

Effiziente automatische Bestimmung interventionsrelevanter Entfernungsmaße

Ivo Rössling^{1,2}, Christian Cyrus¹, Lars Dornheim^{1,2}, Bernhard Preim¹

¹Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

²Dornheim Medical Images*

iroess@isg.cs.uni-magdeburg.de

Kurzfassung. Bei der Operationsplanung sind quantitative Aussagen zu räumlichen Verhältnissen essentiell für die präoperativen Risikoabklärung. Tumorausdehnung und Abstände zu Risikostrukturen entscheiden über die Art der Therapierbarkeit. Eine manuelle Erhebung solcher Maße ist aufwändig und fehlerbehaftet. Automatische Verfahren sind derzeit oft ungenau und geben keine klare Zusicherung zur Ergebnisgüte.

Ausgehend von einer gegebenen Segmentierung in Form eines Dreiecksnetzes stellen wir ein Verfahren vor, das den kürzesten Abstand zwischen zwei anatomischen Strukturen bestimmt. Zur Berechnung werden dabei nicht nur die Punkte sondern alle Primitive herangezogen und in einer speziellen räumlichen Baumstruktur effizient organisiert. Das Verfahren erlaubt durch Austausch des Zielkriteriums auch andere relevante Maße wie den Durchmesser eines Objekts zu bestimmen.

In empirischen Tests stellte sich unser Verfahren als das derzeit effizienteste heraus. Zudem können wir bzgl. der gegebenen Oberflächennetze ein geometrisch korrektes Ergebnis garantieren und erhalten auch die jeweils definierenden geometrischen Primitive.

1 Einleitung

In der chirurgischen Diagnostik und Therapieplanung spielt die Beurteilung anatomischer und pathologischer Strukturen mittels bildgebender Verfahren eine tragende Rolle. Nicht immer jedoch erlaubt die visuelle Darstellung eine zuverlässige Einschätzung. Der Arzt benötigt dann zusätzliche quantitative Angaben, auf die er seine Entscheidungen stützen kann, wie z.B. die Größe eines Tumors, den Durchmesser einer Blutgefäßstenose oder den Abstand einer krankhaften Veränderung zur nahe liegenden Risikostruktur.

Eine manuelle Ermittlung solcher Maße ist nicht nur aufwändig, sondern fehleranfällig und nur begrenzt genau. Basierend auf einer Segmentierung (z. B. als Oberflächendreiecksnetz) der relevanten Strukturen können bestimmte Maße vollautomatisch ermittelt werden. Dies schafft Sicherheit, Objektivität und Reproduzierbarkeit. Trotz ihres Potentials scheint die Thematik der automatischen Vermessung segmentierter Strukturen jedoch in der Literatur der medizinischen

* Gefördert durch EXIST, BMWi und ESF

Bildverarbeitung bis dato stark unterrepräsentiert. Insbesondere ist uns für die automatische Bestimmung kürzester Abstände nur ein publiziertes Verfahren in der medizinischen Anwendung [1] bekannt. In der Algorithmischen Geometrie und der Robotik wurde diese Fragestellung dagegen bereits verstärkt untersucht. In letzterem Falle jedoch eher mit Interesse an reiner Kollisionserkennung oder Approximation, weshalb sich dortige Erkenntnisse nur eingeschränkt auf das vorliegende Szenario übertragen lassen. Während die Verfahren sich lange Zeit nur auf konvexe Objekte beschränkt haben (z. B. [2,3]), wird zunehmend auch das nicht-konvexe Szenario betrachtet. Neben rein analytischen Ansätzen (z. B. [4]), die sich nur bedingt in der Praxis durchgesetzt haben, finden hierarchie-basierte Verfahren am häufigsten Anwendung. Die Hierarchie kann dabei aus verschiedenen Detailstufen (LOD) des Objektes selbst aufgebaut sein (sg. *Hierarchical Object Models*, z. B. [5]). Oder sie besteht aus einer Sammlung von simplen Hüllkörpern, die aufeinander aufbauend immer größere Teile des Objektes überdecken (sg. *Bounding Representations*). Auch das in [1] beschriebene Verfahren zur Abstandsberechnung anatomischer Strukturen basiert auf Bounding Representations. In Anlehnung an [6] wurden in diesem Falle Kugeln als Hüllkörper gewählt, was im Hinblick auf die Laufzeit nicht optimal ist.

2 Material und Methoden

Wir nutzen Segmentierungen in Form von Dreiecksnetzen, da selbige besonders effiziente, exakte und generische Abstandsmessungen erlauben. Voxelbasierte Segmentierungen können in diesem Zusammenhang ohne komplexitätsmäßigen Mehraufwand in äquivalente Dreiecksnetze überführt werden.

Als Vorverarbeitung wird für jedes Dreiecksnetz einmalig eine geometrische Datenstruktur in Form eines spatialen Suchbaumes aufgebaut. Die Bestimmung eines Kennwertes, wie z. B. des kürzesten Abstandes, stellt dann jeweils eine Anfrage an die Suchstruktur dar. Dabei ermöglicht die separate Wahl für Parameter und Zielfunktion die Berechnung einer Fülle unterschiedlicher Maße mit nur einer Struktur. Diese Punkte werden in den folgenden Abschnitten näher erläutert.

2.1 Aufbau des Suchbaumes für ein Dreiecksnetz

1. In einem initialen Schritt werden von allen geometrischen Primitiven des Dreiecksnetzes die Schwerpunkte bestimmt und ihnen zugewiesen.
2. Für den Suchbaum wird ein Wurzelknoten angelegt und ihm die gegebene Menge an Primitiven zugewiesen. Dabei werden die Grenzen der minimalen achsenparallelen Bounding-Box sowie der Schwerpunkt der Menge bestimmt und ebenfalls diesem Knoten zugewiesen. Für den Schwerpunkt werden hierzu alle Primitive gewichtet gemittelt (Punkt=1, Segment=2, Dreieck=3).
3. Als *Split* bezeichnen wir den Vorgang, die in einem Knoten K gespeicherte Menge an Primitiven zu zerlegen und auf Kind-Knoten aufzuteilen. Dabei wird für jeden der acht durch den Schwerpunkt von K definierten Oktanten ein korrespondierender Kind-Knoten angelegt. Beim Durchlaufen der in K

gespeicherten Primitive ergibt ein Koordinatenvergleich des Schwerpunktes von K mit dem jeweiligen Schwerpunkt des Primitivums, in welchem Kind-Knoten selbiges hinzugefügt wird. Analog zu Schritt 2 werden bei diesem Aufteilen für jeden Kindknoten die Bounding-Box sowie der Schwerpunkt aller assoziierten Primitive ermittelt und ihm zugewiesen. Sollte der aktuelle Knoten nur noch ein Primitivum enthalten, so wird nicht weiter gesplittet.

Der *Split* kann an zwei Stellen initiiert werden: Entweder wird der Wurzelknoten nach Erzeugung rekursiv gesplittet, bis die Baumstruktur vollständig aufgebaut ist (*Full Split*). Oder er wird lediglich angelegt und die Such-Funktion triggert Splits *On Demand* für jeden Knoten, von dem aus sie weiter absteigen will.

2.2 Suchanfrage für den kürzesten Abstand

1. S und T sind zwei Suchbäume, wie eben beschrieben. Es wird eine Prioritäts-Warteschlange angelegt, deren Elemente jeweils aus einem Paar (A, B) von Bäumen (bzw. Wurzelknoten) zusammen mit einer zugehörigen Priorität bestehen. Diese Priorität ist eine untere Schranke für den kürzesten Abstand zwischen den in A und den in B gespeicherten Primitiven. Initial wird das Paar (S, T) der beiden gegebenen Suchbäume in die Prioritäts-Warteschlange eingehängt, wobei diesem Element als Priorität der kleinstmögliche Abstand zwischen den Bounding-Boxen von S und T zugewiesen wird.
2. Nun wird das vorderste Element (A, B) der Prioritäts-Warteschlange entnommen. Für den Baum mit der größeren Bounding-Box (o. B. d. A.: B) werden die acht Kind-Knoten $B_1 \dots B_8$ genommen und zusammen mit dem anderen Baum als neue Paare $(A, B_1) \dots (A, B_8)$ in die Warteschlange wieder einsortiert, wobei als Priorität jeweils der kürzeste Abstand zwischen der Bounding-Box von A und der von B_i verwendet wird.
3. Die Schritte 1 und 2 werden nun solange wiederholt, bis der Prioritäts-Warteschlange an vorderster Stelle ein Paar zweier Primitive entnommen wird. Diese beiden definieren dann den kürzesten Abstand.

2.3 Vielseitigkeit der Methode

Das beschriebene Verfahren erlaubt uns bereits, den ***kürzesten Abstand zweier segmentierter anatomischer Strukturen*** zu bestimmen. Ein Vergleich dieses Wertes mit 0 zeigt an, ***ob eine Infiltration vorliegt***. Wird statt einer zweiten anatomischen Struktur eine Skelettierung ersterer verwendet, so kann der minimale Abstand zu dieser Skelettierung bestimmt werden, also z. B. der ***kleinste Durchmesser einer Blutgefäßstenose***. Würden von einer anatomischen Struktur (z.B. Blutgefäß, Organ oder Knochen) separate Segmentierungen für innere und äußere Oberfläche vorliegen, so ließe sich damit effizient die ***minimale Wanddicke*** bestimmen.

Wird bei einer Suchanfrage die Bildung des Minimums durch das Maximum ersetzt, so wird der ***größte Abstand zweier anatomischer Strukturen*** berechnet. Wird auch hier statt einer zweiten Struktur erneut dieselbe gewählt, so liefert dies die ***größte Ausdehnung dieser anatomischen Struktur***.

Da die Warteschlange des vorgestellten Algorithmus die Primitiven-Paare ihrem Abstand nach sortiert enthält, können nach dem ersten auch alle weiteren sich schneidenden Primitiven-Paare zurückgeben werden. Dies ergäbe den *Umriss eines Infiltrationsrandes*. Für diesen ließe sich ebenfalls die größte Ausdehnung effizient ermitteln.

3 Ergebnisse

Zur Evaluation des vorgestellten Algorithmus wurde eine Testumgebung erstellt. Als Eingabedaten dienten Segmentierungen des Halses in Form von Oberflächendreiecksnetzen unterschiedlicher Komplexität. Für ausgewählte Paare von ihnen wurde als Referenzmaß mit dem in [1] beschriebenen Verfahren der kürzeste Abstand bestimmt. Anschließend wurde er mit unserem Verfahren auf vier Arten erneut bestimmt: Die Varianten ergaben sich zum einen aus einer Unterscheidung der Interpretation der Eingabedaten als Punktmengen wie in [1] oder als Dreiecksmengen, zum anderen aus einer Unterscheidung der Splitting-Strategie in *Full Split* und *On Demand*. Für jede derartige Kombination wurde die Laufzeit über 20 Durchläufe gemittelt auf einem Intel Pentium 4 mit 3,2 GHz und 1 GB RAM gemessen. Die Ergebnisse sind in Tabelle 1 festgehalten.

Den Werten lässt sich entnehmen, dass bei *Full Split* erwartungsgemäß eine hohe Aufbauzeit und eine niedrige Testzeit auftritt. Beim *On Demand Split* verhält es sich erwartungsgemäß entgegengesetzt. Weiterhin zeigte sich bei unserer Methode, dass die beiden auf Dreiecken basierenden Varianten langsamer als ihre auf Punkten basierenden Gegenspieler waren. Solange die Anzahl der Eckpunkte beider Segmentierungen jeweils im einstelligen Tausenderbereich lag, waren kaum Laufzeiten messbar. Für diese Größenordnung können alle Verfahren daher als hinreichend effizient bezeichnet werden. Je größer die Anzahl der Eckpunkte jedoch wird, desto schlechter war die Methode aus [1] relativ zu allen anderen. Im Fall der größten Dreiecksnetze (letzte Tabellenzeile) waren alle unsere Varianten deutlich schneller, was die Effizienz unseres Verfahrens bei großen Datenmengen unterstreicht.

4 Diskussion

Nach unseren Tests ist das hier vorgestellte Verfahren zur automatischen Berechnung von Abständen und Ausdehnungen auf Basis von Segmentierungen und Organbeschreibungen als Dreiecksnetzen das derzeit effizienteste im medizinischen Umfeld. Zudem liefert es geometrische exakte Ergebnisse, da es die zu Verfügung stehenden geometrischen Primitive komplett einbezieht (Punkte, Kanten und Dreiecke), statt wie sonst üblich, nur die Punktmengen zu betrachten und ihre Konnektivität zu vernachlässigen. Dadurch ist es auch zum ersten mal möglich, Durchdringungen und Infiltrationen zu entdecken und zu vermessen. Weiterhin werden durch die direkte Rückgabe der geometrischen Primitive, zwischen denen z. B. ein Abstand gemessen wurde, bessere Möglichkeiten für eine genaue Abstandsvisualisierung gerade im Nahbereich geschaffen.

Tabelle 1. Bestimmung kürzester Abstände: Laufzeiten in ms (J.=*Jugularis*, C.=*Carotis*, KoZ=*Knochen ohne Zungenbein*, l/r=*links/rechts*, jeweils original (obere Tableauhälfte) und reduziert (untere Tableauhälfte), A=*Aufbau*, T=*Test*)

Algorithmus			nach [1]		Punkte				Dreiecke			
Objekt	Anzahl	Anzahl	A	T	Full-Split		On-Demand		Full-Split		On-Demand	
	Punkte	Dreiecke			A	T	A	T	A	T	A	T
C. (l)	3620	7232	2.0	27.8	9.6	0.2	1.6	7.2	31.4	18.0	7.2	37.6
C. (r)	3120	6210			7.8	1.6	18.0	5.0				
C. (l)	3620	7232	2.0	29.0	9.6	0.4	2.0	11.4	30.6	10.4	6.4	36.2
J. (l)	3142	6276			6.6	1.4	16.6	4.4				
C. (l)	3620	7232	60.2	2670.6	9.2	1.0	1.6	448.0	29.8	381.6	7.0	1210.3
KoZ	222079	445348			1579.3	275.8	1790.5	358.6				
C. (l)	1807	3616	1.0	0.8	3.6	<0.1	1.0	3.2	11.0	10.4	2.6	18.4
C. (r)	1558	3104			3.4	0.8	7.8	2.4				
C. (l)	1807	3616	0.8	10.8	4.0	0.8	0.8	5.0	11.4	163.0	2.8	176.8
J. (l)	1567	3137			3.0	0.4	8.4	2.0				
C. (l)	1807	3616	29.4	704.4	4.0	1.0	1.0	229.8	11.4	628.2	3.0	1050.1
KoZ	110452	222674			741.2	137.8	864.9	176.2				
Haut	129099	258348	60.0	78600.1	878.5	44.6	159.8	1241.9	1920.7	14475.7	384.4	17320.1
KoZ	110452	222674			725.2	129.6	866.1	168.0				

Die methodische Stärke des Verfahrens liegt neben der Exaktheit und Effizienz vor allem in seiner Vielseitigkeit, da sich – ohne Anpassung der Datenstruktur – durch kleine Variationen an Argumenten und Zielfunktion eine Fülle wichtiger Kennwerte (Abstände, Durchmesser, Wanddicken, etc.) ermitteln lassen. Sogar zur Kollisionserkennung, z. B. bei der virtuellen Endoskopie, lässt es sich auf Grund seiner Effizienz hervorragend einsetzen. Dies ist auch der Grund, warum das Verfahren direkt für den Anwendungseinsatz im klinischen Umfeld geeignet ist, denn es ist auch für erwartungsgemäß zukünftig immer größere Datenmengen noch schnell genug und vollautomatisch.

Literaturverzeichnis

1. Preim B, Tietjen C, Hindennach M, Peitgen HO. Integration automatischer Abstandsberechnungen in die Interventionsplanung. In: Proc. BVM; 2003. p. 259–263.
2. Lin MC, Canny JF. A Fast Algorithm for Incremental Distance Calculation. In: Proc. IEEE ICRA. vol. 2; 1991. p. 1008–1014.
3. Bobrow JE. A Direct Minimization Approach for Obtaining the Distance between Convex Polyhedra. I J Rob Res. 1989;8(3):65–76.
4. Gilbert EG, Johnson DW. A Fast Procedure for Computing the Distance Between Complex Objects in Three Space. IEEE J Rob Autom. 1988 April;4(2):193–203.
5. Faverjon B. Hierarchical Object Models for Efficient Anti-Collision Algorithms. In: Proc. IEEE ICRA. vol. 1; 1989. p. 333–340.
6. Quinlan S. Efficient distance computation between non-convex objects. In: Proc. IEEE ICRA. vol. 4; 1994. p. 3324–3329.