Segmentierung medizinischer Bilddaten unter Verwendung eines automatisch generierten patientenspezifischen Gewebemodells und Superquadriken

Catherina Burghart, Arno Pernozzoli, Jörg Raczkowsky,

Ulrich Rembold, Heinz Wörn

Institut für Prozeßrechentechnik und Robotik
Universität Karlsruhe
76128 Karlsruhe
e_mail: burghart@ira.uka.de

Zusammenfassung. Im folgenden Artikel wird ein von uns entwickelter wissenbasierter Ansatz zur Segmentierung medizinischer Bilddaten beschrieben. Mit einem automatisch erstellten, aufnahmespezifischen Gewebemodell wird die Nutzung von Information über die Grauwertverteilung im inneren der zu segmentierenden anatomischen Strukturen ermöglicht. Das Gewebemodell unterstützt die Schätzung von Lage, Orientierung und Form der in einer Wissensbasis modellierten Strukturen. Die geometrische Modellierung anatomischer Strukturen wird mit Hilfe von verformbaren Superquadriken realisiert. Eine genaue Anpassung an die Umrisse der zu segmentierenden Objekte wird durch aktive Konturen erreicht. Mit Hilfe dieses mehrstufigen Verfahrens ist die genaue Segmentierung anatomischer Strukturen mit geringem zeitlichen Aufwand, ohne Benutzerinteraktion möglich.

Schlüsselwörter: Wissensbasierte Segmentierung, Superquadriken, Gewebemodell.

1 Einleitung

Der von uns entwickelte Ansatz basiert auf einem mehrstufigen Prozeß, welches eine Vorverarbeitung der zugrundeliegenden Tomographieaufnahme (CT,MRT) sowie die automatische Berechnung eines Gewebemodells und die Anpassung geometrischer Modelle an die gesuchten anatomischen Strukturen einschließt. Die Glättung mittels eines kantenerhaltenden Filters und die Extraktion der Bildkanten für die drei Hauptebenen der Tomogrammaufnahme bilden zusammen den Vorverarbeitungsschritt. Die so gewonnenen Daten werden der zweiten Prozeßstufe übergeben, welche die automatische Berechnung des aufnahmespezifischen Gewebemodells und die Anpassung der geometrischen Modelle mittels eines genetischen Optimierungsalgorithmus beinhaltet.

2 Berechnung des Gewebemodells

Homogene Bildbereiche in CT- und MRT-Aufnahmen charakterisieren die für die Segmentierung interessanten anatomischen Strukturen. Durch eine Analyse dieser

Bereiche kann ein Gewebemodell gewonnen werden, welches den darauffolgenden Schätzprozeß für Lage, Orientierung und Form der gesuchten anatomischen Struktur unterstützt.

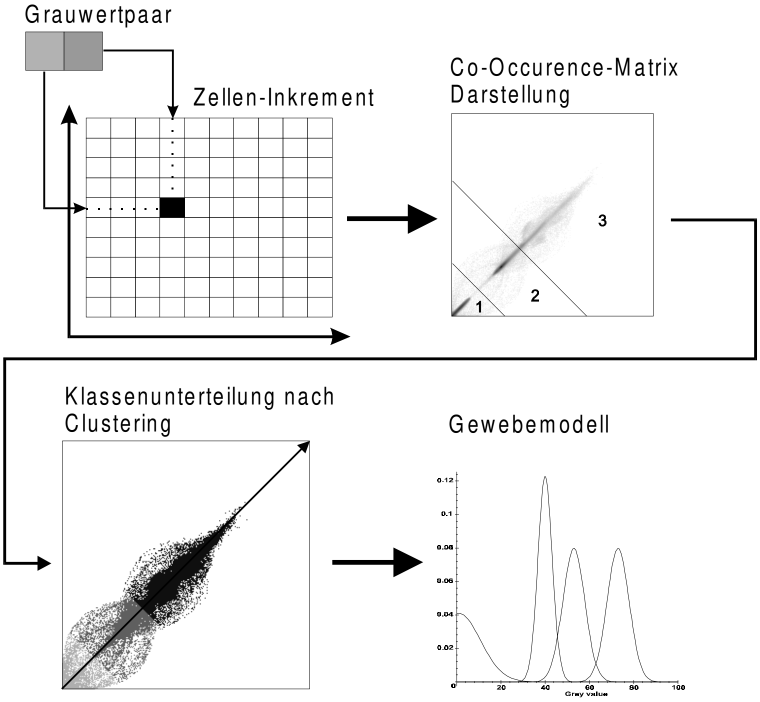

Abb. 1: Der Prozeß zur Berechnung des Gewebemodells.

Die Häufigkeit des Auftretens einer Grauwertkombination bezüglich einer direkten Nachbarschaftsrelation (8er Umgebung) in der gegebenen Aufnahme wird in die Grauwertübergangsmatrix (*cooccurrence*-Matrix) eingetragen [1]. Nachdem dieser Schritt für alle Bildpunkte stattgefunden hat, wird ein häufigkeitsbasiertes Clustering-Verfahren unter Vorgabe der Anzahl an Gewebeklassen auf die zuvor berechnete Grauwertübergangsmatrix angewendet. Betrachtet man die Projektion der erhaltenen Klassenunterteilung (Abb. 1) auf der Hauptdiagonalen der *cooccurrence*-Matrix, so erhält man den Mittelwert und die Varianz des Grauwerts für die unterschiedlichen Gewebeklassen. Daraus läßt sich nun ein Modell für die statistische Verteilung von Grauwerten in homogenen Bildbereichen gewinnen, welches charakteristisch für die in der Aufnahme auftretenden Gewebearten ist. Dieser Prozeßschritt findet ohne Interaktion mit dem Benutzer statt. Lediglich die Anzahl der erwarteten Gewebearten muß als a-priori-Wissen eingebracht werden.

3 Modellierung und Erkennung anatomischer Strukturen

Die gesuchten anatomischen Strukturen werden mit Hilfe von verformbaren Superquadriken [2] (Abb. 2) modelliert. Grenzwerte für Lage, Orientierung und die Verformungsparameter der geometrischen Modelle, sowie die erwartete Gewebeklasse werden einer Wissensbasis entnommen. Jedes Modell wird nun gezielt im Bild gesucht. Ein genetischer Optimierungsalgorithmus wird zur Anpassung der Superquadrikmodelle an die gegebenen Bildkanten verwendet. Im Unterschied zu bisherigen Verfahren nutzen wir zur Anpassung allerdings auch die Information über die Grauwertverteilung im inneren der zu segmentierenden Objekte. Das zuvor berechnete Gewebemodell hilft hierbei zu überprüfen, inwieweit die in der Wissensbasis vorgegebene Gewebeklasse der Grauwertverteilung in der durch die Superquadrik eingeschlossenen Region entspricht. Diese Verfahrensweise führt zu weitaus besseren Schätzungen der Modellpositionen und zu niedrigeren Ausführungszeiten im Vergleich zu Verfahren, die lediglich eine Anpassung an Regionenkonturen vornehmen.

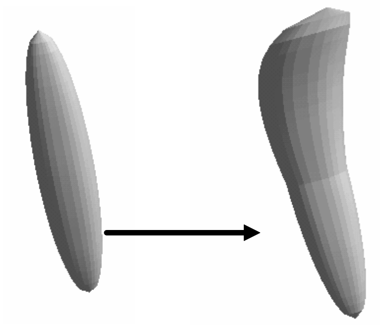

Abb. 2: Verformung einer ellipsoidförmigen Superquadrik

Leider können verformbare Superquadriken die Form einer anatomischen Struktur nur grob approximieren, so daß ein weiterer Schritt zur genauen Formanpassung notwendig ist. Hierzu werden aktive Konturen (*Snakes*) [3] verwendet. Die Anpassung an Bildkanten durch Snakes gehört inzwischen zu den Standardverfahren in der 2D-Bilderkennung, zum Beispiel beim Lippenlesen (Abb. 3).

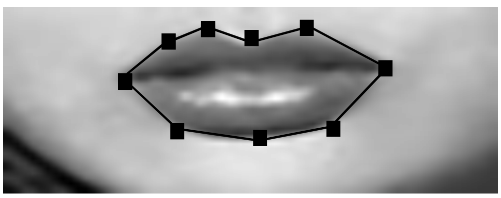

Abb. 3: Unterstützung von Spracherkennung durch Lippenlesen, ein typisches Anwendungsgebiet für aktive Konturen.

Aus der zuvor angepaßten Superquadrik werden entsprechend der Schichten im Tomogramm Schnitte berechnet, die als Initialisierung für eine aktive Kontur interpretiert werden können. Die Anpassung der aktiven Kontur findet durch die Minimierung einer Energiefunktion statt, die sich aus der Summe einer internen und einer externen Energiekomponente zusammensetzt. Die externe Energiekomponente erreicht in der Nähe von Bildkanten ein niedriges Niveau. Die interne Energiekomponente beschreibt die lokale Krümmung an den Stützstellen der aktiven Kontur. Die Minimierung der Energiefunktion einer Snake sorgt also für eine Anpassung der Kontur an die vorliegenden Bildkanten und verhindert scharfe Richtungswechsel im Konturenverlauf.

4 Ergebnisse

Wir haben ein allgemein formuliertes Modell des Hirnstamms mit Übergang zum Pons sowie ein einfaches Modell für das Auge mit unterschiedlichen MRT-Aufnahmen getestet. Die Segmentierung war in allen Fällen erfolgreich und führte zu äußerst präzisen Ergebnissen. Die Ausführungszeiten lagen bei einer SGI-Onyx unterhalb von 3 Minuten, was unter anderem an der schnellen Berechnung der Superquadrikmodelle [4] liegt.

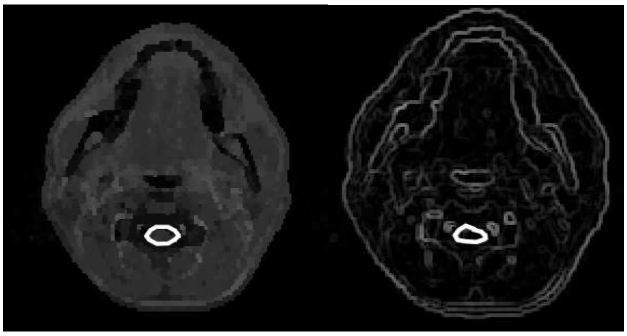

Abb. 4: Segmentierungsergebnis für den unteren Teil des Hirnstamms.

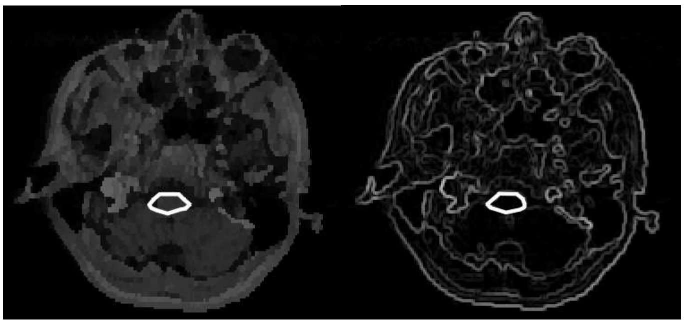

Abb. 5: Segmentierungsergebnis für den oberen Teil des Hirnstamms.

Die Verwendung des automatisch berechneten Gewebemodells führte im Vergleich zu einer rein kantenorientierten Modellanpassung zu weitaus besseren Ergebnissen (Abb. 4 und 5 links). Der genaue Formschluß wurde durch die Snake-Anpassung erreicht (Abb. 4 und 5 rechts).

5 Fazit

Das Ziel, anatomische Strukturen in MRT-Aufnahmen ohne Benutzerinteraktion zu erkennen und zu klassifizieren, wurde erreicht. Die Verwendung von Information über die Grauwertverteilung innerhalb der zu klassifizierenden Strukturen konnte durch die automatische Berechnung eines Gewebemodells erreicht werden. Verformbare Superquadriken wurden als Modell zur Anpassung an die gegebenen Aufnahmen mit Erfolg angewendet. Eine manuelle Unterstützung des Segmentierungsprozesses war nicht notwendig.

Derzeit wird an einer Weiterentwicklung des Verfahrens im Hinblick auf die Erkennung weiterer anatomischer Strukturen sowie an einer besseren Visualisierung der Segmentierungsergebnisse gearbeitet. Weiter sollen die Anwendung dieses Verfahrens auf Ultraschallaufnahmen sowie die Segmentierung pathologischer MRT erprobt werden.

6 Literatur

1. Haberäcker P.: Praxis der digitalen Bildverarbeitung und Mustererkennung. Carl Hanser Verlag, München, Wien, 1995.
2. Barr A.: Superquadrics and Angle Preserving Transformations. IEEE Comp. Graph. Appl., 1:11-23, January 1981.
3. Kaas M., Witkin A., Terzopoulos D.: Snakes: Active Contour Models. IEEE Trans. PAMI, 259-268, 1987.
4. Barr A., Franklin R.: Faster Calculation of Superquadric Shapes, IEEE Comp. Graph. Appl., 1:41, July 1981.