



(12)发明专利

(10)授权公告号 CN 103889328 B

(45)授权公告日 2017.02.15

(21)申请号 201280052055.6
 (22)申请日 2012.10.15
 (65)同一申请的已公布的文献号
 申请公布号 CN 103889328 A
 (43)申请公布日 2014.06.25
 (30)优先权数据
 61/550,490 2011.10.24 US
 (85)PCT国际申请进入国家阶段日
 2014.04.23
 (86)PCT国际申请的申请数据
 PCT/IB2012/055594 2012.10.15
 (87)PCT国际申请的公布数据
 W02013/061202 EN 2013.05.02
 (73)专利权人 皇家飞利浦有限公司
 地址 荷兰艾恩德霍芬
 (72)发明人 R·卡尔米 Y·拉马什
 (74)专利代理机构 永新专利商标代理有限公司
 72002
 代理人 王英 刘炳胜

(51)Int.Cl.
 A61B 6/00(2006.01)
 A61B 6/03(2006.01)
 (56)对比文件
 CN 1509690 A,2004.07.07,
 JP 特开2007-21006 A,2007.02.01,
 US 6505064 B1,2003.01.07,
 Toru Imamura 等.Peak time difference
 of time-density curve in contrast media
 transit as an indicator of asymmetric
 cerebral perfusion.《Journal of the
 Neurological Sciences》.1994,第126卷
 Xiaofeng Niu 等.Detectability of
 perfusion defect in five-dimensional
 gated-dynamic cardiac SPECT images.《Med.
 Phys.》.2010,第37卷(第9期),

审查员 董小东

权利要求书2页 说明书9页 附图7页

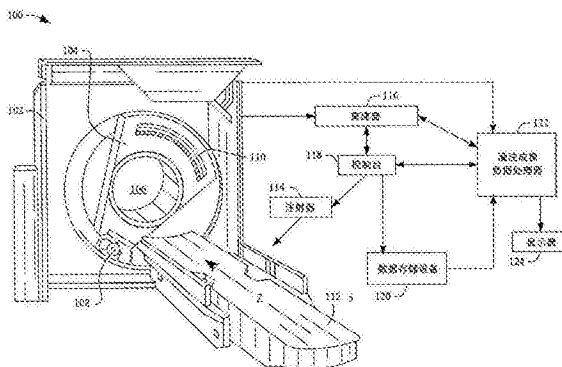
(54)发明名称

灌注成像

(57)摘要

一种灌注成像数据处理器(122),包括:药剂峰特征时间确定器(206),其被配置为分别针对两个或更多个循环子系统确定两个或更多个药剂峰特征时间,所述两个或更多个循环子系统被表示于灌注成像数据的时间序列数据的集合的体素的相同子集中;药剂峰变元确定器(210),其被配置为针对所述两个或更多个药剂峰特征时间中的每个确定药剂峰变元;药剂峰变元相关性确定器(212),其被配置为确定所述两个或更多个药剂峰特征时间的所述药剂峰变元之间的相关性;以及灌注图生成器(214),其被配置为基于所确定的关系和所述灌注成像数据来生成至少一个灌注图,其中,所述至少一个灌注图包括视

觉呈现所述两个或更多个循环子系统之间的关系或差异的中的至少一个的体积图像数据。



1. 一种灌注成像数据处理器(122),包括:

药剂峰特征时间确定器(206),其被配置为分别针对两个或更多个循环子系统确定两个或更多个药剂峰特征时间,所述两个或更多个循环子系统被表示于灌注成像数据的时间序列数据的集合的体素的相同子集中;

药剂峰变元确定器(210),其被配置为确定针对所述两个或更多个药剂峰特征时间中的每个的药剂峰变元;

药剂峰变元相关性确定器(212),其被配置为确定所述两个或更多个药剂峰特征时间的所述药剂峰变元之间的相关性;以及

灌注图生成器(214),其被配置为基于所确定的相关性和所述灌注成像数据来生成至少一个灌注图,其中,所述至少一个灌注图包括视觉呈现所述两个或更多个循环子系统之间的相关性或差异中的至少一个的体积图像数据。

2. 根据权利要求1所述的处理器,还包括:

概率分布确定器(208),其被配置为确定两个或更多个药剂峰特征时间中的每个的概率分布,其中,每个概率分布对应于一个循环子系统,

其中,所述两个或更多个药剂峰特征时间中的一个的所述概率分布表示所述两个或更多个药剂峰特征时间中的所述一个的相应峰是所述循环子系统的真实峰的概率,并且

其中,所述峰变元确定器基于来自所述循环系统中的一个的多个药剂峰特征时间中的药剂峰特征时间中的选定的一个来确定相同循环子系统的药剂峰变元。

3. 根据权利要求1至2中的任一项所述的处理器,其中,所述药剂峰特征时间确定器基于第一模型来确定所述两个或更多个药剂峰特征时间,所述第一模型包括用于确定药剂峰特征时间的算法。

4. 根据权利要求1至2中的任一项所述的处理器,其中,所述药剂峰变元确定器基于第二模型来确定所述峰变元,所述第二模型包括用于确定峰变元的算法。

5. 根据权利要求1至2中的任一项所述的处理器,其中,所述药剂峰特征时间确定器迭代地确定所述两个或更多个药剂峰特征时间,其中,在一个或多个迭代中,药剂峰特征时间是基于先前确定的药剂峰特征时间来确定的。

6. 根据权利要求5所述的处理器,其中,所述药剂峰变元相关性确定器迭代地确定所述药剂峰变元之间的所述相关性,其中,在一个或多个迭代中,药剂峰变元相关性是基于在相同的迭代中生成的药剂峰特征时间来确定的。

7. 根据权利要求5所述的处理器,其中,在一个或多个迭代中,所述峰的依从性是相比于包括峰约束条件和一致性标准的模型来核对的。

8. 根据权利要求1至2中的任一项所述的处理器,其中,所述灌注图生成器迭代地确定信号,其中,在一个或多个迭代中,所述药剂峰变元相关性确定器确定针对不同药剂峰特征时间的药剂峰变元之间的相关性,并且所述灌注图生成器迭代地确定针对每个所确定的相关性的所述信号。

9. 根据权利要求8所述的处理器,其中,在一个或多个迭代中,至少一个不同的药剂峰特征时间被利用,并且所述至少一个不同的药剂峰特征时间对应于改进遵从于预先确定的约束条件或代价函数中的一个或多个的图的图像状况的药剂峰特征时间。

10. 根据权利要求8所述的处理器,其中,在一个或多个迭代中,至少一个不同的药剂峰

特征时间被利用,并且所述至少一个不同的药剂峰特征时间对应于增加所述药剂峰特征时间的总概率的所述药剂峰特征时间。

11.根据权利要求1至2中的任一项所述的处理器,其中,所述药剂峰变元包括以下中的至少一项:峰强度、峰梯度或关于峰周围的区域的信息。

12.根据权利要求1至2中的任一项所述的处理器,还包括:

图像处理器(218),其被配置为视觉呈现所述灌注图,其中,所述灌注图视觉呈现分立的图像或叠加的图像中至少一个,其中,所述图像中的每个对应于以下中的至少一项:不同的循环子系统、所述循环子系统之间的相关性或所述循环子系统之间的差异。

13.根据权利要求12所述的处理器,其中,所述两个或更多个循环子系统之间的相关性或差异中的至少一个是使用不同颜色来视觉强调的。

14.根据权利要求12所述的处理器,其中,对应于所述两个或更多个循环子系统的其它信息也用以下中的一种或多种方式来视觉呈现:曲线图、直方图或表格。

15.一种用于评估灌注成像数据的方法,包括:

利用处理器(122),基于灌注成像数据的时间序列数据的集合的体素的相同子集,来确定对应于两个或更多个药剂峰特征时间的药剂峰变元之间的相关性或差异中的至少一个,所述两个或更多个药剂峰特征时间对应于体素的所述相同子集所表示的两个或更多个不同循环子系统;并且

视觉呈现所述相关性或所述差异中的至少一个。

灌注成像

技术领域

[0001] 以下大体涉及灌注成像并结合计算机断层摄影(CT)的具体应用描述,但是本发明也适用于其他成像模态,例如MRI、PET、SPECT、US、光学断层摄影和/或其他成像模态。

背景技术

[0002] 灌注成像,以及相关的术语渗透率成像、动态造影成像或第一次扫描是成像和评估与患者身体内的血流相关的参数的已知技术。灌注成像能够用于探测体内生理结构以及组织功能与活性。灌注成像可用于研究具有脑部或心脏损伤的患者,例如:由中风或侵害引起的;在诸如肝、肺、胰腺和其他器官的器官中具有癌症的患者;以及诸如肺、肝和肾的器官中的常规器官功能。灌注成像有潜力成为用于定量评估多种癌症和肿瘤的重要工具。由于灌注成像主要测量血流特征,因而能够利用适当地施予的造影剂材料使用几种成像模态。例如,灌注成像能够通过如下方式完成:利用碘造影剂的CT;利用钆或铁含氧物造影剂的MRI;利用若干放射性示踪剂的PET和SPECT以及利用微气泡造影剂的超声。在动物临床前成像中,利用荧光药剂的光学断层摄影同样适用。

[0003] 灌注成像技术通常要求在若干不同时间点对感兴趣体积进行重复成像,例如在相继的扫描之间具有数秒差异的3-30个重复的扫描(例如,1至10秒每时间帧)。在常规灌注技术中,将一团造影剂施予入患者的血管系统,例如通过自动注射器,在涵盖所述一团造影剂传输通过所感兴趣的区域的组织的时间段内收集所感兴趣区域的图像。所述造影剂局部浓度随时间的变化(如能够从图像数据推测)被用于分析生理参数。在临床实践中,经常利用特定分析算法对所述灌注图像序列进行定性检查或定量评估。对于一个区域或每个体素,定量结果可以包括血流、血液体积、平均传输时间、到达时间、表面渗透面积(permeability surface product)、达峰时间、峰强度、最大梯度和其他参数的绝对测量结果。这样的血流和血管变元能够以本文中通用术语“灌注图”所指的结构来表示。

[0004] 对在癌症诊断中使用灌注的具体兴趣主要与血管再生现象有关。在健康身体中,在损伤或损害后,血管再生发生用于治愈伤口和用于修复流至组织的血流。通常,正常血管系统按照为身体组织提供营养物的目的发展,并且正常血管进化为使得在血管生长和细胞需求间达成平衡。众所周知,癌症组织发展伴有在该组织周围的过量的血管再生。新生成的血管能够进一步造成肿瘤细胞的过度增殖。因此,异常血管再生的早期探测和处置期间的随诊对于降低与各种癌症相关的发病率和死亡率是关键的。灌注研究可能同样允许测量肿瘤区域的血管的渗透率,其被认为是重要的因素由于通常在癌症组织中的血管比正常的血管更倾向于渗透到细胞内的空间。

[0005] 对于癌症诊断,MRI和CT在确定解剖结构特征方面非常有效。但是他们通常很少传达关于肿瘤组织或邻近组织的功能状态的信息(例如,血管再生的程度、组织活性,恶性度等)。尽管在一定程度上可以通过造影增强成像间接暗示肿瘤的恶性度,但是若干研究已经表明造影增强的程度决不是可靠的肿瘤分级的指标。PET和SPECT成像通常表明所成像组织的功能参数。但是,在很多情况下此信息是不充分的。例如,肿瘤学中使用的常规FDG-PET检

查通常无法精确区分癌症的分期或其对医学处置的响应。

[0006] 通过例如对血液体积(BV)或血流(BF)进行成像,肿瘤的灌注成像被用于展示与肿瘤生长相关的血管的生长(血管再生和新血管生成)。由于BV值与血管系统的分级相关;分级高(恶性)的肿瘤相比分级低(不那么恶性)的肿瘤倾向具有较高的BV值。新血管生成同样影响癌症细胞在全身的扩散,最终导致转移的形成。实体肿瘤的血管生成水平被认为是其转移潜力的极好的指标。通过测量血管系统水平,灌注成像因此有助于对肿瘤的特征。其可以同样有助于治疗程序(例如抗血管再生药物/辐射治疗/化学治疗)的选择和对其成功性的预测。

[0007] 肿瘤灌注成像可能在几种癌症类型的诊断和在不同器官的诊断中 useful。但是,对于获得可靠的临床应用仍然有重大障碍,例如结果的一致性、精确定量、分析的标准化、优化的临床方案、患者运动、图像伪影以及辐射和造影剂剂量的减少的问题。另外,当今的成像系统的技术性能不总是足够的。还有,对于常规的灌注分析手段,提供对可视化区域血流特征的彻底的分析,但是这些手段并不区分在相同区域的不同循环子系统并且不显示这些循环子系统间的独特关联。不幸的是,即使单独图像体素也可能包括表示多于一个循环子系统的血流图样的数据,这些循环子系统有时会相互干扰。另外,信号的噪声和/或其他实际不精确性可能非常显著,进一步使分析复杂化。

发明内容

[0008] 本文中描述的各方面解决上述问题和其他问题。

[0009] 在一个方面中,灌注成像数据处理器包括:药剂峰特征时间确定器,其被配置为针对两个或更多个循环子系统分别确定两个或更多个药剂峰特征时间,所述两个或更多个循环子系统被表示于灌注成像数据的时间序列数据的集合的体素的相同子集中。所述处理器还包括:药剂峰变元确定器,其被配置为针对所述两个或更多个药剂峰特征时间中的每个确定药剂峰变元。所述处理器还包括:药剂峰变元相关性确定器,其被配置为确定所述两个或更多个药剂峰特征时间的所述药剂峰变元之间的相关性。所述处理器还包括:灌注图生成器,其被配置为基于所确定的关系和所述灌注成像数据来生成至少一个灌注图,其中,所述至少一个灌注图包括视觉呈现所述两个或更多个循环子系统之间的关系或差异中的至少一个的体积图像数据。

[0010] 在另一方面中,一种方法包括:利用处理器基于体素的相同子集来确定对应于两个或更多个药剂峰特征时间的药剂峰变元之间的相关性或差异中的至少一个,所述两个或更多个药剂峰特征时间对应于在灌注成像数据的时间序列数据的集合的体素的相同子集表示的两个或更多个不同循环子系统;并且视觉呈现所述关系或差异中的至少一个。

[0011] 在另一方面中,一种方法包括生成灌注图,所述灌注图包括成像数据,所述成像数据视觉图示灌注成像数据的体素的相同组中的两个或更多个药剂峰之间的相关性或差异中的至少一个。

附图说明

[0012] 本发明可以采取各种部件和部件的组合以及各种步骤和步骤的安排的形式。附图仅出于图示优选的实施例的目的并且不应解释为对本发明的限制。

- [0013] 图1示意性图示了与灌注成像数据处理器相连的示范性成像系统。
- [0014] 图2示意性图示了灌注成像数据处理器122的范例。
- [0015] 图3示意性图示了用于评估灌注成像数据的示例性方法。
- [0016] 图4图示了用于评估灌注成像数据的另一示范性方法。
- [0017] 图5图示了用于确定药剂峰特征时间和峰变元的示范性迭代方法。
- [0018] 图6图示了用于确定灌注图的示范性迭代方法。
- [0019] 图7图解地图示了评估的范例。
- [0020] 图8图解地图示了优化的范例。

具体实施方式

[0021] 下述大体涉及确定表现于灌注成像数据中的两个或更多个循环子系统之间的相关性和/或差异以及生成指示所述相关性和差异的信息。循环子系统的范例包括但不限于肺循环子系统、体循环子系统、肝门循环子系统以及冠状循环子系统。对于诸如心脏、肺和肝的器官,可能有两个循环子系统活跃在同一器官中。通常,在器官中,动脉分支为较小的动脉,其继而分支为毛细血管,这些毛细血管联合以形成较大的血管,这些血管继而离开组织并组合以形成静脉,静脉离开器官并最终并入腔静脉。

[0022] 在肺循环子系统中,肺动脉起始于心脏的右心室并将缺氧的血液运输到肺部,在肺部血液得到氧。肺静脉将含氧的血液输回到心脏的左心房。在体循环子系统中,含氧的血液从心脏的左心室泵入到主动脉。主动脉的分支将血液传达到身体的大部分组织和器官。组织细胞得到氧,然后缺氧的血液经由腔静脉返回心脏。另外,有毒的二氧化碳从细胞运输出来。血液然后流入右心室,在那里血液并入肺循环。

[0023] 肝门循环子系统服务于肠、脾、胰腺和胆囊。肝脏从如下两大源接收其血液:肝动脉(主动脉的分支),肝动脉为肝脏供应含氧的血液;以及肝门静脉,其由来自于脾、胃、胰腺、十二指肠和结肠的静脉的结合形成。肝动脉和肝门静脉进入血液与肝细胞直接接触的肝窦中。缺氧的血液最终经由肝静脉流入腔静脉。冠状循环子系统为心肌提供氧和营养成分并传输二氧化碳和其他废物远离心脏。

[0024] 合适的灌注成像数据包括CT、MRI、PET、SPECT、US、光学断层摄影和/或其他灌注成像数据。出于示例性目的和简洁的考虑,以下描述与CT灌注成像数据相关的系统和/或方法。首先参照图1,图示了诸如计算机断层摄影(CT)扫描机的成像系统100。成像系统100包括固定机架102和旋转机架104,旋转机架104由该固定机架可旋转地支撑。旋转机架104围绕检查区域106以及其中的对象或受试者的部分关于纵向轴或z轴旋转。

[0025] 辐射源108,例如X射线管,由旋转机架104支撑并随其围绕检查区域106旋转。辐射源108发射辐射,辐射被准直以形成大体上为扇形、楔形或圆锥形的辐射束,该辐射束穿过检查区域106。辐射灵敏探测器阵列110探测由辐射源108发出的穿过检查区域106的光子,并生成指示所探测到的辐射的投影数据。辐射灵敏探测器阵列110包括探测器像素的一维或二维阵列。

[0026] 受试者支撑体112,例如榻,在检查区域106支撑受试者108或对象,并且能够与旋转机架104的旋转协同沿x、y和z轴方向运动,以促成螺旋、轴向或其他期望的扫描轨迹。注射器114被配置为向待扫描受试者或对象注射或施予诸如一种或多种造影剂的材料。造影

剂能够另外地或可选地由临床医师或类似人员手动施予。当手动施予造影剂时,可省略注射器114。

[0027] 重建器116重建投影数据并且生成指示检查区域106的体积图像数据的时间序列。可以采各种重建算法,例如滤波后向投影、统计、迭代、稀疏采样和/或其他重建算法。通用计算系统用作操作者控制台118。驻留于控制台118上并由处理器执行的软件允许操作者控制系统100的运行,例如通过允许操作者选择成像协议(例如灌注协议)、启动扫描等。

[0028] 数据存储设备120可用于存储由系统100生成的成像数据。数据存储设备120可以包括图片存档与通信系统(PACS)、辐射学信息系统(RIS)、医院信息系统(HIS)、电子医疗档案(EMR)数据库、服务器、计算机和/或其他数据存储设备中的一个或多个。数据存储设备120可以在系统100的本地(如所示)或者远离系统100。

[0029] 灌注成像数据处理器122被配置为处理灌注成像数据,例如来自系统100和/或数据存储设备120的灌注成像数据。如下以更加详细地描述,灌注成像数据处理器122确定表示于灌注成像数据中的两个或更多个循环子系统间的关系和/或差异,并生成指示所述关系和/或差异的信息。在一个实例中,所生成的信息相对于没有使用或省略灌注成像数据处理器122的配置提供更好的结果和/或改进结果。结果能够方便肿瘤的检测、肿瘤的定性(例如,血管系统的水平、侵略性、转移潜能等)、治疗选择、对若干治疗类型的治疗成功性的预测,随诊研究(特别是当使用抗血管再生药物治疗时)等。

[0030] 显示器124被配置为视觉呈现至少由灌注成像数据处理器122生成的信息。

[0031] 应当理解,灌注成像数据处理器122可以通过执行一条或多条计算机可读指令的处理器来实现,该一条或多条计算机可读指令被编码于或内嵌于诸如物理存储器的计算机可读存储介质上。这样的处理器可以是控制台118和/或其他计算设备的部分。额外地或可选地,处理器能够执行由载波、信号或其他非计算机可读存储介质(例如暂态介质)携带的至少一条计算机可读指令。

[0032] 图2示意性图示了灌注成像数据处理器122的范例。在所图示的实施例中,灌注成像数据处理器122从系统100、数据存储设备120和/或其他设备中获得灌注成像数据。

[0033] 体素识别器202被配置为识别所获得的要处理的成像数据中的一个或多个体素的一组或多组。体素识别器202能够使用自动方式和/或利用用户输入来识别所述一个或多个体素的一组或多组。

[0034] 分析器204包括药剂峰特征时间确定器206、概率分布确定器208或药剂峰变元确定器210中的一个或多个。

[0035] 药剂峰特征时间确定器206被配置为确定药剂峰特征时间,药剂峰特征时间对应于受试者或对象中的大体为管状结构(例如,脉管或脉管网)的峰药剂摄取时间,峰药剂摄取时间依赖于来自体素的组的时间。能够基于强度、梯度和/或以其他方式识别这样的峰。对于多药剂和/或多峰,针对药剂和/或峰中的一个或多个确定特征时间。

[0036] 概率分布确定器208被配置为针对药剂峰特征时间中的每个确定概率分布,其中,概率分布表明峰为“真”峰的概率。例如,由于不精确度、噪声,等,峰的位置可能不是确定的,因而为每个峰确定若干候选特征时间或候选特征时间范围,每个具有不同的概率。

[0037] 在本实施例中,药剂峰特征时间确定器206和/或概率分布确定器208利用初始模型确定多个峰。此模型可能包括峰形状、幅值、约束条件等。通常,该模型适用于图像值(或

信号)对时间的向量和/或其他表示方式。

[0038] 药剂峰特征时间确定器206和/或概率分布确定器208同样能够利用诸如感兴趣造影剂在成像数据中第一次出现的时间、心脏/动脉输入功能的评估、关于施予药剂浓度和体积的先验信息等的信息来确定峰特征时间。

[0039] 药剂峰变元确定器210被配置为针对峰特征时间确定一个或多个峰变元,例如峰强度、峰梯度、指示峰附近的积分的值、相对于主动脉或腔静脉峰时间的达峰时间等。通过例如主动脉峰和/或其他信息能够使峰变元归一化。

[0040] 峰变元相关性确定器212被配置为确定两个或更多个不同峰的变元之间的相关性。这包括但不限于:沿时间在第一峰和第二峰之间选择主导的峰、肝门系数(HPI)、加权的动脉灌注等。

[0041] 灌注图生成器214生成灌注功能图,灌注功能图能够被表示为体成像数据,其中,每个体素或区域表示相关性的值。体积数据可以被组织为例如二维图像(叠合或独立的)的集合,其中,每张图像对应沿z轴和/或其他形式的切片。

[0042] 优化控制器216被配置为利用迭代或非迭代优化方案来优化灌注图。

[0043] 图像处理器218处理至少灌注图并且经由显示器124和/或其他设备来视觉呈现功能图。例如,在一个实例中,能够使用颜色色调来表示一个峰变元(或多个变元的相关性)并且该颜色的强度能够用于表示另一变元或多个变元的相关性。可选的,彩色的图像能够以半透明的方式融入到灰度图像中(该灰度图像能够代表解剖结构信息或其他信息)。

[0044] 或者,通过彩色温标(例如,以最大强度)或通过灰度可视化单一变元或变元相关性函数。在另一情形下,在分立的图像中可视化两个或更多个变元或变元相关性函数(例如,彼此相邻)。额外地或可选地,能够以曲线图(例如时间-活动曲线)、直方图(例如在较大ROI中的体素的统计)和/或其他视觉形式来显示其他信息。

[0045] 图3图示了用于评估灌注成像数据的示例方法。应该理解,本文中描述的方法中的动作的顺序不是限制性的。这样,本文中预期其他顺序。另外,可以省略一个或多个动作和/或包括一个或多个另外的动作。

[0046] 在302,获得来自灌注扫描机的成像数据。通常,成像数据包括重建的时间序列体积数据,该重建的时间序列体积数据包括不同时获取的数据之间的空间配准。成像数据可以或可能已经经由一个或多个修正和/或其他后续处理。如本文中所述,灌注成像数据可包括CT、MRI、PET、SPECT、US和/或其他灌注成像数据,并且能够从成像系统和/或数据存储设备获得该灌注成像数据。

[0047] 在304,灌注成像数据处理器122评估该成像数据并针对一个或多个体素或感兴趣的体素的区域的集合确定两个或更多个不同循环子系统的预定义的特征,该两个或更多个不同循环子系统被示于并活跃于器官或组织的相同区域。

[0048] 在306,灌注成像数据处理器122确定两个循环子系统的确定的特征时间之间的预定义的相关性和/或差异。在一个实例中,利用迭代优化来改善该相关性和/或差异对噪声和其他不精确性和限制的鲁棒性。例如,该迭代优化能够同时改进目标图状况(例如,通过全变差最小化方法)和将循环子系统的灌注特征拟合到预定义的模型和约束条件的概率最大化。

[0049] 在308,基于所述相关性和/或差异生成一个或多个(例如,基于体素)灌注图。

[0050] 在310,视觉呈现一个或多个灌注图中的至少一个。

[0051] 图4图示了用于评估灌注成像数据的另一示例方法。同样,应该理解,本文中描述的方法中的动作的顺序不是限制性的。这样,本文中预期其他顺序。另外,可以省略一个或多个动作和/或包括一个或多个另外的动作。

[0052] 在402中,从灌注成像数据获得对应于体素的集合(例如一个或多个的一组)的成像数据的子集。这可能包括通过灌注成像数据的子集或完整的时间序列来针对一个或多个体素获得成像数据。这能够通过手动和/或自动方法实现。

[0053] 在404中,任选地,成像数据的子集是预处理的。这可能包括滤波、去噪、空间平滑、时间平滑、重新采样、沿时间序列的空间共配准、运动校正、去卷积、归一化和/或其他处理。

[0054] 在406,任选地,获得未包括在成像数据中的其他信息,例如关于造影剂、患者、一个或多个先前研究等的信息。这样的信息可能包括所施予的造影剂材料第一次出现在成像数据中的时间、所施予的造影剂材料的浓度、受试者或对象的重量、心脏/主动脉输入功能的评估等。

[0055] 在408,获得用于确定药剂峰模型。该模型可以包括峰形状、幅值、约束条件、用于确定造影剂材料峰特征时间的算法、用于确定造影剂材料峰特征时间的概率分布的算法、用于确定造影剂材料峰变元的算法等。

[0056] 在410,确定体素的子集的药剂峰特征时间、药剂峰特征时间的概率分布和/或药剂峰特征时间的药剂峰变元中的至少一个。

[0057] 在412,基于药剂峰特征时间、药剂峰特征时间的概率分布和/或药剂峰特征时间的药剂峰变元生成一个或多个灌注图。

[0058] 在414,如果要评估另一体素集,则重复动作402至412。或者,可以针对多组识别的感兴趣的体素集同时地平行执行动作402至412。

[0059] 在416,如本文中所描述,视觉呈现一个或多个灌注图中的至少一个。

[0060] 图5图示了图4的动作410的范例。应当理解,本文中描述的方法中的动作的顺序不是限制性的。这样,本文中预期其他顺序。另外,可以省略一个或多个动作和/或包括一个或多个另外的动作。

[0061] 在502,基于模型、成像数据的子集和任何已经确定的峰特征时间来确定对应于循环子系统的血流峰的一个或多个药剂峰特征时间。

[0062] 在504,基于模型生成一个或多个所确定的药剂峰特征时间的一个或多个概率分布。

[0063] 在506,基于模型、一个或多个药剂峰特征时间和概率分布,针对所确定的药剂峰特征时间确定变元的集合。这可以包括基于遗传算法将成像数据拟合到伽马-变量模型,在该遗传算法中特征时间是固定的约束条件。

[0064] 在508,针对至少一个其他循环子系统重复动作502至506至少一次。可以检查共同的峰约束条件和/或一致性标准的集合的依从性。

[0065] 在510,如未能满足停止标准,则重复动作502至508。停止标准可能基于后续结果和预先确定的停止阈值间的差异、迭代数量、时间的流失和/或其他停止标准。

[0066] 否则,在512,结合图4中的动作412一起使用药剂峰特征时间、概率分布和/或变元组。

[0067] 在变型中,动作506在动作510之后执行。

[0068] 图6图示了图4的动作412的范例。应当理解,本文中描述的方法中的动作的顺序不是限制性的。这样,本文中预期其他顺序。另外,可以省略一个或多个动作和/或包括一个或多个另外的动作。

[0069] 在602,确定与在时间上选择的不同药剂峰特征时间相对应的不同药剂峰特征时间的每个的药剂峰变元之间的至少一个相关性。

[0070] 在604,针对每个相关性,生成灌注图。

[0071] 在606,获得灌注图的约束条件和代价函数的模型。例如,图的代价函数可包括图的空间梯度的总和和/或任何版本的全变差技术。

[0072] 在608,任选地,获得特征时间的共同的约束条件和/或代价函数。例如,特征时间的约束条件可包括对尝试优化特征时间的选择期间的定义,两个这样的时间之间的时间差异应当在特定时间范围内。

[0073] 在610,基于动作606和/或608的模型,得到药剂峰特征时间以同时改进遵从于预先确定的约束条件或代价函数的多相关性功能图的图像状况和增加所选特征时间的总概率。这可以通过梯度下降、遗传算法或其他优化技术中的一个或多个实现,其他优化技术包括那些能够在两个或更多个依赖函数的全局最小化之间进行折衷的技术。

[0074] 在612,如未能满足停止标准,则重复动作602至610。停止标准可能基于相继结果和预先确定的停止阈值之间的差异、迭代的次数、时间的流失和/或其他停止标准。

[0075] 否则,如果满足停止标准,则在614执行图4的动作414。

[0076] 本文中描述的方法能可以通过执行一条或多条计算机可读指令的一个或多个处理器来实施,所述一条或多条计算机可读指令编码于或嵌入到诸如物理内存的计算机可读存储介质上,并且引起所述一个或多个处理器执行各种动作和/或其他功能和/或动作。额外地或可选地,处理器能够执行由诸如载波、信号的暂态介质承载的指令。

[0077] 下述提供多循环子系统背景下的非限制性示例。出于示例性目的、清楚和简洁的考虑,以下结合两个药剂峰特征时间和两个变元关系进行描述。但是,应当理解,以下能够被扩展至更多或更少的药剂峰特征时间,更多或更少的变元关系,和/或一个或多个其他变量。

[0078] 对于每个体素的每个时间衰减曲线(TAC):1)根据输入数据和定义的模型,确定第一初始特征时间 t_A^0 和第二初始特征时间 t_B^0 ;2)确定概率分布 $P(t_A^0)$, $P(t_B^0)$;3)确定灌注变元和它们的相关性函数 $F_1(t_A, t_B)$, $F_2(t_A, t_B)$,并且4)从 t_A, t_B 的所有组合、它们的概率和它们的共同约束条件(由模型定义)计算每个灌注相关性函数 $P(F_1)$, $P(F_2)$ 和每个相关性函数共同组合 $P(F_1, F_2)$ 的概率。概率分布理论上可能具有不规则形状(例如,非钟形、非对称、不连续等)。

[0079] 然后基于全变差方法确定全局最小化变元。这样的变元的示例示于变元1中:

[0080] 变元1:

$$\begin{aligned}
 & \arg \min_{F_1, F_2} \left\{ k_1 \sum_i^V |\nabla F_{1i}| + k_1 \sum_i^V \lambda_{1i}(F_{1i}, F_{2i}) \cdot |F_{1i} - F_{1i}^0|^r + k_2 \sum_i^V |\nabla F_{2i}| + \right. \\
 [0081] & \left. k_2 \sum_i^V \lambda_{2i}(F_{1i}, F_{2i}) \cdot |F_{2i} - F_{2i}^0|^r \right\}
 \end{aligned}$$

[0082] 其中, k_1 和 k_2 是权重因子, i 是覆盖体积 V 中所有体素的指数, ∇F 表示 F 的梯度, r 是指数, 其中, r 是实数(例如, $r=1, 2, 3.25$, 等), 并且 λ_1 和 λ_2 是相应的相关性功能图中每个体素的逼真度权重。

[0083] 在变元1中, 每个相关性功能图(即, 每个灌注图)有两个项, 一个是全变差项(具有 F 的梯度)并且另一个逼真度项。每项包括所有图体素的总和并且能够在2D或3D中应用。迭代优化过程应当找到这样的 F_1 和 F_2 的最终图, 使得整个表达式最小化。逼真度权重 λ_1 和 λ_2 能够在根据公式1的最小化过程的每一迭代步骤中变化:

[0084] 公式1:

$$[0085] \quad \lambda_{1i}^{m+1} = h_1 \left[(1 - q_1) \frac{P(F_{1i}^0)}{P(F_{1i}^m)} + q_1 \frac{P(F_{1i}^0, F_{2i}^0)}{P(F_{1i}^m, F_{2i}^m)} \right]$$

$$[0086] \quad \lambda_{2i}^{m+1} = h_2 \left[(1 - q_2) \frac{P(F_{2i}^0)}{P(F_{2i}^m)} + q_2 \frac{P(F_{1i}^0, F_{2i}^0)}{P(F_{1i}^m, F_{2i}^m)} \right]$$

[0087] 其中, h_1 和 h_2 在确定的范围内是线性的并且可能同样具有固定偏移或饱和范围, m 是迭代指数, 并且 q_1 和 q_2 是 F_1 和 F_2 间的耦合因子(比率)。当 λ 较大时, 存在使得中间的 F 值向其初始值偏移的“压力”, 当 λ 较小时, 可更自由地改变其值以使得局部图梯度最小化。

[0088] 结合图7中的范例对以上内容进行进一步讨论。在图7中, 体素 $TAC_{S_{测得}}$ 示出假设表示单峰流的反应。范例数据包括噪声并且未示出尖峰。根据特定的模型, 要确定达峰时间(TTP)和最大峰值($E_{最大}$)。但是, 该模型可能定义TTP最好由到达最大梯度的时间确定并且最大增强值为在所选时间范围内的全局最大值。两种定义在理论化的 $TAC_{S_{模型}}$ 的理想情况下一致。

[0089] 在测得的 TAC 中, 初始TTP由时间 A 确定, 并且最大增强由时间 B 确定。所假设的单个峰的特征时间能够由概率 $P(t^0)$ 定义。例如直接从 $P(t^0)$ 计算每个函数 $P(TTP)$ 和 $P(E_{最大})$ 的独立概率分布是可能的。确定共同概率分布 $P(TTP, E_{最大})$ 同样是可能的。例如, 当数据不是由于噪声或伪影而是由于真实的样本的复杂行为而偏离该模型时, 仅利用所测量的 t 和 S 的组合(每个将具有特定概率, 但是其他理论组合将具有零概率)。

[0090] 通常, 模型的偏离的一部分是因为噪声或伪影, 并且其他部分是由于真的不同物理行为。对优化处理, 可以预先确定两个函数之间的耦合的所需水平(通过参数 q_1, q_2)。原则上, 如果噪声和伪影相对较大, 则可以减少耦合比率(例如, 较小的 q)。但是, 如果噪声极小而真实行为远复杂于简单模型, 则可以增加TTP和 $E_{最大}$ 之间的耦合(例如, 增大 q)。

[0091] 图8图解地图示了优化过程的示例。在该图示中, F_v 表示针对感兴趣体积计算的一个峰变元相关性功能图。 F_v 是与两个峰相关的变元的函数。为了说明的简洁性, 突出此区域

内的两个相邻体素A和B。每个体素分别具有时间活动曲线信号 S_A 和 S_B (即,依赖于时间的信号或图像值)。

[0092] 在第一步(例如,基于预定义的模型),优化算法计算表示两个相关峰的特征时间。该算法为每个特征时间计算概率分布 P 以适应不确定性。在该示例中,体素A的特征时间最大概率是分别在第一峰和第二峰的 t_{A1}^0 和 t_{A2}^0 附近。

[0093] 该算法计算每个峰的预定义的变元,即, $\arg_1(t_{A1}^0)$ 和 $\arg_2(t_{A2}^0)$ 或更多。例如,所需的变元可能为 t_{A1}^0 和 t_{A2}^0 的邻近处的最大梯度。对于每个体素,计算两个(或原则上更多)变元之间的相关性函数 F_v 。例如,该函数能够通过 $\arg_2/(\arg_1+\arg_2)$ 定义。针对整个逐体素的图计算代价函数。例如该代价函数能够与相邻体素间的变量成比例。

[0094] 在优化迭代过程中,优化算法改变在时间上选定的两个峰的特征时间(针对所有体素或其部分),并且试图最小化图代价函数的值而同时增加(最大化)峰概率。该算法试图找到在两个要求(最小化图代价函数和最大化特征时间啊概率)间的最佳折衷。

[0095] 在该范例中,特征时间 t_{A1} 和 t_{A2} 选自前进的迭代步骤以取代 t_{A1}^0 和 t_{A2}^0 。在此情况中,如果 F_{vA} 至 F_{vB} 间的差异较开始时小,则 P_{A1} 和 P_{A2} 对应的概率较低但是作为结果 F_v 的代价函数同样较小(即,更佳)。在本图示中, t_{B1}^0 和 t_{B2}^0 未改变,但是当然通常其同样能够改变。

[0096] 在变型中,血流峰可能通过一个或多个不是特征时间的变量定义。在又一版本中,峰变元自身可以与直接计算的概率相关联,这能够用于优化过程而无需特征时间定义。

[0097] 已参考优选的实施例描述了本发明。他人在阅读和理解上述详细的说明书的基础上能够进行修改和变型。本发明旨在被解释为包括权利要求或其等价方案的范围内的所有修改和变型。

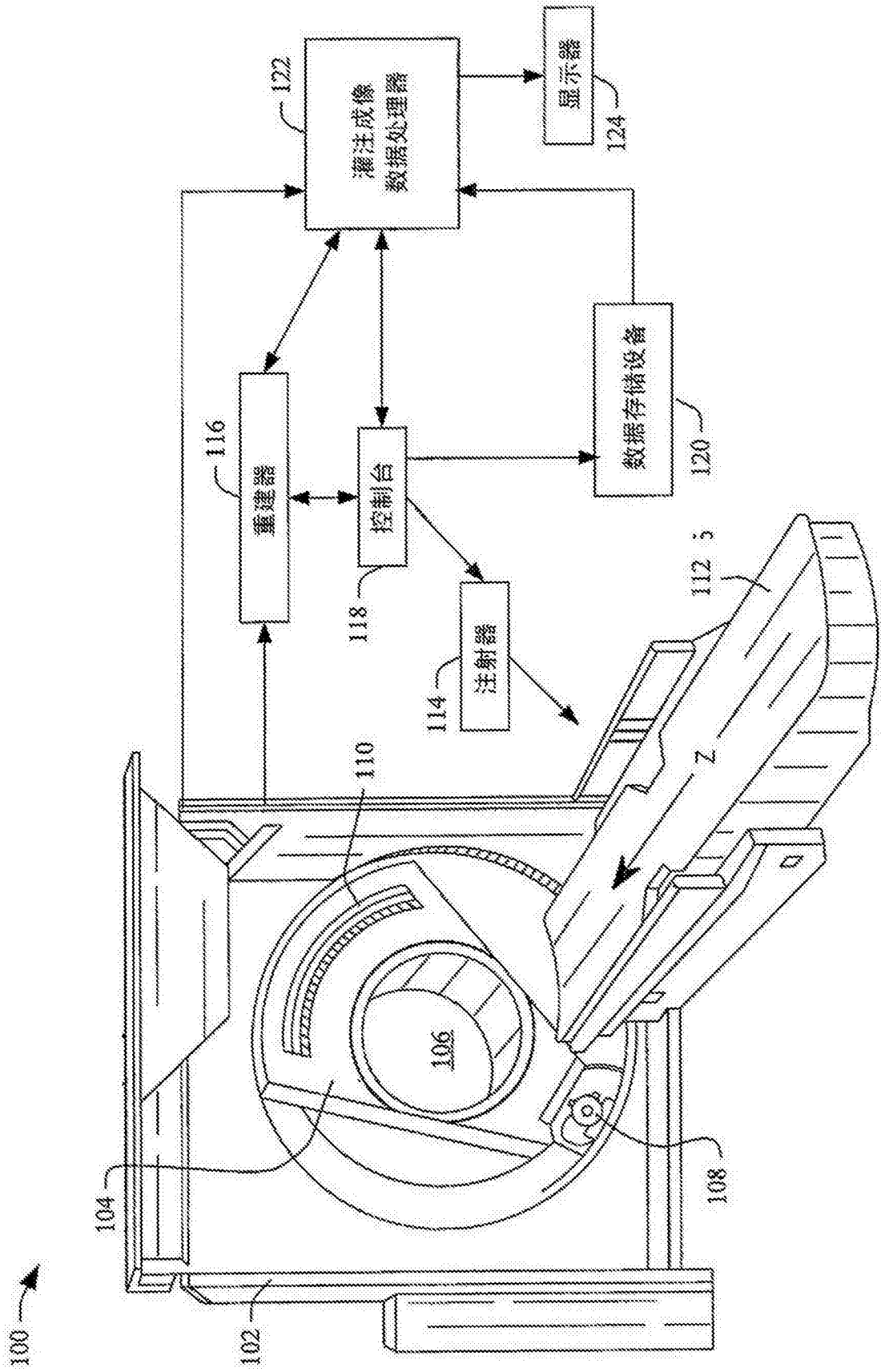


图1

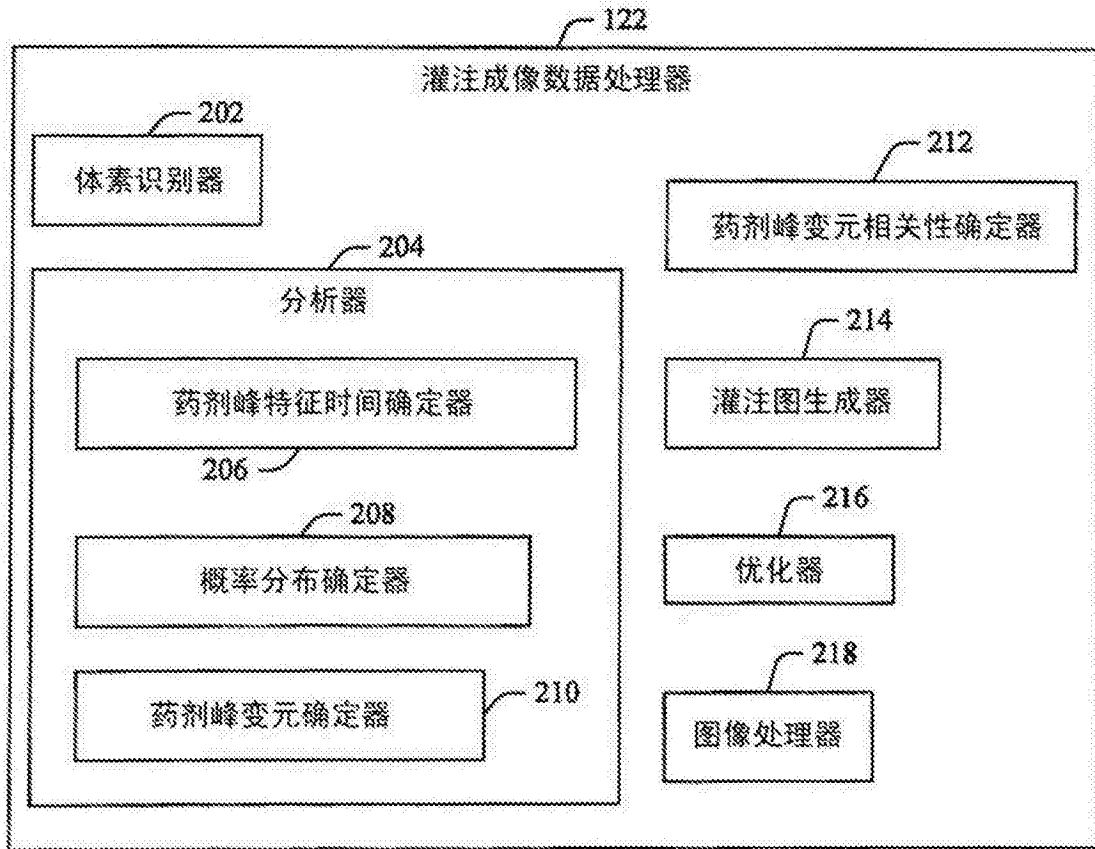


图2

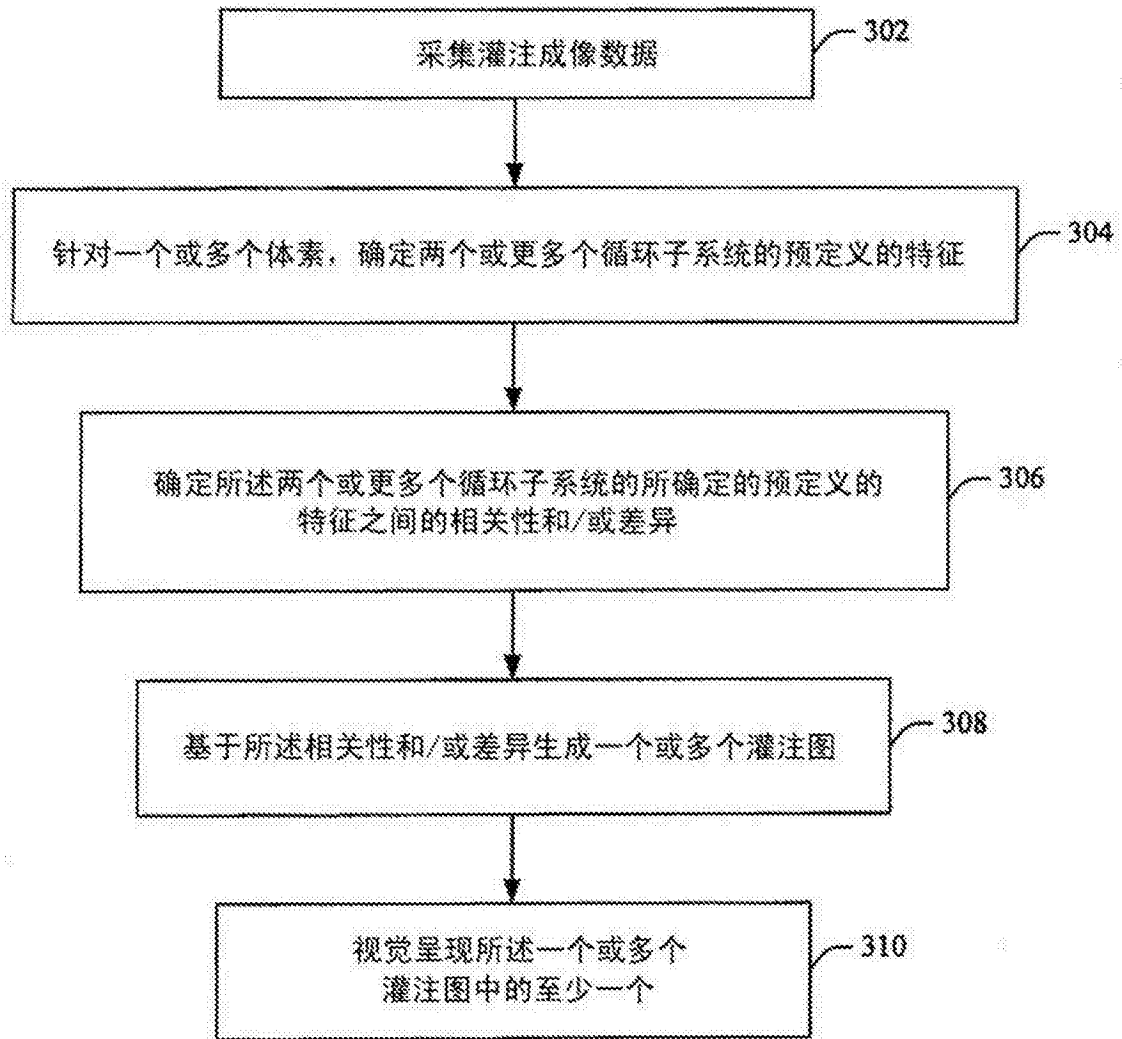


图3

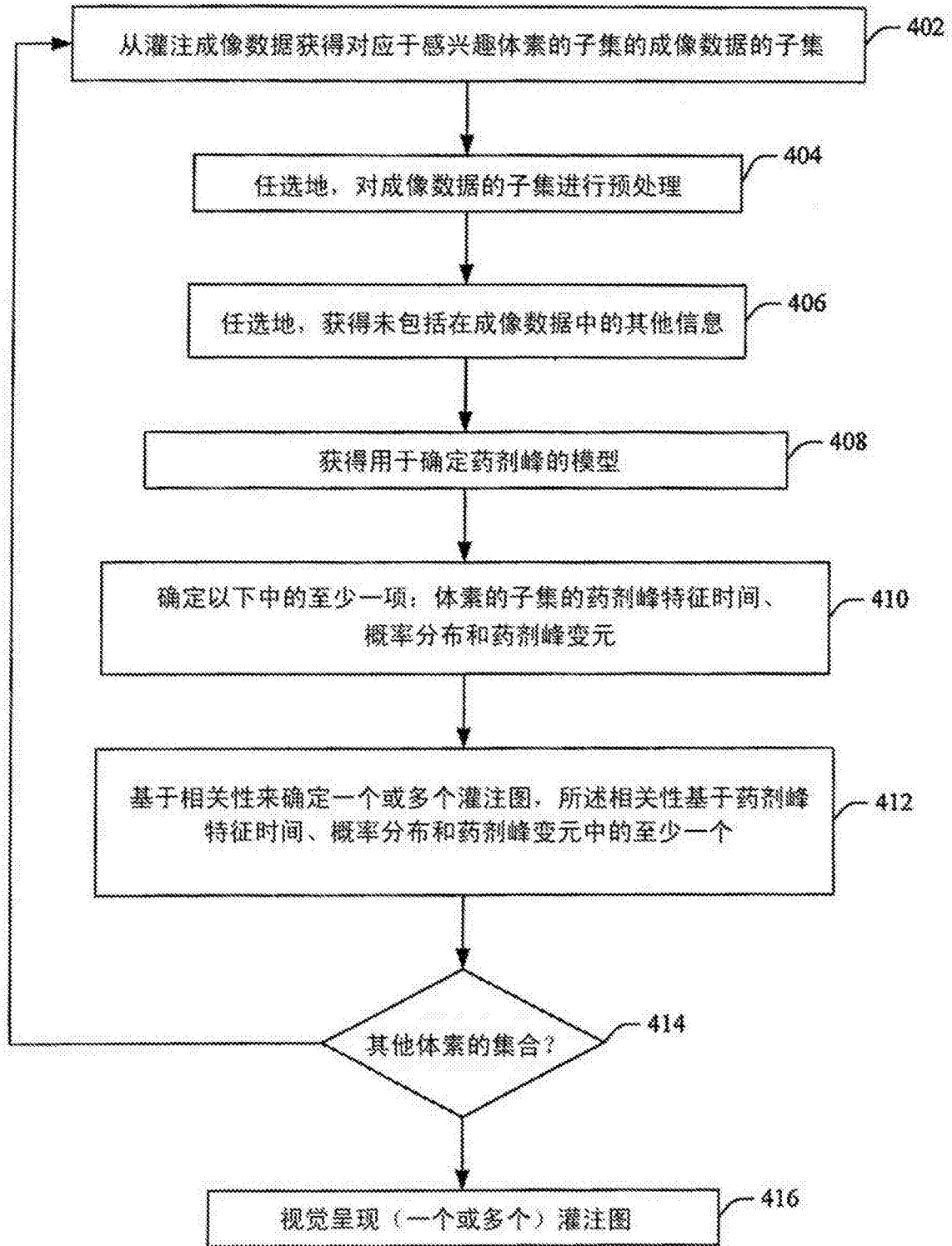


图4

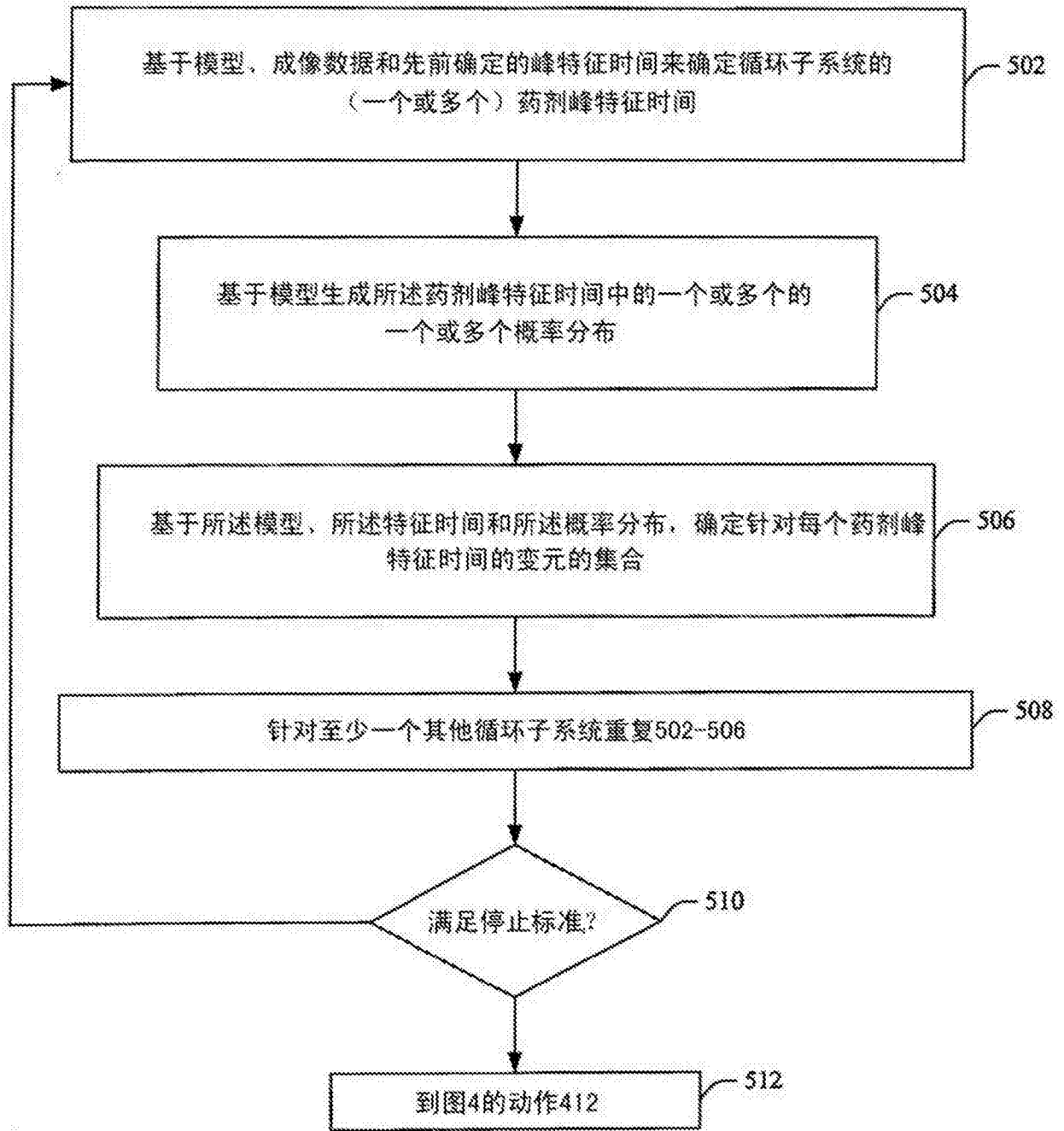


图5

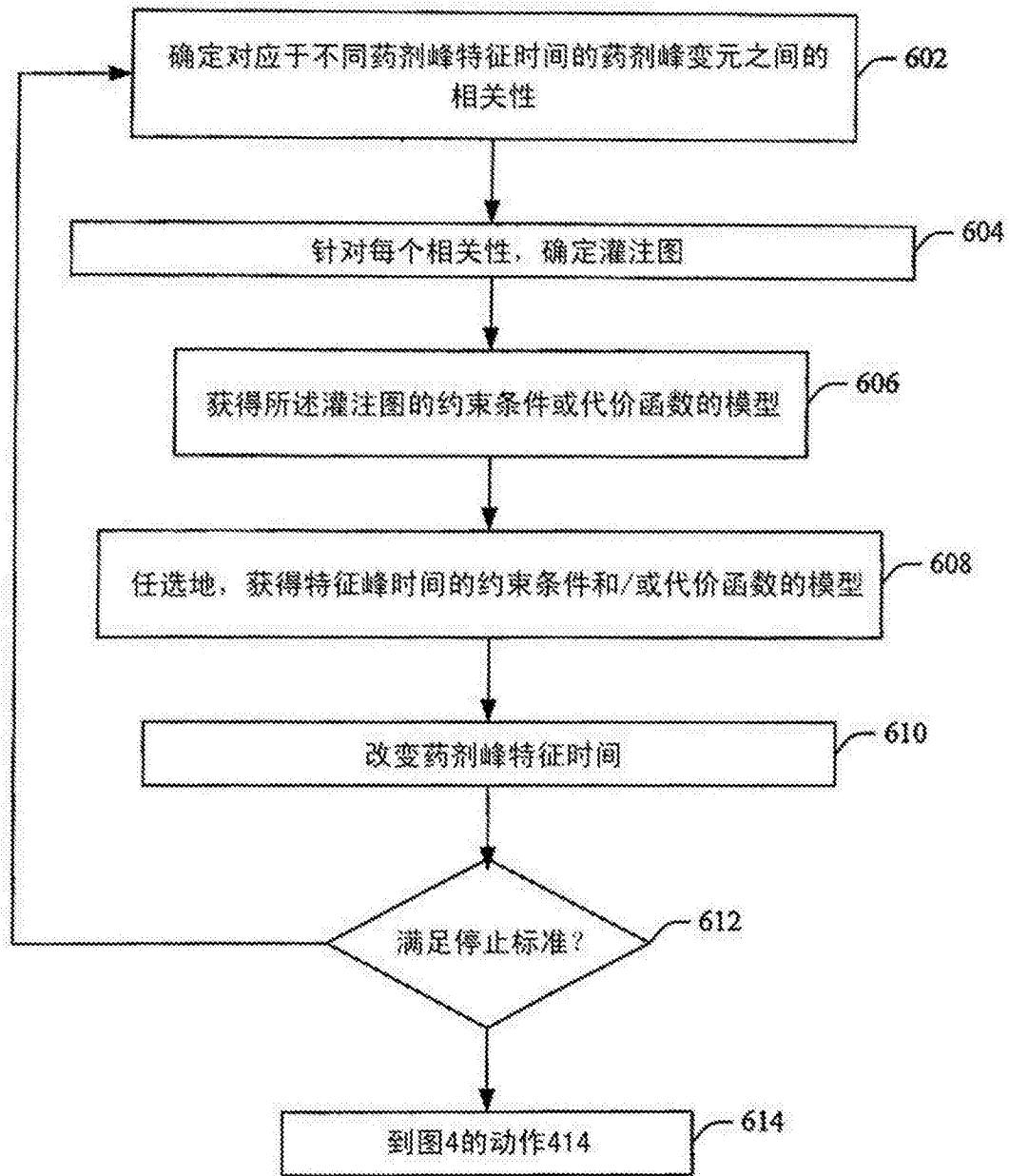


图6

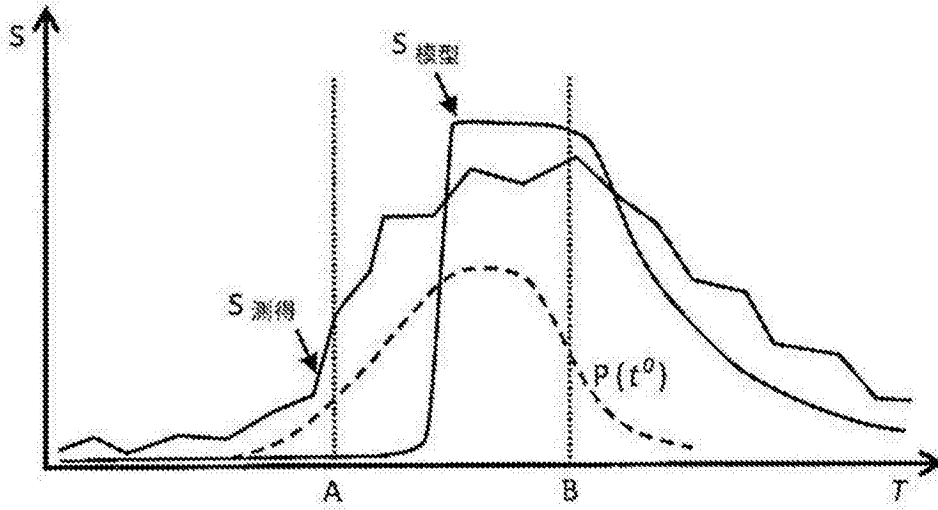


图7

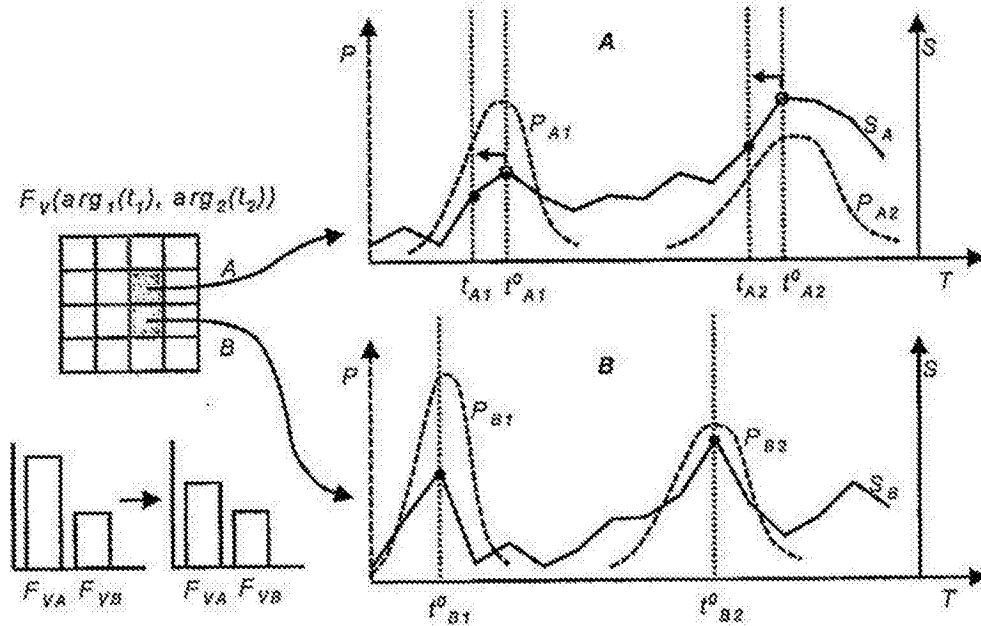


图8