

Rekonstruktion von 4D-CT-Daten aus räumlich-zeitlichen CT-Segmentfolgen zur Analyse atmungsbedingter Organbewegungen

René Werner¹, Jan Ehrhardt¹, Thorsten Frenzel²,
Dennis Säring¹, Daniel Low³ und Heinz Handels¹

¹Institut für Medizinische Informatik,
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, 20246 Hamburg

²Hermann-Holthusen-Institut für Strahlentherapie,
Allgemeines Krankenhaus St. Georg, 20099 Hamburg

³Mallinckrodt Institute of Radiology,
Washington University, St. Louis, USA
Email: r.werner@uke.uni-hamburg.de

Zusammenfassung. Atmungsbedingte Organbewegungen stellen eines der Hauptprobleme der Strahlentherapie thorakaler und abdominaler Tumoren dar. Die Entwicklung von Lösungsansätzen bedarf der Analyse des räumlich-zeitlichen Verhaltens der strahlentherapeutisch relevanten Volumina, z.B. auf Basis von 4D-CT-Daten. Moderne CT-Scanner gestatten allerdings lediglich die simultane Aufnahme einer begrenzten Anzahl benachbarter Körperschichten. Um dennoch Bewegungen größerer Volumina untersuchen zu können, werden durch wiederholtes Scannen der entsprechenden anatomischen Segmente räumlich-zeitliche CT-Segmentfolgen generiert. Es kann jedoch nicht sichergestellt werden, dass für die Scans der unterschiedlichen anatomischen Segmente die Zeitpunkte relativ zum Atemzyklus des Patienten einander entsprechen. Werden 3D-CT-Daten zu einem vorgegebenen Zeitpunkt des Atemzyklus ausschließlich aus den aufgezeichneten Datensegmenten zusammengesetzt, treten folglich Bewegungsartefakte an den Segmentgrenzen auf. Dieser Beitrag präsentiert ein Verfahren zur Rekonstruktion von (3D+t)-CT-Daten (4D-CT-Daten), das zur Reduktion der Artefakte führt. Hierzu wird der Optische Fluss zwischen den aufgezeichneten Datensegmenten bestimmt und zur Interpolation von Datensegmenten für vorgegebene Zeitpunkte des Atemzyklus eingesetzt. Die rekonstruierten 4D-CT-Daten bilden die Grundlage der Analyse und Visualisierung der Bewegungen der dargestellten Bildstrukturen (Lungenflügel, Bronchialbaum, Lungentumoren).

1 Problemstellung

Atmungsbedingte Organbewegungen stellen eines der Hauptprobleme im Kontext der Strahlentherapie thorakaler und abdominaler Tumoren dar. Derzeitig werden mögliche Bewegungen des Tumors durch Addition statischer Sicherheitssäume zu dem Volumen berücksichtigt, das auf Basis eines 3D-CT-Datensatzes als tatsächlich bzw. sehr wahrscheinlich tumorhaltig identifiziert wird.

Aufgrund der großen Amplituden atmungsbedingter Organbewegungen kann ein solches Vorgehen stark zu Lasten des gesunden Gewebes gehen. Eine explizite Berücksichtigung der atmungsbedingten Dynamik ist demnach erstrebenswert, bedarf allerdings einer detaillierten Kenntnis bzw. der Analyse des räumlich-zeitlichen Verhaltens der strahlentherapeutisch relevanten Volumina.

Zur Durchführung entsprechender Analysen werden mittels eines Mehrzeilen-CT räumlich-zeitliche CT-Segmentfolgen aufgenommen (siehe [1]): Die derzeitige Mehrzeilen-Computertomographie gestattet lediglich die simultane Aufnahme einer begrenzten Anzahl benachbarter Körperschichten. Um dennoch Bewegungen größerer Volumina untersuchen zu können, werden die das zu untersuchende Volumen abdeckenden Couchpositionen wiederholt gescannt. Zeitgleich wird mittels Spirometrie das Atemvolumen des Patienten gemessen. Hierauf basierend werden den aufgezeichneten Datensegmenten das zugehörige Atemvolumen und die Atemphase (Ein- oder Ausatmung) zugeordnet. Die Gesamtheit der Datensegmente stellt somit eine räumlich-zeitliche CT-Segmentfolge dar.

Gesucht ist nun ein Verfahren, das es erlaubt, auf Basis der CT-Segmentfolgen (3D+t)-CT-Daten (d.h. 4D-CT-Daten) zu rekonstruieren. Als problematisch erweist sich hierbei, dass bei Aufzeichnung der Segmentfolgen, insbesondere bei freier Atmung des Patienten, für unterschiedliche Couchpositionen die Datensegmente zumeist zu verschiedenen Zeitpunkten des Atemzyklus erfasst werden. Setzt man die 3D-CT-Daten des gesuchten 4D-Datensatzes aus den aufgezeichneten Datensegmenten zusammen, treten Bewegungsartefakte auf, die sich durch Kontursprünge an den Segmentgrenzen manifestieren (siehe Abb. 1, oben). Eine Minimierung der Bewegungsartefakte bildet die Grundlage für eine computergestützte Analyse und Visualisierung der atmungsbedingten Organbewegungen.

2 Methodik

Durch Vorgabe einer sortierten Sequenz von Zeitpunkten des Atemzyklus ($\hat{=}$ Wertepaaren, je bestehend aus Atemvolumen und Atemphase) wird die zeitliche Auflösung des zu generierenden (3D+t)-CT-Datensatzes festgelegt. Zu jedem der Zeitpunkte ist ein korrespondierender 3D-CT-Datensatz zu rekonstruieren.

2.1 Rekonstruktion durch Nächster-Nachbar-Interpolation

Bislang eingesetzte Verfahren zur Rekonstruktion von (3D+t)-CT-Daten aus bei freier Atmung des Patienten aufgenommenen, räumlich-zeitlichen CT-Segmentfolgen beruhen auf dem Prinzip der *Nächster-Nachbar-Interpolation*: Um einen 3D-CT-Datensatz zu einem vorgegebenen Zeitpunkt des Atemzyklus des Patienten zu rekonstruieren, wird auf Basis der spirometrischen Daten zu jeder Couchposition dasjenige aufgezeichnete Datensegment ermittelt, dessen zugeordneter Zeitpunkt dem Vorgegebenen am nächsten kommt. Der 3D-CT-Datensatz wird dann generiert, indem diese Datensegmente entsprechend ihrer räumlichen Positionen zusammengesetzt werden. Aufgrund der dargestellten Problematik führt dieses Vorgehen zu den beschriebenen Bewegungsartefakten.

2.2 Rekonstruktion durch Interpolation unter Verwendung des Optischen Flusses

Um eine Minimierung dieser Bewegungsartefakte zu erzielen, wurde ein neues Rekonstruktionsverfahren entwickelt und umgesetzt. Zur Rekonstruktion eines 3D-Datensatzes zu einem gegebenen Atemvolumen werden hierbei für jede zu berücksichtigende Couchposition Datensegmente interpoliert, die dem zur Rekonstruktion vorgegebenen Atemvolumen entsprechen. Hierzu werden auf Basis der spirometrischen Informationen für die einzelnen Couchpositionen je die beiden aufgezeichneten Datensegmente ermittelt, die dem vorgegebenen Zeitpunkt am nächsten kommen (zeitlich vorhergehend, zeitlich nachfolgend). Zwischen diesen wird durch Anwendung der *dämonenbasierten Registrierung* nach Thirion [2] der *Optische Fluss* [3] geschätzt. Das resultierende Geschwindigkeitsfeld repräsentiert die auftretenden Bewegungen innerhalb des zeitlichen Intervalls, das durch die den Datensegmenten zugeordneten Zeitpunkte definiert wird, und wird in Analogie zu [4] zur Erzeugung eines interpolierten Datensegmentes zum vorgegebenen Zeitpunkt herangezogen. Durch auftretende Bewegungen über die Segmentgrenzen hinaus können hierbei allerdings Registrierungsartefakte an den Segmentgrenzen auftreten. Diesen wird entgegengewirkt, indem die originär zu verarbeitenden Datensegmente um die zeitlich annähernd korrespondierenden Datensegmente benachbarter Couchpositionen erweitert werden. Die beschriebene Methodik wird auf diese „erweiterten Datensegmente“ angewendet. Indem somit während des Registrierungsprozesses Voxelkorrespondenzen über die Grenzen der originären Datensegmente hinaus definiert werden können, werden die Artefakte reduziert.

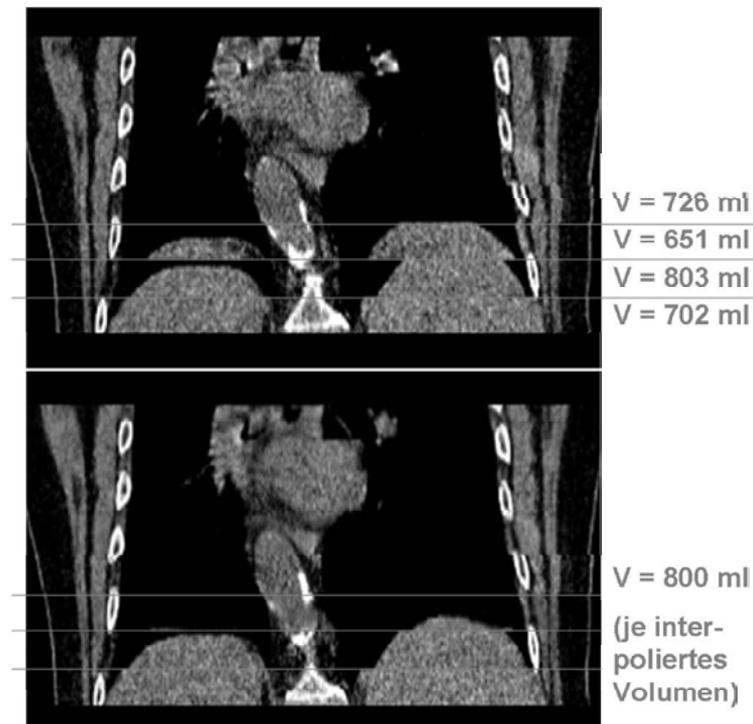
2.3 Evaluation der Rekonstruktionsverfahren

Die Rekonstruktionsverfahren werden evaluiert, indem die innerhalb der generierten 4D-CT-Datensätze auftretenden Sprünge quantifiziert werden. Hierzu wird das Verhältnis der mittleren Ähnlichkeit der Schichten eines Segmentüberganges (unterste Schicht des oberen Segmentes, oberste Schicht des unteren Segmentes) und der mittleren Ähnlichkeit der innerhalb eines Segmentes benachbarten Schichten betrachtet. Gemittelt wird über alle entsprechenden Schichtübergänge sämtlicher 3D-Datensätze des betrachteten 4D-Datensatzes. Als Ähnlichkeitsmaß wird die SSD-Metrik (SSD: Summed Squared Deviation) eingesetzt.

2.4 Analyse und Visualisierung von Organbewegungen auf Basis der rekonstruierten 4D-CT-Daten

Die rekonstruierten 4D-CT-Datensätze werden zur Analyse und Visualisierung atmungsbedingter Organbewegungen eingesetzt. Hierzu werden die interessierenden Strukturen (hier: Lungenflügel, Bronchialbaum, Lungentumoren) segmentiert. Unter Verwendung der Binärdaten wird dann für die einzelnen 3D-CT-Datensätze überprüft, ob das Volumen der in der Lunge enthaltenen Luft (die Bestimmung des Volumens erfolgt in Anlehnung an [5]) und die spirometrisch

Abb. 1. Schnitt eines rekonstruierten 3D-CT-Datensatzes zu einem Atemvolumen von 800 ml (Ausatmung). Oben: Rekonstruktion durch Nächster-Nachbar-Interpolation. Unten: Rekonstruktion durch Interpolation unter Verwendung des optischen Flusses.



gemessenen Atemvolumenwerte korrelieren. Weitergehend werden organspezifische Landmarken verfolgt und deren Trajektorien analysiert. 4D-Darstellungen der Bewegungen der Strukturen werden erzeugt, indem zeitliche Sequenzen von Oberflächenmodellen generiert werden.

3 Ergebnisse

Die Rekonstruktionsverfahren wurden jeweils auf vier räumlich-zeitliche CT-Segmentfolgen (Lungentumor-Patienten) angewendet, aufgenommen mittels eines 12-Zeilen-CT (räumliche Auflösung: 0.9 x 0.9 x 1.5 mm bei 512 x 512 x 12 Voxel pro Couchposition; Datensätze umfassen 16-19 Couchpositionen). Für jede Couchposition liegen 15 Datensegmente vor, die jeweils im Abstand von 0.75 s aufgezeichnet wurden. Die Datensätze umfassen den Thorax sowie das obere Abdomen und bestehen je aus mehr als 2880 transversalen Schichtbildern.

Die visuelle Prüfung der Datensätze, die aus der Rekonstruktion durch Interpolation unter Verwendung des optischen Flusses resultieren, ergibt im Vergleich

zu den Daten, die mittels der Nächster-Nachbar-Interpolation erzeugt sind, eine deutliche Reduktion der Bewegungsartefakte (siehe Abb. 1). Anhand der zur Evaluation der Verfahren eingeführten Kenngröße werden für die vier Patientendatensätze Reduktionen der Sprünge um 32.7 %, 23.3 %, 24.6 % und 27.3 % erzielt.

Die Bewegungsanalyse der rekonstruierten 4D-CT-Daten erbringt für den Zusammenhang zwischen dem spirometrisch gegebenen Atemvolumen und dem in der Lunge enthaltenen Luftvolumen für die Patienten jeweils einen Korrelationskoeffizienten von 0.99. Die ermittelten Bewegungsamplituden organspezifischer Landmarken stimmen mit verfügbaren Literaturwerten [6] überein (z.B. Bifurkation und Lungenbasis: 1-2 cm). Für Lungentumoren wird eine starke Abhängigkeit des Bewegungsausmaßes von der Lage des Tumors beobachtet.

4 Diskussion

Die Rekonstruktion von 4D-CT-Daten aus räumlich-zeitlichen CT-Segmentfolgen durch Interpolation von Datensegmenten unter Verwendung des optischen Flusses erlaubt es, zu vorgegebenen Zeitpunkten des Atemzyklus 3D-CT-Datensätze zu generieren. Insbesondere bei Anwendung auf Segmentfolgen, die bei freier Atmung des Patienten aufgenommen werden, zeichnet sich das Verfahren im Vergleich zu der bisher eingesetzten Nächster-Nachbar-Interpolation durch eine deutliche Reduktion atmungsbedingter Bewegungsartefakte an den Übergängen zwischen räumlich benachbarten Datensegmenten der 3D-CT-Datensätze aus.

Die resultierenden 4D-CT-Daten sollen zu weiterführenden computergestützten Analysen atmungsbedingter Bewegungen anatomischer Strukturen verwendet werden. Der Schwerpunkt wird hierbei auf dem Auffinden von Korrelationen zwischen Bewegungen körperinterner Strukturen und Bewegungen der Körperoberfläche liegen, um z.B. Regionen der Körperoberfläche zu identifizieren, die ein nicht invasives Tracking der Bewegungen strahlentherapeutisch relevanter Volumina erlauben.

Literaturverzeichnis

1. Low DA, Nystrom M, Kalinin E, et al. A method for the reconstruction of four-dimensional synchronized CT scans acquired during free breathing. *Med Phys* 2003;30(6):1254–1263.
2. Thirion JP. Image matching as a diffusion process: an analogy with Maxwell's demons. *Med Image Anal* 1998;2(3):243–260.
3. Horn BKP, Schunck BG. Determining optical flow. *Artif Intell* 1981;17:185–203.
4. Ehrhardt J, Säring D, Handels H. Optical Flow-based Interpolation of Temporal Image Sequences. In: *Procs BVM*; 2006, accepted.
5. Lu W, Parikh PJ, Naqa IMEL, et al. Quantitation of the reconstruction quality of a four-dimensional computed tomography process for lung cancer patients. *Med Phys* 2005;32(4):890–901.
6. Langen KM, Jones DT. Organ motion and its management. *Int J Radiat Oncol Biol Phys* 2001;50(1):265–278.