

Wissensbasierte Interpretation kranialer MR-Bilder

W. MENHARDT und K.-H. SCHMIDT, Hamburg

In diesem Beitrag wird ein Ansatz zur automatischen Interpretation kranialer Schädelbilder vorgestellt. Nach einer Einführung wird gezeigt, wie Interpretationsziele definiert werden; anschließend werden Operatoren beschrieben, die diese Ziele auf Bildern finden.

Einleitung

MR-(magnetic resonance) Bilder sind Funktionen verschiedener Maschinenparameter und ortsabhängiger Gewebeparameter: Zu den Gewebeparametern zählen unter anderen die Wasserstoffprotonendichte (Spindichte) ρ , die Spin-Gitter-Relaxationszeit T_1 und die Spin-Spin-Relaxationszeit T_2 ; als Maschinenparameter werden Größen wie die Repetitionszeit (TR) oder die Echozeit (TE) bezeichnet. So gilt für das Signal einer Spin-Echo-Pulssequenz an jedem Bildpunkt näherungsweise

$$S = \rho \cdot (1 - \exp(-TR/T_1)) \cdot \exp(-TE/T_2). \quad (1)$$

Für feste Maschinenparameter kann man ein Kernspintomogramm ansehen als eine Repräsentation eines fünfdimensionalen, aus ρ , T_1 , T_2 und den beiden Raumkoordinaten gebildeten Merkmalsraumes. Ein Computersystem, das in der Lage ist, diesen Merkmalsraum automatisch auszuwerten, kann einen Radiologen bei der Planung von weiteren MR-Messungen sowie bei der Identifikation und Abgrenzung von Bildstrukturen unterstützen.

Grundsätzlich gibt es drei Wissensquellen, die eine Einschränkung der medizinisch möglichen Interpretationen für Bildstrukturen erlauben:

- (a) Wissen über die MR-Gewebeparameter,
- (b) anatomisches und morphologisches Wissen,
- (c) Wissen über die Krankheitsarten (nosologisches Wissen).

In diesem Beitrag stellen wir das Zusammenwirken dieser Wissensquellen bei der automatischen Interpretation kranialer MR-Bilder vor, wobei wir unter Interpretation die Extraktion und das namentliche Kennzeichnen verschiedener Bereiche im Bild verstehen.

Mittels nosologischer Informationen werden die Symptome und Zeichen eines Patienten gewichtet und mit Hypothesen über die bei einem Patienten vorliegende Krankheitsart versehen. Die nosologischen Daten sind in mehrere Wissensbasen aufgetrennt: Für jede Krankheitsart gibt es eine Basis mit der für das Gesamtsystem relevanten Symptomatologie.

Die Krankheitsart und die Ausprägung der Symptome erlauben lokalisatorische Aussagen, die einem Expertensystem zur Konfigurierung von Bildinterpretationsmodulen als Ziel übermittelt werden [5, 6]. Jedes dieser Module ist in der Lage, in anatomischen Strukturen aufgrund anatomischen und morphologischen Wissens sowie Wissen über MR-Parameter Detailstrukturen zu extrahieren [3]. Eine Hierarchie solcher Struktur-Detailstruktur-Relationen führt zu einer Sequenz von Bildinterpretationsmodulen, die geeignet ist, aus einem gemessenen Bild die gewünschte, aufgrund der nosologischen Daten vermutete pathologische oder nicht-pathologische Detailstruktur zu extrahieren.

Zieldefinition

Die Festlegung eines Zieles, zu dem eine Konfiguration führen soll, erfolgt in zwei Schritten.

Zunächst wird interaktiv ein Patientenprofil festgelegt, das eine Menge von Aussagen der Form:

Patient P hat Symptom oder Zeichen S

als wahr oder falsch etabliert. Dabei werden nur solche Symptome oder Zeichen verwendet, die auch lokalisatorische Aussagen gestatten wie:

„Es existiert positive Evidenz für das Vorhandensein einer Pathologie in der linken Hemisphäre des Gehirns.“

Alle möglichen Lokalisationen sind in einem gerichteten Baum repräsentiert: Jeder seiner Knoten ist bis auf den Wurzelknoten „IMAGE“ und den Knoten „BACKGROUND“ mit einem anatomischen Namen versehen (Bild 1); als Name eines Nachfolgeknotens dürfen dabei

nur die Bezeichnung einer anatomischen Teilstruktur der vom Vorgängerknoten bezeichneten Struktur oder die Bezeichnung einer Menge von anatomischen Teilstrukturen, die zusammen die vom Vorgängerknoten bezeichnete Struktur ergeben, verwendet werden.

Der Teilbaum, der die möglichen Ziele für eine transaxiale, supraorbitale Schädelschicht enthält, ist in Bild 1 abgebildet.

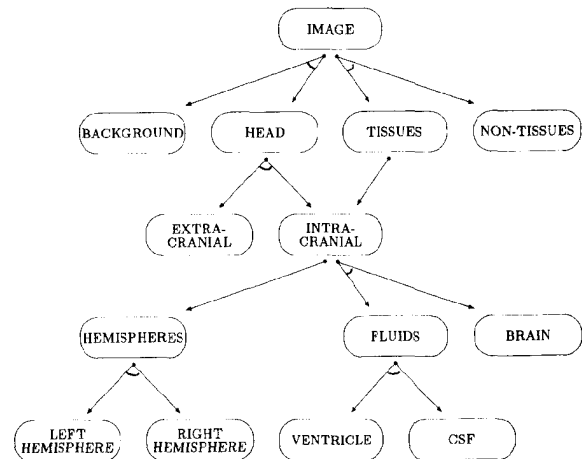


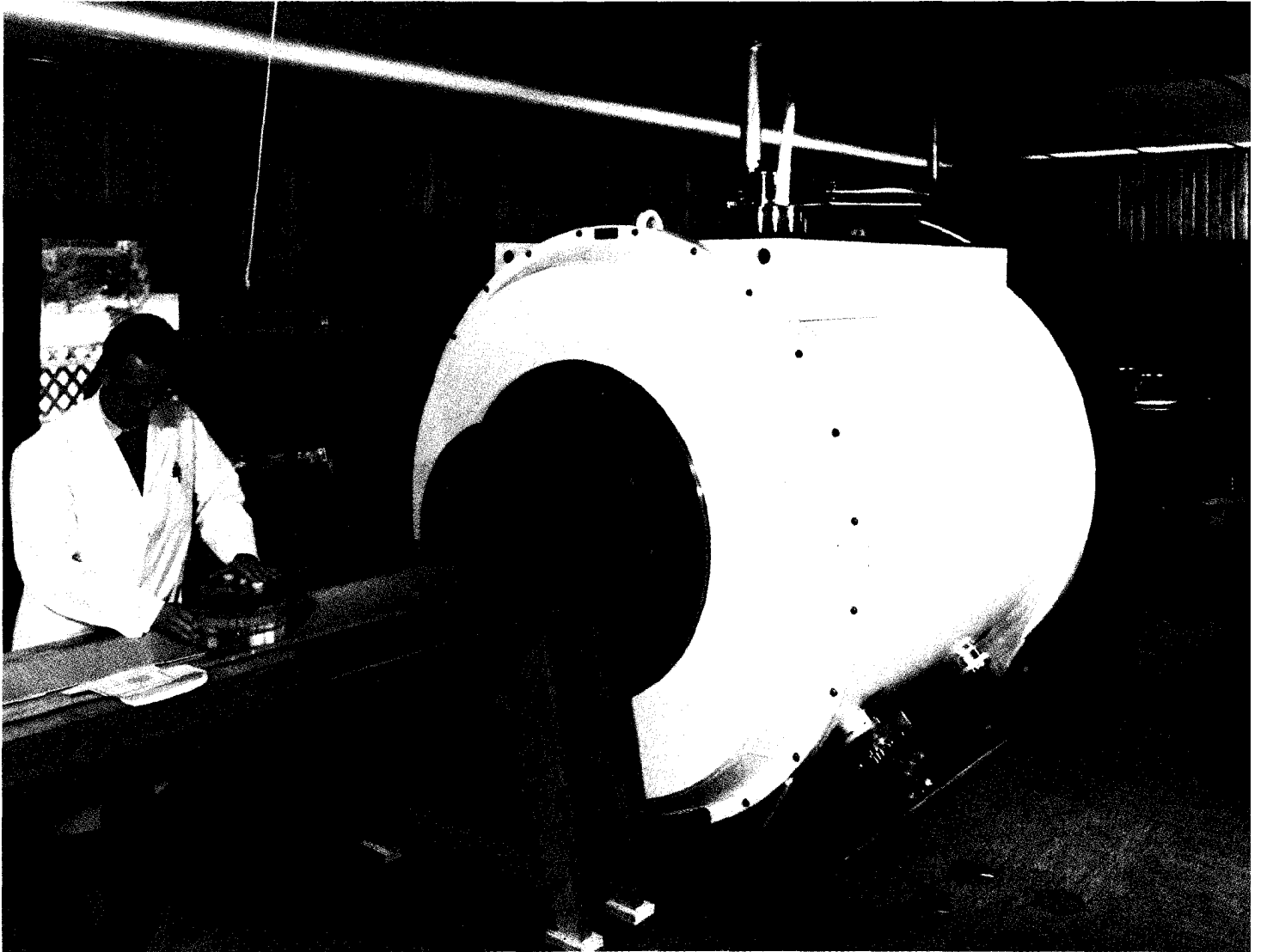
Bild 1. Gerichteter Baum anatomischer Orte.

Als Ziele werden alle Knoten definiert, für die positive Evidenz über die Präsenz einer Pathologie vorliegt. Bei paarig auftretenden Strukturen werden Seiteninformationen verwendet, wenn der neurologische Befund dies zulässt.

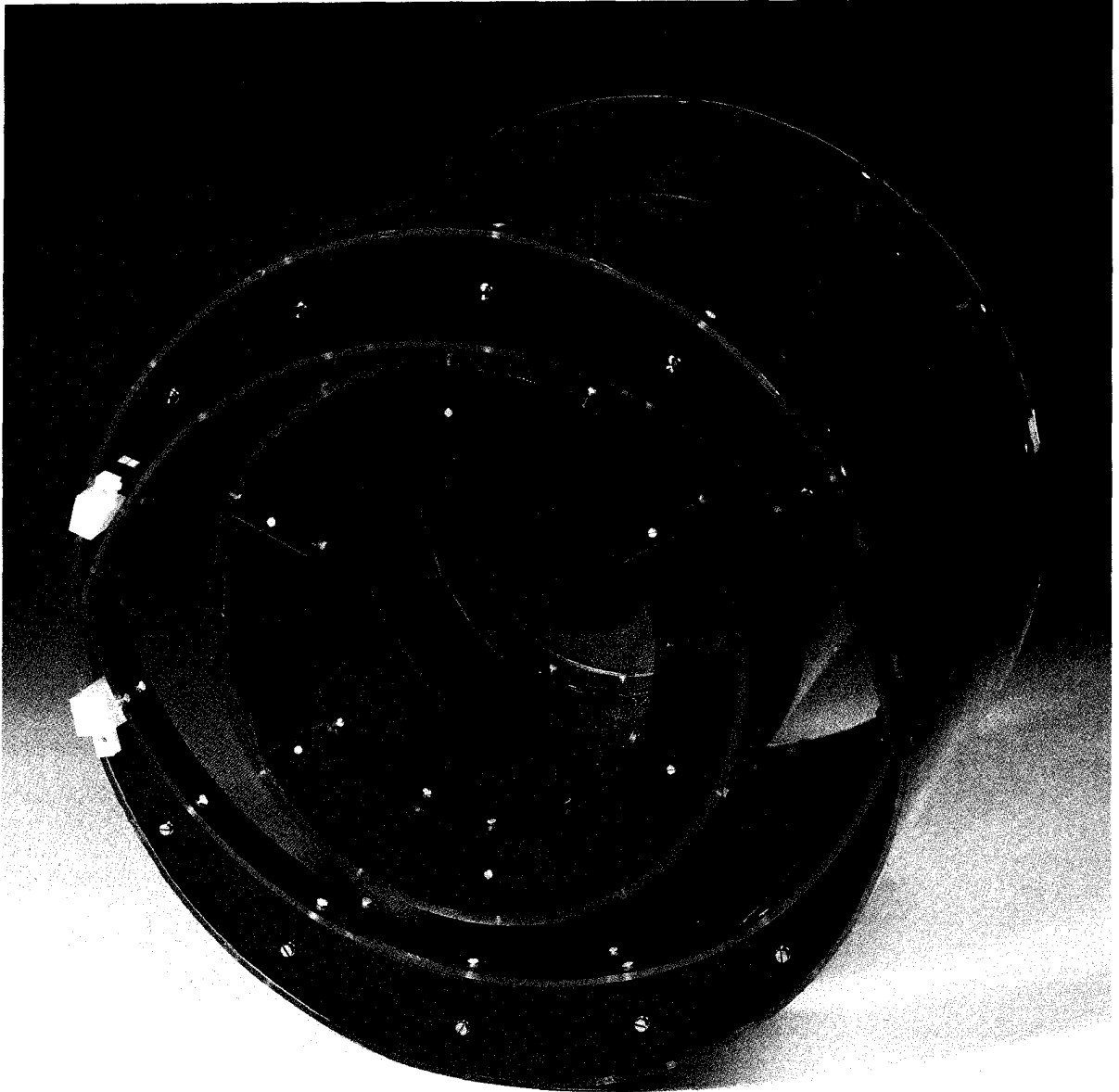
Dem System sind beim Start der Konfiguration nur die durch die Position im oben definierten Baum festgelegte intentionale Bedeutung eines anatomischen Namens und die für den genannten Bereich dokumentierten normalen MR-Parameter bekannt. Aufgabe der Konfigurierung ist es nun, mit diesem Startwissen für das Tomogramm eines Patienten jedem als Ziel definierten anatomischen Namen eine Pixelmenge zuzuordnen.

Operatoren

Mit anatomischem und morphologischem Wissen sowie Wissen über MR-Gewebeparameter wird die medizinische Beobachtungssprache operationalisiert, indem unterschiedliche Attribute dieser Sprache in den Operatoren zum Erreichen eines Zieles benutzt werden [8]; auf welche Weise dies für die im folgenden vorgestellten Operatoren FIND_HEAD, FIND_INTRACRANIAL, FIND_FLUIDS und FIND_VENTRICLE geschieht, zeigt die Tabelle 1 [4].



Blick auf den supraleitenden 2-Tesla-Magneten im Forschungslaboratorium Hamburg (Bild 4 von S. 29, Hamburg).



Ringresonatoren als HF-Sende- und Empfangsspulen für die Protonenresonanzfrequenz von 85,5 MHz im 2-Tesla-Ganzkörper-Kernspintomographiesystem des Hamburger Forschungslaboratoriums. Für Kopfabbildungen wird die kleinere Kopf-Resonatorspule in die fest im System installierte Körper-Resonatorspule eingeschoben (vergl. S. 33).

Wir erläutern nun für die genannten Operatoren, welche Techniken angewendet werden, um das Ventrikelsystem in einem kranialen, supraorbitalen MR-Tomogramm zu detektieren. Dabei werden die Spindichte ρ und die transversale Relaxationszeit T2 (siehe Gl. 1)

Tabelle 1:

Attribute	medizinische Wertausprägungen	operationalisierte Wertausprägungen	Operatoren
Signalintensität	binär (hell/dunkel)	metrisch	FIND_FLUIDS
Form	Alltagssprache	analytisch	FIND_HEAD FIND_INTRACRANIAL
Kontur	binär (scharf/unscharf)	metrisch	FIND_HEAD FIND_INTRACRANIAL
Lokalisation	anatomische Namen	Koordinaten, Relationen	FIND_INTRACRANIAL FIND_VENTRICLE
Anzahl, Größe	metrische Terme	metrisch	FIND_VENTRICLE

als räumlich aufgelöste MR-Gewebeparameter ausgenutzt. Die Erläuterungen werden in der Ordnung des in Bild 1 wiedergegebenen Baumes gegliedert:

```

IMAGE      --FIND_HEAD-->      HEAD
HEAD       --FIND_INTRACRANIAL--> INTRACRANIAL
INTRACRANIAL --FIND_FLUIDS-->   FLUIDS
FLUIDS     --FIND_VENTRICLE-->  VENTRICLE
  
```

Auf die in der linken Spalte angegebenen Strukturen werden jeweils die an den Pfeilen genannten Operatoren angewendet; die Resultate finden sich in der rechten Spalte.

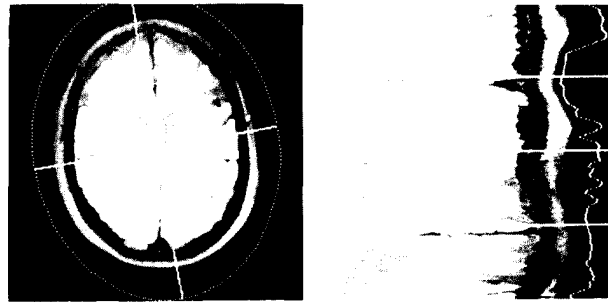
Jeder Operator wird gesondert beschrieben. Zunächst wird jeweils eine Zusammenfassung des genutzten Wissens, danach eine Erklärung der Abbildung dieses Wissens in eine Rechnerprozedur dargestellt.

Operator FIND_HEAD

Bei intaktem Schädel ist die äußerste anatomische Struktur des Kopfes an allen Stellen die Kopfhaut; sie hat gemeinsam mit den Geweben und Flüssigkeiten des Gehirns im Gegensatz zu Knochen und Verkalkungen relativ hohe Spindichtewerte (Bild 2).

Außerdem kann man annehmen, daß die äußere Umrandung des Kopfes, also die Kopfkontur, eine ellipsenähnliche Form hat. Da die Bereiche mit einer niedrigen Spindichte relativ geringe Fläche aufweisen, ist es in erster Näherung erlaubt, den Kopf in den betrachteten Schichten als Ellipsenscheibe zu modellieren.

Dies motiviert die Erzeugung eines elliptischen Koordinatensystems für diese Tomogramme (Bild 2). Der Koordinatenursprung wird berechnet, indem alle Punkte des Spindichtebildes als Massenpunkte betrachtet werden, deren Masse der Spindichte proportional ist. Eine Berech-



Links:

Bild 2. Spindichtebild mit Achsenkreuz des elliptischen Koordinatensystems; die Ellipsen zeigen Punkte gleichen Abstands zum Ursprung in diesem Koordinatensystem.

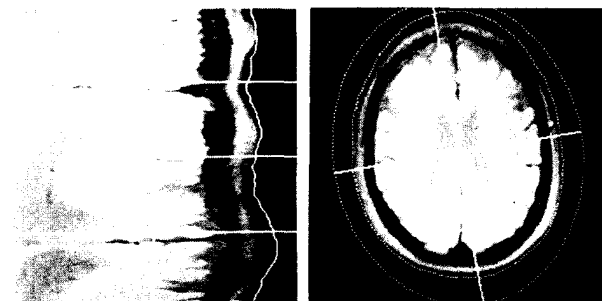
Rechts:

Bild 3. Transformiertes Spindichtebild (r : horizontal, ϕ : vertikal) mit einer Zwischenlösung der Kopfkontur nach vier Iterationen.

nung des Schwerpunktes des so interpretierten Spindichtebildes ergibt den Koordinatenursprung für das elliptische Koordinatensystem. In ähnlicher Weise können die beiden Basisvektoren mit Hilfe der Kovarianzmatrix berechnet werden: Die Eigenvektoren dieser Matrix ergeben multipliziert mit den zugehörigen Eigenwerten die gewünschte Basis. Diese Vorgehensweise entspricht der Errechnung der beiden Hauptträgheitsachsen mit ihren Drehmomenten [9].

Eine Darstellung des Schädels im eben beschriebenen Koordinatensystem zeigt eine kreisscheibenähnliche Struktur. Eine Polarkoordinatentransformation nach (r, ϕ) führt daher zu einer Darstellung, in der die Kopfkontur etwa einer Geraden parallel zur ϕ -Achse nahekommt (Bild 3).

In diesem aus einer doppelten Koordinatentransformation hervorgegangenen Bild wird nun eine Detektion der Kopfkontur vorgenommen. Zunächst wird in den Ecken



Links:

Bild 4. Wie Bild 3 mit der Lösung der Kontur des Kopfes.

Rechts:

Bild 5. Rücktransformierte von Bild 4 inklusive der detektierten Kontur des Kopfes.

des ursprünglichen Bildes die mittlere – durch Rauschen bestimmte – Spindichte im Hintergrund bestimmt und eine Gerade mit $r = r(\max)$ als Anfangslösung angenommen. Danach wird eine aus zwei Schritten bestehende Iterationsschleife aktiviert.

Im ersten Schritt wird der Wert $r(\phi)$ der Kontur für jeden Wert ϕ solange vermindert, wie der entsprechende Spindichtewert unter dem mittleren Spindichtewert des Hintergrundes liegt. Aufgrund des Hintergrundrauschens werden diese Werte von $r(\phi)$ für verschiedene Werte von ϕ recht unterschiedlich sein.

In einem zweiten Schritt wird nun jeder Wert $r(\phi)$ durch den Mittelwert der $r(\phi)$ für eine bestimmte ϕ -Umgebung ersetzt (Bild 4). Das ist gerade deshalb erlaubt, weil als Kontur des Kopfes im transformierten Bild eine geradenähnliche Struktur erwartet werden darf.

Die Iterationsschleife wird abgebrochen, sobald es von einer Iterationsschleife zur nächsten keine Änderung mehr gibt (Bild 4, 5).

Operator FIND_INTRACRANIAL

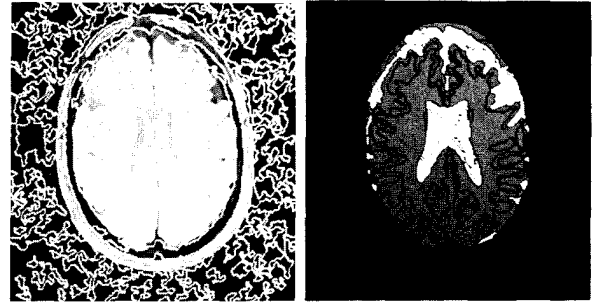
Zur Detektion des intrakranialen Bereiches in den betrachteten Tomogrammen wird zunächst die bereits bekannte Kontur des Kopfes ausgenutzt, da bei intakten Schädelkalotten die Kontur des intrakranialen Bereiches etwa parallel zur Kopfkontur verläuft. Außerdem wird benutzt, daß die Spindichtewerte im Knochen niedrig, innerhalb des vom Knochen begrenzten Bereiches aber hoch sind. Schließlich wird vorausgesetzt, daß der Knochen die einzige ellipsenförmige Struktur mit niedrigen Spindichtewerten innerhalb des Kopfes ist.

Diese Informationen werden ausgenutzt, indem die gesamte Kopfkontur im transformierten Bild solange zu niedrigeren r -Werten verschoben wird, bis die Summe der Spindichtewerte entlang der Kontur minimal ist. Damit wird gewährleistet, daß die Kontur im Knochen liegt. Um nun den inneren Rand des Knochens (und damit den



Links:
Bild 6. T2-Bild des intrakranialen Bereiches.

Rechts:
Bild 7. Modifiziertes T2-Histogramm des intrakranialen Bereiches.



Links:
Bild 8. Spindichtebild überlagert mit den Regionengrenzen der Segmentierung.

Rechts:
Bild 9. Als Gehirnflüssigkeit (weiß) oder Gehirnmasse (grau) interpretierte Regionen.

äußeren Rand des intrakranialen Bereiches) zu finden, wird der unter FIND_HEAD beschriebene Algorithmus mit der eben beschriebenen Anfangslösung angewandt.

FIND_FLUIDS

Die Gehirnflüssigkeit weist eine relativ hohe transversale Relaxationszeit T2 auf (Bild 6). Die Häufigkeitsverteilung (Histogramm) der T2-Werte im intrakranialen Bereich zeigt zwei Modi: Der untere Modus entspricht der Gehirnmasse, der obere den Gehirnflüssigkeiten (Bild 7).

An diese Verteilung wird die Summe zweier Gaussverteilungen angepaßt, welche wiederum zur Entscheidung über die Zugehörigkeit eines Bildpunktes zu den Gehirnflüssigkeiten oder der Gehirnmasse geeignet ist.

Zur Datenreduktion wird hier ein segmentiertes Bild verwendet (Bild 8). Ein solches Bild besteht aus einer Menge von einigen hundert zusammenhängenden, in den Gewebeparametern relativ homogenen Regionen; es wird im Wege einer Clusteranalyse im dreidimensionalen Gewebeparameterraum in Kombination mit einer räumlichen Zusammenhangsanalyse erzeugt [1, 7]. Man kann davon ausgehen, daß alle Punkte einer solchen Region



Bild 10. Als Ventrikelsystem (weiß) oder externe Gehirnflüssigkeit (grau) interpretierte Regionen.

nur einem Gewebetyp angehören, da sie sich in ihren Gewebeparameterwerten kaum unterscheiden.

Eine Entscheidung über die Zugehörigkeit einer solchen Region des intrakranialen Bereiches zu den Gehirnflüssigkeiten oder der Gehirnmasse wird nun in folgender Weise herbeigeführt: Es wird die Summe jener Bildpunkte einer Region, die dem unteren Modus des Histogramms angehören, mit der Summe jener Bildpunkte, die dem oberen Modus angehören, verglichen; der Mehrheit der Punkte entsprechend wird dann die gesamte Region interpretiert (Bild 9).

Operator FIND_VENTRICLE

Das Ventrikelsystem besteht aus den internen Flüssigkeitsräumen des Gehirns, deren Detektion dadurch erschwert ist, daß sich in einem Tomogramm auch kleine interne Flüssigkeitsräume zeigen, die tatsächlich in anderen Schichten Verbindungen zu den äußeren Flüssigkeitsräumen haben.

Grundsätzlich kann über das Ventrikelsystem aber vorausgesetzt werden, daß es sich – zumindest in der hier betrachteten Schicht – um einen Flüssigkeitsraum handelt, der nicht an den Rand des intrakranialen Bereichs grenzt und in der Mitte des Kopfes, also nahe dem oben beschriebenen Schwerpunkt, liegt.

Entsprechend diesen Voraussetzungen werden zunächst von einem regelbasierten System [2] Gruppen von zusammenhängenden Gehirnflüssigkeitsregionen gebildet. Alle Gruppen, die am Rand des intrakranialen Bereichs liegen, werden als Kandidaten für das Ventrikel-

system ausgeschlossen. Danach wird aus den verbleibenden Gruppen von Regionen jene ausgewählt, die dem Spindichte-Schwerpunkt am nächsten liegt. Diese Regionengruppe wird als Ventrikelsystem interpretiert, während alle anderen als externe Flüssigkeitsräume (CSF) interpretiert werden (Bild 10).

Literaturverzeichnis

- [1] DUDA, R. O., HART, P. E., Pattern classification and scene analysis, Wiley & Sons, New York, 1973
- [2] FORGY, C., OPS5 User's Manual, Dep. Comput. Sci., Carnegie-Mellon Univ., Pittsburg, PA, 1981
- [3] MENHARDT, W., Ein Ansatz zur Interpretation von MR-Bildern, Proceedings 8. DAGM-Symposium Paderborn, Informatik-Fachberichte Band 125 (1986), 250–254
- [4] MENHARDT, W., SCHMIDT, K.-H., Automated Interpretation of Transaxial MR-Images of the Brain, Proceedings of CAR'87, Computer Assisted Radiology, Berlin, Springer Verlag, 1987, 386–390
- [5] MENHARDT, W., SCHMIDT, K.-H., Wissensbasierte Konfigurierung von Interpretationsoperatoren anhand eines hierarchischen Szenenmodells, Proceedings 9. DAGM, Braunschweig, Informatik-Fachberichte Band 149 (1987), 310–314
- [6] NEUMANN, B., Wissensbasierte Konfigurierung von Bildverarbeitungssystemen, Proceedings 8. DAGM-Symposium Paderborn, Informatik-Fachberichte Band 125 (1986), 206–218
- [7] OHLANDER, R. B., Analysis of natural scenes, Dissertation, Comp. Sc. Dept., Carnegie-Mellon Univ., Pittsburg/Pa., 1975
- [8] SCHMIDT, K.-H., Explikation medizinischer Beobachtungssprachen, Proceedings Workshop „Wissensarten und ihre Darstellung“, Informatik-Fachberichte Band 169 (1988), 227–247
- [9] STIEHL, H. S., Automatische Verarbeitung und Analyse von kranialen Computertomogrammen, Dissertation, TU Berlin, 1980