

Wissensakquisition mit Methoden der Mustererkennung zur wissensbasierten Segmentierung von Risikoorganen in CT-Bilddaten

Armin Stoll¹, Thomas Wetter², Rolf Bendl^{1,3}

¹Abteilung für Medizinische Physik in der Strahlentherapie, DKFZ Heidelberg

²Institut für Medizinische Biometrie und Informatik, Universität Heidelberg

³Fakultät für Informatik, Hochschule Heilbronn

a.stoll@dkfz-heidelberg.de

Kurzfassung. In diesem Beitrag werden vier Mustererkennungsmethoden vorgestellt und bewertet die für die Bestimmung der kranial-kaudalen Korrespondenz von transversalen CT-Schnittbildern evaluiert wurden. Die Klassifikationsleistungen sind an insgesamt 13 Datensätzen bestimmt worden. Fünf intensitätsbasierte Merkmale und ein anatomisches Vermessungsmaß spannen einen 6-dimensionalen Merkmalsraum auf und ermöglichen eine robuste Klassifikation. Es werden Klassifikationsleistungen mit Sensitivität > 0.9 erzielt. Die resultierende Detektion und Abgrenzung von Körperregionen in beliebigen CT-Bilddaten ermöglicht es Segmentierungsaufgaben auf bestimmte Bereiche zu begrenzen. Semi-automatische Segmentierungsalgorithmen können anschließend automatisch initialisiert und ohne Benutzerinteraktion ausgeführt werden.

1 Einleitung

Das wichtigste bildgebende Verfahren für die computergestützte Strahlentherapieplanung ist die Computertomographie (CT). Mit dieser Modalität können nicht-invasiv sehr hochauflösende und kontrastreiche Schnittbilder von der Anatomie des Menschen rekonstruiert werden. Die Schnittbilder bilden eine wichtige Grundlage, auf der eine Strahlentherapie geplant, simuliert und evaluiert werden kann. Alle therapielevanten Strukturen (Risikoorgane, Gewebe und Zielvolumen) müssen jedoch zuvor in den Bilddaten segmentiert werden. Dieses geschieht häufig manuell, indem der Bestrahlungsplaner die Konturen in den Transversalschichten mit einfachen grafischen Hilfsmitteln einzeichnet. Um diesen Vorgang zu beschleunigen, werden semi-automatische Segmentierungsverfahren entwickelt. Hierzu gehören z.B. Bereichswachstumsverfahren, Aktive Konturen oder Formmodelle.

Mit dem Ziel die Segmentierungsaufgabe weiter zu automatisieren, werden in zahlreichen Publikationen wissensbasierte Systeme (WBS) vorgestellt. Sie zeigen, dass semi-automatische Segmentierungsalgorithmen automatisch parametrisiert werden können, so dass sie ohne Benutzerinteraktion anwendbar werden

[1]. Zhou et al. [2], Braun et al. [3] und Hu et al. [4] präsentieren Ansätze für das automatische Erkennen und Segmentieren von Strukturen der Lunge. In den Arbeiten von Brown et al. [5] und Lin et al. [6] werden WBS zur Segmentierung von Nieren vorgestellt. Alle Arbeiten zeigen, dass es möglich ist Risikoorgane automatisch zu segmentieren, indem etablierte Segmentierungsverfahren automatisch parametrisiert und ausgeführt werden. Ein wichtiges Kriterium hierfür ist die Bestimmung der kranial-kaudalen Korrespondenz, um beispielsweise ein Bereichswachstumsverfahren auf eine bestimmte Körperregion zu begrenzen.

In diesem Beitrag werden Mustererkennungsmethoden vorgestellt und bewertet, um die kranial-kaudale Korrespondenz für transversale CT-Schnittbilder zu bestimmen. Ziel ist es, Körperregionen in beliebigen CT-Bilddaten präzise abzugrenzen und somit das Segmentierungsproblem auf eine Teilregion (engl. clipping area) innerhalb des gesamten Datensatzes zu begrenzen. Das individuell akquirierte Wissen kann dann in die Parametrisierung von Segmentierungsalgorithmen einfließen.

2 Material und Methoden

Für die Präzisionsstrahlentherapie existieren verschiedene Immobilisationstechniken und stereotaktische Rahmensysteme, welche die Fixierung der Patienten und die Definition eines Koordinatensystems ermöglichen. Diese technischen Hilfsmittel sind als zusätzliche Objekte in den Schnittbildern enthalten. Sie wechseln in Abhängigkeit von der Indikation und erschweren die Bildverarbeitung. Um das im Folgenden vorgestellte Verfahren unabhängig von diesen Nebenbedingungen anwenden zu können, wird in einem Vorverarbeitungsschritt eine anatomische Maske generiert. Sie begrenzt den Blick auf die Anatomie des Patienten. Das allgemeine Vorgehen wird von Hu et al. [4] beschrieben, wobei für die Binarisierung jedes Schnittbildes der dynamische Schwellwert nach der Methode von Otsu et al. [7] bestimmt wird. Aus den anatomischen Bilddaten werden im Anschluss fünf Gewebemerkmale und ein Vermessungsmaß abgeleitet. Abbildung 1 gibt einen qualitativen Eindruck der Merkmale. Der 6-dimensionale Merkmalsraum \mathbf{m} wird anschließend mit den im Folgenden beschriebenen Mustererkennungsmethoden nach den Körperregionen $\Omega = \{\text{Kopf, Hals, Schulter, Thorax, Abdomen, Becken}\}$ klassifiziert.

2.1 Quadratische Diskriminanzanalyse

Die Quadratische Diskriminanzanalyse (QDA) ist dadurch gekennzeichnet, dass sie unter der Verwendung von Gauß-Normalverteilungsannahmen $N(\mu, \sigma)$ eine Schätzung der klassenbedingten Verteilungsdichte $p(\mathbf{m}|\Omega_i)$ vornimmt. Das Problem der Bestimmung der klassenbedingten Wahrscheinlichkeitsdichten wird auf die Schätzung der Verteilungsparameter reduziert. Für die QDA wird angenommen, dass die Kovarianz-Matrizen Σ_i für die Klassen i verschieden und somit unterschiedlich standardnormalverteilt sein können.

2.2 k -nächste Nachbarn Klassifikator

Der k -nächste Nachbarn Klassifikator (kNN) weist einem Merkmalsvektor \mathbf{m} diejenige Klasse Ω_i zu, zu der die Mehrzahl der k -nächsten Nachbarn gehören. Als Abstandsmaß wird die Euklidische Distanz $d(\mathbf{m}, \mathbf{x}) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (\mathbf{m}_i - \mathbf{x}_i)^2}$ berechnet.

2.3 Perzeptron

Das Perzeptron ist ein einfaches künstlich neuronales Netz. Es stellt ein zweilagiges feed-forward Netzwerk dar bei dem jedes Neuron der Eingabeschicht mit allen Neuronen der Ausgabeschicht verbunden ist. Die Anzahl der Eingabe-Neuronen n entspricht der Anzahl der Merkmale. Die Anzahl der Ausgabe-Neuronen k korrespondiert mit der Anzahl an Klassenausprägungen $|\Omega|$. Jede Verbindung zwischen Eingabe- und Ausgabeschicht ist mit einem Gewicht $w_{ij} \in \mathbb{R}$ mit $i \in \{1, \dots, n\}$ und $j \in \{1, \dots, k\}$ belegt. In der Lernphase werden die Gewichte w_{ij} angepasst, so dass der Merkmalsraum linear getrennt wird.

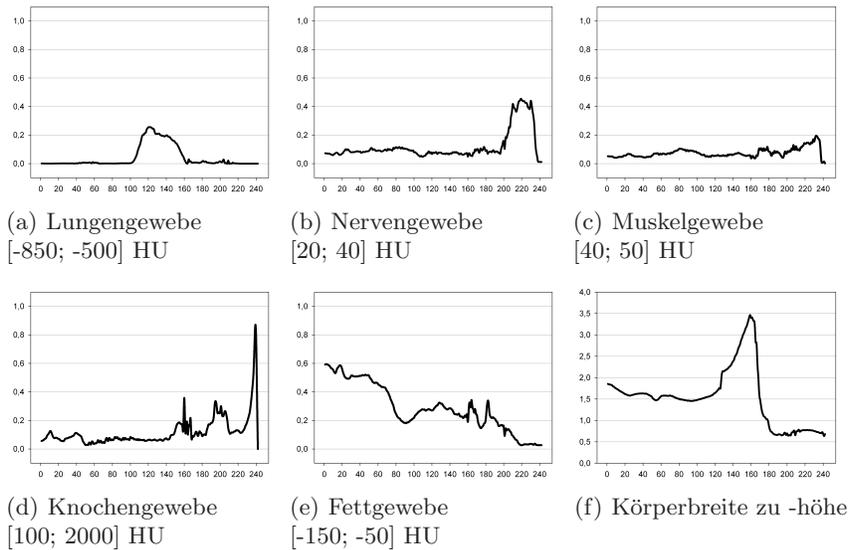


Abb. 1. Die Abbildungen (a) bis (e) zeigen die Ausprägungen der Gewebeklassen. Zu jeder Abbildung ist der entsprechende Intensitätsbereich in Hounsfield-Units gegeben. Der Flächeninhalt, den ein Gewebe in einer Transversalschicht einnimmt, ist auf den gesamten Flächeninhalt, den der Körper in derselben Transversalschicht einnimmt, normiert. Abbildung (f) zeigt das Verhältnis Körperbreite zur -höhe. Auf der x -Achse sind die Transversalschichten entlang der Körperachse dargestellt. Der Datensatz beginnt im Bereich des Beckens (in Höhe der Femurköpfe, slice=0) und endet mit der Schädelkalotte (slice=244)

2.4 Support Vector Machine Klassifikator

Ein weiterer Klassifikator ist die Support Vector Machine (SVM). Anhand einer vorklassifizierten Stichprobe $S = \{\mathbf{x}_i, y_i\}$, bestehend aus $i = 1, \dots, l$ Beobachtungen \mathbf{x}_i und den Klassenzugehörigkeiten $y_i \in \{+1, -1\}$, wird eine Hyperebene $(\mathbf{w} \cdot \mathbf{x} + b) = 0$ bestimmt, welche die Klassen y_i optimal trennt. Nicht-linear separierbare Merkmalsräume können mit verschiedenen Kernelfunktionen (z.B. die Radiale Basis Funktion) getrennt werden. Die SVM unterscheidet sich von anderen Klassifikatoren dadurch, dass von allen möglichen Hyperebenen diejenige mit minimaler quadratischer Norm bestimmt wird, so dass die einzelnen Klassen optimal getrennt werden [8].

3 Ergebnisse

Für die Bewertung der Klassifikationsleistung wurde zwischen männlichen und weiblichen Patienten unterschieden. Es standen sieben CT-Datensätze von Männern zur Verfügung, woraus sich aus den einzelnen Transversalschichten insgesamt 909 Muster ergaben. Fünf CT-Datensätze von Frauen führten zu 650 Muster. Die Schätzung der Klassifikationsleistung wurde mit der Hold-out-Methode vorgenommen. Hierfür wurden die Stichproben S_M und S_W im Verhältnis 5 : 1 zufällig und vollständig in eine Lern- und eine Teststichprobe zerlegt. Die resultierenden Klassifikationsleistungen sind in Abbildung 3 dargestellt.

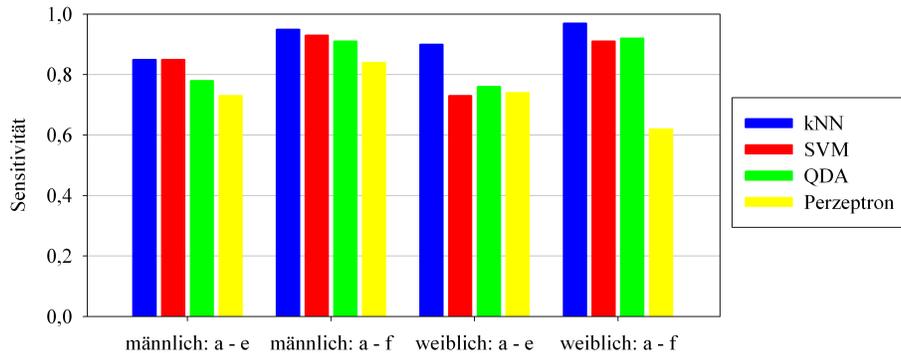


Abb. 2. Das Balkendiagramm veranschaulicht die Sensitivitäten, mit denen Transversalschichten einer Körperregion zugeordnet werden. Gegenübergestellt sind die Differenzierung nach dem Geschlecht (männlich, weiblich) und die Auswirkung verschiedener Merkmale (Abb. 1). Das Vermessungsmaß (Abb. 1(f)) verbessert die Klassifikationsleistung deutlich

4 Diskussion

In diesem Beitrag wurde gezeigt, dass individuell gegebenes, anatomisches Wissen aus beliebigen CT-Bilddaten mit Methoden der Mustererkennung akquiriert werden kann. Dieses Wissen kann verwendet werden, um semi-automatische Segmentierungsalgorithmen automatisch zu parametrisieren und in ihrem Aktionsbereich entlang der Longitudinalachse einzugrenzen. Dabei wird berücksichtigt, dass es sich um nicht statisch formulierbares Wissen handelt. Das heißt, dass es für jeden Patient individuell akquiriert werden muss. In der Bewertung der verschiedenen Klassifikationsleistungen zeigt der k -nächste Nachbarn Klassifikator die besten Ergebnisse. Aus Gründen der Performance und unwesentlich schlechteren Klassifikationsleistungen ist die SVM oder QDA dem kNN-Klassifikator vorzuziehen. Das Perzeptron zeigt bei dieser Klassifikationsaufgabe kein zufriedenstellendes Ergebnis. Dieses lässt darauf schließen, dass die Diskriminierungsaufgabe nicht-linear separierbar ist.

Die verwendeten Merkmale sind ausreichend, um mehr als 90% der Transversalschichten richtig zu klassifizieren. Einzelne Fehlklassifikationen konnten mit einem kantenerhaltenden Medianfilter korrigiert werden. Eine zusätzliche Konsistenzprüfung, in der eine bestimmte Abfolge von Körperregionen eingehalten werden muss, erhöht ebenfalls die Sicherheit. Im Falle stark verrauschter oder anormalen anatomischen Bedingungen (z.B. durch Vorerkrankung oder Implantate) kann die Weiterverarbeitung an dieser Stelle frühzeitig gestoppt werden.

Literaturverzeichnis

1. Faiß K, Oertel S, Schlegel W, et al. Wissensbasierte Segmentierung von Risikoorganen in der Strahlentherapieplanung. Proc BVM. 2005; p. 193–7.
2. Zhou X, Hayashi T, Hara T, et al. Automatic segmentation and recognition of anatomical lung structures from high-resolution chest CT images. Comput Med Imaging Graph. 2006;30(5):299–13.
3. Brown MS, Goldin JG, McNitt-Gray MF, et al. Knowledge-based segmentation of thoracic computed tomography images for assessment of split lung function. Med Phys. 2000;27(3):592–8.
4. Hu S, Hoffman EA, Reinhardt JM. Automatic lung segmentation for accurate quantitation of volumetric X-ray CT images. IEEE Trans Med Imaging. 2001;20(6):490–8.
5. Brown MS, Feng WC, Hall TR, et al. Knowledge-based segmentation of pediatric kidneys in CT for measurement of parenchymal volume. J Comput Assist Tomogr. 2001;25(4):639–48.
6. Lin DT, Lei CC, Hung SW. Computer-aided kidney segmentation on abdominal CT images. IEEE Trans Inf Technol Biomed. 2006;10(1):59–5.
7. Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms. IEEE Trans System Man Cybern. 1979;9(1):62–6.
8. Chang CC, Lin CJ. LIBSVM: A library for support vector machines; 2001. Software available at <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>.