

Instrukcja wykonywania pomiarów średnic naczyń i tętniaka z wykorzystaniem aplikacji 3DSlicer

I. Dane testowe

Zanonimizowane dane testowe w formacie nibabel znajdują się w archiwum na stronie <https://data.mendeley.com/drafts/7skyvmcj54>. Plik zawiera wyniki badania TK z kontrastem mózgu. Dane przygotowano w oparciu o oryginalne wyniki badania w formacie DICOM, pobierając z plików DICOM wyłącznie informacje o rozdzielczości badania oraz obrazy przekrojów, składając je następnie do obrazu 3D, zapisanego w formacie nibabel.

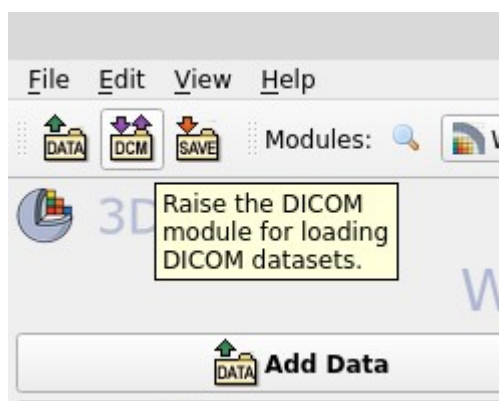
II. Instalacja aplikacji 3DSlicer oraz pakietów python wymaganych do wykonania pomiarów naczyń i tętniaka.

Pakiet instalacyjny 3DSlicer należy pobrać ze strony <https://download.slicer.org/> po czym zainstalować pakiet zgodnie z instrukcjami dla używanego systemu operacyjnego. Moduł do pomiarów wykorzystuje pakiety języka python, które nie są dostępne w standardowej instalacji 3DSlicer. Pakiety te zostaną doinstalowane automatycznie przy pierwszym uruchomieniu aplikacji do analizy tętniaków i dlatego pierwsze uruchomienie zabierze więcej czasu niż kolejne.

III. Wstępne przetwarzanie danych w celu utworzenia modelu 3D

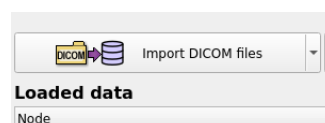
III. 1 Otwarcie danych DICOM w 3DSlicer.

Aby uzyskać dostęp do badania tomograficznego zapisanego w formacie DICOM, po uruchomieniu 3DSlicer należy kliknąć ikonę 'DCM' w górnym lewym rogu okna aplikacji (**Rys. 1**)

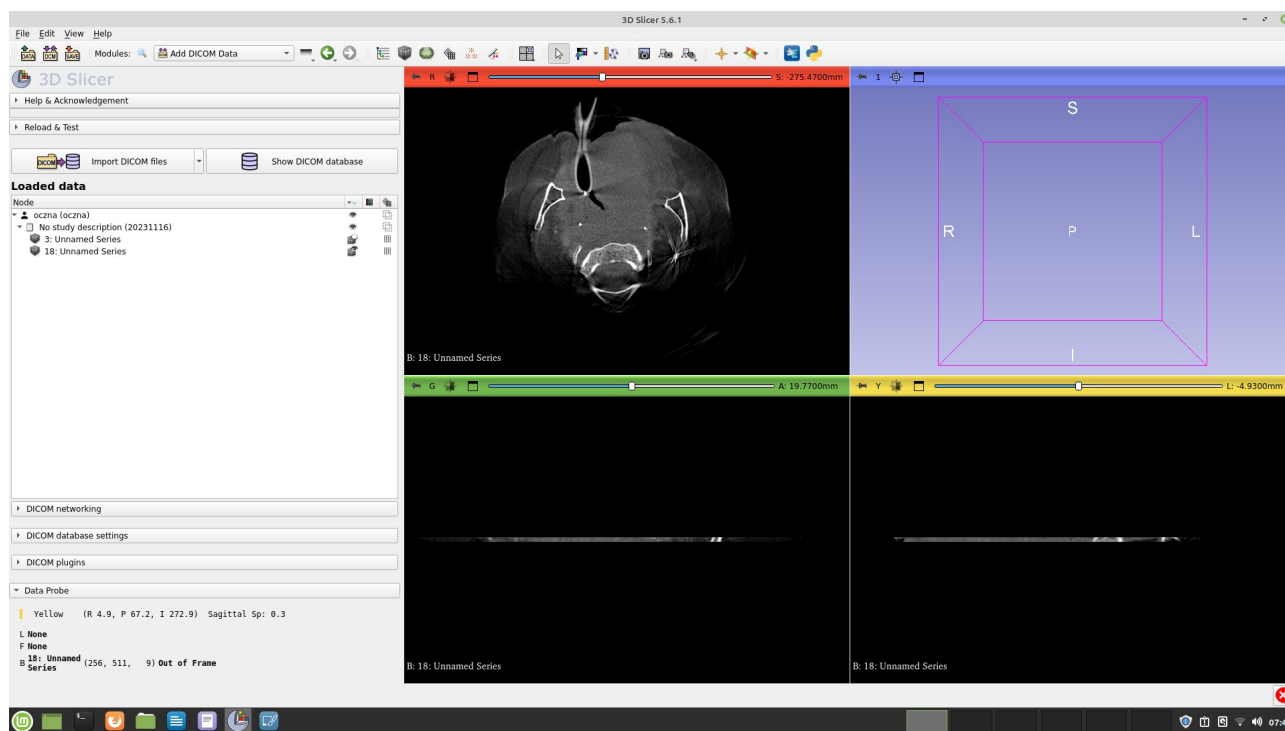


Rys. 1


Następnie należy kliknąć przycisk 'Import DICOM files'



W oknie dialogowym wyboru kartoteki należy wskazać folder z danymi do analizy, wybrać dane odpowiedniego pacjenta oraz serię, którą zamierza się analizować. Dla przykładowych danych na liście pacjentów pojawił się pacjent ‘oczna’. Po dwukrotnym kliknięciu na tego pacjenta zostały utworzone i wyświetlone dwie serie danych z tego badania: seria o numerze 3 i seria o numerze 18 (**Rys. 2**).



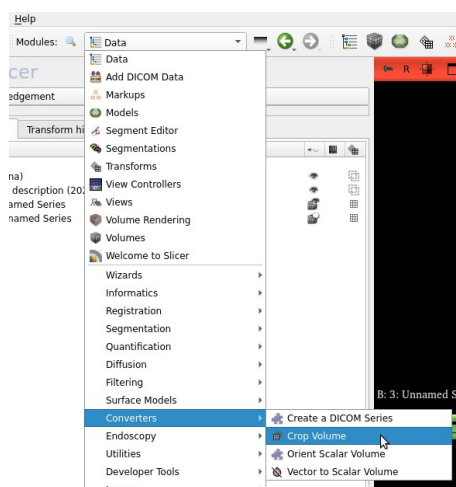
Rys. 2

Na Rys. 2 widoczna jest seria nr 18, składająca się z jednego przekroju. Serię tą można ukryć klikając na ikonkę widoczności  na prawo od nazwy serii.

Dane testowe dostępne na stronie <https://data.mendeley.com/drafts/7skvbmcyj54> wystarczy przeciągnąć z dowolnego menadżera plików do okna 3DSlicera, po czym obraz ten zostanie wyświetlony w sposób identyczny, jak na **Rys. 2**.

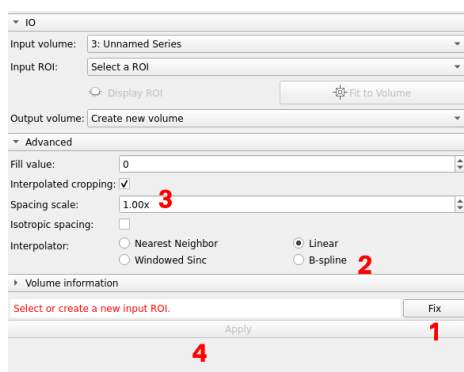
III. 2 Przycięcie badania TK do obszaru tętniaka

Aby przyciąć badanie TK do obszaru zawierającego tętniak, należy uruchomić moduł ‘Crop volume’ (**Rys. 3**)

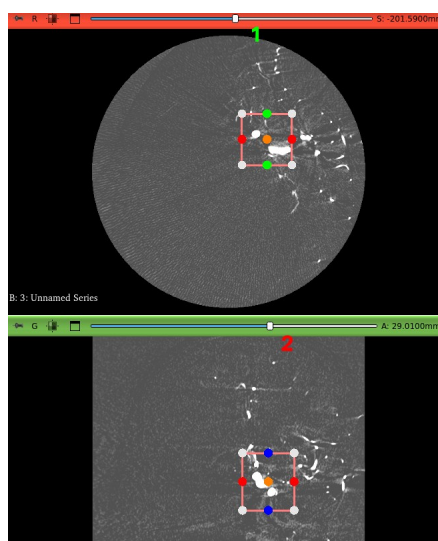


Rys. 3

Aby wyświetlić ramki do przycięcia badania 3D należy kliknąć przycisk 'Fix' (**Rys. 4**, punkt 1)

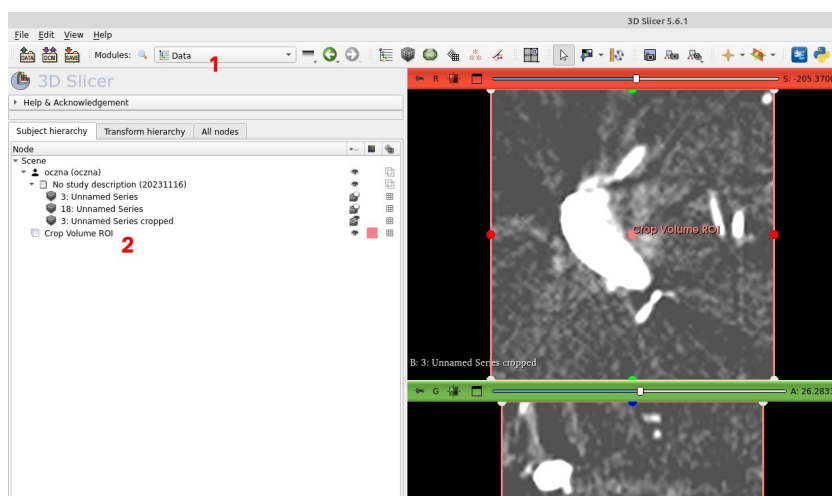


Rys. 4



Rys. 5

Korzystając z suwaków 1 i 2 (**Rys. 5**) należy zlokalizować obszar tętniaka w badaniu 3D (na **Rys. 5** lokalizacja jest już wybrana poprawnie) po czym należy ograniczyć ramki przycięcia korzystając z kółek-uchwytów na bokach i rogach kolorowych prostokątów. Przed ostatecznym przycięciem można jeszcze wybrać sposób przetwarzania przy przycinaniu: skalowanie (**Rys. 4**, punkt 3 – powiększenie pięciokrotne uzyskujemy wpisując wartość spacing scale równą 0.2), metoda interpolacji przy skalowaniu (**Rys. 4**, punkt 2). Po wybraniu tych opcji klikamy przycisk ‘Apply’ (**Rys. 4**, punkt 4) i czekamy na wykonanie przycięcia. Po wykonaniu interpolacji w oknie pojawi się przycięta seria (**Rys. 6**).

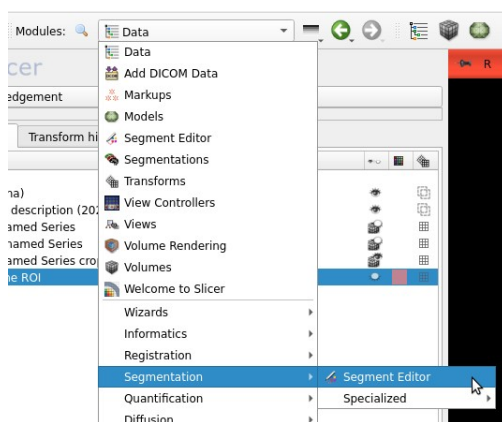


Rys. 6

Podgląd wszystkich serii uzyskamy przechodząc do modułu Data (**Rys. 6**, punkt 1). W przykładzie przycięta seria ma nazwę ‘3: Unnamed Series cropped’, pozostałe serie są ukryte. Aby ukryć ramki wokół tej serii można kliknąć ikonkę widoczności obok ‘Crop Volume roi’ (**Rys. 6**, punkt 2).

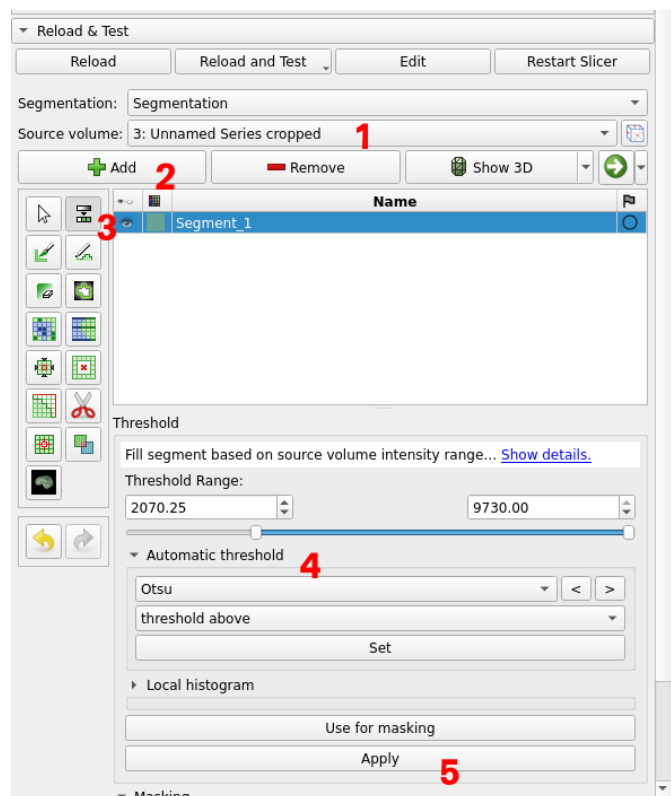
III. 3 Segmentacja naczyń

Aby wysegmentować naczynia z przyciętego obrazu 3D należy uruchomić moduł ‘Segment editor’ (**Rys. 7**).



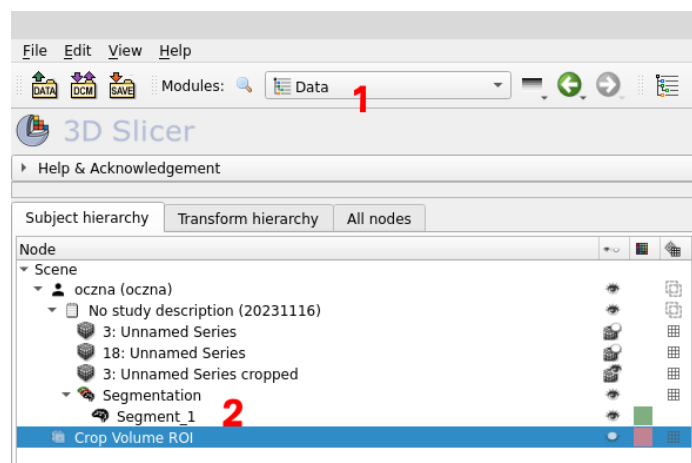
Rys. 7

Po uruchomieniu modułu wyświetli się menu segmentacji, przedstawione na **Rys. 8**.



Rys. 8

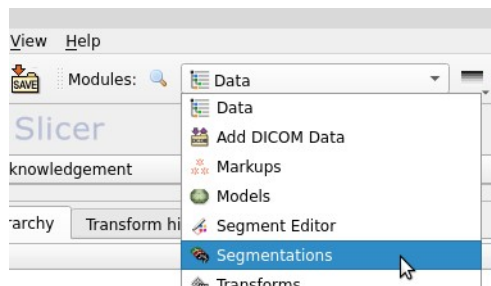
Aby wysegmentować naczynia krwionośne, należy najpierw upewnić się, że segmentujemy właściwy obraz (**Rys. 8**, punkt 1 – powinna pojawić się nazwa przyciętej serii). Klikamy następnie przycisk 'Add' (**Rys. 8**, punkt 2) i wybieramy segmentację opartą o progowanie (**Rys. 8**, punkt 3). Próg segmentacji wybieramy automatycznie, korzystając z algorytmu Otsu (**Rys. 8**, punkt 4) po czym klikamy przycisk 'Apply' (**Rys. 8**, punkt 5) – segmentacja jest gotowa. Po przejściu do modułu 'Data' (**Rys. 9**, punkt 1) widzimy segmentację na liście obiektów (**Rys. 9**, punkt 2).



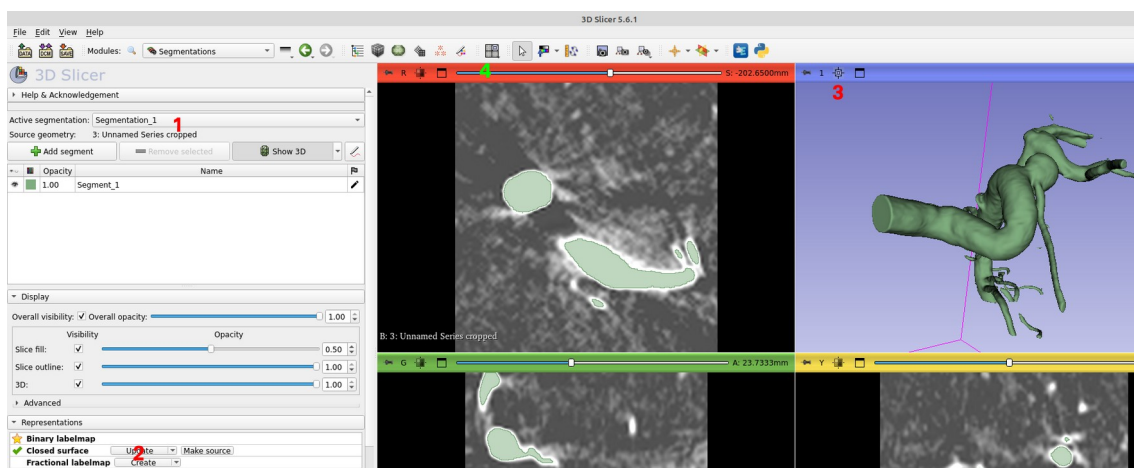
Rys. 9

III. 4 Utworzenie modelu 3D

Aby utworzyć model 3D należy uruchomić moduł Segmentations (**Rys. 10**).

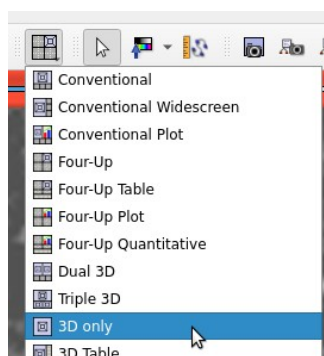


Rys. 10



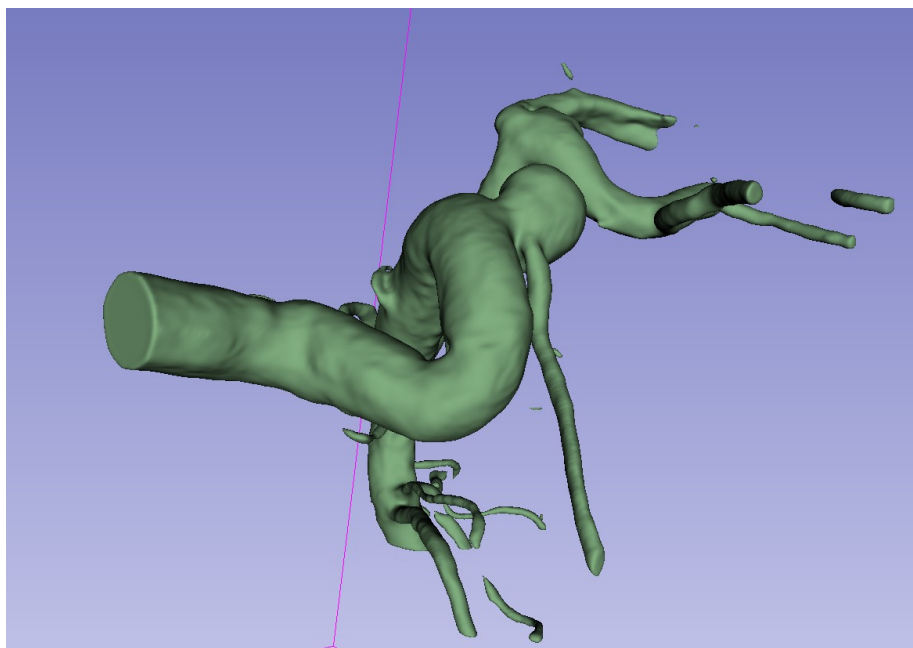
Rys. 11

Po uruchomieniu modułu należy wybrać w menu modułu segmentację odpowiadającą naczyniom (**Rys. 10**, punkt 1 – w przykładzie na liście będzie tylko jedna segmentacja, więc wybór jest prosty). Aby utworzyć model 3D segmentacji należy kliknąć przycisk 'Create' na lewo od 'Closed surface' (**Rys. 10**, punkt 2 – na rysunku jest przycisk 'Update', ponieważ wcześniej kliknąłem już przycisk 'Create'). Model 3D pojawi się w oknie 3DSlicera. Aby dopasować skalę modelu do okna należy kliknąć przycisk 'Center view' (**Rys. 10**, punkt 3). Aby wyświetlić w oknie 3DSlicer tylko model 3D należy z listy dostępnych widoków (**Rys. 10**, punkt 4) wybrać widok '3D only' (**Rys. 11**).



Rys. 11

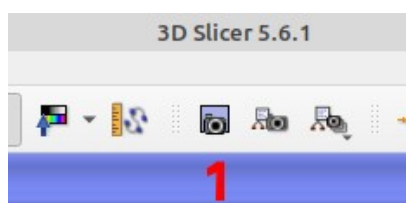
Model 3D (**Rys. 12**) można obracać i skalować korzystając z przycisków i rolek myszy.



Rys. 12

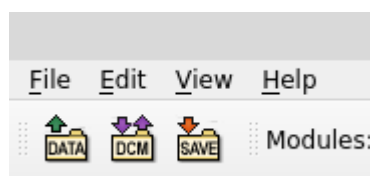
III. 5 Zapisanie wyników

Aby zachować rendering 3D należy użyć przycisku 'Capture screenshot' (**Rys. 13**, punkt 1)

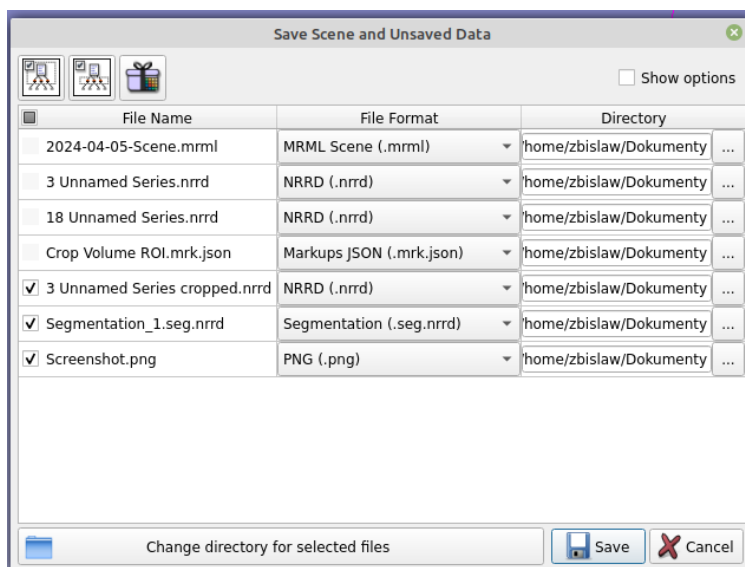


Rys. 13

Aby zachować dane (przecięte objętości, segmentacje, renderingi itp) należy użyć przycisku 'Save' (**Rys. 14**). W wyskakującym oknie dialogowym (**Rys. 15**) należy wybrać dane do zachowania, ich nazwy oraz lokalizację po czym kliknąć przycisk 'Save'.

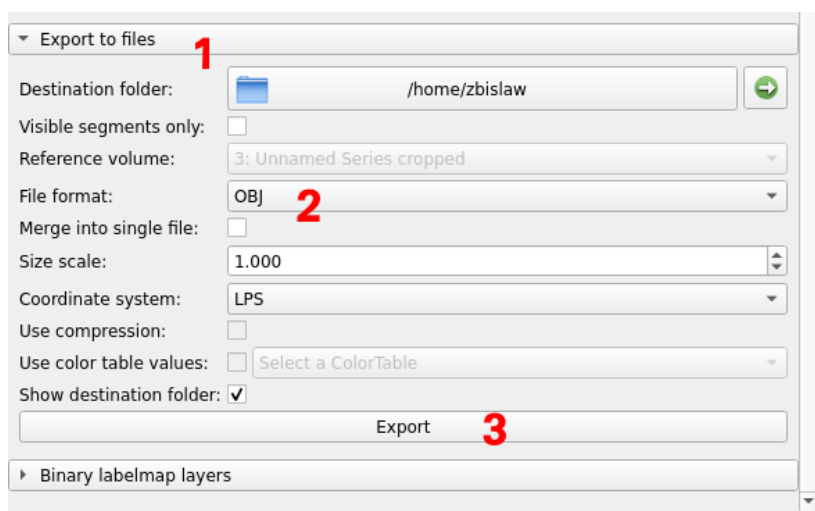


Rys. 14



Rys. 15

Aby zachować model 3D w formacie 'srl' lub 'obj', należy wrócić do modułu 'Segmentations', rozwinąć menu 'Export files' (**Rys. 16**, punkt 1), wubrać format zapisu (obj lub stl lub inny dostępny - **Rys. 16**, punkt 2), po czym kliknąć przycisk 'Export' (**Rys. 16**, punkt 3).



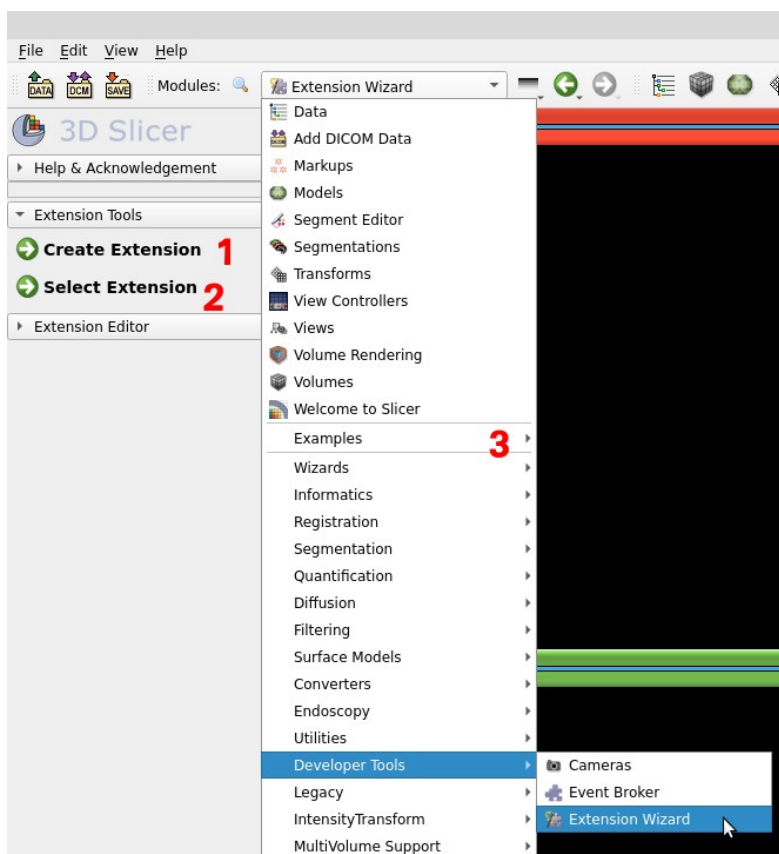
Rys. 16

IV. Nowe moduły

IV.1 Dodanie nowego modułu

Aby dodać nowy moduł do modułów 3DSlicer'a należy uruchomić moduł 'Extension wizard' (**Rys. 17**). Po otwarciu menu modułu nowy moduł tworzy się przyciskiem „Create extension” (**Rys. 17**, punkt 1). Po utworzeniu rozszerzenia należy do niego dodać moduł przyciskiem „Add module to extension” - moduły „scripted” to moduły w pythona. Utworzony nowy moduł powinien być

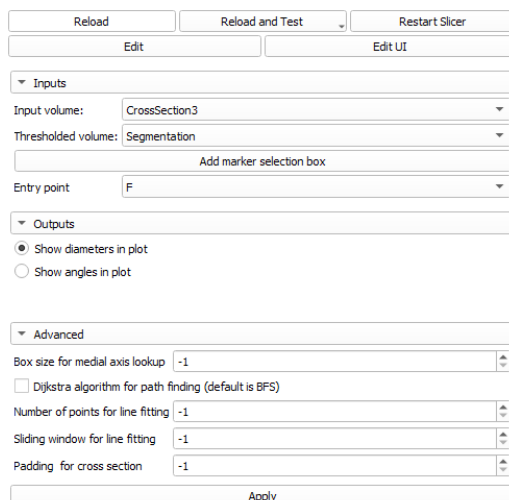
dostępny na liście modułów w kategorii „Examples”. Rozszerzenie wraz z przykładowym kodem modułu w j. python jest dostępne w folderze wybranym przy tworzeniu rozszerzenia. Przyciski ‘Edit’ i ‘Edit UI’ widoczne po wybraniu modułu z listy modułu pozwalają na edycje graficznego interfejsu użytkownika oraz na edycję kodu modułu.



Rys. 17

IV. 2 Załadowanie istniejącego rozszerzenia z folderu zawierającego kod rozszerzenia.

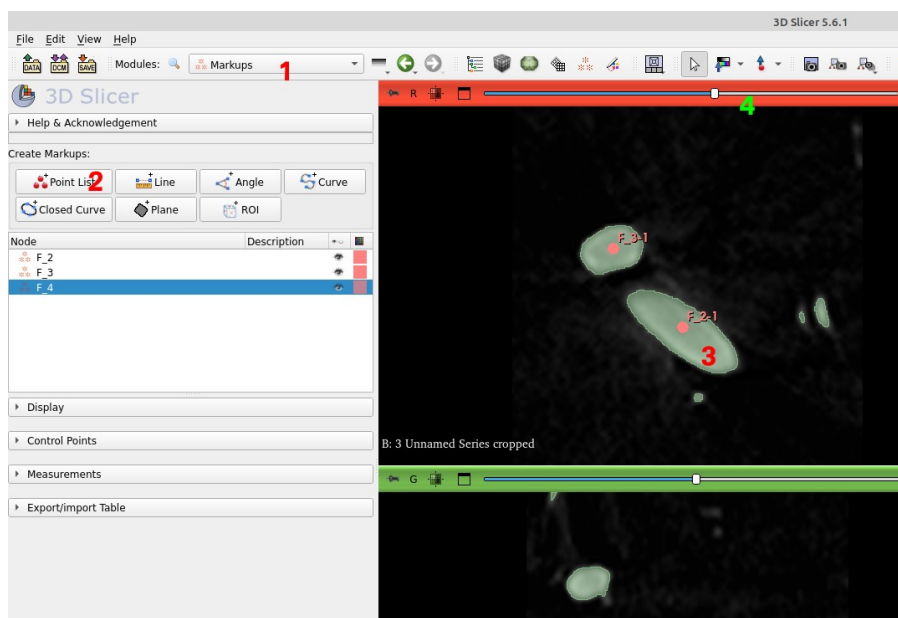
Plik archiwum z kodem rozszerzenia ‘aneurysm measurements’ znajduje się na github <https://github.com/taborzbislaw/aneurysm>. Z github należy pobrać plik aneurysm_all_extension_files.zip i rozpakować do wybranej kartoteki po czym załadować rozszerzenie klikając ‘Select extension’ (Rys. 17, punkt 2). Po wskazaniu kartoteki aneurysm (dostępna po rozpakowaniu archiwum) zawierającej kod modułu (w kartotece tej znajdują się: plik CMakeLists.txt, plik aneurysm.png i folder aneurysm), na pytanie, czy załadować moduł, należy odpowiedzieć ‘Yes’ - moduł stanie się dostępny w kategorii ‘Aneurysm assessment’ na liście modułów. Po uruchomieniu modułu pojawia się jego menu (Rys. 18).



Rys. 18

IV. 3 Wykonanie pomiarów tętniaka przy użyciu kodu rozszerzenia ‘aneurysm measurements’

Aby uruchomić pomiary należy jeszcze wskazać punkt w naczyniu wchodzącym do tętniaka, punkt w naczyniu wychodzącym z tętniaka oraz punkt w centrum tętniaka. W tym celu należy skorzystać z modułu ‘Markups’ (**Rys. 19**, punkt 1). Nowe punkty dodaje się, klikając przycisk ‘Point list’ (**Rys. 19**, punkt 2), a następnie wskazując kliknięciem lokalizację punktu na obrazie (**Rys. 19**, punkt 3). Wybierając lokalizacje punktów można się posłużyć suwakiem zmieniającym przekroje w obrazie 3D (**Rys. 19**, punkt 4).

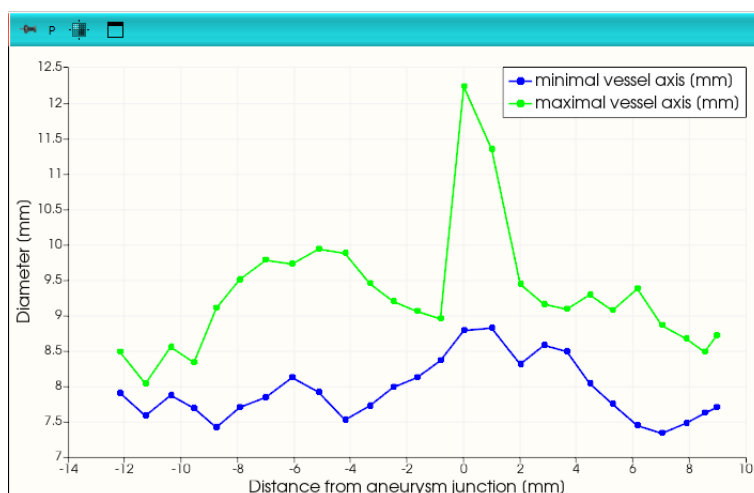


Rys. 19

Po wskazaniu punktów kluczowych można już uruchomić procedurę pomiarową. W tym celu należy przejść do modułu ‘aneurysm measurements’ i w oknie dialogowym (**Rys. 18**):

1. wybrać przycięty obraz jako input volume
2. wybrać segmentację tego obrazu jako thresholded volume
3. przyciskiem 'Add marker selection box' dodać kolejne pola wyboru markerów (w sumie potrzebne są trzy pola) i wybrać z list markery odpowiadające opisom tych list
4. kliknąć przycisk Apply

Program uruchamia obliczenia, po których zakończeniu w oknie 3DSlicera wyświetli się wykres (**Rys. 20**) prezentujący minimalną i maksymalną średnicę naczynia krwionośnego w zależności od odległości od szyjki tętniaka.



Rys. 20

Korzystając z opcji 'Show angles in plot' w menu rozszerzenia można wyświetlić wykres prezentujący krzywiznę naczynia w zależności od odległości od szyjki tętniaka. Ponadto, wybierając pozycje 'CrossSection1', 'CrossSection2' lub 'CrossSection3' z listy 'Input volume' można wyświetlić trzy wzajemnie prostopadłe przekroje przez tętniaka (**Rys. 21**).



Rys. 21

Minimalna i maksymalna średnica wybranego przekroju jest wyświetlona w menu rozszerzenia (Rys. 22).



Rys. 22