

ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR DE INGENIERÍA INFORMÁTICA
Grado en Ingeniería de la Salud

Caracterización de un equipo de tomografía por emisión de positrones

Characterization of PET Images

Realizado por:

María del Pilar Guerrero Pertíñez

Tutorizado por:

Ángel Mora Bonilla

Núria Roé Vellvé

Departamento:

Matemática Aplicada

UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

MÁLAGA, Diciembre - 2016

Fecha defensa:

El Secretario del Tribunal

Resumen

En este trabajo fin de grado se evalúan los parámetros más relevantes del rendimiento de un escáner de tomografía por emisión de positrones (PET), dedicado a la imagen de animal pequeño. Para ello se han seguido los protocolos estandarizados de la *National Electrical Manufacturers Association* (NEMA) para escáneres PET para animal pequeño,.

Concretamente, se ha evaluado la resolución espacial, la sensibilidad y la calidad de imagen. En cada una de estas medidas se debe obtener una serie de imágenes con el escáner PET.

Una vez se obtienen las imágenes se hará uso de diversos programas como Matlab, PMOD, MRICron o Amide para el análisis de las imágenes y la obtención de los resultados finales.

Para una mejor comprensión de los protocolos y resultados este documento presenta una breve explicación teórica sobre los aspectos más relevantes de las imágenes PET. Tras esta toma de contacto en el ámbito de la medicina nuclear, se presenta en más detalle el escáner PET utilizado en el centro CIMES junto a los procedimientos seguidos para la adquisición de las distintas imágenes con su posterior procesado. Finalmente se muestran los resultados.

Palabras claves: tomografía por emisión de positrones, fuente radiactiva, resolución espacial, sensibilidad, calidad de imagen.

Palabras claves: tomografía por emisión de positrones, fuente radiactiva, resolución espacial, sensibilidad, calidad de imagen.

Abstract

This end-of-degree project the most relevant performance a small animal positron emission tomography (PET). It follows the National Electrical Manufacturers Association (NEMA) standards for the evaluation protocols.

In particular, spatial resolution, sensitivity and image quality have been characterized. In each of these tests a series of images has been obtained with the PET scanner.

Once the images are obtained, several programs like Matlab, PMOD, MRICron or Amide will be used to analyze the images and get the final results.

For a better grasp of the protocols and results this document presents a brief theoretical explanation on the key aspects of PET images. Following this contact in the sphere of nuclear medicine, this project explains the PET scanner that it used in the CIMES center in conjunction with the procedures followed for the acquisition of the different images with their subsequent processing. Finally the results are shown.

Key words: positron emission tomography, radioactive source, spatial resolution, sensitivity, image quality.

Contenido

1. Introducción.....	9
1.1. Motivación y Objetivos	9
1.3 Estructura de la memoria	12
2. Conceptos teóricos.....	13
2.1. Ciclotrón.....	13
2.2. Producción del isótopo.....	15
2.3. Radiotrazadores	15
2.4. Emisión de positrones	16
2.5. Aniquilación positrón - electrón.....	17
2.6. Escáner	18
2.7. Líneas de respuesta (LOR) y sinograma	20
2.8. Reconstrucción de la imagen.....	21
2.9. Degradaciones de la imagen PET y correcciones	21
2.9.1. Tiempo muerto	22
2.9.2. Atenuación	22
2.9.3. Coincidencias aleatorias o <i>randoms</i>	23
2.9.4. Coincidencias dispersas o <i>scatters</i>	23
2.9.5. Decaimiento.....	23
2.10. Resolución espacial.....	24
2.11. Sensibilidad	25
2.12. Calidad de imagen	25
3. Material y métodos	26
3.1. Escáner Mosaic	26
3.2. Resolución espacial	27
3.3. Sensibilidad	30
3.4. Calidad de imagen.....	33
4. Resultados y discusión	39
4.1. Resolución espacial	39
4.2. Sensibilidad	41
4.3. Calidad de imagen.....	43
5. Conclusiones.....	47
6. Bibliografía.....	48

7. Anexo49

1. Introducción

1.1. Motivación y Objetivos

La Tomografía por Emisión de Positrones (PET) se basa en la administración intravenosa de un trazador o también llamado radiofármaco, ligado a un marcador radiactivo emisor de positrones. Dicho trazador se distribuye por el cuerpo, y su emisión radiactiva es lo que permite formar las imágenes de su distribución, mediante el tomógrafo PET [1]. Esta técnica, por tanto, permite estudiar la biodistribución de las moléculas del cuerpo afines al radiofármaco. Uno de los trazadores más utilizados es ^{18}F -FDG, un compuesto análogo de la glucosa que permite analizar el ritmo de consumo de esta sustancia en cada punto del cuerpo. Es importante destacar también que los estudios de neuroimagen con PET también están cobrando una relevancia cada vez mayor. En ellos, el trazador se une a un neuroreceptor o a un neurotransmisor, lo que permite evaluar su distribución en el cerebro, mediante la imagen.

Un ejemplo de dichas imágenes puede verse en la Figura 1. La imagen se obtiene gracias a que los tomógrafos detectan los fotones gamma emitidos en el cuerpo. Estos fotones son el producto de la aniquilación entre un positrón, emitido por el radiofármaco, y un electrón cortical del cuerpo del paciente. Ello da lugar a la emisión de dos fotones en la misma dirección y sentidos opuestos, que se detectan simultáneamente en el anillo detector situado alrededor del paciente, lo que permite deducir la recta a la que pertenece el punto de emisión. Esta información permite el cálculo de imágenes tomográficas de la distribución del trazador.

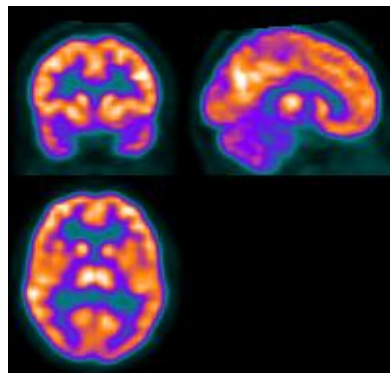


Figura 1: Ejemplo de imagen obtenida con la técnica PET.

PET es una técnica ampliamente utilizada para estudios de los modelos animales con múltiples enfermedades. La cuantificación de los estudios de PET contribuye, en muchos casos, a una mejor caracterización tanto de la absorción normal como de la patológica del trazador. Ello se puede aplicar a una gran variedad de estudios en modelos animales. Además de distinguir entre individuos sanos y enfermos, permite el estadiaje de la enfermedad, o evaluar el efecto de distintos tratamientos en estudios longitudinales.

La cuantificación se ve afectada por diversos fenómenos degradantes asociados a la adquisición de la imagen, como la falta de resolución espacial, la detección de fotones individuales y de coincidencias al azar (*randoms*), y el ruido asociado a la desintegración radiactiva, cuyo efecto depende de la eficiencia de detección del escáner. Todos estos efectos se deben tener en cuenta a fin de lograr valores fiables en la cuantificación, así como para evaluar los límites de esta técnica.

La simulación Monte Carlo (MC) se considera el estándar para la evaluación de los métodos de cuantificación [2]. Esta técnica permite la modelización del proceso de formación de la imagen en PET, proporcionando de esta manera un marco adecuado para evaluar el efecto de las diversas degradaciones y su corrección en el proceso de cuantificación. Por tanto, un primer acercamiento para las simulaciones MC es la evaluación o caracterización experimental del equipo, para que después se pueda reproducir con un simulador Monte Carlo y así validar su adecuación al equipo.

El objetivo por tanto de este trabajo es realizar una caracterización experimental del equipo PET Philips MOSAIC, que permitirá más adelante la validación de la simulación MC de estudios de este equipo.

Las distintas mediciones se llevarán a cabo con el escáner PET de animal pequeño Philips MOSAIC. Los datos necesarios se transferirán para su análisis a un ordenador, con software específico para visualización y análisis de imagen, como MRICron, PMOD o Matlab, entre otros programas.

Las pruebas estándar de la National Electrical Manufacturers Association (NEMA) [3], descritas en el protocolo NU 4-2008 para escáneres PET de animal pequeño, aportan una metodología estandarizada para evaluar el comportamiento de dichos tomógrafos, en cuanto a sensibilidad, resolución espacial, fracción de dispersión, ritmo de detección y calidad de imagen. (NEMA 2008). Por ello se seguirá dicho protocolo para la realización de las pruebas de caracterización.

Las pruebas a realizar serán las siguientes:

1. Resolución espacial: La resolución espacial representa la capacidad del sistema para distinguir dos puntos separados, después de la reconstrucción tomográfica. En el plano axial del tomógrafo, se medirá la resolución espacial, en las direcciones radial y tangencial. También se medirá la resolución axial, y dichas medidas se realizarán en la zona axial del tomógrafo y en puntos alejados del eje, donde se espera una peor resolución.
2. Sensibilidad: Es el ritmo de detección de coincidencias verdaderas (i.e. correspondientes a una misma desintegración electrón- positrón, y cuyos fotones no han sido dispersados), para una determinada actividad de la fuente de radiación.
3. Calidad de imagen: Dada la complejidad de la combinación de los diferentes aspectos del comportamiento del tomógrafo, es interesante disponer de una imagen final de un maniquí estándar, que haga posible la comparación entre diferentes escáneres. Por ello se realizará la imagen del maniquí descrito a tal efecto en el protocolo NEMA.

1.3 Estructura de la memoria

Esta memoria se ha estructurado de la manera siguiente:

En la primera parte de la memoria se centra en los conceptos teóricos que permiten la comprensión del trabajo en líneas generales, donde se hace una explicación sobre los conceptos claves en el ámbito de la medicina nuclear y el análisis de imágenes PET.

La segunda parte de la memoria, se centrará sobre los procedimientos para realizar las pruebas siguiendo el estándar NEMA, los equipos, los materiales utilizados y finalmente la forma de analizar las imágenes obtenidas.

En la tercera parte, se mostrarán los resultados finales de cada prueba con una breve reflexión sobre los valores obtenidos. Finalmente se hará una discusión sobre la evaluación del tomógrafo PET.

Existe un apartado de Anexo donde se muestra el código utilizado con el programa Matlab para realizar el cálculo de los valores finales.

2. Conceptos teóricos

A continuación, se hará una explicación sobre distintos conceptos claves sobre las imágenes PET. Con ello, se podrá entender y explicar posteriormente la caracterización de un tomógrafo PET, que se presentará en los apartados finales de la introducción. [4] [5]

La evaluación de una imagen PET, empieza desde la creación del radioisótopo a través del ciclotrón. Este radioisótopo tendrá que ser unido a un fármaco, que es el encargado de hacer que este conjunto llamado radiotrazador viaje por el cuerpo del paciente, una vez sea inyectado por vía intravenosa. La imagen es adquirida debido a la emisión de positrones del radiotrazador, esta emisión se realiza mediante el proceso de aniquilación positrón – electrón. La detección de los rayos gammas procedentes del proceso de aniquilación son detectados por el escáner PET, a través de líneas de respuestas. Para una imagen sin artefactos, se deben de tener en cuenta una serie de fenómenos que pueden disminuir parcialmente la aparición de estos, haciendo un correcto uso de ellos, como, por ejemplo: el tiempo muerto, la atenuación, coincidencias dispersas y aleatorias, etc. Finalmente, con todo esto se puede hacer la medida de la resolución espacial, la sensibilidad y la calidad de imagen.

2.1. Ciclotrón

Es una máquina utilizada para acelerar partículas con carga. El ciclotrón está provisto de un electroimán, que genera un campo magnético constante. En el interior de este campo magnético se tienen dos placas metálicas en forma de la letra D, que se llamarán para una mejor comprensión del proceso D1 y D2, separadas por un espacio. La disposición de los elementos del ciclotrón se puede apreciar en la figura 2. Ambas placas metálicas están conectadas con una fuente de corriente alterna que va cambiando la polaridad del campo eléctrico periódicamente.

En el funcionamiento habitual del ciclotrón, partículas cargadas, en este caso protones, se hacen llegar al centro del ciclotrón. Uno de estos protones se verá atraído hacia la placa cargada negativamente (por ejemplo, D2). Cuando la partícula entra a la región de la placa D2, se ve afectada por el campo magnético constante. Esto la lleva a tomar una trayectoria circular. La trayectoria del protón se puede apreciar en la figura 2.

En el momento en el que el protón sale de la región de dicha placa y se dirige al espacio que existe entre D1 y D2, la polaridad de las placas cambia por medio de la fuente de corriente alterna, en este momento, D1 quedará cargada negativamente. Esto hará que la partícula se vea atraída por la placa D1 y por lo tanto se acelerará hacia ella, la aceleración hacia la placa hace que aumente la energía cinética del protón. En el momento que entre a la región de la placa D1, el campo magnético actúa de forma que tomará el patrón circular de nuevo, pero debido a la aceleración por la que se ha visto afectada, el radio del círculo será mayor, de nuevo al salir de la región de D1 la polaridad entre las placas cambia. En este momento D2 está cargada negativamente y el protón se ve de nuevo atraído hacia la placa D2, esto aumenta más la energía cinética de la partícula y por tanto al entrar de nuevo en la región D2 como se ha explicado, el movimiento se ve afectado por el campo magnético y se moverá de forma circular, pero con mayor radio que la anterior vez debido al aumento de energía cinética. Una vez las partículas se aceleraron a la velocidad necesaria, son separadas utilizando un campo magnético. Luego dejan el sistema por una rendija de salida incorporada en el ciclotrón, esta partícula se utilizará para bombardear por ejemplo átomos o moléculas.

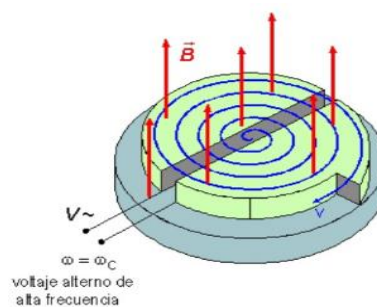
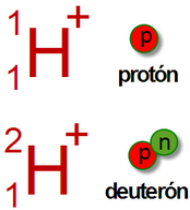


Figura 2: Ciclotrón

2.2. Producción del isótopo



Los radioisótopos utilizados comúnmente en la formación de imágenes PET son, por ejemplo: ${}^{11}\text{C}$, ${}^{15}\text{O}$, ${}^{13}\text{N}$ y ${}^{18}\text{F}$, pueden ser obtenidos con protones de 10 MeV (Mega electronvoltio) y con deuterones de 5 MeV (Mega electronvoltio). En la figura 3, se pueden ver varios ejemplos de isótopos, con su tiempo de vida media y máxima energía que alcanzan en MeV.

Un ejemplo para saber cómo se realiza la formación de un radioisótopo sería el ${}^{11}\text{C}$ que se produce por bombardeo de protones de nitrógeno natural. Debido a que el continuo bombardeo produce una gran cantidad de calor, se utiliza una combinación de gases de refrigeración y de agua refrigerada para enfriar eficazmente el ensamblaje de estos radioisótopos. La producción de los radioisótopos conlleva un tiempo de aproximadamente 90 minutos.

Radionúclido	Producción	Periodo de semidesintegración / Emisiones	E_{max} positrón (MeV)
Carbono-11	Ciclotrón	20,4 min / sólo positrón	0,97
Nitrógeno-13	Ciclotrón	9,9 min / sólo positrón	1,20
Oxígeno-15	Ciclotrón	122 s / sólo positrón	1,74
Flúor-18	Ciclotrón	110 min / sólo positrón	0,64

Figura 3: Tabla con ejemplos de radioisótopos.

2.3. Radiotrazadores

Como ya se ha mencionado, las imágenes PET representan procesos biológicos y químicos *in vivo*. Para obtenerlas, se incorpora al organismo los radioisótopos unidos a un compuesto capaz de marcar sustancias biológicas involucradas en los procesos a estudiar. La combinación del radioisótopo con este tipo de compuesto es lo que se llama radiofármacos o radiotrazadores (radioisótopo + fármaco/compuesto) que se administra por vía intravenosa al paciente, de esta forma la imagen obtenida proporciona la distribución tridimensional del compuesto inyectado.

Uno de los trazadores más comunes usados para los estudios PET es la ^{18}F -fluorodesoxiglucosa (^{18}F -FDG) (ver figura 4), que es un compuesto de propiedades similares a la glucosa, marcado con un emisor de positrones. Una de las ventajas que presenta, es en el campo de la oncología. Esto se debe a que las células cancerígenas tienden a usar mucha más glucosa que las células normales. En consecuencia, las células cancerígenas consumen más radiotrazadores y aparecen con colores distintos en las imágenes resultantes. El radiotrazador ^{18}F -FDG es frecuentemente usado porque es fácilmente transportado a la célula. Una vez en ellas, el químico es fosforilado a FDG-6.fosfato. La molécula recién creada (FDG-6) es atrapada dentro de la célula y ya no participa en el metabolismo.

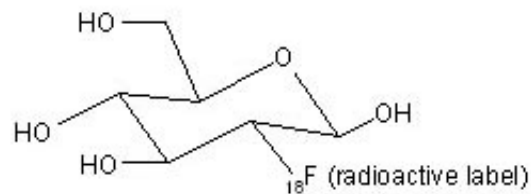
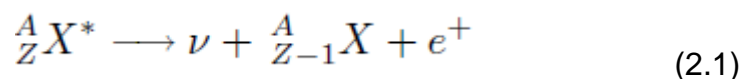


Figura 4: ^{18}F -fluorodesoxiglucosa

2.4. Emisión de positrones

A la emisión de positrones se le llama también desintegración beta positiva y tiene como resultado la eliminación de una carga positiva (protón) dentro del núcleo, lo que da lugar a un neutrón y libera a su vez un positrón y un neutrino. Este proceso se puede expresar con la ecuación 2.1



En la ecuación 2.1, la variable X^* es el núcleo inicial, la X es el núcleo resultante y la ν es el neutrino.

El más usado en la medicina nuclear es el ^{18}F , en la figura 5 se puede ver su proceso de desintegración beta positiva y como es detectado tras sufrir el proceso de aniquilación que se explicará a continuación.

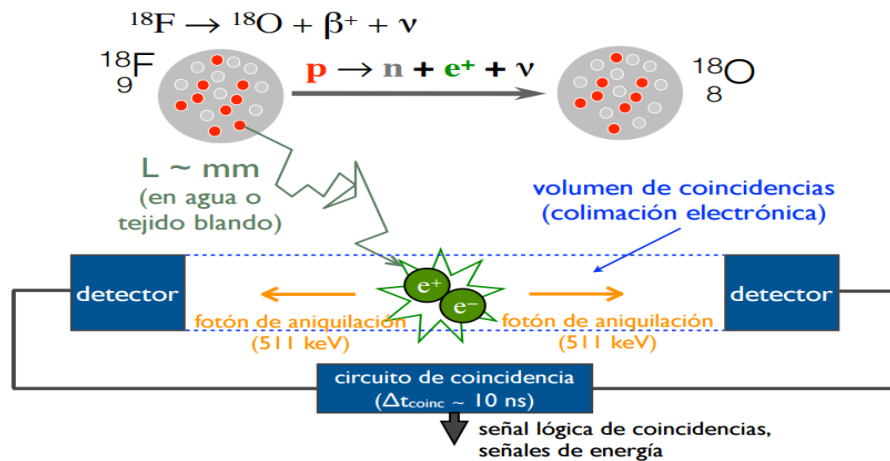


Figura 5: Proceso de desintegración beta positiva para ^{18}F

2.5. Aniquilación positrón - electrón

Un proceso de aniquilación se produce cuando una partícula subatómica choca con su respectiva antipartícula, esto es, que tiene la misma masa y carga opuesta a la partícula y las dos partículas desaparecen liberando energía. Cumpliéndose lo siguiente:

- Ley de conservación de la carga: no hay creación ni destrucción de carga neta eléctrica, por tanto, la carga total de un sistema aislado se conserva.
- Principio de conservación de la cantidad de movimiento: Si la resultante de las fuerzas exteriores que actúan sobre un sistema de partículas es nula, la cantidad de movimiento del sistema permanece constante.
- Ley de la conservación de la energía total: La energía no puede crearse ni destruirse en una reacción química o proceso físico. Sólo puede convertirse de una forma a otra.

Este proceso es el que ocurre con el radiotrazador, los positrones son emitidos a medida que van viajando por el tejido, al alcanzar una energía baja interactúan con los electrones produciéndose así el proceso de aniquilación.

En ese momento las partículas producidas después de la aniquilación deberán tener una carga total y una cantidad de movimiento igual a cero y dando como energía total 1022 MeV. Por lo tanto, el resultado de la aniquilación serán dos fotones que viajan en la misma dirección, pero en sentidos opuestos (ver figura 6). Debido al hecho de que los positrones pueden ser aniquilados cuando todavía tienen una pequeña parte de energía cinética, puede ocurrir una ligera desviación, esto provoca que el ángulo formado entre los rayos gamma no sea exactamente a 180 grados.

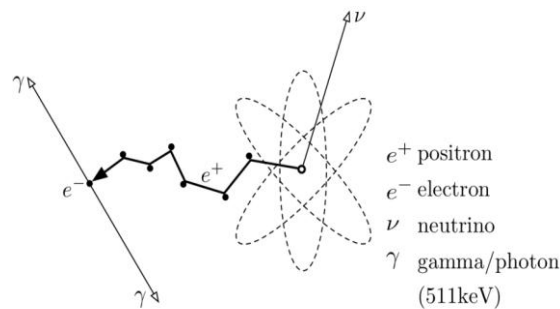


Figura 6: eso de aniquilación entre un positrón y un electrón.

2.6. Escáner

En general, un escáner PET consta principalmente de una cama de soporte para el paciente o el animal, según el caso, y un gantry. El gantry define un túnel, que incorpora en su interior un anillo de detectores. El animal o paciente se desplaza sobre una camilla a través del gantry, como se puede apreciar en la Figura 7.

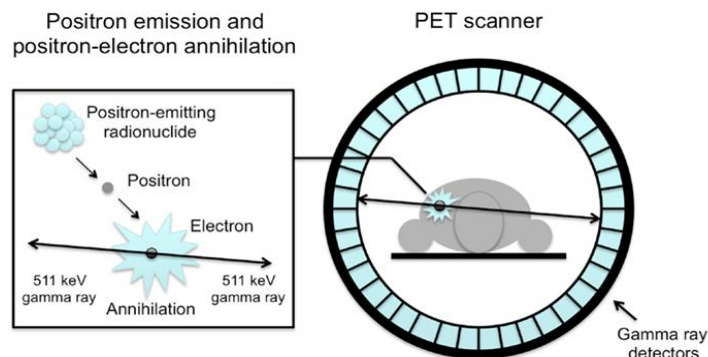


Figura 7: Detección del proceso de aniquilación de un paciente que se encuentra en el interior del gantry, donde está incorporado el anillo de detectores.

Los fotones resultantes del proceso de aniquilación serán detectados por los detectores del anillo, que están compuestos por un material de centelleo que transforma la energía recibida en luz visible (ver figura 8), esto es usado para calcular la localización espacial y la energía total depositada.

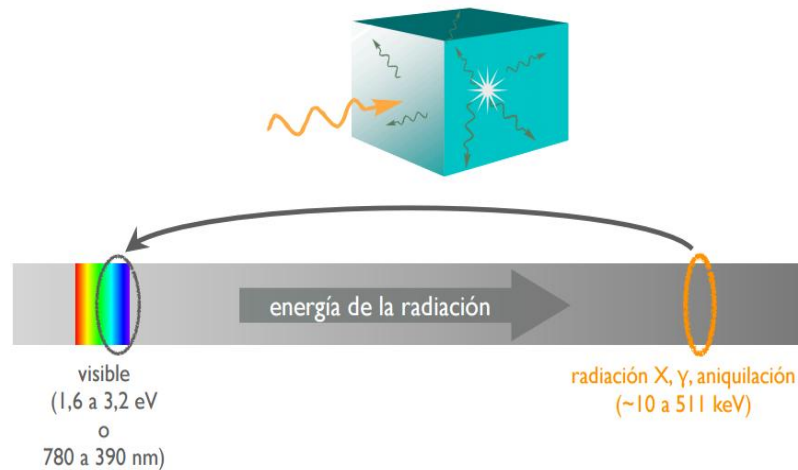


Figura 8: Transformación a luz visible mediante el material de centelleo.

El par de fotones resultantes de la aniquilación son proyectados simultáneamente en una misma dirección pero en sentidos opuestos hacia, cuando estos fotones son detectados por dos detectores, a este proceso se le llama detección de pares de fotones coincidentes (ver figura 9). Se debe tener un tiempo de detección corto (10 nanosegundos) con el fin de poder adquirir el par de fotones que provienen de la misma aniquilación llamados eventos verdaderos, cuando se detecta una par de fotones con un desfase de tiempo entre sí, debido a la ventana de tiempo de detección, son ignorados.

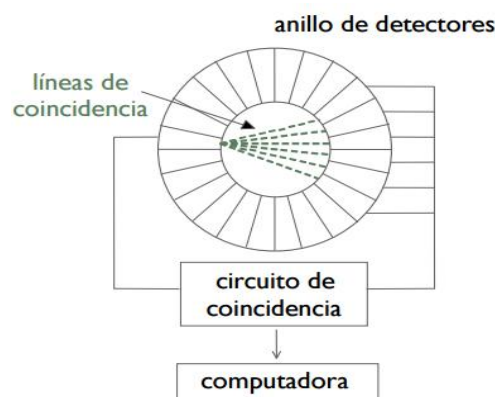


Figura 9: Detección de eventos verdaderos

2.7. Líneas de respuesta (LOR) y sinograma

La línea imaginaria que une dos cristales detectores dentro del gantry del escáner PET, donde se ha detectado una coincidencia verdadera en la ventana de tiempo de coincidencia, es lo que se conoce como línea de respuesta (LOR).

Cada LOR está definido por un ángulo, la distancia que existe entre los dos detectores donde se ha detectado la coincidencia y dos coordenadas en la dirección axial del escáner. Estas variables se pueden ver representadas en la figura 10.

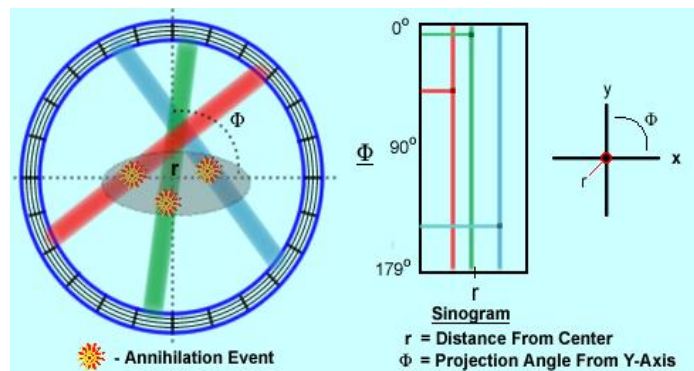


Figura 10: Representación de las líneas de respuesta y un sinograma.

Las líneas de respuesta por tanto contienen toda la información necesaria para saber la distribución tridimensional del radiotrazador. Esta información se almacena como un conjunto de imágenes bidimensionales llamadas sinogramas (ver figura 10), por tanto, un sinograma es una representación tridimensional de la señal medida.

2.8. Reconstrucción de la imagen

Como se ha visto, los datos obtenidos por el tomógrafo PET, son una lista de líneas de respuesta que representan la detección de fotones de aniquilación en pares de cristales detectores. Las líneas de respuesta conectan, pues, los dos cristales detectores.

En el PET 2D, cada anillo detector del PET solo detecta fotones producidos en el plano de ese anillo. En este caso, para cada anillo detector, las LORs quedan determinadas por su ángulo y por su distancia al eje del escáner. Se almacenan en un sinograma como el que se muestra en la figura 10. En PET 3D, además, se tienen en cuenta las LORs detectadas entre anillos distintos. Para ello, se generan tantos sinogramas como pares de anillos hay en el tomógrafo.

Lo que se quiere obtener es una reconstrucción de la distribución del trazador en el objeto. Esta se suele presentar en forma de cortes del objeto que muestran la distribución de intensidades en cada punto del corte. Para ello se utilizan algoritmos de reconstrucción tomográfica.

Los más rápidos computacionalmente son los analíticos. Entre estos, el más utilizado es el de retroproyección filtrada, basado en la transformada de Ramdon. Los métodos analíticos se basan en la aproximación de que los sinogramas y el proceso de medida se pueden modelizar con funciones continuas. Ya que se trata de sinogramas pixelados y de desintegración radiactiva, esta aproximación no es del todo exacta.

Se utilizan también, actualmente, métodos de reconstrucción iterativos, basados en el principio de maximización de la verosimilitud. En ellos, se parte de una imagen hipotética, que se va modificando iterativamente para maximizar la verosimilitud de obtener el sinograma real a partir de esa imagen.

2.9. Degradaciones de la imagen PET y correcciones

La imagen PET tiene una serie de degradaciones que se medir, y compensar parcialmente. Con esta compensación, los artefactos de la imagen se reducen considerablemente. A continuación se hace una breve explicación sobre las degradaciones más relevantes. [6]

2.9.1. Tiempo muerto

Los detectores de radiación, como los que incorpora un escáner PET necesita un tiempo mínimo para que el proceso de detección de cada fotón tenga lugar. Si antes de este tiempo mínimo, otro fotón llega al detector, este no puede ser detectado. El intervalo de tiempo en que el detector no puede reaccionar ante nuevos fotones se llama tiempo muerto. Como resultado de este efecto, la tasa de conteo medida por el sistema será menor que la tasa de conteo emitida.

Como resultado la tasa de conteo medida por el sistema será menor que la tasa de conteo emitida. Es un fenómeno aleatorio, en el que dos eventos sucesivos, pueden ocurrir dentro del tiempo mínimo del procesado de detección. Las pérdidas de detecciones debido al tiempo muerto ocurren de forma más significativa cuando la concentración de actividad de la fuente es mayor.

2.9.2. Atenuación

Este fenómeno se debe al hecho de que uno o ambos fotones provenientes de una aniquilación, pueden ser absorbidos, por efecto fotoeléctrico, en el medio donde se encuentran, antes de alcanzar el detector. Además se debe tener en cuenta que los diversos tamaños de los pacientes son cambios significativos en la atenuación de la radiación. En los estudios con animales pequeños este efecto no es tan pronunciado. La atenuación depende de la longitud total del recorrido del fotón por el medio, y del material por el que se desplaza (específicamente el coeficiente de atenuación, μ del material). Esta dependencia se puede ver en la fórmula 2.2, donde I es la intensidad del haz de fotones, x es la longitud total del recorrido y μ el coeficiente de atenuación.

$$I = I_0 \cdot \exp(-\mu \cdot x) \quad (2.2)$$

2.9.3. Coincidencias aleatorias o *randoms*

Estas coincidencias son el resultado de la detección de dos fotones provenientes de aniquilaciones de positrones diferentes. Esto ocurre porque los fotones llegan a los detectores opuestos con un desfase de tiempo menor a la ventana de tiempo de coincidencia. Por tanto, el sistema toma este fenómeno como eventos verdaderos a pesar de provenir de aniquilaciones independientes. Este fenómeno aumenta la tasa de conteo, distorsionando la relación entre la intensidad de la imagen y la concentración de la actividad.

2.9.4. Coincidencias dispersas o *scatters*

Estas coincidencias son el resultado de la detección de dos fotones provenientes de una misma aniquilación, donde uno de ellos ha sido dispersado por el medio material y por lo tanto ha cambiado de dirección. Como se puede apreciar en la figura 11, esto provoca que se detecte una LOR que no pasa por el punto de desintegración, debido al cambio de trayectoria del fotón dispersado. En los detectores se puede apreciar el fenómeno del *scatter* ya que el fotón llega a estos con una energía menor a la esperada.

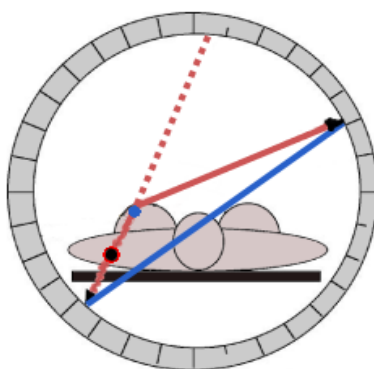


Figura 11: Detección de coincidencias dispersas o *scatters*

2.9.5. Decaimiento

Conforme va pasando el tiempo en la adquisición de los datos, la concentración de la actividad de la fuente decrece debido al decaimiento del radioisótopo.

2.10. Resolución espacial

La resolución espacial de un sistema representa su capacidad para distinguir entre dos puntos separados de una imagen.

La medida de la resolución espacial, en este caso, consiste en caracterizar la función de respuesta del detector a una fuente puntual (*point spread function*, PSF). En el caso del PET, la imagen de una fuente puntual será una mancha en la imagen de reconstrucción tomográfica. El ancho de dicha función se determina mediante la anchura total a la mitad de altura (*Full Width at Half Maximum*, FWHM) y la anchura en la décima parte de la altura (*Full Width at Tenth Maximum*, FWTM).

Teniendo conocimiento sobre la Función de Dispersión Puntual (PSF) de un equipo de imagen es posible conocer cómo va a degradarse una imagen real durante el proceso de adquisición (ver figura 12). Esto permite aplicar métodos de restauración de la señal original.

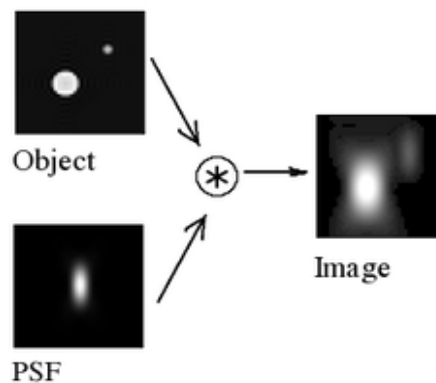


Figura 12: Resultado de la adquisición de una imagen, donde se aprecia cómo afecta la PSF al objeto tras realizar el producto de convolución.

Se sabe que cualquier sistema de imagen puede introducir ciertos artefactos en el registro de la señal. La consecuencia más evidente es la difuminación de los contornos que definen el objeto.

2.11. Sensibilidad

La sensibilidad de un tomógrafo de emisión de positrones se expresa como el ritmo, en cuentas por segundos, en que se detectan las coincidencias verdaderas dada una fuente radiactiva de una actividad y una relación de transiciones determinadas. Por otro lado, la sensibilidad absoluta se representa como la fracción del proceso de aniquilación detectado como coincidencias verdaderas, expresado en porcentaje.

Desde que los positrones son emitidos, estos se aniquilan con el medio material para crear los pares de rayos gamma, para que esto ocurra de manera eficiente una cantidad significativa de medio material debe rodear la fuente para asegurar la aniquilación, aunque dicho material también atenúa los rayos gamma.

El objetivo por tanto de esta prueba es medir la sensibilidad o la capacidad del escáner para detectar los rayos gamma creados por el proceso de aniquilación de positrones.

2.12. Calidad de imagen

Debido a la compleja interrelación de los diferentes aspectos que afectan al rendimiento de un equipo, se desea ser capaz de comparar la calidad de imagen de los diferentes escáneres bajo una situación y un protocolo de adquisición de imágenes estándar. Aunque en esta situación no pueda abarcar todos los posibles casos prácticos, se tiene que ser capaz de poder simular una condición típica y real de imágenes por medio de un maniquí. Debido a las variaciones en la absorción de los radiofármacos, los diversos tamaños y formas de los animales, es complicado poder simular las condiciones, para la formación de la imagen de una forma real utilizando un maniquí físico específico. Por estas razones, los resultados de un único estudio con ese maniquí sólo pueden dar indicaciones de la calidad de imagen para la situación en particular. El objetivo final de esta medida es poder producir imágenes haciendo una simulación de aquellas obtenidas en un estudio completo del cuerpo de un roedor pequeño con lesiones puntuales, en una zona de captación uniforme y áreas frías (sin actividad).

3. Material y métodos

3.1. Escáner Mosaic

Para las distintas pruebas a realizar se trabajará con Philips Mosaic [7], que es un escáner PET para animales (ver figura 13) con un anillo de detectores de 14.456 cristales centelleadores de oxortosilicato de gadolinio (GSO) cada cristal posee unas dimensiones de 2 mm x 2 mm x 10 mm, que lleva emparejada una continua y ranurada luz guía.

El escáner tiene un diámetro interior de 210 mm que abarca el campo de visión o *field of view* (FOV) axial y transversal de 144 mm y 119 mm, respectivamente. Además, tiene 10 mm de espesor frontal y final compuesto por un blindaje de plomo para impedir la detección de eventos de fuera del campo de visión.

Cada cristal está aislado ópticamente de sus vecinos mediante un material reflectante (PTFE). La luz guía tiene un grosor de 12 mm con unas ranuras de profundidad de 5 mm. Una serie de 288 tubos fotomultiplicadores (PMTs) con diámetros de 19 mm de diámetro, son fijados en la luz guía para que se pueda realizar la lectura de la señal. La detección de la señal se basa en la lógica ANGER, que se utiliza para calcular la posición de interacción entre el rayo gamma y el cristal utilizando fotomultiplicadores multiánodo. El anillo de detectores contiene 36 canales de disparo superpuestos dispuestos en seis detectores.

Presenta una ventana de tiempo de coincidencia de 10 nanosegundos y una ventana de tiempo de retardo asociada que ordenan los acontecimientos de coincidencia y los eventos de retraso, respectivamente. El procesamiento de la señal electrónica permite coincidencias entre las señales en cada uno de los seis detectores con la excepción de las señales procedentes de dos detectores adyacentes. Cada canal de disparo incluye un CFD con un umbral de energía dependiendo de la zona cubierta por el tubo fotomultiplicador y su posición dentro del detector.

Las correcciones de energía y distorsión son aplicadas a las señales sin procesar mediante tablas de búsqueda. Si existen múltiples coincidencias, se rechazan mediante el clasificador de coincidencia. Los eventos de salida se muestran después de aplicarle la corrección y eliminación según el cristal de paso (2,34 mm de transversal y 2,31 mm en las direcciones axiales) correspondiente a un detector con un radio de dimensión 108 mm. Los datos son almacenados en formatos de sinogramas 3D o formatos de lista.



Figura 13: Equipo de escáner Philips Mosaic.

3.2. Resolución espacial

Como se ha mencionado anteriormente, el objetivo principal es representar el ancho de la función de dispersión puntual expresado con la FWHM y FWTM (ver figura 14). Por un lado, se calcula la resolución espacial en las direcciones axial, radial y tangencial (ver figura 15).

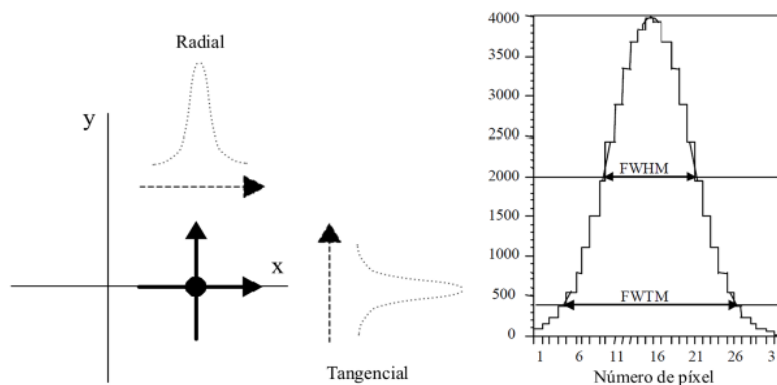


Figura 14: Perfiles de las direcciones radial y tangencial sobre un corte transversal y su función de dispersión puntual.

Para medir este parámetro, según el protocolo NEMA, el tamaño de pixel de la imagen se debe seleccionar de tal manera que la FWHM se extienda al menos en una distancia de cinco píxeles. Esto es, el tamaño del pixel de la imagen reconstruida no debe ser mayor de un quinto de la FWHM esperada en ninguna de las direcciones. En nuestro caso, el tamaño del píxel utilizado fue de 0.5 mm x 0.5 mm x 0.5 mm.

El radionucleido empleado para esta medida será ^{22}Na . La actividad usada debe ser lo suficientemente baja para que la tasa de pérdidas por tiempo muerto sea menor al 1% y el ritmo de detección de coincidencias aleatorias o *randoms* debido a la actividad de la fuente radiactiva sea menor al 5% que el ritmo de detección eventos verdaderos (*true*s). Cumpliendo las características que debe tener la actividad, esta prueba la fuente poseía en el momento de las medidas una actividad de 58,6 μCi .

Por otra parte, la fuente puntual es una esfera de 1 mm de diámetro confinada en un disco de material dispersivo.

Las imágenes fueron obtenidas de la siguiente manera:

En el primer conjunto de adquisiciones, se toman seis imágenes colocando la fuente en el plano axial del centro del FOV. Inicialmente se coloca la fuente puntual sobre el eje FOV del escáner y paulatinamente se traslada, sin moverla del plano central, alejándola del eje, siguiendo las distancias radiales: 5 mm, 10 mm, 15 mm, 25 mm, 50 mm. El posicionamiento de estas tiene un rango de inexactitud de ± 0.5 mm.

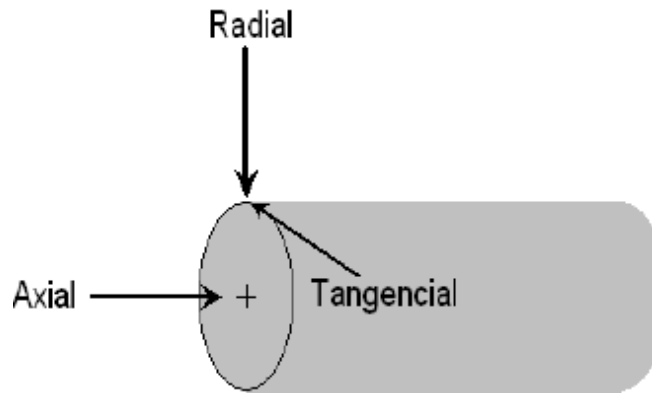


Figura 15: Ejes de la fuente puntual.

En el segundo conjunto, se toman también seis imágenes, en las siguientes localizaciones. La fuente puntual se coloca inicialmente sobre el eje axial, pero a una distancia del centro del escáner de un cuarto del FOV axial (ver figura 15). Esto es, se desplaza la fuente puntual del eje axial 30 mm y se traslada desde ese nuevo punto de partida siguiendo las distancias radiales: 5 mm, 10 mm, 15 mm, 25 mm, 50 mm, las medidas podrán tener un rango de inexactitud de ± 0.5 mm

Las medidas serán adquiridas en todas las posiciones que se ha especificado anteriormente, donde se debe adquirir por cada medida al menos 10^5 cuentas. La reconstrucción tomográfica se hará siguiendo el método analítico de retroproyección filtrada (FBP) en sus variantes 2D o 3D, con un filtro de rampa. El análisis, una vez se obtienen todas las medidas, va a ser el mismo para cada una de las imágenes.

Las herramientas de software que se han utilizado para el postprocesado y análisis de estas imágenes han sido PMOD, MRIcron y Matlab.

En primer lugar, con la ayuda de PMOD se hace una conversión de formato. El formato inicial es propio del escáner Philips MOSAIC y no es compatible con la mayoría de programas de visualización y postprocesado de imagen. PMOD permite leer las imágenes en su formato original y pasarlas a formato nifti, con el que trabajan la mayoría de softwares de análisis de imagen. En nuestro caso, se obtenían dos archivos con las extensiones .hdr y .img. El primero (.hdr) contiene información acerca de la organización de los datos de la imagen y sobre sus propiedades. El segundo (.img) es el fichero que contiene la imagen propiamente dicha, que será analizada posteriormente.

En segundo lugar, con la herramienta MRlcron, se puede visualizar la imagen obtenida por el escáner. Además, da información sobre la imagen que puede ser de utilidad a la hora de analizar los datos, como por ejemplo el número cortes en cada una de las direcciones, axial, radial y tangencial, o el tiempo de adquisición, esto es, el tiempo que ha tardado el escáner en adquirir la imagen.

Finalmente, con la herramienta Matlab se ejecutan los distintos programas creados para el análisis de los datos.

Para calcular la resolución espacial expresada como la FWHM y la FWTM en las tres direcciones, primero se debe determinar la función de respuesta en cada una de las direcciones cartesianas, esto se hace mediante la generación de los perfiles de la respuesta unidimensional a través del pico de actividad de la imagen.

La función de respuesta se forma sumando todos los perfiles unidimensionales que son paralelos a la dirección de medida y dentro de al menos dos veces la FWHM de las direcciones ortogonales. Cada FWHM (y FWTM) se determinarán por interpolación lineal entre los píxeles con valores de intensidad adyacentes a la mitad (o una décima parte) el valor máximo de la función de respuesta. Dicho valor máximo se determina mediante un ajuste parabólico usando el punto con el valor máximo y sus dos puntos vecinos más próximos. Finalmente, una vez obtenido el tamaño del FWHM y FWTM se hará una conversión de unidades, de píxel a mm.

3.3. Sensibilidad

Para realizar la prueba de sensibilidad, se colocó inicialmente la fuente radiactiva de ^{22}Na en el interior del escáner de forma que estuviera centrada tanto en el eje axial como el plano transaxial. El ritmo de detección se adquirió en el lugar mencionado y, luego, se tomaron nuevas medidas situando la fuente cada vez más alejada del centro, siguiendo el eje del escáner hasta ambos extremos del FOV. La distancia de una posición a la siguiente medida fue la especificada por el fabricante para esta medida, esto es, 1 mm.

También se adquirió una tasa de fondo o *background*; es decir, una adquisición sin la fuente radiactiva, para asegurar que se va a determinar una estimación razonable de la sensibilidad.

La sensibilidad (S), representa una medida del ritmo de detección de coincidencias en presencia de fuentes radiactivas en el límite de baja actividad, de manera que la tasa de pérdidas por tiempo muerto sea despreciable. Notación utilizada:

- S_i sensibilidad de la imagen en la posición i del eje.
- S_{tot} sensibilidad total del sistema.
- $S_{A,i}$ sensibilidad absoluta de la imagen en la posición i del eje.
- $R_{B,i}$ tasa de fondo de la imagen i .

Como se ha comentado anteriormente, el radionucleido empleado para esta medida fue ^{22}Na . La actividad usada era lo suficientemente baja para que la tasa de pérdidas por tiempo muerto fuera menor al 1% y el ritmo de detección de eventos aleatorios debidos a la actividad en la fuente fuera menor al 5% del ritmo de detección de eventos verdaderos. La actividad de la fuente era de 52.4 μCi y se ha determinado mediante la fórmula 3.1.

$$A(t) = A_0 \exp(-\lambda t) \quad (3.1)$$

La fuente de que se dispone fue calibrada día 1 de Junio de 2014, tenía una actividad de 100 μCi y λ , la constante de semidesintegración, tiene un valor de $3.0433\text{e-}05 \text{ s}^{-1}$ para el ^{22}Na .

El ritmo de detección en la imagen de fondo, se determinó mediante la adquisición de datos sin ninguna fuente radiactiva en el FOV, durante un período de tiempo T_{acq} . Este tiempo de adquisición, se determinó como el tiempo requerido para recoger al menos 10.000 eventos verdaderos con la fuente situada en el centro del FOV.

Cuando se han adquirido todos los sinogramas, uno para cada posición de la fuente (en total, 121), se lleva a cabo el procesado, sin realizar la reconstrucción tomográfica. El primer paso es la conversión del formato original de los sinogramas obtenidos a formato nifti. Estos sinogramas cuya extensión es scn, se transforman en dos ficheros con formato .hdr y .img gracias a la herramienta PMOD. Tras esto, se hace uso de un método que realiza una reordenación de los sinogramas mediante el algoritmo de Single Slice Rebinning (SSRB), para poder tratar con Matlab el análisis final.

El escáner genera un sinograma 3D, es decir, tiene en cuenta no sólo las líneas de coincidencia dentro de cada anillo detector, sino también aquéllas situadas entre distintos planos. El algoritmo SSRB simplifica este sinograma creando uno 2D, es decir, un sinograma que sólo tiene líneas de coincidencia atribuibles a cada uno de los planos de detección. Esto se hace almacenando la información de la LOR detectado en dos anillos distintos en el plano intermedio entre esos dos anillos.

Tras realizar el SSRB, se procesa la imagen siguiendo el estándar NEMA, para cada sinograma obtenido se sigue el procedimiento siguiente. Para cada fila del sinograma (correspondiente a un ángulo), se localiza el valor más alto y todos los píxeles a más de un centímetro de este valor máximo se establecen a cero. El total de todos los píxeles del sinograma resultante se sumarán para formar el conteo total en ese corte.

Para cada uno de los cortes, i , el ritmo de detección, R_i (cps), se determina dividiendo la suma de las detecciones del sinograma entre el tiempo de adquisición, T_{acq} en la dicha medida i . Para la adquisición de fondo, $R_{B,i}$ se determina de manera análoga, para el caso del sinograma de fondo. A continuación, se presentan las fórmulas para calcular los distintos parámetros.

La sensibilidad (cps/Bq) es calculada según la fórmula:

$$S_i = \left(\frac{R_i - R_{B,i}}{A_{cal}} \right) \quad (3.2)$$

La probabilidad de transición para la desintegración β^+ del ^{22}Na es 0.9060, por tanto, la sensibilidad absoluta (%) se puede calcular según la fórmula 3.3.

$$S_{A,i} = \frac{S_i}{0,9060} \times 100 \quad (3.3)$$

Se calcula la sensibilidad del escáner y la sensibilidad absoluta para un estudio representativo de un PET de ratón según las fórmulas siguientes.

$$SM_{tot} = \sum S_i \quad (3.4)$$

$$SM_{A,tot} = \sum S_{A,i} \quad (3.5)$$

El sumatorio que presentan ambas ecuaciones recorren los 7 cm centrales del FOV.

Para estimar la sensibilidad y la sensibilidad absoluta del escáner en un estudio de rata, se utilizan las fórmulas:

$$S_{tot} = \sum S_i \quad (3.6)$$

$$S_{A,tot} = \sum S_{A,i} \quad (3.8)$$

El sumatorio que presentan las fórmulas recorre todo el FOV.

3.4. Calidad de imagen

Debido a las limitaciones físicas en la producción de esferas activas con un tamaño del orden de la resolución de equipos preclínicos y sobre un fondo con una concentración de actividad que no sea nula. Se debe hacer uso de cilindros activos de diferentes diámetros, que se pueden rellenar sobre un fondo sólido sin actividad.

Los coeficientes de recuperación, explicados a continuación, medidos en estos cilindros con actividad son indicativos de la resolución espacial del sistema de imagen. Por otra parte, el ruido en la región uniforme del maniquí es indicativo de la relación señal-ruido del sistema de imagen. A su vez, las intensidad detectada en las regiones sin actividad permite evaluar la corrección de atenuación y de dispersión. Los parámetros a estudiar en esta prueba son los siguientes:

- Spill Over Ratio (SOR): se mide la concentración de actividad en las regiones frías del maniquí respecto a la actividad media en la zona uniforme.
- Porcentaje de desviación estándar (%STD): Es la desviación estándar dividida por la media multiplicada por 100.
- Coeficiente de recuperación (RC): establece la capacidad de recuperar la actividad real, es la concentración de actividad medida dividida por la concentración de actividad real

El radionucleido empleado para estas medidas fue ^{18}F . La actividad usada en todo el maniquí fue de $100 \mu\text{Ci} \pm 5\%$. La medida de dicha actividad se tomó justo antes de iniciar de la adquisición de la imagen. Esta medida tiene que está dentro del rango de actividad total usado en los estudios para ratones. Con respecto a las dos regiones sin actividad, una de ellas se rellenó con agua sin actividad y la otra se dejó vacía.

Para esta prueba utilizó un maniquí específico con secciones transversales y coronales como las que se muestran en la Figura 16. El maniquí o *phantom* está hecho de polimetilmetacrilato con unas dimensiones internas de 50 mm de longitud y diámetro de 30 mm. Este maniquí consta de tres partes:

- a) El cuerpo principal del *phantom* está compuesto por un compartimento cilíndrico rellenable, cuyas medidas son 30 mm de diámetro y 30 mm de longitud. Esta parte se puede apreciar en la Figura 16-1. Los 20 mm restantes de la longitud del cuerpo del maniquí total son sólidos, pero contienen cinco cilindros perforados con diámetros de 1, 2, 3, 4 y 5 mm que se comunican con la parte principal que hemos descrito anteriormente (mostrada en la Figura 16-4).

- b) La tapa que se acopla al extremo de la región uniforme del *phantom*, incluye dos compartimentos fríos (sin actividad). Se trata de dos cilindros huecos, como se ve en la Figura 16-2. Una de estas cámaras se llena con agua no radioactiva para simular la dispersión y la otra se llena de aire. Estas cámaras o cilindros tienen 15 mm de longitud y 8 mm de diámetro interior, con un diámetro exterior de 10 mm donde el espesor de la pared es de 1 milímetro.
- c) La tapa en el lado opuesto del maniquí es ajustable y permite el llenado del cuerpo principal junto a los cinco cilindros activos, ya que están comunicados entre sí. También se utiliza para facilitar el secado, y la eliminación de aire atrapado, Figura 16- 3.

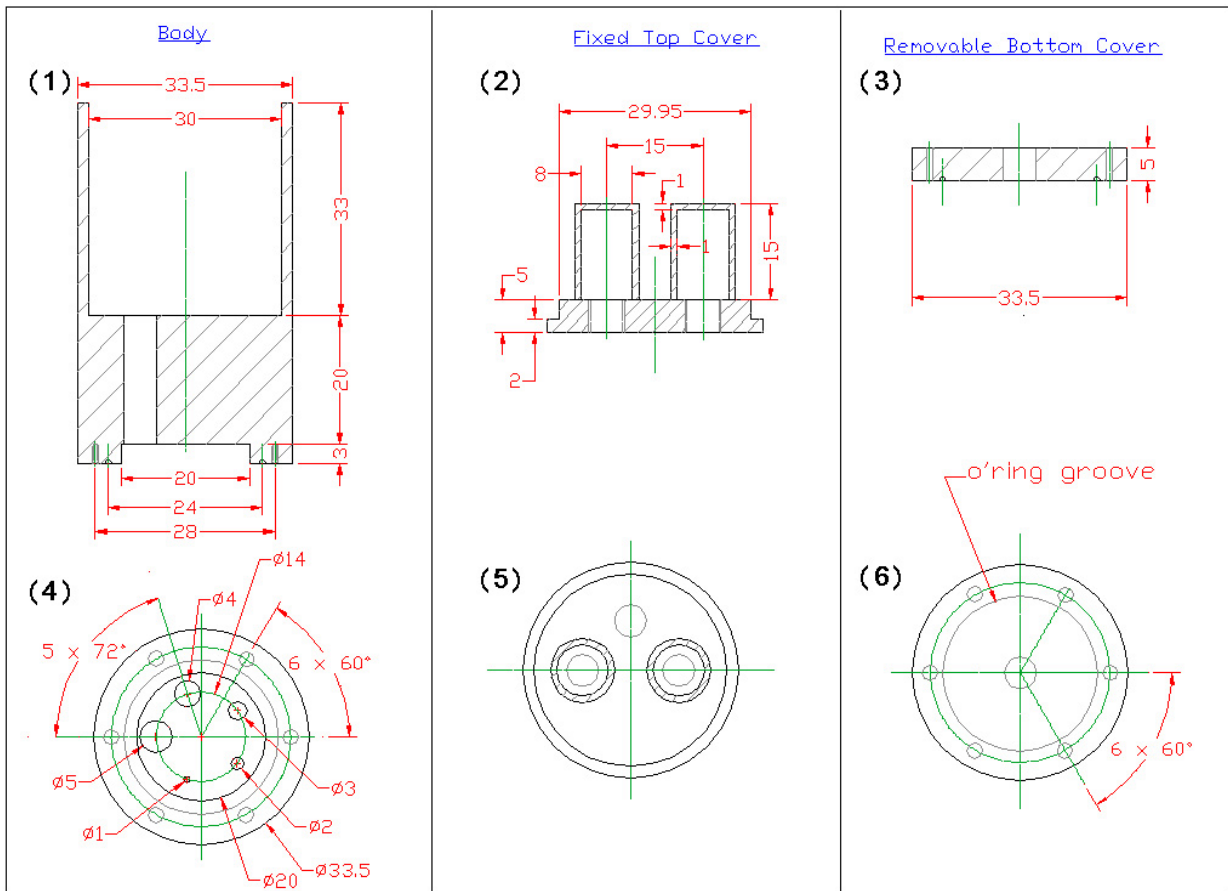


Figura 16: Dibujos esquemáticos del maniquí de calidad de imagen NEMA. Cortes coronal y transversal del cuerpo principal (1) y (4); tapa superior (2) y (5); tapa inferior (3) y (6). Todas las dimensiones están en milímetros con una tolerancia de 0.1 mm (Nema, 2008).

La duración de la adquisición es de 20 minutos y la imagen resultante debe incluir la longitud axial completa del maniquí, esto es, 50 mm. La imagen se ha reconstruido con todas las correcciones disponibles que se pueden aplicar a los datos. En la actualidad, debido a un fallo en el funcionamiento de la fuente de transmisión del equipo, no es viable aplicar las correcciones de atenuación y dispersión de manera fiable, y por eso no se han aplicado.

Si se aplican correctamente todas las correcciones la intensidad obtenida en cada vóxel de la imagen ha de ser directamente proporcional a la radiactividad presente en ese vóxel. Los escáneres poseen un sistema automático para calcular esos factores de proporcionalidad. Como el escáner utilizado no permite aplicar la corrección de atenuación el sistema de cálculo de los factores de proporcionalidad no se puede aplicar. Por ese motivo las imágenes que se obtienen están en unidades de detecciones totales y no en unidades de actividad por unidad de volumen.

La imagen se ha reconstruido utilizando los parámetros habituales para estudios de ratón. El tamaño de la matriz fue de 128 x 128 x 120 píxeles y el tamaño de píxel es 1 mm x 1 mm x 1 mm. El algoritmo de reconstrucción utilizado fue el método iterativo propio del escáner, RAMLA 3D, con 2 iteraciones y parámetro de relajación 0.024. Las imágenes resultantes se han analizado para extraer la uniformidad de la imagen, los valores de los coeficientes de recuperación para la resolución y exactitud en las correcciones de los datos.

Para la región uniforme, se debe calcular los siguientes parámetros, %STD y la actividad media, el máximo y mínimo valor en un volumen de interés (VOI) cilíndrico, situado sobre el centro de la región uniforme, de 22.5 mm de diámetro (esto es, el 75 % del diámetro activo) y 10 mm de longitud, En la figura 17 se puede apreciar el VOI representado sobre el maniquí, en cortes transversal, sagital y coronal.

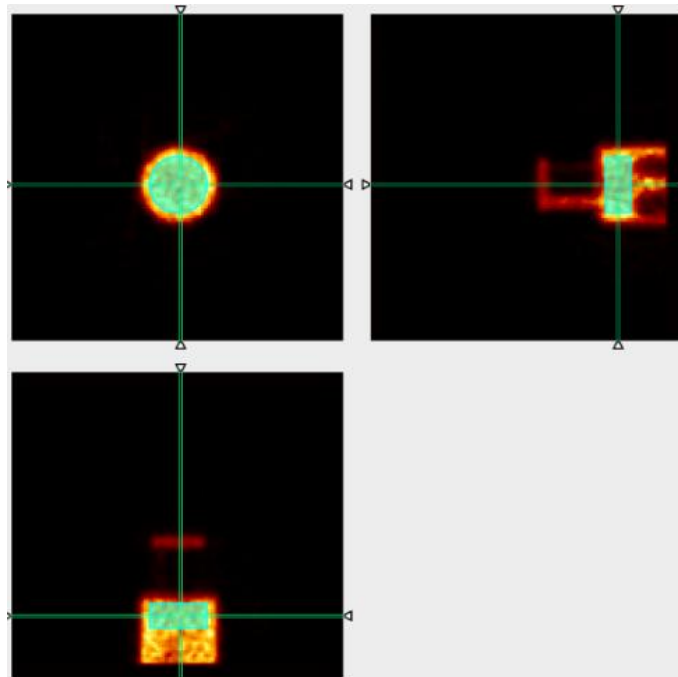


Figura 17: Volumen de interés del maniquí para la medida de uniformidad.

El coeficiente de recuperación se procede la siguiente forma. Se calcula la imagen promedio para los cortes que cubran los 10 mm centrales de los cilindros, para poder obtener una única imagen con bajo ruido (ver figura 18). Asimismo, se calcula la imagen desviación estándar para ese mismo conjunto de cortes. En la imagen promedio se debe localizar el píxel de mayor valor en cada cilindro (ver figura 19).

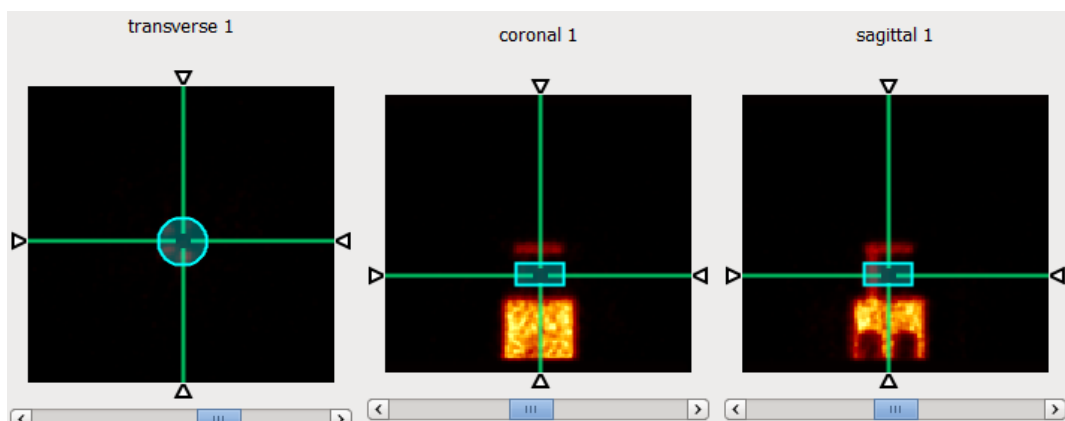


Figura 18: Volumen de interés del maniquí en la medida del coeficiente de recuperación.

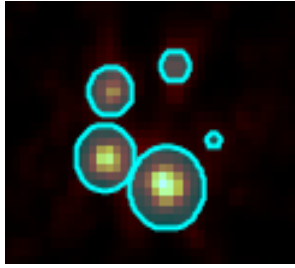


Figura 19: ROI para cada cilindro.

Para calcular el coeficiente de recuperación de cada barra se divide dicho valor máximo entre el valor medio en la zona uniforme. El coeficiente de variación asociado a los coeficientes de recuperación se calcula con la fórmula 3.9, donde el subíndice “línea” hace referencia a cada una de las barras calientes y el subíndice “fondo” a la zona uniforme. La $STD_{línea}$ se obtiene de la imagen desviación estándar, en los píxeles en que de máxima intensidad de la imagen promedio.

$$\%STD_{RC} = 100 \cdot \sqrt{\left(\frac{STD_{línea}}{Media_{línea}}\right)^2 + \left(\frac{STD_{fondo}}{Media_{fondo}}\right)^2} \quad (3.9)$$

Para los valores de SOR, se tiene que tener definido dos VOIs cilíndricos, uno para cada región sin actividad (agua sin actividad y aire). Estos volúmenes deben tener 4 mm de diámetro y 7.5 mm de longitud, estarán situados en el centro de las regiones frías. (Ver figura 20). El valor de este parámetro es el valor medio medido en cada VOI, dividido por el valor medio en la región uniforme. El coeficiente de variación se calculará de la misma manera que la fórmula 3.9, sabiendo que el subíndice *línea* se refiere a los valores de los píxeles en los diferentes VOI.

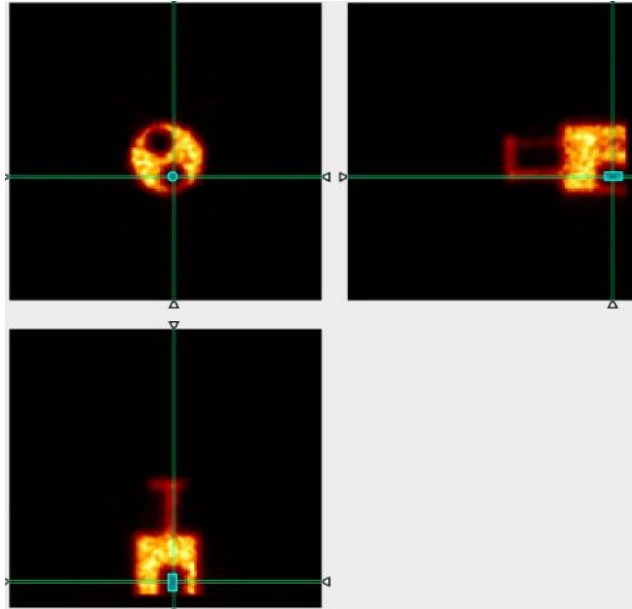


Figura 20: Volumen de interés del maniquí para la medida de los valores de SOR.

4. Resultados y discusión

4.1. Resolución espacial

Para la medida de la resolución espacial (ver Figuras 22 y 23) se muestra el promedio de los valores obtenidos con la fuente situada en el corte central del escáner y la fuente desplazada en la dirección axial a 30 mm de distancia (un cuarto del FOV axial).

En las figuras 21 y 22 se obtienen dos funciones lineales prácticamente constantes, que representan la resolución en las direcciones radial y tangencial. Se aprecia también otra función creciente que representa la resolución en la dirección axial, donde conforme se aumenta la distancia de la fuente radiactiva respecto al eje del escáner la resolución espacial, expresada como FWHM o FWTM, es mayor. Esto quiere decir por tanto que, en las regiones del objeto situadas a mayor distancia del eje del escáner, la imagen reconstruida tendrá una menor nitidez y será más difícil distinguir unas estructuras de otras.

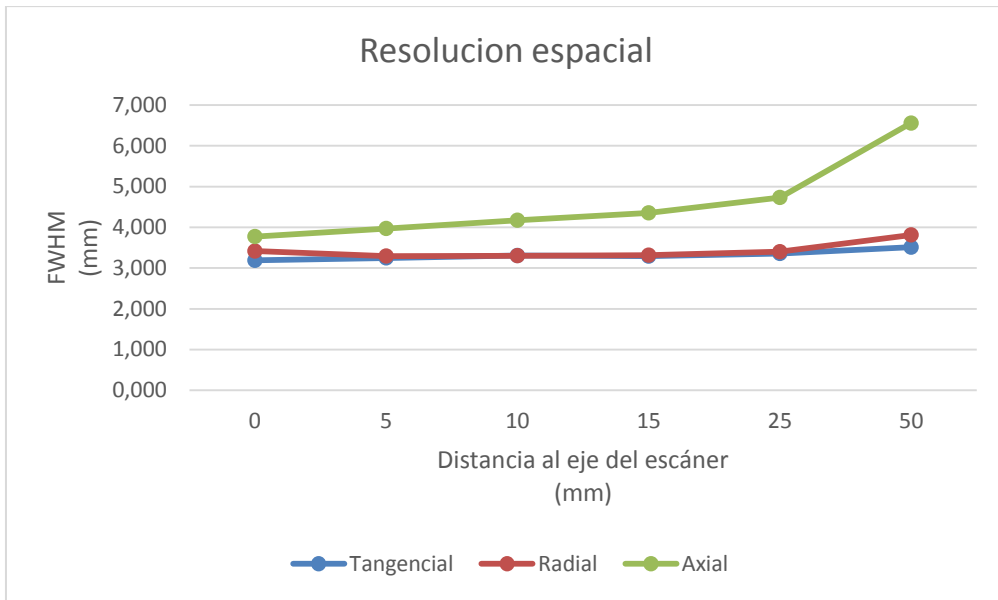


Figura 21: Resolución espacial (FWHM) con la fuente centrada axialmente y la fuente a un cuarto del FOV axial.

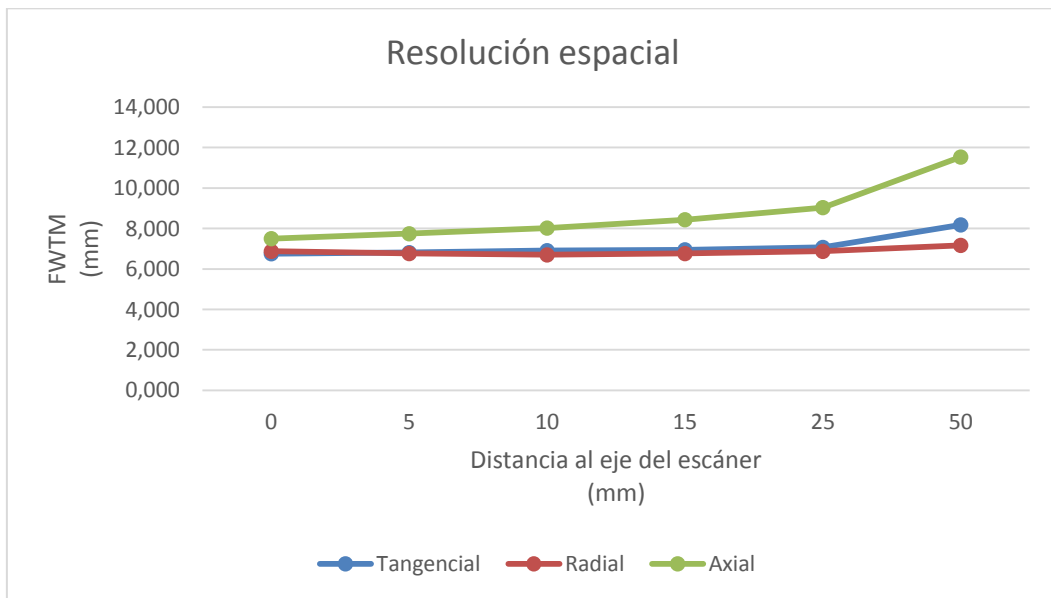


Figura 22: Resolución espacial (FWTM) promedio de la fuente centrada axialmente y la fuente a un cuarto del FOV axial.

El valor promedio con la fuente situada a una distancia al eje de 0 mm es de 3.46 para FWHM y 7.045 para FWTM. Para una distancia al eje de 50 mm el valor promedio es de 4.628 mm para FWHM y 8.963 para FWTM.

Comparando estos resultados con el artículo [8] se puede ver que el comportamiento de las funciones es semejante, es decir, en ambos casos el valor de la FWHM o FWTM aumenta conforme la fuente es alejada del eje del escáner. Los valores obtenidos para FWHM y FWTM son mayores en el presente estudio, esto puede deberse a que el tamaño de la fuente difiere, ya que la fuente que se utiliza en dicho artículo tiene las siguientes dimensiones de un diámetro de 0.5 mm y una longitud inferior a 1 mm. En nuestro caso, en cambio, la fuente era esférica, con un diámetro de 1 mm.

4.2. Sensibilidad

En este apartado se describen los resultados de las diferentes medidas de sensibilidad que se han tomado. En primer lugar, como podemos ver en la figura 23, se tiene el perfil de los valores de la sensibilidad en cps/Bq de las 121 imágenes obtenidas, para los respectivos cortes, a lo largo del FOV del escáner. El centro del FOV corresponde a la posición 60 mm. Se puede apreciar como la sensibilidad sigue una función lineal creciente desde el inicio hasta el centro del FOV en la dirección axial y luego torna a una función lineal decreciente desde el centro del FOV hasta el final en la misma dirección axial.

Esto se debe a que a lo largo del escáner no se presenta un ángulo sólido de detección constante, el ángulo sólido disminuye conforme la fuente se aleja del centro del FOV. Y por tanto las detecciones en el centro del FOV son mayores respecto a las detecciones conforme se va alejando la fuente de dicho centro. El valor máximo es $8,04E-3$ cps/Bq y se encuentra en el centro del FOV.

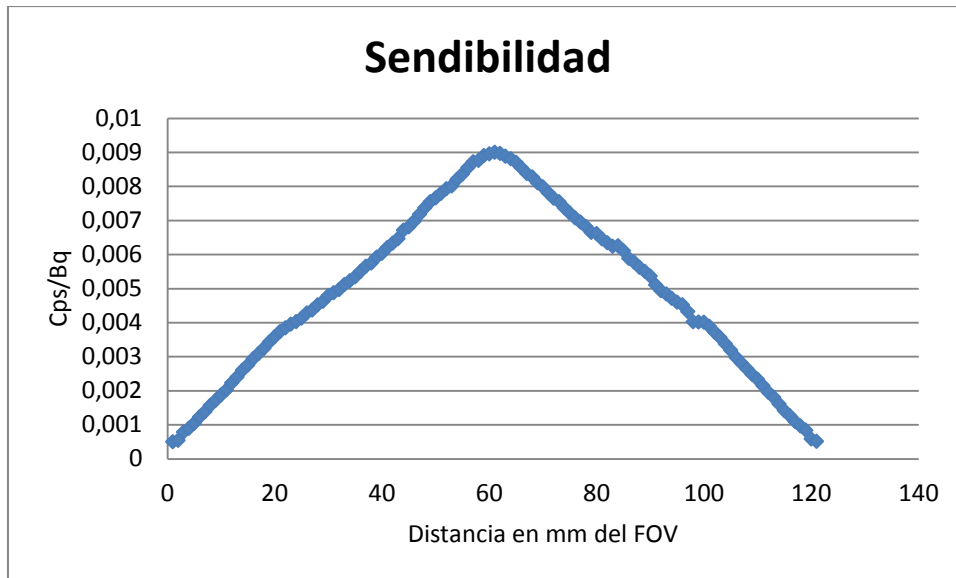


Figura 213: Perfil de la sensibilidad en cuentas por segundos.

Por otra parte, se debe caracterizar la sensibilidad para estudios de ratón y una rata. La sensibilidad para el estudio ratón es 0.476 cuentas por segundo por Bq mientras que la sensibilidad absoluta que presenta es de 52.57%.

En el caso del estudio para una rata la sensibilidad es de 0.547 cuentas por segundos por Bq mientras que la sensibilidad absoluta que se obtiene es de 60.44%.

Comparando los resultados con el artículo [8], los resultados obtenidos muestran un perfil de sensibilidad semejante. Los valores de dicho perfil son distintos dados que el procedimiento de medida es diferente en uno y otro caso. Son comparables los valores obtenidos en el centro del escáner para una fuente puntual. La diferencia que se observa es del 20%, diferencia que puede darse entre dos equipos distintos del mismo modelo. Como se puede ver comparando los resultados de [8] con los de [7].

4.3. Calidad de imagen

En la prueba de calidad de imagen el maniquí utilizado posee tres partes distintas (ver Figuras 24 a 25) descritas en el apartado 3.4:

La zona con actividad constante, en que se evalúa la uniformidad de la imagen obtenida.



Figura 24: Corte axial en la zona uniforme del maniquí.

La zona con los cilindros calientes, es decir, cilindros que en su interior poseen actividad. Esta región permite evaluar la pérdida de contraste debida a la falta de resolución del equipo.

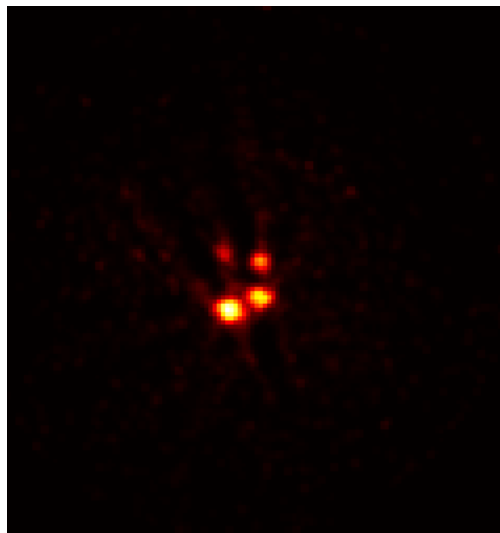


Figura 225: Corte axial de la zona de la región con barras calientes del maniquí.

La zona de región con compartimentos fríos, que está compuesta por dos cilindros uno con agua sin actividad y otro con aire, rodeados por una región con actividad uniforme. Esta parte de la imagen permite evaluar el efecto de la corrección de atenuación y de la dispersión de fotones.

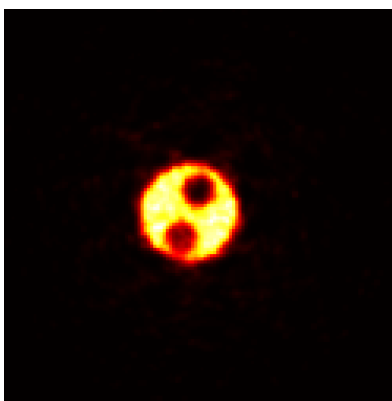


Figura 235: Corte axial de la región con cilindros fríos del maniquí.

Para todos los valores adquiridos en la prueba de calidad de imagen, las unidades de los valores, excepto los porcentajes, están en cuentas adquiridas por el escáner en vez de en actividad detectada por unidad de volumen, como se ha mencionado, debido a que el escáner no puede aplicar actualmente los factores de calibración necesarios.

Para el valor de la región uniforme, se muestran los valores medio, mínimo y máximo de la concentración de actividad y %STD, estos valores se presentan en la siguiente tabla.

Media	Mínimo	Máximo	%STD
1790,49	1325	2248	7,77

Para los coeficientes de recuperación (RC) de los cilindros con actividad se tiene los siguientes valores del coeficiente de recuperación y coeficiente de variación asociado, para cada barra.

Cilindros con diámetros de:	Coeficiente de recuperación (RC)	Coeficiente de variación ($STD_{RC} \%$)
5 mm	0,738	69,23
4 mm	0,620	58,70
3 mm	0,462	46,04
2 mm	0,265	24,45
1 mm	0,094	26,28

En los resultados obtenidos se puede apreciar como el diámetro de los cilindros afecta al valor del RC, estos son indicativos de la resolución espacial. Al ser el diámetro menor que la resolución del equipo (FWHM), los coeficientes de recuperación tienen un valor inferior a 1, porque la actividad que tienen queda representada en la imagen, no sólo en donde está la barra sino extendiéndose a la región circundante. Se puede ver que conforme va disminuyendo el diámetro hasta 1 mm el valor de RC disminuye, esto es porque, el efecto mencionado se va acentuando cada vez más.

La intensidad de la imagen en las regiones frías del maniquí respecto a la actividad media detectada en la zona uniforme, se ha evaluado mediante la SOR y la dispersión de esta medida por la STD%.

Región	SOR	STD %
Aire	0,074	41,97
Agua	0,192	21,64

Al no aplicarse corrección de atenuación en la medida, el valor el SOR para el compartimento con aire es próximo a cero. En el caso de que se estuviera aplicando incorrectamente la corrección de atenuación esto podría dar lugar a artefactos en la imagen que aumentarían el valor de SOR. Al no aplicarse no es posible la evaluación del método.

La dispersión de fotones hace que se atribuyan detecciones a zonas donde no hay actividad. Esto se puede apreciar mediante el valor del SOR en el compartimento con agua, que, a diferencia del aire, es un medio dispersor. Este valor refleja que no está aplicando corrección de dispersión, en el caso de que se aplicara este valor disminuiría.

La diferencia de porcentaje existente en %STD se debe al menor valor del SOR en la medida del compartimento con aire.

5. Conclusiones

La evaluación de Mosaic, el escáner PET para animales pequeños, es uno de los primeros pasos para una posterior simulación de imágenes PET mediante una herramienta software. En este trabajo se ha podido evaluar tres características importantes siguiendo el protocolo NEMA.

En primer lugar, la resolución espacial se puede apreciar un comportamiento parecido a los estudiados en otros escáneres que se han presentado en distintas tesis o artículos, aun así, difiere en ciertos aspectos de dimensiones, esto puede ser debido a varias razones. La primera es el tipo de fuente radiactiva utilizada en este trabajo conforme al sugerido por NEMA, también la diferencia de valores finales puede ser debido al tamaño de la fuente que se ha utilizado en este estudio respecto a las publicaciones leídas.

Conforme a la sensibilidad del escáner, el perfil de sensibilidad de los sinogramas obtenidos concuerda con los comparados en otras publicaciones, para los escáneres con un valor de la fuente puntual en el centro del escáner del mismo orden de magnitud que los comparados en los artículos.

Finalmente, en cuanto a la calidad de imagen, debido a la no disponibilidad de la corrección de atenuación ha quedado dada en unidades de número de detecciones adquiridas por el escáner. Donde se puede apreciar como los diámetros de las barras cilíndricas afectan de una forma significativa, al igual que afecta el material de dispersión que se encuentra en la región con compartimentos sin actividad.

6. Bibliografía

- [1] Quantitive Analysis in Nuclear Medicine Imaging, Springer., H, Zaidi, 2006.
- [2] Buvlat y Castiglioni, «Monte Carlo simulations in SPET and PET,» *Q. J. Nucl. Med.*, vol. 46, pp. 48-61, 2002.
- [3] N. E. M. Association, «Performance Measurements of Small Animal Positron Emission Tomographs,» NEMA Standar Publication, 2008.
- [4] P. Aguiar, Reconstruction, quantification and standardization, 2008.
- [5] S. Gopal B., Basics of PET Imaging, USA: Springer.
- [6] M. C. Castro, «Aspectos metodológicos para la evaluación de sistemas de tomografía por emisión de positrones empleando técnicas de Montecarlo, protocolos estandarizados y diferentes trazadores.,» Madrid, 2012.
- [7] C. Merheb, Y. Petegnief y J. N. Talbot, «Full modeling of the MOSAIC animal PET system based in the GATE Monte Carlo simulation code,» *Physics in Medicine and Biology*, vol. 52, pp. 563-576, 2007.
- [8] M. C. Huisman, S. Reder, A. W. Weber, S. I. Ziegler y S. M, «Performance evaluation of the Philips MOSAIC small animal PET scanner,» *European Journal of Nuclear Medicine and Molecular Imaging*, vol. 34, pp. 532-540, 2007.
- [9] H. Z. Arman Rahmim, «PET versus SPECT: strengths, limitations and challenges,» *Nuclear medicine communications*, vol. 29, nº 3, pp. 193-207, 2008.

7. Anexo

En este apartado se mostrarán los códigos implementados con la herramienta Matlab, para la obtención de la mayoría de los resultados mostrados en el documento.

Código Resolución Espacial

General.m

```
%Este fichero hace las llamadas a todas las funciones por orden, es el principal
donde carga y realiza todo para la prueba de Resolución Espacial
%El primer paso es abrir la imagen obtenida y leerla en forma de matriz
cargarMatriz
%Se crean unos perfiles para crear una aproximación de los que llegara a ser el
resultado final
perfiles_primeros
%Con los perfiles_primeros se hace una aproximacion del valor de FWHM
FWHM_primeros
%Cuando se tiene una aproximacion de la FWHM, a través de la siguiente funcion se
saca los perfiles que seran utilizados para los resultados finales
perfil_real
%A partir de los perfiles finales guenerados se procede a calcular finalmente FWHM y
FWTM, como resultado final de la prueba.
FWHM_FWTM
```

cargarMatriz.m

```
%Abrimos el fichero de la imagen
RS = fopen('fp0s2_res-0-20160711-half_H_noatn3d_buttp_wlp1.img');
%Lo leemos guardandolo en una variable (IM)
IM = fread(RS);
%Vamos a crear una matriz donde guardaremos dos las datos de la imagen ya
%con la conversion hecha , donde las dimensiones de los ejes son
%x (256), la y (256) y la z (240)

matrizIM = zeros(256, 256, 240);
%la matriz se va a leer, primero eje X, segundo eje Y, tercero eje Z
auxInicio = 1;
auxFinal = 4;
for z = 1 : 240
    for y = 1: 256
        for x = 1: 256
            matrizIM (y, x, z) = typecast(uint8(IM(auxInicio:auxFinal)), 'single');
            auxInicio = auxInicio +4;
            auxFinal = auxFinal +4;
        end
    end
end
end
%HASTA AQUI SE CREA LA MATRIZ DE LA IMAGEN
```

Perfiles_primero.m

```
clear
%Cargamos la matriz que se ha creado anteriormente
%En la matriz se tienen tres ejes el X (tangencial), Y (radial), Z (axial)
%Con las dimensiones x : 256 y : 256 z: 240
load('matrizIM.mat');

%1° Con la matriz que se ha cargado al principio (matrizIM), se colapsa, sumando el
todo el eje X obteniendo como resultado de la suma una matriz bidimensional donde
contiene los ejes Y, Z

sumaX_auxEjeX= 1;
sumaX_matrizSumaEnX = zeros(240,256);
sumaX_AuxmatrizSumaEnX = zeros(240,256);
while sumaX_auxEjeX < 257
    for sumaX_i = 1 : 240
        for sumaX_j = 1: 256
            sumaX_AuxmatrizSumaEnX(sumaX_i,sumaX_j) = matrizIM(sumaX_j,sumaX_auxEjeX
            ,sumaX_i);
        end
    end
    sumaX_matrizSumaEnX = sumaX_matrizSumaEnX + sumaX_AuxmatrizSumaEnX;
    sumaX_auxEjeX = sumaX_auxEjeX + 1 ;
end

%Una vez colapsado en el eje X, se procede a sacar los perfiles
%sumaX_matrizSumaEnX es la matriz resultante del colapsar en X, con dimension [240
256]

%1°.1 Se procede a sacar el perfil del eje Z

sumaX_AuxArrayZ_colapsoX = zeros(1,240);
perfil_Z_colapsoX = zeros(1,240);
colapsoX_auxEjeZ = 1;
while colapsoX_auxEjeZ < 257
    for sumaX_i2= 1 : 240
        sumaX_AuxArrayZ_colapsoX(1,sumaX_i2) = sumaX_matrizSumaEnX(sumaX_i2,
        colapsoX_auxEjeZ);
    end
    perfil_Z_colapsoX = perfil_Z_colapsoX +sumaX_AuxArrayZ_colapsoX;
    colapsoX_auxEjeZ = colapsoX_auxEjeZ + 1;
end

%1°.2 Se procede a sacar el perfil del eje Y
sumaX_AuxArrayY = zeros(1,256);
perfil_Y_colapsoX = zeros(1,256);
colapsoX_auxEjeY = 1;
while colapsoX_auxEjeY < 241
    for sumaX_i3= 1 : 256
        sumaX_AuxArrayY(1,sumaX_i3) = sumaX_matrizSumaEnX(colapsoX_auxEjeY,sumaX_i3);
    end
    perfil_Y_colapsoX = perfil_Y_colapsoX +sumaX_AuxArrayY;
    colapsoX_auxEjeY = colapsoX_auxEjeY + 1;
end
```

%2° Con la matriz que se ha cargado al principio (matrizIM), se colapsa, sumando el todo el eje Y obteniendo como resultado de la suma una matriz bidimensional donde contiene los ejes X, Z

```
sumaY_auxEjeY = 1;
matriz_resultante_colapsoY = zeros(240,256);
sumaY_AuxmatrizSumaEnY = zeros(240,256);
while sumaY_auxEjeY < 257
    for sumaY_i = 1 : 240
        for sumaY_j = 1: 256
            sumaY_AuxmatrizSumaEnY(sumaY_i,sumaY_j) = matrizIM(sumaY_auxEjeY,sumaY_j
                ,sumaY_i);
        end
    end
    matriz_resultante_colapsoY = matriz_resultante_colapsoY + sumaY_AuxmatrizSumaEnY
    ;
    sumaY_auxEjeY = sumaY_auxEjeY + 1 ;
end
```

%Una vez colapsado en el eje Y, se procede a sacar los perfiles
%matriz_resultante_colapsoY es la matriz resultante del colapsar en Y, con dimension [240 256]

%2°.1 Se procede a sacar el perfil de Z

```
sumaY_AuxArrayX = zeros(1,240);
perfil_Z_colapsoY = zeros(1,240);
sumaY_auxEjeX = 1;
while sumaY_auxEjeX < 257
    for sumaY_i2= 1 : 240
        sumaY_AuxArrayX(1,sumaY_i2) = matriz_resultante_colapsoY(sumaY_i2,
            sumaY_auxEjeX);
    end
    perfil_Z_colapsoY = perfil_Z_colapsoY +sumaY_AuxArrayX;
    sumaY_auxEjeX = sumaY_auxEjeX + 1;
end
```

%2°.2 Se procede a sacar el perfil de X

```
sumaY_AuxArrayZ = zeros(1,256);
perfil_X_colapsoY = zeros(1,256);
sumaY_auxEjeZ = 1;
while sumaY_auxEjeZ < 241
    for sumaY_i3= 1 : 256
        sumaY_AuxArrayZ(1,sumaY_i3) = matriz_resultante_colapsoY(sumaY_auxEjeZ,
            sumaY_i3);
    end

    perfil_X_colapsoY = perfil_X_colapsoY +sumaY_AuxArrayZ;
    sumaY_auxEjeZ = sumaY_auxEjeZ + 1;
end
```

%3° Con la matriz que se ha cargado al principio (matrizIM), se colapsa, sumando el todo el eje Z obteniendo como resultado de la suma una matriz bidimensional donde contiene los ejes X,Y

```
sumaZ_auxEjeZ = 1;
sumaZ_matrizSumaEnZ = zeros(256,256);
AuxmatrizSumaEnZ = zeros(256,256);
while sumaZ_auxEjeZ <241
    for sumaZ_i = 1 : 256
        for sumaZ_j = 1: 256
            AuxmatrizSumaEnZ(sumaZ_i,sumaZ_j) = matrizIM(sumaZ_i,sumaZ_j,
                sumaZ_auxEjeZ);
        end
    end

    sumaZ_matrizSumaEnZ = sumaZ_matrizSumaEnZ + AuxmatrizSumaEnZ;
    sumaZ_auxEjeZ = sumaZ_auxEjeZ + 1 ;
end
```

```

%Una vez colapsado en el eje Z, se procede a sacar los perfiles
%sumaZ_matrizSumaEnZ es la matriz resultante del colapsar en Y, con dimension [256
256]

%3°.1 Se procede a sacar el perfil de Y
sumaZ_AuxArray = zeros(1,256);
perfil_Y_colapsoZ = zeros(1,256);
sumaZ_auxEjeX = 1;
while sumaZ_auxEjeX < 257
    for sumaZ_i2= 1 : 256
        sumaZ_AuxArray(1,sumaZ_i2) = sumaZ_matrizSumaEnZ(sumaZ_i2,sumaZ_auxEjeX);
    end

    perfil_Y_colapsoZ= perfil_Y_colapsoZ +sumaZ_AuxArray;
    sumaZ_auxEjeX = sumaZ_auxEjeX + 1;
end

%3°.1 Se procede a sacar el perfil de X
sumaZ_AuxArray2 = zeros(1,256);
perfil_X_colapsoZ = zeros(1,256);
sumaZ_auxEjeY = 1;
while sumaZ_auxEjeY < 257
    for sumaZ_i3= 1 : 256
        sumaZ_AuxArray2(1,sumaZ_i3) = sumaZ_matrizSumaEnZ(sumaZ_auxEjeY,sumaZ_i3);
    end

    perfil_X_colapsoZ = perfil_X_colapsoZ +sumaZ_AuxArray2;
    sumaZ_auxEjeY = sumaZ_auxEjeY + 1;
end

%Finalmente guardamos los perfiles que se han generados para que puedas ser
utilizados posteriormente
save('perfil_X_colapsoZ')
save('perfil_X_colapsoY')
save('perfil_Y_colapsoX')
save('perfil_Y_colapsoZ')
save('perfil_Z_colapsoX')
save('perfil_Z_colapsoY')

```

FWHM_primerom

```
clear
%Al cargar esta variables tenemos la aproximacion de TODOS los perfiles obtenidos
anteriormente
%Ahora debemos aplicarle al perfil que deseamos los ajustes lineales y
%parabólico para obtener una aproximacion del FWHM
%El orden es primero el ajuste parabolico, luego el linear y luego el
%calculo de FWHM

%Carga de perfiles
load('perfil_X_colapsoZ')
load('perfil_X_colapsoY')
load('perfil_Y_colapsoX')
load('perfil_Y_colapsoZ')
load('perfil_Z_colapsoX')
load('perfil_Z_colapsoY')

%Constante para el calculos de FWHM
k = 0.5;

%Calculamos el perfil de X, que se saco tras el colapso en el eje Z
parabolico_perfil_Z_sumaX = ajusteparabolico (perfil_X_colapsoZ);
FWHM_perfil_X_colapsoZ_voxel = round(ajusteLineal (parabolico_perfil_Z_sumaX ,
perfil_X_colapsoZ , k));

%Calculamos el perfil de Y, que se saco tras el colapso en el eje Z
parabolico_perfil_Z_sumaY = ajusteparabolico (perfil_Y_colapsoZ);
FWHM_perfil_Y_colapsoZ_voxel = round(ajusteLineal (parabolico_perfil_Z_sumaY ,
perfil_Y_colapsoZ , k));

%Calculamos el perfil de Z, que se saco tras el colapso en el eje X
parabolico_perfil_X_sumaZ = ajusteparabolico (perfil_Z_colapsoX);
FWHM_perfil_Z_colapsoX_voxel = round(ajusteLineal (parabolico_perfil_X_sumaZ ,
perfil_Z_colapsoX , k));

%Las unidades de los valores resultantes son en numero de voxeles
%Finalmente guardamos las variables para su posterior uso
save('FWHM_perfil_Z_colapsoX_voxel')
save('FWHM_perfil_Y_colapsoZ_voxel')
save('FWHM_perfil_X_colapsoZ_voxel')
```

perfil_real.m

```
clear
%Se carga los FWHM (voxeles) generados anteriormente
load('FWHM_perfil_Z_colapsoX_voxel')
load('FWHM_perfil_Y_colapsoZ_voxel')
load('FWHM_perfil_X_colapsoZ_voxel')
%Cargamos la matriz con las intensidades generada en cargarMatriz
load('matrizIM')
%variable para calcular la intensidad maxima de la matriz
maximo_por_slices = 0;
%los slices son todos los cortes que existen en el eje Z, es decir, 240 slices
%Bucle para encontrar la maxima intensidad en los slice (eje Z)
for z = 1 : 240
    if max(max(matrizIM(:,:,z)))> maximo_por_slices
        %valor maximo de intensidad
        maximo_por_slices = max(max(matrizIM(:,:,z)));
        %posicion del slice
        slice_max=z;
    end
end

%Al encontrar la posicion del valor maximos en el eje Z, se procede a hacer una
suma a partir de esa posicion
%La dimension de matriz que sera sumada nos viene dado en
FWHM_perfil_Z_colapsoX_voxel

%1° Se colapsa la matriz matrizIM sobre el eje Z, para luego poder sacar el perfil
en X e Y
num_vox_z = FWHM_perfil_Z_colapsoX_voxel;
suma_Z=sum(matrizIM(:,:,slice_max:slice_max+num_vox_z),3)+ sum(matrizIM(:,:,
slice_max-num_vox_z:slice_max-1),3);
```

```

%1°.1 Se saca el perfil en el eje X, a partir de la matriz suma_Z
%El indice del valor maximo para el eje Y de la matriz suma Z
[~,indMax_Y]=max(max(suma_Z,[],2));
num_vox_y = FWHM_perfil_Y_colapsoZ_voxel;
aux_perfil_X = zeros(1,256);
perfil_X = zeros(1,256);

for i_X1 = indMax_Y-num_vox_y : indMax_Y+num_vox_y
    for i_X2= 1:256
        aux_perfil_X(1,i_X2) = suma_Z(i_X1, i_X2);
    end
    perfil_X = perfil_X + aux_perfil_X;
end

%1°.2 Se saca el perfil en el eje Y, a partir de la matriz suma_Z
%El indice del valor maximo para el eje X de la matriz suma Z
aux_perfil_Y = zeros(1,256);
perfil_Y = zeros(1,256);
[~,indMax_X]=max(max(suma_Z));
num_vox_x = FWHM_perfil_X_colapsoZ_voxel;

for i_Y1 = indMax_X-num_vox_x: indMax_X+num_vox_x
    for i_Y2= 1:256
        aux_perfil_Y(1,i_Y2) = suma_Z(i_Y2 , i_Y1);
    end
    perfil_Y = perfil_Y + aux_perfil_Y;
end

```



```

%Bucle para encontrar la maxima intensidad en los cortes del eje X
maximo_por_slices_x = 0;
for x = 1 : 256
    if max(max(matrizIM(:,x,:)))> maximo_por_slices_x
        %valor maximo de intensidad
        maximo_por_slices_x = max(max(matrizIM(:,x,:)));
        %posicion del slice
        slice_max_x =x;
    end
end

%Al encontrar la posicion del valor maximos en el eje X, se procede a hacer una
suma a partir de esa posicion
%La dimension de matriz que sera sumada nos viene dado en num_vox_x =
FWHM_perfil_X_colapsoZ_voxel

%2° Se colapsa la matriz matrizIM sobre el eje X, para luego poder sacar el perfil
en Z
aux_suma_X = sum(matrizIM(:,slice_max_x-num_vox_x:slice_max_x+num_vox_x,:),2);
%Transformar la matriz en 256, 240
suma_X = zeros (256,240);
for i1 = 1 : 256
    for i2 = 1:240
        suma_X (i1,i2) = aux_suma_X (i1 , 1 , i2);
    end
end

%2ª Se saca el perfil de Z
[~,indMax_Z]=max(max(suma_X,[],2));
perfil_Z = zeros (1,240);
aux_perfil_Z = zeros (1,240);
for i_Z1 = indMax_Z-num_vox_y: indMax_Z+num_vox_y
    for i_Z2= 1:240
        aux_perfil_Z(1,i_Z2) = suma_X(i_Z1 , i_Z2);
    end
    perfil_Z = perfil_Z + aux_perfil_Z;
end

%Se guardan las variables para su posterior uso
save('perfil_X');
save('perfil_Y');
save('perfil_Z');

%Con este fichero se hace que se quede unos perfiles con menos ruido centrados en
donde esta la fuente puntual

```

FWHM_FWTM

```
clear
%Cargamos los perfiles donde se la ha quitado el ruido
%Ahora se debe aplicar a cada perfil los ajustes lineales y parabólico
%para obtener FWHM y FWTM
%El orden es primero el ajuste parabolico, luego el linear y luego el calculo de FWHM
y FWTM
load ('perfil_X');
perfil_dirZ_X = perfil_X;
load ('perfil_Y');
perfil_dirZ_Y = perfil_Y;
load ('perfil_Z');
perfil_dirX_Z = perfil_Z;
%Contante para el calculo del FWHM
k1 = 0.5;
%Contante para el calculo del FWTM
k2 = 0.1;
%Cada pixel o voxel tiene una longitud de 0.5 milimetros
mm = 0.5;

%Perfil del eje X generado tras el colapso de la matriz en el eje Z
parabolico_perfil_Z_sumaX = ajusteparabolico (perfil_dirZ_X);
FWHM_perfil_Z_sumaX = ajusteLineal (parabolico_perfil_Z_sumaX , perfil_dirZ_X , k1);
A_perfil_X_FWHM = FWHM_perfil_Z_sumaX * mm;
FWTM_perfil_Z_sumaX = ajusteLineal (parabolico_perfil_Z_sumaX , perfil_dirZ_X , k2);
A_perfil_X_FWTM = FWTM_perfil_Z_sumaX * mm;

%Perfil del eje Y generado tras el colapso de la matriz en el eje Z
parabolico_perfil_Z_sumaY = ajusteparabolico (perfil_dirZ_Y);
FWHM_perfil_Z_sumaY = ajusteLineal (parabolico_perfil_Z_sumaY , perfil_dirZ_Y , k1);
A_perfilY_FWHM = FWHM_perfil_Z_sumaY * mm;
FWTM_perfil_Z_sumaY = ajusteLineal (parabolico_perfil_Z_sumaY , perfil_dirZ_Y , k2);
A_perfilY_FWTM = FWTM_perfil_Z_sumaY * mm;

%%Perfil del eje z generado tras el colapso de la matriz en el eje x
parabolico_perfil_X_sumaZ = ajusteparabolico (perfil_dirX_Z);
FWHM_perfil_X_sumaZ = ajusteLineal (parabolico_perfil_X_sumaZ , perfil_dirX_Z , k1);
A_perfilZ_FWHM = FWHM_perfil_X_sumaZ * mm;
FWTM_perfil_X_sumaZ = ajusteLineal (parabolico_perfil_X_sumaZ , perfil_dirX_Z , k2);
A_perfilZ_FWTM = FWTM_perfil_X_sumaZ * mm;
```



```

%Caso de 0 mm
sino_cero='ssrb_p0s2_sensitivity_20161103_centered_reord.s';
array_cero=fopen(sino_cero,'r');
if array_cero~=1 %Comprobamos que se ha abierto correctamente
    disp('n=0'); %Escribimos en pantalla que se esta procesando
    sino=fread(array_cero);
    sinoMatrices{mitad}=zeros(bins,slice,angles);
    cont=0;
    for z=1:angles
        for y=1:slice
            for x=1:bins
                a=1+cont*n_bytes;
                cont=cont+1;
                b=cont*n_bytes;
                sinoMatrices{mitad}(x,y,z)=typecast(uint8(sino(a:b)),'single'); %pasamos los
                4 bytes a uint8 y casting a float
            end
        end
    end
else
    disp('Error al leer el sinograma_cero');%No ha abierto el fichero por lo que saldrá en pantalla
end

%Caso del fondo
archivo_fondo='ssrb_p0s2_background_20161103_reord.s';
array_fondo=fopen(archivo_fondo,'r');
if array_fondo~=1 %Comprobamos que se ha abierto correctamente
    disp('n=fondo'); %Escribimos en pantalla que se esta procesando
    sino_fondo=fread(array_fondo);
    sinoMatrices_fondo=zeros(bins,slice,angles);
    cont=0;
    for z=1:angles
        for y=1:slice
            for x=1:bins
                a=1+cont*n_bytes;
                cont=cont+1;
                b=cont*n_bytes;
                sinoMatrices_fondo(x,y,z)=typecast(uint8(sino_fondo(a:b)),'single');
                %pasamos los 4 bytes a uint8 y casting a float
            end
        end
    end
else
    disp('Error al leer el sinograma_fondo');%No ha abierto el fichero por lo que saldrá en pantalla
end

sumo_fondo=sum(sum(sum(sinoMatrices_fondo)));
t_fondo = 5 ; %segundos

%Para el resto de distancias lo haremos con un bucle for
%El hacer todo en un solo fichero nos ayuda luego con los resultados
%que tenemos que sacar, ya que hay sumatorios de todas las distancias,etc

```

```

for n=1:1:pos_slices %vamos a rellenar la celda en el orden: -55,-54,...,0,1,2,3...
    disp(strcat('n= ',num2str(n))); %mostramos en pantalla en que sinograma estamos
    %La distancia es el numero en negativo y en positivo la misma
    %distancia pero en distinta posicion respecto al centro del eje

    %strcat creamos un string concatenando lo que le pasamos en la entrada
    fichero_pos=strcat('ssrb_p0s2_sensitivity_20161103_',num2str(n),'mm_reord.s');
    fichero_neg=strcat('ssrb_p0s2_sensitivity_20161103_',num2str(n),'mm_reord.s');

    fich_pos=fopen(fichero_pos,'r');
    fich_neg=fopen(fichero_neg,'r');
    %Si fopen devuelve uno es que se ha conseguido abrir el fichero
    if (fich_pos~=1 && fich_neg~=1)
        %Leemos lo que hay dentro del fichero y lo cargamos en las variables
        sino_pos=fread(fich_pos);
        sino_neg=fread(fich_neg);

        sinoMatrices{mitad-n}=zeros(bins,slice,angles);
        sinoMatrices{mitad+n}=zeros(bins,slice,angles);
        %A continuacion creamos para cada fichero (sinograma) su matriz
        cont=0;
        for z=1:angles
            for y=1:slice
                for x=1:bins
                    a=1+cont*n_bytes;
                    cont=cont+1;
                    b=cont*n_bytes;
                    sinoMatrices{mitad-n}(x,y,z)=typecast(uint8(sino_neg(a:b)),'single');
                    %pasamos los 4 bytes a uint8 y casting a float
                    sinoMatrices{mitad+n}(x,y,z)=typecast(uint8(sino_pos(a:b)),'single');
                end
            end
        end
    else
        %En el caso de que no podamos abrir el fichero nos saltará en
        %pantalla el siguiente texto
        disp('Error al leer el sinograma');
    end
end
end

```

```

%Pasamos al protocolo NEMA para hacer los calculos
disp('Protocolo NEMA para hacer los calculos');
for n=1:1:num_sinos
    %Una forma de ir visualizando en que momento estamos
    disp(strcat('n= ',num2str(n)));
    for z=1:angles
        for y=1:slice
            %Encontrar el valor del elemento maximo y su indice
            [M,I]=max(sinoMatrices{n}(:,y,z));
            for i=I+11:bins
                %Más alla de 1 cm aprox debemos poner los valores a cero
                sinoMatrices{n}(i,y,z)=0;
            end
            for i=I-11:-1:1
                sinoMatrices{n}(i,y,z)=0;
            end
        end
    end
    %Finalmente hacemos un colapso de la matriz
    counts_slice(n)=sum(sum(sum(sinoMatrices{n})));
end

R_i=counts_slice./T_acq; %counting rate (counts per second)
R_B_i =sumo_fondo/t_fondo ;
S_i=(R_i-R_B_i)./A_cal; %Sensitivity (counts per second per mu Ci)

S_A_i=(S_i/0.9060)*100; %absolute sensitivity (percentage)

S_M_tot = 0;
S_M_A_tot = 0;
S_tot = 0;
S_A_tot = 0;
for i= 26:1: 96
    S_M_tot = S_M_tot + S_i(1,i);
    S_M_A_tot = S_M_A_tot + S_A_i(1,i);
end

for j =1:121
    S_tot = S_tot + S_i(1,i);
    S_A_tot = S_A_tot + S_A_i(1,i);
end

plot(S_i, '*');

```

Código Calidad de imagen

```
%Leer la imagen que ha sido cortada
%Abrimos el fichero de la imagen
RS = fopen('p208s0_IQ_Phantom_cropped_04112016_hi.img');
%Lo leemos guardandolo en una variable (IM)
IM = fread(RS);
%Vamos a crear una matriz donde guardaremos dos las datos de la imagen ya
%con la conversion hecha , donde las dimensiones de los ejes son
%x (128), la y (128) y la z (11)

matrizIM = zeros(128, 128, 11);
%la matriz se va a leer, primero eje X, segundo eje Y, tercero eje Z
auxInicio = 1;
auxFinal = 4;
for z = 1 : 11
    for y = 1: 128
        for x = 1: 128
            matrizIM (y, x, z) = typecast(uint8(IM(auxInicio:auxFinal)), 'single');
            auxInicio = auxInicio +4;
            auxFinal = auxFinal +4;
        end
    end
end

aux_promedio = zeros (128,128);
promedio = zeros (128,128);
for i=1: 11
    aux_promedio = matrizIM (:,:,i);
    promedio = promedio + aux_promedio ;
end
final_promedio = promedio/11;
save('final_promedio.img');
```