

ALMA MATER STUDIORUM - UNIVERSITÀ DI BOLOGNA
CAMPUS DI CESENA
SCUOLA DI INGEGNERIA E ARCHITETTURA

CORSO DI LAUREA MAGISTRALE IN INGEGNERIA BIOMEDICA

**L'informazione di fase per la segmentazione
volumetrica di dati ecocardiografici**

TESI IN

Bioimmagini E Visione Lm

Relatore

Prof. Cristiana Corsi

Presentata da

Claudio Fabbri

Correlatori

Dr. Simone Pertutti
Prof. Stefano Severi

Sessione III

Anno Accademico 2013 – 2014

Sommario

Introduzione.....	2
1. Segmentazione di immagini.....	4
1.1 Tecniche di Segmentazione.....	4
1.2 La Segmentazione di Immagini ecocardiografiche.....	8
1.3 CETUS.....	9
2. Metodi.....	11
2.1 Il Segnale Monogenico.....	11
2.2 La Feature-asymmetry come Edge Indicator.....	19
2.3 Il modello level-set.....	20
3. Analisi dei risultati.....	21
3.1 Analisi del programma sviluppato.....	21
3.2 Confronto dei risultati con i riferimenti tracciati a mano...	22
4. Conclusioni.....	29
5. Bibliografia.....	31

INTRODUZIONE

L'imaging ad ultrasuoni è una tecnica di indagine utilizzata comunemente per molte applicazioni diagnostiche e terapeutiche. La tecnica ha numerosi vantaggi: non è invasiva, fornisce immagini in tempo reale e l'equipaggiamento necessario è facilmente trasportabile. Le immagini ottenute con questa tecnica hanno tuttavia basso rapporto segnale rumore a causa del basso contrasto e del rumore caratteristico delle immagini ad ultrasuoni, detto speckle noise.

Una corretta segmentazione delle strutture anatomiche nelle immagini ad ultrasuoni è di fondamentale importanza in molte applicazioni mediche. Nella pratica clinica l'identificazione delle strutture anatomiche è in molti casi ancora ottenuta tramite tracciamento manuale dei contorni. Questo processo richiede molto tempo e produce risultati scarsamente riproducibili e legati all'esperienza del clinico che effettua l'operazione.

In ambito cardiaco l'indagine ecocardiografica è alla base dello studio della morfologia e della funzione del miocardio. I sistemi ecocardiografici in grado di acquisire in tempo reale un dato volumetrico, da pochi anni disponibili per le applicazioni cliniche, hanno dimostrato la loro superiorità rispetto all'ecocardiografia bidimensionale e vengono considerati dalla comunità medica e scientifica, la tecnica di acquisizione che nel futuro prossimo sostituirà la risonanza magnetica cardiaca.

Al fine di sfruttare appieno l'informazione volumetrica contenuta in questi dati, negli ultimi anni sono stati sviluppati numerosi metodi di segmentazione automatici o semiautomatici tesi alla valutazione della volumetria del ventricolo sinistro. La presente tesi descrive il

progetto, lo sviluppo e la validazione di un metodo di segmentazione ventricolare quasi automatico 3D, ottenuto integrando la teoria dei modelli level-set e la teoria del segnale monogenico. Questo approccio permette di superare i limiti dovuti alla scarsa qualità delle immagini grazie alla sostituzione dell'informazione di intensità con l'informazione di fase, che contiene tutta l'informazione strutturale del segnale.

Per la validazione del metodo si è fatto uso del database del CETUS (Challenge on Endocardial...), un challenge sulla segmentazione ventricolare di immagini eco 3D che si è svolto nel settembre 2014 a Boston in occasione della conferenza internazionale MICCAI (Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention).

1

SEGMENTAZIONE

1.1 Tecniche di Segmentazione

Nell'ambito dell'elaborazione di bioimmagini la segmentazione è il processo di partizionamento di un'immagine digitale in regioni non sovrapposte che soddisfano un determinato criterio di appartenenza.

La segmentazione mira a semplificare e/o cambiare la rappresentazione dei dati in modo da semplificarne l'analisi. (è ad esempio spesso utilizzata per localizzare oggetti e contorni). Più precisamente la segmentazione consiste nell'assegnare un'etichetta ad ogni pixel (o voxel, nel caso 3D) affinché i pixel identificati dalla stessa etichetta condividano certe proprietà (ad esempio l'appartenenza ad una stessa regione anatomica).

Il risultato della segmentazione è quindi un insieme di regioni o contorni estratti dall'immagine. Una tipica applicazione nel caso delle immagini mediche consiste nell'utilizzare le superfici o le regioni estratte segmentando l'immagine per costruire un modello tridimensionale di una struttura anatomica.

I metodi di segmentazione possono essere divisi in tre categorie a seconda dell'informazione usata per la segmentazione:

- pixel based, in cui ad ogni pixel è associata un'etichetta in base al suo livello di grigio;
- edge based, in cui i pixel caratterizzati dalla stessa etichetta sono uniti per generare contorni;

- region based, che considerano i livelli di grigio di un intorno di pixel.

Generalmente nell'ambito della elaborazione di immagini mediche, la segmentazione è un task complesso e le tecniche utilizzate nell'ambito della computer vision falliscono. In questo ambito hanno invece mostrato risultati soddisfacenti i modelli deformabili, curve o superfici definite nel dominio di una immagine che si muovono sotto l'azione di forze interne, definite in base alla curva/superficie ed esterne, definite in base all'immagine.

I modelli deformabili parametrici rappresentano la curva/superficie esplicitamente nella loro forma parametrica durante l'evoluzione e quindi consentono l'interazione diretta con il modello ed una rappresentazione molto compatta adatta ad applicazioni in real-time. Sfortunatamente i modelli deformabili parametrici non si adattano a variazioni topologiche a differenza dei modelli deformabili geometrici che studiano l'evoluzione dei fronti (fig. X.X):

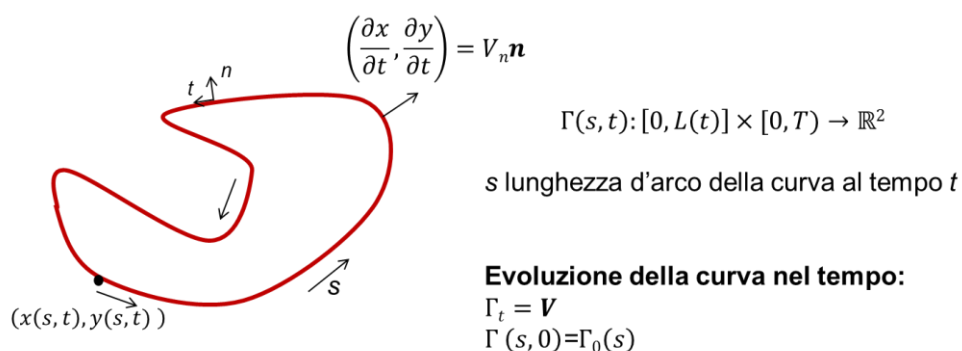


Fig. X.X: descrizione delle equazioni di evoluzione di una curva nel tempo

Nei modelli deformabili geometrici l'evoluzione del fronte può essere rappresentato mediante delle curve implicite in cui il

contorno in evoluzione viene descritto utilizzando una funzione il cui zero sia il contorno effettivo. La curva $\Gamma(s,t)$ viene rappresentata implicitamente da una funzione che prende il nome di funzione level set. Nello spazio bidimensionale la funzione level set viene descritta come:

$$\phi(x, y, t): \mathbb{R}^2 \times [0, T) \rightarrow \mathbb{R}$$

In questo modo il livello di zero della funzione level set $\phi(x,y,t)=0$ è l'insieme dei punti che costituiscono la curva $\Gamma(s,t)$. Quindi l'evoluzione della curva Γ al tempo t è data dal livello di zero della funzione ϕ al tempo t , $\Gamma = \phi^{-1}(0)$ (fig. X.X).

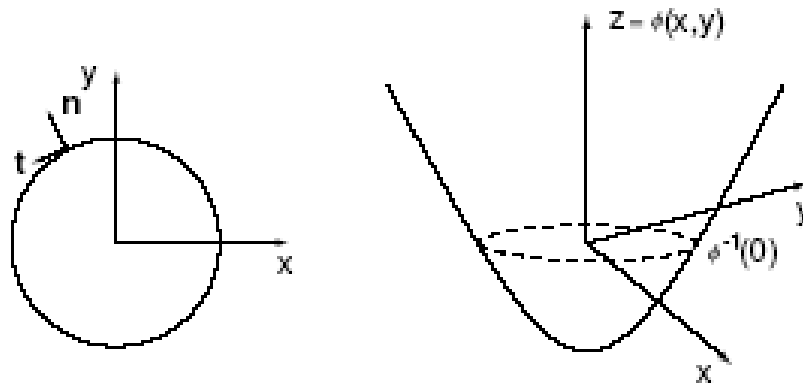


Fig. X.X: schematizzazione nel dominio bidimensionale del livello di zero di una funzione level set $\phi(x, y)$.

Il fronte è rappresentato dal livello di zero (zero level set) di una superficie (funzione level set) con una dimensione in più rispetto allo spazio contenente il fronte stesso.

Osservando il segno di ϕ in corrispondenza di un punto generico (x_0, y_0) , si può determinare la sua posizione rispetto all'interfaccia:

- se $\phi(x_0, y_0) < 0$ allora (x_0, y_0) è all'interno dell'interfaccia;

- se $\phi(x_0, y_0) > 0$ allora (x_0, y_0) è all'esterno dell'interfaccia;
- se $\phi(x_0, y_0) = 0$ allora (x_0, y_0) è sull'interfaccia.

L'operatore gradiente della nostra funzione ϕ sarà definito come:

$$\nabla\phi = \left(\frac{\partial\phi}{\partial x}, \frac{\partial\phi}{\partial y} \right)$$

ed è perpendicolare alle curve di livello di ϕ e punta nella direzione in cui ϕ aumenta.

Perciò se (x_0, y_0) è un punto dell'interfaccia, cioè appartiene al livello di zero della ϕ , $\nabla\phi$ valutato in (x_0, y_0) è un vettore che punta nella stessa direzione del versore normale in quel punto.

La normale esterna può essere espressa, in ciascun punto dell'interfaccia, come:

$$\mathbf{n} = \frac{\nabla\phi}{|\nabla\phi|}$$

e può essere utilizzata per definire in tutto il dominio una funzione normale \mathbf{n} .

Il problema principale è il modo in cui si fa evolvere nel tempo la funzione ϕ tale che il suo livello di zero segua esattamente il movimento della curva $\Gamma(t)$.

L'evoluzione della funzione implicita ϕ è governata dalla seguente equazione

$$\phi_t + \mathbf{V} \cdot \nabla\phi = 0$$

L'equazione level set, secondo la formulazione euleriana dell'equazione del moto diventa quindi:

$$\begin{cases} \Phi_t + V_n |\nabla\Phi| = 0 \\ \Phi(x, y, 0) = \Phi_0(x, y) \end{cases}$$

A partire da questa equazione è possibile definire l'evoluzione della curva secondo delle formulazioni edge-based o region-based. In questo lavoro di tesi abbiamo utilizzato un modello classico edge-based opportunamente modificato che verrà descritto nel capitolo successivo.

1.2 Segmentazione di Immagini Ecocardiografiche

La segmentazione d'immagini ecografiche è fortemente influenzata dalla qualità dei dati: la presenza di caratteristiche come l'attenuazione dell'intensità, la presenza degli speckle e di variazioni di luminosità e di contorni mancanti a causa della direzione di acquisizione, rendono la segmentazione delle immagine ecocardiografiche un compito complesso . Difficoltà ulteriori sono dovute al contrasto tra le regioni d'interesse che spesso è basso. Tuttavia, recenti miglioramenti nello sviluppo dei trasduttori e nella risoluzione spaziale e temporale dei sistemi d'acquisizione hanno aumentato la qualità delle informazioni che è possibile ottenere. [1]

Per questi motivi sta aumentando l'uso dei sistemi ad ultrasuoni, non solo all'interno del loro campo di applicazione tradizionale (diagnosi e CAD) ma anche in nuove aree in ambito chirurgico e terapeutico

Al giorno d'oggi la valutazione morfologica e funzionale del miocardio, anche su dati ecocardiografici volumetrici, è limitata quasi sempre alla selezione visiva dei frames di fine diastole (ED) e fine sistole (ES) dalla sequenza acquisita e al calcolo dei rispettivi volumi (EDV e ESV). Gli indici clinici che vengono calcolati sono la frazione di eiezione (E_f) e lo stroke volume (SV):

$$E_f(\%) = \frac{SV}{EDV} \times 100$$

$$SV = EDV - ESV$$

Ciò è dovuto proprio all'assenza di metodi accurati e veloci in grado di valutare le curve di volume nel ciclo cardiaco che consentirebbero una completa analisi anche della funzione sistolica e diastolica del ventricolo sinistro.

Le attuali applicazioni per la rilevazione dei contorni dell'endocardio in 2D da dati ecocardiografici impiegano:

- approcci basati sulla ricerca delle regioni ad alta frequenza nell'immagine; spesso il contrasto tra le regioni d'interesse non è ottimale a causa dell'orientamento relativo del trasduttore, e dell'attenuazione del segnale e di conseguenza, questi metodi basati sul modulo del gradiente danno risultati limitati;
- metodi spazio-temporali (2D + T) in cui si sfruttano le informazioni derivanti dal movimento non rigido per la localizzazione dei contorni. Un'analisi di questo genere porta ad una migliore localizzazione del bordo e come output aggiuntivo anche ad una stima della cinetica della parete endocardica del ventricolo sinistro.[2]

I metodi per la segmentazione della camera ventricolare sinistra in 3D richiedono il tracciamento manuale di alcuni contorni da cui poi viene interpolata la geometria nello spazio tridimensionale. La disponibilità di metodi di segmentazione automatici o quasi è quindi una sfida ancora aperta.[3]

1.3 II CETUS al MICCAI 2014

A supporto della necessità di sviluppare tecniche di segmentazione su dati ecocardiografici volumetrici, durante la 18^{ma} conferenza Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI 2014) è stata lanciata una competizione internazionale su “Endocardial Three-dimensional Ultrasound Segmentation” (<http://www.creatis.insa-lyon.fr/Challenge/CETUS/>).

I migliori gruppi a livello mondiale che si occupano di elaborazioni di immagini mediche ad ultrasuoni hanno partecipato alla competizione e si sono confrontati con le tecniche da loro sviluppate. Gli algoritmi proposti sono stati testati su dati ecocardiografici volumetrici messi a disposizione dagli organizzatori della competizione di cui si disponeva della superficie di riferimento ottenuta tramite segmentazione manuale (<http://www.creatis.insa-lyon.fr/Challenge/CETUS/evaluation.html>). La valutazione quantitativa dei risultati ottenuti da ogni tecnica proposta è stata effettuata in modo consistente mediante una piattaforma online (<https://miccai.creatis.insa-lyon.fr/miccai/>).

La tecnica sviluppata in questa tesi è stata anch'essa validata sui dati resi disponibili dal challenge.

2

METODI

2.1 Il segnale monogenico

Il segnale monogenico è l'estensione al caso N-dimensionale del segnale analitico[4]. Di particolare interesse è la sua applicazione alle immagini, che possono essere considerate come segnali 2-D o 3-D.

Il segnale analitico è un segnale complesso che consente di separare l'informazione strutturale e l'informazione energetica contenute in un segnale mono-dimensionale facendo uso della trasformata di Hilbert, che viene moltiplicata per l'unità immaginaria e sommata al segnale di partenza. Il segnale analitico associa dunque ad ogni valore reale del segnale di partenza un numero complesso. Il modulo di tale numero complesso (ampiezza locale) rappresenta l'energia del segnale e fornisce informazioni sulla sua intensità, mentre il suo argomento (fase locale) rappresenta la struttura del segnale e fornisce informazioni sulla presenza di feature caratteristiche, ad esempio step, edge, valli.

L'ampiezza locale e la fase locale soddisfano le proprietà di invarianza e equivarianza. Struttura ed energia sono infatti informazioni indipendenti contenute nel segnale a meno che questo non sia la combinazione di segnali parziali con differenti fasi e scale locali. In questo caso per mantenere le proprietà di invarianza ed equivarianza è necessario eseguire un filtraggio passabanda per rimuovere i segnali parziali sovrapposti a quello di interesse. La rappresentazione polare del segnale in una banda

ristretta può infatti essere considerata una decomposizione ortogonale dell'informazione. [1]

Quanto detto finora può essere esteso al caso N-dimensionale grazie al segnale monogenico. L'estensione al caso N-dimensionale non è banale in quanto la fase locale è una misura monodimensionale, e non è dunque in grado di trasportare le informazioni su strutture bi- o tri-dimensionali (non ha un numero sufficiente di gradi di libertà). il semplice calcolo della trasformata di Hilbert lungo una direzione arbitraria determinerebbe la perdita dell'isotropia del metodo e introdurrebbe un errore sistematico nella stima di fase e ampiezza locale dipendente dall'angolo tra la direzione considerata e la direzione del segnale.

Un approccio valido è invece l'uso dei quaternioni, in cui alla fase monodimensionale si aggiunge l'informazione relativa all'orientamento. La fase locale contiene in questo caso l'informazione strutturale relativa alla direzione di massima varianza. Quest'ultima è identificata dalla terza coordinata, l'orientamento locale. Il segnale monogenico è, in particolare, ottenuto sommando al segnale originale la sua trasformata di Riesz (che sostituisce dunque la trasformata di Hilbert).

Nel caso 3D la trasformata di Riesz di una funzione è descritta dalla seguente funzione di trasferimento:

$$F_R = i \frac{\vec{u}}{|\vec{u}|} F(u)^1 \quad \vec{u} = (u_1, u_2, u_3)$$

e il segnale monogenico è costituito da quattro componenti: la componente reale, contenente il segnale originale, e tre componenti immaginarie, contenenti le trasformate di Riesz lungo

¹ F(u) è la trasformata di Fourier del segnale f(x)

gli assi del sistema cartesiano. Il segnale così ottenuto soddisfa la proprietà di decomposizione dell'informazione (split of identity).

La fase di un generico segnale complesso in 2-D e' definita in maniera univoca salvo la direzione della rotazione (se sottraggo o aggiungo 2π alla fase la rotazione non cambia), la rappresentazione polare di un numero complesso ($z=x+iy$) e' unicamente definita come:

$$\text{Arg}(z) = \text{atan2}(y, x) = \text{sign}(y)\text{atan}\left(\frac{|y|}{x}\right)$$

Estendendo al caso n-dimensionale, (4D nel caso di segnali su un volume 3D) l'asse di rotazione e' definito da un vettore con n-elementi, la generalizzazione diretta da un angolo 2D e' un vettore il cui modulo corrisponde all'angolo di rotazione e il cui orientamento descrive l'asse di rotazione.

Ridefiniamo la funzione arcotangente che nel nostro caso diventa:

$$\text{atan4}(\vec{x}) = (\vec{x}_d/|\vec{x}_d|)\text{atan}\left(\frac{|\vec{x}_d|}{\langle(0,0,0,1)^T, \vec{x}\rangle}\right)$$

$$\vec{x}_d = (0,0,0,1)^T \times \vec{x}$$

Se il campo vettoriale è regolare, definiamo la *fase monogenica*:

$$\varphi(\vec{x}) = \text{atan4}\left(f_M(\vec{x})\right) \stackrel{\text{def}}{=} \arg\left(f_M(\vec{x})\right)$$

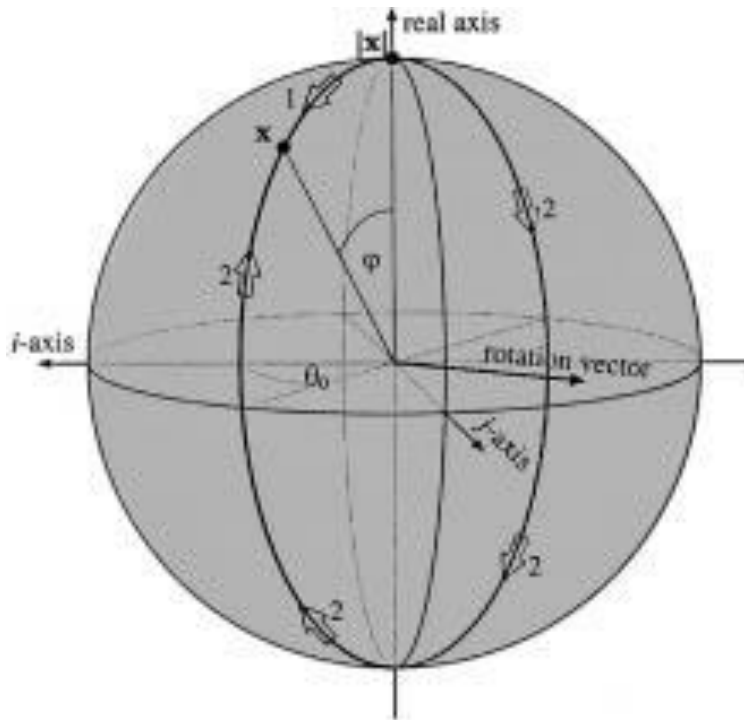
L'energia del segnale, ossia *l'ampiezza locale*, si ottiene calcolando la norma del quaternioni:

$$|f_M(x)| = \sqrt{f_M(x) \cdot f_M(x)^T}$$

Unendo le grandezze così definite si può scrivere il segnale monogenico nella forma polare:

$$f_M(x) = |f_M(x)| * e^{(i,j,k,0)\theta(x)}$$

Questa formulazione risolve il problema dell'insufficiente numero di gradi di libertà della fase locale associando ad essa l'orientamento locale, che contiene l'informazione geometrica relativa alla componente strutturale più rilevante. Da questa formulazione risulta evidente come ampiezza locale e fase locale siano informazioni indipendenti: è dunque soddisfatta la proprietà dello *split of identity*, Il segnale così ottenuto è inoltre indipendente dalla direzione considerata, ed è perciò risolto il problema dell'isotropia.



La trasformata di Riesz del segnale di partenza si ottiene facendo convolvere tale segnale con il filtro di Riesz, indicato con la lettera h :

$$f_M(\vec{x}) = (f, \mathbf{h} * f)(x, y, z) = f + f_R$$

$$\mathbf{h} = (h_1, h_2, h_3)$$

Il filtro di Riesz è in realtà costituito da tre filtri, che agiscono nelle tre direzioni spaziali e che hanno le seguenti funzioni di trasferimento:

$$H_1(u_1, u_2, u_3) = i \frac{u_1}{\sqrt{u_1^2 + u_2^2 + u_3^2}}$$

$$H_2(u_1, u_2, u_3) = i \frac{u_2}{\sqrt{u_1^2 + u_2^2 + u_3^2}}$$

$$H_3(u_1, u_2, u_3) = i \frac{u_3}{\sqrt{u_1^2 + u_2^2 + u_3^2}}$$

Come già anticipato è necessario separare il segnale di interesse dai segnali parziali ad esso sovrapposti. Oltre al filtro di Riesz si deve dunque tenere conto anche di un filtro passabanda, indicato con la lettera c . Tale filtraggio riguarderà sia il segnale originale, sia la trasformata di Riesz. Si può dunque scrivere:

$$f_M(x, y, z, s) = (c * f, c * \mathbf{h} * f) = (c * f, c * f_R)$$

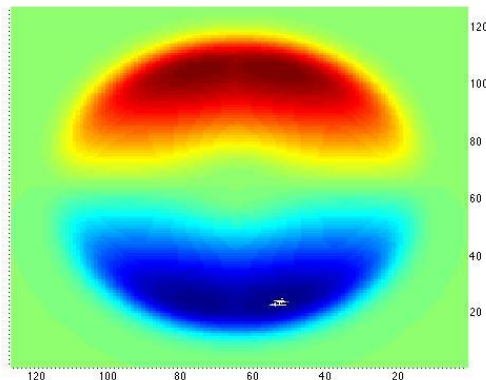
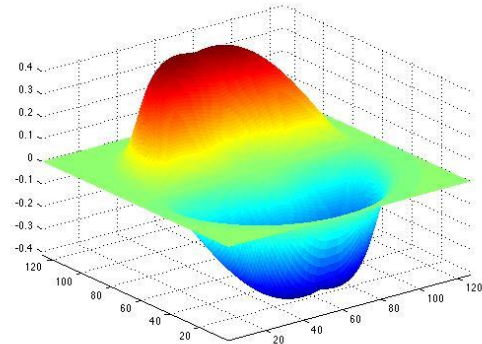
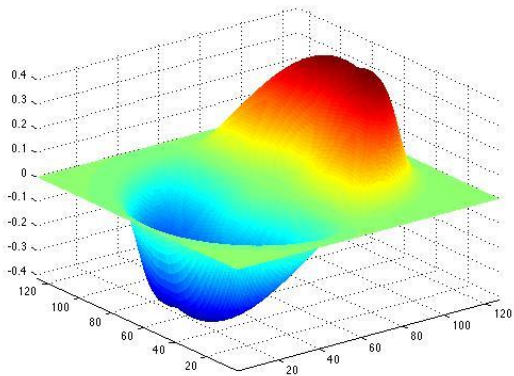
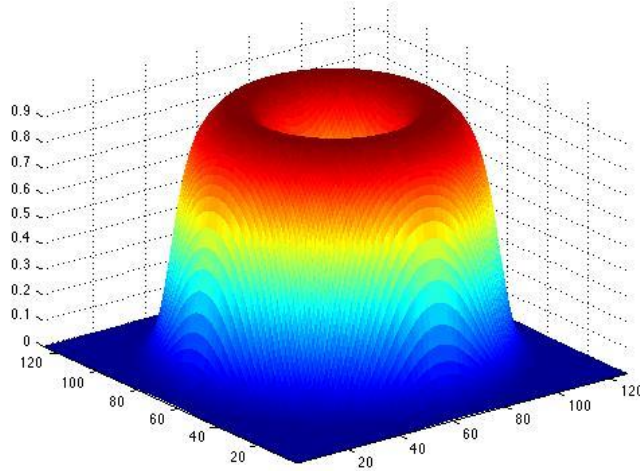
Per entrambi i filtraggi si fa uso di filtri di quadratura, cioè di una coppia di filtri, uno pari e uno dispari. Tra i filtri di quadratura quello che fornisce i migliori risultati nell'estrazione delle caratteristiche locali è il filtro isotropo di Cauchy [5], che ha la seguente funzione di trasferimento:

$$C(r, s) = n_c r^a e^{-sr}$$

dove r è la distanza dall'origine del sistema di riferimento delle frequenze:

$$r = \sqrt{u_1^2 + u_2^2 + u_3^2}$$

$s > 0$ è un fattore di scala. Il termine n_c è una costante di normalizzazione, mentre a/S è la frequenza di picco del filtro. Il fattore di scala deve essere scelto in modo che il guadagno del filtro sia unitario in corrispondenza della frequenza di picco.



L'algoritmo di segmentazione è stato implementato in ambiente Matlab. Per il calcolo della convoluzione è stata sfruttata la proprietà per cui alla convoluzione nel dominio dello spazio corrisponde il prodotto nel dominio delle frequenze. L'operazione è stata dunque effettuata nel dominio delle frequenze calcolando la trasformata di Fourier del volume con il comando `fft`, per poi ritornare nel dominio dello spazio mediante il calcolo dell'antitrasformata di Fourier, realizzata in Matlab con il comando `ifft`.

2.2 La Feature Assymetry come Edge Indicator

La misura utilizzata come Edge Indicator per guidare l'evoluzione del modello level-set, e' la Feature Assymetry proposta da Kovese [6], definita sempre a partire dal segnale monogenico:

$$FA = \frac{|odd| - |even| - T}{\sqrt{even^2 + odd^2} + \varepsilon}$$

$$odd = |f_R|$$

$$T = 1/V \sum_V \log(|f_M|)$$

dove *odd* è l'uscita del filtro di quadratura dispari, *even* l'uscita del filtro di quadratura pari, ε una piccola costante additiva che permette di evitare gli errori dovuti alla divisione per zero e *T* un termine correttivo per la riduzione del rumore e degli artefatti.

La FA assume valori prossimi a uno in corrispondenza dei contorni e prossimi a zero nelle regioni più omogenee. L'edge-indicator è definito come segue [7]:

$$g = 1 - FA^\alpha$$

$$\alpha = 0.5$$

2.3 Il modello level-set

L'algoritmo sviluppato per questo tesi estende al caso tridimensionale tecniche di segmentazione già usate con successo nel caso bidimensionale [8]. A tal fine è stato necessario estendere al caso tridimensionale gli operatori differenziali discreti utilizzati per risolvere il problema variazionale. E' stato inoltre necessario modificare l'algoritmo in modo da velocizzare l'esecuzione dello script, dato che l'aumento di dimensioni del problema determina una quantità di dati da elaborare molto maggiore.

Il dato volumetrico da segmentare può essere visto come una funzione di tre variabili, che associa ad ogni punto dello spazio un valore d'intensità':

$$V : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^+$$

$$V = V(x, y, z)$$

Con il metodo level-set si definisce una funzione 3D, $\phi(x, y, z)$ il cui livello di zero rappresenta implicitamente il contorno da estrarre [9] :

$$S = \{ \{ x, y, z \} : \phi(x, y, z) = 0 \}$$

L'evoluzione della funzione level set è descritta dalla seguente equazione differenziale alle derivate parziali:

$$\frac{d\phi}{dt} = \left[\lambda g K + \nu g + \mu \nabla g \cdot \frac{\nabla \phi}{|\nabla \phi|} \right] |\nabla \phi|$$

dove λ, ν, μ sono tre costanti positive, che pesano le tre componenti che guidano il moto:

- Il primo è un termine di evoluzione per curvatura geodetica e serve a regolarizzare il contorno;
- il secondo è un termine di espansione libera pesato dall'edge indicator. Tale termine fa espandere il contorno fino al raggiungimento dei contorni del ventricolo identificati dall'edge indicator. In corrispondenza dei contorni l'edge indicator g assume infatti valori prossimi allo zero determinando l'interruzione dell'evoluzione;
- il terzo è un moto per trasporto lungo il campo vettoriale gradiente dell'edge indicator. Il gradiente dell'edge indicator è diretto ortogonalmente ai contorni del ventricolo ed è nullo nelle regioni omogenee: funge quindi da attrattore stabilizzando la curva una volta raggiunto il contorno individuato dall'edge indicator.

3

ANALISI DEI RISULTATI

3.1 Analisi del programma sviluppato

Nel presente capitolo sono illustrati i risultati ottenuti dall'algoritmo di segmentazione messo a punto in questo lavoro di tesi e testato sui dati resi disponibili online per la competizione internazionale CETUS. L'algoritmo proposto è semi-automatico: l'intervento dell'utente è richiesto nella fase di inizializzazione del metodo, quando viene richiesto di selezionare un punto all'interno del ventricolo.

Il programma è stato fatto girare su una macchina dotata di processore Intel Core i5-3570K @3.40 GHz, 8 GB di DDR3 e una scheda video NVIDIA GTX 970 equipaggiata con 4 GB di memoria onboard.

Un singolo volume di acquisizione contiene un numero di voxel variabile tra 3 e 10 milioni, a causa della grande quantità di dati da processare l'evoluzione con il metodo level-set risulta particolarmente onerosa per la CPU, impiegando mediamente 5secondi ad ogni passo, in queste condizioni per avere una segmentazione sarebbe necessario attendere delle ore.

Poiché l'algoritmo sviluppato soddisfa i criteri di essere CPU-intensive e ad elevato parallelismo è stato possibile accelerare la procedura di segmentazione spostando l'esecuzione della parte più pesante del codice sulla GPU. Con questa modifica, il tempo impiegato per compiere un passo del metodo level-set si è ridotto mediamente a due decimi di secondo;

complessivamente la procedura di segmentazione richiede qualche minuto, dipendentemente dalla morfologia del ventricolo che viene analizzato.

3.2 Confronto dei risultati ottenuti rispetto ai riferimenti tracciati manualmente

L'algoritmo è stato applicato ai dati di 8 pazienti, scelti casualmente dal dataset messo a disposizione nel CETUS composto da 15 soggetti. Per ogni paziente è stato segmentato il ventricolo sinistro a ED e ES.

La somiglianza tra le superfici estratte è stata valutata sulla base di parametri quantitativi di confronto tra la superficie ottenuta dalla tecnica di segmentazione messa a punto e quella messa a disposizione nel dataset di riferimento. I parametri considerati sono stati la distanza media assoluta (MAD), la distanza di Hausdorff (Hd) ed il coefficiente di Dice (D). MAD e D sono definiti come:

$$MAD = \frac{1}{2} [d(S, S_{ref}) + d(S, S_{ref})]^2$$

$$D^* = 1 - 2 \frac{(V \cap V_{ref})}{V + V_{ref}}$$

con S ed S_{ref} superficie ottenuta con la tecnica sviluppata e di riferimento, rispettivamente; V ed V_{ref} volume interno alla superficie ottenuta con la tecnica sviluppata e alla superficie di riferimento,

² $d(S, S_r)$ è la media delle distanze di ogni voxel di S dal voxel più vicino di S_{ref}

rispettivamente. Il coefficiente di Dice è una misura della sovrapposizione tra le due superfici; è un valore variabile tra 0 (sovrapposizione completa) ed 1 (nessuna sovrapposizione).

La distanza di Hausdorff misura la massima distanza locale tra le due superfici di riferimento S ed S_{ref} .

In tabella 1 sono riportati i valori di questi parametri per ogni frame analizzato ed i valori medi:

paziente	MAD (mm)		Hd (mm)		D*	
	ES	ED	ES	ED	ES	ED
1	2,8	2,7	20,3	9,6	0,17	0,11
2	4,0	3,1	10,1	10,7	0,26	0,15
3	3,4	2,9	13,5	15,2	0,18	0,14
4	3,8	4,1	14,9	22,7	0,2	0,17
5	2,3	2,5	9,3	13,6	0,13	0,13
6	3,6	3,2	15,2	15,8	0,16	0,14
7	3,7	3,8	15,2	21,5	0,14	0,12
8	3,3	3,4	13,9	15,0	0,15	0,15
media	3,38	3,22	14,04	15,54	0,17	0,14

Tabella 1: Distanza media assoluta (MAD), distanza di Hausdorff (Hd) e coefficiente di Dice ottenuti per ogni volume analizzato.

Degli errori in tabella la misura più critica è quella della distanza di Hausdorff; come si può notare dai rendering nelle successive figure 3.1, 3.2 e 3.3 gli errori non trascurabili di questo parametro sono dovuti ad imprecisioni di segmentazione nella regione apicale del ventricolo sinistro.

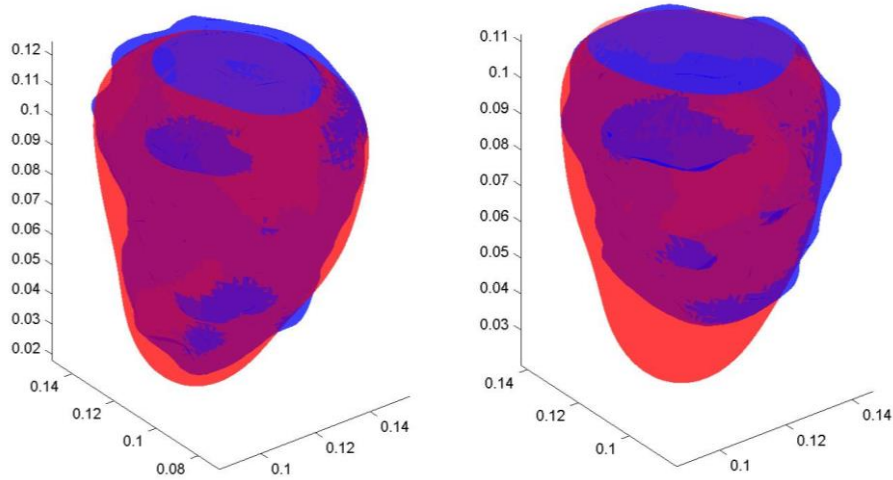


Figura 3.1: Sovrapposizione con trasparenza delle superfici di riferimento (in rosso) e delle superfici rilevate con l'algoritmo messo a punto (in blu) a ED (pannello a sinistra) e ES (pannello a destra) per il paziente1.

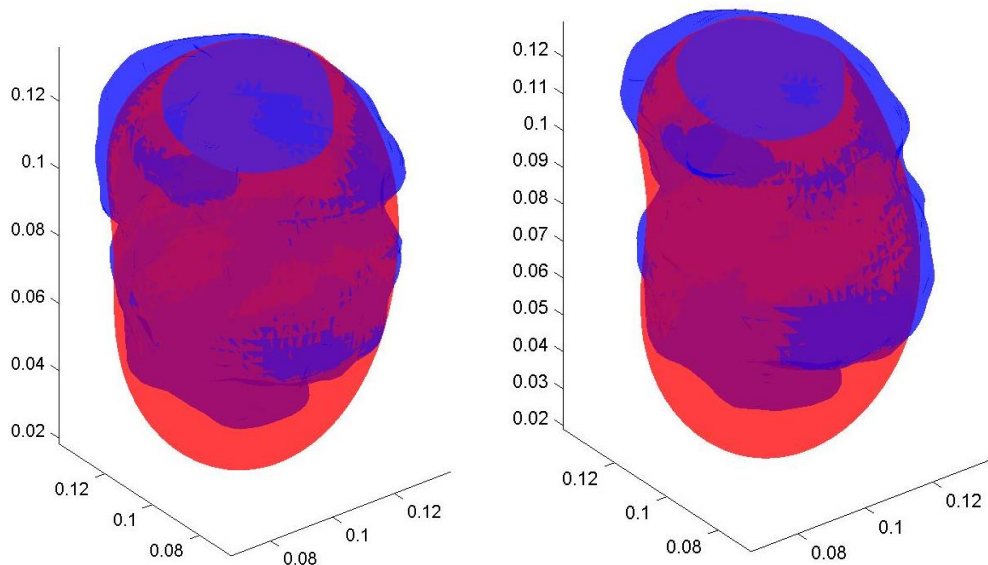


Figura 3.2: Sovrapposizione con trasparenza delle superfici di riferimento (in rosso) e delle superfici rilevate con l'algoritmo messo a punto (in blu) a ED (pannello a sinistra) e ES (pannello a destra) per il paziente 6.

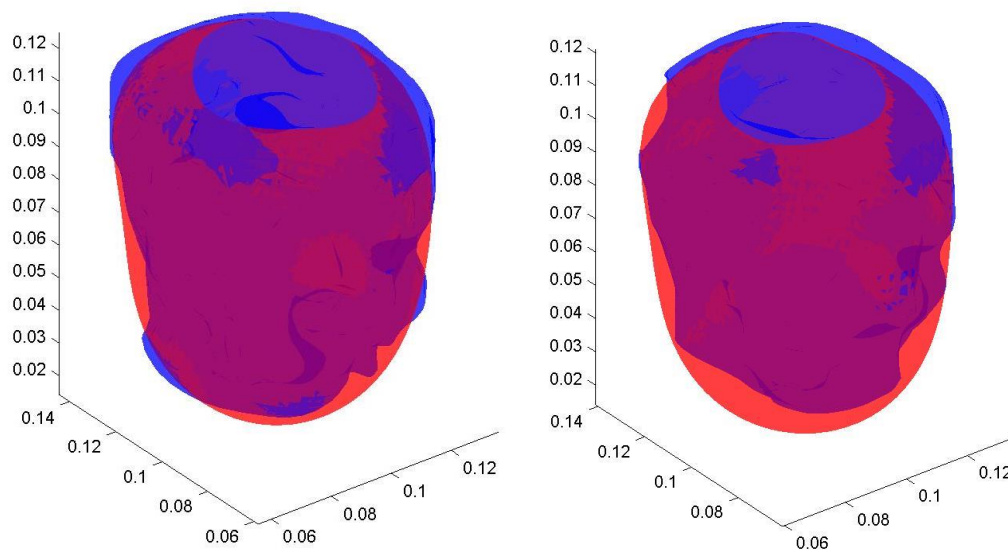


Figura 3.3: Sovrapposizione con trasparenza delle superfici di riferimento (in rosso) e delle superfici rilevate con l’algoritmo messo a punto (in blu) a ED (pannello a sinistra) e ES (pannello a destra) per il paziente 7.

In aggiunta per valutare anche da un punto di vista clinico l’efficacia della segmentazione, sono stati confrontati anche i valori di volume EDV e ESV, la frazione d’iezione e la gittata sistolica.

$$GS = VFD - VFS$$

L’analisi di regressione lineare e di Bland Altman per i volumi di fine diastole (figura 3.4) e fine sistole (figura 3.5) ha evidenziato eccellenti coefficienti di correlazione, bias e limiti di concordanza accettabili (EDV: $y=0.72x+40$, $r=0.98$, bias=24ml, LOA=63ml; ESV: $y=0.72x+27$, $r=0.99$, bias=18ml, LOA=60ml).

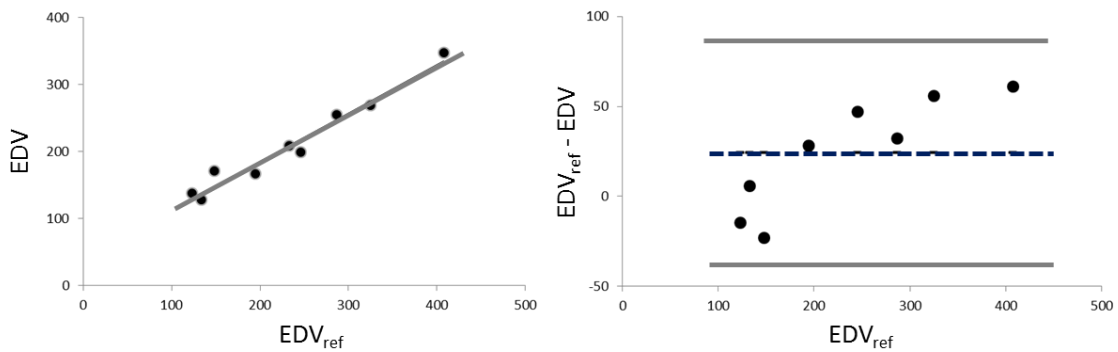


Figura 3.4: Analisi di regressione (pannello a sinistra) e di Bland-Altman (pannello a destra) del volume di fine diastole calcolato dalle superfici di riferimento (ref) e da quelle rilevate con l’algoritmo proposto nella popolazione considerata di otto pazienti

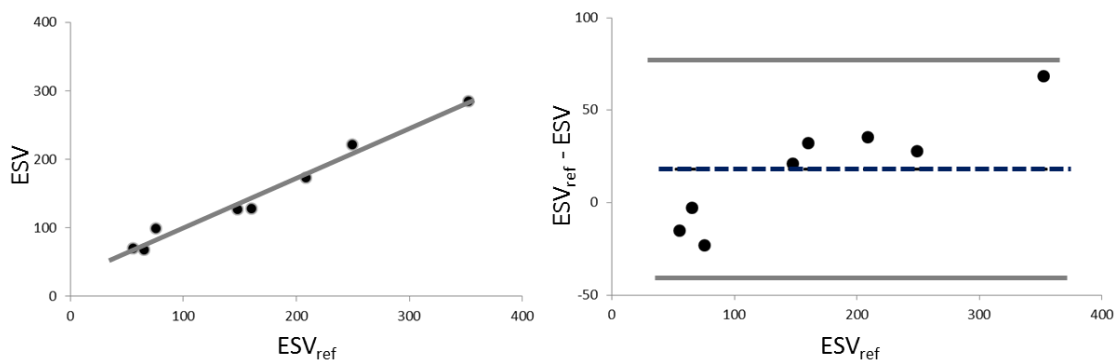


Figura 3.5: Analisi di regressione (pannello a sinistra) e di Bland-Altman (pannello a destra) del volume di fine sistole calcolato dalle superfici di riferimento (ref) e da quelle rilevate con l’algoritmo proposto nella popolazione considerata di otto pazienti

L’analisi di Bland Altman evidenzia anche una polarizzazione dei risultati ottenuti con il metodo proposto. Le superfici derivate dalla procedura di segmentazione tendono ad essere sottostimate rispetto al riferimento e all’aumentare delle dimensioni del ventricolo, sia per i frame di fine diastole, sia per quelli di fine sistole l’errore di sottostima aumenta.

In tabella 2 sono riportati i valori calcolati per EF e SV:

paziente	EF (%)	EF _{ref} (%)	SV (ml)	SV _{ref} (ml)
1	50%	44%	126,6	126,6
2	49%	55%	67,3	67,7
3	24%	24%	39,5	46,7
4	42%	49%	72,2	72,2
5	46%	51%	59,3	67,9
6	18%	23%	47,6	75,5
7	18%	14%	62,4	55,3
8	13%	15%	25,3	37,1

Tabella 2: Confronto tra i valori di frazione di eiezione (EF) ed gittata sistolica (SV) ottenuti per ogni paziente con la tecnica proposta ed i valori di riferimento.

Anche per questi due parametri, l'analisi di regressione lineare e di Bland Altman (figura 3.6 e 3.7) ha evidenziato ottimi coefficienti di correlazione, bias e limiti di concordanza (EF: $y=0.89x+0.02$, $r=0.96$, bias=2%, LOA=10%; SV: $y=1.05x+9.5$, $r=0.94$, bias=6ml, LOA=21ml).

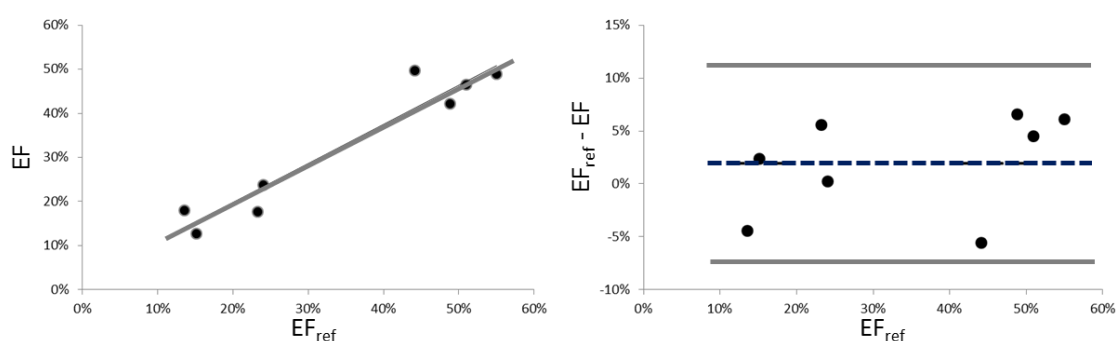


Figura 3.6: Analisi di regressione (pannello a sinistra) e di Bland-Altman (pannello a destra) della frazione di eiezione calcolata dalle superfici di riferimento (ref) e da quelle rilevate con l' algoritmo proposto nella popolazione considerata di otto pazienti

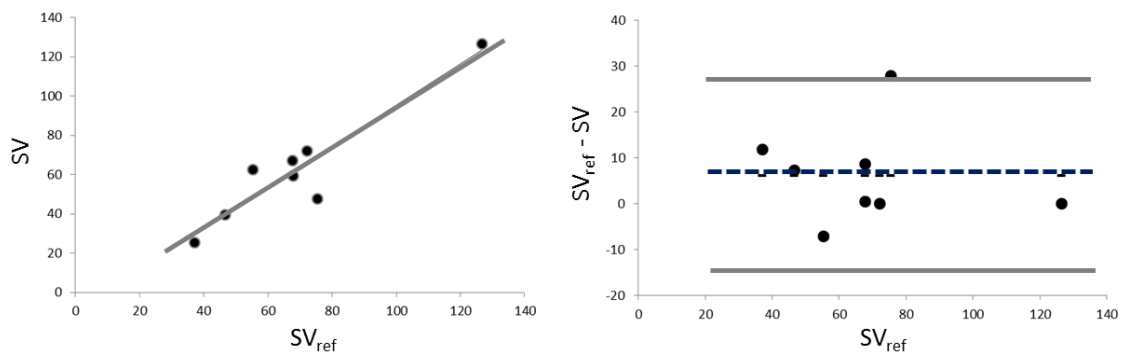


Figura 3.7: Analisi di regressione (pannello a sinistra) e di Bland-Altman (pannello a destra) della gittata cardiaca calcolata dalle superfici di riferimento (ref) e da quelle rilevate con l'algoritmo proposto nella popolazione considerata di otto pazienti

La sottostima che caratterizza sia EDV sia ESV viene compensata nel calcolo di EF e SV la cui concordanza con i valori di riferimento è decisamente soddisfacente.

CONCLUSIONI

In questa tesi è stato affrontato il difficile problema della segmentazione dei dati ecocardiografici acquisiti con sistemi volumetrici per la valutazione della funzionalità cardiaca. Il problema è di notevole interesse scientifico e clinico

L'algoritmo che si è progettato e sviluppato è stato testato su un database messo a disposizione della comunità internazionale per una competizione internazionale sullo stesso tema.

L'algoritmo che ha evidenziato delle buone prestazioni. I parametri estratti per la valutazione delle differenze tra le superfici risultato dell'algoritmo proposto e quelle di riferimento hanno evidenziato valori più che accettabili di distanza media e coefficiente di Dice. La distanza di Hausdorff ha evidenziato delle imprecisioni nelle superfici estratte. Il confronto visuale ha permesso la individuazione delle imprecisioni nella regione apicale del ventricolo sinistro per molte delle superfici estratte.

La validazione dei parametri clinici ha fatto emergere le stesse criticità nel confronto tra i volumi degli istanti di fine diastole e di fine sistole; tale criticità non emerge nei parametri di frazione di eiezione e di gittata sistolica per l'effetto di compensazione degli errori compiuti nel calcolo dei volumi.

Nel complesso, anche considerando la difficoltà del problema affrontato, i risultati sono soddisfacenti.

Una possibile soluzione a questa criticità sarà quello di assicurarsi di bloccare l'evoluzione oltre al piano valvolare in modo da poter usare condizioni d'uscita più restrittive nella parte iterativa

del codice, consentendo una evoluzione corretta della superficie anche nella regione apicale.

La feature-asymmetry calcolata a partire dal segnale monogenico si è dimostrata essere un buon edge indicator, la cui formulazione la rende ideale in futuro per l'uso in un algoritmo multiscala, che potrebbe risolvere le difficoltà incontrate nel segmentare le regioni dei muscoli papillari, che non sempre vengono inclusi nella volumetria ventricolare.

Bibliografia

1. S. L. Bridal, J.-M. Correas, A. Saied, and P. Laugier, "Milestones on the road to higher resolution, quantitative, and functional ultrasonic imaging," *Proc. IEEE*, vol. 91, no. 10, pp. 1543–1561, Oct. 2003.
2. M. Mulet-Parada and J. Noble, "2D+T acoustic boundary detection in echocardiography," *Med. Image Anal.*, vol. 4, no. 1, pp. 21–30, 2000.
3. J. A. Noble and D. Boukerroui, "Ultrasound image segmentation: A survey," *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 25, no. 8, pp. 987–1010, Jul. 2006.
4. M. Felsberg and G. Sommer, "The monogenic signal," *IEEE Trans. Signal. Process.* vol. 49, no. 12, pp. 3136–3144, Dec. 2001.
5. D. Boukerroui, J. A. Noble, and M. Brady, "On the choice of band-passquadrature filters," *J. Math. Imag. Vision*, vol. 21, no. 1, pp. 53–80, 2004.
6. P. Kovesi, "Image features from phase congruency," *J. Comput. Vis. Res.*, vol. 1, no. 3, pp. 1–26, 1999.
7. A. Belaid, D. Boukerroui, Y. Maingourd, and J.-F. Lerallut, "Phase based level set segmentation of ultrasound images," in *Proc. 9th IEEE Int. Conf. Inf. Tech. App. Biomed.*, 2009.
8. K. Rajpoot, V. Grau, and J. Noble, "Local-phase based 3D boundary detection using monogenic signal and its application to real-time 3-D echocardiography images," in *Proc. IEEE Int. Symp. Biomed. Imag., Nano Macro*, pp. 783–786, Jul. 2009.

Ringraziamenti

Desidero ringraziare tutti coloro che mi hanno aiutato nella stesura di questa tesi, con i loro suggerimenti, critiche, osservazioni e correzioni: avete tutta la mia gratitudine.

In primis desidero ringraziare la professoressa Cristiana Corsi in qualità di relatrice e il dottore Simone Pertutti, correlatore: se potete leggere questa tesi il merito va a loro, la loro guida è stata inestimabile per raggiungere la meta e completare questo elaborato.

Un ringraziamento particolare va alla mia famiglia, mia mamma Federica e mio fratello Marco che mi hanno supportato e sopportato ogni giorno durante tutto il percorso degli studi, e ai miei amici che ci sono sempre stati, questa tesi è dedicata a tutti voi.