

Robuste vollautomatische Gehirnsegmentierung basierend auf einer 3D-Wasserscheidentransformation

Alexander Schubert, Horst K. Hahn und Heinz-Otto Peitgen

MeVis – Centrum für Medizinische Diagnosesysteme und Visualisierung
Universitätsallee 29, 28359 Bremen, Email: hahn@mevis.de

Zusammenfassung. Es wird eine bestehende Methode zur Gehirnsegmentierung automatisiert. Die zugrundeliegende Methode basiert auf einer modifizierten 3D-Wasserscheidentransformation und nutzt die Konnektivität der weißen Gehirnsubstanz. Mittels eines Toleranzwertes wird bestimmt bei bis zu welcher Helligkeitsdifferenz Regionen verschmolzen werden. Die Automatisierung bestimmt die optimale Toleranzschwelle für die Regionenverschmelzung basierend auf dem charakteristischen Verhalten der Regionengröße.

1 Einleitung

Die Segmentierung des Gehirns, insbesondere auf T1-gewichteten Magnetresonanz-Daten, ist ein zentraler Schritt in der neuroradiologischen Bildverarbeitungs-Pipeline. T1-gewichtete Akquisitionsprotokolle gehören zu den am häufigsten verwendeten aufgrund ihres guten Kontrasts zwischen weißer (WM) und grauer Hirnsubstanz (GM) sowie zerebrospinaler Flüssigkeit (CSF). Die erfolgreiche Segmentierung ist der Ausgangspunkt für verschiedene Modi der Visualisierung und Quantifizierung des Gehirns. Sie ermöglicht beispielsweise mittels des direkten Volumenrendering eine präoperative Darstellung der Gehirnoberfläche, sowie die Darstellung von Ergebnissen funktioneller Untersuchungen (fMRT, PET, SPECT) in Zusammenhang mit der kortikalen Anatomie (MRT). Des weiteren ist die Segmentierung des Gehirns Ausgangspunkt für quantitative Analysen, wie beispielsweise die Kontrolle des Gehirnvolumens im Verlauf verschiedener neurodegenerativer Erkrankungen (z. B. Alzheimer, MS, Parkinson).

Es existieren unterschiedliche Verfahren zur Segmentierung der Gehirns. Bei regionenbasierten Ansätzen [1] wird beispielsweise GM und WM mit Hilfe von Schwellwerten ermittelt und anschließend mit morphologischen Operationen (z. B. Erosion, Dilatation) von angrenzenden Strukturen befreit. Als Nachteil dieser Methode erweist sich ihre Empfindlichkeit gegen Bildinhomogenitäten, welche es oft unmöglich machen, einen zufriedenstellenden Schwellwert zu finden. Die Template-basierte Segmentierung [2] trennt das Gehirn von umliegenden Regionen, indem z. B. ein Ballonähnliches Objekt an die Kontur des Gehirns angepasst wird. Eine weitere Möglichkeit stellt die Atlas-basierte Segmentierung dar, bei der individuelle Bilddaten gegen einen oder mehrere Standard-Datensätze mit bekannter Segmentierung registriert werden. Beide Ansätze sind nur in begrenztem Maße flexibel geometrischen bzw. anatomischen Anomalien gegenüber, so dass sie beispielsweise auf pathologische Daten in vielen Fällen nicht anwendbar sind.

Das hier vorgestellte Verfahren baut auf dem Prinzip der 3D Wasserscheidentransformation auf, welche den Datensatz als Höhenlandschaft interpretiert und die Konnektivität der WM ausnutzt, um eine robuste Gehirnsegmentierung ohne weitere anatomische Annahmen zu gewährleisten [3]. Ziel ist, diese Methode vollständig zu automatisieren ohne Einbußen ihrer Robustheit. Eine besondere Anforderung ist die Segmentierung des Gehirns in Ausschnittsbildern des Kopfes, da in der klinischen Praxis in vielen Fällen nicht der gesamte Kopf in der MR-Aufnahme erfasst wird.

2 Methoden

Bei dem zu automatisierenden Verfahren der schnellen 3D Wasserscheidentransformation werden zunächst die Grauwerte der T1-gewichteten MR-Daten invertiert und dann als Höhenlandschaft interpretiert, in der folglich helle Grauwerte Täler darstellen und dunkle Werte als Berg erscheinen. Aufgrund der Konnektivität der hell erscheinenden WM wird das Gehirn durch nur ein zusammenhängendes Becken repräsentiert, welches von einer dunklen Region umgeben wird, entsprechend der extrazerebralen CSF sowie des Schädelknochens. Nun wird ein Flutungsprozess auf dieser Landschaft simuliert, wobei jede lokale Senke, also jedes vormals lokale Helligkeitsmaximum, als Quelle fungiert. Drohen zwei benachbarte Becken über einen Grat zusammenzulaufen, so werden diese genau dann durch eine Wasserscheide getrennt, falls beide in Bezug zu dem betrachteten Berührungspunkt tiefer sind als eine vorzugebende Schwelle, der in [3] eingeführte Preflood-Wert. Wird der Preflood-Wert erhöht, so nimmt die Größe der durch Verschmelzung entstandenen Cluster zu, während ihre Anzahl abnimmt.

Bislang musste interaktiv die zu segmentierende Region ausgewählt werden. Außerdem war es notwendig, den Preflood-Wert so einzustellen, dass alle Bereiche des Gehirns untereinander, nicht jedoch mit den umliegenden Regionen verschmolzen wurden. Ausgangspunkt für die Automatisierung des Verfahrens ist die Funktion des Volumens des größten Clusters in Abhängigkeit des Preflood-Wertes H_{pf} (Abb. 1).

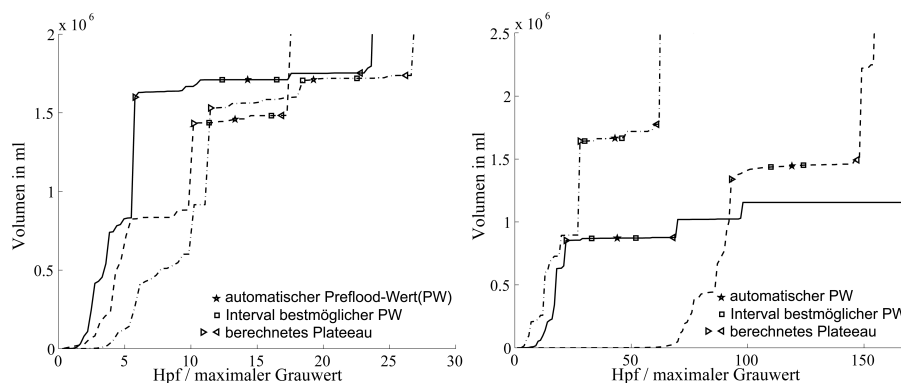


Abb. 1. Ansteigen des Volumens der größten Region bei steigendem Preflood-Wert H_{pf} (in Prozent bez. des maximalen Grauwertes im Originalbild). Links: Segmentierungen von 3 unterschiedlichen Ganzkopf-Aufnahmen. Rechts: 50 % Rauschen (gestrichelt), 100 % Graukeil (Punkt-Strich) und Segmentierung eines Gehirnausschnitts (zusammenhängend)

Das Volumen des größten resultierenden Clusters bei zunehmender Verschmelzung nimmt monoton zu. Die Automatisierung baut auf der Regelmäßigkeit auf, welche bereits in [3] beschrieben wurde. Zunächst steigt das Volumen des größten Clusters bei zunehmendem Preflood-Wert schnell an, um daraufhin stufenweise anzusteigen. Um zu verhindern, dass ein Verschmelzen des Bildhintergrunds zu einem größeren Cluster führt als das Gehirn, führen wir einen Schwellwert ein, so dass nur Becken verschmolzen werden, deren hellster Punkt dunkler als 2 % der Bildhelligkeit ist.

Die Analyse des resultierenden Graphen ergibt, dass das nach dem steilen Anstieg erreichte Plateau das Gehirn einschließlich Kleinhirn und Wirbelsäule repräsentiert. Dies ist darauf zurückzuführen, dass zur Verschmelzung des Gehirns wegen der geringen Helligkeitsunterschiede innerhalb der WM nur niedrige Preflood-Werte erforderlich sind; erheblich höhere Werte erst bewirken eine Verschmelzung mit umliegenden hellen Regionen. Wir führen einen gegen Variabilität des Graphen robusten Algorithmus ein, um zuerst den Beginn des Plateaus und daraufhin das Ende des Plateaus zu bestimmen, wobei kleinere Stufen innerhalb des Plateaus erlaubt sind. Als automatischer Preflood-Wert wird der Mittelpunkt dieses so bestimmten Plateaus ausgewählt. Auf einem Standard-PC dauert die Funktionsanalyse etwa 5 Sekunden.

3 Ergebnis

Zur qualitativen und quantitativen Evaluierung der automatischen Methode wurde das Verfahren auf klinische Daten sowie auf Phantomdaten [4] angewendet. Dabei wurde festgestellt, in welchen Fällen bestimmte kleinere Regionen nicht richtig segmentiert wurden, und ob eine manuelle Parameterwahl ein besseres Ergebnis erzielen konnte. Die gewählten Phantomdaten stammen aus der Simulated Brain Database vom Montréal Neurological Institute, McGill University. Die Segmentierung war bei hochaufgelösten, störungsfreien Daten sowie bei allen Fällen bis hin zu maximalem Rauschen (9 %), maximaler Schichtdicke (9 mm) und Inhomogenität (40 %) erfolgreich. Ebenso verlief die Gehirnsegmentierung bei allen untersuchten klinischen Datensätzen erfolgreich, welche auf 8 verschiedenen Scannern und Akquisitionssequenzen entstanden (5 Siemens-Geräte und 3 GE-Geräte, darunter ein offenes MR mit 0.5 T).

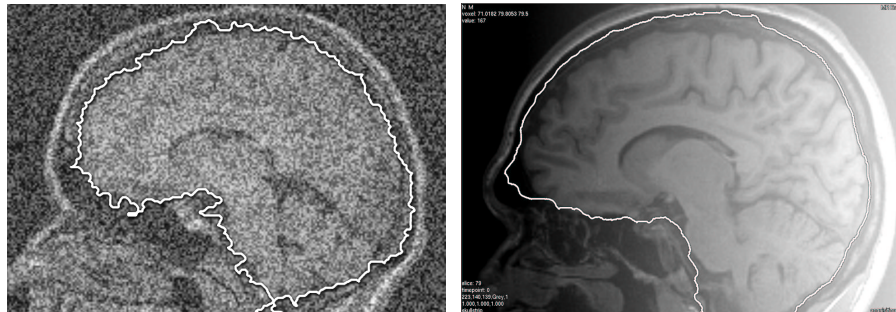


Abb. 2. Segmentiererergebnis eines T1-gewichteten MPRAGE-Datensatzes (Prof. B. Terwey, Zentrum für MR-Diagnostik, Bremen) bei voriger Addition von 50 % gleichverteiltem Rauschen (links) bzw. eines Graukeils der Amplitude 100 %. (Die Prozentangaben beziehen sich jeweils auf den maximalen Grauwert im Originalbild.)

Die Segmentierung des Gehirns auf Ausschnittsbildern war bei ca. 80 % der zufällig ohne Rücksicht auf die Lage ausgewählten Ausschnitte erfolgreich. In 20 % der Fälle wurden umliegende Regionen (z. B. Auge) oder Teile des Hintergrunds mitsegmentiert.

Die Methode erweist sich Rauschen gegenüber als äußerst robust. So funktionierte die Methode auch bei additivem gleichverteilten Rauschen mit einer Amplitude, welche 30 % der maximalen Bildhelligkeit entspricht; selbst bei relativen Amplituden bis zu 75 % wurden lediglich die Ränder des Gehirns weniger glatt segmentiert (Abb. 2 links). Bei der Addition eines Grauwertkeils jeweils entlang einer der drei Koordinatenachsen konnten gleichbleibend gute Ergebnisse erzielt werden; es konnten Maximalwerte gewählt werden, die 200 % der Bildhelligkeit entsprechen (Abb. 2 rechts).

4 Schlussfolgerung

Die Automatisierung des Verfahrens ist zuverlässig bezüglich der Bestimmung des ausgewählten Parameters. Folglich stellt das vorgestellte Verfahren eine schnelle, vollautomatische und gegenüber Bildunregelmäßigkeiten robuste Gehirnsegmentierung dar.

Fehler bei der Segmentierung sind auf die mangelnde Aussagekraft des untersuchten Graphen zurückzuführen. So waren Gefäße (z. B. sagittaler Sinus) und in einzelnen Fällen andere angrenzende Strukturen (z. B. Dura) fälschlicherweise segmentiert worden. Diese konnten auch per interaktiver Parameterwahl, ohne Zuhilfenahme von Markern, mit welchen Regionen von der Segmentierung ausgeschlossen werden, nur selten vollständig entfernt werden. Ein weiteres Problem stellen stark kontrastierte Gefäße oder Läsionen innerhalb des Gehirns dar.

Daher ist geplant, den Verschmelzungsvorgang von den individuellen Eigenschaften der beteiligten Becken abhängig zu machen. Beispielsweise führt die Analyse der lokalen Beckentiefe unterschiedlicher Strukturen zur Einführung eines Preflood-Wertes, welcher etwa vom tiefsten Punkt des jeweiligen Beckens abhängig ist. Form, Lage und Größe sind weitere charakteristische Eigenschaften der zu verschmelzenden Becken. So wird es möglich sein, helle Strukturen in unmittelbarer Nachbarschaft des Gehirns korrekt zu behandeln.

5 Literatur

1. L.Lemieux, G. Hagemann, K. Krakow, F.G. Woermann: "Fast, accurate and reproducible automatic segmentation of the brain in T1-weighted volume MRI Data", *Magnetic Resonance in Medicine* 42 (1): 127–35, Juli 1999.
2. A.M. Dale, B. Fischl, M.I. Sereno: "Cortical surface-based analysis 1: Segmentation and surface reconstruction", *Neuroimage* 9: 179–194, 1999.
3. H.K. Hahn, H.-O. Peitgen: "The Skull Stripping Problem in MRI Solved by a Single 3D Watershed Transform", *MICCAI 2000, LNCS* 1935: 134–143, Springer, Berlin, Okt. 2000.
4. D.L. Collins, A.P. Zijdenbos, V. Kollokian, J.G. Sled, N.J. Kabani, C.J. Holmes, A.C. Evans: "Design and Construction of a Realistic Digital Brain Phantom", *IEEE Trans. Med. Imaging* 17 (3): 463–468, Juni 1998.