

# Detektion von Koronararterien

## Das Beste aus zwei Welten

Andreas Grünauer<sup>1</sup>, Sebastian Zambal<sup>2</sup>, Katja Bühler<sup>1</sup>

<sup>1</sup>VRVis Zentrum für Virtual Reality und Visualisierung Forschungs-GmbH, Wien

<sup>2</sup>Agfa Healthcare

gruenauer@vrvis.at

**Kurzfassung.** Die vorliegende Arbeit stellt einen neuen Algorithmus zur hochgenauen und möglichst vollständigen Detektion von Koronararterien vor. Hierfür werden Ansätze der zwei höchstplatzierten Algorithmen des Wettbewerbs „A Grand Challenge in the Clinic II“ (MICCAI 2008) verknüpft, erweitert und optimiert. Die Ergebnisse zeigen, dass der Algorithmus bei leicht verbesserter Genauigkeit einen wesentlich höheren Overlap erzielt als der Gewinneralgorithmus der automatischen und semi-automatischen Kategorie.

## 1 Einleitung

In der erweiterten Diagnostik koronarer Herzkrankheiten kommt neben der konventionellen Koronarangiographie vermehrt die CT-Koronarangiographie zum Einsatz. Sie ermöglicht eine detaillierte Beurteilung der Herzkranzgefäße und eventuell vorliegender Stenosen. Um Radiologen hierbei durch computerassistierte Diagnosemethoden zu unterstützen sind unter anderem schnelle und robuste Verfahren zur Bestimmung des Verlaufs der Koronargefäße erforderlich.

Im Rahmen der MICCAI 2008 Konferenz wurde das „Rotterdam Coronary Artery Algorithm Evaluation Framework“ [1] präsentiert, das einen objektiven (bzw. quantitativen) Vergleich verschiedener Algorithmen zur Extraktion von Koronararterien ermöglicht. Dieses Framework war die Bewertungsgrundlage des im Zuge der Konferenz abgehaltenen Wettbewerbs „3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge II“. Ausgangspunkt der vorliegenden Arbeit ist der Ansatz von Zambal et al. [2], der sowohl in der vollautomatischen, als auch in der semi-automatischen Kategorie den 1. Platz belegte. Dieser Ansatz kann als Top-Down-Methode angesehen werden, die ausgehend von den Wurzeln der beiden Hauptstämme sukzessive die beiden Gefäßbäume aufbaut. Die Stärke dieses Ansatzes liegt in der Robustheit und der hohen Genauigkeit der extrahierten Mittellinie der Herzkranzgefäße. Dem gegenüber steht allerdings die Anfälligkeit für vorzeitiges Terminieren in kontrastmittelarmen Regionen, die sich negativ auf den Deckungsgrad (Overlap) der zu untersuchenden Gefäße auswirkt.

Andere Methoden wie die von Bauer et al. [3] und Szymczak [4] überzeugen dagegen mit einem hohen Deckungsgrad. Sie verfolgen einen Bottom-Up-Ansatz, bei dem zunächst global kleinere Gefäßsegmente berechnet werden, die anschließend zu einem Gefäßbaum verbunden werden.

Die in diesem Paper vorgestellte Methode zur Extraktion von Koronargefäßverläufen vereint die Stärken beider Ansätze: Die genaue Detektionsmethode für einzelne Teilsegmente von Zambal et al. wird mit einem neuen Bottom-Up-Ansatz zur Rekonstruktion des Gefäßbaumes mit dem Ziel kombiniert, Gefäßabschnitte über kontrastmittelarmer Regionen hinweg robuster zu verbinden und somit – unter Erhaltung der Genauigkeit – den Overlap zu erhöhen.

## 2 Material und Methoden

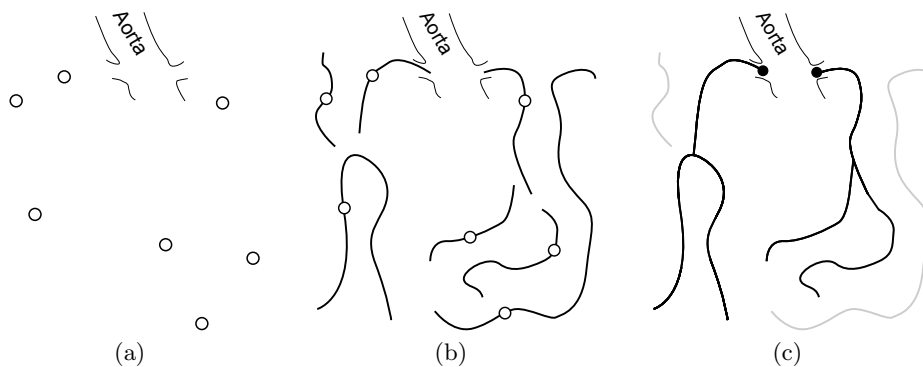
### 2.1 Algorithmus

Der von uns vorgeschlagene Algorithmus zur Detektion der Koronargefäße gliedert sich in 3 Phasen (Abb. 1):

**Phase 1: Bestimmung von Initialisierungspunkten.** Zunächst werden Initialisierungspunkte für Gefäße in der gesamten Herzregion bestimmt. Um den Suchraum frühzeitig einzuschränken wird ein einfaches Verfahren angewandt, das ausgehend vom Mittelpunkt des Volumens mittels Kantendetektion und First-Hit Raycasting Übergänge zwischen Herzmuskel und Lungengewebe detektiert. Mittels der resultierenden Maske werden herzfremde Regionen (Lunge, etc.) großteils ausgeblendet.

Basis für die Berechnung von Initialisierungspunkten ist das von Zambal et al. vorgestellte Verfahren zur Detektion von Kandidaten für die Gefäßbaumwurzeln. Das Verfahren wurde aber in Hinblick auf Allgemeinheit, Robustheit und Anzahl der falsch positiven Ergebnisse modifiziert und verbessert.

Zur Berechnung von Initialisierungspunkten wird für jedes Voxel überprüft, ob dieses auf der Oberfläche eines Gefäßes lokalisiert ist. Unter der Annahme einer zylindrischen Form der Gefäßverläufe wird zunächst mittels Gradient die Normale auf die Gefäßoberfläche (erste Achse) bestimmt. Durch First-Hit-Raycasting werden Gefäßdurchmesser und Gefäßmittelpunkt ermittelt. Auf



**Abb. 1.** Ergebnisse der drei Phasen des Algorithmus: Initialisierungspunkte inkl. Orientierung (a), Extraktion der Gefäßsegmente (b), Erweiterung der Baumstruktur (c).

ähnliche Weise wird die zweite Achse normal zur ersten berechnet. Nur Gefäßmittelpunkte, für deren Berechnung alle Kriterien (Schwellwerte für Gradienten, Längenverhältnis der Achsen) zutreffen, werden als Initialisierungspunkte klassifiziert. Durch obige Berechnungen können Radius und Orientierung des Gefäßes an der entsprechenden Position abgeleitet werden.

**Phase 2: Extraktion der Gefäßsegmente.** Ausgehend von jedem Initialisierungspunkt wird ein Gefäßsegment extrahiert, wobei mit zylinderähnlichen Modellen der Gefäßverlauf in beide Richtungen verfolgt wird. Initialisierungspunkte, die bereits innerhalb eines detektierten Segments liegen, werden im Weiteren nicht mehr behandelt. Dieser Ansatz orientiert sich im Wesentlichen an der Methode von Zambal et al., wobei allerdings keine Bifurkationen einzelner Segmente berechnet werden. Das Ergebnis der Extraktionsphase ist eine Menge an unverbundenen, verzweigungsfreien Gefäßsegmenten.

**Phase 3: Generieren der Baumstruktur.** Jedes Gefäßsegment besteht aus einer Folge von Stützstellen bzw. Knoten. Diese werden in Phase 3 (Abb. 1a) zu zwei kompletten Gefäßbäumen zusammengefügt. Ausgehend von den zwei vom Benutzer markierten Wurzeln der Koronararterienbäume werden die Gefäßbäume aufgebaut. Initial repräsentiert jedes Wurzelsegment einen Baum. In jeder Iteration wird nun versucht den bestehenden Baum durch Hinzufügen von Segmenten zu erweitern. Kann keine Erweiterung mehr gefunden werden, terminiert der Algorithmus. Für eine Erweiterung werden drei verschiedene Verbindungen in folgender Reihenfolge in Betracht gezogen:

1. *I-Verbindung:* Von Endknoten des aktuellen Baumes zu Endknoten eines noch freien Segments
2. *T-Verbindung:* Von Endknoten des aktuellen Baumes zu innerem Knoten eines noch freien Segments
3. *Y-Verbindung:* Von inneren Knoten des aktuellen Baumes auf Endknoten eines noch freien Segments

D.h., eine Erweiterung durch I-Verbindung wird einer Erweiterung durch T-Verbindung vorgezogen. Eine T-Verbindung wird wiederum einer Y-Verbindung vorgezogen. Die Reihenfolge, in der Knoten beider Bäume nach Verbindungen abgesucht werden, richtet sich nach der Länge ihres Pfades zur jeweiligen Wurzel. Dadurch wachsen beide Bäume parallel und es wird verhindert, dass Segmente einem Gefäßbaum zugeordnet werden, die für den anderen Baum eine optimalere Verbindung darstellen würden.

## 2.2 Evaluierungsframework

Für die Evaluierung des Algorithmus wurde das „Rotterdam Coronary Artery Algorithm Evaluation Framework“ herangezogen. Das Framework evaluiert auf Basis von 32 CTA Datensätzen, auf denen jeweils vier Koronararterien von erfahrenen Spezialisten markiert wurden. Die Referenzverläufe von 8 Datensätzen

stehen als Trainingsbasis den Entwicklern zur Verfügung. Die Referenzverläufe für die anderen 24 Datensätze sind nicht verfügbar. Die Evaluierung dieser 24 Datensätze kann nur online erfolgen. Zum Überprüfen unserer Hypothesen (besserer Overlap unter Erhaltung der Genauigkeit) verwenden wir zwei der vom Framework zur Verfügung gestellten Metriken: Gefäßüberlappung und Genauigkeit innerhalb des Gefäßes. Gefäßüberlappung (Overlap, kurz OV) gibt an, wieviel Prozent der Referenzlösung von der berechneten Lösung abgedeckt werden. Die Genauigkeit innerhalb des Gefäßes (Accuracy inside vessel, kurz AI) gibt den mittleren Abstand (in mm) zwischen berechnetem Gefäßverlauf und Referenzlösung an, berücksichtigt dabei aber nur Gefäßverläufe, die innerhalb des Referenzgefäßes liegen.

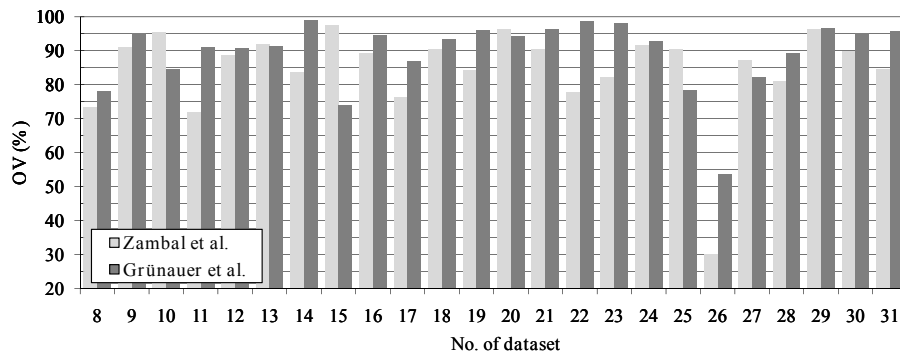
### 3 Ergebnisse

Die Evaluierung auf den 24 Testdatensätzen (Abb. 2) ergibt eine Gesamtverbesserung des Overlaps um 4.8 % von 84.7 % auf 89.5 %. Besonders signifikant ist die Verbesserung bei Datensatz 26 (Abb. 3), der einen hohen Grad an Stenosen aufweist. Hier konnte der Overlap von zuvor 30.1 % auf 53.8 % verbessert werden.

Die Genauigkeit innerhalb der Gefäße (AI) hat sich um 0.04 mm von 0.28 mm auf 0.24 mm verbessert. Sie liegt damit deutlich unter der durchschnittlichen Voxelgröße der Datensätze (ca. 0.30 mm) und ist nur um 0.01 mm geringer als die des Gewinners des MICCAI-Wettbewerbs in der interaktiven Kategorie [5].

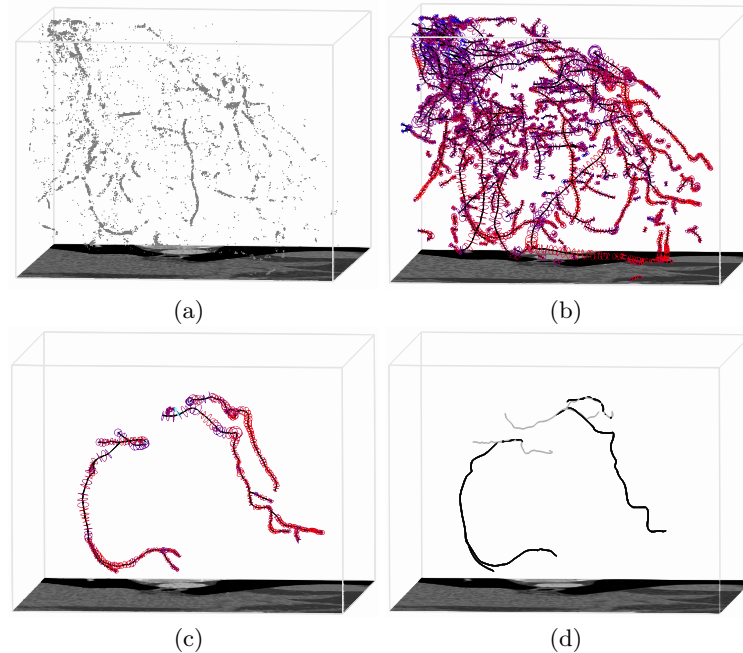
### 4 Diskussion

Alles in allem wurden die gesteckten Ziele erreicht: Bei leichter Verbesserung der von Zambal erreichten Genauigkeit konnte ein verbesserter Overlap erzielt



**Abb. 2.** Vergleich des Overlaps (OV) der 24 Testdatensätze des Evaluierungsframeworks zwischen der Methode von Zambal et al. (hellgrau) und Grünauer et al. (dunkelgrau).

**Abb. 3.** Datensatz 26: (a-c) Ergebnisse der drei Phasen des Algorithmus, (d) Vergleich der Lösungen von Zambal (grau) und Grünauer (schwarz).



werden. Es bestätigt sich, dass der vorgeschlagene Algorithmus Gefäße robuster über kontrastmittelarmer Regionen hinweg verfolgen kann. Aufgrund der neu eingeführten Heuristiken bei der Segmentzusammenführung ist allerdings bei 6 Datensätzen ein schlechterer Overlap als bei Zambal aufgetreten, wobei 3 Datensätze eine Verringerung von mehr als 5 % aufweisen. Um mit diesen Fällen korrekt umzugehen, bedarf es einer differenzierteren Behandlung von anatomischen Variationen, die in der jetzigen Arbeit noch nicht umgesetzt wurde.

## Literaturverzeichnis

1. Schaap M, Metz CT, van Walsum T, et al. Standardized evaluation methodology and reference database for evaluating coronary artery centerline extraction algorithms. *Med Image Anal.* 2009;13(5):701–14.
2. Zambal S, Hladuvka J, Kanitsar A, et al. Shape and appearance models for automatic coronary artery tracking. *Proc MICCAI.* 2008.
3. Bauer C, Bischof H. Edge based tube detection for coronary artery centerline extraction. *Proc MICCAI.* 2008.
4. Szymczak A. Vessel tracking by connecting the dots. *Proc MICCAI.* 2008.
5. Friman O, Kühnel C, Peitgen HO. Coronary centerline extraction using multiple hypothesis tracking and minimal paths. *Proc MICCAI.* 2008.