

Erweiterung modellbasierter Segmentierung durch lokale Deformationskriterien

Marius Erdt¹, Roman Tulchiner¹, Georgios Sakas^{1,2}

¹Abteilung Cognitive Computing & Medical Imaging, Fraunhofer IGD Darmstadt

²Graphisch-Interaktive Systeme, Technische Universität Darmstadt

`marius.erdtd@igd.fhg.de`

Kurzfassung. Modellbasierte Ansätze sind heutzutage Stand der Technik zur automatischen Organsegmentierung in medizinischen Bilddatensätzen. In dieser Arbeit wird ein Verfahren vorgestellt, welches die modellbasierte Segmentierung durch lokale Deformationskriterien erweitert, um eine bessere lokale Anpassung der Oberflächenmodelle an Bildstrukturen sowohl hoher als auch niedriger Frequenz zu erreichen. Die beschriebene Methode wird anhand von Computer-Tomographie Datensätzen der Niere beschrieben und evaluiert.

1 Einleitung

Eine robuste und möglichst schnelle Segmentierung der menschlichen Organe aus Datensätzen der medizinischen Bildgebung ist nach wie vor Stand gegenwärtiger Forschung. Insbesondere in der computergestützten Strahlentherapieplanung nimmt die manuelle Konturierung von Risikoorganen und zu bestrahlenden Strukturen einen wesentlichen Zeitanteil ein. Modellbasierte Segmentierungsalgorithmen haben sich für die automatische Segmentierung von Organen bewährt, da sie durch die Verwendung eines expliziten Modells Vorwissen über die Erscheinung des Organs einbeziehen und so starke lokale Fehldeformationen verhindern können. Man unterscheidet hierbei im Wesentlichen Ansätze, die ein statistisches Formenmodell als Grundlage für die Formerhaltung verwenden (*Statistical Shape Models*, SSM), von Verfahren, welche ein einzelnes Ausgangsmodell mit explizit definierten Verformungsfunktionen einsetzen. Während SSM bspw. im Fall der Lebersegmentierung (Heimann et al. [1]) oder Herzventrikel-extraktion (Zambal et al. [2], Zheng et al. [3]) erfolgreich angewendet wurden, zeigen Arbeiten von Lorenz et al. [4] und Costa et al. [5], dass sich mit explizit formbeschränkten Modellen ebenfalls gute Ergebnisse erzielen lassen. SSM haben allerdings den Nachteil, dass hochfrequente lokale Deformationen nicht trainiert werden können und somit eine Anpassung dieser Bereiche meist nicht vollständig erfolgen kann. Kainmüller et al. [6] führen daher einen free-form Segmentierungsschritt nach Anwendung der SSM aus. Das hier vorgestellte Verfahren verwendet ein einzelnes Atlasmodell als Initialisierung und kann somit auf eine Trainingsdatenbank verzichten. Zur Formerhaltung werden dabei sowohl globale als auch lokale Deformationskriterien einbezogen.

2 Material und Methoden

Als Voraussetzung für den Anpassungsalgorithmus muss zunächst ein Organmodell generiert werden. Dazu verwenden wir eine von medizinischen Experten segmentierte Version des *Male Visible Human Data Sets* [7] (s. Abb. 1(a)). Um eine möglichst gleichmäßige Gitterstruktur zu erzeugen, wird die Segmentierung resampled und anschließend mit morphologischen Operatoren geglättet (s. Abb. 1(b)). Das erzeugte Modell kann nun manuell im Datensatz platziert und bei Bedarf durch Benutzerinteraktion angepasst werden, indem das Modell durch eine 3D-Gaußfunktion in Mausebewegungsrichtung verzerrt wird. Dies verbessert insbesondere dann die Robustheit des Verfahrens, wenn die individuelle Anatomie stark vom Modell abweicht. Die Anpassung des Modells erfolgt durch Minimierung von:

$$E = E_{\text{ext}} + E_{\text{int}}, \quad (1)$$

wobei die interne Energie

$$E_{\text{int}} = \sum_i w_i \sum_{j \in N(i)} ((p_i - p_j) - T(m_i - m_j))^2 \quad (2)$$

in Anlehnung an Lorenz et al. [4] die Formähnlichkeit aller Netzpunkte p_i zu den durch die affine Transformation T registrierten Originalmodellpunkten m_i beschreibt. $N(i)$ ist die Menge aller Nachbarn von Punkt i . Wir erweitern die interne Energie durch einen Wichtungsfaktor w_i . Dadurch kann die Formerhaltung pro Netzpunkt definiert und damit unterschiedlich starke lokale Deformationen des Modells erlaubt werden. Die externe Energie

$$E_{\text{ext}} = \sum_i \alpha_i (p_i - s_i)^2 \quad (3)$$

beschreibt den Abstand zwischen Oberflächenpunkt und detektiertem Strukturpunkt s_i und wird mit dem Faktor α_i ebenfalls pro Netzpunkt gewichtet. Zur

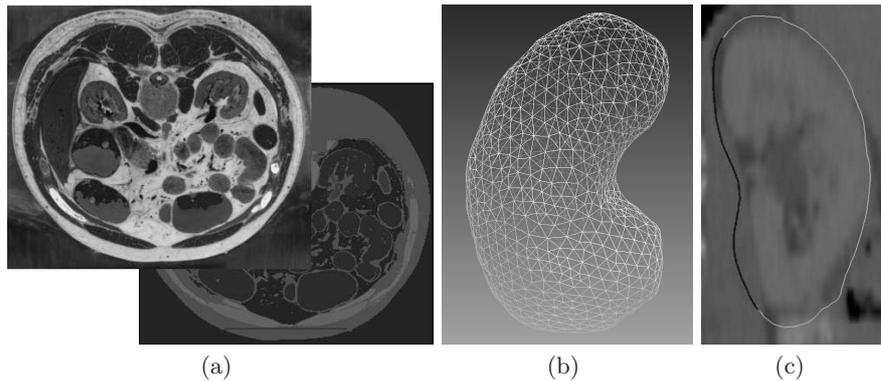


Abb. 1. (a) Vorsegmentierter Organatlas. (b) Erzeugtes Modell. (c) Kodierte interne Energie (Schwarz = schwache Energie, Weiß = hohe Energie).

Anpassung werden zunächst die Strukturpunkte bestimmt, indem entlang der Oberflächennormalen die stärksten Gradienten gesucht werden und der HU-Wert der Nachbarpixel überprüft wird. Kleine Abstände werden dabei bevorzugt, da die Distanz als Gewichtung in die externe Energie einfließt. Sowohl Gradientenschwelle als auch HU-Wert sind als Anpassungskriterien pro Oberflächenpunkt im Modell definiert, um das Organ von den umgebenden Nachbarsstrukturen zu unterscheiden. Gleichung (1) wird nun durch Least-Squares-Optimierung gelöst, wobei die Transformation T vorab durch Iterative-Closest-Point-Registrierung bestimmt wird.

Die Implementierung erfolgte auf Grundlage des MITK-Frameworks [8]. Zur Validierung des Verfahrens wurden insgesamt 10 CT-Datensätze der Niere mit einem Schichtabstand von 5 mm verwendet, die durch Resampling auf einen Abstand von 1 mm gebracht wurden. Bereiche hoher anatomischer Variation (Anschluss des Harnleiters, Nierenarterie/-vene) sind im Modell weniger starr definiert, als die restliche Hülle der Niere (w_i wird mit $\frac{1}{3}$ gewichtet), um eine feinere Anpassung dieser Stellen zu gewährleisten (s. Abb. 1(c)). Darüber hinaus wird die externe Energie in Bereichen geringen Kontrastes, wie dem Übergang zur Milz bzw. Leber, schwächer forciert sowie die Formerhaltungskriterien verschärft. Auf diese Weise sollen Fehldeformationen in Bereichen ähnlicher Intensität verhindert werden.

3 Ergebnisse

In Abb. 2 ist der Vorteil der lokal schwächer definierten internen Energie am Beispiel der Lunge zu sehen. Die höhere Verformbarkeit führt an diesen Stellen zu einer besseren Anpassung. Abb. 3(a) und (b) zeigen qualitativ unterschiedliche Datensätze sowie die Segmentierungsergebnisse. In Abb. 3(b) führt die lokal definierte hohe Anpassung zu einer Fehldeformation. In Tab. 1 sind die Segmentierungsergebnisse für alle getesteten Datensätze aufgeführt. Dabei wird

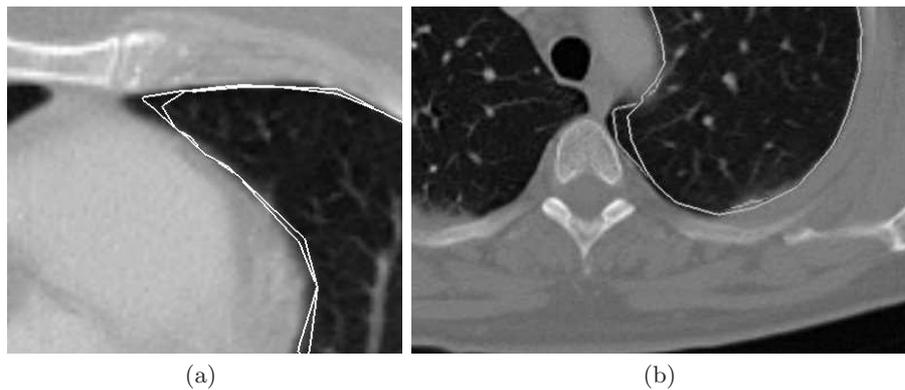


Abb. 2. Anpassungsvergleich mit lokalen Deformationskriterien (äußere Kontur) und globaler Deformation (innere Kontur) am Beispiel der Lunge.

Tabelle 1. Vergleich des vorgestellten Verfahrens mit einer rein manuellen Segmentierung: Overlap, Hausdorffdistanz und Meandistanz.

Datensatz	Overlap (%)	Hausdorff distance [mm]	Directed mean distance [mm]
1	93,4128	5,91608	1
2	89,6226	4	1,44893
3	91,9572	4,24264	0,894803
4	91,6669	3,60555	1,28258
5	83,0047	4,89898	1,09193
6	93,8307	3,60555	0,640362
7	92,9281	5,38516	0,832997
8	90,9722	8,12404	1
9	94,2979	3,16228	0,545073
10	92,7521	5	0,579791

das vorgestellte Verfahren mit einer rein manuellen Segmentierung verglichen. Datensatz Nr. 5 weist eine starke Abweichung auf, da Teile des Nierenbeckens segmentiert wurden.

4 Diskussion

Die durchgeführten Tests haben gezeigt, dass eine Pro-Punkt-Definition interner und externer Energien sowie aller Anpassungskriterien die Flexibilität der Segmentierung erhöht. Der Vorteil des vorgestellten Verfahrens zeigt sich vor allem

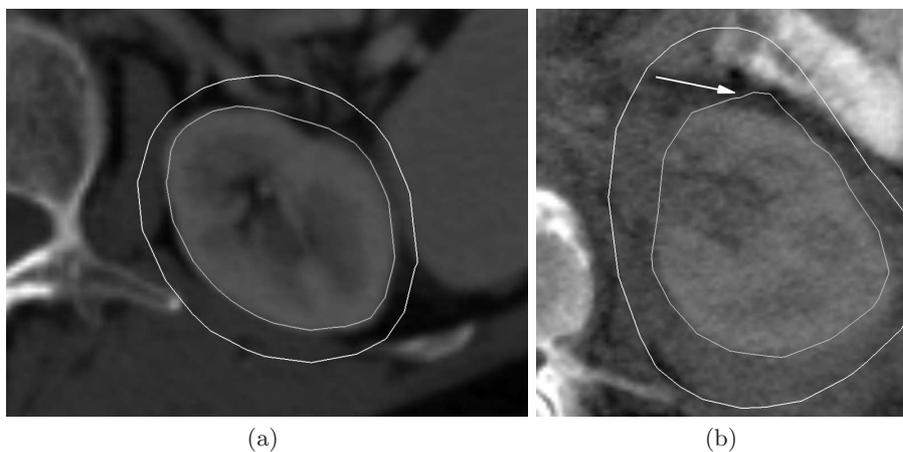


Abb. 3. Initialisierung (äußere Kontur) und Endkontur (innere Kontur). (a) Anpassungsergebnis eines CT-Nierendatensatzes (3 Iterationen). (b) Zu hohe lokale Deformation zieht das Modell in Richtung eines hohen Gradienten (Pfeil) (9 Iterationen).

an anatomischen Stellen, welche erfahrungsgemäß hohe Krümmungen aufweisen. Die Anpassung kann hier genauer erfolgen und erspart somit eine manuelle Nachbesserung. Allerdings sollte das Modell insgesamt eine gewisse Starrheit behalten, da das Ergebnis sonst zu stark von der Initialisierung abhängt, was wiederum zu Fehldeformationen führen kann. Mit der erhöhten Komplexität, die das Verfahren mit sich bringt, steigt auch der Aufwand der Modellgenerierung an. Insbesondere im Fall der Anpassungskriterien, welche zum Teil auf den Grauwerten des Datensatzes beruhen, macht sich dies bemerkbar. Hier stellt eine automatische Bestimmung der Anpassungskriterien als Vorverarbeitung und auf Grundlage der Initialisierungsposition eine weitere Erhöhung der Robustheit des Verfahrens in Aussicht.

Literaturverzeichnis

1. Heimann T, Meinzer HP, Wolf I. A statistical deformable model for the segmentation of liver CT volumes. *Procs MICCAI*. 2007; p. 161–166.
2. Zambal S, Hladuvka J, Bühler K, et al. A fully automatic system for segmentation and analysis of the left and right ventricles of the heart using a bi-temporal two-component model. *Int J Computer Assist Radiol Surg*. 2007; p. 93–94.
3. Zhen Y, Barbu A, Georgescu B, et al. Fast automatic heart chamber segmentation from 3D CT data using marginal space learning and steerable features. *Procs ICCV*. 2007; p. 1–8.
4. Lorenz C, v Berg J. A comprehensive shape model of the heart. *Med Image Anal*. 2006;10(4):657–670.
5. Costa MJ, Delingette H, Ayache N. Automatic segmentation of the bladder using deformable models. *Procs ISBI*. 2007; p. 904–907.
6. Kainmüller D, Lange T, Lamecker H. Shape constrained automatic segmentation of the liver based on a heuristic intensity model. *Procs MICCAI 2007 Workshop Proceedings: 3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge*. 2007; p. 109–116.
7. VOXEL-MAN Group. VOXEL-MAN Organ Atlas. University Medical Center Hamburg-Eppendorf.
8. Wolf I, Vetter M, Wegner I, et al. The medical imaging interaction toolkit (MITK) a toolkit facilitating the creation of interactive software by extending VTK and ITK. *Procs SPIE*. 2004; p. 16–27.