

Ein gradientenflussbasiertes Ähnlichkeitsmaß für das Tracking von Gefäßen

Xin Wang¹, Ivo Wolf¹, Philipp Hartmann¹, Tobias Heimann²,
Hans-Peter Meinzer¹, Ingmar Wegner¹

¹Abteilung für Medizinische und Biologische Informatik, DKFZ Heidelberg

²INRIA, Asclepios Projekt, Sophia Antipolis, Frankreich

`xin.wang@dkfz-heidelberg.de`

Kurzfassung. Die Segmentierung von Blutgefäßen ist essentiell für viele computergestützte medizinische Anwendungen. Trotz intensiver Forschung bleibt eine akkurate Segmentierung der Gefäßsegmente mit Stenosen und Kalzifikationen eine große Herausforderung. Dieser Beitrag beschreibt ein Ähnlichkeitsmaß für das Bayes'sche Tracking der Gefäßzentralinie. Dieser Ansatz erweitert ein gradientenflussbasiertes Ähnlichkeitsmaß um zusätzliche Informationen wie Grauwert- und Radiusänderungen entlang einer Trackingstrajektorie. Die Evaluierung wurde auf 7 CTA-Aufnahmen der Koronararterien mit Stenosen und Kalzifikationen durchgeführt. Die Ergebnisse zeigen, dass die Schätzungen der Gefäßverlaufsrichtung durch den erweiterten Ansatz im Durchschnitt um 22,57% verbessert wurden.

1 Einleitung

Die Segmentierung von Blutgefäßen aus volumetrischen Bilddaten ist wichtig für die Diagnose, die Therapie und die Operationsplanung. Darüber hinaus bildet die Segmentierung eine essentielle Basis für eine akkurate Visualisierung von Gefäßbäumen. Gefäße sind dünn, annähernd röhrenförmig und eingebettet in andere komplexe organische Strukturen. Zusätzlich können pathologische Veränderungen wie Stenosen auftreten. Eine Ursache dafür kann die Verkalkung sein. Auf den Bilddaten zeigen solche Gefäßsegmente nicht nur eine starke Verengung, sondern häufig auch einen großen Anstieg der Grauwerte. Dadurch stellt die Segmentierung der Gefäße im Allgemeinen eine große Herausforderung für die medizinische Bildverarbeitung dar. In diesem Themengebiet wurden bisher eine Vielzahl von Verfahren veröffentlicht [1]. Ein erfolgsversprechender Ansatz ist das Tracking der Gefäßzentralinie. Ein hierzu herangezogener Algorithmus ist das Partikelfilter [2]. Dieses Monte-Carlo-Verfahren schätzt rekursiv die posteriori Wahrscheinlichkeit eines dynamischen Prozesses. In der Bayes'schen Schätzung ist die Definition der Ähnlichkeit (engl. likelihood) ein zentraler Schritt. Die Ähnlichkeit beschreibt die Wahrscheinlichkeit, dass in der betrachteten Bildregion ein Gefäß ist. Das in [3] vorgestellte Ähnlichkeitsmaß basiert auf einer mathematischen Modellierung der Grauwertverteilung eines Gefäßes. In [4] wurde

ein Ähnlichkeitsmaß beschrieben, welches den nach innen gerichteten Gradientenfluss auf einer Kugeloberfläche misst. Beide Ansätze sind empfindlich gegen starke Grauwertänderungen innerhalb der Gefäße, die durch Kalzifikationen auftreten können. Basierend auf dem Ansatz in [4] wird ein Ähnlichkeitsmaß in dieser Arbeit vorgestellt, welches die Inhomogenität der Grauwertverteilung an den Stenosenstellen mit Kalzifikationen berücksichtigt.

2 Materialien und Methoden

2.1 Ein neues gradientenflussbasiertes Ähnlichkeitsmaß

Das in [4] beschriebene Ähnlichkeitsmaß für einen Bezugspunkt \mathbf{p} basiert auf einer Kugeloberfläche $K(\mathbf{p}, r)$ mit Radius r . Die Kugeloberfläche wird gleichmäßig in N Punkten \mathbf{x}_i diskretisiert. Das Ähnlichkeitsmaß wird definiert durch

$$F(\mathbf{p}, r) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \langle \nabla \mathbf{I}(\mathbf{i}), \mathbf{u}_i \rangle \quad (1)$$

Dabei bezeichnet $\nabla \mathbf{I}(\mathbf{i})$ den Gradienten an der Stelle \mathbf{x}_i und $\mathbf{u}_i = \frac{\mathbf{p} - \mathbf{x}_i}{|\mathbf{p} - \mathbf{x}_i|}$ die nach innen gerichteten radialen Richtungsvektoren. Während des Trackingsprozesses wird die Ähnlichkeit in jeder Iteration t an verschiedenen Positionen \mathbf{p}^t mit unterschiedlichen Radien r^t evaluiert. Die Position

$$\hat{\mathbf{p}}^t = \arg \max_{\mathbf{p}, r} F(\mathbf{p}^t, r^t) \quad (2)$$

wird benutzt, um die geschätzte Verlaufsrichtung der Gefäße

$$\mathbf{d}^t = \mathbf{p}^t - \mathbf{p}^{t-1} \quad (3)$$

aus der Position \mathbf{p}^{t-1} zu berechnen. Der geschätzte Radius an der Position \mathbf{p}^t ist

$$\hat{r}^t = \arg \max_{\mathbf{p}, r} F(\mathbf{p}^t, r^t) \quad (4)$$

In CTA-Datensätzen ist das Gefäßinnere normalerweise heller als das Gefäßäußere. Im idealen Fall ist $\hat{F}(\mathbf{p})$ maximal, wenn der Punkt \mathbf{p} auf der Zentrallinie des Gefäßes liegt und die Kugeloberfläche K die Gefäßwand schneidet. Aufgrund von Kalzifikationen im Gefäß können lokal sehr helle Regionen in der Nähe der Gefäßzentrallinie auftreten. In solchen Fällen ist $F(\mathbf{p}, r)$ maximal, wenn der Punkt \mathbf{p} innerhalb von der hellen Region liegt und die Kugeloberfläche K die Kanten dieser Region schneidet. Dies führt dazu, dass der Trackingsprozess die Richtung für den Weiterverlauf der Gefäße falsch einschätzt (Abb. 1 und 2). Die Bildregionen mit Kalzifikationen haben eine viel größere Intensität als das Gefäßinnere. Gleichzeitig ist der Umfang solcher Regionen häufig deutlich kleiner

Tabelle 1. Evaluierungsergebnisse der Ähnlichkeitsmaße F und F_{opt} auf 7 CTA-Aufnahmen der Koronararterien.

	$d(F_{\text{opt}})$	$d(F)$	Verbesserung
Daten 1	0.651	0.416	0.235
Daten 2	0.843	0.583	0.260
Daten 3	0.782	0.609	0.173
Daten 4	0.696	0.328	0.368
Daten 5	0.631	0.376	0.255
Daten 6	0.776	0.653	0.123
Daten 7	0.735	0.600	0.135

als der Gefäßradius. Aus diesen Beobachtungen wird eine neue Ähnlichkeit wie folgt definiert

$$F_{\text{opt}}(\mathbf{p}^t, r^t) = \left(1 - \frac{|\hat{r}^{t-1} - r^t|}{\hat{r}^{t-1} + r^t}\right) (F(\mathbf{p}, r) - \alpha |g^{t-1}(\mathbf{p}^{t-1}, r^{t-1}) - g^t(\mathbf{p}^t, r^t)|) \quad (5)$$

Dabei bezeichnet t den Iterationsschritt, α den Gewichtungsfaktor, und $g(p, r)$ den mittleren Grauwert innerhalb der betrachteten Kugel K . Durch die Terme $\left(1 - \frac{|\hat{r}^{t-1} - r^t|}{\hat{r}^{t-1} + r^t}\right)$ und $-\alpha |g^{t-1}(\mathbf{p}^{t-1}, r^{t-1}) - g^t(\mathbf{p}^t, r^t)|$ werden jeweils große Radius- und Grauwertänderungen der Kugel K zwischen zwei nacheinander folgenden Iterationen bestraft. Dadurch können die oben genannten Schätzungsfehler reduziert werden.

2.2 Evaluierung

Zur Evaluierung werden CTA-Datensätze von Koronararterien des MICCAI-Workshops 2008 [5] verwendet. Mit Hilfe der bereitgestellten Referenzpositionen (engl. ground truth) wurden 7 Stenosen mit Schwellwertverfahren semiautomatisch klassifiziert. Zum quantitativen Vergleich der beschriebenen Ähnlichkeitsmaße wird ein Maß wie folgt definiert

$$d = \frac{n_r}{n_{\text{all}}} \quad (6)$$

Dabei bezeichnet n_{all} die gesamte Anzahl der Referenzpositionen im betrachteten Gefäßsegment. Weiter stellt n_r die Anzahl der Referenzpositionen dar, an denen die Richtungsschätzung anhand des Ähnlichkeitsmaßes als richtig klassifiziert wurde. Die geschätzte Richtung wird als korrekt betrachtet, wenn die nächste Suchposition entlang der geschätzten Richtung mit Schrittweite \hat{r} innerhalb des Toleranzbereiches Q liegt. Der Toleranzbereich Q kann als ein synthetisches Gefäß angenommen werden, welches die gleiche Zentrallinie, aber nur die Hälfte des Radius des zu segmentierenden Gefäßes hat.

Tabelle 2. Evaluierungsergebnisse der Ähnlichkeitsmaße F und F_{opt} auf 7 extrahierten Gefäßsegmenten mit Stenosen und Kalzifikationen.

	$d(F_{\text{opt}})$	$d(F)$	Verbesserung
Stenosen 1	0.686	0.438	0.248
Stenosen 2	1.000	0.818	0.182
Stenosen 3	0.615	0.385	0.230
Stenosen 4	0.667	0.583	0.084
Stenosen 5	0.524	0.311	0.213
Stenosen 6	0.350	0.000	0.350
Stenosen 7	0.455	0.182	0.273

3 Ergebnisse

Die Evaluierungsergebnisse der Ähnlichkeitsmaße F und F_{opt} werden in den Tab. (1) und (2) dargestellt. In Tab. (1) werden die beiden Ähnlichkeitsmaße anhand von 7 CTA-Aufnahmen der Koronararterien miteinander verglichen. Um den Effekt beider Ansätze an Stenosenstellen mit Kalzifikationen zu zeigen, fokussiert sich der Vergleich in Tab. (2) auf 7 Stenosensegmente, die jeweils aus einem Gefäß extrahiert wurden. Abb. (1) stellt den Beispieldatensatz einer Koronararterie dar. Im Vordergrund ist eine leichte Verengung der Gefäße und eine sehr helle Region aufgrund der Kalzifikation erkennbar. In Abb. (2) werden die geschätzten Verlaufsrichtungen der Gefäße visualisiert, die jeweils anhand der Ähnlichkeitsmaße F (rot) und F_{opt} (grün) berechnet wurden. Das veranschaulichte Gefäßsegment wurde aus dem Datensatz in Abb. (1) extrahiert.

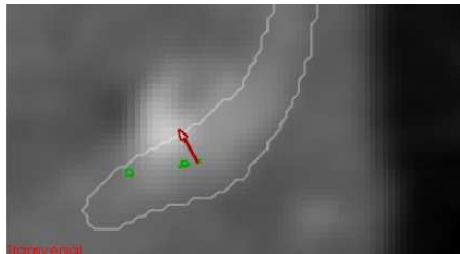
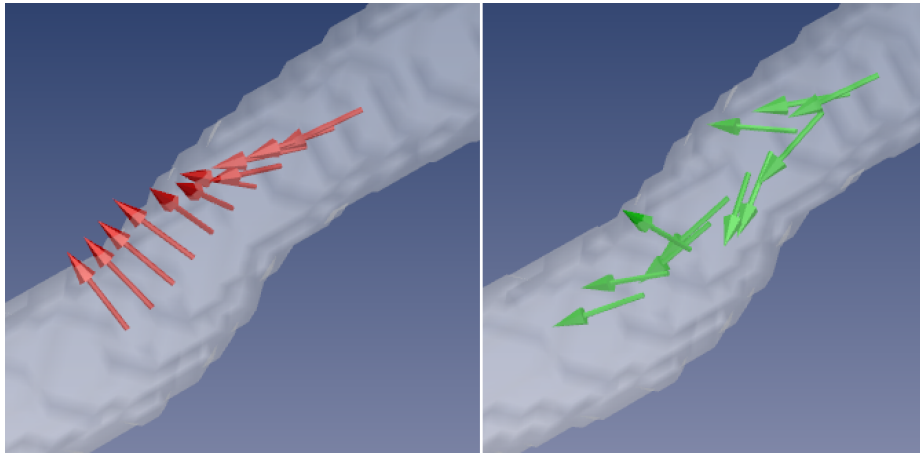


Abb. 1. Ansicht des CTA-Datensatzes einer Koronararterie auf einer transversalen Ebene. Die weiße Linie visualisiert die äußere Kontur des Gefäßes. An diesem Gefäßsegment ist eine leichte Verengung mit einer sehr hellen Region erkennbar. Die roten und grünen Pfeile stellen jeweils die geschätzten Verlaufsrichtungen anhand der Ähnlichkeitsmaße F und F_{opt} dar.

4 Diskussion

In diesem Beitrag wird ein Ähnlichkeitsmaß für das Bayes'sche Tracking von Blutgefäßen beschrieben. Dieser Ansatz erweitert ein gradientenflussbasiertes

Abb. 2. 3D-Visualisierungen der geschätzten Verlaufsrichtungen von Gefäßen anhand der Ähnlichkeitsmaße F (links) und F_{opt} (rechts). Das durch die weiße Oberfläche dargestellte Gefäßsegment zeigt eine leichte Stenose. Dieses Gefäßsegment wurde aus dem Datensatz in (Abb. 1) extrahiert.



Ähnlichkeitsmaß um zusätzliche Informationen wie Grauwert- und Radiusänderungen entlang der Trackingstrajektorie. Das Verfahren wurde anhand von 7 CTA-Datensätzen von Koronararterien evaluiert. Die Ergebnisse zeigen, dass die Schätzungsgenauigkeit für die Verlaufsrichtungen der Gefäße durch die Erweiterung des Ähnlichkeitsmaßes im Allgemeinen erhöht wurde. Ein besonderer Vorteil des neuen Ähnlichkeitsmaßes F_{opt} zeigt sich an den Gefäßsegmenten mit Stenosen und Kalzifikationen. Die durchschnittliche Verbesserung an solchen Stellen beträgt 22,57%. Künftige Arbeiten beinhalten zum einen die Optimierung des Parameters α in (5) und zum anderen die Optimierung der Laufzeit bei der Auswertung der Ähnlichkeit.

Literaturverzeichnis

1. Lesage D, Angelini ED, Bloch I, et al. A review of 3D vessel lumen segmentation techniques: Models, features and extraction schemes. *Med Image Anal.* 2009;in press.
2. Schaap M, Manniesing R, Smal I, et al. Bayesian tracking of tubular structures and its application to carotid arteries in CTA. *Proc MICCAI.* 2007;10:562–70.
3. Worz S, Rohr K. Segmentation and quantification of human vessels using a 3-D cylindrical intensity model. *IEEE Trans Image Process.* 2007;16(8):1994–2004.
4. Lesage. Medial-Based bayesian tracking for vascular segmentation: Application to coronary arteries in 3D CT angiography. *Int J Biomed Imaging.* 2008; p. 268–71.
5. Metz CT, Schaap M, van Walsum T, et al. 3D Segmentation in the clinic: A grand challenge II: coronary artery tracking. *Insight.* 2008.

Reconstruction Image Quality Theory

Evaluation of Filtered Back-Projection and Ordered-Subset Expectation Maximization

Herfried Wiecezorek

Philips Research Laboratories, Aachen, Germany
`herfried.wieczorek@philips.com`

Abstract. We have developed an image quality theory for reconstruction that we apply to filtered back-projection (FBP) and statistical reconstruction (OSEM) for Single Photon Emission Computed Tomography (SPECT). Quantitative measures of reconstruction performance are given in terms of signal and noise power spectra, SPS and NPS, that we derive from phantom images. This allows evaluating the properties of statistical reconstruction, especially signal recovery, noise, impact of phantom size, and detector resolution. Our analysis shows how noise in reconstructed images is reduced by iterative resolution recovery.

1 Introduction

Single Photon Emission Computed Tomography (SPECT) is a standard imaging modality in nuclear medicine, especially in the cardiology segment. SPECT images provide the basis for clinical diagnosis of coronary artery disease, and combined with an attenuation map provided e.g. by computed tomography, the evaluation of absolute tracer uptake will be possible. Necessary pre-conditions for quantitative imaging are a model of sensitivity and spatial resolution of SPECT detectors and the understanding of reconstruction properties [1]. In this paper we present an assessment of reconstruction image quality based on an analysis of filtered back-projection, an analytic reconstruction method that is still standard for computed tomography [2]. For SPECT imaging, iterative methods like MLEM [3] and OSEM [4] are preferred for their noise performance and the possibility to correct for attenuation, spatial resolution, scatter, and cross-contamination of different radioisotopes [5]. We investigate FBP and OSEM using software phantoms and evaluate the performance of these reconstruction methods in terms of signal and power spectra, a method known as the Detective Quantum Efficiency (DQE) model from x-ray imaging.

2 Materials and Methods

Description of image quality is based on a contrast phantom, a cylinder of radius r_b with a spherical lesion of radius r_l in its centre. Activity is measured by a

SPECT detector with parallel hole collimator, characterized by square detector pixels of pitch p and detector efficiency E , defined by NEMA system planar sensitivity [6].

The SPECT image is reconstructed from projections taken under different viewing angles equally spread over 360° during the imaging time T .

Activity per voxel is given in units of Becquerel, specified as A_l and A_b in the lesion and background region, respectively. When we take a transaxial slice of thickness p and measure the radiation from the phantom slice with a detector in close contact, the average number of background counts per pixel in the detector is $n_b = A_b T E$, and the signal-to-noise ratio is $SNR_0 = \sqrt{A_b T E}$.

Lesion detectability is described by the Rose criterion, stating that the contrast-to-noise ratio $CNR = \Delta S/N$ has to be larger than a value $k \approx 5$ [7]. With the lesion contrast C_0 we get $CNR_0 = C_0 \cdot SNR_0 \cdot \sqrt{r_l^2 \pi / p^2}$. We use a software phantom with $r_b = 75\text{mm}$, $r_l = 25\text{mm}$, voxel size $p = 3\text{mm}$ extend our theory to statistical reconstruction. To speed up simulation we calculate the central transaxial slice of the phantom in 2D cylinder geometry. With a background activity of 70MBq per litre, a square hole collimator with $E = 1.99 \cdot 10^{-4}$ ($L = 30\text{mm}$ septa length, $D = 1.5\text{mm}$ hole size, infinite septa absorption at negligible septa thickness), 128 projection angles and 20s time per view we calculate a reconstructed signal value of $A_b T E = 995$ counts per voxel.

Detector resolution is considered analytically in our simulation. When the collimator is 5mm away from the phantom surface, spatial resolution in the phantom centre is calculated as $R = 5.5\text{mm}$ parallel to the detector axes, equivalent to a Gaussian distribution with $\sigma = R/2p\sqrt{2 \ln 2} = 0.78$ voxels.

Noise Power Spectra are extracted by Fourier analysis of the centre part of the reconstructed phantom without lesion. We use a 16×16 pixel region, apply a one-dimensional Fourier transform on 16 rows with their respective mean values subtracted, and take the average of the squared moduli to generate the noise power spectra. All spectra are symmetrically defined in the frequency range $-0.5 \dots 0.5$ in units of cycles per pixel. By definition, the integral of the NPS function is equal to the background variance of the image.

Signal Power Spectra are derived by Fourier transformation of a differentiated step function. We differentiate the edge of the lesion with contrast $C_0 = 1$ in a noise free image along one of the detector axes, apply a one-dimensional Fourier transform on 16 data values centred on the lesion edge, and calculate the signal power spectra from the squared moduli. The zero frequency value of the SPS function is equal to the step height at the lesion edge which is, for ideal SPECT, given by $SPS(0) = C_0 \cdot A_b T E$. The normalized SPS function is better known as the squared modulation transfer function, MTF^2 .

3 Results

In the following we start with the evaluation of FBP and OSEM for ideal projections, and then add corrections for attenuation and detector resolution in statistical reconstruction.

3.1 Ideal SPECT

In filtered back-projection the signal of all detector pixels is added up and spatially filtered so that the value for the number of counts in a central voxel is restored [2]. Noise is added on all voxels along the lines of back-projection, resulting in an inverse square root dependence on the number of pixels per phantom diameter, $SNR = SNR_0 \sqrt{p/2r_bQ}$, with Q describing the effect of the filter function [1]. The same holds for the contrast-to-noise ratio CNR_0 . Simulated data show perfect agreement with this noise theory.

Fig. 1 shows noise power spectra for ideal SPECT reconstructed with FBP and linear interpolation to avoid streaking, in comparison to OSEM reconstruction, both shown smoothed with B-splines. For Ram-Lak and Shepp-Logan filters we find a nearly white spectrum at lower frequency and moderate noise reduction at higher frequency due to linear interpolation. Cosine and Hann filters suppress noise strongly especially in the high frequency range, giving a different noise texture. Additionally, noise is reduced throughout the whole frequency range.

Iterative reconstruction is known for soft, low-noise images at low iteration numbers and for sharper images and higher noise at a high number of iterations. For OSEM with low iteration numbers we see that noise power spectra decrease exponentially by nearly one order of magnitude from zero to 0.5 cycles per pixel. Duplication of the iteration numbers shifts up the noise power spectra by a factor of two or three, with a slight saturation in the lower frequency part. After 16 iterations the noise spectrum is approximately white, with somewhat lower values in the low and high frequency range.

Signal power spectra for ideal SPECT show the limited recovery of the high frequency signal due to linear interpolation and different filters, most prominent for the Hann filter (Fig. 2). Taking the measured curve for Ram-Lak as a reference for the impact of linear interpolation and multiplying by the squared theoretical filter functions we get the SPS curves for FBP with linear interpolation. The resulting data points (open symbols) show an excellent agreement with the measured signal power spectra.

With OSEM, after one iteration only the lowest frequency part of the spectrum is entirely recovered while the high frequency part is completely lost. With each doubling of iteration numbers the spectra are shifted up roughly by a factor of three before they saturate at the theoretically achievable signal level. With too high iteration numbers artifacts and artificial structures appear in the SPS.

3.2 Phantom Size Dependence

Fig. 3 shows SPS and NPS for two phantoms of different size in comparison. For the larger phantom, exactly the doubled number of iterations is needed to get the same SPS spectra as for the standard phantom, and the resulting noise power spectra are two times higher than for the smaller phantom. This is exactly the same phantom size dependence as for filtered back-projection.

3.3 Spatial Resolution

Correction for detector resolution is implemented in iterative reconstruction by application of a Gaussian filter in forward projection. We have to apply slightly smaller σ values than calculated to avoid overshoots in the power spectra. Fig. 4

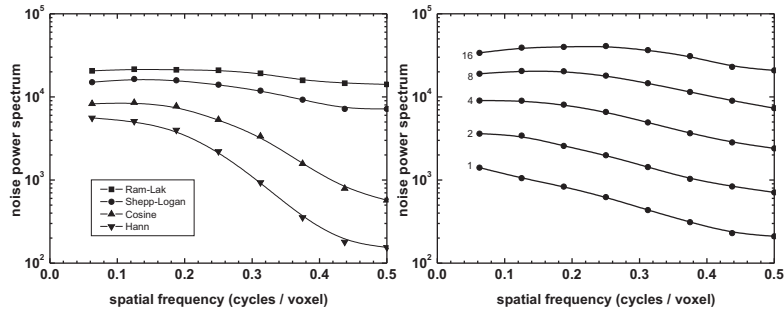


Fig. 1. Noise power spectra for ideal SPECT, FBP with linear interpolation and different filters (left), and OSEM, subset size 16, with number of iterations (right).

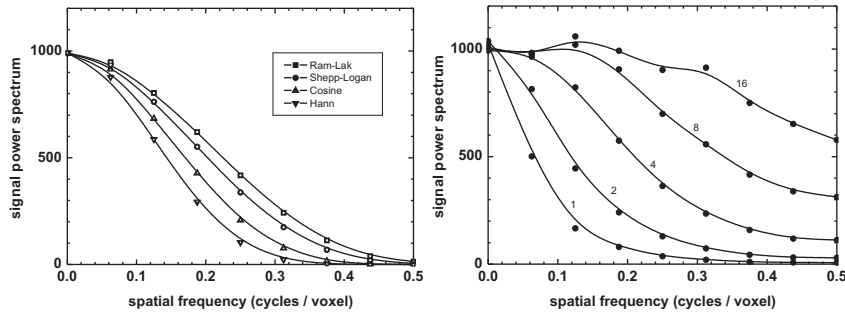


Fig. 2. Signal power spectra for FBP (left) and OSEM (right) as in Fig. 1.

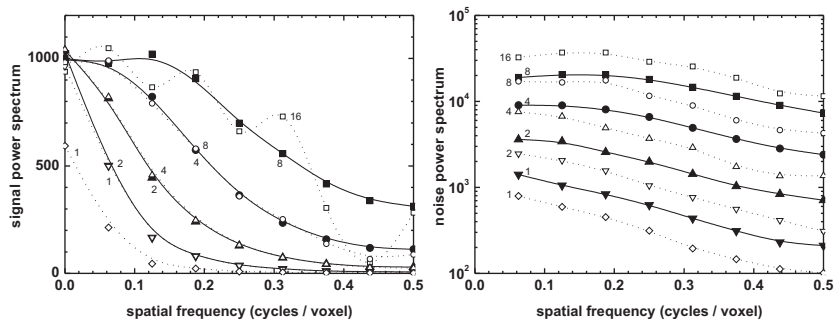
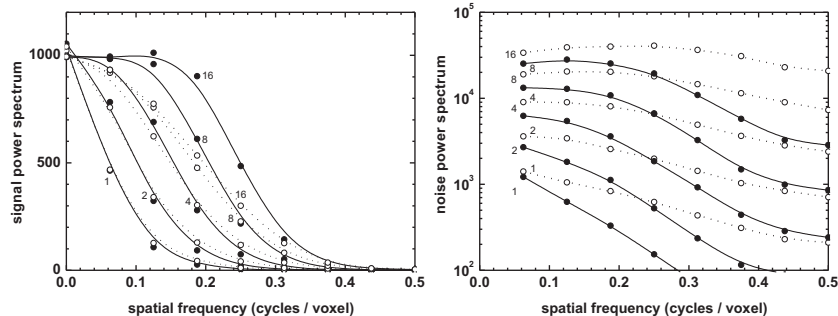


Fig. 3. Signal and noise power spectra for OSEM, subset size 16. Standard phantom (solid lines, full symbols) and 2 x larger phantom (dotted lines, open symbols).

Fig. 4. Signal (left) and noise power spectra (right) for OSEM with resolution recovery (solid lines) in comparison to uncorrected data (dotted lines).



shows the improved SPS for resolution correction with $\sigma = 0.65$ (solid lines) in comparison to uncorrected data (dotted lines). With a sufficient number of iterations we see that higher frequency signals can be recovered. The method is however limited by reconstruction time and increased noise. In the corresponding noise power spectra we see a general noise reduction, compared to uncorrected data, caused by resolution recovery, especially in the high frequency range. The variance of the image in this example is reduced by a factor of two.

4 Discussion

We present a theory describing the impact of reconstruction on image quality, providing quantitative measures for the assessment of reconstruction methods. We find a comparable behaviour of FBP and OSEM with reference to the object size. Directions are given how to optimize image quality in nuclear medicine by OSEM with the right choice of iteration numbers and use of resolution recovery. Future work will determine the limits of absolute quantification of tracer uptake.

References

1. Wieczorek H, Goedicke A. Analytical model for spect detector concepts. *IEEE Trans Nucl Sci.* 2006;53(3):1102–12.
2. Kak A, Slaney M. *Principles of Computerized Tomographic Imaging.* New York, IEEE Press; 1987.
3. Shepp L, Vardi Y. Maximum likelihood reconstruction for emission tomography. *IEEE Trans Med Imaging.* 1982;1(2):113–22.
4. Hudson, H M , Larkin, R S. Accelerated image reconstruction using ordered subsets of projection data. *IEEE Trans Med Imaging.* 1994;13(4):601–9.
5. Dey, T , Wieczorek, H , Backus, B , et al. Thallium-Stress, Technetium-Rest Protokoll für Cardiac SPECT. *Proc BVM.* 2010;in press.
6. NEMA standards publication NU1-2001. Rosslyn, VA USA, National Electrical Manufacturers Association; 2001.
7. Rose A. *Advances in Electronics.* Academic, New York; 1948.

MITK-DI

A new Diffusion Imaging Component for MITK

Klaus Fritzsche, Hans-Peter Meinzer

Division of Medical and Biological Informatics, DKFZ Heidelberg
k.fritzsche@dkfz-heidelberg.de

Abstract. Diffusion-MRI provides a unique window on brain anatomy and insights into aspects of brain structure in living humans that could not be studied previously. There is a major effort in this rapidly evolving field of research to develop algorithms that provide detailed information on the white matter fibre architecture and disorders in the brain. High angular resolution diffusion imaging (HARDI) provides an extraordinarily high level of detail, including entire manifolds of information at each voxel. The lack of standardized software tools for data I/O, model reconstruction, interactive visualization, feature extraction and statistics impedes development and sustainable evaluation in HARDI research. In this paper, a new toolkit component of the Medical Imaging and Interaction Toolkit (MITK), MITK-DI, is presented and its features are summarized at each stage of the pipeline from raw data processing to comprehensive statistics. MITK-DI aims at integrating novel diffusion imaging techniques into the MITK toolkit to provide a comprehensive software framework for performant data processing, analysis and interactive visualization. An exemplary application of the framework is shown using phantom and *in-vivo* datasets from a clinical MR scanner. Visualizations are presented that reveal details for which there would be no direct way to appreciate using conventional display of scalar- or RGB-images.

1 Introduction

Diffusion-MRI provides a unique and sensitive probe for the architecture of biological tissues. The diffusion tensor model, which was introduced in 1994 [1], encapsulates the measured diffusion properties of water molecules as the 3x3 covariance matrix of a Gaussian distribution. The well known limitations of this model in complex fiber configurations have led to the development of high angular resolution diffusion imaging (HARDI) techniques like q-ball imaging (QBI) [2]. Here, the information in each voxel is represented by a manifold, called orientation distribution function (ODF), that resembles the marginal displacement probability of diffusing water molecules after being released at the center of each voxel. While QBI has several advantages over diffusion tensor imaging (DTI), it significantly raises the complexity of data processing and visualization.

Several software toolkits like MedINRIA,¹ Camino,² SCIRun,³ Slicer⁴ or TrackVis⁵ support processing and visualization of diffusion imaging data. However, display and interaction capabilities are often limited. Camino, for example, uses unix-style command interfaces and manual export of models for viewing in other programs. There is a clear need for software tools that feature proper interactive visualization and quantitative evaluation in HARDI data.

In this paper, we present a new toolkit component of the Medical Imaging and Interaction Framework (MITK) [3], called MITK Diffusion Imaging (MITK-DI). MITK-DI aims at supporting cutting edge diffusion imaging techniques, extending the MITK framework in terms of data I/O, processing and visualization of diffusion related images. It will be made publicly available under a BSD-style open-source license in December 2009. As an example of application, several phantom and *in-vivo* datasets were processed and visualized in order to underline the capabilities of the component. In contrast to most other frameworks, MITK-DI addresses all aspects of application design including full integration into an OSGi-based⁶ application platform and fluent workflows. While other diffusion imaging toolkits exclusively focus on providing diffusion related functionalities, MITK-DI is tightly integrated into the grown-up platform MITK and therefore allows covering the complete cycle from raw-data to computer-aided diagnosis and statistics.

2 Materials and Methods

Standardization is a key issue in medical imaging research and can only be successful with a consistent and flexible software design, the publication of source code and the use of development tools that allow integration in a clinical environment with reasonable effort to prove relevance and, finally, to improve health care. Specific care was taken to these requirements during the design of MITK-DI.

2.1 Software Design and Application-level Support

Like the Visualization Toolkit (VTK⁷), the Insight Toolkit (ITK⁸) and MITK, MITK-DI is an object-oriented, cross-platform component implemented in C++. Most classes are derived from top-level classes of ITK, reusing all smart-pointer-, time-stamp-, pipeline- and parallel processing mechanisms. The

¹ <http://www-sop.inria.fr/asclepios/software/MedINRIA/>

² <http://www.cs.ucl.ac.uk/research/medic/camino/>

³ <http://www.sci.utah.edu/>

⁴ <http://www.slicer.org/>

⁵ <http://www.trackvis.org/>

⁶ <http://www.osgi.org/>

⁷ <http://www.vtk.org>

⁸ <http://www.itk.org/>

component extends MITK using the provided module-mechanism. Application-level classes are implemented as bundles for the BlueBerry application platform (<http://www.blueberry-project.org/>) that is the basis for all current MITK applications. Applications run on Windows, Mac OS X and Linux with native look and feel and 64-bit support. All MITK-DI bundles feature an intuitive GUI front-end with the support for multiple dataset processing.

2.2 Datastructures

MITK-DI includes algorithms for direct DICOM import and reading and writing of the widely used NRRD^{9,10} format. MITK-DI defines new classes that represent diffusion weighted images (`mitk::DiffusionImage`), q-ball images (`mitk::QBallImage`) and tensor images (`mitk::TensorImage`). All these data types make use of the MITK factory mechanism and can be handled via drag and drop on the application level using the file extensions `.dwi`, `.qbi` and `.dti` respectively.

2.3 Model Reconstruction

MITK-DI supports a range of standard and advanced reconstruction algorithms. It extends the opportunities given by ITK and allows for linear least squares, nonlinear least squares, weighted least squares and maximum likelihood fitting of diffusion tensors making use of the teem library.¹¹ It also allows for numerical q-ball reconstruction of HARDI data sets [4].

2.4 Visualization

A core feature of MITK-DI is the possibility to interactively visualize tensors and ODFs in multiple planar views. A mapper for concurrent visualization of colormaps and ODFs has been implemented that allows on the fly generation of the scene avoiding to hold the whole image representation in memory. A level-of-detail (LoD) mechanism allows for fluent navigation in the datasets. Different options for normalization and scaling can be configured during runtime. Rendering of vector images (e.g. principal diffusion direction) and the raw diffusion signal is possible.

2.5 Image Features and Statistics

Standard scalar measures such as the tensor's fractional anisotropy or relative anisotropy or the ODF's generalized fractional anisotropy can be computed. MITK's interactive segmentation framework and the image statistics bundle provide powerful tools for performing statistics on populations of voxels in certain ROIs.

⁹ <http://teem.sourceforge.net/nrrd/format.html>

¹⁰ http://wiki.na-mic.org/Wiki/index.php/NAMIC_Wiki:DTI:Nrrd_format

¹¹ <http://teem.sourceforge.net/>

2.6 Image Data and Experiments

Diffusion weighted MR images were acquired on a 3.0 T MR scanner (Magnetom TRIO, Siemens Medical Solutions, Erlangen, Germany) using a single shot, spin echo, echo planar imaging sequence. Phantoms were constructed in analogy to the production process described in [5]. The phantom imaging parameters were: FOV = 200×200 mm², in plane resolution = 1×1 mm², TR = 3.4 s, TE = 118 ms, 5 averages, $b = 3500$ s/mm², 252 gradient directions. *In-vivo* imaging parameters were: FOV = 240×205 mm², resolution = $2.5 \times 2.5 \times 2.5$ mm³, TR = 5 s, TE = 120 ms, 2 averages, $b = 3500$ s/mm², 64 gradient directions.

2.7 Availability

The latest version of the source code is available from the MITK web site¹².

3 Results

A Performance analysis was performed on a Intel Core2 Quad Processor (Q6600 at 2.40 GHz each) with 4 Gb of RAM. Q-ball reconstruction for ODFs with 252 directions took 12.91 s (image dimension 96x82x40, 64 directions). A linear diffusion tensor fit took 2.81 s for the same volume. Fluent interaction was achieved by the LoD-mechanism even for highly detailed and large datasets. Fig. 1 and Fig. 2 show renderings of the phantom acquisition and the *in-vivo* dataset respectively. It can be seen that q-ball ODFs provide significantly more detail than the tensor ODFs especially in crossing regions.

4 Discussion

We have introduced a new set of tools for processing and interactive visualization of diffusion MRI datasets. MITK-DI implements DTI and HARDI techniques

¹² <http://www.mitk.org/>

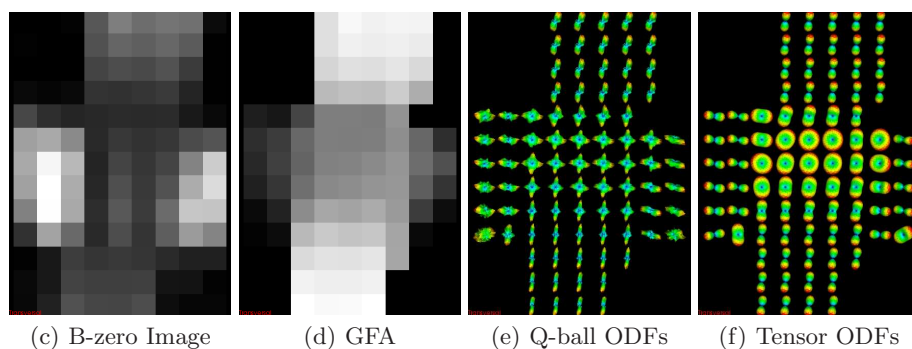
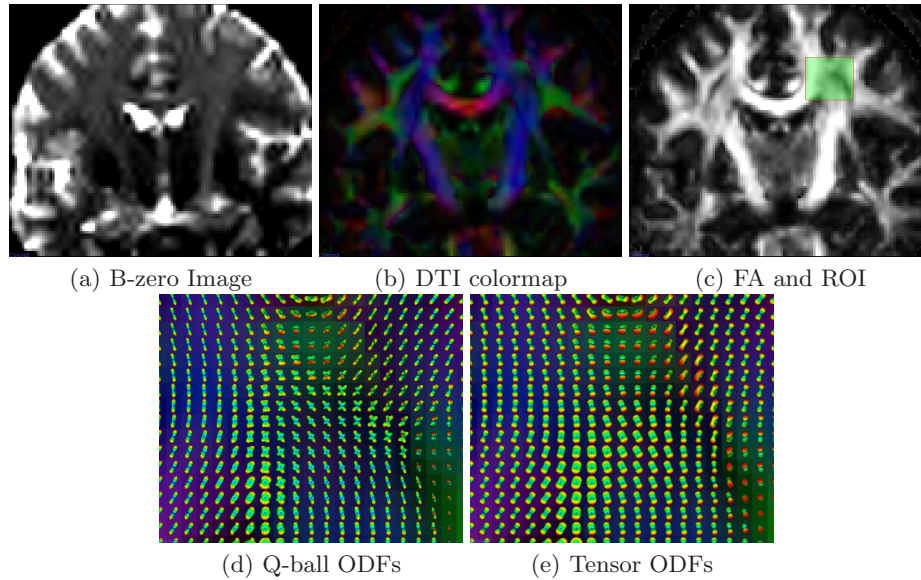


Fig. 1. Visualized HARDI acquisition of the 90° crossing fiber phantom.

Fig. 2. Coronal slice of the *in-vivo* HARDI acquisition with a detailed view on the crossing of corpus callosum and cortico-spinal tract, which is highlighted in 3(c).



and features display of intricate details in combination with fluent interaction. We will be applying these visualization tools to understanding aspects of HARDI imaging to examine disease characteristics. The integration of fibertracking algorithms and further reconstruction schemes is currently being worked on. Although primarily used as a research tool, diffusion weighted imaging is starting to find it's way to clinical application. MITK-DI is an attempt to bundle up and standardize current techniques in the field in a single framework and, following the open-source spirit, to enable other researchers to contribute and build upon it. Participation is welcome.

References

1. Basser PJ, Mattiello J, LeBihan D. Estimation of the effective self-diffusion tensor from the NMR spin echo. *J Magn Reson B*. 1994;103(3):247–54.
2. Tuch DS. Q-ball imaging. *Magn Reson Med*. 2004;52(6):1358–72.
3. Wolf I, Vetter M, Wegner I, et al. The medical imaging interaction toolkit. *Med Image Anal*. 2005;9(6):594–604.
4. Fritzsche KH, Meinzer HP. Numerical q-ball image reconstruction: an itk implementation. *Insight J*. 2009; p. 643.
5. Laun FB, Huff S, Stieltjes B. On the effects of dephasing due to local gradients in diffusion tensor imaging experiments. *J Magn Reson Imaging*. 2009;27(4):541–8.