

VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ

Fakulta elektrotechniky
a komunikačních technologií

DIZERTAČNÍ PRÁCE

Brno, 2018

Ing. Marie Mangová



VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ

BRNO UNIVERSITY OF TECHNOLOGY

**FAKULTA ELEKTROTECHNIKY
A KOMUNIKAČNÍCH TECHNOLOGIÍ**

FACULTY OF ELECTRICAL ENGINEERING AND COMMUNICATION

ÚSTAV TELEKOMUNIKACÍ

DEPARTMENT OF TELECOMMUNICATIONS

**ZVÝŠENÍ ROZLIŠENÍ PERFÚZNÍHO ZOBRAZOVÁNÍ
MAGNETICKOU REZONANCÍ
POMOCÍ KOMPRIMOVANÉHO SNÍMÁNÍ**

INCREASING RESOLUTION IN PERFUSION MAGNETIC RESONANCE IMAGING
USING COMPRESSED SENSING

DIZERTAČNÍ PRÁCE
DOCTORAL THESIS

AUTOR PRÁCE
AUTHOR

Ing. Marie Mangová

ŠKOLITEL
SUPERVISOR

doc. Mgr. Pavel Rajmic, Ph.D.

BRNO 2018

ABSTRAKT

Perfúzní zobrazování v magnetické rezonanci je lékařská diagnostická metoda, která vyžaduje vysoké prostorové i časové rozlišení. Toto vysoké rozlišení je důležité proto, aby bylo možné zachytit dynamiku nitrožilně podané kontrastní látky, která se pro měření perfúze používá. Magnetická rezonance má však svá fyzikální omezení, která nedovolují dosáhnouti současně vysokého časového i prostorového rozlišení.

Práce se zabývá komprimovaným snímáním, které umožňuje rekonstrukci obrazu i z relativně malého počtu naměřených dat (pod Nyquistovým kritériem), zatímco rozlišení potřebné k perfúzní analýze se zvýší. Toho lze dosáhnout pomocí vhodně navržených apriorních informací o snímaných datech a sestavení modelu. Rekonstrukce pak probíhá jako optimalizační problém.

Dizertační práce přináší několik nových rekonstrukčních modelů, dále navrhuje metodu, jak zmenšit vychýlenost těchto odhadů, a zkoumá vliv komprimovaného snímání na perfúzní parametry. Celá práce je zakončena rozšířením komprimovaného snímání na trojrozměrná data, u kterých je rovněž popsán vliv rekonstrukce na perfúzní parametry. Celkově práce ukazuje, že díky komprimovanému snímání je možné zvýšit buď časové rozlišení při ponechání prostorového rozlišení, nebo při ponechání časového rozlišení lze zvýšit prostorové rozlišení.

KLÍČOVÁ SLOVA

Komprimované snímání, perfúzní zobrazování, zobrazování magnetickou rezonancí, zvýšení rozlišení, proximální algoritmy.

ABSTRACT

Perfusion magnetic resonance imaging is a medical diagnostic method which requires high spatial and temporal resolution simultaneously to capture dynamics of an intravenous contrast agent which is used to perfusion measurement. However, magnetic resonance imaging has physical limits which do not allow to have this resolution simultaneously.

This thesis deals with compressed sensing which enables to reconstruct measured data from relatively few acquired samples (below Nyquist rate) while resolution required to perfusion analysis is increased. This aim could be achieved with suitably proposed apriory information about sensed data and model proposal. The reconstruction is then done as an optimization problem.

Doctoral thesis brings several new reconstruction models, further proposes method to de-bias this estimates and examines influence of compressed sensing onto perfusion parameters. Whole thesis is ended with extension of compressed sensing into three-dimensional data. Here, the influence of reconstruction onto perfusion parameters is also described. In summary, the thesis shows that due to compressed sensing, temporal resolution can be increased with the fixed spatial resolution or spatial resolution can be increased with the fixed temporal resolution.

KEYWORDS

Compressed sensing, perfusion imaging, magnetic resonance imaging, increasing resolution, proximal algorithms.

MANGOVÁ, Marie. *Zvýšení rozlišení perfúzního zobrazování magnetickou rezonancí pomocí komprimovaného snímání*. Brno, 2018, 104 s. Dizertační práce. Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Ústav telekomunikací. Vedoucí práce: doc. Mgr. Pavel Rajmic, Ph.D.

PROHLÁŠENÍ

Prohlašuji, že svou dizertační práci na téma „Zvýšení rozlišení perfúzního zobrazování magnetickou rezonancí pomocí komprimovaného snímání“ jsem vypracovala samostatně pod vedením školitele dizertační práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou všechny citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce.

Jako autorka uvedené dizertační práce dále prohlašuji, že v souvislosti s vytvořením této dizertační práce jsem neporušila autorská práva třetích osob, zejména jsem nezasáhla nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a/nebo majetkových a jsem si plně vědoma následků porušení ustanovení § 11 a následujících autorského zákona č. 121/2000 Sb., o právu autorském, o právech souvisejících s právem autorským a o změně některých zákonů (autorský zákon), ve znění pozdějších předpisů, včetně možných trestněprávních důsledků vyplývajících z ustanovení části druhé, hlavy VI. díl 4 Trestního zákoníku č. 40/2009 Sb.

Brno

.....

podpis autorky

PODĚKOVÁNÍ

Během celého doktorského studia jsem potkala mnoho lidí, kteří mi pomohli se studiem, ať už svými odbornými radami nebo podporou.

Na prvním místě bych chtěla poděkovat doc. Mgr. Pavlu Rajmicovi, Ph.D., který byl příkladným školitelem, který pro své doktorandy udělá první poslední, a bez něhož by tato práce nemohla vzniknout. I přes mnoho jiných pracovních povinností si vždy našel čas na odbornou radu, konzultace a přinášení podnětných návrhů k práci. Také jeho povzbuzování ve chvílích vědeckého nezdaru bylo nepostradatelné.

Dále bych ráda poděkovala dalším konzultantům své práce. Na mé dotazy ohledně perfúzního zobrazování v magnetické rezonanci mi trpělivě odpovídal Ing. Radovan Jiřík, Ph.D. z ÚPT, AV ČR, díky kterému jsem měla k dispozici data z měření v magnetické rezonanci. S algoritmizací optimalizačních problémů mi radil RNDr. Michal Šorel, Ph.D., kterého jsem navštívila během několika krátkých stáží na jeho domovském institutu ÚTIA, AV ČR v Praze. Další podmětné návrhy přicházely zejména z řad ostatních členů našeho výzkumného týmu.

Na závěr bych chtěla poděkovat své rodině. Jednak patří velký dík mým rodičům, kteří mi umožnili jít studovat a kteří mě ve studiu podporovali. Pak také chci poděkovat mému manželovi Markovi. Zejména při dokončování dizertace, kdy se nám narodil syn Toníček, byla pomoc celé rodiny (včetně mých sourozenců) nepostradatelná.

Tato práce vznikla díky podpoře projektu GAČR, GA16-13830S, 2016–2018.

Brno

.....

podpis autorky



Faculty of Electrical Engineering
and Communication
Brno University of Technology
Purkynova 118, CZ-61200 Brno
Czech Republic
<http://www.six.feec.vutbr.cz>

PODĚKOVÁNÍ

Výzkum popsany v této dizertační práci byl realizován v laboratořích podpořených z projektu SIX; registrační číslo CZ.1.05/2.1.00/03.0072, operační program Výzkum a vývoj pro inovace.

Brno

.....

podpis autorky



EVROPSKÁ UNIE
EVROPSKÝ FOND PRO REGIONÁLNÍ ROZVOJ
INVESTICE DO VAŠÍ BUDOUCNOSTI



OBSAH

Úvod	9
1 Zobrazování magnetickou rezonancí	11
1.1 Hlavní magnetické pole B_0	11
1.2 Radiofrekvenční pole B_1	13
1.3 Lineární gradientní pole G	14
1.4 Metody snímání dat	15
1.4.1 Metoda saturation recovery	15
1.4.2 Technika inversion recovery	16
1.4.3 Spin-echo sekvence	16
1.4.4 Technika gradient-echo	16
1.5 Matematický model (popis) MRI	17
1.6 Perfúzní zobrazování	18
1.6.1 Modelování perfúzního zobrazování	19
2 Zvýšení rozlišení perfúzního zobrazování v MR	22
2.1 Nekartézské trajektorie	22
2.1.1 Rekonstrukce dat z nekartézských souřadnic	24
2.2 Paralelní zobrazování	28
2.3 Komprimované snímání	30
2.3.1 Typy apriorních znalostí $f(\mathbf{M})$ – modely CS v MRI	32
2.3.2 Proximální optimalizační metody	37
3 Cíle dizertační práce	42
4 Využití nových apriorních informací pro CS	43
4.1 Lokální L+S model	43
4.1.1 Navržený model	43
4.1.2 Ověření navržené metody	43
4.2 Lokální L+S model zahrnující anatomickou informaci	49
4.2.1 Navržený model	49
4.2.2 Ověření navržené metody	49
4.3 Rozšíření mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu	54
4.3.1 Navržený model	54
4.3.2 Ověření navržené metody	54
4.4 Model s omezenými diferencemi	57
4.4.1 Navržený model	57
4.4.2 Ověření navržené metody	57

5	Redukce vychýlenosti odhadů MRI rekonstrukcí	63
5.1	Popis metody	63
5.2	Ověření metody	64
5.2.1	Data	64
5.2.2	Rekonstrukce a výsledky	64
6	Vliv komprimovaného snímání na perfúzní parametry	68
6.1	Metoda	68
6.2	Výsledky	69
7	Rozšíření na 3D data	74
7.1	Metoda	74
7.2	Ověření metody	74
7.2.1	Data	74
7.2.2	Rekonstrukce	75
7.2.3	Výsledky	76
	Závěr	88
	Publikace autorky	90
	Literatura	92
	Seznam použitých zkratk a symbolů	102
	Použité symboly	102
	Použité zkratky	102
A	Obsah CD	104

ÚVOD

Magnetická rezonance (MR) je jednou z nejuniverzálnějších lékařských zobrazovacích technik – dokáže zobrazit jak anatomickou strukturu těla, tak i funkční a metabolické procesy uvnitř jednotlivých orgánů [51] a lze ji využít i pro zjištění molekulárního složení tkáně [89]. Navíc má tu výhodu, že nenese žádná rizika způsobená ionizujícím zářením, jako je tomu např. u počítačové tomografie či pozitronové emisní tomografie.

V poslední době je věnovaná zvýšená pozornost dynamickému zobrazování v magnetické rezonanci, které umožňuje sledování fyziologie vnitřních orgánů. Tzv. perfúzní zobrazování je druhem dynamického zobrazování, které využívá pro sledování dynamiky průtoku krve kontrastní látku. Pomocí této lékařské diagnostické metody lze určit onkologická a kardiovaskulární onemocnění a umožnit jejich efektivní léčbu [52]. Při perfúzním zobrazování je sledovaná dynamika kontrastní látky po jejím nitrožilním aplikování. Průběh koncentrace kontrastní látky v čase ve sledované oblasti (orgánu, jeho části či samostatném voxelu) nazývaný perfúzní křivka je pak dále analyzován (tzv. perfúzní analýza) podle zvoleného farmakokinetického modelu. Odtud jsou pak získány odhady perfúzních parametrů nezbytných pro diagnózu [13, 47].

Běžně používané modely perfúzního zobrazování odhadují pouze několik málo perfúzních parametrů. Pro odhad dalších perfúzních parametrů je potřeba využít složitější farmakokinetické modely. Zejména vysoké časové rozlišení je klíčové pro odhad perfúzních parametrů. Při nedostatečném časovém rozlišení totiž není dostatečně zachycena dynamika kontrastní látky, a tak dochází ke zkreslení perfúzních parametrů. Současně je však nutné mít pro odhad i dostatečné prostorové rozlišení, které je ovšem zároveň limitované časovým rozlišením. Z tohoto důvodu je obvykle stanovené potřebné minimální časové rozlišení a adekvátně k tomu prostorové rozlišení, které bývá poměrně nízké (2D řez s malým prostorovým rozlišením).

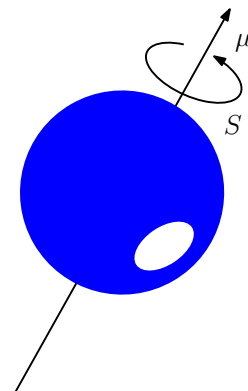
Existuje několik typů metod, které umožňují zvýšit časové a prostorové rozlišení při perfúzním zobrazování v magnetické rezonanci. Tyto techniky zahrnují měření na nekartézských souřadnicích [16, 60, 64, 82, 91, 99], měření více přijímacími cívkami [28, 41, 78, 95] (tzv. paralelní zobrazování) nebo použití komprimovaného snímání [22, 30, 32, 39, 46, 64] (měření dat pod Nyquistovým kritériem při využití apriorních informací), převážně kterým se tato práce zabývá. Tyto metody lze použít zvlášť, ale lze je rovněž kombinovat.

Celá práce je strukturovaná následujícím způsobem. Úvodní kapitola 1 se zabývá principem fungování magnetické rezonance včetně jejího matematického modelování. Rovněž představuje perfúzní zobrazování a analýzu. Kapitola 2 popisuje metody zvýšení rozlišení perfúzního zobrazování v magnetické rezonanci. Obzvláště

se pak věnuje komprimovanému snímání. V kapitole 3 jsou shrnuty dosažené cíle dizertační práce. Následující kapitola 4 pojednává o čtyřech navržených nových modelech pro komprimované snímání a dosažených výsledcích. Kapitola 5 se zabývá redukcí vychýlenosti MRI obrazů. V kapitole 6 je rozebráno, jaký vliv má komprimované snímání na perfúzní parametry. Rozšíření komprimovaného snímání na 3D data včetně popisu jeho vlivu na perfúzní parametry je popsáno v kapitole 7. Pak následuje již jen shrnutí v závěru, seznam literatury včetně vlastních publikací autorky, následuje seznam použitých zkratk a symbolů a v příloze je popsán obsah CD, na kterém se nacházejí programy vzniklé v rámci této práce.

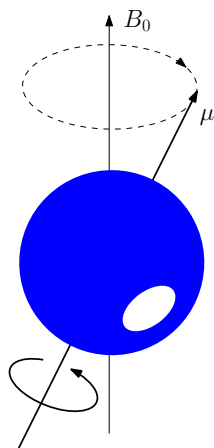
1 ZOBRAZOVÁNÍ MAGNETICKOU REZONANCÍ

Magnetická rezonance (MR) je lékařská zobrazovací technika používaná k vyobrazení požadovaných oblastí uvnitř lidského těla. V magnetické rezonanci se využívá interakce silného magnetického pole s jádrem atomů. Atomy s lichým počtem protonů nebo neutronů mají nenulový jaderný (nukleární) spin S [44], který je dán kombinací spinů v něm obsažených nukleonů. Atomové jádro je nabitá částice, proto díky spinu (rotaci) generuje jaderný magnetický moment μ [44] (viz obr. 1.1). MR konkrétně využívá interakce těchto spinů se třemi typy magnetického pole [70]: 1) hlavního magnetického pole B_0 , 2) radiofrekvenčního pole B_1 a 3) lineárního gradientního pole G . V MR se nejčastěji využívá jader vodíku [63], který se nejvíce vyskytuje v živých organismech (je obsažen ve vodě) a dává nejsilnější signál. Voda tvoří dvě třetiny lidského těla, proto je MRI vhodné prakticky pro zobrazení všech měkkých tkání s výjimkou kostí, ve kterých není téměř žádná voda [63].



Obr. 1.1: Znárodnění spinu S a magnetického momentu μ atomového jádra.

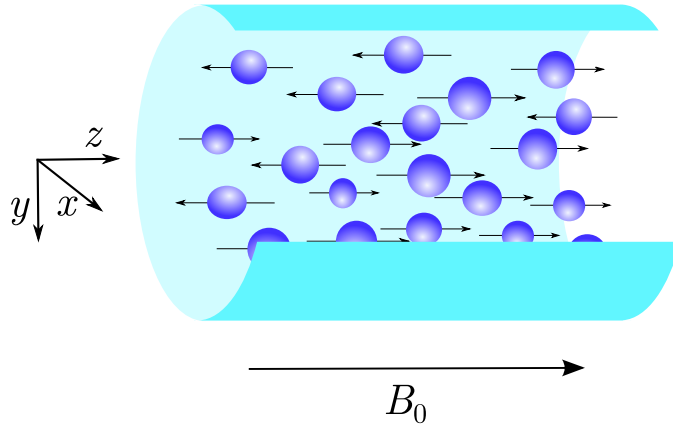
1.1 Hlavní magnetické pole B_0



Obr. 1.2: Precesní pohyb protonu v magnetickém poli s indukcí B_0 .

Za běžných podmínek jsou osy rotace protonů (spiny) nahodile orientovány v prostoru a celkový magnetický moment je díky tomu nulový [37]. Avšak v přítomnosti vnějšího silného magnetického pole s indukcí B_0 nastanou dvě zásadní změny. Za prvé dojde ke srovnání vektorů magnetických momentů ve směru siločar tohoto pole [70] (obr. 1.3), díky čemuž již není celkový magnetický moment jader nulový, ale má velikost označovanou jako M_0 . Podle konvence se do tohoto směru umísťuje osa z (obr. 1.3) nebo se také nazývá podélný směr [70]. Většina protonů se orientuje souhlasně (energeticky méně náročný stav), ale některé jsou orientovány nesouhlasně [37].

Za druhé protony začnou vykonávat precesní pohyb (obr. 1.2) – rezonují na Larmorově frekvenci ω_0 (f_0) [70], což je frekvence precesního pohybu. Tato frekvence závisí na intenzitě



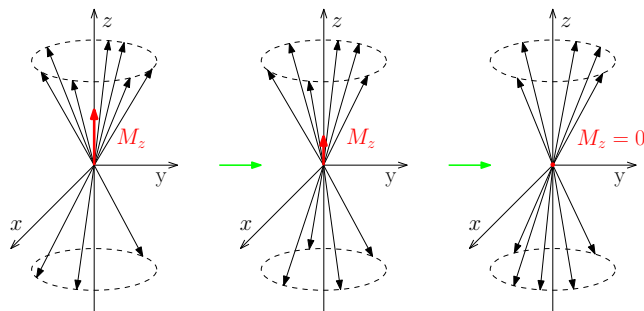
Obr. 1.3: Srovnání os protonů podél magnetického pole a vyznačený souřadný systém.

magnetického pole B_0 [70]:

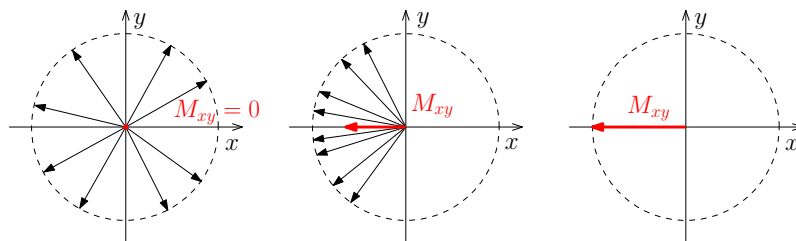
$$\omega_0 = \gamma B_0, \text{ tedy } f_0 = \frac{1}{2\pi} \gamma B_0,$$

kde γ je tzv. gyromagnetický poměr, což je konstanta specifická pro každý typ atomu (pro vodík 1H je $\gamma/2\pi = 42,58$ MHz/T). Díky tomu se dají zobrazovat nezávisle různé typy atomových jader, čehož se využívá v tzv. MR spektroskopii [89]. Matematicky lze chování vektoru magnetizace ve vnějším magnetickém poli popsat pomocí tzv. Blochovy rovnice [70].

Využívané magnety jsou většinou supravodivé a běžně v klinické praxi mají 1,5 T nebo 3 T, výjimečně i 7 T [59], ale ve výzkumu se používá až 12 T. Pro porovnání – magnetické pole Země je silné přibližně $5 \cdot 10^{-5}$ T [63].



Obr. 1.4: Po přidání RF pulzu může být více protonů orientováno antiparalelně.



Obr. 1.5: RF pulz sjednotí fáze precesí jednotlivých protonů.

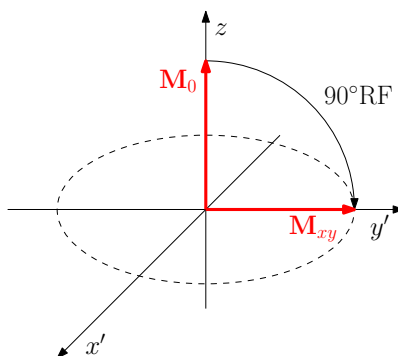
1.2 Radiofrekvenční pole B_1

V přítomnosti statického magnetického pole B_0 je výsledný vektor magnetizace tkáně v ustáleném stavu rovnoběžný se směrem vnějšího magnetického pole [37], a proto není pozorovatelný. Aby byl měřitelný, je potřeba ho (částečně) sklopit do roviny příčné (transverzální) xy , ve které je umístěna přijímací cívka. K tomu slouží radiofrekvenční (RF) magnetický pulz B_1 [70] aplikovaný v rovině xy a naladěný na rezonanční (Larmorovu) frekvenci spinů, který způsobí vychýlení spinů z rovnovážného stavu.

Díky radiofrekvenčnímu pulzu je více protonů orientováno antiparalelně (tj. rovnoběžně, ale s opačnou orientací) k magnetickému poli [37], čímž dochází ke změně vektoru magnetizace tkáně ve směru z (viz obr. 1.4), a navíc se fáze precesí sjednotí [37], čímž vznikne příčná složka vektoru magnetizace (viz obr. 1.5).

V otáčivém souřadném systému, jehož osa z se shoduje s původní a jehož osy x' , y' rotují s Larmorovou frekvencí kolem osy z , se bude pohyb vektoru tkáňové magnetizace jevit jako pouhé sklápění do roviny xy [70] (obr. 1.6), přičemž úhel sklopení závisí na velikosti RF pulzu a délce jeho trvání. Nejčastěji se využívá RF pulz, který sklápí vektor o 90° .

Po dodání energie 90° radiofrekvenčním pulzem začnou vektory magnetizace rotovat v rovině xy s Larmorovou frekvencí [70]. V případě menšího sklápěcího úhlu



Obr. 1.6: Sklápění vektoru magnetizace do roviny xy přidáním 90° RF pulzu.

nebude celý vektor magnetizace v této rovině, ale pouze jeho příčná složka M_{xy} . Poté nastane relaxace vektoru magnetizace zpátky do ekvilibria (rovnovážného stavu ve směru siločar magnetického pole B_0), přičemž délka tohoto vektoru se postupně mění. Vektor tkáňové magnetizace M_z ve směru osy z nabývá opět svou velikost (tzv. podélná longitudinální neboli spin-mřížková relaxace [37]). Časový průběh nárůstu je exponenciální, přičemž časová konstanta charakterizující tento průběh se nazývá T_1 [37] a představuje čas, za jaký dojde k obnovení M_z na 63 % své původní velikosti. Také přestane působit synchronizační efekt radiofrekvenčního pulzu. Vlivem magnetických polí jednotlivých částic, které způsobují drobné lokální nehomogeneity magnetického pole, budou jednotlivé protony precedovat s nepatrně rozdílnými kmitočty a dojde tak k postupné ztrátě fázové jednotnosti precedujících protonů (spin-spinová relaxace [37]), a tím také k zániku příčné složky vektoru tkáňové magnetizace M_{xy} . Změna velikosti v čase má také charakter exponenciály a časová konstanta T_2 [37] pak udává čas, za který dojde k poklesu velikosti M_{xy} na 37 % svého maxima. Ve skutečnosti je pokles příčné složky tkáňové magnetizace ovlivněn ještě drobnými změnami v nehomogenitě vnějšího magnetického pole. Pokles je tak podstatně strmější a příslušnou relaxační konstantu označujeme T_2^* [37]. U všech typů tkání platí, že vždy $T_2 < T_1$. Tyto dvě relaxační konstanty spolu s hustotou atomů jsou důležitými MR parametry, díky kterým lze rozlišovat jednotlivé tkáně.

Podle Faradayova zákona indukce [44] způsobují rotující vektory magnetizace indukci elektrického napětí v přijímací cívce umístěné tak, aby snímala změny magnetizace v rovině xy . Takto získaný signál se označuje FID [70] (free induction decay), který má harmonický průběh (kvůli rotacím vektorů magnetizace) s exponenciálně klesající amplitudou (vektory magnetizace se vrací do směru z , signál z roviny xy slábne). FID signál se dále zaznamenává a jeho zpracováním se posléze rekonstruuje MR obraz.

1.3 Lineární gradientní pole G

Pokud je použité hlavní statické magnetické pole B_0 ve směru z , pak všechny spiny mají stejnou rezonanční frekvenci $\omega_0 = \gamma B_0$ [70] a po excitaci oscilují, a tím indukují signál na této frekvenci. Protože přijímací cívka zaznamenává signál z celé oblasti zájmu, není možné excitovat pouze vybranou část objemu, a tak rozlišit signál přicházející z různých lokalit. Proto se přidává další slabší magnetické pole, tzv. lineární gradientní pole [64], jehož gradient je $\mathbf{G} \in \mathbb{R}^3$. Toto gradientní pole způsobí, že se kmitočet precese bude lineárně lišit v závislosti na prostorových souřadnicích $\mathbf{z} \in \mathbb{R}^3$ [70]:

$$\omega(\mathbf{z}) = \gamma(B_0 + \langle \mathbf{G}, \mathbf{z} \rangle) = \omega_0 + \gamma \langle \mathbf{G}, \mathbf{z} \rangle, \quad (1.1)$$

kde $\langle \mathbf{G}, \mathbf{z} \rangle$ značí skalární součin \mathbf{G} a \mathbf{z} . Gradientní pole stále nechává výsledné magnetické pole ve směru z , ale jeho intenzita se lineárně liší v prostoru. Frekvence spinů je potom také funkcí prostorových souřadnic.

Gradientní pole přichází na řadu po excitaci RF pulzem [64]. Zaznamenaný FID signál obsahuje oscilace z celého excitovaného objemu, ale s frekvencí lineárně se mění podle polohy. Díky tomu je možné pomocí Fourierovy transformace FID signálu určit příspěvky všech frekvenčních složek, které odpovídají jednotlivým pozicím v prostoru. Tímto způsobem lze zrekonstruovat Fourierovou transformací 1D data [70]. Po provedení více měření FID signálu s různě nastaveným gradientním polem lze pak získat celý 2D (3D) obraz (podrobněji viz část 1.5).

1.4 Metody snímání dat

Snahou zobrazování v MR je zobrazit jednotlivé tkáně, které od sebe budou rozlišitelné díky kontrastu mezi nimi. Ten ovlivňuje protonová hustota a relaxační časy T_1 a T_2 (resp. T_2^*) [37]. K dosažení potřebného kontrastu se proto využívají tzv. pulzní sekvence [37], kdy se kromě radiofrekvenčního pulzu použije celá řada po sobě následujících pulzů, mezi kterými jsou krátké prodlevy. Mezi hlavní typy pulzních sekvencí patří metoda saturation recovery [48], inversion recovery [48], spin-echo sekvence [37] a gradient-echo sekvence [37].

1.4.1 Metoda saturation recovery

Tato zobrazovací metoda se skládá z několika po sobě jdoucích rovnoměrně časově rozložených RF pulzů, z nichž každý otáčí vektor magnetizace o 90° . Po prvním RF pulzu se vektor magnetizace sklopí do roviny xy a poté se na něm začne uplatňovat relaxace. Protože různé tkáně mají různou hodnotu T_1 , bude rychlost podélné relaxace v různých tkáních rozdílná. Poté jsou přidány další 90° RF pulzy, po kterých se ihned měří FID. Interval mezi po sobě jdoucími pulzy se označuje jako doba opakování pulsu TR (pulse repetition time). V oblastech s krátkým relaxačním časem T_1 se vektor po prvním pulzu vrátí do polohy blízko osy z a po aplikaci druhého pulzu se sklopí mírně pod rovinu xy . Naopak v oblastech s dlouhým relaxačním časem T_1 se vektor vrací pouze těsně nad rovinu xy , takže se po druhém RF pulzu dostane hodně pod rovinu xy . Díky tomu se bude FID signál lišit v tkáních s různou relaxační dobou T_1 (obdobně po dalších pulzech). Vhodným nastavením času TR lze docílit optimálního kontrastu zobrazovaných tkání. [2], [48, 37]

1.4.2 Technika inversion recovery

Zobrazování pomocí inversion recovery je tvořeno sekvencí dvou pulzů. Jako první je použit 180° RF pulz, který překlápí vektor magnetizace z kladného směru osy z do záporného. Poté se začne uplatňovat relaxace T_1 a magnetizace se vrací do rovnovážného stavu. Potom následuje 90° RF pulz, který překlápí vektor magnetizace do roviny xy , a po něm se měří FID. Vektor magnetizace, který se rychle vrátí do kladného směru osy z kvůli krátkému T_1 , se po excitaci druhým RF pulzem dostane do kladného směru osy x , díky čemuž dostaneme pozitivní signál zobrazovaný jako světlá část obrazu, zatímco vektor v tkáních s dlouhou T_1 se dostane do záporného směru (tmavá část obrazu). Ve srovnání s metodou saturation recovery přikládá metoda inversion recovery větší váhu na T_1 , takže je vhodná, pokud potřebujeme dostat vysoký kontrast. [2], [48, 37]

1.4.3 Spin-echo sekvence

Skládá se z 90° RF pulzu a jednoho nebo několika následujících 180° RF pulzů. Po 90° RF pulzu je vektor magnetizace sklopený do roviny xy a začíná se projevovat T_2 relaxace, kdy dochází k rozfázování. Následuje-li ale další 180° RF pulz, který překlápí jednotlivé spiny v rovině xy o 180° , spiny se opět sfázují a v přijímací cílce je detekován echo signál závislý na T_2 tkáně (T_2^* se neuplatní – vliv nehomogenity B_0 při rozfázování se vyruší při sfázování). Kontrast v obrázku lze nastavit pomocí času TR (time repeat) a TE (time echo). Bude-li $TR \gg T_1$, pak bude obrázek T_2 -váhovaný. Bude-li TR srovnatelný s T_1 , bude obrázek při malých TE T_1 -váhovaný, při větších TE T_2 -váhovaný. [2], [48, 37]

1.4.4 Technika gradient-echo

Tato sekvence začíná (90°) RF pulzem, který sklopí vektor magnetizace (do roviny xy). K vyvolání echa je zde ale na rozdíl od předešlé techniky použit gradient magnetického pole místo dalšího pulzu. Je-li k magnetickému poli B_0 přidáno gradientní magnetické pole, budou sousedící protony precedovat s mírně odlišnou Larmorovou frekvencí. To způsobí rozfázování jednotlivých spinů. Následuje gradient s opačným znaménkem, který znovu sfázuje jednotlivé spiny, a tím vyvolá echo. Pokles amplitudy FID signálu je tady závislý na relaxačním čase T_2^* , a obrázek tedy bude T_2^* -váhovaný. Tato technika pracuje s menšími časy TE než předchozí a pro excitaci se využívá menších sklápěcích úhlů než 90° , což vede k možnosti kratších časů TR. Proto se jedná o velmi rychlou zobrazovací techniku, která slouží jako základ zobrazovacích technik používaných v současnosti jako je např. FLASH [43] využívaný při dynamickém zobrazování. [2], [48, 37]

1.5 Matematický model (popis) MRI

Magnetizaci $M_{xy}(\mathbf{z})$ v rovině xy na pozici $\mathbf{z} \in \mathbb{R}^3$ můžeme zapsat ve tvaru $M_{xy}(\mathbf{z}) = m(\mathbf{z})e^{-i\phi(\mathbf{z})}$, kde $m(\mathbf{z})$ je modul a $\phi(\mathbf{z})$ fáze. Frekvence precese (Larmorova) v přítomnosti gradientního pole je dána vztahem (1.1):

$$\omega(\mathbf{z}) = \gamma(B_0 + \langle \mathbf{G}, \mathbf{z} \rangle).$$

Pokud se gradient \mathbf{G} mění v čase, fáze magnetizace $\phi(\mathbf{z}) = \phi(\mathbf{z}, t)$ je integrál [39]

$$\phi(\mathbf{z}, t) = 2\pi\gamma \int_0^t \langle \mathbf{G}(\tau), \mathbf{z} \rangle d\tau,$$

kde $t = 0$ odpovídá času excitace radiofrekvenčním pulzem. Označíme si

$$\mathbf{k}(t) = \gamma \int_0^t \mathbf{G}(\tau) d\tau.$$

Přijímací cívka integruje přes celý objem a naměří signál [39]

$$f(t) = \int_{\mathbb{R}^3} m(\mathbf{z})e^{-2\pi i \langle \mathbf{k}(t), \mathbf{z} \rangle} d\mathbf{z} = \mathcal{F}(m)(\mathbf{k}(t)), \quad (1.2)$$

kde $\mathcal{F}(m)(\mathbf{k}(t))$ značí trojrozměrnou Fourierovu transformaci [38] modulu m magnetizace, jehož frekvenční proměnná představuje přímo trajektorii $\mathbf{k}(t)$.

V MRI můžeme také měřit jednotlivé řezy těla. Nejprve nastavíme gradientní pole na souřadnici z , které způsobí, že se rezonanční frekvence budou lineárně lišit podél této souřadnice. Když potom excitujeme protony radiofrekvenčním pulzem s úzkým rozsahem frekvencí, vybereme tím jeden řez, ve kterém Larmorovy frekvence odpovídají frekvencím RF pulzu. V tomto případě je trojrozměrná Fourierova transformace nahrazena dvojrozměrnou [48].

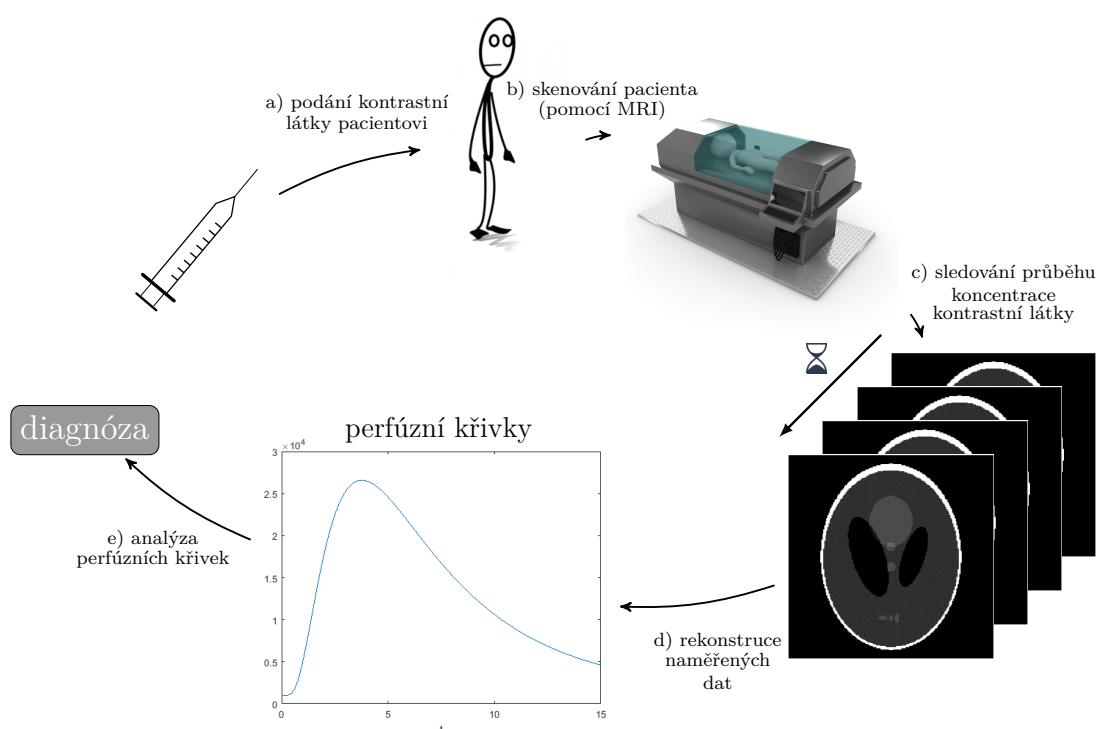
Naměřený MRI signál je tedy Fourierova transformace prostorově závislého modulu m magnetizace (obrazu), která je navzorkována na spojitě křivce $\mathbf{k}(t)$ [39]. Opakováním několika radiofrekvenčních excitací s různě nastaveným gradientním polem navzorkujeme Fourierovu transformaci funkce m podél různých křivek $\mathbf{k}_1, \dots, \mathbf{k}_L$ v \mathbb{R}^3 [39].

Potřebný čas na měření je úměrný počtu L takových křivek, proto je snaha jejich počet minimalizovat. Standardně jsou křivky \mathbf{k} přímky rovnoběžné s některou osou (nejčastěji x), a tím dostaneme vzorky Fourierovy transformace na kartézských souřadnicích. Pro rekonstrukci obrazu tedy stačí provést zpětnou 2D nebo příp. 3D diskrétní Fourierovu transformaci (její zrychlené verze (i)FFT). Jelikož reálná data obsahují v měření šum, Fourierova transformace poté nedává reálné obrazy. Proto se v praxi za výsledek rekonstrukce bere absolutní hodnota obrazu. Jiným typům trajektorií než kartézským se věnuje část 2.1.

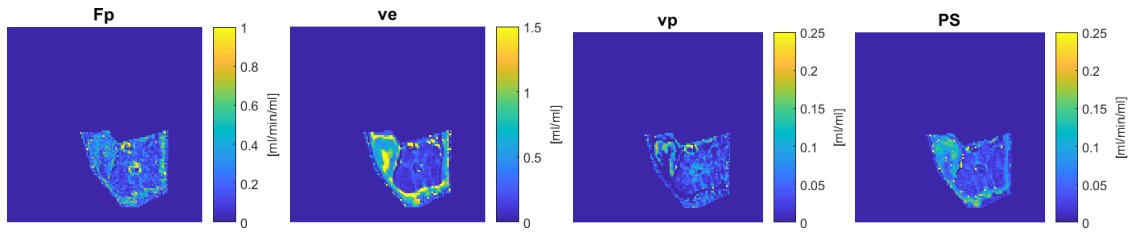
1.6 Perfúzní zobrazování

Perfúzní zobrazování je důležitým nástrojem pro diagnózu kardiovaskulárních a onkologických, případně i dalších onemocnění. Cílem perfúzního zobrazování je určit prokrvení jednotlivých tkání, na základě čehož je poté možné určit diagnózu nebo účinnost léčby (zejména v případě onkologických onemocnění, kdy jsou změny v perfúzi při léčbě vidět dříve než morfologické změny). Tato technika není vázána pouze na jeden druh zobrazovacího zařízení, ale lze ji využít v nejrůznějších zobrazovacích modalitách jako je magnetická rezonance, počítačová tomografie, pozitronová emisní tomografie či ultrazvuk. V magnetické rezonanci lze měřit perfúzní zobrazování několika způsoby – jedním z nich je DCE-MRI [94] (dynamic contrast enhanced magnetic resonance imaging), kdy jsou kontrastní látky (např. magnevist nebo gadovist) měřeny T_1 -váhovanými sekvencemi.

Základní postup perfúzního zobrazování je podobný pro všechny modalilty [67] (viz obr. 1.7). Vhodná kontrastní látka je podána nitrožilně pacientovi (buď injekčně nebo pomocí infúze) (obr. 1.7 a)), který je vložen do zobrazovacího zařízení (MRI – obr. 1.7 b)). Díky kardiovaskulárnímu systému je kontrastní látka rozváděna dále do těla a její časové a prostorové rozložení je snímáno v oblasti zájmu (např. v nádoru – obr. 1.7 c)). Touto oblastí může být jednak nějaký orgán, tak



Obr. 1.7: Schéma perfúzního zobrazování v magnetické rezonanci.



Obr. 1.8: Příklad perfúzních map čtyř vybraných parametrů.

i část orgánu nebo jenom samostatný voxel. Z naměřených dat se poté rekonstruují časové sekvence snímků jednoho či více měřených řezů. Intenzita ve zrekonstruované sekvenci obrazů je závislá nepřímo na koncentraci kontrastní látky, proto se rekonstruovaná data dále převedou na časové průběhy koncentrace kontrastní látky [100] (nejčastěji s využitím tzv. prekontrastních měření, což je několik měření stejné oblasti před podáním kontrastní látky), které se nazývají perfúzní křivky (viz obrázek 1.7 d)).

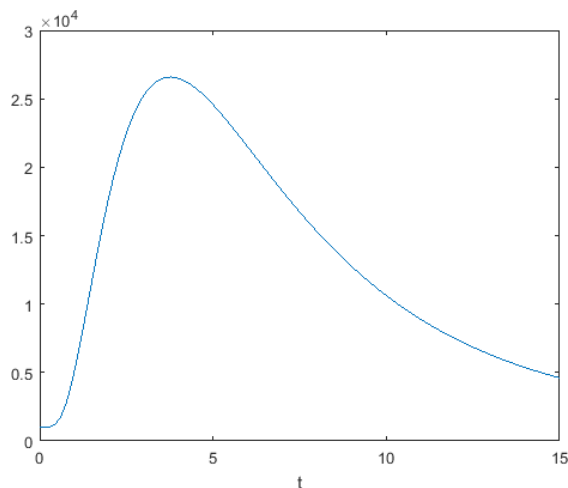
Posledním krokem je tzv. perfúzní analýza, při které se získají odhady perfúzních parametrů nezbytných pro diagnózu. Analýzou perfúzních křivek získáme odhady perfúzních parametrů nezbytných pro diagnózu (obr. 1.7 e)). Analýzou každého pixelu zvláště se získají tzv. mapy perfúzních parametrů (viz obr. 1.8), což jsou obrázky, kde jsou pseudobarvami znázorněny pro každý pixel hodnoty daných perfúzních parametrů (např. průtok krevní plazmy F_p , objem extracelulárního extravaskulárního prostoru v_e , objem krevní plazmy v_p nebo míra propustnosti cév PS).

1.6.1 Modelování perfúzního zobrazování

Perfúzní modelování lze provádět několika způsoby. Jednodušší modely jsou založeny na tvarové podobnosti nějaké matematické funkce s naměřenými perfúzními křivkami (např. lognormální model [80]). Z parametrů těchto modelů je poté možné odhadovat semikvantitativní perfúzní parametry jako je čas do maxima, plocha pod křivkou apod. Tyto jednoduché modely se rychleji odhadují, ale těžko se poté interpretují výsledky, které nejsou porovnatelné s jinými měřeními. Tyto metody se využívají zejména v ultrazvukové perfúzní analýze.

Lognormální model

V lognormálním modelu [80] jsou perfúzní křivky matematicky modelovány pomocí křivky hustoty lognormálního rozdělení. Tento model představující závislost koncen-



Obr. 1.9: Příklad perfúzní křivky dle lognormálního modelu (1.6.1).

trace kontrastní látky na čase v oblasti zájmu je definován takto:

$$f(t) = \begin{cases} c & \text{pro } t \leq t_0 \\ c + \frac{S}{(t-t_0)\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(\ln(t-t_0)-\mu)^2}{2\sigma^2}} & \text{pro } t > t_0 \end{cases}, \quad (1.3)$$

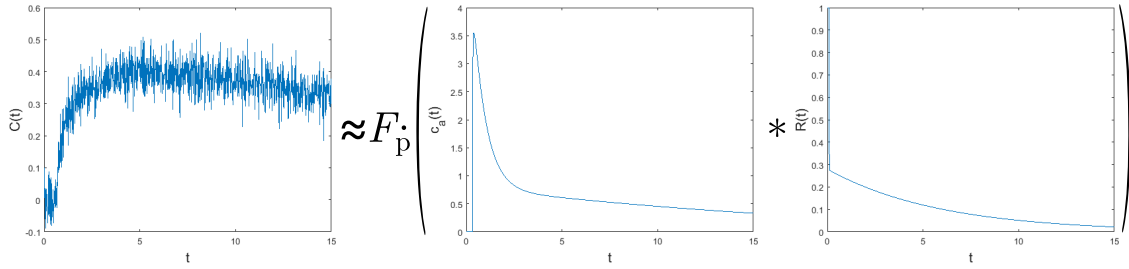
kde c představuje konstantní hodnotu bez použití kontrastní látky, t_0 zpoždění kontrastní látky mezi místem podání a oblastí zájmu, S plochu mezi konstantní hodnotou c a křivkou a μ a σ jsou obvyklé parametry lognormálního rozdělení. Příklad perfúzní křivky podle lognormálního modelu je znázorněn na obr. 1.9.

Farmakokinetické modely

V perfúzní MRI (DCE-MRI) se využívá hlavně farmakokinetických modelů. Ty modelují koncentraci kontrastní látky $C(t)$ jako konvoluci arteriální vstupní funkce c_a (AIF, časový průběh koncentrace kontrastní látky v arterii) a impulzní reziduální funkce tkáně R (IRF, odezva tkáně na jednotkový impuls) váhované průtokem plazmy F_p normované na objem tkáně [87]

$$C(t) = F_p(c_a * R)(t) = (c_a * I)(t), \quad (1.4)$$

kde $I = F_p \cdot R$. Schématické znázornění této rovnice s ukázkami možného vzhledu jednotlivých komponent lze vidět na obr. 1.10. Jako model AIF často slouží Parkerův model [74]. Perfúzní parametry se určují z křivky IRF. Neparametrickými modely lze určit pouze několik málo parametrů jako je kromě zmiňovaného průtoku krevní plazmy také střední doba průchodu nebo frakce distribučního objemu [86]. Oproti tomu parametrické modely IRF jsou dány analyticky a jejich parametry jsou přímo parametry perfúze. Ty jsou nazývány primární parametry a lze z nich odvodit další sekundární parametry. Komplexnější modely odhadují více parametrů.



Obr. 1.10: Ilustrační schéma perfúzní analýzy s využitím farmakokinetických modelů (grafické znázornění rovnice (1.4)).

Nejjednodušším modelem je *Toftsův model* a *Toftsův rozšířený model* [86], které odhadují pouze několik málo základních parametrů tkáně (K_{trans} – objemová přenosová konstanta krevní plazmy a extracelulárního extravaskulárního prostoru (EES), v_e – objem EES a Toftsův rozšířený model navíc v_p – objem krevní plazmy). Toftsův rozšířený model je v současnosti nejpoužívanějším modelem v perfúzním MRI zobrazování, protože je použitelný i pro menší časová rozlišení.

Komplexnějším modelem využívajícím čtyři parametry je *TH model* (tissue homogeneity) [55]. Ten navíc ještě odhaduje míru propustnosti cév PS a průtok krevní plazmy F_p . Toftsův (rozšířený) model umí tyto dva parametry odhadnout pouze dohromady zahrnuté v parametru K_{trans} . Tento model nemá analytické řešení v časové oblasti, proto není moc využíváný.

Kvůli tomu vznikl *ATH model* (adiabatická aproximace TH modelu) [90], který je zjednodušením TH modelu. Díky zjednodušení již existuje analytické řešení v časové oblasti, ale jeho nevýhodou je, že se tímto modelem špatně odhadují parametry kvůli jeho nespojitosti.

Farmakokinetické modely lze odhadovat několika způsoby [13]. Často bývá nejprve odhadnuta nebo změřena AIF a poté se odhadují perfúzní parametry z modelované IRF (např. pomocí neslepé dekonvoluce). Někdy je také zároveň odhadována AIF i IRF pomocí slepé dekonvoluce. Věrohodnější odhad perfúzních map lze získat, pokud se pro jejich odhad použije regularizovaná metoda nejmenších čtverců místo samotné metody nejmenších čtverců. Tento navržený postup pro regularizaci totální variací byl publikovaný v našem článku [1].

2 ZVÝŠENÍ ROZLIŠENÍ PERFÚZNÍHO ZOBRAZOVÁNÍ V MR

Běžně používané modely perfúzní analýzy v MRI jako je Toftsův model a Toftsův rozšířený model [86] odhadují pouze několik základních parametrů tkáně (Toftsův dva a rozšířený Toftsův tři). Pro odhad dalších perfúzních parametrů, jako je krevní tok a propustnost cév, je nutné využít složitější modely [86]. Avšak pro získání těchto odhadů je třeba mít vysoké časové rozlišení (alespoň jedna sekunda na snímek při běžném SNR – poměru signálu a šumu), které by zachytilo dynamiku kontrastní látky. Díky tomu je limitováno i nejvyšší možné prostorové rozlišení, což má za následek, že se perfúzní analýza provádí nejčastěji pouze na jednom 2D řezu s malým prostorovým rozlišením.

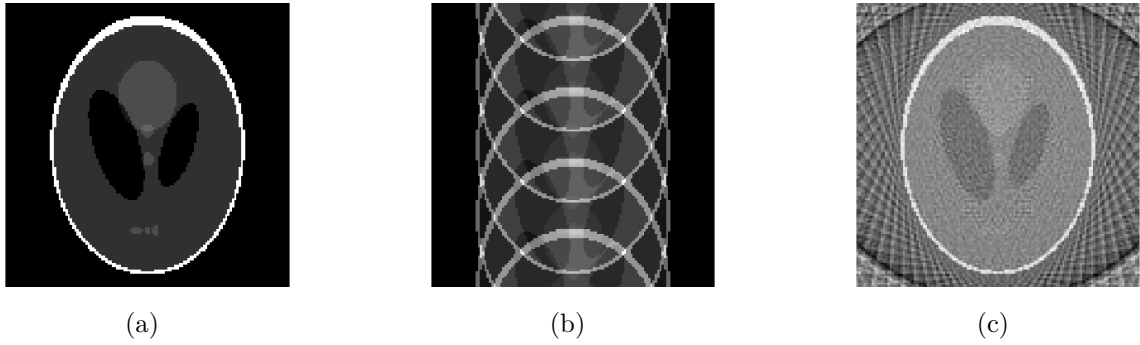
Měření v MRI je velmi pomalé. Například při perfúzním zobrazování malých zvířat v MRI lze v současnosti snímat jeden řez v maximálním rozlišení přibližně 128×128 px asi za jednu sekundu. Vyšší rozlišení není klasickými technikami možné, stejně jako měření více řezů zároveň, protože bychom nebyli schopni díky délce trvání zachytit dostatečně jemně průběh koncentrace kontrastní látky.

Existuje několik metod, které umožňují zvýšit časové rozlišení perfúzního zobrazování v magnetické rezonanci při zachování prostorového rozlišení nebo obráceně. Tyto techniky zahrnují měření na nekartézských souřadnicích [16, 60, 64, 82, 91, 99], více přijímacími cívkami [28, 41, 78, 95] (tzv. paralelní zobrazování) nebo použití komprimovaného snímání [22, 30, 32, 39, 46, 64] (měření dat pod Nyquistovým kritériem). Tyto metody lze použít zvlášť, ale lze je rovněž kombinovat.

2.1 Nekartézské trajektorie

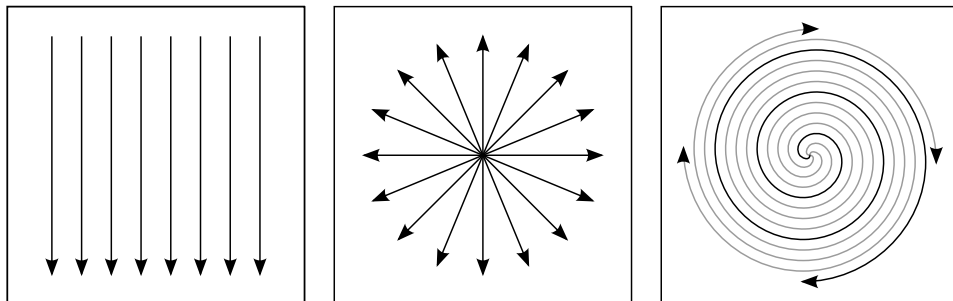
Protože měření v magnetické rezonanci lze interpretovat jako diskretizaci spojitě Fourierovy transformace měřeného objektu (viz část (1.2)), není nutné snímat podél kartézských trajektorií, ale lze využít i jiné trajektorie. Nekartézské trajektorie, které jsou hustěji vzorkovány kolem počátku k -prostoru, jsou navíc odolnější vůči pohybovým artefaktům [15, 16]. Také při podvzorkování (nasnímání méně trajektorií) jsou vidět zřetelně rozdílly v rekonstrukci obsahující aliasing (obr. 2.1) – u kartézské trajektorie dochází k replikaci obrazu, zatímco u jiných trajektorií se vyskytují artefakty jiného druhu, kdy původní obraz není zreplikovaný (např. u radiálních trajektorií se jedná o pruhové artefakty).

Nejčastěji využívané nekartézské trajektorie ve 2D jsou (obr. 2.2): *spirální* – spirály začínající v počátku k -prostoru [64, 82], tj. na nulovém kmitočtu, a *radiální* –

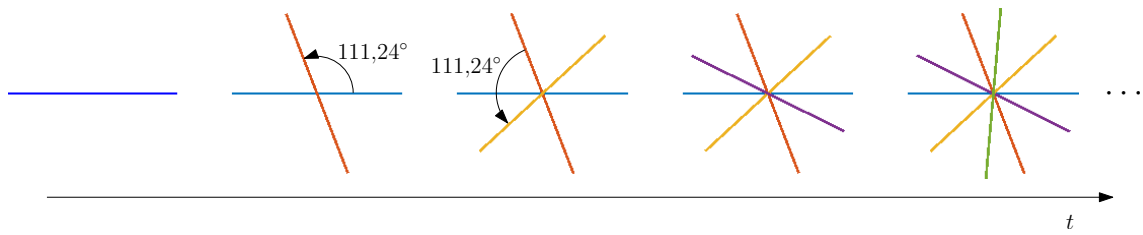


Obr. 2.1: (a) Plně nasnímaný fantom 128×128 px, (b) rekonstrukce (iFFT) z 32 kartézských trajektorií rovnoměrně vzatých podél směru y (pro plné rozlišení je třeba 128 trajektorií) a (c) rekonstrukce (NUFFT 2.1.1) z 32 rovnoměrně rozmístěných radiálních trajektorií (pro plné rozlišení je třeba $128 \cdot \pi/2 \doteq 202$ trajektorií).

trajektorie představují přímky (neboli projekce) procházející počátkem nebo polopřímky začínající v počátku souřadnic [16]. Úhel mezi každými dvěma sousedními přímkami radiálních souřadnic bývá obvykle stejný, protože rovnoměrně pokryje celý k -prostor. Při měření *dynamických* dat se od tohoto schématu upouští a často využívá tzv. *zlatého úhlu* [57, 91, 99] mezi sousedními přímkami (přibližně $111,24^\circ$ pro celé přímky a $137,51^\circ$ pro polopřímky), viz obr. 2.3. Při použití zlatého úhlu každá další projekce dělí největší úhel mezi dvěma sousedními projekcemi, přičemž všechny dvojice sousedních projekcí svírají pouze tři různé úhly a v případě, že počet projekcí je roven nějakému Fibonaccimu číslu, pouze dvě [99]. Tím má toto rozložení přímek suboptimální rozložení v k -prostoru, přičemž nejlepšího rozložení dosáhne, pokud počet projekcí v jednom snímku je roven Fibonaccimu číslu [99]. Pro dynamické zobrazování má zlatý úhel tu výhodu, že je možné zvolit počet projekcí na jeden časový snímek až zpětně při rekonstrukci dat díky suboptimalitě rozložení, přičemž je výhodné použít jako počet projekcí Fibonacciho číslo. Tento postup není



Obr. 2.2: Některé typy 2D trajektorií v k -prostoru: (zleva) kartézská, radiální a spirální.



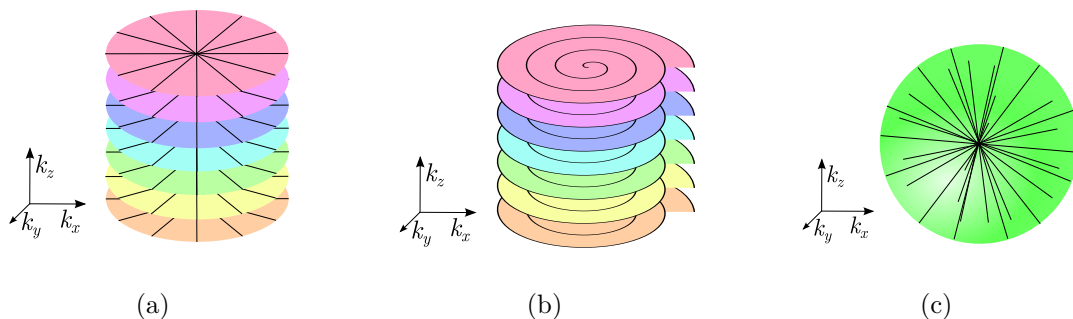
Obr. 2.3: Měření dynamických dat s využitím radiální akvizice se zlatým úhlem.

u statického zobrazování výhodný.

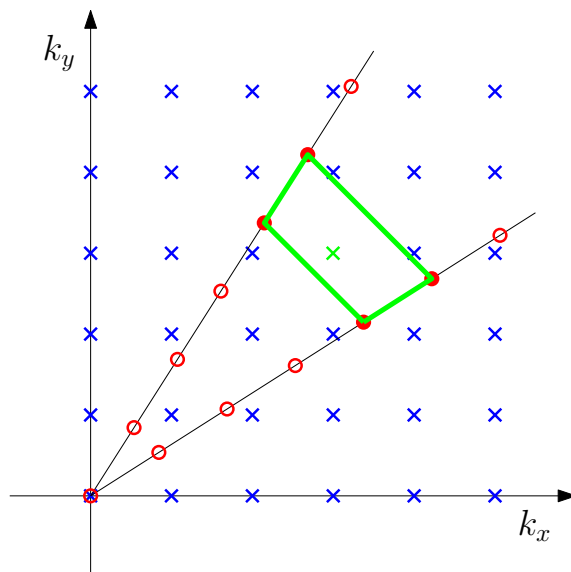
Snímání k -prostorových dat ve 3D lze rovněž provést několika způsoby. Pokud je měřeno pouze několik málo řezů, snímají se obvykle každý zvlášť některým z výše uvedeným 2D snímáním. Při více řezech už je v k_z směru dostatečné rozlišení na to, aby se mohlo měřit přímo ve třírozměrném k -prostoru. I ve 3D kromě měření na kartézských souřadnicích lze měřit nekartézsky. Jednodušší způsob, kdy se v k_z směru měří s menším rozlišením než v rovině $k_x k_y$, využívá měření trajektorií, které leží v rovinách rovnoběžných s rovinou $k_x k_y$. Příkladem tohoto měření může být tzv. *stack of stars* (obr. 2.4(a)) [12, 15, 34, 60], tj. stoh radiál nad sebou, či *spirály nad sebou* (obr. 2.4(b)) [45, 93]. Orientace trajektorií nad sebou může být jednak stejná (výpočetně jednodušší), nebo trajektorie mohou být vůči sobě pootočené (přidáno více informace). Složitější způsob, kdy se měří zpravidla ve stejném rozlišení ve všech směrech, je měření přímo *3D obecnějšími trajektoriemi* (na obr. 2.4(c) 3D radiály) [49, 42, 77].

2.1.1 Rekonstrukce dat z nekartézských souřadnic

Zatímco výstupní obraz při snímání na kartézských souřadnicích je z naměřených dat získán pomocí zpětné 2D (případně 3D) diskretní Fourierovy transformace (její zrychlené verze FFT), u jiných typů trajektorií jsou naměřená data také diskretizací



Obr. 2.4: Některé typy 3D trajektorií v k -prostoru: (a) stoh radiál nad sebou, (b) spirály nad sebou a (c) 3D radiály.



Obr. 2.5: Převzorkování do kartézských souřadnic vzhledem k novým souřadnicím pro radiální trajektorie. Naměřená data leží na radiálách v k -prostoru. V tomto příkladu je každý bod kartézské mřížky („ \times “) daný čtyřmi nejbližšími okolními naměřenými body („ \circ “) pomocí bilineární interpolace.

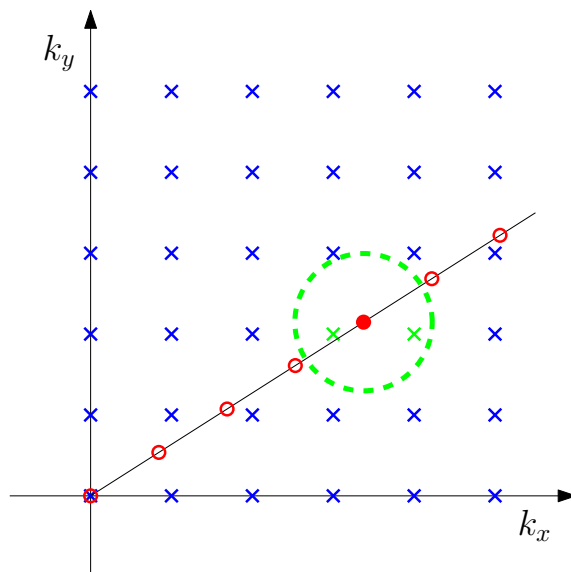
spojité Fourierovy transformace, ale již se nenacházejí na kartézské mřížce. Proto nelze přímo použít zpětnou diskretní Fourierovu transformaci, ale data se nejprve musí interpolovat do kartézské mřížky.

Podle použitých interpolačních technik se rozlišují jednotlivé metody rekonstrukce nekartézských dat.

Převzorkování do kartézských souřadnic vzhledem k novým souřadnicím (grid-driven regridding)

Nová hodnota ležící na kartézských souřadnicích je určena nejbližšími okolními naměřenými daty. Ta jsou interpolována do kartézských souřadnic s využitím (bilineární) interpolace. Ilustrační příklad je znázorněný na obrázku 2.5.

Kvůli dosažení lepšího rozlišení výsledného obrazu je nová mřížka často dvakrát hustěji nadvzorkována než je požadováno rozlišení výstupního obrazu – po provedení zpětné Fourierovy transformace jsou vybrány pouze pixely v prostřední části, díky čemuž je rozměr výsledného obrazu zachován. Tím lze docílit méně artefaktů ve výsledném obrazu, protože se tímto způsobem přesunou z měřeného objektu směrem k oříznutému okraji. Nevýhodou této metody je, že v místech, kde je hustota naměřených dat velká, se všechna tato data nevyužijí, protože nejsou nejbližšími sousedy k žádnému bodu na kartézské mřížce. Tato metoda se zřídka používá. [76]



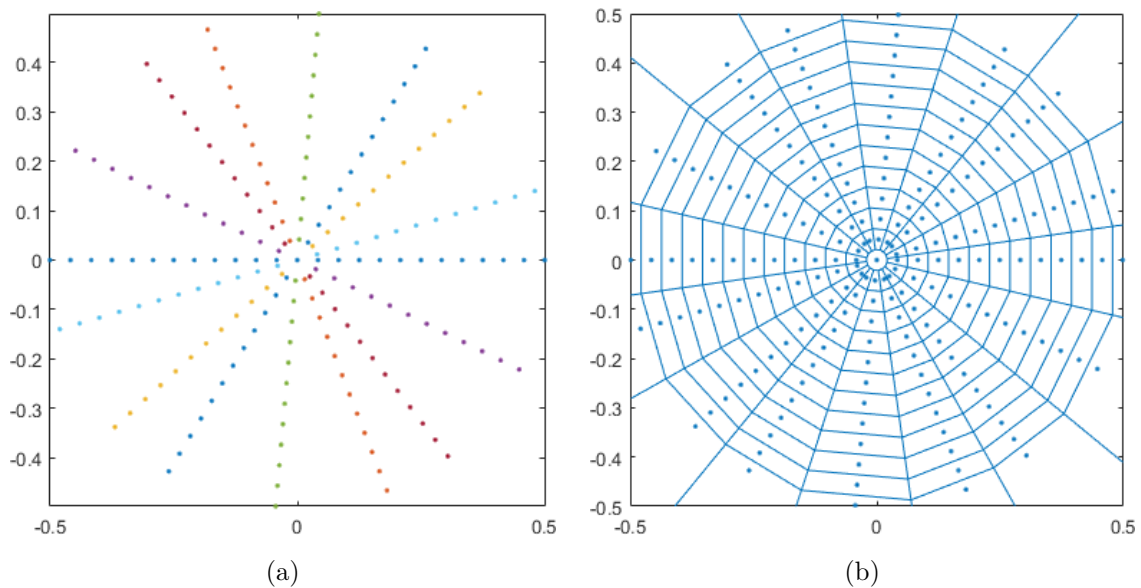
Obr. 2.6: Převzorkování do kartézských souřadnic vzhledem k naměřeným datům pro radiální trajektorie. Naměřená data leží na radiálách v k -prostoru. V tomto příkladu je pro každý naměřený bod („o“) provedena konvoluce s malým konvolučním jádrem a hodnota této konvoluce je přičtena k přilehlým bodům kartézské mřížky („x“).

Převzorkování do kartézských souřadnic vzhledem k naměřeným datům (data-driven regridding, zkráceně pouze regridding)

Myšlenka této metody je založená na tom, že vezme každý naměřený vzorek v k -prostoru a přičte jeho příspěvek do okolních bodů kartézské mřížky. Interpolace pomocí metody nejbližšího souseda v prostorové oblasti představuje konvoluci s funkcí sinc v k -prostoru. Hlavní myšlenkou tedy spočívá v tom, že každý naměřený vzorek je interpolován pomocí konvoluce s funkcí sinc do okolních bodů kartézské mřížky.

To je prakticky nepoužitelné kvůli množství výpočtů, protože sinc nemá kompaktní nosič. Proto se sinc nahrazuje menším konvolučním jádrem s kompaktním nosičem, např. Kaiser–Besselovým oknem [53]. Podobně jako v předchozí metodě je často nová mřížka také dvakrát hustěji nadvzorkována než je požadováno rozlišení výstupního obrazu. Výhodou použití této metody je to, že se zužitkují všechna naměřená data, čímž tento způsob efektivněji využívá naměřená data než převzorkování do kartézských souřadnic vzhledem k novým souřadnicím. [69, 76]

Díky konvoluci je každý naměřený vzorek rozložený do kartézské mřížky nezávisle na ostatních a výstupní obraz je dán součtem všech těchto hodnot. Nicméně pro nekartézské vzorkování je typické, že vzorky nejsou rozmístěny rovnoměrně, ale s různou hustotou v k -prostoru, typicky se nejvíce vzorků nachází kolem počátku k -prostoru (viz obr. 2.2). To má za následek, že impulzní odezva procesu vzorkování



Obr. 2.7: (a) Radiální trajektorie generované zlatým úhlem a (b) jejich Voroného diagram.

není jednotkový impulz. Proto pro získání výstupního obrazu nezatíženého artefakty se nerovnoměrně rozložená data korigují tzv. *kompensací hustoty*. Kompensace hustoty představuje váhy pro každý naměřený (případně interpolovaný) bod tak, aby se po provedení převzorkování rekonstruovaná data co nejvíce přiblížila skutečnému měřenému objektu.

Kompensaci hustoty lze získat pro jednoduché trajektorie přímým výpočtem, pro složitější je nutné ji odhadnout buď iterativním způsobem [69] nebo za použití Voroného diagramů [76] (obr. 2.7). Voroného diagram rozdělí k -prostor na oblasti tak, že body nacházející se v dané oblasti mají blíže k naměřenému vzorku nacházejícímu se v této oblasti než ke všem ostatním. Plocha (ve 2D, případně objem ve 3D) této oblasti znormovaná největší plochou ze všech oblastí je potom brána jako kompensace hustoty.

Tyto způsoby se používají ještě před provedením interpolace, tj. přímo na nekartézských souřadnicích. V některých případech je možné také jednoduše použít kompensaci až po interpolaci na kartézských souřadnicích v k -prostoru, kdy se pouze sečtené interpolované hodnoty podělí počtem naměřených vzorků, které byly na danou pozici nainterpolovány [31, 79].

Využití nerovnoměrné rychlé Fourierovy transformace (NUFFT)

Jedná se o speciální případ převzorkování do kartézských souřadnic vzhledem k naměřeným datům, kdy je konvoluční jádro (unikátní pro každý vzorek) a pořadí výpočtů optimalizováno tak, aby se výpočet provedl v co nejkratším čase a s co nejmenší

chybou. U NUFFT se rovněž používají různá konvoluční jádra nebo je možné zvolit, kolikrát bude algoritmus nadvzorkovávat pro dosažení přesnějšího výsledku. [35, 75]

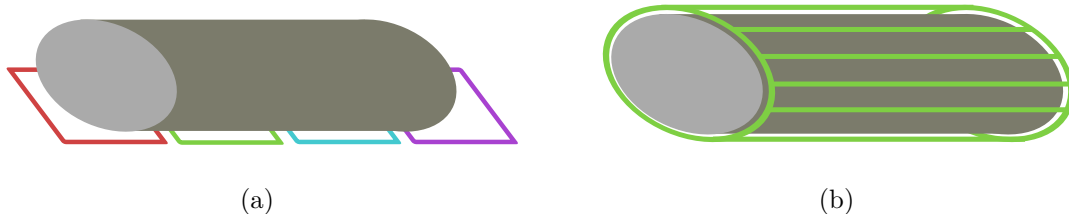
2.2 Paralelní zobrazování

Další technikou, jak zrychlit snímání a přitom ponechat rozlišení v čase, je tzv. paralelní zobrazování [28]. Při paralelním zobrazování je měřený signál snímán na více přijímacích povrchových cívkách rozmístěných na různých místech kolem snímaného objektu. Cívek bývá typicky 4, 8, 12, 16, 32, 64 nebo dokonce i 128 a jsou různě prostorově uspořádané (vedle sebe v rovině (obr. 2.8(a)) nebo častěji rozmístěny kolem snímaného objektu (obr. 2.8(b))). Takto každá cívka přijme signál částečně z jiného místa v prostoru a naměří mírně odlišná data. Tímto způsobem je množství naměřených dat několikanásobně oproti snímání jednou cívkou, aniž by bylo potřeba cokoli měnit na pulzní sekvenci. Je tedy možné snížit počet měřených trajektorií. Způsob redukce dat je daný počtem cívek a jejich rozmístěním – např. při uspořádání čtyř cívek vedle sebe s částečným překryvem ve směru x lze až čtyřikrát podvzorkovat v tomto směru. Pro rekonstrukci existují dva typy metod – rekonstrukce v prostorové oblasti a rekonstrukce v k -prostoru, případně jejich kombinace.

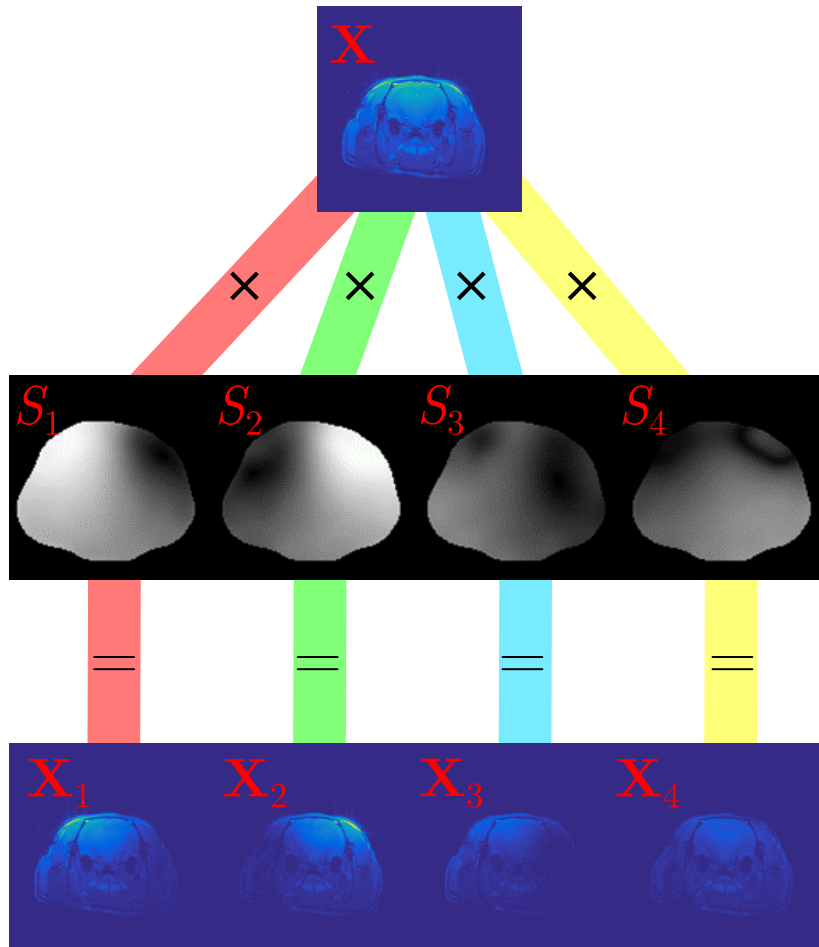
Rekonstrukce v prostorové oblasti

Skupina metod rekonstrukce v prostorové oblasti je označována jako SENSE (sensitivity encoding) [78]. Je obecně flexibilnější, ale její nevýhodou je nutnost znát tzv. citlivosti cívek, které jsou obvykle závislé na snímaném objektu, a proto se musí získávat pro každý měřený objekt zvlášť.

Naměřený obraz z každé cívky \mathbf{X}_i je dán jako součet hledané rekonstrukce \mathbf{X} vynásobené postupně jednotlivými *citlivostmi* S_i , což jsou prostorové funkce zohledňující rozmístění cívek kolem snímaného objektu. Matematicky zapsáno jde o problém $\mathbf{X}_i = S_i \mathbf{X}$ (ilustrační obrázek viz 2.9), kdy vyřešením soustavy těchto rovnic se znalostí jednotlivých citlivostí S_i a naměřených obrazů \mathbf{X}_i lze získat hledanou



Obr. 2.8: Příklad uspořádání cívek v MRI: (a) vedle sebe v rovině a (b) dokola kolem snímaného objektu.



Obr. 2.9: Obrazová data z jednotlivých cívek X_i jsou získána bodovým vynásobením celkového obrazu z MRI X s jednotlivými citlivostmi S_i příslušnými daným cívkám. Jelikož jsou citlivosti komplexní mapy, je zde zobrazen pouze jejich modul.

rekonstrukci X (obvykle s použitím pseudoinverze). Aby byla rekonstrukce smysluplná, je zapotřebí vhodně navrhnout podvzorkování dat s ohledem k rozmístění cívek v MRI.

Citlivosti jsou komplexní mapy, jejichž moduly udávají vzájemný poměr, jak mají signály přicházející z jednotlivých cívek v daném měřeném bodě vůči sobě silný signál. Fáze map naopak určuje zpoždění signálu mezi mapami v daném místě. Čím je dané místo blíže k cívce, tím je citlivost vyšší (vyšší hodnota modulu mapy cívky). Citlivosti se dají buďto přímo měřit nebo odhadovat.

Měření citlivostí se provádí tak, že jsou naměřena nepodvzorkovaná referenční data. Ta se měří jednak povrchovými cívkami, tak i tzv. objemovou cívkou, která je schopná zachytit signál z celého objemu. K získání citlivostí se pak za referenční obraz X používá právě obraz z této cívky.

Pokud citlivosti neznáme, lze výsledný obraz rekonstruovat z naměřených obrazů z jednotlivých cívek pomocí tzv. SoS metody (z angl. sum of square method) [84]:

$$\mathbf{X} = \sqrt{\sum_i |\mathbf{X}_i|^2}. \quad (2.1)$$

Pomocí SoS rekonstrukce lze také odhadnout jednotlivé citlivosti jako $S_i = \mathbf{X}_i/\mathbf{X}$. V takovém případě dávají moduly map v součtu svých kvadrátů v každém bodě hodnotu jedna a hledanou rekonstrukci lze získat jako $\mathbf{X} = \sum_i S_i \mathbf{X}_i$ [19].

Rekonstrukce v k -prostoru

Tato skupina metod je označována jako GRAPPA (generalized autocalibrating partially parallel acquisitions) [41]. Nenaměřená k -prostorová data výsledného obrazu jsou odhadnuta jako lineární kombinace naměřených sousedních k -prostorových dat ze všech cívek. Váhy nutné pro lineární kombinaci jsou získány z tzv. kalibrační oblasti, což je většinou oblast kolem počátku k -prostoru, kde jsou známy všechny vzorky. Výhodou této metody je, že není nutné znát citlivosti cívek a výsledný obraz je získán pouze z naměřených dat. Nevýhodou je menší přesnost.

Kombinovaná rekonstrukce ESPIRiT

Výhody obou metod spojuje metoda ESPIRiT [95] (eigenvector-based implementation of iterative self-consistent parallel imaging reconstruction). ESPIRiT odhaduje citlivosti na základě kalibrační oblasti naměřených k -prostorových dat. Z kalibrační oblasti se pomocí posuvného okna vytvoří tzv. kalibrační matice, ze které se pomocí singulárního rozkladu zjistí řádková báze kalibrační matice [95]. K rekonstrukci všech dat se poté využije pouze podprostor báze kalibrační matice \mathbf{V}_{\parallel} , protože se ukazuje, že v nulovém prostoru této báze nejsou obsaženy žádné užitečné informace [95]. Při rekonstrukci je nutné navíc dodržet dvě podmínky [95] – podmínku konzistence s kalibrační oblastí a podmínku konzistence se způsobem měření dat. Z těchto podmínek lze odvodit, že hledané citlivosti lze získat rozkladem \mathbf{V}_{\parallel} na vlastní čísla a vektory [95].

2.3 Komprimované snímání

Komprimované snímání (compressed sensing, compressive sampling, CS) [22] rekonstruuje signál z podstatně menšího počtu vzorků než klasické rekonstrukce, kde se počet vzorků řídí Nyquistovým kritériem. Komprimované snímání je možné provádět pouze díky nějakým apriorním informacím o měřeném signálu.

Tab. 2.1: Přehled norem matice $\mathbf{X} = (x_{i,j})$.

norma	definice
$\ \mathbf{X}\ _0$	počet nenulových $x_{i,j}$
$\ \mathbf{X}\ _1$	$\sum_{i,j} x_{i,j} $
$\ \mathbf{X}\ _2$	$\sqrt{\sum_{i,j} x_{i,j} ^2}$
$\ \mathbf{X}\ _\infty$	$\max_{i,j} x_{i,j} $
$\ \mathbf{X}\ _*$	$\sum_i \sigma_i$ (σ_i singulární čísla \mathbf{X})

V MRI jednotlivé naměřené vzorky představují Fourierovy koeficienty (k -prostorová data) [64], a to jednak na kartézských souřadnicích, tak i jiných nekartézských trajektoriích, kterých stačí pro rekonstrukci obrazu méně než klasicky. Výběr trajektorií ale nemůže být libovolný, protože v k -prostoru nemohou být jakékoliv trajektorie kvůli fyzikálním a fyziologickým omezením. V dnešních systémech jsou gradienty limitovány svojí maximální amplitudou ($|\mathbf{G}| < G_{\max}$) a maximální rychlostí jejich náběhu ($|\frac{d\mathbf{G}}{dt}| < S_{\max}$). Navíc velké amplitudy gradientu a jejich rychlé změny mohou způsobovat stimulaci periferní nervové soustavy a zahřívát tkáně [64]. Kvůli tomu se měří specifická míra absorpce (SAR) [33], což je výkon absorbovaný v tkáni o jednotkové hmotnosti. Pro měření v MRI existují normy, které udávají, jaké maximální SAR může být pro dané měření použito.

Počet měření v MRI pomocí komprimovaného snímání je závislý na tzv. koherenci mezi Fourierovou transformací a apriorními znalostmi o signálu [20]. Využití komprimovaného snímání tedy umožní zrychlit měřicí proces (pouze v případě statických snímků) nebo zvýšit rozlišení, rekonstrukce ale již nebude lineární, proto bude trvat déle.

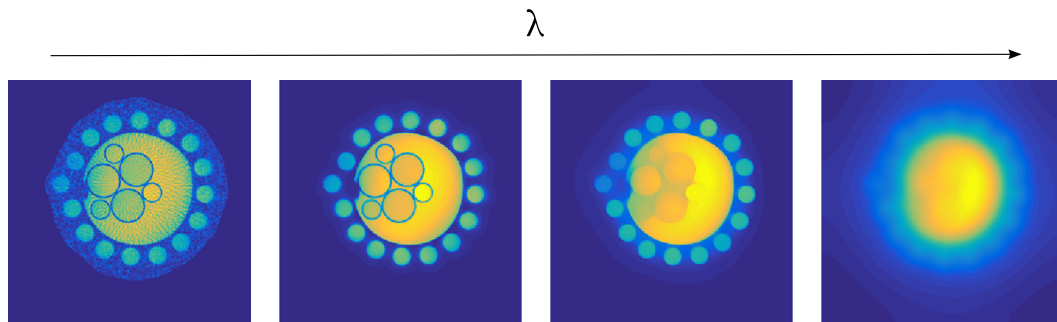
Obecně lze rekonstrukci signálu pomocí CS napsat jako optimalizační problém:

$$\min_{\mathbf{M}} f(\mathbf{M}) \quad \text{vzhledem k} \quad E(\mathbf{M}) = \mathbf{Y}, \quad (2.2)$$

kde \mathbf{Y} jsou naměřená data, \mathbf{M} je hledaný výstupní obraz (sekvence při dynamických datech) a E je lineární operátor, který modeluje podvzorkovanou spojitou Fourierovu transformaci (na kartézských či obecných trajektoriích), při použití více cívek případně složenou s citlivostmi. Účelová funkce $f(\mathbf{M})$ představuje matematický zápis apriorních znalostí o měřených datech, které se také někdy říká regularizace. Často se v něm vyskytují nějaké normy, jejich přehled je uveden v tabulce 2.1.

Optimalizační úlohu komprimovaného snímání (2.2) je možné řešit různými způsoby. Obvykle se v měření vyskytuje šum, a proto se úloha (2.2) změní na:

$$\min_{\mathbf{M}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{M}) - \mathbf{Y}\|_2^2 + \lambda f(\mathbf{M}), \quad (2.3)$$



Obr. 2.10: Vliv regularizačního parametru na rekonstrukci měřeného fantomu. Směrem doprava se λ zvyšuje.

kde $\|\cdot\|_2$ představuje Frobeniovu normu, která zaručí konzistentnost dat s měřením. Regularizační parametr $\lambda > 0$ je volitelný parametr, kterým je určen charakter řešení. Je důležité tento parametr správně nastavit, jinak lze dostat řešení s artefakty. Když je λ moc velké, rekonstrukce je tzv. přeregularizovaná a neodpovídá naměřeným datům. Naopak při nastavení λ na velmi nízkou hodnotu se regularizace prakticky neprojeví a v rekonstrukci se nacházejí artefakty způsobené podvzorkováním dat. Tento vliv regularizačního parametru je schématicky zobrazený na obrázku 2.10 (s využitím měřeného statického fantomu¹).

Pokud je $f(\mathbf{M})$ konvexní funkce (což všechny výše zmíněné příklady splňují), je celou úlohu (2.3) možné řešit algoritmy konvexní optimalizace [17]. Člen $f(\mathbf{M})$ není často diferencovatelný, proto se také řada prací specializovala na typy algoritmů vhodné pro tento druh problémů. Často využívané jsou proximální metody [23] (proximálně-gradientní metoda [9], Douglas-Rachfordova metoda [23], obecný proximální algoritmus [26]) či metoda multiplikátorů střídajících směr (ADMM) [17, 73].

2.3.1 Typy apriorních znalostí $f(\mathbf{M})$ – modely CS v MRI

Jednoduché modely

Řídkost ve vhodné reprezentaci

Klasicky využívaným předpokladem v komprimovaném snímání je řídkost signálu vzhledem k tzv. zřídšující transformaci, tj. v nějaké vhodné reprezentaci \mathcal{A} (bázi či framu [92]), což znamená, že má málo nenulových souřadnic v dané bázi či framu. MR obrazy mívají řídké waveletové koeficienty [46] nebo řídké shearletové koeficienty [58]. S uvažováním dynamiky dat (jako je tomu při perfúzi) můžeme předpokládat i řídkost v časovém směru (např. po Fourierově transformaci) nebo s využitím

¹CEITEC, MU

konečných diferencí na báзовých prvcích nalezených pomocí analýzy hlavních komponent na kalibračních datech publikovaných v našem článku [11].

Řídkost lze matematicky vyjádřit pomocí ℓ_0 normy, tj. $f(\mathbf{M}) = \|\mathcal{A}(\mathbf{M})\|_0$. Tím by ovšem vznikla nekonvexní úloha, která je obtížně řešitelná. Proto se problém relaxuje na nejbližší konvexní normu (ℓ_1) a ukazuje se, že tato volba je v reálných případech postačující. Řídkost tedy lze dosáhnout volbou $f(\mathbf{M}) = \|\mathcal{A}(\mathbf{M})\|_1$, kde \mathcal{A} představuje zřidšující transformaci (analýzu) a $\|\cdot\|_1$ je ℓ_1 norma, tj. součet absolutních hodnot všech prvků matice [9]. Optimalizační problém (2.2) má potom podobu

$$\min_{\mathbf{M}} \|\mathcal{A}(\mathbf{M})\|_1 \quad \text{vzhledem k} \quad E(\mathbf{M}) = \mathbf{Y}.$$

Podmínka pro rovnost řešení je teoreticky dána tzv. vzájemnou koherencí měřicího operátoru E a zřidšující transformace \mathcal{A} [22], která měří míru lineární závislosti mezi operátory. Pro komprimované snímání je vhodné mít co nejmenší vzájemnou koherenci.

Nízká maticová hodnost

Tento typ apriorní informace lze využít pouze v případě dynamických dat. Předpoklad, že perfúzní parametry v jedné tkáni jsou podobné, lze matematicky popsat jako nízká hodnost tzv. Casoratiho matice, což je matice, kde každý časový snímek je vektorizován do sloupce matice, tj. každý sloupec této matice představuje jeden časový okamžik a v řádcích se nacházejí přímo perfúzní křivky [29]. Tato vlastnost také zaručuje podobnost jednotlivých časových řezů, takže data regularizuje zároveň v obrazové i časové doméně. Nízkou maticovou hodnost lze aproximovat volbou $f(\mathbf{M}) = \|\mathbf{M}\|_*$, kde $\|\cdot\|_*$ je nukleární norma matice, což je součet singulárních čísel matice [21, 39]. Singulární čísla jsou definovaná singulárním rozkladem (SVD) matice \mathbf{M} , tj.

$$\mathbf{M} = \sum_{l=1}^n \sigma_l \mathbf{u}_l \mathbf{v}_l^*,$$

kde $n = \min\{n_1, n_2\}$, $\sigma_1 \geq \sigma_2 \geq \dots \geq \sigma_n \geq 0$ jsou právě singulární čísla \mathbf{M} a $\mathbf{u}_l \in \mathbb{R}^{n_1}$, $\mathbf{v}_l \in \mathbb{R}^{n_2}$ jsou popořadě levé a pravé singulární vektory (\mathbf{v}_l^* symbolizuje hermitovskou transpozici \mathbf{v}_l). Matice \mathbf{M} má hodnost r právě tehdy, když vektor $\boldsymbol{\sigma} = \boldsymbol{\sigma}(\mathbf{M})$ singulárních čísel je r -řádký, tj. hodnost matice \mathbf{M} je rovna $\|\boldsymbol{\sigma}(\mathbf{M})\|_0$. Podobně jako tomu bylo předtím, se tento problém relaxuje na výše zmíněnou nukleární normu matice, tj.

$$\|\mathbf{M}\|_* = \sum_{l=1}^n \sigma_l(\mathbf{M}). \quad (2.4)$$

Optimalizační problém (2.2) má v případě nízké maticové hodnosti potom podobu

$$\min_{\mathbf{M}} \|\mathbf{M}\|_* \quad \text{vzhledem k} \quad E(\mathbf{M}) = \mathbf{Y}. \quad (2.5)$$

Totální variace

Průběh perfúzních křivek lze považovat za hladký bez velkého množství prudkých změn. Tuto apriorní informaci je možné matematicky vyjádřit jako 1D totální variaci [91], což je $f(\mathbf{M}) = \|\nabla_t \mathbf{M}\|_1$, kde ∇_t představuje konečnou diferenci v časovém směru (perfúzních křivek uložených v řádcích Casoratiho matice). Takto definovaná totální variace je speciálním případem zřidšující transformace \mathcal{A} .

Podobně lze hladkost předpokládat i o výsledném obrazu za použití 2D (či 3D) totální variace [60], kdy jsou difference použity i v dalších směrech. Zde se kromě využití tzv. anizotropní totální variace s ℓ_1 normou na konečné difference také definuje izotropní totální variace s ℓ_2 normou.

Totální variace pracuje pouze s první diferencí, což může vést ke skokovým artefaktům v rekonstrukci. S tímto problémem se snaží vyrovnat tzv. zobecněná totální variace (TGV) [18, 66, 88], která zároveň kromě první difference bere v potaz také druhou diferenci (nebo případně i difference vyšších řádů). TGV nastavením parametrů automaticky určuje, kde se nacházejí v signálu skoky (uplatnění spíše první difference) a kde se jedná o hladký signál (uplatnění druhé difference).

Složené modely

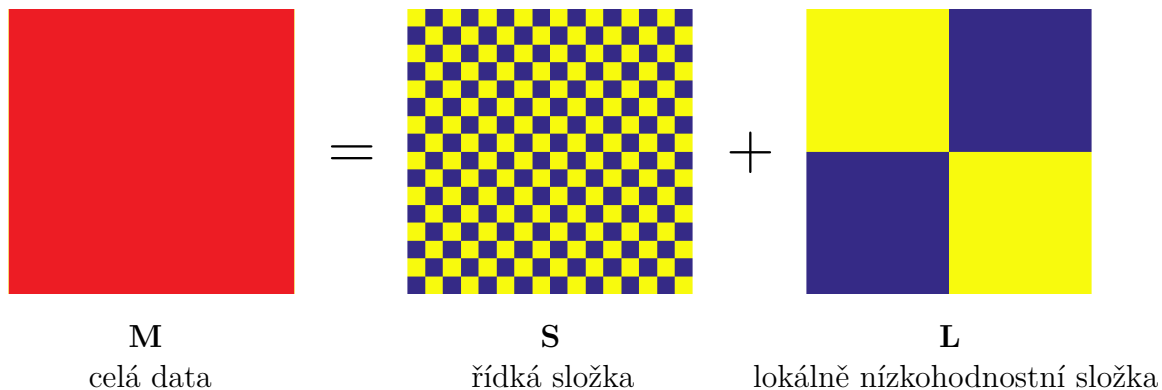
Složitější modely v perfúzním zobrazování kombinují více apriorních znalostí dohromady. Článek [61] předpokládá, že Casoratiho matice má zároveň nízkou hodnotu a je řídká ve vhodné reprezentaci (L&S model). Ještě lepších výsledků dosahuje metoda popsaná v [72], která dynamická data uvažuje jako součet nízkohodnotní matice a matice s řídkými změnami na perfúzních křivkách (L+S model). Tento přístup je robustnější vzhledem k šumu. Ještě lepšího výsledku lze dosáhnout za použití nukleární normy po blocích v obraze [50, 62, 102]. Bloky se zde uvažují čtvercové se stejným fixním rozměrem. S mírně odlišným přístupem přichází článek [103], kde se prvních 20 iterací uvažuje nukleární norma celé matice a teprve poté po menších blocích 20×20 px. Přístup L+S modelu a použití nukleární normy po blocích spojuje mnohaměřítkový rozklad na nízkohodnotní bloky [71].

Model matice s lokálně nízkou hodnotou a zároveň řídkou ve vhodné reprezentaci (lokální L&S model)

Lokální L&S model [101] předpokládá, že Casoratiho matice má zároveň nízkou hodnotu po nepřekrývajících se blocích (perfúzní křivky mají podobný časový průběh hlavně v nejbližším okolí daného místa) a zároveň je řídká ve vhodné reprezentaci.

Optimalizační úloha (2.3) má tvar

$$\min_{\mathbf{M}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{M}) - \mathbf{Y}\|_2^2 + \lambda_L \sum_{i=1}^{N_b} \|B_i \mathbf{M}\|_* + \lambda_S \|\mathcal{A}(\mathbf{M})\|_1, \quad (2.6)$$



Obr. 2.11: Schéma L+S modelu – pro větší názornost ukázán rozklad na jednom časovém snímku, kdy do stejného bloku patří i příslušné pixely v dalších časových okamžicích. Pro výpočet nukleární normy bloku jsou data v bloku navíc přeskládána do Casoratiho matice.

kde λ_L, λ_S jsou vhodné regularizační parametry, B_i je operátor vybírající blok i z matice \mathbf{M} a N_b je počet bloků. Jednotlivé bloky se přitom nepřekrývají.

Rozklad na nízkohodnostní a řídkou matici (globální L+S model)

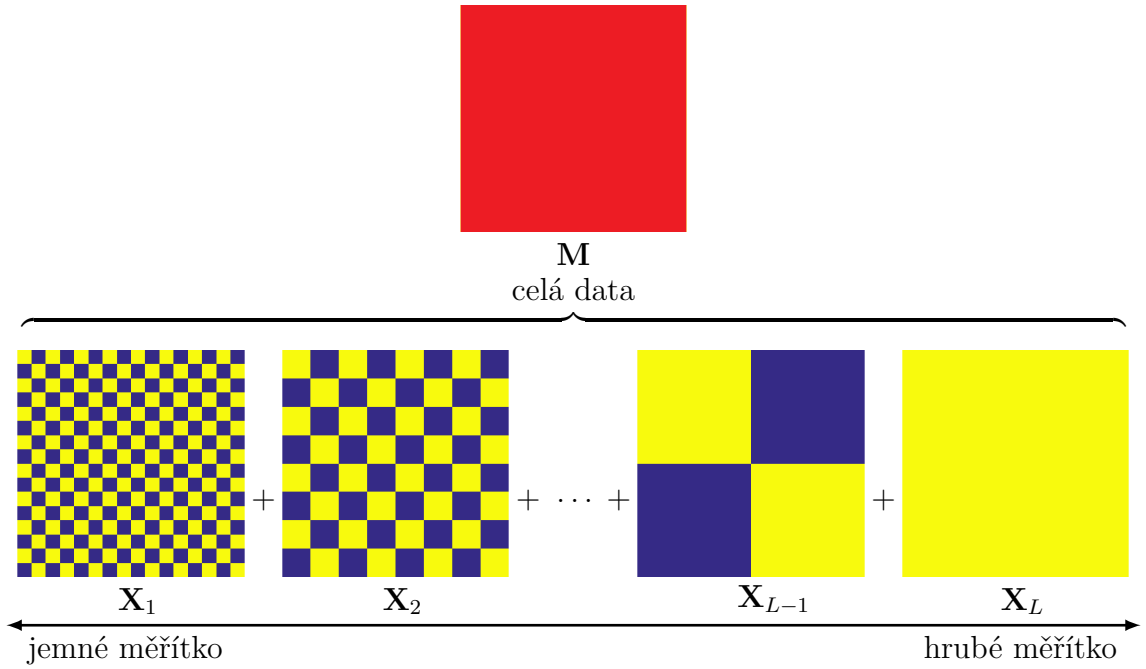
Na rozdíl od L&S modelu, který vyžaduje nízkou hodnotu a řídkost rekonstrukce zároveň, globální L+S model [72] se snaží rozložit hledanou rekonstrukci na dvě matice, které splňují vždy pouze jednu z uvedených vlastností.

Hledaná rekonstrukce je potom ve tvaru $\mathbf{M} = \mathbf{L} + \mathbf{S}$, kde \mathbf{L} splňuje předpoklad nízké maticové hodnoty a \mathbf{S} je řídká ve vhodné reprezentaci (viz obr. 2.11). CS úloha (2.3) je tedy ve tvaru

$$\min_{\mathbf{L}, \mathbf{S}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{L} + \mathbf{S}) - \mathbf{Y}\|_2^2 + \lambda_L \|\mathbf{L}\|_* + \lambda_S \|\mathcal{A}(\mathbf{S})\|_1. \quad (2.7)$$

Mnohaměřítkový maticový rozklad na nízkohodnostní bloky

Mnohaměřítkový rozklad na nízkohodnostní bloky [71] zobecňuje myšlenku rozkladu na nízkohodnostní a řídkou složku v L+S modelu. Namísto rozložení dat na dvě matice – jedné v jemném měřítku (řídká matice) a druhé v hrubém měřítku (nízkohodnostní matice) – tento model využívá více dekompozičních matic v různých měřítkách. Tento model je více adaptivní k datům, protože podobnosti v datech se mohou nacházet na různých úrovních. Úloha (2.3) je potom ve tvaru



Obr. 2.12: Schéma mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu.

$$\min_{\mathbf{X}_1, \mathbf{X}_2, \dots, \mathbf{X}_L} \sum_{i=1}^L \sum_{j=1}^{N_i} \lambda_i \left\| B_i^j \mathbf{X}_i \right\|_* \quad (2.8)$$

$$\text{vzhledem k } \mathbf{M} = \sum_{i=1}^L \mathbf{X}_i,$$

kde \mathbf{X}_i jsou matice (stejné velikosti jako \mathbf{M}) s nízkou hodnotí po blocích, přičemž $i = 1, \dots, L$ je daná úroveň rozkladu. Operátory B_i^j vybírají blok j z celé matice o velikosti závislé na měřítku i . N_i je počet bloků v úrovni i a λ_i jsou regularizační parametry závislé na úrovni i (doporučené hodnoty jsou zmíněné v [71]). Na rozdíl od předchozích úloh je zde matice \mathbf{M} známá, neznámý je pouze její rozklad. Využití tedy lze nalézt až na obrazových datech, ne přímo na naměřených datech z MRI. Ilustrační obrázek k dělení na mnohaměřítkové blokové matice je zobrazen na obr. 2.12.

Lepších výsledků pomocí této metody lze dosáhnout, pokud je v každé iteraci použito náhodné blokové cyklování [71], které posouvá náhodně hranice bloků v každé iteraci. Bez použití náhodného cyklování vznikají blokové artefakty kvůli pevně daným hranicím bloků, protože mnohaměřítkový rozklad na nízkohodnostní části není invariantní vůči posunutí.

2.3.2 Proximální optimalizační metody

Optimalizační úlohu (2.3) komprimovaného snímání lze úspěšně řešit pomocí tzv. proximálních metod [23, 73], které jsou vhodné použít na součet dvou a více konvexních funkcí, přičemž je často pouze jedna z nich diferencovatelná, případně nemusí být v některých algoritmech diferencovatelná žádná funkce. Ty jsou založeny na proximálním operátoru, což je zobecnění projekčního operátoru na konvexní množinu.

Proximální operátor

Proximální operátor $\text{prox}_f(\mathbf{x})$ zdola polospojité konvexní funkce f v bodě \mathbf{x} je definován jako [23]

$$\text{prox}_f(\mathbf{x}) = \arg \min_{\mathbf{y}} \frac{1}{2} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2^2 + f(\mathbf{y}). \quad (2.9)$$

Pokud za funkci f vezmeme indikátorovou (charakteristickou) funkci ι_C množiny C

$$\iota_C : \mathbf{x} \mapsto \begin{cases} 0, & \mathbf{x} \in C, \\ \infty, & \mathbf{x} \notin C, \end{cases}$$

proximální operátor je totožný s projekčním operátorem [73]

$$\arg \min_{\mathbf{y}} \frac{1}{2} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2^2 + \iota_C(\mathbf{y}).$$

V algoritmech se také často využívá vlastnosti pro proximální operátor pro tzv. Fenchel–Rockafellarovu konjugovanou funkci f^* [73] k funkci f . Navíc platí Moreauova identita [26]: pro každé \mathbf{x} a $\sigma > 0$ platí

$$\text{prox}_{\sigma f^*}(\mathbf{x}) = \mathbf{x} - \sigma \text{prox}_{f/\sigma}(\mathbf{x}/\sigma). \quad (2.10)$$

Pokud je funkce f separovatelná, tj. $f(\mathbf{u}, \mathbf{v}) = f_1(\mathbf{u}) + f_2(\mathbf{v})$, lze separovat i proximální operátor [73]:

$$\begin{aligned} \text{prox}_f(\mathbf{x}, \mathbf{y}) &= \arg \min_{\mathbf{u}, \mathbf{v}} \frac{1}{2} \left\| \begin{pmatrix} \mathbf{x} \\ \mathbf{y} \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{v} \end{pmatrix} \right\|^2 + f(\mathbf{u}, \mathbf{v}) = \\ &= \arg \min_{\mathbf{u}, \mathbf{v}} \frac{1}{2} \|\mathbf{x} - \mathbf{u}\|^2 + \frac{1}{2} \|\mathbf{y} - \mathbf{v}\|^2 + f_1(\mathbf{u}) + f_2(\mathbf{v}) = \\ &= \arg \min_{\mathbf{u}} \frac{1}{2} \|\mathbf{x} - \mathbf{u}\|^2 + f_1(\mathbf{u}) + \arg \min_{\mathbf{v}} \frac{1}{2} \|\mathbf{y} - \mathbf{v}\|^2 + f_2(\mathbf{v}) = \\ &= \begin{pmatrix} \text{prox}_{f_1}(\mathbf{x}) \\ \text{prox}_{f_2}(\mathbf{y}) \end{pmatrix}. \end{aligned} \quad (2.11)$$

Tento vztah je možné zobecnit na případ i více separovatelných proměnných. Díky této vlastnosti lze vyčíslvat proximální operátor po separovatelných částech nezávisle na sobě.

Proximální operátor pro ℓ_1 -normu a nukleární normu

Podle definice (2.9) můžeme napsat (zjednodušeně zápis pouze pro vektory délky n):

$$\text{prox}_{\lambda\|\cdot\|_1}(\mathbf{x}) = \arg \min_{\mathbf{y}} \left\{ f(\mathbf{y}) := \frac{1}{2} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2^2 + \lambda \|\mathbf{y}\|_1 \right\},$$

což rozepíšeme jako

$$\hat{y} = \arg \min_{\mathbf{y}} \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2 + \lambda \sum_{i=1}^n |y_i|.$$

Budeme hledat toto minimum postupně na jednotlivých intervalech, kde je absolutní hodnota diferencovatelná (tj. provedeme derivaci podle jednotlivých proměnných a položíme rovno nule):

1) $y_i > 0$

$$\begin{aligned} \frac{\partial f}{\partial y_i} &= y_i - x_i + \lambda = 0, \\ y_i &= x_i - \lambda > 0 \quad \Rightarrow \quad x_i > \lambda, \end{aligned}$$

2) $y_i < 0$

$$\begin{aligned} \frac{\partial f}{\partial y_i} &= y_i - x_i - \lambda = 0, \\ y_i &= x_i + \lambda < 0 \quad \Rightarrow \quad x_i < -\lambda. \end{aligned}$$

3) Jediným případem, který jsme neuvažovali, je $y_i = 0$, které je hledaným minimumem pro zbylé případy x_i , tedy $-\lambda \leq x_i \leq \lambda$.

Celkově tedy můžeme proximální operátor ℓ_1 -normy napsat jako

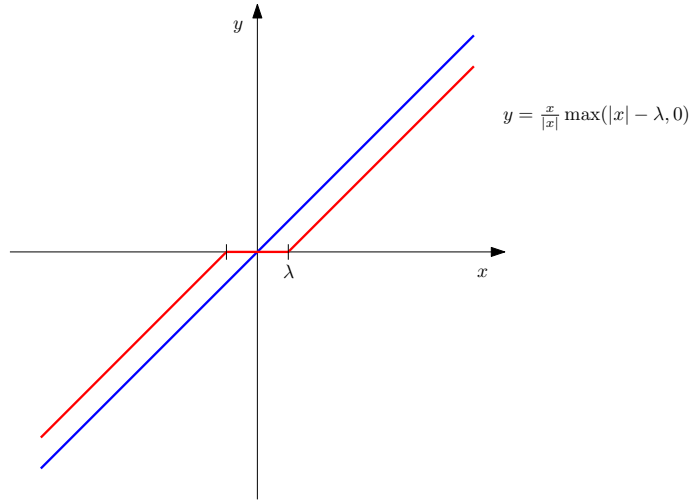
$$\hat{y}_i = \frac{x_i}{|x_i|} \max(|x_i| - \lambda, 0).$$

Tato funkce se nazývá měkké prahování, které je znázorněné na obr. 2.13. Měkké prahování se provádí pro každou složku vektoru \mathbf{x} zvlášť. Symbolicky se označuje jako $\text{prox}_{\lambda\|\cdot\|_1}(\mathbf{x}) = \text{soft}(\mathbf{x}, \lambda)$.

Protože nukleární norma je definovaná jako ℓ_1 -norma singulárních čísel (viz část (2.4)), je tedy proximální operátor nukleární normy měkké prahování singulárních čísel, formálně tedy:

$$\text{prox}_{\lambda\|\cdot\|_*}(\mathbf{X}) = \sum_{l=1}^n \text{soft}(\sigma_l, \lambda) \mathbf{u}_l \mathbf{v}_l^* =: \text{svt}(\mathbf{X}, \lambda).$$

Pro připomenutí – hodnota matice je dána počtem nenulových singulárních čísel a nukleární norma je aproximací hodnoty matice. Je tedy vidět, že využitím proximálního operátoru nukleární normy dochází k snižování hodnoty matice \mathbf{X} , protože se při něm vynulují ta singulární čísla, která jsou menší než zadaný práh λ .



Obr. 2.13: Identita (červeně) a měkké prahování s prahem λ (modře).

Proximální operátor pro 1D totální variaci

Proximální operátor 1D totální variace napíšeme podle definice (2.9) takto:

$$\text{prox}_{\lambda \|\cdot\|_{\text{tv}}}(\mathbf{x}) = \arg \min_{\mathbf{y}} \frac{1}{2} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2^2 + \lambda \|\mathbf{y}\|_{\text{tv}},$$

což rozepíšeme jako:

$$\min_{\mathbf{y}} \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2 + \lambda \sum_{i=1}^{n-1} |y_{i+1} - y_i|. \quad (2.12)$$

Tento proximální operátor nelze analyticky vyjádřit, jako tomu bylo u ℓ_1 -normy. Na jeho spočítání existují různé algoritmy, které jsou většinou iterativní. Nedávno se objevil i přímý algoritmus [25] na jeho výpočet. Tento algoritmus využívá duální problém k (2.12):

$$\min_{\mathbf{u} \in \mathbb{R}^{n+1}} \sum_{i=1}^n (x_i - u_i + u_{i-1})^2$$

vzhledem k $|u_i| \leq \lambda, \forall i = 1, \dots, n-1$, a $u_0 = u_n = 0$.

Pokud najdeme řešení \mathbf{u} duální úlohy, lze jednoduše dostat řešení \mathbf{y} primární úlohy jako

$$y_i = x_i - u_i + u_{i-1}, \quad \forall i = 1, \dots, n. \quad (2.13)$$

Řešení \mathbf{y} a \mathbf{u} je jednoznačně určeno Karush-Kuhn-Tuckerovými podmínkami [14], které vedou na

$$u_0 = u_n = 0 \text{ a } \forall i = 1, \dots, n-1$$

$$\begin{cases} u_i \in \langle -\lambda, \lambda \rangle & \text{pokud } y_i = y_{i+1}, \\ u_i = -\lambda, & \text{pokud } y_i < y_{i+1}, \\ u_i = \lambda, & \text{pokud } y_i > y_{i+1}. \end{cases} \quad (2.14)$$

Algoritmus prochází postupně jednotlivé prvky y_i . Na pozici i se snaží prodloužit stávající segment \mathbf{y} položením $y_{i+1} = y_i$. Pokud to není možné bez porušení (2.13) a (2.14), algoritmus jde zpět na poslední pozici, kde se objevil skok v \mathbf{y} , ověří stávající segment do této pozice, začne s novým segmentem a pokračuje stejným způsobem dál, dokud nedojde do konce. Tento algoritmus je konečný a typicky je lineární složitosti.

Proximální gradientní metoda (dopředné-zpětné dělení)

Máme danou konvexní úlohu

$$\min_{\mathbf{x}} g(\mathbf{x}) + h(\mathbf{x}), \quad (2.15)$$

přičemž $h : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ je zdola polospojité konvexní funkce a $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ je konvexní funkce, která je diferencovatelná s β -lipschitzovským spojitým gradientem ∇g , tj.

$$(\forall \mathbf{x}, \mathbf{y}) \in \mathbb{R}^n \times \mathbb{R}^n \quad \|\nabla g(\mathbf{x}) - \nabla g(\mathbf{y})\| \leq \beta \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|, \quad (2.16)$$

kde $\beta \in (0, \infty)$ a $\|\cdot\|$ je maticová (operátorová) norma přidružená dvojkové vektorové normě (rovna největšímu singulárnímu číslu matice).

Proximálně gradientní metoda [73] nebo také dopředné-zpětné dělení [23] (forward-backward splitting) řeší problém (2.15) iterativně takto:

Algoritmus 1 (*Proximální gradientní algoritmus*).
 Zvol parametr $t^k > 0$ (v každé iteraci) a počáteční odhad $\mathbf{x}^{(0)}$.
for $k = 0, 1, \dots$

$$\tilde{\mathbf{x}}^{k+1} := \mathbf{x}^k - t^k \nabla g(\mathbf{x}^k)$$

$$\mathbf{x}^{k+1} := \text{prox}_{t^k h}(\tilde{\mathbf{x}}^{k+1})$$

end

Skládá se ze dvou kroků – dopředného (explicitního) gradientního kroku, ve kterém je využito pouze g na výpočet $\tilde{\mathbf{x}}^{k+1}$, a zpětného (obecně implicitního) proximálního kroku využívajícího pouze h na výpočet \mathbf{x}^{k+1} . Pokud parametr $t^k < \frac{2}{\beta}$, pak posloupnost $\{\mathbf{x}^{(k)}\}_{k \in \mathbb{N}}$ generovaná proximálním gradientním algoritmem konverguje k řešení problému (2.15) [23, 24, 72].

Obecný proximální algoritmus

Je dána tato konvexní úloha:

$$\arg \min_{\mathbf{x}} f(\mathbf{x}) + g(\mathbf{x}) + \sum_{m=1}^M h_m L_m(\mathbf{x}), \quad (2.17)$$

kde:

- f, g a h_m jsou konvexní zdola polospojité funkce
- operátory L_m jsou lineární a ohraničené
- f je diferencovatelná s β -lipschitzovským spojitým gradientem ∇f , tj.

$$\|\nabla f(\mathbf{x}) - \nabla f(\mathbf{y})\| \leq \beta \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|, \quad \forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \quad (2.18)$$

Obecný proximální algoritmus [26] řeší iterativně úlohu (2.17) takto:

Algoritmus 2 (*Obecný proximální algoritmus*).
 Zvol parametry $\tau > 0, \sigma > 0, \rho > 0$ a počáteční odhad $\mathbf{x}^{(0)}, \mathbf{u}_1^{(0)}, \dots, \mathbf{u}_M^{(0)}$.
for $k = 0, 1, \dots$

$$\tilde{\mathbf{x}}^{(k+1)} := \text{prox}_{\tau g} \left(\mathbf{x}^{(k)} - \tau \nabla f(\mathbf{x}^{(k)}) - \tau \sum_{m=1}^M L_m^* \mathbf{u}_m^{(k)} \right)$$

$$\mathbf{x}^{(k+1)} := \rho \tilde{\mathbf{x}}^{(k+1)} + (1 - \rho) \mathbf{x}^{(k)}$$

for $m = 1, \dots, M$

$$\tilde{\mathbf{u}}_m^{(k+1)} := \text{prox}_{\sigma h_m^*} \left(\mathbf{u}_m^{(k)} + \sigma L_m \left(2\tilde{\mathbf{x}}^{(k+1)} - \mathbf{x}^{(k)} \right) \right)$$

$$\mathbf{u}_m^{(k+1)} := \rho \tilde{\mathbf{u}}_m^{(k+1)} + (1 - \rho) \mathbf{u}_m^{(k)}$$

end

end

V algoritmu představuje L_m^* adjungovaný operátor k operátoru L_m . Pokud nastavíme parametry obecného proximálního algoritmu τ, σ a ρ tak, aby platilo $\rho \in (0, 1)$ a $\tau \left(\frac{\beta}{2} + \sigma \left\| \sum_{m=1}^M L_m^* L_m \right\|_2 \right) < 1$, je zajištěno, že obě posloupnosti $\{\tilde{x}^{(k)}\}_{k \in \mathbb{N}}$ a $\{x^{(k)}\}_{k \in \mathbb{N}}$ generované obecným proximálním algoritmem konvergují k řešení problému (2.17) [26].

3 CÍLE DIZERTAČNÍ PRÁCE

Celkovým cílem dizertační práce je zvýšení informačního obsahu rekonstruovaných perfúzních dat tak, aby bylo možné provést vysoce přesný odhad všech perfúzních parametrů s využitím pokročilejších perfúzních modelů. Tohoto cíle chce dizertace dosáhnout konkrétně zvýšením časového rozlišení u 2D snímání při zachování prostorového rozlišení a dále zvýšením prostorového rozlišení z 2D snímání na 3D při zachování stejného časového rozlišení. Trojrozměrné zobrazování hraje velkou roli obzvláště v onkologii pro zachycení heterogenního charakteru nádoru, proto zvýšení prostorového rozlišení ve výsledku přibližuje využitelnost pokročilých farmakokinetických modelů v lékařské praxi.

Díličí cíle práce vedoucí k dosažení hlavního cíle jsou:

- Využití nových apriorních informací u rekonstrukcí pomocí komprimovaného snímání, kdy budou představeny nové optimalizační modely: lokální L+S model (část 4.1), lokální L+S model zahrnující anatomickou informaci (část 4.2), rozšíření mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu (část 4.3) a model s omezenými diferencemi (část 4.4).
- Redukce vychýlenosti rekonstrukcí perfúzního zobrazování v magnetické rezonanci (konkrétně pro nízkohodnostní model, viz část 5).
- Ověření vlivu rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání přímo na perfúzní parametry (rozdíl mezi rekonstrukcí pomocí regriddingu a globálním L+S modelem v parametrech, viz část 6).
- Rozšíření rekonstrukcí pomocí komprimovaného snímání na 3D data (metoda s omezenými diferencemi) a rovněž ověření jejich vlivu na perfúzní parametry (část 7).
- Součástí jednotlivých cílů je zároveň vytvoření rekonstrukčního algoritmu implementovaného v Matlabu.

4 VYUŽITÍ NOVÝCH APRIORNÍCH INFORMACÍ PRO CS

4.1 Lokální L+S model

4.1.1 Navržený model

Navržený lokální L+S model [6] propojuje výhody globálního L+S modelu (2.7) a lokálního L&S modelu (2.6). Tento model se snaží rozložit hledanou rekonstrukci na dvě matice \mathbf{L} a \mathbf{S} jako je tomu v globálním L+S modelu, což přináší výhodu větší odolnosti vůči šumu. Navíc matici \mathbf{L} modeluje jako nízkohodnostní po blocích jako je tomu v lokálním L&S modelu, což přináší větší adaptivitu na data. Lokální L+S model lze tedy zapsat jako následující optimalizační problém, kde hledaná rekonstrukce $\mathbf{M} = \mathbf{L} + \mathbf{S}$:

$$\min_{\mathbf{L}, \mathbf{S}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{L} + \mathbf{S}) - \mathbf{Y}\|_2^2 + \lambda_L \sum_{i=1}^{N_b} \|B_i \mathbf{L}\|_* + \lambda_S \|\mathcal{A}(\mathbf{S})\|_1, \quad (4.1)$$

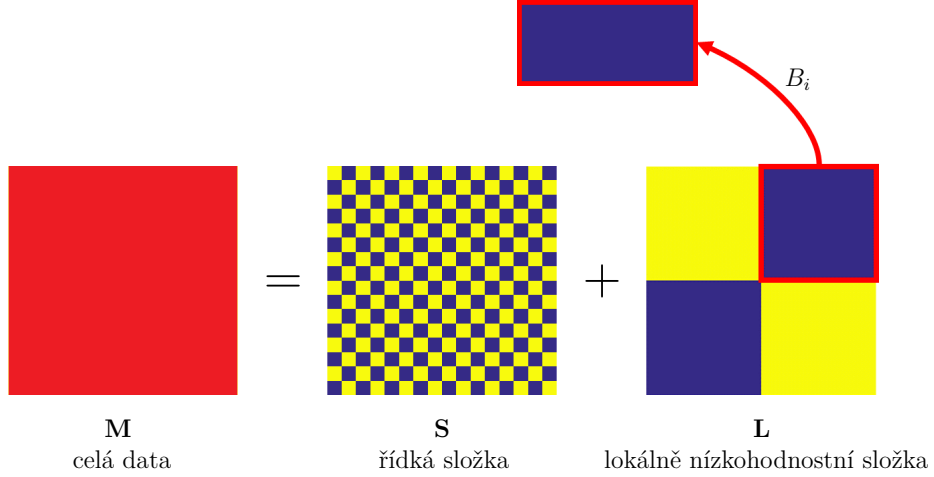
kde B_i je operátor vybírající blok i z matice \mathbf{L} a N_b je počet bloků. Ilustrační schéma lokálního L+S modelu je zobrazeno na obr. 4.1. Zásadní otázkou zde je, jak volit velikost bloku tak, aby v něm byly zahrnuty křivky s podobnými perfúzními parametry, a tím se zlepšila rekonstrukce, což bylo předmětem ověřování této metody na datech.

4.1.2 Ověření navržené metody

Data

Tento model byl ověřený na simulovaných datech – perfúzním fantomu. Ten byl pro tyto účely vytvořený jednoduchou modifikací Shepp-Loganova fantomu [85], který imituje řez mozkiem. Tento fantom byl doplněn perfúzními křivkami modelovanými perfúzním lognormálním modelem (1.3). Tyto křivky byly přidány do několika oddělených oblastí se stejným časovým průběhem. Schématicky je tento fantom zobrazený na obr. 4.2.

Pro účely simulace byl využitý perfúzní fantom o rozměrech $100 \times 100 \text{ px} \times 100$ časových snímků, do jejichž k -prostoru byl přidán aditivní komplexní gaussovský šum [97] se směrodatnou odchylkou 0,05, což modeluje šum obsažený v měření. Tento perfúzní fantom je velmi zjednodušený, ale dostačující pro ověření konceptu metody. Pro simulaci měření byly použity radiální trajektorie začínající v počátku k -prostoru s náhodně vygenerovanými směnicemi pro každou projekci zvlášť. Pro



Obr. 4.1: Schéma lokálního L+S modelu – pro větší názornost ukázán rozklad na jednom časovém snímku, kdy do stejného bloku patří i příslušné pixely v dalších časových okamžicích. Pro výpočet nukleární normy bloku jsou data v bloku navíc přeskládána do Casoratiho matice.

jednoduchost byly tyto souřadnice zaokrouhleny na kartézské pozice, kdy není potřeba pro rekonstrukci využít NUFFT.

Rekonstrukce simulovaných perfúzních dat

Kromě rekonstrukce pomocí lokálního L+S modelu (4.1) byly také pro srovnání provedeny rekonstrukce pomocí globálního L+S modelu (2.7) a lokálního L&S modelu (2.6). Všechny jmenované optimalizační algoritmy byly implementovány v Matlabu a pro jejich řešení byl využit proximální gradientní algoritmus (viz alg. 1).

Diferencovatelnou funkci g zde představuje datový člen $g(\mathbf{M}) = \frac{1}{2} \|E(\mathbf{M}) - \mathbf{Y}\|_2^2$ a funkce h představuje jednotlivé regularizační členy (různé pro každý model):

- $h = \lambda_L \sum_{i=1}^{N_b} \|B_i \mathbf{L}\|_* + \lambda_S \|\mathcal{A}(\mathbf{S})\|_1$ pro lokální L+S model,
- $h = \lambda_L \|\mathbf{L}\|_* + \lambda_S \|\mathcal{A}(\mathbf{S})\|_1$ pro globální L+S model,
- $h = \lambda_L \sum_{i=1}^{N_b} \|B_i \mathbf{M}\|_* + \lambda_S \|\mathcal{A}(\mathbf{M})\|_1$ pro lokální L&S model.

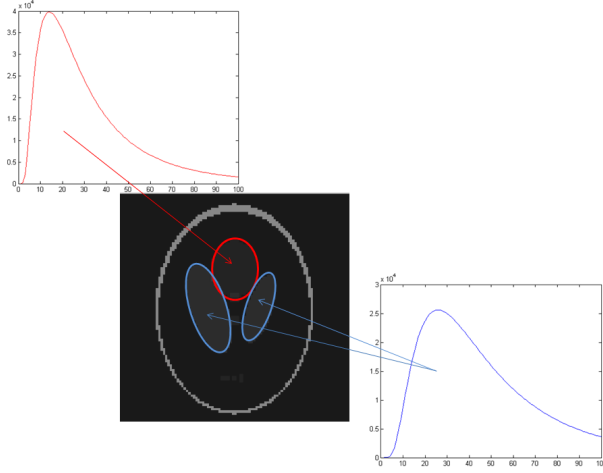
Díky separovatelnosti proximálního operátoru (2.11) lze i pro složené funkce h vyčíslit proximální operátory zvlášť pro jednotlivé členy.

Pro určení délky kroku t nejprve spočítáme lipschitzovskou konstantu β tak, aby platilo (2.16):

$$\|\nabla g(\mathbf{x}) - \nabla g(\mathbf{y})\| \leq \beta \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|.$$

Do tohoto vztahu dosadíme $\nabla g(\mathbf{x}) = E^*(E\mathbf{x} - d)$:

$$\|E^*(E\mathbf{x} - d) - E^*(E\mathbf{y} - d)\| = \|E^*E(\mathbf{x} - \mathbf{y})\| \leq \beta \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|.$$



Obr. 4.2: Schéma vytvoření perfúzního fantomu.

Lipschitzovská konstanta β je rovna největšímu singulárnímu číslu E^*E [72]. V případě podvzorkované Fourierovy transformace je největší singulární číslo rovno jedné (mimo podvzorkování úplného), proto $\beta = 1$ představuje optimální volbu lipschitzovské konstanty pro lokální L&S model. V lokálním a globálním L+S modelu je navíc nutné vzít v úvahu, že jsou zde dvě optimalizační proměnné \mathbf{L} a \mathbf{S} , což lze napsat pomocí jedné sdružené proměnné jako $\begin{pmatrix} \mathbf{L} \\ \mathbf{S} \end{pmatrix}$. Vztah pro operátor

rozepsaný zvlášť pro komponenty pak je $E(\mathbf{L} + \mathbf{S}) = E(\mathbf{L}) + E(\mathbf{S}) = (E \ E) \begin{pmatrix} \mathbf{L} \\ \mathbf{S} \end{pmatrix}$.

Odsud je vidět, že v těchto dvou modelech vystupuje místo samotného operátoru E operátor $(E \ E)$. Pro hledání lipschitzovské konstanty β je nyní nutné znát největší singulární číslo $(E^* \ E^*) \begin{pmatrix} E \\ E \end{pmatrix}$, což lze pomocí operátorové normy zapsat jako

$\left\| (E^* \ E^*) \begin{pmatrix} E \\ E \end{pmatrix} \right\| = \|(E \ E)\|^2$ [96]. Lze ukázat, že $\|(E \ E)\|^2 = 2\|E\|^2$ [72], tedy $\beta = 2$. Z toho vyplývá, že pro konvergenci proximální gradientní metody je potřeba zvolit krok $t < \frac{2}{\beta} = 1$ pro lokální L&S model a $t < 1$ pro globální a lokální L+S model. V algoritmech je použit konstantní krok $t = 1$ ve všech případech, i když je hraničním bodem ve druhém uvedeném případě, bylo prakticky ověřeno, že algoritmus konverguje.

Počáteční bod proximální gradientní metody byl nastaven na $\mathbf{M} = \mathbf{Y}$ ($\mathbf{L} = \mathbf{Y}$ a $\mathbf{S} = 0$) a za zřídňující transformaci \mathcal{A} byla zvolena 1D Fourierova transformace perfúzních křivek. Proximální gradientní metoda pro lokální L+S model má pak v jednotlivých iteracích tvar:

$$\mathbf{M}^{k+1} = \mathbf{L}^k + \mathbf{S}^k - E^* \left(E(\mathbf{L}^k + \mathbf{S}^k) - \mathbf{Y} \right),$$

$$\mathbf{L}^{k+1} = \sum_{i=1}^{N_b} B_i^* \left(\text{svt}(B_i(\mathbf{M}^{k+1} - \mathbf{S}^k), \lambda_L) \right),$$

$$\mathbf{S}^{k+1} = \mathcal{A}^{-1} \left(\text{soft} \left(\mathcal{A}(\mathbf{M}^{k+1} - \mathbf{L}^{k+1}), \lambda_S \right) \right).$$

Tvar iterací je obdobný i pro obě srovnávané metody. Výpočet \mathbf{S}^{k+1} je možný tímto způsobem pouze tehdy, když \mathcal{A} je unitární transformace, což Fourierova transformace splňuje.

Výsledky

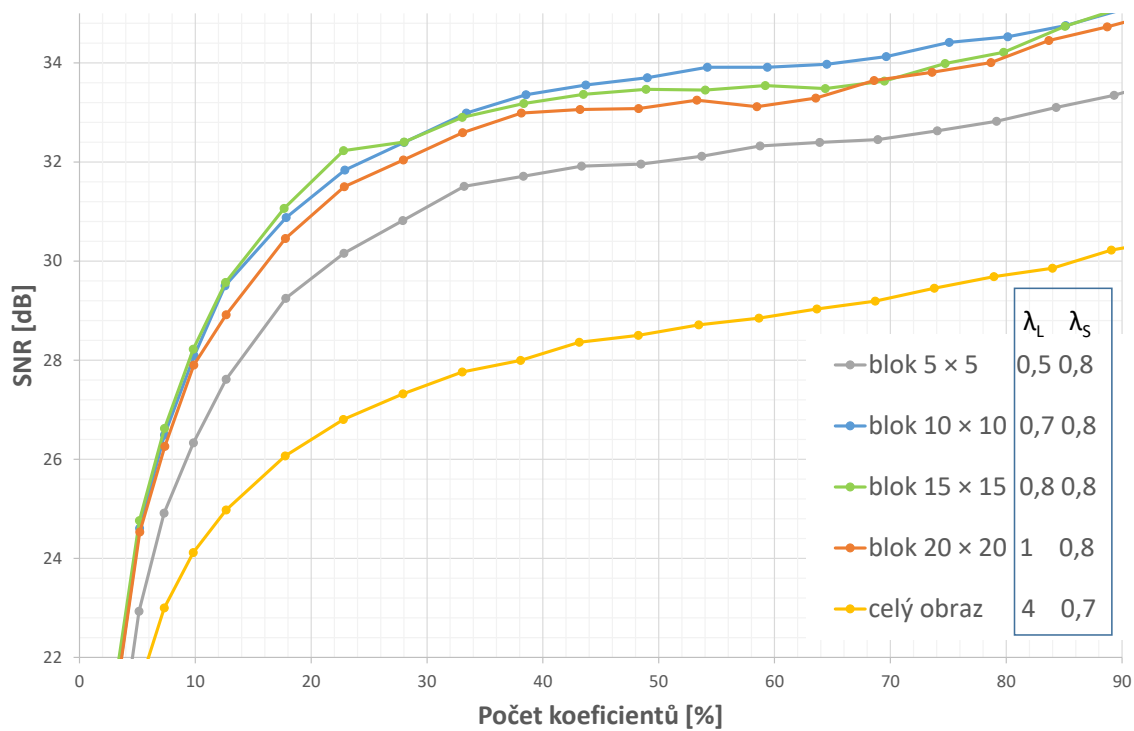
Pro lokální metody byly použity nepřekrývající se čtvercové bloky s různými délkami stran. Regularizační parametry λ_L, λ_S byly experimentálně určeny tak, aby dávaly co nejvyšší hodnotu SNR. Závisí na použité metodě, rozměru bloků a rozlišení. Jejich konkrétní hodnoty jsou pak uvedeny u grafu výsledků (viz obr. 4.3(a) a 4.3(b)). Ve všech případech byla jako ukončovací kritérium zvolena relativní odchylka v aktuálním řešení menší než 10^{-5} .

Nejprve byla srovnána rekonstrukce perfúzních křivek pomocí globálního a lokálního L+S modelu pro různé velikosti bloku a různé procento naměřených koeficientů. Úspěšnost rekonstrukce byla měřena pomocí SNR mezi rekonstrukcí a vytvořeným perfúzním fantomem. Výsledky byly zakresleny do grafu 4.3(a).

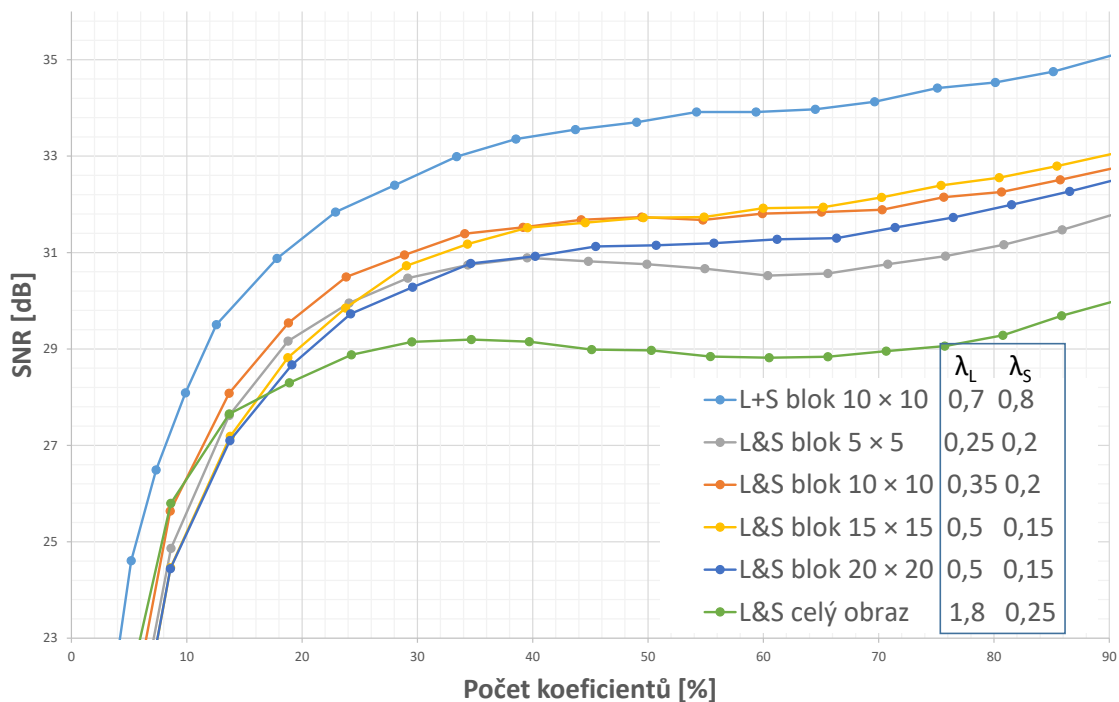
Rozdělení na bloky v lokálním L+S modelu přineslo zlepšení SNR. Z grafu je také vidět, že na kvalitu rekonstrukce má vliv velikost bloku. Optimální velikost bloku závisí zřejmě na daném měřeném objektu – lepších výsledků je dosaženo při použití dostatečně malých bloků na to, aby obsahovaly pouze tkáň s podobnými perfúzními parametry, ale zase natolik velké, aby regularizovaly dostatečně velkou oblast. Z výsledků experimentu vyplývá, že pro perfúzní fantom je optimální velikost bloků 10×10 px pro méně podvzorkovaná data a 15×15 px pro více podvzorkovaná.

Dále byl porovnán lokální L+S model (s optimální velikostí bloku 10×10 px) a lokální L&S model s různě nastavenými velikostmi bloku. Výsledky srovnání jsou zobrazeny na obr. 4.3(b). Zde je možné vidět, že lokální L+S model má lepší SNR ve všech případech nastavení velikosti bloku v L&S modelu (tedy i pro nejlepší volbu velikosti bloku 10×10 px nebo 15×15 px).

Na obrázku 4.4 jsou znázorněny perfúzní křivky (z 35 % koeficientů) z několika oblastí znázorněných červenými šipkami na obr. 4.4(d). V levém sloupci je porovnaný globální a lokální L+S model (i s původními originálními perfúzními křivkami z fantomu) a v pravém sloupci lokální L+S a lokální L&S model. Jak je vidět, lokální L+S model lépe sleduje průběh perfúzních křivek a je hladší než s ním porovnávaný globální L+S model a lokální L&S model. Neperfúzní tkáň (obr. 4.4(c)) jsou rovněž lépe aproximovány lokálním L+S modelem než druhými dvěma.

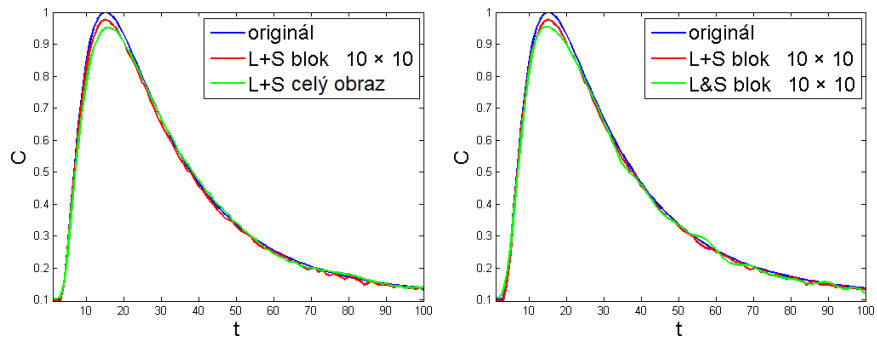


(a)

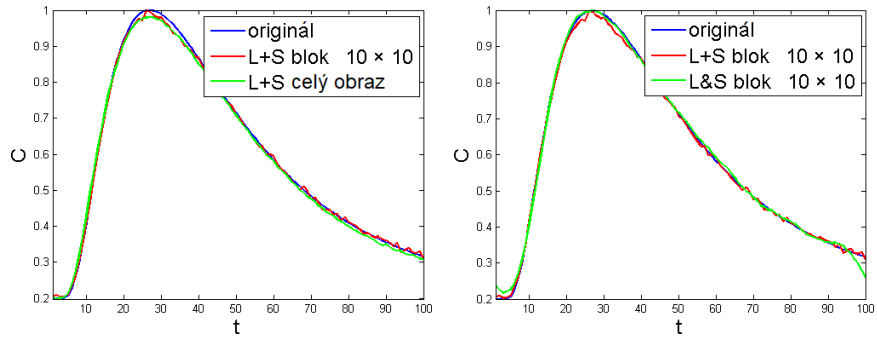


(b)

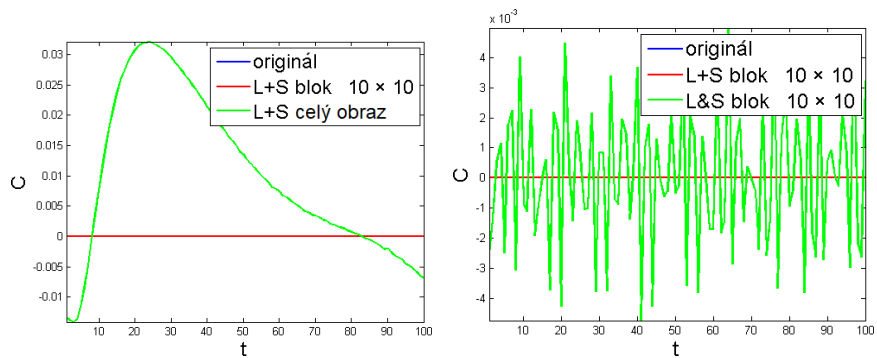
Obr. 4.3: (a) Srovnání globálního a lokálního L+S modelu a (b) srovnání lokálního L+S modelu a lokálního L&S modelu – závislost SNR na procentech naměřených koeficientů.



(a)



(b)



(c)



(d)

Obr. 4.4: Rekonstrukce perfúzních křivek (ze 35 % Fourierových koeficientů) ze třech různých míst vyznačených červenými šipkami v (d). Nalevo srovnání globálního a lokálního L+S modelu, napravo lokálního a L&S modelu. Oblast (c) je neperfúzní tkáň, kde není žádná kontrastní látka (nalevo splývá originální křivka s rekonstruovanou pomocí lokálního L+S modelu).

4.2 Lokální L+S model zahrnující anatomickou informaci

4.2.1 Navržený model

Dalším navrženým vylepšením lokálního L+S modelu (4.1) je využití anatomické informace měřeného objektu při tvorbě bloků pro nízkou hodnotu – místo čtvercových bloků použití bloků libovolných tvarů vytvořených podle anatomie. Toto vylepšení bylo prezentováno na konferenci [3]. Formálně tato úloha má stejnou podobu:

$$\min_{\mathbf{L}, \mathbf{S}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{L} + \mathbf{S}) - \mathbf{Y}\|_2^2 + \lambda_L \sum_{i=1}^{N_b} \|B_i \mathbf{L}\|_* + \lambda_S \|\nabla_t \mathbf{S}\|_1. \quad (4.2)$$

Jediný rozdíl je zde v tom, že za zřídšující transformaci byly v tomto případě zvoleny

diference v časovém směru $\nabla_t = \begin{pmatrix} -1 & 1 & 0 & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 1 & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & \ddots & 0 & 0 \\ \vdots & & & \ddots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & -1 & 1 \end{pmatrix}$, tj. dohromady s ℓ_1

normou se jedná o 1D totální variaci na perfúzní křivky. Operátory B_i tentokrát nevybírají čtvercové bloky, ale bloky tvaru dle anatomie.

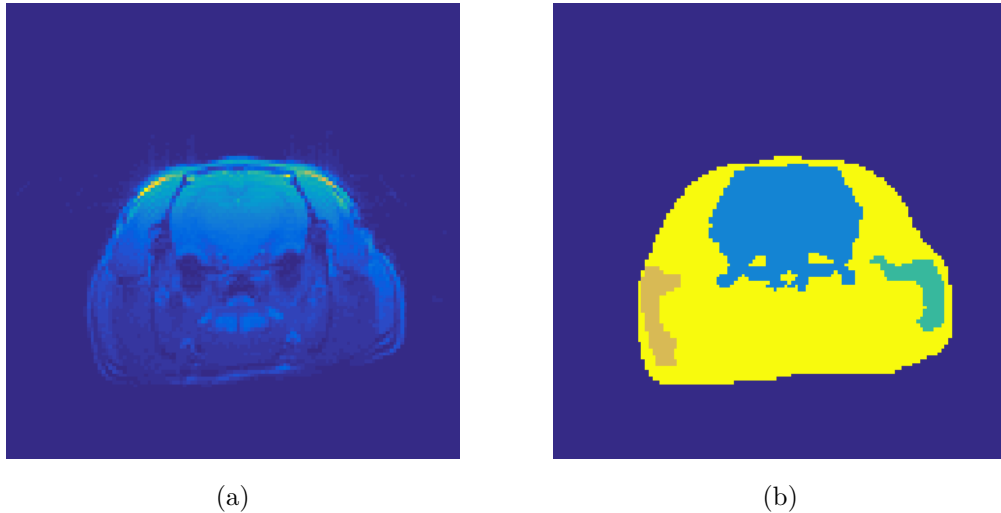
Anatomickou informaci lze získat například z prekontrastních skenů, které se obvykle měří při perfúzním zobrazování (viz část 1.6). Odsud lze nasegmentovat daný měřený objekt na jednotlivé anatomické části. To lze buď ruční segmentací, anebo některou ze strojových segmentací. V oblasti strojové segmentace se jako slibný směr zdá navrhovaný v našem článku [10], kde (zatím pouze v 1D) se jednotlivé oblasti modelují jako polynomiální a hranice mezi nimi se vyskytují pouze řídce.

4.2.2 Ověření navržené metody

Data

Tento algoritmus byl aplikovaný na reálná dynamická in-vivo data řezu hlavou potkana¹. Experimentální měření bylo provedeno na zdravém Sprague-Dawleyho potkanovi na 9,4T skeneru (Brucker BioSpin MRI, Germany) s využitím gradient echo (FLASH) sekvence (viz část 1.4.4), při kterém byla měřena radiální data se zlatým úhlem (viz část 2.1), přičemž na každé radiále bylo naměřeno 128 vzorků. Bylo přitom využito čtyřkanálové povrchové hlavové měřicí pole cívek. Pro úplnost jsou zde uvedeny další parametry měření: TR/TE 17/1,7 ms, sklápěcí úhel 25°, axiální

¹Ústav přístrojové techniky, AV ČR



Obr. 4.5: (a) Anatomický snímek a (b) označené anatomické oblasti využívané při rekonstrukci.

řez (kolmý na osu z), tloušťka řezu 2,4 mm, délka akvizice 14 min, jako kontrastní látka byl použitý Magnevist, Bayer HealCare Pharmaceuticals, Germany.

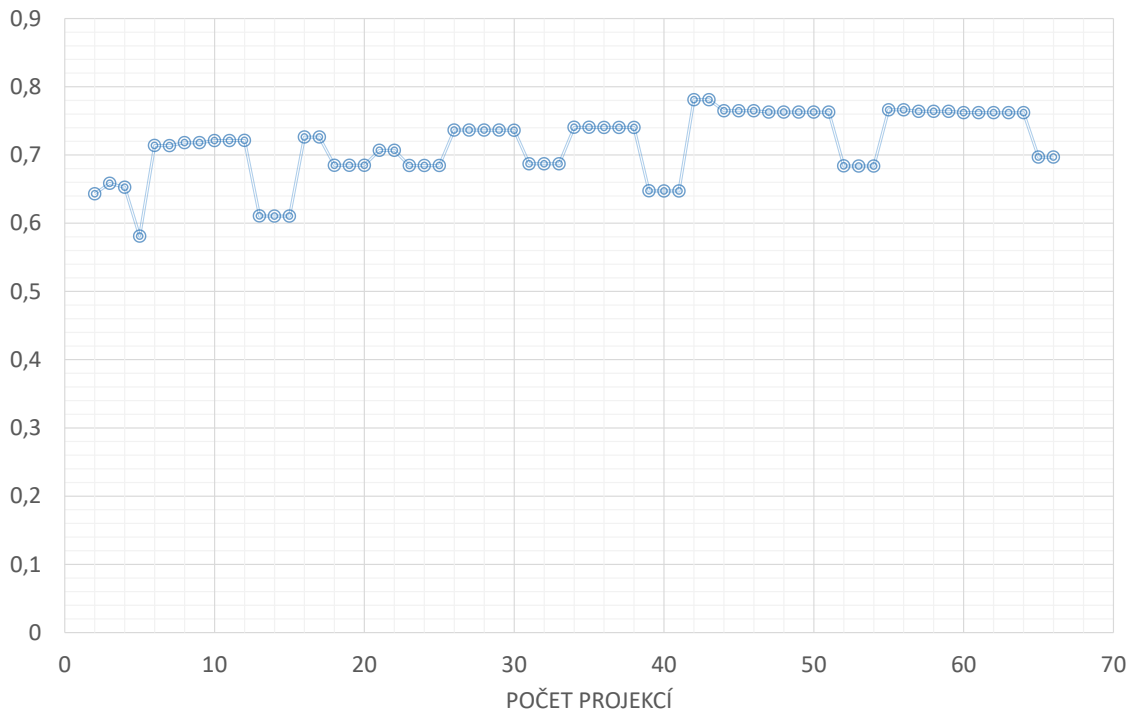
Anatomická data byla měřena kartézským měřením, kdy bylo naměřeno 128×128 vzorků. Ostatní parametry akvizice (kromě její délky a bez použití kontrastní látky) byly stejné.

Rekonstrukce dat a výsledky

Na rekonstrukci dat byl použit lokální L+S model (4.2) s anatomickou informací. Z anatomického snímku 4.5(a) byly ručně nasegmentovány bloky odpovídající vybraným anatomickým oblastem 4.5(b). Výsledky byly porovnány s rekonstrukcí bez anatomické informace, tj. s globálním L+S modelem (2.7). Pro rekonstrukce bylo využito 21 radiálních trajektorií na snímek (to znamená časové rozlišení *počet projekcí* · TR = $21 \cdot 17 \text{ ms} = 0,357 \text{ s}$) a rozměr rekonstruovaných snímků byl nastaven na 128×128 pixelů. Při rekonstrukci bylo využito citlivostí cívek odhadnutých pomocí ESPIRiT² (viz část 2.2) z prekontrastních kartézských měření.

Rekonstrukční úlohy byly řešeny v Matlabu pomocí 20 iterací proximálního gradientního algoritmu (viz alg. 1, rozepsané viz část 4.1.2 – rozdíl je pouze ve výpočtu proximálního operátoru totální variace pro výpočet \mathbf{S}^{k+1} , který používá algoritmus popsany v části 2.3.2). Hodnota operátorové normy pro NUFFT operátor s citlivostmi již není rovna jedné. Pro použitá data je tato hodnota numericky spočítána (pomocí mocinné metody pro výpočet vlastních čísel [27]) pro různý počet projekcí

²http://people.eecs.berkeley.edu/~mlustig/software/SPIRiT_v0.3.tar.gz – v tomto programovém balíku je implementována rovněž NUFFT of Fesslera [35]

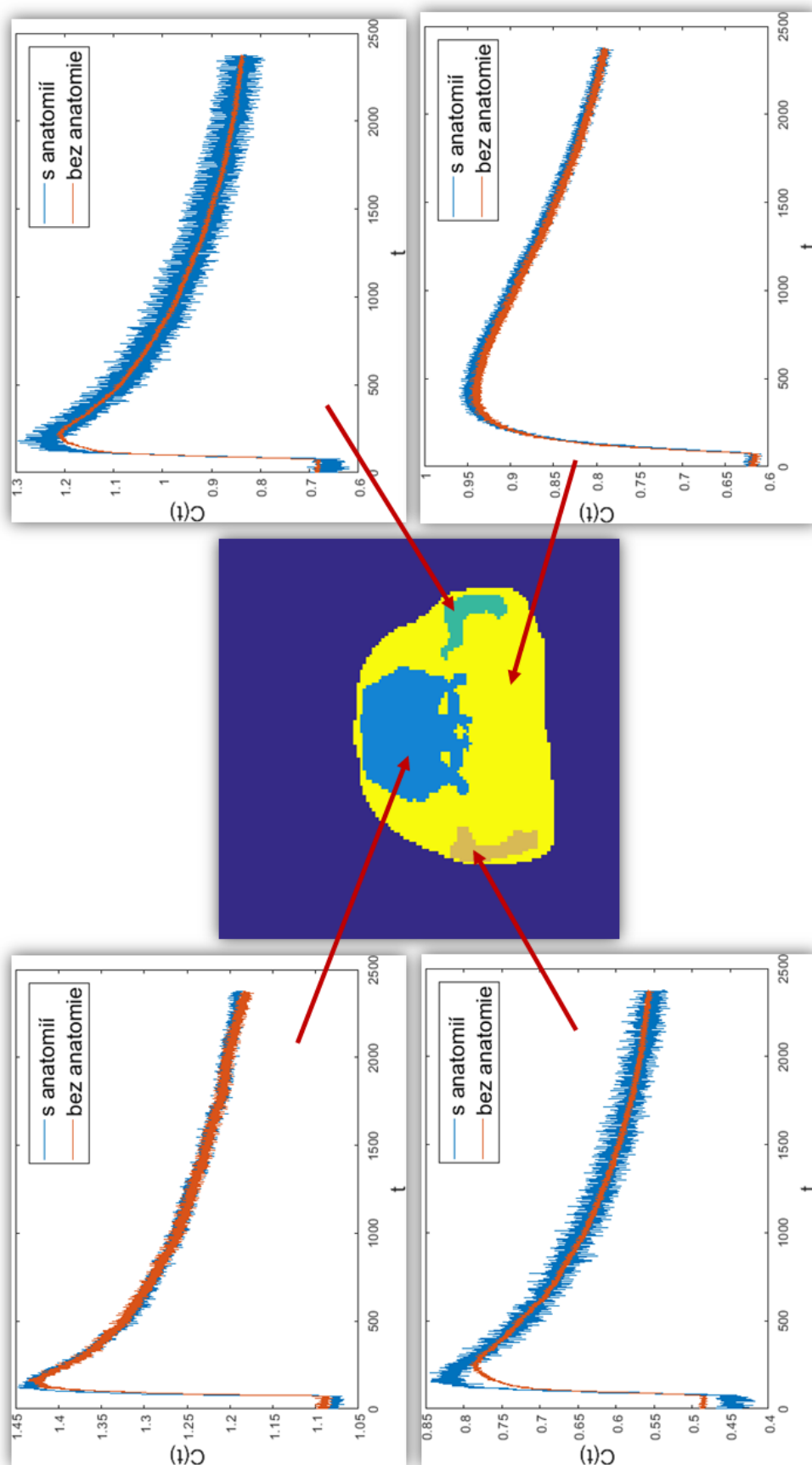


Obr. 4.6: Hodnota normy operátoru NUFFT i se započítáním citlivostí (pro data viz část 4.2.2) pro různý počet projekcí se zlatým úhlem (výsledky numerického výpočtu).

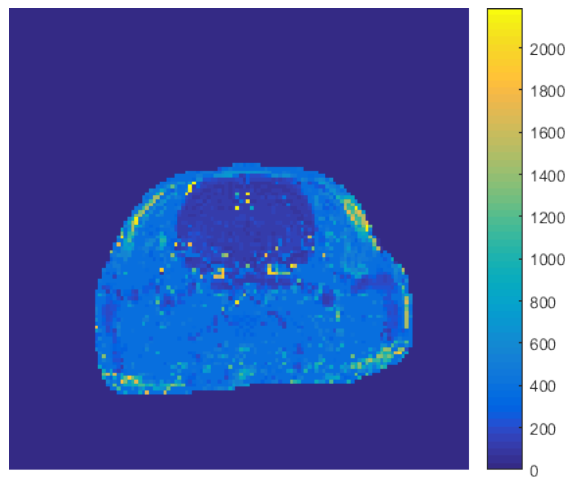
(viz obr. 4.6). Je zde vidět, že tato hodnota je v těchto případech vždy menší než jedna, tudíž lipschitzovská konstanta $\beta < 2$ a $t < \frac{2}{\beta} < 2$, přičemž této podmínce vyhovuje i použité $t = 1$. Regularizační parametry byly experimentálně nastaveny na $\lambda_L = 0,025 \cdot \sigma_1$ (σ_1 je největší singulární číslo aktuální matice $\mathbf{L}^{(k)}$) a $\lambda_S = 0,5$ u obou metod.

Výsledné perfúzní křivky jsou pro obě rekonstrukční metody vykresleny na obrázku 4.7, kde jsou zobrazeny jejich průměry z příslušných anatomických oblastí. Je zde vidět, že zejména v malých oblastech (ve žvýkacích svalech po bocích řezu hlavou potkana) jsou při použití globálního L+S modelu zkresleny parametry časů do maxima.

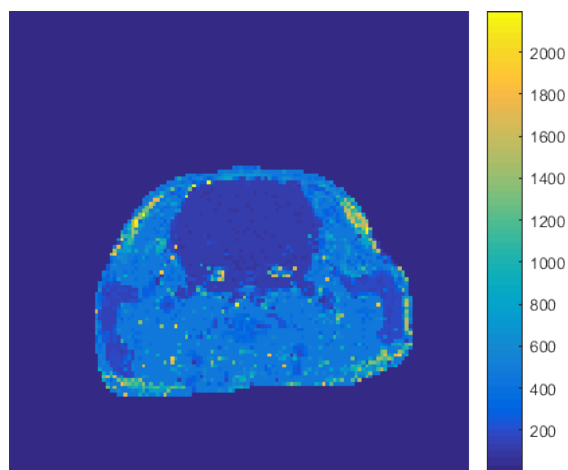
Tento fakt potvrzují výsledné perfúzní mapy parametru času do maxima obou metod, které jsou zobrazeny na obr. 4.8. Je zde vidět, že s využitím anatomické informace (obr. 4.8(b)) je tento parametr lépe zachycený ve stejném typu tkáně než bez jejího využití (obr. 4.8(a)), kde nejsou jasně zřetelné oblasti s podobnou hodnotou tohoto parametru, a dochází zde k jejich zkreslení (zejména ve žvýkacích svalech).



Obr. 4.7: Průměry rekonstruovaných perfúzních křivek z označených oblastí (se zahrnutou a nezahrnutou anatomickou informací).



(a)



(b)

Obr. 4.8: Perfúzní mapy parametru času do maxima: (a) rekonstrukce bez anatomické informace a (b) s anatomickou informací. Barevné škály představují čas (pořadí časového snímku), kdy nastane maximum.

4.3 Rozšíření mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu

4.3.1 Navržený model

Mnohaměřítkový rozklad na matice s lokálně nízkou hodnotí (2.8) není vhodný pro CS rekonstrukci, protože v tomto modelu není zahrnutý měřicí proces. Proto je tento model vhodný pouze na vyhlazení již dříve zrekonstruovaných dat, ale není vhodný na zrychlení nebo zvýšení rozlišení vlastního měřicího procesu v dynamickém MRI. Navržené rozšíření a modifikace rozkladu (2.8) publikované v [8] obsahuje již měřicí operátor:

$$\min_{\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_L} \frac{1}{2} \left\| E \left(\sum_{i=1}^L \mathbf{X}_i \right) - \mathbf{Y} \right\|_2^2 + \lambda \sum_{i=1}^L \sum_{j=1}^{N_i} \lambda_i \left\| B_i^j \mathbf{X}_i \right\|_*. \quad (4.3)$$

Tento problém je úloha bez omezení (na rozdíl od původní úlohy (2.8)), protože obvykle se uvažuje také šum, který se vyskytuje v reálných datech. V úloze představuje λ globální regularizační parametr, díky kterému je možné zachovat poměr doporučených hodnot λ_i z [71].

4.3.2 Ověření navržené metody

Rekonstrukce dat

Pro řešení úlohy (4.3) lze opět využít proximální gradientní algoritmus (viz alg. 1). Ten má potom následující podobu – v každé iteraci k se střídají tyto kroky:

- gradientní krok odvozený z datového členu:

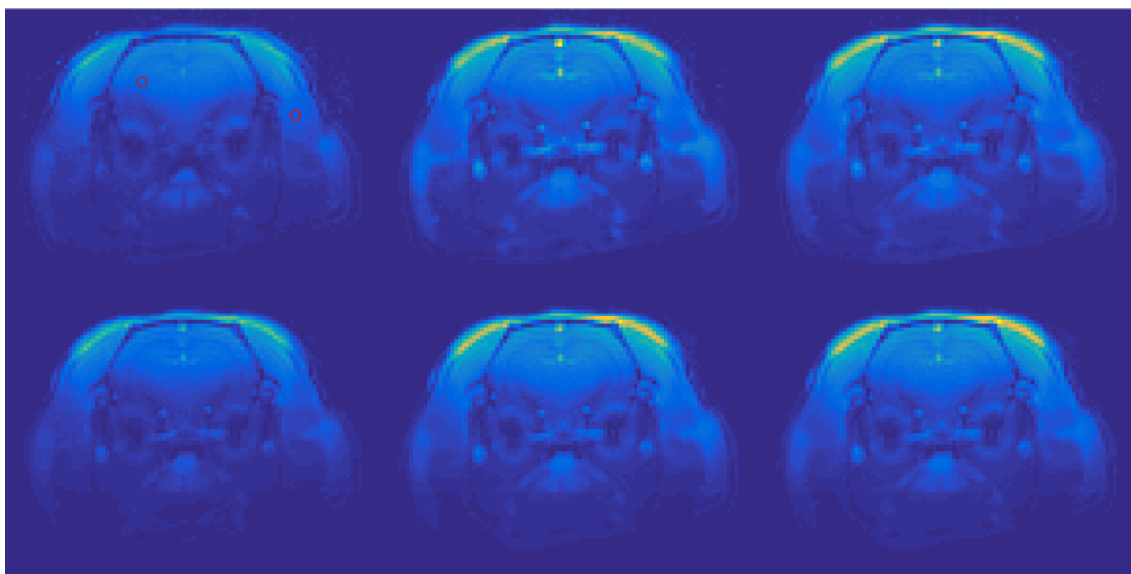
$$\widetilde{\mathbf{X}}_i^{k+1} = \mathbf{X}_i^k - t \cdot E^* \left[E \left(\sum_{i=1}^L \mathbf{X}_i^k \right) - \mathbf{Y} \right], \quad (4.4)$$

- proximální kroky odvozené z regularizéru ($\forall i = 1, \dots, L$):

$$\mathbf{X}_i^{k+1} = \left(B_i^j \right)^* \text{svt} \left(B_i^j \widetilde{\mathbf{X}}_i^{k+1}, t \lambda \lambda_i \right). \quad (4.5)$$

Lze ukázat, že lipschitzovská konstanta je v tomto případě $\beta = L \|E\|^2$ (odvození podobným postupem jako v [81] pro případ rozložení na dvě úrovně), a tedy pro konvergenci algoritmu je postačující podmínka, aby $t < 2/(L \|E\|^2)$. V algoritmech byl nastaven krok na $t = 2/L$.

Iterační proces je opakován pro předem daný počet iterací. Rekonstrukční programy byly implementovány v Matlabu. Jednotlivé iterace jsou výpočetně náročné, konkrétně nejnáročnějšími částmi je neuniformní Fourierova transformace a prahování singulárních čísel.



Obr. 4.9: Porovnání časových snímků (zleva doprava: 1., 200. a 400.) zrekonstruovaných pomocí globálního L+S modelu (nahore) a mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu (dole).

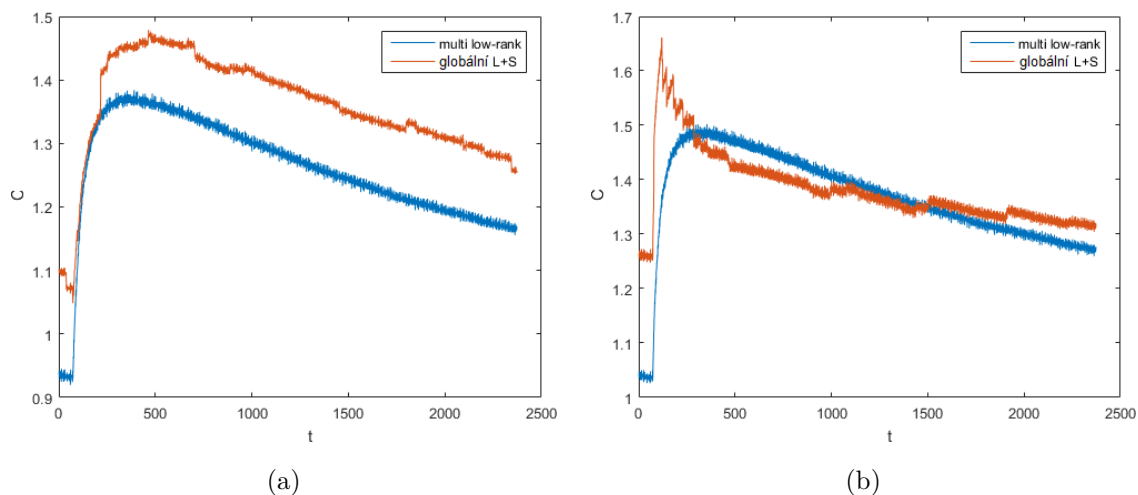
Výsledky

Navržená metoda byla ověřena na reálných dynamických in-vivo datech řezu hlavou potkana³ (stejných jako u lokálního L+S modelu se zahrnutou anatomickou informací popsaných v části 4.2.2). Při rekonstrukci bylo na jeden časový snímek použito 21 trajektorií (se zlatým úhlem) a výsledná velikost jednotlivých snímků byla 128×128 pixelů. Citlivosti cívek byly odhadnuty pomocí ESPIRiT (viz část 2.2).

Pro porovnání byla nejprve perfúzní MRI data zrekonstruována pomocí globálního L+S modelu (2.7). Parametry byly přitom nastaveny experimentálně na $\lambda_L = 0,025 \cdot \sigma_1$ (σ_1 je největší singulární číslo matice \mathbf{L}) a $\lambda_S = 0,1$. Jako zřídšující transformace \mathcal{A} byly použity konečné diference. Pro rekonstrukci bylo použito 20 iterací proximálního gradientního algoritmu viz alg. 1 (rozepsané viz část 4.1.2). Rekonstrukce několika časových snímků je zobrazena na obr. 4.9 vlevo. Místa, ze kterých jsou vykreslena perfúzní křivky na obr. 4.10(a) a 4.10(b), jsou označena červeným kolečkem na obr. 4.9.

Série snímků z perfúzní MRI byla dále zrekonstruována pomocí mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu (4.3). Parametry λ_i byly přitom nastaveny jako v [71] a λ experimentálně na 0,5. Bylo přitom použito pět měřítek rozkladu se čtvercovými bloky o rozměrech 1×1 , 4×4 , 16×16 , 64×64 a 128×128 pixelů v prostoru a všemi časovými snímky (v Casoratiho matici to odpovídá 1^2 , 4^2 , 16^2 , 64^2 a 128^2 řádkům).

³Ústav přístrojové techniky, AV ČR



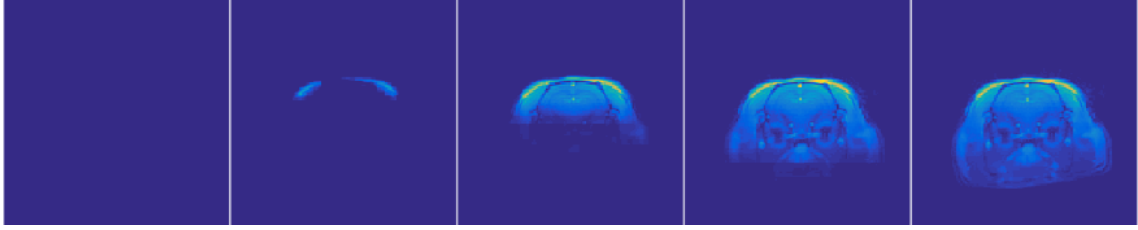
Obr. 4.10: Rekonstruované perfúzní křivky s využitím globálního L+S modelu a mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu (multi low-rank): (a) z červeně zakroužkovaného horního pixelu na obr. 4.9 (ve spánkovém svalu) (b) z červeně zakroužkovaného dolního pixelu na obr. 4.9 (v mozku).

Pro rekonstrukci bylo použito 20 iterací proximálního gradientního algoritmu (4.4)–(4.5) s náhodným blokovým cyklováním (viz část 2.3.1).

Rekonstrukci několika časových snímků lze vidět na obr. 4.9 vpravo. Červená kolečka opět označují místa korespondující s perfúzními křivkami zobrazenými na obr. 4.10(a) a 4.10(b).

Rozklad prvního časového snímku na jednotlivá měřítka je zobrazen na obr. 4.11. Jak je vidět, signál s větší intenzitou z přijímací cívky je přítomný spíše v blocích o menších rozměrech a více homogenní část je naopak zobrazena v měřítku globální nízké hodnoty.

Když porovnáme tuto novou metodu s L+S metodou, je možné si všimnout, že navržený algoritmus snižuje artefakty kolem hlavy potkana (obr. 4.9) v prostorové doméně a navíc zviditelňuje některé anatomické struktury. Když se podíváme do časového směru, lze vidět, že perfúzní křivky (obr. 4.10(b)) jsou hladší, protože neobsahují „falešné skoky“, které jsou naopak přítomny ve výsledcích L+S modelu (obr. 4.10(a)). Bohužel ale mnohaměřítkový nízkohodnostní model snižuje hodnoty perfúzních křivek (obr. 4.10(a)) kvůli měkkému prahování na více úrovních v průběhu iterací. Také pokud mají perfúzní křivky rychlý náběh, mnohaměřítkový nízkohodnostní model zkresluje tento náběh (obr. 4.10(b)), což může představovat problém.



Obr. 4.11: Rozklad prvního časového snímku — matice s nízkohodnostními bloky o rozměrech 1, 4, 16, 64 a 128 pixelů (zleva doprava).

4.4 Model s omezenými diferencemi

4.4.1 Navržený model

Řídkost časových gradientů (tj. totální variace v časovém směru) může vést ke skokovým artefaktům na perfúzních křivkách. Toho si lze všimnout např. na obrázcích 4.10(a) a 4.10(b). Navržený (dosud nepublikovaný) model se snaží tomuto jevu předejít tím, že omezí maximální velikost difference.

Tento model se také snaží rozložit hledanou rekonstrukci na dvě složky \mathbf{L} a \mathbf{S} . Zatímco složka \mathbf{L} je opět nízkohodnostní, na složku \mathbf{S} se vztahuje navržené omezení maximální velikosti časové difference měřené pomocí ℓ_∞ normy. Navržený model s omezenými diferencemi je ve tvaru:

$$\min_{\mathbf{L}, \mathbf{S}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{L} + \mathbf{S}) - \mathbf{Y}\|_2^2 + \lambda_L \|\mathbf{L}\|_* + \iota_{\{\mathbf{x}: \|\nabla_t \mathbf{x}\|_\infty \leq \lambda_S\}}(\mathbf{S}). \quad (4.6)$$

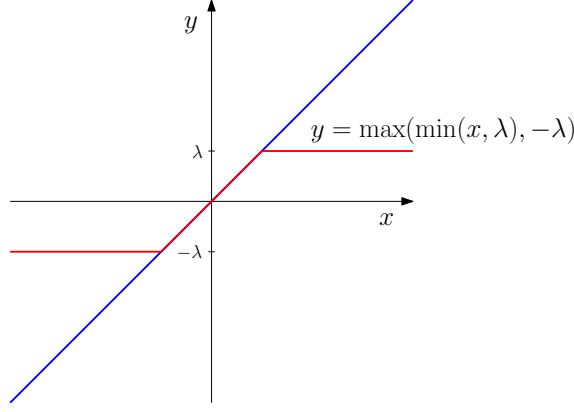
Hledaná rekonstrukce je potom rovněž $\mathbf{M} = \mathbf{L} + \mathbf{S}$.

4.4.2 Ověření navržené metody

Rekonstrukce dat

Na tento problém aplikujeme obecnou proximální metodu (viz alg. 2). V tomto algoritmu položíme $f(\mathbf{L}, \mathbf{S}) = \frac{1}{2} \|E(\mathbf{L} + \mathbf{S}) - \mathbf{Y}\|_2^2$, $g(\mathbf{L}, \mathbf{S}) = 0$, funkce $h_1(\mathbf{L}) = \lambda_L \|\mathbf{L}\|_*$ a $h_2(\mathbf{S}) = \iota_{\{\mathbf{x}: \|\nabla_t \mathbf{x}\|_\infty \leq \lambda_S\}}(\mathbf{S})$ a operátory $L_1 = \begin{pmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{0} \end{pmatrix}$ a $L_2 = \begin{pmatrix} \mathbf{0} & \nabla_t \end{pmatrix}$, přičemž \mathbf{I} je jednotková matice. Proximální operátor funkce g (nulové funkce) se rovná identitě. Při výpočtu proximálního operátoru Fenchel–Rockafellarovu konjugovanou funkci k funkcím h_1 a h_2 je využito Moreauovy identity (2.10). Proximální operátor funkce h_2 se rovná projekci na množinu $\{\mathbf{X} : \|\nabla_t \mathbf{X}\|_\infty \leq \lambda_S\}$. Tato projekce bývá označována jako klipovací funkce $\text{clip}(\mathbf{x}, \lambda) = \max(\min(\mathbf{x}, \lambda), -\lambda)$ (viz obr. 4.12).

Díky separovatelnosti proximálního operátoru (2.11) lze opět vyčíslvat proximální operátory zvlášť pro jednotlivé členy. V iteracích postupně použijeme:



Obr. 4.12: Identita (červeně) a klipovací funkce s prahem λ (modře).

$$\begin{aligned}\tilde{\mathbf{L}}^{(i+1)} &= \mathbf{L}^{(i)} - \tau \cdot E^* \left(E(\mathbf{L}^{(i)} + \mathbf{S}^{(i)}) - \mathbf{Y} \right) - \tau \cdot \mathbf{U}_1^{(i)}, \\ \tilde{\mathbf{S}}^{(i+1)} &= \mathbf{S}^{(i)} - \tau \cdot E^* \left(E(\mathbf{L}^{(i)} + \mathbf{S}^{(i)}) - \mathbf{Y} \right) - \tau \cdot \nabla_t^* \mathbf{U}_2^{(i)},\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\mathbf{L}^{(i+1)} &= \rho \tilde{\mathbf{L}}^{(i+1)} + (1 - \rho) \mathbf{L}^{(i)}, \\ \mathbf{S}^{(i+1)} &= \rho \tilde{\mathbf{S}}^{(i+1)} + (1 - \rho) \mathbf{S}^{(i)},\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\bar{\mathbf{U}}_1^{(i+1)} &= \mathbf{U}_1^{(i)} + \sigma \left(2\mathbf{L}^{(i+1)} - \mathbf{L}^{(i)} \right), \\ \tilde{\mathbf{U}}_1^{(i+1)} &= \bar{\mathbf{U}}_1^{(i+1)} - \sigma \cdot \text{svt} \left(\frac{\bar{\mathbf{U}}_1^{(i+1)}}{\sigma}, \frac{\lambda_L}{\sigma} \right), \\ \mathbf{U}_1^{(i+1)} &= \rho \tilde{\mathbf{U}}_1^{(i+1)} + (1 - \rho) \mathbf{U}_1^{(i)},\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\bar{\mathbf{U}}_2^{(i+1)} &= \mathbf{U}_2^{(i)} + \sigma \nabla_t \left(2\mathbf{S}^{(i+1)} - \mathbf{S}^{(i)} \right), \\ \tilde{\mathbf{U}}_2^{(i+1)} &= \bar{\mathbf{U}}_2^{(i+1)} - \sigma \cdot \text{clip} \left(\frac{\bar{\mathbf{U}}_2^{(i+1)}}{\sigma}, \lambda_S \right), \\ \mathbf{U}_2^{(i+1)} &= \rho \tilde{\mathbf{U}}_2^{(i+1)} + (1 - \rho) \mathbf{U}_2^{(i)}.\end{aligned}$$

Ve výpočtech byl nastaven parametr $\rho = 1$. Ostatní parametry musí vyhovovat podmínce $\tau \left(\frac{\beta}{2} + \sigma \|L_1^* L_1 + L_2^* L_2\| \right) < 1$. Postupně lze tedy spočítat

$$\begin{aligned}L_1^* L_1 &= \begin{pmatrix} \mathbf{I} \\ \mathbf{0} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{0} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} \end{pmatrix}, \\ L_2^* L_2 &= \begin{pmatrix} \mathbf{0} \\ \nabla_t \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \mathbf{0} & \nabla_t \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \nabla_t^2 \end{pmatrix},\end{aligned}$$

$$\mathbf{P} := \sum_{m=1}^2 L_m^* L_m = \begin{pmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \nabla_t^2 \end{pmatrix}, \quad (4.7)$$

kde

$$\nabla_t^2 = \begin{pmatrix} 1 & -1 & 0 & 0 & \cdots & 0 & 0 & 0 \\ -1 & 2 & -1 & 0 & \cdots & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 2 & -1 & \ddots & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 2 & \ddots & 0 & 0 & 0 \\ \vdots & & & \ddots & \ddots & \ddots & & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \ddots & 2 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & & & -1 & 2 & -1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 & -1 & 1 \end{pmatrix}.$$

Normu matice \mathbf{P} ze vztahu (4.7) můžeme odhadnout pomocí trojúhelníkové nerovnosti součtu dvou libovolných matic stejného rozměru \mathbf{A} a \mathbf{B} , která platí pro všechny typy norem [68]: $\|\mathbf{A} + \mathbf{B}\| \leq \|\mathbf{A}\| + \|\mathbf{B}\|$. Když rozdělíme matici \mathbf{P} ze vztahu (4.7) na součet tří diagonálních matic, můžeme podle trojúhelníkové nerovnosti snadno odhadnout normu matice – pak totiž stačí vzít z každé matice v absolutní hodnotě největší číslo a sečíst je. Tímto způsobem můžeme odhadnout, že $\|\mathbf{P}\| \leq 1 + 2 + 1 = 4$. Že tento odhad není příliš nadnesený, ukazuje také numerická simulace provedená pomocí funkce `svd` v Matlabu (viz obr. 4.13), ze které vyplývá, že norma matice \mathbf{P} konverguje při zvětšujícím se počtu časových snímků právě k hodnotě 4. Hodnota lipschitzovské konstanty β je stejná jako u L+S modelu (viz část 4.2.2), tedy $\beta < 2$. Celkově tedy pro konvergenci musí platit nerovnost:

$$\tau(1 + 4\sigma) \leq 1.$$

Odsud můžeme vyjádřit

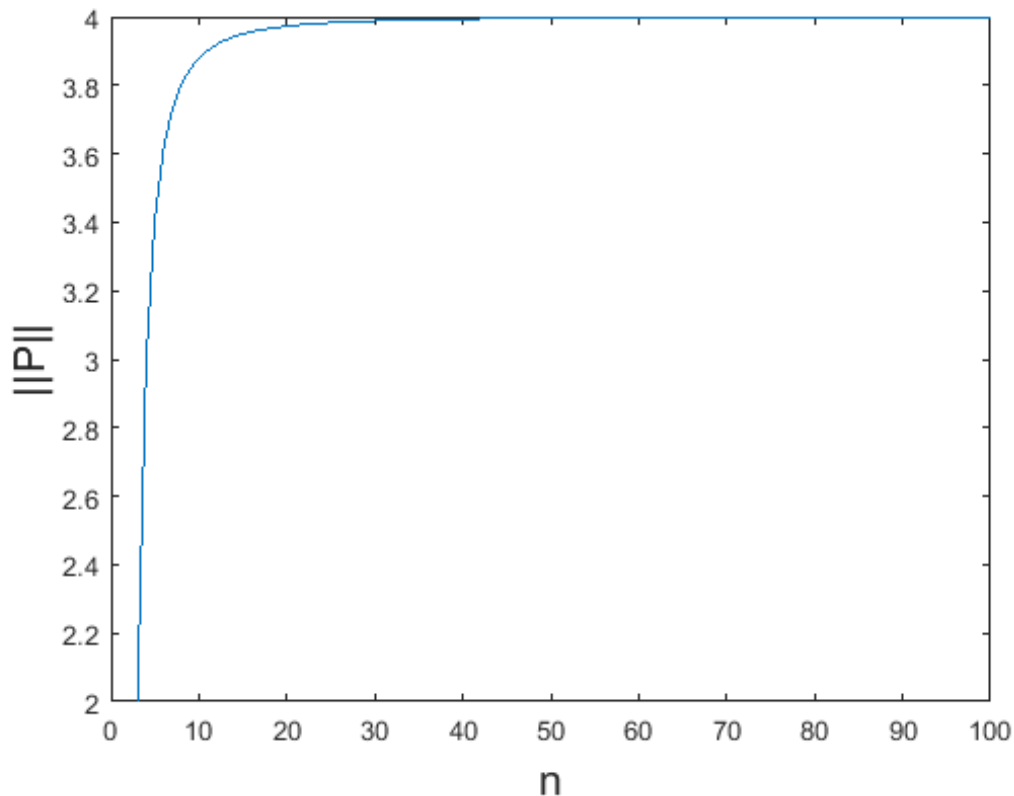
$$\sigma \leq \frac{1 - \tau}{4\tau}.$$

Protože τ musí být zároveň kladné, je vidět, že $\tau \leq 1$.

Výsledky

Navržená metoda byla ověřena rovněž na reálných dynamických in-vivo datech řezu hlavou potkana⁴ (stejných jako u předešlých metod). Při rekonstrukci bylo na jeden časový snímek použito 21 trajektorií (se zlatým úhlem) a výsledná velikost jednotlivých snímků byla 128×128 pixelů. Citlivosti cívek byly odhadnuty pomocí ESPIRiT (viz část 2.2). Pro rekonstrukci bylo použito 50 iterací obecné proximální metody (viz alg. 2). Parametry rekonstrukce byly přitom nastaveny na $\tau = 0,9$

⁴Ústav přístrojové techniky, AV ČR



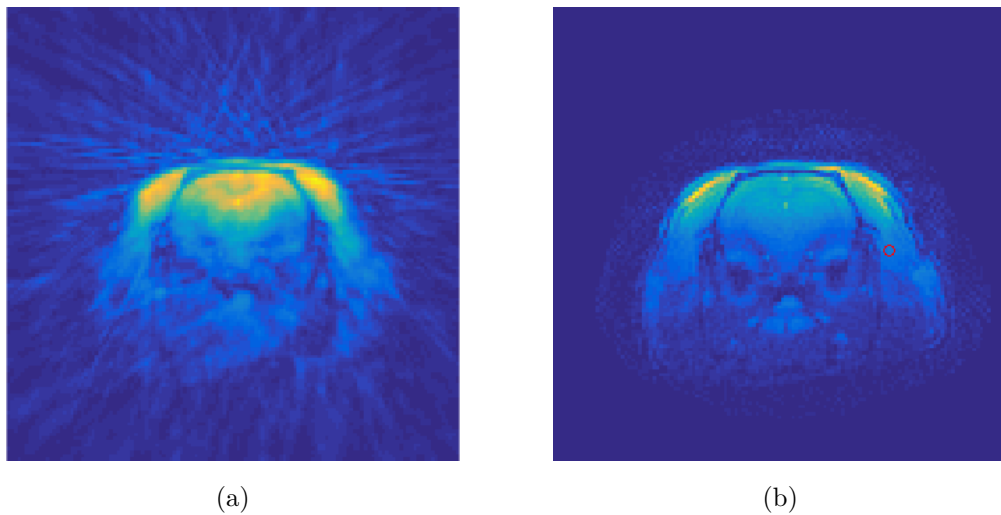
Obr. 4.13: Norma matice \mathbf{P} v závislosti na počtu časových snímků.

a $\sigma = \frac{1-\tau}{4\tau} = \frac{1-0,9}{4 \cdot 0,9} \doteq 0,0278$. Regularizační parametry byly nastaveny na $\lambda_L = 1$ a $\lambda_S = 0,001$.

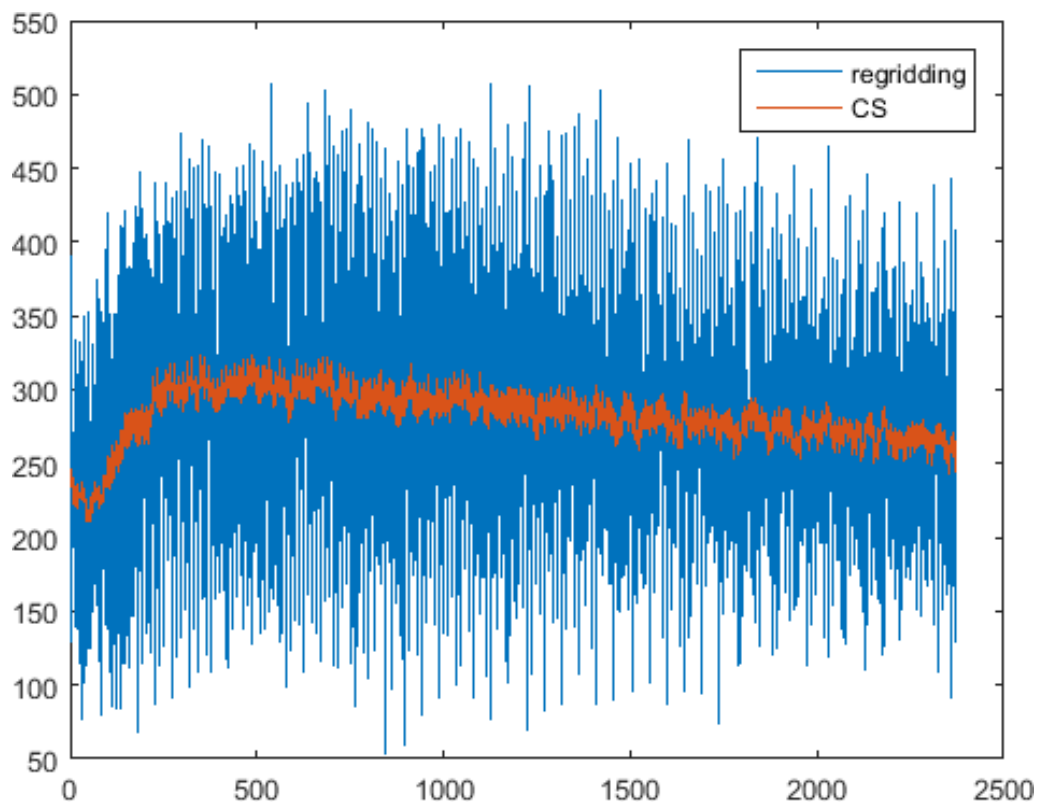
Na obr. 4.14(a) je zobrazena rekonstrukce prvního časového snímku pomocí regriddingu⁵ (viz část 2.1.1; cívky zpracovány pomocí SoS metody viz (2.1)) a vedle něj na obr. 4.14(b) je tento snímek rekonstruovaný pomocí navrženého modelu s omezenými diferencemi. Na tomto obrázku je červeným kroužkem vyznačen pixel, ze kterého je vykreslena perfúzní křivka na obr. 4.15 společně pro srovnání i pro rekonstrukci pomocí regriddingu. Perfúzní křivky z více míst a zároveň více zrekonstruovaných časových snímků pomocí modelu s omezenými diferencemi jsou vidět na obr. 4.15.

Z uvedených obrázků je vidět, že regridding při tomto časovém rozlišení obsahuje množství pruhových artefaktů a je stěží použitelný. Naproti tomu metoda s omezenými diferencemi je schopná tohoto rozlišení dosáhnout (to platí i pro předešlé CS metody). Při porovnání perfúzních křivek je vidět, že zachovávají stejný časový průběh jako při samotné rekonstrukci pomocí regriddingu a zároveň redukují množství šumu. Oproti regularizaci s totální variací v časovém směru tato metoda přinesla slibovanou redukci skokových artefaktů na perfúzních křivkách.

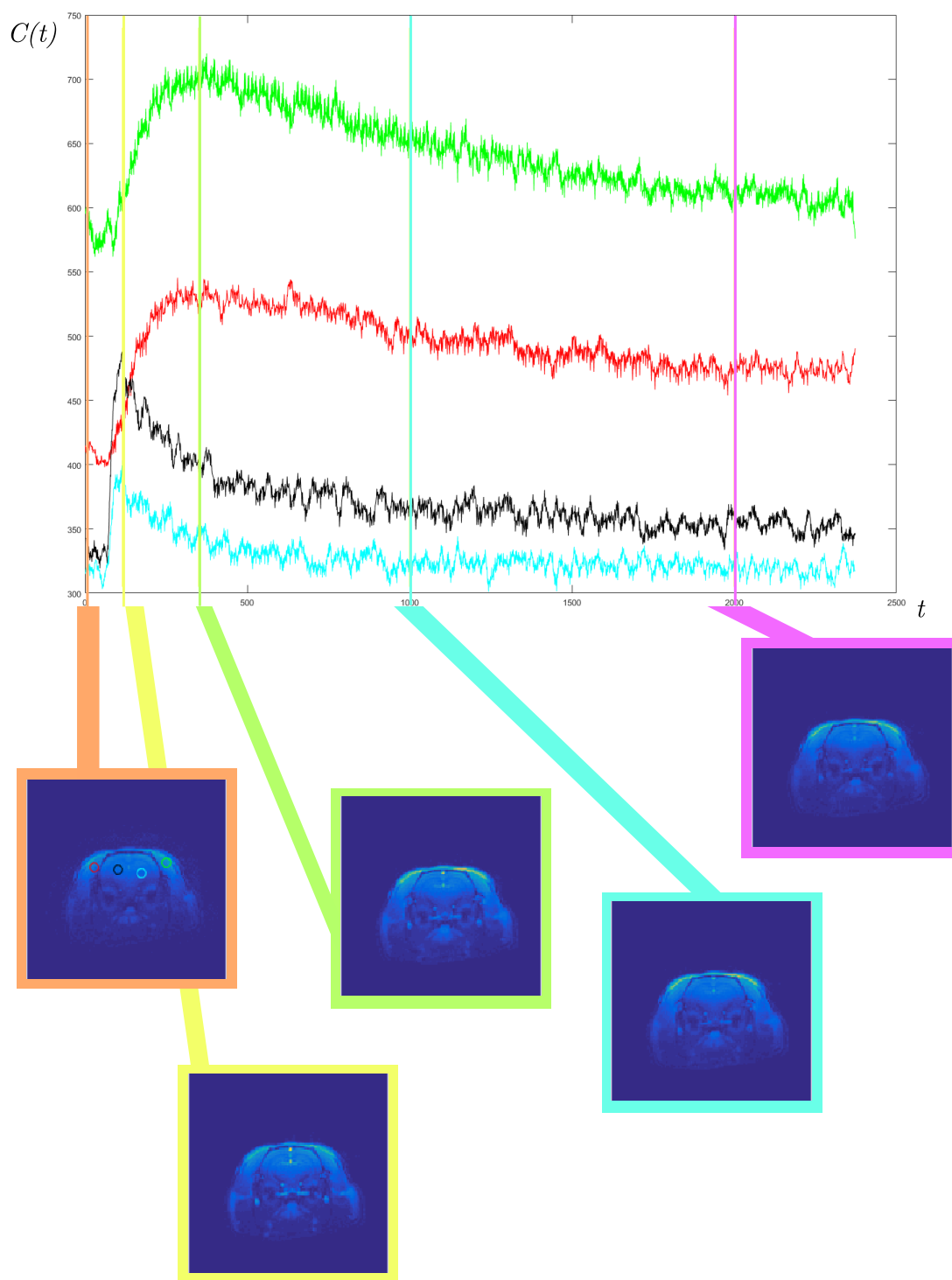
⁵<https://www.vutbr.cz/studenti/zav-prace/detail/84381>, upraveno pro dynamická data



Obr. 4.14: První časový snímek myši zrekonstruované a) pomocí regriddingu a b) pomocí modelu s omezenými diferencemi.



Obr. 4.15: Průběh kontrastní látky z červeně označeného pixelu z obr.4.14(b). Modrá křivka je zrekonstruovaná pomocí regriddingu a červená pomocí modelu s omezenými diferencemi.



Obr. 4.16: Zrekonstruovaná data pomocí modelu s omezeními diferencemi. Nahoře jsou barevně vykresleny perfúzní křivky z pixelů zakroužkovaných v levém snímku potkana stejnými barvami jako jsou vykresleny perfúzní křivky. Pod křivkami jsou vykresleny zrekonstruované obrazy ve vybraných časových okamžicích naznačených barevnými linkami v perfúzních křivkách.

5 REDUKCE VYCHÝLENOSTI ODHADŮ MRI REKONSTRUKCÍ

5.1 Popis metody

Optimalizační problém komprimovaného snímání (2.3) lze chápat jako metodu nejmenších čtverců (první člen v účelové funkci) penalizovanou apriorní informací. Je známo, že výsledkem metody nejmenších čtverců je nestranný odhad [98] (odhad nezatížený systematickou chybou). Avšak v úloze komprimovaného snímání (2.3) díky přidanému dalšímu členu $f(\mathbf{M})$ řešení už není nestranným odhadem.

Pro zlepšení vychýlenosti již získaného odhadu se používá tzv. debiasing [36, 40]. V případě komprimovaného snímání využívajícího řídkosti

$$\widehat{\mathbf{M}} = \arg \min_{\mathbf{M}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{M}) - \mathbf{Y}\|_2^2 + \lambda \|\mathbf{M}\|_1$$

představuje debiasing další, následný odhad metodou nejmenších čtverců, přičemž neznámými jsou pouze prvky na pozicích z právě nalezeného nosiče matice $\widehat{\mathbf{M}}$:

$$\min_{\mathbf{M}} \frac{1}{2} \|E(\mathbf{M}) - \mathbf{Y}\|_2^2, \\ \text{supp}(\mathbf{M}) \subseteq \text{supp}(\widehat{\mathbf{M}})$$

kde $\text{supp}(\cdot)$ značí nosič matice. Vyřešením této úlohy je pak získán odhad \mathbf{M} , který má zmenšenou vychýlenost.

Debiasing při použití nukleární normy je už o něco komplikovanější [65]. Vyřešením úlohy komprimovaného snímání

$$\widehat{\mathbf{L}} = \arg \min_{\mathbf{L}} \frac{1}{2} \|\mathbf{Y} - E(\mathbf{L})\|_2^2 + \lambda \|\mathbf{L}\|_* \quad (5.1)$$

je získána matice $\widehat{\mathbf{L}}$, na které je proveden singulární rozklad $\widehat{\mathbf{L}} = \widehat{\mathbf{U}} \text{diag}(\hat{\sigma}_1, \dots, \hat{\sigma}_r) \widehat{\mathbf{V}}^*$. Zde $\text{diag}(\hat{\sigma}_1, \hat{\sigma}_2, \dots, \hat{\sigma}_r)$ je diagonální matice, která má na prvních r pozicích na hlavní diagonále $\hat{\sigma}_1, \hat{\sigma}_2, \dots, \hat{\sigma}_r$, ostatní prvky jsou nulové. Úloha nalezení odhadu se zmenšenou vychýleností pak zní

$$\hat{\sigma}_1, \dots, \hat{\sigma}_r = \arg \min_{\substack{\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_r \geq 0 \\ \sigma_i \in \mathbb{R}}} \frac{1}{2} \left\| \mathbf{Y} - E(\widehat{\mathbf{U}} \text{diag}(\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_r) \widehat{\mathbf{V}}^*) \right\|_2^2, \quad (5.2)$$

odkud jsou získána nenulová singulární čísla $\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_r$ a výsledný odhad je pak $\widehat{\mathbf{U}} \text{diag}(\hat{\sigma}_1, \dots, \hat{\sigma}_r) \widehat{\mathbf{V}}^*$.

K řešení úlohy (5.1) lze využít proximální gradientní algoritmus (viz alg. 1). V tomto případě se proximální gradientní algoritmus skládá ze dvou kroků v každé

iteraci: gradientního kroku vzhledem k datovému členu a měkkého prahování singulárních čísel. V nově navrženém řešení se navíc provádí v každé iteraci debiasing. Po každé iteraci (k) je známý aktuální SVD rozklad $\mathbf{L}^{(k)} = \mathbf{U}^{(k)} \text{diag}(\sigma_1^{(k)}, \dots, \sigma_r^{(k)}) \mathbf{V}^{(k)*}$. Debiasing je pak počítaný pro právě nalezené singulární matice $\mathbf{U}_r^{(k)}$, $\mathbf{V}_r^{(k)}$, které jsou omezené pouze na pozice odpovídající nenulovým singulárním číslům. Formálně zapísáno

$$\min_{\substack{\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_r \geq 0 \\ \sigma_i \in \mathbb{R}}} \frac{1}{2} \left\| \mathbf{Y} - E(\mathbf{U}_r^{(k)} \text{diag}(\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_r), \mathbf{V}_r^{(k)*}) \right\|_2^2. \quad (5.3)$$

Tento podproblém lze řešit iterativně opakováním gradientního kroku s nalezenými singulárními maticemi $\mathbf{U}_r^{(k)}$ a $\mathbf{V}_r^{(k)}$ vzhledem k σ_i a projektováním výsledku na reálné nezáporné hodnoty.

5.2 Ověření metody

5.2.1 Data

Koncept debiasingu byl nejprve ověřovaný na simulovaných datech perfúzního fantomu o rozměrech 100×100 px \times 100 časových snímků (viz část 4.1.2), přičemž bylo v simulaci využito 100 radiál na snímek.

Dále proběhlo ověření na reálných perfúzních břišních datech bez zadržení dechu¹. Měření bylo provedeno na celotělovém 3T skeneru (Magnetom Verio, Siemens Healthcare) s dvanáctikanálovým přijímacím cívkovým polem. Měřené trajektorie byly radiální se zlatým úhlem, rozměr měřené oblasti v řezu (FOV = field of view) FOV = 380 mm², 384 bodů na radiálu a tloušťka řezu 3 mm. Pro rekonstrukci bylo využito 21 radiálních trajektorií na snímek, což odpovídá časovému rozlišení 2,75 s (pomalejší dynamika u klinických dat). Výsledné rozměry snímků byly 256 \times 256 px.

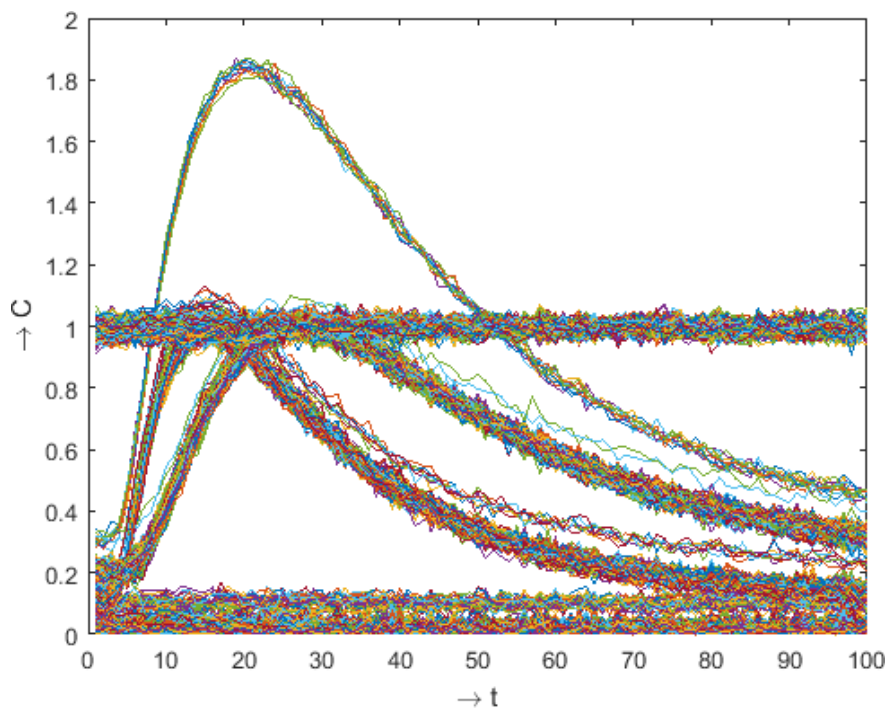
5.2.2 Rekonstrukce a výsledky

Vliv debiasingu nízké hodnosti (5.2) na perfúzní fantom i perfúzní data byl prezentován v [4] a [5]. Pro rekonstrukci dat implementovaných v Matlabu bylo použito 20 iterací proximálního gradientního algoritmu spolu s 10 iteracemi debiasingu (po rekonstrukci/vnitřními iteracemi).

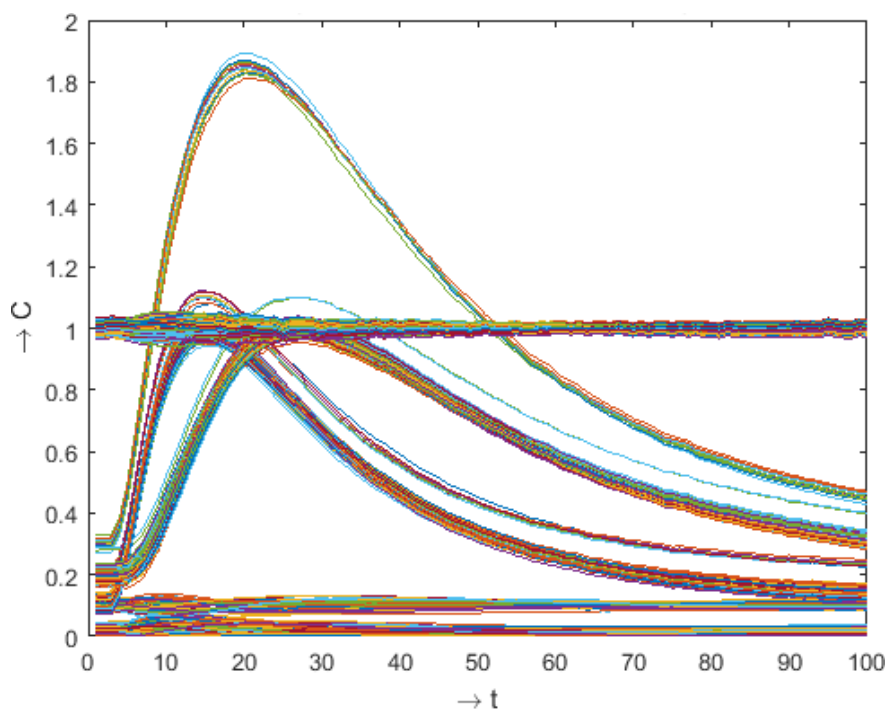
Simulace

Pro rekonstrukci perfúzního fantomu pomocí nízkohodnostního modelu (5.1) byl nastavený regularizační parametr $\lambda = 3,525$. Výsledná rekonstrukce měla SNR 26,46 dB a s následným debiasingem se SNR snížilo na 22,86 dB (viz obrázek 5.1).

¹<http://cai2r.net/resources/software/ls-reconstruction-matlab-code>



Obr. 5.1: Rekonstrukce perfúzních křivek z fantomu s využitím komprimovaného snímání s regularizací nukleární normou (5.1). Po vyřešení této úlohy byl proveden jednorázově debiasing na rekonstruovaných datech.



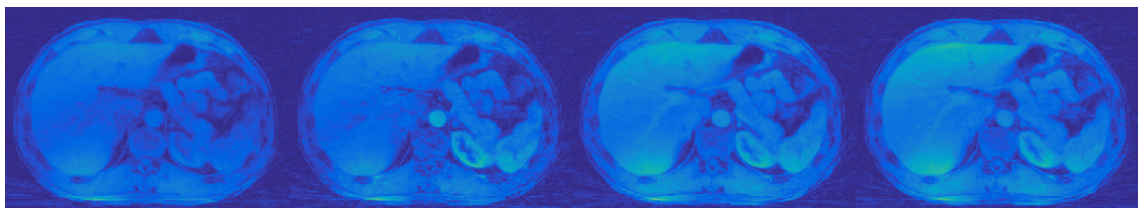
Obr. 5.2: Rekonstrukce perfúzních křivek z fantomu s využitím komprimovaného snímání s regularizací nukleární normou (5.1) a zároveň v průběhu iterací i s debiasingem.

Ukázalo se tedy jako bezvýznamné použití debiasingu až po nalezení rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání. Pokud v nalezených singulárních vektorech příslušných nenulovým singulárním číslem byly obsaženy složky odpovídající šumovému pozadí, debiasing je ještě zvětšil.

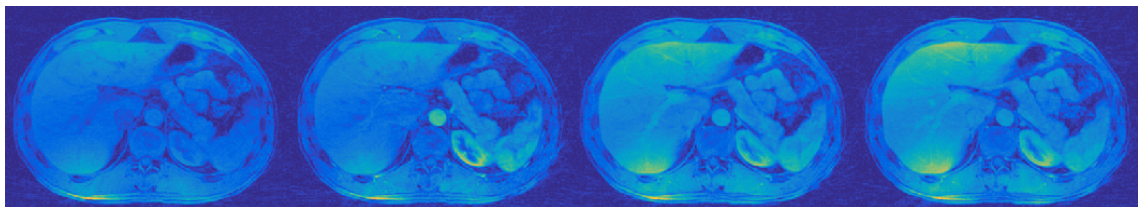
Při použití sdruženého algoritmu dohromady s debiasingem se podařilo dosáhnout SNR 27,21 dB při nastavení $\lambda = 12$ (viz obr. 5.2). Bylo tedy zjištěno, že je debiasing vhodné použít při každé iteraci optimalizační úlohy CS, čímž se vždy přepočítala singulární čísla příslušná aktuálně nalezeným významným singulárním vektorům. Tímto způsobem byly v nalezených výsledných singulárních vektorech potlačeny složky odpovídající šumu a výsledky vykazovaly zlepšení oproti využití samotného komprimovaného snímání.

Reálná data

Obrázek 5.3 ukazuje porovnání rekonstrukcí jednoho řezu v čase. Obr. 5.3(a) zobrazuje výsledky rekonstrukce pomocí samotného nízkohodnostního modelu (5.1) při nastavení regularizačního parametru $\lambda = 0,005 \cdot \sigma_1$ a obr. 5.3(b) sdruženého algoritmu s debiasingem s využitím $\lambda = 0,025 \cdot \sigma_1$. Obr. 5.4 ukazuje odpovídající střední hodnoty μ perfúzních křivek v aortě se zobrazenými trojnásobky směrodatné odchylky σ při použití perfúzní křivky v aortě (obr. 5.4(a) výsledky samotné nízkohodnostní rekonstrukce a obr. 5.4(b) navíc se sdruženým debiasingem). S použitím debiasingu uvnitř iteračního procesu se perfúzní křivky vyznačují vyšším prvním maximumem a druhé maximum je také mnohem viditelnější. Také ostatní oblasti v řezu vykazují větší kontrast.

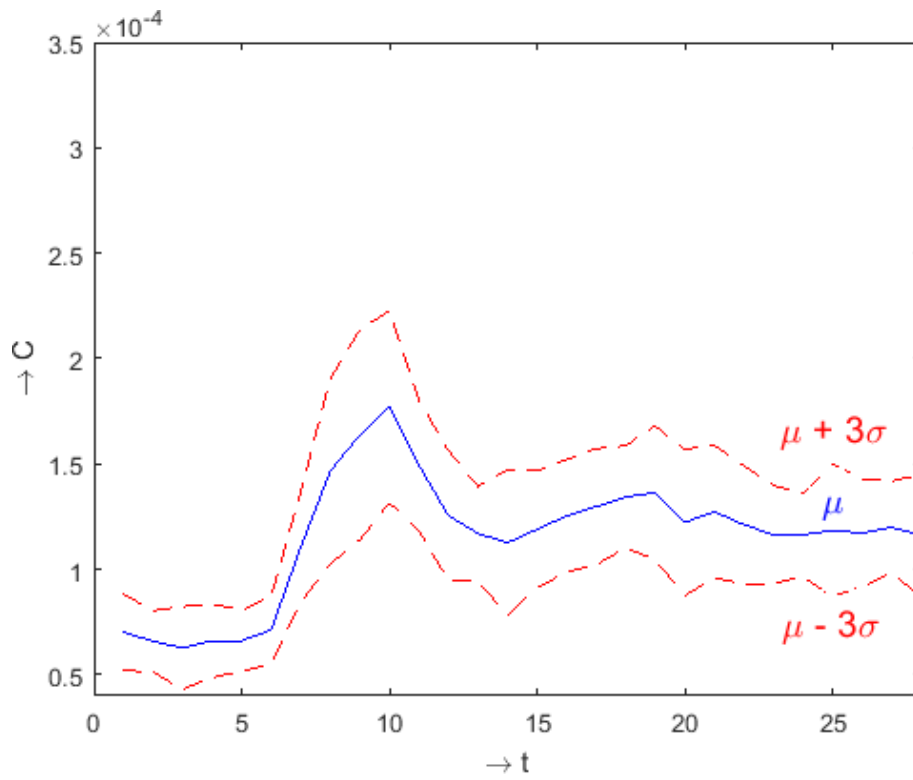


(a)

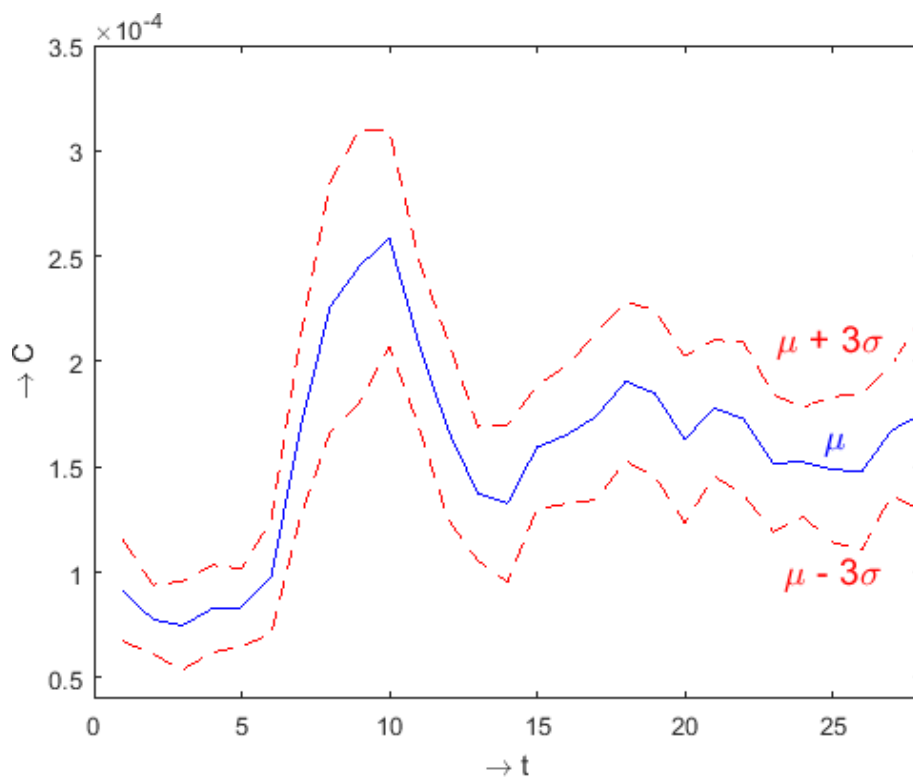


(b)

Obr. 5.3: Několik řezů v čase při použití (a) pouze CS, (b) současného použití CS a debiasingu.



(a)



(b)

Obr. 5.4: Střední hodnota μ se zobrazenými trojnásobky směrodatné odchylky σ perfúzních křivek v aortě při použití (a) pouze CS, (b) současného použití CS a de-biasingu.

6 VLIV KOMPRIMOVANÉHO SNÍMÁNÍ NA PERFÚZNÍ PARAMETRY

6.1 Metoda

Doposud všechny rekonstrukce perfúzních dat pomocí komprimovaného snímání končily ve fázi získání časové série prostorových obrazů. Dalším důležitým krokem je však následná perfúzní analýza, při které se získávají perfúzní parametry, pomocí kterých lze poté stanovovat diagnózu. Výsledky zde uvedené byly publikovány v [7].

Vliv komprimovaného snímání na perfúzní parametry byl zkoumán na reálných dynamických in-vivo datech řezu hlavou potkana¹ (stejných jako u lokálního L+S modelu se zahrnutou anatomickou informací viz část 4.2.2). Citlivosti cívek byly odhadnuty pomocí ESPIRiT (viz část 2.2).

Nejprve byla data pro srovnání rekonstruována pomocí regriddingu² (viz část 2.1.1; více cívek zpracováno pomocí SoS metody viz (2.1)) o rozměru 128×128 px s využitím 54 projekcí na snímek a 21 projekcí na snímek. Jako další byl při rekonstrukci využit L+S model (2.7) s parametry $\lambda_L = 0,025 \cdot \sigma_1$ a $\lambda_S = 0,1$. Rozměry výsledných snímků byly 128×128 px a bylo použito 21 projekcí na snímek. Jako zřidšující transformace \mathcal{A} byly využity časové diference. Na rekonstrukci pomocí L+S modelu bylo použito 20 iterací proximálního gradientního algoritmu. Z této rekonstrukce byl pro perfúzní analýzu využit pouze každý třetí snímek, což dává časové rozlišení 1,071 s, která je dostatečné pro perfúzní analýzu. Tímto způsobem teoreticky ještě navíc zbývá čas, za který by se daly nasnímat další dva jiné řezy (pokud by se zkrátila doba TR, tak dokonce více).

Celá perfúzní analýza byla provedena v PerfLabu³. Zrekonstruovaná sekvence byla nejprve převedena na časové koncentrace kontrastní látky. Arteriální vstupní funkce (AIF) byla odhadnuta s využitím multikanálové slepé dekonvoluce [83] z perfúzních křivek z oblastí manuálně vybraných z oblasti mozku. Reziduální funkce tkáně (IRF) byla modelována čtyřparametrovým modelem (dvoukompartmentový model tkáně [56]). Perfúzní analýza byla provedena pixel po pixelu, čímž byly získány mapy perfúzních parametrů.

¹Ústav přístrojové techniky, AV ČR

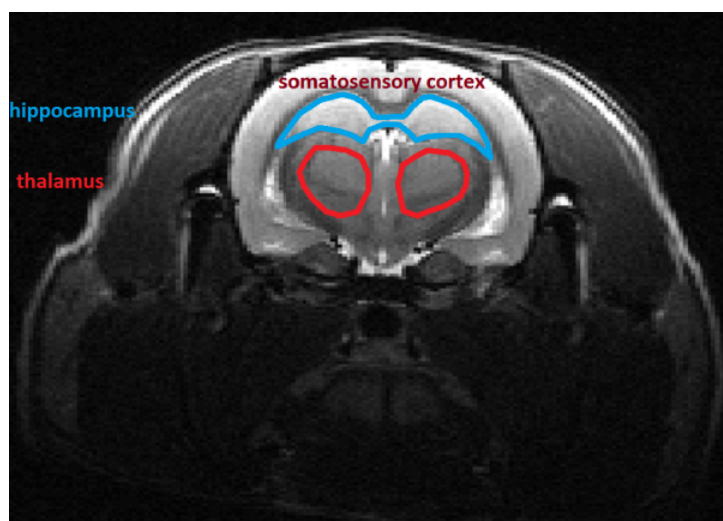
²matlabovský skript z [79] viz <https://www.vutbr.cz/studenti/zav-prace/detail/84381>, upraveno pro dynamická data

³<http://perflab.cerit-sc.cz/>

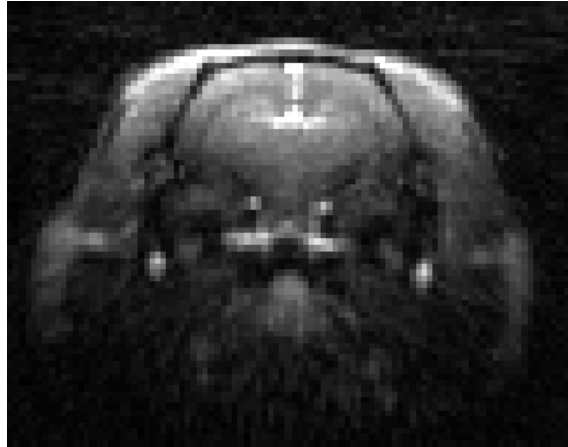
6.2 Výsledky

Anatomický snímek hlavy potkana, na kterém jsou vyznačeny ty části mozku, na kterých je dále podrobněji vyhodnocovaná perfúzní analýza, je zobrazen na obr. 6.1. Rekonstruovaný 100. časový snímek (po příchodu perfúzní látky do tkání) pro všechny zmíněné metody je zobrazen na obr. 6.2 a příslušné perfúzní křivky ze somatosenzorické kůry na obr. 6.3. Odsud je vidět, že rekonstrukce pomocí regriddingu z 54 projekcí na snímek dává ucházející obrazovou kvalitu a perfúzní křivky s množstvím šumu. Rekonstrukce pomocí regriddingu s 21 projekcemi na snímek obsahuje již množství artefaktů v obraze i v perfúzních křivkách. Rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání (L+S model) vedla k nejlepšímu prostorovému obrazu a perfúzním křivkám, kde je nejvíce potlačený šum.

Výsledné perfúzní mapy pro všechny rekonstrukce jsou zobrazeny na obr. 6.4 a boxploty perfúzních parametrů pro oblasti mozku vyznačených na obr. 6.1 jsou zobrazeny na obr. 6.5. Rekonstrukce pomocí regriddingu z 54 projekcí na snímek dává prostorově odpovídající mapy perfúzních parametrů s ohraničenými oblastmi jednotlivých tkání. Boxploty ukazují odhady parametrů v souladu s literaturou (kromě parametru objemu krve). Rekonstrukce pomocí regriddingu s 21 projekcemi na snímek má zkrácené mapy perfúzních parametrů a má velký rozptyl podle boxplotů perfúzních parametrů, které mají navíc posunutý medián oproti literatuře. Rekonstrukce pomocí L+S modelu vedla k nejlepším perfúzním mapám obsahujícím nejméně šumu. Také hodnoty perfúzních parametrů z boxplotu vykazují správný rozsah a objem krve je navíc lépe odhadnutý než v případě rekonstrukce pomocí regriddingu s 54 projekcemi.



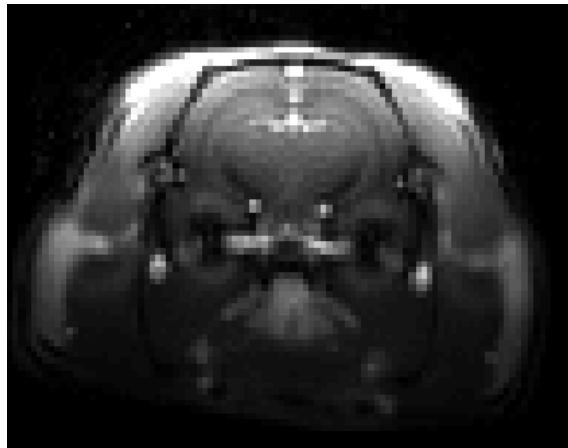
Obr. 6.1: Anatomický snímek s vyznačenými oblastmi v mozku, ze kterých jsou dále vykresleny perfúzní křivky a boxploty perfúzních parametrů.



(a)

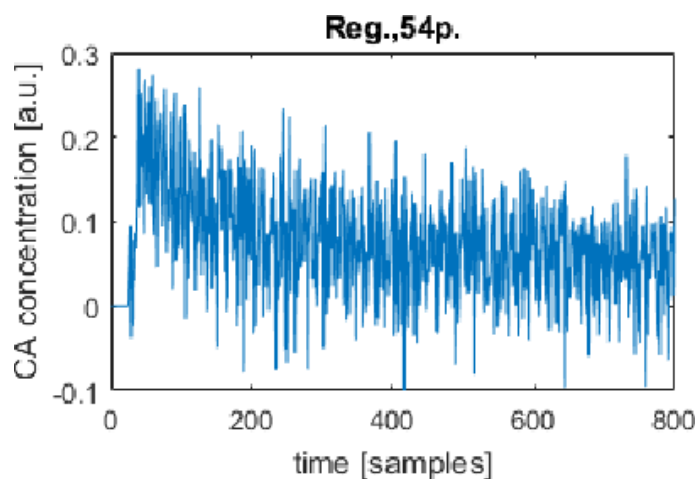


(b)

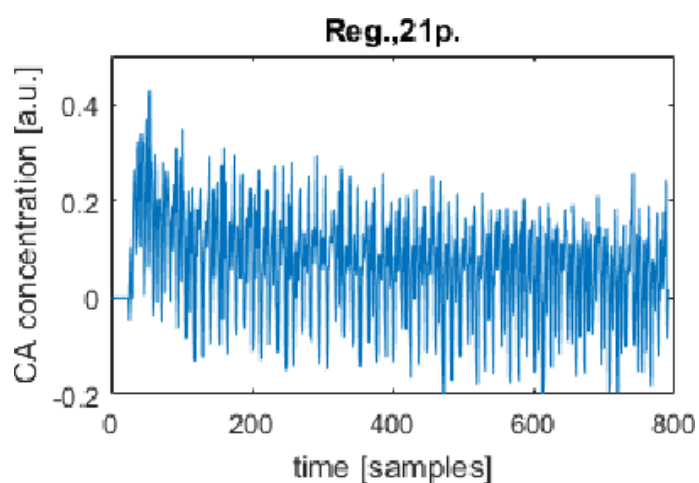


(c)

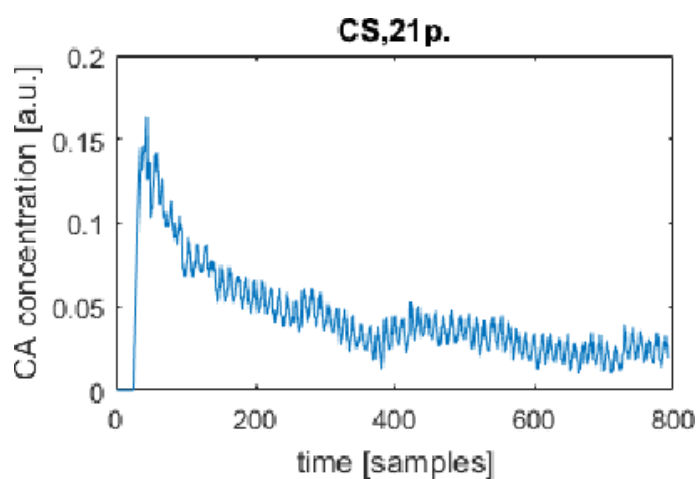
Obr. 6.2: Rekonstruované snímky (snímek 100 – po příchodu perfúzní látky): (a) rekonstrukce pomocí regriddingu s 54 projekcemi na snímek, (b) rekonstrukce pomocí regriddingu s 21 projekcemi na snímek a (c) rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání (L+S model) s 21 projekcemi na snímek.



(a)

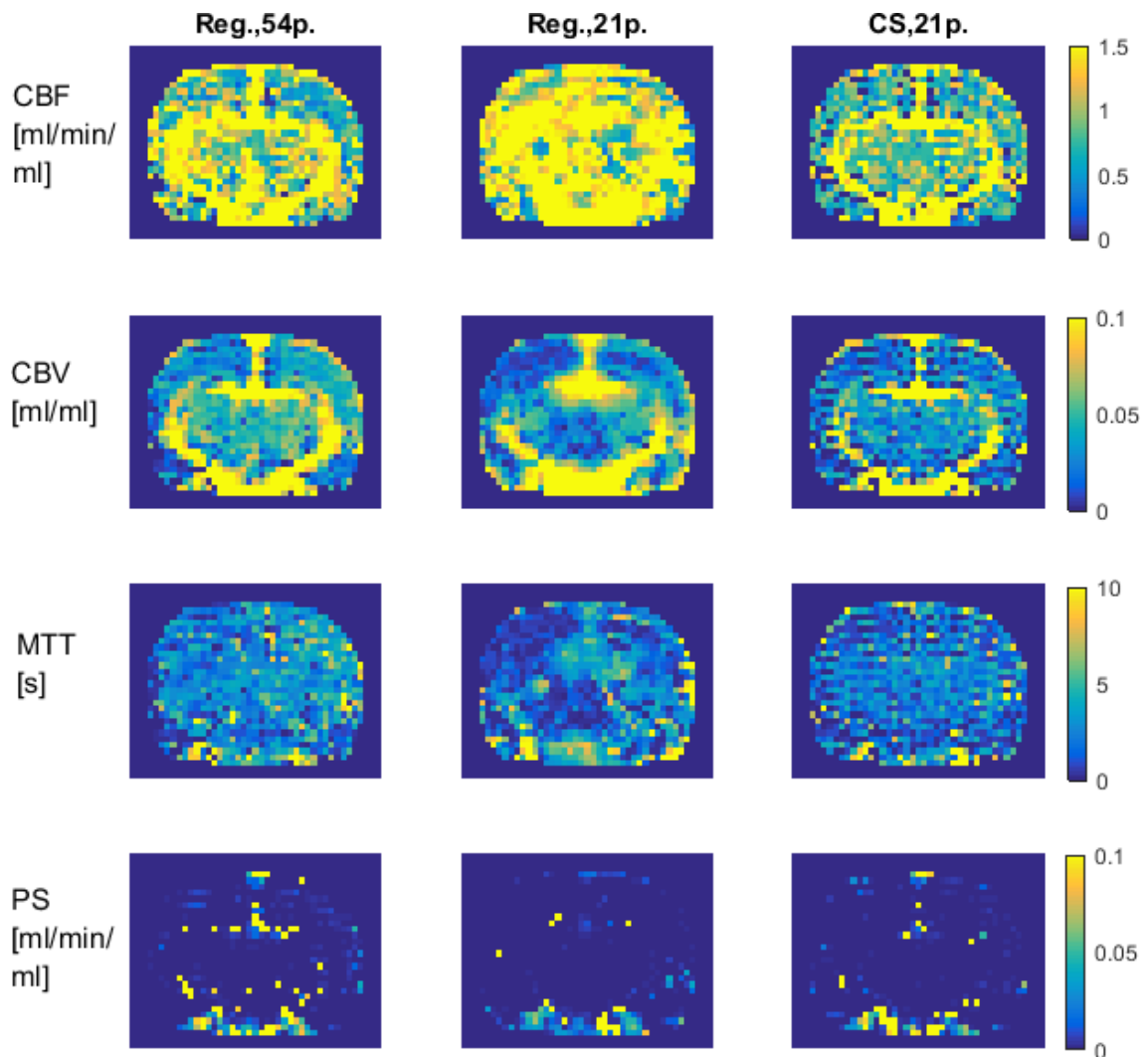


(b)

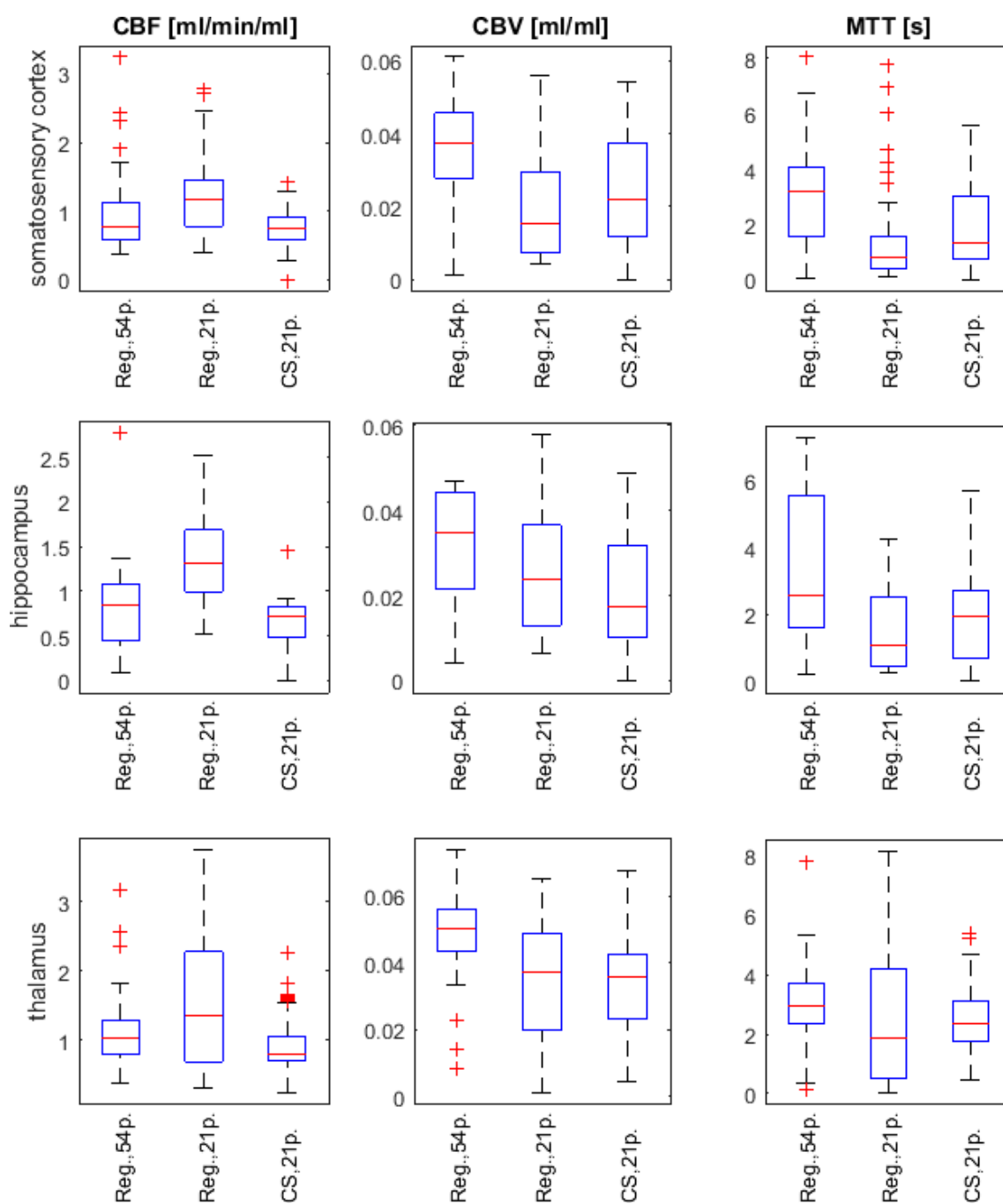


(c)

Obr. 6.3: Příklad perfúzní křivky odpovídající stejnému pixelu ze somatosenzorické kůry (somatosensory cortex – viz obr. 6.1): (a) rekonstrukce pomocí regriddingu s 54 projekcemi na snímek, (b) rekonstrukce pomocí regriddingu s 21 projekcemi na snímek a (c) rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání (L+S model) s 21 projekcemi na snímek.



Obr. 6.4: Mapy perfúzních parametrů – průtok krve (CBF), objem krve (CBV), střední doba průchodu (MTT) a míra propustnosti povrchu cév (PS): rekonstrukce pomocí regriddingu s 54 projekcemi na snímek (vlevo), rekonstrukce pomocí regriddingu s 21 projekcemi na snímek (uprostřed) a rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání (L+S model) s 21 projekcemi na snímek (vpravo).



Obr. 6.5: Boxploty parametrů CBF, CBV a MTT (sloupce) odhadnuté ze tří oblastí mozku zobrazených na obr. 6.1 (řádky): „Reg.,54p.“ – rekonstrukce pomocí regriddingu s 54 projekcemi na snímek, „Reg.,21p.“ – rekonstrukce pomocí regriddingu s 21 projekcemi na snímek a „CS,21p.“ – rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání (L+S model) s 21 projekcemi na snímek.

7 ROZŠÍŘENÍ NA 3D DATA

7.1 Metoda

Doposud byly všechny zmíněné metody rekonstrukce vyvinuty a testovány na 2D datech. V tomto případě je ještě možné provádět relevantní perfúzní analýzu na rekonstrukcích pomocí klasického regriddingu při použití časového rozlišení okolo jedné sekundy na preklinických experimentálních datech z potkanů a myší. Při trojrozměrném snímání však tento postup již není možný, protože nelze klasickými rekonstrukčními metodami dosáhnout požadovaného časového rozlišení při zachování dostatečného prostorového rozlišení. Proto ani při měření 3D perfúzních dat nejsou známé správné hodnoty rekonstrukce („ground truth“) při dostatečném časovém a prostorovém rozlišení.

Ověřit relevantnost perfúzních parametrů na trojrozměrných datech zrekonstruovaných pomocí CS je možné na sadě dvou perfúzních měření, kdy jsou data nejprve nasnímaná pouze v jednom 2D řezu a poté několik řezů ve 3D, přičemž jeden z řezů odpovídá předchozímu 2D měření. Pak lze porovnat výsledky perfúzní analýzy pro 2D data zrekonstruovanými pomocí regriddingu a ze stejného řezu ze 3D dat zrekonstruovaných pomocí CS se stejným časovým rozlišením. Data ve 2D tak mohou být považována za základní rekonstrukci („ground truth“), ke které je možné výsledky ze 3D porovnat. Tato metoda ověření nebyla dosud publikovaná.

7.2 Ověření metody

7.2.1 Data

Byla naměřena série reálných dynamických in-vivo dat šesti laboratorních myší¹, kterým byly podkožně implantovány nádorové buňky do slabiny levé zadní nohy. Tato data byla získána pomocí 9,4T skeneru (Bruker BioSpin MRI, Germany) s využitím gradient echo (FLASH) sekvence (viz část 1.4.4). Pro každou myš byly naměřeny pro tuto práci dvě série perfúzních měření – jedno ve 2D a jedno ve 3D.

Při obou měřeních byla použita jako kontrastní látka Magnevist, Bayer HealCare Pharmaceuticals, Germany. Bylo přitom využito čtyřkanálové povrchové hlavové měřicí pole cívek. Při měření 2D dat byl zobrazován řez, ve kterém byl nejvíce vidět nádor. Tato data byla měřena radiálním snímáním se zlatým úhlem, přičemž na radiále bylo naměřeno 128 vzorků. Při měření bylo nastaveno TR/TE 15/1,5 ms a celkem naměřeno 60 000 projekcí, což odpovídá 15 minutám měření.

¹Ústav přístrojové techniky, AV ČR

Data ve 3D byla měřena jako stoh radiál se zlatým úhlem nad sebou [34] (viz část 2.1), přičemž všechny radiály byly shodně natočeny. Při měření byly nejprve naměřeny všechny radiály se stejnou směrnicí postupně pro všechny souřadnice k_z , teprve potom byl přičten zlatý úhel ke směrnicí a bylo pokračováno v měření od první souřadnice k_z . Ve 3D bylo na každé radiále také naměřeno 128 vzorků a celkem bylo naměřeno 25 řezů, přičemž jeden z řezů byl totožný s řezem měřeným pomocí 2D sekvence. Při měření bylo nastaveno TR/TE 5,5/1,4 ms a celkem naměřeno 180 050 projekcí, což odpovídá 16,5 minutám měření. Obě měření proběhla po sobě s přibližně třičtvrtěhodinovým odstupem od sebe, aby se mezitím stihla odplavit ven kontrastní látka z prvního měření.

7.2.2 Rekonstrukce

Nejprve byla zrekonstruovaná 2D data pomocí regriddingu² (viz část 2.1.1; více cívek zpracováno pomocí SoS metody viz (2.1)). Při rekonstrukci bylo použito 66 projekcí na snímek, což odpovídá časovému rozlišení 0,99 s. Výsledná velikost jednotlivých snímků byla 128×128 pixelů.

Dále byla zrekonstruovaná 3D data. Za prvé byla zrekonstruovaná pomocí modelu s omezenými diferencemi (4.6), který byl upravený pro 3D data (úprava spočívala zejména v úpravě měřicího operátoru pro 3D data). Dále byla pro srovnání zrekonstruovaná také pomocí NUFFT v rovině xy kombinovaným s FFT v z směru (protože 3D Fourierova transformace je v rovině xy nerovnoměrná kvůli radiálám, ale v z směru rovnoměrná, protože jsou jednotlivé řezy od sebe stejně vzdáleny). Při rekonstrukci bylo použito 8 projekcí na jeden řez (s celkem 25 měřeními řezy), což odpovídá časovému rozlišení $\text{počet projekcí} \cdot \text{počet řezů} \cdot \text{TR} = 8 \cdot 25 \cdot 5,5 \text{ ms} = 1,1 \text{ s}$. Citlivosti cívek byly odhadnuty pomocí ESPiRiT (viz část 2.2) pro každý řez zvlášť (po provedení iFFT ve směru z) a výsledná velikost jednotlivých snímků řezů byla 128×128 pixelů. Pro rekonstrukci pomocí modelu s omezenými diferencemi bylo použito 50 iterací obecné proximální metody (viz alg. 2). Rekonstrukce přitom byla spočítána dvakrát s mírně odlišnými regularizačními parametry:

1. $\lambda_L = 1$ a $\lambda_S = 0,001$ (rekonstrukce označená dále jako CS 1),
2. $\lambda_L = 0,5$ a $\lambda_S = 0,0001$ (rekonstrukce označená dále jako CS 2).

Parametry algoritmu byly přitom nastaveny shodně na $\tau = 0,9$ a $\sigma = 0,0278$.

Protože 2D a 3D data byla měřena po sobě s časovým odstupem, mohlo dojít k mírnému posunu měřené myši. Proto byl zrekonstruovaný řez ze 3D dat před samotnou perfúzní analýzou vybrán podle největší podobnosti s 2D daty a zároveň

²matlabovský skript z [79] viz <https://www.vutbr.cz/studenti/zav-prace/detail/84381>, upraveno pro dynamická data

byla provedena registrace tohoto řezu na referenční 2D data. Kritériem měření podobnosti byl korelační koeficient. Tato registrace určila, o jaký celopixelový posun byl řez ze 3D dat posunut (v rámci okolí $-5, \dots, 5$ pixelů v obou směrech). Data byla registrována pouze v oblasti nádoru, ve kterém byla následně vyhodnocována po provedení perfúzní analýza. Snímky myši navíc obsahují tkáně (jako jsou střeva), které se v průběhu měření významně pohybují, a registrace společně i na tyto tkáně by tedy nebyla relevantní.

Následně byla na zrekonstruovaných datech provedena perfúzní analýza v oblasti nádoru a zádových svalů. Pro perfúzní analýzu byl použitý PerfLab³. Zrekonstruovaná perfúzní křivka byla nejprve převedena na časové koncentrace kontrastní látky. Arteriální vstupní funkce (AIF) byla odhadnuta z pěti myši z obdobného vyšetření jako průměr funkcí AIF odhadnutých slepou dekonvolucí [54]. Reziduální funkce tkáně (IRF) byla modelována pomocí ATH modelu [90]. Perfúzní analýza byla provedena pixel po pixelu, čímž byly získány mapy perfúzních parametrů.

7.2.3 Výsledky

Zrekonstruované první časové snímky ze všech šesti datasetů jsou zobrazeny na obrázku 7.1. Zde jsou zobrazeny jednak rekonstrukce 2D dat pomocí regriddingu, tak i 3D rekonstrukce pomocí NUFFT a metody s omezenými diferencemi se dvěma nastaveními regularizačních parametrů (rekonstrukce CS 1 a CS 2). Je vidět, že řez ze 3D dat nemusí přesně odpovídat 2D datům, jelikož měření probíhala pro sobě s přibližně tříčtvrtěhodinovou přestávkou mezi nimi a myš se proto mohla mírně pohnout (včetně jejích vnitřních orgánů), nicméně oblast nádoru je díky registraci přibližně odpovídající u všech 2D i 3D dat. Z obrázku je patrné, že 3D NUFFT rekonstrukce nemá potřebné prostorové rozlišení a artefakty v řezu jsou natolik velké, že obraz je velmi znehodnocený a prakticky nepoužitelný (jsou zde k rozeznání pouze velmi jasné oblasti). Rekonstrukce 3D dat CS 1 a CS 2 dopadla obdobně jen s nepatrnými rozdíly. Jsou zde vidět již detaily řezu, i když některé artefakty jsou zde stále patrné. Aby nebyly přeregularizované perfúzní křivky nezbytné pro perfúzní analýzu, nebyly více potlačované artefakty viditelné v řezech pomocí dalšího nastavení regularizačních parametrů. Regularizace obrazu a časového průběhu perfúze jde totiž proti sobě. Vizuálně nejlepší podoby rekonstrukce 3D dat dosáhl dataset 5, kde se v řezu s nádorem nenachází močový měchýř (kulovitá oblast s vysokou intenzitou jasu) na rozdíl od ostatních datasetů.

Perfúzní mapy vybraných perfúzních parametrů (průtoku krevní plazmy F_p , objemu krevní plazmy v_p , míry propustnosti cév PS a objemové přenosové konstanty krevní plazmy a extracelulárního extravaskulárního prostoru K_{trans}) pro všech šest

³<http://perflab.cerit-sc.cz/>

datasetů ze všech rekonstrukcí jsou zobrazeny na obrázcích 7.2, 7.3, 7.4 a 7.5. Perfúzní analýza byla provedena v oblasti nádoru a svalů okolo páteře myši, proto mají perfúzní mapy jiný tvar než obrázky řezů myši. Maximální zobrazovaná hodnota v barevné škále byla omezena kvůli lepší zřetelnosti detailů, které by jinak kvůli odlehlym hodnotám nebyly vidět. Pouze u datasetu 2 u 3D NUFFT rekonstrukce jsou hodnoty všech zobrazovaných parametrů ve většině pixelů nad daný horní limit (jsou tedy v jiném rozsahu než u ostatních rekonstrukcí), na perfúzní mapě tedy nejsou vidět žádné detaily a obrázek se jeví jako žlutá plocha. U tohoto datasetu došlo tedy k největšímu vizuálnímu zlepšení perfúzních parametrů pomocí CS rekonstrukcí. U ostatních datasetů také došlo ke zlepšení, jak je patrné z obrázků. Dataset 5 má relativně odpovídající perfúzní mapy parametrů i pro 3D NUFFT rekonstrukci, ačkoliv obrazový snímek této rekonstrukce nemá vypovídající hodnotu.

Dále byly perfúzní mapy odpovídajícího řezu ze 3D dat kvantitativně porovnány s 2D daty. Toto vyhodnocování probíhalo v oblasti nádoru, kde je možno perfúzní analýzu využít ke sledování onkologické léčby. Oblast nádoru je pro všechny datasety zobrazena na obrázcích jednotlivých perfúzních map (obr. 7.2, 7.3, 7.4 a 7.5) bílou linií v levých sloupcích na 2D datech. Kvantitativně byla data porovnána pomocí korelačního koeficientu ρ a pomocí střední kvadratické odchylky (MSE):

$$\text{MSE} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\mathbf{X}_i^{2\text{D}} - \mathbf{X}_i^{3\text{D}}),$$

při označení $\mathbf{X}^{2\text{D}}$ perfúzní mapy ze 2D dat v oblasti nádoru ($\mathbf{X}_i^{2\text{D}}$ jsou parametry z jednotlivých pixelů), $\mathbf{X}^{3\text{D}}$ perfúzní mapy ze 3D dat (ať už se konkrétně jedná o NUFFT rekonstrukci nebo CS rekonstrukce) a n je počet pixelů ve vyhodnocované oblasti. Kvantitativní vyhodnocení perfúzních parametrů probíhalo na kromě již zmiňovaných parametrech F_p , v_p , PS a K_{trans} také také na dalších perfúzních parametrech: rychlostní konstantě přechodu mezi extracelulárním extravaskulárním prostorem a krevní plazmou k_{ep} , objemu extracelulárního extravaskulárního prostoru v_e , extrakční frakci z plazmy do extracelulárního extravaskulárního prostoru E a střední době průchodu kontrastní látky kapilární částí T_c .

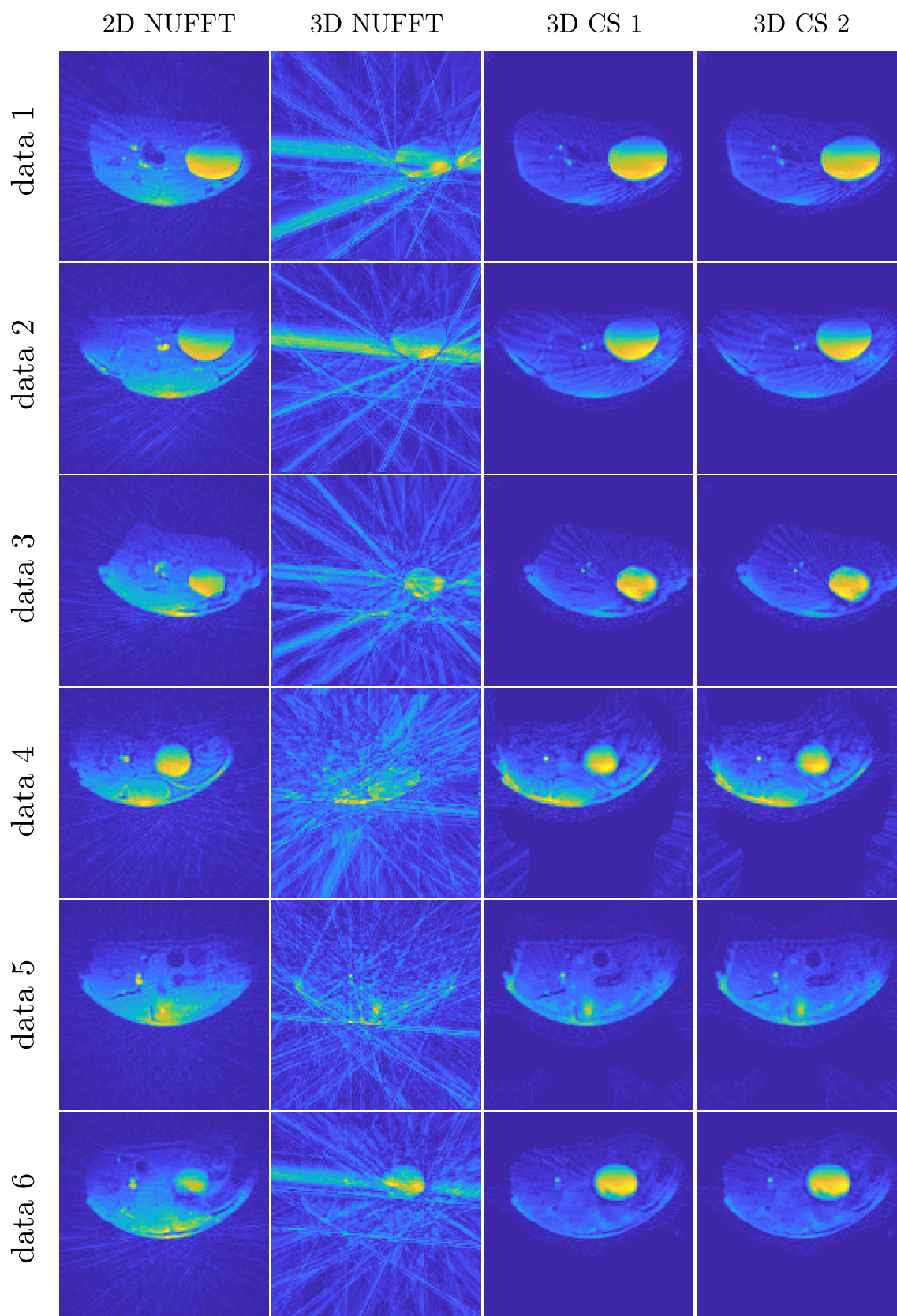
Z jednotlivých korelačních koeficientů jednotlivých perfúzních parametrů byla spočítaná průměrná hodnota ze všech datasetů vždy pro každou 3D rekonstrukci zvlášť. Tyto průměrné hodnoty jsou vykresleny na obr. 7.6. Obdobně byla vyhodnocena střední kvadratická odchylka pomocí průměrné hodnoty (viz obr. 7.7) a navíc také pomocí mediánu (viz obr. 7.8). Maximální zobrazená hodnota MSE byla v grafu nastavená, aby byly více viditelné nízké hodnoty MSE. Medián byl zde navíc využit, protože MSE u některých datasetů u určitých parametrů dosahuje velkých odlehlych hodnot, které značně ovlivňují průměrnou hodnotu na rozdíl od mediánu, který je vůči odlehlym hodnotám robustnější.

Z těchto grafů je vidět, že průměrná hodnota korelačního koeficientu u všech perfúzních parametrů se významně zvýšila u obou CS rekonstrukcí oproti trojrozměrné NUFFT rekonstrukci. Mírnou výjimku tvoří parametr T_c , kde není tento rozdíl tak významný. Rozdíl mezi oběma CS rekonstrukcemi je minimální, o něco málo vyššího korelačního koeficientu dosáhla CS 1 rekonstrukce v parametrech K_{trans} , k_{ep} , E a T_c , zatímco CS 2 rekonstrukce v ostatních parametrech, tj. v F_p , v_p , PS a v_e .

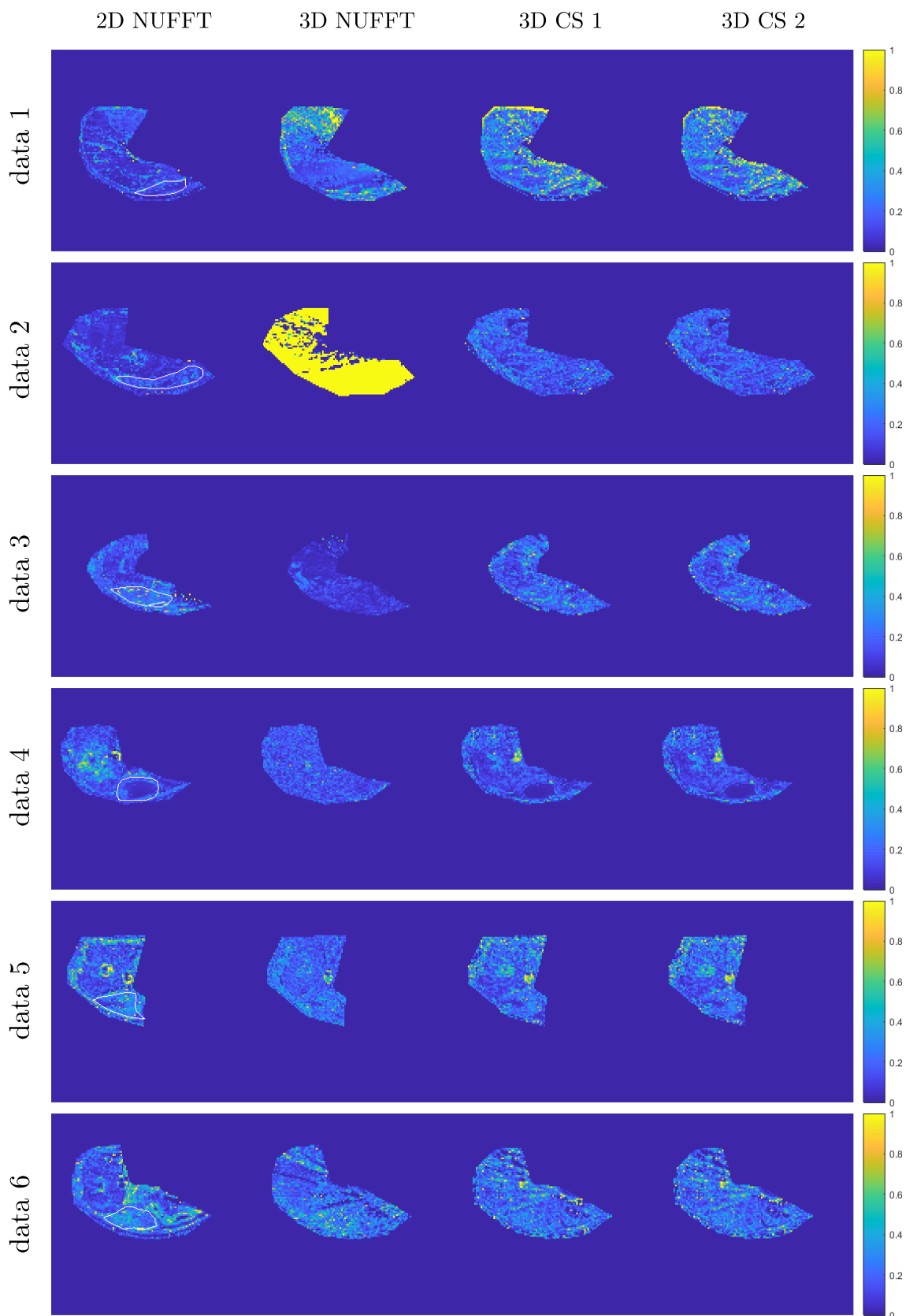
Průměrná hodnota MSE klesla velmi významně u všech perfúzních parametrů (nejnižší pokles nastal u parametru E , kde průměrná hodnota neobsahuje žádnou odlehlou hodnotu). Pokles mediánu MSE není ve všech parametrech stejně významný – největší je k_{ep} a u v_e , u ostatních není tak velký a v případě parametru PS je u CS 1 rekonstrukce dokonce nepatrně vyšší. Podle mediánu MSE je o něco málo lepší CS 2 rekonstrukce, kde se podařila snížit střední kvadratická chyba nejvíce u šesti perfúzních parametrů (F_p , v_p , PS , v_e , E a T_c) zatímco u CS 1 rekonstrukce jenom u dvou (K_{trans} a k_{ep}).

Tento trend byl obdobný u všech datasetů, jedinou výjimku tvoří dataset 5, kde korelační koeficienty u jednotlivých perfúzních parametrů zůstávají přibližně stejné u všech srovnávaných metod, případně vykazují mírný pokles.

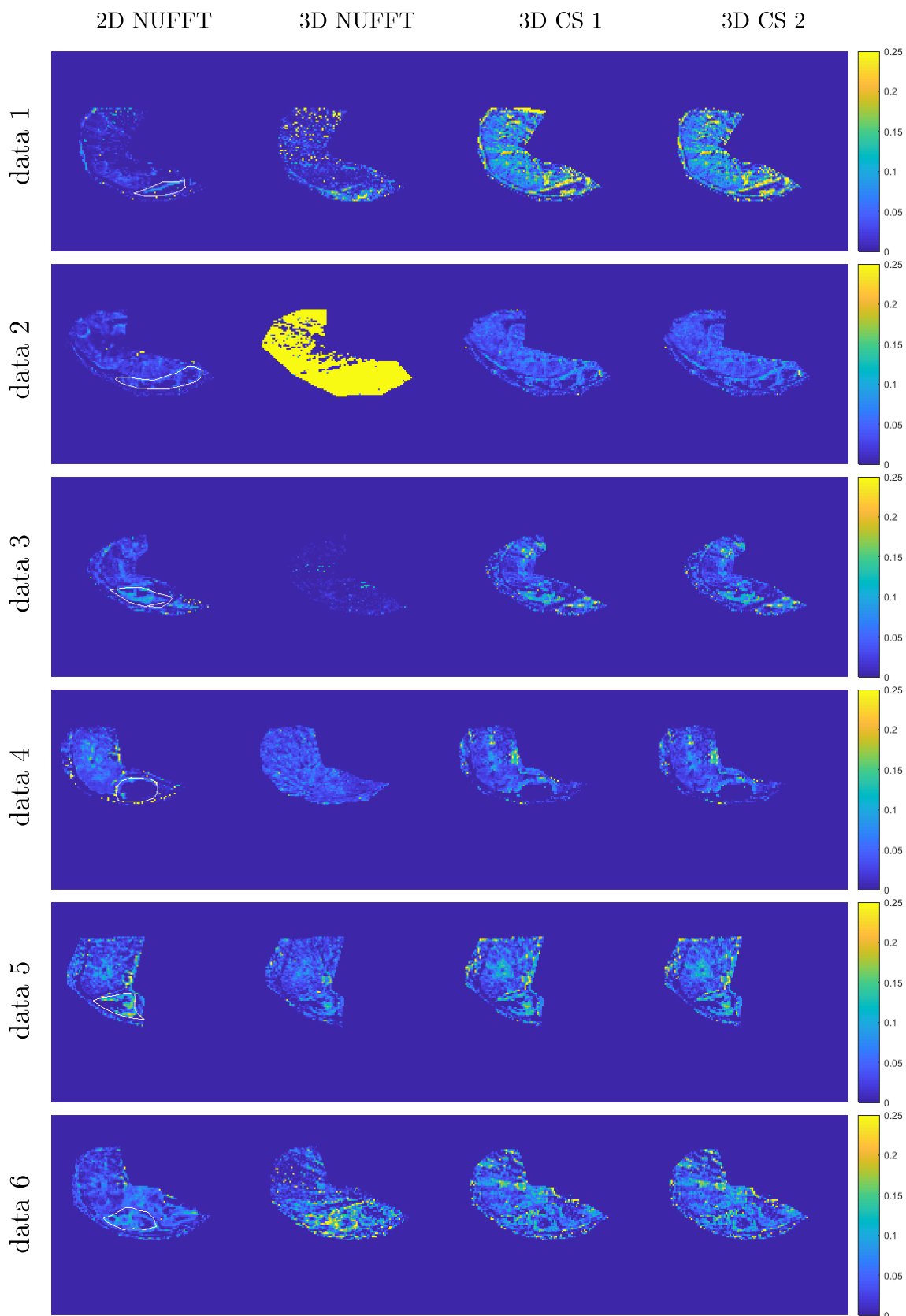
Celkově lze tedy konstatovat, že díky komprimovanému snímání (zde konkrétně díky modelu s omezenými diferencemi) lze měřit perfúzní zobrazování magnetickou rezonancí s dostatečným časovým a prostorovým rozlišením (ve 3D), aniž by byly nějak zkresleny výsledné perfúzní parametry. To však není v podstatě možné bez CS rekonstrukce, jak bylo ukázáno na šesti naměřených datasetech. Malou výjimku tvoří dataset 5, kdy CS rekonstrukce dosahuje obdobných výsledků jako NUFFT rekonstrukce. To je nejspíše dané zobrazovaným řezem, který jako jediný ze všech datasetů neobsahuje močový měchýř, kde se ukládá velké množství vymyté kontrastní látky, která má při zobrazování velmi silný jas, který způsobuje v NUFFT rekonstrukcích velké artefakty. Na tomto datasetu je tedy přínos komprimovaného snímání pouze na rekonstruovaných perfúzních datech, přičemž perfúzní parametry nejsou nějak významně ovlivněny.



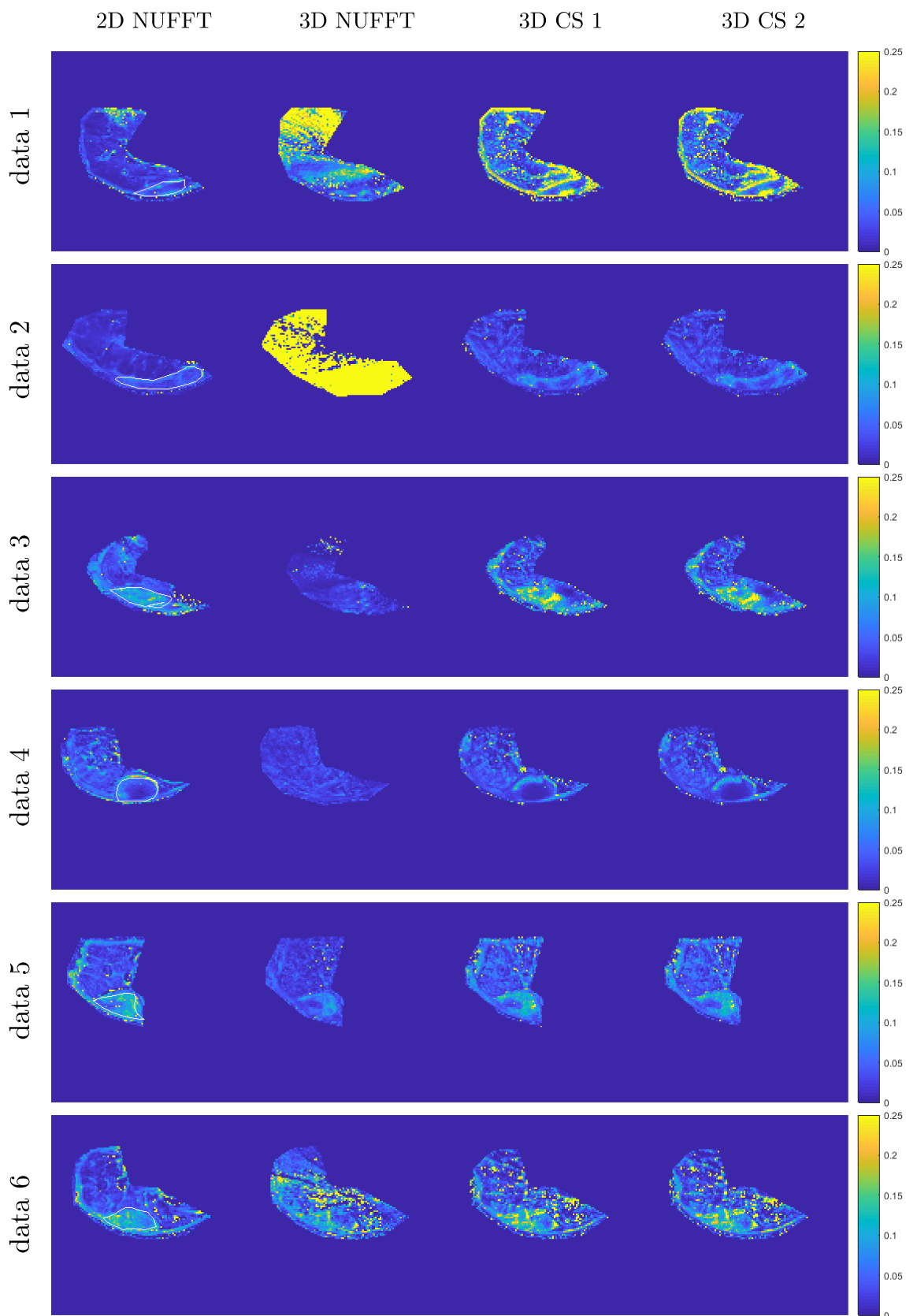
Obr. 7.1: Rekonstrukce šesti datasetů (v řádcích) prvního časového snímku řezu s nádorem. Ve sloupcích jsou zobrazeny (zleva doprava) rekonstrukce 2D dat, 3D dat pomocí NUFFT, 3D dat s využitím modelu s omezenými diferenciemi s dvěma různými nastaveními parametrů (rekonstrukce CS 1 a CS 2).



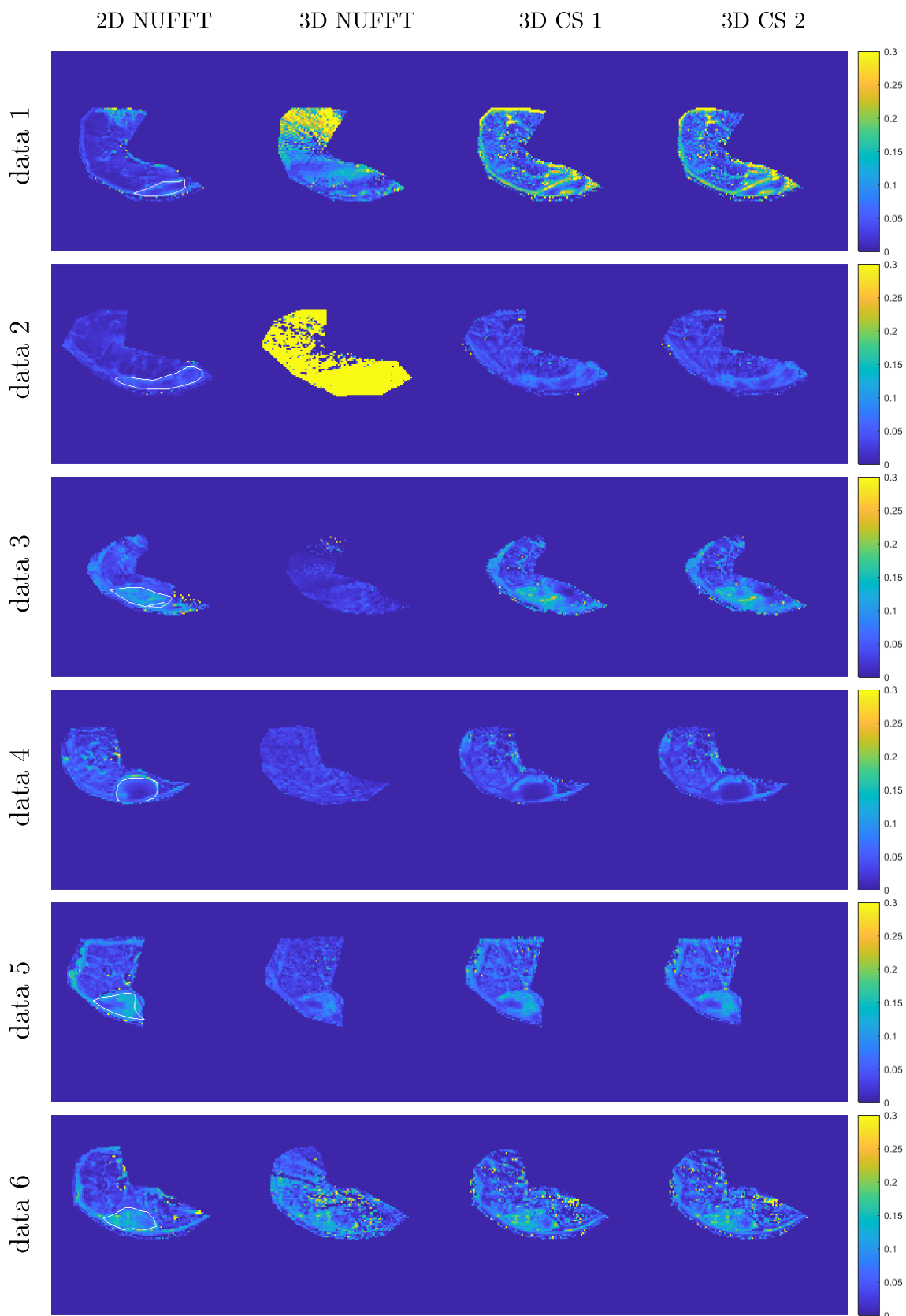
Obr. 7.2: Perfúzní mapy parametru F_p [ml/min/ml] šesti datasetů (v řádcích) řezu s nádorem (označen bílým polygonem). Ve sloupcích jsou zobrazeny (zleva doprava) rekonstrukce 2D dat, 3D dat pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2. Odlehle hodnoty byly přitom zobrazeny jako nejvyšší hodnota v barevné škále.



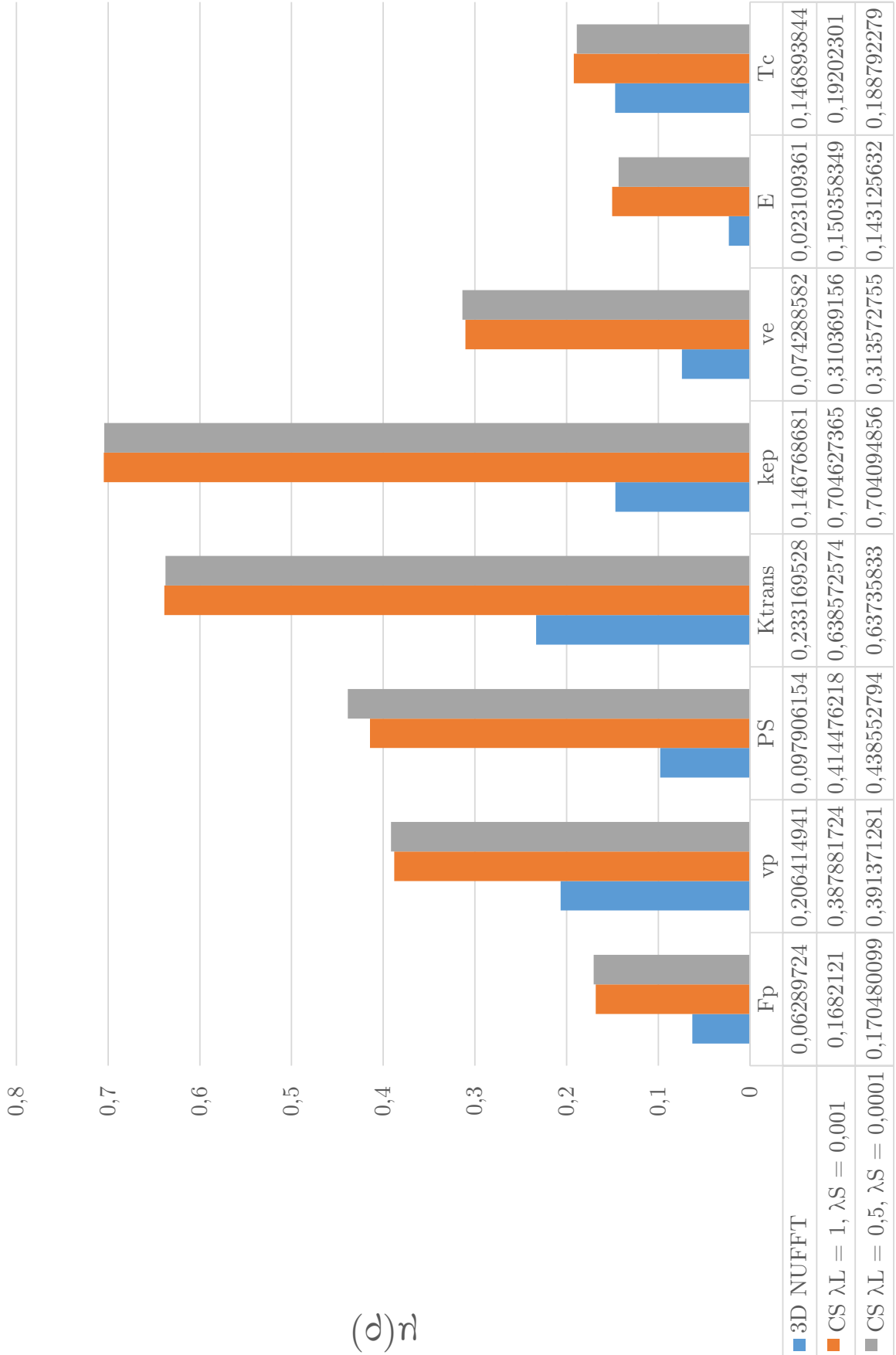
Obr. 7.3: Perfúzní mapy parametru v_p [ml/ml] šesti datasetů (v řádcích) řezu s nádorem (označen bílým polygonem). Ve sloupcích jsou zobrazeny (zleva doprava) rekonstrukce 2D dat, 3D dat pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2. Odlehle hodnoty byly přitom zobrazeny jako nejvyšší hodnota v barevné škále.



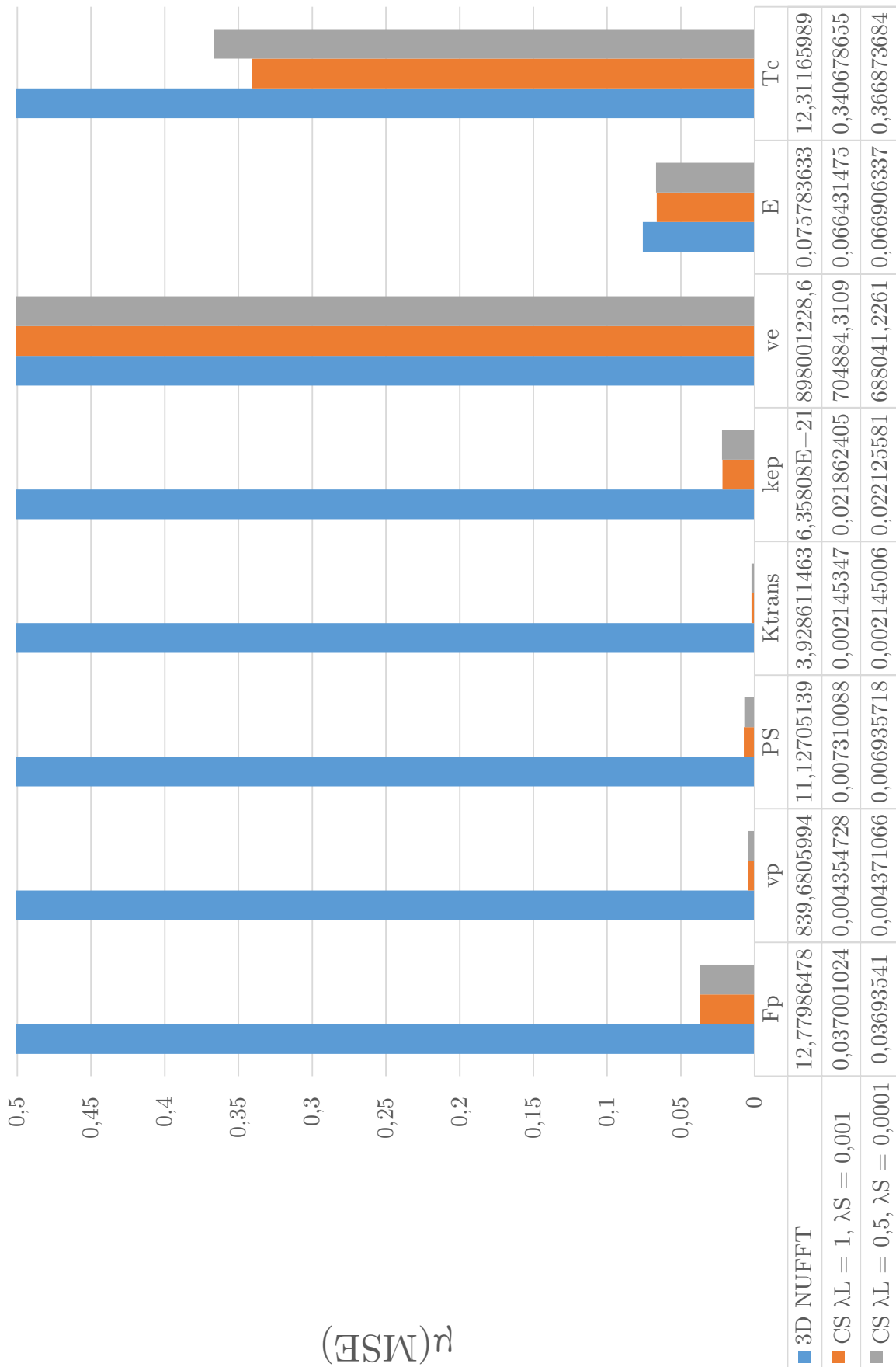
Obr. 7.4: Perfúzní mapy parametru PS [ml/min/ml] šesti datasetů (v řádcích) řezu s nádorem (označen bílým polygonem). Ve sloupcích jsou zobrazeny (zleva doprava) rekonstrukce 2D dat, 3D dat pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2. Odlehle hodnoty byly přitom zobrazeny jako nejvyšší hodnota v barevné škále.



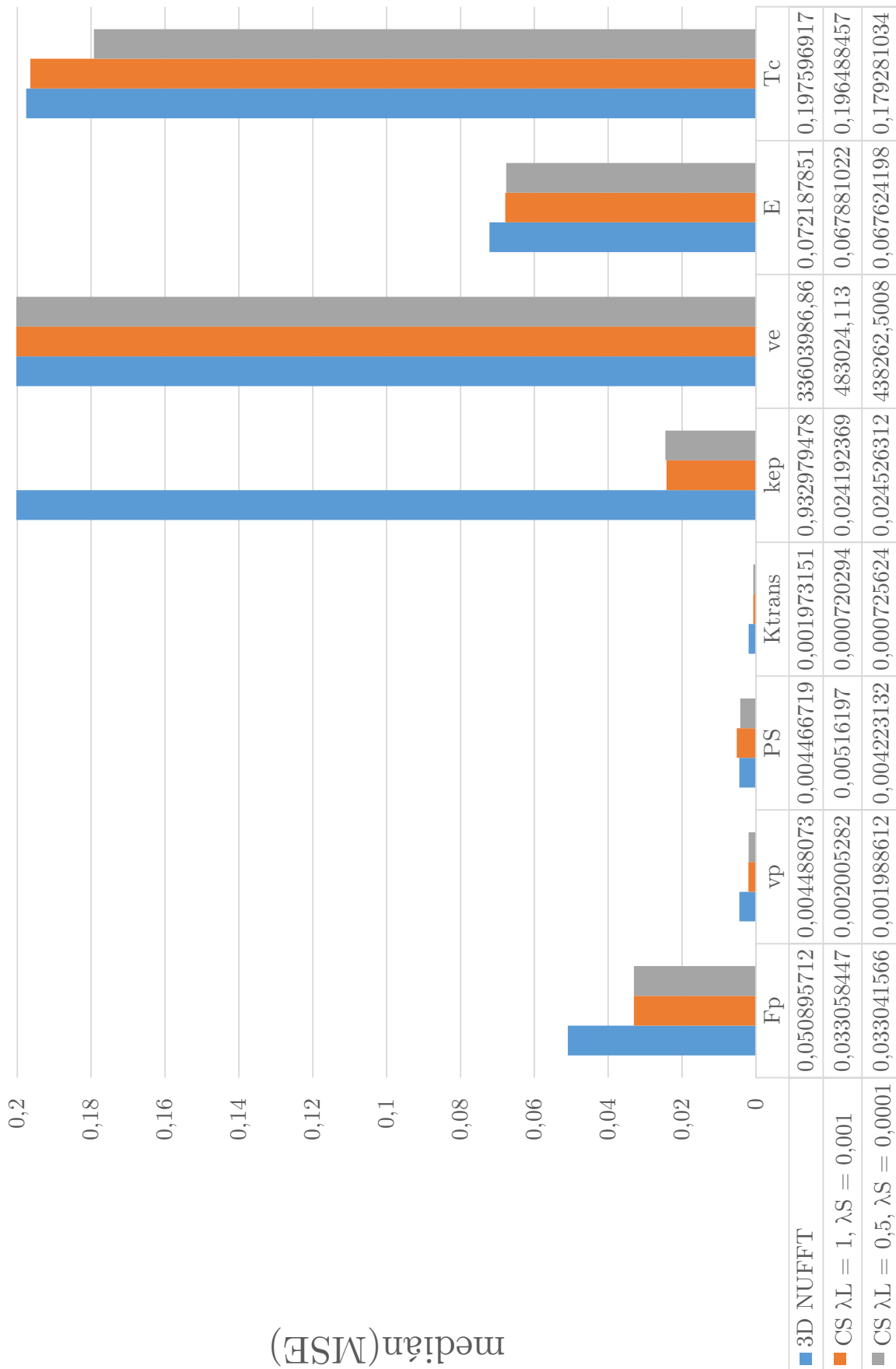
Obr. 7.5: Perfúzní mapy parametru K_{trans} [1/min] šesti datasetů (v řádcích) řezu s nádorem (označen bílým polygonem). Ve sloupcích jsou zobrazeny (zleva doprava) rekonstrukce 2D dat, 3D dat pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2. Odlehle hodnoty byly přitom zobrazeny jako nejvyšší hodnota v barevné škále.



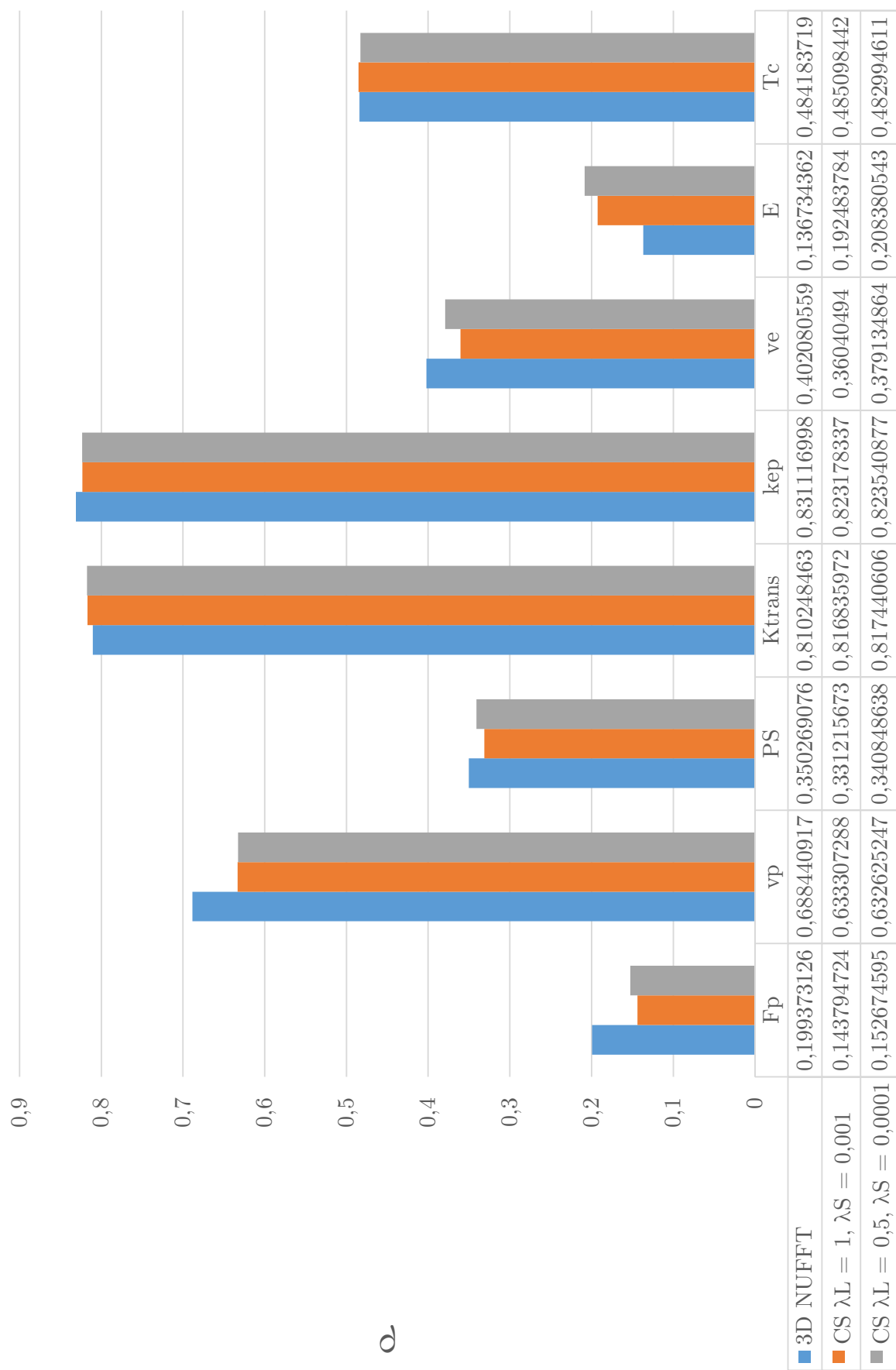
Obr. 7.6: Průměrná hodnota μ ze šesti datasetů korelačních koeficientů ρ mezi 2D daty a 3D daty zrekonstruovanými pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2 pro různé perfúzní parametry. V tabulce pod příslušným parametrem je vypsána průměrná hodnota daného korelačního koeficientu.



Obr. 7.7: Průměrná hodnota μ ze šesti datasetů střední kvadratické odchylky MSE mezi 2D daty a 3D daty zrekonstruovanými pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2 pro různé perfúzní parametry. V tabulce pod příslušným parametrem je vypsaná průměrná hodnota dané MSE (maximální hodnota na ose je menší než nejvyšší hodnota v tabulce kvůli přehlednosti grafu).



Obr. 7.8: Medián ze šesti datasetů střední kvadratické odchylky MSE mezi 2D daty a 3D daty zrekonstruovanými pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2 pro různé perfúzní parametry. V tabulce pod příslušným parametrem je vypsán medián dané MSE (maximální hodnota na ose je menší než nejvyšší hodnoty v tabulce kvůli přehlednosti grafu).



Obr. 7.9: Korelační koeficient ρ mezi 2D daty a 3D daty datasetu 5 zrekonstruovanými pomocí NUFFT, 3D rekonstrukce CS 1 a CS 2 pro různé perfúzní parametry. V tabulce pod příslušným parametrem je vypsaná hodnota daného korelačního koeficientu.

ZÁVĚR

Teoretická část práce nejprve nastiňuje problematiku perfúzního zobrazování v magnetické rezonanci. Je zde popsán základní princip fungování magnetické rezonance včetně jejího matematického modelu. Rovněž tato část obsahuje popis perfúzního zobrazování a analýzy. Ukazuje se, že kritickým místem perfúzní analýzy v magnetické rezonanci je nutnost mít zároveň vysoké prostorové a časové rozlišení současně, čehož je obtížné dosáhnout kvůli fyzikálním limitům měření v magnetické rezonanci.

Práce dále představuje současné metody pro zvýšení rozlišení perfúzního zobrazování v magnetické rezonanci, které se dají používat buď zvlášť nebo ve vzájemné kombinaci. První z nich je použití nekartézských trajektorií při měření, které buď přímo urychluje měření nebo efektivněji měří data. Je zde řečeno, že u dynamického měření (ve 2D) je vhodné využití radiálních trajektorií se zlatým úhlem mezi sousedními trajektoriemi kvůli možnosti dodatečného určení časového versus prostorového rozlišení. Další metodou vedoucí ke zvýšení rozlišení je paralelní zobrazování, které díky současnému měření více přijímacími cívkami naměří za stejný čas více dat.

Poslední uvedenou metodou je komprimované snímání, které je stěžejní pro tuto práci. Tento koncept umožňuje rekonstruovat data i při snímání dat pod Nyquistovým kritériem pomocí optimalizační úlohy, ve které vystupují apriorní informace o snímaných datech. Je zde také uveden přehled v současné době publikovaných typů apriorních informací a s tím souvisejících optimalizačních problémů. Dále jsou zde popsány proximální algoritmy, pomocí kterých lze úlohy komprimovaného snímání efektivně řešit.

V praktické části je nejprve navrženo několik nových modelů komprimovaného snímání pro perfúzní zobrazování v magnetické rezonanci. Prvním z nich je lokální L+S model, který vychází z globálního L+S modelu a lokálního L&S modelu. Na perfúzním fantomu bylo ukázáno, že tento navržený model přináší zlepšení SNR pro optimální velikost bloku 10×10 px oproti globálnímu L+S modelu i proti lokálnímu L&S modelu.

Na reálných datech byl tento model rozšířen o anatomickou informaci, podle které byly pak zkonstruované (nečtvercové) bloky. Oproti běžně používanému časovému rozlišení okolo jedné sekundy bylo při rekonstrukci dosaženo rozlišení 0,357 s při zachování stejného prostorového rozlišení 128×128 px. Na těchto datech bylo dále ukázáno, že perfúzní mapy parametru času do maxima byly lépe zachycené ve stejném typu tkáně než v porovnávací globální L+S metodě, kde zejména v malých anatomických oblastech došlo ke zkreslení.

Jako další bylo navrženo rozšíření mnohaměřítkového nízkohodnostního modelu o měřicí operátor. Pomocí tohoto modelu bylo rovněž dosaženo na stejných reálných datech časového rozlišení 0,357 s a prostorového rozlišení 128×128 px. Rekonstrukce

měly oproti referenční globální L+S metodě lépe viditelné některé anatomické struktury a vyhlazenější perfúzní křivky. Bohužel při rychlém náběhu perfúzní křivky byl tento náběh zkreslený.

Posledním navrženým modelem byl model s omezenými diferencemi. Opět na stejných reálných datech bylo dosaženo téhož rozlišení. Oproti referenční klasické metodě rekonstrukce pomocí regriddingu metoda výrazně potlačuje šum při zachování stejného časového průběhu. Také potlačuje skokové artefakty v perfúzních křivkách, které se vyskytují v regularizacích s totální variací v časovém směru.

Dále je v praktické části práce uvedena metoda redukce vychýlenosti MRI rekonstrukcí. Na perfúzním fantomu je zde ukázáno, že debiasing aplikovaný po nízkohodnostním modelu nepřináší zvýšení SNR na rozdíl od jeho aplikování přímo do jednotlivých iterací optimalizačního algoritmu. Na reálných datech současné provedení debiasingu s rekonstrukcí přineslo zřetelnější maxima perfúzních křivek a vyšší kontrast v jednotlivých snímcích.

Práce rovněž zkoumala vliv rekonstrukce pomocí komprimovaného snímání přímo na perfúzní parametry. Rekonstrukce pomocí globálního L+S modelu vedla k prostorově odpovídajícím mapám perfúzních parametrů s ohraničenými oblastmi jednotlivých tkání na rozdíl od porovnávací klasické rekonstrukční metody pomocí regriddingu. Perfúzní mapy z rekonstrukce pomocí L+S modelu také obsahují méně šumu.

Na závěr práce byla metoda s omezenými diferencemi rozšířena na 3D data. Kvůli ověřitelnosti perfúzní analýzy byla tato metoda vyhodnocována na datasetech, kde byla kromě 3D měření provedena také měření ve 2D, přičemž tento 2D řez se shodoval s jedním řezem ve 3D. Tato data byla zrekonstruovaná přibližně se stejným časovým rozlišením okolo jedné sekundy a prostorovým rozlišením 128×128 px ($\times 25$ řezů ve 3D), a to jednak pomocí regriddingu pro 2D a NUFFT pro 3D, tak pomocí modelu s omezenými diferencemi pro 3D data. Na těchto rekonstrukcích byla poté provedena perfúzní analýza (pouze ve shodném řezu) a následně vyhodnocena pomocí korelačního koeficientu a MSE. Ukázalo se, že 3D data zrekonstruovaná pomocí NUFFT nemají odpovídající kvalitu rekonstrukce pro perfúzní analýzu a díky použití komprimovaného snímání se podařilo zvýšit korelační koeficienty u většiny perfúzních parametrů a zároveň snížit MSE.

U všech částí praktické práce zároveň vznikl software, pomocí kterého byly jednotlivé metody ověřovány. Tento software se nachází na CD přiloženém v práci.

Závěrem lze tedy konstatovat, že u 2D dat se podařilo přibližně třikrát zvýšit časové rozlišení perfúzních dat při zachování prostorového rozlišení a u 3D snímání se podařilo $25\times$ zvýšit prostorové rozlišení při zachování stejného časového rozlišení.

PUBLIKACE AUTORKY

- [1] Bartoš, M.; Šorel, M.; Mangová, M.; aj.: DCE-MRI Perfusion Analysis with L1-Norm Spatial Regularization. In *Joint Annual Meeting ISMRM-ESMRMB 2018, Paris Expo Porte de Versailles, Paris, France, June 16–21, 2018*.
- [2] Daňková, M.: *Komprimované snímání v perfuzním zobrazování pomocí magnetické rezonance*. Diplomová práce, Vysoké učení technické v Brně, 2014.
- [3] Daňková, M.; Rajmic, P.: Content-aware low-rank plus sparse model for perfusion MRI reconstruction. Harmonic Analysis and Applications, Strobl, Austria, 2016, str. 1, poster.
- [4] Daňková, M.; Rajmic, P.: Debiasing incorporated into reconstruction of low-rank modelled dynamic MRI data. In *Proceedings of the third “international Traveling Workshop on Interactions between Sparse models and Technology” iTWIST’16, Aalborg, Dánsko, 2016*, s. 53–55.
URL <https://arxiv.org/pdf/1609.04167.pdf>
- [5] Daňková, M.; Rajmic, P.: Low-rank model for dynamic MRI: joint solving and debiasing. In *ESMRMB 2016, 33rd Annual Scientific Meeting, Vienna, AT, September 29–October 1: Abstracts, Friday. Magnetic resonance materials in physics biology and medicine*, Berlin: Springer, 2016, s. 200–201.
- [6] Daňková, M.; Rajmic, P.; Jiřík, R.: Acceleration of Perfusion MRI Using Locally Low-Rank plus Sparse Model. In *Latent Variable Analysis and Signal Separation*, Liberec: Springer, 2015, ISBN ISBN: 978-3-319-22481-7, s. 514–521, doi:10.1007/978-3-319-22482-4_60.
- [7] Jiřík, R.; Daňková, M.; Rajmic, P.; aj.: Absolute Quantification of Brain Perfusion using Golden Angle Compressed Sensing DCE-MRI. In *ISMRM 2016, 25th Annual Meeting & Exhibition, Honolulu, HI, USA, April 22–27, 2017*.
- [8] Mangová, M.; Rajmic, P.; Jiřík, R.: Dynamic Magnetic Resonance Imaging using Compressed Sensing with Multi-scale Low Rank Penalty. In *40th International Conference on Telecommunications and Signal Processing*, 2017, ISBN 978-1-5090-3981-4, s. 780–783.
- [9] Rajmic, P.; Daňková, M.: *Úvod do řídkých reprezentací signálů a komprimovaného snímání*. Vysoké učení technické v Brně, 2014.

- [10] Rajmic, P.; Novosadová, M.; Daňková, M.: Piecewise-polynomial signal segmentation using convex optimization. *Kybernetika*, ročník 53, č. 6, 2017: s. 1131–1149, doi:10.14736/kyb-2017-6-1131.
URL <https://www.kybernetika.cz/content/2017/6/1131>
- [11] Walner, H.; Bartoš, M.; Mangová, M.; aj.: Iterative Methods for Fast Reconstruction of Undersampled Dynamic Contrast-Enhanced MRI Data. In *World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering 2018*, editace L. Lhotska; L. Sukupova; I. Lacković; G. S. Ibbott, Singapore: Springer Singapore, 2018, ISBN 978-981-10-9035-6, s. 267–271.

LITERATURA

- [12] Adluru, G.; Chen, L.; Kim, S.; aj.: Three-dimensional late gadolinium enhancement imaging of the left atrium with a hybrid radial acquisition and compressed sensing. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, ročník 34, č. 6, 2011: s. 1465–1471, doi:10.1002/jmri.22808.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jmri.22808>
- [13] Bartoš, M.: *Advanced signal processing methods in dynamic contrast enhanced magnetic resonance imaging*. Doctoral thesis, Brno University of Technology, 2014.
- [14] Bazaraa, M. S.; Sherali, H. D.; Shetty, C. M.: *Nonlinear programming: theory and algorithms*. Hoboken, N.J.: Wiley-Interscience, 2006.
- [15] Block, K. T.; Chandarana, H.; Milla, S.; aj.: Towards routine clinical use of radial stack-of-stars 3D gradient-echo sequences for reducing motion sensitivity. *Journal of the Korean Society of Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 18, č. 2, 2014: s. 87–106.
- [16] Block, K. T.; Uecker, M.; Frahm, J.: Undersampled radial MRI with multiple coils. Iterative image reconstruction using a total variation constraint. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 57, č. 6, 2007: s. 1086–1098, ISSN 1522-2594, doi:10.1002/mrm.21236.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/mrm.21236>
- [17] Boyd, S. P.; Vandenberghe, L.: *Convex Optimization*. Cambridge University Press, 2004, ISBN 0521833787.
- [18] Bredies, K.; Kunisch, K.; Pock, T.: Total Generalized Variation. *SIAM Journal on Imaging Sciences*, ročník 3, č. 3, 2010: s. 492–526, doi:10.1137/090769521.
URL <https://doi.org/10.1137/090769521>
- [19] Bydder, M.; Larkman, D. J.; Hajnal, J. V.: Combination of signals from array coils using image-based estimation of coil sensitivity profiles. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 47, č. 3, 2002: s. 539–548, doi:10.1002/mrm.10092.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mrm.10092>
- [20] Candes, E.; Romberg, J.: Sparsity and incoherence in compressive sampling. *Inverse Problems*, ročník 23, 2006: s. 969–985.
- [21] Candes, E. J.; Recht, B.: Exact Matrix Completion via Convex Optimization. *Foundations of Computational Mathematics*, ročník 9, č. 6, 2009: s. 717–772,

ISSN 1615-3375, doi:10.1007/s10208-009-9045-5.

URL <http://dx.doi.org/10.1007/s10208-009-9045-5>

- [22] Candes, E. J.; Wakin, M. B.: An introduction to compressive sampling. *IEEE Signal Processing Magazine*, ročník 25, č. 2, 2008: s. 21–30, ISSN 1053-5888.
- [23] Combettes, P.; Pesquet, J.: Proximal splitting methods in signal processing. *Fixed-Point Algorithms for Inverse Problems in Science and Engineering*, 2011: s. 185–212, doi:10.1007/978-1-4419-9569-8_10.
- [24] Combettes, P.; Wajs, V.: Signal recovery by proximal forward-backward splitting. *Multiscale Modeling & Simulation*, ročník 4, č. 4, 2005: s. 1168–1200.
- [25] Condat, L.: A Direct Algorithm for 1-D Total Variation Denoising. *Signal Processing Letters, IEEE*, ročník 20, č. 11, Nov 2013: s. 1054–1057, ISSN 1070-9908, doi:10.1109/LSP.2013.2278339.
- [26] Condat, L.: A Generic Proximal Algorithm for Convex Optimization—Application to Total Variation Minimization. *Signal Processing Letters, IEEE*, ročník 21, č. 8, Aug 2014: s. 985–989, ISSN 1070-9908, doi:10.1109/LSP.2014.2322123.
- [27] Čermák, L.: *Vybrané statě z numerických metod*. Vysoké učení technické v Brně, Fakulta strojního inženýrství, Ústav matematiky, 2011.
- [28] Deshmane, A.; Gulani, V.; Griswold, M. A.; aj.: Parallel MR Imaging. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, ročník 36, č. 1, 2012: s. 55–72, ISSN 1522-2586, doi:10.1002/jmri.23639.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/jmri.23639>
- [29] Dikaios, N.; Arridge, S.; Hamy, V.; aj.: Direct parametric reconstruction from undersampled (k, t)-space data in dynamic contrast enhanced MRI. *Medical Image Analysis*, ročník 18, č. 7, 2014: s. 989–1001, ISSN 1361-8415, doi:<http://dx.doi.org/10.1016/j.media.2014.05.001>.
URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1361841514000668>
- [30] Donoho, D.: Compressed sensing. *IEEE Transactions on Information Theory*, ročník 52, č. 4, 2006: s. 1289–1306, ISSN 0018-9448.
- [31] Dougherty, L.; Isaac, G.: A Density Compensation Function using Kaiser-Bessel Re gridding. *Proceedings of the 20st Annual Meeting of ISMRM, Melbourne*, 2012: str. 2546.

- [32] Eldar, Y. C.; Kutyniok, G.: *Compressed sensing: theory and applications*. Cambridge University Press, 2012.
- [33] Elster, A. D.: Question and answers in MRI: What is SAR? [online], 2018, [cit. 2018-07-23].
URL <http://mri-q.com/sar.html>
- [34] Feng, L.; Grimm, R.; Block, K. T.; aj.: Golden-angle radial sparse parallel MRI: Combination of compressed sensing, parallel imaging, and golden-angle radial sampling for fast and flexible dynamic volumetric MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 72, č. 3: s. 707–717, doi:10.1002/mrm.24980.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mrm.24980>
- [35] Fessler, J. A.; Sutton, B. P.: Nonuniform fast Fourier transforms using min-max interpolation. *IEEE Transactions on Signal Processing*, ročník 51, č. 2, February 2003: s. 560–574, doi:10.1109/TSP.2002.807005.
- [36] Figueiredo, M. A. T.; Nowak, R. D.; Wright, S. J.: Gradient Projection for Sparse Reconstruction: Application to Compressed Sensing and Other Inverse Problems. *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, ročník 1, č. 4, Dec 2007: s. 586–597, ISSN 1932-4553, doi:10.1109/JSTSP.2007.910281.
- [37] fMRI Brno – výzkumná skupina při LF MU Brno: Princip MRI. [online], 12 2013, [cit. 2014-03-21].
URL http://fmri.mchmi.com/main_index.php?strana=13
- [38] Folland, G. B.: *Fourier analysis and its applications*. Providence : American Mathematical Society, 1992, ISBN 978-0-8218-4790-9.
- [39] Foucard, S.; Rauhut, H.: *A Mathematical Introduction to Compressive Sensing*. Applied and Numerical Harmonic Analysis, Springer New York, 2013, doi: 10.1007/978-0-8176-4948-7.
- [40] Foucart, S.: Hard Thresholding Pursuit: An Algorithm for Compressive Sensing. *SIAM Journal on Numerical Analysis*, ročník 49, č. 6, 2011: s. 2543–2563, doi:10.1137/100806278.
URL <https://doi.org/10.1137/100806278>
- [41] Griswold, M. A.; Jakob, P. M.; Heidemann, R. M.; aj.: Generalized auto-calibrating partially parallel acquisitions (GRAPPA). *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 47, č. 6, 2002: s. 1202–1210, ISSN 1522-2594, doi: 10.1002/mrm.10171.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/mrm.10171>

- [42] Gurney, P. T.; Hargreaves, B. A.; Nishimura, D. G.: Design and analysis of a practical 3D cones trajectory. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 55, č. 3: s. 575–582, doi:10.1002/mrm.20796.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mrm.20796>
- [43] Haase, A.; Frahm, J.; Matthaei, D.; aj.: FLASH imaging: Rapid NMR imaging using low flip-angle pulses. *Journal of Magnetic Resonance*, ročník 213, č. 2, 2011: s. 533 – 541, ISSN 1090-7807, doi: <https://doi.org/10.1016/j.jmr.2011.09.021>.
URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1090780711003338>
- [44] Halliday, D.; Walker, J.; Resnick, R.: *Fyzika: vysokoškolská učebnice obecné fyziky*. VUTIUM, 2000, ISBN 8021418680.
- [45] Han, M.; Daniel, B. L.; Hargreaves, B. A.: Accelerated bilateral dynamic contrast-enhanced 3D spiral breast MRI using TSENSE. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, ročník 28, č. 6: s. 1425–1434, doi:10.1002/jmri.21427.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jmri.21427>
- [46] Han, S.; Paulsen, J. L.; Zhu, G.; aj.: Temporal/spatial resolution improvement of in vivo DCE-MRI with compressed sensing-optimized FLASH. *Magnetic Resonance Imaging*, ročník 30, č. 6, 2012: s. 741–752, ISSN 0730-725X, doi:<http://dx.doi.org/10.1016/j.mri.2012.02.001>.
URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0730725X12000355>
- [47] Harabiš, V.; Kolář, R.; Mézl, M.; aj.: Comparison and evaluation of indicator dilution models for bolus of ultrasound contrast agents. *Physiological Measurement*, ročník 34, 2013: s. 151–162, doi:10.1088/0967-3334/34/2/151.
- [48] Hendee, W. R.; Morgan, C. J.: Magnetic resonance imaging. Part I–physical principles. *The Western journal of medicine*, ročník 141, č. 4, 10 1984: s. 491–500.
- [49] Chan, R. W.; Ramsay, E. A.; Cunningham, C. H.; aj.: Temporal stability of adaptive 3D radial MRI using multidimensional golden means. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 61, č. 2: s. 354–363, doi:10.1002/mrm.21837, <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1002/mrm.21837>.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mrm.21837>
- [50] Chen, X.; Salerno, M.; Yang, Y.; aj.: Motion-compensated compressed sensing for dynamic contrast-enhanced MRI using regional spatiotemporal sparsity

- and region tracking: Block low-rank sparsity with motion-guidance (BLOSM). *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 72, č. 4, 2014: s. 1028–1038, ISSN 1522-2594, doi:10.1002/mrm.25018.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/mrm.25018>
- [51] Chlebus, P.; Mikl, M.; Brázdil, M.; aj.: Funkční magnetická rezonance – úvod do problematiky. *Neurologie pro praxi*, ročník 6, č. 3, 2005: s. 133–138.
URL http://fmri.mchmi.com/articles/chlebus_prehled.pdf
- [52] Jackson, A.; Buckley, D. L.; Parker, M.: *Dynamic Contrast-Enhanced Magnetic Resonance Imaging in Oncology*. Berlin: Springer, 2005.
- [53] Jackson, J. I.; Meyer, C. H.; Nishimura, D. G.; aj.: Selection of a convolution function for Fourier inversion using gridding [computerised tomography application]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, ročník 10, č. 3, Sep 1991: s. 473–478, ISSN 0278-0062, doi:10.1109/42.97598.
- [54] Jiřík, R.; Soucek, K.; Mézl, M.; aj.: Blind deconvolution in dynamic contrast-enhanced MRI and ultrasound. In *2014 36th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, Aug 2014, ISSN 1094-687X, s. 4276–4279, doi:10.1109/EMBC.2014.6944569.
- [55] Johnson, J.; Wilson, T.: A model for capillary exchange. *American Journal of Physiology-Legacy Content*, ročník 210, č. 6, 1966: s. 1299–1303, doi:10.1152/ajplegacy.1966.210.6.1299, PMID: 5923068.
URL <https://doi.org/10.1152/ajplegacy.1966.210.6.1299>
- [56] Koh, T. S.; Bisdas, S.; Koh, D. M.; aj.: Fundamentals of tracer kinetics for dynamic contrast-enhanced MRI. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, ročník 34, č. 6, 2011: s. 1262–1276, doi:10.1002/jmri.22795.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jmri.22795>
- [57] Köhler, T.: A Projection Access Scheme for Iterative Reconstruction Based on the Golden Section. In *Nuclear Science Symposium Conference Record, 2004 IEEE*, ročník 6, 2004, s. 3961–3965, doi:10.1109/NSSMIC.2004.1466745.
- [58] Kutyniok, G.; Lim, W.-Q.: Compactly supported shearlets are optimally sparse. *Journal of Approximation Theory*, ročník 163, č. 11, 2011: s. 1564–1589, ISSN 0021-9045, doi:http://dx.doi.org/10.1016/j.jat.2011.06.005.
URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0021904511001067>

- [59] Laader, A.; Beiderwellen, K.; Kraff, O.; aj.: 1.5 versus 3 versus 7 Tesla in abdominal MRI: A comparative study. *PLOS ONE*, ročník 12, č. 11, 11 2017: s. 1–18, doi:10.1371/journal.pone.0187528.
URL <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187528>
- [60] Li, Z.; Berman, B. P.; Altbach, M. I.; aj.: Highly Accelerated 3D Dynamic Imaging with Variable Density Golden Angle Stack-of-Stars Sampling. In *Proc. Intl. Soc. Mag. Reson. Med.* 21, 2013, ISSN 1545-4428, str. 3797.
- [61] Lingala, S.; Hu, Y.; DiBella, E.; aj.: Accelerated Dynamic MRI Exploiting Sparsity and Low-Rank Structure: k-t SLR. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, ročník 30, č. 5, May 2011: s. 1042–1054, ISSN 0278-0062, doi:10.1109/TMI.2010.2100850.
- [62] Luo, J.; Shin, T.; Zhang, T.; aj.: Lower Extremities Perfusion Imaging with Low-Rank Matrix Completion Reconstruction. In *The 21st Annual Meeting of International Society for Magnetic Resonance in Medicine*, 2013, str. 2619.
- [63] Lustig, M.: Principles of MRI. [online], 2013, [cit. 2014-03-22].
URL http://inst.eecs.berkeley.edu/~ee225e/sp13/notes/Lecture01_011712.pdf
- [64] Lustig, M.; Donoho, D.; Santos, J.; aj.: Compressed Sensing MRI. *IEEE Signal Processing Magazine*, ročník 25, č. 2, 2008: s. 72–82, ISSN 1053-5888.
- [65] Ma, S.: *Algorithms for Sparse and Low-Rank Optimization: Convergence, Complexity and Application*. Dizertační práce, Columbia University, 2011.
- [66] Matthias, S.; Martin, H.; Andreas, S.; aj.: Infimal convolution of total generalized variation functionals for dynamic MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 78, č. 1, 2017: s. 142–155, doi:10.1002/mrm.26352.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mrm.26352>
- [67] Mézl, M.; Jiřík, R.; Harabiš, V.: Akvizice a zpracování dat v ultrazvukové perfuzní analýze. In *Nové směry v biomedicínském inženýrství*, Vysoké učení technické v Brně, 2013, s. 44–51.
- [68] Nadymáčková, L.: *Normy vektorů a matic*. Bakalářská práce, Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta, Brno, 2006.
URL <http://is.muni.cz/th/dnjwj/>
- [69] Neumann, D.: *Advances in Fast MRI Experiments*. Dizertační práce, Julius-Maximilians-Universität Würzburg, 2014.

- [70] Nishimura, D. G.: *Principles of magnetic resonance imaging*. Stanford University, první vydání, 2010.
- [71] Ong, F.; Lustig, M.: Beyond Low Rank + Sparse: Multiscale Low Rank Matrix Decomposition. *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, ročník 10, č. 4, June 2016: s. 672–687, ISSN 1932-4553, doi:10.1109/JSTSP.2016.2545518.
- [72] Otazo, R.; Candes, E.; Sodickson, D. K.: Low-rank plus sparse matrix decomposition for accelerated dynamic MRI with separation of background and dynamic components. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 73, č. 3, 2015: s. 1125–1136, ISSN 1522-2594, doi:10.1002/mrm.25240.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/mrm.25240>
- [73] Parikh, N.; Boyd, S.: *Proximal Algorithms*. Now Foundations and Trends, 2014, ISBN 9781601987167, doi:10.1561/2400000003.
URL <https://ieeexplore.ieee.org/xpl/articleDetails.jsp?arnumber=8187362>
- [74] Parker, G. J. M.; Roberts, C.; Macdonald, A.; aj.: Experimentally-derived functional form for a population-averaged high-temporal-resolution arterial input function for dynamic contrast-enhanced MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 56, 2006: s. 993–1000.
- [75] Pauly, J.: Gridding & the NUFFT for Non-Cartesian Image Reconstruction. ISMRM, 2013.
URL <http://cds.ismr.org/protected/13MProceedings/files/ISMRM2013-007125.PDF>
- [76] Pauly, J.: Non-Cartesian Reconstruction. 2005.
URL <https://www.semanticscholar.org/>
- [77] Piccini, D.; Littmann, A.; Nielles-Vallespin, S.; aj.: Spiral phyllotaxis: The natural way to construct a 3D radial trajectory in MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 66, č. 4: s. 1049–1056, doi:10.1002/mrm.22898.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mrm.22898>
- [78] Pruessmann, K. P.; Weiger, M.; Scheidegger, M. B.; aj.: SENSE: Sensitivity encoding for fast MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 42, č. 5, 1999: s. 952–962, ISSN 1522-2594, doi:10.1002/(SICI)1522-2594(199911)42:5<952::AID-MRM16>3.0.CO;2-S.
URL [http://dx.doi.org/10.1002/\(SICI\)1522-2594\(199911\)42:5<952::AID-MRM16>3.0.CO;2-S](http://dx.doi.org/10.1002/(SICI)1522-2594(199911)42:5<952::AID-MRM16>3.0.CO;2-S)

- [79] Pšorn, T.: *Image reconstruction from non-cartesian k-space data acquired by ultra-short echo-time and fast MR imaging methods*. Bakalářská práce, Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, 2015.
- [80] Qian, H.; Bassingthwaite, J. B.: A Class of Flow Bifurcation Models with Lognormal Distribution and Fractal Dispersion. *Journal of Theoretical Biology*, ročník 205, č. 2, 2000: s. 261 – 268, ISSN 0022-5193, doi:<http://dx.doi.org/10.1006/jtbi.2000.2060>.
URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022519300920605>
- [81] Rajmic, P.: *Řídké a nízkohodnotní reprezentace signálů s aplikacemi*. Habilitační práce, Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Ústav telekomunikací, 2014.
- [82] Rapacchi, S.; Han, F.; Natsuaki, Y.; aj.: High spatial and temporal resolution dynamic contrast-enhanced magnetic resonance angiography using compressed sensing with magnitude image subtraction. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 71, č. 5, 2014: s. 1771–1783, ISSN 1522-2594, doi:10.1002/mrm.24842.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/mrm.24842>
- [83] Riabkov, D. Y.; Di Bella, E. V. R.: Estimation of kinetic parameters without input functions: Analysis of three methods for multichannel blind identification. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, ročník 49, č. 11, 2002: s. 1318–1327.
- [84] Roemer, P. B.; Edelstein, W. A.; Hayes, C. E.; aj.: The NMR phased array. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 16, č. 2: s. 192–225, doi:10.1002/mrm.1910160203.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mrm.1910160203>
- [85] Shepp, L. A.; Logan, B. F.: The Fourier Reconstruction of a Head Section. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, ročník 21, 1974: s. 21–43.
- [86] Sourbron, S. P.; Buckley, D. L.: Tracer kinetic modelling in MRI: estimating perfusion and capillary permeability. *Physics in medicine and biology*, ročník 57, č. 2, Leden 2012: s. R1–33, ISSN 1361-6560, doi:10.1088/0031-9155/57/2/R1.
- [87] Sourbron, S. P.; Buckley, D. L.: Classic models for dynamic contrast-enhanced MRI. *NMR in Biomedicine*, ročník 26, č. 8, 2013: s. 1004–1027, doi:10.1002/

nbm.2940.

URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/nbm.2940>

- [88] Spann, S. M.; Kazimierski, K. S.; Aigner, C. S.; aj.: Spatio-temporal TGV denoising for ASL perfusion imaging. *Neuroimage*, ročník 157, 2017: s. 81–96.
- [89] Starčuk, Z.; Krupa, P.; Starčuk, Z.; aj.: ^1H in vivo MR spektroskopie v klinické neurologii. *Neurologie pro praxi*, ročník 6, č. 3, 2005: s. 140–148.
URL http://www.solen.sk/index.php?page=pdf_view&pdf_id=675&magazine_id=3
- [90] St Lawrence, K. S.; Lee, T. Y.: An adiabatic approximation to the tissue homogeneity model for water exchange in the brain: I. Theoretical derivation. *Journal of cerebral blood flow and metabolism*, ročník 18, č. 12, 1998: s. 1365–1377, ISSN 0271-678X, doi:10.1097/00004647-199812000-00011.
URL <http://dx.doi.org/10.1097/00004647-199812000-00011>
- [91] Sungheon, K.; Feng, L.; Moy, L.; aj.: Highly Accelerated Golden-Angle Radial Acquisition with Joint Compressed Sensing and Parallel Imaging Reconstruction for Breast DCE-MRI. In *Proc. Intl. Soc. Mag. Reson. Med. 21*, 2012, ISSN 1545-4428, str. 1468.
- [92] Špiřík, J.; Rajmic, P.; Veselý, V.: Repräsentace signálů: od bází k framům. *Elektrorevue – Internetový časopis*, 2010: str. 11.
URL <http://elektrorevue.cz/cz/download/reprzentace-signalu--od-bazi-k-framum/>
- [93] Thedens, D. R.; Irarrazaval, P.; Sachs, T. S.; aj.: Fast magnetic resonance coronary angiography with a three-dimensional stack of spirals trajectory. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 41, č. 6: s. 1170–1179, doi:10.1002/(SICI)1522-2594(199906)41:6<1170::AID-MRM13>3.0.CO;2-J.
URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/%28SICI%291522-2594%28199906%2941%3A6%3C1170%3A%3AAID-MRM13%3E3.0.CO%3B2-J>
- [94] Tofts, P.: T1-weighted DCE imaging concepts: modelling, acquisition and analysis. *Magneton Flash, Siemens*, 2010.
- [95] Uecker, M.; Lai, P.; Murphy, M. J.; aj.: ESPIRiT – an eigenvalue approach to autocalibrating parallel MRI: Where SENSE meets GRAPPA. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 71, č. 3, 2014: s. 990–1001, ISSN 1522-2594, doi:10.1002/mrm.24751.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/mrm.24751>

- [96] Veselý, V.; Rajmic, P.: *Funkcionální analýza s aplikacemi ve zpracování signálů*. Brno: Vysoké učení technické v Brně, 2014, ISBN 978-80-214-5186-5.
- [97] Wikipedia a přispěvatelé: Complex normal distribution. [online], [cit. 2018-06-18].
URL https://en.wikipedia.org/wiki/Complex_normal_distribution
- [98] Wikipedia a přispěvatelé: Metoda maximální věrohodnosti. [online], [cit. 2018-08-20].
URL https://cs.wikipedia.org/wiki/Metoda_maximální_věrohodnosti
- [99] Winkelmann, S.; Schaeffter, T.; Koehler, T.; aj.: An Optimal Radial Profile Order Based on the Golden Ratio for Time-Resolved MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, ročník 26, č. 1, 2007: s. 68–76.
- [100] Yankeelov, T. E.; Gore, J. C.: Dynamic Contrast Enhanced Magnetic Resonance Imaging in Oncology: Theory, Data Acquisition, Analysis, and Examples. *Current medical imaging reviews*, ročník 3, č. 2, 2009: s. 91–107, doi: 10.2174/157340507780619179.
- [101] Zhang, T.; Alley, M.; Lustig, M.; aj.: Fast 3D DCE-MRI with sparsity and low-rank enhanced SPIRiT (SLR-SPIRiT). *Proceedings of the 21st Annual Meeting of ISMRM, Salt Lake City, Utah, USA*, 2013.
- [102] Zhang, T.; Cheng, J. Y.; Potnick, A. G.; aj.: Fast pediatric 3D free-breathing abdominal dynamic contrast enhanced MRI with high spatiotemporal resolution. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, ročník 41, č. 2, 2015: s. 460–473, ISSN 1522-2586, doi:10.1002/jmri.24551.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/jmri.24551>
- [103] Zhang, T.; Pauly, J. M.; Levesque, I. R.: Accelerating parameter mapping with a locally low rank constraint. *Magnetic Resonance in Medicine*, ročník 73, č. 2, 2015: s. 655–661, ISSN 1522-2594, doi:10.1002/mrm.25161.
URL <http://dx.doi.org/10.1002/mrm.25161>

SEZNAM POUŽITÝCH ZKRATEK A SYMBOLŮ

Použité symboly

E	extrakční frakce z plazmy do extracelulárního extravaskulárního prostoru
F_p	průtok krevní plazmy
\mathbf{I}	jednotková matice
ι_C	indikátorová funkce množiny C
k_{ep}	rychlostní konstanta přechodu mezi extracelulárním extravaskulárním prostorem a krevní plazmou
K_{trans}	objemová přenosová konstanta krevní plazmy a extracelulárního extravaskulárního prostoru
prox_f	proximální operátor funkce f
PS	míra propustnosti cév
soft	měkké prahování
svt	měkké prahování singulárních čísel
T1, T2, T2*	relaxační časy
T_c	střední doba průchodu kontrastní látky kapilární částí
v_e	objem extracelulárního extravaskulárního prostoru
v_p	objem krevní plazmy

Použité zkratky

AIF	časový průběh koncentrace kontrastní látky v arterii
CBF	průtok krve v mozku (cerebral blood flow)
CBV	objem krve mozku (cerebral blood volume)
CS	komprimované snímání (compressed sensing)

DCE-MRI	druh perfúzního zobrazování (dynamic contrast enhanced magnetic resonance imaging)
EES	extracelulární extravaskulární prostor
(i)FFT	(zpětná) rychlá Fourierova transformace ((inverse) fast Fourier transform)
FID	volné doznívání indukce (free induction decay)
IRF	odezva tkáně na jednotkový impuls
MR	magnetická rezonance
MRI	zobrazování magnetickou rezonancí (magnetic resonance imaging)
MTT	střední doba průchodu (mean transit time)
NUFFT	nerovnoměrná Fourierova transformace (nonuniform Fourier transform)
RF	radiofrekvenční (pulz)
SAR	specifická míra absorpce
SNR	poměr signálu k šumu (signal to noise ratio)
SVD	rozklad na singulární čísla (singular value decomposition)
TE	čas ozvěny (time echo)
TR	čas opakování (time repeat)

A OBSAH CD

Příložené CD obsahuje tyto zdrojové kódy v programovém prostředí MatLab (2015b):

CS	složka obsahující vlastní rekonstrukční CS algoritmy
data	složka obsahující 2D data a jejich citlivosti (3D data zde nejsou obsažena z důvodu své velikosti)
debiasing	složka obsahující skripty pro výpočet debiasingu; souborem <i>run_L_debiasing.m</i> se spouští postdebiasing
pomocné skripty	složka obsahující pomocné skripty pro výpočty (soubor <i>DoCalcDCF.m</i> je převzat z toolboxu MRiLab https://sourceforge.net/projects/mrilab/)
toolboxy	složka obsahující použité toolboxy jiných autorů
<i>demo_LS_decomposition_MRI.m</i>	spuštění rekonstrukcí na perfúzním fantomu: <ol style="list-style-type: none">1. globální a lokální L+S model2. globální a lokální L&S model3. nízkohodnostní model s debiasingem (rekonstrukce trvají řádově několik jednotek až desítek minut)
<i>run3D.m</i>	rekonstrukce 3D dat pomocí NUFFT (rekonstrukce celých dat trvá řádově hodinu)
<i>runCS_rekonstrukce_dynamika.m</i>	spuštění těchto modelů: <ol style="list-style-type: none">1. globální a lokální L+S model2. model s omezenými diferencemi (rekonstrukce trvají řádově několik desítek minut až pár hodin)
<i>runCS_rekonstrukce_dynamika_3D.m</i>	spuštění rekonstrukce 3D dat pomocí modelu s omezenými diferencemi (rekonstrukce celých dat trvá řádově více než jeden den)

runCS_rekonstrukce_dynamika_multirank.m

spuštění rekonstrukce s mnohaměřítkovým rozkladem
(rekonstrukce trvá řádově několik hodin)

Poznámka: Jelikož rekonstrukce trvají poměrně dlouhou dobu, je v programech přednastavena rekonstrukce pouze z části dat, která netrvá tak dlouho.