

МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ОПТИМАЛЬНОЕ УПРАВЛЕНИЕ

УДК 57.087.1

ПОСТРОЕНИЕ МОДЕЛИ КРОВЕНОСНЫХ СОСУДОВ И ИХ ИССЛЕДОВАНИЕ ПО ДАННЫМ КОМПЬЮТЕРНОЙ ТОМОГРАММЫ

© 2014 г.

С.А. Носова

Нижегородский госуниверситет им. Н.И. Лобачевского

nsa@vmk.unn.ru

Поступила в редакцию 25.09.2013

Разработан и реализован алгоритм построения модели сосудистой сети, дан анализ полученных результатов. Подробно описан метод сегментации данных. Приведены качественные и количественные результаты работы алгоритмов в зависимости от выбранных параметров. Приведен анализ распределения плотностей поглощения рентгеновского излучения кровеносными сосудами и их окрестностью.

Ключевые слова: кровеносная система, томограмма, 3D моделирование, сегментация, алгоритм разрастания регионов, 3D трекинг сосуда, граф сети сосудов.

При установлении диагноза и проведении лечения врачи часто используют медицинские изображения, к которым относятся рентгенограммы, изображения, полученные при УЗИ, магнитно-резонансной томографии (MRI – Magnetic Resonance Imaging), компьютерной томографии (СТ – Computed Tomography), томографии на позитронном излучении (PET – Positron Emission Tomography) и т.д. [1]. Медицинские изображения дают основной объем информации о пациенте, однако сами по себе они недостаточны: требуется их анализ и интерпретация в контексте истории болезни пациента. Значительную поддержку здесь может оказать автоматизация диагностики, построенная на реконструкции и параметрическом моделировании внутренних органов человека по данным медицинских изображений, и томографии в частности. Для построения моделей используются различные алгоритмы анализа и обработки изображений.

Существует две основных проблемы, связанных с обработкой медицинских данных. Первая связана с обеспечением надежной работы выбранных методов и алгоритмов. Вторая проблема связана с вычислительной емкостью алгоритмов для обработки изображений.

Описание предметной области и используемого подхода

Компьютерная томография как метод медицинского исследования человека был предложен Годфри Хаунсфилдом в 1972 году. Процесс получения медицинских данных заключается в воздействии рентгеновским излучением на определенную часть человеческого тела. Результатом данного метода диагностики является набор рассчитанных 2D срезов человеческого тела. Эти срезы в КТ равноудалены друг от друга, а каждый элемент данных представляет собой плотность поглощения рентгеновского излучения пикселем компьютерной томограммы. Хаунсфилдом была предложена шкала денситометрических показателей (HU), в которой различным тканям организма ставится в соответствие плотность поглощения рентгеновского излучения, характерная для данного вида ткани (см. таблицу 1).

Таблица 1

**Шкала денситометрических
показателей Хаунсфилда**

Вещество	Воздух	Легкое	Жир	Вода	Мягкие ткани	Кости
HU	-1000	[-400, -600]	[-60, -100]	0	[40, 80]	[400, 1000]



Рис. 1. Схема построения модели кровеносных сосудов

Плотность сосудов и плотность мягких тканей в организме человека одинаковы, и выделить их из обычной томограммы не представляется возможным. Однако введение в кровь человека специального вещества – контраста – позволяет повысить плотность сосудов до значений в диапазоне от +100 до +400, что значительно больше плотности прилегающих тканей [2]. Использование только этого признака имеет свои недостатки:

а) заполнение сосуда контрастом может оказаться неравномерным, вплоть до сохранения исходных значений плотности крови;

б) плотность органов для каждой отдельной томограммы может колебаться в некотором диапазоне.

Таким образом, необходимо самостоятельно выбирать исследуемый диапазон значений плотностей.

Существует достаточно много работ, посвященных построению моделей различных внутренних органов по медицинским данным пациентов, однако общая схема решения задачи одинакова во всех случаях и приведена на рисунке 1 (в соответствии с [3]). Предобработка необходима, прежде всего, для того, чтобы убрать шумы на изображениях. Как правило, на данном этапе в зависимости от характера шума применяются медианный фильтр, фильтр «усреднение» или фильтр Гаусса. Этап сегментации является наиболее вычислительноемким. Модель кровеносной сети представляет собой граф, вершинами которого являются «концы» кровеносного сосуда на томограмме и места разветвлений сосуда.

Для сегментации были реализованы и исследованы следующие алгоритмы:

- 1) алгоритм разрастания регионов [4];
- 2) собственный алгоритм трекинга сосудов с использованием алгоритма разрастания регионов.

Рассмотрим второй алгоритм. Будем рассматривать томограмму как набор слоев. Для каждого слоя z существует список вершин $list_init_points(z)$, который содержит вершины инициализации, из которых запускается алгоритм разрастания области. Просматривая томограмму слой за слоем, будем запускать алгоритм разрастания регионов на слое из вершин списка $list_init_points(z)$, после чего специальным образом будем обновлять $list_init_points(z-1)$ и $list_init_points(z+1)$.

Обновление списков запуска $list_init_point()$ состоит в следующем. Пусть мы применили алгоритм разрастания области для элемента $p(x,y,z)$ слоя z . Пусть множество $Similar(p)$ слоя z ограничено прямоугольником, заданным вершинами (dx_min, dy_min) и (dx_max, dy_max) . Тогда $list_init_point(z-1)$ и $list_init_point(z+1)$ – необходимо вершины с координатами (рис. 2):

- 1) $((dx_min + dx_max)/2, (dy_min + dy_max)/2)$;
- 2) (dx_min, y) ;
- 3) (dx_max, y) ;
- 4) (x, dy_min) ;
- 5) (x, dy_max) .



Рис. 2. Добавление вершин для трекинга сосудов

На каждом шаге на некотором слое z_1 могут появиться дополнительные точки, которые необходимо рассмотреть. Однако если рассмотрение этого слоя уже завершено, необходимо еще раз рассмотреть все слои на предмет наличия точек запуска сегментации. Параметр, отвечающий за количество таких проходов, назовем глубиной сегментации (*steps*).

Таким образом, алгоритм трекинга сосуда от слоя a к слою b будет состоять в следующем:

1. Для всех i из $[a, b]$
 - 1.1. Для каждого нерассмотренного j из $list_init_points(i)$.
 - 1.1.1. Применить алгоритм двумерного разрастания регионов для $p(j.x, j.y, i)$.
 - 1.1.2. Обновить $list_init_point(i-1)$ и $list_init_point(i+1)$.

Имея приведенное описание, можно построить алгоритм трекинга сосудов по всей томограмме (lc – количество слоев томограммы):

1. Задание начальной точки $p(x, y, z)$.
2. Трекинг слоев $[z, 1]$.
3. Трекинг слоев $[z+1, lc]$.
4. $i=0$.
5. Для каждого $i < steps/2$.
 - 5.1. Трекинг слоев $[1, lc]$.
 - 5.2. Трекинг слоев $[lc, 1]$.

Для пикселя p множество всех соседних с ним черных пикселей обозначим как $S(p)$ (т.е. это множество всех черных пикселей из $N26(p)$) p – множество связанных пикселей с пикселем p , n, e , имеющие с ним общие грань, ребро или вершину). Множество всех соседних с p белых пикселей обозначим как $S(p^*)$ ($S(p^*) = N26(p) \setminus (S(p) \cup p)$).

Пиксель называется значимым, если при его удалении нарушается структура объекта, т.е. выполняется хотя бы одно из следующих условий:

1. В $N26(p)$ имеется не более одного черного пикселя.
2. Множества $S(p)$ и $S(p^*)$ несвязны.

Процесс скелетизации состоит в том, что удаляются все граничные незначимые пиксели до тех пор, пока такие пиксели существуют.

Для проверки пикселя на значимость достаточно проверить количество его черных соседей и связность множеств $S(p)$ и $S(p^*)$ [5].

Последним шагом является построение графа сосудистой сети. Граф $G(V, E)$ представляется набором вершин V и набором ребер E (задаются списком смежности). Отметим, что граф сосудистой сети является деревом, а потому, не уменьшая общности, примем, что первым в списке смежности всегда будет храниться «родитель» рассматриваемой вершины. Алгоритм построения графа сосудистой сети состоит в следующем:

1. Найти ненулевой воксель $p(x, y, z)$.
2. Добавить $p(x, y, z)$ к списку вершин графа $G(V, E)$.
3. Для каждой нерассмотренной вершины $v(x, y, z)$ графа $G(V, E)$
 - а. Добавить потомков к v .

Процедура добавления потомков к v заключается в следующем:

1. Для каждого вокселя t из окрестности вокселя (x, y, z) томограммы
 - а. Если t не принадлежит E , добавить t в список возможных потомков вершины v .
2. Найти минимальное расстояние до возможного потомка вершины.
3. В список смежности v ($adj(v)$) добавить все вершины из окрестности, расстояние до которых равно минимальному.
4. Для каждой вершины tv из $adj(v)$
 - а. Добавить потомков к tv .

Результаты работы алгоритмов приведены на рисунке 3.

Результаты

В качестве тестовой используется томограмма головного мозга размером $553 \times 512 \times 512$ элементов. Координаты стартового вокселя – (276, 368, 245). Тестовая инфраструктура содержит процессор Intel® Core™ i3-2350M CPU@ 2.3 ГГц, оперативную память 4Гб, ОС Microsoft Windows 7 Professional 64 bit, компилятор Microsoft Visual Studio 2010 версии 10.0.30319.1 RTMRel.

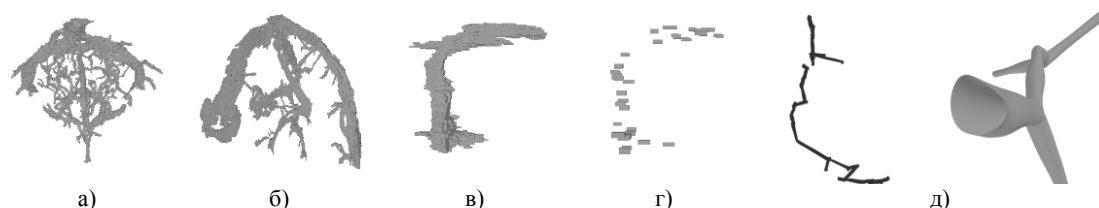


Рис. 3. Результаты работы алгоритмов (слева направо): а) разрастания регионов по точности с точностью 7 и глубиной сегментации 200; б) трекинга сосудов при глубине 5 и точности 5, в) скелетизации; г) построения графа; д) реконструкции кровеносных сосудов

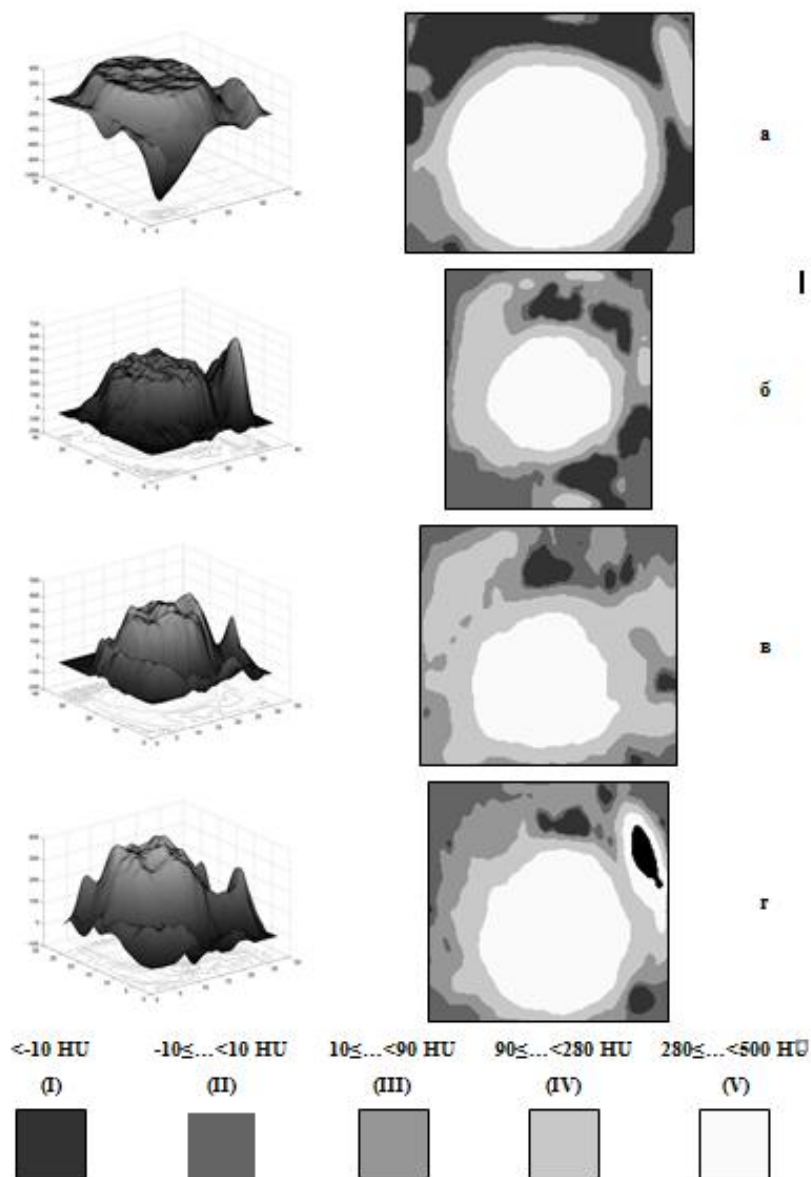


Рис. 4. Распределение HU в нижней полой вене на слоях: а) 100; б) 200; в) 300; г) 400

Время работы классического алгоритма разрастания областей при глубине 200 (предоставляется приемлемый результат для диагностики) составляет 2.1 с. Время работы алгоритма трекинга при глубине 5 в зависимости от точности составляет: для 1 – 1.47 с, 5 – 1.58 с, 9 – 1.76 с. Время обработки одного слоя колеблется от 0.0026 с до 0.0031 с, а это значит, что данный алгоритм можно применять для сегментации кровеносных сосудов непосредственно во время проведения хирургической операции под контролем томографа. Классический алгоритм разрастания регионов дает более точный результат, однако его нельзя применять для оценки состояния пациента во время получения данных то-

мограммы. Время работы алгоритма скелетизации занимает от 0.03 с до 8.8 с в зависимости от выбранных данных, что является приемлемым временем для диагностики.

Первичная сегментация дает широкие возможности для анализа сосуда. На рисунке 4 приведена информация о распределении плотностей поглощения рентгеновского излучения нижней полой веной человека (размер исходной томограммы $624 \times 512 \times 512$). На данном рисунке диапазону плотности $[90, 500]$ HU соответствуют кровь и стенки сосуда. Существенная неоднородность распределения плотностей внутри сосуда связана с неоднородностью распределения контраста в крови. Кроме

того, если внутри сосуда будут обнаружены участки с плотностью поглощения излучения в районе 0 HU, это может свидетельствовать о возможных патологиях.

Проанализировав рисунок 4, можно заметить, что сосуд часто окружает жировая ткань или ткань, имеющая плотность, близкую к жировой. Кроме того, многие алгоритмы основываются на том факте, что сосуд имеет форму сечения, близкую к эллипсу или кругу. Приведенные результаты показывают, что это не всегда корректно.

Заключение

В работе подробно описаны алгоритмы, которые исследованы и реализованы автором для решения задачи реконструкции геометрической модели дерева кровеносных сосудов органов человека по данным томографии. Предложен собственный алгоритм сегментации сосудистого русла. Алгоритм разрастания регионов дает более точный результат, в то время как алгоритм трекинга сосудов позволяет быстро получить оценку расположения сосуда в органе. Предложен алгоритм построения графа сосудистой сети по ее скелету. Предложенный алгоритм сегментации показал реальное время обработки одного слоя томограммы и может быть применен в системах реконструкции сосудов в реальном времени получения данных с томографа.

Показано, что построение модели сосудистой сети предложенным методом позволяет существенно сократить количество обрабатываемых данных без потери качества реконструкции сосудистого дерева по томограмме.

Список литературы

1. Vincent Breton. The Healthgrid White Paper. From Grid to Healthgrid. Proceedings of Healthgrid. 2005. Pp. 249–321.
2. Ангиография и компьютерная томография/ Страница на сайте компании «Хирург» http://www.hirurg.com/index.php?option=com_content&view=article&id=1228:2011-04-20-14-23-07&catid=3:2010-10-19-17-24-49&Itemid=3.
3. Кукаева С. Сегментация кровеносных сосудов по данным компьютерной томограммы // Материалы XI Всероссийской конференции (Н. Новгород, 2–3 ноября 2011 г.) / Под ред. проф. В.П. Гергеля. Нижний Новгород: Изд-во Нижегородского госуниверситета, 2011. С. 186–189.
4. Yahya M. Three dimensional finite-element modeling of blood flow in elastic vessels: effects of arterial geometry and elasticity on aneurysm growth and rupture. Ryerson University, 2010. Theses and dissertations. P. 486.
5. Ятченко А.М., Крылов А.С., Гаврилов А.В. и др. Построение 3D модели кровеносных сосудов по серии КТ изображений печени. Труды 19-й Международной конференции по компьютерной графике и зрению, 5–9 октября 2009 г. Москва: МГУ им. М.В. Ломоносова, 2009. С. 344–347.

BUILDING A MODEL OF BLOOD VESSELS AND THEIR STUDY BASED ON CT DATA

S.A. Nosova

An algorithm to construct a model of vasculature is developed and implemented. An analysis of the results obtained is given. The data segmentation technique is described in detail. The qualitative and quantitative results of the algorithm performance are presented in relation to the choice of parameters. An analysis of data gathered in the vicinity of blood vessels is presented.

Keywords: circulatory system, tomogram, 3D modeling, segmentation, region growth algorithm, 3D vessels tracking, vasculature graph.

References

1. Vincent Breton. The Healthgrid White Paper. From Grid to Healthgrid. Proceedings of Healthgrid. 2005. Pp. 249–321.
2. Ангиография и компьютерная томография/ Страница на сайте компании «Хирург» http://www.hirurg.com/index.php?option=com_content&view=article&id=1228:2011-04-20-14-23-07&catid=3:2010-10-19-17-24-49&Itemid=3.
3. Kukaeva S. Segmentacija krovenosnyh sosudov po dannym komp'juternoj tomogrammy // Materialy XI Vserossijskoj konferencii (N. Novgorod, 2–3 nojabrja 2011 g.) / Pod red. prof. V.P. Gergelja. Nizhnij Novgorod: Izd-vo Nizhegorodskogo gosuniversiteta, 2011. S. 186–189.
4. Yahya M. Three dimensional finite-element modeling of blood flow in elastic vessels: effects of arterial geometry and elasticity on aneurysm growth and rupture. Ryerson University, 2010. Theses and dissertations. P. 486.
5. Jatchenko A.M., Krylov A.S., Gavrilov A.V. i dr. Postroenie 3D modeli krovenosnyh sosudov po serii KT izobrazhenij pecheni. Trudy 19-j Mezhdunarodnoj konferencii po komp'juternoj grafike i zreniju, 5–9 oktjabrja 2009 g. Moskva: MGU im. M.V. Lomonosova, 2009. S. 344–347.