

Effiziente Segmentierung von MRT-Perfusionsdatensätzen der Lunge

Thomas Böttger¹, Max Schöbinger¹, Tobias Heimann¹, Tobias Kunert¹,
Sebastian Ley², Christian Fink², Hans-Ulrich Kauczor²
und Hans-Peter Meinzer¹

¹Abteilung für Medizinische und Biologische Informatik,
Deutsches Krebsforschungszentrum, 69120 Heidelberg

²Abteilung für Radiologie,
Deutsches Krebsforschungszentrum, 69120 Heidelberg
Email: t.boettger@dkfz-heidelberg.de

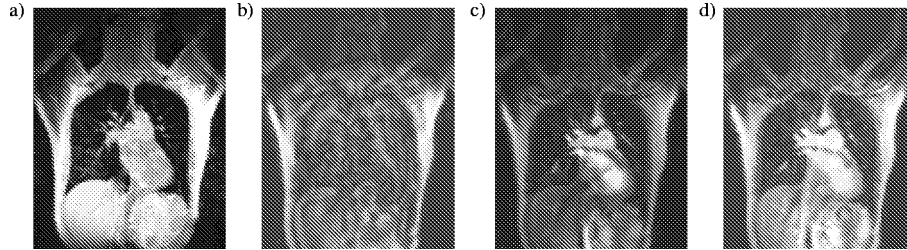
Zusammenfassung. In dieser Arbeit wird ein Workflow vorgestellt, der die notwendige Benutzerinteraktion zur Segmentierung von MR-Perfusionsdatensätzen der Lunge auf wenige Minuten reduziert. Dies wird durch eine automatische Übertragung einer interaktiv auf herkömmlichen T1-gewichteten MRT-Bildern erstellten Segmentierung auf N Perfusionsdatensätze erreicht. Hierzu wurde ein nicht-rigider Registrierungsalgorithmus mittels Optimierung von Normalized Mutual Information verwendet. Im Vergleich zur gängigen Praxis, der manuellen Segmentierung, kann hierdurch eine konsistentere und genauere Segmentierung gewährleistet werden. Es wurden Werkzeuge entwickelt, die eine visuelle Kontrolle und interaktive Korrektur ermöglichen.

1 Einleitung

Eine Vielzahl von medizinischen Fragestellungen, z.B. Lungenembolie, Pulmonale Hypertonie oder chronisch obstruktive Lungenerkrankung (COPD) erfordert eine Untersuchung der Perfusion des Lungengewebes. Diese Daten werden bisher überwiegend mit Projektionstechniken, wie der Perfusionsszintigraphie akquiriert. Diese Technik lässt nur eine qualitative Bewertung zu, während eine volumetrisch aufgelöste Quantifizierung nicht möglich ist.

Durch technische Weiterentwicklungen in der Magnetresonanztomographie (z.B. parallele Bildgebung, stärkere Gradienten) ist es möglich, hochaufgelöste 3D-Perfusionsdatensätze zu akquirieren [1,2]. Im Gegensatz zur Szintigraphie, bei der ein radioaktiver Tracer injiziert wird, ist das MR-Kontrastmittel sehr gut verträglich und nebenwirkungsarm. Damit ist es zum ersten Mal möglich, die Perfusion der gesamten Lunge volumetrisch aufgelöst zu quantifizieren. Die Akquisition eines 3D-Datensatzes mit 36 Einzelschichten dauert ca. 1.5 Sekunden. Pro Untersuchung werden 20 dieser Datensätze konsekutiv, bei gehaltener Atmung, aufgenommen. Dies ermöglicht für jedes Voxel Kontrastmittel-Zeit-Kurven zu erstellen, die für die Quantifizierung nötig sind.

Abb. 1. Schicht 15 des herkömmlichen T1-gewichteten MR-Datensatzes (a) und der akquirierten Perfusionsdaten zu Beginn (b), aus der Mitte (c) und am Ende der Aufnahmesequenz (d).



Zur Auswertung muss der Arzt jede einzelne Schicht segmentieren, was im Schnitt ca. 60 Minuten dauert. Die Segmentierung bedeutet somit einen großen zeitlichen Aufwand, der den routinemäßigen Einsatz limitiert. Daher ist eine effiziente Vorverarbeitung im Sinne eines intelligenten Segmentierungsprozesses unabdingbar.

Automatische Verfahren zur Segmentierung von MR Lungen-Perfusionsdatensätzen sind in der Literatur nicht beschrieben. In bisherigen Studien kamen stets manuelle schichtbasierte Segmentierungsmethoden zum Einsatz. Die Registrierung der herkömmlichen MR-Bilder mit Perfusionsbildern der Lunge ist in der Literatur noch nicht beschrieben. Es bieten sich jedoch verschiedene bereits untersuchte Methoden an, welche schon erfolgreich auf andere Probleme angewandt wurden. Zu nennen sind hier vor allem die auf Mutual Information basierenden multimodalen Registrierungsansätze [3].

Ziel dieser Arbeit war es, dem Mediziner Methoden bereitzustellen, die eine effiziente Auswertung der Perfusionsdaten ermöglichen.

2 Material und Methoden

2.1 Beschreibung der Bilddaten

Grundlage der hier vorgestellten Verfahren sind mittels einer speziellen Aufnahme-sequenz akquirierte dynamische MR-Perfusionsdatensätze. Hierzu werden bei gehaltenem Atem 20 Volumendatensätze mit jeweils ca. 36 Schichten unter der Gabe eines gutverträglichen zugelassenen Kontrastmittels aufgenommen. Das Standardprotokoll der Untersuchung eines Patienten sieht zusätzlich zu den Perfusionsbildern auch die Akquisition eines T1-gewichteten MRT-Volumens vor (Abb. 1(a)). Dieses zeichnet sich durch eine höhere Auflösung sowie guten Kontrast der Lunge zum umliegenden Gewebe aus. Abbildung 1 soll einen Eindruck von der unterschiedlichen Qualität der Datensätze vermitteln. Vor allem zu Beginn der Perfusionsdatenakquisition ist der Kontrast der Lunge zum umliegenden Gewebe sehr niedrig (Abb. 1(b)).

2.2 Workflow

Die quantitative Analyse der Perfusionseigenschaften erfordert die vollständige Segmentierung der Lunge in allen Schichten. Der in dieser Arbeit entwickelte Workflow umfasst folgende drei Schritte:

Semi-automatische Segmentierung der Lunge im T1-Datensatz. Zur Segmentierung der MR-Daten wurde ein interaktives Bereichswachstumsverfahren verwendet. Bei diesem setzt der Benutzer einen Saatpunkt in einem der beiden Lungenflügel. Anschließend können durch einfache Mausinteraktionen bei gleichzeitiger Vorschau auf das Segmentierungsergebnis optimale Parameter eingestellt werden. Zusätzlich bietet dieses Tool die Möglichkeit, durch „Auslaufen“ entstandene Fehlsegmentierungen durch ein einfaches Klicken in diese Bereiche zu entfernen.

Automatische Registrierung der Segmentierung mit den einzelnen Perfusionsdatensätzen. Die T1-gewichtete MR-Aufnahme wird mit jedem einzelnen Perfusionsdatensatz automatisch registriert. Hierzu hat der Benutzer die Möglichkeit, zwischen affinen und elastischen Registrierungsverfahren zu wählen. Als Gütemaß wird „Mutual Information“ [3] verwendet. Zur Automatisierung des Verfahrens wurden geeignete Voreinstellungen für die Parameter der unterschiedlichen Algorithmen definiert. Die während der Registrierung ermittelte Transformation wird dann dazu verwendet, die im ersten Arbeitsschritt gewonnenen Segmentierungsergebnisse zu transformieren.

Kontrolle und Korrektur der automatisch gewonnenen Segmentierungsvorschläge. Im Rahmen der Arbeit wurde auf Basis des am Deutschen Krebsforschungszentrum entwickelten Medical Imaging Interaction Toolkits (MITK) [4] eine Anwendung entwickelt. In dieser können die unterschiedlichen Bilddaten geladen und visualisiert werden. Die Segmentierungsvorschläge können den Originaldaten farblich kodiert überlagert werden. Darüber hinaus ist eine interaktive Korrektur der Segmentierung möglich.

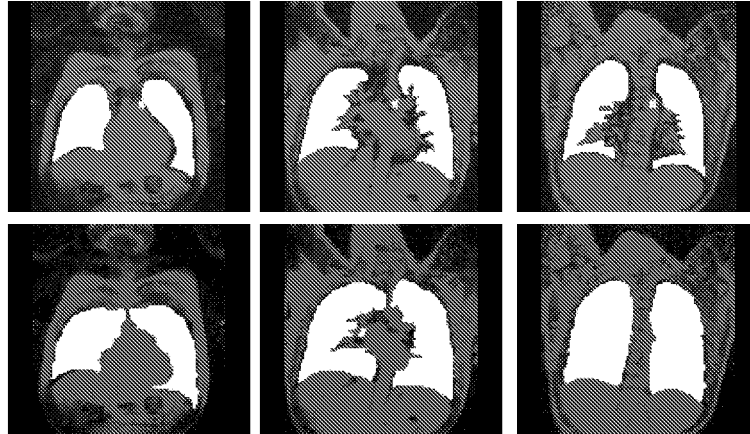
3 Ergebnisse

Dem präsentierten Workflow folgend wurden erste Versuche durchgeführt. Die dabei erzielten Ergebnisse sind als vielversprechend anzusehen. Es ist bereits jetzt deutlich geworden, dass der notwendige Interaktionsaufwand für den Radiologen auf ca. 10–15 Minuten pro Auswertung reduziert werden kann. Dabei kommen 5–10 Minuten der Validierung und eventuellen Korrektur der Ergebnisse zu.

3.1 Vergleich der manuellen und der registrierten Segmentierung

Um zu untersuchen, inwiefern die automatische Übertragung der segmentierten Lunge mit dem manuell im Perfusionsbild segmentierten Lungenvolumen übereinstimmt, wurden beide Segmentierungsergebnisse miteinander verglichen.

Abb. 2. Schichten des Perfusionsdatensatzes überlagert mit Segmentierungsergebnissen. Oben: manuelle Segmentierung, unten: registrierte Segmentierung



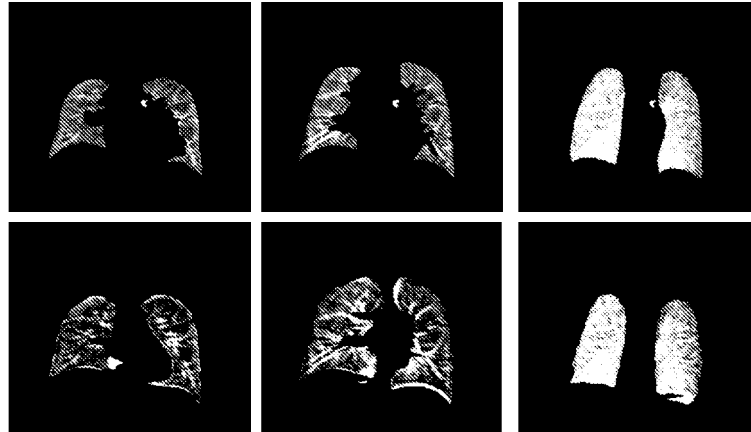
Die Schichtbilder in Abb. 2 zeigen, dass die automatisch registrierte Segmentierung dem Perfusionsdatensatz korrekt überlagert ist. Sie unterscheidet sich jedoch wesentlich von der manuell erstellten Segmentierung. Bei der manuellen Segmentierung wurden die Lungengefäße nicht mit segmentiert, was jedoch für den Nachweis der korrekten Arbeitsweise des vorgestellten Verfahrens unwesentlich ist. Ein weiterer Unterschied besteht darin, dass die manuell in den Perfusionsdaten segmentierten Volumina stets kleiner sind, als die im T1-Datensatz segmentierten registrierten Volumina. Dies verdeutlichen auch die in Abb. 3 dargestellten ausgestanzten Lungenvolumina.

Zur genaueren Analyse dieser ersten Erkenntnisse ist eine retrospektive Studie geplant. Hierzu werden bereits ausgewertete Daten aus der klinischen Routine mit dem hier vorgestellten Verfahren erneut segmentiert. Dabei soll untersucht werden, inwiefern die automatisch ausgestanzten Volumina den Anforderungen der Mediziner genügen. Da die klare Identifikation der kompletten Lunge im Perfusionsbild sehr schwierig ist, wird hier eine Verbesserung von Genauigkeit und Konsistenz der Segmentierung erwartet. Zum Vergleich der Segmentierungsergebnisse werden empirische Überlappungsmaße, wie z.B. der Kappa- oder Tamotokoeffizient sowie die Hausdorff-Distanz verwendet[5].

4 Diskussion

Das Ziel der Arbeit, ein Tool zur effizienten Auswertung der Perfusionsdaten zur Verfügung zu stellen, wurde erreicht. Die Dauer der kompletten Segmentierung einer Aufnahmesequenz betrug bisher 60 Minuten, die der Mediziner auch komplett anwesend sein musste. Durch die neue Vorgehensweise können vor allem der Aufwand für den Mediziner und somit auch die Kosten der Untersuchung redu-

Abb. 3. Mittels Segmentierung ausgestanzte Schichten des Perfusionsdatensatzes. Oben: manuelle Segmentierung, unten: registrierte Segmentierung



ziert werden. Beides sind wichtige Voraussetzungen für eine breitere Anwendung der Perfusionsanalyse auf MRT-Basis.

Erst nach Fertigstellung der Evaluation lassen sich genaue Aussagen treffen, in welchen Punkten das Verfahren eventuell verbessert werden muss. Momentan ist noch nicht bekannt, inwiefern elastische Transformationen überhaupt notwendig sind, um die zur volumetrischen Auswertung notwendige Genauigkeit zu erreichen. Auch könnte ein modellbasierter Registrierungsansatz für die direkte Registrierung der vorsegmentierten Lunge mit dem Perfusionsbild den gesamten Workflow vereinfachen.

Literaturverzeichnis

1. Fink C, Risse F, Buhmann R, Ley S, Meyer FJ, Plathow C, Puderbach M, Kauczor HU: Quantitative Analysis of Pulmonary Perfusion using Time-Resolved Parallel 3D MRI – Initial results. *RöFo*, in press
2. Fink C, Puderbach M, Bock M, Lodemann KP, Zuna I, Schmähl A, Delorme S, Kauczor HU: Assessment of Regional Lung Perfusion Using Partially Parallel Three-Dimensional Magnetic Resonance Imaging. *Radiology* 2003, in press
3. Viola P: Alignment by Maximization of Mutual Information. PhD Thesis. MIT Artificial Intelligence Laboratory, June 1995
4. Wolf I, Vetter M, Wegner I, Nolden M, Böttger T, Hastenteufel M, Kunert T, Meinzer HP: The Medical Imaging Interaction Toolkit (MITK) – a toolkit facilitating the creation of interactive software by extending VTK and ITK. In: *Procs. SPIE Medical Imaging*, 2004. In press
5. Heimann T, Thorn M, Kunert T, Meinzer HP: Empirische Vergleichsmaße für die Evaluation von Segmentierungsergebnissen. In *Procs. BVM Workshop* 2004. In press