Hibrid Monte Carlo CT szimuláció a GPU-n

Jakab Gábor [1,2]

[1] Mediso Kft.
1022 Budapest, Alsótörökvész u. 14.
http://www.mediso.hu, research@mediso.hu

[2] Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem
Irányítástechnika és Informatika Tanszék
1117 Budapest, Magyar tudósok körútja 2.
http://www.iit.bme.hu

Absztrakt. A rekonstrukciós algoritmusok fejlesztése esetén szükséges egy hatékony, ám a fizikai valóságot minél jobban közelítő szimulációs eszköz. A fizikai problémák numerikus megoldásához a részecske alapú, úgynevezett Monte Carlo szimulációkat alkalmazzák előszeretettel. A számítási igény miatt korábban ezeket az algoritmusokat szuperszámítógépeken és sokgépes klasztereken futtatták. A grafikus feldolgozó egységek (GPU) fejlődésével ezek a módszerek már egy asztali gépen is elérhetővé váltak. Ebben a cikkben számítógépes tomográf (CT) működésének szimulációját valósítjuk meg GPU-n, melynek során rávilágítunk arra is, hogy ehhez a megoldó algoritmust a képszintézis lépéseinek megfelelően kell megfogalmazni. Az eredményeinket többféle valós helyzetet modellező eseten értékeljük.

Kulcsszavak: grafikus feldolgozó egység (GPU), számítógépes tomográfia, képrekonstrukció, foton transzport.

1 Bevezetés

A CT képalkotás egyik legfontosabb része a rekonstrukció. Ezzel a művelettel állítjuk elő a nyers, a készülék által begyűjtött adatokból a felhasználó által is értelmezhető háromdimenziós képet. A rekonstrukciós algoritmusok fejlesztéséhez és teszteléséhez elengedhetetlen egy minél pontosabb, jól paraméterezhető szimulációs eszköz. A valódi méréseken egyszerre jelenik meg az összes fizikai hatás és a mérésből származó pontatlanság. Egy szimulációval azonban az egyes hatásokat, pl. a testen belüli szórást, sugárkeményedést, ki- illetve bekapcsolva tudjuk elemezni a rekonstrukciós szoftver teljesítményét és jóságát. Ugyanakkor már a készülék tervezésekor, vagy egy lehetséges továbbfejlesztés előtt is érdemes szimulációkat végezni, hogy választ kapjunk arra, hogy az új, fizikailag még nem létező készülék vélhetően milyen minőségű képet fog készíteni. Egy akkurátus szimulációval nem csak a készülék által előállított képeket modellezhetjük, hanem a testen (páciens)

belüli, a vizsgálat során keletkező dóziseloszlást is, ami szinten fontos tényező egy készülék tervezésekor.

A CT képalkotás legegyszerűbb modellezése, az ún. Beer-Lambert összefüggés [1] alapján történhet:

$$I = I_0 \cdot e^{-\int \mu(l)dl},$$

ahol I az intenzitás a sugár mentén, illetve ahol a sugár a detektort metszi, a detektált érték, I_0 pedig a forrás intenzitása. Ez a képlet azt fejezi ki, hogy a forrásintenzitás mennyire csökken, miközben keresztülhaladt az anyagon. A lineáris gyengítési együttható (μ, linear attenuation coefficient) a sugár mentén változik, az anyagra jellemző, és egy adott energián értendő. Ezzel a módszerrel csak a testen belüli elnyelés vehető figyelembe, a szóródás nem.

Látható fény szimulációjára [2], és más orvosi képalkotó modalitások esetén (SPECT, PET) rendszeresen használnak Monte Carlo alapú szimulációkat [3,4], amivel pontosabb rendszermodell készíthető. Ezek lényege, hogy az egyes fotonok életciklusát egymástól függetlenül szimulálják a forrástól a detektorig. Ebbe a modellbe könnyedén beépíthetők az ismert fizikai hatások: koherens és inkoherens szóródás, fotoelektromos kölcsönhatás (elnyelés), így az egyszerű elnyeléshez képest pontosabb forrás és detektor modell készíthető. A Monte Carlo módszer legnagyobb hátránya, hogy rendkívül sok részecskét kell szimulálni a megfelelően pontos, azaz kicsiny relatív szórású eredményhez. Számos létező és elterjedt szimulátor létezik már, pl. a GATE vagy a GEANT[1], amikkel nagyon pontosan tudjuk szimulálni a fizikai hatásokat, ám a sebességük kifejezetten alacsony a szükséges hatalmas részecskeszámhoz képest, tipikusan maximum 10^6 részecske másodpercenként egy modern számítógépen[2]. Ezzel a sebességgel még több száz gépes klasztereken, illetve grid rendszereken is kivárhatatlan idő lenne egy CT szimuláció, ezért új módszereket kell keresni. Kézenfekvő ötlet a GPU (grafikus feldolgozó egység) alapú implementáció, amivel nagyon nagyfokú párhuzamosítás érhető el (több mint ezer számítási mag GPU-nként, és egy számítógépbe négy, vagy akár több GPU is beépíthető). A másik ötlet, hogy egy teljes Monte Carlo szimuláció helyett egy hibrid módszert dolgozzunk ki, ami az elnyelést a Beer-Lambert összefüggés alapján számolja és csak a szóródást szimuláljuk Monte Carlo módszerrel.

2 CT szimuláció Monte Carlo módszerrel

Egy direkt részecske alapú szimuláció a részecskéket egymástól függetlenül kezeli. A CT készülékek alapvetően projekciós (vetületi) képeket készítenek a leképezendő test körül forogva (ún. cirkuláris gyűjtés), és adott esetben transzlációs (előremenő) mozgást is végezve (ún. helikális, spirális gyűjtés). A szimuláció során ezt fogjuk modellezni, minden egyes CT projekciós képet külön szimulálva.

A rendszermodell a következőkből áll: röntgenforrás, leképezendő objektum (fantom), és detektor. A forrás és a detektor egyszerre mozog a test körül cirkuláris,

[1] http://geant4.cern.ch/
[2] saját méréseinkre támaszkodva

vagy spirális „ideális” pályán (később lehet tetszőleges pálya, akár mesterséges geometria hibákkal is). A röntgenforrás egy szögelfordulással és a fotonok energiájával jellemezhető. Lehet mono-, vagy polikromatikus (több energián sugárzó), tekinthetjük pontszerűnek vagy kiterjedtnek (focal-spot szimuláció). A forrásirány karakterisztikája állandó a kibocsátási térszögön belül, azon kívül nincs emisszió. A kibocsátott sugárzás spektrumát a forrás anyaga egyértelműen meghatározza.

A forrás Monte Carlo szimulációjához a kibocsátási térszögben egyenletes valószínűségsűrűséggel sorsolunk kezdeti irányokat. A fotonokhoz energiát rendelünk, amelyet a forrás spektrumával arányos valószínűségsűrűséggel mintavételezünk.

Amennyiben a kiinduló sugár metszi a fantom befoglaló dobozát, a metszéspontból indulva Woodcock [5,6] módszerrel mintavételezzük a szabad úthosszat. A Woodcock módszer [6]-beli értelmezése szerint visszavezeti az inhomogén közegben a szabad úthossz mintavételezését a homogén közeg esetére, ami már egy explicit formulával megoldható. A visszavezetés során virtuális részecskéket keverünk az inhomogén anyaghoz úgy, hogy az eredeti és virtuális részecskék együttesen konstans σ_{max} hatáskeresztmetszetet jelentsenek. Ebben a homogén hatás-keresztmetszetű anyagban a véletlen szabad úthossz egy egységintervallumban egyenletes eloszlású r véletlen szám transzformációjával kapható meg:

$$l = \frac{-\log(1-r)}{\sigma_{\max}}.$$

A virtuális részecskék önkényes felvétele módosíthatja a sugarak intenzitását, ezért meghamisíthatja a szimulációt. Ezt elkerülendő, a virtuális részecskék szórását úgy kell kialakítani, hogy ne legyenek befolyással a sugárzás intenzitásra. Könnyen látható, hogy ez a feltétel fennáll, ha egy virtuális részecske a szóródás során nem változtatja meg se a foton energiáját, se pedig az irányát. Mivel egy Monte Carlo becslésnek várható értékben kell helyesnek lennie, a döntést, hogy virtuális vagy valódi részecskével ütközünk elegendő véletlenszerűen meghozni.

A szabad úthossz meghatározása után a kölcsönhatás típusát mintavételezzük, amely lehet fotoelektromos elnyelődés, Rayleigh, vagy Compton szóródás, vagy virtuális részecske szóródás, ami a foton-tulajdonságokat nem módosítja. A választáshoz sorsolunk egy egyenletes eloszlású R számot a $[0, \sigma_{max})$ intervallumban. Ha $R \leq \sigma_{photo}$, akkor fotoelektromos elnyelődés, ha $\sigma_{photo} < R \leq \sigma_{photo}+\sigma_{compton}$, akkor Compton szóródás, ha $\sigma_{photo}+\sigma_{compton} < R \leq \sigma_{photo}+\sigma_{compton}+\sigma_{Rayleigh}$, akkor Rayleigh szóródás, egyébként pedig virtuális részecskeütközés következett be. A fotoelektromos kölcsönhatás során a foton életciklusa befejeződik.

Virtuális részecskeütközésnél folytatjuk a foton útjának követését újabb szabad úthosszt sorsolva. Compton-szórás esetén a Klein-Nishina formulával kiszámoljuk a részecske új irányát és energiáját. A Rayleigh szórás csak az irányt módosítja, az energiát nem. Az alkalmazott detektormodellben feltételezzük, hogy a detektor minden, egy megadott diszkriminációs szintnél nagyobb energiával rendelkező részecskét detektál.

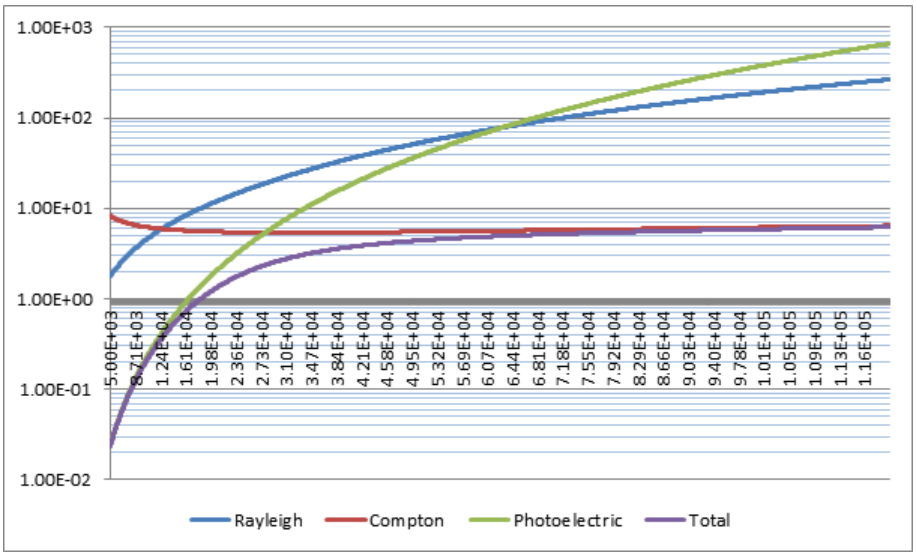
3 GPU alapú megvalósítás

A szimuláció GPU implementációját CUDA és C++ nyelven valósítottuk meg.

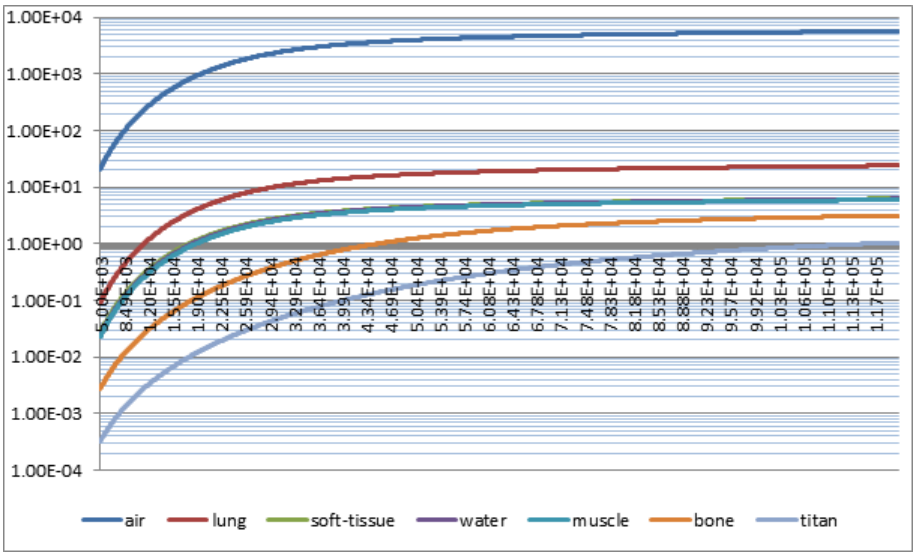
A különböző anyagok hatáskeresztmetszeteire és azok energiafüggésére szükségünk van mind a Woodcock lépések mind pedig a kölcsönhatások számításához. A hatáskeresztmetszeteket anyagonként külön táblázatokban tároljuk. Elegendő a Rayleigh és Compton szórási hatáskeresztmetszetet és a teljes hatáskeresztmetszetet tárolni, a fotoelektromos kölcsönhatás mértéke számítható ezekből. Mivel ezeket a táblázatokat rendkívül sokszor fogjuk kiolvasni, a legjobb, ha a GPU közös („shared") memóriájában tároljuk. Ez a memória rendkívül gyors, gyakorlatilag a regiszter hozzáféréshez hasonló idejű, és minden, az adott multiprocesszoron futó szál számára közös. A közös memória mérete viszont erősen korlátozott, jelenleg 48 kbyte. A hatáskeresztmetszet függvény vizsgálatakor kiderült számunkra, hogy meglehetősen sima, így elég viszonylag kevés energia egységben (binben) tárolni (lásd **1. ábra**). Így 512 bin esetén 8 anyag fér el a közös memóriában, 256 bin esetén pedig 16 anyag, ami már komplexebb szimulációkhoz is elég. A táblázatokban az energia értékek 5 keV-tól 120 keV-ig terjednek, mivel a CT detektorok 5 keV energiánál gyengébb sugarakat nem érzékelnek, 120 keV-nál nagyobb energiájú sugarakat pedig általában nem használnak. A hatáskeresztmetszeteket az 1.0 g/cm^3 sűrűségű anyagra vonatkoztatva tároljuk és a szimulációt a tényleges sűrűségeloszlás alapján skálázzuk.

Az 1. és 2. ábrán a szabad úthosszakat hasonlítottuk össze az emberi testben előforduló anyagokra. Az **1. ábrán** a vízben mért szabad úthosszak láthatók a különböző kölcsönhatások esetén. Érdemes megfigyelni, hogy a görbék hol metszik egymást, azaz a foton energiájától függően mikor melyik hatás válik meghatározóvá. A **2. ábrán** pedig különböző egyéb anyagokban mérhető szabad úthosszak láthatók, amelyeket most az összes hatás, azaz a teljes hatáskeresztmetszet alapján határoztunk meg. A táblázatokat az XCOM[3] adatbázis segítségével készítettük.

[3] http://www.nist.gov/pml/data/xcom/index.cfm



2. ábra. Vízben mért szabad úthosszak (a hatáskeresztmetszet reciprokra), a különböző kölcsönhatások esetén. Logaritmikus görbe, vízszintes tengelyen az energia, függőlegesen a szabad úthossz cm-ben.

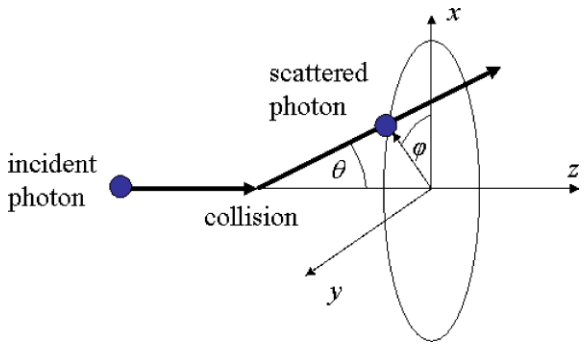


3. ábra. Különböző anyagokban mérhető szabad úthosszak (cm), a teljes hatáskeresztmetszet figyelembe vételével, logaritmikus görbén ábrázolva.

A Woodcock módszerhez minden energián szükség van a testen belül előforduló legnagyobb hatáskeresztmetszetre (majoráns hatáskeresztmetszet). Mivel az általunk vizsgált környezetben (energia intervallum és anyagok), a különböző anyagok teljes hatáskeresztmetszet görbéi nem metszik egymást (**3. ábra**), elég csak azt megjegyezni, hogy melyik anyag lesz a meghatározó, és annak az anyagnak a teljes hatáskeresztmetszetével kell számolni.

3.1. Szóródások szimulációja

Alapvetően két fajta kölcsönhatás okozhatja a részecskék szóródását a testen belül CT készülék esetén. A koherens, vagy más néven Rayleigh-szóródás, illetve inkoherens, azaz Compton-szóródás. A Rayleigh-szóródás során a foton az atommaggal vagy a kötött elektronokkal ütközik, melyek a foton relativisztikus tömegéhez képest jelentős tehetetlenséggel bírnak. Így a rugalmas ütközés során a foton energiája, így frekvenciája nem változik meg. A Compton-szórás azonban a külső héjon levő szabad elektronokon következik be, amelyek részben átveszik a foton energiáját, így annak energiája, azaz frekvenciája a szóródás csökken.



4. ábra. Compton-szóródás

A Compton-szórás Monte Carlo szimulációja során ki kell számolnunk a foton új irányát, majd ennek segítségével a Compton törvény alkalmazásával az új lecsökkent energiáját. A Compton összefüggés alakja:

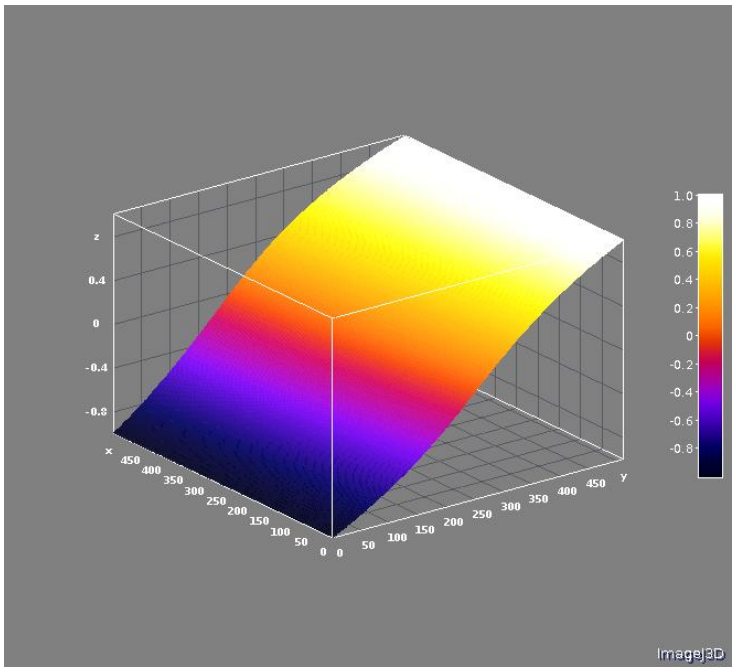
$$E_1 = \frac{E_0}{1 + \frac{E_0}{m_e \cdot c^2} \cdot (1 - \cos(\theta))}$$

ahol E_0 a beérkező foton energiája, E_1 a szórt foton energiája, $m_e c^2$ az elektron nyugalmi energiája, θ pedig a szóródás szöge.

Egy adott irányba történő szóródás sűrűségfüggvényét a Klein-Nishina formula adja meg:

$$P(\theta) \propto \left(\frac{E_1}{E_0}\right) + \left(\frac{E_1}{E_0}\right)^3 - \left(\frac{E_1}{E_0}\right)^2 \sin^2(\theta)$$

A szóródás eloszlásfüggvényét, azaz ezen sűrűségfüggvény integrálját előre számítjuk ki és a mintavételi egyenletet is előre oldjuk meg a [0,1) intervallumon felvett mintavételi pontokra [7]. Az eredményt egy kétdimenziós textúrában tároljuk (mátrix a GPU speciális memóriájában), aminek az x tengelye az E_1/E_0 arányokat reprezentálja, az y tengelye a véletlen számot, amit a mintavételezéshez alkalmazunk. A z tengelyről leolvasható az új irányszög koszinusza [-1..1] intervallumban (lásd **5. ábra**).



5. ábra. Compton szórás szögének számításához felhasznált 2 dimenziós textúra

Az energiákat továbbra is 512 diszkrét mintával tároljuk, az eloszlást pedig 2048 diszkrét elemmel reprezentáljuk. Ezek után ebből a textúrából, már a GPU-ba épített lineáris interpolációval kiolvasható az új irányszög.

A Compton szóródáson túl még figyelembe vesszük a Rayleigh szórást is, ami során a részecske energiája nem, csak az iránya változik meg. A Rayleigh szóródás fázisfüggvénye, azaz az új irány valószínűségsűrűsége:

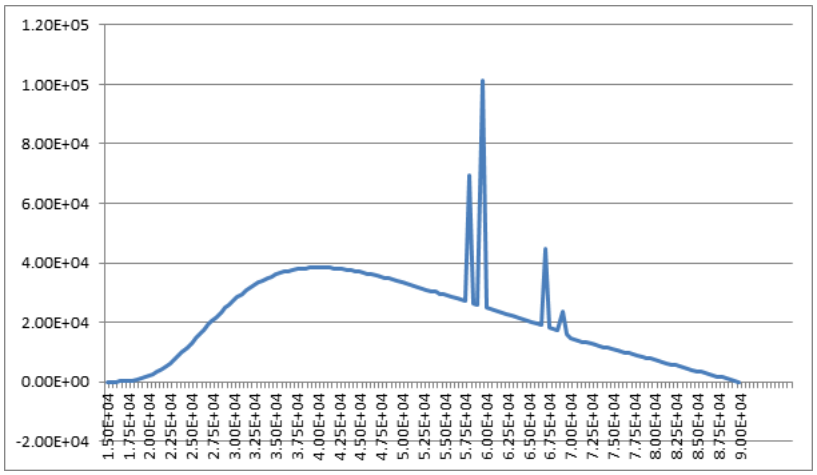
$$P(\theta) \propto 1 + \cos^2(\theta).$$

Az előzőhöz hasonlóan ezt is egy táblázatban tároljuk le és szintén egy textúra olvasással kapjuk meg az új irányt, ami GPU-n igen hatékonynak bizonyult. Fotóelektromos hatás esetén a részecske elnyelődik, tovább nem követjük, új részecske sorsolásával folytatjuk a szimulációt.

3.2. Mérőfüggvény

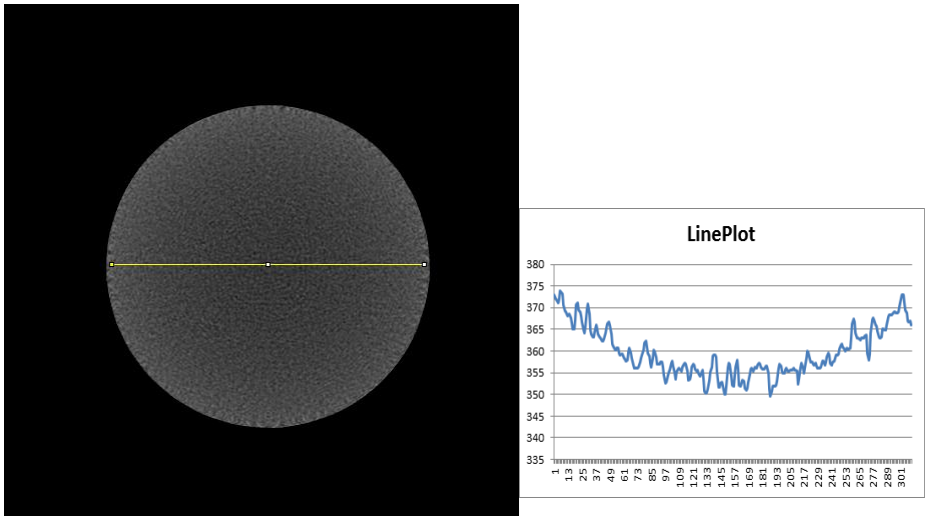
Amennyiben egy részecske sikeresen elhagyta a szimulációs teret (vizsgált fantomot), akkor a detektor mérőfüggvényét hívjuk meg. A jelenlegi detektormodellünk egyszerű, ha egy detektorpixelt eltalál egy foton (részecske), akkor eggyel növeljük a beütésszámot.

A szimuláció végén, minden detektorpixelt vissza kell normalizálni, a kezdetben abba a detektorpixelbe induló részecskék számával. Így egy olyan 0 és 1 közti számot kapunk végső képnek, ami gyakorlatilag azt reprezentálja, hogy egységnyi elindított részecskéből mennyi érkezik meg az adott detektorpixelbe. A végső kép mellett lehetőség van arra is, hogy külön letároljuk a különböző hatások figyelembe vételével készült képeket: szóródás nélküli részecskék, egyszer szóródott részecskék (Compton, Rayleigh külön-külön), többszörös szóródásban részt vett részecskék által generált kép. Így egy részletesebb riportot kapunk arról, hogy különböző készülékek, szimulációk esetén pl. mennyire kell figyelembe venni a szóródást. A tapasztalatunk az, hogy a preklinikai készülékek (kisállat vizsgálatok) esetén a szóródás elhanyagolható (pár százalék), de humán esetben már nagyon is jelentős 30-40%.
Monte Carlo szimuláció esetén a röntgenforrás spektrumát elég könnyű figyelembe venni, hiszen minden egyes részecskének a születésekor egy energiát is tudunk sorsolni. Egy tipikus spektrum az **6. ábrán** látható.



6. ábra 90kVp gyorsító feszültségű röntgencső spektruma

A **6. ábrán** látható spektrumból egy sűrűségfüggvényt kell készíteni a szimulációhoz. Ezzel a spektrummal szimulált, majd szűrt visszavetítéssel [8] rekonstruált képen (7. **ábra**) jól látható a sugárkeményedés [9] hatása.



7. ábra. Szimulált képsorozatból rekonstruált szelet, és a középső vonal mentén a voxel értékek.

A szimulátor beváltotta a hozzá fűzött reményeket, hasznosnak bizonyult a rekonstrukciós algoritmusok teszteléséhez, de sajnos a több GPU-s implementáció ellenére is nagyon sok időre van szüksége egy jó minőségű képsorozat előállításához. A szimuláció sebessége kis átmérőjű fantomok esetén (preklinikai vizsgálatok) $5 \cdot 10^8$ részecske másodpercenként, de legalább $5 \cdot 10^{10}$, sőt $5 \cdot 10^{11}$ részecskét kellene szimulálni vetületenként, ha egy valós felvétel statisztikáját szeretnénk megközelíteni, és néhány száz képtől a több ezerig lenne szükség egy teljes vizsgálat szimulációjára. Humán esetben a több szóródás és a nagyobb átmérő miatt még lassabb a rekonstrukció: alig éri el a $5 \cdot 10^8$ minta per másodperc nagyságrendet. Négy GPU esetén ez félnapos, napos futási időket jelent, így további gyorsítási lehetőségeket kezdtünk el vizsgálni.

4 Hibrid szimuláció

Az első ötlet a kiinduló fotonok iránysorsolásának módosítása volt. Ahelyett, hogy a kibocsátási térszögben egyenletes valószínűséggel sorsolnánk, inkább csak a detektorpixelek irányába indítunk sugarakat. Az új algoritmus minden egyes detektorpixel irányába azonos mennyiségű sugarat indít, az összes detektorpixelt lefedi, és nem indít olyan sugarat, ami nem találja el a detektort. Természetesen ekkor megváltoztattuk a kezdeti sugarak szögeloszlását, ami így már nem lesz egyenletes az irányok tartományában, ezért a kiinduló fotonokat súlyozzuk azzal, hogy az adott detektorpixel mekkora térszögben látszik.

Ezzel a változtatással a szimuláció gyorsabb lett, mivel nem indítunk feleslegesen fotont, az egyszerre futó szálak a memóriában is közeli címeket olvasnak és írnak ki (cache-kihasználtság, streamelt memória), és végül nem kell atomi műveleteket használni a detektorpixelbe íráskor. Az eddigiekkel szemben, most írási ütközés (két párhuzamosan futó szál ugyanarra a memória területre akar írni), csak akkor lehet, ha szóródás után ugyanabba a detektorpixelbe egyszerre érkezik meg több foton, de ennek a valószínűsége igen kicsi ($512*0.3/10^6$ = 0.015% ha 1 millió detektorpixelünk van, 512 párhuzamosan futó szál, egy foton 30% eséllyel szóródik).

Még tovább gyorsítható az algoritmus annak a felismerésnek a tükrében, hogy az elnyelés és a szórás szimulációja külön választható. Az elnyelést a Beer-Lambert törvénnyel külön számoljuk. Mivel ez egy egydimenziós integrálszámítás, ezt a legegyszerűbben a sugármasírozással (közelítő Riemann integrálás téglány vagy trapéz szabállyal, azaz vonal mentén egyenlő távolságokban kiszámítjuk a függvény értékét, és ezeket a lépéstávolsággal szorozva összeadjuk) közelíthető [10]. Ez gyors, de polikromatikus sugár szimulációjához a fenti integrált minden a röntgenforrás energiájára ki kell számolni. Ennek a közelítésére jelenleg pixelenként 512 sugarat indítunk, ami a spektrumot mintavételezi. Az emiatt megnövekedett számítási idő ellensúlyozására megnöveltük a sugármasírozás lépéstávolságát, és minden egyes új részecskénél kicsi, véletlenszerű kezdeti pozícióból indulva lépkedünk (jitter). Így összességében jó statisztikájú, de széles spektrumot figyelembe vevő képet kapunk, miközben jelentősen gyorsul a szimuláció is.

Természetesen a szóródásokat az előző lépésben elhanyagoltuk, ezért most külön modellezzük, az előző fejezetekben ismertetett Monte Carlo szimulációval, de immáron úgy, hogy csak szórás következhessen be. Ehhez módosítani kellett az algoritmust úgy, hogy a teljes hatáskeresztmetszet most már csak a Compton és Rayleigh szórás összege, és egy részecskét csak akkor fogadunk el (írunk be egy detektorpixelbe), ha ténylegesen be is következett bármilyen szóródás. Ily módon lényegesen kevesebb részecske is elég, a szimulációhoz, ami gyorsabb algoritmust eredményez. A direkt és a szórt hatásnak megfelelő képeket összeadva megkapjuk a végső képet.

5 Eredmények és továbbfejlesztési lehetőségek

Többféle konfigurációra és fantomra is lefuttattuk a szimulációt, hogy a teljesítményét és minőségét leteszteljük. A szimuláçiók minden esetben egy dual GeForce GTX-590-es grafikus kártyán futottak, mind a 2 GPU egységet kihasználva.

Az első esetben egy preklinikai berendezést szimuláltunk, ahol 30 cm volt a röntgenforrás és detektor távolsága, illetve 22 cm volt a forrás és forgástengely távolsága (~1.4 szeres nagyítás). A fantom egy 4 cm átmérőjű homogén vízhenger. A szimuláció során 180 db 256×512-es projekciót valósítottuk meg, a cirkuláris gyűjtés elveinek megfelelően.

Ezek után egy klinikai vizsgálatot modelleztünk, ahol 91 cm lett a forrás-detektor távolság, 1.75 szeres nagyítás. és egy 40cm átmérőjű homogén vízhengert szimuláltunk 180db 128×1024 felbontású projekcióval, szintén cirkuláris gyűjtéssel.

A futási sebességek és mérési idők (mind a 180 db képre összesen) az **1. táblázat**ban találhatók.

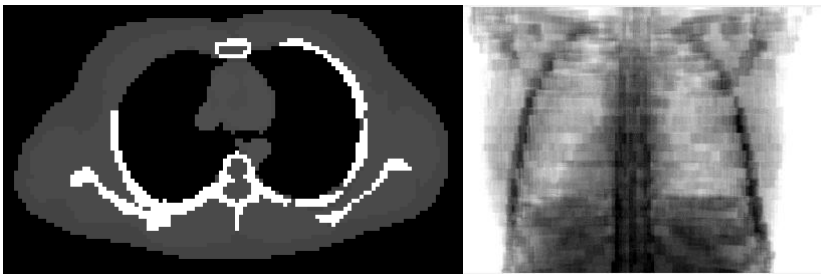
	módszer	**részecskeszám / vetületi kép**	**zaj (szórás)**	**teljes futási idő (mp)**	**sebesség növekedés**
Preklinikai	MC	$5 \cdot 10^9$	37	1980	1
	hibrid MC	$7 \cdot 10^7$ sugár ray-marchinggal, $3 \cdot 10^8$ MC részecske	31	175	11
Humán	MC	$5 \cdot 10^9$	45	8030	1
	hibrid MC	$7 \cdot 10^7$ sugár ray-marchinggal, $3 \cdot 10^8$ MC részecske	33	187	43

1. táblázat. Szimulációs módszerek összehasonlítása

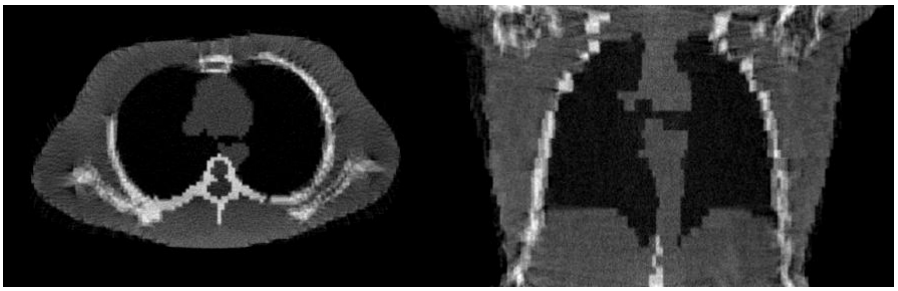
Az első esetben kevesebb, mint tizedannyi idő alatt ugyanolyan minőségű képet tudtunk előállítani az új hibrid módszerrel. A humán vizsgálat szimulációja esetén az eredeti szimuláció lényegesen tovább futott, de a hibrid módszer gyakorlatilag ugyanolyan gyors maradt, így az új módszer sebessége már 43 szerese lett a teljesen Monte Carlo alapúnak. Vagyis majdnem két nagyságrendet javítottunk a sebességen, így akár egy iteratív rekonstrukciós algoritmusban is felhasználhatjuk [11]. A humán szimulációkat a Zubal[4] fantom felhasználásával készítettük, a **8. ábrán** látható az eredeti fantom és egy szimulált vetületi kép, valamint a **9. ábrán** rekonstruált szeletek láthatók, a **10. ábrán** pedig egy a szimuláció során az objektumban elnyelt dózis eloszlása található. A fantom sajnos nem túl nagy felbontású (4mm-es voxelekkel reprezentált), ezért a szimulált és rekonstruált képeken is erős diszkretizáltság figyelhető meg.

Az algoritmusok továbbfejlesztésére további javaslataink vannak, mindenekelőtt a detektor modell pontosítására, illetve a polikromatikus röntgensugár Beer-Lambert módszerrel való számítására. Egy újfajta közelítéssel elég csak a legnagyobb energiájú sugarat végigkövetni a sugármasírozás algoritmussal, a többi energián történő elnyelés ebből számítható [10]. Rekonstrukciós algoritmusba beépítéskor [12] a röntgenforrás és a detektor mérőfüggvényének sűrűségfüggvényét össze lehet szorozni még a szimuláció előtt, ami azért is hasznos, mert ezt lehet könnyen mérni egy valós készülék esetén. Ezzel jobban az adott berendezésre lehet hangolni az algoritmust, és vélhetően gyorsabb is lesz a szimuláció.

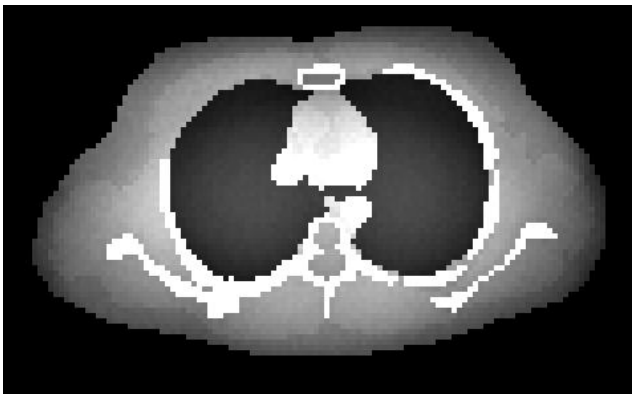
[4] http://noodle.med.yale.edu/zubal/data.htm



8. ábra. Az eredeti humán fantom keresztmetszeti képe, és egy szimulált vetületi kép.



9. ábra. A rekonstruált fantomról készített keresztmetszeti képek.



10. ábra. A szimuláció során számított dóziseloszlás egy szelete.

Köszönetnyilvánítás

Ez a munka a TÁMOP-4.2.2.B-10/1-2010-0009 és OTKA K-104476 támogatásával jött létre.

Irodalomjegyzék

1. Euclid Seeram. Computed Tomography: Physical principles and recent technical advances. Journal of Medical Imaging and Radiation Sciences. 81-109. oldalakon (2010 június)
2. Szirmay-Kalos, L. Monte Carlo Methods in Global Illumination - Photo-realistic Rendering with Randomization. Book, ISBN: 3836479192 9783836479196. (2008)
3. Legrady, D., Cserkaszky, A., Wirth A., and Domonkos., B. PET image reconstruction with onthe-fly monte carlo using gpu. In Proceedings of PHYSOR 2010, Pittsburgh, Pennsylvania, USA, May 2010. American Nuclear Society
4. Wirth, A., Cserkaszky, A. ; Kári, B. ; Légrady, D. ; Fehér, S. ; Czifrus, S. ; Domonkos, B. Implementation of 3D Monte Carlo PET reconstruction algorithm on GPU. Nuclear Science Symposium Conference Record (NSS/MIC), 2009 IEEE, 4106-4109 oldalakon.
5. Woodcock E., Murphy T., Hemmings P., Longworth S.: Techniques used in the GEM code for Monte Carlo neutronics calculation. In Proc. Conf. Applications of Computing Methods to Reactors, ANL-7050 (1965).
6. Szirmay-Kalos, L., Tóth, B., Magdics, M., Csébfalvi, B. Efficient Free Path Sampling in Inhomogeneous Media. EUROGRAPHICS 2010.
7. Tóth, B., Magdics, M. Monte Carlo Radiative Transport on the GPU. Fifth Hungarian Conference on Computer Graphics and Geometry, Budapest, 2010.
8. Jakab, G. and Domonkos, B.: Valósidejű helikális cone-beam CT rekonstrukció a Mediso NanoPET/CT készülékben. Képfeldolgozók és Alakfelismerők (KÉPAF) 7. Konferenciája. Budapest, Hungary (2009)
9. Jakab, G., Rácz, A., Nagy, K. High Quality Cone-beam CT Reconstruction on the GPU. Képfeldolgozók és Alakfelismerők (KÉPAF) 8. Konferenciája. Budapest, Hungary (2011).
10. Magdics, M., Szirmay-Kalos, L., Tóth, B., Csendesi1 A., Penzov, A. Scatter Estimation for PET Reconstruction. Proceedings of the 7th international conference on Numerical methods and applications. Lecture Notes in Computer Science Volume 6046, 2011, pp 77-86.
11. Jakab, G., Huszár T., Csébfalvi, B. Iterative CT Reconstruction on the GPU, Sixth Hungarian Conference on Computer Graphics and Geometry, Budapest, 2012.
12. Szirmay-Kalos, L., Magdics, M., Tóth, B., Bükki, T. Averaging and Metropolis Iterations For Positron Emission Tomography. IEEE Trans. on Medical Imaging, 2013.