

Quantification of MBF using H<sub>2</sub><sup>15</sup>O PET and Ensemble ICA

Department of Nuclear Medicine, Seoul National University College of Medicine<sup>1</sup>

Byeong-il Lee \*, Jae Sung Lee, Dong Soo Lee, Won Jun Kang, Jong Jin Lee  
Seung Jin Choi<sup>1</sup>, Su Jin Kim, June-Key Chung, Myung Chul Lee

**Purpose:** Theoretical advantages of a newly suggested ICA method, ensemble ICA, led us to consider applying this method to analyzing dynamic myocardial H<sub>2</sub><sup>15</sup>O PET data. In this study, we quantified the MBF of patients using ensemble ICA method. **Methods:** Twenty subjects were underwent H<sub>2</sub><sup>15</sup>O PET and perfusion SPECT. Hidden independent components can be extracted from the observed mixed data (PET image) by means of ICA algorithms. Ensemble learning is an approximation for exact Bayesian analysis, in which complex high dimensional posterior probability density function (pdf) is approximated by a more simple function. In this study, posterior pdf was approximated by a rectified Gaussian distribution to incorporate non-negativity constraint. Ventricles and myocardium were separated by the ensemble ICA, and VOIs were drawn on the myocardium image to obtain input function and tissue time-activity curves. MBF was measured in 9 regions - apex, four areas in mid wall, and four areas in base wall. Myocardial perfusion SPECT score and angiography results were compared with the regional MBF. **Results:** Major cardiac components were separated successfully by the ensemble ICA method and MBF could be estimated in 15 among 20 patients. Mean MBF was 1.2±0.40 ml/min/g in rest, 1.85±1.12 in stress state. MBF values obtained by an operator in two different occasion were highly correlated (r=0.99). In myocardium component image, the image contrast between left ventricle and myocardium was 1:2.7 in average. Perfusion reserve was significantly different between the regions with and without stenosis detected by the coronary angiography (P<0.01). In 66 segment with stenosis confirmed by angiography, the segments with reversible perfusion decrease in perfusion SPECT showed lower perfusion reserve values in PET. **Conclusion:** The ensemble ICA incorporating non-negative constraint was a feasible method to handle dynamic image sequence obtained by the nuclear medicine techniques.

선추적법을 이용한 정확한 부채살 조준기 SPECT 재구성 알고리즘 구현

서울대학교 의과대학 핵의학교실, 배재대학교 전자공학과<sup>1</sup>

김수미 \*, 이재성, 이수진<sup>1</sup>, 이동수, 정준기, 이명철

**목적:** 부채살 조준기(fanbeam collimator)와 같은 집속형조준기는 평행조준기에 비해 공간분해능을 개선하는 것으로 알려져 있다. 반면에 부채살 데이터를 일반적으로 알려진 평행방사선 영상재구성 방법을 통해 재구성하기 위해 부채살 데이터를 평행방사선 데이터로 재배열할 수 있다. 그러나 재배열 과정에서 부채살 데이터와 재배열된 평행방사선 데이터 사이에 오차가 생기므로 본 연구는 평행방사선 데이터로 재배열하지 않고 직접 부채살 데이터를 이용하여 영상을 재구성하는 방법을 구현하였다. 대표적인 통계학적 영상재구성법인 기댓값 최대화(expectation maximization, EM) 방법을 선추적법(ray-tracing method)을 적용하여 구현하였다. **방법:** 부채살 조준기에 대한 투사기를 구현하고 투사기로부터 얻어진 128128 소프트웨어 모형의 부채살 데이터는 선추적법을 적용한 EM 알고리즘을 통해 재구성하였다. 선추적법은 입자의 각도로 진행하여 검출기에 도달한 방사선이 화소를 지날 때 통과된 코드(chord) 길이를 측정하여 방사선을 따라 선적분을 취함으로써 주어진 각도에서의 투사데이터를 계산하는 방법이다. 본 연구에서는 각 방사선의 코드 길이를 정확하고 빠르게 계산하기 위하여 Siddon 이 제안한 방법을 사용하여 이 방법을 통해 방사선이 지나는 화소의 개수와 각 화소의 좌표 및 코드길이를 계산하였다. 또한 시스템 행렬은 근사적으로 코드길이와 동일하므로 EM 알고리즘은 시스템 행렬을 코드 길이로 대체하여 구현하였다. EM 알고리즘의 투사기 및 역투사기의 연산속도를 극대화하기 위해 반복연산 시 불변하는 항목들을 미리 메모리에 저장한 뒤 필요시 이들을 재사용하였다. **결과:** 부채살 조준기 시야에 사물이 모두 포함된 경우, 선추적법을 적용한 EM 알고리즘으로 정확한 영상을 재구성할 수 있었다. 또한 초점거리 및 사물과 검출기 사이의 거리를 조절하여 확대된 영상을 재구성할 수 있었다. **결론:** 부채살 데이터를 평행방사선 데이터로 재배열하지 않고 선추적법을 적용한 EM 알고리즘을 통해 보다 정확한 영상을 재구성할 수 있었다.