Simulation der elektrischen Erregung im Herzen auf Patientendatensätzen

Christian D. Werner, Frank B. Sachse und Olaf Dössel

Institut für Biomedizinische Technik
Universität Karlsruhe, 76128 Karlsruhe
Email: cw@ibt.etec.uni-karlsruhe.de

Zusammenfassung. Diese Arbeit beschreibt die Simulation der elektrischen Erregungsausbreitung im menschlichen Herzen unter Verwendung physiologischer Modelle basierend auf individuellen Patientendatensätzen. Die zugrundeliegenden physiologischen Modelle basieren auf anatomischen Modellen, die unterschiedliche Gewebearten differenzieren. Die physiologischen Modelle werden durch Zuweisung von elektrischen und elektrophysiologischen Eigenschaften zu den einzelnen Gewebearten erzeugt. Um eine möglichst realitätsnahe Simulation durchführen zu können, bedarf es anatomischer Modelle von hoher Qualität bezüglich räumlicher Auflösung und Gewebedifferenzierung. Da die Qualität klinischer Patientendatensätze oftmals nicht ausreicht, wird in dieser Arbeit mit Hilfe der Lösung der Navier-Gleichung ein in früheren Arbeiten erstellter hochdetaillierter Datensatz des Herzens auf das Herz der Patientendatensätze elastisch abgebildet. Nach dieser Transformation wird die elektrische Erregungsausbreitung auf dem Patientendatensatz simuliert und die Oberflächenpotentialverteilung berechnet.

Schlüsselwörter: Elektrische Erregungsausbreitung, Registrierung, Matching, Digitales Herzmodell

1 Einleitung

Auf Computer-Modellen basierende Simulationen des physikalischen und physiologischen Verhaltens des Menschen gewinnen im Bereich der kardiologischen Diagnose, Therapie und Ausbildung zunehmend an Interesse. Diese Arbeit befaßt sich mit der Simulation der elektrischen Erregungsausbreitung im menschlichen Herzen basierend auf magnetresonanztomographischen Datensätzen (MR-Datensätze) von Patienten. Den Simulationen liegen physiologische Modelle zugrunde, die ihrerseits auf anatomischen Modellen des Herzens und des Thorax basieren.

2 Datenmaterial

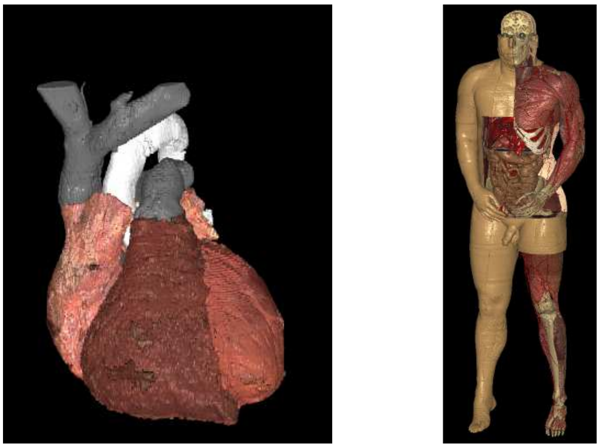
Um anatomische Modelle hoher Qualität zu erhalten, müssen die medizinischen Bilddaten hohen Ansprüchen an Auflösung und Kontrast genügen. Die Qualität klinischer Patientendatensätze genügt oftmals nicht zur Generierung eines anatomischen Modells hoher Qualität. Aus diesem Grund wurde in dieser Arbeit ein anderer Ansatz gewählt. Dieser basiert auf einer früheren Arbeit, die die Generierung eines detaillierten anatomischen Modells des menschlichen Herzens auf Basis des Visible Man Datensatzes [1] beschreibt.

2.1 MEET Man Projekt

Ein detailliertes Modell der Herzanatomie basierend auf den photographischen und tomographischen Aufnahmen des Visible Man Datensatzes der National Library of Medicine, Bethesda, Maryland (USA) [1] wurde im Rahmen des MEET Man Projekts in vorhergehenden Arbeiten erstellt [2]. Dieses Modell beinhaltet ca. 400 Mio. kubische Voxel der Kantenlänge 1 mm. Der Datensatz umfaßt ca. 40 verschiedene Gewebeklassen und darüber hinaus die Faserorientierung für Skelettmuskulatur und Myokard. Das Herz selbst umfaßt neben den Gewebeklassen Blut, linker Ventrikel, rechter Ventrikel, linker Vorhof und rechter Vorhof u. a. folgende Klassen des Erregungsleitungssystems: Sinus-Knoten, AV-Knoten, His-Bündel, Tawara-Schenkel und Purkinje-Fasern [3]. In Abbildung 1 sind unterschiedliche Ansichten der Anatomie dargestellt.

2.2 Patienten-Datensatz

Der zur Simulation herangezogene MR-Datensatz beschreibt den Thorax eines Mannes. Pathologien, insbesondere des Herzens, sind nicht bekannt. Die bei der



(a) (b)

Abb. 1. Gewebeklassifizierte anatomische Modelle von (a) Herz und (b) Körper des MEET Man Datensatzes.

Aufnahme erstellten transversalen Schnittbilder sind R-Zacken-getriggert und weisen eine Pixelgröße von 2 $mm \times 2$ mm auf. Der Abstand zwischen den einzelnen Schichten beträgt 8 mm. Um diese Daten auf den Datensatz des Visible-Man Herzens abbilden zu können, muß eine Vorklassifikation des MR-Datensatzes erfolgen. Diese kann durch interaktive Verfahren erfolgen.

3 Methodik

3.1 Matching

Das Matching lässt sich in zwei Teile gliedern. Im ersten Teil wird eine rigide Transformation des Herzmodells des MEET Man Datensatzes durchgeführt. Diese beruht auf der Bestimmung der Hauptachsen [4] des Herzmodells des MEET Man Datensatzes und der Hauptachsen des vorklassifizerten MR-Datensatzes und anschließender Transformation des MEET Man Herzmodells. Dadurch werden die Modelle in eine geeignete Ausgangslage für die anschließende elastische Registrierung gebracht. Die elastische Registrierung erfolgt mit Hilfe der Navier-Gleichung (1):

$$\mu \nabla^2 u_i + (\lambda + \mu) \frac{\partial \theta}{\partial x_i} + F_i = 0, \tag{1}$$

wobei

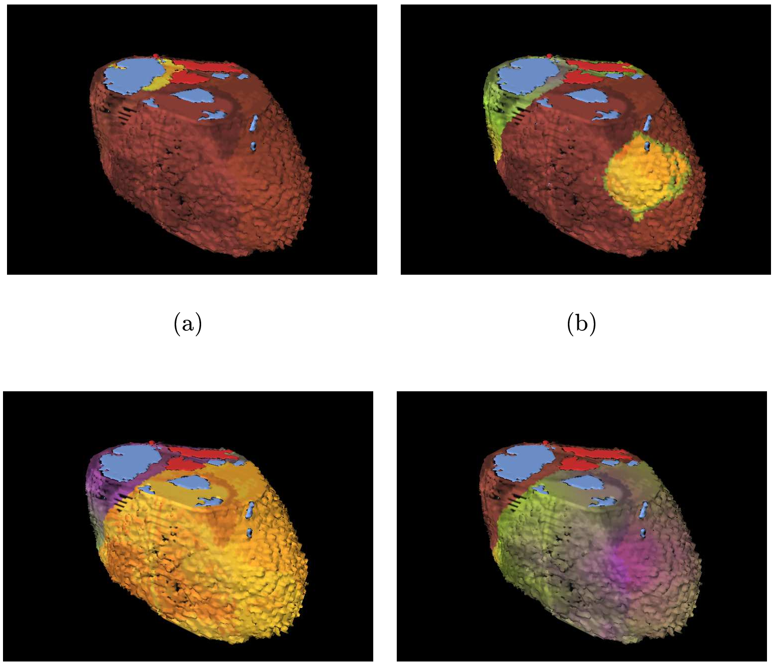
$$\theta = \sum_{i=1}^{3} \frac{\partial u_i}{\partial x_i}. \tag{2}$$

Dabei wird mittels eines Finite-Differenzen Verfahrens iterativ die Verschiebung u_i jedes Voxels in jede Raumrichtung ($i = 1, 2, 3$) bestimmt. Die Lamé-Koeffizienten λ und μ beschreiben die elastischen Materialeigenschaften. F_i sind die Kräfte in jede Raumrichtung [5]. Sie werden mittels einer Abstandskarte berechnet, die ausgehend von dem vorklassifizierten MR-Datensatz erstellt wird.

3.2 Simulation der Erregungsausbreitung

Das erstellte anatomische Modell des Herzens wird durch Zuweisung physiologischer Eigenschaften zu den klassifizierten Gewebearten zu einem physiologischen Modell erweitert. Diese Eigenschaften umfassen u. a. Ausbreitungsgeschwindigkeit, Autorhythmie-Verhalten und Aktionspotentialverläufe. Die Simulation wird mittels eines zellulären Automaten [6] durchgeführt. Hierbei wird zu jedem Zeitpunkt der Zustand der Erregung eines jeden Voxels gespeichert. Die Erregungszustand eines Voxels wird auf die benachbarten Voxel unter Berücksichtigung der elektrophysiologischen Eigenschaften weitergeleitet. Aufgrund des Erregungszustands der Voxel ergibt sich eine Transmembranpotentialverteilung im Bereich des Myokards. Diese Verteilung wird zur Bestimmung der elektrischen Quellen im Herzen verwendet. Mit Hilfe des Bidomain-Modells [7] ergibt sich für die elektrischen Quellen $\nabla \mathbf{J}^i$ mit dem intrazellulären Leitfähigkeitstensor $\boldsymbol{\sigma}_i$ und dem Transmembranpotential Φ_m

$$\nabla \mathbf{J}^i = -\nabla \boldsymbol{\sigma}_i \nabla \Phi_m \tag{3}$$



(a) (b) (c) (d)

Abb. 2. Transmembranpotential Φ_m zu unterschiedlichen Zeitpunkten der Simulation: (a) Nach dem Start der Erregung im Sinus-Knoten breitet sich die Erregung über die Vorhöfe aus. (b) Über das Erregungsleitungssystem wird die Erregung auf die Ventrikel propagiert. (c) Die Ventrikel sind vollständig erregt. (d) Zum Ende der Erregung repolarisieren die Zellen im Bereich der Ventrikel.

3.3 Berechnung der Oberflächenpotentialverteilung

Das Oberflächenpotential V lässt sich durch Lösen der generalisierten Poisson-Gleichung unter Berücksichtigung des Leitfähigkeitstensors $\boldsymbol{\sigma}$ bestimmen:

$$\nabla (\boldsymbol{\sigma} \nabla V) + \nabla \mathbf{J}^i = 0 \tag{4}$$

Die Berechnung von V erfolgt mittels Verfahren der numerischen Feldrechnung [8] [9].

4 Ergebnisse

Nach Anwendung des Matching-Verfahrens weist der anatomische Datensatz des individuellen Patienten eine geeignete Gewebedifferenzierung im Bereich des

Herzens auf. Damit lässt sich eine realitätsnahe Simulation der elektrischen Erregungsausbreitung durchführen. Die Ergebnisse einer solchen Simulation sind in Abbildung 2 dargestellt.

Anschließende Arbeiten werden sich mit der Integration der Faserorientierung in die individuellen Patientendatensätze beschäftigen. Weiterhin wird untersucht werden, inwieweit die Herzbewegung bei der Simulation berücksichtigt werden kann.

5 Danksagung

Die Arbeit wurde durch den Sonderforschungsbereich 414, Informationstechnik in der Medizin – Rechner- und sensorgestützte Chirurgie, gefördert. Wir danken Herrn Dipl.-Inform. Oliver Burgert vom Institut für Prozeßrechentechnik, Automation und Robotik der Universität Karlsruhe für die Bereitstellung des MR-Datensatzes.

Literatur

1. M. J. Ackerman, "Viewpoint: The Visible Human Project," *Journal Biocommunication*, vol. 18, no. 2, p. 14, 1991.
2. F. B. Sachse, M. Glas, M. Müller, and K. Meyer-Waarden, "Segmentation and tissue-classification of the Visible Man dataset using the computertomographic scans and the thin-section photos," in *Proc. First Users Conference of the National Library of Medicine's Visible Human Project*, pp. 125–126, 1996.
3. C. D. Werner, F. B. Sachse, and O. Dössel, "Electrical excitation of the human heart: A comparison of electrical source distributions in models of different spatial resolution," in *Proc. Computers in Cardiology*, pp. 309–312, 1998.
4. R. C. Gonzalez and R. E. Woods, *Digital Image Processing.* Reading, Massachusetts; Menlo Park, California; New York; Bonn: Addison-Wesley, 1992.
5. R. Bajcsy and S. Kovacic, "Multiresolution elastic matching," *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, vol. 46, pp. 1–21, 1989.
6. B. E. H. Saxberg and R. J. Cohen, "Cellular automata models of cardiac conduction," in *Theory of Heart* (L. Glass, P. Hunter, and A. McCulloch, eds.), pp. 437–476, Berlin, Heidelberg, New York: Springer, 1991.
7. D. B. Geselowitz, "On the Theory of the Electrocardiogram," *Proceedings of the IEEE*, vol. 77, pp. 857–876, June 1989.
8. F. B. Sachse, C. Werner, K. Meyer-Waarden, and O. Dössel, "Applications of the visible man dataset in electrocardiology: Calculation and visualization of body surface potential maps of a complete heart cycle," in *Proc. Second Users Conference of the National Library of Medicine's Visible Human Project*, pp. 47–48, 1998.
9. F. B. Sachse, C. Werner, K. Meyer-Waarden, and O. Dössel, "Comparison of solutions to the forward problem in electrophysiology with homogeneous, heterogeneous and anisotropic impedance models," in *Biomedizinische Technik*, vol. 42, pp. 277–280, 1997.