Bewegungsverfolgung des schlagenden Herzens an hyperfein-getaggten, schichtverfolgenden CSPAMM Aufnahmen

Marc Heiland, Justin D. Pearlman*, Marc Post*, Hans-Peter Meinzer

Deutsches Krebsforschungszentrum
Im Neuenheimer Feld 280, Heidelberg
*Beth Israel Deaconess Medical Center
330 Brookline Ave, Boston, USA
Email: M.Heiland@DKFZ-Heidelberg.de

Zusammenfassung: In der vorliegenden Arbeit wurde der Strukturtensoralgorithmus, ein allgemeines Verfahren zur Bewegungsverfolgung in digitalen Bildern, auf die Bewegungsverfolgung der Herzbewegung hyperfein-getaggter CSPAMM Bildfolgen angewendet. Die Methode wurde, um eine höhere Genauigkeit zu erreichen, dem Problem angepasst und mit einem aus der Literatur bekannten Verfahren zur Bewegungsverfolgung von MR-Tagging Serien (HARP) verglichen. In dieser Arbeit werden Vor- und Nachteile der beiden Methoden diskutiert.

Schlüsselwörter: Algorithmen, Bildregistrierung, Magnetresonanz, CSPAMM, MR-tagging

1 Einleitung

MR-getaggte Aufnahmen des schlagenden Herzens erlauben eine genaue Betrachtung der Myocardbewegung. Es lassen sich damit verschiedene Krankheitsbilder und Grade von Herzinsuffizienzen quantitativ unterschieden und objektivieren.

Zum ersten mal wurde 1988 eine Technik vorgestellt, die es erlaubt, den Herzmuskel nicht-invasiv zu markieren (tagging) [1]. Dieses wird erreicht, indem die Magnetisierung des Gewebes selektiv zerstört wird. Da bei der MR-Messung die Magnetisierung des Objektes gemessen wird, erscheinen diese Stellen schwarz. Weil der Grad der Magnetisierung im Gewebe bleibt, wird eine Bewegung offensichtlich, indem sich die schwarzen Stellen mitbewegen. Anders gesagt: das homogene Herzmuskelgewebe erscheint durch das MR-Tagging stark strukturiert und eine Bewegungsverfolgung wird möglich. Nachteilig erscheint die Tatsache, dass Signal bzw. Information zerstört wird. Besonders deutlich wird dies am Rand des Herzmuskels zur Lunge. Dort wird eine genaue Kantendetektion unmöglich, wenn die schwarzen Tagging-Linien, den Kantenverlauf überdecken. Es ist dann nicht erkennbar, ob diese Bereiche noch zum Herzen oder bereits zur Lunge gehören.

Mit SPAMM wurde eine MR-Sequenz vorgestellt, die eine sehr schnelle Zerstörung der Magnetisierung auf parallelen Ebenen erlaubt [2]. Legt man die Ebene des darzustellenden Bildes orthogonal zu diesen Ebenen so erscheinen schwarze parallele

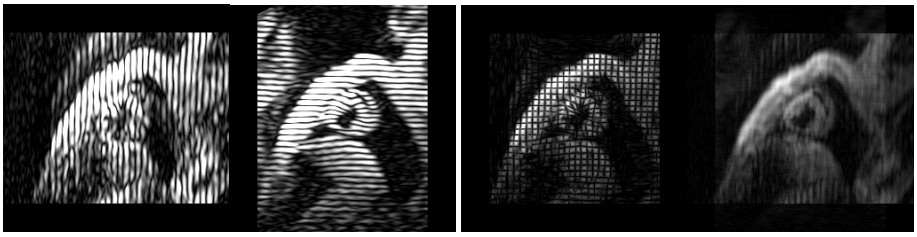

Abb. 1 vertikale und horizontale Tagging-Linen und deren Kombination als Gitter bzw. Normalbild; Zeitpunkt 6 von 20

Streifen auf dem Herzen. Im Verlauf des Herzschlags erscheinen die Linien deformiert. Die Bewegung wird offensichtlich. Ein Nachteil von SPAMM ist, dass die Tagging Linien auf Grund der T1-Relaxation gegen Ende des Herzschlags verschwinden. Dieses Problem konnte mit CSPAMM überwunden werden. Auch fällt es schwer, die Herzbewegung mit SPAMM in Schichtsequenzen zu interpretieren, wenn Sie nicht schichtverfolgend sind. Dann wird nämlich eine Schicht im Raum aufgenommen mit dem Gewebe, welches zu dem jeweiligen Zeitpunkt dort auftaucht. Die auf den Serien zu sehende Bewegung entspricht nicht der Projektion der tatsächlichen dreidimensionalen Bewegung in die Bildebene. Wenn solche Serien in drei Raumrichtungen aufgenommen werden, kann man jedoch daraus die tatsächliche dreidimensionale Bewegung approximieren [3,4]. Diese Aufnahmen sind allerdings sehr zeitintensiv.

Mit schichtverfolgendem CSPAMM [5] erscheint immer das selbe Gewebe. Die dargestellte Bewegung zeigt die Projektion der tatsächlichen drei-dimensionalen Bewegung auf die Bildebene. Ein weiterer Vorteil dieser Methode ist es, dass die Tagging Linien nicht verschwinden, sondern ohne an Kontrast zu verlieren über den gesamten Herzschlag erhalten bleiben.

An MR-getaggten Serien wird die Herzbewegung für den Beobachter offensichtlich. Um die Bewegung zu quantifizieren und damit die Beurteilung zu objektivieren und transparent zu machen, muss das Gewebe an den Bildern verfolgt werden. Die Identifizierung der Herzbewegung per Hand ist nicht nur ermüdend und äußerst zeitaufwendig, sie erweist sich auch als vergleichsweise ungenau. Mehrere Methoden wurden daher entwickelt, diese Aufgabe weitgehend zu automatisieren [6, 7, 8, 9, 10]. Viele Methoden verlangen eine manuelle Segmentierung des Herzmuskels um die Bewegung zu verfolgen. Erst jüngst wurden Verfahren vorgestellt, die versprechen, die Bewegung vollautomatisch und schnell zu identifizieren. In dieser Arbeit wird ein von uns entwickeltes Verfahren mit einem in der Literatur vorgestellten verglichen.

2 Methode

An 12 Schweinen wurde der rechte Circumflex künstlich verschlossen, wodurch Teile des Herzmuskels ischemisch wurden. Die Herzbewegung der Schweine wurde bei künstlichem Atemanhalten mit hyperfein-getaggten CSPAMM Kurzachsensequenzen betrachtet. Beim hyperfein-getaggten CSPAMM [11] werden nacheinander vier

CSPAMM Aufnahmen mit Tagging-Streifen erzeugt, die paarweise parallel um eine halbe Phase verschoben liegen (vgl. Abb. 1). Es werden also für diese Aufnahmen recht viele Einzelbilder benötigt. Eine Schichtserie bestehend aus etwa 20 Einzelbildern konnte bei den von uns verwendeten Aufnahmen in 40sec aquiriert werden. Für diese Zeitspanne die Luft anzuhalten ist bei vielen Patienten nach Schnellatmen sehr gut möglich. Da wir mit ruhiggestellten, beatmeten Schweinen arbeiteten, stellte es keinerlei Problem dar.

Aus den Bildserien wurden mit dem angepassten Strukturtensor wie auch mit dem HARP-Algorithmus Bewegungen berechnet. Die Resultate wurden kontrolliert, indem eingefärbte Punkte auf die Bildserien gelegt wurden. Diese Punkte wurden gemäß den berechneten Bewegungen des darunterliegenden Gewebes über den Herzzyklus verschoben. Damit konnte visuell die Güte der Bewegungsbestimmung ermittelt werden.

2.1 HARP

Osman [12] stellt eine Methode vor, die eine sehr schnelle Bewegungsverfolgung aus den Streifenbildern erlaubt. Die Bilder werden dazu fouriertransformiert und mit einer verschobenen Gaussglocke multipliziert (mit Mittelpunkt auf dem Wellenvektor, der die Streifen definiert.) Wenn dieses Bild zurücktransformiert wird, ist das Phasenbild nicht mehr leer (die Gaussglocke wirkte nur auf einer Seite). Es zeigen sich im gesamten Phasenbild Grauwertrampen, die auf dem Gewebe genau dort liegen, wo im Amplitudenbild die Streifen erscheinen (vgl. Abb. 2 links). Die Differenz zweier aufeinanderfolgender Bilder zeigt nach einer linearen Grauwerttransformation gerade die Verschiebung des Gewebes.

2.2 Strukturtensormethode

Haussecker [13] stellt mit dem Strukturtensoralgorithmus eine flexible Methode vor, Geschwindigkeiten in Bildfolgen zu detektieren. Diese Methode wurde von uns dem hyperfein-getaggten CSPAMM Bildfolgen angepasst. Zur Bestimmung der Bewegung wird bei diesem Verfahren an jedem Bildort ein Tensor aufgestellt, der die raumzeitliche Bildstruktur der Serie wiederspiegelt. Aus diesem Tensor kann direkt die Verschiebung bestimmt werden.

Dieses Verfahren haben wir wie folgt den hyperfein-getaggten Aufnahmen angepasst:

- Auf allen 4 Bildserien der hyperfeinen Tagging Sequenz werden die Strukturtensoren unabhängig berechnet und schließlich summiert. Die Summe dieser Tensoren ist etwas anderes als der Strukturtensor der Summe der Einzelbilder.
- Der originale Strukturtensoralgorithmus benutzt zur Bestimmung der lokalen Struktur und deren Veränderung eine Maske fester Größe und Form. An Objektgrenzen kann die Maske auf andere Objekte übergreifen und die Bewegungsbestimmung von deren Verhalten beeinflusst werden. Bei hyperfein getaggten CSPAMM kann diese Einschränkung überwunden werden, indem die Struktur vollautomatisch nur auf zusammenhängendem Gebiet betrachtet wird. Dieses zusammenhängende Gebiet wird im Gegensatz zu anderen MR-Tagging Verfahren erkennbar weil aus den phasenverschobenen Bildfolgen ein Normalbild berechnet werden kann. (vgl. Abb. 2 links)

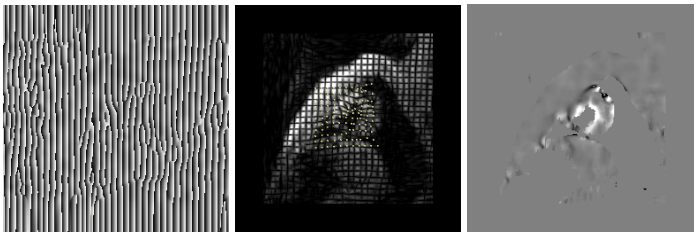

Abb. 2 links HARP Phasenbild, mittig Kontrolle, rechts Divergenz der Bewegung

- Da die Bewegung stark beschleunigt ist, werden die Verschiebungen am genausten wiedergegeben, wenn der Strukturtensor auf einem zeitlich sehr kleinen Fenster (bei uns 3 Schichten) berechnet wird.

3 Ergebnisse

In den verwendeten Aufnahmen bestimmt der angepasste Strukturtensor die Herzbewegung auf dem gesamten Myocard ohne erkennbare Fehler. HARP hingegen produzierte in unseren Beispielen insbesondere an der Herzaußenwand deutliche Fehler. Mit beiden Methoden gelingt jedoch eine Identifizierung des minderaktiven Gebietes. Bei den Bildern, die die Divergenz der integrierten Bewegung zeigen, treten die gesunden Bereiche an der Herzinnenwand deutlich hervor (vgl. Abb. 2 rechts). Dies war nicht unbedingt zu erwarten. Wenn die Herzwand bei der Kontraktion in der langen Achse nach innen klappt, verkürzt sich in der Projektion auf die Bildebene der kurzen Achse die Wanddicke. Offensichtlich wird dies jedoch durch die tatsächliche Wandverdikkung übertroffen, so dass resultierend eine positive Divergenz der zwei dimensionalen Bewegung im gesunden Gebiet erscheint.

4 Diskussion und Ausblick

Sowohl HARP als auch der Strukturtensoralgorithmus betrachten die Bildserien jeweils lokal und suchen nicht nach einer globalen Optimierung des Bewegungsvektorfeldes, wie andere Verfahren. Daher sind sie potentiell aliasing gefährdet, aber auch hoch parallelisierbar.

HARP bestimmt die Verschiebungen zwischen je zwei Bildern und liefert ein forward mapping. Daraus lassen sich direkt Trajektorien über den gesamten Herzschlag definieren. Der Strukturtensoralgorithmus liefert Geschwindigkeiten zu jedem inneren Aufnahmezeitpunkt. Die Bestimmung einer Trajektorie ist nicht trivial. Beide Verfahren liefern vollautomatisch die Bewegung des Herzens von hyperfeingetaggten CSPAMM-Aufnahmen. Es könnte sein, dass HARP bessere Ergebnisse liefert, wenn es ebenfalls auf den Herzmuskel reduziert wird. Dazu bietet das Verfahren aber keinen direkten Zugang.

Es muss über die visuelle Kontrolle hinaus noch genauer validiert werden, wie gut die Ergebnisse der beiden Methoden sind. Die Ergebnisse der Bewegungsdetektion sollen in Zukunft dazu verwendet werden, um den Herzmuskel zu segmentieren.

5 Danksagungen

Diese Arbeit wurde von Deutschen Akademischen Austauschdienst (DAAD) unterstützt.

6 Literatur

1. Zerhouni EA, Parish DM, Rogers WJ, Yang A, Shapiro EP. Human heart: tagging with MR imaging: a method for non-invasive assessment of myocardial motion. Radiology. 1988. 169. 59-63
2. Axel L, Dougherty L., Heart wall motion: improved method of spatial modulation of magnetization for MR imaging. Radiology, 1989. 172. 349-350
3. Denney TS, Prince JL. Reconstruction of 3-D Left Ventricular Motion from Planar Tagged Cardiac MR Images: An Estimation Theoretic Approach. Trans Med Imag, 1995. 14 (4). 625-635
4. Radeva P, Amini AA, Huang J. Deformable B-Solids and Implicit Snakes for 3D Localization and Tracking of SPAMM MRI Data. Computer Vision and Image Understanding. 1997. 66(2). 163-178
5. Fischer SE, McKinnon GC, Scheidegger MP, Prins W, Meier D, Boesiger P. True myocardial motion tracking. Mgn Reson Med, 1994. 31. 401-413
6. Denney TS. Estimation and Detection of Myocardial Tags in MR Image Without User-Defined Myocardial Contours. 1999. Trans Med Imaging. 18(4). 339-344
7. Dougherty L, Asmuth JC, Blom AS, Axel L, Kumar R. Validation of an Optical Flow Method for Tag Displacement Estimation. Trans Med Imag. 1999. 18 (4)
8. Kraitchman DL, Young AA, Chang CN, Axel L. Semi-Automatic Tracking of Myocardial Motion in MR Tagged Images. Trans Med Imag. 1995. 14 (3). 422-433
9. Kumar S, Goldgof D. Automatic Tracking of SPAMM Grid and the Estimation of Deformation Parameters from Cardiac MR Images. IEEE Transactions on Medical Imaging. 1994. 13 (1). 122-132
10. Young AA, Kraitchman DL, Dougherty L, Axel L, Tracking and Finite Element Analysis of Stripe Deformation in Magnetic Resonance Tagging. IEEE Transactions on Medical Imaging. 1995. 14 (3). 413-421
11. Stuber M, Fischer SE, Scheidegger MB, Boesiger P. Towards high resolution myocardial tagging, Magn Reson Med, 1999 41(3); 639-643
12. Osman NF, Faranesh AZ, McVeigh ER, Prince JL. Tracking Cardiac Motion Using Cine Harmonic Phase (HARP) MRI. Proc. Intl. Soc. Mag. Reson. Med. 7. 1999
13. Haussecker H, Jähne B. A Tensor Appoach for Precise Computation of Dense Displacement Vector Fields.