

Automatisk segmentering av kärlträdet från 4D flödes MR bilder

Peter Öberg

Elektroteknik, Matematikcentrum, Lunds Tekniska Högskola

(Dated: April 26, 2013)

Hjärtat är pumpen som driver det cirkulatoriska systemet och tillsammans med kärl och klaffar bygger de upp det självreglerande maskineri som hanterar kroppens blodflöde. Störningar i detta delikata maskineri kan ge upphov till försämrad effektivitet och sjukdom. Det är därför intressant att undersöka och förstå blodflödet i hjärt- och kärlträdet. Tyvärr är datan som erhålles vid flödesmätningar med MR svårhanterad. I detta exjobb utvecklades en algoritm för automatisk visualisering av hela kärlträdet från 4D flödes MR bilder.

I. INTRODUKTION

Genom åren har det utvecklats flera medicinska bildmetoder; Ultraljud, Datortomografi (DT) och Magnetisk Resonans Tomografi (MRT) för att nämna några. Alla dessa metoder ger stora mängder information och att hitta interna blödningar, hjärtinfarkter eller ett livshotande aneurysm utförs helt icke-invasivt utan någon risk för patienten.

Vad det gäller flöden används 4D MR. Med denna metod kan man samla in tredimensionell data och tid för alla punkter i en vald volym. Det är dock problematiskt att orientera sig i denna data eftersom att den inte innehåller nog med visuell information. Den insamlade datan från en 4D undersökning är multidimensionell; för varje skiva i volymen finns det tre fasbilder, en för varje riktning, där gråskalan i bilderna visar hastighet. En ljus grå intensitet betyder en hög hastighet ut från bilden och en mörk grå intensitet motsvarar en hastighet in i bilden. Det finns även en magnitudbild där en ljusare färg antyder vävnad eller vätskor. Alla bilder är dessutom tidsupplösta och därmed infinner sig den "fjärde" dimensionen, 3D + T. Generellt är dessa volymer stora och svåra att hantera om man bara tittar på en bild åt gången. I FIG 1. illustreras den volym med information som denna flerdimensionella data ger upphov till.

Med ett dataset av detta slag kan man gå in och titta på flöden i specifika kärl eller delar hos hjärtat för att utreda olika sjukdomar. Problemet är dock att hitta dessa kärl i volymen. Även om man kan titta på magnitudbilden som ligger i ett visst snitt och avgöra positionen av till exempel hjärtats kammare är det fortfarande väldigt svårt att identifiera specifika kärl. Metoden som utvecklats i detta examensarbete ger en tredimensionell flödesvisualisation av hela hjärt- och kärlträdet. Med hjälp av denna visualisation kan olika kärl enkelt identifieras och vidare kvantifiering av datan i specifika kärl förenklas enormt. En typ av kvantifiering kan exempelvis vara att lägga in ett probplan i volymen för att sedan släppa virtuella partiklar som följer hastighetsinformationen i datan. Exempel på sådana probplan syns i FIG 2. På detta sett kan man både se och undersöka blodflödet i ett visst kärl.

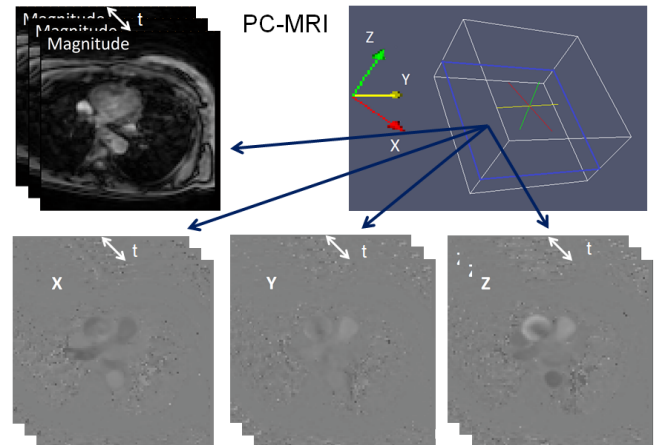


FIG. 1: Schematisk bild av 4D flödes data. Varje skiva i volymen innehåller fyra tidsupplösta bilder: Magnitud bilden och en fas bild för varje riktning i volymen.

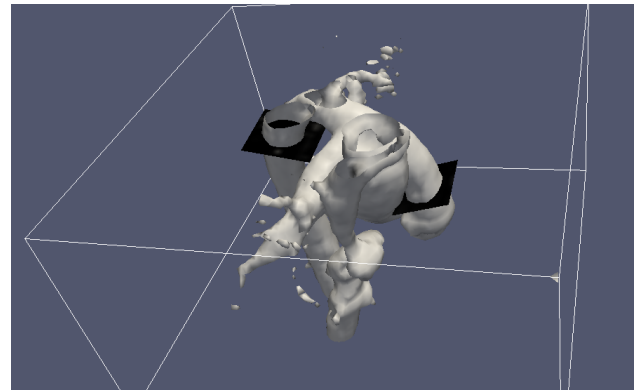


FIG. 2: Det visualiserade kärlträdet samt två probplan inlagda i pulmonaris och aorta descending.

II. METOD

Genom att kombinera de tre fasbilderna, x , y , z , kan den totala hastigheten beräknas av:

$$|v| = \sqrt{(v_x^2 + v_y^2 + v_z^2)} \quad (1)$$

Både riktningen och den absoluta hastigheten hos

denna är viktig för att identifiera vilka flöden som är i kärl och vilka som är flöden i vävnader eller störningar. De två karakteristiska egenskaperna hos flöden som ligger till grund för algoritmen är:

1. Högt flöde
2. Liknande riktning

Genom att undersöka hastigheterna i ett område runt en pixel och studera hur de skiljer sig fås ett värde som blir stort då de två ovanstående egenskaperna är uppfyllda.

Informationen används till att skapa en sannolikhetskarta över vad som är blodkärl. Detta innebär att det för varje skiva i volymen skapas en enda bild som visar sannolikheten för var blodkärl befinner sig. Genom att kombinera dessa bilder till en tredimensionell yta med samma sannolikhet för kärl fås den slutgiltiga visualiseringen.

III. RESULTAT

Resultaten visar visualiseringar från klinisk data insamlad med en 1.5 Tesla MRT kamera på Lunds Universitets Sjukhus från friska frivilliga. Voxel upplösningen var $3 \times 3 \times 3$ mm. I FIG 4, syns en av visualiseringarna som utfördes av den automatiska algoritmen. Notera att alla stora kärl till och från hjärtat är tydligt visualiserade. Algoritmen lyckades visualisera kärlträdet för samtliga testade fall. Detta kan jämföras med den tidigare metoden vars resultat som visas i FIG 3.

IV. SLUTSATS

Det finns ett behov att automatiskt visualisera kärlträdet i 4D flödes data för att förenkla diagnostik och forskning. Algoritmen utvecklad i detta examensarbete lyckas visualisera hela kärlträdet hos friska frivilliga. Algoritmen är en klar förbättring jämfört med tidigare metoder som gav brusiga, svårtolkade visualiseringar. Förslag på framtida arbete inkluderar effektivisering av algoritmen för att minska beräkningstider.

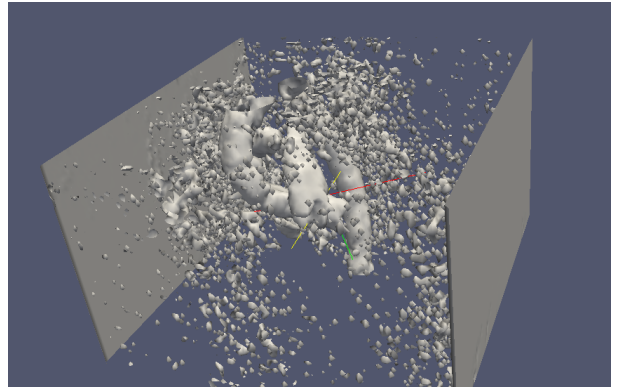


FIG. 3: Tidigare metod

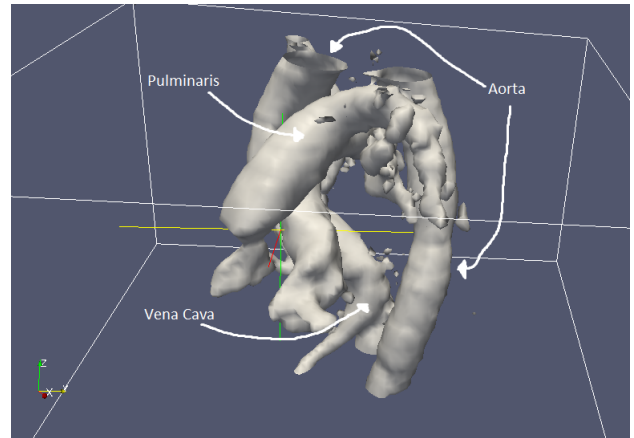


FIG. 4: Ny metod