

基于层级配准的冠脉树图谱构建及形态分析

赵妍, 张晓, 冯筠

(西北大学信息科学与技术学院, 陕西西安 710127)

摘要:冠脉血管的树型结构特征可以辅助医生更迅速精准地对冠脉疾病的状态进行评估和诊断。冠脉树图谱作为形态模板可用于对比个体冠脉树的形态差异,进一步辅助医生评估个体冠脉树的健康状态。针对图谱构建过程中存在不同个体形态差异大且同一个体血管分支形态相似等问题,提出了基于层级配准的冠脉树图谱构建框架。该框架采用了由粗略到精细的层级配准策略:给定冠脉树模板,利用刚性配准将个体冠脉树样本对齐到冠脉树模板上,减少空间距离对血管分支相似性度量的影响;然后对具有相似性的血管分支进行基于分区的非刚性配准,实现缺失血管分支的定位与修复,构建出具有丰富形态的冠脉树图谱。此外,提出了匹配分支占比、匹配分支的相似程度以及配准成功率三个形态分析指标用于比较个体冠脉与图谱的形态差异,实现个体冠脉树的形态分析和病变冠脉的筛选。实验表明,形态分析指标诊断筛查能力的准确度、精确度、灵敏度、特异度以及F1-Score均为90%。

关键词:冠脉疾病计算机辅助诊断;图谱构建;形态分析;刚性配准;层级配准

中图分类号:TP399.0

文献标识码:A

文章编号:1673-629X(2025)03-0156-09

doi:10.20165/j.cnki.ISSN1673-629X.2024.0333

Construction and Morphology Analysis of Coronary Artery Tree Atlas Based on Hierarchical Registration

ZHAO Yan, ZHANG Xiao, FENG Jun

(School of Information Science & Technology, Northwest University, Xi'an 710127, China)

Abstract: The tree-like structure characteristics of coronary arteries can assist doctors in assessing and diagnosing the state of coronary diseases more rapidly and accurately. The coronary tree atlas, as a morphology template, highlights individual morphological differences, aiding doctors in evaluating coronary health. To address the issues of significant morphological differences between individuals, and similar vascular branch morphologies within the same individual during the atlas construction, a framework for constructing coronary artery tree atlas based on hierarchical registration is proposed. The atlas construction framework employs a hierarchical registration strategy, progressing from coarse to fine. Given a coronary tree template, individual coronary artery tree is first aligned to the template using rigid registration, reducing the influence of spatial distance on the similarity measurement of vascular branches. Then, partition-based non-rigid registration method is applied to vascular branches with similarity to achieve localization and repair of missing vascular branches, constructing a coronary artery tree atlas with rich morphology. Moreover, three morphological analysis indicators: matching branch proportion, matching branch similarity, and registration success rate are proposed to compare the morphological differences between individual coronary arteries and the atlas for the morphological analysis of individual coronary trees and the screening of diseased coronary arteries. Experimental results show that the morphological analysis indicators achieve 90% accuracy, precision, sensitivity, specificity, and F1-score in diagnostic screening.

Key words: coronary artery disease computer-aided diagnosis; atlas construction; morphology analysis; rigid registration; hierarchical registration

0 引言

冠状动脉疾病是一种常见的心血管疾病,由冠脉狭窄或阻塞引起的心肌供血不足所导致,具有较高的病死率^[1]。冠状动脉疾病的早期诊断对降低病死率至

关重要。冠脉血管呈树形结构(简称冠脉树),其分支属性和形态特征在一定程度上反映了冠脉血管中血液的流动情况,其解剖结构信息可以辅助医生快速精准地对疾病状态进行评估和诊断^[2]。

收稿日期:2024-08-13

修回日期:2024-12-17

基金项目:国家自然科学基金项目(62073260)

作者简介:赵妍(1993-),女,博士研究生,研究方向为点云配准;通信作者:冯筠(1972-),女,教授,博士,研究方向为医学影像分析、人工智能及模式识别。

在血管网络系统中,树状分叉结构普遍存在。这些分叉结构在统计学上遵循 Murray 定律^[3],偏离 Murray 定律条件下的血管结构通常会引发相关疾病的发生,例如糖尿病、高血压等,这些疾病又是导致血管病变的重要风险因子^[4-5]。Murray 定律定义了冠状动脉形态最优参数。研究^[6-7]表明,健康个体相比冠脉疾病患者,其形态特征参数值更接近最优值,不同程度冠脉疾病对应的形态特征参数也不相同。由于健康个体的冠脉树形态差异大,形态特征参数不一,若直接将个体冠脉形态参数与冠脉最优参数进行对比,医生无法根据对比结果迅速精准地评估疾病状态。鉴于此,该文通过融合不同健康个体的冠脉树形态信息,构建冠脉树图谱,同时利用个体冠脉树与冠脉树图谱的形态差异自动化筛选病变冠脉树,为冠脉疾病的辅助诊断提供技术支持。

冠脉树图谱的构建需要融合不同健康个体冠脉树形态信息,存在不同个体形态差异大且血管分支形态相似等问题,如图 1 所示。黑色表示不同个体的左冠形态,左图浅色为具有对应关系的分支,右图浅色表示同一左冠中具有高相似性的分支。针对该问题,提出了基于层级配准的冠脉树图谱构建框架。该框架采用由粗略到精细的层级配准策略。给定冠脉树模板,利用刚性配准算法将个体冠脉树与冠脉树模板批量对齐,实现个体冠脉树与冠脉树模板的粗略配准;借助非刚性配准算法对对齐的冠脉树样本进行精细配准,通过相似性度量对缺失血管进行定位和修复,实现冠脉树图谱的构建。冠脉树图谱融合不同健康个体的冠脉树形态信息,其丰富的形态信息对病变个体冠脉的筛查具有一定的参考作用。

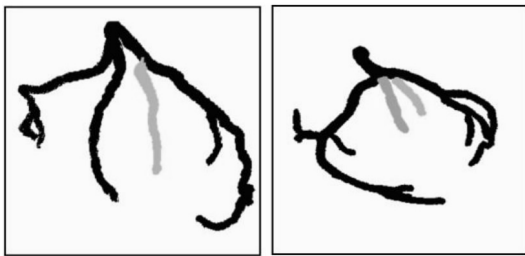


图 1 不同个体冠脉树形态信息

给定冠脉树图谱,利用匹配分支所占个体冠脉分支的比例、匹配分支之间的相似程度以及配准成功率三个形态分析指标,对个体冠脉树的形态进行分析,实现病变冠脉树的筛查。匹配分支所占比例、相似程度和配准成功率描述了个体冠脉树与冠脉树图谱的拓扑结构以及冠脉分支的相似性。若个体冠脉树和图谱的大部分分支具有高相似性,则说明该个体冠脉树与图谱具有相似拓扑结构和形态特征。

利用文献[8]中计算机断层扫描冠状动脉造影数

据(CCTA)构建冠脉树图谱,通过比较图谱与 ASOCA 数据集^[9]中样本的形态差异,筛查病变样本。筛查结果显示提出的形态分析指标,即匹配分支所占比例、相似程度以及配准成功率相辅相成,诊断筛查能力的准确度、精确度、灵敏度、特异度和 F1-Score 均达到了 90%。

1 相关工作

由于冠脉树图谱构建的基础是冠脉树的配准,因此本节逐一探讨国内外图谱构建方法以及血管配准相关领域的研究进展。

1.1 图谱构建

冠状动脉相关图谱的构建主要聚焦于冠脉血管形态特征的描述性统计。Medrano 等人^[10]于 2014 年统计了 122 名健康个体 CT 数据的血管壁网格直径,中心线夹角等特征,构建出第一个人体冠状动脉解剖学统计图谱。Donnelly 等人^[11]结合计算机断层扫描成像、血管内超声成像等多种成像技术以及相应的组织学特征,将冠脉血管的斑块特征作为描述性术语对个体冠状动脉粥样硬化数据进行统计分析,构建出冠状动脉粥样硬化的多模态成像图谱。Nakagawa 等人^[12]借助正电子发射断层扫描数据,将冠状动脉造影解剖与相应的心肌灌注缺陷进行关联,对 895 名患者的关联数据进行了统计分析,构建出三维心肌灌注图谱。上述工作采用统计分析的方式从个体数据中提取共有特征,将数据和特征组成的数据库作为定量计算图谱,为后续疾病的相关变化提供了规范性信息。

不同于上述工作,该文旨在利用配准技术融合不同健康个体的形态信息,构建出具有丰富形态信息的 3D 冠脉树图谱。该图谱作为形态模板用于个体冠脉树健康状态的评估。受脑图谱构建流程^[13]的启发,该文采取由粗略到精细的层级配准策略实现冠脉树图谱的构建。给定参照模板,粗略配准旨在将不同个体的冠脉树样本对齐到参照模板,精细配准旨在融合参照模板与个体冠脉树的形态信息,构建出具有丰富形态信息的冠脉树图谱。

1.2 血管配准

血管的配准方法可以分为基于图像的配准方法^[14-18]和基于点云的配准方法^[19-23]。基于图像的配准主要用于改善血管可视化质量或者追踪器官周期性的形态变化。Pang 等人^[14]通过非刚性配准和迭代重建改善冠状动脉磁共振血管造影中冠状动脉可视化的质量。Pan 等人^[15]利用微分同胚图像配准方法配准肺部冠脉树,用于追踪肺部形态变化。Smeets 等人^[16]从图像中搜索肺血管分支的对应关系,用于捕获肺部在呼吸过程中的形变。Chen 等人^[17]利用高权重深度学

习图像重建技术提高冠状动脉 CT 血管造影的质量。Gao 等人^[18]提出基于均匀网格多层次 B 样条插值算法用于提高冠状动脉 CT 血管造影的配准精度。基于点云的配准方法通常从二维图像中重建出 3D 冠状动脉,用于指导术前和术中的信息匹配。Fu 等人^[19]通过保持三维点和二维点在三维空间投影一致性,将术前 3D 血管配准到术中 2D 图像中。Bayer 等人^[20]使用 B 样条插值配准术前与术中血管中心线,并将变形场映射到术前与术中图像配准过程中,实现不同阶段的术中脑移位补偿。Çimen 等人^[21]利用学生 t 分布混合模型从 X 射线血管造影图像中重建出 3D 冠状动脉。Baka 等人^[22]使用高斯混合模型配准 3D 血管中心线和造影图像中的 2D 中心线。Zhang 等人^[23]提出了由结构点引导的配准网络 SPR-Net,利用图像和点云的双重特征,提取舒张期和收缩期的血管对应点,并在此基础上使用薄板样条插值重建完整冠脉树。

以上血管配准方法大多采用了非刚性配准技术,主要包括基于概率模型的配准算法或者插值算法。前者计算复杂度高,配准精度高,后者计算效率高,具有

一定的刚性,不适用于处理复杂的非线性形变。文献[22]利用薄板样条插值对冠脉树进行配准,没有考虑缺失分支对应关系,导致重建出的冠脉树分支分布混乱,失去冠脉树原有的拓扑结构。

鉴于此,该文在精细配准阶段采用基于分区的配准策略,利用生成优化配准方法^[24]对分区后的冠脉树进行配准,实现缺失血管分支的修复以及冠脉树拓扑结构的保全。基于生成优化配准算法具有运算速度快、鲁棒性强,对数据量大小无限制等优点。

2 基于层级配准的冠脉树图谱构建框架

基于层级配准的冠脉树图谱构建框架采用由粗略到精细的层级配准策略,如图 2 所示。给定冠脉树模板和个体冠脉树集合,通过重加权判别优化配准算法^[25]对个体冠脉树样本与冠脉树模板,实现个体到模板的粗配准;借助血管分区、相似性度量模块精细配准对齐的样本。血管分区和相似性度量模块定位缺失的血管分支,血管配准模块修复缺失分支,进而实现冠脉树图谱的构建。

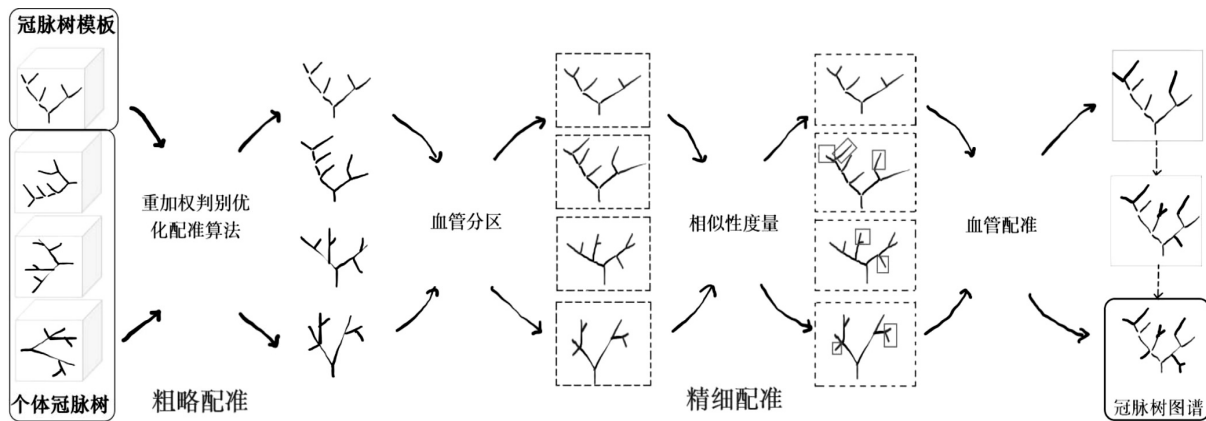


图 2 基于层级配准的冠脉树图谱构建框架

2.1 粗略配准

给定冠脉树模板 T_{CA} ,以及个体冠脉树样本集合 $P_{CA} = [P_{CA}^1, \dots, P_{CA}^k, \dots]$, $P_{CA}^k \in R^{3 \times N_k}$,粗略配准旨在将 P_{CA}^k 对齐到模板 T_{CA} 所在坐标系。由于个体冠脉树的中心线伴有噪声、异常值、缺失等扰动,该文采用重加权判别优化算法实现高效、鲁棒的冠脉树刚性配准。具体的配准过程请参考文献[25]。

2.2 精细配准

精细配准旨在将个体冠脉树 P_{CA}^k 中已有但参照模板 T_{CA} 缺失的血管分支 P_i^k 补全到 T_{CA} 上,使得 T_{CA} 的形态更加丰富。缺失分支 P_i^k 的补全涉及到分支的定位和修复。前者从 P_{CA}^k 中查找分支 P_i^k ,后者将 P_i^k 配准到参照模板 T_{CA} ,实现血管的修复。图 3 描述了精细配准阶段。精细配准阶段包含血管分区、相似性度量和血管配准三个模块,分别用于区分冠脉树的主支和分

支、定位和修复缺失的血管分支。

2.2.1 血管分区

血管分区旨在拆分 T_{CA} 和 P_{CA}^k 的主支和分支,便于后续定位和修复缺失血管分支。血管分区分为节点编码、K 近邻搜索和凸包层级化三个步骤。

(1) 节点编码。

采用文献[26]中冠脉树节点提取方法提取冠脉树节点,并通过字典树编码方式对冠脉树节点进行编码,确定分支与主支的连接关系。字典树编码利用字符串的公共前缀降低查询时间以提高查询效率。

(2) K 近邻搜索。

根据节点连接关系,采用 K 近邻搜索方法提取对应的血管信息。由于一个节点至少连接 3 条分支,即使已知搜索起点,还需明确搜索方向。

$$\vec{QD} \cdot \vec{QP} \times \vec{PD} \cdot \vec{PQ} \geq \gamma \quad (1)$$

其中, Q 和 P 分别是连接同一段血管的起点和终点, “ \cdot ”表示向量内积操作, γ 用于筛选搜索点, 将其值设为 0.9。此外, K 近邻搜索的 K 值设为 5。满足上述条件的 K 个搜索点 D 的均值被设定为下一次搜索的起始点。当搜索点 D 的邻域包含端点 P 时, 搜索结束。遍历所有分叉点, 提取出整棵冠脉树的主支。

(3) 凸包层级化。

冠脉树的分支同样使用 K 近邻搜索方法提取。连接血管分支的端点包括节点和未知端点, 使用凸包层级化确定分支的未知端点。从主视图, 俯视图和左视图计算 3 个二维凸包, 从 3 个凸包点集的交集中任选一个点作为 K 近邻搜索的起点。提取出一个分支后, 重新计算新的凸包, 确定新的搜索起点, 该过程重复至无法形成新的凸包时结束。

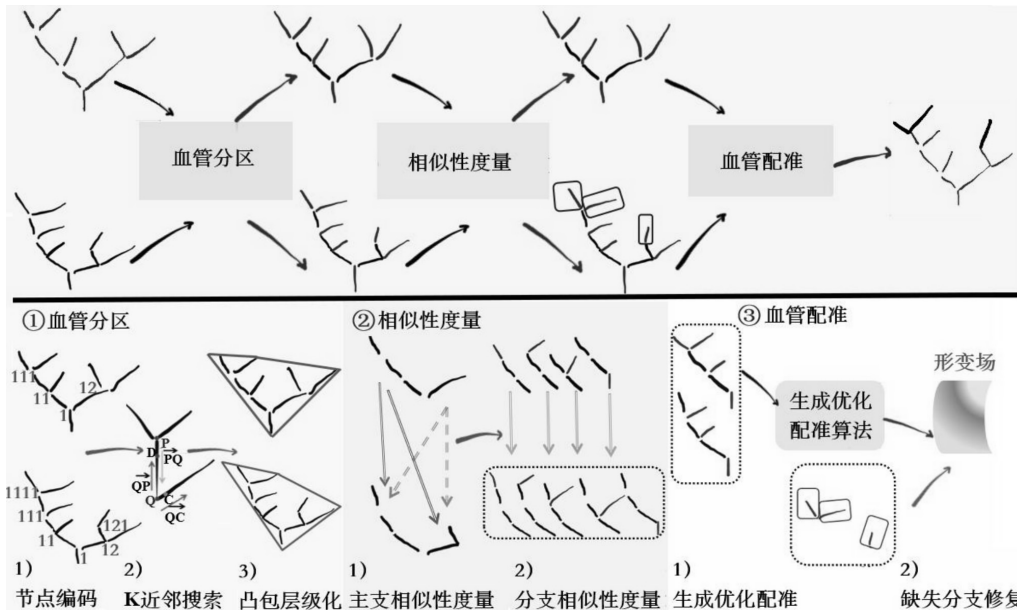


图3 精细配准阶段

2.2.2 相似性度量

相似性度量旨在通过比较血管分支的相似性精准定位缺失的血管分支。相似性越高表明该分支具有匹配分支, 缺失分支无匹配分支。由于同一冠脉树的血管分支形态相似, 该文结合主支和分支的形态信息, 利用主支的形态匹配关系辅助分支相似性度量。缺失分支的精准定位分为主支相似性度量和分支相似性度量两部分, 前者实现分支的粗匹配, 后者探索分支的精确匹配关系。

(1) 主支相似性度量。

主支相似性度量可以有效地缩小分支相似性的对比范围。利用动态时间规整^[27]把主支中心线进行伸缩, 度量不同冠脉树主支之间的相似性。动态时间规整通过动态规划计算主支上点的对应关系和主支之间的最小距离。距离越小说明主支越相似。

(2) 分支相似性度量。

由于血管分支长度不一、血管分支个数不同且较短分支形态相似, 该文只关注具有匹配关系的主支上的分支相似性。动态时间规整忽略了血管分支与主支的相对位置关系(夹角), 因此引入旋转能量函数衡量分支与主支相对位置相似性。

假设 L_M 和 L_F 为不同冠脉树上具有对应关系的主支, L_M 和 L_F 分别连接了 N_M 和 N_F 个分支。将 L_M 和 L_F

上的每一个分支 $l_M^i, i \in 1, 2, \dots, N_M$ 作为整体, 记作 $V_M^i = [L_M^i, l_M^i]$ 。同理, $V_F^j = [L_F^j, l_F^j], j \in 1, 2, \dots, N_F$ 。利用时间动态规整度量血管相似性, 得到大小为 $N_M \times N_F$ 的度量矩阵 D 。利用重加权判别优化算法配准 V_M^i 与 V_F^j , 从配准参数向量中选取模长最大的旋转参数作为旋转能量 $E_{i,j}$ 。

$$D_{i,j} = dtw(V_M^i, V_F^j) \tag{2}$$

$$E_{i,j} = rdo(V_M^i, V_F^j) \tag{3}$$

$$D_{m,n}^c = \begin{cases} 1 & D_{m,n} = \min(D_{:,n}) \\ 0 & D_{m,n} \neq \min(D_{:,n}) \end{cases} \tag{4}$$

$$E_{m,n}^c = \begin{cases} 1 & E_{m,n} = \min(E_{:,n}) \\ 0 & E_{m,n} \neq \min(E_{:,n}) \end{cases} \tag{5}$$

矩阵 D^c 和 E^c 将 D 和 E 每一列中具有最高相似度的索引记为 1。:, n 表示矩阵的第 n 列。同理可推导出由每一行最高相似度所在索引组成的矩阵 \bar{D}^c 和 \bar{E}^c 。

$$\bar{D} = D^c \odot \bar{D}^c \tag{6}$$

同理,

$$\bar{E} = E^c \odot \bar{E}^c \tag{7}$$

其中, \odot 为哈达玛积。 $\tilde{\mathbf{D}}$ 和 $\tilde{\mathbf{E}}$ 中元素 1 所在的列分别表示由动态时间规整和旋转能量函数度量出的具有一一对应关系的血管分支索引。将不存在对应关系的分支, 记为缺失的血管分支 \mathbf{O}_i 。

2.2.3 血管配准

已知缺失的血管分支 \mathbf{O}_i 所在的主支为 \mathbf{L}_M , \mathbf{L}_M 对应的主支为 \mathbf{L}_F , 血管配准旨在通过点云配准为主支 \mathbf{L}_F 补全 \mathbf{O}_i 。

(1) 生成优化配准。

为了精确追踪缺失血管分支 \mathbf{O}_i 的形变, 利用动态时间规整和欧几里得距离查找血管上的对应点。与主支 \mathbf{L}_M , \mathbf{L}_F 相连接的血管分支 $\{\mathbf{L}_M^1, \dots, \mathbf{L}_M^{N_M}\} \setminus \mathbf{O}_i$ 和 $\{\mathbf{L}_F^1, \dots, \mathbf{L}_F^{N_F}\}$ 参与对应点提取。记从 $[\mathbf{L}_M, \{\mathbf{L}_M^1, \dots, \mathbf{L}_M^{N_M}\} \setminus \mathbf{O}_i]$ 和 $[\mathbf{L}_F, \{\mathbf{L}_F^1, \dots, \mathbf{L}_F^{N_F}\}]$ 中提取的对应点为 \mathbf{V}_M^c 和 \mathbf{V}_F^c 。

$$\mathbf{D}_{t+1} = \min_D \|\mathbf{V}_M^{ct} - \hat{\mathbf{D}}f(\mathbf{V}_M^c) - \mathbf{V}_F^c\|_2^2 + \frac{\lambda}{2} \|\hat{\mathbf{D}}\|_F^2 \quad (8)$$

$$\mathbf{V}_M^{ct+1} = \mathbf{V}_M^{ct} - \mathbf{D}_{t+1} f(\mathbf{V}_M^{ct}) \quad (9)$$

$$\varphi(\mathbf{V}_M^c)^{t+1} = \mathbf{V}_M^{ct+1} - \mathbf{V}_M^c \quad (10)$$

其中, λ 为超参数, t 为当前迭代次数, \mathbf{D}_{t+1} 用于更新 \mathbf{V}_M^c 的迭代坐标 \mathbf{V}_M^{ct} 。当 $t=0$, $\mathbf{V}_M^0 = \mathbf{V}_M^c$, $f(\mathbf{V}_M^c)$ 为 \mathbf{V}_M^c 在迭代过程中的特征。特征提取方法可参照文献[24]。 $\varphi(\mathbf{V}_M^c)^{t+1}$ 为迭代生成的形变场。当迭代误差 $\mathbf{V}_M^{ct} - \mathbf{V}_F^c \leq \varepsilon$, 迭代过程结束。阈值 ε 设为 10^{-3} 。

(2) 缺失分支修复。

利用欧几里得距离度量提取距 \mathbf{O}_i 节点 \mathbf{Node}_S^0 最近的对应点 $\mathbf{V}_{S_0}^c$, 将 $\mathbf{V}_{S_0}^c$ 的形变场 $\varphi(\mathbf{V}_{S_0}^c)^{t+1}$ 映射到 \mathbf{O}_i , 实现缺失血管分支的粗修复。

$$\mathbf{O}_i^F = \mathbf{O}_i + \sum_{t=0}^{T-1} \varphi(\mathbf{V}_{S_0}^c)^{t+1} + \mathbf{V}_{S_0}^c - \mathbf{Node}_S^0 \quad (11)$$

其中, \mathbf{O}_i^F 为 \mathbf{O}_i 在主支 \mathbf{L}_F 上的粗修复结果。 T 为生成优化配准的迭代次数。为了避免血管分支出现断裂, 利用欧几里得距离度量从目标主支 \mathbf{L}_F 中提取与新节点 \mathbf{O}_i^F 距离最近的点, 用贝塞尔曲线对其进行插值实现分支的精准修复。

3 个体冠脉树形态分析

前一节通过融合不同健康个体冠脉树的形态信息, 构建出冠脉树图谱。本节借助个体冠脉树与冠脉树图谱的匹配分支所占比例、相似程度以及配准成功率三个形态分析指标将个体冠脉树与冠脉树图谱进行形态分析比对, 筛选出病变冠脉树。

冠脉树图谱 \mathbf{T}_A 具有 N_{TA} 个冠脉分支。个体冠脉树 $\hat{\mathbf{P}}_{CA}$ 具有 N_{CA} 个冠脉分支。利用重加权判别优化算

法将个体冠脉树对齐到冠脉树图谱, 借助相似性度量模块度量个体冠脉树和冠脉树图谱的分支相似性。将 $\tilde{\mathbf{D}} \cap \tilde{\mathbf{E}}$ 作为最终具有匹配关系的分支集合, 并记该集合的大小为 N_{CO} 。

$$R_{CO} = \frac{N_{CO}}{N_{CA}} \quad (12)$$

其中, R_{CO} 为匹配分支数目所占个体冠脉树分支数目的比例, 记该比例的阈值为 α 。

使用皮尔森相关系数度量匹配分支相似程度。假设个体冠脉树中具有匹配关系的冠脉分支为 $\mathbf{L}_{in}^k, k \in \{1, 2, \dots, N_{CO}\}$, 图谱中与其对应的冠脉分支为 $\mathbf{L}_{te}^k, k \in \{1, 2, \dots, N_{CO}\}$ 。利用动态时间规整和欧氏距离度量获取匹配分支上的对应点, 对应点集合分别记为 \mathbf{P}_{in}^k 和 \mathbf{P}_{te}^k , 皮尔森相关系数计算方式如下:

$$\rho(\mathbf{L}_{in}^k, \mathbf{L}_{te}^k) = \frac{\text{cov}(\mathbf{P}_{in}^k, \mathbf{P}_{te}^k)}{\sigma(\mathbf{P}_{in}^k)\sigma(\mathbf{P}_{te}^k)} \quad (13)$$

其中, cov 表示协方差矩阵, σ 表示标准差。皮尔森相关系数阈值记为 η 。将相关系数大于 η 的血管分支个数记作 N_{CO}^h 。

$$\bar{R}_{CO} = \frac{N_{CO}^h}{N_{CO}} \quad (14)$$

其中, \bar{R}_{CO} 为相关系数大于 η 的匹配分支所占比例。设定该比例阈值为 β 。

将具有高相似度的分支对齐, 并通过欧氏距离度量分支对应点匹配误差, 若匹配误差小于图谱匹配分支长度的 0.05, 则说明个体冠脉树上该点匹配成功, 记配准成功率为 S_R 。假设个体冠脉分支对应点为 $\mathbf{p}_{in}^i, i \in \{1, 2, \dots, N_{in}\}$, 图谱上对应的点为 $\mathbf{p}_{te}^j, j \in \{1, 2, \dots, N_{te}\}$, 匹配误差记为 $d_E(\mathbf{p}_{in}^i, \mathbf{p}_{te}^j)$ 。个体冠脉分支的配准成功率 S_R 计算公式如下:

$$\mathbf{D}_{i,j}^c = \begin{cases} 1 & d_E(\mathbf{p}_{in}^i, \mathbf{p}_{te}^j) \leq 0.05 \times L_{te} \\ 0 & d_E(\mathbf{p}_{in}^i, \mathbf{p}_{te}^j) > 0.05 \times L_{te} \end{cases} \quad (15)$$

$$S_R = \frac{\sum_{i=1}^{N_{in}} \mathbf{D}_{i,j}^c}{N_{in}} \quad (16)$$

其中, L_{te} 为冠脉图谱匹配分支长度。 S_R 为单一分支的配准成功率。若冠脉树分支的平均配准成功率 MS_R 高于阈值 λ , 则表示个体冠脉分支上的大部分点都与图谱冠脉分支重合。

4 实验设计与结果

本节实验内容主要分为冠脉树图谱的构建以及个体冠脉树的形态分析。

4.1 实验设计

4.1.1 冠脉树图谱构建

使用文献[23]中的 58 个健康个体的 CCTA 数据

构建冠脉树图谱,并按照文献[23]中的数据处理方法将该58个图像数据转化成三维点云数据。由于该数据由医生为每个血管分支标注标签,因此将具有最多标签的左冠和右冠分别设置为左冠和右冠的参照模板,将剩余57个样本的左右冠通过图谱构建框架融合至参考模板中,构建左右冠对应的冠脉树图谱。在个体形态分析过程中,参照左右冠脉图谱对个体左右冠形态分别进行分析。

4.1.2 个体冠脉树形态分析

采用ASOCA公开数据集^[9]进行个体冠脉树形态分析。该数据包含20个健康个体和20个患有冠脉疾

病的个体样本。利用匹配分支所占比例、相似程度和配准成功率三个形态分析指标对该40个样本进行形态分析,计算准确度、精确度、灵敏度、特异度和综合评价指标F1-Score,用于评估形态分析指标的诊断能力。

4.2 实验结果

对ASOCA数据集中40个冠脉树的左冠和右冠分别计算并统计了匹配分支所占比例 R_{CO} 、匹配分支的相似程度 \bar{R}_{CO} 以及匹配分支的平均配准成功率 MS_R 。统计结果如图4所示。

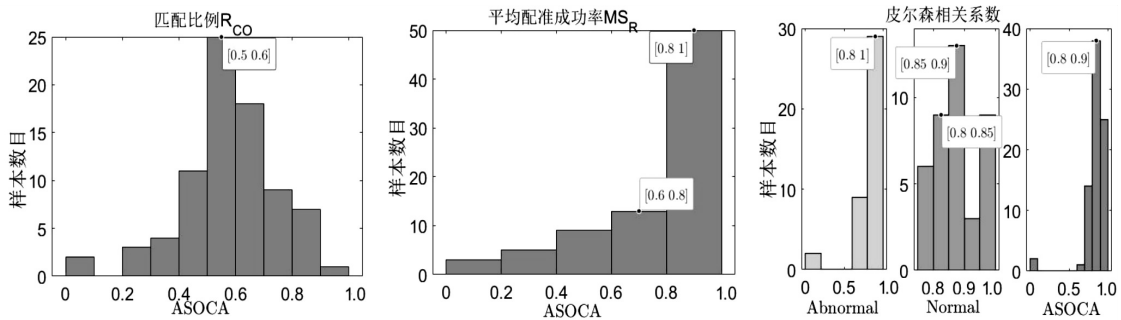


图4 形态分析指标的统计结果

图4显示了 R_{CO} 的阈值 α 主要集中在0.4~0.6范围, MS_R 的阈值 λ 主要集中在0.6和0.8,皮尔森相关系数主要集中在0.8~0.9范围。根据统计结果,

本节进一步从准确度、精确度、灵敏度、特异度以及F1-Score等方面讨论阈值取值对形态分析结果的影响,详情如表1所示。

表1 不同阈值对形态分析结果的影响

阈值 α	η	λ	准确度	精确度	灵敏度	特异度	F1-Score
0.4	0.9	0.6	0.800 0	0.800 0	0.800 0	0.800 0	0.800 0
0.4	0.9	0.8	0.675 0	0.620 7	0.900 0	0.450 0	0.734 7
0.4	0.8	0.6	0.825 0	0.933 3	0.700 0	0.950 0	0.800 0
0.4	0.8	0.8	0.725 0	0.680 0	0.850 0	0.600 0	0.755 6
0.5	0.9	0.6	0.850 0	0.791 9	0.950 0	0.750 0	0.863 6
0.5	0.9	0.8	0.725 0	0.645 2	1	0.450 0	0.784 3
0.5	0.8	0.6	0.900 0	0.900 0	0.900 0	0.900 0	0.900 0
0.5	0.8	0.8	0.775 0	0.703 7	0.950 0	0.600 0	0.808 5
0.6	0.9	0.6	0.700 0	0.633 3	0.950 0	0.450 0	0.760 0
0.6	0.9	0.8	0.625 0	0.571 4	1	0.250 0	0.727 3
0.6	0.8	0.6	0.700 0	0.633 3	0.950 0	0.450 0	0.760 0
0.6	0.8	0.8	0.625 0	0.571 4	1	0.250 0	0.727 3

当 R_{CO} 的阈值 α 、皮尔森相关系数 η 以及 MS_R 的阈值 λ 分别为50%、80%和60%时,形态分析指标的 diagnostic performance 达到最优。值得注意的是,由于个体冠脉形态差异大,分支个数不同,因此 \bar{R}_{CO} 阈值 β 设定的较为宽松,为60%。

表2显示了这40个样本的形态分析结果,其中“Label”表示真实诊断结果。错误诊断的样本信息如黑色粗体所示。右冠所在列的数值0表示该右冠仅有

一条主支。大部分患者匹配比例 R_{CO} 小于健康个体冠脉的匹配比例。健康个体冠脉几乎所有的匹配分支都和图谱分支具有高相似性,如 \bar{R}_{CO} 所在列的数值1所示。健康个体冠脉分支的平均配准成功率 MS_R 集中在80%至95%范围内,患者冠脉分支平均配准成功率分布在30%至90%范围内。 R_{CO} 、 \bar{R}_{CO} 、 MS_R 三个分析指标的准确度、精确度、灵敏度、特异度和F1-Score达到90%。

表 2 ASOCA 数据样本形态分析结果

Instance	R_{CO}		\bar{R}_{CO}		MS_R		Label	Result
	Left	Right	Left	Right	Left	Right		
01	0.285 7	0.666 7	1	1	0.842 9	0.441 9	Abnormal	Abnormal
02	0.666 7	0	0.666 7	0	0.935	0	Abnormal	Abnormal
03	0.5	0.666 7	1	1	0.824 5	0.370 8	Abnormal	Abnormal
04	0.8	0.75	1	1	0.718 7	0.919 8	Abnormal	Normal
05	0.375	0.5	0.875	1	0.307 6	0.366	Abnormal	Abnormal
06	0.6	0.4	0.8	1	0.892 9	0.5	Abnormal	Abnormal
07	0.8	0.8	1	1	0.398 6	0.575 8	Abnormal	Abnormal
08	0.5	0.4	1	0.8	0.820 5	0.447 8	Abnormal	Abnormal
09	0.428 6	0.5	1	1	0.863 9	0.742 4	Abnormal	Abnormal
10	0.5	0	1	0	0.605 9	0	Abnormal	Abnormal
11	0.5	0.75	0.833 3	1	0.920 8	0.890 7	Abnormal	Normal
12	0.5	0.333 3	1	1	0.843 2	0.425	Abnormal	Abnormal
13	0.4	0.666 7	0.8	1	0.933 3	1	Abnormal	Abnormal
14	0.4	0.428 6	1	1	1	0.863 9	Abnormal	Abnormal
15	0.6	0.333 3	0.8	1	0.428 9	1	Abnormal	Abnormal
16	0.75	0.375	0.75	1	1	0.494 5	Abnormal	Abnormal
17	0.3	0.428 6	1	1	0.702 6	0.399 8	Abnormal	Abnormal
18	0.3	1	0.888 9	1	0.829 8	0.495 9	Abnormal	Abnormal
19	0.4	0.5	0.75	1	0.600 8	0.764	Abnormal	Abnormal
20	0.428 6	0.75	1	1	0.799 7	0.916 2	Abnormal	Abnormal
21	0.5	0.5	1	1	0.937 7	0.962 6	Normal	Normal
22	0.5	0.666 7	1	1	0.857 1	0.826 9	Normal	Normal
23	0.675	0.6	0.875	1	0.830 2	0.875	Normal	Normal
24	0.5	0.666 7	0.75	1	0.957 9	1	Normal	Normal
25	0.666 7	0.666 7	1	1	0.895 6	0.989	Normal	Normal
26	0.666 7	0.666 7	1	1	0.896	0.836 4	Normal	Normal
27	0.714 3	0.5	0.875 1	1	0.808 1	0.981 5	Normal	Normal
28	0.8	0.571 4	0.6	1	0.812	0.881 3	Normal	Normal
29	0.666 7	0.75	1	1	1	0.620 3	Normal	Normal
30	0.5	0.625	1	1	0.833 3	0.949 2	Normal	Normal
31	0.625	0.8	1	1	0.858 3	0.622 3	Normal	Normal
32	0.4	0.666 7	0.8	1	0	1	Normal	Abnormal
33	0.8	0.6	1	1	0.958	0.996 3	Normal	Normal
34	0.5	0.6	1	1	1	0.777 8	Normal	Normal
35	0.75	0.666 7	1	1	0.810 2	0.762 6	Normal	Normal
36	0.6	0.666 7	1	1	0.863 4	0.607 8	Normal	Normal
37	0.8	0.5	1	1	1	0.786 9	Normal	Normal
38	0.4	0.5	1	1	0.756 7	1	Normal	Abnormal
39	0.666 7	0.75	1	1	1	0.911 9	Normal	Normal
40	0.571 4	0.75	1	0.75	0.875	0.896 7	Normal	Normal

图5展示了部分个体冠脉树诊断结果。虚线框显示了诊断错误的个体冠脉。第一行和第二行分别表示左冠和右冠数据。样本04和样本11的血管分支数目较少,但其形态与图谱形态较为相似。样本32和样本38的形态与图谱形态差异较大,导致诊断错误。最后

两列是诊断正确的两个样本。该文提出的形态分析指标能够较为成功地诊断冠脉树健康状态,但对于形态差异较大的样本,诊断能力较差,推测是由于用于图谱构建的样本来源单一且数目较少,没有完全囊括健康冠脉树的所有分支。

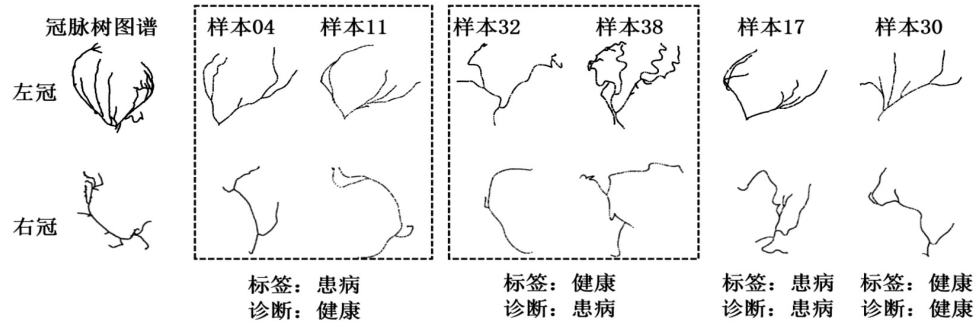


图5 个体冠脉树诊断结果

5 结束语

该文提出了基于层级配准的冠脉血管树图谱构建框架和用于评估冠脉树健康状态的形态分析指标—匹配分支所占比例、相似程度以及配准成功率。利用图谱构建框架融合了58个个体冠脉树的形态信息,构建出用于个体形态分析的冠脉树图谱。参照冠脉树图谱,利用形态分析指标对40个个体冠脉树进行形态分析,根据分析结果对个体冠脉树的健康状态进行诊断和筛查。实验表明,提出的形态分析指标相辅相成,诊断筛查能力的准确度、精确度、灵敏度、特异度和F1-Score均为90%。后续工作会考虑增加用于图谱构建的冠脉树样本数量和考虑不同设备提取的CCTA数据的差异性,旨在提高冠脉图谱的形态丰富度以及形态分析指标的分析能力。

参考文献:

- [1] 李曦蕊,方正,杨国华,等. 冠状动脉管腔内对比度衰减梯度对钙化斑块诊断价值的研究[J]. 中国医学计算机成像杂志, 2022, 28: 356-360.
- [2] KASSAB G S. Coronary circulation: anatomy, mechanical properties, and biomechanics[M]. [s. l.]: Springer International Publishing, 2019.
- [3] MURRAY C D. The physiological principle of minimum work applied to the angle of branching of arteries[J]. Journal of General Physiology, 1926, 9(6): 835-841.
- [4] MASTERS B R. Fractal analysis of the vascular tree in the human retina[J]. Annual Review of Biomedical Engineering, 2004, 6(1): 427-452.
- [5] CHEN X, DAI J, LIN J, et al. Image-based morphometric studies of human coronary artery bifurcations with / without coronary artery disease[J]. Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, 2020(1): 1-17.
- [6] JONATHAN G, BIN L. The application of medical artificial intelligence technology in rural areas of developing countries[J]. Health Equity, 2018, 2(1): 174-181.
- [7] JUAN Y H, TSAY P K, SHEN W C, et al. Comparison of the left main coronary bifurcating angle among patients with normal, non-significantly and significantly stenosed left coronary arteries[J]. Rep, 2017, 7(1): 1515.
- [8] ZHANG X, SUN K C, WU D J, et al. An anatomy- and topology-preserving framework for coronary artery segmentation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2024, 43(2): 723-733.
- [9] GHARLEGHI R, ADIKARI D, ELLENBERGER K, et al. Annotated computed tomography coronary angiogram images and associated data of normal and diseased arteries[J]. Scientific Data, 2023, 10(1): 128-135.
- [10] MEDRANO-GRACIA P, ORMISTON J, WEBSTER M, et al. Construction of a coronary artery atlas from CT angiography[C]//Medical image computing and computer-assisted intervention - MICCAI 2014: 17th international conference. Boston: Springer, 2014: 513-520.
- [11] DONNELLY P, MAUROVICH-HORVAT P, VORPAHL M, et al. Multimodality imaging atlas of coronary atherosclerosis[J]. JACC: Cardiovascular Imaging, 2010, 3(8): 876-880.
- [12] NAKAGAWA Y, NAKAGAWA K, SDRINGOLA S, et al. A precise, three-dimensional atlas of myocardial perfusion correlated with coronary arteriographic anatomy[J]. Journal of Nuclear Cardiology, 2001, 8(5): 580-590.
- [13] NI H, TAN C, FENG Z, et al. A robust image registration interface for large volume brain atlas[J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 2139.
- [14] PANG J, CHEN Y, FAN Z, et al. High efficiency coronary MR angiography with nonrigid cardiac motion correction[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2016, 76(5): 1345-1353.

- [15] PAN Y, CHRISTENSEN G E, DURUMERIC O C, et al. Current- and varifold-based registration of lung vessel and airway trees [C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition workshops. Las Vegas; IEEE, 2016: 126-133.
- [16] SMEETS D, BRUYNINCKX P, KEUSTERMANS J, et al. Robust matching of 3D lung vessel trees [C]//MICCAI workshop on pulmonary image analysis. Beijing: MICCAI Society, 2010: 61-70.
- [17] 陈其龙, 叶启君. 高权重深度学习图像重建算法在冠状动脉 CT 血管造影中的应用价值[J]. 影像研究与医学应用, 2023, 7(12): 86-88.
- [18] 高强, 鲍园, 赵俊. 基于均匀网格多层次 B 样条的 CTA 图像的运动向量场插值算法及加速实现[J]. 中国医疗器械杂志, 2021, 45(2): 131-140.
- [19] FU K, LIU Y, WANG M. Global registration of 3d cerebral vessels to its 2d projections by a new branch-and-bound algorithm[J]. IEEE Transactions on Medical Robotics and Bionics, 2021, 3(1): 115-124.
- [20] BAYER S, RAVIKUMAR N, STRUMIA M, et al. Intraoperative brain shift compensation using a hybrid mixture model [C]//Medical image computing and computer assisted intervention - MICCAI 2018; 21st international conference. Granada; [s. n.], 2018: 116-124.
- [21] ÇIMEN S, GOOYA A, RAVIKUMAR N, et al. Reconstruction of coronary artery centrelines from X-ray angiography using a mixture of student's t-distributions [C]//Medical image computing and computer-assisted intervention-MICCAI 2016; 19th international conference. Athens; [s. n.], 2016: 291-299.
- [22] BAKA N, METZ C T, SCHULTZ C J, et al. Oriented Gaussian mixture models for nonrigid 2D/3D coronary artery registration [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2014, 33(5): 1023-1034.
- [23] ZHANG X, LIU F, GU Y, et al. SPR-Net: structural points based registration for coronary arteries across systolic and diastolic phases [C]//Medical image computing and computer-assisted intervention-MICCAI 2023; 26th international conference. Vancouver; [s. n.], 2023: 791-801.
- [24] ZHAO Y, DENG J, LIU F, et al. GO: a two-step generative optimization method for point cloud registration [J]. Computers & Graphics, 2024, 119: 103904.
- [25] ZHAO Y, TANG W, FENG J, et al. Reweighted discriminative optimization for least-squares problems with point cloud registration [J]. Neurocomputing, 2021, 464: 48-71.
- [26] ZHANG D Q, XU Y F, DONG Y P, et al. Coronary computed tomography angiography study on the relationship between the Ramus Intermedius and Atherosclerosis in the bifurcation of the left main coronary artery [J]. BMC Medical Imaging, 2023, 23(1): 53.
- [27] ZHAO J P, LAURENT I. shapeDTW: shape dynamic time warping [J]. Pattern Recognition, 2018, 74: 171-184.