

基于 VTK 的 DTI 数据纤维追踪成像

Dongliang Luo 15300180053

Qing Ye 15307100131

Zheng Wei 15302010015

June 24, 2018

一. 课题介绍

1. 课题简述

均匀介质中水分子随机运动，在各个方向运动几率相同，具有各向同性 (isotropy)，而在脑部组织中，水分子运动受到组织结构影响，在各个方向弥散程度不同，具有各向异性 (anisotropy)，所以脑部组织水分子扩散方向的可视化有助于识别脑部结构组织。本课题中将使用 DTI 数据（包含张量数据），刻画脑部体素中水分子扩散的各向异性，并开发了一个多功能交互程序。该程序可以读取 NIfTI 格式的 DTI 数据（包含张量数据），并实现纤维追踪成像、用颜色编码可视化分数各向异性 (FA)，用户还可以选择感兴趣区域 (ROI) 的纤维束可视化，并进行调节纤维束颜色、亮度、对比度、纤维种子的密度等个性化操作。

2. 数据以及编译环境

数据文件：gk2-rcc-mask.nii(见文件夹)

数据格式：NIfTI

数据维度：7 x 148 x 190 x 160

张量数据：空间上每个点都有 6 维的张量数据和另外一个数值，分别对应为 D_{xx} , D_{yy} , D_{zz} , D_{xy} , D_{xz} , D_{yz} 和 confidence 值 (confidence 值越大，代表该体素越有可能是脑部结构的一部分)

编译环境为 python3.6

Package 版本：VTK:vtk-8.1.0, PyQt:PyQt5

二. 算法详述

为了实现交互功能的多样化，我们选择自己实现 Fiber Assignment by Continuous Tracking，即 FACT 算法来求解纤维轨迹。具体算法细节可以参见 [1]。

1. 主特征方向计算

我们数据的维度为 (7 x 148 x 190 x 160)，即对于空间中的每一个点 (x, y, z) ，都有 confidence 和 6 维的张量向量 $\bar{\mathbf{D}} = [D_{xx}, D_{yy}, D_{zz}, D_{xy}, D_{xz}, D_{yz}]^T$ 与之对应。因为张量矩阵是对称的， $D_{ij} = D_{ji}$ ，所以根据这个六维向量，能够复原得到张量矩阵：

$$\bar{\mathbf{D}} = [D_{xx}, D_{yy}, D_{zz}, D_{xy}, D_{xz}, D_{yz}]^T \Rightarrow \mathbf{D} = \begin{bmatrix} D_{xx} & D_{xy} & D_{xz} \\ D_{yx} & D_{yy} & D_{yz} \\ D_{zx} & D_{zy} & D_{zz} \end{bmatrix}$$

我们对张量矩阵作特征值分解：

$$\begin{aligned} \mathbf{D}\mathbf{v} &= \lambda\mathbf{v} \\ \Rightarrow \mathbf{D} \begin{bmatrix} \vec{v}_1^T \\ \vec{v}_2^T \\ \vec{v}_3^T \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} \lambda_1 & & \\ & \lambda_2 & \\ & & \lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \vec{v}_1^T \\ \vec{v}_2^T \\ \vec{v}_3^T \end{bmatrix} \end{aligned}$$

我们称特征值（绝对值）最大的那个特征向量对应的方向为主特征方向，也就是该点水分子主要的扩散方向。我们在之后的分析中都只考虑这一个方向作为纤维束最有可能的走向。即，

$$\mathbf{D}v_{principal} = \lambda_{max}v_{principal}$$

FA(Fractional Anisotropy) 值，即分数各向异性，是一个归一化的衡量各向异性的指标。其取值在 0 到 1 之间，取值越小，代表各个方向扩散速度差异越小，意味着各向同性越明显；取值越大，代表各个方向扩散速度差异越大，各向

异性越明显。FA 值可以作为衡量水分子各向异性程度的指标，计算方法如下：

$$FA = \frac{\sqrt{3}}{\sqrt{2}} \frac{\sqrt{(|\lambda_1| - \lambda)^2 + (|\lambda_2| - \lambda)^2 + (|\lambda_3| - \lambda)^2}}{\sqrt{\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2}}$$

$$\lambda = \frac{|\lambda_1| + |\lambda_2| + |\lambda_3|}{3}$$

我们用颜色编码来可视化各向异性的大小，将主特征向量投影到 R, G, B 三个颜色分量上，即主特征向量在 X 轴分量越大，纤维趋向于呈现红色。值得注意的是，在我们的算法里，对于一条纤维上的每一个小线段，我们都进行了分别着色，所以能够清晰地看到一条纤维的走势。除此之外，我们还在三个轴的速度分量上乘了 FA 值，含义为，FA 值越大，纤维的亮度越高，越容易引起用户的注意，而 FA 值越小，说明该点的可信度越低，更有可能是噪声，所以其颜色越黑。综上，颜色编码的公式如下：

$$(R, G, B) = FA * (|v_x|, |v_y|, |v_z|)$$

$$v_{principal} = (v_x, v_y, v_z)$$

2. 纤维轨迹计算

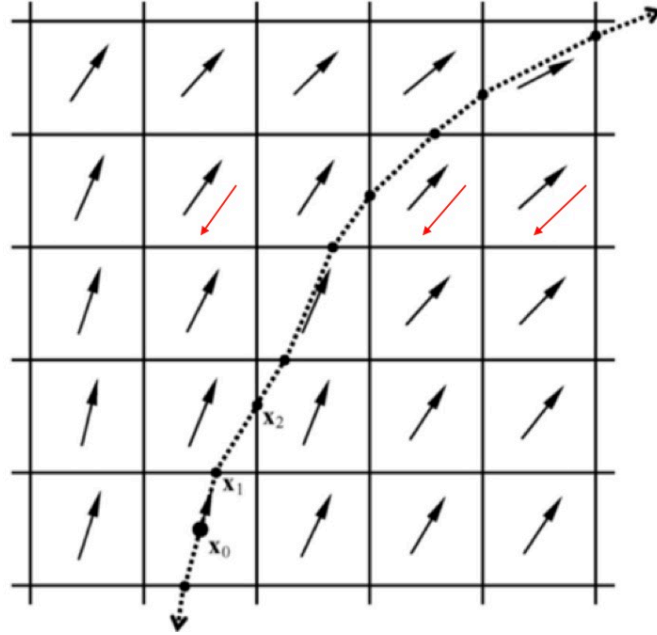


Figure 1: 纤维追踪算法的示意图

见图 1，我们在二维的情形下描述这个算法。黑色箭头是对应于扩散椭球体的最长轴的主要特征向量，虚线是跟踪的纤维束，跟踪从初始化得到的种子点 \vec{x}_0 开始，如果该体素 FA 值大于阈值，那么就沿着主特征向量 $\vec{v}_0 = (v_x, v_y, v_z)$ 方向或者其反方向移动，并在 \vec{x}_1 处碰撞体素的边界。

通过其弧长 s 作为参数，用 \vec{x}_0 通过以下参数方程来求解 \vec{x}_1 ：

$$\vec{x}_1 = \vec{x}_0 + (v_x, v_y, v_z)s$$

在实际操作中，我们分别假设 \vec{x}_1 可能落在新体素的不同边界（即 \vec{x}_1 的某一方向的坐标为整数），分别求出正数 s ，他们中的最小值即为所求。

对于点 \vec{x}_1 我们找到轨迹即将进入的新体素，我们得到该体素对应的主特征向量 \vec{v}_1 。但 \vec{v}_1 的方向可能是轨迹点扩展方向，也可能是轨迹点扩展方向的反方向（因为 \vec{v}_1 如果是张量矩阵的特征向量， $-\vec{v}_1$ 也是对应于同一特征值的特征向量）。在实践中，我们需要多层判断，在新体素的 FA 值大于预设的阈值的情况下，我们需要检验 \vec{v}_1 和 \vec{v}_0 的夹角是否小于阈值，而且是否能够进入新体素（而不是反弹回旧体素），如果都不符合，再对 $-\vec{v}_1$ 做相同检验，如果也不符合，纤维轨迹终止，如果符合，将这个体素的主特征向量改为 $-\vec{v}_1$ ，以方便和下一个新体素的主特征向量作夹角阈值的检验。

从纤维种子点开始，按照以上规则，不断地进入新体素并调整轨迹方向，可以获得连续的纤维轨迹。

我们在以下三种情况下终止纤维轨迹计算：

1. FA 值低于阈值，说明该点趋于各向同性，脑部组织有很大可能性在该点不连续
2. 当进入新体素运动角度发生的偏折角度大于阈值
3. 纤维扩展到了边界体素，自然需要停止

3.vtk 可视化

在本项目中，我们主要用 vtk 实现了三个部分的可视化，具体如下：

1. 大脑纤维束的可视化
2. 大脑结构体渲染
3. 大脑切片的 2D 展示

大脑纤维束的可视化

我们在读入数据后会先计算每个体素上的主要特征方向、纤维颜色和 FA 值。然后设置随机种子，计算筛选出每个随机种子延伸出的纤维中经过每个体素的对应点和颜色值，然后将相邻的点两两连接起来表示纤维。在可视化时，我们使用 `vtkPoint` 和 `vtkLine` 对象保存纤维上的每个点和每个线段。再用 `vtkPolyData` 保存几何和拓扑结构进行可视化。

大脑结构体渲染

对大脑结构进行可视化时，我们使用了两种数据：原始数据中的 `confidence` 和计算得到的 FA 值。结果发现用 `confidence` 进行体渲染时，所得的效果更连续，更像是大脑结构，如图 5。

大脑切片的 2D 展示

在我们的 GUI 界面中（图 6），我们用三个窗口分别展示了 XY 面、YZ 面和 XZ 面的 `confidence` 切面结果。具体实现步骤为：读取 NIfTI 文件，并将 `confidence` 值作为标量数据传输给 `vtkImageData` 对象。然后再通过调用 `vtkImageReslice` 对象，并且设置转移矩阵，进行切片的可视化。（具体可以见代码 `util.py` 中的 `slice` 函数）在此基础上，我们对 `vtkInteractorStyleImage` 进行设置使得切面可以随着鼠标拖动进行变换。

我们原本准备在截面中对经过该截面的纤维也进行可视化，但因为没有找到 `vtk` 中对应的实现方法，所以暂时只对大脑结构的切片进行了展示。该设计的初衷，是为了帮助用户更好的观察大脑内部的纤维分布情况，并选取感兴趣的区域，对纤维进行筛选。方便专业人士对病人的病情进行分析。

4. 中间结果呈现

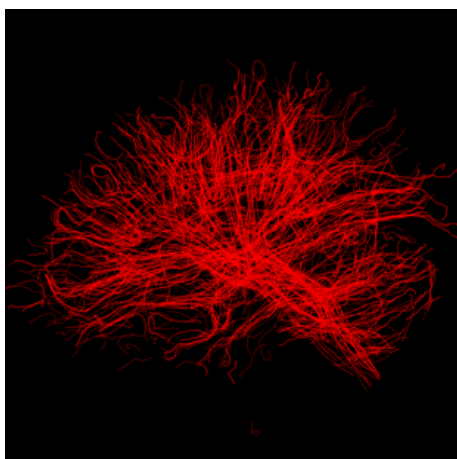


Figure 2: 单一染色的纤维成像

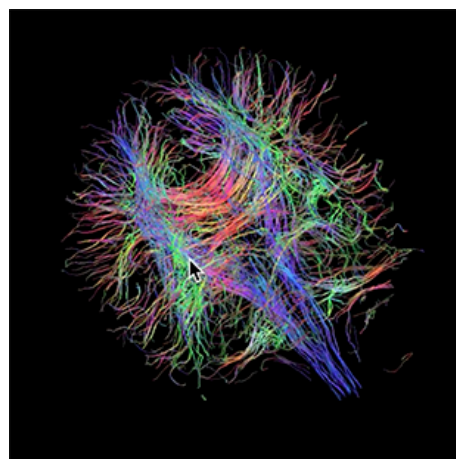


Figure 3: 颜色编码 FA 的纤维成像

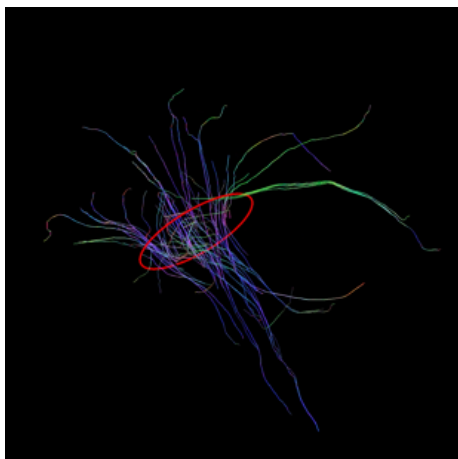


Figure 4: ROI

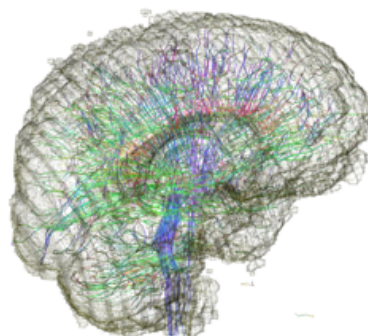


Figure 5: 脑部体渲染

图 2是我们选择单一颜色染色得到的纤维，在 GUI 界面的调色板中可以选择喜爱的颜色进行染色

图 3是为了可视化 FA 值（衡量各点的各向异性水平），用 RGB 颜色编码进行可视化，可以看到平行于屏幕的方向上纤维大体呈红色，而在红色纤维的垂直方向上，纤维大体呈蓝色。

图为用户选择 ROI 时，通过该区域的纤维部分的可视化，用户可以根据需要需要仔细观察的纤维束。

图 5为了让用户结合大脑部位和对应的纤维束，我们根据 confidence 值对大脑体渲染，方便用户观察使用。

三. 使用手册

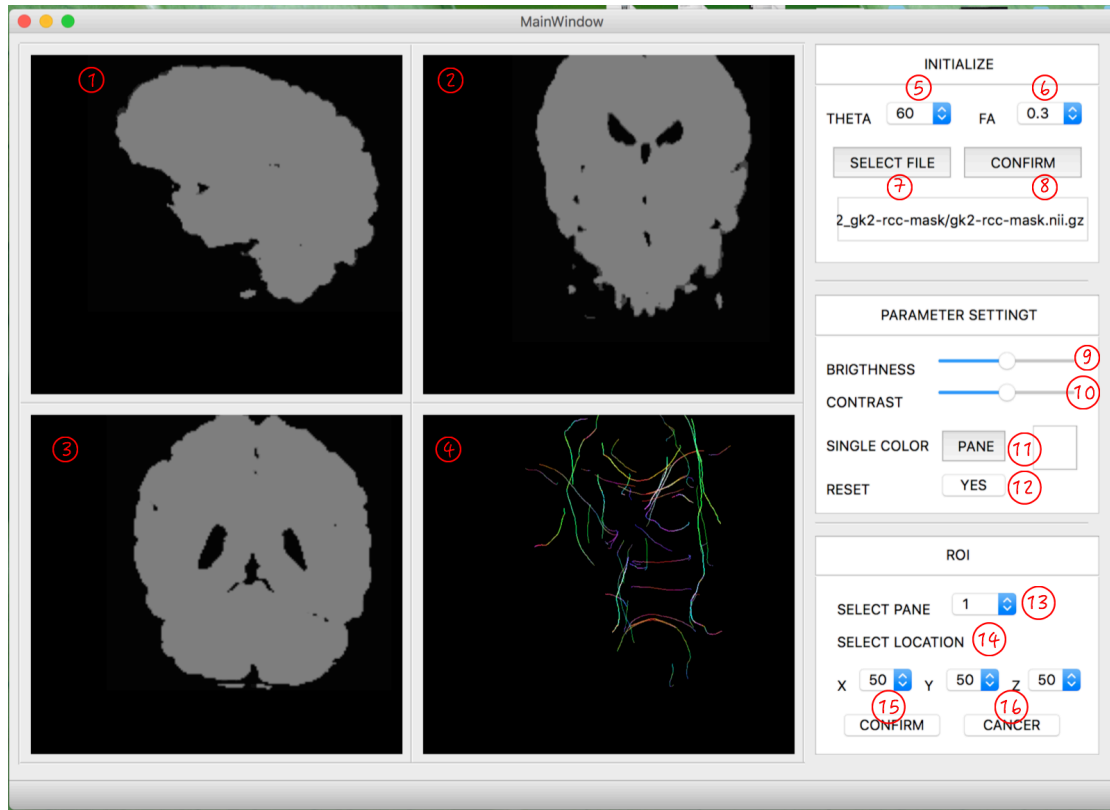


Figure 6: 界面

- **视图窗口：**窗口 1, 2, 3 为三个视角的截面，窗口 4 为纤维可视化的窗口。
- **读取文件：**点击 SELET FILE (7)，选择本地文件，选择完毕后点击 CONFIRM (8)，开始读取文件。**注意：**该步骤需要计算各个体素的主要特征方向、颜色值和 FA 值，还需要设定随机种子进行纤维追踪，所以耗时较长，需要 10-15 分钟。
- **设置阈值：**用户可以自己设定纤维追踪轨迹计算时的阈值，包括角度阈值 (5) 和 FA 阈值 (6)，当纤维偏转角度大于角度阈值，纤维停止拓展；当纤维新进入的体素的 FA 值低于 FA 阈值，纤维停止拓展。
- **调节亮度、对比度：**用户可以自己调整纤维可视化亮度和对比度，滑动 BRIGHTNESS (9) 和 CONTRAST (10) 进行调整。
- **调节颜色：**默认使用 FA 值和特征向量方向编码的颜色，用户也可以自己选择纤维的颜色，点击 PANE (17) 弹出颜色板选择颜色。
- **恢复默认颜色：**点击 RESSET 右边的 YES (12) 可恢复默认颜色设置（即用颜色编码 FA 值的情形）。

- **设定 ROI:** 关于用户感兴趣区域的选择,可在 ROI 区域进行设置,SELECT PANE 的数字 (12) 分别代表窗口 1, 2, 3 三种不同视角下的截面,选择 SELECT LOCATION 中的坐标可以画出在已选择的截面上,以该坐标点为圆心, $R=20$ 的半径的圆形,并且可视化通过该区域的纤维,并且也可以通过 PARAMETER SETTING 板块设置纤维参数

具体的使用细节见视频。

另外,因为本组组员都对 GUI 的设置不够熟悉,所以一些功能如体渲染、使用不同结构的 ROI 区域等,虽然能在原始代码中实现,但是没有完成 GUI 与后台的对接工作。如果可以实现更多的功能,可以对原始代码进行修改,并根据自己的需求进行调整。

References

- [1] Fiber tracking: principles and strategies - a technical review (p 468-480)[J]. Nmr in Biomedicine, 2010, 15(7-8):-.
- [2] Jiang H, van Zijl P C, Kim J, et al. DtiStudio: resource program for diffusion tensor computation and fiber bundle tracking.[J]. Computer Methods & Programs in Biomedicine, 2006, 81(2):106-116.