

Kranial-kaudale Korrespondenz in MR-Aufnahmen

Andrea Fränzle¹, Armin Stoll¹, Rolf Bendl^{1,2}

¹Abteilung für Medizinische Physik in der Strahlentherapie, DKFZ Heidelberg

²Fakultät für Informatik, Hochschule Heilbronn

a.fraenzle@dkfz-heidelberg.de

Kurzfassung. Grundlage einer Bestrahlungsplanung ist ein dreidimensionales Modell der individuellen Patientenanatomie, das auf Basis von Schichtbildaufnahmen durch Segmentierung erstellt wird. Manuelle Segmentierungsverfahren sind zeitaufwendig, aus diesem Grund besteht der dringende Bedarf an möglichst vollautomatischen Verfahren. Bekannte Segmentierungsverfahren brauchen geeignete Initialisierungen, um bestimmte Strukturen zu extrahieren. Dazu ist es notwendig zu wissen, welche Strukturen ein Bild enthält. Mit Hilfe des hier präsentierten Verfahrens ist eine automatische Zuordnung eines Bildes zu einer Körperregion möglich. Dazu wird zunächst der Körper des Patienten vom Hintergrund getrennt und anhand von Eigenschaften aus der Grauwertverteilung und eines Formmerkmals mit Hilfe eines Random-Forest-Klassifikators für jede Schicht die zugehörige Körperregion ermittelt. Dieses Wissen kann zu einer anschließenden automatischen Segmentierung von Risikoorganen in MR-Aufnahmen weiterverwendet werden.

1 Einleitung

Bei der Strahlentherapieplanung sind Risikoorgane zu berücksichtigen, die im Umfeld des zu bestrahlenden Tumors liegen und vor Strahlung zu schützen sind. Für die Planung zur Verfügung stehende semiautomatische Segmentierungsverfahren benötigen häufig Saatpunkte, Startpunkte oder Bounding Boxen und setzen zumindest rudimentäre Bildverarbeitungskenntnisse voraus. Daher werden diese Verfahren in der Praxis oft nicht eingesetzt und die Segmentierung von Hand bevorzugt.

Mit Hilfe von wissensbasierten Methoden können semiautomatische Segmentierungsverfahren automatisiert werden, indem Wissen, das man zur Ausführung dieser Verfahren benötigt, automatisch aus den Aufnahmen extrahiert wird. Dazu gehört zunächst die Zuordnung einer Transversalschicht zu einer Körperregion, die Analyse der sogenannten kranial-kaudalen Korrespondenz. Mit dem Wissen über die Lage einer Transversalschicht im Körper ist auch bekannt, welche Organe in dieser Bildschicht zu erwarten sind.

In der Arbeit von Stoll [1] wird die Ermittlung der kranial-kaudalen Korrespondenz in CT-Aufnahmen vorgestellt. Hierfür wird zunächst der Körper des Patienten vom Hintergrund extrahiert und anhand des Verhältnisses von Höhe

zur Breite der Anatomie sowie von verschiedenen Gewebeanteilen, charakterisiert durch ihre Hounsfield-Units, mit Mustererkennungsverfahren einer Körperregion zugeordnet.

Im MR kann solch eine Zuordnung von absoluten Grauwerten zu Geweben nicht als Merkmal dienen, da hier ein Äquivalent zur Hounsfield-Skala im CT fehlt. In diesem Beitrag wird ein alternativer Ansatz zur Ermittlung der kranial-kaudalen Korrespondenz im MR vorgestellt.

2 Material und Methoden

Für die Zuordnung von Bildschichten zu einer Körperregion wird zunächst der Körper des Patienten vom Bildhintergrund getrennt. Auf Grundlage dieser anatomischen Maske werden Merkmale bestimmt, die die Transversalschichten charakterisieren. Anschließend erfolgt eine Klassifikation der Bildschichten mit Random Forests. Im Folgenden wird das Vorgehen zur Erstellung der anatomischen Maske und der Klassifikation mit Random Forests erläutert.

2.1 Erstellung der anatomischen Maske

Aufgrund vielfältiger Artefakte ist die Information in MR Bildern häufig verfälscht und die Trennung des Patienten vom Hintergrund deutlich komplexer als im CT. Eine grobe Segmentierung der Anatomie wird im MR durch eine Binarisierung mit einem dynamischen Schwellwert erreicht. Das in der Arbeit von Stoll [1] eingesetzte Verfahren nach Otsu [2] hat sich bei MR-Bildern als ungeeignet erwiesen, da es z.B. im Bereich des Beckens durch Setzen einer zu hohen Schwelle zu viel von der Anatomie entfernt. Als Schwellwert im MR ist die erste Minimal-Stelle nach dem ersten Maximum im Median-gefilterten Histogramm als erster Schritt geeignet [3], aber nicht ausreichend. Nach der Binarisierung müssen kleinere Objekte, verursacht durch Bildrauschen, entfernt und Löcher innerhalb der Anatomie geschlossen werden.

2.2 Klassifikation der Bildschichten

Um die Bildschichten den Körperregionen Kopf, Hals, Thorax, Abdomen und Becken zuordnen zu können, müssen möglichst aussagekräftige Merkmale der Anatomie bestimmt werden. Ebenso wie bei Stoll [1] wird hier das Verhältnis der Höhe zur Breite der Anatomie als Merkmal verwendet, da dieses charakteristisch für die genannten Körperregionen und unabhängig von der Aufnahme-modalität ist. Da im MR keine eindeutige Zuordnung von Grauwertbereichen zu Geweben existiert, können die von Stoll [1] verwendeten Merkmale, die sich aus den Anteilen der Gewebe anhand ihrer Hounsfield-Units-Bereiche ergeben, nicht exakt übernommen werden. Es hat sich jedoch gezeigt, dass sich die Anteile von Grauwertbereichen, die sich durch die Aufteilung des Histogramms in 10 Säulen ergeben, als Merkmale für die Klassifikation im MR eignen. Zusätzlich verbessert das Hinzufügen des Grauwert-Medians das Klassifikationsergebnis. Abbildung 1

bietet eine Übersicht der hier zur Charakterisierung von Transversalschichten verschiedener Körperregionen verwendeten Merkmale.

Zur Klassifikation der Bildschichten wird ein robuster Klassifikator benötigt, dessen Leistung nicht zu sehr von der Qualität jedes einzelnen Merkmals abhängt. Ebenso sollte eine schnelle Klassifizierung erfolgen können, um die Dauer der Klassifizierung auch bei größeren Datenmengen gering zu halten. Für die genannte Aufgabenstellung hat sich der Random-Forest-Klassifikator [4] als geeignet erwiesen. Er zeichnet sich dadurch aus, dass ein zu klassifizierendes Element durch eine Menge von Entscheidungsbäumen klassifiziert wird und als endgültiges Klassifikationsergebnis die am häufigsten gewählte Klasse betrachtet wird. Daraus resultiert eine robuste Klassifizierung, da sich das Klassifikationsergebnis nicht auf das Resultat eines einzelnen Klassifikators stützt. Jeder der n Entscheidungsbäume wird hier nach dem CART-Algorithmus [5] mit einer Bootstrap-Stichprobe aus der Trainingsmenge erstellt. Für jeden zu spaltenden Baumknoten wird aus k Merkmalen, die zufällig ohne Zurücklegen aus der Menge der Merkmale gezogen werden, das am besten trennende Merkmal ermittelt. Da hier bereits eine Merkmalsauswahl getroffen wird, ist eine Untersuchung, welche Merkmale tatsächlich entscheidend für eine gute Klassifikation sind, praktisch unnötig. Ein Element kann schnell klassifiziert werden, da hier lediglich Entscheidungsbäume durchlaufen werden müssen und nicht wie z.B. beim k -Nächste-Nachbarn-Verfahren für die Klassifikation jedes einzelnen Elements sämtliche Muster der Trainingsstichprobe zu berücksichtigen sind.

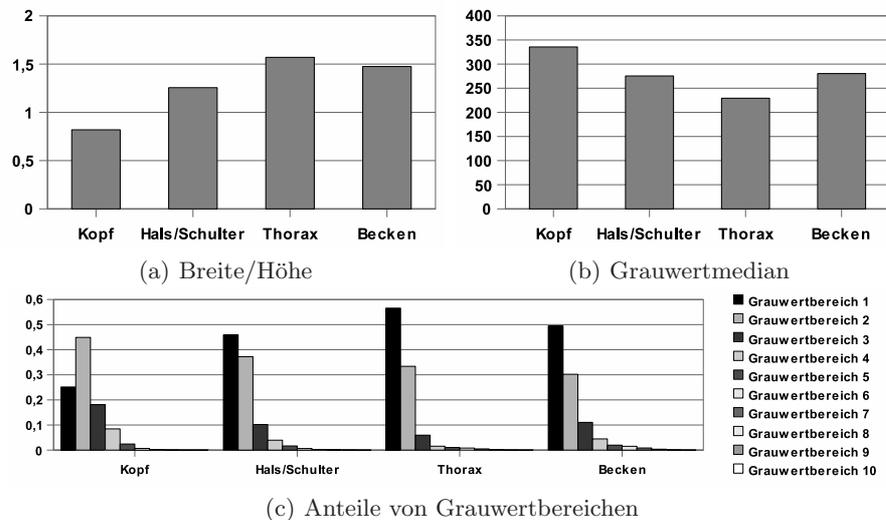


Abb. 1. Durchschnittliche Werte für das Verhältnis von Breite zur Höhe der Anatomie, den Grauwertmedian und für Anteile von Grauwertbereichen eines in 10 Bereiche aufgeteilten Histogramms von Transversalschichten der Körperregionen Kopf, Hals/Schulter, Thorax und Becken.

Tabelle 1. Fehlerraten bei Klassifikation von Testdaten mit Random Forests bei unterschiedlicher Baumanzahl n und Merkmalsanzahl k .

$n \setminus k$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
10	0,20	0,22	0,20	0,16	0,15	0,13	0,13	0,17	0,13	0,16	0,15	0,16
25	0,39	0,21	0,21	0,20	0,16	0,16	0,13	0,13	0,14	0,13	0,17	0,17
50	0,42	0,22	0,18	0,15	0,16	0,12	0,13	0,13	0,13	0,15	0,15	0,18
100	0,42	0,21	0,18	0,16	0,17	0,16	0,15	0,15	0,15	0,15	0,16	0,17
250	0,37	0,21	0,21	0,17	0,15	0,15	0,15	0,15	0,14	0,16	0,16	0,18

3 Ergebnisse

Für die Erstellung der Random Forests wurde für $n = [10, 25, 50, 100, 250]$ und k von 1-12 gewählt. Mit jeder Kombination von n und k wurden 10 Random Forests erstellt und daraus durchschnittliche Fehlerraten ermittelt. Die zugrunde liegenden Trainingsdaten umfassen 2529 T1-gewichtete, manuell klassifizierte Bildschichten (SE-Sequenz), davon sind 1386 Schichten von 9 Kopf-Hals-Bildserien und 1143 Schichten von 9 Prostata-Bildserien. Für einen ersten Test wurden 3 von der Trainingsmenge unabhängige Bildserien verwendet, darin enthalten sind 110 Schichten aus 2 Kopf-Hals-Bildserien und 69 Schichten einer Prostata-Bildserie. Diese Schichten wurden manuell und mit den Random Forests klassifiziert. Anschließend wurden die Fehlerraten, die in Tabelle 1 aufgelistet sind, ermittelt. Die geringste Fehlerrate (0,12) und damit das beste Klassifikationsergebnis liefert hier ein Random-Forest-Klassifikator mit $n = 50$ und $k = 6$.

4 Diskussion

Das von Stoll [1] entwickelte Verfahren zur Bestimmung der kranial-kaudalen Korrespondenz in CT-Aufnahmen kann nicht direkt für MR-Bildserien übernommen werden, da hier Merkmale zur Klassifikation verwendet werden, die auf Gewebeanteilen, die durch ihre Hounsfield-Units-Bereiche charakterisiert sind, basieren. In diesem Beitrag wurde ein alternatives Verfahren vorgestellt, mit dem eine Zuordnung von Bildschichten zu Körperregionen in MR-Bildserien erfolgen kann. Dieses Wissen kann zu einer anschließenden automatischen Segmentierung von Risikoorganen verwendet werden, da mit der Kenntnis der Bildschicht auch die darin zu erwartenden Organe bekannt sind.

Mit einer Binarisierung anhand eines dynamischen Schwellwerts und daran anschließenden, automatisch durchgeführten Bildverarbeitungsschritten erhält man eine Maske, die die Anatomie des Patienten bei ausreichend ausgeleuchteten Aufnahmen zuverlässig wiedergibt. Ausgehend von dieser anatomischen Maske können Merkmale, die die Transversalschichten charakterisieren, bestimmt werden.

Die Zuordnung von Transversalschichten zu einer Körperregion erfolgt hier durch eine Klassifikation mit Random Forests. Anhand der ermittelten Fehlerraten scheinen hier Random Forests mit $n \geq 50$ und k zwischen 3 und 10 für

die Klassifikation von Bildschichten geeignet zu sein. Die geringste Fehlerrate und damit das beste Klassifikationsergebnis wird hier mit $n = 50$ und $k = 6$ erzielt. Einzelne Fehlzuordnungen treten bei den Kopfhals-Serien hauptsächlich im Übergangsbereich von Hals/Schulter zum Kopf auf. Schichten im Kopfbereich werden nahezu vollständig richtig klassifiziert. Im Beckenbereich erfolgt die Klassifikation ebenfalls recht zuverlässig. Fehlzuordnungen treten hier hauptsächlich aufgrund von schlechter Ausleuchtung im unteren Bereich der Bildserie auf. Ebenso wie bei [1] beschrieben, lassen sich auch im MR einzelne falsch zugeordnete Bildschichten mit einer Medianfilterung korrigieren. Dabei werden jeweils fünf aufeinanderfolgende Bildschichten betrachtet und der mittleren Bildschicht die Körperregion zugeordnet, die dem Median der Körperregionen der betrachteten Bildschichten entspricht.

Die Klassifikation der Bildschichten mit Random Forests erfolgt sehr schnell. Eine Bildserie wird hier in weniger als 1s vollständig klassifiziert.

Die gewählten Merkmale und die Klassifikation mit Random Forests sind grundsätzlich zur Ermittlung der kranial-kaudalen Korrespondenz im MR geeignet. Um jedoch eine fundiertere Aussage über die Güte des Klassifikationsverfahrens treffen zu können, ist das Verfahren auf Basis einer größeren Menge von Test- und eventuell auch von Trainingsdaten zu validieren.

Literaturverzeichnis

1. Stoll A, Wetter T, Bendl R. Wissensakquisition mit Methoden der Mustererkennung zur wissensbasierten Segmentierung von Risikoorganen in CT-Bilddaten. Proc BVM. 2008; p. 39–45.
2. Otsu N. A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms. IEEE Trans Syst Man Cybern. 1979;SMC-9(1):62–66.
3. Spiliotis IM, van Ormondt D, Mertzios BG. Prior Knowledge for Improved Image Estimation from Raw MRI Data. In: Procs 2nd Int Workshop Image Signal Process; 1995. p. 8–10.
4. Breiman L. Random Forests. Machine Learning. 2001;45(1):5–32.
5. Hastie T, Tibshirani R, Friedman J. The elements of statistical learning. New York: Springer; 2007.