Erkennen von Blutgefäßen in subtraktionsangiographischen Bildern

Martin Franz

Technische Universität Dresden, Fakultät Informatik
Institut für Künstliche Intelligenz/BV, 01062 Dresden
Email: franz@iki.inf.tu-dresden.de

Zusammenfassung Es wird ein neuer Ansatz zur automatisierten Segmentation von Blutgefäßen in subtraktionsangiographischen Aufnahmen vorgeschlagen. Wegen guter Modellierung der Gefäßeigenschaften und Robustheit gegen Rauschen wurden dabei Trackingansätze mit Matched Filtern favorisiert. Die bislang unzureichende Herleitung der Filter wird in diesem Artikel präzisiert. Ein wichtiges Problem ist die Evaluation des gefundenen Adernbaumes, für die als neuer Weg hier eine automatisierte strukturelle Kontrolle vorgestellt wird.

Schlüsselwörter: Blutgefäßerkennung, Matched Filter, Tracking, Strukturelle Kontrolle, Graph Matching

1 Einleitung

Bekannte Segmentationsansätze reichen von Scale-Space-Methoden [4], Snakes, morphologischen Gradienten bis zur Segmentation im Histogramm [1] und relationalen hierarchischen Modellen [7]. Die differenzierenden Operatoren der ersten drei Verfahren sind zu störanfällig gegen das hohe Grundrauschen in subtraktionsangiographischen Aufnahmen (DSA). Bei histogrammbasierten Ansätzen ist nachteilig, daß Wissen über die Geometrie der Gefäße kaum genutzt wird. Relationale Modelle hingegen sind zu starr, um die naturgemäß hohe Variabilität der Gefäße modellieren zu können. Tracking-Ansätze mit signalangepaßten Filtern (Matched Filters) [8, 3, 2] haben genannte Nachteile nicht, weshalb sie hier favorisiert werden. Allerdings benötigen sie ein präzises Signalmodell, das in bislang veröffentlichten Ansätzen fehlt. In Kap. 2 wird dieses Problem durch die Konstruktion eines Matched Filters für Gefäße gelöst.

An Tracking-Ansätzen ist unvorteilhaft, daß Gefäßverzweigungen nicht modelliert werden und nur Gefäßregionen detektiert werden, die mit dem Startpunkt verbunden sind. Der in Kap. 3 vorgestellte Tracking-Ansatz behebt diesen Mangel.

Das Hauptanliegen dieses Artikels ist die automatisierte Evaluation des gefundenen Adernbaumes. Obwohl Evaluation in medizinischen Anwendungen von größter Wichtigkeit ist, bleibt das Problem in vielen publizierten Ansätzen ungelöst [7, 2] oder es wird mit Hilfe von manuellen Benchmarks [8, 3] oder synthetischen Bildern [1] evaluiert. In Kap. 4 wird diese Evaluation *automatisiert* durch Überprüfung struktureller Gefäßeigenschaften. Die experimentellen Resultate und ein Ausblick finden sich in Kap. 5 und 6.

2 Optimalfilter für Gefäße

Matched Filter (MF) sind Optimalfilter für die Detektion von bekannten Signalen in Rauschen. Das Problem besteht in der Ermittlung der Signale, auf die sich Gefäße abbilden. Diese Abbildung erfolgt durch Röntgenabsorbtion (*Lambert's Gesetz*), welche aber nicht nur vom Gefäß, sondern auch vom Hintergundgewebe abhängt, dessen Inhomogenitäten und biologische Variabilität damit einen großen Einfluß haben. Wegen dieser Ungewißheit wird das Gefäßsignal oft nur sehr grob als rechteckförmig [1, 8] oder als Gaußfunktion angenommen. Bei DSA–Bildern (Abb. 3a) werden zwei Angiogramme voneinander subtrahiert, um so den Einfluß des Hintergundgewebes zu eliminieren. Damit ergibt sich a) ein linearer Zusammenhang zwischen Gefäßdicke und Grauwert des DSA–Bildes und b) ist das Gefäßsignal unabhängig vom Hintergrund und kann aus einem Gefäßmodell hergeleitet werden. Hier wurden Gefäße als *elliptische Zylinder* angenommen, dann sind alle Schnitte (außer parallel zur Mittelachse) Ellipsen. Das Dickeprofil eines elliptischen Querschnittes ist gemäß [6] immer eine Halbellipse (Abb. 1a), so das ein MF für Gefäße ein kleines gerades Halbellipsenstückchen ist. Da Breite und Richtung des Gefäßes nicht bekannt sind, werden für eine Menge von diskreten Breiten und Richtungen Filter (z.B. Abb. 1b) erzeugt und an jedem Punkt angewendet. Das maximale Faltungsergebnis f^* ist ein Maß dafür, ob das entsprechende Pixel ein Gefäßpixel ist und liefert zugleich eine Schätzung von deren Richtung und Breite. Die Filter werden so normiert, daß das Faltungsergebnis unabhängig vom mittleren Grauwert und Kontrast ist. Letzteres war notwendig, um auch kleine Gefäße erkennen zu können.

Natürlich modelliert obige Vorgehensweise keine Gefäßverzweigungen und nichtelliptische Gefäßstückchen, d.h. der MF versagt an diesen Punkten und es sind zusätzliche Korrekturschritte notwendig, wie in Kap. 3 beschrieben.

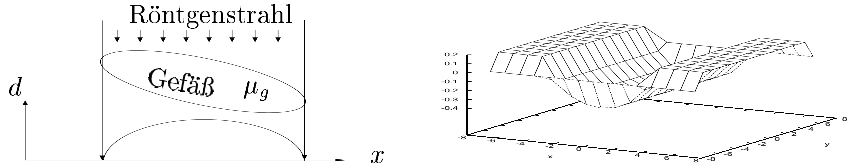


Abb. 1 a) Dickeprofil b) Matched Filter für Gefäße

3 Gefäß–Verfolgung (Tracking)

Tracking–Methoden funktionieren nach folgendem rekursivem Schema: Sind Startpunkt und Startrichtung gegeben, wird der nächste Punkt p geschätzt, indem die gegebene Richtung ein kleines Stückchen Δ fortgesetzt wird. In einer 3×3–Umgebung U von p wird die Position p_e des „echten“ Gefäßes [8] als der Ort des Maximums $f_{\max}$ über alle Faltungsergebnisse f^* in U ermittelt. Ist $f_{\max}$ größer als ein Schwellwert $t_s = 0.68$, so wird das Ergebnis akzeptiert, anderenfalls wird Δ verdoppelt und p erneut geschätzt, bis entweder ein Ergebnis akzeptiert oder das Iterationslimit von 3 erreicht wird. Mit dieser Methode werden kleine Lücken im Gefäß übersprungen und lokale Fehlfunktionen des MF ausgeglichen. Der neu ermittelte Punkt ist p_e, neue Richtung ist die des mit $f_{\max}$ antwortenden Filters. Verzweigungen werden bis hierher nicht berücksichtigt; das Tracking folgt dem Gefäßzweig mit dem größten Signal. Dieser Nachteil wird in [3] behoben, indem an den Kanten bereits detektierter Gefäße rekursiv nach Abzweigen gesucht wird. Ein weiterer Nachteil ist, daß nur Gefäßregionen detektiert werden, die mit dem Startpunkt verbunden sind. Wenn eine Stenose das Tracking stoppt, so werden dahinter liegende Gefäßzüge nicht erkannt. Deshalb wird eine *Menge von Startpunkten* gewählt, der alle Punkte angehören, deren maximales Faltungsergebnis größer ist als ein Schwellwert $t_{start} = 0.85$. Man kann zwar nicht sicherstellen, daß in jeder Zusammenhangskomponente ein Startpunkt liegt, aber der Vorteil gegenüber einem Startpunkt liegt auf der Hand. Wegen der mehrfachen Startpunkte muß der gefundene Gefäßgraph keine ein Pixel breite Line sein und wird deshalb mit einen Thinningalgorithmus nach [10] skelettiert (Abb. 3c).

4 Strukturelle Kontrolle

Es wird eine strukturelle Annahme über Gefäße getroffen, anhand derer das Segmentationsergebnis S von Kap. 3 überprüft wird. Diese Annahme lautet: *In Verzweigungspunkten gabeln sich Gefäße immer in genau zwei Äste oder genau zwei Gefäße vereinigen sich zu einem.* Dies trifft auf die überwältigende Mehrheit der Gefäße zu, allerdings gibt es einige wenige Ausnahmen, wie z.B. die ateria basilaris. Finden sich nun Knoten der Valenz ≥ 4 in S, so müssen diese durch die Projektion P des 3D–eingebetteten Gefäßgraphen g in die 2D–Bildebene entstanden sein. Folgende Fälle $P_i(g)$ sind denkbar:

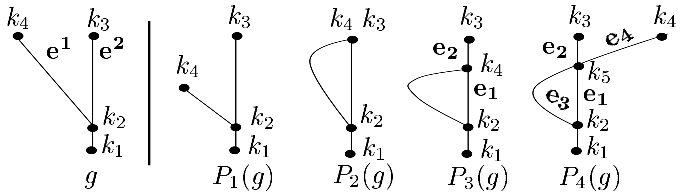


Abb. 2 Projektion P vom 3D zum 2D-Bildebene

1. $P_1(g)$ verändert den Graphen nicht, d.h. $P_1(g)$ ist isomorph zu g. (Abb. 2)
2. Zwei Knoten von g werden aufeinander abgebildet und verklebt: $k_4 \mapsto k_3$ Dies wird als $P_2(g)$ in Abb. 2 gezeigt.
3. Ein Knoten k_4 von g wird auf einen Punkt $p(e^2)$ einer Kante e^2 von g abgebildet und verklebt, es entstehen zwei neue Teilkanten e_1 und e_2, wie als $P_3(g)$ in Abb. 2 ersichtlich: $k_4 \mapsto p(e^2)$.
4. Einen Punkt $p(e^1)$ einer Kante e^1 wird auf den Punkt $p(e^2)$ einer anderen Kante e^2 abgebildet: $p(e^1) \mapsto p(e^2)$. Es enstehen vier neue Teilkanten $\{e_1, e_2, e_3, e_4\}$ und der Kreuzungspunkt k_5, wie als $P_4(g)$ in Abb. 2 gezeigt.

Sei $\mathbb{K}$ die Menge der Knoten der Valenz ≥ 4 im Segmentationsergebnis S. Jeder Knoten in $\mathbb{K}$ muß durch Verklebung vorher disjunkter Knoten bzw. Kanten in den Abbildungen $\{P_2, P_3, P_4\}$ entstanden sein, da Knoten der Valenz ≥ 4

im 3D–eingebetteten Gefäßgraphen g laut Annahme nicht existieren. Bei den $\{P_2, P_3, P_4\}$ entsteht mit jedem „Verklebungs"–Knoten $k \in \mathbb{K}$ aber zugleich eine Fläche, die zu diesem Knoten k inzident ist. Damit ergibt sich folgende Kontrollstrategie: Kann jeder Knoten $k \in \mathbb{K}$ eineindeutig auf einer Fläche $f \in \mathbb{F}$ abgebildet werden, so ist k offenbar durch die Projektion P verursacht. Somit kann das Segmentationsergebnis S eine Projektion eines 3D–Gefäßgraphen sein, der obige Annahme erfüllt – womit der strukturelle Test bestanden ist. Die eineindeutige Abbildung A der „Verklebungs"–Knoten auf die Flächen kann als *Matching in bipartiten Graphen* formuliert werden. Gelöst wird dieses Zuordnungsproblem durch das *Theorem von König und Hall*, das auch einen schnellen Algorithmus zur Ermittlung von Abbildung A bereitstellt [9]. Existiert A nicht, so wird die Menge $\mathbb{T}$ derjenigen Knoten ausgegeben, denen keine Flächen zugeordnet werden konnten. In letzterem Fall ist der strukturelle Test nicht bestanden, der dies verursachende Fehler ist jedoch in $\mathbb{T}$ *lokalisiert*. Die „Fehler"–Knoten in $\mathbb{T}$ ermöglichen eine automatische lokale Fehlerkorrektur. Alternativ können alle Knoten in $\mathbb{T}$ für eine interaktive Suche als „unsicher" markiert werden.

5 Resultate und Diskussion

Die halbelliptischen, 13×13 Pixel großen Matched Filter wurden für acht diskrete Orientierungen O und sechs Filterbreiten $B = \{1.0,\ 1.4,\ 1.9,\ 2.6,\ 3.5,\ 4.8\}$ erzeugt. Das Maximum der Faltung über alle $O \times B$ an jeder Pixelposition ist in Abb. 3b zu sehen, wobei der maximale Wert weiß dargestellt ist.

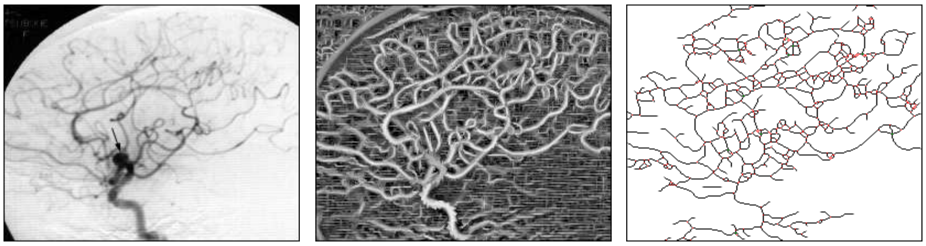
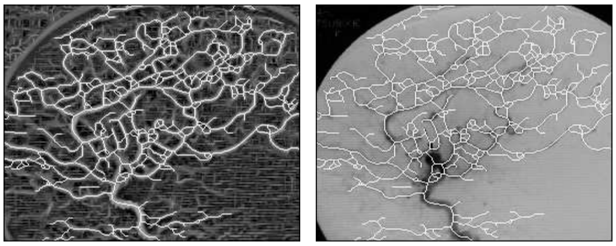


Abb. 3 a) DSA–Bild b) Matched Filter Ergebnis c) Gefäßgraph



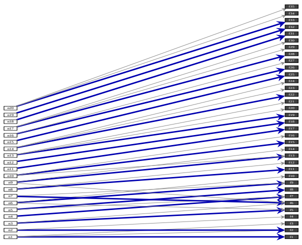


Abb. 4 Gefäßgraph eingez. in a) MF–Ergebnis b) DSA–Bild **Abb. 5** Matching

Der Gefäßgraph (Abb. 3c) wurde zum Test in das Matched Filter Ergebnis (Abb. 4a) und in das Originalbild (Abb. 4b) eingezeichnet. Man erkennt, daß auch kleine Gefäße sicher gefunden werden. Für den graphentheoretischen Teil wurde die LEDA C++ Klassenbibliothek [5] genutzt, die auch Routinen für Graph–Matching enthält. In Abb. 5 ist ein Ausschnitt aus einem Matching zu sehen, wobei $\mathbb{K}$ die linke und $\mathbb{F}$ die rechte Kolumne bildet. Man erkennt, daß allen Knoten in $\mathbb{K}$ eine inzidierende Fläche aus $\mathbb{F}$ zugeordnet werden konnte (dicke Kanten). So wie hier bestanden alle Testbeispiele die strukturelle Kontrolle, was auf eine korrekte Segmentierung der Gefäße schließen läßt. Abschließend seien die Rechenzeiten für ein 269×237 DSA–Bild auf einer SUN Ultra–60 gegeben:

Teilschritt	Matched Filter	Tracking	Skelettieren	Graph Matching	Gesamt
benötigte Zeit	52.3 s	5.8 s	0.2 s	1.9 s	60.2 s

6 Zusammenfassung und Ausblick

Es wird ein neues Verfahren zur Blutgefäßdetektion vorgestellt. Die erste Verbesserung ist die Ableitung eines präzisen Matched Filters für Gefäße aus dem Bildentstehungsprozess. Weiterhin werden einige Mängel bekannter Trackingansätze behoben, indem der Algorithmus robust gegen kleine Lücken im Gefäßverlauf gemacht wird. Hauptanliegen ist eine automatische strukturelle Kontrolle des detektierten Gefäßes. Schlägt diese fehl, so liefert das vorgestellte Testverfahren die Orte möglicher Fehler, so daß eine lokale Fehlerkorrektur erfolgen kann. Das Verfahren ist im Hinblick auf eine semantische Bildkompression entwickelt worden, es kann aber auch zur Diagnoseunterstützung eingesetzt werden, wenn man sicherstellt, daß die strukturelle Annahme für die untersuchte Körperregion gilt.

Literatur

1. D. P. Kottke und Y. Sun. Segmentation of coronary arteriograms by iterative ternary classification. *IEEE Trans. on Biomed. Eng.*, 37(8):778–785, 1990.
2. R. Kutka und S. Stier. Extraction of line properties based on direction fields. *IEEE Trans. on Med. Imaging*, 15(1):51–58, 1996.
3. I. Liu und Y. Sun. Recursive tracking of vascular networks in angiograms based on the detection-deletion scheme. *IEEE Trans. on Med. Imag.*, 12(2):335–341, 1993.
4. C. Lorenz, I.-C. Carlsen, T. M. Buzug und C. Fassnacht. A multi-scale line filter with automatic scale selection based on the hessian matrix for medical image segmentation. *Lecture notes in computer science*, 1252:152–163, 1997.
5. K. Mehlhorn, S. Näher, M. Seel und C. Uhrig. *LEDA C++ Klassenbibliothek, Version 3.8.* Erhältlich unter `http://www.mpi-sb.mpg.de/LEDA/`, 1999.
6. C. Pellot, A. Herment, M. Sigelle, P. Horain, H. Maitre und P. Peronneau. A 3d reconstruction of vascular structures from two x-ray angiograms using an adapted simulated annealing algorithm. *IEEE Trans. on Med. Imaging*, 13(1):48–60, 1994.
7. S. A. Stansfield. Angy: a rule-based expert system for automatic segmentation of coronary vessels from digital subtracted angiograms. *IEEE Trans. on Patt. Analysis and Machine Intell.*, 8(2):188–199, 1986.
8. Y. Sun. Automated identification of vessel contours in coronary arteriograms by an adaptive tracking algorithm. *IEEE Trans. on Med. Imaging*, 8(1):78–88, 1989.
9. L. Volkmann. *Fundamente der Graphentheorie*. Springer-Verlag, 1996.
10. T. Y. Zhang und C. Y. Suen. A fast parallel algorithm for thinning digital patterns. *Comm. ACM*, 27(3):236–239, 1984.