

Zweistufige Segmentierung des Tracheobronchialbaums mittels iterativen adaptiven Bereichswachstumsverfahren

Ingmar Gergel¹, Ingmar Wegner¹, Ralf Tetzlaff², Hans-Peter Meinzer¹

¹Abt. Medizinische und Biologische Informatik, Deutsches Krebsforschungszentrum

²Abt. Radiologie, Deutsches Krebsforschungszentrum

`i.gergel@dkfz-heidelberg.de`

Kurzfassung. Die Segmentierung des Tracheobronchialbaums aus medizinischen Bilddaten ist essentiell für unterschiedliche Anwendungen, beispielsweise der navigierten Bronchoskopie. Hierbei liegt das Hauptaugenmerk auf einer möglichst detaillierten Segmentierung der Bronchien bei möglichst geringer Laufzeit des Algorithmus. Dieser Beitrag beschreibt ein Verfahren, welches in zwei Schritten den Tracheobronchialbaum anhand eines adaptiven Bereichswachstumsverfahrens aus CT-Aufnahmen segmentiert. Im ersten Schritt werden die großen Atemwege und im zweiten Schritt die kleinen Atemwege getrennt segmentiert. Insgesamt wird dadurch die Anzahl der Voxel, die von rechenaufwändigeren Algorithmen (bspw. Gefäß-Tracking) verarbeitet werden müssen, verringert. Die Ergebnisse zeigen bei minimaler Laufzeiterhöhung eine deutliche Steigerung der Anzahl sowie Tiefe der segmentierten Bronchien.

1 Einleitung

Die Segmentierung von verschiedenen Objekten aus medizinischen Bilddaten stellt eine zentrale Komponente in der Bildverarbeitung dar, meist dient Sie als initialer Schritt für weitere Bearbeitungsprozesse. In Abhängigkeit vom Anwendungsbereich und der Zielsetzung kommen unterschiedliche Segmentierungsalgorithmen zum Einsatz. In der medizinischen Bildverarbeitung liegt unter anderem ein Fokus auf der Segmentierung von tubulären Strukturen, wie sie beispielsweise in Blutgefäßen oder im Tracheobronchialbaum vorliegen.

Statistische Verfahren wie das Bayesian Tracking [1] oder aktive Formmodelle [2] werden als äußerst robust beschrieben, gehen jedoch mit einer erhöhten Rechenzeit einher. Diese sollte jedoch für die Akzeptanz in der klinischen Routine möglichst gering gehalten werden. Ein viel genutzter Algorithmus zur Segmentierung von komplex zusammenhängenden Strukturen ist das Bereichswachstumsverfahren, das sich durch eine geringe Laufzeit auszeichnet. Speziell bei der Segmentierung des Bronchialbaums resultiert das Bereichswachstumsverfahren jedoch oft in einem Auslaufen ins Lungenparenchym, das heißt aufgrund der durch das CT-Auflösungsvermögen begrenzten Dicke der Bronchialwände entstehen Löcher über die der Wachstumsprozess das Innere der Bronchien verlässt und außerhalb liegende Strukturen mitsegmentiert. Durch einen adaptiven

Schwellwertansatz im Bereichswachstumsverfahren lässt sich die Stelle des Auslaufens automatisch detektieren und die Segmentierung vorher stoppen [3]. Das Ergebnis entspricht jedoch nicht der maximal möglichen Segmentierung mittels Bereichswachstumsverfahren, da peripher liegende Bronchien mit Grauwerten außerhalb des einen automatisch gefundenen Grauwertintervalls nicht mehr hinzu segmentiert werden können. Diese Grenze ist jedoch gegebenenfalls nur auf einen Bronchus optimiert. Für die verbleibenden Bronchialäste lässt sich ein größeres Grauwertintervall ansetzen. Diesen Punkt aufgreifend beschreibt der vorliegende Beitrag ein Verfahren, welches nach der primären Segmentierung des Bronchialbaumes, an den ermittelten Endpunkten der Bronchien das adaptive Schwellwert-Bereichswachstumsverfahren erneut durchführt, um weitere Bronchialäste zu erfassen. Hierbei wurde ein automatisierter Ablauf gewählt um die Laufzeit so gering wie möglich zu halten.

2 Material und Methoden

Zur Implementierung des Verfahrens wurde die quelloffene C++ Klassenbibliothek Medical Imaging Interaction Toolkit (MITK) verwendet [4]. Die Primär-Segmentierung wird im Gegensatz zum reinen Bereichswachstum nicht über ein festes Grauwertintervall gebildet. Vielmehr wird während der Segmentierung sukzessive das Grauwertintervall vergrößert, so dass festgehalten wird, bei welchem Intervall ein Voxel in die Segmentierung aufgenommen wurde. So kann auch nach der Berechnung die gewünschte Schwelle automatisch gefunden oder interaktiv gewählt werden [3, 5]. Auf den Enden (Blättern) dieser Segmentierung aufbauend erfolgen weitere Segmentierungen, welche ebenfalls durch einen automatisierten Abbruchmechanismus gesteuert werden.

In dem von den Autoren entwickelten Verfahren werden zwei Modi für den Abbruchmechanismus unterschieden: Die initiale Segmentierung der großen Atemwege (*Grob-Segmentierung*) und die blattbasierte Segmentierung der kleinen Atemwege (*Fein-Segmentierung*). Die Tatsache, dass bei dem Schritt, in dem die Segmentierung ins Lungenparenchym ausläuft, signifikant mehr Voxel integriert werden als in den vorherigen Schritten, stellt das Abbruchkriterium der Grob-Segmentierung dar.

Aus dem Ergebnis der initialen Grob-Segmentierung wird über ein Skelettierungsalgorithmus die Baumstruktur mit zugehörigen Endblattknoten berechnet [6]. Die ermittelten Blattknoten dienen den anschließenden Fein-Segmentierungen als Saatpunkte. Dabei wird überprüft ob der Grauwert des jeweiligen Saatpunktes noch innerhalb der definierten Schwelle liegt. Außerhalb liegende Punkte werden anhand einer Kostenfunktion, bestehend aus Grauwert und Abstand zum Original-Saatpunkt innerhalb eines definierten Volumens, neu gesetzt. Somit wird sichergestellt, dass die Position der Saatpunkte optimiert wird, da der Skelettierungsalgorithmus keine Grauwertunterschiede berücksichtigt.

Der Abbruchmechanismus der Fein-Segmentierung basiert auf der Annahme, dass im zweiten Segmentierungsschritt im Verhältnis zum ersten nur ein Bruchteil an Voxel hinzugefügt wird, da lediglich einzelne Bronchialäste und

Tabelle 1. Übersicht der Segmentierungsergebnisse: Die Anzahl an Blätter entspricht der Anzahl an segmentierten Bronchien aus der Grob-Segmentierung. In der dritten Spalte ist die Anzahl an weiterverfolgten Bronchien durch die Fein-Segmentierung aufgelistet. Spalte vier zeigt die an den weiterverfolgten Bronchien maximal hinzugewonnene Segmentierungstiefe in *mm* an; Spalte fünf die durchschnittliche Segmentierungstiefe.

ID	# Blätter	# weiterverfolgt	Zuwachs max.	∅ (mm)	CT-Auflösung (mm)
1.	89	58 (65%)	35,6	10,2	0,57 * 0,57 * 1,25
2.	32	17 (53%)	18,9	5,3	0,723 * 0,723 * 1
3.	56	46 (82%)	38,1	11,2	0,742 * 0,742 * 1
4.	21	8 (38%)	9,9	2,5	0,702 * 0,702 * 1
5.	36	17 (47%)	26,8	10,7	0,552 * 0,552 * 1
6.	60	27 (45%)	27,56	7,6	0,354 * 0,354 * 0,4

nicht mehr der gesamte Bronchialbaum erfasst werden. Sobald die Anzahl der neueingeschlossenen Voxel eine bildspezifische Grenze überschreitet greift das Abbruchkriterium. Zusätzlich gilt weiterhin das Abbruchkriterium der Grob-Segmentierung.

Über eine Maskierung des Ausgangsbildes mit dem Ergebnis der Grob-Segmentierung wurde gewährleistet, dass die anschließende Fein-Segmentierung Bereiche, die bereits im ersten Schritt erfasst wurden, nicht erneut aufnimmt. Folglich werden tatsächlich nur neue Strukturen (Bronchialäste) segmentiert, die nicht in der Grob-Segmentierung lagen.

Abschließend erfolgt die Addition der Segmentierungsergebnisse aus dem initialen und blattbasierten Lauf hin zur Gesamt-Segmentierung, die als Ausgang für weitere, rechenintensivere Segmentierungsalgorithmen, wie das in [3] beschriebene Pattern-Matching, dienen kann.

3 Ergebnisse

Die iterative Segmentierung wurde erfolgreich auf bisher sechs CT-Datensätzen durchgeführt. In Abhängigkeit der Qualität des Eingangsdatums wurden Bronchien bis maximal zur siebten Generation verfolgt. Insgesamt konnte das neue Verfahren an 55% der Blattknoten den vorliegenden Bronchialast weiter segmentieren. Allein das Verfahren der automatischen Saatpunkt-korrektur konnte die Anzahl an weiterverfolgten Bronchien um bis zu 17% erhöhen. Da die Saatpunkt-korrektur die Laufzeit nur marginal erhöhte, wurde das Verfahren standardmäßig bei allen Saatpunkten außerhalb des Grauwertintervalls angewandt. In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der Segmentierungen detailliert aufgelistet. Zum Vergleich der Ergebnisse der einzelnen Datensätze untereinander sind zusätzlich die CT-Auflösungen angegeben. Insgesamt lag der Anteil falsch positiv erkannter Äste bei unter 4%.

Die initiale Grob-Segmentierung benötigt, wieder in Abhängigkeit der Auflösung und Größe des Eingangsbildes, ca. 15-30 Sekunden inklusive Benutzerin-

teraktion zur evtl. Anpassung des automatisch detektierten Schwellenintervalls. Die anschließende Fein-Segmentierung benötigt im vollautomatischen Modus ca. eine bis zwei Minuten, alternativ können die Ergebnisse der Fein-Segmentierung, im manuellen Modus einzeln angezeigt und gegebenenfalls wie im ersten Schritt angepasst werden (ca. 8 Minuten, abhängig von der Anzahl der Blattknoten). Sämtliche Berechnungen erfolgten auf einem Standard-PC: Intel P4 Quad Core 2,4 Ghz; 4 GB RAM. Insgesamt lässt sich somit die erweiterte Segmentierung innerhalb weniger Minuten berechnen und als interaktive 3D-Baumstruktur oder als 3D-Oberfläche anzeigen. Weiterhin können falsch positiv erkannte Bereiche in der Baumdarstellung ausgewählt und respektive gelöscht werden.

4 Diskussion

Es wurde ein Verfahren entwickelt welches in zwei Schritten anhand eines adaptiven Bereichswachstumsalgorithmus den Tracheobronchialbaum in kurzer Zeit segmentiert. Die Evaluation zeigt, dass die Fein-Segmentierung zusätzliche Bronchialäste in der Peripherie aufnehmen konnte (Abb. 1) und stellenweise eine Erhöhung der Segmentierungstiefe pro Bronchus um mehr als drei cm erzielte. Ein Vergleich der Ergebnisse mit denen anderer Algorithmen gestaltet sich als schwierig, da es keinen Goldstandard wie die manuelle Segmentierung gibt und die Qualität der Ergebnisse stark von dem jeweiligen Eingangsbild abhängt [7]. Dennoch zeigt der direkte Vergleich auf demselben Eingangsbild mit dem in [3] verwendeten Pattern-Matching Algorithmus, dass ähnlich gute Ergebnisse in kürzerer Laufzeit erzielt werden. Gleichzeitig läuft das Verfahren ohne zu-

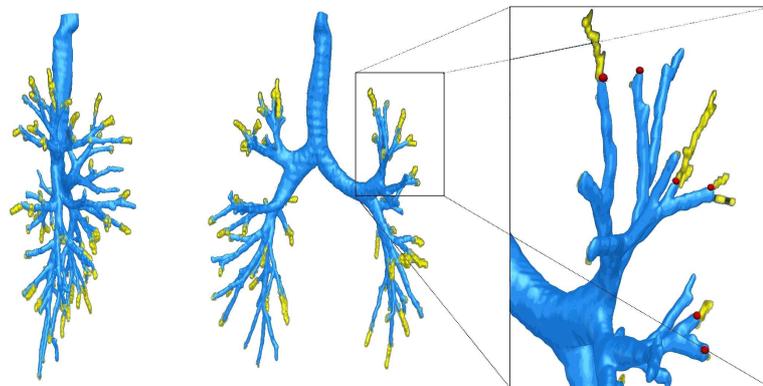


Abb. 1. Segmentierungsergebnis des Tracheobronchialbaums aus einem CT-Datum. Die durch die Fein-Segmentierung erweiterte Segmentierung ist gelb hervorgehoben, links in sagitaler und mittig in coronaler Ansicht. Der rechte Teil des Bildes zeigt den vergrößerten Ausschnitt des linken Oberlappens; die roten Punkte repräsentieren hierbei durch das Verfahren optimierte Saatpunkte.

sätzliche Parameter, welche wiederum für das Pattern-Matching vom Benutzer gewählt werden müssen.

Durch die Verwendung einer Maske (das Ergebnis der Grob-Segmentierung) konnte zum Einen unnötige redundante Rechenzeit minimiert werden, da das Verfahren bereits segmentierte Bereiche nicht noch einmal erfasst. Zum Anderen wurde sichergestellt, dass die anschließenden blattbasierten Segmentierungen nicht an derselben Stelle wie in der Grob-Segmentierung ins Lungenparenchym auslaufen und folglich immer ein eigenes Grauwertintervall haben. Des Weiteren wird das Gesamt-Segmentierungsergebnis schnell genug erstellt um anschließend weitere, rechenaufwändigere Algorithmen, an den neuen Blattknoten anzusetzen. Zukünftige Pläne sehen die Steigerung der Segmentierungstiefe durch ein statistisches Verfahren im Anschluss vor.

Ein zusätzlicher Vorteil, der durch den blattbasierten Segmentierungsansatz entsteht, ist die Möglichkeit zur Auslagerung der einzelnen Segmentierungen in Threads, wodurch eine weitere Rechenzeitverkürzung erwartet wird.

Danksagung. Diese Arbeit wurde von der DFG im Rahmen des Projektes „Navigierte Bronchoskopie“ (ME 833/13-1) gefördert.

Literaturverzeichnis

1. Schaap M, Smal I, Metz C, et al. Bayesian tracking of elongated structures in 3D images. *Inf Process Med Imaging*. 2007;20:74–85.
2. de Bruijne M, van Ginneken B, Viergever M et al. Adapting active shape models for 3D segmentation of tubular structures in medical images. *Procs IPMI*. 2003;2723:136–147.
3. Wolber P, Wegner I, Heiman T, Puderbach M, Wolf I, Meinzer HP. Tracking und Segmentierung baumförmiger, tubulärer Strukturen mit einem hybriden Verfahren. *Procs BVM*. 2008; p. 242–246.
4. Wolf I, Vetter M, Wegner I et al. The medical imaging interaction toolkit. *Med Image Anal*. 2005;9(6):594–604.
5. Hojjatoleslami S, Kittler J. Region growing: A new approach. Department of Electronic & Electrical Engineering, University of Surrey, Guildford, UK; 1995.
6. Schoebinger M, Thorn M, Vetter M et al. Robuste Analyse von Gefäßstrukturen auf Basis einer 3D-Skelettierung. *Procs BVM*. 2003; p. 76–80.
7. Tschirren J, Hoffman E A, McLennan G et al. Segmentation and quantitative analysis of intrathoracic airway trees from computed tomography images. *Proc Am Thorac Soc*. 2005;2:484–487.