

Matching von Baumstrukturen

Zuordnung von Gefäßsystemen aus Leber und Lunge

Jan Hendrik Metzen¹, Tim Kröger², Andrea Schenk², Stephan Zidowitz²,
Heinz-Otto Peitgen² und Xiaoyi Jiang³

¹ University of Bremen, Faculty of Mathematics and Computer Science,
Robert Hooke Str. 5, 28359 Bremen, Germany

² MeVis Research GmbH, Universitätsallee 29, 28359 Bremen, Germany

³ University of Münster, Faculty of Mathematics and Computer Science,
Einsteinstraße 62, 48149 Münster, Germany

Zusammenfassung. In vielen medizinischen Anwendungen ist eine Registrierung verschiedener Bilddatensätze desselben Organs sinnvoll. Häufig geschieht eine solche Registrierung mit Hilfe manuell in den Bilddatensätzen platzierter Landmarken. In dieser Arbeit wird ein Verfahren vorgestellt, mit dem automatisiert sinnvolle Landmarken bestimmt werden können. Dazu werden Knoten der zuvor mittels eines Segmentierungsverfahrens extrahierten Gefäßbäume mit Hilfe des Assoziationsgraph-Verfahrens einander zugeordnet und die Koordinaten der so zugeordneten Knoten als Landmarken benutzt. Das vorgestellte Verfahren wurde in der *MeVisLab* Entwicklungsumgebung realisiert und getestet.

1 Einleitung

Sowohl von der Leber als auch von der Lunge können mit bildgebenden Verfahren wie Computertomographie (CT) oder Magnetresonanztomographie (MRT) dreidimensionale, digitale Abbilder erstellt werden. In vielen medizinischen Anwendungen existieren mehrere Aufnahmen desselben Organs. Beispiele sind Aufnahmen einer Lunge sowohl im eingeatmeten Zustand als auch im ausgeatmeten Zustand sowie CT und MRT Aufnahmen desselben Organs. Häufig muss für solche Aufnahmen eine *Registrierung* durchgeführt werden, d. h. es müssen Stellen, die denselben Bereich eines Organs in den Bildern repräsentieren, identifiziert werden.

Klassische volumenbasierte Registrierungsmethoden schlagen aufgrund von Lageveränderungen und Deformationen der jeweiligen Organe – verursacht vor allem durch Atmung und Herzschlag – häufig fehl. Um eine Registrierung der Datensätze automatisiert zu ermöglichen, gilt es, nach Eigenschaften der Organe zu suchen, die unter den oben genannten Bedingungen vergleichsweise invariant sind. Ein geeigneter Ansatzpunkt sind hierfür die verschiedenen Gefäßsysteme innerhalb der Organe. Diese verändern zwar ebenfalls Lage und Ausdehnung, jedoch bleibt ihre Struktur nahezu unverändert. Gelingt es, korrespondierende Verzweigungen innerhalb dieser Strukturen zu identifizieren, so können die Koordinaten dieser Zuordnungen als Landmarken verwendet werden. Somit können

auch landmarkenbasierte Registrierungsmethoden eingesetzt werden, die in diesem Anwendungskontext vielversprechender sind.

Bei den Gefäß- und Versorgungssystemen aus Lunge und Leber (Bronchien, Portalvene der Leber etc.) handelt es sich stets um baumförmige Strukturen mit einer ausgezeichneten Wurzel; es existieren Algorithmen, mit denen diese Gefäßsysteme automatisiert extrahiert werden können[1]. Daher sind verschiedene Verfahren aus der strukturellen Mustererkennung zum Matching von Bäumen anwendbar.

2 Stand der Forschung und wesentlicher Fortschritt durch den Beitrag

Ein Ansatz zum Matching von Baumstrukturen ist das so genannte Assoziationsgraph-Verfahren. In diesem wird basierend auf den Gefäßbäumen ein Assoziationsgraph gebildet, der wie folgt definiert ist:

Definition 2.1 (Baum - Assoziationsgraph). Seien $T_1 = (V_1, E_1, w_1)$ und $T_2 = (V_2, E_2, w_2)$ zwei Bäume mit ausgezeichneten Wurzeln. Dann definieren wir den Assoziationsgraphen $G_A = (V_A, E_A)$ von T_1 und T_2 wie folgt:

1. $V_A = V_1 \times V_2$
2. $E_A = \{e = (v_a, v_b) \in V_A \times V_A \mid g(v_a, v_b) = true\}$

Jeder Knoten $v_a = (v_{a1}, v_{a2}) \in V_A$ korrespondiert zu einer Zuordnung der Knoten $v_{a1} \leftrightarrow v_{a2}$. Sind zwei Knoten des Assoziationsgraphen verbunden, so bedeutet dies, dass die beiden korrespondierenden Zuordnungen zueinander konsistent sind. Ob zwei Knoten des Assoziationsgraphen zueinander konsistent sind, wird durch die Bedingung $g(v_a, v_b)$ festgelegt. Pellilo et al.[2,3] geben je nach Anwendungskontext verschiedene Bedingungen g an. Durch Variation dieser Bedingungen (im Weiteren *binäre Constraints* genannt) wird das Verfahren jeweils an eine neue Anwendungssituation (zum Beispiel Finden von Subgraph-Isomorphismen, Many-to-Many Matching etc.) angepasst.

Ziel des Matchingverfahrens ist es, eine möglichst große Menge von Knotenzuordnungen zu finden, die paarweise konsistent sind. Eine Clique¹ maximaler Knotenkardinalität im Graphen G_A induziert genau eine solche maximale Menge konsistenter Knotenzuordnungen: Ist der Knoten $v_a = (v_{a1}, v_{a2})$ in der Clique C , so wird die Zuordnung $v_{a1} \leftrightarrow v_{a2}$ in das Matching aufgenommen.

Das von Pellilo vorgestellte Verfahren hat als Zielsetzung u. a. das Finden von Teilbaum-Isomorphismen maximaler Größe zwischen zwei Bäumen. Aufgrund von Rauschen in den Aufnahmen und daraus resultierenden Fehlern in den segmentierten Gefäßbäumen ist eine Bedingung wie die Isomorphie zweier Bäume für das Matching von Gefäßbäumen zu strikt. Diese Striktheit liegt in den jeweiligen binären Constraints g begründet. In Abschnitt 3 wird eine Modifikation des Assoziationsgraph-Verfahrens beschrieben, die weniger strikte binäre Constraints einsetzt und das Verfahren somit erheblich unempfindlicher gegenüber Rauschen und Fehlsegmentierungen macht.

¹ Bei einer Clique handelt es sich um einen vollständig verbundenen Teilgraphen.

3 Methoden

Während von Pelillo et al.[2,3] für jede Anwendungssituation nur ein binärer Constraint definiert wird, wird im Weiteren eine Variante des Assoziationsgraph-Verfahrens eingeführt, die eine Menge C_G von binären Constraints berücksichtigen kann. Jeder solche Constraint kann auf zwei Knoten des Assoziationsgraphen angewendet werden und gibt eine Bewertung im Intervall $[0, 1]$ zurück. Im Gegensatz zu einer reinen Ja/Nein Antwort wie in Definition 2.1 kann ein Constraint somit auch zu einem gewissen Grad erfüllt sein. Zudem wird jeder Constraint mit einem Faktor ω_i gewichtet, der seine Relevanz für die jeweilige Anwendungssituation bestimmt. Analog wird eine Menge C_F unärer Constraints definiert, die festlegen, ob ein Knoten in den Assoziationsgraphen aufgenommen wird.

Definition 3.1 (Baum - Assoziationsgraph). Seien $T_1 = (V_1, E_1, w_1)$ und $T_2 = (V_2, E_2, w_2)$ zwei Bäume mit ausgezeichneten Wurzeln. Dann definieren wir den Assoziationsgraphen $G = (V_A, E_A)$ von T_1 und T_2 unter den unären Constraints C_F und den binären Constraints C_G wie folgt:

1. $V_A = \{v_a \in V_1 \times V_2 \mid \sum_{f_i \in C_F} \omega_i f_i(v_a) \geq 0.5\}$ mit $\omega_i \in [0, 1]$, $\sum_i \omega_i = 1$
2. $E_A = \{(v_a, v_b) \in V_A \times V_A \mid \sum_{g_j \in C_G} v_j g_j(v_a, v_b) \geq 0.5\}$ mit $v_i \in [0, 1]$, $\sum_j v_j = 1$

Durch die Einführung der unären Constraints kann die Knotenkardinalität des Assoziationsgraph erheblich verringert werden. Das ist insbesondere deswegen wünschenswert, weil es sich bei dem Auffinden einer maximalen Clique in einem Graph um ein \mathcal{NP} -vollständiges Problem handelt. Das Bilden einer gewichteten Summe aller Constraints ermöglicht es, dass eine fehlerhafte Bewertung durch einen Constraint durch eine korrekte Bewertung einer Mehrheit der anderen Constraints (bzw. durch einen höher gewichteten Constraint) korrigiert werden kann.

3.1 Constraints

Unäre Constraints haben das Ziel, frühzeitig Knoten in den beiden Bäumen mit ähnlichen Eigenschaften zu identifizieren, da nur diese als Kandidaten für sinnvolle Zuordnungen in Frage kommen. Eigenschaften von Knoten sind zum Beispiel ihr Level² im Baum, die Länge des eingehenden Gefäßes, das Volumen des an ihnen wurzelnden Teilbaums oder ihre räumlichen Koordinaten. Es hat sich jedoch erwiesen, dass jede der obigen Eigenschaften starken Schwankungen unterliegen kann. Ursachen sind beispielsweise unterschiedliche Auflösungen der bildgebenden Verfahren oder Rauschen in den Aufnahmen. Ersteres kann die Größe eines Teilbaums erheblich verändern, letzteres durch fehlerhaft segmentierte Äste unter anderem die Länge einer Kante verändern.

² Unter dem Level eines Knotens versteht man die Anzahl Kanten, die auf dem eindeutigen Weg von diesem Knoten zur Wurzel traversiert werden müssen.

Eine Eigenschaft, die vergleichsweise unempfindlich gegen solche Störfaktoren ist, ist der räumlich Verlauf des Gefäßes von der jeweiligen Wurzel zu dem jeweiligen Knoten. Diese räumliche Kurve wird durch einen dreidimensionalen Streckenzug beschrieben. Es wurde ein Maß entwickelt, das die Ähnlichkeit zweier solcher Streckenzüge bewertet[4]. Für binäre Constraints wurde ebenfalls festgestellt, dass naheliegende Ähnlichkeitsmaße - wie zum Beispiel die topologische Distanz zweier Knoten - sehr anfällig gegenüber Rauschen sind. Auch hier hat sich erwiesen, dass der räumlicher Verlauf des zwei Knoten verbindenden Pfades ein besserer Ansatzpunkt ist.

4 Ergebnisse

Als Grundlage für die Bewertung der Güte des vom Assoziationsgraph-Verfahren gelieferten Matchings lag für zwei Baumpaare ein per Hand erstelltes Matching als *Ground Truth* vor. Bei diesen Datensätzen handelte es sich um ein Paar von Bronchialbäumen (im eingeatmeten und ausgeatmeten Zustand) und ein Paar von Portalvenen-Bäume (mittels MRT und mittels CT aufgenommen). Die Bäume besaßen jeweils circa 200 Knoten, und die Ground-Truths ordneten jeweils 34 dieser Knoten zu.

In einem ersten Schritt wurde eine Teilmenge der Constraints ausgewählt, die für den Portalvenen-Datensatz gute Ergebnisse lieferte. Für diese Constraints wurde daraufhin ein Parametersatz bestimmt, der optimale Ergebnisse lieferte. Derselbe Satz an Constraints wurde daraufhin auch an dem Bronchialbaum-Datensatz getestet. Die Ergebnisse sind in Tabelle 1 zusammengefasst; das Matching der Portalvenen-Bäume ist in Abbildung 1 visualisiert.. Die Qualität des Ergebnisses ist im Falle der Portalvenen-Bäume besser als im Falle der Bronchialbäume. Die Ursache hierfür ist die Dichotomie der Bronchialbäume, die dazu führt, dass sich viele Bereiche innerhalb eines Baumes sehr ähneln. Ein Beispiel für ähnliche Teilbäume sind die rechte und die linke Hälfte des Bronchialbaum, die sich am ersten Hauptverzweigungspunkt trennen.

Datensatz	Portalvene	Bronchialbaum
Korrekt	17	21
Fehler	0	4
Laufzeit	202.35 sec	369.23 sec

Tabelle 1. Ergebnisse des Matchingverfahrens: Für die Portalvenen-Bäume konnte das Verfahren die Hälfte der Zuordnungen erzielen ohne dabei eine Fehlzurordnung zu treffen. Für die Bronchialbäume wurden 21 Zuordnungen korrekt ermittelt, jedoch auch 4 falsche Zuordnungen. Bei diesen Fehlern verrutschte die Zuordnung jedoch meist nur um ein Level nach oben oder unten in der Baumhierarchie, d. h. der fehlerhaft zugeordnete Knoten war ein Nachbar des eigentlich zuzuordnenden Knotens.

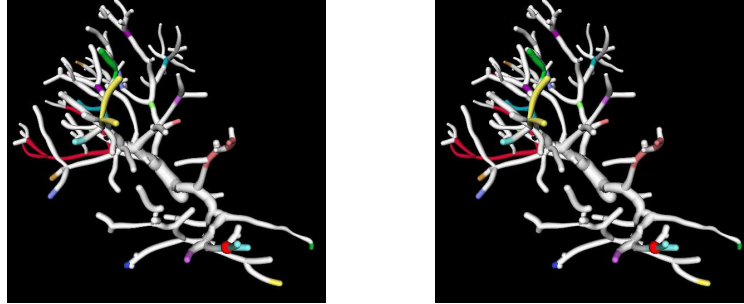


Abb. 1. Dargestellt sind zwei Portalvenen-Bäume sowie das ermittelte Matching. Hierbei sind einander zugeordnete Knoten mit derselben Farbe gefärbt. Sofern durch die Knotenzuordnung ein Isomorphismus zweier Teilbäume induziert wird, so wurden diese Teilbäume mit derselben Farbe gefärbt.

5 Diskussion

Die Ergebnisse zeigen, dass das implementierte Verfahren für typische Beispiele von Gefäßbäumen aus Leber und Lunge in der Lage ist, gute Ergebnisse zu liefern: Es wird ein signifikanter Anteil der Baumknoten mit einem akzeptablen Zeitaufwand sinnvoll zugeordnet. Das Verfahren liefert dabei ein Matching, das keine bzw. nur wenige Fehlzuordnungen beinhaltet und die meisten Teilbereiche der Bäume abdeckt. Zu untersuchen bleibt, inwiefern mit diesem Verfahren ähnliche Ergebnisse auch für schwierigere Anwendungsfälle zu erreichen sind. Als Beispiele seien hierfür die Aufnahme eines Organs mit verschiedenen bildgebenden Modalitäten mit deutlich verschiedenen Auflösungen sowie das Matching von Regenerationsdaten der Leber genannt. Auch eine Verringerung der Laufzeit durch eine hierarchische Zerlegung der Bäume wie von Tschirren et al.[5] beschrieben, wäre wünschenswert.

Literaturverzeichnis

1. Selle D. Analyse von Gefäßstrukturen in medizinischen Schichtdatensätzen für die computergestützte Operationsplanung. Shaker, Aachen; 2000.
2. Pelillo M, Siddiqi K, Zucker SW. Many-to-many Matching of Attributed Trees Using Association Graphs and Game Dynamics. In: Proceedings of the 4th International Workshop on Visual Form. Springer-Verlag, London; 2001. p. 583–593.
3. Pelillo M. Matching Free Trees, Maximal Cliques, and Monotone Game Dynamics. IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell 2002;24(11):1535–1541.
4. Metzen JH. Matching von Baumstrukturen in der medizinischen Bildverarbeitung. Diploma Thesis. Universität Münster; 2006.
5. Tschirren J, McLennan G, Palagyi K, et al. Matching and Anatomical Labeling of Human Airway Tree. IEEE Trans Med Imaging 2005;24(12):1540–1547.