

Wunddiagnostik mit Hyperspectral Imaging – Monte Carlo Simulationen zur Lichtausbreitung

Bert Henrik Herrmann¹, Christoph Hornberger¹

¹Fakultät für Ingenieurwissenschaften, Hochschule Wismar, Wismar, Deutschland
Kontakt: Bert.Herrmann@hs-wismar.de

Einleitung

Innerhalb des aus Mitteln des Europäischen Fonds für regionale Entwicklung (EFRE) geförderten Verbundprojektes „HyperWound-Cam Auswertemethoden“ wird eine Hyperspektralkamera zur Wunddiagnostik eingesetzt. Mit der Hyperspektralkamera werden Remissionspektren der Wunde mit aktiver Beleuchtung aus einer Beobachtungsentfernung von ca. 0,5m ohne direkten Sensorkontakt aufgenommen. Jedem Bildpunkt kann somit ein hochaufgelöstes Spektrum im Wellenlängenbereich von 500 nm bis 1000 nm zugeordnet werden. Aus diesen Messdaten sollen diagnostikrelevante Chromophore und deren Verteilung im Wundsegment ermittelt werden. Die Wechselwirkung von Licht mit biologischem Gewebe ist durch die Dominanz der Streuung sehr komplex und kann nicht geschlossen gelöst werden. Die Monte Carlo Rechnungen stellen ein geeignetes Mittel zur Simulation dieser Wechselwirkung dar [1], [2]. Zum besseren Verständnis der Wechselwirkung von Licht mit dem Wundgewebe bei der vorliegenden spezifischen Beleuchtungs- und Detektionsgeometrie ist eine Anpassung der gängigen Simulationsmodelle erforderlich. Die Ergebnisse der Simulationen an Modellen geringer Komplexität sollen mit Messungen an Phantomen überprüft werden. Die Ergebnisse sollen die Analyse der Messdaten von realen Wunden erleichtern.

Methoden und Materialien

Für die Erstellung eines Simulationsprogrammes für entsprechende Phantomkomplexität und spezifischen Beleuchtungs- und Detektionsgeometrien soll die Programmierumgebung LabView™ genutzt werden. Die Vorteile von LabView™ liegen in einer leicht lesbaren und erweiterbaren Programmstruktur, einfache Validierung und Dokumentation von Modulen (Sub-VI) sowie eine Vielzahl bereitgestellter Funktionen für die grafische Ausgabe von 2D und 3D Daten, Datenbankanbindung, Dokumentation und Eingabeaufforderungen. Zudem ermöglicht die 64Bit- Version mit Multiprozessornutzung eine optimale Ausschöpfung der Rechenkapazität.

Die Monte Carlo Simulationssoftware für Mehrlagige Hautschichten, MCML.exe [1], soll als Basis genutzt werden um die Simulationsfunktionen des LabView™ Programmes zu verifizieren.

Als Methode dient eine in drei Versionen gegliederte Programmierung. Das Simulationsprogramm PHANSIM (PHANtomSIMulation) soll in erster Ausbaustufe (Version 1) einen simpel zu bedienenden Rahmen für die

MCML.exe schaffen. Hierin ist die Eingabe für die Simulationsparameter und die grafische Anzeige der Ergebnisdateien sowie der Aufruf der MCML.exe so zu vereinfachen, dass Simulationsaufgaben in wenigen Klicks erfolgen können.

Die zweite Ausbaustufe (Version 2) soll als Simulationskern nicht mehr die MCML.exe, sondern die gleiche Funktionalität aus LabView™ Modulen besitzen. Diese Version soll direkt mit der MCML.exe vergleichbar sein und somit eine Verifizierung ermöglichen.

In der geplanten Ausbaustufe der Version 3 sollen die Funktionen und Methoden der Simulation sowie der Ein- und Ausgabe so erweitert werden, dass Simulationen der im Projekt vorliegenden Beleuchtungs- und Detektionsgeometrien und eines komplexeren Phantomes möglich sind.

Ergebnisse

Das Programm PHANSIM1.0.0 (Abb. 1) ist erstellt und erste Simulationen wurden mit diesem Programm durchgeführt.

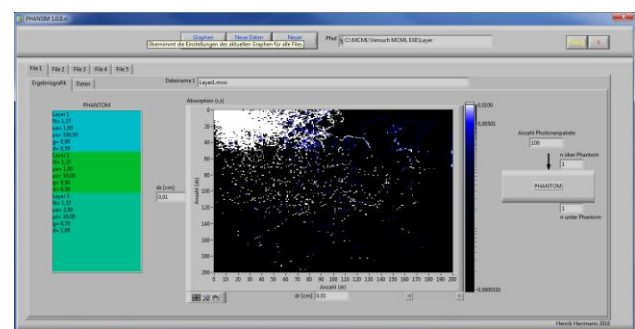


Abb. 1: PHANSIM1.0.0

Durch die Erstellung eines Installationspaketes ist die Nutzung auf jedem 64Bit System möglich.

Zur Veranschaulichung der einfachen Bedienbarkeit ist hier eine Simulation mit einem Dreischicht-Gewebemodell dargestellt. Das Eingabefenster (Abb. 2), welches sich aus PHANSIM1.0.0 öffnen lässt, ermöglicht das Öffnen, Editieren bzw. Erstellen sowie das Speichern von Monte Carlo Inputfiles (.mci). Diese Eingabedateien beinhalten die Parameter für die Simulation. Es lassen sich mehrere RUNs (Durchläufe) mit mehrlagigen Gewebemodellen homogener Schichten definieren. Jeder

‚RUN‘ erzeugt in der Simulation ein Outputfile (.mco). Einzelne Gewebeschichten (Layer) können über die Parameter n (Brechzahl), μ_s (Streuoeffizient in cm^{-1}), μ_a (Absorptionskoeffizient in cm^{-1}), g (Anisotropiefaktor) und d (Dicke der Schicht in cm) bestimmt werden. Darüber hinaus lassen sich die Brechzahlen der Medien über und unter dem Gewebemodell sowie die Anzahl der einzustreuenden Photonenpakete einstellen. Da die Streuung nicht vom Azimutwinkel sondern nur vom Winkel des einfallenden Lichts gegen die Streuebene abhängt werden die Ergebnisse mit den Koordinaten z und der Radialkomponente r beschrieben. Der Beobachtungsraum lässt sich mit dz und dr sowie $\# dz$ und $\# dr$ definieren. Mit $\#$ da wird die Anzahl der zu beobachtenden direkten Reflexionswinkel beschrieben.

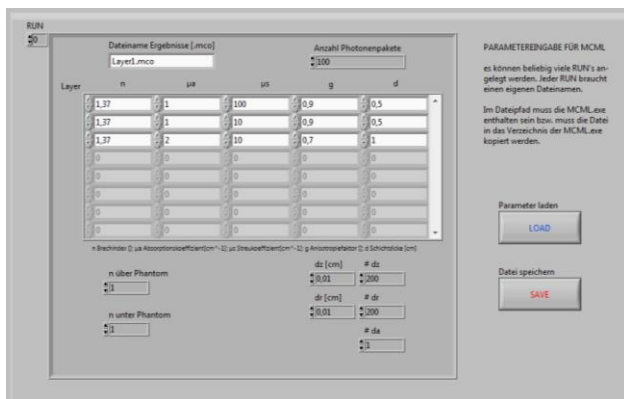


Abb. 2: Eingabefenster von PHANSIM1.0.0

Die Photonenpakete werden in der Simulation bei ($z=0;r=0$) in Richtung z eingestrahlt. Im Absorptionsgrafen sind die wahrscheinlichen Absorptionswerte über r und z Dargestellt (siehe Abb. 3). In dieser Darstellung lassen sich über Reiter die verschiedenen RUN's vergleichen. Das bietet eine vereinfachte Versuchsauswertung und eine direkte Vergleichbarkeit der Ergebnisse. Zur Verringerung des Eingabeaufwandes wurde eine Möglichkeit geschaffen, die Skalierung der Grafen per Knopfdruck aufeinander abzugleichen.

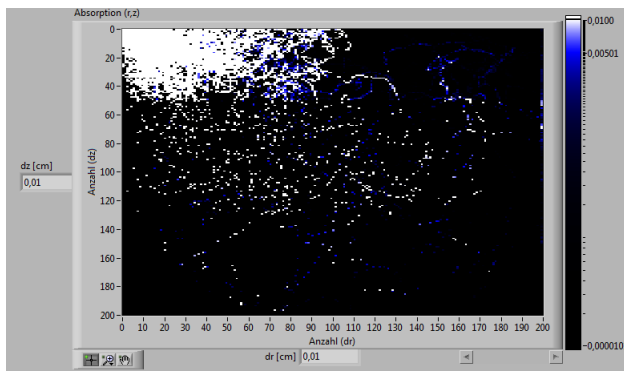


Abb. 3: Absorptionsgraf über r und z

Die Darstellung des gerechneten Gewebemodells ist links neben der Ergebnisgrafik zu finden und enthält neben dem Schichtaufbau auch die Parameter jedes Layers (siehe Abb. 4) Somit hat man die Versuchparametrierung (Abb.5) und die Unterschiede jedes Ergebnisfiles stets im

Blick. Bei der Programmierung wurde Wert daraufgelegt, die jeweils schnellsten Rechenoperationen zu verwenden. Diese Geschwindigkeitsoptimierung ist zwingend notwendig, um eine effektive Arbeit mit dem Programm zu ermöglichen.

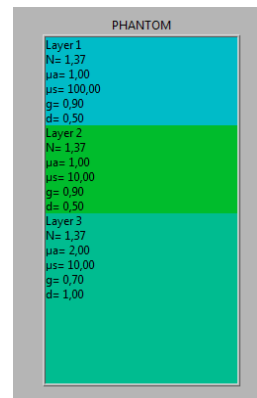


Abb. 4: Phantomdarstellung

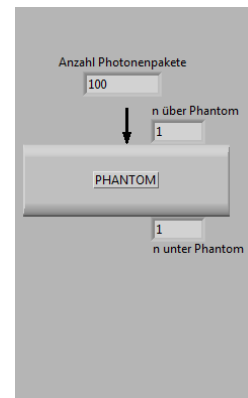


Abb. 5: Versuchsparameter

Die Funktionen für die Version 2 sind zu 50% in LabView™ umgesetzt und bereits einzeln validiert.

Schlussfolgerungen

Mit der Version PHANSIM1.0.0 sind Simulationen einfach, übersichtlich und schnell durchführbar. Zur Einhaltung der Verifizierungskette ist es notwendig die Methode über Version 2 zu Version 3 weiter zu verfolgen. Ab Version 3 können dann auch weitere Ergebnisse, wie direkte Reflexion oder Transmission bzw. eine 3D Abbildung der Trajektorien dargestellt werden.

Literatur

- [1] WANG L., JACQUES S. L.: *Monte Carlo Modeling of Light Transport in Multi-layered Tissues in Standard C*. University of Texas M. D. Anderson Cancer Center (1992)
- [2] PRAHL S. A., KEIJZER M., JACQUES S. L., WELCH A. J.: *A Monte Carlo Model of Light Propagation in Tissue*. In: SPIE Institute Series Vol. IS 5 (1989)
- [3] MEINCKE M.: *Spektroskopische Bestimmung biophysikalischer Parameter humaner Blutes*. Charité Centrum für diagnostische und interventionelle Radiologie und Nuklearmedizin, Habilitationsschrift (2006)

Danksagung



Europäische Fonds EFRE, ESF und ELER
 in Mecklenburg-Vorpommern 2014-2020

Dieses Projekt wird durch Mittel aus dem Europäischen Fonds für regionale Entwicklung (EFRE) finanziert.