Trennung von Gefäßbäumen in medizinischen Schichtbildserien am Beispiel der Leber

M.R. Göpfert[a], G. Glombitza[a], A.M. Demiris[a], W. Lamadé[b], H.-P. Meinzer[a]

[a] Deutsches Krebsforschungszentrum, Abt. Medizinische und Biologische Informatik,
Im Neuenheimer Feld 280, 69120 Heidelberg
[b] Chirurgische Klinik der Universität Heidelberg, Abt. Allgemeine Chirurgie,
Im Neuenheimer Feld 110, 69120 Heidelberg
e-Mail: M.Goepfert@DKFZ-Heidelberg.de

Zusammenfassung: Für eine präoperative Bestimmung der individuellen Leberanatomie ist eine sichere Segmentierung und Rekonstruktion der Pfortader sowie ihrer intrahepatischen Verästelungen notwendig. In kontrastmittelverstärkten CT-Aufnahmen ist dies nicht immer eindeutig möglich, da das venöse Gefäßsystem der Leber ebenfalls kontrastiert ist. Dadurch kommt es zu Pseudoverbindungen zwischen den beiden Gefäßbäumen, die mit Hilfe eines hier vorgestellten Verfahrens getrennt werden. Dabei werden in der symbolischen Beschreibung der Gefäßbäume, in der die Verzweigungs- und Endpunkte als Knoten repräsentiert sind, alle falschen Verbindungen lokalisiert und nacheinander eliminiert.
Schlüsselwörter: Blutgefäße, Leberanatomie, Operationsplanung, Graph.

1 Einleitung und Motivation

In der Medizin ist die Kenntnis des individuellen anatomischen Aufbaus eines zu operierenden Organs von zentraler Bedeutung. Im Falle der Leber stehen dem Chirurgen zur Beurteilung der Operabilität eines Patienten kontrastmittelverstärkte CT- bzw. MR-Aufnahmen zur Verfügung, die es ihm erlauben beispielsweise die Lage und Ausmaße eines eventuell in ihr befindlichen Tumors grob zu lokalisieren. Für eine genaue und anatomisch korrekte Einteilung der Leber in ihre acht Funktionseinheiten (Lebersegmente) ist eine sichere Segmentierung und Rekonstruktion der Pfortader sowie ihrer intrahepatischen Verästelungen notwendig, da ein Lebersegment als Versorgungsgebiet eines bestimmten Pfortaderteilbaumes definiert ist [1].

Diese Verästelungen gehen über das Kapillarsystem der Leber in die Lebervenen über, so daß sich das Kontrastmittel bei der Datenaufnahme in den meisten Fällen nicht nur im Portalbaum befindet, sondern bereits in das venöse Gefäßsystem geflossen ist. Die anschließende Segmentierung dieser Daten liefert zwei Gefäßbäume, deren Äste an mehreren Stellen eng benachbart verlaufen. Einige dieser Blutgefäße liegen so nah beieinander, daß die Computertomographie diese miteinander verbunden darstellt; d.h. die Bildpunkte des einen Gefäßes gehen fließend in die des anderen über, ohne daß ein die beiden trennendes Voxel dazwischen liegt (s. Abb. 3a).

Ein zur Analyse von Gefäßbäumen entwickelter Algorithmus kann daher nicht feststellen, welche Äste dem venösen und welche dem portalvenösen Gefäßsystem der Leber zuzuordnen sind. Dadurch ergeben sich Probleme bei der Ermittlung der Verzweigungsstruktur der Pfortader und einer darauf basierenden Segmenteinteilung der Leber. Deshalb wurde von uns im Rahmen eines Operationsplanungssystems für die onkologische Leberchirurgie [2] ein Verfahren entwickelt, mit dem eine automatische Trennung fälschlicherweise verbundener Gefäßbäume möglich ist.

2 Vorverarbeitung

Die *Segmentierung* der Blutgefäße kann wegen des Kontrastmittels mit einem einfachen Schwellwert-Verfahren, das nur innerhalb der Leber angewendet wird, automatisch erfolgen. Ein solches Verfahren liefert in der Regel mehrere mögliche Schwellwerte, die mehr oder weniger Voxel segmentieren. Zur Identifizierung des optimalen Schwellwertes wird ein wissensbasierter Algorithmus eingesetzt, der speziell für diese Fragestellung.

Für die Analyse von Blutgefäßen in medizinischen Schichtbildern ist es wichtig, diese als möglichst homogene, zusammenhängende Bereiche aus dem umliegenden Lebergewebe herauszulösen. Deshalb werden die Bilddaten vorher mit einem dreidimensionalen Tiefpaßfilter geglättet. Die besten Ergebnisse haben wir mit einem Median-Filter (3×3×3-Maske) und einer adaptiven Filterung (Tiefpaß nach lokalem Region-Growing) erzielt, da beide konturerhaltend vorgehen.

3 Gefäßbaumtrennung

Der eigentliche Trennalgorithmus basiert nun nicht auf den segmentierten, voxelbasierten Gefäßbäumen, sondern auf ihrer symbolischen Beschreibung. Deshalb wird nach der Erzeugung eines *nicht-kreisfreien Graphen* dieser in zwei voneinander unabhängige Bäume zerlegt. Anschließend werden diese zur Weiterverarbeitung der Gefäßbäume und zur Beurteilung der Trennung auf die Volumendaten übertragen.

3.1 Grapherzeugung

Zur Erzeugung der symbolischen Beschreibung aus den Volumendaten werden die segmentierten Blutgefäße ausgehend von der Leberpforte durchlaufen. Dabei werden alle gefundenen Verzweigungs- und Endpunkte als Knoten in einem Graphen gespeichert, die mit ihren jeweiligen Vorgängern verbunden werden. Hierzu wird ein Algorithmus von Zahlten et. al. [3] verwendet, der dem hier beschriebenen Problem angepaßt wurde.

Mit der Speicherung von *Bifurkations-* und *Endknoten* kann die Verzweigungsstruktur eines Gefäßbaumes symbolisch als (kreisfreier) Graph beschrieben werden. Handelt es sich jedoch um mehrere miteinander verbundene Gefäßbäume, genügt diese Form der Beschreibung nicht. Durch die Pseudoverbindungen entstehen Kreise

(Zyklen), die nicht auf einen Baum abgebildet werden können. Aus diesem Grund wurde eine dritte Knotenart eingeführt, der *Hilfsknoten*. Dieser kann zwei direkte Vorgänger haben und wird als eine Art Verbindungsstück eingesetzt, um einen Zyklus zu beschreiben.

3.2 Lokalisierung der Trennpunkte

Um einen so erzeugten, allgemeinen Graphen in zwei Bäume zerlegen zu können, müssen zuerst die Wurzeln dieser Bäume ermittelt werden. Dies geschieht zur Zeit interaktiv durch den Benutzer. Die untere Wurzel befindet sich an der Leberpforte und entspricht dem Startpunkt der Grapherzeugung. Die zweite Wurzel liegt in der unteren Hohlvene kurz nach dem Eintritt der Lebervenen (s. Abb. 3a).

Danach wird der Graph nach allen *Pfaden*, die von der einen Wurzel zur anderen führen, durchsucht. Diese falschen Verbindungen der beiden Gefäßbäume werden

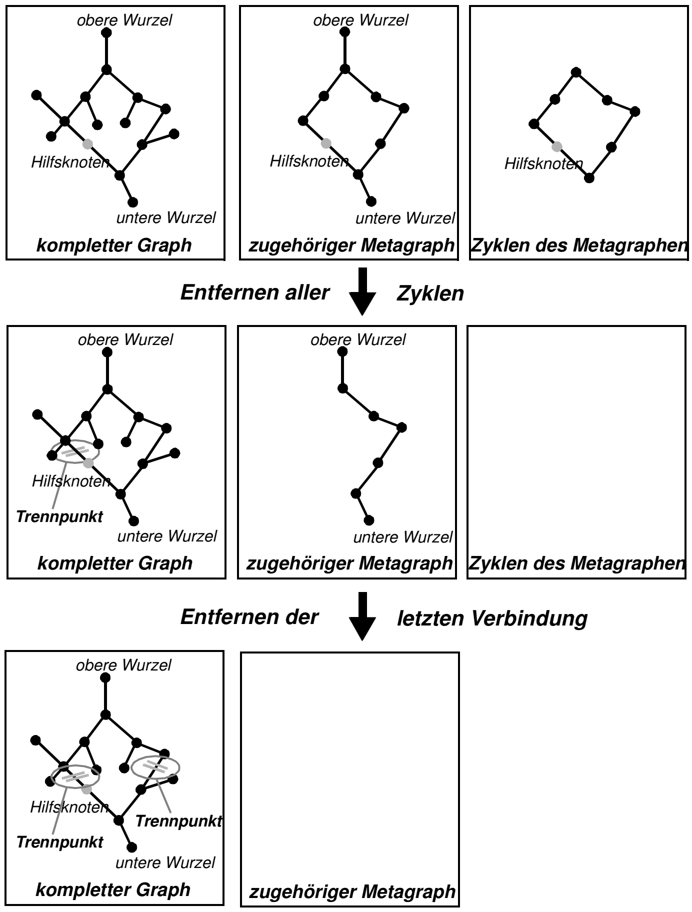

Abb. 1: Demonstration des Trennverfahrens anhand eines einfachen Beispiels.

zunächst in einem *Metagraphen* gespeichert, wodurch der komplette Graph auf seine, für die Trennung nötigen Informationen reduziert wird. Es muß also das Ziel des Verfahrens sein, jede falsche Verbindung zwischen den Wurzeln der Reihe nach zu eliminieren und aus dem Metagraphen zu streichen bis dieser verschwunden ist und damit der eigentliche Graph in zwei voneinander unabhängige Bäume zerlegt ist.

Um zu verhindern, daß der Graph durch eine ungeschickte Trennung, beispielsweise in der Nähe einer der Wurzeln, in mehr als zwei Teile gespalten wird, werden alle im Metagraphen enthaltenen *Kreise* ermittelt. Da diese Zyklen der Grund für die Einführung des Hilfsknotens in das Datenmodell waren, ist gewährleistet, daß der Graph exakt so viele einfache Kreise enthält wie Hilfsknoten für seine Speicherung nötig waren. Es müssen also genau $n+1$ Trennpunkte (mit n = Anzahl Hilfknoten) gefunden werden, um zwei unverbundene Bäume zu erhalten[1]. Abbildung 1 zeigt anhand eines einfachen Beispiels den schematischen Ablauf des Verfahrens.

Das Finden der optimalen Trennpunkte sowohl in den Zyklen, als auch in der letzten Verbindung basiert auf der Dicke der Blutgefäße an dieser Stelle. Das bedeutet, für jede Kante zweier Knoten wird der mittlere Durchmesser des entsprechenden Gefäßabschnitts herangezogen und mit denen der anderen Kanten verglichen. Dadurch daß die beiden Gefäßsysteme nicht wirklich miteinander verbunden sind, sondern nur an manchen Stellen so nah aneinander vorbeilaufen, daß sie aufgrund der Auflösung der Computertomographie verbunden erscheinen, sind die Berührungspunkte meist sehr schmal. Dies bedeutet, daß die optimalen Trennpunkte sich zwischen den Knoten eines Zyklus (oder der letzten Verbindung) befinden, deren Kante den kleinsten mittleren Durchmesser besitzt.

3.3 Bestimmung der Trennungsart und Übertragung auf die Volumendaten

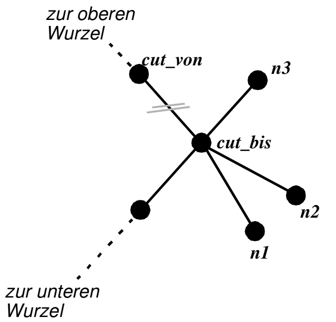

Abb. 2: Bestimmung der Trenungsart.

Wurden auf diese Weise n+1 Kanten zwischen zwei Knoten des Metagraphen gefunden, muß noch entschieden werden, wie die Trennung an diesen Stellen durchgeführt werden soll. Dieser Schritt ist nötig, da jeder dieser Knoten mindestens zwei weitere Nachbarn besitzt, die einem der entstandenen Teilbäume zugeordnet werden müssen. Abbildung 2 zeigt beispielhaft für dieses Problem den Ausschnitt eines Graphen, der zwischen den Knoten *cut_von* und *cut_bis* getrennt werden soll. Aufgrund der Richtung ihrer

[1] Die Anzahl $n+1$ kommt daher, daß durch die Entfernung aller n Zyklen in einem Graphen zwar ein kreisfreier Graph entsteht, dessen Knoten aber alle noch miteinander verbunden sind. Da es aber das Ziel des Trennungsverfahrens ist, zwei nicht mehr verbundene Bäume zu erzeugen, muß noch genau eine Kante des Graphen eliminiert werden.

Kanten werden die Nachbarknoten *n1* und *n2* (sowie alle ihre eventuellen Nachfolger) dem oberen und *n3* dem unteren Gefäßbaum zugeordnet.

Anschließend werden die Graphinformationen mit einer modifizierten Distanztransformation [4] auf die Volumendaten übertragen. Hierfür muß jedem Voxel der segmentierten Blutgefäße in der Leber ein Label zugewiesen werden, das die Zugehörigkeit zu einem der beiden Gefäßbäume beschreibt. Bei der anschließenden Visualisierung wird dieses Label dann durch eine bestimmte Farbe (blau für die Lebervenen und rot für die Gefäße der Pfortader) ersetzt (s. Abb. 3b)[2].

4 Ergebnisse und Diskussion

Mit dem hier vorgestellten Verfahren kann die Verzweigungsstruktur der Pfortader ermittelt und von den ebenfalls kontrastierten Lebervenen getrennt werden, wodurch eine anatomisch korrekte, präoperative Segmenteinteilung der Leber erst ermöglicht wird. Außerdem ist es unabhängig von der verwendeten Modalität und kann in allen medizinischen Datensätzen Anwendung finden, bei denen sich die Blutgefäße gut vom umliegenden Gewebe abgrenzen.

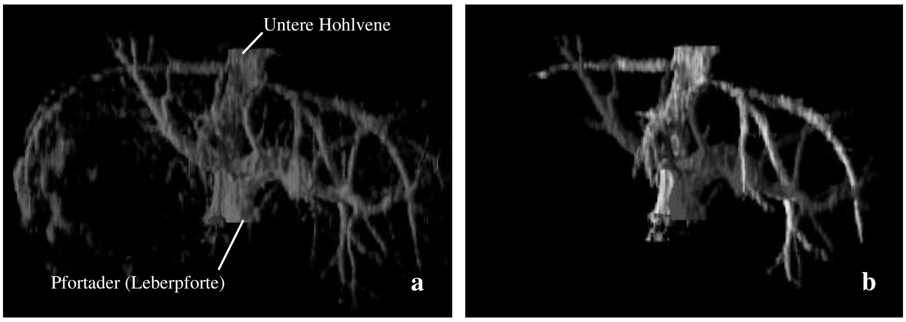

Abb. 3: Visualisierte intrahepatische Gefäßsysteme, die an mehreren Stellen miteinander verbunden sind (**a**). Ergebnis der Trennung in Lebervenen (hell) und Pfortader (dunkel) nach der Übertragung auf die Volumendaten (**b**).

Literatur

1. Couinaud C: Le Foie - Etudes anatomiques et chirurgicales. Masson, Paris, 1957
2. Glombitza G, Lamadé W, Demiris AM, Göpfert MR et al: Technical Aspects of Virtual Liver Resection Planning. Proc. MedInfo'98, Seoul 1998 (in print)
3. Zahlten C, Jürgens H, Peitgen H-O: Reconstruction of Branching Blood Vessels from CT-Data. In: Göbel M, Müller H, Urban B (Hrsg.): Visualization in Scientific Computing, Springer-Verlag Wien, 41-52, 1995
4. Borgefors G: On Digital Distance Transforms in Three Dimensions. Computer Vision and Image Understanding, 64(3): 368-376, 1996

[2] Die getrennten Blutgefäße sind als Farbvisualisierungen im Internet unter *http://mbi.dkfz-heidelberg.de/mbi/projects/liver/liver.html* zu finden.