Tracking von Herzbewegungen aus Tomographiebildern

Diplomarbeit im Fach Informatik

vorgelegt von

Kathrin Tingelhoff

Institut für Computervisualistik
Arbeitsgruppe Computergrafik

Abteilung für Cognitive Computing
& Medical Imaging

Prüfer: Prof. Dr.–Ing. Stefan Müller
Betreuer: Dipl.–Ing. Christian Dold und Dipl.–Phys. Stefan Wesarg

Mai 2005

Eidesstattliche Erklärung

Hiermit erkläre ich an Eides statt, dass die vorliegende Arbeit selbständig verfasst wurde und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet wurden. Die Arbeit wurde bisher in gleicher oder ähnlicher Form keiner anderen Prüfungsbehörde vorgelegt und auch nicht veröffentlicht.

Darmstadt, den 12.05.05 Unterschrift

Danksagung

An dieser Stelle richtet sich mein Dank an all diejenigen, die zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen haben. Hiermit bedanke ich mich besonders bei meinen Betreuern Christian Dold und Stefan Wesarg für die gute Betreuung meiner Diplomarbeit. Bedanken möchte ich mich auch bei meinem Prüfer, Prof. Dr. Müller, für Anregungen und Ratschläge.
Ohne Datenmaterial ist eine Arbeit dieser Thematik nicht durchführbar, daher gilt mein Dank Herrn Dr. Herzog von der Uniklinik Frankfurt, der mir diverse Datensätze zur Verfügung gestellt hat. Darüberhinaus hat er mir mit großem Engagement bei medizinischen Fragestellungen weitergeholfen.
Mein Dank gilt auch Herrn Dr. Ulzheimer von der Siemens AG und Herrn Biemer von General Electric, die mir beide ebenfalls einen Datensatz zur Verfügung gestellt haben.

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung **1**
- 1.1 Motivation . . . 1
- 1.2 Anforderungen . . . 1
- 1.3 Überblick . . . 2

2 Grundlagen **4**
- 2.1 Medizintechnische Grundlagen . . . 4
  - 2.1.1 Magnetresonanztomographie (MRI) . . . 4
  - 2.1.2 MR–Tagging–Technik . . . 6
  - 2.1.3 Computertomographie (CT) . . . 6
  - 2.1.4 MRI vs. CT . . . 9
- 2.2 Das Herz . . . 9
  - 2.2.1 Anatomie des Herzens . . . 9
  - 2.2.2 Herzbewegung . . . 11
- 2.3 Algorithmische Grundlagen . . . 12
  - 2.3.1 Filter–Überblick . . . 12
  - 2.3.2 Segmentierung des linken Ventrikels . . . 14
  - 2.3.3 Least–Square–3D . . . 15
  - 2.3.4 Registrierung . . . 17
  - 2.3.5 Corkscrew–Algorithmus . . . 18
  - 2.3.6 Abstand und Ausrichtung windschiefer Geraden . . . 19
  - 2.3.7 Punktrotation . . . 22

3 Theoretische und praktische Herzanalyse **25**
- 3.1 State of the Art . . . 25
  - 3.1.1 Modellbasierte Ansätze . . . 25
  - 3.1.2 Ansätze des optischen Fluss . . . 30
  - 3.1.3 Invasive Verfahren . . . 36
- 3.2 Analyse und Abgrenzung . . . 36
- 3.3 Koronararterien–Konzept . . . 38
  - 3.3.1 Vorverarbeitung . . . 39
  - 3.3.2 Kontraktionsbewegungsanalyse . . . 40
  - 3.3.3 Achsenbasiertes Tracking . . . 41
  - 3.3.4 Koronararterien–Tracking . . . 42
- 3.4 Registrierungs–Konzept . . . 43
  - 3.4.1 Vorverarbeitung . . . 44

3.4.2 Achsenbasierter Schritt 45
3.4.3 Registrierung 46
3.5 Semiautomatisches Tracking– Konzept 49
3.5.1 Vorverarbeitung 49
3.5.2 Kontraktionsbewegungsanalyse 50
3.5.3 Achsenbasierter Schritt 50
3.5.4 Semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse 50
3.5.5 Visualisierung der Ergebnisse 52

4 Realisierung des semiautomatischen Trackings 54
4.1 Berechnung der LV–Achse 54
4.2 Achsenbasierter Schritt 56
4.3 Drehende Rotationsbewegung 57
4.4 Visualisierung der Herzbewegung 60

5 Tests und Ergebnisse 64
5.1 Achsenbasiertes Tracking 65
5.2 Längsachsenkontraktion 70
5.3 Drehende Rotationsbewegung 72
5.4 Anwendbarkeit des Verfahrens auf CT–Daten 77
5.5 Kritische Analyse der Ergebnisse 78
5.6 Zusammenfassung 81

6 Zusammenfassung und Ausblick 86
6.1 Zusammenfassung 86
6.2 Ausblick 87

A Abbildungen I

B Bilddaten: CT–Angiographie Aufnahmen VIII
B.1 Verwendetes — wünschenswertes Datenmaterial VIII
B.2 MRI–Datensätze IX
B.3 CT–Datensätze IX
B.4 *DICOM*–Standard IX

C Einbettung der Arbeit XIII
C.1 Medical Imaging Platform (MIP) XIII
C.2 Verwendete Bibliotheken XIV

Literaturverzeichnis XXX

Kapitel 1

Einleitung

1.1 Motivation

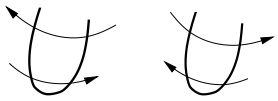
Computergestützte Verfahren haben den Arbeitsplatz des Mediziners in den letzten Jahren bzw. Jahrzehnten enorm verändert. Die bildgebenden Verfahren wurden kontinuierlich weiterentwickelt; sie können die Bilddaten heutzutage in digitaler Form drei– bzw. vierdimensional (3D + Zeit) aufbereiten. Diese Daten werden für die Diagnose oder für die operative Planung eingesetzt. Neben den bildgebenden Verfahren gehört mittlerweile auch die Bildanalysesoftware zum klinischen Alltag, welche die Bilddaten semi– oder automatisch auswertet.
Ein Forschungsschwerpunkt im Bereich der medizinischen Bildanalyse ist die Auswertung kardialer Bilddaten. Der Aufbau und die Funktionsweise des Herzens sind sehr komplex (siehe Abschnitt 2.2). Größe und Pumpleistung des Herzens können sehr unterschiedlich sein und sind vom Gewicht, Geschlecht und dem Fitnessgrad der Person abhängig. Diese Faktoren erschweren die automatisierte Analyse des Herzens. Bis heute können Verfahren der Bildanalyse die Auswertung und speziell die Bewegungsanalyse des Herzens nicht zur vollen Zufriedenheit der Ärzte lösen.

1.2 Anforderungen

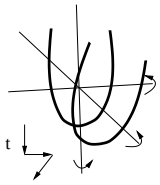
Das Ziel dieser Diplomarbeit besteht in der Entwicklung eines Verfahrens zum Tracking der Herzbewegung aus Computertomographie– (CT) und Magnetresonanztomographie–Bilddaten (MRI). Die Bewegung des Herzens wird über einen gesamten Herzzyklus verfolgt und analysiert.
Die Hauptbewegung des Herzens geht vom linken Ventrikel (LV) aus, auf den sich die Bewegungsanalyse dieser Arbeit konzentriert. Die LV–Bewegung setzt sich aus verschiedenen Einzelkomponenten zusammen, von denen im Rahmen dieser Diplomarbeit folgende Komponenten bestimmt werden sollen:

- Längsachsenkontraktion: k_a

- drehende Rotation: γ_{m_n}
  Links ist die systolische und rechts ist die diastolische Drehbewegung abgebildet.



- Translation und Rotation des gesamten Ventrikels: $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und (α, β, γ)



Die Kontraktionsbewegung (k_a) wird durch a Parameter beschrieben, wobei a der Anzahl der Herzphasen minus eins entspricht. Die Längsachsenkontraktion beschreibt die Verkürzung der LV–Längsachse während des Herzzyklus. Die Rotationswinkel (γ_{m_n}) repräsentieren die drehende Rotationsbewegung des LV's, die an der Herzbasis und am Apex entgegengesetzt ist (vgl. Abschnitt 2.2.2). Es müssen daher mehrere Rotationsparameter bestimmt werden, welche die Bewegung innerhalb einer Herzphase beschreiben. Neben der Bewegung des LV's, die auf den Pumpvorgang zurückzuführen ist, gibt es auch eine Translation und eine Kippbewegung des gesamten Herzens. Die Translation des Herzens soll dreidimensional durch die Parameter $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und die Kippbewegung wird durch drei Rotationswinkel (α, β, γ) berechnet.
Die Herzbewegung soll sowohl aus MRI– als auch aus CT–Daten extrahiert werden, wodurch sich das eigene zu entwickelnde Verfahren von den meisten bisher publizierten Ansätzen, die datensatzspezifische Algorithmen entwickelt haben, unterscheidet. Dabei wird auf invasive Methoden, z.B. das Implantieren von Markern oder die Verwendung eines Herzkatheters, als auch auf Tagging Aufnahmen (vgl. Abschnitt 2.1.2) verzichtet. Es sollen natürliche Merkmale der Herzanatomie ausgewählt werden, aus deren Verfolgung die Bewegungsinformation abgeleitet werden kann. Bisher war dies nur begrenzt möglich, da die Bildqualität als auch die Bildauflösung nicht ausreichten.

1.3 Überblick

Zunächst werden in Kapitel 2 die Grundlagen dieser Arbeit vorgestellt, zu denen die bildgebenden Verfahren CT und MRI, die Grundlagen der Herzanatomie und –bewe–gung, sowie algorithmische Grundlagen gehören.
Kapitel 3 gibt zunächst einen „State of the Art"-Überblick über verschiedene Trackingverfahren zur Bestimmung der Herzbewegung. Auf dieser Grundlage werden in den Abschnitten 3.3, 3.4 und 3.5 drei Konzepte entwickelt, welche die Herzbewegung tracken. Das Koronararterien–Konzept bestimmt die Längsachse des LV's und leitet aus der Bewegung der Längsachse die Rotation und Translation des gesamten LV's ab.

Die drehende Rotationsbewegung wird berechnet, indem die Koronararterienverzweigungen detektiert und während eines Herzzyklus verfolgt werden. Das Registrierungs– und das semiautomatische Tracking–Konzept leiten die Translation und die Kippbewegung ebenfalls aus den Längsachsen des LV's ab. Die drehende Rotationsbewegung wird beim Registrierungs–Konzept durch eine Registrierung der LV–Kontur durchgeführt. Das semiautomatische Tracking–Konzept bestimmt die Drehbewegung durch manuell gewählte Punkte der LV–Kontur und deren Verfolgung während des Herzzyklus.
In Kapitel 4 wird die praktische Umsetzung des semiautomatischen Tracking–Konzepts und die Integration in die *Medical Imaging Platform* (MIP) beschrieben. Die MIP ist ein plattformunabhängiges Software–Toolkit, deren Konzept einem generischen Ansatz folgt. Die Integration der eigenen Arbeit erfolgt unter Verwendung der in die MIP eingebundenen Open Source Bibliotheken *ITK, VTK, wxWidgets* und *boost* (vgl. Abschnitt C).
Die Ergebnisse werden in Kapitel 5 präsentiert und getestet. Kapitel 6 fasst die Ergebnisse der Arbeit zusammen und zeigt in einem Ausblick die Möglichkeiten der Weiterentwicklung und potentielle Einsatzgebiete.

Kapitel 2

Grundlagen

Zu Beginn dieses Kapitels werden die unterschiedlichen Möglichkeiten der Bildakquise in der Medizin vorgestellt. Der zweite Teil beschreibt die Anatomie und die Funktionsweise des Herzens. Abschließend werden Algorithmen und mathematische Grundlagen vorgestellt, die in Kapitel 3 von den entwickelten Konzepten benötigt werden.

2.1 Medizintechnische Grundlagen

Die Medizintechnik stellt verschiedene Möglichkeiten der Bildakquise zur Verfügung, durch die die Bereiche des Körpers zwei–, drei– oder vierdimensional abgebildet werden können. Mögliche Techniken und Anwendungen der Bildgebung sind: Angiographie, Computertomographie (CT), CT–Angiographie (CTA), Magnetresonanztomographie (MRI), MR–Angiographie (MRA), Mammographie, Nuklearmedizin, Röntgentechnik und Sonographie. Die Verfahren unterscheiden sich durch ihre Aufnahmetechnik, durch den unterschiedlichen Kontrast der Gewebestrukturen, die Auflösung, die Qualität der Aufnahmen, die Risiken und auch durch die Belastungen auf den menschlichen Organismus. Die Bilddaten stehen meist digital zur Verfügung und liegen dem Arzt als 3D–Datensatz und in den für die Analyse meist verwendeten axialen, sagittalen und koronaren Schnitten vor (siehe Abbildung 2.1). Auch die Bildverwaltung wurde durch die Digitalisierung verbessert.
In dieser Arbeit werden CT– und MRI–Bilddaten verwendet. Diese Aufnahmetechniken werden in den folgenden Abschnitten beschrieben. In [2] können zusätzliche Informationen zur CT und MRI, als auch zu weiteren, oben genannten Verfahren, nachgelesen werden.

2.1.1 Magnetresonanztomographie (MRI)

Die Magnetresonanztomographie (vgl. [2], [3]) basiert auf dem physikalischen Prinzip der kernmagnetischen Resonanz, das Felix Bloch und Edward M. Purcell 1946 entdeckten, die für ihre Entdeckung 1952 den Nobelpreis in Physik erhielten. Ihre Arbeiten entstanden unabhängig voneinander und wurden zunächst in der Physik und Chemie eingesetzt. Lauterbur und Mansfield verwendeten dieses Verfahren 1973 erstmals für die medizinische Bildgenerierung. Die Magnetresonanztomographie wird seit 1984

Abbildung 2.1: Darstellungsmöglichkeiten medizinischer Bilddaten durch unterschiedliche Schnitte des aufgenommenen Objekts: links die axiale, in der Mitte die sagittale und rechts die koronare Ansicht, [1].

in der medizinischen Diagnostik eingesetzt. Detaillierte Informationen zur Theorie der Kernmagnetischen Resonanz können in [4] nachgelesen werden. Das erste MRI–Bild eines Menschen wurde 1977 aufgenommen.
Die Magnetresonanztomographie nutzt die Eigenschaften der Atome aus. Jedes Atom besteht aus einem Kern und einer Hülle, der Kern enthält Protonen und Neutronen, die Hülle wird durch Elektronen gebildet. Die Protonen rotieren um eine Achse, wodurch ein so genannter *Spin* erzeugt wird. Durch diesen Spin rotiert auch die elektronische Ladung der Protonen, dadurch ergibt sich ein kleines Magnetfeld.
Während der Untersuchung liegt der Patient in einem starken Magnetfeld (i.d.R. 0.5-1.5 Tesla), durch das sich die Atomkerne entsprechend der Feldlinien in Nord–Süd–Richtung ausrichten. Diese kreiseln dabei um die Feldlinien, man bezeichnet dies als *Präzession*.
Die für die Bilderzeugung relevanten Protonen befinden sich in einem Gleichgewicht aus paralleler und antiparalleler Nord–Süd–Ausrichtung. Der Unterschied zwischen der Anzahl der parallel und antiparallel ausgerichteten Protonen ist sehr gering; den 1000007 parallel ausgerichteten Protonen stehen 1000000 antiparallel ausgerichtete Protonen gegenüber. Die 1000000 parallel und antiparallel ausgerichteten Protonen neutralisieren sich gegenseitig. Der geringe Unterschied in der Ausrichtung der Protonen ist für das *Magnetic Resonance Imaging* (MRI) relevant und repräsentiert die Magnetisierung des zu untersuchenden Gewebes.
Quer zu den Feldlinien des Magnetfelds wird ein Radiowellenimpuls eingestrahlt. Einige Protonen gehen dabei vom parallelen in den antiparallelen Zustand über und werden zu einer verstärkten synchronen Kreiselbewegung angeregt. Sobald das Radiosignal abgeschaltet wird, kehren die Kerne in ihre Ausgangslage zurück. Sie induzieren dabei ein elektrisches Signal in der Empfangsspule. Die räumliche Zuordnung wird durch einen sekundären Magnetfeldgradienten realisiert. Die Schnittbilder werden durch die Fouriertransformation berechnet.
Die Relaxationszeit gibt die Zeit an, welche die Kerne nach der Störung durch das Radiowellenimpuls benötigen bis sie in ihren Ausgangszustand zurückgekehrt sind. Gewebestrukturen mit einer kürzeren Relaxationszeit erzeugen ein stärkeres Signal als Gewebe mit einer längeren Relaxationszeit. Aufgrund dieser Eigenschaft können verschiedene Gewebestrukturen differenziert werden, diese werden durch einen unter-

schiedlichen Bildkontrast visualisiert.
Die MRI kann nur durchgeführt werden, sofern der Patient keine metallischen Gegenstände im oder am Körper trägt, die Ferrit[1] enthalten.
Die MRI ermöglicht eine sehr gute und differenzierte Visualisierung von Weichteilgeweben. Das für einige Aufnahmen der MRI verwendete Kontrastmittel ist nicht radioaktiv und wird vom Körper schnell wieder ausgeschieden.
Die neueste Generation sind die 3–T–Ganzkörper–MR–Systeme. Sie haben ein erhöhtes Signal–zu–Rausch–Verhältnis, das für eine schnellere Bildaufnahme und eine verbesserte räumliche Auflösung genutzt wird. Detaillierte Informationen zum aktuellen Stand der 3T–MRI ist in [5] ausführlich beschrieben.

2.1.2 MR–Tagging–Technik

Die Tagging–Technik ist eine Variante der Kernspinresonanztomographie, die durch Sättigung des Gewebes während der Magnetisierung Tagging–Linien im Myokard erzeugt. Während des Herzzyklus verformen sich die Tagging–Linien zusammen mit dem Herzmuskel (Myokard), so dass man aus der Deformation des Markierungsmusters Rückschlüsse auf die Herzbewegung ziehen und die Bewegung errechnen kann.
Durch die Sättigung des Myokards wird das MR–Signal reduziert und die Tagging–Linien erscheinen im Bild als dunkle Linien. Es gibt ein–, zwei– und dreidimensionales MR–Tagging. Beim eindimensionalen Tagging verwendet man parallele Linien; beim zweidimensionalen arbeitet man mit einem Gittermuster, das aus parallelen Tagging–Linien besteht, die in zwei orthogonale Richtungen ausgerichtet sind.
Es gibt viele Techniken Tagging–Linien zu erzeugen. Die beiden am häufigsten verwendeten sind *Dante* und *SPAMM*, die in [6] beschrieben sind.

2.1.3 Computertomographie (CT)

Die Computertomographie ist ein diagnostisches Verfahren, das unter Verwendung von Röntgenstrahlen überlagerungsfreie Schnittbilder des menschlichen Körpers liefert. Als Grundlage der Entwicklung des Computertomographen gilt die Entdeckung des österreichischen Mathematikers J. Radon. Er stellte 1917 fest, dass sich Objekte aus einer unendlichen Anzahl von Projektionen eindeutig rekonstruieren lassen. Die maßgeblichen Entwicklungen für die Computertomographie stammen von den Physikern G.N. Hounsfield und A. M. Cormack, die für ihre Arbeit 1979 den Nobelpreis für Medizin erhielten. 1971 wurde das erste CT–Bild eines Menschen aufgenommen.
Der Computertomograph besteht aus Röntgenstrahler und Detektorsystem. Beide sind in einem Ring, der so genannten *Gantry*, an gegenüberliegenden Positionen platziert. Innerhalb der Gantry liegt der Patient, dessen exakte Position davon abhängig ist, welche Körperschicht durch die CT aufgenommen werden soll. Die Röntgenstrahlen werden beim Durchtritt durch den Körper geschwächt, der Grad der Absorption ist vom Gewebe abhängig. Das Detektorsystem nimmt die geschwächten Röntgenstrahlen auf und rotiert um den Patienten. Diese Abfolge wird so lange wiederholt bis eine Schicht des Körpers vollständig aufgenommen ist. Die vom Detektorsystem gemessenen Röntgenstrahlen werden an den Computer weitergeleitet, der aus den Messda-

[1] Ferrit ist ein ferromagnetischer Werkstoff, der vor allem im Bereich der Elektrotechnik eingesetzt wird.

ten ein Schichtbild rekonstruiert. Ist die Aufnahme einer Schicht abgeschlossen, wird der Patient vertikal durch den Computertomographen geschoben. Aus der Aufnahme mehrerer Schichten kann ein Volumenmodell des aufgenommenen Körperbereichs bestimmt werden.
Damit sich die gemessenen Werte kategorisieren lassen, führte Hounsfield relative Schwächungskoeffizienten ein, welche in Hounsfield–Einheiten (HE) gemessen werden. Die HE lässt sich aus dem Verhältnis des gemessenen Schwächungskoeffizient λ_{Obj} und dem Schwächungskoeffizient von Wasser λ_{H_2O} berechnen (2.1) (vgl. [7]). Jede Gewebeart hat unterschiedliche Schwächungskoeffizienten, diese hat Hounsfield in einer Tabelle zusammengefasst (siehe Abbildung 2.2). Für die Visualisierung der Schwächungskoeffizienten werden die Koeffizienten linear auf die Grauwertskala abgebildet. Eine hohe Schwächung, wie dies bei Knochen der Fall ist, wird durch helle, eine niedrige Absorbtion wird durch dunkle Grautöne dargestellt.

$$HE = \frac{\lambda_{Obj} - \lambda_{H_2O}}{\lambda_{H_2O}} \cdot 1000 \tag{2.1}$$

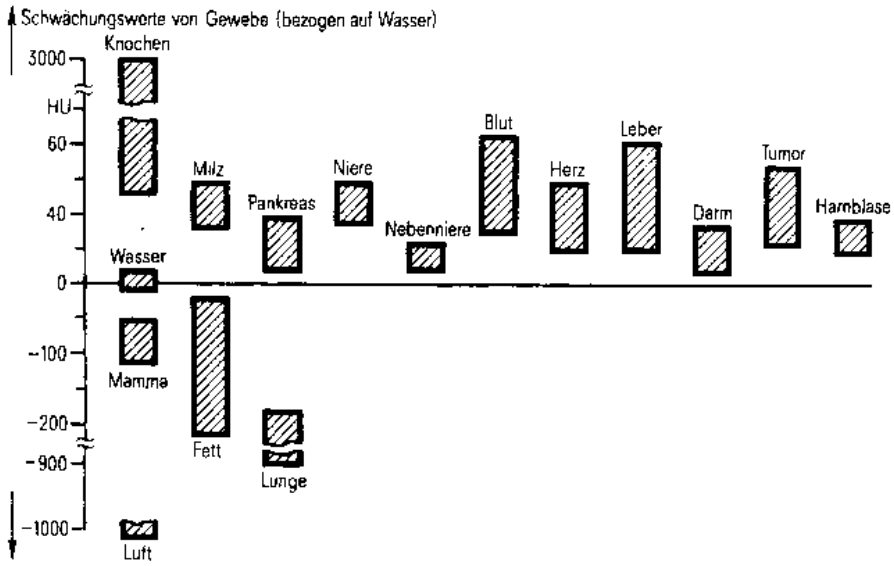


Abbildung 2.2: Die Hounsfield–Tabelle gibt eine Übersicht, welche Schwächungswerte die Gewebe der einzelnen Organe haben. Die Werte sind jeweils im Bezug zum Schwächungskoeffizienten von Wasser angegeben (aus [8], Seite 94).

Seit 1989 gibt es eine Weiterentwicklung der CT, die Spiral–CT. Sie ermöglicht die Volumenaufnahme in kürzerer Zeit. Während der Spiral–CT wird der Patient kontinuierlich durch die Gantry geschoben. Die Gantry rotiert zeitgleich um den Patienten (siehe Abbildung 2.3). Durch die rotierende Bewegung der Gantry und der gleichzeitigen Bewegung des Patientens werden zunächst inkonsistente Datensätze aufgenommen. Erst durch aufwendige Berechnungen (Interpolationsverfahren) können planare

Datensätze für jede Position des Patienten berechnet werden, so dass einzelne Schichten artefaktfrei dargestellt werden können.
Eine Weiterentwicklung der Spiral–CT ist die Mehrschicht Spiral–CT, die es seit 1998 gibt. Diese Technik ermöglicht die zeitgleiche Aufnahme mehrerer Schichten. Zunächst konnten durch diese Technik vier Schichten, mittlerweile können bis zu 64 Schichten gleichzeitig aufgenommen werden. Die höchste Auflösung der aktuell verfügbaren Computertomographen liegt bei 0.4 *mm* Voxeln.

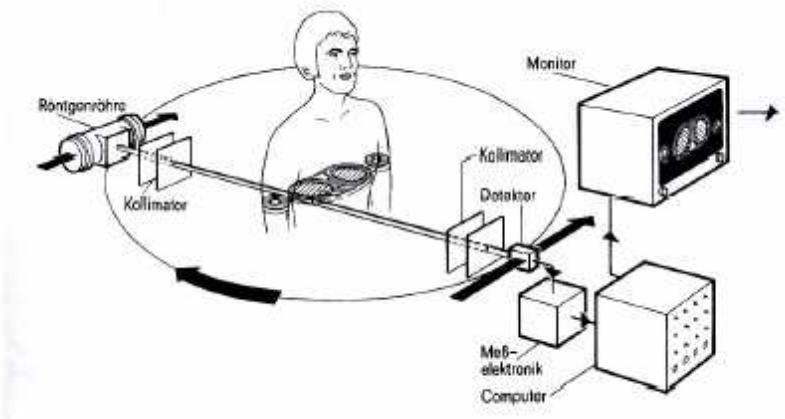


Abbildung 2.3: Aufbau eines Spiral–CT's (aus [8]).

Während der CT wird häufig Kontrastmittel eingesetzt, damit Bereiche des Körpers kontrastreicher dargestellt werden können. Für die CT wird barium[2]– oder jodhaltiges Kontrastmittel verwendet; dies kann in seltenen Fällen zu einer Überempfindlichkeits–Reaktion führen. Dabei besteht die Möglichkeit der oralen Einnahme oder der Injektion. Das Kontrastmittel wird oral eingenommen, sofern der Bauchraum oder der Magen–Darm–Trakt untersucht werden soll. Injiziertes Kontrastmittel ermöglicht die kontrastreiche Darstellung der Blutgefäße.
Während der Computertomographie wird der Patient einer Belastung durch die verwendete Röntgenstrahlung ausgesetzt. Die Strahlendosis, der man einen Patienten während der Aufnahme aussetzen kann, ist begrenzt. Die Limitierung der maximalen Strahlenmenge hat unmittelbare Auswirkungen auf die Länge der Aufnahme. Diese steht wiederum in direktem Bezug zur maximal möglichen Auflösung der Bilddaten. Dieses Zusammenspiel begrenzt die Möglichkeiten bei der Weiterentwicklung der CT.
Ein weiterer limitierender Faktor der CT ist die Rotationszeit der Gantry, die zur Zeit bei 0.33 Sekunden liegt. Die Rotationszeit hat direkten Einfluss auf die gesamte Aufnahmezeit. Kürzere Aufnahmezeiten sind das Ziel im Bezug auf eine Reduktion von Bewegungsartefakten bei der Aufnahme. Auch für die Aufnahme bewegter Objekte, z.B. für die Aufnahme des Herzens, ist die Aufnahmezeit relevant. Aufgrund der enormen Kräfte, die bei der Rotation der Gantry frei werden, ist eine Weiterentwicklung

[2]Barium, chem. Symbol **Ba**, gehört zu den Erdalkalimetallen und ist dem Calcium sehr ähnlich. In der Natur liegt Barium ausschließlich in gebundener Form vor (vgl. [9]).

in diesem Bereich begrenzt. Die enormen Kräfte, die bei heutigen Geräten durch die Rotation entstehen, wird am Beispiel eines CT–Geräts der aktuellen Generation von Siemens deutlich. Die Rotationszeit des *Somaton Sensation Cardiac 64* beträgt 0.33 Sekunden, durch die Rotation werden Kräfte von bis zu 30 G frei. Laut Siemens finden pro Minute 182 Rotationen bei einem Radius der Gantry von 0.8 Metern statt.

2.1.4 MRI vs. CT

Sowohl die CT als auch die MRI sind schmerzfreie Aufnahmetechniken, welche die überlagerungsfreie Darstellung von Organen und Gewebe ermöglichen.
Die MRI ist für den Patienten kein belastendes Verfahren, dies stellt einen großen Vorteil gegenüber der CT dar, da der Patient bei der CT einer hohen Belastung durch Röntgenstrahlen ausgesetzt wird.
Die MRI ermöglicht sehr kontrastreiche Darstellungen verschiedener Gewebestrukturen. Regionen mit geringem Wassergehalt, wie z.B. Lunge oder Knochen lassen sich durch die MRI weniger gut darstellen. Für die Darstellung von Knochen oder der Lunge ist die CT besser geeignet. Bei der CT ist der Kontrast unterschiedlicher Gewebestrukturen geringer, für die Aufnahme der CT wird daher häufig Kontrastmittel verwendet. Bei der CT wird ein barium– oder jodhaltiges Kontrastmittel verwendet, dies kann in seltenen Fällen zu Überempfindlichkeiten führen. Das bei der MRI verwendete Kontrastmittel ist nicht radioaktiv und ist daher besser verträglich als das bei der CT verwendete Kontrastmittel.
Die CT kann bei allen Patienten durchgeführt werden, sofern sie nicht schwanger sind. Die MRI darf nur bei Personen durchgeführt werden, die keine metallischen Gegenstände im oder am Körper haben, die Ferrit enthalten. Bei der MRI liegt der Patient in einer sehr engen Röhre, daher muss ihm in einigen Fällen vor der Untersuchung ein Beruhigungsmittel injiziert werden, bspw. wenn der Patient unter Klaustrophobie leidet.

2.2 Das Herz

Das Herz ist ein muskuläres Hohlorgan, das durch die Herzscheidewand in zwei Hälften unterteilt ist. Jede Herzhälfte besteht aus einem Vorhof und einer Herzkammer. Die rechte Herzhälfte pumpt das sauerstoffarme Blut in den Lungenkreislauf. Das in der Lunge mit Sauerstoff angereicherte Blut wird aus der linken Herzhälfte in den Körperkreislauf gepumpt und versorgt alle Organe mit Sauerstoff.

2.2.1 Anatomie des Herzens

Das Herz hat die Form eines stumpfen Kegels und erstreckt sich von der so genannten Herzbasis zu einer schräg nach unten verlaufenden Spitze (*Apex*). Die Größe des Herzens kann stark variieren und ist vom Geschlecht und dem Gewicht der Person abhängig. Bei Frauen liegt das Gewicht des Herzens bei ca. 280 Gramm, während es bei Männern etwa 320 Gramm beträgt. Sportlerherzen sind größer und haben eine sehr viel stärkere Pumpleistung. Neben diesen großen Unterschieden der Herzanatomie, kann auch die Herzbewegung sehr unterschiedlich und von vielen Faktoren abhängig

sein.
Das Herz liegt schräg im Brustkorb (*Thorax*). Zwei Drittel befinden sich im linken und ein Drittel im rechten Brustraum. Es ist an den Außenseiten durch die Lungenflügel begrenzt. Vorn berührt es das Brustbein, hinten grenzt es an die Speiseröhre. Da das Herz räumlich dicht am Atmungsapparat, das heißt an Lunge, Rippen und Zwerchfell liegt, verändert sich die Lage des Herzens in Abhängigkeit von der Atmung (vgl. [10]).
Das Herz ist vom *Perikard*, einem Bindegewebsbeutel umgeben. Die Herzwand besteht aus drei Schichten, *Endokard*, *Myokard* und *Epikard*. Das Endokard ist die Innenhaut des Herzens, das Myokard ist der arbeitende Herzmuskel und das Epikard ist die auf dem Myokard liegende Außenhaut. Die Herzkranzgefäße befinden sich in einer Fettschicht, die sich unter dem Epikard befindet. Die Arterien sind fest innerhalb dieser Fettschicht verwachsen. Zum Myokardgewebe gehört auch die *Papillarmuskulatur*, von deren Spitze Sehnenfäden zu den Atrioventrikularklappen verlaufen, damit diese während der Auswurfphase (*Systole*) stets in Schließposition gehalten werden.

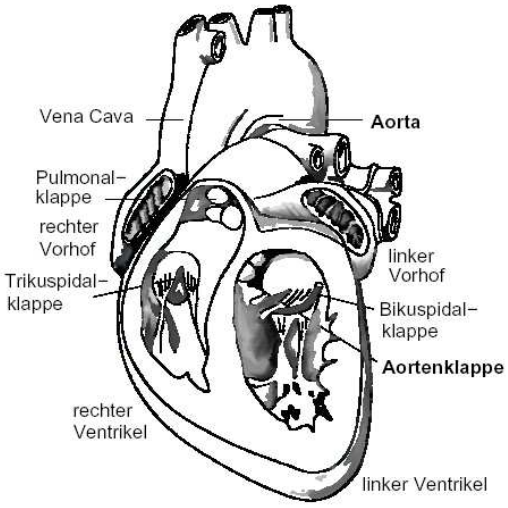


Abbildung 2.4: Aufbau des Herzens aus [11] Seite 8.

Das Herz besteht aus vier Kammern, zwei Vorhöfen und zwei Herzkammern (*Ventrikel*) (siehe Abbildung 2.4). Zwischen Vorhöfen und Ventrikeln und an den Ausgängen der Ventrikel befinden sich die *Trikuspidal–*, die *Pulmonal–*, die *Bikuspidal–* und die *Aortenklappe*. Die Herzklappen übernehmen eine Ventilfunktion und verhindern den Rückstrom des Blutes, wodurch sichergestellt wird, dass das Blut nur in eine Richtung fließt.
Die Herzkammern bestehen aus ringförmig angeordneten Muskelfasern, die in rhythmischem Wechsel kontrahieren (*Systole*) und sich entspannen (*Diastole*) (vgl. [12]).
Die beiden Ventrikel pumpen dieselbe Menge Blut in den Kreislauf, jedoch müssen sie dafür unterschiedlich stark pumpen, da die Druckverhältnisse im Lungen– bzw. Körperkreislauf unterschiedlich sind. Der linke Ventrikel ist der stärkere Muskel, da er das Blut gegen den hohen systolischen Druck von 120 *mm Hg* überweinden muss. Der Druck im Lungenkreislauf liegt bei 20 *mm Hg*, daher muss der rechte Ventrikel we-

niger stark pumpen. Die unterschiedliche Leistung der Herzkammern spiegelt sich in der Dicke der jeweiligen Herzkammerwand wieder. Die Wand des rechten Ventrikels ist 2–4 mm, die Wand des linken Ventrikels 8–11 *mm* dick.
Das Herz wird durch eine linke und eine rechte Koronararterie versorgt. Beide Koronararterien entspringen der Aorta. Die rechte Koronararterie (*coronaria dextra*) versorgt hauptsächlich den rechten Ventrikel und den kleinen hinteren Teil des linken Ventrikels. Von ihr zweigt der *Ramus interventricularis posterior* ab, der in der hinteren Längsfurche zum Apex verläuft.
Die linke Koronararterie (*coronaria sinistra*) versorgt hauptsächlich den linken Ventrikel und den kleinen vorderen Teil des rechten Ventrikels. Die Coronaria sinistra teilt sich in *Ramus circumflexus* und *Ramus interventricularis anterior*. Der Ramus interventricularis anterior verläuft entlang der vorderen Längsfurche in Richtung Apex und der Ramus circumflexus verläuft in der Herzkranzfurche zur Hinterseite des Herzens (vgl. [10]).

2.2.2 Herzbewegung

Die Herzbewegung ist quasi der Pumpvorgang des linken und rechten Ventrikels mit überlagerter Atembewegung. Es ist die ständige Abfolge von Systole und Diastole. Wie bereits in Abschnitt 2.2.1 beschrieben, ist die Bewegung des linken und rechten Ventrikels unterschiedlich. Aufgrund der ausgeprägten Bewegung des LV's können Krankheiten, die sich auf die Bewegung auswirken, besser an der linken Herzkammer diagnostiziert werden. Daher wird sich die Bewegungsanalyse dieser Arbeit auf den LV konzentrieren.
Insgesamt gibt es vier Phasen der Herzbewegung: Anspannungs–, Austreibungs–, Erschlaffungs– und Füllungsphase. In Abbildung 2.5 visualisiert ein Diagramm wie sich das Volumen während der vier Phasen verändert. Es vermittelt einen ungefähren Eindruck der Herzausdehnung zu bestimmten Zeitpunkten des Herzzyklus. Während der Füllungsphase nimmt das Ventrikelvolumen stetig zu, bis es zum enddiastolischen Zeitpunkt, der Anspannungsphase, die maximale Ausdehnung erreicht hat. Die Systole ist die Austreibungsphase; dabei werden ca. 80 ml Blut aus dem LV gepumpt, bis nur noch ein Restvolumen von ca. 40 ml im Ventrikel enthalten ist. Zum endsystolischen Zeitpunkt ist die minimale Ausdehnung erreicht.
Die Pumpbewegung des Herzens setzt sich aus einer Kontraktions– und Rotationsbewegung zusammen. Unter Kontraktion versteht man das Zusammenziehen des Herzens. Dieser Vorgang wird durch eine entgegengesetzte Rotationsbewegung unterstützt. Während der Systole findet an der Herzbasis eine Rotationsbewegung im Uhrzeigersinn und am Apex eine Bewegung gegen den Uhrzeigersinn statt (siehe Abbildung 2.6). Während der Diastole rotieren Herzbasis und Apex in entgegengesetzter Richtung, das Herz bewegt sich in seinen Ausgangszustand zurück. Die Herzbewegung, die das Blut aus dem Herzen pumpt, wird sowohl durch die Kontraktion als auch durch die drehende Rotationsbewegung ausgeführt.
Neben der Kontraktion hat auch die Atmung Einfluss auf die Herzbewegung. Während des Einatmens tritt das Zwerchfell tiefer und das Herz geht in eine Steillage über. Die Atmung beeinflusst demnach die Position des gesamten Herzens im Thorax. Die Herzachse, die von der Mitte der Herzbasis zur Herzspitze verläuft, sackt durch die Atmung ab und ändert ihre Ausrichtung, so dass eine Sack– und Kippbewegung durch

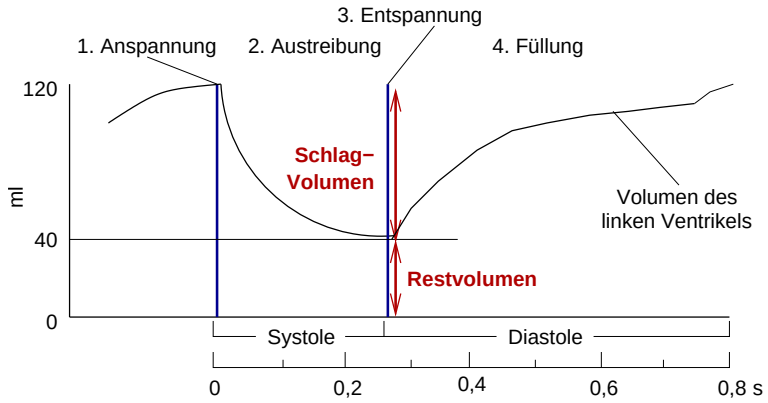


Abbildung 2.5: Diagramm zur Visualisierung des Herzvolumens während der Systole und der Diastole (vgl. [12] Seite 112).

die Atmung verursacht wird.

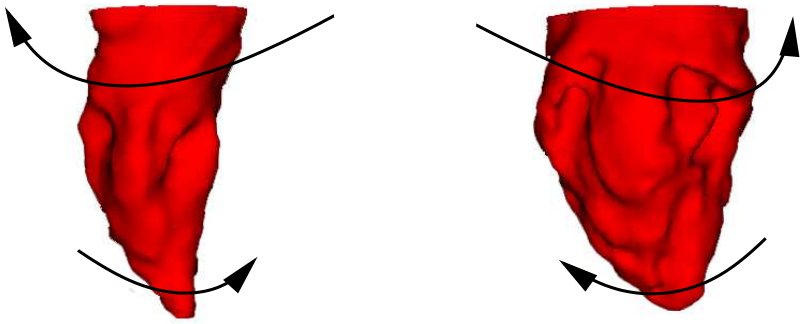


Abbildung 2.6: Systolische Rotationsbewegung (links), diastolische Rotationsbewegung (rechts).

2.3 Algorithmische Grundlagen

In diesem Abschnitt werden mathematische Grundlagen und Algorithmen beschrieben, die in Kapitel 3 in den entwickelten Konzepten umgesetzt werden.

2.3.1 Filter–Überblick

Dieser Abschnitt stellt einige Filter vor, die Bestandteil der Algorithmen in den nächsten Abschnitten sind (vgl. [7] und [13]).

Curvature Flow–Filter

Der *Curvature Flow–Filter* ist ein kantenerhaltender Glättungsfilter. Das Prinzip ist an die physikalische Diffusion angelehnt, welche die Partikelverteilung von gasförmigen und gelösten Stoffen beschreibt, die im Lauf der Zeit eine immer regelmäßigere Durchmischung erreichen. Beim Curvature Flow–Filter wird mit jedem Iterationsschritt eine immer homogenere Grauwertverteilung im Bild erreicht. Dieses Verfahren wird durch Differentialgleichungen beschrieben, die auf das Bild angewendet werden. Die kantenerhaltende Wirkung des Filters wird durch einen so genannten *conductance term* erreicht, der in die Differentialgleichung integriert wird.

Connected Threshold

Das *Connected Threshold* Verfahren wird zur Segmentierung der Bilddaten verwendet und erzeugt ein Binärbild. Es wird eine obere und eine untere Schwelle (Threshold) benötigt. Damit das Objekt eindeutig bestimmt werden kann, wählt der Anwender einen *Seedpoint* (Startpunkt). Der Grauwert G des Seedpoints bildet auch die Grundlage der oberen und unteren Schwelle, diese ist nämlich $(G + X)$ bzw. $(G - X)$. X ist ein vorab definierter Wert, der die Größe des Schwellwertbereichs festlegt.
Ausgehend vom Grauwert G des aktuellen Pixels werden die Grauwerte der lokalen Umgebung geprüft. Liegt der Grauwert innerhalb des Schwellwertbereichs, wird das Pixel zur Region hinzugefügt. Es werden stets nur diejenigen Pixel auf ihre mögliche Zugehörigkeit zur aktuellen Region geprüft, die unmittelbar an die aktuelle Region angrenzen. Ist der Grauwertunterschied aller Pixel, die an die aktuell segmentierte Region angrenzen größer als durch die Schwelle vorgegeben, ist das Connected Threshold Verfahren abgeschlossen.

Island Removal Filter

Der *Island Removal Filter* entfernt zusammengehörende Pixelgruppen aus dem Bild, deren Pixelanzahl kleiner als eine definierte Schwelle ist. Durch die Maske des Island Removal Filters bleiben große zusammengehörende Pixelregionen erhalten und kleine Pixelgruppen werden eliminiert. Grundlage des Filters ist die Annahme, dass die relevanten Regionen im Bild eine bestimmte Mindestgröße haben und dass kleinere Pixelgruppen auf Rauschen oder Artefakte zurückzuführen sind.

Median Filter

Der *Median Filter* ist ein nicht–linearer Glättungsfilter, der zur Unterdrückung von Rauschen in Bilddaten verwendet wird. Für jedes Pixel werden die Grauwerte der lokalen Nachbarpixel und der Grauwert des relevanten Pixels in aufsteigender Reihenfolge sortiert. Der Grauwert des aktuellen Pixels wird durch den mittleren Grauwert der sortierten Liste ersetzt (siehe Abbildung 2.7). Durch den Median Filter werden Ausreißer innerhalb der lokalen Umgebung eliminiert, während die Objektkanten im Bild erhalten bleiben.

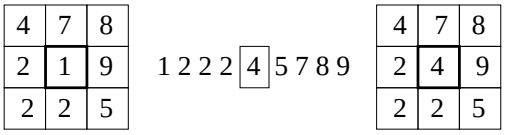


Abbildung 2.7: Links ist die Ausgangssituation abgebildet. Das mittlere ist das aktuell relevante Pixel. Im nächsten Schritt werden die Grauwerte aller Pixel der lokalen Nachbarschaft sortiert. Der Grauwert des aktuellen Pixels wird durch den mittleren Grauwert der Liste ersetzt.

Opening und Closing Operation

Opening und *Closing* gehören zu den morphologischen Operationen. Sie sind als Kombination aus Erosion und Dilatation definiert. Beim *Opening Operator* wird zunächst die Erosion und anschließend die Dilatation auf das Bild angewendet. Ziel des Operators ist es äußere Kanten zu glätten, dünne Kanten zu öffnen und kleinere segmentierte Bereiche zu entfernen.
Erosion und Dilatation arbeiten mit sogenannten Strukturelementen, einer Art Maske. Das zentrale Pixel des Strukturelements wird auf jedes Pixel des Bildes angewandt. Im Erosionsschritt wird geprüft, ob alle Elemente des Strukturelements auch im Bild enthalten sind. Nur falls dies zutrifft wird das zentrale Element im Ergebnisbild gesetzt. Im Dilatationsschritt wird geprüft, ob mindestens ein Pixel im Bild von dem darüberliegenden Strukturelement überdeckt wird; trifft dies zu, wird das zentrale Element im Ergebnisbild gesetzt.
Die Erosion eliminiert schmale Kanten und sehr kleine Bereiche im Bild. Die Dilatation ist ein Filter der Kanten verstärkt und Löcher füllt.

2.3.2 Segmentierung des linken Ventrikels

Die Segmentierung des linken Ventrikels besteht aus einer Vorverarbeitung und der Segmentierung. Im Vorverarbeitungsschritt werden die Bilddaten aufbereitet, gedreht und gefiltert. Die einzelnen Schritte der Segmentierungspipeline (vgl. Abbildung 2.8) sind:

- Region of Interest (ROI1): Auswahl der relevanten Bildregion zur Reduktion des Datenaufkommens.
- Affine Transformation: Transformation der Daten, damit die Herzanalyse nach den Richtlinien der American Heart Association (AHA) durchgeführt werden kann (vgl. [14]).
- Resampling: Erhöhung der Anzahl der Schichten in z–Richtung.
- Region of Interest (ROI2): Begrenzung der Daten und gleichzeitiges Setzen der Mitralklappe, mit dem Ziel ein genaues Segmentierungsergebnis zu erhalten.
- Curvature Flow Filter: Rauschminimierung.
- Connected Threshold Filter: Binarisierung ausgehend von einem Seedpoint.

Der Anwender hat in jedem Pipeline–Schritt die Möglichkeit datensatzspezifische Eingaben vorzunehmen mit dem Ziel die Segmentierungsergebnisse des aktuellen Datensatzes zu verbessern. Das Prinzip der verwendeten Filter wird in 2.3.1 kurz beschrieben.
Als Eingabe wird der Pipeline ein MRI– oder CT–Datensatz übergeben, da der Algorithmus semiautomatisch funktioniert, liefert er für beide Bilddaten sehr gute Ergebnisse. Durch die Reduktion der Datenmenge im ROI1– und ROI2–Schritt wird der Rechenaufwand aller folgenden Schritte verringert. Die affine Transformation richtet den Datensatz entsprechend der Längsachse des linken Ventrikels aus. Die Ausrichtung ist von der AHA für die standardisierte Analyse des LV's vorgegeben. Beim Resampling wird die Anzahl der Schichten in z–Richtung durch Interpolation erhöht. Der ROI2 Schritt begrenzt die zu segmentierende Region. Der Anwender bestimmt in diesem Schritt die obere Grenze des LV's, der durch die Mitralklappe begrenzt ist. Der Curvature Flow–Filter reduziert das Rauschen im Bild. Die eigentliche Segmentierung wird mit dem *Connected Threshold–Filter* durchgeführt. Dafür wird mindestens ein Seedpoint benötigt, der vom Anwender innerhalb des LV's gesetzt wird. Die Position des Seedpoints bildet den Ausgangspunkt der 3D–Segmentierung. Die Ergebnisse der Segmentierung sind in Abbildung 2.9 abgebildet. Die detaillierte Darstellung des Segmentierungsverfahrens von C. Dold ist in [15] beschrieben.

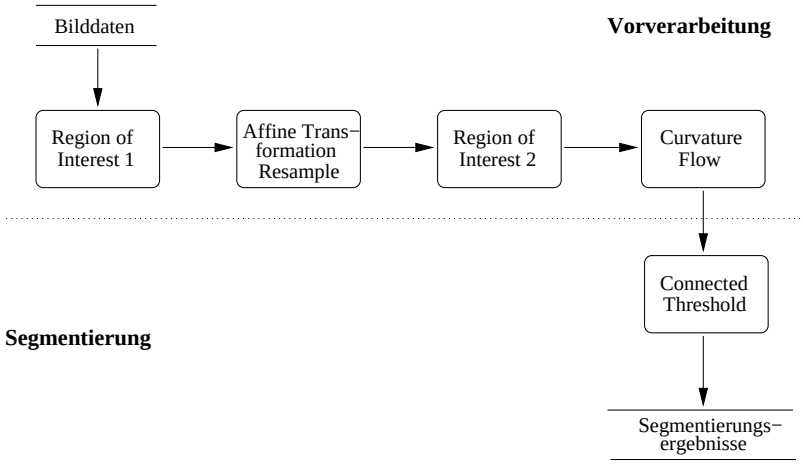


Abbildung 2.8: Die Pipeline zeigt die einzelnen Schritte der Segmentierung. Der Connected Threshold Schritt segmentiert den linken Ventrikel auf den aufbereiteten Bilddaten. Die Legende der Flußdiagramme findet sich in Abschnitt 3.4.

2.3.3 Least–Square–3D

Least–Square–3D ist ein Optimierungsverfahren, das zur Bestimmung einer Geraden aus einer Punktemenge verwendet werden kann [16]. Das Verfahren bestimmt die gesuchte Gerade, indem der Abstand aller Punkte zur Geraden minimiert wird. Die Punktemenge besteht aus n Punkten, die im 3D–Raum gegeben sind. Die zu berechnende Gerade soll ebenfalls im dreidimensionalen Raum bestimmt werden.
Bei diesem Verfahren haben alle Punkte die Form $p(x_i, y_i, (f(x, y))_i)$. Daraus ergibt

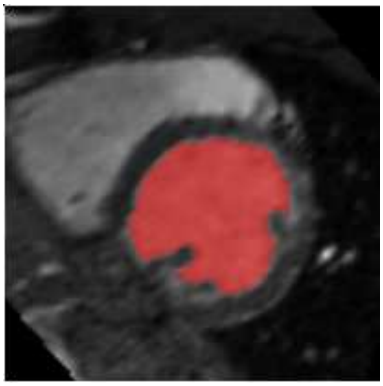
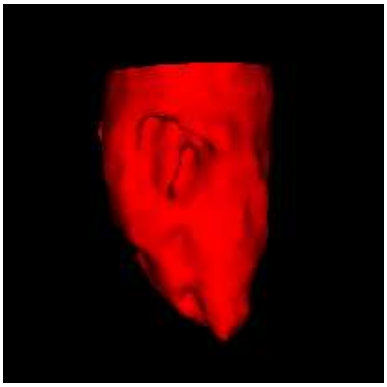



Abbildung 2.9: Links ist das Segmentierungsergebnis im axialen Schnitt und rechts in der 3D–Ansicht abgebildet.

sich die Abhängigkeit der z–Komponenten aller Punkte von den x– und y–Komponenten. Aufgrund dieser Beziehung wird die Fehlerminimierung, die sich als Summe der Abstände aller Punkte zur Gerade berechnet, ausschließlich auf der z–Komponente durchgeführt.
Gegeben ist eine Punktemenge bestehend aus $i = 1$ bis n Punkten. Ziel ist es, A, B, C so zu bestimmen, dass die Ebene $z = Ax + By + C$ die Punktemenge bestmöglich repräsentiert. A, B, C werden so bestimmt, dass die Summe der quadrierten Fehler zwischen Ebene $Ax_i + By_i + C$ und z_i minimal wird. Die Ebene $E(A, B, C)$ ist definiert durch Gleichung $E(A, B, C) = \sum_{i=1}^{n}((Ax_i + By_i + C) - z_i)^2$. Aus dieser Gleichung lässt sich das Gleichungssystem 2.2 ableiten, dessen Lösung der Minimierung von Gleichung $z = Ax + By + C$ entspricht.

$$\begin{bmatrix} \sum_{i=1}^{n} x_i^2 & \sum_{i=1}^{n} x_i y_i & \sum_{i=1}^{n} x_i \\ \sum_{i=1}^{n} x_i y_i & \sum_{i=1}^{n} y_i^2 & \sum_{i=1}^{n} y_i \\ \sum_{i=1}^{n} x_i & \sum_{i=1}^{n} y_i & \sum_{i=1}^{n} 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} A \\ B \\ C \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum_{i=1}^{n} x_i z_i \\ \sum_{i=1}^{n} y_i z_i \\ \sum_{i=1}^{n} z_i \end{bmatrix} \tag{2.2}$$

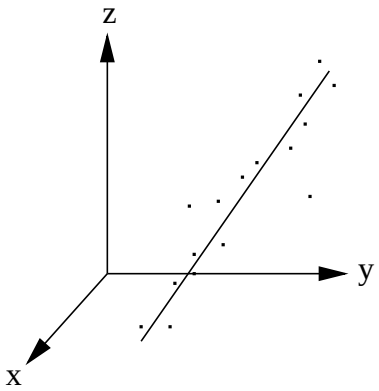


Abbildung 2.10: Approximation einer Achse aus einer 3D–Punktemenge.

2.3.4 Registrierung

Unter *Registrierung* oder auch *Matching* versteht man die Anpassung von Bildern jeglicher Dimension, mit dem Ziel deren Inhalte bzw. deren Bildinformation zu vergleichen. Es gibt unterschiedliche Registrierungstechniken, die von den zu registrierenden Bilddaten und den Objekten abhängen, die miteinander gematcht werden sollen. Die möglichen Varianten sind:

- *Multimodales Matching*:
  Matching unterschiedlicher Bilddaten (z.B. CT und PET[3]) von einer Person, zur Bündelung der Bildinformation unterschiedlicher bildgebender Verfahren.
- *Singlemodales Matching*:
  Das Objekt wird mit dem gleichen Sensor zu unterschiedlichen Zeitpunkten und/oder aus unterschiedlichen Perspektiven aufgenommen.
- *Template Matching*:
  Beim Template Matching werden die konkreten Daten (z.B. Patientendaten) mit Referenzdaten, z.B. einem quantitativ erstellten Model gematcht.
- *Physikalisches Matching*:
  Unter physikalischem Matching versteht man das Matchen verschiedener Koordinatensysteme. Für die Tumorbestrahlung eines Patienten müssen bspw. das Koordinatensystem des bildgebenden Verfahrens mit dem der Tumorbestrahlungsmaschine gematcht werden.

Neben den oben genannten Unterschieden der Registrierung gibt es innerhalb dieser Gruppen weitere grundlegend verschiedene Registrierungsstrategien. Es gibt Verfahren, welche die Registrierung auf den Grauwertinformationen, auf Kontrollpunkten, auf Konturen bzw. auf dem Volumen durchführen. Des Weiteren wird zwischen der *starren*, *affinen*, *projektiven* und *elastischen* Registrierung unterschieden. Grundlegende Informationen zu den unterschiedlichen Klassen der Registrierung finden sich in [7] und [17].
In den beiden folgenden Abschnitten werden zwei Registrierungsverfahren skizziert: ein elastisches Kontur–Kontur–Matching und ein elastisches Oberflächen–Matching.

Elastisches Kontur–Kontur–Matching

Moshfeghi [18] hat ein Verfahren zur zweidimensionalen Kontur–Kontur–Registrierung entwickelt. Das Verfahren gliedert sich in drei Schritte:

- Extraktion der Objektkontur,
- Kontur–Matching,
- Berechnung der Transformationsmatrix.

[3] *Positronen–Emissions–Tomographie* (PET) ist ein nuklearmedizinisches Verfahren, dass die Verteilung radioaktiv markierter Substanzen im Körper sichtbar macht. Dieses bildgebende Verfahren visualisiert Stoffwechselvorgänge und biochemischen Abläufe im Körper.

Im ersten Schritt werden die zu matchenden Objektkonturen durch Polygone approximiert. Es wird vorausgesetzt, dass für den Matchingprozess korrespondierende Polygonrepräsentationen der Konturen miteinander gematcht werden.
Aus den Polygonannäherungen der Konturen wird ein Ähnlichkeitsmaß bestimmt. Dafür wird für jedes Liniensegment der Startkontur der Abstand zum nächsten Liniensegment der Zielkontur berechnet. Das Abstandsmaß setzt sich zusammen aus dem euklidschen Abstand und dem Richtungsunterschied. Aus der Summe dieser beiden Unterschiede ergeben sich Verschiebungsvektoren, die das Kraftfeld des gesamten Bildes beschreiben.
Nach k Iterationen liegt die Startkontur auf oder in der Nähe der Zielkontur. Das iterative Verfahren ist beendet, sobald das Abstandsmaß eine definierte Schwelle unterschreitet. Die Ergebnisvektoren werden im letzten Schritt durch das Gauß–Verfahren interpoliert. Das Verfahren von Moshfeghi ist in [18] ausführlich beschrieben.

Oberflächen Matching

Lavallee und Hamadeh [19] haben einen elastischen Registrierungsalgorithmus für Oberflächen entwickelt, der auf dem *Chamfer Algorithmus* basiert. Der Chamfer Algorithmus minimiert den Abstand zwischen Oberflächen. Die Minimierung kann sehr unterschiedlich realisiert werden und ist von der Oberflächenrepräsentation abhängig [17]. Beim Chamfermatching wird eine dreidimensionale Abstandstabelle berechnet, die den Abstand jedes Voxels zur Objektoberfläche enthält.
Lavallee und Hamadeh verwenden für das elastische Oberflächenmatching das Chamfermatching und erweitern diesen Ansatz auf elastische Transformationen [17]. Die berechnete Deformation stellen sie in so genannten *Octree–Splines* dar. In einem iterativen Verfahren wird der Abstand zwischen den dreidimensionalen Kontrollpunkten und der Oberfläche des Modells minimiert. Für die Minimierung verwenden sie einen hierarchischen Algorithmus, der durch Vorkenntnisse den Minimierungsaufwand enorm reduziert. Die ausführliche Beschreibung des Verfahrens findet sich in [19].

2.3.5 Corkscrew–Algorithmus

Der von Wesarg und Firle [20] entwickelte *Corkscrew Algorithmus* bestimmt Position und Verlauf der Koronararterien zwischen zwei vom Anwender gewählten Punkten. Die durch den Algorithmus bestimmten Parameter können für Untersuchungen genutzt werden, z.B. für die endoskopisch koronare Bypassoperation (TECAB). Der gesamte Algorithmus gliedert sich in drei Schritte: Vorverarbeitung, Bestimmung der Mittellinie und Konturbestimmung.
Im Vorverarbeitungsschritt werden nacheinander mehrere Filter auf die original Bilddaten angewendet, nämlich *Threshold Filter*, *Island Removal Filter*, *Median Filter* und die *Opening Operation*, die in Abschnitt 2.3.1 kurz beschrieben sind. Die Vorverarbeitung erzeugt zwei Ergebnisse, homogene Werte entlang des Vessels und die Ausweisung verkalkter Bereiche.
Im zweiten Schritt wird die Mittellinie der Koronararterie bestimmt. Die Suche wird in Helixform durchgeführt und durch eine Kostenfunktion gesteuert. Es wird eine Liste von Stopppunkten bestimmt, die alle auf der Kontur der Arterie liegen. Die Suchrichtungen sind an die Raumachsen x, y und z angelehnt. Findet man in einer Suchrichtung

eine Kante, wird entlang der nächsten Achse weitergesucht.
Für jeweils drei aufeinanderfolgende Punkte wird ein Schwerpunkt berechnet. Anschließend wird eine B–Spline Interpolation durchgeführt, die eine Menge von Punkten ergibt und eine erste Annäherung der Mittellinie repräsentiert.

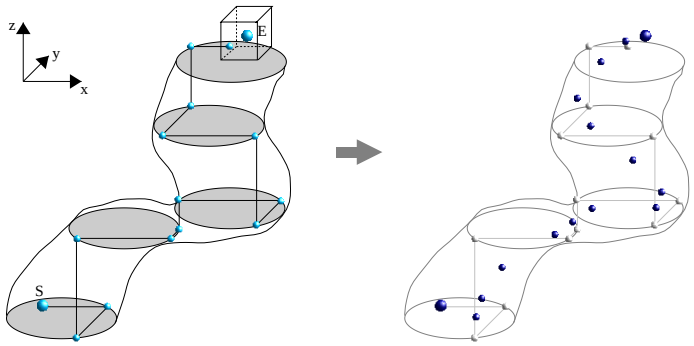


Abbildung 2.11: Segmentierung der Koronararterie und Bestimmung der Mittellinie [20].

Im dritten Schritt wird die Kontur der Koronararterie bestimmt und die Mittellinie iterativ verfeinert. Von jedem Punkt der Mittellinie werden Strahlen zu den Konturpunkten der Koronararterie ausgesandt. Die Mittelpunkte werden durch eine Kostenfunktion iterativ an ihre korrekte Position angenähert.

2.3.6 Abstand und Ausrichtung windschiefer Geraden

Gegeben sind zwei Geraden im 3D–Raum, g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$. Gesucht sind ein Translationsvektor t und drei Rotationswinkel α, β und γ, welche die unterschiedliche Position und Ausrichtung beider Geraden beschreiben. Rotiert man $g_{t_{i+1}}$ um $-\alpha$, $-\beta$ und $-\gamma$ und translatiert man die Gerade nach der Rotation um $-t$, dann sollen beide Geraden identisch positioniert und ausgerichtet sein.

Translation

Die Geraden sind definiert durch die Geradengleichungen 2.3 und 2.4. Es seien a_{t_i} und $a_{t_{i+1}}$ die Ortsvektoren, p_{t_i} und $p_{t_{i+1}}$ zwei Richtungsvektoren und $r, s \in \mathbb{R}$.
Handelt es sich bei den Geraden um Geradensegmente, kann man die Berechnung des Translationsvektors vereinfachen. Zunächst werden die Mittelpunkte der beiden Geradensegmente bestimmt, deren Abstand die dreidimensionale Translation zwischen beiden Geradensegmenten angibt (siehe Gleichung 2.5). m_{t_i} und $m_{t_{i+1}}$ sind die Ortsvektoren der berechneten Mittelpunkte.

$$g_{t_i} = a_{t_i} + rp_{t_i} \tag{2.3}$$

$$g_{t_{i+1}} = a_{t_{i+1}} + sp_{t_{i+1}} \tag{2.4}$$

$$t = \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} = m_{t_{i+1}} - m_{t_i} \tag{2.5}$$

Rotation

Die Berechnung der drei Rotationswinkel gliedert sich in fünf Schritte:

- Translation des Geradensegments $g_{t_{i+1}}$ um $-t$, so dass sich beide Geraden in ihrem Mittelpunkt schneiden.
- Berechnung des Schnittwinkels δ zwischen den Geradensegmenten.
- Bestimmung der zu beiden Geradensegmenten orthogonalen Achse o; sie ist die Rotationsachse um die man $g_{t_{i+1}}$ um den Winkel $-\delta$ rotieren muss, damit g_t und $g_{t_{i+1}}$ identisch ausgerichtet sind.
- Ableitung der Rotationsmatrix aus der Rotationsachse o und dem Winkel δ.
- Berechnung der drei Eulerwinkel α, β, γ aus der Rotationsmatrix.

Die linke Abbildung 2.12 stellt die Ausgangssituation dar. Es liegen zwei Geradensegmente im Raum, deren Mittelpunkte mit m_{t_i} und $m_{t_{i+1}}$ gekennzeichnet sind. Da die Länge der Segmente unterschiedlich sein kann, wird deren Mittelpunkt als Referenzpunkt verwendet. Die Gerade $g_{t_{i+1}}$ wird um $-t$ translatiert, so dass sich beide Segmente in ihrem Mittelpunkt schneiden (siehe rechte Abbildung 2.12). Nach der Translation um $-t$ lautet die neue Geradengleichung $g'_{t_{i+1}} = a'_{t_{i+1}} + sp'_{t_{i+1}}$. Der Schnittpunkt m_{t_i} ist der Mittelpunkt des Geradensegments g_{t_i}.
Im zweiten Schritt wird der Schnittwinkel δ zwischen g_{t_i} und $g'_{t_{i+1}}$ mittels Gleichung 2.6 bestimmt. Der Rotationswinkel δ beschreibt die Rotation des Geradensegments g_{t_i} um die Achse o. Diese Achse wird für die Bestimmung der Rotationsmatrix benötigt, aus der die drei Eulerwinkel abgeleitet werden können.
Die Rotationsachse o ist die zu g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ orthogonale Achse; sie lässt sich als Kreuzprodukt der Richtungsvektoren von g_{t_i} und $g'_{t_{i+1}}$ berechnen (siehe Gleichung 2.7). Für die weiteren Berechnungsschritte wird Vektor o normiert (siehe Gleichung 2.8).

$$\begin{aligned} \cos(\delta) &= \frac{|p_{t_i} \cdot p'_{t_{i+1}}|}{|p_{t_i}| \cdot |p'_{t_{i+1}}|} \\ \delta &= \arccos\left(\frac{|p_{t_i} \cdot p'_{t_{i+1}}|}{|p_{t_i}| \cdot |p'_{t_{i+1}}|}\right) && (2.6) \\ o &= p_{t_i} \times p'_{t_{i+1}} && (2.7) \\ o' &= \frac{1}{|o|} \cdot o && (2.8) \end{aligned}$$

Die Rodrigues–Formel (siehe Gleichung 2.9) bestimmt die Rotationsmatrix aus der Rotationsachse o', dem Schnittwinkel δ und der Einheitsmatrix I_3.

$$R = o'o'^T + (I_3 - o'o'^T) \cdot \cos(\delta) + [o']_x \sin(\delta) \quad (2.9)$$

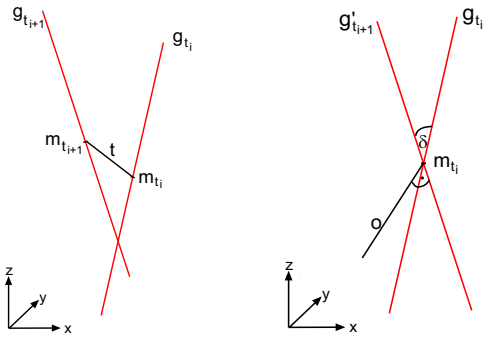


Abbildung 2.12: Links ist der Ausgangszustand abgebildet, in dem zwei beliebige Geradensegmente g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ in demselben 3D–Koordinatensystem definiert sind. Die Mittelpunkte beider Segmente sind mit m_{t_i} und $m_{t_{i+1}}$ gekennzeichnet. Die rechte Abbildung zeigt die Orientierung der Achsen nach der Translation von $g_{t_{i+1}}$. Beide Geradensegmente schneiden sich im Mittelpunkt von g_{t_i}. Rechts ist außerdem der Schnittwinkel beider Geraden δ und der zu beiden Segmenten orthogonale Vektor o eingezeichnet.

$$R = \begin{pmatrix} r_{11} & r_{12} & r_{13} \\ r_{21} & r_{22} & r_{23} \\ r_{31} & r_{32} & r_{33} \end{pmatrix} \tag{2.10}$$

$$\text{wobei} \quad o' = \begin{pmatrix} o_1 \\ o_2 \\ o_3 \end{pmatrix} = (o_1\ o_2\ o_3)^T \quad \text{mit} \quad ||o'|| = 1 \tag{2.11}$$

$$\text{und} \quad [o']_x = \begin{pmatrix} 0 & -o_3 & o_2 \\ o_3 & 0 & -o_1 \\ -o_2 & o_1 & 0 \end{pmatrix} \tag{2.12}$$

Eulerwinkel

Im letzten Schritt werden aus der Rotationsmatrix R die Eulerwinkel α, β und γ nach [21] bestimmt. Für die Berechnung muss zunächst die Reihenfolge der Rotationen festgelegt werden. Es wird definiert, dass zuerst um die z–, dann um die y– und anschließend noch einmal um die z–Achse rotiert wird (siehe Abbildung 2.13). Mit dieser Rotationsreihenfolge lassen sich beliebige 3D–Rotationen durchführen.
Wie aus Abbildung 2.13 ersichtlich, gibt es zwei Koordinatensysteme: das Weltkoordinatensystem und das Objektkoordinatensystem. Im Gegensatz zum Weltkoordinatensystem hat das Objektkoordinatensystem keine feste Position, da es mit dem Objekt mitrotiert. Vor der ersten Rotation sind beide Koordinatensysteme identisch. Zunächst wird um die z–Achse des Weltkoordinatensystems rotiert. Nach der ersten Rotation sind beide Koordinatensysteme unterschiedlich ausgerichtet und die zweite und dritte Rotation wird um eine Achse des rotierten Objektkoordinatensystems durchgeführt.

Die Rotationsmatrix R ist demnach definiert als Produkt der Rotationsmatrizen um die z–, y– und die z–Achse.

$$R = \begin{pmatrix} \cos\alpha & -\sin\alpha & 0 \\ \sin\alpha & \cos\alpha & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos\beta & 0 & \sin\beta \\ 0 & 1 & 0 \\ -\sin\beta & 0 & \cos\beta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos\gamma & -\sin\gamma & 0 \\ \sin\gamma & \cos\gamma & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (2.13)$$

$$= \begin{pmatrix} c(\alpha)c(\beta)c(\gamma) - s(\alpha)s(\gamma) & -c(\alpha)c(\beta)s(\gamma) - s(\alpha)c(\gamma) & c(\alpha)s(\beta) \\ s(\alpha)c(\beta)c(\gamma) + c(\alpha)s(\gamma) & -s(\alpha)c(\beta)s(\gamma) + c(\alpha)c(\gamma) & s(\alpha)s(\beta) \\ -s(\beta)c(\gamma) & s(\beta)s(\gamma) & c(\beta) \end{pmatrix} \quad (2.14)$$

$$\text{mit} \quad c = \cos \quad \text{und} \quad s = \sin$$

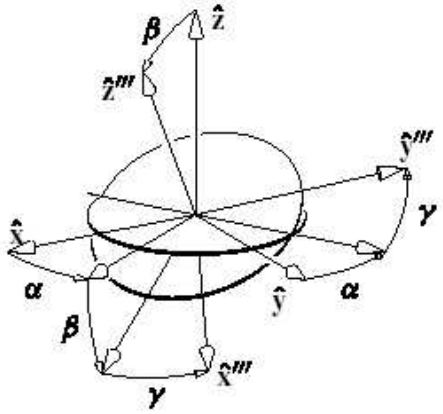


Abbildung 2.13: Rotation um die Eulerwinkel α, β und γ.

Aus der Rotationsmatrix R lassen sich die drei Winkel α, β und γ berechnen. Es gelte $\sigma = \alpha + \gamma$ und $\nu = \alpha - \gamma$. σ und ν lassen sich durch Gleichung 2.15 und 2.16 berechnen. Daraus ergeben sich die Berechnungen für α und γ nach Gleichung 2.17 und 2.18. β lässt sich anschließend mittels Gleichung 2.19 bestimmen.

$$\sigma = \arctan\left(\frac{r_{21} - r_{12}}{r_{22} + r_{11}}\right) \quad (2.15)$$

$$\nu = \arctan\left(\frac{r_{21} + r_{12}}{r_{22} - r_{11}}\right) \quad (2.16)$$

$$\alpha = \frac{1}{2}(\sigma + \nu) \quad (2.17)$$

$$\gamma = \frac{1}{2}(\sigma - \nu) \quad (2.18)$$

$$\beta = \arctan\left(\frac{(r_{13}\cos\alpha + r_{23}\sin\alpha}{r_{33}}\right) \quad (2.19)$$

2.3.7 Punktrotation

Die Punktrotation bestimmt die Rotation zwischen zwei Punkten p_1 und p_2. Zeitgleich zur Rotation findet auch eine Translation statt, die bei der Rotationsberechnung berücksichtigt wird. Folge der Translation ist, dass beide Punkte unterschiedliche Rotationszentren haben, da auch das ursprüngliche Rotationszentrum translatiert wurde. Die Rotationsberechnung gliedert sich in folgende Schritte:

- Gegeben sind zwei Punkte p_1 und p_2.
- Bestimme zu jedem Punkt p_1 und p_2 das korrespondierende Rotationszentrum c_1 und c_2.
- Translatiere die Punkte p_1 und p_2 um ihr jeweiliges Rotationszentrum c_1 und c_2, so dass die beiden translatierten Punkte p_1' und p_2' um den Ursprung rotieren.
- Translatiere Punkt p_2' auf einer Geraden zwischen Ursprung und p_2', so dass der Abstand der Punkte p_1' und p_2'' zum Ursprung identisch ist.
- Bestimme den Rotationswinkel ω zwischen den Punkten $p_1' = (x', y', z')$ und $p_2'' = (x'', y'', z'')$ als Differenz der Rotationswinkel θ und μ (siehe Abbildung 2.14). Die Winkel μ und θ können durch die Gleichungen 2.20 und 2.21 bestimmt werden. Der Winkel ω berechnet sich als Differenz der Winkel μ und θ durch Gleichung 2.22.

$$\cos(\theta) = \frac{x'}{r_1} \Rightarrow \theta = \arccos\left(\frac{x'}{r_1}\right) \tag{2.20}$$

$$\cos(\mu) = \frac{x''}{r_1} \Rightarrow \mu = \arccos\left(\frac{x''}{r_1}\right) \tag{2.21}$$

$$\begin{aligned} \omega &= \theta - \mu \\ &= \arccos\left(\frac{x'}{r_1}\right) - \arccos\left(\frac{x''}{r_1}\right) \end{aligned} \tag{2.22}$$

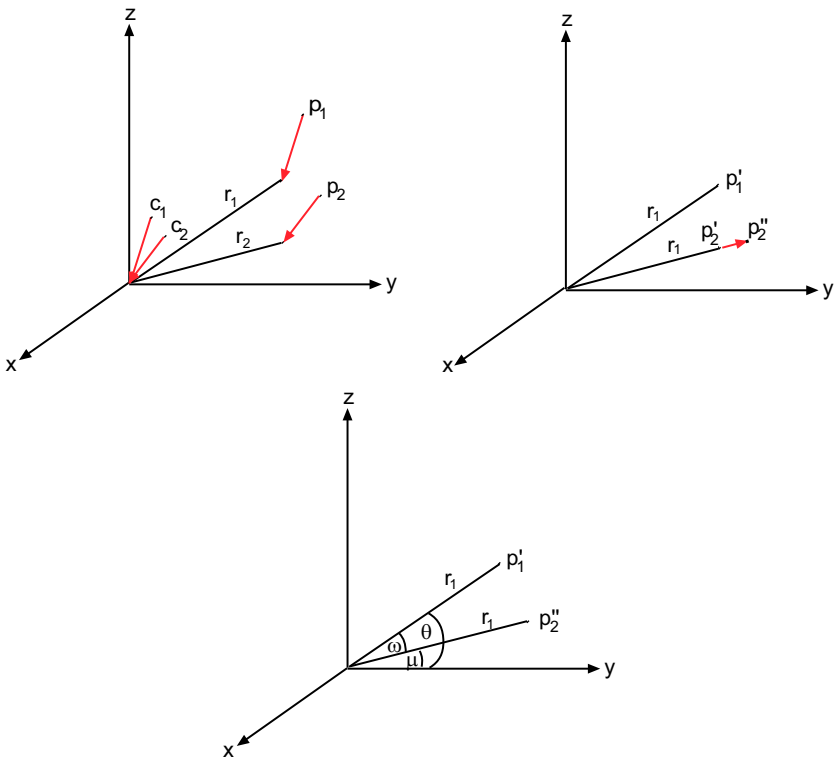


Abbildung 2.14: Abbildung oben links visualisiert die Translation beider Punkte um den Abstand ihres korrespondierenden Rotationszentrums c_1 bzw. c_2 in Richtung Ursprung. Oben rechts wird p_2' translatiert, so dass der Abstand beider Punkte zum Ursprung identisch ist. Der translatierte Punkt muss auf einer Gerade liegen, die zwischen p_2' und dem Ursprung aufgespannt wird. Anschließend wird die Rotationsbewegung zwischen p_1' und p_2'' berechnet (untere Abbildung).

Kapitel 3

Theoretische und praktische Herzanalyse

Ziel dieses Kapitels ist es, ein Konzept zu entwickeln, das die Herzbewegung bestimmt. Ausgangspunkt ist ein State–of–the–Art Überblick (siehe Abschnitt 3.1), der exemplarisch verschiedene Ansätze vorstellt. Im zweiten Abschnitt 3.2 werden die beschriebenen Verfahren kurz analysiert und die eigene Arbeit von den beschriebenen Verfahren abgegrenzt. Auf der Basis der Analyse existierender Verfahren werden eigene Konzepte entwickelt und in den darauf folgenden Abschnitten beschrieben. In Kapitel 4 wird die Umsetzung eines der beschriebenen Konzepte vorgestellt.

3.1 State of the Art

Bei der Recherche des aktuellen Stands der Technik kristallisieren sich drei grundlegende Eigenschaften heraus, durch die sich die Ansätze kategorisieren lassen. Jedem Verfahren kann jeweils eine der folgenden Eigenschaften zugeordnet werden:

- Es sind invasive oder nicht–invasive Verfahren.
- Das Verfahren arbeitet auf Tagging MRI oder Standard CT– bzw. MRI–Daten.
- Es handelt sich um modellbasierte Ansätze oder Verfahren des optischen Flusses.

Die vorgestellten Ansätze werden in den folgenden Abschnitten in *Modellbasierte Ansätze*, *Ansätze des optischen Flusses* und *Invasive Verfahren* unterteilt. Die ersten beiden Abschnitte beschreiben ausschließlich die nicht–invasiven Techniken; innerhalb jedes Abschnitts wird zwischen Verfahren, die auf Tagging Aufnahmen und denen, die auf MRI– oder CT–Aufnahmen arbeiten, unterschieden. Das verwendete Datenmaterial wird bereits im Titel des jeweiligen Verfahrens angegeben.

3.1.1 Modellbasierte Ansätze

Modellbasierte Ansätze berechnen ein 3D–Modell des LV's zu verschiedenen Zeitpunkten des Herzzyklus. Aus der Deformierung des Modells während eines Herzzyklus werden verschiedene Bewegungsparameter abgeleitet.

Die Vorgehensweise ist unmittelbar von denen im Bild enthaltenen Informationen abhängig. Viele Verfahren verwenden Tagging MRI–Daten, bei denen das Bild durch Tagging–Linien überlagert ist. Dieses Linien werden für die Erstellung eines Modells verwendet, indem die Verformung des Tagging Musters oder die Bewegung der Knotenpunkte verfolgt wird.
Diejenigen Verfahren, die nicht mit getaggten Daten, sondern mit MRI– oder CT–Daten arbeiten, verwenden meist die Kontur des LV's für die Entwicklung eines Modells.
Neben diesen zwei Kategorien von Verfahren, die sich bereits durch das verwendete Datenmaterial unterscheiden, gibt es auch bei der Modellentwicklung Unterschiede.

Amini et al. — Tagged MRI

Amini [22] beschreibt ein Verfahren zur Berechnung der 3D–Herzbewegung aus Massepunkten. Für die Berechnung wird eine 3D–B–Spline Oberflächenrepräsentation bestimmt, die aus den SPAMM Daten berechnet wird. Die dreidimensionale Bewegung und Deformation des LV's während des Herzzyklus lässt sich aus dem Oberflächenmodell ableiten.
In jedem Kurzachsenschnitt wird jede zweite deformierte Tagging Linie durch ein B–Spline repräsentiert. Ausgangspunkt ist eine Punktemenge V_{ij}, welche die Kontrollpunkte aller Schichten und aller B–Splines enthält. Aus dieser Kontrollpunktmenge definiert Amini mittels einer nicht periodischen *Blending Funktion* die Oberfläche des LV's. Gleichung 3.1 bestimmt die Oberfläche des Modells und verwendet dafür die B–Spline Basisfunktion, $B_{i,k}$, die dazu identische Funktion $B_{j,k}$ und die Punktemenge V_{ij}. Das Ergebnis ist ein Gitter von B–Splines für jede axiale Schicht (siehe Abbildung 3.1).

$$s(u,v) = \sum_{ij} V_{ij} B_{i,k}(u) B_{j,k}(v) \tag{3.1}$$

Das Ergebnis von Gleichung 3.1 ist ein kubisches Spline, das aus den Knotenpunkten des Tagging Gitters berechnet wird. In Abbildung 3.1 ist ein Gitter von B–Splines in der Kurzachsenansicht zu sehen. Der für die Bewegungsanalyse relevante Bereich ist in Abbildung 3.1 durch die Kontur des Myokards eingezeichnet.

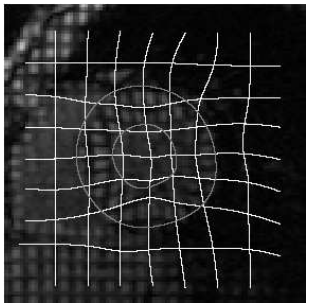


Abbildung 3.1: Abbildung des linken Ventrikels im Kurzachsenschnitt mit eingezeichneten B–Splines [22].

Aus der Kurzachsenschicht kann lediglich die Bewegung der Massepunkte innerhalb einer Ebene abgeleitet werden, daher werden weitere Schnitte zur Bestimmung der 3D–Bewegung verwendet. Äquivalent zur Bestimmung der B–Spline Oberfläche aus

den axialen Schnitten, wird auch eine B–Spline Oberfläche aus dem sagittalen und koronaren Schnitt bestimmt.
Im letzten Schritt werden die Koordinaten der Massepunkte durch Berechnung des Schnittpunkts der B–Spline Oberflächenrepräsentationen bestimmt. Dafür werden die drei B–Spline Oberflächenrepräsentationen $(s_1(u_1, v_1), s_2(u_2, v_2), s_3(u_3, v_3))$ verwendet. Jeweils drei korrespondierende Punkte p_1, p_2, p_3 bilden ein Punktetripel p_i, dabei ist jeweils ein Punkt des Tripels Teil einer der drei Oberflächenrepräsentationen. Für jedes Punktetripel p_i wird der Massepunkt durch Gleichung 3.2 bestimmt; d steht für die euklidsche Distanz.

$$\min_{p_1,p_2,p_3} d^2(s_1, s_2) + d^2(s_1, s_3) + d^2(s_2, s_3) \tag{3.2}$$

Für die Minimierung von Gleichung 3.2 verwendet Amini die *konjugierte Gradientenminimierung*, da dieses Verfahren schnell konvergiert. Die Gesamtdistanzfunktion 3.2 lässt sich auch durch Gleichung 3.3 darstellen, welche die Berechnung der Parameter (u_i, v_i) für das jeweilige Punktetripel durch einen iterativen Optimierungsprozess ermöglicht. Diese Parameter entsprechen den Oberflächenparametern des Schnittpunktes, der sich durch den Schnitt aller drei Oberflächenmodelle ergibt.
Aus der Bewegung der Oberflächenpunkte während des Herzzyklus lässt sich die 3D–Deformation der LV–Oberfläche und die Längs– und Kurzachsenverkürzung bestimmen.

$$\begin{aligned} D = &||s_1(u_1, v_1) - s_2(u_2, v_2)||^2 + \\ &||s_2(u_2, v_2) - s_3(u_3, v_3)||^2 + \\ &||s_1(u_1, v_1) - s_3(u_3, v_3)||^2 \end{aligned} \tag{3.3}$$

Park et al. — Tagged MRI

Park beschreibt in [23] einen Ansatz, in dem er aus volumetrischen Primitiven ein dynamisches Modell generiert, das sich verformt, sobald Kräfte auf die Datenpunkte des Modells wirken. Im Unterschied zu Amini entwirft Park zunächst eine allgmeine Modellbeschreibung, die schrittweise verfeinert und an den aktuellen Datensatz angepasst wird. Für die allgemeine Modellbeschreibung berücksichtigt Park sowohl physikalische, als auch geometrische Eigenschaften. Dieser Ansatz ermöglicht es die in Tabelle 3.1 aufgeführten Bewegungsparameter zu bestimmen.

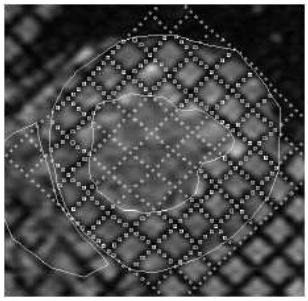


Abbildung 3.2: SPAMM Bild, bei dem die extrahierten Punkte und die Kontur des Myokards eingezeichnet sind [23].

Der Ansatz verwendet MRI SPAMM Bilddaten und verfolgt Gitterpunkte von der enddiastolischen zur endsystolischen Herzphase. Park entwickelt ein deformierbares Modell und verwendet dafür globale Parameter, die alle als Funktionen definiert sind.

Parameter	Repräsentation
a_1, a_2	radiale Kontraktion
a_3	Längsachsenkontraktion
e_1, e_2	Längsachsendeformation
γ	Drehung um die Längsachse

Tabelle 3.1: Auflistung aller Parameter, die durch den Ansatz von Park [23] bestimmt werden können.

Durch dieses Modell lässt sich die dreidimensionale Form und Bewegung des linken Ventrikels exakt beschreiben.
Im ersten initialen Schritt werden alle konstanten Parameter der Superellipsoid Primitive[1] durch differenzierbare Parameterfunktionen ersetzt. Zur besseren Approximation der Deformierung, werden globale Deformationsparameter mit einer stetigen Parameterfunktion zur mathematischen Modellbeschreibung hinzugefügt.

Das Modell vereinigt sowohl geometrische, als auch physikalische Eigenschaften. Sobald eine Kraft auf Datenpunkte des Modells einwirkt, wird die Form deformiert. Die Dynamik des Modells, wie Park sie beschreibt, besitzt keine Masseträgheit. Jegliche auf das Modell ausgeübte Kraft wird entweder ausbalanciert oder ignoriert. Es wird eine Null–Steifheits–Matrix angenommen, so dass kein Widerstand gegenüber der Deformation vorhanden ist. Möchte man die Kraft berechnen, die das Modell während der Herzphase deformiert, wird die Geometrieveränderung bezüglich der SPAMM Datenpunkte verwendet. Ist die Kraft berechnet, werden mit Hilfe der *Lagrange Dynamik*[2] die Modellparameter berechnet.

Aus den SPAMM Gitterpunkten wird ein Modell des linken Ventrikels tesseliert, das sowohl die Außen– als auch die Innenwände des Ventrikels repräsentiert. Dafür werden zwei verschiedene Punktemengen verwendet, die Konturpunkte p und die SPAMM–Punkte m (siehe Abbildung 3.3). Aus den Konturdaten kann die Form des LV's bestimmt und aus den SPAMM–Punkten die dreidimensionale Bewegung abgeleitet werden.
Dafür wird zunächst die Kraft $f_{s(t_{i+1})}$ bestimmt, die auf den Massepunkt $m(t_i)$ wirkt. Für die Berechnung wird der Massepunkt $m(t_i)$ und der korrespondierende SPAMM–Punkt $s(t_i)$ benötigt, beides sind Punkte zum Zeitpunkt t_i. Es werden außerdem die zu $s(t_i)$ korrespondierenden Punkte der beiden folgenden Zeitpunkte (t_{i+1}) und (t_{i+2}) verwendet, nämlich $s(t_{i+1})$ und $s(t_{i+2})$. Die Kraft, die auf $m(t_i)$ wirkt, verursacht eine Deformation des Modells. Die Kraft berechnet sich durch:

$$f_{s(t_{i+1})} = \gamma_2 \left[\left([s(t_{i+1}) - m(t_i)] \cdot n_{t_i} \right) n_{t_i} + \left([s(t_{i+1}) - m(t_i)] \cdot n_{t_{i+1}} \right) n_{t_{i+1}} \right] \quad (3.4)$$

γ_2 ist die Stärke mit der die Kraft wirkt; n_{t_1} und $n_{t_{i+1}}$ sind Normalenvektoren der korrespondierenden Tagging Ebene zum aktuellen Zeitpunkt t_i. Die berechnete Kraft ver-

[1] Bei einem Superellipsoid handelt es sich um eine geometrische Figur, die eine Kombination aus Ellipsoid und Quader oder eine Kombination zwischen Kugel und Würfel ist. Detaillierte Informationen zu Superellipsoiden können in [24] nachgelesen werden.

[2] Lagrange hat eine Bewegungsgleichung formuliert, die das Verhalten von Körpern beschreibt, insbesondere wenn Kräfte auf diesen einwirken, (vgl. [25]).

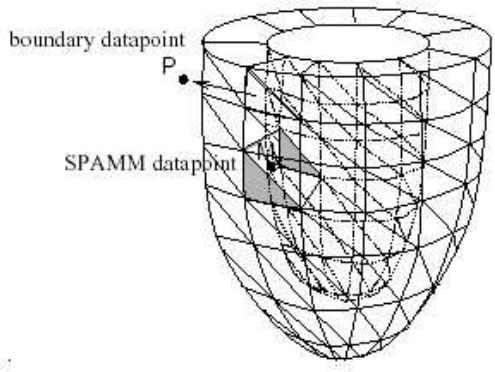


Abbildung 3.3: Das Modell besteht aus Konturpunkten p und SPAMM–Punkten m [23].

teilt sich auf die Knoten des Modells und ist für die Deformation des Modells verantwortlich. Für jeden Zeitpunkt t_i wird die Kraft $f_s(t_i)$ berechnet. Der Punkt m, auf den die Kraft wirkt, liegt innerhalb einer Menge von Prismaknoten $A_{out}, B_{out}, C_{out}, A_{in}, B_{in}, C_{in}$.
Im nächsten Schritt wird die Position der Dreieckspunkte *A, B, C* durch Gleichung 3.5 bestimmt, in deren Mitte m liegt. Diese lässt sich mit Hilfe der *Finiten Element Theory* [25] berechnen, wobei r ein Skalar ist.

$$r = \frac{A - A_{in}}{A_{out} - A_{in}} = \frac{B - B_{in}}{B_{out} - B_{in}} = \frac{C - C_{in}}{C_{out} - C_{in}} \tag{3.5}$$

Die Parameter des LV–Modells repräsentieren die korrekte Bewegung des LV's während eines Herzzyklus. Aus diesem Modell lassen sich die in Tabelle 3.1 aufgeführten Parameter berechnen.

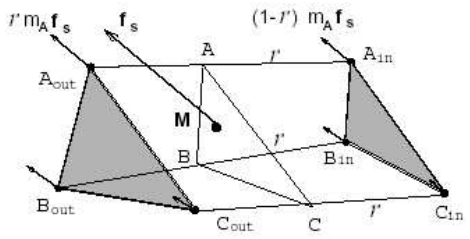


Abbildung 3.4: Die Abbildung visualisiert die Kraft, die von einem SPAMM Punkt m ausgeht [23].

Bardinet — SPECT / CT

Das von Bardinet entwickelte Verfahren [26] bestimmt die Bewegung des linken Ventrikels und verwendet dafür ein parametrisches Modell. Neben der Bewegung lassen sich aus dem Modell auch das Volumen des LV's, das Schlagvolumen (Ejektion Fraktion) und eine Drehbewegung des LV's ableiten.
Bardinet wendet das Verfahren sowohl auf SPECT[3] als auch auf CT–Bilddaten an

[3]SPECT — Single Photon Emission Computed Tomography ist ein Bildgebungsverfahren, das für die Diagnose von Organen genutzt wird. Bei der Aufnahme wird die Verteilung eines zuvor injizierten

und approximiert aus Punkten des Endo– und des Epikards ein deformierbares Superellipsoid. Zur Segmentierung des Endokards aus CT–Daten verwendet Bardinet ein Schwellwertverfahren. Die SPECT–Daten ermöglichen eine Segmentierung des Epi– und des Endokards, dafür bestimmt Bardinet zunächst einen Schwellwert, den er über ein Intensitätshistogramm erhält. Anschließend werden die Konturen mittels Morphologischer Operatoren bestimmt.
Basierend auf einer Menge von 3D–Punkten wird ein Superellipsoid bestimmt, dass durch eine frei formbare Deformation (FFD) verfeinert wird. Die allgemeine Definition eines Superellipsoids, siehe Gleichung 3.6, enthält fünf unabhängige Parameter. Soll das Zentrum des Superellipsoids eine frei wählbare Position haben, also nicht im Ursprung liegen und sollen die Achsen nicht mit den Raumachsen übereinstimmen, ergeben sich sechs weitere Parameter. Insgesamt gilt es elf Parameter zu bestimmen, so dass das Superellipsoid die Form des linken Ventrikels bestmöglich approximiert. Die elf unbekannten Parameter werden durch ein Minimierungsverfahren bestimmt.

$$\left(\left(\left(\frac{x}{a_1}\right)^{2/\epsilon_2} + \left(\frac{y}{a_2}\right)^{2/\epsilon_2}\right)^{\epsilon_2/\epsilon_1} + \left(\frac{z}{a_3}\right)^{2/\epsilon_1}\right)^{\epsilon_1/2} = 1 \tag{3.6}$$

Das Modell wird anschließend durch eine FFD verfeinert. Vorteil dieses Verfahrens ist, dass sich das endgültige 3D–Modell durch relativ wenige Parameter beschreiben lässt, nämlich durch 125 Punkte und 11 Parameter.
Für die FFD wird zunächst eine dreidimensionale Box bestimmt, die das Objekt umgibt. Innerhalb dieser Box wird ein volumetrisches Gitter von Punkten definiert, welches das Objekt und die Box verbindet. Die Objektdeformation wird mit Hilfe der vorab definierten Box realisiert. Das Gitter der Box wird durch die Deformierung entsprechend verformt. Die neue Position eines Punktes, der zum deformierten Objekt gehört, kann aus der Deformation der Box abgeleitet werden. Der Algorithmus soll auf inversem Weg durchgeführt werden. Zunächst wird ein initiales Feld von Verschiebungsvektoren zwischen dem Superellipsoid und der 3D–Box bestimmt. Anschließend wird die bestmögliche Deformation der Box gesucht, so dass das Feld von Verschiebungsvektoren minimiert wird.
Bei der Umsetzung wird das Modell des linken Ventrikels durch Superellipsoid und FFD zunächst nur für die erste Herzphase bestimmt, für die nächste Herzphase wird die FFD auf die bereits deformierte Box angewandt. Diese Strategie wird für alle restlichen Herzphasen durchgeführt, so dass der LV schließlich durch das ursprüngliche Superellipsoid und durch eine FFD dargestellt werden kann.
Die Bewegungsparameter leitet Bardinet aus der Verfolgung von Punkten ab, die den gleichen parametrischen Punkt repräsentieren.

3.1.2 Ansätze des optischen Fluss

Ansätze des optischen Flusses arbeiten sowohl auf Tagging Daten als auch auf CT– bzw. MRI–Daten. Während Tagging Daten markante Punkte des Tagging–Gitters ver-

Radiopharmakons gemessen. Mit diesem Aufnahmeverfahren können Rückschlüsse auf die Funktion der Organe gezogen werden.

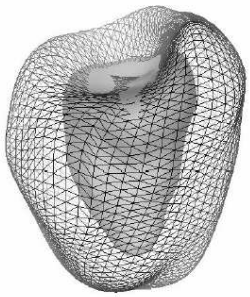


Abbildung 3.5: Aus dem Verfahren von Bardinet ergibt sich ein 3D–Modell, es besteht aus 125 Punkten und 11 Parametern [26].

folgen, wählen die Verfahren, die auf CT– bzw. MRI–Daten arbeiten, markante Punkte der LV–Kontur und verfolgen sie über den gesamten Herzzyklus.

Osman et al. (HARP) — Tagged MRI

Ein verbreitetes Trackingverfahren zur Bestimmung der Herzbewegung aus getaggten MRI–Bildfolgen ist *Harmonic phase imaging* (*HARP*) von Osman, Kerwin, McVeigh und Prince [27]. Bei diesem Verfahren wird zunächst die Fourier–Transformation und anschließend eine verschobene Gaußmaske auf das Bild angewandt. Nach der Rücktransformation lässt sich die Herzbewegung aus der Differenz aufeinanderfolgender Bilder bestimmen.
HARP benötigt für die Bewegungsanalyse so genannte harmonische Bilder. Durch die Fourier–Transformation kann man die Menge der spektralen Peaks des Ausgangsbildes sichtbar machen, diese sind in Abbildung 3.6 dargestellt, links ist das Ausgangsbild und rechts das Ergebnis der Fourier–Transformation abgebildet. Angenommen die spektralen Peaks sind bestens getrennt, dann lässt sich das harmonische Bild aus einem einzigen Peak mittels inverser Fourier–Transformation bestimmen (siehe Abbildung 3.7 links). Dafür werden durch einen Bandpassfilter einzelne Peaks für die HARP Analyse isoliert, wie in Abbildung 3.6 rechts durch den Kreis veranschaulicht. Ein harmonisches Phasenbild ist ein komplexes Bild bestehend aus Real– und Imaginärteil bzw. aus Magnituden– und Phasenbild, für die HARP Analyse werden diese beiden Bildteile benötigt.

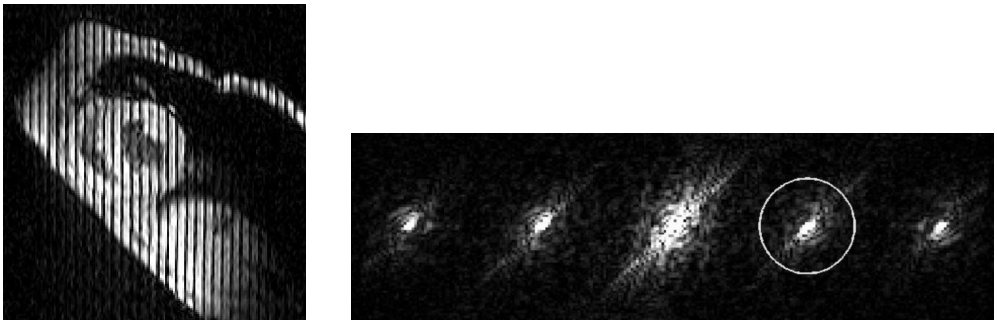


Abbildung 3.6: Links ist ein Hundeherz mit vertikalen Tagginglinien und rechts ist das korrespondierende fouriertransformierte Bild mit den spektralen Peaks abgebildet [27].

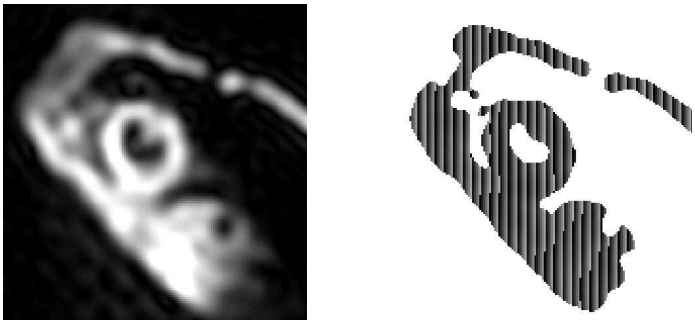


Abbildung 3.7: Beide Abbildungen sind aus dem spektralen Peak des im Fourier Bild oben rechts eingekreisten Peaks extrahiert worden. Mittels der inversen Fourier–Transformation wird ein komplexes Bild bestimmt. Links ist das harmonische Magnitudenbild und rechts das korrespondierende Phasenbild abgebildet [27].

Ein harmonisches Bild besitzt zwei sinusförmige Muster, ein Cosinus– und ein Sinus–Muster, korrespondierend zu Real– und Imaginärteil. Bewegt sich das Herz, verändert sich auch das darunterliegende Gitter des harmonischen Bildes. Zieht sich das Herz zusammen, zieht sich auch das sinusförmige Gitter zusammen und andersherum. Das heißt, es gibt eine direkte Verbindung zwischen der Frequenz des harmonischen Bildes und der Kontraktionsbewegung. HARP verwertet für die Analyse zwei Eigenschaften:

1. Für einen gegebenen Punkt ist die harmonische Phase über die Zeit konstant.
2. Die Steigung der harmonischen Phase steht in linearem Bezug zur darunterliegenden Gewebeverformung.

Für das HARP Tracking wird die so genannte CINE–HARP verwendet. Es bezeichnet die phasenbasierte optische Flussformulierung. Dafür wird ein Paar von getaggten Bildsequenzen mit horizontalen und vertikalen Tags benötigt. Im zweiten Bild wird mittels eines iterativen Algorithmus nach demjenigen Punkt gesucht, der die gleichen Phasenwerte besitzt wie der Referenzpunkt im ersten Bild. Wie in Abbildung 3.8 links zu sehen ist, wurden Punkte in einer horizontalen und einer vertikalen Tagg–Linie ausgesucht und jeweils die Kreuzungspunkte des Gittermusters verwendet. Diese Punkte wurden durch die gerade beschriebenen Schritte getrackt. Die rechte Abbildung 3.8 zeigt die getrackten Punkte zu einem anderen Zeitpunkt der Herzphase. Aus diesen getrackten Punkten können die Bewegungsparameter abgeleitet werden.
Basierend auf der Geometrie des LV's wird mittels Lagrange sowohl eine radiale als auch eine ringsum Bewegung bestimmt. Dafür werden drei Kreise festgelegt, von denen zwei Endokard und Epikard entsprechen und ein dritter als Grenze zwischen beiden definiert wird. Sie werden jeweils durch eine Punktemenge von 16 Punkten repräsentiert. Aus dem Punktetracking und dem Abstand zwischen benachbarten Punkten lässt sich die radiale Verformung bestimmen.

Die Euler Berechnung nutzt die Eigenschaft der harmonischen Phase aus, denn ihre Steigung steht in direktem Zusammenhang zur Verformung des Gewebes. Dafür wird nur ein Bildpaar (horizontal und vertikal) benötigt, die beide mit demselben Bild des Herzzyklus korrespondieren müssen. Man berechnet für einen Punkt die Steigung des

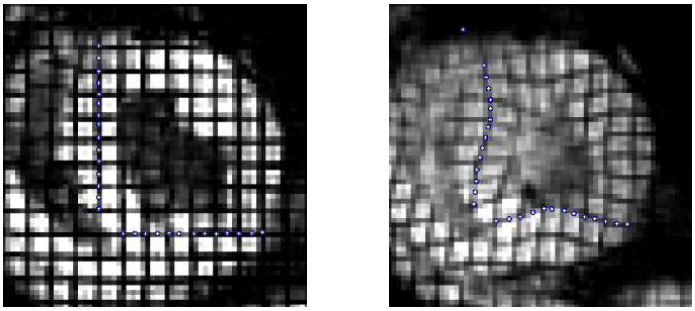


Abbildung 3.8: Die markierten Punkte auf dem Tagging–Gitter werden während eines Herzzyklus verfolgt (vgl. [27]).

harmonischen Phasenbildes und bestimmt anschließend den Steigungstensor für diesen Punkt [27]. Diese Vorgehensweise wird für alle Punkte des Bildes wiederholt, so dass man eine 2D–Steigungstensorkarte erhält. Aus dieser Karte können die folgenden Bewegungsparameter abgeleitet werden:

- ringsum Verformung,
- radiale Verformung,
- minimale und maximale Verformung,
- Kontraktionswinkel (Winkel zwischen maximaler Kontraktionsrichtung und der ringsum Verformungsrichtung).

Das vorgestellte Verfahren, HARP, wurde 1999 veröffentlicht und wird von derselben Arbeitsgruppe um McVeigh bis heute weiterentwickelt (vgl. [28]). Der beschriebene Ansatz ist von mehreren Arbeitsgruppen aufgegriffen und variiert worden, beispielsweise von Petitjean et al. [29] oder Pan [30], die ihre Ansätze beide 2003 publizierten.

Song et al. — CT

Song [31] beschreibt einen Ansatz zur Berechnung eines Vektorfeldes, das die vollständige Deformation des LV's beschreibt. Grundlage der Berechnung sind 4D Cine CT–Daten des schlagenden Herzens. Cine CT bezeichnet CT–Geräte, die binnen kürzester Zeit Aufnahmen machen, so dass sie ohne EKG–Triggerung[4] auskommen und die Herzeigenbewegung bei der Aufnahme nur wenig störend ist.
Für das Herz und dessen Bewegung werden zwei gültige Bedingungen ausgenutzt:

1. Kontinuitäts–Bedingung,
2. Nichtkomprimierbarkeits–Bedingung.

[4]Retrospektive EKG Triggerung: Zeitgleich zur MRI– oder CT–Bildaufnahme wird ein EKG des Patienten angefertigt. Aus den Rohdaten der CT oder MRI und des EKG kann jede Herzphase eindeutig rekonstruiert werden, so dass durch diese Technik bewegte 3D–Darstellungen des Herzens möglich sind.

Grundlage des Kontinuitätsgesetzes ist das Masseerhaltungsgesetz. Man geht davon aus, dass die Masse des Herzens während des Herzzyklus konstant ist. Aus der Kontinuitätstheorie geht laut Song Gleichung 3.7 als Kontinuitätsgleichung hervor. f_{t_i} ist das Dichtebild zum Zeitpunkt t_i, ∇ der Divergenzoperator, f die Dichteverteilung und s das gesuchte Vektorfeld. Gleichung 3.8 ist die mathematische Beschreibung der Nichtkomprimierbarkeits–Bedingung. Ihre Gültigkeit ist gewährleistet, da der Herzmuskel und das Blut während des Herzzyklus ihre Masse nicht verändern. Mittels einer Linearkombination dieser beiden Bedingungen, wird eine weitere Bedingung aufgestellt: die divergenzfreie Bedingung (siehe Gleichung 3.9). Sie ist die Kontinuitätsbedingung für nichtkomprimierbare Objekte.

$$f_{t_i} + \nabla \cdot (fs) = 0 \tag{3.7}$$

$$f_{t_i} + \nabla f \cdot s = 0 \tag{3.8}$$

$$f \nabla \cdot s = 0 \tag{3.9}$$

Zur Berechnung des Vektorfeldes wird aus der Nichtkomprimierbarkeits–Bedingung 3.8, der Kombination der ersten beiden Bedingungen (Gleichung 3.9) und einer Kostenfunktion das Optimierungsproblem 3.10 aufgestellt. e_s sind die Kosten für die Glättung von s, e_l sind die Kosten für die Nichtkomprimierbarkeits–Bedingung und e_D bezeichnet die Kosten für die divergenzfreie Bedingung. γ_1, γ_2 sind die Regulierungsparameter für e_l und e_D.

$$e(s) = e_s(s) + \gamma_1 e_l(s) + \gamma_2 e_D(s) \tag{3.10}$$

Aus der Minimierung dieser Funktion ergibt sich das gesuchte Vektorfeld. Gleichung 3.10 lässt sich mit Hilfe der *Euler Lagrange Berechnung* lösen. Als Lösung der Euler Lagrange Gleichung ergibt sich eine Menge gekoppelter partieller Differentialgleichungen, die ein lineares Gleichungssystem bilden. Das Gleichungssystem hat die allgemeine Form $Ax = b$, x entspricht dabei dem gesuchten Vektorfeld.

McEachen et al. — MRI

Das Verfahren von McEachen [32] berechnet die Deformation der LV–Kontur während des gesamten Herzzyklus und besteht aus zwei Schritten:

1. Segmentierung des LV's,
2. Ableitung des Bewegungsfelds aus den Segmentierungsergebnissen.

McEachen verwendet für die Segmentierung der Kontur einen modellbasierten Algorithmus, der auf 2D–Bildern arbeitet und deformierbare Modelle verwendet. Mit diesem Verfahren wird die Kontur für jede Herzphase und jede Schicht innerhalb einer Herzphase segmentiert.
Im zweiten Schritt werden zunächst korrespondierende lokale Segmente der Kontur in aufeinanderfolgenden Herzphasen gematcht. In zwei aufeinanderfolgenden Herzphasen wird innerhalb eines definierten Fensters F_i nach dem korrespondierenden Punkt gesucht. Für das Korrespondenzproblem wird eine diskrete Minimierung verwendet,

welche die Krümmung der Kontur des aktuellen Punkts verwendet. Das Ergebnis besteht aus zwei geordneten Punktemengen. Die erste Menge enthält markante Punkte der LV–Kontur zum Zeitpunkt t_i, die zweite Menge enthält die korrespondierenden Punkte in gleicher Reihenfolge zum Zeitpunkt t_{i+1}. Die Korrektheit des Matchingprozesses wird geprüft, indem eine Fehlerberechnung innerhalb des definierten Suchfensters F_i bestimmt wird. Es wird geprüft, wie gut die Eigenschaften der korrespondierenden Punkte zum Zeitpunkt t_i und t_{i+1} übereinstimmen. Punkte mit guten Korrespondenzen werden für die Berechnung des Flussfeldes stärker gewichtet als diejenigen, deren Kontureigenschaften weniger gut übereinstimmen.
Die eigentliche Berechnung ist ein Minimierungsproblem, das sich durch zwei unterschiedliche Verfahren lösen lässt, die McEachen beide beschreibt, nämlich durch

1. Optimierung im 2D–Euklidschen Bildraum,

2. Optimierung im Konturraum.

Beide Verfahren bestimmen ein Vektorfeld, das die Bewegung des linken Ventrikels zwischen den Zeitpunkten t_i und t_{i+1} repräsentiert. Grundlage der Berechnungen sind die Punktkorrespondenzen, dabei wird ein Kompromiss zwischen den Punktepaaren mit der besten Übereinstimmung und den benachbarten Punkten der Kontur, die sich kontinuierlich bewegen, gewählt.

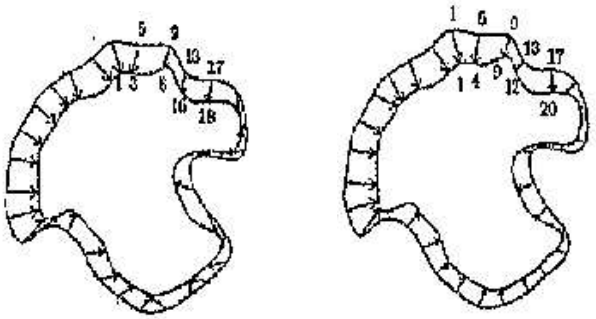


Abbildung 3.9: Beide Abbildungen zeigen jeweils die LV–Kontur zu den Zeitpunkten t_i und t_{i+1}. Links sind die initialen Punktkorrespondenzen angezeigt, zu denen teilweise keine sinnvollen Punktkorrespondenzen gefunden werden. Rechts sind die Punktkorrespondenzen nach Anwendung des optimierenden Filters im Euklidschen Raum dargestellt, die Korrespondenzen sind hier wesentlich kontinuierlicher und verweisen auf Punkte mit ähnlichen Kontureigenschaften [32].

Macan et al. — MRI

Macan hat ein Verfahren entwickelt [33], das auf der Idee des optischen Flusses basiert und durch eine initiale Bewegungsinformation erweitert wird. Das Verfahren von Macan gliedert sich in drei Schritte. Zunächst wird der linke Ventrikel für alle Herzphasen segmentiert, dafür wird ein 2D–Region Growing Algorithmus verwendet, der von einem Seedpunkt ausgehend mit einem Schwellwert die Region erweitert. Als Ergebnis

erhält man das Objekt und die Objektkontur. Alle 2D–Konturen einer Herzphase werden zur 3D–Kontur der Herzphase zusammengefügt.
Im zweiten Schritt wird eine formbasierte Verfolgung durchgeführt. Die Idee ist, verschiedene Oberflächen zu vergleichen, indem man die Krümmung an ausgewählten Punkten miteinander vergleicht. Für jeden Punkt der Oberfläche ist die Krümmung durch zwei Parameter definiert: die *mittlere Krümmung* H und die *Gaußsche Krümmung* K. Das Ergebnis ist ein dreidimensionales Feld von Krümmungsvektoren, die K und H enthalten. In diesem Feld von Vektoren werden die lokalen Maxima und Minima bestimmt, da sie die charakteristischen Punkte der LV–Oberfläche sind. Jedem Konturpixel wird jeweils ein Wert R zugewiesen, dieser entspricht der Größe der aktuellen Region, für die ein lokales Maximum oder Minimum bestimmt werden konnte.
Im dritten Schritt werden charakteristische Punkte in aufeinanderfolgenden Herzphasen verfolgt, dafür wird jeweils ein $3 \times 3 \times 3$ Fenster aus Voxeln betrachtet. Werden die Punkte mit der besten Übereinstimmung innerhalb des Fensters gefunden, wird der Distanzvektor als Differenz der beiden Punkte zueinander gebildet. Punktkorrespondenzen außerhalb des $3 \times 3 \times 3$ Fensters werden nicht berücksichtigt, da man von einer geringen Bewegung zwischen zwei aufeinanderfolgenden Herzphasen ausgeht.
Der *Horn–Schunk Algorithmus* [34] bestimmt den optischen Fluss im Bild und berechnet für jeden Bildpunkt einen Verschiebungsvektor. Im Unterschied zum Horn–Schunk Algorithmus wird bei dem Verfahren von Macan der optische Fluss nur für charakteristische Punkte bestimmt. Das Vektorfeld besteht demnach aus Verschiebungsvektoren für ausgewählte Punkte der LV–Oberfläche.

3.1.3 Invasive Verfahren

Die Herzkatheteruntersuchung ist ein invasives Verfahren, das häufig zur Diagnose von Herzerkrankungen eingesetzt wird. Ein weiteres invasives Verfahren implantiert Marker auf die Herzoberfläche und leitet aus der Markerverfolgung die Herzbewegung ab. Verfahren, die diese invasive Markertechnik verwenden, werden beispielsweise in [35] und [36] beschrieben.
Das von Ingels beschriebene Verfahren [36] verwendet kleine, röntgenstrahlenundurchlässige Spiralen der Größe 0.85×1.5 mm. Diese werden während einer Herzoperation in das Myokard des LV's implantiert. Die Marker bleiben an einer fixen Position im Gewebe und können zu jeder Zeit nach der Operation für die Bildaufnahme verwendet werden. Durch die Verfolgung der Marker, die fest im Myokard positioniert sind, kann die Herzbewegung sehr präzise bestimmt werden.

3.2 Analyse und Abgrenzung

Wie bereits in Abschnitt 1.2 beschrieben, ergeben sich durch die Aufgabenstellung und durch die Analyse der Problemstellung eine Reihe von Anforderungen an das zu entwickelnde Konzept. Das Verfahren soll die Bewegung des Herzens bestimmen, die durch Längsachsenkontraktion, sowie eine drehende Rotationsbewegung und eine Translations– und Rotationsbewegung des gesamten Ventrikels beschrieben werden kann. Des Weiteren soll das Verfahren sowohl auf MRI– als auch auf CT–Bilddaten angewendet werden können und sich einer nicht–invasiven Aufnahmetechnik bedie-

nen.
Die invasiven Techniken von Shi [35] und Ingels [36] benötigen einen chirurgischen Eingriff zum Positionieren der Marker, daher werden in der aktuellen Forschung vor allem nicht–invasive Verfahren entwickelt. Die Vorteile der nicht–invasiven Verfahren liegen in deren einfachen Durchführung, da kein chirurgischer Eingriff nötig ist. In dieser Arbeit wird ein nicht–invasives Verfahren entwickelt, daher kommen die Verfahren von Shi [35] und Ingels [36] für die Ableitung eines eigenen Konzepts nicht in Betracht.
Die Verfahren, die auf der Tagging–Technik basieren, haben wegen der Pixelgröße, dem Rauschen und dem Verblassen der Tagging–Linien als Grundlage für robuste, schnelle und präzise Algorithmen nur begrenzten Erfolg. Im Bereich der Tagging–Technik wurden in den letzten zehn Jahren sehr viele Verfahren zur Analyse der Herzbewegung entwickelt, von denen es bis jetzt kein Verfahren in den klinischen Alltag geschafft hat. Die beiden Hauptgründe dafür sind die langsame Bildaufnahme und die hohe Verarbeitungsdauer. Im Rahmen dieser Arbeit wird daher ein Verfahren entwickelt, das auf Standard MRI– bzw. CT–Daten arbeitet, somit werden die Verfahren von Amini [22], Park [23] und Osman [27] bei der Entwicklung eines eigenen Konzepts nicht berücksichtigt.
Der Ansatz von McEachen verfolgt einen zweidimensionalen Ansatz und matcht markante Punkte der LV–Kontur miteinander. Bei diesem Ansatz wird die Verdrehung innerhalb einer Ebene bestimmt. Die berechnete Bewegung ist demnach eine 2D– und keine 3D–Bewegung. Als Ergebnis erhält man für ausgewählte Punkte der LV–Kontur 2D–Verschiebungsvektoren, in denen die Informationen über Kontraktionsbewegung und Verdrehung enthalten sind. Da während des Herzzyklus auch eine Längsachsenverkürzung Teil der gesamten Herzbewegung ist, kann eine 2D–Analyse die reale Herzbewegung nicht in ausreichendem Maße beschreiben. Dieser Ansatz wird für die Entwicklung eines Konzepts nicht berücksichtigt.
Das Verfahren von Macan bestimmt ein dreidimensionales Flussfeld aus den Segmentierungsergebnissen des LV's. Die Punktkorrespondenzen werden aus den Krümmungseigenschaften der LV–Oberfläche abgeleitet. Für die Bestimmung eines Flussfeldes werden eindeutige Punkte benötigt, die man über den Herzzyklus verfolgen kann. Sofern sich eindeutige 3D–Punkte bestimmen lassen, liefert die Flussfeldbestimmung sehr gute Ergebnisse. Die Schwierigkeit besteht in der Bestimmung markanter Punkte, die sich über mehrere Herzphasen verfolgen lassen, Macan verwendet hierfür die Krümmungseigenschaften der LV–Oberfläche. Der Ansatz von Macan wird für die Ableitung eines eigenen Konzepts herangezogen, da er sehr präzise Ergebnisse liefert und die Herzbewegung dreidimensional bestimmt. Das Verfahrens arbeitet auf den Konturreigenschaften, die in MRI– und auch in CT–Daten vorhanden sind. Dieses Verfahren ist daher nicht auf einen speziellen Bilddatentyp beschränkt und eignet sich auch aus diesem Grund für die Ableitung eines eigenen Konzepts.
Das Verfahren von Bardinet arbeitet auf SPECT bzw. auf CT–Daten und entwickelt ein 3D–Modell des LV's. Aus der Deformation leitet er die Bewegung des LV's ab. Bardinet beschreibt nicht, ob das Verfahren auch auf MRI–Daten angewendet werden kann, jedoch arbeitet das Verfahren auf den Segmentierungsergebnissen des Epi– und Endokards, die sich auch bei MRI–Daten segmentieren lassen. Das Verfahren von Bardinet liefert sehr gute Ergebnisse; es leitet aus dem Modell die dreidimensionale Drehbewegung ab, die auch von dem eigenen Konzept berechnet werden soll. Der

Ansatz von Bardinet wird daher als Grundlage für die Entwicklung eines eigenen modellbasierten Ansatzes gewählt.
Die Analyse der vorgestellten Verfahren hat ergeben, dass die Verfahren von Macan und Bardinet einen Großteil der gestellten Anforderungen an das eigene zu entwickelnde Verfahren erfüllen. Sie werden daher für die Entwicklung eigener Konzepte herangezogen.
In den folgenden Abschnitten werden drei Konzepte entwickelt und theoretisch beschrieben, das *Koronararterien–Konzept*, das *Registrierungs–Konzept* und das *semiautomatische Tracking Konzept*. Jedes Konzept besteht aus mehreren Modulen. Zur Veranschaulichung der Konzepte werden Datenflussdiagramme verwendet. Sie bestehen aus den Komponenten, die in Abbildung 3.10 dargestellt sind.
Das *semiautomatische Tracking–Konzept* wird praktisch umgesetzt und in die Medical Imaging Platform (MIP) integriert. Die Realisierung des Konzepts wird in Kapitel 5 beschrieben.

Abbildung 3.10: Die Flussdiagramme setzen sich aus Prozessen, Datenspeicher und Datenflüssen zusammen.

3.3 Koronararterien–Konzept

Das *Koronararterien–Konzept* basiert auf der Analyse des aktuellen Stands der Forschung und besteht aus vier Modulen:

- Vorverarbeitung,
- Kontraktionsbewegungsanalyse,
- Achsenbasiertes Tracking,
- Koronararterien–Tracking.

Die Vorverarbeitung segmentiert den linken Ventrikel, bestimmt daraus die entsprechende Längsachse und segmentiert die Koronararterien. Die Ergebnisse der Vorverarbeitung werden an Modul zwei, drei und vier übergeben. Das zweite Modul berechnet die Längsachsenkontraktion während des Herzzyklus. Dafür werden die Längenunterschiede der LV–Längsachsen von Herzphase zu Herzphase bestimmt.
Im dritten Modul wird die Gesamtbewegung des LV's während des Herzzyklus berechnet. Diese Bewegung wird aus den Längsachsen des LV's abgeleitet. Da das gesamte Herz, beeinflusst durch die Atmung eine Sack– und Kippbewegung vollzieht, wird diese globale Bewegung durch die Berechnung der 3D–Translation und der 3D–Rotation bestimmt.
Die einzige bis dahin nicht berechnete Bewegungskomponente ist die Drehbewegung des LV's um die LV–Achse. Für die Berechnung eines dreidimensionalen Flussfeldes

werden eindeutige, markante Punkte, so genannte Landmarken benötigt, die während des gesamten Herzzyklus verfolgt werden können. Durch die Bewegung und Deformation des LV's besteht die Problematik, natürliche Landmarken zu identifizieren, die sich nicht nur über zwei oder drei, sondern über alle Herzphasen verfolgen lassen.
Aufgrund der Problematik, natürliche Landmarken zu detektieren und zu verfolgen, werden in diesem Konzept die Koronararterienverzweigungen als eindeutig identifizierbare Landmarken gewählt, bestimmt und verfolgt. Da die Koronararterien im Fettgewebe des Herzens verwachsen sind, passen sie sich passiv der Herzbewegung an, so dass man von der Bewegung der Koronararterien auf die Bewegung des Herzens schließen kann. Das Koronararterien–Tracking bestimmt die dreidimensionale Position der Koronararterienverzweigungen und verfolgt diese während des gesamten Herzzyklus. Aus der Positionsänderung kann die dreidimensionale Drehbewegung abgeleitet werden.
Flussdiagramm 3.11 gibt einen Überblick über das erste Konzept samt seiner Module. Jedes der vier Module wird in den folgenden Abschnitten detailliert beschrieben und gegebenfalls durch weitere Flussdiagramme verfeinert.

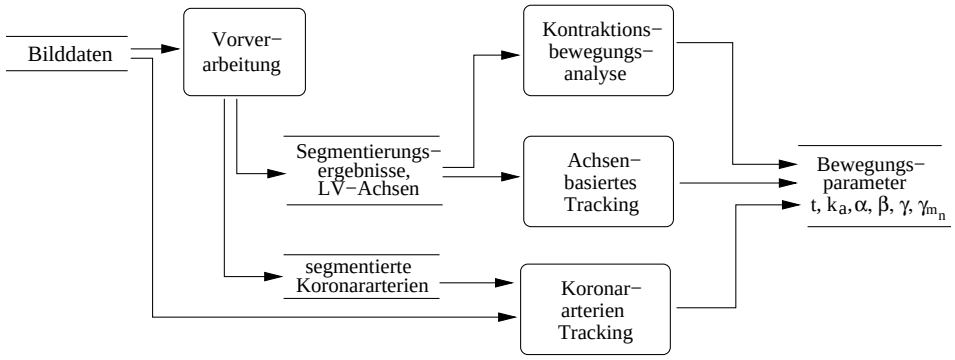


Abbildung 3.11: Konzept 1. Das gesamte Konzept besteht aus vier Modulen. Aus einem *Vorverarbeitungsschritt*, der *Kontraktionsbewegungsanalyse*, die k_a berechnet, dem *achsenbasierten Tracking*, das $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und α, β, γ bestimmt und dem *Koronararterien–Tracking*, das γ_{m_n} berechnet.

3.3.1 Vorverarbeitung

Die *Vorverarbeitung* besteht aus drei Schritten. Aus der Segmentierung des linken Ventrikels, der Bestimmung der Längsachsen und der Segmentierung der Koronararterien (siehe Abbildung 3.12).
Zunächst wird der linke Ventrikel entsprechend Abschnitt 2.3.2 segmentiert. Aus den Ergebnissen der Segmentierung werden die Längsachsen des linken Ventrikels für die Zeitpunkte t_i und t_{i+1} bestimmt. Dafür wird in jeder Schicht $i = 1$ bis n ein Schwerpunkt $s = (s_x, s_y, s_z)$ der segmentierten Region durch die Gleichungen 3.11 berechnet.

$$s_x = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i \qquad s_y = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} y_i \qquad s_z = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} z_i \tag{3.11}$$

Man erhält zwei Punktemengen, eine für die endsystolische und eine für die enddiastolische Herzphase. Aus diesen Punktemengen wird jeweils eine dreidimensionale Gerade approximiert. Die dreidimensionalen Geraden lassen sich durch den *Least–Square–3D–Algorithmus* bestimmen (siehe Abschnitt 2.3.3). Als Ergebnis erhält man zwei Geraden, welche die Längsachsen des linken Ventrikels zum endsystolischen Zeitpunkt $g_{t_i} = a_{t_i} + rp_{t_i}$ und zum enddiastolischen Zeitpunkt $g_{t_{i+1}} = a_{t_{i+1}} + sp_{t_{i+1}}$ annähern.

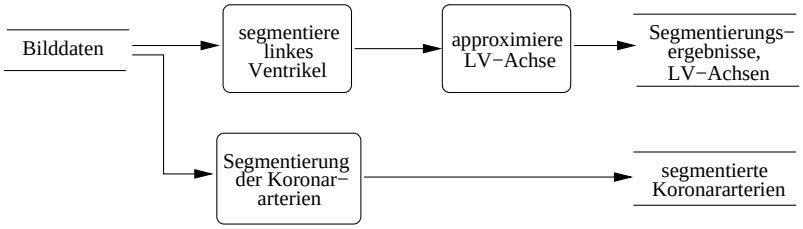


Abbildung 3.12: Die Vorverarbeitung besteht aus drei Schritten, aus der Segmentierung des linken Ventrikels, der Approximation der Längsachsen und der Segmentierung der Koronararterien.

Der dritte Vorverarbeitungsschritt segmentiert die Koronararterien durch den semiautomatischen Corkscrew Algorithmus (siehe Abschnitt 2.3.5). Innerhalb einer vom Anwender festgelegten Region wird die Koronararterie segmentiert. Der Algorithmus gliedert sich in Vorverarbeitung, Bestimmung der Arterienmittellinie und Konturbestimmung. Der Corkscrew Algorithmus liefert neben dem Verlauf der Koronararterie auch deren Durchmesser. Die Ergebnisse des Corkscrew Algorithmus werden vom Koronararterien–Tracking für die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung um die LV–Achse verwendet.

3.3.2 Kontraktionsbewegungsanalyse

Der Kontraktionsbewegungsanalyse werden die LV–Achsen übergeben. Voraussetzung für die Korrektheit der Ergebnisse ist, dass im ROI2 Schritt der Segmentierung die obere Grenze des LV's richtig bestimmt wurde, die durch die Mitralklappe begrenzt ist (vgl. 2.3.2). Ist diese Voraussetzung erfüllt, kann die Länge der LV–Achsen für jede Herzphase bestimmt werden. Der Längenunterschied aller Herzachsen wird jeweils im Bezug zur enddiastolischen Herzphase bestimmt. Die prozentuale Verkürzung wird durch Gleichung 3.12 bestimmt. l_i ist die Länge der Herzphase i, h entspricht der Anzahl der Herzphasen. a ist der Index der Herzachsenverkürzung, mit $a \in \{0, 1, ..., h-2\}$. In Gleichung 3.12 wird vorausgesetzt, dass die enddiastolische Herzphase den Index 0 hat, da die Kontraktionsbewegung aller Herzphasen jeweils in Bezug zur enddiastolischen Herzphase bestimmt wird.

$$k_a = \frac{(l_0 - l_i)}{l_i} \qquad \text{für} \qquad i = 1 \ldots (h-1) \tag{3.12}$$

3.3.3 Achsenbasiertes Tracking

Die im Vorverarbeitungsschritt berechneten Achsen g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ des LV's zum Zeitpunkt t_i und t_{i+1} werden für das achsenbasierte Tracking verwendet. Es werden sechs Bewegungsparameter, nämlich die Translation $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und drei Rotationswinkel α, β, γ berechnet.

Abbildung 3.13: Das achsenbasierte Tracking berechnet die Bewegungsparameter $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und α, β, γ.

Die Achsen sind begrenzt durch den Apex und die Mitralklappe, insofern handelt es sich um Geradensegmente. Die Berechnung des Abstands zwischen Geradensegmenten lässt sich vereinfacht realisieren, indem zunächst die Mittelpunkte m_{t_i} und $m_{t_{i+1}}$ der Geradensegmente bestimmt werden. Die dreidimensionale Translationsbewegung t zwischen beiden Geradensegmenten berechnet sich als Abstand der Mittelpunkte m_{t_i} und $m_{t_{i+1}}$ (siehe Gleichung 3.13).

$$t = \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} = m_{t_{i+1}} - m_{t_i} \tag{3.13}$$

Die drei Rotationswinkel entsprechen den Winkeln, um die man $g_{t_{i+1}}$ rotieren muss, damit Gerade $g_{t_{i+1}}$ und g_{t_i} aufeinander liegen und identisch ausgerichtet sind. Wie in Abschnitt 2.3.6 beschrieben, wird zunächst das Geradensegment $g_{t_{i+1}}$ um $-t$ translatiert, so dass sich beide Segmente in ihrem Mittelpunkt schneiden. Im zweiten Schritt wird der Schnittwinkel δ zwischen g_{t_i} und $g'_{t_{i+1}}$ durch Gleichung 3.14 bestimmt.

$$\delta = \arccos\left(\frac{|p_{t_i} \cdot p'_{t_{i+1}}|}{|p_{t_i}| \cdot |p'_{t_{i+1}}|}\right) \tag{3.14}$$

Es soll jedoch nicht der Schnittwinkel zwischen den beiden Achsen berechnet werden, sondern drei Eulerwinkel α, β, γ, welche die Rotation im 3D–Raum beschreiben. Dafür wird ein Objektkoordinatensystem definiert (siehe Abbildung 3.14), dessen Position und Orientierung sich durch eine Translation und eine Rotation vom Weltkoordinatensystem unterscheidet. Ausgerichtet ist das Koordinatensystem an der Achse g_{t_i}, diese wird als x–Achse definiert und der Ursprung wird im Mittelpunkt m_{t_i} des Geradensegments positioniert. Zwei zu g_{t_i} orthogonale Vektoren definieren die y– und z–Achse des rechtshändigen Koordinatensystems.
Berechnet man den Schnittwinkel δ beider Geradensegmente und eine zu g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ orthogonale Achse, lässt sich mit der Formel von Rodrigues (siehe Gleichung 3.15) die Rotationsmatrix aufstellen (siehe Abschnitt 2.3.6). Aus der 3×3 Matrix R können die drei Rotationswinkel α, β, γ mittels Gleichungen 3.16, 3.17 und 3.18 abgeleitet

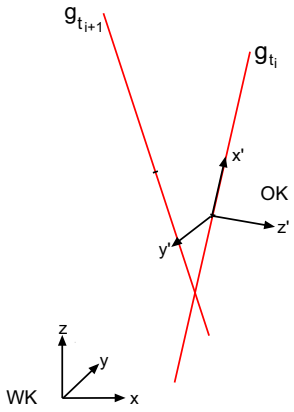


Abbildung 3.14: Die Achsen g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ repräsentieren die LV–Achsen. Die berechneten Rotationswinkel geben die Rotation um die z–, y– und die z–Achse an. Unten links ist das Weltkoordinatensystem (WK) eingezeichnet.

werden. α ist der Rotationswinkel um die z–Achse, β der Rotationswinkel um die y– und γ der Winkel um die z–Achse (siehe Abschnitt 2.3.6).

$$R = o'o'^T + (I_3 - o'o'^T) \cdot \cos(\delta) + [o']_x \sin(\delta) \tag{3.15}$$

$$\alpha = \frac{1}{2}(\sigma + \nu) \tag{3.16}$$

$$\gamma = \frac{1}{2}(\sigma - \nu) \tag{3.17}$$

$$\beta = \arctan\left(\frac{r_{13}\cos\alpha + r_{23}\sin\alpha}{r_{33}}\right) \tag{3.18}$$

3.3.4 Koronararterien–Tracking

Grundlage des *Koronararterien–Trackings* sind die im Vorverarbeitungsschritt mit Hilfe des Corkscrew Algorithmus (siehe Abschnitt 2.3.5) segmentierten Koronararterien zum Zeitpunkt t_i und t_{i+1}. Corkscrew ist ein semiautomatischer Algorithmus, der die Arterie zwischen einem definierten Anfangs– und Endpunkt segmentiert. Da die Koronararterien im Fettgewebe des Herzens verwachsen sind, bewegen sie sich entsprechend der Herzbewegung. Diese Eigenschaft soll beim Koronararterien–Tracking ausgenutzt werden.
In Abbildung 3.15 sind die einzelnen Schritte des Trackings aufgeführt. Zunächst müssen aus den Koronararteriensegmenten Landmarken bestimmt werden, die sich eindeutig über den gesamten Herzzyklus verfolgen lassen. Solche Punkte sind die Verzweigungen der Herzkranzgefäße (siehe Abbildung 3.17). Diese Punkte lassen sich eindeutig über die Durchmesseranalyse der Gefäße bestimmen. An den Stellen lokaler Maxima verzweigt sich die Koronararterie, da der Durchmesser an Verzweigungstellen höher als an den sonstigen Stellen der Koronararterie ist (siehe Abbildung 3.16). Diese Punkte werden als Landmarken gewählt und müssen in den Herzphasen zum enddiastolischen und endsystolischen Zeitpunkt bestimmt werden.
Sofern man zwei Punktemengen aus den Koronararterienverzweigungen zu den Zeitpunkten t_i und t_{i+1} bestimmt hat, lässt sich die Bewegung der Punkte im dreidimensionalen Raum eindeutig bestimmen.
Auf der Herzoberfläche befinden sich die rechte und die linke Koronararterie (siehe Abschnitt 2.2.1), die sich vielfach verzweigen (siehe Abbildung 3.17). Aus den 3D–Positionen der Verzweigungsstellen, die auf der gesamten Herzoberfläche verteilt sind,

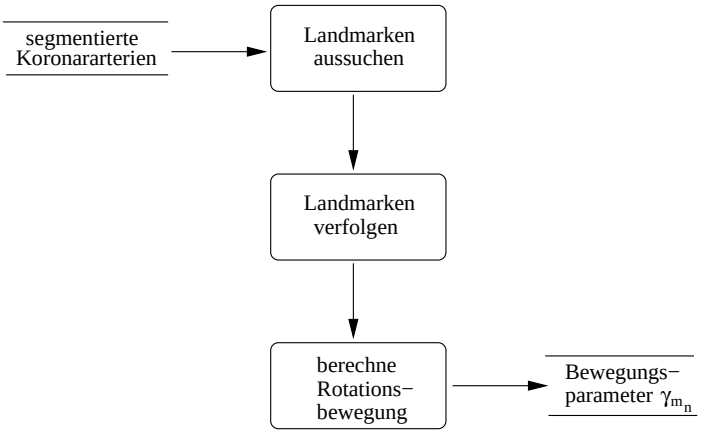


Abbildung 3.15: Beim Koronararterien–Tracking werden die Koronararterien segmentiert. Anschließend werden die Verzweigungen innerhalb des Arteriensegments bestimmt, die als Landmarken verfolgt werden. Aus den eindeutigen Verzweigungspunkten zum Zeitpunkt t_i und t_{i+1} wird die Rotationsbewegung γ_{m_n} abgeleitet.

lässt sich die Bewegung des gesamten Herzens ableiten.
Damit sich Koronararterien auf der gesamten Herzoberfläche segmentieren lassen, werden vielerlei Anforderungen an die Bilddaten gestellt (siehe Abschnitt B.1), sie sind daher der ausschlaggebende Faktor, der über die Umsetzbarkeit des Verfahrens entscheidet. Eine allgemeine Beschränkung besteht in der momentanen Auflösung der Bilddaten. Man benötigt die neuesten Geräte mit einer sehr hoher Auflösung, damit auch kleinere Koronararterienverzweigungen innerhalb der Bilddaten sichtbar sind. Mit den aktuell verfügbaren CT–Geräten benötigt man Patienten mit großen Koronararterien, damit man die Arterien aus CT–Daten bis zum Apex segmentieren kann.
Das Verfahren ist außerdem nur unter Verwendung von Angiographie–Daten möglich, also bei CT– oder MR–Angiographie. Des Weiteren wird bei der Aufnahme eine ideale Menge an Kontrastmittel benötigt, da bei einer zu geringen Menge an Kontrastmittel die Arterien durch zu geringe Kontraste nicht sichtbar sind. All diese Voraussetzungen machen es im Moment äußerst schwierig, solche Datensätze zu bekommen, da diese Aufnahmen sehr kostspielig sind. Es kann allerdings davon ausgegangen werden, dass in absehbarer Zukunft, innerhalb der nächsten ein bis drei Jahre, die Radiologie die Bildaufnahme weiter verbessern wird, so dass das beschriebene Konzept schon bald umsetzbar und im klinischen Alltag einsetzbar ist.

3.4 Registrierungs–Konzept

Das *Registrierungs–Konzept* besteht, wie auch das erste Konzept, aus vier Modulen (siehe Flussdiagramm 3.18). Die vier Module sind:

- Vorverarbeitung,
- Kontraktionsbewegungsanalyse,
- Achsenbasierter Schritt,

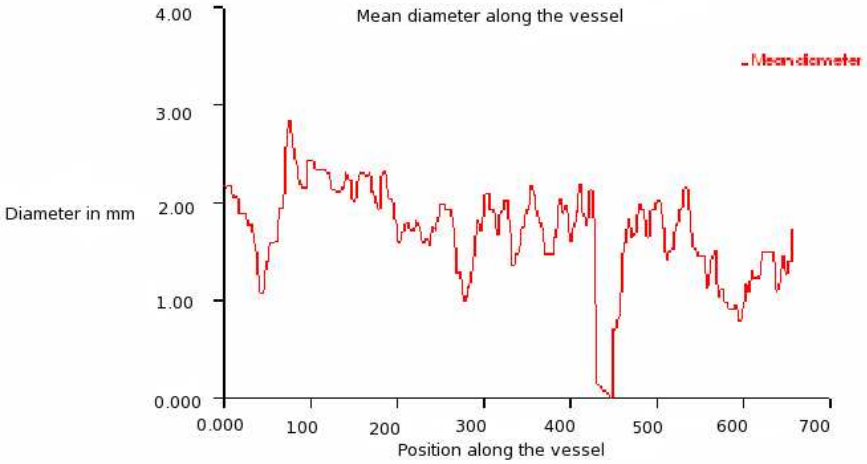


Abbildung 3.16: Durchmesser der Koronararterie

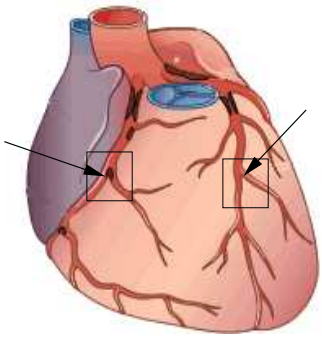


Abbildung 3.17: Die Abbildung zeigt zwei durch Pfeile markierte Beispiele für die Verzweigungen der Herzkranzgefäße. Aus solchen Verzweigungspunkten wird beim Koronararterien–Tracking die Bewegung abgeleitet.

- Registrierung.

Die Vorverarbeitung und die Kontraktionsbewegung entsprechen weitestgehend dem ersten Konzept. Der auf den Achsen basierende Schritt besteht aus zwei Komponenten: dem achsenbasierten Tracking, das in Konzept 1 (siehe Abschnitt 3.3) verwendet und beschrieben ist und einer zweiten Komponente zur Schichtenverfolgung. Die korrespondierenden Schichten werden vom vierten Modul, der Registrierung, benötigt. Die neue Komponente, der auf den Achsen basierende Schritt, wird in Abschnitt 3.4.2 beschrieben. Das vierte Modul ist komplett neu, es berechnet die Drehbewegung des LV's um die Längsachse und verwendet dafür einen Registrierungsansatz.

3.4.1 Vorverarbeitung

Die Vorverarbeitung des Registrierungs–Konzepts verwendet zwei Komponenten der Vorverarbeitung des Koronararterien–Konzepts: die Segmentierung des linken Ven-

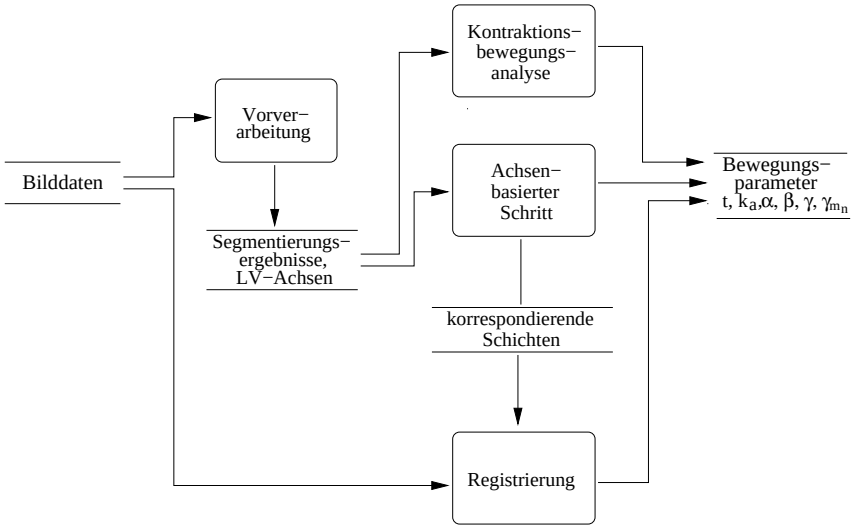


Abbildung 3.18: Konzept 2. Das gesamte Konzept besteht aus vier Modulen: einem *Vorverarbeitungschritt* und der *Kontraktionsbewegungsanalyse*, die k_a berechnet; der *achsenbasierte Schritt* bestimmt $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und α, β, γ; durch die *Registrierung* wird die drehende Rotation γ_{m_n} berechnet.

trikels und die Bestimmung der Längsachsen (siehe Abbildung 3.19). Beide Schritte sind bereits in Abschnitt 3.3.1 beschrieben. Die Segmentierung der Koronararterien wird vom Registrierungs–Konzept nicht benötigt.

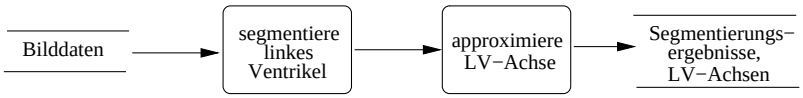


Abbildung 3.19: Die Vorverarbeitung des Registrierungs–Konzepts besteht aus zwei Schritten, der Segmentierung des linken Ventrikels und der Approximation der Längsachse des linken Ventrikels.

3.4.2 Achsenbasierter Schritt

Der *achsenbasierte Schritt* besteht aus zwei Komponenten:

- Tracking der Bewegungsparameter,
- Schichtenverfolgung.

Beide Komponenten sind in Flussdiagramm 3.20 abgebildet. Der erste Schritt, das Tracking der Bewegungsparameter, ist identisch mit dem achsenbasierten Tracking aus Konzept 1 (siehe Abschnitt 3.3.3).
Die Schichtenverfolgung ist eine Vorverarbeitung für die Registrierung (siehe Abschnitt 3.4.3). Da sich während des gesamten Herzzyklus auch die Längsachse des

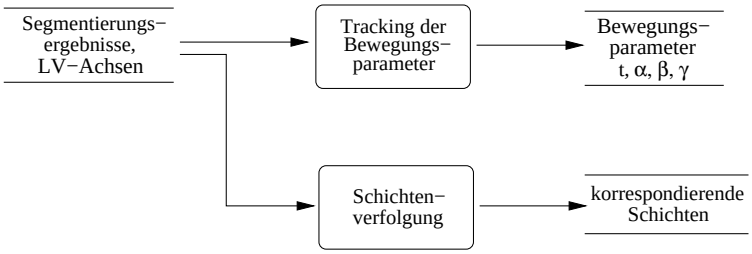


Abbildung 3.20: Der achsenbasierte Schritt besteht im Unterschied zum achsenbasierten Tracking aus der Berechnung der Bewegungsparameter und zusätzlich aus der Schichtenverfolgung, die vom Registrierungsalgorithmus benötigt wird.

Herzens verkürzt, ist Schicht $n_{t_i} \neq n_{t_{i+1}}$. Die Schichtenverfolgung wird in Abhängigkeit der Längsachsenverkürzung bestimmt.
Da die Begrenzungslinien in Abbildung 3.21 sowohl im apikalen als auch im basalen Bereich ihre Position ändern, scheint die Verkürzung sowohl in der oberen als auch in der unteren LV–Hälfte stattzufinden. Geht man davon aus, dass die mittlere Schicht ihre Position beibehält und die Verkürzung in beiden LV–Hälften stattfindet, dann berechnen sich die korrespondierenden Schichten durch die Gleichungen 3.19, 3.20 und 3.21.
Die Länge des Geradensegments g_{t_i} sei l_{t_i} und die Länge von $g_{t_{i+1}}$ sei $l_{t_{i+1}}$. Die Gleichungen 3.19, 3.20 und 3.21 berechnen die zur Schicht n_{t_i} der LV–Achse g_{t_i} korrespondierende Schicht $n_{t_{i+1}}$ der LV–Achse $g_{t_{i+1}}$.

$$n_{t_{i+1}} = \frac{l_{t_i}}{2} - \left(\left(\frac{l_{t_i}}{2} - n_{t_i}\right) \cdot \frac{l_{t_{i+1}}}{l_{t_i}}\right), \qquad \text{falls} \qquad n_{t_i} < \frac{l_{t_i}}{2} \tag{3.19}$$

$$n_{t_{i+1}} = \frac{l_{t_i}}{2} + \left(\left(n_{t_i} - \frac{l_{t_i}}{2}\right) \cdot \frac{l_{t_{i+1}}}{l_{t_i}}\right), \qquad \text{falls} \qquad n_{t_i} > \frac{l_{t_i}}{2} \tag{3.20}$$

$$n_{t_{i+1}} = n_{t_i}, \qquad \text{falls} \qquad n_{t_i} = \frac{l_{t_i}}{2} \tag{3.21}$$

Die maximale Anzahl der korrespondierenden Schichten ist durch die Schichtenanzahl der kürzeren LV–Achse begrenzt. Da $n_{t_{i+1}}$ durch die angegebene Berechnung in den Gleichungen 3.19 und 3.20 nicht unbedingt ganzzahlig ist, muss $n_{t_{i+1}}$ auf die nächste natürliche Zahl auf– oder abgerundet werden.

3.4.3 Registrierung

Die Registrierung verwendet die Segmentierungsergebnisse der Vorverarbeitung. Es gibt zwei unterschiedliche Möglichkeiten, die Herzbewegung zu registrieren: die zweidimensionale konturbasierte Registrierung und die dreidimensionale modellbasierte Registrierung.

Schichtenbasierter Ansatz

Der Schichtenbasierte Ansatz bestimmt die 2D–Deformationsbewegung der LV–Konturen während des Herzzyklus.

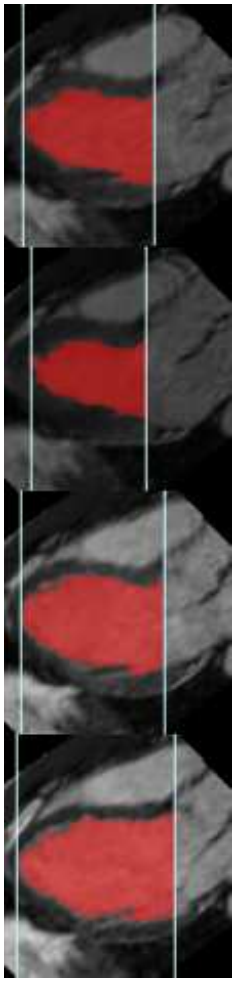


Abbildung 3.21: Die Abbildung zeigt die Bewegung und die damit verbundene Längsachsenverkürzung des LV's im sagittalen Schnitt. Von oben nach unten ist das segmentierte LV in einer systolischen, der endsystolischen, einer diastolischen und der enddiastolischen Herzphase abgebildet.

Der Ansatz arbeitet auf den Segmentierungsergebnissen der LV–Kontur in allen Herzphasen und in allen Schichten. Die Segmentierung wird durch den in Abschnitt 2.3.2 beschriebenen Segmentierungsalgorithmus durchgeführt. Zunächst wird für jede Schicht eine B–Spline Repräsentation der LV–Kontur bestimmt. Da sich die Längsachsen während des Herzzyklus verkürzen, können nicht die gleichen Schichten aller Herzphasen miteinander registriert werden. Zu diesem Zweck werden die im Vorverarbeitungsschritt bestimmten korrespondierenden Schichten verwendet, so dass die LV–Konturen der korrespondierenden Schichten miteinander registriert werden.
Für die Registrierung selbst wird ein elastisches Kontur–Kontur–Matching angewendet, das zwei B–Splines miteinander registriert (siehe Abschnitt 2.3.4).

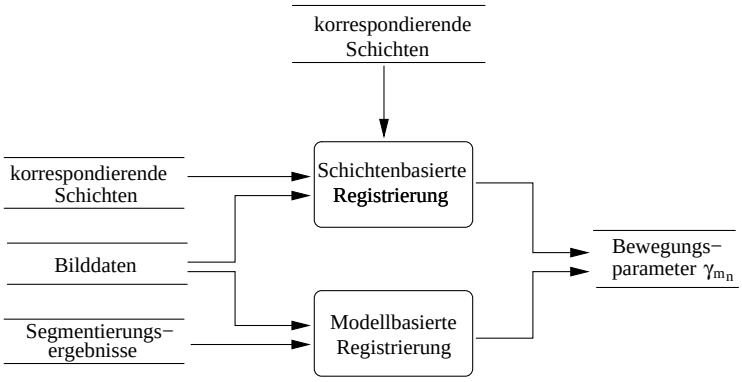


Abbildung 3.22: Die Registrierung wird durch eine schichtenbasierte oder eine modellbasierte Registrierung durchgeführt.

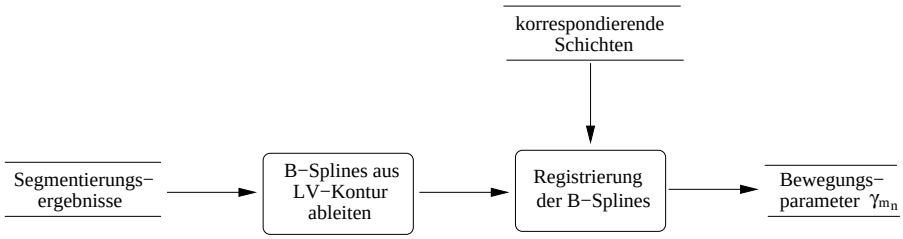


Abbildung 3.23: Schichtenbasierter Ansatz.

Modellbasierter Ansatz

Der modellbasierte Ansatz ist eng an das Verfahren von Bardinet [26] angelehnt, das bereits in Abschnitt 3.1.1 beschrieben wurde. Der linke Ventrikel wird durch das in Abschnitt 2.3.2 beschriebene Verfahren segmentiert. Aus den Segmentierungsergebnissen und einer Menge von 3D–Konturpunkten lässt sich nach Bardinet [26] unter Verwendung von Superellipsoiden ein 3D–Modell für jede Herzphase erstellen.
Aus den 3D–Modellen kann die Bewegung des LV's mittels einer elastischen Oberflächenregistrierung abgeleitet werden; eine solche Oberflächenregistrierung ist in [19] beschrieben (siehe auch Abschnitt 2.3.4).

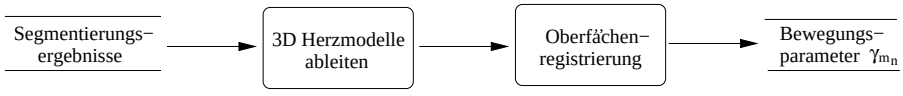


Abbildung 3.24: Modellbasierter Ansatz.

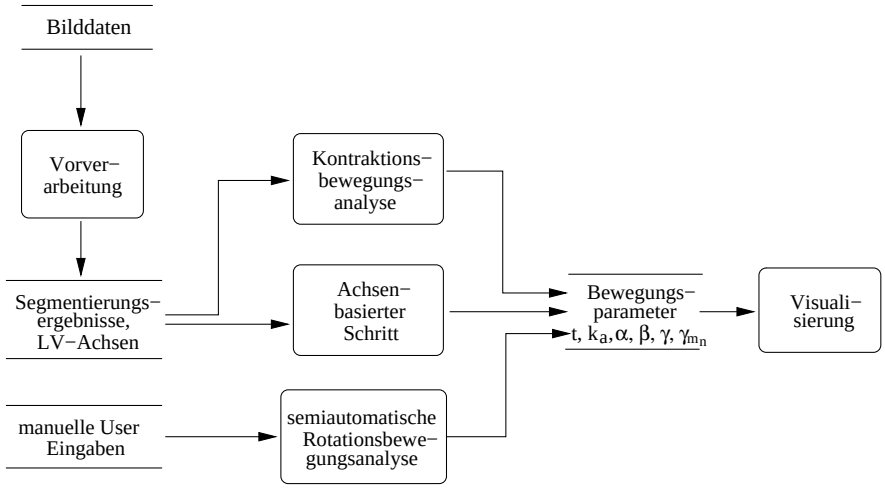


Abbildung 3.25: Konzept 3. Das Konzept besteht aus der Vorverarbeitung, der Kontraktionsbewegungsanalyse, dem achsenbasierten Schritt, der semiautomatischen Rotationsbewegungsanalyse und der Visualisierung.

3.5 Semiautomatisches Tracking– Konzept

Das dritte Konzept setzt sich aus Komponenten der ersten beiden Konzepte zusammen und ergänzt es um eine semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse. Das Koronar–arterien–Tracking des ersten Konzepts lässt sich aufgrund des zur Verfügung stehenden Datenmaterials nicht realisieren. Die schichten– und modellbasierte Registrierung im zweiten Konzept ist wegen des zeitlich begrenzten Rahmens einer Diplomarbeit nicht zu realisieren. Daher wird in diesem dritten Konzept eine umsetzbare Lösung gefunden, welche die Drehbewegung des LV's um die LV–Achse beschreibt.
Das praktisch realisierte Konzept ist in Abbildung 3.25 als Flussdiagramm dargestellt. Es setzt sich aus einem Vorverarbeitungsschritt, der Kontraktionsbewegungsanalyse, dem achsenbasierten Schritt, der semiautomatischen Rotationsbewegungsanalyse und der Visualisierung der Bewegungsparameter zusammen. Die Vorverarbeitung segmentiert den LV und berechnet aus den Segmentierungsergebnissen die LV–Achse. Die Berechnung der Längsachsenkontraktion bestimmt die Längenunterschiede der LV–Achsen während des Herzzyklus. Der achsenbasierte Schritt berechnet sowohl die Rotation und Translation zwischen den LV–Achsen der Herzphasen, als auch die korrespondierenden Schichten. Die semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse berechnet aus den manuell markierten LV–Konturpunkten die Bewegung des LV Gewebes um die LV–Achse. Im Visualisierungsschritt werden die berechneten Bewegungsparameter visualisiert.

3.5.1 Vorverarbeitung

Die Vorverarbeitung des semiautomatischen Tracking–Konzepts stimmt mit der des Registrierungs–Konzepts überein. Die einzelnen Komponenten sind in Abbildung 3.26 visualisiert. Die Vorverarbeitung segmentiert den linken Ventrikel und leitet aus den

Segmentierungsergebnissen die Längsachse des LV's ab (siehe Abschnitt 3.4.1).

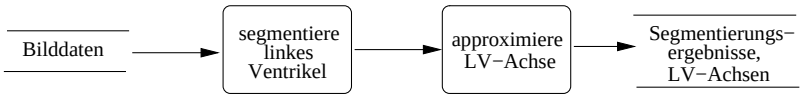


Abbildung 3.26: Die Vorverarbeitung des Registrierungs–Konzepts besteht aus zwei Schritten, aus der Segmentierung des linken Ventrikels und der Approximation der Längsachse des linken Ventrikels.

3.5.2 Kontraktionsbewegungsanalyse

Die Kontraktionsbewegungsanalyse des dritten Konzepts entspricht der des Koronararterien–Konzepts, das in Abschnitt 3.3.2 beschrieben ist. Die Kontraktionsbewegungsanalyse bestimmt die Längen und die Verkürzung der LV–Achsen für alle Herzphasen.

3.5.3 Achsenbasierter Schritt

Der achsenbasierte Schritt wird vom Registrierungs–Konzept übernommen (siehe Abschnitt 3.4.2). In Flussdiagramm 3.27 sind die einzelnen Komponenten abgebildet. Es werden die dreidimensionale Translationsbewegung $t = (t_x, t_y, t_z)^T$, drei Rotationsparameter $\alpha, \beta, \gamma)$ und die korrespondierenden Schichten in Abhängigkeit der Längsachsenverkürzung berechnet.

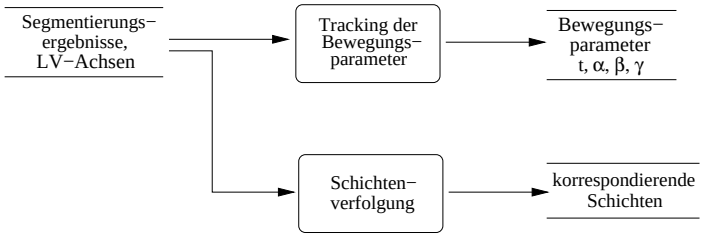


Abbildung 3.27: Der achsenbasierte Schritt berechnet die Bewegungsparameter $t = (t_x, t_y, t_z)^T$, α, β, γ und bestimmt die korrespondierenden Schichten.

3.5.4 Semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse

Die semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse berechnet auf der Grundlage manuell markierter Punkte die Rotationsbewegung des LV's.
Markante Punkte, so genannte Landmarken, werden in mehreren Herzphasen markiert, dabei werden jeweils die korrespondierenden Schichten berücksichtigt, die im achsenbasierten Schritt bestimmt wurden. Aus diesen Punktkorrespondenzen lässt sich die Rotationsbewegung ableiten. Durch eine Vielzahl von Punkten in mehreren Schichten, die in möglichst vielen Herzphasen markiert werden, erhält man präzise Informationen über die Herzrotation. Berücksichtigt man des Weiteren, dass das Herz an der Herzbasis und am Apex entgegengesetzt rotiert, sollte mindestens eine Schicht des Apikal–

Abbildung 3.28: Semiautomatische Berechnung der Rotationsbewegung γ_{m_n} um die LV–Längsachse.

und eine des Basal–Bereichs (siehe Abbildung 3.29) ausgewählt werden, in der Landmarken durch Mausinteraktion markiert werden. Die Bewegung des Mid–Bereichs ist relativ gering, da er sich zwischen zwei Regionen befindet, die entgegengesetzt rotieren. Dieser Bereich ist daher für die Diagnose wenig relevant.

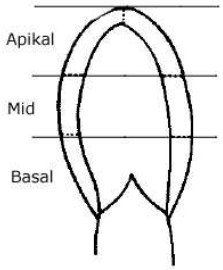


Abbildung 3.29: Horizontale Dreiteilung des linken Ventrikels in Apikal–, Mid– und Basal–Bereich.

Wie bereits in Abschnitt 2.2.2 beschrieben, setzt sich die Herzbewegung aus verschiedenen Teilbewegungen zusammen. Möchte man ausschließlich die Drehbewegung um die LV–Achse bestimmen, reicht es nicht aus, Landmarken zu wählen und aus diesen die Bewegung zu berechnen. Landmarken, die denselben anatomischen Punkt in mehreren Herzphasen markieren, rotieren daher um unterschiedliche Rotationszentren, die durch die LV–Achsen ihrer Herzphasen gegeben sind. Die markanten Punkte werden um ihr jeweiliges Rotationszentrum in Richtung Ursprung translatiert. Die Punkte rotieren nun um den Ursprung und die Translations– und Rotationsbewegung der LV–Achse ist aus der Rotationsberechnung eliminiert (siehe Abschnitt 2.3.7).
Im nächsten Schritt wird der Abstand aller markierten Punkte zum Ursprung normiert, dies eliminiert die Kontraktion des LV's aus der Berechnung der Drehbewegung. Aus den aktuellen Koordinaten der Punkte kann die Rotationsbewegung mittels Gleichung 3.22 berechnet werden.

$$\omega = \theta - \mu = \arccos\left(\frac{x'}{r_1}\right) - \arccos\left(\frac{x''}{r_1}\right) \tag{3.22}$$

Wie aus den Punktkorrespondenzen die Rotation berechnet werden kann, ist bereits in Abschnitt 2.3.7 beschrieben. Hier soll dennoch eine Übersicht der Einzelschritte erfolgen:

- Markierung von Punkten in mindestens zwei Herzphasen und in jeweils einer Schicht im apikalen und basalen Bereich; die korrespondierenden Punkte aus bspw. drei Herzphasen bilden jeweils ein korrespondierendes Punktetripel.

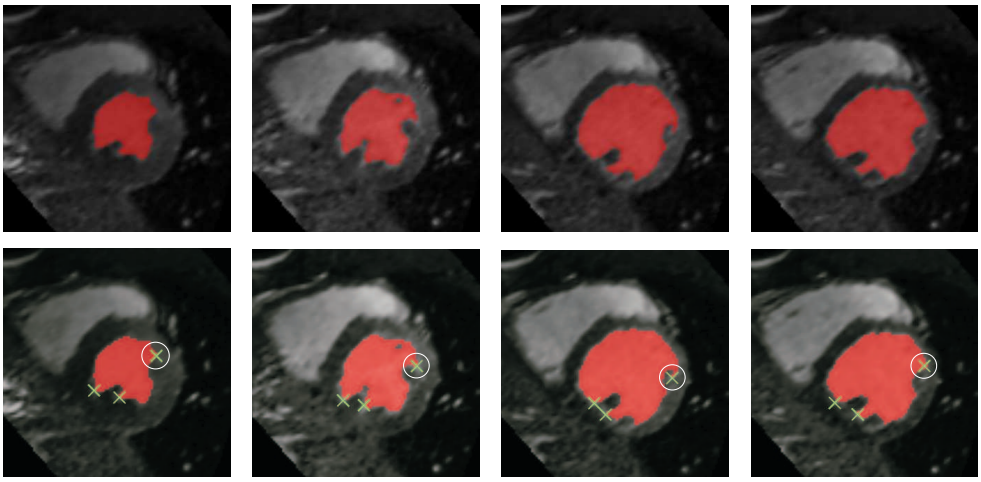


Abbildung 3.30: Die Abbildungen zeigen in der oberen und unteren Reihe jeweils vier axiale Schnitte der 9., 15., 18. und 21. Herzphase. Da die Papillarmuskulatur nicht mitsegmentiert wird, ergeben sich diese Einbuchtungen der LV–Kontur, die in allen vier abgebildeten Herzphasen enthalten sind. In der unteren Zeile sind jeweils drei Landmarken markiert. Die vier eingekreisten Punkte markieren denselben markanten Punkt der LV–Kontur. Solche Punktkorrespondenzen werden für die semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse verwendet.

- Translation der Rotationsmittelpunkte in den Ursprung. Alle markanten Punkte werden um ihren korrespondierenden Rotationsmittelpunkt translatiert; d.h. alle Punkte eines Punktetripels werden um unterschiedliche Werte translatiert, da sie unterschiedlichen Herzphasen angehören, die jeweils unterschiedliche Rotationsmittelpunkte haben; die Rotationsmittelpunkte sind durch die LV–Achse gegeben.
- Normierung des Abstands der Punkte eines Punktetripels zum Ursprung, so dass alle Abstände identisch sind.
- Berechnung der Rotationsbewegung um den Ursprung mittels Gleichung 3.22.

Je mehr Punkte markiert und für die Berechnung verwendet werden und in je mehr Schichten diese Punkte enthalten sind, umso detaillierter ist die daraus gewonnene Information über die Herzbewegung.

3.5.5 Visualisierung der Ergebnisse

Die Visualisierung der berechneten Bewegungsparameter soll zwei Anforderungen erfüllen: Sie soll einen visuellen Eindruck der Bewegung vermitteln und zusätzlich eine Visualisierung der Ergebnisse in Form von Diagrammen realisieren, aus denen der Grad der Bewegung präzise abgelesen werden kann. Ziel der beiden Visualisierungsvarianten ist es, einerseits einen Gesamteindruck der Bewegung zu vermitteln, andererseits durch die präzisen Angaben in den Diagrammen, die Diagnose von Krankheiten zu unterstützen.

Für den Gesamteindruck wird eine 4D–Darstellung (3D+Zeit) gewählt, die das pumpende Herz abbildet. Bei der Visualisierung wird die berechnete LV–Längsachse mit eingezeichnet, die während des Herzzyklus Position und Ausrichtung in Abhängigkeit von der Herzbewegung ändert. Durch die LV–Achse wird die Sack– und Kippbewegung des gesamten Herzens während des Herzzyklus deutlich.
Die Einzelkomponenten der Bewegung werden zusätzlich in zweidimensionalen Diagrammen abgebildet. Die Informationen, die in den Diagrammen visualisiert werden, sind:

Längsachsenverkürzung: Die Längsachsenverkürzung wird als Diagramm angezeigt, in dem alle Herzphasen auf der x– und die Länge der LV–Achsen auf der y–Achse des Koordinatensystems aufgetragen werden.

Drehende Rotationsparameter: Die Rotationsbewegung wird durch ein Diagramm visualisiert, bei dem auf der x–Achse alle Herzphasen aufgetragen werden; in y–Richtung wird der Rotationswinkel eingezeichnet. Die Rotation des basalen und des apikalen Bereichs des Herzens wird durch unterschiedliche Geraden im Diagramm abgebildet.

Abstände und Kippbewegung der LV–Achsen: Die Abstände der Achsen werden jeweils in Bezug zur enddiastolischen Herzphase bestimmt. Ein Diagramm bildet die Translationsergebnisse ab, in dem jeweils eine Gerade die Translation in x–, y– und z–Richtung angibt. Ein zweites Diagramm visualisiert die Rotation um die z–, die y– und die z–Achse, wobei jede Rotation jeweils durch eine eigene Gerade dargestellt wird.

Kapitel 4

Realisierung des semiautomatischen Trackings

Das semiautomatische Tracking–Konzept wird in C++ implementiert und in eine Software–Bibliothek, die *Medical Imaging Platform*, integriert, die für die Analyse medizinischer Bilddaten entwickelt wird (siehe Anhang C). Zusätzlich werden die Bibliotheken *Insight Segmentation and Registration Toolkit*[1] *(itk)*, *Visualization Toolkit*[2] *(vtk)*, *wxWidgets*[3] und *Boost*[4] verwendet.
Das Design der Implementierung ist bereits aus den Flussdiagrammen in Abschnitt 3.5 zu entnehmen. Es wird außerdem durch Klassen– und Sequenzdiagramme in diesem Kapitel präzisiert.

4.1 Berechnung der LV–Achse

Die LV–Achse wird für jede Herzphase aus einer Punktemenge approximiert. Für jede axiale Schicht wird der Schwerpunkt der segmentierten Region berechnet, so dass man bei n axialen Schichten des LV's die Achse aus n Schwerpunkten bestimmt. Durch die Vielzahl der Punkte wird die Präzision der Achsenausrichtung erhöht. Wird die Achsenberechnung durch den Anwender aufgerufen, werden die Achsen aller Herzphasen bestimmt und in einer Member–Variablen gespeichert, so dass sie bspw. für die Visualisierung nicht neu berechnet werden müssen.
Aus der Menge der Schwerpunkte wird ein Punkt und ein Richtungsvektor abgeleitet, durch die eine LV–Achse eindeutig definiert ist. Der LV ist durch den Apex und die Mitralklappe begrenzt. Die durch Punkt und Richtungsvektor definierte Gerade ist demnach ein Geradensegment, das durch den Anfangs– und Endpunkt eindeutig beschrieben werden kann. Die Achsen werden programmintern durch ihren Anfangs– und Endpunkt repräsentiert. Wechselt der Anwender die Herzphase, greift die Visualisierungskomponente auf die entsprechende intern abgespeicherte Achse zu.
Grundlage der Achsenberechnung ist die Qualität der Segmentierungsergebnisse und die Region, die für die Segmentierung gewählt wird. Für die Achsenbestimmung erge-

[1] http://www.itk.org
[2] http://www.vtk.org
[3] http://www.wxwidgets.org
[4] http://www.boost.org

ben sich zwei Möglichkeiten der Segmentierung: Entweder man segmentiert den LV ohne Papillarmuskulatur oder man segmentiert das Myokard und verwendet den gesamten inneren Bereich des Myokards als Grundlage für die Achsenbestimmung (LV + Myokard) (siehe Abbildung 4.1).
Die Segmentierung des LV's umfasst ausschließlich den mit Blut gefüllten Bereich des Ventrikels ohne Gewebe. Dieser Bereich lässt sich aufgrund des hohen Grauwertkontrasts sehr gut segmentieren. Die Segmentierungsergebnisse sind gekennzeichnet durch starke Ausbuchtungen der LV–Kontur (siehe Abbildung 4.1). Diese Ausbuchtungen erscheinen in der LV–Kontur, da die Papillarmuskulatur nicht mitsegmentiert wird. Die markante LV–Kontur beeinflusst die Schwerpunktberechnung und dadurch auch die Achsenbestimmung. Es stellt sich daher die Frage, ob die Segmentierung des LV's + Myokard für die Achsenbestimmung besser geeignet ist.
Bei der Segmentierung des LV's + Myokard wird der Herzmuskel, der den LV umgibt, mitsegmentiert. Der gesamte segmentierte Bereich ist größer und die Kontur regelmäßiger. Die Einbuchtungen der LV–Segmentierung gibt es bei der LV + Myokard–Segmentierung nicht, da die Papillarmuskulatur Teil des segmentierten Bereichs ist (siehe Abbildung 4.1).

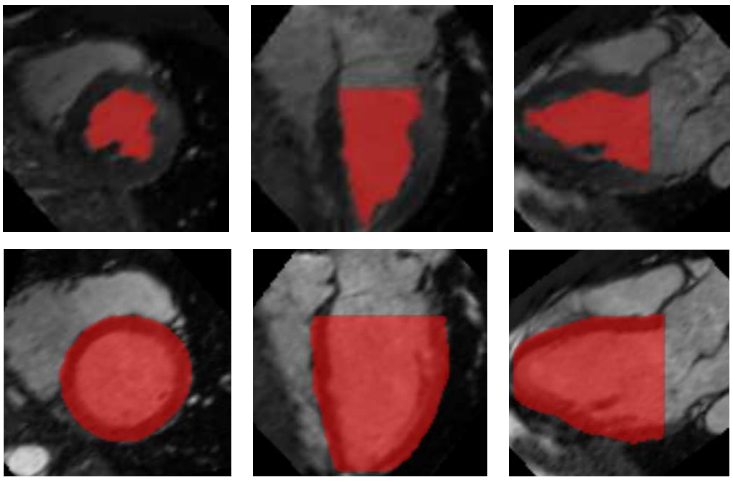


Abbildung 4.1: Beide Zeilen zeigen von links nach rechts jeweils eine axiale, koronare und eine sagittale Ansicht der Segmentierungsergebnisse. In der oberen Zeile sind die Segmentierungsergebnisse des LV's abgebildet, die untere Zeile zeigt die Ergebnisse der Segmentierung des LV's + Myokard.

In Abbildung 4.1 sind die Segmentierungsergebnisse der LV–Segmentierung und der Segmentierung des Myokards + LV abgebildet. Beide Verfahren liefern sehr gute Segmentierungsergebnisse. Grundsätzlich ist es sinnvoll, die LV + Myokard–Segmen–tierung für die Berechnung der Längsachse zu verwenden, da die Kontur regelmäßig ist. Die LV + Myokard–Segmentierung lässt sich allerdings in der aktuellen Implementierung nur mit einer begrenzten Anzahl von Datensätzen durchführen. Bei der Durchführung der LV + Myokard–Segmentierung mit einer Herzphase werden bereits 9372 KB Speicher alloziert. Da die Segmentierung Grundlage der Achsenbestimmung ist und aus den Achsen die Bewegung abgeleitet werden soll, werden alle

Herzphasen für diesen Schritt benötigt. Zum jetzigen Zeitpunkt ist das LV + Myokard–Segmentierungsverfahren nicht mit allen Herzphasen durchführbar, daher wird in den folgenden Schritten die Segmentierung des LV's als Grundlage für die Achsenbestimmung verwendet. Für die Weiterentwicklung des Verfahrens ist die Bestimmung der Achsen, die auf der Segmentierung des LV's + Myokards basiert, sinnvoll.

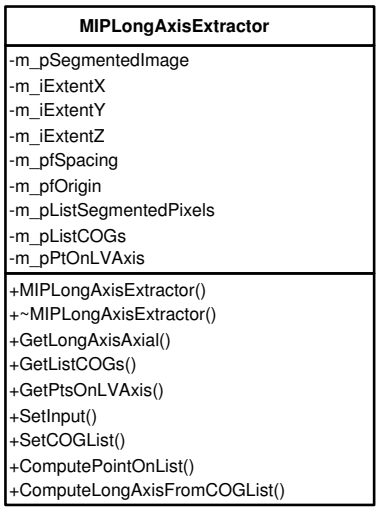


Abbildung 4.2: Die Klasse *MIPLongAxisExtractor* stellt die Funktionalität zur Berechnung der Längsachse aus einer Punktemenge zur Verfügung.

Die Klasse MIPLongAxisExtractor stellt Funktionen für die Berechnung eines Richtungsvektors und eines Punktes der Längsachse zur Verfügung. Eine weitere Funktion berechnet aus dem Punkt und dem Richtungsvektor Anfangs– und Endpunkt des Geradensegments. Via Set* und Get* Funktionen können für die Berechnungen benötigte Parameter gesetzt werden, außerdem können andere Klassen über diese Funktionalität auf die Ergebnisse zugreifen.

4.2 Achsenbasierter Schritt

Beim achsenbasierten Schritt wird die Translations– und Rotationsbewegung zwischen den Achsen verschiedener Herzphasen berechnet und es werden die korrespondierenden Schichten bestimmt. Bei der Berechnung ist die Reihenfolge zu beachten, in der Translation und Rotation bestimmt werden. Die Ergebnisse der Rotationsbewegung werden von der Reihenfolge nicht beeinflusst, da der Richtungsvektor nach der Translation einer Achse unverändert ist.
Flussdiagramm 4.3 visualisiert die Berechnung der Translations– und Rotationsbewegung unter Berücksichtigung der Reihenfolge.
Gegeben sind zwei Geradensegmente g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$, die im Vorverarbeitungsschritt aus den Segmentierungsergebnissen des LV's bestimmt werden. Zunächst wird der Schnittwinkel δ und ein orthogonaler Vektor o zu den Geraden g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ bestimmt. Für die Berechnung der Rotationsmatrix R aus δ und o wird die Rodrigues–Formel verwendet. In Abschnitt 2.3.6 ist beschrieben, wie man aus R die drei Eulerwinkel α,

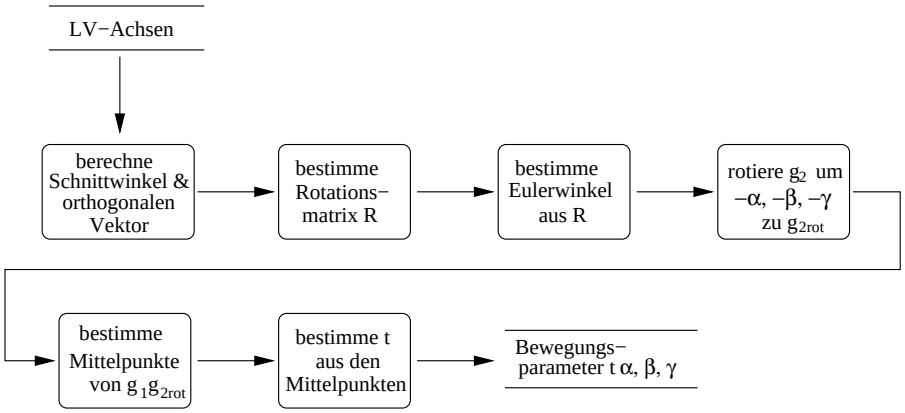


Abbildung 4.3: Das Flussdiagramm gibt einen Überblick über die Berechnung der Translation und Rotation aus den Längsachsen.

β und γ ableitet. Die drei Eulerwinkel geben an, wie die Gerade g_{t_i} um die Winkel α, β und γ rotiert werden muss, damit g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ dieselbe Ausrichtung haben.
Haben beide Geraden dieselbe Ausrichtung, so muss ihre Position im Raum nicht unbedingt identisch sein. Daher wird die Gerade $g_{t_{i+1}}$ um $-\alpha$, $-\beta$ und $-\gamma$ rotiert, so dass g_{t_i} und die rotierte Gerade $g'_{t_{i+1}}$ dieselbe Ausrichtung haben. Anschließend werden die Mittelpunkte beider Geradensegmente bestimmt und die 3D–Translation als Differenz der beiden Mittelpunkte berechnet.
Für die Auswertung der Lage zweier Geraden wird der Abstand der Geraden in x–, y– und z–Richtung bestimmt. Für diese Auswertung wird der Abstand beider Geradensegmente am Anfangs– und Endpunkt in x–, y– und z–Richtung bestimmt. Bei der Abstandsberechnung der Achsen ist zu berücksichtigen, dass die Geradensegmente unterschiedlich lang sein können.
Die Klasse MIPLVAxisAnalyzer 4.4 enthält alle Funktionen zur Auswertung der Längsachsen. Dazu gehört die Längenberechnung und die Bestimmung der Translations– und Rotationsbewegung zwischen den Achsen. Es wird außerdem eine Funktionalität zur Auswertung und zum Vergleich der Achsen zur Verfügung gestellt; sie berechnet den Abstand zwischen jeweils zwei Achsen in x–, y– und z–Richtung.

4.3 Drehende Rotationsbewegung

Für die drehende Rotationsbewegung werden Landmarken benötigt, die der Anwender manuell in mehreren Herzphasen markiert. Der Anwender markiert markante Punkte der LV–Kontur, deren Bewegung während des Herzzyklus verfolgt wird. Die manuell markierten Punkte und die berechneten LV–Achsen werden als Eingabe für die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung verwendet.
Ein Vorteil für die Rotationsberechnung ergibt sich durch die LV–Segmentierung. Wird nur der LV segmentiert, kann der Anwender Punkte der Papillarmuskulatur wählen, die für die rotierende Bewegung verfolgt werden. Bei der regelmäßigen Kontur des Myokards sind solche Punkte weniger leicht zu finden oder lassen sich zumeist nicht über den gesamten Herzzyklus verfolgen.

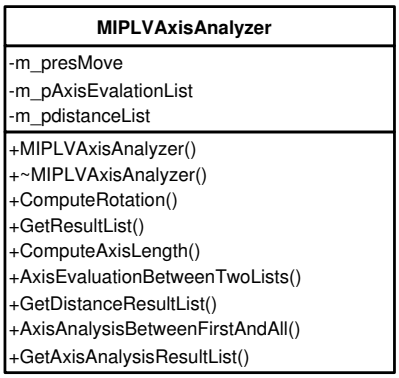


Abbildung 4.4: Die Klasse *MIPLVAxisAnalyzer* stellt diverse Funktionen für die LV–Achsenanalyse zur Verfügung.

Neben der Wahl der Landmarken ist auch die Anzahl der Punkte für die Qualität der Ergebnisse von Bedeutung. Ausgewählte markante Punkte müssen in jeder Herzphase, die für die Bewegungsanalyse berücksichtigt werden sollen, markiert werden. Da das Herz an der Herzbasis und am Apex entgegengesetzt rotiert, ist es empfehlenswert, mindestens eine Schicht aus dem apikalen und dem basalen Bereich zu wählen. Innerhalb jeder Schicht ist ein Punkt ausreichend, jedoch wird die Bewegung erst durch mehrere Punkte präzise beschrieben. Der Mid–Bereich ist der Übergangsbereich zwischen den beiden angrenzenden Regionen, die in entgegengesetzte Richtungen rotieren. In diesem Bereich ist die Rotation sehr gering, daher ist dieser Bereich für die Diagnose wenig relevant.
Je mehr Herzphasen für die Berechnung der Herzrotation verwendet werden, desto differenzierter ist die Information, die man über die Bewegung des LV's erhält.
Für die Analyse der drehenden Herzbewegung soll zunächst geprüft werden, ob der Herzmuskel des LV's um den Schwerpunkt des LV's rotiert. Dafür muss mindestens ein charakteristischer Punkt der LV–Kontur in mindestens drei Herzphasen ausgewählt werden. Aus jeweils zwei Punkten aufeinanderfolgender Herzphasen, die den gleichen Punkt zu unterschiedlichen Zeitpunkten markieren, also aus den Punkten p_0 und p_1 und aus den Punkten p_1 und p_2, wird eine Gerade berechnet. Zu diesen beiden Verbindungsgeraden wird jeweils eine Orthogonale bestimmt (siehe Abbildung 4.5). Für die drei Punkte der drei Herzphasen ergeben sich demnach zwei Geraden, die sich in einem Punkt, dem Rotationsmittelpunkt m, schneiden.
Dieser Ansatz zur Bestimmung des Rotationszentrums ist als Pipeline realisiert, die in die MIP entsprechend Klassendiagramm 4.6 implementiert ist. Die Pipeline besteht aus den Einzelkomponenten ROI1, affine Transformation, ROI2 und Berechnung des Rotationszentrums.
In einem ersten Test soll geprüft werden, ob dieser Rotationsmittelpunkt dem Schwerpunkt des LV's der aktuellen Schicht entspricht. Der Rotationsmittelpunkt in Schicht 44 liegt bei $(155.39, 145.21, 44)$ und in Schicht 38 bei $(156.52, 145.67, 38)$. In Tabelle 4.1 sind die berechneten Rotationsmittelpunkte und die zugehörigen Rotationswinkel aufgelistet.
Die berechneten Rotationsmittelpunkte bewegen sich nicht um den erwarteten Schwer-

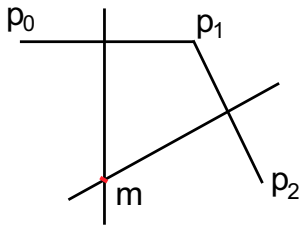


Abbildung 4.5: Berechnung des Rotationsmittelpunkts aus drei Punkten.

punkt. Viele befinden sich im Bildursprung bzw. in dessen unmittelbarer Nähe. Ein Punkt liegt im mittleren Bereich des Bildes, jedoch befindet er sich nicht in der Nähe des Schwerpunkts. Aus den berechneten Mittelpunkten kann man folgern, dass die Bewegung des Herzens von zu vielen Einzelbewegungen, nämlich Kontraktions–, Translations– und Rotationsbewegung, beeinflusst wird, als dass sich die Rotationswinkel und die Rotationsmittelpunkte unmittelbar berechnen ließen. Es muss zunächst die Translations– und die Kontraktionsbewegung herausgerechnet werden, so dass sich aus den markierten Punkten die reine Rotationsbewegung ableiten lässt. Dies führt zu sinnvollen Ergebnissen, sofern man die Rotation der Punkte in Bezug zum ermittelten Schwerpunkt der jeweiligen Schicht berechnet.
Da dieser erste Test ergeben hat, dass man durch die Bewegungsverfolgung der Landmarken nicht unmittelbar auf das Rotationszentrum schließen kann, wird ein alternativer Weg zur Berechnung der drehenden Rotationsbewegung gewählt. Da sich die gesamte LV–Kontur während des Herzzyklus bewegt und man weiß, dass die basale und apikale Region in entgegengesetzte Richtungen rotieren, wird für die weiteren Berechnungsschritte festgelegt, dass die Kontur des LV's innerhalb einer Schicht um den korrespondierenden Punkte der LV–Achse rotiert. Unter dieser Annahme wurden die Berechnungen der drehenden Rotationsbewegung, wie sie in 2.3.7 beschrieben sind, durchgeführt und implementiert.

Die Klasse MIPCardiacTwistAnalyzer berechnet die drehende Rotationsbewegung. Grundlage der Berechnung sind die vom Anwender markierten Punkte der LV–Kontur. Das Rotationszentrum ist durch die Längsachse des LV's gegeben. Für jede Schicht, in der der Anwender Landmarken wählt, wird der Schnittpunkt zwischen der LV–Achse und der aktuellen Schicht bestimmt. Dieser Punkt wird als Rotationszentrum festgelegt und die Rotationswinkel in Bezug zu diesem Rotationsmittelpunkt bestimmt.
Sequenzdiagramm 4.7 gibt einen Überblick über die Einzelkomponenten der Rotationsbewegungsberechnung. Für die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung werden drei Typen von Eingabeparametern benötigt:

- manuell gewählte Landmarken der LV–Kontur,
- die LV–Achsen,
- weitere Parameter, z.B. die Anzahl der gewählten Landmarken, Herzphasen und Schichten.

Schicht	Herzphasen	Mittelpunkte		
44	0, 1, 2	4	3	44
44	0, 1, 2	-8	-9	44
44	0, 1, 2	0	0	44
44	0, 1, 2	0	0	44
44	0, 1, 2	0	-1	44
44	0, 1, 2	0	0	44
44	0, 1, 2	0	1	44
44	0, 1, 2	0	0	44
38	10, 17, 24	123	117	38
38	10, 17, 24	4	4	38
38	10, 17, 24	1	0	38
38	10, 17, 24	38	39	38
38	10, 17, 24	-1	0	38
38	10, 17, 24	0	0	38

Tabelle 4.1: Für die Bestimmung der Rotationsmittelpunkte wurden Landmarken in der 38. und 44. axialen Schicht markiert. Aus den korrespondierenden Punkten, die einmal in der 0., 1., 2. und einmal in der 10., 17., 24. Herzphase ausgewählt wurden, konnten die Rotationsmittelpunkte berechnet werden. Der erwartete Rotationsmittelpunkt ist der Schwerpunkt der segmentierten Region und liegt in der 44. Schicht bei $(155.39, 145.21, 44)$ und in der 38. Schicht bei $(156.52, 145.67, 38)$. Die erwarteten Werte stimmen mit den berechneten Mittelpunkten nicht überein, daher lassen sich die Rotationsmittelpunkte nicht unmittelbar aus den Landmarken berechnen. (Angaben in Voxeln)

4.4 Visualisierung der Herzbewegung

Aus den Berechnungen der drei zuvor beschriebenen Abschnitte ergeben sich globale und lokale Bewegungsparameter. Die berechnete Bewegung wird mittels verschiedener *vtk*–Plotfunktionen in Diagrammen visualisiert. Die Visualisierung ist Teil der Ergebnisumsetzung, die vom fachkundigen Benutzer für die Diagnose genutzt werden kann.
Die beiden Sequenzdiagramme 4.9 und 4.10 bilden die Einzelschritte zur Visualisierung der Schwerpunkte und der LV–Achsen in den medizinischen Bilddaten ab. Die LV–Achsen werden sowohl in den 2D–Darstellung, also in der axialen, der sagittalen und der koronaren Schicht, als auch in der 3D–Ansicht eingezeichnet. Lässt man den 4D–Datensatz abspielen, sieht man die pumpende Herzbewegung in der axialen, der koronaren, der sagittalen und in der 3D–Darstellung; zeitgleich kann man die LV–Achsen anzeigen lassen, an deren Bewegung die Sack– und Kippbewegung während des Herzzyklus besonders deutlich wird.

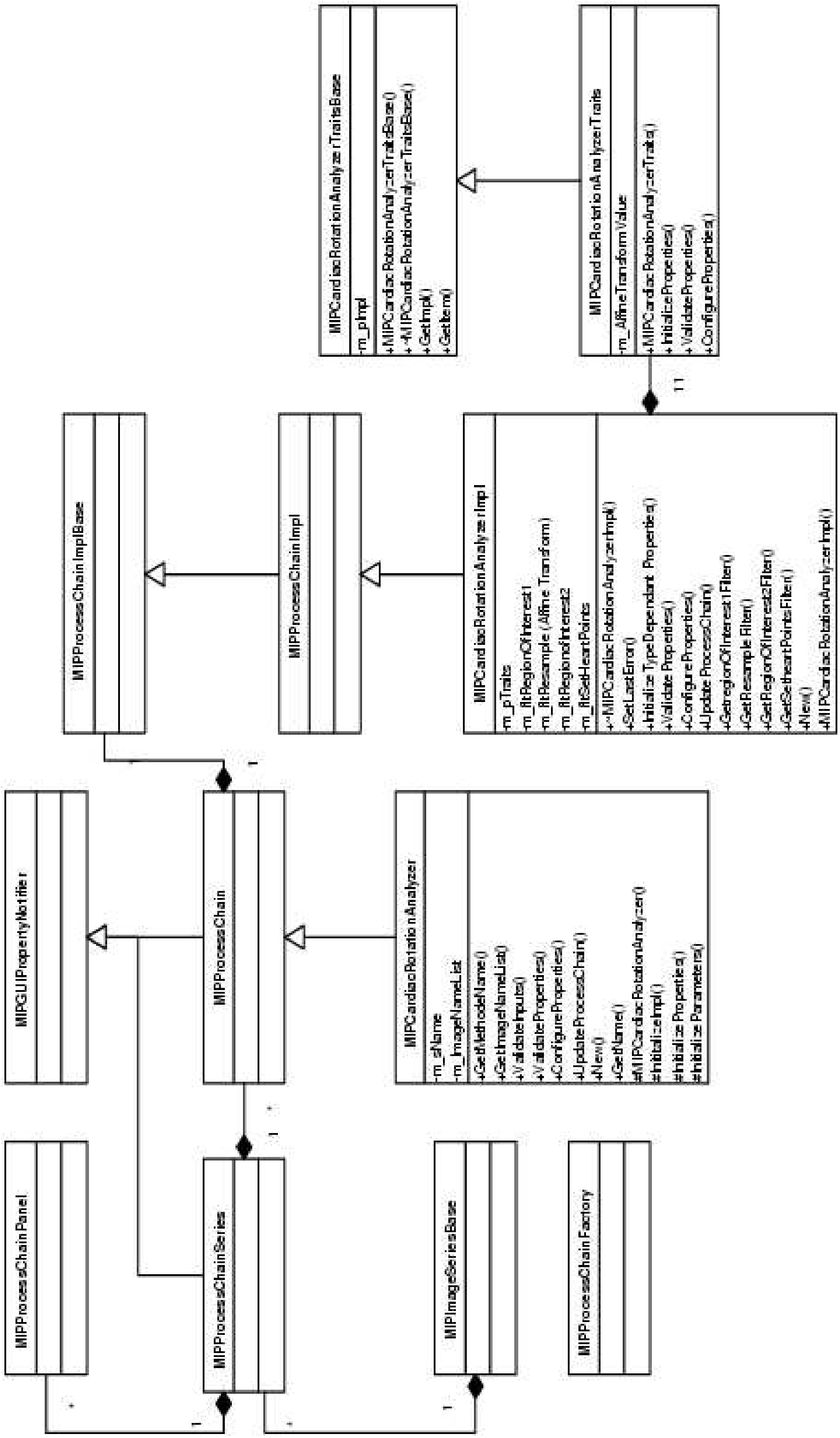


Abbildung 4.6: UML–Diagramm zur Implementierung der Rotation um die LV–Achse.

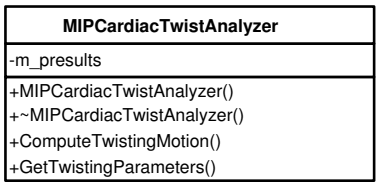


Abbildung 4.7: Die Klasse *MIPCardiacTwistAnalyzer* berechnet die Rotationsbewegung des LV's um die Längsachse.

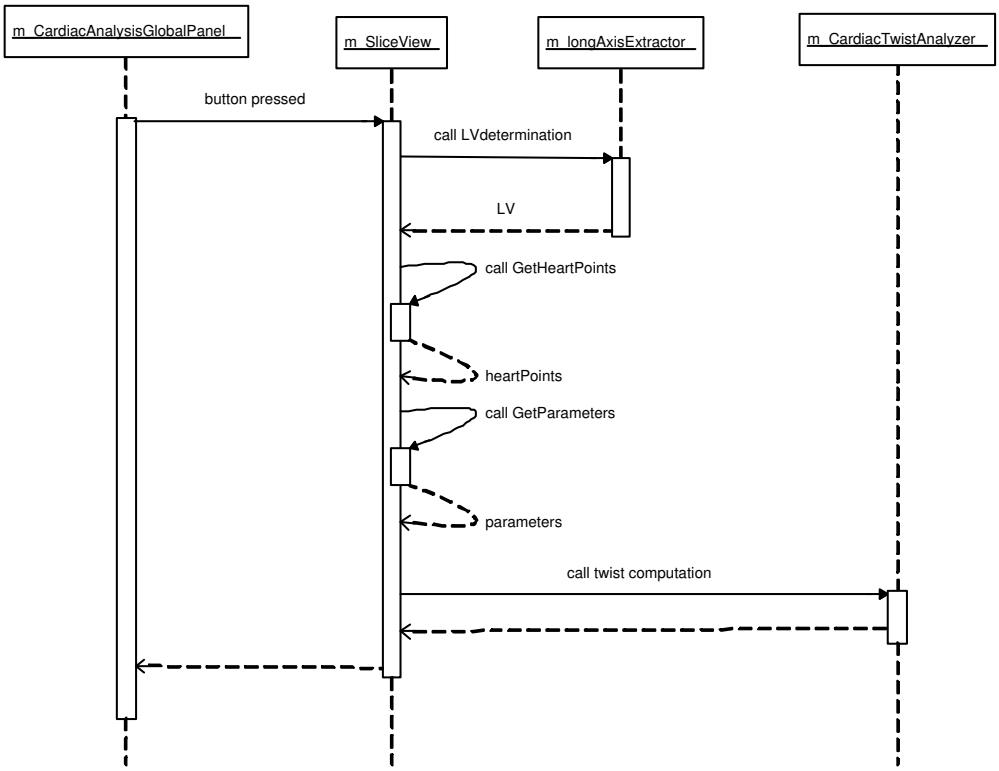


Abbildung 4.8: Sequenzdiagramm zur Berechnung der Rotationsbewegung um die Längsachse.

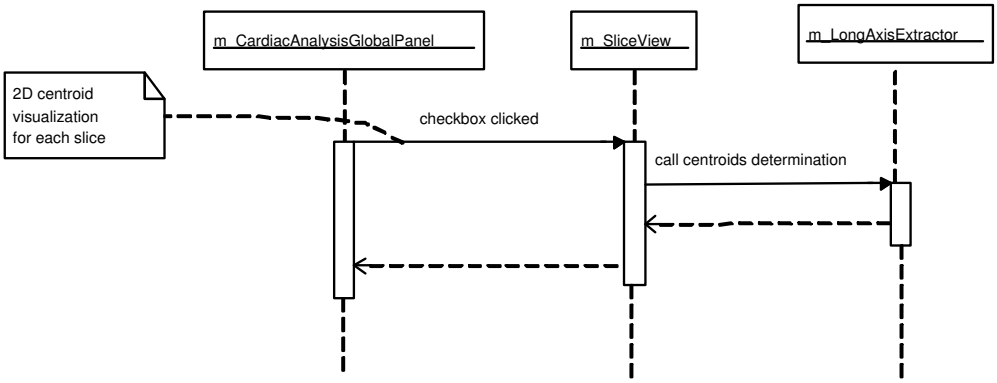


Abbildung 4.9: Vorgehensweise zur Visualisierung der Schwerpunkte

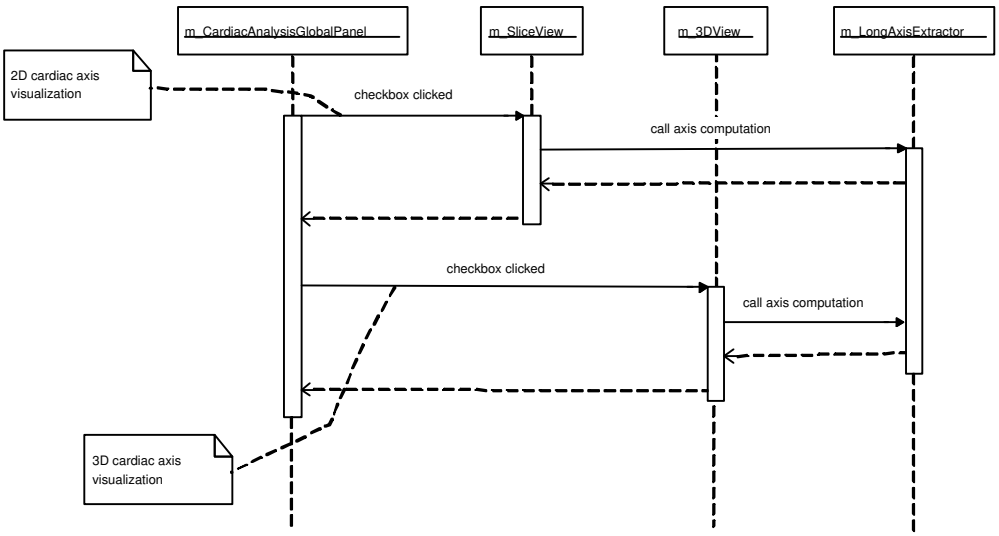


Abbildung 4.10: Visualisierung der LV–Achse

Kapitel 5

Tests und Ergebnisse

In diesem Kapitel werden Tests durchgeführt, die das entwickelte Verfahren überprüfen und eine Bewertung ermöglichen. Für die Tests stehen 6 MRI– und 3 CT–Datensätze der Uniklinik Frankfurt und des Klinikums Offenbach zur Verfügung. Zwei der drei CT–Datensätze (CT–2 und CT–3) können für die Tests nicht verwendet werden, da die Bilddaten stark verrauscht sind und der Kontrast der Bilddaten sehr gering ist. Die Segmentierung des LV's ist bei diesen Datensätzen nicht durchführbar. Tabelle 5.1 listet alle Datensätze mit Angaben zur Auflösung, der Voxelgröße und zur Anzahl der Herzphasen auf.
Für die Tests stehen ausschließlich Bilddaten von pathologischen Herzen zur Verfügung. Es ist stets anzustreben, das entwickelte Verfahren sowohl mit gesunden Herzen, als auch mit pathologischen Daten zu testen und die Ergebnisse zu vergleichen. Bei gesunden Herzen kann eine normale Herzbewegung vorausgesetzt werden, daher werden vor allem gesunde Herzen für die Bewertung bzw. den Vergleich mehrerer Verfahren verwendet. Bei pathologischen Herzdaten kann es durch die Erkrankung zu einer Veränderung der Herzbewegung kommen, dies erschwert die Auswertung des entwickelten Verfahrens. Für die weiterführende Arbeit ist vorgesehen, die Tests auch

Bezeichnung	**Anz. HP**	**Auflösung**	**Voxelgröße**
MRI–1	25	$256 \times 256 \times 32$	$1.37 \times 1.37 \times 5$
MRI–2	20	$256 \times 256 \times 12$	$1.37 \times 1.37 \times 8.0$
MRI–3	20	$256 \times 256 \times 11$	$1.37 \times 1.37 \times 8.0$
MRI–4	20	$256 \times 256 \times 10$	$1.37 \times 1.37 \times 8.0$
MRI–5	20	$256 \times 256 \times 12$	$1.37 \times 1.37 \times 8.50$
MRI–6	17	$256 \times 256 \times 11$	$1.37 \times 1.37 \times 8.0$
CT–1	16	$512 \times 512 \times 284$	$0.40 \times 0.40 \times 0.5$
CT–2	17	$512 \times 512 \times 284$	$0.40 \times 0.40 \times 0.5$
CT–3	6	$512 \times 512 \times 312$	$0.28 \times 0.28 \times 0.6$

Tabelle 5.1: Übersicht über alle MRI– und CT–Datensätze, mit denen das Verfahren getestet wird. Die Datensätze CT–2 und CT–3 können für die Tests nicht verwendet werden, da sie zu stark verrauscht sind und eine Segmentierung des LV's auf den Bilddaten nicht durchgeführt werden kann.

auf gesunden Herzdaten durchzuführen, sobald diese verfügbar sind. Wegen der hohen Komplexität der Herzbewegung wird die Gesamtbewegung nicht durch einen, sondern durch mehrere Tests geprüft. Aus den Tests der Einzelkomponenten soll ein Gesamtfazit des entwickelten Verfahrens abgeleitet werden.
Zunächst werden alle Tests auf den MRI–Datensätzen durchgeführt; im Anschluss wird geprüft, ob sich alle Bewegungsparameter auch auf dem CT–Datensatz berechnen lassen.

5.1 Achsenbasiertes Tracking

Das achsenbasierte Tracking besteht aus der Bestimmung der LV–Achse und der Berechnung der Rotations– und Translationsbewegung aus den LV–Achsen. Dieser Abschnitt beschreibt folgende Tests und Ergebnisse, die für diese beiden Komponenten durchgeführt wurden:

- Anwendertest, der die Position und Orientierung der LV–Achse testet,
- Abstandsbestimmung der LV–Achse zu den Schwerpunkten,
- Analyse der Rotations– und Translationsergebnisse,
- Darstellung der Ergebnisse.

Im ersten Test wird die Position und Orientierung der LV–Achse geprüft, indem sie mit einer vom Anwender manuell definierten Achse verglichen wird. Die LV–Achse wird in der MIP voll automatisch aus den Schwerpunkten der axialen Schicht bestimmt, daher wird diese in den folgenden Absätzen als die automatische Achsenbestimmung bezeichnet. Sie wird mit einer Achse verglichen, die der Anwender im Datensatz definiert, indem er zwei Punkte (bspw. Anfangs– und Endpunkt des Geradensegments) festlegt. Diese Achse wird in den folgenden Absätzen als die manuell definierte Achse bezeichnet.
Beide Achsen werden verglichen, indem ihr Abstand in x–, y– und z–Richtung bestimmt wird. Aus dem Abstand der Achsen wird die Qualität der automatischen Achsenbestimmung beurteilt.

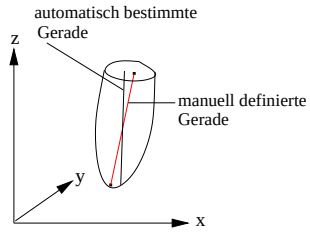


Abbildung 5.1: Die Abbildung zeigt die aus den Schwerpunkten approximierte Gerade (schwarz) und die vom Anwender manuell definierte Gerade (rot). Der Anwender definiert die rote Gerade durch zwei Punkte, die er innerhalb der Bilddaten markiert.

Abbildung 5.1 zeigt eine Skizze des LV's mit zwei eingezeichneten Geraden. Die schwarze Achse repräsentiert die durch den Algorithmus berechnete Gerade, während die rote Achse die vom Anwender durch zwei Punkte definierte Achse darstellt.
Die Korrektheit der Achsenbestimmung wird in Bezug auf ihre Position und Orientierung getestet. Der Test wird mit sechs MRI–Datensätzen durchgeführt (siehe Tabelle 5.1). In jedem Datensatz werden jeweils vier Herzphasen gewählt, in denen die LV–Achsen automatisch und manuell bestimmt werden. Die vier Herzphasen sind die enddiastolische (ED HP) und die endsystolische Herzphase (ES HP), sowie jeweils eine Herzphase, die sich in der Mitte der Systole (S HP) und in der Mitte der Diastole (D HP) befinden.
Die automatisch und manuell definierten Achsen sind innerhalb derselben ROI2 definiert; auch die Steigung beider Geraden ist sehr ähnlich, daher ist der Abstand der Achsen in z–Richtung gleich Null. Für jeden Datensatz werden jeweils zwei Diagramme erstellt, von denen eines den Abstand in x– und eines den Abstand in y–Richtung angibt.
Der Abstand beider Achsen wird in *mm* gemessen. Die Ergebnisse sind exemplarisch am Beispiel des MRI–1 Datensatz in den Diagrammen 5.2 und 5.3 abgebildet. Die Diagramme der Datensätze MRI–2 bis MRI–6 sind in Anhang A angefügt.

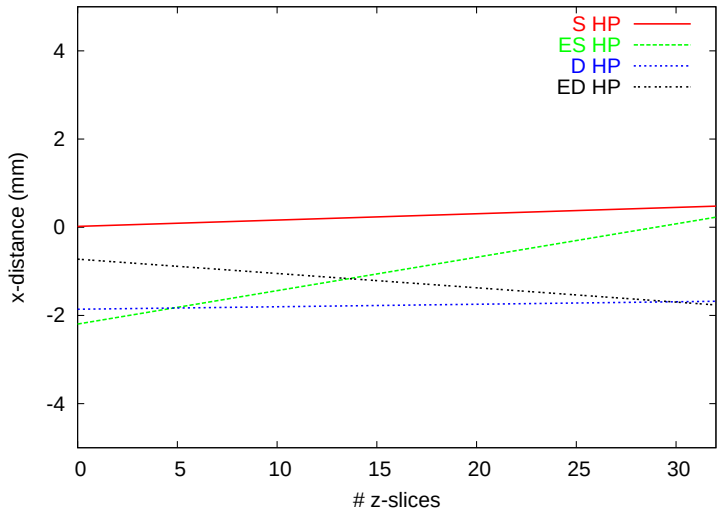


Abbildung 5.2: Abstand in x–Richtung zwischen den vom Anwender durch zwei Punkte manuell definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Datensatz MRI–1

Der Abstand der Geraden liefert durchweg gute Ergebnisse. Die Position der manuell und der automatisch bestimmten Achsen ist sehr ähnlich; fast alle Geraden sind um den Nullpunkt der y–Geraden angeordnet. Der Abstand der Geraden ist sehr gering und liegt im Verlauf aller Herzphasen zwischen 0.1 *mm* und 3.44 *mm*. Die Orientierung der automatisch berechneten und manuell definierten Geraden ist demnach sehr ähnlich. Aus den Diagrammen kann keine eindeutige Tendenz abgelesen werden, ob der Fehler am Apex (0. z–Schicht) oder an der Herzbasis (32. z–Schicht) größer ist, da dies je nach Datensatz unterschiedlich ist.

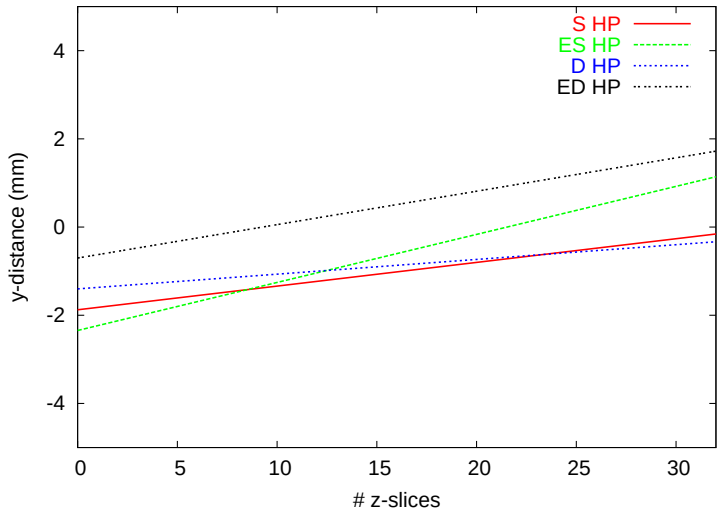


Abbildung 5.3: Abstand in y–Richtung zwischen den vom Anwender durch zwei Punkte definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Datensatz MRI–1

Der Abstand der Achsen ist auf verschiedene Aspekte zurückzuführen. Der basale und der Mid–Bereich haben eine kompakte Form und eine regelmäßige Ausrichtung, während der apikale Bereich leicht gekippt ist und seine Ausrichtung daher mit der des basalen und des Mid–Bereichs nicht vollständig übereinstimmt (siehe Abbildung 5.9). Der apikale Bereich umfasst ca. 33 % der gesamten LV–Achsenlänge und beeinflusst die Achsenbestimmung daher zu einem Drittel. Beim Anwender, der die Achse nach optischen Aspekten definiert, kann nicht beurteilt werden, wie stark die Krümmung des apikalen Bereichs die Achsenausrichtung beeinflusst. Die Position und Orientierungsunterschiede der LV–Achse sind zu einem großen Teil auf die unterschiedliche Berücksichtigung des apikalen Bereichs zurückzuführen.

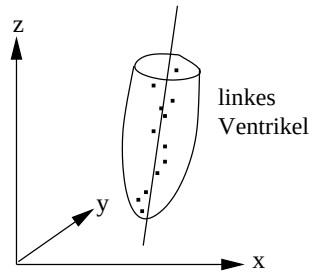


Abbildung 5.4: Abgebildet sind die LV–Achse und die Schwerpunkte der q aus der die Achse approximiert wurde.

Die LV–Achse wird aus den Schwerpunkten aller axialen Schichten angenähert, daher bestimmt die zweite Komponente dieses Abschnitts den Abstand aller Schwerpunkte zur LV–Achse. Der LV ist kein symmetrischer Körper, daher befinden sich die mei-

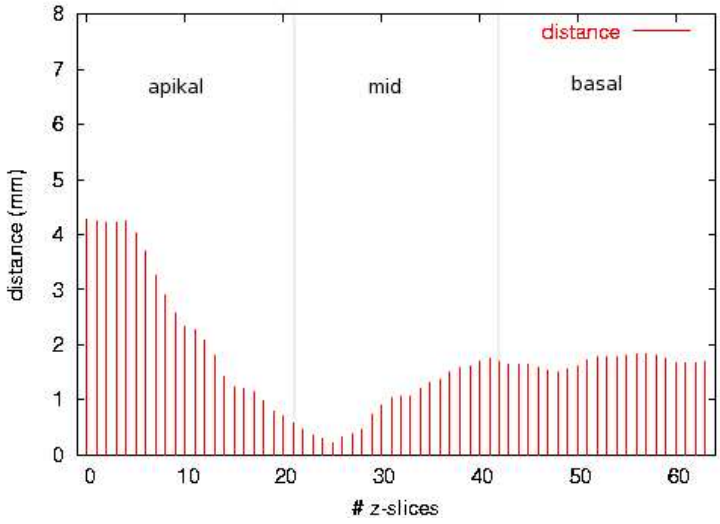


Abbildung 5.5: Abgebildet ist der Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse in *mm*. Die LV–Achse wird aus den Schwerpunkten aller axialen Schichten approximiert.

sten Punkte nicht unmittelbar auf der Geraden, wie dies in Abbildung 5.4 abgebildet ist. In Abbildung 5.5 wird der Abstand aller Schwerpunkte zur LV–Achse dargestellt. Abgebildet ist der Abstand für die 23. Herzphase des Datensatzes MRI–1, von der 0. apikalen bis zur 64. basalen Schicht. Für jeden Punkt wird der Abstand über das Lot des Punktes auf die Gerade bestimmt. Der Abstand liegt zwischen 0.2 *mm* und 4.2 *mm* und ist im apikalen Bereich am größten. Der Abstand zwischen LV–Achse und Schwerpunkt ist in der 25. Schicht minimal und nimmt im basalen Bereich wieder zu, jedoch weniger stark als im apikalen Bereich. Im basalen Bereich liegt der maximale Abstand bei maximal 1.8 *mm*. Eine mögliche Erklärung für die Abstände der Schwerpunkte zur LV–Achse, die in den anderen Herzphasen ähnliche Abstandsverteilungen ergeben, ist die leichte Krümmung des LV's am Apex, die auch in den Abbildungen 5.9 erkennbar ist. Der Bereich vom minimalen Abstand des Schwerpunkts zur LV–Achse (25. Schicht) bis zum oberen Ende des basalen Bereich entsprechen 62.5 % des LV's in Längsachsenrichtung. Dieser Bereich des LV's hat eine einheitliche Ausrichtung und großen Einfluss (62.5 %) auf die Position und Orientierung der Achse, daher ist der Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse in diesem Bereich relativ konstant und gering. Der apikale Bereich umfasst nur ein Drittel der gesamten LV–Länge und hat daher weniger Einfluss auf die Ausrichtung der Achse, als der basale und der Mid–Bereich. Neben dem geringeren Einfluss hat der apikale Bereich eine geringfügig andere Ausrichtung als der basale und der Mid–Bereich, dadurch sind die Abstände der Schwerpunkte in diesem Bereich am Größten.

Die dritte Komponente analysiert die Rotations– und Translationsbewegung, die aus den Positionen der LV–Achsen zu verschiedenen Zeitpunkten des Herzzyklus abgeleitet werden (vgl. Abschnitt 3.3.3). Die Ergebnisse der Rotations– und Translationsberechnung sind in den Diagrammen 5.6 und 5.7 abgebildet.
Die Translation wird im Weltkoordinatensystem jeweils im Bezug zur enddiastoli-

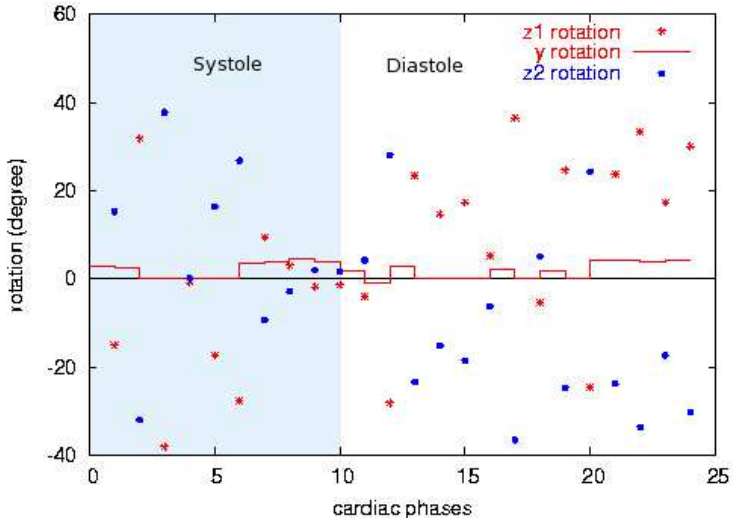


Abbildung 5.6: Rotation aller Herzphasen am Beispiel des Datensatzes MRI–1. Die Rotation des Objektes im Objektkoordinatensystem ist definiert als Rotation um die z–, y– und wieder um die z–Achse.

schen Herzphase bestimmt. Aus Abbildung 5.7 ist ersichtlich, dass es sich um eine kontinuierliche Bewegung in x–, y– und z–Richtung handelt.
Die Rotation ist definiert als Abfolge einer Rotation um die z–Achse, um die y–Achse und wieder um die z–Achse. Der Betrag der ersten und dritten Rotation unterscheidet sich maximal um 1.2°. Die Amplitude der Rotation um die y–Achse liegt bei 5°. Die gesamte Rotation des LV's ist sehr gering, jedoch können die Ärzte aus den Rotationswinkeln keine direkte Vorstellung der Bewegung gewinnen, dies ist wiederum auf die Rotationsreihenfolge zurückzuführen.
Eine intuitive Rotationsreihenfolge ist die Rotation um die x–, y– und die z–Achse des Weltkoordinatensystems, da man sich die Kippbewegung der LV–Achse anhand dieser Rotationswinkel vorstellen kann. Aus der Rotationsmatrix lassen sich die Rotationswinkel um die x–, y– und z–Achse allerdings nicht unmittelbar ableiten, so dass man die Rotationsreihenfolge zunächst einschränken muss, um anschließend die Eulerwinkel berechnen zu können. Eine mögliche Einschränkung der Rotationsreihenfolge ist die Rotation um die z–, um die y– und wieder um z–Achse. Es gibt jedoch keine triviale Lösung mit der man die Rotationswinkel um die x–, y– und die z–Achse aus den berechneten Winkeln ableiten kann.
Eine Möglichkeit die Rotationswinkel um die x–, y– und z–Achse zu bestimmen, ist eine geometrische Lösung:

- Die Achsenmittelpunkte werden in den Ursprung des Weltkoordinatensystem translatiert.
- Die Eulerwinkel können als Schnittwinkel zwischen Ebenen berechnet werden, wobei die Ebenen durch eine LV–Achse und jeweils eine der drei Koordinatenachsen aufgespannt werden.

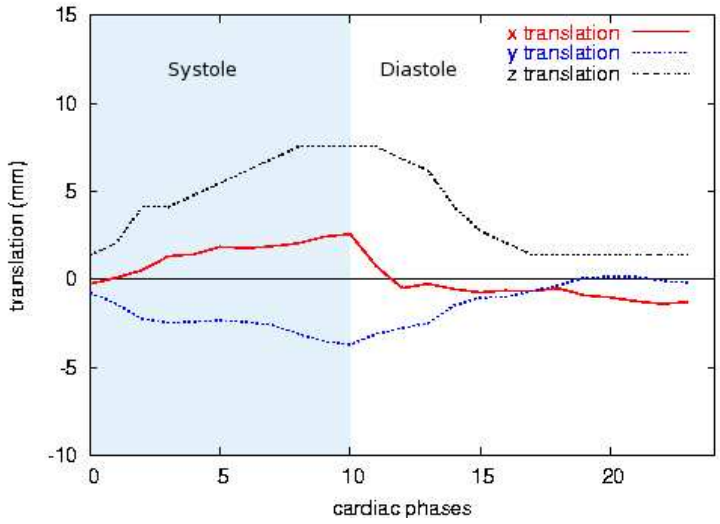


Abbildung 5.7: Translation aller Herzphasen am Beispiel des Datensatzes MRI–1. Die Translation wurde im Weltkoordinatensystem bestimmt.

- Als Ergebnis erhält man drei Eulerwinkel, welche die drei Rotationswinkel um die x–, y– und die z–Achse des Weltkoordinatensystem angeben. Rotiert man eine Achse um diese drei Winkel, dann sind beide Achsen identisch ausgerichtet.

Die berechneten Ergebnisse der Rotations– und Translationsberechnung wurden auf der Basis von Beispieldaten auf ihre Korrektheit überprüft. Die berechneten Parameter sind demnach korrekt und beschreiben die reale Rotation und Translation der Achsen. Für die Auswertung ist die Rotationsreihenfolge um die x–, y– und die z–Achse besser geeignet; diese Komponente kann in der Weiterentwicklung des Verfahrens umgesetzt werden.

Die Ergebnisse der Rotations– und Translationsbestimmung werden auf zweierlei Weise präsentiert. Einerseits durch eine 4D–Darstellung des pumpenden LV mit eingezeichneter LV–Achse. Die Abbildungen 5.9 zeigen fünf 3D–Ansichten des LV's, die in der MIP als pumpendes LV's abgespielt werden können. Neben dieser Abbildung zeigt Abbildung 5.8 alle LV–Achsen in einem 3D–Diagramm. Diese beiden Varianten der Ergebnispräsentation vermitteln einen optischen Eindruck der berechneten Parameter, jedoch enthalten sie keine präzisen Angaben über den Grad der Bewegung. Die Diagramme 5.6 und 5.7 enthalten die berechneten Translations– und Rotationsangaben, aus denen die konkreten Rotationswinkel und Translationswerte abgelesen werden können.

5.2 Längsachsenkontraktion

Die LV–Achsen, die beim achsenbasierten Tracking (vgl. Abschnitt 3.3.3) bestimmt werden, können auch für die Berechnung der LV–Achsenverkürzung verwendet werden. Der Längsachsen–Test bestimmt die Längen der LV–Achsen für alle Datensätze

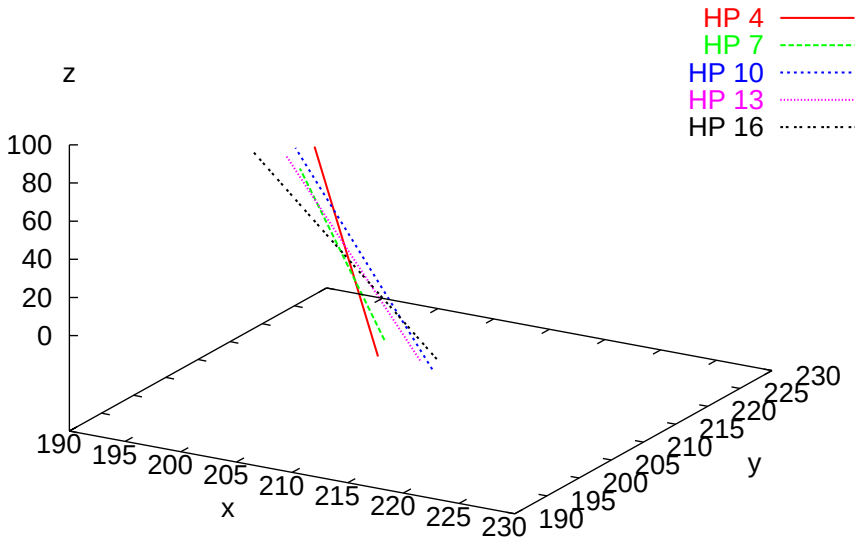


Abbildung 5.8: 3D–Position der LV–Achsen am Beispiel des Datensatzes MRI–1.

MRI–1 bis MRI–6 und vergleicht die Ergebnisse mit den in [37] erzielten Längenverteilungen.
Die Längen der LV–Längsachsen sind in Abbildung 5.10 exemplarisch für den Datensatz MRI–1 abgebildet. Die Datensätze MRI–2 bis MRI–5 liefern die gleichen Längenverteilungen mit nur geringen Unterschieden der absoluten Längenwerte.
Die Ergebnisse der Längenbestimmung (siehe Diagramm 5.10) während des gesamten Herzzyklus entsprechen den Erwartungen, die sich durch die Beschreibung der LV–Bewegung (vgl. Abschnitt 2.2.2) während eines Herzzyklus ergeben. Die Achsenlänge ist in der endsystolischen Herzphase (11. HP) mit 77.1 *mm* minimal und in der 24., der enddiastolischen Herzphase, ist die Achse mit 93 *mm* am Längsten. Der Längenunterschied zwischen Minimum und Maximum beträgt somit 15.9 *mm*; dies entspricht einer Verkürzung um ca. 17.0 %. Die berechneten Ergebnisse sind mit den in [37] beschriebenen Ergebnissen vergleichbar und liegen in dem bisher publizierten Bereich, der für die enddiastolische LV–Länge bei 95.9 ± 8.4 und für die endsystolische LV–Länge bei 80.7 ± 8.0 liegt. Bisher gibt es noch keine umfassende Statistik über die Herzbewegung, mit der man die Ergebnisse des eigenen Verfahrens auswerten kann, daher wurden die eigenen mit den publizierten Ergebnissen etablierter Verfahren verglichen.
In Abbildung 5.11 ist das segmentierte LV im sagittalen Schnitt in jeweils einer systolischen, der endsystolischen, in einer diastolischen und in der enddiastolische Herzphase abgebildet. Die Linien markieren die Spitze des Apex und die basale Grenze des LV's. Es findet sowohl im apikalen als auch im basalen Bereich eine Verkürzung statt, da die Begrenzungslinien des LV's sowohl am Apex als auch im basalen Bereich ihre

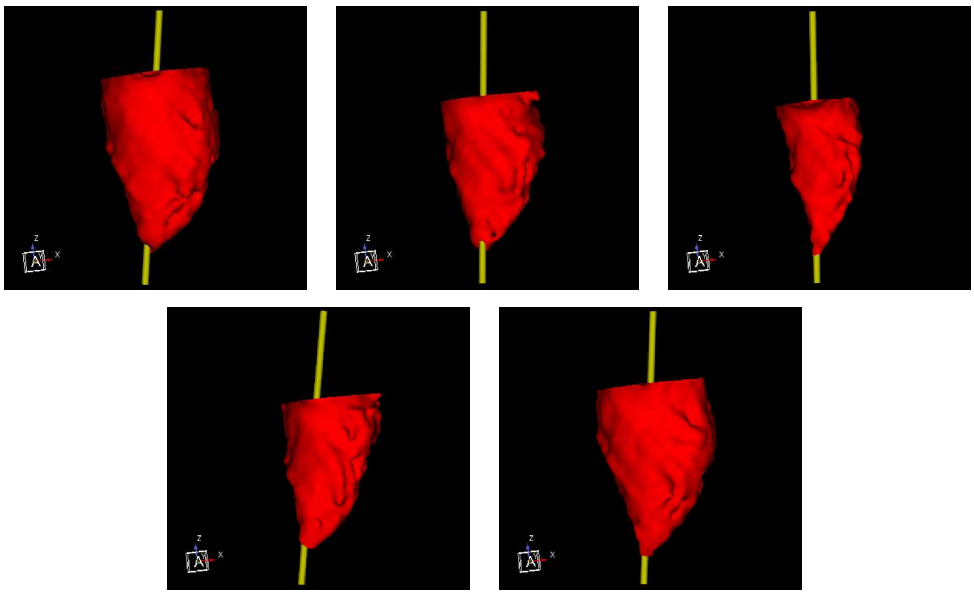


Abbildung 5.9: Abfolge von 3D–Darstellungen des LV's mit eingezeichneter LV–Achse, abgebildet sind von links oben nach rechts unten die 0., 5., 10., 15. und 20. Herzphase des MRI–1 Datensatzes.

Position ändern. Abbildung 5.12 visualisiert die Schichtenkorrespondenzen des LV's während eines Herzzyklus. Im mittleren Bereich des LV's korrespondieren dieselben Schichten des LV's miteinander, während im oberen und unteren Teil des LV's unterschiedliche Schichten miteinander korrespondieren, die jeweils in Abhängigkeit von der Länge des LV's bestimmt werden.

5.3 Drehende Rotationsbewegung

Die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung basiert auf der Position der Landmarken, die in mehreren Herzphasen manuell markiert werden. Der Anwender wählt dafür markante Punkte der LV–Kontur (so genannte Landmarken) aus, bei denen es sich um Ausbuchtungen der LV–Kontur handelt, die sich über mehrere Herzphasen verfolgen lassen. Die Ausbuchtungen der LV–Kontur zeichnen sich durch die nicht mitsegmentierte Papillarmuskulatur ab; demnach werden für die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung anatomisch markante Stellen im Inneren des LV's (Landmarken) verwendet. Die Ausbuchtungen, die sich durch die Papillarmuskulatur in der Kontur des LV's abzeichnen, sind in Abbildung 5.13 dargestellt und markiert.
Die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung wird durch eine qualitative Analyse ausgewertet, dafür werden die bekannten Informationen über die Rotationsrichtung während Systole und Diastole verwendet. Während der Systole rotiert die Herzbasis im Uhrzeigersinn und der Apex gegen den Uhrzeigersinn, im Verlauf der Diastole rotieren Herzbasis und Apex in entgegengesetzter Richtung. Durch den Test wird geprüft, ob der Algorithmus die Rotationsrichtung während Systole und Diastole korrekt bestimmt.

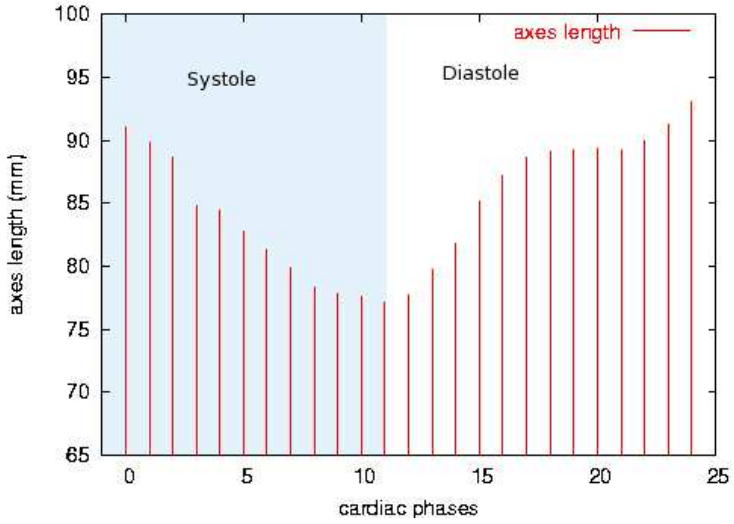


Abbildung 5.10: Längen der LV–Achsen in allen Herzphasen

Der Test wird auf allen MRI–Datensätzen durchgeführt; exemplarisch sind die Ergebnisse des MRI–1 Datensatzes in den Abbildungen 5.14 und 5.15 abgebildet. Für den MRI–1 Datensatz werden sechs Herzphasen des Herzzyklus ausgewählt (0, 5, 10, 15, 20, 24), in denen Landmarken markiert werden. In allen Herzphasen werden jeweils Punkte im apikalen und im basalen Bereich des LV's markiert. Bei der Wahl der Punkte ist die Längsachsenverkürzung zu berücksichtigen, so dass die Punkte entsprechend der Längsachsenverkürzung in unterschiedlichen Schichten markiert werden.
Aufgrund der Deformation des LV's konnten Landmarken nicht über den gesamten Herzzyklus verfolgt werden. Es wurden daher jeweils zwei Punkte von der 0. zur 5. Herzphase, von der 5. zur 10., von der 10. zur 15., von der 15. zur 20. und von der 20. zur 24. Herzphase verfolgt.
Abbildung 5.14 visualisiert die Rotation des basalen Bereichs. Während der Systole rotiert der LV im basalen Bereich im Uhrzeigersinn, daher steigt die Kurve zunächst an. In Bereichen der Kurve, in denen die Steigung positiv ist, sind auch die Rotationswinkel positiv, diese Bereiche repräsentieren die Rotation im Uhrzeigersinn. Negative Winkel werden durch eine negative Steigung auf der Kurve dargestellt, dieser Kurvenverlauf repräsentiert die Rotation gegen den Uhrzeigersinn.
In Abbildung 5.15 ist der Kurvenverlauf des apikalen Bereichs abgebildet. Zunächst fällt die Kurve bis zur endsystolischen Herzphase und steigt anschließend wieder an. Die Ergebnisse entsprechen den oben genannten Erwartungen an die Rotationsrichtungen während Systole und Diastole, das Verfahren liefert im Bezug auf die Rotationsrichtung für alle Datensätze korrekte Ergebnisse.
Ein Vergleich der berechneten Rotationswinkel mit den Ergebnissen aus etablierten Verfahren ist schwierig, da die Ergebnisse meist am Beispiel gesunder Patienten präsentiert werden. Da für die Tests dieser Arbeit keine Bilddaten gesunder Patienten verfügbar sind, lassen sich die Ergebnisse nur begrenzt vergleichen. Ein weiterer erschwerender Faktor für den Vergleich der Daten sind die Rotationsunterschiede von Schicht zu Schicht. Der Rotationsverlauf einer basalen Schicht kann im Vergleich zu

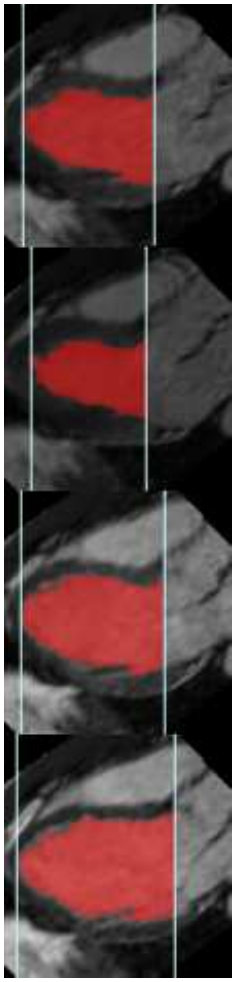


Abbildung 5.11: Die Abbildung zeigt die Bewegung des LV's im sagittalen Schnitt. Von oben nach unten ist das segmentierte LV in einer systolischen, der endsystolischen, einer diastolischen und der enddiastolischen Herzphase abgebildet.

einer anderen basalen Schicht unterschiedlich sein. Auch innerhalb einer Schicht können Bereiche des LV's unterschiedlich stark rotieren. Abbildung 5.16 zeigt die Skizze eines LV im axialen Schnitt. In [29] werden die Ergebnisse der Rotation daher differenziert in Apikal–, Mid– und Basal–Bereich und für jeden dieser drei Bereiche werden vier unterschiedliche Rotationsverläufe angegeben; diese vier Teilbereiche sind in Abbildung 5.16 mit *1* bis *4* kenntlich gemacht. Petitjean [29] beschreibt den Rotationsverlauf des LV's durch 12 Rotationskurven. Diese differenzierte Rotationswinkelberechnung wird von dem in dieser Arbeit entwickelten Verfahren nicht geleistet. Allerdings gibt [26] die Rotationswinkel in einem Bereich zwischen 0° und 30° an. Die Rotationsrichtungen sind im basalen und apikalen Bereich entgegengesetzt. Die Ergebnisse der Rotationswinkelberechnung, wie sie in den Diagrammen 5.14 und 5.15 abgebildet sind, liegen alle innerhalb dieser Angaben, die [26] über die Rotation macht und können auf der Tatsache dieses Vergleichs als korrekt eingestuft werden. Die Präzisi-

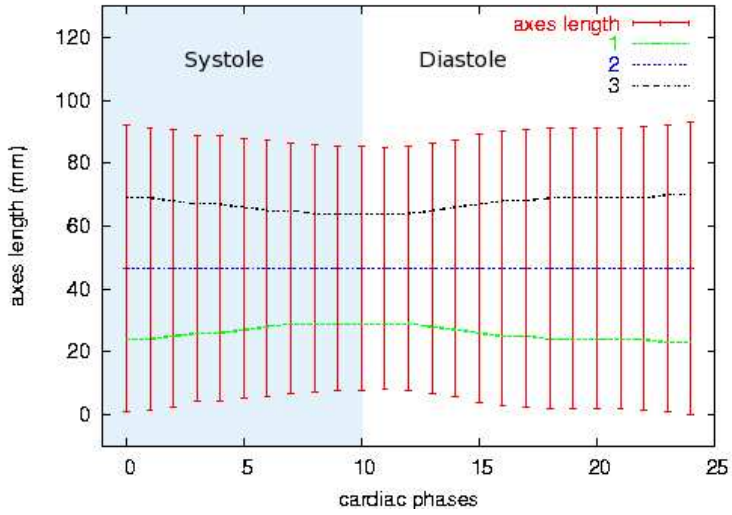


Abbildung 5.12: Die korrespondierenden Schichten werden am Beispiel des MRI–1 Datensatz und in Abhängigkeit der gesamten LV–Achsenlänge bestimmt.

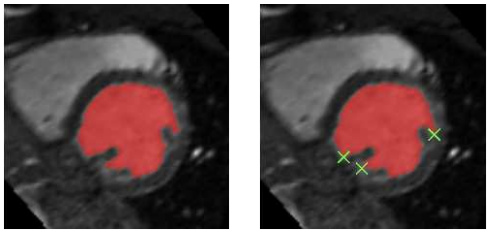


Abbildung 5.13: Beide Abbildungen zeigen denselben axialen Schnitt des LV's, einmal ohne und einmal mit Markierung möglicher Landmarken.

on der berechneten Rotationswinkel kann nicht geklärt werden, da sich pathologische Herzdaten mit denen gesunder Patienten nur begrenzt vergleichen lassen und die Ergebnisse in [29] differenzierter bestimmt wurden, als das von dem eigenen Verfahren geleistet wird.
Die Rotationskurven der Diagramme 5.14 und 5.15 beginnen im Ursprung des Diagramms. Ließen sich Landmarken während eines gesamten Herzzyklus verfolgen, müsste die Kurve, die den Rotationsverlauf angibt, auf der x–Achse enden, was bedeutet, dass die Landmarke zu ihrer Ausgangsposition zurückkehren würde. Die Kurven der Abbildungen 5.14 und 5.15 enden nicht bei Null, sondern in Abbildung 5.14 bei minus eins und in Abbildung 5.15 bei plus drei. Diese Abweichung wird durch die Wahl unterschiedlicher Landmarken hervorgerufen, die während eines Herzzyklus verfolgt werden. Petitjean hat gezeigt, dass die Rotationskurven in den vier Bereichen des axialen Schnitts (vgl. Abbildung 5.16) unterschiedlich sind, daher kommt es durch die Auswahl der Landmarken, die sich in verschiedenen Bereichen befinden, dazu, dass die Summe aller Rotationswinkel während eines Herzzyklus ungleich Null ist.
Voraussetzung für korrekte Ergebnisse sind die Wahl korrespondierender Punkte in

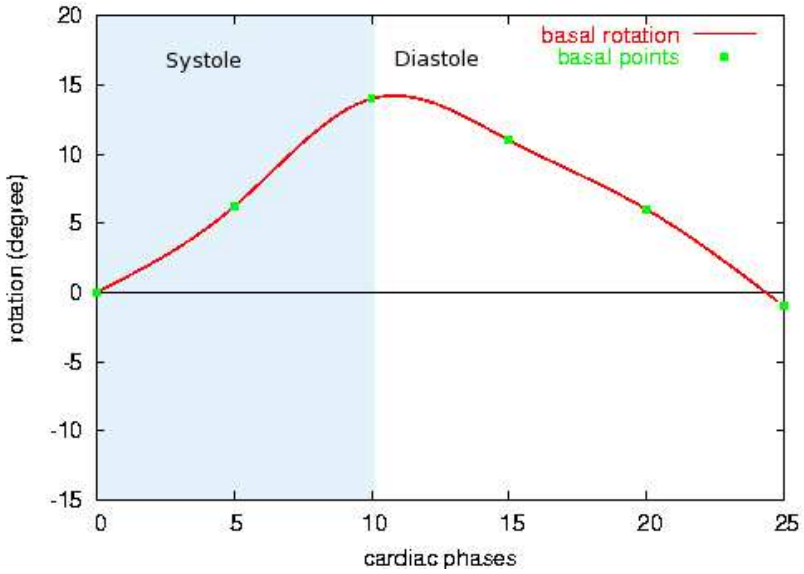


Abbildung 5.14: Abgebildet ist die Rotation während Systole und Diastole im basalen Bereich am Beispiel des MRI–1 Datensatzes.

mehreren Herzphasen. Wird diese Voraussetzung nicht erfüllt, können keine korrekten Rotationswinkel berechnet werden. Im basalen Bereich sind markante Punkte vorhanden, die sich über mehrere Herzphasen verfolgen lassen. Im apikalen Bereich sind nur wenige dieser markanten Punkte vorhanden, daher ist die Wahl der Landmarken in diesem Bereich schwierig. Die Kontur des LV's enthält nur wenige Ausbuchtungen durch die Papillarmuskulatur, welche nur gering ausgeprägt sind. Aufgrund der wenigen Ausbuchtungen und der geringen Ausprägung der LV–Kontur lassen sich nur wenige Punkte über mehrere Herzphasen verfolgen.
Eine weitere Schwierigkeit ist die Auswahl markanter Punkte in der endsystolischen Herzphase. Sobald der LV sein minimales Volumen erreicht hat, wie dies in der endsystolischen Herzphase der Fall ist, sind nur wenige markante Punkte in der Ventrikelkontur vorhanden. Zu diesem Zeitpunkt befindet sich nur wenig Blut im Ventrikel, das Volumen ist minimal. Die charakteristischen Ausbuchtungen durch die Papillarmuskulatur sind besser bei einem gefüllten Ventrikel mit maximalem Volumen sichtbar.
Die besten Ergebnisse erhält man, wenn man Punkte in unmittelbar aufeinander folgenden Herzphasen auswählt, da die Kontur der LV sehr ähnlich ist und sich markante Punkte einfach verfolgen lassen.
Zusammenfassend liefert die Rotationsberechnung des LV's während des Herzzyklus in Bezug auf die Rotationsrichtung korrekte Ergebnisse, sofern markante Punkte gefunden werden, die über mehrere Herzphasen verfolgt werden können. Die Präzision der Ergebnisse konnte nicht geklärt werden, da die Ergebnisse des entwickelten Verfahrens mit etablierten Verfahren aufgrund unterschiedlicher Modalitäten nur begrenzt verglichen werden konnten. Dazu gehört, dass das in [29] beschriebene Verfahren die Herzbewegung differenzierter berechnet, als das von dem eigenen Verfahren aufgrund der wenigen Landmarken möglich ist. Die Rotationsergebnisse können auch

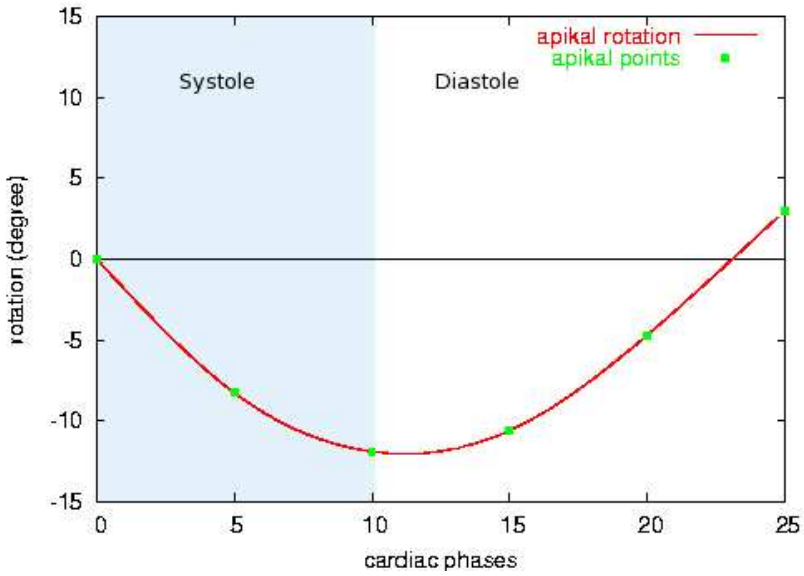


Abbildung 5.15: Abgebildet ist die Rotation während Systole und Diastole im apikalen Bereich am Beispiel des MRI–1 Datensatzes.

nicht mit einem Herzphantom ausgewertet werden, da es keines gibt, das die drehende LV–Rotation berücksichtigt.

5.4 Anwendbarkeit des Verfahrens auf CT–Daten

In dem letzten Test wird geprüft, ob die Bewegungsberechnung auch auf CT–Daten durchgeführt werden kann. Für die Tests liegen keine MRI– und CT–Daten desselben Patienten vor, anhand derer ein Vergleich der Ergebnisse möglich ist. Auf dem zur Verfügung stehenden CT–Datensatz werden alle Bewegungskomponenten berechnet, die auch für MRI–Daten bestimmt wurden. Es werden die Achsenlängen während des Herzzyklus bestimmt, die Rotations– und Translationsbewegung, welche die Achsenbewegung während des Herzzyklus beschreibt und die drehende Rotation des Ventrikels.
Alle Bewegungskomponenten lassen sich auf dem CT–Datensatz berechnen, deren Ergebnisse sind in den Diagrammen 5.17, 5.19, 5.22, 5.23 und in den Abbildungen 5.25 und 5.24 dargestellt.
Die Ergebnisse der Achsenlängen entsprechen der Längenverteilung, die auch für die MRI–Daten erzielt wurden. Sie liegen innerhalb des von [37] angegebenen Bereichs für die möglichen Achsenlängen, die Bestimmung der Achsenlängen liefert demnach auch auf CT–Daten korrekte Ergebnisse. Die Bestimmung der Rotation und Translation liefert zu den MRI–Resultaten vergleichbare Ergebnisse.
Grundlage aller Berechnungsschritte sind die Segmentierungsergebnisse, die in 5.24 abgebildet sind. Aufgrund des geringen Kontrasts bei CT–Daten ist die segmentierte Region weniger zusammenhängend als bei der Segmentierung der MRI–Daten, dies tritt speziell an den Rändern der segmentierten Region auf. Dies erschwert die Mar-

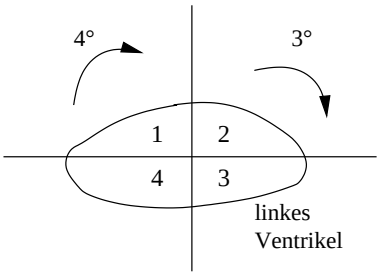


Abbildung 5.16: Für die Analyse der Drehbewegung unterteilt Petitjean in [29] den LV in vier Segmente und gibt für jedes einen eigenen Rotationsverlauf an. Die Tests werden auf Landmarken durchgeführt, die sich in allen vier Segmenten befinden, wobei einige Landmarken das Segment durch die Bewegung wechseln, nämlich vom ersten zum zweiten und vom dritten zum vierten Segment.

kierung von Landmarken in mehreren Herzphasen für die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung. In den Abbildungen 5.22 und 5.23 ist die Rotationsbewegung des LV's während einer Herzphase abgebildet. Das Verfahren liefert für Systole und Diastole korrekte Rotationsrichtungen im apikalen und basalen Bereich, auch die Rotationswinkel liegen innerhalb der von [26] angegebenen Winkelangaben.
Das entwickelte Verfahren kann also, wie erwartet, sowohl unter MRI– als auch unter CT–Daten durchgeführt werden und liefert für beide Datensätze medizinisch relevante und aussagekräftige Ergebnisse.

5.5 Kritische Analyse der Ergebnisse

In diesem Abschnitt werden die möglichen Quellen für Ungenauigkeiten des gesamten Verfahrens zusammengetragen. Abbildung 5.18 gibt eine Übersicht über die einzelnen Komponenten, bei denen mögliche Ungenauigkeiten auftreten können. Jeder dieser Faktoren wirkt sich unweigerlich auf alle folgenden Schritte aus.
Die erste Fehlerquelle ergibt sich bereits bei der Bildaufnahme, da es durch die Herzbewegung zu Bewegungsartefakten kommen kann. Bei Herzen mit hoher Herzfrequenz treten diese besonders häufig auf. Auch durch die Atmung kann es während der Aufnahme zu Bewegungsartefakten kommen, daher soll der Patient während der Aufnahme immer wieder für 10 bis 20 Sekunden die Luft anhalten. Eine neuere Technik zur Vermeidung von Bewegungsartefakten durch die Atmung ist ein Trackingverfahren des Brustraums, bei dem Marker auf dem Brustkorb aufgeklebt werden, die während der Bildaufnahme verfolgt werden. Aus den Informationen über die Markerbewegung können Informationen über die Atmung gewonnen werden, mit deren Hilfe die Bilddaten ohne Bewegungsartefakte durch die Atmung rekonstruiert werden können. Bewegungsartefakte im Bild erschweren die Bildanalyse und können zu unpräzisen Ergebnissen führen.
Aus den Messwerten der CT bzw. MRI werden die Bilddaten mittels sehr komplexer mathematischer Verfahren rekonstruiert. Diese Verfahren wurden in den letzten Jahren ständig weiterentwickelt und liefern heute sehr präzise Ergebnisse. Die mathematische

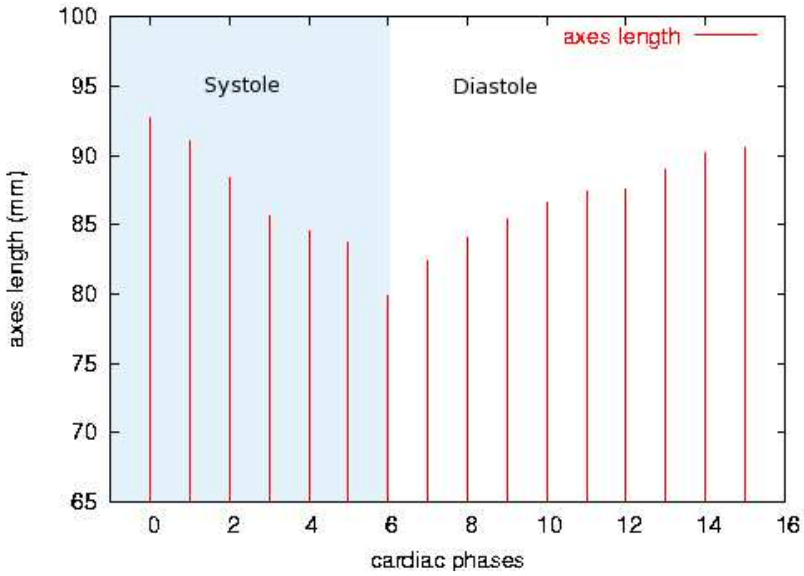


Abbildung 5.17: LV–Achsenlängen des CT–1 Datensatzes während eines Herzzyklus.

Ungenauigkeit der Rekonstruktionsberechnung ist äußerst gering und kann daher vernachlässigt werden.
Die Bilddaten werden auf dem Monitor skaliert ausgegeben, demnach handelt es sich bei der Visualierung nur um eine Näherung des realen Datensatzes. Im Anschluss an die Visualisierung wird entweder die Bestimmung der drehenden Rotationsbewegung oder das achsenbasierte Tracking durchgeführt (siehe Abbildung 5.26). Die Visualisierung hat keinen Einfluss auf das achsenbasierte Tracking, da die Segmentierung ausschließlich mit den realen Bilddaten durchgeführt wird und der Anwender auf der Grundlage der Visualisierung lediglich einen Seedpoint innerhalb einer Region setzt. Der Anwender wird den Seedpoint trotz Visualisierungsungenauigkeiten korrekt, das heißt innerhalb des LV's, positionieren können, daher wird die Segmentierung von den Visualisierungsungenauigkeiten nicht beeinflusst. Die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung ist unmittelbar von der Visualisierung abhängig, da der Anwender die Landmarken auf der Grundlage der ihm angezeigten Bilddaten auswählt und sie innerhalb der Monitordarstellung markiert. Die Visualisierung hat dadurch unmittelbare Folgen auf die Wahl der Landmarken und wirkt sich daher negativ auf die Berechnung der drehenden Rotation aus.
Die Wahl der Landmarken ist unmittelbar von der Sorgfalt und Kenntnis des Anwenders abhängig. In dieser Komponente können sich zwei Ungenauigkeiten durch den Anwender ergeben. Zunächst muss der Anwender real vorhandene Landmarken in mehreren Herzphasen identifizieren, wobei das Risiko besteht, dass der Anwender Punkte in verschiedenen Herzphasen auswählt, die nicht denselben anatomischen Punkt repräsentieren. Eine Ungenauigkeit ergibt sich auch beim Markieren der Punkte; hierbei verwendet der Anwender die Maus und markiert den Punkt durch Anklicken der Landmarke. Dabei kann es passieren, dass er nicht das korrekte Voxel markiert, sondern eines der Nachbarvoxel und die Position der Landmarke dadurch verfälscht

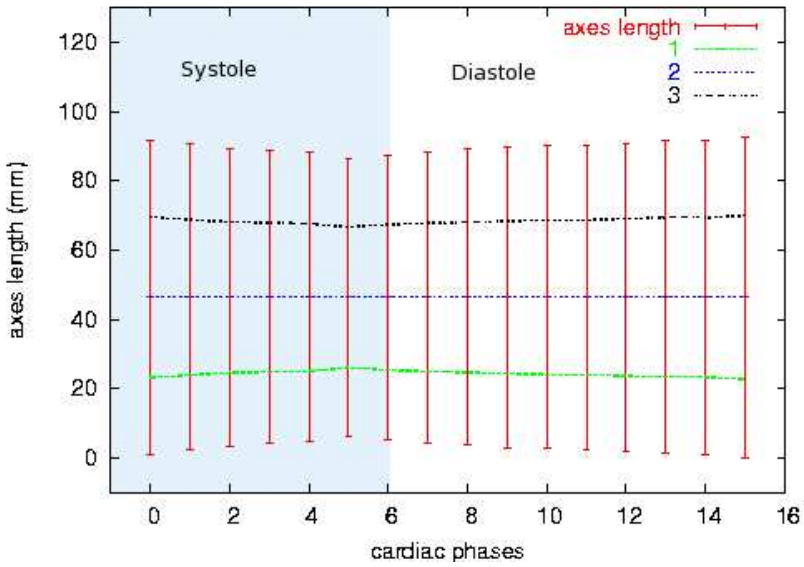


Abbildung 5.18: Achsenkorrespondenzen am Beispiel des CT–1 Datensatzes.

wird.
Die Bestimmung der drehenden Rotation ist ein rein mathematisches Verfahren. Bei dieser Komponente kann es durch das Runden zu Ungenauigkeiten kommen. Die Verwendung von *Pi* wird auf die 65. Nachkommastelle gerundet, außerdem wird einmal cos und einmal die Quadratwurzel verwendet, deren Ergebnisse auf *float*–Genauigkeit gerundet werden.
Die Segmentierung wird mit den original Bilddaten durchgeführt und im Gegensatz zur Bestimmung der drehenden Rotation wird sie von der Visualisierungsungenauigkeit nicht negativ beeinflusst. Die Segmentierung führt eine Binarisierung auf den zuvor verarbeiteten Daten durch (vgl. Abschnitt 2.3.2). Die Qualität der Segmentierungsergebnisse hängt unmittelbar von den Bilddaten ab, sind diese verrauscht oder befinden sich Bewegungsartefakte im Bild, wirken sie sich negativ auf das Gesamtergebnis, also auf die zu berechnenden Bewegungsparameter aus.
Das achsenbasierte Tracking ist wiederum eine mathematische Berechnung durch die sich (ähnlich wie bei der Rotationsberechnung) mathematische Rundungsungenauigkeiten ergeben. Die Ungenauigkeit setzt sich aus Rundungen für *Pi* und die Zwischenergebnisse für sin, cos und tan zusammen.
Die einzelnen Komponenten des Verfahrens bergen eine Vielzahl von Ungenauigkeiten, welche die Ergebnisse der Herzbewegung verfälschen. Die größte potentielle Fehlerquelle ist der Anwender, der die Landmarken wählt, aus denen die drehende Rotationsbewegung berechnet wird. Das Risiko, dass der Anwender nicht sorgfältig arbeitet, lässt sich zwar nicht vollends vermeiden, jedoch können die Ungenauigkeiten in diesem Schritt auf ein Minimum reduziert werden. Voraussetzung dafür ist, dass der Anwender sich mit der Anatomie des Herzens sehr gut auskennt, was in der Regel bei Radiologen der Fall ist. Des Weiteren ist der Anwender in die Funktionalität und die Handhabung der Software einzuweisen und ihm ist die Relevanz der Landmarkenwahl

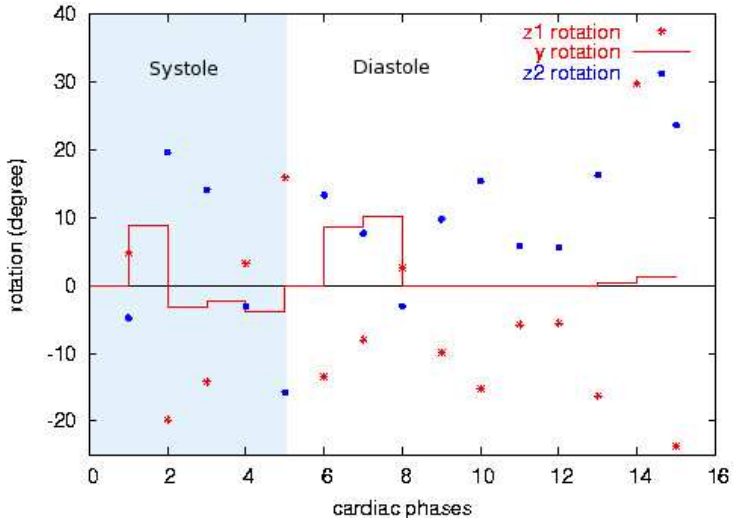


Abbildung 5.19: Rotation und Translation berechnet aus der Achsenbewegung des Datensatzes CT–1.

für die Qualität der Ergebnisse zu vermitteln.

5.6 Zusammenfassung

In diesem Kapitel wurden die verschiedenen Komponenten des Verfahrens getestet. Die Bestimmung der Längsachsenkontraktion hat sowohl bei MRI– als auch bei CT–Daten sehr gute Ergebnisse geliefert, die mit einem etablierten Verfahren verglichen wurden und vergleichbare Ergebnisse erzielt haben.
Die Berechnung der drehenden Rotationsbewegung um die LV–Achse liefert in Bezug auf die Rotationsrichtung korrekte Ergebnisse. Durch das Verfahren konnte die allgemein bekannte Rotationsrichtung, die am Apex und an der Herzbasis entgegengesetzt ist, bestimmt werden. Ein Vergleich mit dem Verfahren von Bardinet [26] hat außerdem gezeigt, dass die Ergebnisse in Bezug auf den Grad der Rotation im korrekten Bereich liegen. Die Präzision der Rotationswinkel konnte durch die Tests nicht geklärt werden, da die Ergebnisse des eigenen Verfahrens weniger differenziert sind als diejenigen in etablierten Verfahren. Die berechneten Rotationswinkel sind unmittelbar von der Wahl der markanten Punkte abhängig. Dieser Schritt birgt eine potentielle Fehlerquelle, sofern der Anwender Landmarken in mehreren Herzphasen wählt, die nicht denselben anatomischen Punkt repräsentieren. Es kann auch davon ausgegangen werden, dass sich eine Ungenauigkeit beim Markieren der Landmarken ergibt, die durch Mausinteraktion gesetzt werden. Aus der Anfälligkeit der Komponente gegenüber Ungenauigkeiten, ergeben sich Anforderungen an potentielle Anwender. Von ihm werden sowohl Kenntnisse über die Anatomie des Herzens erwartet, als auch große Sorgfalt bei der Wahl und beim Markieren der Landmarken. Für die diagnostische Auswertung der Rotation sind nicht einzelne Rotationswinkel relevant, sondern der gesamte Rotationsverlauf der Kurve. Die Auswertung des Kurvenverlaufs ermöglicht es die gesunde

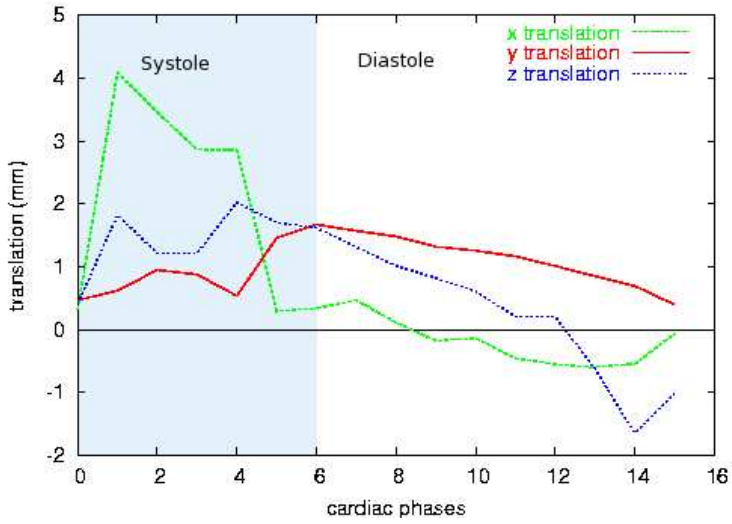


Abbildung 5.20: Translation der Achsen durchgeführt mit dem Datensatz CT–1.

von der pathologischen Rotationsbewegung zu unterscheiden.
Das achsenbasierte Tracking wurde auf die korrekte Bestimmung der LV–Achse getestet. Dafür wurden die automatisch bestimmten Achsen mit manuell definierten Achsen verglichen. Die Ergebnisse haben gezeigt, dass die automatisch berechneten LV–Achsen den manuell definierten Achsen, in Bezug auf die Position und Orientierung sehr ähnlich sind. Aus den LV–Achsen wurde die Translations– und Rotationsbewegung abgeleitet. Diese Parameter sind durch die Rotationsreihenfolge um die z–, um die y– und wieder um die z–Achse für die medizinische Analyse wenig aussagekräftig. An einer Beispielmenge konnte die Korrektheit der berechneten Parameter gezeigt werden, welche die Kippbewegung der Achsen beschreibt. Die berechneten Rotationswinkel können jedoch in der momentan vorliegenden Form für die medizinische Diagnose nicht unmittelbar ausgewertet werden, da der Arzt aufgrund der Rotationsreihenfolge aus den Rotationswinkeln keine unmittelbare Vorstellung über die reale Bewegung gewinnt.
Im letzten Test konnte gezeigt werden, dass das Verfahren auch auf CT–Daten durchführbar ist und sowohl für CT– als auch für MRI–Daten medizinisch relevante Ergebnisse erzielt.

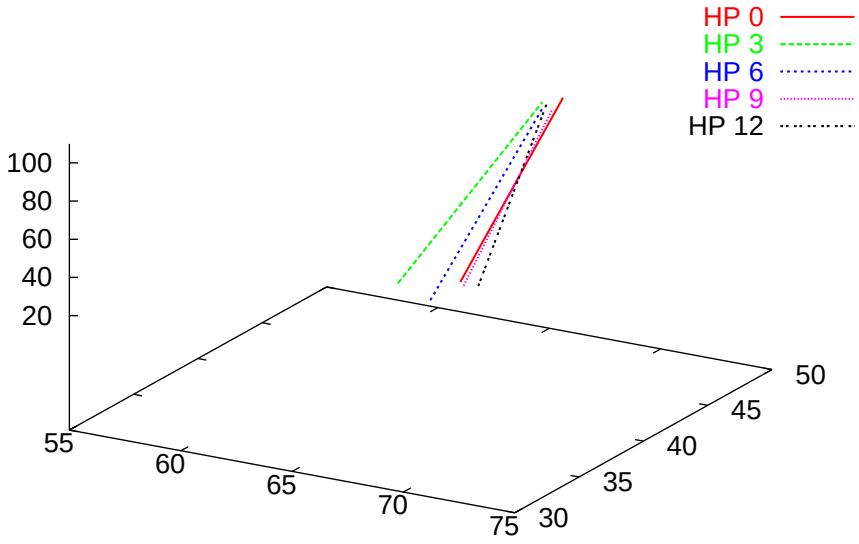


Abbildung 5.21: 3D–Position der LV–Achsen (0., 3., 6., 9., 12. HP), durchgeführt mit dem Datensatz CT–1.

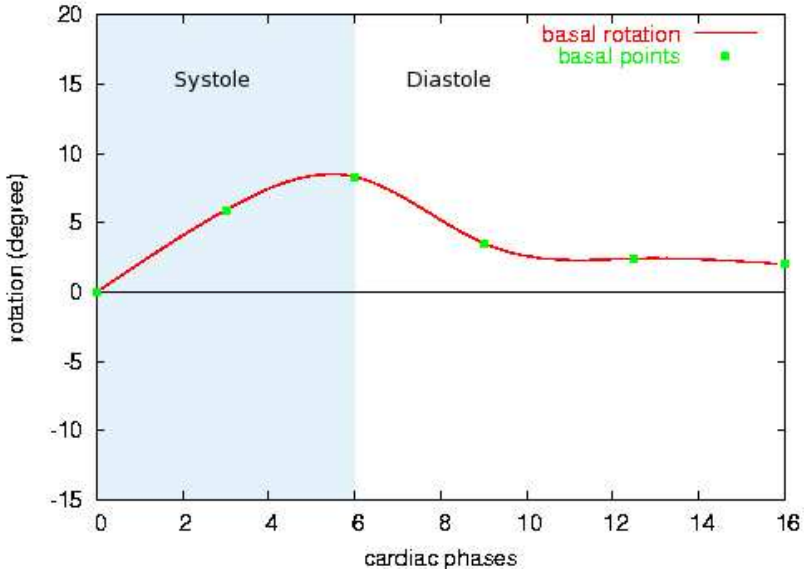


Abbildung 5.22: Rotation des LV's im basalen Bereich (CT–1).

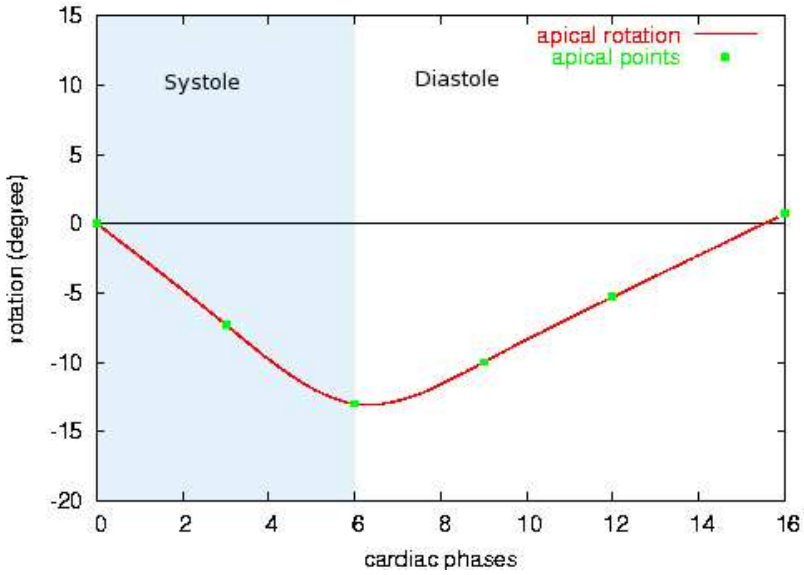


Abbildung 5.23: Rotation des LV's im apikalen und basalen Bereich (CT–1).

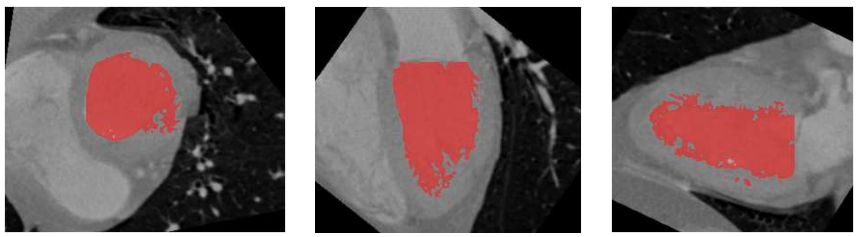


Abbildung 5.24: Segmentierungsergebnisse des CT–1 Datensatzes. Von links nach rechts sind der axiale, der koronare und der sagittale Schnitt abgebildet.

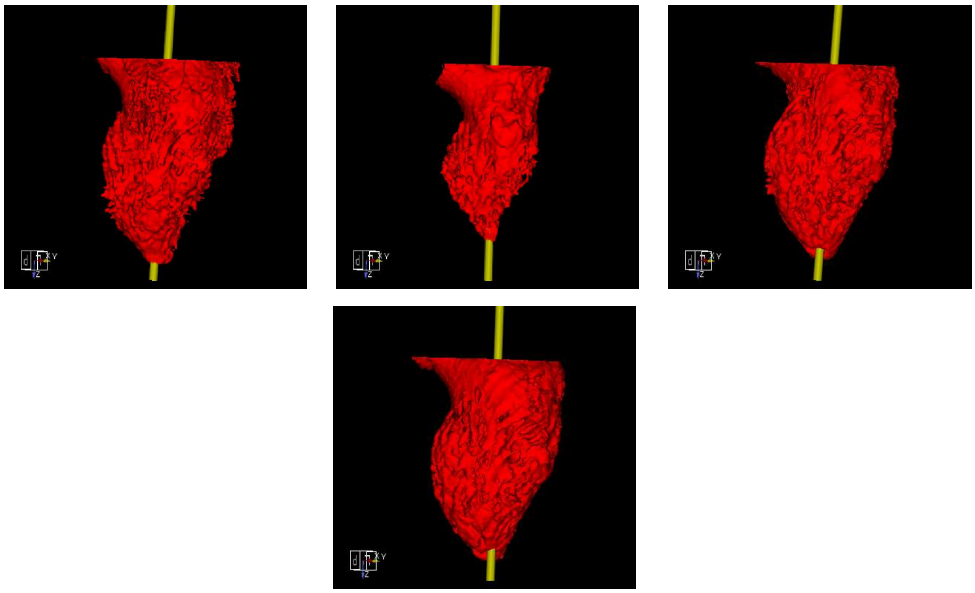


Abbildung 5.25: Abfolge von 3D–Darstellungen des LV's mit eingezeichneter LV–Achse. Abgebildet sind von links oben nach rechts unten die 0., 4., 8., 12. Herzphase des CT–1 Datensatzes.

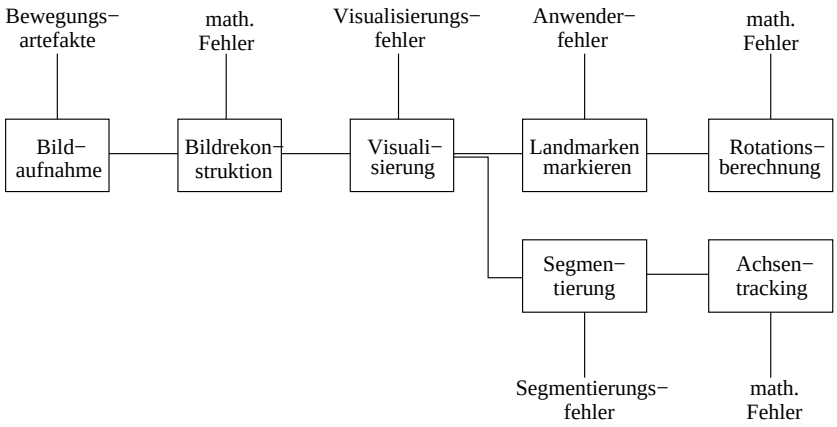


Abbildung 5.26: Überblick über die möglichen Fehlerquellen des gesamten Verfahrens.

Kapitel 6

Zusammenfassung und Ausblick

6.1 Zusammenfassung

Im Rahmen dieser Diplomarbeit wurden drei Konzepte zum Tracking der Herzbewegung entwickelt: das Koronararterien–Konzept, das Registrierungs–Konzept und das semiautomatische Tracking–Konzept (vgl. 3.3, 3.4, 3.5). Die Konzepte sind hauptsächlich an den Ansätzen von Macan (vgl. 3.1.2) und Bardinet (vgl. 3.1.1) orientiert. Das semiautomatische Tracking–Konzept wurde praktisch umgesetzt und getestet.
Das Koronararterien–Konzept besteht aus zwei Komponenten aus dem achsenbasierten Tracking und dem Koronararterien–Tracking. Das achsenbasierte Tracking bestimmt die Achsen des LV's und leitet aus den unterschiedlichen Positionen und Orientierungen der Achsen zu verschiedenen Zeitpunkten des Herzzyklus die globale Bewegung des Ventrikels ab. Die Achsenbewegung wird durch Rotation und Translation beschrieben. Durch das Koronararterien–Tracking wird die Drehbewegung des LV's bestimmt, dafür werden die 3D–Positionen der Koronararterienverzweigungen bestimmt, die während des Herzzyklus verfolgt werden. Das Registrierungs–Konzept und das semiautomatische Tracking–Konzept verwenden beide das achsenbasierte Tracking des Koronararterien–Trackings. Die drehende Rotationsbewegung wird beim Registrierungsansatz durch ein modellbasiertes Registrierungsverfahren bestimmt. Das semiautomatische Tracking–Konzept bestimmt die Drehung des LV's durch manuell gewählte Landmarken, die während des Herzzyklus verfolgt werden.
Das semiautomatische Tracking wurde mit C++ implementiert und in die Medical Imaging Platform (vgl. Anhang C) unter Verwendung der Open Source Bibliotheken *ITK*, *VTK*, *wxWidgets*, *boost* (vgl. Abschnitt C.2) integriert.
Das implementierte Verfahren wurde auf 6 MRI– und einem CT–Datensatz durch Tests der einzelnen Komponenten geprüft (vgl. Abschnitt 5).
Zunächst wurde die durch den Algorithmus berechnete LV–Achse auf ihre korrekte Position und Orientierung getestet, indem sie mit einer manuell gesetzten LV–Achse verglichen wurde. Die Achsen waren sehr ähnlich ausgerichtet und positioniert und haben daher die durch den Algorithmus ermittelte Achse bestätigt. Die Ergebnisse der Längsachsenkontraktion stimmen mit den erwarteten Längen während der Systole und der Diastole überein (vgl. Abschnitt 5.2). Im Vergleich zu einem etablierten Verfahren haben die LV–Achsenlängen des eigenen Verfahrens vergleichbare Längen und dieselbe prozentuale Verkürzung während eines Herzzyklus ergeben, daher können die

Ergebnisse der Längsachsenverkürzung als korrekt eingestuft werden.
Das achsenbasierte Tracking berechnet die Rotation und Translation zwischen den LV–Achsen unterschiedlicher Herzphasen. Aufgrund der Rotationsreihenfolge um die z–, die y– und wieder um die z–Achse kann die Rotation für die medizinische Diagnose nicht unmittelbar ausgewertet werden. Zwar konnte an Beispieldaten die Korrektheit der bestimmten Rotations– und Translationsbewegung nachgewiesen werden, jedoch ist es für den Arzt wegen der Rotationsreihenfolge sehr schwierig die Parameter unmittelbar für die Diagnose auszuwerten, da man sich die reale Bewegung bei dieser Rotationsreihenfolge nur schwer vorstellen kann.
Die Berechnung der Drehbewegung des LV's während des Herzzyklus hat in Bezug auf die Rotationsrichtung während Systole und Diastole korrekte Ergebnisse geliefert. Voraussetzung für die korrekte Rotationsberechnung sind die Wahl geeigneter Landmarken in mehreren Herzphasen. Diese Komponente ist daher unmittelbar von den Kenntnissen und der Sorgfalt des Anwenders abhängig.
Das Verfahren wurde in Abschnitt 5.5 auf potentielle Fehlerquellen und Ungenauigkeiten untersucht. Als größte potentielle Quelle für Ungenauigkeiten wurde der Anwender identifiziert, der bei der Berechnung der drehenden Rotationsbewegung die Landmarken wählt und markiert. Durch ungenaue Markierung der Landmarken bzw. durch falsche Punktkorrespondenzen in mehreren Herzphasen, trägt der Anwender durch eine sorgfältige Wahl der Landmarken massiv zur Güte der Ergebnisse bei.
Eine mögliche Weiterentwicklung dieser Komponente kann durch das Koronararterien–Tracking realisiert werden (vgl. Abschnitt 3.3). Dieses Trackingverfahren wählt Koronararterienverzweigungen als Landmarken, verfolgt sie im 3D–Raum und leitet daraus die Bewegung des LV's ab.
Es konnte gezeigt werden, dass sich alle Bewegungsparameter sowohl auf CT– als auch auf MRI–Bilddaten berechnen lassen und für beide Bilddaten konnten medizinisch relevante Ergebnisse erzielt werden. Voraussetzung für qualitativ hochwertige Ergebnisse sind in beiden Bildgebungsverfahren die Qualität der Bilddaten, das bedeutet der Bildkontrast der Daten muss hoch sein und die Bilddaten dürfen nicht verrauscht sein.
Die Ergebnisse der Berechnungen werden sowohl durch eine 4D–Darstellung des Herzens samt LV–Achse, durch ein 3D–Diagramm, in dem die LV–Achsen der relevanten Herzphasen eingetragen sind, als auch durch Diagramme realisiert, aus denen die Bewegung abgelesen werden kann.

6.2 Ausblick

In diesem letzten Abschnitt werden Ansatzpunkte für optimierende und weiterführende Entwicklungen des in dieser Arbeit vorgestellten Verfahrens gegeben.
In den nächsten Jahren werden die Bildgebungsverfahren in Bezug auf schnellere Aufnahmezeiten und eine bessere Auflösung weiterentwickelt werden. Diese Weiterentwicklungen haben unmittelbare Folgen für die Bildverarbeitungssoftware: Kürzere Aufnahmezeiten reduzieren Bewegungsartefakte im Bild. Durch die bessere Bildqualität können mehr Informationen durch die Bildverarbeitung bestimmt werden und auch die Präzision der Ergebnisse lässt sich in einigen Fällen erhöhen. Durch die höhere Auflösung der Bilddaten ergeben sich neue Anforderungen an die Software: Es müssen immer größere Datenmengen verarbeitet werden.

Die semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse ist unmittelbar von den Eingaben des Anwenders abhängig. Arbeitet er sehr sorgfältig und wählt korrekte Punktkorrespondenzen aus, dann liefert auch die Rotationsberechnung gute Ergebnisse. Diese Komponente kann durch das semiautomatische Koronararterien–Tracking (vgl. Abschnitt 3.3) weiterentwickelt werden. Es hat sich außerdem gezeigt, dass innerhalb der LV–Kontur nur eine begrenzte Anzahl von markanten Punkten zur Verfügung steht. Daher ist es sinnvoll, andere charakeristische Punkte zu verwenden, bspw. die Verzweigungspunkte der Koronararterien.
Durch die stete Weiterentwicklung der Bildaufnahme wird innerhalb der nächsten ein bis drei Jahren die Umsetzung des Koronararterien–Konzepts (vgl. 3.3.4) möglich sein. Voraussetzung dafür ist, dass aus den Bilddaten auch kleine Arterienverzweigungen auf der Herzoberfläche aus CTA– und MRA–Daten segmentiert werden können. Die Umsetzung dieses Konzepts würde die Problematik der Punktkorrespondenzfindung und die Abhängigkeit von dem Anwender beheben, da die Gesamtbewegung des Herzens aus der Verfolgung der Koronararterienverzweigungen abgeleitet werden kann.
Eine Weiterentwicklung ist auch im Bereich der Rotations– und Translationsbewegung aus den LV–Achsen sinnvoll. Hier könnten die berechneten Rotationsparameter durch eine geometrische Herleitung bestimmt werden, so dass sie die Rotation um die x–, y– und z–Achse des Weltkoordinatensystems angeben. Als Folge dieser Rotationsreihenfolge vermitteln die Daten einen unmittelbareren Eindruck der Bewegung und sind dadurch für die Diagnose besser verwertbar.

Die Verwendung der berechneten Bewegungsparameter für die Diagnose von Herzerkrankungen ist erst nach einer Reihe von umfangreichen Tests auf etwa 100 Datensätzen denkbar. Für die Testreihe werden sowohl Bilddaten von gesunden als auch von pathologischen Herzen benötigt. In Zusammenarbeit mit Radiologen und Kardiologen ist eine Klassifikation der Bewegungsparameter durchführbar, die eine standardisierte Auswertung der berechneten Bewegung ermöglicht. Auf der Grundlage dieser weiterführenden Ergebnisklassifikation ist ein Einsatz der in diesem Verfahren berechneten Bewegungsparameter im klinischen Alltag denkbar.
Eine mögliche Anwendung der berechneten Bewegungsparameter ist im Bereich der Trainingssimulatoren bei Herzoperationen möglich. Diese Anwendung aus dem Bereich der virtuellen Realität benötigt neben einem 3D–Modell des Herzens auch die Parameter, welche die Herzbewegung während des Herzzyklus beschreiben. Die in dieser Arbeit berechneten Bewegungsparameter können als Grundlage für die Bewegungssimulation im Anwendungsgebiet der Trainingssimulatoren genutzt werden.

Anhang A

Abbildungen

In diesem Abschnitt werden weitere Diagramme aufgelistet, deren Ergebnisse bereits in Abschnitt 5 beschrieben worden sind. Die für die Tests verwendeten Datensätze sind in Tabelle 5.1 aufgeführt.
Die Diagramme A.1, A.2, A.3, A.4 und A.5 visualisieren einen Test, der die Korrektheit der automatischen Achsenbestimmung prüft. Dieser Test wurde in Abschnitt 5.1 ausführlich beschrieben und ausgewertet. Die Achsen werden durch das in Abschnitt 2.3.3 beschriebene Least–Square–3D–Verfahren bestimmt. Die Korrektheit dieser Achsen wird geprüft, indem ihre Position und Ausrichtung mit einer manuell vom Anwender definierten LV–Achse, die der Anwender durch zwei Punkte im Datensatz definiert, verglichen wird. In den Diagrammen wird der Abstand, der durch das Least–Square–3D–Verfahren bestimmten LV–Achse mit der vom Anwender bestimmten Achse, in x– und y–Richtung abgebildet. Der Abstand in z–Richtung ist jeweils Null, da die LV–Achsen innerhalb derselben ROI2 definert wurden.
Die Diagramme A.6 und A.7 visualisieren den Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse, die aus den Schwerpunkten angenähert wurde. Die Auswertung der Diagramme ist in Abschnitt 5.1 beschrieben.

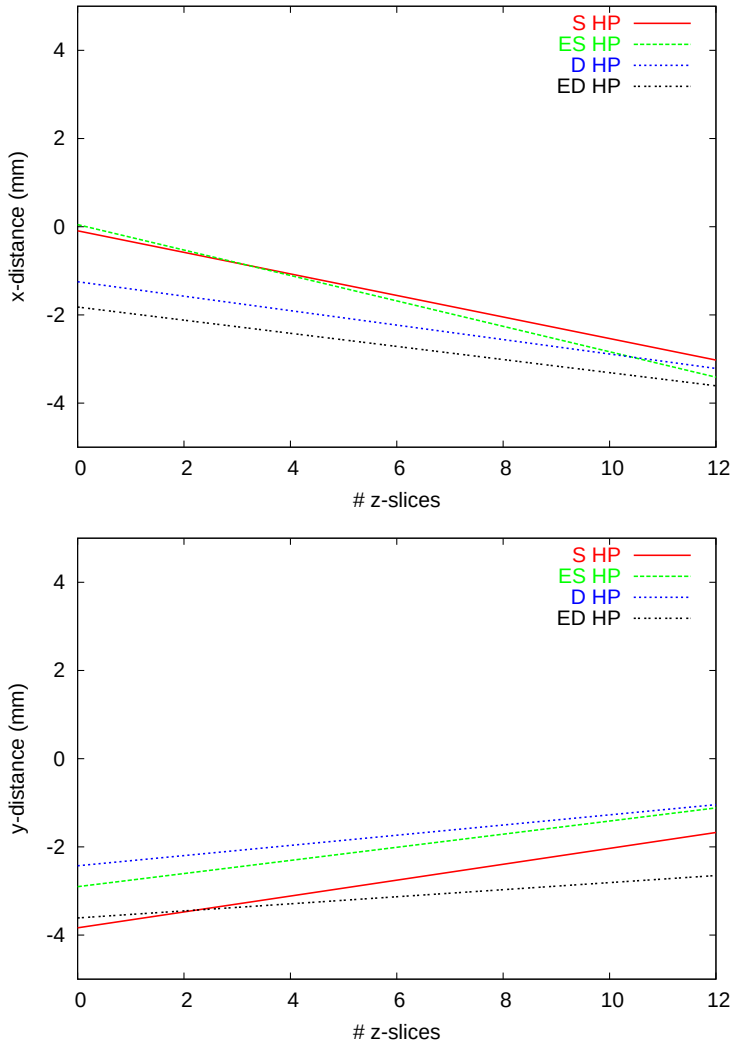


Abbildung A.1: Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–2

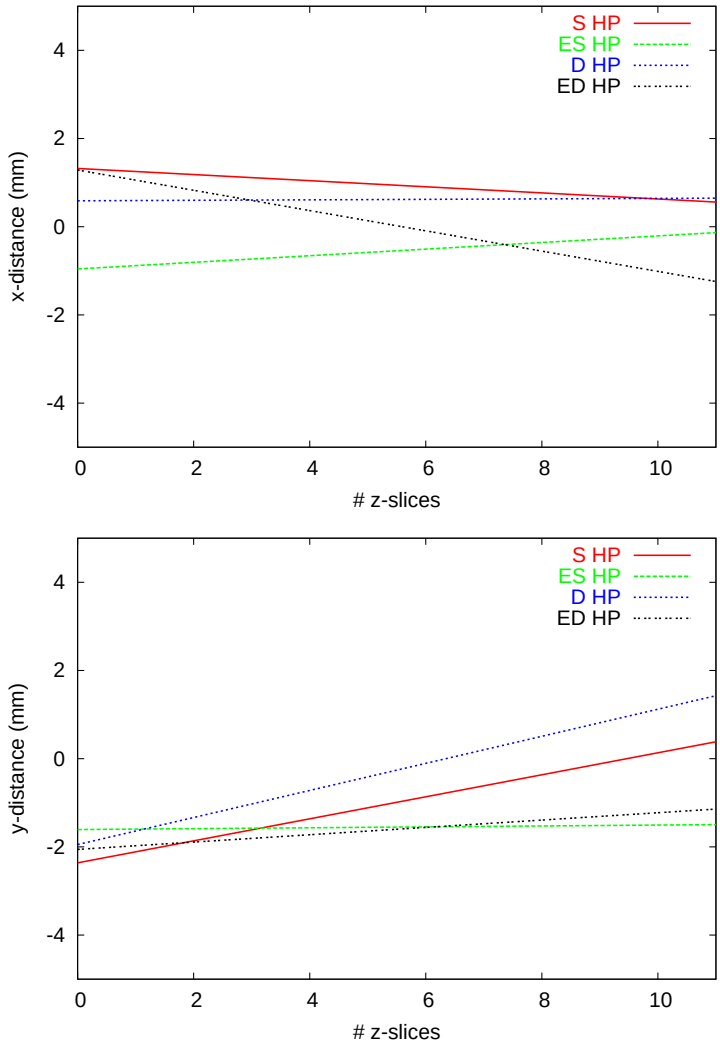


Abbildung A.2: Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–3

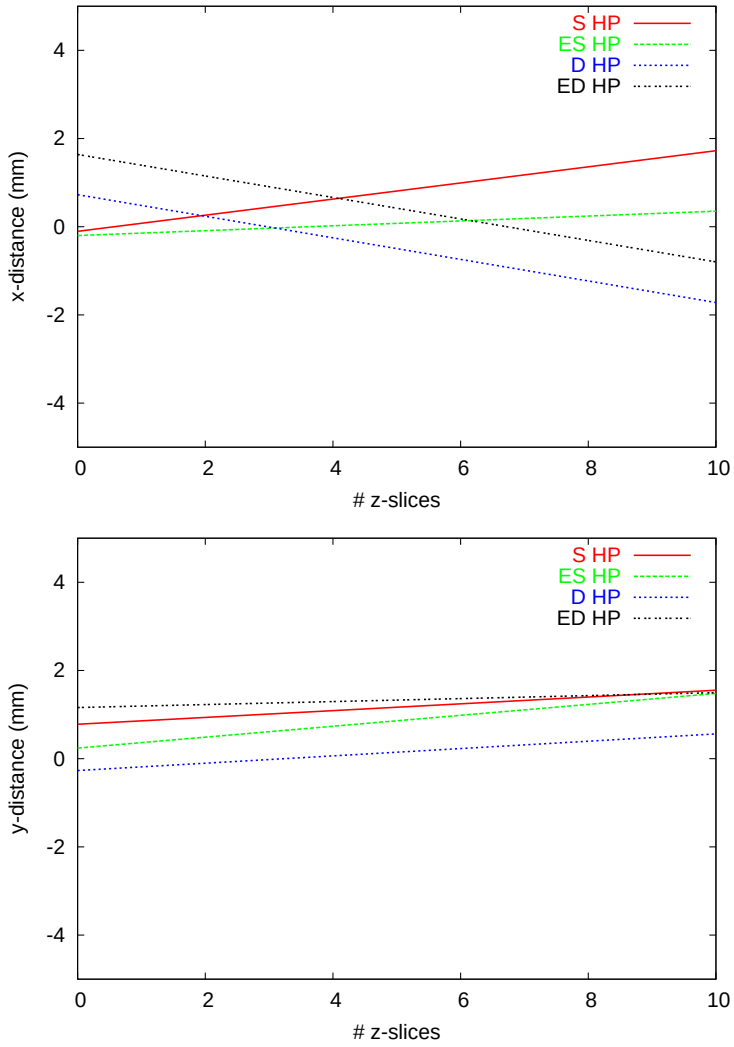


Abbildung A.3: Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–4

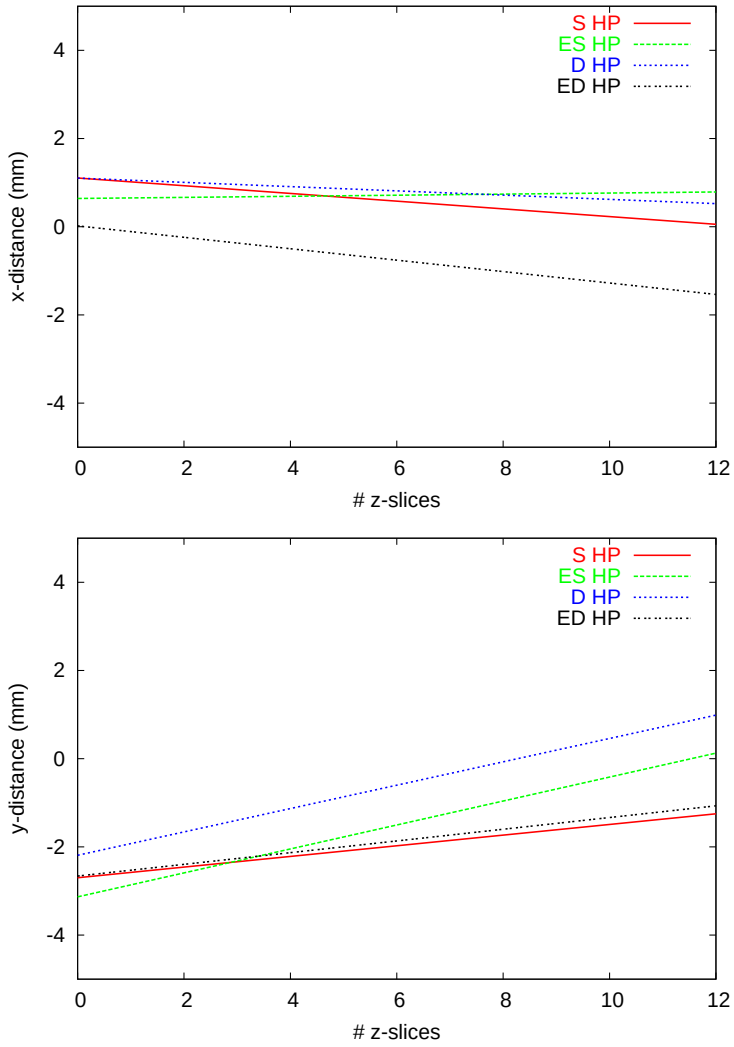


Abbildung A.4: Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–5

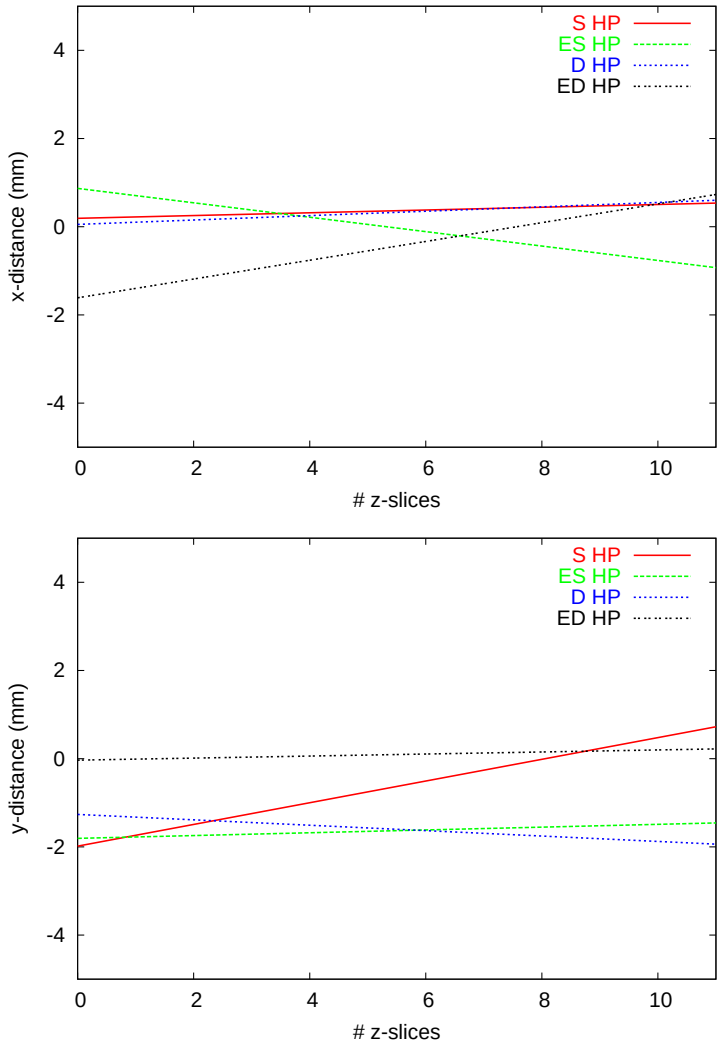


Abbildung A.5: Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–6

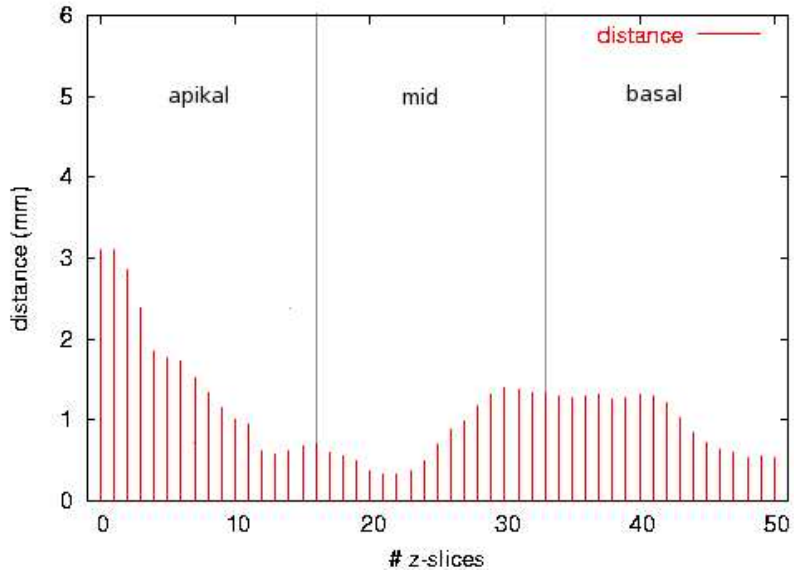


Abbildung A.6: Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse am Beispiel des Datensatzes MRI–4 (1. Herzphase).

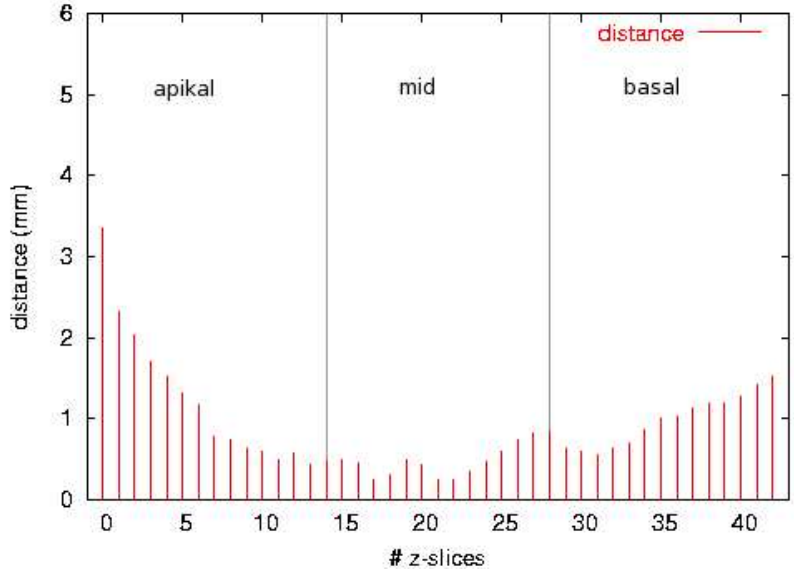


Abbildung A.7: Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse am Beispiel des Datensatzes MRI–6 (1. Herzphase).

Anhang B

Bilddaten: CT–Angiographie Aufnahmen

Für die Tests werden verschiedene Datensätze des Herzens verwendet, es sind MRI– und CT–Datensätze. Im ersten Abschnitt wird die Diskrepanz zwischen dem optimalen und dem real verfügbaren Datenmaterial erläutert. In den beiden folgenden Abschnitten wird jeweils ein MRI– und ein CTA–Datensatz kurz beschrieben und abgebildet.

B.1 Verwendetes — wünschenswertes Datenmaterial

Für die Tests werden idealerweise eine Vielzahl von Datensätzen benötigt, mit denen der entwickelte Algorithmus mit dem Ziel getestet werden kann, aus den Ergebnissen und deren Vergleich, Rückschlüsse auf das entwickelte Verfahren ziehen zu können. Die Bilddaten sollen dafür idealerweise eine ähnlich hohe Auflösung haben, kontrastreich sein und nur minimale Rauschartefakte enthalten.
Es ist äußert schwierig geeignetes Datenmaterial zu bekommen, da die Aufnahmen sehr teuer und die Geräte in Kliniken ständig ausgelastet sind. Bei den zur Verfügung stehenden Bilddaten handelt es sich daher in den meisten Fällen um anonymisierte Patientendaten, also um pathologische Herzdaten. Eine Evaluation ist nur mit Hilfe einer sehr großen Datenmenge möglich, für die sowohl gesundes, als auch pathologisches Datenmaterial benötigt wird. In dieser Arbeit ist eine Evaluation aufgrund der geringen zur Verfügung stehenden Datenmenge nicht möglich.
Neben diesen allgemeinen Anforderungen, ergeben sich durch das entwickelte Koronar–arterien–Konzept sehr spezielle Anforderungen an die Bilddaten. Es werden CTA– bzw. MRA–Daten benötigt, die für die Segmentierung der Koronararterien auf der Herzoberfläche verwendet werden können. Mit den heutigen Geräten und der aktuellen Aufnahmetechnik ist es leider mit Standard–CT–Aufnahmen nicht möglich, die Arterien auf der gesamten Oberfläche, also bis zum Apex zu segmentieren. Im klinischen Alltag werden die Aufnahmen meist unter enormem Zeitdruck durchgeführt, viele Bilddaten sind verrauscht bzw. der Kontrast ist für eine Segmentierung der Koronararterien zu gering. Damit sich die Koronararterien aus CT–Daten auf der gesamten Oberfläche segmentieren lassen, benötigt man spezielle Aufnahmen von Patienten mit großen Arterien. Die Aufnahmen müssen mit einer idealen Menge an Kontrastmittel durchgeführt worden sein, so dass die Arterien möglichst kontrastreich in den Bildda-

ten zu sehen sind. Diese optimalen Voraussetzungen sind, speziell unter dem Zeitdruck unter dem die Aufnahmen im klinischen Alltag gemacht werden, leider sehr selten gegeben.
Die beiden folgenden Abschnitte geben einen Überblick über das verwendete Datenmaterial.

B.2 MRI–Datensätze

Für die Tests werden sechs MRI–Datensätze verwendet. Der hier abgebildete Datensatz B.1 besteht aus 25 Herzphasen, die jeweils durch die Abbildung der 15. Schicht repräsentiert werden. Die Bilddaten wurden in der Auflösung 256×256 aufgenommen, die Voxelgröße beträgt $1.36719 \times 1.36719 \times 5$. Abbildung B.1 zeigt die für die Herzanalyse entlang der LV–Längsachse ausgerichteten Bilddaten.

B.3 CT–Datensätze

Es handelt sich um eine CT–Angiographie Aufnahme, die einen gesamten Herzzyklus in 16 Herzphasen darstellt. In Abbildung B.2 ist jeweils die 141. Schicht der ausgerichteten Herzphase abgebildet. Die Aufnahmen haben eine Auflösung von 512×512 und eine Voxelgröße von $0.404 \times 0.404 \times 0.5$.

B.4 *DICOM*–Standard

DICOM (**D**igital **I**maging and **Co**mmunications in **M**edicine) ist ein standardisiertes Format für medizinische Bilddaten. Durch die Vielfalt an medizinischen Geräten und dem immer häufiger werdenden Datenaustausch zwischen medizinischen Einrichtungen wurde Anfang der 80er Jahre ein standardisiertes Datenformat definiert und entwickelt. Angelehnt an die TCP/IP Standard–Netzwerkprotokolle sind Kommandos und Protokolle definiert, die den Datenaustausch zwischen Geräten verschiedener Hersteller ermöglichen. Erst der allgemeine Standard für medizinische Bilddaten ermöglicht die Entwicklung von Kommunikations– und Bildarchivierungssystemen.
Ein Komitee bestehend aus Mitgliedern der American College of Radiology (ACR) und der National Electrical Manufactures Association (NEMA) definierte 1983 die Standards für DICOM.
Der DICOM–Standard ist an das OSI Modell (**O**pen **S**ystem **I**nterconnection Modell) angelehnt und entwickelt worden. Durch mehrfache Weiterentwicklung ist der heutige Standard Version DICOM 3.0. Ein wichtiges Element ist SOP (**S**ervice **O**bject **P**airs), welches ausführbare Aktionen, beispielsweise das Drucken der aktuellen Bilddaten, beinhaltet.
Neben den reinen Bildinformationen werden im DICOM–Header Zusatzinformationen abgespeichert (siehe Abbildung B.3), u.a. über den Patienten, das Aufnahmeverfahren, z.B. die Schichtdicke oder die Schichtführung. Diese Informationen sind für die Auswertung der Bilddaten durch den Arzt oder die computergestützte Analyse der Bilddaten von großer Bedeutung.

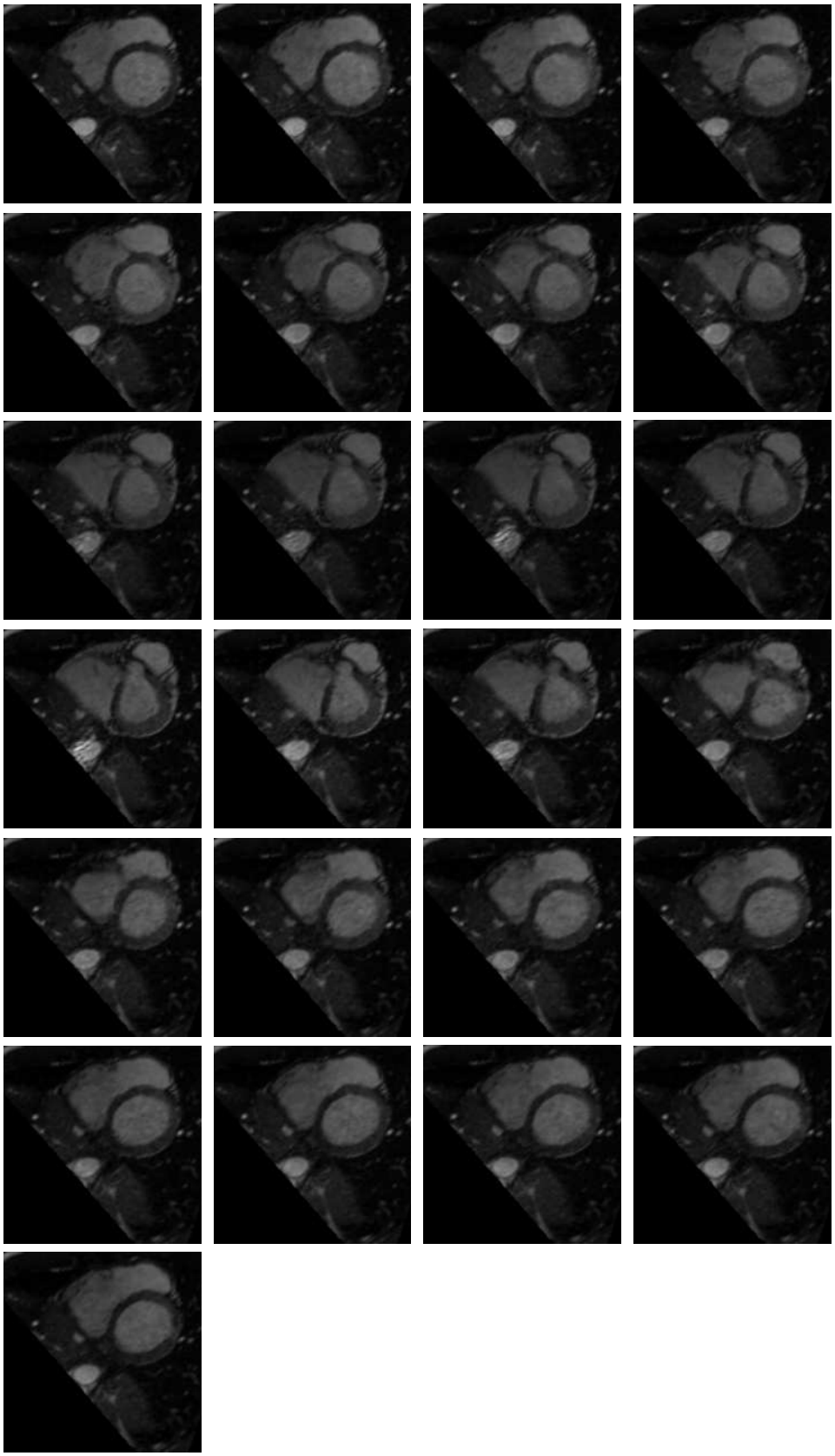


Abbildung B.1: Darstellung eines MRI–Datensatz durch 25 Herzphasen, abgebildet ist jeweils die 34. Schicht.

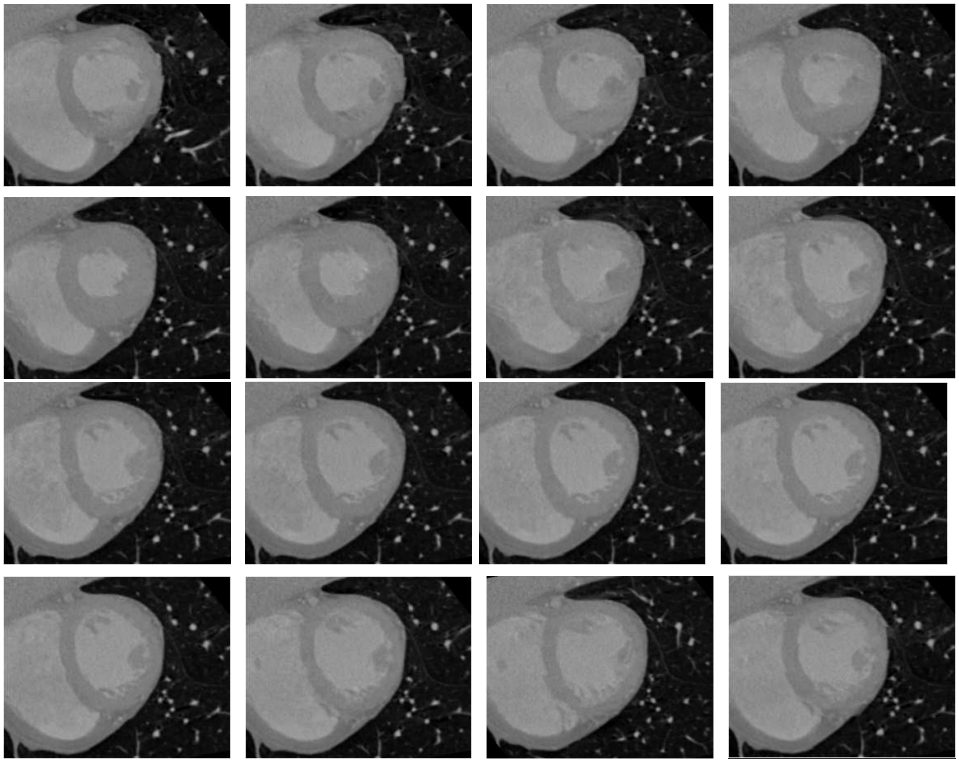
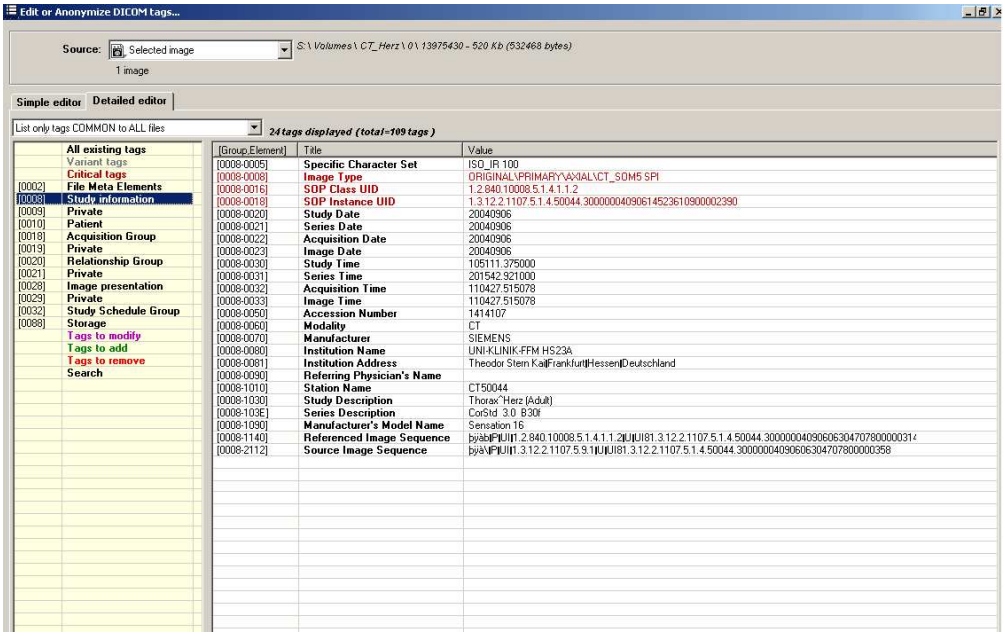


Abbildung B.2: Bildfolge eines Herzzyklus, dargestellt durch 16 CT–Aufnahmen der 141–ten Schicht des Herzens.



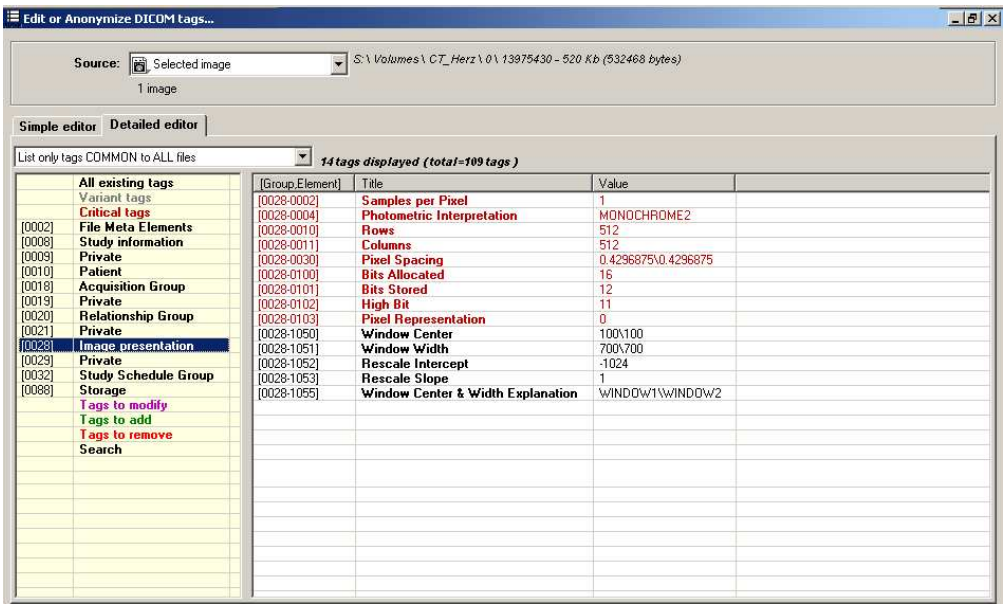


Abbildung B.3: Abbildung zweier Tags des Dicom–Headers

Anhang C

Einbettung der Arbeit

Das Konzept der Arbeit soll in ein Bildverarbeitungs– und Visualisierungs–Toolkit, die *Medical Imaging Platform* (MIP), integriert werden. Die beiden folgenden Abschnitte geben einen Überblick über die Medical Imaging Platform und die von ihr verwendeten Bibliotheken.

C.1 Medical Imaging Platform (MIP)

Die Medical Imaging Platform (MIP) wird in der Abteilung für *Cognitive Computing and Medical Imaging* am Fraunhofer Institut für Graphische Datenverarbeitung (IGD) in Darmstadt entwickelt.
Das Konzept der MIP wurde im Rahmen der Diplomarbeit von Matthias Seitel ausgearbeitet (vgl. [38]). Mit der MIP wird ein Toolkit zur Verfügung gestellt, mit dem unterschiedliche medizinische Daten geladen und analysiert werden können. Beim Entwurf der MIP standen zwei Eigenschaften im Mittelpunkt: Einerseits die Betriebssystemunabhängigkeit, andererseits sollten neue Algorithmen möglichst einfach integriert werden können. Aufgrund der Betriebssystemunabhängigkeit sind auch alle eingebundenen Bibliotheken plattformunabhängig. Die MIP kann unter Windows 98/ME/NT/2000/XP, Linux/Unix und MacOSX entwickelt und angewendet werden. Das Tool ist mit C++ objektorientiert implementiert und das Konzept folgt einem generischen Ansatz. Die folgenden Bibliotheken werden von der MIP verwendet; in Abschnitt C.2 werden die Bibliotheken kurz beschrieben.

- Insight Segmentation and Registration Toolkit (ITK 1.8):
  Eine Bibliothek für die Segmentierung und Registrierung von primär medizinischen Bilddaten.
- Visualization Toolkit (VTK 4.4):
  Eine Visualisierungs–Bibliothek, die viele Möglichkeiten der 2D– und 3D–Computergrafik zur Verfügung stellt.
- wxWidgets 2.4.2:
  wxWidgets ermöglicht die plattformunabhängige Generierung von GUIs.
- Boost 1.30.0:
  Boost stellt eine verbesserte Speicherverwaltung zur Verfügung und verwendet

dafür *Smart Pointer*.

Klassendiagramm C.1 zeigt exemplarisch am Region Growing Algorithmus, wie ein Algorithmus in die MIP eingebaut werden kann. Die Idee besteht darin, einen Algorithmus als Pipeline zu realisieren, die sich aus mehreren Filtern zusammensetzt. Die Filter der Pipeline können entweder ITK entnommen oder neu implementiert werden.
Die MIP stellt vielerlei Funktionalität zur Verfügung. Es können unterschiedliche medizinische Bilddaten geladen werden, entweder Dicom oder Meta–Images. Diese Bilddaten können im axial, sagittal, koronar und in der 3D–Ansicht gleichzeitig angezeigt werden. Die Einstellungen der Visualisierung können in vielerlei Hinsicht verändert werden; so kann beispielsweise der Kontrast erhöht, die Transparenz variiert, die Opazität verändert oder die Renderqualität gewählt werden. Die Datenmenge kann durch die Wahl der ROI begrenzt werden. Neben der 3D–Darstellung gibt es auch die Möglichkeit die Daten als Video abzuspielen, also als 4D–Datensatz (3D+Zeit). Dies ermöglicht die Betrachtung der schlagenden Herzbewegung.
In der MIP sind mehrere Algorithmen zur Segmentierung, Registrierung und zur Analyse implementiert. Die Analyseverfahren verwenden die vorab segmentierten Bilddaten und analysieren beispielsweise das Ventrikelvolumen während des Herzzyklus. Abbildung C.2 zeigt die Oberfläche der MIP im axialen Schnitt links unten, im koronaren Schnitt links oben, im sagittalen Schnitt rechts unten und in der 3D Ansicht rechts oben. In der linken Interaktionsleiste werden die einzelnen Schritte des ausgewählten Algorithmus angezeigt. An dieser Stelle wird die Interaktion bei semiautomatischen Algorithmen realisiert. Manche Eingaben lassen sich auch direkt im Datensatz durch Mausinteraktion durchführen (bspw. die Auswahl der ROI oder das Setzen von Seedpoints). Die Entwicklung der Medical Imaging Platform wird momentan um weitere Registrierungs– und Analysealgorithmen ergänzt.

C.2 Verwendete Bibliotheken

Die MIP verwendet verschiedene Bibliotheken, die in den folgenden Abschnitten beschrieben werden. Die Bibliotheken sind *ITK* (*Insight Segmentation and Registration Toolkit* zur Segmentierung und Registrierung), *VTK* (*Visualization Toolkit* zur Visualisierung), *wxWidgets* (eine Bibliothek für die Entwicklung der Graphischen Benutzerschnittstelle (GUI)) und *boost* (dient der besseren Speicherverwaltung).

ITK — Insight Segmentation and Registration Toolkit

Die *National Library of Medicine Insight Segmentation and Registration* (ITK) ist eine Bibliothek, die für die Segmentierung und Registrierung medizinischer Bilddaten verwendet wird. ITK ist in C++ als plattformunabhängige Bibliothek implementiert, sie kann sowohl unter Windows, Unix oder MacOSX eingesetzt werden.
Die Bibliothek entstand aus einem dreijährigen Projekt des *US National Library of Medicine of the National Institutes of Health*, die eine Open Source Bibliothek für die Registrierung und Segmentierung entwickelten. Mittlerweile ist ITK eine sehr umfangreiche Bibliothek, die in vielen Projekten für die Bildverarbeitung, speziell in medizinischen Anwendungen, eingesetzt wird.
Die Bibliothek wird heute nach dem Modell des *Extreme Programming* entwickelt

(vgl. [39]). Dieses Entwicklungsmodell ist iterativ und prozessorientiert und zeichnet sich durch unmittelbare Rückkopplung aus. Die Entwicklung folgt dem iterativen Prinzip des ständigen Designs — Implementierens — Testens — Verbesserns. Dieses Prinzip lässt sich nur durch eine ständige Kommunikation aller Entwickler untereinander garantieren.
Die Bibliothek arbeitet nach dem Architektur–Prinzip des Datenflusses. Ein Algorithmus wird demnach durch eine *Pipeline* repräsentiert, die nacheinander mehrere Filter ausführen kann. Die Ergebnisse des ersten Filter werden dem zweiten Filter als Eingabe übergeben. Der zweite Filter berechnet eine neue Ausgabe, die wiederum dem nächsten Filter als Eingabe übergeben wird; dieses Prinzip wird bis zum Ende der Pipeline fortgesetzt. Jede Pipeline besteht aus Datenobjekten oder Prozessobjekten. Datenobjekte können Bilder oder Netze sein, sie sind in ITK durch die Klassen `itk::Image` und `itk::Mesh` repräsentiert. Prozessobjekte sind in ITK beispielsweise Filter. Ein Algorithmus wird in einer Pipeline durch seine Einzelschritte repräsentiert. Die einzelnen Zustände innerhalb der Pipeline werden solange aufrecht erhalten bis es nötig wird einen neuen Prozess auszuführen um in einen neuen Zustand zu gelangen.
Zur Architektur zählt auch die Instantiierung der meisten ITK–Klassen durch einen *object–factory* Mechanismus. Dies ermöglicht die Einbindung neuer Klassen zur Laufzeit. Für die Bearbeitung aufwendiger Algorithmen wird das *command/observer* Design eingesetzt. Objekte geben an, dass sie auf ein bestimmtes *Event* warten. Tritt das Event ein, wird das Objekt (z.B. über eine *Callback*–Funktion) darüber informiert, dass das Event eingetreten ist.
Die Implementierung folgt den Anforderungen der *generischen Programmierung* [39]. Das Prinzip basiert auf einer typunabhängigen Algorithmenbeschreibung, man bezeichnet diese Typen als *Templates*. Diese Art der Implementierung ist hoch effizient und ermöglicht es, viele Probleme bereits während des Kompilierens abzufangen.
ITK ist plattformunabhängig und kann unter Windows, Unix und von MacOSX eingesetzt werden. Durch einen *auto–wrap* Prozess können auch verschiedene Sprachen eingebunden werden, z.B. Java, Tcl and Python. Die Anbindung der Sprachen wie Tcl oder Python stellt ITK durch Interfaces her, die mit *Wrappern* automatisch erzeugt werden.
Für die intelligente Speicherverwaltung verwendet ITK Smart–Pointer. Wird die Referenz auf ein Objekt gelöscht, wird auch das referenzierte Objekt frei gegeben. Zum Kompilieren von ITK wird das plattformunabhängige *Cmake* verwendet. Unter Unix generiert es Makefiles, während unter Windows Projekte erzeugt werden.
ITK unterstützt keine Visualisierung oder graphische Schnittstellen, es stellt auch nur wenige Schnittstellen für Dateien zur Verfügung. Für solche Aufgaben werden andere Bibliotheken verwendet, z.B. VTK.
Weiterführende Information zu ITK, ein *ITK Software Guide* und die Möglichkeit des Downloads von ITK finden sich unter

`http://www.itk.org`.

VTK — Visualization Toolkit

Das *Visualization Toolkit* (VTK) ist ein frei verfügbares Softwaresystem. Die Open Source Bibliothek enthält vielfältige Visualisierungsmöglichkeiten der 2D– / 3D– Com-

putergrafik und zum Teil auch der Bildverarbeitung. Häufig ist es sinnvoll eine Bildverarbeitungsbibliothek (ITK) mit einer Visualisierungsbibliothek (VTK) zu kombinieren. Zu diesem Zweck gibt es zwischen VTK und ITK ein Interface, das die Nutzung beider Bibliotheken ermöglicht. Dieses Interface zur Einbindung beider Bibliotheken wird auch von der MIP verwendet.
Das *Visualization Toolkit* ist mit C++ und nach den Ideen der objektorientierten Programmierung implementiert worden. Nach *ISO/IEC 2382-15 (1998)*[1] bezieht sich objektorientiert stets auf eine Technik oder Programmiersprache, die Objekte, Klassen und Vererbung unterstützt. VTK lässt sich unter verschiedenen Platformen implementieren und verwenden, wie z.B. unter Unix–Plattformen, PC (Windows 95/98/NT/ 2000/XP) und Mac OSX Jaguar.
Da VTK auf einem höheren Abstraktionslevel implementiert wurde als beispielsweise OpenGL, können Anwendungen direkt in verschiedenen Sprachen, wie z.B. C++, Tcl, Java oder Python programmiert werden.
VTK stellt vielfältige 3D–Widgets zur Verfügung (z.B. Punkte Linien, Ebenen, Boxen, Kugeln und Bildebenen). Auch für die 3D–Grafik werden viele Optionen zur Verfügung gestellt; dazu gehören Oberflächen– und Volumen–Rendering, verschiedene Beleuchtungen, Kameras, Modellierung oder auch die Delauney Triangulierung.
VTK stellt ein großes Spektrum für 3D–Grafikvisualisierungen zur Verfügung und wird daher auch von der MIP verwendet. Ausführliche Informationen zu VTK finden sich auf folgender Webseite:

`http://www.vtk.org`.

wxWidgets

wxWidgets ist ein Open Source GUI Framework, das bis Februar 2004 *wxWindows* hieß und die einfache Entwicklung von graphischen Benutzeroberflächen (GUI) ermöglicht. wxWidgets unterstützt eine allgemeine *API* (Application Programming Interface) für verschiedene GUI Funktionalitäten, bspw. das Speichern und Löschen von Dateien. Es wird zwar eine allgemeine, plattformunabhängige API verwendet, diese verwendet aber die GUI's (Graphical User Interface) der jeweiligen Plattform.
Die Bibliothek ist plattformunabhängig und wurde bereits 1992 mit diesem Hauptziel konzipiert. Julian Smart begann 1992 am Artifical Intelligence Application Institute University of Edingburgh mit der Entwicklung. wxWidgets kann unter Windows 95/98/ME/NT/2K/XP, Linux/Unix mit GTK+ toolkit und MacOS eingesetzt werden. Zusätzlich wird auch eine Vielzahl von Compilern für Windows und allen bekannten Unix Compiler für Motif– und GTK–Plattformen unterstützt.
wxWidgets ist mit C++ objektorientiert implementiert und als freie Open Source Software verfügbar. Es kann also für vielfältige Projekte, verschiedener Plattformen kostenlos eingesetzt werden.
wxWidgets unterstützt auch Basisfunktionalitäten wie Arrays, verlinkte Listen, Hash–Tabellen und Strings. Die Anwendung ist sehr intuitiv und einfach realisierbar, es können viele Aspekte einfach eingebaut werden (z.B. Dialoge, ein virtuelles Filesystem oder eine OpenGL–Anbindung). In wxWidgets sind auch Klassen für die Anzeige und den Druck via HTML enthalten. Es wird außerdem die Anbindung an Datenbanken,

[1] ISO ist die *International Organization for Standardization* (siehe `http://www.iso.org`).

das Laden und Speichern verschiedener Bildformate und Multithreading unterstützt.
Ausführliche Informationen zu wxWidgets finden sich unter

`http://www.wxwidgets.org`.

Boost

Boost ist eine frei verfügbare Bibliothek, die eine verbesserte Speicherverwaltung zur Verfügung stellt. Die Speicherverwaltung wird mittels Smart Pointer realisiert, die den Speicherplatz freigeben, sobald kein Pointer mehr auf das jeweilige Objekt verweist.
Die Entwicklung der Boost Library wurde von den Mitgliedern der *C++ Standards Committee Library Working Group* begonnen und wird heute von vielen C++ Programmieren nach dem Open Source Prinzip weiterentwickelt.
Die Bibliothek ist mit C++ implementiert und verwendet Templates und die C++ Standard Library.
Ausführliche Informationen zur Boost Library finden sich unter

`http://www.boost.org`.

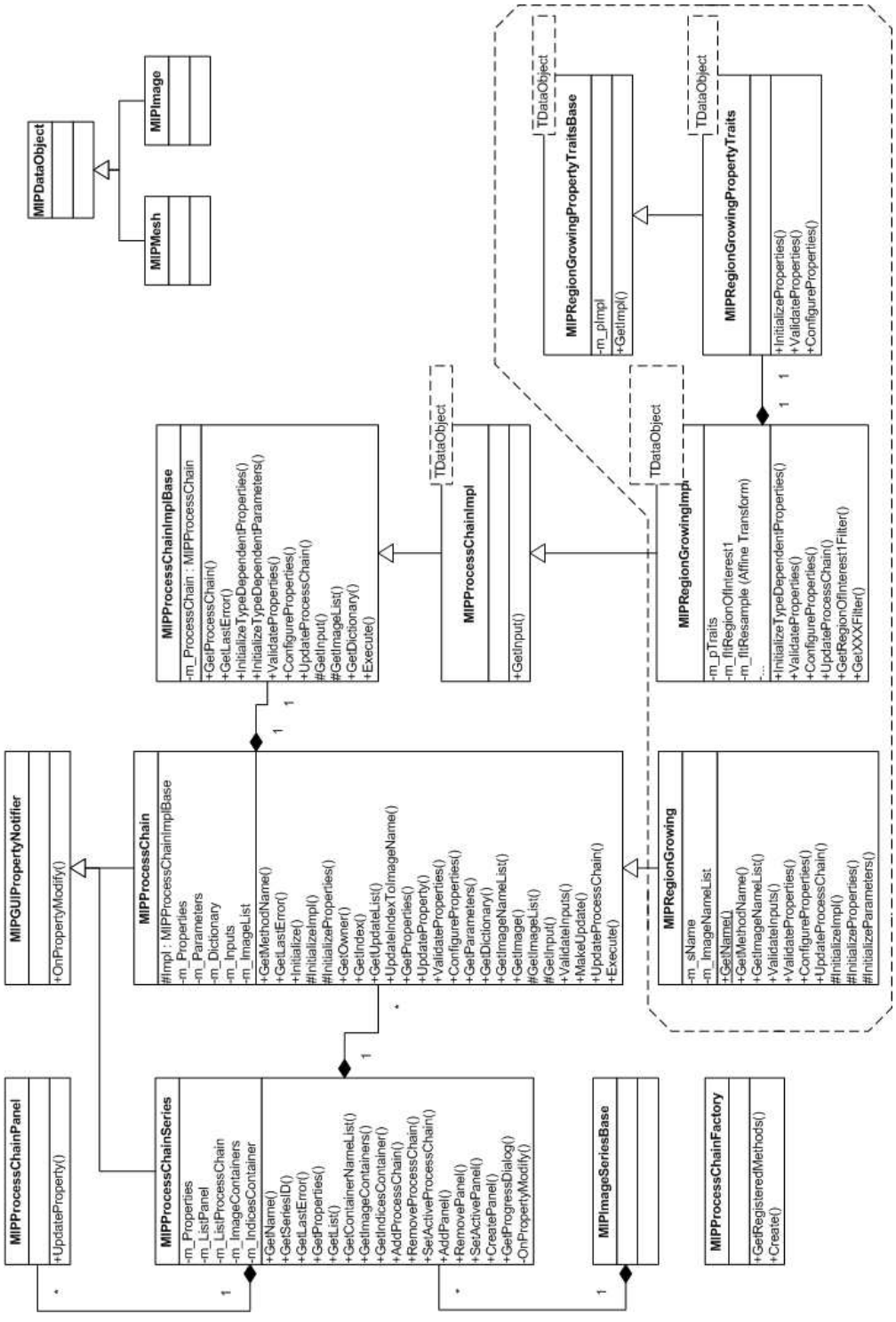


Abbildung C.1: Klassendiagramm der Medical Imaging Platform.

Abbildung C.2: Graphische Benutzoberfläche der *Medical Imaging Platform*.

Abbildungsverzeichnis

2.1 Darstellungsmöglichkeiten medizinischer Bilddaten durch unterschiedliche Schnitte des aufgenommenen Objekts: links die axiale, in der Mitte die sagittale und rechts die koronare Ansicht, [1]. 5
2.2 Die Hounsfield–Tabelle gibt eine Übersicht, welche Schwächungswerte die Gewebe der einzelnen Organe haben. Die Werte sind jeweils im Bezug zum Schwächungskoeffizienten von Wasser angegeben (aus [8], Seite 94). 7
2.3 Aufbau eines Spiral–CT's (aus [8]). 8
2.4 Aufbau des Herzens aus [11] Seite 8. 10
2.5 Diagramm zur Visualisierung des Herzvolumens während der Systole und der Diastole (vgl. [12] Seite 112). 12
2.6 Systolische Rotationsbewegung (links), diastolische Rotationsbewegung (rechts). 12
2.7 Links ist die Ausgangssituation abgebildet. Das mittlere ist das aktuell relevante Pixel. Im nächsten Schritt werden die Grauwerte aller Pixel der lokalen Nachbarschaft sortiert. Der Grauwert des aktuellen Pixels wird durch den mittleren Grauwert der Liste ersetzt. 14
2.8 Die Pipeline zeigt die einzelnen Schritte der Segmentierung. Der Connected Threshold Schritt segmentiert den linken Ventrikel auf den aufbereiteten Bilddaten. Die Legende der Flußdiagramme findet sich in Abschnitt 3.4. 15
2.9 Links ist das Segmentierungsergebnis im axialen Schnitt und rechts in der 3D–Ansicht abgebildet. 16
2.10 Approximation einer Achse aus einer 3D–Punktemenge. 16
2.11 Segmentierung der Koronararterie und Bestimmung der Mittellinie [20]. 19
2.12 Links ist der Ausgangszustand abgebildet, in dem zwei beliebige Geradensegmente g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ in demselben 3D–Koordinatensystem definiert sind. Die Mittelpunkte beider Segmente sind mit m_{t_i} und $m_{t_{i+1}}$ gekennzeichnet. Die rechte Abbildung zeigt die Orientierung der Achsen nach der Translation von $g_{t_{i+1}}$. Beide Geradensegmente schneiden sich im Mittelpunkt von g_{t_i}. Rechts ist außerdem der Schnittwinkel beider Geraden δ und der zu beiden Segmenten orthogonale Vektor o eingezeichnet. 21
2.13 Rotation um die Eulerwinkel α, β und γ. 22

2.14 Abbildung oben links visualisiert die Translation beider Punkte um den Abstand ihres korrespondierenden Rotationszentrums c_1 bzw. c_2 in Richtung Ursprung. Oben rechts wird p_2' translatiert, so dass der Abstand beider Punkte zum Ursprung identisch ist. Der translatierte Punkt muss auf einer Gerade liegen, die zwischen p_2' und dem Ursprung aufgespannt wird. Anschließend wird die Rotationsbewegung zwischen p_1' und p_2'' berechnet (untere Abbildung). 24

3.1 Abbildung des linken Ventrikels im Kurzachsenschnitt mit eingezeichneten B–Splines [22]. 26
3.2 SPAMM Bild, bei dem die extrahierten Punkte und die Kontur des Myokards eingezeichnet sind [23]. 27
3.3 Das Modell besteht aus Konturpunkten p und SPAMM–Punkten m [23]. 29
3.4 Die Abbildung visualisiert die Kraft, die von einem SPAMM Punkt m ausgeht [23]. 29
3.5 Aus dem Verfahren von Bardinet ergibt sich ein 3D–Modell, es besteht aus 125 Punkten und 11 Parametern [26]. 31
3.6 Links ist ein Hundeherz mit vertikalen Tagginglinien und rechts ist das korrespondierende fouriertransformierte Bild mit den spektralen Peaks abgebildet [27]. 31
3.7 Beide Abbildungen sind aus dem spektralen Peak des im Fourier Bild oben rechts eingekreisten Peaks extrahiert worden. Mittels der inversen Fourier–Transformation wird ein komplexes Bild bestimmt. Links ist das harmonische Magnitudenbild und rechts das korrespondierende Phasenbild abgebildet [27]. 32
3.8 Die markierten Punkte auf dem Tagging–Gitter werden während eines Herzzyklus verfolgt (vgl. [27]). 33
3.9 Beide Abbildungen zeigen jeweils die LV–Kontur zu den Zeitpunkten t_i und t_{i+1}. Links sind die initialen Punktkorrespondenzen angezeigt, zu denen teilweise keine sinnvollen Punktkorrespondenzen gefunden werden. Rechts sind die Punktkorrespondenzen nach Anwendung des optimierenden Filters im Euklidschen Raum dargestellt, die Korrespondenzen sind hier wesentlich kontinuierlicher und verweisen auf Punkte mit ähnlichen Kontureigenschaften [32]. 35
3.10 Die Flussdiagramme setzen sich aus Prozessen, Datenspeicher und Datenflüssen zusammen. 38
3.11 Konzept 1. Das gesamte Konzept besteht aus vier Modulen. Aus einem *Vorverarbeitungsschritt*, der *Kontraktionsbewegungsanalyse*, die k_a berechnet, dem *achsenbasierten Tracking*, das $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und α, β, γ bestimmt und dem *Koronararterien–Tracking*, das γ_{m_n} berechnet. 39
3.12 Die Vorverarbeitung besteht aus drei Schritten, aus der Segmentierung des linken Ventrikels, der Approximation der Längsachsen und der Segmentierung der Koronararterien. 40
3.13 Das achsenbasierte Tracking berechnet die Bewegungsparameter $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und α, β, γ. 41

3.14 Die Achsen g_{t_i} und $g_{t_{i+1}}$ repräsentieren die LV–Achsen. Die berechneten Rotationswinkel geben die Rotation um die z–, y– und die z–Achse an. Unten links ist das Weltkoordinatensystem (WK) eingezeichnet. . 42
3.15 Beim Koronararterien–Tracking werden die Koronararterien segmentiert. Anschließend werden die Verzweigungen innerhalb des Arteriensegments bestimmt, die als Landmarken verfolgt werden. Aus den eindeutigen Verzweigungspunkten zum Zeitpunkt t_i und t_{i+1} wird die Rotationsbewegung γ_{m_n} abgeleitet. 43
3.16 Durchmesser der Koronararterie 44
3.17 Die Abbildung zeigt zwei durch Pfeile markierte Beispiele für die Verzweigungen der Herzkranzgefäße. Aus solchen Verzweigungspunkten wird beim Koronararterien–Tracking die Bewegung abgeleitet. 44
3.18 Konzept 2. Das gesamte Konzept besteht aus vier Modulen: einem *Vorverarbeitungschritt* und der *Kontraktionsbewegungsanalyse*, die k_a berechnet; der *achsenbasierte Schritt* bestimmt $t = (t_x, t_y, t_z)^T$ und α, β, γ; durch die *Registrierung* wird die drehende Rotation γ_{m_n} berechnet. 45
3.19 Die Vorverarbeitung des Registrierungs–Konzepts besteht aus zwei Schritten, der Segmentierung des linken Ventrikels und der Approximation der Längsachse des linken Ventrikels. 45
3.20 Der achsenbasierte Schritt besteht im Unterschied zum achsenbasierten Tracking aus der Berechnung der Bewegungsparameter und zusätzlich aus der Schichtenverfolgung, die vom Registrierungsalgorithmus benötigt wird. 46
3.21 Die Abbildung zeigt die Bewegung und die damit verbundene Längsachsenverkürzung des LV's im sagittalen Schnitt. Von oben nach unten ist das segmentierte LV in einer systolischen, der endsystolischen, einer diastolischen und der enddiastolischen Herzphase abgebildet. 47
3.22 Die Registrierung wird durch eine schichtenbasierte oder eine modellbasierte Registrierung durchgeführt. 48
3.23 Schichtenbasierter Ansatz. 48
3.24 Modellbasierter Ansatz. 48
3.25 Konzept 3. Das Konzept besteht aus der Vorverarbeitung, der Kontraktionsbewegungsanalyse, dem achsenbasierten Schritt, der semiautomatischen Rotationsbewegungsanalyse und der Visualisierung. . . . 49
3.26 Die Vorverarbeitung des Registrierungs–Konzepts besteht aus zwei Schritten, aus der Segmentierung des linken Ventrikels und der Approximation der Längsachse des linken Ventrikels. 50
3.27 Der achsenbasierte Schritt berechnet die Bewegungsparameter $t = (t_x, t_y, t_z)^T$, α, β, γ und bestimmt die korrespondierenden Schichten. 50
3.28 Semiautomatische Berechnung der Rotationsbewegung γ_{m_n} um die LV–Längsachse. 51
3.29 Horizontale Dreiteilung des linken Ventrikels in Apikal–, Mid– und Basal–Bereich. 51

3.30 Die Abbildungen zeigen in der oberen und unteren Reihe jeweils vier axiale Schnitte der 9., 15., 18. und 21. Herzphase. Da die Papillarmuskulatur nicht mitsegmentiert wird, ergeben sich diese Einbuchtungen der LV–Kontur, die in allen vier abgebildeten Herzphasen enthalten sind. In der unteren Zeile sind jeweils drei Landmarken markiert. Die vier eingekreisten Punkte markieren denselben markanten Punkt der LV–Kontur. Solche Punktkorrespondenzen werden für die semiautomatische Rotationsbewegungsanalyse verwendet. 52

4.1 Beide Zeilen zeigen von links nach rechts jeweils eine axiale, koronare und eine sagittale Ansicht der Segmentierungsergebnisse. In der oberen Zeile sind die Segmentierungsergebnisse des LV's abgebildet, die untere Zeile zeigt die Ergebnisse der Segmentierung des LV's + Myokard. 55
4.2 Die Klasse *MIPLongAxisExtractor* stellt die Funktionalität zur Berechnung der Längsachse aus einer Punktemenge zur Verfügung. . . . 56
4.3 Das Flussdiagramm gibt einen Überblick über die Berechnung der Translation und Rotation aus den Längsachsen. 57
4.4 Die Klasse *MIPLVAxisAnalyzer* stellt diverse Funktionen für die LV–Achsenanalyse zur Verfügung. 58
4.5 Berechnung des Rotationsmittelpunkts aus drei Punkten. 59
4.6 UML–Diagramm zur Implementierung der Rotation um die LV–Achse. 61
4.7 Die Klasse *MIPCardiacTwistAnalyzer* berechnet die Rotationsbewegung des LV's um die Längsachse. 62
4.8 Sequenzdiagramm zur Berechnung der Rotationsbewegung um die Längs–achse. 62
4.9 Vorgehensweise zur Visualisierung der Schwerpunkte 63
4.10 Visualisierung der LV–Achse 63

5.1 Die Abbildung zeigt die aus den Schwerpunkten approximierte Gerade (schwarz) und die vom Anwender manuell definierte Gerade (rot). Der Anwender definiert die rote Gerade durch zwei Punkte, die er innerhalb der Bilddaten markiert. 65
5.2 Abstand in x–Richtung zwischen den vom Anwender durch zwei Punkte manuell definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Datensatz MRI–1 66
5.3 Abstand in y–Richtung zwischen den vom Anwender durch zwei Punkte definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Datensatz MRI–1 67
5.4 Abgebildet sind die LV–Achse und die Schwerpunkte der q aus der die Achse approximiert wurde. 67
5.5 Abgebildet ist der Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse in *mm*. Die LV–Achse wird aus den Schwerpunkten aller axialen Schichten approximiert. 68
5.6 Rotation aller Herzphasen am Beispiel des Datensatzes MRI–1. Die Rotation des Objektes im Objektkoordinatensystem ist definiert als Rotation um die z–, y– und wieder um die z–Achse. 69

5.7 Translation aller Herzphasen am Beispiel des Datensatzes MRI–1. Die Translation wurde im Weltkoordinatensystem bestimmt. 70
5.8 3D–Position der LV–Achsen am Beispiel des Datensatzes MRI–1. . . 71
5.9 Abfolge von 3D–Darstellungen des LV's mit eingezeichneter LV–Achse, abgebildet sind von links oben nach rechts unten die 0., 5., 10., 15. und 20. Herzphase des MRI–1 Datensatzes. 72
5.10 Längen der LV–Achsen in allen Herzphasen 73
5.11 Die Abbildung zeigt die Bewegung des LV's im sagittalen Schnitt. Von oben nach unten ist das segmentierte LV in einer systolischen, der endsystolischen, einer diastolischen und der enddiastolischen Herzphase abgebildet. 74
5.12 Die korrespondierenden Schichten werden am Beispiel des MRI–1 Datensatz und in Abhängigkeit der gesamten LV–Achsenlänge bestimmt. 75
5.13 Beide Abbildungen zeigen denselben axialen Schnitt des LV's, einmal ohne und einmal mit Markierung möglicher Landmarken. 75
5.14 Abgebildet ist die Rotation während Systole und Diastole im basalen Bereich am Beispiel des MRI–1 Datensatzes. 76
5.15 Abgebildet ist die Rotation während Systole und Diastole im apikalen Bereich am Beispiel des MRI–1 Datensatzes. 77
5.16 Für die Analyse der Drehbewegung unterteilt Petitjean in [29] den LV in vier Segmente und gibt für jedes einen eigenen Rotationsverlauf an. Die Tests werden auf Landmarken durchgeführt, die sich in allen vier Segmenten befinden, wobei einige Landmarken das Segment durch die Bewegung wechseln, nämlich vom ersten zum zweiten und vom dritten zum vierten Segment. 78
5.17 LV–Achsenlängen des CT–1 Datensatzes während eines Herzzyklus. . 79
5.18 Achsenkorrespondenzen am Beispiel des CT–1 Datensatzes. 80
5.19 Rotation und Translation berechnet aus der Achsenbewegung des Datensatzes CT–1. 81
5.20 Translation der Achsen durchgeführt mit dem Datensatz CT–1. 82
5.21 3D–Position der LV–Achsen (0., 3., 6., 9., 12. HP), durchgeführt mit dem Datensatz CT–1. 83
5.22 Rotation des LV's im basalen Bereich (CT–1). 83
5.23 Rotation des LV's im apikalen und basalen Bereich (CT–1). 84
5.24 Segmentierungsergebnisse des CT–1 Datensatzes. Von links nach rechts sind der axiale, der koronare und der sagittale Schnitt abgebildet. . . . 84
5.25 Abfolge von 3D–Darstellungen des LV's mit eingezeichneter LV–Achse. Abgebildet sind von links oben nach rechts unten die 0., 4., 8., 12. Herzphase des CT–1 Datensatzes. 85
5.26 Überblick über die möglichen Fehlerquellen des gesamten Verfahrens. 85

A.1 Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–2 II

A.2 Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–3 III
A.3 Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–4 IV
A.4 Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–5 V
A.5 Abstand zwischen den vom Benutzer definierten Achsen zu den LV–Achsen, die durch den Algorithmus berechnet wurden. Der Abstand in x–Richtung ist oben und der Abstand in y–Richtung ist unten abgebildet. Datensatz MRI–6 VI
A.6 Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse am Beispiel des Datensatzes MRI–4 (1. Herzphase). VII
A.7 Abstand der Schwerpunkte zur LV–Achse am Beispiel des Datensatzes MRI–6 (1. Herzphase). VII

B.1 Darstellung eines MRI–Datensatz durch 25 Herzphasen, abgebildet ist jeweils die 34. Schicht. X
B.2 Bildfolge eines Herzzyklus, dargestellt durch 16 CT–Aufnahmen der 141–ten Schicht des Herzens. XI
B.3 Abbildung zweier Tags des Dicom–Headers XII

C.1 Klassendiagramm der Medical Imaging Platform. XVIII
C.2 Graphische Benutzoberfläche der *Medical Imaging Platform*. XIX

Tabellenverzeichnis

3.1 Auflistung aller Parameter, die durch den Ansatz von Park [23] bestimmt werden können. 28

4.1 Für die Bestimmung der Rotationsmittelpunkte wurden Landmarken in der 38. und 44. axialen Schicht markiert. Aus den korrespondierenden Punkten, die einmal in der 0., 1., 2. und einmal in der 10., 17., 24. Herzphase ausgewählt wurden, konnten die Rotationsmittelpunkte berechnet werden. Der erwartete Rotationsmittelpunkt ist der Schwerpunkt der segmentierten Region und liegt in der 44. Schicht bei $(155.39, 145.21, 44)$ und in der 38. Schicht bei $(156.52, 145.67, 38)$. Die erwarteten Werte stimmen mit den berechneten Mittelpunkten nicht überein, daher lassen sich die Rotationsmittelpunkte nicht unmittelbar aus den Landmarken berechnen. (Angaben in Voxeln) 60

5.1 Übersicht über alle MRI– und CT–Datensätze, mit denen das Verfahren getestet wird. Die Datensätze CT–2 und CT–3 können für die Tests nicht verwendet werden, da sie zu stark verrauscht sind und eine Segmentierung des LV's auf den Bilddaten nicht durchgeführt werden kann. 64

Literaturverzeichnis

[1] Prof. Dr. Thomas Tolxdorff. Bilverarbeitung. Vorlesungsskript, Institut für Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie, Charite Campus Benjamin Franklin, 04/05.

[2] Heinz Morneburg, editor. *Bildgebende Systeme für die medizinische Diagnostik*. Siemens Aktiengesellschaft, Erlangen, 1995. dritte wesentlich überarbeitete und erweiterte Ausgabe.

[3] Dr. med. Jörg Büsselberg and Andreas Gierke. Kernspintomographie, 21.04.05. http://www.diagnostik–berlin.de/kernspintomographie.html.

[4] Hans Sillescu. *Kernmagnetische Resonanz: Einführung in die theoretischen Grundlagen*. Springer Verlag Berlin, Heidelberg, 1966.

[5] K.T. Baudendistel, J.T. Heverhagen, and M.V. Knopp. Klinische MRT bei 3Tesla: Aktueller Stand. In *Radiologie 2004*, volume 44, pages 11–18. Springer–Verlag, 2003.

[6] Ralph Noeske. *Anwendung der Hochfeld–(3–Tesla)–NMR–Tomographie: Abbildung des menschlichen Herzens und NMR–Thermographie an Phantomen für eine Tiefenhyperthermie*. PhD thesis, FU Berlin, Berlin, 2000.

[7] Heinz Handels. *Medizinische Bildverarbeitung*, pages 7–33. B.G. Teubner Stuttgart, Leipzig, 2000.

[8] Erich Krestel, editor. *Bildgebende Systeme für die medizinische Diagnostik*. Siemens Aktiengesellschaft, Berlin und München, 1988. zweite Ausgabe.

[9] *Brockhaus — Die Enzyklopädie: in 24 Bänden*. Leipzig, Mannheim, 1996. 19. überarb. und aktualisierte Auflage, Band 2, Seite 606.

[10] Gerhard Thews, Ernst Mutschler, and Peter Vaupel. *Anatomie, Physiologie, Pathophysiologie des Menschen*, chapter 8, pages 167–212. Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft mbH Stuttgart, 1999. 5., völlig neu bearbeitete und erweiterte Ausgabe.

[11] Lukas Zürcher. *Simulation der Strömung in der menschlichen Aorta*. PhD thesis, Universität Karlsruhe, Karlsruhe, 2003.

[12] Rainer Klinke and Stefan Silbernagl, editors. *Lehrbuch der Physiologie*, pages 109 – 143. Georg Thieme Verlag, Stuttgart, 2001. dritte., vollständig überarbeitete Ausgabe.

[13] Bernd Jähne. *Digital Image Processing*, pages 315–338, 375–412. Springer–Verlag Berlin Heidelberg New York, 5th revised and extended edition, 2002.

[14] S. Wesarg, C. Dold, T. Tadge, and M. Seitel. Analyse des linken Ventrikels nach AHA–Richtlinien unter Verwendung von VTK. In *Bildverarbeitung für die Medizin*, März 2005.

[15] C. Dold, S. Wesarg, E. A. Firle, and M. Seitel. 4D–Segmentierung des linken Ventrikels basierend auf Region Growing und einer speziellen Bildaufbereitung angewendet auf CT, MR und U/S. In *Bildverarbeitung für die Medizin*, Heidelberg, März 2005.

[16] David Eberly. Least Squares Fitting of Data, September 2001. http://www.magic–software.com.

[17] Katrin Wedekind. Analyse, Implementierung und Evaluation von Matchingverfahren in der medizinischen Bildverarbeitung. Master's thesis, Deutsches Krebsforschungszentrum Abteilung Medizinische und Biologische Informatik (MBI), 1995.

[18] Moshfeghi M. Elastic matching of multimodality medical images. volume 53(3), pages 271–282. CVGIP: Graphical Models and Images Processing, 1991.

[19] Hamadeh A., Lavallee S., Szeliski R., Cinquin P., and Peria O. Anatomy–based registration for computer–integrated surgery. In Lecture Notes in Computer Science, editor, *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, volume 905, pages 213–218. In Ayache N, 1995.

[20] Stefan Wesarg and Evelyn A. Firle. Segmentation of Vessels: The Corkscrew Algorithm. Darmstadt, Germany, 2004.

[21] Matt Mason. 6. representing rotation, mechanics of manipulation. http://www.cs.cmu.edu/ mason.

[22] Amir A. Amini, Petia Radeva, Mohamed Elayyadi, and Debiao Li. Measurement of 3D Motion of Myocardial Material Points from Explicit B–Surface Reconstruction of Tagged MRI Data. St. Louis, MO 63110–1093. CVIA Lab, Box 8086, 660 S. Euclid, Washington University Medical Center. http://www–cv.wustl.edu.

[23] Jinah Park, Dimitri Metaxas, and Leon Axel. Analysis of Left Ventricular Wall Motion Based on Volumetric Deformable Models and MRI–SPAMM, 1996.

[24] Ales Jaklic and Franc Solina. Moments of Superellipsoids and their Application to Range Image Registration. In *Spacial Issue on 3D Image Analysis and Modeling*. IEEE SMC–Part B: Cybernetics, 2003.

[25] Chief Editor and Walter Ledermann. *Handbook of Applicable Mathematics*, volume V. John Wiley & Sons Ltd, 1985.

[26] Eric Bardinet, Laurent D. Cohen, and Nicholas Ayache. Tracking and motion analysis of the left ventricle with deformable superquadrics. In *Medical Imaging Analysis*, volume 1, pages 129–149. Oxford University Press, 1996.

[27] Nael F. Osman, William S. Kerwin, Elliot R. McVeigh, and Jerry L. Prince. Cardiac Motion Tracking Using CINE Harmonic Phase (HARP) Magnetic Resonance Imaging. Wiley InterScience, 1999.

[28] Christopher C. Moore, Carlos H. Lugo-Olivieri, Elliot R. McVeigh, and Elias A. Zerhouni. Three–dimensional Systolic Strain Patterns in the Normal Human Left Ventricle: Characterization with Tagged MR Imaging. In *Radiology*, number 214, pages 453–466, 2000.

[29] Caroline Petitjean, Nicolas Rougon, Francois Preteux, Philippe Cluzel, and Philippe Grenier. Measuring myocardial deformations in tagged MR image sequences using informational non rigid registration. In Springer-Verlag, editor, *FIMH*, pages 162 – 172, Berlin Heidelberg, 2003.

[30] L. Pan, J. A. Lima, and N. F. Osman. A new HARP–based Method for Fast Tracking of 3D Cardiac Motion. Number 11, Toronto, Canada, 2003. International Society for Magnetic Resonance in Medicine.

[31] Samuel M. Song and Richard M. Leahy. Computation of 3–D Velocity Fields from 3–D Cine CT Images of a Human Heart. In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 10, pages 295–306, September 1991.

[32] John C. McEachen and James S. Duncan. Shape–Based Tracking of Left Ventricular Wall Motion. In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 16, pages 270–283. IEEE, June 1997.

[33] Tvrtko Macan and Sven Loncaric. 3–D Cardiac Motion Estimation By Point–Constrained Optical Flow Algorithm. Zagreb, Croatia. Faculty of Electrical Engineering and Computing, University of Zagreb, Croatia.

[34] B. Horn and B Schunk. Determining optical flow. In *Artificial Intelligence*, volume 17, pages 185–203, 1981.

[35] P. Shi, G. Robinson, and J. Duncan. Myocardial motion and function assessment using 4D images. In *Proceedings of the IEEE conference on Visualization in Biomedical Computing*. Rochester MN, 1994.

[36] N. Ingels, G. Daughters, E. Stinson, and E. Alderman. Measurement of midwall myocardial dynamics in intact man by radiography of surgically implanted markers. In *Circ.*, volume 52, pages 859–867, November 1975.

[37] Patrik Sundblad and Bengt Wranne. Influence of posture on left ventricular long– and short–axis shortening. In *Am J Physiol Heart Circ Physiol*, volume 283, 2002. Section of Environmental Physiology, Department of Physiology and Pharmacology, Karolinska Institutet, Stockholm S–171 77 and 2 Department of Clinical Physiology, Linköping University, Linköping S–581 85, Sweden.

[38] Mathias Seitel. Segmentierung von 3D–MRI–Volumendatensätzen, August 2003. Diplomarbeit, Fachhochschule Furtwangen.

[39] Luis Ibanez and Will Schroeder and Lydia Ng and Josh Cates and the Insight Software Consortium. *The ITK Software Guide*. Insight Software Consortium, August 2003.