

Struktursuche in medizinischen Volumendaten mittels paralleler Simulation dynamischer Formmodelle

Lars Dornheim, Jana Dornheim und Klaus D. Tönnies
Fakultät für Informatik, Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

Zusammenfassung

Objektsuche ist gerade in medizinischen Bilddaten ein bedeutendes und schwieriges Problem. Für Detektionsaufgaben und auch für die automatische Initialisierung vieler Segmentierungsverfahren ist sie von elementarer Bedeutung. Auf Grund der Variabilität medizinischer Strukturen und der oft schlechten Qualität medizinischer Bilddaten werden Objektsuchaufgaben dort derzeit fast durchgängig manuell durchgeführt, da keine adäquaten automatischen Verfahren existieren.

Wir stellen eine Methode vor, mit der beliebige bekannte Strukturen in medizinischen Volumendaten sicher und automatisch detektiert und im allgemeinen im selben Schritt auch gleich grob segmentiert werden können, wenn sie durch ein dynamisches Formmodell beschrieben werden können. Unser Verfahren basiert auf einer parallelen Simulation solcher Formmodelle (Stabile Feder-Masse-Modelle) auf den Bilddaten. Sie werden dabei flächendeckend an allen potentiellen Positionen der zu suchenden Strukturen gestartet, passen sich danach aber nur dort an die Daten gut an, wo auch Zielstrukturen vorhanden sind. Diese Positionen können über eine Bewertung der Anpassungsqualitäten der Modelle ermittelt werden.

Wir haben unser Verfahren an zwei relevanten medizinischen Anwendungsfällen untersucht: 1. die Detektion von Lymphknoten in Hals-CT-Datensätzen, 2. die automatische Suche und Segmentierung des linken Ventrikels in SPECT-Datensätzen. In beiden Fällen wurden alle Zielstrukturen sicher gefunden. Lediglich bei der Lymphknotendetektion gab es einige falsch positive Funde, die auf die schwierige Unterscheidbarkeit zu weiteren medizinischen Strukturen in diesen Datensätzen zurückzuführen sind.

1 Einleitung

Objektsuche ist gerade in medizinischen Bilddaten ein bedeutendes und schwieriges Problem. Für Detektionsaufgaben und auch für die automatische Initialisierung vieler Segmentierungsverfahren ist sie von elementarer Bedeutung. Auf Grund der Variabilität medizinischer Strukturen und der oft schlechten Qualität medizinischer Bilddaten werden Objektsuchaufgaben dort derzeit fast durchgängig manuell durchgeführt, da keine adäquaten automatischen Verfahren existieren. Das führt zu deutlich längeren Zeiten für Bildanalyseaufgaben (wie z. B. beim Aufbereiten von Datensätzen durch Segmentierung vieler Strukturen), sowie u. U. zu höheren Fehlerraten, wenn die Zeit wie im klinischen Alltag knapp ist und Objekte übersehen werden (siehe Studie in [S⁺05]).

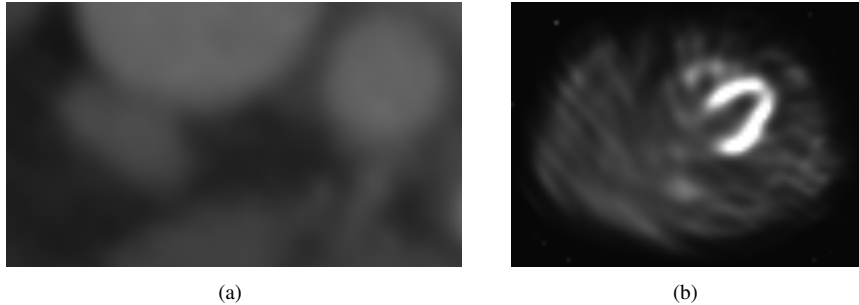


Abbildung 1: **(a)**: Ausschnitt aus einer Hals-CT-Schicht, in der ein Lymphknoten (links Mitte) an ein größeres kontrastiertes Gefäß (Mitte oben) angrenzt. **(b)**: SPECT-Schicht, in der der U-förmige linke Herzventrikel weiß strahlt.

Diese Arbeit baut auf Arbeiten zur Segmentierung mittels dynamischer Formmodelle auf (z. B. [DTD05a]). Die dort zu beobachtenden Fähigkeiten dieser Modelle zur lokalen Suche werden in der vorliegenden Arbeit untersucht und zur Entwicklung eines globalen Suchprozesses eingesetzt. Als Anwendungsbeispiele dienen jeweils eine aktuelle Detektions- sowie Initialisierungsaufgabe, um die relevanten Einsatzbereiche der Objektsuche in medizinischen Daten möglichst großflächig abzudecken. Bei den Anwendungsbeispielen handelt es sich um die Detektion vergrößerter Lymphknoten in Hals-CT-Datensätzen, sowie um die automatische Segmentierung des linken Herzventrikels in SPECT-Thorax-Aufnahmen (siehe Abb. 1).

Als dynamische Formmodelle verwenden wir spezielle, um eine Torsionskraft erweiterte Feder-Masse-Modelle, die durch diese zusätzliche Kraft eine direkte Möglichkeit zur flexiblen Formerhaltung besitzen und daher praktisch nicht kollabieren. Diese Modelle heißen *Stabile Feder-Masse-Modelle* (englisch: SMSMs) und sind in [DTD05b] beschrieben. Sie sind kraftgesteuert und werden zeitdiskret nach der Newton-Mechanik simuliert. Den Bezug zu einem Datensatz bauen sie dementsprechend über an den Massen befindliche Sensoren auf, die entsprechend den lokalen Bildinformationen Kräfte erzeugen, die das Modell zu bestimmten Merkmalen und Strukturen im Datensatz hinbewegen bei gleichzeitiger Formerhaltung, die durch die Feder- und Torsionskräfte bedingt wird.

2 Verwandte Arbeiten

Die Suche nach Objekten in Bilddaten ist ein weites Forschungsfeld. Ein großer Teil der Ansätze beschäftigt sich dabei mit der Erkennung und Verfolgung von Objekten in projektiven, zweidimensionalen Bildern (z. B. Fotos), wo Verdeckungen und variierende Objektansichten eine Rolle spielen, die Datengröße aber eher klein ist. In diesen Ansätzen wird daher verstärkt auf die Identifikation und Relation spezifischer, unterscheidender Objektmerkmale gesetzt. Als Beispiel seien hier [FH05, CdFB04, FTG04, BMP02] genannt.

Auch globale Optimierungsverfahren, die Modelle verschiedenster Natur, an die gesuchten

Objekte anzupassen versuchen, wie z. B. [CYES00, JZL96, KSC92, Bal81], sind häufig in diesem Bereich der Objektsuche zu finden.

Für die Objektsuche in großen medizinischen Volumendaten sind diese Verfahren jedoch im allgemeinen ungeeignet, da ihre globalen Optimierungsansätze für diese großen Datensätze zu ineffizient sind. Darüber hinaus wird die Objektform nicht direkt berücksichtigt, obwohl diese oft ein wesentliches Erkennungsmerkmal ist, da sie weder durch Verdeckungen noch durch verschiedene projektive Ansichten verändert wird. Zudem sind diese Modelle für spezifische Suchaufgaben oft nur sehr aufwendig konstruierbar.

Für Suchaufgabe in großen medizinischen Volumendaten sind dreidimensionale Formmodelle interessant, wie sie oft auch für Segmentierungsaufgaben in medizinischen Daten verwendet werden. Diese können mit der Datengröße umgehen und die Form- und Grauwertspezifika medizinischer Strukturen beschreiben. Einzelne Objektteile sind hier im allgemeinen nicht spezifisch genug, um mit hoher Sicherheit auf das ganze Objekt schlussfolgern zu können. Typische Formmodelle in diesem Bereich sind, neben den in der Einleitung erwähnten SMSMs, Active Shape Models ([CTCG95]), Simplex Meshes ([Del94]) und Superquadriken ([BCA98]).

Für die Suchaufgaben in dieser Arbeit eignen sich SMSMs am besten, da sie sich für viele Zielstrukturen besonders leicht und effizient erzeugen und handhaben lassen. Desweiteren sind sie lokal besonders formflexibel, was dem Wesen medizinischer Strukturen entspricht, und ermöglichen eine direkte Bestimmung ihrer Anpassungsgüte. Zudem ist interessant, dass die direkten Vorläufer der SMSMs bereits in [BAZT04] im Rahmen einer stochastischen Suche verschiedener Objektteile zur Objektklassifikation eingesetzt wurden. Weitere Arbeiten über den Einsatz anderer Formmodelle zur Objektsuche sind uns nicht bekannt.

3 Methode

Mit der hier vorgestellten Methode können beliebige bekannte Strukturen in medizinischen Volumendaten sicher und automatisch detektiert und im allgemeinen im selben Schritt auch gleich grob segmentiert werden. Dazu müssen diese Strukturen jedoch adäquat durch dynamische Formmodelle beschreibbar sein, worauf im Abschnitt 3.1 eingegangen wird.

Die Suche selbst basiert auf einer parallelen Simulation dieser Formmodelle auf den Bilddaten, wobei in dieser Arbeit Stabile Feder-Masse-Modelle zum Einsatz kommen, die für eine lokale Suche besonders geeignet sind. Sie werden dabei flächendeckend an allen potentiellen Positionen der zu suchenden Strukturen gestartet, und führen auf diese Weise eine globale Suche auf den Daten durch. Abschnitt 3.2 geht im einzelnen auf diesen Suchprozess ein, während in Abschnitt 3.3 abschließend noch ein paar wichtige Implementierungsaspekte betrachtet werden sollen.

3.1 Anforderungen

Der globale Suchprozess besteht aus unabhängigen lokalen Suchprozessen, deren jeweilige Aktionsbereiche im Idealfall eine Partition auf dem Suchraum bilden sollten. Wesentlich für die Korrektheit des Suchergebnisses ist dabei, dass in der Summe der gesamte

Suchraum lückenlos abgedeckt wird, während die paarweise Durchschnittsfremdheit der lokalen Suchbereiche lediglich für die Effizienz wesentlich ist. Im Sinne der Einfachheit und damit auch der Effizienz ist es zusätzlich wünschenswert, dass diese Bereiche alle die gleiche Form, Größe und Ausrichtung haben, so dass sie uniform behandelt werden können. Aus diesem Grund wird in dieser Arbeit eine Partition aus kongruenten, achsenparallelen Quadern gewählt.

Damit ein Modell eine lokale Suche in solch einem Suchbereich erfolgreich durchführen kann, muss es drei Anforderungen erfüllen. Das sind die *Zielstrukturtreue*, die *Monotonität des Suchbereichs* und die *Messbarkeit der Anpassungsgüte*, wie im folgenden detailliert ausgeführt wird.

Zielstrukturtreue

Das Modell muss die Zielstruktur modellieren, d. h., dass die Zielstruktur im Suchbereich des Modells ein lokales Minimum bzgl. der implizit durch seine Bewegungsgleichungen gegebenen Zielfunktion sein muss. Dies gewährleistet, dass die Zielstruktur bei hinreichend nahem Start der Suche immer gefunden wird. Dazu muss das Modell die Form- und Grauwertmerkmale der Zielstruktur stabil nachbilden, um sie gegen andere Strukturen abgrenzen zu können. Zugleich muss es aber auch genug Flexibilität besitzen, unerwartete Ausprägungen der Zielstruktur zu modellieren (z. B. durch Rauschen, Weichgewebedeformation, natürliche Formvarianz oder kleinere pathologische Veränderungen bedingt).

[DDT06] beschreibt die Konstruktion von SMSMs anhand beispielhaft gewählter Segmentierungen, die quasi einen Erwartungswert des Modellwissens darstellen, es aber nicht in seiner systembedingten lokalen Varianz beschränken, die zur Modellierung oben genannter unerwarteter Ausprägungen nötig ist. Es wird gezeigt, wie es möglich ist, SMSMs effizient für Zielstrukturen so zu konstruieren, dass sie für deren Segmentierung adäquat sind. Hierfür ist die Zielstrukturtreue eine Voraussetzung, da sonst die Modelle auch bei bester Initialplatzierung nicht auf der Zielstruktur konvergieren würden, was zwangsläufig in einer schlechten Segmentierung resultieren muss.

Monotonität des Suchbereichs

Das Modell sollte eine Zielstruktur in seinem Suchbereich sicher finden, wenn es in der Mitte desselben gestartet wird. Das ist nur der Fall, wenn die Zielstruktur das monoton nächstgelegene lokale Minimum im Sinne der Zielfunktion des Modells in seinem Suchbereich ist¹. Insbesondere heißt das, dass es keine zwei Zielstrukturen in diesem Suchbereich geben darf, da es sonst mindestens eine nicht sicher finden kann. Diese Monotonität muss nur dann für einen Suchbereich gelten, wenn in diesem tatsächlich eine Zielstruktur vorhanden ist.

Existiert nur eine Zielstruktur im Suchbereich, so gibt es zwei verschiedene Gründe für das Auftreten monoton näher gelegener lokaler Minima. Zum einen kann es weitere lokale

¹Die Position einer Zielstruktur sei hierfür der Eindeutigkeit halber mit Ihrem Mittelpunkt (Schwerpunkt) angenommen.

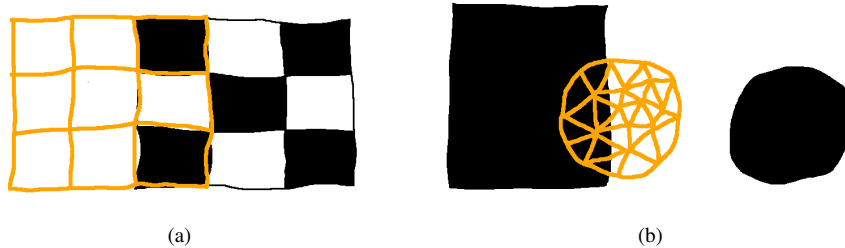


Abbildung 2: **(a)**: Das orange Schachbrett-Modell ist in einem falschem, internen lokalen Minimum der Zielfunktion konvergiert. **(b)**: Das orange Schwarzer-Kreis-Modell wurde von dem näher liegenden schwarzen Viereck angezogen.

Minima geben, die ebenfalls durch die Zielstruktur bedingt sind und zwischen Modellstartpunkt und Zielstruktur liegen (wie z. B. sich wiederholende Muster bei einem Schachbrett, siehe Abb. 2a). Neben diesen internen Minima kann es auch externe geben, die aus anderen Strukturen im Zielbereich resultieren, und das Modell auf Grund ihrer anfänglichen Nähe komplett oder teilweise zu sich lenken (siehe Abb. 2b für ein Beispiel einer prominenten Nachbarstruktur).

Für eine effiziente globale Suche ist eine Partition des gesamten Suchraums wünschenswert, die ihn in möglichst wenige große lokale Suchbereiche zerlegt. Je größer diese Suchbereiche sind, desto mehr lokale Minima können in ihnen auftreten. Durch Verkleinern des Suchbereiches können beide Arten von Minima (interne und externe) als jeweils monoton nächstgelegenes ausgeschlossen werden. Da externe Minima außerhalb der Zielstruktur liegen, interne aber innerhalb oder in direkter Objektnähe, werden externe Minima durch Verkleinern des Suchbereiches im allgemeinen zuerst ausgeschlossen. Interne Minima sind daher problematischer, da sie meist eine stärkere Verkleinerung des Suchraumes erfordern. Sie sind im Gegensatz zu externen Minima aber nur durch die Zielstruktur bzw. durch ihre Modellierung bedingt und daher im Vorfeld bekannt, so dass u. U. versucht werden kann, die Modellierung zu ändern (z. B. sich wiederholende Muster als Ganzes durch Komplexsensoren zu modellieren, so dass nicht ein lokales Minimum pro Muster, sondern nur ein gesamtes Minimum existiert).

Es gibt verschiedene Faktoren, die sich positiv auf die zu wählende Größe des Suchbereiches eines Modells auswirken, in dem sie potentielle lokale Minima vermeiden. Hierzu gehört der Einsatz von Verfahren zur kontextbasierten Merkmalsfilterung, die die Merkmalsfülle abhängig vom aktuellen Modellzustand verringern (bspw. richtungsgefilterte Kantensensoren im Vergleich zu normalen Kantensensoren, die auf alle Kanten gleich reagieren und die aktuelle Modellausrichtung nicht mit einbeziehen ([DDST06] weist diese Effekte an drei Anwendungsbeispielen nach)). Dadurch können viele interne und externe lokale Minima so stark abgeschwächt werden, dass sie keine lokalen Minima mehr sind.

Weiterhin sind möglichst kompakte (gefüllte, konvexe) Zielstrukturen von Vorteil (z. B. ein Herz-Ventrikel, zu dem neben der Ventrikelwand auch das Ventrikelinnere gehört, im Gegensatz zur reinen Ventrikelwand ohne das Innere). Auf diese Weise können externe lo-

kale Minima definitiv durch Verkleinern des Suchbereiches ausgeschlossen werden, da sie im Inneren der Zielstruktur nicht mehr auftreten können. Zudem wird durch die so ebenfalls modellierbaren inneren Bereiche im allgemeinen die Anziehungsreichweite erhöht, da auch weiter entfernt großflächigere Überlappungen von Modell und Zielstruktur möglich sind, was das Modell dann sicherer zum Ziel führt.

Die Größe des Suchbereiches sollte damit im Idealfall dem Minimum der garantierten Modellanziehungsreichweiten aller möglichen Ausprägungen der Zielstruktur entsprechen. Bei Zielstrukturen ohne interne lokale Minima ist dieser Bereich mindestens so groß, wie die Menge der Positionen, an denen das Modell komplett im Inneren der Zielstruktur liegt, was vor allem für Modelle, die bei Anpassungsstart (Simulationsstart) kleiner als die Zielstrukturen sind (z. B. das Lymphknotenmodell, siehe Abb. 3), zutrifft.

In der Praxis liegt bei einer kompakten Zielstruktur ohne innere lokale Minima die Suchbereichsgröße oft bei der Hälfte der Zielstrukturgröße (in jeder Dimension). Bei dieser Größe beginnt ein Modell, das in der Mitte seines Suchbereiches gestartet wird, innerhalb der Zielstruktur mit der Suche und befindet sich dabei garantiert näher an ihrem Mittelpunkt als an ihrem Außenrand, so dass es sich zielstrebig auf die Zielstruktur zubewegen wird, sie nicht verpasst und auch nicht abgelenkt wird. Daher sind in diesem Fall die verwendeten Modelle auch robust bezüglich ihrer Initialplatzierung bis zu einer Abweichung von einem halben Objektdurchmesser (in jeder Dimension) vom Mittelpunkt der Zielstruktur, wie in Abs. 4.2 detailliert festgestellt wird.

Messbarkeit der Anpassungsgüte

Eine weitere Voraussetzung für Verwendbarkeit der Modelle zur lokalen Suche ist die Möglichkeit, die erreichte Anpassungsgüte der Modelle nach deren Konvergenz gegen eine Struktur im Datensatz zu messen. Die Anpassungsgüte drückt aus, wie gut die vom Modell erwarteten Form- und Grauwerteigenschaften im Datensatz wiedergefunden werden konnten, wie sehr also die Struktur, an die sich das Modell angepasst hat, der modellierten Zielstruktur ähnelt. Dafür müssen sowohl Informationen über die Korrespondenz der angepassten Modelle zum Datensatz, als auch Informationen über die aufgetretene Verformung berücksichtigt werden.

In [DT07] werden diese Informationen im Fall der SMSMs effizient gewonnen, die als besonders geeignet zur Bestimmung der Anpassungsgüte herausgestellt werden. Diese Informationen werden zu einer Anpassungsgütefunktion verknüpft, die Werte zwischen 0 (schlechte Anpassungsgüte) und 1 (gute Anpassungsgüte) annehmen kann und deren Parameter aus einer erfolgreichen Anpassung automatisch gelernt werden. Anhand einer Plausibilitätsbetrachtung der möglichen Verhaltensweisen und verschiedener Experimente wird diese Gütefunktion erfolgreich evaluiert.

3.2 Suchprozess

Die hier vorgestellte modellbasierte Objektsuche nutzt die im vorherigen Abschnitt vorgestellte Fähigkeit dynamischer Formmodelle (hier SMSMs) zur lokalen Suche. Durch Simulation einer Modellpopulation mit definierten, individuellen Suchbereichen wird eine

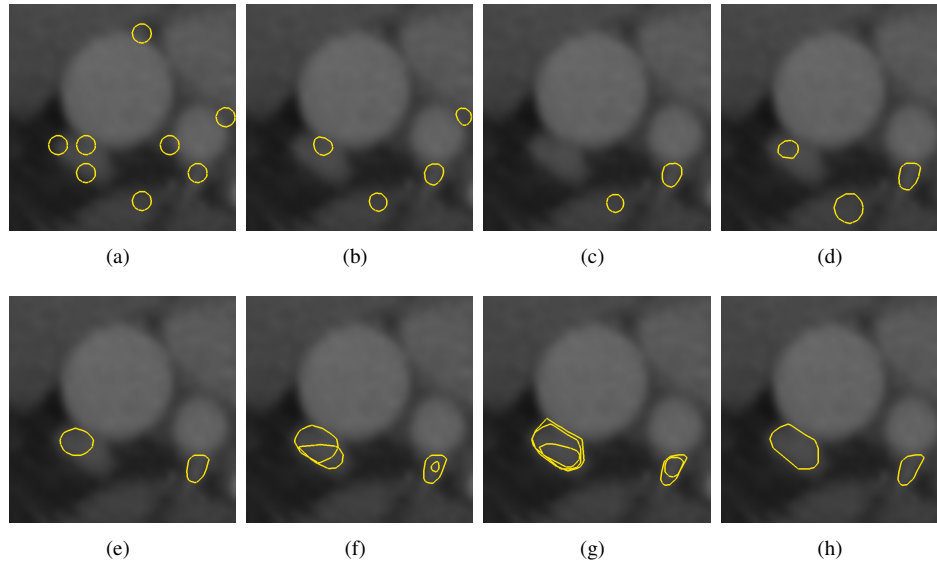


Abbildung 3: Ablauf der Lymphknotendetektion. **(a)**: Initialplatzierung der Modellpopulation gemäß der Erwartungskarte (siehe Abs. 3.2.2). **(b) - (f)**: Fortschritt der Simulation, Modelle werden verworfen bzw. dehnen sich aus anderen Schichten in die aktuelle aus. **(g)**: Ende der Suche, zwei Strukturen wurden von jeweils mehreren Modellen gefunden. **(h)**: Auswahl der am besten angepassten Repräsentanten aus den Strukturmodellgruppen.

globale Suche erreicht. Wesentlich für den Erfolg der Suche sind neben den oben vorgestellten Anforderungen an die Modelle vor allem der Aufbau und die spätere Reduktion dieser Population, von denen Erfolg und Effizienz des Suchprozesses abhängen.

3.2.1 Ablauf

Der Suchprozess beginnt mit dem Erzeugen und Platzieren der Modellpopulation. Hierzu werden in Anlehnung an Abs. 3.1 Instanzen des Suchmodells an den Kreuzungspunkten eines rechtwinkligen, achsenparallelen Gitters adäquater Dichte über den Datensatz initial platziert, so dass ihre lokalen Suchbereiche den gesamten Datensatz lückenlos abdecken. Nun wird die Simulation der dynamischen Modelle parallel gestartet und durchgeführt, bis ihre Bewegung konvergiert (Abb. 3 vermittelt einen Eindruck vom Ablauf dieser Populationssimulation). Alle Modelle, die danach nicht einer gewissen, zuvor festgesetzten Anpassungsgüte genügen, werden verworfen. Die anderen haben sich erfolgreich einer Zielstruktur angepasst.

Gerade bei größeren Zielstrukturen ist damit zu rechnen, dass sie im Suchbereich mehrerer Modelle der Population liegen und somit auch von mehreren Modellen gleichzeitig gefunden werden können. Daher müssen Modelle, die die gleiche Struktur gefunden haben, nach der Simulation zusammengefasst und auf ein Modell reduziert werden. Als Indikator für

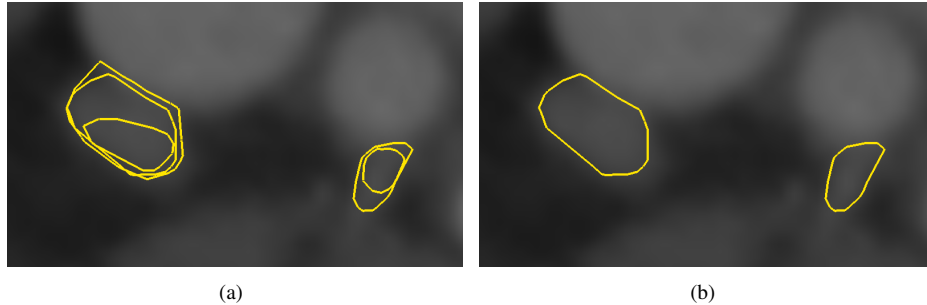


Abbildung 4: **(a)**: Zwei Strukturen wurden durch jeweils mehrere, an verschiedenen Punkten gestartete Modelle gefunden. **(b)**: Nach Gruppierung der Modelle wurde pro Struktur das Modell mit der besten Anpassungsqualität ausgewählt.

die Anpassung an eine gemeinsame Struktur wird ein volumenbasierter *Teilmengenkoeffizient* k durch Gleichung 1 eingeführt, der im Extrem im Falle einer Teilmengenbeziehungen zweier Modelle M_1 und M_2 den Wert 1 ist und im anderen Extrem der Durchschnittsfremdheit den Wert 0 annimmt. Die Teilmengenbeziehung wird hier bewusst anstelle einer Gleichheitsbeziehung als Ideal für eine Gruppierung betrachtet, da das Finden eines Teiles einer Struktur keiner anderen Struktur zugerechnet werden kann.

$$k = \max\left\{\frac{V_{M_1 \cap M_2}}{V_{M_1}}, \frac{V_{M_1 \cap M_2}}{V_{M_2}}\right\} \quad (1)$$

Nach erfolgter Gruppierung der erfolgreich angepassten Modelle auf Basis eines hohen Schwellenwertes von k wird zur Repräsentation einer jeden Gruppe das Individuum mit der besten Anpassungsgüte ausgewählt und der Rest verworfen. Auf diese Weise wird neben dem Suchergebnis ein möglichst gutes Segmentierungsergebnis sichergestellt, da eine hohe Anpassungsgüte im allgemeinen mit einer hohen Segmentierungsgüte einhergeht (siehe [DT07]). Abb. 4 zeigt den Effekt der Auswahl aus solchen Gruppierungen.

Ist die Anzahl der im Datensatz vorhandenen Zielstrukturen bekannt (z. B. ist genau ein linker Ventrikel zu erwarten), so kann genau diese Anzahl unter den verbliebenen Modellen wieder auf Basis der besten Anpassungsgüte ausgewählt werden.

3.2.2 Populationsreduktion

Auf Grund der erforderlichen Startgitterdichte bei kleinen Zielstrukturen (z. B. Lymphknoten) entstehen auf realen medizinischen Volumendaten sehr große Modellpopulationen, die sehr große Laufzeiten des oben beschriebenen Suchprozesses verursachen. Der Großteil der eingesetzten Modelle findet jedoch keine Zielstrukturen. Je früher das erkannt wird, desto früher sollten daher diese Modelle zur Steigerung der Effizienz des gesamten Suchprozesses aus der Modellpopulation entfernt werden. Diese Tatsache kann dabei anhand verschiedener Faktoren erkannt werden, die im folgenden näher beschrieben werden.

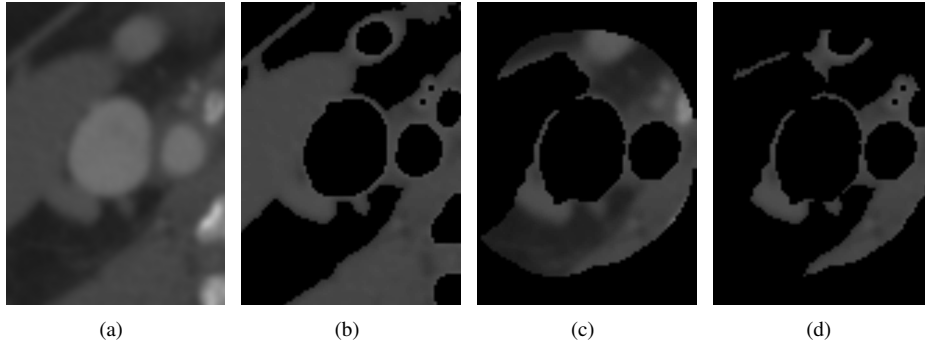


Abbildung 5: Originalschichtbild einer CT-Aufnahme des Halses mit drei durch verschiedene Erwartungskarten gefilterten Varianten. **(a)**: Originalbild. **(b)**: Grauwertwartungskarte der Lymphknoten. **(c)**: Anatomische (Zielbereichs-)Erwartungskarte der Lymphknoten. **(d)**: UND-verknüpfte Erwartungskarte aus (b) und (c).

Erwartungskarten Die Zielstrukturen in medizinischen Bilddaten liegen im allgemeinen nicht beliebig im Datensatz verteilt. Fast immer sind sie nur in gewissen Regionen des Datensatzes anzutreffen. Diese Regionen können sich z. B. durch einen bestimmten Grauwertbereich oder die räumliche Nähe zu bestimmten Landmarken oder Organen ausdrücken (siehe Abb. 5). Zudem kann Wissen aus vorhergehenden Segmentierungen anderer Strukturen zum Ausschluss potentieller Suchregionen genutzt werden, indem nur noch die unsegmentierten Regionen zur Suche freigegeben werden. Diese zulässigen Suchregionen können durch binäre Erwartungskarten beschrieben werden². Durch einen Durchschnitt mehrerer solcher Erwartungskarten kann der Suchraum teils erheblich eingeschränkt werden, indem Modelle die den Erwartungsbereich während der Suche verlassen, sofort aus der Modellpopulation entfernt werden.

Anpassungsgüte Die Anpassungsgüte kann neben der finalen Bestimmung der erfolgreich angepassten Modelle auch zur Reduktion der Population während des Suchprozesses benutzt werden. Da erfolgreiche Modelle im allgemeinen in der Nähe der Zielstrukturen gestartet wurden (meist mit deutlicher Überlappung), haben sie bereits zu Simulationsbeginn eine deutlich erhöhte Anpassungsgüte, die sich während ihrer Anpassung weiter erhöht. Daher kann eine untere Anpassungsgüte festgesetzt werden, unterhalb derer Modelle während des Suchprozesses aus der Population entfernt werden. Diese untere Zulässigkeitsschranke für die Anpassungsgüte kann mit fortschreitender Suche progressiv bis zur Höhe der finalen Anpassungsgüte aus Abs. 3.2.1 gesteigert werden, so dass nach einer festgelegten Simulationschrittzahl nur noch erfolgreich angepasste Modelle existieren.

²Erwartungskarten können auf verschiedenste Weise, je nach dem zur Verfügung stehenden Wissen, berechnet werden. Z. B. kann der Raum in einem gewissen Abstand um eine bereits bekannte / segmentierte Struktur als möglicher Vorkommensbereich für bestimmte andere Strukturen in einer Erwartungskarte markiert werden.

Skalierung Nach erfolgter Anpassung kann auch die festgestellte Modellskalierung zur Populationsreduktion herangezogen werden, wenn bekannt ist, dass die Zielstrukturen eine gewisse Größe nicht unter- bzw. überschreiten. Hier hat die Reduktion jedoch die Aufgabe, falsch-positive Ergebnisse auszuschließen, anstatt die Effizienz zu steigern. Analog hierzu sind noch weitere Merkmale denkbar, die zur Identifikation falsch-positiver Funde nach dem Ende der Suche geeignet sind.

3.3 Implementierungsaspekte

Da es sich bei der hier vorgestellten Suchtechnik um die Simulation einer großen Modellpopulation auf teilweise sehr großen Volumenbilddaten handelt, kommt der speicher- und lauffzeiteffizienten Implementation eine wesentliche Rolle zu.

Wichtig war hierbei die Nutzung eines Caching-Konzeptes, mit dessen Hilfe die wiederholte Berechnung der diversen Gradienten auf den Datensätzen vermieden werden konnte. Da der benötigte Cache für den Hauptspeicher jedoch deutlich zu groß gewesen wäre, wurden nur die von den Modellen tatsächlich benutzten Regionen zwischengespeichert, und das auch nur in dem Zeitraum, in dem sich die Modelle dort aufhielten.

Zudem wurde für die Simulation der einzelnen Modelle eine maximale Schrittzahl festgelegt, da es trotz angemessener Dämpfung in großen Modellpopulationen immer wieder Modelle gibt, die bei zeitdiskreter Simulation nicht konvergieren, sondern nach einiger Zeit in einem semistabilen Zustand im Rahmen einer tolerierbaren Anpassungsabweichung leicht oszillieren.

4 Experimente und Diskussion

Wir haben unser Verfahren an zwei relevanten medizinischen Anwendungsfällen untersucht:

1. die Detektion von Lymphknoten in Hals-CT-Datensätzen und
2. die automatische Suche und Segmentierung des linken Ventrikels in SPECT-Datensätzen.

Dadurch werden die beiden Haupteinsatzgebiete der hier vorgestellten Objektsuchmethode abgedeckt: Strukturdetektion und Struktursegmentierung mit automatischer Initialplatzierung.

Die Experimente wurden dabei auf einem modernen Standard-PC (Pentium 4, 3.2 GHz, 1 GB RAM) durchgeführt.

4.1 Datenmaterial

Im ersten Anwendungsfall wählten wir vier typische Regionen aus einem CT-Datensatz des Halses aus, die nach vergrößerten Lymphknoten durchsucht werden sollten. Diese Regionen wurden durch Resampling auf isotrope Voxelgröße ($0,412 \times 0,412 \times 0,412$ mm)

Teilregion	Lagebeschreibung	Anz. vergröß. Lymphkn.	Größe in Voxeln		
			X	Y	Z
Region 1	V. jugularis rechts	7	80	113	233
Region 2	V. jugularis links	12	110	137	222
Region 3	Unterkiefer rechts	4	142	110	76
Region 4	Unterkiefer links	6	106	110	80

Tabelle 1: Übersicht der gewählten Teilregionen aus dem untersuchten Hals-CT-Datensatz

transformiert, da das für eine sinnvolle Gradientenberechnung in der Modellsimulation notwendig ist. Die näheren Spezifika der einzelnen Regionen sind Tab. 1 zu entnehmen.

Im zweiten Anwendungsfall standen uns 7 Thorax-SPECT-Datensätze jeweils mit einer von einem Experten durchgeführten Handsegmentierung des linken Herzventrikels als Goldstandard zur Verfügung. Die Voxelgröße war hier bereits isotrop ($4,795 \times 4,795 \times 4,795$ mm). Die Datensätze besaßen zwischen 25 und 38 Schichten zu je 128×128 Voxeln, bevor sie leicht auf die Bounding-Box des Patientenquerschnitts beschnitten wurden. Nur zwei der Datensätze stammten von gesunden Patienten, die anderen zeigten infarktbedingte Ausfälle bis zu 25 %.

Zu beiden Anwendungsfällen existierten aus Vorarbeiten bereits konstruierte dreidimensionale SMSMs (siehe Abb. 6), die zur adäquaten halbautomatischen Segmentierung (nach manueller Startplatzierung) der vergrößerten Lymphknoten (größer als 8 mm) bzw. des linken Ventrikels geeignet waren (siehe [DSP⁺06, DTD05a]). Damit sind sie gemäß Abs. 3.1 auch zur lokalen Suche nach diesen Strukturen geeignet. Da es sich zudem um SMSMs handelte, existierte ebenfalls bereits eine Methode zur Bestimmung ihrer Anpassungsgüte ([DT07]), was eine weitere Voraussetzung nach Abs. 3.1 darstellt. Das Lymphknoten-Modell war mit 3 mm Startdurchmesser deutlich kleiner als die Zielstrukturen, um auf Grund der sehr variablen Lymphknotenumgebung vollständig im Inneren der Zielstrukturen starten zu können,

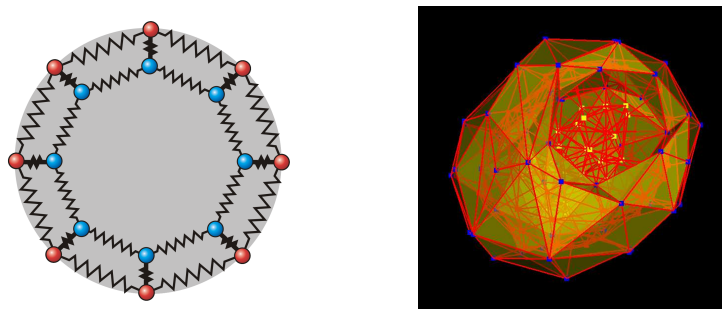


Abbildung 6: (a): 2D-Schema des verwendeten 3D-Lymphknotenmodells. Außen sind die Kanten- und innen die Grauwertsensoren zu sehen. Fett dargestellte Federn sind besonders steif. (b): verwendetes 3D-Modell des linken Herzventrikels. Gut zu sehen ist hier, dass auch das Ventrikellinnere durch Massen/Sensoren und Federn modelliert wird.

Anwendungsfall	Anpassungsgüte (Start)	Anpassungsgüte (Ende)	maximale Schrittzahl	minimale Skalierung	Teilmeng.-Koeff.-Schwellw.
Lymphknoten	0,6	0,8	250	2,0	0,7
Ventrikel	0,5	0,75	250	-	0,7

Tabelle 2: verwendete Parameter in den Suchprozessen beider Anwendungsfälle (Die Reduktion auf Grund einer Skalierungsuntergrenze wurde für die Ventrikelsuche nicht benötigt.)

bevor es seine Größe durch die dynamische Anpassung an sie angleicht. Im Gegensatz dazu besaß das Ventrikelmodell bei einer eher fixen Ventrikelumgebung zu Beginn schon Zielstrukturgröße.

4.2 Suchprozess

Für den Suchprozess laut Abs. 3.2 müssen einige Parameter festgelegt werden. Die Dichte des Startpunktgitters wurde gemäß Abs. 3.1 etwas unterhalb der halben erwarteten minimalen Objektdurchmesser gewählt, so dass sich für die Lymphknotendetektion 3,5 mm Gitterdichte bei minimal zu suchender Objektgröße von 8 mm und bei der Ventrikelsegmentierung 25 mm Gitterdichte bei geschätzter minimaler Objektgröße von 60 mm ergeben. Die Gitterdichten können problemlos so gewählt werden, da es sich in beiden Anwendungsfällen um kompakte Modelle handelt (sowohl Lymphknoten- als auch Ventrikelmodell modellieren ihr Inneres mit) und so keine verschiedenen internen lokalen Minima der Modellzielfunktion bestehen.

Diese aus der Theorie in Abs. 3.1 gewonnen Werte werden zudem für beide Anwendungsfälle durch praktische Untersuchungen über die Robustheit der Segmentierungsgüte gegenüber der Initialplatzierung bestätigt. So ermittelt [D⁺07], dass die Segmentierungsgüte der Lymphknotenmodelle erst ab einer Startposition, die über die Hälfte des Objektradius vom Mittelpunkt entfernt liegt, beginnt nachzulassen. Ebenfalls haben wir für die Segmentierung des linken Ventrikels in SPECT festgestellt, dass der Startpunkt des Modells um bis

Teilregion	Modelle gesamt	Modelle gestartet	Modelle erfolgr.	richtig-positiv (Detektionsrate)	falsch-positiv	Laufzeit in sec
Region 1	3920	294	7	7 (100%)	0	235
Region 2	5967	346	18	12 (100%)	6	419
Region 3	1989	184	7	4 (100%)	3	206
Region 4	1690	134	6	6 (100%)	0	140
Summe	13566	958	38	29 (100%)	9	1000

Tabelle 3: Ergebnisse der Lymphknotendetektion. Zusätzlich zur Anzahl der richtig-positiven Ergebnisse wurde der gefundene Anteil der insgesamt zu detektierenden Lymphknoten (Detektionsrate) angegeben, der für diese Anwendung wesentlich ist.

Datensatz	Modelle gesamt	Modelle gestart.	Modelle erfolg.	richtig- positiv (best.)	falsch- positiv	mittl. Abst. in mm	Laufzeit in sec
Datensatz 1	1710	7	1	1 (ja)	0	2,36	144
Datensatz 2	1080	23	1	1 (ja)	0	2,07	287
Datensatz 3	1512	91	3	1 (ja)	2	2,04	1076
Datensatz 4	1792	63	1	1 (ja)	0	2,70	653
Datensatz 5	2160	30	1	1 (ja)	0	2,90	361
Datensatz 6	1120	68	1	1 (ja)	0	2,11	391
Datensatz 7	2160	33	2	1 (ja)	1	1,70	477
Durchschnitt	1648	45	1,4	1 (ja)	0,4	2,27	484

Tabelle 4: Ergebnisse der automatischen Segmentierung des linken Herzventrikels. Zusätzlich zur Anzahl der richtig-positiven Ergebnisse, die hier maximal 1 sein kann, wurde angegeben, ob das Modell mit der besten Anpassungsgüte ebenfalls darunter ist, da dieses Modell im Zweifelsfall immer das entscheidende ist, wenn im Datensatz nur genau eine Zielstruktur gefunden werden soll.

zu 15 mm vom Ventrikelmittelpunkt abweichen darf, ohne dass eine deutliche Verschlechterung der resultierenden Segmentierungsgüte zu erwarten ist.

Die weiteren Parameter konnten leicht experimentell bestimmt werden, da die Suche ihnen gegenüber recht robust ist und ein gewisser Spielraum für ihre Wahl existiert. Sie sind in Tab. 2 aufgeführt.

Als Erwartungskarten kamen im ersten Fall eine kombinierte Anatomiebereichs- und Grauwertbereichskarte (UND-verknüpft) und im zweiten Fall eine Erwartungskarte, die lediglich den Patientenquerschnitt beschrieb, zum Einsatz.

Die Ergebnisse aus den Suchprozessen in den beiden Anwendungsfällen sind in den Tabellen 3 und 4 aufgelistet. Beispielhafte Ergebnisse aus den Anwendungsfällen sind in Abb. 7 dargestellt. In beiden Anwendungen wurden alle Zielstrukturen in den Datensätzen gefun-

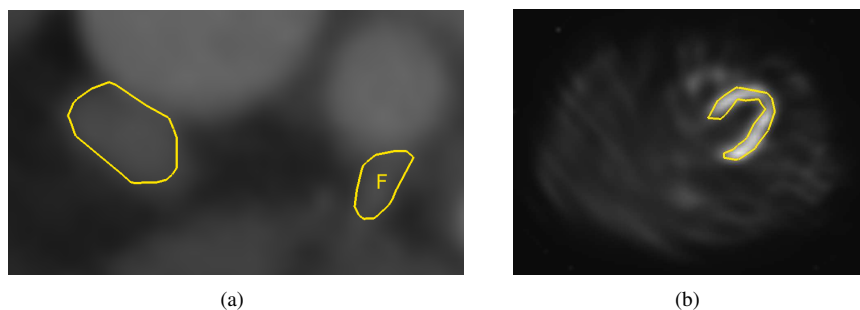


Abbildung 7: **(a)**: zwei gefundene Zielstrukturen bei der Lymphknotendetektion, die falsch-positiv ist mit F markiert. **(b)**: automatische Segmentierung des linken Herzventrikels.

Teilregion	Erwartungskarte (Init.)	Anpassungsgüte (Init.)	Erwartungskarte (Simul.)	Anpassungsgüte (Simul.)	Skalierung (Ende)	Gruppenauswahl (Ende)
Region 1	3388	238	26	255	11	8
Region 2	5151	470	22	279	11	23
Region 3	1507	298	4	141	22	13
Region 4	1348	208	6	103	8	14
Summe	11394	1214	58	778	52	58

Tabelle 5: Aufschlüsselung der während der Lymphknotendetektion verworfenen Modelle nach Reduktionskriterium und Prozessphase, in der die Reduktion stattfand. Doppelzählungen von Lymphknoten waren möglich (Ausschluss auf Grund mehrerer Kriterien zur gleichen Zeit).

den. Im ersten Fall gab es einige falsch-positive Ergebnisse, die für dieses Anwendungsgebiet selbst im Vergleich zur manuellen Expertensuche als sehr wenig zu betrachten sind (vergleiche [S⁺05]). Dazu ist weiterhin anzumerken, dass die falsch positiven Ergebnisse (meist kontrastierte Blutgefäße) auf Grund ihrer Ähnlichkeit durchaus die modellierten Lymphknotenform- und -grauwerteeigenschaften erfüllen, sich aber durch ihren nicht modellierten Kontext von den echten Lymphknoten unterscheiden (siehe Abb. 7). Hier würde zusätzliche Information über die Lage der Blutgefäße, wie sie des öfteren in der Praxis erstellt wird, einen Ausschluss dieser falsch-positiven Ergebnisse ermöglichen. Im Gegensatz dazu sind im zweiten Anwendungsfall die falsch-positiven Ergebnisse auf Artefakte zurückzuführen, die durch überstrahlende Teile der Leber, die in manchen der SPECT-Aufnahmen noch teilweise enthalten ist, verursacht werden.

Die Tabellen zeigen ebenfalls Laufzeiten der Suchprozesse im Minutenbereich, welche eine Voraussetzung für einen praktischen, sogar klinischen Einsatz sind. Ein Grund für diese niedrigen Laufzeiten liegt in der hohen Quote frühzeitig aus der Modellpopulation ausgeschlossener Individuen, die für den ersten Anwendungsfall in Tab. 5 beispielhaft aufgeschlüsselt wurden.

5 Zusammenfassung

In dieser Arbeit wurde ein auf der Populationssimulation dynamischer Formmodelle (SMSMs) basierendes Suchverfahren für Strukturen in medizinischen Volumendaten vorgestellt. Die globale Suche wird dabei durch die verteilte, lokale Suche der einzelnen Modellindividuen erreicht. SMSMs haben sich für diesen Zweck als besonders geeignet herausgestellt.

In zwei relevanten Anwendungsfällen wurden alle Zielstrukturen sicher gefunden. Die wenigen falsch-positiven Funde waren dabei auf die auch für einen Menschen schwierige Unterscheidbarkeit der Zielstrukturen zu anderen medizinischen Strukturen bzw. auf Artefakte in den Datensätzen zurückzuführen. Zudem arbeitete das Verfahren in den untersuchten Fällen im Minutenbereich, was den zeitlichen Anforderungen eines Einsatzes im

klinischen Alltag nahe kommt.

Über diese zwei Anwendungsfälle hinaus, stellt dieser Ansatz eine generelle und gut handhabbare Möglichkeit zur Suche kompakter Strukturen in medizinischen Volumendaten dar. Durch die in der vorliegenden Arbeit entwickelten Anforderungen ist es möglich, eine Beurteilung der Einsetzbarkeit des vorgestellten Suchverfahren auch für weitere Anwendungsfälle zu geben.

Literatur

- [Bal81] BALLARD, D. H.: *Generalizing the Hough transform to detect arbitrary shapes*. Pattern Recognition, 13(2):111–122, 1981.
- [BAZT04] BERGNER, STEVEN, STEPHAN AL-ZUBI und KLAUS TÖNNIES: *Deformable Structural Models*. In: *ICIP*, 2004.
- [BCA98] BARDINET, ERIC, LAURENT D. COHEN und NICHOLAS AYACHE: *A Parametric Deformable Model To Fit Unstructured 3D Data*. CVIU, 71(1):39–54, 1998.
- [BMP02] BELONGIE, S., J. MALIK und J. PUZICHA: *Shape Matching and Object Recognition Using Shape Contexts*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 24(4):509–522, 2002.
- [CdFB04] CARBONETTO, P., N. DE FREITAS und K. BARNARD: *A Statistical Model for General Contextual Object Recognition*. In: *ECCV*, 2004.
- [CTCG95] COOTES, T. F., C. J. TAYLOR, D. H. COOPER und J. GRAHAM: *Active Shape Models - Their Training and Application*. CVIU, 61(1):38–59, 1995.
- [CYES00] COUGHLAN, J., A. YUILLE, C. ENGLISH und D. SNOW: *Efficient Deformable Template Detection and Localization without User Initialization*. Computer Vision and Image Understanding, 78(3):303–319, 2000.
- [D⁺07] DORNHEIM, JANA et al.: *Segmentation of Neck Lymph Nodes in CT Datasets with Stable 3D Mass-Spring Models*. Academic Radiology (Elsevier), MICCAI 2006 Special Issue, 2007.
- [DDST06] DORNHEIM, LARS, JANA DORNHEIM, HEIKO SEIM und KLAUS D. TÖNNIES: *Aktive Sensoren: Kontextbasierte Filterung von Merkmalen zur modellbasierten Segmentierung*. In: *Bildverarbeitung für die Medizin*, 2006.
- [DDT06] DORNHEIM, LARS, JANA DORNHEIM und KLAUS D. TÖNNIES: *Automatic Generation of Dynamic 3D Models for Medical Segmentation Tasks*. In: *SPIE: Medical Imaging*, 2006.
- [Del94] DELINGETTE, HERVE: *Simplex Meshes: a General Representation for 3D Shape Reconstruction*. In: *CVPR*, Seiten 856–857, 1994.

- [DSP⁺06] DORNHEIM, J., H. SEIM, B. PREIM, I. HERTEL und G. STRAUSS: *Segmentation of Neck Lymph Nodes in CT Datasets with Stable 3D Mass-Spring Models*. In: *MICCAI*, 2006.
- [DT07] DORNHEIM, LARS und KLAUS D. TÖNNIES: *Quality of Fit of Stable Mass Spring Models*. In: *7th Open German/Russian Workshop on Pattern Recognition and Image Understanding*, 2007.
- [DTD05a] DORNHEIM, LARS, KLAUS D. TÖNNIES und KAT DIXON: *Automatic Segmentation of the Left Ventricle in 3D SPECT Data by Registration with a Dynamic Anatomic Model*. In: *MICCAI*, 2005.
- [DTD05b] DORNHEIM, LARS, KLAUS D. TÖNNIES und JANA DORNHEIM: *Stable Dynamic 3D Shape Models*. In: *ICIP*, 2005.
- [FH05] FELZENSZWALB, PEDRO F. und DANIEL P. HUTTENLOCHER: *Pictorial Structures for Object Recognition*. *International Journal of Computer Vision*, 61(1):55–79, 2005.
- [FTG04] FERRARI, V., T. TUYTELAARS und L. VAN GOOL: *Simultaneous Object Recognition and Segmentation by Image Exploration*. In: *ECCV*, 2004.
- [JZL96] JAIN, ANIL K., YU ZHONG und SRIDHAR LAKSHMANAN: *Object Matching Using Deformable Templates*. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(3):267–278, 1996.
- [KSC92] KEREN, DANIEL, JAYASHREE SUBRAHMONIA und DAVID B. COOPER: *Robust Object Recognition Based on Implicit Algebraic Curves and Surfaces*. In: *ICPR*, Seiten 791–794, 1992.
- [S⁺05] SCHREYER, A.G et al.: *Vergleich der Genauigkeit und Effizienz koronarer und axialer Rekonstruktionen zur Lymphknotendetektion bei einem 16-Zeilen-Spiral-CT am Beispiel von Halslymphknoten*. *RöFo: Fortschritte auf dem Gebiete der Röntgenstrahlen und der Nuklearmedizin*, 177(10):1430–1435, 2005.