

4D Rekonstruktion kardiologischer Ultraschalldaten

Gerd Reis, Martin Bertram, Rolf H. van Lengen und Hans Hagen

Deutsches Forschungszentrum für künstliche Intelligenz GmbH
Abteilung Intelligente Visualisierungssysteme
67663 Kaiserslautern
Email: {reis|herbert|lengen|hagen}@dfki.uni-kl.de

Zusammenfassung. Wir präsentieren eine Methode zur Rekonstruktion vierdimensionaler Datensätze basierend auf einer Sequenz zweidimensionaler Ultraschallbilder. Da die Verlässlichkeit der rekonstruierten Daten stark von der räumlichen Verteilung der Ultraschallbilder abhängt, verwenden wir einen Octree-basierten hierarchischen Ansatz. Die Genauigkeit kann direkt aus der Auflösung der Rekonstruktion abgeleitet werden.

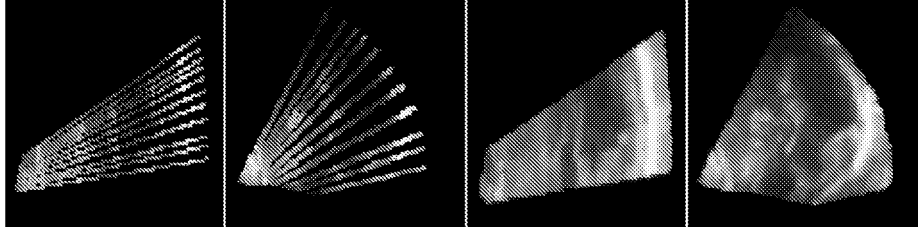
1 Einleitung

Ultraschall (US) ist eine in der Medizin viel genutzte Modalität zur diagnostischen und präventiven Untersuchung. Leider unterliegt US gewissen Restriktionen, welche insbesondere im Bereich der Kardiologie zum tragen kommen. Der Grund ist die spezielle Lage des Herzens, welches zwischen den Lungenflügeln eingebettet und von den Rippen umgeben ist. Hierdurch ergeben sich extreme Einschränkungen bezüglich der Einschallrichtung. Insgesamt stehen drei sogenannte Einschallfenster zur Verfügung, aus denen das Herz in hinreichender Qualität geschallt werden kann. Diese Fenster liegen für alle Patienten im groben an der selben Stelle, allerdings gibt es immer wieder kleinere Unterschiede, die eine individuelle Adaption (*freihand-US*) notwendig macht.

Die Rekonstruktion von Volumina aus beliebig angeordneten US-Bilddaten ist eine aktuelle Forschungsaufgabe [1,2]. Die Rekonstruktion eines interpolierenden Volumens stellt sich dabei als eine recht schwierige Aufgabe dar, da die einzelnen US-Bilder nicht aus einer kontinuierlichen Dichtefunktion bestehen, sondern aus gaussartigen *Speckles* aufgebaut sind. Da der Abstand der einzelnen B-Scans im allgemeinen wesentlich größer ist als deren Pixelauflösung, gestaltet sich die Erkennung von Features zwischen den einzelnen Bildern z. B. mit Scattered-Data Interpolationen sehr schwierig [3].

In dieser Arbeit stellen wir einen sehr effizienten und robusten Algorithmus zur Interpolation der einzelnen B-Scans vor. Diese Methode wurde speziell für die Rekonstruktion zeitvariierender, kardiologischer US-aufnahmen entwickelt, welche in einem fächerartigen Schwenk aufgenommen wurden. Die Technik lässt sich jedoch ohne Einschränkung auf Daten aller möglichen Akquisitionsformen anwenden.

Abb. 1. Linke Hälfte: Daten vor der Interpolation (mittlere und große Winkel), rechte Hälfte: die mit dem vorgestellten Verfahren interpolierten Datensätze.



2 Volumen Rekonstruktion aus Ultraschallschnittbildern

Um eine Volumenrekonstruktion zu berechnen benötigen wir US-Daten, welche zusätzlich mit einer Positionierung versehen sind und eine zeitliche Marke besitzen. Dazu wird ein Positionierungsmesser am Schallkopf befestigt und ein fächerförmiger Schwenk über das Herz vorgenommen. Gleichzeitig wird die EKG-Information aufgenommen und gespeichert. In einem vorverarbeitenden Schritt werden die so aufgenommenen Daten entsprechend ihrer Herzphase derart umgeordnet, dass zwischen 25 und 50 Einzelvolumina für einen kompletten Herzzyklus zur Verfügung stehen. Es ist offensichtlich, dass nur recht wenige Daten für ein einzelnes Volumen erhalten bleiben, da die Bilder in einem kontinuierlichen, linearen Schwenk aufgenommen und nachfolgend aufgespalten sowie zyklisch rekombiniert wurden. Das bedeutet bei einer Bildsequenz von 1000 Bildern und einer Unterteilungsrate von 25 Bildern pro Zyklus eine durchschnittliche Zahl von 40 Bildern pro Volumen. Die so entstandenen Datenlücken müssen wieder aufgefüllt werden, um eine sinnvolle Verwendung des Datensatzes zu ermöglichen. In den folgenden Unterabschnitten wird erläutert, wie dies im einzelnen geschieht.

2.1 Interpolation der B-Scans

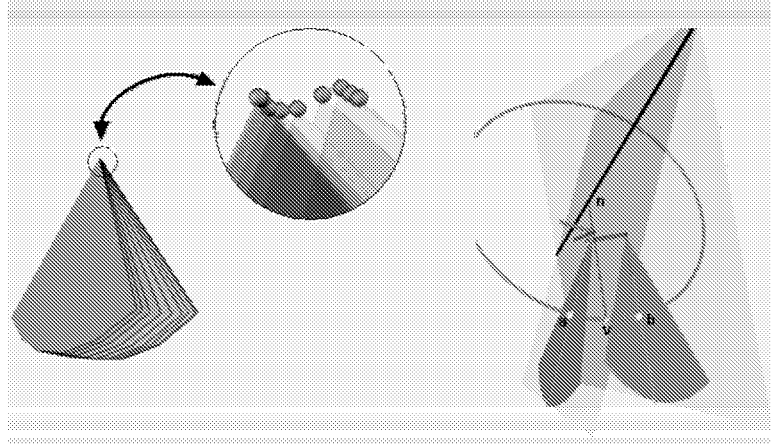
Meist arbeiten Interpolationsverfahren auf gleichförmig verteilten Daten. Dies ist beim US aber nicht gegeben, da innerhalb einer Scanebene die Auflösung recht hoch ist, z.B. 120x400 Pixel, dem gegenüber aber nur etwa 40 solcher Scans zur Verfügung stehen. Abbildung 1 gibt ein Beispiel der Situation.

Wir legen nun zwei Annahmen zugrunde, welche gravierenden Einfluss auf den Interpolationspfad haben, nämlich:

- die Ursprungsscans setzen ihre Bildinformation orthogonal zu Scaneben fort und
- der zu interpolierende Scan "sammelt" seine Bildinformation nur normal zur Scanebene.

Insgesamt erhalten wir die Forderung, dass der Interpolationspfad sowohl die Ursprungsscans als auch den zu interpolierenden Scan orthogonal schneiden muss.

Abb. 2. Links: Geometrie eines fächerartig akquirierten Volumens; rechts: Interpolation des Punktes \mathbf{v} basierend auf den Grauwerten der Punkte \mathbf{a} und \mathbf{b} im Parameterraum



Eine natürliche Form eines solchen Interpolationspfades stellt ein Kreisbogen dar, welcher orthogonal zur Schnittachse zweier Scanebenen definiert wird. Dieser Kreisbogen schneidet alle Scans orthogonal zur Bildebene. Aus diesem Grund verläuft die Interpolation parallel zur Akquisitionsrichtung.

Der Grauwert c_v eines Voxelmittelpunkts \mathbf{v} wird durch die Grauwerte der Schnittpunkte \mathbf{a} und \mathbf{b} des Kreisbogens mit den zwei B-scan Ebenen, gewichtet durch ihren jeweiligen Abstand (d_a, d_b) von \mathbf{v} berechnet, vermöge:

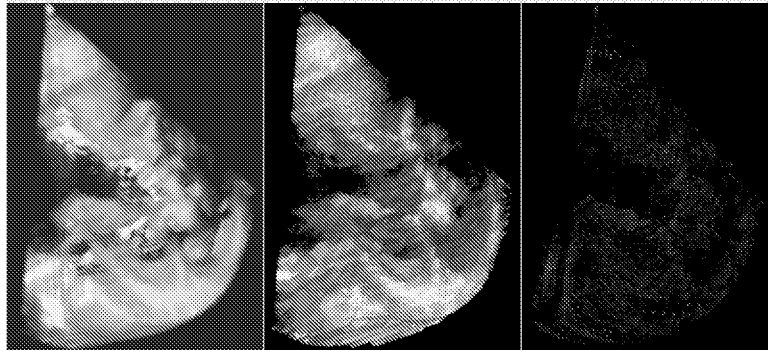
$$\begin{aligned} c_v &= \frac{d_b}{d_a + d_b} c_a + \frac{d_a}{d_a + d_b} c_b, \\ d_a &= \|\mathbf{v} - \mathbf{n}\| \cdot \arccos\left(\frac{\mathbf{v} - \mathbf{n}}{\|\mathbf{v} - \mathbf{n}\|} \cdot \vec{\mathbf{x}}_a\right), \\ d_b &= \|\mathbf{v} - \mathbf{n}\| \cdot \arccos\left(\frac{\mathbf{v} - \mathbf{n}}{\|\mathbf{v} - \mathbf{n}\|} \cdot \vec{\mathbf{x}}_b\right), \end{aligned} \quad (1)$$

wobei $\vec{\mathbf{x}}_a$ und $\vec{\mathbf{x}}_b$ die jeweilige Einschallrichtung bezeichnen und \mathbf{n} den Mittelpunkt des Interpolationskreises. Im Falle sehr kleiner Winkel oder paralleler Scans wählen wir \mathbf{a} und \mathbf{b} als die nächsten Punkte zu \mathbf{v} auf den jeweiligen Scanebenen. Abbildung 2 veranschaulicht die allgemeine Situation im Parameterbereich. Um Aliasingeffekte zu vermindern werden die Grauwerte an den Stellen \mathbf{a} und \mathbf{b} durch eine zusätzliche bilineare Interpolation auf den B-Scans bestimmt.

2.2 Octree basierte Gitteranpassung

In den meisten Fällen sind die US-bilder nicht regelmäßig über das Volumen verteilt. Innerhalb der Lücken sind deshalb auch die interpolierten Daten weniger verlässlich als nahe an den Scanebenen. Aufgrund dieses Umstandes ist es nicht nötig für jedes einzelne Voxel einen Farbwert zu berechnen, sodass eine lokale

Abb. 3. Links: vollständig berechnetes Volumen basierend auf 86 US-Bildern; mitte: Rekonstruktion aus nur zwei US-Bildern; rechts: Differenzbild zwischen einem vollständig berechneten Volumen und der Rekonstruktion aus nur 10 B-Scans.



Anpassung der Auflösung möglich wird. Als Effekt kann der Benutzer direkt die Verlässlichkeit der Rekonstruktion an der lokalen Auflösung ablesen.

Wir benutzen einen Octree, der wie folgt konstruiert wird: ausgehend vom kompletten Bounding-Volumen als Startvoxel wird dieses solange in acht Subvoxel unterteilt, bis eine der folgenden Bedingungen erfüllt wurde:

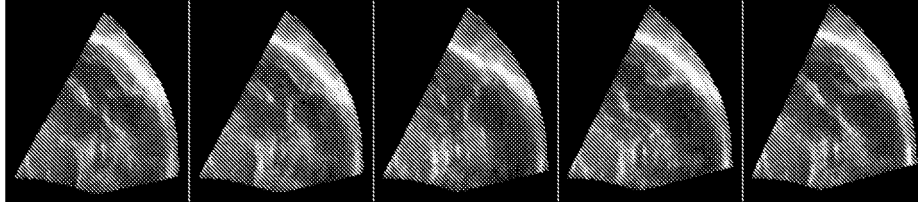
- die Zielauflösung wurde erreicht
- es befindet sich kein B-Scan innerhalb eines Radius r vom Voxelmittelpunkt.

Als Radius r wählen wir die Länge der Voxeldiagonalen. Die Zielauflösung wird a priori festgelegt und sollte etwas feiner sein als die Auflösung der B-Scans um Aliasingeffekte zu vermindern. Zur Reduktion von Aliasingeffekten, welche unweigerlich bei der Verwendung unterschiedlicher Detailstufen entstehen, verwenden wir eine MIP-mapping Methode (multum in parvum). Dazu wird für jeden Octreelevel ein Satz "neuer" US-Bilder durch Anwendung eines geeigneten Gaußfilters berechnet.

3 Resultate

Mit dem vorgestellten Verfahren können in kurzer Zeit hochaufgelöste, vierdimensionale Ultraschalldatensätze rekonstruiert werden. Das Verfahren arbeitet robust und ist auch für entartete Fälle (parallele Scans, invertierte Positionierung, usw) einsetzbar. Die Berechnung eines Datensatzes mit einer räumlichen und zeitlichen Auflösung von 512^3 Pixel mal 25 Bilder pro Zyklus dauert in der nichtoptimierten Version ca. 5 Minuten, bei einer Datenbasis von 2350 Ultraschallbildern aus 11 Zyklen. Dies bedeutet eine Rekonstruktionszeit von durchschnittlich 0.2 Sekunden pro Datenschicht. Die Rechnungen wurden auf einem handelsüblichen PC (<2GHz) durchgeführt. Abbildung 3 zeigt zwei derart rekonstruierte Datensätze. Die Artefakte beruhen auf der Art der Visualisierung und sind nicht im Datensatz enthalten. Abbildung 4 zeigt fünf Schnittbilder aus

Abb. 4. Sequenzbilder eines Schnittes durch das rekonstruierte Volumen. Der zeitliche Abstand der einzelnen Bilder beträgt 20% der Zyklendauer.



einem vierdimensionalen Datensatz, mit einem zeitlichen Offset von 20% eines Herzzyklus.

4 Diskussion

Das vorgestellte Verfahren ist insbesondere für fächerförmig akquirierte Daten geeignet, lässt sich aber auf alle Akquisitionsarten anwenden. Die Basisdaten können eine fixe Form aufweisen, oder zeitverändernder Natur sein. Die resultierenden Datensätze sind drei- oder vierdimensional und von extrem hoher zeitlicher und räumlicher Auflösung.

Die Geschwindigkeit der Berechnung ist im Gegensatz zu vielen anderen Ansätzen als hoch anzusehen, wobei dies nicht zu Lasten der Genauigkeit geht. Ein Vergleich mit den vollständig berechneten Daten zeigt, dass der hierarchische Ansatz bei geeigneter Auflösung der Basisdaten nur vernachlässigbare Fehler einführt, gleichzeitig jedoch die Rechenzeit signifikant reduziert. Zusätzlich bietet er eine natürliche Methode zur Überprüfung der Verlässlichkeit des Rekonstrukts.

Danksagung

Diese Arbeit wurde von der Deutschen Forschungsgesellschaft (DFG) über das Projekt 4DUS und teilweise vom Deutschen Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) unter dem Zeichen NR 01 1W A02 (VES) unterstützt. Die Ultraschalldaten wurden von Prof. Dr. Voelker, Institut für Kardiologie, Universitätsklinik Würzburg bereitgestellt.

Literaturverzeichnis

1. T. Roxborough and G.M. Nielson, *Tetrahedron based, least squares, progressive volume models with applications to freehand ultrasound data*, Proc. IEEE Vis. 2000, pp. 93–100
2. G.M. Treece, A.H. Gee, R.W. Prager, C.J.C. Cash, and L.H. Berman, *High Resolution Freehand 3D Ultrasound*, TRep. U-Camb., CUED/F-INFENG/TR438, 2002.
3. R. Rohling, A. Gee, L. Berman, and G. Treece. *Radial basis function interpolation for freehand 3D ultrasound*, Proc. ICIP, Med. Img, Springer, 1999.