

Semi-automatische *Echtzeit*-Konturierung mit einem vorlagenbasierten und skalierungsinvarianten Ansatz

Jan Egger

Fachbereich Medizin, Universitätsklinikum Gießen und Marburg (UKGM)
egger@med.uni-marburg.de

Kurzfassung. In diesem Beitrag wird ein semi-automatischer und skalierungsinvarianter Segmentierungsalgorithmus zur *Echtzeit*-Konturierung vorgestellt. Dabei „verpackt“ der Ansatz Parameter des Algorithmus in seiner Interaktivität für den Anwender. Dadurch wird vermieden, dass ein Anwender, um ein akzeptables Segmentierungsergebnis zu erzielen, ihm unbekannte Parametereinstellungen finden muss, die er im Gegensatz zum Entwickler des Algorithmus nicht ohne weiteres verstehen kann. Für die interaktive Segmentierung wurde ein spezieller graphbasierter Ansatz entwickelt, der sich insbesondere für eine interaktive *Echtzeit*-Konturierung eignet, da nur ein benutzerdefinierter Saatpunkt innerhalb der Zielstruktur benötigt wird und sich das Segmentierungsergebnis durch die besondere geometrische Konstruktion des Graphen sehr schnell berechnen lässt. Außerdem lassen sich die Grauwertinformationen, die für den Ansatz benötigt werden, automatisch aus dem Bereich um den benutzerdefinierten Saatpunkt herum extrahieren. Der Ansatz wurde über feste Saatpunkte in medizinischen 2D- und 3D-Daten evaluiert. Ein direkter Vergleich mit wesentlich zeitintensiveren manuellen Segmentierungen soll die praktische Anwendbarkeit des Ansatzes verdeutlichen.

1 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. 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.

2 Material und Methoden

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 ∞ -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 (für weitergehende Details zur Graphkonstruktion wird an dieser Stelle auf [5,6] verwiesen):

$$\begin{aligned} A_p &= \{\langle V(x, y), V(x, y-1) \rangle \mid y > 0\} \\ A_r &= \{\langle V(x, y), V(x_n, \max(0, y - \Delta_r)) \rangle\} \end{aligned} \quad (1)$$

Die ∞ -gewichteten Kanten für eine Oberfläche in 3D werden äquivalent zu den ∞ -gewichteten Kanten für eine Kontur in 2D definiert:

$$\begin{aligned} A_p &= \{\langle V(x, y, z), V(x, y, z-1) \rangle \mid z > 0\} \\ A_r &= \{\langle V(x, y, z), V(x_n, y_n, \max(0, z - \Delta_r)) \rangle\} \end{aligned} \quad (2)$$

Ist der Graph konstruiert, wird der minimale s-t-Schnitt für den Graphen berechnet [3], der wiederum dem Segmentierungsergebnis entspricht. In Abb. 1 findet man verschiedene Beispiele für Vorlagen, mit denen unterschiedliche Pathologien in 2D und 3D segmentiert wurden. Bei allen Beispielen wurde der Graph von einem benutzerdefinierten Saatpunkt aus konstruiert, der innerhalb der Pathologie lag. Für die Segmentierung benötigt der Ansatz auch einen mittleren Grauwert der zu segmentierenden Struktur. Dieser mittlere Grauwert wird im Bereich des Saatpunktes automatisch bestimmt und jedes Mal neu berechnet, wenn der Benutzer ihn interaktiv auf dem Bild verschiebt. Das macht den Ansatz robuster gegen Segmentierungsfehler, wenn der Saatpunkt kurzfristig über Bereiche verschoben wird, die zwar innerhalb der zu segmentierenden Struktur liegen, aber nicht dem mittleren Grauwert der zu segmentierenden Struktur entsprechen, wie z.B. bei sehr hellen Kalzifikationen.

3 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 1).

Tabelle 1. Evaluationsergebnisse: min., max., Mittelwert μ und Standardabweichung σ für die manuell und automatisch segmentierten Volumina (cm^3) der Pathologien und Mittelwert μ und Standardabweichung σ der Dice Similarity Koeffizienten (DSC) [7] zwischen den manuellen und automatischen Segmentierungen. Abkürzungen: Glioblastoma Multiforme (GBM), Hypophysenadenome (HA), Zerebrale Aneurysmen (ZA), Prostatadrüsen (PD) und Wirbelkörper (WK).

Pathologie (Anzahl)	min./max. der Volumina (cm^3)		$\mu \pm \sigma$ der Volumina (cm^3)		$\mu \pm \sigma$ der DSCs (%)
	manuell	automatisch	manuell	automatisch	
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

Abb. 2 gibt mehrere Screenshots aus einem Video wieder, die die interaktive *Echtzeit*-Konturierung von Wirbelkörpern und Bandscheiben in einer sagittalen Schicht einer MRT-Aufnahme zeigen. Der Mittelpunkt des Graphen ist in Weiß dargestellt und kann vom Benutzer interaktiv auf dem Bild verschoben werden, die roten Punkte stellen das Ergebnis der Segmentierung dar. In Abb. 3 sieht man eine interaktive Prostata-Segmentierung mit einer Kreisvorlage in einer MRT-Aufnahme. Die oberen vier Bilder zeigen die resultierende Kontur (rot), wenn der benutzerdefinierte Saatpunkt näher an den Rand der Prostata verschoben wurde. Im oberen linken Bild zum Beispiel befindet sich der Saatpunkt näher am linken Rand der Prostata, daher tendiert das Segmentierungsergebnis auch zu einer Übersegmentierung im linken Bereich der Prostata. Allerdings ermöglichen das interaktive Verhalten und die *Echtzeit*-Rückmeldung des Ansatzes es 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.

4 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 [8,9], 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 *Echtzeit*-fähigkeit (insbesondere in 3D) je nach Recherausstattung sichergestellt werden, z.B. durch eine geringere Strahlen- und Knotendichte. Darüber hinaus können Grauwert-

informationen im Bereich des Saatpunktes automatisch analysiert und für die Segmentierung genutzt werden. Damit „verpackt“ der Ansatz in seinem interaktiven Verhalten Parameter und verhindert dadurch, dass der Benutzer diese definieren muss. Auch wenn die Evaluation gezeigt hat, dass der Ansatz mit (festen) Saatpunkten gute Ergebnisse liefert, ist es (im Gegensatz zu einer interaktiven Segmentierung in 2D) recht schwierig, ein Objekt in 3D interaktiv zu segmentieren. Das liegt daran, dass der Saatpunkt im Raum verschoben wird und dabei die Seiten eines 3D-Objekts für eine zufriedenstellende Segmentierung überwacht werden müssen. Das Verfahren soll daher 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 (Abb. 4). Diese 2D-Fixierungen schränken die Anzahl der möglichen s-t-Schnitte massiv ein [10] und unterstützen den Benutzer, auch in 3D einen geeigneten Saatpunkt interaktiv zu finden.

5 Danksagung

Ich danke den Neurochirurgen des UKGM in Marburg für ihr Mitwirken an der Studie, Robert Schwarzenberg für die Implementierung des Cube-Cut-Algorithmus, Fraunhofer MeVis in Bremen für die MeVisLab-Lizenz, Edith Egger-Mertin für das Korrekturlesen und Fedorov et al. für die Prostatadatensätze:
<http://www.spl.harvard.edu/publications/item/view/2174>

Literaturverzeichnis

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. Boykov Y, Jolly MP. Interactive Graph Cuts for Optimal Boundary and Region Segmentation of Objects in N-D Images. *IEEE ICCV*. 2001;1:105–122.
9. Vezhnevets V, Konouchine V. GrowCut-Interactive multi-label N-D image segmentation. *Proc Graphicon*. 2005; p. 150–156.
10. Egger J, Bauer MHA, Kuhnt D, et al. A Flexible Semi-Automatic Approach for Glioblastoma multiforme Segmentation. *Proc Biosignal*. 2010;60:1–4.

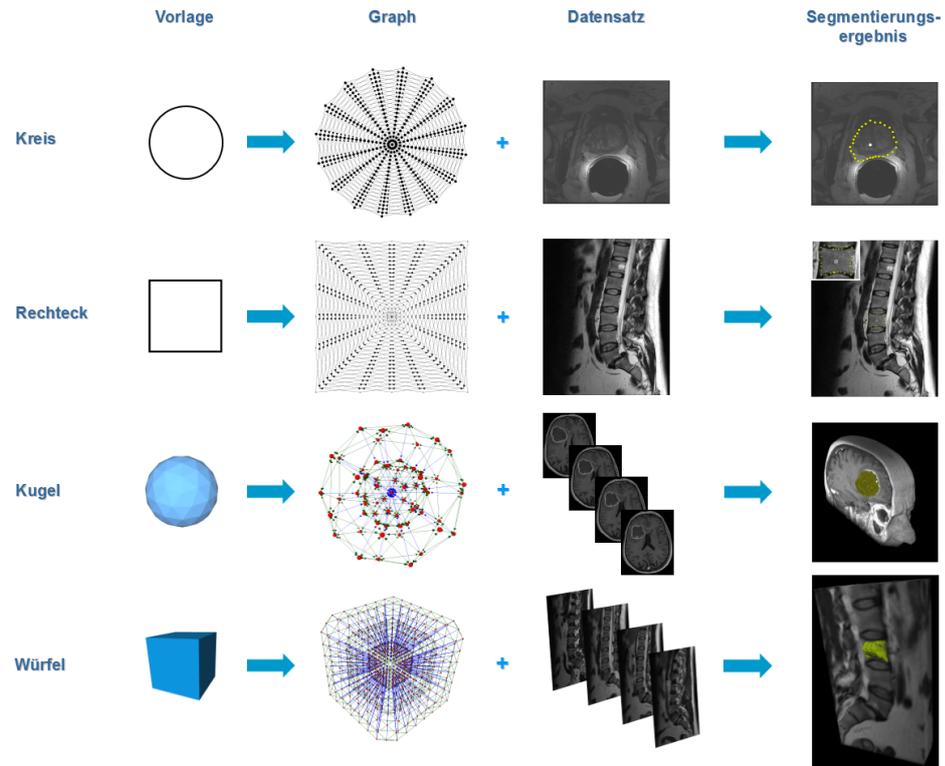


Abb. 1. Verschiedene Beispiele für Vorlagen, mit denen unterschiedliche Pathologien in 2D und 3D segmentiert wurden: Eine *Kreis*-Vorlage wurde dazu genutzt, einen Graphen aufzubauen und die Prostata zu segmentieren (erste Zeile), eine *Rechteck*-Vorlage wurde verwendet, um Wirbelkonturen in einzelnen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

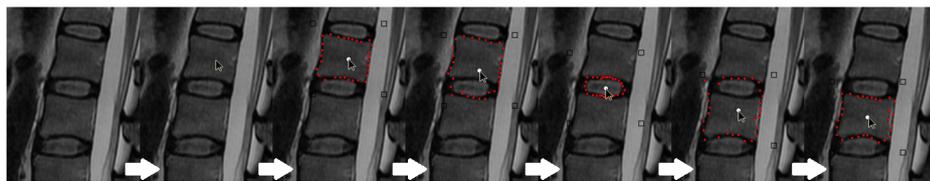


Abb. 2. Mehrere Screenshots aus einem Video, die die interaktive *Echtzeit*-Konturierung von Wirbelkörpern und Bandscheiben in einer sagittalen Schicht einer Magnetresonanztomographie (MRT)-Aufnahme zeigen (von links nach rechts). Der Mittelpunkt des Graphen ist in *Weiß* dargestellt und kann vom Benutzer interaktiv auf dem Bild verschoben werden, die kleinen schwarzen Boxen zeigen die Ecken der *Rechteck*-Vorlage an, und die roten Punkte stellen das Ergebnis der Segmentierung da.

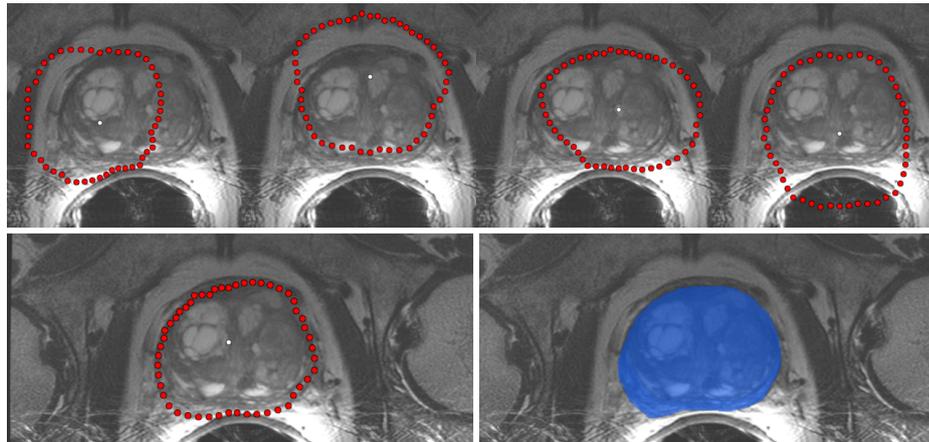


Abb. 3. Interaktive Prostata-Segmentierung mit einer *Kreisvorlage* in einer MRT-Aufnahme: Die oberen vier Bilder zeigen die resultierende Kontur (rot), wenn der benutzerdefinierte Saatpunkt näher an den Rand der Prostata verschoben wurde. Im oberen linken Bild z.B. befindet sich der Saatpunkt näher 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.

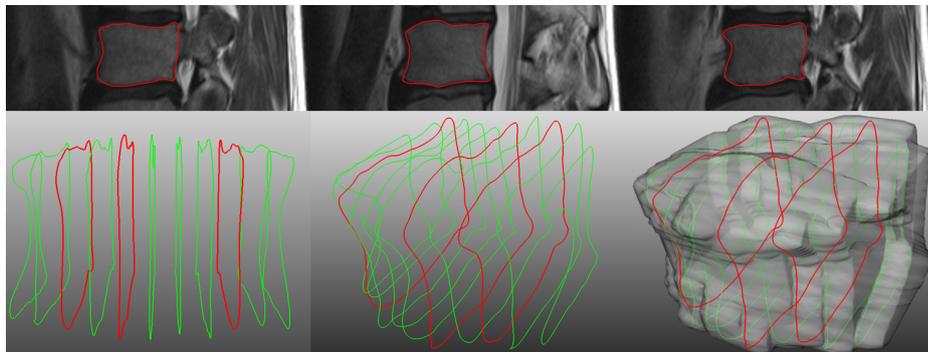


Abb. 4. Iterative Segmentierung: Zuerst werden mehrere Wirbelkonturen (obere Reihe, rot) mit einem interaktiven 2D-Ansatz wie aus Abb. 2 segmentiert. Danach wird ein 3D-Graph zur Segmentierung des Wirbelkörpers in 3D konstruiert, bei dem die drei schon segmentierten 2D-Konturen im 3D-Graphen *fixiert* sind. Diese Restriktionen des 3D-Graphen beeinflussen und unterstützen die Segmentierung der restlichen Konturen des Wirbelkörpers (grüne Konturen in der unteren Reihe). Die roten Konturen aus den Bildern der unteren Reihe korrespondieren mit den Konturen der Bilder der oberen Reihe. Im rechten unteren Bild ist zusätzlich die voxelisierte Maske des Wirbelkörpers eingeblendet.