3D–Rekonstruktion von Blutgefäßen mit polynomialen und rationalen Splinefunktionen aus segmentierten MRA Datensätzen

Dr. Alexander Zimmermann

Universität Passau
94030 Passau
Email: Alexander.Zimmermann@fmi.uni-passau.de

Zusammenfassung In dieser Arbeit wird ein Verfahren zur 3D–Rekonstruktion von Blutgefäßen aus Magnet–Resonanz–Angiographie (MRA) Datensätzen vorgestellt. Grundlage des Rekonstruktionsprozesses bildet eine Segmentierung der Blutgefäße, die eine Liste von Gefäßquerschnitten in beliebiger Raumrichtung liefert. Der erste Schritt der Rekonstruktion besteht in einer Approximation der unverzweigten Gefäßstücke mit polynomialen Splines unter Verwendung der Tensorprodukt–Gitter–Technik, die sehr schnelle Rekonstruktionsalgorithmen erlaubt. Nach der Einteilung in verschiedene Strukturklassen erfolgt die Rekonstruktion der Verzweigungen, wobei hier rationale Splinefunktionen zum Einsatz kommen. Als Ergebnis steht eine glatte, aus Splines zusammengesetzte Oberfläche im Dreidimensionalen zur Verfügung, die weitergehende diagnostische Möglichkeiten eröffnet.

Schlüsselwörter: Visualisierung, Spline, 3D–Rekonstruktion, MRA

1 Einleitung

Die Magnetresonanz–Angiographie (MRA) ist ein nichtinvasives bildgebendes Verfahren, das mit Hilfe spezieller Pulssequenzen dreidimensionale Datensätze erzeugt, in denen sich bewegende Materie (Wasserstoffkerne) hell und stehendes Gewebe dunkler dargestellt wird, wodurch im wesentlichen das strömende Blut zu sehen ist. Die Standardmethode zur Darstellung der so erzeugten 3D–Bilddaten ist die Maximum–Intensitäts–Projektion (MIP). Diese weist jedoch einige Nachteile auf, wie fehlender räumlicher Eindruck, unklare Gefäßgrenzen und erschwerte Sichtbarkeit kleinerer Gefäße. Deswegen wurde das Projekt ANGIO gemeinsam vom Unternehmensbereich medizinische Technik der Firma Siemens AG, dem Institut für MR-Tomographie Passau und dem Bayerischen Forschungszentrum für Wissensbasierte Systeme (FORWISS) ins Leben gerufen. In diesem Projekt wurden Techniken zur Segmentierung und Rekonstruktion von Blutgefäßen entwickelt und in ein Gesamtsystem integriert, das die Nachteile des MIP ausgleichen soll. Das System besteht grundsätzlich aus zwei Teilen: Segmentierung und Rekonstruktion.

Die Segmentierung der der Blutgefäße liefert einen Konturgraph, der eine Art Drahtgittermodel des Gefäßes darstellt und alle relevanten Daten enthält, wie die Lage und Richtung des Gefäßes sowie den Gefäßrand, beschrieben durch eine Liste von Randkonturen. Einzelheiten zur Segmentierung finden sich in [1].

Zur Rekonstruktion werden Tensorprodukte von polynomialen Splinefunktionen [2] verwendet, die folgende Eigenschaften aufweisen:

- Die Glätte bzw. Differenzierbarkeitsordnung der Oberfläche kann über die Knotenpunkte sowohl lokal als auch global sehr einfach kontrolliert werden.
- Glatte Randanschlüsse lassen sich leicht, d.h. durch lineare Nebenbedingungen einbringen.
- Die Passung von Kurven oder kleinen Oberflächenstücken kann sehr effizient und schnell durchgeführt werden.

Für die vorliegende Rekonstruktionsaufgabe hat sich die Quadratmittelabweichung als Maß zur Gütebewertung der Approximation bewährt, da isolierte Fehlinterpretationen der Vorbearbeitung sich nicht störend auf die gesamte Passung auswirken und das Resultat effizient mit Hilfe der Verfahren zur Lösung linearer Ausgleichsprobleme berechnet werden kann.

2 Rekonstruktion unverzweigter Gefäße

Der erste Schritt der Rekonstruktion und 3D–Visualisierung besteht in einer Approximation der unverzweigten Gefäßstücke. Hierbei wird jedes Stück einzeln mit Hilfe eines Tensorprodukts von parabolischen Splinefunktionen approximiert, die zusätzlich in Gefäßumlaufsrichtung zyklisch zusammengesetzt wurden. Bildlich gesprochen wird ein Blatt Papier zusammengerollt, zu einem Zylinder verklebt und verformt, um die Gefäßränder möglichst gut anzunähern.

2.1 Knotenpunktwahl und Parametrisierung

Wesentlich für diesen Rekonstruktionsschritt ist die Wahl der Knotenpunkte des Splines und die Parametrisierung, d.h. die Zuordnung der Datenpunkte zu Punkten im Definitionsraum des Splines. Durch einen benutzergegebenen Parameter, kann die gewünschte Glätte der Approximation vorgegeben werden. Aus diesem Parameter und der Länge des unverzweigten Gefäßstücks bestimmt sich die Anzahl der Knotenpunkte in Gefäßfortschrittsrichtung. Aus der Maximalzahl der Randpunkte eines Querschnitts ergibt sich die Anzahl der Knotenpunkte in Gefäßumlaufsrichtung. Letztere werden äquidistant gesetzt, um eine möglichst rotationsinvariante Approximation zu gewährleisten. In Gefäßfortschrittsrichtung erfolgt die Wahl der Knotenpunkte dagegen abhängig vom Abstand der Querschnittsmittelpunkte und von der Dichte der vorliegenden Querschnitte, da ein gleichbleibendes Verhältnis von Datenpunkten zu Knotenpunkten die Passung stabilisiert.

Die Parametrisierung in Gefäßfortschrittsrichtung erfolgt für alle Punkte eines Querschnitts durch Projektion des Mittelpunkts auf die zuerst berechnete Gefäßzentrale, die als Splinekurve kodiert ist. In Gefäßumlaufsrichtung wird chordal parametrisiert, d.h. gemäß der Weglänge des Randpolygons. Hierbei werden aber nicht die Originalrandpunkte zur Passung herangezogen, sondern das Randpolygon äquidistant abgetastet, um neue Datenpunkte zu generieren. Durch dieses Vorgehen ist es möglich, statt einer Passung im vollen Tensorproduktraum die Tensorprodukt–Gitter–Approximation [3] zu verwenden, die eine erhebliche Beschleunigung der Berechnung bewirkt. Beispielsweise reduziert sich die Rechenzeit auf einer SPARCstation 20 für lange unverzweigte Stücke (z.B. Carotis interna) von 101.96 auf 0.15 Sekunden und für kurze Stücke von 0.12 auf 0.02 Sekunden. Besonderes zu achten ist auf die Synchronisation des Parametrisierungsnullpunkts zwischen den Querschnitten, um eine Verdrillung der Rekonstruktion zu vermeiden, die zu künstlichen Gefäßverengungen führen würde und damit zu einer falschen Gefäßdarstellung.

3 Rekonstruktion der Verzweigungen

Der anschließende Schritt ist die Approximation der Verzweigungen. Hierbei ist eine Klassifikation der Verzweigungen wichtig. Die Einteilung erfolgt in folgender Weise:

- *Steckverzweigung*: liegt vor, wenn ein kleines Gefäß von einem großen abzweigt und ist daran erkennbar, daß die Gefäßquerschnittsfläche eines abzweigenden Astes dieselbe Größe aufweist wie der Hauptast, der zweite abzweigende Ast dagegen wesentlich kleiner ist.
- *Überblendverzweigung*: alle drei Äste weisen etwa dieselbe Gefäßquerschnittsfläche aus.
- *Große Verzweigung*: der Hauptast hat eine signifikant größere Gefäßquerschnittsfläche, als die beiden anderen Äste, die ihrerseits dieselbe Fläche aufweisen.
- *Mehrfachverzweigung*: es sind mehr als drei Äste beteiligt.

Jede dieser Verzweigungsklassen kann nun mit Hilfe adäquater Modelle approximiert werden. Bei der Steckverzweigung, kann das durchgehende größere Gefäß als unverzweigt behandelt werden. Das kleine wird in dieses Stück seitlich “hineingesteckt”. Die Überblendverzweigung wird rekonstruiert, indem vom Hauptast aus zwei glatt anschließende kurze unverzweigte Stücke zu jedem abzweigenden Ast berechnet und diese beiden Stücke gleichzeitig visualisiert werden. In einer Mehrfachverzweigung müssen, beim kleinsten Ast beginnend, solange Abzweigungen als Steck- oder Überblendverzweigung klassifiziert werden, bis nur noch drei Äste zur abschließenden Klassifikation übrig bleiben. Die Großen Verzweigungen können mit einer besonderen Art von rationalen Splinefunktionen approximiert werden, den Variable–Knoten–Splines [4].

3.1 Variable–Knoten–Splines

Diese stellen eine Erweiterung der Tensorproduktsplines dar. Hierbei werden die Knotenpunkte durch Knotenpunktfunktionen ersetzt. Die Knotenpunkte für einen Spline in einer Variable definieren sich als Funktion in der jeweils anderen Variable. Das bewirkt wesentlich flexiblere Modellierungseigenschaften, da nun eine Anpassung an die gegebenen Datenpunkte sowie eine Änderung der Glattheitsbedingungen innerhalb einer Splinefunktion entlang bestimmter Kurven möglich ist. Der Nachteil dieser "hochgradig nicht–automatischen Methode, die mehr für den erfahrenen Benutzer geeignet ist" (Zitat [4]) ist, daß eine Vielzahl neuer Gestaltungsparameter, d.h. jede einzelne Knotenpunktfunktion, zu kontrollieren sind. Dazu wurde ein parametrisierter Knotenpunktfunktionsentwurf entwickelt, der durch die folgenden Kenngrößen an die gegebene Eingabedatenmenge angepaßt werden kann: Anzahl der Knotenpunkte im Hauptgefäß und den Nebenästen bzw. vor und nach der Verzweigung, sowie der Höhe des Jochpunkts. Dieser Entwurf erlaubt es die Splinefunktion von der verzweigten Seite her "einzuschneiden" um zwei ausgehende Gefäße und ein Hauptgefäß in einem einzigen Stück zu modellieren. Durch spezielle Bedingungen kann dabei der Hauptast und jeder der Nebenäste zyklisch fortgesetzt werden.

Die Parametrisierung erfolgt in Gefäßumlaufsrichtung wiederum chordal und in Gefäßfortschrittsrichtung durch Projektion jedes einzelnen Datenpunktes auf die entsprechende der zwei konkurrierenden Gefäßzentralen. Folgendes Vorgehen hat sich bewährt um die Approximation optimal zu unterstützen: aus den beteiligten bereits rekonstruierten unverzweigten Gefäßstücken werden die Parameter für den Knotenpunktfunktionsentwurf extrahiert. Danach werden diese Rekonstruktionen zurückgeschnitten und die Verzweigungsrekonstruktion glatt daran angeschlossen. Desweiteren werden alle Datenpunkte der zurückgeschnitten Teile in die Approximation der Verzweigung mit eingebracht. Dabei werden die Parametrisierung der beteiligten Äste und der Verzweigung synchronisiert. Leider ist in dieser Situation aber keine schnelle Tensorprodukt–Gitter–Approximation mehr möglich.

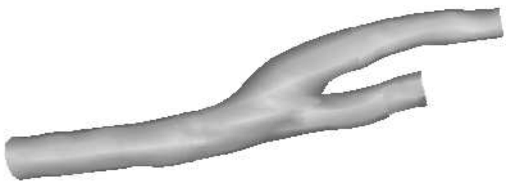

Abbildung1. Rekonstruktion einer Verzweigung

4 Ergebnisse

Zur Visualisierung werden die approximierten Splinefunktionen triangularisiert und mit Hilfe eines Gradientenschattierungsverfahrens dargestellt. Abbildung 1 zeigt die Rekonstruktion einer Verzweigung mit Hilfe eines Variable–Knoten–Splines. In Abbildung 2 ist ein kompletter Gefäßbaum eines menschlichen Kopfes als Konturgraph und dessen Rekonstruktion zu sehen.

Abbildung2. Konturgraph (links) und Rekonstruktion (rechts) des kompletten Gefäßsystems eines menschlichen Kopfes

Diese Darstellung des Gefäßsystems hat gegenüber dem MIP folgende Vorteile: die Gefäßgrenzen (gegeben durch die Blutflußoberflächen) sind klar erkennbar, umgebendes Gewebe kann aus der Visualisierung ausgebelendet werden und die Gefäße werden räumlich korrekt wiedergegeben. Desweiteren können die Gefäße an einem Grafik–Arbeitsplatzrechner, der diese Art der Visualisierung bereits hardwaremäßig unterstützt, in Echtzeit manipuliert, d.h. beliebig gedreht, vergrößert und verkleinert werden. Darüberhinaus läßt sich die Querschnittsfläche und der Durchmesser der rekonstruierten Gefäße exakt ermitteln um z.B. Stenosegrade zu bestimmen oder eine automatische Selektion kritischer Stellen im Gefäßsystem zu liefern, die genauerer Begutachtung durch den Arzt bedürfen. Mit Hilfe von 3D–Druck–Techniken kann sogar ein Modell des Gefäßsystems gefertigt und dem Mediziner zur Ansicht bereitgestellt werden.

Literatur

1. Koller, Walter: Segmentierung und Diagnose von Gefäßen mit Atlasunterstüzung. VDI-Verlag, Düsseldorf, 1997.
2. Dierckx, Paul: Curve and Surface Fitting with Splines. Oxford University Press Inc., 1993
3. Zimmermann, Alexander: Parametrisierungs- und Lokalisierungstechniken in der Spline-Oberflächenapproximation. Shaker-Verlag, Aachen, 1997.
4. Hayes, J. G.: New shapes from bicibuc splines. NPL Report NAC (58), 1974.