

Herramienta automática para calibrado del centro de rotación de un tomógrafo SPECT de animales de laboratorio

A. Olmo¹, J.J. Sánchez¹, A. Sisniega², V. García-Vázquez³, M. Desco^{1,2,3}, J.J. Vaquero²

¹ Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón, Madrid.

² Departamento de Bioingeniería e Ingeniería Aeroespacial, Universidad Carlos III de Madrid.

³ CIBER en Salud Mental (CIBERSAM), Madrid.

juanjo@hggm.es

Resumen

Se presenta la herramienta para el calibrado automático del alineamiento geométrico del centro de rotación de un nuevo escáner SPECT para animales de laboratorio. Se trata de una herramienta versátil diseñada para facilitar la interacción del usuario con los módulos de adquisición de datos y calibración del tomógrafo. Esta herramienta permite adquirir los datos necesarios para llevar a cabo la calibración automática de los parámetros de alineamiento del aparato cuando éste está equipado con colimadores paralelos. Todo el proceso se realiza con una mínima interacción por parte del usuario, permitiendo la obtención de los parámetros de calibrado de forma eficiente y sin necesidad de personal altamente cualificado. Se presenta la versión inicial de esta herramienta, el método utilizado para la obtención del factor de alineamiento del centro de rotación y los resultados obtenidos para la validación de la misma.

1. Introducción

En sistemas tomográficos rotatorios es imprescindible conocer con precisión la posición de la proyección del eje de rotación mecánico del aparato en el detector para que ésta coincida con el centro de rotación definido para las proyecciones que se emplean en la reconstrucción [1]. Errores en la estimación del centro de rotación degradan severamente la calidad de la imagen resultante que muestra un emborronamiento global y artefactos en forma de anillo cuando la magnitud del error es suficientemente grande.

La posición de la proyección del eje de rotación y el eje de rotación real son parámetros de alineamiento geométrico del sistema. En un tomógrafo con varios detectores cada uno de ellos tiene un conjunto de parámetros de alineamiento.

El sistema *fSPECT* descrito en [2], para el cual se ha implementado la aplicación expuesta en este trabajo, es una evolución del prototipo previo *rSPECT* [3] para la realización de estudios con animales de laboratorio. Este trabajo presenta la herramienta para el calibrado del centro de rotación del sistema que ha sido incorporada dentro del módulo de calibración global descrito en [2].

La herramienta presentada permite estimar los parámetros de alineamiento de cada uno de los detectores del sistema durante la fase de calibrado del mismo y la posterior corrección de datos adquiridos durante el uso habitual del tomógrafo, permitiendo la obtención de imágenes reconstruidas de alta calidad.

2. Desarrollo de la aplicación

Las herramientas presentadas han sido implementadas en el lenguaje de programación IDL (Virginia, USA) y sobre un *gantry* construido por SEDECAL (Madrid).

2.1. Descripción de la herramienta

Para la estimación de los parámetros de alineamiento del sistema es necesaria la adquisición de proyecciones en distintas posiciones angulares de una fuente puntual situada en la posición más alejada posible del eje de rotación del tomógrafo pero siempre dentro del campo de visión del sistema. Un protocolo típico implica la adquisición de un número par de proyecciones equiespaciadas angularmente en un barrido de 360° [1].

El programa encargado de la adquisición y procesado de bajo nivel de los datos se ejecuta en el ordenador de control (SO Linux) y está diseñado para ser gestionado desde la consola de usuario (SO Windows) por medio de señales software y diferentes elementos de memoria compartida. La comunicación entre ambos equipos se lleva a cabo vía *Ethernet*.

Tras iniciar la aplicación de calibrado, el usuario debe situar un capilar previamente relleno con Tc-99m en la cama de calibración de manera que quede dentro del campo de visión de los dos detectores tal y como se indica en la Figura 1. Además debe proporcionar a la aplicación los datos relacionados con el estudio que desea realizar, como son el tipo de colimador instalado en los detectores, cama equipada en el tomógrafo y la duración del proceso de adquisición. Con todos estos datos, el programa calcula los parámetros necesarios para arrancar la adquisición de forma transparente al usuario y centra de manera automática el área que se desea escanear en el campo de visión de ambos detectores.

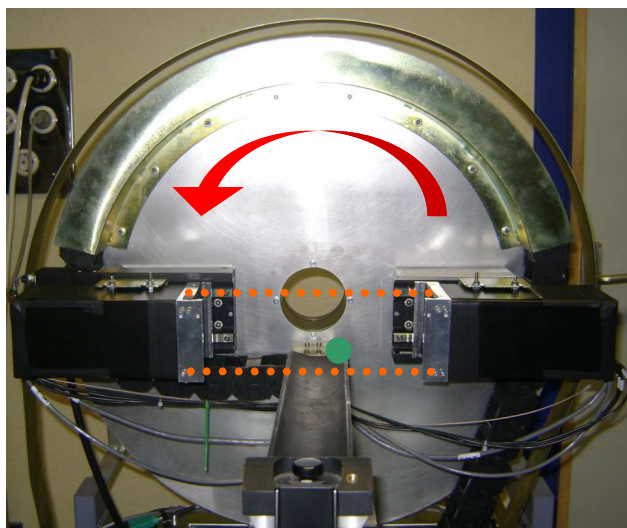


Figura 1. Situación del capilar (punto verde) dentro del FOV de los detectores (delimitado por las líneas naranjas) para la calibración del centro de rotación. La flecha roja indica el sentido del anillo rotatorio.

En función de los parámetros proporcionados, el programa encargado de la adquisición realiza la secuencia necesaria para obtener los datos crudos y generar los correspondientes archivos de salida.

Durante la adquisición, la interfaz provee al usuario de un control básico del proceso (comenzar, abortar o finalizar) y de información sobre el progreso del mismo. Para ello, lee un archivo de memoria compartida generado por el *software* de adquisición que contiene el estado del proceso de adquisición (entre otros parámetros), y que se actualiza continuamente para refrescar la información en la ventana. Entre los parámetros mostrados destacamos el tiempo de adquisición estimado, la tasa de conteo instantánea, el *frame* actual adquirido, número de proyección o la posición angular en la que se encuentra el anillo rotatorio del tomógrafo.

Tras finalizar la adquisición, todos los archivos generados son transferidos automáticamente a la consola de usuario. Estos datos son:

- Ficheros en *modo lista*, que contienen la posición de interacción de los fotones detectados y su energía.
- Un fichero informativo que recoge todos los datos de la adquisición, como el nombre de los ficheros de calibración que se van a usar para aplicar las correcciones pertinentes a los datos adquiridos, el isótopo utilizado o el tipo de colimador con el que se equiparon los detectores, entre otros.

En este punto, se procesan los archivos lista para generar las proyecciones procedentes de cada uno de los detectores del sistema. La aplicación sigue el diagrama de flujo mostrado en la Figura 2.

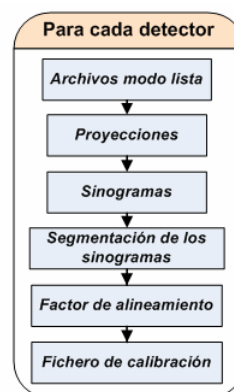


Figura 2. Diagrama de bloques de la interfaz de alineamientos descrita en este trabajo.

Una vez los datos de proyección están disponibles, la aplicación procede al cálculo de los parámetros de alineamiento del sistema. Para ello reordena los datos de proyección en *sinogramas* (uno para cada rodaja y para cada detector) [1] y obtiene la posición del centro de rotación para cada uno de ellos. Los parámetros de alineamiento de los sinogramas individuales son promediados obteniendo el factor de alineamiento medio del detector, que es el valor que muestra en la parte central de la interfaz (Figura 3). Éstos son utilizados posteriormente por la interfaz de reconstrucción del sistema fSPECT [2] para corregir las proyecciones adquiridas (hasta la realización de una nueva calibración del sistema) y obtener imágenes SPECT finales de mejor calidad.

El proceso seguido para el cálculo de los parámetros de alineamiento es descrito detalladamente en la sección 2.2.

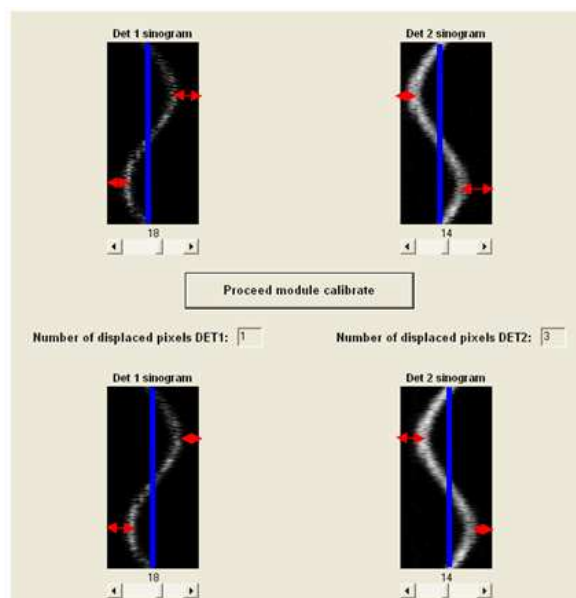


Figura 3. Sinogramas originales (arriba) y sinogramas corregidos (abajo) por la interfaz de alineamientos del tomógrafo fSPECT. Las flechas rojas indican que los máximos no se encuentran a la misma distancia de los extremos de la imagen del sinograma.

Para realizar un control de calidad, la herramienta muestra al usuario los sinogramas originales y los corregidos. A continuación, el factor de alineamiento de cada detector es almacenado en un *fichero de calibración*.

2.2. Obtención del factor de alineamiento

La herramienta calcula el desalineamiento existente entre el centro de cada rodaja de los detectores y el centro de rotación del aparato remanentes tras el ajuste mecánico del sistema.

Para ello, partiendo de las proyecciones de cada detector, se generan los sinogramas correspondientes. Debido a la naturaleza de la adquisición de imagen tomográfica, cada sinograma sigue un ciclo completo de una senoide ya que se adquieren 360°. El desplazamiento de cada sinograma respecto a su posición ideal es la diferencia entre el valor medio de esa senoide y el centro físico del detector (centro de la imagen del sinograma, Figura 4).

El sinograma adquirido se ve afectado por un artefacto de emborronamiento, ya que es el resultado de la convolución de la resolución del sistema y el tamaño no despreciable del capilar utilizado. Para poder ajustar la trayectoria a una senoide se segmentan los sinogramas mediante una umbralización del histograma, y después se obtiene su esqueleto mediante procesado morfológico de la imagen obtenida. Dicho esqueleto forma la curva sinusoidal buscada. El valor medio de la curva proporciona la posición real del eje de rotación del sistema, como muestra la Figura 4.

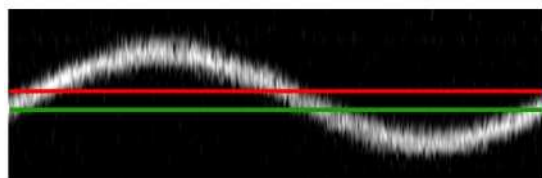


Figura 4. La flecha azul indica el desplazamiento del sinograma calculado como la diferencia entre el centro real (línea roja) y la media de la senoide (línea verde).

A partir de la medida de desplazamiento de todos los sinogramas se calcula la media (denominado **factor de alineamiento**), que es el valor que la aplicación utiliza para corregir los sinogramas mostrados en la interfaz y que dan lugar a las proyecciones corregidas. En la Figura 5 se detalla el esquema de corrección del sistema descrito.

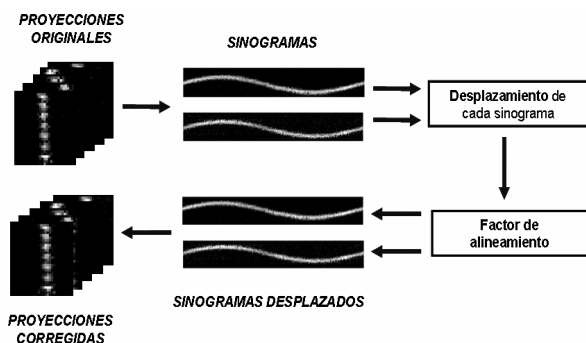


Figura 5. Esquema de corrección de alineamiento del tomógrafo fSPECT.

2.3. Validación

Para validar el correcto funcionamiento de la herramienta implementada se han adquirido datos con varios capilares rellenos de Tc-99m, se han generado los ficheros de calibración correspondientes y se ha medido la mejora de la resolución en la imagen reconstruida de los capilares.

3. Resultados

En la Figura 6 se observa que, tras aplicar el factor de alineamiento, los sinogramas de los dos detectores están centrados y alineados entre sí.

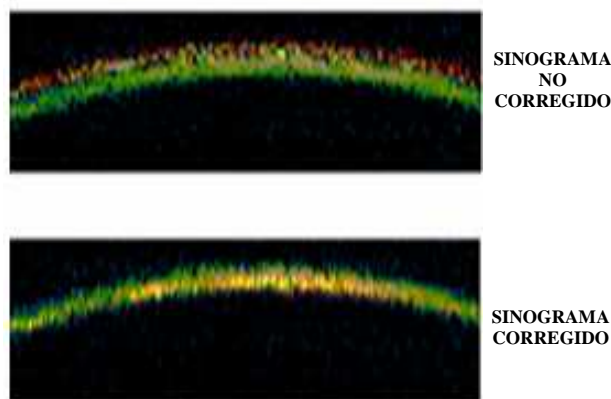


Figura 6. Comparación de sinogramas superpuestos del detector 1 (rojo) y del detector 2 (verde) entre 0 y 180°.

Se obtuvo un desplazamiento de cada sinograma de 1.17 ± 0.496 píxeles (media \pm desviación estándar) para el detector 1 y de 2.71 ± 1.054 píxeles para el detector 2. Por ser una versión preliminar, a la hora de corregir, la aplicación redondea estos valores a números enteros de píxeles. Por ello, desplaza las proyecciones del detector 1 un píxel para el detector 1 y 3 píxeles para el detector 2.

La Figura 7 muestra la misma rodaja de la misma adquisición reconstruida sin aplicar el factor de alineamiento y tras aplicarlo. En la imagen no corregida se observa un artefacto en forma de anillo que desaparece por completo tras aplicar el factor de alineamiento sobre las proyecciones originales del estudio adquirido, previo a su reconstrucción.

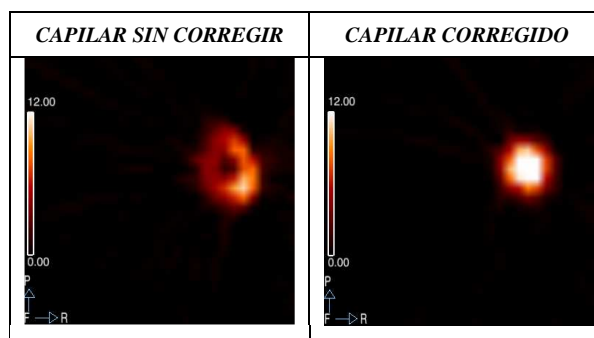


Figura 7. Vista axial de un capilar reconstruido con el algoritmo 2D FBP sin corregir sus proyecciones (izquierda) y corrigiéndolas (derecha).

4. Conclusiones

Se ha desarrollado una herramienta automática para el calibrado de alineamiento geométrico del centro de rotación del tomógrafo fSPECT. Se trata de una herramienta de uso sencillo que proporciona resultados coherentes como muestra la Figura 7.

Por ser una versión inicial de la herramienta, el desplazamiento de los píxeles se redondea a un valor entero, pero en versiones posteriores se plantea desplazamientos subpíxel sobre las proyecciones para acercarse a la resolución intrínseca del detector y así mejorar la calidad de la imagen final.

5. Agradecimientos

Este trabajo ha sido parcialmente financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (proyecto TRA2009_0175, TEC2010-21619-C04-01, TEC2011-28972-C02-01 y Red RECAVA), el programa CENIT-CDTI (proyecto AMIT CEN-20101014) y la Comunidad de Madrid y los Fondos FEDER (proyecto ARTEMIS-S2009DPI-1802).

Agradecemos el soporte técnico proporcionado por la división preclínica de SEDECAL S.A. (<http://www.sedecal.com>) durante el desarrollo de esta herramienta.

6. Referencias

- [1] Cherry, S.R., Sorenson, J.A., Phelps, M.E., *Physics in Nuclear Medicine*, ed. Saunders. 2003.
- [2] Olmo, A., Zamora, G., García-Villalba, C., García-Vázquez, V., Lage, E., Abella, M., Vaquero, JJ., Desco, M.,. *Interfaz de usuario para la adquisición de datos, calibración y reconstrucción de imagen para tomógrafo SPECT de animales de laboratorio*. in *XXIX Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica*, 2011, Cáceres.
- [3] Lage, E., Villena, JL., Tapias, G., Martínez, NP., Soto-Montenegro, ML., Abella, M., Sisniega, A., Pino, F., Ros, D., Pavía, J., Desco, M., Vaquero, JJ., *A SPECT Scanner for Rodent Imaging Based on Small-Area Gamma Cameras*. *IEEE T Nucl Sci*, 2010. 57(5): p. 2524-2531.