

DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA ELÉTRICA

SEGMENTAÇÃO DA PAREDE DA AORTA EM IMAGENS DE RESSOÂNCIA MAGNÉTICA DE TEMPO REAL

IDENTIFICAÇÃO:

Bolsista: **Gustavo Maia Queiroz de Mendonça** Ingresso no CNPq: **Agosto/2011** Orientador: **João Luiz Azevedo de Carvalho** Projeto de Pesquisa do Orientador: **Segmentação da parede da aorta em imagens de ressonância magnética de tempo real** Curso: **Engenharia Elétrica** Período Cursado: **9**° **Semestre**

> Brasília 2012

1. INTRODUÇÃO

As doenças cardiovasculares são a principal causa de mortalidade no mundo ocidental e, quando não levam à morte, podem causar invalidez total ou parcial do indivíduo. Segundo a Organização Mundial de Saúde, cerca de 17,3 milhões de pessoas morreram no ano de 2008 em consequência doenças cardiovasculares, representando cerca 30% de todas as mortes no planeta naquele ano. A expectativa é de que esse número de mortes aumente para 23,6 milhões em 2030.

Um parâmetro muito importante na avaliação do funcionamento cardiovascular é o débito ou volume sistólico. Ademais, a variabilidade do volume sistólico pode fornecer informações ímpares acerca do controle do sistema nervoso sobre o sistema cardiovascular. No entanto, não há padrão-ouro estabelecido para a sua medição *in vivo*.

A ressonância magnética (RM) por espirais usando contraste de fase de tempo real [1-3] é capaz de medir o volume sistólico associado a cada batimento individualmente [4,5], de forma totalmente não invasiva. No entanto, a precisão dessa medida depende da correta segmentação da interface entre a parede da aorta e seu lúmen, em seção perpendicular. Tal processo é severamente dificultado pela baixa qualidade e baixo contraste das imagens obtidas pela técnica, especialmente em aparelhos de campo alto. A segmentação das imagens utilizando médias temporais e filtros convencionais [6] se mostrou pouco robusta.

O objetivo deste trabalho é apresentar um método de segmentação mais confiável e consistente, o qual é capaz de delimitar a parede da aorta com grande precisão, mesmo em imagens com qualidade bem abaixo da média. Para essa segmentação, o algoritmo se baseia em uma imagem modelo, obtida multiplicando uma versão passa altas da imagem original por uma função Gaussiana bidimensional, centrada no centro de massa da aorta. Este é calculado para cada quadro por um algoritmo iterativo, que também usa Gaussianas, além da diferença entre Gaussianas, para enfatizar a região central da aorta e a sua borda e, assim, montar uma imagem apropriada para o cálculo do centro de massa. O algoritmo proposto melhora a qualidade das medidas de fluxo sanguíneo e, consequentemente, da variabilidade do volume sistólico, tornando uma técnica unicamente capaz de medir essa variável não invasivamente.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. IMAGENS MÉDICAS (RESSONÂNCIA MAGNÉTICA)

Imagens médicas se aproveitam de vários fenômenos físicos para visualização do corpo humano: radiografia e tomografia utilizam os raios-X, ecografia os sons de alta frequência, ressonância magnética as ondas de radio frequência (RF), e medicina nuclear os raios gama. As informações recolhidas são convertidas em imagens, mais passíveis de interpretação pelo olho humano.

Nas aquisições de ressonância magnética, os dados são recebidos em forma de sinais de RF, que são sistematicamente adquiridos e convertidos naquilo que chamamos de espaço-k, uma distribuição 2D a partir da qual é possível mapear espacialmente o sinal. A imagem desejada é fruto de uma transformada de Fourier bidimensional inversa dos dados do espaço-k (Figura 1):

$$f(x,y) = \mathcal{F}^{-}\left\{F\left(k_x, k_y\right)\right\} \tag{1}$$



Figura 1 - Reconstrução de uma imagem de ressonância magnética: (a) dados adquiridos no espaço-k de um corte axial do córtex cerebral; e (b) imagem do córtex cerebral, obtida pela aplicação da transformada inversa de Fourier nesses dados.

No espaço-k as baixas frequências representam informações básicas de contraste, enquanto que as altas frequências representam os detalhes da imagem. Ou seja: quanto mais ampla a aquisição, maior será a resolução espacial da imagem. Contudo, para obter imagens com alta resolução e bom contraste, é necessário um longo tempo de aquisição.

A Figura 2a mostra imagem do corte axial de um córtex cerebral. Em estudos cerebrais, há pouco ou nenhum movimento (supondo um paciente colaborativo e apropriadamente imobilizado); assim, o tempo de aquisição pode ser longo, o que permite obter imagens com bom contraste e alta resolução. Já em estudos cardíacos de tempo real, os dados no espaço-k devem ser adquiridos em questão de milissegundos, o que prejudica severamente o contraste e resolução da imagem (Figura 2b).



Figura 2 - Imagem de ressonância de (a) alta resolução e (b) baixa resolução.

2.2. FILTROS LINEARES.

Por definição, um filtro linear h, ou *kernel*, de tamanho $m \times n$, aplicado a uma imagem f[i, j], de dimensões $a \times b$, resultará numa imagem g[i, j], pela seguinte expressão:

$$g[i,j] = \sum_{k=-\frac{m-1}{2}}^{\frac{m-1}{2}} \sum_{l=-\frac{n-1}{2}}^{\frac{n-1}{2}} h[k,l] f[i-k,j-l] = h[j,k] * f[j,k]$$
(2)

Essa expressão é definida como convolução, uma operação que gera uma imagem que realça as semelhanças entre o filtro e a imagem original. Filtros Gaussiano,como os utilizados neste trabalho, suavizam a imagem na qual são aplicados, pois estes têm transições suaves. O filtro Gaussiano é fruto da quantificação em uma máscara discreta de uma distribuição Gaussiana, dada como:

$$g(\vec{r}) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{r^2}{2\sigma^2}} \qquad \vec{r} = (x, y)$$
 (3)

O desvio padrão σ determina o quão suave é a variação de amplitude de acordo com a posição espacial: quanto maior o desvio padrão, mais suave é a variação. Na Figura 3a temos uma máscara Gaussiana de tamanho 3×3 e desvio padrão $\sigma = 1$ (cada pixel equivale a uma unidade na escala real). Uma forma recursiva de se adquirir os detalhes e contornos de uma imagem é subtraindo a imagem suavizada pela imagem original. Essa operação é equivalente a um filtro passa-altas (Figura 3b). Uma forma mais eficiente de se detectar grandes variações em uma imagem é através do filtro LoG (Laplaciano do Gaussiano), $\nabla^2 g(\vec{r})$, que também é representado em forma de uma máscara (Figura 3c).



Figura 3 - Filtros: (a) passa-baixas Gaussiano; (b) passa-altas Gaussiano; e (c) passa-altas LoG.

3. METODOLOGIA

3.1. AQUISIÇÃO DAS IMAGENS

A aquisição de dados foi feita com RM de tempo real, usando a técnica de contraste de fase com aquisições em espiral [1-3], com resolução temporal de 56 ms e resolução espacial de 3 mm [4,5]. Além da imagem morfológica, a qual corresponde à distribuição espacial de *spins* (núcleos ¹H) no plano de corte, essa técnica fornece também o mapa de velocidades associado ao plano (Figura 4).



Figura 4 - Aquisição das imagens: (a) prescrição do plano de corte, perpendicular à aorta ascendente; (b) imagem morfológica obtida no plano de corte; e (c) e mapa de velocidades no plano.

Os dados foram adquiridos em um aparelho de RM modelo Signa EXCITE HD de 3 Tesla (GE Healthcare, Inc.) por pesquisadores da University of Southern California [4,5]. Sete voluntários saudáveis participaram do estudo. O comitê de ética da University of Southern California aprovou o protocolo utilizado e os voluntários assinaram um termo de consentimento informado.

A imagens foram reconstruídas de acordo com os passos descritos na ref. [5]. No entanto, foi utilizado zero padding na reconstrução, de modo a obter uma imagem duas vezes maior (em pixels/mm). Esse processo não adiciona informação aos dados. Portanto, embora o tamanho dos pixels passe a ser de 1,5 mm, a imagem mantém resolução de 3 mm, isto é, aparece borrada. A reconstrução e processamento das imagens, e todos os demais cálculos foram feitos em MATLAB (The Mathworks, Inc., Natick, EUA).

3.2. SEGMENTAÇÃO

Em virtude da necessidade de uma segmentação precisa, que consiga separar o fluxo aórtico de outros fluxos, em imagens de baixo contraste e resolução, este trabalho se dedicou principalmente em explorar um novo método de segmentação.

Antes mesmo de ser proposto qualquer método de segmentação, foi feita uma restrição na área referente à aorta e sua periferia através de um recorte na imagem original, pois o plano de corte das imagens de RM mostra toda a caixa torácica dos voluntários, mas a região de interesse é muito menor, o que acarretaria em esforço computacional desnecessário. Durante o batimento, a aorta se desloca no plano da imagem juntamente com o coração, coração que se desloca também seguindo o movimento respiratório do tórax. Então, o recorte tem que ter área suficientemente grande para garantir que a aorta estará na região recordada, durante todo o período de aquisição.

A Figura 5b traz um exemplo da região do recorte indicado na Figura 5a. Essa imagem será utilizada em todo trabalho para exemplificar o algoritmo de segmentação. Nela, são mostrados parâmetros importantes como o raio da aorta e o centro geométrico da aorta. Para uma melhor visualização, tanto do processo de segmentação quanto dos resultados, a imagem recortada será ampliada em cinco vezes com o método de interpolação *Lanczos*. Novamente, uma ampliação não adiciona informações à imagem, que continua borrada, como pode ser visto na Figura 5c.



Figura 5 – Recorte da região de interesse da imagem: (a) imagem original, com recorte indicado; (b) região recortada, mostrando o raio e o centro da aorta; e (c) ampliação da imagem em cinco vezes.

O que diferencia este método de segmentação de propostas anteriores [4–6] é o pré-processamento, que aproveita as características anatômicas da região da aorta. Uma imagem modelo, com um elemento de formato circular, é criada a partir da original. Esse modelo pode ser facilmente segmentado através da limiarização. Para garantir o sucesso na segmentação, a Gaussiana que gera o modelo precisa ter seu centro geométrico definido bem próximo ao centro geométrico da aorta. A Figura 6 apresenta um diagrama com todos os passos do algoritmo de segmentação, o qual que é detalhado logo em seguida.



Figura 6 - Diagrama de blocos do método de segmentação desenvolvido neste trabalho.

3.2.1. Localização do Centro Geométrico da Aorta

O mais importante neste trabalho é primeiramente determinar a localização precisa da aorta. O método utilizado aqui é uma versão adaptada do método de medição automática de pontos por correlação de imagens, que utiliza modelos (*templates*) para mostrar o ponto de maior semelhança entre modelo e imagem. No diagrama da Figura 7 é possível ter uma ideia do método que será detalhado a seguir.

Sabendo que a região da aorta tem um formato aproximadamente circular, podemos dividí-la em duas imagens, uma que representa suas características básicas e outra, seus detalhes. A primeira imagem (Figura 8b) valoriza as formas elementares da aorta. Ela é fruto da convolução — equação (2) — da imagem recortada (Figura 8a) com um filtro passa-baixas Gaussiano ($\sigma = 1$). A segunda imagem (Figura 8c) é o realce da borda da aorta, obtida pelo mesmo processo da primeira, mas com um filtro passa-altas LoG ($\sigma = 1$).

Para localizar automaticamente o centro geométrico da aorta, (x_c, y_c) , é feita uma varredura nas imagens anteriores (Figuras 8b e 8c), de maneira concisa, multiplicando-as pelos seus respectivos *templates* numa espécie de cálculo de correlação guiada, onde o objetivo é achar o ponto de máxima correlação sem a necessidade de analisar a imagem por completo. O método desenvolvido neste trabalho calcula o gradiente pontualmente, que dá a direção e sentido para o maior crescimento de correlação. De um ponto genérico, o algoritmo vai levando os *templates* até o ponto de maior correlação, o centro geométrico da aorta.



Figura 7 - Diagrama de blocos do algoritmo de localização do centro geométrico da aorta.



Figura 8 - A imagem original (a) passa por um filtro passa-baixas (b) e por um passa-altas (c).

Os *templates* tentam representar, de maneira mais robusta, o corpo e contornos de uma aorta, discutidos anteriormente. Para o corpo da aorta foi utilizada uma distribuição Gaussiana ($\sigma = R$) e o nomearemos *Template I* (Figura 9). Para os contornos da aorta o *Template* II tem um cálculo mais complicado. Ele é fruto da potência da diferença de duas Gaussianas de desvios padrões diferentes, a de maior desvio menos a de maior desvio. Para que a região de máximo valor dessa imagem coincida com o as bordas da aorta se uma Gaussiana tem $\sigma = R$ a outra deve ter $\sigma = 0.75R$. A imagem normalizada resultante (Figura 10a) dessa subtração é elevada a 75^a potência que a deixa com um formato (Figura 10b) mais próximo a da imagem passa-altas (Figura 8c).



Figura 9 - Template I, reprentando o corpo da aorta



Figura 10 - Passo intermediário (a) para a criação do Template II (b), que representa o contorno da aorta

Na Figura 11c temos a multiplicação entre a imagem passa-baixas (Figura 11a) e o *Template* I (Figura 11b). Neste exemplo, o centro geométrico da aorta está alinhado com o centro do *template*, situação de máxima correlação ou semelhança. O que guia um ponto genérico a esse ponto de máximo é a imagem binarizada obtida a partir dessa multiplicação (Figura 11d). A binarização é feita da seguinte forma: onde pixels possuem valores menores que 60% do valor máximo da imagem ela se torna 0 (preto) e, para maiores, 1 (branco). O valor de 60% é a atenuação da Gaussiana para um raio pouco menor do que R.



Figura 11 - A multiplicação (c) da imagem passa-baixas (a) pelo seu respectivo *template* (b) sofre um processo de binarização (d).

A Figura 12c traz a multiplicação entre a imagem passa-altas LoG (Figura 12a) e o *Template* II (Figura 12b). Neste exemplo, novamente, os centros estão alinhados. A Figura 12d é fruto da binarização da Figura 12c: para pixels com valores maiores que 10% do valor máximo da imagem, atribui-se 1; se menores, atribui-se 0.



Figura 12 - A multiplicação (c) da imagem passa-altas (a) pelo seu respectivo *template* (b) sofre um processo de binarização (d).

Quando os *templates* estão desalinhados com o centro da aorta (Figura 13a), cria-se um desequilíbrio nas imagens binárias. Através do cálculo do centro de massa, (x_n, y_n) , da combinação das duas imagens binarizadas (Figura 14c) podemos saber para onde pesa esse desequilíbrio. Para uma imagem I[i,j] de dimensões $a \times b$, o centro de massa é calculado pela seguinte expressão:

$$(x_n, y_n) = \frac{\sum_{i=1}^{a} \sum_{j=1}^{b} (i*I[i,j], j*I[i,j])}{\sum_{i=1}^{a} \sum_{j=1}^{b} (I[i,j])}.$$
(4)

Os templates são reposicionados para o ponto calculado e, a seguir, o processo anterior é refeito e um novo centro, (x_{n+1}, y_{n+1}) , é calculado. A cada novo cálculo de centro de massa, mais próximo do centro geométrico da aorta, os templates são reposicionados até seu deslocamento Δs se tornar bem pequeno (menor que ϵs), caracterizando um processo interativo que tem seu fim (Figura 13b) dado de acordo com o tamanho do deslocamento do centro de massa da combinação das imagens binárias (Figura 14c).



Figura 13 - Imagens da aorta e dos *templates* sobrepostos para mostrar um ponto inicial genérico (a) que após 10 iterações chega ao centro correto da aorta (b).

Com somente uma combinação simples das imagens binarizadas, os deslocamentos do centro de massa podem ser exagerados e divergentes. Por isso, um contrapeso para controle é necessário. Neste trabalho, o *Template* I foi aproveitado como contrapeso por valorizar mais uma região semelhante à da aorta. Quanto maior o ganho g_3 desse *template*, menores são os deslocamentos e maior o número de iterações, evitando, assim, uma possível divergência. As imagens binarizadas também recebem ganhos, g_1 e g_2 . Um ganho maior para o corpo garante a segmentação grossa, enquanto que um ganho maior para os contornos

melhora o ajuste fino da segmentação. Mas, dependendo do contraste, um ganho g_2 alto pode causar divergência.



Figura 14 - Evolução do processo iterativo (da esquerda para direita, pulando uma iteração), mostrando a evolução das duas imagens binarizadas (a) e (b) e de suas combinações utilizadas para o cálculo do centro de massa (c).

Para a primeira imagem do processo, um ponto de início, preferencialmente próximo ao centro da aorta, é definido manualmente. O centro para a primeira imagem é calculado a partir desse ponto. Reaproveitando o centro geométrico da aorta calculado na primeira imagem (x_{c-1}, y_{c-1}) , o centro geométrico da aorta é calculado na segunda imagem (x_c, y_c) . Esse reaproveitamento é refeito da segunda imagem em diante e evita a necessidade de grandes deslocamentos para o cálculo da posição da aorta, pois sabe-se a posição anterior da mesma.

3.2.2. Obtenção da Imagem Modelo

Definida a localização do centro geométrico da aorta, o objetivo agora é criar a imagem modelo que será segmentada. A ideia é dar contornos a uma Gaussiana, de forma que "numa região de raio igual a da aorta, essa Gaussiana represente bem as características da imagem original. Contornos são inseridos na Gaussiana através de uma multiplicação com uma imagem passa-altas, que é obtida recursivamente pela subtração da imagem passa-baixas (Gaussiano, utilizada anteriormente) (Figura 15a) pela imagem original (Figura 15b). Para uma representação fiel, os centros da Gaussiana e da aorta devem estar alinhados. O centro geométrico da aorta já foi calculado no processo anterior; assim, esse centro é utilizado para centrar a Gaussiana.



Figura 15 - Imagem passa-altas (c) obtida recursivamente pela subtração de uma imagens passa-baixas (a) pela imagem original (b).

Antes da multiplicação para formar a imagem modelo (Figura 16c), a imagem passa-altas recebe um *offset* (Figura 16b), que determina o quão arredondado os contornos da imagem modelo serão. Neste trabalho, o *offset* inserido nesta imagem é de 255 (isto é, uma imagem toda branca), tornando a imagem modelo fiel e flexível. A Gaussiana (Figura 16a) tem sua expressão dada como:

$$G(x,y) = e^{-\frac{(x-x_c)^2 + (y-y_c)^2}{2R^2}}.$$
(5)

A relação entre a imagem modelo (Figura 16c) e a imagem original (Figura 15b) é ilustrada, por meio de gráficos tridimensionais, na Figura 17.



Figura 16 - Construção da imagem modelo (c) pela multiplicação de uma Gaussiana (a) por uma imagem passa-altas (b). Uma operação realizada em (c) melhora a visualização da imagem modelo (d) (este último passo não é utilizado na segmentação, e é mostrado aqui somente para facilitar a visualização da imagem modelo).



Figura 17 - Representações 3D da imagem original (a), da imagem modelo (b) e da sobreposição dessas duas imagens (c), mostrando, assim, a precisão da imagem modelo.

3.2.3. Limiarização

Em processamento de imagens, a limiarização destaca uma imagem de seu fundo a partir de um limiar L após um estudo de seu histograma. Isso é possível após um pré-processamento apropriado, que amplifique as bordas do objeto. Podemos definir a limiarização como:

$$M_{lim}[i,j] = T\{M[i,j]\} = \begin{cases} 1 \text{ se } M[i,j] \ge L\\ 0 \text{ se } M[i,j] < L \end{cases}$$
(6)

Neste trabalho, a limiarização consiste na binarização (Figura 18b) da imagem modelo (Figura 18a) após um estudo do raio e dos limites da parede da aorta. Embora um contorno (Figuras 18c e 18d) possa ser trivialmente obtido a partir da máscara binária resultante do processo de limiarização (Figura 18b), obter a máscara binária é o objetivo final deste trabalho. Ela é suficiente para o cálculo do fluxo sanguíneo, permitindo conhecer a área da seção da aorta (contando o número de pixels na máscara) e a velocidade do sangue que flui por ela (avaliando o mapa de velocidades (Figura 18d) nos pixels da máscara).



Figura 18 - Processo final da segmentação, a limiarização: (a) imagem modelo; e (b) máscara binária, obtida pela limiarização da imagem modelo. Embora desnecessário para o cálculo do fluxo, o cálculo do contorno dessa mascara binária é trivial e facilita a visualização da segmentação nos mapas de magnitude (c) e de velocidade (d).

Na limiarização da imagem modelo, o limiar variável L controla o raio de uma região aproximadamente circular, que se aproxima à região real da aorta. Por ser fruto da multiplicação de uma distribuição quase uniforme pela Gaussiana ($\sigma = R$), a imagem modelo terá pontos definidos pela mesma. Por exemplo, para o raio máximo R definido inicialmente, teremos $\sqrt{(x - x_0)^2 + (y - y_0)^2} = R$, que será uma região com pixels de valor aproximadamente $L_{min} = 255 \exp(-1/2) \approx 154$. Esse limiar garante que, para um centro geométrico corretamente calculado, não haverá a inclusão ou exclusão de fluxos na segmentação de qualquer imagem da aquisição. A Figura 19a mostra os contornos da imagem modelo, enquanto que a Figura 19b mostra a sobreposição desses contornos sobre a imagem original. O contorno em destaque é o obtido usando limiar L = 154.



Figura 19 - Contornos da imagem modelo (a) sobrepostos à imagem original (b). O contorno mais denso em (b) representa o limiar mais apropriado para segmentação (L = 154).

O valor da imagem modelo tem relação não linear com o raio de segmentação. Então, para controlar um limiar de segmentação, que deve acompanhar a dilatação e relaxamento da aorta, devemos estabelecer uma relação entre fase do ciclo cardíaco e valor do limiar. Utilizou-se o desvio padrão σ_n para quantificar o contraste das imagens, pois, quanto maior o desvio padrão da amplitude dos pixels da imagem, maior é o fluxo sanguíneo, que por sua vez causa a dilatação da aorta. Esse desvio padrão possuiu um comportamento aproximadamente linear durante um batimento e periódico no tempo (Figura 20a). A expressão para o ajuste do limiar de segmentação é dada abaixo:

$$L = L_{min} + c \left(1 - \exp\left(\frac{\sigma_n - \sigma_{max}}{\sigma_{max}}\right) \right), \tag{7}$$

onde $\sigma_{máx}$ é o desvio padrão máximo entre as imagens da aquisição, $L_{máx}$ é o limiar máximo já calculado e *c* é uma constante que foi definida visualmente como sendo igual a 6 níveis de cinza. A Figura 20 traz, para um batimento, os pontos de máximo e mínimo desvio padrão e suas imagens (e contornos) correspondentes, onde há maior dilatação (Figura 20b) e maior relaxamento (Figura 20c).



Figura 20 – observa-se uma relação aproximadamente linear entre o desvio padrão da imagem e a fase do ciclo do cardíaco (a). O fluxo sanguíneo causa uma dilatação no ponto máximo (b) e um relaxamento no ponto mínimo (c).

O raio máximo R da aorta é definido manualmente, usando uma imagem onde há o fluxo máximo de sangue. Já o limiar mínimo L_{min} é definido com base no valor de R. Seu valor é ajustado adaptativamente,

com base no desvio padrão da imagem, o qual apresenta uma variação aproximadamente periódica, relacionada com a fase do ciclo cardíaco (Figura 20a). O desvio padrão é utilizado para quantificar variações no contraste da imagem, o qual aumenta com o volume de sangue, que, por sua vez, está diretamente relacionado à dilatação da aorta. Quanto maior o desvio padrão dos valores de amplitude dos pixels da imagem, maior será o raio médio da região segmentada. Assim, esta é capaz de se ajustar à dilatação e contração da parede da aorta durante ciclo cardíaco.

3.3. CÁLCULO DO FLUXO

O fluxo sistólico em um determinado instante de tempo (em cm/s) corresponde à velocidade média do sangue (em cm/s) em uma seção perpendicular da aorta (região segmentada) vezes a área dessa seção (em cm²). Como estamos trabalhando com dados digitais, o fluxo pode ser calculado como o somatório do mapa de velocidade Vel[i, j], restrito pela máscara binária Mask[i, j]:

$$Q = \Delta A \sum_{i} \sum_{j} Mask[i, j] \times Vel[i, j],$$
(8)

onde ΔA é a área (em cm²) que cada pixel representa na imagem. Por exemplo, o recorte ampliado utilizado para exemplificar o algoritmo (Figura 5c), tem tamanho 185×205 e a área de cada pixel é de 0.09 mm² totalizando uma área do recorte de 34,13 cm². O produto *Mask*[*i*,*j*] × *Vel*[*i*,*j*] é ilustrado na Figura 21.



Figura 21 - Multiplicação do mapa de fluxo (a) pela másca binária (b), que resulta somente no fluxo de interesse, isto é, o fluxo aórtico (c).

3.3. INTERFACE GRÁFICA

Em processamento de imagens, uma interface gráfica que auxilie na entrada e controle de parâmetros é de grande utilidade. Neste trabalho, foi criada uma interface simples (Figura 22), que recebe entrada de parâmetros importantes como raio máximo da aorta e o ponto central da primeira imagem, que não precisa ser exatamente o centro geométrico da aorta. Ao se iniciar o programa, este centro será precisamente calculado, a partir do valor inicial fornecido. O parâmetro qualidade da imagem controla o deslocamento mínimo do centro de massa: quanto maior a qualidade da imagem, mais precisa será a segmentação. Definidos o raio máximo, o ponto central e a qualidade (Figura 22a), é possível iniciar um teste apertando-se o botão "Começar Teste", que dará um retorno visual na tela (Figura 22b), permitindo visualizar uma

sequência de imagens. Se algo parecer fora do esperado, os parâmetros podem ser alterados e um novo teste pode ser iniciado. Com uma confirmação visual positiva, pode-se então rodar o programa para todas as imagens de uma aquisição, que pode ter mais de 5 mil imagens. Ao rodar o programa para toda a aquisição, serão salvas apenas as curvas de fluxo.



Figura 22 - Duas etapas da interface gráfica: (a) introdução de parâmetros; e (b) confirmação visual para a configuração adotada.

4. RESULTADOS

Os resultados podem ser classificados de acordo com a qualidade das imagens adquiridas (Figura 23). Observou-se que, mesmo com baixo contraste e definição visual do que é a região da aorta, o algoritmo se mostra bastante eficiente na captura do fluxo sanguíneo, como pode ser notado pela forma com a qual a região segmentada acompanha o movimento e pulsação da aorta.

A Figura 24 mostra as curvas de fluxo associadas aos indivíduos mostrados na Figura 23. A densidade de amostragem temporal foi aumentada em 100 vezes por meio de interpolação; contudo, os valores nos pontos correspondentes a cada imagem são inalterados e não há adição de informação. As curvas se mostram bastante precisas é foi possível verificar o sincronismo entre os registros de um eletrocardiograma e os pontos de máximo da curva de fluxo. O volume sistólico ejetado pelo ventrículo esquerdo a cada batimento (débito sistólico) pode ser calculado integrando, ao longo do tempo, a curva de fluxo associada a cada batimento.



Figura 23 - Sequências de imagens de três indivíduos distintos, segmentadas durante a sístole: (a) imagem com bom contraste; (b) imagem com médio contraste; e (c) imagem com baixo contraste.



Figura 24 - Curvas de fluxo relacionadas aos indivíduos da Figura 23, na mesma ordem. Note as diferenças de frequência cardíaca (intervalo temporal entre batimentos) e valor de pico de fluxo entre os três indivíduos.

5. DISCUSSÃO

A técnica proposta oferece alta precisão e robustez, especialmente se comparada a outros métodos previamente propostos com o mesmo objetivo [4–6]. O algoritmo proposto se diferencia por não dar enfoque a uma segmentação milimetricamente precisa da parede da aorta, mas sim em separar, com precisão, o fluxo aórtico dos fluxos vizinhos (Figura 25). Isso deve ser, de fato, a principal meta, uma vez que o objetivo final é medir o fluxo aórtico, e não a área de seção da aorta em si. Embora o cálculo de fluxo requeira conhecimento tanto da velocidade do sangue quanto da área de seção da aorta, a velocidade do sangue próximo à parede da aorta é praticamente nula, especialmente na ausência de estenose, quando é seguro supor que o fluxo é laminar, isto é, tem perfil aproximadamente parabólico, como ilustrado na Figura 26. Assim, uma leve sobreestimação da área da aorta, desde que a área segmentada não inclua fluxos não nulos externos à aorta, é muito menos danosa que uma subestimação.



Figura 25 - Uma representação em 3D do mapa de fluxo original (a) e segmentado (b) mostram a distribuição aproximadamente parabólica do fluxo.



Figura 26 - Ilustração de um modelo ideal para o fluxo sanguíneo laminar, parabólico. (Modificado de Silva Jr MR. Fisiologia da circulação. 2ª ed. São Paulo: Edart;1977. p.9)

O erro mais provável para o método desenvolvido neste trabalho é um erro no cálculo do centro de massa, que pode fazer com que, durante a segmentação, seja excluída parte do fluxo aórtico. Se aproximarmos esse fluxo laminar por uma distribuição parabolóide que possui ponto de velocidade máxima no centro da aorta e zeros nas paredes na aorta (de raio R), temos que:

$$\begin{cases} V(\vec{r}) = V_{máx} \left(1 - \frac{r^2}{R^2} \right) & \|\vec{r}\| < R \\ V(\vec{r}) = 0 & \|\vec{r}\| \ge R. \end{cases}$$
(9)

O fluxo perdido numa situação ideal de erro Δe_c da posição do centro geométrico é dado pela integral do mapa de velocidade paraboloide na área transversal de círculo deslocado Δe_s , de raio R. Esse é um cálculo complicado, então aproximaremos um erro de deslocamento por um erro de subestimação, onde o raio subestimado é R_{est} é igual a $R - \Delta e_c$. Nessa situação, o fluxo perdido Q_{loss} será:

$$Q_{loss} = \frac{1}{2} \int_0^{2\pi} \int_{R_{est}}^R V_{máx} \left(1 - \frac{r^2}{R^2} \right) r dr d\phi = V_{máx} \pi \frac{\left(\frac{R_{est}^4 - 2R^2 R_{est}^2 + R^4}{4R^2} \right)}{4R^2}.$$
 (10)

Assim, temos um erro percentual de fluxo eQ dado pela expressão:

$$eQ = \left(\frac{\left(R_{est}^4 - 2R^2 R_{est}^2 + R^4\right)}{R^4}\right) 100 \% = \left(\frac{\left(\Delta e_c^4 - 2R\Delta e_c^3 + 2R^2 \Delta e_c^2\right)}{R^4}\right) 100 \%.$$
(11)

A aproximação de um erro de deslocamento por uma subestimação é válida, pois, para deslocamentos pequenos, o erro de subestimação superará o de deslocamento para um caso ideal. Se considerarmos um erro esdrúxulo de subestimação de raio, onde R_{est} é 90% de R ($\Delta e_c = 0,1 R$), teremos um fluxo 3,6% menor do que o real; isto é, um erro pequeno dado tamanho do erro de raio ou deslocamento.

5.1. FATORES DE ERRO

5.1.1. Contraste da Imagem

O contraste é fator determinante na qualidade da segmentação, pois afeta diretamente a capacidade do algoritmo de encontrar o centro geométrico da região da aorta com precisão. Tal parâmetro é importantíssimo para o cálculo da imagem modelo, a qual é a imagem efetivamente utilizada na segmentação em si. Além disso, erros na estimação do centro geométrico de uma imagem podem se propagar para imagens seguintes, uma vez que a busca pelo centro geométrico de cada imagem se inicia usando como parâmetro inicial o centro geométrico calculado para a imagem anterior.

O contraste nas imagens em questão varia ao longo do fluxo sanguíneo, pois o tempo de relaxamento T_1 do sinal de ressonância magnética associado ao sangue (aproximadamente 1500 ms [7]) é muito maior que o tempo de repetição de pulso (TR) da sequência de aquisição utilizada (7 ms). Assim, o sangue fluindo pela a aorta durante a sístole (Figura 27a) aparece mais brilhante na imagem que o sangue aproximadamente estático, durante a diástole (Figura 27b), resultando em contraste temporalmente variável. Desse modo, a segmentação tende a ser mais precisa em quadros temporais onde o fluxo é maior, pois as bordas aparecem mais bem definidas. A forma de aquisição também pode reduzir o contraste das imagens mesmo durante a sístole (Figura 27c). Contudo, se os erros acarretados por essa perda de contraste não forem grandes o suficientes para levar a inclusão de fluxos externos à aorta na área segmentada, isto terá pouco ou nenhum efeito nos valores de fluxo sanguíneos medidos.



Figura 27 - Imagens de diferentes contrastes para um mesmo indivíduo (a) e (b) e para um indivíduo diferente (c).

O contraste determina as nuances das imagens, e varia de voluntário para voluntário, devido a diversos fatores, como, por exemplo, a posição e a altura do corte de imageamento. Em algumas imagens, a aorta aparece circundada pelo coração ou por tecidos que oferecem pouco contraste a ela; em outras, esta se encontra parcialmente em contato com tecidos que propiciam melhor contraste. Em imagens de baixíssimo contraste (Figura 28a), essas diferenças no contorno da aorta (Figura 28b) podem interferir na imagem binária obtida após filtragem LoG. Isto pode fazer com que o centro de massa estimado se desloque para uma região indesejada. Nessa situação, é vantajoso, durante o cálculo do centro de massa, usar um peso maior para a imagem passa-baixas (Figura 28c) que para a imagem passa-altas (Figura 28b). Contudo, isso diminuirá a precisão da segmentação, que poderá ficar parcialmente deslocada de sua posição correta. Novamente, o contraste da imagem determina o quão precisa a segmentação será.



Figura 28 - Imagem de baixo contraste (a) revela contornos irregulares através de uma imagem passa-altas (b); mas o formato básico da aorta aparece bem definido em uma imagem passa-baixas (c).

5.1.2. Ajuste Adequado Deslocamento Mínimo ES

No rastreamento do centro geométrico, as primeiras iterações mostram grandes valores de deslocamento deste centro. A cada iteração, esse valor diminui e o centro geométrico estimado se aproxima do valor real. O processo iterativo para uma imagem é interrompido quando o deslocamento da estimativa Δs observado é menor que um deslocamento mínimo εs , especificado pelo operador.

Quanto menor for o valor de deslocamento mínimo especificado, maior será o número de iterações, o que aumenta a probabilidade do algoritmo divergir. Em casos de imagens com contraste muito ruim, um valor extremo para esse parâmetro, visando velocidade de convergência e minimização de erros, é 0,1R, o

que representa um deslocamento em média de 3 mm (resolução espacial das imagens, ou 10 pixels nas imagens ampliadas). Contudo, para os sujeitos avaliados, trabalhou-se com valores entre 0,001*R* a 0,05*R*.

6. CONCLUSÃO

Foi apresentado um novo método de segmentação para imagens de ressonância magnética em tempo real de fluxo aórtico, visando estimar o débito sistólico associado a cada batimento, individualmente. O algoritmo proposto apresenta diversas contribuições originais para a área de imagens médicas, se diferenciando de métodos anteriores por não dar enfoque a uma segmentação milimetricamente precisa da parede da aorta, mas sim em separar, com precisão, o fluxo aórtico dos fluxos vizinhos. Destaca-se também o baixo esforço computacional empregado no algoritmo.

Assim, o novo método oferece maior precisão no cálculo do débito cardíaco a partir dessas imagens, especialmente para imagens com baixo contraste ou baixa relação sinal-ruído. Com isso, o algoritmo apresentado tem potencial para transformar a ressonância magnética em tempo real em uma técnica unicamente capaz de medir, não invasivamente e com precisão, a variabilidade do volume sistólico.

7. REFERÊNCIAS

[1] GATEHOUSE, P. D., FIRMIN, D. N., COLLINS S., LONGMORE D. B. Real time blood flow imaging by spiral scan phase velocity mapping. *Magnetic Resonance in Medicine*, v. 31, n. 5, p 504-12, 1994.

[2] PIKE, G. B., MEYER, C. H., BROSNAN, T. J., PELC, N. J. Magnetic resonance velocity imaging using a fast spiral phase contrast sequence. *Magnetic Resonance in Medicine*, v. 32, n. 4, p 476-83, 1994.

[3] NAYAK. K. S., PAULY J. M., KERR, A. B., HU, B. S., NISHIMURA, D. G. Real-time color flow MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, v. 43, n. 2, p. 251-8, 2000.

[4] CARVALHO, J. L. A.; POHOST G. M.; AND NAYAK, K. S. Stroke volume and cardiac output measured on a beat-to-beat basis", In: Intl Soc Mag Reson Med, 15, 2007, Berlin. p. 248, 19-25 May,.

[5] CARVALHO, J.L.A., CARVALHO, H.S., AND NAYAK, K.S. Medição da variabilidade do volume sistólico por meio de ressonância magnética de tempo real. In: *Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica*, 22, 2010, Tiradentes-MG. p. 806-9.

[6] GONDIM, G.M., VIANA, T.Z. Segmentação da artéria aorta em sequências de imagens de ressonância magnética nuclear cardíaca, Relatório de Projeto Final de Graduação, Departamento de Engenharia Elétrica, Universidade de Brasília, Brasília, 2008. 98 p.

[7] LU, H., CLINGMAN, C., GOLAY, X., VAN ZIJL, P. What is the longitudinal relaxation time (T1) of blood at 3.0 Tesla. In: Intl. *Soc. Mag. Reson. Med*, 11, 2003, Toronto. p. 669, 10-16.