

# Inkrementelle lokal-adaptive Binarisierung zur Unterdrückung von Artefakten in der Knochenfeinsegmentierung

Patrick Scheibe<sup>1</sup>, Philipp Wüstling<sup>2,3</sup>, Christian Voigt<sup>4</sup>, Thomas Hierl<sup>5</sup>,  
Ulf-Dietrich Braumann<sup>3,6</sup>

<sup>1</sup>Translationszentrum für Regenerative Medizin, Universität Leipzig

<sup>2</sup>Fak. Inform., Math. u. Naturwiss., Hochsch. f. Technik, Wirtsch. u. Kultur Leipzig

<sup>3</sup>Interdisziplinäres Zentrum für Bioinformatik, Universität Leipzig

<sup>4</sup>Klinik und Poliklinik für Orthopädie, Universitätsklinikum Leipzig

<sup>5</sup>Klinik u. Poliklin. f. Mund-, Kiefer- u. Plast. Gesichtschir., Universitätsklin. Leipzig

<sup>6</sup>Institut für Med. Informatik, Statistik und Epidemiologie, Universität Leipzig

pscheibe@trm.uni-leipzig.de

**Kurzfassung.** Das Segmentieren von Knochen in klinischen CT-Aufnahmen spielt heutzutage eine wichtige Rolle. Vor allem, um operative Eingriffe zu planen oder das maßgeschneiderte Anfertigen von Implantaten zu ermöglichen, ist eine Erkennung auch feiner Knochendetails erstrebenswert. Gerade die feinen, lamellenartigen Strukturen im Nasenbereich können bei CT-Aufnahmen, die in der klinischen Routine angefertigt werden, durch ihre zu geringe Signalstärke nicht als Knochen identifiziert werden. Um diese, am sogenannten Partialvolumeneffekt leidenden Strukturen dennoch automatisch segmentieren zu können, stellen wir hier eine Methode vor, die ausgehend von einer initial-korrekten, aber unzureichenden Segmentierung, iterativ angrenzende, schwache Strukturen erkennt. Dabei wird für Voxel, die am Rande des segmentierten Knochens als Hintergrund erkannt wurden, lokal die Wahrscheinlichkeit geschätzt, eine knöcherne Struktur zu sein. Mit dieser Reevaluierung wird die bestehende Segmentierung erweitert und das ganze so lange iteriert, bis sich eine Konvergenz einstellt. Durch den lokalen Charakter der Randvoxel-Neubewertung kann der vorgestellte Algorithmus ausgezeichnet parallel implementiert werden.

## 1 Einleitung

Grundlegend für die meisten Bildverarbeitungsaufgaben ist eine initiale Segmentierung der Daten, also eine Abtrennung des interessanten *Vordergrundes* von dem für die beabsichtigte Analyse uninteressanten *Hintergrund* (figure-ground separation). In realen Daten wird dieser Vorgang oft erschwert durch Abbildungsfehler, die dem zugrunde liegenden Aufnahmesystem geschuldet sind. Bildrauschen ist dabei eines der bekanntesten Beispiele, aber auch Sensoren-bedingte Abbildungsfehler zählen dazu. Ein Artefakt, das unter anderem bei Computertomografie-Aufnahmen von sehr feinen Knochenstrukturen auftritt, ist der Partialvolumeneffekt. Dabei kommt es etwa im Bereich der Nasennebenhöhlen dazu,

dass die feinblättrigen Knochen nicht mehr korrekt durch das CT aufgelöst werden können. Durch Mittelung in den Sensordaten werden diese Bereiche dann mit einem viel zu niedrigen Hounsfieldwert-bezogenen Grauwert dargestellt und sind dadurch nicht mehr ohne weiteres als Knochengewebe mit rein globalem Schwellwertverfahren zu identifizieren.

In einer kürzlich publizierten Arbeit stellten Zhang et al. mit dem Anspruch, gerade Partialvolumeneffekte tolerieren zu können, eine Methode zur Knochen-segmentierung vor, die ausgehend von einer Übersegmentierung durch lokale Neubewertung dekrementell ein besseres Segmentierungsergebnis erreicht [1]. Der Nachteil an diesem Vorgehen liegt allerdings darin, dass, wenn Gewebe vollständig von Knochen umgeben ist und dieses Gewebe zu Beginn als Vordergrund klassifiziert wird, es niemals zum Hintergrund sortiert werden kann. Aufgrund der umgebenden Knochen wird das falsch klassifizierte Gewebe niemals als Randpixel erkannt und damit nicht getestet.

Lokal arbeitende Schwellwertmethoden sind an sich nicht neu, für eine Übersicht sei auf [2] verwiesen. Gradienten-basierte lokale Schwellwertverfahren etwa sind unter stark vorherrschenden Partialvolumeneffekten von daher nicht geeignet, als dass ja gerade die Gradienten beeinträchtigt sein können. Wasserscheiden-basierte Verfahren als mögliche Alternative zu lokalen Schwellwertverfahren hingegen ziehen oftmals einen erheblichen Nachverarbeitungs-Aufwand nach sich, etwa zum Fusionieren von Segmenten. Lokale intensitätsbasierte Statistiken erscheinen demgegenüber also grundsätzlich als durchaus vielversprechend. Zu einfache Statistiken allerdings, etwa der direkte Bezug von lokalen Schwellen auf lokale Mittelwerte und Streuungen, lassen Möglichkeiten zur Differenzierung, etwa anhand mehrerer Histogramm-Moden, ungenutzt. Genau da hatten die Autoren von [1] angesetzt und ein lokales Clusterverfahren vorgeschlagen. Wir greifen den Ansatz grundsätzlich auf und erweitern ihn für die Problemstellung der Knochenfeinsegmentierung.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass die in dieser Arbeit vorgestellte Methode, ausgehend von einer initialen Datensatzsegmentierung, durch iterative Neubewertung des Segmentierungsrandes das Ergebnis maßgeblich verbessert. Dabei werden am Rande der bestehenden Segmentierung lokal die Zufallsverteilungen von Vorder- und Hintergrund geschätzt und mit Hilfe dieser die Wahrscheinlichkeit approximiert, ob ein Hintergrundpixel richtigerweise doch zum Vordergrund eingeordnet werden muss, oder nicht.

## 2 Material und Methoden

Die hier vorgestellte Methode besteht aus zwei Schritten, wobei zuerst der Datensatz initial binarisiert wird und danach diese erste Segmentierung an den Rändern iterativ verbessert wird. In diesem letzten Teil des Algorithmus kann die Segmentierung nur wachsen, d.h. es können ausschließlich Hintergrundpixel zum Vordergrund dazugenommen, aber nicht umgekehrt.

Dieses Vorgehen impliziert, dass die initiale Segmentierung der Daten, die dann zur iterativen Verbesserung herangezogen wird, möglichst wenige falsch-

positive Pixel erzeugen sollte. Das wird im einfachsten Fall durch einen globalen Schwellwert bewerkstelligt, der ausreichend hoch gewählt wurde. Aus Konsistenzgründen, die später noch klarer werden, haben wir uns hier für eine Variante des bekannten ISODATA-Algorithmuses (Iterative Self-Organizing Data Analysis Technique) entschieden [3]. Damit ergibt sich zusammengefasst folgender Ablauf:

1. Initiale Binarisierung des Datensatzes
2. Für alle Hintergrundpixel  $p$ , die in direkter Nachbarschaft zum Vordergrund liegen:
  - (a) Berechnen der statistischen Parameter der lokalen Verteilungen
  - (b) Bewertung, ob  $p$  falsch klassifiziert wurde und somit zum Vordergrund dazugenommen werden muss
3. Falls sich Pixel geändert haben, dann gehe zu 2. mit der erweiterten Binarisierung.

## 2.1 Binarisierungsmethode

Die Binarisierung hat die Aufgabe das Bild in zwei Klassen zu unterteilen, jedoch finden sich gerade im Schädel-CT meist mindestens drei Klassen: Knochen, weiches Gewebe und Hintergrund. Bei einer automatischen Bestimmung eines Schwellwertes würde der Hintergrund, der meist einen Großteil des Bildes einnimmt, den gefundenen Schwellwert maßgeblich beeinflussen.

Um trotzdem eine möglichst gute Trennung von Knochen und Weichgewebe zu erreichen, wurde in den ISODATA-Algorithmus ein minimaler Schwellwert  $t_{min}$  eingeführt. Die Berechnung erfolgt somit nicht auf allen Pixel des Bildes  $B$ , sondern nur auf denen, die größer als  $t_{min}$  sind.

Als Startwert für den Algorithmus wird der Mittelwert aller Pixel  $p > t_{min}$  benutzt und dann solange iteriert, bis sich die Schwelle nicht mehr ändert. Dabei besteht eine Iteration daraus, mittels der aktuellen Schwelle die Daten in Vorder- und Hintergrund zu unterteilen, für jeden Teil unter Berücksichtigung der minimalen Schwelle  $t_{min}$  die Mittelwerte  $\mu_V$  und  $\mu_H$  zu berechnen, und mit diesen Mittelwerten eine neue Schwelle  $t = (\mu_V + \mu_H)/2$  zu bestimmen.

Dabei ändert sich  $t$  genau dann nicht mehr, wenn keine Pixel mehr von Vordergrund zu Hintergrund oder vice versa umsortiert werden, und es ergibt sich daraus die Startsegmentierung für die folgende, inkrementelle Erweiterung der Binarisierung.

## 2.2 Lokal-adaptiver Binarisierungsschritt

In diesem Schritt wird für jeden Hintergrundpixel, der an einen Vordergrundpixel angrenzt (Randpixel), überprüft, ob er lokal falsch klassifiziert wurde, d.h. ob er nicht nachträglich dem Vordergrund zugeordnet werden sollte.

Dazu werden lokal die Wahrscheinlichkeitsverteilungen für Vorder- und Hintergrund approximiert und mit Hilfe des Bayes'schen Theorems entschieden, ob

ein Randpixel zur Vordergrundverteilung zuzuordnen ist. Dazu werden die bedingten Wahrscheinlichkeiten  $P(V|G)$  und  $P(H|G)$  verglichen, d.h. unter der Annahme, dass ein bestimmter Grauwert  $G$  für ein Randpixel  $p$  auftritt, ist es wahrscheinlicher, dass  $p$  zum Vordergrund  $V$  gehört, oder nicht. Es reicht hier aus, das Verhältnis der beiden bed. Wahrscheinlichkeiten zu betrachten

$$q = \frac{P(V|G)}{P(H|G)} \quad (1)$$

und zu überprüfen, ob  $q > 1$ . Nach dem Bayes'schen Theorem ergibt sich

$$q = \frac{P(G|V)P(V)}{P(G|H)P(H)} \quad . \quad (2)$$

Um die benötigten Wahrscheinlichkeiten lokal zu approximieren, wird eine Umgebung  $N$  um jeden Randpixel  $p$  betrachtet. Mit Hilfe der in 2.1 beschriebenen Methode wird für  $N$  eine lokale Schwelle bestimmt, anhand derer  $N$  in Vordergrund  $V$  und Hintergrund  $H$  unterteilt wird.

Mit Hilfe dieser lokalen Binarisierung kann für den Vordergrund (und äquivalent für den Hintergrund) der Mittelwert  $\mu_V$  und die Standardabweichung  $\sigma_V$  ermittelt werden.

Somit kann für alle Randpixel des Bildes das Verhältnis  $q$  bestimmt und anhand dessen Größe entschieden werden, ob ein Pixel zum Vordergrund klassifiziert werden soll. Nachdem alle Randpixel auf diese Weise behandelt wurden, werden alle neu hinzugekommenen Vordergrundpixel zur bestehenden Segmentierung addiert. Mit der Ermittlung aller neuen Randpixel beginnt nun eine Iteration von vorn.

Das Verfahren konvergiert, wenn in einer Iteration keine Randpixel mehr zum Vordergrund hinzukommen.

### 3 Ergebnisse

Abbildung 1 zeigt die CT-Aufnahme eines Schädels und soll ein typisches Anwendungsgebiet der hier vorgestellten Methode demonstrieren. Dabei sollen hier besonders die im Nasenbereich befindlichen, sehr dünnen Knochenwände betrachtet werden. Diese liegen an der Auflösungsgrenze und werden deshalb, anders als der restliche Knochen, viel zu hell dargestellt. Versucht man nun, wie in der klinischen Praxis immer noch üblich, durch einen globalen Schwellwert die Daten zu segmentieren, wird das immer zu suboptimalen Ergebnissen führen.

Dazu erkennt man in Abbildung 1 (mitte) das Segmentierungsergebnis mit der kleinstmöglichen Schwelle, die ausschliesslich Knochen und kein Weichgewebe segmentiert. Die feinen Strukturen im Nasenbereich werden nur marginal richtig klassifiziert.

Versucht man hingegen die globale Schwelle weiter abzusenken, sodass der Nasenbereich wenigstens partiell richtig segmentiert wird, erhält man eine Übersegmentierung im Hirn (Abbildung 1 rechts).

Benutzt man dagegen die hier vorgestellte Methode, so erkennt man, dass von der Initialbinarisierung in Abbildung 2 (links) ausgehend, der Nasenbereich an vielen Stellen korrekt nachklassifiziert wurde. Zu bemerken ist, dass Abbildung 2 (mitte) die exakte numerische Umsetzung der hier gezeigten Methode darstellt, d.h. die Initialbinarisierungsschwelle wurde vollkommen automatisch bestimmt und Pixel wurden positiv klassifiziert, falls  $q > 1$  (siehe Gleichung 2). Der Algorithmus stoppte nach 164 Iterationen.

In unserer numerischen Implementierung, auf die hier aus Platzgründen leider nicht näher eingegangen werden kann, besteht die Möglichkeit  $q > v$  zu wählen, wobei  $v$  ein freier Klassifizierungsparameter ist. Um bei zu niedriger Wahl von  $v$  ein *Auslaufen* der inkrementellen Erweiterung zu verhindern, kann man weiterhin einen Mindestabstand für  $|\mu_V - \mu_H|$  setzen. Mit geeigneter Wahl dieser Parameter und einer manuell optimierten Startbinarisierungsschwelle konvergiert der Algorithmus im Beispielbild 2 (rechts) schon nach 56 Iterationen und liefert ein deutlich besseres Ergebnis.

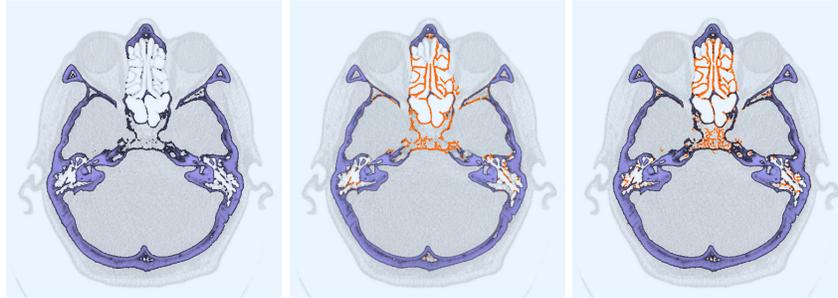
Die Anwendung muss aber nicht auf klinische Schädel CTs beschränkt bleiben. Abbildung 3 zeigt das Blatt einer Pflanze. Die fein verzweigten Blattadern können mit einem globalen Verfahren nicht segmentiert werden. Erschwerend kommt die ungleichmäßige Ausleuchtung des Bildes (schwach zu erkennen in Abb. 3 (mitte) in der unteren, rechten Ecke) hinzu. Mit einer starken Untersegmentierung als Ausgangspunkt kann mit 51 Iterationen unserer Methode die Segmentierung stark verbessert werden.

## 4 Diskussion

Wir haben ein Verfahren vorgestellt, das in der Lage ist eine bestehende Binarisierung am Binarisierungsrand durch lokale Kriterien zu erweitern und dadurch feine Strukturen zu klassifizieren, die durch ein globales Verfahren nicht erkannt werden können.



**Abb. 1.** Die Abbildung zeigt, dass es mit einem globalen Schwellwert nicht möglich ist, eine Binarisierungsschwelle zu finden, die die feinen Knochenstrukturen im Nasenbereich segmentiert und dabei im Hirnbereich nicht übersegmentiert.



**Abb. 2.** Die Abbildung zeigt die vorgestellte Methode. Im Hintergrund zu erkennen das zugrunde liegende Grauwertbild, in blau die initiale Binarisierung und in rot die inkrementell erweiterten Bereiche.

Das Verfahren ist einfach zu implementieren, da es im Kern nur aus einer einfachen, iterativen Segmentierung und dem Berechnen von statistischen Eigenschaften besteht. Gerade diese Berechnungen aber sind sowohl in 2D, als auch in 3D vollkommen gleich, weshalb eine Erweiterung der Methode auf 3D direkt möglich ist. Die einzige maßgebliche Adaption, die nötig wird, ist das Extrahieren der Randvoxel und der Voxel in der lokalen Umgebung.

Da der adaptive Schritt des Algorithmus für jeden Randpunkt unabhängig geschieht und dabei nur Lesezugriffe in den Originaldatensatz stattfinden, ist dieser Teil der Methode prädestiniert, für eine parallele Architektur, sei es auf mehreren CPUs oder auf der GPU, umgesetzt zu werden.

Ein, der Methode inhärenter Nachteil, ist, dass eine lokale Erweiterung einer bestehenden Segmentierung nur bei kleineren Strukturen funktioniert. Hat man beispielsweise Strukturen, die wesentlich größer sind als die betrachtete lokale Umgebung und sich noch dazu graduell dem Hintergrundwert annähern, so wird die Methode fehlschlagen, da eine sinnvolle, lokale Klassifikation nicht mehr möglich ist.



**Abb. 3.** Die Abbildung zeigt, dass das Verfahren auch unter anderen Bedingungen Verwendung finden kann, bei denen feine Strukturen an der Auflösungsgrenze nicht mehr akkurat vom Hintergrund getrennt werden können. In der Mitte ist das Ergebnis mit globalem Schwellwert und rechts unsere Methode zu sehen.

## Literaturverzeichnis

1. Zhang J, Yan CH, Chui CK, Ong SH. Fast segmentation of bone in CT images using 3D adaptive thresholding. *Computers in Biology and Medicine*. 2010;40:231 – 236.
2. Sezgin M, Sankur B. Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation. *Journal of Electronic Imaging*. 2004;13:465 – 473.
3. Ridler TW, Calvard S. Picture thresholding using an iterative selection method. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*. 1978;8:630 – 632.