

МОДЕЛИРОВАНИЕ ГЕМОДИНАМИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ АРТЕРИАЛЬНОГО РУСЛА ЧЕЛОВЕКА

Чвала А.А., группа КСД-01а

Руководитель проф. каф. АСУ Скобцов Ю.А.

Одно из направлений исследования кровеносной системы человека состоит в изучении ее гемодинамического сопротивления, величина которого определяет интенсивность кровоснабжения тех или иных участков организма, что позволяет использовать этот показатель для диагностики, а также для прогнозирования результатов хирургической коррекции гемодинамических расстройств. Высокая частота встречаемости и особая тяжесть сосудистых заболеваний требуют усовершенствования знаний в этой области и разработки новых, эффективных способов их диагностики и лечения.

Решение задачи определения гемодинамического сопротивления артериального русла связано с преодолением больших трудностей. Для этого необходимо знать геометрию и топологию каждого звена артериального дерева человека. В отечественной и зарубежной литературе имеются лишь фрагментарные данные о некоторых количественных параметрах отдельных участков артериального русла большого круга кровообращения, что связано с особыми трудностями регистрации различных характеристик артерий мелкого диаметра, особенно интраорганных. Оптимальным способом решения данного вопроса является математическое моделирование деления артерий до уровня микроциркуляторного русла совместно с его оптимизацией с помощью генетического алгоритма. При этом необходимо учитывать общие и специфические закономерности, лежащие в основе организации артериальных деревьев различных органов.

На основе математического моделирования деления артерий до уровня микроциркуляторного русла был разработан программный продукт «Simulation», с помощью которого можно проводить оценку основных гемодинамических

характеристик: гемодинамического импеданса, объемной скорости тока и давления артериального русла большого круга кровообращения и/или отдельных его участков.

Для расчета значения гемодинамического сопротивления артериального сегмента использовался закон Пуазейля (1)

$$R = 128 \times \eta \times L / \pi \times D^4, \quad (1)$$

где R — гемодинамическое сопротивление, η — вязкость крови, L — длина сосуда, D — внутренний диаметр сосуда, 128 и π — константы.

Наличие пульсирующего потока в сосудах с эластическими стенками приводит к существенно более сложным отношениям между давлением и кровотоком, чем в модели Пузейля. Поэтому при построении модели использовалось полное сосудистое сопротивление — импеданс. Подобно комплексному электрическому сопротивлению — импедансу, включающему понятия активного (resistance), емкостного (capacitance) и индуктивного (inductance), это сопротивление, кроме пузейлевского, также включает понятие гидравлической емкости и гидравлической индуктивности — *intertance*. Модуль гемодинамического импеданса артериального сегмента с учетом всех составляющих принимает вид:

$$Z = \sqrt{R^2 + (X_1 - X_0)^2}, \quad (2)$$

$$X_1 = (2 \times \pi \times \nu) \times (\rho \times L / \pi \times r^2), \quad (3)$$

$$X_0 = 1 / ((2 \times \pi \times \nu) \times (3 \times \pi \times r^3 \times L / 2 \times E \times h)), \quad (4)$$

где R — резистивная, X_1 — индуктивный и X_0 — емкостный компоненты модуля комплексного сопротивления (импеданса).

При расчете значений сопротивления, импеданса, объемной скорости тока и давления артериального русла учитывался характер соединения сегментов артерий (последовательный или параллельный). Алгоритм расчета гемодинамической модели представлен на рис. 1.

Адекватность поведения модели оценивалась в два этапа. На первом этапе оценка проводилась путем сравнения рассчитанных величин сопротивления, объемной скорости тока крови и давления с данными литературы. На втором этапе

апробация модели проводилась у пациентов со стенозами крупных артерий. Для этого были исследованы ангиограммы отдельных участков артериальных русел пациентов с различной степенью стенозов до и после процедуры баллонной ангиопластики, а также данные гемодинамики, полученные, у этих же пациентов интраоперационно.

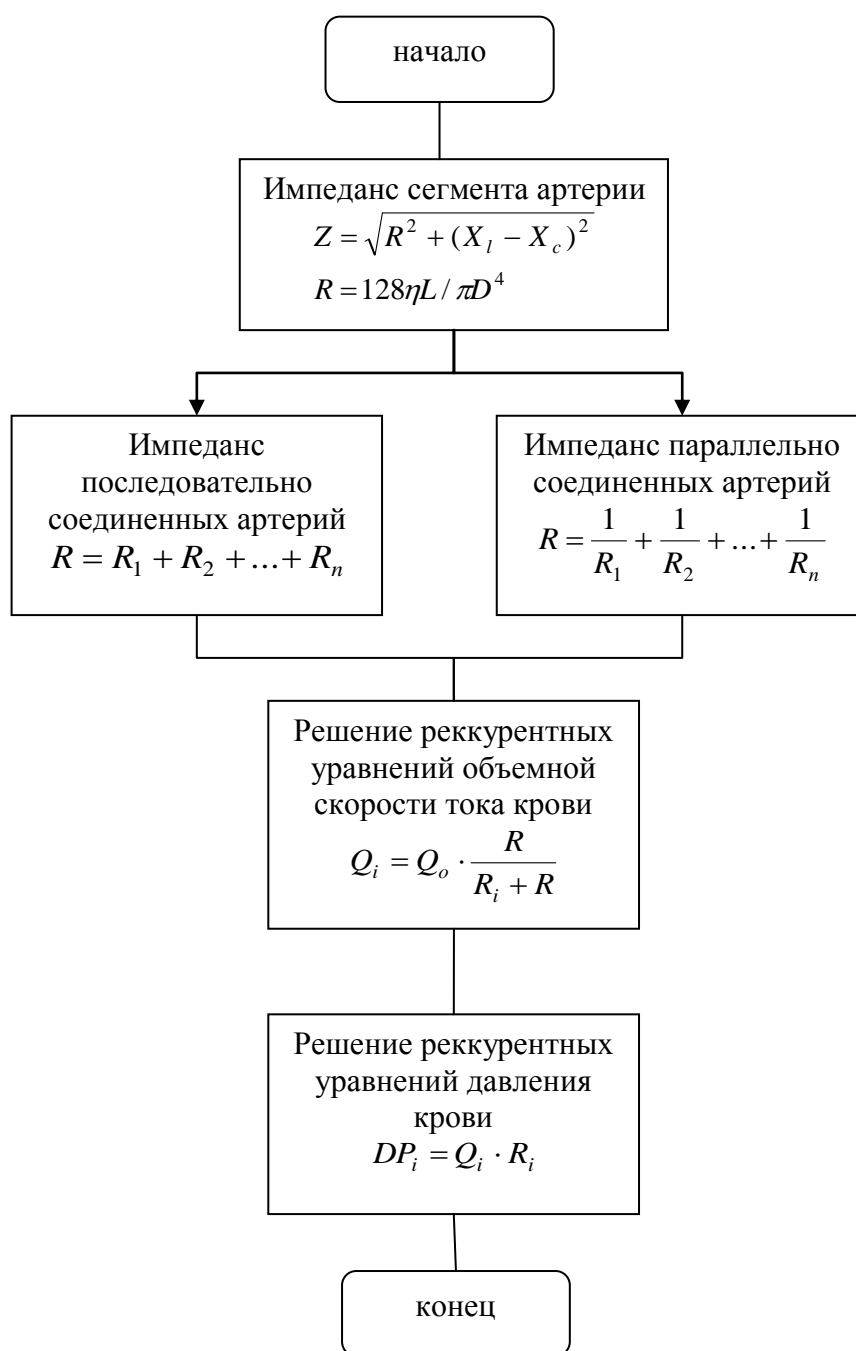


Рисунок 1 — Алгоритм расчета гемодинамической модели артериального русла

В результате построения гемодинамической модели возникает вопрос об ее оптимизации. Для решения данного типа задач наиболее подходят эволюционные методы. Решение задачи оптимизации возложено на генетический алгоритм. Наиболее популярное приложение генетических алгоритмов — оптимизация многопараметрических функций. Многие реальные задачи могут быть сформулированы как поиск оптимального значения, где значение — сложная функция, зависящая от некоторых входных параметров. Сила генетического алгоритма заключена в его способности манипулировать одновременно многими параметрами.

Рассмотрим основные параметры, влияющие на русло в целом и на его гемодинамические характеристики в частности:

1. Величина различий внутренних радиусов двух дочерних сосудов

$$\gamma = \left(\frac{r_2}{r_1} \right)^2,$$

где r_1 — большой внутренний радиус, r_2 — меньший.

2. Асимметрия между суммой просветов дочерних и материнской артерий:

$$\eta = \frac{(r_1^2 + r_2^2)}{r_0^2} = \frac{(1 + \gamma)}{(1 + \gamma^{\xi/2})^{2/\xi}}.$$

3. Фактор формы (length-to-radius ratio) равный отношению длины к радиусу:

$$\frac{L}{r} = 50.$$

Цель в оптимизации с помощью ГА состоит в том, чтобы найти оптимальную модель гемодинамической структуры русла на основе вышеописанных критериев и нижеописанной фитнес функции. Чтобы реализовать генетический алгоритм нужно сначала выбрать подходящую структуру для представления этих решений. В постановке задачи поиска, экземпляр этой структуры данных представляет точку в пространстве поиска всех возможных решений.

Структура данных генетического алгоритма состоит из одной или более количества хромосом. Как правило, хромосома — это битовая строка, так что термин

строка часто заменяет понятие "хромосома". В принципе, ГА не ограничены бинарным представлением. Известны другие реализации, построенные на векторах вещественных чисел. В настоящее время структуры фиксированной длины наиболее распространены и изучены. Каждая хромосома (строка) представляет собой конкатенацию ряда подкомпонентов называемых генами. Гены располагаются в различных позициях или локусах хромосомы, и принимают значения, называемые аллелями.

В результате практических исследований сотрудниками кафедры анатомии ДГМУ им. Горького были получены границы значений для параметров FF, η, γ . Эти значения представлены в табл. 1

Таблица 1 — Численные значения показателей, характеризующих особенности строения интраорганного артериального русла

| parametr | min | max | Standard Error |
|----------|------|-----|----------------|
| FF | 0.87 | 200 | 0.45 |
| η | 0.01 | 1 | 0.01 |
| γ | 0.12 | 2 | 0.01 |

Анализ с помощью статистических методов показал, что достаточная частота дискретизации для параметров FF, η, γ составляет 0.45, 0.01 и 0.01 соответственно. Таким образом, BCD кодирование с длиной хромосомы в 9 бит полностью удовлетворяет требованиям точности.

Схема функционирования генетического алгоритма. Рассмотрим схему функционирования генетического алгоритма в его классическом варианте.

1. Инициировать начальный момент времени $t=0$. Случайным образом сформировать начальную популяцию, состоящую из k особей. $B_0 = \{A_1, A_2, \dots, A_k\}$.
2. Вычислить приспособленность каждой особи $F_i = \text{fit}(A_i)$, $i=1 \dots k$ и популяции в целом $F_t = \text{fit}(B_t)$ (также иногда называемую термином

фитнесс). Значение этой функции определяет насколько хорошо подходит особь, описанная данной хромосомой, для решения задачи.

3. Выбрать особь A_c из популяции. $A_c = \text{Get}(Bt)$.
4. С определенной вероятностью (вероятностью кроссовера P_c) выбрать вторую особь из популяции $A_{c1} = \text{Get}(Bt)$ и произвести оператор кроссовера $A_c = \text{Crossing}(A_c, A_{c1})$.
5. С определенной вероятностью (вероятностью мутации P_m) выполнить оператор мутации. $A_c = \text{mutation}(A_c)$.
6. С определенной вероятностью (вероятностью инверсии P_i) выполнить оператор инверсии $A_c = \text{inversion}(A_c)$.
7. Поместить полученную хромосому в новую популяцию $\text{insert}(Bt+1, A_c)$.
8. Выполнить операции, начиная с пункта 3, k раз.
9. Увеличить номер текущей эпохи $t = t + 1$.
10. Если выполнилось условие останова, то завершить работу, иначе переход на шаг 2.

Теперь рассмотрим подробнее отдельные этапы алгоритма.

Репродукция — процесс, в котором хромосомы копируются в промежуточную популяцию для дальнейшего “размножения” согласно их значению целевой функции. При этом хромосомы с лучшим значением ЦФ имеют больше вероятность попадания в следующее поколение. Метод реализации оператора репродукции — колесо рулетки. При использовании такого метода вероятность выбора хромосомы определяется ее приспособленностью, то есть $P_{\text{Get}}(A_i) \sim \text{Fit}(A_i) / \text{Fit}(Bt)$. Использование этого метода приводит к тому, что вероятность передачи признаков более приспособленными особями потомкам возрастает.

В качестве оператора кроссинговера выбран одноточечный кроссовер. Он работает следующим образом. Сначала, случайным образом выбирается одна из $l-1$ точек разрыва. (Точка разрыва — участок между соседними битами в строке.) Обе родительские структуры разрываются на два сегмента по этой точке. Затем, соответствующие сегменты различных родителей склеиваются и

получаются два генотипа потомков. Возможно использование двухточечного кроссовера или равномерного кроссовера, но в разрезе решения данного класса задач это не имеет принципиального значения.

Возможны случаи, когда оператор мутации по сравнению с оператором кроссинговера выполняет вторичную роль. В связи с этим вероятность оператора мутации достаточно мала. Оператор мутации выполняется в два этапа:

1. Дана некоторая хромосома. Выбирается случайным образом позиция (бит), которая будет мутировать.
2. Выполняется операция инверсии, выбранный бит инвертируется.

Селекция хромосом выполняется методом ранжирования. При этом методе особи популяции сортируются (упорядочиваются) согласно значениям целевой функции. Вероятность отбора для каждой особи зависит только от ее позиции (номера) в этом упорядоченном множестве особей, а не от самого значения целевой функции. Этот метод отбора более устойчив. В основном, применяют линейное ранжирование, где вероятность отбора определяют в соответствии со следующим выражением:

$$P_i(a_i) = \frac{1}{N} \left(a - (a-b) \frac{i-1}{N-1} \right),$$

где $1 \leq a \leq 2$ выбирается случайным образом; $b = 2 - a$, N — мощность популяции, i — номер особи.

Согласно выполняемым артериальным руслом функциям, оптимальным считается русло, покрывающее максимальную площадь кровоснабжаемого участка при минимальном расходе энергии. В качестве фитнес функции выбрана величина (5):

$$f = S/Z, \quad (5)$$

где S — площадь кровоснабжаемого участка, Z — полный импеданс артериального русла.

Другой важный момент — определение критериев останова. В качестве него применяется ограничение на максимальное число эпох функционирования алгоритма и определение его сходимости путем сравнения приспособленности популяции на нескольких эпохах и остановки при стабилизации этого параметра.

Расчет импеданса и площади кровоснабжаемого участка осуществляется с помощью разработанного программного комплекса Simulation&Vasculograph. Алгоритм работы продукта Simulation был описан выше. Функционирование программного продукта Vasculograph было описано в предыдущих публикациях.

Таким образом, применение генетического алгоритма совместно с прикладным программированием, используемым для нахождения основных гемодинамических характеристик, позволит провести полное моделирование гемодинамической структуры артериального русла человека с учетом специфических особенностей строения сосудов каждого органа.

Использование созданной модели гемодинамики даст возможность получения новых сведений о различных аспектах гемоциркуляции. В будущем в клинических условиях практическое применение модели гемодинамики даст возможность объективного планирования мероприятий по реконструкции патологически измененного артериального русла. Использование программного комплекса при проведении БА поможет снизить вероятность внутриоперационных и ранних послеоперационных осложнений. Количественные данные о сопротивлении артерий позволят прогнозировать их поведение при дилатации и разрушении, будут способствовать созданию новых материалов для искусственных протезов.

Перечень ссылок

1. Goldberg, David E. Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning. Addison-Wesley Publishing Company, Inc., 1989.
2. Mitchell M. An introduction to Genetic Algorithm. MIT Press, 1996.
3. Зенин О.К., Гусак В.К., Кирьякулов Г.С. и др. Артериальная система человека в цифрах и формулах. — Донецк, 2002. — 196 с.
4. Olufsen, M. S. Modeling the Arterial System with Reference to an Anesthesia Simulator. Technical report, IMFUFA Text 345, 1998. Roskilde University, Denmark, Ph.D. Thesis.
5. Бильченко А.В. Изменения гемодинамики и биомеханики сердца у больных с различными стадиями гипертонической болезни // Эксперим. і клін. медицина. — 2003. — № 1. — С. 84–88.
6. Cassot F., Zagzoule M., Marc-Vergnes J. P. Hemodynamic role of the circle of Willis in stenoses in internal carotid arteries. An analytical solution of a linear model // J. Biomech. — 2000. — Vol. 33, № 4. — P. 395–405.