Segmentierung und Volumenbestimmung gesunder und pathologischer Hirnstrukturen aus dreidimensionalen MRT Datensätzen

Zellerhoff M. (1), Reul J. (1), Klusmann A. (3), Schwarz M. (2)

(1) Abteilung für Neuroradiologie, Universitätsklinikum der Rheinisch-Westfälischen Technischen Hochschule Aachen
(2) Neurologische Klinik, Universitätsklinikum der Rheinisch-Westfälischen Technischen Hochschule Aachen
(3) Interdisziplinäres Zentrum für Klinische Forschung (IZKF): "Prävention und Kompensation von Störungen des Zentralnervensystems (ZNS)", Universitätsklinikum der Rheinisch-Westfälischen Technischen Hochschule Aachen

marcz@izkf.RWTH-Aachen.DE (Marc Zellerhoff)

Ziel der Arbeit ist es, mittels kommerzieller Software die Möglichkeiten, die Genauigkeit sowie die Anwenderfreundlichkeit zur Weiter- und Nachbearbeitung von MRT Daten zu überprüfen. Nach der Übertragung von 3D-MRT-Datensätzen eines gesamten Gehirns auf eine Sparc 20 Workstation werden diese mit dem Programm ANALYZE segmentiert und volumetriert. In einer Vorphase wird die interindividuelle sowie die intraindividuelle Schwankungsbreite unter Verwendung von in vitro Modellen ermittelt. In der klinischen Phase wird die Software zur Evaluation der Auswirkungen von isolierten Stammganglienblutungen im Vergleich zu ischämischen Stammganglieninfarkten auf die höheren kortikalen Funktionen genutzt. Darüber hinaus werden Messungen von Hirngesamt- und teilvolumina an Probanden und an Patienten durchgeführt.

Keywords: MRI, Volumetrie, ANALYZE, Stammganglienblutung, Segmentierung

1 Einleitung

Grundfragestellung dieser noch nicht abgeschlossenen Arbeit ist das Problem, ob mit kommerziell verfügbarer Software eine zumindest teilautomatisierte Segmentierung komplexer zentralnervöser Strukturen möglich ist. Die quantitative Erfassung gesunder und pathologischer Hirnstrukturen in 3D MRT-Datensätzen kann Medizinern als zusätzliches Kriterium bei der Bewertung und Behandlung zerebraler Erkrankungen dienen. An einer konkreten Aufgabenstellung werden einige Einsatzmöglichkeiten des Programmes ANALYZE evaluiert.

2 Ziel und Methodik

2.1 Medizinisches Ziel

Das Programm ANALYZE soll u.a. zur Evaluation der Auswirkungen isolierter Stammganglienblutungen auf die Funktion benachbarter kortikaler Regionen im Vergleich zum ischämischen Stammganglien-Infarkt genutzt werden. Es besteht die konkrete Fragestellung, ob die

bei Infarkten nachgewiesene kortikale Funktionsstörung Folge des ischämischen Defizits oder Auswirkung einer durchblutungsunabhängigen neuronalen Inhibition ist [1]. Weiterhin sollen Auswirkungen verschiedener exogener Noxen auf das Zentralnervensytem im Hinblick auf die Veränderung des Hirnvolumens (Intoxikationen, Medikamente, körperliche Belastungen) untersucht werden.

Hierzu werden die volumetrische Vermessung der Blutungen sowie Hirngesamtvolumen und Teilvolumina benötigt, um einen Vergleich der einzelnen Hemisphärenvolumina zueinander und in Relation zum Gesamtvolumen der Gehirnmasse aufstellen zu können.
Es besteht die Frage, inwieweit die Analyse der MRT-Datensätze objektive Kriterien zur Verfügung stellen kann (z.B.: Wie genau lassen sich Volumendifferenzen zwischen den Hemisphären bestimmen?). Besonders berücksichtigt wird dabei die Möglichkeit, eine automatisierte Analyse ohne Verlust der Genauigkeit zu realisieren.

2.2 Verwendete Software

Für die Weiterverarbeitung der MRT-Datensätze wird das Programm ANALYZE [2] verwendet. Mittels einzelner Unterprogramme können die Daten betrachtet, segmentiert und volumetriert werden.

Mittels sog. „Region-Growing-Verfahren“ werden konsekutiv auf den einzelnen Schichten die entsprechenden Bereiche segmentiert und nachfolgend als Gesamtvolumen berechnet.

Die Software stellt zur Volumenberechnung zwei Verfahren (Tools) bereit, den „Volume Render“ (VR) und das „Region Of Interest“ (ROI). Beide Verfahren berechnen das Volumen durch die Multiplikation der gemessenen Anzahl von Voxeln im Meßbereich mit dem Voxelvolumen. Das VR ermittelt die Anzahl der Voxel mittels „3-D Region Growing“ anhand räumlich zusammenhängender Voxel. Das ROI führt ein „2-D Region Growing“ durch. Kriterien zur Strukturabgrenzung sind hier die räumliche Verbindung und ein interaktiv definierbarer Grauwertebereich (Voxelintensität).

2.3 Methodische Schwierigkeiten

Die Analyse der 3D MRT-Datensätze wird durch Parameter der Akquisition und der Nachbearbeitung beeinflußt.

2.3.1 Datenakquisition

Je nach Aufnahmesequenz, Proband und Gerät unterliegt die MRT-Aufnahme einer Vielzahl von Artefakten. Für die Auswertung der vorliegenden Daten sind insbesondere Feldinhomogenitäten, Chemical Shift Artefakte, Bewegungs- und Einfaltungsartefakte und Pulsationsartefakte [3] zu berücksichtigen.

2.3.2 Bei der Nachbearbeitung

Die zuverlässige Definition anatomischer und pathologischer Strukturen und deren Abgrenzungen in den MRT-Bildern ist problematisch. Für quantitative Aussagen ist der Einfluß der Partialvolumina zu bewerten. Weiterhin muß die Abgrenzbarkeit von gesunden anatomischen Strukturen auf Chemical Shift und Suszeptibilitätsartefakte geprüft werden. Von besonderem Interesse ist die Frage, inwieweit diese Abgrenzung automatisierbar ist.

Bei Blutungen verändert sich das Signalverhalten in den einzelnen Sequenz-Wichtungen (T1,T2) mit dem Alter der Blutung, so daß der Zeitpunkt der Aufnahme bei der Bildanalyse berücksichtigt werden muß.

Daher ist bei automatisierter Auswertung zu klären, inwieweit das Programm relevante anatomische und pathologische Strukturen und deren Normvarianten erkennen kann.
Die interaktive Auswertung unterliegt der untersucherabhängigen intraindividuellen Streubreite sowie interindividuellen Schwankungen.

2.4 Lösungsansätze

Zur Artefaktreduktion bilden optimale Aufnahmevorbereitungen und Untersuchungsbedingungen wie stabile Lagerung des Patienten und Shimmen des Magnetfeldes die Basis. Eine Bestimmung der methodenspezifischen Abweichungen (Fehlerbreite) kann durch vorausgehende Phantommessungen erfolgen.

Das Erstellen von präzisen Vorgaben für die Datenakquisition, die Segmentierung und die Volumetrierung ermöglicht reproduzierbare Ergebnisse bei unterschiedlichen Benutzern.
Bereits in den Vorversuchen zeigte sich, daß eine annähernd automatisierte Auswertung mit den grauwertbasierten Algorithmen [4], die die Software zur Verfügung stellt, nicht möglich ist. Daher wird versucht, eine semiautomatische Methode zu optimieren. Hierfür sind anatomische und neurofunktionale Vorkenntnisse nötig, da nur der trainierte und anatomisch vorgebildete Untersucher optisch kontrollieren und korrigieren kann.

3 Durchführung

3.1 Experimentelle Vorphase

In einer experimentellen Vorlaufphase werden in der MRT einfache und komplexe dreidimensionale Modelle mittels einer T1 gewichteten 3D-FLASH Sequenz aufgenommen [5] und anschließend von unterschiedlichen Auswertern mehrfach segmentiert. Damit wird die intra- und interindividuelle Variabilität der Messungen überprüft und die Streubreite bestimmt. Da die Volumina der Modelle bekannt sind, kann gleichzeitig die anatomische Genauigkeit der Auswerteprogramme geprüft werden. Die rein manuelle Segmentierung der Volumina wird mit der Semiautomatischen verglichen.

3.2 Klinische Phase

Im klinischen Teil werden die Hirnvolumina von Patienten mit Stammganglienblutungen und Stammganglieninfarkten sowohl in der Akutphase als auch im zeitlichen Verlauf bestimmt. Hirnvolumen, Hemisphärenvolumen sowie Blutungsvolumen werden ermittelt. Es soll evaluiert werden, ob und wie weit es im Verlauf zu lokalen oder globalen Hirnvolumenminderungen (Atrophien) kommt.

4 Erste Ergebnisse

Die Darstellung der ersten Ergebnisse bezieht sich speziell auf die Problematik der interaktiven Nachbearbeitung und auf die Volumenberechnung.

4.1 Meßgenauigkeit am Modell durch einen Untersucher

Das Referenzvolumen des verwendeten Modells (Hoffman 3D Brain Phantom) [6] wird im Vorfeld ermittelt. Ergebnis: Mittelwert: 1098,2ml; Standardabweichung: 2,28 ml.
Mit der Software werden drei Segmentierungsschritte durchgeführt: Eine grobe Abgrenzung der Struktur, eine genauere Bearbeitung der Kanten und ein Nachbearbeitungsschritt zur Detailkorrektur. Dabei wird die halbautomatische Segmentierung verwendet. Danach erfolgt die

Volumenmessung mit dem Software-Tool ROI in den Grundeinstellungen. Tabelle 1 zeigt die ermittelten Werte:

Messung	Volumen (ml)	Zeit (min)	Abweichung vom gemessenen Wert (1098,2ml)
1	1.097	56	-1,2
2	1.107	62	+8,8
3	1.101	58	+2,8
4	1.106	54	+7,8
5	1.099	56	+0,8
Mittelwert	1.102		+3,8
Standardabweichung	4,36		

Tabelle 1: Volumenmessungen des 3D Hoffman Phantoms

4.2 Genauigkeit bei der Messung eines Gesamthirnvolumens durch einen Untersucher

Es wird ein Segmentationsdurchlauf mit halbautomatischer Segmentierung durchgeführt. Danach wird das Volumen mit den Tools Volume Render (VR) und Region of Interrest (ROI) in den Standardeinstellungen bestimmt. Tabelle 2 zeigt die ermittelten Werte:

Nummer	Volumen ROI (ml)	Volumen VR (ml)	Abweichung
1	1.480,11	1.485,28	5,17
2	1.470,83	1.479,35	8,52
3	1.469,19	1.474,22	5,03
4	1.492,24	1.498,78	6,54
5	1.474,43	1.481,11	6,68
6	1.473,60	1.480,22	6,62
7	1.486,22	1.492,31	6,09
8	1.472,01	1.482,79	10,78
9	1.486,15	1.488,73	2,58
10	1.488,71	1.497,21	8,50
Mittelwert	1.479,35	1.486,00	6,65
Standardabweichung	8,40	8,08	2,25

Tabelle 2: Messungen des Hirnvolumens an einem realen Datensatz

5 Diskussion

Die automatische Segmentierung, die sich an vorgegebenen Grauwerten orientiert, greift nur bei einfachen Oberflächen und führt schon bei komplexeren Modellen zu nicht verwertbaren Ergebnissen. Aufgrund der Bildqualität und der Komplexität der Hirnstrukturen ist ein Verfahren, das Voxelintensitäten als Kriterium verwendet, nicht ohne Korrektur einsetzbar.

Im Gegensatz hierzu lassen sich mit der manuellen Segmentierung, bei der jede einzelne Schicht gesondert bearbeitet wird, genauere Ergebnisse erzielen. Dies ist jedoch mit erheblichem Zeitaufwand verbunden.

Unsere Versuche und ihre ersten Ergebnisse zeigen die Tendenz, daß die halbautomatische Segmentierungsform den besten Kompromiß zwischen genauen Ergebnissen und vertretbarem Zeitaufwand darstellt (beim trainierten Untersucher ungefähr eine Stunde).

Die Untersuchung des 3D Hoffman Modells weist darauf hin, daß das interaktive zweidimensionale Region-Growing zufriedenstellend genaue Ergebnisse liefern kann. Die drei Iterationen der Segmentierung ermöglichen eine genauere Strukturerkennung vor allem an den Randzonen. Dies wird jedoch wiederum mit einem erhöhten Zeitaufwand erkauft.

Zwischen den Ergebnissen der beiden Verfahren ROI und VR bestehen geringfügige Unterschiede, die möglicherweise auf Ungenauigkeiten im Rechenalgorithmus zurückzuführen sein könnten.

Eine zufriedenstellend genaue Volumetrie innerhalb der komplexen Strukturen des zentralen Nervensystems ist mit der verwandten Software nur möglich, wenn der Untersucher aufgrund seiner anatomischen und neurofunktionalen Kenntnisse interaktiv korrigierend eingreift.

Literatur

[1] Weiller C., Ringelstein B., Reiche W., Thron A., Büll U.: *The large Striatocapsular Infarct,* In: Archieves of Neurology (1085-1091), 1990 Vol 37.

[2] Robb R.A.: *3-D Visualization and Analysis of Biomedical Images Using ANALYZE,* In: Lembke H.U., Rhodes M.L., Jaffe C.C.: Computer assisted radiology, Springer, (685-698), 1991.

[3] Lissner J., Seiderer M.: *Klinische Kernspintomographie*, Ferdinand Enke Verlag 2.Aufl., Stuttgart 1990.

[4] Johnson L.A., Pearlman J.D., Miller C.A., Young T.I., Thulborn K.R.: *MR Quantification of Cerebral Ventricular Volume Using a Semiautomated Algorithm*, In: American Journal of Neuroradiology, (1373-1378), 1993 Nov/Dec.

[5] Manzar A., Zito J.L., Gold B.I., Lieberman J.A., Borenstein M.T., Herman P.G.: *Computerized Volume Measurement of Brain Structure*, Department of Radiology, Long Island Jewsh Medical Center, New York, (798-805) 1989.

[6] Hoffman E.J., Cutler P.D., Digby W.M., Mazziotta J.C.: *3-D Phantom to Simulate Cerebral Blood Flow and metabolic Images for PET*, In: IEEE Transactions on Nuclear Science, Los Angeles, (616-620), 1990 No. 2.