw. 1,1 mm, abhängig von der Genauigkeit der initialen Positionierung. Die Restfehler steigen mit der zunehmenden initialen Abweichung. Mit der Erhöhung der Aufnahmewinkel werden die Restfehler allerdings geringer. So liegen die maximalen Fehler bei einem Aufnahmewinkel von 60° bei $2,2^\circ$ und 1,3 mm sowie die mittleren Fehler bei 1° und 0,64 mm. Bei 90° Aufnahmewinkel sinken die Restfehler weiter auf Maximalwerte von $1,8^\circ$ und 1,3 mm und Mittelwerte von $0,9^\circ$ und 0,5 mm. Die Rechenzeit beträgt für alle Winkel maximal 3,5 Minuten bei einem Mittelwert von ca. 90 Sekunden.

Damit ermöglicht das Verfahren eine Nachoptimierung mit hoher Geschwindigkeit und hoher Genauigkeit. Beträgt der Aufnahmewinkel zwischen den Fluoroskopieaufnahmen ca. 90° , so wird ein verbleibender Fehler von kleiner $1,8^\circ$ und 1,3 mm erreicht. Selbst bei einem Aufnahmewinkel von 60° liegen die Restfehler nicht wesentlich höher. Die Genauigkeit läßt sich durch die Hinzunahme weiterer Fluoroskopiedaten noch erhöhen. Allerdings geschieht dies auf Kosten der Geschwindigkeit.

Als Nachteil des Verfahrens ist anzusehen, daß es sowohl eine Segmentierung der präoperativen 3D-Daten als auch der intraoperativen Fluoroskopieaufnahmen erfordert. Letztendlich hängt die Genauigkeit des Verfahrens offenbar von der Güte der Segmentierung ab. Schlecht segmentierbare Datensätze dürften damit zu weitaus schlechteren Werten bei den Restfehlern führen.

7.5 Anmerkung zur Wahl der Aufnahmerichtungen

Für die intraoperative Lageerkennung verwenden wir jeweils zwei Fluoroskopieaufnahmen der betrachteten Körperregion. Grundsätzlich ist seitens der Algorithmik die einzige Anforderung, daß diese beiden Aufnahmen mit verschiedenen Kamerapositionen oder -orientierungen erstellt werden.

Allerdings ist bei der Evaluierung eine deutliche Abhängigkeit der Genauigkeit der Registrierung vom Winkel zwischen den optischen Achsen der beiden Kameraeinstellungen zu erkennen. Je näher dieser Winkel an 90° liegt, umso genauer wird sowohl die initiale Lageschätzung als auch die Nachoptimierung. Aus diesem Grund sollte bei den beiden Aufnahmen darauf geachtet werden, daß dieser Winkel im Bereich von 90° liegt.

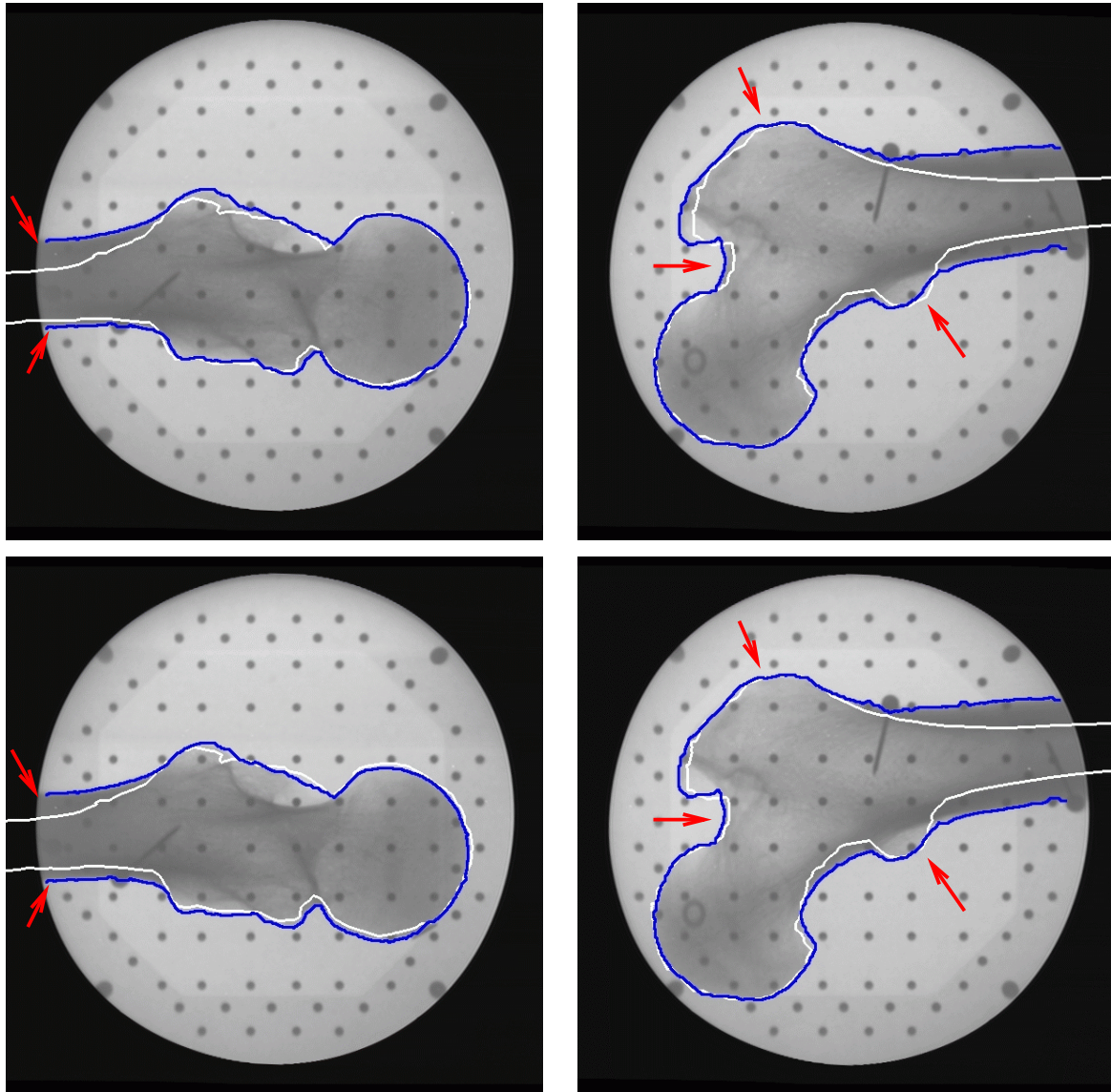
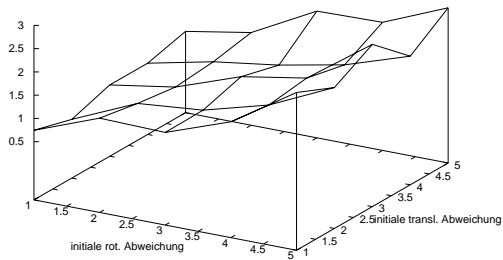
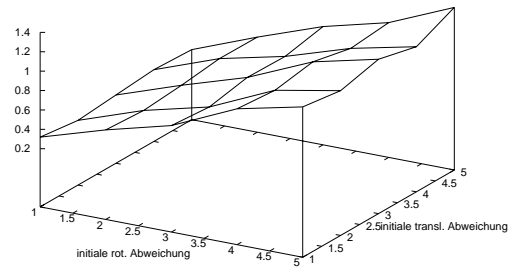


Abbildung 7.12: Position des 3D-Modells vor und nach der Registrierung. Gezeigt sind die Fluoroskopieaufnahmen mit der eingezeichneten Segmentierung (blaue Kontur), der projizierten Kontur des 3D-Modells (weiße Kontur) sowie den definierten anatomischen Strukturen. Dargestellt ist die Situation vor (oben) und nach der Nachoptimierung (unten).

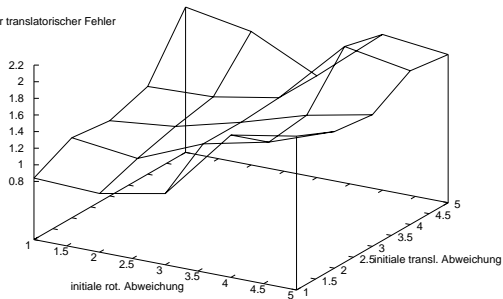
maximaler rotatorischer Fehler



mittlerer rotatorischer Fehler



maximaler translatorischer Fehler



mittlerer translatorischer Fehler

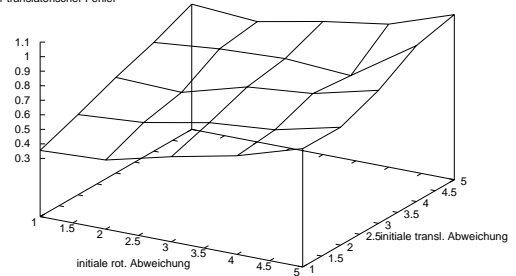


Abbildung 7.13: Rotatorische und translatorische Restfehler der Nachoptimierung in Abhängigkeit von der initialen Positionierung bei einem Aufnahmewinkel von 30° zwischen den Fluoroskopieaufnahmen.

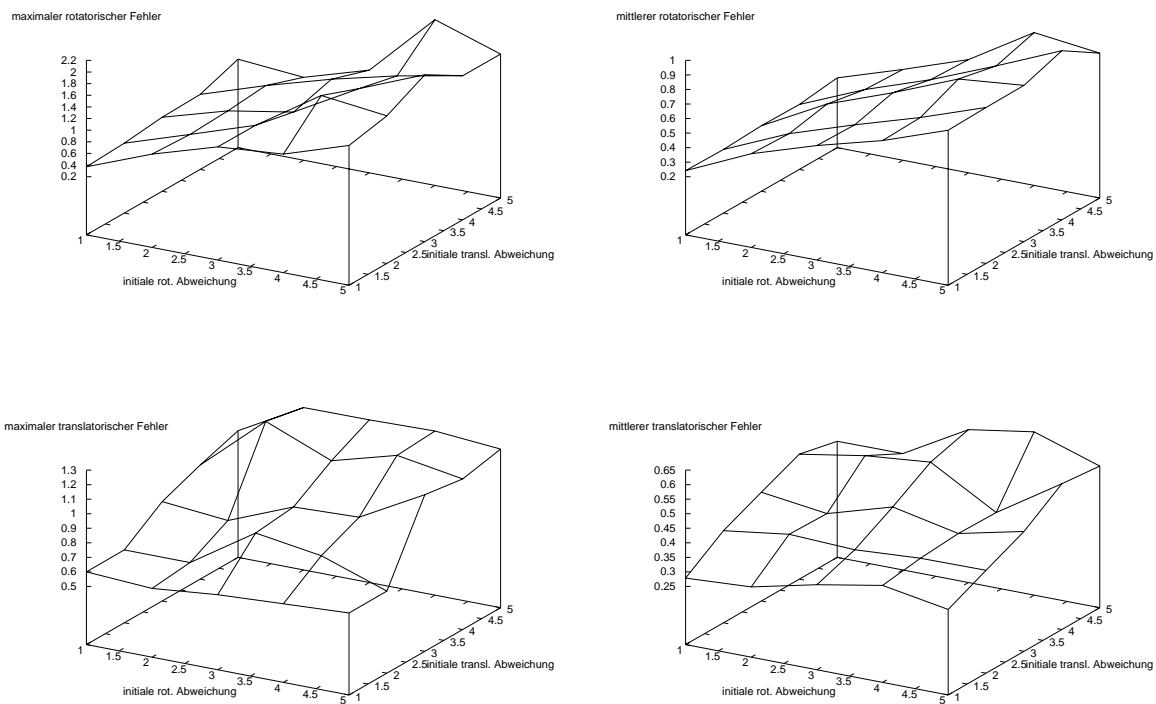
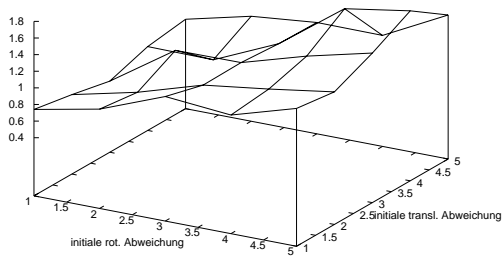
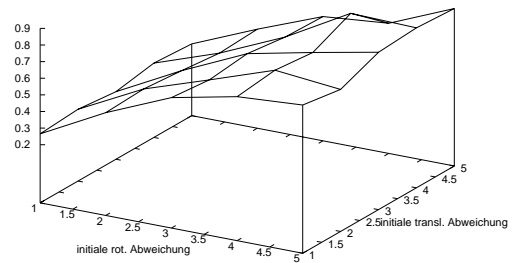


Abbildung 7.14: Rotatorische und translatorische Restfehler der Nachoptimierung in Abhängigkeit von der initialen Positionierung bei einem Aufnahmewinkel von 60° zwischen den Fluoroskopieaufnahmen.

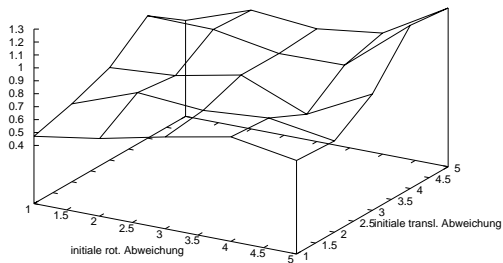
maximaler rotatorischer Fehler



mittlerer rotatorischer Fehler



maximaler translatorischer Fehler



mittlerer translatorischer Fehler

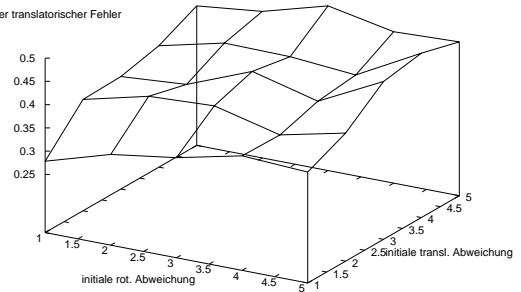


Abbildung 7.15: Rotatorische und translatorische Restfehler der Nachoptimierung in Abhängigkeit von der initialen Positionierung bei einem Aufnahmewinkel von 90° zwischen den Fluoroskopieaufnahmen.

Kapitel 8

Zusammenfassung

Im Mittelpunkt der Arbeit stand die Entwicklung von Konzepten, um ausschließlich auf MR-Daten basierende computerunterstützte orthopädische Operationen zu ermöglichen. Aufgrund der geometrischen Verzeichnungen finden MR-Daten heutzutage bislang wenig Einsatz in computergestützten OP-Umgebungen. Sie werden allenfalls zusammen mit CT-Daten zur zusätzlichen Unterstützung der Eingriffe verwendet.

Um den ausschließlichen Einsatz von MR-Daten zu ermöglichen, mußten drei wesentliche Probleme gelöst werden: die Erfassung und Korrektur der geometrischen Verzeichnungen sowie die Segmentierung der Daten und die intraoperative Registrierung auf dem Patienten.

Für die Segmentierung werden 2D- und 3D-Ansätze verwendet. Als 2D-Verfahren kommen zum einen Livewire und zum anderen texturbasierte geodätische aktive Konturen zum Einsatz. Beide Verfahren ermöglichen eine semiautomatische Segmentierung mit Eingriffsmöglichkeiten für den Anwender. Sie segmentieren jede Schicht im Datensatz einzeln. Als 3D-Verfahren kommt eine Kombination aus einem Clustering-Verfahren, gefolgt von einer aktiven Kontur, zum Einsatz. Dieses Verfahren erfordert vom Anwender lediglich die Markierung der Region, die den Knochen enthält. Außerdem kommt eine Registrierung der 3D-Daten für den Fall zur Anwendung, daß zwei oder mehrere Datensätze vorhanden sind. Der Registrieralgorithmus verwendet Mutual Information bzw. χ^2 -basierte Ähnlichkeitsfunktionen. Das Ergebnis dieses Schrittes ist eine Segmentierung des gesamten Volumens und ein 3D-Modell der Spongiosa des Knochens.

Ein zentraler Punkt der Arbeit ist die Berechnung und Korrektur der geometrischen Verzeichnungen in den MR-Daten. Für die dazu notwendige Berechnung der Feldverteilung im MR-Scanner wird die zugrundeliegende Maxwellsche Gleichung, eine elliptische partielle Differentialgleichung 2. Ordnung, in eine Differenzgleichung überführt. Das resultierende lineare Gleichungssystem wird mit einem multigrid-basierten Verfahren gelöst. Dieses Verfahren ermöglicht eine sehr schnelle Berechnung. Anschließend werden die im orthopädischen Bereich zu erwartenden Verzeichnungen analysiert. Einen weiteren Punkt bildet die Korrektur der geometrischen Verzerrungen. Eine Variante ermöglicht die Approximation der Verzerrungsfelder aus den aufgenommenen, verzerrten Daten. Eine weitere Variante ist die modellbasierte Entzerrung. Hierbei werden für eine Reihe von Daten die unverzerrten Konturen und die Verzerrungsinformationen gespeichert. Für die Konturen des zu entzerrenden Datensatzes wird die ähnlichste verzerrte Kontur gesucht, und das Feld mit den Verzerrungsinformationen wird entsprechend angepaßt. Die Frage, wie die für die Korrektur benötigten Parameter in der Praxis bestimmt werden können, beendet dieses Kapitel.

Intraoperativ muß eine Registrierung des präoperativ erstellten 3D-Modells der Spongiosa auf den

Patienten ermöglicht werden. Um ein möglichst schnelles und einfach zu bedienendes Verfahren zu erhalten, erfolgt eine Trennung in die initiale Lageschätzung und die Nachoptimierung. Für die initiale Lageschätzung müssen seitens des Anwenders bestimmte anatomische Strukturen, wie z.B. der Femurkopf oder die Kniegelenkwalzen, definiert werden. Diese sind einfach und leicht aufzufinden und zu bestimmen. Die Definition erfolgt sowohl in den präoperativen MR-Daten als auch in den intraoperativen Fluoroskopieaufnahmen. Für die initiale Lageschätzung werden diese Strukturen aufeinander registriert. Am proximalen Femur wird auch die automatische Definition dieser Strukturen aus der Segmentierung ermöglicht. Um die Genauigkeit zu erhöhen schließt sich an diesen Schritt eine Nachoptimierung an. Hierfür kommt ein Octree-Spline basiertes Verfahren zum Einsatz. Die Registrierung mit ihm erfolgt, indem die Konturen der zu registrierenden Strukturen aufeinander abgebildet werden. Der Umstand, in den MR-Daten nur den inneren Teil des Knochens, die Spongiosa, zu erkennen, muß beachtet werden. Deshalb wird in die Optimierung zusätzlich die Femurschaftachse eingebracht und ihre Zentrierung im 3D-Modell sichergestellt.

Die Anwendbarkeit der vorgestellten Verfahren wird in den jeweiligen Evaluierungsabschnitten überprüft.

Anhang A

Kalibrierung des C-Bogen-Systems

Für die intraoperative Registrierung in Kapitel 7 spielt das Fluoroskopiesystem (C-Bogen) eine entscheidende Rolle. Die damit aufgenommenen digitalen 2D-Röntgenbilder dienen während der Registrierung als Referenz. Aufgrund der vorhandenen Störeinflüsse dienen diese Fluoroskopieaufnahmen intraoperativ bislang im wesentlichen als qualitative Grundlage für die Beurteilung von Sachverhalten. Eine quantitative Aussage kann dagegen nicht ohne weiteres abgeleitet werden. Aber genau diese wird für die intraoperative Lageerkennung benötigt.

Eine Kalibrierung des C-Bogens umfaßt dabei sowohl die Modellierung und Korrektur der vorhandenen Störeinflüsse als auch die Bestimmung von Position und Orientierung des System im Raum innerhalb des durch das Navigationssystem definierten Koordinatensystems. Im Rahmen von Kapitel 7 wird implizit eine Kalibrierung des Aufnahmesystems als gegeben vorausgesetzt. Es kommt dabei eine bereits in [19, 20, 93] vorgestellte intraoperative Methode zum Einsatz. In diesem Abschnitt wird das Verfahren kurz beschrieben. Für eine erschöpfende Beschreibung und Diskussion sei auf diese Arbeiten verwiesen.

A.1 Aufgabe

In [19] erfolgt eine Kalibrierung des Fluoroskopiesystems basierend auf einer idealen, perspektivischen Lochkamera. Dabei werden die beiden, speziellen Eigenschaften des C-Bogen-Systems berücksichtigt:

- **Verzeichnungseffekte:** Die aufgenommenen Bilder weisen eine geometrische Verzeichnung auf. Diese hat zwei Gründe. Zum einen beeinflussen externe Magnetfelder, wie beispielsweise das Erdmagnetfeld, die Bahnen der Elektronen im Bildverstärker und führen zu einer S-förmigen Verzerrung. Weiterhin führt die Krümmung der im Bildverstärker enthaltenen Photokathode zu einer kissenförmigen Verzeichnung. Insbesondere das Erdmagnetfeld führt dazu, daß die Verzeichnung abhängig von der Orientierung des Aufnahmesystems ist.
- **Mechanische Instabilität:** Bei einem C-Bogen sind Röntgenquelle und Bildverstärker durch einen C-förmigen Arm miteinander verbunden (Abb. A.1). Insbesondere das hohe Gewicht des Bildverstärkers führt zu einer mechanischen Verwindung des Systems, die wiederum abhängig von der Orientierung ist.

Während der Kalibrierung werden drei Aufgaben gelöst:

1. Die Verzeichnungseffekte müssen korrigiert werden.

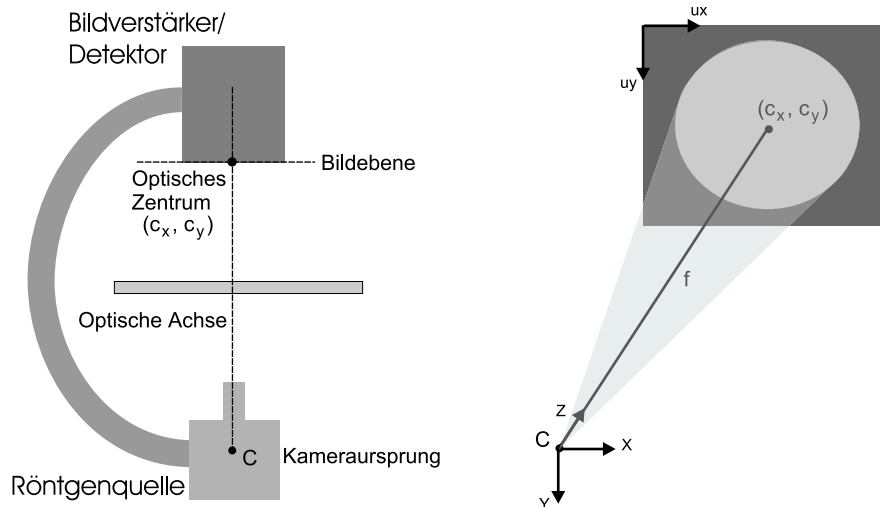


Abbildung A.1: Definition der Lochkamera im C-Bogen-System (Quelle [93])

2. Die Kamera wird im Raum lokalisiert. D.h., es werden ihre Lage und Orientierung bestimmt.
3. Es erfolgt eine Bestimmung der Parameter der Lochkamera. Dies umfaßt den optischen Nullpunkt (c_x, c_y) und die Brennweite f unter Berücksichtigung der mechanischen Verwindung.

Die einzelnen Aufgaben werden durch den Einsatz eines speziellen Kalibrierkörpers gelöst. Er besteht aus einer genau vermessenen Anordnung von kugelförmigen Metallmarken. Durch die Platzierung im Strahlengang des C-Bogens während der Aufnahme und die anschließende Detektion der Marken erfolgt die Bestimmung der gesuchten Parameter.

A.2 Intraoperative Kalibrierung

Brack [19] stellt zwei grundlegende Verfahren zur Kalibrierung des C-Bogen-Systems vor: eine präoperative und eine intraoperative Kalibrierung. Beide unterscheiden sich darin, zu welchem Zeitpunkt der Kalibrierkörper zum Einsatz kommt. Aufgrund der Orientierungsabhängigkeit der Verzeichnungen und der Projektionsparameter kommt in dieser Arbeit eine intraoperative Kalibrierung zum Einsatz.

In Abb. A.2 wird ein derartiges Vorgehen veranschaulicht. Ein Kalibrierkörper wird direkt vor dem Bildverstärker angebracht. Seine Marken dienen der Bildentzerrung und der Berechnung der Kameraparameter. Die Position und Orientierung der Kamera im Raum ergibt sich durch die Anbringung eines Trackers am Bildverstärkers.

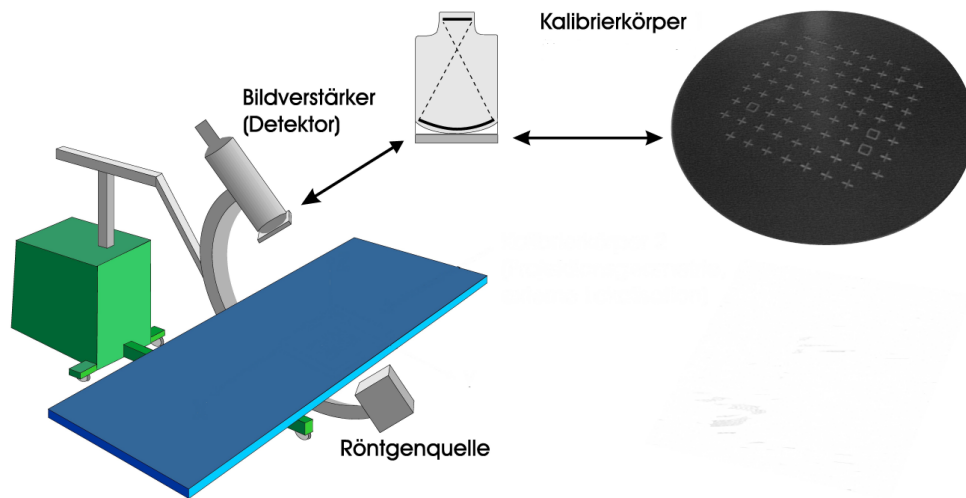


Abbildung A.2: Intraoperative Kalibrierung eines C-Bogens.

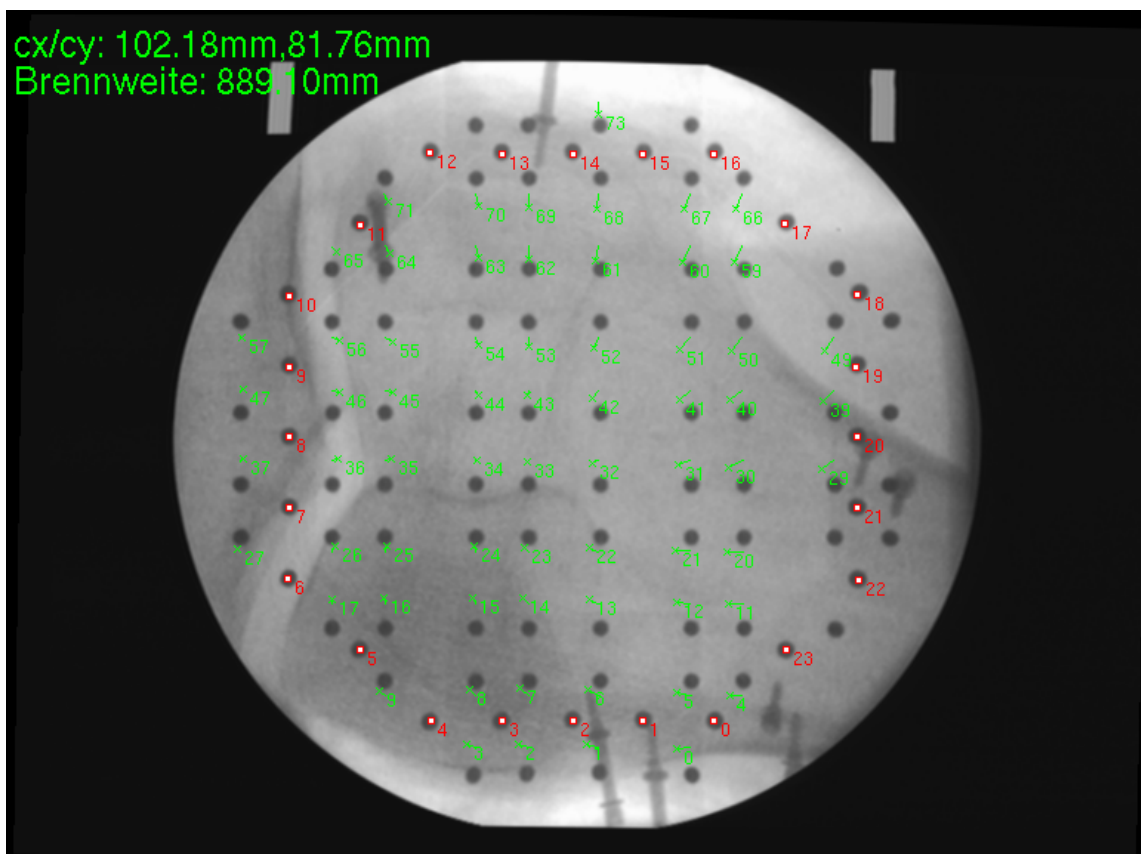


Abbildung A.3: Fluoroskopieaufnahme von distalen Femur mit Markern von der Kalibrierung. Zu sehen ist das aufgenommene Bild mit den Markern (schwarz), den eingezeichneten Referenzmarkern (rot bzw. grün) und den berechneten Kameraparametern.

Anhang B

Ähnlichkeitsfunktionen in der Bildregistrierung

Für die Registrierung in Kapitel 4 kommen zwei Ähnlichkeitsfunktionen zur Bewertung der Anpassung zweier Bilder A und B zum Einsatz. Zum einen ist das die *Mutual Information* $MI(A, B)$, zum zweiten eine Ähnlichkeitsfunktion basierend auf dem χ^2 -Test $\chi^2(A, B)$. Ähnlichkeitsfunktionen müssen die Eigenschaft haben, daß für alle Bilder A und B gilt:

$$MI(A, B) \leq MI(A, A) \quad (\text{B.1})$$

bzw.

$$\chi^2(A, B) \leq \chi^2(A, A) . \quad (\text{B.2})$$

Die Gültigkeit dieser Ungleichungen wird in diesem Kapitel gezeigt.

B.1 Mutual Information

Gegeben seien zwei Bilder A und B mit Histogrammen $H_A(i)$ bzw. $H_B(j)$ und gemeinsamen Histogramm $H_{AB}(i, j)$. Daraus folgen die Wahrscheinlichkeitsverteilungen $P_A(i)$, $P_B(j)$ und $P_{AB}(i, j)$ (s. Gleichungen (4.5)-(4.7)). Die Mutual Information der Bilder A und B ergibt sich als

$$MI(A, B) = \sum_i \sum_j P_{AB}(i, j) \log_2 \frac{P_{AB}(i, j)}{P_A(i) \cdot P_B(j)} . \quad (\text{B.3})$$

Bezeichne $H(A)$ mit

$$H(A) = - \sum_i P_A(i) \log_2 P_A(i) \quad (\text{B.4})$$

die Entropie eines Bildes A , so gelten für die Mutual Information unter anderem die folgenden Eigenschaften [73]:

- Selbstinformation:

$$MI(A, A) = H(A) \quad (\text{B.5})$$

und

- Beschränktheit

$$MI(A, B) \leq \min(H(A), H(B)) . \quad (\text{B.6})$$

Damit kann der Wert von $MI(A, B)$ wie folgt abgeschätzt werden:

$$MI(A, B) \leq \min(H(A), H(B)) \leq H(A) = MI(A, A). \quad (\text{B.7})$$

D.h., die Ungleichung (B.1) ist für alle Bilder A und B erfüllt.

B.2 Chi-Quadrat-basierte Ähnlichkeitsfunktion

Analog zur Mutual Information kann der Zusammenhang $\chi^2(A, B) \leq \chi^2(A, A)$ für alle Bilder A und B gezeigt werden. Beide Bilder haben Grauwerte in Bereich $0, \dots, G_A - 1$ bzw. $0, \dots, G_B - 1$. Nach der Definition von χ^2 gilt:

$$\chi^2(A, B) = \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{(P_{AB}(i, j) - P_A(i)P_B(j))^2}{P_A(i)P_B(j)} \quad (\text{B.8})$$

Die Summierung erfolgt über alle Indizes i und j , die die Bedingung $P_A(i) > 0$ bzw. $P_B(j) > 0$ erfüllen.

Für den Wert von $\chi^2(A, B)$ gilt die folgende Abschätzung:

$$\chi^2(A, B) = \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{(P_{AB}(i, j) - P_A(i)P_B(j))^2}{P_A(i)P_B(j)} \quad (\text{B.9})$$

$$= \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{P_{AB}(i, j)^2 + P_A(i)^2 P_B(j)^2 - 2P_{AB}(i, j)P_A(i)P_B(j)}{P_A(i)P_B(j)} \quad (\text{B.10})$$

$$= \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \left(\frac{P_{AB}(i, j)^2}{P_A(i)P_B(j)} + P_A(i)P_B(j) - 2P_{AB}(i, j) \right) \quad (\text{B.11})$$

$$= \left(\sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{P_{AB}(i, j)^2}{P_A(i)P_B(j)} \right) + 1 - 2 \quad (\text{B.12})$$

Betrachten wir nun den Ausdruck $\sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{P_{AB}(i, j)^2}{P_A(i)P_B(j)}$. Für ihn gilt:

$$\sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{P_{AB}(i, j)^2}{P_A(i)P_B(j)} = \sum_{i=0}^{G_A-1} \left(\frac{1}{P_A(i)} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{P_{AB}(i, j)}{P_B(j)} \right) \leq \sum_{i=0}^{G_A-1} \frac{1}{P_A(i)} P_A(i) = G_A \quad (\text{B.13})$$

und analog

$$\sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_B-1} \frac{P_{AB}(i, j)^2}{P_A(i)P_B(j)} \leq G_B \quad (\text{B.14})$$

Zusammen mit Gleichung (B.11) folgt für $\chi^2(A, B)$:

$$\chi^2(A, B) \leq \min(G_A, G_B) - 1. \quad (\text{B.15})$$

Folglich gilt für $\chi^2(A, A)$:

$$\chi^2(A, A) = \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_A-1} \frac{(P_{AA}(i, j) - P_A(i)P_A(j))^2}{P_A(i)P_A(j)}. \quad (\text{B.16})$$

In diesem Fall gilt $P_{AA}(i, i) = P_A(i)$, $P_{AA}(i, j) = 0$ für $i \neq j$ und damit

$$\chi^2(A, A) = \sum_{i=0}^{G_A-1} \frac{(P_A(i) - P_A(i)^2)^2}{P_A(i)^2} + \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0, i \neq j}^{G_A} \frac{(-P_A(i)P_A(j))^2}{P_A(i)P_A(j)} \quad (\text{B.17})$$

$$= \sum_{i=0}^{G_A-1} (1 + P_A(i)^2 - 2P_A(i)) + \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_A-1} P_A(i)P_A(j) - \sum_{i=0}^{G_A-1} P_A(i)^2 \quad (\text{B.18})$$

$$= G_A - \sum_{i=0}^{G_A-1} \sum_{j=0}^{G_A-1} P_A(i)P_A(j) \quad (\text{B.19})$$

$$= G_A - 1 \quad (\text{B.20})$$

Damit gilt für alle Bilder A und B

$$\chi^2(A, B) \leq \min(G_A, G_B) - 1 \leq G_A - 1 = \chi^2(A, A) . \quad (\text{B.21})$$

Damit ist die Gültigkeit der Ungleichung (B.2) gezeigt.

Anhang C

Implementierung der geodätischen, aktiven Konturen

In diesem Kapitel wird eine effiziente numerische Implementierung für die geodätischen, aktiven Konturen nach [61] vorgestellt.

Das Konturenmodell basiert auf der Gleichung:

$$u_t = g \cdot \operatorname{div} \left(\frac{\nabla u}{\|\nabla u\|} \right) \|\nabla u_t\| + \langle \nabla g, \nabla u \rangle. \quad (\text{C.1})$$

Eine andere Schreibweise dafür ist:

$$u_t = \operatorname{div} \left(g \frac{\nabla u}{\|\nabla u\|} \right) \|\nabla u\|. \quad (\text{C.2})$$

Für kleine Zeitschritte in der Evolution approximieren wir $\|u\|$ durch $\|u\| = 1$ und erhalten:

$$u_t = \operatorname{div} \left(g \frac{\nabla u}{\|\nabla u\|} \right). \quad (\text{C.3})$$

Mit den Operatoren

$$A_1 = \frac{\partial}{\partial x} g \frac{\partial}{\partial x} \quad \text{und} \quad (\text{C.4})$$

$$A_2 = \frac{\partial}{\partial y} g \frac{\partial}{\partial y} \quad (\text{C.5})$$

läßt sich die Gleichung als

$$u_t = (A_1 + A_2) u \quad (\text{C.6})$$

schreiben.

Im nächsten Schritt approximieren wir die Ableitung u_t von u nach der Zeit t durch

$$u_t \approx \frac{u^{(n+1)} - u^{(n)}}{\tau} \quad (\text{C.7})$$

und erhalten die Gleichung

$$\mathbf{u}^{(n+1)} = \mathbf{u}^{(n)} + \tau (A_1 + A_2) \mathbf{u}^{(n)} \quad (\text{C.8})$$

$$= (\mathbf{I} + \tau (\mathbf{A}_1 + \mathbf{A}_2)) \mathbf{u}^{(n)}, \quad (\text{C.9})$$

wobei \mathbf{I} die Einheitsmatrix bezeichnet. $\mathbf{u}^{(n)}$ repräsentiert u als Vektor, in dem das Bild zeilen bzw. spaltenweise repräsentiert wird. \mathbf{A}_1 und \mathbf{A}_2 sind die entsprechenden Matrizen zu den Operatoren A_1 und A_2 .

Eine einfache Diskretisierung der Operatoren A_1 und A_2 ist gegeben durch

$$\frac{\partial}{\partial x} \left(g \frac{\partial}{\partial x} u \right) = \sum_{j \in N(i)} \frac{g_j + g_i}{2h^2} (u_j - u_i) . \quad (\text{C.10})$$

wobei $N(i)$ die Menge $\{i-1, i+1\}$ und h der Abstand zweier benachbarter Pixel ist. Die Elemente a_{ij} von \mathbf{A}_1 sind dann durch

$$a_{ij} = \begin{cases} \frac{g_i + g_j}{2h^2} & j \in N(i) \\ -\sum_{k \in N(i)} \frac{g_i + g_k}{2h^2} & j = i \\ 0 & \text{sonst} \end{cases} \quad (\text{C.11})$$

gegeben.

Um eine stabile Berechnungsvorschrift zu erhalten, wird das folgende Schema verwendet:

$$\mathbf{u}^{(n+1)} = \prod_{l=1}^2 (\mathbf{I} - \tau \mathbf{A}_l)^{-1} \mathbf{u}^{(n)} . \quad (\text{C.12})$$

Im eindimensionalen Fall ist dieses auch als Euler-Schema bekannt. Es ist eine Approximation erster Ordnung. Die Operatoren $(\mathbf{I} - \tau \mathbf{A}_l)^{-1}$ sind positiv definite, symmetrische Operatoren. Die Berechnung von $\mathbf{u}^{(n+1)}$ erfolgt mit dem Thomas-Algorithmus (s. [111]).

Literaturverzeichnis

- [1] Digital imaging and communications in medicine. <http://medical.nema.org/>.
- [2] <http://www.bruker-biospin.de/epr/xepri/sw.html>.
- [3] http://www.bruker-biospin.de/nmr/nmrsoftw/prodinfo/nmr_suit/xwin-nmr/zoom5a.html.
- [4] <http://www.spineuniverse.com/displayarticle.php/article1023.html>.
- [5] Leitlinien der Bundesärztekammer zur Qualitätssicherung der Magnet-Resonanz-Tomographie. *Deutsches Ärzteblatt*, 97(39):2557 – 2568, 2000.
- [6] E. L. Allgower and K. Georg. *Numerical Continuation Methods - An Introduction*. Springer, 1990.
- [7] C. J. G. Bakker, R. Bhagwandien, M. A. Moerland, and M. Fuderer. Susceptibility artifacts in 2DFT spin-echo and gradient-echo imaging: The cylinder model revisited. *Magnetic Resonance Imaging*, 11(4):539 – 548, 1993.
- [8] C. J. G. Bakker, R. Bhagwandien, M. A. Moerland, and L. M. P. Ramos. Simulation of susceptibility artifacts in 2D and 3D fourier transform spin-echo and gradient-echo magnetic resonance imaging. *Magnetic Resonance Imaging*, 12(5):767 – 774, 1994.
- [9] W. A. Barrett and E. N. Mortensen. Interactive live-wire boundary extraction. *Medical Image Analysis*, 1(4):331 – 341, 1997.
- [10] G. Behiels, F. Maes, D. Vandermeulen, and P. Suetens. Evaluation of image features and search strategies for segmentation of bone structures in radiographs using active shape models. *Medical Image Analysis*, 6(1):47 – 62, 2002.
- [11] E. M. Bellon, E. M. Haacke, P. E. Coleman, D. C. Sacco, D. A. Steiger, and R. E. Gangarosa. MR artifacts: A review. *American Journal of Roentgenology*, 147(6):1271 – 1281, 1986.
- [12] P. Bendel. Echo Projection Imaging - A method to obtain NMR images undistorted by magnetic field inhomogeneities. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 4(2), 1985.
- [13] R. Bhagwandien. *Object Induced Geometry and Intensity Distortions in Magnetic Resonance Imaging*. PhD thesis, Universiteit Utrecht, Faculteit Geneeskunde, 1994. ISBN: 90-393-0783-0.
- [14] R. Bhagwandien, M. A. Moerland, C. J. G. Bakker, R. Beersma, and J. J. W. Lagendijk. Analysis of patient induced marker shifts in MRI. In *Proceedings Eleventh annual meeting of the society for Magnetic Resonance in Medicine*, page 4305, 1992.

- [15] R. Bhagwandien, M. A. Moerland, C. J. G. Bakker, R. Beersma, and J. J. W. Lagendijk. Numerical analysis of the magnetic field for arbitrary magnetic susceptibility distributions in 3D. *Magnetic Resonance Imaging*, 12(1):101 – 107, 1994.
- [16] R. Bhagwandien, R. van Ee, R. Beersma, C. J. G. Bakker, M. A. Moerland, and J. J. W. Lagendijk. Numerical analysis of the magnetic field for arbitrary magnetic susceptibility distributions in 2D. *Magnetic Resonance Imaging*, 10(2):299 – 313, 1992.
- [17] F. L. Bookstein. Principal warps: Thin-plate splines and the decomposition of deformations. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 11(6):567 – 585, 1989.
- [18] F. L. Bookstein. Landmark methods for forms without landmarks: Morphometrics of group differences in outline shape. *Medical Image Analysis*, 1(3):225 – 243, 1996.
- [19] C. Brack. *Röntgenbasierte Navigation von chirurgischen Werkzeugen in der Orthopädie*. PhD thesis, Technische Universität München, Institut für Informatik, 2000.
- [20] C. Brack, M. Roth, and A. Schweikard. Towards accurate x-ray camera calibration in computer assisted robotic surgery. In *Proc. Computer-Aided Radiology*, 1996.
- [21] R. A. Brooks and G. di Chiro. Principles of computer assisted tomography (CAT) in radiographic and radioisotropic imaging. *Physics in Medicine and Biology*, 21(5):689 – 732, 1976.
- [22] R. Burgkart, C. Brossmann, M. Layer, E. Bartels, J. Dreer, A. Schweikard, and R. Gradinger. New method for an intuitive surgical planning system for 3D correction-osteotomies of bony deformations. In *Medicine meets Virtual Reality 11*. IOS Press, Amsterdam, 2003.
- [23] S. Burkhardt. Segmentierung des Knochens aus T_1 - und PD -gewichteten Kernspinbildern vom Kopf. Master's thesis, Universität Leipzig, Fakultät für Mathematik und Informatik, 2000.
- [24] S. Burkhardt, M. Roth, A. Schweikard, and R. Burgkart. Korrektur von geometrischen Verzeichnungen bei MR-Aufnahmen vom Femur. In M. Meiler, D. Saupe, F. Kruggel, H. Handels, and T. Lehmann, editors, *Bildverarbeitung für die Medizin 2002*, pages 107 – 110. Springer, Berlin, 2002.
- [25] S. Burkhardt, M. Roth, A. Schweikard, and R. Burgkart. Registrierung von präoperativen 3D-MRT-Daten mit intraoperativen 2D-Fluoroskopieaufnahmen zur Patientenlageerkennung. In T. Wittenberg, P. Hastreiter, U. Hoppe, H. Handels, A. Horsch, and H.-P. Meinzer, editors, *Bildverarbeitung für die Medizin 2003*, pages 16 – 20. Springer, Berlin, 2003.
- [26] S. Burkhardt, D. Saupe, F. Kruggel, and C. Wolters. Segmentierung des Knochens aus T_1 - und PD -gewichteten Kernspinbildern vom Kopf. In H. Handels, A. Horsch, T. Lehmann, and H.-P. Meinzer, editors, *Bildverarbeitung für die Medizin 2001*, pages 187 – 191. Springer, Berlin, 2001.
- [27] S. Burkhardt, F. Schwarzer, and A. Schweikard. Evaluation of different statistics for medical image registration. Technische Universität München, 2001.
- [28] S. Burkhardt, A. Schweikard, and R. Burgkart. Determination and correction of susceptibility induced geometric distortions in MRI. In J. Troccaz and P. Merloz, editors, *Computer-Aided Medical Interventions: tools and applications*, pages 138 – 143. Sauramps Medical, 2002.

- [29] S. Burkhardt, A. Schweikard, and R. Burgkart. Bestimmung der Gradientenstärken von MR-Sequenzen mit Hilfe von Kalibrierkörpern. In T. Wittenberg, P. Hastreiter, U. Hoppe, H. Handels, A. Horsch, and H.-P. Meinzer, editors, *Bildverarbeitung für die Medizin 2003*, pages 126 – 130. Springer, Berlin, 2003.
- [30] S. Burkhardt, A. Schweikard, and R. Burgkart. Numerical determination of the susceptibility caused geometric distortions in magnetic resonance imaging. *Medical Image Analysis*, 7(3):221 – 236, 2003.
- [31] J. T. Bushberg. *The essential physics of medical imaging*. Williams & Wilkins, Baltimore, 1994.
- [32] V. Caselles, R. Kimmel, and G. Sapiro. Geodesic active contours. *International Journal of Computer Vision*, 22(1):61 – 79, 1997.
- [33] H. Chang and J. M. Fitzpatrick. A technique for accurate magnetic resonance imaging in the presence of field inhomogeneities. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 11(3):319 – 329, 1992.
- [34] S. C. K. Chu, Y. Xu, J. A. Balschi, and C. S. Springer. Bulk magnetic susceptibility shifts in NMR studies of compartmentalized samples: Use of paramagnetic reagents. *Magnetic Resonance in Medicine*, 13(2):239 – 262, 1990.
- [35] L. P. Clarke, R. P. Velthuizen, M. A. Camacho, J. J. Heine, M. Vaidyanathan, L. O. Hall, R. W. Thatcher, and M. L. Silbiger. MRI segmentation: Methods and applications. *Magnetic Resonance Imaging*, 13(3):343 – 368, 1995.
- [36] Z. A. Cohen, D. M. Mc Carthy, S. D. Kwak, P. Legrand, F. Fogarasi, E. J. Ciaccio, and G. A. Ateshian. Knee cartilage topography, thickness and contact areas from MRI: in-vitro calibration and in-vivo measurements. *Osteoarthritis and Cartilage*, 7:95 – 109, 1999.
- [37] A. Collignon, F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Automated multimodality image registration using information theory. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 263 – 274. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 1995.
- [38] T. F. Cootes and C. J. Taylor. Active shape models. Technical report, 1998.
- [39] T. F. Cootes, C. J. Taylor, D. H. Cooper, and J. Graham. Active shape models - their training and application. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(1):38 – 59, 1995.
- [40] L. E. Crooks. Instrumentation and techniques. In C. B. Higgins, H. Hricak, and C. A. Helms, editors, *Magnetic Resonance Imaging of the Body*, section 2, pages 11 – 24. Lippincott-Raven, Philadelphia, 3. edition, 1997.
- [41] J. C. de Munck, R. Bhagwandien, S. H. Muller, F. C. Vester, and M. B. van Herk. The computation of MR image distortions caused by tissue susceptibility using the boundary element method. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(5):620 – 627, 1996.
- [42] T. S. Douglas, S. E. Solomidis, V. S. P. Lee, W. D. Spence, W. A. Sandham, and D. M. Hadley. Automatic segmentation of magnetic resonance images of the trans-femoral limb. *Medical Engineering & Physics*, 20(5):756 – 763, 1998.

- [43] A. Falcão, J. K. Udupa, S. Samarasekera, and S. Sharma. User-steered image segmentation paradigms: Live wire and live lane. *Graphical Models and Image Processing*, 60:233 – 260, 1998.
- [44] O. Faugeras. *Three-Dimensional Computer Vision - A Geometric Viewpoint*. MIT Press, Cambridge, 1993.
- [45] W. Frobin, P. Brinckmann, M. Kramer, and E. Hartwig. Height of lumbar discs measured from radiographs compared with degeneration and height classified from MR images. *European Radiology*, 11(2):263 – 269, 2001.
- [46] A. Glowinski, G. Adam, A. Bücker, J. van Vaals, and R. W. Günther. A perspective on needle artifacts in mri: An electromagnetic model for experimentally separating susceptibility effects. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19(12):1248 – 1252, 2000.
- [47] M. Goitein. Calculation of the uncertainty in the dose delivered during radiation therapy. *Medical Physics*, 12:608 – 612, 1985.
- [48] A. Gueziec and R. Hummel. The wrapper algorithm: surface extraction and simplification. In *Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 204 – 213. IEEE Computer Press, Los Alamitos, 1994.
- [49] W. Hackbusch. *Multigrid Methods and Applications*. Springer, 1985.
- [50] W. Hackbusch. *Theorie und Numerik elliptischer Differentialgleichungen*. Teubner, 1986.
- [51] W. Hackbusch. *Elliptic Differential Equations: Theory and Numerical Treatment*. Springer, Berlin, 1992.
- [52] A. Hamadeh, S. Lavallée, and P. Cinquin. Automated 3-dimensional computed tomographic and fluoroscopic image registration. *Computer Aided Surgery*, 3(1):11 – 19, 1998.
- [53] A. Hamadeh, P. Sautot, S. Lavallée, and P. Cinquin. Towards automatic registration between CT and X-ray images: cooperation between 3D/2D registration and 2D edge detection. In *Second Symposium on Medical Robotics and Computer Assisted Surgery Proc. (MRCAS '95)*, pages 39 – 46. Wiley, 1995.
- [54] C. J. Henri, D. L. Collins, and T. M. Peters. Multimodality image integration for stereotactic surgery planning. *Medical Physics*, 18:167 – 177, 1991.
- [55] B. K. P. Horn. Closed-form solution of absolute orientation using unit quaternions. *Journal of the Optical Society of America A*, 4(4):629 – 642, 1987.
- [56] J. M. S. Hutchison, R. J. Sutherland, and J. R. Mallard. NMR imaging: image recovery under magnetic fields with large non-uniformities. *Journal of Physics / E*, 11(3):217 – 221, 1978.
- [57] J. D. Jackson. *Classical Electrodynamics*. John Wiley & Sons, 1975.
- [58] B. Jähne. *Digitale Bildverarbeitung*. Springer, Berlin, 4. edition, 1997.
- [59] P. Jezzard and R. S. Balaban. Correction for geometric distortion in echo planar images from B_0 field variations. *Magnetic Resonance in Medicine*, 34(1):65 – 73, 1995.

- [60] T. Kapur, P. A. Beardsley, S. F. Gibson, W. E. L. Grimson, and W. M. Wells. Model based segmentation of clinical knee MRI. In *Model-based 3D Image Analysis*, 1998.
- [61] R. Kimmel. *Numerical Geometry of Images: Theory, Algorithms and Applications*. Technion, Israel Institute of Technology, Haifa, 3. edition, Juni 2002.
- [62] F. Kruggel and D. Y. von Cramon. Measuring the cortical thickness. In *IEEE Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis, Hilton Head Island, SC, USA*, pages 154–161. IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, 2000.
- [63] P. G. Lacroute. Fast volume rendering using a shear-warp factorization of the viewing transformation. Technical report, Computer System Laboratory, Departments of Electrical Engineering and Computer Science, Stanford University, 1995.
- [64] F. Langlotz, M. Stucki, R. Bachler, C. Scheer, R. Ganz, U. Berlemann, and L. P. Nolte. The first twelve cases of computer assisted periacetabular osteotomy. *Computer Aided Surgery*, 2(6):317 – 326, 1997.
- [65] S. Lavallée and R. Szeliski. Recovering the position and orientation of free-form objects from image contours using 3D distance maps. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(4):378 – 390, 1995.
- [66] S. Lavallée, R. Szeliski, and L. Brunie. Matching 3-D smooth surfaces with their 2-D projections using 3-D distance maps. *Geometric Methods in Computer Vision*, pages 322 – 336, 1991.
- [67] G. Lohmann. *Volumetric Image Analysis*. John Wiley & Sons, Chichester, 1998.
- [68] W. E. Lorensen and H. E. Cline. Marching Cubes: A high resolution 3D surface construction algorithm. *Computer Graphics*, 21(4):163 – 169, 1987.
- [69] L. M. Lorigo, O. Faugeras, W. E. L. Grimson, R. Keriven, and R. Kikinis. Segmentation of bone in clinical knee MRI using texture-based geodesic active contours. In G. Goos, J. Hartmanis, and J. van Leeuwen, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI'98*, pages 1195 – 1204. Springer, Berlin, 1998.
- [70] L. M. Lorigo, O. D. Faugeras, W. E. L. Grimson, R. Keriven, R. Kikinis, A. Nabavi, and C. Westin. CURVES: Curve evolution for vessel segmentation. *Medical Image Analysis*, 5:195 – 206, 2001.
- [71] K. M. Lüdecke, P. Röschmann, and R. Tischler. Susceptibility artefacts in NMR imaging. *Magnetic Resonance Imaging*, 3(4):329 – 343, 1985.
- [72] W. Macke. *Elektromagnetische Felder*. Akademische Verlagsgesellschaft Geest & Portig, Leipzig, 1965.
- [73] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, G. Marchal, and P. Suetens. Multimodality image registration by maximization of mutual information. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(2):187 – 198, 1997.
- [74] J. B. A. Maintz and M. A. Viergever. A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):1 – 36, 1998.

- [75] A. L. Martel, O. Heid, M. Slomczykowski, R. Kerslake, and L. P. Nolte. Assessment of 3-Dimensional magnetic resonance imaging fast low angle show images for computer assisted spinal surgery. *Computer Aided Surgery*, 3(1):40 – 44, 1998.
- [76] P. Merloz, J. Tonetti, L. Pittet, M. Coulomb, S. Lavallée, and P. Sautot. Pedicle screw placement using image-guided techniques. *Clinical Orthopaedics and Related Research*, 354:39 – 48, 1998.
- [77] J. B. Miller and A. N. Garroway. Removal of static field inhomogeneity and chemical-shift effects in NMR imaging. *Journal of Magnetic Resonance*, 67:575 – 579, 1986.
- [78] M. A. Moerland, R. Bhagwandien, and C. J. G. Bakker. Recognition of susceptibility induced geometric distortions in MR imaging: implications for the use of markers in radiotherapy treatment planning. In *Proceedings Tenth Annual Meeting of the Society for Magnetic Resonance Imaging*, page 407, 1992.
- [79] M. E. Moseley and A. M. Sawyer. Imaging techniques: Pulse sequences. In C. B. Higgins, H. Hricak, and C. A. Helms, editors, *Magnetic Resonance Imaging of the Body*, section 4, pages 43 –69. Lippincott-Raven, Philadelphia, 3. edition, 1997.
- [80] S. Murphy and R. Deshmukh. Periacetabular osteotomy: preoperative radiographic predictors of outcome. *Clinical Orthopaedics and Related Research*, 405:168 – 174, 2002.
- [81] L. P. Nolte, M. A. Slomczykowski, U. Berlemann, M. J. Strauss, R. Hofstetter, D. Schlenzka, T. Laine, and T. Lund. A new approach to computer-aided spine surgery: fluoroscopy-based surgical navigation. *European Spine Journal*, 9(S1):S78 – S88, 2000.
- [82] L. P. Nolte, L. J. Zamorano, Z. Jiang, Q. Wang, F. Langlotz, and U. Berlemann. Image-guided insertion of transpedicular screws. A laboratory set-up. *Spine*, 20(4):497 – 500, 1995.
- [83] M. O' Donnel and W. A. Edelstein. NMR imaging in the presence of magnetic field inhomogeneities and gradient field nonlinearities. *Medical Physics*, 12(1):20 – 26, 1985.
- [84] A. J. Olscamp, S. S. Tao, E. R. Savolaine, and N. A. Ebraheim. Postoperative magnetic resonance imaging evaluation of Pipkin fractures fixated with titanium implants: a report of two cases. *American Journal of Orthopedics*, 26(4):294 – 297, 1997.
- [85] D. L. Pham and J. L. Prince. An adaptive fuzzy C-means algorithm for image segmentation in the presence of intensity inhomogeneities. *Pattern Recognition Letters*, 20(1):57–68, 1999.
- [86] M. H. Phillips, M. Kessler, F. Y. S. Chuang, K. A. Frankel, J. T. Lyman, J. I. Fabrikant, and R. P. Levy. Image correlation of MRI and CT in treatment planning for radiosurgery of intracranial vascular malformations. *International Journal Radiation Oncology Physics*, 20(4):881 – 889, 1991.
- [87] W. H. Press, S. A. Teukolsky, W. T. Vetterling, and B. P. Flannery. *Numerical Recipes in C*. Cambridge University Press, 2 edition, 1992.
- [88] Pschyrembel. *Klinisches Wörterbuch*. de Gruyter, Berlin, 259. edition, 2001.

- [89] H. Rifai, I. Bloch, S. Hutchinson, J. Wiart, and L. Garnero. Segmentation of the skull in MRI volumes using deformable model and taking the partial volume effect into account. *Medical Image Analysis*, 4:219 – 233, 2000.
- [90] T. P. L. Roberts. Basic principles. In C. B. Higgins, H. Hricak, and C. A. Helms, editors, *Magnetic Resonance Imaging of the Body*, section 1, pages 3 – 10. Lippincott-Raven, Philadelphia, 3. edition, 1997.
- [91] T. P. L. Roberts. MR signal and contrast mechanisms. In C. B. Higgins, H. Hricak, and C. A. Helms, editors, *Magnetic Resonance Imaging of the Body*, section 3, pages 25 – 41. Lippincott-Raven, Philadelphia, 3. edition, 1997.
- [92] K. Rohr, H. S. Stiehl, R. Sprengel, T. M. Buzug, J. Weese, and M. H. Kuhn. Landmark-based elastic registration using approximating thin plate splines. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(6):526 – 534, 2001.
- [93] M. Roth. *Intraoperative fluoroskopiebasierte Patientenlageerkennung zur präzisen Unterstützung chirurgischer Eingriffe*. PhD thesis, Technische Universität München, Institut für Informatik, 2000.
- [94] H. Samet. Implementing ray tracing with octrees and neighbor finding. *Computers & Graphics*, 13(4):445 – 460, 1989.
- [95] N. W. L. Schep, I. A. M. J. Broeders, and C. van der Werken. Computer assisted orthopaedic and trauma surgery: State of the art and future perspectives. *Injury*, 34(4):299 – 306, 2003.
- [96] D. Schlenzka, T. Laine, and T. Lund. Computer-assisted spine surgery. *European Spine Journal*, 9(S1):S57 – S64, 2000.
- [97] E. A. Schneider and G. Glover. Rapid in vivo proton shimming. *Magnetic Resonance in Medicine*, 18(2):335 – 347, 1991.
- [98] M. Schnier, J. Pribsch, S. Faber, M. Haubner, C. Glaser, K. H. Englmeier, M. Reiser, and F. Eckstein. Relevance of susceptibility-induced geometrical distortion for validity of MRI-based cartilage volume and density measurements in the knee joint. *Biomedizinische Technik*, 43(9):243 – 248, 1998.
- [99] F. G. Shellock and E. Kanal. Bioeffects and safety. In C. B. Higgins, H. Hricak, and C. A. Helms, editors, *Magnetic Resonance Imaging of the Body*, section 11, pages 175 – 204. Lippincott-Raven, Philadelphia, 3. edition, 1997.
- [100] J. G. Sled and G. B. Pike. Understanding intensity non-uniformity in MRI. In *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention: First International Conference*, pages 614 – 622. Springer, 1998.
- [101] S. Solloway, C. J. Taylor, C. E. Hutchinson, and J. C. Waterton. Quantification of articular cartilage from MR images using active shape models. In *British Machine Vision Conference 1996*, 1996.

- [102] L. H. Staib and X. Lei. Intermodality 3D medical image registration with global search. In *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 225 – 234. IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, 1994.
- [103] E. Stindel, J. K. Udupa, B. E. Hirsch, D. Odhner, and C. Couture. 3D MR image analysis of the morphology of the rear foot: applications to classification of bones. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 23(2):75 – 83, 1999.
- [104] N. Sugano. Computer-assisted orthopedic surgery. *Journal of Orthopaedic Science*, 8(3):442 – 448, 2003.
- [105] N. Suhm, P. Mueller, M. Hehli, S. Koller, U. Bopp, A. L. Jacob, P. Regazzoni, and P. Messmer. Adapting the fluoroscope to image-guided surgery. *Injury*, 34(4):307 – 311, 2003.
- [106] H. D. Tagare. Deformable 2-D template matching using orthogonal curves. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(1):108 – 117, 1997.
- [107] R. H. Taylor, S. Lavallée, G. C. Burden, and R. Mösges. *Computer-Integrated Surgery*. Massachusetts Institute of Technology, 1996.
- [108] J. Troccaz, M. Peshkin, and B. Davies. Guiding systems for computer-assisted surgery: Introducing synergistic devices and discussing the different approaches. *Medical Image Analysis*, 2(2):101 – 119, 1998.
- [109] J. C. Wang, W. D. Yu, H. S. Sandhu, V. Tam, and R. B. Delamarter. A comparison of magnetic resonance and computed tomographic image quality after the implantation of tantalum and titanium spinal instrumentation. *Spine*, 23(15):1684 – 1688, 1998.
- [110] R. C. Weast and M. J. Astle. *Handbook of Chemistry and Physics*. CRC Press, Boca Raton, 1980.
- [111] J. Weickert, B. M. ter Haar Romeny, and M. A. Viergever. Efficient and reliable schemes for nonlinear diffusion filtering. *IEEE Transactions on Medical Image Processing*, 7(3):398 – 410, 1998.
- [112] G. Wolberg. *Digital Image Warping*. IEEE Computer Society Press, Washington, 1990.
- [113] M. Wolf, P. Weierich, and H. Niemann. Automatic segmentation and 3D-registration of the femoral bone in MR-images of the knee. *Pattern Recognition and Image Analysis: Advances in Mathematical Theory and Application*, 7(1), 1997.
- [114] T. S. Wong and D. Rosenfeld. Spin-inversion imaging: a technique for NMR imaging under magnetic fields with high field nonuniformities. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 6:148 – 156, 1987.