

Efecto de diferentes métodos de interpolación en la reconstrucción de adquisiciones de trayectoria espiral en el espacio-k en IRM

P. Montesinos¹, A. Rodríguez-Ruano¹, M. Benito¹, JJ. Vaquero¹, M. Desco^{1,2}

¹ Unidad de Medicina y Cirugía Experimental, Hospital General Universitario Gregorio Marañón, Madrid, España, desco@hggm.es

² Centro de investigación en red en salud mental (CIBERSAM), Madrid, España

Resumen

En este trabajo se realiza una valoración de diferentes algoritmos de reconstrucción de secuencias de adquisición en espiral en imagen por resonancia magnética (IRM). Para realizar la reconstrucción de una imagen cuyos datos han sido adquiridos con una trayectoria espiral es necesario realizar una interpolación de dichos datos, adquiridos de forma no cartesiana. El modo en que se realiza dicha interpolación varía de un algoritmo de reconstrucción a otro. En este trabajo se ha estudiado el efecto que tiene la selección del método de interpolación en la calidad de las imágenes finales. La comparativa de las reconstrucciones se realiza mediante una serie de medidas cuantitativas de resolución y contraste calculadas sobre las imágenes reconstruidas.

1. Introducción

Las secuencias en espiral despiertan gran interés por ser un tipo de secuencias ultra-rápidas que permiten la adquisición de una imagen completa en un tiempo del orden de milisegundos. La particularidad de estas secuencias reside en que durante la adquisición no se recorre el espacio-k de manera cartesiana utilizando diferentes codificaciones de fase discretas, sino describiendo una trayectoria espiral.

El hecho de que las secuencias en espiral sean ultra-rápidas las hace especialmente relevantes en el campo de cardiología, adquisición de imágenes en tiempo real e imágenes con gases hiperpolarizados.

Aunque las trayectorias en espiral son conocidas desde hace algunos años [1], con los últimos avances de *hardware* de los sistemas de gradientes ha aumentado el interés en ellas. A la rapidez inherente de este tipo de secuencias hay que añadir que son especialmente robustas frente a movimientos. Por todo ello, las imágenes en espiral son la única y fuerte competencia de las secuencias EPI, las más utilizadas en la práctica para aplicaciones rápidas hoy por hoy [2,3].

2. Teoría

En la literatura científica sobre imágenes con adquisición espiral aparecen fundamentalmente dos métodos de reconstrucción; el primero de ellos se basa en una

transformada de Fourier no uniforme [4] y el segundo de ellos, el más extendido, en llevar a cabo una interpolación de los datos adquiridos basándose en la convolución de los datos con una función núcleo o kernel y aplicando posteriormente la FFT [5-8].

El objetivo de los algoritmos de reconstrucción de secuencias en espiral basados en algún tipo de interpolación es el mallado o *regridding* de los puntos muestrales. El *regridding* implica el cambio de la distribución espacial de las muestras, pasando de una disposición en forma de espiral a la distribución equivalente de las muestras en una malla cartesiana. El esquema se puede ver en la Figura 1. Una vez se ha obtenido el valor de las muestras cartesianas, la reconstrucción es ya posible aplicando la FFT habitual.

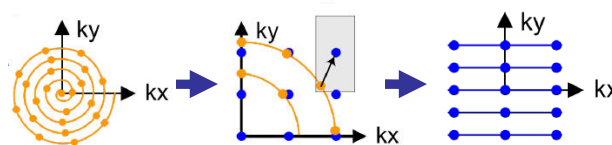


Figura 1. Esquema del proceso de regridding

La reconstrucción tradicional basada en la realización de la interpolación mediante una convolución presenta una cierta complejidad de implementación, una elevada carga computacional y una baja eficiencia debido al elevado número de parámetros a seleccionar. Por esta razón se buscaron métodos alternativos para realizar el proceso de *regridding* basados en métodos de interpolación directa.

2.1. Reconstrucción convencional

Con este nombre denominamos al método de reconstrucción más comúnmente encontrado en la literatura, en el que el proceso de *regridding* se lleva a cabo mediante una interpolación basada en la convolución de las muestras por una función núcleo o kernel.

Si se dispone de un conjunto de muestras discretas muestreadas de manera no uniforme, y se convolucionan con una función núcleo apropiada, la función resultante de la convolución será una función continua que contendrá a las muestras originales y sobre la que será

posible realizar un nuevo muestreo. Si este nuevo muestreo se realiza uniformemente y en forma cartesiana, ya se dispone de datos válidos para proceder a la aplicación de la FFT habitual.

Los pasos que sigue esta reconstrucción son los siguientes:

- Multiplicación de los datos por una función de compensación de densidad de muestreo (DCF *density compensation function*).
- Convolución con una función núcleo.
- Muestreo de la función continua obtenida sobre una malla cartesiana.
- Aplicación de la FFT.
- Dividir el resultado por la transformada de Fourier de la función utilizada como núcleo de la convolución, de este modo se elimina el efecto del uso de dicha función. Este paso es conocido como *deapodization* o *roll-off correction*.

Como función núcleo para la convolución, estudios previos establecen que la función idónea es una función de Kaiser-Bessel, cuyos parámetros de definición por defecto fueron extraídos de la literatura [9,10]. En el caso de la función de compensación de densidad se optó por utilizar una función basada en polígonos de Voronoi [6, 7,11].

2.2. Reconstrucción basada en interpolación directa

En este trabajo se probaron tres métodos diferentes de interpolación directa [12], obteniendo directamente una disposición cartesiana de muestras a la que aplicar posteriormente la FFT. Los métodos de interpolación seleccionados fueron: interpolación lineal, interpolación basada en la distancia inversa y el krigeado o *kriging*.

- Interpolación lineal: la interpolación lineal consiste en calcular los puntos desconocidos mediante un polinomio de interpolación de grado uno. Dados dos puntos de coordenadas conocidas (x_0, y_0) y (x_1, y_1) , la interpolación lineal para un punto de coordenada x conocida resulta:

$$y = y_0 + (x - x_0) \frac{y_1 - y_0}{x_1 - x_0} \quad (2.1)$$

- Distancia inversa: este método de interpolación se basa en la idea de que los puntos más cercanos deben tener más peso en la determinación de un valor interpolado.

Para obtener un punto $u(x)$ se utiliza la siguiente fórmula:

$$u(x) = \frac{\sum_{k=0}^N w_k(d_k) u(x_k)}{\sum_{k=0}^N w_k(d_k)} \quad (2.2)$$

donde

$$w_k(d_k) = \frac{1}{d(x, x_k)^p} \quad (2.3)$$

es la función de peso en los puntos muestrales, $d(x, x_k)$ es la distancia de cada punto x al punto x_k y p es un parámetro de potencia, un número real positivo que determina el peso de los puntos cercanos en función de la distancia.

- Krigeado: El krigeado o *kriging* es un método de interpolación desarrollado por Georges Matheron y D.G. Krige [13]. Esta técnica usa los datos y su varianza espacial para determinar las tendencias que se aplican a los puntos de la malla. Esto se expresa en un variograma que muestra como la diferencia media entre puntos cambia con la distancia entre puntos. El mejor resultado se obtuvo seleccionando un variograma de variación exponencial.

3. Material y métodos

Este trabajo fue realizado con datos de un equipo de resonancia magnética Bruker 7/210 USR (Ultra Shielded) con campo magnético principal de 7 Teslas.

Para las pruebas se utilizó un maniquí cilíndrico relleno de agua dopada con sulfato de cobre y que contiene una pieza plástica con forma de 'lego'. Las interfaces plástico-agua dopada resultan muy convenientes a la hora de valorar la calidad de los algoritmos de reconstrucción en las zonas de transición. Sobre dicho maniquí se realizó una adquisición cuyos datos fueron reconstruidos según los cuatro métodos de interpolación seleccionados, con la finalidad de compararlos entre sí.

Las imágenes fueron adquiridas con un gradiente efectivo de 237.238 mT/m, un slew rate efectivo de 4875.364 T/m/s, un Ancho de Banda de 454.5 KHz, TE=1.647 ms, TR=1000 ms y FOV = 4.5x4.5 cm y para ello se empleó una antena de transmisora/receptora de volumen lineal. La trayectoria seguida en el espacio-k (Figura 2) se compone de 4615 puntos adquiridos con una tasa de muestreo de 10 μ s. El tiempo total de adquisición fue de 9.883 ms. El tamaño de la matriz de datos es de 80x80.

Para las reconstrucciones se hizo uso de la trayectoria seguida en el espacio-k que proporciona el escáner. Para la estimación de esta trayectoria el escáner utiliza un método de medida de la misma bien conocido [14].

Los datos crudos de las adquisiciones fueron exportados a un PC estándar (2.40 GHz, 4 GB 64-bit OS) para realizar las reconstrucciones. Los algoritmos de reconstrucción fueron implementados en la plataforma de desarrollo IDL 6.4. En el caso de los algoritmos basados en los métodos de interpolación directa no fue necesario implementar funciones de compensación de densidad.

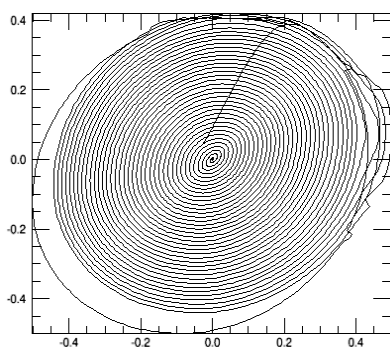


Figura 2. Ejemplo de trayectoria adquirida

3.1. Evaluación de los resultados

Para evaluar la comparativa de las imágenes reconstruidas se midieron intensidades sobre un perfil perpendicular a las zonas de transición del objeto.

Sobre dicho perfil se llevaron a cabo dos tipos de medidas cuantitativas: la pendiente al 90-10% y el análisis pico-valor de dicho perfil. Las relaciones pico-valor se calcularon como la diferencia de amplitud entre un pico y su valle adyacente (comenzando por la derecha) normalizados por la amplitud del pico. También se llevó a cabo una medida del tiempo de computación de los algoritmos de reconstrucción.

4. Resultados

En la Figura 3 se muestran los resultados de las diferentes reconstrucciones junto con su respectivo perfil de intensidades.

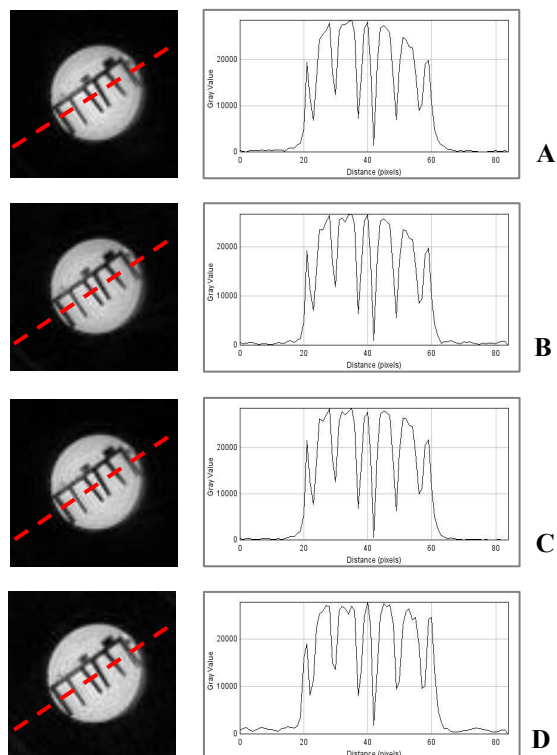


Figura 3. Imágenes y perfiles de intensidad. (A) Interpolación lineal. (B) Interpolación distancia inversa. (C) Interpolación kriging. (D) Interpolación basada en convolución

	Pendiente 90-10%	Ratio pico-valor	Tiempo de computación (ms)
Interpolación lineal	2878.62	0.664	16
Interpolación distancia inversa	2779.37	0.661	339.7
Interpolación kriging	3286.85	0.678	461.5
Int. basada en convolución	3846.66	0.638	605.5

Tabla 1. Medidas cuantitativas

En la Tabla 1 se puede ver el resultado de realizar el cálculo de las relaciones pico-valor, el nivel de la pendiente en los bordes del objeto y el cálculo del tiempo de computación de cada una de las reconstrucciones.

5. Discusión y conclusiones

Observando las imágenes reconstruidas se puede ver que el ruido de fondo es claramente mayor en la reconstrucción convencional, que presenta el artefacto típico de las reconstrucciones espirales. La reconstrucción realizada con interpolación basada en la distancia inversa también presenta dicho artefacto, pero en menor medida. No obstante, este ruido de fondo no resulta un parámetro de calidad realmente importante, puesto que se ve disminuido en las cercanías del objeto, que es la zona relevante.

En relación con el perfil de intensidades que se muestra en la Figura 3, a primera vista se puede observar un cambio en el patrón que siguen los perfiles, presentando una envolvente curvada en la reconstrucción de interpolación inversa y lineal. Idealmente el perfil del objeto en las zonas de máximos (la parte blanca del maniquí) debería ser aproximadamente constante. El método de reconstrucción que muestra un perfil más plano es la interpolación mediante convolución, la interpolación mediante el método *kriging* es un punto intermedio entre el perfil de la reconstrucción por convolución y el resto de perfiles.

Los resultados de la Tabla 1 muestran que la pendiente es mayor en el caso de la reconstrucción convencional, seguida por la reconstrucción basada en la interpolación *kriging*, distancia inversa y lineal. Una mayor pendiente indica una mejor definición en los bordes, y parece tener relación directa con la envolvente curvada que muestran los perfiles.

Atendiendo a la relación pico-valor media, la reconstrucción que mejores resultados ofrece es la interpolación con el método *kriging*, le seguirían las reconstrucciones basadas en interpolación lineal, distancia inversa y la reconstrucción convencional; aunque ha de señalarse que las diferencias numéricas entre ellas son pequeñas. Una mala relación pico-valor se traduce en una pérdida de contraste en las interfases blanco-negro.

Aunque se han visto diferencias numéricas entre los diferentes métodos, dichas diferencias no son apreciables visualmente.

Si observamos los tiempos de computación podemos ver cómo la interpolación lineal ofrece la reconstrucción más rápida mientras que la reconstrucción convencional es la que más tiempo tarda en calcular la solución. El uso de una función capaz de interpolar directamente los datos crudos sobre una malla cartesiana evita el cálculo de la función de compensación de densidad y la realización de varios pasos intermedios, como es la evaluación de la convolución, que conllevarían mayor consumo de tiempo y memoria durante la reconstrucción.

De estos resultados se desprende que los algoritmos que utilizan interpolación directa muestran una calidad de imagen casi idéntica a la reconstrucción convencional y menor tiempo de computación. La interpolación *kriging* ofrece buen contraste y bajo tiempo de computación, mientras que la interpolación lineal ofrece la reconstrucción más rápida, sin gran detrimento de la calidad final.

Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por los proyectos CDTEAM (CENIT-Ingenio 2010), Ministerio de Ciencia e Innovación, y red RECAVA, Ministerio de Sanidad y Consumo.

Referencias

- [1] Glover, G.H., *Simple analytic spiral K-space algorithm*. Magn Reson Med, 1999. 42(2): p. 412-5.
- [2] Voiron, J. and L. Lamalle. *Spiral MRI on rat brain and rat heart at 7 Tesla*. in *Proc. Intl. Soc. Mag. Reson. Med.* 14. 2006.
- [3] Voiron, J. and L. Lamalle, *Spiral MRI: Principles and in vivo Applications at High Field*. 2006, BRUKER.
- [4] Sha, L., H. Guo, and A.W. Song, *An improved gridding method for spiral MRI using nonuniform fast Fourier transform*. J Magn Reson, 2003. 162(2): p. 250-8.
- [5] Pauly, J., *Non-Cartesian Reconstruction*. 2007, Stanford University.
- [6] Beatty, P.J., D.G. Nishimura, and J.M. Pauly, *Rapid gridding reconstruction with a minimal oversampling ratio*. IEEE Trans Med Imaging, 2005. 24(6): p. 799-808.
- [7] Rasche, V., R. Proksa, R. Sinkus, P. Bornert, and H. Eggers, *Resampling of data between arbitrary grids using convolution interpolation*. IEEE Trans Med Imaging, 1999. 18(5): p. 385-92.
- [8] Kim, D.H., E. Adalsteinsson, and D.M. Spielman, *Simple analytic variable density spiral design*. Magn Reson Med, 2003. 50(1): p. 214-9.
- [9] Jackson, J.I., C.H. Meyer, D.G. Nishimura, and A. Macovski, *Selection of a convolution function for Fourier inversion using gridding [computerised tomography application]*. IEEE Trans Med Imaging, 1991. 10(3): p. 473-8.
- [10] O'Sullivan, J.D., *A Fast Sinc Function Gridding Algorithm for Fourier Inversion in Computer Tomography*. Medical Imaging, IEEE Transaction on, 1985. 4(4): p. 200-207.
- [11] Hoge, R.D., R.K. Kwan, and G.B. Pike, *Density compensation functions for spiral MRI*. Magn Reson Med, 1997. 38(1): p. 117-28.
- [12] Li, J. and D. Andrew, *A review of spatial interpolation methods for environmental scientists*. Geoscience Australia, 2008. 23.
- [13] Isaaks, E.H. and R.M. Srivastava, eds. *An Introduction to Applied Geostatistics*. 1989, Oxford University Press: New York.
- [14] Zhang, Y., H.P. Hetherington, E.M. Stokely, G.F. Mason, and D.B. Twieg, *A novel k-space trajectory measurement technique*. Magn Reson Med, 1998. 39(6): p. 999-1004.