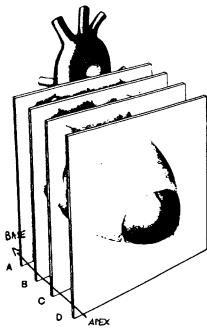


ESERCITAZIONE 4 30/03/2022 (Segmentazione a Contorni)

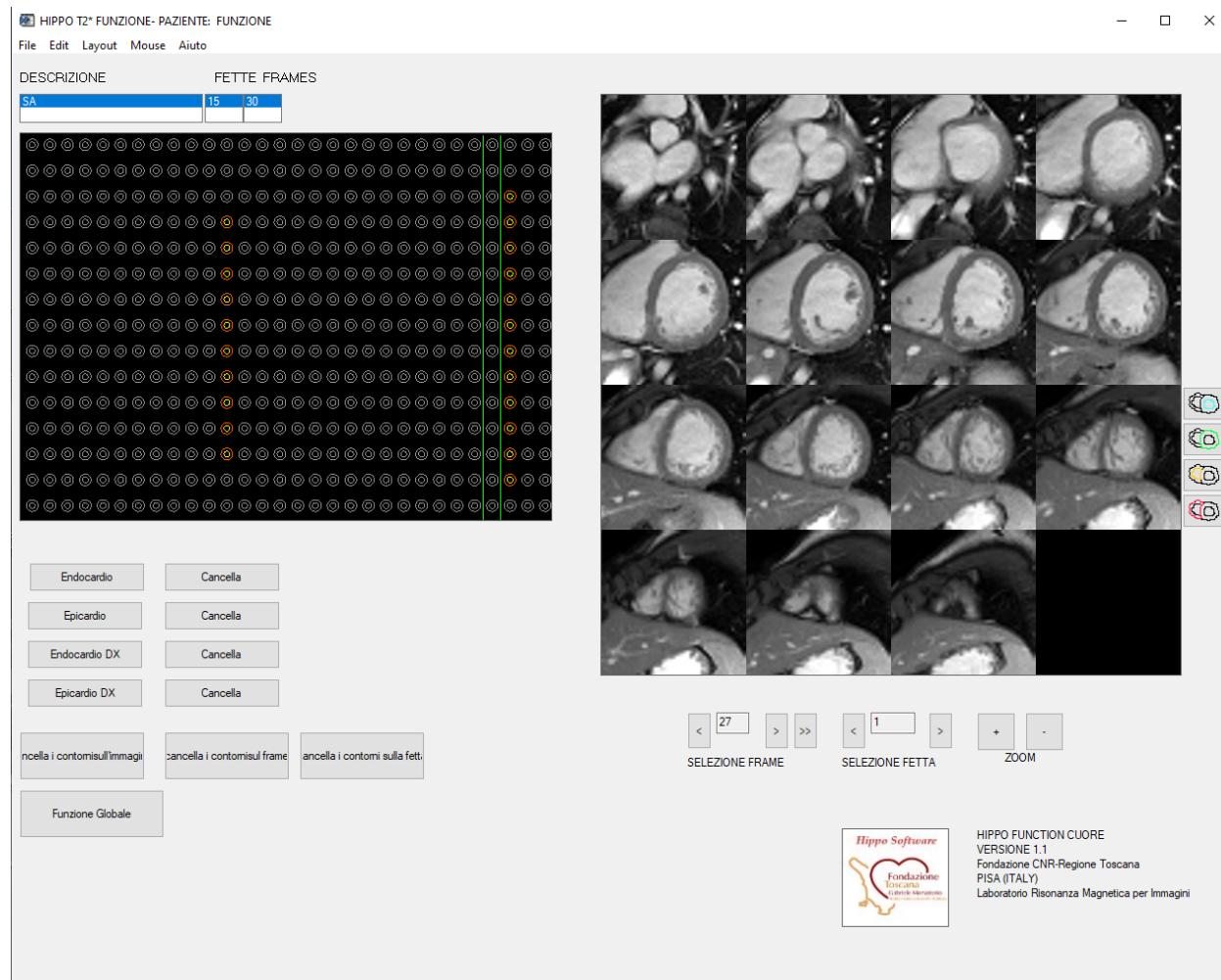
Nell'analisi delle immagini di funzione cardiaca in MRI vengono tipicamente utilizzate viste in asse corto che coprono l'intero ventricolo sinistro in tutte le fasi cardiache, il set di dati sarà quindi del tipo 3D+T e

comprenderà alcune centinaia di immagini (ad esempio 12 slices x 30 fasi = 360). Secondo le linee guida le fette sono acquisite con distanza inter-slice di 10 mm o minore e thickness di 6-8 mm. Il numero di frame temporali è intorno a 30 sul ciclo cardiaco in modo da ottenere una risoluzione temporale di almeno 45 ms.



Il tipico modo di presentare all'operatore le immagini di funzione è quello in basso, dove lungo le righe sono allineate le fette con lo stessa fase

cardiaca e lungo le colonne la stessa fetta in diverse fasi.



Durante l'analisi l'operatore tipicamente seleziona visivamente la fase diastolica e sistolica ed analizza solo queste due fasi tracciando il contorno endocardico ed epicardico per tutte le fette che comprendono il ventricolo sinistro. Come si osserva tipicamente i muscoli papillari vengono inclusi nella cavità del ventricolo sinistro. Una volta tracciati i contorni endocardici il software calcola l'area endocardica su tutte le fette in fase diastolica ed ottiene il volume ventricolare diastolico dalla formula:

$$EDLV = \sum A_i dx dy dz$$

Dove dx, dy, dz rappresentano le dimensioni del voxel. Analogamente si trova il volume ventricolare sistolico ESLV. Il software calcola quindi l'area epicardica e sottrae da essa l'area endocardica, ottenendo così l'area del miocardio in fase sistolica e diastolica. Moltiplicando le aree per la dimensione del voxel e per la densità del miocardio 1.06 g/mm³ si ottiene la massa ventricolare sinistra. Alla fine viene prodotto un referto del tipo allegato all'esercitazione:

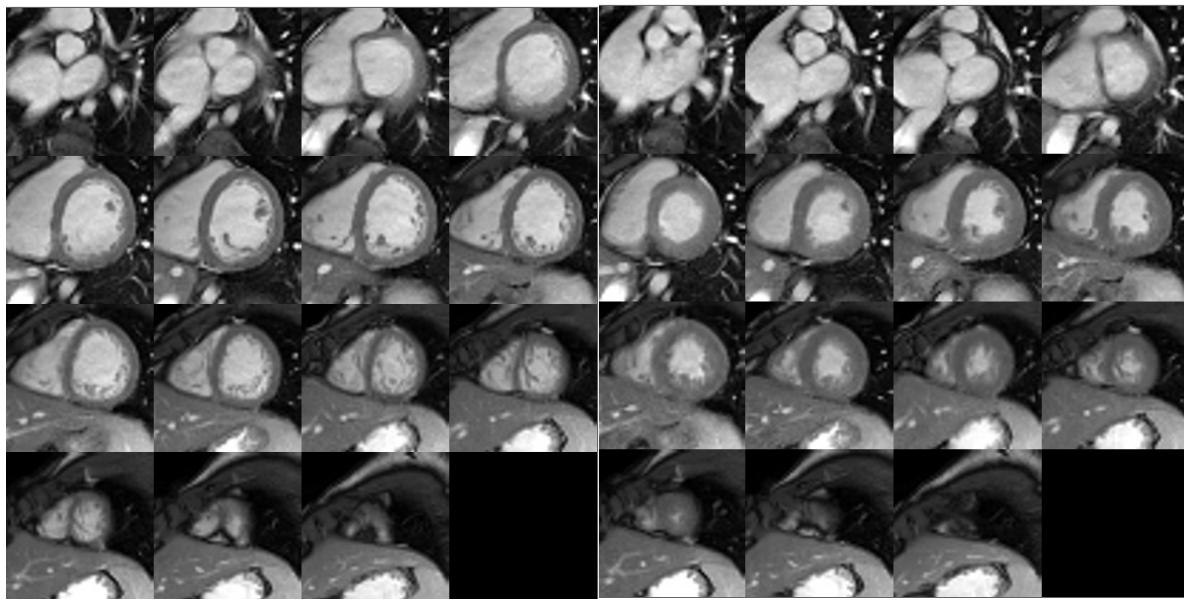
FUNZIONE CARDIACA VENTRICOLO SINISTRO
Fase Diastolica: 29 (833.000 ms)
Fase Sistolica: 12 (333.000 ms)
ED Volume (LV): 114 ml
ES Volume (LV): 41 ml
Stroke volume (LV): 73 ml
PESO: 47 Kg
ALTEZZA: 180 cm
BMI: 14.5062
SUPERFICE CORPOREA (BSA): 1.52692 m²
ED Volume / BSA: 75 ml/m²
ES Volume / BSA: 27 ml/m²
Stroke volume / BSA: 47 ml/m²
Gittata Cardiaca (LV): 4.97366 l/min
Frazione di Eiezione (LV): 63 %
Massa LV ED: 43 g
Massa LV ES: 47 g
Massa LV ED / BSA: 28 g/m²
Massa LV ES / BSA: 30 g/m²

Vengono riportati i valori di EDLV e ESLV, insieme ai dati derivati dello Stroke Volume (SV = EDLV – ESLV) e frazione di eiezione (EF = (EDLV – ESLV)/EDLV). Viene anche fornita la gittata cardiaca, cioè la quantità di sangue pompata in un minuto. Vengono riportate anche le masse cardiache rilevate in diastole e sistole che dovrebbero essere ovviamente uguali. I dati sono normalizzati per la BSA (body surface area) per tenere conto della grandezza del paziente. La BSA può essere calcolata con varie approssimazioni, per esempio BSA = [(Altezza (cm) X Peso (kg) / 3600)]^{1/2} (Mosteller). La stessa procedura può essere ripetuta per il ventricolo destro.

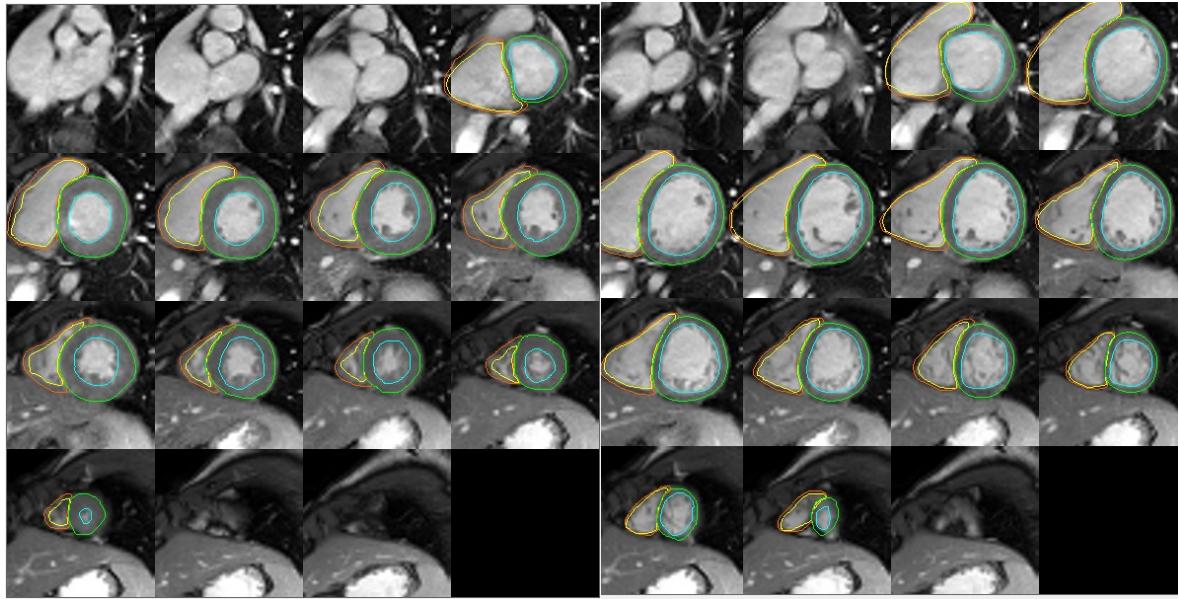
Idealmente, avendo a disposizione uno strumento software in grado di segmentare automaticamente tutte le 360-400 immagini potremmo ottenere i valori del volume ventricolare per tutte le fasi cardiache e quindi trovare automaticamente la fase diastolica (massimo volume) e quella sistolica (minimo volume). Nella pratica poiché gli algoritmi automatici richiedono comunque un controllo da parte dell'operatore ed una eventuale correzione, la fase diastolica e sistolica vengono individuate visualmente dall'operatore e la segmentazione viene effettuata solo su queste fasi. Questo approccio introduce una variabilità indesiderata in quanto operatori diversi potrebbero selezionare fasi diverse.

La segmentazione della fase diastolica e sistolica viene tipicamente implementata con un algoritmo automatico o semi-automatico. Nel secondo caso, all'utente verrà richiesto di definire un seed (tipicamente un contorno approssimato) che rappresenterà la condizione iniziale dell'algoritmo di segmentazione. Esistono innumerevoli approcci, molti dei quali sono basati su segmentazione a contorni o algoritmi di deep learning.

Il set di immagini disponibile per l'esercitazione comprende 15 slices e 30 frame temporali. Noi analizzeremo solo due fasi, la fase diastolica (frame 28, 693 ms) e sistolica (frame 12, 288 ms), come si deduce dal referto allegato. Le due fasi di interesse possono essere individuate dal valore del campo TriggerTime nelle immagini DICOM. In alternativa si può leggere il campo "Cardiac Number of Images" che è il numero di frame temporali (30 in questo caso) e dividere le immagini in 30 volumi corrispondenti ai 30 frames. Le immagini in ogni volume avranno la stessa ImagePositionPatient. Questo approccio è implementato dalla funzione MATLAB ***dicomreadVolume*** che però in questo caso non funziona correttamente. Per visualizzare i due volumi estratti si può utilizzare ***sliceViewer***.



Come si osserva non tutte le slice contengono la cavità ventricolare, sono presenti in alto fette che comprendono l'atrio sx ed in basso fette al di sotto del ventricolo. Chiaramente vanno analizzate solo le fette ventricolari, quindi le fette 3-14 in diastole e 4-13 in sistole (in sistole il cuore si accorta nella direzione dell'asse lungo cardiaco).



La figura precedente riporta la segmentazione che ha originato il referto disponibile nell'esercitazione.

Nell'esercitazione definiremo solo il contorno endocardico (contorno verde), quindi effettueremo solo le misure dei volumi ventricolari destro e sinistro ed i parametri derivati (valori in giallo nel referto).

Per la segmentazione delle immagini si può utilizzare un approccio a Contorni Attivi (snakes), implementato dalla funzione MATLAB **acitvecontour**. La funzione activecontour implementa due differenti approcci, quello 'Chan-Vese' (default) e quello 'edge', più simile ad un approccio di tipo Snake. L'approccio 'Chan-Vese' rappresenta una versione ottimizzata dal punto di vista del tempo di convergenza e dell'accuratezza.

I parametri della funzione activecontour sono:

- L'immagine da segmentare A
- Il contorno di partenza (seed), che viene definito come la maschera interna al contorno. Le due rappresentazioni sono infatti equivalenti.
- Il numero n di iterazioni dello snake.

L'uscita della funzione è la maschera del contorno risultante che definirà l'area del ventricolo. I parametri che definiscono il comportamento dello snake sono:

- 'ContractionBias' (alfa) che definisce la tendenza dello snake ad espandersi o contrarsi. In questa implementazione valori negativi fanno espandere lo snake, valori positivi lo fanno contrarre.

- 'SmoothFactor' (beta) che definisce la regolarità dello snake, valori più alti creano contorni più regolari.

Dovendo elaborare una serie di immagini, per ogni immagine bisognerà identificare un seed. Per minimizzare l'interazione con l'utente è opportuno definire il seed su un singolo frame temporale ed utilizzare lo stesso seed su tutte le fasi, oppure utilizzare come seed in una slice il contorno calcolato alla slice precedente. E' anche possibile adattare i parametri dello snake in base alla slice/fase da segmentare.

Per controllare la bontà della segmentazione, si può utilizzare la funzione **imshowpair**, che permette di visualizzare la maschera ottenuta sopra l'immagine a falsi colori. Le immagini e la maschera vanno normalizzate a 8 bit prima di essere utilizzate in imshowpair. Oppure si può utilizzare la funzione **visboundaries** per visualizzare il contorno dell'area segmentata sopra l'immagine.

Eseguita la segmentazione delle due fasi cardiache, potremo calcolare i valori di EDLV, ESLV, SV, Gittata e FE normalizzati per il valore di BSA presente nel referto. I valori dovranno risultare simili a quelli del referto.