

# Semi-automatische *Echtzeit*-Konturierung mit einem vorlagenbasierten

## und skalierungsinvarianten Ansatz

Dr. Dr. Jan Egger

Universitätsklinikum Gießen und Marburg (UKGM)  
Fachbereich Medizin



### Einleitung

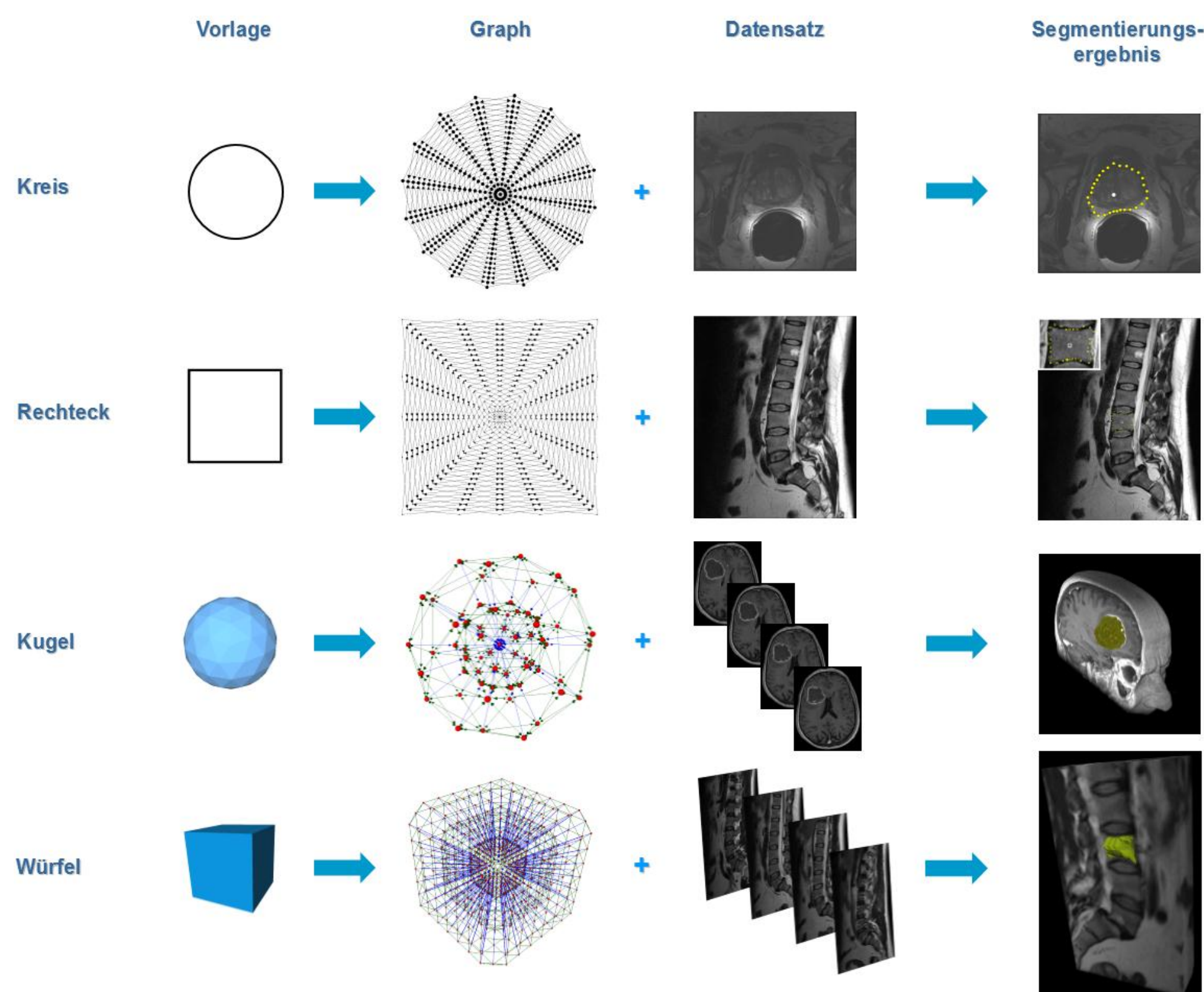
Segmentierungsalgorithmen in der medizinischen Bildverarbeitung werden im Allgemeinen für eine ganz bestimmte Pathologie in einer ganz bestimmten Aufnahme modalität entwickelt. Dennoch versagen (voll)automatische Segmentierungsalgorithmen bei neuen Daten immer wieder. Ganz wesentlich sind präzise Parametereinstellungen, um gute Ergebnisse zu liefern. Deshalb werden Konturierungen in der klinischen Routine immer noch rein manuell und Schicht-für-Schicht vorgenommen. Interaktive Segmentierungsansätze [1, 2], bei denen der Benutzer den Algorithmus mit intuitiven Informationen beim Segmentierungsprozess unterstützt, werden immer interessanter für die klinische Routine, insbesondere bei schwierigen Segmentierungsproblemen.

### Methoden

In diesem Beitrag wird ein interaktiver graphbasierter Segmentierungsalgorithmus zur Konturierung von medizinischen Strukturen vorgestellt. Aufgrund der speziellen Graphkonstruktion benötigt der Ansatz nur einen Saatpunkt und eine Segmentierung kann sehr schnell berechnet werden. Dadurch eignet sich der Ansatz auch für eine interaktive Konturierung in Echtzeit. Der Segmentierungsansatz funktioniert mit 2D- und 3D-Daten und beginnt mit der Graphkonstruktion, ausgehend von einem benutzerdefinierten Saatpunkt innerhalb der zu segmentierenden Struktur. Die Knoten  $n \in V$  des Graphen  $G(V, E)$  werden entlang von Strahlen abgetastet, die radial vom Saatpunkt ausgesandt werden. Zusätzlich ist  $e \in E$  eine Menge von Kanten, die aus Kanten zwischen den Knoten bestehen und aus Kanten, die die Knoten mit einer Quelle  $s$  und einer Senke  $t$  verbinden, um die Berechnung eines minimalen  $s$ - $t$ -Schnitts [3] zu ermöglichen. In Anlehnung an die Notation von Li et al. [4] verbindet eine Kante  $\langle v_i, v_j \rangle \in E$  zwei Knoten  $v_i, v_j$ . In der Kantenmenge gibt es zwei Arten von  $\infty$ -gewichteten Kanten:  $p$ -Kanten  $A_p$  und  $r$ -Kanten  $A_r$ .  $P$  ist die Anzahl der Knoten, die entlang eines Strahles  $p=(0, \dots, P-1)$  abgetastet wurden, und  $R$  ist die Anzahl der Strahlen, die radial ausgesandt wurden, mit  $r=(0, \dots, R-1)$ .  $V(x_n, y_n)$  ist als der Nachbar von  $V(x, y)$  definiert [5,6]:

$$A_p = \{ \langle V(x, y), V(x, y-1) \rangle \mid y > 0 \}$$

$$A_r = \{ \langle V(x, y), V(x_n, \max(0, y - \Delta_r)) \rangle \}$$



**Abbildung 1** – Verschiedene Beispiele für Vorlagen, mit denen unterschiedliche Pathologien in 2D und 3D segmentiert wurden: Eine Kreisvorlage wurde dazu genutzt, einen Graphen aufzubauen und die Prostata zu segmentieren (erste Zeile), eine Rechteckvorlage wurde verwendet, um Wirbelkonturen in einzelnen 2D-Schichten zu bestimmen (zweite Zeile), eine Kugelvorlage diente dazu, Glioblastoma Multiforme (GBM) zu segmentieren (dritte Zeile), und für die Bestimmung ganzer Wirbelkörper in 3D kam eine Würfelvorlage zum Einsatz (untere Zeile). Bei allen Beispielen wurde der Graph vom benutzerdefinierten Saatpunkt innerhalb der Pathologie aus konstruiert.

### Referenzen

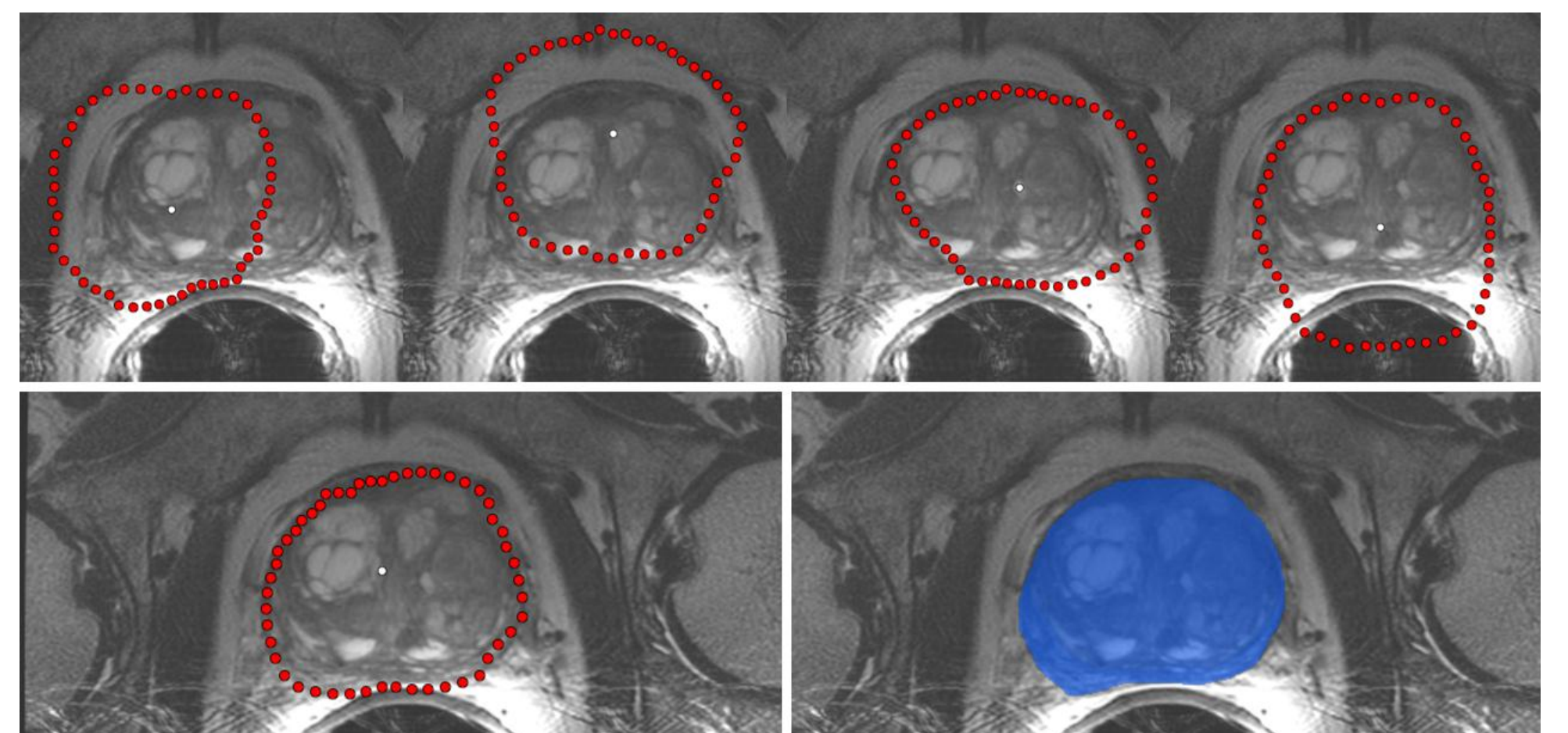
1. Steger S, Sakas G. FIST: Fast interactive segmentation of tumors. *Abdominal Imaging*. 2011;7029:125-132.
2. Heckel F, Moltz JH, Tietjen J, et al. Sketch-Based Editing Tools for Tumour Segmentation in 3D Medical Images. *Computer Graphics Forum*. 2013.
3. Boykov Y, Kolmogorov V. An experimental comparison of min-cut/max-flow algorithms for energy minimization in vision. *IEEE PAMI*. 2004;26(9):1124-37.
4. Li K, Wu X, Chen DZ, et al. Optimal surface segmentation in volumetric images: a graphtheoretic approach. *IEEE PAMI*. 2006;28(1):119-34.
5. Egger J, Kapur T, Dukatz T, et al. Square-Cut: A Segmentation Algorithm on the Basis of a Rectangle Shape. *PLoS One*. 2012;7(2):e31064.
6. Egger J, Freisleben B, Nimsky C, et al. Template-Cut: A Pattern-Based Segmentation Paradigm. *Sci Rep*. 2012;2(420).
7. Zou KH, Warfield SK, Bharatha A, et al. Statistical validation of image segmentation quality based on a spatial overlap index. *Acad Radiol*. 2004;2:178-89.
8. Egger J, Bauer MHA, Kuhnt D, et al. A Flexible Semi-Automatic Approach for Glioblastoma multiforme Segmentation. *Proc Biosignal*. 2010;60:1-4.

### Ergebnisse

Der vorgestellte Ansatz wurde innerhalb der Plattform MeVisLab realisiert. Der spezielle Aufbau der Graphen ermöglichte eine Echtzeit-Konturierung auf einem Rechner mit Intel Core i5-750 CPU, 4x2.66 GHz, 8 GB RAM. Die Evaluierung erfolgte über feste Saatpunkte in medizinischen 2D- und 3D-Daten (Tabelle).

Pathologie (Anzahl)	min./max. der Volumina (cm <sup>3</sup> )	automatisch	manuell	automatisch	$\mu \pm \sigma$ der DSCs (%)
GBM (50)	0,47/119,28	0,46/102,98	23,66±24,89	21,02±22,90	80,37±8,93
HA (10)	0,84/15,57	1,18/14,94	6,30±4,07	6,22±4,08	77,49±4,52
ZA (3)	0,45/4,02	0,35/4,22	1,90±1,88	2,02±1,99	72,66±10,71
PD (10)	13,67/66,16	13,29/67,56	31,32±17,45	33,58±18,88	78,94±10,85
WK 2D (9)	0,25/0,51	0,24/0,49	0,42±0,072	0,40±0,073	90,97±2,2
WK 3D (10)	15,42/33,83	16,64/28,78	24,97±6,15	23,48±5,12	81,33±5,07

**Tabelle** – Evaluationsergebnisse: min., max., Mittelwert  $\mu$  und Standardabweichung  $\sigma$  für die manuell und automatisch segmentierten Volumina (cm<sup>3</sup>) der Pathologien und Mittelwert  $\mu$  und Standardabweichung  $\sigma$  der Dice Similarity Koeffizienten (DSC) [7] zwischen den manuellen und automatischen Segmentierungen. Abkürzungen: Glioblastoma Multiforme (GBM), Hypophysen-adenome (HA), Zerebrale Aneurysmen (ZA), Prostatastrüben (PD) und Wirbelkörper (WK).



**Abbildung 2** – Interaktive Prostata-Segmentierung mit einer Kreisvorlage in einer MRT-Aufnahme: Die oberen vier Bilder zeigen die resultierende Kontur (rot), wenn der benutzerdefinierte Saatpunkt (weiß) näher an den Rand der Prostata verschoben wurde. Im oberen linken Bild z.B. befindet sich der Saatpunkt näher am linken Rand der Prostata, daher tendiert das Segmentierungsergebnis auch zu einer Übersegmentierung im linken Bereich der Prostata. Allerdings ermöglicht es die interaktive Echtzeit-Rückmeldung des Ansatzes dem Benutzer, schnell ein zufriedenstellendes Segmentierungsergebnis zu finden (linkes unteres Bild). Zum visuellen Vergleich des Segmentierungsergebnisses aus dem linken unteren Bild ist im rechten unteren Bild die Maske (blau) einer rein manuellen Segmentierung auf derselben 2D-Schicht dargestellt.

### Diskussion

Der Fortschritt in diesem Beitrag besteht darin, dass Algorithmen (wie der Square-Cut) in einen echtzeitfähigen Ansatz transformiert und getestet wurden. Im Gegensatz zu anderen interaktiven Ansätzen, die meistens eine aufwändige Initialisierung benötigen, wird durch diesen Ansatz eine interaktive Echtzeit-Segmentierung ermöglicht, da nur ein benutzerdefinierter Saatpunkt innerhalb des zu segmentierenden Objektes benötigt wird. Außerdem kann durch die spezielle geometrische Konstruktion des Graphen die Echtzeitfähigkeit (insbesondere in 3D) je nach Recherausstattung sichergestellt werden, z.B. durch eine geringere Strahlen- und Knotendichte. Darüber hinaus können Grauwertinformationen im Bereich des Saatpunktes automatisch analysiert und für die Segmentierung genutzt werden. Das Verfahren soll als nächstes zu einer Art iterativem Ansatz erweitert werden. Dabei segmentiert der Benutzer (interaktiv) zuerst mehrere Konturen in 2D. Anschließend wird ein 3D-Graph zur interaktiven Segmentierung aufgebaut, der allerdings in den drei vorher segmentierten 2D-Schichten bereits fixiert ist. Diese 2D-Fixierungen schränken die Anzahl der möglichen  $s$ - $t$ -Schnitte massiv ein [8] und unterstützen den Benutzer, auch in 3D einen geeigneten Saatpunkt interaktiv zu finden.