

Segmentierung von Biopsienadeln in transrektalen Ultraschallaufnahmen der Prostata

Barbara Haupt, Dagmar Krefting, Thomas Tolxdorff

Institut für Medizinische Informatik,
Charité - Universitätsmedizin Berlin, 12200 Berlin
Email: haupt@inf.fu-berlin.de

Zusammenfassung. Die möglichst genaue Lokalisierung von Gewebeproben im Prostatavolumen ist wichtig für die Diagnose und Therapieplanung von Prostatakarzinomen. In diesem Artikel wird ein Segmentierungsverfahren zur Erkennung der Biopsienadel in klinischen TRUS-Aufnahmen vorgestellt. Das Verfahren basiert auf einer multivariaten statistischen Klassifikation und konnte in 94% der 1835 Bilder aus 30 Biopsien unterschiedlicher Prostataregionen erfolgreich angewandt werden.

1 Einleitung

Prostatakarzinome gehören zu den häufigsten Tumoren bei Männern [1]. Der Goldstandard zur Diagnose ist die histologische Untersuchung von an bestimmten verschiedenen Stellen entnommenem Gewebe [2]. Dabei werden zur Führung der Biopsienadeln üblicherweise transrektale Ultraschallaufnahmen (TRUS) verwendet. In der bisherigen Praxis beschränkt sich die Positionsangabe der Gewebeprobe auf die Angabe der Prostataregion, eine genauere Lokalisierung des entnommenen Gewebes wäre jedoch sowohl für eine verbesserte Diagnose als auch die Therapieplanung von großer Bedeutung. Das hier vorgestellte Verfahren verwendet dazu das während der Untersuchung aufgenommene Bildmaterial, so dass sich für die behandelnden Ärzte der Mehraufwand darauf beschränkt, nach jeder Biopsie die TRUS-Sequenz abzuspeichern. Da üblicherweise die Halterung der Biopsienadel am Schallkopf fixiert ist, ist die Orientierung und die Position der Nadel innerhalb der TRUS - Bilder auf einen festen Bereich beschränkt. Jedoch variieren Länge und Sichtbarkeit der Nadel stark. Zum einen kann die Nadel unterschiedlich weit ausgefahren werden, zum anderen liegt sie oft nicht exakt in der Bildebene, so dass sie nur unvollständig oder mit schwachem Kontrast abgebildet wird. Zusätzlich erschweren vom Hersteller des Gerätes eingeblendete Markierungen, Gewebeinhomogenitäten und Artefakte, die durch Reflexionen entstehen, die korrekte Segmentierung. Einfache intensitätsbasierte Gradientenmethoden sind aufgrund des schlechten Signal-Rausch-Verhältnisses sowie der oft inhomogenen Intensitätsverteilung entlang der Nadel nur bedingt anwendbar. Die Kombination von dynamisch variiertem Schwellwert und einem multivariaten statischen Klassifikator stellt hier eine Möglichkeit dar, die Nadel zu detektieren und segmentieren [3]. Der Merkmalsraum wird dabei durch Standardmerkmale von Binärobjekten wie Fläche und Exzentrizität, sowie durch

bildabhängige Merkmale wie die Distanz und die Orientierung relativ zu der Markierungslinie aufgespannt.

2 Stand der Forschung

Für die Segmentierung von Biopsie-Nadeln in zweidimensionalen Ultraschallbildern wird die Verwendung der Hough-Transformation vorgeschlagen [4]. Das vorgeschlagene Verfahren wurde anhand von Phantomen sowie einer Brust-Biopsie getestet. Dabei erweist es sich bei schlechtem Signal-Rausch-Verhältnis als unzuverlässig, außerdem muss zusätzlich die ungefähre Lage der Biopsienadel von der die Biopsie ausführenden Person angegeben werden. Zur Binarisierung der Bilder wurde ein histogrammbasiertes Schwellwertverfahren verwendet, das eine feste Anzahl von "Objektpunkten", das heißt Pixel mit Intensitäten oberhalb des Schwellwertes, erzeugt. Dieses Verfahren ließ sich nur schlecht auf unser Datenmaterial anwenden: Da bei der Untersuchung unterschiedlicher Prostataregionen die Längen der auf dem Bild sichtbaren Biopsie-Nadeln stark variieren, und zudem starke, sehr helle Artefakte auftreten können, lässt sich ein globaler Wert für die Anzahl der "Objektpunkte" nicht einsetzen. Weitere Methoden zur Segmentierung von Nadeln in TRUS-Bildern beziehen sich auf 3D-Daten, in denen die Nadel voll enthalten und kontrastreich abgebildet ist [5]. Dies gilt, wie in der Einleitung erläutert, nicht für die klinischen 2D-TRUS-Aufnahmen. Das hier vorgestellte statistische Modell bietet die Möglichkeit, Informationen wie die erwartete Lage, Länge und Orientierung zu implementieren sowie die Abweichungen vom idealen Abbild der Nadel zu berücksichtigen. Damit kann zum einen aus einer Sequenz von Bildern der Zeitpunkt der Gewebeprobe als auch die Position der Biopsienadel automatisch bestimmt werden.

3 Methoden

Sämtliche TRUS-Aufnahmen wurden in der urologischen Poliklinik der Charité aufgenommen. Die Bildsequenzen werden verlustfrei digital gespeichert, wobei jede Sequenz aus 165 Bildern besteht und einen Zeitraum von 10s umfasst. Der Segmentierungsalgorithmus ist in *matlab* implementiert und umfasst folgende Schritte:

1. **Einschränkung des Suchraumes:** Da die ungefähre Lage der Nadel bekannt ist, wird eine Region of Interest (ROI) automatisch durch Detektion der Markierungslinie mittels Houghtransformation bestimmt (Abb. 1). Die Distanz der Markierungspunkte entspricht 5mm und wird als interne Einheit verwendet.
2. **Vorverarbeitung:** Innerhalb der ROI werden die Markierungspunkte durch die Intensitäten der benachbarten Pixel in einer 8-Nachbarschaft ersetzt. Anschließend wird das Bild mit einem Gaußfilter geglättet.
3. **Binarisierung:** Nadelkandidaten werden durch Binarisierung des Bildes mit verschiedenen Intensitätsschwellwerten gefunden. Objekte, die weniger als zehn Pixel umfassen, werden nicht berücksichtigt.

Tabelle 1. Objektmerkmale des Modells

Merkmal	Mittelwert	Standardabweichung
Fläche (pxl)	147.70	80.00
Länge der 1. Hauptachse	37.60	14.50
Länge der 2. Hauptachse	6.90	2.00
Exzentrizität	0.97	0.01
Abstand zur Markierungslinie	2.08	1.65
Winkeldifferenz zur Markierungslinie	4.06	3.02

4. **Bestimmung der Objektmerkmale:** Die folgenden Objektmerkmale werden für jedes Objekt bestimmt: Fläche, Exzentrizität, Länge der Hauptachsen, Position und Orientierung relativ zur Markierungslinie. Das Merkmalsmodell wird mittels einer Testmenge von per Hand segmentierten Nadeln gebildet (Tab. 1).
5. **Bestimmung des besten Objektes pro Bild:** Für jeden Frame und Intensitätsschwellwert wird das beste Objekt hinsichtlich der Mahalanobisdistanz ausgewählt [6]. Das beste Objekt innerhalb der verschiedenen Schwellwerte wird für jeden Frame ausgewählt, die Objekteigenschaften und ein Bild, das die segmentierte Region beinhaltet, werden zurückgegeben.
6. **Bestimmung des besten Objektes pro Bildsequenz:** Das Objekt mit der kleinsten Mahalanobisdistanz innerhalb einer Bildsequenz wird als Segmentierungsergebnis ausgewählt.

Der Algorithmus wurde auf vier Datensätzen, die jeweils eine komplette Untersuchung beinhalten, angewendet. Die Untersuchung wurde nach dem 10-Biopsie-Protokoll durchgeführt [7], so dass jeweils zehn Bildsequenzen aus unterschiedlichen Prostataregionen erzeugt werden. Ein Datensatz wurde als Trainingsmenge verwendet, wobei für jede Biopsie per Hand drei Nadeln segmentiert wurden. Die anderen drei Datensätze wurden als Testmenge verwendet. In den 1835 Bildern der Testmenge ist bekannt, dass Biopsienadeln sichtbar sind. Das Segmentierungsergebnis wurde in Abb. 2 im Originalbild dargestellt. Alle Bilder wurden

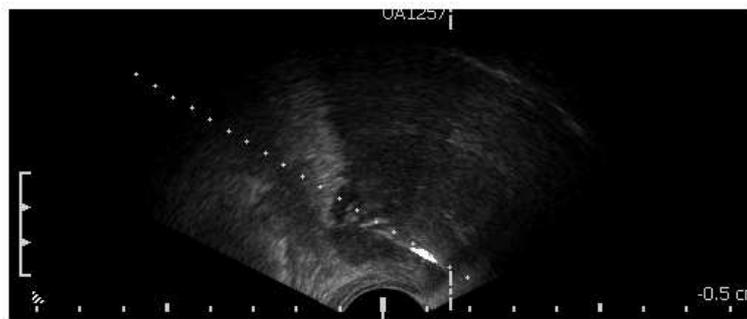


Abb. 1. Ergebnis der automatischen Bestimmung der Region of Interest, dargestellt als helle Fläche

Abb. 2. Erfolgreiches Segmentierungsergebnis, als weiße Fläche innerhalb des ursprünglichen TRUS-Bildes dargestellt



Abb. 3. Unvollständiges Segmentierungsergebnis der Biopsienadel. Die weiße Fläche überdeckt die Biopsienadel nur zum Teil

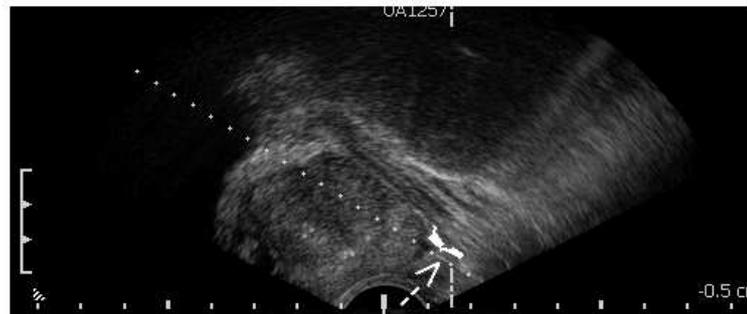


per Hand bewertet, ob das gefundene Objekt tatsächlich eine Biopsienadel darstellt.

4 Ergebnisse

In 94% aller Bilder wurde die Nadel automatisch erkannt, in allen Fällen wurde die Nadel als insgesamt bestes Objekt einer Sequenz gefunden (Abb. 2). Liegt die Nadel jedoch nicht exakt in der TRUS-Bildebene, treten starke Intensitätsgradienten entlang der Nadel auf. In diesen Fällen führt die Binarisierung des Bildes mit einem Intensitätsschwellwert zu unvollständiger Nadelsegmentierung (Abb. 3). In 104 Bildern (6%) schlug die Segmentierung fehl und das ausgewählte Objekt gehörte nicht zu einer Nadel. Die meisten dieser Bilder lagen am Anfang oder am Ende einer Probenentnahme, wo die zu sehende Nadel auf dem Bild nur sehr kurz ist (Abb. 4).

Abb. 4. Fehlgeschlagene Segmentierung. Das Segmentierungsergebnis ist als weiße Fläche dargestellt, der Pfeil zeigt auf die Biopsienadel



5 Diskussion

Die vorgestellte Arbeit stellt eine robuste, automatische Methode für die Erkennung von Biopsienadeln und deren Segmentierung dar. In 94% der Testbilder wurde die Nadel korrekt erkannt, in allen Fällen konnte die Nadel als insgesamt bestes Objekt bestimmt werden. Eine Schwierigkeit besteht darin, dass aufgrund von Intensitätsgradienten nicht die vollständige Nadel segmentiert wird. Eine kleinere Schrittweite der Schwellwerte, eine Kombination von aufeinanderfolgenden Nadelobjekten in der Bildsequenz und/oder ein nachfolgender Regiongrowing-Algorithmus, der die unvollständig segmentierte Nadel als Seed verwendet, könnten dieses Problem beheben.

Literaturverzeichnis

1. Gesellschaft der epidemiologischen Krebsregister in Deutschland eV (GEKID) und RKI. Krebs in Deutschland, Häufigkeiten und Trends. <http://www.rki.de>; 2006.
2. Loch T, Eppelmann U, Lehmann J, et al. Transrectal ultrasound guided biopsy of the prostate: Random sextant versus biopsies of sono-morphologically suspicious lesions. *World J Urol* 2004;22:357–60.
3. Duda RO, Hart PE, Stork DG. *Pattern Classification*. Wiley; 2001.
4. Ding M, Fenster A. A real-time biopsy needle segmentation technique using Hough transform. *Med Phys* 2003;30(8):2222–33.
5. Wei Z, Gardi L, Downey DB, et al. Oblique needle segmentation and tracking for 3D TRUS guided prostate brachytherapy. *Med Phys* 2005;32(9):2928–41.
6. Mahalanobis PC. On the generalized distance in statistics. *Proc Nat Inst Sci* 1936;12:49–55.
7. Egevad L, Frimmel H, Norberg M, et al. Three dimensional computer reconstruction of prostate cancer from radical prostatectomy specimens: Evaluation of the model by core biopsy simulation. *Adult Urology* 1999;53(1):192–98.