

# Automatische Segmentierung des Corpus Callosum aus sagittalen Schichten von kernspintomographischen Datensätzen

Ralf Schönmeier<sup>1,2</sup>, Anna Rotarska-Jagiela<sup>1,2</sup>, David Prvulovic<sup>1,2</sup>,  
Maria Athelou<sup>3</sup>, Corinna Haenschel<sup>1,2</sup> und David E.J. Linden<sup>2,4</sup>

<sup>1</sup>Brain Imaging Center, Universität Frankfurt am Main,  
Schleusenweg 2-16, 60528 Frankfurt am Main

<sup>2</sup>Labor für Neurophysiologie und Neuroimaging, Universitätsklinikum Frankfurt,  
Zentrum der Psychiatrie, Heinrich-Hoffmann-Str. 10, 60528 Frankfurt am Main

<sup>3</sup>Definiens AG, Trappentreustraße 1, 80339 München

<sup>4</sup>School of Psychology, University of Wales, LL57 2AS Bangor, U.K.  
Email: schoenmeyer@bic.uni-frankfurt.de

**Zusammenfassung.** In dieser Arbeit stellen wir einen voll-automatisierten Algorithmus vor, der in der Lage ist, die Struktur des Corpus Callosum aus sagittalen Schichten von T1-gewichteten kernspintomographischen Datensätzen des menschlichen Gehirns zu segmentieren. Die Segmentierungsergebnisse werden dabei für die Untersuchung morphometrischer Merkmale in einer Studie zur Schizophrenie in definierte Abschnitte unterteilt, um sie im weiteren Verlauf statistisch auswerten zu können. Der Algorithmus wurde unter Zuhilfenahme der Cognition Network Technologie implementiert, die eine regelbasierte und kontextsensitive Handhabung der Bilddaten erlaubt, und dabei nur wenige Voraussetzungen über die Beschaffenheit und Qualität der zu verarbeitenden Datensätze macht. Das Verfahren scheitert im Rahmen einer Testreihe bei einem von 50 Datensätzen und erzielt ansonsten einen Dice-Koeffizienten von 0,97 im Vergleich zu manuell segmentierten Ergebnissen.

## 1 Einleitung

Durch die immer größere Verfügbarkeit von Kernspintomographen in der klinischen Forschung und die damit einhergehende steigende Anzahl der zu verarbeitenden Datensätze wird es zunehmend wichtiger, Arbeitsschritte zu automatisieren und unabhängig von manueller Interaktion zu machen. Dabei bilden Segmentierungs- und Partitionierungsaufgaben oftmals den „Flaschenhals“ der Verarbeitungskette, da automatische Lösungen oft nur unzureichende Ergebnisse liefern und manuelle Verfahren sehr zeit- und personalaufwändig sind. Um die im Rahmen einer Studie zur Schizophrenie [1] benötigten umfangreichen Segmentierungsarbeiten des Corpus Callosum (CC) aus kernspintomographischen Datensätzen zu unterstützen, wurde mit Hilfe der „Cognition Network Technology“ (CNT) der Firma Definiens AG, München, ein Algorithmus und Workflow entworfen, der die geforderten Aufgaben weitgehend automatisiert.

## 2 Stand der Forschung

Die manuelle Segmentierung definiert in der psychiatrischen Forschung mit bildgebenden Verfahren immer noch den Goldstandard [2, 3, 4]. Bei der manuellen Segmentierung des CC dauert die Markierung in der erforderlichen Güte mindestens eine Minute pro Bild, so dass in den meisten Studien nur die zentrale sagittale Schicht eines MR-Datensatzes des menschlichen Kopfs herangezogen wird. Es existieren automatisierte Ansätze (z.B. [5]) und Softwarepakete (z.B. [6]), die in der Lage sind das CC zu segmentieren und zu vermessen, allerdings liefern diese andere als die erforderlichen Maße und setzen in der Regel manuell durchgeführte Normalisierung und individuell angepasste Filterung der Datensätze voraus, um zufriedenstellende Ergebnisse zu erlangen.

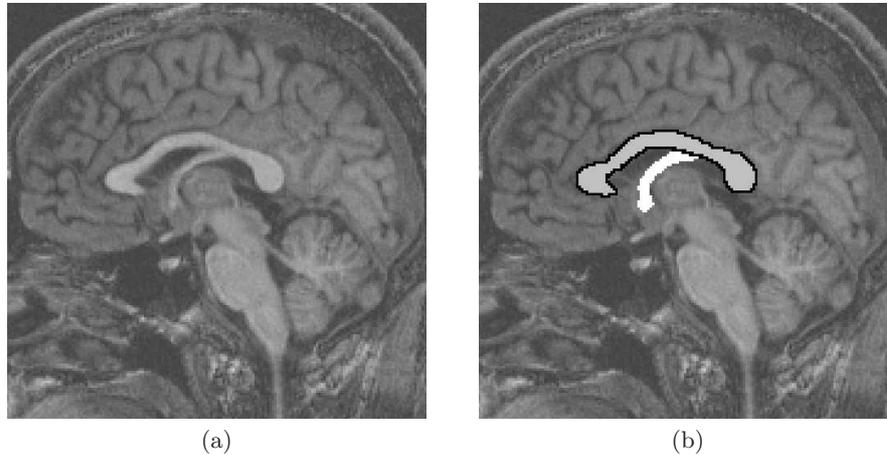
## 3 Wesentlicher Fortschritt durch den Beitrag

Die vorliegende Arbeit zeigt erstmals im Bereich der psychiatrischen Forschung anhand einer konkreten Studie, wie mit der CNT innerhalb einer Entwicklungszeit von rund 2 Arbeitswochen, von der ersten Idee bis zur kompletten Umsetzung, Segmentierungsaufgaben nahezu komplett automatisiert werden können, die manuell zu bearbeiten ansonsten einen zu großen Aufwand bedeutet hätten. Der Algorithmus wurde so konzipiert, daß keinerlei Vorverarbeitung wie Filterung, Homogenisierung oder Normalisierung der zu verarbeitenden MR-Datensätze vorausgesetzt wird. Die aus den Eingangsbilddaten generierten Ergebnisse werden so aufbereitet, daß sie sich nahtlos in den Workflow der weiteren Auswertung der zugrundeliegenden Studie eingliedern. Dies umfasst auch eine ergonomisch Möglichkeit der visuellen Inspektion und ggf. Korrektur.

## 4 Methoden

Die CNT ist ein objekt- und regelbasierter Ansatz, mit dessen Hilfe es möglich ist, Algorithmen für die automatisierte Bildanalyse auf der Basis von Expertenwissen zu entwerfen. Im vorliegenden Fall wird damit aus zentralen sagittalen Schnitten von T1-gewichteten kernspintomographischen Aufnahmen des Kopfs die Struktur des CC (Abb. 1a) extrahiert. Die Daten stammen dabei hauptsächlich aus MPRAGE (magnetization-prepared rapid acquisition gradient echo-Sequenz)-Messungen eines 3-Tesla Kernspintomographen (Siemens Magnetom Trio, TR = 2000 [ms], TE = 2.6 [ms], base resolution: 256x256 bei 160 slices, Voxelgröße: 1x1x1 [mm]<sup>3</sup>, Dauer: 7 Minuten). Der Einsatz der CNT stützt sich dabei auf den in [7] vorgestellten Workflow zur Verarbeitung von 2D-Schichten aus 3D-Volumendatensätzen. Die maßgeblichen Arbeitsschritte seien hier kurz skizziert: Zunächst wird das Eingangsbild mit einem in der CNT implementierten Partitionierungsverfahren [8] in Objekte unterteilt, die homogene Grauwerte und auch Größenkriterien erfüllen. Danach entscheidet eine Klassifikation, ob in der Menge dieser Objekte bereits potentielle Objekte vorhanden sind, die das spätere CC bilden könnten. Diese charakterisieren sich durch relativen

**Abb. 1.** Ausschnitt einer sagittalen Beispiel-Schicht, die das Corpus Callosum enthält ohne (a) und mit (b) Segmentierungsergebnis für den Hauptkörper des CC (grau), dessen Umriß (schwarz), sowie dem hier mit dem CC verbundenen Fornix (weiß)

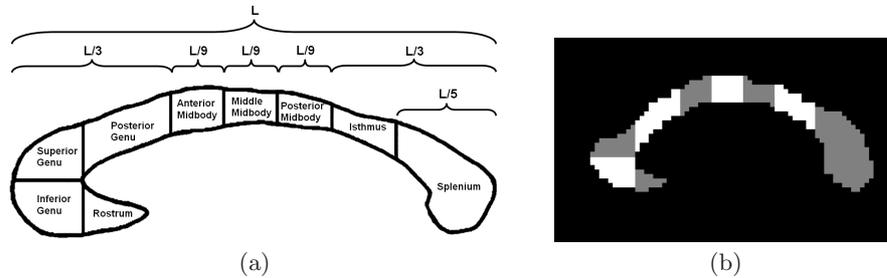


Grauwert-Kontrast zur Umgebung und zum gesamten Bild, sowie Dichte- und Formkriterien (die Bounding Box der gesuchten Struktur ist rund doppelt so lang wie breit und horizontal ausgerichtet), der Größe (gefordert sind zwischen 300 und 1500 Pixel) und Lage (Distanz zum Bildzentrum nicht größer als 40 Pixel). Falls keine solchen Objekte gefunden werden, wiederholt sich die Prozedur der Partitionierung mit strengeren Größenkriterien und weniger strengem Homogenitätskriterium. In der Regel konvergiert dieses Verfahren innerhalb von drei bis fünf Iterationen, bis sich potentielle CC-Objekte finden. Eine technische Schwierigkeit besteht nun darin, den in manchen Fällen augenscheinlich mit dem CC verbundenen Fornix (Abb. 1b) wieder abzutrennen. Dazu wird das gesamte bislang ermittelte CC-Objekt untergliedert und der „Zweig“ abgetrennt, der die relativ zur Länge geringste Fläche repräsentiert, da das Fornix schmäler als der Hauptkörper des CC ist. Übrig bleibt das ggf. korrigierte CC-Objekt, das anschließend in neun Abschnitte unterteilt (Definition nach [9], siehe Abb. 2) und vermessen wird. Die daraus ermittelten Volumenberechnungen werden dann in Tabellenform der weiteren statistischen Auswertung der Studie zugeführt.

## 5 Ergebnisse

Es konnte ein Algorithmus gefunden werden, der auf der zentralen sagittalen Schicht, sowie wie gefordert auf den beidseitig drei benachbarten sagittalen Schichten die Aufgabe in weniger als fünf Minuten pro Datensatz löst. Nach Sichtkontrolle werden für ca. 95% aller Eingangsbilder (auf der Basis von über 750 Bildern aus bislang rund 100 Datensätzen) Ergebnisse geliefert, die ohne

**Abb. 2.** Unterteilung des CC nach [9] in neun Abschnitte: In (a) sind die Proportionen im Verhältnis zur Gesamtlänge  $L$  des CC angegeben. (b) veranschaulicht ein nach diesem Schema automatisch unterteiltes Segmentierungsergebnis anhand eines Beispieldatensatzes



manuelle Korrekturen weiterverwendet werden können. Die Segmentierungsergebnisse eines Studienabschnitts mit 50 Datensätzen wurden näher quantitativ untersucht: In einem Fall scheiterte das Verfahren komplett, da das CC eine ausgeprägte morphologische Anomalie (Isthmus) aufwies. Für die restlichen 49 Datensätzen konnte im Vergleich zu den von einem Experten manuell korrigierten Daten ein mittlerer Dice-Koeffizient von 0,97 mit einer Standardabweichung von 0,051 erzielt werden. Von den insgesamt 350 untersuchten Schichten wiesen dabei 13 „geringere“ und 11 „gravierendere“ Fehlsegmentierungen auf, die über 11 bzw. 6 Datensätze verteilt waren. Die geringeren Fehler zeichneten sich dabei dadurch aus, daß sie sich während der visuellen Inspektion in unter 10 Sekunden manuell korrigieren ließen. Die gravierenderen Fehler konnten in ca. 30 Sekunden pro Bild behoben werden. Neben den 7 Schichten der kompletten Fehlsegmentierung scheiterte der Algorithmus noch auf weiteren 4 einzelnen Schichtbildern, deren Korrektur in rund einer Minute pro Bild erledigt werden konnte.

## 6 Diskussion

Das vorgestellte Verfahren arbeitet genügend robust auf T1-gewichteten Datensätzen unterschiedlicher Sequenzen, wie insbesondere MPRAGE und der immer weiter verbreiteten MDEFT [10]. Der Algorithmus passt sich dabei automatisch den in der klinischer Diagnostik und Forschung vorkommenden unterschiedlichen Qualitäten der Bilddaten hinsichtlich Helligkeit, Kontrast und Signal-zu-Rausch-Verhältnis an. Um die Ergebnisse der Vermessung des CC für die statistische Auswertung der Studie besser vergleichen zu können, wird vorausgesetzt, daß die Datensätze in die AC (commissura anterior)-PC (commissura posterior)-Achse rotiert sind. Dies stellt den einzigen manuellen Vorverarbeitungsschritt dar, der für weniger genaue Untersuchungen nicht nötig ist. Der Workflow für das Postprocessing wurde so gestaltet, daß eventuelle Segmentierungsfehler gleich während der visuellen Inspektion korrigiert werden können,

um die weitere Verarbeitungskette nicht länger zu unterbrechen. Die gewonnenen Erkenntnisse lassen sich auch für die Analyse von weiteren Strukturen ggf. auch aus anderen Modalitäten (z.B. CT) übertragen. Die Ergebnisse dieser Arbeit stellen der zugrundeliegenden Schizophrenie-Studie für vorhandene und alle künftig erhobenen Datensätze nahezu vollständig-automatisiert Parameter zur Verfügung, um diese in einem Umfang auswerten zu können, wie dies mit manueller Segmentierung nicht ohne deutlichen Mehraufwand möglich wäre. Damit können statistische Aussagen der Studie detaillierter und mit mehr Signifikanz angegebene werden und fügen ihr damit einen erheblichen Mehrwert zu.

## 7 Danksagung

Die Autoren danken der Alzheimer Forschung Initiative e.V. für die finanzielle Unterstützung. Das Brain Imaging Center Frankfurt am Main wird gefördert durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (DLR 01GO0203).

## Literaturverzeichnis

1. Rotarska-Jagiela A, Schoenmeyer R, Oertel V, Haenschel C, Maurer K, Linden DEJ. Strukturelle Integrität des Corpus Callosum bei schizophrenen Patienten – untersucht mit Diffusion Tensor Imaging. In: DGPPN (submitted and accepted). Berlin; 2006.
2. Narr KL, Thompson PM, Sharma T, Moussai J, Cannestra AF, Toga AW. Mapping morphology of the corpus callosum in schizophrenia. *Cereb Cortex* 2000;10(1):40–9.
3. Luders E, Narr KL, Zaidel E, Thompson PM, Jancke L, Toga AW. Parasagittal asymmetries of the corpus callosum. *Cereb Cortex* 2006;16(3):346–54.
4. Ota M, Obata T, Akine Y, Ito H, Ikehira H, Asada T, et al. Age-related degeneration of corpus callosum measured with diffusion tensor imaging. *Neuroimage* 2006;31(4):1445–52.
5. Lee C, Huh S, Ketter TA, Unser M. Automated Segmentation of the Corpus Callosum in Midsagittal Brain Magnetic Resonance Images. *Optical Engineering* 2000;39(4):924–935.
6. Magnotta VA, Harris G, Andreasen NC, O’Leary DS, Yuh WT, Heckel D. Structural MR image processing using the BRAINS2 toolbox. *Comput Med Imaging Graph* 2002;26(4):251–64.
7. Schönmeier R, Prvulovic D, Rotarska-Jagiela A, Dallmann K, Haenschel C, Athelou M, et al. Automatisierte Segmentierung der Seitenventrikel des menschlichen Gehirns aus kernspintomographischen Datensätzen. In: *BVM*; 2005. 83–87.
8. Schäpe A, Urbani M, Leiderer R, Athelou M. Fraktal hierarchische, prozeß- und objektbasierte Bildanalyse. In: *Procs BVM*; 2003. 206–210.
9. Highley JR, Esiri MM, McDonald B, Cortina-Borja M, Herron BM, Crow TJ. The size and fibre composition of the corpus callosum with respect to gender and schizophrenia: a post-mortem study. *Brain* 1999;122 (Pt 1):99–110.
10. Deichmann R, Schwarzbauer C, Turner R. Optimisation of the 3D MDEFT sequence for anatomical brain imaging: technical implications at 1.5 and 3 T. *Neuroimage* 2004;21(2):757–67.