

Graphbasierte Registrierung von Tubulären Strukturen

Thiago R. dos Santos, Ingmar Gergel, Sven Mersmann, Hans-Peter Meinzer,
Lena Maier-Hein

Abteilung für Medizinische und Biologische Informatik, DKFZ, Heidelberg
t.santos@dkfz.de

Kurzfassung. Verschiedene Ansätze zur Registrierung medizinischer Bilddaten basieren auf der Extraktion und Registrierung baumartiger Strukturen (z.B. Blutgefäße, Bronchialbäume). In diesem Beitrag präsentieren wir eine Methode zur schnellen Korrespondenzsuche in anatomischen Bäumen, die keine initiale Positionierung erfordert. Basierend auf einer Graphrepräsentation der Bäume wird die Ähnlichkeit jeweils zweier Knoten (Verzweigungspunkte) sowohl anhand topologischer Eigenschaften als auch anhand anatomischer Merkmale bewertet. Die Korrespondenzermittlung erfolgt anschließend durch die globale Maximierung einer Ähnlichkeitsmatrix. Den Ergebnissen einer Evaluationsstudie an Schweinebronchien zufolge liefert die hier vorgestellte Methode eine hohe Rate korrekter Zuordnungen im Vergleich zu verwandten Arbeiten.

1 Einleitung

Ansätze zur Registrierung medizinischer Bilddaten basieren zunehmend auf der Extraktion und Registrierung baumartiger Strukturen wie den Bronchien oder den Blutgefäßen [1]. Die Bestimmung von Korrespondenzen gestaltet sich durch verrauschte Eingangsdaten, Organbewegung und Artefakte in diesem Zusammenhang jedoch schwierig. Ein von Metzen *et al.* [1] dargelegter Überblick über vorhandene Verfahren zur Korrespondenzsuche zeigt, dass graphbasierte Verfahren in diesem Kontext an Bedeutung gewinnen. Graham and Higgins verwenden einen Algorithmus [2, 3], welcher zwei Baumstrukturen anhand zweier Deformationsmodelle auf einen Referenzbaum abbildet. Allerdings fehlt eine umfassende Evaluation. Zudem verwenden die Autoren die Parallelität zwischen Kanten als Ähnlichkeitsmaß, wodurch sich eine Abhängigkeit von der relativen Lage der Bäume zueinander ergibt. Die Arbeit von Metzen *et al.* [1] ist unabhängig von der Lage der Bäume, basiert jedoch auf einer “Maximum Clique” Suche¹, welche bekannterweise ein NP-vollständiges Problem darstellt und nur lokal optimale Lösungen liefert (alle Zuweisungen sind auf eine bestimmte Region begrenzt).

Unserer Kenntnis nach wurde noch kein Verfahren vorgestellt welches (1) schnell, (2) unabhängig von der relativen Lage der Bäume zueinander sowie (3)

¹ Eine Clique in einem Graph ist ein Teilgraph, in welchem alle Knoten paarweise durch Kanten verbunden sind.

robust gegenüber Deformationen ist und (4) eine global verteilte Knotenzuweisung ermöglicht. In dieser Arbeit stellen wir ein Verfahren vor, welches diesen Forderungen genügt.

2 Methoden

Der Ablauf für die Registrierung tubulärer Strukturen durch graphbasierte Korrespondenzsuche ist in Abbildung 1 am Beispiel von Bronchialbäumen dargestellt. Zunächst werden aus den segmentierten Bronchien die Zentrallinien extrahiert [4]. Basierend auf einer Graphdarstellung der Strukturen, in der jeder Knoten (außer der Wurzel) mit einer Verzweigung im entsprechenden Bronchialbaums korrespondiert, wird anschließend eine Korrespondenzsuche durchgeführt (Abschnitt 2.1), um jedem Knoten eines Baumes maximal einen Knoten des anderen Baumes zuzuweisen. Nach einer Reduktion von falschen Zuweisungen (Abschnitt 2.2) kann mit Hilfe der gefundenen Korrespondenzen eine Transformation zur Registrierung der Eingangsbilder berechnet werden.

2.1 Korrespondenzsuche

Unser Ansatz zur Korrespondenzsuche basiert auf der Berechnung einer Ähnlichkeitsmatrix zwischen den Knoten beider Bäume. Diese Matrix wird verwendet, um eine Knotenzuordnung zu finden, bei der die globale Ähnlichkeit maximal ist. Das Verfahren besteht aus drei Arbeitsschritten: *topologische Ähnlichkeitsauswertung*, *Merkmals-Ähnlichkeitsauswertung* und *Zuweisung*. Die Ähnlichkeitsmatrix besteht aus der Summe der Bewertungen der topologischen Ähnlichkeit und der Merkmals-Ähnlichkeit.

Topologische Ähnlichkeitsauswertung Die topologische Ähnlichkeitsauswertung wird lokal für jedes Knotenpaar entsprechend dem von Zager und

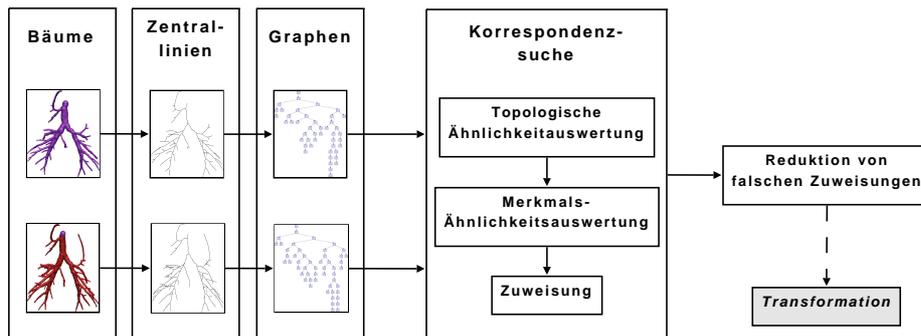


Abb. 1. Schematischer Ablauf für die Registrierung anatomischer Baumstrukturen am Beispiel eines Bronchialbaums.

Vergheese [5] vorgestellten gekoppelten Knoten-Kanten-Auswertungsverfahren berechnet. Bei gegebenen zwei Knoten $v_A \in V_A$ und $v_B \in V_B$, und den Funktionen $s(e)$, welche den Quellknoten einer Kante e liefert, und $t(e)$, welche den Zielknoten liefert, berechnet sich das Ähnlichkeitsmass (m) iterativ folgendermaßen:

$$m_{v_B v_A}^k \leftarrow \sum_{s(e_B)=v_B, s(e_A)=v_A} (m_{s(e_B)s(e_A)}^{k-1} + m_{t(e_B)t(e_A)}^{k-1}) + \sum_{t(e_B)=v_B, t(e_A)=v_A} (m_{s(e_B)s(e_A)}^{k-1} + m_{t(e_B)t(e_A)}^{k-1}) \quad (1)$$

bis $|m_{v_B v_A}^k - m_{v_B v_A}^{k-1}| \leq \varepsilon$ (ε : Konvergenzgrenze) mit $m_{v_B v_A}^0 = n_{v_B v_A}$ (vgl. Abschnitt 2.1).

Merkmals-Ähnlichkeitsauswertung Da viele Knoten topologisch identisch sind, ist allein die topologische Ähnlichkeit nicht ausreichend, um eine passende Zuweisung zu finden. Daher werden zusätzliche *Merkmale* wie der Gefäßdurchmesser für alle Knoten berechnet und deren Ähnlichkeiten ebenfalls bewertet. In dieser Arbeit wurden die folgenden sechs Merkmale verwendet, von denen keines Angaben über die absolute Position eines bestimmten Knotens benötigt, so dass das Zuweisungsverfahren lageunabhängig ist: Gefäßdurchmesser (mm), innerer Abstand zur Wurzel (mm), Knotenebene, maximaler und minimaler Winkel zwischen den Kanten, welche die Verbindung zu den Kinderknoten repräsentieren und der Winkel zwischen der virtuellen Verbindungslinie von der Wurzel zum berücksichtigten Knoten und der ersten von der Wurzel ausgehenden Kante. Die Ähnlichkeitsauswertung wird durch einen Gaußkern im Intervall $[0, 1]$ bewertet (1: identische Merkmalswerte). Sei p_v^P der Wert eines bestimmten Merkmals P eines Knotens v und $G(p_{v_B}^P, p_{v_A}^P)$ der Gaußkern, so berechnet sich das Merkmals-Ähnlichkeitsmaß folgendermaßen:

$$n_{v_B v_A} \leftarrow \sum_P G(p_{v_B}^P, p_{v_A}^P) \quad (2)$$

Zuweisung Zur Bestimmung von Korrespondenzen basierend auf den berechneten Ähnlichkeitswerten $w_{v_B v_A} = m_{v_B v_A} + n_{v_B v_A}$ verwenden wir den *Munkres* Algorithmus [6].

2.2 Reduktion von falschen Zuweisungen

Zur Reduktion von falschen Zuweisungen gehen wir davon aus, dass wenn ein bestimmter Knoten v_A einem Knoten v_B zugewiesen wurde, andere Knoten in der topologischen Nachbarschaft von v_A existieren müssen, welche entsprechenden Knoten in der Nachbarschaft von v_B zugewiesen wurden. Liegt die Anzahl solcher Knoten unter einem Schwellwert β , wird die Zuweisung gelöscht.

Tabelle 1. Ergebnisse der Registrierung von Bäumen mit K_1 und K_2 Knoten, von denen K_Z eine Korrespondenz der Referenzannotierung zugewiesen wurde und für K_U manuell keine Korrespondenz gefunden wurde. Richtig, falsch und nicht zugewiesene Knotenzahlen werden mit K_r , K_f und K_n notiert. Die Gesamtberechnungsdauer t umfasst die Arbeitsschritte der topologischen und Merkmals-Ähnlichkeitsauswertung, Zuweisung und Reduktion von falschen Zuordnungen.

	Datensatznummer										$\emptyset(\%)$
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
K_1	28	23	25	44	52	54	25	50	22	56	
K_2	28	20	16	29	45	35	24	44	17	43	
K_Z	24	19	15	27	42	35	19	36	15	41	91±7
K_r	20	11	9	13	30	22	9	19	9	22	60±11
K_f	0	2	0	2	1	0	0	2	0	2	3±4
K_n	4	6	6	12	11	13	10	15	6	17	37±10
K_U	4	1	1	2	3	0	5	8	2	2	9±7
K_r	4	1	0	2	2	-	5	7	2	2	84±33
K_f	0	0	1	0	1	-	0	1	0	0	16±33
t [ms]	20	$< 10^{-2}$	100	330	170	1810	20	80	20	210	

3 Ergebnisse

Zur Evaluation des vorgestellten Verfahrens wurden 15 CT-Datensätze von Schweinelungen untersucht, die jeweils aus einem Expirations- und einem Inspirationsvolumen bestehen. Die Bronchialbäume wurden segmentiert und in eine Graphdarstellung überführt. Anschließend wurden manuell korrespondierende Verzweigungen identifiziert, die später als Referenz dienten. Fünf der Datensätze wurden zur Optimierung der Parameter unseres Verfahrens (Parameter der Gaußkerne u. der Methode zur Reduktion von falschen Zuweisungen) genutzt, während die verbleibenden 10 Datensätze mittels der optimierten Parameter zur Evaluation der vorgestellten Methode verwendet wurden. Die Ergebnisse sind in Tabelle 1 aufgeführt. 60% aller zuweisbaren Knoten – das sind Knoten mit einer manuellen Referenz – wurden richtig zugewiesen (*zuweisbar, richtig*), während 3% falsch (*zuweisbar, falsch*) und 37% nicht zugewiesen wurden (*zuweisbar, unzugewiesen*). Unter den Knoten, welche nicht zuweisbar waren, wurden 16% falsch zugewiesen (*unzuweisbar, falsch*), während 84% korrekt als nicht zuweisbar identifiziert wurden (*unzuweisbar, richtig*). Zur Erzeugung und Merkmalsberechnung von zwei Bäumen benötigte das Verfahren weniger als 10^{-3} ms (2.4 GHz Intel CPU). Das gesamte Registrierungsverfahren einschließlich topologischer und Merkmals-Ähnlichkeitsauswertung, der Zuweisung und der Reduktion von falschen Zuordnungen beanspruchte durchschnittlich weniger als eine Sekunde.

4 Diskussion

In dieser Arbeit wurde ein schnelles und robustes Verfahren zur Korrespondenzsuche in baumförmigen Strukturen präsentiert, das sowohl topologische also auch anatomische Ähnlichkeit von Knoten nutzt, um eine global optimale Zuweisung zu berechnen. Vorteile des Verfahrens gegenüber anderen aus der Literatur bekannten Ansätzen sind die Möglichkeit einer *global* verteilten Zuordnung sowie die Unabhängigkeit gegenüber der relativen Lage der Bäume zueinander. Des Weiteren umfasst das Verfahren eine Methode zur Reduktion von falschen Zuweisungen.

Unsere Ergebnisse bezüglich Laufzeit und Anteil an zugewiesenen Knoten sind mit denen von Graham und Higgins [2, 3] vergleichbar. Allerdings unterscheiden die Autoren nicht zwischen falsch und richtig zugewiesenen Knoten. Die Laufzeit wurde hier nur für einen der vier untersuchten Datensätze angegeben (5 Sekunden für zwei Bäume mit 341 und 131 Knoten; PC 3.4 GHz Pentium). Im Vergleich zu der Arbeit von Metzzen et al. [1] liefert unser Verfahren einen höheren Anteil an richtigen Zuweisungen (53% gegenüber 19%), während der Anteil an falsch zugewiesenen Knoten vergleichbar ist (4% gegenüber 2%). Laufzeitangaben zum Algorithmus wurden keine angegeben.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass das vorgeschlagene Verfahren eine schnelle und robuste Möglichkeit darstellt, um anatomische Bäume zu registrieren und im Vergleich zum aktuellen Stand der Forschung einen hohen Anteil an richtig zugewiesenen Knoten sowie einen niedrigen Anteil an falsch zugewiesenen Knoten liefert.

Danksagung. Diese Arbeit entstand innerhalb des Stipendiums des CAPES/DAAD (Brasilien/Deutschland) Austauschprogramms von Thiago R. dos Santos.

Literaturverzeichnis

1. Metzzen JH, Kröger T, Schenk A, et al. Matching of anatomical tree structures for registration of medical images. *Image Vis Comput.* 2009;27:923–33.
2. Graham MW, Higgins WE. Globally optimal model-based matching of anatomical trees. In: *Proc SPIE*; 2006. p. 373–87.
3. Graham MW, Higgins WE. Optimal graph-theoretic approach to 3D anatomical tree matching. In: *Proc ISBI*; 2006. p. 109–12.
4. Wolber P, Wegner I, Heimann T, et al. Tracking und Segmentierung baumförmiger, tubulärer Strukturen mit einem hybriden Verfahren. In: *Proc BVM*; 2008. p. 242–6.
5. Zager LA, Verghese GC. Graph similarity scoring and matching. *Appl Math Lett.* 2008;21:86–94.
6. Bourgeois F, Lassalle JC. An extension of the Munkres algorithm for the assignment problem to rectangular matrices. *Commun ACM.* 1971;14(12):802–4.