

Meiji

eine DICOM lesende, Java basierte Software zur Auswertung von MR-Mammographien

Harald Fischer, Stefan Egenter*, Dietmar Saupe*, Jürgen Hennig

Universitätsklinik Freiburg, Abt. Röntgendiagnostik, Sektion Medizinphysik
Hugstetter Str. 55, 79106 Freiburg

*Institut für Informatik

Albert-Ludwigs-Universität, 79106 Freiburg

Email: fischerh@ukl.uni-freiburg.de

Zusammenfassung. Die MR-Mammographie ist eine sehr sensitive Methode zur Erkennung von Brustkrebs. Dabei wird das Anreicherungsverhalten von Kontrastmittel in dem Gewebe mit Hilfe der Bildgebung verfolgt. Die Auswerteprogramme, die von den unterschiedlichen Kernspintomographenhersteller angeboten werden, sind jedoch zur Untersuchung dynamischer Bildserien häufig nur begrenzt geeignet. Deshalb wurde die Software *Meiji* entwickelt, die für den Anwendungsfall der MR-Mammographie zugeschnitten ist. *Meiji* liest Daten im DICOM 3.0 Format, so lassen sich die Aufnahmen direkt vom Tomographen zur Auswertesoftware senden. Die Software ist in Java implementiert, so kann sie auf unterschiedlichen Plattformen – auch preisgünstigen PCs – verwendet werden.

Schlüsselwörter: MR-Mammographie, Java, DICOM

1 Einleitung

MR-Mammographien [1] sind dynamische kernspintomographische Untersuchungen, bei denen mit Hilfe der Bildgebung das Kontrastmittelverhalten von Gewebe untersucht wird. Maligne Gewebsveränderungen zeichnen sich durch einen starken und schnellen Signalanstieg aus. An der Auswertekonsolle des Tomographen wird zur Erkennung von Brustkrebs lediglich die Differenz des Bildes nach Gabe des Kontrastmittels (KM) bezogen auf das Bild vor KM (Nativbild) berechnet und die mittleren Zeitreihen der verdächtig hellen Bereiche ausgelesen. Typischerweise können weder mehrfache Zeitreihen benachbarter Pixel ausgelesen werden, noch die Einzelbilder oder Differenzbilder als Movie angeschaut werden. Ferner können Funktionalitäten wie eine rechenintensive Bewegungskorrektur [2] nicht auf dem Akquisitionrechner durchgeführt werden um die Datenakquisition nicht zu gefährden. Für eine umfassende Auswertung lassen sich die MR-Mammographiedaten jedoch per DICOM-Protokoll auf einen Auswerterechner übertragen, wo sie von einem DICOM-Empfängerprogramm übernommen und mit *Meiji* ausgewertet werden können.

2 Funktionalität des Programmes

Die aktuelle Version von *Meiji* [3] ermöglicht eine Basisauswertung. Die Bilder der einzelnen Schichten und Zeitpunkte lassen sich betrachten, die Bilder können vergrößert dargestellt werden und die Helligkeit läßt sich einstellen. Jedes Bild wird in einem eigenen Viewer (*Abb. 1*) dargestellt und jeder Viewer kann eine beliebige Schicht zu einem beliebigen Zeitpunkt des Experimentes anzeigen.

Meiji importiert Daten im DICOM 3.0 Format und legt diese im ANALYZE-Format ab, weil der Zugriff sehr viel schneller ist als der Zugriff auf DICOM-Bilder. Auch werden Ergebnisse wie Differenzbilder oder segmentierte Bilder im ANALYZE-Format abgelegt.

Das Programm besteht der Übersichtlichkeit wegen nur aus einem Hauptfenster. Die verschiedenen Funktionalitäten sind auf den einzelnen Karteikarten des Hauptfensters erreichbar, müssen in der aktuellen Version jedoch noch über den Menüpunkt "Methods" umgeschaltet werden. Dies liegt darin begründet, daß *Meiji* noch nicht vollständig auf die Java Foundation Classes in Java 1.2 umgestellt wurde, welche Karteikarten-Widgets bereitstellen.

Die erste Karteikarte bietet drei Viewer wobei der rechte das Differenzbild der Daten in den ersten beiden Viewern anzeigt. Damit läßt sich ein Differenzbild der Post-KM-Aufnahmen zu der Nativaufnahme anzeigen, wie in der klinischen Diagnostik üblich. Es können aber auch z.B. Differenzen von anatomische benachbarten Schichten der selben oder unterschiedlicher Zeitaufnahmen untersucht werden, was zur Beurteilung der Anatomie und zur Beurteilung von Bewegungsartefakten sehr hilfreich ist.

Die zweite Karte ermöglicht in drei Viewern einzelne Schichten als Movie anzuschauen (*Abb. 1*). Während des Movies können die Bilder gezoomt, die untersuchte Schicht geändert und die Helligkeitseinstellung modifiziert werden.

In der dritte Karte wird eine Segmentierung der Daten ermöglicht (*Abb. 2*), entweder mit einem einfachen Schwellwertverfahren, oder mit einer speziell im Rahmen einer Diplomarbeit [3] entwickelten Segmentierung, die auf Aktive Konturen basiert.

Die letzte Karte erlaubt es die Pixelzeitreihen als Graphen darzustellen (*Abb. 3*). Zur Positionierung des Mauszeigers kann eine beliebige Schicht des Datensatzes oder ein Differenzbild zugrunde gelegt werden. Die Zeitreihen können entweder unter einer bis zu 11x11 Pixeln großen Matrix gemittelt angezeigt werden, oder als einzelne benachbarte Zeitreihen in einer bis zu 11x11 großen Matrix an Graphen.

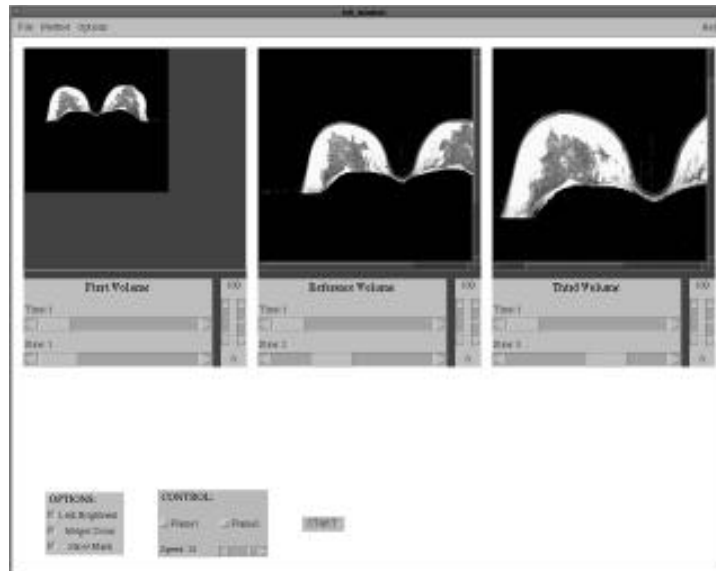


Abbildung 1. Die drei Bildviewer der Karteikarte für die Moviedarstellung der Daten. Drei anatomisch benachbarte Schichten werden dabei untersucht. Die Movies können für unterschiedliche gezoomte Daten durchgeführt werden: (links und Mitte) Integer-Zoom, der die Bilder zur Darstellung nicht interpoliert, (rechts) beliebiger Zoomfaktor. Die Bilder lassen sich optional segmentiert darstellen wie in der Abbildung zu sehen.



Abbildung 2. Karteikarte zum Segmentieren der Daten. Links ist die aktuell untersuchte Schicht zu sehen, rechts das Ergebnis der Snake-Segmentierung.

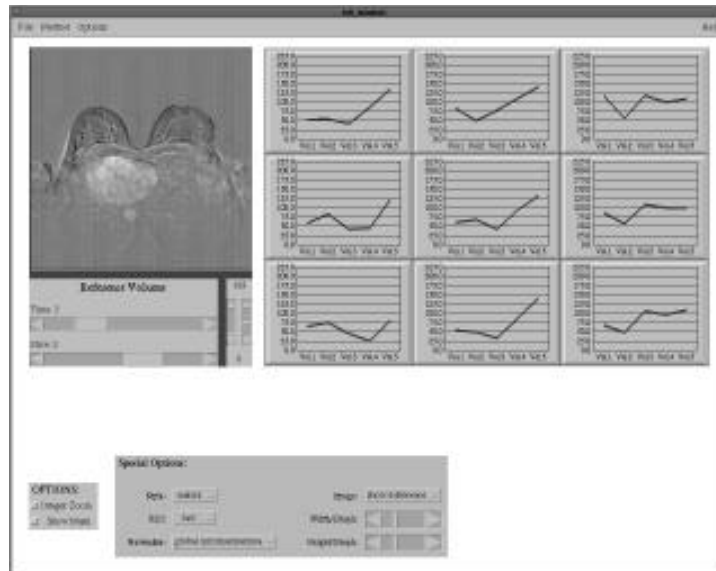


Abbildung 3. Auslesen und Darstellung der Pixelzeitreihen in einer 3x3 Pixel großen Region, deren Mittelpunkt interaktiv mit dem Mauszeiger im Datenviewer angewählt wird. Dem Datenviewer kann optional - wie in der Abbildung zu sehen - ein Differenzbild zugrunde gelegt werden.

3Ergebnisse und Diskussion

Mit dem Programm wurden eine Reihe klinischer Datensätze untersucht. Die Daten stammen von einem SIEMENS Vision mit 1,5 T Feldstärke unter Verwendung einer 3D-FLASH Sequenz. 40 anatomische Schichten mit jeweils 256x256 Pixeln wurden vor Gabe des Kontrastmittel akquiriert, gefolgt von 4x40 Schichten nach KM. Es resultierten Datensätze mit einem Umfang von 200 Einzelbildern. Die Voxelgröße betrug 1,3x1,3x3 Millimeter.

Die Einbindung in den klinischen Alltag erfolgte jedoch noch nicht, da eine lokal-elastische Bewegungskorrektur noch in das Programm integriert werden soll. Die bisherigen Ergebnisse zeigen jedoch, daß mit dem Programm - auch aus diagnostischer Sicht - eine erheblich bessere Beurteilung der MR-Mammographien möglich ist. Durch die Verwendung des DICOM-Protokolls und der damit verfügbaren Umgebung konnte die Akzeptanzschwelle zur Verwendung des Programms bei dem medizinischen Fachpersonal erheblich verbessert werden.

Java als verwendete Plattform hat sich von daher bestätigt, daß *Meiji* auf verschiedenen Plattformen verfügbar ist. Verwendet wurde *Meiji* bislang unter den Betriebssystemen Solaris, Windows NT und LINUX. Bei der Aktualisierung der jeweils verwendeten Java-Version traten zum Teil jedoch erheblich Probleme auf. Auch war das Debuggen des Programmes während der Entwicklung etwas problematisch, da in Java viele Operationen automatisch angestoßen werden, was der Entwickler nur schwer

überblicken kann. Eine weitere Erfahrung mit Java ist, daß die Initialisierung von Objekten sehr lange dauert, jedoch nach der Initialisierung die Geschwindigkeit der Programmausführung durchaus zufriedenstellend ist. Ein Problem ist ferner die Speicherverwaltung in Java. So ist es für die medizinischen Bildverarbeitung problematisch, daß belegter Speicher nicht explizit freigegeben werden kann.

4Literatur

1. Kaiser W: MR Mammography (MRM). Springer-Verlag, Berlin, 1993.
2. Fischer H, Otte M, Ehritt-Braun C, Buechert M, Peschl S, Hennig J: Local Elastic Motion Correction in MR-Mammography. In Proc. of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine, 6th Scientific Meeting (Sydney), 725, 1998.
3. Egenter S: Auswertung und Segmentierung von MR-Mammographie-Daten. Diplomarbeit, Institut für Informatik, Universität Freiburg, 1998.