

Segmentierung von Leber und linkem Ventrikel in 4D-dSPECT-Daten

Melanie Wegner

OTTO-VON-GUERICKE-UNIVERSITÄT MAGDEBURG

September 2003

Inhaltsverzeichnis

1	Vom 19. Jahrhundert zu dSPECT	1
1.1	Gestern und Heute	1
1.2	Anatomie vs. Physiologie	2
1.2.1	Anatomie - „Bauplan“ von Herz und Leber	3
1.2.2	Physiologie - Wie funktionieren Herz und Leber	5
1.2.3	Anatomie vs. Physiologie vs. Pathologie - Besonderheiten von dSPECT	7
2	Ausgangssituation	11
2.1	Voraussetzungen für die Segmentierung	11
2.2	Zielsetzung	14
3	Vorverarbeitung	15
3.1	Von 4D zu 3D	15
3.2	Erhöhung der Intra-Regionen-Homogenität	17
3.2.1	Diffusion	19
3.3	Vorverarbeitung - Zusammenfassung	24
4	Segmentierung der Leber	25
4.1	Verlinkte Pyramiden	25
4.2	Bottom-Up: Schwellwertverfahren	31
4.2.1	Spezialisierung eines einfachen Schwellwertverfahrens	31
4.2.2	Ausblick: Isolabel-Contour Maps	37
4.3	Lebersegmentierung - Zusammenfassung	39
5	Verwandte Arbeiten zur Ventrikel-Segmentierung	41
5.1	Verfahren ohne Form-Modelle	41
5.1.1	Schwellwertverfahren	41
5.1.2	Zusammenfassung: Verfahren ohne Form-Modelle für dSPECT	43
5.2	Verfahren mit Form-Modellen	43

5.2.1	Klassische Snakes	44
5.2.2	Implizite Snakes	49
5.2.3	Wahrscheinlichkeitsbasierte Modelle	51
5.2.4	Zusammenfassung: Verfahren mit Form-Modellen für dSPECT	55
5.3	Verwandte Arbeiten zur Ventrikel-Segmentierung - Zusammen- fassung	55
6	Verformbare Superquadriken	57
6.1	Die Verwendung von Superquadriken	58
6.1.1	Superellipsoide	58
6.1.2	Eigenschaften von Superellipsoiden	59
6.2	Die Verwendung von Free-Form-Deformationen	59
6.2.1	Eigenschaften von Free-Form-Deformationen	61
7	Verformbare Superquadriken für dSPECT	63
7.1	Generierung des Initialmodells	64
7.1.1	Ventrikel-Modelle	64
7.1.2	Generierung eines Durchschnitts-Modells	65
7.2	Epikard-Segmentierung	69
7.2.1	Positionierung des Initialmodells	69
7.2.2	Kontur-Kandidaten-Suche	70
7.2.3	FFD	70
7.3	Endokard-Segmentierung	71
7.3.1	Kontur-Kandidaten-Suche	71
7.3.2	FFD	72
7.4	Analyse	73
7.4.1	Algorithmen im Überblick	73
7.4.2	Epikard	74
7.4.3	Endokard	81
7.4.4	Betrachtungen zum Zeitaufwand für den Nutzer	82
7.5	Ventrikelsegmentierung - Zusammenfassung	83
8	Implementierung	85
8.1	Strukturierung	85
8.2	Verwendete Bibliotheken	86
8.2.1	Interface: FLTK	86
8.2.2	Grafische Darstellung: OpenGL	86
8.2.3	Numerik: GSL	86
8.2.4	Geometrische Datenstrukturen: CGAL	86
8.2.5	3D-Visualisierung: VTK	87

8.3	Wichtige eigene Datenstrukturen	87
8.4	Details am Beispiel	87
8.4.1	Fletcher-Reeves-Algorithmus (mit GSL)	87
8.5	Ausblick	88
9	Zusammenfassung	89
9.1	Vor- und Nachteile des Verfahrens zur Lebersegmentierung . .	89
9.1.1	Mögliche Verbesserungen	89
9.2	Vor- und Nachteile des Verfahrens zur Ventrikel-Segmentierung	90
9.2.1	Mögliche Verbesserungen	90
9.2.2	Zusammenfassung	90
	Literaturverzeichnis	97

Kapitel 1

Vom 19. Jahrhundert zu dSPECT

1.1 Gestern und Heute

Vom ersten Herzschlag bis zu dem Moment, an dem es aufhört zu schlagen, arbeitet das Herz unablässig. Während eines durchschnittlich langen Lebens schlägt es mehr als zweieinhalb Milliarden mal, ohne Pause.

Und doch starben noch vor etwa 100 Jahren nur wenige Menschen an Herzkrankheiten. Seitdem wurden Schlaganfälle zur Haupt-Todesursache in den meisten Industrieländern. Das Technologiezeitalter hat viele Menschen anfälliger für Herzkrankheiten gemacht. Mit Einführung der Automatisierung wird körperliche Arbeit zunehmend durch Maschinen erleichtert oder ersetzt. Die modernen Annehmlichkeiten machen physische Aktivität weniger notwendig. Mit dem Wechsel des Lebensstils kam auch ein Wechsel der Ernährung. Die Kombination von „sitzender Lebenshaltung“ und oftmals zu reichhaltigem Speisezettel erhöht das Risiko für Gefäßschädigungen und Herzerkrankungen. Ihr Anstieg war zwischen 1940 und 1967 so dramatisch, dass die Weltgesundheitsorganisation von der schlimmsten Epidemie der Welt sprach.

Heute sind die Ursachen von Herzkrankheiten bekannt. In bestimmtem Maße auch deren richtige Behandlung. Das Gebiet der Kardiologie ist außerordentlich gewachsen, um den immer steigenden Anforderungen gerecht zu werden. Im Laufe der Jahre wurden Techniken und Geräte entwickelt, um Herzkrankheiten diagnostizieren und behandeln zu können. Diese werden ständig verbessert.

Die geschützte Lage des Herzens im Brustkorb erschwert dessen Überwachung. Mediziner haben verschiedene Möglichkeiten, das Herz „zu sehen“, ohne gleich den Brustkorb öffnen zu müssen. Zusätzlich geben die Vitalwerte

des Körpers Aufschluss über die Arbeitsweise des Herzens.

Stethoskopie ist eine Technik zur Überwachung der Herzfunktion, Röntgenbilder geben Informationen über Größe und Position des Organs. Moderne Technologien liefern noch bessere Daten: Echokardiographie und Elektrokardiographie gehören dazu. Sie haben kaum Nebenwirkungen für den Patienten. Schnittbild-Technologien wie MRT oder CT ermöglichen meist qualitativ hochwertige 3D-Übersichten oder auch Zeitaufnahmen des Herzens. Eine wichtige Rolle spielen auch nuklearmedizinische Verfahren. Um eines wird es in einem Großteil dieser Arbeit gehen.

Nicht-invasive oder minimal-invasive Methoden für Diagnose und Behandlung senken zusätzliche Risiken für den Patienten. Bildgebende Verfahren werden beispielsweise mit dem Ziel weiterentwickelt, noch mehr zusätzliche Informationen aus dem Körper gewinnen zu können bei gleichzeitiger Senkung der Risiken für den Patienten.

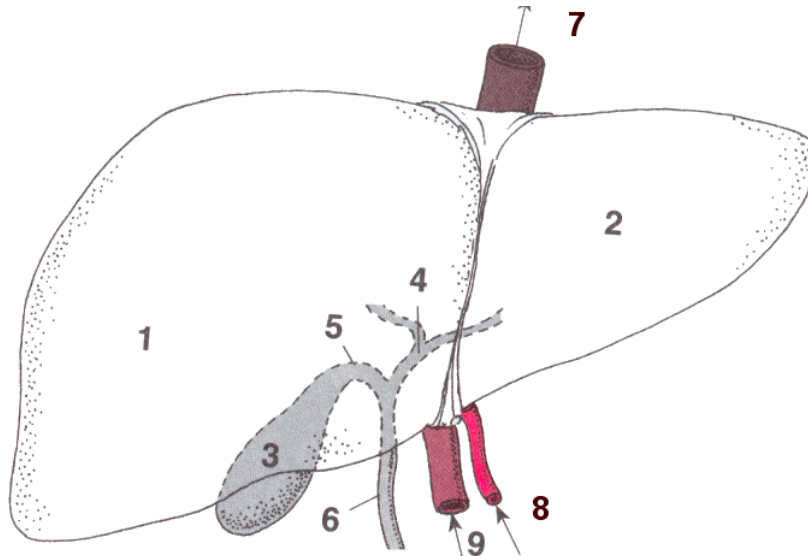
Diese Arbeit ist wie folgt aufgebaut: In einem Einführungs-Kapitel soll motiviert werden, warum es sinnvoll und notwendig ist, sich mit dSPECT im Allgemeinen und mit der Segmentierung von linkem Ventrikel und Leber im Speziellen zu befassen. Danach werden die Voraussetzungen für die Segmentierung besprochen, das Ziel der Arbeit wird dabei herausgearbeitet. Das 3. Kapitel befasst sich mit den Schritten, die die Voraussetzungen für eine erfolgreiche Segmentierung verbessern. Meine Verfahrensweise zur Lebersegmentierung wird im Folgekapitel vorgestellt und diskutiert, um dann zum Kernthema der Arbeit zu kommen: der Ventrikel-Segmentierung. Kapitel 5 beschäftigt sich mit der Darstellung und Analyse von anderen Arbeiten zu diesem Thema. Daraus abgeleitet, stelle ich im Anschluss meine Verfahrensweise vor und analysiere Arbeitsschritte und Ergebnisse. Die Arbeit schließt mit einer kurzen Beschreibung zur Implementierung der vorgestellten Algorithmen und einer Zusammenfassung mit Ausblicken auf zukünftige Arbeitsschritte ab.

1.2 Anatomie vs. Physiologie

Organe wie Herz und Leber folgen einem typischen Bauplan. Anatomische Strukturen in den Organen erfüllen jeweils für das Organ spezifische Funktionen. Anatomie und Physiologie bilden damit eine Einheit.

1.2.1 Anatomie - „Bauplan“ von Herz und Leber

Anatomie der Leber



- 1 Rechter Leberlappen
- 2 Linker Leberlappen
- 3 Gallenblase
- 4 Lebergang
- 5 Gallenblasengang
- 6 Gallengang
- 7 Hohlvene
- 8 Leberarterie
- 9 Pfortader

Abbildung 1.1: Anatomische Darstellung der Leber von vorn (Vorlage aus [Jec96])

Die Leber ist eine Drüse und damit das größte Organ des Körpers. Sie wiegt bis zu eineinhalb Kilogramm und besteht aus mehreren Lappen. Von vorn sind der linke und rechte Leberlappen zu erkennen, von hinten noch zwei weitere, kleinere Lappen. Durch die Leberpforte (Hilus) treten versorgende Blutgefäße, Nerven und Lymphgefäße ein und aus.

Das Organ liegt im rechten Oberbauch, direkt unter der Zwerchfell-Kuppel. Der linke Lappen ragt bis zum Oberbauch, die Unterfläche liegt auf der rechten Dickdarmbiegung. Sie ist fast vollständig von Bauchfell umgeben. [Jec96],[mS03]

Betrachtet man exemplarisch den linken Ventrikel in seinem Aufbau, findet sich Folgendes: das Myokard, also die Muskelmasse des Organs, bildet den Ventrikel. Von Außen ist es durch das Epikard oder Epikardium begrenzt, von Innen durch das Endokard oder Endokardium. Dies sind die Strukturen, die im Weiteren eine wichtige Rolle spielen werden. [Jec96]

Für die Darstellung des Herzens mithilfe bildgebender Verfahren gilt das Interesse besonders dem linken Ventrikel. Er ist etwas größer als der rechte Ventrikel und hat eine annähernd zylindrische Form. Dies erleichtert sowohl die Darstellung des Ventrikels, als auch die Auswertung der Bilddaten. Die einfachere Form ermöglicht eine erleichterte Segmentierung. So wird z.B. das Myokard in den 2D-Schichten eines Schnittbildverfahrens, in der so genannten short-axis-Ansicht, annähernd kreisförmig dargestellt, wobei eventuelle pathologische Deformationen des Ventrikels während des Herzzyklus leichter erkannt werden können. Schnittbilddaten werden oft benutzt, um den Anteil der Muskelmasse am Gesamtvolumen des Herzens zu bestimmen. Dazu eignet sich die Auswertung der LV-Repräsentation durch die einfachere Form besser als die des rechten Ventrikels. Auch 3D-Rekonstruktionen sind einfacher mit der zylindrischen Form des LV. Von seiner Funktionstüchtigkeit werden Rückschlüsse auf die Funktionstüchtigkeit des rechten Ventrikels gezogen.

1.2.2 Physiologie - Wie funktionieren Herz und Leber

Physiologie der Leber

Die wichtigsten Aufgaben der Leber liegen in der Beteiligung am Stoffwechsel durch Neu- und Umbildung bestimmter Stoffe. Sie ist Speicherorgan für u.a. Zucker, Aminosäuren, Vitamine und Eisen, und bildet Gallensäuren zur Fettverdauung. Eine wichtige Funktion ist die der Entgiftung von z.B. Medikamenten und giftigen Stoffwechselprodukten. Die Leber ist ein lebensnotwendiges Organ.

Physiologie des Herzens

Die Hauptfunktion des Herzens liegt darin, das aus Körper- und Lungenkreislauf ins Herz zurückgeflossene Blut in den großen und kleinen Kreislauf zu pumpen. Das Organ ist Teil des Herz-Kreislauf-Systems.

Bestimmte Muskelstränge im Myokard können schneller elektrische Reize bilden und weiterleiten als andere. Der Reizbildungsort heißt Sinusknoten. Von dort werden Signale bis zum Herzmuskel geleitet und lösen dort die eigentliche Herztätigkeit aus.

Die Triebkraft für die Zirkulation des Blutes ist der Druck, der durch die

Herzmuskelkontraktion entsteht. Der Herzzyklus verläuft in vier Phasen: Anspannungsphase und Auswurfphase gehören zur Systole, dem Zusammenziehen der Kammermuskeln, Entspannungsphase und Füllungsphase zur Diastole, dem Erschlaffen der Kammermuskeln. Systole und Diastole wechseln sich in gleichmäßigem Rhythmus ab.

Pathologie - Auswirkungen des veränderten Lebenswandels auf die Organe

Die Arbeit von Organen ist nicht frei von Störungen. So ist u.a. die Leber recht anfällig für Infektionen. Beispiele dafür sind Hepatitis A und B und das Pfeiffersche Drüsenfieber, die mit einer Leberentzündung einhergehen können. Durch chronische Einwirkungen von Gift, durch Infektionen und Entzündungen kann die Leber in ihrer Funktion dauerhaft geschädigt werden. Viele Arzneimittel können Gelbsucht auslösen, also eine gelbliche Verfärbung der Haut und Augen durch Gallenpigmente. Lebervergiftungen können lebensgefährlich sein, wenn Industriegifte wie Nitroverbindungen, aromatische oder Halogen-Kohlenwasserstoffe, Tetrachlorkohlenstoff und Schwermetalle oder auch Alkohol in zu hohen Dosen über längere Zeit in die Leber gelangen. Als typische Alkoholiker-Krankheit gilt dabei die Leberzirrhose. Dabei kommt es zu einer Leberschrumpfung. Abgestorbenes Lebergewebe wird zu funktionslosem Bindegewebe umgebaut, häufige Folgen sind u.a. Herz- und Gehirnschäden. Bei der selteneren Krebserkrankung werden Lebertumoren gebildet. Weit häufiger ist aber die Leberverfettung, deren Ursachen oft ernährungsbedingt sind. Sie reagiert damit auf Fettsucht, aber auch auf Mangelernährung, Lebervergiftung und Diabetes mellitus. [Jec96]

Zu reichhaltige Nahrung und zu wenig Bewegung haben Herzerkrankungen schon lange zur Haupttodesursache werden lassen. Die Ursache für viele dieser Erkrankungen liegt in der Verstopfung der Blutgefäße des Herzens, der Herzkrankgefäße oder auch Koronararterien. Diese Verstopfung, die Arteriosklerose, wird durch Ablagerungen von Kalksalzen an abgestorbenen Epithelzellen ausgelöst. Diese lagern sich an Ödemen an, die durch nicht völlig geheilte Schädigungen der Gefäßoberfläche entstehen. Die für Arterien wichtige Elastizität nimmt ab und sie werden immer enger. Bis zu einem gewissen Grad kann der Körper arteriosklerotische Gefäßverengungen ausgleichen. Ungefähr ab 30 Prozent Gefäßeinengung kann es zu Folgeerkrankungen, z. B. Hypertonie, kommen. Wachsen die Ablagerungen immer weiter, kann es zum Gefäßverschluss kommen. Das zuvor von der betroffenen Arterie versorgte Gebiet leidet unter Sauerstoffmangel, der Ischämie. Stirbt infolge einer Ischämie Gewebe ab, so spricht man im Falle des Herzens von einem Herzinfarkt. Arteriosklerose wird durch Risikofaktoren begünstigt: Blut-

hochdruck, hoher Cholesterinspiegel, Fettsucht, Diabetes, erbliche Belastung, Rauchen, Bewegungsmangel und ungesunder Stress. Herzrhythmusstörungen treten auf, wenn das Herz zu schnell oder zu langsam schlägt. Die häufigste Herzrhythmusstörung ist das Vorhofflimmern. Auch Herzklappenfehler gehören zu den Herzerkrankungen.

Erkrankungen, die durch eine Verstopfung der Herzkranzgefäße ausgelöst werden, werden unter dem Begriff Koronare Herzkrankheit zusammengefasst. Dazu gehören also auch der Herzinfarkt, Angina Pectoris oder der plötzliche Herztod. Können Erkrankungen nicht auf die KHK zurückgeführt werden, spricht man von Herzmuskelerkrankungen. Häufige Symptome sind Muskelentzündungen, verdickte Herzkammerwände und damit eine Sauerstoff-Unterversorgung der Muskulatur oder ein aufgeblähtes Herzvolumen, um Herzschwäche zu kompensieren ([med]).

1.2.3 Anatomie vs. Physiologie vs. Pathologie - Besonderheiten von dSPECT

Die im ersten Abschnitt kurz erwähnten Diagnosetechniken erkennen sehr spezifische Symptome für Krankheiten zuverlässig: EKG und Echokardiographie erkennen Arrhythmien und globale Durchblutungsstörungen. CT und MRT liefern wichtige Informationen zu Größe, Lage und Form des Organs, in drei Dimensionen. Zeitserien dieser Schnittbildverfahren werden sehr häufig verwendet, um die Verformung der Herzmuskulatur während des Herzzyklus verfolgen zu können. Diese werden auch genutzt, um Volumenbestimmungen des Herzens vorzunehmen.

Die genannten Techniken sind jedoch nicht in der Lage, die Funktionsfähigkeit z.B. des Herzens lokal zuverlässig einschätzen zu können. Diese Lücke füllen Techniken aus der Nuklearmedizin. Sie arbeiten auf dem Prinzip der Strahlungsquelle im Inneren des Körpers durch radioaktive Pharmazeutika, statt von außerhalb, wie Röntgenstrahlen bzw. Magnetfeld bei CT bzw. MRT. Für Übersichtsaufnahmen des ganzen Körpers wird dabei die Positronen-Emissions-Tomographie (PET) bevorzugt. Sie hat eine bessere Auflösung als die Alternative, die Single-Photon-Emissions-Computer-Tomographie (SPECT). PET mit F-18-Desoxyglukose wird auch für die Vitalitätsprüfung des Herzmuskels verwendet. Die Halbwertszeit der Isotope ist sehr kurz. In der Kardiologie ist jedoch auch SPECT verbreitet.

Das Prinzip bei SPECT-Aufnahmen ist Folgendes:

Die SPECT ist eine Methode zur tomographischen Abbildung der dreidimensionalen Verteilung von Radiopharmaka, die die regionale Perfusion widerspiegelt. Zuvor werden dem Patienten die Radiopharmaka verabreicht,

also radioaktive Stoffe und ihre Verbindungen. Gebräuchlich sind dabei die sogenannten Radionuklide Technetium-99m und Thallium-201. Das sind Isotope von Elementen mit einer zum eigentlichen Element unterschiedlichen Anzahl von Teilchen, den Neutronen und Positronen, in ihren Kernen. Dem Patienten wird solch ein Stoff in die Vene gespritzt. Der Stoff wird vom Organismus aufgenommen und verteilt sich mit den jeweiligen Körperkreisläufen, z.B. den Blutkreislauf. Das Nuklid zerfällt im Körper des Patienten mit einer bestimmten Halbwertszeit, die für das jeweilige Isotop spezifisch ist. Beim Zerfall des Nuklides werden in niedriger Dosis Strahlen freigesetzt, die dann von rotierenden Gamma-Kamera-Systemen aufgefangen werden. Während der SPECT-Untersuchung liegt der Patient in einer Röhre, die der eines MRT- oder CT-Gerätes ähnlich ist. Jeweils bis zu drei Schnitt-Schichten können auf einmal aufgenommen werden. Die Berechnung der Bilddaten erfolgt dann mittels Rückprojektions-Technik. Das Ergebnis ist ein dreidimensionaler Datensatz.

Technetium-99m und Thallium-201 besitzen eine kurze Halbwertszeit, so dass kurze Zeit nach der Untersuchung keine Radioaktivität mehr im Patienten zu messen ist. Die Strahlenbelastung liegt für Thallium während einer Untersuchung im Bereich von ca. 20 mSv (MilliSievert), für Technetium im Bereich von 4 mSv. Das ist etwa dieselbe Belastung wie bei der Computertomographie, beim konventionellen Röntgen beträgt die Belastung bei einer Thorax-Untersuchung ca. 0,1 mSv. Die normale jährliche zivilisatorische Strahlenbelastung beträgt ca. 1 mSv.

In der Kardiologie nutzt man den Umstand, dass sich Tl-201 und Tc-99m nur in vitalem Myokard anreichern, sie sind also zur Vitalitätsprüfung des Myokards geeignet. D.h., es wird nur dort Herzaktivität registriert, wo der Muskel auch tatsächlich aktiv ist. SPECT ist also geeignet zum Nachweis oder Ausschluß von Durchblutungsstörungen des Herzmuskels und zur Überprüfung des Vorhandenseins lebendigen Gewebes und dessen Unterscheidung von narbigem Gewebe. Hierzu wird die sogenannte Myokardszintigraphie in Schnittbild- (SPECT-) Technik eingesetzt. Mit der sogenannten Radionuklid-ventrikulographie läßt sich die Auswurfleistung des Herzens exakt, objektiver und untersucherunabhängiger als mit allen anderen verfügbaren Verfahren bestimmen.

Mit dem Radionuklid Tc-99m ist eine schnelle Diffusion durch zelluläre Membranen möglich. Die Vorteile dieses Stoffes sind die ständige Verfügbarkeit, kurze Halbwertszeit und die für die Myokard-SPECT günstige Energie der emittierten Gamma-Strahlung. Man unterscheidet zwischen Myokard-Untersuchungen des Patienten in Ruhe und unter Belastung. Nach intravenöser Injektion wird das Radiopharmakon schnell aus dem Blut eliminiert. Die höchste Aktivität im Blut wird eine Minute nach Injektion in Ruhe mit 36 Prozent der injizier-

ten Aktivität erreicht, unter Belastung nach 30 Sekunden mit 51 Prozent. In Ruhe sind im Blut nach fünf Minuten 9 Prozent der injizierten Aktivität nachweisbar, während unter Belastung nur noch 6,5 Prozent der injizierten Aktivität gemessen werden können. Im Myokard aufgenommenes Tc-99m wird erst langsam wieder ausgewaschen ([uni]).

Zusammenfassend eignet sich SPECT also gut dazu, die regionale koronare Aktivität zu einem bestimmten Zeitpunkt festzustellen. Das Ergebnis ist die Summation von Zeitschritten, in denen sich das Radionuklid immer weiter verteilt bzw. wieder ausgewaschen wird. Kurzzeitige Durchblutungsstörungen würden so gar nicht bemerkt werden.

Verfolgt man aber die Verteilung in den einzelnen Zeitschritten, sammelt man Informationen über die Perfusionsgeschwindigkeit und die Wege der Ausbreitung. Eine solche Technik verfolgt dSPECT. „d“ bedeutet dabei „dynamic“ und weist auf die zusätzliche Zeitachse des Verfahrens hin, das 1999 von Celler et al. vorgestellt wurde ([FCHM99]).

Der potentiellen Nützlichkeit des Verfahrens für die Kardiologie steht noch eine Reihe Probleme gegenüber, die die Zuverlässigkeit der Daten in Frage stellen. Zu den üblichen Artefakten einer SPECT kommen noch Rekonstruktions-Artefakte, sowie Streustrahlungs-Artefakte, die ein „Überstrahlen“ des Radionuklids von einem Organ in benachbarte Organe verursachen. Um diese Probleme soll es genauer am Anfang des nächsten Kapitels gehen.

Trotz dieser Artefakte ist es wünschenswert, dSPECT-Daten gezielt auswerten zu können. Es ist denkbar, Kardiologen ein Visualisierungssystem zur Verfügung zu stellen, das physiologische Informationen im anatomischen Kontext darstellt. Im Falle der dSPECT-Szintigraphie liegt dabei das Interesse bei der Darstellung physiologischer Herz- und Leber-Daten in einem anatomischen Modell, das aus den Daten berechnet wird. Die Perfusion über die Zeit kann dann verfolgt werden und vitale bzw. letale Myokard- und Leberregionen können effizient identifiziert werden. Mit einem schnellen und zuverlässigen Bildverarbeitungs- und Visualisierungssystem reduziert sich der Aufwand für Diagnosen enorm.

Um die Aufgabe der Generierung des anatomischen Modells aus den physiologischen Daten soll es in dieser Arbeit gehen. Dabei ist es eine besondere Herausforderung, korrekte Modelle sowohl für Daten gesunder Patienten, als auch herzkranker oder leberkranker Patienten zu entwickeln.

Kapitel 2

Ausgangssituation

Bevor ein Verfahren zur Lösung eines Problems in der Bildverarbeitung ausgewählt oder entwickelt wird, ist eine Analyse der Bildaufnahme-Modalitäten, eine Bestandsaufnahme der Datensätze und die Beurteilung ihrer Qualität durchzuführen. Durch diese Vorgehensweise werden die Besonderheiten der Daten erfasst, die das allgemeine Problem zu einem spezifischen Problem werden lassen. Hier sollen nun die Voraussetzungen für die Gewinnung anatomischer Daten von Herz und Leber in dSPECT-Daten untersucht werden.

2.1 Voraussetzungen für die Segmentierung

Modell der Bildaufnahme

Für dSPECT-Aufnahmen wird, wie für die SPECT, eine Gamma-Kamera um den Patienten bewegt, um die abgegebene Gamma-Strahlung zu messen. In der SPECT werden 2D-Projektionen für jede Winkel-Stellung rund um den Patienten aufgenommen und anschließend zu 3D-Daten rekonstruiert. Dagegen werden in der dSPECT 3D-Rekonstruktionen für eine feste Winkelstellung der Gamma-Kamera berechnet. Sie wird dann für jeden weiteren Zeitschritt stückweise weiter rotiert. Einzelne 3D-Rekonstruktionen sind etwa 20 Sekunden voneinander getrennt. Die Messung beginnt, sobald das Radionuklid das Organ mit dem Stoffwechselkreislauf erreicht hat [Toe02].

Die 4D-Datensätze werden im .mirc-Format gespeichert. Im Header befinden sich Informationen zum Bilddatensatz, wie x,y,z,t-Dimensionen, Endian und Faktor, dann folgen die Bilddaten unformatiert hintereinander.

Datensätze

Zur Verfügung stehen sieben Datensätze. Sechs haben eine Auflösung von 96x96 Pixeln in x- und y-Richtung bei 34 Zeitschritten, einer von 64x64 Pixeln bei 16 Zeitschritten. Es gibt zwischen 27 und 30 Schichten in einem Datensatz. Dies entspricht der z-Dimension. Die 96x96-Pixel-Daten haben eine Auflösung von 4,67 mm, der eine 64x64-Pixel-Datensatz erreicht eine Auflösung von 7,56 mm in allen drei räumlichen Dimensionen.

Außerdem gibt es drei verschiedene Phantom-Datensätze: die Dimensionen sind 64x64x64x32 in x-, y-, z- und Zeit-Dimension t. Sie repräsentieren ein Phantom-Modell; normal rekonstruiert bzw. mit einbezogenem Rauschen. Zusätzlich gibt es einen Datensatz, der Phantom-Herz und Phantom-Leber exakt wiedergibt. Alle Daten haben eine Auflösung von 6,25 mm in den drei räumlichen Dimensionen.

Dargestellt werden hauptsächlich Herz und Leber. Nach den ersten Schichten entlang der z-Achse, in denen keine der interessierenden Organe abgebildet wird, folgen z-Schichten, in denen die Herzmuskelaktivität dominiert. Artefakte können jedoch die Fortsetzung der Leber aus den untersten z-Schichten in den obersten bewirken. In bildgebenden Verfahren der Medizin ist besonders der linke Ventrikel des Herzens von Interesse. Dessen Darstellung erfolgt transaxial, d.h. die z-Achse der Ventrikel-Ausrichtung verläuft parallel zur Körperlängsachse. Damit weicht die Ventrikel-Repräsentation von den beiden Standard-Orientierungen, entlang der kurzen und der langen Achse des Ventrikels, ab.

Ab etwa der Höhe des halben Ventrikels bis zum Ende des Datensatzes ist auch die Leber abgebildet. Während in den ersten z-Schichten ihres Vorkommens Randpixel, die zur Leberregion gehören, von den zum Ventrikel korrespondierenden Pixeln nur schwer zu trennen sind, ist die Leberregion unterhalb des Ventrikels klar vom umliegenden Gewebe abzugrenzen. In zwei Datensätzen wurde auch die Milzfunktion in diesen Schichten gemessen.

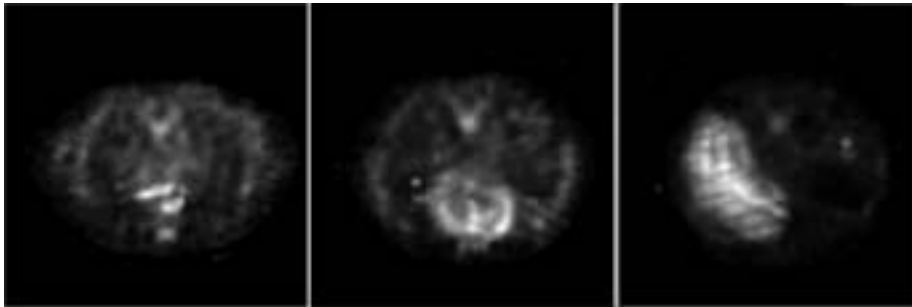


Abbildung 2.1: Verschiedene Schnittbilder eines dSPECT-Datensatzes (Schichten 2,10,25 von links nach rechts) zu Zeitpunkt 1 von 34.

Datenqualität

Die Datenqualität kann als allgemein schlecht und unzuverlässig bewertet werden, wenn man die Qualität anderer bildgebender Verfahren wie CT und MRT mit dSPECT vergleicht. Die beste dSPECT-Auflösung von 4,67 mm ist den hochauflösenden CT und MRT weit unterlegen. Das Bildaufnahme-Verfahren selbst verursacht Artefakte.

Die Abschwächung der zu messenden Gamma-Strahlen und die Streustrahlung im Patienten stören die exakte Messung der Strahlung. Der Kollimator, der die Streustrahlung herausfiltern soll, ebenfalls. Die eigentliche Detektion ist anfällig für statistisches Rauschen.

Artefakte, die bei der Rekonstruktion auftreten können, sind z.B. der Partialvolumeneffekt. Da ohnehin schon nur sehr wenige Strahlen die Gamma-Kamera erreichen bzw. die Auflösung so gering ist, hat dieser Effekt größere Auswirkungen als bei hochauflösenden Verfahren. Der PVE entsteht zusätzlich durch die Bewegung des Herzens während des Herzzyklus und durch Bewegung bei der Atmung des Patienten. Durch die lange Messzeit der Gamma-Kamera für eine Schicht werden die realen Ortsinformationen der gemessenen Strahlung nicht exakt rekonstruiert, sondern aus der Summation aller in den etwa 20 Sekunden gemessenen Gamma-Quanten berechnet. Der PVE ist also in dSPECT besonders prominent.

Eine Besonderheit stellt die starke Überstrahlung der Leber dar. Das Organ gibt starke physiologische Signale ab, die Photonen strahlen auch in umliegende Organe ab. So konnten in den sonst typischen Herz-Aktivitätskurven Anteile der Aktivitäts-Kurven der Leber gefunden werden. Die physiologischen Signale des Ventrikels sind also gestört und können nicht als proportional zur Herzmuskel-Tätigkeit betrachtet werden ([TP02]).

Es besteht nur bedingt ein Zusammenhang zwischen gemessener physiologi-

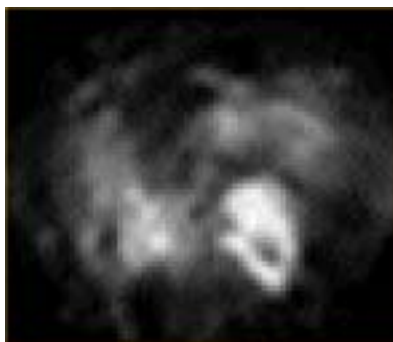


Abbildung 2.2: Streustrahlungsartefakte von Leber (links) zu Ventrikel (rechts).

scher Aktivität und tatsächlicher Aktivität.

2.2 Zielsetzung

So, wie sich Leber und Herz in der dSPECT unterschiedlich darstellen, werden auch unterschiedliche anatomische Modelle von ihnen erwartet. Das Ziel ist es, anatomische Modelle aus der physiologischen Darstellung der Organe zu gewinnen. Die dSPECT-Repräsentation hat genau dann die größte Ähnlichkeit mit ihrem anatomischen Vorbild, wenn die Organe funktionstüchtig sind. Wenn z.B. das ganze Myokard des linken Ventrikels vital ist, wäre auch in einer Summation der dSPECT-Zeitschritte der ganze Muskel sichtbar. Anders ist dies bei einem hypothetischen Schlaganfall-Patienten mit demselben Herz. Große Teile des Myokards können letal, und deshalb auch nicht mehr funktionstüchtig sein. In der dSPECT wären nur die vitalen Ventrikel-Regionen darstellbar. Die anatomische Ausgangs-Situation ist in beiden Fällen aber identisch. Ein rekonstruiertes anatomisches Modell muss also ebenfalls für beide Fälle identisch sein.

Die Erzeugung eines rekonstruierten anatomischen Modells ist äquivalent zu der Segmentierung des Organs aus dSPECT. Es gilt, eine Methode zu entwickeln, die die gleiche Segmentierung für funktionstüchtige und erkrankte Organe liefert.

Kapitel 3

Vorverarbeitung

Untersuchungen der Verteilungen des Radiopharmakons in Leber und Herz in den dSPECT-Datensätzen ergaben spezifische Zeit-Aktivitätskurven für Leber und Herz [TP02]. Aus einem einzelnen Zeitschritt eines Datensatzes kann nicht auf die korrekte Größe und Form der Organe geschlossen werden, da sich das Radiopharmakon nicht gleichmäßig in ihnen anreichert.

In Bild 3.1 sind durchschnittliche Zeit-Kurven für eine ausgewählte Schicht in 34 Zeitschritten für Leber, LV und Milz dargestellt. Die jeweiligen Linien in Fettdruck stellen die durchschnittlichen Intensitätswerte der Organe über die Zeit dar, die dünneren Linien die jeweiligen Minima bzw. Maxima. Es ist deutlich zu erkennen, dass Leber und Ventrikel sehr unterschiedliche Zeit-Aktivitäts-Kurven haben. Die der Leber verläuft in wesentlich höheren Intensitäten, steigt zuerst stark an und fällt dann allmählich wieder ab. Die Kurve des Ventrikels beginnt am Anfang der Messung mit einem globalen Maximum und verhält sich dann langsam monoton fallend. Die Zeit-Aktivitätskurven sind zusätzlich in verschiedenen Schicht-Bildern und in verschiedenen Datensätzen sehr unterschiedlich.

3.1 Von 4D zu 3D

Eine Principal-Component-Analyse wurde durchgeführt mit dem Ergebnis, dass man aus den Aktivitätskurven für die Organe während der Zeitstudie ihre tatsächliche Anatomie zurückgewinnen kann [TP02].

Eine Dimensionsreduktion der 4D dSPECT-Daten wird erreicht, indem eine Karhunen-Loeve-Transformation mit den zu den vier größten Eigenwerten korrespondierenden Eigenvektoren auf ihnen erfolgt. Das Ergebnis ist ein 3D-Datensatz für jede der vier Hauptachsen, die Zeitdimension ist damit eliminiert.

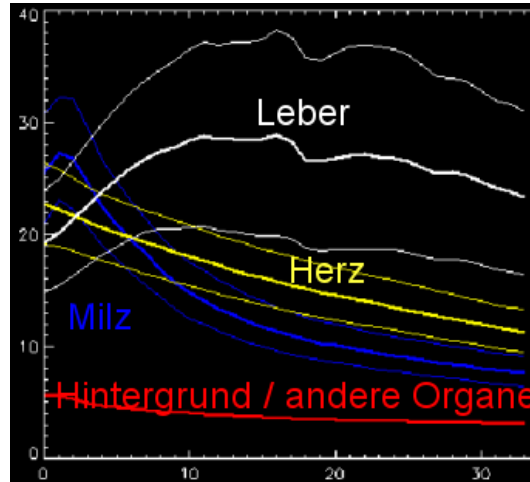


Abbildung 3.1: Unterschiedliche Zeit-Kurven für Leber und Herz (Vorlage aus [TP02])

Im Detail können die Strukturen eines 4D-Datensatzes als n -dimensionale Merkmalsvektoren aufgefasst werden, die zusammen einen n -dimensionalen Merkmalsraum bilden. n ist dabei so groß wie die Anzahl der Zeitschritte des 3D-Datensatzes, z.B. 34. Um diesen Merkmalsraum auf möglichst wenige Dimensionen n' , mit $n' < n$, zu reduzieren, ist folgende Transformation durchzuführen:

$$\vec{n}' = T \cdot W \cdot \vec{n} \quad (3.1)$$

W ist dabei eine $n \times n$ große Matrix, deren Zeilen orthonormale Vektoren sind. Dies führt zur Unabhängigkeit der Merkmale. T ist eine $n' \times n$ große Matrix, bei der in jeder Zeile eine 1 enthalten ist. Dies führt zur eigentlichen Reduktion der Merkmale. Die beiden Matrizen berechnen sich aus den Eigenvektoren der Kovarianzmatrix des Datensatzes. Die Kovarianzmatrix ist symmetrisch und quadratisch. Sie besteht aus allen Varianzen und Kovarianzen der Merkmalsvektoren im n -dimensionalen Merkmalsraum. Ihre Elemente berechnen sich wie folgt:

$$c_{ij} = \frac{1}{M} \cdot \sum_{0 \leq (x_1, \dots, x_n) < M} (i \cdot m(x_1, \dots, x_n) - \bar{m}_i)(j \cdot m(x_1, \dots, x_n) - \bar{m}_j) \quad (3.2)$$

Ihre Eigenvektoren beschreiben in absteigender Reihenfolge eine Reihe von senkrecht aufeinander stehenden Achsen durch den Schwerpunkt des Merk-

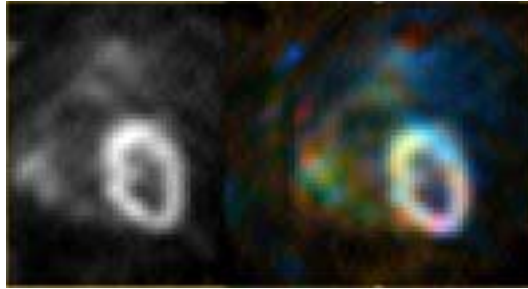


Abbildung 3.2: Schnittbild von Original-Datensatz und Bild der drei wichtigsten Merkmale nach der KLT im Vergleich

malsraumes mit den längsten Merkmalsvektoren. Die dazugehörigen Eigenwerte beschreiben die Varianz der Werte entlang der jeweiligen Achse.

In [TP02] wurde festgestellt, dass die größten vier Eigenwerte mit einer Varianz von 99,2 Prozent am signifikantesten für die 4D-dSPECT-Daten sind, weitere Eigenwerte haben nur noch einen geringen Einfluss. Allgemein kann ein Merkmal ohne Datenverlust eliminiert werden, wenn der Eigenwert gleich Null ist. Eine Reduktion eines Merkmals mit einem Eigenwert nahe Null kann unter Informationsverlust erfolgen. Bei z.B. 34 ursprünglichen Zeitschritten und einer Merkmalsreduktion des Datensatzes auf nur 4 Merkmale bedeutet dies, dass 99,2 Prozent der Information nach der Transformation erhalten bleiben. Zuerst wird dazu Formel 3.3 angewandt:

$$T \cdot W = \begin{bmatrix} E_1 \\ \cdot \\ \cdot \\ E_{n'} \end{bmatrix} \quad (3.3)$$

Mit T , W und n' kann dann die Merkmalsreduktion mit Formel 3.2 durchgeführt werden ([Toe01]). In Abb. 3.2 ist ein Schnittbild eines Original-Datensatzes dem des Karhunen-Loeve-transformierten gegenübergestellt. In der Abbildung der transformierten Daten wurden die wichtigsten drei Merkmale auf die drei Farbkanaäle rot, grün und blau abgebildet.

3.2 Erhöhung der Intra-Regionen-Homogenität

Durch die unregelmäßige Verteilung der emittierenden Substanz in Herz und Leber entstehen, selbst nach der Karhunen-Loeve-Transformation noch vorhandene, sehr inhomogene korrespondierende Regionen in den Grauwertbil-

dern. Allem überlagert ist ein starkes Rauschen. Für eine erfolgreiche Segmentierung ist es wünschenswert, diese Mängel in Vorverarbeitungsschritten zu beheben.

Ausgangsdaten für die Anwendung von Vorverarbeitungsschritten sind 3D-Datensätze, die aus der Kombination der 4 dominantesten Merkmale der KLT resultieren. Die 4 Intensitäten an jeder Voxelposition wurden ohne Wichtung aufaddiert, aber nicht gemittelt.

Verfahren zur Rauschreduktion

Für die Rauschreduktion gibt es eine Reihe bewährter Methoden:

Bei der Anwendung eines Mittelwert-Filters z.B. kommen Filterkerne variabler Größe zur Anwendung. Je größer dabei der Konvolutionskern gewählt wird, desto besser wird das Rauschen behoben, denn der neue Wert eines Pixels wird bestimmt durch den Mittelwert seines eigenen Intensitätswerts und dem seiner durch den Filterkern vorgegebenen Nachbarn. Allerdings nimmt mit steigender Elementzahl des Filterkerns auch die Unschärfe des resultierenden Ergebnisses zu, Kanteninformationen gehen verloren. Der Mittelwert-Filter eignet sich deshalb nicht zur Vorverarbeitung von dSPECT-Daten, da für eine erfolgreiche Segmentierung von zuverlässigen Kanteninformationen ausgegangen werden muss. Gegen die Verwendung dieser Methode spricht auch die fehlende lokale Konstanz der Bildsignale, was aber eine Voraussetzung für den Erfolg des Mittelwert-Filters ist.

Eine andere Methode, die Median-Filterung, arbeitet ähnlich wie der Mittelwert-Filter. Der Unterschied ist, dass sich der neue Wert eines Pixels aus dem Wert ergibt, der in der Mitte der geordneten Liste aller Pixel eines Filterkerns liegt. Deshalb entstehen keine neuen Grauwerte im Bild, der durchschnittliche Grauwert des Bildes kann sich aber verändern. Ein Vorteil des Median-Filters ist der Erhalt der Kanteninformationen. Für dSPECT-Daten sind sehr große Konvolutionskerne nötig, da eher von großflächigem Rauschen als von „Salt-and-Pepper-Rauschen“ ausgegangen werden muss. Bei steigender Filterkerngröße wird aber auch entsprechend mehr Rechenzeit zur Sortierung der Elemente benötigt. Das Verfahren ist dann eher langsam und ineffizient.

Zusammenfassend kann man sagen, dass sich die Rauschreduktion mit diesen einfachen Verfahren in dSPECT-Bildern als eher problematisch erweist.

Eine schnelle Methode, die nonlineare isotrope Diffusion, zeigte sich in anderen Arbeiten, z.B. in [Weg02], als nützliches Werkzeug, sowohl zur Rauschreduktion, als auch zur Steigerung der Intra-Regionen-Homogenität.

3.2.1 Diffusion

Diffusion bedeutet allgemein Reduktion der Auflösung, Konzentrationsunterschiede werden in einem zeitlichen Prozess ausgeglichen. In der Bildverarbeitung gibt es Grauwerte anstelle von Masse-Konzentrationen. Diffusions-Filter werden benutzt, um Bilder zu glätten, Rauschen zu reduzieren und allgemein die Bildqualität zu verbessern. Diese Eigenschaften können sehr nützlich für dSPECT-Daten sein.

Es gibt drei wichtige Klassen von Diffusions-Methoden in der Bildverarbeitung:

- die lineare Diffusion mit konstanter Austauschrate,
- die nonlineare isotrope Diffusion, deren Diffusionsstärke durch Skalare gesteuert wird, die von lokalen Bildstrukturen beeinflusst werden
- und die nonlineare anisotrope Diffusion, deren Diffusions-Tensor an die lokalen Bildstrukturen angepasst wird.

Lineare Isotrope Diffusion

Die einfachste Methode ist äquivalent zum Gauß-Filter. Die Beziehung zwischen der Diffusionszeit t und dem Filterkern mit Weite σ ist

$$t = 1/2 * \sigma^2 \quad (3.4)$$

Die Anwendung eines Gaußschen Filterkerns führt zu einem Tiefpass-gefilterten Bilddatensatz, der nicht nur Regionen homogener werden lässt, sondern auch wichtige Kanten-Informationen verwischt. Diese Eigenschaften zeigen, dass Diffusion ein guter Ansatz zu homogeneren Regionen sein kann, wenn nur das Verhalten an den Kanten verbessert würde.

Nonlineare Isotrope Diffusion

Diesem Anspruch trägt die zweite Diffusions-Methode Rechnung. Als ein Beispiel ihrer Anwendung soll der Perona-Malik-Ansatz vorgestellt werden ([PM87]).

Diffusion mit Austausch bedeutet, dass es ein Referenzpixel c_n^0 gibt, das einen Teil seiner Intensität an Pixel in der Nachbarschaft weitergibt. Das Referenzpixel bleibt dabei unverändert. Die benachbarten Pixel tauschen sich ebenfalls aus. Zu einem Zeitpunkt $k+1$ ist der Funktionswert eines Pixels

$$c_n^{k+1} = c_n^k + \varepsilon(c_{n-1}^k - c_n^k) + \varepsilon(c_{n+1}^k - c_n^k) + \beta_n(c_{n0} - c_n^k) \quad (3.5)$$

für die Diffusions-Berechnung in einer Dimension. Mit einem Abstand $\Delta x = 1$ und Zeitschritten $\Delta t = 1$ lautet die Gleichung:

$$c_n^{k+1} - c_n^k = c_n^k + \varepsilon(c_{n-1}^k - 2c_n^k + c_{n+1}^k) + \beta_n(c_{n0} - c_n^k) = 0 \quad (3.6)$$

mit c_{n0} als allgemeinem Ähnlichkeitsmaß, z.B. dem mittleren Grauwert, β_n als Einfluss von c_{n0} und ε als Wichtigkeit des Austausches zwischen Nachbarn. Am Ende des Diffusionsprozesses sollte ein stabiler Zustand erreicht sein.

Der Diffusions-Parameter D und die Austauschrate mit $\lambda = \beta$ soll die Diffusion beeinflussen. Bei Perona-Malik gilt

$$D = D_0 * \lambda^2 / (|\nabla g|^2 + \lambda^2) \quad (3.7)$$

D bestimmt die Austauschrate zwischen benachbarten Pixeln pro Zeitschritt und Abstand ($= 1$), mit λ als Parameter und $|\nabla g|^2$ als Gradientenlänge.

Wenn die Gradientenlänge an einer Pixelposition viel kleiner als λ ist, bewegt sich D gegen D_0 , ist die Gradientenlänge viel größer, bewegt sich D gegen 0. Dies bewirkt eine hohe Austauschrate an Positionen mit niedrigem Gradientenbetrag und eine Diffusionsrate gegen 0 an Positionen steiler Kanten.

Auf diese Art bleiben Originalkanten erhalten, sie werden nicht verwischt. Intraregionales Glätten ist dagegen erwünscht und erhöht die Homogenität von Regionen.

Nonlineare Anisotrope Diffusion

Nonlineare isotrope Filter können Schwierigkeiten mit verrauschten Kanten haben und können nicht „fließende“ Strukturen verbessern. „Fließende“ Strukturen sind dabei gewunden und langgezogen, wie z.B. Fingerabdrücke. Anisotrope Filter benutzen einen Diffusions-Tensor anstelle von Skalaren, um die Austauschrate zu bestimmen. Sie bewirken die Eliminierung von Rauschen, verstärken Kanten und kohärente Strukturen.

Zwei Repräsentanten dieser Filter-Klasse sollen hier vorgestellt werden: Kantenverstärkende Diffusion (Edge Enhancing Diffusion EED) und Kohärenzverstärkende Diffusion (Coherence Enhancing Diffusion CED).

Die EED kann als Regularisierung des Perona-Malik-Filters verstanden werden. Sie glättet vorzugsweise innerhalb von Regionen und entlang von Kanten, jedoch nicht über Kanten hinweg. So werden Kanten verstärkt und Rauschen wird entfernt.

Die CED glättet hauptsächlich entlang kohärenter, „fließender“ Strukturen. Der Struktur-Tensor benutzt Eigenwerte und Eigenvektoren, um kohärente Strukturen zu erkennen. Die bevorzugte Diffusionsrichtung wird durch den Phasen-Winkel des Struktur-Tensors bestimmt.

Eignungs-Analyse

Gauß'sches Glätten wird oft als Vorverarbeitungsschritt für stark verrauschte Daten verwendet, oder als Werkzeug zur Reduktion der Auflösung bei der Verwendung von Gauß-Pyramiden. Da die Kanteninformation jedoch verloren geht, ist es nicht für dSPECT-Segmentierung geeignet.

CED eignet sich am besten für eindimensionale Strukturen wie Fingerabdrücke und Fasern. In den dSPECT-Bildern jedoch finden sich solche starken Strukturen nicht, die Daten sind durch Rauschen und eher großflächige Regionen gekennzeichnet.

EED scheint auf den ersten Blick perfekt geeignet zu sein, um die Regionen des Myokards und der Leber zu glätten und die Regionen-Grenzen noch zu verstärken. Die Werte der Gradientenlängen würden jedoch verändert werden, und damit auch die funktionelle Information der Daten. Erwünscht ist jedoch nur eine Eliminierung „falscher“ Kanten, die nicht Regionengrenzen der interessierenden Organe bilden.

Genau dies bietet die nonlineare isotrope Diffusion. Starke Kanten bleiben erhalten und werden nicht deplatziert, schwache Kanten werden verwischt und ermöglichen homogenere Regionen.

Der Perona-Malik-Filter wurde für höhere Dimensionen erweitert und auf den Datensätzen angewandt. Wie erwartet, verstärkte sich die Intra-Regionen-Homogenität, die Kanteninformationen der starken Regionengrenzen blieben erhalten.

Parameter-Wahl

Für die beste Parameter-Wahl wurden verschiedene Einstellungen getestet. Das beste globale Ergebnis in allen Datensätzen zeigte sich bei der Wahl: $\beta = 0.0001$, $D_0 = 0.25$, $\lambda = 1.5$.

Dieses Ergebnis ist ein Kompromiss. Nach der Karhunen-Loeve-Transformation finden sich Schichten in den Datensätzen, die etwas verrauscht sind, aber auch Schichten, die von sehr starkem Rauschen überlagert sind. Exemplarisch soll die Parameterwahl für diese beiden Bildqualitäten an zwei Beispiel-Bildern aus dem 0907-Datensatz demonstriert werden. In Abb. 3.3 ist links oben ein weniger verrauschtes Bild des linken Ventrikels dargestellt, rechts oben eines mit sehr starkem Rauschen. In der Mitte finden sich Profildarstellungen der Intensitätswerte entlang der x-Achse einer ausgewählten Zeile, die jeweils durch eine rote und grüne Linie markiert sind. In der unteren Bildreihe sind die Bilder nach der Diffusion mit den jeweiligen Parametern abgebildet.

Bei konstanter Wahl für $\beta = 0.0001$ und $D_0 = 0.25$ muss der Parameter λ für die beiden Bilder unterschiedlich groß sein. Der Einfluss des allgemeinen

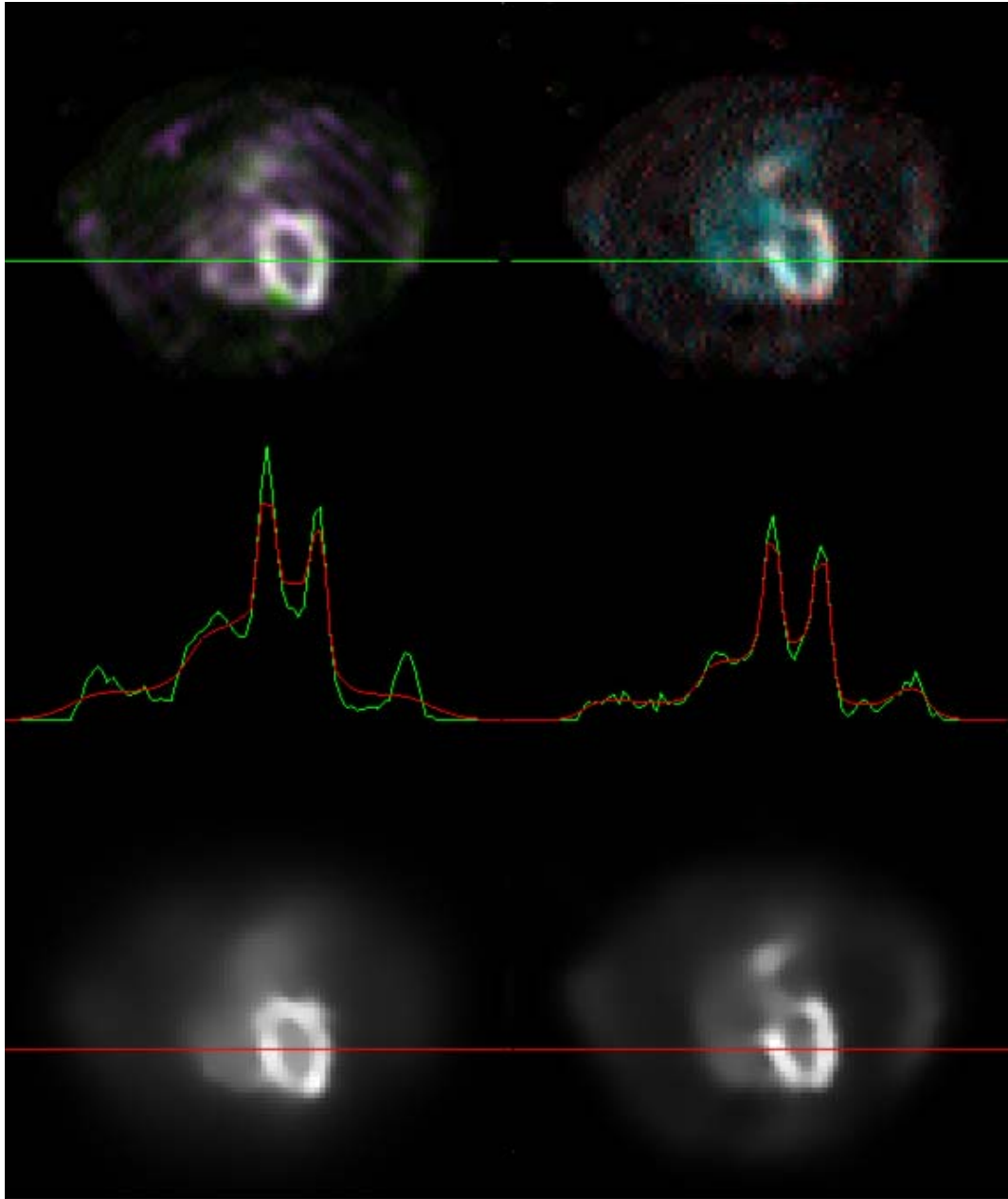


Abbildung 3.3: Auswirkungen der nonlinearen isotropen Diffusion

Ähnlichkeitsterms ist sehr gering und die maximale Diffusionsstärke ist damit festgelegt. Für das linke Bild ist $\lambda = 2.5$, für das verrauschte rechte Bild nur 0.5. Da λ die Schwelle für die Gradientenlänge an einer Pixelposition bestimmt, bei der die Diffusionsrate entweder gegen 0 oder gegen D_0 geht, muss sie für verrauschte Bilder entsprechend nach unten korrigiert werden. Im Zeilenprofil sind in rot die ursprünglichen Grauwerte dargestellt, in grün die Intensitätswerte nach der Diffusion. Es ist deutlich erkennbar, dass keine Grauwertänderung an starken Kanten wie den Ventrikel-Konturen auftritt, wo sich die stärksten Steigungen im Profil befinden. Es findet dort also keine Diffusion statt. Verrauschte Regionen, also sehr unruhige Profilschnitte mit geringen Gradientenbeträge und Grauwertunterschieden dagegen werden geglättet, deshalb ist die rote Profillinie glatter. Das Signal-Rausch-Verhältnis wird stark verbessert, die Kanteninformation aber bleibt erhalten.

Die Beispielbilder sind repräsentativ für alle anderen Schichten und Datensätze. Da es problematisch ist, die Stärke des überlagerten Rauschens abzuschätzen, wurde ein Kompromiss für die Parameterwahl gefunden, bei der die Diffusion für alle Bilddaten akzeptable Ergebnisse liefert. Als akzeptabel wird dabei angesehen, wenn

1. wichtige Kanteninformationen erhalten bleiben und
2. Regionen nichts von ihrer Homogenität einbüßen bzw. die Intra-Regionen-Homogenität zunimmt und das SNR verbessert wird.

Der Parameter λ wird auf 1.5 gesetzt, ein zuverlässiger Mittelwert. Zusätzlich wird Einfluss auf die Zahl der Iterationen genommen. Während die Iterationszahl etwa 100 betrug, bis von einem Zeitschritt der Diffusion zum nächsten keine Änderung mehr auftritt, wird das Verfahren nun nach 50 Iterationen abgebrochen. Diese Zahl gleicht den etwas zu hohen λ -Wert für stark verrauschte Bilder aus. Es verhindert also ein „Überlaufen“ der Kanteninformation, mindert aber den Anstieg von Homogenität in Regionen der weniger verrauschten Bilder nur wenig.

Diskussion der Parameter-Wahl

Dieser Kompromiss hat sich als erfolgreich für alle Datensätze erwiesen. Die Verringerung der Iterationszahl verkürzt zudem die Rechenzeit des recht aufwändigen Diffusionsverfahrens. Alternativ ist es jedoch denkbar, ein Verfahren zur Schätzung des Rauschanteils im Bild zu entwickeln, und daran die Parameterwahl auszurichten. So werden nicht Kompromiss-Ergebnisse erzielt, sondern optimale Resultate. Diese Qualitätssteigerung ist dann aber wieder mit einem Anstieg des Rechenaufwandes zu erkaufen. Die hier vorgestellte Methode kommt mit einer Rechenzeit von etwa 2-3 Sekunden für einen Karhunen-Loeve-transformierten Datensatz aus.

3.3 Vorverarbeitung - Zusammenfassung

Zeit-Aktivitäts-Kurven für Leber und Herz können durch die Karhunen-Loeve-Transformation auf ihre vier wichtigsten Merkmale reduziert werden, wenn die Datensätze mit den zu den vier größten Eigenwerten korrespondierenden Eigenvektoren transformiert werden. Die Zeitdimension wird damit von 32 auf 4 reduziert.

Eine Verbesserung der Datenqualität kann durch nichtlineare isotrope Diffusion erreicht werden. Kohärente Regionen werden homogener, die Informationen an starken Kanten bleiben erhalten.

Mit diesen Vorverarbeitungsschritten wurden die Voraussetzungen für eine erfolgreiche Segmentierung verbessert.

Kapitel 4

Segmentierung der Leber

Die Leber ist in dSPECT als relativ homogene Region mit hoher Intensität repräsentiert. Streuung der Radionuklid-Strahlung in umliegende Bereiche des Organs und der Partialvolumeneffekt verursachen teilweise problematische Grenzen der Region. Deshalb ist die Leberregion in Schichten mit direkter Nachbarschaft zum Herzen nicht eindeutig abzugrenzen.

In der Literatur wurden drei Methoden gefunden, die zur Lebersegmentierung geeignet erscheinen. Alle Verfahren arbeiten bottom-up, unterscheiden sich jedoch hinsichtlich ihrer benötigten Rechenzeit und der Eignung zur Lebersegmentierung.

Bei dem ersten Verfahren werden Bilddaten in homogene Regionen zerlegt. Dazu werden verlinkte Pyramiden verwendet, deren Umsetzung auf [CP80] basiert. Das Verfahren wurde auf die vier Merkmalswerte der Daten nach der KLT und die dritte Dimension erweitert.

Als Alternative wird eine universelle und schnelle Methode, die Schwellwertsetzung zur Segmentierung der Leberregion, an die Voraussetzungen der Datensätze angepasst. Der Erfolg der Schwellwertmethode wird anhand von Vergleichen zu manuell segmentierten Leberregionen nachgewiesen.

Speziellen Schwächen eines einfachen Schwellwertverfahrens widmet sich ein anderer Ansatz, der hier nur theoretisch vorgestellt wird: die Benutzung von sogenannten Isolable-Contour Maps von [SRN00]. Diese Idee wird auf Verwendbarkeit in zukünftigen Arbeiten überprüft.

4.1 Verlinkte Pyramiden

Ein pyramiden-basiertes Verfahren wurden von Chen und Pavlidis [CP80] vorgestellt und später von [BHR] erweitert. Ziel des Verfahrens ist es, nach einer geeigneten Anzahl von Iterationen ein stabiles, sich nicht mehr veränderndes

des System von Baumstrukturen geschaffen zu haben, das durch Eltern-Kind-Verbindungen repräsentiert wird. Die Verfolgung der Verbindungen von den Eltern zu den Kindern zerlegt den 3D-Datensatz in homogene Regionen. Diese sind 3-dimensional, können sich also in beliebigen Schichten des Schnittbild-Datensatzes befinden.

Verfahren nach Burt et al.

Um die Neuerungen dieses Verfahrens besser beschreiben zu können, wird hier ein Überblick über den Ablauf nach [BHR] gegeben.

Homogene Strukturen werden durch Eltern-Kind-Beziehungen über verschiedene Auflösungsstufen des Eingangs-Bildes definiert. In jeder Iteration wird der jeweils ähnlichste Elternknoten für ein Kind innerhalb eines Bereiches gesucht. Ein Link zwischen den beiden definiert deren Ähnlichkeit. Als Ähnlichkeitskriterium für Kind und Eltern wurden hierbei die Grauwertintensitäten genutzt.

1) Initialisierung der Pyramide

Ausgehend vom Originalbild in der untersten Pyramidenstufe wird das jeweils nächsthöhere Pyramidenlevel, das halb so groß ist wie das Level darunter, berechnet. Für jedes Pixel des neuen Levels, also für jeden neuen Elternknoten, wird der Mittelwert aller seiner Kinder berechnet. Die Kinder befinden sich bei Burt et al. in einem 4x4 Element großen Bereich der direkt darunter liegenden Pixel im alten Level. Die neuen Kinder im unteren Level bekommen einen Link auf einen (weiteren) neuen Elternknoten. Da bei Burt et al. die Kinder nur im zweidimensionalen Bildlevel l-1 gesucht werden, hat jedes Kind nach der Initialisierung höchstens 4 Elternknoten. Jedes Element bekommt eine Liste für die potentiellen Eltern, eine Liste für den gerade aktuell ausgewählten Elternknoten und eine Liste für die Kinder. In Abb. 4.1 sind verschiedene Levels einer Pyramide eines Schnittbildes dargestellt.

Für jede Iteration werden die folgenden Schritte ausgeführt:

2) Wahl des ähnlichsten Elternknotens

Ausgehend vom untersten Level der Pyramide wird für jedes Kind jeweils der Elternknoten aus der vorher generierten Liste gewählt, der ihm selbst am ähnlichsten ist. Bei Burt et al. gilt als Ähnlichkeitskriterium der minimale Grauwertunterschied zwischen Eltern und Kind. Der Elternknoten mit dem geringsten Unterschiedlichkeitswert wird als der „wahre“ Elternknoten erkannt. Kind- und Elternlinks werden ggf. neu gesetzt.

3) Berechnung neuer Merkmalswerte, Aktualisierung der Eltern- und Kind-Werte

Für jedes Element jedes Levels, das höher als das unterste Level liegt, wird nun der Durchschnittswert aller seiner Kinder und deren Kinder berechnet.

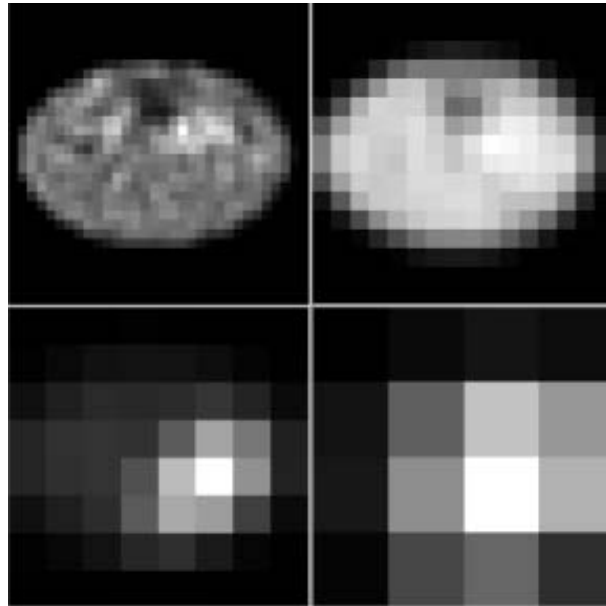


Abbildung 4.1: Die verschiedenen Pyramiden-Level eines Schnittbildes

Dieser Wert ist der neue Wert des aktuellen Elementes. Die Werte in der Eltern-Liste und der Kind-Liste jedes Elementes müssen ebenfalls aktualisiert werden. Durch dieses Vorgehen werden die Werte der Elemente jedes Levels verändert, und zwar jeweils auf den mittleren Grauwert der Region, zu der es in dieser Iteration gehört. Nachdem die Werte der Pyramidenlevellemente nun geändert wurden, kann es sein, dass Kinder nicht mehr zu dem Elternknoten verlinkt sind, dem sie am ähnlichsten sind. Diese Links werden mit jeder weiteren Iteration neu evaluiert und ggf. verändert. Die Veränderungen finden jedoch immer so statt, dass die einzelnen Segmente, die durch die Eltern-Kind-Beziehungen definiert werden, immer homogener werden bzw. ihre Grenzen sich so verschieben, dass Elemente, die die Homogenität stören, aus dem Segment ausgeschlossen werden.

4) Segmentierung

Um die so aufgebauten Baumstrukturen auswerten zu können, verfolgt man diese ausgehend von den Eltern im obersten Level der Pyramide nach unten, indem man die jeweiligen Kind-Listen abarbeitet und ebenso deren Kind-Listen. Die so gefundenen Kinder im untersten Pyramidenlevel definieren dieselbe Region im Datensatz.

Anpassung des Verfahrens an 3D-dSPECT

Das erläuterte Verfahren wurde um die 3. Dimension erweitert, um die Pyramidenstruktur für die Karhunen-Loeve-transformierten 3D-dSPECT-Datensätze aufzubauen und zu nutzen.

Jedes Level ist dreidimensional. Die neuen Eltern-Werte berechnen sich aus allen Kindern des unterliegenden 4x4x4 großen Einzugsbereiches. Damit erhöht sich auch die maximale Eltern-Zahl für jedes Kind. Zusätzlich hat jedes Level 4 Werte, die aus der KLT mit den 4 wichtigsten Hauptachsen stammen. Folglich werden die 4 Werte jedes Level-Elementes zur Elternschafts-Entscheidung herangezogen. Als Unterschiedlichkeitsmaß gilt hier

$$\sqrt{0.2 * (s1 - v1)^2 + (s2 - v2)^2 + (s3 - v3)^2 + (s4 - v4)^2} \quad (4.1)$$

mit $s1$ bis $s4$ als Intensitäten des aktuellen Kindes und $v1$ bis $v4$ als Intensitäten des potentiellen Elternknotens. Wichtig ist hier, dass $v1$ nur als mit 0.2 gewichteter Wert eingeht, da er durch die vorherige Wichtung mit dem sehr hohen ersten Eigenwert einen großen Einfluss auf die Ähnlichkeit hat. [TP02]

Ergebnisse

Verfolgt man die Eltern-Kind-Beziehungen nicht schon vom obersten Level der Pyramide aus, sondern wählt die „Ursprungs-Eltern“ in unteren Levels, erhält man Zerlegungen, die aus einer abnehmenden Anzahl von Regionen bestehen. Diese Regionen sind größer und grober als in der kompletten Strukturverfolgung, je niedriger das Start-Level der Segmentierung ist.

Erfolgt die Regionensuche vom obersten Level der Pyramide aus, ist die Zahl der Regionen, aus denen das Schichtbild besteht, sehr hoch. Im Durchschnitt gibt es 1857 Regionen in einem 64x64 Pixel Grauwertbild. Werden dagegen nur die Eltern-Kind-Beziehungen der beiden untersten Levels ausgewertet, sinkt die Regionenzahl rapide auf durchschnittlich 37. Abb. 4.2 demonstriert dies an einem Beispiel-Bild.

Weiterhin konnte festgestellt werden, dass sich die Zahl der Regionen für gleiche Schichtbilder nur gering verändert, wenn sich die Zahl der Iterationen erhöht. Um zu entscheiden, welche Iterationszahl bei welchem Start-Level der Analyse die besten Segmentierungsergebnisse erzielt, können die Übereinstimmungen der Regionen korrespondierend zu Herz und Leber herangezogen werden. Die geringe Regionenzahl in niedrigeren Levels und damit die höhere durchschnittliche Regionengröße bieten mit höherer Wahrscheinlichkeit Regionen, die mit den gewünschten Herz- und Leberregionen übereinstimmen.

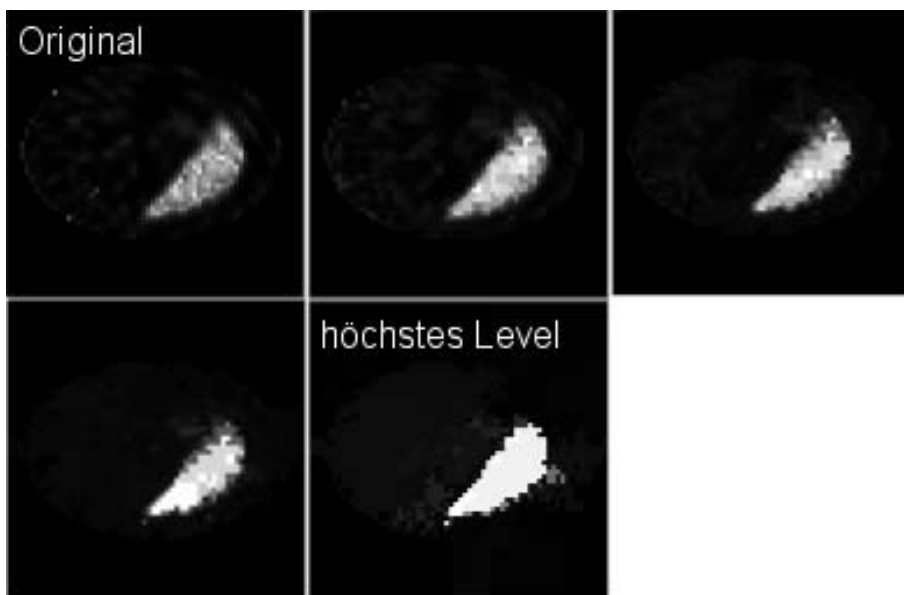


Abbildung 4.2: Auswertung der Pyramiden-Level eines Schnittbildes

Im Gegensatz dazu steht aber die Genauigkeit dieser Segmente. Die niedrigere Auflösung bewirkt nur eine ungenaue Approximation des Verlaufs der Regionengrenzen.

In Abb. 4.3 ist die Korrespondenz der gefundenen Leberregion im Vergleich zum Eingangsbild für verschiedene Iterationen dargestellt.

Nach einer Iteration besteht die Leberregion aus vielen Teilregionen, die mittels höherer Schwellwerte zusammengefasst werden müssen. Das Ergebnis ist eine große Anzahl übersegmentierter Pixel. Nach 2 Iterationen ist dies, wenn auch abgeschwächt, auch noch der Fall. Nach 5 Iterationen wird eine homogene Region gefunden, deren Pixel am ehesten mit der tatsächlichen Leberregion korrespondieren. Die Segmentierung der Leber ist also schon nach einer geringen Iterationszahl erfolgreich, wenn deren Segmente nicht zu Segmenten des Herzens benachbart sind. Für diesen Fall müssen höhere Auflösungsstufen betrachtet werden, ein einfaches Schwellwertverfahren zum Zusammenfassen benachbarter Regionen wird hier nicht mehr ausreichen. Nach 10 Iterationen ist die Anzahl der untersegmentierten Pixel im Vergleich zur Regionengröße sehr hoch.

Die Betrachtung der Beispiele hat gezeigt, dass schon nach 5 Iterationen die Leberregion zufrieden stellend gefunden werden kann. In Schichten, in denen die Leber nicht zum Herzen benachbart ist, genügt eine geringe Auflösung. In Schichten mit Herz-Leber-Nachbarschaften sind höhere Auflösungen

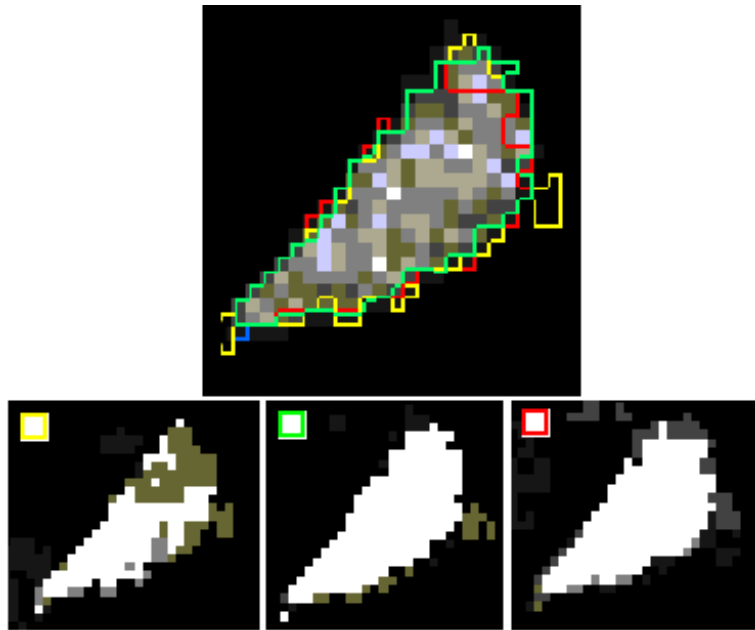


Abbildung 4.3: Festlegung der Iterationszahl: gelbe Kontur: 1 Iteration, grüne Kontur: 5 Iterationen, rote Kontur: 10 Iterationen

notwendig.

Durch das hohe Signal aus der Leber ist diese leichter zu segmentieren, sie wird schon nach der KLT durch eine relativ homogene Region dargestellt, verglichen mit der Homogenität des Myokards des linken Ventrikels. Sie ist auch kompakter, was in weniger Partialvolumeneffekten resultiert. Deshalb kann das pyramiden-basierte Verfahren nicht erfolgreich die zum Ventrikel korrespondierende(n) Region(en) finden. Partialvolumeneffekte und Streustrahlung verwischen die Regionengrenzen zu sehr.

Der Vergleich des Aufwandes gegenüber dem Erfolg des Verfahrens ergibt, dass es nicht zur Lebersegmentierung allein geeignet ist. Durch die Anwendung in 3D ist es sehr zeitaufwändig, pro Iteration braucht ein PC mit einem 900 MHz Athlon Prozessor etwa 10 Minuten. Es spricht vieles dafür, mit einer weniger aufwändigen Methode zu denselben Ergebnissen zu kommen. Eine Anwendung der verlinkten Pyramiden hätte sich nur für den Erfolgsfall der Ventrikelsegmentierung gelohnt, da diese die eigentliche Schwierigkeit darstellt.

4.2 Bottom-Up: Schwellwertverfahren

Die Ergebnisse des pyramiden-basierten Verfahrens implizieren, dass die Intra-Regionen-Homogenität der Leber hoch ist und die Intensität der dazugehörigen Pixel signifikant verschieden von der Intensität der umgebenden Hintergrund-Pixel ist. Die Region kann deshalb durch eine geeignete Intensitätsschwelle korrekt segmentiert werden.

Um dies zu überprüfen, wurde ein einfaches Schwellwertverfahren auf die Besonderheiten der Test-Datensätze angepasst und implementiert. Es wird gezeigt, dass dieses Verfahren allgemein für alle Datensätze akzeptable Ergebnisse liefert, es wird aber auch auf Probleme hingewiesen.

Mit Hinblick auf zukünftige Arbeiten wird anschließend auf ein Verfahren eingegangen, das diese Probleme durch multiple Schwellwertsetzung beheben kann.

4.2.1 Spezialisierung eines einfachen Schwellwertverfahrens

Da die zur Leber korrespondierenden Pixel eine höhere Intensität haben als Hintergrund-Pixel, reicht eine geeignete Schwelle, die hohe Intensitäten von niedrigeren trennt.

Empirische Tests

Es stellt sich die Frage nach der optimalen Schwelle.

Ein globaler Schwellwert stellt die einfachste Lösung dar, aber auch die unzuverlässigste. Die durchschnittlichen Intensitäten aller Leberpixel variieren von Schicht zu Schicht stark. Optimaler ist die lokale Anpassung des Schwellwertes.

In empirischen Tests wurden Schwellwerte manuell gesetzt und diese in korrespondierenden Schicht-Histogrammen lokalisiert.

Von links nach rechts betrachtet, weist ein „ideales“ Histogramm mit einem Wertebereich von 0 bis 255 ein sehr hohes globales Maximum um den Nullpunkt auf. Dies entspricht einer hohen Anzahl von Pixeln mit einem Grauwert Nahe Null. Die Kurve fällt monoton ab, bis sie im mittleren Grauwertbereich ihr Minimum erreicht. Im zweiten Drittel des Bereiches findet sich erneut ein Maximum. Ein Beispiel-Histogramm ist in Abb. 4.4 gegeben.

Der manuell gewählte Schwellwert lag jeweils mittig zwischen dem Minimum im mittleren Bereich und dem zweiten Maximum. Diese ideale Schwelle als Position im Histogramm ist nicht in jedem Fall zuverlässig für alle Schichten bestimmbar. Das Histogramm variiert u.a. durch eine variable Größe der

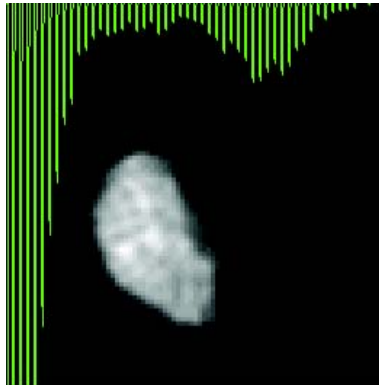


Abbildung 4.4: Beispiel eines Histogrammes

Leberregion. Die Milz wird nur in einigen Datensätzen dargestellt und das Herz beeinflusst ebenfalls die Grauwertverteilung.

Die Betrachtung des Prozentsatzes der Pixel, die zur Leber gehören, gegenüber dem Prozentsatz der Hintergrundpixel, führte zu aufschlussreichen Beobachtungen.

Die Datensätze lassen sich in zwei Kategorien einteilen.

Der ersten Kategorie gehören Datensätze an, bei denen sich die Leber in den oberen z-Schichten als kleine Region darstellt und an die Ventrikel-Region angrenzt. Die Größe wächst etwa linear mit steigender Schichtzahl, bis die Region in den letzten Schichten das größte Volumen erreicht. Parallel dazu steigt der prozentuale Anteil der Pixel, die mit der Leber korrespondieren. So sind es in der ersten Schicht 2 Prozent, in den letzten Schichten 9 Prozent.

Regionengrößen der Datensätze der zweiten Kategorie verhalten sich anders: sie beginnen ebenso mit kleineren Regionen in Nachbarschaft zum Herzen, wobei der Anfangs-Prozentsatz von 3 bis 6 Prozent in verschiedenen Datensätzen stark variabel ist. Die Regionengröße steigt in den ersten drei bis vier Schichten sprunghaft an, dann ist der maximale Regionen-Flächeninhalt erreicht und bleibt bei konstanten 9 Prozent bis zur letzten Schicht.

Diese Ergebnisse führen zu der Implementierung eines speziellen Schwellwert-Verfahrens.

Algorithmus

Durch die Aufteilung der Daten in zwei Kategorien ist eine einheitliche Schwellenwertwahl für jeden Datensatz nicht möglich. Deshalb wird die Schwellenwert-Findung jeweils getrennt behandelt, der übrige Algorithmus ist jedoch identisch.

Zuerst ist es nötig zu wissen, in welchen Schichten die Leber zu segmentieren ist. Dazu wird etwas Nutzer-Interaktion verlangt.

Der Experte bestimmt mit der Maus, welche Schichten das erste und letzte Erscheinen der Leber in der z-Dimension markieren. Dazu klickt er etwa in die Mitte der jeweiligen Leberregion. Mit diesen beiden Punkten kann man zu Lageinformationen in allen anderen Schichten mit Leber-Vorkommen gelangen.

Eine Gerade vom Start- zum Endpunkt wird benutzt, um eine Pixel-Position für jede Schicht bestimmen zu können, an der garantiert ein Leberpixel vorkommt. Etwa mittig gesetzte Nutzer-Punkte vorausgesetzt, garantiert die Anatomie und Physiologie des Organs in der Region gelegene interpolierte Positionen.

Mit dieser Lage-Information werden die Histogramme der interessierenden Schichten berechnet. Sie basieren dabei auf einem 3D-Datensatz, bei dem jede Voxel-Intensität der Summe der vier Intensitäten an dieser Position nach der Karhunen-Loeve-Transformation entspricht. So werden vier Datensätze zu einem zusammengefasst, ohne dass die Gesamt-Information verloren geht. Bei Arbeit mit Histogrammen von Daten, die durch Diffusion verändert wurden, konnte keine Verbesserung der Resultate festgestellt werden, deshalb ist deren Verwendung äquivalent.

Mit Hilfe der Histogramme werden nun die Schwellwerte für jede Schicht berechnet. Dazu wählt der Nutzer entweder die Kategorie des linearen Regionenwachstums der Leber, oder die des sprunghaften Wachstums der Leber. Im ersten Fall wird von einem Anstieg des Prozentsatzes zu segmentierender Pixel von 2 Prozent in der Schicht des ersten Vorkommens auf 9 Prozent in der letzten Schicht ausgegangen. Für dazwischen liegende Schichten werden diese Werte linear interpoliert.

Der Prozentsatz von 9 der zweiten Kategorie ist für alle Schichten konstant, nur die ersten haben variable Abweichungen. Da diese Abweichungen aber schwer anhand des Histogramms zu bestimmen sind, wird zuerst die Schwelle von 9 Prozent für alle Schichten angewandt. Die zu erwartenden Übersegmentierungen in den ersten drei Schichten kann der Nutzer bequem beseitigen, indem er per Mausklick eine geeignetere Schwelle wählt. Die Übersegmentierungen entstehen durch die Nähe des Herzens in den ersten Schichten. Ventrikel-Region-Pixel haben eine ähnlich hohe Intensität wie Pixel, die zur Leber gehören. Streustrahlung und Partialvolumeneffekte erhöhen die Intensität der Pixel zwischen den beiden Regionen. So gibt es insgesamt einen höheren Anteil von Pixeln mit hohen Intensitäten im Bild. Bei einer 9-Prozent-Schwelle werden deshalb auch Randpixel der Leberregion und sogar Teile der Ventrikel-Region segmentiert.

Der Ansatz, ein Histogramm des gesamten 3D-Datensatzes auszuwerten,

muss aus oben genannten Gründen scheitern. Wenn die Leberregion in einer Schicht nur 2 Prozent der Gesamtpixelanzahl ausmacht und in anderen bis zu 9 Prozent, lässt sich kein einheitlicher Schwellwert finden, der die Region in 3D segmentiert. Deshalb verspricht ein 2D-Schwellwert-Verfahren mehr Erfolg.

Ist der Schwellwert für jede Schicht festgelegt, werden alle Datensätze gleich behandelt. Es folgt ein 2D-Region-Growing-Verfahren, das als Startpunkt die zuvor berechneten Leber-Mittelpunkt-Positionen nutzt. Dabei können Löcher in der Leberregion entstehen. Diese spielen aber keine Rolle, weil im nächsten Schritt die Ränder der gefundenen Leberregion gesucht werden. Dazu wird, ausgehend vom berechneten Leber-Punkt, zuerst ein Randpixel gesucht. Von diesem tastet sich der Algorithmus am Rand der Region entlang und findet alle Randpixel.

Ergebnisse und Diskussion

Um die Qualität der Segmentierung zu analysieren, wurden die Ergebnisse mit denen manueller Segmentierung verglichen. Die manuell gezeichneten Konturen wurden gewonnen, indem der Nutzer Punkte an der Regionengrenze mit der Maus markiert. Diese werden zu Linien verbunden und nach Beendigung der Punkteingabe so interpoliert, dass durch zu grobe Punkteingabe entstandene Ecken abgerundet werden und zu große Punktabstände durch Zwischenpunkte ausgeglichen werden. So erhält man für jede Schicht eine Liste von regelmäßig angeordneten Punkten, mit denen sich die halbautomatisch gefundenen Kontur-Pixel vergleichen lassen.

Für jeden Punkt aus der Liste der manuell segmentierten Region wurde das Konturpixel berechnet, das den geringsten Abstand zu dem Punkt hat. Diese Abstände wurden als Qualitätsmaß für die Korrektheit des Ergebnisses herangezogen.

Dieser Test wurde nur für Datensätze der ersten Kategorie durchgeführt. Bei denen der zweiten Kategorie wurde der Test für alle Schichten bis auf die ersten vier durchgeführt. In diesen Schichten sind korrekte Ergebnisse zu erwarten, in den ersten wird Nutzerinteraktion zur Korrektur verlangt.

Die durchschnittliche Abweichung der gefundenen Pixel von der Experten-Kontur beträgt 0,7 Pixel. Dieser Wert kann als akzeptabel angesehen werden, da die Variabilität der Kontur per Nutzereingabe eine ähnliche Fehler-rate aufweist. Dies konnte in einer Analyse zur Nutzer-Variabilität in Kapitel 7.7 nachgewiesen werden. Innerhalb eines Datensatzes gibt es Variationen des Abstandsmaßes. In den ersten Schichten des Lebervorkommens werden durchschnittlich stärkere Abweichungen festgestellt, die maximale durchschnittliche Abweichung beträgt hier 1,5 Pixel.

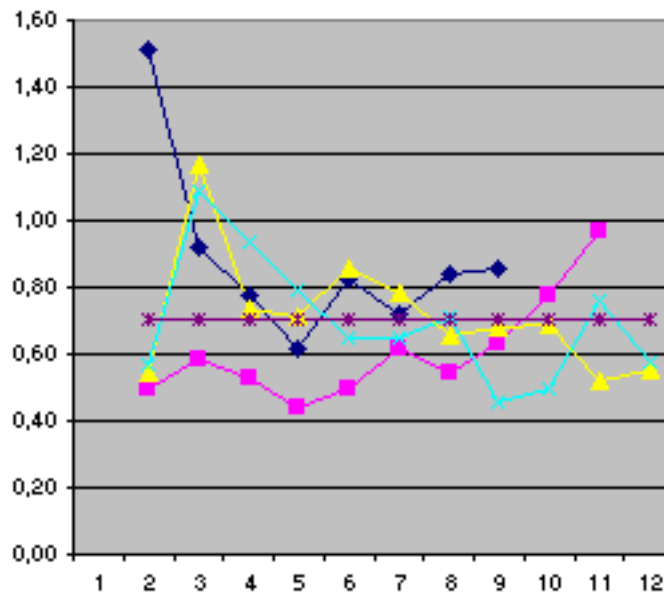


Abbildung 4.5: Abweichung der Leberkonturen verschiedener Datensätze von manuell erstellten Konturen

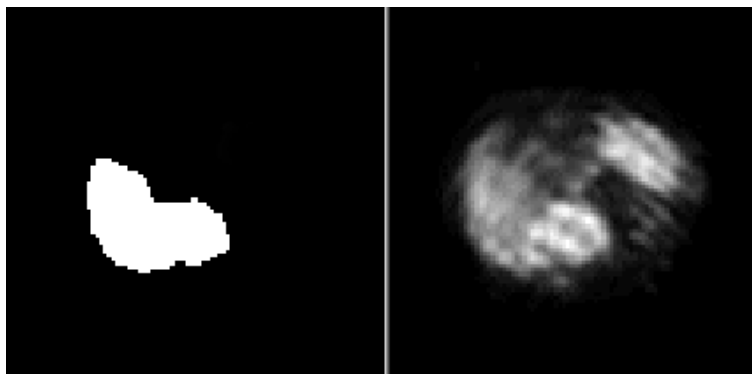


Abbildung 4.6: Beispiel einer gefundenen Leber-Kontur

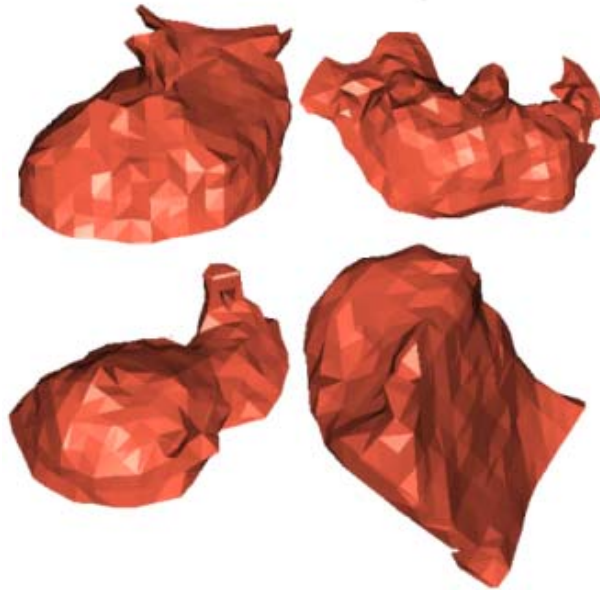


Abbildung 4.7: Beispiele von Oberflächen-Repräsentationen als Ergebnis der Leber-Segmentierung (interaktive 3D-Modelle befinden sich auf der CD)

Dies liegt hauptsächlich an der Nähe zum Ventrikel. Der Streustrahlen-Effekt, der von der Leber ausgeht, bewirkt einen hohen Unschärfe-Grad. Die Trennung der Grauwerte zwischen den Organen ist nicht immer möglich. Hier spielt auch der PVE eine Rolle. Zusätzlich erschwert die kleine Regionengröße mit einer geringen Pixelzahl pro Region die manuelle Kontureingabe, was einen Unsicherheitsfaktor in der Qualitätsanalyse bedeutet.

Starkes Rauschen beeinträchtigt ebenso die Ergebnisse. Der Prozentsatz der Pixel mit hoher Intensität wird damit verfälscht, die Folge ist eine Untersegmentierung.

Problematisch ist auch das Vorhandensein bzw. Fehlen der Milz in der Darstellung. Diese hat ein ähnlich starkes Resorptionsvermögen für das Radiopharmakon und beeinträchtigt die erwartete Intensitätsverteilung im Histogramm.

Die Segmentierungsergebnisse sind stabil und reproduzierbar. Die Nutzereingaben zur Lage der Leber können innerhalb der Region stark voneinander abweichen, solange sie nicht zu weit am Rand der Region liegen. Erforderlich jedoch ist die korrekte Klassifizierung des Datensatzes in erste oder zweite Kategorie, da damit entweder ein linear ansteigender oder ein konstanter Schwellwert gewählt wird.

Zusammenfassend kann man sagen, dass dieses auf dSPECT-Datensätze spe-

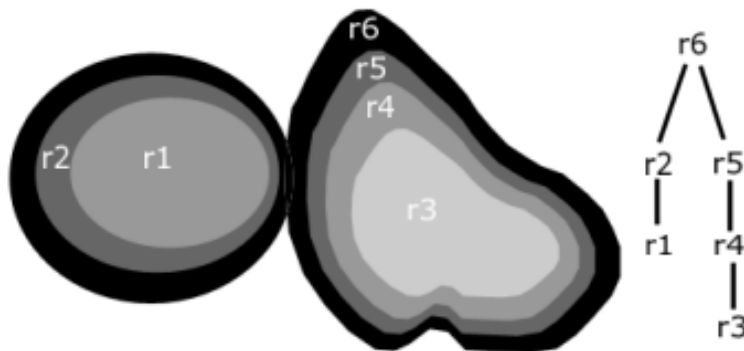


Abbildung 4.8: Beispiel einer Isolable-Karte

zialisierte Schwellwertverfahren robuste Ergebnisse liefert, die sich auch nachträglich vom Nutzer verändern lassen. Schwächen liegen in der korrekten Segmentierung bei starkem Rauschen und in Schichten, in denen die Leberregion direkt mit dem Herzen benachbart ist. Kann man die Positionierung der Leber im Datensatz als gegeben voraussetzen, lässt sich das Verfahren zu einem Vollautomatischem modifizieren.

4.2.2 Ausblick: Isolabel-Contour Maps

Besonders wegen der Problematik der gestörten Kontur-Information an den Leberregion-Grenzen soll zusätzlich das von Shiffman et al. ([SRN00]) vorgestellte Verfahren besprochen werden.

ISeg-Algorithmus

Isolabel-Kontur-Karten wurden erfolgreich auf CT-Angiographie-Bildern angewandt. Dicht beieinander liegende Objekte sind häufig, wie auch in dSPECT-Bildern, durch Partialvolumeneffekte, Scattering etc. schwer voneinander abzugrenzen. Die vorgestellte 2D-Methode „ISeg“ (Intrinsic Shape for Segmentation) analysiert Isolabel-Kontur-Karten, um kohärente Regionen zu finden, die zu wichtigen Objekten im Bild gehören. Die Karten werden durch Multi-Level-Schwellwertverfahren gewonnen. Auch [SRN00] verwenden die Diffusions-Technik in einem Vorverarbeitungsschritt, um kohärentere Regionen im Bild zu erhalten.

Kantenfindung findet nun statt, indem die Form benachbarter Isolabel-Konturen verglichen wird. Solche, die dasselbe Objekt umgrenzen, haben eine sehr ähnliche Form; ihre Größe und Position kann variieren. Die Variationen sind

abhängig vom Partialvolumeneffekt, Scatter etc. Die zur Isolabel-Kontur gehörenden Voxel können also im Idealfall eindeutig einem Objekt zugeordnet werden, da jedes Voxel genau einer Isolabel-Kontur angehören kann.

Baumstrukturen erfassen die Hierarchien der Isolabel-Konturen. Konturen, die keine weitere Kontur umschließen, sind die Blätter des Baumes. Zwei Konturen werden als Eltern und Kind eingefügt, wenn sie eine ähnliche Form haben und einem Distanzmaß-Parameter genügen, d.h. nicht zu weit voneinander entfernt liegen. Die Eltern-Kontur umschließt dabei die Kind-Kontur. Partitioniert man das Bild mit Hilfe von mehreren Intensitäts-Schwellen, fallen die durchschnittlichen Intensitäten der von Isolabel-Konturen umschlossenen Voxel monoton nach außen ab, wenn das zu findende Objekt eine hohe Intensität hat. Alle ein Objekt umschließenden Konturen dehnen sich in eine bestimmte Richtung aus.

ISeg erarbeitet nun die hierarchische Repräsentation der Kontur mit einer bottom-up-Strategie. Zusammengefasst werden für alle Konturen, die noch nicht besucht wurden und zu dem aktuellen Label i der Iteration gehören, iterativ Unterstrukturen generiert. Für jeden existierenden Pfad wird die Kontur gesucht, die mit dem Label $i+1$ assoziiert wird. Diese Kontur wird mit der i -Label-Kontur mit Hilfe ihrer Approximation durch Splines und anschließender Elastic-Matching-Strategie ([ACH⁺91],[FS98]) verglichen. Erfüllen sie die Vergleichskriterien, können sie zu einer Kontur zusammengefasst werden, da Label-Kontur i und Label-Kontur $i+1$ dasselbe Objekt umgrenzen.

Der Algorithmus resultiert in der Segmentierung des Bildes in die gewünschten Objekte, die vorher vom Nutzer per Mausclick ausgewählt wurden.

Diskussion

ISeg ist erfolgreich, wenn die vom Nutzer angegebene Intensität der gesuchten Region innerhalb von ± 5 Prozent der tatsächlichen Intensität liegt. Das Verfahren ist robust gegenüber Rauschen durch die Verwendung von Splines zum Form-Vergleich. Es werden Regionen gefunden, die sowohl ein globales Intensitäts-Maximum haben, als auch solche mit mehreren Maxima, solange diese nicht zu weit voneinander abweichen. Das Ergebnis weicht nicht weiter von handsegmentierten Regionen ab, als die Variabilität handsegmentierter Ergebnisse ohnehin zulässt.

Die Methode wurde nur an ACT-Datensätzen getestet und daraufhin optimiert. So wird davon ausgegangen, dass es eine Intensitätsschwelle gibt, die benachbarte Regionen voneinander abgrenzt. Dies ist umso wahrscheinlicher, je weniger Rauschen und PVE-Effekte vorkommen. Ein gewisser Kontrast muss also vorausgesetzt werden. Zusätzlich muss die zu findende Region eine Mindestgröße von ca. 50 Pixeln aufweisen. Kleinere Regionen haben unre-

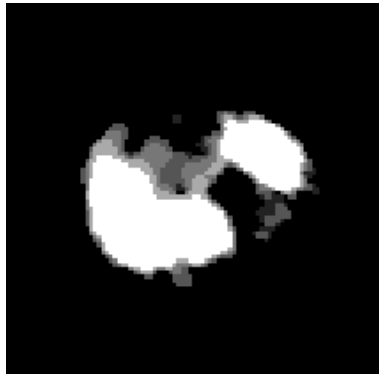


Abbildung 4.9: Ergebnis nach einem Multi-Level-Schwelwertverfahren

gelmäßigere Partialvolumeneffekte an ihren Grenzen. Isolabel-Konturen, die das Objekt einschließen, haben mit hoher Wahrscheinlichkeit eine Form, die nicht mehr die Form des Objektes repräsentiert. Mit zunehmender Objektgröße sinkt die Wahrscheinlichkeit dieser Fehlerquelle.

Erste Test-Schritte der Anwendung des Verfahrens zur Lebersegmentierung versprechen Erfolg - die Voraussetzungen für die Methode werden erfüllt. In den im vorherigen Abschnitt besprochenen problematischen Schichten finden sich Leberregion und angrenzende Herzregion, die durch einen Intensitätsschwellwert voneinander zu trennen sind. Streustrahlung und PVE bewirken die erwarteten Isolabel-Konturen, die die Leberregion umschließen. Äußere umschließende Konturen repräsentieren die Form der Leberregion, sie übertrefft also die notwendige Mindestgröße. Auch mehrere lokale Maxima eines Leberregionen-Histogrammes stellen kein Hindernis dar, da diese nicht zu weit auseinander liegen. Dies haben die Ergebnisse des einfachen Schwelwertverfahrens gezeigt.

Eine Erweiterung des 2-dimensionalen ISeg-Algorithmus auf die dritte Dimension ist denkbar. Es würden dann keine Isolabel-Kontur-Karten verwendet werden, sondern Volumen. Ein Problem könnte der Oberflächenvergleich sein.

4.3 Lebersegmentierung - Zusammenfassung

Es wurden drei verschiedene Ansätze zur Lebersegmentierung betrachtet, wobei zwei als größtenteils erfolgreich eingestuft werden können, und dies für den dritten Ansatz in Aussicht gestellt werden kann. Alle Verfahren arbeiten bottom-up. Sie bringen keinerlei Modellwissen zur Anatomie von außen ein.

Da hier funktionale Daten segmentiert werden, entspricht das Ergebnis nicht der Anatomie der Leber, sondern deren Funktion. Bei veränderter Funktion desselben Organs sind veränderte Ergebnisse zu erwarten.

Die Nützlichkeit der Segmentierung besteht darin, genau die mit der Leber korrespondierenden Pixel bestimmen zu können. Derzeitige Forschungsansätze bemühen sich, die von der Leber ausgehende Streustrahlung genau bestimmen zu können, um sie herauszurechnen. Dazu ist die Kenntnis der Leberregion Voraussetzung.

Kapitel 5

Verwandte Arbeiten zur Ventrikel-Segmentierung

Da man sich in der medizinischen Bildverarbeitung schon recht lange Problemstellungen der Kardiologie widmet, wurden für verschiedene bildgebende Verfahren Segmentierungsansätze aus mehreren Verfahrensklassen entwickelt. Dieses Kapitel soll nicht nur dazu dienen, einen Überblick über Ansätze der verschiedenen Verfahrensklassen zu geben, sondern auch gleichzeitig deren Verwendbarkeit für dSPECT-Daten mit ihren spezifischen Eigenschaften zu überprüfen. Diese Eigenschaften wurden im Einführungskapitel besprochen. Der Anspruch liegt nicht in der Auflistung aller Lösungsansätze, sondern in der Analyse relevanter, repräsentativer Verfahren.

Das Klassifizierungs-Kriterium der untersuchten Verfahren ist hierbei deren Anwendung bzw. Nicht-Anwendung von Form-Modellen, um den Unterschied ihrer Verwendbarkeit für dSPECT-Daten klarer herauszuarbeiten.

5.1 Verfahren ohne Form-Modelle

Die Bezeichnung dieser Verfahrensklasse soll verdeutlichen, dass die hier vorgestellten Methoden vorrangig pixelbasiert arbeiten und auf der Auswertung lokaler Grauwertinformation basieren. Komplexe Methoden schließen aber die Verwendung von globaler Information und a-priori-Wissen nicht aus, deshalb ist eine exakte Trennung der Klassen problematisch.

5.1.1 Schwellwertverfahren

Eine einfache, grauwertbasierte Methode zur Unterscheidung von Bilddaten in Objekt(e) und Hintergrund ist die Benutzung von Schwellwerten, die

die Grauwerte der gesuchten Region von den Grauwerten des Hintergrundes trennen. Der kritische Punkt liegt hierbei in der Bestimmung der optimalen Schwellen. Dies kann sowohl manuell durch Nutzereingaben, als auch automatisch erfolgen.

So werten [WSC97] globale Grauwert-Histogramme aus, um einen Initial-Schwellwert zur Ventrikel-Detektion in MRT- und CT-Daten zu ermitteln. Die Initialisierung wird durch zwei Lernprozesse noch verbessert. Zum einen werden manuelle Schwellwerte in Trainings-Datensätzen festgelegt und zum anderen wird die Initial-Schwelle dynamisch verfeinert, indem Wahrscheinlichkeits-Maße für die Ventrikel-Region und ein vorgestelltes „Glocken-Intensitäts-Modell“ verwendet werden.

In [Hig95] werden die Parameter für den Schwellwert und den tolerierbaren Objektdurchmesser für den LV manuell gesetzt. In jeder zweiten Schicht gibt der Nutzer manuell die Trennung zwischen LV, Aorta und linker Herzkammer an. Das anschließende grauwert-basierte Verfahren besteht aus mehreren Schritten. Zuerst werden die vom Nutzer angegebenen Separierungs-Punkte in den anderen Schichten vervollständigt. Dann verbessert die Anwendung des nichtlinearen Maximum-Homogenitäts-Filters die Kanten der LV-Region, um danach das Bild durch ein Schwellwertverfahren in ein Binärbild zu überführen. Die damit gefundene Region wird mit Hilfe von morphologischer 3D-Erosion und 3-Dilation verbessert. Das Verfahren wurde an CT-Daten getestet.

Bei [ME89] werden die SPECT-Daten, die zur Volumensegmentierung des LV verwendet werden, zuerst durch ein Schwellwertverfahren aufbereitet. Dabei dienen Datenstatistiken dazu, Rauschen zu eliminieren, das als poissonverteilt angenommen wird. Das kumulative Grauwert-Histogramm der Volumendaten wird zuerst Tiefpass-gefiltert und dann an eine fallende Exponentialfunktion angepasst. Die optimale Schwelle für das Herausfiltern des Rauschens liegt dort, wo sich der Intensitätswert des Histogramms dem Anstieg $m=0$ der Exponentialfunktion nähert. Die eigentliche LV-Segmentierung wird dann mittels morphologischer Operationen und einer Connected-Component-Labeling-Technik durchgeführt.

In den vorgestellten Arbeiten wird die Tendenz zu hybriden Techniken deutlich. Das eigentliche Schwellwertverfahren steht entweder am Ende einer Kette von Analyse- und Berechnungsschritten, oder dient selbst als Vorverarbeitungsschritt.

5.1.2 Zusammenfassung: Verfahren ohne Form-Modelle für dSPECT

Schwellwertverfahren allein sind also keineswegs ausreichend, um zuverlässige Resultate zu erbringen, denn Eigenschaften der Daten wie Rauschen und non-uniforme Regionen trennen meist nicht Objekt und Hintergrund signifikant voneinander. So sind die in [WSC97] erzielten Resultate nicht sehr akkurat und eher als eine erste Näherung an die realen Ventrikel-Konturen zu verstehen. Hinsichtlich der Anwendung auf dSPECT hat diese Methode nur geringe Aussichten auf Erfolg, da von einer bedeutend schlechteren Datenqualität ausgegangen werden muss als in den verwendeten MRT- und CT-Datensätzen. Gegen die Verwendung des in [Hig95] vorgestellten Verfahrens spricht der hohe interaktive Aufwand, der vom Nutzer gefordert wird.

Allgemein sind reine bottom-up-Ansätze wenig geeignet für die Segmentierung des LV in dSPECT. In diesen Verfahren wird davon ausgegangen, dass alle benötigten Informationen zur erfolgreichen Segmentierung in den Bilddaten vorhanden sind. Die Betrachtungen zur dSPECT-Bildgebung haben aber gezeigt, dass aus rein funktionellen Daten nicht ohne zusätzliches Wissen auf die Anatomie der dargestellten Organe geschlossen werden kann.

5.2 Verfahren mit Form-Modellen

Sogenannte verformbare Modelle wurden in der Mitte der 80-er Jahre zuerst für Anwendungen in den Bereichen Computer Vision und Computergrafik vorgeschlagen ([TWK88, TF88]). Ihr großes Potential, Strukturen in Bildern durch die Kombination von bottom-up-Bedingungen und a-priori-Wissen über Größe, Form und Lage dieser Strukturen zu erkennen, führte zu einer Vielzahl von Weiterentwicklungen und Spezialisierungen. Für die medizinische Bildanalyse sind diese Modelle besonders interessant, da sie mit variablen Zielstrukturen, die durch verschiedene Bildaufnahme-Modelle und die individuelle Anatomie und Pathologie der Organe der Patienten entstehen, umgehen können.

In der Literatur finden sich Form-Modelle verschiedener Klassen: klassische Modelle (Snakes), implizite Modelle, volumetrische Modelle und erweiterte Modelle, die auf Wahrscheinlichkeits-Berechnungen basieren. In jeder dieser Klassen finden sich Ansätze, die zur Ventrikelsegmentierung in Daten verschiedener bildgebender Verfahren angewandt wurden. Die Klassen werden anhand von Beispielen erläutert und deren Anwendbarkeit zur LV-Segmentierung in dSPECT überprüft.

5.2.1 Klassische Snakes

Die am weitesten verbreitete Klasse ist die der Snakes. Unter klassischen Snakes versteht man planare, verformbare Konturen, die oft benutzt werden, um die Position und die Form von Objekt-Grenzen zu approximieren. Dabei wird angenommen, dass die Grenzen stückweise stetig oder glatt sind. Die Konturen dieses Modells bzw. dessen Oberfläche in 3D verformen sich während des Objektfindungs-Prozesses so, dass ein Zustand minimaler lokaler Energie erreicht wird. Die Energie eines Snake-Modells wird wie folgt ausgedrückt [NtHRV98]:

$$E(C) = \int_0^1 (E_{int} + E_{im} + E_{user}) ds, s \in [0, 1] \quad (5.1)$$

Dabei setzt sich die interne Energie E_{int} aus einem Elastizitäts-Term und einem Steifheits-Term zusammen, E_{im} ist der Energie-Term, der die Kontur zu den Objektgrenzen hin verformt (z.B. zu Positionen hoher Gradientenbeiträge), und E_{user} besteht aus spezifischen Bedingungen wie a priori-Wissen und Initialisierungsparametern. Die Energie-Gleichung wird lokal minimiert, indem die Lagrange-Gleichung von 5.1 gelöst wird.

2D-Modelle

Beispiele für die Verwendung 2-dimensionaler Modelle, die Snakes in der medizinischen Bildanalyse benutzen, sind in [TWK88], [Coh91] und [Ber99] beschrieben. Es existieren jedoch viele weitere Ansätze. Eine Zusammenstellung dieser ist in [MT96] zu finden.

Ein aktueller Ansatz zur Segmentierung des linken Ventrikels aus Sonographie-Bildern wurde von [JNB⁺02] vorgestellt. Es wurde eine halbautomatische Methode entwickelt, die die Bewegung von Epikard und Endokard während des Herzzyklus verfolgt. Dafür wurde der Ansatz der dynamischen Snakes benutzt, die sich durch eine zusätzliche Zeitkomponente verändern. Er ist interessant für die Anwendung für 3D-dSPECT, da er als 2D-plus-Zeit-Ansatz leicht auf einen 3D-Ansatz verändert werden kann. Als Erweiterung der klassischen Snakes bezieht dieser Ansatz auch a priori-Wissen über die Verformung des Ventrikels mit in den Segmentierungs-Prozess ein.

Es wird eine Kalman-Filter-Technik verwendet, die Merkmale aus dem Bild und das Modell miteinander verknüpft ([JNMPB99]). Die Merkmale aus dem Bild werden durch einen Detektor gewonnen, für den variable Gradientenbeiträge entlang der zu findenden Kontur problemlos sind ([MPN00]).

Das Kontur-Modell hat eine Form-Komponente und eine Zeit-Komponente. Das Endokard wird durch eine parametrische B-Spline-Kurve repräsentiert,

die durch 24 Kontrollpunkte definiert wird. Zu jedem Zeitpunkt kann die Kurve durch

$$Q = Q_0 + WX \quad (5.2)$$

beschrieben werden. Q ist der Vektor der aktuellen Kontrollpunkt-Koordinaten, Q_0 ist die Startposition der Kontur, W ist die Matrix, die die zulässigen Formen für die Kontur bestimmt und X ist der Vektor, der die aktuelle Form angibt. Matrix W erhält man, indem in Trainings-Datensätzen Konturen manuell eingezeichnet und als Splines interpoliert werden. Die sechs wichtigsten Merkmale einer Hauptkomponenten-Analyse dieser Konturen repräsentieren über 95 Prozent der Variationen der Ventrikel-Form und werden in W festgehalten.

Das Epikard wird gefunden, indem von dem gefundenen Endokard ausgegangen wird. Ein Abstandsmaß, ausgedrückt durch eine Unterschiedlichkeitsmatrix Q_{diff} , die aus den Test-Datensätzen gewonnen wurde, bestimmt die zu erwartende Form des Epikards. Ausgehend vom Endokard, werden Epikard-Positionen entlang der Normalen der Kontur gefunden, indem ein neuer wavelet-basierter Merkmals-Detektor AWF zum Einsatz kommt. Dieser führt Wavelet-Dekompositionen auf einer Folge von Intensitäts-Profilen aus ([JNB⁺02]).

Die Überlegenheit dieses Ansatzes gegenüber einfachen klassischen Snake-Ansätzen zeigt sich in der Stabilität und Robustheit der Ergebnisse, da a priori-Wissen durch die Auswertung von Test-Datensätzen integriert wurde. Damit ist das Verfahren unempfindlicher gegenüber Rauschen, welches stark präsent in Ultraschall-Bildern ist, variierender Bildqualität und Deplatziierung der Initial-Kontur. Dies sind die Nachteile klassischer Snakes.

Es gibt eine Reihe anderer 2D-Verfahren, die sich mit der Segmentierung des LV beschäftigen. Chalana et al. ([CLHK96]) arbeiten ebenfalls mit Ultraschall-Bildern, machen aber den Grad der Verformung der Konturen allein von lokaler Gradienten-Information abhängig. Verformbare Templates nehmen sich dieses Problems an ([AGP91],[LYO⁺90],[YH92]), Ergebnisse werden aber nur in relativ hoch-qualitativen Bilddaten wie MR und CT präsentiert. Dasselbe gilt für Ansätze, die den optischen Fluss integrieren ([FA89],[Gia98],[MBBP87]). Unempfindlich gegenüber Rauschen sind dagegen Verfahren mit Markov-Random-Field-basierten Methoden ([FA89],[HNG92],[AP95],[RBF⁺97],[BBGB98]). Sie sind aber auch sehr rechenaufwändig.

Auch Wolf et al. präsentieren sehr überzeugende Ergebnisse in [WHS⁺02]. Sie stellen eine 2D-Methode (ROPES - restricted optimal path exploring segmentation) vor, die nur minimale Interaktion vom Nutzer verlangt. Ein einziger Punkt muss angegeben werden und das LV wird automatisch in

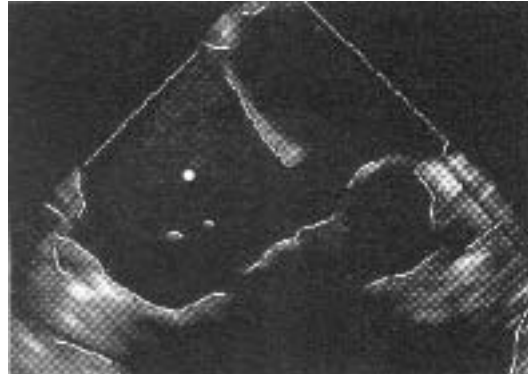


Abbildung 5.1: Initial gefundene Linien-Fragmente im ROPES-Verfahren

stark gestörten Ultraschall-Bildern segmentiert. Zuerst werden, ausgehend von einem vom Nutzer gesetzten Mittelpunkt des Ventrikels, Strahlen radial ausgesandt, entlang derer nach Kontur-Kandidaten-Punkten gesucht wird. Diese müssen ein Multiskalen-Kanten-Kriterium erfüllen. Von diesen Kandidaten ausgehend, werden zuerst Kandidaten-Punkte zu Linien-Segmenten verbunden, indem eine Kostenfunktion minimiert wird, bei der ein lokaler optimaler Pfad gesucht wird. Diese Linien-Segmente können, müssen aber nicht, zur Kontur gehören. Mit Hilfe einer weiteren Energiefunktion wird die Untermenge der Segmente ausgewählt, mit denen eine optimale, geschlossene Kontur erzeugt werden kann. Regionenbasierte Informationen, wie die lokale Myokard-Dicke und die Sichtbarkeit der Kandidaten-Punkte vom Mittelpunkt aus, werden dabei integriert.

Die ROPES-Methode ist nur angelehnt an die Idee der aktiven Konturen, da sie ebenfalls Energiefunktionen benutzt. Snakes aber verformen sich auf stetige Art und Weise und können deshalb in lokalen Strukturen „hängenbleiben“, die noch nicht die Objekt-Grenze darstellen. In ROPES dagegen werden mehrere Kandidaten-Punkte für die verschiedenen Such-Richtungen zugelassen und jeweils der beste, oder gar keiner, wird ausgewählt.

Auf dem Gebiet der 2D-Ansätze für stark verrauschte Daten sind der vorgestellte dynamische Konturverfolgungs-Ansatz und die ROPES-Methode anderen Methoden überlegen, da sie in Echtzeit auszuführen sind und robuste Ergebnisse liefern.

Diskussion: 2D-Modelle für dSPECT

Ursprünglich wurden Snakes als interaktive Modelle entwickelt. Für dSPECT wird eine möglichst automatisierte Methode gesucht, um das LV in 3D zu

segmentieren. Reine 2D-Ansätze können hier nicht zur Anwendung kommen, da so nur begrenzt Wissen über die Form des LV eingebracht werden kann. Es wird auch immer nur die aktuelle Schicht eines Datensatzes betrachtet, die Ergebnisse benachbarter Schichten haben keinen Einfluss. So können inkonsistente 3D-Modelle entstehen, wenn eine oder mehrere Schichten falsch segmentiert wurden. 2D-plus-Zeit-Ansätze können zu 3D-Ansätzen modifiziert werden, wenn man die Zeit-Dimension als räumliche, dritte Dimension auffasst. Das Verfahren mit den meisten Vorzügen gegenüber anderen wurde als dynamischer Konturverfolgungs-Ansatz vorgestellt, der a priori-Wissen von Test-Datensätzen einbringt ([JNB⁺02]). Gegen seine Verwendung für dSPECT spricht die Schwierigkeit des Einbringens der möglichen Form-Variationen. Für das Ultraschall-Verfahren wird für eine Position im Ventrikel dessen Verformung während des Herzzyklus betrachtet. Diese Variationen sind erheblich geringer als die Form-Variationen verschiedener Schnittbilder durch den Ventrikel. Theoretisch sind damit auch Kontur-Formen möglich, die nicht den Ventrikel korrekt segmentieren, sondern auch durch benachbarte Strukturen beeinflusst werden können.

Der ROPES-Ansatz ist dagegen fähig, mit variierenden Konturformen umzugehen, allerdings benutzt er diesbezüglich auch keine Einschränkungen. Der 2D-Ansatz wurde auch erfolgreich für die 4D-Segmentierung angewandt, indem Ergebnisse aus benachbarten Schichten als Startpunkt für die aktuelle Schicht benutzt werden. Es können dadurch aber trotzdem leicht räumliche oder zeitliche Inkonsistenzen auftreten, da das Endergebnis nicht auf Plausibilität überprüft wird.

3D-Modelle

Werden 2D-Bilder in 3D-Datensätzen segmentiert, ist immer ein Nachverarbeitungsschritt nötig, um die Konturen zu 3D-Oberflächen zu verbinden. Balloon-Modelle ([MBL⁺91]) wurden entwickelt, um in sich konsistente 2D- und 3D-Modelle zu erzeugen, die ein Objekt in einem Datensatz approximieren. In 3D wird dazu eine Kugel polygonal approximiert und solange verformt, bis 3D-Strukturen in CT-Daten ausreichend genau gefunden werden. Dies geschieht mit Hilfe einer zu minimierenden Kostenfunktion für jeden Polygon-Punkt, die aus drei Termen besteht: dem Deformations-Potential, einem Bild-Merkmal-Term und einem Term, der für eine korrekte Topologie des Modelles sorgt.

Andere Modelle ([CCA92, CC93, MT95]) benutzen Finite-Element-Methoden, um elastische Zylinder und Kugeln zu verformen. Diese werden für die Segmentierung des LV in CT und MRT benutzt. Die Oberflächen werden durch sogenannte „thin-plate under tension Splines“ repräsentiert. Diese Methoden

arbeiten schneller, sind robuster und gewährleisten kohärentere Oberflächen des Objektes im Vergleich zu 2D-Methoden.

Mit der Einführung dreidimensionaler Modelle stellt sich die Frage nach Alternativen der Repräsentation der Oberflächen-Modelle. Oft werden algebraische Oberflächen 2. Grades, wie Ellipsen und Ellipsoide, benutzt. Z.B. wurden sie in [BVBP87] verwendet, um das Herz zu modellieren. Diese parametrischen Oberflächen sind allerdings sehr eingeschränkt in ihrer Variabilität. Oberflächen höheren Grades werden durch implizite Repräsentationen ausgedrückt [KSC92]. Solche impliziten Oberflächen sind beispielsweise Superquadriken, die in den folgenden Kapiteln eine große Rolle spielen werden. Sie können Formen von Ellipsoiden bis Parallelepipeden repräsentieren. Damit ist auch ihre Variabilität stark auf einfache Oberflächen begrenzt, die achsen-symmetrisch sind. Jedoch können sie mit Hilfe von z.B. Spline-Modellen verformt werden.

Eine weitere Form der Repräsentation von 3D-Oberflächen sind Wavelets und „spherical harmonics“. In [SD96] finden sich detaillierte Beispiele.

[SD96] stellen eine Fourier-Repräsentation vor, die in Kombination mit a priori-Wissen über die zu erwartende Objektform eine sehr flexible Methode bietet, um gut mit gestörten Kantenverläufen und Rauschen umzugehen. Dazu wird die Oberfläche in eine gewichtete Summe von Basis-Funktionen zerlegt. Das Modell nutzt dann die Gradienten-Information aus den Bildern, um die Oberfläche an die Daten anzupassen. Fourier-Oberflächen können eine sehr große Bandbreite an glatten Oberflächen-Formen repräsentieren und sind daher fast universell einsetzbar.

Einfache 3D-Meshes als explizite Oberfläche werden ebenfalls oft verwendet ([GBR⁺02]).

Eine letzte Methode ist die des selbst-organisierenden Partikelsystems [STT93]. Flache, orientierte Partikel interagieren dabei mit externen und internen Kräften und rekonstruieren komplexe Formen, indem sie über die Daten „fließen“. Die endgültigen Positionen der Partikel werden durch Triangulierung in ein 3D-Modell konvertiert.

Diskussion: 3D-Modelle für dSPECT

3D-Modelle sind sehr gut für die Segmentierung des LV in dSPECT geeignet, da ein konsistentes 3D-Ergebnis erreicht werden kann. Die Probleme nicht vollständiger Kanteninformationen und starkem Rauschens können so umgangen werden. Voraussetzungen für ein erfolgreiches 3D-Segmentierungsverfahren sind:

- eine Oberflächen-Repräsentation, die die elliptisch-zylindrische Form des LV möglichst genau, aber auch möglichst glatt approximieren kann,

- eine einfache Beschreibung des Modells mit wenig Parametern, die die Form des kompletten Modelles beschreiben,
- ein Minimierungs-Verfahren, das mit teilweise fehlender und variabler Kanteninformation bei unterschiedlich starken Kanten im Konturverlauf von Epikard und Endokard umgehen kann,
- ein Modell, mit dem möglichst mehrere Objekte mit derselben Transformation verformt werden können, da es sehr viel mehr zuverlässige Epikard-Information als Endokard-Information gibt und
- wenig Interaktions-Aufwand.

Partikel-Systeme bzw. ihre endgültige Repräsentation als Mesh haben einen hohen Speicheraufwand, da jeder Polygonpunkt einzeln abgespeichert werden muss. Je genauer die Oberfläche beschrieben wird und je mehr Punkte im Mesh verwendet werden, desto größer ist der Speicheraufwand. Oberflächen 2. Grades können Objekte nur grob approximieren. Besonders sind also Fourier-Oberflächen und Superquadriken, sofern sie weiter verformt werden, zur Oberflächen-Repräsentation geeignet. Erstere sind den Superquadriken aber weit unterlegen, wenn es um die Effizienz der Speicherung und die simultane Verformung mehrerer Objekte geht. Dies wird in Kapitel 6 eingehend beschrieben.

5.2.2 Implizite Snakes

Implizite Formulierungen von Snakes wurden zuerst von [CCCD93] und [MSV95] vorgestellt. Im Gegensatz zur expliziten Parameterisierung der Kontur wird diese als das Null-Level einer höher-dimensionalen, eingebetteten Funktion definiert. Die implizite Formulierung hat die Vorteile, dass sie für beliebige Dimensionen angewandt und einfach für ein diskretes Gitter implementiert werden kann. Im Gegensatz zu klassischen Ansätzen gibt es aber keinen Energie-Term, der minimiert werden kann. Die Evolution des Zero-Level-Sets wird nur an idealen Kanten stoppen. Deshalb sind zusätzliche Abbruch-Terme nötig. Das Verfahren ist außerdem von der Initialisierung und einer gleichmäßigen Qualität der Kanten des gesuchten Objektes abhängig.

Erweiterte implizite Snakes

In [NtHRV98] wird die implizite Formulierung zu einem geodesischen Modell erweitert. Dabei wird die Deformation eines Level-Sets als Gradientenfluss zu einem Zustand minimaler Energie aufgefasst. Die Abhängigkeit von Abbruch-Kriterien ist damit beseitigt. Der Ansatz wurde an MR-Herz-Daten und synthetischen Test-Daten erprobt.

Auch [JKK⁺97] kombinieren die Vorteile klassischer Energie-Terme und geometrischer Kurven-Evolutions-Modelle. Basierend auf Bild-abhängigen Riemann-Metriken und dem assoziierten Gradientenfluss für das aktive-Kontur-Modell wurde anhand von 3D-Segmentierungen in Knochen-CT-Daten, Brust-Ultraschall-Bildern und des LV in MR-Daten der Erfolg des Modelles bewiesen.

Volumetrische Modelle

Die bisher betrachteten Ansätze zur Ventrikel-Segmentierung hatten eines gemeinsam: Epikard und Endokard wurden getrennt gesucht. Teilweise wurde auch von einer der beiden Konturen ausgehend die Position der anderen Kontur geschätzt und dann dort gesucht. Man kann das Problem aber auch aus einer anderen Sichtweise betrachten. Anstelle der Suche der Pixel oder Voxel, die zu einer Kontur gehören, kann auch nach den Pixeln oder Voxeln gesucht werden, die das Myokard, also das gesuchte Objekt, formen. Alle anderen Pixel bzw. Voxel gehören dann zum Hintergrund. Als ein relativ aktuelles Beispiel soll das Verfahren nach [DBA⁺97] gelten.

Diskussion: Implizite Snakes für dSPECT

Die Vorteile impliziter Snakes liegen darin, dass sich ihre Topologie an die Objekte der Szene anpasst. Das bedeutet, dass die Anzahl der zu findenden Objekte nicht vorher spezifiziert werden muss.

Erweiterungen des Ansatzes können so gestaltet werden, dass sie ohne ad hoc-Parameter auskommen [NtHRV98], [JKK⁺97]. Während die Methode von [NtHRV98] sehr anfällig für Rauschen ist, konnte [JKK⁺97] die Robustheit gegenüber Störungen wie Rauschen und variabler Initialisierung nachweisen. Mehrere Start-Konturen verschmelzen automatisch miteinander, wenn sie sich während des Verformungs-Prozesses berühren.

Die eingeführte geometrische Bedingung der zeitlichen Konsistenz der Kontur-Form in der Arbeit von [DBA⁺97] führt zu einer hohen Toleranz gegenüber dem in SPECT üblichen starken Rauschen und dem PVE's. Ähnliche Bedingungen liegen auch in dSPECT vor. Allerdings wurde gezeigt, dass der Ansatz nur dann die anatomische Form des Myokards erkennt, wenn die Region relativ homogen ist, der Großteil des Myokards also vital ist und das Radiopharmakon aufgenommen hat. In diesem Fall ist die Methode auch für die LV-Segmentierung in dSPECT geeignet. Für letale Myokard-Regionen ist aber ein Segmentierungsergebnis entsprechend der gefundenen vitalen Myokard-Region zu erwarten.

Hier zeigt sich wieder ein großer Nachteil aller impliziten Modelle. Es wird nur beschränktes a priori-Wissen von außen mit in den Segmentierungsprozess

eingebraucht. Durch die sich topologisch stark anpassende Kontur kann deren Verformung nur durch die klassischen Energie-Terme eingeschränkt werden. Für die Segmentierung von dSPECT-Daten sind implizite Modelle deshalb ungeeignet.

5.2.3 Wahrscheinlichkeitsbasierte Modelle

Diese Klasse von Modellen hat einen großen Vorteil gegenüber den bisher betrachteten Modellen. Es kann nicht nur Wissen über die erwartete Form, die Position und die Intensität des gesuchten Objektes eingebracht werden, sondern auch Wissen über mögliche Variationen des Objektes. Die zwei am häufigsten gebrauchten Klassen von wahrscheinlichkeitsbasierten Modellen sind dabei „active shape models“ und „active appearance models“ . Obwohl sie (noch) nicht zur Verwendung für dSPECT-Analysen benutzt werden können, sind sie potentiell sehr nützlich. Dazu wird auf “Diskussion: Active Shape Models für dSPECT,” in 5.2.3 verwiesen. Einige Ansätze ließen sich nur schwer in diese beiden Verfahrensklassen einordnen, eine Auswahl findet sich im letzten Abschnitt von 5.2.3.

Active Shape Models (ASM)

Die sogenannten active shape models wurden erstmals von Cootes et al. 1995 vorgestellt ([CTCG95]). Grundsätzlich besteht demnach ein ASM aus zwei Modellen:

- dem Form-Modell, das durch eine Hauptkomponenten-Analyse der Vektoren von Landmarken-Punkten gewonnen wird, die in Test-Datensätzen festgelegt werden
- und dem „Grauwert-Erscheinungs-Modell“ (gray-level appearance model), das die typische Bildstruktur, also das typische Pixelprofil, um jeden Landmarken-Punkt beschreibt.

Damit ist dieses zweite Modell auf die Region um die Grenzen des Objektes beschränkt. Es werden zum Beispiel die normalisierten ersten Ableitungen der Landmarken-Profilen benutzt ([CTCG95]). Das Form-Modell stellt plausible Segmentierungen sicher und das Grauwert-Modell garantiert die Platzierung des Objektes an die Position im Bild oder im 3D-Datensatz, wo die Struktur der erwarteten Struktur am nächsten kommt. Die erwarteten Strukturen werden aus einer Menge von Test-Datensätzen generiert. Die Energie-Funktion wird mit Hilfe der Mahalanobis-Distanz ([CTCG95]) der Profile der ersten Ableitungen minimiert. Die Anpassung des Modells erfolgt durch Landmarken-Verschiebungen in einem Multi-Resolution-Framework.



Abbildung 5.2: Demonstration der Ergebnisse des Ansatzes von [SHSJ02]; von links nach rechts: Daten, sichtbare Kontur, komplette Kontur

Dadurch kann das Modell globale Strukturen gut approximieren, sich in feineren Stufen aber lokal anpassen. Der Optimierungs-Algorithmus arbeitet iterativ, beginnend mit der durchschnittlichen Struktur-Form, die aus Test-Datensätzen berechnet wurde. Jeder Landmarken-Punkt wird senkrecht zur aktuellen Kontur an die Position mit der geringsten Mahalanobis-Distanz verschoben. Dann wird die Form den verschobenen Landmarken angepasst. Dies geschieht in einer grob-zu-fein-Strategie, bis eine maximale Iterations-Zahl erreicht ist.

Eine Reihe von Methoden wurden entwickelt, die diesen Ansatz noch verfeinern. Z.B. wird bei [CTCG95] eine normal-verteilte Menge von Formen in den Test-Datensätzen angenommen, um mit einer Hauptkomponenten-Analyse arbeiten zu können. Ginneken et al. stellen ein ASM mit optimalen Merkmalen vor ([vGFS⁺02]).

Ein eindrucksvolles Beispiel der Verwendung von ASM's am Beispiel von 3D-Ultraschall-Segmentierungen des LV demonstrierten Song et al. Die unzuverlässige Gradienten-Berechnung wird auch bei ihnen vermieden ([SHSJ02]). Die Idee ist es, keine explizite Entscheidung für die Pixel eines Bildes zu treffen, ob sie zum Objekt gehören, sondern deren Klassen-Wahrscheinlichkeiten zu modellieren. Es finden weder Bild-Segmentierung, noch Kantenerkennung basierend auf lokalen Operatoren statt. Aus einem Katalog von Test-Daten wird a priori-Information über die erwartete Form und Erscheinung des gesuchten Objektes eingebracht. Dieses Wissen ist auch mit Hilfe von Simulationen der Prozesse der Ultraschall-Bildgebung entstanden. Die Methode wurde speziell für stark verrauschte Daten entwickelt.

Diskussion: Active Shape Models für dSPECT

ASM's haben den großen Vorteil, a priori-Modellwissen in den Segmentierungsprozess einbringen zu können. Damit wird dieser robuster gegenüber gestörten und verrauschten Daten wie Ultraschall oder dSPECT. Ein häufiger Kritikpunkt liegt in der Grauwert-Modell-Generierung. Nur jeweils die Umgebungen der Landmarken-Punkte werden betrachtet.

Der eigentliche Nachteil für deren Verwendung für dSPECT ist die Abhängigkeit von einer ausreichend großen Zahl an Trainings-Daten. Diese sollen nicht nur übliche Variationen der Form, Größe, Intensität, Grauwertverteilung und Lage des LV bei gesunden Patienten abdecken, sondern auch bei kranken Patienten.

Zur Verfügung stehen jedoch weniger als 10 Datensätze verschiedener Auflösung und Qualität, die nur von gesunden Patienten stammen. Ein Aufbau einer zuverlässigen Wissensbasis ist damit zum gegenwärtigen Zeitpunkt nicht gegeben.

Active Appearance Models (AAM)

Obwohl dasselbe Argument auch für Erweiterungen von ASM's wie AAM's gilt, ist eine Betrachtung im Hinblick auf ihre Verwendung in der Zukunft sinnvoll. Es ist abzusehen, dass dSPECT im klinischen Alltag Verwendung finden wird. Damit wird sich auch die Datenbasis für dSPECT vergrößern und das Argument wird dann entkräftigt.

Die AAM-Technik wurde von Cootes et al. eingeführt ([CET01]). Das Form-Modell wurde beibehalten, jedoch der Kritikpunkt von ASM's, das Grauwert-Modell nur für die unmittelbare Nähe der Kontur zu erstellen, beseitigt. Eine Segmentierung wird durchgeführt, indem der Unterschied zwischen dem Modell und dem Bild minimiert wird, wobei statistisch plausible Form- und Intensitäts-Variationen mit einbezogen werden.

Die erste 3D-AAM-Variante stellten Mitchell et al. 2002 vor ([MBL⁺02]). Sie ist vollautomatisch und wurde an MR- und Ultraschall-Daten zur LV-Segmentierung getestet. Das resultierende 3D-Modell ist konsistent über die z-Dimension.

Eine Erweiterung von AAM stellt AAMM dar (active appearance motion model): es ist nicht nur eine räumlich konsistente, sondern auch eine zeitlich konsistente Segmentierungs-Methode ([BML⁺02]). Sie wurde an 3D-Ultraschall-Zeitsequenzen getestet.

Weitere wahrscheinlichkeitsbasierte Modelle

Ein Ansatz, der ebenfalls Gradienten-Information und Regionen-Information in einem Modell vereint, stammt von ([CSD96]). Regionen-basierte und Gradienten-basierte Segmentierung werden dabei so miteinander kombiniert, dass das Ergebnis des einen Verfahrens das des anderen beeinflusst und verbessert. Für das Erstere wird ein Bild als ein Gauss'sches Markov-Random-Field (GMRF) modelliert, das für eine gegebene Klassifikation des Bildes, also einer Aufteilung des Bildes in Regionen, die bedingten Wahrscheinlichkeiten für die einzelnen Intensitätswerte der Pixel angibt. Zweitere nutzt die Gradientenbeträge der Pixel im Bild. Als verformbares Modell, das von der Regionen-basierten und der Gradienten-basierten Information gesteuert wird, dient die Fourier-Parameterisierung [SD92]. Die Parameter werden auch wieder durch einen Optimierungsansatz gewonnen, der mit dem aktuellen Bild I , dem Regionen-klassifizierte Bild I_r als zusätzliche a priori-Information, dem Regionen-Term, und dem Gradienten-Bild I_g arbeitet. Es wird nun nach der maximum-a posteriori-Wahrscheinlichkeit

$$P(\vec{p}|I_g, I_r) = \frac{P(\vec{p}, I_g, I_r)}{P(I_g, I_r)} \quad (5.3)$$

gesucht, wobei \vec{p} der Parameter-Vektor der Kontur ist. Diese berechnet sich aus einem Form-Term, der z.B. von manuell gezeichneten Konturen stammen kann, einem Gradienten-Term mit der Wahrscheinlichkeit der Kontur, die tatsächliche Objekt-Kontur zu sein, und einem Regionen-Term, der die Kontur zu einer geschlossenen, homogenen Region im Bild I_r bewegt. Der Ansatz ist robust gegenüber Rauschen und ungenauer Initialisierung.

Ein 3D+Zeit-Ansatz von [GBR⁺02] benutzt ein statistisches Ventrikel-Bewegungs-Modell in Kombination mit einer diskreten 3D-Oberfläche, einem 3D two-simplex-mesh, um das LV in Ultraschall-Daten zu verfolgen. Der Nutzer markiert zuerst einige Punkte im Datensatz, die als Landmarks benutzt werden. Mit Hilfe dieser Punkte wird ein Initial-Modell generiert, das dann durch einen so genannten 3D-Active-Object-Algorithmus verformt wird. Interne Kräfte im 3D-Modell bestimmen die „Glattheit“ der Kontur, während externe Kräfte das Modell zu den realen Konturen verformen. Für jedes Dreieck im Mesh wird nach der realen Objekt-Kontur gesucht, indem der Bresenham-Algorithmus entlang der Normalenrichtung angewandt wird. Objekt-Kontur-Punkte werden gefunden, ohne explizit Gradienten zu berechnen, indem nach der Position gesucht wird, bei der der stärkste Intensitäts-Unterschied entlang der Scanlinie auftritt. Die 3D-Deformation erfolgt mit einem mechanischen Newton-Modell ([Del99]), das erst eine grobe globale Verformung bewirkt, die dann lokal verfeinert wird. Statistik wird erst bei der Deformations-

Modellierung während des Herzzyklus angewandt. Aus getaggtten 3D MR-Herzdaten wurden Form-unabhängige Deformations-Parameter gewonnen, die die Verformung des Initialmodells vor der Segmentierung bestimmen. Dieses 3D-Modell ist nur bedingt für die Verwendung in dSPECT denkbar. Die Erfolg für Ultraschall-Bilder beweist die relativ hohe Toleranz gegenüber Rauschen, jedoch hat die Verwendung eines 3D-Meshes Speichernachteile gegenüber anderen Objekt-Repräsentationen (5.2.1). Bei der Verwendung einer alternativen Objekt-Repräsentation ist die Methode von [GBR⁺02] jedoch für dSPECT denkbar, da sie sehr gut mit stark gestörten Gradienten-Informationen und unterbrochenen Objektkanten umgehen kann.

5.2.4 Zusammenfassung: Verfahren mit Form-Modellen für dSPECT

Implizite Modelle können nicht genügend a priori-Wissen in den Segmentierungsprozess einbringen und Modelle, die eine zuverlässige Wissensbasis benötigen, sind für die Segmentierung von dSPECT auch weniger geeignet. 3D-Modelle, die die klassische Snake-Methode in veränderter Form benutzen, können aufgrund ihrer Robustheit gegenüber Rauschen und gestörten Kanteninformationen gut für dSPECT verwendet werden. Dazu zählt auch das 3D-Modell von [GBR⁺02], wenn die beschriebenen Kritikpunkte beachtet werden.

5.3 Verwandte Arbeiten zur Ventrikel-Segmentierung - Zusammenfassung

Die Betrachtungen zu bottom-up-Verfahren haben gezeigt, dass diese nicht genügend Wissen über die erwartete Form des Objektes einbringen können und sich deshalb allein auf Informationen in den Bilddaten verlassen.

Sogenannte top-down-Verfahren benutzen häufig klassische verformbare Modelle, die die Form des gesuchten Objektes approximieren. Klassische 2D-Verfahren sind dabei weniger für dSPECT geeignet, da eine konsistente 3D-Segmentierung des LV benötigt wird. 2D-Verfahren betrachten immer nur ein einzelnes Bild eines Datensatzes, eine glatte, konsistente 3D-Oberfläche als Ergebnis wird durch keinerlei Einschränkungen erzwungen.

Viele dieser Ideen wurden für die dritte Dimension erweitert. Als besonders aussichtsreich hat sich der Ansatz verformbarer Superquadriken herausgestellt, da dieser die aufgestellten Kriterien (5.2.1) am besten erfüllt.

Implizite Snakes bringen, wie in der Diskussion herausgearbeitet wurde, nicht

genügend a priori-Modellwissen in den Segmentierungsprozess ein und wahrscheinlichkeitsbasierte Ansätze haben (noch) den Nachteil, dass eine umfangreiche, zuverlässige Wissensbasis notwendig ist, um die Vorzüge dieser Ideen ausnutzen zu können.

Eine implizite, parametrische Modell-Repräsentation, wie Superquadriken, kann das LV mit nur wenigen Parametern sehr speichereffizient approximieren. Das Modell kann durch Deformationen mit Hilfe von Splines noch weiter verfeinert werden. Diese Deformation muss ebenfalls effizient speicherbar sein. Sie sollte auf einem Minimierungsverfahren basieren, das mit gestörten oder fehlenden Kanteninformationen in den Daten umgehen kann und trotzdem sinnvolle, glatte LV-Approximationen erzielt. Zusätzlich sollten mit einer Deformation mehrere Objekte verformbar sein.

Wie genau solch ein Modell umgesetzt werden kann, wird im Kapitel 6 eingehend beschrieben.

Kapitel 6

Verformbare Superquadriken

Um noch einmal genau herauszustellen, was für ein Verfahren benötigt wird, um den linken Ventrikel aus dSPECT zu segmentieren, werden hier die wichtigsten Anforderungen wiederholt:

- Eine möglichst genaue Approximation der elliptischen Form des LV soll durch ein Modell erreicht werden, das einfach und mit nur wenigen Parametern vollständig beschrieben werden kann.
- Das Verfahren soll bei teilweise fehlender und unterschiedlich starker Kanten-Information im Konturverlauf von Epikard und Endokard robuste Ergebnisse produzieren.
- Das Modell soll möglichst mehrere Objekte mit derselben Transformation verformen können, da es sehr viel mehr zuverlässige Epikard-Information als Endokard-Information gibt.
- Das Verfahren soll wenig Interaktions-Aufwand vom Nutzer fordern.
- Das Ziel ist ein plausibles, konsistentes Oberflächen-Modell.

In Kapitel 5 wurde erläutert, warum verformbare Superquadriken besonders für dSPECT geeignet erscheinen. Superquadriken sind parametrische Oberflächen, die zuerst von A. Barr 1981 definiert wurden ([Bar81]).

1996 stellten Bardin et al. eine Methode vor, die den LV in 3D-SPECT- und DSR-Daten segmentiert und während des Herzzyklus verfolgt ([BCA96b]). Es benutzt ein früher von ihnen entwickeltes Verfahren für verformbare Superquadriken ([BCA96a]). Zuerst wird ein Histogramm-basiertes Schwellwert-Verfahren, gefolgt von einer morphologischen Filterung, angewandt, um die Epikard- und Endokard-Konturpunkte zu finden. Dann wird ein Superellipsoid an die Oberflächen-Punkte des LV in SPECT angepasst. Diese grobe Approximation wird noch verfeinert, indem eine sogenannte Free-Form-Deformation (FFD) für das Superellipsoid benutzt wird.

Für die Segmentierung des LV in dSPECT wurde dieser Ansatz in vielen Details übernommen. Die eigentliche Neuerung besteht darin, ihn nicht auf

vorher segmentierten Daten anzuwenden, sondern ihn als eigenständiges Segmentierungsverfahren zu implementieren.

In diesem Kapitel wird der Grundstein für das Verständnis der angewandten Methode gelegt. Die Vor- und Nachteile der Verwendung von Superquadricken und der FFD werden erläutert.

6.1 Die Verwendung von Superquadricken

6.1.1 Superellipsoide

Superquadricken bilden eine Familie verschiedener parametrischer Formen: Superellipsoid, Superhyperboloid und Supertorus. Besonders interessant sind hier die Superellipsoide, da diese zur Approximation des LV am besten geeignet sind.

Die Oberfläche eines Superellipsoids wird implizit durch eine parametrische Gleichung ausgedrückt:

$$\left(\left(\left(\frac{x}{a_1} \right)^{\frac{2}{\epsilon_2}} + \left(\frac{y}{a_2} \right)^{\frac{2}{\epsilon_2}} \right)^{\frac{\epsilon_2}{\epsilon_1}} + \left(\frac{z}{a_3} \right)^{\frac{2}{\epsilon_1}} \right)^{\frac{\epsilon_1}{2}} = 1 \quad (6.1)$$

Bei der üblichen, natürlichen Parameterisierung wäre die Verteilung der Punkte auf der Oberfläche abhängig vom Grad ihrer Krümmung. Eine Parameterisierung, die eine regelmäßige Anordnung bewirkt, erhält man, wenn man regelmäßig angeordnete Punkte auf der Oberfläche einer Kugel auf die des Superellipsoids projiziert.

Die parametrische Kugel-Gleichung in sphärischen Koordinaten lautet:

$$\begin{cases} x = \cos \eta \cos \omega & , -\frac{\pi}{2} \leq \eta \leq \frac{\pi}{2} \\ y = \cos \eta \sin \omega & , -\pi \leq \omega < \pi \\ z = \sin \eta \end{cases} \quad (6.2)$$

Die Punkte auf der Kugel-Oberfläche werden erst auf ein Ellipsoid, dann auf ein Superellipsoid projiziert. In einem Schritt lauten die Gleichungen:

$$x_s = \rho a_1 x; y_s = \rho a_2 y; z_s = \rho a_3 z \quad (6.3)$$

mit

$$\rho = \left[\left(|\cos \omega \cos \eta|^{\frac{2}{\epsilon_2}} + |\sin \omega \cos \eta|^{\frac{2}{\epsilon_2}} \right)^{\frac{\epsilon_2}{\epsilon_1}} + |\sin \eta|^{\frac{2}{\epsilon_1}} \right]^{-\frac{\epsilon_1}{2}} \quad (6.4)$$

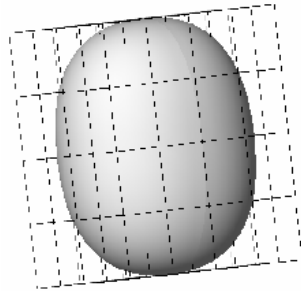


Abbildung 6.1: Superellipsoid, eingebettet in eine Kontrollpunkt-Box, aus [BCA96a]

Die Parameter a_1 , a_2 und a_3 geben dabei die Ausdehnung des Superellipsoids in der x-, y- und z-Richtung an. ϵ_1 und ϵ_2 bestimmen dessen Form entlang der beiden sphärischen Komponenten. Für $\epsilon_1 = \epsilon_2 = 1$ ist die Oberfläche eine Kugel.

6.1.2 Eigenschaften von Superellipsoiden

Mit Hilfe der oben angegebenen Parameterisierung können Oberflächen geschaffen werden, die eine Form zwischen Kugel bzw. Ellipsoid und Parallelepiped annehmen können. Dadurch wird die elliptische Form eines linken Ventrikels gut repräsentiert.

Ein bedeutender Vorteil ist, dass diese Form mit den fünf Parametern komplett beschrieben ist. Dies unterscheidet sie z.B. von expliziten Oberflächen-Modellen wie 3D-Meshes, deren Parameter die Koordinaten der Punkte sind, die ein Mesh bilden.

Ein großer Nachteil parametrischer Modelle allgemein ist, dass sie nur eine beschränkte Menge von Formen repräsentieren können. Superellipsoide können z.B. keine Einzelheiten der Ventrikel-Oberfläche approximieren, sondern nur deren grobe Form.

6.2 Die Verwendung von Free-Form-Deformationen

Dieses Problem kann durch eine zusätzliche Verformung des Superellipsoids gelöst werden.

Sederberg und Parry führten sogenannte Free-Form-Deformationen in die Computergrafik ein ([SP86]). Seitdem wurden sie häufig für CAD/CAM-Anwendungen benutzt.

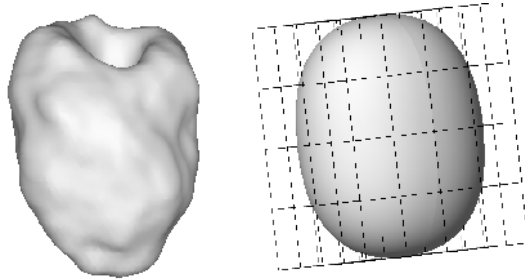


Abbildung 6.2: Durch FFD verformtes Superellipsoid, aus [BCA96a]

Das Prinzip ist es hierbei, das Superellipsoid in eine Kontrollpunkt-Box einzubetten. Verändert einer der Kontrollpunkte seine Position, beeinflusst er auch die Lage der Punkte des Superellipsoids. Diese sind mit dem Gitter der Kontrollpunkte durch eine Deformations-Funktion verbunden, die als Tensor-Produkt von trivariaten Bernstein-Polynomen definiert ist:

$$X = \sum_{i=0}^l \sum_{j=0}^m \sum_{k=0}^n C_l^i C_m^j C_n^k (1-s)^{l-i} s^i (1-t)^{m-j} t^j (1-u)^{n-k} u^k P_{ijk} \quad (6.5)$$

Dies entspricht $X = BP$ in Matrix-Schreibweise mit X als Koordinaten der Superellipsoid-Punkte, B als Deformationsmatrix und P als Koordinaten der Kontrollpunkte. Die Parameter s , t und u sind dabei die lokalen Koordinaten der SE-Punkte im Kontrollpunkt-Gitter. Neue Kontrollpunkt-Positionen, die den Abstand zwischen den Superellipsoid-Punkten und dem Zielobjekt minimieren, werden gefunden, indem das Displacement-Field zwischen ihnen minimiert wird. Dabei wird Gleichung 6.6 als Least-Squares-Problem aufgefasst und mit Hilfe der Singulärwertzerlegung der Matrix B gelöst.

$$\min_P \|BP - X\|^2 \equiv \min_{\delta P} \|B\delta P - \delta X\|^2 \quad (6.6)$$

Details zur Singulärwertzerlegung werden im Kapitel 7 zur Epikard-Segmentierung beschrieben.

Neue Modellpunkt-Positionen werden nun mit Hilfe der neuen Kontrollpunkt-Koordinaten aus Gleichung 6.5 errechnet. Die Displacement-Field-Berechnung, die Bestimmung der neuen Kontrollpunkt-Positionen und dann der neuen Superellipsoid-Koordinaten geschieht iterativ, bis eine zuvor festgelegte Ähnlichkeit zwischen dem verformtem Superellipsoid und dem Zielobjekt erreicht ist.

6.2.1 Eigenschaften von Free-Form-Deformationen

Ein großer Vorteil von FFD's ist, dass die Verschiebungsparameter weniger Kontrollpunkte die Verformung des gesamten Objektes beschreiben. In [BCA96a] wurde bewiesen, dass die FFD auch noch erfolgreich ist, wenn das zu verformende Objekt an gestörte, lückenhafte Daten angepasst werden muss. Zusätzlich ist eine FFD für mehrere Objekte verwendbar. Diese können mit derselben Deformationsvorschrift simultan verformt werden.

Sie sind in Verbindung mit Superellipsoiden sehr erfolgversprechend, da die FFD trotz gestörter dSPECT-Daten akzeptable Ergebnisse liefert. Dieselbe FFD kann sowohl für die Epikard-Suche, als auch für eine Endokard-Approximation benutzt werden, falls es nicht genügend zuverlässige Daten für die exakte Position des Endokards im Datensatz gibt.

Im Gegensatz zu [BCA96a] kann die Anpassung der Parameter des Superellipsoids und die anschließende Verfeinerung des Modells durch die Free-Form-Deformation nicht für gegebene Kontur-Daten vorgenommen werden. Es muss eine Methode entwickelt werden, um die Kontur-Informationen im Datensatz zu finden und so die Modell-Verformung zu steuern. Dies ist Gegenstand der folgenden Kapitel.

Kapitel 7

Verformbare Superquadriken für dSPECT

Die Idee zur LV-Segmentierung ist es, ein möglichst gut platziertes, ventrikel-förmiges Modell so im dSPECT-Datensatz zu verformen, dass die prägnantesten lokalen Kontur-Informationen, d.h. die Pixel mit den lokal stärksten Gradientenbeträgen, in den Bildern genutzt werden. Geschieht die Verformung von einem Initialmodell aus, das die Form und Größe der gesuchten Oberfläche möglichst gut approximiert, werden a priori-Wissen über Form, Lage und Orientierung des Ventrikels und Bilddaten-Information kombiniert, um ein plausibles Segmentierungs-Ergebnis zu erhalten.

Wissen über die Form des Initialmodells kann mit Hilfe einer kleinen Wissensbasis handsegmentierter Ventrikel in dSPECT abgeleitet werden. Zunächst wird nur das Epikard durch ein verformtes Superellipsoid repräsentiert. Ein Abschnitt dieses Kapitels beschäftigt sich mit dieser Idee, sowie einigen Alternativen.

Die Platzierung dieses Epikard-Modells im Datensatz erfolgt mit Hilfe weniger Nutzerangaben zur Dimensionierung und Lage des gesuchten Objektes. Konturkandidaten, die eine hohe Wahrscheinlichkeit haben, zur Epikard-Kontur im Datensatz zu gehören, werden, ausgehend von dem korrekt platzierten Ausgangsmodell, gesucht. Zusätzliche Bedingungen, wie maximal zulässige Distanzen zwischen dem Modell und einem Konturpunkt-Kandidaten, erhöhen die Korrespondenz zwischen gefundenen Kandidaten und tatsächlichen Kontur-Positionen.

Eine anschließende Free-Form-Deformation bewirkt die 3D-Verformung des Initialmodells hin zu den gefundenen Konturpunkten. Parameter steuern den Einfluss einzelner Konturpunkte auf die globale Verformung und damit die „Glattheit“ des Modells.

Ausgehend vom gefundenen Epikard-Modell wird nach Endokard-Konturkandidaten

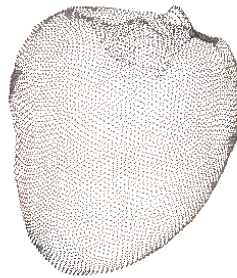


Abbildung 7.1: Modell eines LV aus dem Visible-Human-Datensatz

gesucht. Auch diese Suche wird durch Einschränkungen gesteuert. Es folgt eine Free-Form-Deformation des Modells mit Hilfe der gefundenen Endokard-Konturpixel.

Diese Betrachtungen werden von einer Zusammenfassung zur Ventrikel-Segmentierung gefolgt. Abschließend werden in einer Analyse der Ergebnis-Modelle sowohl qualitative, als auch quantitative Faktoren zur Bewertung herangezogen.

7.1 Generierung des Initialmodells

7.1.1 Ventrikel-Modelle

Gesucht wird ein Modell, das repräsentativ für möglichst viele Variationen in der Form des linken Ventrikels ist. Ein hoher Detailgrad der Epikard- und Endokard-Oberfläche ist deshalb nicht nötig.

Als eine Möglichkeit kommt die Auswertung des zu Forschungszwecken zugänglichen Visible-Human-Datensatzes in Frage. Hoch aufgelöste CT- und MRT-Datensätze von jeweils einem Mann und einer Frau bilden auch den linken Ventrikel ab. Ein kritischer Punkt ist jedoch die Frage, ob diese Daten repräsentativ sind, da es nur zwei Beispiele gibt. Zudem wurden sie aufgenommen, als die Personen schon tot waren. Dies beeinträchtigt die Form des Myokards.

Eine zweite Idee ist es, MR-Datensätze aus vorhergegangenen Projekten zu benutzen: für das Herz-Projekt am CMR Brisbane ([Weg02], [GCM⁺03]) wurden getaggte und nicht getaggte 3D-Daten gewonnen, die sowohl von kranken, als auch von gesunden Herz-Patienten stammen. Das Problem hierbei ist, dass die Ventrikel-Daten nur für den zentralen Organteil vorhanden sind, die obersten und untersten Ventrikel-Schichten fehlen.

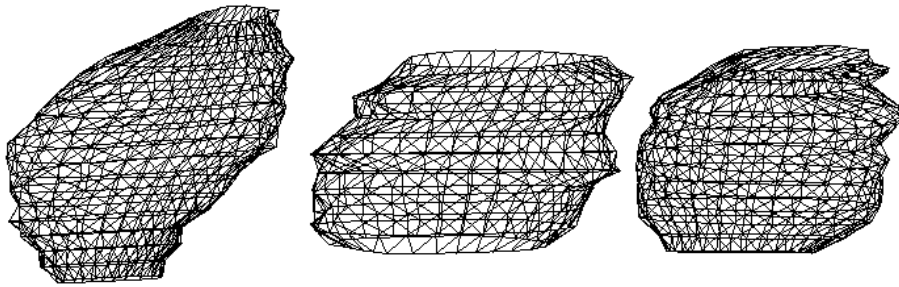


Abbildung 7.2: Manuell erstellte Ventrikel-Modelle. Links: Phantom, Mitte: Reale Daten, Rechts: Durchschnichts-Modell aus realen Daten

Die dritte Möglichkeit nutzt die Erstellung von Ventrikel-Modellen für die dSPECT-Datensätze mittels manueller Kontur-Markierung per Maus.

Diese Modelle können nur unvollständig rekonstruiert werden, da in vielen Datensätzen keine Informationen zu den ersten oder letzten Schichten mit Ventrikel-Vorkommen existieren. Sie unterscheiden sich damit stark von der erwarteten Ventrikel-Form, wie z.B. von Visible-Human-Modellen.

Die Lösung ist nun, die manuell erworbenen Modell-Daten aus den vorhandenen Datensätzen so zu kombinieren, dass ein möglichst repräsentatives Modell für dSPECT-Daten entsteht.

7.1.2 Generierung eines Durchschnichts-Modells

Für jedes Modell wird sein Schwerpunkt, sowie seine Rotation um die z-Achse bestimmt. Diese wird durch den Winkel der Geraden ausgedrückt, die die größte Ausdehnung des Ventrikels beschreibt.

Ausgehend vom Modell mit der größten z-Ausdehnung, wird jeweils ein weiteres Modell mittels x-, y- und z-Translation so verschoben, dass die beiden Schwerpunkte übereinstimmen. Ihre Orientierung wird durch eine Rotation um die z-Achse abgestimmt. Für jede z-Schicht der beiden Modelle mit Ventrikel-Vorkommen werden die Konturpunkte für Epikard und Endokard im Gegenuhrzeigersinn für 30 gleichmäßig verteilte Winkel gespeichert. Den Mittelpunkt bildet die x-y-Position des Schwerpunktes. So können einfach die Mittelwerte der x- und y- Koordinaten zweier korrespondierender Konturpunkte in den Modellen berechnet werden. Gibt es eine z-Schicht, in der nur für eines der Modelle Kontur-Informationen vorliegen, so werden diese einfach für das Durchschnichts-Modell übernommen. Für dieses wird ein neuer Schwerpunkt berechnet, an dem das nächste Modell ausgerichtet werden kann.

Die insgesamt 11 Parameter eines Superellipsoids werden nun an diese Durchschnitts-Modell-Daten angepasst. Dies geschieht nach dem in [BCA96a] vorgeschlagenen Verfahren:

Die Durchschnitts-Modell-Daten werden als eine Menge von 3D-Punkten $(x_d, y_d, z_d), i = 1, \dots, N$ aufgefasst.

Parameter des Superellipsoids

Die sechs Parameter der Translation (t_x, t_y, t_z) und Rotation (r_x, r_y, r_z) definieren die Transformation, die auf das Superellipsoid angewandt wird, um es an den Datenpunkten auszurichten. Dazu wird $\epsilon_1 = \epsilon_2 = 1$ angenommen. t_x, t_y und t_z entsprechen dem Schwerpunkt der Datenpunkt-Menge, die Rotationskomponente wird bestimmt durch die Matrix M der Momente zweiter Ordnung.

Die initialen Dimensionen des Modells berechnen sich aus:

$$a_1^2 = \frac{3}{2}(\lambda_2 + \lambda_3 - \lambda_1), a_2^2 = \frac{3}{2}(\lambda_1 + \lambda_3 - \lambda_2), a_3^2 = \frac{3}{2}(\lambda_1 + \lambda_2 - \lambda_3) \quad (7.1)$$

wobei λ_1, λ_2 und λ_3 die Eigenwerte von M sind.

Die fünf Parameter $\epsilon_1, \epsilon_2, a_1, a_2$ und a_3 werden nun so verändert, dass die Punkte-Menge möglichst dicht an der Oberfläche des Modells liegt.

Dies geschieht mit Hilfe einer multidimensionalen Minimierungs-Methode. Die Energie

$$E(A) = \sum_{i=1}^N [1 - \hat{F}(x_d, y_d, z_d, a_1, a_2, a_3, \epsilon_1, \epsilon_2, r_x, r_y, r_z)]^2 \quad (7.2)$$

wird minimiert. \hat{F} ist die Inside-Outside-Funktion des Superellipsoids nach der Transformation (siehe 6.1). Liegen alle Datenpunkte auf der Modell-Oberfläche, hat die Funktion den Wert 0. Zur Minimierung wird der Fletcher-Reeves-Algorithmus (conjugate gradient algorithm) eingesetzt, da er nur mit den ersten Funktions-Ableitungen arbeitet und schnell konvergiert. Details sind in [Ueb97] zu finden, sowie im Implementierungs-Kapitel 8.

Wie in der Abbildung links zu sehen ist, wird die Form des Epikards nur sehr grob durch das Superellipsoid approximiert. Ihre Verfeinerung erfolgt durch die Free-Form-Deformation, die in Kapitel 6.2 vorgestellt wurde.

Singulärwertzerlegung von Matrix B

Die lineare Gleichung 6.6 ist überbestimmt und wird deshalb als „Least-Squares“-Minimierungs-Problem aufgefasst. Ihre Lösung erfolgt mit Hilfe

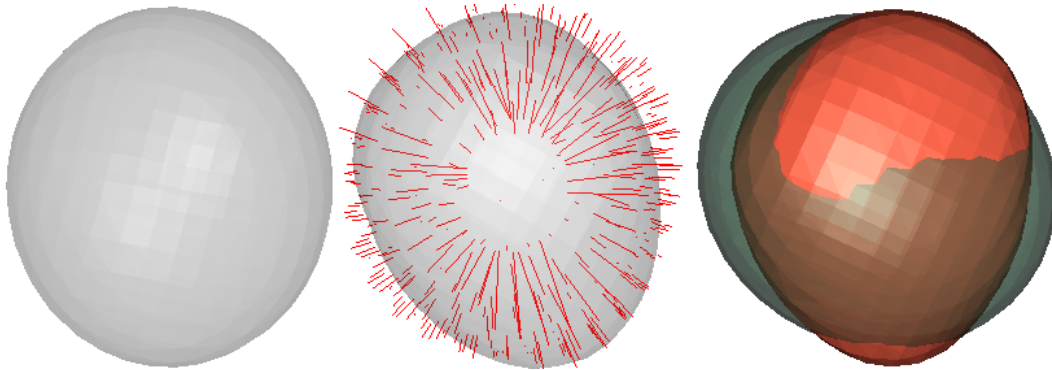


Abbildung 7.3: Superellipsoid-Form; Links: nach Minimierung, Mitte: nach FFD, mit Displacement-Field, Rechts: Vergleich Superellipsoid vor (grün) und nach FFD (rot) - eine interaktive Visualisierung befindet sich auf der CD

der Singulärwertzerlegung von Matrix B . B hat die Dimensionen $M \times N$ mit M als Anzahl der Punkte auf dem Superellipsoid und N als Anzahl der Kontrollpunkte In der Implementierung wurde die Größe $5 \times 5 \times 5$ gewählt.

Diese $M \times N$ -Matrix kann in das Produkt USV^T zerlegt werden, mit U als $M \times N$ großer orthogonaler Matrix, S als $N \times N$ großer diagonaler Matrix, die die Singulärwerte geordnet in absteigender Reihenfolge enthält, und V^T als $N \times N$ großer Matrix.

Die Singulärwertzerlegung geschieht durch Anwendung der einseitigen Jacobi-Orthogonalisierung. Eine genaue Beschreibung ist in [Nas73] zu finden. Diese ist akkurater als andere Methoden, wie z.B. der Golub-Reinsch-Algorithmus ([GL96]).

Displacement-Field-Berechnung

Der Vektor δX in 6.6 enthält die Verschiebungswerte, die aus dem Displacement-Field zwischen Superellipsoid-Punkten und Datenpunkten gewonnen wurden. Das Displacement-Field wird mit Hilfe von sogenannten kD -Bäumen effizient berechnet. KD -Bäume sind k -dimensionale Binärbäume.

Ziel ist es, für jeden Datenpunkt den Punkt auf dem Superellipsoid zu finden, der ihm am nächsten liegt. Der naive Ansatz wäre es, für jeden Datenpunkt die Liste der Modellpunkte zu durchsuchen und den dichtesten Punkt zu ermitteln. In dieser Anwendung sind es ca. 30 Punkte für 15 Schichten, also 450 Datenpunkte. Bei Winkelschritten von nur 6 Grad gibt es $(360/6) * (180/6) = 1800$ Modellpunkte. Dies ist sehr zeitaufwändig, es ist mit einem

quadratischen Aufwand von $O(n^2)$ zu rechnen.

Das kD-Baum-Prinzip stellt eine hierarchische Zugriffsmethode in der raumbezogenen Datenhaltung dar, bei der ein k-dimensionaler Binärbaum in Zeit $O(n \log n)$ und Platz $O(n)$ aufgebaut wird. N ist die Anzahl der Modellpunkte und k ist hier 3.

Jeder Knoten des Baums enthält einen Punkt P , eine Dimensionsangabe j und 2 Zeiger auf Nachfolger. Der linke Unterbaum enthält alle Punkte, deren x -Komponente $< P.x_j$ ist, der rechte Unterbaum alle anderen. Jeder Knoten des kD-Baumes ist also die Wurzel eines Teilbaumes, der alle Punkte eines bestimmten Quaders enthält, der die Grenzen definiert. Für den Gesamtbaum sind die Grenzen $[Min_{x_1}..Max_{x_1}, Min_{x_2}..Max_{x_2}, \dots, Min_{x_k}..Max_{x_k}]$. Bei jedem Knoten wird die j -te Komponente der Grenzen gemäß der j -ten Komponente des in ihm enthaltenen Punktes unterteilt; der Quader wird in j -Richtung zerschnitten ([dBvKOS97]).

Für einen beliebig gegebenen Anfragebereich können alle im Bereich liegenden k Punkte in Zeit $O(n \log n + k)$ ausgegeben werden. Für die Suche nach dem am nächsten liegenden Modellpunkt für m Datenpunkte wird also $O(m(n \log n + 2k))$ Zeit benötigt, wobei m klein und konstant ist und der Suchbereich so gering gewählt ist, dass k ebenfalls konstant ist. Die Suche nach dem am nächsten liegenden Modellpunkt in der gefundenen Punktmenge braucht also konstante Zeit $O(k)$.

Für jedes Punktepaar Datenpunkt-Modellpunkt wird nun das Displacement-Field berechnet, indem der jeweilige Vektor $\overrightarrow{Modellpunkt - Datenpunkt}$ berechnet wird. Die drei Komponenten x , y und z der Vektoren gehen jeweils als δX in die 3 Minimierungs-Probleme für die x , y und z -Verschiebung der Kontrollpunkte ein.

Als Ergebnis der Gleichung 6.6 sind die neuen Positionen der Kontrollpunkte bekannt. Die Minimierung erfolgt jeweils für die x -, y - und z -Koordinate. Durch Einsetzen dieser in Gleichung 6.5 erhält man die neuen Superellipsoid-Koordinaten.

Diskussion

Bei der Durchschnitts-Berechnung werden nur die 6 Modelle der Datensätze verwendet, die die Auflösung von 96x96 Pixeln in x - und y - Richtung haben. Die Phantom-Datensätze repräsentieren dasselbe, vollständige „Ground-Truth“-Modell, d.h. alle Schichten mit Ventrikel-Vorkommen sind auch tatsächlich im Datensatz vorhanden. Sie müssten aber zur Integration in das Durchschnitts-Modell an einigen Schichten abgeschnitten werden, da diese Kontur-Informationen in den realen dSPECT-Daten nicht vorhanden sind. Zusätzlich müsste die Modellgröße an die der besser aufgelösten Daten angepasst werden.

Aus Vereinfachungsgründen wird diese Möglichkeit nicht genutzt, da schon das Durchschnitts-Modell aus den 96x96-Datensätzen die Ventrikel-Form in allen Datensätzen gut repräsentiert.

Nach [BCA96a] wird die Deformation der Modellpunkte iterativ fortgesetzt, bis ein möglichst hohes Ähnlichkeitsmaß zwischen Daten und Modell erreicht ist. Da aber ein Initialmodell nur approximativ bestimmt werden muss, reicht eine Iteration schon aus, um eine genügend hohe Ähnlichkeit zu erreichen.

Die Verschiebung der Kontrollpunkte und damit die Verformung des Modells ist keineswegs nur durch die Minimierung des Displacement-Fields, also durch die Wahl der Punktepaare, steuerbar. [BCA96a] stellten zwei Methoden vor, wie der Grad der Verformung durch einen Regularisierungsterm und durch die Anzahl der Singulärwerte bei der Minimierung beeinflusst werden kann. Sie bewiesen, dass beide Methoden äquivalent sind, deshalb wurde in dieser Arbeit nur mit den Singulärwerten gearbeitet. Allgemein kann man sagen, dass je weniger Singulärwerte in das Least-Squares-Problem eingehen, desto weniger Einfluss haben einzelne Punktepaare, also lokale Verschiebungen, auf die globale Deformation des Modells. Bei der späteren Verformung des Epikard- bzw. Endokard-Modells hat dies den Vorteil, eventuell unabsichtlich gefundenen, „falschen“ Datenpunkten, die nicht zur Kontur gehören, ihren Einfluss auf die globale Form des Modells zu nehmen. Für das Initialmodell bedeutet dies, dass die globale „Glattheit“ gesteuert wird. So wurde die Menge der Singulärwerte auf alle Elemente, die größer als der Mittelwert sind, beschränkt. Dieser Schwellwert wurde empirisch ermittelt. Eine Analyse des Einflusses der Anzahl der Diagonal-Terme, also der Singulärwerte, auf die Genauigkeit der Approximation wird für die Ergebnisse der Epikard- und Endokard-Segmentierung durchgeführt. Diese ist auch auf die Initialmodell-Approximation zu übertragen, obwohl sie hier weniger eine Rolle spielt.

7.2 Epikard-Segmentierung

Die eigentliche Segmentierung des Epikards erfolgt in drei Schritten: die Positionierung des Initialmodells im Datensatz, die lokale Suche nach geeigneten Konturkandidaten, ausgehend vom Modell, und die Verformung des Modells.

7.2.1 Positionierung des Initialmodells

Um das Modell im Datensatz zu positionieren, markiert der Nutzer mit der Maus die Schichten des ersten und letzten Vorkommens des linken Ventrikels im Datensatz. Zusätzlich gibt er die maximale Ausdehnung des LV in x- und y-Richtung an. Mit Hilfe dieser sechs Eingabepunkte kann eine Bounding-

Box für das zu erwartende Objekt bestimmt werden. Die drei Verschiebungsparameter t_x , t_y und t_z des Modells werden den Eingabepunkten angepasst, indem der Schwerpunkt des Modells mit dem des erwarteten Objektes abgeglichen wird. Mit diesen Nutzerangaben wird gleichzeitig der Suchbereich für Konturkandidaten im Datensatz stark eingeschränkt.

7.2.2 Kontur-Kandidaten-Suche

Wird das Initial-Modell in seiner ursprünglichen Größe belassen, so liegt es dicht an der gesuchten Epikard-Kontur im Datensatz, aber auch dicht am Endokard. Das Ziel ist es, Kandidatenpunkte im Datensatz zu finden, die zum Epikard gehören. Diese Punkte haben typischerweise hohe Gradienten-Beträge. Sucht man nun nach diesen Kandidaten ausgehend vom Initial-Modell, sollen nur Epikard-Kandidaten, keine Endokard-Kandidaten gefunden werden. Deshalb wird das Initial-Modell etwas größer skaliert, so dass es außerhalb des zu findenden Epikards liegt, aber noch dicht genug daran. Ein Skalierungsfaktor von 1.2 hat sich für alle Datensätze als praktikabel erwiesen.

Epikard-Kandidaten werden nun in zwei Schritten gefunden.

Zuerst wird der stärkste Gradienten-Betrag im Abstand von maximal 4 Pixeln jedes Modellpunktes gesucht, der in einem kleinen Bereich um den z -Wert der aktuell betrachteten Schicht im Datensatz liegt. Dabei können mehrere Modellpunkte den gleichen Kontur-Kandidaten finden. Für jeden Konturkandidaten wird aus der Menge der Modellpunkte mit entsprechender z -Koordinate der Punkt ausgewählt, der den geringsten Abstand zum Datenpunkt hat. So werden auf einfache Weise Überkreuzungen der Displacement-Vektoren benachbarter Modell- bzw. Datenpunkte vermieden. Mit Hilfe der gefundenen Punktepaare wird das Displacement-Field zwischen Modell und Kandidaten berechnet. Dabei ist die Verwendung von kD -Bäumen unnötig, da sich die Suche nur auf wenige Modellpunkte beschränkt, deren z -Koordinate der des Datenpunktes entspricht.

7.2.3 FFD

Die FFD wird mit einer Eliminierung von $2/3$ der kleinsten Singulärwerte als Steifheits-Kriterium durchgeführt. So wird der Einfluss von eventuell falsch gefundenen Kandidaten geschwächt. Das Ergebnis ist eine sehr gute Approximation des Epikards durch das Modell.

Tests zur Bestimmung der Güte einer Segmentierung und zur Ermittlung des Einflusses der Parameterwahl auf das Ergebnis werden im Analyse-Teil des Kapitels vorgestellt.

Dem Nutzer wird die Möglichkeit gegeben, eventuell manuell falsch gefundene Konturen nachträglich zu verändern. Einzelheiten dazu finden sich in der Interface-Beschreibung des Implementierungs-Kapitels und im Handbuch.

7.3 Endokard-Segmentierung

Ausgehend von einem korrekten bzw. akzeptablen Ergebnis der Epikard-Segmentierung lässt sich a priori-Wissen nutzen, um das Endokard zu segmentieren.

Die Idee ist es wieder, ausgehend von einer Initial-Kontur, Pixel-Kandidaten zu finden, die zum Endokard gehören. Mit Hilfe dieser wird erneut eine Free Form Deformation durchgeführt, um eine glatte 3D-Repräsentation des Endokards zu erhalten.

7.3.1 Kontur-Kandidaten-Suche

Als Initial-Kontur dient das gefundene Epikard-Modell. Der Nutzer markiert die Schichten, in denen das Endokard vorkommt, indem er in dessen erste und letzte Schicht jeweils in die Mitte des Ventrikels klickt. Mit diesen Positionen werden gleichzeitig Informationen über die Ventrikel-Mittelpunkte jeder Schicht gewonnen, wenn eine Linie durch die z-Schichten des Endokards, mit den beiden Nutzerpunkten als Endpunkte, verfolgt wird. Ausgehend von jedem Epikard-Punkt einer Schicht werden Endokard-Konturkandidaten mit der entsprechenden z-Koordinate gesucht. Dies erfolgt von außen nach innen in Richtung Mittelpunkt. Den Bresenham-Algorithmus zum Rastern von Linien benutzend ([Wat00]), wird nach dem Pixel mit dem höchsten Gradientenbetrags-Wert gesucht. Würde dies entlang der gesamten Strecke Epikardpunkt-Mittelpunkt erfolgen, könnten auch Pixel gefunden werden, die noch zum Epikard gehören. Dies geschieht, wenn die Epikard-Kontur sehr unscharf ist und keine Endokard-Informationen vorliegen, oder andere Artefakte die Endokard-Information zerstört haben.

Deshalb wird der Suchbereich stark eingeschränkt. Eine Analyse ergab, dass der durchschnittliche Abstand zwischen Epikard und Endokard etwa 3 Pixel beträgt. Der Suchbereich wird demnach auf die Pixel beschränkt, die den Abstand von 3 ± 1 Pixel zum aktuellen Epikard-Punkt haben. Für jeden Epikard-Punkt wird also eines von 3 Pixeln ausgewählt, das die höchste Wahrscheinlichkeit hat, zur Endokard-Kontur zu gehören. Die gefundenen Kandidaten werden gespeichert. Es können dabei mehrmals die gleichen Kandidaten für benachbarte Epikard-Punkte gefunden werden.

Die extreme Einschränkung des Suchbereiches hat Vor- und Nachteile. Sie

ist notwendig, da sehr oft gar keine Kontur-Informationen für einen Suchstrahl abzuleiten sind, wenn also keine Kanten vorhanden sind. Ohne Einschränkung würde das Pixel mit zufällig stärkster Kanteninformation als Kandidat aufgenommen werden. Qualitäts-Messungen, die im Analyse-Abschnitt beschrieben werden, haben ergeben, dass dieser Suchbereich für die meisten Datensätze optimal ist.

Der größte Nachteil ist die mangelnde Flexibilität für abweichende Endokard-Positionen. Im Datensatz „0906“ ist dies in den letzten Schichten der Fall, wo das Endokard sehr weit vom Epikard entfernt ist. Hier werden gar keine Endokard-Informationen im Suchbereich gefunden. Das falsche Ergebnis muss vom Nutzer manuell korrigiert werden. Dies geschieht jedoch nur in 3 Schichten in einem von fünf Test-Datensätzen.

7.3.2 FFD

Die gefundenen Kontur-Kandidaten werden für die Verformung eines neuen Initial-Modells benutzt. Ein neues Superellipsoid wird generiert, das seine Parameter aus den Daten des Epikard-Modelles bezieht. Das Displacement-Field zwischen Konturkandidaten und Superellipsoid-Punkten wird berechnet, indem für jeden Kandidaten der nächste Superellipsoid-Punkt gesucht wird. Die Free-Form-Deformation wird wieder mit einer Eliminierung von $2/3$ der Singulärwerte durchgeführt. Das Ergebnis ist ein Endokard-Modell. Anstelle der Verformung eines neuen Superellipsoids wäre auch einfach eine weitere Verformung des Epikard-Modelles denkbar. Diese Lösung ist aber weniger akkurat, da das ursprünglich große Superellipsoid (7.1.2) sehr stark schrumpfen müsste. Der Sinn der Deformation ist es aber, ein in der Form möglichst ähnliches Modell nur noch zu verfeinern. Deshalb wurde ein neues Superellipsoid-Modell mit optimalen Parametern als Initial-Modell gewählt.

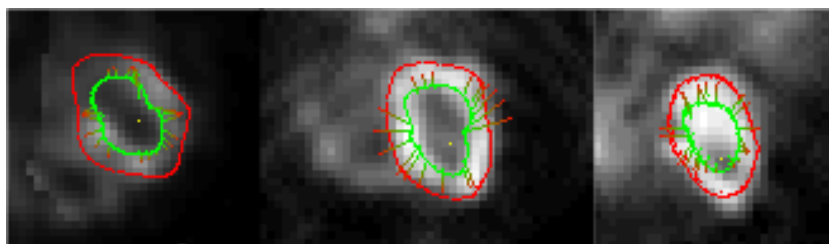


Abbildung 7.4: Endokard-Segmentierung. Links und Mitte: gute Konturerkennung trotz fehlender Konturinformation, Rechts: untypische Position der Endokard-Kontur. Die Linien beschreiben das Displacement-Field zwischen den gefundenen Konturkandidaten und den Superellipsoid-Punkten

7.4 Analyse

7.4.1 Algorithmen im Überblick

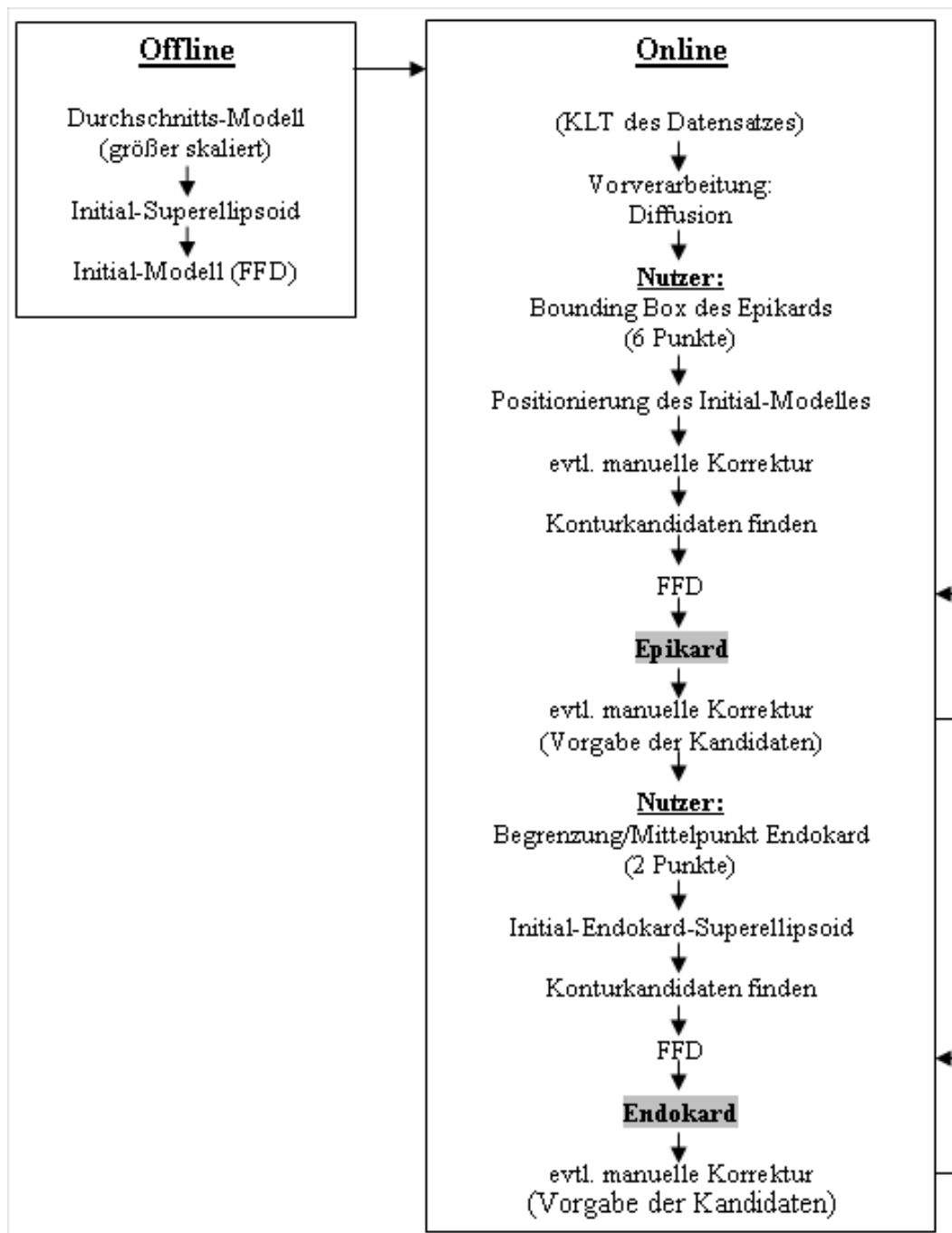


Abbildung 7.5: Organigramm

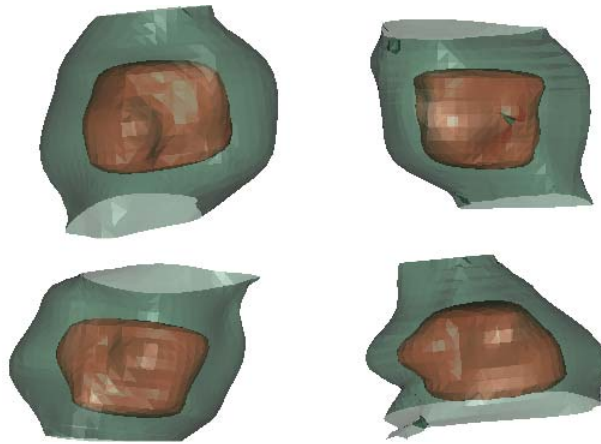


Abbildung 7.6: Beispiele von Ventrikel-Modellen; interaktive 3D-Modelle befinden sich auf der CD

In der Grafik 7.5 ist eine schematische Übersicht über die Offline- sowie Online-Algorithmen gegeben. Damit ist das gesamte Verfahren zusammengefasst. Beispiele für mit diesem Verfahren erstellte Ventrikel-Modelle sind in einer Grafik zusammengefasst.

7.4.2 Epikard

Vergleich mit manuell eingezeichneten Ventrikel-Konturen

Die Güte einer Segmentierung kann eingeschätzt werden, indem sie mit einer manuell erstellten Segmentierung verglichen wird.

Um dieses richtig einschätzen zu können, wurde zuerst versucht, ein Vertrauensmaß für die Experten-Segmentierung zu schätzen:

Variable Faktoren wie der Grad der Aufmerksamkeit, der Sorgfalt und auch des Wissens und der Erfahrung des Nutzers bewirken, dass von verschiedenen Personen erstellte Modelle variieren, aber auch mehrmals erstellte Modelle desselben Experten.

Deshalb wurden Modelldaten für die vorhandenen Datensätze von 3 verschiedenen Personen gesammelt, die jeweils 3 Mal die Kontur erstellen sollten. Die Personen waren dabei eine Allgemein-Ärztin, eine Radiologisch-technische Assistentin und ich.

Die Konturen wurden so gespeichert, dass 72 Datenpunkte für jede z-Schicht eines Datensatzes mit Ventrikel-Vorkommen vorhanden sind. Diese sind jeweils 5 Grad voneinander entfernt, wenn der Mittelpunkt des Ventrikels in der Schicht als Kreismittelpunkt betrachtet wird, um den sich die Kontur

befindet.

Für jeden Konturpunkt wird nun aus allen neun Konturpunkten mit entsprechendem Winkel und in entsprechender Schicht ein Durchschnittmaß berechnet. Dieses Modell gilt als „das Warscheinlichste“, das reale Ventrikel-Modell zu repräsentieren. Dabei konnte eine Variabilität von durchschnittlich 0,85 Pixeln festgestellt werden. Die größten Variationen fanden sich in den ersten und letzten Schichten. Oft ist nicht genau zu erkennen, wo die Kontur verläuft - sie muss „erraten“ werden. Zusätzlich hat sie dort oft einen sehr geringen Umfang, also nur wenige Pixel, die zum Myokard gehören, was das Einzeichnen der Kontur sehr erschwert.

Mit diesen Durchschnitts-Modellen wurden die Ergebnisse der halbautomatischen Segmentierung verglichen. Für jeden Punkt des verformten Superellipsoids mit ganzzahliger z-Koordinate wurde der dichteste Modellpunkt gesucht und dessen Abstand berechnet.

Die Ergebnisse sind in der Grafik zu sehen. Die durchschnittliche Abweichung aller Ergebnisse beträgt 0,8 Pixel, wobei es Schwankungen von $\pm 0,2$ Pixel zwischen den verschiedenen Datensätzen gibt.

Interessant ist die Verteilung der Schwankungen innerhalb der Ventrikel-Modelle.

Für fast alle Datensätze ist die Erkennungsrate für korrekte Konturen in den mittleren Schichten sehr hoch. Dies liegt an den zuverlässigen Gradienten-Informationen in diesen Datenschichten, die eine hohe Zahl von Konturkandidaten ermöglichen. Für die Anfangs- oder Endschichten ist dies problematisch, wenn die Myokard-Fläche sehr klein ist und die Epikard-Konturen durch stark verwischte Konturen durch den PVE und Streustrahlung durch die Leber-Nachbarschaft nur bedingt vorhanden sind. Wenige, fehlerhafte Kontur-Informationen können zu starken Abweichungen vom erwarteten Ergebnis führen.

Einfluss der Positionierung des Initialmodells

Nutzerangaben unterliegen Schwankungen, wie weiter oben gezeigt wurde. Es stellt sich deshalb die Frage, wie das Initialmodell positioniert sein muss, um die Epikard-Konturkandidaten möglichst gut finden zu können. Die Angabe der ersten und der letzten Schicht mit Ventrikel-Vorkommen muss korrekt sein. Dies ist unproblematisch.

Die Angabe der maximalen x- und y-Dimensionen des Modells müssen so vorgenommen werden, dass das gesamte Initialmodell das gesuchte Modell von außen umschließt. Dies ist in fast allen Datensätzen leicht möglich, wenn die Schicht mit der insgesamt größten Myokard-Ausdehnung gewählt wird. Dazu wird in einer der mittleren Schichten auf die Konturpunkte geklickt, die

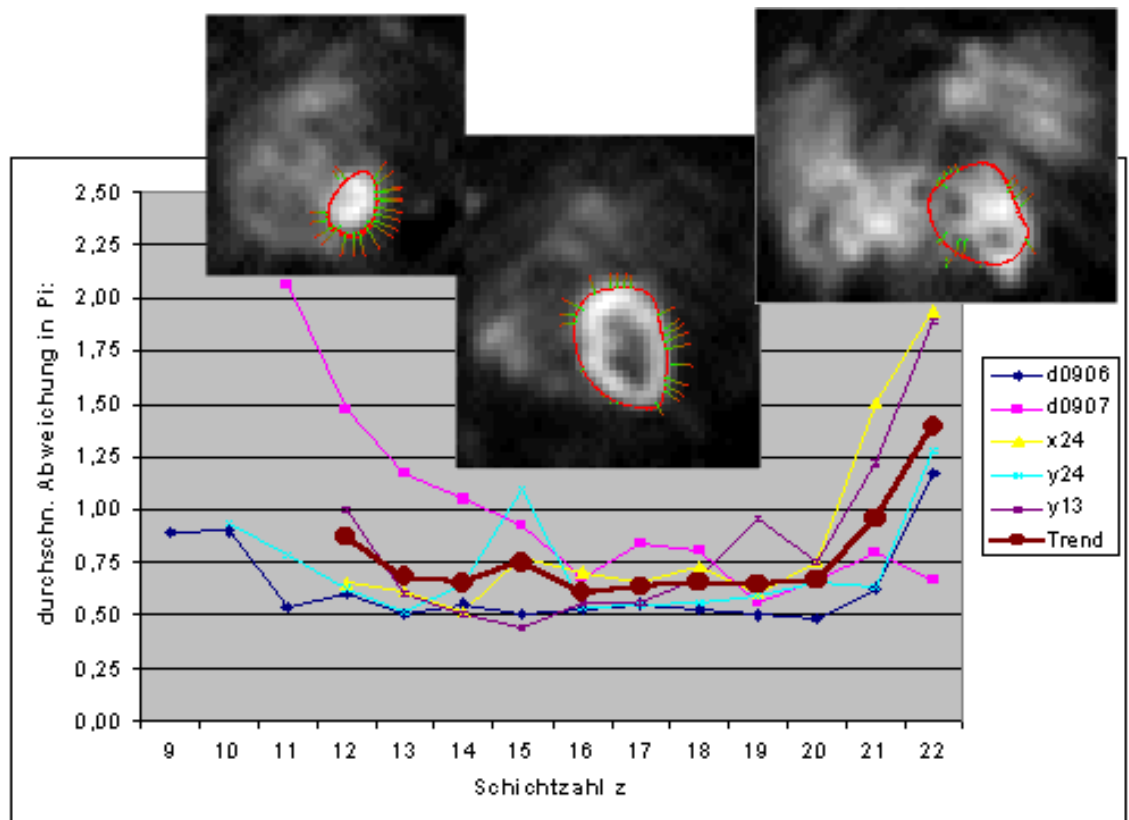


Abbildung 7.7: Abweichung der gefundenen Kontur von der Handsegmentierten in Pixeln für jede z-Schicht; Bilder: schlechteste Ergebnisse für verschiedene Schichten

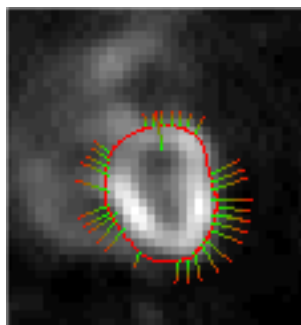


Abbildung 7.8: Beispiel: Ausgleichen eines falsch gefundenen Kontur-Kandidaten durch die Nachbarn

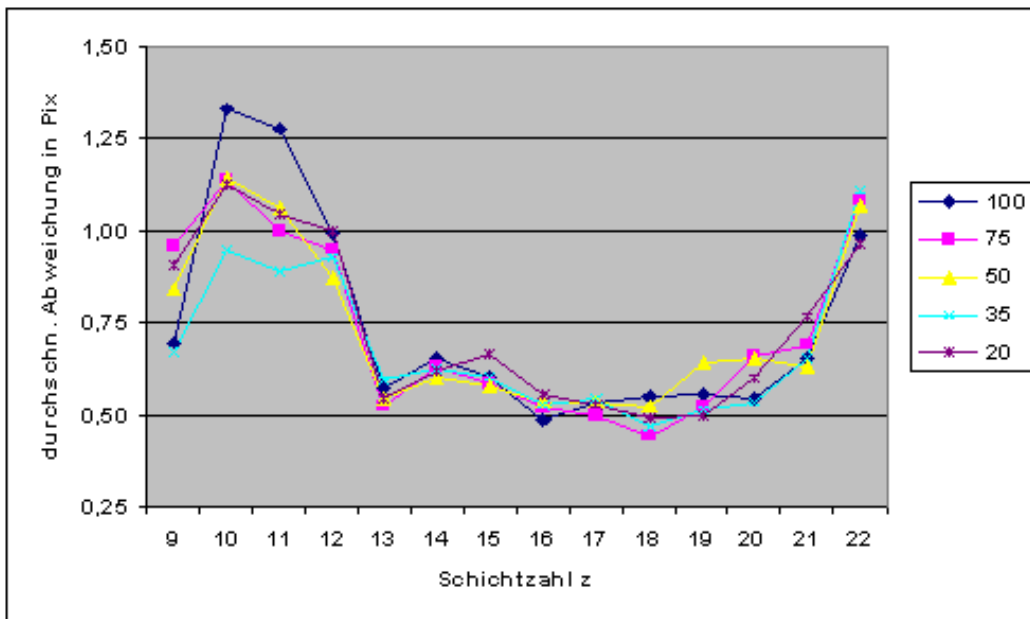


Abbildung 7.9: Einfluss der Anzahl der Singulärwerte in Prozent auf die Qualität der Segmentierung

am weitesten links, rechts, oben und unten liegen. Tests haben ergeben, dass dabei Abweichungen um bis zu 3 Pixel nach oben/unten bzw. links/rechts möglich sind. Nur in einem Datensatz (0906) ist eine höhere Genauigkeit erforderlich, da das Modell nur wenig größer als die gesuchte Oberfläche ist. Ist die Angabe der Bounding-Box trotz der Robustheit gegenüber der Nutzer-Variabilität misslungen, steht eine kleine Navigation im Interface zur Verfügung, um das Initial-Modell so zu positionieren, dass es in jeder Schicht das Epikard umschließt. Dazu gibt es eine Interface-Beschreibung im Implementierungskapitel.

Einfluss der Iterationszahl

Je mehr Iterationen durchgeführt werden, um ein Modell mit einer FFD zu verformen, desto genauer passt es sich den gegebenen Daten an. Um diese Daten zu finden, wird, wie oben beschrieben, ein einfaches Abstandsmaß verwendet, in dessen Bereich nach den Pixeln mit der stärksten Kanteninformation gesucht wird. Ist das Modell an einer Stelle sehr dicht am Epikard platziert, können es auch Endokard-Pixel sein, die gefunden werden. Dies sind dann falsche Konturkandidaten, die aber nur unregelmäßig auftre-

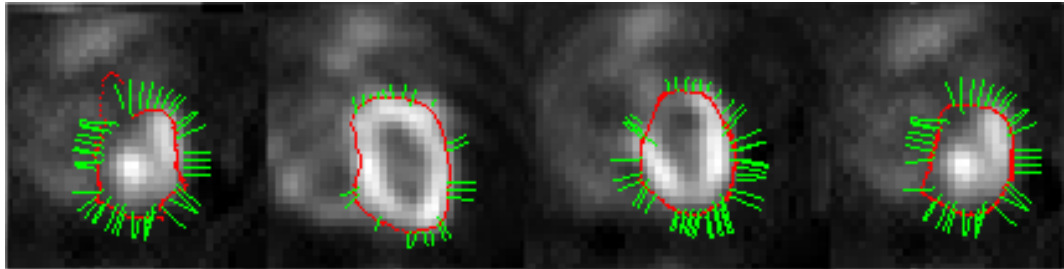


Abbildung 7.10: Verwendung von 100, 75, 35 und 20 Prozent der Singulärwerte

ten. Mit steigender Iterationszahl nimmt deren Einfluß auf die Verformung des Modells zu. In nur einer Iteration und mit einem geeignetem Steifheits-Kriterium wird er dagegen geschwächt, da es benachbarte Konturkandidaten in derselben Schicht und in benachbarten Schichten gibt, die diese „Fehlinformation“ ausgleichen können. Aus diesem Grund wird die FFD in nur einer Iteration durchgeführt.

Einfluss der Anzahl der Singulärwerte auf die Genauigkeit

Die Steifheit bzw. der Einfluss einzelner Kandidaten auf die lokale Form des Modells kann effizient durch die Anzahl der Singulärwerte während der FFD beeinflusst werden. Grafik 7.9 zeigt die Unterschiede der Korrektheit der Segmentierung im Vergleich zur handsegmentierten Kontur für einen ausgewählten Datensatz. Es wurde bewusst ein schwer zu segmentierender Datensatz gewählt, um den Einfluss des Singulärwert-Parameters zu zeigen. In dieser Untersuchung wird deutlich, dass die Parameterwahl besonders in den problematischen Schichten, im Beispiel sind es besonders die Schichten 9 bis 11, eine Rolle spielt. Die Myokard-Fläche ist vergleichsweise klein, das Modell muss sich stark verformen. Gehen alle Singulärwerte in die Berechnung der Verformung ein, ist der Fehler am größten. Dieser wird kleiner, wenn die kleinsten Singulärwerte eliminiert werden und erreicht den kleinsten Wert, wenn 65 Prozent der Werte eliminiert wurden, also 35 Prozent der Singulärwerte benutzt werden. Dort ist der optimale Steifheits-Grad für das Modell erreicht, um sich bei wenigen Kontur-Daten noch zuverlässig verformen zu können. Werden mehr als 65 Prozent eliminiert, ist das Modell zu steif, es geht zu wenig Kanten-Information in die Verformung ein. In den Beispiel-Bildern in Grafik 7.10 sind Beispiel-Ergebnisse für die Verwendung verschiedener Prozentsätze der Anzahl der Singulärwerte gegeben.

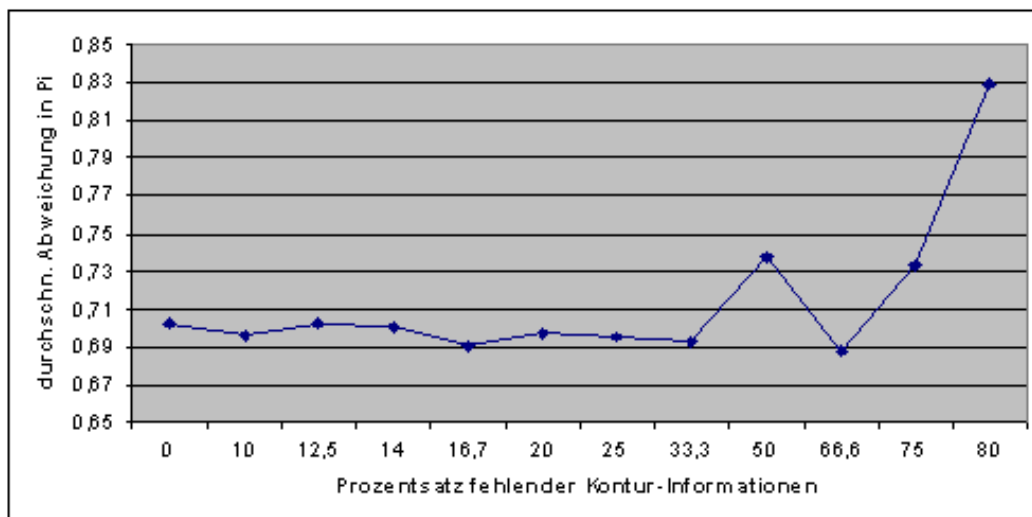
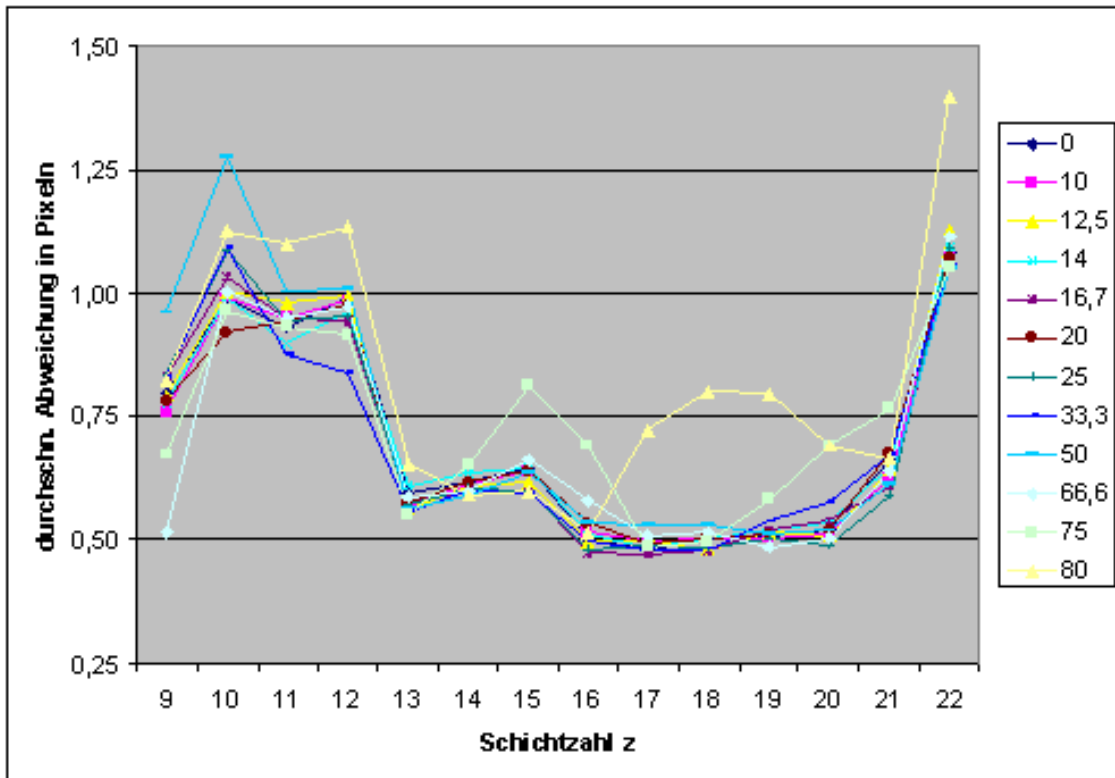


Abbildung 7.11: Einfluss fehlender Konturinformation in Prozent auf die Qualität der Segmentierung

Einfluss fehlender Kontur-Information

Die Kandidaten sind nicht regelmäßig entlang des Modells angeordnet, trotzdem nähert sich das Modell dem Objekt sehr gut an. Schon in der Einleitung wurde betont, wie wichtig ein korrektes anatomisches Modell gerade bei kranken Patienten ist, deren Myokard im LV nicht überall vital ist. Um diese Situation zu imitieren, wurden schrittweise gefundene Konturkandidaten eliminiert, die bei einem gesunden Patienten, wie in den Datensätzen, als Information zur Verfügung stehen. Das Ergebnis ist zufriedenstellend. Bis zu 66 Prozent der Konturpunkte im Datensatz können fehlen, um fast dasselbe Segmentierungs-Ergebnis zu produzieren. Die Grafiken 7.11 zeigen dies. Auffällig ist auch, dass die Fehlerrate bei der Eliminierung von nur 10 bis 33 Prozent der Konturkandidaten sogar gesenkt wird,. Dann gehen zwar auch zufällig falsch erkannte Konturkandidaten nicht mit in die Berechnung ein, aber noch genug „Richtige“ . Das Modell verformt sich mit nur vier Konturkandidaten pro Schicht noch relativ korrekt. Bei der Eliminierung von über 67 Prozent der Information hat jeder Konturkandidat einen sehr starken Einfluss auf die globale Modell-Verformung. Plausible Ergebnisse sind dann nur noch annähernd, z.B. als Vorverarbeitungsschritt für andere Methoden, möglich.

Verbesserungen: falsche Konturkandidaten ausschließen

Eine offensichtliche Fehlerquelle für falsch verformte Modelle sind versehentlich gefundene Endokard-Konturpunkte im Epikard-Modell. Diese Möglichkeit wird entweder durch eine einschränkende Bedingung ausgeschlossen, oder die falschen Kandidaten werden in einem Nachverarbeitungsschritt gefunden und eliminiert.

Zur ersten Idee bietet sich die Einführung eines Suchkorridores an. Den äußeren Ring bildet das Initialmodell, den inneren ein Modell, das genau zwischen Epikard und Endokard liegt. Der Suchbereich für Konturkandidaten wäre damit sinnvoll eingeschränkt. Der innere Ring lässt sich aber bei genauerer Betrachtung nicht realisieren, da dSPECT-Daten eine sehr geringe Auflösung haben, das Myokard also teilweise eine Dicke von etwa 2 Pixeln hat. Bei einer natürlichen Variation von Ventrikel-Formen lässt sich kein Modell finden, das sich so eng einpassen lässt.

Ähnlich verhält es sich mit der Wahl des Abstandsmaßes, das den zulässigen Suchbereich für Kandidaten, ausgehend vom Initialmodell, vorgibt. Das Initial-Modell ist nicht in einem gleichmäßigen Abstand zur Kontur positioniert. Das Maß von 4 Pixeln ist empirisch, aber nicht optimal für alle Datensätze und Modell-Positionen.

7.4.3 Endokard

Vergleich mit manuell eingezeichneten Ventrikel-Konturen

Bis auf wenige Ausnahmen sind die Segmentierungs-Ergebnisse als gut zu bewerten. Die durchschnittliche Abweichung von manuell eingezeichneten Konturen beträgt 0,73 Pixel. Unzureichend sind die Ergebnisse, wie schon beschrieben, wenn die Position des Endokards von der erwarteten abweicht. Dies ist so im Datensatz „0906“ in den letzten beiden Schichten, sowie in „0907“ in der ersten und letzten Schicht. In allen anderen Test-Datensätzen wurden annähernd konstante Qualitäts-Werte für das gesamte Modell festgestellt, obwohl in vielen Schichten kaum zuverlässige Informationen zum Endokard gefunden werden konnten.

Einfluss der Iterationszahl, Einfluss der Anzahl der Singulärwerte auf die Genauigkeit, Einfluss fehlender Kontur-Information

Für diese Analysen sind die Ergebnisse der Betrachtungen für das Epikard übertragbar.

Einfluss der Nutzer-Variabilität

Für die Berechnung des Initialmodelles ist die korrekte Angabe der Schichten mit Endokard-Vorkommen wichtig. Der gewählte Ventrikel-Mittelpunkt muss den tatsächlichen Mittelpunkt jedoch nur annähern. Es reicht, zwei Pixel zu markieren, die weder im Myokard liegen, noch außerhalb des Ventrikels. Es sind also große Variationen möglich, um trotzdem robuste, reproduzierbare Ergebnisse zu erhalten. Dies ist möglich, weil nur auf einer kleinen Teilstrecke zwischen Epikard-Punkt und Mittelpunkt nach Kandidaten gesucht wird. Epikard-Punkte liegen sehr dicht beieinander, so dass relevante Konturkandidaten auch bei deplatzierten Mittelpunkten gefunden werden.

Alternativen zur Wahl des Verfahrens

Im Literatur-Kapitel wurde herausgehoben, dass ein Verfahren gesucht wird, mit dem man mehrere Modelle simultan verformen kann. Unter anderem deshalb fiel die Wahl auf verformbare Superquadriken mit FFD's. Obwohl ursprünglich angedacht, wurde für die Endokard-Segmentierung nicht dieselbe Transformation wie für das Epikard verwendet. Der Grund ist die problematische Initialisierung des zu verformenden Modelles. Für das Epikard wurde ein etwas größer skaliertes Durchschnitts-Modell gewählt, das sich dann nach innen verformt. Die Wahl der Größe des Endokard-Initial-Modells ist dabei schwierig.

Den Größenunterschied zwischen den beiden Initial-Modellen festzulegen ist vergleichbar mit der Entscheidung, nach den geeigneten Endokard-Kandidaten im Abstand von 2 bis 4 Pixeln vom Epikard entfernt zu suchen. Die angewandte Methode ist jedoch der letzteren überlegen, da lokal noch Variationen möglich sind, wie z.B. die Auswahl der Kandidaten aus jeweils 3 Pixeln. Bei der simultanen Modell-Verformung müsste eine lokale Kandidaten-Suche anschließen, gefolgt von einer weiteren Deformation, wobei dann dieselben Ergebnisse zu erwarten sind. Diese Methode würde also mit mehr Aufwand zu dem selben Ergebnis führen.

7.4.4 Betrachtungen zum Zeitaufwand für den Nutzer

Das Segmentierungs-Verfahren läuft nicht in Echtzeit, ist aber sehr schnell im Vergleich zu manueller Segmentierung. Für die Initialisierung der Datensätze wird etwa eine Minute auf einem 900 MHz Athlon PC benötigt. Dazu gehört das Einlesen der Originaldaten, der Karhunen-Loeve-transformierten Daten und des Initialmodells. Die Initialisierung des Epikard-Initial-Modelles erfordert 6 Klicks mit der Maus und Navigation durch den Datensatz per Interface. Die dafür benötigte Zeit muss als stark variabel angenommen werden. Ein trainierter Nutzer benötigt dafür weniger als 10 Sekunden.

Die eigentliche Modell-Deformation für das Epikard benötigt weniger als 5 Sekunden, die Initialisierung des Endokard-Modelles benötigt 2 weitere Klicks und etwa 15 Sekunden für die Berechnung. Die Deformation ist wieder in weniger als 5 Sekunden abgeschlossen.

Tests mit verschiedenen Nutzern, die trainiert und erfahren waren oder unerfahren mit Anleitung arbeiteten, ergaben, dass die Beschäftigung mit einem Datensatz insgesamt zwischen 2 und 4 Minuten Zeit erfordert.

Dies schließt Zeit für eventuelle manuelle Modell-Korrekturen nicht mit ein.

Wird die Berechnung der Karhunen-Loeve-Transformation mit in das Software-System integriert, kommen weitere 2 Minuten hinzu.

Die benötigte Zeit für die Offline-Algorithmen der Durchschnitts-Modell-Berechnung und der Initial-Modell-Berechnung liegt ebenfalls in einem Zeitrahmen weniger Minuten. Dies spielt aber weniger eine Rolle, da die Berechnung schon erfolgt ist, bevor der Nutzer sich mit dem Software-System beschäftigt.

7.5 Ventrikelsegmentierung - Zusammenfassung

Ein Verfahren zur Ventrikel-Segmentierung in stark gestörten dSPECT-Daten wurde entwickelt, das sowohl für Daten gesunder Patienten, als auch für Daten mit letalen Ventrikel-Regionen zuverlässige anatomische Informationen liefert.

Stärken liegen in der Robustheit gegenüber Nutzer-Variabilität, Rauschen und anderen Artefakten wie PVE und fehlenden Kontur-Informationen. Die Ergebnis-Modelle lassen sich durch wenige Parameter und Deformations-Daten repräsentieren, was eine Integration in ein Visualisierungs-System vereinfacht.

Eine Schwäche ist, dass das Verfahren sehr speziell für dSPECT-Daten parameterisiert wurde. Bei veränderten Parametern, Initial-Modellen etc. ist natürlich auch die Anwendung für andere Bildmodalitäten und Aufgaben möglich. Eine weitere Schwäche stellt die Notwendigkeit der Nutzer-Interaktion dar. Der Erfolg der Endokard-Segmentierung hängt von einer erfolgreichen Epikard-Segmentierung ab, aber auch von der „Regularität“ der Kontur-Position bezüglich des Epikards. Die Qualität der Epikard-Erkennung ist besonders in den Anfangs- und Endschichten schwankend, wenn die tatsächliche Form stark von der erwarteten Durchschnitts-Form abweicht.

Das vorgeschlagene Verfahren funktioniert für einen Großteil der Datensätze sehr gut. Sollten in Zukunft jedoch mehr Datensätze zur Verfügung stehen, wird sich die Segmentierungsqualität zunehmend verbessern. Dann kann von einer zuverlässigeren Wissensbasis ausgegangen werden, die auch Unregelmäßigkeiten abdeckt.

Die im Literatur-Kapitel vorgeschlagenen AAAM-Ansätze könnten dann eine gute Alternative sein, um flexibler auf variable Datensätze reagieren zu können.

Kapitel 8

Implementierung

Die Software zur Umsetzung der besprochenen Verfahren wurde in C++ mit dem Microsoft Visual Studio 6 entwickelt. Die Wahl fiel auf diese Programmiersprache, da sich mit ihr zum einen Betriebssystem-unabhängige Programme entwickeln lassen, zum anderen aber auch viele wissenschaftliche, numerische und grafische Bibliotheken bestehen, die sich leicht einbinden und benutzen lassen. So stellt die Benutzung von optimierten Bibliotheken sicher, dass zeitaufwändige Algorithmen wie Optimierungsprobleme möglichst effizient ausgeführt werden.

In diesem Kapitel werden grundlegende Fakten zur Implementierung vorgestellt. Die detaillierte Beschreibung der Interfaces, sowie deren Benutzung am Beispiel wird im Handbuch zur Software besprochen.

8.1 Strukturierung

Die entstandene Software besteht aus vier Teilen. Die erste Komponente liest die 4-dimensionalen Original-Daten ein und reduziert diese mit Hilfe der Karhunen-Loeve-Transformation zu jeweils vier 3D-Datensätzen. Diese werden gespeichert.

Sie sind u.a. Voraussetzung für die beiden Haupt-Komponenten, der Leber-Segmentierungs-Software und der Ventrikel-Segmentierungs-Software. Beide wurden getrennt behandelt, da es - zu Demonstrationszwecken - zu übersichtlicheren Interfaces beider Programme führt. Eine Zusammenführung ist aber möglich.

Eine andere Voraussetzung für die Ventrikel-Software ist das Initialmodell des Ventrikels, das verformte Superellipsoid, das mit der vierten Software-Komponente offline generiert wird. Diese wird in der Praxis nur selten gebraucht, da ein existierendes Durchschnitts-Modell für beliebige Datensätze

verwendbar ist. Deshalb kann sie von den anderen Programmen getrennt entwickelt werden, während eine Kombination der drei anderen Programme in ein großes Software-System denkbar wäre.

8.2 Verwendete Bibliotheken

8.2.1 Interface: FLTK

Wie andere GUI-Toolkits auch, ist FLTK (Fast Light Tool Kit) eine Cross-Plattform-Bibliothek für Windows, Unix/Linux und Mac OS. OpenGL-Ausgaben werden unterstützt. Der eigentliche Vorteil dieses Kits ist aber die Effizienz der Darstellung, die einfache Benutzung und Installation und die geringe Größe der Bibliothek bei gleichzeitig umfassenden GUI-Elementen.

8.2.2 Grafische Darstellung: OpenGL

Die grafische Ausgabe der Bilddaten und der 2D-Konturen erfolgt mit Hilfe von OpenGL, das Nutzer-Interaktion ermöglicht. Dessen Benutzung wird von FLTK unterstützt.

8.2.3 Numerik: GSL

Optimierungsprobleme und numerische Berechnungen wie Eigenwert-Berechnungen, „multidimensional conjugate gradient“-Methoden und Singulärwert-Zerlegungen wurden vielfach implementiert und sind mit GSL (GNU Scientific Library in C) einfach in Programme zu integrieren. GSL stellt damit eine bequeme und effiziente Alternative zu MATLAB dar. Für wissenschaftliche Zwecke ist die Benutzung der Scientific Library kostenlos möglich.

8.2.4 Geometrische Datenstrukturen: CGAL

Eine spezielle geometrische Datenstruktur, der kD-Baum, wurde für die effiziente Bestimmung des am nächsten liegenden Superellipsoid-Punktes für jeden Datenpunkt bei der Initialmodell-Berechnung benutzt. Diese Datenstruktur ist mit CGAL (Computational Geometry Algorithms Library) leicht zu integrieren und zu benutzen. Für diese Bibliothek wurden optimierte geometrische Algorithmen in C++ entwickelt. Problematisch ist bei deren Anwendung jedoch, dass Konflikte mit anderen Bibliotheken wie FLTK und VTK bei gleichzeitiger Integration in das Projekt auftreten. Deshalb kann für die Offline-Software-Komponente kein Interface benutzt werden, was eine flexible Handhabung der einzulesenden Daten verhindert.

8.2.5 3D-Visualisierung: VTK

Eine umfangreiches Toolkit zur Visualisierung stellt VTK (Visualization Tool Kit) bereit. Zur Darstellung der 3D-Modelle wurde es hier benutzt, wobei die volle Funktionalität noch nicht ausgenutzt wurde. Dies könnte Gegenstand zukünftiger Arbeit an einem Software-System sein.

8.3 Wichtige eigene Datenstrukturen

Für die Speicherung und Verarbeitung von 3D- und 2D-Konturinformationen haben sich doppelt verkettete Listen bewährt, die als Datenstruktur „MY POINTS“ in „my points.h“ bzw. „my points.cxx“ implementiert wurden. Eine 3D-Oberfläche wird durch ein Array von Listen repräsentiert, die jeweils die Konturdaten der Schichten enthalten. Jedes Listenelement speichert die Koordinaten des Punktes, seinen Winkel innerhalb der 2D-Kontur, für den von einem Mittelpunkt in der Ventrikel-Mitte bzw. der Leberregion-Mitte ausgegangen wird, und andere nützliche Parameter. Eine Liste enthält noch Angaben über die Anzahl ihrer Elemente. Die Liste wird generiert, indem für jeden neu einzufügenden Punkt sein Winkel bestimmt wird und die Position gesucht wird, an der er eingefügt werden kann. Punkte mit gleichen Winkeln werden deshalb nicht gespeichert. Man erhält eine regelmäßige Kontur, die mit OpenGL-Funktionen dargestellt werden kann.

Für die Speicherung von 3D- und 4D-Daten werden Arrays mit entsprechenden Dimensionen verwendet.

8.4 Details am Beispiel

Implementierungs-Details wie die Parameterwahl für die nonlineare isotrope Diffusion, oder die Zahl der Singulärwerte und Iterationen bei der Free-Form-Deformation, wurden schon ausreichend in den entsprechenden Kapiteln besprochen.

Zusätzlich ist es interessant, die Umsetzung des Fletcher-Reeves-Algorithmus zur multidimensionalen Minimierung einer Funktion zu betrachten, die zur Parameter-Bestimmung des Superellipsoides genutzt wurde.

8.4.1 Fletcher-Reeves-Algorithmus (mit GSL)

Die Gleichung 7.2 mit 11 Parametern und damit 11 Dimensionen soll minimiert werden. Allgemein werden die Gradienten der Funktion betrachtet,

um ein eindimensionales Minimum für eine Variable zu finden und um damit die Suchrichtung festzulegen. Dies wird solange für die anderen Parameter wiederholt und aktualisiert, bis ein globales Minimum gefunden ist. Ein etablierter Algorithmus mit dieser Vorgehensweise ist der Fletcher-Reeves-Algorithmus. Er wird in der GSL-Bibliothek zur Verfügung gestellt. Der Programmierer muss eine zu minimierende Funktion zur Verfügung stellen (Gleichung 7.2), hier (f), sowie Funktionen, die die Gradienten der Funktion berechnen (df) und Funktionen, die Gradienten und Funktionswert zusammen berechnen (fdf).

Der multidimensionale Minimierer wird mit diesen Funktionen, sowie mit den Initial-Werten der Parameter als Startwert der Suche initialisiert. Ein Iterationskriterium wird mit einem Funktionswert festgelegt, der erreicht werden muss, um die Minimierung zu stoppen. Der Fletcher-Reeves Algorithmus benutzt nun diese Funktionen und das Iterationskriterium, um das globale Minimum der Funktion zu bestimmen.

Die Implementierung findet sich in der Datei `minimizer.cxx`.

8.5 Ausblick

Die vorliegende Software, und besonders das Interface, wurde hauptsächlich so entwickelt, dass die Funktionsweise der verwendeten Verfahren nachvollziehbar wird. Deshalb sind die Benutzer-Oberflächen bewusst einfach gehalten und lassen oft jeweils nur eine Aktion des Nutzers zu, die kommentiert wird und eine Reaktion bewirkt. Mit einem Programm-Durchlauf ist nur die Bearbeitung eines Datensatzes möglich.

Für weiterführende Arbeiten ist ein komplexes Software- bzw. Visualisierungssystem denkbar, das flexibler auf Nutzereingaben, aber auch auf wechselnde Datensätze etc. reagieren kann. Dieses kombiniert Offline-/Online- und Visualisierungskomponenten in ein Interface, das leicht vom medizinischen Experten zu bedienen ist. Die Visualisierung der Ergebnisse kann durch die Integration von Bilddaten und Modellinformation in ein interaktives Modell erheblich verbessert werden.

Kapitel 9

Zusammenfassung

9.1 Vor- und Nachteile des Verfahrens zur Lebersegmentierung

Die bottom-up-Strategie zur Leber-Segmentierung führt zu relativ genauen Ergebnissen, wenn nur die Funktionalität des Organs betrachtet wird. Sind Teile der Leber, z.B. einer der Leberlappen, letal, so wird nicht die korrekte Anatomie segmentiert werden, sondern nur die Teile des Organs, die noch funktionsfähig sind.

Das Verfahren ist schnell und der Nutzer kann manuell Korrekturen vornehmen. Außerdem ist es robust gegenüber Nutzer-Variabilität.

Ein Nachteil ist jedoch, dass, wenn auch sehr wenig, Nutzer-Interaktion gefordert wird. Die Entscheidung, ob das Regionen-Wachstum linear von oberen Schichten nach unten auftritt, oder sprunghaft, mag sehr subjektiv sein und erfordert ein gewisses Maß an Training.

9.1.1 Mögliche Verbesserungen

Es wäre denkbar, ein ähnliches top-down-Verfahren wie zur Ventrikel-Segmentierung auch für die Leber anzuwenden. Damit würde die Anatomie des Organs in den Mittelpunkt gerückt werden. Mit diesem Wissen lassen sich die funktionellen Daten leichter auswerten. Der Nutzer-Aufwand wäre derselbe wie bei dem bottom-up-Verfahren, die benötigte Rechenzeit wäre höher, aber akzeptabel. Die subjektive Nutzer-Entscheidung zur Leber-Form wäre damit nicht mehr nötig.

9.2 Vor- und Nachteile des Verfahrens zur Ventrikel-Segmentierung

Erfolgreich ist auch das Verfahren, verformte Superellipsoide zur Konturfindung des linken Ventrikels zu benutzen. Analysen haben gezeigt, dass es sowohl für Daten kranker Patienten, als auch für Daten Gesunder akzeptable Ergebnisse liefert. Es ist tolerant gegenüber Nutzer-Variabilität und bietet die Möglichkeit manueller Korrektur. Mit gestörten, fehlerhaften und verrauschten Daten kann es gut umgehen. Die Ergebnis-Segmentierung lässt sich effizient speichern.

Es erfordert jedoch Nutzer-Interaktion. Das Ergebnis ist stark von der Initialisierung des Ausgangs-Modells abhängig, was aber durch manuelle Korrektur ausgeglichen werden kann. In den vorliegenden Datensätzen ist die Form des Initialmodells sehr erfolgreich, dies ist aber bei stark abweichenden Daten nicht garantiert.

9.2.1 Mögliche Verbesserungen

Die Verformung des Modelles wird momentan außer durch die Konturkandidaten auch durch die Anzahl der Singulärwerte bestimmt, die mit in das Optimierungsverfahren eingehen. Dadurch ist eine gewisse Steifheit bzw. Elastizität des Kontur-Modells gegeben. Als Erweiterung wäre noch eine Bedingung denkbar, die das verformte Modell auf Plausibilität überprüft.

Die Form des Initial-Modelles könnte weiter aktualisiert werden, wenn neue Datensätze hinzukommen. So ist eine bessere Approximation möglichst vieler regulärer Variationen der Ventrikel-Form möglich.

Dem Verfahren mangelt es an Test-Datensätzen. Wären mehr Datensätze vorhanden, könnten andere Verfahren wie AAAM's dem verwendeten überlegen sein. Dies ist absehbar.

9.2.2 Zusammenfassung

Ein Verfahren wurde gefunden und modifiziert, das optimale Ergebnisse unter den gegebenen Bedingungen liefert. Das modulare Software-System zur Segmentierung wurde möglichst nutzerfreundlich gestaltet und kann in ein komplexeres dSPECT-System integriert werden, das auch Möglichkeiten zur Daten-Visualisierung bietet.

Verbesserungen sind möglich, sobald sich die Technik der dSPECT-Datenaquisition verbreitet hat. Dann stehen mehr Datensätze zur Verfügung, die eine breitere Wissensbasis ermöglichen.

Literaturverzeichnis

- [ACH⁺91] E. Arkin, L. P. Chew, D. Huttenlocher, K. Kedem, and J. Mitchell. An efficiently computable metric for comparing polygonal shapes. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, 13:209–211, March 1991.
- [AGP91] Y. Amit, U. Grenander, and M. Piccioni. Structural image restoration through deformable models. *J. Amer. Statist. Assoc.*, 84, No. 414:376–387, 1991.
- [AP95] E. A. Ashton and K. J. Parker. Multiple resolution bayesian segmentation of ultrasound images. *Ultras. Imag.*, 17:291–304, 1995.
- [Bar81] D. A. Barr. Superquadrics and angle preserving deformations. *IEEE Computer Graphics And Applications*, 1, No. 1:11–23, Januar 1981.
- [BBGB98] D. Boukerroui, O. Basset, N. Guirin, and A. Baskurt. Multiresolution texture-based adaptive clustering algorithm for breast lesion segmentation. *Eur. J. Ultrasound*, 8, No. 2:135–144, 1998.
- [BCA96a] E. Bardinet, L. D. Cohen, and N. Ayache. A parametric deformable model to fit unstructured 3d data. *Comp. Vision Image Understanding*, auch:INRIA RR-2617 ftp.inria.fr/INRIA/tech-reports/RR/, 1996.
- [BCA96b] E. Bardinet, L. D. Cohen, and N. Ayache. Tracking and motion analysis of the left ventricle with deformable superquadrics. *Medical Image Analysis*, x, No. 2:129–149, 1996.
- [Ber99] M-O. Berger. Snake growing. *Computer Vision - EECV'90*, pages 570–572, April 1999.

- [BHR] P. J. Burt, T. H. Hong, and A. Rosenfeld. Segmentation and estimation of image region properties through cooperative hierarchical computation. *Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, Vol SMC-11, No. 12.
- [BML⁺02] J. G. Bosch, S. C. Mitchell, R. J. Lelieveldt, Nijland, Kamp, M. Sonka, and J. H. C. Reiber. Automatic segmentation of echocardiographic sequences by active appearance motion models. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 21, No. 11:1374–1383, November 2002.
- [BVBP87] J. A. K. Blokland, A. M. Vossepoel, A. R. Bakker, and E. K. J. Pauwels. Delineating elliptical objects with an application to cardiac szintigrams. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 6, No.1:57–66, March 1987.
- [CC93] I. Cohen and L. D. Cohen. Finite element methods for active contour models and balloons for 2d and 3d images. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intelligence*, 15, No. 11:1131–1147, 1993.
- [CCA92] I. Cohen, L. D. Cohen, and N. Ayache. Using deformable surfaces to segment 3d images and infer different structures. *CVGIP: Image Understanding*, 56, No. 2:242–263, 1992.
- [CCCD93] V. Caselles, F. Catté, T. Coll, and F. Dibos. A geometric model for active contours in image processing. *Numerische Mathematik*, 14:1–31, 1993.
- [CET01] T. F. Cootes, G. J. Edwards, and C. J. Taylor. Active appearance models. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intelligence*, 23:681–685, June 2001.
- [CLHK96] V. Chalana, D. T. Linker, D. R. Haynor, and Y. Kim. A multiple active contour model for cardiac boundary detection on echocardiographic sequences. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15:290–298, June 1996.
- [Coh91] L. D. Cohen. On active contour models and balloons. *CVGIP: Image Understanding*, 53, No. 2:211–218, 1991.
- [CP80] M. H. Chen and T. Pavlidis. Image segmentation as an estimation problem. *Comput. Graphics and Image Processing*, vol. 12:153–172, 1980.

- [CSD96] A. Chakraborty, L. H. Staib, and J. S. Duncan. Deformable boundary finding in medical images by integrating gradient and region information. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 15, No.6:859–870, December 1996.
- [CTCG95] T. F. Cootes, C. J. Taylor, D. H. Cooper, and J. Graham. Active shape models - their training and application. *Comp. Vision Image Understanding*, 61, No.1:38–59, 1995.
- [DBA⁺97] E. Debreuve, M. Barlaud, G. Aubert, I. Laurette, and J. Darcourt. Space-time segmentation using level set active contours applied to myocardial gated spect. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 16, No.2:199–209, April 1997.
- [dBvKOS97] M. de Berg, M. van Kreveld, M. Overmars, and O. Schwarzkopf. *Computational Geometry: Algorithms and Applications*. Springer-Verlag, Berlin, 1997.
- [Del99] H. Delingette. General object reconstruction based on simplex-meshes. *Int. J. Comp. Vision*, 32, No.2:111–146, 1999.
- [FA89] N. Friedland and D. Adam. Automatic ventricular cavity boundary detection from sequential ultrasound images using simulated annealing. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 8:344–353, December 1989.
- [FCHM99] T. Farncombe, A. Celler, R. Harrop, and J. Maeght. Dynamic spect imaging using single camera rotations (dspect). *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 46:1055 – 1061, August 1999.
- [FS98] R. Fagin and L. Stockmeyer. Relaxing the triangle inequality in pattern matching. *Int. J. Comput. Vision*, 30, No. 3:219–231, March 1998.
- [GBR⁺02] O. Gérard, A. C. Billon, J-M. Rouet, M. Jacob, M. Fradkin, and C. Allouche. Efficient model-based quantification of left ventricular function in 3-d echocardiography. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 21, No.9:1059–1068, September 2002.
- [GCM⁺03] M. P. Griffin, F. Chen, K. L. McMahon, G. Campbell, S. J. Wilson, S. E. Rose, M. Veidt, C. J. Bennett, M. Wegner, and D. M. Doddrell. Measuring cardiac strain using laplacian smoothing splines. *ANZIAM J.*, 44(E):C249–C270, 2003.

- [Gia98] A. Giachetti. On-line analysis of echocardiographic image sequence. *Medical Image Anal.*, 2, No. 3:261–284, 1998.
- [GL96] G. H. Golub and C. F. Van Loan. *Matrix Computations 3rd Ed*, chapter 14. Johns Hopkins University Press, 1996.
- [Hig95] W. E. Higgins. Automatic determination of lv orientation from spect data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14, No. 1:88–99, März 1995.
- [HNG92] I. Herlin, C. Nguyen, and C. Graffigne. A deformable region model using stochastic processes applied to echocardiographic images. *Proc. Conf. Computer Vision and Pattern Recognition*, 1992.
- [Jec96] E. Jecklin. *Arbeitsbuch Anatomie und Physiologie*. 1996.
- [JKK⁺97] A. Yezzi Jr., S. Kichenassamy, A. Kumar, P. Olver, and A. Tannenbaum. A geometric snake model for segmentation of medical imagery. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 16, No.2:199–209, April 1997.
- [JNB⁺02] G. J. Jacob, J. A. Noble, C. Behrenbruch, A. D. Kelion, and A. P. Banning. A shape-space-based approach to tracking myocardial borders and quantifying regional left-ventricular function applied in echocardiography. *IEEE Transactions On Medical Imaging*, 21, No.3:226–238, March 2002.
- [JNMPB99] G. J. Jacob, J. A. Noble, M. Mulet-Parada, and A. Blake. Evaluating a robust contour tracker on echocardiographic sequences. *Med. Image Anal.*, 3, No.1:63–75, 1999.
- [KSC92] D. Keren, J. Subrahmonia, and D. B. Cooper. Robust object recognition based on implicit algebraic curves and surfaces. *Proc. Computer Vision Pattern Recog.*, pages 791–794, 1992.
- [LYO⁺90] P. Lipson, A. L. Yuille, D. O’Keeffe, J. Cavanaugh, and D. Rosenthal. Deformable templates for feature extraction from medical images. *Proc. 1st Eur. Conf. Computer Vision*, pages 413–417, 1990.
- [MBBP87] G. E. Mailloux, A. Bleau, M. Bertrand, and R. Petitclerc. Computer analysis of heart motion from two-dimensional echocardiograms. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, 34:356–364, May 1987.

- [MBL⁺91] J. V. Miller, D. E. Breen, W. E. Lorensen, R. M. O'Bara, and M. J. Wozny. Geometrically deformable models: A method for extracting closed geometric models from volume data. *Computer Graphics(Proc. SIGGRAPH'91 Conf.)*, 25, No.4:217–226, July 1991.
- [MBL⁺02] S. C. Mitchell, J. G. Bosch, R. J. Lelieveldt, B. P. F. van der Geest, J. H. C. Reiber, and M. Sonka. 3-d active appearance models: segmentation of cardiac mr and ultrasound images. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 21, No. 9:1167–1178, September 2002.
- [ME89] R. Mullick and N. F. Ezquerro. Semiautomatic extraction of the left-ventricular chamber from 3-d ct images. *SPIE Visual Communications and Image Processing*, 1199:932–943, 1989.
- [med] www.medizinfo.de.
- [MPN00] M. Mulet-Parada and J. A. Noble. 2d+t boundary detection in ecocardiography. *Med. Image Anal.*, 4, No.1:21–30, 2000.
- [mS03] Prof. Dr. med. Schadé. *Lexikon Medizin und Gesundheit*. 2003.
- [MSV95] R. Malladi, J. Sethian, and B. Vemuri. Shape modeling with form propagation: A level set approach. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intelligence*, 17:158–174, 1995.
- [MT95] T. McInerney and D. Terzopoulos. A dynamic finite element surface model for segmentation and tracking in multidimensional medical images with application to cardiac 4d image analysis. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 19, No.1:69–83, 1995.
- [MT96] T. McInerney and D. Terzopoulos. Deformable models in medical image analysis: A survey. *Med. Image Analysis*, 1:91–108, 1996.
- [Nas73] J.C. Nash. A one-sided transformation method for the singular value decomposition and algebraic eigenproblem. *Computer Journal*, 18, No. 1:74–76,, 1973.
- [NtHRV98] J. Niessen, B. M. ter Haar Romeny, and M. A. Viergever. Geodesic deformable models for medical image analysis. *IEEE Transactions On Medical Imaging*, 17, No. 4:634–641, August 1998.

- [PM87] P. Perona and J. Malik. Scale space and edge detection using anisotropic diffusion. *IEEE Workshop on Computer Vision*, pages 16–22, 1987.
- [RBF⁺97] D. Rueckert, P. Burger, S. M. Forbat, R. D. Mahiaddin, and G. Z. Yang. Automatic tracking of the aorta in cardiovascular mr images using deformable models. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 16:581–590, October 1997.
- [SD92] H. Staib and J. S. Duncan. Boundary finding with parametrically deformable models. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intelligence*, 14:161–175, 1992.
- [SD96] L. H. Staib and J. S. Duncan. Model-based deformable surface finding for medical images. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 15, No.5:720–731, October 1996.
- [SHSJ02] M. Song, R. M. Haralick, F. H. Sheehan, and R. K. Johnson. Integrated surface model optimization for freehand three-dimensional echocardiography. 21, No.9:1077–1090, September 2002.
- [SP86] T. W. Sederberg and S. R. Parry. Free-form deformation of solid geometric models. *Computer Graphics (Proceedings SIGGRAPH’86)*, 20:151–160, August 1986.
- [SRN00] S. Shiffman, G. D. Rubin, and S. Napel. Medical image segmentation using analysis of isolable-contour maps. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 19, No. 11:1064–1075, 2000.
- [STT93] R. Szelisky, D. Tonnesen, and D. Terzopoulos. Modelling surfaces of arbitrary topology with dynamic particles. *Proc. Conf. On Computer Vision and Pattern Recog.*, pages 82–87, June 1993.
- [TF88] D. Terzopoulos and K. Fleischer. Deformable models. *The Visual Computer*, 4, No. 6:306–331, 1988.
- [Toe01] K. D. Toennies. Einführung in die bildverarbeitung. Vorlesungsskript, nr.13, 2001.
- [Toe02] K. D. Toennies. Analysis of dspect data - investigations, findings and questions, May 2002.

- [TP02] K. D. Toennies and R. Pohle. 3d segmentation for analysis of dynamic spect, 2002.
- [TWK88] D. Terzopoulos, A. Wikin, and M. Kass. Constraints on deformable models: Recovering 3d shape and nonrigid motion. *Artif. Intelligence*, 36, No. 1:91–123, 1988.
- [Ueb97] Ueberhuber. *Numerical Computation*, volume 2, chapter 14, pages 325–335. Springer, 1997.
- [uni] www.uni-marburg.de.
- [vGFS⁺02] B. van Ginneken, A. F. Frangi, J. J. Staal, B. M. ter Haar Romeny, and M. A. Viergever. Active shape model segmentation with optimal features. 21, No.8:924–933, August 2002.
- [Wat00] A. Watt. *3D Computer Graphics*, chapter 6, pages 183–185. Addison-Wesley, 3 edition, 2000.
- [Weg02] M. Wegner. Contour detection in mr cardiac images of the left ventricle. Technical report, CMR Brisbane, April 2002.
- [WHS⁺02] I. Wolf, M. Hastenteufel, R. De Simone, M. Vetter, G. P. Glombitza, C. F. Vahl, and H. P. Meinzer. Ropes: A semiautomated segmentation method for accelerated analysis of three-dimensional echocardiographic data. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 21, No. 9:1374–1383, September 2002.
- [WSC97] J. Weng, A. Singh, and M. Y. Chiu. Learning-based ventricle detection from cardiac mr and ct images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16, No. 4:378–392, August 1997.
- [YH92] A. L. Yuille and P. Hallinan. Deformable templates. *Active Vision*, pages 20–38, 1992.