

Anwendung der Random-Walker-Segmentierung für die Strahlentherapieplanung

Gerhard Lechsel, Tianguang Zhang und Rolf Bendl

Abteilung Medizinische Physik in der Strahlentherapie,
Deutsches Krebsforschungszentrum, 69120 Heidelberg
Email: g.lechsel@dkfz.de

Zusammenfassung. Die Anwendbarkeit der Random-Walker-Segmentierung (RWS) in der Strahlentherapieplanung wird untersucht. Hierzu wurde die RWS in ein Bestrahlungsplanungssystem integriert. Nach einem standardisierten Verfahren wurden die Ergebnisse der RWS mit der Segmentierung eines Strahlentherapeuten verglichen. Für die quantitative Analyse wurde die Segmentierung für die Blase durchgeführt. Das Ergebnis wird bezüglich des mittleren Abstandes der Konturen und eines Überdeckungsmaßes verglichen.

1 Einleitung

Die moderne Strahlentherapie hat das Ziel durch ionisierende Strahlung einen hohen Grad an Tumorkontrolle bei gleichzeitiger Schonung gesunden Gewebes zu erreichen. Hierzu müssen bei der Planung in den Bilddaten neben dem Zielvolumen umliegende Risikostrukturen (Organe die geschont werden sollen) segmentiert werden. Für die Planung wird in einem CT-Datensatz eine 3D-Segmentierung durchgeführt. Eine manuelle Segmentierung ist dabei sehr zeitaufwändig, weil mehrere Risikostrukturen in den einzelnen Schichten eingezeichnet werden müssen (für die Bestrahlung der Prostata sind dies beispielweise Rektum und Blase). Ziel der Bildverarbeitung ist es daher, dem Strahlentherapeuten geeignete Segmentierungswerkzeuge zur Verfügung zu stellen, um die 3D-Segmentierung der Risikoorgane zu beschleunigen.

2 Stand der Forschung und Fortschritt durch den Beitrag

Neben rein grauwertbasierten Segmentierungsverfahren (z.B. Region Growing) haben sich aufgrund des schwachen Kontrastes von Weichteilgewebe in CT-Bilddaten modellbasierte Verfahren, wie aktive Konturmodelle oder Point Distribution Modelle PDM, entwickelt. Ein neuerer Ansatz von Leo Grady [1] benutzt Graph-Cut-Verfahren, um eine Segmentierung zu realisieren. Hierzu wird der Bilddatensatz in einen Graphen mit Knoten und Kanten überführt. Mit Hilfe von als Label markierten Knoten wird der erstellte Graph in zwei oder mehr Teilgraphen zerlegt. Diese Zerlegung wird aufgrund der Grauwertinformation in

den Bilddaten durchgeführt. Die Teilgraphen entsprechen schließlich einer Segmentierung des Bilddatensatzes.

Im Rahmen dieser Arbeit sollen die Segmentierungsergebnisse dieses Algorithmus für die Strahlentherapieplanung quantitativ untersucht werden. Hierzu wurde der Algorithmus implementiert und in das Bildverarbeitungsmodul eines Planungssystems [2] integriert. Da es sich beim Random-Walker-Algorithmus um ein interaktives Segmentierungsverfahren handelt, wurde eine Anleitung für die Segmentierung eines Organs entworfen und diese zur Segmentierung der Blase angewendet. Das Segmentierungsergebnis wurde dann mit der Segmentierung des Strahlentherapeuten für die Therapieplanung verglichen. Ziel ist es herauszufinden, ob die Segmentierung mit Hilfe des neuen Verfahrens effektiver (zeitlich schneller und mit vergleichbarer Genauigkeit) durchgeführt werden kann.

3 Methoden

Grundlage des implementierten Segmentierungsverfahrens ist der von Leo Grady [1] vorgeschlagene Random-Walker-Algorithmus. Dieser und seine Integration ins Planungssystem sind Voraussetzung für die quantitative Analyse.

3.1 Random-Walker-Algorithmus

Der Algorithmus gehört zur Klasse der Graph-Cut Methoden. Hierfür wird das Bild in einen Graphen $G = (V, E)$ überführt. Hierbei ist V die Menge der Knoten, die den Voxel eines Bildes entsprechen, und E eine Menge von Kanten, die jeweils benachbarte Voxel verbinden. Den einzelnen Kanten wird ein Gewicht zugeordnet. Dieses wird bei Leo Grady mit einer Gauß-Funktion ermittelt. Das Gewicht der Kante w_{ij} , das die Voxel i und j mit den Grauwerten g_i und g_j verbindet, wird berechnet aus $w_{ij} = \exp(-\beta(g_j - g_i)^2)$. Der Parameter β beschreibt den Einfluss der Bilddaten auf die Segmentierung (ein Standardwert von $\beta = 8$ hat sich bewährt).

Für die Zerlegung des Graphen in Teilgraphen, also der Segmentierung des zugrunde liegenden Bildes, werden einzelne Knoten des Graphen mit Label versehen. Dabei müssen mindestens zwei unterschiedliche Label benutzt werden. Die nicht als Label markierten Knoten werden bei der Zerlegung den verschiedenen Label zugeordnet. Für die Zuordnung wird die Random-Walker-Theorie verwendet. Ein Random-Walker der von einem bestimmten Knoten startet kann einen Nachbarknoten mit einer Wahrscheinlichkeit erreichen, die dem Gewicht der Kante w_{ij} entspricht. Liesse man den Random-Walker unendlich oft von diesem Voxel starten, könnte man für die unterschiedlichen Label die zugehörige Wahrscheinlichkeit bestimmen, mit der jedes Label erreicht wird. Für die Segmentierung wird das Voxel dem Label mit der größten Erreichungswahrscheinlichkeit zugeordnet.

3.2 Iteratives Lösungsverfahren

Dieses mathematische Problem der Bestimmung der Wahrscheinlichkeiten lässt sich analytisch lösen, aufgrund der Komplexität jedoch nicht in akzeptabler Zeit. Das Aufstellen des zugehörigen linearen Gleichungssystems wird ebenfalls von Grady [1] beschrieben.

Für die Lösung des linearen Gleichungssystems haben wir verschiedene Lösungsansätze (analytische und iterative Verfahren) bezüglich Genauigkeit und Schnelligkeit getestet. Das Gleichungssystem lässt sich durch eine symmetrische, dünn besetzte Matrix darstellen. Das Conjugate-Gradient-Verfahren erwies sich hierbei als effektivstes Lösungsverfahren. Dieses benötigt einen zusätzlichen Parameter ε , der die Rechengenauigkeit des Verfahrens angibt. Für die Berechnungen benutzen wir eine Genauigkeit von $\varepsilon = 0,001$, was sich als guter Kompromiss zwischen Schnelligkeit und Korrektheit der Lösung erwies.

3.3 Verwendete Vergleichsmaße

Zur Bewertung des Verfahrens wird der mittlere Abstand der Oberflächen der Segmentierungen vom Strahlentherapeuten und vom Algorithmus sowie der Dice-Koeffizient bestimmt [3]. Der mittlere Abstand $D(A, B)$ wird für den Vergleich der Ergebnisse berechnet aus der Formel

$$D(A, B) = \frac{\sum_{a \in A} \min_{b \in B} d(a, b)}{|A|} \quad (1)$$

wobei A die Menge der Punkte auf der mit dem Random-Walker-Algorithmus segmentierten Oberfläche sind B die vom Strahlentherapeuten segmentierte Oberfläche und $d(a, b)$ ein Abstandsmaß ist. Der Dice-Koeffizienten C_D ist bestimmt durch

$$C_D = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} \quad (2)$$

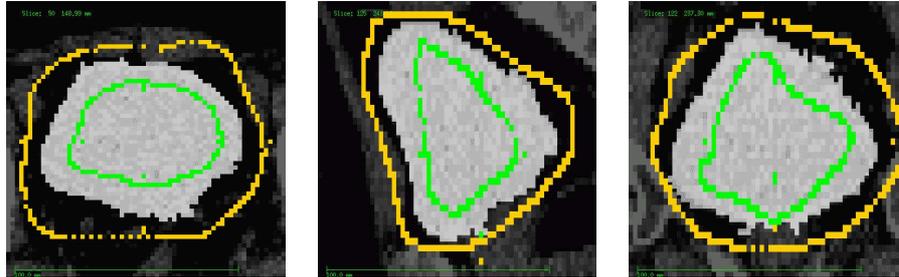
wobei A die Menge der Voxel der Segmentierung mit dem Random-Walker und B die Menge der Voxel der Segmentierung des Strahlentherapeuten entspricht.

4 Ergebnisse

Für die Auswertung wurde die Segmentierung der Blase von verschiedenen Bild Datensätzen standardisiert durchgeführt. Wir beschränken uns auf die Segmentierung nur eines Organs, obwohl der Algorithmus in der Lage ist, mehrere Organe gleichzeitig zu segmentieren und dadurch auch eine bessere Trennung von benachbarten Organen verspricht. Für eine Vergleichbarkeit von unterschiedlichen Patientendaten ist die Segmentierung nur eines Organs jedoch aussagekräftiger.

In jeweils drei orthogonalen Ansichten (transversal, frontal, sagittal) werden die Label für die Blase und den Hintergrund eingezeichnet (Abb. 1). Die Schicht schneidet dabei das Organ möglichst zentral. Die Label für die Blase

Abb. 1. Segmentierung mit dem Random-Walker: transversal, sagittal und frontal



werden innerhalb des Organs in etwa 3-5 Voxel Abstand zum Rand von Hand eingezeichnet. Die Label für den Background entsprechend außerhalb.

Damit ist eine robuste Initialisierung des Random-Walker-Algorithmus gegeben. Das Segmentierungsergebnis ist unabhängig von einzelnen Label-Punkten. Die Blase muss in drei Ansichten insgesamt sechs Mal umfahren werden (drei Mal innerhalb und drei Mal außerhalb). Das Umfahren des Randes für das Einzeichnen der Label muss jedoch nicht mit der gleichen Sorgfalt durchgeführt werden, wie beim Einzeichnen einer Kontur für die Segmentierung der Blase.

Der Algorithmus wurde dahingehend erweitert, dass für die Aufstellung des Gleichungssystems nicht alle Voxel des Bilddatensatzes verwendet werden. Da in drei orthogonalen Schichten die Blase umfahren wird, werden für die Berechnung nur die Voxel innerhalb des kleinsten Rechtecks verwendet, das gerade alle Label enthält. Dadurch wird die Komplexität des Gleichungssystems verringert und die Rechenzeit erheblich reduziert.

Tab. 1 zeigt die Ergebnisse unserer Analyse. 10 verschiedene Datensätze wurden segmentiert. In der Tabelle sind diese nach der Größe des Volumens geordnet, für das die Berechnung durchgeführt wurde. Der Zeitbedarf für die Segmentierung hängt zum einen von dieser Größe ab, aber auch von der Konvergenz des iterativen Lösungsverfahrens (für die Berechnung wurde $\varepsilon = 0,001$ gewählt). Für eine vollständige 3D-Segmentierung einer Blase ist mit einem Zeitbedarf von etwa 30 s zu rechnen (benutzt wurde ein PC mit 2,4 GHz, 1,0 GB RAM). Segmentierungen mit einem Dice-Koeffizienten größer als 80 % waren zufriedenstellend. Bei Patient Nr. 2 traten die größten Abweichungen auf. In der Nachbarschaft zur Prostata, also dem relevanten Bereich für die Therapieplanung traten hier erhebliche Abweichungen auf, da hier keine Kanten sichtbar waren. Korrekturen in diesem Bereich wären auch bei anderen Segmentierungen nötig gewesen.

5 Diskussion

Bei dem implementierten Segmentierungs-Algorithmus handelt es sich um ein einfach zu bedienendes, robustes und parallel anwendbares Verfahren. Einfach heißt für die Anwendung, dass die Initialisierung des Algorithmus durch das Einzeichnen der Label intuitiv ist. Darüber hinaus können durch das Verwenden mehrerer Label mehrere Organe in einem Berechnungsschritt segmentiert werden.

Tabelle 1. Vergleich der Segmentierung der Blase durch einen Strahlentherapeut und mit Hilfe des Random-Walker-Algorithmus (in Voxel)

Patient (Nr.)	Volumen für Berechnung	Volumen der Blase	Mittlerer Abstand	Überdeckung (in Prozent)	Zeit (in Sekunden)
1	491 840	121 844	1,43 ± 0,06	89,4	40,29
2	452 790	76 142	3,53 ± 0,16	77,3	26,37
3	413 409	90 075	1,50 ± 0,06	90,0	38,57
4	412 020	102 053	1,42 ± 0,07	87,0	44,14
5	357 616	95 933	1,17 ± 0,07	91,0	32,60
6	283 954	43 224	1,84 ± 0,07	82,3	9,28
7	270 375	66 973	1,66 ± 0,07	89,9	17,32
8	252 370	39 643	0,99 ± 0,03	91,3	16,00
9	170 544	33 662	1,85 ± 0,09	86,6	9,48
10	139 320	36 615	1,36 ± 0,07	90,2	8,51

Bei der Segmentierung der Blase kann es zum Auslaufen der Oberfläche im Grenzbereich zur Prostata kommen. Die Korrektur der Segmentierung erfolgt durch das Einzeichnen zusätzlicher Label für den Hintergrund in diesem Bereich. Für die Analyse wurde diese Korrektur nicht berücksichtigt, da sich dieser Schritt nicht standardisiert beschreiben lässt. Die erneute Berechnung des Gleichungssystems nach dem Hinzufügen von Labelpunkten erfordert jedoch weniger Zeit als die Neuberechnung des Gleichungssystems, da das iterative Verfahren von uns mit der vorhandenen Lösung initialisiert wird.

Eine verbesserte Segmentierung lässt sich dadurch erreichen, dass benachbarte Organe gleichzeitig segmentiert werden. Durch das hinzufügen von Label für die Prostata kann, z. B., die Grenze zur Blase besser identifiziert werden. Gerade die Segmentierung mehrerer Strukturen gleichzeitig ist ein wesentlicher Vorteil dieses Algorithmus.

Es hat sich gezeigt, dass der Algorithmus für eine interaktive Segmentierung geeignet ist. Er ist ausreichend schnell, um die Zeit für das Einzeichnen von Risikoorganen (nicht nur wie gezeigt der Blase) zu reduzieren.

Literaturverzeichnis

1. Grady L, Schwartz EL. Isoperimetric graph partitioning for image segmentation. *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell* 2006;28(3):469–475.
2. Bendl R, Pross J, Schlegel W. VIRTUOS: A program for virtual radiotherapy Simulation. *CAR* 1993; 822–823.
3. Heimann T, Thorn M, et al. Empirische Vergleichsmaße für die Evaluation von Segmentierungsergebnissen. *Procs BVM* 2004; 165–169.