

INAUGURAL - DISSERTATION

zur
Erlangung der Doktorwürde
der
Naturwissenschaftlich - Mathematischen
Gesamtfakultät
der Ruprecht - Karls - Universität
Heidelberg

vorgelegt von
Dipl.-Phys. Christine Gnahm
aus Neu-Ulm

Tag der mündlichen Prüfung: 30. April 2014

**Entwicklung eines
iterativen Rekonstruktionsalgorithmus
mit Einbeziehung anatomischen Vorwissens
für die ^{23}Na -Magnetresonanztomographie**

**Gutachter: Prof. Dr. Peter Bachert
Prof. Dr. Markus Oberthaler**

Entwicklung eines iterativen Rekonstruktionsalgorithmus mit Einbeziehung anatomischen Vorwissens für die ^{23}Na -Magnetresonanztomographie

In dieser Arbeit wird ein iteratives Rekonstruktionsverfahren für die ^{23}Na -MRT entwickelt. Neben einer totalen Variation zweiter Ordnung ($\text{TV}^{(2)}$) wurden *A-priori*-Informationen aus der ^1H -MRT in Form einer Trägerregion (BM) und als anatomisch gewichtete $\text{TV}^{(2)}$ (AnaWeTV) eingebunden. Anhand simulierter Kopfdaten und *In-vivo*-Messungen wurde das Leistungsvermögen des Algorithmus bei verschiedenen Auflösungen, Unterabtastungen (UAF) und Rauschpegeln analysiert. In allen Bildern wurden Gibbs-Oszillationen und Unterabtastungsartefakte wirkungsvoll unterdrückt. Bei *In-vivo*-Messungen an acht Probanden und zwei Patienten (Hirntumor und Multiple Sklerose) konnte ein deutlich erhöhtes Signal-Rausch-Verhältnis (SNR) im Vergleich zur herkömmlichen *Gridding*-Methode erreicht werden (8 Probanden: $+(46\pm 3)\%$ bei $\text{TV}^{(2)}$, $+(25\pm 2)\%$ bei $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ in weißer Substanz (WM); Multiple-Sklerose-Patient mit AnaWeTV: $+133\%$ in WM, $+55\%$ im lateralen Ventrikel). Der SNR-Gewinn hängt dabei von der Größe der anatomischen Struktur ab.

Die AnaWeTV erhöht die Auflösung bekannter Strukturen und verringert Partialvolumeneffekte. In Simulationen ($(2\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 10$) konnte der Intensitätsfehler in vier kleinen Läsionen von $(20,3\pm 3,2)\%$ (*Gridding*) auf $(3,2\pm 2,3)\%$ (AnaWeTV) reduziert werden. Nach Anwendung eines Hammingfilters betrug er $(12,6\pm 3,3)\%$. Der Algorithmus ist robust gegenüber Fehlregistrierung der ^1H -Bilder um $(1,5-3)\text{ mm}$. Auch Strukturen, für die keine anatomischen *A-priori*-Informationen vorliegen, werden mit hohem Kontrast dargestellt. Die $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Rekonstruktion ist vorzuziehen, wenn nicht bekannt ist, ob Strukturen im ^{23}Na -Bild ein anatomisches Korrelat im ^1H -Bild besitzen (z.B. bei Hirntumoren).

Development of an iterative reconstruction algorithm including anatomical prior information for ^{23}Na magnetic resonance tomography

In this work, an iterative reconstruction algorithm for ^{23}Na -MRT is developed. In addition to second order total variation ($\text{TV}^{(2)}$), it includes prior information from ^1H -MRT as a support region (BM) and as anatomically weighted $\text{TV}^{(2)}$ (AnaWeTV). The performance of the algorithm is analyzed at different resolutions, undersampling factors (UAF) and noise levels using simulated datasets of the head and *in vivo* measurements. In all images, Gibbs-ringing and undersampling artifacts are effectively suppressed. In *in vivo* measurements of eight volunteers and two patients (brain tumor and multiple sclerosis), a substantially increased signal-to-noise ratio (SNR) compared to the conventional gridding reconstruction is achieved (8 volunteers: $+(46\pm 3)\%$ with $\text{TV}^{(2)}$, $+(25\pm 2)\%$ with $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ in white matter (WM); multiple sclerosis patient with AnaWeTV: $+133\%$ in WM, $+55\%$ in the lateral ventricle). The SNR gain depends on the size of the anatomical structure.

The AnaWeTV increases resolution of known structures and reduces partial volume effects. In simulations ($(2\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 10$), the intensity error of four small lesions could be reduced from $(20,3\pm 3,2)\%$ (gridding) to $(3,2\pm 2,3)\%$ (AnaWeTV). After applying a Hamming filter, the error was $(12,6\pm 3,3)\%$. The algorithm is robust against misregistration of ^1H -images by $(1,5-3)\text{ mm}$. Structures without available prior information are displayed with high contrast. The $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -reconstruction is preferable in cases where it is not known if structures in the ^{23}Na -image have an anatomical correlate in the ^1H -image (e.g. in brain tumors).

Arbeiter der Stirn

Ein Mensch sitzt kummervoll und stier
Vor einem weißen Blatt Papier.
Jedoch vergeblich ist das Sitzen -
Auch wiederholtes Bleistiftspitzen
Schärft statt des Geistes nur den Stift.
Selbst der Zigarre bittres Gift,
Kaffee gar, kannenvoll geschlürft,
Den Geist nicht aus den Tiefen schürft,
Darinnen er, gemein verbockt,
Höchst unzugänglich einsam hockt.
Dem Menschen kann es nicht gelingen,
Ihn auf das leere Blatt zu bringen.
Der Mensch erkennt, dass es nichts nützt,
Wenn er den Geist an sich besitzt,
Weil Geist uns ja erst Freude macht,
Sobald er zu Papier gebracht.

(Eugen Roth)

Inhaltsverzeichnis

| | |
|--|-----------|
| Abkürzungsverzeichnis | iv |
| 1 Einleitung | 1 |
| 2 Theoretische Grundlagen | 4 |
| 2.1 Kernspinresonanz | 4 |
| 2.1.1 Der Kernspin | 4 |
| 2.1.2 Makroskopische Magnetisierung | 5 |
| 2.1.3 Bewegungsgleichung und Anregung der Magnetisierung | 7 |
| 2.1.4 Bloch-Gleichungen | 8 |
| 2.1.5 Elektrische Quadrupolwechselwirkung | 8 |
| 2.1.6 Relaxation von Quadrupolkernen | 11 |
| 2.1.7 ^{23}Na -NMR-Spektren | 13 |
| 2.2 Magnetresonanztomographie | 13 |
| 2.2.1 Messsignal | 14 |
| 2.2.2 Signal-Rausch-Verhältnis | 15 |
| 2.2.3 Ortskodierung | 16 |
| 2.2.4 Auswirkungen der realen Messung: Diskretheit, Beschränktheit und Punktantwortfunktion | 17 |
| 2.3 Physiologische Bedeutung von Natrium | 22 |
| 2.3.1 Ruhemembranpotential | 22 |
| 2.3.2 Aktionspotential | 23 |
| 2.3.3 Natriumbildgebung | 24 |
| 2.4 Compressed Sensing | 26 |
| 2.4.1 Das Konzept der <i>Sparsity</i> | 26 |
| 2.4.2 Inkohärente Bildaufnahme | 29 |
| 2.4.3 Nichtlineare Rekonstruktionsverfahren und die l_1 -Norm | 29 |
| 3 Material und Methoden | 33 |
| 3.1 Datenakquisition: Hardware | 33 |
| 3.1.1 Magnetresonanz-Tomographen | 33 |
| 3.1.2 Hochfrequenz-Spulen | 33 |
| 3.2 Datenakquisition: Software | 33 |
| 3.2.1 Dichteangepasste Radialsequenz | 34 |
| 3.2.2 <i>Gridding</i> -Rekonstruktion | 36 |
| 3.2.3 Unterabtastung und Inkohärenz bei radialer Datenaufnahme | 37 |
| 3.2.4 Sequenzen für die ^1H -Referenzbilder | 38 |
| 3.3 Entwicklung eines iterativen Rekonstruktionsalgorithmus | 39 |
| 3.3.1 Das Verfahren konjugierter Gradienten | 39 |

| | | |
|----------|---|------------|
| 3.3.2 | Formulierung der Zielfunktion | 41 |
| 3.3.3 | Totale Variation | 41 |
| 3.3.4 | Anatomisches Vorwissen (1): Die Trägerregion | 42 |
| 3.3.5 | Anatomisches Vorwissen (2): Gewichtete totale Variation | 44 |
| 3.3.6 | Systemmatrix und Datenkonsistenzterm | 45 |
| 3.3.7 | Differenzierbarkeit der l_1 -Norm | 46 |
| 3.3.8 | Datenextrapolation | 46 |
| 3.3.9 | Konkrete Umsetzung | 47 |
| 3.4 | Messphantom | 47 |
| 3.5 | Simulationen | 48 |
| 3.5.1 | Erzeugung radialer MR-Datensätze des Gehirns | 48 |
| 3.5.2 | Simulierte Datensätze | 49 |
| 3.6 | Quantitative Bewertung der Rekonstruktionen | 50 |
| 3.6.1 | Quadratisches Mittel der Abweichung | 51 |
| 3.6.2 | Strukturelle Ähnlichkeit | 51 |
| 3.6.3 | Kontrast | 54 |
| 3.6.4 | Berechnung des Signal-Rausch-Verhältnisses | 54 |
| 3.6.5 | Schnelle Abschätzung des Rausch- und Artefaktpegels | 56 |
| 3.6.6 | Gemeinsames Maß für die Optimierung der Rekonstruktionsparameter | 56 |
| 4 | Ergebnisse | 58 |
| 4.1 | Totale Variation, Trägerregion und ihre Kombination | 58 |
| 4.1.1 | Konvergenzverhalten | 59 |
| 4.1.2 | Einfluss der Wichtungsfaktoren | 60 |
| 4.1.3 | Parameterstudie: Auswirkung von Auflösung, Unterabtastung und Rauschpegel | 66 |
| 4.1.4 | Überprüfung der Rekonstruktionsmethode | 74 |
| 4.1.5 | <i>In-vivo</i> -Messungen: Robustheit der Rekonstruktion | 77 |
| 4.2 | Anatomisch gewichtete totale Variation 2. Ordnung | 81 |
| 4.2.1 | AnaWeTV bei hoch aufgelösten Daten | 81 |
| 4.2.2 | AnaWeTV bei niedriger Auflösung | 86 |
| 4.2.3 | Extrembeispiel: Hohe Auflösung, starke Unterabtastung, niedriges SNR | 87 |
| 4.2.4 | Überprüfung der AnaWeTV-Rekonstruktion | 88 |
| 4.2.5 | Vergleich: Anatomisch gewichtete quadratische Regularisierung und AnaWeTV | 93 |
| 4.2.6 | Genauigkeit rekonstruierter Natriumkonzentrationen: Phantommessung | 94 |
| 4.2.7 | Patientenmessungen | 97 |
| 5 | Diskussion | 102 |
| 5.1 | Iterative Rekonstruktion von ^{23}Na -MR-Daten | 103 |
| 5.2 | Rekonstruktion ohne anatomisches <i>A-priori</i> -Wissen | 104 |
| 5.2.1 | $\text{TV}^{(2)}$ versus $\text{TV}^{(1)}$ | 105 |
| 5.3 | Unspezifisches anatomisches Vorwissen: Die Trägerregion | 106 |
| 5.3.1 | Kombination aus $\text{TV}^{(2)}$ und BM-Regularisierung | 106 |

| | | |
|----------|--|------------|
| 5.3.2 | Reine BM-Regularisierung | 107 |
| 5.4 | Anatomisch gewichtete Totale Variation 2. Ordnung | 107 |
| 5.4.1 | Vergleich mit der anatomisch gewichteten quadratischen Regularisierung | 108 |
| 5.5 | Datensätze mit niedriger Auflösung | 109 |
| 5.5.1 | Datenextrapolation | 109 |
| 5.5.2 | Trägerregion bei niedriger Auflösung | 109 |
| 5.5.3 | AnaWeTV bei niedriger Auflösung | 109 |
| 5.5.4 | Anwendung bei anderen Isotopen | 110 |
| 5.6 | Auswahl optimaler Rekonstruktionsparameter | 110 |
| 5.7 | Bildevaulation | 111 |
| 5.7.1 | Berechnung ortsabhängiger SNR-Werte | 112 |
| 5.7.2 | Genauigkeit der rekonstruierten Intensitäten | 113 |
| 5.7.3 | RMSE und SSIM | 114 |
| 5.7.4 | Auflösungsvermögen | 115 |
| 5.8 | Iterative Rekonstruktion dreidimensionaler Radialdaten | 116 |
| 5.9 | Robustheit der Rekonstruktionsmethode | 117 |
| 5.9.1 | Inkorrekte Trägerregion | 117 |
| 5.9.2 | Fehlregistrierung und AnaWeTV | 117 |
| 5.9.3 | Fehlende oder falsche <i>A-priori</i> -Informationen | 118 |
| 5.10 | TV ⁽²⁾ &BM- oder AnaWeTV-Bild | 118 |
| 6 | Zusammenfassung | 119 |
| | Anhang | 122 |
| A | Berechnung der Gradienten der Regularisierungsterme | 122 |
| A.1 | Totale Variation zweiter Ordnung | 122 |
| A.2 | Trägerregion | 122 |
| A.3 | Anatomisch gewichtete totale Variation | 123 |
| B | Optimale Wichtungsfaktoren für die Rekonstruktionen dieser Arbeit | 125 |
| C | Rekonstruktionen bei verschiedenen Auflösungen | 128 |
| D | Veröffentlichungen | 137 |
| | Literaturverzeichnis | 138 |
| | Abbildungsverzeichnis | 149 |
| | Tabellenverzeichnis | 152 |

Abkürzungsverzeichnis

| | |
|--------------|--|
| 3D-DAPR | 3D dichteangepasste Radialsequenz (engl. <i>3D density adapted projection reconstruction</i>) |
| AnaWeTV | anatomisch gewichtete totale Variation zweiter Ordnung (engl. <i>Anatomically Weighted 2nd order Total Variation</i>) |
| ATP | Adenosintriphosphat |
| BM | Binärmaske |
| CG-Verfahren | Verfahren konjugierter Gradienten (engl. <i>conjugate gradient algorithm</i>) |
| CS | Compressed Sensing (engl. für 'Komprimiertes Aufnehmen') |
| CSI | <i>Chemical Shift Imaging</i> |
| CT | Computertomographie |
| EFG | Tensor des elektrischen Feldgradienten |
| FFT | schnelle Fouriertransformation (engl. <i>fast Fourier transform</i>) |
| FID | freier Induktionszerfall (engl. <i>free induction decay</i>) |
| FLASH | <i>Fast Low Angle SHot</i> |
| FOV | Gesichtsfeld (engl. <i>field of view</i>) |
| FWHM | volle Halbwertsbreite (engl. <i>full width at half maximum</i>) |
| GM | graue Substanz des Gehirns (engl. <i>grey matter</i>) |
| GSLIM | <i>generalized spectral localization by imaging</i> |
| HF | Hochfrequenz |
| IR | <i>inversion recovery</i> |
| MIP | Maximale Intensitätsprojektion |
| MPRAGE | <i>Magnetization Prepared RApid Gradient Echo</i> |
| MR- | Magnetresonanz- |
| MRSI | MR-spektroskopische Bildgebung |
| MRT | Magnetresonanztomographie |
| MS | Multiple Sklerose |
| MSE | mittlerer quadratischer Fehler (engl. <i>mean squared error</i>) |
| NMR | Kernspinresonanz (engl. <i>nuclear magnetic resonance</i>) |
| PSF | Punktantwortfunktion (engl. <i>point spread function</i>) |
| PSNR | Spitzen-Signal-Rausch-Verhältnis (engl. <i>peak signal-to-noise ratio</i>) |
| RMSE | quadratischer Mittelwert des Fehlers (engl. <i>root mean squared error</i>) |
| ROI | Bildregion (engl. <i>region of interest</i>) |
| SLIM | <i>spectral localization by imaging</i> |
| SNR | Signal-Rausch-Verhältnis (engl. <i>signal-to-noise ratio</i>) |
| SSIM | strukturelle Ähnlichkeit (engl. <i>structural similarity</i>) |
| TE | Echozeit |
| TGV | verallgemeinerte totale Variation zweiter Ordnung (engl. <i>second order Total Generalized Variation</i>) |
| TOF | <i>Time Of Flight</i> |
| TQF | Triplequantenfilterung |

| | |
|-----|---|
| TR | Repetitionszeit |
| TV | Totale Variation |
| UAF | Unterabtastungsfaktor |
| WM | weiße Substanz des Gehirns (engl. <i>white matter</i>) |

1 Einleitung

Die Magnetresonanztomographie (MRT) ist ein wichtiges Diagnoseverfahren der modernen Medizin. Die Grundlagen für diese Technik wurden bereits ab den zwanziger Jahren des letzten Jahrhunderts geschaffen. Wie bedeutend jeder einzelne Schritt auf dem Weg zur MRT war, lässt sich an der hohen Zahl der Nobelpreise ablesen, die für die Kernspinresonanz (engl. *nuclear magnetic resonance*, NMR) und ihre Anwendung verliehen wurden. Bereits im Jahre 1924 postulierte Wolfgang Pauli die Existenz eines Kernspins [Pauli, 1924], um damit die Aufspaltung atomarer Spektrallinien zu erklären. 1933 gelang es Otto Stern, das daraus resultierende magnetische Moment des Protons nachzuweisen [Frisch und Stern, 1933; Estermann und Stern, 1933], wofür er 1943 den Nobelpreis erhielt. Isaac Rabi entwickelte eine Molekülstrahlresonanzmethode, mit der er das magnetische Moment verschiedener Atomkerne ausmaß [Rabi *et al.*, 1939]. Ein Jahr nach Otto Stern erhielt er für diese Arbeiten den Nobelpreis. Entscheidend war der nächste Schritt von der Untersuchung von Molekülstrahlen hin zu Kernresonanzmessungen an festen und flüssigen Körpern, der unabhängig voneinander Edward Purcell und Felix Bloch im Jahr 1946 gelang [Bloch, 1946; Purcell *et al.*, 1946]. Für ihre Entdeckung teilten sie sich sechs Jahre später den Nobelpreis. Ihre Arbeiten begründeten die Technik der NMR-Spektroskopie, die seither ein unverzichtbares Hilfsmittel in Chemie, Biologie und Medizin geworden ist. Paul Lauterbur und Sir Peter Mansfield vollzogen schließlich im Jahre 1973 den Schritt hin zur Bildgebung, als sie mit Hilfe räumlich varrierender Magnetfelder eine orts aufgelöste Information aus ihren Proben gewinnen konnten [Lauterbur *et al.*, 1973; Garroway *et al.*, 1974]. Auch für diese Entdeckung gab es einen Nobelpreis im Jahre 2003 – anders als bei den vorherigen allerdings den für Physiologie oder Medizin und nicht für Physik.

Die MRT ist ein etabliertes Verfahren der medizinischen Diagnostik. Im Vergleich zur Computertomographie (CT) bietet sie einen besseren Weichteilkontrast und kommt ohne ionisierende Strahlung aus. Techniken wie die Diffusions-, Perfusions- oder susceptibilitätsgewichtete Bildgebung bieten dabei einen Zugang zu Informationen, die über die bloße Morphologie hinausgehen.

Bis heute beruht die klinische MRT ausschließlich auf der ^1H -Bildgebung. Dieses Isotop eignet sich aus mehreren Gründen besonders gut für die *In-vivo*-MRT: Von allen stabilen Isotopen besitzt ^1H das höchste *gyromagnetische Verhältnis* γ und tritt mit einer natürlichen Häufigkeit von fast 100 % auf. ^1H ist zudem das häufigste Element im menschlichen Körper. Zusammengenommen verfügt ^1H über das höchste MR-Signal *in vivo*, wodurch ^1H -Bilder schnell, mit hohem Signal-Rausch-Verhältnis (engl. *signal-to-noise ratio*, SNR) und hoher Auflösung aufgenommen werden können.

Dennoch könnte die MRT anderer Kerne, der sogenannten X-Kerne, klinisch relevante Informationen liefern, die über eine reine ^1H -Bildgebung nicht zugänglich sind. Der Fokus liegt dabei nicht auf der Morphologie, die durch die ^1H -MRT deutlich besser dargestellt

werden kann, sondern auf funktionellen Informationen. Ein aussichtsreicher Kandidat der X-Kern-Bildgebung ist ^{23}Na : Dieses Isotop verfügt nicht nur über das zweithöchste MR-Signal *in vivo*, sondern ist eines der wichtigsten Elektrolyte des menschlichen Körpers, das in vielen physiologischen Prozessen eine Rolle spielt [Deetjen *et al.*, 2005]. Das elektrische Zellpotential entsteht u.a. durch einen Konzentrationsgradienten von ^{23}Na und ^{39}K zwischen Intra- und Extrazellulärraum. Dieser Gradient wird durch Transportproteine wie die Natrium-Kalium-Pumpe aufrecht erhalten. ^{23}Na ist außerdem an der Reizleitung in erregbaren Zellen beteiligt.

Viele pathologische Prozesse führen zu einer Störung der Natriumkonzentrationen (siehe z.B. [Cameron *et al.*, 1980; Waxman, 2008; Lehmann-Horn und Jurkat-Rott, 1999]). Die ^{23}Na -MRT könnte dazu dienen, solche Prozesse frühzeitig zu erkennen und zusätzlich neue Erkenntnisse über die zugrunde liegende Erkrankung zu gewinnen. Erste Studien deuten auf eine klinische Relevanz der ^{23}Na -MRT u.a. bei Patienten mit Schlaganfall [Hilal *et al.*, 1983; Thulborn *et al.*, 2005; Jones *et al.*, 2006; Hussain *et al.*, 2009], bei Hirntumoren [Thulborn *et al.*, 1999; Ouwerkerk *et al.*, 2003; Nagel *et al.*, 2011], bei MS [Inglese *et al.*, 2010; Zaaraoui *et al.*, 2012; Paling *et al.*, 2013] und bei Muskelerkrankungen [Constantinides *et al.*, 2000] hin.

Bereits 1985 wurden die ersten ^{23}Na -MR-Bilder des menschlichen Kopfes aufgenommen [Hilal *et al.*, 1985]. Die ^{23}Na -MRT ist jedoch mit einigen Herausforderungen verknüpft. So ist das MR-Signal *in vivo* etwa um einen Faktor 20000 geringer als bei ^1H . Das resultierende niedrige SNR limitiert die erreichbare räumliche Auflösung und erhöht die Messzeit für die Aufnahme von ^{23}Na -Bildern. Um Messzeit zu sparen, werden die Daten häufig unterabgetastet aufgenommen, was zu Artefakten in den Bildern führt. Eine weitere Schwierigkeit stellen die kurzen T_2^* -Relaxationszeiten im Bereich weniger Millisekunden dar, die durch Quadrupolwechselwirkungen des Spin- $\frac{3}{2}$ -Kerns entstehen [Jaccard *et al.*, 1986]. Durch sie wird das verfügbare Messsignal weiter reduziert und die Punktantwortfunktion (PSF) verbreitert. Es sind spezielle Messsequenzen mit ultrakurzen Echozeiten (TE) nötig, um trotz des schnellen Signalverlusts Bilder aufnehmen zu können.

Während ^{23}Na -Bilder also eine niedrige Auflösung und ein niedriges SNR aufweisen, stehen gleichzeitig hochaufgelöste ^1H -Bilder mit hohem SNR zur Verfügung. In Bildern beider Isotope ist die zugrunde liegende Anatomie sichtbar, was zu einer großen Überlappung der enthaltenen Informationen führt. Anatomische *A-priori*-Informationen aus der ^1H -MRT könnten für eine Erhöhung des SNR und Reduzierung der Artefakte in der ^{23}Na -MRT genutzt werden.

In der MR-spektroskopischen Bildgebung (MRSI) wurden bereits Ende der 80er Jahre erste Ansätze entwickelt, um die Rekonstruktion von Bildern und Spektren mit Hilfe anatomischer Informationen aus der ^1H -MRT zu verbessern. In dieser Zeit entwickelten Algorithmen wie der SLIM- (*spectral localization by imaging*) oder GSLIM-Algorithmus (*generalized spectral localization by imaging*) beruhten auf der Annahme, dass Metabolite gleichmäßig innerhalb von Kompartimenten desselben Gewebes verteilt seien [Hu *et al.*, 1988; Liang und Lauterbur, 1991; Liang *et al.*, 1992]. Sie generierten geglättete Spektren für einzelne Kompartimente, die durch Segmentierung eines hochaufgelösten ^1H -Bildes gewonnen wurden. In der Folge wurden diverse iterative Algorithmen entwickelt, die jedoch alle auf der Segmentierung hochaufgelöster ^1H -Daten beruhten. Die dadurch erhaltenen Kanten-

informationen wurden genutzt, um eine „Superauflösung“ der MRSI-Daten zu erreichen [Plevritis und Macovski, 1995a; Haldar *et al.*, 2006; Bao und Maudsley, 2007; Eslami und Jacob, 2010]. [Plevritis und Macovski, 1995a] verwendeten dabei außerdem eine Regularisierung der Trägerregion, die *A-priori*-Informationen über die räumliche Verteilung von Intensität und Nullen enthält. Sie stellten fest, dass diese zu einer verbesserten Auflösung in den Bildern führt.

Auch der erste iterative Rekonstruktionsalgorithmus für die X-Kern-MRT verwendete segmentierte, hochaufgelöste ^1H -Daten. [Constantinides *et al.*, 1997] nutzten diese für eine Reduzierung von Gibbs-Oszillationen und Auflösungserhöhung in ^{23}Na -Bildern. Erste Algorithmen, die Kanteninformationen nutzten, ohne eine Segmentierung der ^1H -Bilder zu benötigen, wurden von [Denney und Reeves, 2005] und [Haldar *et al.*, 2007] vorgeschlagen.

Mit Einführung der Compressed Sensing (engl. für „Komprimiertes Aufnehmen“, CS)-Methode in die MRT [Candès *et al.*, 2006a; Donoho, 2006; Lustig *et al.*, 2007] wurden zunehmend iterative Verfahren mit unspezifischen Regularisierungen für die Rekonstruktion unterabgetasteter Daten eingesetzt. Diese beruhen auf der *Sparsity* der rekonstruierten Bilder: Der Tatsache, dass Bilder beispielsweise durch eine Wavelet-Transformation als dünnbesetzte Matrizen darstellbar sind. Diese Rekonstruktionsverfahren werden überwiegend in der ^1H -MRT, doch auch für die X-Kern-MRT eingesetzt. So präsentierten [Hu *et al.*, 2008; Kampf *et al.*, 2010] CS-Rekonstruktionen für die ^{13}C - bzw. ^{19}F -MRSI. [Madelin *et al.*, 2011] schlugen eine Kombination aus Wavelet-Regularisierung und einer totalen Variation (TV) für die ^{23}Na -MRT des Knieknorpels vor.

In den letzten Jahren gab es einige wenige Ansätze, das *Sparsity*-Konzept der CS-Methode mit einer Regularisierung anatomischer *A-priori*-Informationen zu kombinieren. [Ajraoui *et al.*, 2012] verwendeten bei der CS-Rekonstruktion von MR-Messungen der Lunge mit hyperpolarisiertem ^3He -Gas [Ajraoui *et al.*, 2010] eine zusätzliche Regularisierung der Trägerregion, die aus einer ^1H -Aufnahme gewonnen wurde. Auch [Weingärtner *et al.*, 2011] nutzten die ^1H -Information über die Trägerregion bei der Rekonstruktion zweidimensionaler ^{23}Na -Daten, jedoch ohne sonstige *Sparsity*-Regularisierungen.

Das Hauptziel dieser Arbeit ist die Entwicklung eines neuen iterativen Rekonstruktionsalgorithmus für die ^{23}Na -MRT, der das *Sparsity*-Konzept des CS mit der Einbindung anatomischer *A-priori*-Informationen aus der ^1H -MRT kombiniert. Durch die iterative Rekonstruktion der dreidimensionalen Radialdaten soll ein höheres SNR erzielt werden als durch die herkömmliche *Gridding*-Rekonstruktion. Darüber hinaus soll sie eine Unterdrückung von Unterabtastungsartefakten und Gibbs-Oszillationen ermöglichen. Gleichzeitig soll eine möglichst hohe Auflösung in den Bildern bewahrt bleiben. Zusammengefasst soll mit dieser Methode eine genauere Bestimmung von Natriumkonzentrationen aus den rekonstruierten Bildern ermöglicht werden. Ein weiteres Ziel der Arbeit ist die Entwicklung von Simulations- und Evaluationsmethoden, mit denen die Leistungsfähigkeit des Algorithmus überprüft und die Bildqualität verschiedener Rekonstruktionen quantitativ verglichen werden kann.

2 Theoretische Grundlagen

2.1 Kernspinresonanz

Die folgenden Abschnitte geben einen kurzen Überblick über die Grundlagen der NMR. Die Ausführungen orientieren sich dabei an [Slichter, 1990; Abragam, 2007; Levitt, 2008]. Für eine ausführlichere Darstellung wird auf diese Standardwerke über die NMR und Spindynamik verwiesen.

2.1.1 Der Kernspin

Wie das Elektron besitzen auch Atomkerne als intrinsische Eigenschaft einen Spin. Der Kernspin ist für die Hyperfeinstruktur-Aufspaltung in atomaren Spektren verantwortlich. Er wird aus den einzelnen Spins der Neutronen und Protonen im Atomkern gebildet und ist für alle Kerne, deren Neutronen- und Protonenzahl nicht gerade ist, ungleich Null. Wie alle quantenmechanischen Drehimpulse wird der Kernspin I durch zwei Quantenzahlen charakterisiert, die Spinquantenzahl I und die Magnetquantenzahl m_I , wobei m_I die Werte $\{-I, -I + 1, \dots, I\}$ annehmen kann. Die Drehimpulszustände $|I, m_I\rangle$ sind gleichzeitig Eigenzustände des Spinoperators $\hat{\mathbf{I}}^2$ und seiner z-Komponente \hat{I}_z und erfüllen die Eigenwertgleichungen

$$\hat{\mathbf{I}}^2 |I, m_I\rangle = I(I + 1)\hbar^2 |I, m_I\rangle \quad (2.1)$$

$$\hat{I}_z |I, m_I\rangle = m_I \hbar |I, m_I\rangle. \quad (2.2)$$

Für die anderen Komponenten des Spinoperators gilt die Kommutatorrelation

$$[\hat{I}_j, \hat{I}_k] = \epsilon_{jkl} i \hbar \hat{I}_l. \quad (2.3)$$

Ohne äußere Felder sind Kernspinzustände mit Spinquantenzahl I $(2I + 1)$ -fach entartet. Der Kernspin ist mit einem magnetischen Dipolmoment

$$\hat{\boldsymbol{\mu}}_I = \gamma \hat{\mathbf{I}} \quad (2.4)$$

verknüpft. Die Proportionalitätskonstante γ heißt *gyromagnetisches Verhältnis* und ist eine kernspezifische Größe, die experimentell bestimmt werden muss. Die Wechselwirkung des magnetischen Moments in einem äußeren Magnetfeld wird durch den Hamiltonoperator

$$\mathcal{H} = -\hat{\boldsymbol{\mu}} \mathbf{B} \quad (2.5)$$

beschrieben. Zeigt das Magnetfeld in z-Richtung, $\mathbf{B} = B_0 \hat{e}_z$, so wird daraus

$$\mathcal{H} = -\gamma \hbar B_0 \hat{I}_z. \quad (2.6)$$

In diesem Fall sind die Drehimpulszustände $|I, m_I\rangle$ auch Eigenzustände des Hamiltonoperators \mathcal{H} mit den Energieeigenwerten

$$E_{m_I} = -\gamma \hbar B_0 m_I. \quad (2.7)$$

Das Energieniveau spaltet sich also in $(2I + 1)$ äquidistante nukleare Zeeman-Niveaus mit Abstand $\Delta E = \gamma \hbar B_0 = \hbar \omega_0$ auf. Die Frequenz der Energieaufspaltung $\omega_0 = \gamma B_0$ wird als *Larmorfrequenz* bezeichnet.

2.1.2 Makroskopische Magnetisierung

Spindichtematrix

Die NMR wird an makroskopischen Objekten durchgeführt, die eine große Menge ($\sim 10^{23}$) Spins enthalten. In erster Näherung können diese als Ensemble unabhängiger, nicht miteinander wechselwirkender Spins betrachtet werden. Der Dichtematrixformalismus bietet eine elegante Methode, solche Ensembles statistisch zu beschreiben. Die Dichtematrix ist definiert als

$$\hat{\rho} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |\Psi_i\rangle \langle \Psi_i|, \quad (2.8)$$

wobei die über alle N Spins des Ensembles summiert wird und $|\Psi_i\rangle$ der Zustandsvektor des i -ten Spins ist. Der makroskopische Erwartungswert einer Observablen \hat{Q} für das Spinensemble lässt sich dann recht einfach berechnen:

$$\langle \hat{Q}_{\text{makro}} \rangle = \text{Spur} \{ \hat{\rho} \hat{Q} \}. \quad (2.9)$$

Der Kern ^{23}Na mit Kernspin $\frac{3}{2}$ besitzt $(2I + 1) = 4$ Zeeman-Niveaus. Dementsprechend ist die Dichtematrix eine 4×4 -Matrix. Ihre Diagonalelemente sind die relativen Besetzungszahlen der Niveaus. Sie nehmen reelle, positive Werte an und sind auf 1 normiert:

$$\text{Spur} \{ \hat{\rho} \} = 1. \quad (2.10)$$

Unterschiede in den Besetzungszahlen spiegeln die makroskopische Nettomagnetisierung des Objekts wider. Die Nebendiagonalelemente der hermiteschen Dichtematrix werden *Kohärenzen* genannt. Für Kohärenzen $\rho_{\alpha\beta} = \langle I, m_\alpha | \hat{\rho} | I, m_\beta \rangle$ zwischen den beiden Energieei-

genzuständen $|I, m_\alpha\rangle$ und $|I, m_\beta\rangle$ wird die Kohärenzordnung $p_{\alpha\beta}$ und die Satellitordnung $q_{\alpha\beta}$ über die Magnetquantenzahlen definiert:

$$p_{\alpha\beta} = m_\alpha - m_\beta, \quad (2.11)$$

$$q_{\alpha\beta} = m_\alpha^2 - m_\beta^2. \quad (2.12)$$

Die Kohärenzen sind mit einer Transversalmagnetisierung des Objekts verknüpft.

Thermisches Gleichgewicht

Im thermischen Gleichgewicht sind die Besetzungen in der Dichtematrix durch die Boltzmannstatistik

$$\hat{\rho}_0 = \frac{1}{Z} \exp\left(-\frac{\mathcal{H}}{k_B T}\right) \quad (2.13)$$

gegeben, mit der Zustandssumme

$$Z = \sum_{\alpha=1}^4 \exp\left(-\frac{E_\alpha}{k_B T}\right), \quad (2.14)$$

wobei k_B die Boltzmann-Konstante und T die Temperatur des Systems bezeichnen. Im äußeren magnetischen Feld B_0 sind die Energieeigenwerte E_α des Hamiltonoperators (2.6) in Gleichung (2.7) gegeben. Im thermischen Gleichgewicht liegt keine makroskopische Transversalmagnetisierung vor und die Kohärenzen verschwinden.

Schon bei Temperaturen von 1 K ist die Hochtemperaturbedingung $E_\alpha \ll k_B T$ gut erfüllt und die Exponentialfunktion in (2.13) kann durch ihre Reihenentwicklung approximiert werden. Der Spindichteoperator im thermischen Gleichgewicht lautet dann

$$\hat{\rho}_0 \cong \frac{1}{4} (\mathbb{1} + \hat{I}_z). \quad (2.15)$$

Die makroskopische Magnetisierung des Objekts ist der makroskopische Erwartungswert der magnetischen Momente pro Volumen

$$\mathbf{M} = \frac{1}{V} \sum_{i=1}^N \langle \hat{\boldsymbol{\mu}}_i \rangle = \frac{N\gamma}{V} \langle \hat{\mathbf{I}}_{\text{makro}} \rangle. \quad (2.16)$$

Nach (2.9) lässt sich dieser Erwartungswert über den Spindichteoperator (2.15) berechnen:

$$\mathbf{M} = \frac{N\gamma}{V} \text{Spur} \left\{ \hat{\rho}_0 \hat{\mathbf{I}} \right\}. \quad (2.17)$$

Da im thermischen Gleichgewicht die Kohärenzen der Spindichtematrix verschwinden, hat die makroskopische Magnetisierung nur eine Komponente in z -Richtung

$$M_0 = \frac{N}{V} B_0 \frac{\hbar^2 \gamma^2}{4k_B T} \sum_{\alpha=1}^4 m_{\alpha}^2 = \frac{5}{4} \frac{\rho_s \hbar^2 \gamma^2 B_0}{k_B T}. \quad (2.18)$$

Dabei ist $\rho_s = \frac{N}{V}$ die lokale Spindichte des Systems.

2.1.3 Bewegungsgleichung und Anregung der Magnetisierung

Über die Heisenbergsche Bewegungsgleichung für Erwartungswerte

$$\frac{d}{dt} \langle \hat{\mathbf{I}} \rangle = \frac{i}{\hbar} \langle [\mathcal{H}, \hat{\mathbf{I}}] \rangle, \quad (2.19)$$

lässt sich unter Verwendung der Kommutatorrelation (2.3) die Bewegungsgleichung für den Magnetisierungsvektor herleiten:

$$\frac{d}{dt} \mathbf{M} = \gamma \mathbf{M} \times \mathbf{B}. \quad (2.20)$$

Ein Magnetisierungsvektor mit einer nichtverschwindenden x - y -Komponente wird also im statischen Magnetfeld $\mathbf{B} = B_0 \hat{e}_z$ mit der Larmorfrequenz $\omega_0 = \gamma B_0$ präzedieren, während seine z -Komponente konstant bleibt. Experimentell ist nur diese präzedierende Komponente der Magnetisierung zugänglich. Sie kann mit Hilfe einer Empfangsspule gemessen werden, in der durch den veränderlichen magnetischen Fluss eine Spannung induziert wird. Üblicherweise wird die Magnetisierung im mit ω_0 rotierenden Koordinatensystem beschrieben. Durch das Einstrahlen eines resonanten Hochfrequenz (HF)-Feldes

$$\mathbf{B}_1(t) = B_1 \begin{pmatrix} \cos(\omega_0 t) \\ \sin(\omega_0 t) \\ 0 \end{pmatrix} \quad (2.21)$$

lässt sich der Magnetisierungsvektor um die x' -Achse des rotierenden Koordinatensystems drehen:

$$\mathbf{M}(t) = M_0 \begin{pmatrix} 0 \\ \sin\left(\frac{B_1 t}{\gamma}\right) \\ \cos\left(\frac{B_1 t}{\gamma}\right) \end{pmatrix}. \quad (2.22)$$

Ein HF-Puls mit der Einstrahldauer τ rotiert die Magnetisierung um den *Flipwinkel*

$$\alpha = \gamma \int_0^{\tau} B_1(t) dt \stackrel{B_1=\text{konst}}{=} \gamma \tau B_1. \quad (2.23)$$

2.1.4 Bloch-Gleichungen

Verschiedene Wechselwirkungsprozesse der Kernspins mit ihrer Umgebung führen dazu, dass ein sich selbst überlassenes, angeregtes Spinensemble mit der Zeit ins thermische Gleichgewicht zurückkehrt. Phänomenologisch werden diese Prozesse durch zwei Relaxationszeiten beschrieben. Die Spin-Gitter-Relaxationszeit T_1 beschreibt die Rate, mit der sich die Gleichgewichtsmagnetisierung in z-Richtung wieder aufbaut. Dabei wird Energie von den Spins auf ihre Umgebung übertragen. Die Spin-Spin-Relaxationszeit T_2 charakterisiert dagegen den Verlust der Phasenkohärenz zwischen den Spins, der zu einem zeitlichen Zerfall der Kohärenzen und damit zu einer Abnahme der makroskopischen Transversalmagnetisierung $M_\perp = M_x + iM_y$ führt. Die Bloch-Gleichungen beschreiben die zeitliche Entwicklung der Magnetisierung unter Berücksichtigung der Relaxationsprozesse [Bloch, 1946],

$$\frac{d}{dt}M_\perp(t) = \gamma(\mathbf{M} \times \mathbf{B})_\perp - \frac{M_\perp}{T_2} \quad (2.24)$$

$$\frac{d}{dt}M_z(t) = \gamma(\mathbf{M} \times \mathbf{B})_z - \frac{M_0 - M_z}{T_1}. \quad (2.25)$$

Im Falle eines statischen Magnetfeldes besitzen sie die Lösungen

$$M_\perp(t) = M_\perp(0) e^{i\omega_0 t} e^{-t/T_2} \quad (2.26)$$

$$M_z(t) = M_z(0) e^{-t/T_1} + M_0 \left(1 - e^{-t/T_1}\right) \quad (2.27)$$

Der exponentielle Zerfall der Transversalmagnetisierung nach einem Anregungspuls wird als freier Induktionszerfall (engl. *free induction decay*, FID) bezeichnet.

Neben statistisch fluktuierenden Feldern gibt es auch konstante lokale Abweichungen vom angelegten Magnetfeld, beispielsweise durch Suszeptibilitätsunterschiede im Objekt. Dadurch variiert die lokale Präzessionsfrequenz leicht, was zu einer weiteren Dephasierung der Spins in der Transversalebene führt. Der resultierende exponentielle Zerfall der Transversalmagnetisierung geschieht mit Zerfallskonstante T_2' . Da sich die Feldunterschiede zeitlich nicht ändern, kann der Effekt der T_2' -Relaxation – im Gegensatz zur irreversiblen T_2 -Relaxation – durch ein sogenanntes Spinecho-Experiment rückgängig gemacht werden [Hahn, 1950]. In der Regel werden T_2 und T_2' in der effektiven Relaxationszeit T_2^* zusammengefasst:

$$\frac{1}{T_2^*} = \frac{1}{T_2} + \frac{1}{T_2'}. \quad (2.28)$$

2.1.5 Elektrische Quadrupolwechselwirkung

Die Umgebung eines Atomkernes besteht aus vielen Ladungsträgern, die ein lokales elektrisches Potential $V(\mathbf{r})$ erzeugen. Dazu zählen sowohl die Elektronen der eigenen Kernhülle als auch die geladenen Bestandteile benachbarter Atome. Klassisch wird die Wechselwirkungs-

energie einer Ladungsverteilung $\rho(\mathbf{r})$ mit dem Potential $V(\mathbf{r})$ durch folgenden Ausdruck gegeben:

$$E = \int \rho(\mathbf{r})V(\mathbf{r})d\mathbf{r}. \quad (2.29)$$

Das elektrische Potential $V(\mathbf{r})$ kann mit einer Taylorentwicklung bis zur zweiten Ordnung angenähert werden, wodurch sich die Wechselwirkungsenergie umschreiben lässt in

$$E = \underbrace{V(0) \int \rho(\mathbf{r})d\mathbf{r}}_{E_0} + \underbrace{\sum_i \frac{\partial V}{\partial x_i} \Big|_{\mathbf{r}=0} \int x_i \rho(\mathbf{r})d\mathbf{r}}_{E_1} + \underbrace{\frac{1}{2} \sum_{i,j} x_i x_j \frac{\partial^2 V}{\partial x_i \partial x_j} \Big|_{\mathbf{r}=0} \int x_i x_j \rho(\mathbf{r})d\mathbf{r}}_{E_2}. \quad (2.30)$$

Wählt man als Ursprung der Taylorentwicklung das Massezentrum des Atomkernes, so beschreibt der erste Term E_0 die elektrostatische Energie des Atomkerns als Punktladung. Das Integral im zweiten Term ist der Ausdruck für das elektrische Dipolmoment. Da im Atomkern Masse- und Ladungsschwerpunkt zusammenfallen, ist dieses Null und E_1 verschwindet. E_2 wird als elektrischer Quadrupolterm bezeichnet und entsteht durch die Abweichungen von einer kugelsymmetrischen Ladungsverteilung. Atomkerne mit einem Spin $> \frac{1}{2}$ besitzen ein Quadrupolmoment Q , und der Quadrupolterm muss zusätzlich zur Wechselwirkung des magnetischen Dipolmoments (2.5) berücksichtigt werden. Der Tensor

$$V_{ij} \equiv x_i x_j \frac{\partial^2 V}{\partial x_i \partial x_j} \Big|_{\mathbf{r}=0} \quad (2.31)$$

wird als Tensor des elektrischen Feldgradienten (EFG) bezeichnet. Durch eine Hauptachsentransformation ist es möglich, den EFG in Diagonalform zu bringen. Da das elektrische Potential $V(\mathbf{r})$ die Laplace-Gleichung

$$\Delta V(\mathbf{r}) = 0 \quad (2.32)$$

erfüllt, gilt für den EFG im Hauptachsensystem

$$\text{Spur} \{V\} = 0. \quad (2.33)$$

Dadurch ist es möglich, den EFG durch zwei unabhängige Parameter zu beschreiben: Den Asymmetrieparameter $0 \leq \eta \leq 1$ und den Feldgradienten q . Ohne Beschränkung der Allgemeinheit wird dabei $V_{zz} \geq V_{yy} \geq V_{xx}$ angenommen:

$$\eta = \frac{V_{xx} - V_{yy}}{V_{zz}}, \quad (2.34)$$

$$eq = V_{zz}. \quad (2.35)$$

Setzt man die Definition des elektrischen Quadrupoltensors mit Kroneckerdelta δ_{ij} ein,

$$Q_{ij} = \int (3x_i x_j - \delta_{ij} r^2) \rho(\mathbf{r}) d\mathbf{r}, \quad (2.36)$$

ergibt sich für den Quadrupolterm aus Gleichung (2.30)

$$E_2 = \frac{1}{6} \sum_i \left(Q_{ii} V_{ii} + V_{ii} \int r^2 \rho(\mathbf{r}) d\mathbf{r} \right). \quad (2.37)$$

Wegen (2.33) verschwindet der zweite Term. Für eine quantenmechanische Behandlung wird der Quadrupoltensor Q_{ij} durch einen Quadrupoloperator \hat{Q}_{ij} ersetzt und das Integral in Definition (2.36) durch eine Summe über alle Protonen des Kerns ersetzt:

$$\hat{Q}_{ij} = e \sum_{k=1}^Z (3x_{ik} x_{jk} - \delta_{ij} r_k^2). \quad (2.38)$$

Mit Hilfe des Wigner-Eckart-Theorems und der allgemeinen Vertauschungsrelationen von Orten und Drehimpulsen lässt sich zeigen, dass der Hamiltonoperator die Form

$$\mathcal{H}_Q = \frac{e^2 q Q}{4I(2I-1)} \left(3\mathbf{I}_z^2 - I(I+1) + \frac{1}{2}\eta (\mathbf{I}_+^2 + \mathbf{I}_-^2) \right) \quad (2.39)$$

annimmt. Q ist das Quadrupolmoment des Kernes, \mathbf{I}_+ und \mathbf{I}_- sind der Auf- bzw. Absteigeoperator des Kernspins mit

$$\mathbf{I}_+ = \mathbf{I}_x + i\mathbf{I}_y \quad (2.40)$$

$$\mathbf{I}_- = \mathbf{I}_x - i\mathbf{I}_y \quad (2.41)$$

$$\mathbf{I}_+ |I, m_I\rangle = \sqrt{I(I+1) - m_I(m_I+1)} |I, m_I+1\rangle \quad (2.42)$$

$$\mathbf{I}_- |I, m_I\rangle = \sqrt{I(I+1) - m_I(m_I-1)} |I, m_I-1\rangle. \quad (2.43)$$

Für hohe äußere Magnetfelder – eine Bedingung, die in Magnetresonanz- (MR-)Experimenten in der Regel erfüllt ist – kann der Quadrupol-Hamiltonoperator (2.39) als Störungsterm des Zeeman-Hamiltonoperators (2.5) behandelt werden. In Störungstheorie erster Ordnung beträgt die Quadrupolkorrektur zur Energie

$$E_Q^{(1)} = \frac{e^2 q Q}{8I(2I-1)} (3m_I^2 - I(I+1)) (3\cos^2\theta - 1 + \eta \sin^2\theta \cos(2\varphi)) \quad (2.44)$$

$$\stackrel{I=3/2}{=} \frac{e^2 q Q}{8} \left(m_I^2 - \frac{5}{4} \right) (3\cos^2\theta - 1 + \eta \sin^2\theta \cos(2\varphi)) \quad (2.45)$$

$$= \hbar\omega_Q. \quad (2.46)$$

Dabei geben θ und φ die Orientierung des EFG im Ortskoordinatensystem an. Für zy-

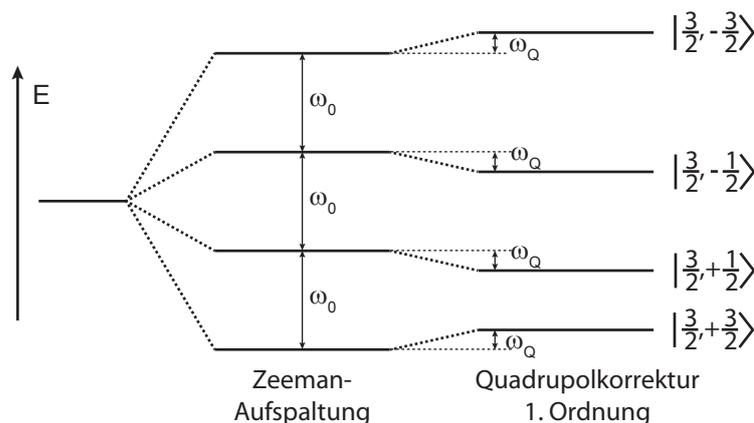


Abbildung 2.1: Zeeman-Aufspaltung und Quadrupolkorrektur erster Ordnung der Energieniveaus eines ^{23}Na -Kerns. Abbildung nach [Levitt, 2008].

lindrische Symmetrie des EFG ist $\eta = 0$ und der Korrekturterm vereinfacht sich weiter. Die Verschiebung der Zeeman-Niveaus durch die Quadrupolwechselwirkung hängt also in erster Ordnung nicht vom Vorzeichen von m_I ab und die Niveaus $|I, \pm m_I\rangle$ werden in dieselbe Richtung verschoben. Dadurch bleibt die zentrale Resonanzfrequenz des Übergangs $|\frac{3}{2}, -\frac{1}{2}\rangle \rightarrow |\frac{3}{2}, +\frac{1}{2}\rangle$ von ^{23}Na unverändert.

2.1.6 Relaxation von Quadrupolkernen

Die thermische Bewegung der Moleküle führt zu fluktuierenden elektromagnetischen Feldern. Die Wechselwirkung der Kernspins mit diesen Feldern führt zu den in Kapitel 2.1.4 eingeführten Relaxationsprozessen, durch die die Magnetisierung ins thermische Gleichgewicht zurückkehrt. Die *Korrelationszeit* τ_c ist ein Maß dafür, wie schnell die Felder fluktuieren – eine kürzere Korrelationszeit bedeutet schnellere Fluktuationen. Sie ist die Zeitkonstante, mit der die Autokorrelationsfunktion des Feldes abfällt. Zu Zeiten $\tau > \tau_c$ besteht kein Zusammenhang mehr zwischen dem aktuellen Feld und dem Feld zum Zeitpunkt $\tau = 0$. Anders als bei Spin- $\frac{1}{2}$ -Kernen, wo sie den wichtigsten Relaxationsprozess darstellt, spielt die Dipol-Dipol-Wechselwirkung zwischen einzelnen Kernspins bei Quadrupolkernen nur eine untergeordnete Rolle. Für sie ist die elektrische Quadrupolwechselwirkung mit dem fluktuierenden EFG der dominante Relaxationspfad. Ihre Kopplungsstärke liegt mit 10^6 – 10^8 Hz mehrere Größenordnungen über der der Dipol-Dipol-Wechselwirkung mit 10^4 – 10^5 Hz [Werbelow, 1996]. Aus diesem Grund sind die Relaxationszeiten von ^{23}Na in der Regel deutlich kürzer als die von ^1H .

Betrachtet man nur die Quadrupolwechselwirkung, so lässt sich die Relaxation eines Atomkerns mit halbzahligem Spin I durch $I + \frac{1}{2}$ Exponentialfunktionen beschreiben [Hubbard, 1970]. Eine Herleitung der Relaxationszeiten findet sich in [Jaccard *et al.*, 1986] und [van der Maarel, 2003]. In isotroper Lösung ist die mittlere Quadrupolverschiebung der Energieniveaus Null (siehe Kapitel 2.1.7) und die drei Ein-Quanten-Übergänge haben glei-

che Frequenz. Die äußeren Komponenten zerfallen dann mit der Rate R_1 , während die innere Komponente mit der Rate R_2 zerfällt:

$$R_1 = -C (J_0 + J_1), \quad (2.47)$$

$$R_2 = -C (J_1 + J_2), \quad (2.48)$$

mit der Konstanten

$$C = \frac{1}{40} \left(\frac{e^2 q Q}{\hbar} \right) \left(1 + \frac{\eta^2}{3} \right) \quad (2.49)$$

und der spektralen Dichtefunktion

$$J_n = \frac{2\tau_c}{1 + (n\omega_0\tau_c)^2}. \quad (2.50)$$

Die Relaxation der Transversalmagnetisierung besteht also aus einer schnellen (60% Anteil) und einer langsamen Komponente (40% Anteil) mit

$$\frac{1}{T_{2s}} = |R_1| = 2\tau_c C \left(\frac{1}{1 + \omega_0^2\tau_c^2} + 1 \right) \quad (2.51)$$

$$\frac{1}{T_{2l}} = |R_2| = 2\tau_c C \left(\frac{1}{1 + \omega_0^2\tau_c^2} + \frac{1}{1 + 4\omega_0^2\tau_c^2} \right). \quad (2.52)$$

Die longitudinale Relaxation besteht aus Übergängen zwischen den Diagonalelementen der Dichtematrix. Auch sie besitzt eine schnelle (20%) und eine langsame (80%) Komponente mit

$$T_{1s} = \frac{1 + \omega_0^2\tau_c^2}{4C\tau_c} \quad (2.53)$$

$$T_{1l} = \frac{1 + 4\omega_0^2\tau_c^2}{4C\tau_c}. \quad (2.54)$$

Im *extreme narrowing limit*, wenn die Korrelationszeit sehr kurz gegenüber der Larmorfrequenz ist, $\omega_0\tau_c \ll 1$, werden sowohl longitudinale als auch transversale Relaxation monoexponentiell mit der magnetfeldunabhängigen Relaxationszeit

$$T_1 = T_2 = 4C\tau_c. \quad (2.55)$$

Tabelle 2.1 gibt einen Überblick über die Spannweite der *In-vivo*-Relaxationszeiten und ^{23}Na -Konzentrationen in verschiedenen Gewebetypen. Im *Liquor cerebrospinalis*, der Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, ist die Bedingung des *extreme narrowing limits* erfüllt. Hier ist der Zerfall monoexponentiell mit annähernd gleichen T_1 - und T_2 -Relaxationszeiten.

| Gewebe | $[\text{Na}^+]$ [mmol/l] | T_1 [ms] | T_{2s}^* [ms] | T_{2l}^* [ms] |
|-----------------------|--------------------------|------------|-----------------|-----------------|
| Weißer Substanz | 20–60 | 15–35 | 0,8–3,0 | 15–30 |
| Gehirn Graue Substanz | 30–70 | 15–35 | 0,8–3,0 | 15–30 |
| Liquor | 140–150 | 50–55 | – | 55–65 |
| Knorpel | 250–350 | 15–25 | 0,5–2,5 | 10–30 |
| Blut | 140–150 | 20–40 | 2,0–3,0 | 12–20 |
| Muskel | 15–30 | 12–25 | 1,5–2,5 | 15–30 |

Tabelle 2.1: Spannbreite der Konzentrationen und Relaxationszeiten von ^{23}Na in menschlichem Gewebe. Die Tabelle wurde übernommen aus [Madelin und Regatte, 2013]. Die Werte stammen aus [Bansal *et al.*, 2000; Borthakur *et al.*, 2006; Constantinides *et al.*, 2000; Madelin *et al.*, 2012; Nagel *et al.*, 2011; Ouwerkerk *et al.*, 2003; Ouwerkerk, 2011; Shapiro *et al.*, 2002; Tsang *et al.*, 2012].

2.1.7 ^{23}Na -NMR-Spektren

Abbildung 2.1 zeigt die Zeeman-Aufspaltung und Quadrupolkorrektur erster Ordnung (siehe 2.1.5) der Energieniveaus eines ^{23}Na -Kerns. In einem ^{23}Na -Einkristall besteht das Spektrum aus drei scharfen Resonanzlinien bei ω_0 und $\omega_0 \pm \omega_Q$. In isotropen Flüssigkeiten sind die ^{23}Na -Kationen sehr beweglich, so dass ein einzelner Kernspin sehr schnell fluktuierende EFG mit einer kurzen Korrelationszeit erfährt. Im zeitlichen Mittel verschwindet daher die Quadrupolwechselwirkung, es gilt $\omega_Q \tau_c \ll 1$. Aus diesem Grund sind in Gewebe alle Ein-Quanten-Kohärenzen entartet und das ^{23}Na -Spektrum enthält nur eine einzige zentrale Resonanzlinie bei ω_0 . Der Grenzfall des *extreme narrowing limits*, in dem zusätzlich zu $\omega_Q \tau_c \ll 1$ auch $\omega_0 \tau_c \ll 1$ gilt, trifft für in Wasser gelöste ^{23}Na -Ionen zu. Das Relaxationsverhalten ist in diesem Fall monoexponentiell und magnetfeldunabhängig. In Gewebe wird die Beweglichkeit der Natriumionen durch meist negativ geladene Makromoleküle eingeschränkt, wodurch der EFG langsamer fluktuiert, $\omega_Q \tau_c \ll 1 < \omega_0 \tau_c$. Das Spektrum besteht immer noch aus einer Resonanzlinie, die jedoch durch die biexponentielle Relaxation verbreitert ist. Eine eingehendere Charakterisierung der verschiedenen Spektren bietet [Rooney und Springer, 1991].

2.2 Magnetresonanztomographie

In diesem Kapitel wird der Schritt von der NMR hin zur Bildgebung erläutert – von der Entstehung des Messsignals (Abschnitt 2.2.1) über Rauschursachen (Abschnitt 2.2.2) und Ortskodierung (Abschnitt 2.2.3) bis hin zu den Auswirkungen der realen Messsituation auf das entstehende Bild (Abschnitt 2.2.4). Die Ausführungen sind an die Darstellung in [Haacke *et al.*, 1999] angelehnt.

| Isotop | I | natürliche Häufigkeit a [%] | γ [MHz/T] | MR-Sensitivität \mathcal{R} [$\mathcal{R}_{1H}r$] |
|------------------|-----|-----------------------------|------------------|---|
| ^1H | 1/2 | 99,99 | 42,58 | 1 |
| ^{17}O | 5/2 | 0,038 | -5,77 | $1,11 \cdot 10^{-5}$ |
| ^{23}Na | 3/2 | 100,00 | 11,27 | $9,27 \cdot 10^{-2}$ |
| ^{35}Cl | 3/2 | 75,78 | 4,18 | $3,58 \cdot 10^{-3}$ |
| ^{37}Cl | 3/2 | 24,22 | 3,48 | $6,59 \cdot 10^{-4}$ |
| ^{39}K | 3/2 | 93,26 | 1,99 | $4,76 \cdot 10^{-4}$ |

Tabelle 2.2: Verschiedene Kerne und ihre MR-Eigenschaften. Die relative MR-Sensitivität in Bezug auf ^1H ist angegeben. Die Konzentration im Gewebe wurde dabei nicht berücksichtigt, da sie vom Gewebetyp abhängig ist (siehe Tabelle 2.1). Die Werte wurden aus [Harris *et al.*, 2002] übernommen.

2.2.1 Messsignal

Wie bereits erwähnt kann nur die transversale Komponente der Magnetisierung in einem MR-Experiment gemessen werden. Ihre Präzession führt zu einem veränderlichen magnetischen Fluss Φ , der nach dem Faraday'schen Induktionsgesetz eine Spannung

$$U_{\text{ind}} = -\frac{d}{dt}\Phi \quad (2.56)$$

in einer Empfangsspule induziert. Für eine homogene Probe und eine Anregung, bei der die gesamte Gleichgewichtsmagnetisierung M_0 durch einen sogenannten $\frac{\pi}{2}$ -Puls in die x - y -Ebene gekippt wurde, kann die Abhängigkeit der Signalstärke von verschiedenen Kernparametern abgeleitet werden (zur Herleitung siehe beispielsweise [Haacke *et al.*, 1999]):

$$s \propto \rho_s I(I+1)\gamma^3 B_0^2. \quad (2.57)$$

Davon ausgehend wird die relative Signalstärke

$$\mathcal{R} \equiv |\gamma|^3 I(I+1)ar \quad (2.58)$$

in Abhängigkeit kernspezifischer Parameter sowie der natürlichen Häufigkeit des Isotops a und der relativen Häufigkeit des Elements im menschlichen Körper r definiert. Tabelle 2.2 führt einige MR-sensitive Kerne mit ihren Eigenschaften auf.

^1H ist das stabile Isotop mit dem höchsten gyromagnetischen Verhältnis¹. Kombiniert mit der natürlichen Häufigkeit von fast 100% und der hohen Konzentration in menschlichem Gewebe verfügt die ^1H -MRT über das höchste verfügbare MR-Signal. Die MR-Sensitivität von ^{23}Na ist etwa eine Größenordnung geringer als die von ^1H . Berücksichtigt man jedoch die im Mittel ca. 2000 mal geringere Konzentration in menschlichem Gewebe, so beträgt die relative Signalstärke nur das $5 \cdot 10^{-5}$ fache der ^1H -Signalstärke.

¹ ^1H besitzt ein noch höheres gyromagnetisches Verhältnis von 45,41 MHz/T [Harris *et al.*, 2002]

2.2.2 Signal-Rausch-Verhältnis

Das MR-Signal ist nach (2.57) proportional zu $\omega_0^2 \propto B_0^2$, steigt also quadratisch mit der Magnetfeldstärke. Entscheidend für die Bildqualität ist allerdings nicht das Signal selbst, sondern das SNR – denn wie jeder physikalische Messprozess ist auch das MR-Signal mit Rauschen behaftet. Zu diesem Rauschen tragen sowohl die Spule als auch die gemessene Probe bei. Eine ausführliche Beschreibung der Auswirkungen von Spule und Probe auf das SNR geben [Hoult und Richards, 1976] und [Hoult und Lauterbur, 1979].

Spulenrauschen

Die Verluste in der Spule entstehen in erster Linie durch Rauschen, das von der thermischen Bewegung der Ladungsträger herrührt:

$$U = \sqrt{4k_b T_c R \Delta\nu}. \quad (2.59)$$

Dabei ist k_b die Boltzmann-Konstante, T_c die Temperatur und R der Widerstand der Spule. $\Delta\nu$ ist die Bandbreite des Empfängers [Johnson, 1928; Nyquist, 1928]. Bei hohen Frequenzen (> 5 MHz) führen Wirbelströme dazu, dass der Stromfluss aus dem Inneren des Leiters verdrängt wird und die Stromdichte nach außen hin zunimmt. Dieser sogenannte *Skin-Effekt* führt zu einer Reduktion des wirksamen Leiterquerschnitts, was sich als eine Erhöhung des elektrischen Widerstandes auswirkt. Es wird eine äquivalente Leitschichtdicke definiert, die frequenzabhängig ist:

$$\delta = \sqrt{\frac{2\rho_c}{\omega\mu}}. \quad (2.60)$$

Hierbei ist ρ_c ist der spezifische Widerstand und μ die Permeabilität des Stromleiters. Für Kupfer, das bei Raumtemperatur einen spezifischen Widerstand von $1,69 \cdot 10^{-8} \Omega/\text{m}$ besitzt, beträgt die äquivalente Leitschichtdicke $\delta = 6,6 \cdot 10^{-5} \text{ m}$ bei einer Frequenz von 1 MHz. Für einen zylindrischen langen Leiter der Länge l mit Umfang p beträgt der resultierende Widerstand dann

$$R_s = \frac{l}{p} \sqrt{\frac{\mu\rho_c}{2}} \omega_0. \quad (2.61)$$

Der *Proximity-Effekt* kann zu einer weiteren Erhöhung des Leiterwiderstandes führen. Er entsteht durch nahe nebeneinander verlaufende Stromleiter, die gegenseitig Wirbelströme induzieren können [Austin, 1934]. Der Einfluss des Proximity-Effekts kann durch das Design der Spule minimiert und im Allgemeinen vernachlässigt werden.

Probenrauschen

Das Rauschen der Probe setzt sich aus dielektrischen und induktiven Verlusten zusammen. Durch eine geeignete Wahl der Spuleneigenschaften und Abschirmung gegen die Probe

lassen sich die dielektrischen Verluste minimieren [Hoult und Lauterbur, 1979]. Induktive Verluste werden durch die Leitfähigkeit des Probenmaterials, in der MRT des menschlichen Gewebes, verursacht und sind unvermeidbar. Für eine Kugel mit Radius b und Leitfähigkeit σ wirken sich diese Verluste wie ein effektiver Reihenwiderstand der Stärke

$$R_p = \frac{\pi\sigma B_1^2 b^5}{30} \omega_0^2 \quad (2.62)$$

aus, wobei B_1 die von der Spule verursachte Magnetfeldstärke ist.

Frequenzabhängigkeit des Signal-Rausch-Verhältnisses

Kombiniert man die Gleichungen (2.57), (2.61) und (2.62), so erhält man als SNR den Ausdruck

$$\text{SNR} \propto \frac{\omega_0^2}{\sqrt{\alpha\sqrt{\omega_0} + \beta\omega_0^2}} \quad (2.63)$$

mit den Konstanten α und β [Hoult und Lauterbur, 1979]. Bei niedrigen Frequenzen dominiert der Spuleneffekt und das SNR erhält die Frequenzabhängigkeit $\omega_0^{7/4}$. Bei hohen Frequenzen ist dagegen der Spuleneinfluss vernachlässigbar und das SNR wächst linear mit der Frequenz ω_0 . Bei einer B_0 -Feldstärke von 3 T beträgt die Larmorfrequenz von ^{23}Na $\omega_0 = 33,8$ MHz. Bei dieser Frequenz kann von einem dominierenden Probenrauschen ausgegangen werden. Da $\omega_0 = \gamma B_0$ ist, hängt das SNR also auch linear von der Magnetfeldstärke des MR-Magneten ab. Bei einem Wechsel von 3 T auf 7 T profitiert man theoretisch also durch ein 2,3 mal höheres SNR.

2.2.3 Ortskodierung

Eine einfache Anregung der Magnetisierung und Auslese des FID-Signals liefert ein Signal für die gesamte Probe. Um räumlich aufgelöste Informationen über das Objekt zu erhalten, ist eine zusätzliche Ortskodierung nötig. Dafür werden nach dem Anregungspuls *Magnetfeldgradienten* $\mathbf{G}(t)$ angelegt, die dem statischen B_0 -Feld überlagert werden,

$$\mathbf{G}(t) = \nabla_r B_z(t). \quad (2.64)$$

Dadurch wird die Larmorfrequenz ortsabhängig,

$$\omega_0(\mathbf{r}, t) = \omega_0 + \gamma \mathbf{G}(t) \mathbf{r}, \quad (2.65)$$

und die Spins akkumulieren über die Zeit eine ortsabhängige Phase,

$$\Phi_G(\mathbf{r}, t) = -\gamma \mathbf{r} \int_0^t \mathbf{G}(t') dt'. \quad (2.66)$$

Der Zusammenhang zwischen Messsignal s und transversaler Magnetisierung $M_\perp(\mathbf{r})$ wird dann durch den Ausdruck

$$s(\mathbf{k}) \propto \int d^3r M_\perp(\mathbf{r}) e^{2\pi i \mathbf{k} \cdot \mathbf{r}} \quad (2.67)$$

beschrieben, wobei die Ortsfrequenz $\mathbf{k}(t)$ aus dem Gradienten berechnet wird,

$$\mathbf{k}(t) = \frac{\gamma}{2\pi} \int_0^t \mathbf{G}(t') dt'. \quad (2.68)$$

Das Signal ist demnach die Fouriertransformierte der Transversalmagnetisierung. Dementsprechend ist die Rekonstruktion der orts aufgelösten Spindichte $\rho(\mathbf{r})$ durch eine inverse Fouriertransformation des Messsignals möglich,

$$\rho(\mathbf{r}) \propto \int s(\mathbf{k}) e^{+2\pi i \mathbf{k} \cdot \mathbf{r}}. \quad (2.69)$$

Der Fourierraum der Spindichte, in dem die Messung stattfindet, wird als k -Raum bezeichnet. Der Zeitverlauf des Gradienten $\mathbf{G}(t)$ bestimmt die Trajektorie, auf der der k -Raum während des Messprozesses durchschritten wird. Auf dieser Trajektorie werden kontinuierlich Messwerte aufgenommen, bis ausreichend Daten vorhanden sind, um ein komplettes Bild zu rekonstruieren. Der einfachste Fall ist die Abtastung des k -Raumes auf einem diskreten Gitter, da hier die Bildrekonstruktion durch eine schnelle Fouriertransformation (engl. *fast Fourier transform*, FFT) möglich ist – einen sehr effizienten Algorithmus zur Berechnung der diskreten Fouriertransformation [Cooley und Tukey, 1965]. Es sind jedoch beliebige andere Trajektorien durch den k -Raum möglich. In dieser Arbeit wurde eine modifizierte radiale 3D-Auslese des k -Raums verwendet, die in Abschnitt 3.2.1 vorgestellt wird.

2.2.4 Auswirkungen der realen Messung: Diskretheit, Beschränktheit und Punktantwortfunktion

Die Punktantwortfunktion

Gleichung (2.69) geht von einem kontinuierlichen Signal aus, das über alle Ortsfrequenzen von $-\infty$ bis $+\infty$ integriert wird. Eine reale Messung besteht jedoch aus einer endlichen Reihe diskreter Messpunkte. Dies hat Konsequenzen für das entstehende Bild, die mit Hilfe der Punktantwortfunktion (engl. *point spread function*, PSF) beschrieben werden.

Die PSF ist die Fouriertransformierte aller Veränderungen des „wahren“ (unbeschränkten, kontinuierlichen) Signals $s(\mathbf{k})$, die durch den Bildgebungsprozess entstehen. Sie zeigt das Erscheinungsbild einer Deltafunktion, die den Abbildungsprozess durchlaufen hat². Daher der Name – die PSF beschreibt die *Antwort* des Bildgebungssystems auf ein *Punktsignal*. Das Bild $\hat{\rho}(\mathbf{r})$ der realen Spindichtevertelung $\rho(\mathbf{r})$ ist dann eine Faltung mit der Punktantwortfunktion,

$$\hat{\rho}(\mathbf{r}) = \rho(\mathbf{r}) * \text{PSF}(\mathbf{r}). \quad (2.70)$$

Zur besseren Übersicht werden die verschiedenen Beiträge zur Punktantwortfunktion für den eindimensionalen Fall erläutert – die Erweiterung auf mehr Dimensionen ist jedoch ohne weiteres möglich.

Diskretheit und Nyquist-Kriterium

Die Diskretisierung der Messung lässt sich mathematisch durch die Multiplikation des Signals mit einem Dirac-Kamm – einer unendlichen Summe äquidistanter Delta-Distributionen – mit Periode Δk beschreiben. Die Fouriertransformation des Dirac-Kamms ist wieder ein Dirac-Kamm, jedoch mit Periode $\frac{1}{\Delta k}$, so dass das diskrete Signal $\hat{\rho}_\infty(x)$ gegeben ist durch

$$\hat{\rho}_\infty(x) = \rho(x) * \sum_{q=-\infty}^{+\infty} \delta\left(x - \frac{q}{\Delta k}\right). \quad (2.71)$$

Die Faltung ergibt also das Spindichtebild, das periodisch im Abstand $\frac{1}{\Delta k}$ wiederholt wird. Dieser Abstand wird als Gesichtsfeld (engl. *field of view*, FOV) bezeichnet. Wenn nun die Ausdehnung des gemessenen Objekts größer als das FOV ist, kommt es zur Überlappung benachbarter Kopien des Bildes. Dieser Effekt wird als *Einfaltungsartefakt* bezeichnet. Um Einfaltungsartefakte zu vermeiden, muss die Größe des untersuchten Objekts A kleiner als das FOV sein:

$$\text{FOV} > A \text{ bzw. } \Delta k < \frac{1}{A}. \quad (2.72)$$

Diese Bedingung ist aus der Nachrichtentechnik wohlbekannt und wird als *Nyquist-Kriterium* bezeichnet [Nyquist, 1928].

Beschränktheit und Gibbs-Oszillationen

Da nur eine endliche Anzahl an Messpunkten aufgezeichnet werden kann, ist die Messung nicht nur diskret, sondern auch beschränkt. Die direkte Konsequenz ist eine Begrenzung

²Die Voraussetzung für die Beschreibung des Prozesses durch eine PSF ist ein lineares und zeitinvariantes System. Bei iterativen Rekonstruktionstechniken ist dies nicht mehr gegeben.

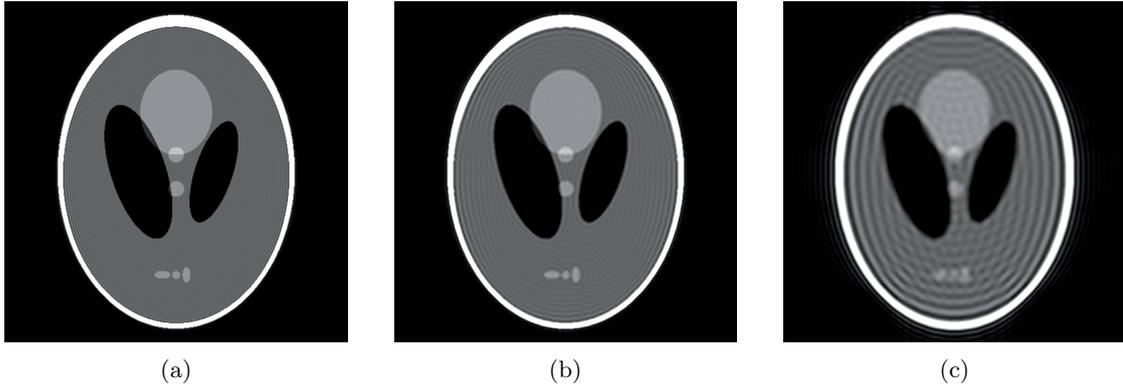


Abbildung 2.2: Gibbs-Oszillationen am simulierten Shepp-Logan Phantom. Die ursprüngliche Größe des Bildes von 512x512 Pixeln wurde in den Rekonstruktionen auf (a) 256x256, (b) 128x128 beziehungsweise (c) 64x64 Pixel reduziert. Die Wellenlänge der Gibbs-Oszillationen nimmt mit abnehmender Auflösung zu. Während sie in (a) kaum wahrnehmbar sind, beeinträchtigen sie die Bildqualität in (c) erheblich.

der maximalen Auflösung, die im Bild erreicht werden kann. Sie wird durch die höchste gemessene Ortsfrequenz k_{\max} festgelegt:

$$\Delta x = \frac{1}{2k_{\max}} = \frac{1}{2n\Delta k} = \frac{1}{W}. \quad (2.73)$$

Mathematisch wird die Beschränktheit der Messung durch eine zusätzliche Multiplikation des Signals mit einer Rechteckfunktion von $-k_{\max}$ bis $+k_{\max}$ beschrieben,

$$\text{rect}\left(\frac{k}{W}\right) = \begin{cases} 0 & \text{für } \left|\frac{k}{W}\right| > \frac{1}{2} \\ \frac{1}{2} & \text{für } \left|\frac{k}{W}\right| = \frac{1}{2} \\ 1 & \text{für } \left|\frac{k}{W}\right| < \frac{1}{2} \end{cases}, \quad (2.74)$$

deren Fouriertransformation eine Sinc-Funktion darstellt,

$$\mathcal{F}\left(\text{rect}\left(\frac{k}{W}\right)\right) = W \text{sinc}(\pi W x). \quad (2.75)$$

Die Filterfunktion

$$H(k) = \Delta k \sum_{q=-n}^{n-1} \delta(k - q\Delta k) \quad (2.76)$$

ergibt eine Kombination aus Beschränktheit und Diskretheit. Die Punktantwortfunktion für diesen Fall ist

$$\text{PSF}(x) = W \frac{\text{sinc}(\pi W x)}{\text{sinc}(\pi \Delta k x)} e^{-i\pi \Delta k x}. \quad (2.77)$$

Ein Artefakt, das die Bildqualität insbesondere bei niedrig aufgelösten Bildern stark beeinträchtigen kann, sind *Gibbs-Oszillationen*. Dies ist ein bekanntes Phänomen in der Signalverarbeitung, das bei der Fouriertransformation von Stufendiskontinuitäten auftritt. In der Umgebung dieser Sprungstellen bilden sich Über- und Unterschwinger, deren Amplitude unabhängig von der Länge der Fourierreihe immer 9% der Stufenhöhe beträgt [Bôcher, 1906]. Allerdings hängt die Oszillationsfrequenz von der Abdeckung des k -Raumes ab, da sie durch die Sinc-Funktion im Zähler der PSF (2.77) mit Frequenz $\pi W = \frac{\pi}{\Delta x}$ hervorgerufen werden. Je geringer die Auflösung Δx des Bildes ist, desto breiter und störender werden die Gibbs-Oszillationen an Intensitätssprüngen, wie in Abbildung 2.2 beispielhaft gezeigt wird.

Auflösung und Punktantwortfunktion

Das reduzierte Auflösungsvermögen des Bildes spiegelt sich in einer Verbreiterung der PSF wieder und kann aus dieser abgeschätzt werden. Die Definition von Auflösung³ ist jedoch nicht eindeutig, da es unterschiedliche Kriterien gibt, ab wann zwei Punkte als getrennt wahrgenommen werden. So gibt es verschiedene Ansätze, sie aus der PSF zu bestimmen [Haacke *et al.*, 1999]. Eine Möglichkeit ist die Berechnung des Verhältnisses aus der Fläche unter der PSF und ihrem Wert am Ursprung:

$$\Delta x = \frac{1}{\text{PSF}(0)} \int_{-\infty}^{\infty} \text{PSF}(x) dx. \quad (2.78)$$

Wird die Beschränktheit des k -Raums mit einer Rechteckfunktion beschrieben, liefert diese Definition als Auflösungsvermögen gerade Gleichung (2.73). Der nach (2.73) berechnete Wert wird auch im nichtkartesischen Fall oft als obere Grenze des tatsächlichen Auflösungsvermögens im Bild angenommen und als *nominelle Auflösung* bezeichnet.

Eine einfachere Definition schätzt das Auflösungsvermögen über die volle Halbwertsbreite (engl. *full width at half maximum*, FWHM) der PSF ab. Im Falle der ²³Na-MRT gibt es mehrere Faktoren, die das Auflösungsvermögen auch ohne die Verwendung von Filtern unter den Wert (2.73) herabsetzen. Zum einen wird der k -Raum in radialer Form aufgenommen (siehe Abschnitt 3.2.1). Die Abtastung des k -Raums wird also nicht durch eine dreidimensionale Rechteckfunktion beschrieben, wie es bei kartesischer Abtastung der Fall ist, sondern durch eine Kugel. Die Fouriertransformation der Rechteckfunktion ergibt eine

³Auflösung ist der minimale Abstand zweier Punkte, in dem diese gerade noch getrennt voneinander wahrnehmbar sind

Sinc-Funktion (2.75) in jede Raumrichtung. Die Fouriertransformation der dreidimensionalen Kugelfunktion [Vembu, 1961],

$$s(\mathbf{r}) = \begin{cases} 1 & \text{für } |r| \leq k_{\max}, \\ 0 & \text{für } |r| > k_{\max} \end{cases}, \quad (2.79)$$

ergibt

$$\mathcal{F}(s(\mathbf{r})) = 3 \left(\frac{\sin(\pi W x)}{(\pi W x)^3} - \frac{\cos(\pi W x)}{(\pi W x)^2} \right). \quad (2.80)$$

Die kugelförmige Abtastung des k -Raums führt zu einer Verbreiterung der PSF gegenüber einer kartesischen, quaderförmigen Abtastung (siehe Abbildung 2.3). Die FWHM steigt von 1.21 Pixeln im kartesischen Fall auf 1.59 Pixel, was zu einer Verminderung der Auflösung um etwa 30% allein durch die Art der Abtastung führt.

Auch die exponentielle Signalabnahme mit T_2^* wirkt wie eine Filterfunktion und trägt zu einer Verbreiterung der PSF bei.

Partialvolumeneffekt

Der *Partialvolumeneffekt* setzt sich aus zwei verschiedenen Phänomenen zusammen und führt dazu, dass im Bild dargestellte Intensitätswerte von der zu erwartenden Intensität des Gewebes abweichen [Soret *et al.*, 2007]. Die erste Ursache dafür ist eine Weichzeichnung der dargestellten Strukturen durch die Faltung des tatsächlichen Bildes mit der PSF (engl. *blurring*). Dadurch gelangt Intensität aus der Struktur ins umliegende Hintergrundgewebe (*spill-out*), sowie umgekehrt Intensität des Hintergrundes in die Struktur hinein (*spill-in*). Die Struktur wirkt dadurch breiter und ihre Intensität geringer (bei einer hellen Struktur) als sie tatsächlich ist.

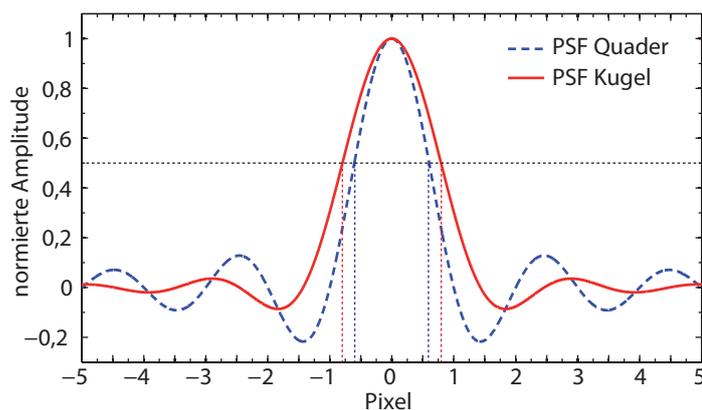


Abbildung 2.3: PSF eines Quaders (blau) und einer Kugel (rot). Die PSF der Kugel ist gegenüber der PSF des Quaders verbreitert.

Der zweite Aspekt des Partialvolumeneffekts wird durch die gerasterte Darstellung des Bildes mit Voxeln verursacht. Da Gewebegrenzen meist nicht mit Voxelpositionen übereinstimmen, trägt häufig mehr als ein Gewebetyp zur Intensität eines Voxels bei. Der dargestellte Grauwert ist dann der gewichtete Mittelwert aller im Voxel vorhandenen Gewebeeintensitäten. Dieser Effekt verstärkt sich mit zunehmender Voxelgröße.

Hammingfilter

Gibbs-Oszillationen in MR-Bildern können durch die Anwendung von Filterfunktionen unterdrückt werden. Eine Art der Filterung, die häufig in der ^{23}Na -MRT zum Einsatz kommt, ist der sogenannte *Hammingfilter* [Hamming, 1989]. Er ist so konstruiert, dass das erste Nebenmaximum der sinc-Funktion in (2.77) gerade unterdrückt wird. Die Fensterfunktion des Hammingfilters ist

$$w(k) = \alpha - (1 - \alpha) \cos\left(\frac{2\pi k}{W}\right) \quad (2.81)$$

mit der Konstanten $\alpha = 0,54$.

2.3 Physiologische Bedeutung von Natrium

Dieses Kapitel soll die physiologische Bedeutung von Natrium im menschlichen Körper näher beleuchten und auf mögliche klinische Anwendungen der ^{23}Na -MRT eingehen. Ausführliche Erläuterungen zur Wirkungsweise der Elektrolyte im Körper finden sich in allen physiologischen Standardwerken. Hier sei auf [Deetjen *et al.*, 2005] und [Schmidt *et al.*, 2010] verwiesen.

2.3.1 Ruhemembranpotential

Natriumchlorid und Kaliumchlorid sind die beiden wichtigsten Elektrolyte des menschlichen Körpers, wo sie in dissoziierter Form als Na^+ -, K^+ - und Cl^- -Ionen vorliegen. Sie bilden das Zellmembranpotential und sorgen für die Reizleitung in erregbaren Zellen (Nervenzellen, Herz- und Skelettmuskelfasern). Transportproteine in der Zellmembran sorgen für einen Konzentrationsgradient der Ionen zwischen Intra- und Extrazellulärraum. Im Ruhezustand ist die Konzentration der Natrium- und Chlorionen außerhalb der Zelle 10–30 mal höher als in der Zelle, die Kaliumkonzentration verhält sich umgekehrt (siehe Tabelle 2.3). Das wichtigste Transportprotein ist die Natrium-Kalium-ATPase (auch Natrium-Kalium-Pumpe genannt), das pro Zyklus drei Natriumionen aus und zwei Kaliumionen in die Zelle befördert. Für diesen Prozess ist Energie notwendig, die über die Abspaltung eines Phosphats vom Energielieferant der Zelle Adenosintriphosphat (ATP) gewonnen wird. Die Natrium-Kalium-ATPase ist in Abbildung 2.4 sehr vereinfacht dargestellt.

Die Lipidschicht der Zellmembran ist für die Elektrolyte undurchlässig. Allerdings bilden in die Membran eingelassene Proteine Ionenkanäle, die jeweils nur für einen bestimmten Ionentyp durchlässig sind. Zudem sind manche Ionenkanäle je nach Proteinkonfiguration

| Ionenkonzentration [mmol/l] | intrazellulär | extrazellulär |
|--------------------------------|---------------|---------------|
| K ⁺ | 120–150 | 4–5 |
| Na ⁺ | 5–15 | 140–150 |
| Cl ⁻ | 4–5 | 120–150 |

Tabelle 2.3: Ionenkonzentration im Intra- und Extrazellulärraum erregbarer Zellen [Deetjen *et al.*, 2005].

durchlässig oder geschlossen. Im Ruhezustand gibt es in der Zellmembran offene Kaliumkanäle, während sie für Natriumionen praktisch undurchlässig ist. Der Konzentrationsgradient führt zu einem Ausströmen von Kaliumionen aus der Zelle. Das dadurch entstehende elektrische Potential wirkt dem Konzentrationsgradienten entgegen, so dass sich ein Gleichgewicht zwischen der Diffusionsbewegung zu niedrigeren Konzentrationen und der Bewegung der Ionen im elektrischen Feld einstellt. Dieses Gleichgewichtspotential nennt man das *Ruhemembranpotential* der Zelle. Mit der Goldman-Hodgkin-Katz-Gleichung kann das Membranpotential unter Berücksichtigung aller drei Ionenspezies berechnet werden:

$$E_m = \frac{RT}{F} \ln \left(\frac{P_{\text{Na}}[\text{Na}]_e + P_{\text{K}}[\text{K}]_e + P_{\text{Cl}}[\text{Cl}]_i}{P_{\text{Na}}[\text{Na}]_i + P_{\text{K}}[\text{K}]_i + P_{\text{Cl}}[\text{Cl}]_e} \right). \quad (2.82)$$

Dabei ist $R = 8,3 \text{ J/K/mol}$ die molare Gaskonstante, T die Temperatur, $F = 96485 \text{ C/mol}$ die Faraday-Konstante und P_k die Permeabilität der Zellmembran für die Ionenspezies k . Für Neuronen beträgt das Ruhepotential etwa -70 mV , für Muskelzellen -90 mV , was sehr nahe am Gleichgewichtspotential von Kaliumionen von -97 mV liegt. Neben seiner Bedeutung für die Reizleitung in erregbaren Zellen hilft das Membranpotential beim Transport von Neurotransmittern, Metaboliten und Ionen durch die Zellmembran.

2.3.2 Aktionspotential

Bei der Entstehung eines Aktionspotentials in erregbaren Zellen spielt Natrium eine entscheidende Rolle. Ein Stimulus führt über das Einströmen von Natrium oder Calcium in die Zelle zu einer leichten Depolarisation des Membranpotentials. Überschreitet es einen bestimmten Schwellwert, öffnen sich spannungsgesteuerte schnelle Natriumkanäle, was zu einem lawinenhaften Einstrom von Natriumionen in die Zelle und einer Depolarisation des Membranpotentials in die Nähe des Natrium-Gleichgewichtspotentials ($0\text{--}30 \text{ mV}$) führt. Nach kurzer Zeit schließen die Natriumkanäle wieder und der Einstrom von Kaliumionen in die Zelle führt zu einer langsamen Repolarisation der Zellmembran. Abbildung 2.5 zeigt den typischen Verlauf des Aktionspotentials einer Nervenzelle mit der zeitlichen Änderung der Natrium- und Kaliumleitfähigkeit.

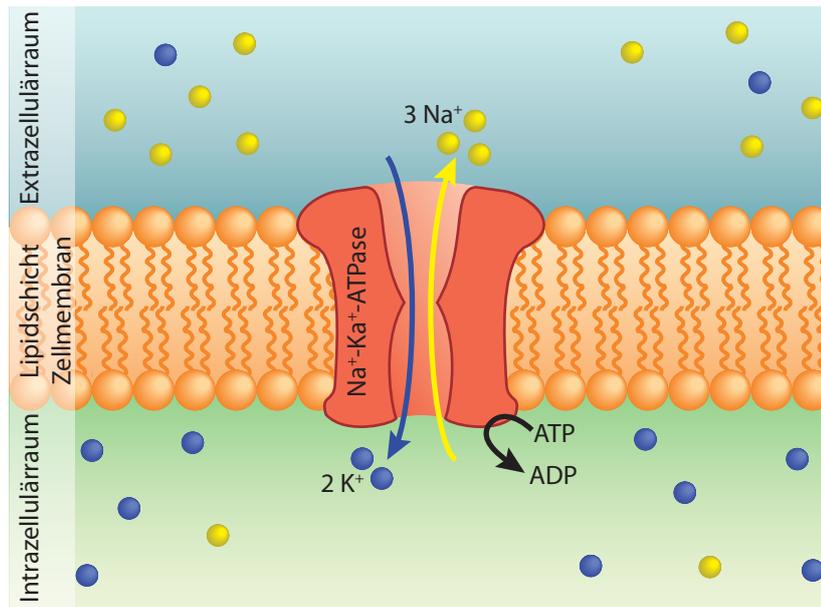


Abbildung 2.4: Schema der Natrium-Kalium-Pumpe in der Zellmembran. Unter Verbrauch eines ATP-Moleküls werden drei Natriumionen aus und zwei Kaliumionen in die Zelle gepumpt. Dieser Prozess hält den starken Ionenkonzentrationsgradienten zwischen Intra- und Extrazellulärraum aufrecht.

2.3.3 Natriumbildgebung

Da ^{23}Na in vielen fundamentalen physiologischen Prozessen eine wichtige Rolle spielt, erhofft man sich aus der direkten Bildgebung des Elements Informationen über die Vitalität des betrachteten Gewebes. Diese könnten in Zukunft die klinisch relevanten ^1H -MR-Kontraste ergänzen. Bei den meisten Krankheiten wird ein Anstieg der Natriumkonzentration gemessen. Da jedoch bei normaler Bildgebung das intra- und extrazelluläre Natrium ein gemeinsames, über das Volumen gemitteltes Signal ergeben, kann dieser Anstieg dreierlei Ursachen haben: Entweder einen Anstieg der intrazellulären Natriumkonzentration, einen Anstieg des extrazellulären Volumens bei konstanten Konzentrationen, oder aber eine verstärkte Vaskularisierung des Gewebes. Es gibt verschiedene Ansätze, das intrazelluläre Natrium getrennt zu messen: Einsatz von *shift*-Reagenzien, Diffusionsbildgebung, die *inversion recovery* (IR) Technik und Triplequantenfilterung (TQF), wobei nur die beiden letzteren *in vivo* angewandt werden [Hutchison und Shapiro, 1991]. In dieser Arbeit wird nur die konventionelle Natriumbildgebung betrachtet.

Eine große Bedeutung für diverse Erkrankungen könnte in Zukunft der Kopf-Natriumbildgebung zukommen. In malignen Hirntumoren ist die erhöhte Proliferationsrate mit einem Anstieg der intrazellulären Natriumkonzentration verknüpft [Cameron *et al.*, 1980]. Darüber hinaus gibt es Hinweise, dass die Neovaskularisierung eines Tumors ein Maß für seine Malignität darstellt [Weidner, 1993]. Beide Effekte sind als Anstieg der Natriumkonzentration sichtbar, wodurch die Natriumbildgebung bei der Klassifizierung von Tumoren helfen könnte [Thulborn *et al.*, 1999, 2009; Ouwerkerk *et al.*, 2003; Nagel *et al.*, 2011]. Darüber hinaus erhofft man sich, das Ansprechen einer Krebstherapie direkt messen zu können.

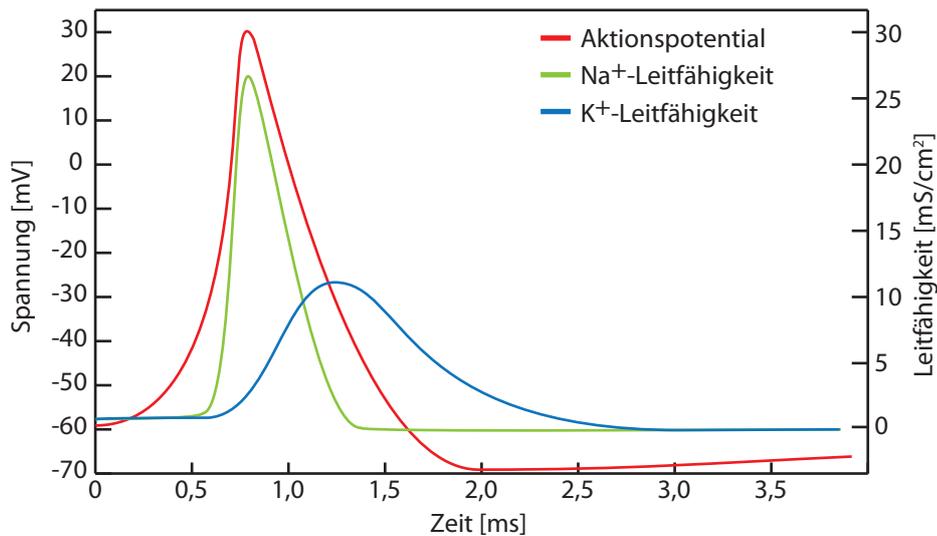


Abbildung 2.5: Aktionspotential einer Nervenzelle, das durch die zeitliche Änderung der Natrium- und Kaliumleitfähigkeit der Zellmembran entsteht. Abbildung nach [Schmidt *et al.*, 2010].

Schlaganfälle gehören zu den häufigsten Todesursachen in Deutschland. Sie können sowohl durch eine Hirnblutung als auch durch Ischämie (Minderdurchblutung) des betroffenen Gewebes ausgelöst werden. Beim ischämischen Schlaganfall kommt es darauf an, so schnell wie möglich für eine Reperfusion des Gewebes zu sorgen, um Langzeitschäden zu verhindern. Bei der Behandlung ist es jedoch wichtig, noch intaktes von irreversibel geschädigtem Gewebe unterscheiden zu können, da ansonsten die Gefahr einer Hirnblutung besteht. Im Moment wird diese Unterscheidung mit einer Kombination aus diffusions- und perfusionsgewichteter $^1\text{H-MRT}$ getroffen [Luybaert *et al.*, 2001; Neumann-Haefelin *et al.*, 1999; Ueda *et al.*, 1999]. Untersuchungen zeigen jedoch, dass die Natriumbildgebung in Zukunft eine sinnvolle Ergänzung dieser Technik darstellen könnte [Hilal *et al.*, 1983; Thulborn *et al.*, 2005; Jones *et al.*, 2006; Hussain *et al.*, 2009].

Multiple Sklerose (MS) ist eine chronisch-entzündliche Erkrankung des zentralen Nervensystems. In ihrer Folge bilden sich entzündliche Läsionen in der grauen Substanz des Gehirns (engl. *grey matter*, GM) und weißen Substanz des Gehirns (engl. *white matter*, WM) in Gehirn und Rückenmark. Dabei werden die Myelinscheiden der Nervenzellfortsätze (Axone) vermutlich von körpereigenen Abwehrzellen angegriffen und zerstört. Studien haben gezeigt, dass spannungsgesteuerte Natriumkanäle mit der Schädigung der Nervenaxone in Zusammenhang stehen. Wenn diese Natriumkanäle nicht mehr inaktiviert werden, kommt es zu einem anhaltenden Einstrom an Natriumionen in die Zelle. Die Natrium-Kalium-Pumpe ist dann nicht in der Lage, diesen Zustrom auszugleichen. Stattdessen beginnt das Natrium-Calcium-Austauschprotein in umgekehrter Richtung zu arbeiten, wodurch Ca^{2+} -Ionen im Austausch für Natriumionen in die Axone gelangen und dort Schäden verursachen [Waxman, 2008]. Erste Untersuchungen zeigen eine erhöhte Natriumkonzentration sowohl innerhalb der MS-Läsionen als auch in normal erscheinender WM bei MS-Patienten im Vergleich zu gesunden Kontrollpersonen [Inglese *et al.*, 2010; Zaaraoui *et al.*, 2012; Paling *et al.*, 2013].

2.4 Compressed Sensing

Die meisten Digitalbilder in unserem Alltag werden ohne sichtbare Verluste in komprimierter Form gespeichert. Auch MR-Bilder sind im Allgemeinen gut komprimierbar. Bei der Aufnahme der Daten gilt jedoch das Nyquist-Kriterium (2.72) – werden weniger Daten aufgenommen, als durch das Abtasttheorem vorgegeben, wird die Bildqualität durch Einfaltungsartefakte beeinträchtigt. Allerdings besteht großes Interesse in der diagnostischen MR-Bildgebung, Zeit bei der Datenaufnahme einzusparen. Methoden der parallelen Bildgebung umgehen das Einfaltungsproblem, indem sie die zusätzliche, gleichzeitige räumliche Kodierung durch mehrere Spulen ausnutzen. „Partial Fourier“-Methoden nutzen die Symmetrie des k -Raums aus. Bei radialen Aufnahmetechniken werden Streifenartefakte in unterabtasteten Bildern häufig in Kauf genommen oder diese unter Verlust von Auflösung durch Filter unterdrückt. In diesem Kontext stellt sich die Frage, ob das Nyquist-Kriterium nicht auf andere Weise umgangen werden könne: Wenn man Bilder nach ihrer Aufnahme komprimiert abspeichern, also einen Teil der gemessenen Informationen wieder verwerfen kann, müsste es dann nicht auch möglich sein, die Bilder direkt *komprimiert aufzunehmen*? Das ist tatsächlich möglich. Die mathematische Grundlage für dieses als CS bezeichnete Prinzip schufen Emmanuel Candès und David Donoho [Candès *et al.*, 2006a; Donoho, 2006]. Schon 2007 hielt CS Einzug in die MRT [Lustig *et al.*, 2007; Block *et al.*, 2007], wo sie es ermöglicht, unterabtastete Bilder mit guter Qualität ohne Einfaltungsartefakte zu rekonstruieren. Einen guten Überblick über die CS-Theorie im Allgemeinen und ihre Anwendung in der MRT geben [Candès und Wakin, 2008; Romberg, 2008] und [Lustig *et al.*, 2008]. Drei Voraussetzungen müssen erfüllt sein, um CS anwenden zu können:

1. Das Bild muss eine dünnbesetzte⁴ Darstellung in einer bekannten Transformationsdomäne besitzen, d.h. es muss in einer bekannten Basis komprimierbar sein. Die Darstellung eines Bildes durch eine dünnbesetzte Matrix wird mit dem englischen Begriff der *Sparsity* bezeichnet, das Bild selbst wird *sparse* in dieser Basis genannt.
2. Die Einfaltungsartefakte, die sich durch die Unterabtastung ergeben, müssen in dieser Transformationsdomäne inkohärent, d.h. rauschähnlich, sein.
3. Es muss ein nichtlineares Rekonstruktionsverfahren angewandt werden, das einerseits die *Sparsity* in der Transformationsdomäne erzwingt, andererseits die Datenkonsistenz sicherstellt.

2.4.1 Das Konzept der Sparsity

Jede Komprimierung beruht darauf, dass der Informationsgehalt des Signals deutlich geringer ist als die Anzahl der aufgenommenen Datenpunkte. Wählt man eine geeignete Basis, so kann die gesamte Bildinformation durch einige wenige Koeffizienten ausgedrückt werden, und alle anderen Koeffizienten sind Null oder klein. Es reicht also vollkommen aus, nur diese großen Koeffizienten zu speichern, um das (beinahe) exakte Signal reproduzieren zu können. Eine beliebte Basis für die Bildkomprimierung, die beispielsweise das JPEG2000-Format verwendet [Taubman und Marcellin, 2002], wird von Waveletfunktionen gebildet.

⁴Eine Matrix heißt dünnbesetzt, wenn ein Großteil ihrer Einträge Null ist.

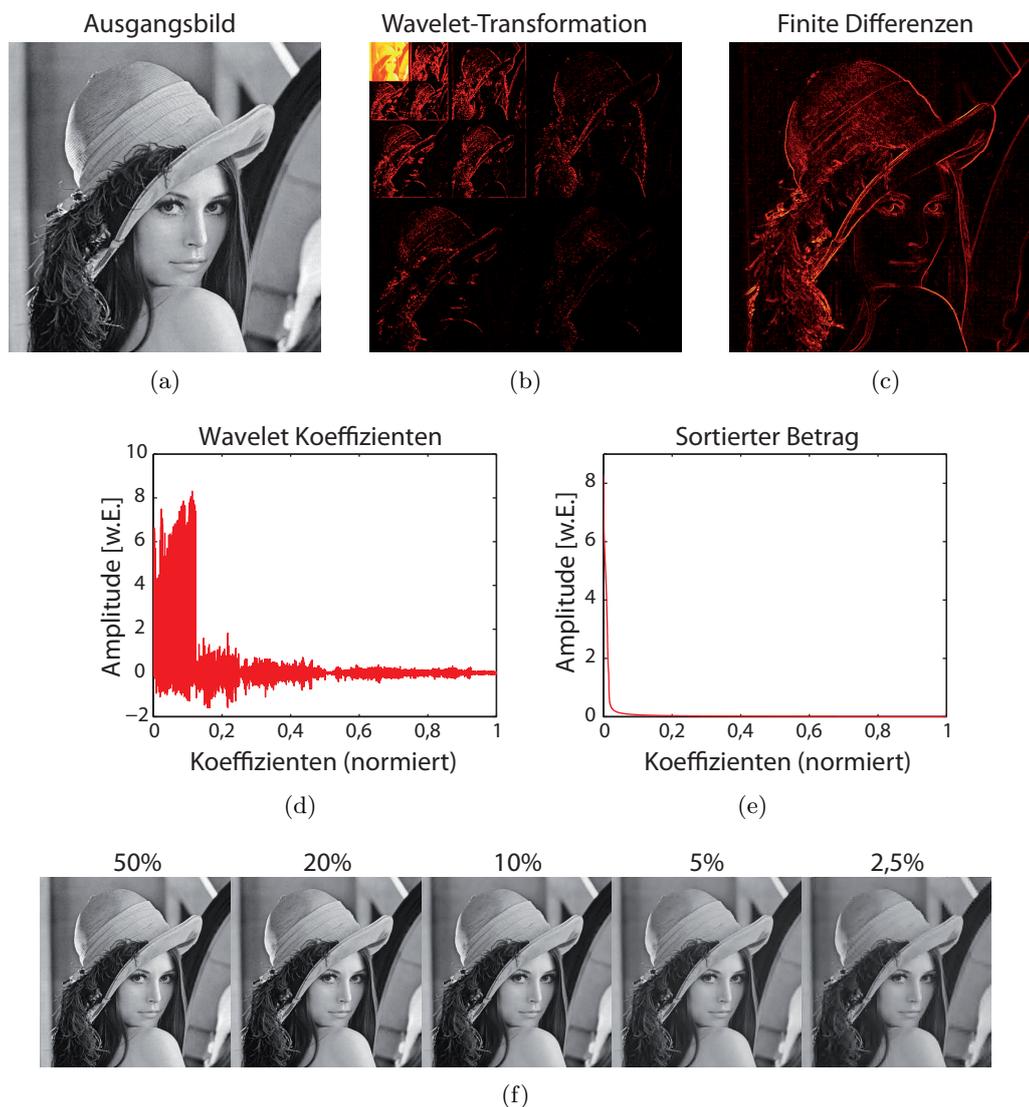


Abbildung 2.6: (a) Ursprüngliches Bild mit 512x512 Pixeln. (b) Diskrete Wavelet-Transformation des Bildes. Zur besseren Darstellung der niedrigen Pixelwerte wurde die Fensterung des Bildes angepasst. (c) Eine weitere mögliche *Sparsity*-Transformation ist die erste Ableitung des Bildes. Diese Transformation wird auch als finite Differenzen bezeichnet, da immer die Differenz benachbarter Pixelwerte berechnet wird. (d) Wavelet-Koeffizienten der Transformation aus (b). Der größte Anteil der Bildinformation ist in relativ wenigen Koeffizienten enthalten. Das wird noch deutlicher, wenn man (e) die Beträge der Wavelet-Koeffizienten betrachtet, die nach ihrer Größe sortiert wurden. Ihr Betrag fällt etwa exponentiell ab. (f) Das rekonstruierte Bild, nachdem alle Koeffizienten bis auf die größten x% gleich Null gesetzt wurden. Bei einer Rekonstruktion mit 10% der Koeffizienten ist der Unterschied zum Originalbild (a) kaum wahrnehmbar.

Mathematisch wird das Bild mit n Pixeln als Vektor $x \in \mathbb{R}^n$ ausgedrückt. Dieses wird in die Basis $\Psi = [\psi_1 \psi_2 \dots \psi_n]$ transformiert,

$$x = \sum_{i=1}^n v_i \psi_i = \Psi v. \quad (2.83)$$

Streng genommen unterscheidet man, ob das Bild x *sparse* oder *komprimierbar* in dieser Basis ist. Der Vektor v wird *S-sparse* genannt, wenn alle bis auf S Komponenten exakt Null sind. Ist der Vektor v komprimierbar, so fallen die nach Größe geordneten Koeffizienten v_i schnell, das heißt exponentiell oder schneller, ab. Das komprimierte Bild x_S erhält man dann, indem man nur die größten S Koeffizienten behält und alle anderen auf Null setzt,

$$x_S = \Psi v_S. \quad (2.84)$$

Der Vektor v_S ist dann ebenfalls *S-sparse*. In der Literatur zur Anwendung der CS-Theorie in der MRT hat es sich durchgesetzt, diese Unterscheidung fallenzulassen und auch komprimierbare Signale als *sparse* zu bezeichnen.

Abbildung 2.6(a) zeigt ein Bild und seine diskrete Wavelet-Transformation 2.6(b). Nur wenige Waveletkoeffizienten tragen fast die gesamte Bildinformation (2.6(d) und (e)). Abbildung 2.6(f) zeigt die Rekonstruktion des Bildes aus einem Prozentsatz der größten Koeffizienten. Auch nachdem 90% der Koeffizienten auf Null gesetzt wurden, ist die sichtbare Bildqualität kaum beeinträchtigt. Die Wavelet-Transformation ist nur eine von vielen möglichen *Sparsity*-Transformationen. Eine weitere Möglichkeit ist in Abbildung 2.6(c) dargestellt. Die finiten Differenzen, die sich aus der Differenz benachbarter Pixelwerte ergeben und die erste Ableitung des Bildes darstellen, sind dann *sparse*, wenn das Bild viele Flächen konstanter Signalintensität enthält. Es gibt auch Bilder, die bereits im Bildraum selbst *sparse* sind. Dazu gehören zum Beispiel MR-Angiographien, bei denen im Idealfall nur die abgebildeten Blutgefäße ein Signal liefern (Abbildung 2.7).



Abbildung 2.7: Maximale Intensitätsprojektion (MIP) einer MR-Angiographie des Kopfes. Der Informationsgehalt des Bildes ist im Prinzip binär – Blutgefäße sind weiß, der Rest schwarz. Die Aufnahme erfolgte mit einer 3D-TOF-Sequenz (*Time Of Flight*) mit folgenden Parametern: TE = 3,59 ms, TR = 20 ms, FOV = 181×199 mm² mit einer Auflösung von 0,26×0,27 mm², Schichtdicke 0,5 mm mit Schichtabstand 23,5 mm, Bandbreite 165 Hz/Pixel. Die MIP beinhaltet 51 Schichten.

2.4.2 Inkohärente Bildaufnahme

Man könnte meinen, für eine komprimierte Aufnahme eines Bildes sei eine direkte Messung der S größten Koeffizienten in der *sparsity*-Basis nötig. Dafür wäre eine spezielle Messtechnik nötig, sowie ein Vorwissen darüber, welche Koeffizienten Bildinformation tragen. Doch das Gegenteil ist der Fall – es wurde sogar gezeigt, dass eine *zufällige* Wahl der gemessenen Koeffizienten zu sehr guten Ergebnissen führt [Candès und Wakin, 2008]. Die Voraussetzung dafür ist, dass das Bild in einer Basis gemessen wird, in der es eine möglichst ausgedehnte Darstellung besitzt – gegenteilig zur dünnbesetzten Darstellung in der *Sparsity*-Transformationsdomäne. Dadurch wird sichergestellt, dass die gemessenen Werte so viel Bildinformation wie möglich enthalten. Die Kohärenz ist ein Maß dafür, wie gut die gewählte Messbasis geeignet ist. Je inkohärenter die Messbasis Φ und die *Sparsity*-Basis Ψ sind, desto besser greift das CS-Prinzip. Die Kohärenz der Basen Φ und Ψ ist gegeben durch die größte Korrelation zwischen zwei Elementen ϕ_k und ψ_i ,

$$\mu(\Phi, \Psi) = \sqrt{n} \cdot \max_{1 \leq k, j \leq n} |\langle \phi_k, \psi_j \rangle|, \quad (2.85)$$

und kann Werte im Bereich $[1, \sqrt{n}]$ annehmen [Candès und Wakin, 2008]. Aus diesem Grund ist die MRT prädestiniert für eine Anwendung des CS: Hier findet die Messung im Fourierraum statt, der maximal inkohärent zum Bildraum ist. Dennoch müssen die Messpunkte im Fourierraum zusätzlich noch so gewählt werden, dass die durch Unterabtastung entstehenden Artefakte möglichst rauschähnlich sind. Eine regelmäßige Unterabtastung, beispielsweise das Weglassen jeder zweiten Zeile bei kartesischer Bildaufnahme, führt zum Einfalten einer Kopie des Bildes, die das ursprüngliche Bild überlagert (Abbildung 2.8(b)). Ein Rekonstruktionsalgorithmus kann in diesem Fall nicht unterscheiden, von welcher Kopie des Bildes eine Struktur stammt – die korrekte Rekonstruktion einer einzigen Kopie ist unmöglich. Dagegen führt eine zufällige⁵ Auswahl der gemessenen Bildzeilen zu höherer Inkohärenz. Damit ähneln die Unterabtastungsartefakte einem Rauschsignal und sind leichter vom eigentlichen Bildsignal zu trennen (Abbildung 2.8(c)).

2.4.3 Nichtlineare Rekonstruktionsverfahren und die l_1 -Norm

Die Rekonstruktion eines unterabgetasteten Datensatzes ist mathematisch ein unterbestimmtes Problem. Gesucht ist die Umkehrung der Gleichung

$$\mathbf{A}x = y, \quad (2.86)$$

wobei $x \in \mathbb{R}^n$ der gesuchte Bildvektor mit n Voxeln, $y \in \mathbb{R}^m$ der Datenvektor mit $m < n$ Einträgen und \mathbf{A} eine $m \times n$ -Matrix – die sogenannte Systemmatrix – ist, die den Bild-

⁵Die in Abbildung 2.8(c) dargestellte Unterabtastung ist nicht komplett zufällig. Die Dichte der zufällig gewählten Linien wurde mit einer Gaußfunktion moduliert, um das k -Raumzentrum dichter abzutasten. Eine solche modulierte Art der Abtastung ist von Vorteil, da das k -Raumzentrum die meisten Bildinformationen trägt.

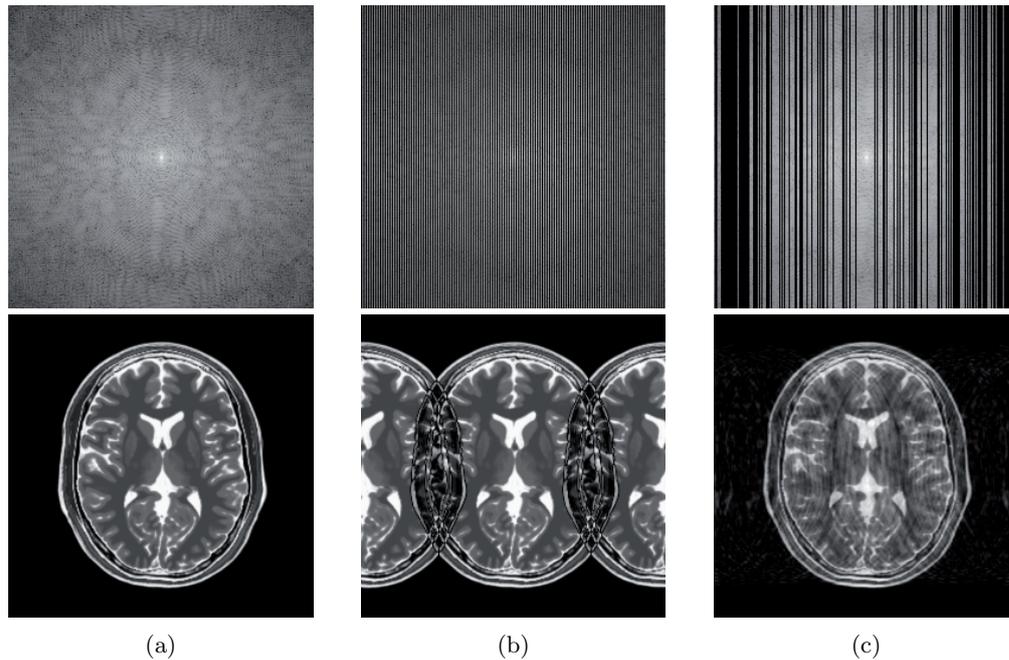


Abbildung 2.8: Auswirkung von regelmäßiger und zufälliger Unterabtastung an simulierten Kopfdaten. Die obere Reihe zeigt den k -Raum, die untere Reihe die dazugehörige Fouriertransformation. (a) Vollständiger k -Raum, aus dem sich das ursprüngliche Bild ergibt. (b) 50% Unterabtastung, wobei jede zweite Reihe des k -Raums weggelassen wurde. (c) 50% Unterabtastung mit zufälliger Auswahl der verwendeten Zeilen, wobei das k -Raumzentrum dichter abgetastet wurde.

gebungsprozess beschreibt. Dieses Gleichungssystem besitzt unendlich viele Lösungen x . Bei einer nichtiterativen Rekonstruktion werden „fehlende“ Einträge im Datenvektor y mit Nullen aufgefüllt, bis er die gleiche Dimension n wie das Bild besitzt. Da dies eine denkbar schlechte Schätzung der fehlenden k -Raum-Werte ist, kommt es zu gravierenden Einfaltungsartefakten. Die nichtlineare Rekonstruktion, die das CS vorschreibt, sucht dagegen aus den unendlich vielen möglichen Bildern x dasjenige heraus, das unter der gewählten *Sparsity*-Transformation am dünnsten besetzt ist. Diese Auswahl wird durch die Minimierung einer geeigneten Norm getroffen, die *sparse* Signale begünstigt. Allgemein ist die l_p -Norm für $0 < p < \infty$ definiert als

$$\|x\|_p = \left(\sum_{i=1}^n |x_i|^p \right)^{\frac{1}{p}}. \quad (2.87)$$

Ein Sonderfall ist die l_0 -Norm, die die Anzahl der nicht nullwertigen Elemente eines Vektors angibt. In der Literatur zu CS hat es sich eingebürgert, auch in den Fällen $0 \leq p < 1$ von einer „Norm“ zu sprechen, obwohl es sich bei der Definition (2.87) nur für $p \geq 1$ tatsächlich um eine Norm nach mathematischer Definition handelt. Für die gestellte Aufgabe der CS-Rekonstruktion, die am dünnsten besetzte Lösung der Gleichung (2.86) zu finden, scheint die l_0 -Norm am besten geeignet, da sie die *Sparsity* direkt misst. Jedoch ist sie auf Grund

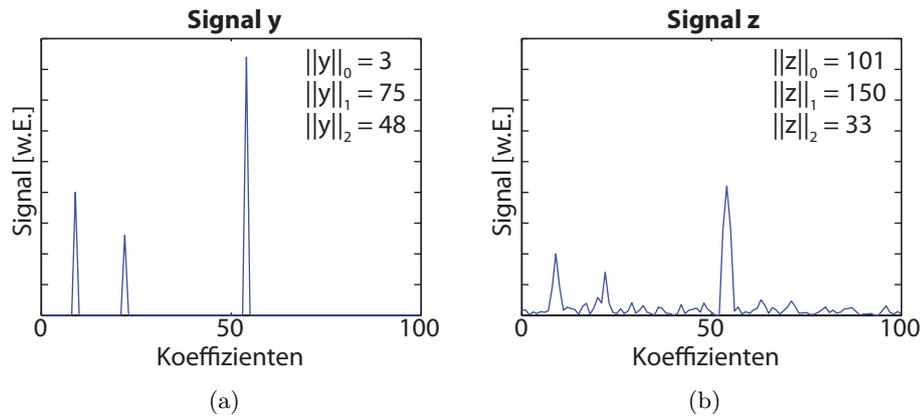


Abbildung 2.9: (a) *Sparses* Signal mit nur drei Einträgen. (b) Dasselbe Signal mit Rauschen und verbreiterten Spitzen. Die l_0 - und l_1 -Norm nehmen für das *sparse* Signal kleinere Werte an, während die l_2 -Norm für das z -Signal kleiner ist.

ihrer Unstetigkeit numerisch schwer zu handhaben. Es wurde jedoch gezeigt, dass auch eine Minimierung der l_1 -Norm mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit zu einer *sparse* Lösung führt [Candès *et al.*, 2006b; Donoho, 2006]. Die weit verbreitete l_2 -Norm führt dagegen nicht zu *sparse* Ergebnissen.

Ein anschauliches Beispiel dafür ist in Abbildung 2.9 dargestellt. (a) zeigt ein extrem *sparse* Signal, bei dem nur drei Signalwerte $\neq 0$ sind. (b) zeigt das gleiche Signal, jedoch verbreitert und mit Rauschen behaftet. Interessant ist nun der Vergleich der l_0 -, l_1 - und l_2 -Norm für diese beiden Signale. Die l_0 -Norm gibt den Unterschied in der *Sparsity* am deutlichsten wieder – das linke Signal ist nur an drei Stellen ungleich Null, $\|y\|_0 = 3$, während das rechte Signal für keinen einzigen Wert Null wird, $\|z\|_0 = 101$. Bei der l_1 -Norm ist der Unterschied weniger ausgeprägt, doch auch hier ist das *sparse* Signal begünstigt: $\|y\|_1 = 75$ im Vergleich zu $\|z\|_1 = 150$. Die l_2 -Norm hingegen bevorzugt das verrauschte Signal mit $\|z\|_2 = 33$ im Vergleich zu $\|y\|_2 = 48$. Während die l_1 -Norm also für *sparse* Signale mit vielen Nullen und wenigen großen Einträgen klein wird, bevorzugt die l_2 -Norm viele kleine Werte.

Mit der *Sparsity*-Forderung kann die Bildrekonstruktion als konvexes l_1 -Minimierungsproblem formuliert werden:

$$\operatorname{argmin}_x \|\Psi x\|_1 \text{ unter der Bedingung } \mathbf{A}x = y. \quad (2.88)$$

Der Rekonstruktionsalgorithmus findet dann das Bild x mit minimaler l_1 -Norm unter der *Sparsity*-Transformation Ψ , das mit den Rohdaten vereinbar ist. In der Realität sind Messdaten immer mit statistischem Rauschen behaftet, wodurch der Datenvektor y eine zusätzliche unbekannte Fehlerkomponente z enthält:

$$\mathbf{A}x + z = y. \quad (2.89)$$

In diesem Fall wird die Nebenbedingung im l_1 -Minimierungsproblem schwächer formuliert als:

$$\operatorname{argmin}_x \|\Psi x\|_1 \text{ unter der Bedingung } \|\mathbf{A}x - y\|_2 \leq \epsilon. \quad (2.90)$$

Dieses Minimierungsproblem ist wohlbekannt [Santosa und Symes, 1986; Tibshirani, 1996; Chen *et al.*, 1998] und es existieren verschiedene effiziente Lösungsalgorithmen. In dieser Arbeit wurde das Verfahren konjugierter Gradienten (engl. *conjugate gradient algorithm*, CG-Verfahren) verwendet, das in Abschnitt 3.3.1 genauer vorgestellt wird.

3 Material und Methoden

Dieses Kapitel stellt zunächst die grundlegenden Arbeitsmittel für die ^{23}Na -MRT vor: Die verwendeten MR-Tomographen (Abschnitt 3.1.1), die HF-Spulen (Abschnitt 3.1.2) und die verwendete Software zur Datenaufnahme (Abschnitt 3.2.1) und zur Bildrekonstruktion (Abschnitt 3.2.2). Anschließend wird in Kapitel 3.3 der iterative Rekonstruktionsalgorithmus erläutert. Zur Überprüfung der Rekonstruktion verschiedener Natriumkonzentrationen wurde ein Messphantom verwendet, das in Kapitel 3.4 beschrieben wird. Die Erstellung simulierter Datensätze wird in Kapitel 3.5 geschildert. Zuletzt werden in Kapitel 3.6 verschiedene Methoden zur quantitativen Bildevaluation vorgestellt.

3.1 Datenakquisition: Hardware

3.1.1 Magnetresonanz-Tomographen

Alle Messungen wurden an zwei verschiedenen MR-Tomographen mit 3 T und 7 T Feldstärke durchgeführt (Magnetom Tim Trio und Magnetom 7T; Siemens Healthcare, Erlangen). Beide MR-Tomographen verfügen über das gleiche Gradientensystem mit maximaler Amplitude von 40 bzw. 45 mT/m und maximaler Anstiegsrate von 180 bzw. 220 mT/m/ms in Transversal- bzw./ Longitudinalrichtung.

3.1.2 Hochfrequenz-Spulen

Bei beiden Magnetfeldstärken wurden die Messungen mit einer doppelresonanten ($^1\text{H}/^{23}\text{Na}$) Einkanal-Volumenspule (Rapid Biomed GmbH, Rimpar) durchgeführt. Die Doppelresonanz der Spulen bringt den Vorteil, dass überlagerte ^{23}Na - und ^1H -Daten aufgenommen werden können ohne das Phantom bzw. den Probanden zwischen den Aufnahmen neu zu positionieren. Darüber hinaus ermöglicht der ^1H -Kanal Messungen, die für die Einstellung von *Shim-Strömen* nötig sind, mit deren Hilfe die B_0 -Homogenität im Messobjekt erhöht werden kann. Der Spulendurchmesser beträgt 26,5 cm für die 3-T-Spule und 26,0 cm für die 7-T-Spule.

3.2 Datenakquisition: Software

Durch die starke Quadrupolwechselwirkung (siehe Kapitel 2.1.5 und 2.1.6) sind die Relaxationszeiten von ^{23}Na im Allgemeinen ein bis zwei Größenordnungen kleiner als bei ^1H . Da die schnelle Dephasierung der Spins in der Transversalebene mit Zeitkonstante T_2^*

einem raschen Signalabfall führt, sind für die Messung von ^{23}Na Pulssequenzen¹ mit sehr kurzer Echozeit (TE; Zeitspanne zwischen der Mitte des Anregungspulses und Abtastung des k -Raum-Zentrums) notwendig. Andererseits ermöglicht der schnelle Wiederaufbau der Gleichgewichtsmagnetisierung mit T_1 eine sehr kurze Repetitionszeit (TR; Zeitspanne nach der sich der Auslesezyklus wiederholt). Dadurch können in kurzer Zeit viele Mittelungen eines Signals aufgenommen werden.

Im Allgemeinen ermöglichen 3D-Sequenzen kürzere TE als 2D-Sequenzen, da hier mit einem kurzen, nichtselektiven HF-Puls das ganze Volumen angeregt wird. Im 2D-Fall wird in der Regel eine schichtselektive HF-Anregung mit anschließender Rephasierung der Magnetisierung verwendet, was mehr Zeit erfordert. Darüber hinaus sind kartesische Sequenzen weniger geeignet: Bei ihnen wird üblicherweise vor der Auslese ein Phasenkodiergradient geschaltet und die Auslese von der Peripherie des k -Raums aus gestartet. Dagegen starten nichtkartesische 3D-Sequenzen die k -Raum-Trajektorie nach einem kurzen, nichtselektiven Anregungspuls direkt im k -Raum-Zentrum. TE hängt dann nur noch von der Länge des Anregungspulses und der hardwareabhängigen Verzögerung vor dem Beginn der Auslese ab. Auf diese Weise können Echozeiten deutlich unter 1 ms realisiert werden. Eine häufig eingesetzte nichtkartesische Sequenz ist die 3D-Radialsequenz, bei der der k -Raum längs Speichen, Projektionen genannt, vom Zentrum ausgehend bis zu einer maximalen Frequenz k_{\max} durchlaufen wird. In dieser Arbeit wurde eine SNR-optimierte Form der Radialsequenz, die 3D dichteangepasste Radialsequenz (engl. *3D density adapted projection reconstruction*, 3D-DAPR) [Nagel *et al.*, 2009] verwendet, die im Folgenden genauer vorgestellt wird. Andere nichtkartesische 3D- k -Raum-Trajektorien, die in der ^{23}Na -MRT verwendet werden, benutzen spiralartige Trajektorien [Boada *et al.*, 1997; Gurney *et al.*, 2006].

3.2.1 Dichteangepasste Radialsequenz

Eine genaue Analyse der 3D-DAPR-Sequenz wird in [Nagel, 2009] durchgeführt. Das Sequenzschema mit HF-Puls, Magnetfeldgradienten und Ausleseblock ist in Abbildung 3.1 dargestellt. Die Projektionen werden so angeordnet, dass ihre Enden möglichst homogen auf einer Kugeloberfläche verteilt sind. Dafür wird ein Algorithmus von [Rakhmanov *et al.*, 1994] verwendet, der die Energie von N Ladungen auf einer Kugeloberfläche minimiert. Die Winkel werden rekursiv berechnet nach

$$\theta_n = \arccos(h_n), \quad (3.1)$$

$$\Phi_n = \Phi_{n-1} + \sqrt{\frac{4\pi}{N_P}} \frac{1}{\sqrt{1-h_n^2}} \text{ für } n \in [1, N_P - 2], \quad (3.2)$$

$$\text{mit } \Phi_0 = \Phi_{N_P-1} = 0, \quad (3.3)$$

$$\text{und } h_n = -1 + 2\frac{n-1}{N_P-1}, \quad (3.4)$$

¹Die Abfolge von HF-Anregungen, Magnetfeldgradienten und der Bildauslese wird als Pulssequenz bezeichnet

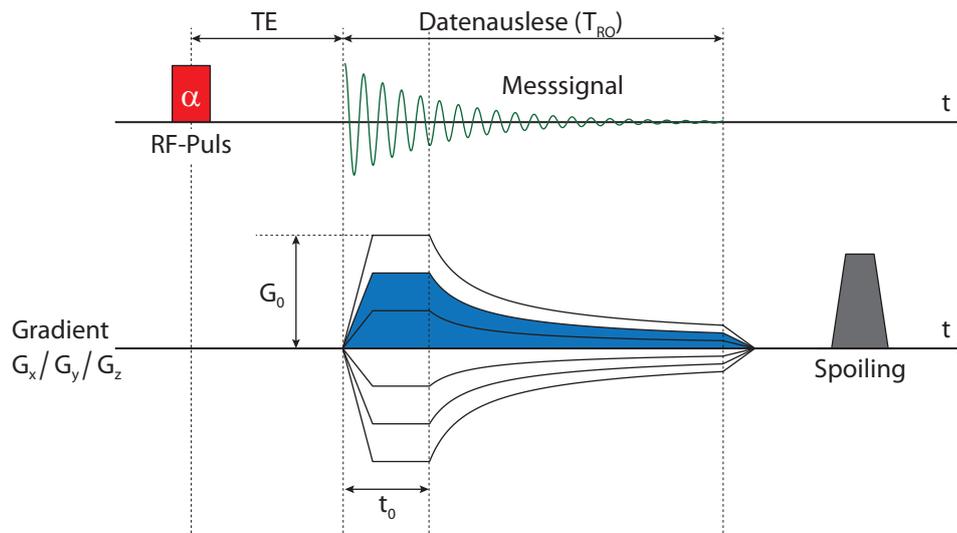


Abbildung 3.1: Sequenzschema der dichteangepassten Radialsequenz 3D-DAPR. Der zeitliche Verlauf der Auslesegradienten G_x , G_y und G_z ist in allen Raumrichtungen gleich. Nach dem linearen Anstieg und einer kurzen Plateauphase nimmt der Gradient nach der Zeitdauer t_0 die dichteangepasste Form an.

wobei N_P die Gesamtzahl der Projektionen beträgt. Um das Nyquistkriterium zu erfüllen, muss Gleichung (2.72) bis zu den Außenbereichen der Projektionen erfüllt sein. Bei einer homogenen Verteilung der Projektionen auf einer Kugeloberfläche ergibt sich als notwendige Anzahl an Projektionen

$$N_P = 4\pi (k_{\max} A)^2 = 4\pi \left(\frac{pix}{2} \right)^2, \quad (3.5)$$

wobei pix die Anzahl an Bildpunkten für das dargestellte Objekt in einer Dimension ist. Verglichen damit beträgt die Anzahl der benötigten Kodierschritte in y - und z -Richtung bei einer kartesischen 3D-Sequenz $(2k_{\max} A)^2$ und ist damit um einen Faktor π geringer als N_P .

Anders als bei der gewöhnlichen Radialsequenz, bei der auf jeder Projektion äquidistante Messpunkte vom Zentrum bis zur Maximalfrequenz k_{\max} aufgenommen werden, erfolgt die Abtastung bei der 3D-DAPR-Sequenz dichteangepasst. Dadurch wird eine möglichst homogene Abtastdichte des k -Raumes erreicht, die das Rauschen minimiert [Liao *et al.*, 1997]. Da der Abstand der Projektionen im Zentrum sehr klein ist und nach außen hin zunimmt, können die inneren k -Raum-Punkte auf der Projektion schneller abgefahren werden als die äußeren. Das bringt den zusätzlichen Vorteil, dass höhere k -Raum-Frequenzen schneller erreicht werden und der T_2^* -Zerfall des Signals noch nicht so weit fortgeschritten ist. Dadurch erreicht die 3D-DAPR-Sequenz auch ein besseres Auflösungsvermögen als die 3D-Radialsequenz bei gleichen Aufnahmeparametern (siehe Abschnitt 2.2.4 und [Nagel, 2009]). Der zeitliche Verlauf der Magnetfeldgradienten wird so angepasst, dass die Abtastdichte in jedem Abstand zum Zentrum konstant bleibt. Durch die homogene Verteilung

der Projektionen hängt die mittlere Abtastdichte nur von der Gradientenstärke und der k -Raum-Position ab,

$$D(k) \propto \frac{1}{4\pi k^2 G(k)}. \quad (3.6)$$

Aufgrund von Hardwarebeschränkungen kann die Abtastung nicht von Anfang an dichteangepasst erfolgen. Erst nachdem der Magnetfeldgradient linear auf die maximale Gradientenamplitude gebracht wurde, wo er kurz konstant gehalten wird, beginnt nach der Zeitspanne t_0 der dichteangepasste Gradientenverlauf (siehe Abbildung 3.1). Die Datenauslese beginnt zeitgleich mit dem Einschalten des Gradienten.

3.2.2 Gridding-Rekonstruktion

Für die Rekonstruktion radialer Datensätze stehen zwei etablierte Rekonstruktionsmethoden zur Verfügung: Die gefilterte Rückprojektion [Bracewell und Riddle, 1967; Smith *et al.*, 1973] und das *Gridding* [Brouw, 1975; O’Sullivan, 1985; Jackson *et al.*, 1991], wobei sich letzteres für die Rekonstruktion dreidimensionaler Datensätze durchgesetzt hat. Eine direkte diskrete Fouriertransformation der aufgenommenen Datenpunkte wäre zwar theoretisch möglich, verbietet sich jedoch aufgrund des hohen Rechenaufwands der Ordnung $\mathcal{O}(N^2)$.

Beim *Gridding* werden die radialen Datenpunkte zunächst auf ein kartesisches Gitter interpoliert, um anschließend die deutlich schnellere FFT nutzen zu können ($\mathcal{O}(N \log_2 N)$). Als Faltungskern für diese Interpolation wird eine Kaiser-Bessel-Funktion verwendet [Jackson *et al.*, 1991],

$$C(k) = \frac{1}{W} I_0 \left(\beta \sqrt{1 - \left(\frac{2k}{W} \right)^2} \right), \quad (3.7)$$

wobei W die Breite des Faltungskerns², I_0 die modifizierte Besselfunktion nullter Ordnung und β ein Kurvenparameter ist. In der Regel wird das *Gridding* auf einem α -fach dichter abgetastetes Gitter durchgeführt, da dadurch Artefakte des Interpolationsprozesses aus dem FOV hinausgedrängt werden. [Jackson *et al.*, 1991] gibt optimale Funktionsparameter $\beta(W)$ für den Fall $\alpha = 2$ an. „Optimal“ bedeutet in diesem Fall eine Minimierung der *mittleren* Artefaktenergie im rekonstruierten Bild. Bei großen Datensätzen kann diese doppelte Überabtastung zu langen Rekonstruktionszeiten und großer Arbeitsspeicherbelastung führen. Daher ist eine Rekonstruktion mit geringerer Überabtastung wünschenswert. [Beatty *et al.*, 2005] haben eine Formel entwickelt, über die für beliebige Faktoren α das optimale β ermittelt werden kann:

$$\beta = \pi \sqrt{\frac{W^2}{\alpha^2} \left(\alpha - \frac{1}{2} \right)^2 - 0,8}. \quad (3.8)$$

²Bei der Interpolation werden nur Datenpunkte im Abstand $|\Delta k| \leq \frac{W}{2}$ des Gitterpunktes berücksichtigt

Anders als bei [Jackson *et al.*, 1991] minimieren [Beatty *et al.*, 2005] die *maximale* Artefaktenergie im rekonstruierten Bild. In dieser Arbeit wurde $\alpha = 1,25$ verwendet. Bei allen Rekonstruktionen war die *Gridding*-Weite $W = 4$.

Der gesamte *Gridding*-Prozess läuft wie folgt ab:

- Dichtekompensation der Daten
Die inhomogene Abtastdichte der Daten für $t \leq t_0$ (im Zentrum dichter als außen) muss vor der Rekonstruktion ausgeglichen werden. Andernfalls kommt es zu einer Faltung des Bildes mit der Fouriertransformation der Abtastdichtefunktion.
- Interpolation der Daten auf ein kartesisches Gitter
Dabei werden alle radialen Datenpunkte, die im Abstand $|\Delta k| \leq \frac{W}{2}$ liegen, mit dem entsprechenden Wert der Kaiser-Bessel-Funktion gewichtet.
- FFT der kartesischen Daten
- *Roll-off-Korrektur*
Das Bild wird durch die Fouriertransformierte des Faltungskerns geteilt. Dieser Prozess wird auch als *Entfaltung* bezeichnet.
- Abschneiden der Bildränder auf das ursprüngliche FOV
Durch die Überabtastung beim Interpolationsprozess ist das rekonstruierte FOV um den Faktor α größer als das ursprüngliche FOV.

3.2.3 Unterabtastung und Inkohärenz bei radialer Datenaufnahme

Wie in Abschnitt 2.4.2 erläutert wurde, kann eine CS-Rekonstruktion nur dann ein artefaktfreies Bild aus unterabgetasteten Daten rekonstruieren, wenn die Unterabtastungsartefakte inkohärent sind. Abbildung 2.8 verdeutlicht diese Forderung für den kartesischen Fall anhand eines simulierten Kopfdatensatzes: Eine regelmäßige Unterabtastung führt zur Einfaltung von Bildkopien ins FOV (Abbildung 2.8(b)), während eine zufällige Wahl der aufgenommenen Linien eher rauschähnliche Artefakte hervorruft (Abbildung 2.8(c)). Bei nichtkartesischen k -Raum-Trajektorien (sowohl 2D als auch 3D) ist die Inkohärenz bereits intrinsisch vorhanden und wurde schon vor dem Aufkommen der CS-Technik für schnelle Aufnahmetechniken genutzt [Scheffler und Hennig, 1998; Peters *et al.*, 2000]. Die *Gridding*-Rekonstruktion einer regelmäßig³ unterabgetasteten 3D-DAPR-Sequenz ist in Abbildung 3.2(b) zu sehen. Die Unterabtastungsartefakte sind kaum von Rauschen zu unterscheiden. Durch diese Eigenschaft eignet sich die 3D-DAPR-Sequenz ohne weitere Anpassung für die CS-Rekonstruktion.

³Die Unterabtastung wird nicht durch Weglassen von Projektionen der voll abgetasteten Sequenz erzeugt, sondern durch eine Neuberechnung der Projektionen nach (3.4) mit kleinerem N_P .

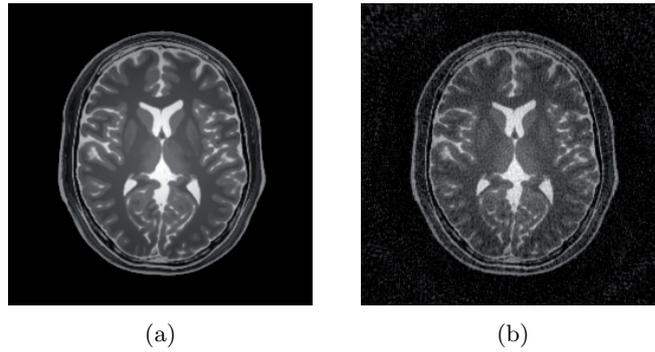


Abbildung 3.2: Repäsentative Schicht der *Gridding*-Rekonstruktion eines (a) voll abgetasteten und (b) 15-fach unterabgetasteten 3D-DAPR-Datensatzes des simulierten Kopfes ohne Rauschen. Die Unterabtastungsartefakte sind stark rauschähnlich.

3.2.4 Sequenzen für die ^1H -Referenzbilder

Die anatomischen *A-priori*-Informationen werden aus ^1H -MR-Bildern gewonnen. In diesem Kapitel werden die beiden kartesischen 3D-Sequenzen vorgestellt, mit denen diese Daten aufgenommen werden.

FLASH-Sequenz

Die FLASH-Sequenz (*Fast Low Angle SHot*) ist eine weit verbreitete Messtechnik zur schnellen Aufnahme von MR-Bildern [Haase *et al.*, 1986]. Die Verwendung kleiner Flipwinkel $\alpha \ll 90^\circ$ erlaubt eine rasche Abfolge an Anregungspulsen mit kurzem TR: Bei jedem Anregungspuls wird nur ein geringer Anteil $M_z \sin(\alpha)$ der Longitudinalmagnetisierung M_z in die Transversalebene gekippt. Bis zum nächsten Anregungspuls ist die Longitudinalmagnetisierung teilweise relaxiert. Unter der Voraussetzung, dass am Ende des Auslesepulses keine Transversalmagnetisierung mehr vorhanden ist⁴, stellt sich nach einigen Pulsen ein Gleichgewichtswert für die Longitudinalmagnetisierung $M_{z,g}$ vor Beginn des nächsten Anregungspulses ein:

$$M_{z,g} = M_0 \frac{1 - e^{-\text{TR}/T_1}}{1 - e^{-\text{TR}/T_1} \cos(\alpha)}. \quad (3.9)$$

Die gemessene Signalintensität hängt somit von TR, T_1 und dem Flipwinkel α ab:

$$S(\alpha, \text{TR}) = M_0 \sin(\alpha) \frac{1 - e^{-\text{TR}/T_1}}{1 - e^{-\text{TR}/T_1} \cos(\alpha)} e^{-\text{TE}/T_2^*}. \quad (3.10)$$

⁴Dies wird durch *Spoiler*-Gradienten bewerkstelligt

Für eine bestimmte Repetitionszeit TR und Gewebe mit longitudinaler Relaxationszeit T_1 wird das Signal durch den sogenannten *Ernstwinkel*

$$\alpha_E = \arccos\left(e^{-TR/T_1}\right) \quad (3.11)$$

maximiert. Bei der 3D-FLASH-Sequenz wird der k -Raum kartesisch abgetastet. Zwischen Anregungspuls und Auslese werden Phasenkodiergradienten in y - und z -Richtung geschaltet.

MPRAGE-Sequenz

Bei der MPRAGE-Sequenz (*Magnetization Prepared Rapid Gradient Echo*) [Mugler und Brookeman, 1990] wird die Magnetisierung mit einem Inversionspuls antiparallel zu B_0 gedreht. Nach jeder Inversion relaxiert die Magnetisierung für die Dauer TI bevor die Auslese mehrerer k -Raumzeilen startet. Zwischen zwei Inversionspulsen findet eine schnelle Datenauslese mit sehr kleinen Flipwinkeln statt. Bei geeigneter Einstellung liefert die MPRAGE-Sequenz einen starken T_1 -Kontrast in den Bildern.

3.3 Entwicklung eines iterativen Rekonstruktionsalgorithmus

3.3.1 Das Verfahren konjugierter Gradienten

Eine Möglichkeit zur Lösung von (2.90) ist das CG-Verfahren. Dieses Verfahren wurde im Jahre 1952 zunächst zur Lösung linearer Gleichungssysteme entwickelt [Hestenes und Stiefel, 1952]. Darauf aufbauend entstanden verschiedene Varianten des CG-Verfahrens auch für nichtlineare Optimierungsprobleme [Fletcher und Reeves, 1964; Polak und Ribiere, 1969; Polyak, 1969]. Für diese Arbeit wurde ein neueres, angepasstes Polak-Ribiere-Polyak-Verfahren mit verbesserten Konvergenzeigenschaften gewählt [Zhang *et al.*, 2006]. Eine ausführliche Erläuterung des CG-Verfahrens gibt [Shewchuk, 1994].

Um das CG-Verfahren anwenden zu können, muss das Problem (2.90) als Zielfunktion umformuliert werden. Das Aufstellen dieser Zielfunktion wird im folgenden Kapitel erläutert. Das CG-Verfahren minimiert in einem zweistufigen Verfahren die differenzierbare Zielfunktion $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ mit Gradient $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$. In jeder Iteration k des Algorithmus wird im ersten Schritt zunächst der Gradient $g_k \in \mathbb{R}^n$ der Zielfunktion berechnet. Anstatt den Gradienten direkt – wie beim *steepest descent*-Verfahren (engl., Verfahren des steilsten Abstiegs) [Curry, 1944] – als neue Suchrichtung zu verwenden, wird aus ihm der *konjugierte Gradient* $d_k \in \mathbb{R}^n$ berechnet. Alle konjugierten Gradienten sind orthogonal zueinander, was die Minimierung effizienter gestaltet. Jede Suchrichtung wird nur einmal durchlaufen, während beim *steepest descent*-Verfahren die gleiche Suchrichtung mehrmals auftreten kann. In Schritt 3 des Algorithmus wird die Schrittweite α_k für die aktuelle Suchrichtung so angepasst, dass das neue Bild $x_{k+1} = x_k + \alpha_k \cdot d_k$ zu einer Verringerung der Zielfunktion führt. Der dafür verwendete *Armijo-Linesearch* ist ein wenig rechenintensives Verfahren zur Schrittweitensuche [Wolfe, 1969, 1971]. Der iterative Polak-Ribiere-Polyak-Algorithmus ist unter Algorithmus 1 skizziert.

Algorithmus 1 : Polak-Ribiere-Polyak CG-Verfahren

Schritt 0: Setze Konstanten $\delta = 0.1$; $\lambda_0 = 0.2$

Wähle ein Startbild $x_0 \in \mathbb{R}^n$

Setze den Iterationszähler $k = 0$

Schritt 1: Berechne den Gradienten der Zielfunktion $g_k = \nabla f(x_k)$

Schritt 2: Berechne den konjugierten Gradienten

$$d_k = \begin{cases} -g_k & \text{für } k = 0 \\ -g_k + \beta_k^{\text{PRP}} d_{k-1} - \Theta_k y_{k-1} & \text{für } k > 0 \end{cases}$$

$$\text{mit } \beta_k^{\text{PRP}} = \frac{g_k^T \cdot y_{k-1}}{\|g_{k-1}\|^2}$$

$$\text{und } \theta_k = \frac{g_k^T \cdot d_{k-1}}{\|g_{k-1}\|^2}$$

$$y_{k-1} = g_k - g_{k-1}$$

Schritt 3: Schrittweitsuche mit dem *Armijo-Linesearch*:

Wähle die Schrittweite $\alpha_k = \max \left\{ \lambda_0^j, j = 0, 1, 2, \dots \right\}$, für die $f(x_k + \alpha_k d_k) \leq f(x_k) - \delta \alpha_k^2 \|d_k\|^2$ erfüllt ist.

Schritt 4: Berechne das Argument für den nächsten Iterationsschritt

$$x_{k+1} = x_k + \alpha_k d_k.$$

Schritt 5: Erhöhe den Iterationszähler k um 1. Gehe zu **Schritt 1**.

3.3.2 Formulierung der Zielfunktion

Der Minimierungsterm und die Bedingung aus (2.90) werden zu einer gemeinsamen Zielfunktion zusammengefügt:

$$f(x) = \underbrace{\frac{1}{2} \|\mathbf{A}x - y\|_2^2}_{\text{Datenkonsistenz}} + \underbrace{\sum_i \tau_i R_i(x)}_{\text{Regularisierungen}} . \quad (3.12)$$

Der erste Term soll die Datenkonsistenz des Ergebnisses sicherstellen und entspricht im Wesentlichen der Bedingung aus (2.90). In den zweiten Teil der Zielfunktion geht das Vorwissen über das Bild als Summe von Regularisierungstermen ein. Im Falle der CS-Rekonstruktion mit Problem (2.90) ist dies die *Sparsity* des Bildes x in der Basis Ψ , und der Regularisierungsterm lautet

$$R_{i_1} = \|\Psi x\|_1 . \quad (3.13)$$

Jedoch ist man nicht auf diese eine Regularisierung beschränkt. Weiteres Vorwissen kann durch zusätzliche Regularisierungsterme eingebracht werden. Mit den Wichtungsparametern τ_i werden das Vorwissen über das Bild und die Datenkonsistenzbedingung gegeneinander abgewogen. Eine zu starke Wichtung der *Sparsity*-Regularisierung führt im Extremfall zu einem Bild, das komplett aus Nullen besteht.

3.3.3 Totale Variation

Totale Variation erster Ordnung

Die Totale Variation (TV) ist eine wohlbekanntete Methode zur Rauschreduktion in Bildern [Rudin *et al.*, 1992]. Sie ist definiert als Summe über die Beträge der ersten Ableitung eines Bildes,

$$\text{TV}(x) = \sum_{q \in \text{dim}(x)} \left\| \mathbf{D}_q^{(1)} x \right\|_1 , \quad (3.14)$$

wobei $\mathbf{D}_q^{(1)}$ die finiten Differenzen in Raumrichtung q berechnet. Bei einem dreidimensionalen Bild beträgt die Ableitung in x -Richtung am Bildpunkt (u, v, w)

$$\mathbf{D}_x^{(1)} x \Big|_{(u,v,w)} = x(u+1, v, w) - x(u, v, w) . \quad (3.15)$$

Zur Berechnung der Ableitung an den Bildrändern wird das Bild konstant fortgesetzt. Die TV beruht auf der Annahme, dass es sich um stückweise konstante Bilder handelt, also Bilder, die aus Bereichen mit konstanter Intensität zusammengesetzt sind. Bei einem solchen Bild liefert nur die Kante zwischen zwei Intensitätsbereichen einen Beitrag zur Ableitung – das Bild ist unter dieser Transformation *sparse*. Diese Annahme trifft

auf Bilder der medizinischen Diagnostik häufig zu. Auch bei der iterativen Rekonstruktion von Computertomographie-Daten wird die TV eingesetzt [Sidky *et al.*, 2006]. Bei CS-Rekonstruktionen in der MRT wird sie häufig in Kombination mit einer Wavelet-Regularisierung [Lustig *et al.*, 2007] verwendet.

Totale Variation zweiter Ordnung

Der Nachteil der TV ist, dass glatte Intensitätsübergänge in Bildern nicht gut wiedergegeben werden. Stattdessen entsteht in diesen Bereichen ein Treppeneffekt – eine Abfolge von Stufen konstanter Intensität, der den Bildern ein comic-artiges Aussehen verleiht. Dem kann Abhilfe verschafft werden, indem eine TV zweiter Ordnung verwendet wird, im Folgenden mit $TV^{(2)}$ bezeichnet [Geman und Yang, 1995; Block *et al.*, 2007].

Die $TV^{(2)}$ ist eine Kombination der ersten und zweiten Ableitung des Bildes,

$$TV^{(2)}(x) = \sum_{q \in \dim(x)} \left(\alpha \left\| \mathbf{D}_q^{(1)} x \right\|_1 + (1 - \alpha) \left\| \mathbf{D}_q^{(2)} x \right\|_1 \right), \quad (3.16)$$

mit

$$\mathbf{D}_x^{(2)} x \Big|_{(u,v,w)} = x(u+1, v, w) + x(u-1, v, w) - 2x(u, v, w). \quad (3.17)$$

Aus Gleichung (3.15) und (3.17) geht hervor, dass

$$\mathbf{D}_q^{(2)} = \mathbf{D}_q^{(1)\top} \mathbf{D}_q^{(1)} x. \quad (3.18)$$

Die Wichtung zwischen erster und zweiter Ableitung wurde nach [Geman und Yang, 1995] $\alpha = 0,77$ gewählt.

Die relative Wichtung der totalen Variation in der Zielfunktion (3.12) wird im Folgenden mit $\tau_{TV^{(1)}}$ bzw. $\tau_{TV^{(2)}}$ bezeichnet.

3.3.4 Anatomisches Vorwissen (1): Die Trägerregion

In der MRT werden räumlich begrenzte Objekte abgebildet. Alle Intensitätswerte im rekonstruierten Bild, die außerhalb dieses Objekts auftreten, werden durch Rauschen oder Artefakte verursacht. Dieses Vorwissen kann in Form einer Trägerregion eingebracht werden. Dabei handelt es sich um eine Binärmaske (BM), die angibt, welche Voxel des Bildes zum dargestellten Objekt gehören und welche keine Intensität tragen sollten. [Plevritis und Macovski, 1995a,b] zeigten, dass die Verwendung einer Trägerregion in der MR-spektroskopischen Bildgebung (MRSI) zu einer erhöhten Auflösung der rekonstruierten Bilder führt. Die Trägerregion ist die einfachste Form anatomischen Vorwissens, die nur die äußere Gestalt des Objekts enthält.

In dieser Arbeit wurde die Trägerregion aus einem registrierten ^1H -Bild mit hohem SNR gewonnen. Dafür wird das ^1H -Bild zunächst durch Schwellwertbildung segmentiert. Als

Schwellwert wird dafür das erste Minimum im Histogramm des ^1H -Bildes verwendet. Durch morphologisches *Closing* mit einem kreisförmigen Strukturelement werden anschließend kleine Löcher in der Maske entfernt. Die einzelnen Schritte des *Closing* werden in Abbildung 3.3 veranschaulicht. Zunächst findet eine Dilatation mit dem Strukturelement statt, also eine Ausdehnung der Binärmaske, die durch Größe und Form des Strukturelements vorgegeben ist. Dadurch vergrößert sich die Maske und Lücken im Inneren werden verkleinert oder geschlossen. Es folgt die Erosion mit dem gleichen Strukturelement, bei der die Maske an ihren Rändern wieder verkleinert wird und ihre ursprüngliche Größe zurückerhält. Lücken im Inneren, die durch die Dilatation geschlossen wurden, bleiben dabei geschlossen. Bei Verwendung eines zu kleinen Strukturelements ist das *Closing* nicht vollständig und es verbleiben Lücken in der Maske (siehe Abbildung 3.3a).

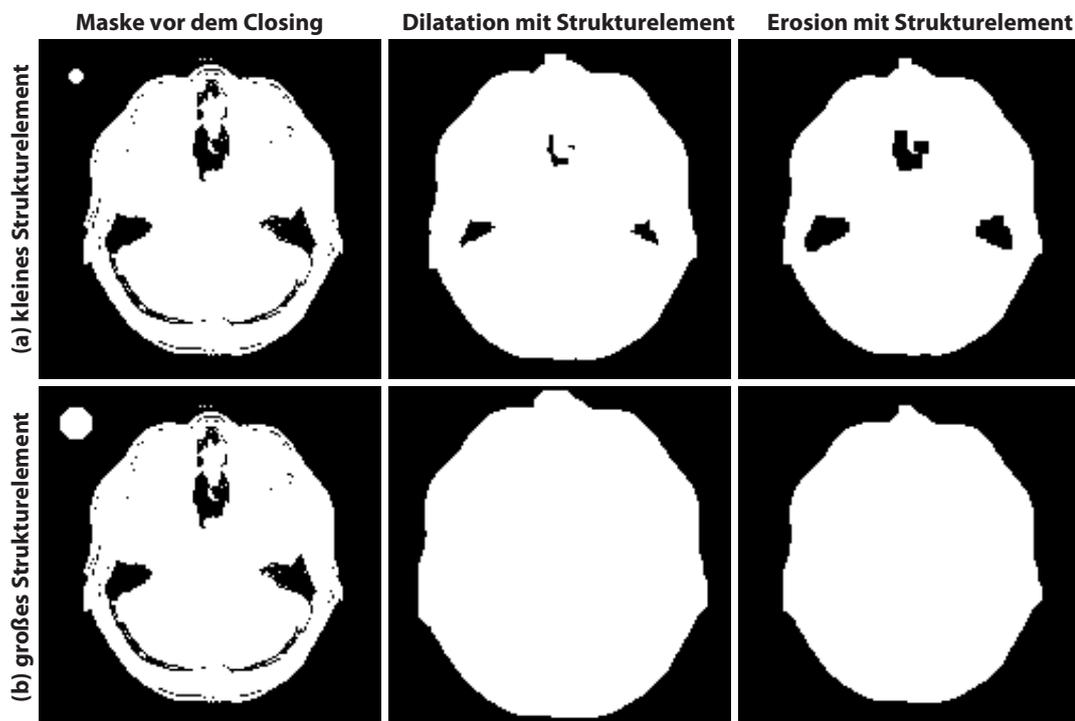


Abbildung 3.3: Morphologisches *Closing* einer Binärmaske mit einem kreisförmigen Strukturelement. (a) *Closing* mit einem kleinen Strukturelement, $r = 4$ Pixel. (b) *Closing* mit einem großen Strukturelement, $r = 8$ Pixel. Das Strukturelement ist jeweils in der linken oberen Ecke des ersten Bildes dargestellt. Von links nach rechts sind die einzelnen Schritte des *Closing* zu sehen: Die Maske mit Strukturelement vor dem *Closing*, die Maske nach Dilatation mit dem Strukturelement und die Maske nach anschließender Erosion mit dem Strukturelement. Das kleine Strukturelement schafft es dabei nicht, alle Lücken in der Maske zu schließen.

Nach durchgeführtem *Closing* entsteht durch Invertierung der Maske eine BM, die innerhalb des Objekts den Wert 0 und außerhalb den Wert 1 annimmt. Die Trägerregion soll dazu verwendet werden, Voxelintensitäten außerhalb des Objekts zu bestrafen. Daher kann als einfacher Regularisierungsterm die l_2 -Norm über alle Pixelintensitäten außerhalb

des Objekts verwendet werden. Mathematisch wird dies durch eine Matrixmultiplikation ausgedrückt:

$$R_{\mathbf{BM}}(x) = \|\mathbf{BM} \cdot x\|_2^2, \quad (3.19)$$

wobei \mathbf{BM} eine Diagonalmatrix ist, deren Elemente die vorher berechnete BM enthalten. Da alle Intensitäten außerhalb des Objekts möglichst klein sein sollen, ist die l_2 -Norm gut geeignet (siehe auch Kapitel 2.4.3 und Abbildung 2.9). Die relative Wichtung dieser Binärmaskenregularisierung in der Zielfunktion wurde mit $\tau_{\mathbf{BM}}$ bezeichnet.

3.3.5 Anatomisches Vorwissen (2): Gewichtete totale Variation

MR-Bilder verschiedener Kontraste der gleichen Körperregion sind hochkorreliert. Insbesondere in Aufnahmen unbeweglicher Organe sind anatomische Strukturen, wie beispielsweise die Liquorräume des Gehirns, sowohl in ^1H - als auch in ^{23}Na -Bildern gut sichtbar dargestellt.

[Haldar *et al.*, 2008] schlugen eine iterative Rekonstruktion mit einer gewichteten quadratischen Regularisierung vor. Die Wichtungsfaktoren geben dabei die Konfidenz des Gewebeübergangs an. In dieser Arbeit wurde diese Idee der anatomischen Wichtung weiterentwickelt. An Stelle der quadratischen Regularisierung aus [Haldar *et al.*, 2008] wurde die $\text{TV}^{(2)}$ (3.16) verwendet. Auch die Berechnung der anatomischen Wichtungsfaktoren wurde angepasst.

Der Regularisierungsterm der anatomisch gewichteten totalen Variation zweiter Ordnung (engl. *Anatomically Weighted 2nd order Total Variation*, AnaWeTV) hat die Gestalt

$$R_{\text{AnaWeTV}}(x) = \sum_{q \in \dim(x)} \left(\alpha \left\| \mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(1)} x \right\|_1 + (1 - \alpha) \left\| \mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(2)} x \right\|_1 \right), \quad (3.20)$$

wobei $\mathbf{D}_q^{(1)}$ und $\mathbf{D}_q^{(2)}$ die erste und zweite Ableitung des Bildes in Richtung q nach (3.15) und (3.17) mit relativer Wichtung $\alpha = 0,77$ sind. \mathbf{W}_q ist eine Diagonalmatrix, die anatomische *A-priori*-Informationen in Form von Wichtungsfaktoren enthält. Diese werden direkt aus einem hochaufgelösten ^1H -Referenzbild mit hohem SNR gewonnen, das vor der Berechnung auf die *Gridding*-Rekonstruktion des ^{23}Na -Datensatzes registriert und auf seinen Maximalwert normiert wird. Für alle Registrierungen wurde das FLIRT-Programm der FSL-Bibliothek [Jenkinson und Smith, 2001; Jenkinson *et al.*, 2002] verwendet.

Als Konfidenz c_q für das Vorliegen einer Gewebegrenze wird die erste Ableitung des Referenzbildes r verwendet,

$$c_q = \mathbf{D}_q r. \quad (3.21)$$

Der Kehrwert dieses Konfidenzwertes ergibt einen Wichtungsfaktor,

$$w_{q,i} = \min \left\{ \frac{1}{c_{q,i}}, w_{\max} \right\}, \quad (3.22)$$

wobei der Parameter w_{\max} kontrolliert, ab welcher Stärke eine Signaländerung im Referenzbild als anatomische *A-priori*-Information verwendet wird. Bei einem kleinen Wert von w_{\max} tragen nur die stärksten Kanten im Referenzbild bei. Die Wichtungsfaktoren werden anschließend auf Werte von 0 bis 1 normiert. Alle Werte < 1 , die anatomische Wichtungsinformationen tragen, werden zusätzlich mit einem Faktor 0,1 multipliziert, um den Effekt auf das rekonstruierte Bild zu verstärken. Die Diagonalmatrix aus (3.20) lautet damit

$$(\mathbf{W}_q)_{ii} = \begin{cases} 0,1 \cdot \frac{w_{q,i} - \min(w_q)}{w_{\max} - \min(w_q)} & \text{für } w_{q,i} < w_{\max} \\ 1 & \text{für } w_{q,i} = w_{\max} \end{cases}. \quad (3.23)$$

Ihre Wichtung in der Zielfunktion wurde mit τ_{AnaWeTV} bezeichnet.

3.3.6 Systemmatrix und Datenkonsistenzterm

Die Systemmatrix \mathbf{A} im Datenkonsistenzterm der Gleichung (3.12) ist eine mathematische Beschreibung des Bildgebungsprozesses. Im Falle der verwendeten 3D-DAPR-Sequenz beinhaltet sie eine inverse FFT \mathcal{F}^{-1} und anschließende Interpolation auf die radiale k -Raum-Trajektorie \mathcal{G} und läuft analog zur *Gridding*-Rekonstruktion ab – wenn auch in umgekehrter Richtung,

$$\mathbf{A} = \mathcal{G}\mathcal{F}^{-1}\mathcal{E}. \quad (3.24)$$

Die Matrix \mathcal{E} beinhaltet die Entfaltung des Bildes mit der Fouriertransformierten des *Gridding*-Kerns, welche als erstes durchgeführt wird. Für die Interpolation wird derselbe Kaiser-Bessel-Faltungskern verwendet wie bei der *Gridding*-Rekonstruktion.

Im CG-Verfahren muss in jedem Iterationsschritt der Gradient der Zielfunktion berechnet werden. Der Gradient des Datenkonsistenzterms

$$K(x) = \frac{1}{2} \|\mathbf{A}x - y\|_2^2 \quad (3.25)$$

ist gegeben durch

$$\nabla K(x) = \mathbf{A}^\dagger \mathbf{A}x - \mathbf{A}^\dagger y \quad (3.26)$$

mit der adjungierten Matrix $\mathbf{A}^\dagger = \mathcal{E}\mathcal{F}\mathcal{G}^T$. Dabei ist \mathcal{G}^T die Interpolation der radialen Daten auf das kartesische Gitter. Abgesehen von der hier fehlenden Dichtekompensation entspricht \mathbf{A}^\dagger also dem in Abschnitt 3.2.2 beschriebenen *Gridding*-Prozess.

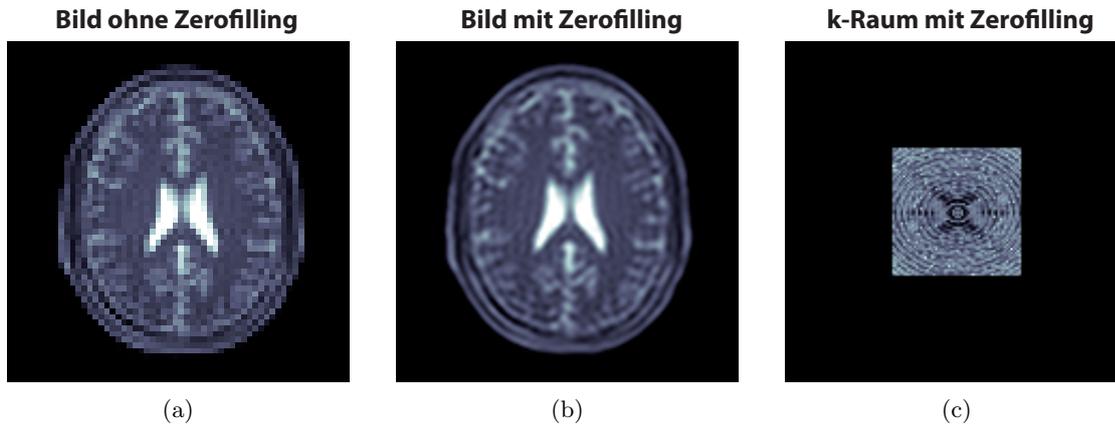


Abbildung 3.4: Simuliertes MR-Kopfbild der *brainweb*-Bibliothek [Cocosco *et al.*, 1997] mit $(4\text{ mm})^3$ Auflösung: (a) Darstellung mit 60×60 Pixeln, wobei die Kantenlänge der Pixel der Auflösung entspricht. Dadurch wirken Strukturen kantig. (b) Dasselbe Bild interpoliert auf 160×160 Pixel mittels *Zerofilling* und (c) zugehöriger *k*-Raum, der mit Nullen aufgefüllt wurde. Obwohl das Bild nicht mehr Informationen enthält als (a), ist die Anatomie besser wahrnehmbar.

3.3.7 Differenzierbarkeit der l_1 -Norm

Die l_1 -Norm besteht aus einer Summe von Beträgen. Da die Betragsfunktion nicht bei 0 differenzierbar ist, ist der Gradient der Zielfunktion nicht überall definiert. Dieses Problem kann umgangen werden, indem die Betragsfunktion durch eine glatte, überall differenzierbare Funktion angenähert wird [Lustig *et al.*, 2007]:

$$|x| \approx \sqrt{x^*x + \epsilon}. \quad (3.27)$$

Hierbei ist ϵ ein Glättungsparameter, der in dieser Arbeit auf den konstanten Wert 10^{-9} festgesetzt wurde. Die Ableitung von (3.27) ist:

$$\frac{d}{dx}|x| \approx \frac{x}{\sqrt{x^*x + \epsilon}}. \quad (3.28)$$

Die Berechnung der Gradienten der Regularisierungsterme (3.16), (3.19) und (3.20) wird in Anhang A näher erläutert.

3.3.8 Datenextrapolation

Abbildungen, die aus einer zu geringen Anzahl an Pixeln bestehen – bei denen also die Kantenlänge der Pixel zu groß ist –, sind für die menschliche Wahrnehmung ungewohnt und die Mustererkennung ist deutlich erschwert. Daher ist es üblich, niedrig aufgelöste Bilder zur Darstellung auf eine größere Matrix zu interpolieren. Bei herkömmlich rekonstruierten Bildern wird dafür das *Zerofilling* verwendet: Das Bild wird fouriertransformiert und die äußeren Frequenzen im *k*-Raum durch Nullen aufgefüllt. Die inverse Fouriertransformation

liefert dann ein interpoliertes Bild. Der Unterschied zwischen einem niedrig aufgelösten MR-Bild des Gehirns mit und ohne *Zerofilling* wird in Abbildung 3.4 demonstriert.

Bei der iterativen Rekonstruktion macht es einen Unterschied, ob das Bild erst nach dem Rekonstruktionsprozess auf die größere Matrix interpoliert wird oder ob der iterative Prozess bereits auf der größeren Matrix stattfindet. Anstatt wie im oberen Fall die fehlenden k -Raum-Frequenzen auf Null zu setzen, führen die Regularisierungsterme in letzterem Fall zu einer iterativen Extrapolation dieser Werte [Block, 2008]. Für die Datenkonsistenz werden weiterhin nur die gemessenen niedrigen k -Raum-Frequenzen herangezogen. In dieser Arbeit wurden alle iterativen Rekonstruktionen auf einer größeren Matrix mit Extrapolation der hohen k -Raum-Frequenzen durchgeführt.

3.3.9 Konkrete Umsetzung

Der iterative Rekonstruktionsalgorithmus wurde mit der Programmiersprache C++ implementiert und verwendet die FFTW-Bibliothek [Frigo und Johnson, 2005]. Alle oben genannten Regularisierungen können beliebig miteinander kombiniert werden. Für die Berechnung der Rekonstruktionen standen neben einem Desktop-PC⁵ auch vier identische Knoten⁶ eines Rechenclusters zur Verfügung.

Die *Gridding*-Rekonstruktionen sowie die Evaluation der entstandenen Bilder erfolgten in der Programmierumgebung MATLAB R2011b (The MathWorks, Inc., Natick, USA).

3.4 Messphantom

Neue Verfahren in der medizinischen Bildgebung werden an Modellaufbauten, sogenannten Messphantomen, getestet, die aus kontrastgebenden Strukturen bestehen. In dieser Arbeit wurde ein Auflösungs- und Konzentrationsphantom verwendet, um zu testen, wie präzise Natriumkonzentrationen bei verschiedenen Rekonstruktionsverfahren bestimmt werden können. Der zylindrische Körper ($d = 20$ cm) ist mit 0,6%iger NaCl-Lösung gefüllt. In fünf Reihen sind Auflösungsstäbchen mit einem jeweiligen Durchmesser von 4, 6, 8, 10 und 12 mm angeordnet. Der Abstand der Stäbchen entspricht ihrem Durchmesser. Zusätzlich beinhaltet das Phantom sechs Röhrchen mit 16 mm Durchmesser und 1 mm Wandstärke, die NaCl-Lösungen mit Konzentrationen zwischen 0,6 und 1,2% enthalten. Abbildung 3.5 zeigt einen simulierten Schnitt durch das Phantom.

⁵Intel® Core™ i7 CPU 870; 2,93 GHz; 16 GB Arbeitsspeicher; Betriebssystem: Windows 7 Enterprise

⁶HP SL 170s G6 Intel Xeon E5649; x86-64bit Architektur; 2,53 GHz; hyper-threading aktiviert; je CPU 6/12 physikalische/virtuelle Kerne; 48 GB Arbeitsspeicher; Betriebssystem: Windows HPC Server 2008 R2; Cluster-Management: Microsoft HPC Pack 2008 R2

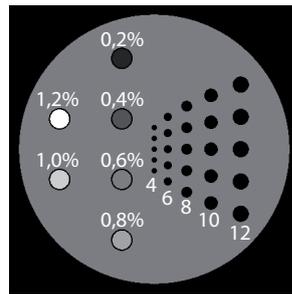


Abbildung 3.5: Simulation eines Schnitts durch das Auflösungs- und Konzentrationsphantom. Die Durchmesser der Stäbchenreihen sind in Millimeter angegeben. Der Körper des Phantoms ist mit 0,6%iger NaCl-Lösung gefüllt. Die Konzentration der NaCl-Lösungen in % in den sechs Auflösungsstäbchen ist ebenfalls im Bild angegeben.

3.5 Simulationen

3.5.1 Erzeugung radialer MR-Datensätze des Gehirns

Das Potential der iterativen Rekonstruktionsverfahren wurde an simulierten Datensätzen abgeschätzt. Simulationen haben den Vorteil, dass das *wahre* Bild – die *ground truth* – bekannt ist und die Rekonstruktion damit abgeglichen werden kann. Außerdem können alle Einflüsse auf das Bild wie Rauschen, Unterabtastung, etc. genau kontrolliert werden. Iterative Rekonstruktionsverfahren wie das CS sind stark vom Inhalt, genauer von der Komprimierbarkeit, des zu rekonstruierenden Bildes abhängig. Aus diesem Grund können Phantome sehr viel besser rekonstruiert werden als komplexe anatomische Strukturen.

Um über Simulationen die Leistungsfähigkeit des Rekonstruktionsalgorithmus in menschlicher Anatomie realistisch einschätzen zu können, wurde ein simulierter Kopfdatensatz entwickelt. Er basiert auf hoch aufgelösten ^1H -Bildern der *brainweb*-Datenbank [Cocosco *et al.*, 1997]⁷. Für die Erzeugung eines radialen Datensatzes aus dem ursprünglichen Bild der Datenbank mit $(1\text{ mm})^3$ Auflösung werden folgende Schritte ausgeführt:

- FFT des ursprünglichen Bildes
- Abschneiden der hohen k -Raum-Frequenzen, um die gewünschte Auflösung nach Gleichung (2.73) zu erhalten
- Interpolation des kartesischen k -Raumes auf die radiale Trajektorie mit einem Kaiser-Bessel-Faltungskern \mathcal{G}

Wird ein Bild aus diesem Datensatz rekonstruiert, ergibt sich die Abweichung vom Ausgangsbild durch eine Kombination aus Rekonstruktionseffekten und Interpolationsfehlern bei der Erzeugung des radialen Datensatzes. Für die Beurteilung des Rekonstruktionsalgorithmus sind nur die Rekonstruktionseffekte relevant. Daher wurde in der Auswertung die *Gridding*-Rekonstruktion eines generierten radialen Datensatzes mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung verwendet.

Der radiale Datensatz kann mit beliebigen Parametern der 3D-DAPR-Sequenz erzeugt

⁷<http://brainweb.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/>

werden. Es wurden zwei T_2 -gewichtete Bilder der *brainweb*-Datenbank gewählt, da diese einen ähnlichen Kontrast wie ^{23}Na -Bilder besitzen. Sie zeigen ein gesundes Gehirn und dasselbe Gehirn mit MS-Läsionen. Gaußverteilt, komplexes Rauschen wurde zu den Datensätzen addiert.

3.5.2 Simulierte Datensätze

| nominelle Auflösung [mm] | Projektionen (UAF = 1/2/4) | rad. Daten- punkte | ursprüngliche Matrixgröße | rekonstruierte Matrixgröße |
|--------------------------------|-------------------------------|--------------------------|------------------------------|-------------------------------|
| 2 | 45000/22500/11250 | 512 | $(120)^3$ | $(160)^3$ |
| 3 | 20000/10000/5000 | 384 | $(80)^3$ | $(160)^3$ |
| 4 | 11000/5500/2750 | 384 | $(60)^3$ | $(160)^3$ |
| 6 | 5000/2500/1250 | 256 | $(40)^3$ | $(160)^3$ |
| 8 | 2800/1400/700 | 256 | $(30)^3$ | $(160)^3$ |

Tabelle 3.1: Simulierte Datensätze und für die Rekonstruktion verwendete Matrixgrößen. Alle Bilder wurden auf dieselbe Matrixgröße rekonstruiert, um die Bildevaluation mit dem $(1,5\text{ mm})^3$ -Referenzbild zu ermöglichen. Alle Datensätze wurden mit zwei verschiedenen Rauschpegeln simuliert.

Es wurden simulierte Datensätze des gesunden Gehirns mit verschiedenen Auflösungen, Unterabtastungsfaktoren (UAF) und Rauschpegeln erstellt. Tabelle 3.1 gibt einen Überblick über die simulierten Datensätze und Matrixgrößen, die bei der Rekonstruktion verwendet wurden. Die rekonstruierte Matrixgröße entsprach der des Referenzbildes mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung, das für die Bildevaluation (siehe Kapitel 3.6) verwendet wurde. Alle Datensätze wurden jeweils mit zwei verschiedenen Rauschpegeln simuliert. Dabei wurde die Rauschamplitude so angepasst, dass sich für jede Auflösung und jeden UAF etwa dasselbe SNR im *Gridding*-Bild ergab⁸, um den Einfluss von UAF und Rauschpegel auf die rekonstruierte Bildqualität trennen zu können. Rauschpegel 1 entspricht einem mittleren SNR von 14 in WM und von 48 im Liquor der lateralen Ventrikel im *Gridding*-Bild. Die *Gridding*-Rekonstruktion der Datensätze mit Rauschpegel 2 weisen halb so große SNR-Werte auf.

Darüber hinaus wurde ein simulierter Datensatz des Gehirns mit MS-Läsionen mit $(3\text{ mm})^3$ Auflösung und UAF = 4 erstellt. Die Matrixgrößen wurden so eingestellt wie bei der Simulation ohne MS-Läsionen. Das *Gridding*-Bild dieses Datensatzes besitzt mittlere SNR-Werte von 10 in WM und 22 im Liquor der lateralen Ventrikel. Als Extrembeispiel wurde ein weiterer Datensatz des Gehirns mit MS-Läsionen mit $(2\text{ mm})^3$ Auflösung und UAF = 10 erstellt. Das SNR des *Gridding*-Bildes beträgt 12 in WM und 24 im lateralen Ventrikel.

⁸Bei gleichbleibender Rauschamplitude würde das SNR bei Unterabtastung um einen Faktor $1/\sqrt{\text{UAF}}$ sinken. Erst bei größeren UAF werden die Abstände zwischen zwei Projektionen im k -Raum so groß, dass beim *Gridding* „Lücken“ im kartesischen k -Raum entstehen, die wie ein Filter wirken.

3.6 Quantitative Bewertung der Rekonstruktionen

Iterative Rekonstruktionsverfahren zielen auf eine Verbesserung der Bildqualität im Vergleich zu einer herkömmlichen *Gridding*-Rekonstruktion ab. Sowohl für eine Einschätzung dieser Verbesserung als auch für eine Optimierung der iterativen Rekonstruktionsparameter ist es wichtig, objektive Parameter für die Beurteilung der Bildqualität zu finden. Allerdings ist eine quantitative Bewertung der Bildqualität sehr schwierig. Das erste Problem besteht darin, dass es keine einheitlichen Maßstäbe gibt, was ein *gutes* Bild ausmacht. Hinzu kommt, dass verschiedene Qualitätsparameter oft gegenläufig reagieren: Ein einfacher Gaußfilter reduziert zwar Rauschen und Bildartefakte, verwischt jedoch gleichzeitig Bilddetails, so dass die Auflösung schlechter wird. Ob man das unscharfe, rauscharme oder das verrauschte, höher aufgelöste Bild bevorzugt, hängt nicht zuletzt von der Fragestellung ab, die hinter der Bildgebung steht.

In dieser Arbeit wurden folgende Bildparameter zur Qualitätsbeurteilung herangezogen:

- SNR
 ^{23}Na -MR-Aufnahmen weisen nur ein geringes SNR auf (siehe Kapitel 2.2.1 und 2.2.2), wodurch die Bildqualität durch Rauschen beeinträchtigt wird. Ein zu geringes SNR kann die Sichtbarkeit von Strukturen behindern und führt zu großen Fehlern bei der Quantifizierung von Natriumkonzentrationen. Iterative Rekonstruktionsverfahren unterdrücken das Rauschen in aller Regel und führen so zu einem höheren SNR.
- Artefakte
Bildstörungen, durch die das Bild von der tatsächlich vorliegenden gewichteten Spindichtevertelung abweicht, werden in der MRT als Artefakte bezeichnet. Es gibt eine große Anzahl verschiedener Artefakte, die im Allgemeinen durch die Unvollkommenheit der Datenakquisition oder Bildrekonstruktion entstehen. Zwei spezielle Artefakte, die die Qualität von ^{23}Na -Aufnahmen erheblich beeinträchtigen können, sind Gibbs-Oszillationen und Streifenartefakte, die vom Grad der Unterabtastung abhängen. Beide werden mit abnehmender Auflösung störender. Bis zu einem gewissen Maß können auch sie durch iterative Rekonstruktionsverfahren reduziert werden.
- Räumliche Auflösung
Eine möglichst hohe Auflösung ist der zentrale Qualitätsparameter in jeder Bildgebungstechnik. Durch Auflösungsverluste gehen Informationen verloren, z.B. wird bei geringer Auflösung der Fehler bei der Quantifizierung von Natriumkonzentrationen größer. Andererseits ist eine hohe Auflösung nutzlos, wenn gleichzeitig Artefakte und Rauschen die Bilddetails überdecken. Alle Verfahren, die das Rauschen und Artefakte reduzieren, führen gleichzeitig zu einem Auflösungsverlust. Erstrebenswert ist eine rausch- und artefaktreduzierte Rekonstruktion, die gleichzeitig die Auflösung möglichst gut erhält.
- Intensität
Für die diagnostische Anwendung der ^{23}Na -MRT ist eine Quantifizierung der Natriumkonzentration unerlässlich. Daher ist es wichtig, dass Intensitätswerte und ihre relative Änderung im rekonstruierten Bild korrekt wiedergegeben werden. Der Partialvolumeneffekt führt zu einer Verwischung der Intensitäten, wodurch insbesondere die Intensität kleiner Strukturen falsch wiedergegeben werden kann.

- Kontrast

Sowohl eine reduzierte Auflösung als auch die Verwischung der Intensität durch Partialvolumeneffekte äußern sich in einem Kontrastverlust kleiner Strukturen. Über eine Messung des Kontrasts können daher Auflösung und Ausmaß der Partialvolumeneffekte im Bild abgeschätzt werden.

Die Bildqualität verschiedener Rekonstruktionsverfahren wurde durch eine Kombination unterschiedlicher Maße analysiert. Die gebräuchlichsten Qualitätsmaße werden in Bezug auf ein vollständiges Referenzbild berechnet. Deshalb wird immer das *wahre* Bild benötigt, mit dem die Rekonstruktion verglichen werden kann. Im Falle von ^{23}Na können diese Maße nur zur Beurteilung der Rekonstruktion simulierter Daten angewandt werden – es ist nicht möglich, ein ^{23}Na -Bild aufzunehmen, das den Qualitätsansprüchen eines Referenzbildes genügt. Dafür gibt es mehrere Gründe: Ab einer Auflösung von $\gtrsim (2\text{ mm})^3$ beginnen die Gibbs-Oszillationen (Abschnitt 2.2.4) die Bildqualität zu beeinträchtigen. Daher müsste die Auflösung des Referenzbildes mindestens $(2\text{ mm})^3$ betragen. ^{23}Na -Bilder mit dieser Auflösung, die in einer vertretbaren Zeit (bis zu einer Stunde) aufgenommen wurden, besitzen ein viel zu niedriges SNR (Abschnitt 2.2.2), um als Referenz zu dienen.

Zwei referenzbasierende Maße, die zur Beurteilung der Simulationsdaten verwendet wurden, werden in den Abschnitten 3.6.1 und 3.6.2 anhand von Beispielen erläutert. Für die Beurteilung der Rekonstruktionen gemessener ^{23}Na -MR-Daten wurden Kontrast und Rauschen über Bildregionen (engl. *region of interest*, ROI) abgeschätzt (Abschnitt 3.6.3). Darüber hinaus wurde das SNR pixelweise mit dem Pseudo-Multireplikverfahren [Robson *et al.*, 2008] berechnet (Abschnitt 3.6.4). Die Präzision rekonstruierter Intensitätswerte wurde anhand bekannter Natriumkonzentrationen am Messphantom, sowie an simulierten Daten eines Gehirns mit MS-Läsionen getestet.

3.6.1 Quadratisches Mittel der Abweichung

Der quadratische Mittelwert des Fehlers (engl. *root mean squared error*, RMSE) ist ein weit verbreitetes und wohlbekanntes Maß zur Qualitätsbeurteilung in der Signalverarbeitung. Für ein Signal $x \in \mathbb{R}^n$ und die Referenz $r \in \mathbb{R}^n$ ist der RMSE definiert als

$$\text{RMSE}(x, r) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - r_i)^2}. \quad (3.29)$$

Er kann als „Energie“ des Fehlersignals interpretiert werden [Wang und Bovik, 2009]. Mit Hilfe einer Binärmaske des gemessenen Objekts wurde der RMSE allein aus Werten innerhalb des Objekts berechnet. Dadurch wird die Bildbeurteilung nicht durch Artefakte oder Rauschen außerhalb des Objekts verfälscht.

3.6.2 Strukturelle Ähnlichkeit

Von [Wang *et al.*, 2004] wurde die strukturelle Ähnlichkeit (engl. *structural similarity*, SSIM) als neues Qualitätsmaß eingeführt. Im Gegensatz zum RMSE ist die SSIM durch

ihre Definition vom Bildinhalt abhängig. Sie beruht auf der Tatsache, dass die menschliche Wahrnehmung auf das Erkennen von Strukturen optimiert ist. Die Bildqualität wird über den Erhalt oder Verlust an Bildstrukturen definiert. Die SSIM setzt sich aus drei Bestandteilen zusammen: Luminanz, Kontrast und Struktur.

Für das Bild $x \in \mathbb{R}^n$ und die Referenz $r \in \mathbb{R}^n$ werden Mittelwert

$$\mu_x = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i, \quad (3.30)$$

und Standardabweichung

$$\sigma_x = \sqrt{\frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (x_i - \mu_x)^2}, \quad (3.31)$$

berechnet. Aus ersterer wird die Luminanz durch

$$l(x, r) = \frac{2\mu_x\mu_r + C_1}{\mu_x^2 + \mu_r^2 + C_1} \quad (3.32)$$

abgeschätzt. Analog dazu wird aus den Standardabweichungen ein Maß für den Kontrast berechnet:

$$c(x, r) = \frac{2\sigma_x\sigma_r + C_2}{\sigma_x^2 + \sigma_r^2 + C_2}. \quad (3.33)$$

Der Vergleich der Strukturen in beiden Bildern findet über ihren Korrelationskoeffizienten

$$\sigma_{xr} = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (x_i - \mu_x)(r_i - \mu_r) \quad (3.34)$$

statt. Das Strukturmaß ist dann

$$s(x, r) = \frac{\sigma_{xr} + C_3}{\sigma_x\sigma_r + C_3}. \quad (3.35)$$

Die Konstanten C_i wurden eingeführt, um die Stabilität der Terme bei kleinen Nennern zu garantieren. Alle drei Maße werden schließlich zur SSIM kombiniert,

$$\text{SSIM}(x, r) = l(x, r)^\alpha \cdot c(x, r)^\beta \cdot s(x, r)^\gamma. \quad (3.36)$$

Über $\alpha, \beta, \gamma > 0$ kann die Relevanz der einzelnen Komponenten gegeneinander abgewogen werden. In dieser Arbeit wurden alle Konstanten wie in [Wang *et al.*, 2004] gewählt⁹.

⁹ $\alpha = \beta = \gamma = 1$. Die Konstanten wurden auf $C_i = (K_i L)^2$ gesetzt, wobei L den Dynamikbereich der Pixelintensitäten angibt. $K_1 = 0.01$, $K_2 = 0.03$, $K_3 = 0.015$.

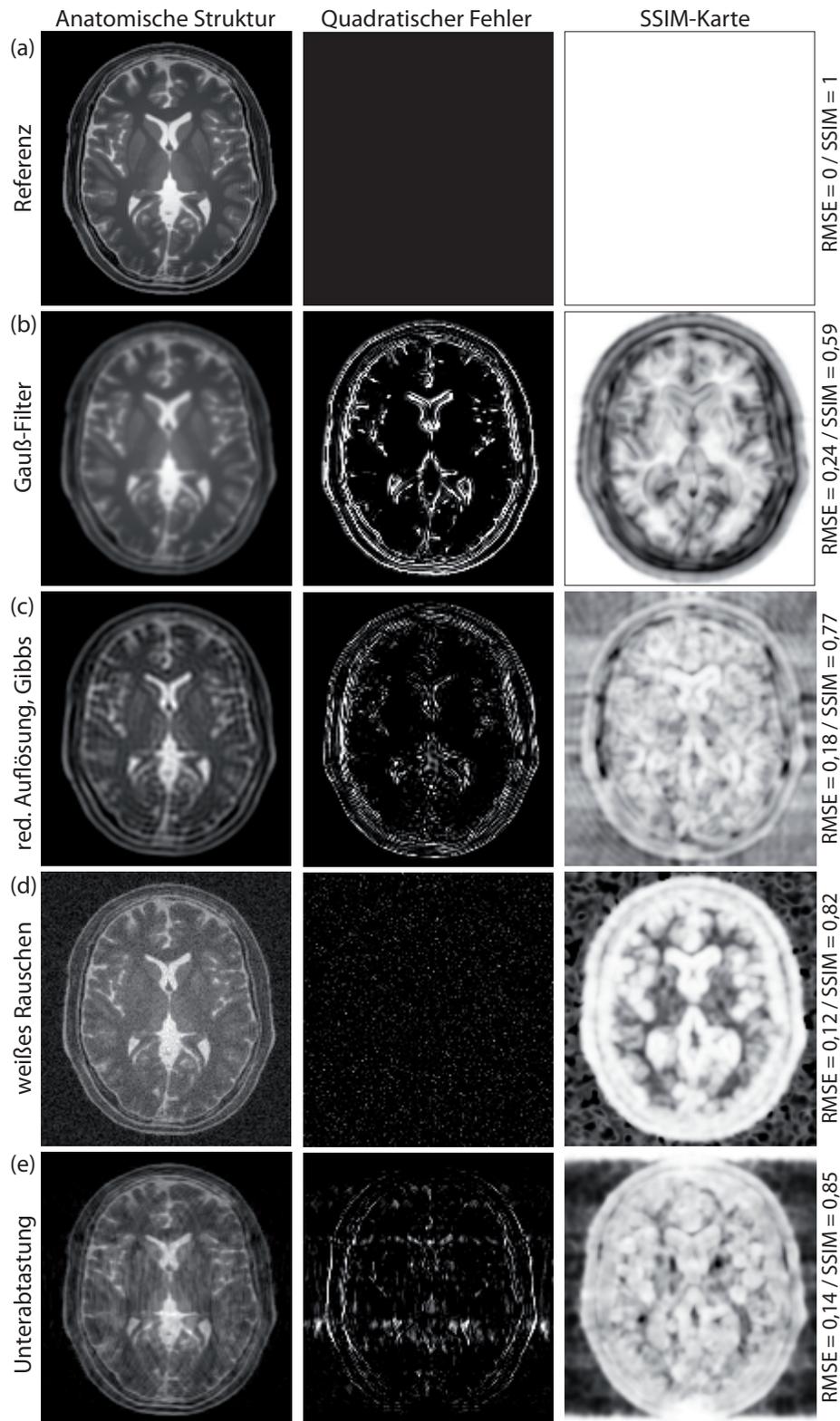


Abbildung 3.6: Vergleich von RMSE und SSIM an simulierten MR-Daten des Gehirns. Von oben nach unten werden (a) das originale Referenzbild, (b) das Bild mit einem Gauß-Filter, (c) das Bild mit reduzierter Auflösung und dadurch verursachten Gibbs-Oszillationen, (d) das Bild mit addiertem weißem Rauschen und (e) das zufällig kartesisch unterabgetastete Bild gezeigt. Die SSIM der verschiedenen Bilder unterscheidet sich deutlicher als der RMSE. An der SSIM-Karte ist sichtbar, welche Bildbereiche in der Wahrnehmung am stärksten von der jeweiligen Störung betroffen sind. Das Differenzbild ist unabhängig vom Bildinhalt, was v.a. bei Bild (d) deutlich wird. Beide Bildmaße beurteilen höher aufgelöste Bilder (d) und (e) besser als solche mit Auflösungsverlust (b) und (c).

Da die Strukturen eines Bildes lokal sehr unterschiedlich sein können, wird die SSIM lokal in der Umgebung jedes Pixels berechnet. Um Block-Artefakte zu verhindern, wird vor der Berechnung ein leichter Gaußfilter auf den lokalen Bildausschnitt angewandt. Der öffentlich verfügbare Matlab-Code¹⁰ wurde für diese Arbeit auf dreidimensionale Bilder erweitert. Es wurde ein Gauß-Filter mit der Halbwertsbreite $\sigma = 1,5 \text{ pix}$ verwendet. Die SSIM wird dabei lokal in Blöcken mit $5 \times 5 \times 5$ Voxeln berechnet. Als Bildmaß wird der Mittelwert der SSIM innerhalb des Objekts berechnet.

Abbildung 3.6 zeigt einen Vergleich von RMSE und SSIM an einem simulierten MR-Kopfdatensatz mit verschiedenen Bildstörungen. Beide Maße bewerten die Bilder mit Auflösungsverlust (b) und (c) schlechter als die mit erhaltener Auflösung (d) und (e), wobei die Unterschiede bei der SSIM etwas stärker sind. Der Unterschied zwischen RMSE und SSIM wird in (d) am deutlichsten: Die RMSE-Karte zeigt das homogen über das Bild verteilte Rauschen, während die SSIM das Rauschen an Kanten besser bewertet als in Flächen konstanter Intensität. Das unterabgetastete Bild (e) besitzt die höchste SSIM der gezeigten Beispiele – Auflösung und Kontrast entsprechen dem Referenzbild. Die SSIM sinkt in Bereichen konstanter Intensität, die Streifenartefakte enthalten.

3.6.3 Kontrast

Der Kontrast des rekonstruierten Bildes wurde an einer gut sichtbaren Struktur abgeschätzt. In simulierten und gemessenen MR-Bildern des Kopfes eignen sich dafür die lateralen Ventrikel im Gehirn. Im oberen Bereich des Gehirns liegt ein schmaler Gewebereich zwischen den Liquorräumen der beiden Gehirnhälften. In einer geeigneten transversalen Schicht des Bildes wurde der Kontrast dieser Struktur über das mittlere Signal zweier ROIs in den lateralen Ventrikeln, S_{LV} und dem Zwischenraum, S_z , berechnet (siehe Abbildung 3.7(a)):

$$C_{LV} = \frac{S_{LV} - S_z}{S_{LV}}. \quad (3.37)$$

Beim Messphantom wurde für jede Rekonstruktion der Kontrast der Stäbchenreihe mit 6 mm Durchmesser über die mittlere Intensität der Stäbchen, S_s , und der Zwischenräume, S_z , berechnet:

$$C_S = \frac{S_s - S_z}{S_s}. \quad (3.38)$$

3.6.4 Berechnung des Signal-Rausch-Verhältnisses

Ein wichtiger Parameter zur Beurteilung der Bildqualität ist das SNR. Die Ursachen und die Frequenzabhängigkeit des Rauschens in der MRT wurden bereits in Kapitel 2.2.2 beschrieben. Das Rauschen auf den k -Raum-Daten ist komplexwertig und gaußverteilt. Die

¹⁰URL: <http://www.ece.uwaterloo.ca/~z70wang/research/ssim/>

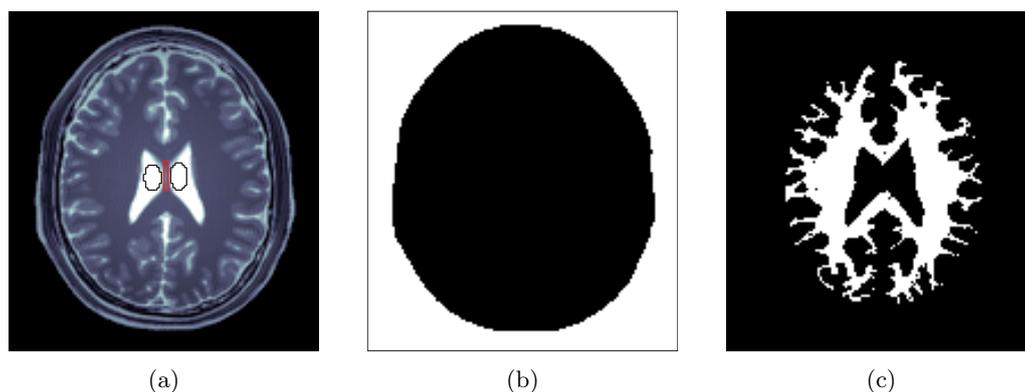


Abbildung 3.7: Simulierter Kopfdatensatz: (a) Eine Schicht des Referenzbildes mit nomineller Auflösung $(1,5 \text{ mm})^3$, das als Referenzbild für die Bewertung der Rekonstruktionen dient. Die ROIs zur Abschätzung des Kontrasts sind als schwarze (S_{LV}) und rote (S_Z) Umrisse dargestellt. (b) Binärmaske für die Regularisierung der Trägerregion. (c) WM ROI in der dargestellten Schicht, die zur Abschätzung des Rausch- und Artefaktpegels verwendet wird.

Rauschstatistik kann sich jedoch mit dem Bildrekonstruktionsprozess ändern. Im einfachsten Fall entsteht das Bild durch Fouriertransformation und Betragsbildung der komplexen Rohdaten. Durch den nichtlinearen Prozess der Betragsbildung wird die Gaußverteilung des Rauschens in den Rohdaten in eine Riceverteilung überführt [Gudbjartsson und Patz, 1995]. Dies ist in erster Linie in Bereichen ohne MR-Signal von Bedeutung. Dort nimmt die Rauschverteilung eine Rayleighverteilung an, die ein Spezialfall der Riceverteilung für $\text{Signal} = 0$ ist. Bereits ab einem SNR von 3 ist die Abweichung der Riceverteilung von einer Gaußverteilung vernachlässigbar.

Das SNR wird traditionell über zwei ROIs bestimmt. Mit der einen ROI wird die mittlere Signalintensität im Gewebe ermittelt. Zur Bestimmung des Rauschpegels wird entweder der Mittelwert \bar{M} oder die Standardabweichung σ_M der Pixelintensitäten in der zweiten ROI außerhalb der Probe verwendet [Henkelman, 1985; Kaufman *et al.*, 1989]. Aus diesen beiden Werten lässt sich der *wahre* Rauschpegel σ einer Gaußverteilung berechnen [Papoulis und Pillai, 2002]:

$$\bar{M} = \sigma \sqrt{\frac{\pi}{2}}, \quad \sigma_M = \sqrt{2 - \frac{\pi}{2}} \sigma. \quad (3.39)$$

Diese einfache Methode zur SNR-Bestimmung ist jedoch nur anwendbar, wenn das Rauschen homogen im Bild verteilt ist und der beschriebenen Statistik gehorcht. Bei modernen Bildgebungstechniken ist dies jedoch häufig nicht mehr der Fall. Zu diesen gehören sowohl die parallele Bildgebung, bei der Daten aus mehreren Spulenkanälen in einem nichtlinearen Rekonstruktionsprozess miteinander kombiniert werden, als auch iterative Bildrekonstruktionsverfahren. Bei diesen nichtlinearen Verfahren ist das Rauschen im Bild nicht länger homogen verteilt, sondern kann räumlich unterschiedlich stark sein [Constantinides *et al.*, 1997; Dietrich *et al.*, 2007]. In diesen Fällen muss das SNR pixelweise bestimmt werden. Als Goldstandard gilt dabei das Multireplikverfahren, bei dem das Bild wiederholt mit

identischen Parametern aufgenommen wird. Das SNR wird dann in jedem Pixel aus dem Verhältnis aus Mittelwert und Standardabweichung des Signals über den Satz an Repliken berechnet [Dietrich *et al.*, 2007; Reeder *et al.*, 2005; Robson *et al.*, 2008]. Bei dieser Methode werden Signalentstehung und Bildrekonstruktion als *Black Box* behandelt, deren genaue Auswirkung auf das Rauschen nicht bekannt ist. Damit das Multireplikverfahren angewendet werden kann, muss die Standardabweichung in einem Pixel als Rauschpegel interpretierbar sein. In der Praxis ist es durch die limitierte Messzeit nicht möglich, viele identische MR-Bilder für eine statistische SNR-Auswertung aufzunehmen. Als Alternative wurde das Pseudo-Multireplikverfahren entwickelt [Riffe *et al.*, 2007; Robson *et al.*, 2008]. Dabei wird für jede benötigte Replik komplexes weißes Rauschen synthetisch erzeugt und zum ursprünglichen Datensatz addiert. Als zusätzliche Messung muss ein Rauschdatensatz mit identischen Parametern aber ohne HF-Anregung aufgenommen werden, mit dem das synthetische Rauschen korrekt skaliert wird. Die Bildrekonstruktion wird für die einzelnen Repliken durchgeführt, bis eine ausreichende Statistik zur Berechnung von SNR-Karten vorliegt.

3.6.5 Schnelle Abschätzung des Rausch- und Artefaktpegels

Für die Optimierung der iterativen Wichtungparameter wurden sehr viele Bilder pro Datensatz rekonstruiert. Es würde zu viel Rechenleistung und Zeit erfordern, für all diese Rekonstruktionen eine SNR-Karte über das Pseudo-Multireplikverfahren zu berechnen. Um dennoch den SNR-Gewinn abschätzen zu können, wurde eine ROI in einen Bereich mit relativ konstanter Signalintensität gezeichnet. Über die Standardabweichung in dieser ROI wurde der kombinierte Rausch- und Artefaktpegel abgeschätzt und zwischen Rekonstruktionen mit verschiedenen Parametern verglichen. Bei Rekonstruktionen der simulierten Kopfdaten wurde die ROI in die WM gezeichnet (siehe Abbildung 3.7(c)). In Phantommessungen wurde sie in den Bereich des Phantomkörpers mit konstanter Intensität gelegt.

3.6.6 Gemeinsames Maß für die Optimierung der Rekonstruktionsparameter

Mit RMSE und SSIM sowie den Abschätzungen für Kontrast und Rauschpegel liegen vier verschiedene Bildqualitätsparameter für jede Rekonstruktion der simulierten Kopfdatensätze vor. In dieser Arbeit wurde ein gemeinsames Rekonstruktionsfehlermaß RE_{Sim} durch Kombination der Einzelwerte eingeführt:

$$RE_{\text{Sim}} = \frac{1}{2} \sqrt{\left(\frac{\text{RMSE}(x)}{\text{RMSE}(x_{\text{grid}})}\right)^2 + \left(\frac{\text{SSIM}(x_{\text{grid}})}{\text{SSIM}(x)}\right)^2 + \left(\frac{\sigma_{\text{WM}}(x)}{\sigma_{\text{WM}}(x_{\text{grid}})}\right)^2 + \left(\frac{C_{\text{LV}}(x_{\text{grid}})}{C_{\text{LV}}(x)}\right)^2} \quad (3.40)$$

Dabei ist x das iterativ rekonstruierte Bild und x_{grid} die *Gridding*-Rekonstruktion desselben Datensatzes, so dass ein kombinierter Fehler $RE_{\text{Sim}} < 1$ eine bessere Bildqualität als im *Gridding*-Bild bedeutet. In allen simulierten Rekonstruktionen wurde die Parameterkombination, die zu einem minimalen kombinierten Fehler führt, als optimal angenommen.

Analog dazu wurde ein kombinierter Fehler RE_{Phantom} für die Rekonstruktionen der Phan-

tommessungen definiert. Da für die Messung kein Referenzbild verfügbar ist, setzt sich der kombinierte Fehler aus zwei Maßen zusammen, dem Rauschpegel und dem Kontrast der Auflösungsstäbchen:

$$RE_{\text{Phantom}} = \frac{1}{\sqrt{2}} \sqrt{\left(\frac{\sigma_K(x)}{\sigma_K(x_{\text{grid}})}\right)^2 + \left(\frac{C_S(x_{\text{grid}})}{CS(x)}\right)^2}, \quad (3.41)$$

wobei die Parameter wie zuvor auf den Wert des jeweiligen *Gridding*-Bildes normiert wurden. Als beste Rekonstruktion wurde wiederum das Bild mit dem geringsten kombinierten Fehler RE_{Phantom} ausgewählt.

4 Ergebnisse

Dieses Kapitel gliedert sich in zwei Teile: Im ersten Teil, Kapitel 4.1, werden die Ergebnisse der Rekonstruktionen mit einer $TV^{(2)}$ (siehe Kapitel 3.3.3), einer BM-Regularisierung (siehe Kapitel 3.3.4) und einer Kombination beider Regularisierungen vorgestellt. Im zweiten Teil, Kapitel 4.2, wird die Auswirkung von detailliertem *A-priori*-Wissen auf die Rekonstruktionen untersucht. Hier werden Ergebnisse für Rekonstruktionen mit einer Kombination aus BM-Regularisierung und AnaWeTV vorgestellt und mit Rekonstruktionen einer kombinierten $TV^{(2)}$ und BM-Regularisierung verglichen.

4.1 Totale Variation, Trägerregion und ihre Kombination

Der iterative Rekonstruktionsalgorithmus mit $TV^{(2)}$, BM-Regularisierung und ihrer Kombination wurde an den simulierten Datensätzen des gesunden Gehirns getestet, die in Kapitel 3.5.2 beschrieben wurden. Jeder Datensatz wurde für 81 verschiedene Kombinationen der Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{TV^{(2)}}$ rekonstruiert (darunter auch die Fälle $\tau_{BM} = 0$ bzw. $\tau_{TV^{(2)}} = 0$). Als beste Parameterkombination wurde jeweils diejenige ausgewählt, die eine Rekonstruktion mit minimalem kombiniertem Fehler RE_{Sim} nach (3.40) ergab. Auf diese Weise wurden drei (optimal) rekonstruierte Bilder ausgewählt:

- **$TV^{(2)}$ -Bild:** Rekonstruktion mit Regularisierung der totalen Variation zweiter Ordnung ($\tau_{BM} = 0$)
- **BM-Bild:** Rekonstruktion mit BM-Regularisierung der Trägerregion ($\tau_{TV^{(2)}} = 0$)
- **$TV^{(2)}$ &BM-Bild:** Rekonstruktion mit einer Kombination aus $TV^{(2)}$ und BM-Regularisierung

Zusätzlich wurde eine *Gridding*-Rekonstruktion mit *Zerofilling* durchgeführt. Die Datensätze wurden außerdem mit einem Hammingfilter rekonstruiert.

In Kapitel 4.1.1 wird das Konvergenzverhalten des Algorithmus anhand eines Beispieldatensatzes untersucht. Anschließend wird in Kapitel 4.1.2 die Auswirkung verschiedener Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{TV^{(2)}}$ anhand der simulierten Kopfdatensätze mit $(4\text{ mm})^3$ Auflösung (Rauschpegel 2) getestet. Für die Rekonstruktionen mit optimalen Wichtungsfaktoren wurden orts aufgelöste SNR-Werte berechnet und mit denen des *Gridding*-Bildes verglichen. Kapitel 4.1.3 stellt die Rekonstruktionsergebnisse für simulierte Datensätze mit verschiedenen Auflösungen, UAF und Rauschpegeln vor. In Kapitel 4.1.4 wird die vorgestellte Rekonstruktionsmethode verschiedenen Tests unterzogen: Die Auswirkung der Datenextrapolation, der Unterschied zwischen einer $TV^{(1)}$ und $TV^{(2)}$ sowie die Sensitivität des Algorithmus gegenüber Fehlern in der BM der Trägerregion wurden über-

prüft. Abschließend wird die Robustheit der Rekonstruktionsmethode anhand von *In-vivo*-Messungen acht gesunder Probanden in Kapitel 4.1.5 demonstriert.

4.1.1 Konvergenzverhalten

Der Rekonstruktionsprozess wurde abgebrochen, sobald die relative Änderung des Bildes $\|x_{k+1} - x_k\|_2 / \|x_{k+1}\|_2$ zwischen zwei Iterationsschritten k und $k + 1$ zehnmal in Folge unter einem wählbaren Schwellwert lag. Bei allen Rekonstruktionen dieser Arbeit betrug der Schwellwert 10^{-6} . Abbildung 4.1 zeigt die relative Änderung der Zielfunktion (3.12) und des Bildes am Beispiel einer $TV^{(2)}$ &BM-Rekonstruktion des simulierten Kopfdaten-satzes $((3\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4, \text{Rauschpegel } 2)$ für 400 Iterationsschritte. Die schwarze Linie markiert das Erreichen des Abbruchkriteriums nach 195 Iterationsschritten. Beide Werte nehmen zunächst annähernd exponentiell ab und fallen dann kurz vor Erreichen des Abbruchkriteriums steil ab. In diesem Bereich ist die Grenze der numerischen Auflösung erreicht. Für dieselbe Rekonstruktion wird die Entwicklung der einzelnen Bildqualitätsparameter in Abbildung 4.2 dargestellt. Alle Parameter konvergieren vor dem Erreichen des Abbruchkriteriums.

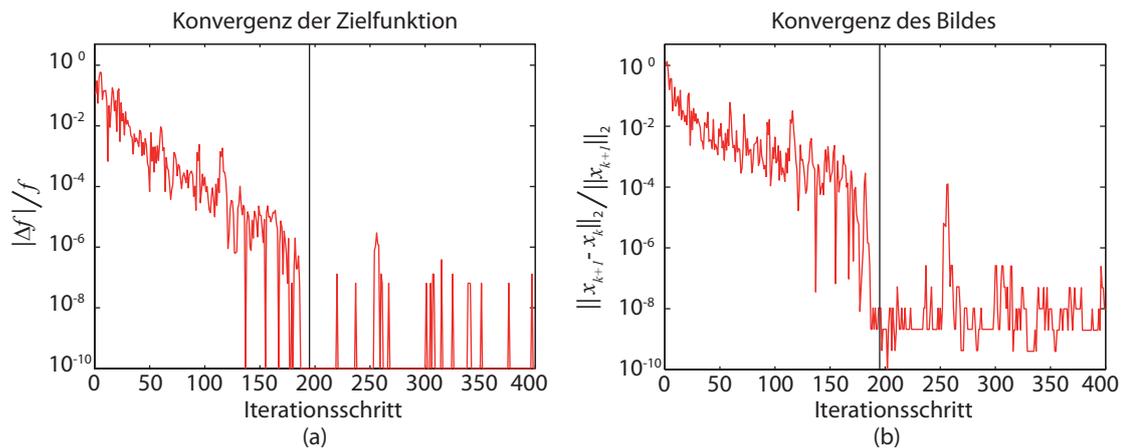


Abbildung 4.1: Konvergenz der Rekonstruktionsparameter am Beispiel einer $TV^{(2)}$ &BM-Rekonstruktion des simulierten Kopfdaten-satzes $((3\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4, \text{Rauschpegel } 2)$. (a) Relative Änderung der Zielfunktion (3.12) $(f(x_k) - f(x_{k+1})) / f(x_k)$ und (b) relative Änderung des Bildes $\|x_{k+1} - x_k\|_2 / \|x_{k+1}\|_2$ zwischen zwei Iterationsschritten k und $k + 1$. Die schwarze Linie markiert das Erreichen des Abbruchkriteriums nach 195 Iterationsschritten.

Die Rekonstruktionsdauer ist in erster Linie von der Größe des zu rekonstruierenden Datensatzes, der resultierenden Bildmatrix sowie der benötigten Zahl an Iterationsschritten abhängig. Die längste Rekonstruktionsdauer ergab sich für den simulierten Kopfdaten-satz mit $(2\text{ mm})^3$ Auflösung, $\text{UAF} = 1$ und Rauschpegel 1: Der Algorithmus konvergierte nach 5 h 50 min bei 288 Iterationsschritten. Schnellere Rekonstruktionen bei derselben Datengröße sind möglich: Die Rekonstruktion des gleichen Datensatzes mit Rauschpegel 2 konvergierte bereits nach 4 h 0 min und 195 Iterationsschritten (siehe Abbildung 4.1). Datensätze mit geringerer Auflösung wurden aus zwei Gründen schneller rekonstruiert: Die Größe des Datensatzes nahm ab und die Zahl der benötigten Iterationsschritte war gerin-

ger. Bei den Datensätzen mit $(2\text{ mm})^3$ Auflösung lag sie zwischen 200 und 300, während sie für Datensätze mit $(6\text{ mm})^3$ Auflösung auf Werte zwischen 100 und 200 absank. Der simulierte Kopfdatensatz mit $(6\text{ mm})^3$ Auflösung und $\text{UAF} = 4$ wurde in 1 h 25 min rekonstruiert. Auch die Rekonstruktionszeiten für die Datensätze mit $(8\text{ mm})^3$ Auflösung lagen in dieser Größenordnung.

Die Rekonstruktionszeiten für die gemessenen *In-vivo*-Datensätze waren geringer als die für vergleichbare simulierte Datensätze: Die mittlere Rekonstruktionszeit der *In-vivo*-Probandendaten betrug (65 ± 9) min (siehe Kapitel 4.1.5), während der vergleichbare simulierte Kopfdatensatz ($(4\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 2$, Rauschpegel 2) mit 2 h etwa doppelt so viel Zeit in Anspruch nahm.

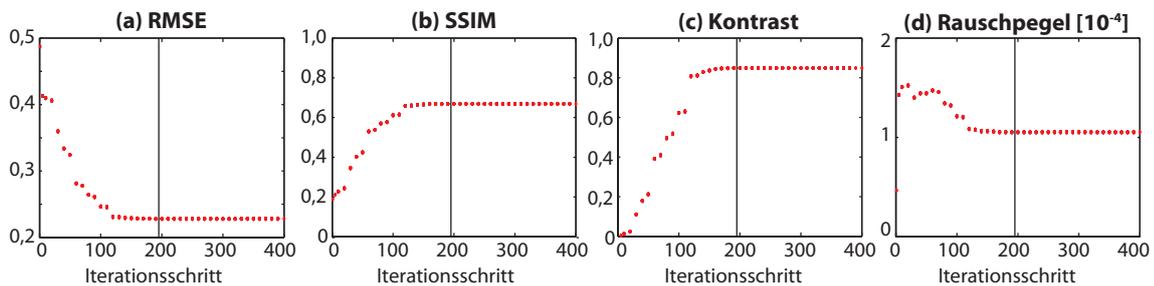


Abbildung 4.2: Konvergenz der Bildqualitätsparameter am Beispiel einer $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes ($(3\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 4$, Rauschpegel 2). (a) RMSE, (b) SSIM, (c) Kontrast der lateralen Ventrikel nach (3.37) und (d) Rauschpegel, abgeschätzt über die Standardabweichung in WM. Alle Parameter sind nach Erreichen des Abbruchkriteriums (markiert durch die schwarze Linie) konvergiert.

4.1.2 Einfluss der Wichtungsfaktoren

Der Einfluss verschiedener Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ auf die Qualität des rekonstruierten Bildes ist in Abbildung 4.3 dargestellt. Karten der Evaluationsparameter aus Kapitel 3.6 werden exemplarisch für die simulierten Kopfdatensätze mit $(4\text{ mm})^3$ Auflösung und Rauschpegel 2 gezeigt. RMSE (a), SSIM (b) und kombinierter Fehler (e) sind mit derselben Farbskala dargestellt, dasselbe gilt für Kontrast (c) und Rauschpegel (d). Alle Werte sind auf das entsprechende Maß des jeweiligen *Gridding*-Bildes normiert. Eine Verbesserung gegenüber der *Gridding*-Rekonstruktion stellen deshalb Werte > 1 (SSIM und Kontrast) bzw. Werte < 1 (RMSE, Rauschpegel und kombinierter Fehler) dar. Die unterschiedliche Norm der beiden Regularisierungsterme (l_1 -Norm bei der $\text{TV}^{(2)}$, l_2 -Norm bei der BM-Regularisierung) führt dazu, dass die Wichtungsfaktoren $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ um einen Faktor 10^{-4} kleiner sind als die Werte für τ_{BM} . $\text{TV}^{(2)}$ -Bild, BM-Bild und $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild mit minimalem kombiniertem Fehler sind durch gelbe, blaue bzw. rote Kästchen gekennzeichnet.

Die Abhängigkeit der Bildqualität von den Wichtungsfaktoren nimmt mit dem UAF zu. Darüber hinaus kann bei höherem UAF eine größere relative Verbesserung im Vergleich zum *Gridding*-Bild erzielt werden. Im Allgemeinen wirkt sich eine Änderung von $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ stärker aus als eine Änderung von τ_{BM} .

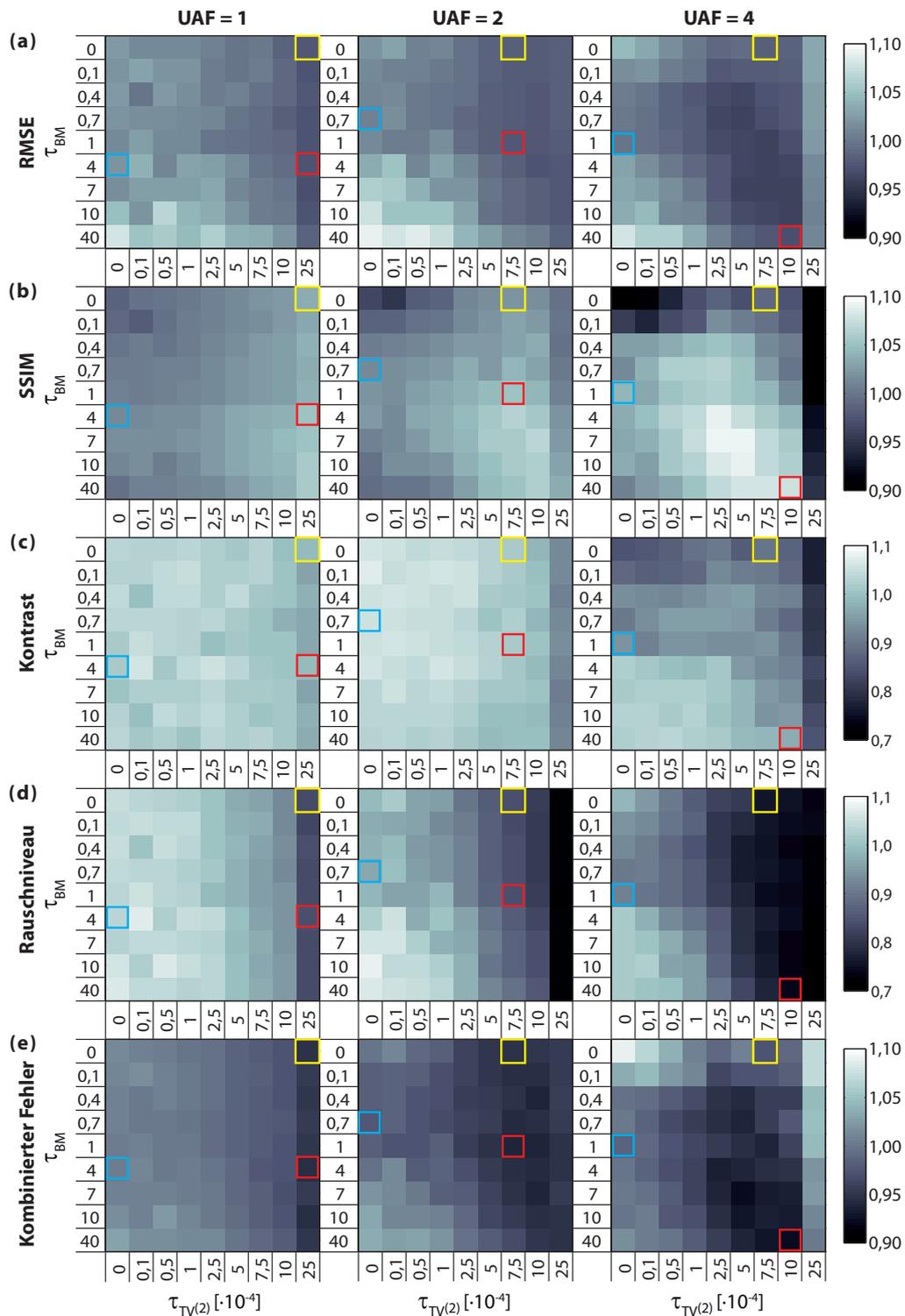


Abbildung 4.3: (a) RMSE, (b) SSIM, (c) Kontrast der lateralen Ventrikel, (d) Rausch- und Artefaktpegel und (e) kombinierter Fehler als Parameterkarten für die iterativen Rekonstruktionen der simulierten Kopfdatensätze ($(4\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2). Die Farbskala stimmt für (a), (b) und (e) bzw. für (c) und (d) überein. Gelbe, rote und blaue Kästchen markieren die $TV^{(2)}$ -, BM- und $TV^{(2)}$ &BM-Rekonstruktion mit minimalem kombinierten Fehler. Alle Parameterkarten sind auf den entsprechenden Wert des jeweiligen *Gridding*-Bildes normiert. Änderungen des Wichtungsfaktors $\tau_{TV^{(2)}}$ wirken sich stärker auf die Bildqualität aus als die von τ_{BM} , außerdem steigen die Unterschiede zwischen verschiedenen Wichtungsparametern mit dem UAF.

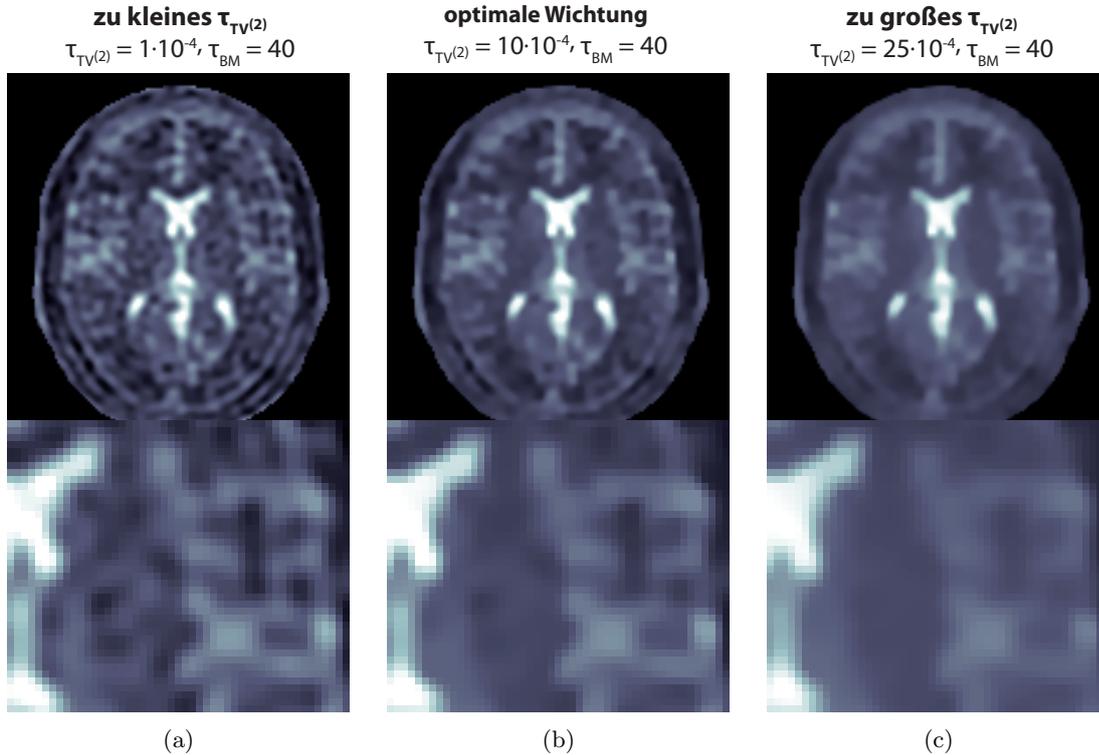


Abbildung 4.4: Drei $TV^{(2)}$ &BM-Rekonstruktionen des simulierten Kopfdatensatzes ($(4\text{ mm})^3$, $UAF = 4$, Rauschpegel 2) mit (a) zu kleiner, (b) optimaler und (c) zu großer Wichtung $\tau_{TV^{(2)}}$. τ_{BM} wird bei allen Rekonstruktionen konstant gehalten. Bei zu schwacher Wichtung der $TV^{(2)}$ wird Rauschen nicht ausreichend unterdrückt. Bei zu starker Wichtung gehen Strukturen verloren.

Der Kontrast (Abbildung 4.3c) verhält sich gegenläufig zum Rauschpegel¹ (Abbildung 4.3d): Parameterkombinationen, die zu einem reduzierten Rauschpegel führen, bringen einen reduzierten Kontrast mit sich und umgekehrt. Bei höherem UAF ist die Bildqualität im Falle $\tau_{BM} = 0$ geringer als für eine Anzahl an Parameterkombinationen mit $\tau_{BM} \neq 0$.

Am Beispiel des simulierten Kopfdatensatzes mit $(4\text{ mm})^3$ Auflösung, $UAF = 4$ und Rauschpegel 2 wird verdeutlicht, wie sich eine zu kleine bzw. zu große Wichtung der $TV^{(2)}$ auf das rekonstruierte Bild auswirkt. Abbildung 4.4 zeigt $TV^{(2)}$ &BM-Bilder mit (a) zu kleinem, (b) optimalem und (c) zu großem $\tau_{TV^{(2)}}$. Bei zu kleiner Wichtung werden Rauschen und Artefakte nicht ausreichend unterdrückt und das Bild ähnelt der *Grid-ding*-Rekonstruktion. Eine zu große Wichtung führt dagegen zu einem übermäßig geglätteten Bild, wodurch Strukturen unscharf werden und Kontrast verloren geht. Die optimale Wichtung reduziert Rauschen und Artefakte, während gleichzeitig Strukturen gut erhalten bleiben.

¹Der Rauschpegel beinhaltet auch Unterabtastungsartefakte, die mit wachsendem UAF zunehmen. Es handelt sich also eigentlich um den „kombinierten Rausch- und Artefaktpegel“. Für eine bessere Lesbarkeit wird im Text nur der Begriff „Rauschpegel“ verwendet.

Rekonstruktionen mit optimalen Wichtungsfaktoren

Die Bilder der besten Parameterkombinationen aus Abbildung 4.3 (markiert durch rote, gelbe und blaue Kästchen) sind in Abbildung 4.5 zu sehen. In den $TV^{(2)}\&BM$ - (b) und $TV^{(2)}$ -Bildern (c) ist der Rauschpegel um 34–61 % reduziert. Gibbs-Oszillationen, die im *Gridding*-Bild (a) deutlich zu sehen sind, werden gut unterdrückt. Für $UAF \leq 2$ lassen sich die $TV^{(2)}\&BM$ -Bilder nicht von den $TV^{(2)}$ -Bildern unterscheiden. Erst bei $UAF = 4$ ist der Einfluss der BM-Regularisierung sichtbar: Im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild ist der Kontrast der kleinen Liquoreinschlüsse (markiert mit roten Pfeilen) besser erhalten als im $TV^{(2)}$ -Bild – im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild beträgt der Kontrastverlust 1 %, im $TV^{(2)}$ -Bild 10 %. Die Qualität des BM-Bildes (d) ist im Vergleich zum *Gridding*-Bild nur für $UAF = 4$ mit einer Reduktion des Rauschpegels um 11 % etwas verbessert.

Berechnung des Signal-Rausch-Verhältnisses

Für die in Abbildung 4.5 gezeigten Rekonstruktionen wurden orts aufgelöste SNR-Werte mit dem Pseudo-Multireplikverfahren (Kapitel 3.6.4) berechnet. Die resultierenden SNR-Karten und die zugehörige Standardabweichung sind in Abbildung 4.6 dargestellt. Über zwei ROIs wurden mittlere Werte für das SNR im lateralen Ventrikel und in WM berechnet. Die Werte sind in Tabelle 4.1 aufgeführt.

Das Rauschen der simulierten Datensätze ist so gewählt, dass das SNR in den *Gridding*-Bildern für alle UAF gleich bleibt. Die $TV^{(2)}\&BM$ - und $TV^{(2)}$ -Rekonstruktionen bei $UAF = 1$ und $UAF = 2$ besitzen etwa gleiches SNR, mit einem Zuwachs von ca. 19% im lateralen Ventrikel und 45% in WM. Bei $UAF = 4$ steigt das SNR weiter an: Im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild wächst es um 57% (71%) im lateralen Ventrikel (in WM), während der Zuwachs im $TV^{(2)}$ -Bild mit 119% (165%) höher ausfällt. Eine alleinige BM-Regularisierung führt dagegen nur bei $UAF = 4$ zu einem SNR-Anstieg um 10 % in beiden Geweben, während das SNR bei $UAF = 1$ um 10–15 % abnimmt.

Das Rauschen ist bei der *Gridding*-Rekonstruktion homogen über das ganze Bild verteilt (Abbildung 4.6a). Die nichtlineare iterative Rekonstruktion führt dagegen zu einer Ortsabhängigkeit des Rauschpegels (Abbildung 4.6b, c und d). Durch die kantenerhaltende Filtereigenschaft der $TV^{(2)}$ ist der Rauschpegel in den $TV^{(2)}$ - und $TV^{(2)}\&BM$ -Bildern an Intensitätsübergängen höher und in Flächen konstanter Intensität niedriger. Während bei $UAF = 1$ und $UAF = 2$ der Rauschpegel an Intensitätsübergängen vergleichbar mit dem des *Gridding*-Bildes ist, liegt er bei $UAF = 4$ niedriger. Dies geht einher mit einem Kontrastverlust, der im $TV^{(2)}$ -Bild stärker ausgeprägt ist als im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild (siehe untere Reihe von Abbildung 4.5b und c). Der Rauschpegel in den BM-Bildern (Abbildung 4.6d) ist homogen im Bereich des Kopfes und besitzt einen ähnlichen Wert wie der des *Gridding*-Bildes. Außerhalb des Kopfes, wo jedes Signal durch die BM-Regularisierung bestraft wird, ist der Rauschpegel deutlich geringer.

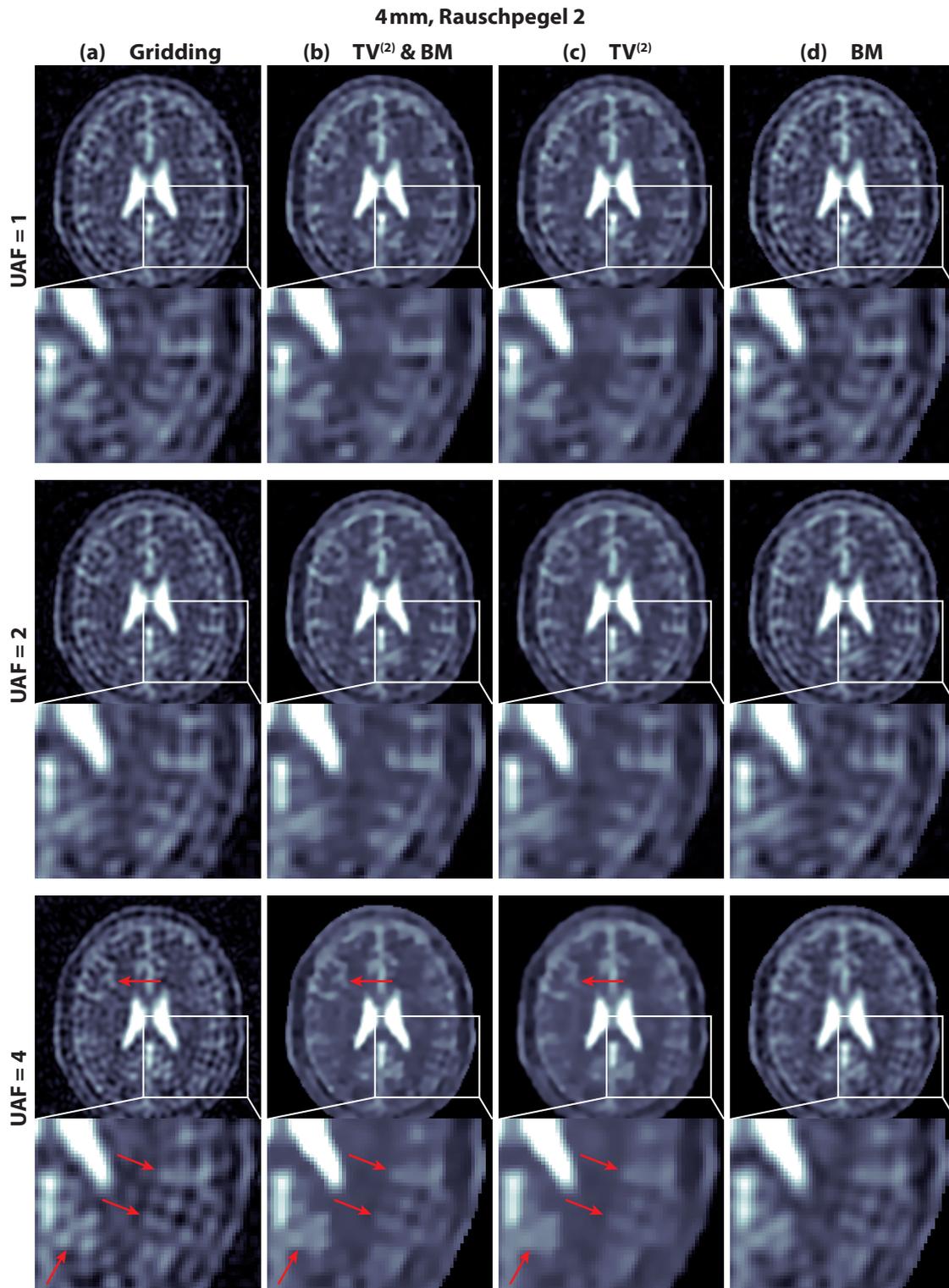


Abbildung 4.5: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM-, (c) $TV^{(2)}$ - und BM-Rekonstruktion der simulierten Kopfdatensätze mit $(4\text{mm})^3$ Auflösung und Rauschpegel 2. Die verwendeten Wichtungsfaktoren sind in den Parameterkarten in Abbildung 4.3 mit Kästchen markiert. In den $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Bildern ist das Rauschen im Vergleich zum *Gridding*-Bild reduziert. Gibbs-Oszillationen und Unterabtastungsartefakte werden unterdrückt. Erst bei $UAF = 4$ unterscheiden sich die beiden Rekonstruktionen voneinander: Hier gehen im $TV^{(2)}$ -Bild kleinere Strukturen verloren, während sie im $TV^{(2)}$ &BM-Bild gut erhalten bleiben (siehe rote Pfeile). Die BM-Rekonstruktion bringt nur bei $UAF = 4$ eine leichte Artefaktreduktion im Vergleich zum *Gridding*-Bild.

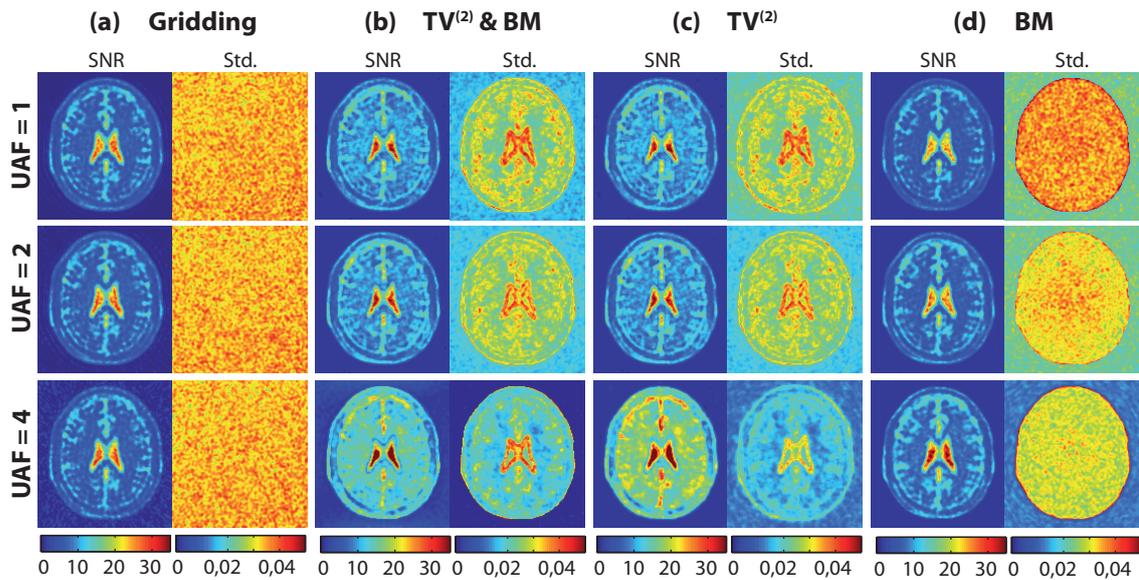


Abbildung 4.6: SNR-Karten (links) und Standardabweichungen (rechts) für die in Abbildung 4.5 gezeigten (a) *Gridding*-, (b) $\text{TV}^{(2)}$ &BM- und (c) $\text{TV}^{(2)}$ -Bilder bei verschiedenen UAF. Die Standardabweichung wird aus dem Realteil der Repliken berechnet und mit dem Maximum des jeweiligen Mittelwertbildes normiert. Mittlere SNR-Werte im lateralen Ventrikel und in WM werden über zwei ROIs in der dargestellten Schicht berechnet. Die Werte sind in Tabelle 4.1 aufgeführt. Im Gegensatz zum *Gridding* wird der Rauschpegel in den iterativen Rekonstruktionen mit $\text{TV}^{(2)}$ ortsabhängig: An Kantenpositionen nimmt es etwa denselben Wert an wie im *Gridding*-Bild, während es in Flächen konstanter Intensität reduziert ist.

| UAF | Struktur | <i>Gridding</i> | $\text{TV}^{(2)}$ &BM | $\text{TV}^{(2)}$ | BM |
|-----|----------|-----------------|-----------------------|-------------------|------|
| 1 | WM | 7,0 | 10,1 | 10,2 | 6,3 |
| | LV | 27,1 | 31,8 | 32,3 | 22,9 |
| 2 | WM | 6,8 | 10,0 | 9,9 | 6,9 |
| | LV | 26,3 | 31,1 | 31,9 | 25,2 |
| 4 | WM | 7,0 | 15,2 | 18,4 | 7,9 |
| | LV | 26,4 | 41,5 | 45,1 | 29,9 |

Tabelle 4.1: Mittlere SNR-Werte in WM und dem lateralen Ventrikel (LV), berechnet aus den in Abbildung 4.6 dargestellten SNR-Karten. Für $\text{UAF} = 1$ und $\text{UAF} = 2$ steigt das mittlere SNR durch die iterative Rekonstruktion um 19 % (45 %) im lateralen Ventrikel (in WM) an. Bei $\text{UAF} = 4$ ist der SNR-Gewinn durch die iterativen Verfahren größer, wobei die SNR-Werte im $\text{TV}^{(2)}$ -Bild höher sind als im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild: Dort kommt es zu einem SNR-Anstieg um 119 % (165 %) in den lateralen Ventrikeln (in WM), während der Gewinn im letzteren Bild 57 % (71 %) beträgt. Im BM-Bild ist das SNR nur bei $\text{UAF} = 4$ um 10 % erhöht. Bei niedrigerem UAF sinkt es im Vergleich zum *Gridding*.

4.1.3 Parameterstudie: Auswirkung von Auflösung, Unterabtastung und Rauschpegel

Da das Leistungsvermögen iterativer Rekonstruktionsverfahren stark vom Bildinhalt abhängt, wirken sich auch verschiedene räumliche Auflösungen des Datensatzes darauf aus. Der Rekonstruktionsalgorithmus wurde daher mit verschiedenen Auflösungen (siehe Tabelle 3.1) des simulierten Kopfdatensatzes getestet. Der Vergleich einer Schicht aller Rekonstruktionen für die aufgeführten Auflösungen, UAF und Rauschpegel findet sich in Anhang C. Dieses Kapitel gibt einen Überblick über die Ergebnisse der Parameterstudie. Dabei wird zunächst das Verhalten der Bildevaluationsparameter in Abhängigkeit von der Auflösung für die drei UAF und beide Rauschpegel gezeigt. Anschließend werden die rekonstruierten Bilder ausgewählter Datensätze für jede Auflösung dargestellt. Dabei wurde auf die Abbildung von Rekonstruktionen mit alleiniger BM-Regularisierung verzichtet – diese sind in Anhang C abgebildet.

Verhalten der Bildevaluationsparameter

Abbildungen 4.7, 4.8, 4.9 und 4.10 zeigen RMSE, SSIM, Kontrast bzw. Rauschpegel für verschiedene Rekonstruktionen in Abhängigkeit der Auflösung, des Rauschpegel und des UAF. Alle Qualitätsparameter wurden auf den Wert des jeweiligen *Gridding*-Bildes normiert, so dass die Abweichung vom Wert 1 die relative Änderung des Qualitätsparameters angibt. Durch diese Normierung lassen sich Rekonstruktionen von Datensätzen mit verschiedenen Auflösungen besser vergleichen².

RMSE

Das Verhalten des relativen RMSE (Abbildung 4.7) bei verschiedenen Auflösungen unterscheidet sich für die beiden Rauschpegel:

Rauschpegel 1:

- **TV⁽²⁾&BM-Bilder:** Der relative RMSE liegt etwa konstant bei 1. Bei UAF = 4 ist er für (2 mm)³ und (8 mm)³ Auflösung um 2–3 % erhöht.
- **TV⁽²⁾-Bilder:** Für (2 mm)³ und für alle Auflösungen bei UAF = 4 ist der relative RMSE um 2–5 %, für (2 mm)³ und UAF = 4 um 12 %, erhöht. Ansonsten liegt er etwa konstant bei 1.
- **BM-Bilder:** Der relative RMSE ist in jedem Fall höher als 1, am höchsten für eine sehr niedrige oder eine sehr hohe Auflösung mit einem Anstieg um bis zu 13 %.
- **Gridding mit Hammingfilter:** Der relative RMSE ist in jedem Bild größer als 1. Bei (2 mm)³ Auflösung ist die Zunahme gegenüber *Gridding* mit 32 % am größten und wird mit sinkender Auflösung geringer.

Rauschpegel 2:

- **TV⁽²⁾&BM-Bilder:** Der relative RMSE liegt in jedem Fall (Ausnahme: (8 mm)³ Auflösung bei UAF = 4) unter 1. Er ist mit 0,93 am niedrigsten für eine hohe Auf-

²Die absoluten Qualitätsmaße werden bei einer sinkenden Auflösung der Bilder schlechter.

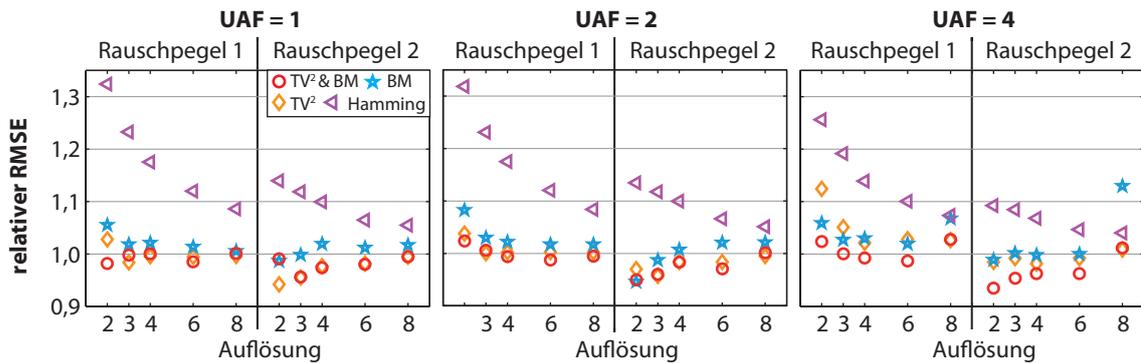


Abbildung 4.7: Relativer RMSE, bezogen auf den RMSE des jeweiligen *Gridding*-Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF. Eine Verbesserung bezüglich *Gridding* ergibt sich vor allem im $TV^{(2)}$ &BM-Bild für Datensätze mit Rauschpegel 2 und hoher Auflösung. Hier bringt auch die $TV^{(2)}$ -Rekonstruktion eine Verbesserung, die allerdings bei steigendem UAF geringer ausfällt. In den BM-Bildern 1 und den *Gridding*-Bildern mit Hammingfilter ist der RMSE erhöht.

lösung von $(2\text{ mm})^3$ und nähert sich dann mit abnehmender Auflösung dem Wert 1 an.

- **$TV^{(2)}$ -Bilder:** Der relative RMSE liegt bis zu 6 % unter 1 und steigt mit abnehmender Auflösung an. Für $UAF = 1$ fallen die Werte mit denen der $TV^{(2)}$ &BM-Bilder zusammen. Je größer der UAF, umso geringer fällt der Unterschied zum *Gridding*-Bild aus.
- **BM-Bilder:** Der relative RMSE liegt nur in Bildern mit $(2\text{ mm})^3$ Auflösung unter 1. Er steigt mit abnehmender Auflösung an, am stärksten für $UAF = 4$ um bis zu 13 %.
- ***Gridding* mit Hammingfilter:** Die Zunahme des RMSE bei hohen Auflösungen ist mit 4–14 % deutlich geringer als bei den Datensätzen mit Rauschpegel 1.

SSIM

Die relative SSIM (Abbildung 4.8) verhält sich bei beiden Rauschpegeln ähnlich:

- **$TV^{(2)}$ &BM-Bilder:** Die SSIM ist in jedem Bild höher als im jeweiligen *Gridding*-Bild. Ihr relativer Wert liegt für hohe Auflösungen von $(2\text{ mm})^3$ – $(4\text{ mm})^3$ um 2–6 % (Rauschpegel 1) bzw. 5–9 % (Rauschpegel 2) oberhalb von 1 und steigt bei noch niedrigeren Auflösungen um bis zu 20 % an.
- **$TV^{(2)}$ -Bilder:** Die relative SSIM liegt etwa konstant bei 1. Für $UAF = 4$ nimmt sie bei niedrigen Auflösungen um 3–7 % ab.
- **BM-Bilder:** Die relative SSIM verhält sich ähnlich wie in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern, jedoch ist ihr Anstieg um bis zu 16 % bei niedrigen Auflösungen nicht ganz so groß.
- ***Gridding* mit Hammingfilter:** Die relative SSIM sinkt in beinahe allen Datensätzen um mehr als 10 % ab. Dabei ist der Wert für Datensätze mit $(4\text{ mm})^3$ Auflösung mit einer Abnahme von 36 % am niedrigsten.

Kontrast

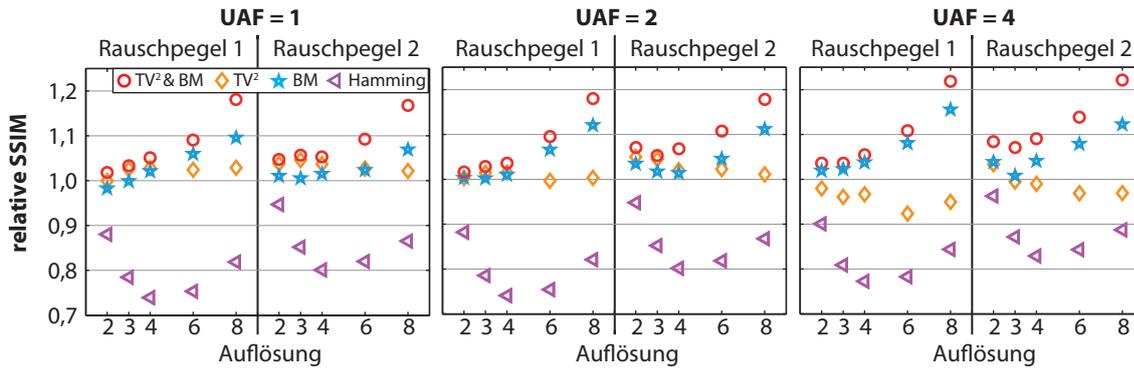


Abbildung 4.8: Relative SSIM, bezogen auf die SSIM des jeweiligen *Gridding*-Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF. Während die relative SSIM der $TV^{(2)}$ &BM-Bilder vor allem bei niedrigen Auflösungen deutlich ansteigt, bleibt sie in den $TV^{(2)}$ -Bildern beinahe unverändert bei 1. Die SSIM in den BM-Bildern ist ebenfalls erhöht, jedoch nicht ganz so stark wie in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern. Der Hammingfilter führt zu einem deutlichen Absinken der SSIM.

Der relative Kontrast (Abbildung 4.9) ist in den meisten Rekonstruktionen gut erhalten: Die Abnahme beträgt bis auf wenige Ausnahmen $\leq 5\%$ (Ausnahmen sind: $TV^{(2)}$ -Bilder bei $UAF = 1$, $(2\text{ mm})^3$;). Dabei lassen sich keine Tendenzen feststellen. Die einzigen Ausnahmen sind:

- **$TV^{(2)}$ &BM-Bilder:** Der Kontrastverlust beträgt bis auf wenige Ausnahmen $\leq 5\%$. Ausnahmen sind: $(6\text{ mm})^3$ bei $UAF = 2$ und Rauschpegel 2; $(6\text{ mm})^3$ und $(8\text{ mm})^3$ bei $UAF = 4$ und Rauschpegel 2. Hier beträgt die Abnahme 7–12%.
- **$TV^{(2)}$ -Bilder:** Der Kontrast nimmt in den meisten Rekonstruktionen um 2–12% ab, wobei sich keine Tendenzen feststellen lassen. Die einzige Ausnahme ist: Bei $UAF = 4$ nimmt der relative Kontrast vor allem in den Bildern mit niedriger Auflösung um bis zu 64% ab.
- **BM-Bilder:** Bis auf wenige Ausnahmen ist der relative Kontrast ≥ 1 .
- **Gridding mit Hammingfilter:** Je niedriger die Auflösung, desto stärker nimmt der relative Kontrast ab, um bis zu 95% bei $(8\text{ mm})^3$. Der Kontrast ist dabei deutlich niedriger als im $TV^{(2)}$ -Bild.

Rausch- und Artefaktpegel

Der relative Rausch- und Artefaktpegel 4.10 hängt stark von der Auflösung des rekonstruierten Bildes ab.

- **$TV^{(2)}$ &BM-Bilder:** Im Allgemeinen kann bei hoher Auflösung die größte Rauschreduktion um bis zu 70% erreicht werden. Je niedriger die Auflösung, desto geringer fällt die Rauschreduktion aus. Eine Ausnahme stellen Datensätze mit $(2\text{ mm})^3$ Auflösung und Rauschpegel 1 bzw. $UAF = 1$ dar: Hier ist die Rauschreduktion mit 31–53% geringer als bei Rekonstruktionen der $(3\text{ mm})^3$ Datensätze.
- **$TV^{(2)}$ -Bilder:** Der relative Rauschpegel verhält sich wie in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern. Bei $UAF = 4$ ist der Rausch- und Artefaktpegel insbesondere bei niedrigen Auflösungen noch stärker reduziert.

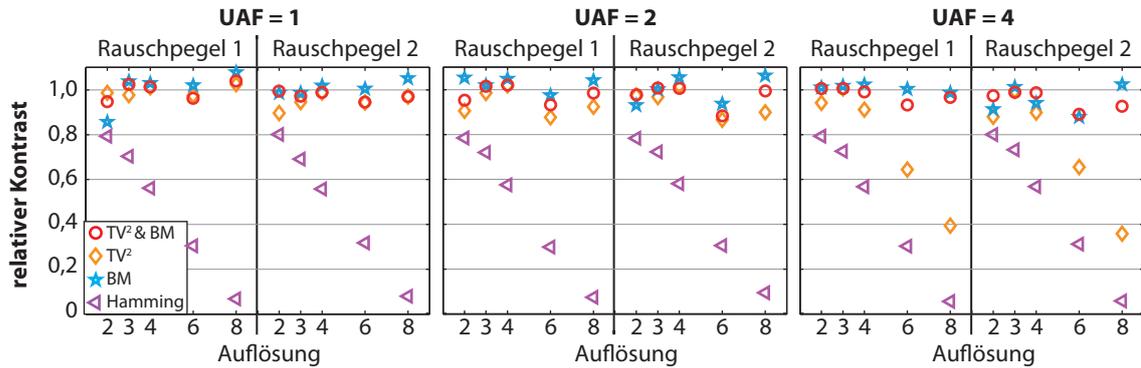


Abbildung 4.9: Relativer Kontrast, bezogen auf den Kontrast des jeweiligen *Gridding*-Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF. Der Kontrast ist in den meisten Bildern gut erhalten. Nur für $UAF = 4$ sinkt der Kontrast in den $TV^{(2)}$ -Bildern mit niedriger Auflösung deutlich ab. In den *Gridding*-Bildern mit Hammingfilter nimmt der Kontrastverlust mit sinkender Auflösung unabhängig vom UAF deutlich zu.

- **BM-Bilder:** Bis auf Datensätze mit hoher Auflösung bzw. $UAF = 4$ und Rauschpegel 2 ist der Rauschpegel gleich hoch oder höher als im *Gridding*-Bild.
- ***Gridding* mit Hammingfilter:** Der Rauschpegel ist geringer als in den iterativ rekonstruierten Bildern. Bei niedrigen Auflösungen ist der berechnete Rauschpegel höher als in den $TV^{(2)}$ - und $TV^{(2)}\&BM$ -Bildern. Dies hängt mit erhöhten Partialvolumeneffekten durch die reduzierte Auflösung der Hamming-gefilterten Bilder zusammen: Durch das *spill-in* von Intensität der Liquorräume in die WM-ROI, über die der Rauschpegel ermittelt wird, steigt die Standardabweichung der Intensitätswerte in der ROI, obwohl das SNR des Bildes erhöht ist.

Zusammenfassend lassen sich folgende Aussagen treffen:

- RMSE und relativer Rauschpegel ergeben übereinstimmend den größten Gewinn in der Bildqualität bei $TV^{(2)}\&BM$ - und $TV^{(2)}$ -Bildern für hohe Auflösungen und einen hohen Rauschpegel in den Datensätzen.
- Deutliche Unterschiede zwischen $TV^{(2)}\&BM$ - und $TV^{(2)}$ -Bildern treten bei $UAF = 4$ auf. Hier ist die Rauschreduktion in den $TV^{(2)}$ -Bildern größer, jedoch besitzen die $TV^{(2)}\&BM$ -Bilder bessere RMSE- und SSIM-Werte und einen höheren Kontrast.
- Die SSIM zeigt einen starken Anstieg für Bilder mit BM-Regularisierung bei niedriger Auflösung. Dieser Anstieg und der damit verbundene größer werdende Unterschied zu den $TV^{(2)}$ -Bildern findet sich in keinem anderen Bildparameter wieder. Er kann mit der scharfen Darstellung des Kopfrandes durch die BM erklärt werden (siehe Abschnitt "Datensätze mit '4 mm, 6 mm und 8 mm Auflösung").
- RMSE, SSIM und Rauschpegel werden durch eine alleinige BM-Rekonstruktion nicht oder nur leicht (bei hoher Auflösung bzw. $UAF = 4$ und Rauschpegel 2) verbessert.
- Abgesehen von einer deutlichen Reduktion des Rausch- und Artefaktpegels führt die Rekonstruktion mit einem Hammingfilter zu einer deutlichen Verschlechterung der

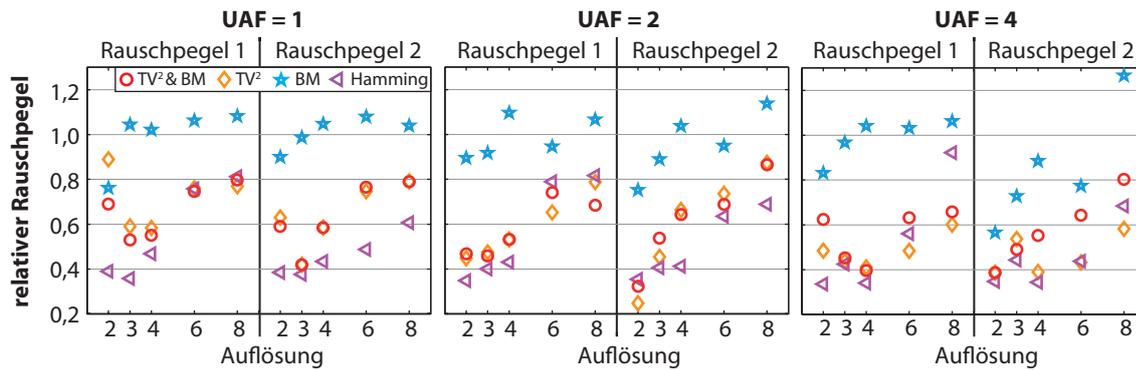


Abbildung 4.10: Relativer Rauschpegel, bezogen auf den Rauschpegel des jeweiligen *Gridding*-Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF. Die größte Rauschreduktion wird bei hohen Auflösungen erzielt. Dabei ist der relative Rauschpegel in den TV⁽²⁾- und TV⁽²⁾&BM-Bildern vergleichbar, bis auf die Datensätze mit UAF = 4 und Rauschpegel 2, wo er vor allem für niedrige Auflösungen in den TV⁽²⁾-Bildern geringer ist. In den BM-Bildern fällt die Rauschreduktion gering aus, bei niedrigen Auflösungen steigt der Rauschpegel sogar im Vergleich zu *Gridding* an. Der Hammingfilter führt zu einem niedrigen Rauschpegel in den Bildern. Das Ansteigen des relativen Rauschpegels bei niedrigen Auflösungen lässt sich durch Partialvolumeneffekte erklären (siehe Text).

Bildqualitätsparameter. Dabei steigt der RMSE bei hohen Auflösungen am stärksten an, während der Kontrastverlust für niedrige Auflösungen am größten ausfällt.

Datenatz mit 2 mm Auflösung

Abbildung 4.11 zeigt ausgewählte Schichten des simulierten Kopfdatensatzes ((2 mm)³, UAF = 2, Rauschpegel 2) für verschiedene Rekonstruktionen. Das Rauschen und die Gibbs-Oszillationen im *Gridding*-Bild (a) werden durch die iterativen Rekonstruktionen unterdrückt und der Rauschpegel ist im Vergleich zum *Gridding* um 61 % reduziert. Die Bildevaluation ergibt außerdem eine 4 % höhere SSIM und einen 6 % niedrigeren RMSE für das TV⁽²⁾&BM-Bild (b) im Vergleich zum TV⁽²⁾-Bild (c). Diese Unterschiede sind jedoch kaum wahrnehmbar.

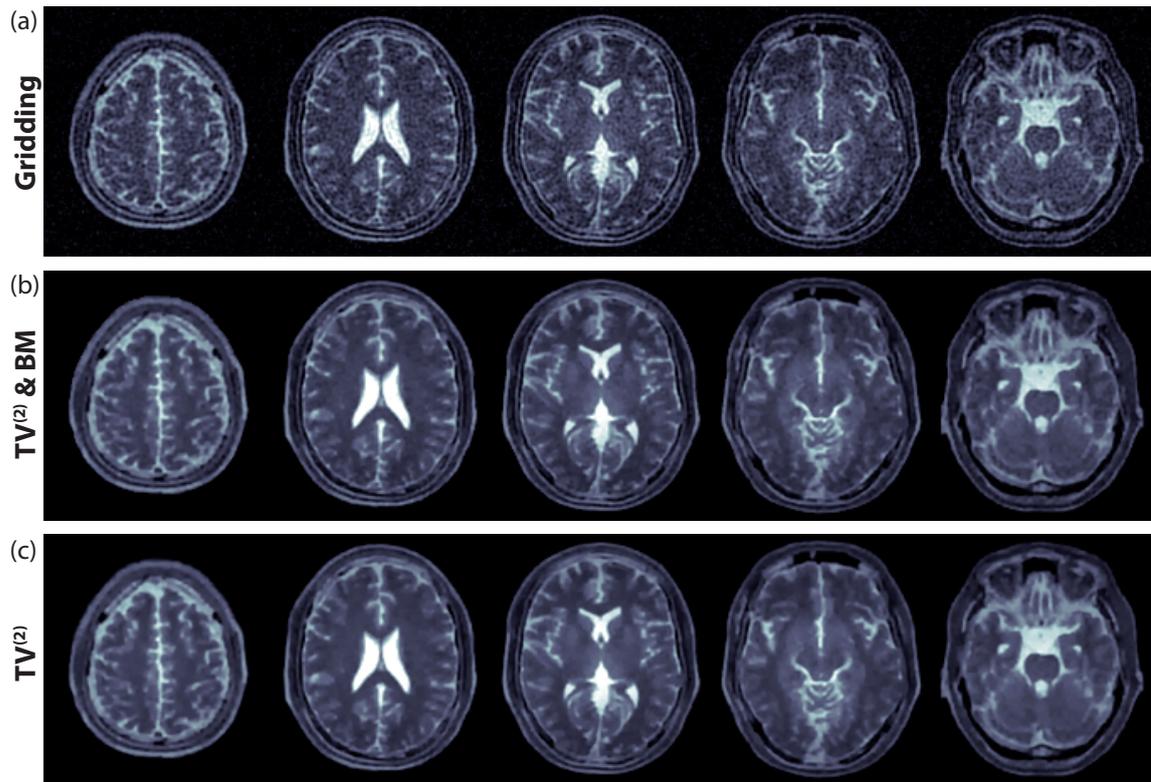


Abbildung 4.11: Ausgewählte Schichten der (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM und (c) $TV^{(2)}$ -Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes ($(2\text{ mm})^3$, $UAF = 2$, Rauschpegel 2). Die beiden iterativ rekonstruierten Bilder unterscheiden sich minimal. In beiden sind Rauschen und Artefakte des *Gridding*-Bildes unterdrückt und die Intensität der WM und GM wird besser dargestellt. Feine anatomische Strukturen bleiben erhalten.

Datenatz mit 3 mm Auflösung

In Abbildung 4.12 sind ausgewählte Schichten verschiedener Rekonstruktionen des simulierten Kopfdatensatzes ($(3\text{ mm})^3$, $UAF = 4$, Rauschpegel 2) dargestellt. Das *Gridding*-Bild (a) besitzt einen hohen Rausch- und Artefaktpegel. Dadurch können feine Strukturen der Liquoreinschlüsse nur schwer vom Rauschen unterschieden werden (rote Pfeile). Wird die *Gridding*-Rekonstruktion mit einem Hammingfilter durchgeführt (d), ist der Rauschpegel um 66 % unterdrückt. Dafür ist der Kontrast um 26 % reduziert, was sich durch einen Verlust von Bilddetails (rote Pfeile) und verstärkte Partialvolumeneffekte bemerkbar macht. Dadurch ist die Intensität der lateralen Ventrikel im Vergleich zum hoch aufgelösten $(1,5\text{ mm})^3$ Referenzbild (e) erniedrigt. Abgesehen vom Rauschpegel verschlechtern sich alle Evaluationsparameter (RMSE: +9%; SSIM: -13 %). Im $TV^{(2)}$ &BM-Bild (b) ist der Rauschpegel um 51 % verringert. Der Kontrast von Bilddetails bleibt dabei erhalten (Kontrastverlust < 1 %), was sich auch in einem um 5 % reduzierten RMSE und einer um 7 % erhöhten SSIM widerspiegelt (siehe Abbildungen 4.7 und 4.8). Strukturen, die im *Gridding*-Bild kaum von Rauschen zu unterscheiden sind, werden sichtbar (rote Pfeile).

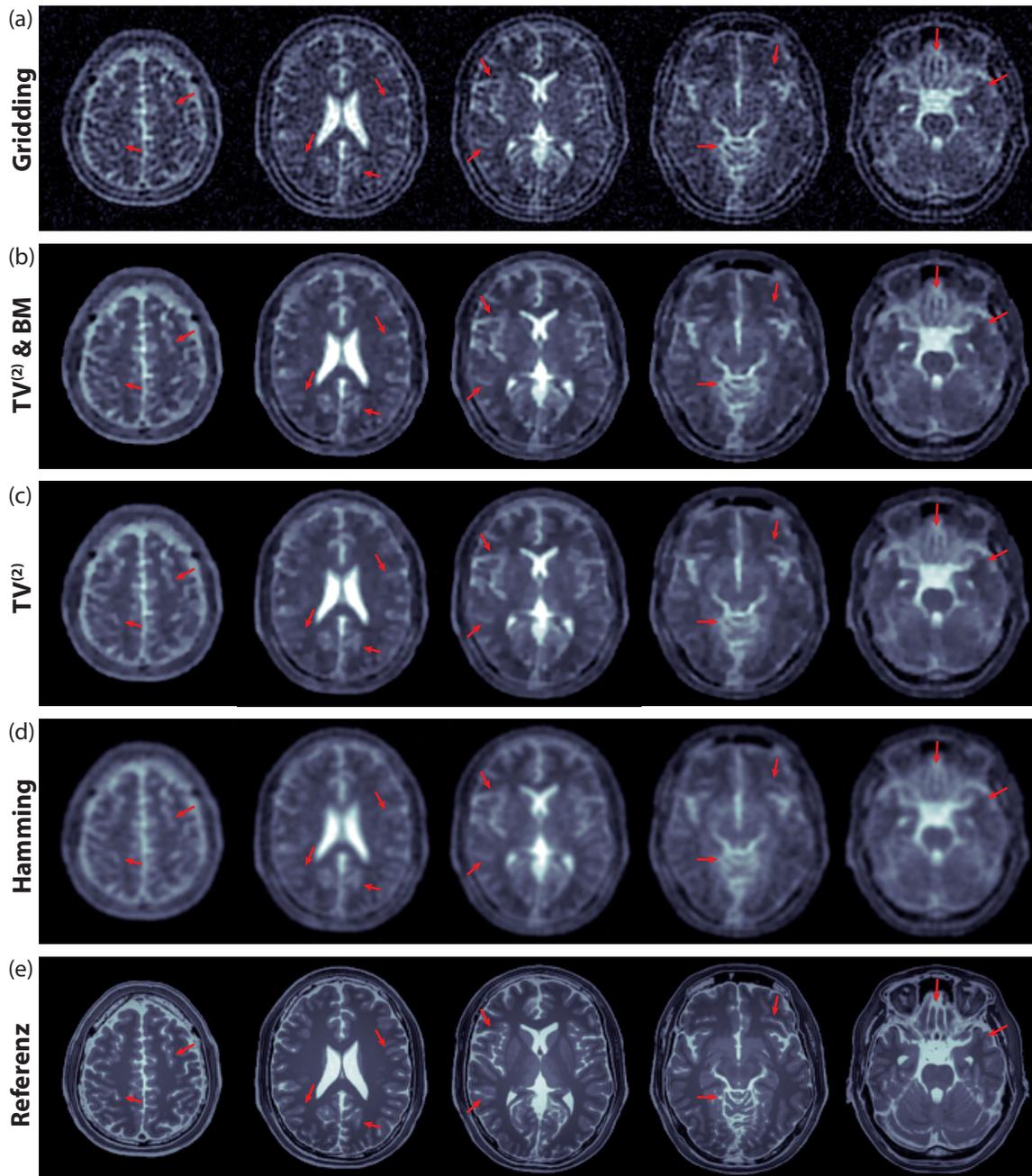


Abbildung 4.12: Ausgewählte Schichten des simulierten Kopfdatensatzes ($(3\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 4$, Rauschpegel 2) bei verschiedenen Rekonstruktionen: (a) *Gridding*-, (b) $\text{TV}^{(2)}$ &BM-, (c) $\text{TV}^{(2)}$ - und (d) *Gridding*-Rekonstruktion mit zusätzlichem Hamming-Filter. (e) Zur Bildevaluation verwendetes Referenzbild mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung. Die roten Pfeile markieren Bilddetails, an denen die Unterschiede der verschiedenen Rekonstruktionen deutlich werden. In (b), (c) und (d) ist der Rauschpegel im Vergleich zum *Gridding*-Bild (a) deutlich reduziert. Im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild bleiben dabei kleine Strukturen der Liquoreinschlüsse mit hohem Kontrast und guter Auflösung erhalten (rote Pfeile). Im Vergleich dazu sind Strukturen im $\text{TV}^{(2)}$ -Bild (c) leicht verbreitert und weisen einen reduzierten Kontrast auf. Die Verwendung eines Hamming-Filters (d) führt zu unscharfen Strukturen mit verstärkten Partialvolumeneffekten und dem Verlust von Bilddetails. Die Intensität der zentralen Ventrikel, die in (b) und (c) korrekt wiedergegeben wird, ist in (d) im Vergleich zum wahren Referenzwert abgeschwächt.

Im $TV^{(2)}$ -Bild (c) ist der Rauschpegel um 47 % reduziert. Kleine Strukturen erscheinen im Vergleich zum $TV^{(2)}$ &BM-Bild verbreitert und verlieren an Kontrast. RMSE und SSIM stimmen mit den Werten des *Gridding*-Bildes überein.

Datensätze mit 4 mm, 6 mm und 8 mm Auflösung

Eine ausgewählte Schicht der Rekonstruktionen eines simulierten Datensatzes mit $(4\text{ mm})^3$, $(6\text{ mm})^3$ und $(8\text{ mm})^3$ (jeweils UAF = 4, Rauschpegel 1) zeigt Abbildung 4.13. Gibbs-Oszillationen und Rauschen beeinträchtigen die Qualität der jeweiligen *Gridding*-Bilder (a) und werden mit sinkender Auflösung störender. Durch die iterativen Rekonstruktionsverfahren oder einen Hammingfilter werden die Gibbs-Oszillationen unterdrückt und das Rauschen reduziert.

Strukturelle Details des *Gridding*-Bildes sind dabei auch im jeweiligen $TV^{(2)}$ &BM-Bild (b) zu sehen, wobei für die geringeren Auflösungen von $(6\text{ mm})^3$ und $(8\text{ mm})^3$ die kleineren Strukturen der Liquoreinschlüsse leicht verbreitert erscheinen. Der zunehmende Auflösungsverlust in den $TV^{(2)}$ -Bildern (c) bei geringerer Auflösung der Datensätze, der sich in der Abnahme des relativen Kontrasts in Abbildung 4.9 bemerkbar macht ($(4\text{ mm})^3$: -9 %; $(6\text{ mm})^3$: -36 %; $(8\text{ mm})^3$: -61 %), ist deutlich zu sehen. Strukturen erscheinen verbreitert, Bilddetails gehen verloren. Dieser Effekt ist in den Hamming-gefilterten *Gridding*-Bildern (d) noch größer (relativer Kontrastverlust: $(4\text{ mm})^3$: -43 %; $(6\text{ mm})^3$: -70 %; $(8\text{ mm})^3$: -94 %). Alle Strukturen weisen starkes *blurring* auf, was zu verstärkten Partialvolumeneffekten führt.

Je geringer die Auflösung, desto stärker tritt in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern die Form der verwendeten Binärmaske als scharfe Kante am Schädelrand hervor. Im Gegensatz dazu ist der Übergang am Schädelrand in den anderen Rekonstruktionen verwischt. Eine deutliche Schädelkante führt zu erhöhten SSIM-Werten in diesem Bereich, was den starken Anstieg der SSIM in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern bei niedrigen Auflösungen um bis zu 20 % (Abbildung 4.8) erklärt.

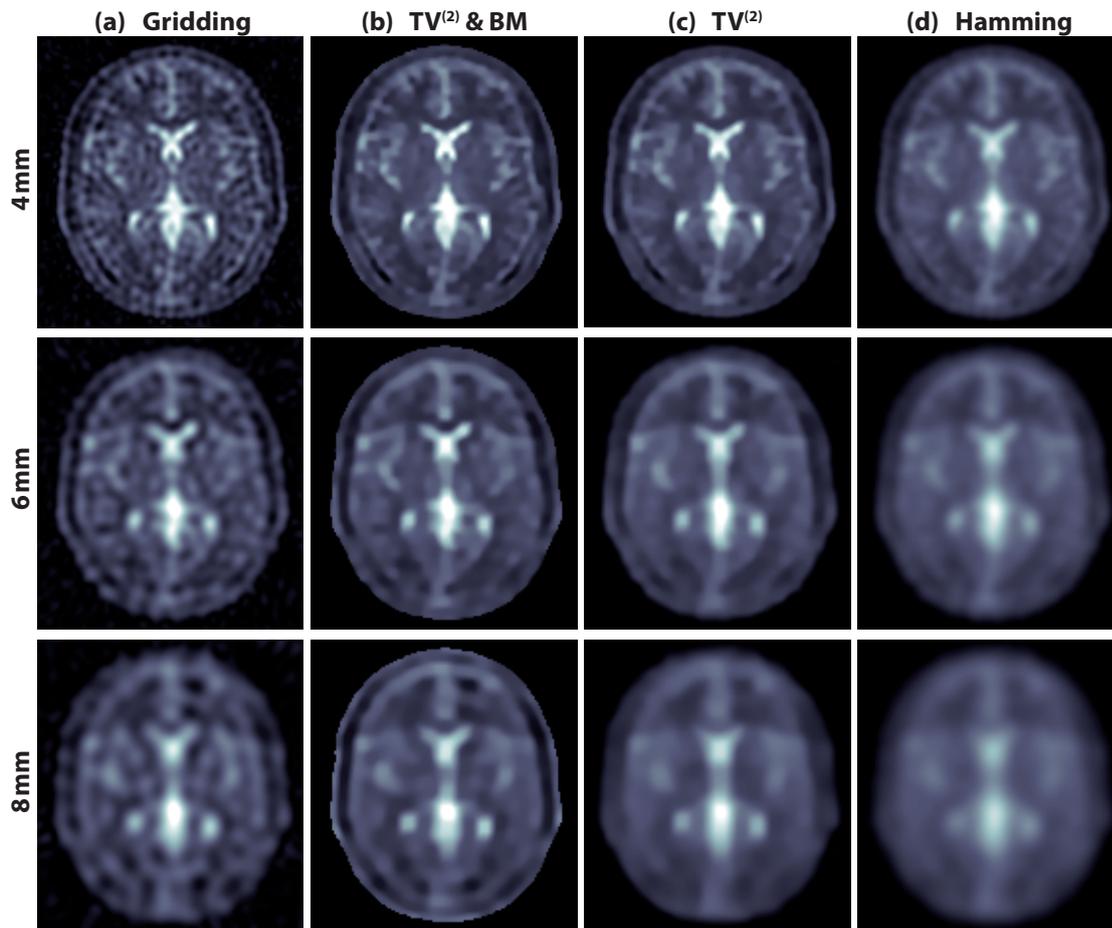


Abbildung 4.13: Vergleich einer ausgewählten Schicht des simulierten Kopfdatensatzes für $(4 \text{ mm})^3$, $(6 \text{ mm})^3$ und $(8 \text{ mm})^3$ (jeweils $\text{UAF} = 4$, Rauschpegel 1). Gezeigt werden die (a) *Gridding*-, (b) $\text{TV}^{(2)}$ &BM- und (c) $\text{TV}^{(2)}$ -Rekonstruktionen des jeweiligen Datensatzes sowie (d) die *Gridding*-Rekonstruktion mit Hammingfilter. Die Gibbs-Oszillationen im *Gridding*-Bild (a) werden mit abnehmendem Auflösungsvermögen störender. Die iterativen Rekonstruktionsmethoden und der Hammingfilter können diese Artefakte sowie das Rauschen gut unterdrücken. Dabei bleibt die Auflösung im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild (b) annähernd erhalten, während es im $\text{TV}^{(2)}$ -Bild (c) zu einer Verwischung der Strukturen kommt, die bei geringerer Auflösung stärker wird. Der Hammingfilter (d) führt zu *blurring*. Hier kommt es bei jeder Auflösung zu starken Partialvolumeneffekten, wodurch die Intensität der zentralen Ventrikel im Vergleich zu den anderen Rekonstruktionen abnimmt.

4.1.4 Überprüfung der Rekonstruktionsmethode

In diesem Kapitel werden verschiedene Eigenschaften des Rekonstruktionsalgorithmus untersucht. Zunächst wird die direkte Rekonstruktion auf eine größere Matrix im Vergleich zu einer Rekonstruktion auf eine kleine Matrix mit anschließendem *Zerofilling* verglichen. Anschließend wird die $\text{TV}^{(2)}$ mit der $\text{TV}^{(1)}$ verglichen. Abschließend wird untersucht, wie sich die Verwendung einer zu großen bzw. zu kleinen Trägerregion bei der BM-Regularisierung auswirkt.

Rekonstruktion mit und ohne Datenextrapolation

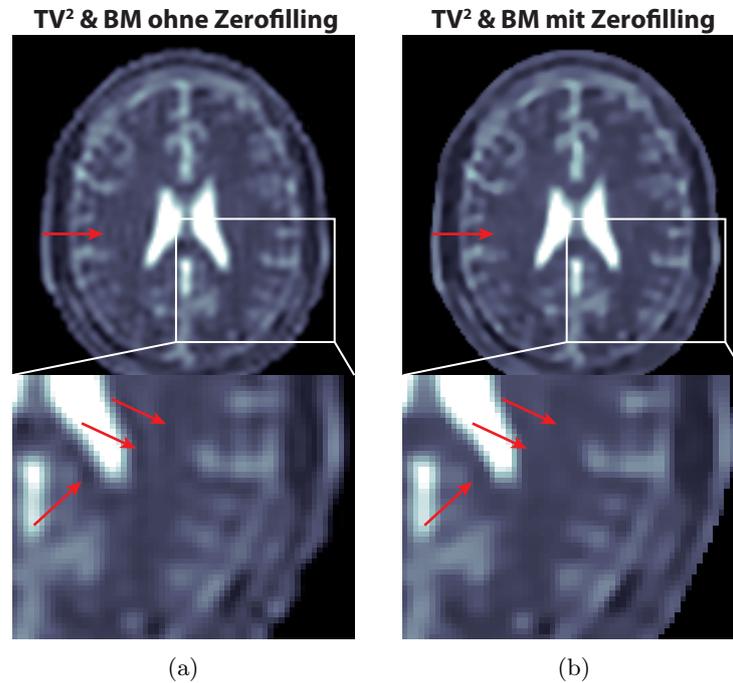


Abbildung 4.14: (a) $TV^{(2)}$ &BM-Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes $((4\text{ mm})^3$, $UAF = 2$, Rauschpegel 1) auf eine $(60)^3$ -Matrix mit anschließendem *Zerofilling* auf eine $(160)^3$ -Matrix. (b) $TV^{(2)}$ &BM-Rekonstruktion desselben Datensatzes mit Datenextrapolation auf eine $(160)^3$ -Matrix. Die Pfeile zeigen Unterschiede in den beiden rekonstruierten Bildern. Bei der Rekonstruktion ohne Extrapolation der höheren k-Raum-Frequenzen treten Gibbs-Oszillationen auf. Diese verschwinden in der Rekonstruktion mit Datenextrapolation

Abbildung 4.14 vergleicht die iterative Rekonstruktion auf eine kleine $(60)^3$ Matrix mit anschließendem *Zerofilling* auf eine $(160)^3$ -Matrix mit der direkten Rekonstruktion auf eine $(160)^3$ Matrix für den simulierten Kopfdatensatz $((4\text{ mm})^3$, $UAF = 2$, Rauschpegel 1). Für beide Fälle wurden optimale Rekonstruktionsparameter ermittelt. In (a) sind Gibbs-Oszillationen zu sehen, die in (b) unterdrückt werden. Die roten Pfeile markieren einige Bereiche, in denen dieser Effekt sichtbar ist.

Totale Variation erster und zweiter Ordnung

Der Unterschied einer $TV^{(2)}$ im Vergleich zu einer $TV^{(1)}$ ist in Abbildung 4.15 verdeutlicht. Dargestellt sind eine $TV^{(1)}$ - und eine $TV^{(2)}$ -Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes $((4\text{ mm})^3$, $UAF = 2$, Rauschpegel 1) mit optimierten Wichtungsfaktoren. Die $TV^{(1)}$ bevorzugt Bilder mit Flächen konstanter Intensität, was vor allem in den kleineren Liquorstrukturen zu einer unnatürlichen, comic-artigen Darstellung führt. Dadurch erscheinen diese Strukturen verbreitert. Im Gegensatz dazu werden Intensitätsgradienten im $TV^{(2)}$ -

Bild korrekt wiedergegeben. Einige Bildbereiche, an denen der Unterschied deutlich wird, sind mit roten Pfeilen markiert.

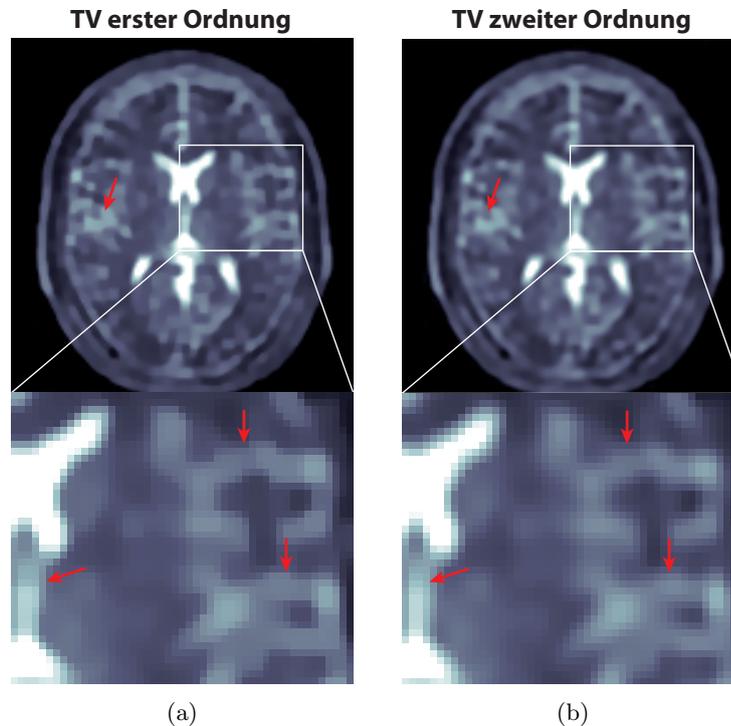


Abbildung 4.15: Iterative Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes ($(4\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 2$, Rauschpegel 1) mit (a) $\text{TV}^{(1)}$ bzw. (b) $\text{TV}^{(2)}$. Die roten Pfeile markieren Unterschiede zwischen den Bildern. Kleine Strukturen in (a) wirken comic-artig und verbreitert, während in (b) auch Intensitätsgradienten wiedergegeben werden.

Auswirkung einer inkorrekten Trägerregion

Die BM-Regularisierung arbeitet mit einer Trägerregion, die an die Form des Kopfes angepasst ist und aus einem registrierten ^1H -Bild gewonnen wird. Das Verfahren, mit dem die Binärmaske generiert wird, ist sehr robust. Die größte Fehlerquelle ist die Registrierung des ^{23}Na - und ^1H -Bildes. Durch Fehlregistrierung kann die BM zur eigentlichen Kopfposition verschoben sein. Außerdem kann ein nicht optimaler Schwellwert bei der Maskenbildung zu einer größeren bzw. kleineren BM führen.

Da eine verschobene BM die Kombination einer zu großen (auf der einen) und einer zu kleinen (auf der anderen Seite) BM ist, wurden diese beiden Fälle am simulierten Kopfdatensatz ($(4\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 4$, Rauschpegel 1) getestet. Abbildung 4.16 zeigt von links nach rechts Rekonstruktionen, bei denen der BM-Umriss um 2 bzw. 1 Pixel verkleinert wurde, die Rekonstruktion mit einer korrekten BM und Rekonstruktionen mit einem um 1 bzw. 2 Pixel vergrößertem BM-Umriss.

Die größten Unterschiede ergeben sich im Bereich der Schädelgrenze für eine zu kleine BM: Im Vergleich zur Rekonstruktion mit korrekter BM ist der Rand des Schädels (der nicht

in der BM enthalten ist) abgeschnitten. Direkt am Rand innerhalb der verkleinerten BM entsteht ein Bereich mit überhöhter Intensität (rote Pfeile). Bei einer korrekten BM ist der Rand des Schädels scharf gegen den Hintergrund abgegrenzt. Im Falle einer zu großen BM ist der Übergang vom Schädel zur Hintergrundintensität weicher.

Eine zu große BM wirkt sich kaum auf das rekonstruierte Bild aus. Der verwascheneren Schädelrand spiegelt sich in einem leichten Rückgang der SSIM um 3–4% wider. Ist die BM um 2 Pixel zu groß, sinkt der Kontrast im Bild um 3%. Ansonsten betragen die Parameteränderungen $\leq 1\%$. Eine um 1 Pixel zu kleine BM führt sogar zu einer um 2% höheren SSIM durch die scharfe Schädelgrenze, allerdings steigt der RMSE durch die Signalüberhöhung um den gleichen Anteil. Eine um 2 Pixel zu kleine BM hat gravierendere Auswirkungen: Der RMSE steigt um 40% und die SSIM sinkt um 22%, während sich Rauschpegel und Kontrast um 2–3% verschlechtern. Lässt man bei der Berechnung von RMSE und SSIM die Randbereiche des Kopfes mit überhöhter Intensität weg, beträgt die Verschlechterung noch 6–8%.

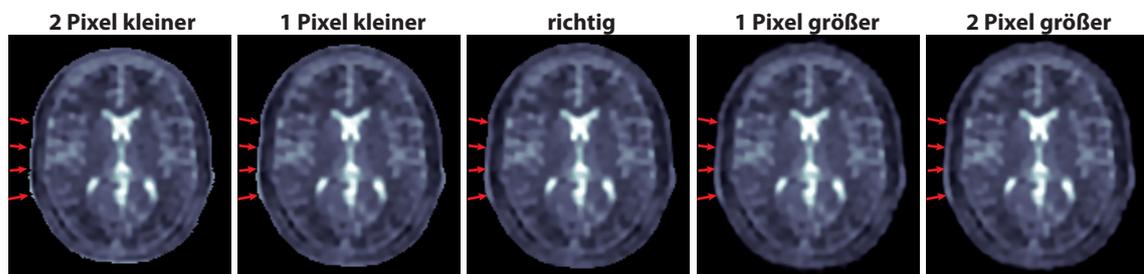


Abbildung 4.16: Auswirkung einer falschen BM auf das $TV^{(2)}$ -&BM-Bild am simulierten Kopfdatensatz $((4\text{ mm})^3$, $UAF = 4$, Rauschpegel 2). Von rechts nach links sind Rekonstruktionen mit einer um 2 bzw. 1 Pixel zu kleinen, einer korrekten und einer um 1 bzw. 2 Pixel zu großen BM dargestellt. Für alle Rekonstruktionen wurden dieselben Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{TV^{(2)}}$ verwendet. Die Bilder unterscheiden sich vor allem im Bereich der Schädelkante (rote Pfeile): Hier führt eine zu kleine BM zu einer scharfen Schädelkante, deren Intensität überhöht dargestellt ist. Bei einer zu großen BM ist der Übergang vom Schädel zum Hintergrund etwas verwaschener.

4.1.5 In-vivo-Messungen: Robustheit der Rekonstruktion

Bei einer Magnetfeldstärke von 3 T wurden koregistrierte ^{23}Na - und ^1H -Daten des Kopfes von acht gesunden Probanden aufgenommen. Um die Robustheit der Rekonstruktionsmethode und Wichtungsparameter über verschiedene Personen zu testen, wurden alle ^{23}Na -Datensätze mit denselben Parametern aufgenommen: $TE = 0,3\text{ ms}$, $TR = 80\text{ ms}$, $\alpha = 85^\circ$, Gradientenstärke $G_0 = 2,27\text{ mT/m}$, $t_0 = 1\text{ ms}$ und Auslesezeit $T_{RO} = 40\text{ ms}$. Mit dieser Gradienteneinstellung wurde eine nominelle Auflösung von $(4\text{ mm})^3$ in den Bildern erreicht. Es wurden 5000 Projektionen gemessen, was einem $UAF = 2$ entspricht. In radialer Richtung wurde das Nyquist-Kriterium (2.72) mit 384 Datenpunkten pro Projektion erfüllt. Die Messdauer betrug 6 min 40 s.

Direkt im Anschluss an die ^{23}Na -Daten wurde ein ^1H -Bild mit derselben Spule aufgenommen. Da der Kopf in der Zwischenzeit nicht bewegt wurde, waren die Bilder bereits bei ihrer Aufnahme registriert. In 4 min 16 s wurde ein T_1 -gewichtetes MPRAGE-Bild mit

adiabatischer Inversion aufgenommen. Die Auflösung betrug $1 \times 1 \times 2 \text{ mm}^3$ mit einem FOV von $256 \times 256 \times 256 \text{ mm}^3$. Die restlichen Sequenzparameter waren: $TE = 1,96 \text{ ms}$, Abstand zweier Inversionspulse $TR = 1,9 \text{ s}$, Inversionszeit $TI = 900 \text{ ms}$, Bandbreite 199 Hz/Pixel . Alle Probanden gaben nach ärztlicher Aufklärung ihr schriftliches Einverständnis für die Untersuchung.

Die Wichtungsparameter wurden am ^{23}Na -Datensatz eines Probanden optimiert. Dazu wurde der Datensatz mit 48 verschiedenen Kombinationen von τ_{BM} und $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ rekonstruiert. Aus diesen Bildern wurde die in der subjektiven Wahrnehmung beste Rekonstruktion für die Fälle $\tau_{\text{BM}} = 0$ und $\tau_{\text{BM}} \neq 0$ ausgesucht. Dabei wurde auf eine gute Rauschreduktion bei möglichst geringem Strukturverlust geachtet. Aus den Datensätzen der übrigen Probanden wurden ein $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ - und ein $\text{TV}^{(2)}$ -Bild mit denselben Wichtungsfaktoren rekonstruiert.

Abbildung 4.17 zeigt die Rekonstruktionsergebnisse am Beispiel eines Probanden. Dargestellt sind ein transversaler, ein koronarer und ein sagittaler Schnitt durch den dreidimensionalen Bilddatensatz, sowie die SNR-Werte für den transversalen Schnitt. Die iterativen $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ - und $\text{TV}^{(2)}$ -Bilder (b und c) weisen ein reduziertes Rauschniveau gegenüber der *Gridding*-Rekonstruktion (a) auf. Das *blurring* anatomischer Strukturen ist in den $\text{TV}^{(2)}$ -Bildern stärker ausgeprägt. Dieser Kontrastverlust der $\text{TV}^{(2)}$ -Rekonstruktion ist auch im Vergleich der Profile entlang der Linie L (blaue Linie in (d)) sichtbar. Dort ist der Kontrast der zentralen Ventrikelstruktur geringer als im $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ - und *Gridding*-Bild. Der blau unterlegte Bereich im Diagramm markiert die Kopfposition.

Die SNR-Karten der iterativ rekonstruierten Bilder zeigen vor allem in den Bereichen mit konstanter Signalintensität wie der WM erhöhte Werte. Die Verteilung der SNR-Werte für alle Probanden ist in Abbildung 4.18 gezeigt. Die gemessenen SNR-Werte in WM liegen für alle acht Probanden dicht beieinander (a). Hier nimmt das SNR durch die iterative Rekonstruktion zu: Im $\text{TV}^{(2)}$ -Bild ist die mittlere Zunahme mit $(46 \pm 3)\%$ fast doppelt so groß wie im $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild mit $(25 \pm 2)\%$. In den lateralen Ventrikeln (b) streuen die SNR-Werte für verschiedene Probanden im *Gridding*-Bild über einen weiten Bereich, was sich in den iterativ rekonstruierten Bildern verstärkt. In den $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bildern ist der mittlere SNR-Gewinn in den lateralen Ventrikeln mit $(3 \pm 8)\%$ sehr gering, und für manche Probanden sinkt das SNR in der gemessenen Struktur leicht ab. Die $\text{TV}^{(2)}$ -Rekonstruktion führt zu einem höheren SNR-Zuwachs um $(15 \pm 11)\%$, wobei er sich auch hier bei verschiedenen Probanden stark unterscheidet.

Abbildung 4.18(c) zeigt den Kontrast der zentralen Ventrikelstruktur (berechnet nach (3.37)) prozentual bezogen auf den Kontrast des jeweiligen *Gridding*-Bildes. Durch die iterative Rekonstruktion geht ein Teil des Kontrasts verloren, wobei der Verlust bei verschiedenen Probanden stark schwankt. Allerdings ist in allen Fällen der Kontrast des $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bildes höher als im $\text{TV}^{(2)}$ -Bild. Im Mittel ist der Kontrastverlust im $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild mit $(5,6 \pm 4,0)\%$ halb so groß wie der im $\text{TV}^{(2)}$ -Bild mit $(12,0 \pm 5,3)\%$.

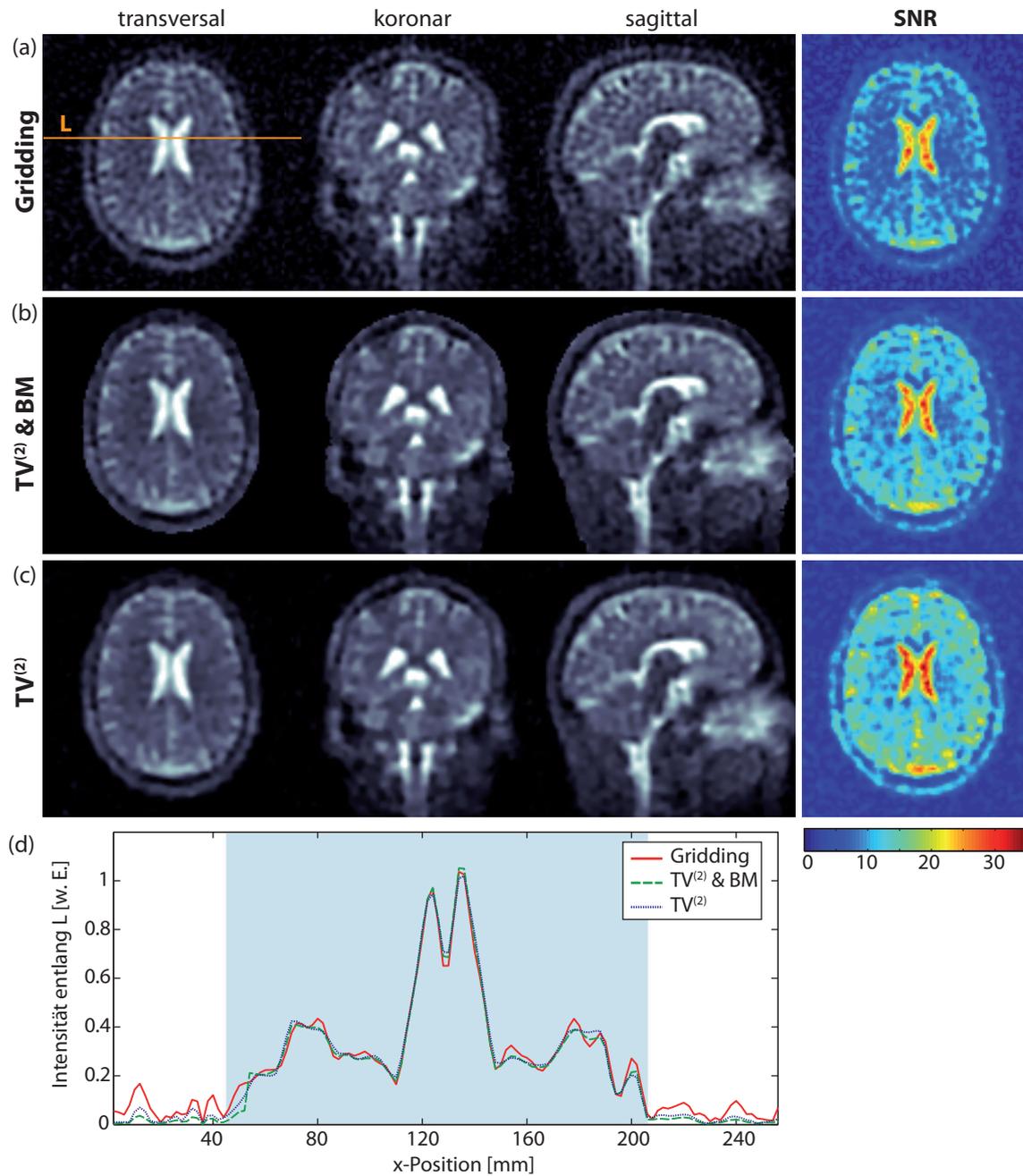


Abbildung 4.17: Transversaler, koronarer und sagittaler Schnitt durch dreidimensionale *In-vivo*- ^{23}Na -Bilder des menschlichen Gehirns mit $(4\text{ mm})^3$ nomineller Auflösung und $\text{UAF} = 2$ nach (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM- und (c) $TV^{(2)}$ -Rekonstruktion. Die rechte Spalte zeigt SNR-Karten für den transversalen Schnitt. Beide iterativen Verfahren reduzieren Rauschen und Artefakte. Das etwas höhere SNR der $TV^{(2)}$ -Rekonstruktion geht mit einem Kontrastverlust einher. (d) Profile für alle drei Rekonstruktionen entlang L. Die Linie ist im transversalen *Gridding*-Schnittbild eingezeichnet. Der blau unterlegte Bereich markiert die Kopfposition. Das Profil der $TV^{(2)}$ -Rekonstruktion (blaue Linie) besitzt an der zentralen Ventrikelstruktur einen geringeren Kontrast als das $TV^{(2)}$ &BM- und *Gridding*-Profil (grüne bzw. rote Linie).

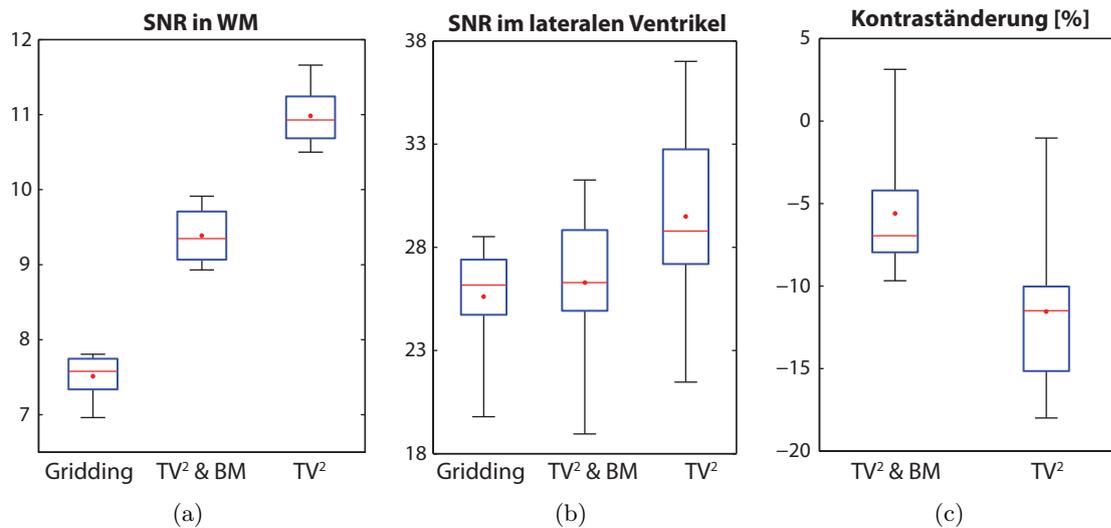


Abbildung 4.18: Auswertung der *Gridding*-, $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Rekonstruktionen von ^{23}Na -Daten des Kopfes bei acht gesunden Probanden. Für alle Probanden wurden dieselben Wichtungsfaktoren in den iterativen Rekonstruktionen verwendet. Die Werte für alle acht Probanden werden als *Boxplots* dargestellt. Die Box wird durch das 1. und 3. Quartil begrenzt, die rote Linie kennzeichnet den Median. Der jeweilige Mittelwert ist als roter Punkt eingezeichnet. Die „Antennen“ reichen zum niedrigsten und höchsten Wert. (a) SNR-Werte in WM. (b) SNR-Werte im lateralen Ventrikel. (c) Prozentuale Änderung des Kontrastes gegenüber der *Gridding*-Rekonstruktion. Das SNR steigt in Bereichen der WM deutlich stärker an als im lateralen Ventrikel, wo die Spanne der Werte für verschiedene Probanden zunimmt. Der Kontrast der lateralen Ventrikel sinkt im $TV^{(2)}$ -Bild stärker als im $TV^{(2)}$ &BM-Bild, wobei auch hier der Kontrastverlusts für verschiedene Probanden sehr unterschiedlich ausfällt.

4.2 Anatomisch gewichtete totale Variation 2. Ordnung

Während die ^{23}Na -MRT lange Messzeiten benötigt und ein geringes SNR aufweist (Kapitel 2.2.1), ermöglichen schnelle Pulssequenzen wie die FLASH- oder MPRAGE-Technik (Kapitel 3.2.4) die Aufnahme hochaufgelöster anatomischer ^1H -Bilder mit hohem SNR und Gewebekontrast innerhalb weniger Minuten. Obwohl die ^{23}Na -Aufnahmen funktionelle Informationen enthalten, weisen sie viele Ähnlichkeiten mit den ^1H -Bildern auf. Die zugrunde liegenden anatomischen Strukturen sind dieselben und – wie etwa die Liquorräume im Gehirn – in Bildern beider Atomkerne sichtbar. Daher können anatomische *A-priori*-Informationen aus der ^1H -MRT in die Rekonstruktion der ^{23}Na -Daten einfließen. Auf diese Weise kann ein höheres SNR in den rekonstruierten Bildern erzielt werden.

In diesem Ergebnisteil wird vorgestellt, welchen Einfluss anatomische *A-priori*-Informationen in Form anatomischer Wichtungsfaktoren auf die iterative Rekonstruktion der ^{23}Na -Daten haben. Die Kombination aus BM-Regularisierung und AnaWeTV³ (siehe Kapitel 3.3.4 und 3.3.5) wird zunächst an einem simulierten Kopfdatensatz ($(3\text{ mm})^3$, UAF = 4) mit MS-Läsionen getestet (Kapitel 4.2.1). Es werden orts aufgelöste SNR-Werte berechnet und der Einfluss auf die Bildqualitätsparameter überprüft. Außerdem wird getestet, wie genau die Intensitätswerte in MS-Läsionen rekonstruiert werden können. In Kapitel 4.2.2 wird anschließend die AnaWeTV bei niedrigeren Auflösungen vorgestellt. Als extremes Beispiel wird die Rekonstruktion eines hoch aufgelösten Datensatzes mit UAF = 10 und niedrigem SNR in Kapitel 4.2.3 gezeigt.

In Kapitel 4.2.4 wird die Robustheit der AnaWeTV getestet. Zunächst wird vorgestellt, wie sich das Ausmaß der anatomischen Wichtung (kontrolliert über den Parameter w_{\max}) auf das Bild auswirkt. Rekonstruktionen mit verschiedenen Werten für w_{\max} werden gezeigt. Anschließend wird überprüft, welche Auswirkung fehlendes oder falsches Vorwissen auf das rekonstruierte Bild hat. Es ist entscheidend, dass die *A-priori*-Informationen, die in die Rekonstruktion einfließen, den Bildinhalt nicht verfälschen. Im letzten Abschnitt des Kapitels wird untersucht, wie sich eine Fehlregistrierung des ^{23}Na - und ^1H -Bildes auf die Bildqualität auswirkt.

In Kapitel 4.2.5 wird die in dieser Arbeit entwickelte AnaWeTV mit der gewichteten quadratischen Regularisierung von [Haldar *et al.*, 2007] verglichen.

Zusätzlich zu den Simulationen werden Phantommessungen verwendet, um die Präzision der rekonstruierten Natriumkonzentrationen zu testen (Kapitel 4.2.6). Abschließend werden die Ergebnisse für *In-vivo*-Messungen an einem Hirntumor- und einem MS-Patienten präsentiert (Kapitel 4.2.7).

4.2.1 AnaWeTV bei hoch aufgelösten Daten

Die Auswirkung der AnaWeTV wurde am simulierten Datensatz ($(3\text{ mm})^3$, UAF = 4) mit MS-Läsionen (beschrieben in Kapitel 3.5.2) getestet. Es wurden jeweils 81 Rekonstruktionen für verschiedene Kombinationen der Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ sowie τ_{BM}

³Bilder, die mit einer Kombination dieser beiden Regularisierungen rekonstruiert wurden, werden im Folgenden als AnaWeTV-Bilder bezeichnet

und τ_{AnaWeTV} durchgeführt. Die Parameterkombination τ_{BM} und $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ mit dem geringsten kombinierten Fehler wurde für das $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild verwendet. Als AnaWeTV-Bild wurde dasjenige aus den drei Rekonstruktionen mit dem geringsten gemeinsamen Fehler ausgewählt, das mit der kleinsten Wichtung τ_{AnaWeTV} rekonstruiert wurde.

Referenzbild und Überprüfung der Intensitätswerte

Das verwendete Referenzbild mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung und die daraus berechneten anatomischen Wichtungsfaktoren w_x , w_y und w_z für alle drei Raumrichtungen, erstellt mit dem Kontrollparameter $w_{\text{max}} = 20$, werden in Abbildung 4.19 gezeigt. Bei diesem Wert von w_{max} werden die Ränder der Liquoreinschlüsse und die Umrisse der MS-Läsionen (Pfeile) in die anatomische Wichtung mit eingeschlossen.

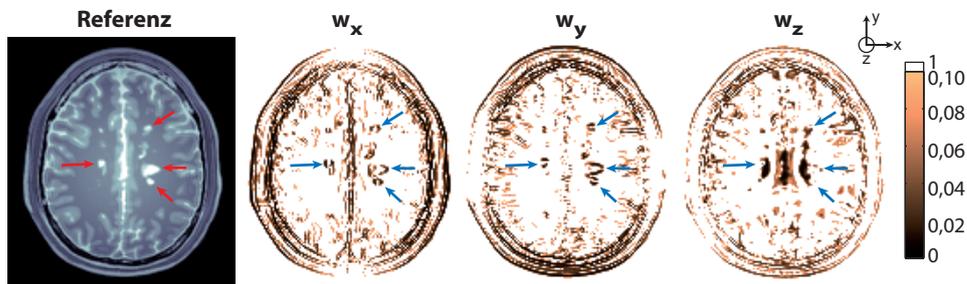


Abbildung 4.19: Ausgewählte Schicht des Referenzbildes mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung für den simulierten Kopf mit MS-Läsionen. Mit $w_{\text{max}} = 20$ berechnete anatomische Wichtungsfaktoren für alle drei Raumrichtungen. Alle Wichtungsfaktoren $> 0,1$ nehmen den Wert 1 an. Die Farbskala wurde dementsprechend angepasst. Die Pfeile markieren vier MS-Läsionen, die zur Überprüfung der rekonstruierten Intensitätswerte verwendet wurden. Die Umrisse dieser Läsionen waren in der anatomischen Wichtung enthalten.

Zusätzlich zu den in Kapitel 3.6 vorgestellten Evaluationsmethoden wurden die rekonstruierten Intensitätswerte innerhalb von vier MS-Läsionen (angezeigt durch rote Pfeile in Abbildung 4.19) überprüft. Mit Hilfe des Referenzbildes wurde eine ROI in jede der vier Läsionen gezeichnet. Über den Mittelwert innerhalb dieser ROI wurden Intensitätswerte für die Läsionen in allen rekonstruierten Bildern berechnet. Für jeden Wert wurde die prozentuale Abweichung von der wahren Intensität (bestimmt aus dem Mittelwert der ROI im Referenzbild) berechnet. Anschließend wurde der Intensitätsfehler als Mittelwert und Standardabweichung über die vier Läsionen berechnet. Dieser Fehler gibt ein Maß dafür, wie gut Natriumkonzentrationen in vergleichbaren Strukturen durch verschiedene Rekonstruktionstechniken bestimmt werden können.

Rekonstruierte Bilder

Abbildung 4.20 zeigt drei ausgewählte Schichten für verschiedene Rekonstruktionen des beschriebenen Datensatzes sowie des Referenzbildes. Die roten Pfeile markieren kleinere MS-Läsionen. Die kleinsten Läsionen sind im *Gridding*-Bild (a) nicht von Rauschen zu unterscheiden.

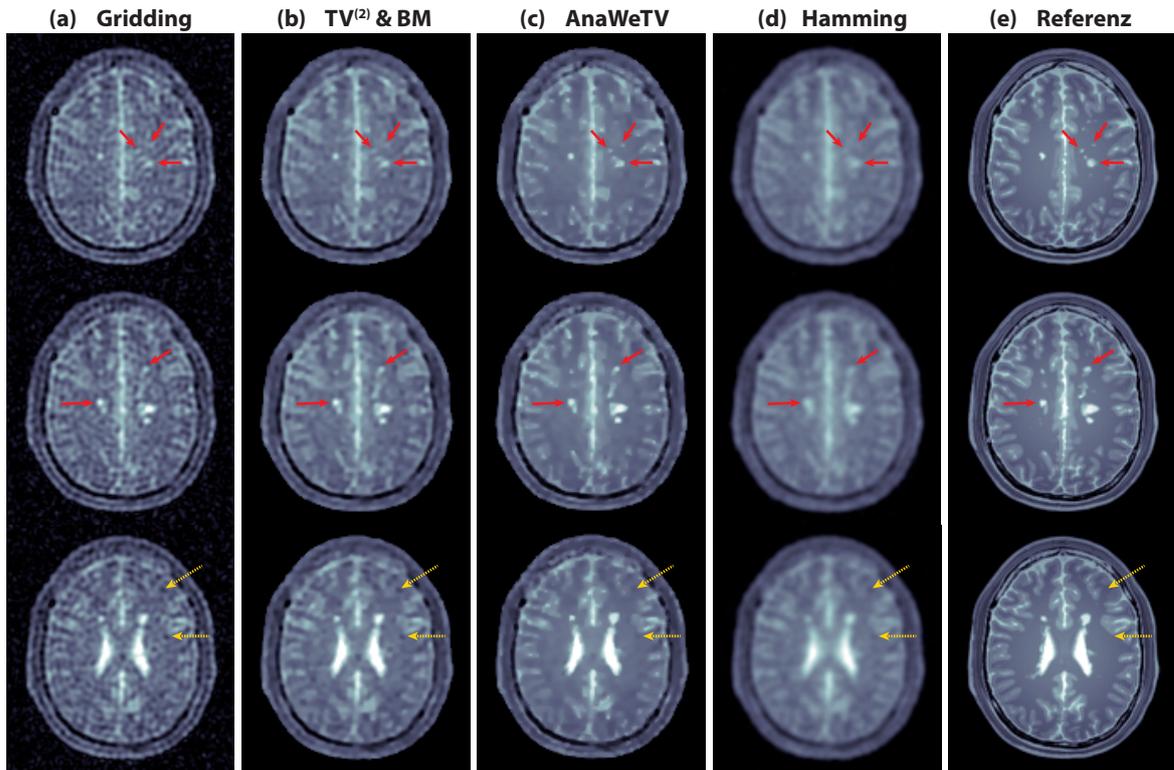


Abbildung 4.20: Ausgewählte Schichten des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen ($(3\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 4$, Rauschpegel 2) bei verschiedenen Rekonstruktionen: (a) *Gridding*-, (b) $\text{TV}^{(2)}$ &BM-, (c) AnaWeTV&BM- und (d) *Gridding*-Rekonstruktion mit zusätzlichem Hamming-Filter. (e) Zur Bildevaluation verwendetes Referenzbild mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung. Die roten Pfeile markieren kleinere MS-Läsionen. Die Qualität des *Gridding*-Bildes (a) ist durch niedriges SNR und Gibbs-Oszillationen beeinträchtigt. Kleinere MS-Läsionen (rote Pfeile in der obersten Schicht) sind kaum von Rauschen zu unterscheiden. Im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild (b) sind Rauschen und Artefakte unterdrückt, jedoch noch immer störend wahrnehmbar (gelbe, gestrichelte Pfeile in der untersten Zeile). Die kleinen MS-Läsionen sind nun wahrnehmbar. Im AnaWeTV-Bild (c) treten die MS-Läsionen deutlicher hervor. Rauschen und Artefakte sind weiter reduziert. Kleine Liquoreinschlüsse werden mit hohem Kontrast dargestellt. Kleine Strukturen, die im *Gridding*-Bild durch Partialvolumeneffekte verkleinert erscheinen, werden im AnaWeTV-Bild mit klaren Kanten und derselben Größe wie im Referenzbild (e) dargestellt. Im *Gridding*-Bild mit Hammingfilter (d) sind Auflösung und Kontrast aller Strukturen durch *blurring* reduziert. Starke Partialvolumeneffekte führen zu einer reduzierten Signalintensität der MS-Läsionen.

Im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild (b) ist das Rauschen so weit reduziert, dass alle Läsionen erkennbar sind, wobei die kleinsten einen geringen Kontrast besitzen. Durch das niedrige SNR des Datensatzes verbleiben dunkle Flecken in der WM (gelbe gestrichelte Pfeile in der untersten Reihe).

Im AnaWeTV-Bild (c) ist das Rauschen weiter reduziert und auch die kleinsten MS-Läsionen werden mit hohem Kontrast dargestellt. Auch kleine Liquoreinschlüsse, für die anatomische *A-priori*-Informationen vorliegen, werden mit höherem Kontrast und besserem Auflösungsvermögen dargestellt als im *Gridding*-Bild. Strukturen wie die zentralen

Ventrikel, die im *Gridding*-Bild durch Partialvolumeneffekte kleiner wirken, werden im AnaWeTV-Bild mit deutlichen Kanten und derselben Größe wie im Referenzbild (e) dargestellt.

Im *Gridding*-Bild mit Hammingfilter sind Rauschen und Gibbs-Oszillationen unterdrückt. Gleichzeitig führt *blurring* zu verstärkten Partialvolumeneffekten, wodurch der Kontrast aller Strukturen herabgesetzt ist. Die MS-Läsionen werden mit einer verringerten Intensität dargestellt, die kleinsten Läsionen sind nicht mehr zu erkennen.

Berechnung orts aufgelöster SNR-Werte

Die zugehörigen SNR-Karten und orts aufgelöste Werte für die Standardabweichungen über 100 Repliken sind in Abbildung 4.21 dargestellt.

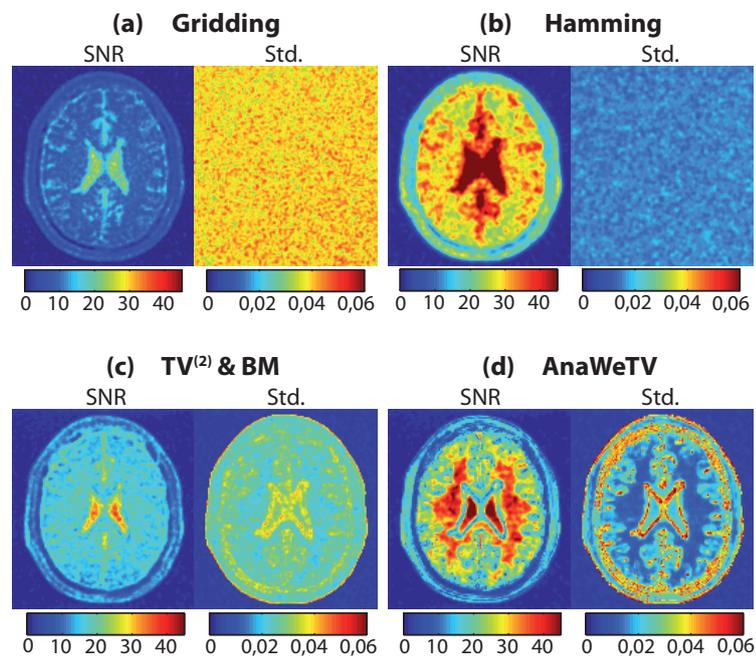


Abbildung 4.21: Orts aufgelöste SNR-Werte und Standardabweichungen für das *Gridding*-Bild (a) ohne und (b) mit Hammingfilter sowie für das (c) $TV^{(2)}$ &BM- und (d) AnaWeTV-Bild aus Abbildung 4.20. Die Standardabweichungen wurden auf das Maximum des jeweiligen mittleren Bildes normiert. Im *Gridding*-Bild mit Hammingfilter ist der Rauschpegel homogen über das Bild verteilt und im Vergleich zum *Gridding* ohne Filter reduziert. Die Ortsabhängigkeit des Rauschens im AnaWeTV-Bild (c) ist noch stärker ausgeprägt als im $TV^{(2)}$ &BM-Bild.

Wie im *Gridding*-Bild (a) ist auch bei Anwendung eines Hammingfilters (b) das Rauschen mit einer gleichmäßigen Amplitude über das Bild verteilt. Das SNR steigt in allen Bildbereichen an. Die bereits geschilderte Ortsabhängigkeit des Rauschens in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern (c) wird durch die anatomische Wichtung (d) noch verstärkt: Im AnaWeTV-Bild ist der Rauschpegel in Regionen konstanter Intensität niedrig, während die in der anatomischen Wichtung enthaltenen Kanten denselben Rauschpegel wie das *Gridding*-Bild

(a) aufweisen. Mittlere Werte für das SNR in WM und den lateralen Ventrikeln (jeweils ermittelt über den Mittelwert innerhalb einer ROI) sind in Tabelle 4.2 aufgeführt. Der SNR-Gewinn in WM ist im AnaWeTV-Bild (286%) höher als im *Gridding*-Bild mit Hammingfilter (205%). In der kleineren Struktur der lateralen Ventrikel steigt umgekehrt das SNR durch den Hammingfilter stärker an (188% im Vergleich zu 100% im AnaWeTV-Bild). In beiden Fällen ist der SNR-Gewinn höher als im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild.

Bildqualitätsparameter

Tabelle 4.2 gibt außerdem Auskunft über die Bildevaluationsparameter. Der RMSE sinkt und die SSIM steigt im AnaWeTV-Bild stärker als im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild. Der Kontrast ist in beiden Fällen gleich wie im *Gridding*-Bild. Im *Gridding*-Bild mit Hammingfilter ist der Kontrast dagegen um 33% reduziert. Hier steigt der RMSE und die SSIM sinkt.

Die mittlere Abweichung der Intensitätswerte in den vier MS-Läsionen vom wahren Referenzwert beträgt $6,9 \pm 3,8\%$ für das *Gridding*-Bild. Im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild ist dieser Intensitätsfehler leicht reduziert, wobei die Schwankung der einzelnen Fehler höher ist als im *Gridding*-Bild. Im AnaWeTV-Bild ist der Fehler im Vergleich zu *Gridding* um fast 60% reduziert, und auch die Schwankung des Fehlers ist hier kleiner. Im Gegensatz dazu steigt der Intensitätsfehler im Bild mit Hammingfilter um einen Faktor 2,5 an.

| | <i>Gridding</i> | $TV^{(2)}\&BM$ | AnaWeTV | Hamming | |
|------------------------------|-----------------|----------------|---------------|----------------|-------|
| SNR | WM | 9,8 | 17,8 | 37,7 | 29,8 |
| | | | +83% | +286% | +205% |
| SNR | LV | 21,9 | 30,7 | 44,3 | 63,4 |
| | | | +40% | +101% | +188% |
| RMSE | 0,18 | 0,17 | 0,15 | 0,20 | |
| SSIM | 0,63 | 0,68 | 0,75 | 0,56 | |
| Kontrast | 0,91 | 0,90 | 0,90 | 0,61 | |
| Intensitätsfehler [%] | $6,9 \pm 3,8$ | $5,2 \pm 4,1$ | $2,8 \pm 1,4$ | $17,4 \pm 3,7$ | |

Tabelle 4.2: Mittleres SNR in WM und dem lateralen Ventrikel (LV) sowie Bildevaluationsparameter für die in Abbildung 4.20 gezeigten Rekonstruktionen des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen ($(3\text{ mm})^3$, UAF = 4, Rauschpegel 2). Die prozentuale Veränderung in Bezug auf das *Gridding*-Bild ist angegeben. Das SNR wurde jeweils aus dem Mittelwert einer ROI in der in Abbildung 4.21 dargestellten Schicht der SNR-Karte berechnet. Der SNR-Gewinn im AnaWeTV-Bild ist um ein Vielfaches größer als der im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild. Das AnaWeTV-Bild besitzt die höchste, das Hamming-gefilterte *Gridding*-Bild die niedrigste Bildqualität in Bezug auf RMSE und SSIM. Während der Kontrast bei den iterativen Rekonstruktionen erhalten bleibt, sinkt er durch den Hammingfilter um 33%. Intensitätswerte werden durch die AnaWeTV-Rekonstruktion präziser wiedergegeben als durch *Gridding*. Im Hamming-gefilterten *Gridding*-Bild ist der Intensitätsfehler um einen Faktor 2,5 erhöht.

4.2.2 AnaWeTV bei niedriger Auflösung

An simulierten Datensätzen aus Tabelle 3.1 (gesundes Gehirn ohne MS-Läsionen) wurde getestet, wie sich die anatomische Wichtung – abgeleitet vom Referenzbild mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung – auf Datensätze mit geringerer Auflösung auswirkt. Abbildung 4.22 vergleicht das $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild (a) des simulierten Datensatzes $((4\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4, \text{Rauschpegel } 2)$ mit zwei AnaWeTV-Bildern desselben Datensatzes, einmal mit moderatem τ_{AnaWeTV} ((b)) und einmal mit einem stärkeren τ_{AnaWeTV} ((c)).

Die moderate anatomische Wichtung führt zu einer Auflösungserhöhung von Strukturen, die in der *A-priori*-Information enthalten waren. Bei zu starker anatomischer Wichtung bleiben diese Strukturen mit hoher Auflösung bestehen, aber durch die starke $\text{TV}^{(2)}$ -Wichtung gehen die übrigen Strukturen verloren.

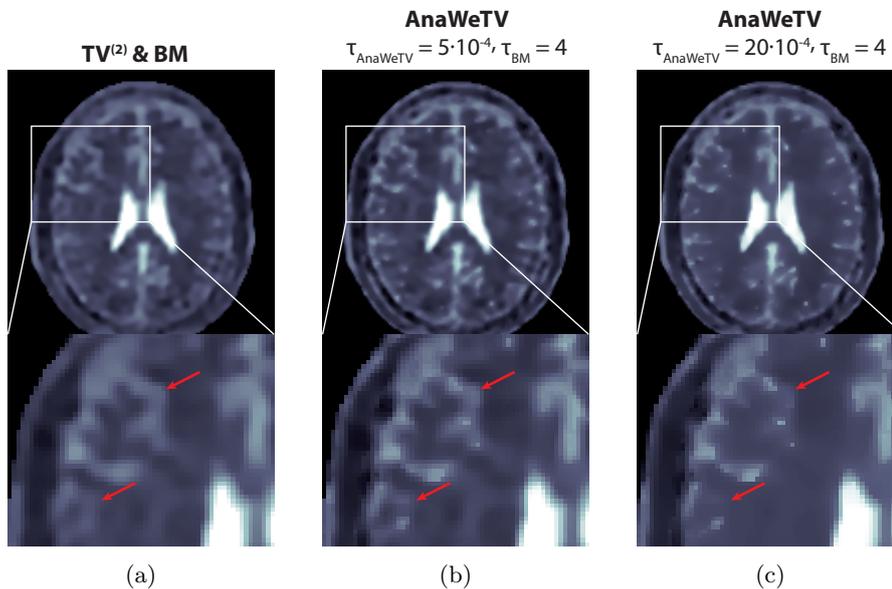


Abbildung 4.22: Rekonstruktionen des simulierten Datensatzes mit (a) $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Regularisierung, (b) moderat gewichteter AnaWeTV-Regularisierung und (c) stark gewichteter AnaWeTV-Regularisierung. Die moderate anatomische Wichtung führt zu einer Kontrast- und Auflösungserhöhung der feinen Strukturen mit *A-priori*-Wissen. Bei starker Wichtung gehen Details ohne Vorwissen verloren.

Darüber hinaus wurde ein simulierter Kopfdatensatz mit $(6\text{ mm})^3$ ($\text{UAF} = 4, \text{Rauschpegel } 1$) mit anatomischer Wichtung rekonstruiert. Abbildung 4.23 zeigt das $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild und ein optimal gewichtetes AnaWeTV-Bild des Datensatzes. Durch die anatomische Wichtung wird der Rand der lateralen Ventrikel schärfer dargestellt. Kleine Liquoreinschlüsse, die im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild nicht aufgelöst sind, erscheinen als scharfe Strukturen.

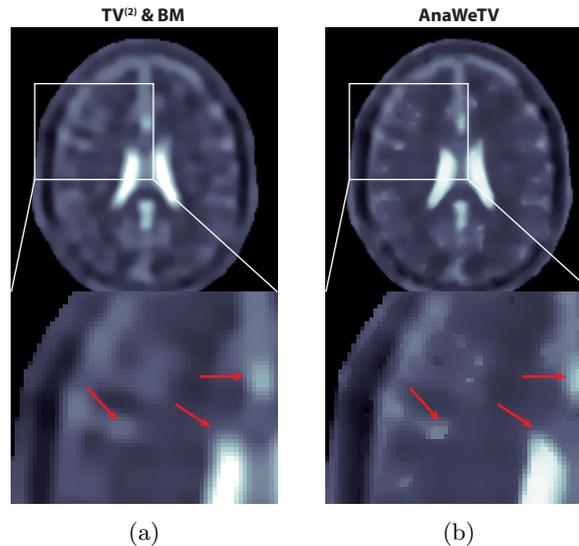


Abbildung 4.23: (a) $TV^{(2)}$ &BM- und (b) AnaWeTV-Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes $((6\text{ mm})^3$, $UAF = 4$, Rauschpegel 1). Die Auflösung der Liquorstrukturen wird durch die anatomische Wichtung erhöht.

4.2.3 Extrembeispiel: Hohe Auflösung, starke Unterabtastung, niedriges SNR

Als Extrembeispiel wurde die iterative Rekonstruktion am simulierten Kopfdatensatz mit MS-Läsionen bei hoher nomineller Auflösung von $(2\text{ mm})^3$ und einem sehr hohen $UAF = 10$ getestet. Eine Schicht der rekonstruierten Bilder wird in Abbildung 4.24 gezeigt. Durch die Kombination aus niedrigem SNR und starken Unterabtastungsartefakten sind anatomische Details im *Gridding*-Bild (a) kaum wahrnehmbar. Viele MS-Läsionen (markiert durch rote Pfeile) sind wegen des niedrigen SNR und hohen Artefaktpegels nicht erkennbar. Rauschen und Unterabtastungsartefakte sind im $TV^{(2)}$ &BM-Bild (b) stark unterdrückt, aber immer noch sichtbar. Größere MS-Läsionen und Liquoreinschlüsse heben sich nun deutlich ab. Im AnaWeTV-Bild (c) sind Rauschen und Artefakte komplett unterdrückt. Es bleiben nur einige dunklere Pixel am Rand von Strukturen zurück. Auch die kleinsten MS-Läsionen sind mit hohem Kontrast dargestellt.

Dieser qualitative Gewinn in der Bildqualität findet sich auch in den rekonstruierten Signalintensitäten wieder: Der Intensitätsfehler in den MS-Läsionen, der für das *Gridding*-Bild $(20,3 \pm 3,2)\%$ beträgt, ist im $TV^{(2)}$ &BM-Bild mit $(6,5 \pm 4,2)\%$ auf ein Drittel reduziert. Im AnaWeTV-Bild ist der Fehler um weitere 50% reduziert und beträgt $(3,2 \pm 2,3)\%$. Anders als beim oben beschriebenen Datensatz aus Kapitel 4.2.1 kann hier der Intensitätsfehler durch einen Hammingfilter (Rekonstruktion nicht gezeigt) im Vergleich zum *Gridding*-Bild verringert werden. Mit $(12,6 \pm 3,3)\%$ ist er höher als in den iterativ rekonstruierten Bildern.

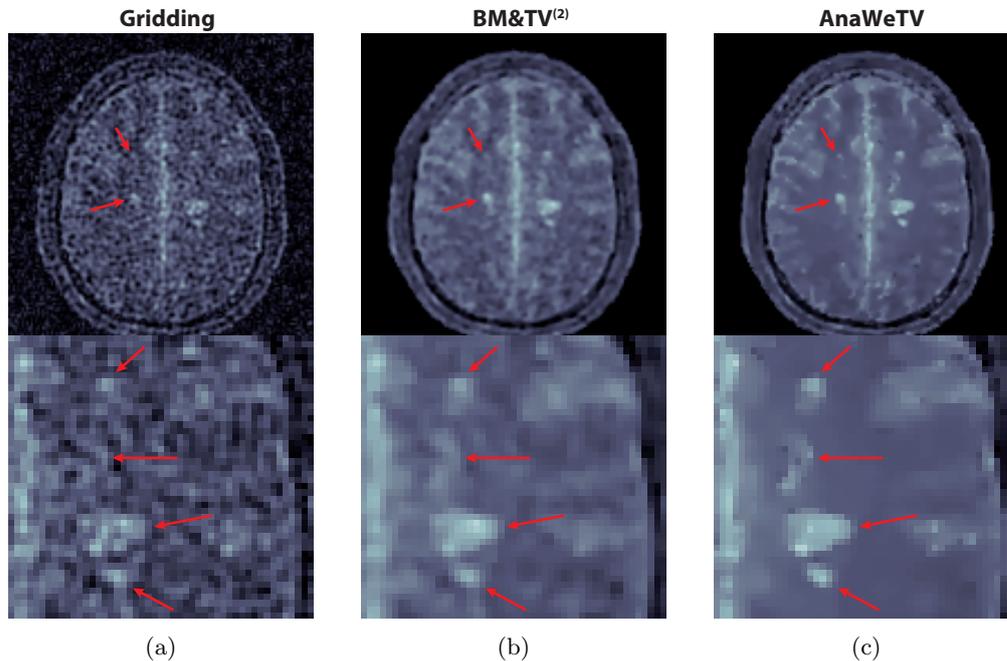


Abbildung 4.24: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM- und (c) AnaWeTV-Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen und starker Unterabtastung $((2\text{ mm})^3, \text{UAF} = 10)$. Während die anatomischen Strukturen und MS-Läsionen im *Gridding*-Bild von Rauschen und Artefakten überdeckt werden, sind sie in den iterativ rekonstruierten Bildern sichtbar. Im $TV^{(2)}$ &BM-Bild bleiben Artefakte im Bild zurück. Im AnaWeTV-Bild sind alle sichtbaren Artefakte unterdrückt. Kleinste MS-Läsionen sind mit hohem Kontrast zu erkennen.

4.2.4 Überprüfung der AnaWeTV-Rekonstruktion

In diesem Kapitel wird gezeigt, wie sich das Ausmaß der anatomischen Wichtung bei verschiedenen Kontrollparametern w_{\max} auswirkt (Kapitel 4.2.4), was bei fehlendem oder falschem Vorwissen geschieht und welchen Einfluss eine falsche Registrierung des Referenzbildes und damit der anatomischen Wichtung auf das rekonstruierte Bild hat. Alle Untersuchungen verwendeten den simulierten Kopfdatensatz mit MS-Läsionen $((3\text{ mm})^3$ Auflösung, $\text{UAF} = 4$, sehr Rauschpegel 2) aus Kapitel 4.2.

Kontrolle der anatomischen Wichtung

Das Ausmaß der anatomischen Wichtung kann über den Parameter w_{\max} eingestellt werden. Ist der Wert für w_{\max} klein, so werden nur die stärksten Kanten im Referenzbild in die anatomische Wichtung mit einbezogen. Wird dieser Kontrollparameter größer, so werden immer kleinere Intensitätsunterschiede im Referenzbild als Umriss einer anatomischen Struktur gewertet und fließen in die anatomische Wichtung der Rekonstruktion mit ein.

Abbildung 4.25 zeigt die orts aufgelösten anatomischen Wichtungsfaktoren w_x , w_y und w_z in alle drei Raumrichtungen für eine ausgewählte Schicht mit MS-Läsionen für verschiedene

Kontrollparameter w_{\max} . Rechts daneben ist das jeweilige AnaWeTV-Bild zu sehen. Die Wichtungsparmeter der Regularisierungsterme τ_{BM} und τ_{AnaWeTV} wurden dabei nicht für jedes Bild neu eingestellt, sondern es wurden die optimierten Wichtungsfaktoren für den Fall $w_{\max} = 20$ verwendet. Die geringste Wichtung $w_{\max} = 5$ enthält abgesehen von der Schädelkalotte kaum anatomische Informationen. Dementsprechend erscheinen in der Rekonstruktion kleine Strukturen mit geringerem Kontrast. Der Wichtungsfaktor $w_{\max} = 15$ führt zu einer anatomischen Wichtung der prominenten Liquorstrukturen und der MS-Läsionen. Diese Bereiche erhalten höheren Kontrast und eine höhere Auflösung. Beim Einschluss von noch mehr anatomischen Strukturen in die Wichtung mit $w_{\max} = 35$ bzw. $w_{\max} = 55$ kommt es zu einer klaren Abgrenzung zwischen WM und GM. Allerdings treten an den Kanten Pixel mit reduzierter Intensität auf, die keiner Anatomie entsprechen (siehe rote Pfeile).

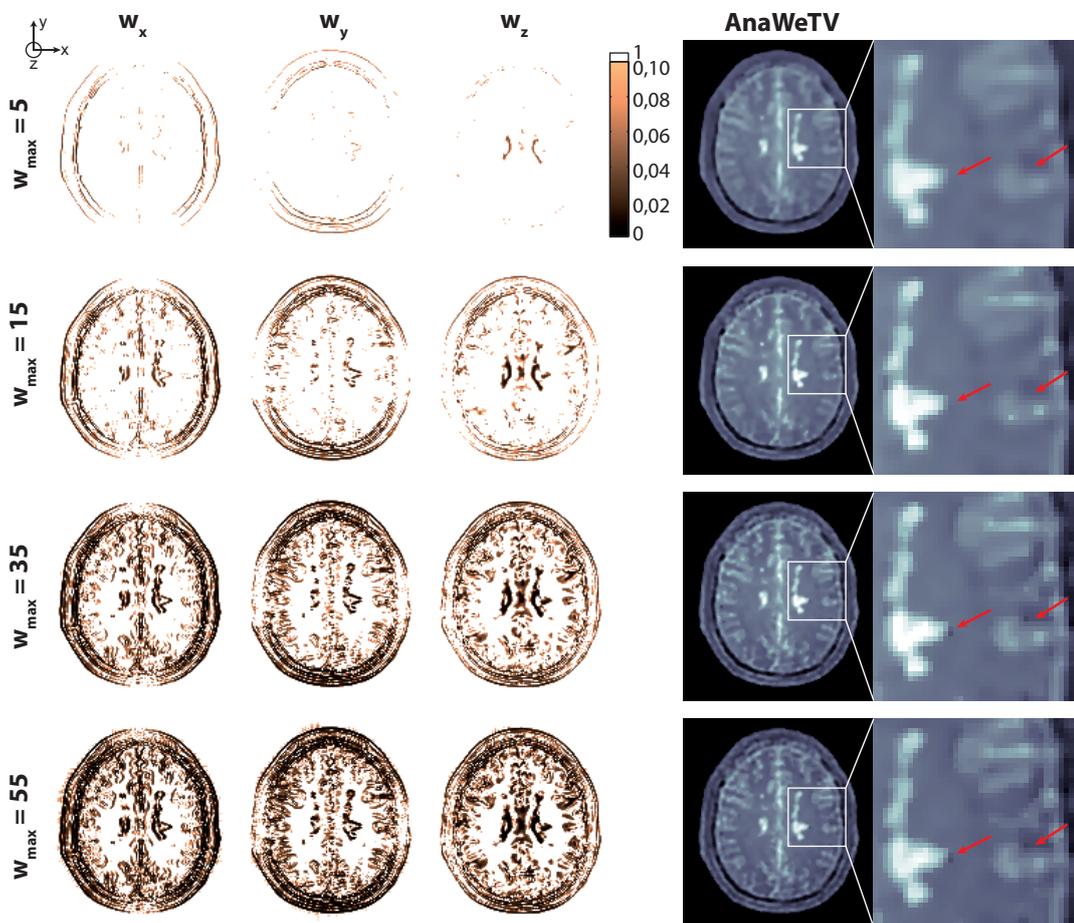


Abbildung 4.25: Ortsaufgelöste anatomische Wichtungsfaktoren und AnaWeTV-Bilder für vier verschiedene Kontrollparameter w_{\max} . Werden wenige Kanten in die anatomische Wichtung mit einbezogen ($w_{\max} = 5$), so besitzen Strukturen weniger Kontrast und eine niedrigere Auflösung als bei einem etwas größeren Kontrollparameter ($w_{\max} = 15$). Die Einbeziehung von vielen Kanten ($w_{\max} = 35/55$) führt zu einer scharfen Abgrenzung zwischen WM und GM. Außerdem treten an den Kanten vereinzelte Pixel mit sehr geringer Intensität auf (rote Pfeile).

Rekonstruktion von Strukturen ohne Vorwissen

Ein ^{23}Na -Bild kann Informationen und Strukturen enthalten, die im ^1H -Bild, aus dem die *A-priori*-Informationen gewonnen werden, nicht vorhanden sind. Es ist wichtig, dass solche Informationen in der Rekonstruktion nicht verloren gehen. Um diesen Fall zu testen, wurde der simulierte Kopfdatensatz *mit* MS-Läsionen verwendet. Die *A-priori*-Informationen für die AnaWeTV wurden aus dem Referenzbild des simulierten Kopfes *ohne* MS-Läsionen mit $w_{\max} = 18$ gewonnen⁴.

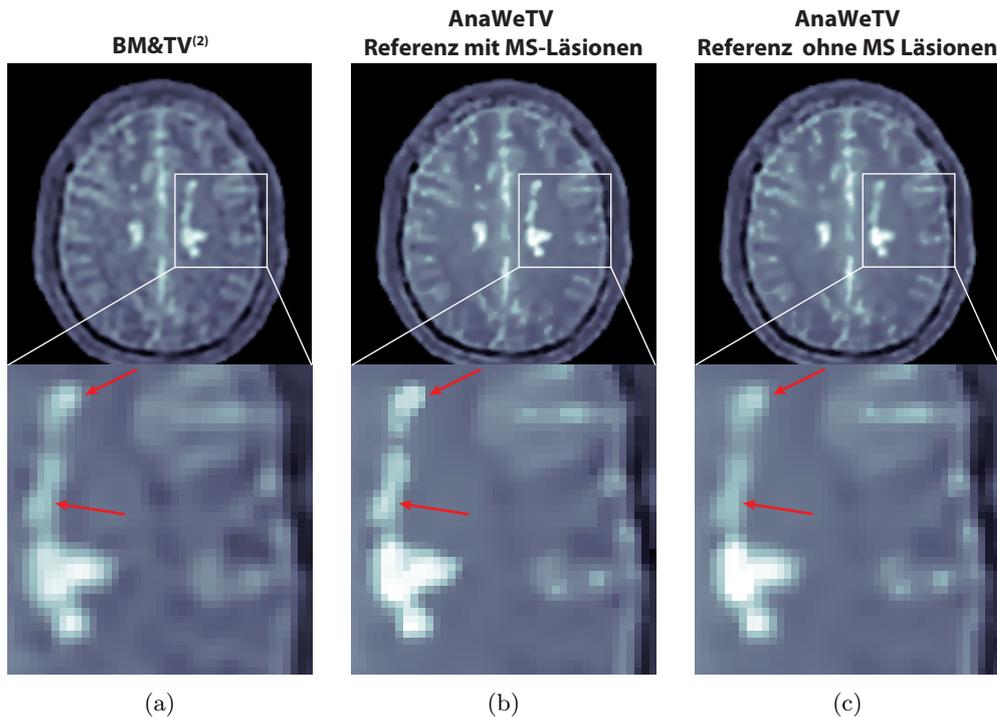


Abbildung 4.26: Simulierter Kopfdatensatz mit MS-Läsionen ($(3\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 4$). (a) $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Rekonstruktion. (b) AnaWeTV-Rekonstruktion; die anatomische Wichtung enthält die Umrisse der MS-Läsionen. (c) AnaWeTV-Rekonstruktion; die anatomische Wichtung enthält *keine A-priori*-Information über die MS-Läsionen. Bei fehlendem Vorwissen erscheinen kleine MS-Läsionen unscharf, ihr Kontrast ist im Vergleich zur Rekonstruktion mit vorhandenem Vorwissen verringert (rote Pfeile).

Eine Schicht des rekonstruierten AnaWeTV-Bildes ist in Abbildung 4.26 im Vergleich mit dem $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild und der AnaWeTV-Rekonstruktion mit anatomischer Wichtung der MS-Läsionen zu sehen. Das fehlende *A-priori*-Wissen macht sich durch einen schwächeren Kontrast der MS-Läsionen bemerkbar, der jedoch mit dem Kontrast des $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bildes vergleichbar ist. Eine Analyse des Intensitätsfehlers ergibt eine Abweichung von 11,3% –

⁴Die von der *brainweb*-Datenbank zur Verfügung stehenden Kopfdaten für den Kopf mit und ohne MS-Läsionen enthalten einen unterschiedlichen Kontrast. Mit T_2 -Wichtung erscheint die WM im Gehirn ohne MS-Läsionen dunkler als im Gehirn mit MS-Läsionen. Daher wurde bei diesem Datensatz ein geringerer Wichtungsfaktor $w_{\max} = 18$ gewählt und nicht $w_{\max} = 20$ wie bei den Rekonstruktionen von Abbildung 4.20.

also einen mehr als doppelt so großen Fehler wie im $TV^{(2)}$ &BM-Bild und eine deutliche Verschlechterung gegenüber *Gridding*.

Nicht in den Daten enthaltenes Vorwissen

Der umgekehrte Fall ist eine anatomische Struktur, die im 1H -Bild zu sehen ist, im ^{23}Na -Bild jedoch nicht erscheint. Die anatomische Wichtung enthält dann Kanteninformation an Positionen, an denen im ^{23}Na -Bild keine Kante vorhanden sein sollte. Um diesen Fall zu testen wird der simulierte Kopfdatensatz *ohne* MS-Läsionen $((3\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4, \text{sehr Rauschpegel } 2)$ verwendet. Die anatomische Wichtung wird mit $w_{\max} = 20$ aus dem Referenzbild *mit* MS-Läsionen berechnet.

Abbildung 4.27 zeigt dieselbe Schicht wie Abbildung 4.26 des *Gridding*- und AnaWeTV-Bildes mit korrekter und mit falscher *A-priori*-Information. Durch die falsche Kanteninformation entstehen unnatürlich wirkende Flecken mit schwankender Intensität an den Positionen der MS-Läsionen im Referenzbild. Die Intensitätsänderung in diesen Bereichen entspricht der Schwankung der Intensität durch Rauschen, wie sie im *Gridding*-Bild zu sehen ist.

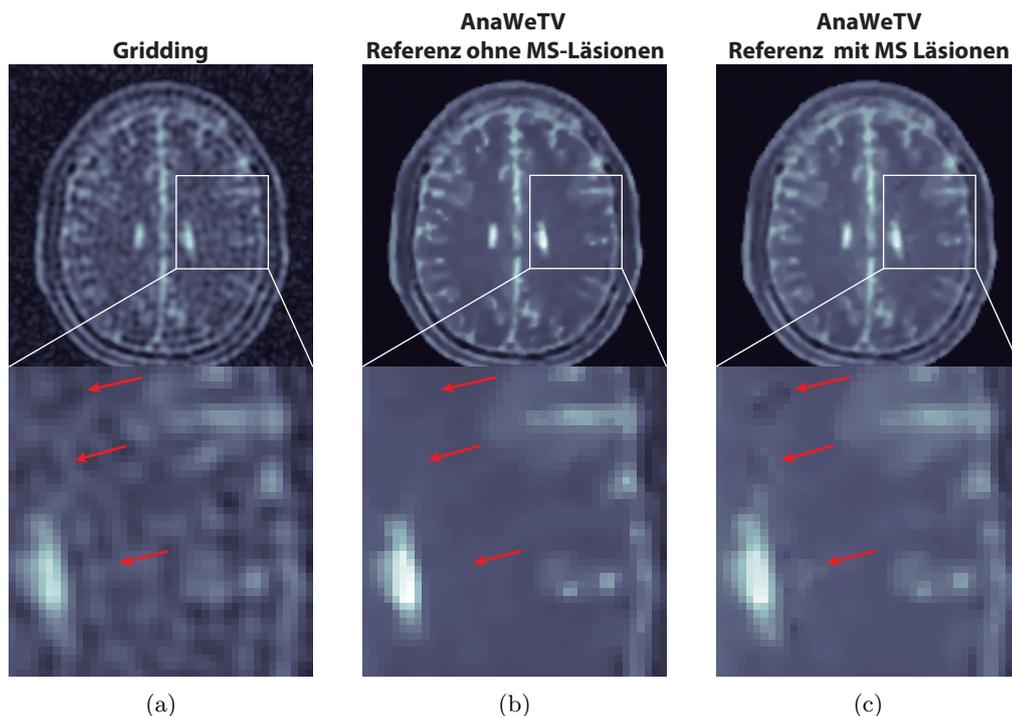


Abbildung 4.27: Simulierter Kopfdatensatz ohne MS-Läsionen $((3\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4)$ (a) *Gridding*-Rekonstruktion. (b) AnaWeTV-Rekonstruktion; die anatomische Wichtung enthält keine MS-Läsionen. (c) AnaWeTV-Rekonstruktion; die anatomische Wichtung enthält die Umrisse von MS-Läsionen, die im Datensatz nicht vorhanden sind. An den Positionen der MS-Läsionen entstehen unnatürlich wirkende Flecken mit leicht erhöhter oder leicht verringerter Intensität (rote Pfeile).

Registrierungsfehler

Eine weitere Fehlerquelle bei der AnaWeTV-Rekonstruktion ist die Registrierung des ^{23}Na -Bildes mit dem ^1H -Referenzbild. Da die iterative Rekonstruktion auf dem ursprünglichen Datensatz stattfindet, wird das ^1H -Bild auf das qualitativ schlechtere ^{23}Na -Bild registriert, wodurch der Registrierprozess fehleranfälliger wird. In Abbildung 4.28 werden Rekonstruktionen mit AnaWeTV gezeigt, bei denen das Referenzbild um 0/1,5/3,0/4,5 mm in y -Richtung gegenüber dem ^{23}Na -Bild verschoben ist. Als Vergleich wird außerdem das $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild gezeigt. Alle AnaWeTV-Bilder werden mit denselben Wichtungsfaktoren rekonstruiert.

Der Kontrast- und Auflösungsgewinn in den kleinen Liquoreinschlüssen (gelbe, gestrichelte Pfeile) geht bei zunehmender Fehlregistrierung verloren. Bei 4,5 mm Verschiebung ist der Kontrast vergleichbar mit dem $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild. Am Rand von Strukturen treten Bereiche mit geringerer Intensität auf, die bei zunehmender Fehlregistrierung schärfer abgegrenzt und dunkler werden (rote Pfeile).

Der Intensitätsfehler der MS-Läsionen nimmt mit steigender Fehlregistrierung zu. Allerdings liegt er bei 1,5 mm Fehlregistrierung mit $(4,6 \pm 2,5)\%$ noch unter dem Fehler im $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild mit $(5,8 \pm 4,5)\%$. Bei 3 mm Fehlregistrierung ist er mit $(5,8 \pm 2,9)\%$ gleich groß wie im $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild, allerdings mit geringerer Schwankung. Erst bei 4,5 mm Fehlregistrierung weicht die Intensität mit $(8,6 \pm 4,6)\%$ stärker ab als im *Gridding*-Bild.

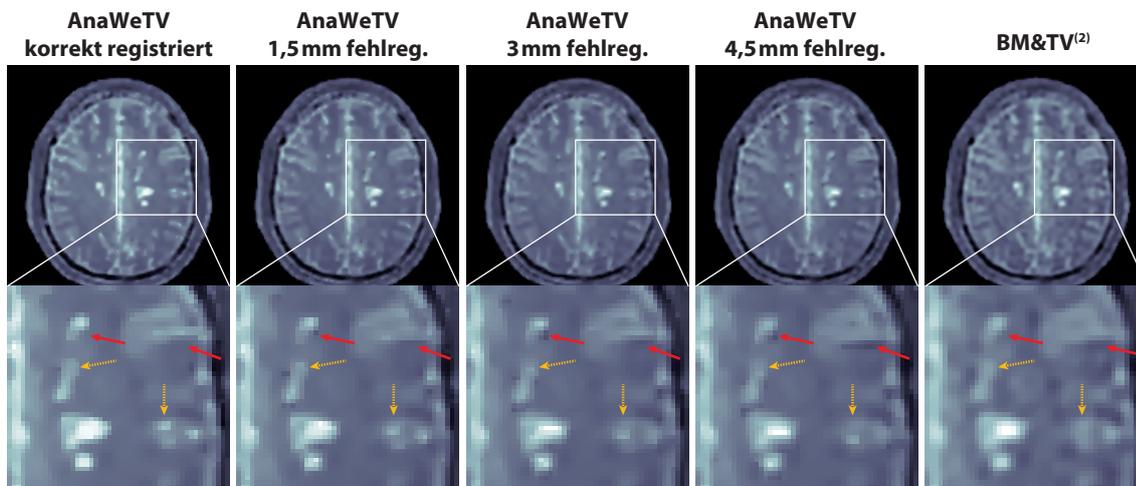


Abbildung 4.28: AnaWeTV-Rekonstruktionen mit um 0/1,5/3/4,5 mm fehlregistriertem Referenzbild. Zum Vergleich wird außerdem das $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild gezeigt. Durch zunehmende Fehlregistrierung entstehen Bereiche reduzierter Intensität am Rand heller Strukturen, deren Konturen in der anatomischen Wichtung enthalten sind (rote Pfeile). An diesen Stellen ist die Intensität im $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild ohne anatomische Wichtung ebenfalls reduziert. Bei steigender Fehlregistrierung werden die Bereiche reduzierter Intensität deutlicher abgegrenzt und dunkler. Der Auflösungs- und Kontrastgewinn im AnaWeTV-Bild mit korrekt registrierter Wichtung geht bei fehlregistrierter Wichtung verloren (gelbe gestrichelte Pfeile). Allerdings ist der Kontrast auch im 4,5 mm fehlregistrierten AnaWeTV-Bild nicht schlechter als der im $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild.

4.2.5 Vergleich: Anatomisch gewichtete quadratische Regularisierung und AnaWeTV

Die Methode von [Haldar *et al.*, 2007], auf der die AnaWeTV-Regularisierung aufbaut, verwendet eine quadratische Regularisierung an Stelle der $TV^{(2)}$ -Regularisierung:

$$R_{\text{quad}} = \sum_{q=x,y,z} \left\| \mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(1)} x \right\|_2^2. \quad (4.1)$$

Zum Vergleich wurde diese anatomisch gewichtete quadratische Regularisierung (AnaWeQR) ebenfalls implementiert und für den oben gezeigten simulierten Kopfdatensatz mit MS-Läsionen $((3 \text{ mm})^3, \text{ UAF} = 4)$ mit der AnaWeTV-Rekonstruktion verglichen. Das Ergebnis ist in Abbildung 4.29 zu sehen.

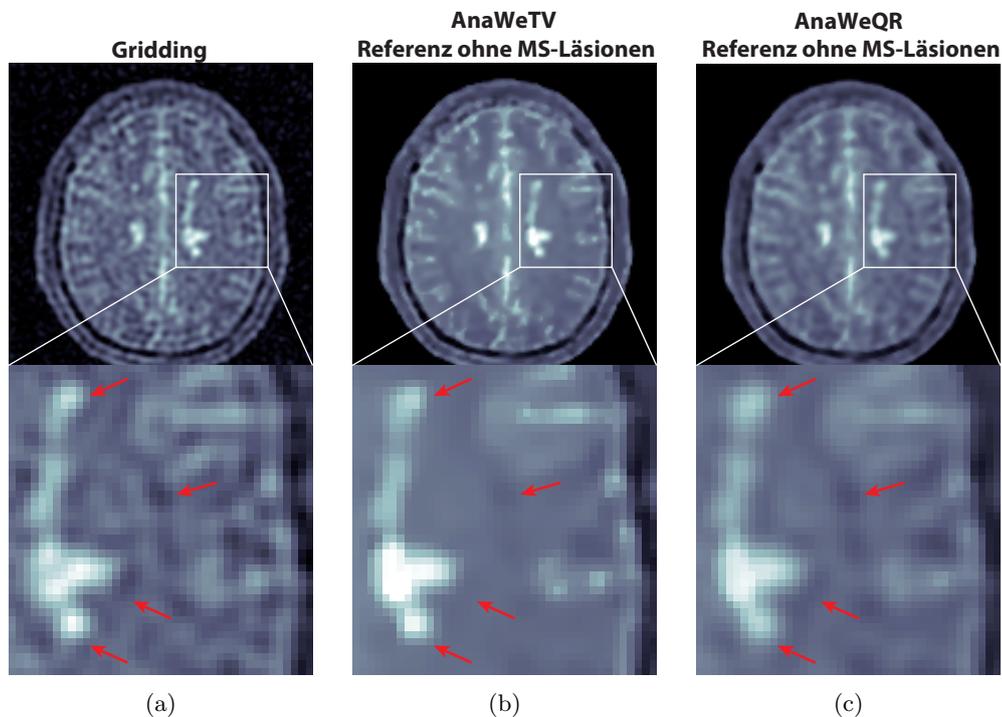


Abbildung 4.29: (a) *Gridding*-, (b) AnaWeTV- und (c) AnaWeQR-Bild des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen $((3 \text{ mm})^3, \text{ UAF} = 4)$. Die anatomische Wichtung enthält keine MS-Läsionen. Gibbs-Oszillationen werden durch die quadratische Regularisierung weniger gut unterdrückt als mit der $TV^{(2)}$ -Regularisierung. Außerdem werden sowohl Strukturen mit als auch solche ohne *A-priori*-Information unscharf und mit geringerem Kontrast dargestellt.

Die AnaWeQR wird mit einer BM-Regularisierung kombiniert, um einen fairen Vergleich mit dem AnaWeTV-Bild zu erzielen. Die anatomische Wichtung wird aus dem Referenzbild ohne MS-Läsionen mit $w_{\text{max}} = 18$ erzeugt, um das Verhalten an unbekanntem Strukturen vergleichen zu können. Mit der quadratischen Regularisierung (c) können Gibbs-Oszillationen weniger gut reduziert werden. Außerdem werden sowohl bekannte als auch

unbekannte Strukturen mit weniger Kontrast rekonstruiert als im AnaWeTV-Bild (b). Einige Bereiche mit deutlichen Unterschieden werden durch rote Pfeile angezeigt.

4.2.6 Genauigkeit rekonstruierter Natriumkonzentrationen: Phantommessung

Die Genauigkeit der rekonstruierten ^{23}Na -Konzentrationen bei verschiedenen Rekonstruktionstechniken wurde mittels MR-Messungen am Konzentrations- und Auflösungsphantom (siehe Kapitel 3.4) überprüft. Bei 3 T wurden koregistrierte ^{23}Na - und ^1H -MR-Daten aufgenommen. Die Parameter der ^{23}Na -Messung waren: $\text{TE} = 0,3 \text{ ms}$, $\text{TR} = 80 \text{ ms}$, $\alpha = 85^\circ$, Gradientenstärke $G_0 = 2,27 \text{ mT/m}$, $t_0 = 1 \text{ ms}$ und Auslesezeit $T_{\text{RO}} = 40 \text{ ms}$. Mit dieser Gradienteneinstellung wurde eine nominelle Auflösung von $(4 \text{ mm})^3$ in den Bildern erreicht. In vier Messungen wurde die Zahl der Projektionen variiert: Sie beträgt 10000/5000/2000/1000, was jeweils einem UAF von 1/2/5/10 entspricht. In radialer Richtung wurde das Nyquist-Kriterium (2.72) mit 384 Datenpunkten pro Projektion erfüllt. Die Messdauer für den voll abgetasteten Datensatz betrug 13 min 20 s, für die unterabgetasteten Datensätze war sie um den Faktor 1/UAF verkürzt.

Mit der doppelresonanten Spule wurden zusätzlich koregistrierte ^1H -Daten mit einer T_1 -gewichteten 3D-FLASH-Sequenz aufgenommen. In 1 min 12 s wurde ein Datensatz mit $(2 \text{ mm})^3$ Auflösung und einem FOV von $(256 \text{ mm})^3$ akquiriert. Die Parameter waren: $\text{TE} = 2,46 \text{ ms}$, $\text{TR} = 4,4 \text{ ms}$, $\alpha = 10^\circ$, Bandbreite = 1953 Hz/Pixel.

Die ^{23}Na -Datensätze wurden iterativ mit jeweils 81 verschiedenen Kombinationen der Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{\text{TV}^{(2)}}/\tau_{\text{AnaWeTV}}$ rekonstruiert. Für jeden Datensatz wurde als $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -, $\text{TV}^{(2)}$ - und AnaWeTV-Bild jeweils die Rekonstruktion mit minimalem kombiniertem Fehler RE_{Phantom} ausgewählt. Zusätzlich wurde jeweils eine *Gridding*-Rekonstruktion mit und ohne Hammingfilter erstellt. Über den Mittelwert einer ROI⁵ im Phantomkörper, wo die Natriumkonzentration konstant 0,6% betrug, wurden die Bildintensitäten in Natriumkonzentrationen umgerechnet.

Auf dem ^1H -Bild wurden ROIs ins Innere der Konzentrationsröhrchen eingezeichnet. Für jedes der sechs Röhrchen wurde die Differenz zwischen der tatsächlichen Konzentration und der über die ROI bestimmten Konzentration im rekonstruierten ^{23}Na -Bild berechnet. Der RMSE der rekonstruierten Konzentrationen ergab sich dann als Wurzel der quadratischen Summe dieser Abweichungen.

Abbildung 4.30 vergleicht die verschiedenen Rekonstruktionen für alle vier UAF. Im *Gridding*-Bild (a) nehmen Rauschen und Unterabtastungsartefakte mit steigendem UAF zu⁶. In den $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bildern (b) sind Rauschen und Artefakte reduziert. Ab $\text{UAF} = 5$ bleiben jedoch inhomogene Bereiche im Körper des Phantoms zurück. Die Auflösung und der Kontrast der 6 mm-Stäbchenreihe nimmt ab $\text{UAF} = 4$ leicht ab. Die $\text{TV}^{(2)}$ -Bilder (c) unterscheiden sich für $\text{UAF} = 5$ und $\text{UAF} = 10$ von den $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bildern: Hier wird das Rauschen im Phantomkörper unterdrückt, wobei Auflösung verloren geht. Bei $\text{UAF} = 10$ ist der Kontrast aller Auflösungsstäbchen und der Konzentrationsröhrchen herabgesetzt. In den AnaWeTV-Bildern (d) ist die Auflösung im Vergleich zu *Gridding*

⁵Es wurde dieselbe ROI verwendet, die auch zur Abschätzung des Rauschpegels diente

⁶Durch die um 1/UAF kürzere Messzeit steigt das Rauschen $\propto \sqrt{\text{UAF}}$ an.

erhöht: Die kleinsten Stäbchen (4 mm) werden klar getrennt dargestellt. Außerdem sind die Plastikwände der Konzentrationsröhrchen als dunkle Ringe sichtbar. Bei $UAF = 5$ und $UAF = 10$ ist der Auflösungsgewinn weniger hoch und die kleinste Stäbchenreihe ist nicht mehr auflösbar. Kontrast und Auflösung der restlichen Stäbchenreihen bleiben erhalten. Gleichzeitig sind Rauschen und Artefakte in allen Bildern stärker unterdrückt als durch die anderen Rekonstruktionsmethoden. Das *Gridding*-Bild mit Hammingfilter (e) zeigt bei allen UAF eine Rauschreduktion und eine Verwischung aller Strukturen. Der Kontrast der Konzentrationsröhrchen und der Stäbchen ist herabgesetzt. Bei $UAF = 10$ werden die streifenartigen Unterabtastungsartefakte nicht komplett unterdrückt.

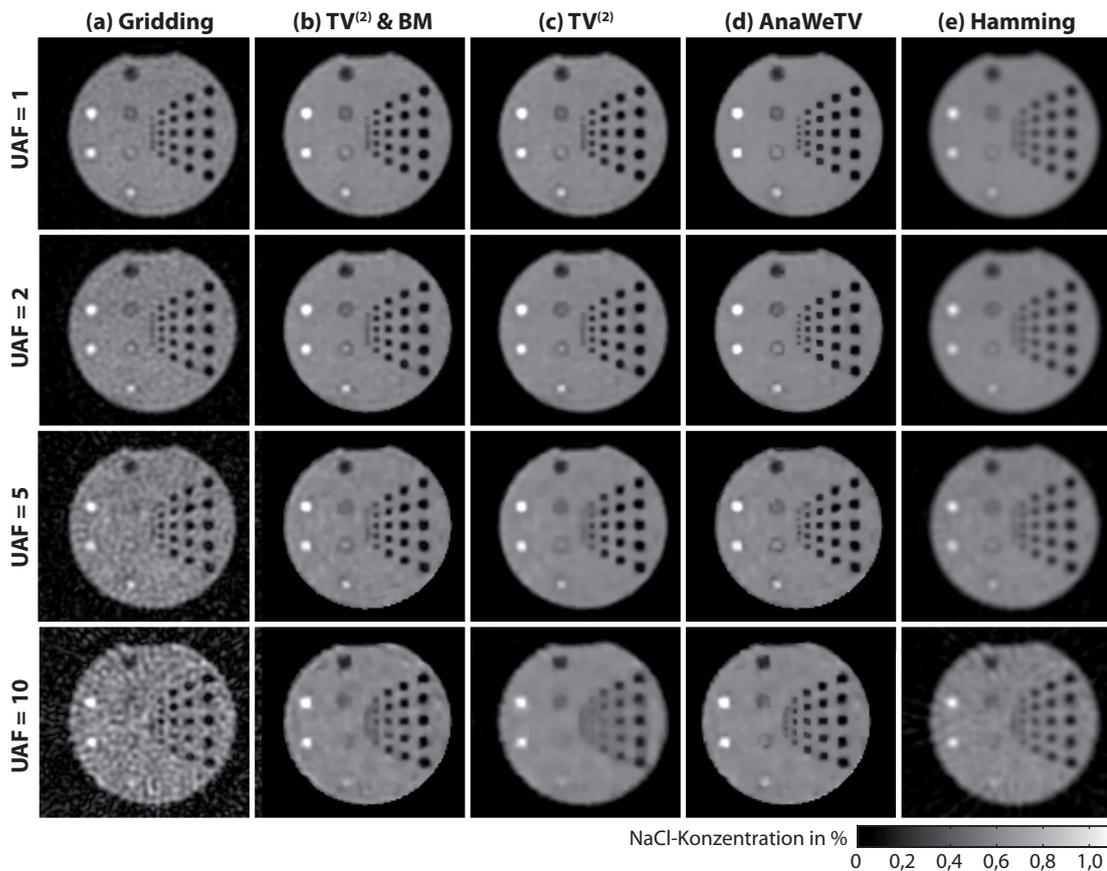


Abbildung 4.30: ^{23}Na -MR-Bilder des Messphantoms mit $UAF = 1/2/5/10$ für verschiedene Rekonstruktionsmethoden. (a) *Gridding*-Rekonstruktionen: Rauschen und Unterabtastungsartefakte steigen mit dem UAF. (b) $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bilder: Deutlich reduzierter Rauschpegel, wobei ab $UAF = 5$ inhomogene Bereiche zurückbleiben und der Kontrast der 6 mm-Stäbchenreihe abnimmt. (c) $\text{TV}^{(2)}$ -Bilder: Bei $UAF = 5$ und $UAF = 10$ ist das Rauschen im Phantomkörper gut unterdrückt, jedoch sinkt gleichzeitig die Auflösung. (d) AnaWeTV-Bilder: Die Auflösung ist im Vergleich zu *Gridding* erhöht: Bis auf $UAF = 5$ und $UAF = 10$ ist auch die kleinste Stäbchenreihe (4 mm) aufgelöst. Rauschen und Artefakte werden in allen Bildern gut unterdrückt. (e) *Gridding*-Bild mit Hammingfilter: Bei allen UAF ist der Rauschpegel reduziert. Durch starkes *blurring* geht der Kontrast der Konzentrationsröhrchen und der Stäbchen verloren. Bei $UAF = 10$ werden die Unterabtastungsartefakte nicht komplett unterdrückt.

Die zugehörigen Bildqualitätsparameter sind in Abbildung 4.31 aufgeführt. Der Rauschpegel, der bei höheren UAF zusätzlich das Ausmaß der Unterabtastungsartefakte erfasst, steigt im *Gridding*-Bild etwa linear an. Bei höherem UAF werden Rauschen und Artefakte durch die anderen Rekonstruktionsmethoden stärker reduziert. So steigt der Rauschpegel zwar mit dem UAF an, aber nicht so stark wie bei der *Gridding*-Rekonstruktion. $TV^{(2)}$ - und AnaWeTV-Bilder besitzen den niedrigsten Rauschpegel.

Bis einschließlich $UAF = 5$ bleibt der Kontrast im $TV^{(2)}$ &BM- und AnaWeTV-Bild konstant, wobei er im AnaWeTV-Bild um 9% höher ist als im jeweiligen *Gridding*-Bild. Bei $UAF = 10$ sinkt der Kontrast in allen Bildern unter den Wert des *Gridding*-Bildes: Im AnaWeTV-Bild um 19%, im $TV^{(2)}$ &BM-Bild um 44%. Im $TV^{(2)}$ -Bild sinkt der Kontrast bei $UAF = 5$ um 43%, bei $UAF = 10$ um 84%. Im *Gridding*-Bild mit Hammingfilter ist der Kontrast bei allen UAF konstant: Er ist um 71% geringer als der Kontrast des *Gridding*-Bildes bei $UAF = 1$.

Der RMSE der Konzentrationswerte steigt in allen Rekonstruktionen mit dem UAF an. Dabei ist der Fehler in den Hamming-gefilterten Bildern fast doppelt so groß wie bei *Gridding*. Die iterativen Rekonstruktionsverfahren reduzieren den Fehler etwa auf die Hälfte. Dieser Wert ist unabhängig von der verwendeten Regularisierung. Nur bei $UAF = 10$ nimmt der Fehler im $TV^{(2)}$ -Bild zu und wird größer als der bei *Gridding*.

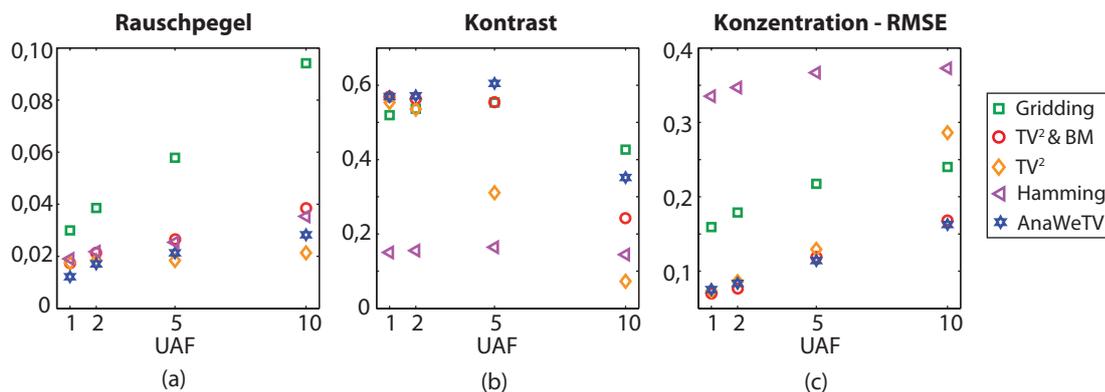


Abbildung 4.31: Bildevaluationsparameter für die Rekonstruktionen aus Abbildung 4.30. Die iterativen Rekonstruktionsverfahren und der Hammingfilter reduzieren den Rauschpegel. Zwar steigt er mit dem UAF an, jedoch nicht so schnell wie im *Gridding*-Bild. Der Rauschpegel im $TV^{(2)}$ &BM-Bild und im gefilterten *Gridding*-Bild ist vergleichbar, während er im $TV^{(2)}$ - und AnaWeTV-Bild etwas niedriger liegt. Der Kontrast ist im AnaWeTV-Bild am höchsten und sinkt erst bei $UAF = 10$. Dasselbe gilt für das $TV^{(2)}$ &BM-Bild, dessen Kontrast etwas niedriger liegt. Der Kontrast im $TV^{(2)}$ -Bild sinkt ab $UAF = 5$, während der Kontrast im *Gridding*-Bild mit Hammingfilter für alle UAF konstant niedrig ist. Der Konzentrationsfehler ist in den *Gridding*-Bildern mit Hammingfilter höher als ohne. Dagegen wird er durch alle iterativen Rekonstruktionstechniken reduziert. Einzige Ausnahme hierbei ist das $TV^{(2)}$ -Bild bei $UAF = 10$.

4.2.7 Patientenmessungen

Die iterative TV⁽²⁾&BM- und AnaWeTV-Rekonstruktion wurde an Patientendaten für zwei verschiedene Krankheitsbilder, bei denen die klinische Relevanz der ²³Na-Bildgebung erforscht wird, demonstriert. Es werden Rekonstruktionen für die *In-vivo*-²³Na-MRT des Kopfes bei einem Hirntumorpatienten und bei einem MS-Patienten vorgestellt.

Hirntumor

Bei 7 T wurden ²³Na-Daten eines Glioblastom-Patienten (WHO-Grad IV; männlich; Alter: 60 Jahre) akquiriert. Die Messparameter waren: TE = 0,35 ms, TR = 160 ms, $\alpha = 90^\circ$, Gradientenstärke $G_0 = 7,9$ mT/m, $t_0 = 0,5$ ms und Auslesezeit $T_{RO} = 10$ ms. Mit dieser Gradienteneinstellung wurde eine nominelle Auflösung von $(3 \text{ mm})^3$ in den Bildern erreicht. Es wurden 4000 Projektionen gemessen, was einem UAF = 5 entspricht. In radialer Richtung wurde das Nyquist-Kriterium (2.72) mit 384 Datenpunkten pro Projektion erfüllt. Die Messdauer betrug 10 min 40 s. Bei dieser Repetitionszeit ist das resultierende ²³Na-Bild Spindichte-gewichtet.

Das ¹H-Bild zur Bestimmung der anatomischen Wichtung wurde mit einer T_1 -gewichteten MPRAGE-Sequenz bei 3 T als Bestandteil der klinischen Routineuntersuchung aufgenommen. Die Messung erfolgte in 3 min 43 s mit einer Auflösung von $(1 \text{ mm})^3$ und einem FOV von $238 \times 238 \times 160 \text{ mm}^3$. Die restlichen Sequenzparameter waren: TE = 3,42 ms, Abstand zweier Inversionspulse TR = 1,74 s, Inversionszeit TI = 1,0 s, $\alpha = 15^\circ$, Bandbreite 180 Hz/Pixel.

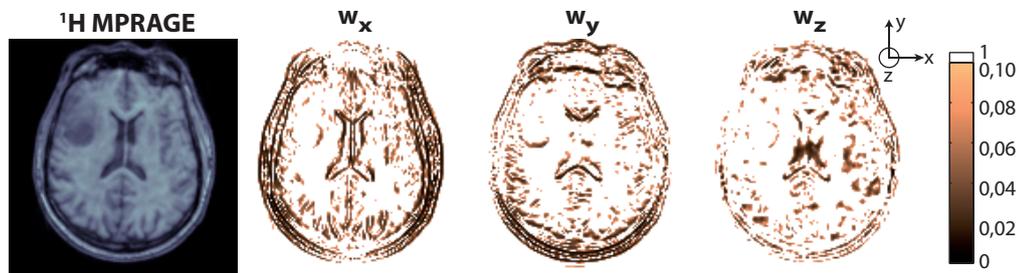


Abbildung 4.32: ¹H-MPRAGE-Bild des Hirntumors und daraus bestimmte anatomische Wichtung mit $w_{\max} = 35$ für eine ausgewählte Schicht.

In Abbildung 4.32 ist eine Schicht des ¹H-Bildes und die daraus bestimmten Wichtungsfaktoren mit $w_{\max} = 35$ in alle drei Raumrichtungen dargestellt. Die Registrierung des ¹H-Bildes erfolgt auf die *Gridding*-Rekonstruktion des ²³Na-Bildes, das mit *Zerofilling* auf die doppelte Matrixgröße mit einer Voxelgröße von $(1,5 \text{ mm})^3$ rekonstruiert wird. Es werden iterative Rekonstruktionen für 48/60 verschiedene Kombinationen an Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{\text{TV}^{(2)}}/\tau_{\text{AnaWeTV}}$ durchgeführt. Aus diesen Bildern wird die beste TV⁽²⁾&BM- und AnaWeTV-Rekonstruktion durch subjektiven Vergleich der Bilder ausgesucht. Dabei wird auf eine gute Rauschreduktion bei möglichst geringem Strukturverlust geachtet.

Verschiedene Schichten dieser Bilder im Vergleich zur *Gridding*-Rekonstruktion (a) und

dem ^1H -MPRAGE-Bild (d) sind in Abbildung 4.33 zu sehen. Sowohl das $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild (b) als auch das AnaWeTV-Bild (c) besitzen einen deutlich reduzierten Rauschpegel im Vergleich zum *Gridding*-Bild (a), während alle anatomischen Strukturen mit guter Auflösung erhalten sind. Im AnaWeTV-Bild ist die Auflösung der Liquoreinschlüsse gegenüber (a) erhöht. Durch das bessere SNR können Intensitätsschwankungen innerhalb des Tumors vom Rauschen unterschieden werden.

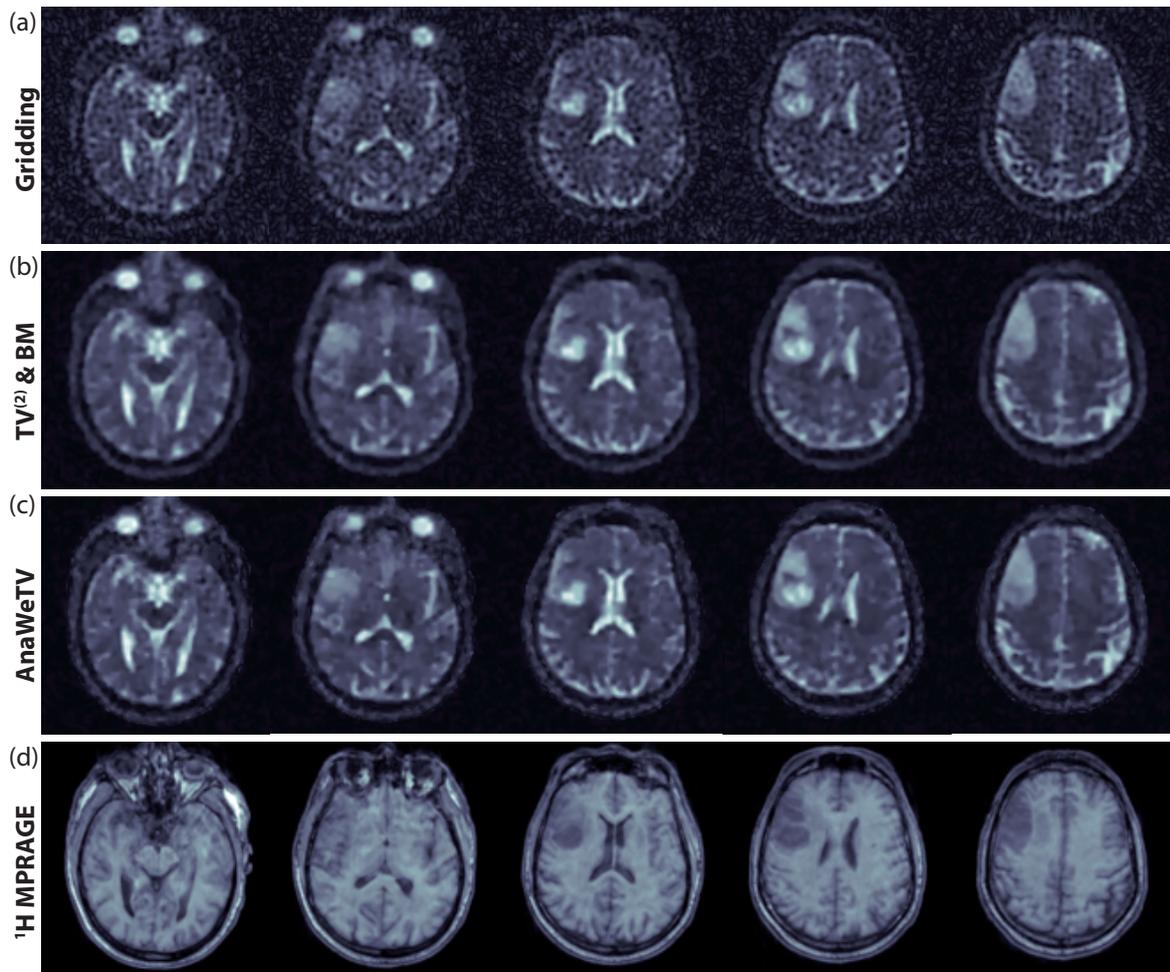


Abbildung 4.33: Ausgewählte Schichten der (a) *Gridding*-, (b) $\text{TV}^{(2)}$ &BM- und (c) AnaWeTV-Rekonstruktion der ^{23}Na -MRT eines Hirntumors (Glioblastom, WHO-Grad IV). (d) Registriertes ^1H MPRAGE-Bild, aus dem die anatomische Wichtung für die AnaWeTV-Rekonstruktion gewonnen wurde. Das höhere SNR im $\text{TV}^{(2)}$ &BM- und AnaWeTV-Bild erlaubt es, Intensitätsinhomogenitäten innerhalb des Tumors von Rauschen zu unterscheiden. Die feinen Strukturen der Liquoreinschlüsse sind im AnaWeTV-Bild höher aufgelöst und klarer abgegrenzt als im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild.

Die quantitative Bestimmung orts aufgelöster SNR-Werte (siehe Abbildung 4.34 und Tabelle 4.3) ergibt einen deutlichen SNR-Gewinn für beide iterativen Rekonstruktionsmethoden: Die SNR-Steigerung ist in WM mit 157 % am höchsten, doch auch in der kleinen Struktur der lateralen Ventrikel beträgt sie 55 %. Im AnaWeTV-Bild ist der SNR-Gewinn

in WM höher, im lateralen Ventrikel und im Tumorgewebe dagegen etwas geringer als im $TV^{(2)}$ &BM-Bild.

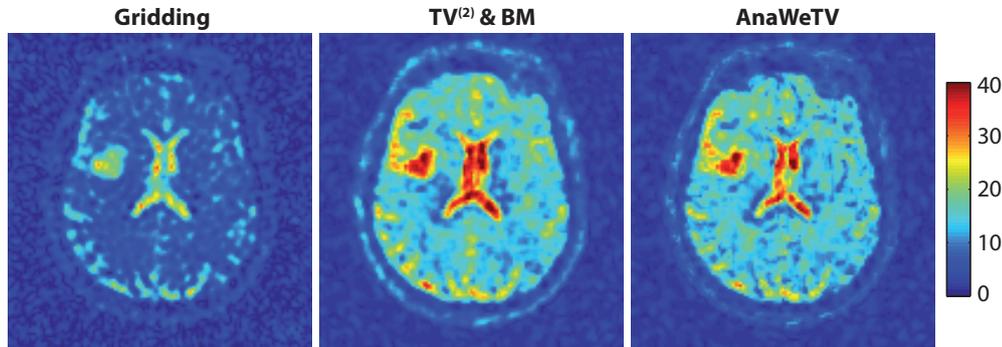


Abbildung 4.34: Ortsaufgelöste SNR-Werte für eine Schicht der Rekonstruktionen aus Abbildung 4.33. Das SNR in den beiden iterativ rekonstruierten Bildern ist etwa gleich groß und gegenüber dem *Gridding*-Bild deutlich erhöht.

| | | <i>Gridding</i> | $TV^{(2)}$ &BM | AnaWeTV |
|-----|-------|-----------------|----------------|---------------|
| SNR | WM | 5,8 | 12,9 +122% | 14,9 +157% |
| | LV | 21,5 | 34,7 +61% | 33,3 +55% |
| | Tumor | 17,3 | 32,8 +90% | 32,4 +87% |

Tabelle 4.3: Mittlere SNR-Werte in WM, den lateralen Ventrikeln und Tumorgewebe für die Rekonstruktionen aus Abbildung 4.33. Der SNR-Gewinn durch die iterativen Rekonstruktionen ist deutlich, jedoch strukturabhängig. Er ist am höchsten in WM und am niedrigsten in den lateralen Ventrikeln. Das SNR im AnaWeTV-Bild ist in WM höher, in den anderen Geweben geringfügig niedriger als im $TV^{(2)}$ &BM-Bild.

Multiple Sklerose

Bei 7T wurden *In-vivo*- ^{23}Na -Daten des Kopfes eines MS-Patienten (männlich; Alter: 43 Jahre) aufgenommen. Die Messparameter waren: $TE = 0,3$ ms, $TR = 120$ ms, $\alpha = 90^\circ$, Gradientenstärke $G_0 = 7,9$ mT/m, $t_0 = 0,5$ ms und Auslesezeit $T_{RO} = 40$ ms. Mit dieser Gradienteneinstellung wurde eine nominelle Auflösung von $(3\text{ mm})^3$ in den Bildern erreicht. Es wurden 5000 Projektionen gemessen, was einem $UAF = 4$ entspricht. In radialer Richtung wurde das Nyquist-Kriterium (2.72) mit 384 Datenpunkten pro Projektion erfüllt. Die Messdauer betrug 10 min.

Zur Erzeugung der anatomischen Wichtungsfaktoren wurde eine ^1H -Aufnahme der T_1 -gewichteten MPRAGE-Sequenz verwendet, die als Bestandteil des klinischen Routinepro-

tokolls bei 3 T gemessen wurde. Die Daten wurden in 3 min 43 s mit einer Auflösung von $(1 \text{ mm})^3$ und einem FOV von $290 \times 320 \times 160 \text{ mm}^3$ aufgenommen. Die restlichen Sequenzparameter waren: $TE = 3,42 \text{ ms}$, Abstand zweier Inversionspulse $TR = 1,74 \text{ s}$, Inversionszeit $TI = 1,0 \text{ s}$, $\alpha = 15^\circ$, Bandbreite 180 Hz/Pixel .

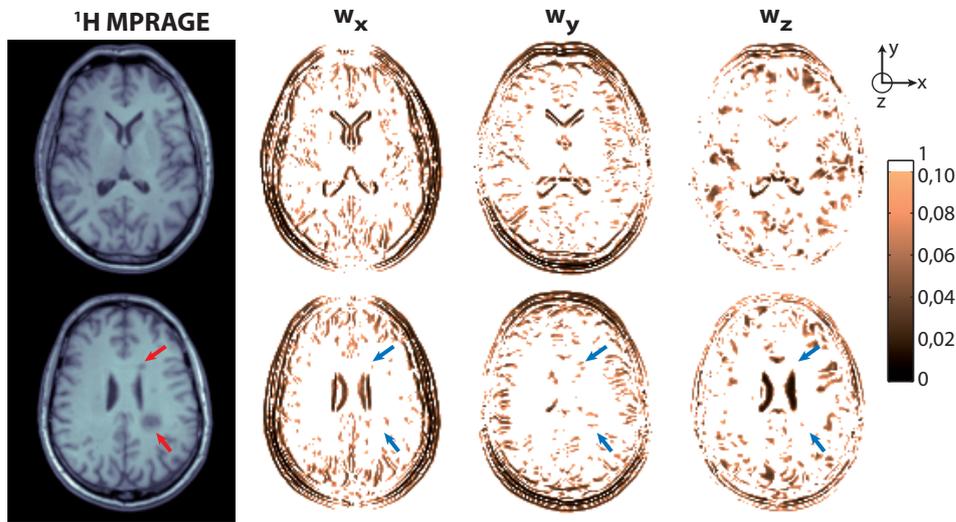


Abbildung 4.35: ^1H MPRAGE Bild und anatomische Wichtungsfaktoren mit $w_{\max} = 30$ für zwei ausgewählte Schichten. Die Pfeile markieren zwei MS-Läsionen, deren Umrisse in der anatomischen *A-priori*-Information enthalten sind.

Abbildung 4.35 zeigt zwei Schichten des ^1H -MPRAGE-Bildes und der daraus bestimmten Wichtungsfaktoren mit $w_{\max} = 30$. Wie im Falle des Hirntumor-Patienten wird das MPRAGE-Bild zuvor auf die *Gridding*-Rekonstruktion mit *Zerofilling* auf eine Voxelgröße von $(1,5 \text{ mm})^3$ registriert. Die iterative $\text{TV}^{(2)}$ &BM- und AnaWeTV-Rekonstruktion erfolgt mit denjenigen Wichtungsfaktorkombinationen, die bei den Rekonstruktionen der Hirntumordaten als optimal ausgewählt wurden.

Abbildung 4.36 zeigt das (a) *Gridding*-, (b) $\text{TV}^{(2)}$ &BM- und (c) AnaWeTV-Bild für die beiden Schichten aus Abbildung 4.35. In den iterativ rekonstruierten Bildern ist das Rauschen deutlich reduziert. Auch die kleine MS-Läsion, die im *Gridding*-Bild kaum vom Rauschen zu unterscheiden ist, erscheint klar abgegrenzt (oberer roter Pfeil). Im AnaWeTV-Bild ist die Auflösung der Liquoreinschlüsse erhöht und die kleine MS-Läsion wird mit weniger *blurring* dargestellt als im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild. Die SNR-Evaluation zeigt einen deutlichen Anstieg im Vergleich zum *Gridding*-Bild, der in WM deutlicher ausfällt als im lateralen Ventrikel. Der SNR-Gewinn im AnaWeTV-Bild ist dabei höher als der im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild.

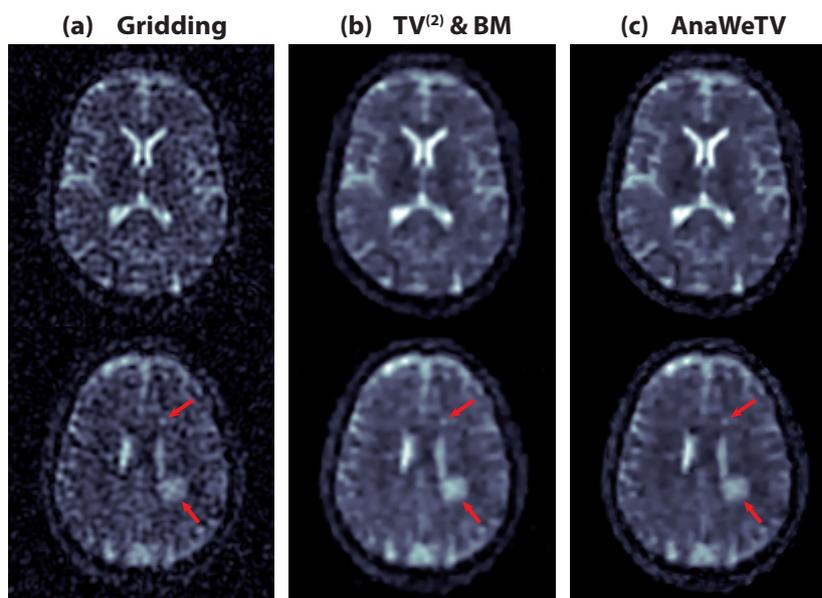


Abbildung 4.36: Ausgewählte Schichten der (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM- und (c) AnaWeTV-Rekonstruktion der ^{23}Na -MRT des Kopfes eines MS-Patienten. Beide iterativen Verfahren führen zu einem erhöhten SNR. Die feinen Liquoreinschlüsse werden im AnaWeTV-Bild mit höherem Kontrast dargestellt als im *Gridding*- und $TV^{(2)}$ &BM-Bild. Die Pfeile markieren zwei MS-Läsionen.

| | | <i>Gridding</i> | $TV^{(2)}$ &BM | AnaWeTV |
|-----|----|-----------------|----------------|---------------|
| SNR | WM | 5,5 | 10,8 +96% | 12,8 +133% |
| | LV | 21,5 | 32,4 +51% | 33,3 +55% |

Tabelle 4.4: Mittlere SNR-Werte in WM und den lateralen Ventrikeln. Das SNR steigt durch die iterativen Verfahren im Vergleich zum *Gridding* an. Dabei ist das SNR im AnaWeTV-Bild etwas höher als im $TV^{(2)}$ &BM-Bild.

5 Diskussion

Die ^{23}Na -MRT kann bei verschiedenen Krankheitsbildern klinisch relevante funktionelle Informationen liefern. Jedoch hat sie einige Limitationen:

- Durch die niedrige Konzentration der Na^+ -Ionen im Gewebe und geringere MR-Sensitivität ist das *In-vivo*-MR-Signal von ^{23}Na etwa um einen Faktor $5 \cdot 10^{-5}$ kleiner im Vergleich zu ^1H . Das führt zu einem niedrigen SNR in ^{23}Na -Bildern.
- Das niedrige SNR begrenzt die räumliche Auflösung, die in akzeptablen Messzeiten erreicht werden kann. Je geringer die Auflösung ist, desto stärker werden die Bilder durch Gibbs-Oszillationen beeinträchtigt.
- Für *In-vivo*-Messungen mit akzeptabler Messzeit ist häufig eine radiale Unterabtastung der Daten erforderlich. In *Gridding*-Bildern führt dies zu störenden Streifenartefakten.
- Die PSF wird zusätzlich durch die schnelle T_2^* -Relaxation des Signals verbreitert. Gemeinsam mit dem niedrigen Auflösungsvermögen der Bilder kann es dadurch zu starken Partialvolumeneffekten kommen.
- Filtermethoden wie die Anwendung eines Hammingfilters bei der Datenrekonstruktion erhöhen zwar das SNR und unterdrücken Gibbs-Oszillationen, führen jedoch zu einer weiteren Verbreiterung der PSF. Damit verstärken diese Techniken den Partialvolumeneffekt weiter.

Andererseits ist es möglich, innerhalb weniger Minuten ^1H -Bilder mit hoher Auflösung, hohem Kontrast und SNR aufzunehmen.

Das Hauptziel dieser Arbeit war die Entwicklung eines iterativen Rekonstruktionsverfahrens für die ^{23}Na -MRT, das anatomische *A-priori*-Informationen aus der ^1H -MRT einbindet. Auf diese Weise sollte ein höheres SNR und eine Unterdrückung von Unterabtastungsartefakten und Gibbs-Oszillationen in den rekonstruierten ^{23}Na -Bildern erreicht werden. Gleichzeitig sollte die Auflösung möglichst gut erhalten bleiben und das Ausmaß von Partialvolumeneffekten konstant gehalten oder verringert werden. Dadurch sollte es möglich werden, Natriumkonzentrationen genauer zu bestimmen. Ein weiteres Ziel war die Entwicklung einer strukturierten und objektiven Überprüfung der Leistungsfähigkeit des neuen Rekonstruktionsverfahrens.

Das Hauptziel wurde erreicht, indem die Bildrekonstruktion als regularisiertes Minimierungsproblem formuliert wurde. Es wurde eine Zielfunktion aufgestellt, die neben einem Datenkonsistenzterm verschiedene Regularisierungsterme enthielt und mit einem CG-Algorithmus iterativ minimiert wurde. Vorwissen über die *Sparsity* des Bildes unter einer Ableitungsoperation floss als $\text{TV}^{(2)}$ -Regularisierung in die Rekonstruktion ein. Darüber hinaus wurden anatomische *A-priori*-Informationen aus der ^1H -MRT zur Formulierung

einer BM-Regularisierung der Trägerregion und einer anatomisch gewichteten TV⁽²⁾-Regularisierung verwendet. Zur Evaluierung des Rekonstruktionsalgorithmus wurde ein simulierter Kopfdatensatz entwickelt, an dem die Bildqualität für Rekonstruktionen mit verschiedenen Auflösungen, UAF und Rauschniveaus strukturiert getestet werden konnte. Es wurden der RMSE und die SSIM der Bilder berechnet, sowie Maße zur Abschätzung des Rauschniveaus und des Auflösungsvermögens entwickelt. Darüber hinaus wurden orts aufgelöste SNR-Werte berechnet und die Präzision rekonstruierter Konzentrationswerte in Simulationen und an Phantommessungen überprüft. Außerdem wurden die Rekonstruktionstechniken an *In-vivo*-Daten von Probanden und Patienten demonstriert.

Mit dem entwickelten Rekonstruktionsverfahren konnte *in vivo* ein SNR-Gewinn von bis zu 157 % in WM erzielt werden. Anders als bei einem Hammingfilter blieben dabei Strukturen mit hoher Auflösung erhalten und die iterative Rekonstruktion führte zu einer erhöhten SSIM und verringertem RMSE. Vor allem durch Verwendung der AnaWeTV-Regularisierung konnten Intensitäten in kleinen Strukturen präziser bestimmt werden als im *Gridding*-Bild. Diese Verbesserung trat auch bei stark unterabgetasteten Daten mit hohem Rauschpegel ein. Es wurde gezeigt, dass der Algorithmus robust unter einer leichten Fehlregistrierung der *A-priori*-Informationen ist. Bei Anwendung auf verschiedene Probanden oder Patienten reichte eine einmalige Optimierung der Rekonstruktionsparameter aus, um in allen Bildern eine vergleichbare Qualitätsverbesserung zu erreichen.

5.1 Iterative Rekonstruktion von ^{23}Na -MR-Daten

Seit Einführung des CS in die MRT durch [Lustig *et al.*, 2007] wurde diese Technik in vielen Bereichen der ^1H -MRT angewendet und weiterentwickelt. Einige Beispiele sind die dynamische Herzbildgebung [Gamper *et al.*, 2008; Uecker *et al.*, 2010], die Perfusionsbildgebung [Otazo *et al.*, 2010], die Erstellung von Parameterkarten [Doneva *et al.*, 2010] sowie die gleichzeitige Rekonstruktion vieler Kontraste in einem iterativen Prozess [Bilgic *et al.*, 2011].

Für die Rekonstruktion der MR-Daten anderer Kerne wie ^{23}Na wird das CS-Verfahren dagegen nur zögerlich eingesetzt. Die größte Schwierigkeit bei der iterativen Rekonstruktion von ^{23}Na -Daten (und bei den meisten anderen X-Kernen) ist das niedrige SNR: Anders als die rauschähnlichen Unterabtastungsartefakte, die durch fehlende Daten entstehen, liegt das echte Rauschen auf den Rohdaten. Wird das SNR zu niedrig, kann der Datenkonsistenzabgleich in (2.90) nicht mehr zuverlässig erfolgen, da die Daten selbst zu fehlerhaft sind. Der iterative Algorithmus schafft es in solchen Fällen nicht, das sichtbare Rauschen komplett zu unterdrücken, so dass dunkle „Löcher“ im Bild verbleiben (siehe z.B. Abbildungen 4.12(b), C.7).

Nach bestem Wissen der Autorin gibt es in der Literatur bislang nur drei weitere Veröffentlichungen zur iterativen Rekonstruktion von ^{23}Na -MR-Bildern. [Constantinides *et al.*, 1997] schlugen einen iterativen Algorithmus vor, der *A-priori*-Informationen eines hoch aufgelösten anatomischen ^1H -Bildes nutzt, um Gibbs-Oszillationen und Partialvolumeneffekte im niedrig aufgelösten ^{23}Na -Bild zu reduzieren. Das ^1H -Bild wird in verschiedene Kompartimente segmentiert. Für jedes Kompartiment wird das erwartete ^{23}Na -Störsignal durch Partialvolumeneffekte und Gibbs-Oszillationen über eine Faltung mit der theore-

tischen PSF abgeschätzt und vom Bild subtrahiert. In einem iterativen Prozess werden auf diese Weise die hohen k -Raum-Frequenzen für das ^{23}Na -Bild extrapoliert, während die niedrigen k -Raum-Frequenzen in jedem Iterationsschritt auf die gemessenen Werte zurückgesetzt werden. Da die ^{23}Na -Bilder in diesem Beispiel mit einer kartesischen Sequenz aufgenommen werden, ist ein direkter, linearer Wechsel zwischen Orts- und k -Raum möglich.

[Madelin *et al.*, 2011] demonstrierten eine CS-Rekonstruktion an ^{23}Na -Daten des Knieknorpels. Dazu verwendeten sie die Kombination aus einer $\text{TV}^{(1)}$ -Regularisierung und einer Regularisierung der *Sparsity* im Bildraum bzw. unter einer Wavelettransformation. Jedoch führten sie den Datenkonsistenzabgleich dabei nicht mit den gemessenen 3D Radialdaten durch, sondern mit den bereits interpolierten kartesischen Daten nach der *Gridding*-Prozedur. Dieses Vorgehen ist nicht zu empfehlen, da diese interpolierten Daten Fehler des *Gridding*-Vorgangs enthalten. Im Falle von Unterabtastung werden außerdem die Bereiche, in denen keine Projektionen vorliegen, mit Nullen aufgefüllt. Durch den Datenkonsistenzabgleich werden diese Nullen dann als *echte* Daten beibehalten, obwohl sie eine schlechte Schätzung des *wahren* k -Raumes an dieser Position sind. Wird der Datenkonsistenzabgleich dagegen – wie in der vorliegenden Arbeit – mit den originalen radialen Daten durchgeführt, kann der iterative Algorithmus die Lücken im k -Raum sinnvoll auf Grundlage der Regularisierungen ergänzen [Block *et al.*, 2007]. [Madelin *et al.*, 2011] zeigen zudem ausschließlich *In-vivo*- ^{23}Na -Daten des Knieknorpels und testeten den Algorithmus nicht an Phantomen oder Simulationen.

[Weingärtner *et al.*, 2011] stellten in einem Konferenzbeitrag eine CS-Rekonstruktion für ^{23}Na -Daten vor, die mit einer 2D-CSI-Sequenz (*Chemical Shift Imaging*) aufgenommen wurden. Dabei verwendeten sie zwei Regularisierungsterme: eine Regularisierung der Trägerregion – vergleichbar mit der BM-Regularisierung dieser Arbeit –, die aus ^1H -Bildern abgeleitet wurde, und eine Beschränkung der zugelassenen Bildintensitäten auf reelle Werte. Bei unterabgetasteten Daten führte eine Rekonstruktion mit diesem Ansatz zu einem geringeren RMSE im Vergleich zu einer Rekonstruktion, bei der fehlende k -Raum-Werte mit Nullen aufgefüllt wurden.

Damit stellt diese Arbeit die erste systematische Untersuchung eines iterativen CS-Algorithmus für die dreidimensionale ^{23}Na -MRT dar.

5.2 Rekonstruktion ohne anatomisches A-priori-Wissen

Bereits durch eine CS-Rekonstruktion mit reiner $\text{TV}^{(2)}$ -Regularisierung wird die Bildqualität der ^{23}Na -Bilder deutlich verbessert: Unterabtastungsartefakte und Gibbs-Oszillationen werden bei allen Datensätzen wirkungsvoll unterdrückt (siehe z.B. Abbildungen 4.5, 4.17). Die größte Rausch- und Artefaktreduktion wird in Bildern mit hoher Auflösung erzielt (Abbildung 4.10). Hier ist auch der RMSE im Vergleich zu *Gridding*-Rekonstruktionen deutlich reduziert (Abbildung 4.7).

Die Parameterstudie am simulierten Kopf mit verschiedenen Auflösungen, Unterabtastungen und Rauschpegeln zeigt, dass bei einem $\text{UAF} = 4$ der Kontrast der $\text{TV}^{(2)}$ -Bilder im Vergleich zum jeweiligen *Gridding*-Bild nachlässt (Abbildung 4.9). Diese Kontrastabnahme

entsteht durch einen Auflösungsverlust in den Bildern, der mit abnehmender Auflösung der Datensätze zunimmt (deutlich zu sehen in Abbildung 4.13). Eine verringerte Auflösung ist auch bei den Probandenmessungen ($UAF = 2$) zu beobachten, wo der Kontrast der lateralen Ventrikel im Mittel um $(12,0 \pm 5,3)\%$ bezüglich *Gridding* abnimmt (Abbildungen 4.17 und 4.18(c)). In der Phantommessung zeigt sich dasselbe Verhalten bei steigendem UAF (4.30 und 4.31(b)).

Die Ergebnisse bei hoher Auflösung und hohem SNR entsprechen den Erwartungen aus CS-Rekonstruktionen mit TV-Regularisierung in der ^1H -MRT [Block *et al.*, 2007; Lustig *et al.*, 2007]. Das Verhalten einer solchen Rekonstruktion bei Datensätzen mit niedrigem SNR und niedriger Auflösung ist dagegen kaum in der Literatur beschrieben. Insbesondere gibt es bislang keine systematische Untersuchung von CS-Rekonstruktionen bei verschiedenen Auflösungen und Rauschpegeln, wie sie in dieser Arbeit vorgestellt wird.

Es gibt mehrere Publikationen, bei denen eine Kombination aus $\text{TV}^{(1)}$ - und Wavelet-Regularisierung (übernommen von [Lustig *et al.*, 2007]) für die Rekonstruktion von Messungen mit hyperpolarisierten Kernen eingesetzt wurde. [Ajaoui *et al.*, 2010] untersuchten die CS-Rekonstruktion bei unterabgetasteter ^3He -MRT der Lunge bei einer Auflösung von $5,9 \times 5,9 \times 10 \text{ mm}^3$. In Übereinstimmung mit den oben beschriebenen Ergebnissen stellten sie einen Verlust von Bilddetails bei steigendem UAF fest. Außerdem stieg der Rekonstruktionsfehler bei sinkendem SNR der Daten. Durch den verringerten Artefaktpegel und das erhöhte SNR konnte die Messzeit jedoch um einen Faktor 4 reduziert werden. [Hu *et al.*, 2008, 2010] wandten die CS-Rekonstruktion auf hyperpolarisierte ^{13}C -MRSI-Daten an. Bei ihren Messungen stand ausreichend SNR zur Verfügung, so dass die iterative Rekonstruktion für eine Beschleunigung der Messung bzw. eine höhere räumliche Auflösung der Datensätze verwendet werden konnte. Da der Fokus bei diesen Rekonstruktionen auf der Qualität der erhaltenen Spektren lag, ist ein Vergleich mit den Ergebnissen dieser Arbeit schwierig.

5.2.1 $\text{TV}^{(2)}$ versus $\text{TV}^{(1)}$

Es ist bekannt, dass die $\text{TV}^{(1)}$ zu einer comic-artigen Darstellung von Strukturen in den Bildern führen kann [Block *et al.*, 2007; Knoll *et al.*, 2011]. Aus diesem Grund wurde in dieser Arbeit eine $\text{TV}^{(2)}$ verwendet, um Intensitätsgradienten korrekt rekonstruieren zu können. Der Unterschied zwischen beiden Methoden wird in Abbildung 4.15 demonstriert. Der unnatürliche Stufeneffekt wird dadurch hervorgerufen, dass die $\text{TV}^{(1)}$ flächige Bereiche konstanter Intensität rekonstruiert. Er verstärkt sich bei Rekonstruktionen von Daten mit geringerer Auflösung, wo die Übergänge zwischen verschiedenen Gewebetypen durch den Partialvolumeneffekt verbreitert sind.

Bei hoch aufgelösten ^1H -Daten erzielt auch die $\text{TV}^{(1)}$ gute Ergebnisse [Lustig *et al.*, 2007]. [Block *et al.*, 2007] empfehlen jedoch auch hier die Verwendung der $\text{TV}^{(2)}$. Eine ausgefeiltere Methode zur Vermeidung der Stufeneffekte durch die $\text{TV}^{(1)}$ ist die verallgemeinerte totale Variation zweiter Ordnung (engl. *second order Total Generalized Variation*, TGV) [Knoll *et al.*, 2011]. Dabei wird die TV zu einem eigenen Minimierungsproblem verallgemeinert, das in jedem Iterationsschritt zusätzlich gelöst werden muss. In dieser Arbeit

wurde die $TV^{(2)}$ der TGV vorgezogen, da die zusätzliche Minimierung einen weiteren Rechenaufwand und damit längere Rekonstruktionszeiten erfordert.

5.3 Unspezifisches anatomisches Vorwissen: Die Trägerregion

5.3.1 Kombination aus $TV^{(2)}$ und BM-Regularisierung

Das Nachlassen der Bildqualität in den Rekonstruktionen mit alleiniger $TV^{(2)}$ -Regularisierung bei hohem UAF kann durch eine zusätzliche BM-Regularisierung kompensiert werden. Die $TV^{(2)}$ &BM-Bilder besitzen eine höhere SSIM und niedrigeren RMSE als die $TV^{(2)}$ - und *Gridding*-Bilder (Abbildungen 4.7 und 4.8). Die Auflösung nimmt im Vergleich zum *Gridding* nicht oder nur leicht ab. Die Unterschiede zwischen $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Bildern sind bei niedrigen Auflösungen und $UAF \geq 4$ am deutlichsten (Abbildungen 4.9, 4.13 und 4.30).

Die Trägerregion enthält die einfachste Form anatomischer Informationen – die Position und damit den Umriss des Objektes, das abgebildet wird. Doch obwohl diese Regularisierung keine Informationen über die innere Struktur des Objektes enthält, werden kleine Strukturen mit höherem Kontrast rekonstruiert als ohne sie. Bereits Mitte der 90er Jahre verwendeten [Plevritis und Macovski, 1995a,b] eine solche Trägerregion als Regularisierung für die Rekonstruktion von MRSI-Daten. In Übereinstimmung mit den Ergebnissen dieser Arbeit wiesen sie eine verbesserte Auflösung nach und zeigten, dass diese Methode auch bei starkem Rauschen in den Daten robust ist.

Eine ähnliche Form der Regularisierung schlugen kürzlich [Ajraoui *et al.*, 2012] für die CS-Rekonstruktion von MR-Messungen der Lunge mit hyperpolarisiertem ^3He -Gas vor. Dabei wird die Binärmaske x_0 aus einer invertierten ^1H -Aufnahme des Lungengewebes über ein Schwellwertverfahren gewonnen. Diese anatomische *A-priori*-Information wird durch eine Koordinatentransformation des Bildes x und des Datensatzes y ,

$$x \rightarrow x - \alpha x_0 \quad (5.1)$$

$$y \rightarrow y - \alpha \mathbf{A}x_0, \quad (5.2)$$

in die CS-Rekonstruktion¹ eingebracht, wobei α als Wichtungsparemeter optimiert werden muss. Ihre Untersuchungen deuten ebenfalls auf eine verbesserte Auflösung der Bilder im Vergleich zur reinen CS-Rekonstruktion hin. Diese wird jedoch nur qualitativ am Beispiel eines *In-vivo*-Datensatzes mit $UAF = 3$ in einer Schicht demonstriert und nicht weiter untersucht.

Auch [Weingärtner *et al.*, 2011] leiteten die Objektposition aus einem ^1H -Bild ab, um die Trägerregion in einer CS-Rekonstruktion von ^{23}Na -Daten aus 2D-CSI-Messungen zu rekonstruieren. Allerdings verwendete dieser Algorithmus keine TV und es wird kein Vergleich mit einer Rekonstruktion ohne Trägerregion angestellt.

¹Die CS-Rekonstruktion verwendet wie in [Ajraoui *et al.*, 2010] eine Kombination aus $TV^{(1)}$ - und Wavelet-Regularisierung

Die zusätzliche BM-Regularisierung bringt keine Nachteile mit sich und erfordert nur wenig Rechenleistung. Daher empfiehlt es sich, in jeder Rekonstruktion eine Kombination aus $TV^{(2)}$ und BM-Regularisierung anstelle einer reinen $TV^{(2)}$ zu verwenden.

5.3.2 Reine BM-Regularisierung

Bilder, die mit einer reinen BM-Regularisierung rekonstruiert werden, besitzen eine deutlich niedrigere Bildqualität als solche mit zusätzlicher $TV^{(2)}$. Zwar ist der Kontrast der Bilder gut erhalten, doch der Rausch- und Artefaktpegel wird nur bei Datensätzen mit hoher Auflösung bzw. hohem UAF etwas reduziert (siehe Abbildungen 4.5, 4.10 und Abbildungen in Anhang C).

Da die BM-Regularisierung keine Filterfunktion ausübt, kann nur in Kombination mit der $TV^{(2)}$ ein deutlich erhöhtes SNR in den Bildern erzielt werden.

5.4 Anatomisch gewichtete Totale Variation 2. Ordnung

Die Rekonstruktion eines Bildes aus einem unterabgetasteten Datensatz stellt ein mathematisch unterbestimmtes Problem dar, das unendlich viele Lösungen besitzt. Die Aufgabe der Regularisierungsterme bei der iterativen Rekonstruktion ist es, den Lösungsraum so einzuschränken, dass eine möglichst gute Lösung gefunden wird – also ein Bild rekonstruiert wird, dass die Realität so gut wie möglich wiedergibt. Je genauer die *A-priori*-Informationen sind, die in die Regularisierungsterme einfließen, desto besser sollte das rekonstruierte Bild den Ansprüchen genügen.

Die in dieser Arbeit vorgestellte AnaWeTV verwendet Informationen aus hoch aufgelösten 1H -Bildern mit hohem SNR. Dabei wird die Eigenschaft genutzt, dass sowohl in ^{23}Na - als auch in 1H -Aufnahmen Intensitätsänderungen in erster Linie an Übergängen zwischen verschiedenen Gewebetypen auftreten. Da die zugrunde liegende Anatomie für beide Isotope dieselbe ist, können Informationen über Gewebegrenzen aus der 1H -MRT für eine Regularisierung der ^{23}Na -MRT genutzt werden². Die $TV^{(2)}$ bestraft Intensitätsunterschiede zwischen benachbarten Voxeln. In der AnaWeTV wird der Strafterm durch anatomische Wichtung so angepasst, dass Intensitätsunterschiede dann nicht bzw. weniger bestraft werden, wenn sie an der Position einer bekannten Gewebegrenze auftreten. Die Rekonstruktion bevorzugt also Intensitätsübergänge im ^{23}Na -Bild am Rand bekannter anatomischer Strukturen.

Die anatomischen *A-priori*-Informationen über Gewebegrenzen, die mit einer erhöhten Auflösung von $(1,5\text{ mm})^3$ vorlagen, helfen bei der Extrapolation hoher k -Raum-Frequenzen. Dadurch werden steile Intensitätsübergänge an der Position bekannter Gewebegrenzen begünstigt. Dies führt zu einer erhöhten Auflösung in den rekonstruierten Bildern, die gleichzeitig einen erhöhten Kontrast und verringerte Partialvolumeneffekte mit sich bringt (siehe z.B. Abbildungen 4.20, 4.33 und Tabelle 4.2). Der RMSE sinkt und die SSIM steigt.

²In dieser Arbeit wird die AnaWeTV auf MR-Daten des Kopfes angewandt. Die Änderung der Anatomie des Gehirns ist in der Regel auch dann vernachlässigbar, wenn MR-Aufnahmen im Abstand weniger Tage erfolgen. Außerdem können Aufnahmen des Gehirns gut registriert werden.

5.4.1 Vergleich mit der anatomisch gewichteten quadratischen Regularisierung

Ausgangspunkt für die Entwicklung der AnaWeTV war der Algorithmus von [Haldar *et al.*, 2007], der eine quadratische Regularisierung verwendet, die in Bereichen mit hoher Konfidenz eines Gewebeübergangs weniger stark gewichtet wird (AnaWeQR). Die hier entwickelte AnaWeTV übernimmt die Idee der anatomischen Wichtungsfaktoren, die direkt aus einem registrierten ^1H -Bild mit hohem SNR gewonnen werden. Allerdings wurde in dieser Arbeit die quadratische Regularisierung durch eine $\text{TV}^{(2)}$ ersetzt. Darüber hinaus wurde die Berechnung der anatomischen Wichtungsfaktoren angepasst: Hier wurde die Konfidenz einer Gewebegrenze aus der Ableitung des Referenzbildes bestimmt und nicht aus dem Quadrat der Finiten Differenzen. Darüber hinaus wurden die Wichtungsfaktoren normiert und mit einem Faktor 0,1 modifiziert, um den Einfluss der *A-priori*-Informationen zu verstärken.

Die quadratische Regularisierung entspricht der l_2 -Norm der Ableitung des Bildes, während bei der $\text{TV}^{(1)}$ -Regularisierung die l_1 -Norm der Ableitung gebildet wird. Wie in Kapitel 2.4.3 und Abbildung 2.9 erläutert wird, führt eine Minimierung der l_2 -Norm nicht zu einem *sparsen* Ergebnis. Als Folge werden Strukturen, für die keine *A-priori*-Information vorliegt, durch die AnaWeQR stark geglättet. Bei einer CS-Rekonstruktion mit anatomisch gewichteter $\text{TV}^{(1)}$ oder $\text{TV}^{(2)}$ bleiben dagegen auch unbekannte Strukturen mit hohem Kontrast erhalten. Dieser Unterschied zwischen AnaWeQR- und AnaWeTV-Bild ist in Abbildung 4.29 deutlich zu sehen.

Zum gleichen Ergebnis gelangen [Haldar *et al.*, 2007], die in ihrer Publikation einen Vergleich zwischen der quadratischen Regularisierung und einer $\text{TV}^{(1)}$ anbringen. Obwohl letztere eine höhere Auflösung von Strukturen ohne *A-priori*-Informationen bietet, bevorzugen die Autoren die quadratische Regularisierung. Sie begründen dies mit der Nichtlinearität der $\text{TV}^{(1)}$, die eine mathematische Beschreibung erschwere. Sie führen außerdem an, dass bei den gezeigten $\text{TV}^{(1)}$ -Bildern die rekonstruierten Strukturen und Kanten häufig nicht mit tatsächlichen Kanten übereinstimmen (siehe Abbildung 7 in [Haldar *et al.*, 2007]).

Diese „falschen“ Strukturen in den gezeigten Bildern rühren von ausgeprägten comic-artigen Stufenartefakten her, die auf eine übermäßig starke Wichtung der $\text{TV}^{(1)}$ im Vergleich zum Datenkonsistenzterm zurückgeführt werden können. Dieser Effekt wird in der hier präsentierten AnaWeTV durch die Verwendung von Ableitungstermen zweiter Ordnung in einer $\text{TV}^{(2)}$ vermieden. Gleichzeitig bleibt die kantenerhaltende Eigenschaft der $\text{TV}^{(1)}$ bestehen. Dadurch besitzen AnaWeTV-Bilder eine höhere Auflösung als AnaWeQR-Bilder ohne den negativen Effekt „falscher“ Strukturen.

Im Vergleich mit anderen Ansätzen zur Einbindung anatomischer *A-priori*-Informationen wie [Hu *et al.*, 1988; Liang und Lauterbur, 1991; Plevritis und Macovski, 1995a; Constantinides *et al.*, 1997; Eslami und Jacob, 2010] benötigt die AnaWeTV keine Segmentierung der Daten, was den Algorithmus weniger fehleranfällig macht.

5.5 Datensätze mit niedriger Auflösung

5.5.1 Datenextrapolation

Niedrig aufgelöste Bilder bestehen aus einer geringen Anzahl an Pixeln mit großer Kantenlänge. In Abbildung 3.4 wird demonstriert, dass die Wahrnehmung von Strukturen solcher Bilder erschwert ist. In der Natur gibt es keine kantigen oder pixeligen Strukturen. Aus diesem Grund funktioniert die Mustererkennung des menschlichen Gehirns deutlich besser, wenn das Bild auf eine größere Matrix interpoliert wird. Die traditionelle Methode des *Zerofilling* in Anschluss an die Rekonstruktion führt dabei zu Gibbs-Oszillationen in den interpolierten Bildern, die mit sinkender Auflösung des Ausgangsbildes störender werden (siehe Kapitel 2.2.4). Diese treten auch auf, wenn das Bild vorher iterativ auf die kleine Matrixgröße rekonstruiert wurde. Eine Unterdrückung dieser Gibbs-Oszillationen kann erfolgen, wenn die iterative Rekonstruktion direkt auf die größere Matrix erfolgt (siehe Abbildung 4.14). Die fehlenden hohen k -Raum-Frequenzen werden dabei auf Grundlage der Regularisierungsterme extrapoliert [Block, 2008]. Je niedriger die Auflösung des Bildes ist, umso mehr profitiert es von der Datenextrapolation.

5.5.2 Trägerregion bei niedriger Auflösung

Je geringer die Auflösung des Datensatzes ist, desto stärker tritt in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern die Form der verwendeten Binärmaske als scharfe Kante hervor (siehe Abbildung 4.13). Das *spill-in* und *spill-out* durch die Faltung mit der PSF führt in Rekonstruktionen ohne BM zu einer Verwischung der Intensität am Kopftrand. Dadurch fällt die Intensität erst über mehrere Voxel auf den Wert des Untergrundes ab und ein Teil der Intensität wird in Voxeln außerhalb der eigentlichen Kopfposition abgebildet. Ähnlich wie im Falle einer zu kleinen BM (Abbildung 4.16 und Diskussion 5.9.1) zwingt die BM-Regularisierung diese Intensität ins Innere der Binärmaske und damit ins Innere des Kopfes. Dadurch entsteht ein steiler Intensitätsabfall am Rand der Binärmaske. Da das *blurring* mit zunehmender Halbwertsbreite der PSF zunimmt, tritt dieser Effekt bei niedrigen Auflösungen verstärkt auf.

Die scharfe Begrenzung des Kopfes in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern führt vor allem bei niedrigen Auflösungen zu einer hohen SSIM in diesem Bereich. Das erklärt den deutlichen Anstieg der mittleren SSIM, die über das ganze Bild berechnet wird, bei sinkender Auflösung der Bilder (siehe Abbildung 4.8).

5.5.3 AnaWeTV bei niedriger Auflösung

Der Auflösungsgewinn durch die AnaWeTV verstärkt sich bei Datensätzen mit niedriger Auflösung in Strukturen mit *A-priori*-Information (siehe Abbildungen 4.22 und 4.23). In den großen Strukturen der lateralen Ventrikel wird der Partialvolumeneffekt sichtbar reduziert. Kleinere Strukturen, die bei dieser Auflösung im $TV^{(2)}$ &BM-Bild ohne anatomische Wichtung kaum noch zu erkennen sind, werden im AnaWeTV-Bild scharf abgegrenzt und mit hohem Kontrast abgebildet. Dies kann vor allem beim Datensatz mit $(6\text{ mm})^3$ Auf-

lösung in Abbildung 4.23 künstlich wirken. Bei einem so großen Auflösungsunterschied zwischen Referenzbild und Datensatz ist es schwer zu beurteilen, ob Strukturen nur durch *A-priori*-Informationen entstehen oder tatsächlich in den Daten enthalten sind. Wenn es sich bei der Aufnahme um bekannte Strukturen handelt – wie beispielsweise im Gehirn die Liquoreinschlüsse, GM und WM –, ist die Anwendung der AnaWeTV zur Verringerung des Partialvolumeneffekts gerechtfertigt. Andernfalls sollte die AnaWeTV nicht oder nur mit großer Vorsicht eingesetzt werden.

Die Verwendung eines Referenzbildes mit niedrigerer Auflösung als $(1,5\text{ mm})^3$ wurde in dieser Arbeit nicht getestet. In diesem Fall kann bereits die Bildqualität des Referenzbildes durch Gibbs-Oszillationen und starke Partialvolumeneffekte beeinträchtigt sein. [Atkinson *et al.*, 2008] verwendeten den Algorithmus von [Haldar *et al.*, 2007] für die Rekonstruktion niedrig aufgelöster ^{17}O -MR-Daten, wobei anatomische *A-priori*-Informationen aus höher aufgelösten ^{23}Na -Bildern gewonnen wurden. Allerdings wurden die Ergebnisse nicht durch Simulationen oder Phantommessungen verifiziert.

5.5.4 Anwendung bei anderen Isotopen

Neben ^{23}Na könnte auch die MRT anderer Elektrolyte wie ^{37}Cl oder ^{39}K wichtige physiologische Informationen liefern. Erste *In-vivo*-Messungen haben die Realisierbarkeit der ^{37}Cl - und ^{39}K -MRT trotz niedriger MR-Sensitivität (siehe Tabelle 2.2) demonstriert [Kirsch *et al.*, 2010; Nagel *et al.*, 2013; Augath *et al.*, 2009; Umatham *et al.*, 2013]. Durch das niedrige SNR können solche Bilder nur mit einer geringen Auflösung der Größenordnung $(6\text{--}10\text{ mm})^3$ aufgenommen werden. Die Ergebnisse dieser Arbeit zeigen, dass die iterative Rekonstruktion auch bei diesen Auflösungen eine verbesserte Bildqualität, insbesondere durch reduzierte Gibbs-Oszillationen, liefert. Allerdings fällt der relative Unterschied zur *Gridding*-Rekonstruktion bei sinkender Auflösung geringer aus. Beide Isotope besitzen einen Spin von $\frac{3}{2}$, weshalb sich eine Messung mit der 3D-DAPR-Sequenz anbietet. So gemessene Daten können direkt mit dem hier präsentierten Rekonstruktionsverfahren rekonstruiert werden.

5.6 Auswahl optimaler Rekonstruktionsparameter

Wie in Abbildung 4.3 gezeigt wird, ändert sich die Bildqualität in Abhängigkeit der Wichtungsfaktoren τ_{BM} und $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ nur langsam. Dabei ist der Einfluss von $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ etwas stärker. Darüber hinaus lagen die Wichtungsparameter für alle Datensätze trotz unterschiedlichen Auflösungen, UAF und Rauschpegeln in einem ähnlichen Bereich. Das erleichtert die Optimierung der Wichtungsparameter für verschiedene Messprotokolle.

Abbildung 4.4 zeigt die Auswirkung verschieden starker $\text{TV}^{(2)}$ -Wichtung auf das rekonstruierte Bild (siehe auch [Block *et al.*, 2007]). Bei zu schwacher Wichtung ist die Rausch- und Artefaktreduktion im Bild nicht ausreichend und die Bildqualität wird durch niedriges SNR und Artefakte beeinträchtigt. Eine zu starke Wichtung führt zu übermäßiger Glättung des Bildes, die mit einem Strukturverlust verbunden ist. Auch bei zu starker Wichtung der AnaWeTV gehen Strukturen, für die keine *A-priori*-Informationen vorliegen, verloren (Abbildung 4.22).

Die Optimierung der Wichtungsfaktoren ist eine Abwägung zwischen einem reduzierten Rausch- und Artefaktpegel (also einem erhöhten SNR) und einem möglichst geringen Auflösungs- und Kontrastverlust. Dieser Abwägungsprozess wurde im Falle der simulierten Datensätze und des gemessenen Phantoms quantitativ über den kombinierten Fehler RE_{Sim} bzw. RE_{Phantom} ausgedrückt. Die Definition des Fehlers ist dabei nur eine von vielen möglichen und damit eine willkürliche Wahl. Jedoch liefert sie optisch – und damit subjektiv – gute Ergebnisse.

Im Falle der *In-vivo*-Messungen wurde die Auswahl der optimalen Parameter ohne Optimierung eines quantitativen Parameters vorgenommen. Stattdessen wurde die subjektiv beste Rekonstruktion ausgewählt, wobei auf Auflösung und Rauschpegel in den Bildern geachtet wurde. Erst im Nachhinein wurde das SNR und der Kontrastverlust dieser Bilder bestimmt.

Beide Vorgehensweisen führen zu einem vergleichbaren SNR-Gewinn in den Bildern (siehe auch Diskussion Kapitel 5.7.1), was eine Optimierung der Rekonstruktionsparameter durch subjektive Bildbeurteilung rechtfertigt. Im Falle der AnaWeTV-Bilder besitzt die Optimierung über den kombinierten Fehler außerdem den Nachteil, dass eine übermäßige AnaWeTV besser bewertet wird als eine moderate, obwohl Bilddetails verloren gehen (siehe Abbildung 4.22). Hier ist eine optische Kontrolle der Rekonstruktion zu bevorzugen.

Das wichtigste Ergebnis ist die Robustheit der Parameter bei Datensätzen verschiedener Probanden: Es ist möglich, die Rekonstruktionsparameter für ein bestimmtes Messprotokoll einmal zu optimieren, und dann für alle *In-vivo*-Messungen zu verwenden. Für einen klinischen Einsatz eines iterativen Rekonstruktionsverfahrens ist diese Robustheit von entscheidender Bedeutung. Im Falle der Patientenmessung führten die Wichtungsparameter, die am Datensatz des Hirntumors optimiert wurden, zu sehr guten Ergebnissen beim Datensatz des MS-Patienten. Dabei wurden die Daten des Hirntumors mit $UAF = 5$, die des MS-Patienten mit $UAF = 4$ aufgenommen.

5.7 Bildevaluation

Nach wie vor gibt es in der Literatur kein einheitliches Verfahren zur Bildevaluation. Die meisten Verfahren zu einer Bewertung der Bildqualität stammen aus dem Bereich der Bildkompressionstechnik. Allerdings gelten für die quantitative Bewertung von diagnostischen Bildern medizinische Argumente und nicht ästhetische, wie etwa für die Beurteilung fotografischer Aufnahmen. Die grundlegende Frage ist, welche Aspekte des Bildes für eine Befundung durch den Radiologen relevant sind. Eine quantitative Bestimmung von Konzentrationen ist auf einem Bild mit niedrigem SNR sinnvoller als auf einem gefilterten Bild mit hohem SNR, aber größeren Partialvolumeneffekten. Andererseits kann ein hohes SNR entscheidend sein, wenn Strukturen erkannt werden sollen, die sonst von Rauschen überdeckt würden. Eine weitere Schwierigkeit besteht darin, dass die menschliche Wahrnehmung ein komplizierter und nichtlinearer Mechanismus ist. Es gibt nicht das *eine* Maß, mit dem die Bildqualität für jede Anwendung beurteilt werden kann. Aus diesem Grund wurden in dieser Arbeit verschiedene Maße zur Beurteilung herangezogen, um alle relevanten Aspekte des Bildes zu berücksichtigen.

5.7.1 Berechnung ortsabhängiger SNR-Werte

In dieser Arbeit wurden zum ersten Mal ortsabhängige SNR-Werte für eine iterative Rekonstruktionstechnik präsentiert. Der iterative Rekonstruktionsprozess ist nichtlinear und strukturabhängig, wodurch der Rauschpegel im Bild ortsabhängig wird. Aus diesem Grund kann das SNR nicht mehr traditionell über zwei ROIs berechnet werden [Constantinides *et al.*, 1997; Dietrich *et al.*, 2007]. In dieser Arbeit wurde das Pseudo-Multireplikverfahren [Robson *et al.*, 2008] verwendet, um SNR-Werte pixelweise zu berechnen.

Die Standardabweichung über 100 Repliken zeigt bei allen Rekonstruktionen mit $TV^{(2)}$ ein höheres Rauschniveau an Intensitätsübergängen als in Bereichen konstanter Intensität (siehe Abbildungen 4.6 und 4.21). Das passt zur Eigenschaft der TV als kantenerhaltender Filter, wegen der sie auch zur Rauschreduktion in Digitalbildern eingesetzt wird [Rudin *et al.*, 1992]. Durch dieses Verhalten wird der SNR-Gewinn im Vergleich zum *Gridding*-Bild – wo der Rauschpegel über das gesamte Bild konstant ist – ortsabhängig: Er ist am höchsten in Bereichen konstanter Intensität und am geringsten in kleineren Strukturen, die aus wenigen Voxeln bestehen.

Die AnaWeTV verstärkt die räumlichen Unterschiede im Rauschpegel weiter (Abb, 4.21). An Gewebeübergängen, für die *A-priori*-Informationen vorliegen, wird das Bild nicht geglättet und der Rauschpegel bleibt im Vergleich zum *Gridding*-Bild unverändert. In Bereichen konstanter Intensität zwischen Gewebegrenzen ist der Glättungseffekt durch die AnaWeTV dafür noch stärker ausgeprägt als im $TV^{(2)}$ &BM-Bild.

Bei der Messung an acht gesunden Probanden wird in den $TV^{(2)}$ -Bildern ein mittlerer SNR-Zuwachs von $(46 \pm 3)\%$ in WM und von $(14,9 \pm 11,2)\%$ im lateralen Ventrikel gefunden, was sehr gut mit den Ergebnissen für den simulierten Kopfdatensatz $((4 \text{ mm})^3, \text{UAF} = 2, \text{Rauschpegel } 2)$ übereinstimmt. Der SNR-Anstieg ist in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern der *In-vivo*-Daten geringer. Der höhere SNR-Gewinn in den $TV^{(2)}$ -Bildern ist jedoch direkt mit einem Verlust an Kontrast in den lateralen Ventrikeln verknüpft, der etwa doppelt so groß ist wie der in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern (siehe Abbildung 4.18).

Die starke Schwankung des SNR-Gewinns im lateralen Ventrikel für verschiedene Probanden lässt sich auf anatomische Unterschiede zurückführen. Die Größe der lateralen Ventrikel kann individuell sehr unterschiedlich sein. Wie oben diskutiert wurde, hängt der SNR-Zuwachs direkt mit der Größe der betrachteten Struktur zusammen: Je kleiner die Ausdehnung der lateralen Ventrikel ist, desto geringer ist der SNR-Gewinn, da keine Glättung der Kanten stattfindet.

Im AnaWeTV-Bild ist das SNR noch höher als bei den iterativen Verfahren ohne anatomische Wichtung. In WM wird sogar ein höheres SNR als im Hamming-gefilterten *Gridding*-Bild erreicht (siehe Tabelle 4.2). Dabei bleibt der Kontrast in den lateralen Ventrikeln erhalten. Im Vergleich dazu führt der Hammingfilter zwar zu einem höheren SNR kleiner Strukturen, doch gleichzeitig zu einem deutlichen Kontrastverlust um 30 % in den lateralen Ventrikeln.

Die Ortsabhängigkeit des SNR-Gewinns ist kein Nachteil. Durch die geringere Mittlung im Bereich der Kanten bleiben Kontrast und Auflösung besser erhalten als bei einem Hammingfilter, der zu einer homogenen Rauschreduktion führt (siehe Abbildung 4.21(b)). Wie

in Kapitel 5.7.3 diskutiert wird, ist die menschliche Wahrnehmung des SNR vom Bildinhalt abhängig. In Bereichen konstanter Intensität wird ein niedriges SNR als deutlich störender empfunden als in Bereichen mit Struktur [Wang und Bovik, 2009]. Eine Kante wird auch mit niedrigem SNR als Intensitätsübergang erkannt, während derselbe Rauschpegel Details in Bereichen konstanter Intensität überdecken kann.

5.7.2 Genauigkeit der rekonstruierten Intensitäten

Die mittlere Abweichung der gemessenen Intensität in vier kleinen MS-Läsionen des simulierten Datensatzes ($(3\text{ mm})^3$, $\text{UAF} = 4$) von der tatsächlichen Intensität konnte von $(6,9 \pm 3,8)\%$ im *Gridding*-Bild auf $(2,8 \pm 1,4)\%$ im AnaWeTV-Bild reduziert werden. Auch im $\text{TV}^{(2)}$ &BM-Bild ist die Abweichung mit $(5,2 \pm 4,1)\%$ etwas geringer als im *Gridding*-Bild (siehe Abbildung 4.20 und Tabelle 4.2).

Im Gegensatz dazu führen Filtertechniken wie der Hammingfilter zu einer Verstärkung des Partialvolumeneffekts. Dadurch kann die Konzentration vor allem in kleinen Strukturen nicht mehr korrekt bestimmt werden. In den MS-Läsionen betrug die mittlere Abweichung $(17,4 \pm 3,7)\%$ und war damit mehr als doppelt so groß wie im *Gridding*-Bild ohne Hammingfilter.

Beim Extrembeispiel eines sehr stark unterabtasteten ($\text{UAF} = 10$) Datensatzes mit niedrigem SNR und $(2\text{ mm})^3$ Auflösung ist der Gewinn durch die AnaWeTV sogar noch größer (Abbildung 4.24). Hier kann die Abweichung der berechneten Intensitäten von $20,3\%$ im *Gridding*-Bild auf $3,2\%$ im AnaWeTV-Bild reduziert werden. Der Intensitätsfehler nach Anwendung eines Hammingfilters beträgt in diesem Fall $12,6\%$.

Für eine klinische Anwendung der ^{23}Na -MRT ist die Bestimmung von ^{23}Na -Konzentrationen in unterschiedlichem Gewebe entscheidend. In der MS-Forschung gibt es Hinweise auf eine Korrelation der körperlichen Beeinträchtigung und der Natriumkonzentration in verschiedenen Bereichen des Gehirns der Patienten [Inglese *et al.*, 2010; Zaaraoui *et al.*, 2012; Paling *et al.*, 2013]. Jedoch enthalten die gemessenen Natriumintensitäten große Fehler und Unterschiede sind nur teilweise signifikant. Die hohe Natriumkonzentration im Liquor kann durch Partialvolumeneffekte den gemessenen Wert in angrenzender WM und GM verfälschen.

Unter diesem Aspekt ist es von großer Bedeutung, dass die vorgeschlagene AnaWeTV eine genauere Rekonstruktion von Intensitätswerten ermöglicht. Durch eine exaktere Bestimmung der Natriumkonzentrationen könnte mit größerer Sicherheit festgestellt werden, ob Konzentrationsunterschiede im Gewebe zwischen MS-Patienten und gesunden Kontrollpersonen bzw. zwischen Patienten mit unterschiedlich verlaufenden MS-Erkrankungen vorliegen. Dies müsste in einer Studie mit MS-Patienten untersucht werden.

Neben einer Reduzierung der Unterabtastungsartefakte kann der verringerte Intensitätsfehler auf die Auflösungserhöhung und damit verbundene Abnahme des Partialvolumeneffekts durch die AnaWeTV-Regularisierung zurückgeführt werden. Die Voraussetzung dafür ist eine korrekte Registrierung des ^1H -Referenzbildes mit dem ^{23}Na -Bild, sowie vorhandene *A-priori*-Informationen für die entsprechenden Gewebegrenzen. Es müssen keine zusätzlichen Annahmen über das Gewebe getroffen werden.

Dadurch unterscheidet sich die AnaWeTV-Rekonstruktion deutlich von anderen Verfahren zur Korrektur von Partialvolumeneffekten, wie sie von [Soret *et al.*, 2007] für die PET-Bildgebung vorgeschlagen und in [Paling *et al.*, 2013] eingesetzt werden. Diese benötigen eine Segmentierung des Gewebes auf Grundlage eines registrierten ^1H -Referenzbildes. Durch Faltung mit einer abgeschätzten PSF wird dann das *Spill-in* und *Spill-out* der verschiedenen Gewebetypen berechnet und korrigiert. Dabei ist die Segmentierung eine mögliche Fehlerquelle und erhöht die Komplexität des Verfahrens. Darüber hinaus beinhaltet die PSF Annahmen über die Relaxationszeiten des entsprechenden Gewebes, die für jeden Gewebetyp als konstant angenommen werden.

[Zaaraoui *et al.*, 2012] verwenden bei der Datenrekonstruktion einen Hanningfilter, um das SNR in den Bildern zu erhöhen, bevor sie die Natriumkonzentrationen in MS-Läsionen und normal erscheinender WM und GM quantifizieren. Die Fensterfunktion des Hanningfilters entspricht der des Hammingfilters bis auf eine modifizierte Konstante α , die beim Hanningfilter den Wert $\alpha = 0,5$ annimmt und zu einer etwas stärkeren Glättung führt. Die hier vorgestellten Ergebnisse legen nahe, dass die Verwendung eines Filters zu einem größeren Fehler bei der Quantifizierung von Konzentrationen führen kann. Ein iteratives Rekonstruktionsverfahren ist einem einfachen Filter in jedem Fall vorzuziehen.

In Phantommessungen konnte die genauere Rekonstruktion von Natriumintensitäten bestätigt werden. Allerdings schneiden hier die TV⁽²⁾&BM- und AnaWeTV-Bilder gleich gut ab (Abbildungen 4.30 und 4.31). Das hat vermutlich zwei Ursachen: Zum einen kann die einfache Struktur des Phantoms auch ohne detaillierte *A-priori*-Informationen sehr gut rekonstruiert werden. Zum anderen ist der Durchmesser der Konzentrationsröhrchen so groß, dass Partialvolumeneffekte keine so große Rolle spielen wie bei den kleineren MS-Läsionen im Kopf.

5.7.3 RMSE und SSIM

Der RMSE ist ein häufig verwendetes Fehlermaß. Oft tritt er auch in Variationen auf: als mittlerer quadratischer Fehler (engl. *mean squared error*, MSE)³ oder als Spitzen-Signal-Rausch-Verhältnis (engl. *peak signal-to-noise ratio*, PSNR)⁴. Trotz seiner weiten Verbreitung und vorteilhaften Eigenschaften (er ist leicht zu berechnen und besitzt die mathematischen Eigenschaften der l_2 -Norm) wird die Eignung des RMSE zur Beurteilung von Bildqualität kritisch diskutiert. Der RMSE enthält implizit mehrere Annahmen, die der menschlichen Wahrnehmung von Bildqualität widersprechen. Zum Beispiel tragen alle Bildbereiche gleichermaßen zum Fehlersignal bei. Dabei hängt es sehr wohl vom Bildinhalt ab, wie sehr ein Fehlersignal die menschliche Wahrnehmung stört. Dasselbe Rauschniveau wird in Bereichen, die viel Struktur enthalten, als weniger störend empfunden als in Bildbereichen konstanter Intensität (siehe dazu Abbildung 3.6(d)). Eine sehr anschauliche Diskussion der Nachteile des RMSE gibt [Wang und Bovik, 2009].

Die SSIM gleicht einige Nachteile des RMSE aus und ist heute eine anerkannte Methode zur Beurteilung der Bildqualität, die verschiedene Aspekte der menschlichen Wahrnehmung berücksichtigt. In den letzten Jahren wurde sie häufig zur Beurteilung neuer Rekonstruk-

³RMSE und MSE unterscheiden sich nur durch Wurzelbildung: $\text{RMSE} = \sqrt{\text{MSE}}$

⁴ $\text{PSNR}(x) = 20 \log(\max(x)/\text{RMSE}(x))$

tionstechniken in der MRT eingesetzt (siehe zum Beispiel [Anand und Sahambi, 2010; Zhu *et al.*, 2013]) und könnte sich zu einem Standard entwickeln.

Bei den Ergebnissen der Parameterstudie dieser Arbeit (Abbildung 4.7 und 4.8) treffen die beiden Parameter unterschiedliche Aussagen: Laut RMSE ist der Gewinn gegenüber *Gridding* in den TV⁽²⁾&BM-Bildern bei hohen Auflösungen am größten und nimmt für niedrigere Auflösungen der Datensätze ab. Diese Aussage deckt sich mit der relativen Reduktion des Rauschpegels in den Bildern. Dagegen wird die SSIM vom Anstieg bei niedrigen Auflösungen dominiert, die durch die scharfen Schädelkanten in den Bildern entsteht (siehe Abschnitt 5.5).

Bei der Auswahl optimaler Wichtungparameter für die Rekonstruktion sind dagegen die Bilder mit niedrigstem kombiniertem Fehler RE_{Sim} in der Regel diejenigen mit der (beinahe) höchsten SSIM. Hier sind die Unterschiede in der SSIM für verschiedene Parameterkombinationen deutlicher als die Unterschiede im RMSE.

Der große Nachteil sowohl des RMSE als auch der SSIM ist die Notwendigkeit eines Referenzbildes. In der ²³Na-MRT ist ein solches Referenzbild nicht verfügbar (Kapitel 3.6). Wie sich diese Qualitätsmaße bei der Rekonstruktion von *In-vivo*-²³Na-MR-Daten verhalten, kann also nur über die Rekonstruktion simulierter Datensätze mit ähnlichen Eigenschaften abgeschätzt werden. Charakteristika wie ortsabhängige T_2^* -Relaxationszeiten sowie der biexponentielle T_2 -Zerfall der Magnetisierung in Gewebe können dabei jedoch nicht berücksichtigt werden.

5.7.4 Auflösungsvermögen

Da das Auflösungsvermögen über die PSF definiert ist (siehe Kapitel 2.2.4), wäre eine Berechnung der PSF des Bildes die sauberste Methode zur Bestimmung des Auflösungsvermögens. Bei linearen Rekonstruktionstechniken wird das Bild – bei Vernachlässigung der Ortsabhängigkeit der T_2^* -Relaxation – durch Faltung des wahren Bildes mit einer globalen PSF beschrieben. Das Auflösungsvermögen ist in jedem Bildpunkt dasselbe. Auch in *Gridding*-Bildern ergibt sich näherungsweise ein Auflösungsvermögen für das gesamte Bild. Die Auswirkung iterativer Rekonstruktionstechniken ist dagegen stark vom lokalen Bildinhalt abhängig: Eine TV (sowohl erster als auch zweiter Ordnung) wirkt als kantenerhaltender Filter, der Bereiche konstanter Intensität stark glättet, aber Kanten möglichst unberührt lässt. Diese Eigenschaft spiegelt sich in der orts aufgelösten Standardabweichung über die Repliken zur SNR-Berechnung wieder (siehe Abbildungen 4.6 und 4.21) und verstärkt sich bei anatomischer Wichtung der Regularisierung. Eine Glättung ist immer mit einem Verlust an Auflösung verbunden. Es ist also zu erwarten, dass das Auflösungsvermögen an Kanten ähnlich wie das des *Gridding*-Bildes ist, in Bereichen konstanter Intensität jedoch abnimmt.

[Wech *et al.*, 2011] schlug eine Berechnung lokaler PSFs zur pixelweisen Bestimmung des ortsabhängigen Auflösungsvermögens in iterativ rekonstruierten Bildern vor. Diese Methode ändert die Intensität eines Pixels im bereits iterativ rekonstruierten Bild. Anschließend wird durch Fouriertransformation ein angepasster Datensatz erzeugt, der für eine erneute iterative Rekonstruktion verwendet wird. Die Differenz der beiden Rekonstruktionen liefert

dann die PSF dieses einen Pixels. Der lineare Wechsel durch Fouriertransformation vom Bild- in den k -Raum ist jedoch nur für kartesische Datensätze möglich. Im Rahmen dieser Arbeit wurde der Versuch unternommen, das Verfahren auf radiale Datensätze zu übertragen. Dafür wurde auf den ursprünglichen k -Raum die analytische Fouriertransformierte einer Deltafunktion addiert. Die Fouriertransformierte der Deltafunktion ist eine Konstante mit einer Phase, die Auskunft über die Position der Deltafunktion im Ortsraum gibt. Die Amplitude der Fouriertransformierten wurde um einen Faktor 10^{-10} kleiner gewählt als die maximale Amplitude des ursprünglichen Datensatzes, um die Rekonstruktion so wenig wie möglich zu beeinflussen. Anschließend wurden sowohl der angepasste als auch der ursprüngliche Datensatz mit denselben Parametern rekonstruiert und das entstehende Bild subtrahiert. Für die *Gridding*-Rekonstruktion ist es möglich, auf diese Weise ortsabhängige PSFs zu erhalten. Für die iterative Rekonstruktion war dies jedoch nicht möglich. Die unterschiedlichen Datensätze beeinflussen den iterativen Rekonstruktionsprozess, so dass sich die entstehenden Bilder nicht nur durch die addierte PSF unterscheiden. Zusätzliche Unterschiede im Bereich von Kanten überdecken die jeweilige PSF.

Um abschätzen zu können, wie sich das Auflösungsvermögen im Vergleich zum *Gridding*-Bild ändert, wurde eine Struktur des Bildes herausgegriffen: bei Bildern des Kopfes die Trennung zwischen den beiden lateralen Ventrikeln in einer geeigneten Schicht, im Phantom die kleinste im *Gridding*-Bild aufgelöste Stäbchenreihe. Es wurde der Kontrast der Struktur berechnet, da ein Verlust im Auflösungsvermögen zu einer Verbreiterung der PSF und damit zu einer Abnahme des Kontrastes führt.

5.8 Iterative Rekonstruktion dreidimensionaler Radialdaten

In der Literatur wurden erst wenige iterative Rekonstruktionsalgorithmen für dreidimensionale, nicht-kartesische Sequenzen vorgestellt [Nam *et al.*, 2013; Doneva *et al.*, 2008]. Das hängt vermutlich damit zusammen, dass solche Algorithmen große Ansprüche an die Rechenleistung stellen. In jedem Iterationsschritt müssen die Matrixmultiplikationen $\mathbf{A}x$ und $\mathbf{A}^\dagger y$ für die Berechnung des Datenkonsistenzterms (3.25) durchgeführt werden. Die Matrizen \mathbf{A} und \mathbf{A}^\dagger sind dabei zu groß für den Arbeitsspeicher und müssen jedes Mal neu berechnet werden. Das ist die Hauptursache für die langen Rekonstruktionszeiten von 2–3 Stunden.

Eine Parallelisierung der Rekonstruktion auf einen Rechencluster oder eine Grafikkarte ist prinzipiell möglich und kann eine erhebliche Beschleunigung der Rekonstruktion ermöglichen [Nam *et al.*, 2013; Obeid *et al.*, 2011; Gregerson, 2008]. Die meisten Rechenoperationen können dabei ohne weiteres parallel ausgeführt werden. Die einzige Schwierigkeit stellt die Operation $\mathbf{A}^\dagger y$ dar, bei der bei einer direkten Parallelisierung mehrere Ausführungsstränge auf denselben Speicherplatz schreiben müssen.

5.9 Robustheit der Rekonstruktionsmethode

5.9.1 Inkorrekte Trägerregion

Das Erstellen der BM aus einem registrierten ^1H -Datensatz ist einfach und damit wenig fehleranfällig. Eine Fehlregistrierung der Datensätze kann eine verschobene BM zur Folge haben. Eine schlechte Wahl des Schwellwerts bei der Berechnung der BM kann zu einer zu großen oder zu kleinen BM führen. In dieser Arbeit wurden die beiden letzten Fälle getestet. Eine verschobene BM kann als Kombination einer zu großen und zu kleinen BM angesehen werden und wurde nicht getrennt untersucht. Der Fall einer BM mit unvollständigem *Closing* (siehe Kapitel 3.3.4 und Abbildung 3.3) wurde hier nicht betrachtet, da er durch eine schnelle visuelle Überprüfung der BM ausgeschlossen werden kann.

Da die als Trägerregion verwendete BM nur die Umrisse des Objekts und keine internen Strukturen enthält, ist die Registrierung unkritisch. Bei Verwendung einer zu kleinen BM tritt eine Signalüberhöhung am Rand des Schädels auf (Abbildung 4.16). Dieser Effekt entsteht dadurch, dass Intensität am Rand des Kopfes, wo die Trägerregion aufhört, auf Null gezwungen wird. Die Intensität, die dadurch verloren geht, wird durch den Datenkonsistenzabgleich in (3.12) ins Innere der Trägerregion geschoben, wo eine Signalüberhöhung entsteht. Die gleiche Signalüberhöhung wurde auch von [Constantinides *et al.*, 1997] beobachtet, deren Algorithmus Binärmasken der segmentierten Gewebe verwendet. Bei ihnen traten außerdem verstärkte Gibbs-Oszillationen auf, die in Abbildung 4.16 nicht zu sehen sind. Da die Binärmasken bei [Constantinides *et al.*, 1997] auch interne Gewebestrukturen enthalten, ist die Registrierung dort kritischer als bei Verwendung einer BM als Trägerregion.

Im Inneren des Kopfes sind keine Unterschiede zwischen den einzelnen Rekonstruktionen wahrnehmbar. In der quantitativen Bildevaluation verschlechtern sich die Werte bei einer um 2 Pixel zu kleinen BM jedoch deutlich. Zur Vermeidung unerwünschter Signalüberhöhung könnte generell eine etwas größere BM benutzt werden, da die Bildqualität durch eine zu große BM kaum beeinflusst wird.

Im Falle einer zu großen BM ist der Übergang vom Kopf zum Hintergrund etwas weicher als bei Verwendung einer korrekten BM. Bei einer um 2 Pixel zu großen BM lässt der Kontrast im Bild nach. Das deutet darauf hin, dass die ans Objekt angepasste Form der BM für den Auflösungsvorteil gegenüber den $\text{TV}^{(2)}$ -Bildern verantwortlich ist. Dieser würde im Falle einer unspezifischen kreisförmigen Trägerregion, wie sie von [Block *et al.*, 2007] verwendet wird, nicht auftreten.

5.9.2 Fehlregistrierung und AnaWeTV

Eine Fehlregistrierung des ^1H -Bildes hat keine gravierenden Auswirkungen auf die Bildqualität. Mit zunehmender Verschiebung geht der Auflösungsvorteil der AnaWeTV verloren. Doch selbst bei einer Verschiebung des Referenzbildes um 3 mm ist der Intensitätsfehler noch kleiner als im *Gridding*-Bild. Ein so großer Registrierungsfehler ist deutlich erkennbar und kann ausgeschlossen werden – die Registrierung der Datensätze sollte in jedem Fall überprüft werden, bevor das Referenzbild für die AnaWeTV verwendet wird.

5.9.3 Fehlende oder falsche A-priori-Informationen

Wie bereits in Abschnitt 5.4.1 diskutiert wurde, werden Strukturen, die nicht in der anatomischen Wichtung enthalten sind, mit hohem Kontrast und gut erhaltener Auflösung rekonstruiert (siehe Abbildung 4.26). Die Rekonstruktion entspricht im Wesentlichen der eines $TV^{(2)}\&BM$ -Bildes – nur dass in der Regel der Wichtungsfaktor τ_{AnaWeTV} höher ist als $\tau_{TV^{(2)}}$. Jedoch führt diese stärker gewichtete $TV^{(2)}$ zu einem erhöhten Partialvolumeneffekt: Der Intensitätsfehler in den MS-Läsionen, die nicht Teil der anatomischen Wichtung waren, nimmt gegenüber *Gridding* deutlich zu. Im Gegensatz dazu ist der Intensitätsfehler im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild etwas geringer als im *Gridding*-Bild.

Strukturen, für die eine anatomische Wichtung vorliegt, die jedoch nicht in den ^{23}Na -Daten enthalten sind, führen zu Artefakten im rekonstruierten Bild (siehe Abbildung 4.27). Intensitätsschwankungen im *Gridding*-Bild aufgrund des niedrigen SNR werden durch die falsche Kanteninformation im AnaWeTV-Bild als Struktur interpretiert und dargestellt. Die Intensität dieser falschen Strukturen entspricht dabei der Intensitätsschwankung durch das Rauschen. Im dargestellten Beispiel sind sie als Artefakte erkennbar. Um das Entstehen solcher falscher Strukturen auszuschließen, dürfen bei der Erzeugung der anatomischen Wichtungsfaktoren nur Gewebegrenzen mit einbezogen werden, die sicher im ^{23}Na -Bild zu sehen sind.

5.10 $TV^{(2)}\&BM$ - oder AnaWeTV-Bild

Insbesondere aus den Ergebnissen bei falschen oder fehlenden *A-priori*-Informationen lässt sich eine Empfehlung ableiten, bei welchen Datensätzen welche Rekonstruktionsmethode zu empfehlen ist.

Werden ^{23}Na -Daten bekannter Strukturen aufgenommen, für die *A-priori*-Informationen vorliegen, führt die AnaWeTV-Regularisierung zur besten Bildqualität: Das SNR ist deutlich erhöht, während gleichzeitig Strukturen mit erhöhter Auflösung, gutem Kontrast und reduziertem Partialvolumeneffekt dargestellt werden. Insbesondere für die Quantifizierung der ^{23}Na -Konzentrationen ist die AnaWeTV-Methode von Vorteil.

Treten dagegen Strukturen im ^{23}Na -Bild auf, die nicht im ^1H -Bild zu sehen sind und für die keine *A-priori*-Informationen vorliegen, ist das $TV^{(2)}\&BM$ -Bild dem AnaWeTV-Bild vorzuziehen. Das gilt vor allem dann, wenn die Natriumkonzentration in der unbekanntem Struktur bestimmt werden soll.

6 Zusammenfassung

In vivo verfügt die ^{23}Na -MRT über ein etwa 20000-fach geringeres Signal als die ^1H -MRT. Dadurch ist das Signal-Rausch-Verhältnis (SNR) der ^{23}Na -Bilder vergleichsweise niedrig, was zu langen Messzeiten und niedrigen Auflösungen führt. Zudem werden ^{23}Na -Daten häufig unterabtastet aufgenommen. Als Folge dessen wird die Qualität der ^{23}Na -Bilder durch Unterabtastungsartefakte, Gibbs-Oszillationen und Rauschen beeinträchtigt.

In dieser Arbeit wurde ein iterativer Rekonstruktionsalgorithmus für die ^{23}Na -MRT entwickelt, der Gibbs-Oszillationen und Unterabtastungsartefakte wirkungsvoll unterdrückt und *in vivo* zu einem bis zu 157% höheren SNR in den rekonstruierten Bildern führt als die traditionelle *Gridding*-Rekonstruktion. Durch die Einbindung anatomischer *A-priori*-Informationen aus der ^1H -MRT wird der Partialvolumeneffekt verringert, wodurch der Natriumgehalt kleiner anatomischer Strukturen genauer bestimmt werden kann. Die wichtigsten Schritte dieser Arbeit werden im Folgenden zusammengefasst.

Die Bildrekonstruktion wurde nach Vorbild des *Compressed Sensing* als mathematisches Minimierungsproblem umformuliert. Es wurde ein Verfahren konjugierter Gradienten (CG-Verfahren) implementiert, das durch Minimierung einer Zielfunktion das gesuchte Bild iterativ rekonstruiert. Neben einem Term, der die Konsistenz mit den zugrunde liegenden Messdaten gewährleistet, wurden drei Regularisierungsterme aufgestellt, die *A-priori*-Informationen über das Bild enthalten und den Lösungsraum auf sinnvolle Ergebnisse einschränken.

Der erste Regularisierungsterm enthält die unspezifische Annahme, dass die rekonstruierten Bilder *sparse* unter einer Ableitungsoperation sind. Anstelle der verbreiteteren totalen Variation erster Ordnung ($\text{TV}^{(1)}$) wurde hierbei eine $\text{TV}^{(2)}$ verwendet, die Ableitungsterme erster und zweiter Ordnung enthält. Dadurch können glatte Intensitätsverläufe in den Bildern korrekt rekonstruiert werden. Der zweite Regularisierungsterm enthält die einfachste Form anatomischer *A-priori*-Informationen: Die Position des Objekts wird aus einem ^1H -Bild mit hohem SNR bestimmt und als Trägerregion in Form einer Binärmaske (BM) verwendet. Alle Intensitäten außerhalb der BM entstehen durch Rauschen oder Artefakte und tragen zum Strafterm bei. Der letzte Regularisierungsterm enthält differenziertere anatomische *A-priori*-Informationen in Form orts aufgelöster Wichtungsfaktoren. Diese werden aus einem hochaufgelösten ^1H -Bild mit hohem SNR gewonnen und geben an, ob an der jeweiligen Position ein Gewebeübergang im ^1H -Bild vorliegt. Die anatomisch gewichtete Totale Variation zweiter Ordnung (AnaWeTV) entsteht dann durch Modifizierung der $\text{TV}^{(2)}$: Durch eine ortsabhängige Wichtung werden Intensitätsänderungen im ^{23}Na -Bild an den Positionen bekannter Gewebübergänge weniger stark bestraft und damit befördert.

Für die Evaluierung des Rekonstruktionsalgorithmus wurde eine Methode entwickelt, drei-

dimensionale radiale MR-Datensätze des Kopfes nach Vorbild der DA-3DPR-Sequenz zu simulieren. Anhand der simulierten Daten wurde der Algorithmus für fünf verschiedene Auflösungen, drei verschiedene Unterabtastungsfaktoren (UAF) und zwei verschiedene Rauschpegel getestet. Die Bildqualität wurde anhand verschiedener Qualitätsmaße quantifiziert: Es wurden RMSE und SSIM berechnet, sowie Rauschpegel und Kontrast in den resultierenden Bildern abgeschätzt. Zur Auswahl optimaler Wichtungsparameter für die einzelnen Regularisierungsterme wurde ein kombiniertes Fehlermaß RE eingeführt. Aus Rekonstruktionen mit verschiedenen Wichtungsparametern wurde jeweils das mit geringstem kombiniertem Fehler ausgewählt.

Es wurde gezeigt, dass eine Kombination der $TV^{(2)}$ mit einer BM-Regularisierung vor allem bei niedrig aufgelösten Datensätzen und hohem UAF von Vorteil ist. Hier kommt es in $TV^{(2)}$ -Bildern zu einem starken Kontrastverlust, der durch die BM-Regularisierung verhindert wird. Die größte relative Verbesserung in RMSE und Rauschpegel im Vergleich zur herkömmlichen *Gridding*-Rekonstruktion wurde bei Datensätzen mit hoher Auflösung und hohem Rauschpegel gefunden. Die Verwendung hochaufgelöster anatomischer Informationen in der AnaWeTV führt zu einer verbesserten Auflösung in den rekonstruierten Bildern. Dadurch werden Partialvolumeneffekte verringert und kleine Strukturen mit höherem Kontrast dargestellt.

In simulierten Kopfdatensätzen mit Multiple-Sklerose-Läsionen (MS-Läsionen) wurde gezeigt, dass die AnaWeTV eine deutlich genauere Bestimmung von Intensitätswerten erlaubt als das herkömmliche *Gridding*. In Datensätzen mit niedrigem SNR und $UAF = 4$ wurde der Fehler der ermittelten Intensitätswerte in kleinen MS-Läsionen von $(6,9 \pm 3,8)\%$ bei *Gridding* auf $(2,8 \pm 1,4)\%$ im AnaWeTV-Bild reduziert. Bei noch stärkerer Unterabtastung ($UAF = 10$) fiel die Verbesserung gegenüber *Gridding* noch deutlicher aus: Hier reduzierte sich der Intensitätsfehler von $20,3\%$ auf $3,2\%$. Auch in den $TV^{(2)}$ &BM-Bildern wurde der Intensitätsfehler im Vergleich zu *Gridding* verringert, wenn auch nicht in gleichem Ausmaß wie in den AnaWeTV-Bildern. Dagegen führte die Anwendung eines Hammingfilters in manchen Fällen sogar zu einem vergrößerten Intensitätsfehler.

Die verbesserte Rekonstruktion von Natriumkonzentrationen wurde zusätzlich durch Phantommessungen bestätigt. Verschiedene Natriumkonzentrationen in sechs Röhrchen konnten bei jeder Unterabtastung im AnaWeTV- und $TV^{(2)}$ &BM-Bild mit deutlich reduziertem Fehler im Vergleich zum *Gridding*-Bild bestimmt werden. Dagegen wurde der Fehler im *Gridding*-Bild durch Anwendung eines Hammingfilters in jedem Fall erhöht.

Für alle Rekonstruktionsmethoden wurden orts aufgelöste SNR-Werte berechnet. Dabei wurde gezeigt, dass der Rauschpegel in den iterativ rekonstruierten Bildern ortsabhängig wird. Dies kann durch die Wirkung der $TV^{(2)}$ als kantenerhaltender Filter erklärt werden: In Bereichen konstanter Intensität wird das Bild geglättet, während der Rauschpegel und gleichzeitig die Auflösung an Kanten erhalten bleiben. Der Effekt verstärkt sich bei zusätzlicher anatomischer Wichtung durch die AnaWeTV. Der größte SNR-Gewinn im Vergleich zu *Gridding* wurde in großen Strukturen wie der weißen Substanz (WM) des Gehirns gefunden. Je kleiner die Struktur, desto geringer fiel der SNR-Zuwachs aus. Dabei war der SNR-Gewinn in den AnaWeTV-Bildern am größten.

Die Robustheit des Rekonstruktionsalgorithmus gegenüber einer Fehlregistrierung des 1H -Datensatzes wurde an simulierten Daten überprüft. Der Algorithmus erwies sich dabei als

unanfällig gegenüber Verschiebungen um ein bis zwei Pixel. Außerdem wurde gezeigt, dass im AnaWeTV-Bild Strukturen auch dann mit hohem Kontrast dargestellt werden, wenn für sie keine *A-priori*-Informationen vorliegen.

Die *In-vivo*-Anwendbarkeit des Rekonstruktionsalgorithmus mit $TV^{(2)}$ und BM-Regularisierung wurde durch MR-Messungen an acht gesunden Probanden bei einer Magnetfeldstärke von 3 T demonstriert. Hierbei war es möglich, die Rekonstruktionsparameter $\tau_{TV^{(2)}}$ und τ_{BM} an einem gemessenen Datensatz zu optimieren und anschließend für die Rekonstruktion aller Datensätze, die mit denselben Messparametern aufgenommen wurden, zu verwenden. Bei allen Probanden wurde ein SNR-Gewinn in WM von durchschnittlich $(46 \pm 3)\%$ bzw. $(25 \pm 2)\%$ im $TV^{(2)}$ - bzw. $TV^{(2)}\&BM$ -Bild erzielt, der mit einem Kontrastverlust von $(12,0 \pm 5,3)\%$ bzw. $(5,6 \pm 4,0)\%$ verknüpft war. Diese Ergebnisse zeigen, dass der Rekonstruktionsalgorithmus für jedes Messprotokoll nur einmal optimiert werden muss und bei verschiedenen Probanden zu vergleichbarer Bildqualität führt. In Hinblick auf eine zukünftige klinische Anwendung sind diese Eigenschaften entscheidend.

Darüber hinaus konnten AnaWeTV- und $TV^{(2)}\&BM$ -Bilder eines Hirntumor-Patienten und eines MS-Patienten aus ^{23}Na -Messungen bei 7 T erstellt werden. Auch hier war es möglich, die Rekonstruktionsparameter an einem Datensatz zu optimieren und diese optimierten Werte für die Rekonstruktion des anderen Patientendatensatzes zu verwenden. Im AnaWeTV-Bild des Hirntumor-Patienten konnte ein SNR-Gewinn von 157% in WM, 87% im Tumor und 55% in den lateralen Ventrikeln erzielt werden.

Abschließend lässt sich sagen, dass der in dieser Arbeit vorgestellte iterative Rekonstruktionsalgorithmus ein deutlich erhöhtes SNR im Vergleich zur traditionellen *Gridding*-Rekonstruktion erzielt. Gleichzeitig werden Unterabtastungsartefakte und Gibbs-Oszillationen wirkungsvoll unterdrückt. Darüber hinaus können Natriumkonzentrationen im $TV^{(2)}\&BM$ -Bild (alle Strukturen) und im AnaWeTV-Bild (Strukturen mit *A-priori*-Information) mit reduziertem Fehler bestimmt werden – insbesondere bei stark unterabgetasteten Daten mit hohem Rauschpegel. Je nach Anwendung können minimale oder detaillierte *A-priori*-Informationen verwendet werden: Ist nicht bekannt, ob die untersuchten Strukturen sowohl im ^1H - als auch im ^{23}Na -Bild erscheinen, ist das $TV^{(2)}\&BM$ -Bild vorzuziehen. Im Falle bekannter Strukturen (beispielsweise der Liquorräume und der grauen/weißen Substanz des Gehirns oder MS-Läsionen) bietet das AnaWeTV-Bild eine erhöhte Auflösung mit verstärktem Kontrast und deutlich reduzierten Partialvolumeneffekten.

Anhang

A Berechnung der Gradienten der Regularisierungsterme

A.1 Totale Variation zweiter Ordnung

Für die Berechnung des Gradienten der $TV^{(2)}$ -Regularisierung

$$TV^{(2)}(x) = \sum_{q \in \dim(x)} \left(\alpha \left\| \mathbf{D}_q^{(1)} x \right\|_1 + (1 - \alpha) \left\| \mathbf{D}_q^{(2)} x \right\|_1 \right) \quad (\text{A.1})$$

definiert man die Diagonalmatrizen \mathbf{N}_q und \mathbf{M}_q mit den Diagonalelementen

$$n_{q,i} = \sqrt{\left(\mathbf{D}_q^{(1)} x \Big|_i \right)^* \left(\mathbf{D}_q^{(1)} x \Big|_i \right) + \epsilon} \quad (\text{A.2})$$

und

$$m_{q,i} = \sqrt{\left(\mathbf{D}_q^{(2)} x \Big|_i \right)^* \left(\mathbf{D}_q^{(2)} x \Big|_i \right) + \epsilon}. \quad (\text{A.3})$$

Der Gradient der $TV^{(2)}$ -Regularisierung ist dann

$$\nabla TV^{(2)}(x) = \sum_{q \in \dim(x)} \alpha \left(\mathbf{D}_q^{(1)} \right)^T \left(\mathbf{N}_q \right)^{-1} \left(\mathbf{D}_q^{(1)} x \right) + (\alpha - 1) \left(\mathbf{D}_q^{(2)} \right)^T \left(\mathbf{M}_q \right)^{-1} \left(\mathbf{D}_q^{(2)} x \right) \quad (\text{A.4})$$

A.2 Trägerregion

Der Gradient des BM-Regularisierungstermes

$$R_{BM}(x) = \|\mathbf{BM} \cdot x\|_2^2 \quad (\text{A.5})$$

ist gegeben durch

$$\nabla_x R_{BM}(x) = 2 \mathbf{BM}^T (\mathbf{BM} \cdot x) = 2 \mathbf{BM} \cdot x, \quad (\text{A.6})$$

da $\mathbf{BM}^T = \mathbf{BM} = \mathbf{BM}^2$.

A.3 Anatomisch gewichtete totale Variation

Der Gradient der AnaWeTV-Regularisierung wird analog zu (A.4) berechnet. Es werden die Diagonalmatrizen \mathbf{U}_q und \mathbf{V}_q mit Diagonalelementen

$$u_{q,i} = \sqrt{\left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(1)} x \Big|_i\right)^* \left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(1)} x \Big|_i\right) + \epsilon} \quad (\text{A.7})$$

und

$$v_{q,i} = \sqrt{\left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(2)} x \Big|_i\right)^* \left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(2)} x \Big|_i\right) + \epsilon} \quad (\text{A.8})$$

definiert. Der Gradient ist damit

$$\nabla R_{\text{AnaWeTV}}(x) = \sum_{q \in \text{dim}(x)} \alpha \left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(1)}\right)^{\text{T}} \left(\mathbf{U}_q\right)^{-1} \left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(1)} x\right) \quad (\text{A.9})$$

$$+ (\alpha - 1) \left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(2)}\right)^{\text{T}} \left(\mathbf{V}_q\right)^{-1} \left(\mathbf{W}_q \mathbf{D}_q^{(2)} x\right) \quad (\text{A.10})$$

B Optimale Wichtungsfaktoren für die Rekonstruktionen dieser Arbeit

| Auflösung | UAF | Rauschpegel | TV ⁽²⁾ &BM | | TV ⁽²⁾ | BM |
|---------------------|-----|-------------|-----------------------|------------------------------------|------------------------------------|--------------------|
| | | | τ_{BM} | $\tau_{\text{TV}^{(2)}} [10^{-4}]$ | $\tau_{\text{TV}^{(2)}} [10^{-4}]$ | τ_{BM} |
| (2 mm) ³ | 1 | 1 | 0,7 | 2,5 | 0,1 | 0,4 |
| | | 2 | 0,7 | 7,5 | 5,0 | 0,1 |
| | 2 | 1 | 1,0 | 2,5 | 0,1 | 1,0 |
| | | 2 | 10,0 | 7,5 | 10,0 | 0,1 |
| | 4 | 1 | 7,0 | 0,5 | 0,5 | 10,0 |
| | | 2 | 10,0 | 2,5 | 1,0 | 7,0 |
| (3 mm) ³ | 1 | 1 | 4,0 | 10,0 | 7,5 | 0,0 |
| | | 2 | 4,0 | 25,0 | 25,0 | 0,4 |
| | 2 | 1 | 40,0 | 7,5 | 5,0 | 1,0 |
| | | 2 | 0,1 | 7,5 | 10,0 | 0,1 |
| | 4 | 1 | 4,0 | 2,5 | 2,5 | 7,0 |
| | | 2 | 10,0 | 5,0 | 5,0 | 0,7 |
| (4 mm) ³ | 1 | 1 | 10,0 | 25,0 | 25,0 | 4,0 |
| | | 2 | 4,0 | 25,0 | 25,0 | 4,0 |
| | 2 | 1 | 10,0 | 10,0 | 5,0 | 0,7 |
| | | 2 | 1,0 | 7,5 | 7,5 | 0,7 |
| | 4 | 1 | 10,0 | 5,0 | 2,5 | 7,0 |
| | | 2 | 40,0 | 10,0 | 7,5 | 1,0 |
| (6 mm) ³ | 1 | 1 | 10,0 | 25,0 | 10,0 | 4,0 |
| | | 2 | 7,0 | 25,0 | 25,0 | 1,0 |
| | 2 | 1 | 10,0 | 7,5 | 7,5 | 7,0 |
| | | 2 | 40,0 | 25,0 | 10,0 | 1,0 |
| | 4 | 1 | 40,0 | 5,0 | 2,5 | 10,0 |
| | | 2 | 40,0 | 10,0 | 5,0 | 10,0 |
| (8 mm) ³ | 1 | 1 | 40,0 | 25,0 | 10,0 | 4,0 |
| | | 2 | 10,0 | 25,0 | 25,0 | 1,0 |
| | 2 | 1 | 10,0 | 7,5 | 5,0 | 0,4 |
| | | 2 | 4,0 | 10,0 | 2,5 | 1,0 |
| | 4 | 1 | 40,0 | 5,0 | 5,0 | 4,0 |
| | | 2 | 40,0 | 5,0 | 5,0 | 7,0 |

Tabelle B.1: Verwendete Parameter für die TV⁽²⁾&BM-, TV⁽²⁾- und BM-Rekonstruktion der simulierten Kopfdatensätze

| TV⁽²⁾&BM | | AnaWeTV | | AnaWeQR | |
|--------------------------------|--------------------------|--------------------|-------------------------|--------------------|-------------------------|
| τ_{BM} | $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ | τ_{BM} | τ_{AnaWeTV} | τ_{BM} | τ_{AnaWeQR} |
| 10,0 | $2,5 \cdot 10^{-4}$ | 7,0 | $7,5 \cdot 10^{-4}$ | 1,0 | 1,0 |

Tabelle B.2: Verwendete Parameter für die TV⁽²⁾&BM-, AnaWeTV- und AnaWeQR-Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen ((3 mm)³, UAF = 4, Rauschpegel 2)

| Auflösung | UAF | Rauschpegel | τ_{BM} | τ_{AnaWeTV} |
|---------------------|-----|-------------|--------------------|-------------------------|
| (4 mm) ³ | 4 | 2 | 4 | $5,0 \cdot 10^{-4}$ |
| (6 mm) ³ | 4 | 1 | 7 | $7,5 \cdot 10^{-4}$ |

Tabelle B.3: Verwendete Parameter für die AnaWeTV-Rekonstruktionen der simulierten Kopfdatensätze ohne MS-Läsionen

| | TV⁽²⁾ | TV⁽²⁾&BM | | AnaWeTV | |
|------------------|--------------------------|--------------------------------|--------------------------|--------------------|-------------------------|
| | $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ | τ_{BM} | $\tau_{\text{TV}^{(2)}}$ | τ_{BM} | τ_{AnaWeTV} |
| Probanden | $10,0 \cdot 10^{-4}$ | 4,0 | $10,0 \cdot 10^{-4}$ | | |
| Patienten | | 1,0 | $4,0 \cdot 10^{-4}$ | 1,0 | $7,0 \cdot 10^{-4}$ |

Tabelle B.4: Verwendete Parameter für die Rekonstruktionen der gemessenen ²³Na-Daten des Kopfes

C Rekonstruktionen bei verschiedenen Auflösungen

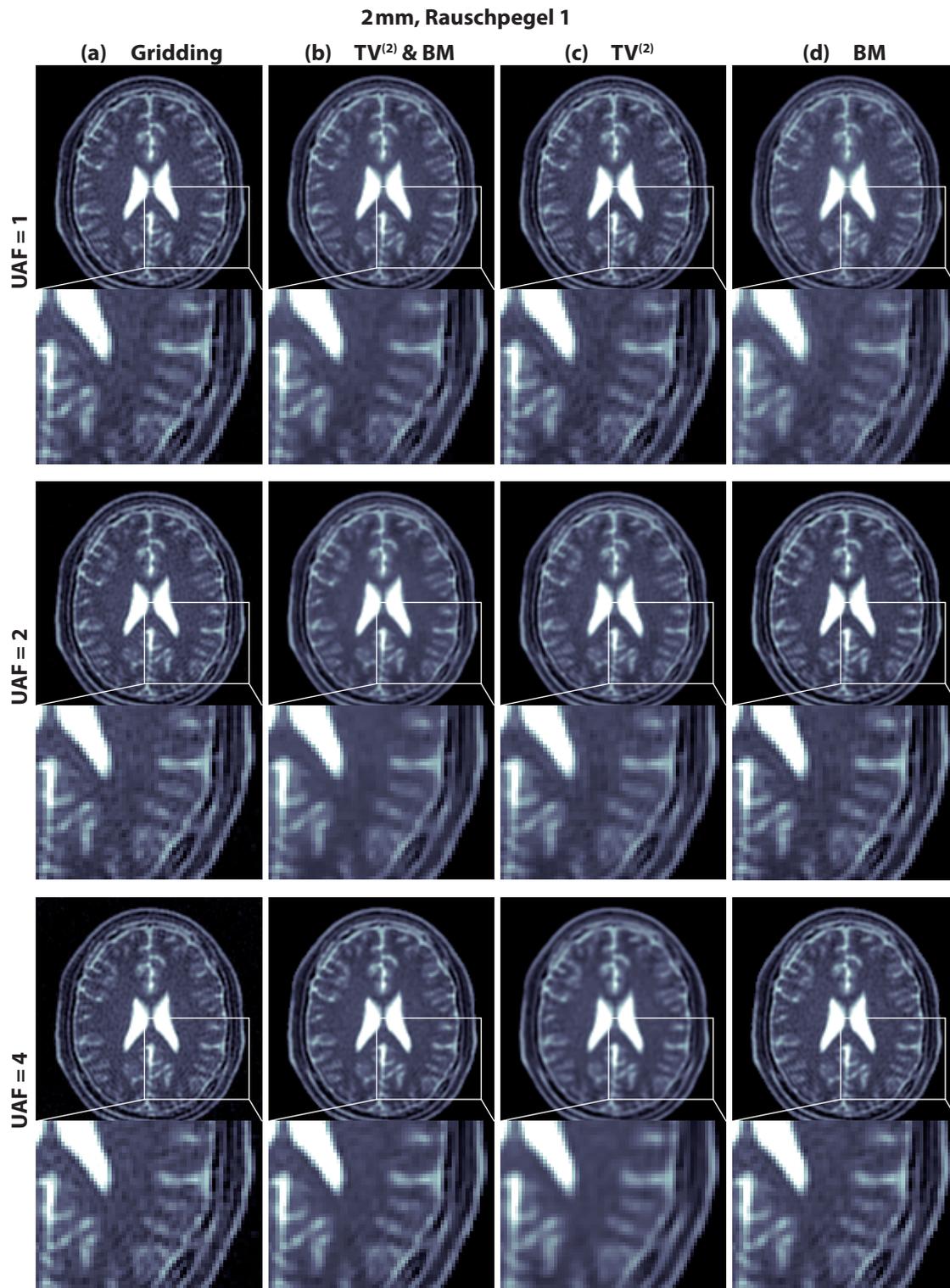


Abbildung C.1: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM-, (c) $TV^{(2)}$ - und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes ($(2\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1). In den $TV^{(2)}$ &BM und $TV^{(2)}$ -Bildern sind Gibbs-Oszillationen etwas reduziert. Jedoch ist die Qualität der *Gridding*-Bilder bereits recht hoch.

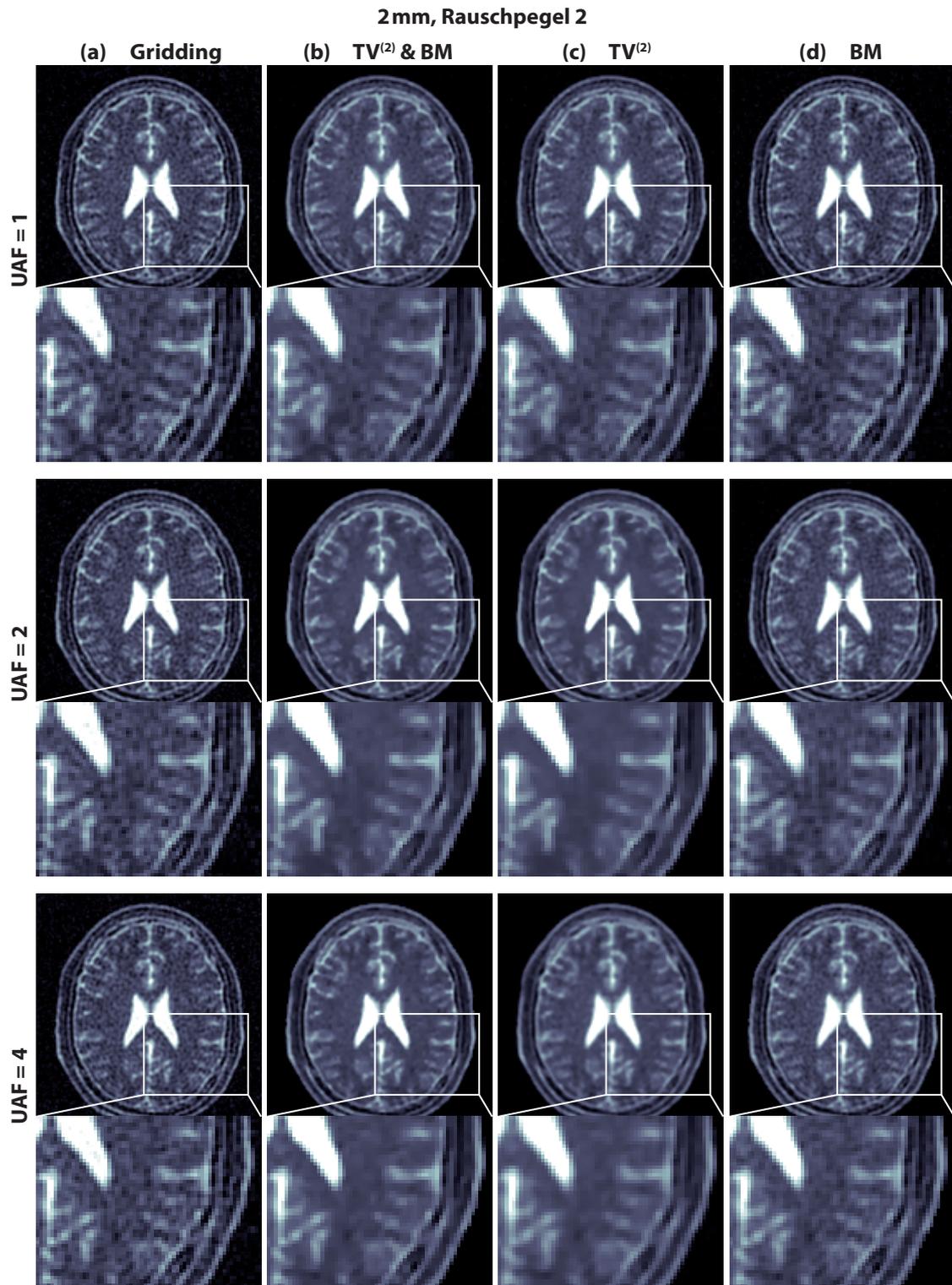


Abbildung C.2: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM-, (c) $TV^{(2)}$ - und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((2\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2). $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Bilder unterscheiden sich kaum. Beide führen zu reduzierten Artefakten und einem erhöhten SNR im Vergleich zu *Gridding*, wobei alle Strukturen mit hohem Kontrast erhalten bleiben. In den BM-Bildern ist der Rauschpegel nur bei UAF = 4 etwas reduziert.

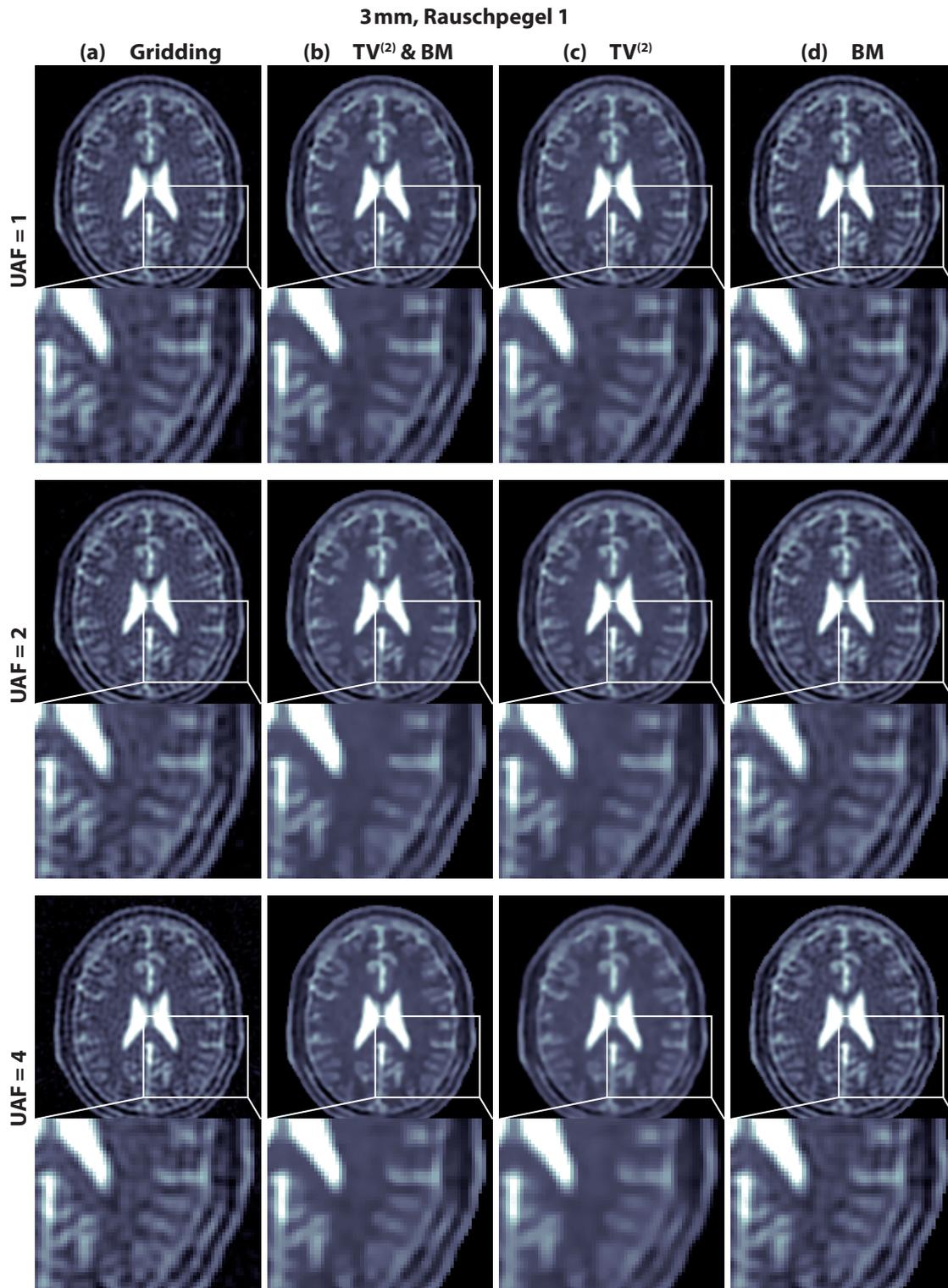


Abbildung C.3: (a) *Gridding*-, (b) TV⁽²⁾&BM-, (c) TV⁽²⁾- und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes ((3 mm)³, Rauschpegel 1). In den TV⁽²⁾&BM- und TV⁽²⁾-Bildern sind Gibbs-Oszillationen deutlich unterdrückt. Bei UAF = 4 ist die Auflösung im TV⁽²⁾&BM-Bild besser erhalten. Die BM-Bilder sind kaum von den *Gridding*-Bildern zu unterscheiden

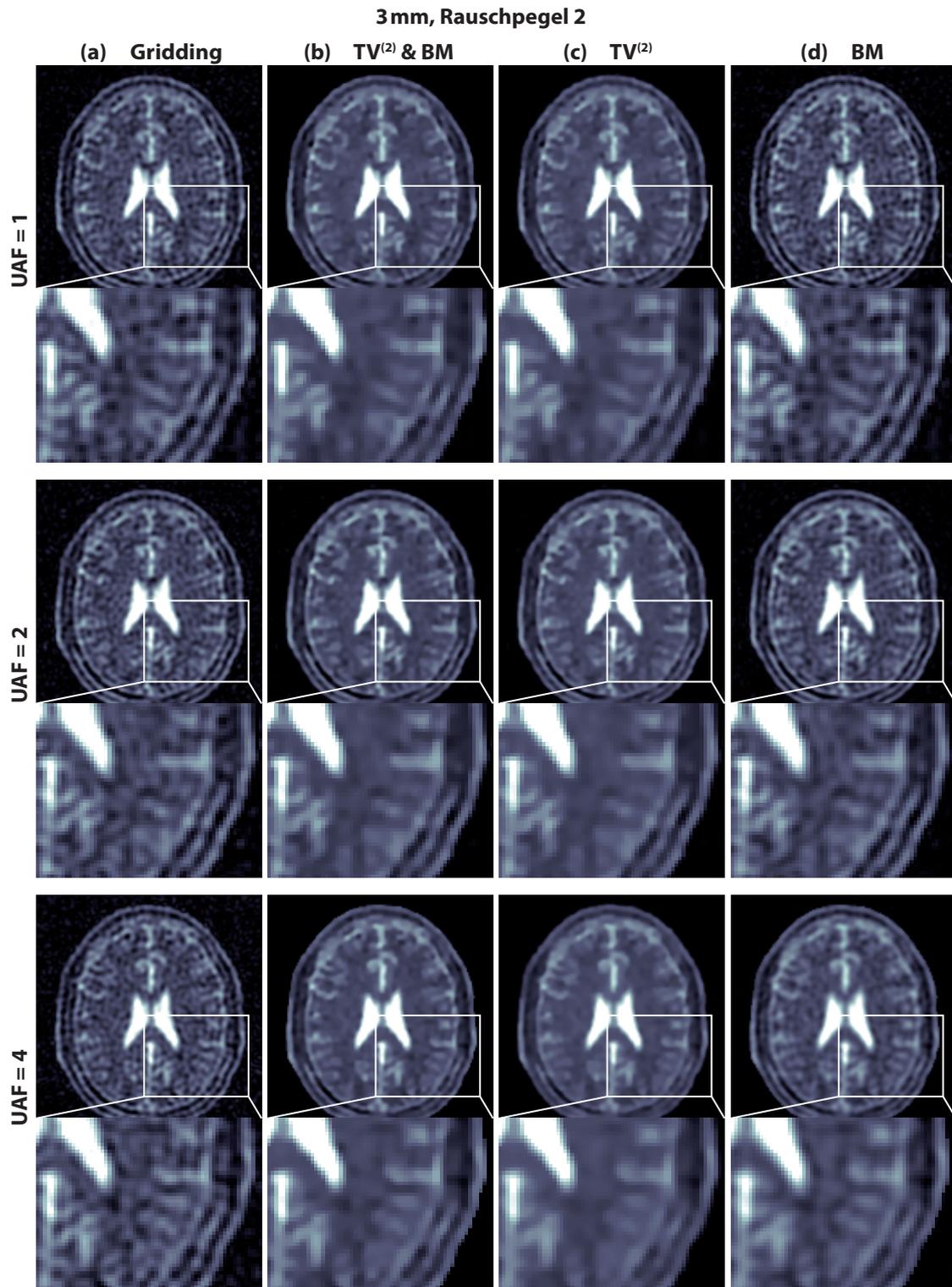


Abbildung C.4: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM-, (c) $TV^{(2)}$ - und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes ($(3\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2). Artefakte und Rauschen werden in den $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Bildern stark unterdrückt. Durch das niedrige SNR verbleiben jedoch dunkle Pixel in den Bildern. Im BM-Bild bei UAF = 4 sind Rauschen und Artefakte ebenfalls unterdrückt, jedoch nicht so stark wie bei den Bildern mit $TV^{(2)}$ -Regularisierung.

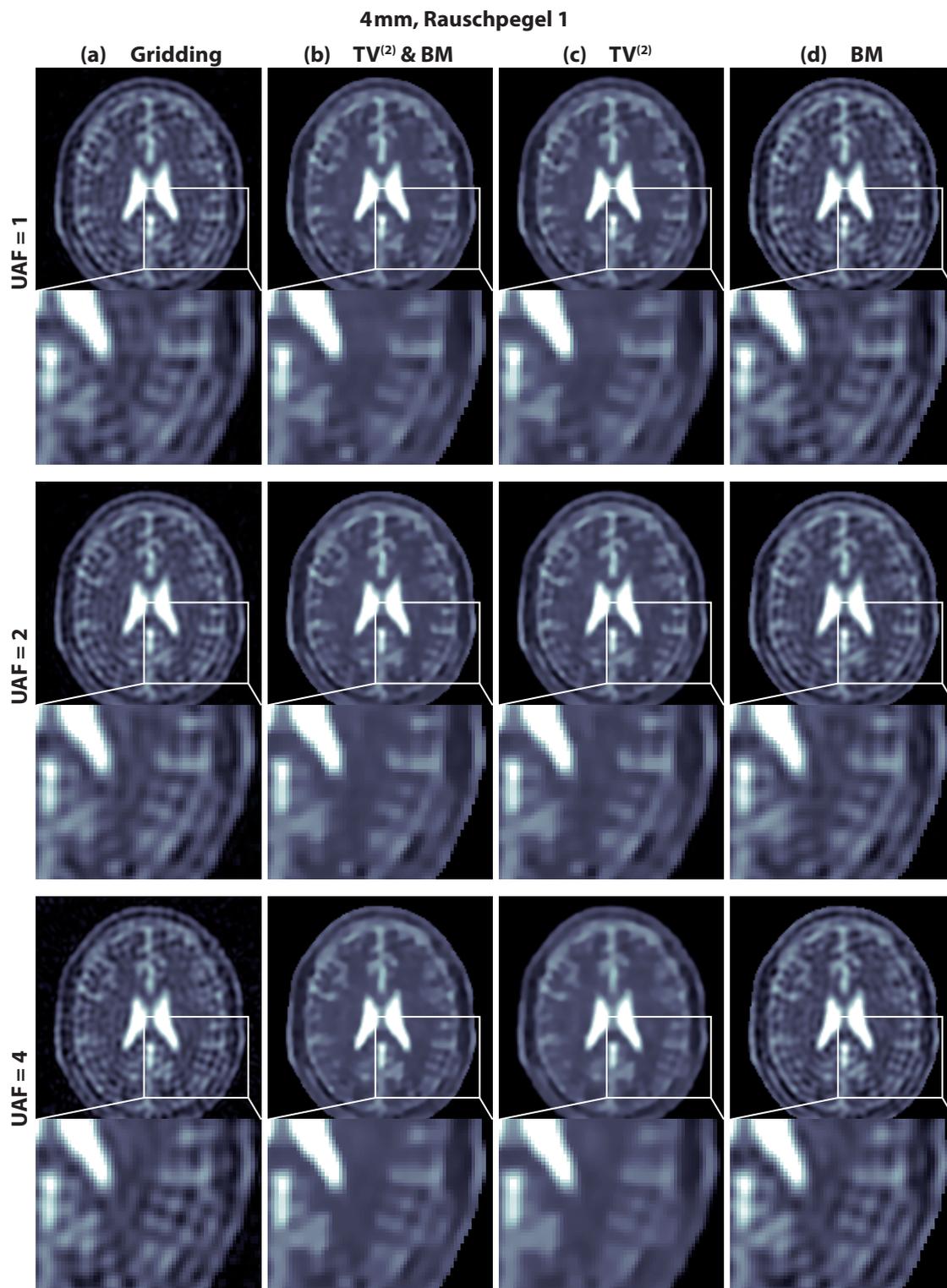


Abbildung C.5: (a) *Gridding*-, (b) TV⁽²⁾&BM-, (c) TV⁽²⁾- und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes ((4mm)³, Rauschpegel 1). In den TV⁽²⁾&BM- und TV⁽²⁾-Bildern sind Gibbs-Oszillationen deutlich unterdrückt. Bei UAF = 4 ist die Auflösung im TV⁽²⁾&BM-Bild besser erhalten. Die BM-Bilder sind kaum von den *Gridding*-Bildern zu unterscheiden

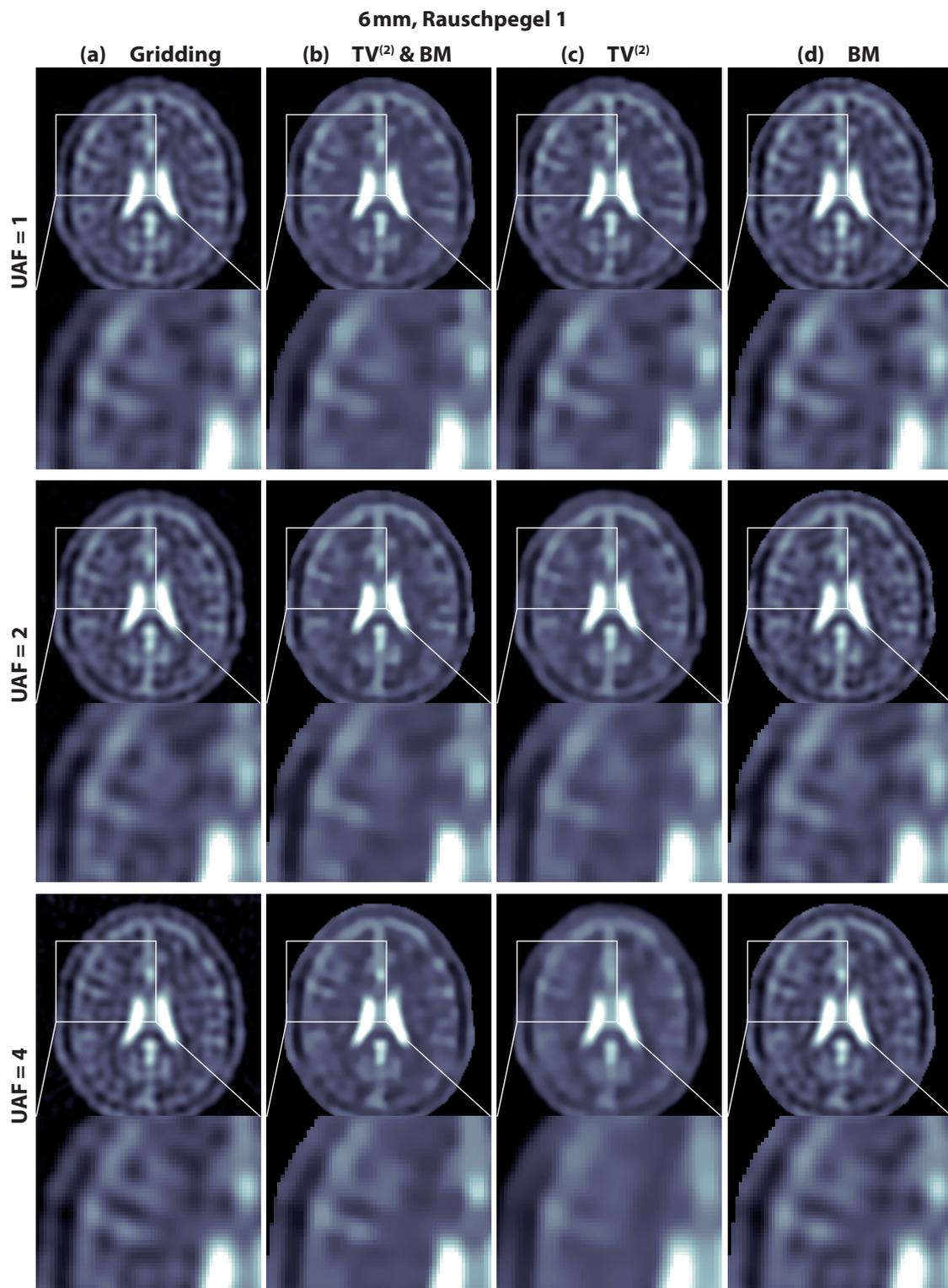


Abbildung C.6: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM-, (c) $TV^{(2)}$ - und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes ($(6\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1). In den $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Bildern sind Gibbs-Oszillationen unterdrückt. Kleine Strukturen der Liquoreinschlüsse wirken im Vergleich zum *Gridding*-Bild etwas verbreitert. Ab $UAF = 2$ ist die Auflösung im $TV^{(2)}$ &BM-Bild besser erhalten. Die BM-Bilder sind kaum von den *Gridding*-Bildern zu unterscheiden

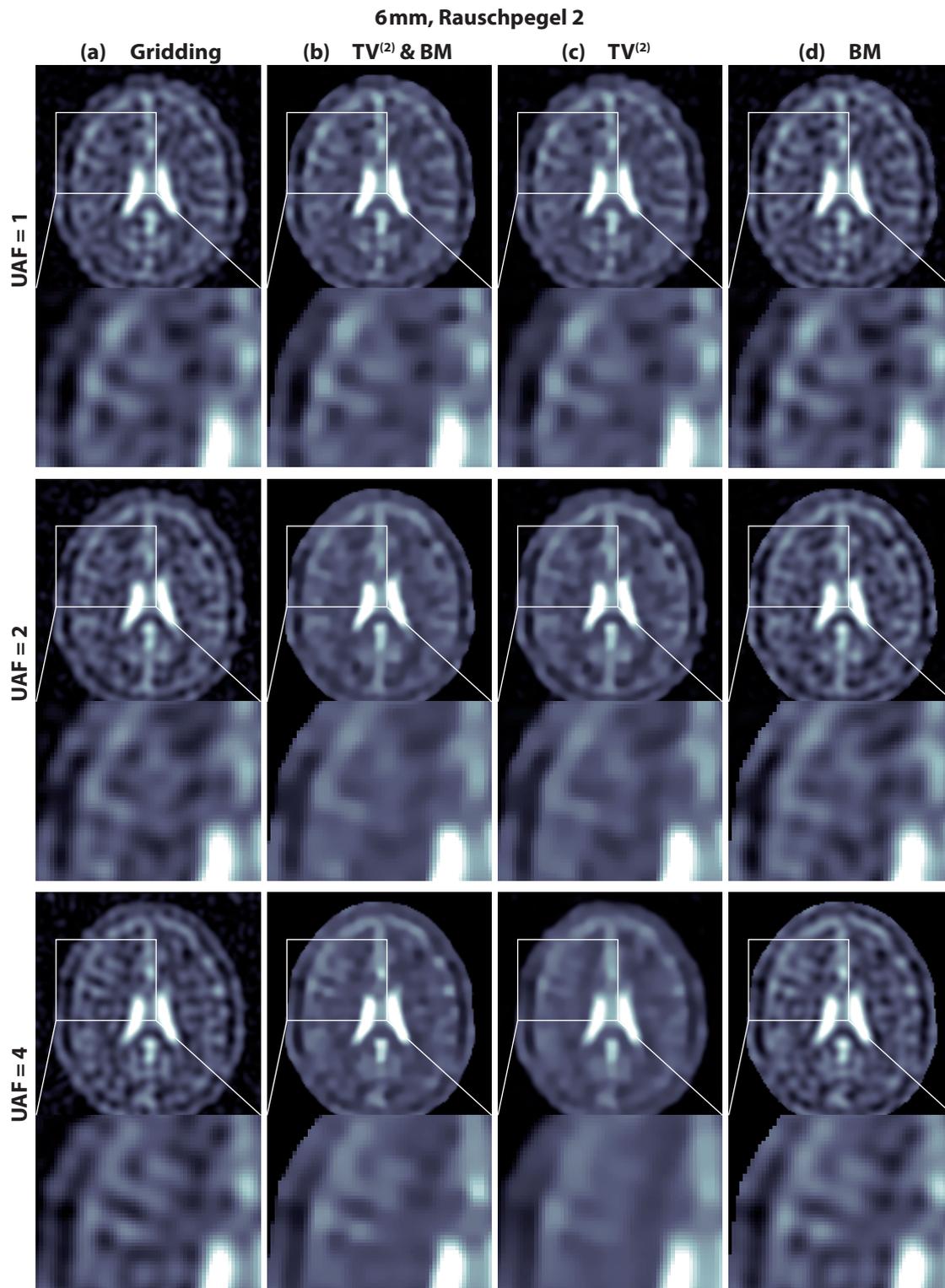


Abbildung C.7: (a) *Gridding*-, (b) TV⁽²⁾&BM-, (c) TV⁽²⁾- und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes ((6 mm)³, Rauschpegel 2). Bei UAF = 1 kann das Rauschen in den iterativen Bildern kaum unterdrückt werden. Erst ab UAF = 2 kommt es zu einer Reduktion des Rauschpegels in den TV⁽²⁾&BM- und TV⁽²⁾-Bildern. Dabei wird die Auflösung im Vergleich zu *Gridding* reduziert, in den TV⁽²⁾&BM-Bildern jedoch weniger stark als in den TV⁽²⁾-Bildern. Die BM-Bilder weisen keine verbesserte Bildqualität auf.

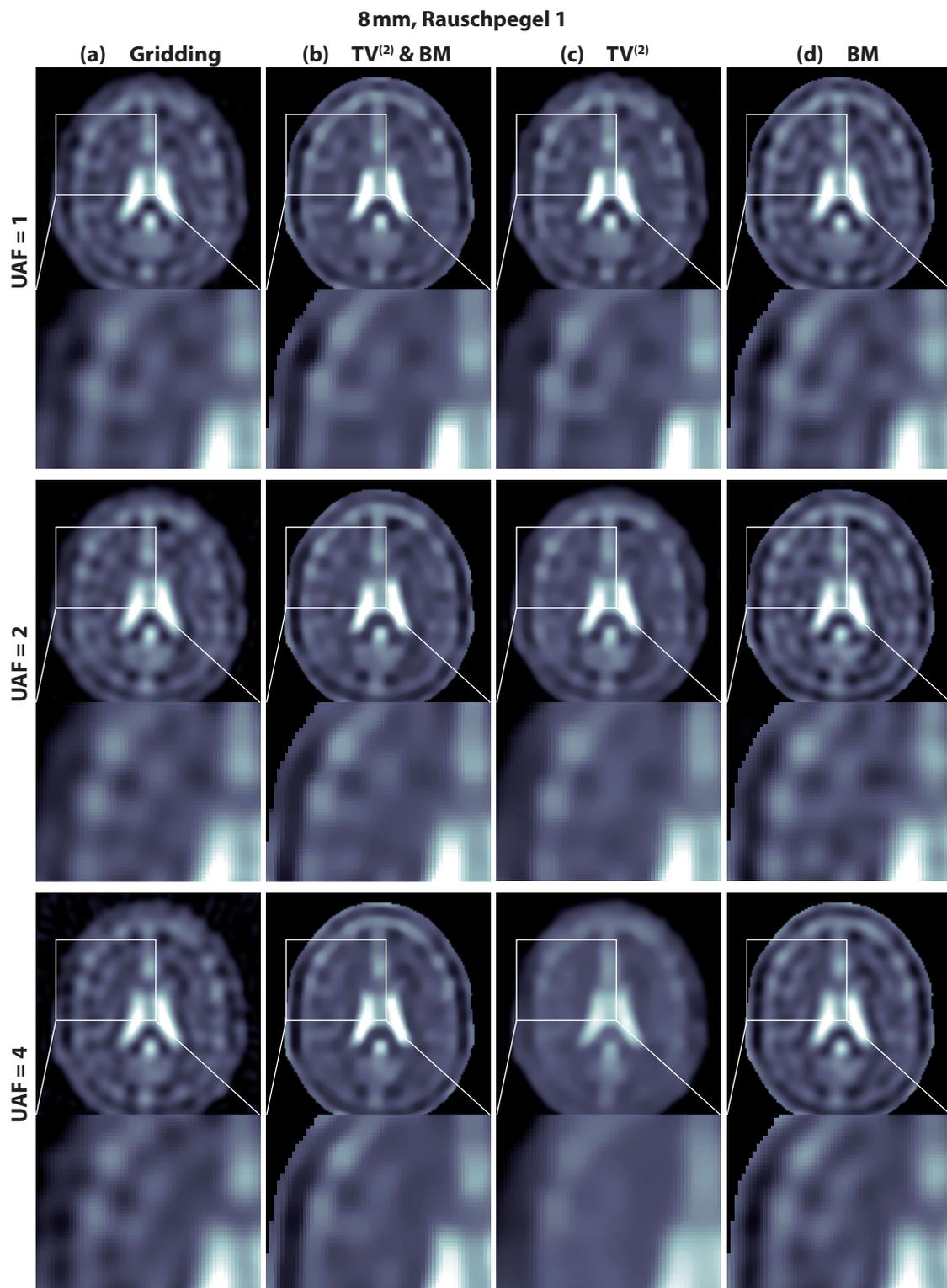


Abbildung C.8: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM-, (c) $TV^{(2)}$ - und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes ($(8\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1). Gibbs-Oszillationen können im $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Bild reduziert werden. Allerdings ist der Unterschied zum *Gridding*-Bild weniger deutlich als bei niedrigeren Auflösungen. In den $TV^{(2)}$ -Bildern kommt es bei steigendem UAF zu deutlichen Kontrastverlusten. In den Bildern mit BM-Regularisierung tritt der Rand der BM als scharfe Kante mit teilweiser Signalüberhöhung hervor.

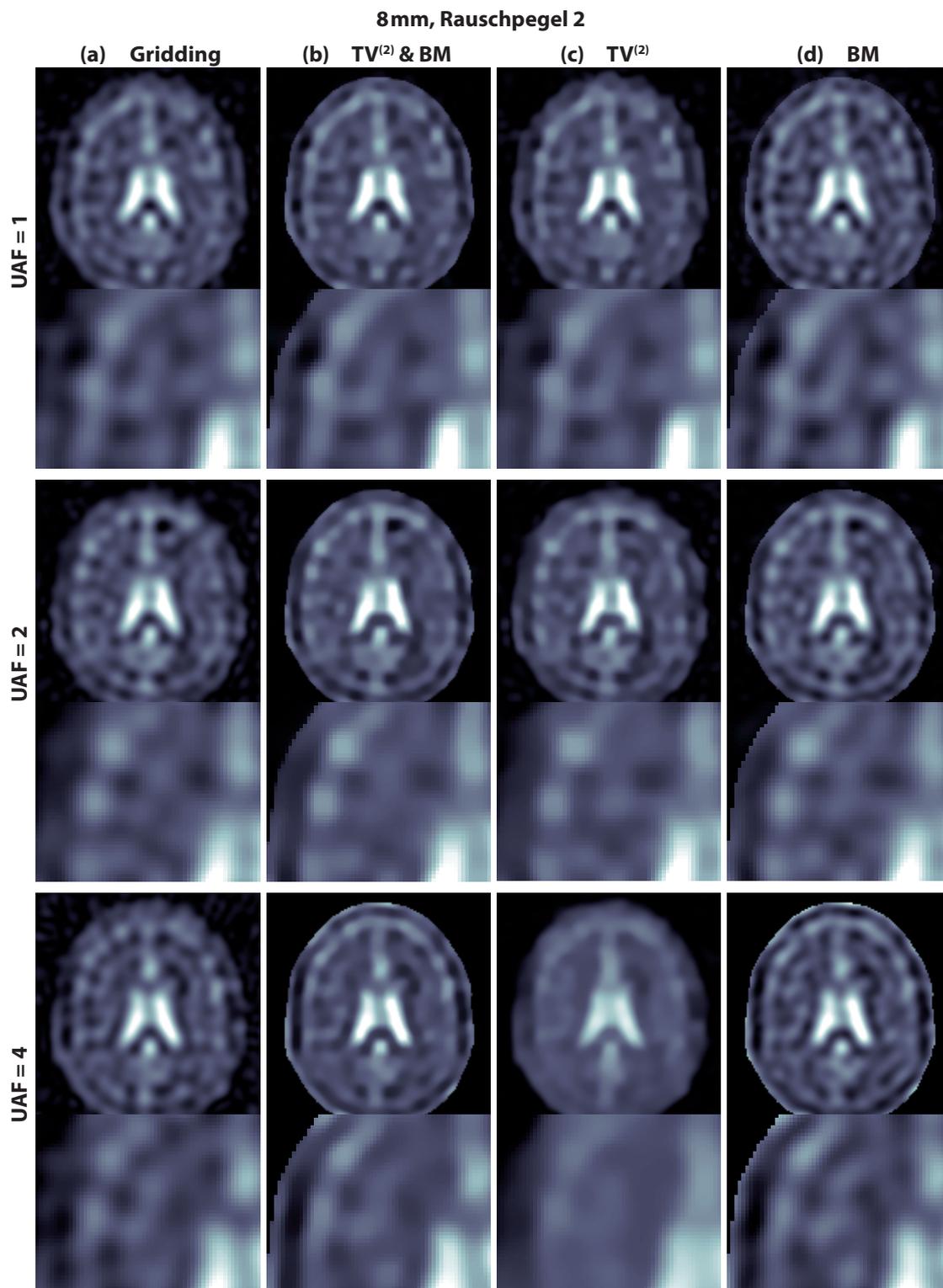


Abbildung C.9: (a) *Gridding*-, (b) $TV^{(2)}$ &BM-, (c) $TV^{(2)}$ - und (d) BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((8\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2). Der Rauschpegel kann in den $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Bildern erst bei $UAF = 4$ gut reduziert werden. Dabei ist der Auflösungsverlust im $TV^{(2)}$ -Bild sehr groß. In den Bildern mit BM-Regularisierung tritt der Rand der BM als scharfe Kante mit teilweiser Signalüberhöhung hervor.

D Veröffentlichungen

Teile dieser Arbeit wurden in folgenden Zeitschriftenartikeln und Konferenzbeiträgen veröffentlicht:

Zeitschriftenartikel

Christine Gnahn, Michael Bock, Peter Bachert, Wolfhard Semmler, Nicolas G. R. Behl und Armin M. Nagel (**2013**). Iterative 3D projection reconstruction of ^{23}Na data with an ^1H MRI constraint. *Magnetic Resonance in Medicine*. DOI: 10.1002/mrm.24827.

Konferenzbeiträge

Christine Gnahn, Michael Bock, Wolfhard Semmler und Armin M. Nagel (**2012**). Iterative 3D projection reconstruction of ^{23}Na data with a ^1H MRI constraint. *Proceedings of the 20th scientific meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine*: 2279.

Christine Gnahn, Nicolas G. R. Behl, Armin Biller, Peter Bachert und Armin M. Nagel (**2014**). Anatomically weighted 2^{nd} order Total Variation reconstruction of ^{23}Na MRI using ^1H prior information. Angenommen für: *Proceedings of the 22nd scientific meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine*

Literaturverzeichnis

- Abragam, A. (2007). Principles of Nuclear Magnetism. Oxford University Press.
- Ajraoui, S.; Lee, K. J.; Deppe, M. H.; Parnell, S. R.; Parra-Robles, J. und Wild, J. M. (2010). Compressed sensing in hyperpolarized ^3He lung MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 63 (4): 1059–1069.
- Ajraoui, S.; Parra-Robles, J. und Wild, J. M. (2012). Incorporation of prior knowledge in compressed sensing for faster acquisition of hyperpolarized gas images. *Magnetic Resonance in Medicine*, 69: 360–369.
- Anand, C. S. und Sahambi, J. S. (2010). Wavelet domain non-linear filtering for MRI denoising. *Magnetic Resonance Imaging*, 28 (6): 842–861.
- Atkinson, I. C.; Thulborn, K. R.; Haldar, J. P.; Zhou, X. J.; Clairborne, T. und Liang, Z.-P. (2008). Quantitative 23-sodium and 17-oxygen MR imaging in human brain at 9.4 tesla enhanced by constrained k-space reconstruction. *Proceedings of the 16th annual meeting, ISMRM*, S. 335.
- Augath, M.; Heiler, P.; Kirsch, S. und Schad, L. R. (2009). In vivo ^{39}K , ^{23}Na and ^1H MR imaging using a triple resonant RF coil setup. *Journal of Magnetic Resonance*, 200 (1): 134–136.
- Austin, B. (1934). The effective resistance of inductance coils at radio frequency. *The Wireless Engineer*, 11: 12–16.
- Bansal, N.; Szczepaniak, L.; Ternullo, D.; Fleckenstein, J. L. und Malloy, C. R. (2000). Effect of exercise on ^{23}Na MRI and relaxation characteristics of the human calf muscle. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 11 (5): 532–538.
- Bao, Y. und Maudsley, A. (2007). Improved reconstruction for MR spectroscopic imaging. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 26 (5): 686–695.
- Beatty, P. J.; Nishimura, D. G. und Pauly, J. M. (2005). Rapid Gridding Reconstruction With a Minimal Oversampling Ratio. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 24 (6): 799–808.
- Bilgic, B.; Goyal, V. K. und Adalsteinsson, E. (2011). Multi-contrast reconstruction with Bayesian compressed sensing. *Magnetic Resonance in Medicine*, 66 (6): 1601–1615.
- Bloch, F. (1946). Nuclear induction. *Physical review*, 70 (7-8): 460.
- Block, K. T. (2008). Advanced methods for radial data sampling in Magnetic Resonance Imaging. Dissertation, Georg-August-Universität Göttingen.

- Block, K. T.; Uecker, M. und Frahm, J. (2007). Undersampled radial MRI with multiple coils. Iterative image reconstruction using a total variation constraint. *Magnetic Resonance in Medicine*, 57 (6): 1086–1098.
- Boada, F. E.; Gillen, J. S.; Shen, G. X.; Chang, S. Y. und Thulborn, K. R. (1997). Fast three dimensional sodium imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 37 (5): 706–715.
- Bôcher, M. (1906). Introduction to the Theory of Fourier's Series. *Annals of Mathematics*, 7 (3): 81–152.
- Borthakur, A.; Mellon, E.; Niyogi, S.; Witschey, W.; Kneeland, J. B. und Reddy, R. (2006). Sodium and $T_{1\rho}$ MRI for molecular and diagnostic imaging of articular cartilage. *NMR in Biomedicine*, 19 (7): 781–821.
- Bracewell, R. N. und Riddle, A. C. (1967). Inversion of fan-beam scans in radio astronomy. *Astrophysical Journal*, 150: 427.
- Brouw, W. N. (1975). Aperture Synthesis. *Methods in Computational Physics: Advances in Research and Applications*, 14: 131–175.
- Cameron, I. L.; Smith, N. K. R.; Pool, T. B. und Sparks, R. L. (1980). Intracellular concentration of sodium and other elements as related to mitogenesis and oncogenesis in vivo. *Cancer Research*, 40: 1493–1500.
- Candès, E.; Romberg, J. und Tao, T. (2006a). Robust uncertainty principles: Exact signal reconstruction from highly incomplete frequency information. *IEEE Transactions on Information Theory*, 52 (2): 489–509.
- Candès, E. und Wakin, M. (2008). An introduction to compressive sampling. *IEEE Signal Processing Magazine*, 25 (2): 21–30.
- Candès, E. J.; Romberg, J. K. und Tao, T. (2006b). Stable signal recovery from incomplete and inaccurate measurements. *Communications on pure and applied mathematics*, 59 (8): 1207–1223.
- Chen, S. S.; Donoho, D. L. und Saunders, M. A. (1998). Atomic decomposition by basis pursuit. *SIAM journal on scientific computing*, 20 (1): 33–61.
- Cocosco, C. A.; Kollokian, V.; Kwan, K.-S. R.; Pike, G. B. und Evans, A. C. (1997). BrainWeb: Online interface to a 3D MRI simulated brain database. *NeuroImage*, 5: 425.
- Constantinides, C. D.; Atalar, E. und McVeigh, E. R. (1997). Signal-to-noise measurements in magnitude images from NMR phased arrays. *Magnetic Resonance in Medicine*, 38 (5): 852–857.
- Constantinides, C. D.; Gillen, J.; Boada, F. E.; Pomper, M. und Bottomley, P. A. (2000). Human skeletal muscle: Sodium MR imaging and quantification – potential applications in exercise and disease. *Radiology*, 216: 559–568.

- Cooley, J. W. und Tukey, J. W. (1965). An algorithm for the machine calculation of complex Fourier series. *Mathematics of computation*, 19 (90): 297–301.
- Curry, H. B. (1944). The method of steepest descent for nonlinear minimization problems. *Quarterly of Applied Mathematics*, 2 (3): 250–261.
- Deetjen, P.; Speckmann, E.-J. und Hescheler, J. (2005). Physiologie. Elsevier Urban & Fischer, 4 Auflage.
- Denney, T. S. und Reeves, S. J. (2005). Bayesian image reconstruction from Fourier-domain samples using prior edge information. *Journal of Electronic Imaging*, 14 (4): 043009.
- Dietrich, O.; Raya, J. G.; Reeder, S. B.; Reiser, M. F. und Schoenberg, S. O. (2007). Measurement of signal-to-noise ratios in MR images: Influence of multichannel coils, parallel imaging, and reconstruction filters. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 26 (2): 375–385.
- Doneva, M.; Börnert, P.; Eggers, H.; Stehning, C.; S enegas, J. und Mertins, A. (2010). Compressed sensing reconstruction for magnetic resonance parameter mapping. *Magnetic Resonance in Medicine*, 64 (4): 1114–1120.
- Doneva, M.; Eggers, H.; Rahmer, J.; Börnert, P. und Mertins, A. (2008). Highly under-sampled 3D golden ratio radial imaging with iterative reconstruction. *Proceedings of the 16th annual meeting, ISMRM*, S. 336.
- Donoho, D. (2006). Compressed Sensing. *IEEE Transactions on Information Theory*, 52 (4): 1289–1306.
- Eslami, R. und Jacob, M. (2010). Robust Reconstruction of MRSI Data Using a Sparse Spectral Model and High Resolution MRI Priors. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 29 (6): 1297–1309.
- Estermann, I. und Stern, O. (1933).  ber die magnetische Ablenkung von Wasserstoffmolek ulen und das magnetische Moment des Protons. II. *Zeitschrift f ur Physik*, 85 (1-2): 17–24.
- Fletcher, R. und Reeves, C. M. (1964). Function minimization by conjugate gradients. *The computer journal*, 7 (2): 149–154.
- Frigo, M. und Johnson, S. G. (2005). The design and implementation of FFTW3. *Proc IEEE*, 93 (2): 216–231.
- Frisch, R. und Stern, O. (1933).  ber die magnetische Ablenkung von Wasserstoffmolek ulen und das magnetische Moment des Protons. I. *Zeitschrift f ur Physik*, 85 (1-2): 4–16.
- Gamper, U.; Boesiger, P. und Kozerke, S. (2008). Compressed sensing in dynamic MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 59 (2): 365–373.

- Garroway, A. N.; Grannell, P. K. und Mansfield, P. (1974). Image formation in NMR by a selective irradiative process. *Journal of Physics C: Solid State Physics*, 7 (24): L457.
- Geman, D. und Yang, C. (1995). Nonlinear image recovery with half-quadratic regularization. *IEEE Transactions on Image Processing*, 4 (7): 932–946.
- Gregerson, A. (2008). Implementing fast MRI gridding on GPUs via CUDA. *Nvidia Whitepaper, Online: http://cnvdiacom/docs/IO/47905/ECE757_Project_Report_Gregersonpdf*.
- Gudbjartsson, H. und Patz, S. (1995). The rician distribution of noisy MRI data. *Magnetic Resonance in Medicine*, 34 (6): 910–914.
- Gurney, P. T.; Hargreaves, B. A. und Nishimura, D. G. (2006). Design and analysis of a practical 3D cones trajectory. *Magnetic Resonance in Medicine*, 55 (3): 575–582.
- Haacke, E. M.; Brown, R. W.; Thompson, M. R. und Venkatesan, R. (1999). *Magnetic Resonance Imaging – Physical Principles and Sequence Design*. John Wiley & Sons.
- Haase, A.; Frahm, J.; Matthaei, D.; Hanicke, W. und Merboldt, K.-D. (1986). FLASH imaging. Rapid NMR imaging using low flip-angle pulses. *Journal of Magnetic Resonance*, 67 (2): 258–266.
- Hahn, E. L. (1950). Spin echoes. *Physical Review*, 80 (4): 580.
- Haldar, J. P.; Hernando, D.; Budde, M. D.; Qing, W.; Sheng-Kwei, S. und Zhi-Pei, L. (2007). High-resolution MR metabolic imaging. *2007 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, S. 4324–4326.
- Haldar, J. P.; Hernando, D.; Song, S.-K. und Liang, Z.-P. (2008). Anatomically constrained reconstruction from noisy data. *Magnetic Resonance in Medicine*, 59 (4): 810–818.
- Haldar, J. P.; Jacob, M.; Ebel, A.; Zhu, X.; Schuff, N.; Hernando, D.; Sutton, B. P. und Liang, Z.-P. (2006). Regularized inversion of noisy, incomplete MR spectroscopic imaging data with anatomical priors. *2006 3rd IEEE international Symposium on Biomedical Imaging: Macro To Nano*, S. 718–721.
- Hamming, R. W. (1989). *Digital filters*. Courier Dover Publications.
- Harris, R. K.; Becker, E. D.; Cabral de Menezes, S. M.; Goodfellow, R. und Granger, P. (2002). NMR nomenclature: nuclear spin properties and conventions for chemical shifts (IUPAC Recommendations 2001). *Magnetic Resonance in Chemistry*, 40 (7): 489–505.
- Henkelman, R. (1985). Measurement of signal intensities in the presence of noise in MR images. *Medical Physics*, 12 (2): 232.
- Hestenes, M. R. und Stiefel, E. (1952). Methods of Conjugate Gradients for solving linear systems. *Journal of Research of the National Bureau of Standards*, 6: 409–436.

- Hilal, S.; Maudsley, A.; Simon, H.; Perman, W.; Bonn, J.; Mawad, M.; Silver, A.; Ganti, S.; Sane, P. und Chien, I. (1983). In vivo NMR imaging of tissue sodium in the intact cat before and after acute cerebral stroke. *American Journal of Neuroradiology*, 4 (3): 245–249.
- Hilal, S. K.; Maudsley, A. A.; Ra, J.; Simon, H. E.; Roschmann, P.; Wittekoek, S.; Cho, Z. und Mun, S. (1985). In vivo NMR imaging of sodium-23 in the human head. *Journal of computer assisted tomography*, 9 (1): 1–7.
- Hoult, D. und Lauterbur, P. C. (1979). The sensitivity of the zeugmatographic experiment involving human samples. *Journal of Magnetic Resonance (1969)*, 34 (2): 425–433.
- Hoult, D. und Richards, R. (1976). The signal-to-noise ratio of the nuclear magnetic resonance experiment. *Journal of Magnetic Resonance (1969)*, 24 (1): 71–85.
- Hu, S.; Lustig, M.; Balakrishnan, A.; Larson, P. E. Z.; Bok, R.; Kurhanewicz, J.; Nelson, S. J.; Goga, A.; Pauly, J. M. und Vigneron, D. B. (2010). 3D compressed sensing for highly accelerated hyperpolarized ^{13}C MRSI with in vivo applications to transgenic mouse models of cancer. *Magnetic Resonance in Medicine*, 63 (2): 312–321.
- Hu, S.; Lustig, M.; Chen, A. P.; Crane, J.; Kerr, A.; Kelley, D. A. C.; Hurd, R.; Kurhanewicz, J.; Nelson, S. J.; Pauly, J. M. und Vigneron, D. B. (2008). Compressed sensing for resolution enhancement of hyperpolarized ^{13}C flyback 3D-MRSI. *Journal of Magnetic Resonance*, 192 (2): 258–264.
- Hu, X.; Levin, D. N.; Lauterbur, P. C. und Spraggins, T. (1988). SLIM: Spectral localization by imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 8 (3): 314–322.
- Hubbard, P. S. (1970). Nonexponential nuclear magnetic relaxation by quadrupole interactions. *The Journal of Chemical Physics*, 53 (3): 985–987.
- Hussain, M. S.; Stobbe, R. W.; Bhagat, Y. A.; Emery, D.; Butcher, K. S.; Manawadu, D.; Rizvi, N.; Maheshwari, P.; Scozzafava, J.; Shuaib, A. und Beaulieu, C. (2009). Sodium imaging intensity increases with time after human ischemic stroke. *Annals of Neurology*, 66 (1): 55–62.
- Hutchison, R. B. und Shapiro, J. I. (1991). Measurement of intracellular sodium with NMR methods. *Concepts in Magnetic Resonance*, 3 (4): 215–236.
- Inglese, M.; Madelin, G.; Oesingmann, N.; Babb, J.; Wu, W.; Stoeckel, B.; Herbert, J. und Johnson, G. (2010). Brain tissue sodium concentration in multiple sclerosis: a sodium imaging study at 3 tesla. *Brain*, 133 (3): 847–857.
- Jaccard, G.; Wimperis, S. und Bodenhausen, G. (1986). Multiple-quantum NMR spectroscopy of $S=3/2$ spins in isotropic phase: A new probe for multiexponential relaxation. *The Journal of Chemical Physics*, 85 (11): 6282–6293.
- Jackson, J. I.; Meyer, C. H.; Nishimura, D. G. und Macovski, A. (1991). Selection of a convolution function for Fourier inversion using gridding. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 10 (3): 473–478.

- Jenkinson, M.; Bannister, P.; Brady, M. und Smith, S. (2002). Improved optimization for the robust and accurate linear registration and motion correction of brain images. *Neuroimage*, 17 (2): 825–841.
- Jenkinson, M. und Smith, S. (2001). A global optimisation method for robust affine registration of brain images. *Medical image analysis*, 5 (2): 143–156.
- Johnson, J. B. (1928). Thermal agitation of electricity in conductors. *Physical Review*, 32 (1): 97.
- Jones, S. C.; Kharlamov, A.; Yanovski, B.; Kim, D. K.; Easley, K. A.; Yushmanov, V. E.; Ziolkowski, S. K. und Boada, F. E. (2006). Stroke onset time using sodium MRI in rat focal cerebral ischemia. *Stroke*, 37: 883–888.
- Kampf, T.; Fischer, A.; Basse-Lüsebrink, T. C.; Ladewig, G.; Breuer, F.; Stoll, G.; Jakob, P. M. und Bauer, W. R. (2010). Application of compressed sensing to in vivo 3D ^{19}F CSI. *Journal of Magnetic Resonance*, 207 (2): 262–273.
- Kaufman, L.; Kramer, D. M.; Crooks, L. E. und Ortendahl, D. A. (1989). Measuring signal-to-noise ratios in MR imaging. *Radiology*, 173 (1): 265–267.
- Kirsch, S.; Augath, M.; Seiffge, D.; Schilling, L. und Schad, L. R. (2010). In vivo chlorine-35, sodium-23 and proton magnetic resonance imaging of the rat brain. *NMR in Biomedicine*, 23 (6): 592–600.
- Knoll, F.; Bredies, K.; Pock, T. und Stollberger, R. (2011). Second order total generalized variation (TGV) for MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 65 (2): 480–491.
- Lauterbur, P. C. *et al.* (1973). Image formation by induced local interactions: examples employing nuclear magnetic resonance. *Nature*, 242 (5394): 190–191.
- Lehmann-Horn, F. und Jurkat-Rott, K. (1999). Voltage-gated ion channels and hereditary disease. *Physiological reviews*, 79 (4): 1317–1372.
- Levitt, M. H. (2008). Spin dynamics: basics of nuclear magnetic resonance. John Wiley & Sons.
- Liang, Z.-P.; Boda, F. E.; Constable, R. T.; Haacke, E. M.; Lauterbur, P. C. und Smith, M. R. (1992). Constrained reconstruction methods in MR imaging. *Reviews of Magnetic Resonance in Medicine*, 4: 67–185.
- Liang, Z.-P. und Lauterbur, P. C. (1991). A generalized series approach to MR spectroscopic imaging. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 10 (2): 132–137.
- Liao, J.-R.; Pauly, J. M.; Brosnan, T. J. und Pelc, N. J. (1997). Reduction of motion artifacts in cine MRI using variable-density spiral trajectories. *Magnetic Resonance in Medicine*, 37 (4): 569–575.
- Lustig, M.; Donoho, D. und Pauly, J. M. (2007). Sparse MRI: The application of compressed sensing for rapid MR imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 58 (6): 1182–1195.

- Lustig, M.; Donoho, D. L.; Santos, J. M. und Pauly, J. M. (2008). Compressed sensing MRI. *Signal Processing Magazine, IEEE*, 25 (2): 72–82.
- Luytjens, R.; Boujraf, S.; Sourbron, S. und Osteaux, M. (2001). Diffusion and perfusion MRI: basic physics. *European Journal of Radiology*, 38 (1): 19 – 27.
- van der Maarel, J. R. (2003). Thermal relaxation and coherence dynamics of spin 3/2. I. Static and fluctuating quadrupolar interactions in the multipole basis. *Concepts in Magnetic Resonance Part A*, 19A (2): 97–116.
- Madelin, G.; Chang, G.; Otazo, R.; Jerschow, A. und Regatte, R. R. (2011). Compressed sensing sodium MRI of cartilage at 7T: Preliminary study. *Journal of Magnetic Resonance*, 214: 360–365.
- Madelin, G.; Jerschow, A. und Regatte, R. R. (2012). Sodium relaxation times in the knee joint in vivo at 7T. *NMR in Biomedicine*, 25 (4): 530–537.
- Madelin, G. und Regatte, R. R. (2013). Biomedical applications of sodium MRI in vivo. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 38 (5): 511–529.
- Mugler, J. P. und Brookeman, J. R. (1990). Three-dimensional magnetization-prepared rapid gradient-echo imaging (3D MP RAGE). *Magnetic Resonance in Medicine*, 15 (1): 152–157.
- Nagel, A. M. (2009). Natrium-Magnetresonanztomographie: Entwicklung einer 3D radialen Messtechnik mit optimierter k-Raum-Abtastdichte und hoher SNR-Effizienz. Dissertation, Ruprecht-Karls-Universität Heidelberg.
- Nagel, A. M.; Bock, M.; Hartmann, C.; Gerigk, L.; Neumann, J.; Weber, M.-A.; Bendszus, M.; Radbruch, A.; Wick, W.; Schlemmer, H.; Semmler, W. und Biller, A. (2011). The potential of relaxation-weighted sodium magnetic resonance imaging as demonstrated on brain tumors. *Investigative Radiology*, 46 (9): 539–547.
- Nagel, A. M.; Lanz, T.; Berthel, D.; Resmer, F.; Semmler, W. und Umathum, R. (2013). A Measurement Setup for combined chlorine (^{35}Cl) and sodium (^{23}Na) MRI of the human brain. *Proceedings of the 21st annual meeting, ISMRM*, S. 1984.
- Nagel, A. M.; Laun, F. B.; Weber, M.-A.; Matthies, C.; Semmler, W. und Schad, L. R. (2009). Sodium MRI using a density-adapted 3D radial acquisition technique. *Magnetic Resonance in Medicine*, 62 (6): 1565–1573.
- Nam, S.; Akçakaya, M.; Basha, T.; Stehning, C.; Manning, W. J.; Tarokh, V. und Nezafat, R. (2013). Compressed sensing reconstruction for whole-heart imaging with 3D radial trajectories: A graphics processing unit implementation. *Magnetic resonance in medicine*, 69 (1): 91–102.
- Neumann-Haefelin, T.; Wittsack, H. J.; Wenserski, F.; Siebler, M.; Seitz, R.; Mödder, U. und Freund, H. (1999). Diffusion- and perfusion-weighted MRI. The DWI/PWI mismatch region in acute stroke. *Stroke*, 30 (8): 1591–1597.

- Nyquist, H. (1928). Thermal agitation of electric charge in conductors. *Physical review*, 32 (1): 110–113.
- Obeid, N.; Atkinson, I.; Thulborn, K. und Hwu, W. (2011). GPU-accelerated gridding for rapid reconstruction of non-Cartesian MRI. *Proceedings of the 19th annual meeting, ISMRM*, S. 2547.
- O’Sullivan, J. D. (1985). A fast sinc function gridding algorithm for fourier inversion in computer tomography. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 4 (4): 200–207.
- Otazo, R.; Kim, D.; Axel, L. und Sodickson, D. K. (2010). Combination of compressed sensing and parallel imaging for highly accelerated first-pass cardiac perfusion MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 64 (3): 767–776.
- Ouwerkerk, R. (2011). Magnetic Resonance Neuroimaging – Methods and Protocols, Kapitel Sodium MRI, S. 175–201. Humana Press, a part of Springer Science+Business Media.
- Ouwerkerk, R.; Bleich, K. B.; Gillen, J.; Pomper, M. und Bottomley, P. A. (2003). Tissue sodium concentration in human brain tumors as measured with ^{23}Na MR imaging. *Radiology*, 227: 529–537.
- Paling, D.; Solanky, B. S.; Riemer, F.; Tozer, D. J.; Wheeler-Kingshott, C. A. M.; Kapoor, R.; Golay, X. und Miller, D. H. (2013). Sodium accumulation is associated with disability and a progressive course in multiple sclerosis. *Brain*, 136 (7): 2305–2317.
- Papoulis, A. und Pillai, S. U. (2002). Probability, random variables, and stochastic processes. Tata McGraw-Hill Education.
- Pauli, W. (1924). Zur Frage der theoretischen Deutung der Satelliten einiger Spektrallinien und ihrer Beeinflussung durch magnetische Felder. *Naturwissenschaften*, 12 (37): 741–743.
- Peters, D. C.; Korosec, F. R.; Grist, T. M.; Block, W. F.; Holden, J. E.; Vigen, K. K. und Mistretta, C. A. (2000). Undersampled projection reconstruction applied to MR angiography. *Magnetic Resonance in Medicine*, 43 (1): 91–101.
- Plevritis, S. K. und Macovski, A. (1995a). MRS imaging using anatomically based k-space sampling and extrapolation. *Magnetic Resonance in Medicine*, 34 (5): 686–693.
- Plevritis, S. K. und Macovski, A. (1995b). Spectral extrapolation of spatially bounded images [MRI application]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14 (3): 487–497.
- Polak, E. und Ribiere, G. (1969). Note sur la convergence de méthodes de directions conjuguées. *ESAIM: Mathematical Modelling and Numerical Analysis – Modélisation Mathématique et Analyse Numérique*, 3 (R1): 35–43.
- Polyak, B. T. (1969). The conjugate gradient method in extremal problems. *USSR Computational Mathematics and Mathematical Physics*, 9 (4): 94–112.

- Purcell, E. M.; Torrey, H. und Pound, R. V. (1946). Resonance absorption by nuclear magnetic moments in a solid. *Physical review*, 69 (1-2): 37.
- Rabi, I.; Millman, S.; Kusch, P. und Zacharias, J. (1939). The molecular beam resonance method for measuring nuclear magnetic moments. The magnetic moments of ${}^3\text{Li}^6$, ${}^3\text{Li}^7$ and ${}^9\text{F}^{19}$. *Physical Review*, 55 (6): 526.
- Rakhmanov, E. A.; Saff, E. B. und Zhou, Y. M. (1994). Minimal discrete energy on the sphere. *Mathematical Research Letters*, 1: 674–662.
- Reeder, S. B.; Wintersperger, B. J.; Dietrich, O.; Lanz, T.; Greiser, A.; Reiser, M. F.; Glazer, G. M. und Schoenberg, S. O. (2005). Practical approaches to the evaluation of signal-to-noise ratio performance with parallel imaging: Application with cardiac imaging and a 32-channel cardiac coil. *Magnetic Resonance in Medicine*, 54 (3): 748–754.
- Riffe, M. J.; Blaimer, M.; Barkauskas, K. J.; Duerk, J. L. und Griswold, M. A. (2007). SNR estimation in fast dynamic imaging using bootstrapped statistics. *Proceedings of the 15th annual meeting, ISMRM*, S. 1879.
- Robson, P. M.; Grant, A. K.; Madhuranthakam, A. J.; Lattanzi, R.; Sodickson, D. K. und McKenzie, C. A. (2008). Comprehensive quantification of signal-to-noise ratio and g-factor for image-based and k-space-based parallel imaging reconstructions. *Magnetic Resonance in Medicine*, 60 (4): 895–907.
- Romberg, J. (2008). Imaging via compressive sampling. *IEEE Signal Processing Magazine*, 25 (2): 14–20.
- Rooney, W. D. und Springer, C. S. (1991). A comprehensive approach to the analysis and interpretation of the resonances of spins 3/2 from living systems. *NMR in Biomedicine*, 4 (5): 209–226.
- Rudin, L.; Osher, S. und Fatemy, E. (1992). Nonlinear total variation based noise removal algorithm. *Physica D*, 60: 259–268.
- Santosa, F. und Symes, W. W. (1986). Linear inversion of band-limited reflection seismograms. *SIAM Journal on Scientific and Statistical Computing*, 7 (4): 1307–1330.
- Scheffler, K. und Hennig, J. (1998). Reduced circular field-of-view imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 40 (3): 474–480.
- Schmidt, R. F.; Lang, F. und Heckmann, M. (2010). *Physiologie des Menschen*. Springer.
- Shapiro, E. M.; Borthakur, A.; Gougoutas, A. und Reddy, R. (2002). ${}^{23}\text{Na}$ MRI accurately measures fixed charge density in articular cartilage. *Magnetic Resonance in Medicine*, 47 (2): 284–291.
- Shewchuk, J. R. (1994). An introduction to the conjugate gradient method without the agonizing pain. Carnegie Mellon University, Pittsburgh, PA.
- Sidky, E. Y.; Kao, C.-M. und Pan, X. (2006). Effect of the data constraint on few-view, fan-beam CT image reconstruction by TV minimization. *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*, 4: 2296–2298.

- Slichter, C. P. (1990). Principles of Magnetic Resonance. Springer.
- Smith, P. R.; Peters, T. M. und Bates, R. H. T. (1973). Image Reconstruction from finite numbers of projections. *Journal of Physics A: Mathematical, Nuclear and General*, 6 (3): 361–382.
- Soret, M.; Bacharach, S. L. und Buvat, I. (2007). Partial-volume effect in PET tumor imaging. *Journal of Nuclear Medicine*, 48 (6): 932–945.
- Taubman, D. und Marcellin, M. (2002). JPEG2000: Image Compression Fundamentals, Practice and Standards. Massachusetts: Kluwer Academic Publishers.
- Thulborn, K. R.; Davis, D.; Adams, H.; Gindin, T. und Zhou, J. (1999). Quantitative tissue sodium concentration mapping of the growth of focal cerebral tumors with sodium magnetic resonance imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 41 (2): 351–359.
- Thulborn, K. R.; Davis, D.; Snyder, J.; Yonas, H. und Kassam, A. (2005). Sodium MR imaging of acute and subacute stroke for assessment of tissue viability. *Neuroimaging Clinics of North America*, 15 (3): 639–653.
- Thulborn, K. R.; Lu, A.; Atkinson, I. C.; Damen, F. C. und Villano, J. (2009). Quantitative Sodium MR Imaging and Sodium Bioscales for the Management of Brain Tumors. *Neuroimaging Clinics of North America*, 19 (4): 615–624.
- Tibshirani, R. (1996). Regression shrinkage and selection via the lasso. *Journal of the Royal Statistical Society Series B (Methodological)*, S. 267–288.
- Tsang, A.; Stobbe, R. W. und Beaulieu, C. (2012). Triple-quantum-filtered sodium imaging of the human brain at 4.7 T. *Magnetic Resonance in Medicine*, 67 (6): 1633–1643.
- Uecker, M.; Zhang, S.; Voit, D.; Karaus, A.; Merboldt, K.-D. und Frahm, J. (2010). Real-time MRI at a resolution of 20 ms. *NMR in Biomedicine*, 23 (8): 986–994.
- Ueda, T.; Yuh, W. T. und Taoka, T. (1999). Clinical application of perfusion and diffusion MR imaging in acute ischemic stroke. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 10 (3): 305–309.
- Umatham, R.; Rösler, M. B. und Nagel, A. M. (2013). In Vivo ^{39}K MR Imaging of Human Muscle and Brain. *Radiology*, 269: 569–576.
- Vembu, S. (1961). Fourier transformation of the n-dimensional radial delta function. *Quarterly Journal of Mathematics*, 12: 165–168.
- Wang, Z. und Bovik, A. C. (2009). Mean Squared Error: Love it or leave it? *IEEE Signal Processing Magazine*, 26 (1): 98–117.
- Wang, Z.; Bovik, A. C.; Sheikh, H. R. und Simoncelli, E. P. (2004). Image quality assessment: From error visibility to structural similarity. *IEEE Transactions on Image Processing*, 13 (4): 600–612.
- Waxman, S. G. (2008). Mechanisms of Disease: sodium channels and neuroprotection in multiple sclerosis - current status. *Nature Clinical Practice Neurology*, 4: 159–169.

- Wech, T.; Stüb, D.; Fischer, A.; Hahn, D. und Köstler, H. (2011). On the quality evaluation for images reconstructed by compressed sensing. *Proceedings of the 19th annual meeting, ISMRM*, S. 73.
- Weidner, N. (1993). Tumor angiogenesis: review of current applications in tumor prognostication. *Seminars in Diagnostic Pathology*, 10 (4): 302–313.
- Weingärtner, S.; Wetterling, F.; Konstandin, S. und Schad, L. R. (2011). ^{23}Na -constrained reconstruction with ^1H a-priori information. *MAGMA*, 24: 89–90.
- Werbellow, L. G. (1996). Encyclopedia of Nuclear Magnetic Resonance, Kapitel Relaxation Theory for Quadrupolar Nuclei, S. 4092–4101. John Wiley & Sons.
- Wolfe, P. (1969). Convergence conditions for ascent methods. *SIAM Review*, 11 (2): 226–235.
- Wolfe, P. (1971). Convergence conditions for ascent methods. II: Some corrections. *SIAM review*, 13 (2): 185–188.
- Zaaraoui, W.; Konstandin, S.; Audoin, B.; Nagel, A. M.; Rico, A.; Malikova, I.; Soulier, E.; Viout, P.; Confort-Gouny, S.; Cozzone, P. J.; Pelletier, J.; Schad, L. R. und Ranjeva, J.-P. (2012). Distribution of brain sodium accumulation correlates with disability in multiple sclerosis: A cross-sectional ^{23}Na MR imaging study. *Radiology*, 264 (3): 859–867.
- Zhang, L.; Zhou, W. und Li, D.-H. (2006). A descent modified Polak-Ribière-Polyak conjugate gradient method and its global convergence. *IMA Journal of Numerical Analysis*, 26: 629–640.
- Zhu, Z.; Wahid, K.; Babyn, P. und Yang, R. (2013). Compressed Sensing-based MRI reconstruction using complex double-density dual-tree DWT. *International Journal of Biomedical Imaging*, 2013.

Abbildungsverzeichnis

| | | |
|-----|--|----|
| 2.1 | Zeeman-Aufspaltung und Quadrupolkorrektur erster Ordnung der Energieniveaus eines ^{23}Na -Kerns | 11 |
| 2.2 | Gibbs-Oszillationen am simulierten Shepp-Logan Phantom bei verschiedenen Auflösungen | 19 |
| 2.3 | PSF eines Quaders und einer Kugel | 21 |
| 2.4 | Schema der Natrium-Kalium-Pumpe in der Zellmembran | 24 |
| 2.5 | Aktionspotential einer Nervenzelle, das durch die zeitliche Änderung der Natrium- und Kaliumleitfähigkeit der Zellmembran entsteht | 25 |
| 2.6 | Demonstration der <i>Sparsity</i> an einem Beispielbild | 27 |
| 2.7 | Maximale Intensitätsprojektion (MIP) einer MR-Angiographie des Kopfes | 28 |
| 2.8 | Auswirkung von regelmäßiger und zufälliger Unterabtastung an simulierten Kopfdaten | 30 |
| 2.9 | l_0 -, l_1 - und l_2 -Norm für zwei verschiedene Signale | 31 |
| 3.1 | Sequenzschema der dichteangepassten Radialsequenz 3D-DAPR | 35 |
| 3.2 | Auswirkung von Unterabtastung bei der 3D-DAPR-Sequenz | 38 |
| 3.3 | Morphologisches <i>Closing</i> einer Binärmaske mit einem kreisförmigen Strukturelement | 43 |
| 3.4 | Darstellung eines simulierten Kopfbildes mit und ohne <i>Zerofilling</i> | 46 |
| 3.5 | Simulation eines Schnittes durch das Auflösungs- und Konzentrationsphantom | 48 |
| 3.6 | Vergleich von RMSE und SSIM an simulierten MR-Daten des Gehirns | 53 |
| 3.7 | Referenzbild des simulierten Kopfdatensatzes | 55 |
| 4.1 | Konvergenz der Rekonstruktionsparameter am Beispiel einer $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes $((3\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4, \text{Rauschpegel } 2)$ | 59 |
| 4.2 | Konvergenz der Bildqualitätsparameter am Beispiel einer $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes $((3\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4, \text{Rauschpegel } 2)$ | 60 |
| 4.3 | Bildqualitätsmaße als Parameterkarten für die iterativen Rekonstruktionen der simulierten Kopfdatensätze $((4\text{ mm})^3, \text{Rauschpegel } 2)$ | 61 |
| 4.4 | $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((4\text{ mm})^3, \text{UAF} = 4, \text{Rauschpegel } 2)$ bei zu kleiner, optimaler und zu großer Wichtung der $\text{TV}^{(2)}$ | 62 |
| 4.5 | <i>Gridding</i> -, $\text{TV}^{(2)}\&\text{BM}$ -, $\text{TV}^{(2)}$ - und BM -Rekonstruktion der simulierten Kopfdatensätze $((4\text{ mm})^3, \text{Rauschpegel } 2)$ | 64 |
| 4.6 | SNR-Karten und Standardabweichungen für Rekonstruktionen des simulierten Kopfdatensatzes $((4\text{ mm})^3, \text{Rauschpegel } 2)$ bei verschiedenen UAF | 65 |
| 4.7 | Relativer RMSE, bezogen auf den RMSE des jeweiligen <i>Gridding</i> -Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF | 67 |

| | | |
|------|--|----|
| 4.8 | Relative SSIM, bezogen auf die SSIM des jeweiligen <i>Gridding</i> -Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF | 68 |
| 4.9 | Relativer Kontrast, bezogen auf den Kontrast des jeweiligen <i>Gridding</i> -Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF | 69 |
| 4.10 | Relativer Rauschpegel, bezogen auf den Rauschpegel des jeweiligen <i>Gridding</i> -Bildes, aufgetragen über der Auflösung für zwei Rauschpegel und drei UAF. | 70 |
| 4.11 | Ausgewählte Schichten der <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes $((2\text{ mm})^3$, UAF = 2, Rauschpegel 2) | 71 |
| 4.12 | Ausgewählte Schichten des simulierten Kopfdatensatzes $((3\text{ mm})^3$, UAF = 4, Rauschpegel 2) bei verschiedenen Rekonstruktionen | 72 |
| 4.13 | Vergleich einer ausgewählten Schicht des simulierten Kopfdatensatzes für $(4\text{ mm})^3$, $(6\text{ mm})^3$ und $(8\text{ mm})^3$ (jeweils UAF = 4, Rauschpegel 1) | 74 |
| 4.14 | Auswirkung der Datenextrapolation bei direkter Rekonstruktion auf eine große Matrix | 75 |
| 4.15 | Vergleich der $TV^{(1)}$ und $TV^{(2)}$ | 76 |
| 4.16 | Auswirkung einer falschen BM auf das $TV^{(2)}$ &BM-Bild | 77 |
| 4.17 | Transversaler, koronarer und sagittaler Schnitt durch dreidimensionale <i>In-vivo</i> - ^{23}Na -Bilder des menschlichen Gehirns | 79 |
| 4.18 | SNR und Kontrast der <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM- und $TV^{(2)}$ -Rekonstruktionen von ^{23}Na -Daten des Kopfes bei acht gesunden Probanden | 80 |
| 4.19 | Ausgewählte Schicht des Referenzbildes mit $(1,5\text{ mm})^3$ Auflösung für den simulierten Kopf mit MS-Läsionen | 82 |
| 4.20 | Ausgewählte Schichten des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen $((3\text{ mm})^3$, UAF = 4, Rauschpegel 2) bei verschiedenen Rekonstruktionen | 83 |
| 4.21 | Ortsaufgelöste SNR-Werte und Standardabweichungen für verschiedene Rekonstruktionen des simulierten Kopfdatensatzes $((3\text{ mm})^3$, UAF = 4, Rauschpegel 2) | 84 |
| 4.22 | Auswirkung der AnaWeTV-Wichtung am simulierten Datensatz $((4\text{ mm})^3$, UAF = 4, Rauschpegel 1) | 86 |
| 4.23 | AnaWeTV-Rekonstruktion bei niedriger Auflösung am simulierten Kopfdatensatz $((6\text{ mm})^3$, UAF = 4, Rauschpegel 1) | 87 |
| 4.24 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM- und AnaWeTV-Rekonstruktion bei hoher Auflösung und starker Unterabtastung | 88 |
| 4.25 | Ortsaufgelöste anatomische Wichtungsfaktoren und AnaWeTV-Bilder für vier verschiedene Kontrollparameter w_{\max} | 89 |
| 4.26 | Auswirkung fehlender <i>A-priori</i> -Informationen in der AnaWeTV-Rekonstruktion | 90 |
| 4.27 | Auswirkung falscher <i>A-priori</i> -Informationen in der AnaWeTV-Rekonstruktion | 91 |
| 4.28 | Auswirkung von Misregistrierung auf die AnaWeTV-Rekonstruktion | 92 |
| 4.29 | Vergleich der AnaWeTV-Rekonstruktion mit der anatomisch gewichteten quadratischen Regularisierung | 93 |
| 4.30 | ^{23}Na -MR-Bilder des Messphantoms mit UAF = 1/2/5/10 für verschiedene Rekonstruktionsmethoden | 95 |
| 4.31 | Bildevaluationsparameter für verschiedene Rekonstruktionen der ^{23}Na -MR-Daten des Messphantoms mit UAF = 1/2/5/10 | 96 |

| | | |
|------|--|-----|
| 4.32 | MPRAGE-Bild eines Hirntumors und daraus bestimmte anatomische Wichtung | 97 |
| 4.33 | Ausgewählte Schichten der <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM- und AnaWeTV-Rekonstruktion der ^{23}Na -MRT eines Hirntumors | 98 |
| 4.34 | Ortsaufgelöste SNR-Werte für verschiedene Rekonstruktionen der ^{23}Na -MRT eines Hirntumors | 99 |
| 4.35 | ^1H -MPRAGE Bild eines Kopfes mit MS-Läsionen und anatomische Wichtungsfaktoren | 100 |
| 4.36 | Ausgewählte Schichten der <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM- und AnaWeTV-Rekonstruktion der ^{23}Na -MRT des Kopfes eines MS-Patienten. | 101 |
| C.1 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((2\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1) | 128 |
| C.2 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((2\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2) | 129 |
| C.3 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((3\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1) | 130 |
| C.4 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((3\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2) | 131 |
| C.5 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((4\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1) | 132 |
| C.6 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((6\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1) | 133 |
| C.7 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((6\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2) | 134 |
| C.8 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((8\text{ mm})^3$, Rauschpegel 1) | 135 |
| C.9 | <i>Gridding</i> -, $TV^{(2)}$ &BM-, $TV^{(2)}$ - und BM-Bild des simulierten Kopfdatensatzes $((8\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2) | 136 |

Tabellenverzeichnis

| | | |
|-----|---|-----|
| 2.1 | Spannbreite der Konzentrationen und Relaxationszeiten von ^{23}Na in menschlichem Gewebe | 13 |
| 2.2 | Verschiedene Kerne und ihre MR-Eigenschaften | 14 |
| 2.3 | Ionenkonzentration im Intra- und Extrazellulärraum erregbarer Zellen | 23 |
| 3.1 | Simulierte Datensätze und für die Rekonstruktion verwendete Matrixgrößen | 49 |
| 4.1 | Mittlere SNR-Werte in WM und dem lateralen Ventrikel für verschiedene Rekonstruktionen des simulierten Kopfdatensatzes $((2\text{ mm})^3$, Rauschpegel 2) | 65 |
| 4.2 | Mittleres SNR in WM und dem lateralen Ventrikel (LV) sowie Bildevaluationsparameter für verschiedene Rekonstruktionen des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen $((3\text{ mm})^3$, UAF = 4, sehr Rauschpegel 2) | 85 |
| 4.3 | Mittlere SNR-Werte in WM, den lateralen Ventrikeln und Tumorgewebe für verschiedene Rekonstruktionen der ^{23}Na -MRT eines Hirntumors | 99 |
| 4.4 | Mittlere SNR-Werte in WM und den lateralen Ventrikeln für verschiedene Rekonstruktionen der ^{23}Na -MRT eines Hirntumors | 101 |
| B.1 | Verwendete Parameter für die TV ⁽²⁾ &BM-, TV ⁽²⁾ - und BM-Rekonstruktion der simulierten Kopfdatensätze | 125 |
| B.2 | Verwendete Parameter für die TV ⁽²⁾ &BM-, AnaWeTV- und AnaWeQR-Rekonstruktion des simulierten Kopfdatensatzes mit MS-Läsionen $((3\text{ mm})^3$, UAF = 4, Rauschpegel 2) | 126 |
| B.3 | Verwendete Parameter für die AnaWeTV-Rekonstruktionen der simulierten Kopfdatensätze ohne MS-Läsionen | 126 |
| B.4 | Verwendete Parameter für die Rekonstruktionen der gemessenen ^{23}Na -Daten des Kopfes | 126 |

Danke

An erster Stelle möchte ich Professor Peter Bachert für die Betreuung und Vertretung meiner Arbeit gegenüber der Fakultät danken. Danke auch für fachliche Anregungen und die Unterstützung bei Veröffentlichungen.

Professor Wolfhard Semmler hat mir die Anfertigung dieser Arbeit in seiner Abteilung ermöglicht. Nicht nur dafür will ich ihm danken, sondern auch für sein persönliches Interesse und seinen Einsatz, der es mir erleichterte, die beiden Projekte „Kind“ und „Doktorarbeit“ zu vereinbaren. An dieser Stelle möchte ich auch Frau Fritz für ihre freundliche und kompetente Unterstützung bei allen bürokratischen Belangen danken.

Professor Michael Bock danke ich für die Aufnahme in die 7-T-Gruppe, die mir das Tor zur Medizinischen Physik geöffnet hat, und die Freiheit, bei der Wahl des Promotionsthemas.

Für die Übernahme des Zweitgutachtens danke ich Professor Markus Oberthaler.

Lieber Armin, vielen Dank für die tolle Betreuung, die vielen interessanten Diskussionen und ungezählte Stunden des Korrekturlesens! Es ist immer wieder schön, sich von deiner Begeisterung für die X-Kerne anstecken zu lassen. Mit deinen Ermutigungen konntest du mir über manche Hängepartie der letzten Jahre hinweghelfen.

Der ganzen 7-Tesla-Gruppe möchte ich für die familiäre Atmosphäre, die große Hilfsbereitschaft, Filme- und Grillabende, interessante und skurile Diskussionen danken. Es war eine schöne Zeit mit euch! Vielen Dank insbesondere an Ann-Kathrin, Mathies, Moritz und Stefan A. für die vielen arbeitsamen, spielerischen, kulinarischen und unterhaltsamen Stunden am und außerhalb des DKFZ.

Was wäre die 7-T-Gruppe ohne dich, Barbara? Vielen Dank für all die großen und kleinen Dinge, für Tomatenpflänzchen, Kinderbettchen, Autositze, Backrezepte, dein Mitfiebern und Mitfreuen in allen Lebenslagen!

Ein herzlicher Dank geht auch an Moni, durch die ich nie mit schlechtem Gewissen zur Arbeit gegangen bin, sondern in der Gewissheit, dass Vera in besten Händen ist.

Bei meinen Eltern möchte ich mich dafür bedanken, dass sie mich immer unterstützt und an mich geglaubt haben. Vielen Dank, Mama, für das spontane Einspringen zum bei zeitlichen Engpässen!

Lieber Karl, danke für deine Empathie – bei allen Höhen und Tiefen – und dein Verständnis – wenn’s mal wieder stressig war. Ohne deine Flexibilität und deine Hingabe zur gemeinsamen Betreuung von Vera wäre diese Arbeit nicht möglich gewesen.

Und – auch wenn sie es noch nicht so ganz verstehen kann: Danke meine kleine Vera, dafür, dass du mir jeden Tag aufs neue zeigst, was im Leben wirklich wichtig ist!

Erklärung

Ich versichere, dass ich diese Arbeit selbstständig verfasst habe und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt habe.

Heidelberg, den 3. März 2014

.....