

Einsatz eines adaptiven Regionenwachstumsverfahrens zur semiautomatischen und automatischen Segmentierung von medizinischen Bilddaten

Regina Pohle und Klaus D. Tönnies

Institut für Simulation und Graphik
Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, 39106 Magdeburg
Email: regina@isg.cs.uni-magdeburg.de

Zusammenfassung: Die erfolgreiche Spezifikation einer Struktur in medizinischen Bildern durch ein Regionenwachstumsverfahren erfordert neben der Eingabe eines Startpunktes auch die Vorgabe der Homogenitätscharakteristik. Letzteres ist häufig ein Problem. Deshalb wird in dem Beitrag ein Verfahren vorgestellt, bei dem ausgehend vom manuell gesetzten Startpunkt dieses Kriteriums schrittweise gelernt wird. Die Evaluation des Verfahrens erfolgte sowohl an künstlichen Testbildern als auch an realen CT-Bildern.

1 Einleitung

Häufig beinhaltet die Auswertung medizinischer Bilddaten zum Zweck der computergestützten Diagnostik und Therapieplanung eine Segmentierung des Bildmaterials als Vorstufe zur Visualisierung bzw. Quantifizierung. In den einzelnen zur Segmentierung von CT-Datensätzen genutzten Verfahren [1, 2, 3] werden ausgehend von den zur Verfügung stehenden Bildinformationen unterschiedlich komplexe Modelle der vorliegenden a-priori-Information über den zu erwarteten Bildinhalt genutzt. Je mehr man die eingebrachte Modellinformation kontrollieren und in Form von Algorithmen beschreiben kann, desto größer ist die Möglichkeit zur Automatisierung des Verfahrens und zur Ableitung von Aussagen über die Qualität der Segmentierung. Wenn sich z. B. die dem Modell zugrundeliegende Information aus dem Bild exakt extrahieren lässt, kann das Ergebnis des Algorithmus genau vorhergesagt werden. Gerade bei medizinischen Segmentierungsaufgaben ist jedoch die Modellinformation oft zu komplex bzw. nicht genau spezifizierbar, so dass sie nicht vollständig automatisch extrahiert werden kann. Ziel bei der Entwicklung eines Segmentierungsverfahrens sollte es deshalb sein, den Anteil schwer kontrollierbarer manueller eingebrachter Modellinformation zu minimieren und den Anteil automatischer ausgewerteter Modellinformation zu maximieren. Betrachtet man unter diesem Gesichtspunkt das herkömmliche Regionenwachstumsverfahren, das Pixel auf Grund der Erfüllung eines Homogenitätskriteriums zur Regionen zusammenfasst, so ist dort neben der Eingabe eines Startpunktes auch die Vorgabe der Homogenitätscharakteristik erforderlich. Während das Setzen des Startpunktes dem medizinischen Anwender keine Schwierigkeiten bereitet, ist die Vorgabe der Homogenitätscharakteristik selbst für den erfahrenen Nutzer ein Problem. Deshalb wurde von uns ein Verfahren entwickelt, bei dem das Homogenitätskriterium bei der Segmentierung schrittweise ausgehend vom manuell gesetzten Startpunkt gelernt wird.

2 Adaptives Regionenwachstumsverfahren zur semiautomatischen Segmentierung

Ausgehend von der Annahme, dass die Variation der Grauwerte innerhalb von Gewebestrukturen in CT-Bildern geringer ist als zwischen benachbarten Geweben, wurden zur Abschätzung der Grauwert-Homogenität ähnliche wie in [4] der mittlere Grauwert und die Standardabweichung verwendet. Aufgrund der Anpassung der Homogenitätsbedingung an die Regionencharakteristika während des Suchprozesses ergibt sich im Vergleich zum herkömmlichen Regionenwachstumsverfahren bei der Gestaltung des Algorithmus einige Konsequenzen:

1. Es sind immer zwei Durchläufe erforderlich. Der erste Durchlauf dient ausschließlich der Schätzung des Homogenitätskriteriums. Das Finden der Region erfolgt anschließend beim zweiten Durchlauf mit festem Kriterium.
2. Die Suchreihenfolge muss im Gegensatz zum herkömmlichen Verfahren anders gestaltet werden. Ausgehend von der These, dass das gesuchte Gebiet eher kompakt ist, muss versucht werden, möglichst viele Pixel des unbekannten Gebiets zu erfassen, bevor zum ersten Mal der Rand gefunden wird.
3. Neben stabilen Merkmalen müssen heuristische Komponenten eingefügt werden, um die anfängliche Schätzunsicherheit bei geringer Pixelanzahl auszugleichen. Bei dem realisierten Verfahren erfolgt nach dem Setzen des Startpunktes die Initialisierung der Schwellwerte über eine Schätzung des mittleren Grauwertes (mgv) und der Standardabweichung (σ) in der 3x3-Nachbarschaft des Startpunktes. Aufgrund der häufigeher schiefe Verteilung der Grauwerte im Histogramm werden getrennt ein oberer und ein unterer Schwellwert für das Homogenitätskriterium ermittelt.

$$T_u = mgv(n) - [\sigma(n) \cdot w + c(n)] \text{ und } T_o = mgv(n) + [\sigma(n) \cdot w + c(n)] \quad (1)$$

Der Wichtungsfaktor für die Standardabweichung w wird im ersten Durchlauf auf $w=1.5$ gesetzt, was bei einer Gauß-Verteilung der Grauwerte um den Mittelwert der Einbeziehung von 86% der zum Objekt gehörenden Pixel zur Schätzung entspricht. So soll verhindert werden, dass der Wachstumsprozess die Objektgrenze nicht überschreitet. Der Wert des Korrekturterms hängt von der Anzahl der bereits erfassten Pixel ab und wurde wegen der Anfangsunsicherheit der Schätzung eingeführt. Er berechnet sich nach der Gleichung $c(n) = 1/n^{1/2}$. Um eine annähernd korrekte Schätzung der Schwellwerte vornehmen zu können, muss der Wachstumsprozess so gestaltet werden, dass ein möglichst gleichmäßiges Wachstum der Region in alle Richtungen stattfindet. So wird gewährleistet, dass die aus den vorhergehenden Wachstumschritten ermittelten Schwellwerte die Charakteristika des gesamten Objekts widerspiegeln. Deshalb wurde ein randomisiertes Wachstumsverfahren entwickelt, bei dem im Gegensatz zur herkömmlichen rekursiven Vorgehensweise in jedem Wachstumsschritt die Reihenfolge der abzuarbeitenden Nachbarschaftspixel zufällig ausgewählt wird. Dadurch erfolgt ein zufälliges Durchlaufen des Objekts um den Startpunkt (Abb. 1). Aus Rechenzeitgründen erfolgt die Aktualisierung der Schwellwerte jeweils bei einer Verdopplung der Objektpixelanzahl. Am Anfang, wenn die Schätzwerte in Folge geringer Pixelanzahl noch ungenau sind, findet eine häufigere Anpassung statt. Wenn au

grunddergeschätztenSchwellwertekeinenenuePixelmehrderRegionzugeordnet werdenkönnen, startetausgehendvomgesetztenStartpunkteinzweiterDurchlaufmit festenSchwellwerten, wobeider WichtungsfaktorwimVergleichzumerstenDurchlaufsoerhöhtwird, dassbeieiner Gaußverteilung95%derPixel erfasstwerden[5].



Abb.1: Ablaufdes randomisierten Regionenwachstumsverfahrens(SetzendesStartpunktes, Regionmit9,40,100,150,200,300,400und475 Pixeln)

3 ErweiterungzueinervollautomatischenSegmentierung

DasentwickelteVerfahrenesadaptiven Regionenwachstumswurdeanschließendso erweitert,daßeinevollautomatischevollständigeSegmentierungdesBildeserfolgt. DazuwerdenalsStartpunktefürdas RegionenwachstumdieBildpunktemitder jeweilsgeringstenGradientenlängeindennochnichtsegmentiertenBildbereiche verwendet. BeidieserVorgehensweisekanndavonausgegangenwerden,daßsichder StartpunkttinnerhalbbeinerRegionbefindet, dadieVariationderGrauwerteinnerhalb homogenerRegionengeringeristalszwischenverschiedenenRegionen. Das RegionenwachstumkannmaximalbisandieGrenzederschonindenvorangegangenen SchrittssegmentiertenRegionenerfolgen. EineÜberlappungwirdausgeschlossen. DerAlgorithmusterminiert, wennallePixeldesBildeseinerRegionzugeordnetwurden. Da indenBereichenvonKantendas Homogenitätskriteriumaufgrundder Kanterverwaschungoftnichterfülltist, kommtesdortzurBildungeigenerRegionenund damitzueiner Übersegmentierung. DiesemußeineinernachfolgendenSchrittbesichtigtwerden. DazuwirdfürjedeRegioneine Regionenwahrscheinlichkeitsberechnet, die vonderGröße, derHomogenitätunddermittlerenGradientenlängeabhängt. Regionen, dieeinegeringe Regionenwahrscheinlichkeitaufweisen, werdenaufgelöst. DieBildpunktedieserRegionenwerdenineinem Pixelklassifikationsprozeßeiner ihrerNachbarregionenzugeordnet. DieseKlassifizierungbasiertaufder RegionenwahrscheinlichkeitundderWahrscheinlichkeitdesPixels, TeileinerNachbarregion zusein[5]. DieSchrittedesvollautomatischenVerfahrensindfüreinBeispielin Abb.2demo nstriert.



Abb.2: Schrittedesvollständigen Segmentierungsprozesses, vonlinksnachrechts: Ausschnitt auseinemMR-T1-BilddesGehirns, Ergebnismachdem Regionenwachstum, Beseitigungder Übersegmentierung, KodierungderErgebnisregionenmitihremmittlerenGrauwert

4 Bewertung der Leistungsfähigkeit des Algorithmus

Die Evaluation des adaptiven Regionenwachstumsverfahrens erfolgte durch empirische Diskrepanzmethoden, bei denen ein Qualitätsmaß indirekt anhand der Ergebnisse des Algorithmus an Testbildern bestimmt wird. Sie wurden von uns ausgewählt, weil sie eine objektive und quantitative Bewertung des Segmentierungsverfahrens mit einem engen Bezug zur konkreten Anwendung erlauben. Als Fehlermaß wurde die mittlere Abweichung der Konturpixel von der Kontur im Goldstandard, der Hausdorff-Abstand und die Anzahl der über- und untersegmentierten Pixel in Relation zur Objektgröße verwendet. In einer ersten Testreihe ging es darum, zu untersuchen, in wie weit Abweichungen vom vorgegebenen Modell durch den Algorithmus toleriert werden. Hierzu wurden künstliche Testbilder erzeugt, die die zu untersuchenden Einflüsse in vorgegebenen Abstufungen enthielten. Als wichtige Kriterien, die eine Segmentierung in CT-Bildern beeinflussen, wurden die Variation des Signal-Rausch-Verhältnisses, die Variation der Objektform und die Veränderung der Kantensteilheit zur Simulation des Partialvolumeneffekts untersucht. Neben diesen drei Kriterien wurde außerdem die Modifikation des Shadings betrachtet, um festzustellen, ob auch gewisse Abweichungen von den Modellbedingungen vom Verfahren noch zugelassen werden. Ein Beispiel für die verwendeten Testbilder zeigt Abb. 3.

Bei allen Tests zeigte sich, daß die einzelnen Fehlermetriken jeweils ähnliche Tendenzen aufzeigten. Bei der Untersuchung der Abhängigkeit des Algorithmus vom SNR konnte festgestellt werden, daß oberhalb eines SNR von 1.5:1 die mittlere Abweichung der Konturpixel weniger als 0.5 Pixel betrug, wobei die maximale Abweichung bei weniger als 3 Pixel lag. Bei der Untersuchung der Abhängigkeit des Segmentierungsergebnisses von der Objektform, der Kantensteilheit und vom Shading zeigte sich, daß bei sehr schmalen Objekten, mit zunehmender Kantenunschärfe und mit Überlagerung steiler werdender Graukeile der ermittelte Fehler jeweils zunahm. Beispiele für die Ergebnisse der Diskrepanzmessungen sind in Abb. 4 zu sehen. Eine umfassendere Darstellung ist in [5] zu finden.

Weitere Tests der Methode erfolgten an realen CT-Bildern. Hier wurden die Leber (SNR von 1.5:1) und das passierbare Lumen im Aortenaneurysma (SNR von 5:1) jeweils fünfmal mit unterschiedlichen Startpunkten segmentiert (Abb. 5). Die Qualität der Ergebnisse wurde mit den manuell von einem klinisch tätigen Chirurgen segmentierten Regionen verglichen. Die Ergebnisse des Vergleichs finden sich in Tabelle 2. Die Erweiterung zu einer vollständigen Segmentierung lieferte bei visueller Bewertung gute Ergebnisse auf CT und MRT-Beispielbildern. Im Gegensatz zu anderen vollständigen Segmentierungsmethoden, wie z. B. bei der Wasserscheidentransformation oder dem Split-and-Merge-Ansatz, blieb der Zusammenhang von Strukturen bewahrt.

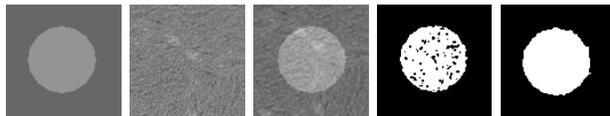


Abb. 3: Ausgangsbild (Objekt durchmesser: 60 Pixel), Rauschanteil, Testbild mit einem SNR von 1.5:1, Ergebnis des 1. Laufs, endgültiges Segmentierungsergebnis

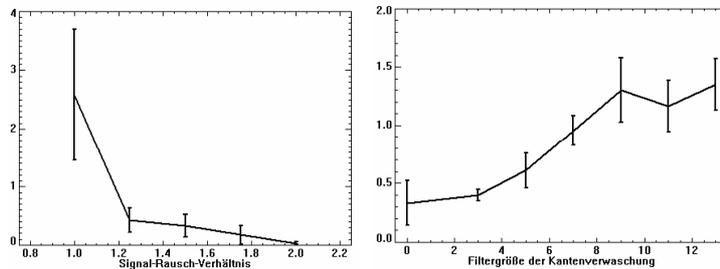


Abb.4: Ergebnisse der Segmentierung bei Variation des SNR und der Kantensteilheit bei Verwendung des mittleren Fehlers als Diskrepanzmaß (gemittelt über 6 Läufe pro Messpunkt)

Metrik zur Fehlermessung	Leber	Aneurysma
Mittlere Abweichung der Konturpixel	1.09 ± 0.06	1.45 ± 0.17
Hausdorfabstand	3.62 ± 0.34	4.63 ± 0.62
Anteil zu viele segmentierter Pixel in %	1.46 ± 0.30	0.08 ± 0.00
Anteil fehlender Pixel in %	5.66 ± 0.71	10.28 ± 1.27

Tabelle 2: Messwerte für den Vergleich der Ergebnisse mit den manuell bestimmten Bereichen

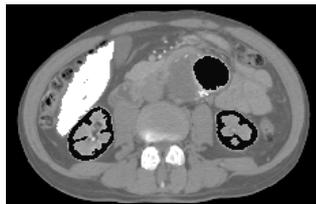


Abb.5: Segmentierungsergebnis des adaptiven Regionewachstumsverfahrens für die Leber, das passierbare Lumen im Aortenaneurysma und für die Nierenrinden (weiß bzw. schwarze Überlagerung)

5 Zusammenfassung

Die Robustheit des Verfahrens bei Nutzung eines einfachen Homogenitätsmodells wurde in zahlreichen Tests nachgewiesen. Fehler traten immer genau dann auf, wenn die für multierten Modellannahmen über Homogenität und Regionform nicht mehr zutrafen. In zukünftigen Arbeiten werden wir versuchen, komplexere Homogenitätsmodelle in das Verfahren einzubringen. Dabei wird zu untersuchen sein, ob die anfängliche Stichprobengröße für komplexere Schätzwerte ausreicht.

6 Literatur

1. McInerney T, Terzopoulos D: Deformable Models in Medical Image Analysis: A Survey, *Medical Image Analysis*, 1(2), 1996, 91-108.
2. Höhne KH, Hanson WA: Interactive 3D segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations, *J. Comp. Assisted Tomogr.*, vol. 16, no. 2, pp. 285-294, 1992.
3. Wegner S, Harms T, Oswald H, Fleck E, The Watershed Transformation on Graphs for the Segmentation of CT Images, *Proc. of the 13th ICPR*, 1996, pp. 498-502.
4. Haralick RM, Shapiro LG: *Image Segmentation Techniques*. CVGIP, 29(1):100-132, 1985.
5. Pohle R, Toennies KD: Segmentation of medical images using adaptive region growing. *Medical Imaging 2001, Proc. of SPIE*, Vol. 4322, in press.