

Automatische Initialisierung von Formmodellen mittels modellbasierter Registrierung

Matthias Kirschner, Stefan Wesarg

Graphisch-Interaktive Systeme, TU Darmstadt
matthias.kirschner@gris.tu-darmstadt.de

Kurzfassung. Das Active Shape Model (ASM) ist ein Segmentierungsverfahren, das statistische Formmodelle (SFM) verwendet, um Organe in Bilddaten trotz geringen Kontrastes zu benachbarten Strukturen robust und effizient zu segmentieren. Da das ASM ein lokales Suchverfahren ist, muss vor der Segmentierung zunächst das gesuchte Organ im Bild detektiert werden, um dann das SFM initial möglichst genau zu platzieren. In dieser Arbeit stellen wir ein neues Verfahren zur Modellinitialisierung vor. Unser Hauptbeitrag ist eine neue Variante des Iterative Closest Point Algorithmus (ICP), die es erlaubt, ein komplettes SFM mit einer Punktmenge effizient zu registrieren. Das Verfahren wird zur Detektion der Leber mit anschließender SFM Initialisierung in 14 kontrastverstärkten CT-Aufnahmen eingesetzt und quantitativ evaluiert.

1 Einleitung

Benachbarte anatomische Strukturen in tomographischen Bildern, die durch die Bildgebungsmodalität auf ähnliche Messwerte abgebildet werden, lassen sich mit rein intensitätsbasierter Segmentierung kaum trennen. In solchen Situationen ist modellbasierte Segmentierung auf Basis eines statistischen Formmodells (SFM) ein häufig genutztes Mittel, um die verschiedenen Strukturen robust und effizient zu separieren. Modellbasierte Verfahren, wie zB. das Active Shape Model (ASM) [1], suchen jedoch meist nur lokal, und gehen somit von einer guten Initialisierung des Modells im Bild aus.

Viele Algorithmen zur automatischen Initialisierung von SFMs sind speziell auf einen bestimmten Anwendungsfall zugeschnitten: Beispielsweise kann ein Lebermodell über die Detektion des rechten Lungenflügel initialisiert werden [2]. Derartige Verfahren lassen sich jedoch nur schwer generalisieren. Allgemeinere Verfahren zur Objektdetektion wie evolutionäre Algorithmen [3] leiden dagegen oft unter langen Laufzeiten. Die generalisierte Hough Transformation kann mit geeigneten Randbedingungen effizient umgesetzt werden [4], allerdings lässt sich hierbei Formvariabilität nur bedingt mittels einer festen Menge von Referenzformen modellieren. Auch für das lernbasierte Marginal Space Learning (MSL) wurden schnelle Detektionsraten berichtet [5], allerdings ist zuvor eine aufwändige Trainingsphase zur Featureselektion notwendig. Die Aufnahme der Variationsmodi des Modells in MSL ist möglich, vergrößert aber den Suchraum.

In dieser Arbeit stellen wir eine neue Methode zur Initialisierung von Formmodellen vor. Der Hauptbeitrag unserer Arbeit ist eine neue Variante des ICP-Algorithmus, welche ein komplettes SFM mit einer Menge von zuvor gefundenen Bildmerkmalen effizient registriert. Zudem stellen wir eine neue, auf Histogrammvergleichen basierende Methode zur Positionsbestimmung der Leber vor. Unsere Methode wird auf 14 kontrastverstärkten CT-Aufnahmen der Leber quantitativ evaluiert.

2 Material und Methoden

2.1 Statistische Formmodelle

Ein statistisches Formmodell wird aus einer Menge $\{\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_S\} \in \mathbb{R}^{3N}$ von S Trainingsformen gelernt, die als Vektoren korrespondierender Landmarken vorliegen. Mit Hilfe der Hauptachsentransformation werden die durchschnittliche Form $\bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^S \mathbf{x}_i$, die t größten Eigenwerte $\lambda_1 > \dots > \lambda_t$ der Kovarianzmatrix der Trainingsformen sowie die zugehörigen Eigenvektoren in Form einer Matrix $\mathbf{P} = (\mathbf{p}_1 | \dots | \mathbf{p}_t)$ berechnet. Der Wert t wird so gewählt, dass $\sum_{i=1}^t \lambda_i$ mindestens 98% der Gesamtvarianz der Trainingsdaten entspricht. Das Formmodell beschreibt die Menge von Formen $\{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{3N} \mid \mathbf{b} \in \mathbb{R}^t, b_i \in [-3\sqrt{\lambda_i}, 3\sqrt{\lambda_i}] \text{ und } \mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \mathbf{P}\mathbf{b}\}$.

2.2 Überblick

Ziel unseres Verfahrens ist das Schätzen von initialen Positions- und Formparametern zur Platzierung des Modells auf die gesuchte Struktur im Bild, damit diese im Anschluss durch das ASM segmentiert werden kann. Formal suchen wir die Transformation $I(s, \mathbf{R}, \mathbf{t}, \mathbf{b}) = s\mathbf{R}(\bar{\mathbf{x}} + \mathbf{P}\mathbf{b}) + \mathbf{t}$, wobei \mathbf{R} eine Rotationsmatrix, \mathbf{t} ein Translationsvektor, s ein Skalierungsfaktor und \mathbf{b} die Formparameter sind. Unser Algorithmus besteht aus folgenden Schritten

1. Ermittlung der Region of Interest (ROI), die die gesuchte Struktur enthält.
2. Ermittlung einer Punktmenge an der Objektgrenze der gesuchten Struktur.
3. Registrierung des Modells mit den detektierten Punkten.

2.3 Ermitteln der ROI

Sowohl die Trainingsdaten in der Trainingsphase als auch später das zu segmentierende Volumen werden zunächst geglättet und mittels eines Schwellwertverfahrens in binäre Volumina umgewandelt. Dabei werden alle Voxel innerhalb eines Hounsfield-Einheiten(HE)-Intervalls, in dem sich auch das Lebergewebe befindet, auf 1 gesetzt, alle anderen auf 0. Das HE-Interval wird für jedes Volumen mit Hilfe des in [6] beschriebenen Verfahrens individuell geschätzt. Um kleine Strukturen im Binärbild zu entfernen, wird ein Opening durchgeführt. Für jedes binäre Volumen werden separat für x , y und z -Achse sogenannte *Achsenhistogramme* (AH) erstellt. Die Anzahl der Behälter eines AHs ist durch die Auflösung

des Volumens in die jeweilige Koordinatenachse definiert. Die Behältergröße ist die Anzahl der auf 1 gesetzten Voxel, deren Index auf der gegebenen Achse dem Behälterindex entspricht. Alle AHs werden normiert, und in den Trainings-AHs werden zusätzlich die bekannten Intervalle eingetragen, in denen sich die Leber befindet.

Es bezeichne H^a das AH des zu segmentierenden Volumens V für die Koordinatenachse $a \in \{x, y, z\}$. Zur Ermittlung der Grenzen der ROI in Achse a wird H^a mit den entsprechenden Trainings-AHs $\{T_i^a\}$ verglichen. Die Leberintervalle der fünf zu H^a ähnlichsten Trainings-AHs bestimmen die Grenzen der ROI für Achse a , indem sie in das Koordinatensystem von V umgerechnet und dann gemittelt werden. Beim Histogrammvergleich wird H^a über T_i^a schrittweise verschoben, so dass H^a mindestens das markierte Leberintervall in T_a^i überdeckt. Für jede Translation wird eine Distanz zwischen H_a und T_a^i ermittelt, indem die Summe der absoluten Differenzen der sich überlappenden Behälter berechnet wird. Die Translation, die diese Distanz minimiert, entspricht der Gesamtdistanz zwischen H_a und T_a^i .

2.4 Detektion von Punkten an der Objektgrenze

Innerhalb der ROI bestimmen wir über eine Bildverarbeitungs-Pipeline Punkte, die einen hohen Gradienten und die geschätzte Leberintensität haben. Morphologische Filter werden eingesetzt, um möglichst viele Punkte auszuschließen, die zu anderen Strukturen gehören. Die resultierende Punktmenge wird durch Ziehen von Stichproben auf 8000 Punkte verkleinert.

2.5 Modell-Punktmenge Registrierung

Wir verwenden eine neue Variante des ICP-Algorithmus [7] zur Registrierung des Modells mit der ermittelten Punktmenge. Der klassische ICP registriert eine Punktmenge $\mathcal{V} = \{\mathbf{v}_1, \dots, \mathbf{v}_M\}$ mit einer zweiten, fixen Punktmenge $\mathcal{M} = \{\mathbf{m}_1, \dots, \mathbf{m}_K\}$. In jeder Iteration i wird dazu zunächst eine Punktkorrespondenz $C_i: \mathcal{V} \rightarrow \mathcal{M}$ zwischen Punkten aus \mathcal{V} und \mathcal{M} über die Beziehung $C_i(\mathbf{v}) = \arg\min_{\mathbf{m} \in \mathcal{M}} \|(\mathbf{R}_i \mathbf{v} + \mathbf{t}_i) - \mathbf{m}\|$ hergestellt, wobei \mathbf{R}_i und \mathbf{t}_i die Schätzer für Rotation und Translation in Iteration i sind. Auf Basis dieser Korrespondenz werden \mathbf{R}_{i+1} und \mathbf{t}_{i+1} ermittelt. In unserer Erweiterung wird \mathcal{V} in Iteration i durch einen Vektor $\mathbf{x}_i \in \mathbb{R}^{3N}$ beschrieben, das heißt es ist $\mathbf{v}_j = (\mathbf{x}_{i,3j}, \mathbf{x}_{i,3j+1}, \mathbf{x}_{i,3j+2})$ für alle $j \in \{1, \dots, M\}$. \mathbf{x}_0 wird mit der durchschnittlichen Form $\bar{\mathbf{x}}$ initialisiert.

In jeder Iteration i wird nach Schätzung der Positionsparameter \mathbf{x}_i entsprechend C_i verformt. Mit Hilfe des Formmodells wird es dann über die Formel $\mathbf{x}_{i+1} = \bar{\mathbf{x}} + \mathbf{P}(\mathbf{P}^T(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}))$ auf eine plausible Form zurückgeführt. Im Gegensatz zum klassischen ICP-Algorithmus schätzen wir außerdem den Skalierungsfaktor unter Verwendung von Horns Methode [8]. Der resultierende Algorithmus ist somit eine Kombination des ICP- und des ASM-Algorithmus. Aufgrund einer k-d-Baum basierten Ermittlung von C_i ist das vorgeschlagene Verfahren sehr schnell. Wir starten die Registrierung mehrmals mit fünf verschiedenen initialen

Tabelle 1. Segmentierungsergebnisse: Pro Metrik sind das durchschnittliche Ergebnis mit Standardabweichung, sowie das beste und schlechteste Ergebnis angegeben.

SOA [mm]			RMS [mm]			HD [mm]		
$\varnothing \pm SD$	Min.	Max.	$\varnothing \pm SD$	Min.	Max.	$\varnothing \pm SD$	Min.	Max.
4.5 ± 2.6	1.4	9.6	7.4 ± 4.8	2.4	16.9	37.7 ± 23.4	16.9	82.7

Skalierungsfaktoren, und wählen das Ergebnis, was die Punktmenge am genauesten beschreibt.

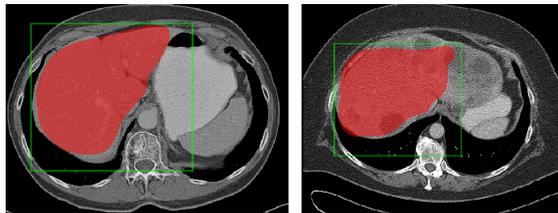
2.6 Evaluationsmethodik

Zur Evaluation wenden wir das oben beschriebene Verfahren auf 14 kontrastverstärkte CT-Aufnahmen der Leber an. Die Volumen haben eine Schichtauflösung von 0.65mm^2 bis 0.76mm^2 und eine Schichtdicke von 5mm. Unser aus 2562 Punkten bestehendes SFM wurde aus 33 Trainingsdaten gelernt, die mit den 14 Testdaten disjunkt sind. Die Ergebnisse der Modellinitialisierung (ohne anschließende Segmentierung mit ASM) vergleichen wir mit manuell erstellten Referenzsegmentierungen unter Verwendung der Standardmaße symmetrischer Oberflächenabstand (SOA), Root Mean Square Abstand (RMS) und Hausdorffabstand (HD).

3 Ergebnisse

Der durchschnittliche Oberflächenabstand der Initialisierung zur Referenzsegmentierung beträgt 4.5 mm (Tab. 1). Bei den Einzelergebnissen der 14 Datensätze sind zwei Ausreißer zu beobachten ($SOA > 9$ mm). Bei diesen Datensätzen fällt auf, dass die Größe der ROI unterschätzt wurde (Abb. 1, rechts). Unsere Modellinitialisierung beansprucht zwischen zehn Sekunden und knapp einer halben Minute. Hierbei erfordert die hinsichtlich der Berechnungszeit nicht optimierte Bildverarbeitungspipeline im ersten Schritt den Großteil der Zeit, während die Registrierung des SFM etwa zwei Sekunden benötigt.

Abb. 1. Qualitative Ergebnisse auf zwei Datensätzen. Gezeigt sind jeweils die geschätzte ROI (grün) und das initialisierte Modell (rot). Links: Das Formmodell liegt fast vollständig über der Leber. Rechts: Rauschen und große Tumore führen zu einer Unterschätzung der ROI.



4 Diskussion

In dieser Arbeit haben wir ein neues Verfahren zur Modellinitialisierung vorgestellt und am Beispiel der Leberdetektion evaluiert. Unser Verfahren liefert auf den Testdaten insgesamt gute Registrierungsergebnisse. Die beobachteten Ausreißer sind durch suboptimale Schätzung der ROI zu erklären. Ursache hierfür sind unserer Ansicht nach große Tumore in den Lebern der betroffenen Datensätze. Der Hauptbeitrag unserer Arbeit ist eine neue ICP-Variante zur Registrierung von Formmodellen mit Punktmengen. Ähnliche Registrierungsverfahren werden auch im Zusammenhang modellbasierter Oberflächenextrapolation verwendet [9, 10]. In diesen Verfahren wird die Durchschnittsform manuell [9] oder mit Hilfe des ICP mit der Punktmenge vorregistriert [10], um das Modell im Anschluss mittels eines numerischen Optimierungsverfahren anzupassen. Unsere Integration des Formmodells in den ICP-Algorithmus erlaubt jedoch eine deutlich schnellere Registrierung. Wir sind überzeugt, dass unsere ICP-Variante auch im Bereich der Oberflächenextrapolation eingesetzt werden kann. Eine Evaluierung davon steht jedoch noch aus. Unser Ziel für zukünftige Arbeit ist es, eine robuste ROI-Schätzung auch bei stark pathologischen Datensätzen zu erreichen.

Literaturverzeichnis

1. Cootes TF, Taylor CJ, Cooper DH, et al. Active shape models: their training and application. *Comput Vis Image Underst.* 1995;61(1):38–59.
2. Kainmueller D, Lange T, Lamecker H. Shape constrained automatic segmentation of the liver based on a heuristic intensity model. In: Heimann T, et al, editors. *Proc. MICCAI Workshop on 3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge*; 2007. p. 109–16.
3. Heimann T, Münzing S, Meinzer HP, et al. A shape-guided deformable model with evolutionary algorithm initialization for 3D soft tissue segmentation. In: *Inf Process Med Imaging*; 2007. p. 1–12.
4. Ecabert O, Peters J, Schramm H, et al. Automatic model-based segmentation of the heart in CT images. *IEEE Trans Med Imaging.* 2008;27(9):1189–201.
5. Zheng Y, Barbu A, Georgescu B, et al. Four-chamber heart modeling and automatic segmentation for 3-D cardiac CT volumes using marginal space learning and steerable features. *IEEE Trans Med Imaging.* 2008;27(11):1668–81.
6. Ruskó L, Bekes G, Németh G, et al. Fully automatic liver segmentation for contrast-enhanced CT images. In: *Proc. MICCAI Workshop on 3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge*; 2007.
7. Besl PJ, McKay ND. A Method for Registration of 3-D Shapes. *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell.* 1992;14(2):239–56.
8. Horn BKP. Closed-form solution of absolute orientation using unit quaternions. *J Opt Soc Am A Opt Image Sci Vis.* 1987;4(4):629–34.
9. Rajamani KT, Styner MA, Talib H, et al. Statistical deformable bone models for robust 3D surface extrapolation from sparse data. *Med Image Anal.* 2007;11(2):99–109.
10. Fleute M, Lavallée S, Julliard R. Incorporating a statistically based shape model into a system for computer-assisted anterior cruciate ligament surgery. *Med Image Anal.* 1999;3(3):209–22.