

Effiziente Methode zur Generierung von Ganzkörperdaten für die Fettgewebsanalyse

Diana Wald¹, Tobias Schwarz¹, Markus Fangerau¹, Julien Dinkel²,
Stefan Delorme², Rudolf Kaaks³, Hans-Peter Meinzer¹

¹ Medizinische und Biologische Informatik, DKFZ Heidelberg

² Radiologie, DKFZ Heidelberg

³ Epidemiologie von Krebserkrankungen, DKFZ Heidelberg

d.wald@dkfz-heidelberg.de

Kurzfassung. Ganzkörper-MRT findet im medizinischen Alltag immer mehr Anwendung in der Früherkennung und Ausbreitungsdiagnostik von Erkrankungen. Aufgrund eines erhöhten Rechenaufwandes bei bestimmten Aufnahmetechniken, wie beispielsweise dem Dixon Protokoll, kann die automatische Generierung der Ganzkörperdaten durch die Gerätekonsole nicht erfolgen, es werden nur die einzelnen Segmente gespeichert. In diesem Beitrag wird ein neues Verfahren zur Generierung artefaktfreier Ganzkörperdaten vorgestellt. Spezielles Augenmerk wird dabei auf das Zusammenfügen mehrerer Bildabschnitte gelegt, wobei die Übergänge geglättet werden, um die Qualität der Randbereiche zwischen den einzelnen Segmenten aufzubessern. Die Optimierung erfolgt durch eine Intensitätsnormalisierung und Interpolation zwischen den zusammengeführten Schichten. Weiterhin werden Artefakte der Dixon Sequenz automatisch ausgeglichen, indem Phasenfehler im Bild mittels Differenzbilder automatisch korrigiert werden.

1 Einleitung

Adipositas ist ein wichtiger Faktor für die Entstehung von chronischen Erkrankungen wie koronare Herzkrankheiten, Diabetes mellitus oder Krebs. Doll und Peto führten 1981 etwa 35% der Todesfälle an Krebs auf eine ungünstige Ernährung zurück [1]. Neue wissenschaftliche Studien haben gezeigt, dass ein Zusammenhang zwischen der Entstehung von chronischen Erkrankungen und dem Volumen des viszeralen Fettgewebes besteht [2]. Um weitere Studien mit Hilfe der medizinischen Bildverarbeitung zu unterstützen, werden für diesen Zweck hochaufgelöste Ganzkörper-Magnetresonanztomographen eingesetzt. Ganzkörper-MRT findet im klinischen Alltag nicht nur in der Analyse von Fettgewebe Anwendung, sondern bietet darüber hinaus eine medizinische Vorsorge zur Früherkennung und Ausbreitungsdiagnostik von Erkrankungen wie Entzündungen oder Tumoren [3].

Die Dixon Sequenz ist ein spezielles MRT Protokoll für die Fettgewebsanalyse und separiert das Fett- vom Wassergewebe, indem es die unterschiedlichen

Resonanzfrequenzen der Protonen in Fett und Wasser ausnutzt (Chemische Verschiebung) [4]. Durch einen erhöhten Rechenaufwand können die blockweise aufgenommenen Daten nicht auf der Konsole zusammen gesetzt werden und ein Nachbearbeitungsprozess wird notwendig. Das Hauptproblem bei der Erstellung eines Ganzkörperdatensatzes aus den einzelnen Segmenten bilden die stark veräuschten und intensitätsschwachen Bildränder. Bis heute sind wenige wissenschaftliche Arbeiten publiziert wurden, die sich mit der automatischen Generierung von Ganzkörperdaten befassen [5]. Zudem gibt es ein weiteres Artefakt der Dixon Sequenz: Bei diesem Protokoll kommt es häufig zu einem Phasenfehler im Bild, verursacht durch das inhomogene Magnetfeld. In der Regel greift hier der Unwrapping Algorithmus ein, der auf Region Growing basiert [4]. Jedoch schlägt diese Korrektur in den Beinen häufig fehl und wir erhalten eine fehlerhafte Ausgabe (Abb. 1(d,e)). Bisher gibt es noch keine wissenschaftliche Arbeit, die diesen markanten Fehler in einem Nachbearbeitungsprozess korrigiert.

Glocker und Wachinger haben in [5] eine Methode vorgeschlagen, die durch deformierbares Zusammenfügen der einzelnen Bildabschnitte die Bildrandartefakte korrigiert. Dabei werden überlappende Regionen der einzelnen Abschnitte verwendet. Anhand dieser Methode konnte eine Kompensation der Artefakte und eine Generierung hoch aufgelöster Ganzkörperdaten erzielt werden. Dennoch wird für das Verfahren eine Rechenzeit von etwa 25 min für drei Bildabschnitte benötigt, was auf den Bearbeitungsschritt der simultanen Registrierung zurückzuführen ist. Ziel dieser Arbeit ist die Entwicklung eines effizienten Verfahrens zur Generierung artefaktfreier Ganzkörperdaten. Unsere Methode verwendet Bildabschnitte, die sich nicht überlappen, um eine rechenaufwendige Registrierung zu vermeiden. Zusätzlich verbessern wir die Bildqualität an den Randbereichen durch eine Intensitätsnormalisierung und Interpolation zwischen den einzelnen Bildschichten. Das Verfahren generiert einen Ganzkörperdatensatz aus sechs bis sieben Bildabschnitten innerhalb von $\approx 10,13$ s und liefert einen glatten Übergang zwischen den einzelnen Segmenten. Neben der Generierung von Ganzkörperdaten stellen wir einen Prozess vor, der die Artefakte der Dixon-Sequenz entfernt: Falsch zugeordnete Regionen in den Fett- und Wasserbildern werden automatisch erkannt und korrigiert. Ergebnis dieser Arbeit sind artefaktfreie Ganzkörper-Fett-Daten, die innerhalb kürzester Zeit generiert werden und weitere Segmentierungen und Diagnosen zur Fettgewebsanalyse ermöglichen.

2 Material und Methoden

Die vorgestellten Verfahren werden anhand von Datensätzen von vier Probanden evaluiert. Die Dixon-Sequenz generiert automatisch in einem Aufnahmeprozess vier Ganzkörperdaten pro Proband (in-phase-, opposed-phase-, Fett- und Wasserdatensatz), somit kann eine Bewertung der Generierung der Ganzkörperdaten auf 16 Datensätzen erfolgen. Die Auflösung der Bildsegmente ist $384 \times 288 \times 64$ Voxel, mit einem Spacing von $1,3 \times 1,3 \times 3$ mm. Ein Ganzkörperdatensatz besteht aus sechs bis sieben Segmenten. Die Aufnahme erfolgte mit einem MRT

der Firma Siemens. Die Implementierung erfolgte innerhalb des Medical Imaging and Interaction Framework (MITK) [6].

2.1 Generierung von Ganzkörperdaten

Der Ansatz zur Generierung der Ganzkörperdaten verwendet nicht-überlappende Bildabschnitte. Die Anzahl der zu kombinierenden Segmente ist beliebig. Aufgrund der Ganzkörperpulen, die bei der Aufnahme an den Körper angelegt werden, wird keine Veränderung der Patientenlage angenommen, weshalb eine Transformationsmatrix nicht erforderlich ist. Die Bildabschnitte werden nach der Reihe nach (z.B. von Kopf bis Fuß) geladen und automatisch zusammengefügt. Angesichts der Intensitätsartefakte in den Übergangsbereichen zwischen den Segmenten (Abb. 1(a)), ist eine Korrektur dieser Regionen notwendig. Im ersten Schritt erfolgt eine Intensitätsnormalisierung. Die Helligkeit wird in diesem Bereich schematisch um einen Faktor erhöht, der sich aus den Mittelwerten und der maximalen Intensität der über- und unterhalb liegenden Bildschichten ergibt. Dabei wird die Intensität mittels eines Rescaling Filters auf das neue Maximum angepasst, welches sich nach $\hat{C}_{\max} = C_{\max} \cdot (\bar{R}/\bar{C})$ berechnet. \hat{C}_{\max} entspricht dem neuen, C_{\max} dem aktuellen Intensitätsmaximum. \bar{R} ist die mittlere Intensität des Referenzbereiches und \bar{C} die mittlere Intensität der zu korrigierenden Bildschicht. Die Aufnahmeartefakte auf der ersten sowie letzten Schicht jedes Segmentes werden durch eine Interpolation zwischen diesen und den Schichten über- und unterhalb unterdrückt. Zusammenfassend generieren die Methoden ein Ganzkörperdatensatz mit linearisierten Intensitätsübergängen zwischen den einzelnen Segmenten (Abb. 1(b)).

2.2 Korrektur der Dixon-Artefakte

Im Folgenden wird die Erkennung und Korrektur der Dixon-Artefakte beschrieben. Wie bereits in Kapitel 1 erläutert kann es bei dem Dixon MRT Protokoll zu einem Phasenfehler im Bild kommen. Aufgrund des Region Growing

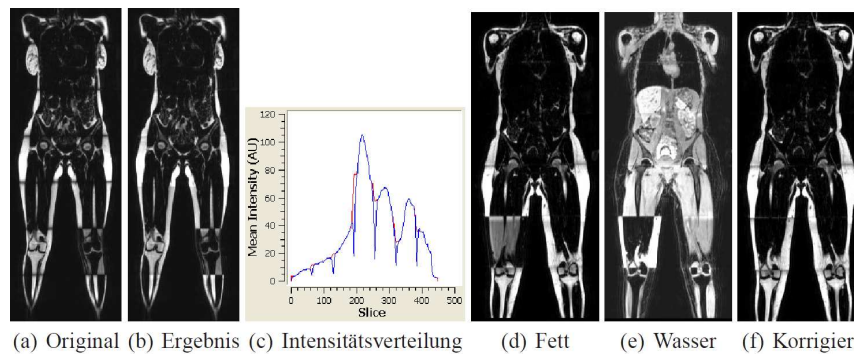


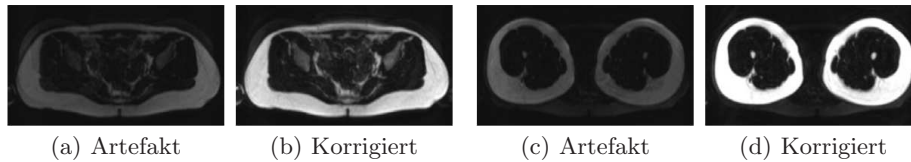
Abb. 1. Links: Generierung der korrigierten Ganzkörperdaten. Rechts: Korrektur der Artefakte in den unteren Extremitäten.

der Unwrapping-Methode tritt dieser Artefakt erfahrungsgemäß in den unteren Extremitäten auf. Daher liegt hier der Schwerpunkt auf der automatischen Erkennung und Korrektur. Im ersten Schritt erfolgt die Segmentierung und Binarisierung vom rechten und linken Bein, die im Folgenden voneinander getrennt bearbeitet werden. Diese getrennte Betrachtung ist notwendig, da das Artefakt meist nur in einem Bein auftritt (Abb. 1(a,d)). Um zu entscheiden welcher Abschnitt ein Artefakt enthält, wird ein Differenzbild zwischen den aneinandergrenzenden Randschichten der Segmente berechnet und anschließend das Volumen des Ergebnisbildes ermittelt. Diese Prozedur erfolgt in jeder Kombination zwischen den Wasser- und Fettdatensätzen. Ist das Volumen des Differenzbildes klein, sind die benachbarten Bildschichten ähnlich und gehören zu einer gemeinsamen Sequenz. Bei einem Artefakt ist das Volumen groß, da hier Informationen der Fettsequenz in einen Wasserdatensatz, oder umgekehrt, übergehen. Beginnend mit dem oberen Abschnitt im Bein, wird die Sequenz mit dem geringsten Volumenunterschied des Differenzbildes ausgewählt. Dies erfolgt in gleicher Weise für die weiteren Segmente, jeweils mit dem Ergebnis der vorherigen Region. Mit diesem Verfahren entsteht für das rechte und linke Bein jeweils eine Entscheidungs-Liste, an welcher Stelle die Fettsequenz durch die Informationen des Wasserdatensatzes ersetzt werden muss. Im letzten Schritt erfolgt die Ersetzung der Dixon-Artefakte durch die entsprechenden Daten der Wassersequenz, es entsteht ein korrigiertes artefakt-freies Ganzkörper-Fettbild (Abb. 1(f)).

3 Ergebnisse

Die Qualität der Bildschichten in der unteren und oberen Randregion jedes Segmentes wurde durch die Intensitätsnormalisierung optimiert. Abbildung 2(a) zeigt eine intensitätsschwache Bildschicht des Beckens, (b) die korrigierte Schicht nach Normalisierung der Intensität. Weiterhin wurde der Intensitätskontrast zwischen dem Objekt und den Aufnahmeartefakten durch die Interpolation vergrößert. In Abbildung 2(c,d) wird ein Beispiel für die Rauschunterdrückung gegeben. In der originalen Bildschicht hat das Aufnahmeartefakt einen ähnlichen Intensitätswert wie das Objekt. Im korrigierten Datensatz gibt es eine eindeutige Trennung zwischen diesen. Abbildung 1(a–c) zeigt ein Beispiel für das Gesamtergebnis des vorgestellten Verfahrens zur effizienten Generierung von Ganzkörperdaten. Es treten keine signifikanten Fehlanpassungen auf, was die Annahme der stabilen Patientenlage während der Aufnahme bestätigt. Weiterhin sind die Übergänge zwischen den Bildabschnitten geglättet und machen weitere Segmentierungen wie für die Fettgewebsanalyse möglich. Das Diagramm in Abb. 1(c) zeigt die Verteilung der mittleren Intensität jeder Bildschicht und demonstriert somit die Normalisierung der Übergangsbereiche. Die blaue Kurve repräsentiert das Original, die rote Linie das korrigierte Bild. Eine durchschnittliche Berechnungszeit von 10,13 Sekunden pro Ganzkörperdatensatz wurde mit einem Standard PC (Intel Core Quad 2,66GHz, 4GB RAM) erreicht. Damit stellt diese Methode einen schnellen Ansatz zur Generierung von Ganzkörperdaten dar. Die Korrektur der Dixon Sequenz erfolgte anhand von vier Probanden. Bei allen

Abb. 2. Aufbesserung der Bildrandbereiche. Links: Korrektur der intensitätsschwachen Bildschichten. Rechts: Korrektur der Aufnahmeartefakte.



wurde der Artefaktbereich innerhalb von $\varnothing 22,23$ s richtig erkannt und korrigiert. Abbildung 1(d-f) zeigt das Ergebnis der vorgestellten Methode. Bild 1d enthält den korrigierten Ganzkörperdatensatz mit dem Sequenzartefakt im rechten Oberschenkel. Bild 1e zeigt den Wasserdatensatz und Bild 1f das korrigierte artefaktfreie Ganzkörper-Fettbild.

4 Diskussion

In diesem Beitrag wurde ein neues Verfahren zur Generierung von Ganzkörperdaten präsentiert. Im Gegensatz zu anderen Verfahren ist der vorgestellte Ansatz aufgrund der nicht-überlappenden Eingabedaten unabhängig von Registrierungen. Die verbrauchten Bildschichten in den Randregionen jedes Segmentes werden durch den kombinierten Algorithmus der Intensitätsnormalisierung und der Interpolation wiederhergestellt. Die Korrektur der Dixon-Artefakte wurde an allen Daten positiv getestet, jedoch werden weitere Daten benötigt um die Stabilität der Methode zu evaluieren. Einen Vergleich zu anderen Ansätzen kann nur schwer gezogen werden, da das Augenmerk in dieser Arbeit auf die Geschwindigkeit der Generierung und nicht auf die Qualitätsoptimierung von Ganzkörperdaten liegt. Unsere Methode ist jedoch durch die hohe Geschwindigkeit besser für die Segmentierungen und Diagnosen für die Fettgewebsanalyse bei großen Studien geeignet.

Literaturverzeichnis

1. Doll R, Peto R. The causes of cancer: quantitative estimates of avoidable risks of cancer in the United States today. *J Natl Cancer Inst.* 1981;66:1191–308.
2. Zhang C, et al. Abdominal obesity and the risk of all-cause, cardiovascular, and cancer mortality. *Circulation.* 2008 Apr;117:1658–67.
3. Lauenstein TC, et al. Whole-body MR imaging: evaluation of patients for metastases. *Radiology.* 2004;233:139–48.
4. Szumowski J, et al. Phase unwrapping in the three-point Dixon method for fat suppression MR imaging. *Radiology.* 1994; p. 555–61.
5. Glocker B, et al. MRI composing for whole body imaging. *Proc BVM.* 2009; p. 420–24.
6. Wolf I, et al. The medical imaging interaction toolkit (MITK). *Med Image Anal.* 2005; p. 594–604.