

4D-Segmentierung von dSPECT-Aufnahmen des Herzens

Regina Pohle¹, Klaus D. Tönnies¹ und Anna Celler²

¹Otto-von-Guericke-Universität, 39016 Magdeburg

²Medical Imaging Research Group, Vancouver Hospital, V6H 3Z6 Vancouver

Zusammenfassung. Die Auswertung der 4D-dSPECT-Aufnahmen des Herzens besteht in der ersten Stufe aus einer Regionenzusammenfassung zur Erhöhung der Anzahl der Zerfälle in den Zeit-Aktivitäts-Kurven und damit in der Verbesserung der statistischen Sicherheit. Sie erfolgt zum einen mittels Region Merging und zum anderen unter Nutzung eines Multiresolutionsansatzes. Als Merkmale zur Beschreibung der Regionencharakteristik werden die ersten vier Koeffizienten der Karhunen-Loeve-Transformation der Zeit-Aktivitäts-Kurven genutzt. Es konnte gezeigt werden, dass auf Basis der verbesserten Kurven eine Segmentierung der Daten in Organregionen möglich ist. Außerdem konnten Scatterartefakte in den Daten identifiziert werden.

1 Einleitung

Zur Analyse von Körperfunktionen werden in der Medizin u.a. nuklearmedizinische Daten verwendet, zu deren Erzeugung radioaktive Isotope in den Kreislauf gebracht werden, um anhand des zeitlichen Verlaufs ihrer Verteilung im Körper Rückschlüsse über die Funktionstüchtigkeit der Organe zu erhalten. Die in der Studie genutzten Daten wurden mittels neuer dynamischer SPECT-Technik erzeugt, welche es erlaubt, quantitative Informationen über kinetische Prozesse im Körper zu erhalten. Bei ihrer Erzeugung wird die Tatsache ausgenutzt, dass die Messung der Aktivitätswerte nicht über die komplette Aufnahmezeit erfolgt, sondern ein zeitaufgelöstes Signal rekonstruiert wird, welches detaillierte Einblicke in das Aufnahmeverhalten und den Abfluss des injizierten Radiopharmazeutikum gibt. Um eine Verschlechterung der Bildqualität infolge der geringen Signalstärke pro Zeitintervall zu vermeiden wird bei der Bildrekonstruktion eine Schwächungskorrektur durchgeführt [1]. Diese neue Technik soll zur Diagnostik von Herzerkrankungen herangezogen werden, da hiermit das Durchblutungsverhalten des linken Herzventrikels orts- und zeitaufgelöst dargestellt werden kann. Die Bewertung der Funktionstüchtigkeit der einzelnen Ventrikelbereiche erfolgt anhand der Zeit-Aktivitäts-Kurven der Voxel.

Zur Erzeugung der Aufnahmen des Herzens wurde ein Radiopharmazeutikum verwendet, das durch eine sehr schnelle Aktivitätsänderung während des Bildakquisitionsprozesses im Myokardium und eine sehr hohe Aufnahme des Radiopharmaka in der Leber gekennzeichnet ist. Dies beides führt dazu, dass die

erzeugten Bilder zum einen Störungen, die von der Aktivitätsänderung während der Bildaufnahme herrühren, und zum anderen Rekonstruktionsartefakte infolge der Ausstrahlung der hohen Aktivitätswerte der Leber auf andere Regionen enthalten. Die Bilder weisen zudem ein sehr niedriges Signal-Rausch-Verhältnis auf. In Abb. 1 werden zwei typische Bildbeispiele gezeigt.

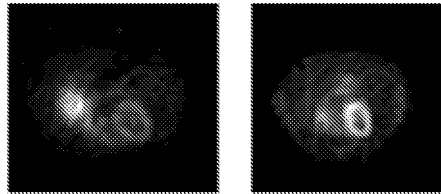


Abb. 1. Beispiele für Schichten aus den verwendeten dSPECT-Datensätzen mit Aktivitätserhöhung in der Leberregion (links) und im linken Ventrikel (Mitte rechts).

Ziel des Projektes ist es, die Aussagekraft der aus den Datensätzen gewonnenen Zeit-Aktivitäts-Kurven zu erhöhen. Zu diesem Zweck ist eine Separierung der Leberregion von der Herzregion in den 4D-Datensätzen notwendig, um zu ermöglichen, dass der Einfluss der Leberregion auf andere Bildbereiche bereits bei einer nochmaligen Bildrekonstruktion unterdrückt werden kann.

2 Methoden

Die Segmentierung des Datensatzes in Leberregion, Herzregion und weitere Regionen erfolgt anhand von Merkmalen auf Basis der Zeit-Aktivitäts-Kurven, da sich die Kurvenverläufe für diese Strukturen wesentlich voneinander unterscheiden (Abb. 2).

Wie in Abb. 2 zu sehen ist, weisen die Kurven der einzelnen Segmente jedoch eine hohe Streuung auf, da die gemessene Anzahl der Zerfälle beim dSPECT für die einzelnen Voxel durch Rauscheinflüsse und Rekonstruktionsartefakte stark gestört ist. Um also eine Klassifikation der Voxel anhand der Kurvenverläufe vornehmen zu können, muss zuerst eine höhere Zuverlässigkeit der benutzten Merkmale erreicht werden. Deshalb wurde zuerst auf eine Zusammenfassung von Voxeln zu kleineren Segmenten orientiert, um eine höhere Anzahl von Zerfällen zur Ableitung der Kurven zur Verfügung zu haben, auf deren Basis dann die eigentliche Klassifikation erfolgen kann. Dazu wurden zwei verschiedene Methoden untersucht. Durch einfaches Region-Merging werden Segmente nach einem globalen Kriterium zusammengefasst, während beim Multiresolutionansatz mittels verknüpfter Pyramiden [2] die Segmentierung unter Berücksichtigung eines lokal variierenden Homogenitätskriteriums untersucht werden konnte. Beim Region Merging [3] werden in einem iterativen Prozess jeweils die beiden im Datensatz ähnlichsten Regionen zusammengefasst. Die Ähnlichkeit S zwischen zwei Regionen r_1 und r_2 ergibt sich dabei als $S(r_1, r_2) = \Delta f^{-1}$ mit $\Delta f = \|\max[f_{\max}(r_1), f_{\max}(r_2)] - \min[f_{\min}(r_1), f_{\min}(r_2)]\|_2$, wobei f für das betrachtete Merkmal steht. Der Algorithmus endet beim Erreichen einer festgesetzten Regionenanzahl.

Beim Pyramidenansatz wurde das Verfahren von Burt [2] verwendet. Aufgrund der geringen Bildauflösung und aus Rechenzeitgründen werden jedoch nur Gauß-Pyramiden bis zur vierten Ebene erzeugt, wobei jeweils 64 Voxel der darunter liegenden Ebene zu einem Voxel der nächsten Ebene zusammengefasst werden. Dieses neue Voxel befindet sich auf einem Zwischengitterplatz. Außer am Rand geht somit jedes Voxel einer unteren Ebene mit seinem Wert in 8 Voxel der darüber liegenden Ebene ein. Damit besitzt dann jedes Voxel maximal 64 Söhne und 8 Väter. Im zweiten Schritt werden die Verbindungen zwischen Vätern und Söhnen derartig neu geordnet, dass nur noch die Verbindung eines Sohnes zu seinem ähnlichsten Vater bestehen bleibt. Als Ähnlichkeitsmaß wurde dabei die mittlere quadratische Abweichung aller Merkmalswerte benutzt. Anschließend werden in einem dritten Schritt die mittleren Merkmalswerte eines Voxels erneut berechnet, wobei jedoch nur noch die Werte der jeweils aktuellen Söhne bei der Mittelung berücksichtigt werden. Zur Erzeugung des Ergebnisbildes kann nun, je nachdem, wie stark die Zusammenfassung der Voxel zu Regionen erfolgen soll, in eine der erzeugten Pyramidenebenen gesprungen werden. Alle an einem Vatern voxel in dieser Ebene hängenden Söhne bekommen dann im Ergebnisbild den Merkmalswert des Vaters eingetragen. Der Unterschied zwischen beiden Ansätzen zur Regionenzusammenfassung ist, dass bei ersterem Verfahren ein globales Ähnlichkeitskriterium genutzt wird, wohingegen beim zweiten Verfahren die Zusammenfassung der Pixel zu Regionen mittels lokalem Ähnlichkeitsmaß erfolgt. Außerdem erhält man beim Multiresolutionansatz gleichzeitig so viele Ergebnisbilder, wie Pyramidenebenen erzeugt wurden.

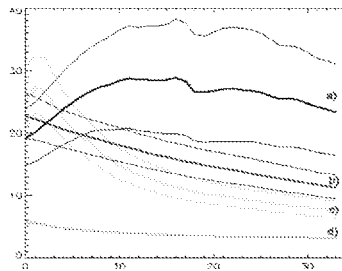


Abb. 2. Verlauf der mittleren Zeit-Aktivitäts-Kurven und der einfachen Standardabweichung für folgende handsegmentierte Strukturen: a) Leber, b) Herz, c) Milz, d) andere Strukturen und Hintergrund.

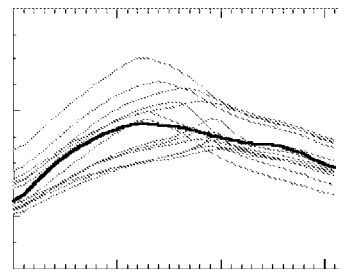


Abb. 3. Zeit-Aktivitäts-Kurven (grau) eines zusammengefassten Lebersegments mit 12 Voxeln und abgeleitete mittlere Zeit-Aktivitäts-Kurve (schwarz).

Bei beiden Verfahren erschien die Nutzung aller zeitabhängigen Grauwerte je Voxel als Merkmale nicht geeignet, da diese große Redundanz aufweisen und durch Rauscheinflüsse gestört sind. Deshalb wurde eine Merkmalsreduktion mittels Karhunen-Loeve-Transformation (KLT) durchgeführt, um neue unkorrelierte Merkmale zu erzeugen. Es zeigte sich in Untersuchungen, dass für die grobe Beschreibung des Zeitverhaltens die ersten 4 Koeffizienten der KLT ausreichend sind. Zur Abschwächung des Einflusses des Kurvenmittelwertes auf das

Ähnlichkeitskriterium wurde der erste Koeffizient der KLT bei der Berechnung mit dem Faktor 0.2 gewichtet.

3 Ergebnisse

Die beiden oben beschriebenen Verfahren wurden an synthetischen Datensätzen, an Phantomdatensätzen und an realen Datensätzen erprobt. Die synthetischen Datensätze wurden dabei so erzeugt, dass jeder der vier enthaltenen Regionen jeweils ein typischer Zeitverlauf aus den Originaldaten (Leber, Herz, Herzdefekt, Hintergrund) zugeordnet wurde. An diese Kurvenverläufe wurde nun ein Polynom dritten Grades angepasst und die einzelnen Koeffizienten wurden anschließend für die Voxel einer Region durch unterschiedlich starkes Rauschen gestört, so dass die Kurvenverläufe innerhalb einer Region gewissen Schwankungen unterlagen. Bei der Regionenzusammenfassung mittels Pyramide zeigte sich, dass bei der Nutzung der ersten Ebene zur Erzeugung des Ergebnisbildes der mittlere quadratische Fehler der normierten Ausgangskurven bei einer für die Herzwand typischen Schwankungsbreite der Kurven um 36 % zurückging und bei einer höheren Schwankungsbreite, wie sie für die Leber typisch ist, um 18 %. Die mittlere Regionengröße betrug dabei etwa 8 Voxel. Bei Nutzung der zweiten Ebene senkte sich der mittlere Fehler im ersten Fall immerhin noch um 16 % und im zweiten Fall um 7 %, wobei die mittlere Regionengröße etwa 30 Voxel betrug. Für höhere Ebenen nahm der mittlere Fehler wieder zu. Anhand der Phantomdatensätze konnte für die beiden wichtigsten Bildregionen (Leber und Herz) gleichfalls eine Verringerung des mittleren quadratischen Fehlers festgestellt werden, wobei die Verbesserungen aufgrund der aufgetreten Rekonstruktionsartefakte geringer waren und die besten Ergebnisse jeweils für die zweite Ebene erzielt wurden. Bei der Anwendung des Verfahrens auf reale Datensätze zeigte sich gleichfalls, dass in den abgeleiteten mittleren Zeit-Aktivitäts-Kurven die typischen Charakteristiken der Ausgangskurven beibehalten werden. Dies sieht man auch bei dem Beispiel in Abb. 3. Die Korrektheit der Regionenzusammenfassung in den realen Daten konnte weiterhin dadurch nachgewiesen werden, dass durch eine einfache Schwellenwertanwendung auf den neu berechneten Kurvenverläufen die Segmentierung der Leberregion in diesen Daten möglich war (Abb. 4 und 5). Außerdem war es mit beiden Verfahren möglich, Scatterartefakte, die von der Leber ausgingen, zu identifizieren (Abb. 6).

4 Diskussion und Resümee

Die erzielten Ergebnisse zeigen deutlich, dass durch eine Erhöhung der Zerfallsanzahl je Zeit-Aktivitäts-Kurve infolge des Zusammenfassens von einzelnen Voxeln zu Regionen unter Verwendung von Ähnlichkeitsmaßen auf Basis der KLT eine Verbesserung der Zuverlässigkeit der Aussagekraft der Kurven erreicht werden konnte. Dadurch wurden bessere Voraussetzungen für eine Segmentierung der Datensätze in Herz-, Leber- und Hintergrundregion geschaffen. Während die Leber derzeit bereits mittels einfacher Schwellenwertoperationen in der dritten

Abb. 4. links: Schichten aus dem dSPECT-Datensatz, Mitte: Segmentzusammenfassung, rechts: Segmentierungsergebnis durch Schwellenwertoperation auf den Merkmalen der KLT nach Segmentzusammenfassung

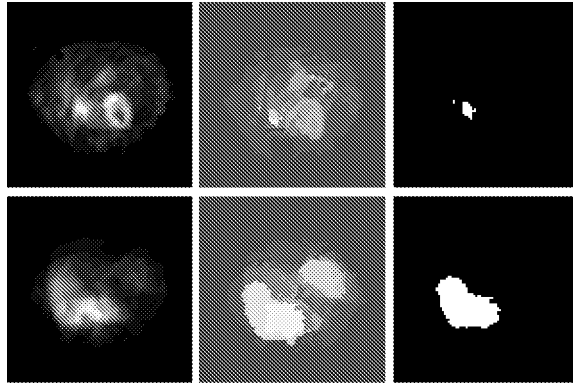
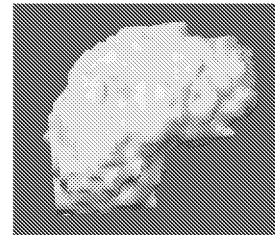


Abb. 5. 3D-Darstellung der durch Schwellenwertoperation auf den Merkmalswerten, die mit der KLT aus den



Pyramidenebene extrahiert werden kann, muss für die korrekte Segmentierung der Herzregion aufgrund der Vielzahl von Partialvolumenvoxeln ein modellbasierter Ansatz genutzt werden.

Durch die eingeführte Regionenzusammenfassung konnten außerdem Scatterartefakte in den Daten identifiziert werden. Hier ist eine Rückkopplung zur Verbesserung der Bildrekonstruktion geplant.

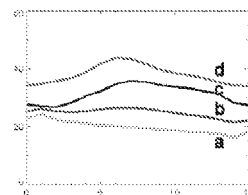
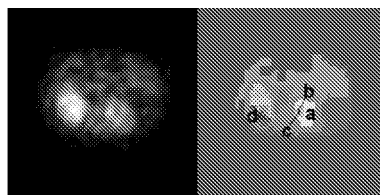


Abb. 6. Detektierter Scatter von der Leber im Segment c. Der Kurvenverlauf des Herzsegments c stellt eine Kombination der typischen Kurvenverläufe der Leber (Segment d) und des Herzens (Segmente a und b) dar.

Literaturverzeichnis

1. Celler, A., Farncombe, T., Bever, C., Noll, D., Maeght, J., Harrop, R., Lyster, D.: Performance of the dynamic single photon emission computed tomography (dSPECT) method for decreasing or increasing changes, *Phys. Med. Biol.*, 45: 5525-5543, 2000.
2. Burt, P.J., Hong, T.H., Rosenfeld, A.: Segmentation and estimation of image region properties through cooperative hierarchical computation. *IEEE Trans. Systems, Man, Cybernetics* 11: 802-809, 1981.
3. Toennies, K.D., Celler, A., Blinder, S., Moeller, T., Harrop, R.: Scatter segmentation in dynamic SPECT images using principal component analysis, *Medical Imaging 2003*, accepted paper