

Kompensation von Intensitätsinhomogenitäten in MR Bildfolgen

Chr. Roßmanith¹, H. Handels¹, I. Grande-Nagel², H.-D. Weiss², S.J. Pöpl¹

¹Institut für Medizinische Informatik und ²Institut für Radiologie,
Medizinische Universität zu Lübeck, Ratzeburger Allee 160, 23538 Lübeck
Email: {rossmani,handels}@medinf.mu-luebeck.de

Zusammenfassung. Bedingt durch die Aufnahmetechnik weisen T1-gewichtete MR-Sequenzen, die auf einem Magnetom SP generiert wurden, stark variierende mittlere Signalintensitäten auf. Das in diesem Beitrag vorgestellte Verfahren zur Korrektur dieser Intensitätsinhomogenitäten ist ein Modul von BRISANT, einem System zur Vorverarbeitung und Segmentierung von MR-Schichtbildfolgen und rechnergestützten Analyse von Hirntumoren.

Schlüsselwörter: Vorverarbeitung, Intensitätskorrektur

1 Einleitung

In einem Projekt zur rechnergestützten Analyse von Hirntumoren werden MR-Schichtbildfolgen des Kopfes segmentiert, um anschließend die Tumorform und -struktur beschreibende Merkmale extrahieren zu können [1]. Intensitätsbasierten Bildverarbeitungsverfahren liegt die idealisierende Annahme zugrunde, daß eine Gewebeklasse im 3D-Datensatz durch eine gewebespezifische Intensität repräsentiert wird. Diese Annahme wird jedoch bei T1-gewichtete MR-Sequenzen, die auf einem Magnetom SP der Firma Siemens generiert wurden, nicht erfüllt, da sie, bedingt durch die Aufnahmetechnik, stark variierende mittlere Signalintensitäten aufweisen (Abb. 1). Darüber hinaus sind die Schichten im Randbereich

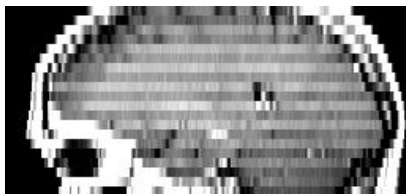


Abb. 1. Sagittale Ansicht einer T1-gewichteten MR-Sequenz. Die schwankenden Grundhelligkeiten in den axial aufgenommenen Schichten stellen sich durch horizontale Streifen dar.

der Spule signalschwächer, u.a. deshalb, weil die HF-Homogenität dort abnimmt und die Signalverstärkung des Empfangsteils des Scanners auf die Mitte der Spule abgestimmt ist. Beide Effekte erschweren eine weitere Verarbeitung der Daten, wie z.B. eine schichtübergreifende, intensitätsbasierte Segmentierung.

Das von uns entwickelte Korrekturverfahren gleicht bei axialer Schichtführung sowohl die Intensitätsschwankungen als auch den Intensitätsabfall der ersten und letzten Schichten aus. Bei sagittaler bzw. coronarer Schichtführung muß der Ausgleich des Intensitätsabfalls durch Verfahren, die eine Intensitätskorrektur innerhalb einer Schicht durchführen [2][3], erfolgen.

2 Intensitätskorrektur

Die Kompensation der oben beschriebenen Intensitätsinhomogenitäten basiert auf der Annahme eines multiplikativen Modells:

$$S_i(x, y) = \alpha_i \cdot S_{i-1}(x, y), \quad i = 2, \dots, N. \quad (1)$$

Hierbei bezeichnet $S = (S_1, \dots, S_N)$ die zu korrigierende MR-Sequenz und α_i einen lokalen Korrekturfaktor, der die Signalintensität von Schicht S_{i-1} an die von Schicht S_i anpaßt.

Das Korrekturverfahren gliedert sich in drei Schritte: Zunächst wird für jeweils zwei benachbarte Schichten S_{i-1} und S_i der lokale Korrekturfaktor α_i ermittelt, wobei α_1 zu 1 gesetzt wird. Anschließend wird eine Referenzschicht S_{i_0} ausgewählt. Nun werden die lokalen Faktoren α_i zu globalen Faktoren β_i

$$\beta_i = \frac{\alpha_1 \cdot \alpha_2 \cdot \dots \cdot \alpha_i}{\alpha_1 \cdot \dots \cdot \alpha_{i_0}}, \quad i = 1, \dots, N \quad (2)$$

zusammengefaßt. Die abschließende Korrektur erfolgt durch Multiplikation von Schicht S_i mit Faktor β_i , wobei die Referenzschicht S_{i_0} so gewählt wird, daß $\beta_i \geq 1$, $i = 1, \dots, N$ gilt.

Das Modell gilt streng genommen nur für Voxel $(x, y, i - 1)$ und (x, y, i) , die zu identischen Gewebeklassen gehören. Es kann jedoch angenommen werden, daß sich die Bildinhalte von Schicht zu Schicht nicht stark ändern, so daß keine Segmentierung in verschiedene Gewebeklassen erforderlich ist. Da Gl. (1) nicht für Hintergrundvoxel gilt, erfolgt zunächst eine grobe, schwellwertbasierte Trennung von Objekt (ω_{obj}) und Hintergrund (ω_{back}). Die Intensitäten im Hintergrund sind Rayleigh-verteilt [4]. Daher werden für die Definition des Schwellwertes θ zunächst die Parameter einer skalierten Rayleigh-Verteilung aus dem Signalwerthistogramm des 3D-Datensatzes mit der Levenberg-Marquardt Methode bestimmt [5]. Nach der Binarisierung bzgl. des Schwellwertes $\theta = 4\sigma$ erhält man ein Datenvolumen $B = (B_1, \dots, B_N)$, mit $B_i(x, y) = 1 \Leftrightarrow (x, y, i) \in \omega_{obj}$ (Abb. 2(a)).

Für die Bestimmung der α_i werden pixelweise Quotienten Q_i aufeinanderfolgender Schichten gebildet

$$Q_i(x, y) = \begin{cases} \frac{S_i(x, y)}{S_{i-1}(x, y)} & \text{falls } B_i(x, y) = 1 \\ 0 & \text{sonst} \end{cases} \quad i = 2, \dots, N \quad (3)$$

und anschließend deren diskretisierte Verteilung $h_{Q_i}^{\Delta}$ ermittelt (Abb. 2(b)):

$$h_{Q_i}^{\Delta}(j) = |\{(x, y) \mid (j - 0.5) \cdot \Delta < Q_i(x, y) \leq (j + 0.5) \cdot \Delta\}|. \quad (4)$$

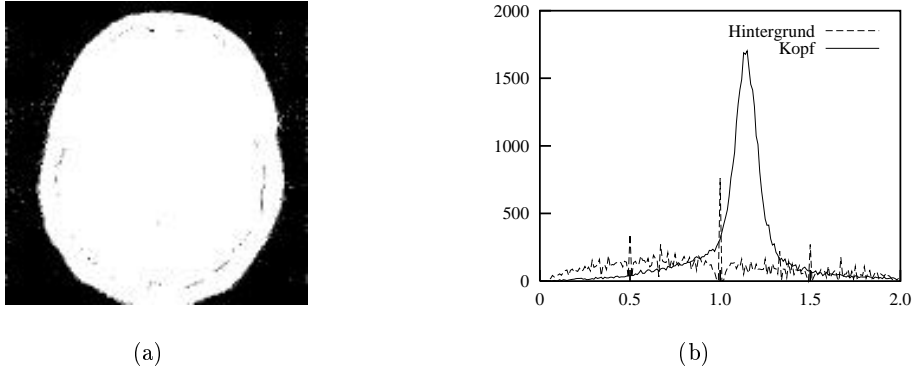


Abb. 2. (a) Ergebnis der automatischen, schwellwertbasierten Trennung von Kopf und Hintergrund. (b) Verteilung der Quotienten für Kopf- und Hintergrundpixel für das Schichtpaar (S_{10}, S_{11}) . Die Verteilung der Quotienten für die Kopfpixel weist einen ausgeprägten Peak an der Stelle $\alpha = 1.12$ auf wohingegen die Verteilung der Quotienten für Hintergrundpixel stark streut.

Durch Glättung von $h_{Q_i}^\Delta$ mit einem Gaußfilter erhält man $H_{Q_i}^\Delta$. Die Stelle des absoluten Maximums j_{max}^Δ von $H_{Q_i}^\Delta$, aus der α_i berechnet wird, ist abhängig von der Intervallbreite Δ . Daher wird zunächst j_{max}^Δ für $\Delta = 0.01$ ermittelt, wodurch ein Intervall $((j_{max} - 0.5) \cdot \Delta, (j_{max} + 0.5) \cdot \Delta]$ von möglichen Korrekturfaktoren repräsentiert wird. Nun wird Δ sukzessive reduziert und das kleinste Δ gewählt, für das der gesuchte Korrekturfaktor $\alpha_i = j_{max}^\Delta \cdot \Delta$ innerhalb des Suchintervalls liegt. Liegen in der Umgebung von j_{max}^Δ lokale Maxima mit ähnlicher Amplitude, so wählt man statt j_{max}^Δ das gewichtete Mittel dieser Maximalstellen.

3 Ergebnisse

Das Korrekturverfahren, ein Modul des unter Khoros 2.2 entwickelten Systems BRISANT (Brain Image Sequence Analysis Tool), wurde mit der Motivation entwickelt, die Voraussetzungen für intensitätsbasierte Segmentierungsverfahren zu verbessern. Abb. 3(a) zeigt die Ansicht aus Abb. 1 nach Anwendung des Korrekturverfahrens. Für einen Beispiel-Datensatz wurde die Gewebeklasse *Gehirn* von Hand segmentiert. Abb. 3(b) zeigt den Verlauf der mittleren Intensitäten für diese Gewebeklasse. Die Schwankungen konnten deutlich reduziert werden und die Intensitäten der ersten und letzten Schichten angehoben werden.

Ein Segmentierungsmodul des Systems BRISANT berechnet für alle Voxel eines multispektralen 3D-Datensatzes die Mahalanobisdistanz d_{maha} [6] zwischen Signalwertvektor \mathbf{x} und Mittelwertvektor $\boldsymbol{\mu}$ einer Gewebeklasse ω :

$$d_{maha}^2(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}) = (\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu})^t \boldsymbol{\Sigma}^{-1} (\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu}). \quad (5)$$

Sowohl $\boldsymbol{\mu}$ als auch die Kovarianzmatrix $\boldsymbol{\Sigma}$ der Gewebeklasse werden aus interaktiv gewählten ROIs geschätzt. Alle Voxel, für die d_{maha} unterhalb einer

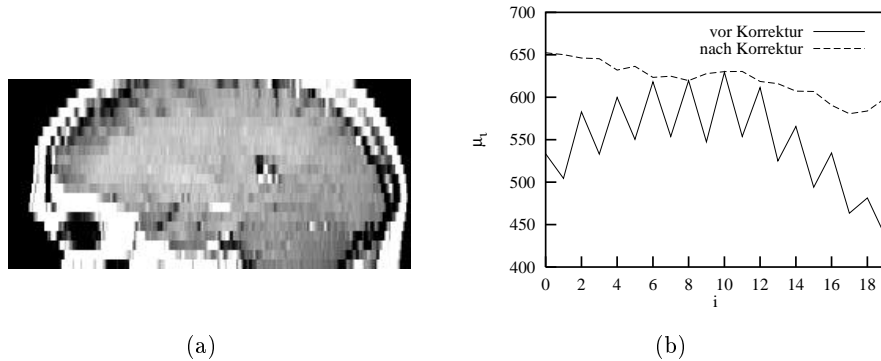


Abb. 3. (a) Sagittale Ansicht des MR Datensatzes nach Intensitätskorrektur. Die Schwankungen der Grundhelligkeiten in den axial aufgenommenen Schichten konnte deutlich reduziert werden. (b) Mittlere Signalintensität μ_i von Hirnpixeln vs. Schichtindex i vor und nach Intensitätskorrektur.

vorgegebenen Schwelle liegt, werden als zu ω gehörig markiert. In diesem Beispiel bestehen die Eingabedaten nur aus der T1-gewichteten Sequenz. Abb. 4 stellt die Ergebnisse dieses Segmentierungsverfahrens vor und nach Intensitätskorrektur für zwei benachbarte Schichten gegenüber. Die MR-Daten wurden zunächst mit einem kantenerhaltenden, nicht linearen Gaußfilter vorverarbeitet [7]. In beiden Fällen wurden in einer Schicht drei ROIs der Größe 5×5 im Bereich der weißen Hirnsubstanz gewählt. Die Segmentierungsergebnisse sind nach morphologischer Nachbearbeitung [8] dargestellt. Ohne Vorverarbeitung (Abb. 4(b)) kommt es in Schicht S_{11} zu erheblichen Fehlsegmentierungen, die durch das von uns entwickelte Verfahren wesentlich reduziert werden (Abb. 4(c)).

Für eine über die qualitative Beurteilung hinausgehende quantitative Bewertung des Verfahrens wird die Stärke der Signalschwankungen d_i von Schicht zu Schicht berechnet. Sie ist definiert als:

$$d_i = \frac{2 \cdot |m_{i-1} - m_i|}{m_{i-1} + m_i}, \quad i = 2, \dots, N, \quad (6)$$

wobei m_i den mittleren Signalwert der Objektpixel in Schicht i bezeichnet. Zur Berechnung dieses Maßes ist keine Segmentierung erforderlich. Die Werte für d_i betragen auch für Schichten mit geringen Änderungen des Bildinhaltes, z.B. axiale Schichten auf Höhe des Sinus frontalis, 0.10 - 0.12. Im Unterschied hierzu weisen nicht mit diesem Artefakt behaftete, T1-gewichtete Sequenzen in diesen Schichten Schwankungen von 0.01 - 0.02 auf. Das Verfahren wurde an 19 Datensätzen erprobt und führte in allen Fällen zu einer deutlichen Reduktion des Artefaktes. Die Schwankung der mittleren Signalintensität konnte im Mittel von 0.083 auf 0.035, ein Wert, der sich auch für Sequenzen ohne den beschriebenen Artefakt ergibt, reduziert werden.

Eine weitere Vereinheitlichung der Intensitäten innerhalb von Gewebeklassen läßt sich durch die Anwendung von Verfahren erzielen, die einen Intensitätsaus-

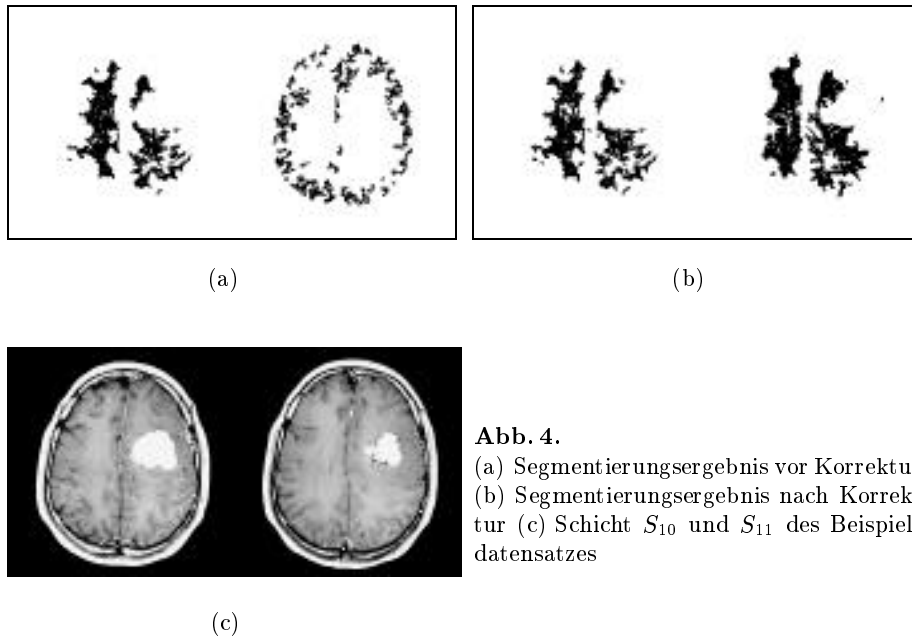


Abb. 4.

(a) Segmentierungsergebnis vor Korrektur
 (b) Segmentierungsergebnis nach Korrektur
 (c) Schicht S_{10} und S_{11} des Beispieldatensatzes

gleich innerhalb von Schichten durchführen. Die Integration solcher Verfahren, wie in [2][3] vorgestellt, wird im nächsten Schritt erfolgen.

Literatur

1. Roßmanith C, Handels H, Pöpl SJ, Rinast E, Weiss HD: Characterisation and Classification of Brain Tumours in Three-Dimensional MR Image Sequences. In: Höhne KH, Kikinis R, Visualization in Biomedical Computing, Springer, 429-438, 1996.
2. Brechbühler C, Gerig G, Szekely G: Compensation of Spatial Inhomogeneity in MRI Based on a Parametric Bias Estimate. In: Höhne KH, Kikinis R, Visualization in Biomedical Computing, Springer, 141-146, 1996.
3. Wells WM, Grimson WEL, Kikinis R, Jolesz FA: Adaptive Segmentation of MRI Data. IEEE TMI, 15(4):429-442, 1996.
4. Brummer ME, Mersereau RM, Eisner RL, Lewine RRJ, Automatic Detection of Brain Contours in MRI Data Sets. IEEE TMI, 12(2):153-166, 1993.
5. Press WH, Teukolsky SA, Vetterling WT, Flannery BP: Numerical Recipes in C: The Art of Scientific Computing. Cambridge University Press, 2nd edition, 1992.
6. Duda RO, Hart PE: Pattern Classification and Scene Analysis. John Wiley & Sons, 1973.
7. Aurich V, Mühlhaus E, Grundmann S: Kantenerhaltende Glättung von Volumendaten bei sehr geringem Signal-Rausch-Verhältnis. In: Lehmann T, Metzler V, Spitzer K, Tolxdorff T, Bildverarbeitung für die Medizin. Springer, 49-53, 1998.
8. Sonka M, Hlavac V, Boyle R: Image Processing, Analysis, and Machine Vision. Thomson Publishing, 2nd edition, 1998.