

Segmentierung pleuraständiger Lungenrundherde in CT-Bildern mittels Ellipsoidapproximation

Jan Hendrik Moltz, Jan-Martin Kuhnigk, Lars Bornemann, Heinz-Otto Peitgen

MeVis Research GmbH – Center for Medical Image Computing
Universitätsallee 29, 28359 Bremen
jan.moltz@mevis.de

Kurzfassung. In diesem Artikel wird ein neuer Algorithmus zur Segmentierung pleuraständiger Lungenrundherde in CT-Aufnahmen vorgestellt. Lungenrundherde mit großflächigem Kontakt zur Brustwand oder anderen gleichdichten Strukturen sind eine besondere Herausforderung für Segmentierungsverfahren. Wir verwenden einen Ray-Casting-Ansatz, um Punkte am sichtbaren Rand der Läsion zu finden, und berechnen aus diesen Punkten ein Ellipsoid, das die Läsionsform approximiert. Innerhalb dieses Ellipsoids werden durch morphologische Operationen die angrenzenden Strukturen abgetrennt. Eine Evaluation mit 333 Rundherden zeigte, dass diese Methode gute Ergebnisse liefert und praktisch ohne Erhöhung des Rechenaufwands in einen allgemeinen Segmentierungsalgorithmus für Lungenrundherde integriert werden kann.

1 Einführung

In der onkologischen Verlaufskontrolle ist die Schätzung des Tumorwachstums aus aufeinanderfolgenden CT-Aufnahmen wichtig für die Beurteilung des Behandlungserfolgs. Bisher geschieht dies durch manuelle Messung der größten axialen Durchmesser der Läsionen. Dabei wird jedoch implizit vorausgesetzt, dass Tumoren kugelförmig sind und symmetrisch wachsen, was im allgemeinen nicht der Fall ist. Außerdem sind solche Messungen subjektiv, fehleranfällig und aufwändig. Ein Software-Assistent erlaubt eine exaktere und reproduzierbarere Schätzung durch volumetrische Messungen in 3D. Eine wichtige Teilaufgabe ist die Läsionssegmentierung. Da der klinische Arbeitsablauf durch den Computereinsatz nicht verlangsamt werden darf, ist Effizienz hier ein wichtiger Aspekt. Daher wurden spezielle Algorithmen für verschiedene Tumorarten entwickelt.

Diese Arbeit beschäftigt sich mit der Segmentierung von Lungenrundherden. Gegeben ist eine Region of Interest, die manuell oder automatisch bestimmt wurde. Diese ROI soll die Läsion vollständig enthalten, und ihr Mittelpunkt soll nahe dem Läsionsmittelpunkt liegen. Außerdem setzen wir nahezu isotrope Voxel voraus. In CT-Aufnahmen der Lunge lassen sich im Wesentlichen zwei Dichteklassen unterscheiden: Während das Parenchym dunkel erscheint, werden Lungenrundherde, aber auch Blutgefäße oder Nachbarstrukturen der Lunge wie

die Brustwand, das Herz oder das Zwerchfell hell dargestellt (Abb. 1(a)). Zur Segmentierung von Rundherden mit Kontakt zu einer dieser Strukturen reicht eine reine Schwellwertmethode daher nicht aus.

Von Reeves et al. [1] wurde ein Algorithmus vorgeschlagen, der morphologisches Opening zur Segmentierung von Lungenrundherden verwendet, aber speziell auf kleine Läsionen zugeschnitten ist. Okada *et al.* [2] stellen einen Ansatz vor, der wie unser Verfahren eine Ellipsoidapproximation verwendet, aber diese durch Anpassung eines Gauss'schen Modells berechnet. Dieses Verfahren benötigt für pleuraständige Rundherde jedoch einen zusätzlichen Korrekturschritt.

Die in diesem Artikel beschriebenen Methoden basieren auf dem Algorithmus von Kuhnigk *et al.* [3], der für die Segmentierung kleiner und großer Lungenrundherde mit potenziell starker Vaskularisierung entworfen wurde. Bei pleuraständigen Rundherden wird dort die Tatsache genutzt, dass die Lunge weitgehend konvex ist und dass die Läsionen Konkavitäten erzeugen. Die Idee besteht darin, die ursprüngliche Form zu rekonstruieren, indem die konvexe Hülle des Lungenparenchyms innerhalb der ROI berechnet und die Läsionsmaske am Rand dieser Hülle abgeschnitten wird. In nicht konvexen Teilen der Lunge, z. B. an der Grenze zum Herzen oder zum Zwerchfell, wird die angrenzende Struktur jedoch nicht vollständig entfernt (Abb. 2 (d)-(f)). In dieser Arbeit stellen wir eine Erweiterung des Algorithmus vor, die auch diesen Fall berücksichtigt.

2 Material und Methoden

Unsere Erweiterung von Kuhnigks Algorithmus [3] besteht aus drei Schritten, die im Folgenden erläutert und in Abb. 1 illustriert werden:

1. Identifikation von Punkten am Läsionsrand durch Region Growing und anschließendes Ray Casting vom Saatpunkt aus;
2. Berechnung eines Ellipsoids, das die Form der Läsion approximiert;
3. konvexe Hülle wie oben [3], aber beschränkt auf das dilatierte Ellipsoid.

2.1 Region Growing und Ray Casting

Zu Beginn wird ein Region Growing mit dem ROI-Zentrum als Saatpunkt durchgeführt. Dabei kann der untere Schwellwert fest gewählt werden, z. B. -400 HU, da nur der Tumor und andere hochdichte Strukturen vom Parenchym getrennt werden sollen. Um Punkte an der Grenze zwischen dem Tumor und dem Parenchym zu finden, verwenden wir einen Ray-Casting-Ansatz. Vom Saatpunkt ausgehend werden 98 Strahlen ausgesandt. Dies entspricht einem Strahl durch jedes Oberflächenvoxel eines $5 \times 5 \times 5$ -Würfels um den Saatpunkt. Dadurch wird eine symmetrische Verteilung und eine Ausrichtung an das Voxelgitter gewährleistet. Die Strahlen werden verfolgt, bis sie entweder das Parenchym oder den Rand der ROI erreichen (Abb. 1(a)). Im ersten Fall werden die Endpunkte gespeichert und sonst verworfen (Abb. 1(b)). Um den Einfluss anderer Strukturen am Rand der ROI zu verringern, sollten Endpunkte ab einer bestimmten Distanz vom Saatpunkt ebenfalls verworfen werden. Das 95%-Quantil der Distanzen aller Endpunkte erwies sich als guter Schwellwert.

2.2 Ellipsoidapproximation

Typischerweise decken die durch das Ray Casting gefundenen Punkte einen Großteil der tatsächlichen Läsionsoberfläche ab. Unter der Annahme, dass die Läsion näherungsweise ellipsoidförmig ist, versuchen wir, ihre Form zu rekonstruieren, indem wir ein Ellipsoid an diese Punkte anpassen (Abb. 1(c)).

Ein 3D-Ellipsoid ist definiert als Kegelschnitt

$$\{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^3 \mid \mathbf{x}^T \mathbf{A} \mathbf{x} + \mathbf{b}^T \mathbf{x} + c = 0\}, \quad (1)$$

für den die symmetrische Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{3 \times 3}$ positiv oder negativ definit ist. Wegen der Symmetrie hat \mathbf{A} nur sechs Freiheitsgrade, zu denen für $\mathbf{b} \in \mathbb{R}^3$ und $c \in \mathbb{R}$ noch insgesamt vier hinzukommen. Aus den gültigen Endpunkten der 98 Strahlen sollen nun die im Least-Squares-Sinne optimalen Ellipsoidparameter bestimmt werden. Dabei entsteht ein nichtlineares Gleichungssystem, das jedoch mit einem Verfahren von Grammalidis und Strintzis [4] auf ein verallgemeinertes Eigenwertproblem reduziert und effizient gelöst werden kann. Die Definitheit von \mathbf{A} kann dabei zwar nicht garantiert werden, aber unsere Experimente zeigten, dass sie fast immer gegeben ist. Falls die Verteilung der Punkte eine Ellipsoidanpassung unmöglich macht, z. B. weil der Tumor unregelmäßig geformt oder stark mit anderen Strukturen verbunden ist, kann stattdessen eine Kugel berechnet werden. Obwohl dies eine gröbere Approximation ist, erhält man auch in diesen seltenen Fällen zumeist akzeptable Ergebnisse.

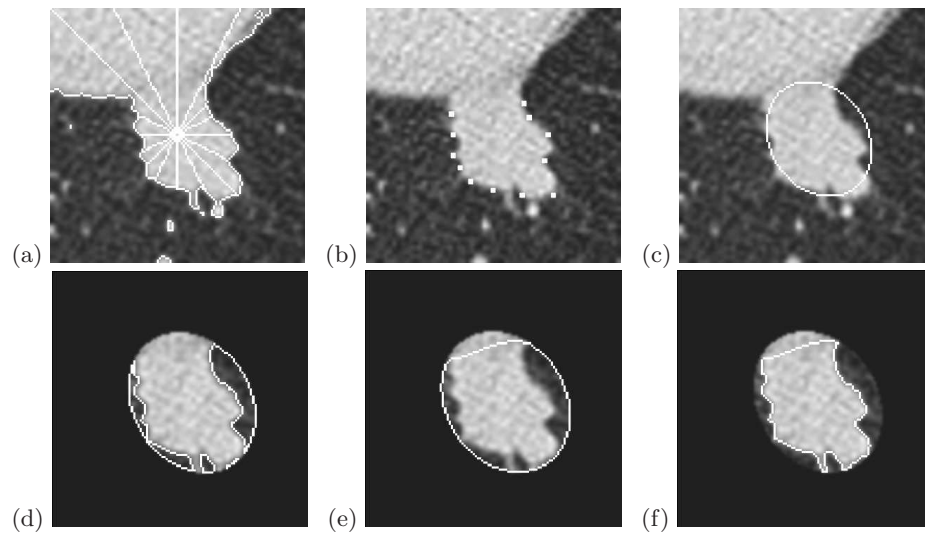


Abb. 1. Schrittweise Illustration des 3D-Algorithmus, veranschaulicht durch die zentrale axiale Schicht. (a) Ergebnismaske des initialen Region Growing und Strahlen zum Rand der Maske. (b) Gültige Strahlenendpunkte am Tumorrang. (c) An die Punkte angepasstes Ellipsoid. (d) Teil der Maske innerhalb des dilatierten Ellipsoids. (e) Konvexe Hülle der inversen Maske innerhalb des dilatierten Ellipsoids. (f) Differenz von konvexer Hülle und inverser Maske

2.3 Konvexe Hülle

Für alle weiteren Berechnungen wird die ROI mit einer leicht dilatierten Version des Ellipsoids maskiert (Abb. 1(d)). Die Dilatation soll sicherstellen, dass der Tumor vollständig enthalten ist. Am Rand enthält das Ellipsoid auch einige Parenchymvoxel, so dass die Idee des Originalalgorithmus, die Parenchymgrenze vor der Entstehung des Tumors durch eine konvexe Hülle zu rekonstruieren, weiterhin anwendbar ist (Abb. 1(e)). Dies funktioniert nun auch in konkaven Bereichen des Parenchyms, denn die Konkavitäten sind innerhalb des Ellipsoids nicht mehr sichtbar und das Ergebnis ist unabhängig von der Größe der ROI (Abb. 1(f)). Aus Performanzgründen wurde die konvexe Hülle als Vereinigung der schichtweisen konvexen Hüllen in den axialen, sagittalen und koronalen Ansichten implementiert. Anschließend werden wie im Originalalgorithmus [3] angrenzende Blutgefäße durch adaptives Opening entfernt.

3 Ergebnisse

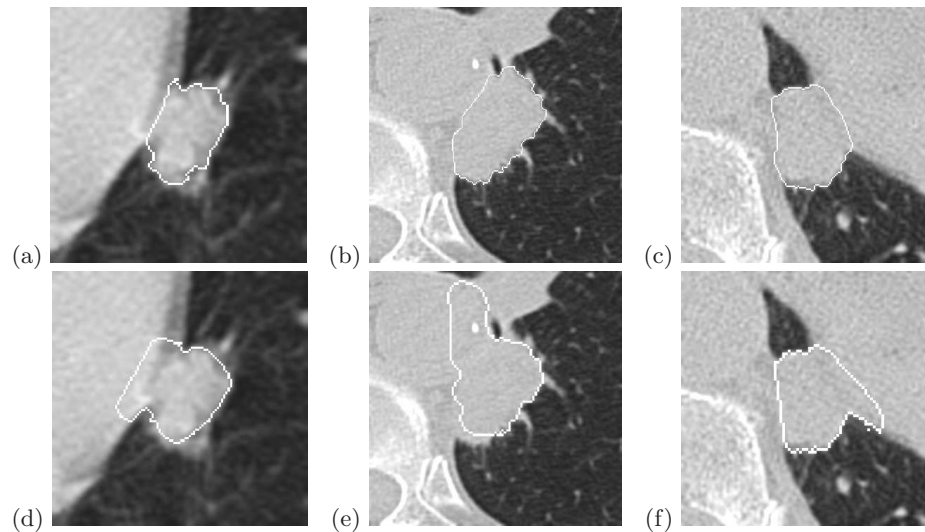
In unseren Experimenten nutzten wir eine Datenbank von 333 ROIs mit pleuraständigen Lungenrundherden von verschiedenen Patienten, Kliniken und CT-Geräten. Die Saatpunkte wurden manuell von Radiologen gesetzt. Da bereits umfangreiche Experimente für die Originalversion [3] durchgeführt worden waren, konzentrierten wir uns auf die Effekte der oben beschriebenen Erweiterungen. Es ist oft unmöglich, die genaue Grenze zwischen dem Tumor und einer angrenzenden Struktur zu bestimmen. Daher wurden die Segmentierungsergebnisse visuell begutachtet und daraufhin untersucht, ob unser Ziel, den Tumor entlang der ursprünglichen Parenchymgrenze abzutrennen, erreicht wurde.

Während mit dem Originalalgorithmus in 71% der Fälle das Segmentierungsergebnis als gut bewertet wurde, konnten wir diesen Anteil auf 89% erhöhen. Für weitere 5% wurde ein gutes Ergebnis durch Anwendung des interaktiven Korrekturverfahrens aus [3] erreicht. Die meisten Rundherde, die nicht segmentiert werden konnten, hatten komplexe Formen oder sehr großflächigen Kontakt zu hochdichten Strukturen, so dass eine Ellipsoidapproximation nicht möglich war. Abb. 2 zeigt einige Beispiele erfolgreicher Segmentierungen und lässt im Vergleich mit den vorherigen Ergebnissen eine deutliche Verbesserung erkennen.

4 Diskussion

Wie unsere Experimente zeigen, haben wir einen Algorithmus entwickelt, der die meisten pleuraständigen Lungenrundherde segmentiert, auch wenn das umgebende Parenchym nicht konvex ist. Dies schließt eine Lücke in Kuhnigks Algorithmus [3], der hier systematische Probleme hatte. Unser Verfahren kann dort einfach integriert werden und hat keine Auswirkungen auf isolierte Rundherde. Eine signifikante Erhöhung der Laufzeit konnte trotz einiger zusätzlicher Ope-

Abb. 2. (a)-(c) Beispiele erfolgreicher Segmentierungen mit dem neuen Algorithmus. (d)-(f) Entsprechende Ergebnisse mit der Originalversion



rationen nicht festgestellt werden, da die anschließenden Berechnungen auf das Ellipsoid beschränkt werden können. Die Rechenzeit für eine vollständige Segmentierung beträgt etwa 2 s für große und oft unter 1 s für kleine Tumoren auf einem PC mit einem 2 GHz-Dual-Core-Prozessor.

Unsere Grundidee lässt sich verallgemeinern auf die Segmentierung von Objekten mit einer nur teilweise sichtbaren Grenze, die durch eine einfache geometrische Struktur angenähert werden kann. Wir untersuchen zur Zeit die Anwendbarkeit auf Lebermetastasen und vergrößerte Lymphknoten, um die Fähigkeiten onkologischer Software-Assistenten zu erweitern.

Danksagung. Wir danken Siemens Medical Solutions für die Förderung dieser Arbeit im Rahmen des VICORA-Projekts.

Literaturverzeichnis

1. Reeves AP, Chan AB, Yankelevitz DF, et al. On measuring the change in size of pulmonary nodules. *IEEE Trans Med Imaging*. 2006;25(4):435–50.
2. Okada K, Ramesh V, Krishnan A, et al. Robust pulmonary nodule segmentation in CT: Improving performance for juxtapleural cases. *Proc MICCAI*. 2005; p. 781–9.
3. Kuhnigk JM, Dicken V, Bornemann L, et al. Morphological segmentation and partial volume analysis for volumetry of solid pulmonary lesions in thoracic CT scans. *IEEE Trans Med Imaging*. 2006;25(4):417–34.
4. Grammalidis N, Strintzis MG. Head detection and tracking by 2-D and 3-D ellipsoid fitting. *Proc CGL*. 2000; p. 221–226.