Einsatz eines adaptiven Regionenwachstumsverfahrens zur semiautomatischen und automatischen Segmentierung von medizinischen Bilddaten

Regina Pohle und Klaus D. Tönnies

Institut für Simulation und Graphik
Otto-von-Guericke Universität Magdeburg, 39106 Magdeburg
Email: regina@isg.cs.uni-magdeburg.de

Zusammenfassung. Die erfolgreiche Spezifikation einer Struktur in medizinischen Bildern durch ein Regionenwachstumsverfahren erfordert neben der Eingabe eines Startpunktes auch die Vorgabe der Homogenitätscharakteristik. Letzteres ist häufig ein Problem. Deshalb wird in dem Beitrag ein Verfahren vorgestellt, bei dem ausgehend vom manuell gesetzten Startpunkt dieses Kriterium schrittweise gelernt wird. Die Evaluation des Verfahrens erfolgte sowohl an künstlichen Testbildern als auch an realen CT-Bildern.

1 Einleitung

Häufig beinhaltet die Auswertung medizinischer Bilddaten zum Zweck der computergestützten Diagnostik und Therapieplanung eine Segmentierung des Bildmaterials als Vorstufe zur Visualisierung bzw. Quantifizierung. In den einzelnen zur Segmentierung von CT-Datensätzen genutzten Verfahren [1,2,3] werden ausgehend von den zur Verfügung stehenden Bildinformationen unterschiedlich komplexe Modelle der vorliegenden a-priori Information über den zu erwarteten Bildinhalt genutzt. Je mehr man die eingebrachte Modellinformation kontrollieren und in Form von Algorithmen beschreiben kann, desto größer ist die Möglichkeit zur Automatisierung des Verfahrens und zur Ableitung von Aussagen über die Qualität der Segmentierung. Wenn sich z.B. die dem Modell zugrunde liegende Information aus dem Bild exakt extrahieren lässt, kann das Ergebnis des Algorithmus genau vorhergesagt werden. Gerade bei medizinischen Segmentierungsaufgaben ist jedoch die Modellinformation oft zu komplex bzw. nicht genau zu spezifizieren, so dass sie nicht vollständig automatisch extrahiert werden kann. Ziel bei der Entwicklung eines Segmentierungsverfahrens sollte es deshalb sein, den Anteil an schwer kontrollierbar manuell eingebrachter Modellinformation zu minimieren und den Anteil automatisch ausgewerteter Modellinformation zu maximieren. Betrachtet man unter diesem Gesichtspunkt das herkömmliche Regionenwachstumsverfahren, das Pixel auf Grund der Erfüllung eines Homogenitätskriteriums zu Regionen zusammenfasst, so ist dort neben der Eingabe eines Startpunktes auch die Vorgabe der Homogenitätscharakteristik erforderlich. Während das Setzen des Startpunktes dem medizinischen Anwender keine Schwierigkeiten bereitet, ist die Vorgabe der Homogenitätscharakteristik selbst für den erfahrenen Nutzer ein Problem. Deshalb wurde von uns ein Verfahren entwickelt, bei dem das Homogenitätskriterium bei der Segmentierung schrittweise ausgehend vom manuell gesetzten Startpunkt gelernt wird.

2 Adaptives Regionenwachstumsverfahren zur semiautomatischen Segmentierung

Ausgehend von der Annahme, dass die Variation der Grauwerte innerhalb von Gewebestrukturen in CT-Bildern geringer ist als zwischen benachbarten Geweben, wurden zur Abschätzung der Grauwerthomogenität ähnlich wie in [4] der mittlere Grauwert und die Standardabweichung verwendet. Aufgrund der Anpassung der Homogenitätsbedingung an die Regionencharakteristik während des Suchprozesses ergeben sich im Vergleich zum herkömmlichen Regionenwachstumsverfahren bei der Gestaltung des Algorithmus einige Konsequenzen:

1. Es sind immer zwei Durchläufe erforderlich. Der erste Durchlauf dient ausschließlich der Schätzung des Homogenitätskriteriums. Das Finden der Region erfolgt anschließend beim zweiten Durchlauf mit festem Kriterium.
2. Die Suchreihenfolge muss im Gegensatz zum herkömmlichen Verfahren anders gestaltet werden. Ausgehend von der These, dass das gesuchte Gebiet eher kompakt ist, muss versucht werden, möglichst viele Pixel des unbekannten Gebiets zu erfassen, bevor zum ersten Mal der Rand gefunden wird.
3. Neben stabilen Merkmalen müssen heuristische Komponenten eingefügt werden, um die anfängliche Schätzunsicherheit bei geringer Pixelanzahl auszugleichen.

Bei dem realisierten Verfahren erfolgt nach dem Setzen des Startpunktes die Initialisierung der Schwellwerte über eine Schätzung des mittleren Grauwertes (mgv) und der Standardabweichung (σ) in der 3x3-Nachbarschaft des Startpunktes. Aufgrund der häufig eher schiefen Verteilung der Grauwerte im Histogramm werden getrennt ein oberer und ein unterer Schwellwert für das Homogenitätskriterium ermittelt.

$$T_u = mgv(n) - \left[\sigma(n) \cdot w + c(n)\right] \text{und } T_o = mgv(n) + \left[\sigma(n) \cdot w + c(n)\right] \qquad (1)$$

Der Wichtungsfaktor für die Standardabweichung w wird im ersten Durchlauf auf w=1.5 gesetzt, was bei einer Gaußverteilung der Grauwerte um den Mittelwert der Einbeziehung von 86% der zum Objekt gehörenden Pixel zur Schätzung entspricht. So soll verhindert werden, dass der Wachstumsprozess die Objektgrenzen nicht überschreitet. Der Wert des Korrekturterms c hängt von der Anzahl der bereits erfaßten Pixel ab und wurde wegen der Anfangsunsicherheit der Schätzung eingeführt. Er berechnet sich nach der Gleichung $c(n)=1/n^{½}$. Um eine annähernd korrekte Schätzung der Schwellwerte vornehmen zu können, musste der Wachstumsprozess so gestaltet werden, dass ein möglichst gleichmäßiges Wachstum der Region in alle Richtungen stattfindet. So wird gewährleistet, dass die aus den vorhergehenden Wachstumsschritten ermittelten Schwellwerte die Charakteristik des gesamten Objekts widerspiegeln. Deshalb wurde ein randomisiertes Wachstumsverfahren entwickelt, bei dem im Gegensatz zur herkömmlichen rekursiven Vorgehensweise in jedem Wachstumsschritt die Reihenfolge der abzuarbeitenden Nachbarschaftspixel zufällig ausgewählt wird. Dadurch erfolgt ein zufälliges Durchlaufen des Objekts um den Startpunkt (Abb.1). Aus Rechenzeitgründen erfolgt die Aktualisierung der Schwellwerte jeweils bei einer Verdopplung der Objektpixelanzahl. Am Anfang, wenn die Schätzwerte infolge geringer Pixelanzahl noch ungenau sind, findet eine häufigere Anpassung statt. Wenn auf-

grund der geschätzten Schwellwerte keine neuen Pixel mehr der Region zugeordnet werden können, startet ausgehend vom gesetzten Startpunkt ein zweiter Durchlauf mit festen Schwellwerten, wobei der Wichtungsfaktor w im Vergleich zum ersten Durchlauf so erhöht wird, dass bei einer Gaußverteilung 95 % der Pixel erfasst werden [5].

Abb.1: Ablauf des randomisierten Regionenwachstumsverfahrens (Setzen des Startpunktes, Region mit 9, 40, 100, 150, 200, 300, 400 und 475 Pixeln)

3 Erweiterung zu einer vollautomatischen Segmentierung

Das entwickelte Verfahren des adaptiven Regionenwachstums wurde anschließend so erweitert, daß eine vollautomatische vollständige Segmentierung des Bildes erfolgt. Dazu werden als Startpunkte für das Regionenwachstum die Bildpunkte mit der jeweils geringsten Gradientenlänge in den noch nicht segmentierten Bildbereichen verwendet. Bei dieser Vorgehensweise kann davon ausgegangen werden, daß sich der Startpunkt innerhalb einer Region befindet, da die Variation der Grauwerte innerhalb homogener Regionen geringer ist als zwischen verschiedenen Regionen. Das Regionenwachstum kann maximal bis an die Grenze der schon in den vorangegangenen Schritten segmentierten Regionen erfolgen. Eine Überlappung wird ausgeschlossen. Der Algorithmus terminiert, wenn alle Pixel des Bildes einer Region zugeordnet wurden. Da in den Bereichen von Kanten das Homogenitätskriterium aufgrund der Kantenverwaschung oft nicht erfüllt ist, kommt es dort zur Bildung eigener Regionen und damit zu einer Übersegmentierung. Diese muß in einem nachfolgenden Schritt beseitigt werden. Dazu wird für jede Region eine Regionenwahrscheinlichkeit berechnet, die von der Größe, der Homogenität und der mittleren Gradientenlänge abhängt. Regionen, die eine geringe Regionenwahrscheinlichkeit aufweisen, werden aufgelöst. Die Bildpunkte dieser Regionen werden in einem Pixelklassifikationsprozeß einer ihrer Nachbarregionen zugeordnet. Diese Klassifizierung basiert auf der Regionenwahrscheinlichkeit und der Wahrscheinlichkeit des Pixels, Teil einer Nachbarregion zu sein [5]. Die Schritte des vollautomatischen Verfahrens sind für ein Beispiel in Abb. 2 demonstriert.

Abb. 2: Schritte des vollständigen Segmentierungsprozesses, von links nach rechts: Ausschnitt aus einem MR-T1-Bild des Gehirns, Ergebnis nach dem Regionenwachstum, Beseitigung der Übersegmentierung, Kodierung der Ergebnisregionen mit ihrem mittleren Grauwert

4 Bewertung der Leistungsfähigkeit des Algorithmus

Die Evaluation des adaptiven Regionenwachstumsverfahrens erfolgte durch empirische Diskrepanzmethoden, bei denen ein Qualitätsmaß indirekt anhand der Ergebnisse des Algorithmus an Testbildern bestimmt wird. Sie wurden von uns ausgewählt, weil sie eine objektive und quantitative Bewertung des Segmentierungsverfahrens mit einem engen Bezug zur konkreten Anwendung erlauben. Als Fehlermaße wurden die mittlere Abweichung der Konturpixel von der Kontur im Goldstandard, der Hausdorf-Abstand und die Anzahl der über- und untersegmentierten Pixel in Relation zur Objektgröße verwendet. In einer ersten Testreihe ging es darum, zu untersuchen, inwieweit Abweichungen vom vorgegebenen Modell durch den Algorithmus toleriert werden. Hierzu wurden künstliche Testbilder erzeugt, die die zu untersuchenden Einflüsse in vorgegebenen Abstufungen enthielten. Als wichtige Kriterien, die eine Segmentierung in CT-Bildern beeinflussen, wurden die Variation des Signal-Rausch-Verhältnisses, die Variation der Objektform und die Veränderung der Kantensteilheit zur Simulation des Partialvolumeneffekts untersucht. Neben diesen drei Kriterien wurde außerdem noch die Modifikation des Shadings betrachtet, um festzustellen, ob auch gewisse Abweichungen von den Modellbedingungen von dem Verfahren noch zugelassen werden. Ein Beispiel für die verwendeten Testbilder zeigt Abb. 3.

Bei allen Tests zeigte sich, daß die einzelnen Fehlermetriken jeweils ähnliche Tendenzen aufzeigten. Bei der Untersuchung der Abhängigkeit des Algorithmus vom SNR konnte festgestellt werden, dass oberhalb eines SNR von 1.5:1 die mittlere Abweichung der Konturpixel weniger als 0.5 Pixel betrug, wobei die maximale Abweichung bei weniger als 3 Pixeln lag. Bei der Untersuchung der Abhängigkeit des Segmentierungsergebnisses von der Objektform, der Kantensteilheit und vom Shading zeigte sich, dass bei sehr schmalen Objekten, mit zunehmender Kantenunschärfe und mit Überlagerung steiler werdender Graukeile der ermittelte Fehler jeweils zunahm. Beispiele für die Ergebnisse der Diskrepanzmessung sind in Abb. 4 zu sehen. Eine umfassendere Darstellung ist in [5] zu finden.

Weitere Tests der Methode erfolgten an realen CT-Bildern. Hier wurden die Leber (SNR von 1.5:1) und das passierbare Lumen im Aortenaneurysma (SNR von 5:1) jeweils fünfmal mit unterschiedlichen Startpunkten segmentiert (Abb. 5). Die Qualität der Ergebnisse wurde mit den manuell von einem klinisch tätigen Chirurgen segmentierten Regionen verglichen. Die Ergebnisse des Vergleichs finden sich in Tabelle 2. Die Erweiterung zu einer vollständigen Segmentierung lieferte bei visueller Bewertung gute Ergebnisse auf CT und MRT Beispielbildern. Im Gegensatz zu anderen vollständigen Segmentierungsmethoden, wie z.B. bei der Wasserscheidentransformation oder dem Split-and-Merge-Ansatz, blieb der Zusammenhang von Strukturen besser gewahrt.

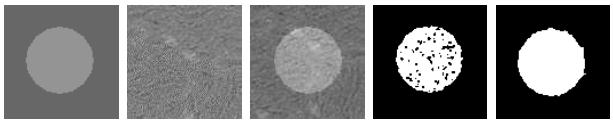

Abb. 3: Ausgangsbild (Objektdurchmesser: 60 Pixel), Rauschanteil, Testbild mit einem SNR von 1.5:1, Ergebnis des 1. Laufs, endgültiges Segmentierungsergebnis

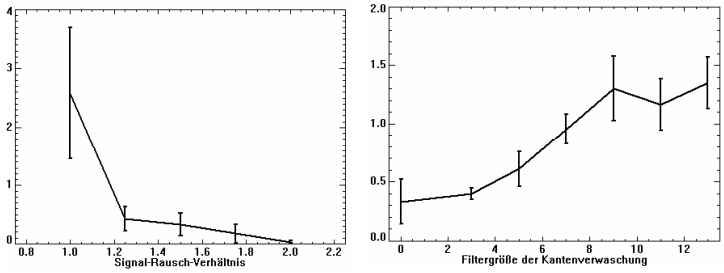

Abb. 4: Ergebnisse der Segmentierung bei Variation des SNR und der Kantensteilheit bei Verwendung des mittleren Fehlers als Diskrepanzmaß (gemittelt über 6 Läufe pro Meßpunkt)

Metriken zur Fehlermessung	Leber	Aneurysma
Mittlere Abweichung der Konturpixel	1.09 ± 0.06	1.45 ± 0.17
Hausdorfabstand	3.62 ± 0.34	4.63 ± 0.62
Anteil zuviel segmentierter Pixel in %	1.46 ± 0.30	0.08 ± 0.00
Anteil fehlender Pixel in %	5.66 ± 0.71	10.28 ± 1.27

Tabelle 2: Messwerte für den Vergleich der Ergebnisse mit den manuell bestimmten Bereichen

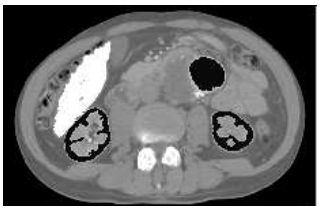

Abb. 5: Segmentierungsergebnis des adaptiven Regionenwachstumsverfahrens für die Leber, das passierbare Lumen im Aortenaneurysma und für die Nierenrinden (weiße bzw. schwarze Überlagerung)

5 Zusammenfassung

Die Robustheit des Verfahrens bei Nutzung eines einfachen Homogenitätsmodells wurde in zahlreichen Tests nachgewiesen. Fehler traten immer genau dann auf, wenn die formulierten Modellannahmen über Homogenität und Regionenform nicht mehr zutrafen. In zukünftigen Arbeiten werden wir versuchen, komplexere Homogenitätsmodelle in das Verfahren einzubringen. Dabei wird zu untersuchen sein, ob die anfängliche Stichprobengröße für komplexere Schätzwerte ausreicht.

6 Literatur

1. McInerney T, Terzopoulos D: Deformable Models in Medical Image Analysis: A Survey, Medical Image Analysis, 1(2), 1996, 91-108.
2. Höhne KH, Hanson WA: Interactive 3D segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations, J. Comp. Assisted Tomogr., vol. 16, no. 2, pp. 285-294, 1992.
3. Wegner S, Harms T, Oswald H, Fleck E, The Watershed Transformation on Graphs for the Segmentation of CT Images, Proc. of the 13th ICPR, 1996, pp. 498-502.
4. Haralick RM, Shapiro LG: Image Segmentation Techniques. CVGIP, 29(1):100-132, 1985.
5. Pohle R, Toennies KD: Segmentation of medical images using adaptive region growing. Medical Imaging 2001, Proc. of SPIE, Vol. 4322, in press.