

Computerunterstützte Bildanalyse zur Auswertung medizinischer Bilddaten

Habilitationsschrift

zur Erlangung der Venia legendi für

Informatik

angenommen durch die Fakultät für Informatik
der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

von: Dr.-Ing. Regina Pohle

geb. am 28.1.1965 in Magdeburg

Gutachter:

Prof. Dr. Klaus D. Tönnies

Prof. Dr. Dr. Johannes Bernarding

Prof. Dr. Heinz-Otto Peitgen

Magdeburg, den 3. März 2004

Inhaltsverzeichnis

ABBILDUNGSVERZEICHNIS.....	9
TABELLENVERZEICHNIS	14
ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS	15
1 EINLEITUNG.....	17
2 DER BILDANALYSEPROZESS	19
2.1 Der allgemeine Bildanalyseprozess.....	19
2.1.1 Daten und Information.....	21
2.1.2 Modellierung	22
2.2 Der medizinische Bildanalyseprozess	23
2.2.1 Besonderheiten des medizinischen Bildanalyseprozesses.....	24
2.2.2 Anforderungen an Werkzeuge zur medizinischen Bildanalyse.....	25
2.2.3 Der Ablauf der medizinischen Bildanalyse	25
3 AUFGABEN UND ZIELE BEI DER MEDIZINISCHEN BILDANALYSE	27
3.1 Bildverarbeitung zur Bildverbesserung.....	27
3.2 Segmentierung der Bilddaten	28
3.3 Diagnoseunterstützung auf Basis manuell markierter Regionen	29
4 GRUNDLAGEN DER BILDGEBENDEN DIAGNOSTIK	30
4.1 Bildgebungsverfahren in der Medizin.....	30
4.1.1 Röntgenbildgebung.....	31
4.1.2 Digitale Subtraktionsangiographie (DSA).....	35
4.1.3 Computertomographie	36
4.1.4 Magnetresonanztomographie.....	39
4.1.5 Nuklearmedizinische Verfahren	43
4.1.6 Ultraschallverfahren	46
4.1.7 Mikroskopbilder	49
4.1.8 Kamerabilder und digitalisierte Fotografien.....	50
4.2 Einsatzgebiete bildgebender Verfahren in der Medizin.....	50
4.3 Zusammenfassung.....	51
5 ZUR VERFÜGUNG STEHENDE BILDINFORMATIONEN	53

5.1	Meta-Informationen	53
5.2	Informationen über die Abbildungsqualität	54
5.2.1	Einfache statistische Kenngrößen zur Bildbeschreibung	55
5.2.2	Information über den Bildkontrast	58
5.2.3	Information über das Signal-Rausch-Verhältnis	59
5.3	Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten.....	60
5.3.1	Information über die Kanten im Bild	60
5.3.2	Information über die Objekttextur.....	64
5.3.2.1	Information über Nachbarschaftszusammenhänge zwischen Pixeln.....	64
5.3.2.2	Information über die Bildentropie	66
5.3.2.3	Eigenschaften aus dem Leistungsdichtespektrum.....	66
5.3.2.4	Information über die Texturenergie	69
5.3.2.5	Information aus der Run-Length-Matrix	70
5.3.2.6	Information über die Kantenhäufigkeit.....	71
5.3.2.7	Fraktale Bildinformationen.....	71
5.3.2.8	Beispiele für die Verwendung von Texturinformationen	73
5.7	Zusammenfassung.....	74
6	MODELLANNAHMEN.....	75
6.1	Anforderungen an Modellannahmen.....	75
6.2	Beispiele für verschiedene Modellannahmen.....	76
6.2.1	Beispiele für den Einsatz geometrischer und topologischer Modelle	76
6.2.1.1	Größenannahme	77
6.2.1.2	Annahme einer geschlossenen bzw. durchgehenden Kontur.....	78
6.2.1.3	Gestaltannahme.....	80
6.2.1.4	Annahme über die Beziehung zwischen Objekten	82
6.2.2	Ausnutzung räumlicher Kohärenz	84
6.2.3	Ausnutzung von zeitlicher Kohärenz	85
6.2.4	Nutzung von Modellen über die Bildaufnahme	86
6.2.4.1	Modellannahmen über die Objektrepräsentation	87
6.2.4.2	Stochastische Modelle	88
6.3	Strategien zur Modellentwicklung für eine konkrete Aufgabenstellung.....	88
6.4	Möglichkeiten zum Einbringen der Modellannahmen.....	89
6.4.1	Anforderungen an die Interaktion.....	89

6.4.2	Zweck der Interaktion.....	90
6.4	Zusammenfassung.....	94
7	SEGMENTIERUNGSVERFAHREN FÜR MEDIZINISCHE BILDDATEN.....	95
7.1	Segmentierungsverfahren ohne Modellwissen.....	95
7.1.1	Manuelle Markierung des Objektes.....	95
7.1.2	Interaktive Bildanalyse mittels Volumen-Rendering-Verfahren.....	97
7.1.2.1	Darstellung der Daten mittels Volume-Rendering	97
7.1.2.2	Veränderung der Darstellung durch Variation der Transferfunktion.....	99
7.1.2.3	Interaktionsmöglichkeiten zur Unterstützung der Bildanalyse.....	100
7.1.2.4	Zusammenfassung.....	102
7.2	Segmentierungsverfahren mit einfachem Modellwissen	102
7.2.1	Schwellenwertverfahren	102
7.2.1.1	Gestaltbasierte Techniken.....	103
7.2.1.2	Optimale Schwellenwertverfahren.....	106
7.2.1.3	Einsatzgebiete für Schwellenwertverfahren.....	110
7.2.2	Region growing	111
7.2.2.1	Probleme beim Einsatz des Region growing Ansatzes.....	113
7.2.2.2	Einsatzgebiete für Region growing.....	113
7.2.3	Split-and-Merge-Verfahren	115
7.2.3.1	Vorgehensweise beim Splitting und Merging.....	115
7.2.3.2	Regionenmerging mittels verknüpfter Pyramiden	116
7.2.3.3	Einsatzgebiete des Split-and-Merge-Verfahrens	117
7.2.4	Diffusionsverfahren	118
7.2.4.1	Lineare homogene Diffusion	119
7.2.4.2	Inhomogene lineare Diffusion	120
7.2.4.3	Nichtlineare isotrope Diffusion.....	121
7.2.4.4	Nichtlineare anisotrope Diffusion.....	122
7.2.4.5	Beispiele für den Einsatz der Diffusionsverfahren	124
7.2.5	Klassifikations- und Clusteranalyseverfahren	126
7.2.5.1	Numerische Verfahren	126
7.2.5.1.1	Minimum-Distanz-Klassifikator	128
7.2.5.1.2	Nächste-Nachbar-Klassifikator	129
7.2.5.1.3	Bayes Klassifikator	130
7.2.5.1.4	Nearest Mean Clusteranalyseverfahren.....	131
7.2.5.1.5	Fuzzy-C-Mean-Verfahren	132

7.2.5.2	Einsatzgebiete von Clusteranalyse- und Klassifikationsverfahren	134
7.2.6	Segmentierung mit Markov Random Fields (MRF).....	136
7.2.6.1	Vorgehensweise	137
7.2.6.2	Beispiele zur Verwendung von Markov Random Fields	138
7.2.7	Wasserscheidentransformation	140
7.2.7.1	Strategien bei der Umsetzung der Wasserscheidentransformation.....	140
7.2.7.2	Einsatzgebiete der Wasserscheidentransformation.....	142
7.2.8	Kantenfilterung	145
7.2.8.1	Marr-Hildreth-Kantendetektor	145
7.2.8.2	Canny-Operator.....	146
7.3	Segmentierungsverfahren mit erweitertem Modellwissen	149
7.3.1	Berechnung optimaler Kantenzüge durch Graphensuche	149
7.3.2	Bestimmung optimaler Kantenverläufe mittels dynamischer Programmierung ...	152
7.3.2.1	Beschreibung des Algorithmus	152
7.3.2.2	Beispiele zur Kantenerkennung mittels dynamischer Programmierung.....	153
7.4	Segmentierungsverfahren mit komplexem Modellwissen	155
7.4.1	Deformierbare Modelle	155
7.4.1.1	Parametrische deformierbare Modelle	156
7.4.1.2	Active Shape Models	158
7.4.1.3	Active Appearance Models	159
7.4.1.4	Einsatzgebiete deformierbarer Modelle	159
7.4.2	Hough-Transformation	161
7.4.2.1	Vorgehensweise beim Einsatz der Hough-Transformation	161
7.4.2.2	Einsatzgebiete der Hough-Transformation	164
7.5	Zusammenfassung	165
8	EVALUATION VON SEGMENTIERUNGSERGEBNISSEN.....	167
8.1	Festlegung des Evaluationsziels und der Evaluationsmethode	169
8.1.1	Festlegung des Evaluationsziels	169
8.1.2	Auswahl der Evaluationsmethode	169
8.1.2.1	Bewertung der Qualität durch den Menschen.....	170
8.1.2.2	Analytische Bewertungsmethode.....	171
8.1.2.3	Empirische Bewertungsmethoden.....	172
8.1.2.4	Zusammenfassung.....	174
8.2	Festlegung der Bewertungsmaße für die empirische Evaluation	174

8.2.1	Bestimmung von Güte Merkmalen	174
8.2.2	Einsatz von Diskrepanzmerkmalen	175
8.3	Durchführung der Tests	179
8.3.1	Arten von Testbildern	179
8.3.2	Auswahl der Einflussgrößen	182
8.3.3	Gewinnung des Goldstandards	183
8.4	Vergleich und Präsentation der Evaluationsergebnisse	184
8.5	Zusammenfassung	186
9	EIGENE WEITERENTWICKLUNGEN	187
9.1	Differenzierung neuromuskulärer Erkrankungen mit Texturanalyse	188
9.1.1	Medizinische Problemstellung	188
9.1.2	Kriterien der visuellen Befundbeurteilung	189
9.1.3	Einflussfaktoren für das Ergebnis der Texturauswertung	190
9.1.4	Durchführung der computergestützten Texturanalyse	194
9.1.5	Ergebnisse der Gewebedifferenzierung	196
9.1.6	Diskussion und Zusammenfassung	198
9.2	Adaptives Regionenwachstum als Beispiel der Nutzung einfachen Modellwissens ...	201
9.2.1	Das verwendete Homogenitätsmodell	201
9.2.2	Der adaptive Regionenwachstumsalgorithmus	203
9.2.3	Erweiterung des Algorithmus für eine automatische Segmentierung	205
9.2.3.1	Bestimmung der Regionenwahrscheinlichkeit	206
9.2.3.2	Reklassifikation der eliminierten Regionen	207
9.2.4	Evaluation des Algorithmus	209
9.2.4.1	Segmentierung von Einzelobjekten in künstlichen Bildern	210
9.2.4.1.1	Untersuchung des Einflusses des SNR	210
9.2.4.1.2	Untersuchung des Einflusses der Kantensteilheit	210
9.2.4.1.3	Untersuchung des Einflusses von Shading-Effekten	211
9.2.4.2	Untersuchung der Segmentierung von Einzelobjekten in CT-Bildern	213
9.2.4.3	Untersuchung der vollautomatischen Segmentierung	214
9.2.5	Diskussion der Ergebnisse und Ausblick	215
9.2.6	Zusammenfassung	220
9.3	Anwendungsbeispiele für die Nutzung komplexen Modellwissens	220
9.3.1	Erweiterung der Image Foresting Transformation (IFT)	220

9.3.1.1	Erweiterte regionenorientierte Segmentierung mit der IFT	221
9.3.1.2	Ergebnisse der Lebersegmentierung in CT-Datensätzen	223
9.3.1.3	Zusammenfassung	225
9.3.2	Kopplung von IFT und aktiver Oberfläche	225
9.3.2.1	Nutzung der aktiven Oberfläche in der zweiten Segmentierungsstufe	225
9.3.2.2	Ergebnisse bei der Lebersegmentierung in CT-Datensätzen	228
9.3.2.3	Zusammenfassung	229
9.3.3	Segmentierung von Organen in dynamischen SPECT-Aufnahmen (dSPECT)	230
9.3.3.1	Gewinnung der Bilddaten und medizinische Problemstellung	230
9.3.3.2	Vorverarbeitung der Bilddaten	231
9.3.3.3	Segmentierung der Leberregion	233
9.3.3.4	Segmentierung der Herzregion	235
9.3.3.5	Erzielte Segmentierungsergebnisse	237
9.3.3.6	Zusammenfassung	238
9.3.4	Segmentierung von Blutgefäßen in Angiogrammen	239
9.3.4.1	Ableitung des Modellwissens aus den DSA-Aufnahmen	240
9.3.4.2	Segmentierung der Blutgefäße mittels aktiver Doppelkontur	241
9.3.4.3	Ergebnisse der Gefäßsegmentierung	243
9.3.4.4	Zusammenfassung der Ergebnisse bei der Gefäßsegmentierung	245
9.3.5	Fazit aus den Beispielen für die Nutzung komplexer Modelle	245
9.4	Zusammenfassung der Ergebnisse aus den Beispielen	246
10	SCHLUSSFOLGERUNGEN	247
10.1	Aktueller Stand der medizinischen Bildverarbeitung	247
10.2	Empfehlungen für die Auswahl von Segmentierungsverfahren	249
10.3	Vorschlag einer dreistufigen Bewertungsstrategie	252
10.3.1	Bewertung einer 3D-Segmentierung durch hybrides Rendering	254
10.3.2	Durchführung der Stabilitätstests	257
10.3.3	Durchführung der Diskrepanzmessung	261
10.3.4	Test des vorgeschlagenen Bewertungsansatzes	261
10.3.5	Fazit	264
11	ZUSAMMENFASSUNG	265

Abbildungsverzeichnis

Abb. 2.1:	Ablaufschema des medizinischen Bildanalyseprozesses	26
Abb. 4.1:	Röntgenaufnahmen	32
Abb. 4.2:	Einfluss der Position der Strahlenquelle	32
Abb. 4.3:	Einfluss der Ausdehnung der Strahlenquelle und des Film-Fokus-Abstandes	33
Abb. 4.4:	Prinzip der Erzeugung der DSA-Bilder	35
Abb. 4.5:	DSA-Aufnahme einer ovulären aneurysmatischen Erweiterung	36
Abb. 4.6:	Prinzipdarstellung des Fächerstrahlprinzips	36
Abb. 4.7:	CT-Aufnahme des Abdomens	37
Abb. 4.8:	Relative Schwächungswerte für ausgewählte Gewebearten	37
Abb. 4.9:	Darstellung eines CT-Bildes ohne und mit Fensterung	38
Abb. 4.10:	CT-Datensatz des Abdomens aus dem Bereich der Strahlentherapie	39
Abb. 4.11:	Herleitung der charakteristischen Zeitkonstante T_1	40
Abb. 4.12:	Herleitung der charakteristischen Zeitkonstante T_2	41
Abb. 4.13:	T_1 -Relaxationskurven für unterschiedliche Gewebearten	41
Abb. 4.14:	T_2 -Relaxationskurven für unterschiedliche Gewebearten	42
Abb. 4.15:	MR-Bilder des Gehirns (PD, T_1 , T_2)	43
Abb. 4.16:	Prinzip der Emissions-CT	44
Abb. 4.17:	SPECT-Aufnahmen des Kopfes und des Thorax	45
Abb. 4.18:	Grundprinzip der Darstellung der Tomographie mit Positronenstrahlern	45
Abb. 4.19:	PET-Daten des Gehirns	45
Abb. 4.20:	US-Bild von einem Lymphknoten und 20 MHz-Bild von einem Hauttumor	47
Abb. 4.21:	Darstellung eines US-Doppler-Bildes	47
Abb. 5.1:	Darstellung eines CT-Bildes mit verschiedenen Fensterungen	56
Abb. 5.2:	CT-Bild vom Abdomen und zugehöriges Histogramm	56
Abb. 5.3:	2D-Histogramm für ein MRT-Bild des Gehirns	57
Abb. 5.4:	Histogrammformen	58
Abb. 5.5:	Ermittlung der Größen zur Berechnung des SNR	60
Abb. 5.6:	Ergebnisse des Differenzen- und des Sobel-Operators für ein CT-Bild	62
Abb. 5.7:	Ergebnis der Laplace-Filterung	63
Abb. 5.8:	Relation für die Berechnung einer Co-occurrence-Matrix	65
Abb. 5.9:	Cooccurrence-Matrizen für das CT-Bild eines Kopfes	66
Abb. 5.10:	Darstellung der Basisfunktionen der DFT	67
Abb. 5.11:	Betrachtung des Leistungsspektrums in ringförmigen und keilförmigen Bereichen	68
Abb. 5.12:	Berechnung der Texturenergie nach Law	70

Abb. 5.13:	Vorgehensweise bei der Ableitung der Run-Length-Matrix	70
Abb. 5.14:	Berechnung des Mikro- und Makrokantenbildes für ein US-Bild	71
Abb. 5.15:	Bestimmung der fraktalen Kästchendimension	73
Abb. 6.1:	Nutzung von Annahmen über die Objektgröße	77
Abb. 6.2:	Beschreibung der Objektbeziehung mit morphologischem und topologischem Graph	83
Abb. 6.3:	Verschiebungsvektorfeld für MR-Bilder des Herzen	86
Abb. 6.4:	Einsatz von Modellannahmen über die Objektrepräsentation bei einem CT-Bild	87
Abb. 6.5:	Grauwertprofile in einem CT-Bild des Abdomens	87
Abb. 6.6:	Verwendung eines elliptischen Cursors	90
Abb. 6.7:	Möglichkeiten zum interaktiven Einbringen von Modellinformation	91
Abb. 6.8:	Interaktionsschritte bei der Segmentierung von Hauttumoren mittels aktiver Konturen	93
Abb. 7.1:	Ergebniskonturen für das Ventrikelsystem bei manueller Eingabe der Stützpunkte	96
Abb. 7.2:	Vorgehensweise bei der Volumenvisualisierung mit dem Back-to-Front-Algorithmus	98
Abb. 7.3:	Vorgehensweise beim Ray-Tracing-Verfahren	98
Abb. 7.4:	Beispiele für die Gestalt von Transferfunktionen	99
Abb. 7.5:	Darstellung von CT-Daten mit drei unterschiedlichen Transferfunktionen	100
Abb. 7.6:	Extraktion eines Untervolumens mit Hilfe von Boxclipping	101
Abb. 7.7:	Ergebnis der Visualisierung nach dem Einsatz des Radiergummis	101
Abb. 7.8:	Mikroskopbild und Ergebnis der automatischen Schwellenwert-Segmentierung	103
Abb. 7.9:	Ergebnis der ersten und zweiten Ableitung im Bereich einer Kante	104
Abb. 7.10:	Histogrammverbesserung durch Ausblenden homogener Gebiete	104
Abb. 7.11:	Bestimmung des Schwellenwertes nach der Methode von Zack	105
Abb. 7.12:	Ermittlung des Schwellenwertes auf Grundlage der maximalen Krümmung	105
Abb. 7.13:	Segmentierungsergebnis für ein MR-Bild mit dem Otsu-Verfahren	107
Abb. 7.14:	Segmentierung eines MR-Bildes mit der Relaxationsmethode	108
Abb. 7.15:	Darstellung der Probleme beim Region growing	113
Abb. 7.16:	Segmentierter Bronchialbaum mit dem Region growing Verfahren	114
Abb. 7.17:	Ableitung des Quadrees	116
Abb. 7.18:	Algorithmus der verknüpften Pyramiden	117
Abb. 7.19:	Homogene Diffusion	119
Abb. 7.20:	Diffusionsskalenräume mit einer konvexen Potentialfunktion	120
Abb. 7.21:	Nichtlineare isotrope Diffusion mit dem Perona–Malik-Modell	121
Abb. 7.22:	Prinzip der anisotropen Diffusion	122
Abb. 7.23:	Nichtlineare Diffusionsskalenräume mit einer örtlichen Regularisierung	123

Abb. 7.24:	Vergleich von nichtlinearer isotroper und anisotroper Diffusion	123
Abb. 7.25:	Vergleich der Ergebnisse mit dem Perona-Malik-Ansatz und mit dem Belrami-Operator	125
Abb. 7.26:	Ergebnisse der anisotropen Diffusion mit und ohne wissensbasierte Komponente	125
Abb. 7.27:	Zusammenhang zwischen den vier Varianten eines Klassifizierungssystems	128
Abb. 7.28:	Prinzip des Minimum-Distanz-Klassifikators	129
Abb. 7.29:	Anwendung der Nächste-Nachbar-Regel auf die Musterklassen	129
Abb. 7.30:	Ermittlung der Startpartitionierung mit dem divisiven Verfahren	132
Abb. 7.31:	Ermittlung der Startpartitionierung mit dem agglomerativen Verfahren	132
Abb. 7.32:	Unschärfe Zuordnung von Datenpunkten zu einem Cluster	133
Abb. 7.33:	Cliquen im Achternachbarschaftskonzept	137
Abb. 7.34:	Begriffsbildung bei der Wasserscheidentransformation	140
Abb. 7.35:	Segmentierung mit Hilfe der Wasserscheidentransformation	141
Abb. 7.36:	Vorgehensweise beim Beregnungsalgorithmus	142
Abb. 7.37:	Ergebnis der Segmentierung mit dem Marr-Hildreth-Operator	146
Abb. 7.38:	Segmentierung mit dem Canny-Operator	148
Abb. 7.39:	Erzeugung eines gerichteten Kantengraphen	150
Abb. 7.40:	Beispiel für die Ermittlung des optimalen Konturverlaufs mit dem A*-Algorithmus	151
Abb. 7.41:	Bezeichnung der Parameter für die Hough-Transformation	162
Abb. 7.42:	Prinzip der Hough-Transformation	163
Abb. 7.43:	Hough-Transformation für Kreise	163
Abb. 7.44:	Vorgehensweise bei der Konstruktion der R-Tabelle	164
Abb. 8.1:	Teilschritte des Evaluationsvorgangs	168
Abb. 8.2:	Einordnung der einzelnen Evaluationsmethoden in den	170
Abb. 8.3:	Beispiel für die Klassifikation nach unter- und übersegmentierten Pixeln	176
Abb. 8.4:	Hausdorff-Abstand	178
Abb. 8.5:	Erzeugung synthetischer Bilder mittels Fourier-basierter Textursynthese	180
Abb. 8.6:	Simulation von Daten durch Nutzung eines rechnerinternen Modells	181
Abb. 8.7:	Künstliche Testobjekte mit eingestellter Formvariation	183
Abb. 8.8:	Beispiel für zwei ROC-Kurven	185
Abb. 8.9:	Visualisierung des Segmentierungsfehlers durch Mapping der Werte auf die Oberfläche des Goldstandards	186

Abb. 9.1:	Abhängigkeit des mittleren Grauwertes vom Auflagedruck	191
Abb. 9.2:	Schwankung des mittleren Grauwerts in Abhängigkeit vom Alter der Probanden	192
Abb. 9.3:	Einfluss anderer Erkrankungen auf die Ausprägung des mittleren Grauwerts	192
Abb. 9.4:	Einfluss der lokalen Betroffenheit der Muskeln auf den mittleren Grauwert	193
Abb. 9.5:	Unterschiede in Texturmerkmalen aufgrund der biologischen Schwankungsbreite	194
Abb. 9.6:	Manuelle Auswahl der ROI im Myosonogramm	194
Abb. 9.7:	Vorgehensweise bei der stufenweisen Differenzierung zwischen den Erkrankungen	196
Abb. 9.8:	Ultraschallbild eines gesunden Probanden	200
Abb. 9.9:	Ultraschallbild eines Patienten mit HSMN	200
Abb. 9.10:	Ultraschallbild eines Patienten mit Duchenne Muskeldystrophie	200
Abb. 9.11:	CT-Bild des Abdomens mit eingezeichnetem Grauwertprofil	202
Abb. 9.12:	Ablauf des randomierten Regionenwachstums	204
Abb. 9.13:	Ergebnis des ersten Schritts für die automatische Segmentierung für ein CT-Bild	205
Abb. 9.14:	Berechnete Wahrscheinlichkeiten für die ausgewählte Region des CT-Bildes	206
Abb. 9.15:	Plot der Regionenwahrscheinlichkeit für die segmentierten Regionen	207
Abb. 9.16:	Ausschnitt aus dem CT-Bild und ermitteltes Segmentierungsergebnis	208
Abb. 9.17:	Verteilungsfunktionen der drei Nachbarschaftsregionen und die Wahrscheinlichkeit für das betrachtete Pixel	208
Abb. 9.18:	Demonstration des Tests auf den Zusammenhang von Regionen	209
Abb. 9.19:	Testbildgenerierung für die Variation des SNR	210
Abb. 9.20:	Ergebnis mit der MBA-Methode für die Bewertung des Einflusses der Kantensteilheit	211
Abb. 9.21:	Testbilder zur Untersuchung des Shading-Einflusses	211
Abb. 9.22:	Ergebnis der Diskrepanzmessung bei Variation des SNR	212
Abb. 9.23:	Ergebnis der Diskrepanzmessung bei Variation der Kantensteilheit	212
Abb. 9.24:	Ergebnis der Diskrepanzmessung bei Variation des Shading	212
Abb. 9.25:	Segmentierungsergebnisse für die MBA-Methode bei realen CT-Bilddaten	214
Abb. 9.26:	Segmentierungsergebnis für die automatische Segmentierung des Testbildes	214

Abb. 9.27:	Segmentierungsergebnis für die automatische Segmentierung des CT-Bildes	215
Abb. 9.28:	Segmentierungsergebnis für eine Knochenstruktur bei Verwendung der Homogenitätsschätzung basierend auf der Berechnung der Standardabweichung	217
Abb. 9.29:	Segmentierung mit dem adaptiven Regionenwachstumsverfahren mit integrierter Schätzung von nichtlineare Shading-Einflüssen	218
Abb. 9.30:	Ergebnisse mit dem iterativen Ansatz des adaptiven Regionenwachstumsverfahrens	219
Abb. 9.31:	Segmentierungsergebnis für die weiße Substanz im T ₁ -gewichteten MR-Bild	219
Abb. 9.32:	Resultate der Schritte bei dem modifizierten Ansatz der regionenorientierten IFT	223
Abb. 9.33:	CT-Bild der Niere mit eingezeichneten inneren, mittleren und äußeren Vertex-Punkten	227
Abb. 9.34:	Grauwertprofil entlang der markierten Linie	227
Abb. 9.35:	Gradientenprofil entlang der Linie	227
Abb. 9.36:	CT-Bild der Niere mit eingezeichneten Positionen zur Berechnung des Gradienten	228
Abb. 9.37:	Vergleich der Ergebnisse der manuellen Segmentierung und der mit dem zweistufigen Ansatz aus IFT und aktiver Oberfläche	229
Abb. 9.38:	3D-Visualisierung des Ergebnisses der Lebersegmentierung	229
Abb. 9.39:	Beispiele für die verwendeten dSPECT-Datensätze	231
Abb. 9.40:	3D-Darstellung der mittleren Aktivitätswerte mittels Volumerendering	231
Abb. 9.41:	Verlauf der Zeit-Aktivitäts-Kurven für die wichtigsten Strukturen	232
Abb. 9.42:	Zeit-Aktivitäts-Kurve eines zusammengefassten Lebersegments	233
Abb. 9.43:	Segmentierungsergebnis für die Schwellenwertoperation nach Segmentzusammenfassung	234
Abb. 9.44:	3D-Darstellung der segmentierten Leberregion	235
Abb. 9.45:	Superellipsoid nach Größenanpassung und Gestaltmodell nach FFD mit Verschiebungsfeld	236
Abb. 9.46:	Beispiele für erzeugte Ventrikel-Modelle	237
Abb. 9.47:	Beispiel für eine hybride Visualisierung der Daten und des Segmentierungsergebnisses	239
Abb. 9.48:	DSA-Aufnahme mit einem geringen SNR für kleine Gefäße	239
Abb. 9.49:	Anordnung der Startpunkte und berechneter Knoten und Richtung für den Ziplock-Snake	242
Abb. 9.50:	Ausrichtung des Gefäßes in Richtung der x-Achse zur Bestimmung der Merkmale	242
Abb. 9.51:	Knotenbezeichnung bei einem Ziplock-Snake	243
Abb. 9.52:	Segmentierungsergebnisse für künstliche DSA-Bilder bei unterschiedlichem SNR	244
Abb. 9.53:	Segmentierung von Gefäßen mit Verzweigungen	244

Abb. 9.54:	Segmentierung von sich überkreuzenden Gefäßen	245
Abb. 10.1:	Schema des Ablaufs des vorgeschlagenen Evaluationsprozesses	253
Abb. 10.2:	Nutzung der ermittelten Homogenitätsgrenzen zur Einstellung der Intervalle bei der Transferfunktion	255
Abb. 10.3:	Beispiel für die Auswahl einer ROI	255
Abb. 10.4:	Bewertungsmöglichkeiten für die Qualität der Segmentierung mittels hybridem Rendering	256
Abb. 10.5:	Hybrides Rendering zur Einschätzung der Ergebnisqualität mit Darstellung des Segmentierungsergebnisses als beleuchtete Oberfläche	257
Abb. 10.6:	Grobevaluation der Qualität von Segmentierungsmethoden mit hybridem Rendering	257
Abb. 10.7:	Verteilung der Grauwerte im Originalbild und erzeugte Bootstrap-Verteilung	259
Abb. 10.8:	Generierung von Bootstrap-Kopien für einen Brusttumor im US-Bild	259
Abb. 10.9:	Grobe Gestaltapproximation mittels Fourier-Koeffizienten der manuellen Segmentierung	260
Abb. 10.10:	Bootstrap-Kopien der Lebergestalt	260
Abb. 10.11:	Hybride Visualisierung der Segmentierungsergebnisse	262
Abb. 10.12:	Beispiele für Bootstrap-Kopien	262
Abb. 10.13:	Ergebnisse der lokalen Stabilitätsberechnung	263

Tabellenverzeichnis

Tabelle 6.1:	Anforderungen an die Visualisierung	93
Tabelle 9.1:	Anzahl der zur computerunterstützten Auswertung eingesetzten Bildregionen in den Myosonogrammen	195
Tabelle 9.2:	Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Gesunden und Patienten mit myogenen und neurogenen Erkrankungen	197
Tabelle 9.3:	Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Gesunden und Patienten mit Myositis	197
Tabelle 9.4:	Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Patienten mit Duchenne- und Becker-Kiener-Muskeldystrophie und Patienten mit neurogenen Erkrankungen	197
Tabelle 9.5:	Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Patienten mit spinaler Muskelatrophie und mit hereditärer sensomotorischer Neuropathie	197
Tabelle 9.6:	Sensitivität und Spezifität der computerunterstützten Gewebedifferenzierung	198
Tabelle 9.7:	Berechnete Werte für den Mittelwert und die untere bzw. die obere Standard-abweichung für eine manuell segmentierte Untermenge der Leberpixel	203
Tabelle 9.8:	Korrekturfaktoren zum Ausgleich der Unterschätzung der Standardabweichung	204
Tabelle 9.9:	Gemessene Werte für den Vergleich der Ergebnisse der MBA-Methode mit den Ergebnissen der manuellen Segmentierung	213
Tabelle 10.1:	Einteilung der Segmentierungsverfahren	250

Abkürzungsverzeichnis

AAM	-	Active Appearance Model
AMM	-	adaptives Regionenwachstum mit bewegtem Mittelwert
ASM	-	Active Shape Model
BMD	-	Becker-Kiener-Muskeldystrophie
CT	-	Computertomographie
DFT	-	Diskrete Fourier-Transformation
DICOM	-	Digital Imaging and Communication in Medicine
DMD	-	Duchenne Muskeldystrophie
DSA	-	Digitale Subtraktionsangiographie
dSPECT	-	dynamische Single-Photon-Emissions-Tomographie
EM	-	Expectation-Maximization-Algorithm
FEM	-	Finite-Elemente-Methode
FFD	-	Frei-Form-Deformation
FFT	-	Fast Fourier Transformation
FID	-	Free Induction Decay
GHL	-	Generalisierte Hough-Transformation
HSMN	-	Hereditäre sensomotorische Neuropathie
ICM	-	Iterated Conditional Mode
ISODATA	-	Iterative Self-Organizing Data Analysis Technique
IDFT	-	inverse diskrete Fourier-Transformation
KLT	-	Karhunen-Loeve-Transformation
MBA	-	Modellbasiertes adaptives Regionenwachstumsverfahren
MRF	-	Markov Random Field
MRT	-	Magnetresonanztomographie
PCA	-	Principal Component Analysis
PET	-	Positron-Emissions-Tomographie
PVE	-	Partialvolumeneffekt
ROC	-	Receiver-Operating-Characteristics
SMA	-	Spinale Muskelatrophie
SNR	-	Signal-Rausch-Verhältnis
SPECT	-	Single-Photon-Emissions-Tomographie
US	-	Ultraschall

1 Einleitung

Der Einsatz von Methoden der Bildverarbeitung in der Medizin hat sich in den letzten Jahren enorm weiterentwickelt. Diese immens gestiegene Bedeutung beruht zum einen darauf, dass die Verbreitung digitaler Bildaufnahmetechniken und deren Leistungsfähigkeit zugenommen hat. So kann z. B. heute mit CT-Geräten eine wesentlich bessere Auflösung in z-Richtung erreicht werden, als noch vor ein oder zwei Jahren. Dies hat aber auch zur Folge, dass die Anzahl der Bilder pro Untersuchung um ein Vielfaches angestiegen ist. Damit ist eine herkömmliche manuelle Betrachtung der Bilder häufig sehr zeitaufwendig und es wird nach neuen Wegen zur Auswertung der Bilder gesucht. Zum anderen hat sich in den letzten Jahren die Leistungsfähigkeit der Computer bezüglich verfügbarer Speicherkapazitäten und erreichbarer Verarbeitungsgeschwindigkeit wesentlich erhöht, so dass inzwischen auch anspruchsvollere Aufgabenstellungen bearbeitet werden können.

Trotz dieser wahrnehmbaren Entwicklungen auf dem Gebiet der medizinischen Bildverarbeitung gibt es immer noch eine Vielzahl von Defiziten. So erfolgt die Auswahl von Segmentierungsverfahren für medizinische Anwendungen bisher noch häufig in Abhängigkeit von den Vorlieben des jeweiligen Entwicklers. Die Begründung der getätigten Verfahrensauswahl im Vergleich zu anderen möglichen Ansätzen wird in der Literatur eher oberflächlich behandelt. Wenn ein Vergleich der Ergebnisse verschiedener Ansätze erfolgt, so basiert dieser fast ausschließlich auf der Basis einiger Bildbeispiele, die eine sichere Aussage über die tatsächliche Leistungsfähigkeit der verschiedenen Verfahren nur schwer ermöglichen. Problematisch ist hierbei auch, dass es zumeist keine absolut fehlerfreien Vergleichsdaten gibt. So kann die manuelle Segmentierung, die einem Vergleich häufig zugrundegelegt wird, auch mit Ungenauigkeiten und Fehlern behaftet sein. Deshalb ist es für den breiteren Einsatz von Bildverarbeitungsroutinen im Bereich der medizinischen Bildauswertung wichtig, eine Verbesserung der Qualitätskontrolle der erzielten Ergebnisse zu erreichen.

Ein anderes Problem besteht darin, dass die im medizinischen Bildverarbeitungssystem ablaufenden Prozesse für den Arzt häufig nicht nachvollziehbar sind. Besonders bei komplexeren Segmentierungsroutinen ist dies oft der Fall, so dass das Vertrauen der Anwender in die Richtigkeit der Ergebnisse mitunter nicht gegeben ist und damit die Akzeptanz für den Einsatz der Verfahren fehlt.

Ziel dieser Arbeit soll es deswegen sein, die bisherigen Möglichkeiten für den Vergleich von Verfahren hinsichtlich ihrer Brauchbarkeit zu analysieren. Daraus soll dann ein Vorschlag für eine Vorgehensweise bei einem solchen Vergleich abgeleitet werden, welcher eine objektive Einschätzung der Vorteile und Schwächen der einzelnen Segmentierungsmethoden ermöglicht. Um dies zu erreichen, müssen zuerst die Basismethoden der medizinischen Bildanalyse untersucht werden, um herauszufinden, welche Grundprinzipien ihnen zugrunde liegen und somit, welche Bildeigenschaften die Güte des Segmentierungsergebnisses beeinflussen können. In diesem Zusammenhang erfolgt zum einen eine Analyse und Klassifikation der zur Bildauswertung nutzbaren Bildinformationen. Diese Information kann darin bestehen, dass auf Grund des verwendeten Bildgebungsverfahrens Aussagen über den zu erwartenden Grauwertbereich des zu segmentierenden Objekts getroffen werden können. Zum anderen basiert diese Untersuchung auf der Klassifikation der Modelle zum Einbringen von a priori Information. Diese können z. B. auf dem Wissen beruhen, dass sich ein Teil der Bildinhalte zwischen zwei benachbarten Schichten in tomographischen Verfahren nur in gewissen Grenzen ändert, so dass diese räumliche Kohärenz zur Segmentierung ausgenutzt werden kann.

Diese beiden Aspekte, zum einen die nutzbare Bildinformation und zum anderen das einsetzbare Modellwissen, können als Grundlage für die Auswahl von Segmentierungsverfahren

für neue Aufgabenstellungen dienen. Die Eignung von bestimmten Segmentierungsverfahren für bestimmte Bildklassen und für verschiedene Aufgabenstellungen wird deshalb im Rahmen dieser Arbeit gleichfalls behandelt. Ferner soll der Versuch unternommen werden, zukünftigen Entwicklern und Nutzern eine a priori Unterstützung für die Auswahl von Bildverarbeitungsverfahren bei medizinischen Anwendungen zu geben.

Nach der Einleitung wird im zweiten Kapitel der Arbeit näher auf den Bildanalyseprozess eingegangen. Ausgehend vom allgemeinen Bildanalyseprozess werden die Besonderheiten des medizinischen Bildanalyseprozesses erläutert. Die einzelnen Teilschritte werden anschließend in den folgenden Kapiteln genauer betrachtet. So wird im dritten Kapitel näher auf die Aufgaben und Ziele der medizinischen Bildanalyse eingegangen. Die Grundlagen der bildgebenden Diagnostik werden im vierten Kapitel vorgestellt. Hier erfolgt eine Darstellung der in der medizinischen Praxis eingesetzten Bildgebungsverfahren. Insbesondere werden dabei solche Aspekte berücksichtigt, die für eine computergestützte Auswertung von Bedeutung sind. In diesem Zusammenhang werden auch wichtige, bisher schon verfolgte medizinische Fragestellungen betrachtet. Die nutzbaren Bildinformationen werden im fünften Kapitel klassifiziert, und die bisher zum Einsatz gekommenen Modellvorstellungen werden im sechsten Kapitel untersucht. In diesem Zusammenhang wird auch auf die Möglichkeiten eingegangen, wie diese Modellvorstellungen in den Analyseprozess eingebracht werden können.

Unter den vorgenannten Gesichtspunkten wird im siebenten Kapitel eine neue Systematik für die am häufigsten in der medizinischen Bildanalyse zum Einsatz kommenden Segmentierungsverfahren vorgestellt. Dabei wird bewusst von der bisherigen, gängigen Einteilung der Segmentierungsverfahren in bildpunktbasierende, regionenorientierte und kantenorientierte Methoden abgewichen, da diese Kategorisierung nicht alle bei der Evaluation benötigten Aspekte berücksichtigt.

Im achten Kapitel werden die Bewertungsmethoden für Segmentierungsverfahren näher untersucht. So wird auf die Bedeutung der Evaluation, auf die Art der gewinnbaren Aussagen, die nutzbaren Fehlermaße und auf die möglichen Probleme beim Bewertungsprozess speziell eingegangen.

Das neunte Kapitel beschäftigt sich mit einer Vielzahl selbst implementierter Anwendungsbeispiele aus der medizinischen Praxis, die bezüglich der in den vorangegangenen Kapiteln diskutierten Aspekte genauer analysiert werden.

Im zehnten Kapitel werden Schlussfolgerungen aus den bisherigen Ausführungen abgeleitet. Diese beinhalten eine Diskussion über den aktuellen Stand der medizinischen Bildverarbeitung. Außerdem wird versucht, eine Empfehlung für Anwender zu geben, wie die Auswahl von Segmentierungsverfahren für spezielle Fragestellungen gestaltet werden soll, und es wird ein Vorschlag für eine dreistufige Evaluationsstrategie für Segmentierungsverfahren unterbreitet. Abschließend erfolgt eine Zusammenfassung der gesamten Arbeit.

2 Der Bildanalyseprozess

Die Betrachtung des Bildanalyseprozesses ist notwendig, wenn man Lösungen für spezielle Bildanalyseaufgaben entwickeln will. Denn nur unter diesen Voraussetzungen ist es möglich, bei der Entwicklung von Werkzeugen zur Segmentierung problemorientiert vorzugehen. Deshalb soll im ersten Teil dieses Kapitels der allgemeine Bildanalyseprozess ausführlich betrachtet werden. Um die Zusammenhänge besser verstehen zu können, wird zuerst auf den menschlichen Bildanalyseprozess eingegangen. Die Erkenntnisse, die dabei gewonnen werden, tragen zu einem besseren Verständnis des computerunterstützten Bildanalyseprozesses bei. Da der medizinische Bildanalyseprozess einige Besonderheiten im Vergleich zum allgemeinen Bildanalyseprozess aufweist, werden diese Unterschiede im zweiten Teil des Kapitels dargelegt. Ausgehend von diesen Kenntnissen wird ein Schema entwickelt, das die einzelnen Teilschritte des medizinischen Bildanalyseprozesses enthält. Dieses Schema bildet die Grundlage für alle Aussagen in den nachfolgenden Kapiteln.

2.1 Der allgemeine Bildanalyseprozess

Will man den menschlichen Bildanalyseprozess mit Methoden der digitalen Bildverarbeitung nachbilden, muss man sich die dort ablaufenden einzelnen Schritte verdeutlichen. Bei diesem Prozess werden die realen Bilder in eine für den Betrachter günstigere Beschreibungsform überführt. In dieser ist dann nur noch die wichtige, für den Erkennungsvorgang relevante Information enthalten [Bode89]. Unwichtige und irrelevante Informationen werden eliminiert. Die Trennung zwischen wichtiger und unwichtiger Information erfolgt bei der menschlichen Wahrnehmung automatisch, wobei dem Prozess Modelle von bereits Gesehenem (d.h. Vorstellungen, Ideen und Vorwissen) zugrundegelegt werden. Denn nur unter dieser Voraussetzung ist es möglich, Dinge zu unterscheiden und zu bewerten, was in einem entsprechenden Zusammenhang als wichtig und was als unwichtig anzusehen ist.

Durch den Einsatz jeweils geeigneter Modelle entsteht eine konkrete Vorstellung von dem betrachteten Objekt, d.h. eine interne Repräsentation. Die Art der zugrundeliegenden Modelle ist dabei für die Wahrnehmung von zentraler Bedeutung [Sest95]. So ist die menschliche Wahrnehmung derart ausgelegt, dass Objekte auch dann als gleich erkannt werden, wenn sie in sehr verschiedenen Ausprägungen auftreten, d.h. sie sich z.B. bezüglich Beleuchtung, Perspektive und Orientierung unterscheiden. Dies lässt erkennen, dass die bei der menschlichen Wahrnehmung eingesetzten Modelle sehr flexibel sind und alle allgemeinen Eigenschaften einer Objektklasse enthalten.

Einige grundlegende Wahrnehmungsphänomene, die für die Erkennung von Strukturen in Bildern von Bedeutung sind, bestehen in [Krec92]:

- *der Differenzierung zwischen dem Objekt und dem Hintergrund*
Bei der Betrachtung eines Bildes werden fast immer einige Teile als Objekt wahrgenommen, die sich deutlich vom Hintergrund abheben. Diese Objekte sind dabei in der Regel schärfer umrissen und massiver als der Hintergrund. Sie scheinen sich vor oder auf dem Hintergrund zu befinden. Dagegen scheint sich der Hintergrund geschlossen hinter den Objekten zu erstrecken.
- *dem Objekt und den Gesetzen der Organisation*
Im Allgemeinen werden kleinere und geschlossene Flächen als Objekt und nicht als Hintergrund angesehen. Wenn keine weiteren Unterschiede vorhanden sind, werden einfachere, regelmäßige Flächen als Objekte bevorzugt.

- *der Objektwahrnehmung durch die Kontur*
Wenn man ein Objekt erkennen kann, ist es gewöhnlich von einer Kontur umgeben, die es vom Hintergrund trennt.
- *der Objektwahrnehmung durch Geschlossenheit*
Eine geschlossener Fläche wird eher als Objekt wahrgenommen als eine unbegrenzte. Umgekehrt gilt, wenn wir ein Objekt sehen, nehmen wir es häufiger kompakter und geschlossener wahr, als es tatsächlich ist.
- *der Objektwahrnehmung durch gute Gestalt*
Reize, die eine gute Gestalt bilden, werden bevorzugt. So besteht die Tendenz zu einer guten Fortsetzung und zu Symmetrie. Dadurch wird z.B. bei sich überlagernden Linienstücken, dasjenige als Verlängerung betrachtet, welches das erste Stück in einer bekannten Richtung fortführt.
- *der Konstanz der Wahrnehmung*
Das „Konstanthalten“ der Wahrnehmung bezieht sich auf verschiedene Merkmale, wie z.B. Helligkeit, Größe, Lage und Gestalt. Dadurch wird ermöglicht, dass man in einer Szene die gleichen Objekte trotz sich verändernder äußerer Bedingungen auch als gleich wahrnimmt.

Sollen nun die visuellen menschlichen Wahrnehmungsleistungen in ein computergestütztes System übertragen werden, müssen ähnliche Wahrnehmungsstrategien verfolgt werden. Damit ergeben sich folgende Anforderungen an ein solches System [Sest95]:

- Es muss eine Gruppierung von einzelnen Merkmalen zu komplexeren Objekten erfolgen.
- Es sollten allgemeine (generische) Beschreibungen verwendet werden.
- Es muss eine Informationsreduktion durch Erfassung der wichtigen Information und eine Interpolation über Informationslücken erfolgen.
- Es sollten verschiedene Informationen (z.B. Textur, Farbe, Bewegung) in den Erkennungsprozess integriert werden.
- Es sollte das Prinzip der selektiven Aufmerksamkeit zur Konzentration auf die wichtige Information genutzt werden.

Die Erkennung von Objekten bzw. von Strukturen mittels Methoden der Bildverarbeitung kann nur auf dem Weg erfolgen, die visuelle Information in Verbindung mit Hintergrundwissen über die Objekte bzw. Strukturen zu analysieren. Man kann diesen Bildanalyseprozess in zwei wesentliche Schritte zerlegen, in den Prozess der Modellierung und in den der Modell-Nutzung.

Die Modellierung erfolgt zumeist für eine bestimmte, ganz konkrete Aufgabenstellung. Für einfache Bildanalyseprobleme (z. B. die Analyse von Aufnahmen aus dem industriellen Bereich, die unter kontrollierten Bedingungen aufgenommen werden) ist es möglich, sich entsprechende Objektmodelle abzuleiten, welche die Objekte anhand typischer Merkmale erkennen. Bei komplexeren Aufgabenstellungen, wie sie gerade auch im Bereich der medizinischen Bildanalyse auftreten, ist dies sehr viel schwieriger. Da es dort aufgrund der biologischen Variation sehr unterschiedliche Ausprägungen ein und derselben Struktur gibt, ist eine explizite Modellierung der einzelnen Erscheinungsformen der Struktur unmöglich. Vielmehr muss versucht werden, allgemeine Modelle zu entwickeln, welche genügend strukturspezifisches Wissen enthalten. Hierzu zählt neben dem Wissen über die Strukturen im Bild auch kontextuelles Wissen über den gesamten Datensatz. Zu ersterem gehört u.a. das Wissen über die auftretenden Strukturen und deren Erscheinungsformen (deskriptive Eigenschaften) und das Wissen

über Unterschiede zwischen Strukturen (diskriminierende Eigenschaften). Zu Letzterem gehört Wissen über die Beziehungen zwischen den Strukturen im Datensatz.

Im Prozess der Bildanalyse wird nun versucht durch Anwendung der Modellinformation auf den Datensatz die Strukturen zu erkennen. Üblicherweise erfolgt diese Zuordnung zwischen Datensatz und Modell nicht auf der eigentlichen Bildebene, sondern es werden abgeleitete Eigenschaften des Datensatzes genutzt. Diese abgeleiteten Eigenschaften verkörpern nur noch die wichtige Information über die Struktur. Während z.B. ein einzelnes Pixel im Datensatz noch eine beliebige Bedeutung besitzen kann, stehen Pixel mit der Eigenschaft „große Gradientenlänge“ dafür, Kandidatenpixel für Strukturgrenzen zu sein.

In Marr's Theorie [Marr82] besteht der visuelle Informationsverarbeitungsprozess, der mittels Computer nachgebildet werden soll, aus drei miteinander verbundenen Bestandteilen:

1. aus der Berechnungstheorie,
2. aus der Repräsentation und dem Algorithmus sowie
3. aus der Implementation.

Die Theorie beschreibt, was das Ziel der Berechnung ist und wozu sie benötigt wird. Des weiteren umfasst sie eine Angabe der Logik, die hinter der angewandten Strategie steckt.

Die Repräsentation bezeichnet ein formales System, welches die verschiedenen Aspekte der Information enthält und gleichzeitig die Spezifikation, wie diese zur Lösung des Problems genutzt werden können. Die durch den Algorithmus beschriebene Informationsverarbeitung beinhaltet die Ausführung der Bildverarbeitungsaufgabe. In diesem Zusammenhang muss eine geeignete Darstellung für die Ein- und Ausgabe gewählt werden und gleichzeitig die Art der Transformation, um vom Eingangsbild zum Ausgangsbild zu gelangen. Das Problem bei diesem Schritt besteht darin, dass oft eine breite Auswahl von möglichen Darstellungen der einzelnen Aspekte der Information für die Eingabe zur Verfügung steht. Die Wahl des Algorithmus wiederum hängt von der eingesetzten Darstellungsform ab, wobei es für jede dieser Formen mehrere mögliche Algorithmen für die Ausführung desselben Prozesses gibt.

Bei der Implementation geht es schließlich um die praktische Umsetzung des Algorithmus auf einem Computer.

2.1.1 Daten und Information

Im Verlauf des Bildanalyseprozesses werden die Bilddaten, welche die reale Welt repräsentieren, in eine problembezogenere Darstellungsform transformiert. Dabei findet eine Informationsreduktion statt. Aus den Daten, die alle aufgenommene Informationen enthalten, werden die Informationen ausgewählt, die für die Lösung des jeweiligen Problems relevant sind. Da es sich bei der computerunterstützten Bildanalyse um einen zielorientierten Vorgang handelt, bedarf es eines zielorientierten Vorgehens. Im Verlaufe dieses Prozesses muss sich der Entwickler einer Software für eine ganz bestimmte Bildanalyseaufgabenstellung mit folgenden typischen Problemen auseinandersetzen:

- *Einschätzung der Qualität der Bilddaten*
Auf Grundlage dieser Einschätzung muss der Entwickler das weitere Vorgehen planen, z.B. ob gewisse Vorverarbeitungsschritte zur Verbesserung der Bildqualität notwendig sind.
- *Überlegung, welche Information im Bild am besten zur Lösung der Aufgabenstellung ausgenutzt werden kann*

Zur Reduktion des Informationsgehaltes in den Bilddaten sind im Bereich der Bildverarbeitung verschiedene Berechnungsverfahren einsetzbar. Die Auswahl geeigneter Methoden kann anhand vielfältiger Kriterien erfolgen und hängt z.B. von der Bildqualität, der Bildmodalität und dem Analyseziel ab.

- *Auswahl von Modellen und von deren Parametrisierung*
Die Modelle werden zumeist über spezielle Eigenschaften oder über beobachtbare Merkmale definiert. Um sie für verschiedene Aufgabenstellungen einsetzen zu können, lassen sie sich über veränderbare Parameter steuern. Die Auswahl und Optimierung dieser Parameter ist ein nicht-triviales Problem.
- *Durchführung der Bildanalysetests*
Es ist häufig sehr schwierig, die Qualität der Ergebnisse einer Bildverarbeitungsoperation im Vorfeld abzuschätzen. Deshalb findet dieser Vorgang im Zusammenhang mit Tests an relevantem Bildmaterial statt. Diese Tests können weiterhin dazu genutzt werden, Modifikationen an den gewählten Parametern durchzuführen.
- *Evaluierung der Ergebnisse*
Der Vorgang der Ergebnisbewertung und die Angabe über den Geltungsbereich der Untersuchung spielt bei der Erreichung von Nutzerakzeptanz eine wichtige Rolle. Bei einer negativen Bewertung der Ergebnisse muss der Prozess der Informations- und Modellauswahl erneut durchlaufen werden.

2.1.2 Modellierung

Im Modellierungsschritt wird die Auswahl der relevanten und verwertbaren Information aus den Daten vorgenommen. Hier erfolgt zum einen die Auswahl geeigneter Merkmale zur Beschreibung des betrachteten Ausschnitts der Realität und zum anderen die Festlegung der Beziehungen zwischen den verschiedenen nutzbaren Informationen, z.B. welche Abhängigkeiten zwischen ihnen existieren und welche Schlussfolgerungen im einzelnen möglich sind. Der Übergang von der realen Welt zum problembezogenen Modell ist immer mit einem Verlust behaftet. Der notwendige Abstraktionsgrad ergibt sich zum einen aus der jeweiligen Aufgabenstellung und dem Analyseziel und zum anderen aus den zur Verfügung stehenden Merkmalen. Die einzelnen in der Bildanalyse genutzten Modelle unterscheiden sich hinsichtlich des Grades der Spezialisierung. So können nach Sester [Sest95] drei verschiedene Modelltypen unterschieden werden:

- *Spezifische Modelle*
Sie liefern eine vollständige Beschreibung des Objekts in Relation zur gestellten Bildanalyseaufgabe und ermöglichen es, ein spezifisches Objekt eindeutig wiederzuerkennen. Bei dieser Art von Modellen handelt es sich um deskriptive Modelle.
- *Generische oder allgemeine Modelle*
Diese Modelle sind allgemeinerer Natur und beschreiben eine Kategorie gleichartiger Objekte. Sie verallgemeinern spezifische Eigenschaften einzelner Objekte zu einer Klassenbeschreibung. Mit derartigen diskriminatorischen Modellen können verschiedene Objektklassen voneinander abgegrenzt werden.
- *Übergeordnete Modelle*
Sie gelten unabhängig von spezifischen Objekten. Sie dienen dazu, das Bild in potentiell bedeutungsvolle Einheiten zu zergliedern. Ein Beispiel hierfür sind die Gestaltgesetze (siehe Abschnitt 2.1)

Das bei der Modellierung abgeleitete Modell muss im Computer abgebildet werden, wobei die Repräsentationsform in Abhängigkeit von der jeweiligen Aufgabenstellung gewählt wird. Die Repräsentation beschreibt die ausgewählten Merkmale in einer bestimmten Sprache. Während also die ausgewählten Modelle eine bestimmte Sicht auf die Realität darstellen, verkörpert die Repräsentation eine Sicht auf das Modell.

Um Wissen in einer für den Computer verarbeitbaren Form zu repräsentieren, existiert eine Vielzahl verschiedener Beschreibungsmöglichkeiten. So kann nach Winograd [Wino85] zwischen einer deklarativen und einer prozeduralen Darstellung des Wissens gewählt werden. Bei ersterer wird Wissen als Menge von Tatsachen abgelegt, bei letzterer als Menge von Regeln. Bei den deklarativen Ansätzen werden statistische Aspekte des Wissens beschrieben. In prozeduralen Ansätzen wird das problem- und aufgabenspezifische Wissen über seine Nutzung definiert.

Um die Modellierung durchführen zu können, sind im Vorfeld folgende Aspekte zu klären [Sest95]:

- Festlegung, welche Art von Modellen bereitgestellt werden muss (deskriptive oder diskriminatorische Modelle)
- Festlegung der Repräsentation und Übertragung bereits bestehender ungeeigneter Repräsentationen (z.B. natürlichsprachlicher Beschreibungen) in geeignete, maschinell verwertbare Repräsentationen
- Überprüfung der Aussagekraft der in den Modellen genutzten Merkmale und der Sicherheit bei ihrer Extraktion
- Neben den strukturellen Eigenschaften sind auch noch kontextuelle Eigenschaften, welche die Relation zu anderen Objekten beschreiben, zu erfassen.
- Angabe von Methoden und Funktionen zur Extraktion dieser Merkmale

Die Modelle, die im Bildanalyseprozess eingesetzt werden können, lassen sich auf verschiedene Art und Weise generieren [Sest95]. Eine Variante ist die manuelle Modellkonstruktion. Hierbei werden die charakteristischen Eigenschaften des zu modellierenden Objekts manuell ermittelt und beschrieben. Da häufig keine Kenntnis über die Wichtigkeit der einzelnen Merkmale vorhanden ist, erfolgt ihre Auswahl zumeist intuitiv. Diese Art der Modellkonstruktion ist sehr zeitintensiv. Eine effektivere Variante stellt die Modellierung basierend auf der Anpassung bereits existierender Modelle dar. In einigen Fällen lassen sich auch Modelle automatisch aus Beispielen lernen.

2.2 Der medizinische Bildanalyseprozess

Da die Vorgehensweise bei der medizinischen Bildanalyse in einigen Aspekten von der bei der allgemeinen Bildanalyse abweicht, soll zunächst im ersten Teil der Betrachtungen auf die Besonderheiten beim medizinischen Bildanalyseprozess ausführlich eingegangen werden. Weiterhin ist es in diesem Zusammenhang wichtig, die speziellen Anforderungen an die, im Rahmen der medizinischen Bildanalyse, zu entwickelnden Werkzeuge zu analysieren. Dieses erfolgt im zweiten Abschnitt. Im dritten Teil der Betrachtungen wird dann der allgemeine Ablauf der einzelnen Teilprozesse bei der medizinischen Bildanalyse vorgestellt und der Zusammenhang zwischen den einzelnen Schritten dargelegt.

2.2.1 Besonderheiten des medizinischen Bildanalyseprozesses

Im Gegensatz zum allgemeinen Bildanalyseprozess gibt es bei der medizinischen Bildanalyse einige Besonderheiten zu berücksichtigen.

So wird unter der Segmentierung im Allgemeinen die Zerlegung des Bildes in semantische Einheiten verstanden, da nicht die einzelnen Pixel, sondern Segmente die Träger der Bedeutung von Strukturen in einem Bild sind. Diese Zerlegung erfolgt dabei vollständig, indem jedes Pixel genau einem Segment zugeordnet wird. Dadurch ist auch gewährleistet, dass die einzelnen Segmente überdeckungsfrei sind.

In der medizinischen Bildanalyse hat man es dagegen mit einem erweiterten Segmentierungsbegriff zu tun. Hier impliziert die Segmentierung eines medizinischen Bildes in Vordergrundobjekt und Hintergrund auch gleichzeitig die Klassifikation von Strukturen entsprechend einer vorgegebenen Bedeutung. In den meisten Fällen wird auch keine vollständige Zerlegung des Bildes angestrebt, sondern nur die Extraktion eines bestimmten interessierenden Objekts, z. B. die Detektion eines Tumors in einem MR-Datensatz vom Gehirn zur anschließenden Vermessung.

Aufgrund dieses erweiterten Anspruchs werden in der medizinischen Bildanalyse zumeist problemspezifische Ansätze zur Segmentierung verwendet. Sie bestehen oft aus einer Kombination von „Low-level“ und „High-level“ Bildverarbeitungsmethoden. Bei ersteren erfolgt die Verarbeitung der Rohdaten durch Auswertung der Grauwerte der einzelnen Bildpunkte. Als Ergebnis entstehen „Low-level“ Bildprimitive, wie Punkte, Konturen, Segmente oder Regionen. Die Anwendung dieser „Low-level“ Bildanalysemethoden allein reicht nur für sehr einfache medizinische Aufgabenstellungen aus. Das ist z. B. der Fall, wenn sich relativ homogene Objekte von einem relativ homogenen Hintergrund abzeichnen, wie dies bei der Erkennung von isolierten Knoten in der Lunge in CT-Bildern gegeben ist. Bei vielen anderen Segmentierungsfragestellungen gibt es diese einfache Abgrenzung nicht, da sich z. B. zwei oder mehrere Organe in einem Bild überlappen oder Gewebe mit einem ähnlichen Grauwertbereich aufgrund ähnlicher physikalischer Eigenschaften aneinander stoßen können.

In solchen Fällen kann eine erfolgreiche Segmentierung nur durch den Einsatz von zusätzlichem Wissen mit „High-level“ Bildverarbeitungsmethoden gelöst werden. Bei diesen wird im Modellierungsschritt durch Nutzung von domänenspezifischem Wissen (anatomischem Wissen und Wissen über die Bildgebung) eine bildinhaltsabhängige Repräsentation der Strukturen erzeugt. Diese Vorgehensweise kann man sich an dem Beispiel der Segmentierung der Nierenrinde in CT-Datensätzen verdeutlichen. Die Nierenrinde besitzt in den Bildern einen relativ homogenen Grauwert, so dass zu ihrer Grobsegmentierung z. B. ein einfaches Regionenwachstumsverfahren ausreicht. Da die Nieren aber mit anderen Organen über Gefäße verbunden sind, werden diese bei einer derartig einfachen grauwertbasierten Segmentierung mit erfasst. Somit ist zur Erkennung der Nieren ein weiterer Segmentierungsschritt notwendig, bei dem durch Nutzung von anatomischem Wissen über die Nierenform die gesuchten Objekte erkannt werden. Ähnliche Herangehensweisen können auch notwendig sein, wenn die Bilder eine schlechte Orts- oder Kontrastauflösung besitzen, ein schlechtes SNR aufweisen oder durch systematische Fehler (z. B. Feldinhomogenitäten in MR-Bildern) gestört sind.

Da die Repräsentation von Information in medizinischen Bilddaten keine für den Menschen im Alltag erfahrbare Form der Informationsbeschreibung ist, muss diese unter relativ kontrollierten Bedingungen erlernt werden. Dadurch ist es teilweise leichter als in anderen Gebieten möglich, Merkmale für eine rechnergestützte Bildauswertung zu finden. Problematisch ist hier jedoch, dass bei einigen Fragestellungen nicht auf das Wissen über normale Anatomie aufgebaut werden kann, sondern Wissen über krankheitsbedingt veränderte Anatomie benötigt wird, welche sehr vielgestaltig sein kann.

Der zweistufige Ansatz zur Segmentierung ist auch deswegen im Bereich der medizinischen Bildanalyse sehr häufig notwendig, da die Bildqualität, im Gegensatz zu z.B. fotografischen Aufnahmen der realen Welt oder Aufnahmen im industriellen Bereich, nur sehr eingeschränkt beeinflussbar ist. Die Bildqualität lässt sich hier nur dann variieren, wenn die Änderung der Bildaufnahmeparameter nicht mit einer höheren Belastung des Patienten einhergeht.

Im Gegensatz zu realen fotografischen Aufnahmen ist jedoch vorteilhaft, dass bei den Schnittbildverfahren (CT, MRT, PET, SPECT) keine Projektion der dreidimensionalen Welt vorgenommen wird. Diese wird durch die unverzerrten Daten der einzelnen Schnitte repräsentiert. Dadurch ist keine dreidimensionale Rekonstruktion aus zweidimensionalen Daten notwendig.

Ein anderes Problem bei der medizinischen Bildanalyse liegt in den Objekten selbst begründet. So sind die, in den medizinischen Aufnahmen interessierenden 3D-Objekte teilweise weich und deformierbar. Ihre Oberfläche ist nie eckig, zylindrisch oder kugelförmig, sondern von sehr variabler Gestalt, was die modellhafte Beschreibung erschwert.

Schließlich bereitet auch noch die Evaluation der Ergebnisse der Bildanalyse Schwierigkeiten. Diese ist, wenn überhaupt, meistens nur indirekt möglich, da die zu untersuchenden Bereiche im Inneren des Körpers unzugänglich sind.

Weil es sich bei der medizinischen Bildanalyse um eine sehr komplexe Aufgabenstellung in einem sehr sensiblen Bereich handelt, ist die Einbindung des Menschen in den Bildanalyseprozess sehr wichtig. So sollte ein computerunterstütztes Bildanalysetool für medizinische Aufgabenstellungen immer so konzipiert werden, dass der Mensch in die endgültige Entscheidung eingreifen kann.

2.2.2 Anforderungen an Werkzeuge zur medizinischen Bildanalyse

Eine der wichtigsten Anforderungen an medizinische Bildanalysewerkzeuge ist, dass die erzielten Ergebnisse und die Vorgehensweise zur Erlangung der Ergebnisse für einen Informatik-Laien und Medizinexperten nachvollziehbar sind. Außerdem muss die Benutzeroberfläche so gestaltet sein, dass die Bildanalyse für Laien durchführbar ist. Des Weiteren sollte darauf orientiert werden, den Interaktionsaufwand, der bei vielen Segmentierungsalgorithmen notwendig ist, möglichst gering zu halten. Auf die Aspekte der Gestaltung der Benutzerinteraktion wird im Abschnitt 6.4.1 noch näher eingegangen. Ein Ignorieren dieser Anforderung kann zu einer Verunsicherung des Benutzers führen. Dies wiederum wirkt sich auf die Akzeptanz des Einsatzes des Bildanalysewerkzeugs aus.

Eine weitere Rahmenbedingung, die bei der Entwicklung eines Bildanalysewerkzeugs beachtet werden sollte, ist, dass der Entwicklungsaufwand dem Problem angepasst sein sollte. So ist bei der Entwicklung von Algorithmen für die Auswertung von Bildern im Rahmen einer Reihenuntersuchung ein viel größerer Aufwand vertretbar, als für die Auswertung von Bildern einer Forschungsstudie. Bei ersteren wird der Aufwand durch den häufigen Einsatz des Bildanalyseystems und die damit verbundenen Zeiteinsparungen wieder ausgeglichen.

2.2.3 Der Ablauf der medizinischen Bildanalyse

Die einzelnen Schritte, die bei der medizinischen Bildanalyse ablaufen müssen, sind in Abb. 2.1 aufgezeigt. Zu Beginn des Bildanalyseprozesses muss geklärt werden, welche Aufgabe mit dem zu entwickelnden Bildanalysewerkzeug gelöst werden soll und was für eine Zielstellung mit der Lösung der Aufgabe verbunden ist.

Ist dies klar, kann überlegt werden, welche bildgebenden Verfahren am geeignetsten zur Lösung der Problemstellung eingesetzt werden können. Liegt dann das entsprechende Bildmaterial vor, muss ausgehend von den Bilddaten und von der Aufgabenstellung überlegt werden, welche a priori Informationen man daraus ableiten kann. Diese a priori Informationen beinhalten neben den Informationen aus der Datei alle Merkmale, wie z.B. Grauwertinformationen, Texturinformationen und Kanteninformationen der zu extrahierenden Struktur und des Hintergrunds.

Weiterhin müssen Modellvorstellungen anhand der Aufgabenstellung entwickelt werden, durch die die Erscheinungsform der gesuchten Struktur im Bild abstrahiert werden kann. Der eigentliche Prozess der Bildanalyse besteht dann in der Anwendung der Modellinformation auf das Bild, wobei jedoch in der Realität ein Matching zwischen dem Modell und den abgeleiteten Bildmerkmalen stattfindet.

Im Anschluss an diese Transformation der Bilddaten von der „Low-level“ zur „High-level“ Repräsentation muss eine Analyse des erzielten Ergebnisses hinsichtlich seiner Korrektheit erfolgen. Dabei ist auch zu überlegen, ob die verwendeten Modelle eine ausreichend gute Extraktion der gewünschten Struktur im Bild ermöglichen, oder ob dazu zusätzliches Modellwissen benötigt wird. Weiterhin ist zu überprüfen, ob tatsächlich alle zur Verfügung stehenden brauchbaren a priori Informationen zur Lösung der Aufgabenstellung herangezogen wurden. Ist dies nicht der Fall, so muss die Bildanalyse nach Einbringen des zusätzlichen Modellwissen in den Algorithmus und die Berechnung der zusätzlichen a priori Informationen erneut durchgeführt werden. Auf die einzelnen Schritte soll im Folgenden näher eingegangen werden.

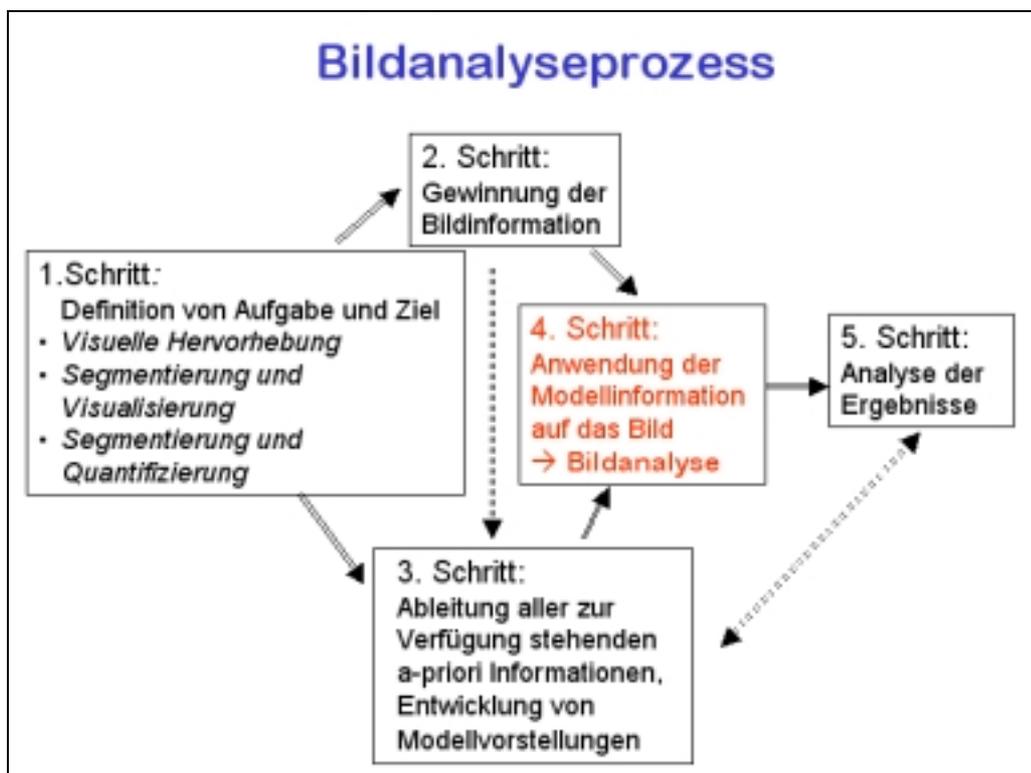


Abb. 2.1: Ablaufschema des medizinischen Bildanalyseprozesses

3 Aufgaben und Ziele bei der medizinischen Bildanalyse

Die medizinische Bildverarbeitung ist in einen komplexen medizinischen Entscheidungsprozess integriert und dient dem Ziel, diagnostische Fehler zu reduzieren und therapeutische Eingriffe zu unterstützen. In diesem Kontext kann die Bearbeitung medizinischer Bilddaten mit ganz unterschiedlichen Zielstellungen erfolgen. Diese lassen sich grob in drei unterschiedliche Kategorien unterteilen.

Die erste Kategorie umfasst alle Verfahren zur Bearbeitung von medizinischem Bildmaterial, welche die Zielstellung verfolgen, eine Verbesserung der Darstellung der Daten zu erreichen. Durch diese vorgenommene Verbesserung entweder der Bilder selbst oder der Anzeige der Bilder, ist es möglich, den Informationsgewinn für den Anwender bei der Betrachtung der Bilder zu erhöhen. Hierbei werden zumeist automatische Bildverarbeitungsverfahren eingesetzt.

Eine zweite, sehr häufig zu findende Aufgabenstellung in der medizinischen Bildverarbeitung zielt auf eine Segmentierung der Bilddaten ab. Diese kann aus sehr unterschiedlichen Gründen erforderlich sein. Wegen der sehr komplexen Anforderungen ist hier zumeist eine enge Einbindung des Nutzers in den Bildanalyseprozess erforderlich.

Schließlich kann in einigen Fällen auch die Anforderung bestehen, dass der Arzt lediglich in seiner Diagnostik unterstützt werden will. In diesen Fällen muss die Auswahl der relevanten Bildbereiche manuell erfolgen. Somit ist das Verfolgen dieser Zielstellung nur durch eine Interaktion zwischen dem Benutzer und der entwickelten Software realisierbar. Auf diese drei unterschiedlichen Kategorien soll im folgenden kurz eingegangen werden.

3.1 Bildverarbeitung zur Bildverbesserung

Ein mögliches Ziel beim Einsatz von Bildverarbeitungsverfahren in der Medizin kann in der Verbesserung der Bildqualität bestehen, um dadurch auch eine verbesserte Darstellung der Bilddaten zu erreichen. Diese sollte dann einen Informationsgewinn für den medizinischen Anwender bewirken. Zu diesem Bereich gehört z. B. die Beseitigung von Bewegungsunschärfe in den medizinischen Bilddaten. Die störende Verwaschung der Objektkonturen kann zum einen durch die Bewegung des Patienten während der Bildaufnahme (z. B. durch Atmung) und zum anderen durch die Bewegung eines Organs (z. B. Herzbewegung) hervorgerufen werden. Eine Verbesserung der Bildqualität wird u.a. durch den Einsatz von Bildrestaurationsmethoden erreicht. Außer von der Kantenschärfe hängt die visuell wahrnehmbare Qualität von medizinischen Bildern auch vom vorliegenden Signal-Rausch-Verhältnis ab. Ist das Bildrauschen in den Bilddaten zu hoch, lassen sich feine Details nicht mehr sicher wahrnehmen. In diesem Fall muss eine Reduktion des Bildrauschens erfolgen. Dies wird im Allgemeinen durch den Einsatz von Glättungsfiltren erreicht. Neben diesen bei allen bildgebenden Verfahren wichtigen Einflüssen auf die Bildqualität gibt es noch einige, die nur bei bestimmten Verfahren eine Rolle spielen.

So ist bei CT-Bildern die Beseitigung von Störungen infolge von Metallartefakten bei der Bildrekonstruktion zur Verbesserung der Bildqualität wichtig. Die Eliminierung von Shading-Einflüssen infolge von Inhomogenitäten des Magnetfeldes ist oft zur Verbesserung der Auswertbarkeit von MRT-Bildern erforderlich. Bei allen bisher genannten Einsatzgebieten erfolgt sowohl eine Verbesserung der Bildqualität für die visuelle als auch eine für die computerunterstützte Auswertung.

Eine ausschließlich visuelle Verbesserung des Bildeindrucks kann durch den Einsatz von Bildverarbeitungsverfahren zur Erhöhung des Bildkontrasts in interessierenden Bereichen erreicht werden. Auch die Fusion von Bildern verschiedener Aufnahmeverfahren dient dem Ziel der Informationserhöhung zur Unterstützung und Verbesserung der manuellen Bildauswertung.

Allen den in dieser Kategorie zum Einsatz kommenden Verfahren ist gemein, dass sie nach Auswahl der geeigneten Parameter automatisch ausgeführt werden können. Ein Eingreifen des Nutzers in den Bildverarbeitungsvorgang ist in diesem Fall nicht mehr erforderlich.

3.2 Segmentierung der Bilddaten

Ein Großteil der Aufgabenstellungen in der Medizin beinhaltet die Segmentierung bestimmter interessierender Strukturen in den Bilddaten. Diese Segmentierung kann im Rahmen der medizinischen Bildanalyse mit drei verschiedenen Zielen durchgeführt werden:

1. *Segmentierung und anschließende Visualisierung der detektierten Organe*
Diese Aufgabe kann für verschiedene Problemstellungen wichtig sein. So kann es z. B. ein Ziel sein, die patientenspezifische Morphologie durch eine 3D-Oberflächendarstellung der segmentierten Strukturen besser zu verdeutlichen, als dies bei der herkömmlichen Bildauswertung möglich ist. Gleiches gilt auch für die Unterstützung der Bewegungsanalyse von sich bewegenden Organen, wie z.B. dem Herzen, mittels geeigneter Oberflächenvisualisierungsmethoden oder für die Darstellung und das Studium komplizierter Gelenkbewegungen. Ein weiteres Anwendungsgebiet für die Kombination von Segmentierung und Visualisierung medizinischer Bilder ist die Schaffung des Modells von einem virtuellen Patienten für anatomische Ausbildungszwecke. Eine große Bedeutung hat diese Aufgabenstellung auch im Bereich der computerunterstützten Operationsplanung bzw. computerunterstützten Chirurgie. So kann über die Darstellung segmentierter Strukturen die Steuerung eines Operationsroboters vorgenommen werden.
2. *Segmentierung mit anschließender automatischer Kenndatenermittlung*
Bei dieser Aufgabenstellung stehen sehr häufig Vermessungsaspekte im Vordergrund. So ist es z.B. im Rahmen der Leberoperationsplanung notwendig, das Volumen der Leber zu bestimmen. Anhand der ermittelten Volumenwerte kann dann abgeschätzt werden, ob bei der geplanten Herangehensweise nach der Operation ein ausreichendes Lebervolumen im Körper verbleibt, um eine Regeneration des Organs zu gewährleisten. Ein anderes Beispiel für diesen Bereich ist die Segmentierung von Knochenstrukturen, um durch eine Vermessung bestimmter Areale eine optimale Prothesenherstellung zu gewährleisten.
3. *Segmentierung mit anschließender möglichst automatischer Diagnoseunterstützung*
Ein weiteres Ziel der medizinischen Bildanalyse kann es sein, eine computerunterstützte Diagnoseunterstützung vornehmen zu wollen. Hierzu werden von den möglichst automatisch segmentierten und zu unterscheidenden Strukturen Merkmale abgeleitet, die für die verschiedenen Diagnosen charakteristische Kennwerte besitzen. Mit bereits sicher diagnostizierten Trainingsdaten kann dann ein Klassifikator angelernet werden. Dieser ermöglicht anschließend auch für unbekannte Strukturen eine Entscheidungsfindung auf Grundlage der extrahierten Merkmalswerte. Ein Beispiel hierfür ist die automatische Analyse von Mammogrammen, wo sowohl die Detektion von Abnormalitäten als auch ihre Klassifikation eine Rolle spielt.

Für die unterschiedlichen Ziele einer Segmentierung bestehen auch unterschiedliche Anforderungen bezüglich der Genauigkeit. So ist z. B. bei Vermessungsaufgaben im Allgemeinen eine höhere Genauigkeit erforderlich als dies bei Visualisierungsaufgaben der Fall ist. Bei allen

in dieser Kategorie genannten Aufgabenstellungen ist es zumeist notwendig, den Benutzer in den Bildanalyseprozess zu integrieren, da nur durch sein Mitwirken ein optimales Analyseergebnis erzielt werden kann.

3.3 Diagnoseunterstützung auf Basis manuell markierter Regionen

Eine dritte Fragestellung, zu deren Lösung medizinische Bildanalysewerkzeuge eingesetzt werden können, ist das Gebiet der Diagnoseunterstützung, die auf einer manuellen Markierung der interessierenden Bildregion durch den Benutzer beruht. Dieser Aufgabentyp tritt bei Problemstellungen auf, wo keine eindeutige Abgrenzung der interessierenden Region zu der Umgebung auftritt. Dadurch ist es nicht möglich, Modellannahmen abzuleiten, die es erlauben, dass die Region automatisch segmentiert werden kann. Dies ist sehr häufig im Bereich der Gewebedifferenzierung der Fall. Dort kann es vorkommen, dass nur Teile des Gewebes die für die Diagnose charakteristischen Eigenschaften aufweisen und nur diese natürlich auch zu einer automatischen Klassifikation herangezogen werden sollen. Ein typisches Beispiel für eine derartige Fragestellung ist die Unterscheidung von Muskelerkrankungen anhand von Ultraschallbildern. Da es hier sehr häufig vorkommt, dass nur Teilbereiche des Muskels die typischen Krankheitsmerkmale aufweisen, ist die manuelle Markierung der relevanten Regionen unumgänglich. Nach der manuellen Auswahl der charakteristischen Regionen werden dann im Prozess der Diagnose-Findung aussagekräftige Merkmale für die einzelnen Regionen berechnet. Auf Grundlage dieser Merkmale leitet dann das entsprechend vortrainierte Diagnosewerkzeug unter Verwendung eines Klassifikators einen Diagnosevorschlag ab. Ausführlich wird dieses Beispiel noch im Kapitel 9.1 betrachtet.

Wenn man Bildanalysewerkzeuge entwickeln will, die für die Fragestellung der computerbasierten Diagnoseunterstützung geeignet sind, muss man immer davon ausgehen, dass der Benutzer sehr eng in den Bildauswerteprozess einzubinden ist, da im Zusammenhang mit der Bildauswertung auf sein fachspezifisches Wissen nicht verzichtet werden kann. Diese enge Kopplung zwischen Benutzer und Diagnosesoftware ist aber zumeist nicht nachteilig, da diese Systeme im Allgemeinen nur einen Diagnosevorschlag generieren. Dieser ist lediglich zur Unterstützung des Entscheidungsfindungsprozesses geeignet und sollte auf jeden Fall immer kritisch hinterfragt werden.

4 Grundlagen der bildgebenden Diagnostik

Die Entwicklung von Verfahren der medizinischen Bildanalyse ist eng mit dem Bereich der bildgebenden Diagnostik verbunden. So ist es für den Entwickler von Bildanalysemethoden wichtig, die Grundlagen der Bildentstehung und die zu erwartende Qualität der Bilder zu kennen. Außerdem ist es bedeutend, die Rahmenbedingungen für den späteren Einsatz schon bei der Entwicklung von Verfahren zu berücksichtigen. Deshalb soll im Folgenden auf diese beiden Aspekte näher eingegangen werden. Sowohl die Darstellung der bildgebenden Verfahren als auch die Betrachtung der Einsatzgebiete dieser Verfahren erfolgt hierbei hauptsächlich unter dem Aspekt der angestrebten computerunterstützten Auswertung der Bilddaten.

4.1 Bildgebungsverfahren in der Medizin

Aus ingenieurwissenschaftlicher Sicht erfolgt die Einteilung der bildgebenden Verfahren im Allgemeinen nach den physikalischen Grundprinzipien. So wird dort zwischen Röntgenbildung, Computertomographie, Magnetresonanztomographie, Ultraschallverfahren und nuklearmedizinischen Verfahren unterschieden. Bei der Beurteilung durch den Arzt und auch bei der Auswahl der zum Einsatz kommenden Bildverarbeitungsverfahren können jedoch ganz andere Einteilungskriterien auftreten.

Der Arzt kann seine Einteilung z.B. nach der Möglichkeit der Detektierbarkeit bestimmter pathologischer Symptome vornehmen. Eine solche Unterscheidung wäre z.B. die Differenzierung zwischen Verfahren zur funktionellen Darstellung und solchen zur anatomischen Darstellung.

Ein anderes Beurteilungskriterium für die bildgebenden Verfahren ist der erzielbare Kontrast. Dieser hat nicht nur einen Einfluss auf die Entscheidung, ob vor einer manuellen Auswertung eventuell eine Kontrastanhebung zur Verbesserung der Aussagekraft der Darstellung notwendig ist, sondern auch auf die Auswahl der Segmentierungsmethode.

Bei der Einteilung der Bildgebungsverfahren aus Sicht der Bildverarbeitung spielt weiterhin die Qualität der Darstellung eine wesentliche Rolle. Das betrifft vor allem den auftretenden Signal-Rausch-Abstand im Bildmaterial, der zur Einschätzung der Abgrenzbarkeit von Objekten herangezogen werden kann und der damit wesentlich die Auswahl des zum Einsatz kommenden Segmentierungsverfahrens bestimmt.

Für die Auswahl der Bildverarbeitungsmethoden ist weiterhin die mit einem Bildgebungsverfahren erzielbare Ortsauflösung von Bedeutung. So kann es sein, dass die Größe der interessierenden Objekte bei einigen Bildgebungsverfahren sehr klein ist und nur wenige Pixel beträgt. Dadurch sind z.B. bestimmte Filtermethoden zur Rauschunterdrückung nicht einsetzbar, da diese die Objekte gleichfalls aus dem Bild entfernen würden. Auch eine Auswertung von Textureigenschaften setzt eine gewisse Objektgröße und damit verbunden eine gewisse Ortsauflösung voraus. Soll eine Diagnosefindung auf Grundlage einer 3D-Visualisierung erfolgen, so muss gleichfalls eine ausreichende Auflösung in z-Richtung sichergestellt sein, weil sonst die Güte der Darstellung unter der starken Abstufung zwischen den einzelnen Schichten leidet. Wählt man hier eine Glättungsmethode zur Verbesserung der Visualisierung, kann es vorkommen, dass eine Verfälschung der Realität auftritt.

Als letzter Gesichtspunkt soll noch die Möglichkeit zur Differenzierung zwischen verschiedenen pathologischen Strukturen und zwischen gesunden und pathologischen Strukturen betrachtet werden. Hierbei spielt vor allem eine Rolle, inwieweit genügend Bildmaterial für vergleichende Untersuchungen zur Verfügung steht. Dies betrifft dann solche Faktoren, wie hohe

Kosten für derartige Untersuchungen oder auch hohe Belastung der Probanden, z.B. durch Röntgenstrahlen, bei diesen Vergleichsuntersuchungen. Damit kann es also auch zu einer Einteilung der Verfahren nach kostengünstigen und kostenintensiven Methoden kommen oder nach Verfahren mit und ohne Nebenwirkungen.

In den folgenden Abschnitten wird dem physikalischen Einteilungsprinzip gefolgt, ohne jedoch die anderen Aspekte zu vernachlässigen.

4.1.1 Röntgenbildgebung

Bei der Röntgenbildgebung in der medizinischen Diagnostik werden drei wesentliche Eigenschaften der Röntgenstrahlung ausgenutzt: die Ausbreitung, die Durchdringungsfähigkeit und die Schwächung. Die Ausbreitung der Röntgenstrahlen erfolgt dabei ausgehend vom Brennfleck der Röntgenröhre geradlinig in alle Richtungen mit Lichtgeschwindigkeit. Das Durchdringungsvermögen der Röntgenstrahlung hängt von ihrer Energie ab. Je energiereicher sie ist, desto größer ist es. Am wichtigsten für die Bildgebung ist jedoch die dritte Eigenschaft, die darauf beruht, dass Röntgenstrahlen beim Durchdringen von Körpern infolge der Wechselwirkung mit den Atomen des durchstrahlten Körpers geschwächt werden. Diese Schwächung erfolgt nach dem Schwächungsgesetz entsprechend der folgenden Gleichung:

$$I = I_0 \cdot e^{-\mu x}, \quad (4.1)$$

wobei I die Intensität der ausgetretenen Strahlung angibt, I_0 die Ausgangsintensität, μ den Schwächungskoeffizienten und x die durchstrahlte Dicke. In inhomogenen Medien (z.B. bei hintereinanderliegendem Weichgewebe, Knochen und Luft) ergibt sich die Gesamtschwächung an einem betrachteten Punkt entsprechend der Gleichung

$$I = I_0 e^{-\sum_i^n \mu_i dx_i}, \quad (4.2)$$

mit n als der Anzahl der unterschiedlichen Gewebeanteile der Dicke dx .

Die Schwächung der Röntgenstrahlung im Röntgendiagnostikbereich ist auf zwei physikalische Prozesse zurückzuführen, auf die Absorption und auf die Streuung. Sie kommen beide meist gemeinsam aber zumeist unterschiedlich stark vor. Die Absorptionsunterschiede wirken sich positiv auf die Bildqualität aus, da sich mit zunehmenden Unterschieden der Kontrast des Bildes erhöht. Die Streuung ist hingegen unerwünscht, weil sie zu einer Verschlechterung der Bildqualität führt. Infolge der Streuung abgelenkter Röntgenphotonen erfolgt eine ungerichtete Belichtung, die zu einer Kontrastminderung führt.

Die Stärke der Absorption hängt von der Dichte, der Ordnungszahl, der Wellenlänge der Strahlung und der Schichtdicke ab. Sie nimmt mit zunehmender Dichte, zunehmender Ordnungszahl, größer werdender Wellenlänge und zunehmender Dicke zu. So liefern Knochen bei harter Strahlung sehr kontrastreiche Bilder (Abb. 4.1a). Weiche Strahlung führt zu kontrastreichen Bildern der Weichgewebe. Dies nutzt man z.B. bei der Mammographie aus (Abb. 4.1b). Die Röntgendichte steigt angefangen von Luft, über Fettgewebe, parenchymatöse Organe, Knochen bis hin zu metallischen Fremdkörpern immer weiter an. Im Röntgenfilm bedeutet dies, dass die Schwärzung in der gleichen Reihenfolge abnimmt.

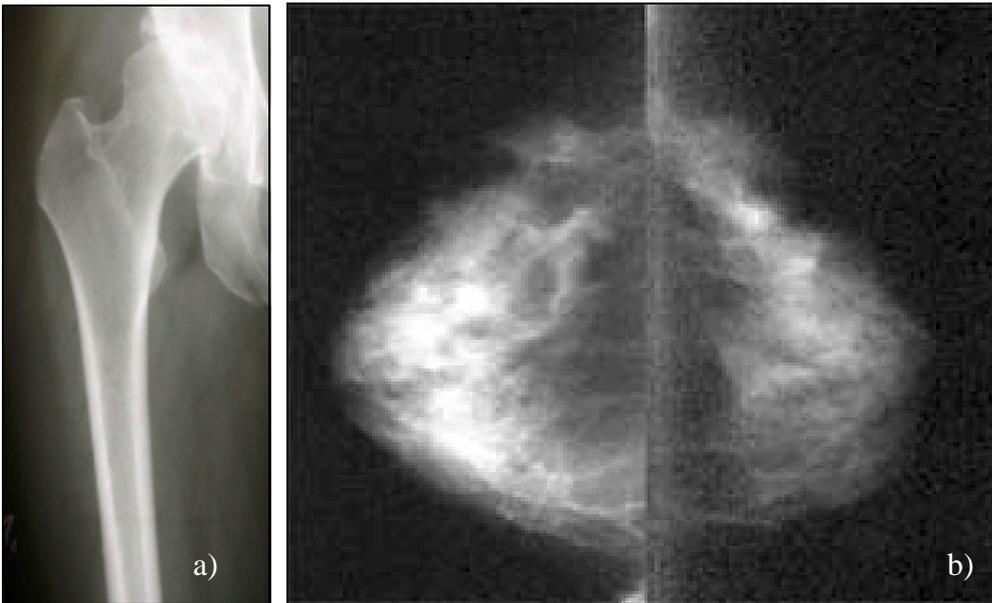


Abb. 4.1: a) Röntgenaufnahme eines Oberschenkels, b) Mammographieaufnahme

Die negativen Einflüsse der Streuung der Röntgenstrahlung lassen sich durch das Einblenden des Strahlenbündels, durch den Einsatz von Streustrahlenrastern und durch die Vergrößerung des Objekt-Film-Abstandes reduzieren. Bei letzterem ist zu beachten, dass eine Variation des Objekt-Film-Abstandes auch eine Größenvariation und eine Verzeichnung im Röntgenprojektionsbild bewirkt (Abb. 4.2).

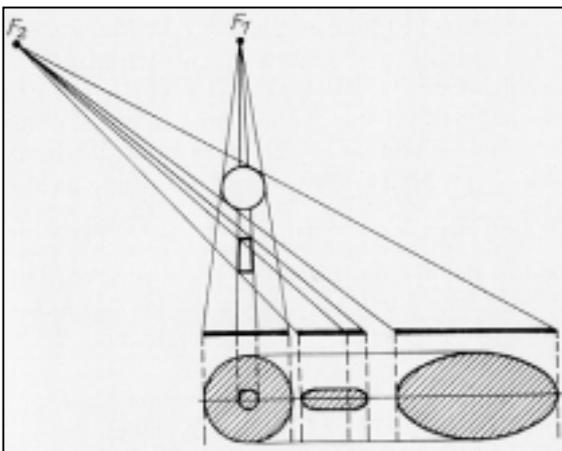


Abb. 4.2: Einfluss der Position der Strahlenquelle auf die Größe, Lage und Gestalt der abgebildeten Objekte in der Projektion, aus [Baud81]

Dies muss bei einer quantitativen Auswertung der Bilder, d.h. bei Vermessungsaufgaben mittels Bildverarbeitung, berücksichtigt werden. Der Maßstab für eine Größenänderung ergibt sich wie folgt:

$$M = \text{Fokus-Film-Abstand (FFA)} / \text{Fokus-Objekt-Abstand (FOA)} \quad (4.3)$$

Wie in Abbildung 4.3 zu sehen ist, bewirkt eine unterschiedliche Wahl des Abstandes bei einer punktförmigen Strahlenquelle keine Verschlechterung der Bildqualität. Bei nichtpunktförmigen Strahlenquellen, wie sie in der Realität vorhanden sind, kommt es infolge der Vergrößerung des FFA zu einer Halbschattenbildung und damit zu einer Vergrößerung der Bildunschärfe.

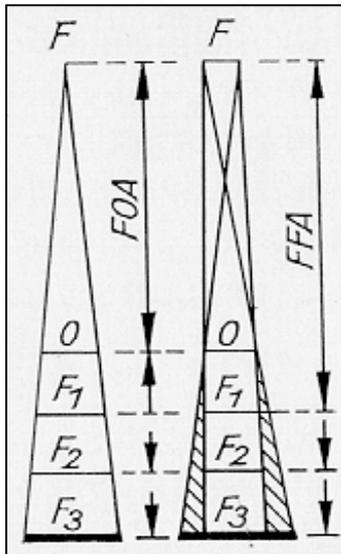


Abb. 4.3: Einfluss der Ausdehnung der Strahlenquelle und des Film-Fokus-Abstandes auf die Bildunschärfe infolge von Halbschattenbildung, aus [Baud81]

Neben diesem Einfluss auf die Unschärfe hat der Brennfleck der Röntgenröhre auch noch einen Einfluss auf die erzielbare Ortsauflösung. So unterscheidet man zwischen Röhren mit normalem Brennfleck (1 mm x 1 mm), Feinfokusröhren (0.5 mm x 0.5 mm) und Mikrofokusröntgenröhren (0.2 mm x 0.2 mm). Dabei gilt, dass mit abnehmender Größe des Brennflecks die erzielbare Ortsauflösung besser ist. Die genauen Werte können aus der für die einzelnen Röhren gemessenen Modulations-Transfer-Funktion (MTF) entnommen werden.

Unter dem Gesichtspunkt einer möglichst guten Bildqualität für die Bildauswertung ist jedoch neben der optimalen Wahl der Aufnahmegeometrie, der Streustrahlenreduzierung, der Wahl der Abbildungsgüte (MTF) auch noch die Wahl der Röhrenparameter und die Wahl der Belichtungszeit von Bedeutung. So können bei einer Röntgenuntersuchung sowohl Röhrenspannung als auch das mAs-Produkt variiert werden. Während die Veränderung des mAs-Produkts nur die Schwärzung des Films beeinflusst, bewirkt die Variation der Spannung aufgrund der unterschiedlichen Schwächungskoeffizienten von Knochen, Weichteilen und Wasser neben der Veränderung der Schwärzung auch eine Kontrastveränderung. Bei der Wahl der Belichtungszeit muss außerdem berücksichtigt werden, dass zu lange Zeiten infolge der Bewegung des Patienten (z.B. durch Atmen) zu einer Bewegungsunschärfe im Bild und damit zu verwaschenen Kanten an den Organengrenzen führen können.

Bei der Auswertung von Röntgenbildern, die ursprünglich einmal mittels Röntgenfilm aufgezeichnet wurden, ist außerdem noch zu beachten, dass zumeist mit einem Film-Folien-System bei der Bildaufnahme gearbeitet wird. Durch den Einsatz der Folie kann die Belichtungszeit und somit die Strahlungsbelastung für den Patienten erheblich reduziert werden. Bezüglich der Bildqualität erfolgt jedoch auf Grund der größeren Korngröße der Folie eine Reduktion der Auflösung. Auch die Kontrastaufklärung wird mit zunehmender Foliendicke wegen der Streuung der Röntgenquanten in der Folie schlechter.

Soll eine automatische Bildauswertung mittels digitaler Bildverarbeitung erfolgen, muss notwendigerweise zuerst eine Digitalisierung der Röntgenfilme durchgeführt werden. Dabei verringert sich die Bildqualität infolge von Rasterung und Quantisierung gegenüber dem

Röntgenfilm. Die üblichen Bildgrößen betragen in der Radiographie 1024x1024, 2048x2048 bzw. 4096x4096 Pixel bei einer Grauwerttiefe von 12 bzw. 14 Bit. Gleiche Probleme bestehen auch bei der sofortigen Erzeugung von digitalen Röntgenaufnahmen, z. B. mittels Bildverstärkertechnik, digitaler Luminizenradiographie oder digitaler Selenradiographie.

Wird mit digitalen Röntgenverfahren gearbeitet, so sollte sich die Wahl der optimalen Bildraasterung (Matrixgröße) an dem jeweiligen Auswerteproblem orientieren, da ansonsten unnötig große Datenmengen anfallen können, welche die Auswertung mittels Computer erschweren. Gleiches gilt für die Wahl der Quantisierungsstufen. Des Weiteren ist es günstig, durch Aufnahme der Modulations-Transfer-Funktion ein Kontrast-Detail-Diagramm abzuleiten, um abschätzen zu können, ob das Problem mit Mitteln der Bildverarbeitung überhaupt gelöst werden kann. Schließlich empfiehlt sich eine Untersuchung des Einflusses von Bildverarbeitungsfunktionen an Phantomen bzw. an digitalen Phantomen. Dadurch kann abgeschätzt werden, ob bestimmte Filterverfahren einsetzbar sind oder nicht.

Ein letzter für die Auswertung besonders mittels digitaler Bildverarbeitung wichtiger Punkt ist, dass es sich bei dem Röntgenverfahren um ein Projektionsverfahren handelt. Dadurch ergeben sich Verdeckungen der einzelnen Organe im Bild, so dass bestimmte Modellannahmen über Strukturen, wie z. B. Annahmen über den kontinuierlichen Verlauf von Blutgefäßen, über die Form von Organengrenzen usw., nicht mehr zutreffen müssen. Während der Mensch bei der visuellen Betrachtung der Röntgenaufnahmen diese Probleme durch seine intellektuellen Fähigkeiten häufig kompensieren kann, sind bei einer automatischen Auswertung mitunter sehr große Anstrengungen zur ihrer Lösung notwendig.

Zusammenfassend kann man einschätzen, dass es sich bei dem Röntgenverfahren um ein Verfahren mit einer im Allgemeinen sehr guten Bildqualität handelt. Der im Vergleich zu anderen Bildgebungsverfahren sehr hohen Ortsauflösung steht jedoch teilweise ein geringer Kontrast (je nach Untersuchungsobjekt und verwendeter Technik: Hartstrahl- oder Weichstrahltechnik) gegenüber. Der Rauschanteil in den Bildern kann als gering eingeschätzt werden. Die Kosten für Röntgenuntersuchungen liegen im mittleren Bereich. Problematisch für die Durchführung von Vergleichsuntersuchungen ist die Strahlenbelastung. Ungünstig ist weiterhin, dass keine 3D-Informationen erhalten werden und sich deshalb Probleme bei der Bildauswertung infolge der Überlagerung räumlich hintereinander liegender Objekte im Bild ergeben.

Eingesetzt werden Röntgenverfahren in der medizinischen Praxis zur Untersuchung von Knochen und parenchymatösen Organen sowie von Weichteilen bei Verwendung weicher Röntgenstrahlung. Im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung wurden bisher schon zahlreiche Fragestellungen aus dem Bereich der Röntgenbildauswertung bearbeitet. Besonders häufig sind in der Literatur Arbeiten auf dem Gebiet der Erkennung von Lungenkrankheiten, wie z.B. Lungenkrebs und pulmonarer Tuberkulose in digitalen Röntgenbildern des Brustkorbs zu finden. Ein weiteres sehr wichtiges Einsatzgebiet ist die Erkennung von Brustkrebs in Mammographien. Hierbei geht es vor allem um die Differenzierung zwischen benignen und malignen Prozessen sowie spiculären Läsionen. Ein weiterer Gesichtspunkt ist die Erkennung von Mikroverkalkungen in Mammogrammen. Ein anderes Forschungsgebiet, welches bereits in die medizinische Praxis überführt wurde, ist die Charakterisierung der Knochenfaserstruktur in Radiographien zur Verbesserung der Diagnosesicherheit von Osteoporose. Unter den vielen anderen Untersuchungsfeldern soll abschließend noch die Erkennung von Tumoren im Schädelknochen in Röntgenbildern sowie die Segmentierung von Wirbelkörpern in Radiographien der Wirbelsäule hervorgehoben werden.

4.1.2 Digitale Subtraktionsangiographie (DSA)

Zur Erzeugung der DSA-Bilder werden Kontrastmittel eingesetzt. Zuerst wird ein sogenanntes Leerbild der zu untersuchenden Körperpartie ohne den Einsatz von Kontrastmitteln mittels der Röntgenbildverstärker-Fernsehkette aufgenommen. Anschließend erfolgt eine Kontrastmittelgabe in das Blut, und es wird wiederum ein Bild, das sogenannte Füllungsbild, aufgezeichnet. Das Angiographiebild ergibt sich dann durch die Subtraktion des Füllungsbildes von dem Leerbild (Abb. 4.4). In der Praxis wird eine logarithmische Subtraktion vorgenommen, da diese von wesentlich weniger Einflussfaktoren abhängig ist. Durch diese Vorgehensweise wird eine Kontrastverstärkung der Gefäßbilder bewirkt, und es ist infolge der genauen räumlichen Übereinstimmung der zu subtrahierenden Bilder auch die Darstellung sehr feiner Gefäße im Bild möglich. Vorteilhaft ist auch, dass andere Strukturen durch die Subtraktion fast vollständig aus den Bildern entfernt werden. Eine automatische Auswertung der Bilder wird somit nicht mehr von ihnen behindert.

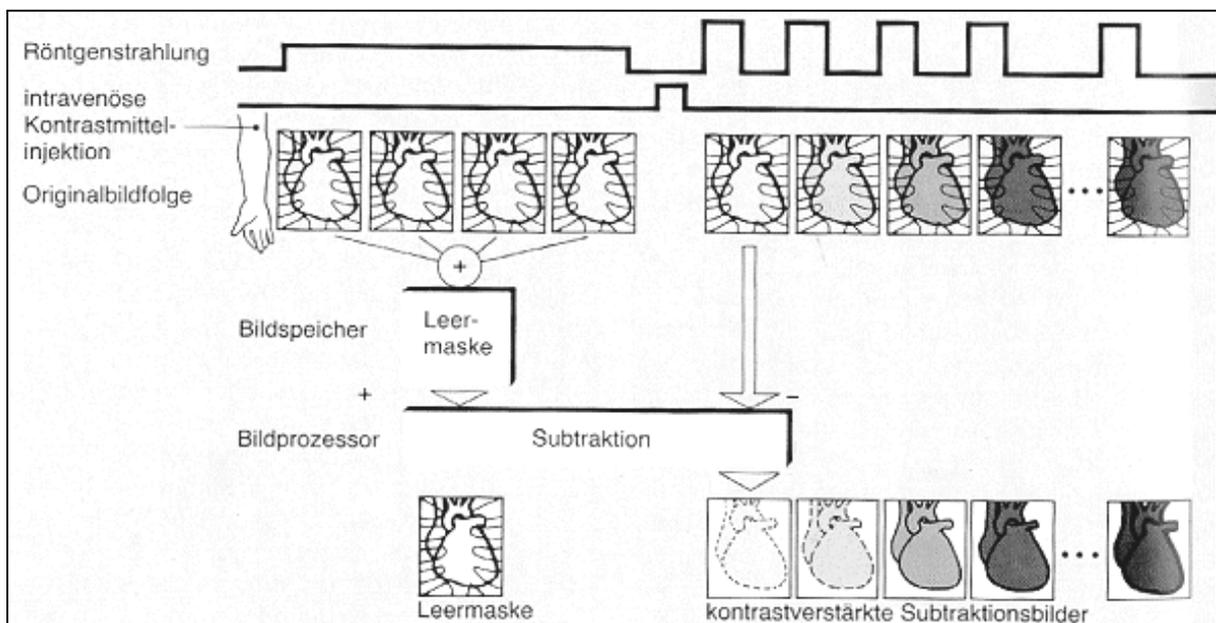


Abb. 4.4: Prinzip der Erzeugung der DSA-Bilder, aus [Schi87]

Da es sich bei den beiden verwendeten Ausgangsbildern (Leer- und Füllungsbild) jedoch um Projektionsbilder handelt, ergeben sich wiederum Probleme bezüglich der Überlagerung hintereinanderliegender Gefäße. Dieses muss bei der Aufstellung der Modellannahmen für die Segmentierung beachtet werden. Nachteilig für eine automatische Bildauswertung wirkt sich außerdem die Verstärkung des Rauschanteils in den DSA-Bildern auf Grund der Differenzbildung aus. So weisen DSA-Aufnahmen für kleine Gefäße nur ein schlechtes Signal-Rausch-Verhältnis auf (Abb. 4.5).

Forschungsarbeiten zum Einsatz von Verfahren der Bildverarbeitung zur Auswertung von Angiogrammen beschäftigen sich vor allem mit den Problemen bei der Detektion koronarer bzw. cerebraler Blutgefäße. Auf die Segmentierung cerebraler Blutgefäße wird im Rahmen der Vorstellung von Anwendungsbeispielen zur Segmentierung im Kapitel 9.3.4 näher eingegangen.

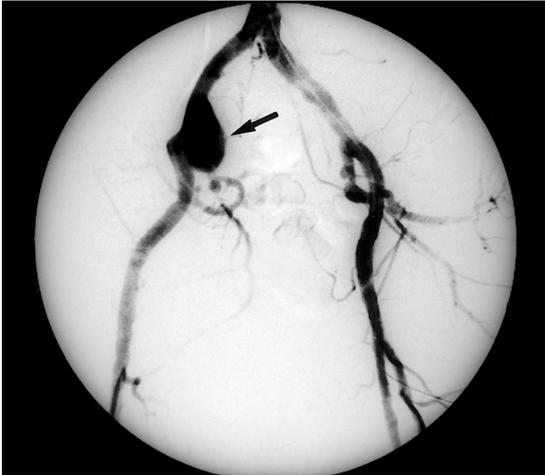


Abb. 4.5: DSA-Aufnahme einer ovulären aneurysmatischen Erweiterung der Arteria iliaca communis rechts (Pfeil) [Kasi98]. Die kleinen Gefäße sind nur sehr undeutlich zu erkennen, da sie ein geringes SNR aufweisen.

4.1.3 Computertomographie

Die Computertomographie basiert wie die herkömmliche Radiographie auf dem physikalischen Prinzip der Röntgenschwächung. Anders als dort werden hier jedoch Schnittbilder erzeugt. Zur Aufnahme der Messwerte braucht nur die interessierende Objektschicht durchstrahlt zu werden. Bei Geräten der dritten Generation erfolgt die Bildaufnahme mittels Fächerstrahlprinzip mit rotierendem Detektorsystem, bei dem Röhre und Detektor um den selbst ruhenden Patienten bewegt werden (Abb. 4.6). Im Gegensatz dazu wird bei Geräten der vierten Generation nur noch die Röhre bewegt. Der Detektor ist starr [Hsie03]. Die auf den Detektor auftreffende Röntgenstrahlung wird dabei, je nach Schwächung im Objekt, vom Detektor in ein mehr oder weniger großes elektrisches Signal umgewandelt. Nach der sich daran anschließenden Digitalisierung der Messwerte erfolgt der Vorgang der Bildberechnung. Bei den in der klinischen Praxis verwendeten CT-Geräten werden zwei unterschiedliche Wege zur Bildrekonstruktion verwendet: das Iterationsverfahren und das Faltungsverfahren. Beide Verfahren arbeiten linear, d.h. aus einer Linearkombination der Schwächungswerte werden diese selbst ermittelt.

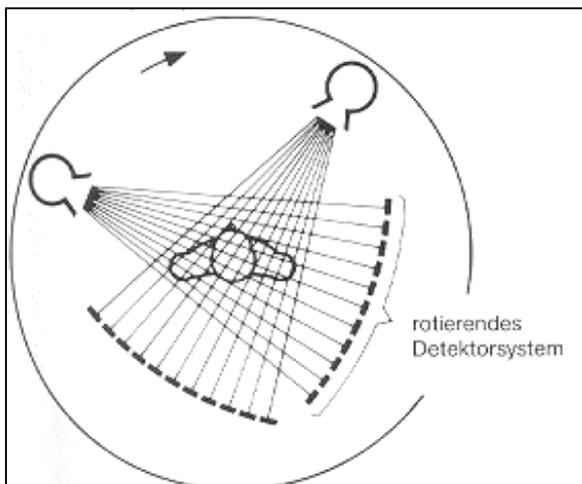


Abb. 4.6: Prinzipdarstellung des Fächerstrahlprinzips, bei dem gemeinsam mit der Röntgenröhre ein vielzelliges Detektorsystem um den Patienten läuft, aus [Schi87]

Der wichtigste variable Parameter bei der CT-Aufnahme, der auch die Bildqualität wesentlich beeinflusst, ist die Schichtdicke. Diese kann bei herkömmlichen Geräten zwischen 1 mm und 10 mm betragen. Im Allgemeinen werden die Schichten aneinandergrenzend aufgenommen. Die übliche Matrixgröße bei CT-Bildern beträgt 512x512 Pixel. Um eine bessere Orts-

auflösung in XY-Richtung zu erreichen, ist auch die Rekonstruktion von Bildausschnitten möglich. Die dabei realisierte Bildelementgröße ergibt sich dann wie folgt:

$$\begin{aligned} \text{Bildelementgröße} &= \text{Messfeldgröße} / \text{Matrixgröße} \\ &= \text{Gesamtmessfeldgröße} / (\text{Zoomfaktor} * \text{Matrixgröße}) \end{aligned} \quad (4.4)$$

Je größer die Schichtdicke und die Bildelementgröße gewählt werden, desto eher können im Datensatz Partialvolumeneffekte auftreten. Bei diesen kommt es infolge der Mittelung der Schwächungswerte mehrerer von einem Voxel gleichzeitig überdeckter Gewebe zu Kantenverwaschungseffekten (Abb. 4.7). Neben der Wahl der Schichtdicke beeinflusst auch die Festlegung des Heizstroms der Röhre die Bildqualität. Wird dieser zu gering gewählt, so kann es zu vermehrtem Quantenrauschen kommen.

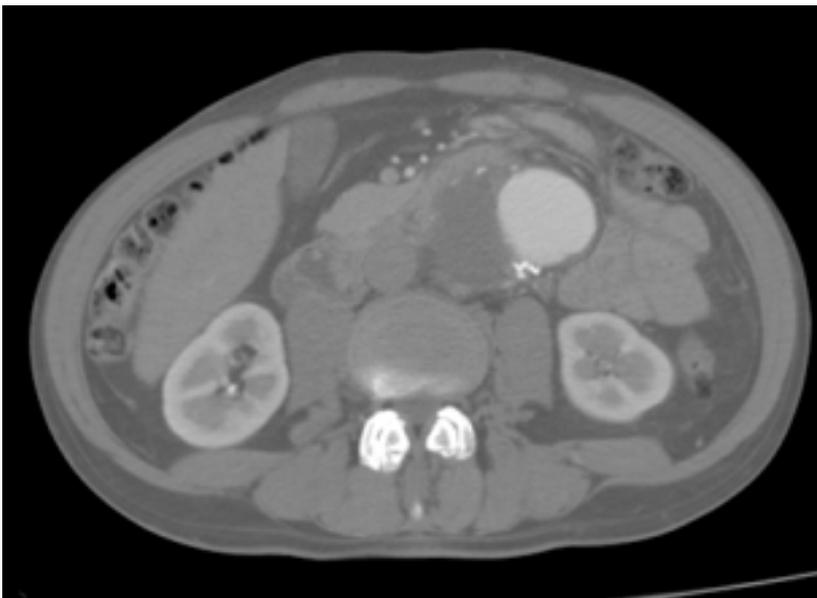


Abb. 4.7: CT-Aufnahme eines Abdomens mit Aortenaneurysma

Um eine bessere Vergleichbarkeit zwischen den rekonstruierten Schwächungswerten zu erreichen, erfolgt bei der Computertomographie eine Normierung der ermittelten Schwächungswerte auf das Referenzmaterial Wasser m_{Wasser} (Abb. 4.8). Diese relativen Schwächungswerte werden in Hounsfield-Einheiten angegeben. Die Berechnungsvorschrift zur Umwandlung der Werte in die Hounsfield-Skala lautet wie folgt:

$$CT = ((m - m_{\text{Wasser}}) / m_{\text{Wasser}}) * 1000 \quad (4.5)$$

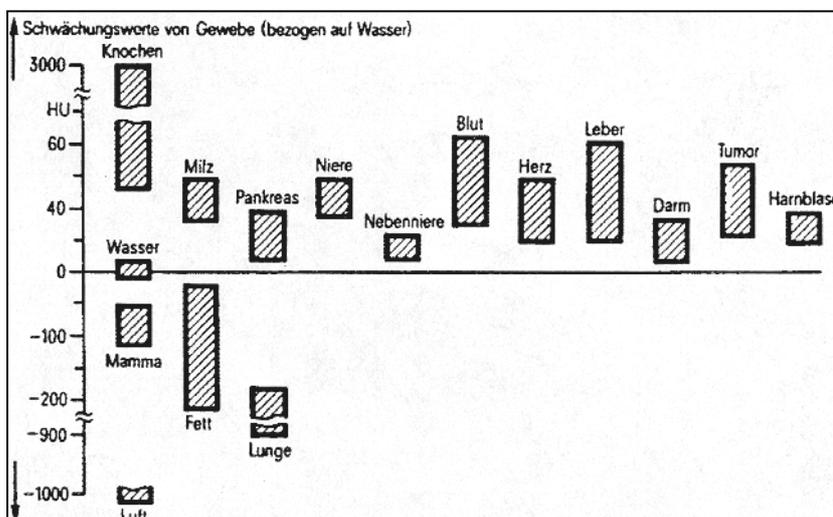


Abb. 4.8: Relative Schwächungswerte für ausgewählte Gewebearten bezogen auf die Schwächung des Wassers, aus [Lehm97]

Bei sich überschneidenden CT-Werten lassen sich die Gewebe anhand ihres Grauwertes im Bild nicht mehr voneinander unterscheiden. Eine Differenzierung zwischen einzelnen Strukturen ist jedoch häufig dadurch möglich, dass die Organe von Fettgewebe begrenzt werden.

Zur Kodierung der Grauwerte werden im CT-Bild im Allgemeinen 12 Bit verwendet. Da zur Anzeige auf dem Bildschirm jedoch nur 256 Grauwerte zur Verfügung stehen, erfolgt zur Verbesserung der visuellen Darstellung keine lineare Skalierung der gemessenen Schwächungswerte, sondern es werden diagnostisch relevante Graustufenbereiche aus dem gesamten zur Verfügung stehenden Graustufenbereich herausgegriffen. Diese werden dann anschließend einer Grauwertspreizung unterzogen (Abb. 4.9). Die Möglichkeit der Fensterung der Grauwerte sollte auch bei der Bearbeitung der CT-Bilder mittels Bildverarbeitung gegeben sein, damit der Arzt z. B. bei der Bewertung der Ergebnisse die von ihm gewohnten Grauwertverhältnisse im Bild vorfindet.

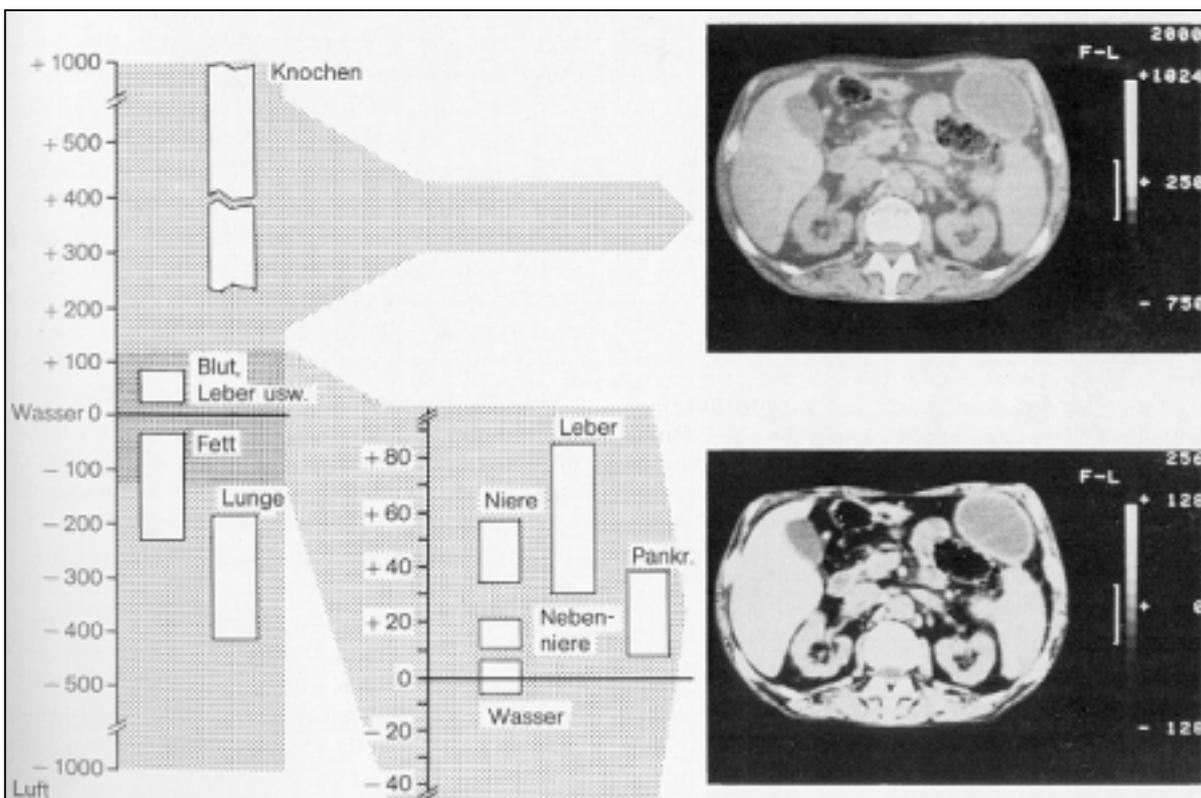


Abb. 4.9: Darstellung eines CT-Bildes vom Abdomen ohne Fensterung (oben) und mittels Fensterung im Bereich der Weichteile (unten). Das untere Bild besitzt dadurch einen wesentlich höheren Kontrast, aus [Schi87]

Eine Verschlechterung der Bildqualität tritt auf, wenn sich der Patient während der Untersuchung, z.B. durch Atmung, bewegt. Dies ist z.B. bei CT-Aufnahmen im Rahmen der Strahlentherapie der Fall, da bei der Dauer der Bestrahlung der Patient gleichfalls Atmen muss. Deshalb sollen diese Bewegungen auch in dem der Bestrahlungsplanung zugrunde gelegten CT enthalten sein. Sie führen zu einer starken Verwaschung der Objektkonturen (Abb. 4.10). Bildstörungen in Form von Streifenartefakten treten infolge der Natur der Rekonstruktionsfilter bzw. infolge von Bildrauschen auf. Außerdem können an den Organgrenzen Partialvolumeneffekte (PVE) entstehen. Weiterhin ergeben sich bei Patienten mit Metallen im Körper Bildstörungen durch Strahlaufhärtung und PVE. Die Effekte infolge der Strahlaufhärtung las-

sen sich algorithmisch korrigieren, was jedoch einen erhöhten Rechenaufwand bewirkt. Ausführliche Betrachtungen zu Artefakten in CT-Bildern und Ansätze zu ihrer Reduktion sind in [Hsie03] und [Beut00] zu finden.



Abb. 4.10: CT-Datensatz eines Abdomens. Infolge der Atmungsbewegung ergeben sich unscharfe Konturen an den Organgrenzen. (Das Bild wurde von der Universitätsklinik für Strahlentherapie der Otto-von-Guericke-Universität in Magdeburg zur Verfügung gestellt.)

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass es sich bei der Röntgencomputertomographie um ein Verfahren mit einer mittleren Auflösung und einem hohen Kontrast handelt. Das Signal-Rausch-Verhältnis ist für viele Strukturen hoch. Auftretende Partialvolumeneffekte können eine exakte Segmentierung von Objekten hingegen erschweren. Aufgrund der hohen Kosten und der Strahlenbelastung des Patienten bestehen Einschränkungen bezüglich der Durchführung von Vergleichsuntersuchungen. Günstig ist, dass die CT-Daten dreidimensionale Informationen enthalten, so dass eine 3D-Rekonstruktion der Strukturen im Datensatz möglich ist.

Typische Einsatzgebiete der Computertomographie in der medizinischen Diagnostik sind Untersuchungen der parenchymatösen Organe, des Gehirns und des Skelettsystems.

Zur Auswertung von CT-Daten werden sehr häufig Methoden der digitalen Bildverarbeitung verwendet. Einige typische Beispiele sind die Segmentierung der Leber im Rahmen der Operationsplanung, die Segmentierung von Lymphknoten in Spiral-CT-Bildern zwecks Volumenvermessung und die Erkennung von Hirntumoren. Aufgrund der guten Detektierbarkeit von Knochen in CT-Bildern existieren auch zahlreiche Arbeiten zur Erkennung von Knochengewebe, um über eine 3D-Gestaltrepräsentation das Design von Prothesen zu unterstützen. Im Beispielteil im Kapitel 9 dieser Arbeit werden mehrere Segmentierungsansätze, die für CT-Datensätze entwickelt wurden, genauer betrachtet.

4.1.4 Magnetresonanztomographie

Die Magnetresonanztomographie basiert auf der Tatsache, dass Atomkerne mit ungerader Protonen- oder Neutronenzahl einen von Null verschiedenen Eigendrehimpuls besitzen, der als Spin bezeichnet wird. Dieser Drehimpuls ist mit einem magnetischen Moment verknüpft, so dass sich die Kernspins in einem äußeren Magnetfeld entlang der Feldlinien ausrichten. Die Spinvektoren orientieren sich jedoch nicht exakt parallel oder antiparallel zum Magnetfeld,

sondern sie führen eine Präzessionsbewegung um die Achse des Magnetfeldes mit einer für jeden Kern spezifischen Frequenz aus. Diese Frequenz wird als Larmor-Frequenz bezeichnet. Die Phasenbeziehungen der Spins zueinander sind im Magnetfeld unkorreliert, so dass sich die transversalen Vektorkomponenten der Spins gegenseitig aufheben. Nur die longitudinalen Komponenten kompensieren sich nicht vollständig und ergeben eine messbare Nettomagnetisierung, da die energieärmere Ausrichtung parallel zum Feld geringfügig stärker besetzt ist. Mit zunehmender Stärke des Magnetfeldes wird diese Energiedifferenz zwischen den Energieniveaus der parallelen und antiparallelen Ausrichtung der Spins stärker, so dass dadurch auch die Nettomagnetisierung ansteigt. Diese ist wiederum für die Stärke des später detektierbaren MR-Signals zuständig. Zur quantitativen Erfassung der Nettomagnetisierung muss durch Einstrahlung von Hochfrequenzenergie eine quer zur Magnetfeldachse stehende Magnetfeldkomponente erzeugt werden.

Wenn die Frequenz der eingestrahlten Hochfrequenz gleich der Larmor-Frequenz ist, befinden sich beide magnetischen Felder in Resonanz. Unter dieser Bedingung können die Spins durch Aufnahme oder Abgabe von Hochfrequenzenergie ihre Ausrichtung ändern, sie klappen um einen bestimmten Winkel um. Da die Anregung des Spinsystems nur mit einem Hochfrequenzimpuls erfolgt, streben die Spins nach dem Wegfall der äußeren Hochfrequenzenergie wieder dem thermodynamischen Gleichgewicht zu. Die um die Magnetfeldachse rotierende Magnetisierung induziert dann in der Empfängerspule eine Wechselspannung (FID), welche gemessen wird. Der Verlust der Magnetisierung erfolgt durch zwei verschiedene Relaxationsprozesse, die Spin-Gitter- und die Spin-Spin-Relaxation.

Die Spin-Gitter-Relaxation resultiert aus der Wechselwirkung der Spins mit den Molekülen der Umgebung und geht mit einem Verlust der longitudinalen Magnetisierung einher. Sie wird durch die Zeitkonstante T_1 beschrieben, welche besagt, dass 63 % der Gleichgewichtsmagnetisierung wiederhergestellt ist (Abb. 4.11). Sie hängt hauptsächlich vom Aggregatzustand und von den Ordnungsbeziehungen der Atome im Untersuchungsobjekt ab.

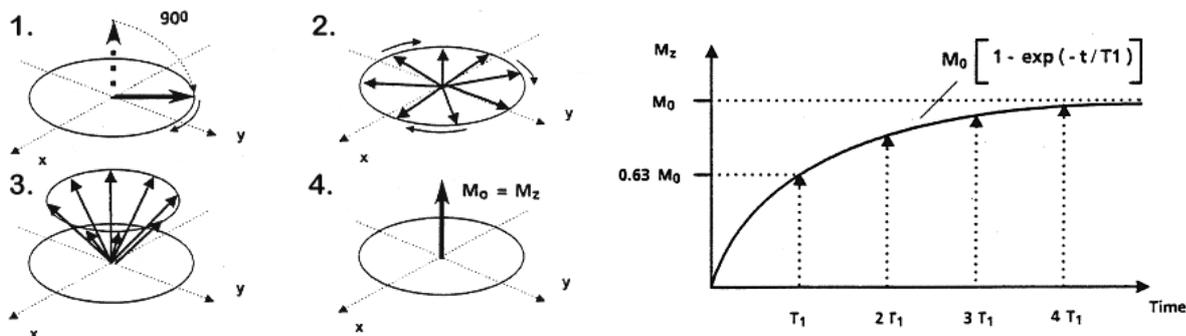


Abb. 4.11: Rückkehr der Spins in ihre Ausgangslage. Die charakteristische Zeitkonstante T_1 beschreibt den Zeitpunkt, wenn 63% der Gleichgewichtsmagnetisierung wiederhergestellt sind, Bilder aus [Frit03].

Die Spin-Spin-Relaxation kennzeichnet die gegenseitige Beeinflussung der magnetischen Momente der Spins untereinander, welche zum Zerfall der Spinsynchronisation führt. Die Zeit, bei der die transversale Magnetisierungskomponente bis auf den Wert $1/e$ ihres Ausgangswertes zurückgegangen ist, wird durch die Zeitkonstante T_2 charakterisiert (Abb. 4.12).

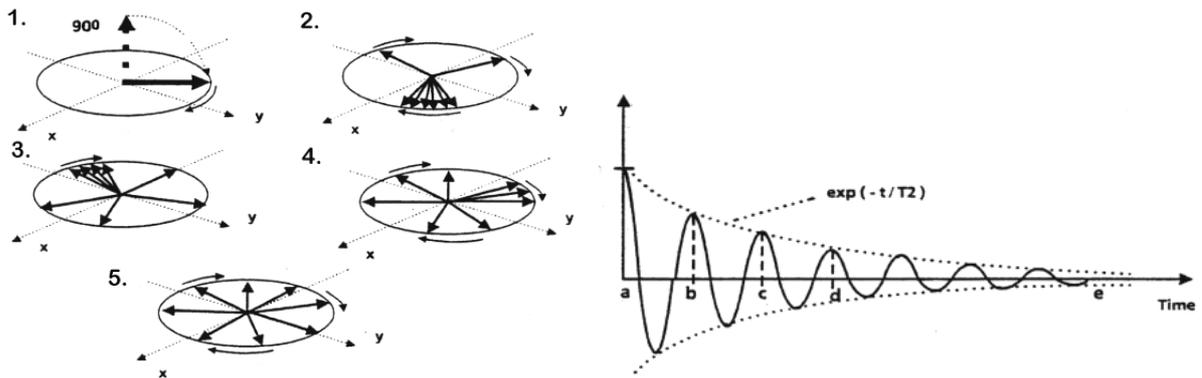


Abb. 4.12: Spin-Spin-Interaktionen führen zum Verlust der Phasenkohärenz und damit zu einem Abfall der transversalen Magnetisierungskomponente. Nach einer Zeit $t = T_2$ ist die Quermagnetisierung auf $1/e$ ihres Ausgangswertes zurückgegangen, Bilder aus [Frit03].

Durch geeignete Messsequenzen können diese Relaxationszeiten quantitativ erfasst werden. Da sich diese Zeiten in den verschiedenen Geweben unterscheiden, lassen sie sich zur Bildgebung nutzen. In Abb. 4.13 und 4.14 sind die T_1 - und T_2 -Relaxationszeiten für einige wichtige Gehirnsubstanzen angegeben. Aufgrund der deutlichen Unterschiede in den Kurvenverläufen für die einzelnen Gewebearten ergeben sich auch wesentliche Differenzen in den Grauwerten der entsprechenden Bilddaten (siehe Bild 4.16).

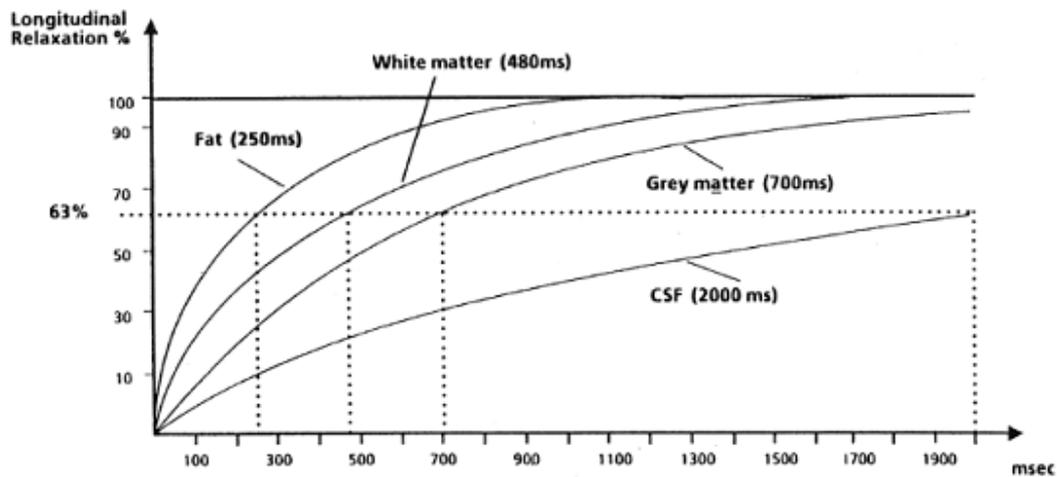


Abb. 4.13: T_1 -Relaxationskurven für unterschiedliche Gewebearten, aus [Vlaa99]

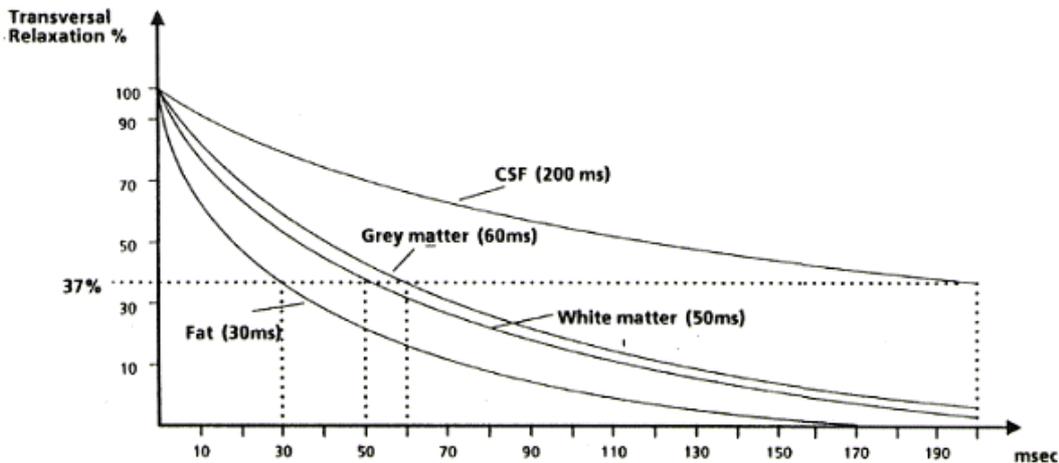


Abb. 4.14: T_2 -Relaxationskurven für unterschiedliche Gewebearten, aus [Vlaa99]

Um ein Bild zu erzeugen, muss nun jedoch noch die Ortskodierung des Signals erfolgen. Dazu wird ein kleines magnetisches Feld, das als Gradient bezeichnet wird, dem statischen Magnetfeld überlagert. Der magnetische Feldgradient führt zu einer bekannten Variation des Magnetfeldes entlang des abgetasteten Volumens. Diese Variation der magnetischen Feldkraft erzeugt eine korrespondierende Variation in der Resonanzfrequenz entlang der Richtung des Gradienten. Auf diese Weise ist eine Ortskoordinate mit einer bekannten Frequenz codiert. Das detektierte FID wird durch eine Fouriertransformation in ein Frequenzspektrum konvertiert. Die Frequenz korrespondiert mit der Ortskoordinate. Da jedoch zwei weitere Ortskoordinaten noch unbestimmt, d.h. unkodiert sind, zeigt das MR-Signal eine eindimensionale Projektion auf die Gradientenachse. Zusätzlich zu den frequenzkodierenden Gradienten kann ein Magnetfeldgradient zur Phasenkodierung räumlicher Information genutzt werden. So drehen sich die Kernmagnete bei Abwesenheit von einem y-Gradienten in Phase. Wenn der y-Gradient angeschaltet wird, beginnen sich die Kernmagnete aus der Phase zu bewegen. Mit Erhöhung des y-Gradienten werden die Phasenbeziehungen ausgeprägter. Die auf diese Art akkumulierte Phasendifferenz kodiert die Position entlang der Richtung des Phasenkodiergradienten. Eine Serie von phasen- und frequenzkodierten MR-Signalen mit schrittweise variierendem Phasenkodiergradienten wird durch eine zweidimensionale Fouriertransformation in ein Bild konvertiert. Eine erste Fouriertransformation des MR-Signals liefert eine Serie von Projektionen entlang der Richtung des Frequenzkodiergradienten (der Konvention nach die x-Richtung). Jede dieser Projektionen weist aufgrund unterschiedlicher Phasenkodierung eine andere Phasenmodulation auf. Eine zweite Fouriertransformation in Phasenkodierrichtung führt schließlich zu einem Bild mit rein räumlicher Information. Durch Einführung eines zweiten Phasenkodiergradienten (in z-Richtung) kann dieses Verfahren auf drei Dimensionen erweitert werden (3D-MR-Tomographie).

Die Qualität des erzeugten Bildes hängt stark von der gewählten Voxelgröße ab, da hierdurch festgelegt wird, wie häufig Partialvolumeneffekte auftreten. Die Speicherung des Bildes erfolgt bei herkömmlichen Geräten in einer Matrix mit 256x256 Pixeln bei 12 Bit Grauwerttiefe. Weiterhin wird die Bildqualität noch durch das Bildrekonstruktionsverfahren beeinflusst. Auf den erreichbaren Bildkontrast haben neben der Protonendichte und den Relaxationszeiten T_1 und T_2 auch noch die Übertragung und Verstärkung der Signale einen Einfluss. Signalschwankungen bewirken außerdem ein zufallsbedingtes Rauschen in den Bildern. Einen großen Einfluss auf die Bildqualität haben außerdem Shadingartefakte infolge von Inhomogenitäten des Magnetfeldes und von Gradienteneffekten [Beut00]. Abb. 4.16 zeigt drei

MR-Bilder des Gehirns, wobei diese sich ausschließlich durch die Art der zur Kontrasterzeugung genutzten physikalischen Eigenschaften unterscheiden.

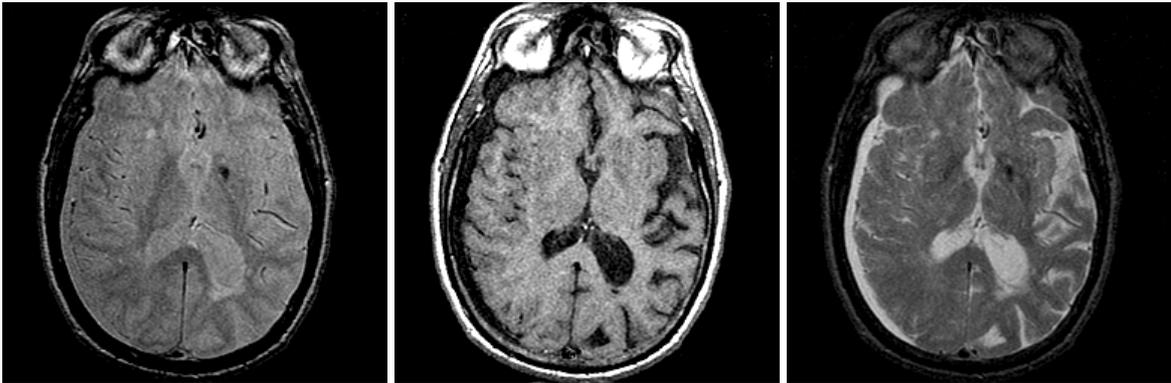


Abb. 4.15: von links nach rechts: Protonendichte-gewichtetes MR-Bild eines Patientengehirns, T1-gewichtetes Bild, T2-gewichtetes Bild

Abschließend lässt sich zusammenfassend einschätzen, dass es sich bei der Magnetresonanztomographie um ein Verfahren mit einer hohen Auflösung und einem guten Weichteilkontrast handelt. In den Bildern können Partialvolumeneffekte und Rekonstruktionsartefakte eine exakte Segmentierung erschweren. Die Kosten für eine Untersuchung sind im Vergleich zu anderen Verfahren hoch, so dass es diesbezüglich Einschränkungen bei der Durchführung von Vergleichsuntersuchungen gibt. Vorteilhaft ist die Möglichkeit, 3D-Informationen zu erhalten.

In der medizinischen Routine wird die MR-Bildgebung für eine Vielzahl von Untersuchungen eingesetzt, vor allem zur Tumordiagnostik, da die Bilder im Vergleich zum CT einen guten Weichgewebekontrast besitzen. Des Weiteren werden anhand der MR-Bilder Erkrankungen des Gehirns, wie Alzheimer-Erkrankung, Schizophrenie, Multiple Sklerose und Schlaganfall, diagnostiziert.

Ein sehr häufig in der Literatur zu findendes Beispiel für den Einsatz von Bildverarbeitungsverfahren zur Auswertung von MR-Datensätzen ist die Segmentierung des Gehirns in weiße und graue Substanz sowie in Liquorräume. Diese Gewebedifferenzierung ist für eine Verlaufskontrolle bei Gehirnerkrankungen und zur Operationsplanung notwendig. Ein weiteres Beispiel ist die MR-Bildgebung des Herzens zur Funktionsdiagnostik. Weitere Arbeiten beschäftigen sich u.a. mit der Bestimmung der Dicke des Kniegelenknorpels in MRT-Bildern und mit der Gefäßdarstellung aus Angiographien.

4.1.5 Nuklearmedizinische Verfahren

Bei den nuklearmedizinischen Verfahren werden im Gegensatz zu den bisher betrachteten Verfahren keine anatomischen Informationen gewonnen, sondern Informationen über Körperfunktionen. Zur Aufzeichnung der Bilder werden radioaktive Substanzen in den Körper appliziert und anschließend wird die aus dem Körper austretende Strahlung gemessen. In der medizinischen Praxis werden zumeist γ - und β -Strahler eingesetzt. Der Vorteil der γ -Strahler ist, dass sie aufgrund ihrer Wellenlänge und Frequenz den Körper ohne Wechselwirkungsprozesse wieder verlassen und so weitgehend ungestört gemessen werden können. Die Schwächung der Photonenstrahlung erfolgt wiederum nach dem Schwächungsgesetz.

Zur Messung der austretenden Strahlung werden Szintillationszähler und Gammakameras verwendet. Bei der Nutzung von Gammakameras ist zu beachten, dass bei der Aufzeichnung

der Signale auch immer in deren Umgebung ein Signal aufgezeichnet wird. Bei der Strahlungsmessung werden deshalb nur Impulshöhen eines Mittelenergiebereiches erfasst. Die anderen Impulshöhen werden ausgeblendet. Ein weiteres Problem in der Nuklearmedizin ist, dass im Gegensatz zur Röntgendiagnostik, wo sowohl die Eingangs- als auch die Ausgangsfunktion messbar sind, hier nur die Ausgangsfunktion gemessen werden kann. Weiterhin ist zu beachten, dass aufgrund des radioaktiven Zerfallsprozesses die Aktivität nicht über die gesamte Messzeit gleich ist. Der Signalabfall hängt von der effektiven Halbwertszeit des verwendeten Radionukleids ab.

Zur digitalen Messwerterfassung werden Matrizen von 64x64 bzw. 128x128 Pixel verwendet bei einer Grauwerttiefe von 8 Bit. Der bei der Bildaufnahme zulässige Messfehler beträgt 4%. Es wird eine Ortsauflösung von 2 bis 3 mm erreicht.

Neben der Einzelbildaufnahme (Szintigramm) und der Aufzeichnung von Funktionsstudien in Form von zeitlich nacheinander aufgenommenen Einzelbildern können mit modernen tomographischen nuklearmedizinischen Methoden auch 3D-Informationen erfasst werden. Bei diesen Methoden unterscheidet man zwischen Single-Photon-Emissions-Computer-Tomographie (SPECT) und Positronen-Emissions-Computer-Tomographie (PET).

Die mathematischen Grundlagen der Bilderzeugung beim SPECT sind die selben, wie bei der Röntgen-Computer-Tomographie. Der grundlegende Unterschied besteht jedoch in der Strahlungsquelle. Während beim CT die Abschwächung der Röntgenstrahlen durch den Körper als Projektion gemessen wird, wird beim SPECT die Projektion der Verteilung der Radionuklide im Körper gemessen (Abb. 4.17). Ein weiterer Unterschied ist, dass bei den nuklearmedizinischen Bildern aufgrund der Minimierung der Strahlenbelastung weniger Quanten zur Bilderzeugung für ein Voxel genutzt werden können und so im Gegensatz zum CT ein instabileres Bild erhalten wird. Beim SPECT wird die Strahlungsverteilung der emmitierten Photonen mit rotierenden Gamma-Kamera-Systemen aus verschiedenen Winkel-Positionen gemessen. In der Regel werden 360 Grad überstrichen, wobei mindestens 60 Projektionsbilder aufgenommen werden. Die Rekonstruktion der Bilder erfolgt mittels Rückprojektion. In Abbildung 4.18 sind zwei Beispiele für SPECT-Bilder zu sehen.

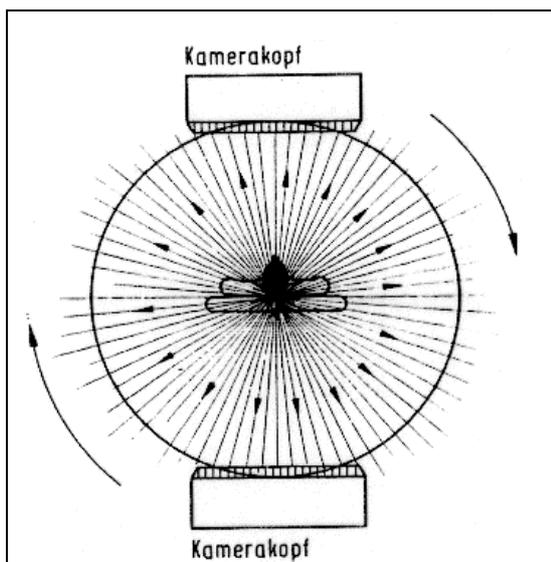


Abb. 4.16: Prinzip der Emissions-CT. Die Strahlung, die aus dem Körper austritt, wird von zwei Detektoren gemessen, Bild aus [Baud81]

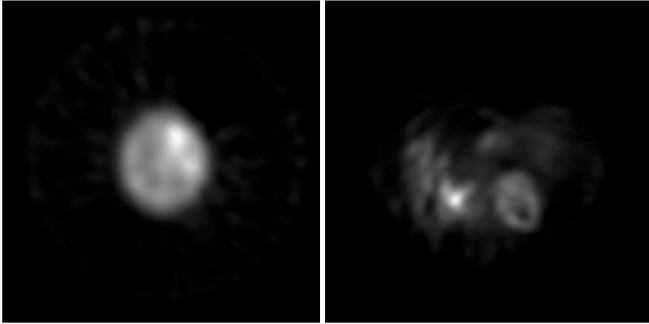


Abb. 4.17: SPECT-Aufnahmen des Kopfes mit einem Gehirntumor (hellster Bildbereich) in der rechten Hemisphäre (links, Daten von der Klinik für Nuklearmedizin der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg) und des Thorax (rechts, Daten von MIRG des Vancouver Hospitals)

Beim PET werden im Gegensatz zum SPECT Positronenstrahler verwendet. Für die Registrierung der Positronenstrahler müssen zwei sich gegenüberliegende Detektorelemente die Vernichtungsstrahlung gleichzeitig registrieren. Das Prinzip ist in Abbildung 4.19 zu sehen. Bei dem Tomographen sind die zahlreichen Einzelkristalle auf einem Ring angeordnet. Fast alle PET besitzen mehrere Ringe, so dass bis zu 15 Schichten mit je 1mm Schichtdicke gleichzeitig aufgezeichnet werden können. Durch ein CT-ähnliches Rekonstruktionsverfahren lässt sich die räumliche Verteilung der Positronenstrahler nachweisen. Die örtliche Auflösung des PET ist mit weniger als 5 mm besser als beim SPECT. Sie ist allein von der Anordnung der einzelnen Detektoren auf dem Ring abhängig. Zu beachten ist, dass die Halbwertszeit der Isotope nur im Minutenbereich liegt. In Abbildung 4.20 ist ein Beispieldatensatz für eine Gehirndarstellung zu sehen.

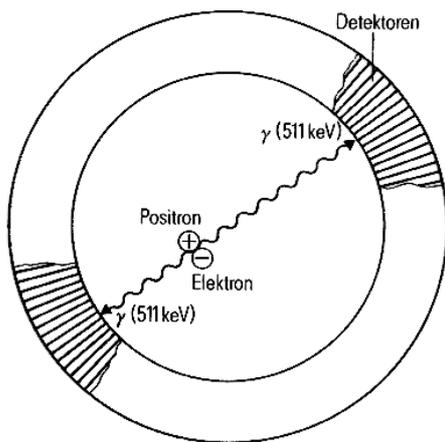


Abb. 4.18: Grundprinzip der Darstellung der Tomographie mit Positronenstrahlern, Bild aus [Baud81]

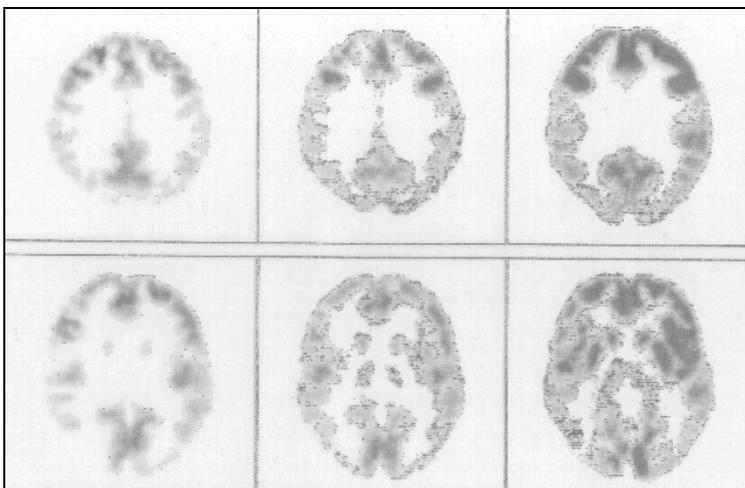


Abb. 4.19: F-18-Desoxyglucose-Verteilung in sechs Schichten des Gehirns (M.E. Phelps Ph. D. UCLA School of Medicine, University of California, L.A.)

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass es sich bei den nuklearmedizinischen bildgebenden Verfahren um Verfahren mit einer geringen Ortsauflösung und einem geringen Kontrast handelt. Es besteht ein schlechtes Signal-Rausch-Verhältnis. Zumeist ergibt sich eine schlechte Abgrenzbarkeit von Objekten, da diese häufig keine geschlossenen Konturen aufweisen. Beim SPECT und PET gibt es die Möglichkeit, 3D-Informationen zu gewinnen. Die Kosten für die Verfahren liegen im mittleren Bereich.

Eingesetzt werden nuklearmedizinische Verfahren in der Medizin zur Darstellung von Körperfunktionen. Dies betrifft vor allem Organe, wie Schilddrüse, Nieren, Herz, Gehirn und Skelett.

Der Einsatz von Bildverarbeitungsverfahren wurde bisher u.a. zum Auffinden von Tumoren, zur Erkennung von Durchblutungsdefekten und anderen Erkrankungen des Herzens sowie zur Identifizierung von Erregungsmustern in der Hirnforschung untersucht. Im Beispielteil im Kapitel 9.3.3 werden Möglichkeiten zur Verbesserung der Auswertung von dynamischen SPECT-Aufnahmen des Herzens beschrieben.

4.1.6 Ultraschallverfahren

Die medizinische Ultraschalldiagnostik stützt sich bei der Gewinnung der Bilder auf die Aufnahme und Analyse der Ultraschallsignale, die bei der Wechselwirkung einer in den Körper eingeleiteten Ultraschallwelle entstehen. Bei der Bildgebung wird dabei zum einen ausgenutzt, dass die Ultraschallwellen eine relativ niedrige Fortpflanzungsgeschwindigkeit im menschlichen Körper besitzen. Dadurch wird eine direkte Messung der Schallaufzeiten über kurze Distanzen ermöglicht. Zum anderen basiert das Ultraschallverfahren auf den Impedanzunterschieden bei den verschiedenen Gewebearten. Diese Impedanzunterschiede zwischen aneinandergrenzenden Geweben beeinflussen die Echoamplitude und die Echoform der empfangenen Echos.

Verwendet wird heute in der medizinischen Diagnostik Ultraschall in einem Frequenzbereich von etwa 2 bis 20 MHz. Für einzelne spezielle Anwendungen, z. B. in der Dermatologie, werden Schallfrequenzen von bis zu 100 MHz genutzt. Beim B-Bild-Verfahren werden die Schallreflexionen nicht wie beim A-Bild-Verfahren in Form von Amplituden, sondern in Form von Grauwerten positionsgerecht auf dem Monitor dargestellt. Es ergibt sich somit ein zweidimensionales Schnittbild in Schallstrahlrichtung. In Abbildung 4.21 sind zwei Beispiele für Ultraschallbilder zu sehen.

Die Schwächung der Ultraschallwellen beim Durchdringen des menschlichen Körpers erfolgt durch vielfältige physikalische Prozesse, wie Absorption, Streuung, Brechung, winkelabhängige Reflexionsverluste, Interferenz, Divergenz des Schallfeldes und durch Ausbreitung. Bei der Absorption regen die Schallwellen Moleküle des durchschallten Mediums zu Vibrationen an, wodurch es infolge von Reibung zu Energieverlusten und Erwärmung kommt. Die Intensität der Schallwellen nimmt dadurch exponentiell mit der zurückgelegten Wegstrecke ab. Beim Auftreffen von Schallwellen auf akustische Grenzflächen, deren Ausdehnung kleiner als die Wellenlänge der Ultraschallwellen ist, werden aus den Schallbündeln Teile abgelenkt. Wellen hoher Frequenzen streuen dabei deutlich mehr als niederfrequente Wellen. Bei Grenzflächen größerer Ausdehnung wird ein Teil der Wellen reflektiert. Der andere Teil dringt in das tiefergelegene Gewebe ein. Der Brechungswinkel ergibt sich aus dem Snellschen Gesetz. An unebenen Grenzflächen erfolgt diese Reflexion diffus. Schließlich kommt es durch eine Überlagerung der Schallwellen in Abhängigkeit von der Phasenverschiebung zu einer Abschwächung, Verstärkung, Verformung oder Auslöschung der Schall-

wellen. Durch alle diese Prozesse entstehen die für die Ultraschallbilder typischen Speckle-
muster im dargestellten Gewebe.

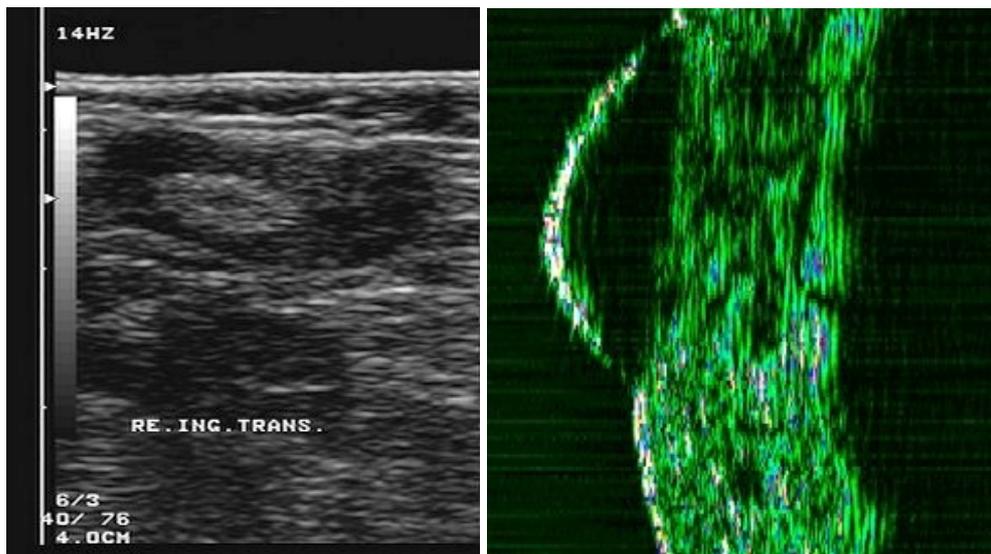


Abb. 4.20: Ultraschallbild von einem Lymphknoten und 20 MHz-Bild von einem Hauttumor, bei dem eine Farbkodierung der Stärke der Schallreflexionen vorgenommen wurde (Bild-
daten von der Klinik für Dermatologie und Venenheilkunde der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg)

Durch Ausnutzung des Doppler-Effekts können mittels Ultraschallgerät auch Blutströmungen aufgezeichnet werden. Der Doppler-Effekt bezeichnet dabei die physikalische Eigenschaft, dass bei jeder Wellenart (Schallwelle, elektromagnetische Welle, Lichtwelle) eine Änderung der Frequenz eintritt, sobald sich Beobachter und Wellenerreger relativ zueinander bewegen. Ein Beispiel für ein solches US-Doppler-Bild ist in Abbildung 4.22 dargestellt.



Abb. 4.21: Darstellung eines US-Doppler-Bildes zur Erfassung der Durchblutung eines Lymphknotens. Die Richtung und Stärke des Blutflusses in den Gefäßen ist dabei farblich kodiert. (Bild-
daten von der Klinik für Dermatologie und Venenheilkunde der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg)

Die Qualität der Ultraschallbilder hängt im wesentlichen von der mit dem Gerät erzielbaren örtlichen Auflösung ab. Die axiale Auflösung wird dabei durch die Länge des Schallimpulses und durch die Wellenlänge bzw. durch die Frequenz bestimmt. Die laterale Auflösung ist durch die Breite der Strahlungscharakteristik des Schallkopfes gegeben und hängt von der Frequenz und dem Schwingerdurchmesser ab. Ein weiterer Parameter ist das Kontrastaufklärungsvermögen, welches beschreibt, wie sich Strukturen mit ähnlicher Gewebecharakteristik voneinander unterscheiden. Es wird in erster Linie von den Schallleitungsgeschwindigkeiten beeinflusst. Aufgrund der Proportionalität zwischen Schallabschwächung und Schallfrequenz

nimmt die Eindringtiefe mit höherer Frequenz ab. Einfluss auf die Bildqualität haben weiterhin noch der dynamische Bereich und die Bildfolgefrequenz bei bewegten Objekten.

Da die Sonographie im strengeren Sinne keine anatomischen Strukturen, sondern physikalische Phänomene darstellt, aus denen dann auf die Gewebestrukturen geschlossen wird, kann es durch nicht korrekte Wiedergabe der anatomischen Reflektoren zu Diskrepanzen zwischen dem Dargestellten und der realen Struktur kommen. Für die Bilddarstellung heißt dies, dass auftretende Artefakte tatsächlich nicht vorhandene Strukturen suggerieren, die Darstellung vorhandener Strukturen verhindern und die Lokalisation, Form und Reflektivität einer Struktur verändern können. Darum ist die Kenntnis der möglichen vorkommenden Artefakte eine unbedingte Voraussetzung für die Beurteilung von Ultraschallbildern. So können Laufzeitfehler infolge von Schallgeschwindigkeitsänderungen auftreten. Diese bedingen, dass die Lage von Bildpunkt und Objektpunkt nicht übereinstimmen. Durch Brechungsfehler kann gleichfalls der Bildpunkt gegenüber dem Objektpunkt verschoben dargestellt sein. An Organgrenzen mit großen Impedanzsprüngen können Spiegelechos bzw. Mehrfachechos entstehen. Bei ersteren treten abhängig vom Einschallwinkel zusätzlich verschobene Bildpunkte hinter der Grenzfläche und bei letzteren zwischen der Grenzfläche und dem Schallkopf auf. Weiterhin können durch niedrigfrequente Querschwingungen Hyperbelartefakte im Bild existieren. Infolge zu langsamer Scanbewegung bei Organpulsationen oder -bewegungen, kann es zu Bewegungsartefakten in Form einer wellenförmigen Verzeichnung und zu Unschärfen bei bewegten Organen kommen. Hinter stark reflektierenden oder absorbierenden Grenzflächen können Schallschatten im Bild auftreten. Sie erscheinen als echofreier Streifen. Ein weiterer möglicher Fehler ist, dass durch den automatischen Tiefenausgleich bei den Ultraschallgeräten die hinter weniger stark absorbierenden Regionen liegenden Gewebestrukturen häufig überstrahlt wiedergegeben werden. Dies tritt z. B. hinter Flüssigkeitsregionen auf. Kometenschweifartefakte ergeben sich infolge einer erhöhten Echointensität nach Luftbläschen, verkalkten Granulomen bzw. Metall- und Glasfremdkörpern. Als letzte Bildfehler seien noch Nebenkeulenartefakte aufgrund der technischen Gegebenheiten des Schallkopfes und Fehler wegen mangelnder Schallankopplung erwähnt. Eine ausführliche Beschreibung und bildliche Darstellung der Ultraschallartefakte befindet sich in [Reim97].

Soll eine quantitative Auswertung der Ultraschallbilder erfolgen, so müssen noch weitere Einflüsse berücksichtigt werden. Diese können vom Untersucher herrühren oder durch biologische Gegebenheiten, wie unterschiedliche Dicke des subkutanen Fettgewebes und unterschiedliche Konstitution der Patienten, bedingt sein. Geräteseitig wird das Bild durch die Wahl von Schallfrequenz, Geräteverstärkung und Fokus beeinflusst. Schließlich spielen auch noch Einflüsse des Schallkopfes, wie seine Orientierung (Longitudinal- oder Transversalschnitt), der ausgeübte Auflagedruck und der Beschallungswinkel, eine Rolle [Mill87].

Zusammenfassend kann man einschätzen, dass es sich bei der Ultraschallbildgebung um ein Verfahren mit mittlerer bis hoher Auflösung, je nach verwendeter US-Frequenz, und geringem Kontrast handelt. Infolge der vielfältigen physikalischen Prozesse bei der Ultraschallausbreitung im Gewebe weisen die Bilder meist ein niedriges Signal-Rausch-Verhältnis auf. Ein weiterer Nachteil ist, dass aufgrund der vielen Artefaktmöglichkeiten meist eine schlechte Abgrenzbarkeit von Objekten gegeben ist, da diese häufig keine geschlossenen Konturen zeigen. Unter dem Aspekt der Durchführung von Vergleichsuntersuchungen stehen den geringen Kosten und der Unbedenklichkeit in der Anwendung die hohe zeitliche Inanspruchnahme des Untersuchers entgegen. Zum Erhalt von 3D-Informationen ist gleichfalls ein aufwändiges Vorgehen nötig.

Eingesetzt wird die Ultraschallbildgebung für medizinische Fragestellungen bei parenchymatösen Organen und Hohlorganen. Dabei werden Aussagen über die Organabmessungen,

deren Lage und Veränderung, über die Gewebestrukturen, über das Vorhandensein von Flüssigkeiten, über Bewegungs- und Funktionsabläufe und über Blutströmungen gewonnen [Schi87].

Häufig im Rahmen der medizinischen Bildverarbeitung bearbeitete Fragestellungen sind die Erkennung von Plaques in intravaskulären Ultraschallbildern und die Erkennung und Vermessung der Herzkammern in 3D-Ultraschallbildern. Weitere Untersuchungen beschäftigen sich mit der Segmentierung von Follikeln in Ultraschallbildern der Ovarien um eine Verbesserung in der Reproduktionsmedizin zu erreichen und mit der Volumenvermessung verschiedener Organe, z.B. von Prostata und Milz, um den Verlauf bestimmter Therapien besser beurteilen zu können. Neben diesen Arbeiten, die jeweils eine Segmentierungsaufgabe beinhalten, gibt es noch zahlreiche Forschungsarbeiten, die sich mit Aspekten der Gewebedifferenzierung beschäftigen. Fragestellungen sind hier z. B. die Unterscheidung zwischen verschiedenen Muskelerkrankungen, die Differenzierung zwischen malignen und benignen Tumoren und zwischen verschiedenen Lymphknotenerkrankungen. Bei diesen Einsatzgebieten spielen Fragen hinsichtlich der Gewinnung geeigneter Merkmale zur Beschreibung der Gewebeunterschiede und Fragen bezüglich des Einsatzes von geeigneten Klassifikatoren zur Differenzierung der Gewebe eine wichtige Rolle.

4.1.7 Mikroskopbilder

In der medizinischen Bildgebung kommen hauptsächlich Lichtmikroskope zum Einsatz. Mit diesen Mikroskopen können Strukturen im Bereich von 1 mm bis hinab zu 0,1 μm beobachtet und vermessen werden. Zur Erzeugung des Bildes werden Linsensysteme genutzt. Wie stark das Bild vergrößert wird, hängt von dem Produkt der Vergrößerung von Objektiv und Okular ab. Die Qualität des Bildes wird außerdem vom Auflösungsvermögen des Mikroskops beeinflusst, welches hauptsächlich durch das Auflösungsvermögen des Objektivs bestimmt wird. Die Auflösungsgrenze eines Mikroskops kann jedoch nur bei optimaler Objektbeleuchtung erreicht werden, da mit zunehmender Vergrößerung die Lichtstärke sinkt. Durch die Vergrößerung der numerischen Apertur (Objektive mit großem Öffnungswinkel, Verwendung von Immersionsflüssigkeiten,) oder durch die Verwendung von Licht kleinerer Wellenlänge lässt sich die Auflösungsgrenze steigern.

Zusammenfassend kann man einschätzen, dass die Mikroskopbilder zumeist eine sehr gute Bildqualität besitzen. Sie weisen nur einen geringen Rauschanteil auf und haben eine hohe Auflösung und einen guten Kontrast. Letzterer hängt jedoch auch von der verwendeten Färbetechnik ab. Häufig liegen Mikroskopaufnahmen als Farbbilder vor. Probleme bei der Auswertung können jedoch durch die Überlagerung mehrerer Objekte im Bild entstehen.

In der medizinischen Praxis werden anhand von Mikroskopbildern hauptsächlich Gewebe beurteilt. Weiterhin werden sie zum Zählen und Vermessen von Zellen genutzt.

Beispiele für Fragestellungen, bei denen Bildverarbeitungsverfahren eingesetzt wurden, sind u.a. die Erkennung von Hauttumoren in Bildern der digitalen Epiluminiszenzmikroskopie, die Erkennung von Lungenkrebs auf Grundlage von Sputum-Mikroskopbildern, die Messung der Orientierung von Kollagenfasern im Bindegewebe in polarisierten lichtmikroskopischen Aufnahmen und die Auswertung von Mikroskopbildern von Biopsien.

4.1.8 Kamerabilder und digitalisierte Fotografien

Neben den bisher erwähnten bildgebenden Verfahren werden in der medizinischen Praxis für bestimmte Fragestellungen auch ganz herkömmlich Kamerabilder bzw. digitale Fotografien verwendet.

Diese Verfahren liefern eine sehr gute Bildqualität. Die erzeugten Farbbilder besitzen eine hohe Auflösung und einen guten Kontrast bei gleichzeitig geringem Rauschanteil. Die Herstellung der Bilder ist nur mit geringen Kosten verbunden.

Eingesetzt werden diese Bilder in der klinischen Routine zur oberflächlichen Beurteilung äußerer und innerer Organe.

Bildverarbeitungsverfahren wurden u.a. zur Charakterisierung der Verläufe von retinalen Gefäßen zur Erkennung z. B. von diabetischer Retinopathie und Sichelzellenretinopathie genutzt. Ein anderes Anwendungsbeispiel ist die Ermittlung der Zunahme der Anzahl der Leberflecken innerhalb bestimmter Zeiträume. Schließlich wurden Bildverarbeitungsverfahren auch zur Auswertung endoskopischer Bilder, z. B. zur Beurteilung der Farbe der Stimmlippen und des umliegenden Gewebes zur Diagnostik von Kehlkopferkrankungen, herangezogen.

4.2 Einsatzgebiete bildgebender Verfahren in der Medizin

Die bildgebende Diagnostik wird vom Arzt für vier verschiedene Aufgabenschwerpunkte eingesetzt [Lehmann97]. Diese einzelnen Bereiche unterscheiden sich wesentlich hinsichtlich der Möglichkeiten, Methoden der Bildverarbeitung in den Bildauswerteprozess zu integrieren. So ist das Wissen über die Art der Erkrankung unterschiedlich stark vorhanden und damit auch die Möglichkeit, gezielt geeignete Modelle in den Bildanalyseprozess zu integrieren. Auch die Häufigkeit des Auftretens bestimmter Fragestellungen variiert, so dass der Aufwand, den man in die Entwicklung von Auswertetools stecken kann, auch unterschiedlich ist. So lohnt es sich für selten wiederkehrende Fragestellungen kaum, umfangreiche angepasste Segmentierungsmethoden zu entwickeln.

Die Einsatzgebiete bildgebender Verfahren in der Medizin lassen sich in folgende Schwerpunkte unterteilen [Lehm97]:

- *Bereich der Diagnostik*

Hier verfügt der Arzt nur über wenig Vorwissen bezüglich der konkreten Erkrankung des untersuchten Patienten, welches er im Verlauf der Anamnese und erster Voruntersuchungen erlangt hat. Werden im Rahmen der Diagnostik bildgebende Verfahren zur Ableitung einer Differentialdiagnose eingesetzt, so ist eine starke Integration des Arztes in den Bildauswerteprozess notwendig, da bei der Suche nach Abnormalitäten noch eine große Flexibilität zugelassen werden muss. Außerdem hängen alle weiteren Diagnoseschritte von dem Ergebnis dieser Bildanalyse ab, so dass in diesem Bereich zumeist nur eine interaktive Bildauswertung sinnvoll einsetzbar ist.

- *Bereich der Therapie- und Verlaufskontrolle*

In diesem Bereich verfügt der Arzt schon über ein vollständiges Vorwissen bezüglich der Erkrankung des Patienten. Häufig liegt bereits ausgewertetes Bildmaterial vor, mit dem die aktuellen Bilddaten verglichen werden sollen. Im Rahmen der Kontrolluntersuchungen besteht die Aufgabe oft darin, eine direkte Messung von krankheitstypischen Veränderungen im Bild eines Patienten zu zwei verschiedenen Zeitpunkten zu ermöglichen. Dies kann zum einen zur Bewertung der Effizienz einer Therapie (z. B. einer Chemotherapie bei einer Krebsbehandlung) dienen oder zum anderen den Fortschritt einer Erkrankung (z. B. Alzheimer Erkrankung) dokumentieren. In jedem Fall werden nur Patienten unter-

sucht, so dass man bei der Entwicklung von Bildverarbeitungsalgorithmen davon ausgehen kann, dass die zu untersuchenden Strukturen immer im Bild vorhanden sind. Weiterhin können in jedem Fall konkrete Angaben zu den gesuchten Strukturen und gleichfalls zu den typischen Merkmalen, die diese Strukturen charakterisieren, gemacht werden. Es ist dadurch leichter möglich, Bildverarbeitungsmethoden zielgerichtet zum Einsatz zu bringen. Diese Tatsache ermöglicht somit eine stärkere Automatisierung der Bildauswertung.

- *Bereich der Vorsorgeuntersuchung*

Der Einsatz der Bildanalyse im Rahmen von Vorsorgeuntersuchungen stellt im Hinblick auf eine erzielbare Zeit- und Kostenersparnis den wichtigsten Bereich dar. Vorteilhaft ist hier, dass immer standardisierte Bildaufnahmetechniken verwendet werden und eine standardisierte Auswertung im Hinblick auf wenige zu untersuchende pathologische Zeichen erfolgen soll. So werden für eine Art der Vorsorgeuntersuchung immer die gleichen bildgebenden Verfahren verwendet und auch die aufgenommenen Regionen sind annähernd identisch. Die Charakteristiken der gesuchten Objekte können vorher genau beschrieben werden. Ein Beispiel hierfür ist die Früherkennung von Mammakarzinomen im Rahmen von Mammographieuntersuchungen. Da es sich um häufig wiederkehrende Aufgaben für den Arzt handelt, ist auch ein höherer Entwicklungsaufwand für entsprechend stark angepasste Bildanalysemethoden vertretbar. Eine Schwierigkeit bei der Auswertung von Bildern im Rahmen einer Vorsorgeuntersuchung kann jedoch im Vergleich zur Therapie- und Verlaufskontrolle darin bestehen, dass neben Bildern mit Erkrankungsanzeichen auch Bilder von Gesunden vorliegen werden. Aufgrund der Vielzahl der Untersuchungen ist bei diesem Aufgabenschwerpunkt davon auszugehen, dass immer ausreichend Bildmaterial vorhanden ist, so dass eine Evaluation der entwickelten Bildanalyseverfahren leichter als in den anderen Einsatzbereichen realisiert werden kann.

- *Bereich der Überwachung interventioneller Maßnahmen*

Dieser Aufgabenschwerpunkt beinhaltet alle Aufgabenstellungen, die mit einer Auswertung der Bilder während einer Behandlung einhergehen. Ein Beispiel hierfür ist z.B. die Lagekontrolle von Operationsinstrumenten im Rahmen einer computerunterstützten Operation. In diesem Bereich ist eine starke Integration des Arztes in den Bildauswerteprozess notwendig, da von dem Ergebnis der Bildanalyse unmittelbar die nächste Entscheidung des Arztes über das weitere Vorgehen abhängt. Aufgrund der Einbindung der Bildauswertung in den Behandlungsprozess werden hohe Anforderungen an die Geschwindigkeit der Auswertung gestellt.

4.3 Zusammenfassung

Aufgrund der Ähnlichkeit der Bildqualität ist bei einigen Verfahren eine ähnliche Vorgehensweise bei der Bildverarbeitung und eine Verwendung ähnlicher Verfahren zu erwarten. So weisen sowohl Ultraschallbilder als auch nuklearmedizinische Aufnahmen ein geringes Signal-Rausch-Verhältnis auf. Beiden ist auch gemein, dass Objekte schlecht abgrenzbar sind und häufig keine geschlossenen Konturen vorliegen. Gemeinsamkeiten gibt es auch zwischen MRT- und CT-Bildern, auch bzgl. der Möglichkeit der Erfassung von 3D-Informationen. Mikroskopbilder und Kamerabilder liegen häufig als Farbbilder vor.

Gleichfalls gibt es einige Probleme, die bei vielen verschiedenen Verfahren die automatische Auswertung behindern. So können verschiedene Strukturen im Bild ähnliche oder sich überlappende Bildintensitäten aufweisen. Weiterhin können variable Bilderzeugungsparameter dazu führen, dass die Bilder sich in Kontrast und absoluter Bildintensität unterscheiden.

Bei vielen Verfahren spielen Rauscheinflüsse eine große Rolle. In Röntgen-, CT-, MR- und nuklearmedizinischen Bildern treten an den Organgrenzen Partialvolumeneffekte auf, die eine Kantenunschärfe und damit eine schlechtere Detektierbarkeit der Strukturgrenzen bewirken. In einigen Fällen wird die Bildqualität auch durch Bewegungseinflüsse vermindert. Außerdem sind nicht alle anatomischen Grenzen auch durch Intensitätsunterschiede gekennzeichnet, was die Erkennung von Organgrenzen gleichfalls erschwert. Schließlich können Empfangsartefakte die Bildqualität negativ beeinflussen, so dass eine korrekte automatische Erfassung der Objektgestalt nur erschwert möglich ist.

Schließlich fließt in die Auswahl der Bildanalyseverfahren neben der Kenntnis über das Bilderzeugungsverfahren auch noch die Kenntnis über das entsprechende Einsatzgebiet mit ein. Letzteres beeinflusst auch sehr stark, inwieweit eine sichere Ableitung von Modellannahmen über die zu segmentierende Struktur möglich ist und wie viel Zeit zur Entwicklung entsprechender Lösungsansätze aufgewendet werden kann.

Die unterschiedlichen Bildgebungsverfahren liefern dem Entwickler von Bildanalysewerkzeugen unterschiedliche Informationen über die zu untersuchende Struktur, die er zur Lösung der gestellten Aufgabe auswerten kann. Da die Auswahl der geeigneten Bildinformationen und deren Ableitung aus dem Bild einen wichtigen Teilschritt im medizinischen Bildanalyseprozess darstellt, soll auf diese Problematik im folgenden Kapitel näher eingegangen werden.

5 Zur Verfügung stehende Bildinformationen

Wie in Abschnitt 2.1. bereits erläutert, erfolgt zu Beginn des Bildanalyseprozesses eine Informationsreduktion ausgehend von allen in den Bilddaten enthaltenen Informationen hin zu den für die Problemlösung relevanten Informationen. Auf Grundlage dieser abgeleiteten Bildmerkmale wird dann im eigentlichen Erkennungsprozess ein Matching mit den zur Bildauswertung benutzten Modellen durchgeführt.

Die zur Bildanalyse verwendete a priori Information kann sehr unterschiedliche Aussagen beinhalten. Sie lässt sich jeweils grob einer der folgenden drei Kategorien zuordnen:

- *Meta-Information*

Diese Kategorie beinhaltet z.B. Kenntnisse über das genutzte Bildaufnahmeverfahren oder Information über die aufgenommene Körperregion. Durch diese Art der Information ist zumeist schon ein grober Anhaltspunkt für die Auswahl der Bildverarbeitungsverfahren gegeben. Außerdem können auf der Grundlage dieser Informationen teilweise bestimmte Anforderungen an den Bildauswerteprozess abgeleitet werden. So kann durch die Information, dass es sich bei den Bilddaten um eine Zeitserie mit einer bestimmten Bildrate pro Sekunde handelt, ermittelt werden, wie viel Zeit für den Erkennungsprozess des interessierenden Objekts in den einzelnen Zeitframes zur Verfügung steht.

- *Information über die Qualität des Abbildungsprozesses*

Diese Informationen beziehen sich auf das gesamte Bild und beinhalten u.a. Aussagen über den globalen Kontrast des Bildes, über das vorliegende Signal-Rausch-Verhältnis (SNR) oder über die Bildauflösung. Anhand dieser Informationen kann die Qualität des Bildes abgeschätzt werden, und es lassen sich erste Rückschlüsse daraus ziehen, ob eine Bildvorverarbeitung zur Verbesserung der Datenqualität notwendig ist oder ob sie entfallen kann. Gleichfalls lässt sich auf Grundlage dieser Informationen eine erste Abschätzung darüber treffen, welche Bildverarbeitungsverfahren prinzipiell einsetzbar sind. So kann z.B. bei Daten mit einem großen Rauschanteil davon ausgegangen werden, dass eine Konturextraktion, die ohne zusätzliches Modellwissen ausschließlich auf den Daten ausgeführt wird, keine befriedigenden Erkennungsergebnisse liefert.

- *Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten*

Diese Art der Information ist die wichtigste von den drei Kategorien. Zu dieser Kategorie gehören u.a. unterschiedliche Informationen über die Grauwerte im Bild, über die Kanten und über die Texturen. Basierend auf dieser Information wird sowohl beim menschlichen Wahrnehmungsvorgang als auch beim computergestützten Segmentierungsvorgang die Trennung zwischen Objekt und Bildhintergrund vorgenommen. Die Auswahl von geeigneten Informationen über die Abgrenzbarkeit der Objekte beeinflusst damit auch wesentlich die Auswahl der Segmentierungsverfahren, da sich nicht alle Arten gleichgut in alle Verfahren integrieren lassen.

Die einzelnen Kategorien sollen im Folgenden näher betrachtet werden.

5.1 Meta-Informationen

Zu den Meta-Informationen zählen u.a. Aussagen über das verwendete Bildaufnahmeverfahren, über die aufgenommene Körperregion, über die Anzahl der Pixel in x-, y- und z-Richtung, über die Bildauflösung sowie Aussagen über die verwendeten Geräteeinstellungen. Diese Meta-Informationen lassen sich zum einen durch Gespräche mit dem Auftraggeber der zu entwickelnden Software gewinnen. Zum anderen ist eine Vielzahl der nützlichen Meta-

Informationen auch mit den Daten abgespeichert, entweder direkt in der Bilddatei als Header oder als zusätzliche Datei. Falls die Daten jedoch nur in einem herstellerspezifischen Format vorliegen, kann es Schwierigkeiten bereiten, diese Informationen wieder auszulesen und sinnvoll zu interpretieren. Keine Probleme sollten auftreten, wenn die Daten im DICOM 3.0 Standard abgespeichert wurden.

Der DICOM 3.0-Standard (**D**igital **I**maging and **C**ommunications in **M**edizin), eine Weiterentwicklung des ACR/NEMA 2.0-Standard, ist heute der am meisten verwendete Standard in der Medizin und ermöglicht einen standardisierten Zugriff auf die Bilddaten und die dazugehörige Bildzusatzinformation. Die Einführung dieses Standards wurde notwendig, da sich in den 70-er Jahren in der Medizin die digitalen Bilderzeugungstechniken und die Nutzung des Computers zur Verarbeitung der Bilder immer weiter verbreiteten. Mit der Standardisierung wurde das Ziel verfolgt, Kompatibilität und eine Verbesserung des Bildaustauschs zwischen den verschiedenen bildgebenden Systemen und anderen Informationssystemen in der Medizin zu erreichen.

Eine einzelne DICOM-Datei besteht aus einem Header, welcher die Bildinformationen enthält, und einem Feld, in welchem die eigentlichen Bilddaten abgelegt sind, aufgebaut. Die Beschreibung der Daten erfolgt im Tag File Format. Die Bedeutung der Tags, die für die einzelnen Bildklassen unterschiedlich sein kann, wird in einem Wörterbuch bereitgestellt. Die einzelnen Tags bestehen dabei aus einer Gruppen- und einer Elementnummer. Tags mit einer geraden Gruppennummer sind Pflicht-Tags. Wahlfreie Tags, die mit einer ungeraden Gruppennummer gekennzeichnet sind, gehören zu sogenannten shadow groups. Sie enthalten herstellerspezifische Zusatzinformationen, die nicht im Wörterbuch zu finden sind. Die Spezifikation und Standardisierung bezieht sich also ausschließlich auf die Standardgruppen. Insgesamt gibt es folgende neun Pflichtgruppen [Dico03]:

- Command: Gerätesteuerung und Kommunikation
- Identifying: Identifikation der Bilddaten
- Patient: Patienteninformation
- Akquisition: Aufnahmegerät und Methode
- Relationships: Kontext der Aufnahme
- Image Representation: Informationen zur Bildwiedergabe
- Text: ASCII-Text
- Overlay: Overlaydaten
- Pixel Data: eigentliche Bilddaten.

Zur computerunterstützten Bildanalyse kann die in den einzelnen Gruppen enthaltene Bildzusatzinformation genutzt werden, da sie z.B. Angaben zur Art der Bildakquisition liefert und aufnahmespezifische Eigenschaften der Bilddaten dokumentiert.

5.2 Informationen über die Abbildungsqualität

Informationen über die Abbildungsqualität liefern Rückschlüsse darüber, wie gut die Qualität eines Bildes ist. Auf Grundlage dieser Informationen können somit auch erste Rückschlüsse auf den Einsatz von Bildverarbeitungsoperationen gezogen werden. Einige der Informationen über die Abbildungsqualität müssen anhand von Berechnungen aus dem Bild ermittelt werden. Ein Beispiel dafür ist die Bestimmung des Signal-Rausch-Verhältnisses (SNR). Wird für

ein Bild ein niedriger Wert für das SNR ermittelt, ist es häufig sinnvoll, vor der Segmentierung eine Glättung des Bildes zur Rauschminderung vorzunehmen. Auch das Vorliegen von Unter- und Überbelichtung im Bild lässt sich anhand von Kenngrößen, welche die Abbildungsqualität beschreiben, feststellen und beheben.

Beispiele für diese Art von Informationen sind einfache statistische Kenngrößen wie der mittlere Grauwert, die Streuung der Grauwerte und Kennwerte aus dem Histogramm. Weiterhin zählen dazu der globale Kontrast und das SNR des Bildes. Neben der Charakterisierung des gesamten Bildes lassen sich mit diesen Kenngrößen jedoch auch einzelne Strukturen im Bild beschreiben. So wird in der Praxis bei der Berechnung des SNR nur der Signalunterschied zwischen der interessierenden Struktur und dem umgebenden Hintergrund betrachtet.

Eine andere Kategorie von Informationen über die Abbildungsqualität lässt sich aus dem Header der Datei ermitteln. Dazu gehören z.B. die Größe der Pixel und die Schichtdicke bei 3D-Datensätzen. Anhand dieser Größenangaben lässt sich die Ortsauflösung in x-, y- und z-Richtung bestimmen und die zu erwartende Größe der interessierenden Strukturen ableiten. Weiterhin wird die Pixelgröße zur Distanz-, Flächen- und Volumenbestimmung genutzt und ist auch für die Visualisierung relevant, z. B. zur maßstabsgerechten 3D-Darstellung der Bildobjekte.

Da die Ableitung von Informationen aus der Datei schon im Zusammenhang mit der Ermittlung von Meta-Information betrachtet wurde, soll in den folgenden Abschnitten nur noch auf die Ableitung der Informationen über die Abbildungsqualität aus den Bilddaten selbst eingegangen werden. In diesem Zusammenhang werden exemplarisch die Bestimmung einfacher statistischer Kenngrößen, die Berechnung des Kontrasts und die Ermittlung des SNR besprochen.

5.2.1 Einfache statistische Kenngrößen zur Bildbeschreibung

Einfache statistische Kenngrößen spielen bei allen vier betrachteten Zielstellungen der Bildanalyse eine Rolle. So lassen sich der mittlere Grauwert eines Objektes zur Bestimmung des Homogenitätskriteriums beim Region growing (siehe Abschnitt 7.2.2) und Informationen über die Verteilung der Grauwerte im Bild zur Bestimmung des optimalen Schwellenwertes bei Schwellenwertverfahren (siehe Abschnitt 7.2.1) zur Segmentierung heranziehen.

Auch die Hervorhebung interessierender Details im Bild bei der Darstellung kann durch einfache statistische Kenngrößen gesteuert werden. Allgemein besteht dort das Problem, dass die meisten bildgebenden Verfahren zur Speicherung der Bildinformation 4096 unterschiedliche Grauwerte (12 bit) verwenden. Bei der Anzeige auf dem Monitor können jedoch nur 256 Grauwerte dargestellt werden. Deshalb ist eine Reduktion der Grauwertanzahl zur Bildanzeige erforderlich. In der Praxis wird jedoch keine vollständige Skalierung des gesamten Grauwertbereiches vorgenommen, sondern es erfolgt nur eine stückweise lineare Skalierung. Bei dieser sogenannten „Fensterung“ hat der Benutzer die Möglichkeit, sich einen bestimmten Grauwertbereich auszuwählen, den er kontrastreich dargestellt haben will. Die Auswahl erfolgt über die Einstellung des gewünschten mittleren Grauwertes (Level) und einer davon zugelassenen Abweichung der Grauwerte nach unten und oben (Window). In Abb. 5.1 ist ein Beispiel für die Darstellung unterschiedlicher Information in einem CT-Bild durch Wahl unterschiedlicher Grauwertfenster zu sehen.

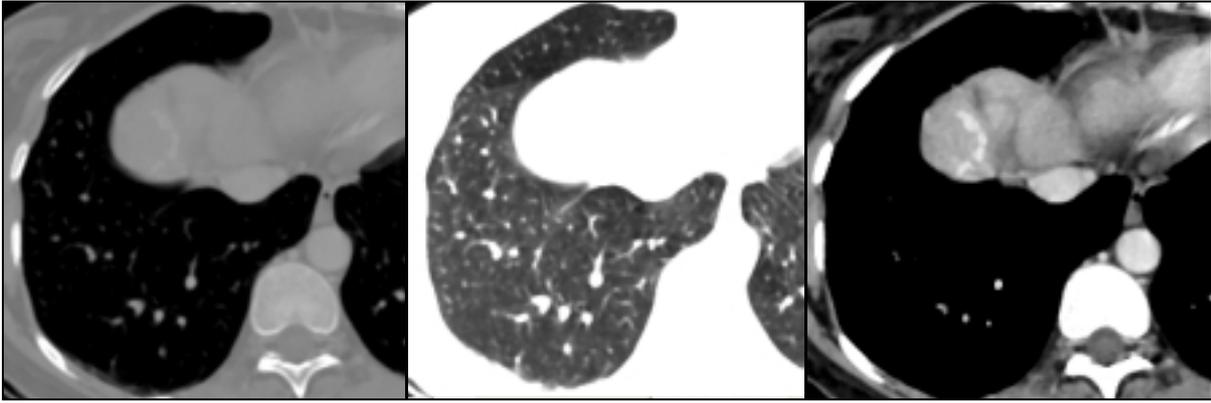


Abb. 5.1: Darstellung des Ausschnitts aus einem CT-Bild der Lunge mit verschiedenen Fensterungen, links: Darstellung der vollständigen Bildinformation, Mitte: Fensterung der Lunge, rechts: Fensterung zur Darstellung der Herzregion

Schließlich können einfache statistische Kenngrößen auch als Merkmale bei der automatischen Diagnosefindung benutzt werden. Im Folgenden sollen die wichtigsten Kenngrößen kurz beschrieben werden.

Eine einfache statistische Kenngröße zur Charakterisierung von Bildern oder Objekten ist der mittlere Grauwert, der sich für ein einkanaliges Bild B mit M Zeilen und N Spalten wie folgt berechnet:

$$m = \frac{1}{MN} \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} B(x, y) \quad (5.1)$$

Die Streuung der Grauwerte im Bild um den Mittelwert ist eine weitere charakteristische Größe, welche auch Aussagen über den Kontrast zulässt:

$$S = \sqrt{\frac{1}{MN} \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} [B(x,y) - m]^2} \quad (5.2)$$

Daneben lassen sich auch der minimale Grauwert, der maximale Grauwert und der Medianwert zur Charakterisierung des Bildes heranziehen.

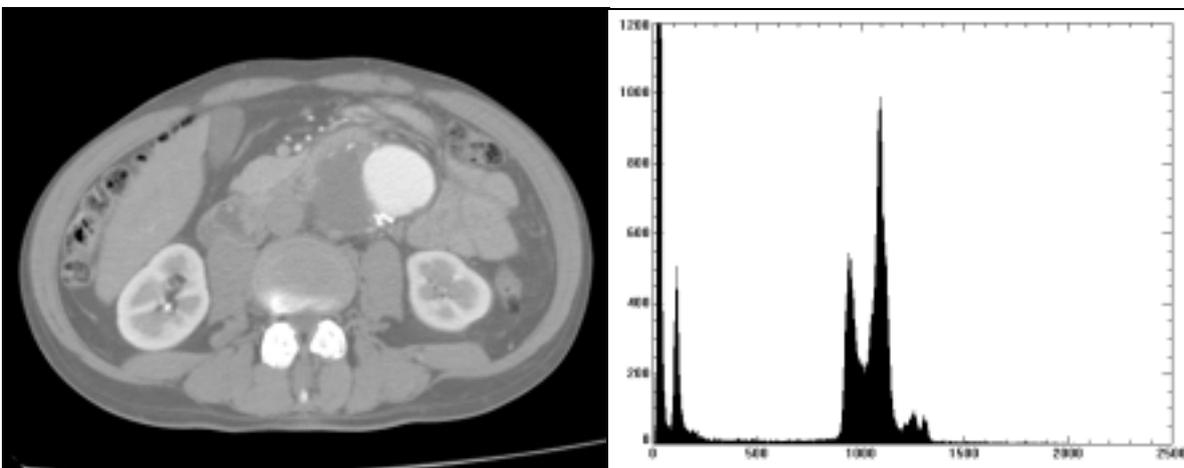


Abb. 5.2: CT-Bild vom Abdomen (links) und zugehöriges Histogramm (rechts)

Während die bisher genannten Kenngrößen einfache Maßzahlen zur Charakterisierung des Bildes sind, lässt sich aus dem Histogramm h eine Aussage über die Verteilung der Grauwerte ableiten. Es berechnet sich nach:

$$h(g) = \frac{a_g}{MN}, \quad g = 0, \dots, g_{max}, \quad (5.3)$$

wobei a_g die Häufigkeit eines Grauwertes g im Bild ist. In Abb. 5.2 ist als ein Beispiel ein Histogramm von einem CT-Bild zu sehen. Die Berechnung des Histogramms ist jedoch nicht auf einkanalige Bilder beschränkt. So werden zur Analyse von MRT-Sequenzen auch häufig mehrdimensionale Histogramme eingesetzt, welche Aussagen über die Häufigkeit von bestimmten Grauwertkombinationen a_{g_0, g_1, \dots, g_n} zulassen. Sie werden definiert als:

$$h(g_0, g_1, \dots, g_n) = \frac{a_{g_0, g_1, \dots, g_n}}{MN}. \quad (5.4)$$

Aus diesen mehrdimensionalen Histogrammen können unter anderem Aussagen über die Korrelation zwischen den verschiedenen aufgenommenen Sequenzen abgeleitet werden. Befinden sich die Belegungen des Histogramms hauptsächlich im Bereich der Hauptdiagonalen, so sind die Daten stark korreliert. In Abb. 5.3 ist ein Beispiel für ein zweidimensionales Histogramm eines T_1 -gewichteten und eines Protonendichte-MRT-Bildes zu sehen. Die einzelnen relativen Häufigkeiten wurden als Grauwerte kodiert. Das dargestellte 2D-Histogramm zeigt deutliche Häufungen für die Hintergrundregion und für den Bereich der weißen Substanz.

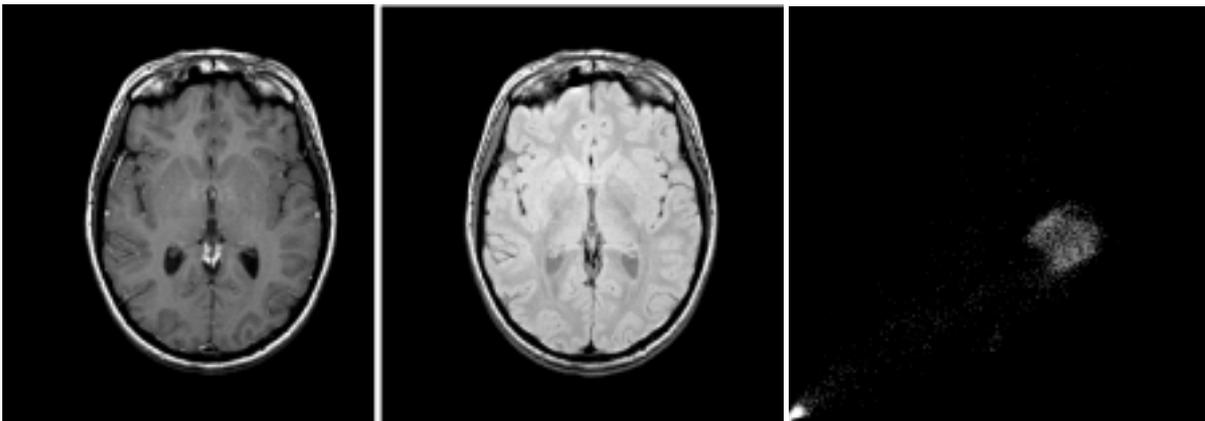


Abb. 5.3: T_1 -gewichtetes MRT-Bild des Gehirns (links) und korrespondierendes PD-MR-Bild (Mitte) sowie daraus erzeugtes 2D-Histogramm

Für Objekte oder Bildbereiche kann es zur Charakterisierung der Grauwertverteilung außerdem noch hilfreich sein, zentrale Momente n -ter Ordnung aus dem Histogramm abzuleiten:

$$M_n = \sum_{g=g_{min}}^{g_{max}} (g - m)^n h(g). \quad (5.5)$$

Das erste Moment M_1 entspricht dabei dem Mittelwert und das zweite Moment M_2 der Varianz im Bild. Das dritte Moment M_3 , das als Schiefe des Histogramms bezeichnet wird, charakterisiert die Asymmetrie der Verteilung. Der Wert für die Schiefe gibt an, ob die Abweichung der Histogrammverteilung von der Gauß'schen Normalform nach rechts oder links erfolgt (siehe Abb. 5.4). Ein wichtiges Schiefemaß, welches das dritte Moment in dimensionsloser Form benutzt, berechnet sich als:

$$M_3' = \frac{M_3}{(\sqrt{M_2})^3}. \quad (5.6)$$

Bei diesem Maß ergibt sich eine positive Schiefe für nach links geneigte Verteilungen und eine negative Schiefe für nach rechts geneigte Histogramme. Schließlich wird auch noch das Moment vierter Ordnung, welches als Exzess bezeichnet wird, zur Charakterisierung der Grauwertverteilung eines Objekts oder Bildbereichs herangezogen. In dimensionsloser Form ergibt sich der Exzess entsprechend folgender Gleichung:

$$M_4' = \frac{M_4}{M_2^2} - 3. \quad (5.7)$$

Der berechnete Wert zeigt an, wie weit die betrachtete Verteilung von der Gauß'schen Normalform, für die sich ein Exzesswert von 0 ergibt, nach oben bzw. unten abweicht (siehe Abb. 5.4).

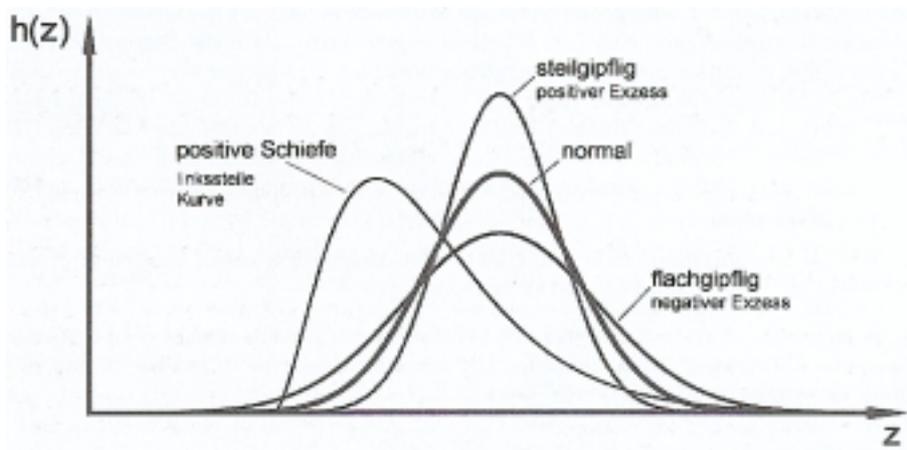


Abb. 5.4: Histogrammformen, Gauß'sche Normalverteilung (fett), $M_3' > 0$ positive Schiefe (linkssteile Kurve), $M_4' > 0$ positiver Exzess (steilgipflig) und $M_4' < 0$ negativer Exzess (flachgipflig), aus [Abma94]

5.2.2 Information über den Bildkontrast

Eine weitere wichtige Kenngröße zur Charakterisierung medizinischer Bilder ist der Bildkontrast. Dieser hängt vor allem von den hellen und dunklen Bereichen im Bild ab. Eine einfache Definition des Kontrasts basiert auf der Anwendung der Gleichung

$$K = \frac{g_{\max} - g_{\min}}{g_{\max} + g_{\min}}, \quad (5.8)$$

wobei g_{\max} der maximale und g_{\min} der minimale Grauwert des Bildes ist. Bei der Berechnung des Kontrasts nach obiger Formel kann jedoch ein einzelner gestörter Bildpunkt den ermittelten Wert für den Kontrast beeinflussen. Um einen realistischeren Wert für den Kontrast zu berechnen, muss neben der Tatsache des Vorhandenseins von hellen und dunklen Bildelementen auch die Entfernung zwischen diesen Elementen berücksichtigt werden. Dies kann man erreichen, indem die Standardabweichung des Bildes zur Beschreibung des globalen Kontrasts herangezogen wird.

Eine weitere Möglichkeit, bei der Kontrastberechnung die lokale Anordnung der Grauwerte zu berücksichtigen, ist die Bestimmung des Kontrastwertes auf Grundlage der Co-occurrence-Matrix (siehe Abschnitt 5.3.2.1). In der Matrix werden die Beziehungen zwischen zwei in einer festgelegten Relation miteinander benachbarten Bildpunkten erfasst. Bei dieser Art der Kontrastberechnung wird berücksichtigt, dass Werte auf und nahe der Hauptdiagonalen (d.h. wo die benachbarten Bildpunkte gleiche oder ähnliche Grauwerte aufweisen) homogene Gebiete charakterisieren, die somit keinen oder nur einen geringen lokalen Kontrast im Bild hervorrufen. Werte in der Co-occurrence-Matrix, die weiter entfernt von der Hauptdiagonalen angeordnet sind, stehen für starke Grauwertsprünge im Bild und somit für Bereiche mit einem hohen lokalen Kontrast. Wenn man diese Tatsache in der Wichtung der einzelnen Werte der Co-occurrence-Matrix berücksichtigt, ergibt sich die folgende Gleichung für die Berechnung des Kontrasts eines Bildes oder Bildausschnitts:

$$K = \frac{1}{l \cdot (l-1)} \sum_{i=0}^{g_{\max}} \sum_{j=0}^{g_{\max}} C_{ij} \cdot (1 + (i-j)^2) - 1, \quad (5.9)$$

mit l als Anzahl der möglichen Vergleiche, i und j als Koordinaten und C_{ij} als Häufigkeit des Auftretens der Grauwertkombination in der Co-occurrence-Matrix.

5.2.3 Information über das Signal-Rausch-Verhältnis

Es gibt viele Eigenschaften, welche die Leistungsfähigkeit eines digitalen medizinischen Bildaufnahmesystems charakterisieren, z. B. die Ortsauflösung des Bildes, die Linearität der Signalantwort und die Rauscheigenschaften. Da sich die Signalempfindlichkeit und die Eigenschaften des Bildrauschens gegenseitig beeinflussen, ist das Signal-Rausch-Verhältnis (SNR) eine der wichtigsten Größen zur Charakterisierung der Qualität der aufgenommenen Bilddaten und von entscheidender Bedeutung für die Objekterkennung [Beut00].

Objekte im Bild können nämlich nur erkannt werden, wenn das Signal größer ist als das vorkommende Rauschen. Ist das Rauschen größer als das Signal, so werden auch bei guter Ortsauflösung und gutem Kontrast hauptsächlich Störeinflüsse erkannt und nicht die Strukturen, die man eigentlich erkennen will.

Betrachtet man ein gesamtes Bild, so ergibt sich dafür ein maximales SNR von:

$$SNR = \frac{S}{\sigma} = \frac{N}{\sqrt{N}} = \sqrt{N}, \quad (5.10)$$

wobei N die Anzahl der detektierten Photonen und σ die stochastische Signalschwankung ist. In diesem Fall wird außerdem von einer Poisson-Verteilung der ausgesandten Photonen ausgegangen. Für die Abschätzung, welche Segmentierungsverfahren für die Objektdetektion eingesetzt werden können, ist jedoch im Allgemeinen nicht das SNR des gesamten Bildes interessant, sondern das Differenz-SNR. Dieses nutzt zur Bestimmung die Differenz zwischen dem Signal im Bereich des interessierenden Objekts relativ zu dem Signal im Bereich des benachbarten Hintergrunds (Abb. 5.5). Die Berechnung erfolgt dann nach folgender Gleichung:

$$SNR_{Diff} = \frac{\Delta S}{\sigma} = \frac{KS}{\sigma} = \frac{KN}{\sqrt{N}} = K\sqrt{N}, \quad (5.11)$$

wobei K den Kontrast $\Delta S/S$ angibt.

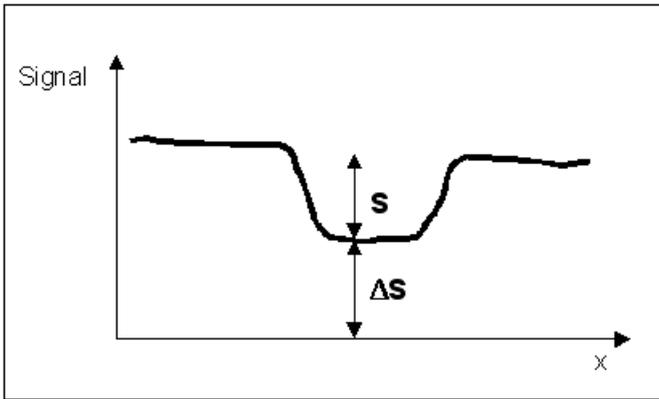


Abb. 5.5: Ermittlung der Größen zur Berechnung des SNR

Für die Messung des SNR gibt es in der Praxis verschiedene Tatsachen, die berücksichtigt werden müssen:

- Es wird angenommen, dass der Signalunterschied ΔS klein ist, verglichen mit dem Signal S , so dass das Rauschen in der Nähe des interessierenden Objekts nur wenig von der Helligkeitsvariation über dem Objekt beeinflusst wird.
- Die zur Messung der Standardabweichung genutzte interessierende Region (ROI) muss eine ausreichende Größe besitzen (typischerweise mehr als 2 cm x 2 cm), so dass der zugehörige Mittelwert zuverlässig bestimmt werden kann und alle interessierenden Ortsfrequenzen in der Messung des Rauschens auch enthalten sind.
- Der Hintergrund muss soweit wie möglich frei von Shading-Einflüssen sein.

5.3 Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten

Wenn es in der medizinischen Bildanalyse um Fragestellungen geht, die auf eine Segmentierung von Objekten abzielen, dann stellen die Informationen zur Abgrenzbarkeit von Objekten die wichtigste Kategorie von nutzbaren Informationen dar. Anhand dieser Informationen kann geschlussfolgert werden, welches Segmentierungsverfahren erfolgreich einsetzbar ist. Eine wichtige Gruppe sind in diesem Kontext die Grauwertinformationen über das Objekt und über seine Umgebung. Die Ableitung derartiger Informationen wurde jedoch schon im vorangegangenen Abschnitt im Zusammenhang mit der Charakterisierung der Bildqualität ausführlich erläutert, so dass hier darauf verzichtet werden kann. Neben den Grauwertinformationen können auch Informationen über die Kanten im Bild und über die Textur der Objekte zur Charakterisierung der Objektbegrenzungen genutzt werden. Diese sollen im Folgenden näher betrachtet werden.

5.3.1 Information über die Kanten im Bild

Wie in Abschnitt 2.1 bei der Beschreibung der Gestaltgesetze bereits erläutert wurde, geht der Mensch in seiner Wahrnehmung bei der Objekterkennung davon aus, dass ein Objekt von einer Kontur umgeben ist, die es vom Hintergrund trennt. Im Bereich der Kontur ergibt sich somit eine mehr oder minder starke Änderung in der Bildfunktion. Diese Diskontinuitäten werden in der Bildverarbeitung als Kanten bezeichnet, wobei man zwischen Grauwert-, Farb- und Texturkanten unterscheidet. Die Informationen über die Kanten können zur Segmentie-

ung herangezogen werden. Die Charakterisierung einer Kante erfolgt anhand ihres Gradienten. Der Grauwertgradient ergibt sich als Vektor der ersten Ableitung des Bildes an der betrachteten Position in x- und in y-Richtung:

$$\text{grad}(B(x, y)) = \begin{bmatrix} B'_x(x, y) \\ B'_y(x, y) \end{bmatrix} \text{ mit} \quad (5.12)$$

$$B'_x(x, y) = \frac{\partial B(x, y)}{\partial x} \text{ und } B'_y(x, y) = \frac{\partial B(x, y)}{\partial y}. \quad (5.13)$$

In den diskreten Bildfunktionen werden die Ableitungen über Differenzgleichungen beschrieben. Für die beiden Ableitungen ergibt sich damit folgende Berechnungsvorschrift:

$$\frac{\partial B(x, y)}{\partial x} \approx \Delta_x B(x, y) = \frac{B(x, y) - B(x - \Delta x, y)}{\Delta x} \quad (5.14)$$

und

$$\frac{\partial B(x, y)}{\partial y} \approx \Delta_y B(x, y) = \frac{B(x, y) - B(x, y - \Delta y)}{\Delta y}. \quad (5.15)$$

Mit $\Delta x = 1$ und $\Delta y = 1$ vereinfacht sich die Berechnung zu

$$\Delta_x B(x, y) = B(x, y) - B(x - 1, y) \quad (5.16)$$

und

$$\Delta_y B(x, y) = B(x, y) - B(x, y - 1). \quad (5.17)$$

Die Stärke des Anstieges an einem Punkt lässt sich über den Betrag des Gradienten bestimmen:

$$|\text{grad}(B(x, y))| = \sqrt{(\Delta_x B(x, y))^2 + (\Delta_y B(x, y))^2}. \quad (5.18)$$

Die Richtung der Kante wird über den Winkel φ zwischen dem Gradientenvektor und der x-Achse beschrieben:

$$\varphi(x, y) = \arctan \frac{\Delta_y B(x, y)}{\Delta_x B(x, y)}. \quad (5.19)$$

Die Berechnung der Gradientenapproximation erfolgt durch Faltung des Bildes mit entsprechenden Masken. Die einfachste Form der Gradientenbestimmung kann mit den folgenden beiden Differenzenoperatoren erfolgen:

$$D_x = [-1 \ 1] \text{ und } D_y = \begin{bmatrix} -1 \\ 1 \end{bmatrix}. \quad (5.20)$$

Alternativ kann die Berechnung auch mit den folgenden symmetrischen Differenzenoperatoren

$$SD_x = [-1 \ 0 \ 1] \text{ und } SD_y = \begin{bmatrix} -1 \\ 0 \\ 1 \end{bmatrix}. \quad (5.21)$$

durchgeführt werden. In der Praxis wird aufgrund des Rauschanteils in den medizinischen Bilddaten die Gradientenapproximation jedoch zumeist mit dem Prewitt- oder Sobel-Operator durchgeführt. Bei diesen beiden Operatoren ist die Differenzbildung mit einer Rauschunterdrückung kombiniert. Bei ersterem erfolgt senkrecht zur Ableitungsbildung eine Mittelwertfilterung und bei letzterem eine Binomialfilterung. Die Faltungsmasken für die beiden Operatoren sehen dann wie folgt aus:

$$\text{Prewitt-Operator: } P_x = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \text{ und } P_y = \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}, \quad (5.22)$$

$$\text{Sobel-Operator: } S_x = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -2 & 0 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \text{ und } S_y = \begin{bmatrix} -1 & -2 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix}. \quad (5.23)$$

Neben der Berechnung des Gradientenbetrages kann eine richtungsunabhängige Kantenbetonung auch durch die folgende Kombination von richtungsabhängigen Einzelberechnungen erfolgen:

$$S = \max\{|S_x|, |S_y|, |S_{xy}|, |S_{yx}|\} \quad (5.24)$$

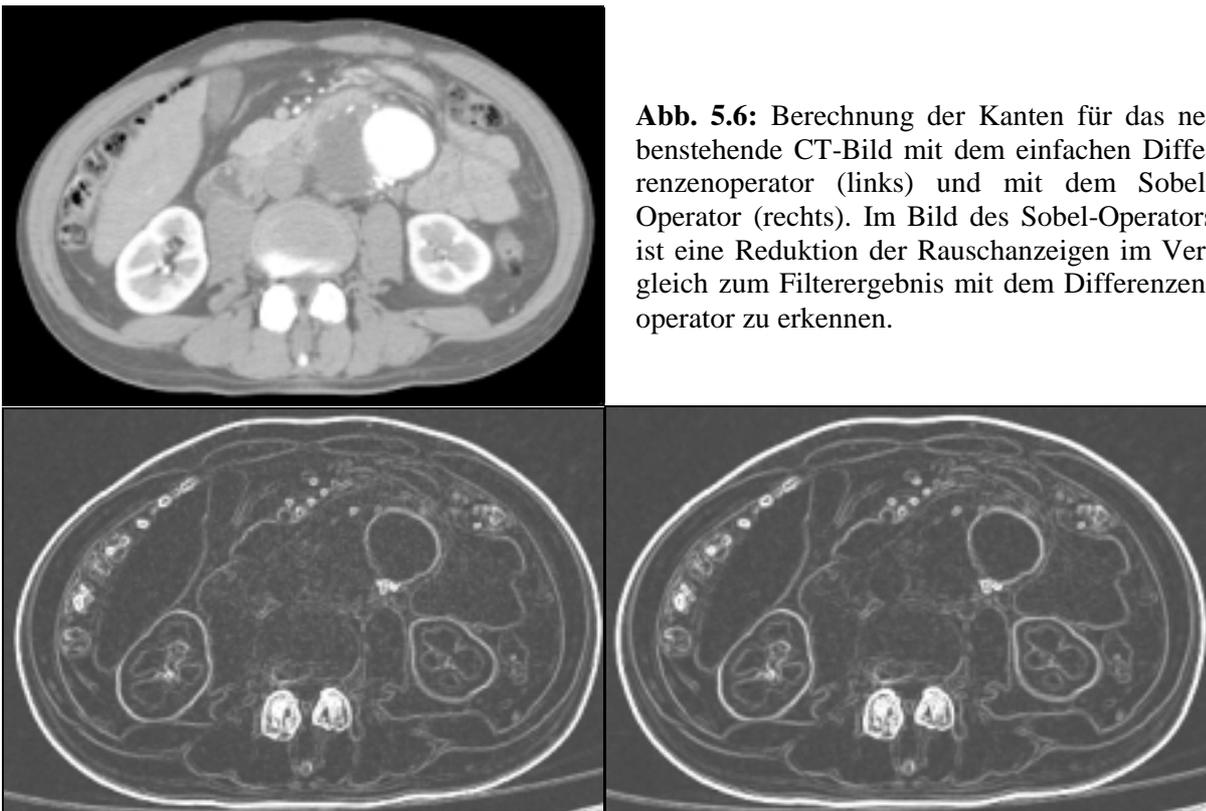


Abb. 5.6: Berechnung der Kanten für das nebenstehende CT-Bild mit dem einfachen Differenzenoperator (links) und mit dem Sobel-Operator (rechts). Im Bild des Sobel-Operators ist eine Reduktion der Rauschanzeigen im Vergleich zum Filterergebnis mit dem Differenzenoperator zu erkennen.

In Abb. 5.6 ist ein Beispiel für die Berechnung der Kanten in einem CT-Bild zu sehen, wobei zum einen ein einfacher Differenzenoperator und zum anderen der Sobel-Operator verwendet wurde. Bei dem Vergleich wird deutlich, dass durch die Glättung beim Sobel-Operator sowohl eine Reduktion der Fehlanzeigen als auch gleichzeitig eine Verbreiterung der Kanten auftritt.

Neben der Nutzung von Differenzenoperatoren zur Kantenerkennung werden auch Filter verwendet, welche die zweite Ableitung approximieren. Diese haben den Vorteil, dass man zur Bestimmung der Kantenposition nur nach einem Nulldurchgang bzw. einem Vorzeichenwechsel im gefilterten Bild und nicht nach einem Maximum bzw. Minimum suchen muss. Die Ableitung zweiter Ordnung ergibt sich durch eine zweimalige Ableitung erster Ordnung. Für die x-Richtung ergibt sich somit die Approximation der zweiten Ableitung für eine diskrete Bildfunktion wie folgt:

$$\begin{aligned} \frac{\Delta_x^2 B(x, y)}{\Delta x} &= \Delta_x B(x+1, y) - \Delta_x B(x, y) \\ &= (B(x+1, y) - B(x, y)) - (B(x, y) - B(x-1, y)) \\ &= B(x+1, y) - 2 \cdot B(x, y) + B(x-1, y) \end{aligned} \quad (5.25)$$

Die gleiche Vorgehensweise gilt auch für die y-Richtung. Somit ergeben sich folgende eindimensionale Faltungsmatrizen:

$$L_H = [1 \ -2 \ 1] \text{ und } L_V = \begin{bmatrix} 1 \\ -2 \\ 1 \end{bmatrix}. \quad (5.26)$$

Die Summe der beiden partiellen Ableitungen wird als Laplace-Operator bezeichnet. Je nachdem, ob nur die direkten oder alle Nachbarn berücksichtigt werden, ergeben sich dann folgende Faltungsmasken:

$$L_4 = \begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 4 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix} \text{ bzw. } L_8 = \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ -1 & 8 & -1 \\ -1 & -1 & -1 \end{bmatrix}. \quad (5.27)$$

Ein Vorteil der zweiten Maske ist, dass sie bessere Eigenschaften bezüglich Rotationsinvarianz besitzt. Ein Nachteil des Laplace-Filters ist seine sehr hohe Empfindlichkeit gegenüber Bildrauschen. Dadurch ist es bei medizinischen Bildern zumeist erforderlich, vor der Filterung eine Glättung des Bildes zur Rauschreduktion vorzunehmen. In Abb. 5.7 ist ein Beispiel für das Ergebnis einer Laplace-Filterung zu sehen. Im Bereich der Kanten sind deutlich die mit einer Kante korrespondierenden minimalen und maximalen Extrema zu erkennen.

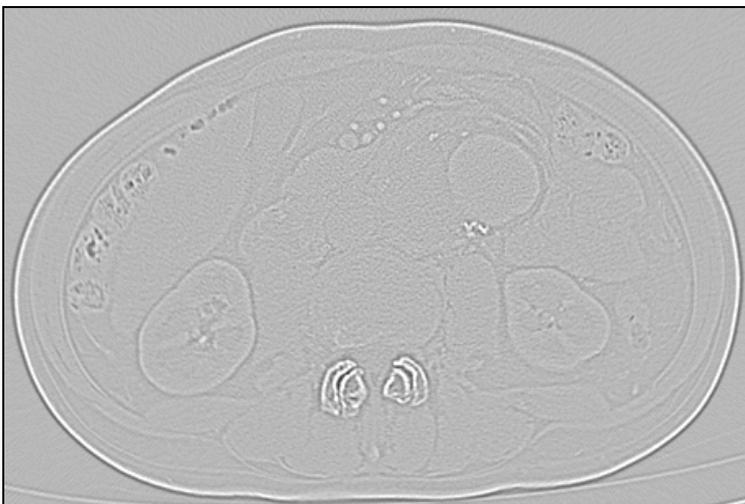


Abb. 5.7: Ergebnis der Laplace-Filterung mit der Maske L_4 für das CT-Bild von Abb. 5.6

5.3.2 Information über die Objekttextur

In medizinischen Bildern werden bei deren Betrachtung die anatomischen Strukturen zumeist nicht ausschließlich aufgrund der Grauwertkontraste unterschieden. Vielmehr spielt hier auch die Strukturierung der Grauwerte innerhalb der Objekte eine große Rolle. Solche periodisch wiederkehrenden Variationen von Grauwerten und Teilmustern werden in der Bildverarbeitung als Textur bezeichnet. Bei der systematischen Untersuchung der Wahrnehmung von Texturen [Rao93] wurde festgestellt, dass drei wesentliche Eigenschaften die Unterscheidung von Texturen beeinflussen: die Gerichtetheit, die Periodizität und die Komplexität. In frühen Arbeiten zur Texturdifferenzierung konnte gezeigt werden, dass Unterschiede in der Statistik zweiter Ordnung wesentlich für die spontane Differenzierung zwischen verschiedenen Texturen sind ([Jule75], [Jule81]). Heute werden im Bereich der Bildverarbeitung zwei verschiedenen Texturanalyseansätze unterschieden.

Syntaktische bzw. strukturelle Verfahren werden immer da eingesetzt, wo sich Texturen als eine Komposition aus Texturprimitiven, den sogenannten Texeln, betrachten lassen. Die jeweiligen Texel weisen dabei spezielle invariante Bildeigenschaften, wie z.B. eine typische Form oder einen bestimmten Grauwert, auf. Die Analyse derartiger Texturen erfolgt über eine funktionale Beschreibung der Anordnungsregeln. Solche Texturen treten in medizinischen Bildern jedoch nicht auf. Hier weisen die Objekte zumeist nur schwach ausgeprägte, zufällig variierende Strukturierungen auf. Deshalb werden ausschließlich statistische Ansätze zur Texturanalyse eingesetzt.

Bei diesen Ansätzen wird von einer signaltheoretisch motivierten Texturdefinition ausgegangen. Diese besagt, dass ein endlicher Signalausschnitt dann als homogen texturiert bezeichnet werden kann, wenn sich geeignete statistische Parameter oder Merkmale in lokalen Fenstern berechnen lassen, die über den gesamten betrachteten Bildbereich konstant oder nur langsam veränderlich sind bzw. zumindest den gleichen Verteilungsgesetzen genügen [Mest89]. Ein Vorteil des statistischen Texturanalyseansatzes ist, dass er auf beliebige Bildmuster anwendbar ist und sich somit allgemein zur Beschreibung von Strukturen in medizinischen Bildern eignet. Eingesetzt werden die statistischen Texturanalysemethoden zum einen im Bereich der Segmentierung und zum anderen im Bereich der Diagnosefindung, speziell bei der Gewebeklassifizierung.

Bei der Nutzung von Texturmerkmalen zur Segmentierung hat man jedoch zumeist das Problem, dass die einzelnen Merkmale für jeden Bildpunkt in lokalen Fenstern berechnet werden müssen. Dadurch treten häufig Ungenauigkeiten bei der Segmentierung in den Bereichen auf, bei denen zwei verschiedene Texturen in einem Berechnungsfenster vorliegen. Die Größe des Unsicherheitsbereiches korrespondiert dabei mit der gewählten Fenstergröße. Im Folgenden sollen einige wichtige Techniken der statistischen Texturanalyse, die in der medizinischen Bildverarbeitung zum Einsatz kommen, näher betrachtet werden.

5.3.2.1 Information über Nachbarschaftszusammenhänge zwischen Pixeln

Ein weit verbreiteter Ansatz bei der Texturanalyse basiert auf der statistischen Analyse des Auftretens von bestimmten Grauwertkombinationen von Pixeln, die in einer definierten Nachbarschaft betrachtet werden. Basierend auf diesen sogenannten Co-occurrence-Matrizen lässt sich anschließend eine Vielzahl von verschiedenen Texturparametern, die sogenannten Haralick'schen Texturmerkmale, berechnen.

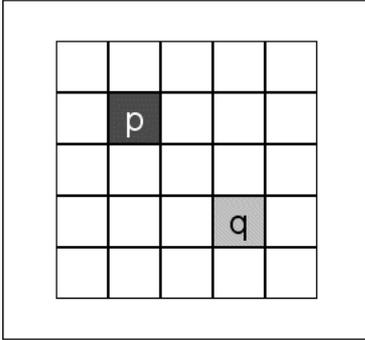


Abb. 5.8: Relation übernächster rechts-diagonaler Nachbar in der Anordnung von 45° für die Berechnung einer Co-occurrence-Matrix

Zur Bestimmung der Co-occurrence-Matrizen, die auch als Grauwertübergangsmatrizen bezeichnet werden, benötigt man die Angabe einer Relation δ , die beschreibt, welches Pixel-paar (p_i, q_j) in dem konkreten Fall betrachtet werden soll. Diese Relation zwischen den Pixeln lässt sich als Vektor in der Form $\delta = (\Delta x, \Delta y)$ oder in Polarkoordinaten mit Hilfe des Abstands a und eines Winkel φ über den Vektor $\delta = (a, \varphi)$ beschreiben. In Abb. 5.8 ist ein Beispiel für die Relation übernächster rechts-diagonaler Nachbar in der Anordnung von 45° angegeben. Aus Gründen der Vereinfachung bleibt bei den Betrachtungen des Nachbarschaftszusammenhangs die Richtung des Grauwertübergangs unberücksichtigt, so dass die entstehenden Co-occurrence-Matrizen symmetrische Eigenschaften aufweisen. Um eine Co-occurrence-Matrix für eine Bildregion aufzustellen, wird die gesamte Region vollständig durchlaufen, und die Häufigkeit der jeweils auftretenden Grauwertkombination p_δ für die betrachtete Relation wird in der entsprechenden Matrix C_δ gespeichert:

$$C_\delta = \begin{bmatrix} p_\delta(0,0) & p_\delta(1,0) & \dots & p_\delta(g-1,0) \\ p_\delta(0,1) & p_\delta(1,1) & \dots & p_\delta(g-1,1) \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ p_\delta(0, g-1) & p_\delta(1, g-1) & \dots & p_\delta(g-1, g-1) \end{bmatrix}. \quad (5.28)$$

Zur Normalisierung der Co-occurrence-Matrizen wird die jeweils ermittelte Häufigkeit für eine Grauwertkombination durch die Anzahl aller betrachteten Grauwertkombinationen geteilt. Dadurch liegen alle Werte im Bereich zwischen 0 und 1. Treten Werte größer Null hauptsächlich im Bereich der Hauptdiagonalen der Matrix auf, zeigt dies an, dass sich innerhalb der Bildregion große homogene Bereiche befinden, da zwischen den Pixeln der betrachteten Relation nur geringfügige Grauwertänderungen auftreten. In Abb. 5.9 sind zwei unterschiedliche Co-occurrence-Matrizen für ein CT-Bild des Kopfes zu sehen, wobei die Häufigkeit über den Grauwert kodiert wurde.

Basierend auf der Co-occurrence-Matrix lassen sich 14 verschiedene Texturparameter berechnen, die auch als Haralick'sche Texturmaße bezeichnet werden [Hara73]. Die einzelnen Berechnungsvorschriften sind in [Hand00] angegeben. Da die Ermittlung der Co-occurrence-Matrizen sehr rechenzeitaufwendig ist, werden in der Literatur ([Arge90], [Lee92]) zahlreiche Optimierungstechniken zur Beschleunigung der Berechnung diskutiert.

Neben der vollständigen Berechnung der Co-occurrence-Matrix wird in der Praxis zur Beschreibung der Abhängigkeit von Pixelgrauwerten bei bestimmten Relationen auch das lokale Summen- bzw. Differenzhistogramm verwendet.

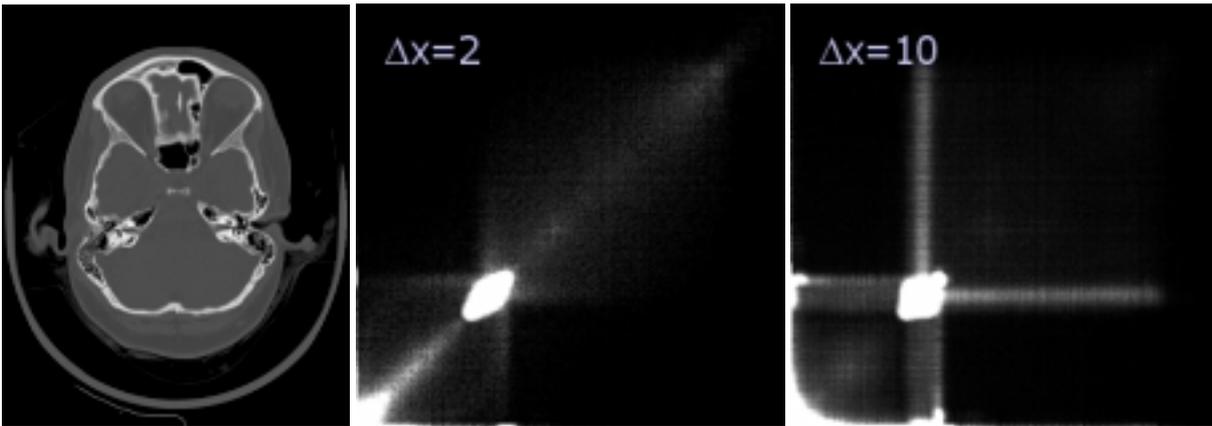


Abb. 5.9: Co-occurrence-Matrizen für das CT-Bild des Kopfes (links) in der Relation $\delta=(2,0)$ (Mitte) und $\delta=(10,0)$ (rechts). Da die Korrelation zwischen den betrachteten Bildpunkten bei der Relation des übernächsten Nachbarn größer ist als bei der Relation zehnter, waagerechter Bildpunkt, befinden sich in diesem Fall auch mehr Anzeigen auf der Hauptdiagonalen.

5.3.2.2 Information über die Bildentropie

Die Entropie stellt ein Maß für den mittleren Informationsgehalt eines Bildes oder Bildausschnittes dar. Sie berechnet sich nach folgender Gleichung:

$$H = - \sum_{g=0}^{g_{\max}} h(g) \cdot \log_2 h(g), \quad (5.29)$$

wobei $h(g)$ die relative Häufigkeit des jeweiligen Grauwertes im Bild angibt.

Für eine Gleichverteilung kann H den Maximalwert $\log_2 h(g)$ annehmen. Dadurch ergibt sich für eine Anzahl von 2^k Grauwerten im Bild der Entropiewert k . In diesem Fall benötigt man zur Kodierung des Grauwertes pro Bildpunkt k Bits. Zur Texturanalyse erfolgt die Berechnung des Entropiewertes in kleinen Bildfenstern.

5.3.2.3 Eigenschaften aus dem Leistungsdichtespektrum

Eine weitere Möglichkeit zur Ableitung von Texturmerkmalen stellt die Auswertung des Leistungsdichtespektrums der Fourier-Transformierten eines Bildes oder Bildausschnittes dar.

Bei der bisher betrachteten Repräsentation der Bilder im Ortsbereich kann jeder Position im Bild ein Intensitätswert zugeordnet werden. In dieser Darstellung lassen sich örtlich begrenzte Eigenschaften, wie z.B. die Lage von Kanten im Bild durch Auswertung der Gradienteninformation, relativ leicht charakterisieren. Will man jedoch Eigenschaften beschreiben, die sich auf das gesamte Bild auswirken, wie z.B. das Rauschen, so ist dies anhand der Repräsentation des Bildes im Ortsbereich nur schwer möglich.

In diesem Fall bietet sich die Überführung der Repräsentation in den Ortsfrequenzbereich an, da dort viele der im Ortsbereich globalen Eigenschaften lokal repräsentiert werden. Die für die Projektion des Bildsignals vom Ortsbereich in den Ortsfrequenzbereich verwendete lineare Transformationsvorschrift wurde nach ihrem Erfinder als diskrete Fourier-Transformation (DFT) bezeichnet. Bei der DFT handelt es sich um eine orthogonale Transformation, für deren Transformationskern K die Beziehung

$$K \cdot K^T = m \cdot I \quad (5.30)$$

gilt, mit I als der Einheitsmatrix und m als einem von der Zeilen- und Spaltenanzahl abhängigen Faktor. Aufgrund dieser Tatsache existiert für die DFT auch eine inverse Transformation (IDFT), die, wenn keine Veränderungen im Ortsfrequenzraum vorgenommen werden, nach der Rücktransformation wieder das Originalbild liefert. Es findet also durch die DFT keine Veränderung der Bildinformation statt, sondern wir betrachten das Bild im Fourierraum lediglich aus einem anderen Blickwinkel.

Die Transformationsvorschriften für die DFT und die IDFT lauten:

$$F(u, v) = \sum_{m=0}^{M-1} \sum_{n=0}^{N-1} B(m, n) \exp \left[-2\pi i \left(\frac{mu}{M} + \frac{nv}{N} \right) \right] \quad \text{und} \quad (5.31)$$

$$B(m, n) = \frac{1}{MN} \sum_{u=0}^{M-1} \sum_{v=0}^{N-1} F(u, v) \exp \left[2\pi i \left(\frac{mu}{M} + \frac{nv}{N} \right) \right], \quad (5.32)$$

wobei $B(m, n)$ die Bildfunktion im Ortsbereich und $F(u, v)$ die Bildfunktion im Ortsfrequenzbereich darstellt und M und N die Anzahl der Spalten bzw. Zeilen im Bild bezeichnet. Der Real- und der Imaginärteil der Basisvektoren der DFT sind, wie aus der Gleichung zu entnehmen ist, abgetastete Sinus- und Kosinusfunktionen unterschiedlicher Wellenlänge. Für ein Beispiel sind die Basisfunktionen der DFT für $N=16$ in Abb. 5.10 angegeben. Der Index für die Frequenz u bzw. v gibt an, wie oft die Wellenlänge der Funktion in das entsprechende Intervall $[0, M]$ bzw. $[0, N]$ passt. Für die Frequenz $u=0$ bzw. $v=0$ ergibt sich, wie auch in der Abbildung zu sehen ist, ein reeller, konstanter Vektor. Die Projektion auf diesen Vektor liefert den mittleren Grauwert der betrachteten Bildfunktion.

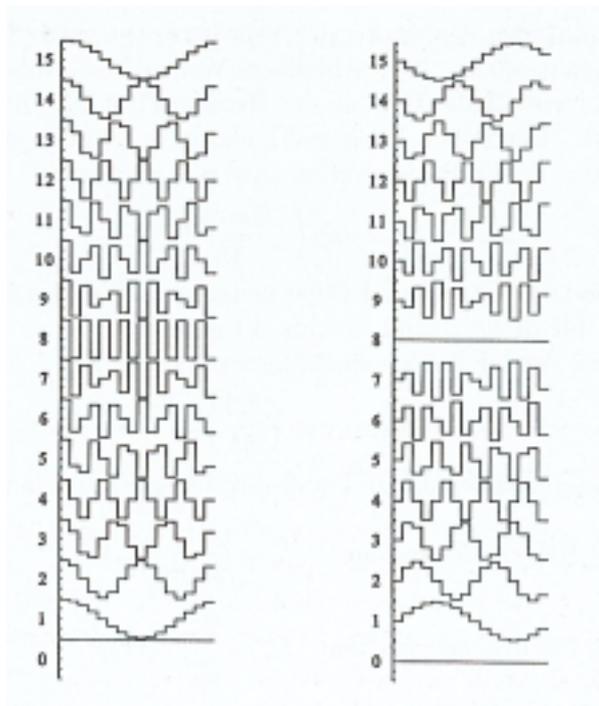


Abb. 5.10: Darstellung der Basisfunktionen der DFT für $N=16$, links Realteil (Kosinus), rechts Imaginärteil (Sinus), aus [Jähne93]

Das Resultat der DFT ist eine komplexe Funktion $F(u, v)$ mit einem Realteil $Re(F(u, v))$ und einem Imaginärteil $Im(F(u, v))$. Somit lassen sich für jeden Punkt in der Fourier-Transformierten zwei Informationen ableiten. Der Betrag eines Funktionswertes $|F(u, v)|$ verkörpert die Amplitude der dazugehörigen Basisfunktion, und der Winkel Φ zur reellen Achse beschreibt die Phase, d.h. die relative Position der entsprechenden periodischen Struktur. Die Berechnung der beiden Werte erfolgt mit den nachfolgenden Gleichungen:

$$|F(u, v)| = \sqrt{\operatorname{Re}^2(F(u, v)) + \operatorname{Im}^2(F(u, v))} \quad \text{und} \quad (5.33)$$

$$\Phi(u, v) = \tan^{-1} \left(\frac{\operatorname{Im}(F(u, v))}{\operatorname{Re}(F(u, v))} \right). \quad (5.34)$$

Während die Amplitude lediglich erkennen lässt, ob das Bild die entsprechende periodische Struktur enthält oder nicht, verkörpert die Phase die wesentliche Information über eine Bildstruktur. Doch trotz der Tatsache, dass die Phase im Vergleich zur Amplitude einen höheren Informationsgehalt besitzt, hat sie in der Texturanalyse bisher keine Verwendung gefunden.

Zur Texturcharakterisierung wird die Fouriertransformation für kleine Bildfenster durchgeführt und das zentrierte Leistungsspektrum, welches sich aus dem Quadrat des Amplitudenspektrums ergibt, ermittelt. Bei der Auswertung des Leistungsspektrums wird dann der Sachverhalt ausgenutzt, dass sich feiner erscheinende Texturen aus feineren Texturprimitiven zusammensetzen, wodurch sich höhere Werte bei den hohen Bildfrequenzen ergeben. Entsprechend haben gröbere Texturen höhere Werte im Bereich der tiefen Frequenzen. Um die Feinheit der Textur zu charakterisieren, werden Merkmale $c_{r_i, r_{i+1}}$ in konzentrischen Ringen laut Gleichung 5.35, die sich als Differenz von zwei Kreisen mit den Radien r_i und r_{i+1} mit $r_i < r_{i+1}$ ergeben, die in das Leistungsspektrum gelegt werden, berechnet (siehe Abb. 5.11).

$$c_{r_i, r_{i+1}} = \sum_u \sum_v |F(u, v)|^2, \quad \text{mit } r_i^2 \leq u^2 + v^2 \leq r_{i+1}^2 \quad (5.35)$$

Diese selektive Betrachtung des Leistungsspektrums in den ringförmigen Bereichen entspricht einer Bandpassfilterung des Bildausschnitts.

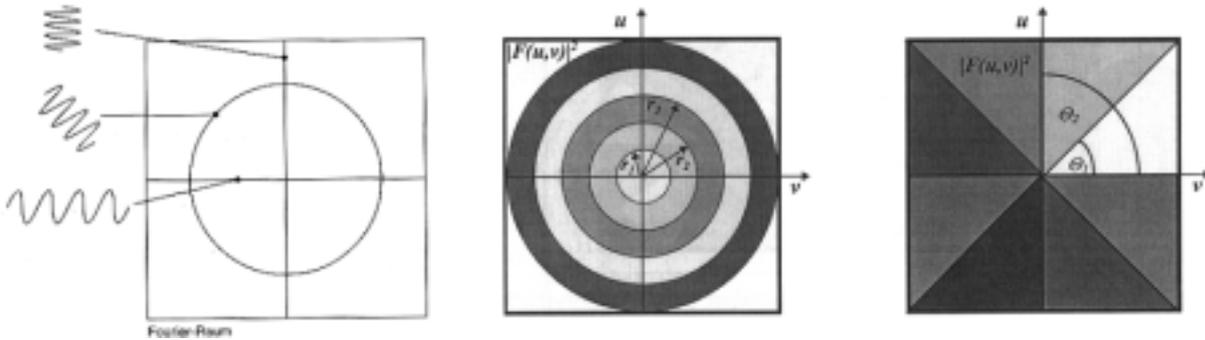


Abb. 5.11: Schematische Darstellung des Fourier-Raums (links), selektive Betrachtung des Leistungsspektrums in ringförmigen Bereichen (Mitte) und in den keilförmigen Bereichen (rechts), links: aus [Lehm97], andere Bilder aus [Hand00]

Die Charakterisierung der Vorzugsrichtung einer Textur erfolgt durch die Berechnung der Merkmale $d_{\Theta_i, \Theta_{i+1}}$ entsprechend Gleichung 5.36 in keilförmigen Abschnitten des Leistungsspektrums (Abb. 5.11).

$$d_{\Theta_i, \Theta_{i+1}} = \sum_u \sum_v |F(u, v)|^2, \quad \text{mit } \Theta_i \leq \tan^{-1} \frac{u}{v} \leq \Theta_{i+1} \quad (5.36)$$

Wenn eine Textur viele Kanten oder Linien in der Richtung ϕ besitzt, so äußert sich dies in hohen Werten für die Fourier-Koeffizienten in einem Keil in der Richtung $\phi + \pi/2$.

5.3.2.4 Information über die Texturenergie

Ein weiterer zur Texturcharakterisierung verwendeter Ansatz ist die Berechnung der Texturenergiemaße nach Law [Law80]. Dieser Ansatz basiert auf einem zweistufigen Vorgehen. Im ersten Schritt erfolgt zunächst eine Faltung des Bildes mit verschiedenen linear unabhängigen Masken der Größe 3x3, 5x5 und 7x7, deren Belegung nach heuristischen Kriterien gewählt wurde. Die einzelnen Masken ergeben sich durch Multiplikation der folgenden eindimensionalen Vektoren:

- Vektoren zur Erzeugung der 3x3-Texturfiltermasken

$$L_3 = (1 \ 2 \ 1)$$

$$E_3 = (1 \ 0 \ 1)$$

$$S_3 = (1 \ 2 \ -2)$$

- Vektoren zur Erzeugung der 5x5-Texturfiltermasken

$$L_5 = (1 \ 4 \ 6 \ 4 \ 1)$$

$$E_5 = (-1 \ -2 \ 0 \ 2 \ 1)$$

$$S_5 = (-1 \ 0 \ 2 \ 0 \ -1)$$

$$W_5 = (-1 \ 2 \ 0 \ -2 \ 1)$$

$$R_5 = (1 \ -4 \ 6 \ -4 \ 1)$$

- Vektoren zur Erzeugung der 7x7-Texturfiltermasken

$$L_7 = (1 \ 6 \ 15 \ 20 \ 15 \ 6 \ 1)$$

$$E_7 = (-1 \ -4 \ -5 \ 0 \ 5 \ 4 \ 1)$$

$$S_7 = (-1 \ -2 \ 1 \ 4 \ 1 \ -2 \ -1)$$

$$W_7 = (-1 \ 0 \ 3 \ 0 \ -3 \ 0 \ 1)$$

$$R_7 = (1 \ -2 \ -1 \ 4 \ -1 \ -2 \ 1)$$

$$O_7 = (-1 \ 6 \ -15 \ 20 \ -15 \ 6 \ -1)$$

Die einzelnen verwendeten Basisvektoren zielen auf bestimmte Bildeigenschaften ab, was sich auch in ihrer Bezeichnung widerspiegelt. So steht L für Level, E für Edge, S für Spot, W für Wave, R für Ripple und O für Oscillation. Bildet man von den 14 Basisvektoren alle möglichen, verschiedenen Kombinationen, so ergeben sich insgesamt 70 Texturfiltermasken (9 3x3-Masken, 25 5x5-Masken und 36 7x7-Masken), mit denen das Bild gefaltet werden kann. Die für die Ermittlung der gefilterten Werte verwendete Umgebung wird hierbei als Mikrofenster bezeichnet.

Im zweiten Schritt wird für jeden Bildpunkt die Texturenergie E_i für eine größere Umgebung, welche als Makrofenster bezeichnet wird, entsprechend der folgenden Gleichung berechnet:

$$E_i(x, y) = \frac{1}{(2d+1)^2} \sum_{k=-d}^d \sum_{l=-d}^d |F_i(x+k, y+l)|, \quad (5.37)$$

wobei F_i das jeweilige Filterergebnis darstellt und d die gewählte Fenstergröße charakterisiert. Die Größe des Makrofensters wird in Abhängigkeit von der Aufgabenstellung gewählt. Neben dem mittleren Grauwert im Makrofenster kann auch die Standardabweichung zur Texturcharakterisierung verwendet werden.

rakterisierung herangezogen werden. In Abb. 5.12 ist ein Beispiel für die Ableitung eines solchen Texturenergiebildes zu sehen.

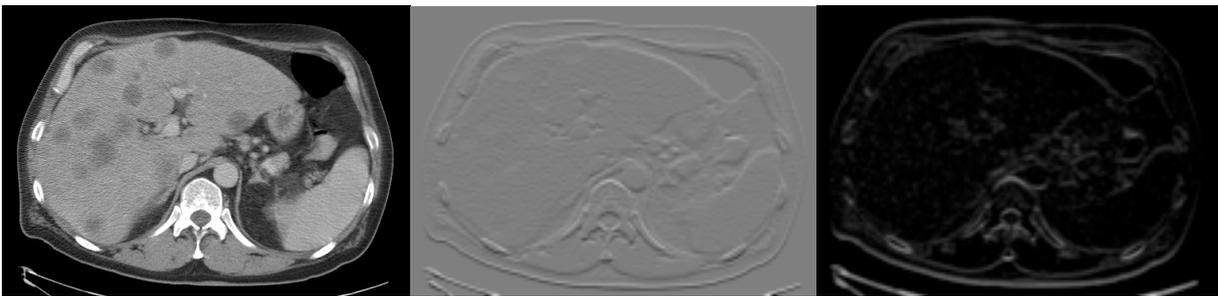


Abb. 5.12: Berechnung der Texturenergie nach Law, links: MRT des Abdomens (Klinik für Radiologie der Medizinischen Hochschule in Hannover), Mitte: Anwendung der Maske E_{5L_5} , rechts: Texturenergiebild für $d=5$

Für die Bearbeitung praktischer Aufgabenstellungen ist eine Auswahl geeigneter Energie-merkmale zumeist unumgänglich. Probleme beim Einsatz der Law'schen Texturparameter zur Segmentierung ergeben sich an den Grenzen von Objekten, da hier durch die Mischung von Texturinformation in den Makrofenstern die Aussagekraft der berechneten Merkmale gering ist.

5.3.2.5 Information aus der Run-Length-Matrix

Die Ermittlung von Merkmalen aus der Run-Length-Matrix zur Texturcharakterisierung erfolgt gleichfalls in kleinen Bildfenstern. In der Run-Length-Matrix wird für jeden Grauwert eines Bildes die Häufigkeit des Auftretens bestimmter Lauflängen eingetragen (Abb. 5.13). Diese wird ermittelt, indem man das Bild zeilen- oder spaltenweise durchläuft, wobei jeweils die Anzahl aufeinanderfolgender Pixel mit dem gleichen Grauwert bestimmt wird.

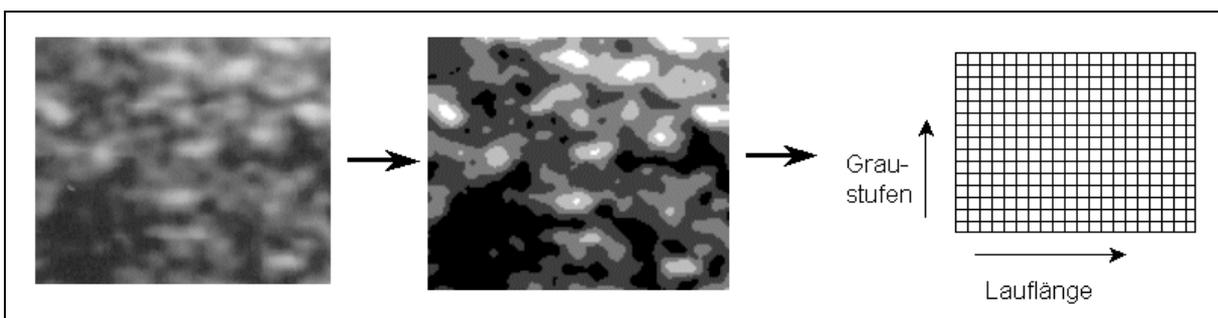


Abb. 5.13: Vorgehensweise bei der Ableitung der Run-Length-Matrix

Um diese Technik praktisch zur Texturcharakterisierung einsetzen zu können, muss bei normalen Grauwertbildern eine Skalierung der Grauwerte vorgenommen werden. Durch diese Reduktion der Anzahl der Graustufen im Bild kann einer Verfälschung der berechneten Merkmale durch den im Bild enthaltenen Rauschanteil vorgebeugt werden. Nur unter dieser Voraussetzung lassen sich Lauflängen ermitteln, die zur Charakterisierung von unterschiedlichen Texturen geeignet sind. So repräsentiert eine große Anzahl benachbarter Pixel mit demselben Grauwert eine grobe Textur. In diesem Fall ergeben sich hohe Werte in der Run-Length-Matrix bei großen Lauflängen. Große Werte bei kleinen Lauflängen hingegen sind für feine Texturen charakteristisch ist.

Texturmerkmale, die aus der Run-Length-Matrix abgeleitet werden können, sind z.B. maximale bzw. mittlere Lauflängen je Graustufe, kurzer Primitiven-Schwerpunkt, langer Primitiven-Schwerpunkt und Grauwertuniformität. Die genauen Berechnungsvorschriften sind in [Sonk93] beschrieben.

5.3.2.6 Information über die Kantenhäufigkeit

Die meisten bisher erläuterten Methoden zur Texturcharakterisierung basierten auf einer Analyse der Verteilung der Grauwerte. Daneben kann jedoch in der Texturanalyse auch ein Vergleich der Kantenhäufigkeit in kleineren Bildfenstern ausgewertet werden.

Kanten lassen sich entweder als Mikrokanten detektieren, indem kleine Kantenoperatormasken benutzt werden oder als Makrokanten durch Nutzung größerer Masken. Der einfachste Gradientenoperator, der eingesetzt werden kann, ist der Roberts-Operator. Die Berechnung des Gradienten als Funktion des Abstandes zwischen Pixeln ist eine andere Möglichkeit. Die Berechnungsvorschrift für die abstandsabhängige Texturbeschreibungsfunktion ist:

$$g(d) = |B(i,j) - B(i+d,j)| + |B(i,j) - B(i-d,j)| + |B(i,j) - B(i,j+d)| + |B(i,j) - B(i,j-d)| \quad (5.38)$$

Hierbei ergeben sie für kleine Abstandswerte d Kennwerte zur Charakterisierung der Mikrokanten und für große Werte von d Werte zur Charakterisierung der Makrokanten. Ein Beispiel für je ein Mikro- und ein Makrokantenbild für die beiden unterschiedlichen Texturen in einem Ultraschallbild ist in Abb. 5.14 zu sehen.

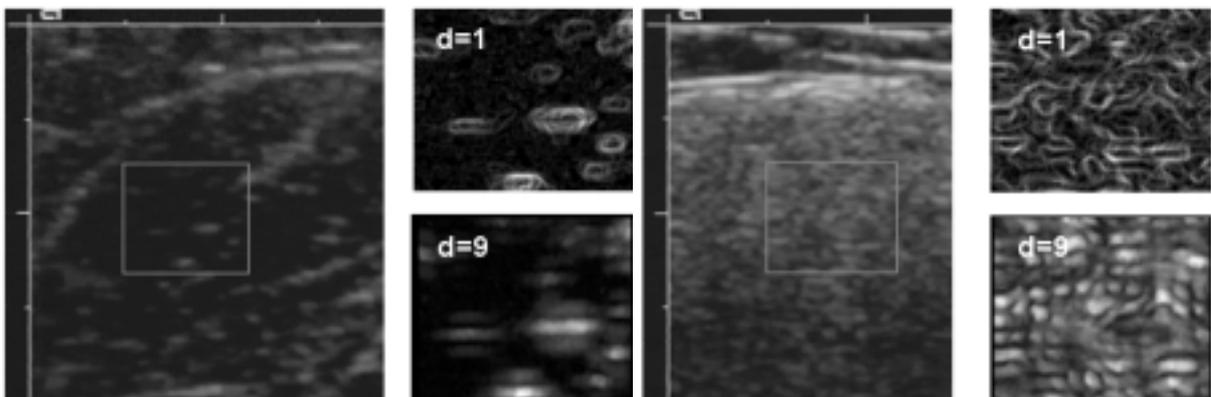


Abb. 5.14: Berechnung eines Mikro- und eines Makrokantenbildes für das markierte Fenster in einem Ultraschallbild der Muskulatur eines Gesunden (links) und eines Patienten mit Duchenne Muskeldystrophy (rechts). In dem feiner texturierten rechten Bild können wesentlich mehr Mikro- und Makrokanten berechnet werden.

Von der durch Anwendung der Maskenfunktion ermittelten Kantenverteilung lassen sich dann sowohl Merkmale der Statistik erster Ordnung ableiten, wie z.B. die Grobheit, der Kontrast und die Zufälligkeit, als auch Merkmale der Statistik zweiter Ordnung, wie z.B. die Orientierung, die Linearität, die Periodizität und die Texturgröße [Tomi90].

5.3.2.7 Fraktale Bildinformationen

In der medizinischen Bildverarbeitung wird der fraktale Ansatz als Methode zur Analyse von Objekten und Texturen dadurch motiviert, dass einige natürliche Strukturen, wie z.B. der Blutgefäßbaum oder aber unregelmäßig und chaotisch veränderte Gewebe von Tumoren über Fraktale modelliert werden können. Fraktale Bildanalyseverfahren basieren auf einer quantita-

tiven Beschreibung der statistischen Selbstähnlichkeit und Unregelmäßigkeit einer Bildstruktur [Hand00]. Während bei der Differenzierung und Beschreibung auf Basis der fraktalen Methode die Form des Objekts im Binärbild betrachtet wird, erfolgt für die Texturanalyse eine quantitative Beschreibung der Grauwertverteilung.

Bei der fraktalen Analyse spielt der Begriff der Selbstähnlichkeit eine wichtige Rolle. Eine streng selbstähnliche Menge $F \subseteq R^n$ wird in der fraktalen Theorie als Vereinigung von disjunkten Teilmengen definiert, die kongruent zu Verkleinerungen der Menge F sind. Unter Kongruenz versteht man hierbei, dass sich die zwei Mengen durch Rotation und Translation ineinander überführen lassen. Die Beschreibung der fraktalen Mengen erfolgt in der Regel über einen rekursiven Algorithmus.

Die zentrale Kenngröße zur Beschreibung einer fraktalen Menge ist die fraktale Ähnlichkeitsdimension D . Diese ist jedoch nur für streng selbstähnliche Objekte zu bestimmen. Da in der Bildverarbeitung natürliche biologische Strukturen untersucht werden, ist die Tatsache der strengen Selbstähnlichkeit zumeist nicht gegeben. Deshalb werden hier allgemeiner anwendbare Definitionen der fraktalen Dimension verwendet. Die am häufigsten genutzte Beschreibung basiert auf der fraktalen Kästchendimension. Diese ist für die Objektanalyse definiert als

$$D_k = \lim_{\delta \rightarrow 0} \frac{\log(N_\delta)}{-\log(\delta)}, \quad (5.39)$$

wobei N_δ die kleinste Anzahl von Mengen U_i mit einem Durchmesser kleiner gleich δ ist, die von der fraktalen Menge F überdeckt werden. Näherungsweise gilt für kleine Werte von δ der Zusammenhang

$$N_\delta \cong \frac{1}{\delta^{D_k}}. \quad (5.40)$$

In der Bildverarbeitung wird die Menge N_δ häufig als Anzahl der n -dimensionalen δ -Gitterwürfel aufgefasst, die F schneiden, da sich die Gitterwürfel direkt und einfach aus dem orthogonalen Pixelraster ableiten lassen. Aufgrund der Tatsache, dass sich bei der Abbildung von Objekten und Strukturen im Pixelraster fraktale Eigenschaften nur in einem eingeschränkten Skalenbereich beschreiben lassen, wird der in Gleichung 5.39 beschriebene Grenzübergangsprozess durch eine Regressionsanalyse ersetzt. Dabei wird die fraktale Kästchendimension durch die Steigung der Regressionsgeraden im $(\log(N_\delta), -\log(\delta))$ -Graphen geschätzt.

Bei der Bestimmung der fraktalen Kästchendimension zur Texturanalyse wird anstatt der Zahl der Überdeckungen N_δ die Grauwertdifferenz zwischen maximalem und minimalem Grauwert Δg in einem bestimmten, jeweils konstanten Abstand δ vom betrachteten Zentralpixel ermittelt. Anschließend wird wiederum der Anstieg des Graphen im logarithmischen Koordinatensystem mit den Achsen $(\log(\Delta g), \log(\delta))$ bestimmt. Für ein Beispiel wird die Bestimmung der fraktalen Kästchendimension in Abb. 5.15 demonstriert.

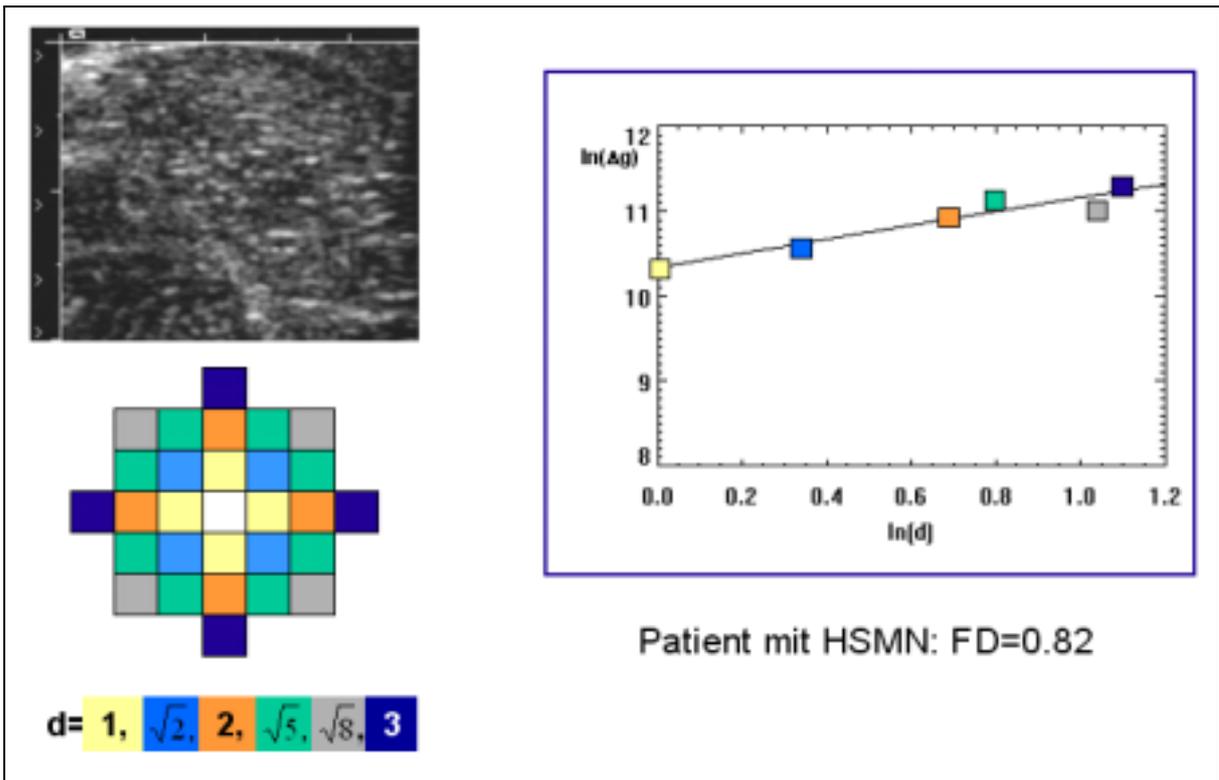


Abb. 5.15: Beispiel für die Bestimmung der fraktalen Kästchendimension FD für ein Ultraschallbild eines Patienten mit HSMN (siehe auch Kapitel 9.1)

5.3.2.8 Beispiele für die Verwendung von Texturinformationen

Informationen über die Textur werden im Bereich der medizinischen Bildanalyse sowohl zur Segmentierung als auch zur Gewebedifferenzierung verwendet. Die meisten Anwendungen beschäftigen sich dabei mit der Auswertung von MR- und Ultraschallbildern, da hier die unterschiedlichen Strukturen im Bild auch zumeist eine sich unterscheidende Texturierung aufweisen.

Im Bereich der Segmentierung wird in [Zizz01] die Erkennung von Tumorgewebe in MR-Bildern des Gehirns beschrieben. Sie erfolgt durch eine Pixelklassifikation mittels neuronalem Netz unter Verwendung von 14 Merkmalen aus der Co-occurrence-Matrix. Pitiot [Piti02] nutzt ebenfalls zur Segmentierung von anatomischen Strukturen in MR-Bildern des Gehirns einen neuronalen Klassifikator, der jedoch zusätzlich zu den Merkmalen aus der Co-occurrence-Matrix noch Merkmale der diskreten Kosinustransformation und von Gaborfiltern verwendet. Die Segmentierung erfolgt hierbei in zwei Stufen, um die Detektionsfehler infolge der fehlerhaften Berechnung von Texturmerkmalen an den Regionengrenzen zu reduzieren. Zur Segmentierung von MR-Bildern des Kniebereichs werden in [Lori98] texturbasierte geodätische aktive Konturen verwendet, wobei die Texturbeschreibung ausschließlich über die Ermittlung der lokalen Varianz der Grauwerte erfolgt. Reyes-Aldasoro [Reye03] schlägt für das gleiche Einsatzgebiet eine Multi-Resolution-Subband-Filterung zur Texturklassifizierung vor, die auf der Nutzung der FFT beruht. Der Vorteil dieser Methode zur 3D-Segmentierung besteht in der wesentlich kürzeren Rechenzeit im Vergleich zur Berechnung von Texturmerkmalen basierend auf der Co-occurrence-Matrix. Zur Segmentierung von Strukturen in Ultraschallbildern wird von Radeva [Rade01] eine Kombination von aktiven Konturen und Texturmerkmalen vorgeschlagen. Verwendung finden hier Co-occurrence-Merkmale, Laws

Texturenergien und Transformationsmerkmale. Alle Merkmale werden auf der Grundlage von Kantenbildern berechnet.

Neben den zahlreichen Beispielen zur Nutzung von Texturmerkmalen zur Segmentierung existieren auch viele Arbeiten, die sich mit der Gewebedifferenzierung unter Verwendung von Texturinformationen beschäftigen. So erfolgt in [Ji00] eine Gewebedifferenzierung in koloskopischen Bildern zur Erkennung von Gebärmutterhalskrebs. Die Unterscheidung zwischen gesundem und Tumorgewebe erfolgt unter Verwendung der Entropie, des Kontrasts und der Helligkeit sowie durch die Abschätzung der Kantenhäufigkeit. Thijssen [Thij03] untersucht zur Gewebecharakterisierung in Ultraschallbildern die Autokovarianz zur Charakterisierung der Speckle-Größe und Merkmale aus der Co-occurrence-Matrix. In [Smyt95] werden Laws Texturmerkmale zur Charakterisierung des Osteoporosegrades des Oberschenkelhalsbereichs in Röntgenbildern verwendet. Die Differenzierung von Entzündungsprozessen in der Schilddrüse erfolgt in [Smut01] auf der Grundlage von neun Haralick'schen Texturmerkmalen der Co-occurrence-Matrix. Ginneken [Ginn00] nutzt das zweite, dritte und vierte Moment von gefilterten Bildausschnitten der Lunge zur Erkennung von Lungentumoren in Röntgenbildern. Eine Unterscheidung zwischen malignen und benignen Tumoren in Mammographien unter Verwendung von Co-occurrence-Merkmalen und Merkmalen der fraktalen Geometrie ist in [Thie96] beschrieben.

Ein Beispiel zur Anwendung der Texturanalyse zur Differenzierung von Muskelerkrankungen anhand von Ultraschallbildern ist im Unterkapitel 9.1 dieser Arbeit beschrieben.

5.4 Zusammenfassung

Alle drei Kategorien von Informationen, die im Verlauf des Bildanalyseprozesses gewonnen werden können, haben einen Einfluss auf die Auswahl des Segmentierungsverfahrens. So kann eine erste Vorauswahl von Verfahren schon anhand der Kenntnis der Aufgabenstellung und des Bildgebungsverfahrens vorgenommen werden. Diese Verfahrensauswahl lässt sich auf der Grundlage der Informationen über die Abbildungsqualität dann weiter einschränken. So sind z.B. Konturverfolgungs- und Kantenextraktionsverfahren wenig geeignet, wenn die Bilder ein starkes Bildrauschen aufweisen.

Die wichtigsten Informationen, die aus den Bilddaten gewonnen werden können, sind jedoch die über die Abgrenzbarkeit von Objekten. Sie werden direkt zur Segmentierung verwendet. Eine Auswahl der für den jeweiligen Anwendungsfall geeignetsten Informationen kann teilweise schwierig sein. Mitunter werden auch verschiedene dieser Informationen im Segmentierungsprozess miteinander kombiniert. So findet man z.B. Anwendungen, wo sowohl Kanten- als auch Texturmerkmale in der Definition der Energiefunktion einer aktiven Kontur integriert sind. Teilweise kann das Fehlen dieser letztgenannten Informationen in einigen Bereichen des Objekts im Rahmen der Segmentierung durch zusätzliches Modellwissen ausgeglichen werden. Da diese Modellannahmen die zweite wichtige Komponente eines Segmentierungsverfahrens darstellen, soll im folgenden Kapitel darauf ausführlich eingegangen werden.

6 Modellannahmen

Wie in Abschnitt 2.2 dargelegt, werden zur Detektion von Objekten in medizinischen Bildern Modellannahmen genutzt. Diese eingesetzten Modelle stellen eine Abstraktion von spezifischen Eigenschaften der gesuchten Strukturen im Bild und von Annahmen, die aus der Aufgabenstellung abgeleitet werden können, dar. Diese Modelle können u.a. topologische und geometrische Eigenschaften beschreiben, die Kohärenz sowohl in zeitlicher als auch räumlicher Sicht beinhalten und auf Annahmen bei der Bildaufnahme beruhen. Im ersten Teil dieses Kapitels werden die Anforderungen, die an derartige Modelle gestellt werden, formuliert. Anschließend werden anhand von konkreten Beispielen aus dem Bereich der medizinischen Bildanalyse die unterschiedlichen Abstraktionsarten näher betrachtet. Danach erfolgt eine Bewertung der verschiedenen Modelle. Im letzten Teil werden schließlich Möglichkeiten zum Einbringen dieser Modellannahmen in den Bildanalyseprozess aufgezeigt.

6.1 Anforderungen an Modellannahmen

Das Erstellen von Modellen erfolgt immer, wie in Kapitel 2.1 festgestellt wurde, für eine ganz bestimmte Aufgabenstellung. Die Modelle müssen sowohl deskriptive als auch diskriminierende Eigenschaften besitzen. Damit liefern sie zum einen die Beschreibung der zu detektierenden Struktur und zum anderen Möglichkeiten zur Unterscheidung von anderen Strukturen im Bild. Das wichtigste Merkmal eines guten Modells sollte dabei die Invarianz gegenüber den unterschiedlichen Ausprägungen der Struktur in den verschiedenen Datensätzen sein. Idealerweise sollte das Modell eine Beschreibung zur Lösung des Erkennungsproblems sein, das alle patientenspezifischen Variationen beinhaltet und für alle Modifikationen der Aufnahmebedingungen bei einem konkreten Bildgebungsverfahren gilt. Da das Modell eine Abstraktion der Realität darstellt, müssen somit auch alle verfügbaren Bilddaten des Problems eine konkrete Repräsentation des Modells sein. Dies bedeutet, dass dieses Modell auch nur solche Eigenschaften enthalten sollte, die sich aus dem Bild oder aus der Aufgabenstellung herleiten lassen. Andere Eigenschaften, von denen man zwar weiß, dass sie invariant sind, die sich jedoch nicht anhand eines konkreten Bildes bestimmen lassen, sind zur Lösung des Erkennungsproblems nicht einsetzbar. Ein Beispiel für eine solche Eigenschaft ist z. B. die Aussage, dass Tumorgewebe wegen des starken Wachstums anfangs stärker durchblutet ist. Wenn sich diese Tatsache aber durch den Bildgebungsprozess z. B. beim CT nicht visuell in den Bilddaten darstellen lässt, braucht dieses Wissen auch nicht im Modell enthalten sein.

Bei der Entwicklung von Bildanalysesoftware im Bereich der Medizin besteht nun im Zusammenhang mit der Ableitung von Modellvorstellungen oft das Problem, dass es zumeist nur eine ungenügende Anzahl von invarianten Eigenschaften gibt, anhand derer eine eindeutige Identifikation des Objekts vorgenommen werden kann. Andererseits gibt es für viele Probleme eine Vielzahl invarianter Merkmale, die jedoch nicht in der Abbildung sichtbar und dadurch auch nicht benutzbar sind. Weiterhin können viele verschiedene Eigenschaften in den Bildern der zu segmentierenden Struktur abgebildet sein, die aber nicht für das gesamte zur Verfügung stehende Bildmaterial gelten. Aufgrund dieser vielfältigen Schwierigkeiten erfordert die Auswahl der für ein Segmentierungsproblem geeigneten Modelle viel Erfahrung sowohl auf dem Gebiet der Bildverarbeitung als auch im medizinischen Bereich. Einige häufig in Segmentierungsverfahren genutzte Modellannahmen sollen im Folgenden genauer vorgestellt werden.

6.2 Beispiele für verschiedene Modellannahmen

In der Segmentierung können verschiedene Arten von Modellannahmen verwendet werden. Es lassen sich Annahmen über die Topologie und Geometrie von Strukturen ableiten, Kohärenzbeziehungen ausnutzen und Modelle aus dem Aufnahmeprozess verwenden. Diese einzelnen Modelle können dabei anhand von anatomischen Kenntnissen, durch Kenntnisse über das Aufnahmeverfahren oder auf der Grundlage von Beispielbildern entwickelt werden. Anatomische Kenntnisse spielen u. a. bei der Ableitung von Beziehungen zwischen verschiedenen Objekten, bei der Festlegung von Kohärenzbedingungen, bei der Annahme über durchgehende Strukturen, bei der Charakterisierung der Objektgestalt sowie bei der Beschreibung von Größenverhältnissen eine wichtige Rolle. Kenntnisse über das Aufnahmeverfahren fließen in die Herleitung sowohl räumlicher als auch zeitlicher Kohärenzbeziehungen, in die Annahmen über die Grauwerte einer Struktur und in die Formulierung stochastischer Modelle mit ein. Schließlich lassen sich einige Annahmen, wie z. B. Größenmodelle, Gestaltmodelle, Modelle des Grauwertverhaltens und stochastische Modelle auch aus einer Serie von Beispielbildern herleiten. Wie diese Ableitung der verschiedenen Modellannahmen, die in der medizinischen Bildanalyse genutzt werden können, im konkreten Anwendungsfall aussieht, soll in den nachfolgenden Abschnitten jeweils anhand von Beispielen genauer betrachtet werden.

6.2.1 Beispiele für den Einsatz geometrischer und topologischer Modelle

Eine Anforderung an die zur Beschreibung eines Objekts abgeleiteten Modellannahmen besteht darin, dass diese objektiv und allgemein sein sollen. Sie müssen somit invariante Eigenschaften beschreiben, die auch bei einer Transformation des betrachteten Objekts erhalten bleiben. Eine geometrische Transformation mit unterschiedlichen Transformationsparametern findet in der medizinischen Bildanalyse immer statt. So ist davon auszugehen, dass bei der Bildaufnahme nie exakt dieselbe Aufnahmegeometrie vorliegt, da die Positionierung der Patienten bezüglich des Bildaufnahmeapparates niemals genau gleich erfolgt. Außerdem sind elastische Transformationen erforderlich, um die interindividuellen Unterschiede in der Anatomie und Funktion zwischen verschiedenen Individuen auszugleichen.

Eine Möglichkeit zur allgemeinen Beschreibung von Objekten lässt sich mit geometrischen Invarianten in metrischen Räumen realisieren. Diese basieren auf der Annahme, dass ein Objekt nach einer geometrischen Transformation seine Form und die relative Lage im Bild beibehält. Geometrisch invariante Eigenschaften in euklidischen Räumen, die zur allgemeinen Objektbeschreibung herangezogen werden können, sind z. B. die Geradentreue, die Paralleltreue, die Winkeltreue und die Abstandstreue. Gerade die letzten beiden Eigenschaften können in der medizinischen Bildanalyse in einer Vielzahl von Aufgabenstellungen in das a priori Modellwissen integriert werden. Die Beschreibung der konkreten Objekteigenschaften erfolgt in diesem Fall durch die Messung von geometrischen Lagebeziehungen, wie z. B. von Winkeln und Abstandsmaßen, durch die Auswertung von Flächen, Volumina und Flächen- bzw. Volumenanteilen und durch die Erfassung von Koordinaten oder Koordinatenbereichen.

Daneben können allgemeine Objektbeschreibungen auch generiert werden, ohne dass die auftretenden Maßverhältnisse sowohl der Struktur als auch der geometrischen Beziehungen von Objekten berücksichtigt werden. Diese Betrachtungsweise ist sinnvoll, da es in der Praxis eine große Anzahl sinnvoller Transformationen (z. B. Krümmung, Verdrehung, Dehnung des Raumes) gibt, die alle geometrischen Invarianten verletzen und trotzdem die strukturellen räumlichen Eigenschaften im Bild erhalten. Transformationen, die keine elastischen Verformungen darstellen, wie z. B. das Zerreißen des Raumes und das in Deckung bringen einzelner

Punkte, sind jedoch nicht erlaubt. Das mathematische Gebiet, welches sich mit derartigen Beschreibungen beschäftigt, ist die Topologie.

In topologischen Modellen ist die Charakteristik der Beziehungen von räumlichen Objekten auf Grundlage topologischer Invarianten und Konsistenzbedingungen beschrieben. Sie enthalten die Definition topologischer Eigenschaften, wie z. B. die von Nachbarschaftsrelationen und von Verbundenheits- bzw. Enthaltensein-Beziehungen. Es wird also nur die relative Position von Objekten unabhängig von der exakten Lage erfasst. Beispiele für solche topologischen Invarianten sind die folgenden Annahmen: zwei Objektkanten kreuzen sich bzw. sind kreuzungsfrei, ein Punkt liegt im Inneren einer Fläche bzw. auf dem Rand einer Fläche, die Fläche hat ein Loch, eine Fläche ist zusammenhängend oder nicht zusammenhängend, zwei Regionen sind benachbart, ein Volumen liegt vollständig in einem anderen oder zwei Volumina berühren sich in einem Punkt.

Einige Möglichkeiten zur Nutzung von wichtigen geometrischen und topologischen Modellannahmen im medizinischen Segmentierungsprozess sollen in den folgenden Abschnitten genauer hinterfragt werden. Im Zusammenhang mit den geometrischen Eigenschaften wird exemplarisch die Eigenschaft der Objektgröße betrachtet. Bei den topologischen Eigenschaften wird auf Annahmen bezüglich der Geschlossenheit der Kontur, auf Gestaltannahmen und Annahmen zu Beziehungen zwischen Objekten näher eingegangen.

6.2.1.1 Größenannahme

Die Segmentierung des Gehirns in MR-Bilddaten ist eine wichtige Fragestellung, bei der häufig Modellwissen über die Objektgröße in den Erkennungsalgorithmus integriert wird. Die Identifikation des Gehirns stellt zumeist den ersten Schritt bei der Identifikation von anatomischen bzw. pathologischen Strukturen (z.B. Hemisphären, Gewebetypen, kortikale Falten, Ventrikel, Tumore, Gefäßläsionen) dar oder bildet die Grundlage für die Registrierung und Visualisierung zur Unterstützung der OP-Planung.

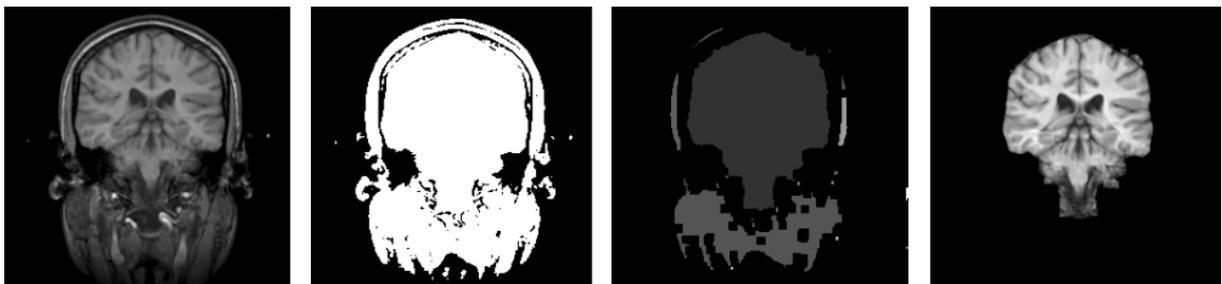


Abb. 6.1: Demonstration der Nutzung der Größenannahme anhand einer eigenen beispielhaften Umsetzung, von links nach rechts: MR-Bild des Kopfes, Bild nach Schwellenwert-Segmentierung, Bild mit grauwertkodierten Regionen nach morphologischem Opening, Selektion des Gehirns als größte zusammenhängende Struktur im Bild

In [Mang98] erfolgt die Segmentierung mit einem Multischwellenwertverfahren. Die Auswahl der Schwellenwerte ist jedoch ein Problem, da durch diese Methode die Verbindung zwischen dem Gehirn und seiner Umgebung aufgrund verbundener Strukturen, wie Gefäßen und Nerven, und infolge des Partialvolumeneffekts, zumeist nicht vollständig beseitigt werden kann. In einer anderen Arbeit [Kapu96] wird zur Vorsegmentierung ein statistisches Klassifikationsverfahren eingesetzt. Zur Auflösung fehlerhafter Verbindungen wird in beiden Fällen eine Erosionsoperation benutzt. Die Segmentierung des Gehirns erfolgt anschließend auf-

grund der Annahme, dass es sich dabei um die größte im Bild vorkommende verbundene Struktur handelt. Der nach dieser Regel selektierte Bereich wird mit Hilfe einer bedingten Dilatation vergrößert, um die korrekte Ausdehnung der Struktur wiederherzustellen. Ein Beispiel für die Verwendung von Modellwissen über die Größe ist in Abb. 6.1 zu sehen.

In einem anderen Beispiel nutzt Xu [Xu97] zur Vorsegmentierung der kortikalen Oberfläche aus MR-Datensätze den Fuzzy-C-Means-Algorithmus. Zur Ableitung der Oberfläche wird auf das Ergebnis der Vorsegmentierung ein Schwellenwert angewandt, der die Pixel extrahiert, die zu 50 % der grauen und zu 50 % der weißen Substanz zugeordnet wurden. Eine Beseitigung von Störungen erfolgt anschließend mit dem Medianfilter. Von den aus dem segmentierten Bild abgeleiteten Polygonmesh-Oberflächen wird schließlich die mit den meisten Polygonen ausgewählt, da angenommen wird, dass das Areal der weißen Substanz das größte Gebiet mit den meisten Eckpunkten ist.

Modellwissen über die Größe einer Struktur spielt auch bei der Segmentierung von Muskeln in T_2 -MR-Bildern nach einer Bewegungsaktivierung zur Feststellung von Myopathien eine Rolle. Die in [Warf00] beschriebene Methode nutzt zur Detektion der Muskeln ein Schwellenwertverfahren, wobei die Schwellenwerte aus dem Differenzhistogramm des Datensatzes vor und nach der Aktivierung abgeleitet werden. Da jedoch neben dem zu untersuchenden Muskel auch andere Bildstrukturen, wie z.B. Blutgefäße, Fettgewebe und Partialvolumenregionen, aufgrund ähnlicher Grauwerte eine Anzeige im Binärbild liefern, muss wiederum nach einer Erosionsoperation die Auswahl der größten verbundenen Komponente im Bild erfolgen.

Ein weiteres Beispiel, wo Modellwissen über die zu erwartende Größe von Strukturen eingesetzt wird, ist die Segmentierung von CT-Bildern des Kopfes in fünf verschiedene interessierende Strukturen (Hintergrund, Schädelknochen, interzerebrale Gehirnblutung, Gehirngewebe und Verkalkung), wie sie in [Cosi97] beschrieben ist. Die Vorsegmentierung erfolgt dabei mittels eines untrainierten Clusteralgorithmus auf Grundlage der Grauwerte in drei verschiedene Gewebearten (helle, dunkle, graue Region). Von allen so ermittelten Regionen werden drei Merkmale (mittlere Helligkeit, Streuung der Grauwerte und Größe) abgeleitet, die dann in der zweiten Stufe der Segmentierung zur Entscheidungsfindung genutzt werden. Diese erfolgt mit einem wissensbasierten Algorithmus anhand von formulierten Entscheidungsregeln.

6.2.1.2 Annahme einer geschlossenen bzw. durchgehenden Kontur

In vielen Fällen erfolgt die Segmentierung in medizinischen Bildern durch die Identifikation von Bereichen, in denen sich die Homogenität sprunghaft verändert. Diese Übergänge von einer homogenen Struktur zu einer anderen sind in ihrer Stärke jedoch meist nicht über den gesamten Konturverlauf konstant, sondern sie werden durch verschiedene Bildstörungen (z.B. Rauschen, Ultraschallartefakte oder Inhomogenitäten im Magnetfeld bei MR-Bildern) beeinflusst. Mit Kantenfiltern, wie z.B. dem Sobel-Operator, dem Canny-Operator oder dem Marr-Hildreth-Operator [Sonk93], oder mit Kantenverfolgungsverfahren [Sonk00], lässt sich in vielen Anwendungsbereichen keine durchgehende und korrekte Objektkontur detektieren. Hierzu ist die Integration von zusätzlichem Modellwissen notwendig, welches explizit festlegt, dass die zu segmentierende Objektkontur einen durchgehenden Verlauf besitzt.

Im Gegensatz zu der Modellannahme über die zu erwartende Objektgröße, die separat in den Segmentierungsvorgang für jedes einzelne Anwendungsbeispiel eingebaut werden muss, ist die Modellannahme über gesuchte durchgehende bzw. geschlossene Konturen direkt in einige Segmentierungsverfahren integriert.

Eine Möglichkeit, bei der dies realisiert wurde, ist die Segmentierung unter Verwendung von deformierbaren Modellen, die im Abschnitt 7.4.1 noch ausführlich beschrieben werden. Die Repräsentation der Konturen erfolgt zumeist entweder als Polygonobjekt bzw. als Polygonzug oder als b-Spline-Kurve. Die einzelnen Eck- bzw. Kontrollpunkte werden nach der Initialisierung in Abhängigkeit von wirkenden externen und internen Kräften zwar bewegt, um einen möglichst energiearmen Zustand für die Gesamtkontur zu erreichen, aber der Zusammenhang zwischen den einzelnen Punkten kann nicht aufgehoben werden. Dadurch kann auch in Bildern mit unterbrochenen Objektbegrenzungen eine durchgehende Kontur extrahiert werden. Diese Art der Integration von Wissen wird z.B. sehr häufig bei der Segmentierung von Strukturen in Ultraschallbildern eingesetzt, da die Objekte aufgrund der auftretenden Ultraschallartefakte zumeist nur schlecht erkennbare und unterbrochene Objektgrenzen besitzen [Miki98].

Ein anderes Beispiel ist die Segmentierung des Hippocampus in MR-Bildern vom Gehirn gleichfalls mit deformierbaren Konturen [Ghan98]. Da der Hippocampus eine Struktur mit geringem Kontrast und vielen diskontinuierlichen Begrenzungen ist, ist die Annahme bei der Segmentierung, dass es sich um eine durchgehende Struktur handelt, wichtig, um ein korrektes Segmentierungsergebnis zu erhalten.

Schließlich wird das Modell der durchgehenden Kontur auch sehr häufig bei der Segmentierung von Blutgefäßen in Angiogrammen eingesetzt, da diese für kleinere Gefäße zumeist ein sehr schlechtes Signal-Rausch-Verhältnis aufweisen. Um die Gefäßverläufe trotzdem durchgehend segmentieren zu können, wird in [Weic03] gleichfalls ein aktives Konturverfahren genutzt.

Das Modell des durchgehenden Konturverlaufs ist jedoch nicht auf deformierbare Modelle beschränkt, sondern es ist auch in andere Segmentierungsverfahren eingebaut. So ist bei der graphbasierten Kantensuche, die in Abschnitt 7.3.1 ausführlich erläutert wird, gleichfalls der Sachverhalt integriert, dass die Kontur auf jeden Fall zwischen dem vom Benutzer eingegebenen Anfangs- und Endpunkt durchgehend verlaufen muss. Prinzipiell ist jeder Pfad durch den Graphen, d.h. jede mögliche Verbindung zwischen den beiden eingegebenen Punkten, eine denkbare Lösung für die gesuchte Kontur. Um den optimalen Konturverlauf zu finden, werden bei der Bewertung der Pfade jedoch solche bevorzugt, bei denen für die meisten Knoten (Pixel des Bildes) der Gradient nicht oder nur wenig von dem mittleren Gradienten der beiden manuell eingegebenen Punkte abweicht. Da bei der Suche nach dem optimalen Pfad eine Summation der einzelnen Bewertungen erfolgt, werden kürzere Verbindungen bevorzugt. In der Praxis kann dies nur durch die Eingabe weiterer Stützpunkte, an Stellen, wo keine ausreichenden Gradienten zu benachbarten Strukturen auftreten, umgangen werden, um so einen höheren Grad von Stetigkeit und damit einen realistischeren Konturverlauf zu erzeugen. Eingesetzt wurde die graphbasierte Kontursuche u.a. zur Segmentierung der Leber in CT-Bildern [Sche01a] und zur Detektion der Koronararterien in Angiographien [Barr97], da hier der Konturverlauf ohne die explizite Annahme einer durchgehenden Kontur nicht zusammenhängend segmentiert werden könnte, weil die Strukturen in einigen Bereichen über keine ausreichende Abgrenzung zu ihrer Umgebung verfügten.

Ein drittes Verfahren, welches die Modellannahme von durchgehenden Objektgrenzen bei der Segmentierung zugrunde legt, ist die Hough-Transformation, auf die im Abschnitt 7.4.2 ausführlich eingegangen wird. Sie wurde ursprünglich für die Detektion von analytisch definierten Formen, wie Linien, Kreisen oder Ellipsen, entwickelt. Zur Erkennung der Strukturen reicht es hier aus, einige Punkte, die auf der gesuchten Form liegen, in einem Vorsegmentierungsschritt zu extrahieren. Im Anschluss werden zur Ermittlung der gesuchten Parameter in der formbeschreibenden Gleichung (Geraden-, Kreis- oder Ellipsengleichung) alle möglichen

Erscheinungsformen der gesuchten Form (z. B. Linien unterschiedlicher Richtung, Kreise mit verschiedenen Mittelpunktkoordinaten und Radien) systematisch so in das Bild gelegt, dass die einzelnen Punkte immer auf dem beschriebenen Objekt liegen. An der Position der jeweiligen Parameter der einzelnen Formen wird dann im Hough-Raum der eingetragene Wert um eins erhöht. Gibt es nun Punkte, die z. B. auf einer Linie oder einem Kreis liegen, so ergibt sich bei den entsprechenden Parametern im Hough-Raum ein lokales Maximum. Durch die Suche nach diesen maximalen Häufungspunkten können die unbekannt Parameter für die Gleichung der gesuchten Struktur ermittelt werden. Mit der mathematischen Beschreibung der segmentierten Struktur sind dann alle Punkte die die jeweilige Gleichung erfüllen als zur Struktur gehörig erkannt. Dadurch wird immer ein geschlossener bzw. durchgehender Konturverlauf erreicht. In der medizinischen Bildverarbeitung wird diese Art der Modellannahme z.B. von Chrastek [Chra02] zur Segmentierung des optischen Bereichs in Retina-Bildern eines konfokalen Lasermikroskops verwendet, da aufgrund der vielen zu- und abführenden Blutgefäße und Nerven mit anderen Verfahren keine durchgehende kreisförmige Struktur segmentiert werden kann.

6.2.1.3 Gestaltannahme

Die Nutzung von a priori Wissen über die Gestalt setzt im Vergleich zu den beiden bisher vorgestellten Modellannahmen genauere Kenntnisse über das zu segmentierende Objekt voraus. Die in den einzelnen Verfahren genutzten Annahmen können dabei von unterschiedlicher Komplexität sein.

Im einfachsten Fall lassen sich die Formen der gesuchten Objekte über die Angabe einer zulässigen Variation von Gestaltparametern beschreiben. So wird in [Schl02] eine sehr einfache Art der Beschreibung des Tracheobronchialbaums zu seiner Segmentierung benutzt. Die Segmentierung erfolgt mit einem speziellen Region growing Verfahren, welches automatisch ein Auslaufen der Region erkennt. Dem Test liegt die Feststellung zugrunde, dass es sich beim Bronchialbaum der Form nach um eine röhrenförmige Struktur handelt. Ausgehend von der Trachea verbreitert er sich distal in Regionen mit sehr schnell kleiner werdenden Zweigen. Ein Elternzweig unterteilt sich gewöhnlich in zwei Kinderzweige mit kleiner werdendem Durchmesser und kürzerer Länge, welche in einem bestimmten Winkelbereich zueinander angeordnet sind. Bei der Segmentierung erhält jeder Zweig einen Initialwert r_i für den Radius und nach jedem Wachstumsschritt wird der aktuelle Radius r_a mit diesem verglichen. Wenn sich der Wert r_a im Vergleich zu r_i leicht vergrößert (z. B. um den Faktor 1.1), dann erfolgt ein Test, ob ein Verzweigungspunkt vorliegt oder ob ein Auslaufen der Region stattgefunden hat.

Eine weitere Möglichkeit, die Gestalt eines gesuchten Objekts grob anzugeben, ist die Beschreibung in Form einer Gleichung. Dieser Ansatz wird z. B. bei der Hough-Transformation, welche bereits im vorigen Abschnitt erwähnt wurde und in Abschnitt 7.4.2 noch ausführlich erläutert wird, verwendet. Im Bereich der medizinischen Bildanalyse wurde sie z. B. von Chrastek [Chra03] zur Detektion der Grenze des optischen Bereichs in konfokalen Laser-Scanning-Mikroskopbildern der Retina eingesetzt. Die Integration der Gestaltannahme in den Segmentierungsprozess erfolgt hier durch die Vorgabe des Typs der Gleichung (z.B. Gerade, Kreis und Ellipse). Mit der Hough-Transformation lassen sich dann die unbekannt Parameter der Gleichung und damit die im Bild vorhandenen konkreten Ausprägungen der Gestalt ermitteln. Dies geschieht unter Berücksichtigung der Tatsache, dass möglichst viele Pixel des vorsegmentierten Bildes auf der jeweils durch die Gleichung beschriebenen Gestalt liegen sollen.

Eine andere Möglichkeit zur Beschreibung komplizierterer grober Gestaltenannahmen über Gleichungen ist die Verwendung von Quadriken [Terz91]. Die implizite Oberfläche wird hierbei durch eine Gleichung der Form

$$f(x, y, z) = ax^2 + by^2 + cz^2 + 2dxy + 2eyz + 2fxz + 2gx + 2hy + 2jz + k = 0 \quad (6.1)$$

definiert. Durch die Auswahl der Parameter a bis h lassen sich sehr verschiedene Oberflächenformen erzeugen. Ein Nachteil ist jedoch, dass bei allen diesen Gestalten eine Symmetrie angenommen wird, die den Strukturen der realen Welt fehlt [Zhou01]. Für einige Objekte, (z. B. linker Herzventrikel oder Corpus Callosum) lässt sich die grobe Form jedoch nachbilden. Dieses Modell wird anschließend deformiert und an die konkrete Gestalt im Datensatz angepasst ([Wegn03], [Vemu97]). Ein Beispiel für diese Vorgehensweise befindet sich im Abschnitt 9.3.3.

Eine noch genauere Beschreibung der Gestalt des gesuchten Objekts ist über Templates möglich. So wurde diese Methode in [Fröb02] dazu benutzt, um die Augenpartie zu segmentieren. Das verwendete deformierbare Augentemplate beschreibt dabei das Suchobjekt durch einen Parametervektor $p = \{x_c, x_e, r, a, b, c, \theta\}$, mit x_c als Iriszentrum, x_e als parabelförmigem Kreisbogen, r als Radius des Kreises um das Iriszentrum, a und c als Höhe für den oberen und unteren Lidrand, b als Breite des Auges und θ als Neigung des Auges gegenüber der Horizontalen. Ein weiteres Beispiel zur Benutzung von Templates ist in [Weic02] beschrieben, der es zur Segmentierung von Gefäßen in intra-vaskulären Ultraschallbildern einsetzte. Das hier verwendete elliptische, parametrisierbare Template ähnelt einer nicht übermäßig atherosklerotisch deformierten Gefäßform und enthält außerdem noch a priori Wissen über den durchschnittlichen Durchmesser von Gefäß und Katheder sowie typische Charakteristiken der Gefäßwände. Ein drittes Beispiel für die Gestaltbeschreibung über Templates ist in [Rein98] untersucht worden. Hier muss der Benutzer eine symbolische und eine ikonische Charakterisierung für das zu segmentierende Objekt eingeben. Anhand der ikonischen Eingabe werden Maße für die Größe der Region und topologische Constraints abgeleitet. Das Verfahren wurde u.a. zur Segmentierung der Lungen in CT-Datensätzen verwendet. Als letztes Beispiel dieser Kategorie soll die Nutzung eines deformierbaren Templates in Form eines geschlossenen achteckigen Polygonzugs zur Segmentierung von Mikroskopbildern von menschlichen Krebszellen erwähnt werden [Rue98].

Eine vierte Möglichkeit zur Ermittlung und Nutzung von Annahmen über die Gestalt von Objekten ist die Generierung der groben 3D-Gestalt aus einer geringen Anzahl von beliebig orientierten, handsegmentierten Schichten durch Interpolation [Wolf03]. Einzige Anforderung an die interaktiv eingegebenen Konturen ist, dass sie in sich konsistent sind, d.h. die in einer Schicht als zum Objekt gehörig gekennzeichneten Bildbereiche müssen auch in allen anderen Schichten zum Objekt gehören. Außerdem müssen alle Konturen eines Objekts direkt oder indirekt miteinander verbunden sein. Dadurch entsteht ein Konturnetz, welches das Objektvolumen in disjunkte, zusammenhängende Kompartimente unterteilt. Zur Interpolation der Zwischenbereiche werden Coons-Patches verwendet, wobei zur Erzielung eines glatten Übergangs zwischen den Patches eine hermitesche Interpolation durchgeführt wird. Das Ergebnis der Interpolation kann z. B. als Eingabe für dreidimensionale Segmentierungsverfahren wie aktive Oberflächen oder Level-Set-Methoden dienen.

Eine fünfte Methode, die eine noch stärkere Einbeziehung des Benutzers in den Vorgang der Modellerstellung verlangt, ist die Entwicklung von statistischen Gestaltmodellen. Diese haben in letzter Zeit eine große Bedeutung erlangt und wurden u.a. zur Segmentierung von Hirnstrukturen ([Duta98], [Hama03]), von Kniegelenken [Hein02], von Milz und Niere [Kohn02], von Wirbelkörpern [Kohn03] oder allgemein zur Segmentierung von CT-Datensätzen des Abdomens ([Fens00a], [Lang03]) eingesetzt. Die Ableitung des Gestaltmo-

dells erfolgt auf der Grundlage einer großen Anzahl von manuellen Segmentierungen. Aus diesen Eingaben werden nach vorheriger Glättung und Flächenvereinfachung Oberflächen erzeugt. Anschließend erfolgt die Korrespondenzbestimmung, d.h. die Zuordnung der verschiedenen Oberflächenpunkte der unterschiedlichen Trainingsflächen. Danach wird eine Hauptkomponentenanalyse zur Ermittlung des linearen Modells der in der Trainingsmenge enthaltenen Formvariation durchgeführt. Das statistische Gestaltmodell enthält am Ende statistisches Wissen über die zu erwartende Gestaltvariation in Form einer Beschreibung der mittleren Anatomie und typischer interindividueller bzw. pathologischer Abweichungen. Es wird zur Segmentierung mit der Aktive Shape Models Methode (ASM), welche unter 7.4.1.2 genauer beschrieben ist, verwendet.

Eine sechste Methode, die vor allem zur Segmentierung von Gehirnbildern eingesetzt wird, ist die Verwendung umfangreicher Annahmen über die Gestalt und die Lage der einzelnen zu segmentierenden Gehirnstrukturen in Form eines anatomischen Atlanten. Die in einem Atlas gelabelte Anatomie wird dabei mittels einer starren und einer sich anschließenden elastischen Transformation auf das Bild gefittet. Die Güte des Matches hängt im Allgemeinen von der Ähnlichkeit der Voxelintensitäten zwischen dem Atlas und dem zu segmentierenden Bild ab. Beispiele für den Einsatz von Atlanten zur Segmentierung von ungestörten Gehirnstrukturen sind in ([Cuis96], [Ferr99], [Gind93]) zu finden. In [Cuad02] wird außerdem noch die Möglichkeit vorgesehen, synthetische Läsionen in den Atlas einzufügen, um so auch Datensätze von Tumorpatienten bearbeiten zu können.

6.2.1.4 Annahme über die Beziehung zwischen Objekten

Neben dem anatomischen Wissen über die zu erwartende Objektgestalt lässt sich auch Wissen über die Nachbarschaftsbeziehungen zwischen verschiedenen Strukturen in den Bildanalyseprozess integrieren. Dies ist immer dann günstig, wenn viele verschiedene anatomische Strukturen in einem Bild identifiziert werden sollen und die Anordnung der einzelnen Strukturen zueinander nur eine geringe interindividuelle Variation aufweist. Die Beschreibung der Beziehung zwischen verschiedenen Objekten muss immer auf den konkreten Anwendungsfall abgestimmt werden und ist zumeist nie direkt in den Segmentierungsalgorithmus integriert. Vielmehr erfolgt die Berücksichtigung der Annahmen über Beziehungen zwischen Objekten zumeist erst im Zusammenhang mit der Verbesserung des Ergebnisses einer Vorsegmentierung.

Ein Beispiel für das separate Einbringen von Wissen über die Beziehung zwischen verschiedenen Strukturen in einem Bild ist in [Felk97] zu finden. Das dort verwendete anatomische Modell wird zur Segmentierung von MR-Bildern des Gehirns genutzt. Die Wissensbasis über die Beziehung der einzelnen Gehirnstrukturen besteht in diesem Beispiel aus zwei Graphen (siehe Abb. 6.2). In dem morphologischen Graphen sind Informationen über die Organe und ihre Teilstrukturen abgelegt. Knoten nahe der Wurzel in dem Graph repräsentieren komplexe Objekte, wie z.B. das Ventrikelsystem. Blätter und niederere Knoten stehen für Unterobjekte, wie z.B. linker oder rechter Ventrikel. Die Kanten in diesem Graph drücken die Relation „ein Objekt ist Teil von einer übergeordneten Struktur“ aus. Der topologische Graph beinhaltet Information über die Nachbarschaft von Objekten und Unterobjekten. Zwei Arten von Beziehungen können mit ihm beschrieben werden. So kann sich eine Struktur innerhalb einer anderen Struktur ohne Berührung derselben befinden (dünne Linie) oder eine Struktur kann sich innerhalb einer anderen Struktur befinden und diese berühren (dicke Linie). Den einzelnen, in den beiden Graphen beschriebenen Strukturen sind zum Zweck der Segmentierung Merkmalswerte (z.B. Intensität, Höhe des Gradienten an den Kanten, rechteckige Bildbereiche von möglichen Positionen) zugeordnet, die in einer Trainingsphase für den Aufbau der

Wissensbasis gewonnen wurden. Die Segmentierung des Bildes beinhaltet dann das Auffinden von Objektkandidaten und eine Zuordnung der Bedeutung in Abhängigkeit von der Übereinstimmung der ermittelten Werte mit den Werten in der Wissensbasis.

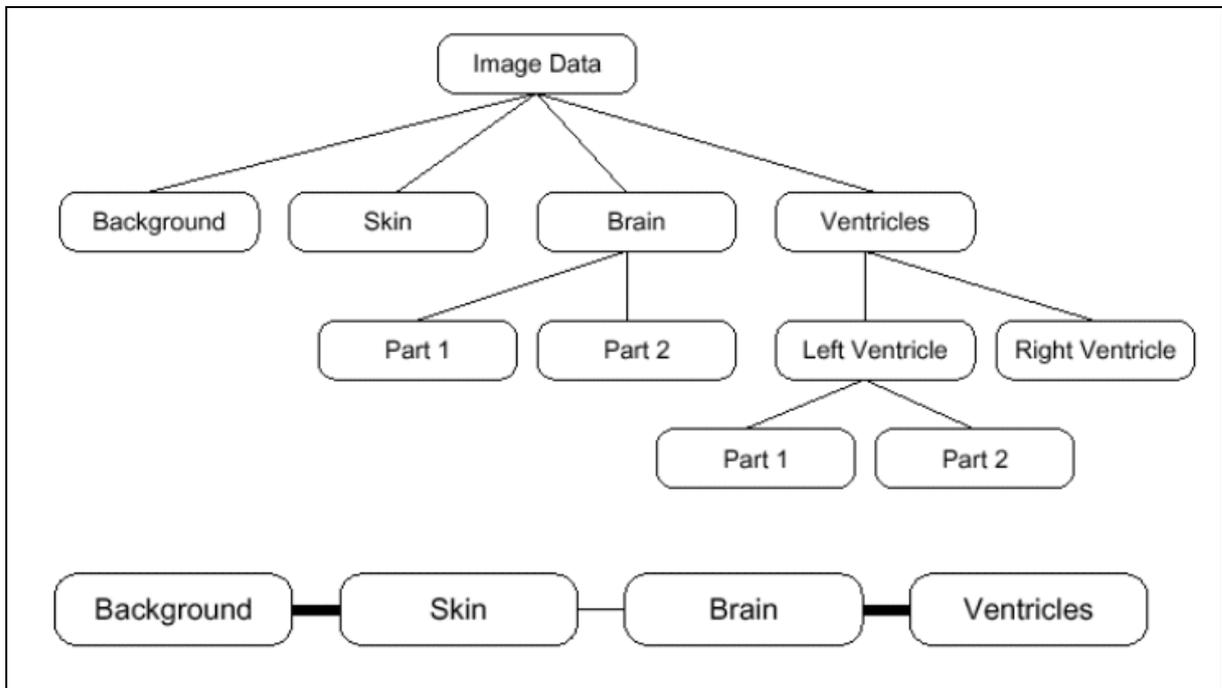


Abb. 6.2: Beschreibung der Beziehung von Strukturen mittels morphologischem Graph (oben) und topologischem Graph (unten) zur Segmentierung von MR-Bildern des Gehirns, aus [Felk97]

Ein ähnlicher Ansatz wurde auch in [Lonc97] zur Segmentierung von CT-Bildern des Kopfes verwendet. Hier wurde zur Vorsegmentierung eine Klassifikation mit einem neuronalen Netz genutzt. Als Ergebnis dieses Schrittes erhält man jedoch eine starke Übersegmentierung des Bildes. Zur Ermittlung der korrekten Segmentierung wird anschließend ein regelbasiertes Expertensystem eingesetzt. Die Regeln in diesem System enthalten wiederum neben gestaltungsspezifischen Kennzahlen auch Angaben über mögliche Nachbarschaftsbeziehungen zu anderen Regionen. Auf Grundlage der für jede segmentierte Region abgeleiteten Eigenschaften (Größe der Region, benachbarte Regionen, Klassenlabel der Vorsegmentierung) wird durch Anwendung der Regeln die Entscheidung über das Zusammenfassen mit anderen Regionen getroffen.

Ein weiteres Anwendungsgebiet, bei dem sehr häufig anatomisches Wissen eingesetzt wird, ist die Segmentierung der Lunge in Röntgenbildern. In dem von Brown [Brow02] beschriebenen System wird sowohl a priori als auch a posteriori Wissen genutzt. Ersteres wird aus dem anatomischen Modell abgeleitet und letzteres aus dem Bild. Das anatomische Wissen ist in einem deklarativen Modell gespeichert. Für jede zu identifizierende Struktur sind in einem Frame neben dem Namen und der Gestaltinformation die strukturellen Beziehungen zu anderen anatomischen Strukturen sowie wichtige Bildeigenschaften abgelegt. Das verwendete Vokabular zur Charakterisierung der Beziehung zu anderen Strukturen ist im Vergleich zu den anderen beiden vorher beschriebenen Beispielen umfangreicher, so dass eine differenziertere Beschreibung möglich ist. Folgende zehn Beziehungen werden dabei berücksichtigt: „das Objekt ist ein Teil von“, „das Objekt liegt rechts bzw. links von“, „das Objekt befindet sich unterhalb bzw. oberhalb von“, „das Objekt liegt horizontal bzw. vertikal in der Nähe von“, „das Objekt ist verbunden mit“ und „das Objekt ist ein unterer Teil bzw. oberer Teil von“. Je-

der Frame hat eine vordefinierte Menge von Eintragungsmöglichkeiten, um die Parameterwerte zu speichern, die den Grad des Zutreffens der einzelnen Beziehungen in Form von Abstandsmaßen angeben. In dem betrachteten Beispiel wurden in einem Vorsegmentierungsschritt zuerst die Kanten aus dem Bild abgeleitet und dann wird in einem Matching-Schritt versucht, diese anhand der abgeleiteten weiteren Merkmale mit den vorliegenden Objektbeschreibungen in Übereinstimmung zu bringen.

Als ein letztes Beispiel, bei dem die Nutzung von Wissen über die Beziehung von Objekten eine wichtige Rolle spielt, soll hier noch die Segmentierung von Blutgefäßen erwähnt werden. Dort ist sowohl bei der Detektion der Gefäße aus Subtraktionsangiogrammen [Fran99] als auch aus CT- und MR-Angiographien [Schö03] immer eine strukturelle Kontrolle erforderlich, da ansonsten aufgrund des hohen Rauschanteils fehlerhafte Verbindungen innerhalb des Gefäßbaums auftreten können. Die Annahme, die dieser Kontrolle zugrundeliegt, besagt, dass sich in einem Verzweigungspunkt ein Gefäß immer in zwei Äste aufgabelt bzw. sich zwei Gefäße zu einem vereinigen. Mehrfachverbindungen, die dieser Vorgabe nicht entsprechen, werden detektiert und die fehlerhaften Seitenäste werden in Abhängigkeit von topologischen Betrachtungen anschließend gelöscht.

6.2.2 Ausnutzung räumlicher Kohärenz

Bei medizinischen Bildaufnahmeverfahren, wie CT und MRT, die eine gute Auflösung in z-Richtung besitzen, lässt sich beim Einsatz von 2D-Segmentierungsverfahren zur Segmentierung von 3D-Strukturen die Tatsache ausnutzen, dass sich in aufeinanderfolgenden Schichten die Gestalt und die Lage einer Struktur nicht wesentlich ändern.

Diese Feststellung wird häufig bei kantenbasierten Segmentierungsverfahren verwendet, wie z.B. in [Cagn97] zur Segmentierung von Strukturen in MR-Bildern des Gehirns. Dabei müssen im ersten Schritt eine oder mehrere Konturen vom Benutzer eingezeichnet werden. Aus dieser manuellen Eingabe leitet ein genetischer Algorithmus Parameter für einen Kantendetektor und für das benutzte elastische Konturmodell ab. Anschließend wird die manuell eingegebene Kontur als grobe Startkontur in den zwei direkt benachbarten Schichten verwendet und mittels Aktivem Kontur Algorithmus an die tatsächlichen Objektgrenzen angepasst. Diese Vorgehensweise wird dann iterativ fortgesetzt, bis die Enden der Struktur erreicht sind.

Ein anderes Beispiel zur Ausnutzung der räumlichen Kohärenz bei der kantenbasierten Segmentierung ist in [Sche01b] zu finden. Hierbei wird als Ausgangspunkt für eine vollständige Segmentierung etwa jede fünfte Schicht eines Datensatzes mittels semiautomatischem Live Wire Verfahren, welches ausführlich im Kapitel 7.3.1 erläutert wird, segmentiert. Anschließend erfolgt eine Interpolation von Konturen für die Zwischenschichten auf Grundlage von jeweils zwei benachbarten segmentierten Konturen. Die optimale Anpassung der interpolierten Ergebnisse an die tatsächlichen Strukturgrenzen erfolgt danach wiederum über die Berechnung der optimalen Pfadkosten.

Neben dem Einsatz bei kantenorientierten Verfahren gibt es jedoch auch die Möglichkeit zur Ausnutzung der räumlichen Kohärenz bei interaktiven regionenbasierten Segmentierungsmethoden. Ein Beispiel dafür ist in [Sijb97] zu finden. Hierbei werden zuerst die einzelnen Schichten eines 3D-MR-Datensatzes mittels Wasserscheidentransformation, die im Abschnitt 7.2.7 genauer betrachtet wird, segmentiert. Eine Beseitigung der Übersegmentierung erfolgt anschließend durch iteratives Zusammenfassen von benachbarten Regionen, wenn diese eine ähnliche Grauwertverteilung besitzen. Auf diesen so vorverarbeiteten Bildern kann der Benutzer in einer Schicht die ihn interessierende Struktur auswählen, indem er alle zu dieser Struktur gehörenden Teilsegmente mit der Maus markiert. Bei der Segmentierung der Struk-

tur in den Nachbarschichten wird nun davon ausgegangen, dass alle Teilsegmente, die innerhalb der Kontur der direkten Nachbarschicht liegen, auch wieder zur Struktur gehören. Die Teilsegmente, die auf der Grenze der Kontur liegen, werden in Abhängigkeit von ihrem Flächenanteil bewertet. Nur wenn der innerhalb der Kontur befindliche Anteil größer ist, werden sie als Teilsegmente des Objekts betrachtet.

6.2.3 Ausnutzung von zeitlicher Kohärenz

Auch bei der Analyse von Bilddaten bewegter Objekte kann man davon ausgehen, dass sich bei langsamer Bewegung oder bei genügend hoher Bildaufnahmefrequenz das Objekt in zwei aufeinanderfolgenden Zeitframes in der Position und der Gestalt nicht wesentlich voneinander unterscheidet. So wird in Arbeiten zur Segmentierung des linken Ventrikels in MR-Daten mittels gestaltbasiertem Matching [Maca01] oder bei der Segmentierung der Zunge in Ultraschallbildsequenzen mittels aktiver Kontur [Akgu99] das Segmentierungsergebnis eines Zeitschritts als Initialisierung für den nächsten Zeitschritt verwendet.

Eine andere Möglichkeit zur Auswertung von Zeitsequenzen ist die Verwendung von Zusatzinformationen über die Bewegung aus der Bildaufnahme. So lässt sich bei MR-Aufnahmen des Herzens mittels SPAMM-Technik die räumliche Modulation der Magnetisierung in Form von Taglines aufzeichnen. Durch diese Linien können die korrespondierenden Punkte auf der Herzoberfläche relativ einfach ermittelt werden ([Wegn01], [Decl99]). Auch beim Ultraschall lassen sich Zusatzinformationen über die Objektbewegung gewinnen. So wird in [Cohe96] neben dem herkömmlichen echokardiographischen Bild auch noch das Doppler Tissue Image (DTI) verwendet. Anhand dieser DTI-Bilder kann die Geschwindigkeit der Bewegung gemessen werden. Diese geht dann in einen zusätzlichen Term der Energiefunktion der aktiven Kontur mit ein, so dass die aktuelle Position des Herzens daraus geschätzt werden kann.

Eine weitere Methode zur Auswertung der zeitlichen Kohärenz bei der Verfolgung von Objekten ist die Ausnutzung der örtlichen Glattheitsbedingung. Hierbei wird davon ausgegangen, dass das sich bewegende Objekt ein einzelnes Organ ist mit einem glatten lokalen Verschiebungsvektorfeld. Wäre dies nicht der Fall, würde das Gewebe bei der Bewegung reißen. Aus diesem Grund können hohe Werte in dem Verschiebungsvektorfeld auch nur durch Bildrauschen hervorgerufen werden. Dieses Erkenntnis führt dazu, dass zur Schätzung der Bewegung solche Methoden favorisiert werden, die diese hohen Werte im Verschiebungsvektorfeld abschwächen. Dies ist z.B. bei der Berechnung des optischen Flusses nach dem Horn-Schunck-Constraint [Klet96] der Fall, wo das optimale Verschiebungsvektorfeld ein Kompromiss zwischen der Erfüllung des Gradienten-Gleichungs-Constraints und des Regularisierungsterms ist (Abb. 6.3). Durch die Integration der Berechnung der Bewegung auf Grundlage des optischen Flusses in die Energiefunktion einer aktiven Kontur ist eine Möglichkeit gegeben, vorherzusagen, wo sich das zu segmentierende Objekt im nächsten Zeitframe wahrscheinlich befindet [Kerv99].

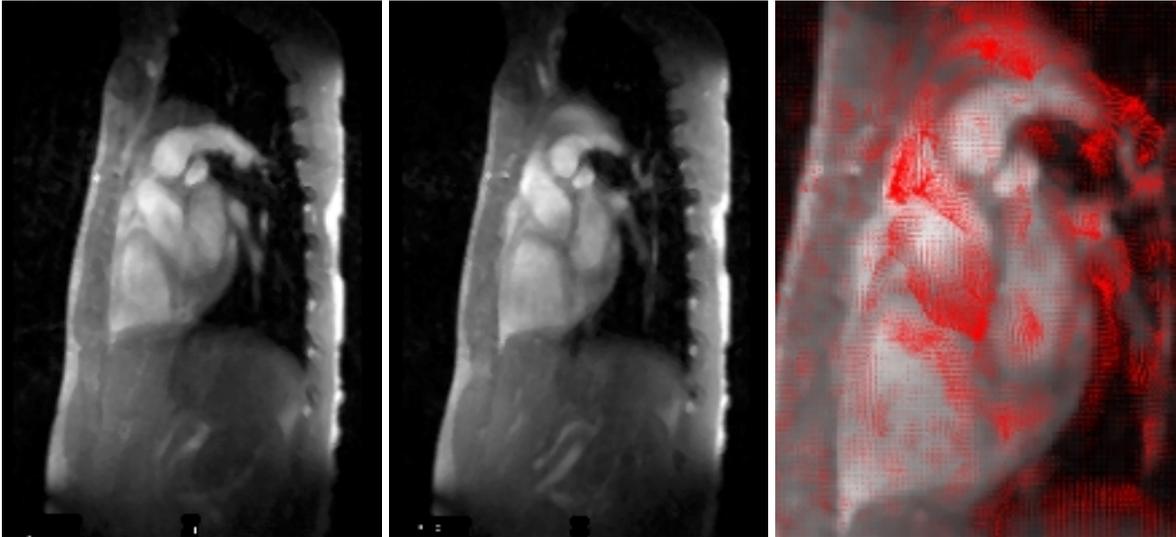


Abb. 6.3: links und Mitte: MR-Bilder einer Zeitserie des Herzens, rechts: Das aus den beiden Bildern der Zeitserie unter Verwendung des Horn-Schunck-Constraints abgeleitete Verschiebungsvektorfeld gibt an, wie stark und in welcher Richtung die zwischenzeitliche Bewegung in den einzelnen Herzregionen erfolgte (Bildraten von der Klinik für Radiologie der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg)

Eine vierte Möglichkeit zur Ausnutzung von Bewegungsinformationen bei der Segmentierung von Objekten in Zeitserien, die hier erwähnt werden soll, ist die Verwendung einer zeitlichen Glattheitsbedingung, wie sie in [Meye96] zum Verfolgen der Herzbewegung genutzt wird. Hier wird zuerst ein deformierbares Gittermodell des linken Ventrikels in einem Zeitframe platziert und anschließend wird dieses Modell durch den Einsatz eines Kalman-Filters [Fors03] in der gesamten Zeitserie an die Lage des Objekts angepasst. Der Kalman-Filter ist hierbei ein optimaler Kompromiss zwischen dem Vertrauen in die dichten Geschwindigkeitsfelder einerseits und der Annahme von einer glatten Bewegung andererseits [Meye96].

6.2.4 Nutzung von Modellen über die Bildaufnahme

Bei der Nutzung von Modellen, die aus dem Bildaufnahmeprozess abgeleitet werden, können zwei verschiedene Gesichtspunkte betrachtet werden. Im ersten Fall steht die Abbildung der gemessenen Gewebeeigenschaften (z.B. Schwächung von Röntgenstrahlen oder von Ultraschallwellen) auf die zur Verfügung stehenden Grauwerte im Mittelpunkt der Betrachtungen. Hieraus können in einigen Fällen Modelle der Objektrepräsentation abgeleitet werden, die sich zur Segmentierung benutzen lassen.

Im zweiten Fall wird die Aufnahme eines Bildes als ein zufälliger Prozess betrachtet. Hierbei wird davon ausgegangen, dass dieselbe Struktur bei einer Bildaufnahme zu zwei unterschiedlichen Zeitpunkten nicht identische Bilder liefert. Dies kann schon daher rühren, dass der physikalische Prozess, der zur Bilderzeugung führt, stochastisch ist, wie z.B. bei PET und SPECT. Außerdem treten Störungen auf, z.B. infolge von Rauscheinflüssen, die dem eigentlichen Bildinhalt überlagert sind. Die Modellierung dieser Vorgänge als Voraussetzung für eine Segmentierung erfolgt mittels Beschreibung als stochastischer Prozess.

Für beide Klassen von Modellannahmen sollen im Folgenden einige Beispiele erläutert werden.

6.2.4.1 Modellannahmen über die Objektrepräsentation

Modelle der Objektrepräsentation lassen sich am besten bei CT-Aufnahmen zur Segmentierung benutzen, da hier die gemessenen Schwächungswerte auf das Referenzmaterial Wasser normiert werden (siehe Abschnitt 4.1.3). Durch die Verwendung der Hounsfield-Einheiten liegen die Grauwerte für gleiche organische Gewebearten auch bei der Benutzung unterschiedlicher Tomographen und bei unterschiedlichen Patienten unabhängig von deren Konstitution im gleichen Intervall. Genutzt werden diese Annahmen vor allem zur Segmentierung von Knochen, da diese die hellsten Bereiche des CT-Datensatzes darstellen. So wird z. B. in [Lore95] ein fester Schwellenwert von 1224 zur Segmentierung der Knochenstrukturen verwendet, da alle anderen Gewebearten kleinere Hounsfield-Werte aufweisen. Ein Beispiel für eine derartige Vorgehensweise ist in Abb. 6.4 zu sehen.



Abb. 6.4: links: CT-Bild des Beckenbereichs, Mitte: Segmentierungsergebnis für die Beckenknochen mit dem Schwellenwert-Verfahren, rechts: Ergebnis nach morphologischer Nachverarbeitung

Aber auch in unnormierten Bilddaten können Annahmen über den zu erwartenden Grauwertbereich genutzt werden. So wird z. B. bei der Segmentierung der Handwurzelknochen in [Silv01] davon ausgegangen, dass die Knochenstrukturen die Röntgenstrahlen im Bild am meisten geschwächt haben und somit am hellsten sind. Deshalb wird zur Segmentierung ein relativer Schwellenwert verwendet, dessen Höhe sich aus dem hellsten Grauwert berechnet, indem dieser mit 0.8 multipliziert wird. Ähnliche Ansätze können auch zur Segmentierung von Gefäßbäumen in Angiogrammen genutzt werden. So wird z. B. in [Felk01] ein Hysteresis-Schwellenwertverfahren beschrieben, bei dem zur Initialisierung das Histogramm in drei Bereiche unterteilt wird: in einen Gefäßbereich, einen Übergangsbereich und in einen Hintergrundbereich.

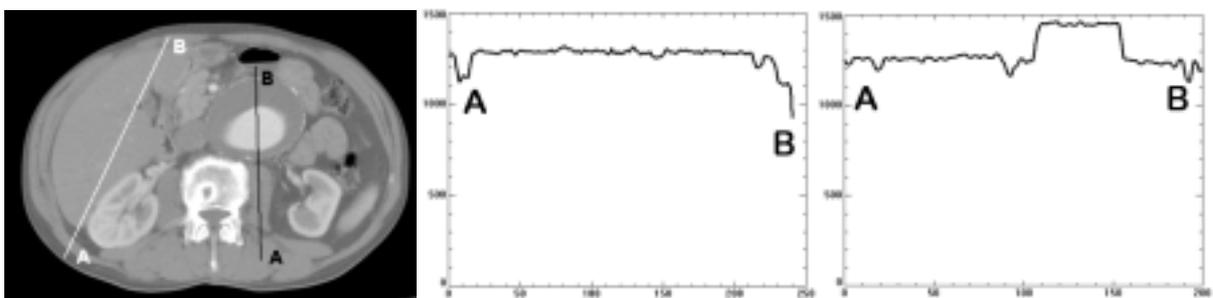


Abb. 6.5: links: CT-Bild des Abdomens, Mitte: Grauwertprofil entlang der weißen Linie, rechts: Grauwertprofil entlang der schwarzen Linie. Die einzelnen Strukturen weisen jeweils annähernd homogene Grauwerte auf.

Neben den Annahmen über zu erwartende Grauwertbereiche für bestimmte Strukturen im Bild können aus der Bildaufnahme außerdem auch noch Homogenitätsannahmen abgeleitet werden. Dies gilt hauptsächlich für CT-Volumendatensätze, da hier der Signalwert eines

Bildpunktes dem gemittelten Schwächungskoeffizienten der eingestrahlten Röntgenstrahlung entspricht. Aufgrund der Tatsache, dass die einzelnen Organe oder Strukturen Gebiete gleicher chemischer Zusammensetzung und somit gleicher Schwächungskoeffizienten darstellen, sind sie auch als Bereiche mit annähernd homogenen Grauwerten zu identifizieren. Dies wird auch an den Grauwertverläufen in Abb. 6.5 ersichtlich. Die Schwankung der Grauwerte innerhalb eines Organs ergibt sich durch geringfügige Gewebeunterschiede (z. B. kleine Blutgefäße), durch Rauscheinflüsse und Rekonstruktionseinflüsse.

6.2.4.2 Stochastische Modelle

Bei der Betrachtung der Bildaufnahme als stochastischer Prozess wird davon ausgegangen, dass sich aufgenommene Bilder ein und desselben Objekts aufgrund von Bildstörungen oder durch zeitliche Abstände zwischen den Aufnahmen geringfügig voneinander unterscheiden. Der Bildinhalt aufgenommener Bilder wird deshalb in diesem Zusammenhang auch als Realisierung einer Zufallsvariablen angesehen. Diese Zufallsvariable besitzt eine bestimmte Verteilung mit einem Erwartungswert und einer möglichen Abweichung von diesem Erwartungswert. Ziel der Betrachtungen ist es, den Erwartungswert aus Annahmen über die Eigenschaften der Verteilung zurückzugewinnen.

Bei der Nutzung stochastischer Modellannahmen zur Segmentierung wird die Schwankung der Werte bei der Intensitätsmessung infolge von Rauscheinflüssen durch eine finite Gauss-Verteilung modelliert. Die Glattheit und stückweise kontinuierliche Natur der Gewebe wird durch ein Markov Random Field nachgebildet. Der auf diesem statistischen Ansatz basierende Segmentierungsalgorithmus approximiert dann das Finden des Maximums einer a posteriori-Schätzung für die Segmentierung und schätzt die Modellparameter für die Verteilungsfunktionen aus den Bilddaten. Derartige stochastische Ansätze werden in der medizinischen Bildanalyse häufig zur Segmentierung von Gehirngewebe in weiße und graue Substanz sowie in CSF genutzt [Raja97] oder zur Detektion von Tumoren in Mammographien [Li95] verwendet. Die genaue Vorgehensweise bei der Nutzung stochastischer Modellannahmen zur Segmentierung wird im Abschnitt 7.2.6 ausführlich erläutert.

6.3 Strategien zur Modellentwicklung für eine konkrete Aufgabenstellung

In der Praxis kommt es sehr häufig vor, dass zur Lösung einer Aufgabenstellung mehrere unterschiedliche Modellannahmen gemeinsam verwendet werden. Dies ist schon dadurch begründet, dass zumeist sehr komplexe Strukturen aus einem Datensatz extrahiert werden sollen. Gute und reproduzierbare Segmentierungsergebnisse sind immer dann zu erwarten, wenn ausreichend invariante Merkmale zur Lösung der Fragestellung zur Verfügung stehen, mit denen eine eindeutige Identifikation der zum Objekt gehörigen Pixel im Bild möglich ist. Dies wird jedoch nur für einige einfache Fragestellungen zutreffen.

Eine mögliche Lösungsstrategie zum Umgehen der Problematik einer ungenügenden Strukturbeschreibung besteht darin, den Benutzer in den Segmentierungsprozess mit einzubinden. Durch Nutzerinteraktion können so ergänzende Beschreibungen von nicht modellierbaren Invarianzen und auch Wissen von selten auftretenden Spezialfällen in den Auswerteprozess integriert werden. In einigen Fällen ist es auch möglich, aus der bereits erfolgten Interaktion zu lernen, um diese bei häufig wiederkehrenden Entscheidungen möglichst einschränken zu können. Wie das unterschiedliche Modellwissen in den Bildanalyseprozess ein-

gebracht werden kann und welche Interaktionsstrategien und besonderen Anforderungen an die Benutzerführung gestellt werden, soll im nächsten Abschnitt betrachtet werden.

6.4 Möglichkeiten zum Einbringen der Modellannahmen

Alle in den vorangehenden Abschnitten beschriebenen Modellannahmen müssen in den Segmentierungsprozess integriert werden. Zum Einbringen der Modellannahmen gibt es dabei zwei unterschiedliche Vorgehensweisen. Erstere basiert darauf, dass das Modellwissen direkt in den Segmentierungsalgorithmus integriert wird. Dies ist z. B. bei der Nutzung der Hough-Transformation der Fall, wo mit der Auswahl des Verfahrens schon festgelegt wird, dass durchgehende Konturen gesucht werden sollen.

In vielen Fällen ist eine Integration des Wissens direkt in den Algorithmus jedoch nicht möglich, da die Kenntnis über bestimmte Sachverhalte zumeist nicht einfach in eine Regel gefasst werden kann. In diesen Fällen muss das zur Lösung des Problems heranzuziehende Wissen durch Interaktionsstrategien von Seiten des Benutzers in den Segmentierungsprozess eingebracht werden. Die Anforderungen an eine derartige Interaktion und deren Zweck, sollen im Folgenden genauer betrachtet werden.

6.4.1 Anforderungen an die Interaktion

Da die Bildauswertung in der Medizin zumeist von medizinisch orientierten Anwendern durchgeführt wird, sollten die Effekte, die durch die Interaktion hervorgerufen werden, auch für diesen Personenkreis nachvollziehbar sein. Dies ist zumeist der Fall, wenn die Eingabe graphische Elemente, wie die Platzierung eines Startpunktes oder einer Startstruktur beinhaltet, da dies nur Wissen über das Problem erfordert. Problematischer ist es, wenn die abgeforderte Eingabe numerischer Natur ist, wie dies bei der Parametrisierung, z.B. bei der Energiefunktion von aktiven Konturen, der Fall ist. Zur Einstellung von Parametern ist Wissen über die technischen Aspekte der Berechnungsmethode erforderlich, welches im Allgemeinen nicht vom medizinischen Anwender erwartet werden kann. Hier erweist es sich zumeist als günstig, dem Anwender eine sinnvolle Parametrisierung vorzuschlagen, die anschließend verändert werden kann [Olab01].

Weiterhin sollte darauf geachtet werden, dass die vom Benutzer abgeforderten Eingaben nicht trivial sind, da dieses leicht zu Ermüdungserscheinungen führt. Deshalb sollte auch bei der Auswertung von sich wiederholenden Bilddaten (z. B. bei der Segmentierung der einzelnen Schichten in 3D-Datensätzen) versucht werden, die Eingaben aus den vorherigen Schritten als Initialisierung zu verwenden, um so den Benutzer zu entlasten.

Außerdem sollte vorgesehen werden, dass Effekte der Interaktion auch wieder rückgängig zu machen sind. Wenn z. B. der Benutzer bei der Eingabe von Anfangsstrukturen einen fehlerhaften Punkt setzt, sollte dieser Punkt auch wieder einzeln entfernt werden können, ohne dass korrekt eingegebene Punkte davon betroffen sind.

Die Effizienz von Nutzereingaben kann auch gesteigert werden, indem aus einer möglichst allgemeinen Eingabe die eigentlich gesuchten genauen Werte abgeleitet werden. Ein Beispiel hierfür ist die Ermittlung eines linken und rechten Startpunktes für die Gefäßverfolgung in Angiogrammen oder die Ermittlung der Vermessungspunkte von Handwurzelknochen [Silv01]. Nach Eingabe eines Punktes innerhalb der Struktur für die interessierende Position kann sehr einfach durch das Ermitteln der stärksten Gradienten auf verschiedenen orientierten

Linien die korrekte linke und rechte Position der zwei gesuchten Punkte bestimmt werden, ohne dass der Benutzer bestimmte Genauigkeitsanforderungen erfüllen muss.

Schließlich sollte auch der Zeitraum zwischen zwei Informationsanforderungen möglichst kurz sein. So ist es z.B. bei zeitaufwendigen Algorithmen besser, wenn der Benutzer zuerst für alle von ihm zu bearbeitenden Bilddatensätze die Initialisierung vornimmt und anschließend die Berechnung ohne weitere Benutzereingabe auch in der Nacht erfolgen kann.

Ein letzter Punkt, der bei der Abforderung von Benutzereingaben beachtet werden sollte, ist, dass die Eingaben eine möglichst große Stabilität besitzen. So sollten sich für ähnliche Eingaben auch annähernd die gleichen Ergebnisse ergeben. Dies ist besonders bei der Abfrage von geometrischen Informationen zu beachten, wie z.B. bei der Markierung von Punkten auf einer Kontur mittels Maus, da hier immer Ungenauigkeiten bei der Eingabe auftreten. In einem solchen Fall sollte nach der Eingabe durch den Benutzer nach der optimalen Position innerhalb einer lokalen Umgebung des eingegebenen Punktes gesucht werden. Anschließend sollte dem Nutzer die Wahl zwischen der eigenen Eingabe und der optimierten Position gelassen werden. In einigen Fällen ist es auch möglich, durch die Wahl der Cursorform eine Verbesserung der Stabilität der Ergebnisse zu erreichen. So wurde in [Silv01] zur Vermessung der Handwurzelknochen von Kindern in Radiographien ein elliptischer Cursor gewählt, der sich in seiner Größe auch automatisch dem eingegebenen Alter anpasste, um dadurch nur bestimmte Vermessungspositionen zuzulassen (siehe Abb. 6.6).



Abb. 6.6: Verwendung eines elliptischen Cursors, um eine Markierung im mittleren Bereich der Handwurzelknochen im Röntgenbild zu gewährleisten, nach [da Silva]

6.4.2 Zweck der Interaktion

Das Einbringen der Modellinformation kann an verschiedenen Stellen im Bildanalyseprozess erfolgen (siehe Abb. 6.7). Im Allgemeinen wird man versuchen, möglichst viel der eingebrachten Modellinformation in Form von Algorithmen zu beschreiben, um den Segmentierungsprozess besser kontrollieren zu können. Dies erhöht außerdem die Möglichkeit zur Automatisierung eines Segmentierungsverfahrens. Hierbei ist jedoch zu beachten, dass zwar zum einen der Grad der Wiederholbarkeit zunimmt, zum anderen aber die Flexibilität zum Einsatz des Verfahrens sinkt. So ist z. B. ein aktives Konturverfahren mit interaktiver Initialisierung für vielfältige Aufgabenstellungen einsetzbar, wobei aber das Ergebnis bei gestörten Bildern zwischen verschiedenen Initialisierungen variieren kann. Verwendet man statt der manuellen Eingabe der Startkontur ein Modell vom gesuchten Objekt, welches vom Nutzer nur richtig im Bild platziert werden muss, wird die Anwendung auf ein ganz spezielles Problem eingegrenzt. Gleichzeitig wird jedoch die Wahrscheinlichkeit einer fehlerhaften Eingabe minimiert und die Variabilität der Ergebnisse eingeschränkt.

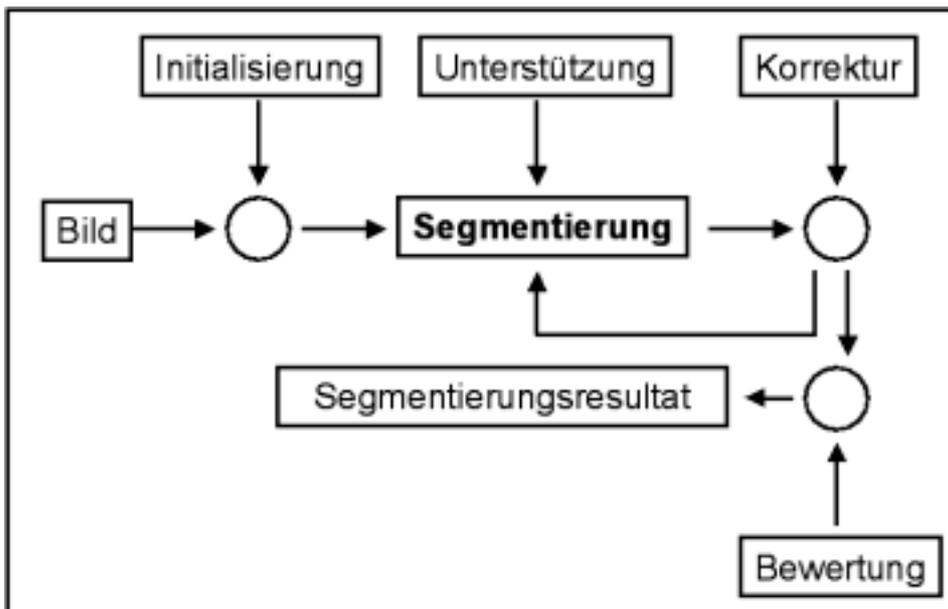


Abb. 6.7: Möglichkeiten zum interaktiven Einbringen von Modellinformation in den Segmentierungsprozess, nach [Tönn93]

Anzumerken ist, dass nicht alle Modellinformation leicht algorithmisch eingebracht werden kann, da diese gerade bei medizinischen Segmentierungsaufgaben oft zu komplex ist. Deshalb ist bei zahlreichen in der Medizin genutzten Segmentierungsverfahren eine Interaktion zum Zweck der Initialisierung des Verfahrens notwendig. Hierbei kann es erforderlich sein, dass der Benutzer sein Wissen mittels graphischer Eingaben in den Algorithmus einbringen muss, wie dies z.B. beim Markieren von Startpunkten beim Region growing oder beim Setzen von Startstrukturen bei aktiven Konturen der Fall ist. Das setzt eine Interpretation des Bildes von Seiten des Benutzers voraus, da durch die Nutzereingabe auch die Anzahl der gesuchten Segmente und deren ungefähre Position festgelegt wird.

Neben graphischen Eingaben können beim Initialisierungsschritt auch alphanumerische Eingaben zum Zweck der Parametrisierung eines Verfahrens erforderlich sein. Hierdurch ist eine Anpassung des Verfahrens an Unterschiede in der Bildqualität möglich. Die Bedeutung der einzelnen Eingaben muss jedoch so erläutert werden, dass der Effekt der Eingabe für den Anwender verständlich wird. Dies ist für sehr einfache Effekte, wie sie z.B. bei der Änderung eines festen Schwellwertes auftreten, noch einfach möglich. Bei komplizierteren Parameter-einstellungen, wie z.B. bei der Festlegung der Gewichtung der einzelnen Terme in der Energiefunktion bei aktiven Konturen, ist eine Vorhersage und Erläuterung der Effekte schon sehr viel problematischer.

Eine weitere Möglichkeit, Wissen des Benutzers zur Segmentierung zu verwenden, ist, ihn direkt in den Segmentierungsprozess zur Steuerung des Prozesses einzubinden. Dies erfordert, dass der Benutzer im gesamten Verlauf des Segmentierungsprozesses ständig mit dem Rechner im Dialog steht. Ein Beispiel für eine solche Vorgehensweise ist die Segmentierung mit interaktiver Schwellwertsetzung. Hierbei erhält der Benutzer jeweils sofort eine Reaktion, d.h. ein Ergebnisbild, auf seine Eingabe. Der Prozess wird abgebrochen, wenn das erzielte Ergebnis mit der Erwartung des Benutzers übereinstimmt. Generell ist festzustellen, dass eine Integration des Benutzers zur Unterstützung des Segmentierungsvorgangs nur dann vorgesehen werden sollte, wenn der Algorithmus ausreichend schnell ist. Ist der Zeitraum zwischen den Informationsanforderungen zu lang, ermüdet der Benutzer aufgrund der ständig erforderlichen Aufmerksamkeit, so dass die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von Fehlern steigt.

Ein Vorteil bei dieser Art der Interaktion ist, dass die Segmentierung zumeist für den Laien gut nachvollziehbar ist.

Auch zu einem späteren Zeitpunkt kann Wissen des Benutzers in den Segmentierungsprozess integriert werden, indem er aufgefordert wird, ein vorläufiges Ergebnis zu korrigieren. Dieser Schritt verlangt eine nicht so enge Zusammenarbeit zwischen Benutzer und Rechner und lässt sich besser in den gewöhnlichen Arbeitsablauf eines Mediziners integrieren. So sind die Anforderungen bezüglich der Rechenzeit auch geringer als im vorangegangenen Fall, da der Benutzer nicht auf eine weitere Anforderung warten muss. Ein Beispiel für eine derartige Unterstützung ist die Kantenverfolgung. Bei diesem Verfahren kann nicht immer sichergestellt werden, dass auch tatsächlich die gewünschte Kontur verfolgt wird. So kann es beim Einsatz dieses Verfahrens zur Gefäßsegmentierung in Angiogrammen dazu kommen, dass an einem Verzweigungspunkt der falsche Gefäßabschnitt weiterverfolgt wird. In diesem Fall ist die Eingabe eines zusätzlichen Zwischenpunktes durch den Benutzer erforderlich, um die Verfolgung in die gewünschte Richtung zu zwingen. Da es sich bei der korrigierenden Interaktion um einen Vorgang handelt, bei dem ein bereits bestehendes Ergebnis verbessert wird, ist es hier immer erforderlich, dem Benutzer schnell zu zeigen, welcher Bereich des Ergebnisses von der Korrektur betroffen ist und wie das verbesserte Ergebnis aussieht.

Auch ein Zusammensetzen von einzelnen segmentierten Primitiven zum gesuchten Ergebnis kann dem Benutzer abverlangt werden. Dies kann z.B. bei der Wasserscheidentransformation der Fall sein, bei der zumeist eine starke Übersegmentierung auftritt und wo der Benutzer die einzelnen Segmente eines Objekts manuell auswählen muss [Olab01]. Dieses erfordert auch, dass die einzelnen Primitive in einer geeigneten Hierarchie abgespeichert sind.

Schließlich ist als letzter Interaktionsschritt noch die Bewertung des Ergebnisses durch den Benutzer erforderlich. Diese muss immer stattfinden, und der Nutzer muss hierbei entscheiden, ob das von ihm gewünschte Ergebnis mit dem von ihm gewählten Segmentierungsansatz sowie mit den vorgenommenen Parametereinstellungen erreicht werden konnte, oder ob eine erneute Verarbeitung des Bildes erforderlich ist. Der Informationsgehalt dieser Interaktion kann bei einer Verarbeitung von Bildserien auch für die Bearbeitung der weiteren Bilder genutzt werden. Falls z.B. der Benutzer bei der Bewertung des Ergebnisses eines Schwellenwertverfahrens feststellt, dass das segmentierte Objekt zu klein ist, kann für die Bearbeitung der nächsten Bilder ein niedrigerer Schwellenwert gewählt werden.

Ein anderer Interaktionszweck kann auch noch in der Bewertung der zur Lösung eines Problems verwendeten Sequenz von einfachen Bildverarbeitungsoperatoren bestehen. Ein Nachteil dieser Strategie ist jedoch, dass es keine Garantie dafür gibt, ob der ausgewählte Prozess auch bei anderen Bilddaten das gewünschte Ergebnis liefert.

In Tab. 6.1 sind für die verschiedenen Interaktionszwecke die Anforderungen an die Visualisierung und die Art der geforderten Eingabe noch einmal zusammengefasst.

Tab. 6.1: Zusammenfassung der Anforderungen an die Visualisierung und Interaktionswerkzeuge sowie deren Bedeutung für das Segmentierungsergebnis [Olab01]

<i>Interaktionszweck</i>	<i>Anforderungen</i>	
	<i>Visualisierung</i>	<i>Eingabewerkzeuge</i>
Initialisierung	Ergebnisanzeige	Parametereingabe, graphischer Editor
Steuerung	Ergebnisanzeige, Echtzeit-Feedback	Graphischer Editor
Korrektur	Ergebnisanzeige	Graphischer Editor
Zusammenfassung von Primitiven	Primitiven- und Ergebnisanzeige	Graphischer Editor zur Auswahl und Kombination
Bewertung	Ergebnisanzeige	Ja/Nein-Abforderung
Sequenzbildung	Anzeige des Prozesses und Ergebnisanzeige	Auswahloperationen, Parametereingabe

Die meisten Schritte der Interaktion eines Benutzers im Segmentierungsprozess sind für das Beispiel der Segmentierung von Hauttumoren in hochfrequenten Ultraschallaufnahmen mittels aktiver Konturen in Abb. 6.8 demonstriert. Bei dem verwendeten Programm ist zuerst eine Initialisierung durch Eingabe von drei Startpunkten vorgesehen, die die Startkontur aufspannen. Diese Punkte werden vom System automatisch in die berechnete optimale Position bewegt. Aufgrund zahlreicher Bildartefakte ist es jedoch notwendig, dem Benutzer anschließend die Möglichkeit zu geben, sich zwischen seiner Startpunktsetzung und der optimierten Position zu entscheiden bzw. Korrekturen an dem Ergebnis der Optimierung vorzunehmen. Nachdem der Segmentierungsvorgang abgeschlossen ist, muss der Benutzer entscheiden, ob er mit dem Ergebnis zufrieden ist. Ansonsten hat er die Möglichkeit, einzelne Punkte zu korrigieren und in eine feste Position zu bringen, bevor der Segmentierungsschritt erneut durchlaufen wird.

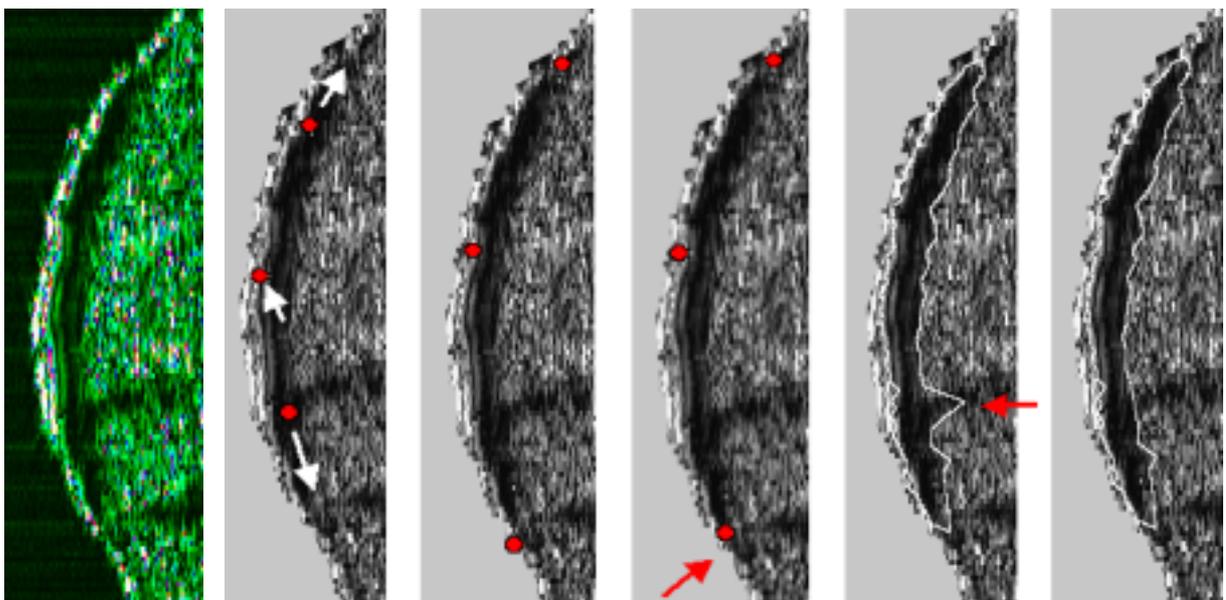


Abb. 6.8: Interaktionsschritte bei der Segmentierung von Hauttumoren in 20 MHz-Ultraschallaufnahmen mittels einer aktiven Kontur, von links nach rechts: Originalbild, Startpunktinitialisierung, Optimierung der Benutzereingabe durch das Programm, Korrektur der Optimierung, Segmentierungsergebnis, Korrektur des Ergebnisses durch den Benutzer

6.5 Zusammenfassung

Wie in den vorangegangenen Abschnitten gezeigt wurde, hat der Benutzer bei der Durchführung der Bildanalyse die Möglichkeit, unterschiedliche Arten von Modellannahmen in seinen Analyseprozess zu integrieren. Welche Annahmen er verwenden kann, hängt zum einen von der Aufgabenstellung und damit von seinem Vorwissen über das konkret zu lösende Problem ab und zum anderen von dem Bildmaterial, das ihm zur Verfügung gestellt wird. Insgesamt kann man feststellen, dass mit zunehmendem Umfang an korrekten Modellannahmen im Segmentierungsprozess auch die Wahrscheinlichkeit ansteigt, ein stabiles und richtiges Segmentierungsergebnis zu erhalten.

Weiterhin wurde in dem Kapitel dargelegt, dass die Modellannahmen auf unterschiedlichem Weg in den Segmentierungsprozess eingebracht werden können. So ist die Integration von Vorwissen zum einen direkt in den Algorithmus möglich und zum anderen können die Modellannahmen über eine Benutzerinteraktion abgefragt werden.

Im nachfolgenden Kapitel soll nun eine Einteilung der in der medizinischen Bildverarbeitung gängigen Segmentierungsverfahren entsprechend der im Analyseprozess integrierten Modellannahmen vorgenommen werden, um daraus später eine Hilfestellung für die Auswahl von Verfahren ableiten zu können.

7 Segmentierungsverfahren für medizinische Bilddaten

Im vorangegangenen Kapitel wurde untersucht, welche Modellannahmen verwendet werden können, um in der medizinischen Bildanalyse das gewünschte Segmentierungsergebnis zu erzielen. Weiterhin wurde festgestellt, welche unterschiedlichen Kategorien von a priori Informationen aus den Bilddaten benutzt werden können. Im Folgenden sollen nun häufig in der medizinischen Bildanalyse eingesetzte Segmentierungsverfahren näher betrachtet werden, wobei eine Klassifikation entsprechend der verwendeten und in den jeweiligen Algorithmus direkt integrierten Modellannahmen vorgenommen wird.

Die Verfahren, die exemplarisch zur Analyse ausgewählt wurden, nutzen unterschiedlich komplexe Modellannahmen. Sie lassen sich grob in vier verschiedene Gruppen einteilen. Bei der ersten Gruppe wird von der Verfahrenseite her kein eigenes Modellwissen verwendet. Alle Annahmen zur Segmentierung müssen vom Benutzer durch Interaktion in den Segmentierungsprozess eingebracht werden. Hierzu zählen die manuelle Markierung und die interaktive Bildanalyse auf der Basis von Volumen-gerenderten Bilddaten.

Eine zweite große Gruppe von Segmentierungsverfahren verwendet Modellwissen aus der Bildaufnahme. Folgende Verfahren, die dieser Gruppe zuzuordnen sind, sollen hier betrachtet werden: Schwellenwertverfahren, das Regionenwachstumsverfahren, die Split-and-Merge-Segmentierung, die Diffusionsverfahren, die Klassifikations- und Clusteranalyseverfahren, die Segmentierung mit Markov Random Fields (MRF), die Wasserscheidentransformation und die Kantenfilterung.

Als Vertreter einer dritten Gruppe, die neben den Modellannahmen aus der Bildaufnahme auch noch die Annahme über durchgehende Konturen verwenden, sollen die Ermittlung optimaler Konturzüge durch Graphensuche und mittels dynamischer Programmierung erläutert werden.

Die vierte Gruppe bilden schließlich Verfahren, die zusätzlich zu den beiden Modellannahmen der dritten Gruppe auch noch Modelle über die erwartete Gestalt benutzen. Hier soll speziell auf die Segmentierung mit deformierbaren Modellen und auf die Hough-Transformation eingegangen werden.

7.1 Segmentierungsverfahren ohne Modellwissen

Die Segmentierungsansätze, die ohne integrierte Modellannahmen arbeiten, haben den Vorteil, dass sie prinzipiell für beliebige Segmentierungsprobleme einsetzbar sind. Günstig ist zudem die leichte Erlernbarkeit der Verfahren. Nachteilig ist dagegen der große Interaktionsaufwand. Außerdem hängt die Qualität der Ergebnisse fast ausschließlich von der Erfahrung und der Konzentration des jeweiligen Benutzers ab. Die erzielten Ergebnisse sind teilweise sehr subjektiv und variieren für verschiedene Benutzer. Im Folgenden sollen zwei mögliche Herangehensweisen der interaktiven Segmentierung betrachtet werden. Während die manuelle Markierung des Objekts zweidimensionale Bilddaten voraussetzt, kann die interaktive Bildanalyse mittels Volumen-Rendering-Verfahren nur zur Analyse von dreidimensionalen Daten benutzt werden.

7.1.1 Manuelle Markierung des Objektes

Die manuelle Segmentierung erfolgt im Allgemeinen durch die Eingabe der Kontur der gesuchten Struktur. Diese Eingabe kann durch drei verschiedene Ansätze realisiert werden.

Die einfachste Möglichkeit besteht im kontinuierlichen Nachzeichnen der Strukturgrenzen mittels Maus und im Abspeichern der entsprechenden x- und y-Koordinaten der einzelnen Konturpunkte in einer Liste. Eine derartig erzeugte Kontur kann Fehler, die durch ein Zittern der Hand hervorgerufen werden, enthalten. Weicht die gezeichnete Kontur in einigen Bereichen zu weit vom gewünschten Ergebnis ab, muss bei dieser Art der Kontureingabe die gesamte Kontur gelöscht werden, da eine spätere Korrektur einzelner Abschnitte kaum realisierbar ist.

Eine zweite Möglichkeit der manuellen Markierung der Objektgrenzen besteht in der Eingabe von Polygoneckpunkten. Anschließend werden jeweils zwei benachbarte Eckpunkte $p_i(x_i, y_i)$ und $p_{i+1}(x_{i+1}, y_{i+1})$ durch ein Liniensegment r_i miteinander verbunden. Die einzelnen Punkte des Liniensegments ergeben sich nach der Gleichung

$$r_i = p_i + t(p_{i+1} - p_i) \text{ mit } 0 \leq t \leq 1. \quad (7.1)$$

Ein Vorteil bei dieser Art der Eingabe ist, dass aufgrund der geringeren Punktzahl eine Korrektur fehlerhafter Bereiche durch das Verschieben, Löschen oder Hinzufügen einzelner Eckpunkte möglich ist. Nachteilig ist jedoch, dass die wahre Objektkontur nur approximiert wird. Außerdem weisen die segmentierten Strukturen nur eine G^0 -Stetigkeit auf, wohingegen die realen medizinischen Strukturen zumeist als glatt und rundlich empfunden werden (Abb. 7.1).

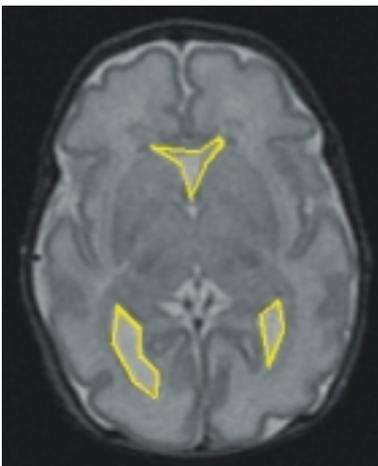


Abb. 7.1: Ergebniskonturen für die Detektion des Ventrikelsystems in einem MR-Bild des Kopfes nach manueller Eingabe der Stützpunkte des Polygonzugs. Die markierten Strukturen weisen aufgrund der scharfen Ecken eine eher unnatürlich wirkende Gestalt auf.

Um eine bessere Approximation der segmentierten Objektkontur an die reale Gestalt zu erreichen, kann schließlich auch die interaktive Eingabe der Kontur über die Eingabe von Stützpunkten parametrischer kubischer Kurven erfolgen, bei denen die einzelnen Kurvensegmente über kubische Polynome approximiert werden. Die Verwendung von kubischen Funktionen ist günstig, da diese zum einen eine ausreichende Flexibilität garantieren und außerdem in der Ebene nicht linear sind. Zum anderen ist der Berechnungsaufwand geringer als für Polynome höherer Ordnung und gleichzeitig ist die Kontrolle über den Kurvenverlauf besser. Die allgemeine Definition eines kubischen Kurvensegments ist

$$Q(t) = [x(t) \ y(t) \ z(t)] = T \cdot C \text{ mit } T = [t^3 \ t^2 \ t \ 1] \text{ und } C = \begin{bmatrix} a_x & a_y & a_z \\ b_x & b_y & b_z \\ c_x & c_y & c_z \\ d_x & d_y & d_z \end{bmatrix}. \quad (7.2)$$

Die einzelnen Typen von kubischen Kurven unterscheiden sich bezüglich der Matrix C , die eine Verknüpfung der Geometriematrix, die sich aus den Randbedingungen ergibt, mit der jeweiligen Basismatrix darstellt. So ist die Geometriematrix der Hermite-Kurven durch zwei

Endpunkte und 2 Tangentenvektoren an den Endpunkten definiert, die der Bezier-Kurven durch zwei Endpunkte und zwei Kontrollpunkte und die der B-Spline-Kurven durch vier Kontrollpunkte [Fole87]. Während die ersten beiden Kurventypen infolge der benutzten geometrischen Constraints durch die Endpunkte verlaufen, ist dies bei den B-Spline-Kurven nicht der Fall. Dies ist auch ein Problem, wenn man letzteren Kurventyp zur Konturdarstellung verwenden will, da er schwerer zu kontrollieren ist.

Ein Vorteil bei der Verwendung von kubischen Kurven zur Darstellung der Kontur im Gegensatz zur Nutzung eines Polygonzugs ist, dass glattere und damit natürlicher aussehende Kurven erzeugt werden können. Außerdem benötigt man häufig weniger eingegebene Stützpunkte zur Erzeugung der gleichen Approximationsgüte der Objektgestalt. Günstig bei der Nutzung kubischer Kurvensegmente ist weiterhin, dass bei Vergrößerungen kein geometrisches Aliasing auftritt und eine Korrektur fehlerhafter Eingaben durch die Verschiebung einzelner Stützpunkte sehr leicht möglich ist.

Zusammenfassend kann man feststellen, dass die manuelle Segmentierung sehr flexibel einsetzbar ist und für seltene Aufgabenstellungen auf jeden Fall ihre Berechtigung hat. Nachteilig ist jedoch der große Interaktionsaufwand für den Benutzer bei größeren Datensätzen und vor allem die Subjektivität und schlechte Reproduzierbarkeit der erzielten Ergebnisse.

7.1.2 Interaktive Bildanalyse mittels Volumen-Rendering-Verfahren

Mit zunehmender Entwicklung der medizinischen Gerätetechnik, stetig steigender Bildauflösung und zunehmender Anzahl der Schichtbilder ist der Weg der rein manuellen Markierung von Objekten bei 3D-Datensätzen aus Zeitgründen häufig nicht mehr akzeptabel. Um eine Interpretation der Daten zu ermöglichen, kann eine Visualisierung der interessierenden Details Abhilfe schaffen. Da eine 3D-Visualisierung immer auch mit einer Informationsreduktion einhergeht, müssen hier solche Visualisierungsmethoden verwendet werden, die bei der Projektion der Daten in eine 2D-Darstellung ein Bild erzeugen, das mit den Alltagserfahrungen bei der visuellen Wahrnehmung richtig interpretiert werden kann. Außerdem müssen zur benutzergesteuerten Datenanalyse noch Interaktionsmethoden zur Verfügung gestellt werden, die eine zielorientierte Steuerung des Analyseprozesses unterstützen. Auf diese beiden Punkte soll im Folgenden näher eingegangen werden.

7.1.2.1 Darstellung der Daten mittels Volume-Rendering

Im Gegensatz zu oberflächenbasierten Verfahren bieten Volume Rendering Verfahren gute Möglichkeiten für eine 3D-Bildanalyse von Voxeldatensätzen. Als Methoden können hierbei das Emissions/Absorptions Volume Rendering Verfahren oder das Reflexions/Transmissions Volume Rendering Verfahren eingesetzt werden. Mit letzterem ist es möglich, entweder die Oberflächen einer Struktur darzustellen oder aber, diese transparent sichtbar zu machen, wodurch der Blick auf tiefer gelegene Strukturen freigegeben wird. Zur Projektion der 3D-Daten auf den 2D-Bildschirm lassen sich drei unterschiedliche Ansätze verfolgen:

- Back-to-Front-Projektion,
- Front-to-Back-Projektion und
- Ray-Tracing-Verfahren.

Beim Back-to-Front-Algorithmus muss zuerst der von der virtuellen Bildebene entfernteste Voxel ermittelt werden. Ausgehend von diesem Voxel werden dann nacheinander die am

nächsten liegenden Voxel der Reihenfolge nach durchlaufen und unter dem eingestellten Betrachtungswinkel auf die Bildebene projiziert. Fallen mehrere Voxel auf einen Bildpunkt, so wird durch diese Durchlaufstrategie garantiert, dass der Voxel, der der Bildebene am nächsten liegt, in der 2D-Darstellung als Oberflächenpunkt angezeigt wird (Abb. 7.2).

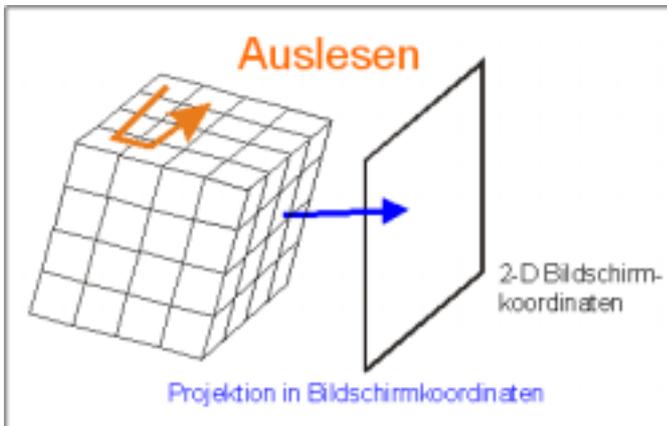


Abb. 7.2: Vorgehensweise bei der Volumenvisualisierung mit dem Back-to-Front-Algorithmus. Der am weitesten entfernte Voxel wird zuerst auf die Bildebene projiziert.

Beim Front-to-Back-Ansatz wird das Bild zur Darstellung genau in umgekehrter Reihenfolge durchlaufen. Um ein Überschreiben der sichtbaren Oberflächen voxel zu vermeiden, wird ein zusätzlicher z-Buffer genutzt. In diesem Zusatzspeicher wird der Abstand des jeweils aktuell auf den entsprechenden Bildpunkt projizierten Voxels zur Bildebene abgelegt. Bei einer erneuten Projektion eines Voxels auf einen Punkt wird sein Abstand mit dem Wert im z-Buffer verglichen, und der Punkt mit dem kleinsten Abstand wird dargestellt. Anschließend wird der z-Buffer, falls notwendig, aktualisiert.

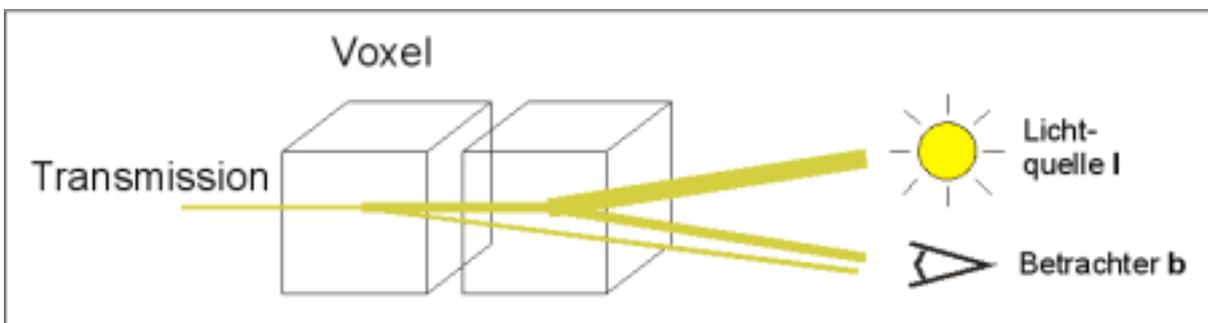


Abb. 7.3: Vorgehensweise beim Ray-Tracing-Verfahren

Im Gegensatz zu den beiden bisher betrachteten Verfahren wird beim Ray-Tracing nicht von dem Volumen ausgegangen, sondern es werden jeweils Strahlen von den einzelnen Bildpunkten der Bildebene in der Betrachtungsrichtung verfolgt (Abb. 7.3). Die auftretende Reflexion und Transmission wird jeweils erfasst. Die Stärke der Reflexion der Strahlen an den einzelnen Voxeln hängt davon ab, wie stark seine Oberflächenwahrscheinlichkeit ist. Diese lässt sich anhand des Grau- bzw. Gradientenwerts abschätzen. Der nicht reflektierte Anteil eines Strahls dringt anschließend solange weiter in das Volumen ein, bis alle Anteile reflektiert wurden und somit keine Transmission mehr stattfinden kann. Auf eine Weiterverfolgung der reflektierten Sekundärstrahlen wird in der medizinischen Visualisierung zumeist aus Aufwandsgründen verzichtet. Diese besondere Art des Ray-Tracings wird auch als Ray-Casting bezeichnet. Obwohl das letzte Verfahren im Gegensatz zu den beiden vorher betrachteten Ansätzen einen höheren Rechenaufwand besitzt, wird es häufiger verwendet, da es eine relativ einfache Erzeugung perspektivischer 3D-Ansichten ermöglicht und außerdem transparente

3D-Darstellungen erlaubt. Die Vorgehensweise beim Einsatz von Transparenz soll im folgenden Abschnitt genauer betrachtet werden. Eine ausführliche Beschreibung der drei beschriebenen Rendering Methoden ist in [Udup00] und [Watt02] zu finden.

7.1.2.2 Veränderung der Darstellung durch Variation der Transferfunktion

Durch die Festlegung einer entsprechenden Abbildungsfunktion der Grauwerte auf die Parameter Farbe und Durchsichtigkeit lassen sich Teilstrukturen im Datensatz auswählen, die dann in der 2D-Ansicht dargestellt werden. Die verwendeten Transferfunktionen dienen der Materialklassifizierung der einzelnen Voxel. Sie können ganz unterschiedliche Formen besitzen, wobei der minimale Farb- bzw. Opazitätswert 0.0 und der maximale Wert 1.0 ist. In Abb. 7.4 sind einige Beispiele für mögliche Transferfunktionen gezeigt.

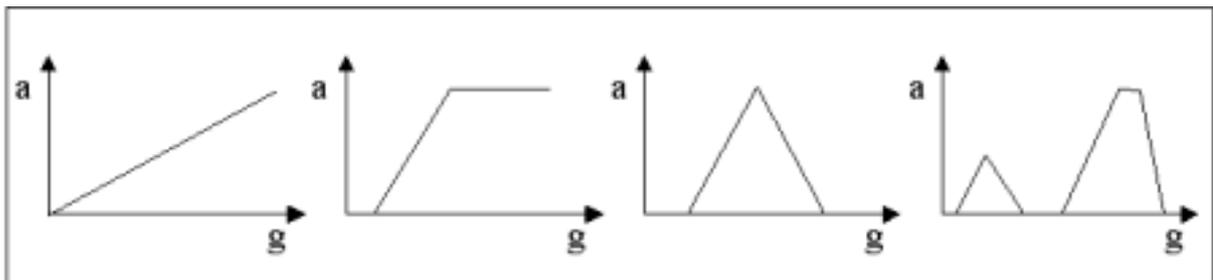


Abb. 7.4: Beispiele für die Gestalt von Transferfunktionen

Im Anschluss an die Klassifikation der Voxel wird die Projektion in die Blickrichtung durchgeführt. Dabei wird durch Summieren von Pixeln entlang eines Strahls der Farbwert an der Bildposition bestimmt. Die Berechnung erfolgt dabei beginnend mit dem am weitesten von der Bildebene entfernt liegenden Voxel. Die einem Voxel entstammende akkumulierte Farbe $F_{aus}(x,y,z)$ berechnet sich dabei nach der folgenden rekursiv angewandten Formel [Watt02]:

$$F_{aus}(x, y, z) = F_{ein}(x, y, z) \cdot [1 - \alpha(x, y, z)] + F(x, y, z) \cdot \alpha(x, y, z), \quad (7.3)$$

wobei $F_{ein}(x,y,z)$ die in dieses Voxel akkumulierte Farbe ist, $\alpha(x,y,z)$ die Opazität des aktuellen Voxels und $F(x,y,z)$ die Farbe des aktuellen Voxels.

Eine Verbesserung der Darstellung lässt sich noch durch die Integration einer Schattierung in die Berechnung erreichen. Dabei wird von der Annahme ausgegangen, dass ein Voxel ein Teil einer Oberfläche sein kann. Die Orientierung der Oberfläche lässt sich aus der normierten Oberflächennormale ermitteln, die aus dem Gradienten berechnet wird. Mit Hilfe dieser Normalen lässt sich unter Verwendung eines Beleuchtungsmodells, z. B. des Phong-Beleuchtungsmodells, eine Schattierungskomponente bestimmen, die den Wert von $F(x,y,z)$ in der Summierungsoperation ersetzen oder modifizieren kann. Bei letzterem kann anhand der Stärke des Gradienten entschieden werden, welchen Beitrag die Schattierungskomponente zu dem Farbwert leistet, indem dadurch das Verhältnis zwischen Transmission und Reflexion für einen Voxel gesteuert wird. Ist der Gradient gering, wird ein großer Anteil des einfallenden Lichts transmittiert und nur ein geringer Anteil reflektiert. Im umgekehrten Fall wird bei einer hohen Oberflächenwahrscheinlichkeit ein großer Anteil des Lichts reflektiert und nur wenig Licht transmittiert. Auch in diesem Fall sind zur zusätzlichen Beeinflussung der Darstellung wiederum Transferfunktionen einsetzbar. Die einzelnen Transferfunktionen lassen sich dabei auch zu multidimensionalen Transferfunktionen kombinieren. Ausführlich ist diese Vorgehensweise in [Levo88] beschrieben.

Untersuchungen auf dem Gebiet der Spezifikation von Transferfunktionen haben gezeigt, dass durch die intuitive Steuerung der einzelnen Darstellungsparameter eine Exploration der Daten möglich ist. In Abb. 7.5 sind drei Beispiele für eine unterschiedliche Visualisierung eines CT-Datensatzes zu sehen, bei deren Erzeugung die genutzte Transferfunktion variiert wurde. Die Auswahl einer geeigneten Transferfunktion ist jedoch ein teilweise langwieriger Prozess. Deshalb wurden verschiedene Ansätze zur automatischen Generierung von Transferfunktionen entwickelt. Diese können z.B. eine statistische Auswertung der Grauwert- und Gradientenverteilung beinhalten ([Fang97], [Kind98]) oder eine nachbarschaftsbasierte Grauwertanalyse umfassen [Hinz00]. Weiterhin gibt es Ansätze zur Ableitung von Transferfunktionen mit Hilfe eines bildbasierten Entwurfs durch Nutzung von Informationen über den Kontext des Bildes [Cast98] und durch eine Adaption des Histogramms des aktuellen Bildes an ein Histogramm eines Bildes für das bereits eine gute Transferfunktion existiert. Die Transformationsparameter des Histogramms können dann zur Transformation der bereits bestehenden Transferfunktion genutzt werden [Rezk00]. Schließlich wurde auch die Möglichkeit einer stochastischen Generierung vieler verschiedener Transferfunktionen getestet, aus denen der Benutzer anhand von Bildergalerien in einem mehrstufigen Prozess am bestem geeignet aussuchen kann [He96].

Wenn es mit Hilfe einer geeigneten Transferfunktion möglich ist, die gesuchte Struktur durch Volume Rendering bildlich darzustellen, kann im nächsten Schritt die interaktive Extraktion der interessierenden Bereiche durch den Einsatz von Interaktionswerkzeugen erfolgen.

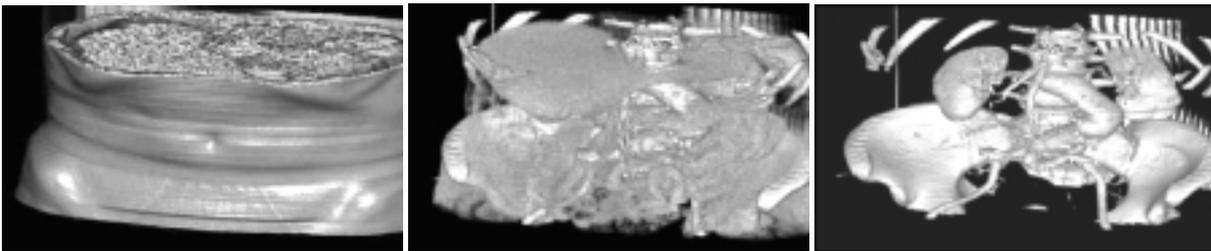


Abb. 7.5: Darstellung eines CT-Datensatzes unter Verwendung von drei unterschiedlichen Transferfunktionen, aus [Hinz00]

7.1.2.3 Interaktionsmöglichkeiten zur Unterstützung der Bildanalyse

Um aus den dargestellten Bilddaten die interessierenden Strukturen extrahieren zu können, sind Interaktionsschritte erforderlich. Als erster Schritt kann hier z. B. eine grobe Detektion der interessierenden Bereiche stattfinden. Diese kann sowohl in 2D auf einer Schicht ausgeführt werden als auch in 3D durch direkte Integration und Manipulation eines Quaders (Abb. 7.6), einer Kugel oder einzelner Schnittebenen. Die Realisierung eines Kugelausschnitts ist z. B. dadurch möglich, dass der Benutzer in der Schnittbilddarstellung des Volumendatensatzes eine Schicht auswählt, welche die gesuchte Struktur enthält. Darin wird durch Angabe eines Kreises mit der Größe des gewünschten Kugeldurchmessers die interessierende Region definiert. Die Beschreibung der Kugelregion ist dabei durch die Angabe des einem Mittelpunktes und einem Punkt auf der Kugeloberfläche durch zwei einfache Mausklicks möglich.

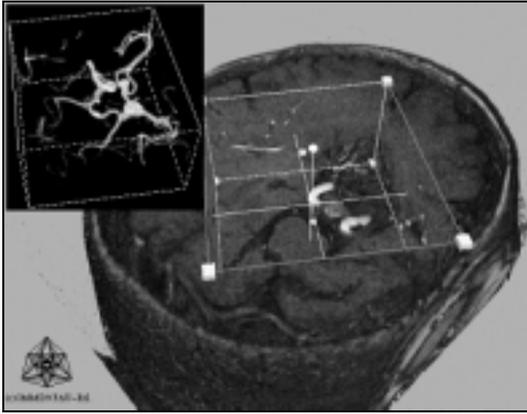


Abb. 7.6: Extraktion eines Untervolumens mit Hilfe von Boxclipping und Visualisierung des ausgewählten Bereichs mit einer separaten Transferfunktion, (© P. Hastreiter, Uni Erlangen)

Ein weiterer einfacher Weg zur Extraktion beliebiger Regionen ist der Einsatz eines Radierers. Diese Vorgehensweise hat jedoch den Nachteil, dass die Interaktion oft schwer handhabbar und wenig präzise ist. Ein Beispiel für das Ergebnis einer derartigen Operation ist in Abb. 7.7 zu finden.

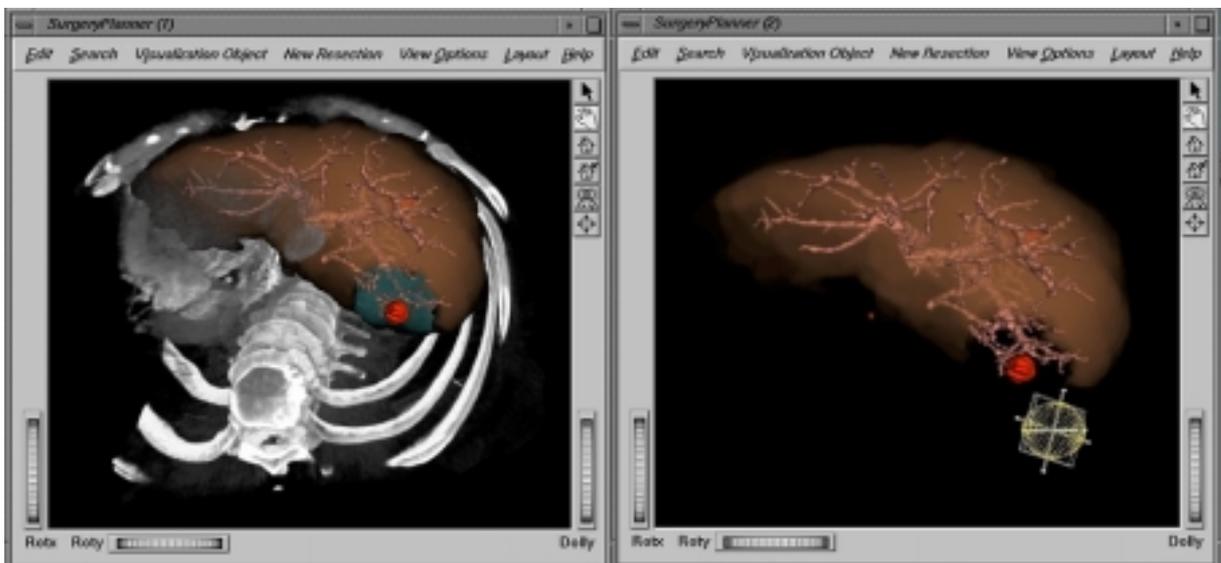


Abb. 7.7: links: Darstellung der 3D-Visualisierung des Abdomenbereichs bei Fokussierung auf die Leberregion. Die Erzeugung des Bildes erfolgte mit dem SurgeryPlanner von MEVIS. rechts: Ergebnis der Visualisierung nach dem Einsatz des Radiergummis, aus [Prei03]

Schließlich werden auch Schnittebenen mit verformbaren Gittern zur Detektion von Untervolumen genutzt. Diese lassen sich relativ einfach vom Benutzer bedienen. Somit ist ein schnelleres, gezielteres und genaueres Extrahieren von komplizierteren 3D-Strukturen als mit den vorgenannten Manipulatoren möglich.

Zur direkten Integration von halbautomatischen Segmentierungsverfahren, wie sie in den folgenden Abschnitten genauer beschrieben werden, werden noch weitere Interaktionswerkzeuge benötigt. Hierzu zählen u.a. Picking-Werkzeuge, die das Selektieren einzelner Punkte direkt anhand der Volumendarstellung ermöglichen oder auch Bereichsselektierer, die ein festes, vom Benutzer einzugebendes Volumen besitzen und durch den Datensatz bewegt werden können, wobei nur die jeweils überdeckte Region als gerendertes Bild angezeigt wird. Ein Beispiel für den Einsatz der Picking-Funktion zur Exploration von 4D-SPECT-Daten ist in [Hinz03] zu finden.

7.1.2.4 Zusammenfassung

Die Entwicklung von Verfahren zur interaktiven Bildanalyse auf Grundlage einer Volumenvisualisierung befindet sich derzeit noch ziemlich am Anfang. Probleme für ein interaktives Arbeiten existieren vor allem in bezug auf die benötigten Rechenzeiten, da die Berechnung der Volumenvisualisierung nach jeder Manipulation der Daten und jeder Veränderung einer Transferfunktion erneut durchgeführt werden muss.

Weil das gesamte, zur Segmentierung von Strukturen benötigte Wissen durch den Benutzer in den Segmentierungsvorgang eingebracht wird, ist diese Methode vor allem zur Detektion kompakter Strukturen sehr flexibel einsetzbar. Nachteilig ist jedoch die Subjektivität der Ergebnisse und deren schlechte Reproduzierbarkeit. Verbesserungen sind durch die Entwicklung neuer Manipulatoren, durch die Integration weiterer Feedback-Methoden und durch die gezielte Nutzung der Erfahrungen aus dem Bereich der computergestützten Chirurgie in der Zukunft möglich.

7.2 Segmentierungsverfahren mit einfachem Modellwissen

Die nachfolgend betrachteten Verfahren benutzen zur Detektion der interessierenden Regionen ausschließlich Wissen über die Grauwertzusammenhänge im Bild. Aus diesem Grund sind sie, da nur wenig Modellwissen in den Algorithmen genutzt wird, oft recht flexibel einsetzbar. Dies erklärt auch, weshalb sie in der medizinischen Bildanalyse sehr häufig für die Lösung einfacher Fragestellungen genutzt werden. Oft sind diese Methoden als Standardverfahren in medizinischer Bildauswertesoftware enthalten.

7.2.1 Schwellenwertverfahren

Voraussetzung für den sinnvollen Einsatz von Schwellenwertverfahren ist, dass sich der Wert des zugrundegelegten Merkmals für das gesuchte Objekt, im Allgemeinen der Grauwert, signifikant von dem entsprechenden Wert für den Hintergrund unterscheidet. Die Festlegung, ab welchem Wert ein Bildpunkt als zum Objekt gehörig anzusehen ist, d.h. die Auswahl des geeigneten Schwellenwerts T , ist die hauptsächliche Schwierigkeit beim Einsatz von Schwellenwertverfahren. Die Zuordnung des neuen Grauwerts für einen Bildpunkt erfolgt dann entsprechend der Vorschrift:

$$f(g) = \begin{cases} 0, & \text{für } g \leq T \\ 1, & \text{für } g > T. \end{cases} \quad (7.4)$$

Diese Auswahl von T kann im einfachsten Fall manuell durch den Benutzer erfolgen. Hierbei besteht jedoch das Problem, dass die erzielten Ergebnisse subjektiv beeinflusst sind. Um eine hohe Reproduzierbarkeit der Segmentierungsergebnisse zu erreichen, ist deshalb eine automatische Schwellenwertbestimmung günstiger. Neben der Nutzung eines einzelnen Schwellenwertes können je nach der Anzahl der gesuchten Strukturen auch mehrere unterschiedlich hohe Schwellenwerte pro Bild verwendet werden.

Eine Unterteilung der Schwellenwertverfahren kann man hinsichtlich der Wirkungsweise der Schwellenwerte vornehmen. So können globale Verfahren genutzt werden, bei denen ein einziger Schwellenwert für das gesamte Bild wirksam ist, oder es werden lokale Verfahren verwendet, bei denen die Schwellenwerte in Abhängigkeit von der betrachteten Position im Bild variieren. Bei dem lokalen Verfahren wird das Bild in gleichgroße Teilregionen zerlegt, für die dann jeweils ein separater optimaler Schwellenwert bestimmt wird. Anschließend wird

für jeden Pixel ein eigener Schwellenwert interpoliert, der dann zur Segmentierung genutzt wird. Bei diesem Verfahren kann die Auswahl der geeigneten Schwellenwerte nur automatisch vorgenommen werden, da hierbei der Interaktionsaufwand zu groß wäre.

Zur automatischen Bestimmung der jeweiligen Schwellenwerte können zwei unterschiedliche Ansätze verfolgt werden. Entweder man nutzt gestaltbasierte Techniken, bei denen zur Festlegung des Schwellenwertes das Histogramm des Bildes oder Bildbereichs ausgewertet wird, oder man setzt optimale Techniken ein, die auf der Maximierung oder Minimierung einer Gütefunktion basieren. Die Vorgehensweise bei der Bestimmung der Schwellenwerte bei diesen beiden Verfahrensgruppen soll im Folgenden ausführlicher erläutert werden.

7.2.1.1 Gestaltbasierte Techniken

Die gestaltbasierten Techniken beruhen alle auf Merkmalen, die aus dem Histogramm abgeleitet werden. Am einfachsten kann die Schwellenwertbestimmung erfolgen, wenn ein Histogramm vorliegt, das deutliche Maxima und dazwischenliegende Minima enthält. Ein Histogramm mit genau zwei solchen lokalen Maxima wird als bimodales Histogramm bezeichnet. Im Fall des Vorhandenseins von ausgeprägten lokalen Maxima können die Werte der Minima als sinnvolle Schwellenwerte verwendet werden. Ein Beispiel für diese Vorgehensweise ist in Abb. 7.8 zu sehen.

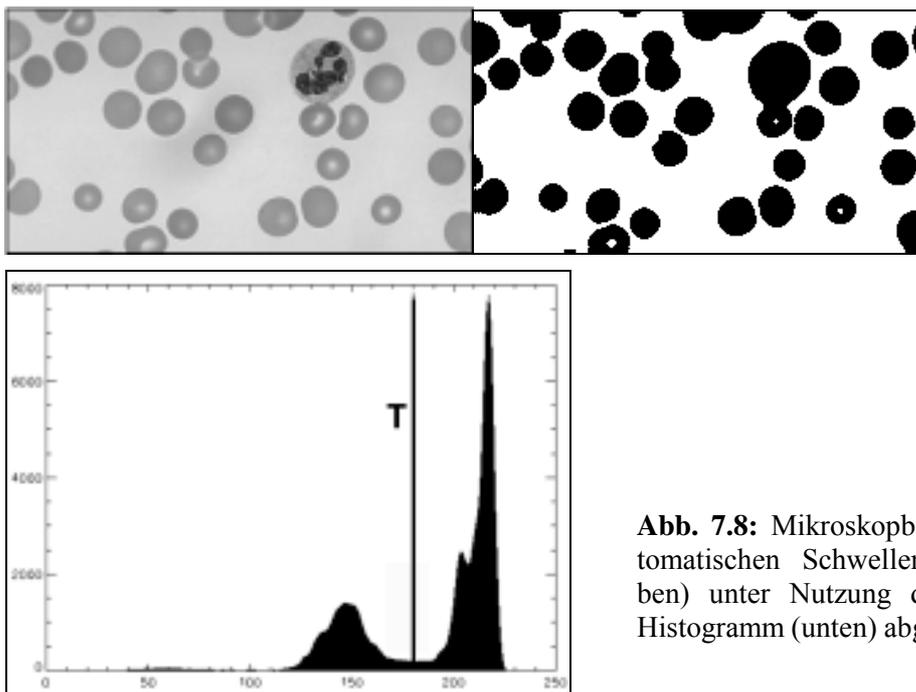


Abb. 7.8: Mikroskopbild und Ergebnis der automatischen Schwellenwert-Segmentierung (oben) unter Nutzung des aus dem bimodalen Histogramm (unten) abgeleiteten Schwellenwerts

Die Ausprägung von lokalen Maxima im Histogramm ist jedoch nur dann gegeben, wenn die zu differenzierenden Strukturen einen genügend großen Flächenanteil im Bild einnehmen. Gerade bei kleineren Objekten, wie z. B. Zellstrukturen in Mikroskopbildern, lässt sich trotz deutlicher visueller Unterschiede oft keine sichere Bestimmung von Schwellenwerten vornehmen. In diesem Fall kann es sich als günstig erweisen, nicht alle Pixel des Bildes zur Histogrammauswertung zu benutzen. Die Ausblendung von homogenen Bildbereichen kann mittels Laplace-Operator vorgenommen werden. In Abb. 7.9 ist die Wirkung dieses Operators auf eine Kante zu sehen. Während die zweite Ableitung der Funktion direkt an der Kante einen Nulldurchgang hat, ergeben sich dicht daneben ein lokales Minimum sowie ein lokales Maximum. Bildet man nun den Betrag des Laplace-gefilterten Bildes und ermittelt das

Histogramm nur für die Bereiche des Bildes, bei denen der Betrag oberhalb eines Grenzwertes liegt (z. B. Einbeziehung von 15% der höchsten Werte), so werden ungefähr gleich viele Objekt- wie Hintergrundpixel in die Auswertung einbezogen. Wie für das Beispiel von Abb. 7.10 zu sehen ist, ergeben sich dadurch drei ausgeprägte Maxima im Histogramm, so dass die Bestimmung der dazwischenliegenden Minima sehr einfach möglich ist.

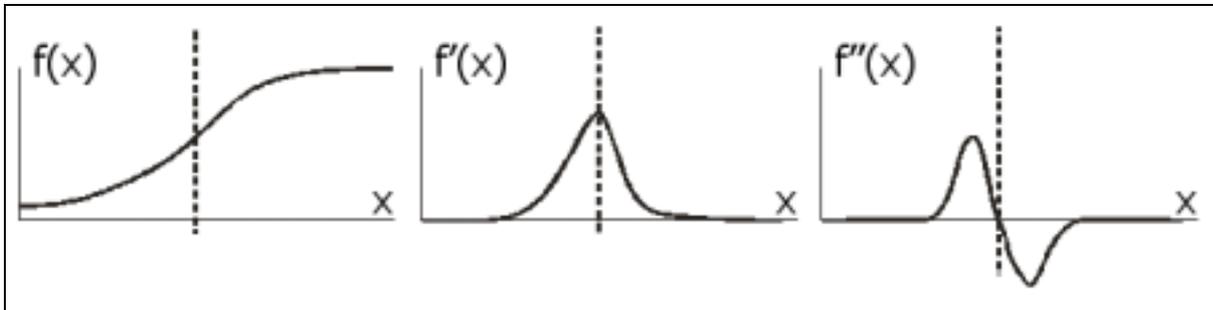


Abb. 7.9: von links nach rechts: Grauwertverlauf an einer Kante, Ergebnis der Bildung der ersten Ableitung und der zweiten Ableitung

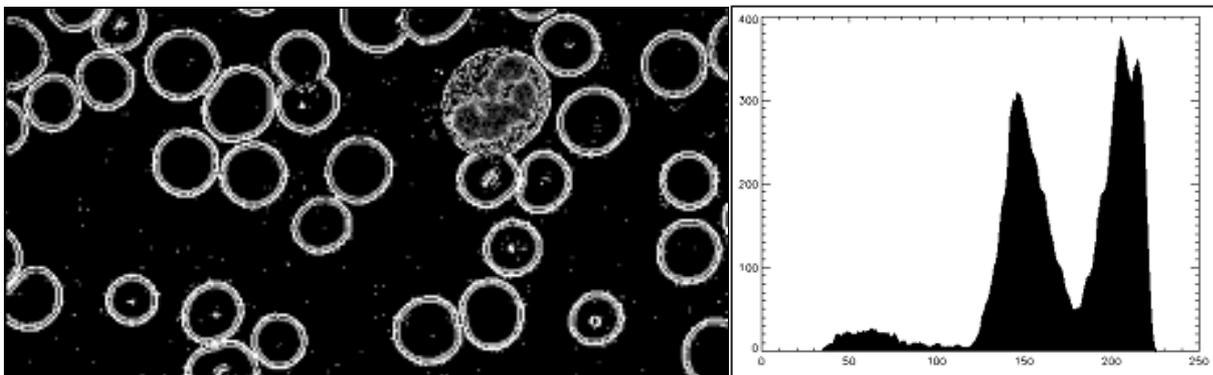


Abb. 7.10: links: Nur die nicht schwarzen Bereiche werden aufgrund der Laplace-Ausblendung zur Histogrammbestimmung benutzt, rechts: resultierendes verbessertes Histogramm. Im vorderen Bereich ist das Maximum im Gegensatz zum Histogramm von Abb. 7.8 jetzt deutlich sichtbar.

Ein anderer gestaltbasierter Ansatz wurde von Zack [Zack77] entwickelt. Er kann eingesetzt werden, wenn keine deutlich ausgeprägten Minima vorliegen bzw. wenn das Histogramm in bestimmten Grauwertbereichen Lücken aufweist. Um den Schwellenwert zu ermitteln, wird hierbei zuerst die Verbindungslinie zwischen dem Maximum und dem kleinsten bzw. größten Grauwert ermittelt. Ob der kleinste oder größte Grauwert genutzt wird, hängt davon ab, ob das Objekt dunkler oder heller als der Großteil des Bildes ist. In einem zweiten Berechnungsschritt wird dann für jeden Grauwert, der zwischen dem minimalen (oder maximalen) Grauwert und dem häufigsten Grauwert liegt, der Abstand seines Häufigkeitswertes zu dieser Linie bestimmt. Der Grauwert mit dem größten Abstand wird anschließend als Schwellenwert ausgewählt. Abb. 7.11 verdeutlicht noch einmal die beschriebene Vorgehensweise.

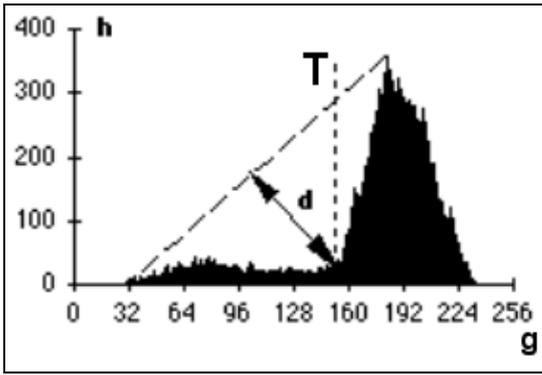


Abb. 7.11: Bestimmung des Schwellenwertes nach der Methode von Zack [Zack77]. Der Grauwert, der den größten Abstand d seines Häufigkeitswertes von der Verbindungslinie zwischen minimalem Grauwert und häufigstem Grauwert aufweist, wird als Schwellenwert T ausgewählt.

Ein letztes Verfahren dieser Gruppe, das hier betrachtet werden soll, ermittelt den Schwellenwert anhand der Bewertung der Krümmung im Histogramm [Tsai95]. Diese Methode kann wie das vorhergehende Verfahren dann eingesetzt werden, wenn kein bimodales bzw. multimodales Histogramm vorliegt. Als Schwellenwert wird bei dieser Methode der Grauwert ausgewählt, an dem im Histogramm die maximale Krümmung auftritt. Die Krümmung an einem Punkt t der Histogrammkurve lässt sich nach der folgenden Gleichung bestimmen:

$$\kappa_t = \frac{d\psi}{ds}, \quad (7.5)$$

mit $d\psi$ als der Änderung des Tangentenwinkels ($d\psi = \psi_2 - \psi_1$) und ds als Weg vom Punkt t_i zum Punkt t_{i+1} (siehe Abb. 7.12). Die diskrete Approximation für die mittlere Krümmung an einem Punkt ergibt sich mit

$$\kappa_t = \frac{1}{R} \sum_{i=1}^R |\psi_{t+i} - \psi_{t-i}|. \quad (7.6)$$

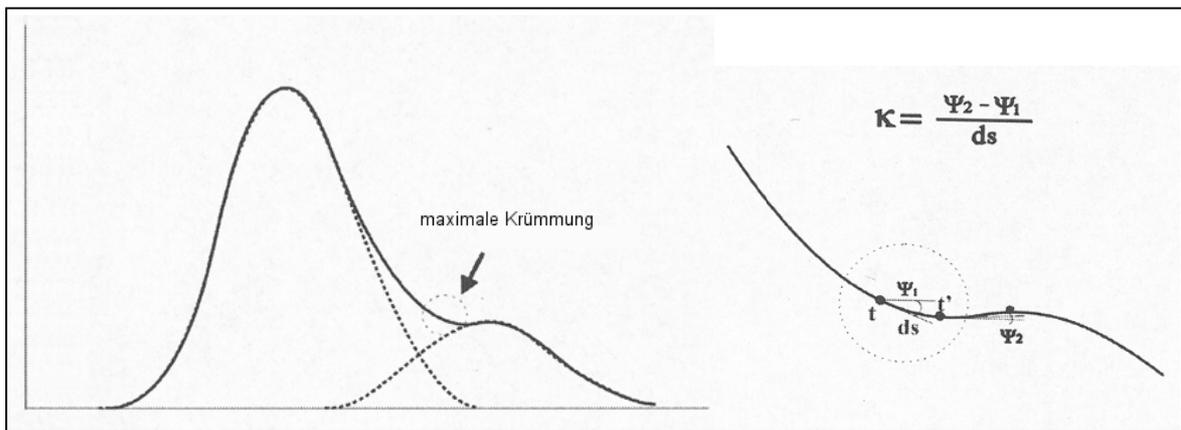


Abb. 7.12: Ermittlung des Schwellenwertes auf Grundlage der maximalen Krümmung, aus [Zhu02]

Der Wert für ψ_t wird dabei wie folgt berechnet:

$$\psi_t = \frac{1}{R} \sum_{i=1}^R \frac{h(t+1) - h(t-1)}{2i}, \text{ mit } t = R, R+1, \dots, L-R. \quad (7.7)$$

Durch die Wahl unterschiedlicher Abstände R erzielt man einen Glättungseffekt und bestimmt jeweils die mittlere Krümmung an einem Punkt. Als Schwellenwert kann der Grauwert mit

der maximalen Krümmung ausgewählt werden. Bei einer Suche nach mehreren Schwellenwerten nutzt man die lokalen Maxima der Krümmungswerte als solche.

7.2.1.2 Optimale Schwellenwertverfahren

Die optimalen Verfahren basieren alle auf der Optimierung einer Gütefunktion. Sie lassen sich wiederum in nicht-parametrische und parametrische Verfahren unterteilen.

Nicht-parametrische Schwellenwertverfahren

Die nicht-parametrischen Methoden nutzen als Gütekriterium z. B. die Varianz innerhalb einer Klasse, die Varianz zwischen den Klassen oder die Entropie. Ein bekanntes Verfahren aus dieser Gruppe ist das Verfahren von Otsu [Otsu79], welches die Messung der Klassenseparabilität maximiert. Diese ergibt sich aus dem Verhältnis der Varianz zwischen den Klassen zur Varianz des gesamten Bildes. Es lässt sich auch für die Auswahl mehrerer Schwellenwerte verwenden. Die Berechnung der optimalen Schwellen erfolgt in einem iterativen Algorithmus. In einem ersten Schritt müssen, wenn z. B. ein Drei-Klassen-Problem betrachtet werden soll, die beiden Initialschwelenwerte ausgewählt werden. Diese können im einfachsten Fall für die erste Schwelle mit $t_1=G/3$ und für die zweite Schwelle mit $t_2=2G/3$ festgesetzt werden, wobei G der maximale Grauwert des Bildes ist. Anschließend erfolgt die Berechnung der zwei Werte $e_1(t_1, t_2)$ und $e_2(t_1, t_2)$ entsprechend den folgenden Gleichungen:

$$e_1(t_1, t_2) = \frac{m(0, t_1) + m(t_1, t_2)}{2} - t_1, \quad (7.8)$$

$$e_2(t_1, t_2) = \frac{m(t_1, t_2) + m(t_2, G)}{2} - t_2, \quad (7.9)$$

mit

$$m(t_i, t_j) = \frac{1}{t_j - t_i + 1} \sum_{g=t_i}^{t_j} g \cdot h(g). \quad (7.10)$$

Liegen die beiden berechneten Werte unter einer vorzugebenden Toleranzgrenze, so kann der Algorithmus beendet werden. Die Werte von t_1 und t_2 werden in diesem Fall als Schwellenwerte akzeptiert. Sind jedoch die Werte von e_1 und e_2 zu groß, so erfolgt eine Aktualisierung der Schwellenwerte entsprechend der Vorschrift

$$t_1 \leftarrow t_1 + e_1 \quad \text{und} \quad t_2 \leftarrow t_2 + e_2. \quad (7.11)$$

In Anschluss daran wird die Berechnung von e_1 und e_2 wiederholt. Dieses Algorithmus hat den Vorteil, dass er wenig Rechenzeit benötigt und gute Konvergenzeigenschaften besitzt. In Abb. 7.13 ist ein Beispiel für die Schwellenwertbestimmung nach dem Otsu-Verfahren zu sehen. Das Bild wurde mit zwei unterschiedlichen, automatisch ermittelten Schwellenwerten in drei Regionen zerlegt, eine Hintergrundregion, eine Region, die hauptsächlich die Position der Liquorflüssigkeit beschreibt und eine Region, die zur weißen und grauen Substanz korrespondiert. Das erzielte Ergebnis weist jedoch in einigen Teilen (besonders oberhalb des Kleinhirns) einige Fehler bei der Segmentierung auf.

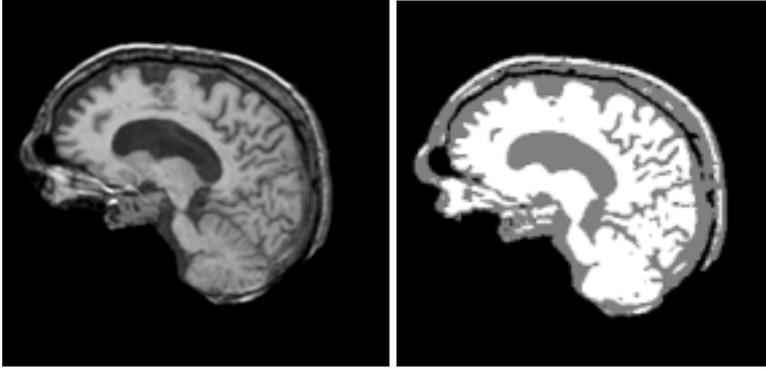


Abb. 7.13: Segmentierungsergebnis für das MR-Bild des Gehirns mit dem Otsu-Verfahren

Ein weiteres nicht-parametrisches Schwellenwertverfahren ist die Relaxations-Methode [Park97]. Diese geht von einer Initialsegmentierung aus. Bei dieser Initialisierung wird in Abhängigkeit vom minimalen Grauwert min , vom maximalen Grauwert max und vom mittleren Grauwert μ die Wahrscheinlichkeit p_i für ein Pixel bestimmt, ein Objektpixel und damit weiß zu sein bzw. die Wahrscheinlichkeit q_i bestimmt, ein Hintergrundpixel und damit schwarz zu sein. Die Schätzung erfolgt entsprechend der folgenden Gleichungen:

$$p_i = \frac{1}{2} + \frac{1}{2} \frac{g_i - \mu}{max - \mu}, \quad (7.12)$$

$$q_i = \frac{1}{2} + \frac{1}{2} \frac{\mu - g_i}{\mu - min}. \quad (7.13)$$

Die Güte dieser Initialsegmentierung hat Einfluss auf die spätere Qualität des Ergebnisses. Die Vertrauensschätzung für die Zuordnung jedes Pixels und die sich daraus ergebende Modifikation der Segmentierung basiert anschließend auf der Auswertung der 8-Nachbarschaft jedes Pixels, wobei sich die aktualisierten Werte von p_i und q_i in der $k+1$ -ten Iteration wie folgt ergeben:

$$p_i^{k+1} = \frac{p_i^k (1 + Q_i^k (weiß))}{p_i^k (1 + Q_i^k (weiß)) + q_i^k (1 + Q_i^k (schwarz))}, \quad (7.14)$$

$$q_i^{k+1} = \frac{q_i^k (1 + Q_i^k (schwarz))}{p_i^k (1 + Q_i^k (weiß)) + q_i^k (1 + Q_i^k (schwarz))}. \quad (7.15)$$

Die Übereinstimmung des Segmentierungsergebnisses mit seinen direkten Nachbarn wird dabei mit der Funktion Q_i wie folgt bestimmt:

$$Q_i(c) = \frac{1}{8} \sum_{j \in N} C(i, c, j, weiß) p_j + C(i, c, j, schwarz) q_j, \quad (7.16)$$

in der c die jeweils betrachtete Zuordnung (Objekt = weiss und Hintergrund = schwarz) ist und C die Kompatibilität bzgl. der Nachbarn angibt. C erhält den Wert von 1, wenn der Pixel und sein betrachteter Nachbar die gleiche Zuordnung besitzen und ansonsten den Wert -1 . Die Berechnung der Wahrscheinlichkeiten wird solange iterativ wiederholt, bis sich für p_i und q_i die Werte von 0 bzw. 1 ergeben. Damit ist jedes Pixel entweder zu 100% als Objekt oder zu 100% als Hintergrund klassifiziert. Ein Beispiel für die Schwellenwert-Segmentierung mit der Relaxationsmethode ist in Abb. 7.14 zu finden. Da hier nur mit einem automatisch ermittelten Schwellenwert gearbeitet wurde, kann das erzielte Ergebnis nur als Grobsegmentierung für

die weiße Substanz betrachtet werden. Zur exakten Detektion sind noch weitere Modellannahmen notwendig.

Neben diesen beiden beschriebenen Verfahren gibt es noch eine Vielzahl weiterer Methoden in dieser Kategorie, wie z.B. die Fuzzy-Methode [Huan95]. Umfassende Quellenangaben sind z.B. in [Pal93] und [Zhu02] zu finden.

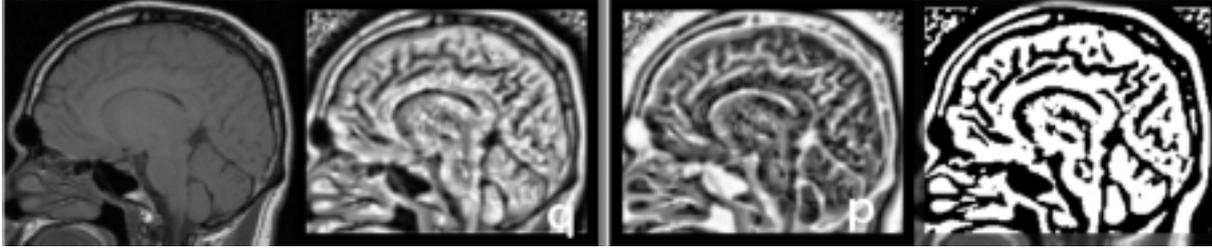


Abb. 7.14: Segmentierung des MR-Bildes des Kopfes mit der Relaxationsmethode, von links nach rechts: Originalbild, Bilder für die anfängliche Vertrauensschätzung der Werte q_i und p_i , Segmentierungsergebnis bei Verwendung des automatisch bestimmten Schwellenwertes

Parametrische Schwellenwertverfahren

Die parametrischen Schwellenwertverfahren gehen davon aus, dass die Verteilung der Grauwerte der einzelnen zu unterscheidenden Klassen durch eine Normalverteilung mit einem Mittelwert μ und einer Standardabweichung σ dargestellt werden kann. Für ein Zwei-Klassen-Problem kann unter dieser Voraussetzung das normalisierte Histogramm durch die folgende zusammengesetzte Wahrscheinlichkeitsfunktion beschrieben werden:

$$p(g) = \frac{P_1}{\sqrt{2\pi\sigma_1}} e^{-\frac{(g-\mu_1)^2}{2\sigma_1^2}} + \frac{P_2}{\sqrt{2\pi\sigma_2}} e^{-\frac{(g-\mu_2)^2}{2\sigma_2^2}} = P_1 p_1(g) + P_2 p_2(g), \quad (7.17)$$

wobei P_1 und P_2 die a priori Wahrscheinlichkeiten für die Klassen 1 und 2 sind [Sonk00]. Der optimale Schwellenwert ergibt sich dann als der Wert, der die Wahrscheinlichkeit für die Zuordnung zur Klasse 1 minimiert, wenn das Pixel bereits der Klasse 2 zugeordnet wurde und umgekehrt. Er lässt sich, wie in [Sonk00] gezeigt wird, mit Hilfe des folgenden Ausdrucks berechnen:

$$T = \frac{\mu_1 + \mu_2}{2} + \frac{\sigma^2}{\mu_1 - \mu_2} \ln\left(\frac{P_2}{P_1}\right). \quad (7.18)$$

Dieser Gleichung liegt die Annahme zugrunde, dass die Standardabweichung für die beiden Klassen als gleich angenommen werden kann. In dem Fall, dass auch die a priori Wahrscheinlichkeiten für die beiden Klassen gleich sind, reduziert sich die Berechnung des optimalen Schwellenwertes zu einer Mittelung der beiden mittleren Grauwerte der Klassen 1 und 2.

Die Berechnung der unbekannt Parameter der Verteilungsfunktion kann mit verschiedenen Methoden erfolgen. Ein Ansatz ist die minimale Abstandsmethode, die auf der Minimierung der Abweichung J zwischen dem aus dem Bild abgeleiteten Histogramm $h(g_i)$ und dem hypothetischen Histogramm $p(g_i)$ beruht. Die Abweichung lässt mit der folgenden Gleichung berechnen:

$$J = \frac{1}{G} \sum_{i=1}^G \{p(g_i) - h(g_i)\}^2, \quad (7.19)$$

in der G die Anzahl der Grauwerte bezeichnet. Die Bildung der ersten Ableitungen zur Bestimmung der analytischen Lösung dieser Gleichung führt im Fall der Zugrundelegung von Normalverteilungen zu einer Menge von transzendenten Gleichungen, die numerisch gelöst werden müssen. Dies kann z. B. mit der Newton Methode oder der Levenburg-Marquardt Methode erfolgen [Sonk00].

Ein anderes Verfahren zur Ermittlung der unbekannt Parameter ist die Maximum Likelihood Methode. Sie versucht, die Schätzung der Parameter der Verteilungsfunktionen durch die Maximierung der Wahrscheinlichkeit der beobachteten Pixelintensitätsverteilung zu erreichen. Vorausgesetzt wird dabei, dass jedes Pixel zu einer Klasse ω_j mit $j=1, \dots, K$ gehört und die Anzahl der Klassen K bekannt ist. Weiterhin muss die Form der klassenbedingten Wahrscheinlichkeitsdichtefunktionen $p(g | \omega_j, \theta_j)$ bekannt sein. Die Parametervektoren $\theta_j = \{ \sigma_j, \mu_j \}$ und die a priori Wahrscheinlichkeiten $P(\omega_j)$ für die einzelnen Klassen werden hingegen als unbekannt angenommen und sollen geschätzt werden. Im weiteren wird vorausgesetzt, dass es sich bei den Verteilungsfunktionen der Grauwerte der einzelnen Klassen um Normalverteilungen mit einem Mittelwert μ_j und einer Standardabweichung σ_j handelt. Die bedingte Gesamtverteilungsfunktion für einen Pixel ist dann gegeben mit

$$p(g | \theta) = \sum_{j=1}^K p(g | \omega_j, \theta_j) P(\omega_j). \quad (7.20)$$

Die gemeinsame Intensitätsfunktion aller Pixel ergibt sich, wenn man ihre Unabhängigkeit voneinander voraussetzt, als

$$\prod_{i=1}^M p(g_i | \theta), \quad (7.21)$$

mit M als der Anzahl der Pixel. Da es vom Ansatz her gleichwertig ist, kann aufgrund der leichteren analytischen Berechenbarkeit die gesuchte Menge der Parameter θ^* , die diese Funktion maximieren, auch über den Weg der Maximierung der logarithmischen Wahrscheinlichkeitsfunktion

$$\theta^* = \arg \max \left\{ \sum_{i=1}^M \log(p(g_i | \theta)) \right\} \quad (7.22)$$

bestimmt werden. Die Parameter θ^* können dann durch die Bildung der partiellen Ableitungen der logarithmischen Wahrscheinlichkeitsfunktion und die anschließende Lösung dieser Gleichungen erhalten werden. Nach Umformung der Ableitungen und Nutzung der Bayes'schen Regel

$$P(\omega_k | g_i, \theta) = \frac{P(g_i | \omega_k, \theta) P(\omega_k)}{\sum_{k=1}^K P(g_i | \omega_k, \theta_k) P(\omega_k)} = w_k^i \quad (7.23)$$

führt dies zu den benötigten Berechnungsvorschriften [Sonk00] für

$$P(\omega_k) = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M p(\omega_k | g_i, \theta) = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M w_k^i, \quad (7.24)$$

$$\mu_k = \frac{\sum_{i=1}^M g_i P(\varpi_k | g_i, \theta)}{\sum_{i=1}^M P(\varpi_k | g_i, \theta)} = \frac{1}{MP(\varpi_k)} \sum_{i=1}^M w_k^i g_i, \quad (7.25)$$

$$\sigma_k^2 = \frac{\sum_{i=1}^M P(\varpi_k | g_i, \theta) (g_i - \mu_k)^2}{\sum_{i=1}^M P(\varpi_k | g_i, \theta)} = \frac{1}{MP(\varpi_k)} \sum_{i=1}^M w_k^i (g_i - \mu_k)^2. \quad (7.26)$$

Die Lösung dieser Gleichungen kann mit dem iterativen Expectation-Maximation-Ansatz (EM) erfolgen, der in [Fors03] ausführlich behandelt wird.

7.2.1.3 Einsatzgebiete für Schwellenwertverfahren

In der Praxis sind Schwellenwertverfahren zur Segmentierung nur für sehr einfache Fragestellungen einsetzbar. So wird eine interaktive Schwellenwertsetzung relativ häufig als Vorverarbeitungsschritt bei der interaktiven Volumenvisualisierung verwendet ([Mroz01], [Tied98]).

Ein weiteres Einsatzgebiet ist die Segmentierung von Knochen in CT-Bildern. Vorteilhaft ist hier, dass in CT-Bildern keine störenden Shading-Artefakte auftreten, so dass globale Schwellenwerte zum Einsatz kommen können. In [Zhu02] wurden zur Segmentierung von Schädelknochen in CT-Aufnahmen des Kopfes, die in ein Operationsplanungssystem integriert werden sollen, sechs verschiedene Schwellenwertbestimmungsmethoden untersucht. Diese unterteilten sich in zwei histogrammbasierte Techniken (Bestimmung der maximalen Krümmung, Ausblendung von homogenen Bildbereichen mittels Laplace-Operator), drei nicht-parametrische optimale Schwellenwertmethoden (Methode nach Otsu, Entropiemethode und Fuzzy-Methode) sowie eine parametrische Methode (Maximum Likelihood Ansatz). Bei einem Vergleich der Segmentierungsergebnisse der unterschiedlichen Verfahren mit Ergebnissen einer manuellen Segmentierung und mit real gemessenen Knochendickewerten an Phantomen zeigte sich, dass für das konkrete Einsatzgebiet die besten Ergebnisse mit der Methode nach Otsu erzielt werden konnten.

Auch zur Segmentierung der Lunge in CT-Datensätzen lässt sich die Schwellenwertmethode erfolgreich einsetzen. In [Zhen03] wird dazu ein zweistufiges Verfahren beschrieben, bei dem in einem ersten Schritt alle Hintergrundpixel durch den Einsatz einer festen Schwelle entfernt werden. Anschließend wird für die verbleibenden Voxel das Histogramm ermittelt. Dieses besitzt ein bimodales Aussehen, so dass mit einer einfachen gestaltbasierten Methode der optimale Schwellenwert bestimmt werden kann. Nach der Segmentierung wird am erzielten Ergebnis eine Gestaltanalyse durchgeführt, auf deren Grundlage dann aufgetretene Fehler (isolierten kleinere Regionen oder kleine Löcher) eliminiert werden. Neben der Segmentierung der Lungenregion wird in [Wiem01] auch noch die Segmentierung von Lungenknoten mittels Schwellenwertverfahren durchgeführt, um anhand der Analyse der Knoten eine Differenzierung zwischen benignen und malignen Knoten vornehmen zu können. Hierzu werden für eine größere Anzahl möglicher Schwellenwerte die Segmentierungsergebnisse ermittelt. Der optimale Schwellenwert wird anschließend auf Grundlage der Bewertung der einzelnen Ergebnisse bezüglich des mittleren Gradienten an der Iso-Oberfläche und hinsichtlich der Übereinstimmung mit der Gestalt einer Kugel ausgewählt. Schließlich setzt Zhou [Zhou03] die Schwellenwertsegmentierung in Thorax-Aufnahmen auch zur Erkennung von Lungenem-

bolien in CT-Angiographien ein. Die Bestimmung der einzelnen optimalen Schwellenwerte in dem stufenweisen Segmentierungsschema für die Eliminierung des Hintergrunds, zur Erkennung der Lungenregion, zur Ermittlung der Brustwand, zur Identifikation des Weichgewebes sowie zur Bestimmung der Gefäße basiert auf dem parametrischen Ansatz unter Verwendung der EM-Methode.

Ein drittes Einsatzgebiet für Schwellenwertverfahren ist die Segmentierung von Zellen in Mikroskopbildern. So wird in [Wu95] eine mehrstufige Vorgehensweise zur Detektion und Verfolgung von lebenden Zellen in Videosequenzen beschrieben. Bei diesem Ansatz wird zuerst zur Ermittlung der groben Position der Zellregion ein globaler Schwellenwert auf ein Bild angewandt, in dem die Streuung der Grauwerte für jedes Pixel in einem lokalen Fenster kodiert ist. Dieser globale Schwellenwert wurde durch Anwendung einer parametrischen Methode [Kitt86] bestimmt. Auf die so segmentierte Bildregion, die neben der Zelle auch noch etwas Hintergrundinformation enthält, wird ein zweiter Schwellenwert angewandt, der mit der Otsu-Methode, basierend auf dem Histogramm der Grauwerte bestimmt wurde. Die durchgeführten Experimente demonstrieren die Robustheit und Schnelligkeit des Verfahrens.

Schließlich finden sich in der Literatur auch Beispiele, wo die Schwellenwertmethode zur Segmentierung von MRT-Aufnahmen des Gehirns verwendet wird. Da MR-Bilder zumeist Störungen in Form von Shading besitzen, ist hier vor der Segmentierung immer erst einmal eine Inhomogenitätskorrektur notwendig. Anschließend wurden bei Wang [Wang01] zur Differenzierung zwischen Hirnflüssigkeit und weißer Substanz sowie zur Unterscheidung zwischen weißer und grauer Substanz zwei Schwellenwerte bestimmt. Hierzu wurden die Otsu-Methode, eine parametrische Methode [Kitt86] und die Fuzzy-Methode [Huan95] untersucht, von denen die zweite als am besten geeignete Methode ausgewählt wurde. Abschließend musste noch eine Korrektur von Fehlern aufgrund des Partialvolumeneffekts erfolgen. Bei Ge [Ge03] erfolgt die Gewebesegmentierung in den MR-Bildern nicht auf Grundlage der Grauwerteigenschaften sondern unter Berücksichtigung der Homogenitätseigenschaft, die für jeden Pixel in einer bestimmten Umgebung berechnet wird. Anhand des aus dem Homogenitätsbild abgeleiteten Histogramms, des sogenannten Homogramms, werden die drei Schwellenwerte durch die einfache Suche nach Minima zwischen zwei Maxima gewonnen.

Neben diesen Einsatzgebieten werden Schwellenwertverfahren auch dazu benutzt, eine Vorsegmentierung zu generieren, die dann durch ein zweites Segmentierungsverfahren, wie z. B. aktive Konturen, verbessert werden.

Alle hier betrachteten Ansätze nutzen als Bildinformation einfache statistische Kenngrößen, wie z. B. den mittleren Grauwert von Strukturen oder das Histogramm des Bildes. Um Ergebnisse zu erzielen, die unabhängig vom subjektiven Empfinden des Benutzers sind, wurde die Modellannahme jeweils direkt in den Algorithmus integriert.

7.2.2 Region growing

Die Segmentierung mittels Region growing kann sowohl in 2D- als auch in 3D-Datensätzen erfolgen. Es handelt sich hierbei um ein einfaches und sehr vielseitig einsetzbares Segmentierungsverfahren, welches ausschließlich auf der Auswertung der Grauwerteigenschaften bzw. anderer charakteristischer Struktureigenschaften in einer lokalen Umgebung basiert. Der Algorithmus startet mit der interaktiven Vorgabe eines Startpunktes. Ausgehend von diesem Startpunkt erfolgt dann die Suche eines zusammenhängenden Gebiets in Abhängigkeit von der definierten Nachbarschaft und von einer vom Nutzer vorzugebenden Homogenitätsbedingung. Um das Region growing Verfahren erfolgreich einsetzen zu können, muss das zu segmentierende Gebiet intern eine größere Homogenität besitzen als an seinen Grenzen. Die

Homogenitätsverhältnisse an anderen Orten des Bildes werden nicht berücksichtigt. Sollen mehrere Strukturen in einem Bild segmentiert werden, muss die Startpunktabfrage mehrfach wiederholt werden. Mit der Eingabe der Startpunkte bringt der Benutzer sein Wissen über die Anzahl der gesuchten Objekte und über deren Position in das Verfahren ein. Diese Markierung stellt für den Nutzer auch kein Problem dar, da von ihm erwartet werden kann, dass er über ausreichendes anatomisches Wissen zur Auswahl der Strukturen verfügt. Problematischer für den Benutzer ist dagegen die Festlegung des Homogenitätskriteriums, da er sehr häufig nur in der Lage ist, dieses Wissen vage und unscharf zu formulieren. Dadurch lässt es sich nicht leicht in eine berechenbare Form übertragen. Sehr häufig ist deshalb die Festlegung der Homogenitätsgrenzen für ihn nur in einem Trial-and-Error-Prozess möglich.

Deshalb hat sich die Forschung auf diesem Gebiet auch darauf orientiert, die Auswahl des Wachstumskriteriums und die Effizienz der Berechnung zu verbessern [Wan03]. In der Literatur wird eine große Anzahl von Ansätzen zum Finden eines geeigneten Homogenitätskriteriums beschrieben. Diese lassen sich grob in drei unterschiedliche Kategorien einteilen:

- Die erste Kategorie umfasst Methoden, die das Homogenitätskriterium in Abhängigkeit von der Charakteristik der Grauwertverteilung in einer Region unmittelbar um den Startpunkt schätzen. Bei diesen Methoden wird das Kriterium immer dann aktualisiert, wenn ein neuer Punkt zur Region hinzugefügt wird. Beispiele für eine derartige Vorgehensweise finden sich in ([Chan94], [Levi81], [Hara85]). Nachteilig bei diesem Grundansatz ist, dass die Ergebnisse vom gesetzten Startpunkt und der gewählten Suchordnung abhängig sind. Dadurch kann es z. B. beim Vorhandensein von leichten Grauwertschwankungen innerhalb der zu segmentierenden Region vorkommen, dass bei Nutzung des herkömmlichen rekursiven Algorithmus das Kriterium so aktualisiert wird, dass nach Abarbeitung eines rekursiven Zweigs für alle anderen Bereiche das Kriterium nicht mehr erfüllt ist.
- Zur zweiten Kategorie zählen Methoden, die die Homogenitätsgrenzen basierend auf einer größeren Anzahl unterschiedlicher Segmentierungen mit variierendem Homogenitätskriterium auswählen. Beispiele hierfür sind z.B. in [Law00], [Sieb97] und [Hojj95] beschrieben. Diese Vorgehensweise hat den Nachteil, dass die Verfahren aufgrund der großen Anzahl von Segmentierungen oft sehr langsam sind. Außerdem hängt ihr Erfolg davon ab, ob es möglich ist, anhand der unterschiedlichen Ergebnisse der einzelnen Segmentierungen mit leicht variierenden Kriterien das optimale Segmentierungsergebnis automatisch herauszufinden.
- Die dritte Kategorie umfasst Methoden, die das Homogenitätskriterium auf der Grundlage von Optimalitätsbetrachtungen für eine vollständige Segmentierung des gesamten Bildes auswählen. Dabei werden für die unterschiedlichen Regionen des Bildes auch unterschiedliche Homogenitätsbedingungen genutzt. Beispiele hierfür sind in [Koch86] und [Adam94] zu finden. Nachteilig bei diesen Verfahren ist, dass immer eine vollständige Segmentierung vorgenommen werden muss, was zu einem höheren Berechnungsaufwand führt. Andererseits hat diese Vorgehensweise den Vorteil, dass vom Benutzer kein explizites Homogenitätskriterium angegeben werden muss, sondern dieses durch den Algorithmus selbst definiert wird. So wird bei dem von Adams vorgeschlagenen Seeded Region growing z.B. die Wachstumsstrategie so gewählt, dass ausgehend von mehreren interaktiv eingegebenen Startpunkten immer die Region um einen direkt zur Region benachbarten Pixel vergrößert wird, für den die Differenz zwischen dem mittleren Grauwert der jeweiligen Region und seinem Grauwert am kleinsten ist. Das Verfahren wird so lange fortgesetzt, bis alle Pixel einer Region zugeordnet wurden. Anzumer-

ken zu diesem Verfahren ist, dass die Wahl der Anzahl der Startpunkte ganz entscheidend die Qualität der Segmentierung der einzelnen Regionen beeinflusst.

Um die Probleme, die bei der Auswahl eines geeigneten Homogenitätskriteriums auftreten können, einzuschränken, wurde als eine Erweiterung des einfachen Region growing Verfahrens im Zusammenhang mit der Anfertigung dieser Arbeit ein adaptives modellbasiertes Region growing Verfahren entwickelt, welches im Abschnitt 9.2 ausführlich erläutert wird.

7.2.2.1 Probleme beim Einsatz des Region growing Ansatzes

Beim Einsatz des Region growing Verfahrens zur Segmentierung von medizinischen Bilddaten können zahlreiche Probleme auftreten. So kann es aufgrund des Partialvolumeneffekts vorkommen, dass eine Untersegmentierung der Region erfolgt. Weiterhin kann bei der Segmentierung von Strukturen, die nur geringe Grauwertunterschiede zu benachbarten Geweben im Bild aufweisen, bei zu tief gewählten Homogenitätsgrenzen sehr leicht „ein Auslaufen“ der Region erfolgen. Wählt man die Grenzen jedoch zu hoch, kann es aufgrund des Bildrauschens zum Auftreten von Löchern in der segmentierten Region kommen (Abb. 7.15). Schließlich versagt das Region growing auch, wenn Shading im Bild auftritt, da dann die ursprüngliche Annahme, z.B. über das Vorhandensein eines homogenen Grauwerts innerhalb der Region, nicht mehr uneingeschränkt zutrifft.

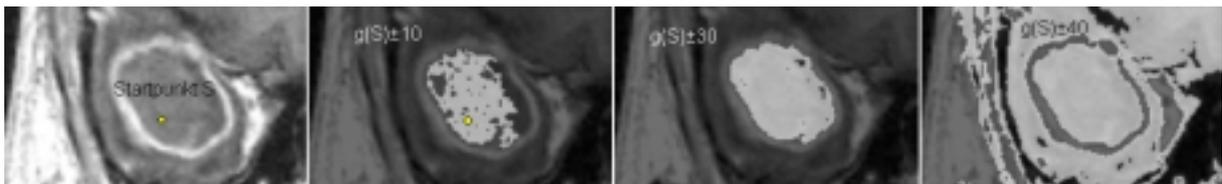


Abb. 7.15: von links nach rechts: Ausschnitt aus einem CT-Bild, fehlerhaftes Segmentierungsergebnis bei zu eng gefasstem Homogenitätskriterium, optimales Segmentierungsergebnis bei korrekt gewähltem Homogenitätskriterium, Auslaufen des segmentierten Bereichs in benachbarte Gebiete infolge eines zu weit gefassten Homogenitätskriteriums

Um das Auftreten dieser Fehler zu minimieren, können einige Vor- bzw. Nachverarbeitungsschritte eingesetzt werden. So lässt sich das Auftreten von Löchern durch vorheriges Glätten des Bildes mittels Median- oder Mittelwertfilter reduzieren. Eine andere Möglichkeit zur Beseitigung dieser Artefakte besteht in einer Nachverarbeitung der Segmentierungsergebnisse mittels morphologischem Closing. Das Auslaufen der Regionen kann in einigen Fällen durch das vorherige Einzeichnen von Barrieren an kritischen Bereichen der Objektgrenze verhindert werden. Diese werden dann wie Bildbereiche behandelt, bei denen das Homogenitätskriterium nicht mehr erfüllt ist. Bei Bildern mit Shading sollte unbedingt vorher eine Shadingkorrektur durchgeführt werden.

7.2.2.2 Einsatzgebiete für Region growing

Region growing kann in der Praxis immer dann erfolgreich eingesetzt werden, wenn die zu segmentierende Region bezüglich des betrachteten Merkmalswertes möglichst homogen ist und die Merkmalswerte für die Nachbarregionen möglichst stark von den Werten der gesuchten Region abweichen. Einige exemplarische Einsatzgebiete sollen im folgenden näher betrachtet werden.

Ein Beispiel, bei dem die oben gemachten Annahmen zutreffen, ist die Segmentierung des Bronchialbaums in CT-Datensätzen im Rahmen der virtuellen Bronchoskopie. Die zu segmentierenden Luftwege stellen sich als homogene schwarze Gebiete dar, die von einer gut abgrenzbaren sehr viel helleren Wand umgeben werden (Abb. 7.16). Dies wird auch im dargestellten Grauwertprofil entlang der Linie durch die Trachea deutlich. Probleme treten jedoch dann auf, wenn das Wachstumsverfahren die unteren Segmente des Bronchialbaums erreicht. In diesen Bereichen ist die Wandstärke der Tracheen geringer, so dass der Grauwertunterschied zwischen Wand und Innerem aufgrund des Partialvolumeneffekts teilweise sehr gering ist. So kann es auch passieren, dass die Wand Unterbrechungen aufweist, durch die ein Auslaufen der Region erfolgen kann. Deshalb wurde in [Schl02] ein Algorithmus vorgeschlagen, der diese kritischen Stellen identifiziert und ein Auslaufen der Region in den äußeren Bereich des Lungengewebes durch geeignete Abbruchkriterien verhindert.

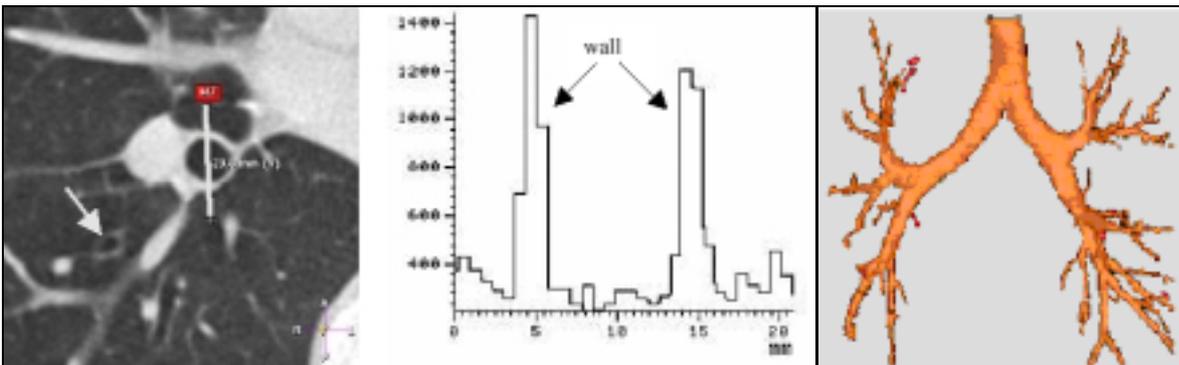


Abb. 7.16: links: Ausschnitt aus einem CT-Bild der Lunge mit einer angeschnittenen Trachea, Mitte: Grauwertprofil entlang der gekennzeichneten Linie durch die Trachea, rechts: mit Region growing segmentierter Bronchialbaum, aus [Schl02]

Ein weiteres Beispiel, bei dem Region growing erfolgreich eingesetzt wird, ist die Segmentierung des Ventrikelsystems in MR-Aufnahmen des Gehirns. Diese Auswertung erfolgt u.a. mit dem Ziel, die Planung komplizierter endoskopischer Eingriffe am Gehirn zu unterstützen. Da das CSF sich im MR-Bild sehr dunkel darstellt und es sich außerdem gut vom benachbarten Gehirngewebe abgrenzen lässt, kann ein einfaches 3D Region growing mit interaktiver Startpunktvorgabe verwendet werden [Bart99].

In [Warf95] werden ebenfalls MR-Aufnahmen des Gehirns genutzt, in denen der Cortex mit einem 3D Region growing Algorithmus erkannt werden soll. Im Verlaufe des Wachstumsprozesses kommen hierbei neben dem Homogenitätskriterium auch noch geometrische Constraints und Gradientenconstraints zum Einsatz, um eine korrekte Segmentierung zu gewährleisten.

In [Kapu98] ist mit der Segmentierung des Knies in MR-Aufnahmen ein weiteres Einsatzgebiet beschrieben. Hier wird ein zweistufiges Segmentierungsverfahren eingesetzt, um die einzelnen Knochen zu identifizieren. In einem ersten Schritt wird ausgehend von einer interaktiven Startpunktsetzung ein adaptives Region growing Verfahren gestartet, welches im Gegensatz zu den beiden vorangegangenen Beispielen jedoch nicht die Grauwerte als Homogenitätskriterium benutzt, sondern lokale Textureigenschaften analysiert. Während des Wachstumsprozesses wird nach jedem Wachstumsschritt die Statistik der lokalen Textur aktualisiert und die Grenzen des Homogenitätskriteriums automatisch angepasst. Um ein Auslaufen der segmentierten Region zu verhindern, werden zusätzlich noch Konturkanten im Bild detektiert und miteinander verbunden. Diese werden im Algorithmus als Heterogenitätskriterien benutzt, um das Wachstum in kritischen Bereichen zu stoppen. Nach diesem ersten Segmentierungsschritt erfolgt eine Nachbearbeitung des Ergebnisses, indem

nungsschritt erfolgt eine Nachbearbeitung des Ergebnisses, indem eine aktive Kontur zur Regularisierung der Objektgrenzen eingesetzt wird.

Neben dem Einsatz zur Segmentierung kann das Regionenwachstumsverfahren aber auch zur Ermittlung von Zusammenhangskomponenten eingesetzt werden. Hierbei muss lediglich im Binärbild abgetestet werden, ob der betrachtete Bildpunkt markiert ist oder nicht. Mit dem einfachen rekursiven Algorithmus können ausgehend von einem Startpunkt dann jeweils alle Pixel bzw. Voxel bestimmt werden, die ein zusammenhängendes Gebiet bilden. Diese Methode kann zum Labeln der einzelnen Regionen in einem Datensatz verwendet werden, um für nachfolgende Verarbeitungsschritte einen einfachen Zugriff auf die einzelnen Objekte zu gewährleisten.

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass beim Region growing sowohl Informationen über die Abbildungsqualität als auch teilweise Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten genutzt werden. Bei einfachen Fragestellungen, z. B. bei Bildern mit einem hohen Kontrastunterschied zwischen Objekt und Hintergrund, wird das Homogenitätskriterium fest oder in Form einer Berechnungsvorschrift in den Algorithmus integriert. Bei komplizierten Segmentierungsproblemen muss dieses Modellwissen über die Charakterisierung der Homogenität mitunter interaktiv eingegeben werden. Außerdem findet teilweise bei einigen Einsatzgebieten auch noch während des Wachstumsprozesses eine zusätzliche Plausibilitätsprüfung durch einen Vergleich der Ergebnisse mit geometrischen bzw. topologischen Modellannahmen statt.

7.2.3 Split-and-Merge-Verfahren

Das Split-and-Merge-Verfahren stellt eine einfache Möglichkeit zur Segmentierung unkomplizierter Strukturen in Bildern dar. Es beruht ausschließlich auf Annahmen, die aus Kenntnissen über die Bildaufnahme abgeleitet werden können. Im Gegensatz zum im vorigen Abschnitt betrachteten Region growing erfolgt beim Split-and-Merge-Verfahren eine vollständige und überdeckungsfreie Zerlegung des Datensatzes. Den entstehenden Regionen wird jedoch keine Bedeutung zugeordnet. Dieses muss erst in einem nachfolgenden Arbeitsschritt geschehen.

7.2.3.1 Vorgehensweise beim Splitting und Merging

Das Regionen-Split-and-Merge-Verfahren stellt eine Kombination von Split- und von Merge-Schritten dar. Vor dem Beginn der Segmentierung muss wiederum, wie beim Region growing, ein Homogenitätskriterium festgelegt werden. Dieses Kriterium kann z.B. eine Beschreibung der Homogenität von Grauwerten oder von Texturwerten beinhalten.

Beim ersten Schritt, dem Regionen Splitting, wird zuerst das gesamte Bild als eine Region aufgefasst. Erfüllt diese Region nicht die festgelegten Homogenitätsanforderungen, so wird sie in vier Unterregionen bei Nutzung eines 2D-Datensatzes oder in 8 Regionen bei der Segmentierung eines 3D-Datensatzes zerlegt. Die Prozedur der Unterteilung wird anschließend solange rekursiv wiederholt, bis alle ermittelten Regionen das Homogenitätskriterium erfüllen. Die Zerlegung terminiert spätestens auf Pixelebene. Die Repräsentation der Zerlegung erfolgt in einem Quadtree bzw. Octtree, bei dem jedes Blatt eine homogene Region bezeichnet. Die Anzahl der Knoten in dem Baum korrespondiert somit zu der Anzahl der gefundenen Regionen (Abb. 7.17).

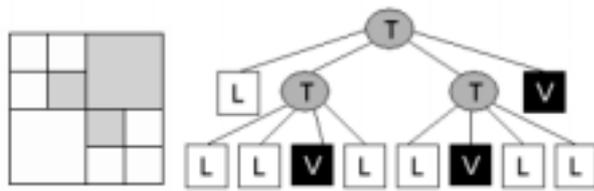


Abb. 7.17: Ableitung des Quadrees für die dargestellte Region (T=gemischte Knoten, L=weiße Region, V=graue Region)

Der Hauptnachteil des beschriebenen Ansatzes besteht darin, dass bei der alleinigen Nutzung der Splitting-Prozedur benachbarte Regionen als separate Regionen behandelt werden, auch wenn sie gemeinsam das Homogenitätskriterium erfüllen. Dieses Problem kann durch eine sich an den Split-Schritt anschließende Merge-Operation beseitigt werden, die benachbarte ähnliche Regionen zusammenfasst. Realisiert wird dies durch eine Traversierung des Zerlegungs-Quadrees. Eine andere, effizientere Möglichkeit, stellt die Durchführung eines Merge-Schrittes nach jedem Split-Schritt dar. Dabei wird jeweils geprüft, ob benachbarte Regionen gemeinsam das Homogenitätskriterium erfüllen. Ist dies der Fall, werden die beiden Regionen zusammengefasst. In diesem Fall können jedoch keine Quadrees als Datenstrukturen benutzt werden, da hierin das Merging aufgrund der Annahme einer quadratischen Gestalt der Regionen nicht realisierbar ist. Zur Repräsentation dieser Vorgehensweise bietet sich die Verwendung eines Regionennachbarschaftsgraphen als geeignete Datenstruktur an [Sonk93].

Ein Problem bei dieser Art der Segmentierung ist, dass die Zerlegung bei der Verwendung eines relativen Homogenitätsmerkmals nicht immer eindeutig ist. Je nachdem, ob die Regionen zuerst in horizontaler oder in vertikaler Richtung zusammengefasst werden, können unterschiedliche Ergebnisse entstehen. Ein weiterer Nachteil des Verfahrens besteht darin, dass sehr häufig, aufgrund der rechteckigen Geometrie, Untersegmente mit ausgefransten und gerasterten Kanten entstehen. Bei sehr komplexen Bildern ergeben sich zumeist keine akzeptablen Ergebnisse [Sonk93].

7.2.3.2 Regionenmerging mittels verknüpfter Pyramiden

Während beim einfachen Region-Merging Segmente nach einem globalen Homogenitätskriterium zusammengefasst werden, wird beim Multiresolutionansatz mittels verknüpfter Pyramiden ([Burt81], [Piet81], [Prew01]) die Segmentierung unter Berücksichtigung eines lokal variierenden Homogenitätskriteriums durchgeführt. In einem ersten Schritt wird eine Gauß-Pyramide erzeugt. Da zur Repräsentation der Daten eine Pyramiden-Datenstruktur mit überlappenden Regionen zum Einsatz kommt, befindet sich jedes Pixel einer höheren Pyramidenstufe auf einem Zwischengitterplatz bezüglich der darunter liegenden Stufe. Dadurch besitzt jede Region vier potentielle Elternregionen in einer höheren Pyramidenstufe und sechzehn potentielle Kinder in einer niedrigeren Stufe, bei Zugrundelegung von 2D-Bilddaten. Außer am Rand geht somit jedes Pixel einer unteren Ebene mit seinem Wert in vier Pixel der darüber liegenden Ebene ein (Abb. 7.18, oben). Im zweiten Schritt dieses Algorithmus erfolgt eine Neuordnung der Verbindungen zwischen den Eltern und den Kindern derartig, dass nur noch die Verbindung eines Kindes zu seinem ähnlichsten Elternteil bestehen bleibt. Als Ähnlichkeitsmaß kann z.B. die mittlere quadratische Abweichung der Grauwerte benutzt werden (Abb. 7.18, Mitte). Anschließend werden in einem dritten Schritt die mittleren Merkmalswerte eines Pixels erneut berechnet, wobei jedoch nur noch die Werte der jeweils aktuellen Kinder bei der Mittelung berücksichtigt werden (Abb. 7.18, unten). Zur Erzeugung des Ergebnisbildes kann nun, je nachdem, wie stark die Zusammenfassung der Pixel zu Regionen erfolgen soll, in eine der erzeugten Pyramidenebenen gesprungen werden. Alle mit einem Elternpixel in dieser Ebene verbundenen Kinder bekommen dann im Ergebnisbild den Merkmalswert des

Elternteils eingetragen. Der Einsatz dieses Verfahrens zur Verbesserung von dSPECT-Daten wird im Ergebnisteil im Kapitel 9.3.3 ausführlich diskutiert.

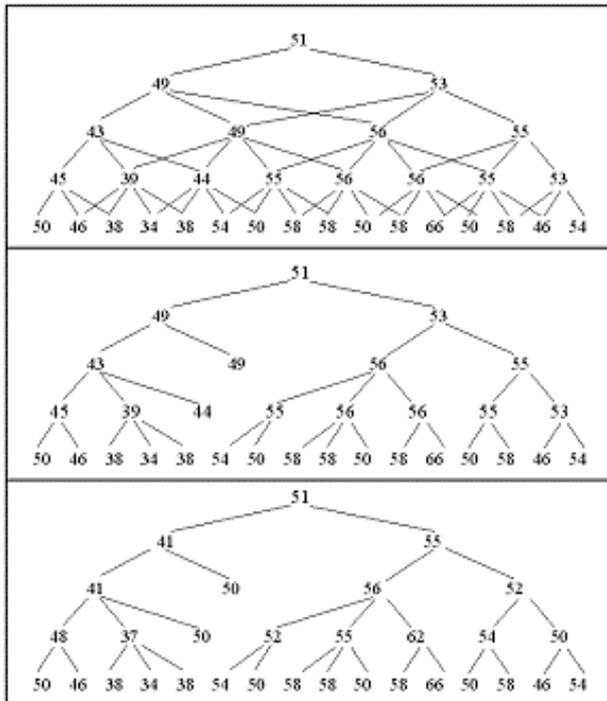


Abb. 7.18: Algorithmus der verknüpften Pyramiden. Oben: Im ersten Schritt erfolgt die Berechnung einer Gaußpyramide. Mitte: Im zweiten Schritt wird jeder Kindknoten mit dem ähnlichsten Elternknoten verbunden. Unten: Berechnung der neuen Mittelwerte für jeden Elternknoten auf Grundlage der neuen Eltern-Kind-Verbindung.

7.2.3.3 Einsatzgebiete des Split-and-Merge-Verfahrens

Ein Anwendungsbeispiel für die Split-and-Merge-Segmentierung stellt die in [Subr97] vorgestellte Segmentierung von fetalen Ultraschallbildern dar. Da diese nur eine grobe Bildauflösung besitzen, konnte eine abgewandelte Split-and-Merge-Strategie erfolgreich getestet werden. Als Abweichung zum herkömmlichen Verfahren muss der Nutzer bei diesem Ansatz jedoch zuerst einen Startpunkt in die ihn interessierende Region setzen. Anschließend erfolgt die Berechnung des Homogenitätskriteriums in der näheren Umgebung (11x11 Pixel) des Startpunktes, welches auf der Berechnung des mittleren Grauwertes und der Standardabweichung beruht. Mit diesem Kriterium werden dann die herkömmlichen Split-and-Merge-Schritte, wie im vorangegangenen Abschnitt beschrieben, ausgeführt.

Häufiger wird jedoch die Split-and-Merge-Technik in der Praxis in Verbindung mit anderen Segmentierungsverfahren eingesetzt, da die gesuchten Strukturen zumeist doch eine kompliziertere Gestalt besitzen, die sich mit dem reinen Split-and-Merge-Ansatz nicht extrahieren lässt.

So wird in [Hari98] der Einsatz eines kombinierten Verfahrens zur Segmentierung von MR-Bildern des Gehirns und von CT-Bildern des Thorax beschrieben. Dabei wird die Zerlegung der Bilder in ähnliche Regionen nicht mit einem Split-Schritt realisiert, sondern es kommt ein Wasserscheiden-Algorithmus zum Einsatz, der in Abschnitt 4.2.7 noch ausführlich beschrieben wird. Da diese Zerlegung zu einer deutlichen Übersegmentierung der Daten führt, wird anschließend ein schnelles Region Merging benutzt, um ähnliche Regionen wieder zusammenzufassen. Dabei hat sich gezeigt, dass mit zunehmender Übersegmentierung die Anzahl der beim Merging falsch zusammengefassten Regionen anstieg. Als Datenstruktur zur Repräsentation des Ergebnisses wurde ein Regionennachbarschaftsgraph implementiert.

In [Nedz00] wird gleichfalls ein kombinierter Ansatz zur Segmentierung von histologischen Zellbildern eingesetzt. Hierbei erfolgt die Zerlegung des Bildes in Untersegmente mittels morphologischer Gradientenberechnung, anschließend Verdünnen und Schwellwertsegmentierung. Da wiederum eine Übersegmentierung des Bildes erfolgt, werden Regionen mit einem ähnlichen mittleren Grauwert und einer ähnlichen Streuung zusammengefasst.

Ein weiteres Beispiel, welches hier betrachtet werden soll, ist die Segmentierung des Lumens in Endoskopiebildern. Der in [Kwoh99] beschriebene Ansatz dient dem Ziel, dem Arzt eine Unterstützung bei der Navigation des Endoskops zu geben, indem der nächste Navigationsschritt automatisch aus den aufgenommenen Bildern abgeleitet wird. Das interessierende Lumen ist in den Bildern eine zumeist homogene große und dunkle Region. Der angewandte Algorithmus konstruiert zur Segmentierung der Lumenregion einen Quadtree mittels Bottom-Up-Strategie durch das Zusammenfassen homogener Regionen ausgehend von der Pixelebene. Für jeden Knoten werden der mittlere Grauwert und die Varianz der dazugehörigen Bildregion bestimmt. Hat man die Wurzel erreicht, wird die größte uniforme und dunkle Region ausgewählt und anschließend ein Merging durch Traversierung mit den Nachbarregionen durchgeführt.

Schließlich wurde der Algorithmus der Regionenzusammenfassung mittels verknüpfter Pyramiden von Burt [Burt81] zur Segmentierung von Zellbildern benutzt. Die Verwendung dieser Pyramiden zur Verbesserung der Datenqualität in dSPECT-Daten wird im Beispielteil in Kapitel 9.3.3 ausführlich besprochen.

Wie an den Beispielen zu erkennen ist, werden in der Praxis beim Splitting und Merging fast ausschließlich Informationen über die Abbildungsqualität, wie z. B. einfache statistische Kenngrößen, ausgewertet. Außerdem wurde bei den Beispielen das Wissen über das Homogenitätskriterium immer in den Algorithmus integriert.

7.2.4 Diffusionsverfahren

Diffusionsverfahren können sowohl im Bereich der Bildvorverarbeitung als Diffusionsfilter zur kantenerhaltenden Glättung als auch zur Segmentierung eingesetzt werden. Ihre Wirkungsweise basiert ausschließlich auf der Auswertung der Grauwertinformation. Bei ihrem Einsatz kommt es zu einer Vereinfachung des Bildes bei gleichzeitiger Sicherung oder Verstärkung der semantisch bedeutenden Information in Form von Kanten, Linien oder flussähnlichen Strukturen.

Es handelt sich bei der Diffusion um einen Vorgang, der auf einem physikalischen Modell beruht. Bei ihm werden durch Austauschprozesse zwischen zwei benachbarten Bereichen Konzentrationsunterschiede, die zwischen diesen Bereichen bestehen, ausgeglichen. Als Ergebnis des Diffusionsprozesses liegt dann ein stabiler Gleichgewichtszustand vor. Dieser Gleichgewichtszustand kann durch das Fick'sche Gesetz wie folgt beschrieben werden [Weik97]:

$$j = -D \cdot \nabla u, \quad (7.27)$$

wobei ∇u der Konzentrationsgradient, j der sich zum Ausgleich ergebende Massefluss und D ein Diffusionstensor in Form einer positiv definierten symmetrischen Matrix ist. Je nach Steuerung des Ausgleichs werden verschiedene Arten von Diffusion in der Literatur unterschieden. In dem Fall, wo j und ∇u aneinander angepasst sind, spricht man von isotroper Diffusion und der Diffusionstensor wird durch ein Skalar, die Diffusionskonstante, ersetzt. Tritt keine Angleichung zwischen j und ∇u auf, so bezeichnet man den Vorgang als anisotrope Diffusion. Ist der Diffusionstensor für das gesamte Bild konstant, spricht man von homogener

Diffusion variiert der Diffusionstensor in Abhängigkeit von der Position im Bild von inhomogener Diffusion. Häufig ist der Diffusionstensor auch eine Funktion der Ableitung des betrachteten Bildes selbst. Diese Rückkopplung führt zu nichtlinearen Diffusionsverfahren [Weik97].

Die Tatsache, dass bei der Diffusion nur ein Transport und kein Neuentstehen oder Verlorengehen von Masse stattfinden kann, um den Gleichgewichtszustand zu erreichen, lässt sich durch die Kontinuitätsgleichung wie folgt ausdrücken [Weik97]:

$$\delta_t u = \operatorname{div} j, \quad (7.28)$$

Dabei bezeichnet t die Zeit. Dies führt nach Einsetzen in die Fick'sche Gleichung zu der Diffusionsgleichung [Weik97]

$$\partial_t u = \operatorname{div}(D \cdot \nabla u). \quad (7.29)$$

Bei der Übertragung des physikalischen Modells in den Bereich der Bildverarbeitung wird der Konzentrationsbegriff mit dem Grauwert an einer bestimmten Bildposition gleichgesetzt. Im Folgenden sollen nun die wichtigsten Diffusionsverfahren, die man zur Auswertung von Bildern einsetzt, näher betrachtet werden.

7.2.4.1 Lineare homogene Diffusion

Die einfachste in der Bildverarbeitung genutzte Art der Diffusion ist die lineare homogene Diffusion. Sie führt zu einer Skalenraumdarstellung, bei der das Bild durch eine kontinuierliche Familie von graduell immer glatter werdenden Versionen repräsentiert wird. In dem Skalenraum korrespondiert das Originalbild dabei mit der Skale $t = 0$. Durch Faltung mit einem Gaußfilterkern mit zunehmender Größe werden die höheren Skalendarstellungen erzeugt. Wie man in Abb. 7.19 feststellen kann, führt die Erhöhung der Skale zu einer Vereinfachung des Bildes, indem das Rauschen und feine Bilddetails zunehmend entfernt werden. Nachteilig bei dieser Art der Repräsentation ist jedoch, dass in den höheren Skalen bedeutende Bildmerkmale, wie z.B. Kanten, nur noch schwer zu identifizieren sind. Außerdem findet eine Verschiebung der Kanten bezüglich der Bildposition statt, so dass beim Verfolgen von Kanten ausgehend von der groben bis hin zur detaillierten Darstellung ein Korrespondenzproblem auftritt.

Diese Probleme lassen sich nur lösen, wenn man entweder auf die Linearität oder auf andere Eigenschaften des Gauß'schen Skalenraums verzichtet. Ein Weg ist hierbei die Steuerung des Diffusionsprozesses durch die Geometrie des Bildes.

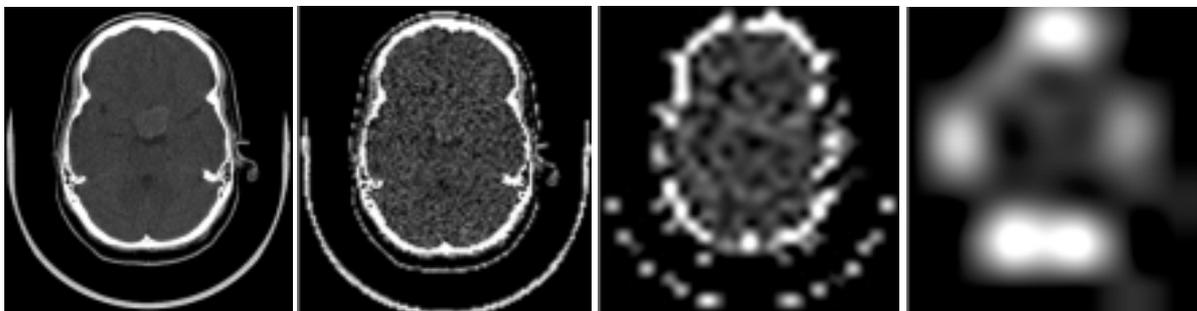


Abb. 7.19: Homogene Diffusion, von links nach rechts: Originalauflösung 512 x 512, Auflösung von 128 x 128 Pixel, von 32 x 32 Pixel, von 8 x 8 Pixel. Man sieht deutlich, dass feine Details mit zunehmender Diffusion verloren gehen und Kanten sich in den höheren Skalenräumen verschieben.

7.2.4.2 Inhomogene lineare Diffusion

Die inhomogene lineare Diffusion ist eine der einfachsten Modifikationen, um a priori Wissen in den Diffusionsvorgang zu integrieren und das Korrespondenzproblem zwischen den einzelnen Skalen zu reduzieren. Dies wird erreicht, indem der Glättungsprozess an den Kanten verringert wird. Dazu wird $|\nabla f|$ als Fuzzy-Kantendetektor derart benutzt, dass an Positionen mit großen Werten für $|\nabla f|$, die eine höhere Kantenwahrscheinlichkeit verkörpern, die Diffusionskonstante z. B. entsprechend der folgenden Formel [Char94] abgeschwächt wird:

$$g(|\nabla f|^2) = \frac{1}{\sqrt{1 + \frac{|\nabla f|^2}{\lambda^2}}}, \text{ mit } \lambda > 0, \quad (7.30)$$

wodurch sich eine Abänderung der Diffusionsgleichung entsprechend

$$\partial_t u = \operatorname{div}\left(g(|\nabla f|^2) \nabla u\right) \quad (7.31)$$

ergibt.

In Abb. 7.20 ist die Skalenraumdarstellung dieses Diffusionsprozesses zu sehen. Man erkennt ganz deutlich die bessere kantenerhaltende Wirkung bei der inhomogenen linearen Diffusion (mittlere Spalte) im Vergleich zur vorher beschriebenen linearen Diffusion (linke Spalte). Andererseits entstehen aber bei den höheren Skalen Artefakte, die aus der Ableitung der Strukturen aus dem Initialbild herrühren.

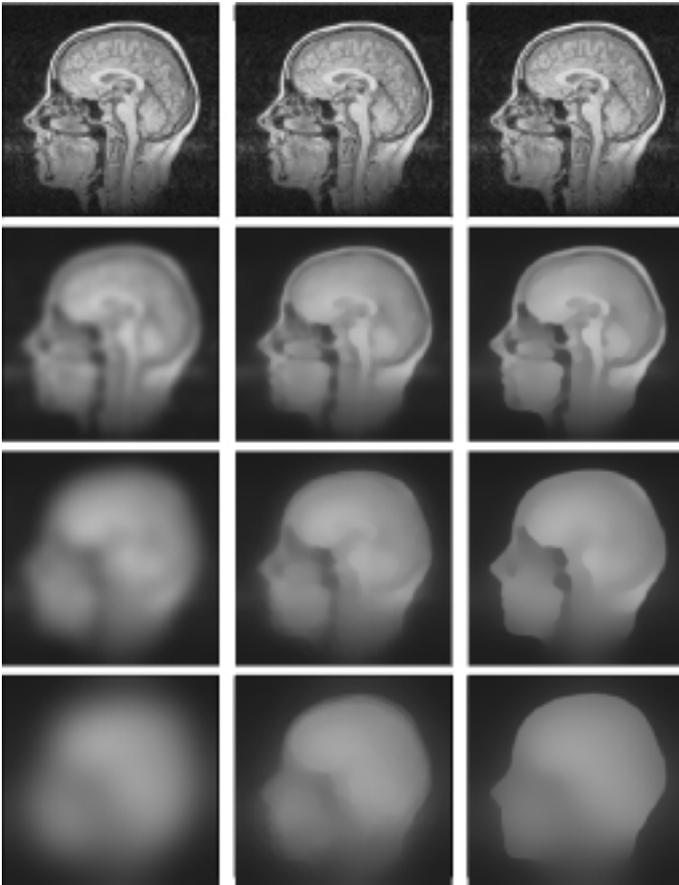


Abb. 7.20: Diffusionsskalenräume mit einer konvexen Potentialfunktion. Linke Spalte: Lineare homogene Diffusion, von oben nach unten: $t = 0, 12.5, 50, 200$. Mittlere Spalte: inhomogene lineare Diffusion mit $\lambda = 8$, von oben nach unten: $t = 0, 70, 200, 600$. Rechte Spalte: nichtlineare isotrope Diffusion mit $\lambda = 3$, von oben nach unten: $t = 0, 70, 150, 400$, aus [Weik97]

7.2.4.3 Nichtlineare isotrope Diffusion

Eine Verbesserung der Ergebnisse des vorhergehenden Ansatzes kann erreicht werden, wenn zur Steuerung der Diffusion nicht der Gradient des Originalbildes herangezogen wird, sondern in einer Rückkopplung jeweils der Gradient der aktuellen Skale genutzt wird. Dies führt zu der folgenden nichtlinearen Diffusionsgleichung, die von Perona und Malik 1987 das erste Mal vorgestellt wurde [Pero87]:

$$\partial_t u = \operatorname{div}\left(g\left(|\nabla u|^2\right)\nabla u\right). \quad (7.32)$$

Der Wert für $g(|\nabla u|^2)$ ergibt sich entsprechend der Gleichung

$$g\left(|\nabla u|^2\right) = \frac{1}{\sqrt{1 + \frac{|\nabla u|^2}{\lambda^2}}}, \text{ mit } \lambda > 0. \quad (7.33)$$

Die Anwendung des Perona-Malik-Modells führt dazu, dass in den Ergebnisbildern über einen längeren Zeitraum sehr stabile Kanten erhalten werden. Dies ist sehr deutlich bei dem Beispiel in Abb. 7.20 in den Bildern der rechten Spalte zu erkennen. Im Gegensatz zu den beiden anderen betrachteten Diffusionsarten sind hier selbst im höchsten betrachteten Skalenraum die äußeren Kanten noch sehr gut erkennbar. Der Einsatz dieser Art der Diffusionsfilterung zur Beseitigung der Speckle-Artefakte bei einem Ultraschallbild ist in Abb. 7.21 zu sehen. Die kantenerhaltende Wirkung für Bereiche mit hohen Gradienten zeigt sich auch hier.

Bei der Wahl von λ ist jedoch zu beachten, dass der gewünschte Effekt der Glättung nur dann auftritt, wenn die Ableitung an der Stelle kleiner als der gewählte Wert ist. In dem anderen Fall kann es zu einer unerwünschten Erhöhung des Kontrastes in Form von Treppenstufenartefakten kommen [Pero90].

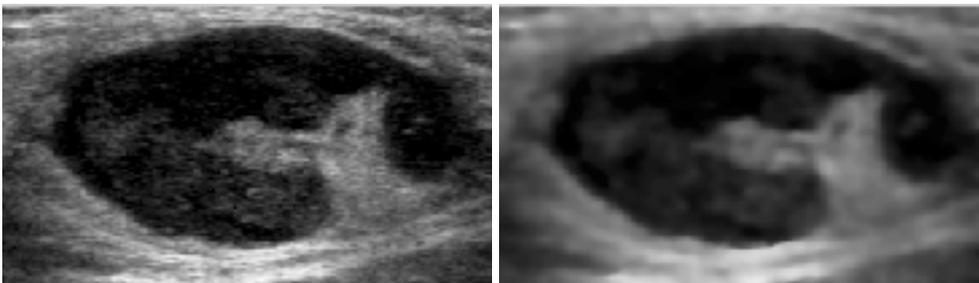


Abb. 7.21: Nichtlineare isotrope Diffusion mit dem Perona-Malik-Modell, links: Ultraschallbild eines Lymphknotens mit deutlicher Speckle-Struktur (Bild von der Klinik für Radiologie der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg), rechts: Ergebnis der Diffusionsfilterung. Während die Inhomogenitäten im Inneren des Lymphknotens stark reduziert wurden, blieben die äußeren Begrenzungen infolge der hohen Gradienten weitestgehend erhalten.

Eine Verbesserung dieses Ergebnisses und eine Verringerung der Artefakte kann u.a. erreicht werden, wenn anstatt von $g(|\nabla u|^2)$ aus dem Perona-Malik-Modell $g(|\nabla u_\sigma|^2)$ verwendet wird, wobei u_σ sich durch die Faltung von u mit einem Gauß-Filter der Standardabweichung σ ergibt. Die Größe der Parameter λ und σ wird dabei in Abhängigkeit von dem gerade aktuellen Zeitschritt gewählt [Whit93]. Ein Beispiel für eine derartige Realisierung ist in der linken Spalte in Abb. 7.23 zu sehen. Die Verbesserung der Kantenerhaltung bei Kanten mit sehr hohen Gradienten im Gegensatz zum einfachen Perona-Malik-Ansatz wird sehr deutlich. Wei-

tere Beispiele zur Verbesserung des Perona-Malik-Ansatzes sind in [Weik97] ausführlich beschrieben.

7.2.4.4 Nichtlineare anisotrope Diffusion

Alle bisher betrachteten Diffusionsmodelle gehen davon aus, dass der Konzentrationsfluss j immer dem Gradienten ∇u angepasst ist. In einigen Fällen kann es jedoch wünschenswert sein, dass der Fluss sich der Orientierung der interessierenden Bildmerkmale angleicht. In diesem Fall der anisotropen Diffusion reicht jedoch eine skalare Diffusionskonstante nicht mehr aus, sondern es muss ein Diffusionstensor verwendet werden. In der medizinischen Bildverarbeitung kommt vor allem der kantenerhaltenden anisotropen Diffusion eine Bedeutung zu. Dabei verhält sich das Innere eines Segments bei dieser Vorgehensweise ähnlich wie bei einem linearen Diffusionsfilter, wobei die Diffusion über die Kanten nicht gestattet wird. Um das Rauschen an den Kanten zu verringern, erfolgt in diesem Bereich der Konzentrationsausgleich entlang der Kantenrichtung (Abb. 7.22).

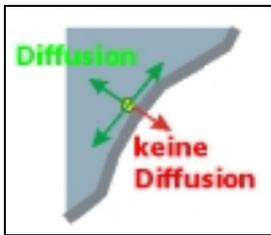


Abb. 7.22: Prinzip der anisotropen Diffusion. Hier findet ein Konzentrationsausgleich auch in Richtung der Kanten statt. Die Diffusion wird lediglich über Kanten hinweg unterbunden.

Dieser Konzentrationsausgleich wird erreicht, indem bei der kantenerhaltenden anisotropen Diffusion ein Diffusionstensor D in der folgenden Art und Weise konstruiert wird [Boom01]:

$$D = R^T \begin{pmatrix} c_1 & 0 \\ 0 & c_2 \end{pmatrix} R, \quad (7.34)$$

wobei R die Rotationsmatrix beschreibt, mit dem das lokale Koordinatensystem an den Gradientenvektor in der betrachteten Skale t angepasst wird. Die Rotationsmatrix ergibt sich dabei nach [Boom01]

$$R = \frac{1}{\sqrt{(u_x^t)^2 + (u_y^t)^2}} \begin{pmatrix} u_x^t & -u_y^t \\ u_y^t & u_x^t \end{pmatrix}, \quad (7.35)$$

mit u^t als der aktuellen Darstellung des Bildes in der Skale t . Dies führt zu dem folgenden Diffusionstensor

$$D = \frac{1}{\sqrt{(u_x^t)^2 + (u_y^t)^2}} \begin{pmatrix} c_1(u_x^t)^2 + c_2(u_y^t)^2 & (c_2 - c_1)u_x^t u_y^t \\ (c_2 - c_1)u_x^t u_y^t & c_1(u_y^t)^2 + c_2(u_x^t)^2 \end{pmatrix}. \quad (7.36)$$

Der Wert von c_1 steuert dabei den Konzentrationsausgleich in Richtung des Gradienten und der Wert von c_2 den Ausgleich entlang der Kante. Eine Möglichkeit zur Wahl von c_1 und c_2 ist z. B. durch die folgenden Vorschriften gegeben:

$$c_2(u_w^t) = e^{-\frac{(u_w^t)^2}{\lambda^2}} \quad \text{und} \quad c_1(u_w^t) = \frac{1}{5} c_2(u_w^t), \quad (7.37)$$

wobei $(u_w^t) = \sqrt{(u_x^t)^2 + (u_y^t)^2}$ die Norm des Gradienten ist. In Abb. 7.23 ist ein Beispiel für die Skalenraumrepräsentation eines MR-Bildes bei Anwendung der nichtlinearen anisotropen Diffusion zu sehen. Man kann deutlich erkennen, dass realistische Segmente entstehen, ohne dass kleinere Strukturen zu Störeffekten führen. Weiterhin kann man beobachten, dass mit zunehmender Diffusion eine Abrundung von stark gekrümmten Objekten, wie z. B. der Nase, erfolgt. Weitere anisotrope Diffusionsmodelle sind in [Weik98] beschrieben.

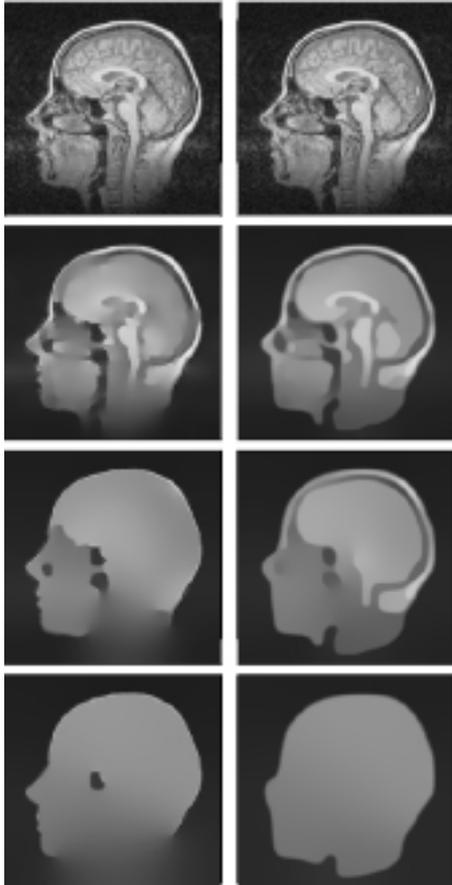


Abb. 7.23: Nichtlineare Diffusionsskalenräume mit einer örtlichen Regularisierung. Linke Spalte: isotrope nichtlineare Diffusion mit $\lambda = 3$ und $\sigma = 4$, von oben nach unten: $t = 0, 40, 400, 1500$. Rechte Spalte: nichtlineare anisotrope Diffusion mit $\lambda = 3$ und $\sigma = 1$, von oben nach unten: $t = 0, 250, 875, 3000$.

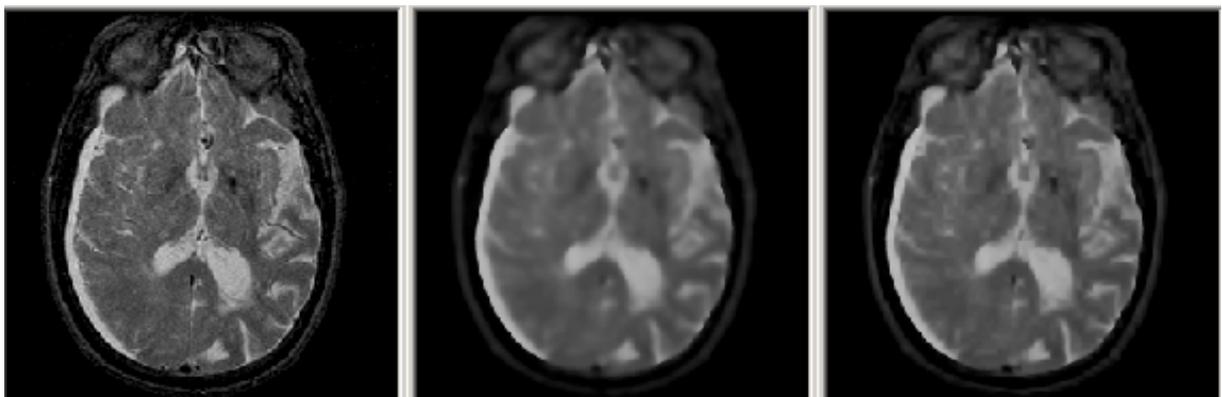


Abb. 7.24: Vergleich von nichtlinearer isotroper und anisotroper Diffusion, links: T_2 -gewichtetes MR-Bild eines Patienten, Mitte: Ergebnis der isotropen Diffusion, rechts: Ergebnis der anisotropen Diffusion. Im rechten Bild sind die Kanten wesentlich weniger geglättet als im mittleren Bild. Trotzdem ist im Vergleich zum Originalbild die Homogenisierung der Grauwerte in den einzelnen Strukturen deutlich zu erkennen.

Die kantenverbessernde Wirkung der nichtlinearen anisotropen Diffusion im Vergleich zur nichtlinearen isotropen Diffusion zeigt sich auch bei dem Beispiel in Abb. 7.24 bei der Rauschreduktion eines T_2 -gewichteten MR-Bild des Kopfes.

7.2.4.5 Beispiele für den Einsatz der Diffusionsverfahren

Diffusionsverfahren werden sehr häufig bei Bildern mit schlechtem Signal-Rausch-Verhältnis zur Verbesserung der Datenqualität eingesetzt. So wird z.B. in [Mont03] eine anisotrope Diffusionsfilterung von 4D-Echokardiographien als Voraussetzung für die Segmentierung des linken Ventrikels mit einem modellbasierten Ansatz durchgeführt. Im Gegensatz zu anderen Filterverfahren wurde beim Einsatz der kantenerhaltenden anisotropen Diffusionsmethode eine Erhöhung des Signals an den Ventrikelgrenzen bei gleichzeitiger drastischer Reduktion des Specklerauschens im Inneren der homogenen Regionen erreicht. Dadurch konnte sich die verwendete deformierbare Oberfläche besser an die sichtbaren Kanten anpassen, als dies ohne Filterung der Fall war. Die Diffusion erfolgte über drei Iterationsstufen, wobei sich die richtungs- bzw. zeitabhängigen Gradientenschwellenwerte, die die Diffusion an den Kanten steuerten, mit jedem Schritt deutlich verringerten. Als ein Nachteil der anisotropen Diffusion wurde jedoch der hohe Zeitaufwand eingeschätzt, der von den Autoren für einen Datensatz der Größe von $256 \times 256 \times 17$ Voxeln mit 30 Minuten angegeben wurde.

Da die Diffusionsverfahren im Allgemeinen recht rechenintensiv sind, werden in [Weik97] Möglichkeiten zur Verbesserung des Zeitverhaltens diskutiert. Eine Variante zur Senkung des Zeitbedarfs ist eine parallele Implementation des Algorithmus. Dadurch können neue Einsatzgebiete für die Diffusionsfilterung erschlossen werden, wie z. B. die Vorverarbeitung von großen 3D-US-Datensätzen zur Verbesserung der Bildqualität bei der Volumenvisualisierung.

Die Bildverbesserung von Ultraschallbildern, speziell von Arterien, ist ein weiteres Beispiel, bei dem in der Praxis ein anisotroper Diffusionsfilter erfolgreich eingesetzt wurde. In dem Beitrag von Yu [Yu02] wird ein speziell auf die Probleme der Speckle-Reduktion abgestimmtes anisotropes Diffusionsverfahren vorgestellt. Die dort vorgeschlagene neue Diffusionstechnik basiert auf dem Ansatz der Minimierung des mittleren quadratischen Fehlers, wie er auch bei den adaptiven Lee- und Frost-Filtern eingesetzt wird. Damit stellt die Methode eine kantensensitive Erweiterung dieser konventionellen adaptiven Speckle-Filter dar.

Außer bei Ultraschallbildern wird die anisotrope Diffusion noch häufig bei angiographischen Aufnahmen eingesetzt, da diese infolge der Differenzbildung einen hohen Rauschanteil besitzen. So wurde zur Verbesserung der Segmentierungsergebnisse von Blutgefäßen in [Soch96] eine spezielle Art der nichtlinearen Diffusion, die auf dem Beltrami-Operator beruht, genutzt. Dadurch konnte das Bildrauschen bei gleichzeitiger Verstärkung der Kanten, wie in Abb. 7.25 zu sehen ist, deutlich reduziert werden. Die Verbesserung von Angiographie-Aufnahmen stand auch im Mittelpunkt der Ausführungen von Meijering [Meij01]. In diesem Artikel werden die Wirkungsweisen eines einfachen Mittelwertfilters, eines Gauß-Filters und der isotropen nichtlinearen Diffusion mit dem Perona-Malik-Ansatz und der kantenerhaltenden anisotropen Diffusion miteinander verglichen. Dabei zeigte sich, dass alle vier Verfahren das Rauschen in Gefäßen mit einem großen Durchmesser von mehr als 10 Voxeln gleich gut reduzierten. Bei dünneren Gefäßen lieferten die beiden Diffusionsverfahren wesentlich bessere Ergebnisse. Vorteilhaft bei diesen Verfahren war außerdem, dass der segmentierte Gefäßdurchmesser nur sehr wenig von der Benutzereingabe des Schwellenwertes abhing. Da die untersuchte anisotrope Diffusion im Gegensatz zur betrachteten isotropen Diffusion wesentlich glattere Gefäßwände erzeugte, wurde dieses Verfahren als Vorverarbeitungsschritt zur Verbesserung der Gefäßvisualisierung favorisiert.



Abb. 7.25: von links nach rechts: Ausschnitt aus einem DSA-Bild, Ergebnis mit dem Perona-Malik-Ansatz, Ergebnis der nichtlinearen Diffusion mit dem Beltrami-Operator, Bild aus [Soch96]

Ein drittes Gebiet, wo häufig eine Verbesserung der Datenqualität mittels Diffusionsmethoden erzielt wird, ist die Magnetresonanztomographie. In diesem Zusammenhang wird in [Sanc99] eine Möglichkeit zur Verbesserung der Segmentierung von Herzaufnahmen durch den Einsatz einer speziellen wissensbasierten anisotropen Diffusion beschrieben. Das Besondere an diesem Ansatz ist die Definition der Austauschrate über einen Tensor zweiter Ordnung und als explizite Funktion des Ortes und der Zeit. Durch diese Integration von räumlichem gestaltspezifischen und zeitlichem a priori Wissen in den Diffusionsprozess konnte das Signal-Rausch-Verhältnis und damit die Segmentierung des linken Ventrikels in den Bildern wesentlich verbessert werden, was auch in dem Beispiel in Abb. 7.26 sehr gut zu sehen ist.

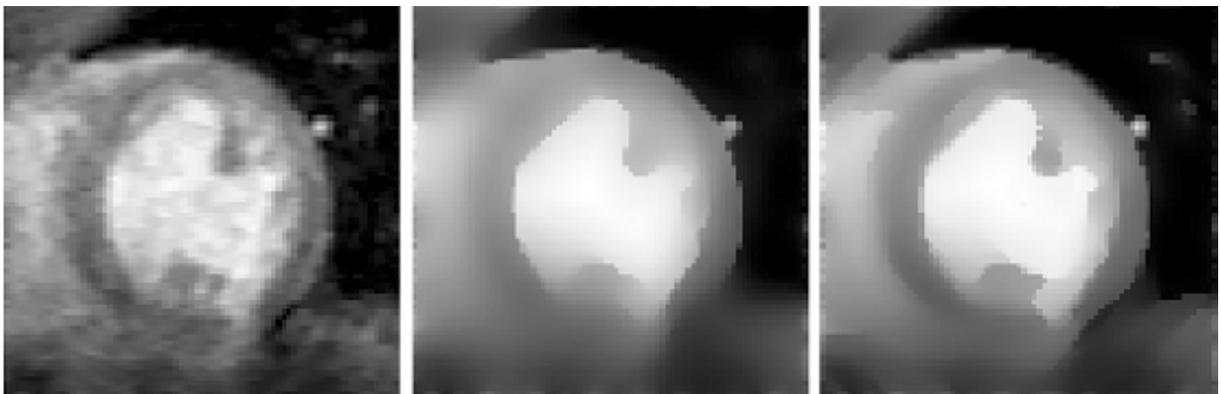


Abb. 7.26: von links nach rechts: MR-Aufnahme des linken Herzventrikels, Glättung des Bildes mit einem herkömmlichen nichtlinearen anisotropen Diffusionsfilter, Verbesserung des Ergebnisses im Bereich der Herzwand durch zusätzliche Integration von a priori Wissen in das Diffusionsverfahren, Bilder aus [Sanc99]

Schließlich wurde von Gering [Geri92b] die effiziente Reduktion des Bildrauschens durch anisotrope Diffusionsfilter an MR-Bildern des Gehirns untersucht. Dabei wurde festgestellt, dass mit diesen Verfahren eine wesentliche Verbesserung der Bildqualität erreicht werden kann. So erscheinen die gefilterten Bilder klarer, und die Grenzen zwischen benachbarten Geweben mit ähnlicher Intensitätscharakteristik sind besser definiert. Dadurch lässt sich eine anschließende Gewebesegmentierung wesentlich verbessern.

Zusammenfassend kann man feststellen, dass bei den Diffusionsverfahren Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten in Form von Gradientenberechnungen eine wesentliche

Rolle spielen. Die Auswertung der Information erfolgt immer vollautomatisch, da alle Modellannahmen in den Algorithmus integriert sind.

7.2.5 Klassifikations- und Clusteranalyseverfahren

Klassifikations- und Clusteranalyseverfahren können in der medizinischen Bildanalyse sowohl zur Segmentierung als auch zur computerunterstützten Diagnosefindung eingesetzt werden. Bei ersterem Anwendungsgebiet werden die einzelnen Pixel bzw. Voxel eines Datensatzes als Objekte aufgefasst. Als Merkmale können in diesem Fall z. B. die Grauwerte und die Texturmerkmale verwendet werden. Im Gegensatz dazu basiert die computerbasierte Diagnoseunterstützung auf der Einteilung von automatisch segmentierten Strukturen oder von manuell markierten Regionen. Hier können neben den Grauwert- und Texturmerkmalen auch noch geometrische und topologische Merkmale genutzt werden. Durch die Auswertung der für jedes Objekt ermittelten Merkmalswerte wird eine Einteilung der Objekte in Klassen vorgenommen. Unter einer Klasse versteht man dabei eine Teilmenge Ω_k bzw. Ω_{k+1} aller Objekte eines Problemkreises. Sie ergibt sich durch die Zerlegung der Menge Ω in k bzw. $k+1$ -Untermengen. Dabei ist davon auszugehen, dass jede Klasse k mindestens ein Objekt Ω_k enthält. Weiterhin kann ein Objekt, außer bei Fuzzy-Verfahren, nicht gleichzeitig mehreren Klassen zugeordnet werden [Niem83]. Während bei Segmentierungsaufgaben die Anzahl der Klassen der gewünschten Anzahl der Segmente entsprechen sollte, ist im Bereich der Diagnoseunterstützung die Einführung einer zusätzlichen Rückweisungsklasse günstig, um bei unsicheren Klassifikationsentscheidungen eine manuelle Einordnung der Objekte vornehmen zu können. Die Klassenzuordnung auf Grundlage der Merkmalswerte wird so vorgenommen, dass sich Objekte einer Klasse in ihren Werten einander ähnlich sind. Objekte unterschiedlicher Klassen sollten möglichst unterschiedliche Merkmalswerte besitzen.

Die verschiedenen, in der Praxis verwendeten Klassifikationsverfahren lassen sich hinsichtlich der verwendeten Merkmalswerte und der Herangehensweise in drei verschiedene Gruppen unterteilen: in die numerischen Verfahren, in die syntaktischen Verfahren und in die neuronalen Verfahren. Bei den numerischen Verfahren erfolgt die Klassenzuordnung auf der Grundlage numerischer Merkmale. Diese Verfahren sind vor allem zur Unterscheidung einfacher Objekte geeignet und spielen eine wichtige Rolle in der medizinischen Bildverarbeitung. Bedeutende Vertreter dieser Gruppe werden deshalb in den nachfolgenden Abschnitten ausführlich erläutert. Bei den syntaktischen Klassifikationsverfahren muss zuerst eine Transformation des vorverarbeiteten Objekts in eine Symbolkette erfolgen, auf deren Grundlage dann die Klassifikationsentscheidung getroffen wird. Da sie für die Klassifikation komplexer Muster entwickelt wurden, wie sie in der medizinischen Bildanalyse nur selten anzutreffen sind, besitzen sie dort nur eine eher untergeordnete Bedeutung. Die letzte Gruppe, die neuronale Klassifikation, hat sich seit Anfang der 80-iger Jahre stark weiterentwickelt. Sie wird recht häufig zur Lösung medizinischer Aufgabenstellungen eingesetzt. Bei dieser Gruppe kommen unterschiedliche Arten von neuronalen Netzen zum Einsatz. Da es sich jedoch um ein sehr umfangreiches eigenständiges Gebiet handelt, soll auf diese Verfahren im Rahmen dieser Arbeit nicht näher eingegangen werden. Hier sei auf die Literatur (z. B. [Sonk00]) verwiesen.

7.2.5.1 Numerische Verfahren

Für die numerische Analyse und Klassifikation von Objekten gelten sechs allgemeine Prinzipien [Niem83], wobei für die Unterscheidung einfacher Objekte nur die folgenden drei Aussagen wichtig sind: Numerische Verfahren setzen voraus,

- dass eine repräsentative Stichprobe zur Verfügung steht,
- dass ein Objekt Merkmale besitzt, die für die Zugehörigkeit zu seiner Klasse charakteristisch sind und
- dass die Merkmale für die Objekte einer Klasse einen einigermaßen kompakten Bereich im Merkmalsraum bilden. Die Bereiche verschiedener Klassen sollten möglichst getrennt voneinander sein.

Die einzelnen Objekte des zu klassifizierenden Datensatzes stellen beliebige diskrete Abbildungen der zu modellierenden Wirklichkeit dar und beinhalten elementare Informationen. Klassen mit ihrer Gesamtzahl von einheitlichen Objekten liefern dagegen globale Aussagen [Bock87]. Nach der Art der Einteilungskriterien kann man zwei verschiedene Klassenarten unterscheiden. Fasst man die Objekte unter Beachtung gleicher formaler Kriterien zusammen, führt dies zur Bildung natürlicher Klassen. Als Klassifizierungsstrategien werden in diesem Fall fest dimensionierte unüberwachte und unüberwacht lernende Strategien eingesetzt. Der Unterschied zwischen den fest dimensionierten und den lernenden Strategien besteht darin, dass bei ersteren immer von einer Anfangsstichprobe ausgegangen wird, d.h. dass gewisse Änderungen von Objekteigenschaften bei dieser Art der Klassifizierung nicht berücksichtigt werden. Im Gegensatz dazu beziehen die lernenden Verfahren die Ergebnisse vorangegangener Klassifikationen immer mit in die Ausgangsbasis ein [Habe89]. Beide Strategien wenden Verfahren der Clusteranalyse an. Clusteranalyseverfahren versuchen, die Gruppierungstendenzen der Objekte im Merkmalsraum ohne bekannte Stichprobe zu ermitteln. Die Anzahl der Klassen ist dabei zu Beginn unbekannt.

Bei Problemstellungen, bei denen die Anzahl der Klassen zumeist von einem Experten fest vorgegeben ist, und die Objekte einer Klasse gleichen inhaltlichen Kriterien genügen sollen, spricht man von der Bildung semantischer Klassen. Sie unterliegen oft einer gewissen Standpunktabhängigkeit. Zur Einordnung der Objekte in semantische Klassen kann entweder eine fest dimensionierte überwachte Strategie oder eine überwacht lernende Strategie eingesetzt werden. Bei beiden Methoden erfolgt die Klassifizierung in zwei Stufen. In der Trainingsphase muss zuerst eine bereits klassifizierte Stichprobe ausgewertet werden. Aus dieser werden die Merkmale und deren Verteilungen abgeleitet. Die Stichprobe muss die für den betrachteten Problembereich repräsentativen Objekte enthalten, da Schlüsse, die aus ihr gezogen werden, nicht nur für die Stichprobe, sondern auch für alle anderen Elemente der Menge Ω zutreffen sollen. In Abhängigkeit davon muss der Umfang der Stichprobe entsprechend groß gewählt werden. Dieser Forderung kann im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung nicht immer entsprochen werden, da z. B. bestimmte Krankheiten nur sehr selten auftreten oder eine Krankheit sehr verschiedene Erscheinungsbilder haben kann. Die zweite Stufe der überwachten Klassifikation beinhaltet dann die eigentliche Zuordnung der Objekte zu den einzelnen Klassen.

Ist die Stichprobe nicht repräsentativ, sind Fehler bei der Klassifikation unvermeidbar. Fehler 1. Art treten auf, wenn die Stichprobe nicht alle Erscheinungsformen der Objekte einer Klasse umfasst, so dass es Bereiche im Merkmalsraum gibt, die dieser Klasse fälschlicherweise nicht zugeordnet wurden. Außerdem können Fehler 2. Art auftreten, wenn Objekte einer Klasse in der Stichprobe Merkmalswerte aufweisen, die nicht der Klasse zuzuordnen sind. Dadurch werden Bereiche im Merkmalsraum unbegründet dieser Klasse zugeordnet

Der Zusammenhang zwischen den vier Varianten eines Klassifizierungssystems ist in Abb. 7.27 noch einmal verdeutlicht. Alle vier Möglichkeiten werden auch in der medizinischen Bildanalyse eingesetzt. Im folgenden sollen einige Vertreter der überwachten und der unüberwachten Strategien näher betrachtet werden. Im Zusammenhang mit der überwachten

Klassifizierungsstrategie soll die Vorgehensweise beim Minimum-Distanz-Klassifikator, beim Nächste-Nachbar-Klassifikator und beim Bayes'schen Klassifikator erläutert werden. Im Rahmen der Clusteranalyseverfahren wird auf den Nearst Mean Algorithmus und den Fuzzy-C-Mean-Algorithmus eingegangen.

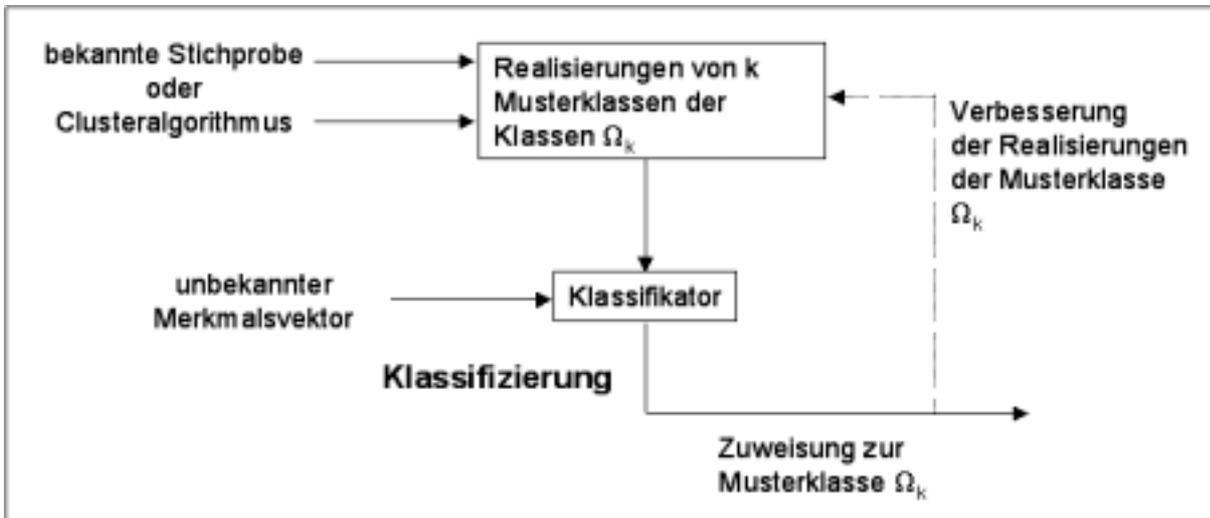


Abb. 7.27: Zusammenhang zwischen den vier unterschiedlichen Varianten eines Klassifizierungssystems, nach [Lehm97]

7.2.5.1.1 Minimum-Distanz-Klassifikator

Beim Minimum-Distanz-Klassifikator werden zuerst die Klassenmittelwerte für alle zu unterscheidenden Objektklassen, die in der Stichprobe auftreten, berechnet. Anschließend muss eine Metrik festgelegt werden, die zur Bestimmung der Abstandsmaße verwendet werden soll. Bei Verwendung der euklidischen Metrik basiert die Klassifikationsentscheidung auf der Annahme hypersphärischer Cluster von ungefähr derselben Größe, d.h. man geht von Bedingungen aus, die in der Praxis selten auftreten. Neben der euklidischen Metrik ist jedoch auch jede andere Metrik denkbar. Die Zuordnung eines unbekanntes Objekts erfolgt dann anhand der ermittelten Abstände zu den einzelnen Klassenmittelpunkten. Das Objekt wird anschließend der Klasse zugeordnet, zu der der kürzeste Abstand auftrat. Diese Vorgehensweise wird in Abb. 7.28 noch einmal verdeutlicht. Bei der Anwendung des Minimum-Distanz-Klassifikators im Bereich der Diagnoseunterstützung empfiehlt es sich, wenn die Abstände zu allen Klassenmittelpunkten zu groß sind, eine Rückweisung des Objekts vorzunehmen. Die Entscheidung, wann eine Rückweisung erfolgen soll, lässt sich über die Festlegung eines Zurückweisungsradius r_k regeln. Zurückgewiesene Objekte sollten dann einer manuellen Klassifikation zugeführt werden.

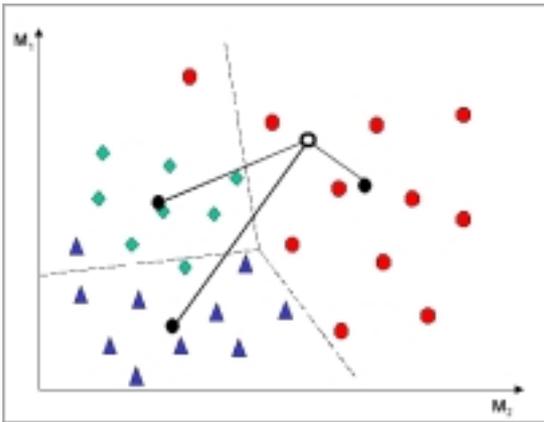


Abb. 7.28: Prinzip des Minimum-Distanz-Klassifikators. Das unklassifizierte Objekt (o) wird aufgrund des kürzesten Abstands zum Mittelpunkt (●) der Klasse der roten Punkte zugeordnet

7.2.5.1.2 Nächste-Nachbar-Klassifikator

Der Nächste-Nachbar-Klassifikator ist ein nicht-parametrischer Klassifikator, der seine Klassifikationsentscheidung auch auf Grundlage einer klassifizierten Stichprobe trifft. Bei ihm wird der geometrische Abstand des betrachteten Objekts zu allen in der Stichprobe enthaltenen und bereits klassifizierten Objekten berechnet. Die Klassenzuordnung erfolgt dann entsprechend der Nächste-Nachbar-Regel, die besagt, dass ein Objekt der Klasse zugeordnet wird, der sein nächster Nachbar auch angehört. Dadurch erhält man im Gegensatz zum Minimum-Distanz-Klassifikator meist recht komplizierte nichtlineare Trennflächen zwischen den Merkmalsgebieten der einzelnen Klassen (Abb. 7.29).

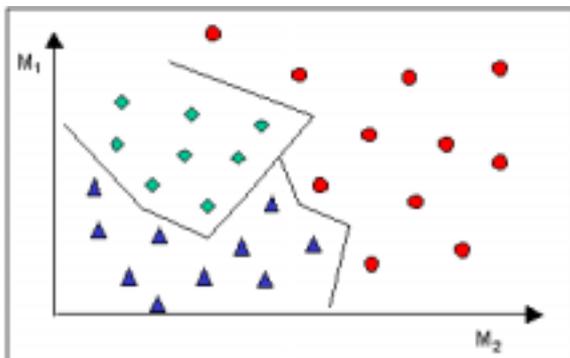


Abb. 7.29: Die Abgrenzung der Bereiche der Musterklassen im Merkmalsraum erfolgt beim Nächste-Nachbar-Klassifikator aufgrund der Anwendung der Nächste-Nachbar-Regel durch nichtlineare Trennlinien bzw. -flächen

Bei dicht aneinandergrenzenden bzw. sich teilweise überlappenden Merkmalsräumen kann die Anwendung der obengenannten Regel zu Klassifikationsfehlern führen. Hier kann man die Klassifikationsgüte mitunter dadurch verbessern, dass nicht nur der nächste Nachbar zur Klassenfestlegung herangezogen wird, sondern die k -nächsten Nachbarn Berücksichtigung finden. Dabei ist jedoch zu beachten, dass die Stichprobengröße für die einzelnen Klassen dann auch größer gewählt werden muss. Die Zugrundelegung großer Stichproben hat bei dem Nächste-Nachbar-Klassifikator jedoch auch einige Nachteile. So werden durch die Tatsache, dass zur Berechnung der geometrischen Abstände jeweils die gesamte Stichprobe zur Verfügung stehen muss, hohe Anforderungen an die Speicherkapazität gestellt. Außerdem ergibt sich ein großer Berechnungsaufwand.

7.2.5.1.3 Bayes Klassifikator

Neben den geometrischen Klassifikationsverfahren ist der statistische Ansatz in der medizinischen Bildverarbeitung von großer Bedeutung. Bei diesen Verfahren werden die Klassen durch Verteilungs- und Dichtefunktionen beschrieben. Ein wichtiger Vertreter der statistischen Klassifikatoren ist der Maximum-Likelihood-Klassifikator, der auch als Bayes Klassifikator bezeichnet wird. Dieser Klassifikator unterteilt den Merkmalsraum derart, dass die Wahrscheinlichkeit, dass ein Objekt x der Klasse Ω_k angehört unter der Voraussetzung, dass es den Merkmalsvektor m besitzt, maximiert wird.

Die Wahrscheinlichkeit für die korrekte Zuordnung des Merkmalsvektors m zur Klasse Ω_k lässt sich mittels der folgenden Gleichung:

$$p(m \in R_k | \Omega_k) = \sum_{R_k} f(m | \Omega_k), \quad (7.38)$$

berechnen, wobei R_k der Bereich im Merkmalsraum ist, der der Klasse Ω_k zugeordnet ist. $f(m|\Omega_k)$ gibt die Verteilungsdichte der Merkmalsvektoren der Klasse Ω_k an. Weiterhin ergibt sich die Wahrscheinlichkeit, dass das Objekt mit seinem Merkmalvektor $m \in \Omega_k$ fälschlicherweise einer falschen Klasse Ω_j zugeordnet wird, durch

$$p(m \in R_j | \Omega_k) = \sum_{R_j} f(m | \Omega_k). \quad (7.39)$$

Die Wahrscheinlichkeit, dass ein Merkmalsvektor $m \in \Omega_k$ auftritt und dieser richtig zur Klasse Ω_k klassifiziert wird, ergibt sich somit durch

$$p(\Omega_k) \cdot p(m \in R_k | \Omega_k) \quad (7.40)$$

und die Wahrscheinlichkeit, dass er falsch zur Klasse Ω_j zugeordnet wird durch

$$p(\Omega_k) \cdot p(m \in R_j | \Omega_k). \quad (7.41)$$

Die Berechnung des zu erwartenden Verlustes kann dann durch die folgende Gleichung erfolgen:

$$L(m) = \sum_{k=0}^N p(\Omega_k) \sum_{\substack{j=0, \\ j \neq k}}^N l_{k,j} \cdot p(m \in R_j | \Omega_k), \quad (7.42)$$

in der l_{kj} der Verlust ist, der auftritt, wenn m zu Ω_k gehört, aber zu Ω_j klassifiziert wird. Der Einfachheit halber wird angenommen, dass bei richtiger Klassifizierung kein Verlust ($l_{kk} = 0$) auftritt und bei falscher Klassifizierung immer der gleiche Verlust ($l_{kj} = 1$). Die Aufteilung des Merkmalsraums in Bereiche R_k sollte so erfolgen, dass der Verlust minimal wird.

Die Größe, die zur Klassifizierungsentscheidung verwendet wird, ist das folgende statistische Abstandsmaß

$$d_k(m) = p(\Omega_k) \cdot f(m | \Omega_k). \quad (7.43)$$

Ein Merkmalsvektor m wird danach einer Klasse Ω_k zugeordnet, wenn gilt:

$$d_k(m) > d_j(m), \quad \forall j \neq k. \quad (7.44)$$

Für die Verteilungsdichten $f(m/\Omega_k)$ wird zumeist angenommen, dass sie durch eine n-dimensionale Gauß'sche Normalverteilung angenähert werden können. Ein weiteres Problem stellt die Bestimmung der a priori Wahrscheinlichkeiten dar. Diese kann unter bestimmten Voraussetzungen anhand der Auftretswahrscheinlichkeit der einzelnen Klassen in der Stichprobe geschätzt werden, oder sie wird als gleichverteilt angenommen [Lehm97].

7.2.5.1.4 Nearest Mean Clusteranalyseverfahren

Bei dem Nearest-Mean-Verfahren handelt es sich um ein iteratives, partitionierendes Clusteranalyseverfahren, mit dem versucht wird, eine gegebene Start-Partitionierung zu verbessern. Die Bestimmung der optimalen Zerlegung erfolgt auf der Grundlage von Abstandsmaßen. Die Umsetzung des Algorithmus kann sowohl als sequentielles Verfahren als auch als Stapel-Abarbeitung realisiert werden [Ney95].

Bei der sequentiellen Vorgehensweise werden zuerst für eine vorgegebene Start-Partitionierung mit N Clustern C_i die Mittelwerte μ_i und die Gütemaße G_i entsprechend der folgenden Gleichungen berechnet:

$$\mu_i = \frac{1}{N_j} \sum_{x \in C_i} x, \quad (7.45)$$

$$G_i = \sum_{x \in C_i} \|x - \mu_i\|^2. \quad (7.46)$$

Anschließend wird innerhalb einer Schleife eine Austauschoperation vorgenommen. Dazu werden nacheinander alle Objekte x aus dem Cluster C_i in alle anderen Cluster C_j bewegt. Für diese Umsortierung wird jeweils das Gütemaß G_j berechnet, und das Objekt wird dann zu dem besten Cluster C_j transferiert. Die Werte für μ_i , μ_j , G_i , G_j sowie für das totale Gütemaß G_{tot} werden danach entsprechend der nachfolgenden Vorschriften aktualisiert [Duda73]:

$$\mu_j = \mu_j + \frac{x - \mu_j}{N_j + 1}, \quad (7.47)$$

$$\mu_i = \mu_i + \frac{x - \mu_i}{N_i - 1}, \quad (7.48)$$

$$G_j = G_j + \frac{N_j}{N_j + 1} \|x - \mu_j\|^2, \quad (7.49)$$

$$G_i = G_i + \frac{N_i}{N_i - 1} \|x - \mu_i\|^2, \quad (7.50)$$

$$G_{tot} = \sum_{i=1}^N G_i. \quad (7.51)$$

Der Abbruch des Algorithmus erfolgt, wenn sich das Gesamtgütemaß G_{tot} zwischen mehreren aufeinanderfolgenden Schleifendurchläufen nicht mehr verändert. Ansonsten wird die Verbesserung der Partitionierung mit einer neuen Austauschoperation fortgesetzt.

Ein Problem bei diesem Verfahren ist die Wahl der Startpartitionierung. Diese kann entweder durch eine völlig zufällige Zerlegung der Trainingsmenge in N Untermengen erfolgen

oder durch hierarchisches Clustering erzeugt werden. Bei der hierarchischen Clusteranalyse unterscheidet man zwischen dem top-down und dem bottom-up Ansatz. Ersterer basiert auf einem divisiven Verfahren, bei dem alle Objekte der Trainingsmenge zuerst als ein Cluster aufgefasst werden. Für dieses Cluster wird zunächst das Clusterzentrum bestimmt. Anschließend werden für alle Objekte die Abstände zu diesem Zentrum ermittelt. Das am weitesten entfernte Objekt wird als neues zweites Clusterzentrum ausgewählt, und die Werte für die Position der Clusterzentren aktualisiert. Bei der Neuordnung der Objekte werden diese nun einem der beiden Cluster zugeordnet. Die Zuordnung erfolgt über eine Abstandsbestimmung zum Clusterzentrum. Die Objekte werden dem Zentrum zugeteilt, zu dem der kürzeste Abstand auftrat. Danach wird wieder das Objekt, das am weitesten zu seinem Clusterzentrum entfernt ist, als neues Clusterzentrum gewählt und die Prozedur der Neuaufteilung der Objekte wiederholt. Der Algorithmus wird solange iterativ fortgesetzt, bis die gewünschte Klassenanzahl erreicht ist. In Abb. 7.30 ist die beschriebene Vorgehensweise noch einmal dargestellt.

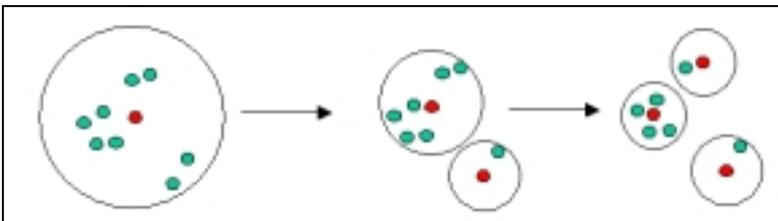


Abb. 7.30: Ermittlung der Startpartitionierung mit dem divisiven Verfahren (top-down Ansatz)

Bei dem bottom-up Ansatz wird dagegen jedes Objekt zuerst als ein Cluster aufgefasst. Anschließend werden die Abstände aller Cluster zu allen anderen Clustern bestimmt. Die zwei Cluster, die den kleinsten Abstand zueinander aufweisen, werden zusammengefasst. Für dieses neu entstandene Cluster wird dann ein neues Clusterzentrum bestimmt, und die Abstandsberechnung zwischen den einzelnen Clusterzentren erfolgt erneut. Der Algorithmus wird anschließend iterativ fortgesetzt, bis die gewünschte Klassenanzahl vorliegt. Die Vorgehensweise dieses agglomerativen Verfahrens ist in Abb. 7.31 noch einmal demonstriert.

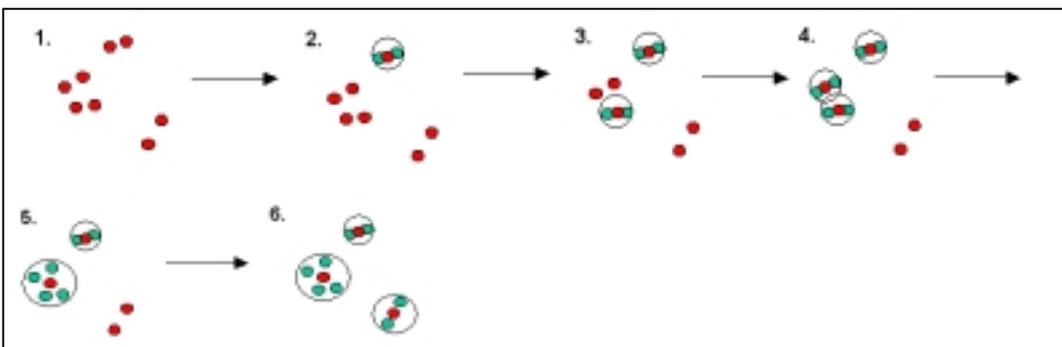


Abb. 7.31 : Ermittlung der Startpartitionierung mit dem agglomerativen Verfahren (bottom-up Ansatz)

7.2.5.1.5 Fuzzy-C-Mean-Verfahren

Das Fuzzy-c-Mean-Clusteringverfahren ist eine Abwandlung des oben beschriebenen Nearst-Mean-Verfahrens. Bei diesem Verfahren wird es den Objekten erlaubt, mehr als einem Cluster zugeteilt zu werden. Ein Objekt kann somit zu unterschiedlichen Graden unterschiedlichen Clustern angehören. Dies macht sowohl beim Einsatz von Clusteranalyseverfahren zur Segmentierung als auch bei Anwendungen zur Diagnoseunterstützung Sinn. Zum einen kön-

nen so Partialvolumenpixel besser zugeordnet werden, die mehr als einen Gewebetyp verkörpern, und zum anderen wird der Tatsache Rechnung getragen, dass der Mensch zumeist nicht schlagartig erkrankt, sondern die Erkrankung über einen gewissen Zeitraum in gewissen Abstufungen fortschreitet. Die Zugehörigkeit der einzelnen Objekte zu den einzelnen Klassen wird in der Partitionsmatrix abgelegt. In Abb. 7.32 ist eine solche unscharfe Zuordnung von Datenpunkten zu einem Cluster für ein einfaches Beispiel gezeigt. Die aus den Daten abgeleiteten Fuzzy-Partitionsmatrizen besitzen die folgenden Eigenschaften:

- $\mu_{ik} \in [0,1], 1 \leq i \leq c, 1 \leq k \leq m$
- $\sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1,$
- $0 < \sum_{i=1}^m \mu_{ik} < m,$

wobei m die Anzahl der Objekte und c die Anzahl der Cluster bezeichnet.

Der Ansatz zur Berechnung der Cluster beim Fuzzy-C-Means-Verfahren basiert darauf, eine Minimierung der mit den Zugehörigkeitswerten gewichteten Abstände zwischen den Objekten und den Clusterzentren zu erreichen. Dieses Optimierungsproblem ist jedoch numerisch schwierig zu lösen, so dass in einem iterativen Ansatz wenigstens nach einem lokalen Minimum gesucht wird [Till93]. Dieser Fuzzy-C-Means-Algorithmus besteht aus vier Einzelschritten.

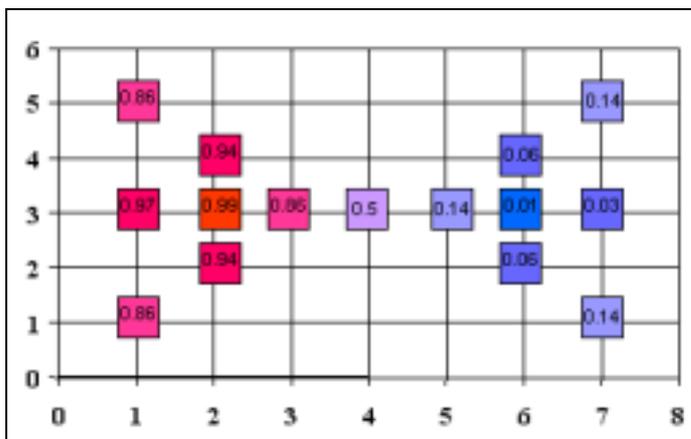


Abb. 7.32: Unscharfe Zuordnung von Datenpunkten zu einem Cluster für ein einfaches Beispiel, nach [Till93]. Die Objekte der rechten Seite werden zu einem gewissen Grad auch dem Clusterzentrum auf der linken Seite zugeordnet.

Der erste Schritt des Algorithmus beinhaltet die Festlegung der gewünschten Clusteranzahl, die Auswahl des Abstandsmaßes d , die Wahl des Wichtungsfaktors w und die Festlegung der Anfangsbelegung der Fuzzy-Partitionsmatrix \tilde{U} . Der Wichtungsfaktor w regelt dabei den Einfluss der Zugehörigkeitswerte auf das Ergebnis. Je kleiner w gewählt wird, desto weniger Einfluss haben die kleineren Zugehörigkeitswerte auf die Klassenentscheidung. Dadurch wird das Ergebnis schärfer. Für w gegen Unendlich ergibt dagegen sich die größtmögliche Unschärfe, d.h. jedes Objekt wird jedem Cluster zu gleichen Teilen zugeordnet. In der Praxis wird für w sehr häufig ein Wert von 2 gewählt. Eine weitere Schwierigkeit besteht in der Wahl der richtigen Clusteranzahl c . In der Praxis wird oft mit verschiedenen Clusteranzahlen experimentiert, um die für das Problem am besten geeignet herauszufinden. Die Festlegung der Erstbelegung der Partitionsmatrix ist hingegen bei der Wahl einer dem Problem angemessenen Clusteranzahl unkritisch und beeinflusst das Ergebnis nicht wesentlich [Till93].

Innerhalb einer Schleife erfolgt im zweiten Schritt dann die Berechnung der Clusterzentren v unter Verwendung der Partitionsmatrix entsprechend der folgenden Gleichung:

$$v_i = \frac{\sum_{k=1}^m \mu_{ik}^w x_k}{\sum_{k=1}^m \mu_{ik}^w}, \quad i = 1, \dots, c. \quad (7.52)$$

Der dritte Schritt beinhaltet die Aktualisierung der Fuzzy-Partitionsmatrix $\tilde{U} = (\mu_{ik})$ entsprechend der Vorschrift für alle Objekte, die nicht mit einem Clusterzentrum übereinstimmen ($x_k \neq v_i$):

$$\mu_{ik} = \frac{\left(\frac{1}{d_{ki}(x_k, v_i)} \right)^{\frac{1}{w-1}}}{\sum_{j=1}^c \left(\frac{1}{d_{kj}(x_k, v_j)} \right)^{\frac{1}{w-1}}}, \quad i = 1, \dots, c; \quad k = 1, \dots, m, \quad (7.53)$$

andernfalls setze

$$\mu_{ik} = \begin{cases} 1, & \text{falls } j = i \\ 0, & \text{falls } j \neq i. \end{cases} \quad (7.54)$$

Zur Bewertung der Veränderung der Zuordnung der Objekte zu den Clusterzentren wird der Abstand zwischen den Partitionsmatrizen zweier aufeinanderfolgenden Schleifendurchläufe bestimmt, wozu eine zum gewählten Distanzmaß passende Matrixnorm verwendet wird:

$$\Delta = \left\| \tilde{U}^{(l+1)} - \tilde{U}^{(l)} \right\|, \quad (7.55)$$

in der l die Anzahl der Iterationsschritte angibt. Liegt die Abweichung unter einem festgelegten Grenzwert ε , so endet der Algorithmus, ansonsten wird ein erneuter Schleifendurchlauf gestartet.

Um festzustellen, welches von den durchgeführten Experimenten mit unterschiedlicher Clusteranzahl die besten Ergebnisse liefert, kann für die einzelnen Tests jeweils der Partitionskoeffizient $F(\tilde{U}; c)$ entsprechend der folgenden Gleichung bestimmt werden:

$$F(\tilde{U}; c) = \sum_{k=1}^m \sum_{i=1}^c \frac{\mu_{ik}^2}{m}. \quad (7.56)$$

Die beste Aufteilung liegt vor, wenn der Partitionskoeffizient den größten Wert liefert.

Ein Problem des Fuzzy-C-Means-Algorithmus besteht in dem großen Rechenaufwand. Deshalb sollte bei Verwendung dieses Algorithmus die Anzahl der Objekte sowie die Anzahl der Merkmale nicht zu groß gewählt werden.

7.2.5.2 Einsatzgebiete von Clusteranalyse- und Klassifikationsverfahren

Klassifikations- und Clusteranalyseverfahren werden sehr häufig im Bereich der Gehirnforschung zur Segmentierung von MR-Datensätzen eingesetzt. Dies ist dadurch begründet, dass man bei der Magnetresonanztomographie gleichzeitig zueinander registrierte Datensätze auf-

nehmen kann, die verschiedene physikalische Eigenschaften des Gewebes widerspiegeln. Die Grauwerte dieser unterschiedlichen Bilder werden bei der Klassifikation als Merkmalswerte verwendet.

Eine wichtige Aufgabenstellung in diesem Zusammenhang ist die Segmentierung von Bildern des Gehirns in weiße und graue Substanz sowie CSF zur Unterstützung der Diagnostik und zur Verlaufskontrolle z.B. von multipler Sklerose und Alzheimer-Erkrankungen. In zahlreichen Arbeiten werden zu diesem Zweck Klassifikationsverfahren eingesetzt. So wurde in [Mitic96] zur Segmentierung von Gehirnläsionen innerhalb der vorher identifizierten weißen Substanz ein k-Nächste-Nachbar-Klassifikator in Verbindung mit einer Zusammenhangsanalyse verwendet. Hierzu musste zunächst ein erfahrener Benutzer interaktiv einige Pixel innerhalb der Läsionen markieren, deren Merkmale anschließend zum Antrainieren des Klassifikators genutzt wurden. Haney [Hane00] führt gleichfalls die Gewebesegmentierung mit einem Nächste-Nachbar-Klassifikator durch. In [Warf95] wird in einem mehrstufigen Detektionsschema zur Erkennung von Läsionen ebenfalls ein Klassifikationsverfahren genutzt. In dem beschriebenen Detektionsalgorithmus werden zuerst einige Vorverarbeitungsschritte durchgeführt, die u.a. eine Rauschreduktion, die Korrektur der Grauwertinhomogenitäten, die Extraktion der Gehirnregion durch Atlas-basierte Segmentierung und die Identifikation des Kortex mittels Region growing umfassen. Im Anschluß an diese Vorverarbeitung findet die Unterteilung der detektierten weißen Substanz in zwei Gewebeklassen (normales Gewebe und Läsionen) mit einem Minimum-Distanz-Klassifikator statt. In [Solt97a] wird gleichfalls die Verwendung eines Minimum-Distanz-Klassifikators bei Nutzung der euklidischen Metrik zur Segmentierung der Gewebetypen des Gehirns als optimale Segmentierung vorgeschlagen. Das empfohlene Klassifizierungsschema umfasst neben dem Einsatz des Klassifikators auch noch eine Rauschunterdrückung, die Korrektur der Inhomogenität und die manuelle Auswahl der ROI's anhand von Clusterdarstellungen. Die Tests zur Bestimmung der erreichbaren Klassifikationsgüte wurden in dieser Arbeit anhand von simulierten Daten durchgeführt. Der mittlere Fehler betrug dabei 1,5%. Die Abweichung zwischen zwei Segmentierungen desselben Datensatzes wurde in dem Beitrag mit 0,5 % angegeben. In [Huan02] wird ein statistischer Ansatz zur bildbasierten Gewebeanalyse in MR- und PET-Bildern vorgeschlagen. Dieser führt die 3D-Segmentierung unter Verwendung des Maximum-Likelihood-Klassifikators durch, dessen Ergebnis noch durch ein Bayes'sches Relaxationslabeling verbessert wird.

Neben Klassifikationsverfahren wird in der Literatur auch die Verwendung von Clusteranalysealgorithmen zur Lösung der Problematik der Gewebedifferenzierung vorgeschlagen. Eine solche Möglichkeit ist in [Solt97b] beschrieben. Hier werden zur Segmentierung neben den Grauwerteigenschaften auch noch Texturmerkmale genutzt, die Beziehungen zwischen mehreren Pixeln beschreiben. Die Bildung der Cluster erfolgt durch ein unüberwachtes ISODATA-Clusterverfahren, welches dem C-Means-Verfahren sehr ähnlich ist. Dieses Verfahren wurde auch in [Geri92a] zur Gewebesegmentierung untersucht und mit einem nichtparametrischen Clusterverfahren, welches mit einem statistischen Ansatz auf Grundlage der Verteilungsfunktionen der Grauwerte arbeitet, verglichen. Die Ergebnisse des ISODATA-Verfahrens waren mit einer Erfolgsrate von 93% um 6% besser als bei dem Vergleichsverfahren.

Weiterhin ist in der Literatur, z.B. in [Glas02b], der Einsatz von neuronalen Netzwerken zur Segmentierung von multispektralen Datensätzen des Gehirns beschrieben. Die mit dieser Methode erzielten Ergebnisse erwiesen sich als gut reproduzierbar. Die Fehlerrate für die Klassenzuordnung der Pixel bei fünf verschiedenen Durchläufen für fünf Datensätze wurde mit unter 2% angegeben.

Eine weitere Fragestellung, die bei der Auswertung von Datensätzen des Gehirns eine Rolle spielt, ist die Detektion der einzelnen Gehirnfurchen. In [Behn03] wird zu diesem Zweck ein Nächste-Nachbar-Klassifikator eingesetzt, der anatomische Merkmale zur Entscheidungsfindung verwendet.

Außerdem ist in der Gehirnforschung die Analyse von fMRI Studien wichtig. In [Buer02] wird zu diesem Zweck ein Fuzzy-Clustering Verfahren eingesetzt. In dem Beitrag wird festgestellt, dass die Wahl des optimalen Wichtungsfaktors w sowohl vom SNR in den Daten als auch von der Dimension der erfassten Daten über die Zeit abhängt.

Schließlich gewinnt in der medizinischen Praxis auch die Suche nach ähnlichem Bildmaterial in großen Multimedia-Datenbanken zukünftig an Bedeutung. In [Liu01] wird zum Zweck der Bildverfolgung in einer Datenbank mit neuro-pathologischen 3D-Datensätzen ein k-Nächste-Nachbar-Klassifikator eingesetzt, der als Merkmale die Unterschiede in den statistischen Grauwertverteilungen von verschiedenen Gehirnbereichen benutzt. Dies hat den Vorteil, dass keine vorherige Segmentierung der Datensätze, sondern lediglich die Bestimmung der Symmetrieachsen erfolgen muss. Die Auswahl des k-Nächste-Nachbar-Klassifikators wurde in dem Beitrag damit begründet, dass er nichtlinear und nichtparametrisch ist und außerdem keine Annahmen über die Form der Verteilungsfunktion der Grauwerte benötigt.

Ein zweites großes Gebiet neben der Gehirnforschung, bei dem Klassifikationsverfahren im Rahmen der medizinischen Bildverarbeitung zur Diagnoseunterstützung eingesetzt werden, ist die Unterscheidung zwischen den verschiedenen Arten von Brusttumoren und -knoten. In der Mammographie wird diese Differenzierung der segmentierten Anzeigen sehr häufig mittels neuronaler Netze ([Fant02], [Gurc02], [Kinn02], [Huo02], [Sun03]) oder auch mit dem k-Nächste-Nachbar-Klassifikator [Vare03] vorgenommen. In [Druk03] wird zur Differenzierung zwischen verschiedenen Brusttumoren in Ultraschallbildern ebenfalls ein neuronales Netz eingesetzt.

Ein drittes wichtiges Einsatzgebiet von Klassifikationsverfahren ist die Differenzierung von Knoten in der Lunge. Diese erfolgt bei Lo [Lo03] anhand von CT-Datensätzen mit einem neuronalen Netz unter Verwendung von Gestalt- und Grauwertmerkmalen. In [Ishi02] wird die Differenzierung auf der Grundlage von Radiographien ebenfalls mit einem neuronalen Netz vorgenommen, wobei hier Texturmerkmale und geometrische Merkmale zum Einsatz kommen, die von den segmentierten Knoten ermittelt wurden.

Im Kapitel 9.1 dieser Arbeit ist ein Anwendungsbeispiel zum Einsatz eines Klassifikationsverfahren zur Differenzierung zwischen unterschiedlichen neuromuskulären Erkrankungen anhand von Ultraschallbildern beschrieben.

Aus den Beispielen kann man entnehmen, dass innerhalb von Klassifikations- und Clusteranalyseverfahren am häufigsten einfache Grauwertmerkmale genutzt werden. Daneben erfolgt manchmal noch der Einsatz von Texturmerkmalen. Bei den Klassifikationsverfahren wird davon ausgegangen, dass entweder eine bereits klassifizierte Stichprobe vorliegt oder die einzelnen Bereiche für die Klassen der Stichprobe werden über einen Interaktionsmechanismus abgefragt. Bei der Clusteranalyse erfolgt die Ermittlung der Klassenzugehörigkeit automatisch, da die Berechnung in den Algorithmus integriert ist. Lediglich das Modellwissen über die Anzahl der gesuchten Klassen muss vom Benutzer eingegeben werden.

7.2.6 Segmentierung mit Markov Random Fields (MRF)

Das Modellieren von Markov Random Fields (MRF) selbst stellt noch keine Segmentierungsmethode dar, sondern es handelt sich hierbei nur um ein statistisches Modell, dass im

Rahmen von Segmentierungsverfahren eingesetzt werden kann. So können MRFs u.a. in Clusteranalyse- und Klassifikationsalgorithmen integriert werden, wie z. B. in das Nearest-Mean-Clusteranalyseverfahren [Pham99a]. Die Vorgehensweise bei der Segmentierung mit MRFs wird im nächsten Abschnitt erläutert, bevor dann konkret auf einige Anwendungen im Bereich der medizinischen Bildanalyse eingegangen wird.

7.2.6.1 Vorgehensweise

Durch das Einbringen der MRFs wird beim Segmentierungsvorgang der Zusammenhang der Grauwerte zwischen benachbarten oder in der Nähe befindlichen Pixeln berücksichtigt. Damit kann eine Segmentierung unterschiedlich texturierter Bereiche im Bild ermöglicht werden. Die Wahrscheinlichkeit für den Grauwert eines Bildpunktes wird in diesem Fall durch eine Funktion beschrieben, die nicht nur von den Störungen bei der Aufnahme abhängt, sondern auch von den Grauwerten der Nachbarbildpunkte. Damit ergibt sich die bedingte Wahrscheinlichkeit für ein Segmentierungsergebnis X an einer Bildposition bei einer gegebenen a priori Information Y als

$$P(X | Y) = \frac{P(X) \cdot P(Y | X)}{P(Y)}, \quad (7.57)$$

wobei $P(X)$ die Wahrscheinlichkeit für das Segmentierungsergebnis, $P(Y|X)$ die Wahrscheinlichkeit für das Bild bei der gegebenen Störung und $P(Y)$ die Wahrscheinlichkeit für die a priori Information sind. Da die a priori Information einmal gegeben ist und nicht vom jeweiligen Segmentierungsergebnis abhängt, kann die Berechnung wie folgt vereinfacht werden:

$$P(X | Y) \propto P(X) \cdot P(Y | X). \quad (7.58)$$

Aufgrund der Proportionalität zwischen beiden Seiten muss zum Bestimmen des wahrscheinlichsten Segmentierungsergebnisses auch der rechte Teil der Gleichung maximiert werden:

$$\max_X P(X | Y) = \max_X P(X) \cdot P(Y | X). \quad (7.59)$$

Um diese Gleichung lösen zu können, muss eine Berechnungsvorschrift für die Ausdrücke $P(X)$ und $P(Y|X)$ angegeben werden. Die Wahrscheinlichkeit für das Segmentierungsergebnis $P(X)$ lässt sich durch die Auswertung des Nachbarschaftszusammenhangs ermitteln. Das Nachbarschaftssystem C wird dabei durch sogenannte Cliques, die ein Ensemble von benachbarten Bildpunkten darstellen, modelliert. In Abb. 7.33 ist ein Beispiel für eine solche Clique zweiter Ordnung zu sehen. Durch die Festlegung der Art der Cliques hat der Entwickler des Segmentierungsalgorithmus die Möglichkeit, verschiedene Bildeigenschaften zu modellieren.

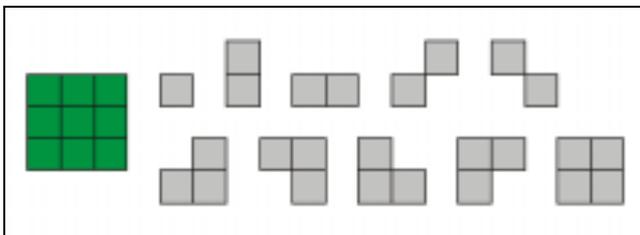


Abb. 7.33: Cliques zweiter Ordnung im Achternachbarschaftskonzept

Um die Wahrscheinlichkeit $P(X)$ bestimmen zu können, werden den einzelnen Cliques Potentiale V_C zugeordnet. Diese Potentiale geben an, wie wahrscheinlich das gerade aktuelle Segmentierungsergebnis X_S für den Bereich der betrachteten Clique ist. So besagen z. B. hohe Po-

tentialwerte, dass viele benachbarte Pixel das gleiche Klassenlabel erhalten haben. Für die Berechnung von $P(X)$ ergibt sich somit die folgende Gleichung:

$$P(X) = e^{-\beta \sum_{s \in X} V_c(X_s)}, \quad (7.60)$$

wobei β ein Parameter ist, der die Stärke des räumlichen Zusammenhangs zwischen den Pixeln angibt. Typischerweise kann man in medizinischen Bildern davon ausgehen, dass die meisten Pixel derselben Klasse wie ihre Nachbarn angehören. Durch die Einführung der Bewertung des Nachbarschaftszusammenhangs werden anatomische Strukturen, die nur aus einem einzigen Pixel bestehen, sehr unwahrscheinlich.

Wenn man das Rauschen des Bildes als eine Störung mit einer Gauß-Verteilung $N(0, \sigma)$ annimmt, dann lässt sich die Wahrscheinlichkeit $P(Y|X)$ für ein Bild mit der folgenden Gleichung bestimmen:

$$P(Y | X) = \frac{1}{\sigma \sqrt{2\pi}} e^{-\sum_{s \in X} \frac{(f(x_s) - \mu)^2}{2\sigma^2}}. \quad (7.61)$$

Ein Einsetzen von Gleichung 7.60 und Gleichung 7.61 in Gleichung 7.59 ergibt damit:

$$\begin{aligned} \max_X P(X | Y) &= \max_X e^{-\beta \sum_{s \in X} V_c(X_s) - \sum_{s \in X} \frac{(f(x_s) - \mu)^2}{2\sigma^2}} \quad \text{bzw.} \\ \max_X P(X | Y) &= \min_X \left[\sum_{s \in X} \left(\beta V_c(X_s) + \frac{(f(x_s) - \mu)^2}{2\sigma^2} \right) \right]. \end{aligned} \quad (7.62)$$

Die Berechnung der Lösung erfolgt in einem iterativen Algorithmus z.B. durch Nutzung des Iterated Conditional Mode (ICM) [Besa86] oder des Simulated Annealing Verfahrens [Gema84]. Die Schwierigkeit bei der Nutzung von MRFs zur Segmentierung liegt darin, geeignete Cliquenarten auszuwählen. Außerdem ist auch die Festlegung des Parameters β , welcher die Stärke der räumlichen Interaktion zwischen den Pixeln kontrolliert, problematisch. Er muss optimal auf die Bildeigenschaften abgestimmt werden, um ein korrektes Ergebnis zu garantieren. Denn eine zu hohe Gewichtung der Abhängigkeit kann dazu führen, dass das Ergebnis zu stark geglättet wird und dadurch bedeutende strukturelle Details im Bild verloren gehen. Nachteilig sind außerdem die sehr hohen Rechenzeiten bei beiden iterativen Berechnungsansätzen.

7.2.6.2 Beispiele zur Verwendung von Markov Random Fields

Ein wichtiges Einsatzgebiet für die Verwendung von MRFs stellt die Tumordetektion in Mammographien dar. In [Li95] wird dazu ein mehrstufiger Algorithmus vorgestellt, bei dem zuerst über eine einfache Schwellenwertentscheidung das Gebiet, in dem sich die Brust befindet, extrahiert wird. Die Segmentierung der Tumore erfolgt anschließend in einer Pyramidenstruktur. Diese Pyramide wird erzeugt, indem ausgehend vom Original-Mammogramm jeweils für die nächste Ebene die Auflösung in beiden Richtungen halbiert wird. Die Segmentierung der Tumore beginnt dann in der Ebene mit der geringsten Auflösung. Hier wird mit Hilfe einer adaptiven Schwellenwertmethode, die als Schwellenwert jeweils den mittleren Grauwert in der Nachbarschaft des gerade betrachteten Pixels verwendet, die Initialsegmentierung ermittelt. Diese wird anschließend durch den Einsatz von MRFs mittels ICM-Algorithmus verbessert, bis die optimale Lösung für die entsprechende Ebene vorliegt. Nach der Vergrößerung des Ergebnisses auf die Größe des Bildes in der nächsthöheren Pyramiden-

stufe wird wiederum die Optimierung mit dem ICM-Ansatz durchgeführt. Der Wechsel zwischen Vergrößerung und Optimierung wird so lange fortgesetzt, bis das optimale Ergebnis für die Originalauflösung vorliegt. Da die Tumoranzeigen im Allgemeinen sehr klein sind, werden in dem beschriebenen Ansatz bei den Nachbarschaftsbetrachtungen von den Cliques zweiter Ordnung nur die mit einem oder zwei Pixeln Größe bei der Bestimmung der Cliquespotentiale berücksichtigt. In [Come94] und [Come96] wird gleichfalls ein Algorithmus zur Segmentierung von Mikroverkalkungen in Mammogrammen vorgeschlagen, der darauf beruht, dass das Bild in Bereiche mit homogenen Texturregionen zerlegt wird. In dem Ansatz wird für jeden Pixel im Mammogramm jeweils eine Zugehörigkeitsfunktion zu den einzelnen vorher festgelegten Klassen ermittelt, die abhängig von den statistischen Eigenschaften sowohl des Pixels als auch seiner Nachbarn ist. Diese individuelle Pixelklassifikation führt zu einem zweidimensionalen Feld, welches die wahrscheinlichsten Klassenlabel enthält. Dieses Labelfeld wird durch ein MRF modelliert, wobei als Cliques alle vertikalen und horizontalen Pixelanordnungen der Cliques zweiter Ordnung zugelassen werden. Die endgültige Klassenzuordnung eines Pixels wird dann durch die Minimierung des Erwartungswertes für die Fehlklassifikationen mit dem Optimierungsverfahren zur Maximierung des Erwartungswertes (EM-Algorithmus) bestimmt.

In [Pham99b] wird ebenfalls ein allgemeiner EM-Ansatz verwendet, der zur unüberwachten Gewebeklassifikation in MR-Aufnahmen des Gehirns genutzt wird. Die Robustheit der Klassifikation gegenüber Rauscheinflüssen und Gewebehomogenitäten wird durch Nutzung eines MRFs erreicht. Ebenfalls ein statistisches Modell wird in [Raja97] zur Segmentierung des Gehirns in drei Gewebeklassen (weiße und graue Substanz sowie CSF) verwendet. Dieses Modell berücksichtigt ebenfalls zufälliges Rauschen, auftretende Inhomogenitäten des Magnetfeldes und die biologische Variation des Gewebes. Während die Intensitätsmessung durch eine Gauß-Funktion nachgebildet wird, wird die Glattheit und stückweise kontinuierliche Natur der Gewebsregionen durch ein 3D-MRF modelliert. Der Segmentierungsalgorithmus, der auf diesem statistischen Modell beruht, ermittelt die maximale a posteriori Wahrscheinlichkeit und schätzt die Modellparameter anhand des Bildes. Die Berechnung erfolgt in diesem Fall wiederum mit dem ICM-Ansatz. Zur Vereinfachung der Berechnung werden auch in diesem Fall nur ein- und zweiseitige 3D-Cliques zweiter Ordnung genutzt. Ein drittes Beispiel zur Segmentierung von multimodalen MR-Gehirnbildern ist in [Alzu02] zu finden. Ziel bei dieser Arbeit ist es jedoch, nicht die Gewebeklassen sondern Multiple Sklerosis-Läsionen in der weißen Substanz zu detektieren. Hierzu wurde ein dreistufiger Segmentierungsansatz entwickelt, der im ersten Schritt zur Initialsegmentierung einen Bayes-Klassifikator einsetzt, wobei die Parameter der Verteilungsfunktion (Mittelwert und die Standardabweichung) von einer manuellen Markierung abgeleitet werden. Im zweiten Schritt erfolgt eine Verbesserung der Initialsegmentierung durch den Einsatz eines MRFs und die Verwendung des ICM-Algorithmus. Der dritte Schritt wird schließlich zur Reduktion von Falschanzeigen benutzt, indem die Registrierung der segmentierten Daten mit einem Atlas vorgenommen wird. Durch ein nochmaliges Anwenden von MRFs und dem ICM-Algorithmus auf die Segmente, die als Läsionen gelabelt wurden, konnte zwischen falschen und wahren Anzeigen unterschieden werden. Als letzter Nachverarbeitungsschritt erfolgt die Anwendung eines gestaltbasierten MRFs auf die Daten, um abschließend eventuelle falsch positive Anzeigen zu eliminieren.

Die Segmentierung von CT-Bildern des Kopfes zur Verbesserung der quantitativen Analyse von spontanen interzerebralen Gehirnblutungen wurde von Loncaric [Lonc98] untersucht. Die vorgeschlagene Methode basiert auf einer Maximum a posteriori Schätzung der unbekannt Pixelklassen unter Verwendung eines MRFs. Zur Berechnung der Lösung wurde hier der Simulated Annealing-Ansatz genutzt. Um die Berechnungsgeschwindigkeit zu erhöhen wurde, wie im ersten Beispiel, ein Multiresolution-Ansatz zugrundegelegt.

Schließlich finden sich in der Literatur zum Einsatz von MRFs im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung auch noch Beispiele zur Segmentierung echokardiographischer Bilder [Herl94]. In dem Beitrag wurden unterschiedliche stochastische Modelle (Grauwerthomogenitätsmodelle, räumlich-zeitliche Modelle) untersucht, wobei zum Finden der optimalen Lösung der ICM-Algorithmus favorisiert wurde.

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass bei der Segmentierung medizinischer Daten mit Markov Random Fields sowohl Grauwertinformationen als auch Texturinformationen benutzt werden. Diese Verfahren kommen ohne Benutzerinteraktion aus, da alle wichtigen Modellannahmen in den Algorithmus integriert werden können. Nachteilig ist jedoch die große Rechenzeit, die von den Algorithmen beansprucht wird.

7.2.7 Wasserscheidentransformation

Die Segmentierung mit Hilfe der Wasserscheidentransformation beruht auf der Annahme, dass sich die einzelnen Strukturen im Bild anhand ihres Grauwertes unterscheiden lassen. Bei diesem auf einem morphologischen Konzept beruhenden Verfahren erfolgt eine vollständige Zerlegung des Datensatzes, d.h. jeder Bildpunkt wird genau einem Segment zugeordnet. Zur Umsetzung des Verfahrens existieren verschiedene Herangehensweisen, die im folgenden betrachtet werden sollen.

7.2.7.1 Strategien bei der Umsetzung der Wasserscheidentransformation

Die Bezeichnung des Verfahrens leitet sich aus der Interpretation des Bildes als Grauwertgebirge her, in dem der Grauwert eines Pixel die Höhe der Erhebung an dieser Position angibt. Eine Strategie besteht nun darin, dieses Grauwertgebirge, bildlich gesprochen, zu fluten. Ausgehend von den kleinsten regionalen Minima werden die Täler mit Wasser gefüllt, so dass sich Wasserbecken bilden. An Stellen, wo zwei dieser Becken zusammenfließen würden, werden Dämme errichtet. Am Ende des Flutungsprozesses liegen dann die aus den einzelnen Minima entstandenen Wasserbecken vor, die von Dämmen, den sogenannten Wasserscheiden, begrenzt werden (Abb. 7.34). Falls zwei Wasserbecken nicht durch einen Grat sondern durch ein Plateau begrenzt werden, sorgt die Vorstellung von der Viskosität des Wassers für die korrekte Detektion der Wasserscheiden. Bei diesem Gedankenmodell breitet sich das Wasser mit konstanter Geschwindigkeit von beiden Seiten des Hochplateaus her aus, so dass sich die Fluten stets an der Wasserscheide des Plateaus treffen. Die formale Beschreibung der Viskosität erfolgt über die aus der Morphologie stammende Definition des geodätischen Abstands.

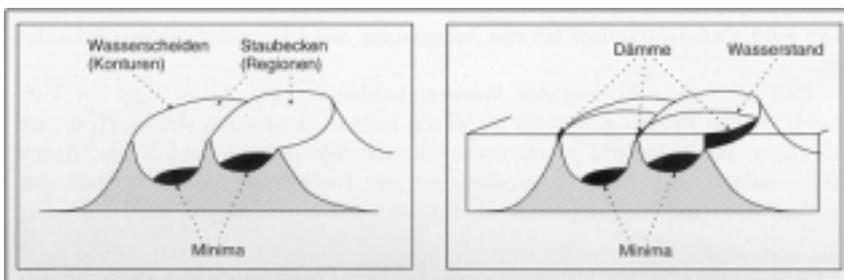


Abb. 7.34: Begriffsbildung bei der Wasserscheidentransformation, aus [Lehmann97]

Wenn nun die Wasserbecken den Regionen und die Wasserscheiden den Konturen entsprechen sollen, wird ersichtlich, dass die Transformation nicht auf dem Grauwertbild, sondern auf dem Gradientenbild ausgeführt werden muss. Problematisch beim Nutzen des Gradientenbildes ist jedoch der hohe Rauschanteil in medizinischen Bilddaten, wodurch es zu ei-

ner Vielzahl von Pseudowasserscheiden kommt. Dies führt dazu, dass eine starke Fragmentierung von homogenen Regionen auftritt (siehe Abb. 7.35, Mitte). Zur Verbesserung der Ergebnisse können verschiedene Strategien gewählt werden.

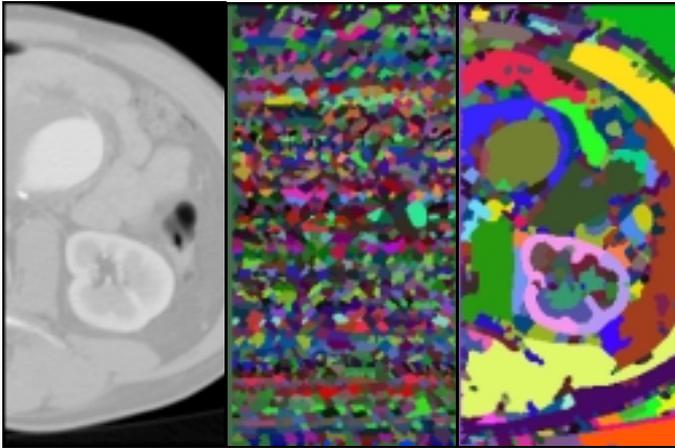


Abb. 7.35: Segmentierung mit Hilfe der Wasserscheidentransformation, links: Ausschnitt aus einem CT-Bild des Abdomens, Mitte: Das Ergebnis der Segmentierung zeigt eine starke Übersegmentierung, rechts: Ergebnis nach der Regionenzusammenfassung mittels Merging-Prozess

Eine Strategie zur Beseitigung der Übersegmentierung ist der Einsatz der hierarchischen Wasserscheidentransformation. Diese lässt sich nach Wegner [Wegn99] in fünf verschiedene Ansätze unterteilen: die lokal iterative Wasserscheidentransformation, die iterative Wasserscheidentransformation, die Multiresolution-Wasserscheidentransformation, die statistisch und stochastisch basierte sowie die konturbasierte hierarchische Wasserscheidentransformation. Bei der lokal iterativen Wasserscheidentransformation wird zunächst die herkömmliche Wasserscheidentransformation auf dem Datensatz ausgeführt und für jede entstandene Region der mittlere Grauwert berechnet. In einem Merging-Prozess werden anschließend Regionen mit einem ähnlichen mittleren Grauwert zusammenfasst (Abb. 7.35, rechts). Die Berechnung des mittleren Grauwertes muss nach jedem Schritt aktualisiert werden. Infolge der Aktualisierungen und der iterativen Ausführung sind die mit diesem Ansatz verbundenen Algorithmen meist relativ zeitaufwendig. Eine andere Möglichkeit zur Beseitigung von Übersegmentierungen besteht darin, die Wasserscheidentransformation iterativ zu wiederholen. Dazu erfolgt wiederum zuerst die Segmentierung des Bildes mittels herkömmlicher Wasserscheidentransformation und die Zuweisung des durchschnittlichen Grauwerts an jede Region. Auf diesem so entstandenen Bild wird dann wiederholt eine Wasserscheidentransformation ausgeführt, wodurch eine Reduzierung der Regionenanzahl im Bild bewirkt wird. Eine Verbreiterung der Wasserscheiden kann durch die Vorstellung von der Viskosität des Wassers verhindert werden.

Eine andere Strategie, die bei der markerbasierten Wasserscheidentransformation verfolgt wird, besteht darin, eine Übersegmentierung von vornherein zu verhindern. Bei diesem Ansatz wird davon ausgegangen, dass nicht jeder Bildpunkt ein potentieller Ausgangspunkt für ein Wasserbecken bei einer Flutung ist. Vielmehr können diese Becken nur von speziellen benutzerspezifischen Markern aus beginnen. Diese Marker legen damit die Anzahl und die Charakteristik der Gebiete fest, die voneinander zu trennen sind.

Zur Bestimmung der Wasserscheiden auf der Grundlage des Gedankenmodells einer Flutung existieren eine Vielzahl von verschiedenen Algorithmen [Wegn99], von denen der Vincent-Algorithmus [Vinc91] einer der effizientesten ist. Neben der Betrachtung der Wasserscheidentransformation als Flutungsvorgang existiert aber auch noch die Betrachtung als Berechnungsvorgang [Smet00]. Bei diesem geht man wiederum von einem Gradientenbild aus, in dem zunächst die lokalen Minima, die mit den späteren Regionen korrespondieren, bestimmt werden. Lässt man nun einen Wassertropfen auf das Gradientenrelief fallen, so bewegt er sich

jeweils den stärksten Abfall entlang bis er ein lokales Minimum erreicht. Um eine Transformation des gesamten Datensatzes auszuführen, werden von jedem Bildpunkt aus Wassertropfen auf das Gradientenrelief fallen gelassen, und es wird ermittelt, in welches Minimum sie abfließen. Die in ein gemeinsames lokales Minimum abfließenden Tropfen ergeben dann jeweils eine Region. Die Wasserscheiden entstehen wiederum an den Konturgrenzen. In Abb. 7.36 ist die Vorgehensweise beim Berechnungsalgorithmus schematisch dargestellt.

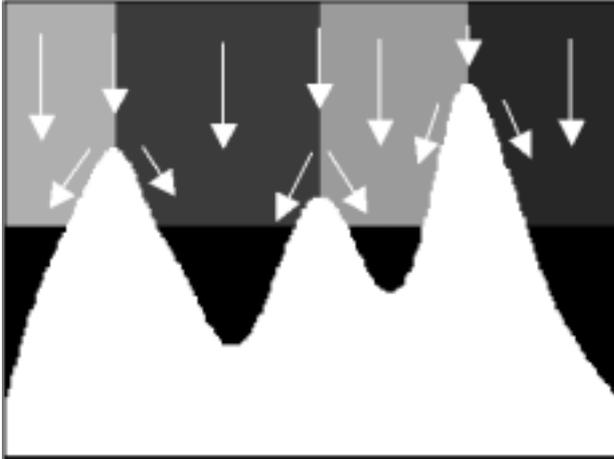


Abb. 7.36: Vorgehensweise beim Berechnungsalgorithmus. Die Regentropfen fallen auf das Gradientenrelief und fließen entlang des stärksten Gradienten in das dazu korrespondierende Staubecken ab.

7.2.7.2 Einsatzgebiete der Wasserscheidentransformation

Die Wasserscheidentransformation wird im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung für zahlreiche und sehr unterschiedliche Segmentierungsaufgaben eingesetzt. So wird in [Volk02] die Anwendung des Flutungsansatzes zur Segmentierung von zellulären Strukturen in Elektronendichtekarten, die mit Elektronenmikroskopen erzeugt werden, beschrieben. In den Bildern zeichnen sich die zu detektierenden Objekte hell vom dunklen Hintergrund ab. Anzeigen unterhalb eines gewissen Helligkeitsniveaus werden durch Bildrauschen hervorgerufen. Diese Tatsache macht man sich auch bei der Einschränkung der Übersegmentierung zu nutze, die nicht auf dem Gradientenbild, sondern auf dem Grauwertbild ausgeführt wird. So werden alle lokalen Minima unterhalb eines Schwellenwertes gleichzeitig geflutet, wobei eine Verschmelzung der einzelnen Bereiche zugelassen wird. Außerdem wird zur Reduktion der Übersegmentierung vor Beginn der Wasserscheidentransformation eine Gauß-Filterung vorgenommen.

In [Wegn98] werden Proteinspots in 2D Gelelektrophorese-Bildern mit Hilfe einer hierarchischen Wasserscheidentransformation auf Graphen, in die spezielles a priori Wissen über den Grauwert und die Krümmung der Spotregionen integriert ist, detektiert. Da es sich bei den Spotbildern um eine Bildklasse mit einfachen, gleichförmigen Objekten handelt, ist eine Multiresolution-Segmentierung nicht notwendig. Vielmehr kann bereits im ersten Mosaikbild eine Lokalisation und Zusammenfassung der Teilspotregionen erfolgen. In den getesteten Gel-Bildern wurde der überwiegende Teil der Spots gefunden.

Ein weiteres Anwendungsbeispiel ist die 3D-Segmentierung von Strukturen in MR-Gehirnbildern. Da diese zumeist sehr verrauscht sind, wird in [Sijb97] zuerst eine anisotrope Diffusionsfilterung durchgeführt, um eine Reduktion der Übersegmentierung bei der Wasserscheidentransformation zu erreichen. Zur weiteren Verbesserung des Ergebnisses erfolgt im Anschluss an die Segmentierung mit dem Flutungsalgorithmus von Vincent und Soille ein Merging-Prozess, bei dem schmale Regionen mit den Nachbarschaftsregionen zusammengefasst werden, die ihnen am ähnlichsten sind. Tests des Verfahrens an einem Phantomvolumen-

datensatz haben für vier verschiedene Volumina einen Segmentierungsfehler von 0.4 % bis 1.7 % ergeben. In [Buen01a] werden gleichfalls Strukturen in 3D-MR-Datensätzen mit dem Flutungsansatz detektiert, wobei die Verhinderung der Übersegmentierung und die Auswahl der interessierenden Strukturen über den Einsatz von Markern, die sowohl manuell als auch automatisch festgelegt werden können, gesteuert wird. Schubert [Schu02] benutzt in seinem Ansatz zur Beseitigung der Übersegmentierungen nach der 3D-Wasserscheidentransformation mit dem Flutungsalgorithmus Schwellenwerte. So werden zwei benachbarte Regionen immer dann miteinander verschmolzen, wenn die Helligkeitsdifferenz der beiden Regionen sich unter einem automatisch bestimmten Toleranzwert befindet. Die Toleranzschwelle wird hierbei durch eine Analyse des Volumenzuwachses der größten Region im Bild ermittelt. Haris [Hari98] geht in seiner Arbeit von dem Ansatz aus, zum einen die Übersegmentierung bei dem Flutungsalgorithmus einzuschränken und zum anderen diese im nachhinein noch weiter zu senken. Ersteres wird dadurch erreicht, dass ein Schwellenwert eingeführt wird, der die notwendige minimale Gradientenlänge festlegt, die Pixel besitzen müssen, um Ausgangspunkt für eine separate Region zu sein. Dieser Wert wurde experimentell abgeleitet und entsprach in den Beispielen der Hälfte der Streuung der Gradientenwerte in der Umgebung des betrachteten Pixel. Die Nachbearbeitung bestand in einem schrittweisen schnellen hierarchischen Merging auf einem Regionen-Nachbarschafts-Graphen.

In [Rett02] werden ebenfalls MR-Bilder des Gehirns untersucht, wobei hier jedoch das Ziel besteht, die Gehirnfurchen auf der kortikalen Oberfläche zu detektieren. Dazu wird zuerst die Kortexoberfläche mittels einer Kombination von Fuzzy-Clustering und deformierbaren Oberflächen extrahiert. Die ermittelte Oberfläche wird anschließend durch ein Dreiecksgitter repräsentiert und zur Segmentierung der Furchen durch die Subtraktion von maximaler und aktueller geodätischer Tiefe in ein Höhenprofil umgewandelt. Auf diesem Profil wird der Flutungsalgorithmus ausgeführt, der jedoch zu einer Übersegmentierung führt, so dass z.B. die Zentralfurche des Gehirns durch ungefähr zehn Einzelregionen verkörpert wird. Zur Beseitigung der Übersegmentierung wird wiederum ein Merging-Algorithmus verwendet, dem anatomisches Wissen zugrunde gelegt wurde. So werden zwei benachbarte Regionen immer dann miteinander verbunden, wenn der Kamm zwischen den Regionen oder wenn die Größe der Furche unter einem Schwellenwert liegt. Die endgültige Zusammenfassung erfolgt im Anschluss interaktiv durch einen erfahrenen Benutzer.

Ein weiteres Beispiel für den Einsatz der Wasserscheidentransformation ist die Segmentierung getagter MR-Bilder des Herzens [Sonk95]. Hierzu müssen zuerst die Tags durch ein morphologisches Closing aus dem Bild entfernt werden. Anschließend werden zur Extraktion von linkem Ventrikel, Endokardium und Myokardium Marker ermittelt, indem ein Top-Hat-Operator in Kombination mit Dilatations- und Erosionsoperationen eingesetzt wird. Aufgrund des schlechten SNR in den Bildern muss das mittels markerbasierter Wasserscheidentransformation erhaltene Segmentierungsergebnis noch morphologisch geglättet werden. Abschließend wird von den Autoren festgestellt, dass das Ergebnis der Segmentierung sehr stark von der Auswahl des strukturierenden Elements für die morphologischen Operationen beeinflusst wird.

Schindewolf [Schi00] schlägt zur Segmentierung von CT-Datensätzen gleichfalls eine Wasserscheidentransformation vor. Bei dem realisierten Ansatz erfolgt die Flutung auf einer Graphenstruktur. Anstelle des Gradientenbildes werden hier die Grauwertdifferenzen benachbarter Knoten betrachtet, wobei der Flutungsprozess bei den Knoten mit der geringsten Grauwertdifferenz startet. Bei der Flutung werden Knoten zu Gruppen zusammengefasst. In einem iterativen Prozess entsteht jeweils eine neue Stufe in der Datenpyramide dadurch, dass ein neuer Graph mit weniger Knoten aufgebaut wird, bei dem die einzelnen Knoten mit den mittleren Grauwerten der einzelnen Gruppen korrespondieren. Der Algorithmus terminiert, wenn

ein Graph mit nur noch einem Knoten entstanden ist. Die endgültige Segmentierung wird schließlich dadurch erreicht, dass der Benutzer sogenannte innere und äußere Marker setzen muss. Abhängig von der Markerpositionierung wird anschließend die Datenpyramide analysiert, um eine widerspruchsfreie Aufteilung des Bildes zu erreichen, bei der jede Region nur innere oder nur äußere Marker enthält und die Regionen der inneren Markierungen maximal sind. Zum gleichen Zweck hat Hahn [Hahn03] ebenfalls eine hierarchische Wasserscheidentransformation entwickelt, die jedoch direkt auf den Bilddaten arbeitet und drei Schritte beinhaltet: die Bildverbesserung, die Sortierung aller Bildelemente entsprechend ihres Grauwertes und den Flutungsprozess. Die Beziehung der entstehenden Regionen für unterschiedliche Flutungshöhen wird in einer hierarchischen Baum-Datenstruktur gespeichert. Durch die interaktive Eingabe von Markern und die Festlegung einer Vorflutungshöhe, bis zu der alle benachbarten Regionen zusammengefasst werden, wird das endgültige Segmentierungsergebnis abgeleitet. Das beschriebene Verfahren wurde u.a. erfolgreich zur Segmentierung von Lungenlappen in CT-Bildern ([Kuhn03a], [Kuhn03b]) und zur Extraktion des Ventrikelsystems in T₁-gewichteten MR-Bildern [Hahn02] eingesetzt.

Olsen [Olse97] nutzt gleichfalls einen Ansatz, bei dem die Detektion der gesuchten Struktur durch den Einsatz von Markern und die Auswahl einer geeigneten Stufe in einer hierarchischen Datenstruktur erfolgt. Getestet wurde dieses semiautomatische Verfahren u.a. für die Segmentierung der Leber in CT-Daten.

Ein weiteres Beispiel zum Einsatz einer markerbasierten Wasserscheidentransformation ist die Segmentierung von MR-Bildern der Prostata [Sonk00]. Hierzu erfolgt im ersten Schritt zur Minderung der Grauwertvariation in den zu segmentierenden Regionen die Anwendung einer Kombination von aufeinanderfolgendem morphologischem Opening und Closing mit einem kreisförmigen strukturierenden Element von 11 Pixeln Größe. Anschließend werden in dem inversen Bild mittels Schwellenwertoperation Marker detektiert, da die interessierenden Regionen von Prostata, Rektum und der Denonvillies Faszie sich in diesem Bild als sehr hell im Vergleich zu den restlichen Strukturen abzeichnen. Die Segmentierung erfolgt ausgehend von den Markern mit dem Flutungsalgorithmus.

Eine Anwendung der hierarchischen Wasserscheidentransformation zur Lippensegmentierung in Farbbildsequenzen wird in [Palm00] vorgestellt. Hierbei muss der Nutzer interaktiv mehrere Startpunkte mit dem jeweils gleichen Label in einer Region plazieren. Um Wissen über die Objekte einbringen zu können, wird hier ein bedingtes und richtungsbasiertes Fluten im Gegensatz zum sonst herkömmlichen Fluten in Abhängigkeit von der Gradientenlänge verwendet. Das Fluten eines Nachbarn kann so u.a. von der Richtung, vom Farbabstand und von der mittleren Regionenfarbe abhängig gemacht werden. Durch die Berücksichtigung der Richtung ist es möglich, bei den hellen Regionen zwischen Zähnen und Glanzlichtern zu unterscheiden. Eine Evaluation des Verfahrens anhand von 6 Farbbildsequenzen mit 245 Bildern hat eine korrekte Segmentierung von 87 % der Bilddaten ergeben. Der Vorteil beim Einsatz dieses Verfahrens ist, dass bei einer fehlerhaften Segmentierung keine Folgefehler auftreten, wie dies z.B. beim Einsatz von aktiven Konturen der Fall ist.

Schließlich kann die Wasserscheidentransformation auch zur Segmentierung von Gefäßverläufen in MRA-Bildern eingesetzt werden [Yim03]. Hierbei wird wiederum der Flutungsalgorithmus von Vincent und Soille verwendet. Die sich ergebenden Wasserscheiden charakterisieren die Gefäßverläufe. Durch einen geordneten Region growing Algorithmus können abschließend die Pfade zwischen zwei gegebenen Punkten im Gefäßbaum bestimmt werden. Mit diesem Verfahren lassen sich auch Pfade zu sehr dünnen Gefäßen generieren.

Zusammenfassend kann man feststellen, dass zur Wasserscheidentransformation größtenteils Grauwert- und Gradienteninformationen benutzt werden. Bei mehrstufigen Verfahren

kann das Kriterium zur Regionenmerging entweder in den Algorithmus integriert sein oder es wird vom Benutzer abgefragt. Diese Abfrage kann entweder numerisch erfolgen oder in Form einer manuellen Markierung zusammengehöriger Regionen durchgeführt werden.

7.2.8 Kantenfilterung

Bei der Verwendung von Kantenfilterverfahren zur Segmentierung wird nicht nach homogenen Bildbereichen gesucht, wie dies z.B. bei den Schwellenwertverfahren oder beim Region growing der Fall ist, sondern es sollen Inhomogenitäten erkannt werden. Es wird außerdem nicht zwischen der Detektion der gesuchten Struktur und den anderen Strukturen im Bild unterschieden. Vielmehr erfolgt bei allen Verfahren immer eine Segmentierung des gesamten Datensatzes. Das Erreichen eines guten Segmentierungsergebnisses für die gesuchte Struktur hängt dabei stark von der Bildqualität ab.

7.2.8.1 Marr-Hildreth-Kantendetektor

Der Marr-Hildreth-Operator führt eine Bandpassfilterung aus. Er stellt eine Kombination aus Tiefpassfilterung und anschließender Hochpassfilterung dar. Bei der Entwicklung dieses Filters wurde versucht, Modellvorstellungen vom menschlichen Sehen nachzubilden. Eine Forderung in diesem Zusammenhang ist, dass der zu entwickelnde Filter eine begrenzte Bandbreite besitzen soll, da es unmöglich ist, einen Operator zu entwickeln, der für alle Ortsfrequenzbereiche optimale Eigenschaften besitzt. Außerdem sollte der Operator aufgrund der örtlich begrenzten Intensitätsänderung im Bereich von Kanten auch nur einen begrenzten Einzugsbereich im Ortsraum besitzen [Park97]. Da beide Forderungen gleichzeitig eingehalten werden sollten, benötigte man eine Funktion, die sowohl im Orts- als auch im Frequenzbereich ihre Form beibehält. Neben dem Dirac-Stoß gilt dies nur noch für die Gaußfunktion. Diese wird somit beim Marr-Hildreth-Operator für die Tiefpassfilterung eingesetzt. Als Hochpassfilter, mit dem im Folgenden die Kante genau lokalisiert wird, verwendet man den Laplace-Operator, der schon in Abschnitt 5.3.1 beschrieben wurde. Da es sich bei dem Laplace-Operator um einen Filter handelt, der die 2. Ableitung verwendet, muss zur Segmentierung der Strukturgrenzen im Bild nur noch nach den Nulldurchgängen gesucht werden.

Aufgrund der Linearität und Ortsunabhängigkeit der beiden Filter können die zwei Masken zur Einsparung von Rechenzeit vor der Faltungsoperation mit dem Bild miteinander verknüpft werden. Der so entstehende LoG-Operator (Laplace of Gaussian) hat die Form eines „mexikanischen Hutes“ und berechnet sich nach [Stein93]:

$$\nabla^2 G_\sigma(x, y) = \frac{1}{\pi\sigma^4} \left(\frac{(x^2 + y^2)}{2\sigma^2} - 1 \right) \left(\exp \left[- \left(\frac{(x^2 + y^2)}{2\sigma^2} \right) \right] \right), \quad (7.63)$$

wobei x und y die Fenstergröße spezifizieren und der Wert für die Standardabweichung σ als Steuerungsparameter dient. Je nach der Wahl von σ muss eine Filtergröße zwischen $3w$ und $4w$ gewählt werden, mit $w = 2\sqrt{2}\sigma$, damit sich eine ausreichend gute Approximation der Gauß'schen Glockenkurve innerhalb der Maske ergibt.

Da sich die Nullstelle im diskreten Raster nicht exakt auf einer Pixelposition befindet, kommt es zumeist zu einer Verschiebung der Kanten zum nächstgelegenen Pixel. Liegen mehrere Kanten im Einflussbereich der Filtermaske, kann es jedoch auch zu völlig falschen Anzeigen im Bild kommen. Fehldetektionen treten außerdem in verrauschten Bildern auch an

den Kreuzungspunkten mehrerer Kanten auf. Problematisch ist weiterhin, dass bei diesem Filter die Kantenstärke nicht berücksichtigt wird. So kommt es sowohl bei Intensitätsänderungen an tatsächlichen Kanten als auch bei leichten Variationen der Grauwerte innerhalb einer ansonsten homogenen Fläche zu einer Kantenerkennung.

Im Gegensatz zur einfachen Kantenfilterung ist beim Einsatz des Marr-Hildreth-Operators von Vorteil, dass aufgrund der Nulldurchgangssuche immer nur Linien mit einem Pixel Breite detektiert werden. Es muss also keine nachträgliche Skelettierung mehr erfolgen. Außerdem sind die Kanten immer geschlossen oder es bilden sich am Bildrand endende Kurven [Ste93].
Ergeben sich jedoch im Bild Unterbrechungen im Kantenzug aufgrund von Rauscheinflüssen oder Kontrastschwankungen, so erzielt man trotz der geschlossenen Kantenzüge kein brauchbares Ergebnis. Dieses Problem wird in Abb. 7.37 am Beispiel der Segmentierung eines CT-Bildes des Abdomens demonstriert.

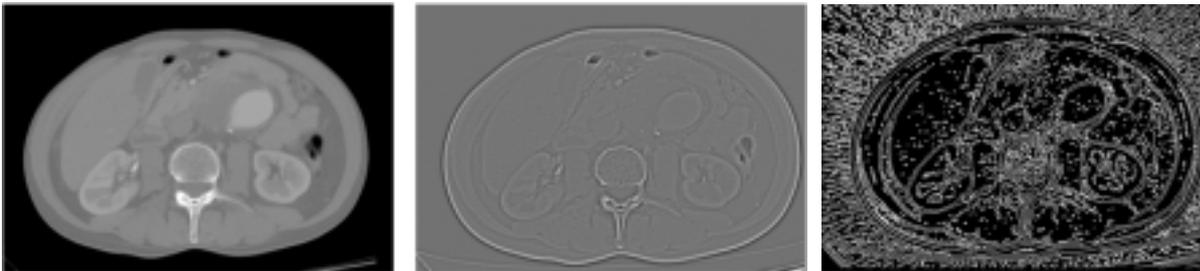


Abb. 7.37: von links nach rechts: CT-Bild des Abdomens, Ergebnis der LoG-Filterung, Ergebnis der Nulldurchgangssuche. In dem Ergebnisbild treten in diesem Fall zahlreiche Segmentierungsfehler auf. So werden neben den tatsächlichen Objektkonturen sehr viele Pseudostrukturen gefunden. Bei Objekten mit teilweise sehr schwachen Objektgrenzen, wie z.B. bei der Leber, wird keine durchgehende Kontur detektiert.

Anhand der Ausführungen ist schon zu erkennen, dass der Marr-Hildreth-Operator nur für die Segmentierung von Strukturen mit einem hohen SNR geeignet ist. Eine praktische Anwendung zur Segmentierung von MR-Bildern des Kopfes ist in [Boma90] und [Sand97] beschrieben. In beiden Arbeiten wird dieser Operator ausschließlich zur Segmentierung der geschlossenen Gehirnoberfläche eingesetzt und liefert für diese einfache Aufgabenstellung gute Ergebnisse.

7.2.8.2 Canny-Operator

Der Canny-Operator, der hier als zweiter wichtiger optimaler Kantendetektor betrachtet werden soll, wurde unter streng mathematischen Gesichtspunkten entwickelt. Folgende drei Punkte sollten nach Canny [Cann86] von einem optimalen Kantendetektor erfüllt werden:

- Ein idealer Kantendetektor sollte nur auf tatsächliche Kanten antworten. Pseudokanten infolge von Rauscheinflüssen sollte er ignorieren. Trotzdem sollte er alle im Bild vorhandenen Kanten finden.
- Der Abstand zwischen der vom Kantendetektor ermittelten Kantenposition und der realen Kante sollte möglichst gering sein.
- Der ideale Kantendetektor sollte nicht mehrere Pixel als Kantenpixel identifizieren, wenn tatsächlich nur eine Kante vorliegt.

Um diesen Anforderungen gerecht zu werden, wurde ein mehrstufiger iterativer Algorithmus entwickelt. Dieser beinhaltet in einem ersten Schritt wiederum eine Filterung mit einem

Gauß-Filter G , um der Forderung nach einer geringen Fehlerrate gerecht zu werden. Als nächstes erfolgt die Schätzung der Gradientenrichtung n für jeden Pixel des Bildes f entsprechend der Gleichung:

$$n = \frac{\nabla(G * f)}{|\nabla(G * f)|}. \quad (7.64)$$

Um der zweiten Forderung nach einem möglichst geringen Abstand zwischen realer und ermittelter Kante gerecht zu werden, wird im dritten Schritt eine Non-Maxima-Suppression durchgeführt. Dies erfolgt durch die Ermittlung der Nulldurchgänge in der zweiten Ableitung nach der Gleichung:

$$\frac{\partial^2(G * f)}{\partial n^2} = 0. \quad (7.65)$$

Im vierten Schritt erfolgt anschließend die Bestimmung des Betrages der Kante. Dieser Schritt dient gleichfalls der Unterdrückung von Pseudokanten, denn je größer der Betrag an einer Bildposition ist, desto wahrscheinlicher ist es auch, dass sich dort eine Kante befindet. Um der dritten Anforderung an einen optimalen Kantendetektor gerecht zu werden, wird im fünften Schritt ein Hysteresis-Schwellenwert-Verfahren ausgeführt. Hierbei werden alle Pixel im Bild, die über einem hohen oberen Schwellenwert liegen, als sichere Kantenpunkte identifiziert. Da diese harte Schwellenwertentscheidung jedoch häufig aufgrund der Rauscheinflüsse zu unterbrochenen Kantenverläufen führt, wird für die dazwischenliegenden Pixel geschaut, ob sie über einem unteren Schwellenwert liegen, da es dann gleichfalls wahrscheinlich ist, dass es sich bei ihnen um tatsächliche Kantenpixel handelt. Die Höhe der beiden Schwellenwerte kann aus dem geschätzten SNR abgeleitet werden. Da beim Canny-Operator ähnlich wie beim Marr-Hildreth-Operator eine Bandpassfilterung durchgeführt wird, indem eine Tiefpassfilterung mit einer Hochpassfilterung kombiniert wird, kann dieser Operator auch nur Kantenanzeigen innerhalb eines bestimmten Frequenzbereichs zurückliefern. Weil man im Vorfeld jedoch nicht genau sagen kann, welches Frequenzspektrum zur Detektion der gesuchten Objektgrenzen erforderlich ist, werden die einzelnen Schritte für verschiedene Bandbereiche wiederholt und die einzelnen Ergebnisse mit einem Merkmalssynthese-Ansatz miteinander kombiniert. Die Steuerung des Bandbereichs erfolgt dabei über eine Variation der Standardabweichung des Gauß-Filters. Ein Ergebnis solcher Kantenextraktion mit dem Canny-Operator ist für ein CT-Bild des Abdomens in Abb. 7.38 zu sehen. Im Ergebnisbild der Segmentierung zeigt sich deutlich, dass ähnlich wie beim Marr-Hildreth-Operator ein möglichst hohes SNR in den interessierenden Bildbereichen vorliegen muss, um die Konturen korrekt und durchgehend segmentieren zu können. Ein Vorteil ist jedoch, dass ansonsten in Bereichen ohne ausreichenden Kantenkontrast keine falsche Segmentierung stattfindet. In diesen Bereichen ergeben sich vielmehr Unterbrechungen des Konturverlaufs.

Beispiele für den praktischen Einsatz des Canny-Operators finden sich in der Literatur z.B. für den Bereich der Mikroskopbildanalyse. So ist in [Vero98] der Einsatz des Canny-Operators zur Segmentierung von Tuberkulose-Bakterien beschrieben. Die Wahl des verwendeten Frequenzbereichs, d.h. die Festlegung der Werte für die Standardabweichung bei der Berechnung der Gauß-Filtermaske, erfolgt dabei in Abhängigkeit von der gewählten Einstellung der Vergrößerung im Mikroskop zur Aufnahme des Originalbildes. In [Katz00] wird der Canny-Operator zur Segmentierung von Blutzellen eingesetzt.

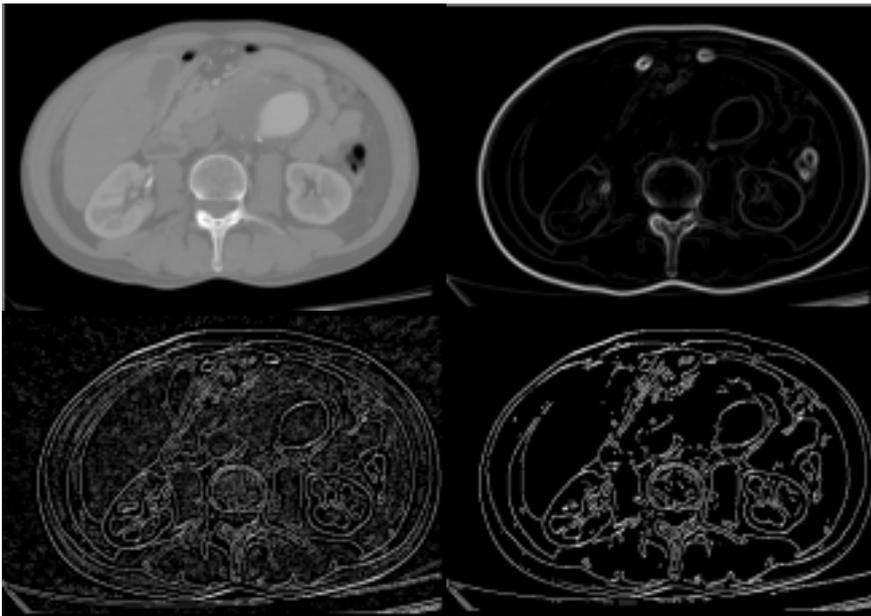


Abb. 7.38: Segmentierung mit dem Canny-Operator, oben: links: CT-Bild des Abdomens, rechts: Gradientenbetrag, unten: links: Ergebnis der Non-Maxima-Suppression, rechts: Ergebnis nach Anwendung des Hysteresis-Schwellenwerts

Ein anderes Einsatzgebiet des Canny-Operators ist die Segmentierung von Strukturen in Röntgenbildern, da diese zumeist nur geringe Rauschanteile aufweisen. So wird dieser Operator von Lötjönen [Lötj99] zur Detektion der Lungenflügel in unterschiedlich orientierten Röntgenbildern verwendet. Da in diesem Beispiel die Segmentierung nur dazu dient, eine Übereinstimmung zwischen den Originaldaten und einem 3D-Modell des Thorax herzustellen, erwies es sich als unkritisch, wenn die segmentierten Konturen aufgrund von mangelndem Kontrast teilweise Lücken aufwiesen. In [Park00] wird ebenfalls die Erkennung der Lunge in Röntgenbildern unter Nutzung des Canny-Operators beschrieben. In diesem Fall werden fünf verschiedene Standardabweichungen für den Gauß-Filter verwendet, um möglichst zusammenhängende Kanten zu extrahieren. Diese Kanten werden anschließend mit einem anatomischen Modell in Übereinstimmung gebracht, wobei in diesem Matching-Prozess parametrische Merkmale, wie z.B. der Kontrast, die Segmentlänge und die Gestalt, verwendet werden. Dadurch ist es möglich, zwischen den Konturpixeln der Lunge und anderen extrahierten Objektkonturen zu unterscheiden.

Ein letztes Anwendungsbeispiel, das im Rahmen dieser Arbeit betrachtet werden soll, ist die Segmentierung des cerebralen Blutgefäßbaums in MR-Angiographien [Szék93]. Hierzu wird ein 3D-Canny-Operator eingesetzt, der verschiedene Werte für die Standardabweichung benutzt. Um jedoch eine gute Unterdrückung von unerwarteten Filterantworten zu erreichen, wird vorher ein spezielles Diffusionsverfahren angewandt. Außerdem erfolgt hinterher noch eine Bewertung der detektierten Anzeigen mittels Auswertung der Hessischen Matrix in einem Grauwertfenster in reale Gefäßanzeigen und Rauschanzeigen. Insgesamt wird in dem Beitrag jedoch festgestellt, dass dieser Ansatz für die Segmentierung sehr kleiner Blutgefäße noch keine zufriedenstellenden Ergebnisse liefert, da zu häufig Unterbrechungen im Gefäßverlauf auftreten.

Die dargelegten Beispiele zeigen, dass bei der Kantenfilterung ausschließlich Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten benutzt werden. Die Algorithmen arbeiten alle vollautomatisch. Benutzerinteraktion ist nicht erforderlich.

7.3 Segmentierungsverfahren mit erweitertem Modellwissen

Die in diesem Abschnitt betrachteten Verfahren zur Segmentierung von Strukturen in medizinischen Bildern nutzen zum einen Modellwissen über die Grauwerte im Bild und zum anderen Modellannahmen über geschlossene Konturen als Begrenzung von Objekten. Während sich bei den homogenitätsorientierten Verfahren eine durchgehende Kontur zumeist automatisch ergibt, muss bei Verfahren, die zur Objekterkennung Inhomogenitäten im Bild ausnutzen, die Annahme über das Vorhandensein von durchgehenden Konturen explizit mit in den Algorithmus integriert werden, um dies auch zu gewährleisten. Zwei unterschiedliche Verfahren, die diese beiden Modellannahmen benutzen, sollen hier genauer betrachtet werden. In beiden Fällen erhält man als Ergebnis der Segmentierung eine Strukturgrenze zwischen zwei interaktiv eingegebenen Punkten.

7.3.1 Berechnung optimaler Kantenzüge durch Graphensuche

Beim Einsatz der Graphensuche zur Segmentierung muss der Anwender zuerst zwei Punkte spezifizieren, die angeben, wo die Segmentierung beginnen und wo sie aufhören soll. Da die Eingabe der Punkte interaktiv erfolgt, sollte zum Erreichen reproduzierbarer Segmentierungsergebnisse eine Optimierung der Nutzereingabe, wie sie im Abschnitt 6.4.1 besprochen wurde, stattfinden.

Zur Ermittlung des Segmentierungsergebnisses wird zuerst der Gradient für alle Bildpunkte berechnet. Aus dem Gradientenbild werden dann mittels Schwellenwertverfahren Kantenpixelkandidaten extrahiert, die einen hohen Wert für die Gradientenlänge aufweisen. Bei der Festlegung dieses Schwellenwertes muss darauf geachtet werden, dass dieser nicht zu hoch gewählt wird, um einen durchgehenden Pfad zwischen Anfangs- und Endpunkt zu gewährleisten. Das Ergebnis der Schwellenwertoperation wird dann in eine Graphen-Repräsentation überführt, die in Form einer Liste auf dem Computer abgebildet werden kann. Die ausgewählten Kantenkandidaten entsprechen dabei den Knoten in dem gewichteten und gerichteten Graphen. Benachbarte Knoten werden, wenn ihre Gradientenrichtung nicht zu sehr voneinander abweicht, in einer bestimmten Richtung miteinander über eine Kante verbunden (siehe Abb. 7.39). Diesen einzelnen Kanten werden dann Kosten zugeordnet. Sie ergeben sich im einfachsten Fall aus der Betragsdifferenz zwischen der Gradientenlänge des betrachteten Pixels und der mittleren Gradientenlänge der beiden Eingabepunkte. Es kann jedoch in die Kostenberechnung auch eine Abweichung in den Grauwerten oder in der Gradientenrichtung integriert werden. Die Kostenfestlegung muss immer so erfolgen, dass es billiger ist, zu Kantenpunktkandidaten zu gelangen, die eine hohe Wahrscheinlichkeit besitzen, Konturpixel zu sein, als zu solchen mit einer niedrigeren Wahrscheinlichkeit. Bei der Ermittlung des optimalen Kantenzuges wird dann nach dem kürzesten Pfad in dem Graphen gesucht, der den Anfangs- mit dem Endpunkt verbindet. Pfade ergeben sich hierbei als Liste aufeinanderfolgender und miteinander verbundener Knoten. Die Länge des Pfades ergibt sich als die Summe aller gewichteten Kosten zwischen den beiden Eingabepunkten. Der optimale, kürzeste Pfad ist somit der Pfad mit den geringsten Kosten. Durch die Definition der Kostenfunktion als monoton mit zunehmender Pfadlänge ansteigende Funktion, werden kürzere und damit glattere Verbindungen bevorzugt. Der Einfluss des Rauschens auf den Verlauf des ermittelten Kantenzugs wird dadurch verringert.

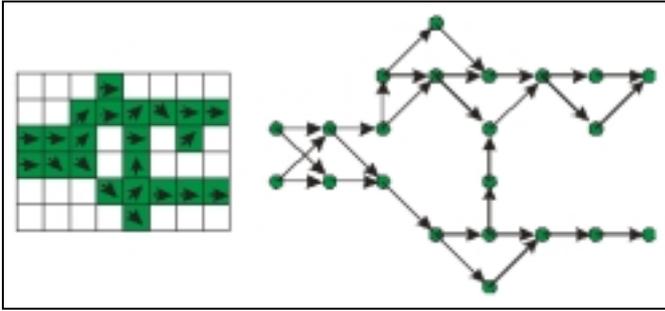


Abb. 7.39: links: Gradienten im Bildausschnitt oberhalb eines festgelegten Schwellenwertes, rechts: aus dem Gradientenbild erzeugter gerichteter Kantengraph

In der Literatur sind zahlreiche Algorithmen zur Bestimmung der kürzesten Pfade in Graphen zu finden [Nils99], von denen der A*-Algorithmus der zur Kantenerkennung am weitesten verbreitet ist. Er besteht aus den folgenden Schritten [Sonk00]:

1. Ausgehend vom ausgewählten Startpunkt erfolgt eine Expansion, indem alle mit ihm verbundenen nachfolgenden Kantenpixelkandidaten in eine Liste abzuarbeitender Knoten eingetragen werden und von jedem dieser Knoten ein Zeiger auf den Vorgänger gesetzt wird.
2. In einem iterativen Algorithmus wird nun so lange der Knoten mit den geringsten Kosten aus der Liste der abzuarbeitenden Knoten ausgewählt und als abgearbeitet markiert, bis diese Liste leer oder der Endpunkt erreicht ist.
3. Falls es sich bei dem ausgewählten Knoten n_i nicht um den Endpunkt handelt, wird dieser wiederum expandiert. Ist ein Nachfolger n_{i+1} nicht als abgearbeitet markiert und auch noch nicht in der Liste abzuarbeitender Knoten enthalten, so wird er in diese Liste übernommen, wobei sich die aktuellen Pfadkosten $p(n_{i+1})$ als Summe der bisherigen Pfadkosten $p(n_i)$, der lokalen Kosten $l(n_{i+1})$ und der Kantenkosten $c(n_i, n_{i+1})$ ergeben.
4. Wenn ein Nachfolger bereits als abgearbeitet markiert oder bereits in der Liste abzuarbeitender Knoten enthalten ist, dann werden die Kosten aktualisiert, falls sie kleiner als die bereits eingetragenen Kosten sind. Für einen solchen Fall wird der als bereits abgearbeitet geltende Knoten wieder in die Liste der abzuarbeitenden Knoten überführt und der Zeiger auf den Vorgänger wird umgesetzt.
5. Ist der gesetzte Endpunkt das erste Mal erreicht, erfolgt ein Zurückverfolgen des optimalen Pfades anhand der Zeiger, die auf die jeweiligen Vorgänger gesetzt wurden, solange, bis der Anfangspunkt erreicht ist. Ansonsten wird der Algorithmus mit dem zweiten Schritt fortgesetzt.

Der Ablauf dieses Algorithmus ist für ein Beispiel in Abb. 7.40 demonstriert. Er liefert immer den optimalen kürzesten Pfad zurück. Infolge der großen Anzahl zu expandierender Knoten ist er jedoch mit einer höheren Rechenzeit verbunden. Durch die Einführung von Heuristiken in die Kostenfunktion ist es möglich, die Rechenzeit zu senken, indem die Anzahl der zu expandierenden Knoten stark eingeschränkt wird. Auch wenn in diesem Fall nicht mehr unbedingt der optimale kürzeste Pfad gefunden wird, werden diese heuristischen Modifikationen in der Praxis genutzt. Diese können z. B. folgende Einschränkungen umfassen [Ball82]: Abbruch bei Knoten mit Kosten oberhalb einer oberen Grenze, Löschen von Kanten mit zu hohen Kosten im Graph oder Integration von höherwertigem Wissen.

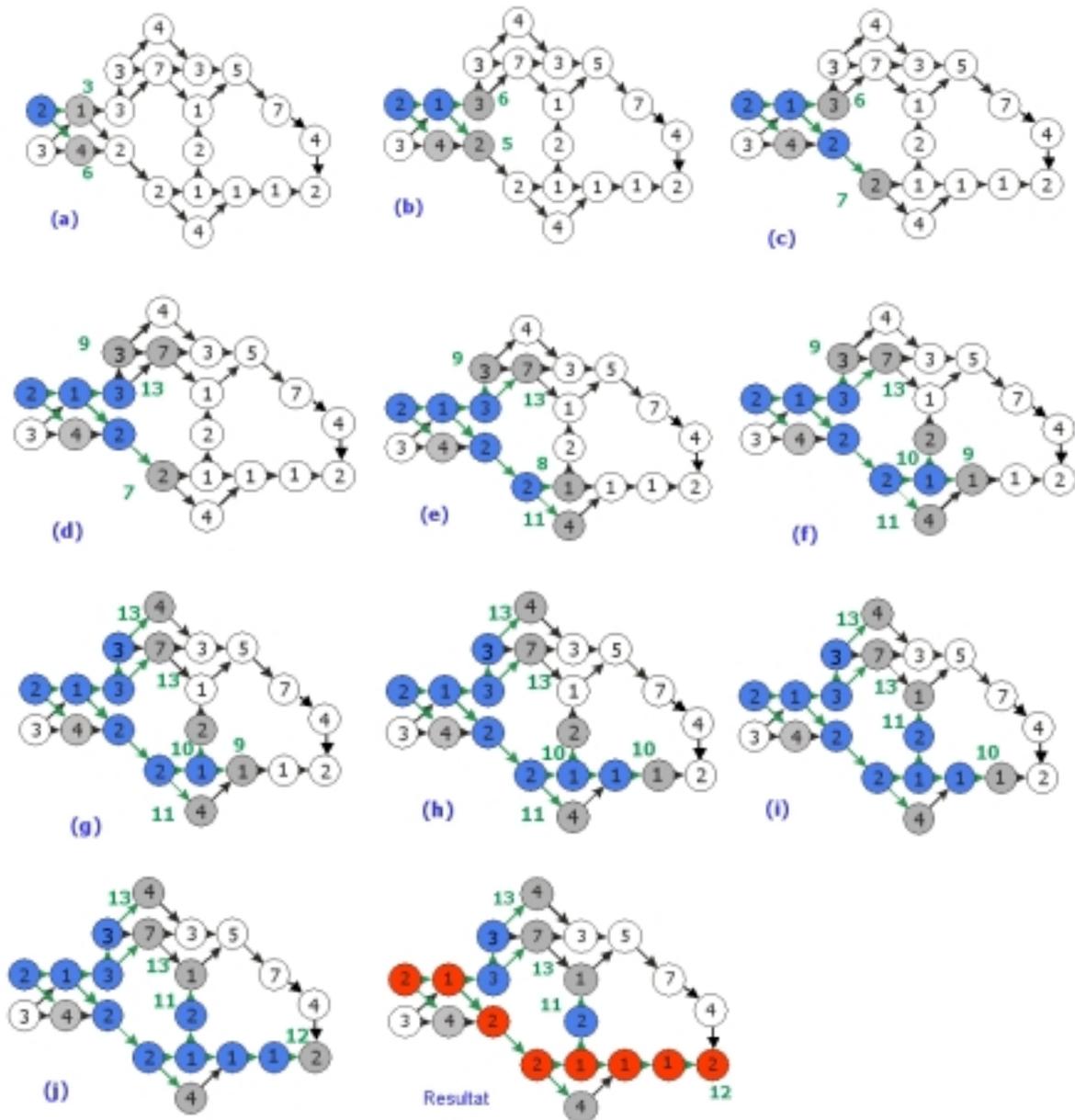


Abb. 7.40: Beispiel für die Ermittlung des optimalen Konturverlaufs mit dem A*-Algorithmus (blaue Knoten: bearbeitete Knoten, graue Knoten: Knoten in der Liste der abzuarbeitenden Knoten, weiße Knoten: bisher noch nicht bearbeitete Knoten, rote Knoten: ermittelter optimaler Pfad, schwarze Ziffern: Knotenkosten, grüne Ziffern: kumulative Kosten)

Ein Beispiel für den Einsatz der Graphen-Suche zur Erkennung von Herzkranzgefäßen ist in [Sonk95] und [Sonk97] zu finden. Die Kantensuche erfolgt hier mit einem zweistufigen Ansatz. Zuerst werden die Angiographien zur Beschleunigung der Rechenzeit nur in halber Auflösung betrachtet. Aus den Kantenkandidaten, die anhand der Ergebnisse des Sobel-Operators und des Marr-Hildreth-Filters ermittelt werden, wird ein 3D-Graph generiert, in dem mit Hilfe der Ermittlung des optimalen Pfads die ungefähre Position der Gefäßgrenzen bestimmt wird. Im Anschluss daran wird die Suche noch einmal für die volle Bildauflösung wiederholt. Um die exakten Grenzen zu ermitteln, erfolgt jedoch eine Anpassung der Filtermasken an die im ersten Schritt geschätzte Gefäßbreite. Außerdem wird durch Einführung höherwertigen Wissens, welches aus dem Ergebnis des ersten Schritts abgeleitet werden kann, die Zahl der zu expandierenden Knoten eingeschränkt und so die Rechenzeit gesenkt.

7.3.2 Bestimmung optimaler Kantenverläufe mittels dynamischer Programmierung

Eine andere Möglichkeit, um optimale Pfade zwischen zwei interaktiv eingegebenen Punkten zu bestimmen, ist der Ansatz der dynamischen Programmierung. Dieser hat inzwischen eine weite Verbreitung im Bereich der medizinischen Bildsegmentierung gefunden und soll im Weiteren vorgestellt werden. Im ersten Abschnitt soll kurz auf das allgemeine Prinzip eingegangen werden, bevor im zweiten Teil die bisherigen praktischen Einsatzgebiete betrachtet werden.

7.3.2.1 Beschreibung des Algorithmus

Im Gegensatz zur Graphensuche mit dem A*-Algorithmus ist bei der Pfadsuche mittels dynamischer Programmierung jedoch nicht die Eingabe des Startpunktes und des Endpunktes vor der Berechnung notwendig, sondern es genügt lediglich die Startpunktspezifikation durch den Benutzer. Die Wahl des Endpunktes kann zu einem späteren Zeitpunkt erfolgen. Bei der Bestimmung des optimalen Kantenverlaufs auf der Grundlage der dynamischen Programmierung wird das Bild wiederum als Graph aufgefasst. Die einzelnen Pixel des Bildes sind die Knoten in dem Graphennetzwerk. Die zulässigen Kanten zwischen den Knoten werden über die Nachbarschaftsdefinition festgelegt. Am häufigsten wird im Bereich der Konturerkennung die 8-Nachbarschaft gewählt, da dadurch eine bessere Anpassung des Segmentierungsergebnisses an den realen Konturverlauf möglich ist als bei der direkten Nachbarschaft.

Die dynamische Programmierung ist eine Optimierungsmethode, die auf dem Prinzip der Optimalität beruht. Die Hauptidee dieses Prinzips ist, dass von einem Knoten N immer ein optimaler Pfad zum Endpunkt E existiert, der unabhängig ist von dem Pfad vom Anfangspunkt A zum Knoten N . Es wird viel mehr davon ausgegangen, dass beide Wege, $A-N$ und $N-E$, optimal sind.

Die Formulierung der Kantenerkennungsroutine als dynamischer Programmieransatz erfordert die Angabe einer Bewertungsfunktion, die besagt, was als beste Objektgrenze im konkreten Fall verstanden werden soll. Eine einfache Möglichkeit ist, die einzelnen Teilpfade anhand der Kantenstärke zu bewerten. Die Bewertungen der einzelnen Pixel werden in einer statischen Kostenmatrix gespeichert. Die Formulierung dieser Kostenmatrix S muss so erfolgen, dass Pixel mit einer hohen Kantenstärke nur geringe statische Kosten besitzen. Der optimale Pfad berechnet sich dann für die Verbindung zwischen zwei Knoten anhand der kumulativen Kostenmatrix. Diese Matrix wird in einer Zeilen-Spalten-Vorgehensweise berechnet. Die kumulativen Kosten für einen Knoten ergeben sich nach Sonka [Sonk00] als

$$C(N(i, j)) = \min_{\{N_p(i, j)\}} \left(C(N_p(i, j)) + T(N_p(i, j), N(i, j)) + S(N(i, j)) \right), \quad (7.66)$$

wobei C die kumulativen Kosten, T die Pfadkosten zwischen zwei Pixeln, S die statischen Kosten und N_p die aktuell betrachtete Nachbarschaft bezeichnet. Um den optimalen Pfad zwischen zwei eingegebenen Punkten schnell zu finden, wird für jeden Pixel ein Pointer auf den Pixel mit dem kleinsten Wert für die kumulativen Kosten in der Nachbarschaft N_p gesetzt, d.h. es wird sich der optimale Vorgänger gemerkt. Gibt nun der Benutzer einen Endpunkt ein, so kann über diesen Verweis sehr schnell der optimale Pfad zurückverfolgt werden. Die Umsetzung des dynamischen Programmieransatzes zur Bestimmung des kürzesten Pfades in einem Graphennetzwerk erfolgt zumeist über den Dijkstra-Algorithmus. Im Folgenden soll nun auf einige Weiterentwicklungen dieses Verfahrens im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung eingegangen werden.

7.3.2.2 Beispiele zur Kantenerkennung mittels dynamischer Programmierung

Eine Erweiterung des allgemeinen Ansatzes der Kantenerkennung mittels dynamischer Programmierung stellen die beiden fast gleichzeitig erfolgten Entwicklungen der „Intelligent Scissor“ [Mort95] und des „Life-wire“ [Falc98] dar. Der größte Unterschied beider Verfahren im Vergleich zur herkömmlichen Kantenerkennungsmethode besteht in der Interaktivität.

Der Ansatz von Mortensen [Mort98] wurde u.a. zur Segmentierung von Blutgefäßen in Angiogrammen und von Knochen in CT-Bildern verwendet. Um eine bessere Anpassung der segmentierten an die tatsächlich vorhandene Kontur zu erreichen, wird die Höhe der lokalen Kosten nicht nur auf der Grundlage der Gradientenlänge festgelegt, sondern es werden zusätzlich noch die Gradientenrichtung und der Nulldurchgang beim Laplace-Operator berücksichtigt. Die jeweiligen lokalen Kosten berechnen sich somit als gewichtete Summe aller drei Komponenten. Während die Gradientenlänge eine direkte Korrelation zwischen der Kantestärke und den lokalen Kosten ermöglicht, dient der Nulldurchgang als binäres Merkmal der Kantenlokalisierung und die Gradientenrichtung als Glättungsterm. Um die Gewichte der einzelnen Anteile möglichst optimal an die jeweilige Problemstellung anpassen zu können, ist ein interaktives Training vorgesehen. Dabei erfolgt eine dynamische Anpassung der Skalierung der Merkmale, speziell der gewünschten Gradientenstärke, an die Merkmale der bereits vorher segmentierten Kantenstückchen. Durch diese Trainingsfunktion ist es möglich, dass auch schwächere Kanten in der Nähe von sehr starken Kanten gefunden werden. Eine dritte Erweiterung des allgemeinen Algorithmus besteht im „Pfadabkühlen“. Hierbei wird die Stabilität eines Kantenstückchens gemessen. Wenn diese Messung ergibt, dass ein extrahierter Konturpixel beim Bewegen des Cursors entlang der Kontur über eine längere Zeit seine Position nicht verändert, dann wird es immer wahrscheinlicher, dass es sich an einer optimalen Position befindet. In diesem Fall wird es „eingefroren“, d.h. es kann nicht mehr bewegt werden, und es wird automatisch ein neuer Zwischenpunkt generiert. Eine Anwendung dieses Verfahrens zur Segmentierung von Hirnstrukturen in MR- und CT-Bildern [Hast98] und zur Segmentierung des linken Ventrikels in CT-Daten [Urs02] ist in der Literatur beschrieben. Auf die Segmentierung von Strukturen in CT-Bildern wird in [Stal96] eingegangen. Bei diesem Beispiel wird jedoch zur Kostenermittlung lediglich die Gradientenstärke verwendet. Außerdem wird, um möglichst unverrauschte Konturen zu erhalten, nach der Segmentierung noch ein Glättungsprozess gestartet.

Die Live-Wire-Methode [Falc98], die gleichfalls nach Eingabe eines Startpunktes für einen weiteren beweglichen Punkt den optimalen Pfad mittels dynamischer Programmierung bestimmt, wird ebenfalls am Beispiel der Segmentierung von Knochen in CT und MR erläutert. Die Kantenkosten können sich hier aus acht verschiedenen Anteilen zusammensetzen: dem Intensitätswert innerhalb bzw. außerhalb der Grenze, vier verschiedenen Werten für die Gradientenlänge für vier unterschiedlich definierte Nachbarschaften, einem orientierungsempfindlichen Gradientenwert und einem Wert für den Abstand zur Live-Wire-Kontur in der vorherigen Schicht. Die einzelnen Merkmalswerte werden anschließend transformiert, so dass sie alle im Intervall $[0,1]$ liegen. Dabei hat der Nutzer die Wahl zwischen sechs verschiedenen Transformationsarten: der linearen Transformation, der inversen linearen Transformation, einer Transformation mit der Gauß-Funktion, einer Transformation mit der inversen Gauß-Funktion, einer modifizierten hyperbolischen Transformation und einer modifizierten inversen hyperbolischen Transformation. Bei der Auswahl der Transformationen für die einzelnen Merkmale muss beachtet werden, dass eine solche Transformation gewählt wird, bei der die wahrscheinlichsten Konturpixel die geringsten Kosten erhalten. Um den Prozess der Auswahl der für den jeweiligen Anwendungsfall geeigneten Merkmale inklusive der dazugehörigen Transformationen zu erleichtern, wurde wie im vorigen Beispiel eine Trainingsfunktion eingeführt. Ein automatischer „Einfrierprozess“ ist jedoch bei dem Life-Wire-Verfahren nicht

vorgesehen. Vielmehr muss der Benutzer visuell bewerten, ob die Lage der Kurve seinen Erwartungen entspricht. Ist dies der Fall, kann er jeweils durch eine Mauseingabe die bisherige Lage fixieren und einen neuen aktiven Punkt generieren. Neben dem Live-Wire-Ansatz wird in dem Beitrag von Falcão auch noch ein Live-Lane-Ansatz vorgestellt, bei dem der Benutzer noch mehr in den Segmentierungsprozess eingebunden ist. Nach interaktiver Eingabe eines Startpunktes muss er anschließend den Cursor in der Nähe der zu segmentierenden Grenze entlangbewegen. Während des Zeichnens werden dann durch den Computer automatisch innerhalb eines bestimmten Suchkorridors die optimalen Live-Wire-Segmente zwischen ausgewählten aufeinanderfolgenden Punkten bestimmt und in Echtzeit angezeigt.

In [Falc97] ist eine 3D-Erweiterung der Segmentierung mit dem Live-Wire-Ansatz vorgestellt. Bei dieser Erweiterung musste beachtet werden, dass ein 3D-Objekt mehrere Konturen in einer Schicht enthalten kann und dass die Schnittebenen möglichst beliebig gelegt werden können, in denen dann wiederum die halbautomatische Kontursegmentierung erfolgt. Eine Verbesserung dieses 3D-Ansatzes, bei der die Lebersegmentierung in CT- und MR-Daten im Mittelpunkt des Interesses stand, ist in [Sche00] zu finden. Hier erfolgt eine lokal adaptierte Kostenberechnung, die die Ähnlichkeit zwischen den Objektgrenzen in zwei aufeinanderfolgenden Schichten ausnutzt. Außerdem wurde eine gestaltbasierte Interpolation eingeführt, um die Anzahl der semiautomatisch zu segmentierenden Schichten einzuschränken.

Eine andere Weiterentwicklung des Live-Wire-Ansatzes wird in [Haen03] dargelegt. Im Gegensatz zu dem Ursprungsalgorithmus wird hier ein allgemeinerer Ansatz zur Formulierung der Kostenfunktion gewählt, der darauf beruht, dass der Benutzer in einigen Proben die interessierenden Konturen manuell markiert. Anhand der lokalen Charakteristik dieser Grenzen erfolgt dann eine Anpassung der Kostenfunktion, wobei eine Wavelet-Zerlegung genutzt wird. Eine Erweiterung bezüglich der Segmentierung von CT- und MR-Volumendatensätzen wird gleichfalls vorgenommen.

In [Donn01] wird ebenfalls eine Erweiterung des Live-Wire-Algorithmus aufgezeigt. In dem Beitrag werden zur Berechnung der Kantenkosten Bildmerkmale eingeführt, die auf der lokalen Phase beruhen. Dadurch ist eine grauwertunabhängige Beschreibung der lokalen Kantensymmetrie möglich. Die Schätzung der lokalen Phase erfolgt mit Hilfe von Quadraturfiltern. Neben der lokalen Phase selbst als dem Hauptmerkmal zur Lokalisation der Kantenposition wird noch die Amplitude der Quadraturfilter als Bestimmtheitsmaß verwendet. Da somit in die Kostenfunktion im Gegensatz zu der allgemeinen Methode nur die Kombination dieser beiden Merkmale eingeht, war es erforderlich, eine Trainingsphase zur Ermittlung der Gewichtung durchzuführen. Die Methode wurde an MR-Bildern des Gehirns zur Segmentierung der weißen Substanz getestet.

Eine weitere Modifikation der Kostenfunktion, die speziell für die Segmentierung von Nervensträngen in Fluoreszenz-Mikroskopbildern entwickelt wurde, wird in [Meij03] vorgestellt. Diese Kostenfunktion basiert auf der Anwendung eines speziellen Kamm-Detektors, der die Eigenwerte und Eigenvektoren in der Umgebung des Pixels auswertet. Nach der Ermittlung des Segmentierungsergebnisses mit Hilfe des Dijkstra-Algorithmus wird der berechnete Pfad in einem Nachverarbeitungsschritt noch geglättet.

Ein letzter Beitrag zu diesem Thema, der im Rahmen dieser Arbeit besprochen werden soll, beschäftigt sich mit der Verbesserung der Pfad-Extraktion bei der Live-Wire-Segmentierung. So verwendet Gérard [Gera02] anstatt des Dijkstra-Algorithmus eine Eikonale Gleichung. Der Hauptunterschied zwischen beiden Ansätzen liegt in der betrachteten Metrik. Während im ersten Fall, wie bereits erläutert, der Pfad als optimal ausgewählt wird, der die kumulativen Kosten entlang der Knoten eines Graphen minimiert, erfolgt im zweiten Fall die Minimierung eines Kostenintegrals im Bildbereich. Der von Cohen [Coh97] genutzte Ansatz

zur Bestimmung des minimalen Integrals berechnet den optimalen Pfad durch Lösung der Eikonalgleichung mit einem schnellen Marching-Algorithmus. Das Ergebnis dieser Art der Berechnung ist ein Subpixel-genauer Pfad, wobei jedoch eine höhere Rechenzeit als beim Dijkstra-Algorithmus aufgewendet werden muss. Außerdem wird eine Verbesserung des „Pfad-Einfrierens“ eingeführt, indem ein Kosten-abhängiger Faktor nicht additiv sondern multiplikativ in die Gleichung, die die Veränderung über die Zeit misst, eingebracht wird. Schließlich wird auch ein neuer Trainingsansatz vorgestellt, der jeweils positive und negative Trainingsgebiete betrachtet. So werden für die optimale Anpassung der Kostenfunktion sowohl Bereiche ausgewertet, die die Kontur enthalten als auch welche, die sie nicht enthalten. Die verbesserte Methode wird in dem Artikel zur Segmentierung von Brusttumoren in Ultraschallbildern und zur Detektion des linken Ventrikels in echokardiographischen Bildern benutzt.

Zusammenfassend kann man feststellen, dass zur Ermittlung optimaler Kantenzüge ähnlich wie bei der Kantenfilterung die Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten eine wesentliche Rolle spielen. Das Modellwissen über die Lage der Kante im Bild muss durch die Eingabe von Start- und Endpunkt interaktiv von Seiten des Benutzers in den Segmentierungsalgorithmus eingebracht werden. Außerdem können noch zusätzliche Annahmen, durch Festlegung der Berechnung der Pfadkosten und kumulativen Kosten direkt in den Algorithmus integriert werden.

7.4 Segmentierungsverfahren mit komplexem Modellwissen

In diesem Abschnitt sollen Beispiele für Segmentierungsverfahren betrachtet werden, die neben den bisher schon berücksichtigten Modellen, die aus der Bildaufnahme und aus Annahmen über eine durchgehende Begrenzung des Objekts abgeleitet wurden, auch noch Modellvorstellungen über die zu erwartende Gestalt eines Objekts berücksichtigen. In den folgenden zwei Abschnitten sollen zwei unterschiedlich flexible Ansätze zur Integration dieser drei Modellvorstellungen in den Segmentierungsalgorithmus betrachtet werden. Bei den beiden Verfahren, die auf deformierbaren Modellen beruhen, wird eine optimale Anpassung des Modells an die tatsächliche Gestalt erreicht, indem zugelassen wird, dass sich die Modellgestalt in gewissen Grenzen verändern kann. Im Gegensatz dazu ist bei der Hough-Transformation die Gestalt der segmentierten Struktur bereits durch das Modell fest vorgegeben. Sie lässt sich nur noch in der Parametrisierung, d.h. in der Skalierung und in der Bildposition, variieren. Während Segmentierungsverfahren, die auf ersterem Ansatz beruhen, aufgrund ihrer hohen Flexibilität inzwischen im Bereich der medizinischen Bildanalyse weit verbreitet sind, sind letztere Verfahren nur für sehr spezielle Fragestellungen einsetzbar.

7.4.1 Deformierbare Modelle

Deformierbare Modelle sind Kurven oder Oberflächen, die sich in einem Bild unter dem Einfluss innerer Kräfte und äußerer Kräfte bewegen. Die inneren Kräfte ergeben sich hierbei aus der Kurven- oder Oberflächendefinition, und die äußeren Kräfte werden aus den Bilddaten abgeleitet. Durch die Integration dieser beiden Kräfteanteile in das Deformationskriterium ist es möglich, sowohl eine ausreichende Glattheit der Kurve oder Oberfläche, d.h. eine Robustheit gegenüber Bildrauschen, als auch eine gute Anpassung an die tatsächliche Objektposition zu erreichen.

In der Literatur gibt es eine Vielzahl verschiedener Bezeichnungen für den Segmentierungsansatz mit deformierbaren Modellen. So wird er u.a. als Segmentierung mit Snakes, mit

aktiven Konturen bzw. Oberflächen, mit Ballonmodellen oder als Segmentierung mit deformierbaren Kurven bzw. Oberflächen bezeichnet. Die verwendeten deformierbaren Modelle lassen sich in zwei unterschiedliche Basistypen unterscheiden: in die parametrischen deformierbaren Modelle und in die geometrischen deformierbaren Modelle [Sonk00]. Bei Ersteren werden die Kurven und Oberflächen bei der Deformation explizit in ihrer parametrischen Form dargestellt. Dadurch ist eine direkte Interaktion mit dem Modell möglich, und es lässt sich aufgrund der kompakten Repräsentation eine schnelle Berechnung der Verformung für Echtzeitanwendungen realisieren. Eine Veränderung der Modelltopologie hingegen, wie das Zerteilen oder Verschmelzen von Kontur- bzw. Oberflächenbereichen, ist bei den parametrischen deformierbaren Modellen kaum zu verwirklichen. Wenn derartige Anforderungen bestehen, sind geometrische deformierbare Modelle besser geeignet, da sie mit topologischen Veränderungen natürlich umgehen können. Bei diesen Modellen, die auf der Theorie der Kurvenentwicklung und auf der Level-Set-Methode beruhen, werden Kurven und Oberflächen implizit als eine Menge unterschiedlich abgestufter Kurven- oder Oberflächen dargestellt, die von einer höherdimensionalen skalierbaren Funktion abgeleitet wurden [Sonk00]. Trotz dieser Unterschiede sind die Grundprinzipien die beiden Methoden sehr ähnlich.

Im Folgenden soll exemplarisch nur der Ansatz der parametrischen deformierbaren Modelle genauer betrachtet werden. Eine ausführliche Darstellung der geometrischen deformierbaren Modelle findet sich in [Sonk00], [Mall95] und [Case95]. Weiterhin wird in diesem Abschnitt noch auf zwei Erweiterungen der deformierbaren Modelle, auf die aktiven Gestaltmodelle (active shape models, ASM) und auf die aktiven Erscheinungsmodelle (active appearance models, AAM) genauer eingegangen. Abschließend werden einige typische Anwendungen von deformierbaren Modellen in der medizinischen Bildanalyse besprochen.

7.4.1.1 Parametrische deformierbare Modelle

Parametrische deformierbare Modelle lassen sich durch zwei unterschiedliche Ansätze beschreiben:

- durch die Darstellung der Kurve oder Oberfläche als energieminimierende parametrisierbare Kurve- bzw. Oberfläche oder
- durch ein dynamisches System [McIn95b].

Der erste Ansatz hat den Vorteil, dass die Lösung das Minimum-Prinzip erfüllt. Beim zweiten Ansatz ist dagegen günstig, dass allgemeinere Formulierungen für die externe Kraft benutzbar sind. In den nachfolgenden Ausführungen soll zur Vereinfachung von 2D-Objekten ausgegangen werden. Dies stellt jedoch keine Einschränkung dar, da eine Erweiterung der einzelnen Ansätze und Gleichungen auf 3D-Objekte sehr einfach möglich ist.

Bei der Darstellung des parametrischen deformierbaren Modells als Energie minimierende parametrisierbare Kurve wird die gewichtete Summe von interner Energie E_{int} und externer Energie E_{ext} zur Berechnung der optimalen Position und Gestalt des Segmentierungsergebnisses herangezogen. In sehr vielen Anwendungen wird die Repräsentation der Kurve durch eine b-Spline-Funktion realisiert, wobei jedoch auch andere Darstellungsformen, wie z.B. die Darstellung durch einen Polygonzug, über finite Elemente, über finite Differenzen oder durch Fourier-Basen, möglich sind. Die parametrische Beschreibung der Kurve erfolgt über $v(s)=(x(s), y(s))^T$, wobei $x(s)$ und $y(s)$ die Koordinaten entlang der Kurve sind und $s \in [0, 1]$. Somit ergibt sich die Energiefunktion als:

$$E_{Kontur} = \int_0^1 E_{int}(v(s)) + E_{ext}(v(s)) ds . \quad (7.67)$$

Die interne Energie, die die Spannung und Glattheit der Spline-Kurve spezifiziert, kann über die Gleichung

$$E_{\text{int}} = \alpha(s) \left| \frac{dv}{ds} \right|^2 + \beta(s) \left| \frac{d^2v}{ds^2} \right|^2 \quad (7.68)$$

definiert werden, wobei $\alpha(s)$ und $\beta(s)$ zwei frei wählbare Parameter sind. Diese können dazu genutzt werden, die Stärke der Elastizität und der Steifheit der Kurve festzulegen. Ein großer Wert für $\alpha(s)$ bewirkt ein Zusammenziehen der Kurve und ein großer Wert für $\beta(s)$ das Streben hin zu einer kreisförmigen Gestalt. In der Praxis werden sehr häufig konstante Werte verwendet. Möglichkeiten zur Auswahl einer geeigneten Parametrisierung werden in [Lehm03] dargelegt. Der internen Kraft wirkt die externe Kraft entgegen, die sich aus dem Bild ableiten lässt. Im einfachsten Fall setzt sie sich wie folgt zusammen:

$$E_{\text{ext}} = w_1 f(x, y) - w_2 |\nabla(G_\sigma(x, y) * f(x, y))|^2, \quad (7.69)$$

wobei w_1 und w_2 Wichtungsfaktoren sind, die den Einfluss des Grauwertes und des Gradienten bewerten. Bei der Festlegung der äußeren Kräfte muss darauf geachtet werden, dass sich ihre kleinsten Werte jeweils im Bereich der zu segmentierenden Strukturgrenze ergeben. Außerdem ist für das Ergebnis auch noch die Wahl der Größe der Standardabweichung der Gauß-Funktion σ entscheidend. Bei dieser muss berücksichtigt werden, dass ein zu großer Wert die Anpassung der Kurve an die Objektgrenze verhindern kann. Wird der Wert jedoch zu klein gewählt, muss das deformierbare Modell sehr dicht an der tatsächlichen Objektgrenze platziert werden, da sich die höheren Gradientenwerte, die eine Anziehungskraft auf die Kurve ausüben, dann nur in unmittelbarer Nähe der Objektgrenze ergeben.

Die Kurve, welche die unter Gleichung 7.67 definierte Energiefunktion minimieren soll, muss bei Verwendung von Gleichung 7.68 die folgende Euler-Lagrange-Gleichung erfüllen [Sonk93]:

$$-\frac{d}{ds} \left(\alpha(s) \frac{dv}{ds} \right) + \frac{d^2}{ds^2} \left(\beta(s) \frac{d^2v}{ds^2} \right) + \nabla E_{\text{ext}}(v(s)) = 0. \quad (7.70)$$

Eine Lösung dieser Gleichung kann z. B. mit dem Gradienten-Abstiegsverfahren bestimmt werden. Mit diesem energieminimierenden Ansatz lassen sich jedoch nur statische Segmentierungsaufgaben bearbeiten.

Für Aufgabenstellungen, bei denen Bewegung eine Rolle spielt, kann die zweite Variante der dynamischen Formulierung der Kraft genutzt werden. Hierbei wird ein dynamisches System konstruiert, indem die Prinzipien der Lagrangschen Mechanik angewandt werden [McIn95b]. Dies führt zu einem dynamischen deformierbaren Modell, welches die Beschreibung von Gestalt und Bewegung in sich vereinigt. Solche Modelle sind in der medizinischen Bildanalyse sehr hilfreich, da sich die anatomischen Strukturen, wie z. B. das Herz, kontinuierlich verformen können. Im einfachsten Fall kann ein dynamisch deformierbares Modell durch folgende Gleichung beschrieben werden:

$$\mu \frac{\partial^2 v}{\partial t^2} + \gamma \frac{\partial v}{\partial t} - \frac{\partial}{\partial s} \left(w_1 \frac{\partial v}{\partial s} \right) + \frac{\partial^2}{\partial s^2} \left(w_2 \frac{\partial^2 v}{\partial s^2} \right) = -\nabla E_{\text{ext}}(v(s, t)), \quad (7.71)$$

wobei die zeitabhängige Kontur $v(s, t) = (x(s, t), y(s, t))^T$, $\mu(s)$ die Massendichte und $\gamma(s)$ die Dämpfung ist. Die Lösung der Gleichung erfolgt durch Diskretisierung und numerische Simulation und ist in [McIn95b] genauer beschrieben.

Neben den bisher verwendeten einfachen externen Kräften können in beiden Ansätzen auch kompliziertere Beschreibungen dieser Kräfte verwendet werden. Diese ergeben sich dann aus der Überlagerung von verschiedenen Einzelkräften. Dies ist günstig, da damit das Problem der Wahl eines optimalen Wertes für die Standardabweichung der Gauß-Funktion σ entfällt. Durch die eingeführten zusätzlichen Kräfte kann der Wert von σ zum Erreichen einer optimalen Anpassung der Kurve an die Objektgrenze klein gewählt werden, ohne dass die Initialisierung in unmittelbarer Nähe der zu segmentierenden Grenze erfolgen muss. Diese zusätzlichen Kräfte können z.B. die Multiskalen-Gauß'sche-Potentialkraft [Kass87], die Druckkraft [Cohe91], die Distanz-Potentialkraft [Cohe93], der Gradienten-Vektor-Fluss [Xu98], der dynamische Distanz-Fluss [Deli01] oder eine interaktive Kraft (Feder- und Abstoßungskräfte) [Kass87] sein.

7.4.1.2 Active Shape Models

Die Segmentierung unter Verwendung von Active Shape Models (ASM) erlaubt im Vergleich zu den parametrischen deformierbaren Modellen noch eine genauere Vorgabe der zu erwartenden Gestalt des Objekts. Dadurch kann zum einen Rechenzeit eingespart werden und zum anderen wird eine bessere Performance bei der Segmentierung gewährleistet. Das verwendete Gestaltmodell wird konstruiert, indem zuerst in einer Trainingsmenge von ähnlichen Bilddaten die gesuchte Struktur manuell markiert wird. Die selektierte Punktemenge wird anschließend mit Hilfe von Translation, Rotation und Skalierung zueinander ausgerichtet, und die Gestaltobjekte werden in ein gemeinsames Koordinatensystem überführt. Hierzu kann die iterative Procrustes Methode ([Li94], [Luo01], [Duta99]) benutzt werden. Nachdem die Ausrichtung erfolgt ist, existiert jedoch immer noch eine Variabilität in der Lage der einzelnen Punkte in den unterschiedlichen Gestaltobjekten. Zur kompakten Beschreibung dieser Variabilität wird ein Punktverteilungsmodell abgeleitet, indem zuerst die mittlere Gestalt \bar{S} entsprechend der folgenden Gleichung berechnet wird:

$$\bar{S} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N S_i, \quad (7.72)$$

mit der in einer Schicht selektierten Punktemenge $S_i = (x_{i0}, y_{i0}, \dots, x_{in-1}, y_{in-1})^T$.

Basierend auf dieser mittleren Gestalt wird die Kovarianzmatrix C durch

$$C = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N \left((S_i - \bar{S}) \right)^T \quad (7.73)$$

bestimmt. Die am meisten signifikante Variation der einzelnen Punkte spiegelt sich in den zu den größten Eigenwerten der Kovarianzmatrix C korrespondierenden Eigenvektoren wieder. Zur Charakterisierung der Gestaltvariabilität werden deshalb m Eigenvektoren ausgewählt, wobei in der Praxis m wesentlich kleiner als die Anzahl der Trainingsobjekte N gewählt wird. Durch die Verwendung der Hauptkomponentenanalyse (Principal Component Analysis, PCA) lässt sich nun jede Objektgestalt in der Trainingsmenge durch

$$S \approx \bar{S} + P_s b_s, \quad (7.74)$$

approximieren, wobei P_s die Matrix der m ersten Eigenvektoren ist und b_s ein Vektor mit Gewichten ist, der sich auf die Gestaltparameter bezieht.

Die Schlüsselidee bei der Segmentierung mit Hilfe von ASM ist, das Verhalten des deformierbaren Modells durch die Nutzung des Punktverteilungsmodells zu beeinflussen. So wird

bei jedem Iterationsschritt die Verformung des parametrischen deformierbaren Modells durch die Einstellung sowohl der Lage- als auch der Gestaltparameter des Modells gesteuert. Dabei sind nur Gestalten erlaubt, die eine Ähnlichkeit zu der Trainingsmenge aufweisen. Wenn die Veränderung in den beiden Parameterarten insignifikant ist, wird der iterative Algorithmus beendet. Einzelheiten sind dazu in [Sonk00] nachzulesen.

7.4.1.3 Active Appearance Models

Eine Einschränkung bei der Nutzung der Segmentierung mit ASM ist, dass in dem anhand der Trainingsdaten ermittelten Gestaltmodell nur die Gestalt- aber nicht die Grauwertvariation zwischen den einzelnen Bilddaten erfasst wurde. Dieser Mangel wird mit der Nutzung des Active Appearance Models (AAM) aufgehoben, da in diesem Modell sowohl die Gestalt- als auch die Grauwertinformation enthalten ist. Dadurch ist im Vergleich zu den anderen beiden zuvor erläuterten Methoden häufig eine robustere Segmentierung von Strukturen möglich. Bei der Konstruktion des AAM wird nun so vorgegangen, dass zuerst die Gestaltunterschiede zwischen den einzelnen manuell markierten Beispielobjekten durch Nutzung des Punktverteilungsmodells aus dem ASM ausgeglichen werden, indem jedes dieser Objekte auf die mittlere Gestalt abgebildet wird [Edwa98]. Dazu wird ein Warping-Algorithmus [Book89] verwendet. In den resultierenden gestaltnormalisierten Bildern kann anschließend die Variation der Grauwerte untersucht werden, indem eine zweite PCA nun für die Grauwerte durchgeführt wird. Die Grauwertvariation der einzelnen Beispielobjekte kann dann analog zu Gleichung 7.74 durch

$$g \approx \bar{g} + P_g b_g \quad (7.75)$$

approximiert werden, wobei P_g wiederum die Matrix der m ersten Eigenvektoren ist und b_g ein Vektor mit Gewichten, die sich auf die Grauwerte beziehen [Coot98a]. Da jedoch auch eine Korrelation zwischen den Gestalt- und den Grauwertparametern auftreten kann, wird eine dritte PCA auf den kombinierten Vektor $b = [W_s b_s, b_g]^T$ ausgeführt, wobei W_s eine Diagonalmatrix ist, welche die Größenordnungsunterschiede zwischen den Gestalt- und den Grauwertparametern kompensiert. Als Ergebnis erhält man nach [Coot98b]

$$b = \begin{pmatrix} Q_s \\ Q_g \end{pmatrix} c, \quad (7.76)$$

mit Q_s und Q_g als den korrespondierenden Untermatrizen für die Gestalt- und Grauwertparameter und c als dem Parameter für das Erscheinungsbild des Objekts (Appearance-Parameter), der sowohl die Gestalt- als auch die Grauwertvariationen reguliert. Damit lassen sich die Gestalt und die Grauwerte endgültig in Abhängigkeit von c durch die folgenden Gleichungen

$$S = \bar{S} + P_s W_s^{-1} Q_s c, \quad (7.77)$$

$$g = \bar{g} + P_g Q_g c \quad (7.78)$$

repräsentieren [Coot98a].

7.4.1.4 Einsatzgebiete deformierbarer Modelle

Der Einsatz von deformierbaren Modellen hat im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung eine große Bedeutung erlangt. Dies wird vor allem dadurch hervorgerufen, dass mit diesen

Methoden auch durchgehende Strukturen in stark gestörten Bilddaten detektiert werden können. So benutzt Cohen [Cohe91] eine energieminimierende deformierbare Kurve für die Detektion des linken Ventrikels in Echokardiogrammen und in MR-Bildern. Um eine möglichst große Flexibilität bei der manuellen Initialisierung der Kurve zu gewährleisten, wurde in dem Beitrag als externe Kraft eine Kombination aus der herkömmlichen, aus dem Bild abgeleiteten Kraft und einer zusätzlichen Druckkraft verwendet. Dieser Ansatz, bei dem 3D-Objekte durch die Segmentierung von 2D-Kurven in den einzelnen Schichten der MR-Bilder erzeugt wurden, wurde in [Cohe93] hinsichtlich einer echten 3D-Segmentierung erweitert. Die Repräsentation der 3D-Objekte erfolgte hierbei mittels Finite Elemente Methode (FEM).

In [Herl92] wird eine einfache deformierbare Kurve gleichfalls zur 2D-Segmentierung des linken Ventrikels in Echokardiogrammen eingesetzt. Da in dem Beispiel jedoch die Herzbe-
wegung über einen gewissen Zeitraum verfolgt werden soll, wird die temporäre Kohärenz zwischen aufeinanderfolgenden Zeitframes ausgenutzt, indem das vorhergehende Segmentierungsergebnis als Initialisierung für den nächsten Frame genutzt wird.

Bei der Verfolgung von Herzgefäßen über mehrere Zeitframes von Angiogrammen wird in [Dubu01] gleichfalls die Kohärenz zwischen zwei aufeinanderfolgenden Aufnahmen ausgenutzt. Um zu gewährleisten, dass auch immer tatsächlich das globale Minimum der Energiefunktion gefunden wird, wurde in dem Beispiel eine Graphen-Suche mit dem kürzesten Pfad-Algorithmus anstelle des Gradienten-Abstiegsverfahrens eingeführt. Weiterhin wurde zur Verbesserung der Segmentierung zusätzliches gestaltbasiertes Wissen in Form eines deformierbaren Templates in den Algorithmus integriert.

Gupta [Gupt94], der sich mit der Segmentierung des linken Ventrikels in Cine MR-Daten und CT-Bildern beschäftigt, nutzt zur besseren Gestaltapproximation eine deformierbare Superquadrik und verwendet im Gegensatz zu den bisher betrachteten Arbeiten nicht den energieminimierenden sondern den dynamischen Berechnungsansatz. Außerdem wird zusätzlich zu der Bildkraft noch eine Orientierungskraft eingeführt, um den Anpassungsprozess des Modells an die Daten zu unterstützen. Von Bardinet [Bard98] wird ebenfalls zur Segmentierung des linken Ventrikels in SPECT-Daten eine deformierbare Superquadrik eingesetzt. Die Anpassung des Modells an die Bilddaten erfolgt hier jedoch mittels Frei-Form-Deformation (FFD). In beiden Fällen erwies sich die Verwendung von Superquadriken zur Gestaltbeschreibung als günstig, da für die Anpassung des Modells an die Bilddaten nur wenige Parameter variiert werden mussten.

Gleichfalls ein dynamisches deformierbares Modell wird von McInerney [McIn95a] zur Segmentierung von Blutgefäßen in retinalen Angiogrammen und zur Segmentierung von CT-Bildern des Herzens [McIn96] verwendet. In dem zuerst genannten Beitrag wurde zur Anpassung des Modells an die Bilddaten noch eine zusätzliche topologische Transformation eingeführt, die jeweils dann ausgeführt wird, wenn z.B. die aktive Kontur mit sich selbst kollidiert oder wenn sie sich in zwei oder mehr Teile aufgliedert. In dem Fall erfolgt eine Entscheidung über das Auftrennen oder Verschmelzen der Verbindung zwischen den entsprechenden Stützpunkten. Im zweiten Beitrag wurde wiederum eine FEM-Repräsentation gewählt und zur besseren Anpassung des Modells an die Daten eine externe Druckkraft genutzt.

In [Deli01] werden die Ansätze der parametrischen und der geometrischen deformierbaren Modelle für das Beispiel der Segmentierung von Gefäßen in Ultraschall-Bildern miteinander verglichen. Hierbei konnte festgestellt werden, dass der Vorteil der parametrischen Kontur in der Effizienz, in der Einfachheit der Implementation, in der Möglichkeit des Handlings von offenen Konturen und in der guten Interaktivität liegt. Die implizite Repräsentation dagegen erwies sich immer dann als vorteilhaft, wenn topologische Änderungen im Modell notwendig waren. Deshalb wurden verschiedene topologische und physikalische Bedingungen in den

Ansatz der parametrischen deformierbaren Modelle eingeführt, um die Vorteile beider Vorgehensweisen miteinander zu kombinieren.

Malladi [Mall95] verwendet in seinen Untersuchungen zur Gestaltmodellierung die Level-Set-Technik. Er zeigt anhand der Segmentierung von CT-Bildern des Abdomens und von Digitalen Subtraktions-Angiographien, dass mit diesem Ansatz sehr komplexe Gestalten erkannt werden können, wobei das Endergebnis relativ unabhängig von der Initialisierung ist.

Weiterhin wird in zahlreichen Arbeiten der Einsatz von ASMs zur Segmentierung in veräuschten Bilddaten untersucht. So setzen Cootes und Parker ([Coot94], [Park94]) die Gestaltmodelle zur Erkennung des linken Ventrikels in Echokardiogrammen ein. Die Segmentierung von MR-Aufnahmen des Gehirns mittels ASM wird in [Duta98] und [Hama03] beschrieben. Andere Anwendungsbeispiele sind noch die Segmentierung der Wirbelkörper in Röntgenbildern [Hill96] und die Erkennung von Strukturen in CT-Datensätzen [Fens00b].

Schließlich wird in [Coot99] und [Coot98] die Verbesserung der Segmentierungsergebnisse durch die Nutzung von AAM im Vergleich zu ASM für die Erkennung von Strukturen in MR-Aufnahmen des Knies und des Gehirns nachgewiesen. Die genauere Detektion konnte zu einem großen Teil dadurch erreicht werden, dass nicht nur die Bildtextur in schmalen Regionen rund um die Modellstützpunkte untersucht wurde, sondern die Grauwerteigenschaften der gesamten Region in das Appearance-Modell einfließen.

Bei den Segmentierungsansätzen mit deformierbaren Modellen werden hauptsächlich Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten ausgenutzt. An Bildpositionen, wo diese Informationen nicht zur Verfügung stehen, können teilweise auch Meta-Informationen, wie z. B. das Wissen über die Form des zu segmentierenden Objekts mit ausgenutzt werden. Das Modellwissen über die Gestalt und die Lage des gesuchten Objekts im Bild muss bei diesen Verfahren interaktiv eingegeben werden. Bei den Verfahren, die einen ASM- oder AAM-Ansatz verwenden, ist hierzu ein relativ großer Aufwand von Seiten des Benutzers notwendig. Diese Verfahren setzen außerdem die Verfügbarkeit eines großen Trainingsbilddatensatzes voraus. Für häufig wiederkehrende Fragestellungen, z. B. aus dem Bereich der Vorsorgeuntersuchung, lohnt sich jedoch dieser Mehraufwand, da im Allgemeinen zuverlässigere Ergebnisse erzielt werden können.

7.4.2 Hough-Transformation

Die Hough-Transformation nutzt ebenfalls neben der Grauwertinformation noch Wissen über die gesuchte Gestalt. Außerdem enthält sie implizit die Annahme, dass die gesuchte Kontur durchgehend ist. Im Gegensatz zu den aktiven Konturen wird hier jedoch von einer Erkennung starr vorgegebenen Strukturformen ausgegangen. Im ersten Abschnitt dieses Kapitels soll zunächst wiederum auf die prinzipielle Vorgehensweise näher eingegangen werden, bevor dann im zweiten Teil spezielle Anwendungsbeispiele aus dem medizinischen Bereich betrachtet werden.

7.4.2.1 Vorgehensweise beim Einsatz der Hough-Transformation

Die Hough-Transformation basiert auf der Idee, dass sich alle zu einer gesuchten Struktur gehörenden Punkte bzw. Randpunkte durch die Transformation auf einen einzigen Punkt im Hough-Raum abbilden lassen [Houg62]. Je größer die gesuchte Struktur ist, d.h. je mehr Punkte von ihr vom Bildraum in den Hough-Raum transformiert werden, desto deutlicher ergibt sich an der dazugehörigen Position im Hough-Raum ein lokales Maximum. Dieses wird

detektiert, und für die entsprechenden Hough-Raum-Koordinaten wird die Rücktransformation in den Bildraum vorgenommen. Dadurch ist die gesuchte Struktur im Bild lokalisiert.

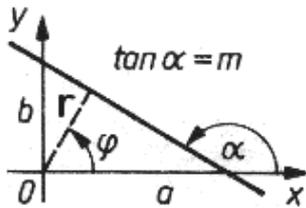


Abb. 7.41: Bezeichnung der Parameter für die Hough-Transformation

Die klassische Hough-Transformation wurde für Geraden entwickelt [Duda72]. Diese lassen sich durch die folgende Geradengleichung in der Hesseschen Normalform beschreiben:

$$r = x \cdot \cos \varphi + y \cdot \sin \varphi . \quad (7.79)$$

Dabei entspricht r der Länge der Normalen zum Ursprung des Koordinatensystems, und φ bezeichnet den Winkel zwischen der Normalen und der x -Achse (siehe Abb. 7.41). Für konstante Werte von x und y und einen Winkel φ zwischen 0° und 360° ergibt sich anhand der berechneten r -Werte eine sinusförmige Kurve im Hough-Raum (Abb. 7.42). Diese Kurve entspricht dann einem Geradenbüschel, das in den entsprechenden Punkt im Bild gelegt wurde. Liegen nun in einem Bild mehrere Punkte auf einer Geraden, so ergibt sich nach der Überführung dieser Punkte in den Hough-Raum an der (r, φ) -Position, die dieser Geradengleichung entspricht, ein Schnittpunkt der einzelnen Kurven (siehe Abb. 7.42). Diese Tatsache wird zur Detektion kollinear Bildpunkte in eingeschränkten Bildbereichen benutzt. Die Auswahl der interessierenden Bildbereiche kann z. B. durch eine Gradientenberechnung und eine anschließende Schwellenwertoperation erfolgen. Nur für die dabei extrahierten Kandidatenpunkte im Bild wird die Transformation in den Hough-Raum vorgenommen. Bei der diskreten Hough-Transformation ist der Hough-Raum ein diskretes Akkumulator-Feld, welches zu Beginn mit 0 initialisiert wird. Für jede bei der Transformation der Punkte berechnete Kombination von r und φ wird der Zähler an der entsprechenden Position im Akkumulator-Feld um eins erhöht. Schnittpunkte von mehreren Kurven erhalten somit höhere Werte. Nach Abschluss der Verarbeitung aller Kandidatenpunkte erfolgt die Auswertung des Hough-Raums. Matrixelemente mit hohen Akkumulator-Werten geben dann einen Hinweis auf kollineare Punkte im Bild. Die Detektion solcher Punkte kann dabei als reine Maximumsuche oder als Cluster-Algorithmus realisiert werden. Die zu den detektierten Punkten gehörige Geradengleichung lässt sich anhand der Koordinaten des Matrix-Elements ableiten. Die Genauigkeit der mit der Hough-Transformation extrahierten Linien hängt stark von den gewählten Diskretisierungsstufen für r und φ ab. Da das Ergebnis der Transformation die Geradengleichung ist, werden auf diese Art und Weise alle Punkte als zur Struktur gehörig erkannt, die diese Gleichung erfüllen, auch wenn die Struktur im Bild Unterbrechungen aufweist.

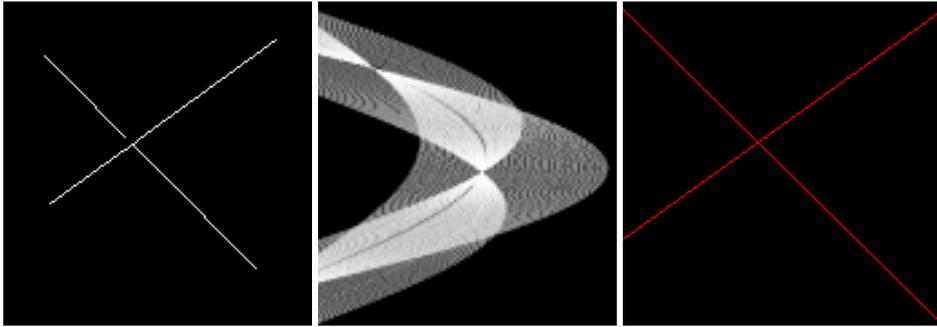


Abb. 7.42: Prinzip der Hough-Transformation, links: Ausgangsbild, Mitte: Hough-Raum mit zwei lokalen Maxima, rechts: zu den Maxima korrespondierende Geraden

Eine Erweiterung der klassischen Hough-Transformation stellt die Berücksichtigung der Gradientenrichtung dar [Ball81]. Dadurch wird eine Verbesserung der Detektionsgenauigkeit erreicht. Schließlich kann zum Erreichen einer größeren Unabhängigkeit von den Aufnahmebedingungen die Amplitude des Gradienten zur Berechnung genutzt werden [Lehm97]. In dem Fall werden dann die Punkte im Akkumulatorfeld nicht mehr einheitlich inkrementiert, sondern es erfolgt eine Aufsummierung der Gradientenamplituden. Diese Variante kann auch direkt auf den Bildern ohne vorherige Auswahl von Kandidatenpunkten ausgeführt werden, wobei jedoch eine wesentlich höhere Rechenzeit benötigt wird.

Schließlich kann der Ansatz der Hough-Transformation auch auf beliebige andere Gestalterkennungsaufgaben erweitert werden. So lässt sich z. B. die Hough-Transformation für Kreise durch Nutzung der Kreisgleichung als Transformationsvorschrift

$$(x - a)^2 + (y - b)^2 = r^2 \quad (7.80)$$

realisieren [Duda72], wobei a und b die Koordinaten des Kreismittelpunkts sind und r der Radius des Kreises. Da es sich in diesem Fall um drei unbekannte zu bestimmende Variablen handelt, muss der dazugehörige Hough-Raum auch dreidimensional sein. Dieses führt jedoch zu aufwendigeren Berechnungen im Vergleich zur Linienerkennung. Im Gegensatz zur Liniendetektion werden bei der Hough-Transformation für Kreise die beiden Mittelpunktskordinaten für ein gegebenes Koordinatenpaar in einem vorgegebenen Bereich variiert, und der dazugehörige Radius wird berechnet. Anschließend werden die entsprechenden Matrixelemente des Hough-Raums inkrementiert. Nach Abarbeitung aller Kandidatenpixel erfolgt wiederum die Bestimmung der Maxima im Akkumulatorfeld und die Rücktransformation der dazugehörigen Koordinaten in den Bildraum. Die einzelnen Schritte, die bei der Hough-Transformation für Kreise vorgenommen werden müssen, sind in Abb. 7.43 dargestellt.

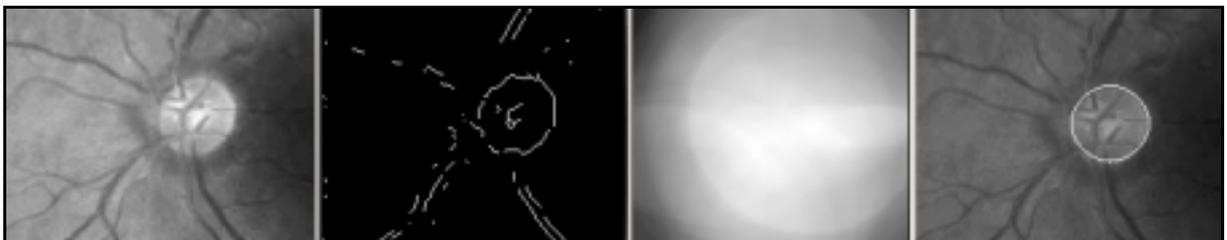


Abb. 7.43: Hough-Transformation für Kreise, von links nach rechts: Aufnahme des Augenhintergrundes, abgeleitetes Gradientenbild, Hough-Raum-Belegung, detektierter Kreis

In einigen Fällen kann die Berechnung vereinfacht werden, wenn z.B. der Radius des gesuchten Kreises a priori bekannt ist. Eine andere Beschleunigung kann wiederum durch Auswertung der Gradientenrichtung erfolgen, indem z.B. nur noch etwa 3/8 der ursprünglichen Anzahl der Akkumulatorzellen inkrementiert werden müssen [Sonk93].

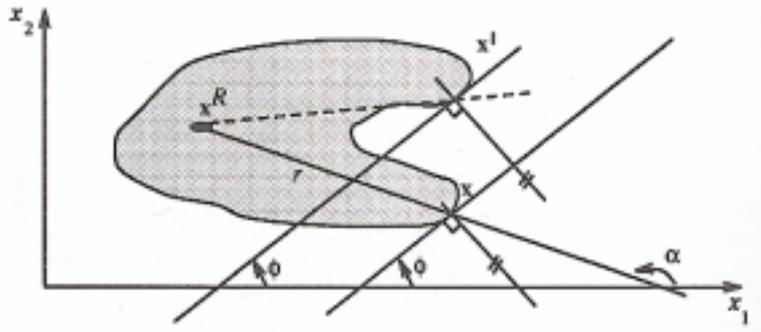


Abb. 7.44: Vorgehensweise bei der Konstruktion der R-Tabelle, Bild aus [Sonk93]

Wenn eine parametrische Repräsentation der Struktur oder der zur Struktur gehörenden Regionengrenze bekannt ist, sind die bisher beschriebenen Varianten der Hough-Transformation erfolgreich einsetzbar. In vielen praktischen Anwendungen in der Medizin ist die parametrische Beschreibung der Regionengrenze mit wenigen Parametern jedoch aufgrund der komplexen Gestalt nicht möglich. In diesem Fall kann die Nutzung der generalisierten Hough-Transformation (GHT) eine Lösung des Problems ermöglichen. Zum Durchführen der GHT wird die zu detektierende Gestalt in eine sogenannte R-Tabelle überführt [Ball81]. Dazu wird ein beliebiger Punkt im Objekt plaziert. Ausgehend von diesem Punkt werden nun beliebig orientierte Linien konstruiert, und an dem jeweiligen Schnittpunkt mit der Regionengrenze wird die Richtung der Grenze bestimmt (Abb. 7.44). Die Schnittpunktparameter werden als Funktion der Orientierung der Regionengrenze anschließend in der R-Tabelle gespeichert. Falls die Skalierung und die Orientierung des Objekts als bekannt vorausgesetzt werden können, sind zur Segmentierung des Objekts nur die Koordinaten des Referenzpunktes anhand des Maximums im Akkumulatorfeld zu bestimmen. Ansonsten erhöht sich die Anzahl der zu ermittelnden Parameter auf vier. Die GHT ermöglicht beim Vorhandensein einer kompletten Spezifikation des gesuchten Objekts eine sehr präzise Segmentierung.

7.4.2.2 Einsatzgebiete der Hough-Transformation

Die Hough-Transformation wird schon sehr lange im Bereich der medizinischen Bildanalyse zur Segmentierung von Strukturen eingesetzt. So nutzte Kimmel [Kimm75] bereits 1975 die Hough-Transformation für Kreise zur Detektion von Lungentumoren in Röntgenbildern. Dazu wurde das Bild zuerst zur Rauschreduktion Fourier-gefiltert. Anschließend wurde zur Kandidatensuche ein Gradientenoperator in Kombination mit einem Schwellenwertverfahren eingesetzt. Um die Anzahl der zu inkrementierenden Akkumulatorzellen einzuschränken und damit die Rechenzeit zu reduzieren, wurde die Gradientenrichtung als Zusatzinformation in der Berechnung der Hough-Transformation genutzt.

Ein weiteres Einsatzgebiet für die Hough-Transformation von kreisförmigen Objekten ist die Detektion des optischen Flecks in Bildern der Retina [Chr02]. Die Auswahl der Kandidatenpunkte erfolgt hier mit dem Canny-Operator. Da der optische Fleck jedoch nicht exakt rund ist, wird die Kontur noch durch eine Dilatation vergrößert, um eine optimale Anpassung des Kreises an die Bildstrukturen zu gewährleisten. Die auf diese Art und Weise durchgeführte Lagebestimmung war in 97 % der untersuchten Fälle erfolgreich.

Eine Hough-Transformation für Kugeln zur Detektion des Schultergelenks in CT- und MRT-Datensätzen wird in ([Glas01], [Glas02a]) vorgestellt. Um eine höhere Genauigkeit bei der Erkennung zu erreichen, wird keine Vorauswahl von Kandidatenpunkten vorgenommen. Vielmehr wird hier die Methode der Gewichtung der Akkumulatoreinträge mit der Amplitude des jeweiligen Gradienten realisiert. Aus den approximierten Kugeln wird der Gelenkmittelpunkt und der Kugelradius abgeleitet. Diese Werte dienen anschließend der Auswahl einer passenden Gelenkprothese.

Ein viertes Anwendungsbeispiel für die Hough-Transformation von Kreisen ist die Detektion der Aorta in Ultraschall-Bildern [Sola98]. Bei diesem Einsatzgebiet treten Probleme infolge der ungenauen Gradientenschätzung auf, die durch das starke Bildrauschen hervorgerufen wird. Um diese Schwierigkeiten zu umgehen, erfolgt die Akkumulation im Hough-Raum nicht nur direkt an der berechneten Position, sondern mit einer Gauß-ähnlichen Gewichtung auch in der Umgebung des jeweiligen Punktes. Dadurch kann die Position der Aorta trotz teilweise fehlender Strukturgrenzen mit einer hohen Genauigkeit bestimmt werden.

Neben der Hough-Transformation für Kreise wird auch die GHT häufig zur Segmentierung von Objekten in medizinischen Bildern verwendet. So detektiert Zheng [Zheng01] damit die Wirbelkörper in fluoroskopischen Aufnahmen. Hierbei wird die Unempfindlichkeit dieser Transformation gegen Rauscheinflüsse und gegen Verdeckungen ausgenutzt. In dem Beispiel wird eine Methode vorgeschlagen, welche die GHT mit einem genetischen Algorithmus kombiniert. Die Modellgestalt wird mittels Fourier-Deskriptoren in kontinuierlicher Form beschrieben, so dass Störungen, die bei der Rotation und bei der Skalierung entstehen, ausgeschaltet werden. Durch die Nutzung des genetischen Algorithmus zur Suche im Hough-Raum können mehrere Objekte gleichzeitig gefunden werden, wobei eine Berücksichtigung der Beziehungen zwischen den einzelnen Wirbelkörpern erfolgt, um falsche Maxima auszuschalten.

Ein weiteres wichtiges Anwendungsgebiet für die GHT ist die Segmentierung von Zellen in pathologischen Schnittbildern. So wird in [Garr00] ein dreistufiges Verfahren vorgeschlagen, bei dem im ersten Schritt eine ungefähre Approximation der Zellgestalt durch eine GHT erfolgt. An diese Gestalt wird im zweiten Schritt eine Ellipse angepasst. Im dritten Schritt wird dann die tatsächliche Gestalt mit einem deformierbaren Modell ermittelt. Auch in [Lee01] wird eine Koppelung zwischen einer iterativen GHT und einer aktiven Kontur vorgeschlagen. Bei der Auswertung von Bildserien wird nach jedem Bild von den bisher detektierten Zellen ein mittleres Gestalt-Template abgeleitet, welches dann zur gestaltbasierten Suche im nächsten Bild genutzt wird.

In [Mour97] wird eine Abwandlung der Hough-Transformation, die sogenannte kompakte Hough-Transformation (CHT), zur Zellkerndetektion in Mikroskopbildern verwendet. Bei dieser CHT wird keine analytische Information über die Strukturgrenzen benötigt, sondern es wird die Wahrscheinlichkeit eines Pixels, sich innerhalb der konvexen Strukturgrenzen zu befinden, ausgewertet.

Aus den Beispielen kann man entnehmen, dass bei der Hough-Transformation Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten ausgewertet wird. Das Modellwissen über die Gestalt des gesuchten Objekts wird direkt in den Algorithmus integriert, so dass Benutzerinteraktion nicht erforderlich ist.

7.5 Zusammenfassung

Anhand der Beispiele zu den verschiedenen Segmentierungsverfahren konnte gezeigt werden, dass die Strategien zur Nutzung von Modellwissen bei den einzelnen Ansätzen unterschiedlich gestaltet sind. So wird einerseits dieses Wissen direkt in den Algorithmus integriert, wo-

durch die Algorithmen auf die Lösung eines speziellen Problems zugeschnitten werden. Andererseits können die Modellannahmen auch vom Benutzer während des Segmentierungsvorgangs interaktiv eingebracht werden. Dadurch lassen sich die Verfahren für verschiedene Probleme nutzen.

Bei der Betrachtung der Beispiele zeigte sich außerdem, dass mit zunehmender Komplexität der in ein Segmentierungsverfahren integrierten Modellannahmen anspruchsvollere Aufgaben gelöst werden konnten. Diese Aussage bezieht sich dabei sowohl auf die Auswertung von Daten schlechterer Bildqualität als auch auf die Segmentierung schlecht abgegrenzter Objekte.

Weiterhin konnte bei der Auswertung der Beispiele festgestellt werden, dass in der medizinischen Bildanalyse häufig mehrstufige Segmentierungsansätze ausgewählt wurden. Hierbei wird in der ersten Stufe zumeist eine Low-Level-Segmentierung durchgeführt, in deren Ergebnis oft eine Übersegmentierung oder eine nicht korrekte Segmentgestalt vorliegt. In der zweiten Segmentierungsstufe, der sogenannten High-Level-Segmentierung, wird dieses Ergebnis durch die Integration von zusätzlichem Wissen verbessert. Damit kann z. B. eine Reduzierung der Anzahl der Segmente auf die tatsächliche Anzahl erreicht werden (z. B. bei den Klassifikationsansätzen und der Wasserscheidentransformation) oder es erfolgt eine Ableitung der richtigen Objektgestalt durch die Einführung zusätzlicher Gestaltannahmen (z. B. bei der Kombination von Region growing mit nachfolgender aktiver Kontur).

Weiterhin kann festgestellt werden, dass mit zunehmender Integration von Wissen in ein Verfahren das Ergebnis der Segmentierung zuverlässiger wird. In bezug auf die Evaluation des Segmentierungsverfahrens kann ferner festgestellt werden, dass die Vorhersagbarkeit der Ergebnisse mit zunehmender direkter Integration von Wissen in den Algorithmus ansteigt, da unzuverlässige Eingaben von Seiten des Benutzers bei dieser Vorgehensweise ausgeschaltet werden.

Im folgenden Kapitel sollen deshalb die Möglichkeiten und Vorgehensweisen bei der Evaluation von Segmentierungsverfahren, als der letzten Stufe im Bildanalyseprozess, genauer betrachtet werden.

8 Evaluation von Segmentierungsergebnissen

Um die Ergebnisse einer Segmentierung in der Praxis auch nutzen zu können, ist deren Evaluation unbedingt notwendig. Die Beurteilung der für den jeweiligen Anwendungsfall ausgewählten Verfahren und der damit erzielbaren Resultate umfasst eine Vielzahl verschiedener Aspekte. Im Rahmen der Arbeit wird in diesem Zusammenhang hauptsächlich auf die Validierung im prototypischen Laborbetrieb eingegangen. Für einen vollständigen Systementwurf von der Designphase bis hin zur Implementation sicherheitskritischer Bildverarbeitungsapplikationen muss jedoch auch die formale Spezifikation und Verifikation gezielt eingesetzt werden.

Die Validierung untersucht die Eignung des Gesamtsystems im Hinblick auf die Lösung des gestellten Problems. In diesem Zusammenhang versucht man herauszufinden, ob das entworfene System den Erwartungen hinsichtlich der geforderten Genauigkeit entspricht und ob das System zuverlässige Ergebnisse liefert. Unter diesem Gesichtspunkt ist auch eine Analyse des benutzten Modellwissens notwendig, um festzustellen, ob das verwendete a priori Wissen zur Lösung des vorliegenden Problems ausreicht, oder ob weiteres Wissen in den Algorithmus integriert werden muss. Weiterhin ist zu überprüfen, ob tatsächlich alle zur Verfügung stehenden brauchbaren a priori Informationen zur Lösung der Aufgabenstellung herangezogen wurden oder ob es noch weitere Informationen gibt, die genutzt werden können. Andere Kriterien, die bei einer Evaluation auch berücksichtigt werden können, sind z. B. die Geschwindigkeit eines Algorithmus sowie die Konvergenz und die mittlere Iterationsanzahl bei iterativen Algorithmen [Leun96].

Betrachtet man den Bereich der Validierung im Zusammenhang mit der medizinischen Bildanalyse, findet man Bewertungsansätze für vier verschiedene Gruppen von Fragestellungen. Diese lassen sich unterteilen in Verfahren zur:

- Bewertung von Bildverbesserungsroutinen (z.B. in [Hong98], [Bajl98]),
- Bewertung von Segmentierungsverfahren,
- Bewertung von Merkmalsauswahl-, Clusteranalyse- und Klassifikationsverfahren (z.B. in [Kudo00], [Jain97], [Prov97], [Zong96], [Prov01], [Abde98]) und
- Bewertung von Registrierungsmethoden (z.B. in [Fitz98a], [Fitz98b], [West97], [Fran99]).

Schwerpunktmäßig soll in diesem Kapitel der zweite Punkt genauer betrachtet werden. Aber auch die anderen drei Punkte kann man nicht ganz vernachlässigen, da sie teilweise ebenfalls einen direkten Einfluss auf das Ergebnis der Segmentierung haben. So kann der Einsatz von Bildverbesserungsmethoden zu einer verbesserten Segmentierung führen. Damit fließen die Ergebnisse der Evaluation von Bildverbesserungsmethoden auch in die Ergebnisse der Bewertung des Gesamtsystems ein. Merkmale spielen z. B. bei der Segmentierung mittels Klassifikations- und Clusteranalyseverfahren eine wichtige Rolle. Hier beeinflusst die Auswahl einer geeigneten Merkmalsmenge das Ergebnis der Segmentierung ebenfalls. Somit ist die Beurteilung der Merkmalsauswahlverfahren in einigen Fällen ebenfalls interessant für die Bewertung der Leistungsfähigkeit des Gesamtsystems. Schließlich ist auch die Bewertung von Registrierungsmethoden für einige Segmentierungsverfahren wichtig, wie z. B. für die Erstellung von aktiven Gestaltmodellen, für die atlasbasierte Segmentierung oder für die optimale Positionierung des Gestaltmodells im Bild.

Die Bedeutung der Evaluierung von Segmentierungsverfahren in der Medizin ist in der letzten Zeit ständig gestiegen, da einige der Haupteinwände gegen eine Performance-

Charakterisierung, wie sie in [Förs96] und [Chri97] aufgeführt sind, inzwischen entkräftet werden konnten. So wurde früher oft behauptet, dass die Evaluation der Segmentierung nicht aussagekräftig ist, da sie von der Aufgabenstellung abhängt. Hierbei wurde jedoch vergessen, dass trotz dieser Abhängigkeit die Qualitätsmessung dazu führen kann, dass die einzelnen Segmentierungsverfahren auch anders als vom jeweiligen Entwickler angedacht eingesetzt werden können. Es ist demzufolge wichtig, die Grenzen der Verfahren genau zu kennen. Ein weiteres Argument gegen eine Evaluierung war, dass die Segmentierung zu komplex ist. Diese Komplexität eines Bilderkennungsmoduls kann jedoch durch eine Modularisierung für die Evaluation beherrschbar gemacht werden. Schließlich existierte auch der Einwand, dass für viele Algorithmen keine allgemeine Theorie verfügbar ist. Dadurch kann auch nicht sichergestellt werden, dass das genutzte Modellwissen korrekt ist. Im Allgemeinen sollten zwar Algorithmen mit theoretischer Basis immer bevorzugt werden, aber auch andere Verfahren können zur Lösung der praktischen Probleme führen. Weiterhin sind Modelle, wie in den vorangegangenen Kapiteln gezeigt wurde, zur Vereinfachung des Segmentierungsvorgangs unumgänglich. Die der Segmentierung zugrunde gelegten Modelle stellen zwar nur eine Approximation der Realität dar, aber die entscheidend ist auch nicht die Wahrheit des Modells, sondern seine Adäquatheit für die Lösung einer bestimmten Fragestellung. In den meisten Fällen wird auch nicht ausschließlich eine optimale, sondern vor allem eine akzeptable Lösung des Segmentierungsproblems gesucht. Hier ermöglichen Statistiken eine Transparenz der Messung. Ein letztes Argument gegen die Durchführung einer Evaluation war noch, dass es bei vielen Segmentierungsalgorithmen sehr viele Tuning-Parameter gibt und somit die Tests sehr aufwendig sind. Außerdem ist die Ermittlung der Wahrheit für reale Daten im Medizinbereich sehr kostspielig, und eine Simulation von Daten zur Kostenreduktion kann die Experimente mit realen Daten nicht ersetzen. Dem kann man jedoch entgegenhalten, dass Tests zwar Kosten verursachen, aber dadurch auch die Nutzerakzeptanz entscheidend erhöht wird. Gerade das letzte Argument bezüglich der Nutzerakzeptanz hat dazu geführt, dass inzwischen die Bewertung der Ergebnisse von Segmentierungsverfahren fester Bestandteil in der Entwicklung von Bildanalyse-Software ist. Deshalb soll in diesem Kapitel auf einzelne Aspekte dieser Bewertung näher eingegangen werden.

Allgemein kann man das Vorgehen zur Evaluation in vier Schritte unterteilen (Abb. 8.1).

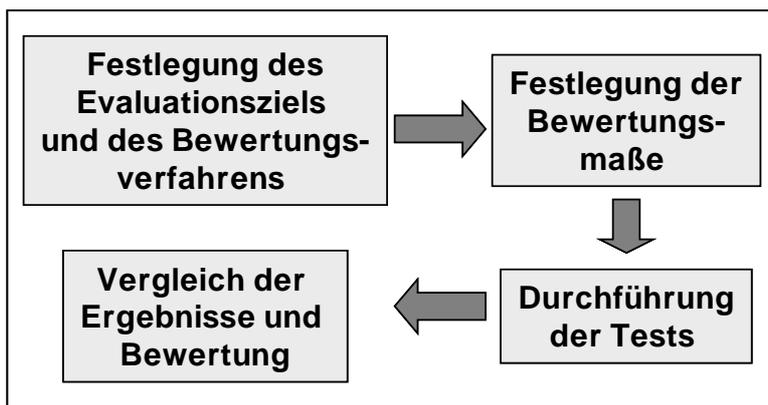


Abb. 8.1: Teilschritte des Evaluationsvorgangs

Der erste Schritt umfasst neben der Auswahl dessen, was evaluiert werden soll, auch die Entscheidung über die Evaluationsmethode. Danach ist es im zweiten Schritt notwendig, sich für geeignete Bewertungsmaße zu entscheiden. Bei der Durchführung der Tests im dritten Schritt spielt die Auswahl der Testdatensätze und darauf basierend die Gewinnung von Vergleichsdaten eine wesentliche Rolle. Abschließend muss dann noch entschieden werden, wie der Vergleich und die Präsentation der Ergebnisse erfolgen soll. Die einzelnen Schritte werden nachfolgend genauer untersucht.

8.1 Festlegung des Evaluationsziels und der Evaluationsmethode

Sowohl der Systemdesigner als auch der Benutzer sollte zur Unterstützung der Evaluation am Beginn des Bewertungsprozesses klar spezifizieren, was vom entwickelten Bildanalyse-System erwartet wird. Außerdem muss festgelegt werden, auf welcher Grundlage die Leistungsbewertung erfolgen soll und welche Aussagen somit vom Bewertungssystem geliefert werden können. Neben der Spezifikation des Evaluationsziels muss der Benutzer zu Beginn des Bewertungsprozesses noch die Bewertungsmethode auswählen. Hiermit legt er gleichzeitig fest, welche Art von Informationen für den späteren Anwender interessant sein könnte. Beide Punkte sollen nun eingehend betrachtet werden.

8.1.1 Festlegung des Evaluationsziels

Die Evaluation kann aus zwei verschiedenen Gründen durchgeführt werden. So lässt sich zum einen die Tauglichkeit eines Systems für eine bestimmte Segmentierungsaufgabe untersuchen. Zum anderen kann das Ziel der Evaluation darin bestehen, mehrere Segmentierungsverfahren miteinander zu vergleichen, um das beste Verfahren in der Praxis einsetzen zu können. In beiden Fällen kann man den Einfluss sowohl von externen Parametern als auch von internen Tuning-Parametern auf das Ergebnis der Segmentierung untersuchen. Damit ergeben sich die folgenden zwei Ansätze zur Evaluation [Zhan97]:

- Verwendung derselben Parameter im Segmentierungsalgorithmus für verschiedene Variationen des Bildmaterials zur Untersuchung der Brauchbarkeit und Konsistenz des Algorithmus für verschiedene aufnahme- und patientenspezifische Bedingungen und
- Variation der Parameter im Segmentierungsverfahren bei der Untersuchung desselben Bildmaterials zur Analyse des Einflusses der Parametereinstellungen mit dem Ziel, eine optimale Parametersetzung zu finden.

Je nach der Art des verwendeten Basisansatzes unterscheidet man bei der Evaluation zwischen [Phil90]:

- *der Betrachtung einer offenen Welt*
Es werden auch Proben untersucht, die nicht in der Bildergalerie enthalten sind. Bei diesem Vorgehen wird der Nachweis für die Anwendbarkeit des Algorithmus zur Lösung des Segmentierungsproblems erbracht.
- *der Betrachtung einer geschlossenen Welt*
Hier ist jede Probe, für die der Algorithmus entwickelt wurde, auch in der benutzten Bildergalerie enthalten. Bei dieser Herangehensweise kann die Frage beantwortet werden, wie gut der Algorithmus zur Lösung des gezielten Problems geeignet ist.

In beiden Fällen ermöglicht die Durchführung der Tests sowohl die Bestimmung der Brauchbarkeit des Algorithmus als auch die Bestimmung der Adäquatheit des Modells [Förs94].

8.1.2 Auswahl der Evaluationsmethode

In der Literatur werden zahlreiche Möglichkeiten zur Bewertung der Leistungsfähigkeit eines Segmentierungsalgorithmus beschrieben. Nach Zhang und Dougherty ([Zhan96], [Doug98]) lassen sich dabei drei verschiedene grundsätzliche Herangehensweisen beobachten:

- die Einschätzung der Qualität durch den Menschen,
- die analytische Bewertungsmethode und

- die empirische Beurteilung.

Dabei untersucht und bewertet die analytische Methode die Segmentierungsalgorithmen direkt, indem sie die zugrundegelegten Prinzipien und Eigenschaften analysiert. Sie kann deshalb vor dem Segmentierungsprozess durchgeführt werden. Die empirische Analyse der Segmentierungsergebnisse, die sich wiederum in Gütemethoden und in Diskrepanzmethoden unterteilen lässt, misst dagegen die Qualität indirekt durch Anwendung der Segmentierungsverfahren an Testbildern und Vergleich der Segmentierungsergebnisse mit einem idealen Ergebnis. Die Bewertung durch den Menschen erfolgt auch auf der Grundlage der Segmentierungsergebnisse, jedoch nur in qualitativer und nicht in quantitativer Form. Diese Einordnung der einzelnen Evaluationsmethoden in den Ablauf der Segmentierung ist in Abbildung 8.2 noch einmal verdeutlicht.

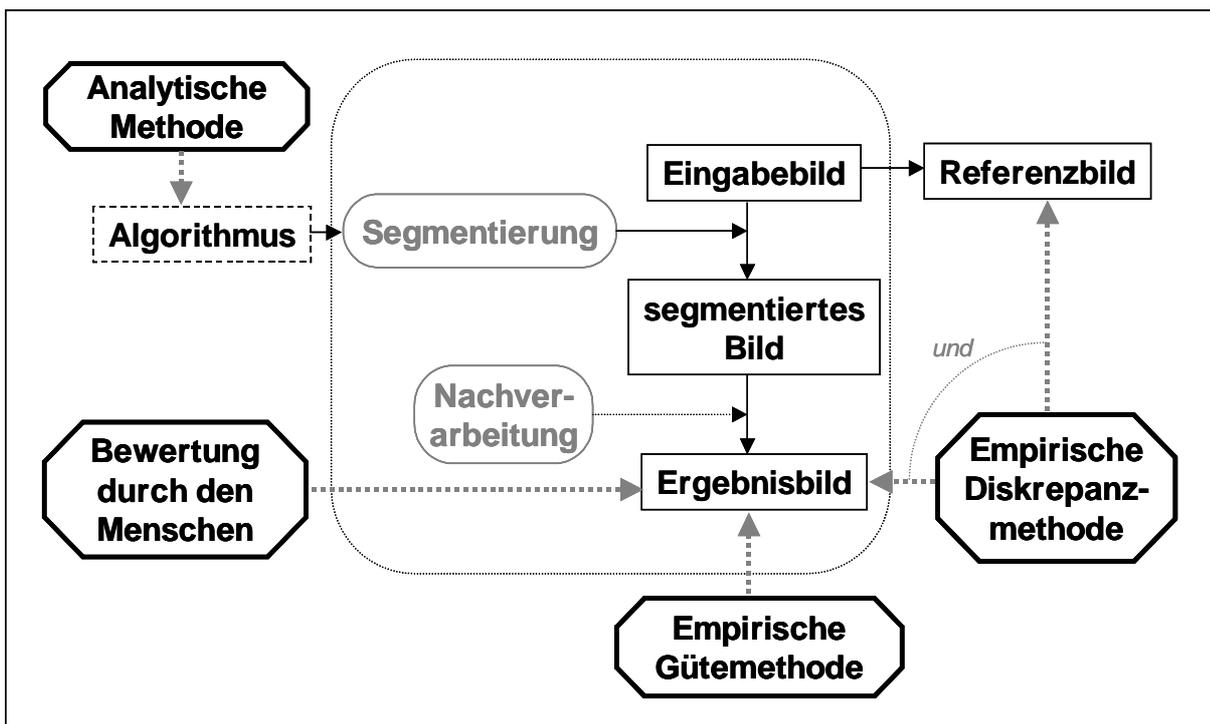


Abb. 8.2: Einordnung der einzelnen Evaluationsmethoden in den zeitlichen Ablauf der Bildanalyse, nach [Zhan96]. Während die analytische Methode ausschließlich den Algorithmus betrachtet, beziehen sich die anderen drei Evaluationsansätze bei ihrer Bewertung auf die Qualität des Segmentierungsergebnisses

Im Weiteren sollen nun diese vier Möglichkeiten genauer untersucht werden. Hierbei soll eine Beschreibung der Vorgehensweise erfolgen, und es soll auf die Vor- und Nachteile der einzelnen Ansätze eingegangen werden. Ein weiterer Aspekt, der in den einzelnen Abschnitten beachtet werden soll, ist die Verbindung der einzelnen Bewertungsmethoden zur betrachteten Aufgabenstellung.

8.1.2.1 Bewertung der Qualität durch den Menschen

Bei der Bewertung der Segmentierungsergebnisse durch den Menschen können z. B. psychovisuelle Tests genutzt werden [Shaf02]. Hier erfolgt der Vergleich von unterschiedlichen Methoden zur Segmentierung an realen Daten. Bei dieser Vorgehensweise muss der Mensch zwischen den verschiedenen angebotenen Segmentierungsergebnissen das seiner Meinung nach

beste Resultat auswählen. Über eine Vielzahl derartiger Antworten erfolgt in Abhängigkeit von der zur Entscheidung benötigten Zeit eine statistische Auswertung. Trotz der Ableitung der endgültigen Gewichtung der Verfahren aus den Antworten mehrerer Probanden ist der subjektive Faktor bei dieser Art der Evaluation nicht auszuschließen. Erfolgreich eingesetzt wurde diese Methode bisher für solche Detektionsaufgaben, bei denen das erwartete Segmentierungsergebnis im Vorfeld nicht klar formuliert werden kann. Dieses ist z. B. bei der Segmentierung von Gemälden zur Unterstützung der Suche in großen Datenbanken der Fall. Ein anderes Beispiel für die Einschätzung der Güte der Segmentierung durch den Menschen ist in [Heat97] zu finden. In der Studie wurden die Ergebnisse von fünf verschiedenen Kantendetektoren bei realen Bildern miteinander verglichen. Hierbei mussten mehrere Personen die einzelnen Segmentierungsergebnisse entsprechend der erzielten Güte bewerten. Anschließend erfolgte wiederum eine statistische Analyse der Bewertungsergebnisse. In [Fens00a] wird der Ansatz der interaktiven Korrektur des Segmentierungsergebnisses vorgeschlagen, um über die Messung der vom Experten vorgenommenen Veränderungen eine Abschätzung der erzielten Segmentierungsgüte zu erhalten.

Die bei dieser Art der Bewertung gewonnenen Aussagen können nur eine grobe Abschätzung für die Leistungsfähigkeit eines Segmentierungsverfahrens geben. Ein Vorteil bei dieser Herangehensweise liegt jedoch in der engen Verbindung der Bewertung mit der Aufgabenstellung. Zur Bewertung der Qualität von medizinischen Bildanalyseaufgaben, bei denen es auch um quantitative Abschätzungen geht, ist diese Bewertungsmethode jedoch nicht geeignet.

8.1.2.2 Analytische Bewertungsmethode

Eine weitere Möglichkeit zur Bewertung eines Segmentierungsverfahrens ist die analytische Evaluation. Hierbei erfolgt eine direkte Beurteilung des Algorithmus durch die Analyse der zugrundegelegten Prinzipien, der Anforderungen, seines Nutzens, seiner Komplexität und seiner Eigenschaften. Ein Vorteil dieser Herangehensweise ist, dass keine konkrete Implementierung des Algorithmus erforderlich ist. Da jedoch die Komplexität von realen Bildern nicht vollständig mathematisch beschrieben werden kann bzw. sich auch die Komplexität eines Segmentierungsalgorithmus nur eingeschränkt mathematisch erfassen lässt, sind die Ergebnisse dieser analytischen Bewertung für reale Anwendungen nur eingeschränkt aussagekräftig. Schwierigkeiten ergeben sich hier vor allem durch das Fehlen einer einheitlichen Theorie der Bildsegmentierung. Deshalb wurde die analytische Methode bisher hauptsächlich für die Bewertung von Kantendetektoren eingesetzt. So wird in [Rame93] und [Rame94] ein Ausdruck hergeleitet, der den Zusammenhang zwischen einer Gradientenschätzung an einer bestimmten Position und der Gradientenschätzung für einen entsprechenden Nachbarpixel beschreibt. Darauf aufbauend wird ein theoretischer Ausdruck für den mittleren Positionierungsfehler entwickelt, der dann zur Evaluation von gradientenbasierten Kantendetektoren verwendet wird. In [Steg98] wird ebenfalls die Qualität der Positionierung von Linien- und Kantepunkten in Abhängigkeit vom SNR analytisch betrachtet. Courtney [Cour97] leitet aus den Testbildern Verteilungskurven ab, die den vom Algorithmus genutzten Eigenschaften entsprechen. Außerdem wird ein Modell vom jeweils betrachteten Algorithmus entwickelt, mit dem aus der Gestalt der Verteilungsfunktionen eine Beschreibung der Effekte auf die Ausgabepformance abgeleitet werden kann. In [Hara96] und [Hara00] wird zur analytischen Bewertung der Segmentierungsqualität der Ansatz der Fehlervorhersage in Abhängigkeit von der Kovarianzberechnung auf nichtlineare Probleme ausgeweitet.

Neben diesen komplizierten Betrachtungsweisen gibt es auch einige Aspekte, die relativ einfach zur Bewertung und zur Auswahl von Algorithmen genutzt werden können, wie z. B.

- die Bewertung des eingebrachten a priori Wissens bezüglich der Art des Einbringens und abhängig vom Umfang,
- die Bewertung der Verarbeitungsstrategie (parallel, sequentiell, iterativ, gemischt),
- die Beurteilung der Verarbeitungskomplexität und
- die Einschätzung der Effizienz.

So kann man z. B. beim Einsatz eines parallelen Algorithmus davon ausgehen, dass er schneller als ein sequentieller Algorithmus ist. Gleichzeitig sind bei ihm bei verrauschtem Bildmaterial jedoch schlechtere Ergebnisse zu erwarten. Je nach Aufgabenstellung ist somit die eine oder die andere Verarbeitungsstrategie geeigneter.

Der größte Nachteil der analytischen Bewertungsmethode ist, dass sich mit ihr die wichtigste Frage der Segmentierung nach der Sicherheit der Ergebnisse nicht beantworten lässt, da sie bezüglich praktisch relevanter Aufgabenstellungen nur sehr beschränkte Aussagen liefert. So gehen die Natur und das Ziel der Applikation nur sehr eingeschränkt in die Bewertung ein. Mit dieser Methode kann nur eingeschätzt werden, wie gut z. B. ein spezieller Kantenerkennungsalgorithmus Kanten erkennt. Damit kann man dann zwar sagen, ob das jeweilige Verfahren gut zur Kantenerkennung geeignet ist, aber nicht, ob das jeweilige praktische Problem mit dem Ansatz gelöst werden kann. Aus diesem Grund ist die alleinige Nutzung der analytischen Bewertungsmethode für die Beurteilung der komplexen Aufgabenstellungen in der medizinischen Bildanalyse auch als ungeeignet einzustufen.

8.1.2.3 Empirische Bewertungsmethoden

Die Beurteilung der Qualität von Segmentierungsergebnissen mit der empirischen Bewertungsmethode erfolgt indirekt. Bei dieser Methode werden Testbilder unter Verwendung des zu untersuchenden Verfahrens segmentiert und anschließend wird die Qualität der erzielten Resultate gemessen. Grundsätzlich gibt es drei mögliche Herangehensweisen. Die Gütemethoden und die Diskrepanzmethoden schätzen die Segmentierungsqualität direkt anhand des vorliegenden Segmentierungsergebnisses. Eine dritte Möglichkeit beruht auf der Bewertung der Ergebnisse einer Nachverarbeitung. In [Trie95] wird diese letzte Variante zur Bewertung von Binarisierungsverfahren genutzt, indem die Segmentierungsgüte anhand der späteren Zeichenerkennungsrate eingeschätzt wird. Hong [Hong98] setzt diese dritte Methode zur Bewertung der Segmentierungsqualität von Fingerabdrücken ein, wobei er die Detektionsrate der Minutien auswertet.

Die Einschätzung der Qualität einer Segmentierung mittels Gütemethoden beruht auf der Ableitung von wünschenswerten Eigenschaften der segmentierten Bereiche in Abhängigkeit von der Aufgabenstellung. Diese Eigenschaften legen fest, wie ein ideal segmentiertes Bild aussehen sollte. Anschließend werden dann diese charakteristischen Eigenschaften anhand von Güteparametern für die entsprechenden Bildbereiche gemessen. Häufig genutzte Güteparameter werden im nächsten Abschnitt ausführlich betrachtet. Ein Vorteil dieser Vorgehensweise besteht darin, dass keine Referenzbilder erforderlich sind. Somit ist diese Evaluationsstrategie auch für eine On-line-Bewertung geeignet.

Bei der Diskrepanzmethode geht man im Allgemeinen von der Annahme aus, dass sich bei komplexen Bildern und bei einer möglichst automatischen Segmentierung Fehler nicht vermeiden lassen. Man nimmt vielmehr an, dass einige dieser Fehler in praktischen Anwendungen durchaus toleriert werden können. Die Bewertung eines Segmentierungsverfahrens erfolgt bei dieser Methode auf der Grundlage der Messung der Abweichung zwischen dem segmentierten Bild und einem ideal segmentierten Referenzbild. Dieses wird auch als Gold-

standard bezeichnet. Erhält man bei der Messung einen hohen Diskrepanzwert, so bedeutet dies, dass ein großer Fehler bei der Segmentierung und damit eine geringe Leistungsfähigkeit vorliegt. Im Gegensatz zum Gebiet der Bildkodierung, bei dem die Diskrepanzmethode zur Beschreibung der Kodierungsgüte benutzt wird, hat man hier das Problem, dass das Bild vom Segmentierungsergebnis sowie das Referenzbild immer unterschiedlich sind. Somit sind hier andere Messwerte, die diesem Problem Rechnung tragen, erforderlich. Die einzelnen nutzbaren Diskrepanzwerte sind im nächsten Abschnitt ausführlich beschrieben.

Ein Vorteil der empirischen Bewertungsmethode ist, dass sie zur quantitativen Beschreibung der Genauigkeit eines Verfahrens genutzt werden kann. Weiterhin ist diese Herangehensweise sehr allgemein, da sie unterschiedliche Typen von Segmentierungsalgorithmen bewerten kann. In den meisten Studien orientiert sich die Bewertung nur an dem Ergebnisbild, der Algorithmus spielt hierbei keine Rolle. Während die quantitative Bewertung bei den Gütemethoden eher subjektiv ist aufgrund der subjektiven Auswahl der wünschenswerten Eigenschaften, kann mit den Diskrepanzmethoden sowohl eine quantitative als auch objektive Bewertung erreicht werden. Im Allgemeinen sind empirische Methoden komplexer als analytische, da sie eine Implementation des Algorithmus zum Erzeugen der Segmentierungsergebnisse benötigen. Bei der Diskrepanzmethode ist daneben noch eine Erzeugung der Referenzbilder erforderlich. Weiterhin kann man feststellen, dass die Berechnungskosten für die Evaluation stark von der Art der Merkmale abhängen, auf deren Grundlage die Bewertung durchgeführt wird.

Durch die Nutzung von realem Bildmaterial ist es bei den empirischen Bewertungsverfahren möglich, eine enge Verbindung zum Applikationsgebiet herzustellen. Ein Nachteil dabei ist jedoch, dass die Evaluation für andere Benutzer nur dann zum Vergleich eigener Verfahren herangezogen werden kann, wenn die verwendeten Bilder ebenfalls mit zur Verfügung gestellt werden. Weiterhin haben zwar reale Bilder eine realistische Charakteristik, aber ihre Zufallsnatur erschwert die Allgemeinheit und die Vergleichssicherheit der Evaluationsstudie. Bei der empirischen Gütemethode gehen die Applikation und das Ziel der Segmentierung neben dem zum Test verwendeten Bildmaterial auch in die Wahl der Gütefunktion mit ein. Die empirische Diskrepanzmethode gewährleistet die Verbindung zur Applikation zum einen über das Testbildmaterial und zum anderen über das Referenzbild. Außerdem kann auch die Wahl des Diskrepanzmaßes teilweise diese Verbindung ermöglichen.

Folgende Hauptprobleme, die sich beim Einsatz der empirischen Verfahren zur Beurteilung der Segmentierungsqualität zeigen, müssen, um Fehler in der Bewertung zu vermeiden, bei deren Benutzung beachtet werden:

- Die zur Bewertung der Algorithmen verwendeten Gütekriterien dürfen nicht gleichzeitig auch zur Segmentierung benutzt werden, da sonst eine fehlerhafte Qualitätsbeurteilung erfolgt.

Dies bedeutet, dass, wenn die Segmentierung auf einem Homogenitätskriterium beruht, die Einschätzung der Homogenität einer Region nicht gleichzeitig als Gütemerkmal verwendet werden kann.

- Die Skalierungs- und Wichtungparameter bei den Qualitätsmessparametern werden oft intuitiv gewählt, so dass die eigentlich objektive Bewertung doch wieder subjektive Faktoren enthält.

8.1.2.4 Zusammenfassung

Da die Leistungsfähigkeit von Segmentierungsalgorithmen durch viele Faktoren beeinflusst wird, ist im Allgemeinen die Anwendung nur einer einzigen Bewertungsmethode basierend auf einem Bewertungsmaß nicht ausreichend, um alle Aspekte zu berücksichtigen. Teilweise wird ein Vektor von Bewertungsmaßen genutzt, der viele verschiedene Faktoren, wie eine Homogenitätsbetrachtung, eine Kontrastmessung, eine Kompaktheitsabschätzung und psycho-visuelle Wahrnehmungsparameter beinhaltet [Pal93]. Die Art der Verknüpfung der einzelnen Maße ist ein weiteres Forschungsgebiet. So benutzt Cavallaro [Cava02] in seinen Arbeiten zur Gewichtung der einzelnen Bewertungsmaße sogenannte Wahrnehmungsmaße, die besagen, wie relevant das jeweilige Bewertungsmaß für die Abschätzung der Korrektheit des Segmentierungsergebnisses ist. Es werden sowohl räumliche Wahrnehmungsmaße, die Abstände gewichten, als auch zeitliche Wahrnehmungsmaße, die z. B. die Dauer des Auftretens eines Fehlers in Abhängigkeit von Überraschungs- und Ermüdungseffekten berücksichtigen, verwendet.

Bei einigen Evaluationsmethoden muss außerdem beachtet werden, dass bei sehr schlechter Bildqualität die Abweichungen zwischen verschiedenen Segmentierungsalgorithmen geringer ausfallen können als die Unterschiede eines Algorithmus bei den variierenden Bildbedingungen selbst. Damit wäre ein Vergleich der Qualität von verschiedenen Segmentierungsmethoden nicht mehr möglich.

8.2 Festlegung der Bewertungsmaße für die empirische Evaluation

Da die empirische Evaluation für die medizinische Bildanalyse die größte Bedeutung besitzt, sollen im Folgenden auch nur die Bewertungsmaße, die dabei zum Einsatz kommen, genauer betrachtet werden. Für eine computerunterstützte Beurteilung von Segmentierungsverfahren sollten möglichst ähnliche Beurteilungskriterien verwendet werden, wie sie auch der menschliche Experte benutzt. Dieser sollte auch auf jeden Fall in der Lage sein, die vom System getroffenen Entscheidungen nachzuvollziehen [Münk98]. Die anhand der Bewertungsmaße genutzten einzelnen Beurteilungskriterien sollten in Abhängigkeit von der Aufgabenstellung mit unterschiedlicher Priorität in die endgültige Bewertung eingehen. Je nachdem, ob man eine Gütebewertung oder eine Diskrepanzmessung durchführt, werden unterschiedliche Maße ermittelt.

8.2.1 Bestimmung von Gütemerkmalen

Bei den Gütemethoden kann in der Praxis eine Vielzahl von unterschiedlichen Merkmalen eingesetzt werden. Dies sind z. B.:

- *die Berechnung der Güte der Segmentierung basierend auf der Intra-Regionen-Uniformität ([Zhan96], [Bors98], [Paul01])*

In diesem Fall geht man von der Annahme aus, dass die gesuchte Region homogen ist. Beispiele für Bewertungsmaße, die sich z. B. auf der Basis der Co-occurrence-Matrix berechnen lassen, sind die Varianz, die normalisierte Uniformität und die lokale Entropie. Möglichkeiten zur Berechnung sind in [Zhan96] zu finden. In [Paul01] wird zur Charakterisierung der Homogenität einer Region die Abweichung zwischen der Farbe der Pixel der segmentierten Region und dem mittleren Farbwert der Region ermittelt. Bei der von Borsotti [Bors98] entwickelten Bewertungsfunktion wird neben der Abweichung der Farbwerte der einzelnen Pixel von der mittleren Segmentfarbe auch noch die Größe der segmentierten Region betrachtet. Durch die Einführung des größenabhängigen Normali-

sierungsfaktors ist für größere Regionen eine höhere Farbabweichung zulässig als für kleinere Regionen bei gleichem resultierendem Fehlermaß.

- **die Beurteilung der Güte basierend auf dem Inter-Regionen-Kontrast [Zhan96]**

Hierbei wird davon ausgegangen, dass sich die Pixel unterschiedlicher Regionen möglichst stark unterscheiden. Ein Beispiel für ein Bewertungsmaß, welches diesen Aspekt berücksichtigt, ist der Graustufenkontrast GC . Er berechnet sich nach

$$GC = \frac{|f_o - f_b|}{f_o + f_b}, \quad (8.1)$$

mit f_o als dem mittleren Grauwert des Objekts und f_b als dem mittleren Grauwert des Hintergrundes.

- **die Ermittlung der Güte basierend auf der Regionengestalt [Zhan96]**

In diesem Zusammenhang wird davon ausgegangen, dass die Gestalt der Region wichtig für die Bewertung ist. Eine Berechnungsvorschrift für die Gestaltmessung ist in [Saho88] zu finden.

- **die Einschätzung der Güte basierend auf der Bootstrap Resampling Technik [Cho97]**

Diese Vorgehensweise wurde von Cho [Cho97] zur Beurteilung der Güte von Kantendetektoren verwendet. Dabei wurden mit der Bootstrap-Technik basierend auf den statistischen Kenngrößen des Bildes eine Vielzahl von Bootstrap-Kopien geschaffen und diese wurden dann jeweils segmentiert. Die Stabilität der Position der einzelnen segmentierten Kantenzüge wurde anschließend zur Einschätzung der Güte des verwendeten Detektorsverfahrens genutzt.

8.2.2 Einsatz von Diskrepanzmerkmalen

Ähnlich wie bei den Gütemerkmalen existiert auch bei der Diskrepanzabschätzung eine Vielzahl verschiedener Diskrepanzmaße. Beispiele hierfür sind:

- **die Berechnung der Diskrepanz basierend auf der Zahl der falsch segmentierten Pixel ([Zhan96], [Liu98], [Roma01])**

Bei dieser Herangehensweise wird die Segmentierung als ein Pixelklassifikationsprozess betrachtet, bei dem zwei Arten von Fehlern möglich sind. Fehler vom Typ 1 bewirken, dass Pixel der Klasse k nicht als Klasse k bezeichnet werden. Fehler vom Typ 2 treten auf, wenn Pixel anderer Klassen als Pixel der Klasse k bezeichnet werden (Abb. 8.3). Die Berechnung der Wahrscheinlichkeit von beiden Fehlertypen entsprechend der Gleichungen in [Zhan96] bzw. etwas abgewandelt in [Roma01] dient in diesem Fall als Diskrepanzmaß. Liu [Liu98] verwendet diese Maße für die Fehler von Typ 1 und 2 zur Bewertung von Segmentierungsalgorithmen zur Erkennung von Autos in Luftbildern. Wiedemann [Wied98] benutzt die beiden Fehlertypen zur Berechnung von zusammengesetzten Diskrepanzmaßen, mit denen die Vollständigkeit, die Korrektheit, die Qualität und die Redundanz einer Segmentierung im Vergleich zum Goldstandard eingeschätzt werden kann.

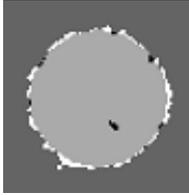


Abb. 8.3: Beispiel für die Klassifikation nach untersegmentierten Pixeln (Fehler vom Typ 1, schwarz) und übersegmentierten Pixeln (Fehler vom Typ 2, weiß)

- **die Ermittlung des Unterschieds zwischen Testdaten und Ergebnisbild basierend auf der Position der falsch segmentierten Pixel** ([Zhan96], [Corr00], [Roma01], [Odet02])

Hier wird von der Annahme ausgegangen, dass nicht nur die Anzahl der Fehler, sondern auch deren Position von entscheidender Bedeutung für die Qualität eines Segmentierungsergebnisses ist. Zur Berechnung dieses Qualitätsmaßes gibt es die Möglichkeit, entweder den Abstand zwischen den einzelnen falsch segmentierten Pixeln und den jeweils nächsten Pixeln der falsch segmentierten Klasse zu ermitteln oder den mittleren quadratischen Abstandswert der beiden Konturen zu bestimmen entsprechend der folgenden Gleichung:

$$FOM = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{1}{1 + p \cdot d^2(i)}, \quad (8.2)$$

mit $N = \max(N_i, N_a)$ und N_i und N_a als Anzahl der Pixel der idealen und der aktuellen Kontur, $d(i)$ als dem gemessenen Abstand und p als dem Skalierungsparameter [Zhan96]. Ein ähnliches Maß wird auch in [Correira] und in [Roman-Roldan] verwendet. Ein Problem bei dieser Art von Fehlermaßen ist die fehlende Differenzierung zwischen einer falsch negativen und einer falsch positiven Fehlsegmentierung. Aus diesem Grund werden in [Odet02] zwei verschiedene Maße berechnet, die zum einen den Abstand der Übersegmentierung und zum anderen den Abstand der Untersegmentierung getrennt bewerten. Da bei der menschlichen Wahrnehmung jedoch Pixel innerhalb eines gewissen Abstandes als zum Objekt gehörig angesehen werden, werden solche Abweichungen in der Berechnung der skalierbaren Diskrepanzmaße nicht so stark bestraft, wie Pixelabstände oberhalb eines festgelegten Schwellenwertes für den akzeptierbaren Abstand.

- **die Beurteilung der Diskrepanz basierend auf der Zahl der Objekte im Bild** [Zhan96]

Dieses Maß ist nur dann geeignet, wenn eine sehr große Anzahl sehr kleiner Objekte im Bild vorhanden ist. Ein Beispiel hierfür ist die Segmentierung von Zellen in Mikroskopbildern. Bei anderen Segmentierungsaufgaben tritt ansonsten ein sehr großer Fehler auf, wenn sich die Zahl der segmentierten Objekte bereits unterscheidet. Eine Möglichkeit zur Berechnung ist die Bestimmung der Fragmentierung über

$$FRAG = \frac{1}{1 + p \cdot |T_N - A_N|^q}, \quad (8.3)$$

wobei T_N die wahre Objektanzahl und A_N die Anzahl der aktuellen Objekte ist. Die Größen p und q sind zwei Skalierungsfaktoren.

- **die Ermittlung der Diskrepanz basierend auf den Merkmalswerten der segmentierten Objekte** ([Zhan96], [Corr00], [Mano98], [Erde00], [Leto02], [Yang95])

Dieser Messung wird die Hypothese zugrundegelegt, dass sich das Referenz- und das Testbild nur gering unterscheiden, so dass typische Merkmalswerte auch in beiden Bildern die gleiche Größe besitzen sollten. Damit kann die Differenz der unterschiedlichen Merkmalswerte zur Evaluation herangezogen werden. Eine Möglichkeit ist die Bestim-

mung der „ultimativen Messgenauigkeit“ (UMA). Sie ist merkmalsabhängig. Typische Merkmale sind z. B. der Grauwert und statistische bzw. geometrische Merkmale wie der Flächeninhalt, die Bending Energie, der Formfaktor, die normalisierte mittlere oder absolute Krümmung, der Durchmesser oder die Rundheit. Man unterscheidet bei der Berechnung zwischen der absoluten ultimativen Messgenauigkeit (AUMA) und der relativen ultimativen Messgenauigkeit (RUMA). Sie berechnen sich nach

$$AUMA = |R - S|, \quad (8.4)$$

$$RUMA = \frac{|R - S|}{R} \cdot 100\%, \quad (8.5)$$

wobei R das Merkmal im Referenzbild und S das Merkmal im segmentierten Bild ist. Ein Beispiel für die Durchführung der Evaluation von Split-and-Merge-Segmentierungen für MR-Datensätze des Gehirns basierend auf einer Volumenmessung ist in [Mano98] zu finden. In [Corr00] wurden zur Beschreibung der geometrischen Ähnlichkeit die Diskrepanzmaße für den Vergleich der Größen, der Objektschwerpunkte und der Kompaktheit verwendet, um segmentierte Objekte in Videosequenzen zu bewerten. Außerdem wurden Maße zur Beschreibung der Abweichung in der Helligkeit und Röte zwischen Referenz- und segmentiertem Objekt genutzt. In [Erde00] wurde ein gestaltbasiertes Ähnlichkeitsmaß zur Bewertung der Segmentierungsqualität in Videosequenzen eingesetzt. Yang [Yang95] verwendet als Vergleichskriterium für verschiedene Ansätze zur Segmentierung weißer Blutkörperchen ein Rundheits- und ein Orientierungsmaß. Ähnlichkeitsmaße, die als Merkmale die Ausdehnung, die Kompaktheit, das umschließende Rechteck, die Objektsymmetrie, den Kontrast und die Konturregelmäßigkeit zugrundelegen, werden in [Leto02] zur Beurteilung der Qualität von Luftbildsegmentierungen verwendet. Die aufgeführten Eigenschaften benutzt, weil sie gut mit den von einem menschlichen Experten genutzten Kriterien korrespondieren.

- **die Bestimmung der Diskrepanz basierend auf verschiedenen Quantitäten [Zhan96]**

Bei diesem Merkmal wird die Anzahl der sich in segmentiertem Bild und Referenzbild überlappenden Regionen gemessen. Eine andere Möglichkeit besteht noch in der Messung der symmetrischen Divergenz. Mögliche Berechnungsvorschriften finden sich in [Zhan96].

- **die Berechnung der Diskrepanz basierend auf der Anzahl der korrekt segmentierten Pixel [Vitu97]**

Im Gegensatz zum ersten angegebenen Diskrepanzmaß wird hier zur Beurteilung der Korrektheit der Segmentierung das Verhältnis gebildet aus zum einen der bedingten Wahrscheinlichkeit eines als Kantenpunkt bezeichneten Punktes, auch ein wahrer Kantenpunkt zu sein und andererseits aus der bedingten Wahrscheinlichkeit eines wahren Kantenpunktes, auch tatsächlich als Kantenpunkt bezeichnet zu werden. Das beste Ergebnis für ein Verfahren besteht in der Gleichheit dieser beiden Wahrscheinlichkeiten, d.h. in einem Wert von eins für das ermittelte Verhältnis.

- **die Ableitung der Diskrepanz basierend auf dem Überlappen des segmentierten Volumens und des Volumens im Referenzbild [Geri01]**

Akzeptierte Maße zur Bestimmung der Überlappung zwischen dem segmentierten Volumen S und einem Referenzvolumen R berechnen sich nach

$$D = \frac{S \cap R}{S \cup R} \text{ bzw. } D = \frac{S \cap R}{R}. \quad (8.6)$$

Die Messung liefert vergleichbare Maße, wenn die Größe der untersuchten Strukturen und die Auflösung der Bilddaten standardisiert ist. Wenn man von der Annahme ausgeht, dass die Fehler hauptsächlich an den Grenzen des Objekts auftreten, wird für einen gleichgroßen Fehler für eine kleinere Struktur ein größerer Diskrepanzwert berechnet als für eine größere Struktur.

- **die Berechnung der Diskrepanz basierend auf dem Hausdorff-Abstand zwischen den Konturen im Goldstandard und im real segmentierten Bild ([Chal97], [Liu02], [Geri01])**

Der Hausdorff-Abstand (Abb. 8.4) berechnet sich nach [Chal97] über

$$d_{\text{Hausdorff}}(A, B) = \max \left(\max_i \{d(a_i, B)\}, \max_j \{d(b_j, A)\} \right) \quad (8.7)$$

mit A und B als Konturen vom segmentierten Bild und vom Goldstandard und

$$d(a_i, B) = \min_j \|b_j - a_i\|. \quad (8.8)$$

Dieser Abstand wird u.a. in [Chal97] und [Geri01] zu Bewertung der Qualität von erkannten Grenzen in medizinischen Bildern verwendet und von Liu [Liu02] zur Beurteilung der Güte von Algorithmen zur Ecken und Linienerkennung.



Abb. 8.4: Hausdorff-Abstand (durchgehende Linie) zur Charakterisierung der maximalen Abweichung zwischen einer segmentierten Kontur (gepunktete Linie) und der Kontur im Goldstandard (gestrichelte Linie)

- **die Bestimmung der Diskrepanz durch die Berechnung der mittleren absoluten Oberflächenabweichung [Geri01] bzw. der Konturabweichung ([Erde00], [Fens00b])**

Diese Messung integriert sowohl die Fehler infolge von Über- als auch die von Untersegmentierung in einem Maß. Die Berechnung erfolgt auf der Grundlage der euklidischen Distanztransformation ([Geri01], [Erde00]) oder durch Nutzung der Chamfer-Distanzberechnung [Fens00b].

- **der Vergleich der durch die Konturen im Goldstandard und im segmentierten Bild eingeschlossenen Pixel ([Chal97], [Jais95])**

Hierzu wird ein Pixel-zu-Pixel-Vergleich vorgeschlagen. Für alle Pixel innerhalb der beiden Konturen wird eine pixelweise XOR-Operation durchgeführt, und die mittlere Anzahl der Pixel im Ergebnisbild, die nicht 0 sind, wird als Metrik benutzt.

- **die Messung der Ähnlichkeit in der Kantenstärke von der Kontur im Goldstandard und im segmentierten Bild [Corr00]**

Zur Berechnung der Kantenstärke wird in beiden Fällen der Sobel-Operator eingesetzt, wobei über die Beträge der Differenzen korrespondierender Konturpixel gemittelt wird.

- **die Bestimmung der Differenz in den Histogrammen der Konturorientierung bzw. der Kurvigkeit der Kontur [Fens00b]**

Diese Maße sind jedoch nur bei sehr gering verrauschten Bilddaten und bei solchen Segmentierungsalgorithmen einsetzbar, die keine zu exakte Anpassung des Segmentierungs-

ergebnisses an die Bilddaten erlauben. In [Fens00b] werden sie zur Beurteilung des Ergebnisses einer Segmentierung mit einem deformierbaren Modell verwendet, wo durch die Festlegung der innere Energie eine gewisse Glattheit des Ergebnisses gewährleistet ist.

- **die Ermittlung von Maßen zur Bestimmung der Genauigkeit der Bewegung von segmentiertem Objekt und Referenzobjekt ([Corr00], [Erde00])**

In der Bewertung der Segmentierung von Zeitsequenzen ist zum einen die Ermittlung der zeitlichen Genauigkeit, z. B. wann das segmentierte Objekt das erste und letzte Mal in Erscheinung tritt, als auch die räumlich-zeitliche Genauigkeit von Wichtigkeit. Hinweise auf Berechnungsvorschriften hierzu finden sich in [Corr00] bzw. in [Erde00]

Das Problem bei dem Entwurf des Evaluationsszenarios besteht nun darin, aus der Vielzahl der möglichen Messgrößen diejenigen auszuwählen, mit denen die Qualität der Segmentierung am besten charakterisiert werden kann. Eine Hilfestellung kann hier die Analyse der menschlichen Qualitätsbewertung liefern. Merkmale, die auch von einem Experten zur Qualitätsabschätzung verwendet werden, sollten auch bei der automatischen Bewertung eine geeignete Basis für die Auswertung der Evaluationsstudie darstellen. Wenn dieses Problem geklärt ist, besteht der nächste Entwurfsschritt darin, die geeignete Teststrategie zu entwickeln. Diesem Thema widmet sich das nun folgende Unterkapitel.

8.3 Durchführung der Tests

Die Durchführung der Tests erfolgt bei der empirischen Diskrepanzmethode durch Anwendung des entwickelten Bildanalysealgorithmus auf die Testbilder und anschließende Bestimmung der Güte- bzw. Diskrepanzmerkmale. Bevor dies jedoch erfolgen kann, sind im Rahmen des Entwurfs der Teststrategie einige Fragen zu klären. So muss ausgewählt werden, welche Art von Testbildern zum Einsatz kommen soll, um auch tatsächlich die gewünschten Aussagen aus dem Evaluationsprozess zu erhalten. Im Zusammenhang mit der Testbildauswahl bzw. Testbildgenerierung muss weiterhin geklärt werden, welche Parameter, z. B. in den Aufnahmebedingungen, einen Einfluss auf das Ergebnis der Bildanalyse haben können. Diese Abhängigkeiten müssen dann möglichst umfassend untersucht und dokumentiert werden. Daraus lassen sich später Rückschlüsse über die Anwendbarkeit eines Algorithmus für eine bestimmte Aufgabenstellung treffen. Ein dritter Aspekt, der beachtet werden muss, ist die Gewinnung der Vergleichsdaten, wenn die Tests mit der Diskrepanzmethode durchgeführt werden sollen. Alle drei genannten Gesichtspunkte werden im Folgenden ausführlich betrachtet.

8.3.1 Arten von Testbildern

Zum Testen von Algorithmen können verschiedene Arten von Bilddaten zum Einsatz kommen. Diese lassen sich unterteilen in:

- einfache künstliche Testbilder,
- simulierte Bilddaten,
- Testdaten durch Nutzung von Phantomen,
- Bilddaten durch Untersuchung von totem, realen Gewebe,
- Einbau von Variationen in reale Testbilder und
- reale Bilddaten.

Ausgehend von den einfachen künstlichen Testbildern bis hin zu den realen Bilddaten nimmt dabei die Genauigkeit der Approximation an die realen Gegebenheiten immer weiter zu. Andererseits nimmt die Möglichkeit zum einfachen Ableiten von Daten für den Goldstandard ab.

Eine sehr einfache Möglichkeit, Segmentierungsalgorithmen zu testen, besteht in der Generierung einfacher künstlicher Testbilder. In der Regel werden geometrische Objekte, wie z. B. Kreise oder Vierecke, im Bild platziert und mit einer anderen Farbe als der Hintergrund eingefärbt. Mit dieser Art von Testbildern lassen sich zwar objektive Aussagen über die Brauchbarkeit eines Algorithmus gewinnen. Diese sind jedoch nur bedingt verallgemeinerbar und kaum auf das reale Problem zu übertragen, da sie zumeist wenig Ähnlichkeit mit der Realität aufweisen [Hara00]. Häufig werden zur Bildsynthese auch solche Annahmen getroffen, die gleichfalls dem Segmentierungsalgorithmus zugrunde liegen. Damit sind die Ergebnisse der Untersuchungen nicht aussagekräftig [Chal97]. Ein Vorteil bei der Nutzung von künstlichen Testbildern ist jedoch, dass zum einen sehr einfach der Goldstandard generiert werden kann und zum anderen die Einflüsse der Parametrisierung und der Initialisierung sowie die Auswirkungen einer Variation der aufnahme- und objektspezifischen Faktoren auf das Segmentierungsergebnis untersucht werden können.

Eine etwas bessere Approximation der Realität stellen simulierte Daten dar. So wird in [Lehm01a] eine Möglichkeit zur Erzeugung synthetischer aber realistischer Bilder durch eine Fourier-basierte Textursynthese beschrieben. Dazu werden Beispielt Texturen aus realen Bildern gesammelt und als Fourier-Repräsentation abgespeichert. Durch eine Neukombination von Amplituden- und Phasenspektren sowie durch die Variation der Mittelwerte werden synthetische Texturen erzeugt (Abb. 8.5). Diese werden dann in ein Bild, welches aus drei Bereichen (innerer und äußerer Bereich sowie Konturzone) zusammengesetzt ist, eingefügt [Lehm01b]. Die auf diese Weise generierten Bilddaten können jedoch aufgrund der Mischung der Spektren artefaktähnliche Strukturen im Bild enthalten, die so nicht in realen Bildern vorkommen können. Eine weitere Möglichkeit, reale Gegebenheiten zu simulieren, stellt die von Cho [Cho97] genutzte Bootstrap-Methode zur Untersuchung von Kantendetektoren dar. Sie wird im Zusammenhang mit einem Vorschlag zu einer dreistufigen Bewertungsstrategie im Kapitel 10.3 ausführlicher erläutert.

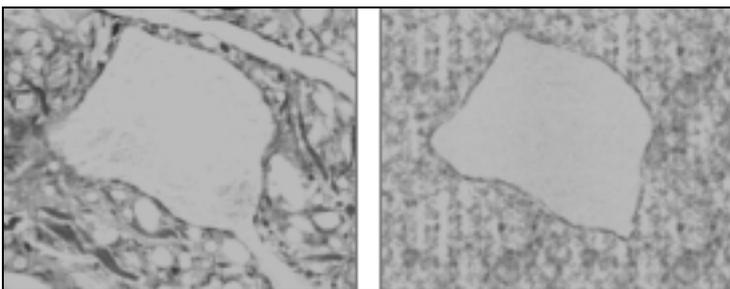


Abb. 8.5: Beispiel für die Erzeugung synthetischer Bilder mittels Fourier-basierter Textursynthese, links: histochemisch gefärbtes Motoneuron, rechts: simuliertes Bild, aus [Lehm01].

Ein anderer Weg, Bilddaten zu simulieren, ist die Verwendung eines rechnerinternen Modells. Diese Vorgehensweise wurde z. B. zur Erzeugung von MR-Datensätzen des Gehirns ([Wage00], [Coll98], [More00]), zur Erzeugung von koronaren Angiographien [Gree01] und zur Erzeugung von Ultraschallbildern [Jens96] eingesetzt (Abb. 8.6). Hierbei wird versucht, alle für ein Bildgebungsverfahren relevanten Aspekte eines Untersuchungsobjekts mathematisch zu beschreiben. Davon ausgehend wird eine Messreihe berechnet, die bei der simulierten Untersuchung entstehen würde. Alle nachfolgenden Operationen, die mit der Bilderzeugung verbunden sind, wie z. B. die Bildrekonstruktion, werden dann analog zu den realen Messreihen durchgeführt [Tönn93]. Durch diese Methode lassen sich Einflüsse der Bildaufnahme nur noch durch die Approximation im Rahmen des Modells untersuchen. Andererseits können je-

doch beliebige Variationen physikalischer Effekte simuliert werden, die in der Realität mitunter nur sehr selten zu beobachten wären. Ein weiterer Vorteil liegt wiederum in der automatischen Verfügbarkeit der Grundwahrheit.

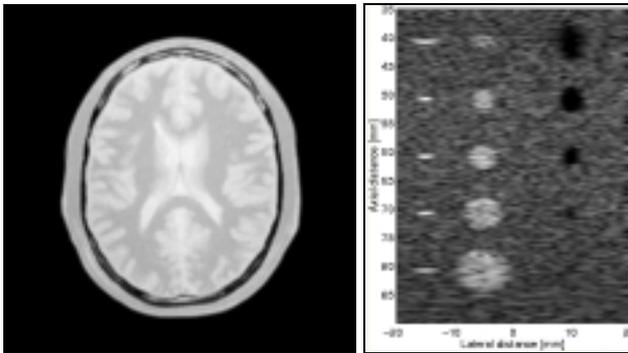


Abb. 8.6: simulierte Daten durch Nutzung eines rechnerinternen Modells, links: Beispiel für ein simuliertes PD-MR-Bild des Gehirns, rechts: Simulation eines Ultraschallbildes von einem Zystenphantom (<http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/> und <http://eswww.it.dtu.dk/~jaj/field/>)

Neben den bisher erläuterten Möglichkeiten zur Erzeugung künstlicher Daten lassen sich auch reale Daten zur Evaluation verwenden. Die beste Kontrollmöglichkeit liefern hierbei Phantome, die mit dem entsprechenden Untersuchungsverfahren genauso wie die realen Daten dargestellt werden. Da die Phantome den gleichen Bildgebungsprozess durchlaufen, lassen sich hier auch alle Einflüsse des Bildgebungssystems untersuchen. Der Eigenschaften des Objekts dagegen, können, bis auf geometrische Charakteristiken, nicht realistisch nachgebildet werden. Somit lassen sich die daraus resultierenden Variationen der Objekte im Bildmaterial mit dieser Art der Bilderzeugung auch nicht untersuchen. Eine Schlussfolgerung über die Korrektheit der Segmentierung lässt sich durch das Vermessen des Phantoms ableiten.

Schließlich lässt sich auch reales, totes Material zur Evaluation verwenden. Hierbei werden im Unterschied zur vorgenannten Kategorie auch eine Vielzahl von Eigenschaften des Objekts mit erfasst. Voraussetzung für diesen Ansatz ist jedoch, dass sich die Messwerte für totes und lebendes Material bei dem verwendeten Bildgebungsverfahren nicht unterscheiden. Dies ist beim Röntgenverfahren und bei der CT-Bildgebung der Fall. Bei MR-Aufnahmen bewirken voneinander abweichende T_1 - und T_2 -Relaxationszeiten für totes und lebendes Gewebe Unterschiede in den Bilddaten. Funktionelle Daten lassen sich mit diesem Ansatz überhaupt nicht gewinnen. Eine Vermessung des Untersuchungsmaterials kann hier ähnlich wie bei den Phantomdaten zur Gewinnung von Vergleichsdaten durchgeführt werden. Diese Daten können dann wiederum für eine Diskrepanzmessung zur Charakterisierung der Qualität des Segmentierungsverfahrens genutzt werden.

Eine weitere Möglichkeit zum Erzeugen von Testbildern für die Evaluation von Bildanalysealgorithmen ist die Verwendung von realem Bildmaterial in das nachträglich Abnormalitäten eingefügt werden. Die Abnormalitäten können dabei zum einen gleichfalls aus realen Bildern stammen und zum anderen können sie anhand eines Modells generiert werden. Ein Problem ist jedoch in beiden Fällen, dass die große Vielfalt bzw. auch das reale Erscheinungsbild der Abnormalitäten nicht nachgebildet werden kann. Dadurch können auch keine allgemeingültigen Aussagen von den Tests mit diesen Bildern abgeleitet werden. Genutzt wird diese Vorgehensweise teilweise im Bereich der Tumorerkennung in Mammographien [Zwig96].

Das letzte und realistischste Testszenario basiert auf der Untersuchung von realem Bildmaterial. Hierbei tritt jedoch die Schwierigkeit auf, dass die genaue Position der zu segmentierenden Strukturen, die für die Berechnung von Diskrepanzmaßen notwendig ist, a priori nicht zur Verfügung steht. Sie muss erst durch manuelle Markierung ermittelt werden. Die Probleme, die damit verbunden sind, werden im Abschnitt 8.3.3 beschrieben. Eine weitere Schwierigkeit bei der Verwendung realer Bilddaten besteht darin, dass eine repräsentative Testmenge

vorhanden sein muss, die alle möglichen Erscheinungsformen der zu untersuchenden Struktur enthält. Wird eine Untermenge von Bilddaten zum Test aus einer Datenbank ausgewählt, so muss darauf geachtet werden, dass nicht alle problematischen Fälle vorher als irrelevant aus der Testmenge ausgesondert werden [Sonk00]. Für einige, wenige Anwendungsbereiche, wie z. B. für die Brusttumorerkennung in Mammographien, existieren bereits größere über das Internet zur Verfügung gestellte Datensammlungen, in denen auch die Grundwahrheit gespeichert ist. Für andere medizinische Anwendungsgebiete ist man seit einigen Jahren dabei, derartige Datenbanken zu etablieren [Brow00]. Diese müssen dann auch immer mit neueren Bildern, Daten von neuen Modalitäten und Daten mit neuen Protokollen aktualisiert werden [Jann02]. Durch die Nutzung dieser Daten wird es dann auch möglich sein, unterschiedliche Segmentierungsansätze miteinander vergleichbar zu machen.

Im Anschluss an die Auswahl einer entsprechenden Testdatenmenge ist es erforderlich, die Durchführung der Tests zu planen.

8.3.2 Auswahl der Einflussgrößen

Bei dem Entwurf der Testszenarien muss darauf geachtet werden, dass diese Tests weder zu hart noch zu weich sein dürfen. Ist der Test zu weich, wird nur das Tuning existierender Algorithmen bewirkt. Im anderen Fall, wenn der Test über die Fähigkeiten der zu untersuchenden Verfahren hinausgeht, werden für alle Ansätze gleichermaßen schlechte Resultate erzielt, so dass kein Vergleich der Leistungsfähigkeit der verschiedenen Algorithmen möglich ist [Phil90].

Um die Tests systematisch durchführen zu können, sollte man sich zunächst überlegen, welche unterschiedlichen Einflussgrößen auf das Ergebnis eines Segmentierungsverfahrens einwirken können. Diese Beeinflussung kann durch Variationen in den Objektmerkmalen, durch Effekte beim Bildaufnahmeprozess, durch Modifikationen in der Parametersetzung des Algorithmus und durch unterschiedliche Initialisierung erfolgen. Alle diese systematisch zu untersuchenden Ursachen sollten in Abhängigkeit von ihrem Einfluss auf die Verschlechterung der Leistungsfähigkeit des Algorithmus geordnet werden [Bail99]. Aus der geordneten Liste kann dann die Entscheidung abgeleitet werden, welches die signifikanten Einflussgrößen sind, deren Wirkung genauer betrachtet werden sollte. Für die Untersuchungen muss nun der Benutzer Bereiche vorgeben, innerhalb derer die einzelnen Parameter variiert werden sollen. Die für den jeweiligen Parameter sinnvollen Grenzen können aus dem realen Datenmaterial abgeleitet werden.

Wichtige Einflussfaktoren auf der Verfahrensseite sind die Parametrisierung und die Initialisierung. Während der Einfluss der Parametrisierung durch systematisches Verändern der einzelnen Werte ermittelt werden kann, kann man den Einfluss der Initialisierung nur durch mehrfaches Ausführen des Algorithmus bei veränderten Startbedingungen messen. Wesentliche Kenngrößen auf Seiten des Bildes, die je nach verwendetem Algorithmus eine Variation des Segmentierungsergebnisses hervorrufen können, sind u.a. das Signal-Rausch-Verhältnis (SNR), der Kontrast, das Vorhandensein von Shading-Artefakten, die Kantensteilheit zwischen dem Objekt und dem Hintergrund und die Kompaktheit der Objektform.

Bei künstlichen Testdaten kann die Variation des SNR dadurch erreicht werden, dass der auf die ungestörten Daten aufsummierte Rauschanteil unterschiedlich gewichtet wird. Die Kontrastmodifikation ist z. B. durch systematische Veränderung des mittleren Objektgrauwertes möglich. Shading-Artefakte können durch Aufsummieren von Graukeilbildern erzeugt werden, bei denen der Gradient verändert wird. Unterschiede in der Kantensteilheit lassen sich durch Boxcar-Filterung des unverrauschten Bildes erzeugen, wobei die Fenstergröße va-

riert wird. Eine systematische Veränderung der Objektform lässt sich schwieriger generieren. Eine Möglichkeit ist die Berechnung der Polarkoordinaten der Objektkontur mit Hilfe der folgenden Gleichung [Pohl00]:

$$r(\varphi) = w_{\text{radius}} + \sin(\varphi * w_{\text{Frequenz}}) * w_{\text{Amplitude}} + w_{\text{Oval}} * \sin(\varphi)^2 \quad (8.9)$$

wobei die vier Werte für w jeweils modifiziert werden können, um unterschiedliche Aspekte des Einflusses der Objektform auf das Segmentierungsergebnis zu untersuchen und eine möglichst realistische Nachbildung natürlicher Objekte zu erreichen. In Abb. 8.7 wird ein Beispiel für eine damit erzeugte systematische Formvariation gezeigt.

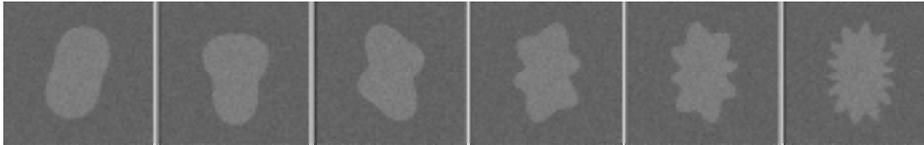


Abb. 8.7: Testobjekte mit konstanten Werten für w_{Radius} von 100, $w_{\text{Amplitude}}$ von 20, w_{Oval} von 50 sowie variablem w_{Frequenz} von 2, 3, 4, 6, 8 und 14. Die Objekte weisen, von links nach rechts betrachtet, eine zunehmende Krümmung innerhalb der Kontur auf.

Ein anderes Beispiel für die Ableitung einer systematischen Gestaltveränderung ist in [Yu00] zu finden, wobei hier die 3D-Gestalt über eine Metasphäre definiert wurde.

Für alle in den Tests zu untersuchenden Einflussgrößen und die dafür festgelegten Parameterbereiche müssen nun die Bilder entweder ausgewählt oder generiert und die Vergleichsdaten des Goldstandards bereitgestellt werden.

8.3.3 Gewinnung des Goldstandards

Ein letztes Problem, das zur Durchführung der Tests geklärt werden muss, ist die Ermittlung des Goldstandards für reale Bilder. Dieser muss manuell erstellt werden, wobei es einige Unterschiede in der Herangehensweise gibt.

So geht Salotti [Salo96] davon aus, dass zur Erstellung der Referenzkarte das Kontextwissen des Menschen oder auch semantische Information nicht genutzt werden soll, da dieses dem Algorithmus auch nicht zur Verfügung steht. Um dies zu erreichen, wird in dem vorgeschlagenen Ansatz das Bild auf das 16-fache vergrößert, und es werden jeweils nur kleine Bereiche während der manuellen Markierung angezeigt. Diese Vorgehensweise mag dann günstig sein, wenn nur die Leistungsfähigkeit eines bestimmten Verfahrens ohne eine konkrete Anwendung überprüft werden soll. Im Bereich der medizinischen Bildanalyse macht diese Methode jedoch keinen Sinn, da hier die Objekte auch dann vollständig erkannt werden sollen, wenn z. B. nicht alle Bereiche sicher vom Hintergrund abgrenzbar sind.

Bryant und Boulding [Heat97] schlagen vor, zur Erstellung der Grundwahrheit viele verschiedene Segmentierungsansätze zu testen und die Pixel als Objektanzeigen auszuwählen, die mehrfach als zum Objekt gehörig segmentiert wurden. Diese Vorgehensweise kann jedoch gerade bei komplizierteren Segmentierungsproblemen eine fehlerhafte Vergleichsbasis erzeugen und sollte deshalb in der Praxis nicht eingesetzt werden.

Eine andere Herangehensweise wird in [Doug98] gewählt. Hier wird wiederum die Wahrheitsbasis in realen Bildern manuell bestimmt. Für die Bewertung des Algorithmus werden jedoch nur solche Objektgrenzen genutzt, die mit großer Sicherheit auch tatsächlich welche sind. Unsichere Grenzpixel erhalten das Attribut „nicht sicher einzuordnen“. Diese Charakte-

risierung führt zu einer Drei-Werte-Grundwahrheit, wobei in der späteren Bewertung der Leistungsfähigkeit des Segmentierungsverfahrens die unsicheren Kandidaten nicht berücksichtigt werden. Dieser Ausschluss von bestimmten Regionen führt auf jeden Fall zu einer subjektiven Beeinflussung des Ergebnisses der Evaluation.

Um dieses Problem zu umgehen, wird in [Chal97] die Inter- und Intraobserver Variabilität bei den Experteneingaben beachtet. So erfolgt hier eine Mittelung der Kurven verschiedener Experten, wobei die Möglichkeit einer Gewichtung bestimmter Kurvenbereiche vorgesehen ist. Trotzdem weist auch diese Vorgehensweise einige Grenzen auf, da die Neigung von individuellen Beobachtern bei der Mittelung nicht berücksichtigt wird.

In [Warf02a] wird gleichfalls ein Algorithmus vorgeschlagen, mit dem die Grundwahrheit für reale Bilder aus mehreren manuellen Segmentierungen mehrerer Experten geschätzt werden kann. Dazu wird ein EM-ähnlicher Algorithmus eingesetzt, in dem die Grundwahrheit ein binärer Parameter ist, der aus den vollständigen Daten geschätzt wird. Zu diesen Daten zählen sowohl die einzelnen manuellen Eingaben als auch die Sensitivität und Spezifität der Experten. Letztere werden als verdeckte Zufallsvariable behandelt. In dem iterativen Expectation-Maximization (EM) -ähnlichen Prozess werden diese Werte jeweils durch die Expertenwerte ersetzt, die unter der Annahme der geschätzten Grundwahrheit der vorhergehenden Iterationsstufe ermittelt wurden. Die Korrektheit dieser Vorgehensweise wird an Phantomen mit bekannter Grundwahrheit in [Warf02b] nachgewiesen.

Ein weiteres Problem, das man im Zusammenhang mit der Erstellung der Grundwahrheit beachten muss, ist die Frage, wie detailliert die manuelle Eingabe erfolgen soll. So ist es für die Testung von Segmentierungsalgorithmen ungünstig, manuelle Markierungen z. B. aus dem Bereich der Bestrahlungsplanung zu verwenden, da hier für die Berechnung der Bestrahlungsgrößen lediglich die ungefähren Begrenzungen mit einem gewissen Sicherheitsbereich eingezeichnet werden.

Nach der Durchführung der Tests und der ermittelten empirischen Qualitätswerte besteht im letzten Schritt des Evaluationsprozesses die Aufgabe darin, einen Vergleich der Ergebnisse mit anderen Verfahren oder mit den Anforderungen durchzuführen und diese anschließend zu dokumentieren.

8.4 Vergleich und Präsentation der Evaluationsergebnisse

Sehr häufig werden statistische Ansätze zur Beurteilung der gemessenen Bewertungsmaße im Vergleich zur Qualität der manuellen Segmentierung verwendet. So benutzen Chalana [Chal97] und Bamford [Bamf03] eine Version des Williams-Index zur Bewertung der Qualität der Segmentierungsergebnisse. Bei dieser Methode wird der Grad der Übereinstimmung der Konturpunkte mit dem Goldstandard ermittelt. Diese Abschätzung der Ähnlichkeit wird hierbei sowohl für die computergenerierte Objektkontur als auch für die einzelnen manuell eingezeichneten Konturen berechnet. Damit lässt sich dann die Frage beantworten, inwieweit der Unterschied zwischen dem Goldstandard und der computergenerierten Kontur in der gleichen Größenordnung liegt, wie der Unterschied zwischen dem Goldstandard und einer einzelnen manuell eingezeichneten Kontur.

Ein zweites statistisches Maß, das in [Chal97] benutzt wird, ist die sogenannte Prozent-Statistik. Hierbei wird der Prozentsatz der Fälle ermittelt, bei denen die computergenerierten Grenzen innerhalb der Schwankungsbreite der manuellen Markierungen liegen. Dieser Wert gibt somit Aufschluss über die Korrespondenzbeziehungen zwischen den computergenerierten und den manuell markierten Konturen. Er liefert die Aussage, in wie vielen Fällen der Segmentierungsalgorithmus erfolgreich gearbeitet hat.

Neben diesen beiden speziellen Verfahren zum Vergleich von Resultaten lassen sich auch klassische Techniken, wie die lineare Regression, erfolgreich einsetzen. Dabei wird die Korrelation zwischen den Parametern der computergenerierten und der handgenerierten Grenzen ermittelt.

Teilweise erfolgt die Auswertung und die Dokumentation der Ergebnisse in Diagrammen, wo die Erkennungsraten der miteinander zu vergleichenden Verfahren bezüglich der Grundwahrheit aufgetragen sind [Salo96].

In einer Vielzahl von Arbeiten ([Shin98], [Hume96], [Klau99], [Hong99], [Kanu95], [Doug98], [Sout00], [Buen01b]) erfolgt der Vergleich der Segmentierungsergebnisse mehrerer Verfahren in Abhängigkeit von der Grundwahrheit in Form von ROC-Kurven. Mit Hilfe der ROC-Kurve ist die Analyse einer binären Klassifikation möglich, wobei die Leistungsfähigkeit des Verfahrens zur Erzeugung einer Kurve jeweils nur durch einen Parameter beeinflusst werden darf. Für jede Parameterveränderung wird dann die Ausgabe der Algorithmen jeweils mit dem Goldstandard verglichen, wobei die folgenden vier Werte berechnet werden: TP (Zahl von tatsächlichen Objektpixeln, die auch als Objektpixel segmentiert wurden), TN (Zahl der Hintergrundpixel, die auch als Hintergrund erkannt wurden), FN (Zahl der nicht-segmentierten Objektpixel) und FP (Zahl der falsch segmentierten Hintergrundpixel). Mit Hilfe dieser Werte werden zwei unabhängige Größen bestimmt:

- die Sensitivität eines Verfahrens mit $SE = \frac{TP}{TP + FN}$ und (8.10)

- die Spezifität mit $SP = \frac{TN}{FP + TN}$. (8.11)

Um eine ROC-Kurve zu erzeugen, werden dann die für jede untersuchte Parametrisierung berechneten SE- und SP-Werte übereinander aufgetragen, die dann die Kurve formen. Zur Charakterisierung der Leistungsfähigkeit eines Segmentierungsalgorithmus wird die Fläche unter der jeweiligen ROC-Kurve bestimmt. Je größer der ermittelte Wert für die Fläche, desto besser ist das Segmentierungsverfahren für die betrachtete Aufgabenstellung geeignet.

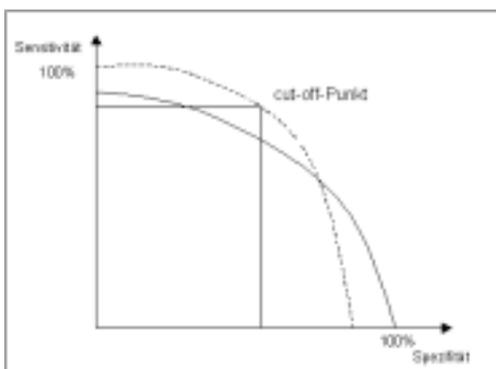


Abb. 8.8: Beispiel für zwei ROC-Kurven. An einem Cut-off-Punkt sind die Werte der Spezifität und Sensitivität für ein Verfahren direkt ablesbar, nach [Lehmann97]

Von Everingham wird analog zu den ROC-Kurven für Entscheidungen bei einem variierenden Parameter die Nutzung von monotonen Hüllen ([Ever01], [Ever02b]) bzw. der Pareto Front [Ever02a] im Funktionsraum zur Bewertung und zum Vergleich von Segmentierungsverfahren bei mehrdimensionalen Abhängigkeiten vorgeschlagen. Der Vorteil bei dieser Vorgehensweise ist, dass verschiedene Gesichtspunkte in einer einzigen Metrik zusammengebracht werden, so dass bei der Qualitätsabschätzung ein Kompromiss zwischen verschiedenen Aspekten des Algorithmus gefunden wird. Die Nützlichkeit dieser Methode wurde anhand des Vergleichs von sieben Segmentierungsverfahren nachgewiesen.

In einigen Arbeiten ([Mao99], [Gill99], [Geri01]) erfolgt die Ausgabe der Bewertungsergebnisse mit Hilfe einer Oberflächenvisualisierung. Dies scheint besonders für 3D-Segmentierungen ein hilfreicher Weg zu sein, um die Schwächen eines Verfahrens besser erkennen zu können. Zur Erzeugung der graphischen Darstellung wird zuerst die Oberfläche des Goldstandarddatensatzes visualisiert, und anschließend werden die unterschiedlichen pro Oberflächenpunkt gemessenen Diskrepanzwerte farblich kodiert auf diese Oberfläche gemappt (Abb. 8.9). So lassen sich auf sehr einfache Art und Weise visuell kritische Objektbereiche identifizieren, bei denen das Segmentierungsverfahren fehlerhaft arbeitet.

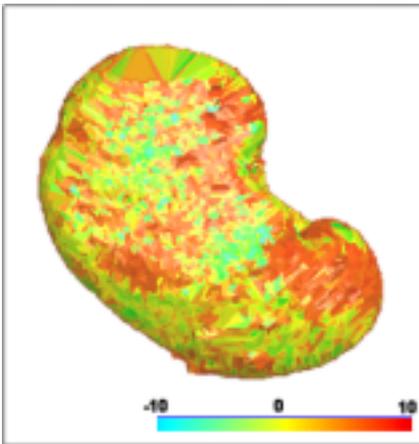


Abb. 8.9: Beispiel für die Visualisierung der Abweichung des Segmentierungsergebnisses vom Goldstandard durch Mapping der farbkodierten Fehlerwerte auf dessen Oberfläche.

8.5 Zusammenfassung

Insgesamt kann man feststellen, dass zur Evaluation im Bereich der medizinischen Bildanalyse in der Praxis häufig Diskrepanzmethoden eingesetzt werden. Dabei werden je nach Aufgabenstellung unterschiedliche Diskrepanzmaße genutzt. In vielen Fällen wird die mittlere Abweichung der segmentierten Kontur zum Ergebnis einer Handsegmentierung ermittelt. Teilweise werden auch Unterschiede bei bestimmten Merkmalswerten, wie z. B. die Volumenabweichung, bewertet. Immer werden die Tests an realem Bildmaterial durchgeführt, für die zum Vergleich eine Handsegmentierung vorgenommen wird. Zusätzlich sind teilweise Untersuchungen an künstlichen Testbildern in das Evaluationsszenario integriert, um allgemeingültigere Aussagen über die Wirkungsweise der Algorithmen zu erlangen. Die Darstellung der Ergebnisse erfolgt in den meisten Arbeiten durch die Angabe der gemessenen Werte in Tabellen und Diagrammen. Insgesamt kann man feststellen, dass der Evaluation der Verfahren in den letzten Jahren eine größere Bedeutung beigemessen wird. Trotzdem gibt es in vielen Fällen immer noch keine vergleichbaren Aussagen, da häufig große Testbilddatenbanken fehlen und die Erzeugung von manuellen Vergleichsdaten aufgrund der großen Zeitanforderungen nur für eine geringe Anzahl von Bilddaten ausgeführt wird.

Im folgenden Kapitel wird bei der Betrachtung von eigenen Anwendungsbeispielen das Problem der Evaluation in Abschnitt 9.2 noch einmal ausführlich besprochen. Weiterhin wird in Kapitel 10.3 ein Vorschlag für eine dreistufige Bewertungsstrategie unterbreitet.

9 Eigene Weiterentwicklungen

Im Folgenden sollen einige im Rahmen der Untersuchung von Segmentierungsverfahren selbst implementierte Anwendungsbeispiele für Segmentierungen im Bereich der Medizin vorgestellt werden. Diese verschiedenen Anwendungsgebiete wurden beispielhaft ausgewählt, um die unterschiedlichen Aspekte bei der Auswahl des jeweils nutzbaren Modellwissens exemplarisch demonstrieren zu können. Dabei wird, falls die Entwicklung des Verfahrens für ein spezielles Aufgabengebiet erfolgte, dieses kurz vorgestellt, um die daraus resultierenden Ableitungen bezüglich des genutzten Modellwissens und der Bildinformation nachvollziehbar zu machen.

Bei den einzelnen Beispielen werden unterschiedliche Arten von Modellen verwendet. So wird bei dem ersten Beispiel, der Differenzierung von neuromuskulären Erkrankungen, eine rein manuelle Auswahl der interessierenden Regionen vorgenommen, da diese keine eindeutigen Merkmale aufweisen, um eine automatische Regionenauswahl durchführen zu können. Mit der Bearbeitung dieser Fragestellung sollte nachgewiesen werden, dass es in den Ultraschallbildern der Muskulatur tatsächlich Charakteristiken gibt, auf deren Grundlage eine Unterscheidung zwischen den häufigsten neuromuskulären Erkrankungen vorgenommen werden kann. Aus der Sicht der medizinischen Bildverarbeitung bedeutete dies, geeignete Texturmerkmale in Anlehnung an die bisherige visuelle Auswertepaxis auszuwählen, um anschließend das Klassifikationsproblem lösen zu können.

In der zweiten Beispielentwicklung, dem modellbasierten adaptiven Regionenwachstumsverfahren, erfolgt die Auswertung von Modellannahmen aus der Bildgebung. Diese lassen sich gut automatisch ableiten und direkt in den Segmentierungsalgorithmus integrieren. Hier ging es schwerpunktmäßig darum, das allgemeine Region growing Verfahren so zu erweitern, dass der bisher notwendige Interaktionsaufwand reduziert werden kann. Es wurde darauf orientiert, dass der Benutzer nur noch solches Modellwissen in den Algorithmus einbringen muss, welches für ihn auch leicht zu erbringen ist, wie z.B. die Position der gesuchten Struktur. Alle anderen Modellannahmen werden bei dem entwickelten Ansatz automatisch aus dem Bild geschätzt.

Die nächsten vier Segmentierungsbeispiele verwenden neben Modellwissen aus der Bildaufnahme auch Annahmen über durchgehende Konturen und Gestaltannahmen zur Segmentierung. Dabei unterscheiden sie sich hinsichtlich der Art der Integration der Gestaltinformation in den Segmentierungsprozess und hinsichtlich der Ableitung dieser Information aus der Aufgabenstellung bzw. aus den Bilddaten.

Bei den ersten beiden Verfahrensansätzen in dieser Kategorie handelt es sich wiederum um Segmentierungslösungen, die für allgemeine Fragestellungen eingesetzt werden sollen. In beiden entwickelten Ansätzen wird zu einer Grobsegmentierung des gesuchten Objekts das Verfahren zur regionenbasierten Image Foresting Transformation (IFT) von Falcao [Falc00] genutzt. Zur Senkung des Rechenaufwandes bei großen medizinischen Datensätzen wurde diese erste grobe Objektdetektion bei einer reduzierten Bildauflösung durchgeführt. Anschließend wurde ein Suchraum abgeleitet, in dem in einem zweiten Schritt nach der tatsächlichen Objektgrenze gesucht werden kann. Hier wurde zum einen die Durchführung einer wiederholten IFT untersucht und zum anderen der Ansatz der Segmentierung mit aktiven Oberflächen verfolgt. Die konkret entwickelten Algorithmen werden in den beiden Abschnitten vorgestellt, und die Brauchbarkeit der Methoden für allgemeine Segmentierungsaufgaben wird anhand der Segmentierung der Leber in CT-Datensätzen nachgewiesen.

Das dritte untersuchte Beispiel zur Segmentierung unter Verwendung komplexen Modellwissens wurde speziell für die Segmentierung des linken Herzventrikels in dynamischen SPECT-Daten entwickelt. Hier ging es zum einen darum, eine Vorverarbeitungsmöglichkeit zu schaffen, mit der die Sicherheit der aus den Daten gewonnenen Informationen erhöht werden kann. In diesem Zusammenhang wurde unter anderem die Methode der verknüpften Pyramiden untersucht. Bei dem eigentlichen Segmentierungsschritt wurde das Ziel verfolgt, durch die Integration von anatomischem Modellwissen die funktionelle Information in den Daten über die Position des Herzens zu ergänzen. Dadurch sollen die Auswertungsmöglichkeiten der Bilddaten für den Kardiologen und die Sicherheit der aus den Daten gewonnenen Aussagen erhöht werden. Die Korrektheit der Segmentierung wurde durch eine kleine Evaluationsstudie nachgewiesen.

Als letztes Beispiel wird schließlich eine Lösung zur modellbasierten Segmentierung von Gefäßen in Angiogrammen vorgestellt. Hierbei handelt es sich wiederum um eine Entwicklung, die nur für diesen speziellen Anwendungsfall eingesetzt werden kann. Im Rahmen des Verfahrensentwurfs erfolgte in Anlehnung an die visuelle Gefäßidentifikation eine Ableitung typischer Merkmale aus dem Bild, die dann in Form von Modellwissen in den Segmentierungsalgorithmus integriert wurden. Zur eigentlichen Segmentierung wurde wegen der schlechten Bildqualität Ziplock-Snakes verwendet, die eine spezielle Art der aktiven Konturen darstellen und somit einen durchgehenden Konturverlauf gewährleisten. Das entwickelte Verfahren wurde abschließend an künstlichen Testbildern getestet.

Die konkrete Umsetzung der sechs verschiedenen Beispiele soll nun nachfolgend ausführlich betrachtet werden. Bei der Darstellung der einzelnen Entwicklungen wird der Analyse des genutzten Modellwissens besonderes Gewicht beigemessen. Außerdem wird auch auf die Art der Integration des Wissens in den Algorithmus eingegangen.

9.1 Differenzierung neuromuskulärer Erkrankungen mit Texturanalyse

In dem ersten Unterkapitel wird eine Problemstellung vorgestellt, bei der aufgrund der schwierigen Abgrenzbarkeit der interessierenden Regionen nur eine manuelle Markierung der Bereiche vorgenommen werden kann. Die betrachtete Problematik der Differenzierung neuromuskulärer Erkrankungen anhand der Auswertung von Ultraschallbildern ist der Zielstellung computerbasierte Diagnoseunterstützung auf der Grundlage manuell markierter Regionen zuzuordnen und beinhaltet eine Gewebedifferenzierung mittels Texturanalyse.

Im ersten Abschnitt wird zur besseren Einordnung der Aufgabenstellung auf die medizinische Problemstellung eingegangen. Danach wird die bisher übliche visuelle Auswertung betrachtet, da aus ihr wichtige Aspekte für eine computergestützte Auswertung abgeleitet werden können. Auf die entwickelte Vorgehensweise bei der Texturanalyse wird im vierten Unterpunkt ausführlicher eingegangen. Abschließend werden die erzielten Ergebnisse vorgestellt und diskutiert.

9.1.1 Medizinische Problemstellung

Zu den neuromuskulären Erkrankungen zählen neurogene, myogene und entzündliche Erkrankungen, die zumeist mit einer Einschränkung der Muskelfunktion infolge einer Erkrankung der Muskelzelle oder des peripheren Nervensystems verbunden sind. Diese Erkrankungen können einerseits hereditär oder andererseits erworben sein. Die Differentialdiagnose ist

infolge der sehr ähnlichen klinischen Symptome mit einem umfangreichen und kostenintensiven Prozedere verbunden. So werden dazu neben den biochemischen und elektrophysiologischen Methoden auch bildgebende Verfahren, wie die Sonographie, die Computertomographie und die Magnetresonanztomographie, eingesetzt.

Erste sonographische Untersuchungen zur Differenzierung der unterschiedlichen Erkrankungen begannen Anfang der 80er Jahre. So erfolgte bei Heckmatt [Heck80] eine Abgrenzung zwischen gesunden und erkrankten Patienten. Rott und Mulz führten 1982 den ersten sonographischen Konduktorinnennachweis für die Duchennesche Muskeldystrophie durch [Rott82]. Eine Unterscheidung zwischen Patienten mit Duchennescher Muskeldystrophie und gesunden Probanden anhand des Ultraschallbildes gelang auch Leeman [Leem96]. Weitere Kriterien zur Differenzierung zwischen den verschiedenen Erkrankungen und für eine Erkennung von Überträgerinnen bei der Duchenne Muskeldystrophie wurden u.a. in [Stein84], [Rhod89], [Fors86] und [Reim98] beschrieben.

Eine Schwierigkeit bei dieser Art der Auswertung besteht darin, dass eine effiziente Ultraschallanwendung nur durch ein aufwendiges Untersuchertraining in Form eines langjährigen Erwerbs klinischer und anwendungstechnischer Erfahrungen unter fachlicher Anleitung möglich ist. Außerdem wird die Anfertigung und Interpretation der Ultraschallbilder sehr stark durch subjektive Faktoren beeinflusst. So haben Untersuchungen gezeigt, dass bei der subjektiven rein visuellen Auswertung eines Sonogramms nur 15-20 % des tatsächlichen Bildinhalts genutzt werden können [Gros88].

Aus diesem Grund ist es hilfreich, computergestützte Systeme zu entwickeln, die zum einen eine Unterstützung bei der Diagnostik geben und zum anderen eine Objektivierung der Auswertung ermöglichen. Diese computerunterstützte Gewebedifferenzierung basiert zumeist auf einer Texturanalyse. Sie wurde u.a. erfolgreich zur Untersuchungen der Leber, der Brust und der Schilddrüse ([Zuna91], [Laye91], [Delo95]) eingesetzt.

Bei dem Entwurf eines derartigen Systems ist zu Beginn zu analysieren, wie der Experte bei der Auswertung vorgeht, welche charakteristischen Regionen und welche Texturmerkmale er in seine visuelle Auswertung einbezieht. Diese Betrachtung ist wichtig, da auf dieser Grundlage eine Entscheidung über die Möglichkeit zur Auswahl der interessierenden Regionen (ROI) und zur Auswahl der zu berechnenden Texturmerkmale getroffen wird. Außerdem muss im Vorfeld untersucht werden, welche äußeren Faktoren die Ergebnisse der Untersuchung beeinflussen können und ob diese durch eine Standardisierung der Rahmenbedingungen auszuschalten sind. Diese beiden Gesichtspunkte sollen nun genauer betrachtet werden.

9.1.2 Kriterien der visuellen Befundbeurteilung

Bei der visuellen Befundbeurteilung werden im Sonogramm erkennbare charakteristische Strukturen, wie z.B. die Subcutis, die Muskeln und die Faszien, und die kleinen differenzierbaren Texturen beurteilt. Erstere bilden nach [Fisc02] die Makrostruktur eines Bildes (in der Regel größer als 1mm) und letztere die Mikrostruktur (in der Regel kleiner als 1mm). Bei der visuellen Auswertung werden Übersichtsaufnahmen bis in eine Tiefe von 4-6 cm von vier verschiedenen Muskelregionen (Transversalschnitte im mittleren Drittel des rechten Oberschenkels, des rechten Oberarms, des rechten Unterschenkels und der linken Wade) betrachtet. Außerdem werden noch Vergrößerungen eines Bildausschnitts von 2 cm x 2,5 cm Größe in einer Tiefe von 3 cm bei Nutzung der maximalen Zoomfunktion (~ 200 µm Auflösung) ausgewertet.

Zur Standardisierung der subjektiven Auswertung wurde von [Fisc02] eine Checkliste erstellt, die zum einen die Veränderungen in der Echogenität, deren Homogenität oder Fokalität

bewertet und zum anderen Texturmuster in Abweichung zum Normalbefund beschreibt. Zur Beurteilung der Makrostruktur sind in dieser Checkliste folgende Kriterien aufgeführt:

- *Beurteilung der Echogenität der Muskulatur*
Sie lässt sich in vier Kategorien unterteilen: normale, verminderte, vermehrte oder stark vermehrte Echogenität.
- *Bewertung der Schallpenetration*
Sie wird anhand der Schärfe bzw. Unschärfe der Knochensichel vorgenommen. Die Einteilung erfolgt in normal, verstärkt, herabgesetzt oder stark herabgesetzt.
- *Charakterisierung der Faszien-Darstellung*
Sie wird als normal, scharf, unscharf oder verschleiert charakterisiert. Eine verschleierte Darstellung tritt auf, wenn keine eindeutige Abgrenzung der Faszien mehr erfolgen kann.
- *Einschätzung der Echogenität und der Dicke der Subcutis*
Die Abstufung erfolgt von normal über vermehrt bis hin zu stark vermehrt.
- *Beschreibung des Verteilungsmusters der Veränderungen*
Dieses kann homogen, leicht inhomogen, inhomogen oder extrem inhomogen aussehen.

Bei der Charakterisierung der Mikrostruktur erfolgt eine Beschreibung der kleinsten im Sonogramm differenzierbaren Strukturen nach ihrem Aussehen. Folgende Kategorien werden dabei betrachtet:

- *Granulationen*
Hierbei handelt es sich um kleine, rundliche Strukturen, die fein, normal, grob oder sehr grob sein können.
- *Lamellen*
Sie sind als langgestreckte Strukturen sichtbar. Eine Differenzierung ist in kurz- oder langlamellär möglich.
- *Retikuläre Zeichnung*
Sie entspricht einer netzförmigen Verteilung der kleinen Bildstrukturen. Sie kann entweder vorhanden oder nicht vorhanden sein.

Aus dieser für die visuelle Beurteilung aufgestellten Charakteristik lässt sich im Weiteren die Vorgehensweise bei der computergestützten Auswertung der Myosonogramme ableiten.

9.1.3 Einflussfaktoren für das Ergebnis der Texturauswertung

Zur Untersuchung der äußeren Einflussfaktoren auf eine myosonographische Gewebedifferenzierung wurden aus Aufwandsgründen jeweils nur die Veränderungen in den Grauwertmerkmalen innerhalb eines manuell festgelegten Texturfensters betrachtet. Eine solche untersuchte Einflussgröße im Zusammenhang mit der Abhängigkeit von der Untersuchungsdurchführung ist die Analyse der Bildunterschiede infolge unterschiedlichen Auflagedrucks des Schallkopfes. So wurde in den Voruntersuchungen festgestellt, dass nicht nur eine einheitliche Festlegung der Geräteeinstellungen des benutzten Ultraschallgerätes 128-XP der Firma ACUSON mit einem 7 MHz-Parallel-Scanner [Pohl00b], sondern auch eine standardisierte Vorgabe für den Auflagedruck des Schallkopfes notwendig ist. Dieser muss sicherstellen, dass die Ausprägung der Merkmalswerte nicht durch den jeweiligen Untersucher beeinflusst wird. In Abb. 9.1 ist die gemessene Abhängigkeit des mittleren Grauwertes vom Auflagedruck für das Beispiel eines gesunden fünfjährigen Jungen demonstriert. Hierbei wurden ROI von jeweils drei unterschiedlichen Untersuchern bei der Messung der Texturmerkmale je cha-

rakterisiertem Druck berücksichtigt. Es zeigte sich bei der Auswertung der Bilddaten ganz deutlich, dass die Echogenität in den Bildern und damit die mittlere Helligkeit mit zunehmendem Auflagedruck anstieg. Bei einem zu hohen Auflagedruck könnten somit Messwerte erhalten werden, die charakteristisch für eine Muskelerkrankung sind, obwohl diese nicht vorliegt. Um diesen Effekt weitestgehend auszuschalten und die Bilder mit einheitlichen Auflagedingungen zu erzeugen, wurde die Vereinbarung getroffen, dass bei der Bilderzeugung in den einzelnen US-Bildern keine Komprimierung des Hautmantels sichtbar sein darf.

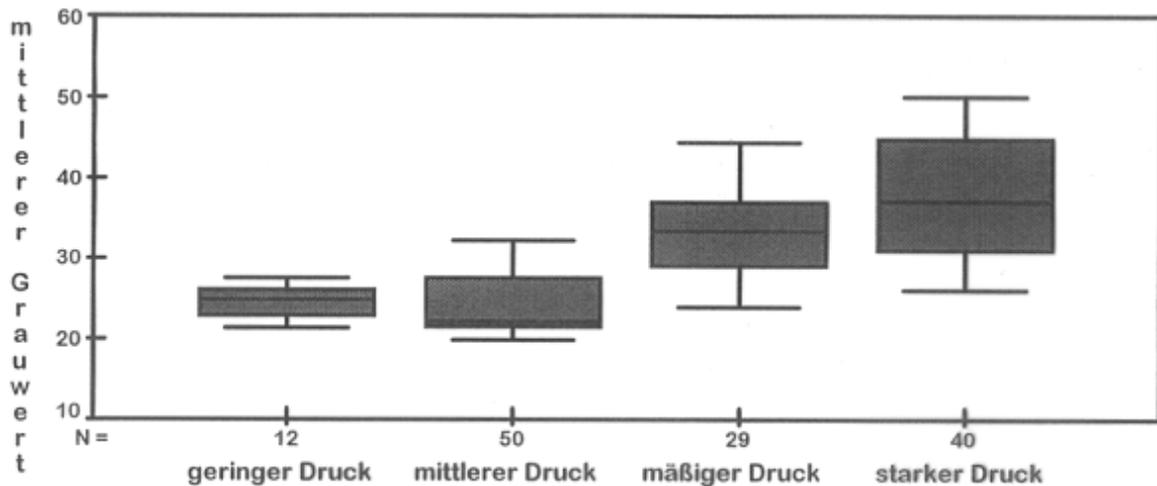


Abb. 9.1: Ermittelte Abhängigkeit des mittleren Grauwertes vom Auflagedruck für das Beispiel eines gesunden fünfjährigen Jungen. Je Druckcharakteristik wurden die Messungen von drei unterschiedlichen Untersuchern berücksichtigt. N gibt die Anzahl der insgesamt ausgewerteten ROI's an.

Aufgrund der Tatsache, dass bereits [Rohd89] ein unerwartet breites Spektrum von alters- und konstitutionsabhängigen Veränderungen aufgezeigt hat, erfolgte in einem zweiten Schritt deren genauere Analyse. Hierbei konnte für einige grauwertabhängige Merkmalswerte eine Schwankung der Mittelwerte in Abhängigkeit vom Alter (Abb. 9.2) festgestellt werden. So wiesen Kinder im Säuglingsalter, infolge der sich noch entwickelnden Muskulatur, und ältere Menschen mit einem Alter von über 60 Jahren eine im Vergleich zu den anderen Altersgruppen wesentlich höhere Echogenität in den Ultraschallbildern auf. Um vergleichbare Bedingungen bei der computerunterstützten Texturanalyse zugrunde zu legen, wurden die Daten in vier Altersgruppen (0-3 Jahre, 4-10 Jahre, 11-60 Jahre und älter als 60 Jahre) unterteilt. Durch diese grobe Unterteilung konnte auch eher sichergestellt werden, dass genügend Bildmaterial in den einzelnen Klassen zur Verfügung stand.

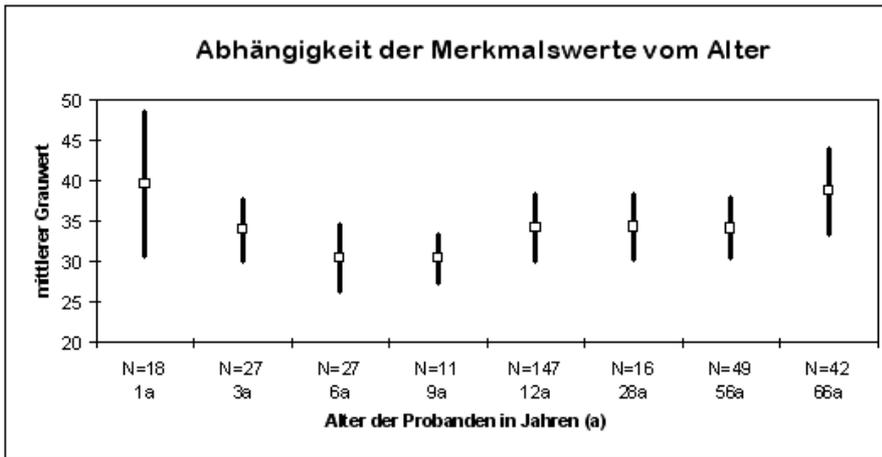


Abb. 9.2: Schwankung des mittleren Grauwerts des betrachteten Bildausschnitts in Abhängigkeit vom Alter der Probanden. N bezeichnet hier wiederum die Anzahl der ausgewerteten ROI's. Pro Altersgruppe wurden zwischen drei und zehn Probanden untersucht. Bild aus [Pohl00b]

In den Voruntersuchungen ließen sich weiterhin unspezifische Muskelveränderungen im Zusammenhang mit Alkohol-, Nikotin- und Drogenmißbrauch sowie mit Therapien (Zytostatica, Kortikoide, Immunsuppressiva) erkennen. Ein Beispiel für den Einfluss einer Diabeteserkrankung sowie einer Chemotherapiebehandlung auf den mittleren Grauwert im Texturfenster im Vergleich zu gesunden altersgleichen Probanden ist in Abb. 9.3 zu sehen. Man kann deutlich erkennen, dass die Bilddaten von Diabetespatienten noch dunkler als der Normalbefund erschienen, wohingegen eine Chemotherapiebehandlung zu einer sehr deutlichen Echogenitätserhöhung aufgrund von Umbauvorgängen in der Muskulatur in den Ultraschallbildern führt. Diese Ergebnisse zeigen, dass nur Daten ohne derartig beeinflussende zusätzliche Erkrankungen oder vorherige Therapien in die computergestützte Auswertung einbezogen werden dürfen.

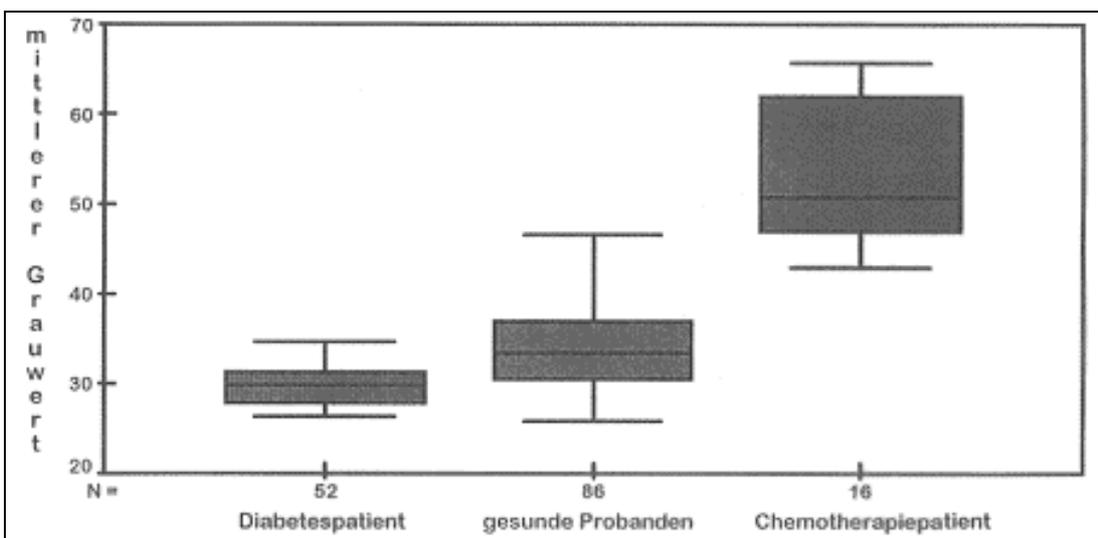


Abb. 9.3: Einfluss einer Diabetes-Erkrankung und einer Chemotherapiebehandlung auf die Ausprägung des mittleren Grauwerts in der ROI im Vergleich zu gesunden Probanden. N gibt die Anzahl der ausgewerteten Texturfenster an, die im Fall der Diabeteserkrankung aus Bildern von fünf Patienten und bei der Chemotherapiebehandlung von drei Patienten stammen. Weiterhin wurden die Vergleichsdaten von zehn gesunden Probanden untersucht.

Schließlich konnte auch eine Abhängigkeit der Merkmalswerte vom Grad der lokalen Beeinflussung des jeweiligen Muskels von der Erkrankung festgestellt werden. Dies lässt sich z. B. an dem dargestellten Fall eines 54-jährigen an Myositis erkrankten Patienten demonstrieren (Abb. 9.4), bei dem der Oberschenkel schon deutliche Krankheitssymptome aufwies, während der Oberarm noch keine Veränderungen zeigte. Diese unterschiedliche Betroffenheit der einzelnen Muskelgruppen zeigte sich auch in den gemessenen Werten. Da die Echogenität in der bereits von der Krankheit betroffenen Muskulatur stark erhöht war, konnte hier im Vergleich zu den anderen untersuchten Muskelgruppen auch ein Anstieg beim mittleren Grauwert innerhalb der ausgewerteten Texturfenster beobachtet werden.

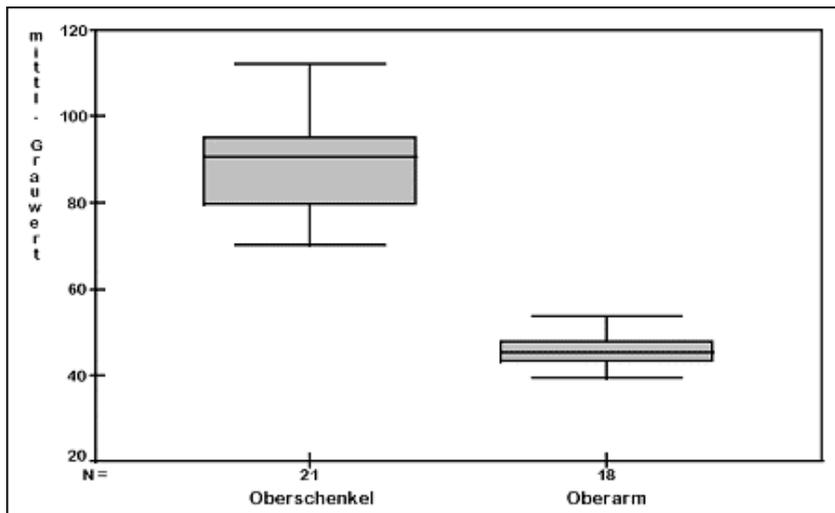


Abb. 9.4: Einfluss der lokalen Betroffenheit der Muskeln auf die Ausprägung des mittleren Grauwerts im betrachteten Bildausschnitt, N charakterisiert die Anzahl der betrachteten ROI's

Aus dieser Feststellung ließ sich ableiten, dass immer die Merkmalswerte von gleichen Muskeln miteinander verglichen werden müssen, um so auch eine Progredienz der Erkrankung identifizieren zu können. Daneben ermöglicht eine Aufgliederung der Bilder nach einzelnen Muskeln auch die Ermittlung von weiteren krankheitsbeschreibenden Merkmalen, die aus Unterschieden zwischen einzelnen Muskelpartien berechnet werden können. So ist z.B. bei einer Erkrankung an einer Beckengürtel-Muskeldystrophie eine stärkere Betroffenheit der Beinmuskulatur festzustellen, wohingegen bei der Faszioskapulohumeralen Muskeldystrophie (FSHD) vor allem der Oberarm-, Schulter- und Gesichtsbereich betroffen ist. Der unterschiedliche Grad der Erkrankung einzelner Muskeln und Muskelgruppen hat bei der visuellen Bewertung als klinisches Kriterium zur Unterscheidung von Myopathien eine große Bedeutung. Er konnte bisher jedoch nur approximativ gemessen werden.

Mit den Voruntersuchungen konnte weiterhin belegt werden, dass Unterschiede in der Ausprägung bestimmter Texturmerkmale aufgrund der biologischen Schwankungsbreite bestehen. Dies drückt sich in einer Streuung der Merkmalswerte aus (Abb. 9.5). Diese gemessenen intra- und interindividuellen Abweichungen in der gesunden Muskulatur waren jedoch geringer als die Unterschiede gegenüber der erkrankten Muskulatur. Damit konnte davon ausgegangen werden, dass es prinzipiell möglich ist, eine Differenzierung zwischen Gesunden und Erkrankten und zwischen unterschiedlichen Muskelerkrankungen anhand einer Analyse des Ultraschallbildes vorzunehmen.

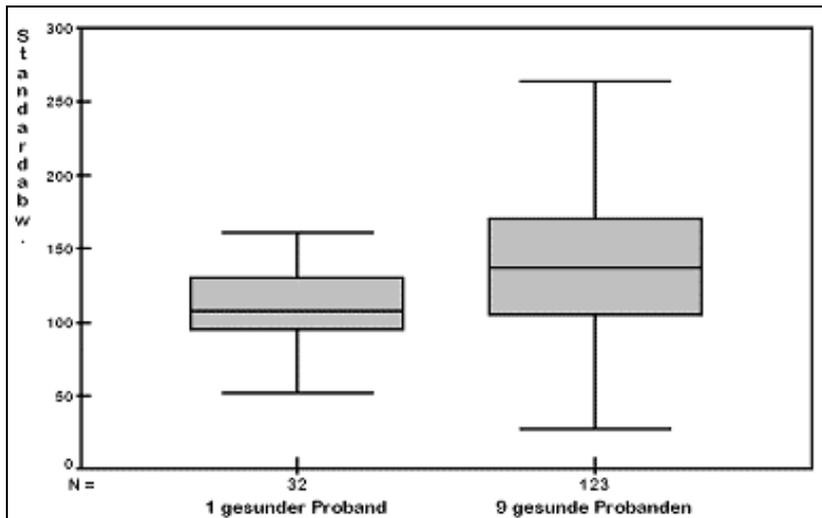


Abb. 9.5: Unterschiede in der Ausprägung des Texturmerkmals „Standardabweichung des mittleren Grauwerts“ aufgrund der biologischen Schwankungsbreite. Es zeigte sich, dass die interindividuellen Abweichungen vom Mittelwert größer waren als die intra-individuellen.

9.1.4 Durchführung der computergestützten Texturanalyse

In die Tests zur computergestützten Bildauswertung wurden nur solche Probanden aufgenommen, bei denen die Diagnose durch andere vergleichende Untersuchungen sichergestellt war. Aus den mit maximaler Zoomfunktion vergrößerten Bildausschnitten wurden per Zufallsprinzip manuell durch einen Arzt mehrere typische ROI's ausgewählt. Diese Detektion der interessierender Bereiche konnte nicht automatisch erfolgen, da sichergestellt werden musste, dass keine Bereiche mit Bildartefakten oder mit hohem Faszien- bzw. Septenanteil erfasst wurden. Ein Beispiel für eine solche Auswahl ist in Abb. 9.6 zu sehen.

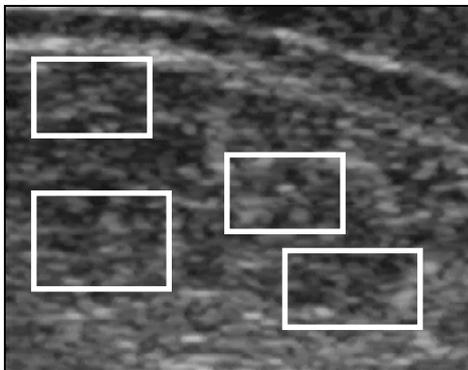


Abb. 9.6: Ultraschallbild von einem Muskel mit eingezeichneten, manuell ausgewählten ROI's. Es wurde zur Auswahl der ROI's der maximal vergrößerte Transversalschnitt verwendet. In den markierten Texturfenstern wurden anschließend die Texturmerkmale berechnet. Bilder aus [Pohl00]

Anschließend wurde von jeder ausgewählten Region eine Vielzahl verschiedener Texturmerkmale berechnet. Diese charakterisierten im Bereich der Makrostruktur die Echogenität und die Verteilungsmuster entsprechend der visuellen Auswertung. Im Bereich der Mikrostruktur wurden alle drei Kategorien (Granulation, Lamellen und retikuläre Zeichnung) durch entsprechende Texturmerkmale erfasst. Bei der Festlegung der einzelnen zu verwendenden Merkmale bestand das Problem, solche Merkmale herauszufinden, die für Bilder gleicher Erkrankungen ähnliche Werte aufwiesen. Für unterschiedliche Erkrankungen sollten sich dagegen auch möglichst große Unterschiede in den Merkmalswerten ergeben. Um herauszufinden, welche Merkmale zur Erkennung der einzelnen Erkrankungen am geeignetsten waren, wurden zuerst in einer Trainingsphase für den Datensatz der erfassten 1132 extrahierten Regionen, deren genaue Zuordnung zu den einzelnen Probandengruppen in Tab. 9.1 angegeben ist, jeweils 89 Texturmerkmale berechnet, die sich in folgende übergeordnete Gruppen unterteilen lassen:

- Merkmale der Run-Length-Matrix:	20
- fraktales Merkmal:	1
- histogrammbasierte Merkmale :	8
- Merkmale zur Beschreibung des Zusammenhangs zwischen benachbarten Pixeln:	35
- Merkmale des Kantenbildes:	12
- Merkmale des Frequenzraumes:	8

Eine genaue Beschreibung der einzelnen Kenngrößen ist in [Pohl97] zu finden. Viele der genutzten Merkmalswerte wurden auch bereits im Abschnitt 5.3.2 dieser Arbeit, im Zusammenhang mit den auswertbaren Texturinformationen, beschrieben. Im Anschluss an die Erfassung der Merkmalswerte erfolgte die Bewertung der einzelnen Kenngrößen und die Auswahl eines möglichst geeigneten Merkmalsatzes durch Nutzung eines genetischen Algorithmus in Verbindung mit einem Minimum-Distanz-Klassifikator [Pohl97]. Diese Vorgehensweise wurde favorisiert, da durch den Einsatz eines genetischen Algorithmus [Gold89] die Auswahl der optimalen Merkmalsuntermenge in einem großen Suchraum mit einer hohen Konvergenzsicherheit und -geschwindigkeit gewährleistet werden kann.

Bei dieser Art der Merkmalsauswahl wird mit einer Kodierung des Merkmalsatzes gearbeitet. Es erfolgt die Überführung des Merkmalsatzes in einen Binärstring, in dem der Wert „1“ für die Berücksichtigung des Merkmals im jeweiligen Testlauf zur Berechnung des Klassifikationsergebnisses und der Wert von „0“ für eine Nichtberücksichtigung steht. Die infolge der Kodierung entstehenden Sequenzen von Zahlen bezeichnet man in Anlehnung an die Vererbungslehre als Chromosomen. Eine festgelegte Anzahl derartiger Chromosomen bildet eine Population. Bei dem betrachteten Beispiel wurde die Größe der Population auf 50 Chromosomen begrenzt, um eine hohe Konvergenzgeschwindigkeit zu gewährleisten. Nach der jeweiligen Berechnung der Klassifikationsgüte für die einzelnen Chromosomen wurden die zehn besten Kodierungen ausgewählt. An diesen wurden als Manipulationen Mutationen, d.h. zufällige Veränderungen einzelner Kodierungen, sowie Paarungen und Kreuzungen vorgenommen. Die zur Berechnung der Klassifikationsgüte genutzte Trainingsmenge beinhaltete jeweils 50 zufällig ausgewählte Bildregionen der einzelnen zu unterscheidenden Kategorien. Durch die parallele und gleichzeitige Suche von einer Anzahl verschiedener Kodierungen aus war es wahrscheinlicher, dass das Optimum der Qualitätsfunktion erreicht werden konnte. Die Qualitätsfunktion wurde jeweils so definiert, dass für die einzelnen Klassenzuordnungen mit dem Minimum-Distanz-Klassifikator die höchste mittlere Klassifikationsgüte erreicht wurde. Aufgrund der insgesamt verfügbaren Stichprobengröße wurde die Anzahl der ausgewählten Merkmale auf fünf Werte je Klassifikationsaufgabe beschränkt.

Tabelle 9.1: Anzahl der jeweils zur computerunterstützten Auswertung eingesetzten Bildregionen

<i>Kategorie</i>	<i>Anzahl der Bildregionen</i>
gesunde Probanden	255
Patienten mit spinaler Muskelatrophie	175
Patienten mit Duchenne- und Becker-Kiener-Muskeldystrophie	83
Patienten mit Myositis	347
Patienten mit Hereditärer sensomotorischer Neuropathie	271

9.1.5 Ergebnisse der Gewebedifferenzierung

Die hierarchische Vorgehensweise bei der Differenzierung zwischen den einzelnen Muskelerkrankungen ist in Abb. 9.7 zu sehen. Im ersten Schritt erfolgte die Differenzierung zwischen Regionen von gesunden Probanden und myogen bzw. neurogen erkrankten Patienten. Hierbei konnten insgesamt 94 % der untersuchten 784 Bildausschnitte anhand der ermittelten Werte für die Entropie, die Uniformität und die mittlere Kettenlänge der Run-Length-Matrix richtig zugeordnet werden (Tab. 9.2). In einem nächsten Schritt erfolgte die Unterscheidung zwischen den Regionen gesunder Probanden und an Myositis erkrankten Patienten. Hier konnte gleichfalls eine Klassifikationsrate von 94 % bei Einbeziehung von 602 Regionen erreicht werden (Tab. 9.3). Als Merkmalswerte wurden neben zwei Merkmalen der Run-Length-Matrix (mittlere Kettenlänge des dunkelsten und maximale Kettenlänge des hellsten Grauwertbereichs) drei histogrammbasierte Merkmale (Entropie, Exzess und obere Quantile) ausgewählt.

Im Weiteren wurden in zwei Untersuchungen noch Möglichkeiten der Differentialdiagnose zwischen einzelnen neuromuskulären Erkrankungen untersucht. Dies war zum einen die Differenzierung zwischen Duchenne- und Becker-Kiener-Muskeldystrophie (DMD, BMD) und neurogenen Erkrankungen, zum anderen die Differenzierung zwischen der Spinalen Muskelatrophie (SMA) und der Hereditären sensomotorischen Neuropathie (HSMN). Im ersten Fall konnte bei Untersuchung von 529 Regionen eine Klassifikationsrate von 93 % erreicht werden, wobei als Merkmalswerte wiederum zwei Merkmale aus der Run-Length-Matrix (maximale Kettenlänge im dunkelsten Grauwertbereich und Grauwertuniformität) ausgewählt wurden. Weiterhin wurden noch ein histogrammbasiertes Merkmal (untere Quantile) und ein Merkmal des Kantenbildes (Streuung der Grauwerte im Bereich der Mikrokanten bei $d=3$) verwendet (Tab. 9.4). Bei der zuletzt untersuchten Differenzierung zwischen zwei neurogenen Erkrankungen anhand von 446 Regionen konnte aufgrund der Ähnlichkeiten in der Texturausprägung nur noch eine Klassifikationsrate von 77 % erreicht werden. Als Merkmalswerte wurden drei Merkmale aus der Run-Length-Matrix (mittlere Kettenlängen im hellsten und dunkelsten Grauwertbereich, langer Primitivenabstand), ein Merkmal des Kantenbildes (Streuung der Grauwerte im Bereich der Makrokanten bei $d=7$) und die Standardabweichung der Grauwerte genutzt (Tab. 9.5). Die erzielten Resultate für die erreichte Sensitivität und Spezifität bei den einzelnen Klassifikationsaufgaben bestätigen die Erfahrungen der subjektiven Myosonographie im Hinblick auf eine Differentialdiagnose von Muskelerkrankungen anhand des Ultraschallbildes (Tab. 9.6) [Pohl00b].

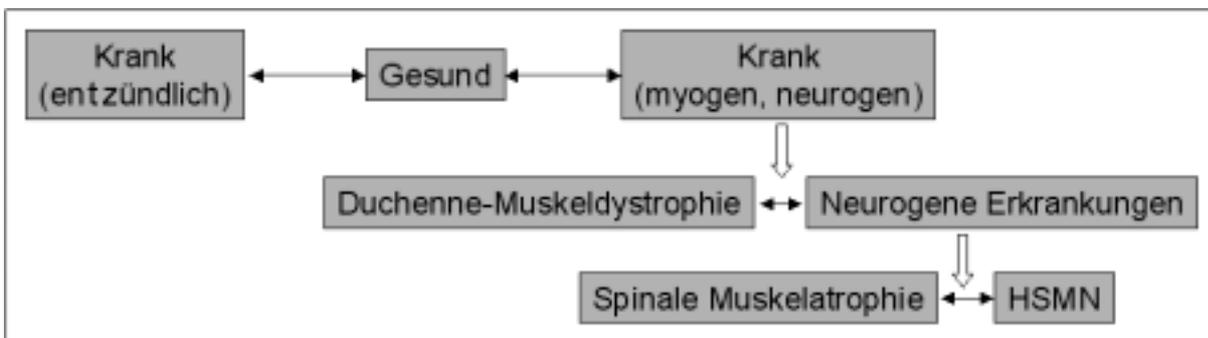


Abb. 9.7: Vorgehensweise bei der stufenweisen Differenzierung zwischen den einzelnen neuromuskulären Erkrankungen. Eine Differenzierung zwischen der Gruppe der entzündlichen und der Gruppe der myogenen und neurogenen Erkrankungen wurde aufgrund der unterschiedlichen klinischen Befunde und der sich unterscheidenden Anamnese für nicht sinnvoll erachtet.

Tabelle 9.2: Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Gesunden und Patienten mit myogenen und neurogenen Erkrankungen

	als gesund erkannt	als krank erkannt
gesund (255)	95% (243)	5% (12)
krank (529)	6% (28)	94% (501)
Σ untersuchte Regionen: 100% (784)	Σ richtig erkannte Regionen: 94% (744)	Σ falsch erkannte Regionen: 6% (40)

Tabelle 9.3: Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Gesunden und Patienten mit Myositis

	als gesund erkannt	als Myositis erkannt
gesund (255)	98% (251)	2% (4)
Myositis(347)	6% (29)	91% (318)
Σ untersuchte Regionen: 100% (602)	Σ richtig erkannte Regionen: 94% (569)	Σ falsch erkannte Regionen: 6% (33)

Tabelle 9.4: Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Patienten mit Duchenne- und Becker-Kiener-Muskeldystrophie und Patienten mit neurogenen Erkrankungen

	als DMD/BMD erkannt	als neurogen erkannt
DMD/BMD (83)	97% (81)	3% (2)
neurogen (446)	7% (32)	93% (414)
Σ untersuchte Regionen: 100% (529)	Σ richtig erkannte Regionen: 93% (495)	Σ falsch erkannte Regionen: 7% (34)

Tabelle 9.5: Ergebnisse der computerunterstützten Texturanalyse für die Differenzierung zwischen Patienten mit spinaler Muskelatrophie und mit hereditärer sensomotorischer Neuropathie

	als SMA erkannt	als HSMN erkannt
SMA (255)	81% (141)	19% (34)
HSMN (529)	23% (62)	77% (209)
Σ untersuchte Regionen: 100% (446)	Σ richtig erkannte Regionen: 78% (350)	Σ falsch erkannte Regionen: 22% (96)

Tabelle 9.6: Sensitivität und Spezifität der computerunterstützten Gewebedifferenzierung

Art der Untersuchung	Sensitivität der Untersuchung	Spezifität der Untersuchung
gesund:krank (myogen und neurogen)	94%	95%
gesund:krank (Myositis)	91%	98%
DMD/BMD:neurogen	93%	97%
SMA:HSMN	77%	81%

9.1.6 Diskussion und Zusammenfassung

Die in diesem Unterkapitel beschriebene Differenzierung neuromuskulärer Erkrankungen ist unter klinischen, therapeutischen und prognostischen Aspekten wichtig. So ist an der Muskulatur als dem größten Weichteilorgan des Menschen selbst bei genauer klinischer Untersuchung wie Inspektion, Palpation und Funktionsüberprüfung das Ausmaß der vermuteten Muskelschädigung nur ungenau zu bestimmen [Fisc02]. Mit der entwickelten Vorgehensweise einer computerunterstützten Texturanalyse konnte diese Differenzierung anhand von charakteristischen Mustern (Texturen) der Skelettmuskulatur in den Myosonogrammen vorgenommen werden. Die Auswahl der zu untersuchenden Regionen ließ sich jedoch nicht automatisch realisieren, da sichergestellt werden musste, dass zum einen typische Regionen ausgewählt werden und diese zum anderen auch keine Artefakte aufweisen dürfen.

Ein wichtiger erster Schritt auf dem Weg zu einer erfolgreichen Differenzierung zwischen den unterschiedlichen Krankheitskategorien stellte die Erarbeitung einer strengen Standardisierung der Aufnahmebedingungen dar. Diese wurde gemeinsam mit Medizinern vorgenommen. Bisher konnten in anderen Arbeitsgruppen ([Heck88], [Reim98]), die sich mit dieser Thematik beschäftigen, keine derartigen Bemühungen um eine strikte Einhaltung standardisierter Aufnahmebedingungen beobachtet werden. Die ersten Voruntersuchungen haben jedoch gezeigt, dass nur bei einer annähernd ähnlichen Einstellung der Geräte, einer festen Vorgabe des ungefähren Auflagedrucks und bei einem senkrechtem Aufsetzen des Schallkopfes eine Vergleichbarkeit der Befunde gegeben ist.

Bei anderen Arbeiten zur computerunterstützten Gewebedifferenzierung in Myosonogrammen wurde bisher ausschließlich das Grauwerthistogramm betrachtet. So konnten sowohl [Fisc88] als auch [Rott88] nachweisen, dass die auf Merkmalen aus dem Histogramm beruhende quantitative Beschreibung der Eigenschaften der Muskulatur in ausgewählten Fenstern bezüglich der Differenzierung zwischen gesunder und pathologischer Muskulatur sensitiver ist als die rein visuelle Auswertung der Aufnahmen. Eine Differenzierung zwischen einzelnen Erkrankungen war mit diesen einfachen Grauwertmerkmalen jedoch nicht möglich. Grauwertanalysen auf der Grundlage von Summen- und Differenzhistogrammen sind von Reimers [Reim92] durchgeführt wurden. Hier wurde jedoch durch von Rohden [Rohd89] nachgewiesen, dass diese Werte wenig Aussagekraft bezüglich der Differenzierung zwischen unterschiedlichen Erkrankungen besitzen, da sie die Abhängigkeiten benachbarter Grauwerte nicht mit berücksichtigen. In den hier beschriebenen Untersuchungen wurde erstmals eine quantitative Beurteilung der einzelnen Texturmuster eingeführt. Damit konnte eine Quantifizierung eines „gefühlten“ Unterschieds zwischen den unterschiedlichen Texturen vorgenom-

men werden. Ein Problem besteht jedoch darin, dass der Zusammenhang zwischen dem intuitiv wahrgenommenen Unterschied und den Texturmaßen nicht unmittelbar gegeben ist.

Bei der Analyse der Texturen zeigte sich, dass beim Gesunden interindividuell sehr ähnliche Muster in den Standarduntersuchungsregionen der Muskulatur auftraten (Abb. 9.8). Beim Patienten zeigen sich hingegen die pathologischen Texturen in überraschender Deutlichkeit (Abb. 9.9, 9.10). Diese Unterschiede konnten bei der entwickelten computergestützten Texturanalyse zur Differenzierung zwischen gesunden und erkrankten Probanden ausgenutzt werden. In diesem Fall konnte die Differenzierung zwischen normaler gesunder Muskulatur und pathologisch myogen und neurogen veränderter Muskulatur mit einer Sensitivität von 94% und einer Spezifität von 95% mit fast ausschließlich einfachen, auf dem Histogramm beruhenden Merkmalen durchgeführt werden. Ein ähnlich gutes Ergebnis wurde auch bei der Differenzierung zwischen gesunder und entzündlich veränderter Muskulatur erreicht. Hier betrug die Sensitivität 91% und die Spezifität 98%.

In der nächsten Stufe der Differenzierung konnten die granulären, dystrophiebedingten Veränderungen in der Echogenität gegenüber den lamellären, neurogenbedingten Grundtexturen mit einer Sensitivität von 93% und einer Spezifität von 97% voneinander abgegrenzt werden. Fischer [Fisc02] hat in ihren Untersuchungen der visuellen Auswertung gezeigt, dass diese Quoten bislang nur von sehr erfahrenen Untersuchern erreicht werden können. Bisher hat nur noch Reimers [Reim93] einen derartigen Versuch der computerunterstützten Differenzierung unternommen. Sein Vergleich der Grauerthistogramme erbrachte hierfür jedoch keine zufriedenstellenden Ergebnisse.

Problematischer erwies sich bei den Untersuchungen die Differenzierung innerhalb der neurogenen Erkrankungen, da beide ein echogenes lamellenähnliches Grundmuster aufweisen. Hierzu wurden u.a. Merkmale der Makrokanten genutzt, mit denen das subjektiv extrem fokale Bild der SMA gegenüber dem weitestgehend homogen texturierten Bild der HSMN abgegrenzt werden konnte. Aufgrund der Ähnlichkeit in der Grundtextur konnte hier jedoch nur noch eine Sensitivität von 77% und eine Spezifität von 81% erreicht werden. Nachteilig wirkt sich in diesem Fall auch aus, dass nur statische Aufnahmen betrachtet werden. In der visuellen Bewertung spielt hier auch die Erfassung von Faszikulationen und Fibrillationen eine wichtige Rolle [Intr91].

Insgesamt konnten mit der durchgeführten Texturanalyse die Erfahrungen der subjektiven standardisierten Myosonografie im Hinblick auf die Differentialdiagnose mehrerer unterschiedlicher Muskelerkrankungen in hohem Maße bestätigt werden. Ein weiterer großer Vorteil, der sich aus den Untersuchungen ergab, war, dass durch die Ergebnisse der Texturanalyse der Biopsieort optimiert werden kann. So lassen sich aufgrund der Texturauswertung typische Regionen zur Gewebeentnahme vorschlagen, wodurch die Resultate der feingeweblichen Untersuchung erheblich verbessert werden können.



Abb. 9.8: Ultraschallbild eines gesunden Probanden, Transversalschnitt durch den M. tib. Anterior. Die Muskulatur wird in diesem Fall bei der gewählten Standardgeräteeinstellung relativ dunkel dargestellt. Sie weist nur eine geringe Echogenität auf.

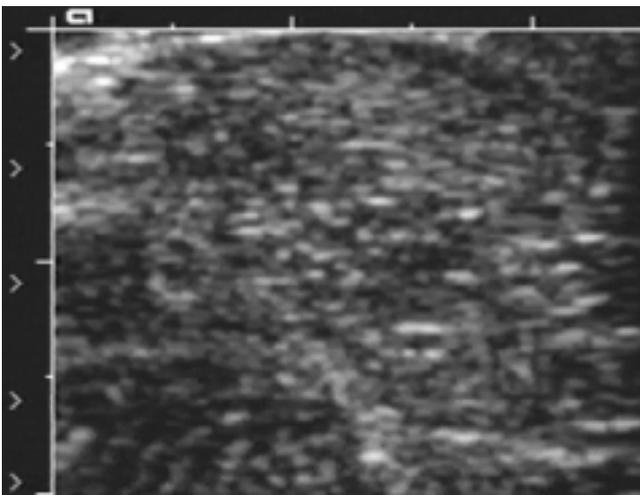


Abb. 9.9: Ultraschallbild eines Patienten mit HSMN, Transversalschnitt durch den M. tib. Anterior. In dem Bild ist im Vergleich zum gesunden Probanden eine deutliche Echogenitätserhöhung erkennbar. Es sind viele, relativ homogen über den gesamten Muskel verteilte kurzlamelläre Strukturen sichtbar.

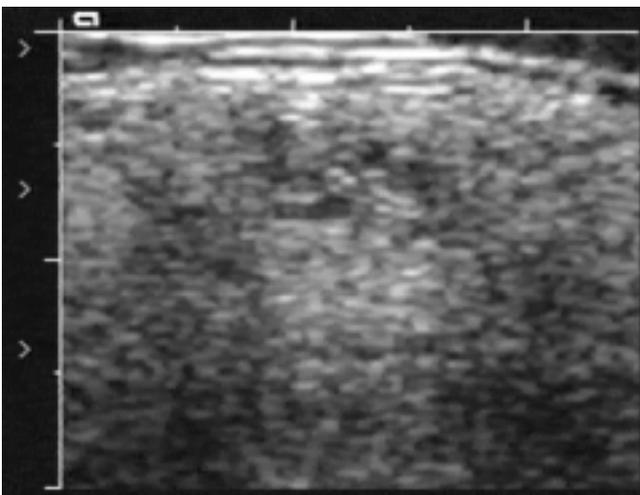


Abb. 9.10: Ultraschallbild eines Patienten mit Duchenne Muskeldystrophie, Transversalschnitt durch den M. tib. Anterior. In dem Bild wird eine generalisierte Echogenitätserhöhung im Vergleich zum gesunden Probanden sichtbar. Besonders im schallkopfnahen Bereich treten sehr homogene feingranuläre Texturmuster auf. Die Schallpenetration ist kaum abgeschwächt.

9.2 Adaptives Regionenwachstum als Beispiel der Nutzung einfachen Modellwissens

Regionenwachstumsverfahren werden sehr häufig im Bereich der medizinischen Bildanalyse genutzt, da hier der Benutzer die Möglichkeit hat, genau eine Region, die ihn interessiert, zu markieren. Ein weiterer Vorteil ist, dass die Segmentierungskriterien für alle anderen Strukturen im Bild nicht definiert zu werden brauchen.

Das verwendete a priori Wissen besteht bei diesem Verfahren, wie bereits im Abschnitt 7.2.2 erläutert, aus einer Kombination von anatomischem und physiologischem Wissen und Kenntnissen über den Bildgebungsprozess. Grundsätzlich gilt für alle Segmentierungen, dass mit zunehmender Genauigkeit und Vollständigkeit der verwendeten Modellinformation die Praktikabilität und gleichfalls der Grad der Automatisierbarkeit des Segmentierungsprozesses steigt. In vielen Bereichen der medizinischen Bildverarbeitung ist die Modellinformation jedoch zu komplex oder lässt sich nicht präzise spezifizieren, so dass eine komplette automatische Ableitung dieses Wissens aus dem Bild bzw. aus der Aufgabenstellung nicht möglich ist. Deshalb ist in den meisten Fällen Interaktion notwendig.

Ziel bei der Entwicklung eines Segmentierungsverfahrens sollte es aber sein, den Anteil an „unkontrollierbarer“ manuell eingebrachter Modellinformation zu minimieren und den Anteil automatisch ausgewerteter Modellinformation zu maximieren. Deshalb sollten manuelle Eingaben hauptsächlich dann genutzt werden, wenn „höherwertiges“, spezialisiertes Wissen benötigt wird, welches nur für einen speziellen Einzelfall zutreffend ist. Die Abfrage dieses Wissens sollte robust gestaltet werden, d.h. es sollten nur grobe Angaben notwendig sein. Bei geringen Abweichungen der Eingabe sollten sich gleichfalls nur geringfügige Variationen im Ergebnis ergeben. Betrachtet man unter diesem Gesichtspunkt das herkömmliche Regionenwachstumsverfahren, so ist dort die Startpunktinitialisierung robust, da sie dem medizinischen Anwender aufgrund seiner anatomischen Kenntnisse keine Schwierigkeiten bereitet. In der Homogenitätscharakteristik ist dagegen eine Kombination von anatomischem Wissen und Kenntnissen über die Bildentstehung enthalten. Eine manuelle Vorgabe ist deshalb selbst für den erfahrenen Benutzer oft problematisch und mit großen Unsicherheiten verbunden. Auf einige Ansätze zur automatischen Ableitung dieses Wissens wurde bereits im Abschnitt 7.2.2.1 hingewiesen.

Da jedoch alle bisher vorgestellten Möglichkeiten einige Schwachpunkte aufwiesen, wurde ein adaptives Regionenwachstumsverfahren entwickelt, bei dem das Homogenitätskriterium bei der Segmentierung schrittweise ausgehend vom manuell gesetzten Startpunkt gelernt wird. Es wird aus dem Bild geschätzt, wobei das Ergebnis der Schätzung wenig empfindlich bezüglich der Wahl des Startpunktes ist.

9.2.1 Das verwendete Homogenitätsmodell

Die Homogenität eines Pixels x einer Region R kann mit Hilfe einer Funktion h des betrachteten Pixels und der Pixel x_i innerhalb der festgelegten Nachbarschaft entsprechend der folgenden Gleichung definiert werden:

$$h(x; x_i; a_1, \dots, a_n) = \begin{cases} 1, & \text{wenn bei gegebenem } x \text{ das Pixel } x_i \text{ Teil von } R \text{ ist (} R \text{ definiert durch } a_1, \dots, a_n \text{)} \\ 0, & \text{sonst} \end{cases},$$

wobei die Parameter a_1, \dots, a_n die zu berechnenden Kenngrößen sind. Bei einer gegebenen zuverlässigen Schätzung von a_1, \dots, a_n sollte es möglich sein, eine ausreichende Anzahl von Pixeln zu finden, die Teil der Region sind, um das Homogenitätskriterium korrekt zu berechnen.

Die Anzahl der zur Berechnung benötigten Pixel hängt von der Komplexität des Modells ab. Für CT-Bilder, die das hauptsächliche Anwendungsgebiet der entwickelten Segmentierungsmethode darstellen, wurde ein sehr einfaches Homogenitätsmodell basierend auf dem Wissen über den Bildgewinnungsprozess genutzt. Die Grauwerte des Bildes repräsentieren hier die mittlere Absorption der Röntgenstrahlen. Diese sind durch auftretendes Rauschen und durch Artefakte gestört. Die Absorption selbst wird für eine gegebene Struktur als unbekannt, aber konstant, angenommen. Das Rauschen wird durch Gauß'sches Rauschen mit einem Mittelwert von 0 und einer unbekannt Standardabweichung approximiert. Weiterhin wird der Berechnung zugrundegelegt, dass der Hauptartefakt im Bild der Partialvolumeneffekt (PVE) ist.

Homogenität kann in diesem Fall über die Wahrscheinlichkeit definiert werden, Teil einer Gauß'schen Verteilungsfunktion der Grauwerte mit gegebenem Mittelwert und gegebener Standardabweichung zu sein. Der Mittelwert ergibt sich aus dem Absorptionswert des Gewebes, und die Standardabweichung tritt infolge der Variation der Grauwerte durch Rauscheinflüsse auf. Der Effekt des PVE kann erfasst werden, indem unterschiedliche Standardabweichungen oberhalb und unterhalb des Mittelwertes angenommen werden. Die zu schätzende Homogenitätsfunktion h ergibt sich damit als

$$h(x; \mu, ud, ld) = \begin{cases} 1, & \text{wenn } \mu - w \cdot ld < x < \mu + w \cdot ud \\ 0, & \text{sonst} \end{cases}, \quad (9.1)$$

wobei ld und ud die Standardabweichungen zweier unterschiedlicher Gauß-Verteilungen der Pixel sind, die einerseits von allen Pixeln der aktuell einbezogenen Region, die größer als der Mittelwert μ und andererseits von allen, die kleiner als dieser sind, berechnet werden. Die Nachbarschaftspixel x_i werden in diesem Fall nicht zur Berechnung von h für ein Pixel x benötigt. Der Bereich der Pixelwerte, die Teil der Region sind, hängt vom SNR des Bildausschnitts ab. Die Eignung des Modells wurde anhand der Untersuchung von Grauwertverteilungen von CT-Bildern des Abdomens für manuell segmentierte Regionen getestet (Abb. 9.11). Die Asymmetrie der Verteilungsfunktion infolge des PVE zeigte sich dabei sehr deutlich. Weiterhin konnte festgestellt werden, dass der Grad des PVE von den Grauwerten des umgebenden Gewebes abhängt. Wenn der Grauwert des umgebenden Gewebes einen sehr ähnlichen mittleren Grauwert wie die betrachtete Region besitzt, dann sollte die Verteilungsfunktion ungefähr einer Gauß-Verteilung entsprechen und symmetrisch sein. Ist jedoch das umgebende Gewebe im Mittel dunkler oder heller als der Mittelwert der Region, dann entwickelt sich eine Asymmetrie.

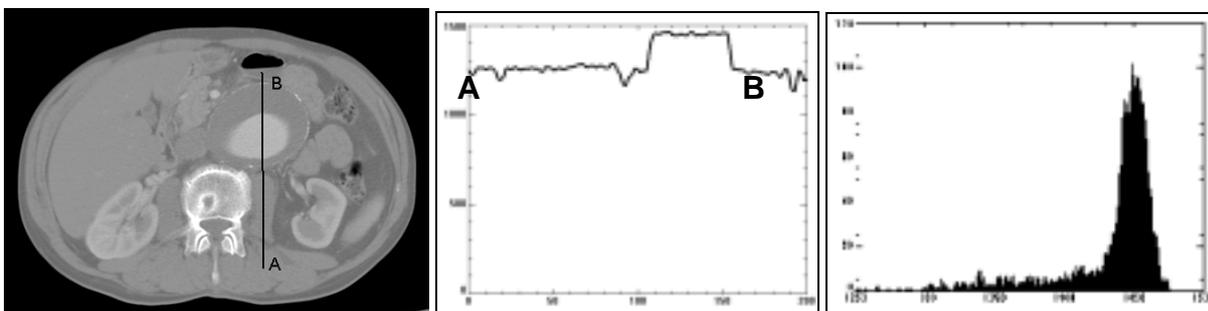


Abb. 9.11: CT-Bild eines Abdomens mit Aortenaneurysma (links), Grauwertprofil entlang der Linie A-B (Mitte) und Grauwert histogramm für das passierbare Lumen. Das Grauwertprofil zeigt, dass die Grauwerte innerhalb der einzelnen Regionen nur leicht um einen festen Mittelwert schwanken. Das Histogramm zeigt außerdem, dass man für Regionen mit starken Partialvolumeneffekten eine schiefe Verteilungsfunktion für die Grauwerte schätzen muss. Bilder aus [Pohl01]

9.2.2 Der adaptive Regionenwachstumsalgorithmus

In Abschnitt 7.2.2 wurde erläutert, dass sich eine verbundene Region mittels herkömmlichem Regionenwachstum extrahieren lässt. Dazu muss der Benutzer einen Startpunkt in die Region setzen. Anschließend wird jeder Nachbar von jedem aktiven Pixel bezüglich der Zugehörigkeit zur Region untersucht. Das Homogenitätskriterium bleibt in diesem Fall während des gesamten Wachstumsprozesses unverändert. Um den notwendigen Interaktionsaufwand zu reduzieren, soll beim adaptiven Regionenwachstum das Homogenitätskriterium durch einen Lernprozess gefunden werden. Wenn sich in einem solchen Fall das Homogenitätskriterium während des Lernens ändert, sind zwei Durchläufe für das Regionenwachstum erforderlich. Im ersten Lauf erfolgt die Schätzung der Homogenitätsparameter, die dann im zweiten Lauf angewandt werden, um die Region ausgehend von dem selben Startpunkt zu extrahieren.

Tabelle 9.7: Berechnete Werte für den Mittelwert und die untere bzw. die obere Standardabweichung für eine manuell ausgewählte Untermenge der Leberpixel in einem CT-Bild. Die einzelnen Regionen wurden durch unterschiedliche Startpunkte kreiert. Die sich daraus ergebende Standardabweichung für alle drei Parameter ist gleichfalls aufgeführt. Für die komplette Region war nur eine Messung möglich, so dass keine Standardabweichung bestimmt werden konnte.

Regionengröße	Mittlerer Hounsfield-Wert	Untere Standardabweichung	Obere Standardabweichung
9 Pixel	68.24 ± 3.92	3.43 ± 2.26	2.97 ± 2.11
20 Pixel	67.53 ± 5.73	5.92 ± 3.30	4.70 ± 3.51
50 Pixel	66.89 ± 2.37	5.89 ± 3.00	6.13 ± 2.53
100 Pixel	65.66 ± 6.40	4.13 ± 1.20	4.92 ± 2.41
500 Pixel	66.52 ± 2.61	5.84 ± 2.75	6.01 ± 1.90
komplette handsegmentierte Region	66.92	7.8	6.10

Da die Kombination von zwei Bereichen von zwei unterschiedlichen Gauß-Funktionen keine Gauß-Funktion ist, wird anstatt des Mittelwertes der Medianwert der Grauwerte der Region geschätzt. Die zwei Standardabweichungen werden anschließend separat, ausgehend von den Pixeln, die größer bzw. kleiner als dieser mittlere Wert sind, bestimmt. Weiterhin sollte in einem frühen Stadium des Lernprozesses die aktuelle Schätzung der Homogenitätsparameter für die Entscheidung der Regionenzugehörigkeit eines Pixels in abgeschwächter Form angewandt werden, um einen vorzeitigen Abbruch des Prozesses infolge einer Unterschätzung der Standardabweichungen zu vermeiden (siehe dazu Tab. 9.7). Die Werte in der Tabelle zeigen deutlich, dass mit zunehmender Regionengröße auch die Streuung der Grauwerte innerhalb einer korrekt ausgewählten Teilregion zunimmt. Dieser Effekt muss bei der Berechnung der Grenzen durch einen zusätzlichen Unsicherheitsterm bei kleiner Regionengröße ausgeglichen werden. Bei dem entwickelten Verfahren werden deshalb mit den aktuellen Homogenitätsparametern ein unterer und ein oberer Schwellenwert wie folgt berechnet, die zur Ermittlung der Regionenzugehörigkeit eines Pixels genutzt werden:

$$T_{upper} = \mu(n) + [ud(n) \cdot w + c(n)] \quad \text{and} \quad T_{lower} = \mu(n) - [ld(n) \cdot w + c(n)]. \quad (9.2)$$

Das n steht hierbei für die Anzahl der Pixel, die zum Zeitpunkt der jeweiligen Schätzung bereits der Region angehörten. Die Gewichtung w wurde auf 1,5 gesetzt, um ungefähr 86% aller zur Region gehörenden Pixel zu erfassen, wenn man von einer Gauß-Verteilung ausgeht. Der Wert wurde deshalb so gering angesetzt, um zu verhindern, dass ein Auslaufen der Region bei

einer noch ungenauen Schätzung stattfindet. Die Unzuverlässigkeit der Schätzung von μ , ud und ld zu einem frühen Zeitpunkt des Lernprozesses wird kompensiert, indem eine Funktion $c(n) = 50/\sqrt{n}$ genutzt wird, die mit steigenden Werten von n sehr schnell abfällt. Die Initialwerte für μ , ud und ld werden in der 3x3 Nachbarschaft um den Startpunkt berechnet.

Das Schätzen der Regionencharakteristik einer noch unbestimmten Region wird nur dann erfolgreich sein, wenn eine zuverlässige Schätzung bereits ermittelt wurde, bevor der erste nicht zur gesuchten Region gehörende Pixel erreicht wird. Da jedoch bei diesem einfachen Homogenitätskriterium nur drei Parameter geschätzt werden müssen, ist die Anzahl der, für eine zuverlässige Schätzung benötigten Pixel, nicht so groß. Um das vorzeitige Erreichen der Regionengrenze zu vermeiden, wurde bei der Festlegung eines neuen Suchprozesses vorausgesetzt, dass

- der Benutzer den Startpunkt nicht in der Nähe der Regionengrenze positioniert,
- die Region aus einer ausreichenden Anzahl von Pixeln besteht, um das Homogenitätskriterium zuverlässig schätzen zu können,
- die Region kompakte Bereiche besitzt.

Unter diesen drei Annahmen ist die herkömmliche Vorgehensweise beim Regionenwachstum für den ersten Durchlauf ungeeignet, da hier erst eine Richtung bis zur entsprechenden Regionengrenze abgearbeitet werden würde, bevor ein Richtungswechsel erfolgt. Bei dem hier vorgestellten randomisierten Wachstumsverfahren wird in jedem Wachstumsschritt im Gegensatz zur beschriebenen rekursiven Vorgehensweise die Reihenfolge der abzuarbeitenden Nachbarschaftspixel zufällig ausgewählt. Dadurch erfolgt, wie in Abb. 9.12 zu sehen ist, ein zufälliges Durchlaufen des Objekts um den Startpunkt herum. Aus Rechenzeitgründen erfolgt die Berechnung neuer Schwellenwerte jeweils bei einer Verdopplung der Objektpixelanzahl. Dadurch wird gewährleistet, dass anfangs, wenn die Schätzwerte infolge geringer Pixelanzahl noch ungenau sind, eine häufigere Anpassung erfolgt.



Abb. 9.12: Randomisiertes Regionenwachstum nach der Startpunktsetzung und Bewertung von 9, 40, 65, 100, 150, 200, 400 and 475 Pixeln. Durch die vorgenommene zufällige Auswahl des nächsten abzuarbeitenden Pixels wird erreicht, dass das Regionenwachstum zuerst in einer relativ kompakten Region rund um den Startpunkt beginnt. Bilder aus [Pohl01]

Nach Beendigung des ersten Durchlaufes ergibt sich für die zwei ermittelten Standardabweichungen ld und ud eine Unterschätzung, da jeweils nur die Pixel in die Schätzregion übernommen wurden, deren Werte kleiner als das 1,5-fache von w , ausgehend vom aktuellen Mittelwert, waren. Das Ausmaß dieser Unterschätzung kann jedoch berechnet werden. Die sich ergebenden Korrekturfaktoren sind in Tab. 9.8 aufgeführt.

Tabelle 9.8: Korrekturfaktoren zum Ausgleich der Unterschätzung der Standardabweichung

Anzahl der Aktualisierungen der geschätzten Standardabweichung	1	2	3	4	5	6	7	8
Korrekturfaktoren	1.0	1.14	1.29	1.43	1.58	1.72	1.90	2.05

Im Anschluss an das randomisierte Wachstumsverfahren zur Bestimmung der Objektcharakteristik erfolgt im zweiten Schritt ein erneuter Durchlauf ausgehend vom selben Startpunkt unter Verwendung des geschätzten Mittelwertes und der korrigierten Standardabweichung. Der Wert für die Gewichtung w wird in diesem Fall auf $w=2.58$ gesetzt, um zu gewährleisten, dass 99% aller Pixel der Region erfasst werden, wenn das Rauschen als Gauß-verteilt angenommen wird.

9.2.3 Erweiterung des Algorithmus für eine automatische Segmentierung

Der Ansatz des adaptiven Regionenwachstums lässt sich hinsichtlich einer vollautomatischen und kompletten Segmentierung erweitern. In diesem Fall werden die Pixel mit dem jeweils kleinsten Gradienten als neue Startpunkte ausgewählt, die noch nicht Teil einer bereits segmentierten Region R sind. Durch die Nutzung des Pixels mit dem geringsten Gradienten kann sichergestellt werden, dass sich dieser Pixel immer innerhalb einer Region befindet, weil die hier zu erwartenden Gradienten kleiner als an den Regionengrenzen sind. Eine Zuordnung von Pixeln zu mehreren Regionen wird während des Wachstumsprozesses nicht erlaubt. Im Gegensatz zu dem semiautomatischen Segmentierungsansatz wird hier im zweiten Durchlauf eine Gewichtung von $w = 2.0$ gewählt, anstatt von vorher $w = 2.58$, um die Wahrscheinlichkeit eines Auslaufens der Regionen zu reduzieren. Der Segmentierungsprozess endet, wenn alle Pixel des Bildes einer Region zugeordnet wurden. Aufgrund des PVE ist in den meisten Bildern das ermittelte Homogenitätskriterium an den Grenzen zwischen zwei Regionen nicht mehr vollständig erfüllt. Somit ergeben sich gerade in diesen Bereichen neue separate Regionen, wie auch in Abb. 9.13 zu sehen ist. Diese Übersegmentierung muss in einem nächsten Schritt durch ein Zusammenfassen von Regionen beseitigt werden, wobei die Wahrscheinlichkeit für die Korrektheit einer ermittelten Region berücksichtigt wird. Diese Wahrscheinlichkeit, dass es sich bei der ermittelten Region auch tatsächlich um eine sinnvolle Region handelt, nimmt mit zunehmender Homogenität, größer werdender Kompaktheit und wachsender Größe der Region zu. Die definierte Regionenwahrscheinlichkeit $L_{Region}(R)$ für jede Region R hängt somit von der größen- und gestaltabhängigen Wahrscheinlichkeit $L_S(R)$ und von der homogenitätsabhängigen Wahrscheinlichkeit $L_H(R)$ ab. Da es sich um zwei voneinander unabhängige Wahrscheinlichkeiten handelt, berechnet sich die Regionenwahrscheinlichkeit entsprechend der folgenden Gleichung:

$$L_{Region}(R) = L_S(R) \cdot L_H(R). \quad (9.3)$$

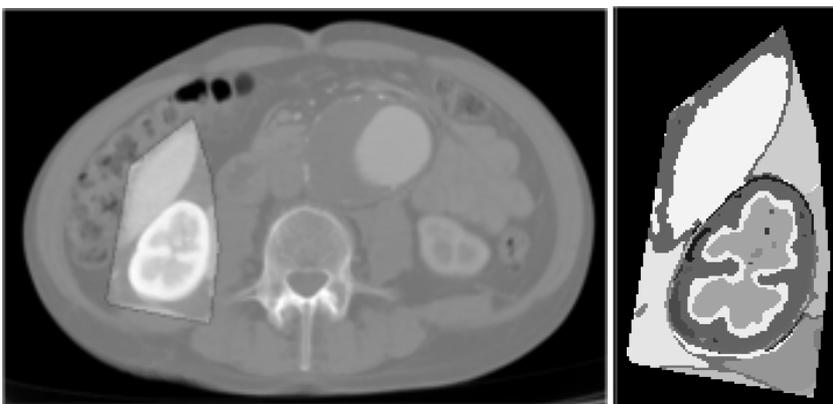


Abb. 9.13: Ergebnis des ersten Schritts für die automatische Segmentierung der markierten Region in einem CT-Bild des Abdomens. Im Grenzbereich der Nierenregion sind aufgrund des Partialvolumeneffekts viele übersegmentierte Regionen zu finden.

9.2.3.1 Bestimmung der Regionenwahrscheinlichkeit

Die Regionengröße und -gestalt wird mit Hilfe von morphologischen Operationen bewertet. Dazu wird zunächst die Regionengröße S_1 direkt nach dem Segmentierungsprozess bestimmt. Anschließend erfolgt eine Erosion mit darauffolgender Dilatation. Die resultierende Größe des Ergebnisses nach dieser Opening-Operation S_2 wird wiederum ermittelt. Aus den beiden Werten lässt sich dann die größen- und gestaltabhängige Wahrscheinlichkeit L_S einer Region wie folgt berechnen:

$$L_S(R) = \frac{S_2(R)}{S_1(R)}. \quad (9.4)$$

Große und kompakte Regionen verändern ihre Größe beim Opening nur wenig. Dadurch ergeben sich für diese Regionen Wahrscheinlichkeitswerte von ungefähr 1. Kleine, schmale bzw. sehr gewundene Regionen werden durch das Opening dagegen wesentlich kleiner. Ihre Wahrscheinlichkeitswerte liegen somit nahe bei 0. Das Ergebnis für die vorgeschlagene Größen- und Gestaltbewertung ist für die betrachtete Nierenregion in Abb. 9.13 zu sehen.

Die Wahrscheinlichkeit $L_H(R)$ zur Bewertung der Regionenhomogenität wird anhand des relativen Differenzenhistogramms D berechnet. Es wird von zwei Differenzbildern abgeleitet, die durch Faltung der Region R mit den Masken $[1,-1]$ und $[1,-1]^T$ generiert wurden. Die Wahrscheinlichkeit der Region basierend auf der Homogenität ergibt sich somit als:

$$L_H(R) = \sum_{i=0}^{d_{\max}} \frac{1}{1+i^2} D(i), \quad (9.5)$$

mit d_{\max} als der maximal auftretenden Differenz innerhalb der gefalteten Region. Diese Funktion führt zu hohen Wahrscheinlichkeitswerten für homogene Regionen, selbst wenn der Rand der Region durch den PVE beeinflusst wurde. Dieses gewünschte Verhalten kann nicht durch Berechnung der Standardabweichung der Grauwerte einer Region erreicht werden. Ein Beispiel für diese Bewertung der Regionenhomogenität ist in Abb. 9.14 zu sehen. Außerdem wird hier noch die resultierende Regionenwahrscheinlichkeit L_{Region} gezeigt.

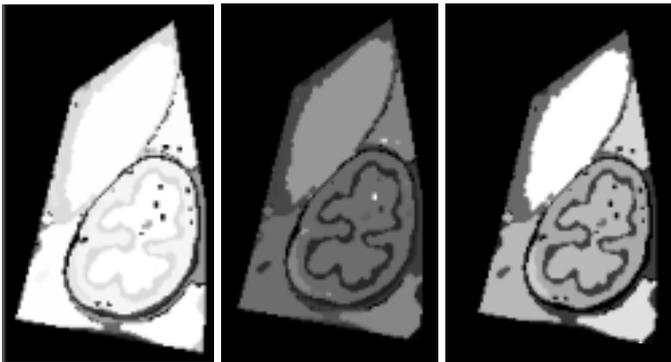


Abb. 9.14: Berechnete Wahrscheinlichkeiten für die ausgewählte Region des CT-Bildes des Abdomens. Die dunklen Pixel stehen jeweils für eine sehr geringe Regionenwahrscheinlichkeit. Je heller ein Pixel in einem Bild ist, desto höher ist die berechnete Wahrscheinlichkeit der dazugehörigen Region. links: Größen- und Gestaltabhängige Wahrscheinlichkeit (maximaler berechneter Wahrscheinlichkeitswert = 1.0), Mitte: Homogenitäts-abhängige Wahrscheinlichkeit (maximaler berechneter Wahrscheinlichkeitswert = 0.7), rechts: resultierende Regionenwahrscheinlichkeit (maximaler berechneter Wahrscheinlichkeitswert = 0.35), Bilder aus [Pohl02a]

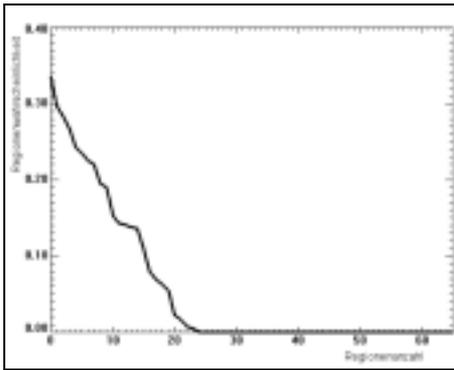


Abb. 9.15: Darstellung der Regionenwahrscheinlichkeit für die 65 segmentierten Regionen in dem ausgewählten Bildausschnitt für die Schätzung des Grenzwertes der a-priori Wahrscheinlichkeit

Nach der Bewertung der einzelnen Regionen werden Regionen mit einer kleinen Regionenwahrscheinlichkeit eliminiert. Dazu werden zuerst alle Regionen entsprechend ihrer Wahrscheinlichkeit sortiert. Ausgehend von dem Wissen der ungefähr im Bild vorkommenden Anzahl der Objekte wählt der Benutzer einen Grenzwert für die Regionenwahrscheinlichkeit aus, unter zu Hilfenahme einer Darstellung der Wahrscheinlichkeiten in abnehmender Reihenfolge (Abb. 9.15). Alle Regionen, die dann eine kleinere Wahrscheinlichkeit als der ausgewählte Grenzwert besitzen, werden entfernt und mit benachbarten Regionen zusammengefasst.

9.2.3.2 Reklassifikation der eliminierten Regionen

Die Pixel der aufgrund ihrer geringen Wahrscheinlichkeit aufgelösten Regionen müssen reklassifiziert und zu einer ihrer Nachbarregionen zugeordnet werden. Die Reklassifikation basiert dabei zum einen auf der ermittelten Regionenwahrscheinlichkeit und zum anderen auf der Wahrscheinlichkeit eines Pixels, Teil der jeweiligen Nachbarregion zu sein. Die Reklassifikation beginnt dabei mit der am wenigsten wahrscheinlichen Region. Zuerst müssen alle Nachbarschaftsregionen N_1, \dots, N_k von der eliminierten Region R_E bestimmt werden. In dem Fall, dass eine Region nur eine Nachbarregion N_1 besitzt, werden alle Pixel von R_E dieser Region zugeordnet. Wenn die Region jedoch mehrere Nachbarregionen N_1, \dots, N_k besitzt, muss ein Pixelklassifikationsprozess gestartet werden.

Hierbei wird für jede Nachbarregion N_i die Wahrscheinlichkeitsverteilung L_{N_i} der Grauwerte innerhalb der Region basierend auf den geschätzten Homogenitätsparametern (Medianwert, untere und obere Standardabweichung) generiert. Anschließend wird die Zugehörigkeitswahrscheinlichkeit $L_{g \in N}$ abhängig von dem Grauwert des jeweils betrachteten Pixels für jeden Pixel der aufgelösten Region bestimmt. Diese Vorgehensweise ist für die Beispielregion R_E in Abb. 9.16 gezeigt. Die Regionenwahrscheinlichkeiten waren 0.278 für die Nachbarregion N_0 , 0.094 für die Nachbarregion N_1 und 0.005 für die Nachbarregion N_2 . Die für die drei Nachbarregionen abgeleiteten Verteilungsfunktionen und die daraus bestimmten Wahrscheinlichkeiten $L_{g \in N_0}$, $L_{g \in N_1}$ und $L_{g \in N_2}$ sind in Abb. 9.17 dargestellt.

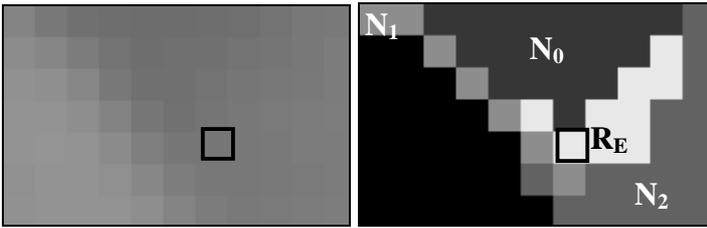


Abb. 9.16: Ausschnitt aus dem CT-Bild des Abdomens (links) und ermitteltes Segmentierungsergebnis (rechts), Region R_E soll eliminiert werden, und die Pixel sollen durch eine Klassifikation einer der Nachbarregionen N_0, \dots, N_2 zugeordnet werden. Bilder aus [Pohl02a]

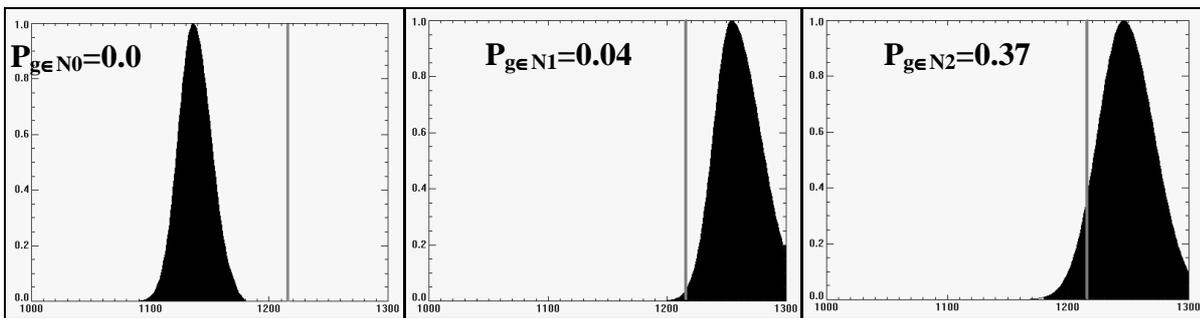


Abb. 9.17: Verteilungsfunktionen der drei Nachbarschaftsregionen und die abgeleitete Wahrscheinlichkeit für den in Abb. 9.15 betrachteten Pixel, der einen Grauwert von 1216 besitzt. Bilder aus [Pohl02a]

Die Reklassifikation eines Pixels p zu einer Nachbarschaftsregion N_i hängt von der Regionenwahrscheinlichkeit $L_{Region}(N_i)$, die nach Gleichung 9.3 berechnet wurde, und von der Wahrscheinlichkeit $P_{g(p) \in N_i}$ des Pixels p mit einem Grauwert $g(p)$ ab, zu der entsprechenden Grauwertverteilung zu gehören:

$$N_{K_{MAP}} = \arg \max_{N_K} \left(P_{Region}(N_i) \cdot P_{g(p) \in N_i} \right), i=1, \dots, k. \quad (9.6)$$

Die Pixel in Abb. 9.16 wurden danach als Klasse N_2 klassifiziert. Nach der Klassifikation muss schließlich noch ermittelt werden, ob die Regionen auch miteinander verbunden sind. Nicht verbundene Pixel müssen solange einer anderen Region entsprechend der Reihenfolge der ermittelten Regionenzugehörigkeit zugeordnet werden, bis sie mit dieser verbunden sind. Dieser Vorgang ist in Abb. 9.18 demonstriert.

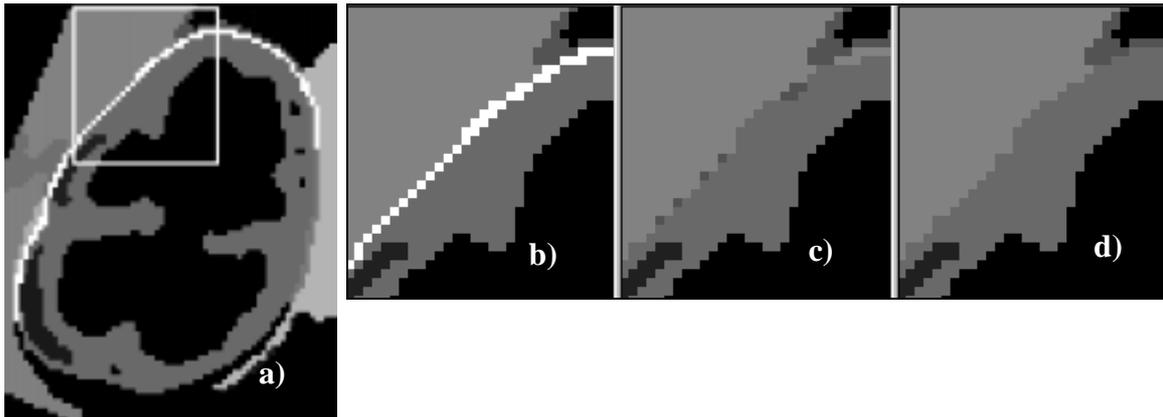


Abb. 9.18: a) Demonstration des Tests auf den Zusammenhang von Regionen für die hell gekennzeichnete Region, die aufgrund der berechneten Regionenwahrscheinlichkeit aufgelöst werden soll, b) vergrößertes Bild der markierten Region, c) Region nach der Reklassifikation. Einige Pixel wurden fälschlicherweise zu einer Region zugeordnet, mit der sie nicht verbunden sind. d) Region nach dem Test des Regionenzusammenhangs. Die in c) falsch klassifizierten Pixel wurden nun einer Region zugeordnet, mit der sie auch verbunden sind. Bilder aus [Pohl02a]

9.2.4 Evaluation des Algorithmus

Die Evaluation des modellbasierten adaptiven Regionenwachstumsverfahrens (MBA) erfolgte durch empirische Diskrepanzmethoden, die bereits im Abschnitt 8.1.2.3 ausführlich erläutert wurden. Probleme für die Anwendung der Diskrepanzmethode zur Bewertung der Segmentierung bereitete jedoch das Fehlen eines Goldstandards. Deshalb wurden die Tests in zwei Kategorien unterteilt. In der ersten Kategorie ging es darum zu untersuchen, welche Abweichungen der Algorithmus vom vorgegebenen Modell noch toleriert. Hierzu wurden künstliche Testbilder entwickelt, welche die zu untersuchenden Einflüsse in vorgegebenen Abstufungen enthielten. In der zweiten Kategorie ging es darum, festzustellen, ob sich bei einer Untersuchung an stichprobenartig ausgewählten handsegmentierten medizinischen Bildern die Testergebnisse der ersten Kategorie bestätigen lassen. Die Tests wurden jeweils mit Nutzung von fünf bis sechs unterschiedlichen Startpunkten durchgeführt, um gleichfalls die Abhängigkeit von der Initialisierung zu ermitteln. In beiden Fällen wurde das neu entwickelte Verfahren mit dem Ergebnis des adaptiven Regionenwachstums mittels bewegtem Mittelwert (AMM), das in [Levi81] beschrieben ist, verglichen.

Für die Bewertung der Qualität der Segmentierungsergebnisse wurden dabei folgende Metriken (siehe Abschnitt 8.2.2) benutzt, die eine möglichst von Objekt und Segmentierungsverfahren unabhängige Charakterisierung des Fehlermaßes erlauben:

- mittlere Abweichung der Konturpixel von der Kontur im Goldstandard,
- Hausdorff-Abstand und
- Anzahl der über- bzw. untersegmentierten Pixel in Relation zur Objektgröße.

Durch die Verwendung dieser vier Metriken konnten alle beim Regionenwachstum auftretenden Fehler erfasst werden. Die mittlere Abweichung charakterisiert die allgemeine Güte des Ergebnisses. Der Hausdorff-Abstand bewertet, ob ein Auslaufen des Objekts stattgefunden hat. Mit der Klassifikation nach unter- und übersegmentierten Pixeln kann schließlich festgestellt werden, ob die ermittelten Schwellenwerte eher zu hoch oder zu niedrig gewählt wurden.

9.2.4.1 Segmentierung von Einzelobjekten in künstlichen Bildern

Auf Grundlage der Analyse von realen CT-Bildern wurden folgende Kriterien, die eine Segmentierung beeinflussen, ermittelt und auf Testbilder übertragen:

- Variation des SNR
- Veränderung der Kantensteilheit zur Simulation des Partialvolumeneffekts
- Modifikation des Shading.

In der ersten Untersuchung werden Modellbedingungen verändert. Die Veränderung der Kantensteilheit wird auch noch zum Teil über die Berechnung der oberen und unteren Standardabweichung vom Modell abgedeckt. Bei der letzten Untersuchung handelt es sich dagegen um die Veränderung einer Bedingung, die nicht im Modell enthalten ist, aber in der Realität durchaus vorkommen kann. Alle Tests dienen dem Ziel, festzustellen, wie robust das Verfahren gegenüber Veränderungen des Modells ist und welche Abweichungen vom Modell noch toleriert werden.

9.2.4.1.1 Untersuchung des Einflusses des SNR

Um eine möglichst enge Verbindung zu den realen Bedingungen herzustellen, wurde anstelle künstlichen Rauschens, das Rauschen aus homogenen Bildbereichen von realen Bildern extrahiert. Dieses Rauschen wurde anschließend Testbildern mit unterschiedlichem Kontrast überlagert (siehe Abb. 9.19). Der Flächeninhalt des Bildes betrug 13.786 Pixel, und die Objektfläche war 1.666 Pixel groß. Die Segmentierungsergebnisse dieser Testserie in Abb. 9.22 zeigen, dass die mittlere Abweichung der Konturpixel für das MBA bei einem SNR von 1:1 oder höher unter einem Pixel betrug. Die maximale Abweichung betrug im Mittel zwei Pixel. Die geringen Abweichungen spiegeln sich auch in der Anzahl der übersegmentierten Pixel wieder, die weniger als acht Pixel betrug. Die Anzahl der nicht segmentierten Pixel war unter 1%. Für die Vergleichsmethode wurden dagegen höhere Werte für alle Kategorien ermittelt. Die Streuung für alle vier Qualitätsmaße war hoch. Außerdem war mit dieser Methode eine Segmentierung für Bilder mit einem geringeren SNR als 1.5:1 nicht möglich, da ein Auslaufen der Region stattfand.

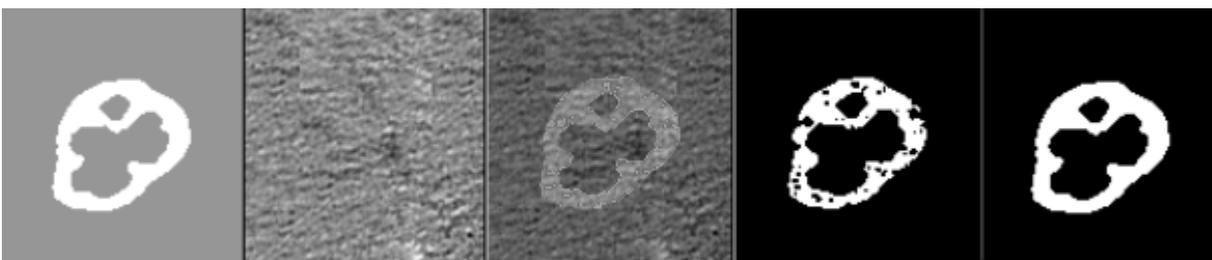


Abb. 9.19: Testbildgenerierung, von links nach rechts: Ausgangsbild mit Modellobjekt, Bild mit natürlichem Rauschen, das aus einem homogenen Bildbereich eines CT-Bildes extrahiert wurde, Testbild mit einem SNR von 1.5:1, Segmentierungsergebnis für den ersten Durchlauf, endgültiges Segmentierungsergebnis. Bilder aus [Pohl01]

9.2.4.1.2 Untersuchung des Einflusses der Kantensteilheit

Bei der Untersuchung des Einflusses der Kantensteilheit wurde vor der Addition des Rauschens auf das Testbild ein Mittelwertfilter mit einer Maskengröße von 3x3 bis 13x13 angewandt, um eine zunehmende Abflachung der Kante zu erreichen (Abb. 9.20). Das SNR wurde

für die Tests auf 1.5:1 gesetzt. Die Ergebnisse der Testläufe in Abb. 9.23 zeigen, dass zwar kein Auslaufen in den Hintergrund bei dem MBA erfolgte, aber mit zunehmender Filtergröße die Fehler an den Objekträndern größer wurden und auch der Einfluss der Initialisierung zunahm. Im Vergleich dazu war es nicht möglich, eine Segmentierung mit der Vergleichsmethode durchzuführen, da bereits bei der Kantenverwaschung mit dem kleinsten Mittelwertfilter ein Auslaufen stattfand.

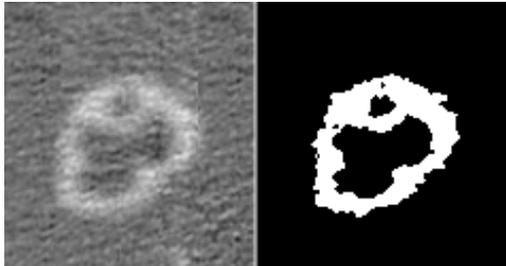


Abb. 9.20: erzeugtes Testbild mit einem SNR von 1.5:1 (links) und Ergebnis der Segmentierung mit der MBA-Methode (rechts) für die Bewertung des Einflusses der Kantensteilheit. Das Quellbild wurde hier vor der Rauschbildaddition mit einem Mittelwertfilter der Größe von 9x9 Pixeln geglättet. Bild aus [Pohl01]

9.2.4.1.3 Untersuchung des Einflusses von Shading-Effekten

Die Untersuchung von Shading-Effekten wurde eingeführt, um feststellen zu können, ob eine Übertragung des MBA-Verfahrens auch auf andere Bildmodalitäten möglich ist. Zur Simulation des Shadings wurden Graukeile mit einem Gradientenbetrag in y-Richtung von 0.14, 0.28, 0.42 und 0.56 erzeugt. Diese wurden dann gemeinsam mit dem Rauschen den Testbildern überlagert, wobei das SNR mit 1.5:1 festgelegt wurde (Abb. 9.21). Die Ergebnisse in Abb. 9.24 zeigen, dass ab einem Gradientenbetrag von 0.42 die Streuung bei der mittleren und maximalen Abweichung der Konturpixel stark anstieg. Bei einem Gradientenbetrag von 0.56 kam es bei drei der sechs Segmentierungen am Testbild zu einem Auslaufen des Objekts, so dass in diesem Fall kein mittlerer Fehler berechnet werden konnte.

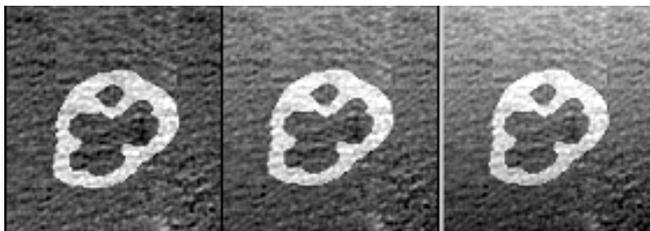


Abb. 9.21: Testbilder zur Untersuchung des Shading-Einflusses (kontrastgespreizt zur Demonstration des Shadingeffekts), links: Bild ohne Shading, Mitte: Überlagerung eines Graukeils mit dem Gradientenbetrag von 0.28 in y-Richtung, rechts: Überlagerung eines Graukeils mit dem Gradientenbetrag von 0.56 in y-Richtung. Bild aus [Pohl01]

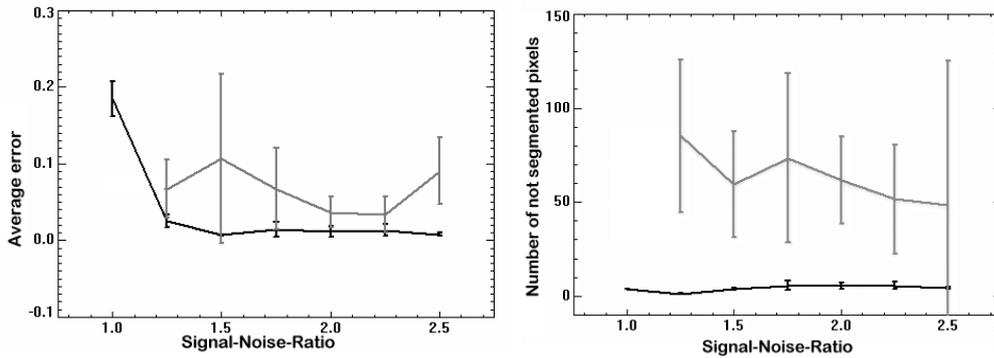


Abb. 9.22: Ergebnis der Diskrepanzmessung für den mittleren Fehler und für die Anzahl der nicht-segmentierten Pixel (schwarz: MBA-Methode, grau: adaptives Regionenwachstum mittels bewegtem Mittelwert (AMM-Methode), ermittelte Mittelwerte aus jeweils sechs verschiedenen Messungen mit unterschiedlicher Startpunktsetzung bei Testbildern mit variierendem SNR. Bild aus [Pohl01]

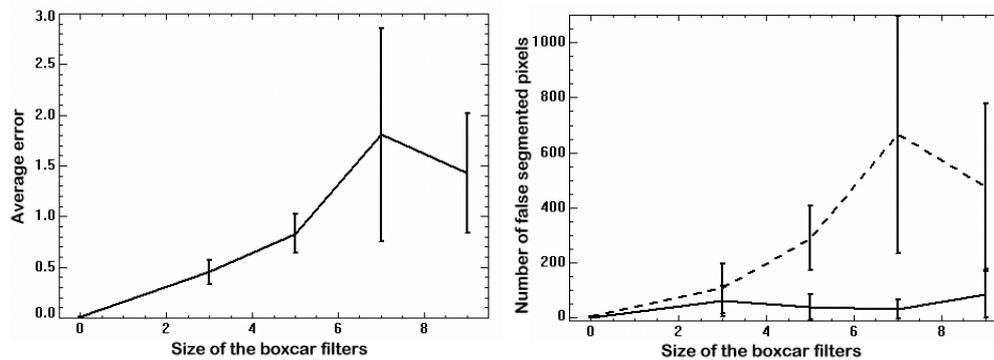


Abb. 9.23: Ergebnis der Diskrepanzmessung für den mittleren Fehler und für die Anzahl der falsch segmentierten Pixel (durchgehend: untersegmentierte Pixel, gestrichelt: übersegmentierte Pixel), ermittelte Mittelwerte aus jeweils sechs verschiedenen Messungen mit unterschiedlicher Startpunktsetzung bei Testbildern mit variierender Kantenstärke. Bild aus [Pohl01]

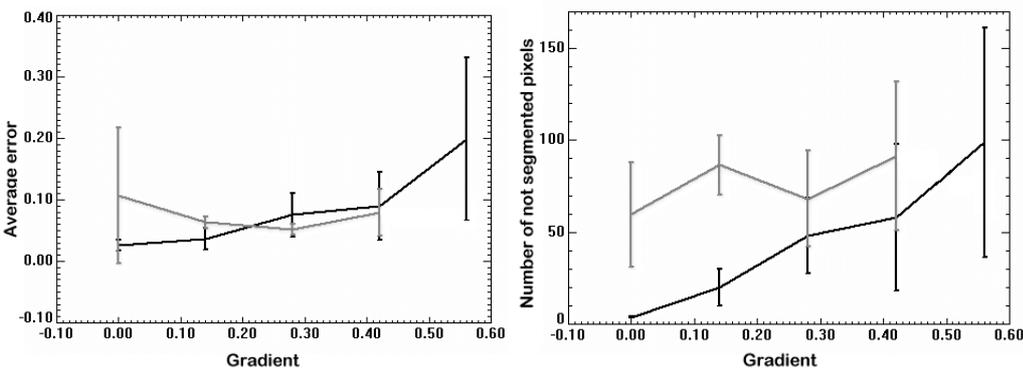


Abb. 9.24: Ergebnis der Diskrepanzmessung für den mittleren Fehler und für die Anzahl der nicht-segmentierten Pixel (schwarz: MBA-Methode, grau: AMM-Methode), ermittelte Mittelwerte aus jeweils sechs verschiedenen Messungen mit unterschiedlicher Startpunktsetzung bei Testbildern mit variierendem Shading. Bild aus [Pohl01]

9.2.4.2 Untersuchung der Segmentierung von Einzelobjekten in CT-Bildern

In den realen CT-Bildern wurden die Nierenrinde, die Leber und das passierbare Lumen beim Aortananeurysma segmentiert. Das SNR wurde für die vier unterschiedlichen Strukturen mit 1.75:1 für die Leber und 5:1 für die Nierenrinde und das passierbare Lumen geschätzt. Die Leber weist aus diesem Grund auch nur sehr wenige Pixel mit PVE auf, während dieser Anteil bei den anderen drei Strukturen aufgrund des höheren Kontrasts auch wesentlich höher war. Die Segmentierung wurde wiederum jeweils fünfmal mit unterschiedlichen Initialisierungen durchgeführt.

Folgende Schätzwerte für die Homogenitätsparameter wurden dabei für die Leberregion ermittelt: Hounsfield-Wert 70.7 ± 0.0 , untere Abweichung 6.7 ± 0.4 und obere Abweichung 6.0 ± 0.1 . Die Variation infolge der unterschiedlichen Startpunktsetzung war dabei sehr gering. Ähnlich stabile Schätzwerte erhielten wir auch für die Region des passierbaren Lumens: mittlerer Grauwert 214.6 ± 0.0 , untere Abweichung 9.9 ± 1.13 und obere Abweichung 7.1 ± 0.0 . Zur Einschätzung der Qualität der Ergebnisse erfolgte ein Vergleich mit manuell von einem klinisch tätigen Chirurgen segmentierten Objekten. Die dabei erzielten Ergebnisse sind in Tab. 9.9 wiedergegeben. In Abb. 9.25 sind die Ergebnisse der Segmentierung als Überlagerung im Originalbild dargestellt. Die Objektgröße für die Leberregion war dabei 5730 Pixel, für die Region des passierbaren Lumens 2304 Pixel, für die linke Nierenrinde 2891 Pixel und für die rechte Nierenrinde 2023 Pixel. Im Vergleich zu den Ergebnissen mit dem MBA erwies sich das AMM als sehr stark abhängig von der Initialisierung. So fand damit mit allen fünf Startpunkten ein Auslaufen bei der Lebersegmentierung statt.

Um den Einfluss der automatischen Berechnung des Homogenitätskriteriums im Vergleich zu der fehlerbehafteten manuellen Definition bewerten zu können, wiederholten wir den Segmentierungsvorgang mit absichtlich veränderten Schwellenwerten. Die Abweichung von den berechneten Werten betrug $\pm 1\%$ von dem gesamten Grauwertbereich, im Allgemeinen also ± 15 Grauwerte. Dies führte zu einer Verdoppelung bis Verdreifachung der gemessenen Fehler für alle betrachteten Metriken.

Tabelle 9.9: Gemessene Werte für den Vergleich der Segmentierungsergebnisse mit der manuellen Segmentierung

Metriken für die Fehlerbewertung	Leber	passierbares Lumen	linke Nierenrinde	rechte Nierenrinde
Mittlerer Fehler	1.1 ± 0.1	1.4 ± 0.2	1.3 ± 0.1	0.6 ± 0.2
Hausdorff-Abstand	3.6 ± 0.3	4.6 ± 0.6	6.0 ± 0.0	2.1 ± 0.1
übersegmentierte Pixel	83.6 ± 17.2	2.0 ± 0.0	2.2 ± 1.3	4.8 ± 3.1
Nicht segmentierte Pixel	324.3 ± 40.7	236.8 ± 29.3	683.6 ± 59.5	286.1 ± 64.3

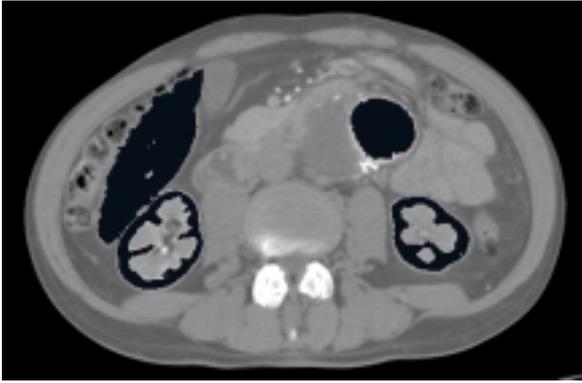


Abb. 9.25: Segmentierungsergebnisse mittels der entwickelten MBA-Methode für die Leber, das passierbare Lumen beim Aortenaneurysma sowie für die Nierenrinden. Die segmentierten Regionen sind schwarz überlagert. Die leichte Untersegmentierung der Strukturen aufgrund des auftretenden Partialvolumeneffekts an den Grenzen ist dabei gut sichtbar. Bild aus [Pohle01]

9.2.4.3 Untersuchung der vollautomatischen Segmentierung

Der automatische Regionenwachstumsalgorithmus wurde anhand von künstlichen Bildern mit einem SNR von 1.5:1 und bei einer Kantenglättung durch einen 3x3-Mittelwertfilter getestet. Das erzielte Ergebnis ist in Abb. 9.26c zu sehen. In dem ersten Schritt der automatischen Segmentierung wurde das Testbild in 107 Regionen zerlegt. Nach der Entfernung von Regionen mit einer Regionenwahrscheinlichkeit $P_{Region} < 0,2$ blieben nur noch die vier tatsächlichen Regionen erhalten. Im Vergleich mit dem Ergebnis von der Wasserscheidentransformation (siehe Abschnitt 7.2.7) als einer anderen sehr häufig benutzten vollständigen Segmentierungsmethode (Abb. 9.26d) konnte festgestellt werden, dass das Testobjekt beim vollständigen Regionenwachstumsverfahren eine etwas glattere Kontur aufwies.

In einem zweiten Schritt testeten wir das automatische Regionenwachstumsverfahren wiederum an realen CT-Bildern. Das Ergebnis ist in Abb. 9.27 zu sehen. In der betrachteten Region wurden die nach dem ersten Schritt extrahierten 67 Regionen zu 14 Ergebnisregionen zusammengefasst. In diesem Fall führte der Segmentierungsprozess zu einem guten Ergebnis bei einer visuellen Bewertung. Im Gegensatz zur Wasserscheidentransformation wurde hier die Hauptregion vollständig und zusammenhängend gefunden. Außerdem wurde das Bild in weniger Regionen zerlegt. Bei der Wasserscheidentransformation wurden die in einem ersten Segmentierungsschritt ermittelten Regionen jeweils dann mit einer benachbarten Region zu einer Region zusammengefasst, wenn der Unterschied in den beiden mittleren Grauwerten geringer als 30 war. Eine Erhöhung oder Erniedrigung dieses Schwellenwertes führte zu einem signifikant veränderten Segmentierungsergebnis. Dies ist ein großer Nachteil im Vergleich zum hier vorgestellten Verfahren.

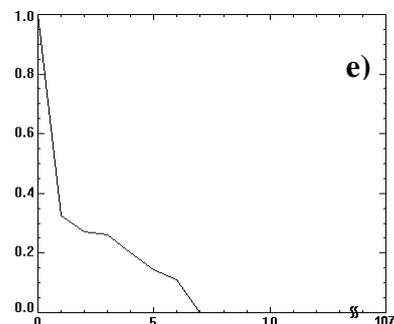
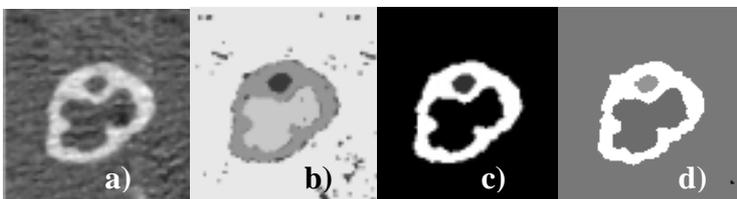


Abb. 9.26: Segmentierungsergebnis für die automatische Segmentierung des Testbildes mit einem SNR von 1.5:1 und einer Kantenglättung durch einen 3x3-Mittelwertfilter. a) Originaltestbild, b) Ergebnis der Segmentierung nach dem ersten Schritt, c) Segmentierungsergebnis nach der Eliminierung von Regionen mit $P_{Region} < 0,2$, d) Segmentierungsergebnis für die Segmentierung mittels Wasserscheidentransformation, e) Plot der Regionenwahrscheinlichkeit für die 107 segmentierten Regionen in absteigender Ordnung. Bilder aus [Pohl02a]

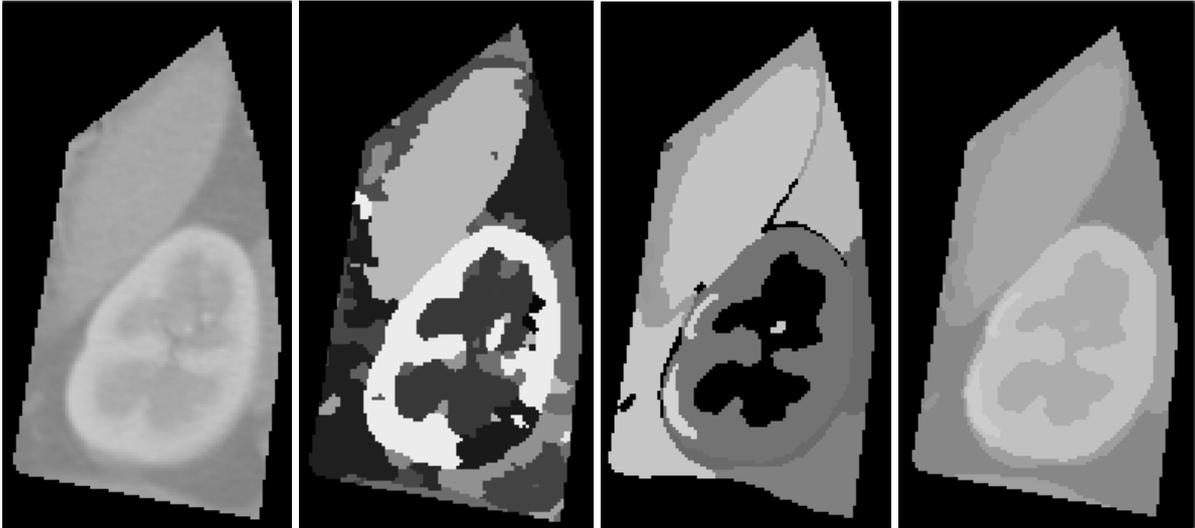


Abb. 9.27: Segmentierungsergebnis für die automatische Segmentierung für die ausgewählte Region des CT-Bildes des Abdomens. a) betrachteter Ausschnitt des Originalbildes, b) Ergebnis der Segmentierung mit der Wasserscheidentransformation als dem verwendeten Vergleichsverfahren. Die Regionen sind grauwertkodiert dargestellt. Es zeigt sich trotz des Zusammenfassens von Regionen mit einer geringen Grauwertabweichung eine starke Übersegmentierung. Auch die Nierenrinde als betrachtete zentrale Region wurde nicht zusammenhängend gefunden. c) Ergebnis der Segmentierung mittels automatischem Regionenwachstums. Die einzelnen Regionen sind wiederum grauwertkodiert dargestellt. Bei dem entwickelten Regionenwachstumsverfahren wurden kompaktere Regionen gefunden. d) Darstellung der Regionen des Regionenwachstumsverfahrens, wobei die einzelnen Regionen mit ihrem mittleren Grauwert angezeigt werden. Dabei wird im Vergleich mit dem Originalbild eine hohe Ähnlichkeit erreicht. Bilder aus [Pohl02a]

9.2.5 Diskussion der Ergebnisse und Ausblick

Die Ergebnisse an den Testbildern zeigen für das semiautomatische Verfahren, dass das Homogenitätskriterium sehr genau berechnet werden kann, wenn die entwickelte Methode zur Schätzung der Parameter verwendet wird. Außerdem wurden einige Abweichungen bezüglich des Vorhandenseins von Shading und PVE toleriert. Auch die Ergebnisse bei den CT-Bildern waren ähnlich gut wie bei den Testbildern. Die ermittelten Fehlerwerte für die Leberregion waren in dem erwarteten Bereich. Lediglich die Anzahl der nichtsegmentierten Pixel war höher als es die Ergebnisse an den Testbildern vermuten ließen. Die ermittelte Abweichung von etwa 3 % kann jedoch auch aus Unsicherheiten bei der manuellen Segmentierung herrühren. Eine Analyse der Startpunktsetzung zeigte weiterhin, dass ab einem Abstand von 3 Pixeln vom Rand bei einem SNR von mehr als 1.5:1 und einer geringen Kantenunschärfe im Bild die Gefahr des Auslaufens des Objekts aufgrund anfangs ungenauer Schätzwerte nicht mehr besteht.

Für das passierbare Lumen beim Aortenaneurysma und für die linke Nierenrinde waren der Hausdorff-Abstand und die Anzahl der übersegmentierten Pixel ebenfalls in der erwarteten Größenordnung. Die mittlere Abweichung und die Anzahl der nichtsegmentierten Pixel war dagegen etwas höher als bei den Testbildern. Hier wirkte sich das größere SNR negativ aus, da mit den Schätzwerten der Partialvolumenbereich infolge des zu schnellen Abfalls der Wichtungsfunktion $c(n)$ nicht mehr vollständig erfasst wurde. Dieses Problem könnte durch eine Verbesserung des verwendeten einfachen Homogenitätsmodells besser gelöst werden.

Insgesamt konnte mit den durchgeführten Tests jedoch die Eignung der Methode zur Segmentierung von Organen in CT-Aufnahmen nachgewiesen werden. Der Vorteil gegenüber anderen Regionenwachstumsverfahren besteht darin, dass keine fehleranfällige Spezifikation der Homogenitätsparameter erforderlich ist. Außerdem muss bei Anwendung des semiautomatischen Verfahrens keine vollständige Segmentierung des Bildes vorgenommen werden und das Verfahren ist weniger empfindlich gegenüber der Startpunktsetzung als andere adaptive Verfahren.

Vorteilhaft erwies sich weiterhin auch die Nutzung des vollautomatischen Verfahrens, wenn eine vollständige Segmentierung der Bilddaten angestrebt wird. Im Gegensatz zu der Wasserscheidentransformation, als einer anderen kompletten Segmentierungsmethode, die von Wegner [Wegn99] ebenfalls zur Segmentierung von Strukturen in CT-Daten getestet wurde, ist die Auswahl des Schwellenwertes für die automatische Zusammenfassung von übersegmentierten Regionen hier wesentlich einfacher möglich. Bei der vorgeschlagenen Methode auf Grundlage des Regionenwachstums benötigt man lediglich die Information über die Anzahl der gewünschten Regionen im Bild. Im Gegensatz dazu müssen bei der Wasserscheidentransformation Ähnlichkeitskriterien zur Beseitigung der Übersegmentierung spezifiziert werden. Der in [Wegn99] angegebene erreichte mittlere Fehler für die iterative Wasserscheidentransformation betrug für die beiden untersuchten Beispiel-CT-Datensätze 7.5% bzw. 10.4% bezogen auf die Anzahl der falsch segmentierten Pixel. Damit wird mit beiden vollständigen Segmentierungsverfahren ein in etwa vergleichbarer Fehlerwert erreicht. Ein konkreter Vergleich der Segmentierungsgüte ist aufgrund des unterschiedlichen verwendeten Bildmaterials nicht möglich. Anzumerken ist in diesem Zusammenhang noch, dass die bei der Wasserscheidentransformation erforderliche Homogenitätsabschätzung in diesem Fall von einem Experten der verwendeten Software angegeben wurde. Für diesen ist die Spezifikation des Homogenitätskriteriums, das auf mehreren Merkmalswerten basiert, wesentlich leichter vorzunehmen, als dies für den medizinischen Anwender der Fall ist. Hier liegt auch der Vorteil des selbstentwickelten Ansatzes zur vollständigen Segmentierung.

Schließlich wurde für den Ausschnitt des CT-Testbildes auch eine Vergleichssegmentierung mit dem Seeded Region Growing Ansatz [Adam94] durchgeführt. Bei diesem Verfahren muss der Benutzer gleichfalls kein Homogenitätskriterium vorgeben. Es zeigte sich aber, dass zum einen die Eingabe der Startpunkte bei realen Bildern sehr aufwendig werden kann und zum anderen deren Positionierung das Ergebnis wesentlich beeinflusste. So erhielt man trotz gleicher Startpunktzahl sehr unterschiedliche Segmentierungsergebnisse. Im Vergleich dazu liefert das hier vorgestellte vollständige modellbasierte Region growing Verfahren immer reproduzierbare Ergebnisse.

Im Zusammenhang mit möglichen Verbesserungen des entwickelten modellbasierten adaptiven Segmentierungsverfahrens sind einige weiterführende Ansätze denkbar. So wurden in ersten Tests andere Homogenitätskriterien bezüglich ihrer Brauchbarkeit untersucht. In einigen Fällen erwies es sich als nützlich, anstatt des mittleren Grauwertes die Homogenität über eine einheitliche Streuung der Grauwerte in der 8-er Nachbarschaft zu definieren. In die Berechnung der Homogenitätsgrenzen gingen in diesem Fall die Standardabweichung der Grauwerte und deren untere und obere Standardabweichung ein. Durch diesen Ansatz war eine bessere Segmentierung von z.B. texturierten Strukturen, wie teilweise Knochen in CT-Bildern (Abb. 9.28), möglich. Mit der bisher verwendeten Variante konnte eine solche Segmentierung aufgrund der großen Streuung der Grauwerte nicht erreicht werden.

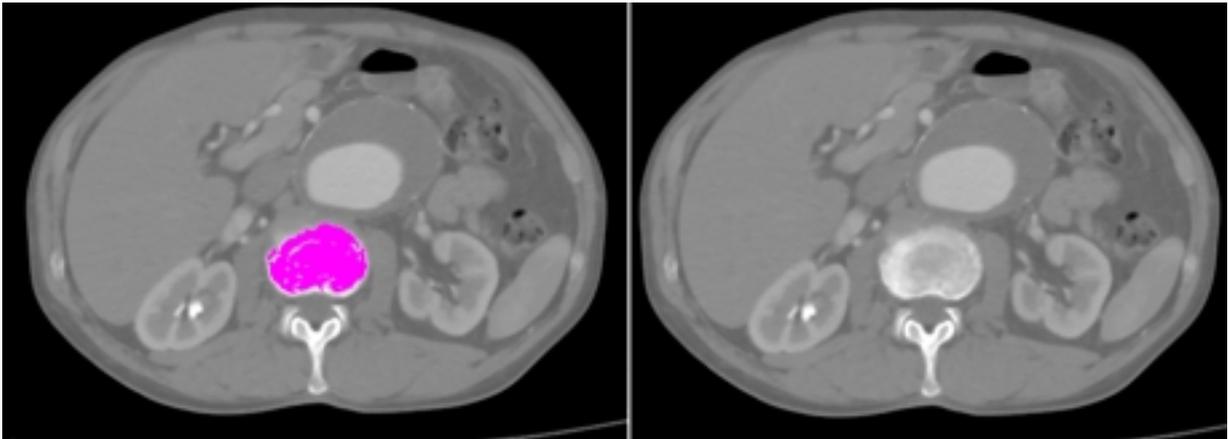


Abb. 9.28: links: Segmentierungsergebnis dargestellt als farbliche Überlagerung für die Knochenstruktur in einem CT-Bild durch Verwendung der Homogenitätsschätzung basierend auf der Berechnung der Standardabweichung der Grauwerte, rechts: Die Originalbilddaten weisen innerhalb der segmentierten Struktur eine hohe Streuung der Grauwerte auf.

Eine weitere angedachte Vorgehensweise, die prototypisch implementiert wurde, bestand darin, in die Schätzung des Homogenitätskriteriums beim adaptiven Regionenwachstumsverfahren eine Bewertung des linearen Shadings zu integrieren. Lineares Shading lässt sich über eine multiple lineare Regression, die beginnend ab einer ausreichend großen Anfangspixelzahl jeweils bei Verdopplung der Pixelanzahl wiederholt berechnet wird, abschätzen. Ein großes Problem ist hier jedoch die Festlegung der Größe der Stichprobe für die erste Schätzung, da die Güte des Segmentierungsergebnisses sehr stark davon abhängt, ob die erste Schätzung wenigstens tendenziell richtig war. Ein weiteres Problem stellt die fehlerhafte Einschätzung des Partialvolumeneffekts als Shading im Kantenbereich dar, da dann z. B. bei der Nierenrinde nur Teile gefunden werden. Diese beschriebenen Schwierigkeiten lassen sich zum einen teilweise dadurch beheben, dass eine ausreichend große Stichprobe zur ersten Abschätzung des Shadings verwendet wird. Zum anderen bleibt auch zu überlegen, ob man dem Benutzer nicht zwei verschiedene Verfahrensansätze, eine mit und eine ohne Shading-Schätzung, zur Verfügung stellen sollte. Dann hätte er die Möglichkeit, selbst zu entscheiden, welche Variante er für sein Problem am günstigsten einsetzen kann. Insgesamt bleibt festzustellen, dass das Vorliegen von kompakten Objekten eine wesentliche Voraussetzung für die erfolgreiche Abschätzung von Shadingeffekten ist.

Bei einigen praktischen Aufgabenstellungen, wie z. B. bei der Segmentierung von MR-Bildern, tritt jedoch als Störung kein lineares, sondern ein nichtlineares Shading auf. Um auch derartige Bilddaten segmentieren zu können, müssen gleichfalls Erweiterungen zum vorgestellten einfachen Homogenitätskriterium vorgenommen werden. Hierzu wurde untersucht, ob sich auch nichtlineares Shading zusammen mit dem Homogenitätskriterium abschätzen lässt. Hierbei musste festgestellt werden, dass diese Schätzung ausgehend von einem Startpunkt nicht möglich ist. Da nur Punkte innerhalb der geschätzten Standardabweichung neu zur Region zugelassen werden, werden auch die Pixel im Bereich, wo das Shading ansteigt, gar nicht erst hinzugenommen. Dadurch existiert das Shading auch nicht in der Stichprobe und lässt sich deshalb nicht abschätzen. Eine Abhilfe dieses Problems kann über eine erweiterte Eingabe erreicht werden. So musste der Nutzer statt eines Punktes zwei Punkte einer Linie angeben (siehe Abb. 9.29), die in Richtung des Shadings verlaufen muss. Über ein Polynom-Fitting mit der Methode der kleinsten Quadrate erfolgte anschließend die Abschätzung des Shadingverlaufs entlang der Linie. Ausgehend von der ermittelten Funktion kann nun für jeden Bildpunkt ein Mittelwert geschätzt werden. Dieses Verfahren funktioniert jedoch nur für kompak-

te Objekte. Bei stark strukturierten Objekten, wo sich in Richtung des Shadings nicht genügend Punkte auf einer Linie befinden, wie z. B. bei Gehirnbildern, kann diese Vorgehensweise nicht genutzt werden.

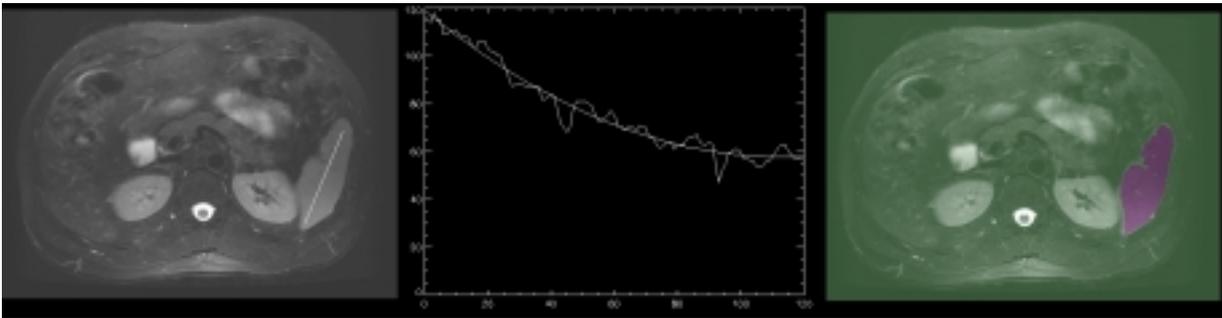


Abb. 9.29: Segmentierung der Milz in einem MR-Bild des Abdomens mit dem adaptiven Regionenwachstumsverfahren mit integrierter Schätzung von nichtlinearen Shading-Einflüssen, links: Bild mit eingegebener Markierung, Mitte: Grauwertverlauf entlang der Linie und berechnete Shading-Funktion, rechts: Ergebnis der Segmentierung. Durch die Integration der Shadingfunktion war eine vollständige Segmentierung trotz der großen Grauwertunterschiede innerhalb des Objekts möglich.

Schließlich wurde zur Verhinderung des Auslaufens von Objekten noch untersucht, ob sich durch ein Wachstum in Richtung des jeweils kleinsten Gradienten eine Verbesserung im Gegensatz zum entwickelten Ansatz mit dem randomisierten Wachstum ergibt. Hier zeigte sich jedoch, dass beim Wachstum einer Region jeweils in Richtung des kleinsten Gradienten eine noch stärkere Unterschätzung der Standardabweichung stattfindet, so dass noch eher eine nur teilweise Segmentierung erfolgte. Dies tritt vor allem bei Bildern mit einem geringen Rauschanteil auf. Für feinstrukturierte eher längliche Objekte, wie z. B. für die Gehirnstrukturen in MR-Bildern wurden teilweise bessere Ergebnisse erzielt als mit dem randomisierten Wachstum.

Da bei den MR-Bildern des Gehirns jedoch auch sehr häufig eine Überlagerung infolge von Shading auftritt, wurde bei der Verwendung der Methode des Wachstums in Richtung des kleinsten Gradienten schließlich zum Schluss noch der Einsatz eines iterativen Verfahrens getestet. Um ein Auslaufen zu vermeiden, wird der Wichtungsfaktor w hierbei im Vergleich zur herkömmlichen Methode sehr viel kleiner gewählt. Ansonsten wird das Regionenwachstum zuerst wie üblich ausgeführt. Anschließend erfolgt in einem iterativen Prozess die Bestimmung potentieller neuer Startpunkte an der sich ergebenden Objektgrenze. Als weitere Startpunkte für den nächsten Iterationsschritt werden dabei solche Pixel gewählt, die kein lokales Minimum oder Maximum der Grauwerte in ihrer direkten Nachbarschaft darstellen. Außerdem dürfen sie auch kein lokales Maximum bei Betrachtung der 8-Nachbarschaft im mit dem Kirsch-Operator gefilterten Bild ergeben, da sie in diesem Fall wahrscheinlich tatsächliche Kantenpunkte sind. Falls sich für ein Ergebnis noch Startpunkte finden lassen, wird als neuer Mittelwert für die Schätzfunktion in Gleichung 9.2 der mittlere Grauwert in der 8-Nachbarschaft des gewählten Pixels verwendet. Das Wachstum wird von allen neuen Startpunkten mit dem neuen, an das Shading adaptierten Mittelwert und den alten Abweichungen fortgesetzt. Das iterative Verfahren endet, wenn keine neuen Startpunkte mehr existieren, von denen ein Weiterwachsen möglich ist. Die damit erreichbare stufenweise Verbesserung des Ergebnisses ist für ein Beispielbild in Abb. 9.30 zu sehen. In Abb. 9.31 ist das Endergebnis als Überlagerung im Originalbild gezeigt.



Abb. 9.30: Ergebnisse der Segmentierung mit dem iterativen Ansatz des adaptiven Regionenwachstumsverfahrens für die Segmentierung der weißen Substanz für das Beispiel von Abb. 9.31, von links nach rechts: Ergebnis des ersten Schätzlaufs, Ergebnis nach dem ersten Durchlauf, potentielle Startpunkte für ein erneutes Wachstum, Ergebnis nach der ersten Iterationsstufe, Endergebnis nach der zweiten Iterationsstufe. Im Verlauf des iterativen Prozesses werden kleine Löcher innerhalb der Struktur geschlossen. Außerdem erfolgt eine zusätzliche Segmentierung von feineren Strukturen innerhalb schlecht kontrastierter Bereiche.

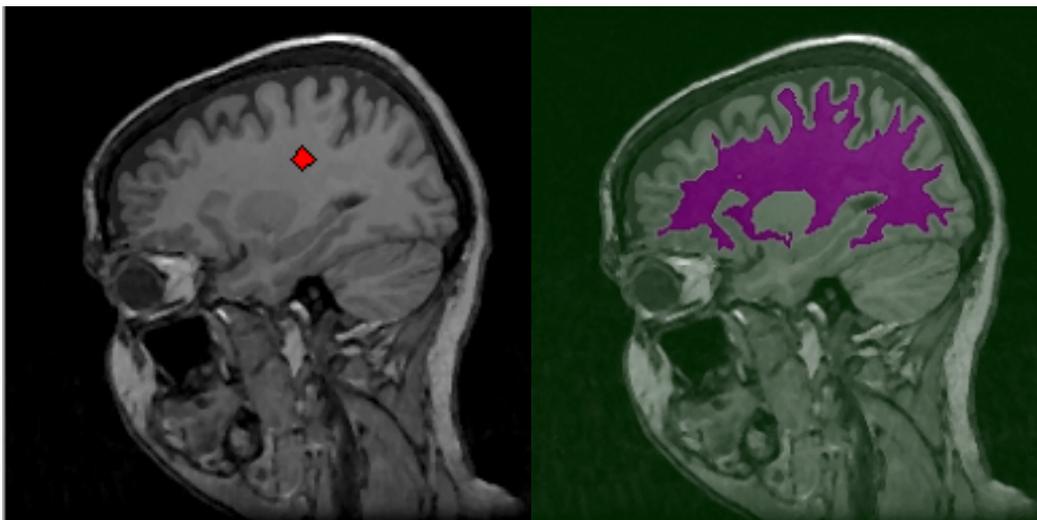


Abb. 9.31: links: T₁-gewichtetes MR-Bild des Kopfes mit manuell gesetztem Startpunkt, rechts: Überlagerung des Segmentierungsergebnisses für die weiße Substanz bei Verwendung des iterativen Ansatzes. Die Überlagerung zeigt, dass fast alle Bereiche der weißen Substanz, die mit dem Bereich des Startpunktes verbunden waren, korrekt detektiert werden konnten.

Schließlich wurde auch eine Erweiterung des modellbasierten adaptiven Regionenwachstums hinsichtlich einer 3D-Segmentierung vorgenommen [Pohl02c]. Dazu musste lediglich der randomisierte Wachstumsprozess bezüglich der dritten Dimension erweitert werden. In einigen Volumendaten, die eine schlechte Auflösung in z-Richtung aufweisen, war jedoch, aufgrund des vermehrt auftretenden Partialvolumeneffekts, die Gefahr des Auslaufens der Segmentierung über die Objektgrenzen hinweg sehr hoch. In einem solchen Fall müsste in weiterführenden Arbeiten überlegt werden, ob der Wachstumsprozess nicht anders gestaltet werden muss. Auch die Parametersetzung für den Wichtungsfaktor w müsste eventuell neu angepasst werden.

Dieses Beispiel der Entwicklung eines adaptiven Regionenwachstumsverfahrens demonstriert, wie Modellwissen des Benutzers in ein Verfahren integriert werden kann. Fast immer ist es leichter, eine Position im Bild anzuzeigen, als diese komplett zu beschreiben. Da in diesem Fall das genutzte Modell Interaktion verlangt, muss es möglichst intuitiv sein. Es kann jedoch vorkommen, dass dieser intuitive Homogenitätsbegriff, der vom Verfahren vorausgesetzt wird, von dem implementierten Homogenitätsbegriff abweicht. In solchen Fällen, kann es zum Versagen des Segmentierungsalgorithmus kommen.

9.2.6 Zusammenfassung

Bei dem vorgestellten Ansatz zum adaptiven Regionenwachstum wird fast ausschließlich Wissen aus der Bildaufnahme verwendet. Nur die gewünschte Position des gesuchten Objekts muss während der Segmentierung noch zusätzlich vom Benutzer eingegeben werden. In den durchgeführten Testläufen zeigte sich, dass sich die Modellinformation aus der Bildaufnahme sehr gut automatisch aus dem Bild ableiten lässt. Dieser Vorgang konnte direkt in den Algorithmus eingebaut werden. Da kein weiteres Wissen in dem Segmentierungsverfahren verwendet wird, ist das adaptive Regionenwachstum sehr flexibel einsetzbar.

9.3 Anwendungsbeispiele für die Nutzung komplexen Modellwissens

In diesem Unterpunkt werden vier verschiedene Ansätze vorgestellt, bei denen Modellannahmen aus der Bildaufnahme, Annahmen über durchgehende Konturen und außerdem Wissen über die Objektgestalt genutzt werden. Das verwendete Wissen aus der Bildaufnahme beruht dabei darauf, dass sich die Grauwerte des Objekts und des Hintergrunds unterscheiden. Modellannahmen über durchgehende Konturen werden zumeist über die Auswahl des grundlegenden Segmentierungsansatzes in die Segmentierung eingebracht. So werden in den Beispielen aktive Konturen bzw. Oberflächen sowie eine graphenbasierte Regionensuche verwendet. Die Integration von Modellwissen über die Objektgestalt wird dagegen auf sehr verschiedene Art und Weise realisiert. So wird z. B. bei den zuerst vorgestellten beiden Verfahren, denen eine regionenbasierte Segmentierung mit einem graphbasierten Ansatz zugrunde liegt, das Wissen über die ungefähre Objektposition und -gestalt durch Nutzerinteraktion in den Segmentiervorgang eingebracht. Bei dem dritten Beispiel, der Segmentierung des linken Ventrikels in dSPECT-Aufnahmen wird das Wissen über die Objektgestalt aus der manuellen Segmentierung mehrerer Vergleichsdatensätze gewonnen. Bei dem vierten Beispiel, der Segmentierung von Blutgefäßen in Angiogrammen, wird das Formwissen größtenteils direkt in den Algorithmus integriert. Alle vier Beispiele sollen nun im Folgenden ausführlich besprochen werden.

9.3.1 Erweiterung der Image Foresting Transformation (IFT)

Zur Segmentierung von 3D-Datensätzen in der klinischen Praxis werden Verfahren benötigt, die einen möglichst geringen Interaktionsaufwand besitzen und flexibel einsetzbar sind. Das Ziel bei diesem Ansatz war es außerdem, einen allgemeinen Ansatz zur 3D-Segmentierung zu finden, der es dem Arzt erlaubt, solange Veränderungen an dem Segmentierungsergebnis vorzunehmen, bis es seinen Bedürfnissen entspricht. Da es in medizinischen Bildern keine eindeutige Beziehung zwischen Organen und bestimmten Grauwertverteilungen gibt, kann komplexes Modellwissen über die Grauwertbereiche, die von den zu detektierenden Strukturen eingenommen werden, und über die Gestalt der Struktur nicht automatisch in einen allgemeinen Segmentierungsalgorithmus integriert werden, sondern es muss vom Nutzer über eine geeignete Interaktion abgefordert werden. Wie dies bei der entwickelten, erweiterten „Image Foresting Transformation“ (IFT) [Falc00] geschieht, soll im folgenden Abschnitt dargestellt werden. Im zweiten Unterpunkt wird auf die mit diesem Verfahren erzielten Ergebnisse zur Segmentierung von Lebern in 3D-CT-Datensätzen kurz eingegangen.

9.3.1.1 Erweiterte regionenorientierte Segmentierung mit der IFT

Da der Originalansatz der IFT von Falcao zur graphbasierten Regionensegmentierung aufgrund der sich ergebenden hohen Rechenzeiten für die in der Medizin üblichen 3D-Datenmengen nicht einsetzbar war, wurden Modifikationen zur Beschleunigung vorgenommen. So erfolgt die Segmentierung unter Nutzung von zwei verschiedenen Auflösungsstufen. Der Ablauf ist wie folgt [Pohl02b]:

- Grobsegmentierung des Objekts in dem Datensatz bei reduzierter Auflösung,
- gegebenenfalls Verbesserung des ersten Segmentierungsergebnisses,
- automatische Bestimmung der Randregion des Objekts,
- Segmentierung der Randregion in Originalauflösung,
- gegebenenfalls Verbesserung des Segmentierungsergebnisses und
- morphologisches Glätten.

Zur Durchführung der Grobsegmentierung wird die Anzahl der Bildpunkte in x- und y-Richtung von 512x512 Voxeln auf 64x64 Voxel reduziert. Das entspricht einer Verringerung der Bildauflösung um das 8-fache. In z-Richtung ist die Auflösung des Bildes von vornherein schon geringer. So beträgt hier der Schichtabstand in den zur Verfügung stehenden CT-Daten 2.5 mm im Gegensatz zu einer Größe der Voxel in x- und y-Richtung von 0.74 mm x 0.74 mm, d.h. die Auflösung in z-Richtung ist um das 4-fache kleiner als in den anderen beiden Richtungen. Aus diesem Grund wird hier zur Verringerung der Datenmenge auch nur eine Reduktion um den Faktor 2 vorgenommen, um so eine ähnliche Auflösung in allen drei Richtungen zu erreichen. Der 3D-Datensatz mit der reduzierten Bildauflösung soll mit I bezeichnet werden. Weiterhin wird die Nachbarschaftsrelation ρ in \mathfrak{R}^3 definiert durch Betrachtung aller Voxelpaare $(p,q) \in I$, die die Bedingung $d(p,q) = 1$ erfüllen, wobei d der Euklidische Abstand zwischen p und q ist.

Das Einbringen der Modellinformation erfolgt bei der erweiterten IFT über das Einzeichnen von Linien als Startregionen auf wenigen Schichten dieses Datensatzes I , die als Objekt bzw. als Hintergrund gekennzeichnet werden müssen. Das Einzeichnen kann bisher wahlweise in allen drei möglichen achsenparallelen Schnittebenen erfolgen. In den Tests zeigte sich, dass weniger als 10 Linien zur Extraktion der ROI ausreichend waren.

Bei der anschließenden regionenorientierten Segmentierung auf Grundlage der IFT wird der Datensatz I durch einen gewichteten und nicht-orientierten Graphen beschrieben, wobei die interaktiv eingegebenen Linien zur Definition der Initialkosten genutzt werden. Jedes Voxel im Datensatz wird als ein Knoten und jedes Paar (p, q) von ρ -benachbarten Voxeln wird als ein nicht-orientierter Pfad in dem Graphen G aufgefasst. Die Pfadkosten $C(p, q)$ werden über die absolute Differenz der Grauwerte der jeweils verbundenen Voxel entsprechend der folgenden Gleichung berechnet:

$$C(p,q) = |I(p) - I(q)|. \quad (9.7)$$

Die Nachbarschaftsdefinition ρ und die Kosten C werden bei der IFT dazu genutzt, das Regionensegmentierungsproblem in ein equivalentes Kürzestes-Pfad-Such-Problem zu überführen. Für alle manuell markierten Voxel ergeben sich die Anfangskosten PF_I als die maximalen Kosten, um zu einem seiner 6 direkt benachbarten Voxel zu gelangen nach

$$PF_I = \max_{i=1,\dots,6} (C(p, q_i)), \quad (9.8)$$

wobei q_i ein Voxel in der direkten Nachbarschaft von p ist. Für alle anderen Voxel des Datensatzes sind die Initialkosten unendlich hoch. Die Knoten werden nun entsprechend der sich ergebenden Pfadkosten in Vordergrund- und Hintergrundbereich unterteilt. Die optimale Zerlegung des Bildes wird mittels dynamischem Programmieransatz berechnet. An dem Ergebnis der ersten Segmentierung kann der Nutzer beliebig viele Verbesserungen vornehmen, indem er weitere Startregionen als Modellwissen in den Algorithmus einbringt. Ausgehend von diesen neuen Startregionen erfolgt ein Graphenumbau und eine Reklassifikation von Regionen solange, bis es keinen Knoten mehr gibt, der auf einem neuen Weg kostengünstiger erreicht werden kann. Das resultierende Binärbild wird anschließend wieder auf Originalauflösung vergrößert.

Für einen Beispieldatensatz sind die Resultate der einzelnen Schritte in Abb. 9.32 dargestellt. Die erste Segmentierung in Grobauflösung liefert ein binäres Bild, durch das Lage, Form und Größe des gesuchten Objekts angenähert sind. In diesem Bild wird nun ein Randbereich R bestimmt, dessen Rand aus Pixeln besteht, die entweder sicher innerhalb oder sicher außerhalb des Objekts liegen. Dazu wird das Binärbild auf die Originalauflösung expandiert und durch einen Mittelwertfilter geglättet. Zwei Schwellwerte $T_1 > 0.5$ und $T_2 < 0.5$ werden bestimmt. Das gesuchte Gebiet R besteht nun aus allen Pixeln mit $T_2 \leq p \leq T_1$. Randpixel r_p dieses Gebiets sind Objektpixel, falls $|r_p - T_1| < |r_p - T_2|$ und Hintergrundpixel sonst. Die IFT wird auf der Originalauflösung für alle Pixel in R wiederholt, wobei Randpixel r_p als zusätzliche Markierungen zählen, die zu denjenigen Ursprungsmarkierungen hinzugenommen werden, die in R enthalten sind. Bei Bedarf lassen sich durch Einfügen weiterer Markierungen Korrekturen vornehmen.

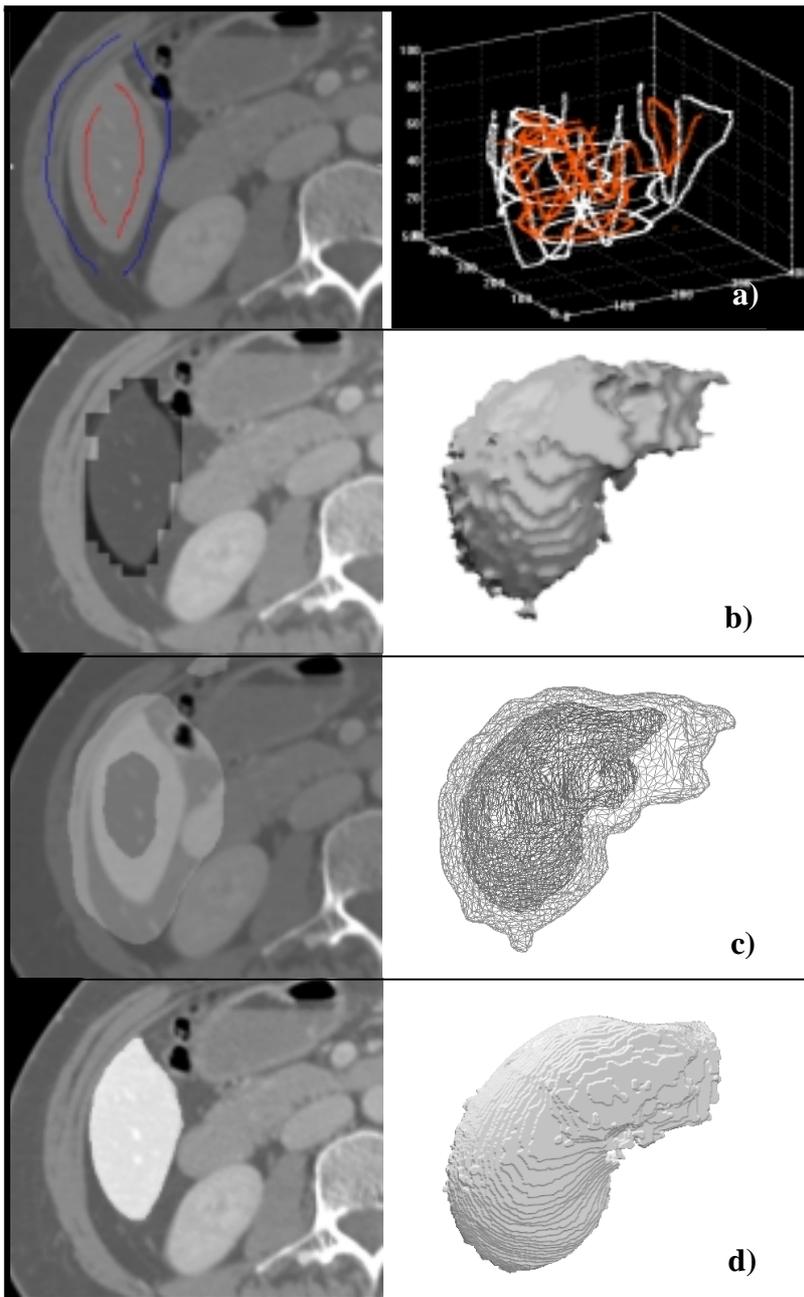


Abb. 9.32: a) Ausschnitt aus einem CT des Abdomens mit der Markierung der Leber- und der Hintergrundregion, b) Ergebnis der Grobsegmentierung der Leber, c) extrahierte Randregion, die einer genauen Segmentierung unterzogen wird, d) Endergebnis der Lebersegmentierung, Bilder aus [Pohle02b]

9.3.1.2 Ergebnisse der Lebersegmentierung in CT-Datensätzen

Das beschriebene Verfahren wurde hinsichtlich der Segmentierung der Leber in CT-Datensätzen untersucht. Zu diesem Zweck existiert bereits eine Anzahl von Methoden. So verwendet Schenk [Sche01a] einen Live-wire-Ansatz. Hierbei muss, in Abhängigkeit von der z-Auflösung der Daten, auf ungefähr jeder fünften Schicht die jeweilige Kontur durch Eingabe von Stützpunkten spezifiziert werden. Für die Zwischenschichten erfolgt die Ermittlung der

Kontur über eine gestaltbasierte Interpolation mit nachfolgender optimaler Pfadsuche. Die mit dem Verfahren erzielten Abweichungen von einer manuellen Segmentierung sind sehr gering, da der Benutzer dieses über die Eingabe zusätzlicher Stützpunkte steuern kann. Außerdem hängt die erreichte Segmentierungsgüte hier noch von der Anzahl der Schichten ab, über die interpoliert wird. Ein weiteres, auch auf 2D-Schichten arbeitendes Verfahren ist die Nutzung von Ziplock-Snakes [Kune01]. In dem Beitrag werden jedoch keine Aussagen bezüglich der Ergebnisse der 3D-Segmentierung gegeben. Auch muss jede Schicht separat segmentiert werden, was einen hohen Aufwand von Seiten des Benutzers erfordert. Im Gegensatz zu den beiden genannten Verfahren nutzt Montagnat [Mont97] ein gestaltbasiertes deformierbares Modell, mit dem von vornherein eine Segmentierung in 3D vorgenommen wird. Dazu wird zuerst ein entsprechendes Referenzmodell der Leber mit den Bilddaten registriert. Anschließend erfolgt dann durch seine Verformung die exakte Anpassung an die Daten. In dem Beitrag wird der Erfolg der Segmentierung jedoch nur anhand von Bildern demonstriert. Es werden keine Angaben zur erzielten Genauigkeit gegeben. Bei allen drei hier erwähnten Verfahren handelt es sich um Methoden, die Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten in Form von Gradienten benutzen. Die 2D-Verfahren und das hier untersuchte Verfahren der erweiterten IFT benötigen außerdem Wissen über die Gestalt der Objekte in Form einer interaktiven Eingabe. Bei stark inhomogenen Regionen werden die kantenbasierten Ansätze sicher bessere Ergebnisse liefern, als dies bei dem regionenbasierten Verfahren der Fall ist. Da die CT-Daten jedoch im Allgemeinen relativ homogene Bereiche für die einzelnen Strukturen besitzen, ist eine ähnliche Segmentierungsgüte für diese Verfahren zu erwarten.

Ziel der Untersuchung des entwickelten Ansatzes war es, die Rechenzeiterparnis zu bestimmen und Abweichungen von der Original-IFT sowie von der manuellen Segmentierung abzuschätzen. In vier unterschiedlichen Datensätzen wurde dazu in bis zu 10 verschiedenen Schichten eine grobe Markierung des Objekts und des Hintergrunds vorgenommen. Durch die Auswahl des interessierenden Gebietes in der ersten Stufe der Segmentierung konnte die Anzahl der bei der genauen Berechnung zu untersuchenden Pixel auf ca. 10 % der ursprünglichen Pixelanzahl des Datensatzes reduziert werden. Damit reduzierte sich die Rechenzeit auch auf etwa ein Zehntel. Für die komplette Bearbeitung eines CT-Datensatzes mit 90 Schichten wurden ca. 20 Minuten benötigt, wobei für den Praxiseinsatz eine Trennung zwischen den interaktiven Programmteilen und der reinen Berechnung vorgenommen werden kann. In diesem Fall würde die vom Arzt aufzuwendende Zeit weniger als 5 Minuten betragen.

Die Variation des Ergebnisses zwischen der vorgeschlagenen Vorgehensweise und der Segmentierung bei voller Auflösung lag im gleichen Bereich wie die Variation der Ergebnisse in Abhängigkeit von der Nutzereingabe. Bei drei verschiedenen Nutzereingaben wurde eine maximale Abweichung der Kontur des Segmentierungsergebnisses ohne Nachkorrektur von 5 Pixeln und eine mittlere Abweichung von unter einem Pixel gemessen.

Zur Einschätzung der Leistungsfähigkeit des Verfahrens wurde weiterhin ein erster Vergleich mit einer manuellen Segmentierung durchgeführt. Für vier Volumendatensätze, für die eine manuelle Segmentierung zur Verfügung stand, ergab sich im Vergleich zur manuell auf den einzelnen Schichten eingezeichneten Kontur eine Abweichung bei der Volumenbestimmung von 7.2 ± 4.7 %. Eine zum Vergleich an 25 zufällig ausgewählten Schichten eines Datensatzes durchgeführte Messung des intra-individuellen Fehlers zwischen zwei Markierungen ergab eine prozentuale Abweichung bei der Flächenbestimmung von 10 %. Ein Vergleich zwischen zwei Ärzten ergab für die gleichen Schichten auch einen inter-individuellen Fehler von 10 % [Pohl02b]. Diese großen Abweichungen innerhalb der manuellen Volumenbestimmung wurden sicher auch dadurch hervorgerufen, dass die manuelle Markierung mit einem herkömmlichen Malprogramm erfolgte, so dass keine Fensterung der Daten erfolgen konnte

und auch die Anzeige der einzelnen Schichten in zufälliger Reihenfolge stattfand. Dadurch konnten auch keine Korrespondenzbeziehungen zwischen den einzelnen Schichten bei der Markierung ausgenutzt werden.

Insgesamt kann zur Evaluation in diesem Fall angemerkt werden, dass mit dem vorgeschlagenen Ansatz solange Verbesserungen am Ergebnis vorgenommen werden können, bis das gewünschte Resultat erreicht ist. Dadurch hängt die erzielte Güte vor allem vom investierten Zeitaufwand bei der Nachbesserung ab.

9.3.1.3 Zusammenfassung

Das beschriebene 3D-Segmentierungsverfahren basiert auf der interaktiven Eingabe der groben Gestalt durch den Benutzer und wertet die Grauwerte des Bildes zur Erzeugung des Segmentierungsergebnisses aus. Es lieferte bei den durchgeführten Tests Ergebnisse, deren Genauigkeit im Bereich der intra- und interindividuellen Abweichung lag. Eine umfangreichere Evaluation konnte aufgrund des großen Aufwands für eine manuelle Segmentierung der großen 3D-Datensätze bisher nicht durchgeführt werden.

In weiterführenden Arbeiten an dieser Segmentierungsmethode müsste noch untersucht werden, ob durch den Einsatz anderer Kostenfunktionen eine Verbesserung der Segmentierungsergebnisse erreicht werden kann. Außerdem müsste die Eingabe der Startregionen flexibler gestaltet werden, so dass man beliebig orientierte Linien einzeichnen kann.

Ein Vorteil des Verfahrens besteht neben dem geringen Interaktionsaufwand und der vollständigen Berücksichtigung des 3D-Zusammenhangs darin, dass auch Objekte segmentierbar sind, bei denen keine vollständig geschlossene Kontur vorliegt. In einem solchen Bereich müssten einfach zusätzliche Markierungen eingebracht werden.

Im Gegensatz zum Beispiel des adaptiven Regionenwachstumsverfahrens können hier Diskrepanzen zwischen dem im Rechner implementierten Homogenitätsbegriff und dem Homogenitätsbegriff des Benutzers durch eine intuitive Interaktion korrigiert werden. Nicht möglich ist es in diesem Fall jedoch, dass das Verfahren aus der Eingabe des Benutzers lernt.

9.3.2 Kopplung von IFT und aktiver Oberfläche

Bei diesem Ansatz wird wiederum eine zweistufige Segmentierung ausgeführt. Die erste Stufe ist dabei identisch mit der im vorherigen Beispiel beschriebenen regionenorientierten Segmentierung mittels IFT, wobei gleichfalls eine grobe Bildauflösung genutzt wird. Anschließend wird, wie im vorherigen Beispiel, der Randbereich R ermittelt. Dieser dient hier jedoch als Suchkorridor für die in der zweiten Segmentierungsstufe verwendete aktive Oberfläche [Pohl03a]. Im Gegensatz zum vorherigen Beispiel soll durch den Einsatz der aktiven Oberfläche in der zweiten Segmentierungsstufe eine Struktur mit einer glatteren Oberfläche detektiert werden. Die Vorgehensweise bei dieser zweiten Stufe der Segmentierung mittels aktiver Oberfläche und die Ergebnisse bei der Segmentierung der Leber in CT-Daten sollen im Folgenden genauer betrachtet werden.

9.3.2.1 Nutzung der aktiven Oberfläche in der zweiten Segmentierungsstufe

Die Initialposition der aktiven Oberfläche kann entweder der innere Rand bei dem Schwellenwert $T=T_1$, der äußere Rand bei $T=T_2$ oder die mittlere Position bei $T=0.5$ sein. Im nächsten Schritt werden die Gitterpunkte der Oberfläche für die gewählte Initialposition der Ober-

fläche (innere, äußere oder mittlere Position) durch Anwendung des Marching-Cube-Algorithmus [Lore87] berechnet. Die Anzahl der Vertex-Punkte kann durch den Benutzer festgelegt werden. Eine geringe Anzahl von Punkten garantiert dabei kürzere Berechnungszeiten, und eine höhere Anzahl ermöglicht eine höhere Genauigkeit bei der Anpassung der aktiven Oberfläche an die realen Strukturgrenzen.

Die Oberfläche v ist in parametrischer Form angegeben und definiert über

$$v(s,r) = (x(s,r), y(s,r), z(s,r)), \quad (9.9)$$

mit $x(s, r)$, $y(s, r)$, and $z(s, r)$ als die x , y , z Koordinaten auf der Oberfläche und $s, r \in [0, 1]$. Die zu minimierende Energiefunktion kann dann definiert werden über

$$E(v) = \int_0^1 \int_0^1 w_{10} \left| \frac{\partial v}{\partial s} \right|^2 + w_{01} \left| \frac{\partial v}{\partial r} \right|^2 + 2w_{11} \left| \frac{\partial^2 v}{\partial s \partial r} \right|^2 + w_{20} \left| \frac{\partial^2 v}{\partial s^2} \right|^2 + w_{02} \left| \frac{\partial^2 v}{\partial r^2} \right|^2 + P(v(s,r)) ds dr, \quad (9.10)$$

wobei P die externe Potentialkraft ist. Die externen Kräfte bewirken, wie bereits in Abschnitt 7.4.1.1 beschrieben, dass sich die Oberfläche in Richtung der realen Oberflächenpunkte der Struktur bewegt. Die inneren Kräfte werden aus der Gestalt der Oberfläche abgeleitet. Ihr Einfluss auf die Energiefunktion hängt von der Auswahl der Koeffizienten w_{ij} ab. Die Koeffizienten w_{10} und w_{01} beschreiben die Elastizität der Oberflächengestalt. Die Steifheit der Oberfläche wird durch die Koeffizienten w_{20} und w_{02} bestimmt. Der Parameter w_{11} charakterisiert schließlich den Widerstand gegen Verdrehung. In dem entwickelten Programm hat der Benutzer die Möglichkeit, diese unterschiedlichen Parameter interaktiv einzustellen. Mit einer optimalen Parameterauswahl kann er die aktive Oberfläche dahingehend beeinflussen, dass sie sich besser an die reale Strukturgrenze anpasst.

Die Stärke der externen Kräfte berechnet sich anhand des Gradienten im Bild an der Position der jeweiligen Vertex-Punkte. Diese Kräfte sollen die Oberfläche auf die Position der realen Oberfläche bewegen. Häufig wird dabei angenommen, dass die reale Oberfläche sich dort befindet, wo die höchsten Gradientenwerte ermittelt werden. Dies ist jedoch bei dem betrachteten Beispiel der Lebersegmentierung in CT-Daten nicht gegeben. Hier haben die gesuchten Strukturen oft kleinere Gradientenwerte als andere benachbarte Strukturen, wie z. B. Knochen oder Luft innerhalb des Darms. Deshalb erwies es sich als günstig, die erwarteten Gradientenwerte $grad_E$ anhand des Ergebnisses der Grobsegmentierung zu schätzen. Diese Werte werden dann zur Normalisierung und für die Berechnung der externen Kräfte entsprechen der folgenden Gleichung genutzt:

$$P(v(s,r)) = |grad_E(I(x_E, y_E, z_E)) - grad(I(x, y, z))|. \quad (9.11)$$

In einem ersten Schritt werden die korrespondierenden Vertex-Punkte zwischen der inneren und der äußeren Oberfläche des bei der Grobsegmentierung ermittelten Randbereiches bestimmt. Diese beiden Punkte werden im 3D-Raum durch eine Linie miteinander verbunden. Anschließend werden entlang dieser Linie die Grauwerte erfasst und daraus die Gradienten berechnet. In diesem abgeleiteten Gradientenprofil werden nun die beiden Maxima, die sich zum einen zwischen der inneren und der mittleren Grenze und zum anderen zwischen der mittleren und der äußeren Grenze befinden, ermittelt. Von diesen beiden Werten wird der Wert, der sich näher an der mittleren Grenze befindet und dessen Länge oberhalb eines festgelegten Schwellenwertes liegen muss, als der ideale Gradientenwert ausgewählt. Diese Vorgehensweise wurde gewählt, weil davon ausgegangen werden kann, dass die Grobsegmentierung bereits eine mittlere Grenze liefert, die sich schon in der Nähe der tatsächlichen Objektgrenze befindet. Für ein Beispiel (Abb. 9.33) ist diese Vorgehensweise zur Abschätzung des gesuchten Gradienten in Abb. 9.34 und Abb. 9.35 demonstriert. Die Positionen der Bildpunkte, an denen der Gradientenbetrag für das Beispiel jeweils geschätzt wurde, ist in Abb. 9.36 zu

sehen. Anhand dieses Bildes wird ersichtlich, dass die meisten Gradienten tatsächlich an der korrekten Objektgrenze der Niere geschätzt wurden. Mit dieser Herangehensweise bei der Berechnung der äußeren Kraft konnte erreicht werden, dass sich die aktive Oberfläche tatsächlich im Verlaufe des Segmentierungsprozesses an die reale Objektgrenze anpasste.

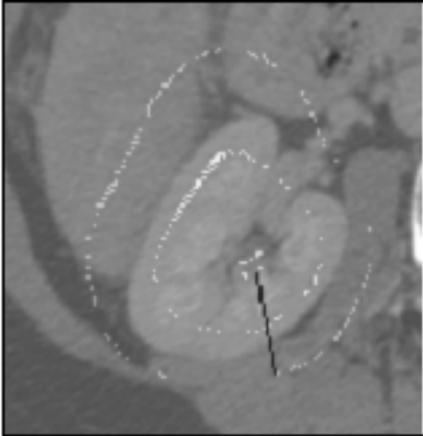


Abb. 9.33: Teil von einem CT-Bild mit einer Niere und den eingezeichneten inneren, mittleren und äußeren Vertex-Punkten. Die markierte Linie zwischen zwei korrespondierenden Punkten des äußeren und inneren Randes befindet sich in diesem Fall innerhalb der selben Schicht. Bild aus [Pohle03a]

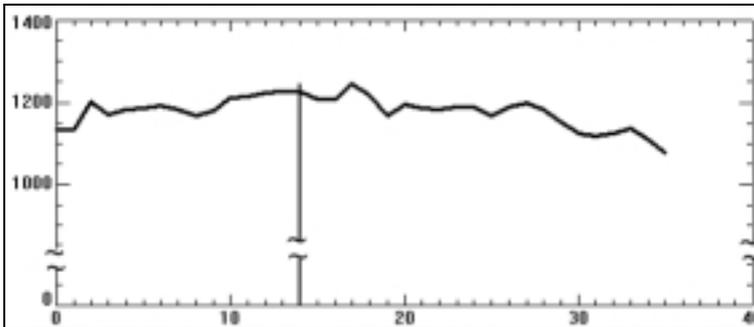


Abb. 9.34: Grauwertprofil entlang der in Abb. 9.33 markierten Linie zwischen dem inneren und dem äußeren korrespondierenden Vertex-Punkt. Die eingezeichnete senkrechte Linie kennzeichnet die Position der mittleren Grenze. Bild aus [Pohle03a]

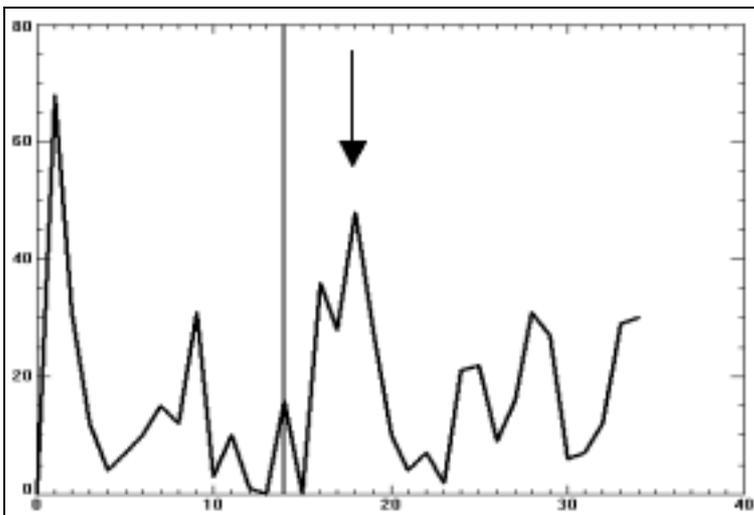


Abb. 9.35: Gradientenprofil entlang des in Abb. 9.34 dargestellten Grauwertprofils. Die senkrechte Linie kennzeichnet wiederum die Position der mittleren Grenze. Der ausgewählte Gradientenwert ist mit einem Pfeil markiert. Er wurde deswegen favorisiert, weil er sich näher an der mittleren Grenze befindet. Bild aus [Pohle03a]

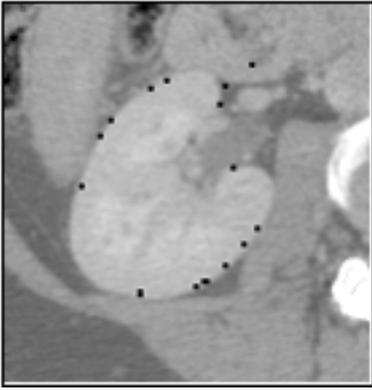


Abb. 9.36: CT-Bild der Niere mit eingezeichneten Positionen, an denen die Berechnung des Gradienten vorgenommen wird. Dieses Ergebnis der vorgeschlagenen Vorgehensweise zeigt, dass die meisten Positionen sich tatsächlich auf der gesuchten Grenze befinden. Bild aus [Pohle03a]

9.3.2.2 Ergebnisse bei der Lebersegmentierung in CT-Datensätzen

Die Einschätzung der Qualität der Segmentierungsergebnisse erfolgte wie im vorangegangenen Beispiel anhand von manuell segmentierten Datensätzen. Da das Ziel der Segmentierung wiederum in einer Bestimmung des Lebervolumens bestand, wurde diese Eigenschaft als Fehlermetrik zur Einschätzung der Qualität der Segmentierungsergebnisse verwendet. Um eine Unabhängigkeit von der Initialisierung durch den Benutzer zu erreichen, wurden die Tests jeweils für drei verschiedene Grobsegmentierungen durchgeführt.

Für einen Datensatz der Größe von $512 \times 512 \times 90$ Voxel wurde eine Zeit von etwa drei Minuten benötigt. Davon benötigte die Segmentierung mittels aktiver Oberflächen etwa zwei Minuten. Im Gegensatz dazu wurde für die manuelle Segmentierung etwa eine Stunde benötigt. Der mittlere Fehler bei der Volumenbestimmung im Vergleich zur manuellen Markierung betrug 8 %. Das Hauptproblem war hierbei die Segmentierung der Leberregionen in den ersten und letzten Schichten. In diesen Bereichen erfolgte zumeist aufgrund der Auswahl der Parameter für die innere Kraft eine zu kleine Segmentierung. Hier war jedoch auch bei der manuellen Segmentierung die größte Abweichung zwischen den verschiedenen Markierungen zu finden. Dadurch lag der inter- und der intraindividuelle Fehler auch bei der manuellen Segmentierung in der gleichen Größenordnung. In diesen Bereichen würden auch einfache histogramm- bzw. homogenitätsbasierte Verfahren, wie z.B. die Schwellenwertsegmentierung oder das Regionenwachstumsverfahren, komplett versagen.

Ein Beispiel für die Segmentierung der Leber mit diesem zweistufigen Ansatz ist in Abb. 9.37 zu sehen. Dabei zeigt sich in einigen Bereichen eine Untersegmentierung. Diese wird durch eine Beeinflussung der Oberfläche aus Oberflächenpunkten in benachbarten Schichten bewirkt. Dadurch ist auch die Segmentierungsgüte der als Vergleichsstandard genutzten manuellen Segmentierung in den mittleren Schichten nicht zu erreichen. In Abb. 9.38 ist das Segmentierungsergebnis eines Datensatzes als 3D-Visualisierung dargestellt.

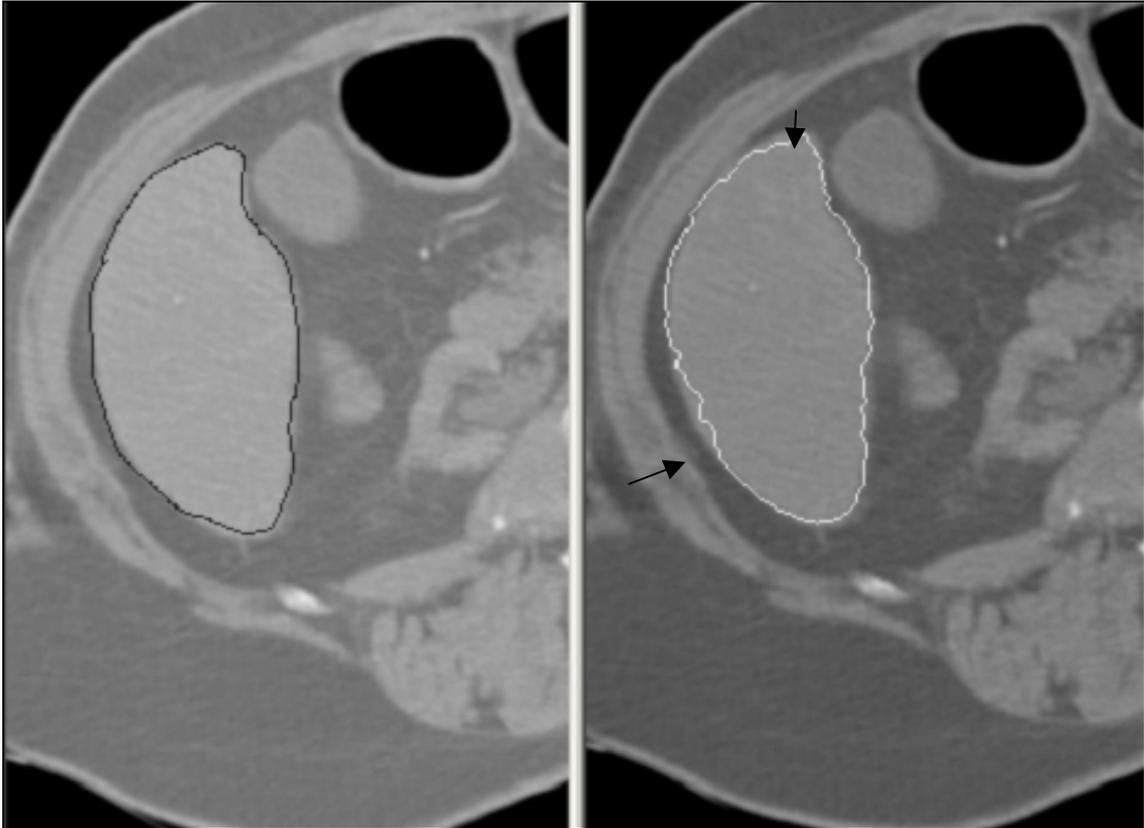


Abb. 9.37: Teil eines CT-Bildes mit der Leberregion, links: Ergebnis der manuellen Segmentierung, rechts: Segmentierungsergebnis mit dem beschriebenen zweistufigen Ansatz. In den mit Pfeilen gekennzeichneten Bereichen ergab sich eine Untersegmentierung. Bilder aus [Pohl03a]

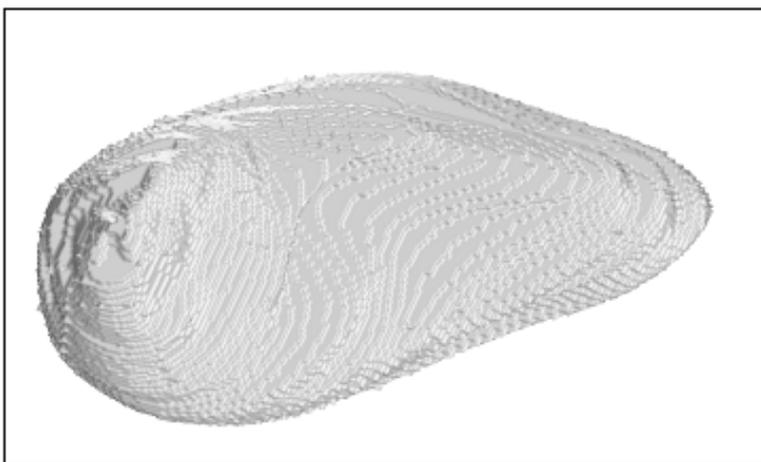


Abb. 9.38: 3D-Visualisierung des Ergebnisses der Lebersegmentierung, Bild aus [Pohl03a]

9.3.2.3 Zusammenfassung

Ebenfalls wie im vorangegangenen Beispiel erfolgte die Eingabe der Gestaltinformation interaktiv durch den Benutzer. Außerdem wurden gleichfalls Grauwertinformationen, die aus dem Bildaufnahmeprozess herrührten, ausgewertet. Durch die Nutzung der aktiven Oberfläche wird schließlich die Geschlossenheit der segmentierten Oberfläche gesichert.

Aufgrund der Verringerung der Auflösung bei der Grobsegmentierung hat die manuelle Markierung der Startvoxel nur einen sehr geringen Einfluss auf das Segmentierungsergebnis. Gegenüber der einfachen Methode der Nutzung aktiver Oberflächen konnte bei dem vorgestellten zweistufigen Ansatz durch die Begrenzung des Suchraums auf den aus der Grobsegmentierung resultierenden Randbereich eine große Abweichung der segmentierten Oberfläche von der tatsächlichen Oberfläche vermieden werden. Da sich bei optimaler Auswahl der Startposition der aktiven Oberfläche diese in den meisten Fällen zu Beginn der zweiten Segmentierungsstufe bereits nahe an der tatsächlichen Strukturgrenze befindet, ist zumeist nur sehr wenig Rechenzeit bis zum Erreichen des endgültigen Ergebnisses erforderlich.

Dieses Beispiel schließt sich wiederum direkt an das vorhergehende an. So wird hier gleichfalls durch eine manuelle Eingabe des Benutzers eine Korrektur des implementierten Homogenitätsbegriffs ermöglicht. Durch die Nutzung einer aktiven Oberfläche in der zweiten Segmentierungsstufe ist jedoch eine Effizienzsteigerung im Vergleich zur ausschließlich auf der IFT beruhenden Segmentierung möglich. Dadurch kann der Segmentierungsprozess automatisch weitergeführt werden, sobald die entsprechenden Informationen vorliegen.

9.3.3 Segmentierung von Organen in dynamischen SPECT-Aufnahmen (dSPECT)

Die 4D-dSPECT-Technik ist eine neue Möglichkeit zur Erkennung und Beurteilung von Herzerkrankungen. Die Auswertung der Daten erfolgte dabei in einem mehrstufigen Vorgang. So musste zuerst wegen der schlechten Bildqualität eine Reduktion von Rauschartefakten in den Daten vorgenommen werden. Anschließend wurde die Leber in den Datensätzen segmentiert. Die Anforderungen an diese Segmentierung sind nicht sehr hoch, da die Ergebnisse nur zur Gewinnung von charakteristischen Zeit-Aktivitäts-Kurven der Leber benutzt werden sollen, um die Streuartefakte innerhalb des Herzens, die von der Leber herrühren, zu eliminieren. Der sich an die Lebersegmentierung anschließende wichtigste Punkt bei der Bildauswertung beinhaltet die Segmentierung des linken Herzventrikels. Hierfür wurde eine modellbasierte Segmentierungsmethode entwickelt. Zur Abschätzung der Güte dieser Segmentierung wurde abschließend ein Vergleich mit einer manuellen Segmentierung durchgeführt. Die einzelnen Schritte dieses Bildanalyseprozesses werden im Folgenden ausführlich erläutert, wobei zuerst aufgrund der Neuheit der Methode kurz auf die Gewinnung der Bilddaten und auf die verfolgte medizinische Problemstellung eingegangen wird.

9.3.3.1 Gewinnung der Bilddaten und medizinische Problemstellung

Zur Analyse von Körperfunktionen werden in der Medizin nuklearmedizinische Verfahren eingesetzt. Die bei diesem Beispiel genutzten Daten wurden mittels dSPECT-Technik erzeugt, bei der die Messung der Aktivitätswerte nicht, wie beim SPECT allgemein üblich, über die komplette Aufnahmezeit erfolgt, sondern bei der ein zeitaufgelöstes Signal rekonstruiert wird. Dieses erlaubt detaillierte Einblicke in das Aufnahmeverhalten und den Abfluss des injizierten Radiopharmazeutikums. Zur Vermeidung der Verschlechterung der Bildqualität wird bei der Bildrekonstruktion wegen der geringen Signalstärke pro Zeitintervall eine Schwächungskorrektur durchgeführt [Cell00]. Diese neuartige bildgebende Technik soll zur Diagnostik von Herzerkrankungen herangezogen werden, da hiermit das Durchblutungsverhalten des linken Herzventrikels orts- und zeitaufgelöst dargestellt werden kann. Die Bewertung der Funktionstüchtigkeit der einzelnen Ventrikelbereiche erfolgt durch den Kardiologen anhand der Zeit-Aktivitäts-Kurven der Voxel.

Zur Erzeugung der Aufnahmen des Herzens wurde das Radiopharmazeutikum Tc-99m verwendet, das durch eine sehr schnelle Aktivitätsänderung während des Bildakquisitionsprozesses im Myokardium und eine sehr hohe Aufnahme des Radiopharmazeutikums in der Leber gekennzeichnet ist. Dies beides führt dazu, dass die erzeugten Bilder zum einen Störungen, die von der Aktivitätsänderung während der Bildaufnahme herrühren, und zum anderen Rekonstruktionsartefakte infolge der Ausstrahlung der hohen Aktivitätswerte der Leber auf andere Regionen enthalten. Die Bilder weisen zudem ein sehr niedriges Signal-Rausch-Verhältnis auf. In Abb. 9.39 werden zwei typische Bildbeispiele für eine mittlere Schicht zu zwei verschiedenen Zeitpunkten im Verlauf der Zeitsequenz gezeigt. In den Bildern erkennt man ganz deutlich das unterschiedliche Zeitverhalten der einzelnen Organe bei der Aufnahme des Radiopharmazeutikums. So ist die registrierte Aktivität im linken Ventrikel zu Beginn der Messung am höchsten und fällt im Verlauf der Zeit ab. Im gleichen Zeitverlauf steigt die Aktivität innerhalb der Leberregion dagegen an. In Abb. 9.40 ist die 3D-Visualisierung der mittleren Aktivitätswerte eines Datensatzes zu sehen. Man kann in der Darstellung deutlich die drei hauptsächlich in den Daten enthaltenen Organe (Leber, Milz, Herz), in denen sich das Radiopharmazeutikum zu bestimmten Zeitpunkten angereichert hat, und deren Position zueinander erkennen. Aufgrund der großen räumlichen Nähe von Leber- und Herzregion ist eine einfache grauwertbasierte Segmentierung der beiden Organe in den Daten nicht möglich.

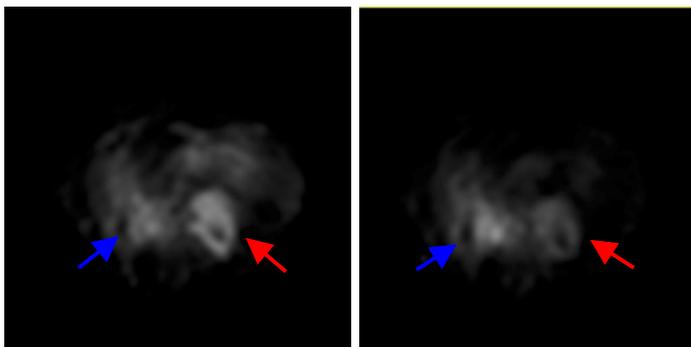


Abb. 9.39: Beispiele für die verwendeten dSPECT-Datensätze. Links: mittlere Schicht zu Beginn der Zeitsequenz und rechts: gleiche Schicht 4 Minuten später. Es zeigt sich deutlich, dass im Verlauf der Zeit eine Aktivitätserhöhung in der Leberregion (blauer Pfeil) und ein gleichzeitiger Aktivitätsabfall im linken Ventrikel (roter Pfeil) erfolgte.

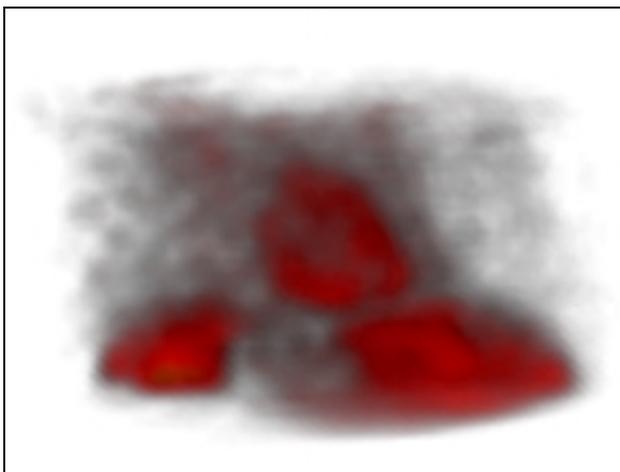


Abb. 9.40: 3D-Darstellung der mittleren Aktivitätswerte eines Datensatzes mittels Volumenrendering. Deutlich ist die große Nähe von Herz- und Leberregion (Mitte rechts) zueinander zu erkennen, wodurch eine einfache grauwertbasierte Segmentierung nicht möglich ist.

9.3.3.2 Vorverarbeitung der Bilddaten

Zur Segmentierung des Datensatzes in Leberregion, Herzregion und weiteren Regionen können Merkmale auf der Basis der Zeit-Aktivitäts-Kurven benutzt werden. Dies ist möglich, da die einzelnen Strukturen, wie schon in Abb. 9.39 ersichtlich wurde, ein unterschiedliches

Aufnahmeverhalten des Radiopharmazeutikums zeigen. Dadurch ergeben sich auch für die einzelnen Voxel der verschiedenen Organe entlang der Zeitachse unterschiedlichen Kurvenverläufe bei den registrierten Zerfällen und damit beim ermittelten Grauwert (Abb. 9.41).

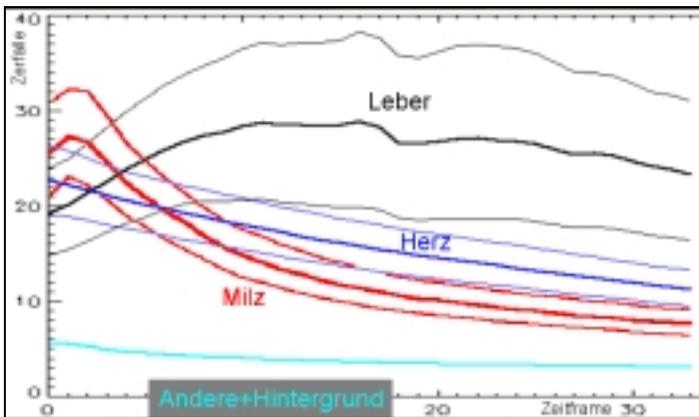


Abb. 9.41: Verlauf der mittleren Zeit-Aktivitäts-Kurven und der einfachen Standardabweichung für folgende handsegmentierte Strukturen: Leber, Herz, Milz und andere Strukturen und Hintergrund, Bild aus [Pohle03b]

Nachteilig für diese Vorgehensweise ist jedoch, wie man der Abbildung entnehmen kann, dass die Kurven der einzelnen Segmente eine hohe Streuung aufweisen, da die gemessene Anzahl der Zerfälle beim dSPECT für die einzelnen Voxel sehr gering ist. Diese werden außerdem durch Rauscheinflüsse und Rekonstruktionsartefakte stark gestört. Um also eine Segmentierung der Voxel anhand der Kurvenverläufe vornehmen zu können, musste deshalb zuerst die Zuverlässigkeit der zeitabhängigen Merkmale erhöht werden. Dies wurde auf drei verschiedenen Wegen versucht. Bei zwei von diesen Ansätzen wurde zur Vorverarbeitung der Datensätze auf eine Zusammenfassung von Voxeln zu kleineren Segmenten orientiert, um eine höhere Anzahl von Zerfällen zur Ableitung der Zeit-Aktivitäts-Kurven zur Verfügung zu haben. Beim ersten Ansatz wurden durch ein einfaches Region-Merging-Verfahren Segmente nach einem globalen Kriterium zusammengefasst. Der zweite Ansatz basierte auf einer Multi-resolutionstechnik mittels verknüpfter Pyramiden [Burt81], die für 2D-Daten bereits in Abschnitt 7.2.3.2 erläutert wurde. Hierbei wurde zur Segmentzusammenfassung ein lokal variierendes Homogenitätskriterium untersucht.

Beim Region Merging [Tönn03] wurden in einem iterativen Prozess jeweils die beiden ähnlichsten Regionen des Datensatzes zusammengefasst. Die Ähnlichkeit S zwischen zwei Regionen r_1 und r_2 ergab sich dabei als

$$S(r_1, r_2) = \Delta f^{-1} \text{ mit } \Delta f = \|\max[f_{\max}(r_1), f_{\max}(r_2)] - \min[f_{\min}(r_1), f_{\min}(r_2)]\|_2, \quad (9.12)$$

wobei f für das betrachtete Merkmal steht. Zur Beendigung des iterativen Merging-Algorithmus musste vom Benutzer vorher eine Regionenanzahl festgesetzt werden.

Beim Pyramidenansatz wurden aufgrund der geringen Bildauflösung und aus Rechenzeitgründen nur Gauß-Pyramiden bis zur vierten Ebene erzeugt, wobei jeweils 64 Voxel der darunter liegenden Ebene zu einem Voxel der nächsten Ebene zusammengefasst wurden. Dieses neue Voxel befand sich, wie bereits im Abschnitt 7.2.3.2 erläutert wurde, auf einem Zwischengitterplatz. Außer am Rand ging somit jedes Voxel einer unteren Ebene mit seinem Wert in 8 Voxel der darüber liegenden Ebene ein. Damit besaß dann jedes Voxel maximal 64 Kindervoxel und 8 Elternvoxel. Im zweiten Schritt wurden dann die Verbindungen zwischen den Eltern- und Kindervoxeln derartig neu geordnet, dass nur noch die Verbindung jedes Kindvoxels mit seinem ähnlichsten Elternvoxel bestehen blieb. Als Ähnlichkeitsmaß wurde dabei die mittlere quadratische Abweichung aller Merkmalswerte benutzt. Anschließend wurden in einem dritten Schritt die mittleren Merkmalswerte eines Voxels erneut berechnet, wobei jedoch nur noch die Werte der jeweils aktuellen Kindervoxel bei der Mittelung berücksichtig

sichtigt wurden. Zur Erzeugung des Ergebnisbildes konnte nun, je nachdem, wie stark die Zusammenfassung der Voxel zu Regionen erfolgen sollte, in eine der erzeugten Pyramidenebenen gesprungen werden. Alle an einem Elternvoxel in dieser Ebene hängenden Kindervoxel bekamen dann im Ergebnisbild den Merkmalswert des Elternvoxels eingetragen.

Der Unterschied zwischen beiden Ansätzen zur Zusammenfassung von Voxel zu kleineren Regionen war, dass bei ersterem Verfahren ein globales Ähnlichkeitskriterium genutzt wurde, wohingegen beim zweiten Verfahren die Zusammenfassung mittels lokalem Ähnlichkeitsmaß erfolgte. Außerdem lassen sich beim Multiresolutionsansatz gleichzeitig so viele Ergebnisbilder erzeugen, wie Pyramidenebenen vorhanden sind.

Bei den beiden bisher beschriebenen Verfahren, die auf einer Segmentzusammenfassung beruhen, konnte für jede erzeugte Region eine gemittelte Zeit-Aktivitätskurve berechnet werden. Diese mittlere Kurve zeigte die typische Charakteristik der zugrundegelegten Kurven der einzelnen Voxel. Aufgrund der auftretenden größeren Anzahl der Zerfälle je Kurve wurden die Fehler in den Kurvenverläufen reduziert. Diese Tatsache zeigt sich auch in Abb. 9.42 für ein Segment der Leberregion.

Als dritte Variante zur Verbesserung der Bilddaten wurde die in Abschnitt 7.2.4.4 bereits erläuterte nichtlineare anisotrope Diffusion eingesetzt. Dadurch konnte gleichfalls eine Erhöhung der Ähnlichkeit innerhalb der einzelnen Strukturen im Datensatz erreicht werden [Wegn03].

Bei allen drei untersuchten Bildverbesserungsverfahren erschien die Nutzung aller zeitabhängigen Grauwerte je Voxel als Merkmalswerte nicht geeignet, da diese eine große Redundanz aufweisen und durch Rauscheinflüsse gestört sind. Deshalb wurde eine Merkmalsreduktion mittels Karhunen-Loeve-Transformation (KLT) durchgeführt, um neue unkorrelierte Merkmale zu erzeugen. Es zeigte sich in Untersuchungen, dass für die grobe Beschreibung des Zeitverhaltens die ersten vier Koeffizienten der KLT ausreichend sind [Tönn03]. Zur Abschwächung des Einflusses des Kurvenmittelwertes auf das Ähnlichkeitskriterium wurde der erste Koeffizient der KLT bei der Berechnung des Ähnlichkeitskriteriums mit dem Faktor 0.2 gewichtet. [Pohl03b]

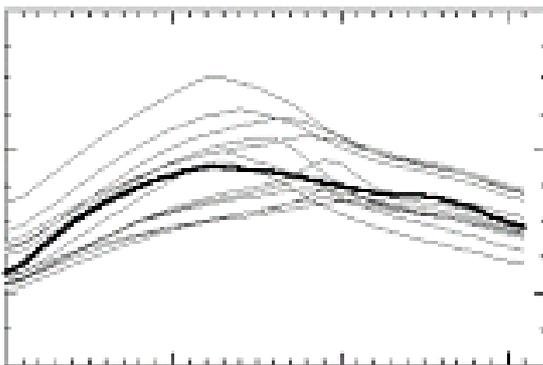


Abb. 9.42: Zeit-Aktivitäts-Kurven (grau) eines zusammengefassten Lebersegments mit 12 Voxel und abgeleitete mittlere Zeit-Aktivitäts-Kurve (schwarz). Die berechnete Mittelwertkurve zeigt dabei wiederum das für die Leber charakteristische Zeitverhalten. Bild aus [Pohle03b]

9.3.3.3 Segmentierung der Leberregion

Die Segmentierung der Leber dient hauptsächlich dem Zweck, die Streuartefakte in den Bilddaten zu reduzieren. Falls nämlich die genaue Position der Leber in den Daten bekannt ist, kann versucht werden, dieses Wissen in die Datenrekonstruktionsalgorithmen zu integrieren. Weiterhin kann mit dem Wissen der Lebercharakteristik eine Korrektur der Streuartefakte im Herzen vorgenommen werden, da sich diese in Form einer Linearkombination aus tatsächlicher Herz- und überlagerter Lebercharakteristik im Bild darstellen [Pran03]. Wichtig ist diese

Korrektur deshalb, da nur so eine zuverlässige Erkennung von Herzerkrankungen, die sich durch eine unzureichende oder fehlende Durchblutung charakterisieren lassen, möglich ist.

Zur Segmentierung der Leber konnte eine einfache Schwellenwertoperation in der zweiten Pyramidenebene benutzt werden. Bei den zu Testzwecken erzeugten zwei Phantomdatensätzen zeigte sich, dass der mittlere Fehler der Kurvenverläufe durch die Zusammenfassung von Pixeln zu Regionen, die zu der Phantomleber gehörten, im Durchschnitt um etwa 7% reduziert werden konnte. Die mittlere Regionengröße betrug für die Testdatensätze im Durchschnitt 30 Voxel. Durch die Fehlerreduktion wiesen die für die einzelnen Regionen abgeleiteten Zeit-Aktivitäts-Kurven die für die Leber charakteristischen Kurvenverläufe auf, so dass zur Detektion der Leber ein Schwellenwert auf die ersten drei Merkmale aus der KLT angewandt werden konnte. Diese einfache Schwellenwertsegmentierung erwies sich für alle sieben zur Verfügung stehenden Datensätze als erfolgreich. In Abb. 9.43 ist das Ergebnis einer derartigen Lebersegmentierung für zwei Schichten eines Datensatzes zu sehen. In Abb. 9.44 ist die 3D-Visualisierung der gesamten in diesem Fall segmentierten Leberregion dargestellt. Diese weist die typische Lebergestalt auf. Da die Segmentierung der Leber nur der Ableitung der charakteristischen Zeit-Aktivitäts-Kurven dienen soll [Pran03], werden an die Erkennungsergebnisse nur geringe Genauigkeitsanforderungen gestellt. Somit war eine visuelle Bewertung des Segmentierungsergebnisses ausreichend.

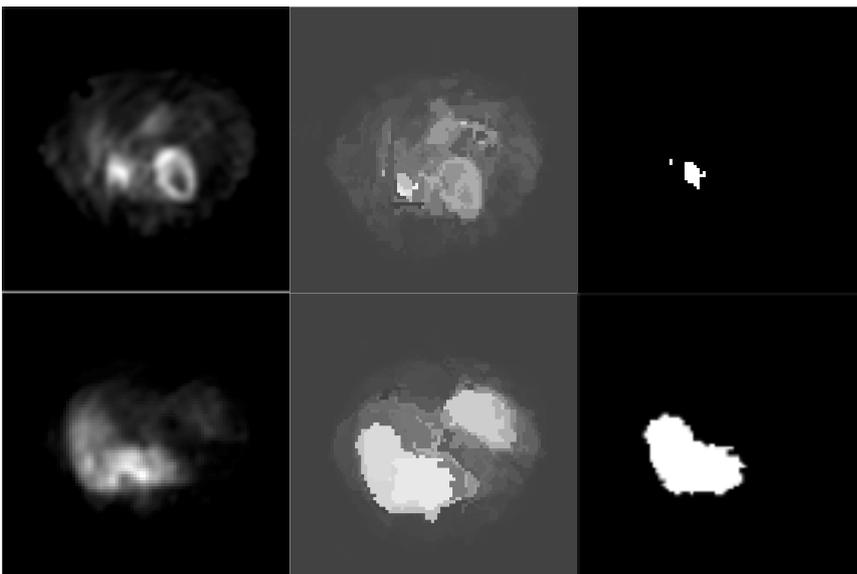


Abb. 9.43: links: Schichten aus einem dSPECT-Datensatz. Mitte: Ergebnis nach der Segmentzusammenfassung in der zweiten Pyramidenstufe. Die einzelnen Segmente wurden dabei mit ihrem mittleren Grauwert angezeigt. Rechts: Segmentierungsergebnis durch Schwellenwertoperation auf den ersten drei Merkmalen der KLT der einzelnen zusammengefassten Segmente. Das Ergebnis zeigt, dass die einzelnen der Leberregion angehörenden Voxel mit dieser Segmentierungsmethode richtig detektiert werden konnten. Bilder aus [Pohl03b]

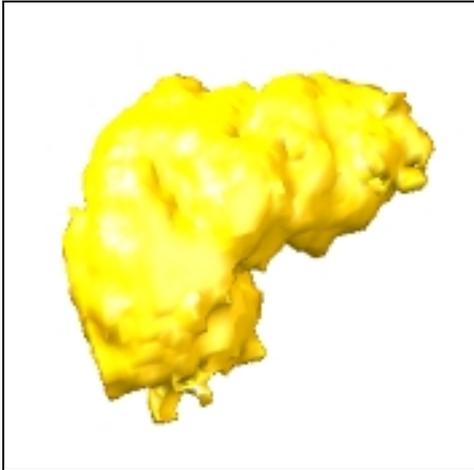


Abb. 9.44: 3D-Darstellung der segmentierten Leberregion, Bild aus [Pohle03]. Bei der visuellen Auswertung konnte eine Übereinstimmung mit der erwarteten typischen Lebergestalt festgestellt werden.

9.3.3.4 Segmentierung der Herzregion

In den dSPECT-Daten, die ausschließlich Organfunktionen darstellen, werden nur solche Herzbereiche abgebildet, die eine intakte Durchblutung aufweisen. Zur Einschätzung der Funktionstüchtigkeit eines Herzens sind aber auch solche Areale von Interesse, die z. B. infolge eines Herzinfarktes nicht mehr intakt sind. Um also aus den dSPECT-Daten anatomische Informationen ableiten zu können, ist zur Segmentierung ein anatomisches Modell erforderlich. Durch Nutzung dieses zusätzlichen Wissens können dann die fehlenden funktionellen Informationen ergänzt werden. Die Segmentierung des linken Ventrikels soll dabei so erfolgen, dass sowohl die Position des Epikards als auch die des Endokards aus den Daten abgeleitet werden kann. Zunächst wird nur das Epikard als die äußere Struktur durch ein Gestaltmodell beschrieben.

Dieses notwendige anatomische Gestaltmodell des linken Ventrikels wurde anhand von manuellen Segmentierungen in sechs unterschiedlichen Datensätzen gewonnen [Wegn03]. Aus den verschiedenen Markierungen wurde zuerst die mittlere Gestalt des linken Ventrikels berechnet. Dazu wurden für jede manuell segmentierte Gestalt der Schwerpunkt und die Rotation um die z-Achse bestimmt und alle sechs ermittelten Gestalten entsprechend gleich ausgerichtet. Dann wurden für 30 gleichmäßig verteilte Winkel die Konturpunkte auf den einzelnen Oberflächen bestimmt und von den korrespondierenden Punkten die jeweils mittlere Position berechnet. Im nächsten Schritt wurde das erzeugte Durchschnittsmodell durch ein Superellipsoid approximiert. Wie in der Abb. 9.45 links zu sehen ist, wird die Form des Epikards nur sehr grob durch das Superellipsoid angenähert. Eine Verfeinerung der Modellanpassung erfolgte schließlich durch eine Free-Form-Deformation (FFD).

Die Free-Form-Deformation wurde durch Sederberg und Parry [Sede86] als eine Methode in die Computergraphik eingeführt und von Szeliski und Lavallée [Szel93] bereits zum Matching von 3D-Oberflächen anatomischer Strukturen verwendet. Bei dieser Deformation wird das Superellipsoid in eine Kontrollpunktebox eingebettet. Werden nun einzelne dieser Kontrollpunkte verschoben, so beeinflusst diese Verschiebung auch die Lage der Punkte des eingebetteten Superellipsoids. Dies wird dadurch erreicht, dass die einzelnen Punkte des Superellipsoids mit den Punkten der Kontrollpunktebox durch eine Deformationsfunktion verbunden sind. Die neuen Koordinaten der Punkte des Superellipsoids $F(u,v,w)$ lassen sich mit der folgenden Gleichung berechnen:

$$F(u, v, w) = \sum_{i=0}^l \sum_{j=0}^m \sum_{k=0}^n P_{i,j,k} B_i^l(u) B_j^m(v) B_k^n(w), \quad (9.13)$$

in der $P_{i,j,k}$ die deformierten Kontrollpunkte, B die Bernsteinpolynome und u, v, w die lokalen Koordinaten der Superellipsoid-Punkte im Kontrollpunktgitter sind. Dieser Ausdruck kann in Matrixschreibweise ausgedrückt werden als:

$$F = BP, \quad (9.14)$$

wobei F eine $N_S \times 3$ -Matrix der Koordinaten des Superellipsoids ist, P eine $N_P \times 3$ -Matrix der Koordinaten der Kontrollpunkte und B eine $N_S \times N_P$ -Deformationsmatrix ist. N_P ist hierbei die Anzahl der Kontrollpunkte und N_S die Anzahl der Superellipsoidpunkte.

Neue Kontrollpunktpositionen, die den Abstand zwischen den Punkten des manuell erstellten Modells und den Punkten des Superellipsoids minimieren, werden berechnet, indem das Verschiebungsfeld minimiert wird. Dazu muss die folgende Gleichung

$$\min_P \|BP - F\|^2 \equiv \min_{\partial P} \|B\partial P - \partial F\|^2 \quad (9.15)$$

als Näherungsproblem aufgefasst und mittels Singulärwertzerlegung der Matrix B gelöst werden. Einzelheiten sind dazu in [Bard96] beschrieben.

Der Einfluss der einzelnen Punktepaare des mittleren Gestaltmodells auf das berechnete Deformationsfeld wurde dadurch eingeschränkt, dass nur 50% der Singulärwerte, die größer als 0 waren, bei der Methode der kleinsten Quadrate verwendet wurden. Damit wurde die Glattheit des Initialmodells sichergestellt.

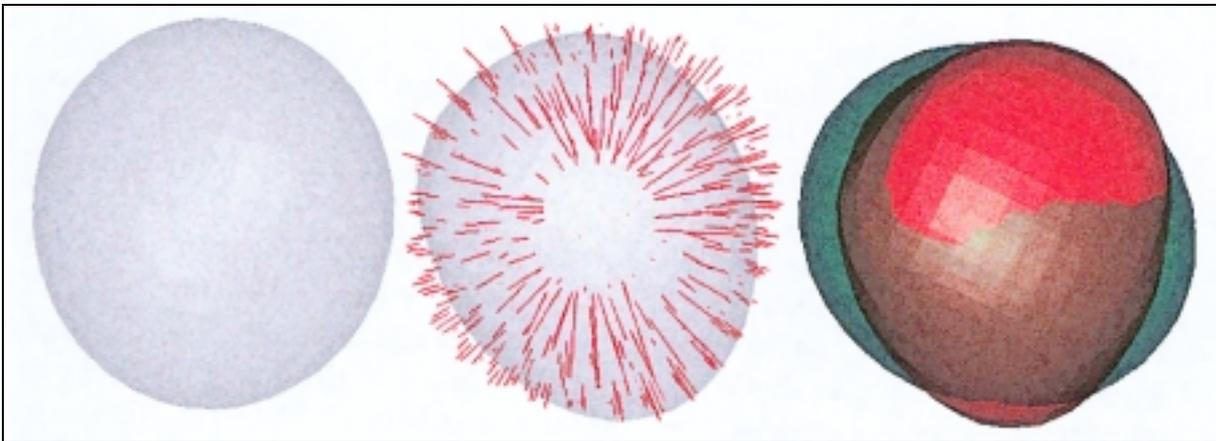


Abb. 9.45: Links: Superellipsoid nach Größenanpassung, Mitte: Gestaltmodell nach FFD mit eingezeichnetem Verschiebungsfeld, Rechts: Visualisierung der Veränderung des grünen Superellipsoids zum roten Initialmodell, Darstellung aus [Wegn03]

Zur eigentlichen Segmentierung des Epikards muss der Benutzer bei dem gewählten Ansatz zuerst das erste und letzte Vorkommen des linken Ventrikels im Datensatz markieren und die maximale Ausdehnung in x - und y -Richtung eingeben. Mit Hilfe dieser sechs Punkte wird dann eine Bounding-Box für das zu erwartende Objekt definiert. Der Mittelpunkt des Initialmodells wird anschließend auf den Box-Mittelpunkt positioniert, und das Modell wird mit einem Vergrößerungsfaktor von 1.2 etwas vergrößert. Durch diese Vergrößerung wird sicherge-

stellt, dass sich keine Bildpunkte des Epikards innerhalb des Modells befanden. Dadurch kann eine Suchrichtung nach innen angenommen werden. Weil das Modell außerdem durch diese Benutzerinteraktion schon in der Nähe der tatsächlichen Objektgrenzen positioniert wurde, braucht nur noch in der unmittelbaren Nähe nach dem Betrag des stärksten Gradienten gesucht werden. Tests haben gezeigt, dass eine Suchumgebung von vier Pixeln für die korrekte Detektion der Konturpixel ausreichend war. Aus diesen wird wieder anhand einer FFD das Verschiebungsfeld der einzelnen Oberflächenpunkte berechnet. Als Steifheitskriterium wurden $2/3$ der kleinsten Singulärwerte eliminiert, um den Einfluss falsch identifizierter Konturpunkte abzuschwächen. Durch diese Art der Spezifikation der Steifheit der Oberfläche war es gleichfalls möglich, den Segmentierungsansatz auch für Bilddaten von Patienten zu verwenden.

Nach der Epikard-Segmentierung muss der Benutzer zur Endokard-Segmentierung wiederum manuell in die Mitte des Ventrikels der ersten und letzten Schicht klicken, in der das Endokard vorkommt. Daraus werden für alle dazwischenliegenden Schichten die Koordinaten der Ventrikelmittelpunkte gewonnen. Mit diesen Mittelpunkten werden dann alle Epikard-Konturpunkte der jeweiligen Schicht durch eine Linie verbunden. Auf diesen Linien erfolgt anhand des größten Gradientenbetrags die Bestimmung der Positionen der jeweiligen Endokard-Konturkandidaten. Diese Kandidaten werden anschließend für die Verformung eines neuen Initialmodells benutzt. Das neue Superellipsoid wird generiert durch Nutzung der Parameter aus dem vorher ermittelten Epikard-Modell. Das Verschiebungsfeld zwischen den Endokard-Konturkandidaten und den korrespondierenden Superellipsoidpunkten wird berechnet, wobei bei der FFD wiederum nur $1/3$ der größten Singulärwerte verwendet werden. In Abb. 9.46 sind einige mit dem beschriebenen Segmentierungsansatz erzeugte Ventrikel-Modelle zu sehen.

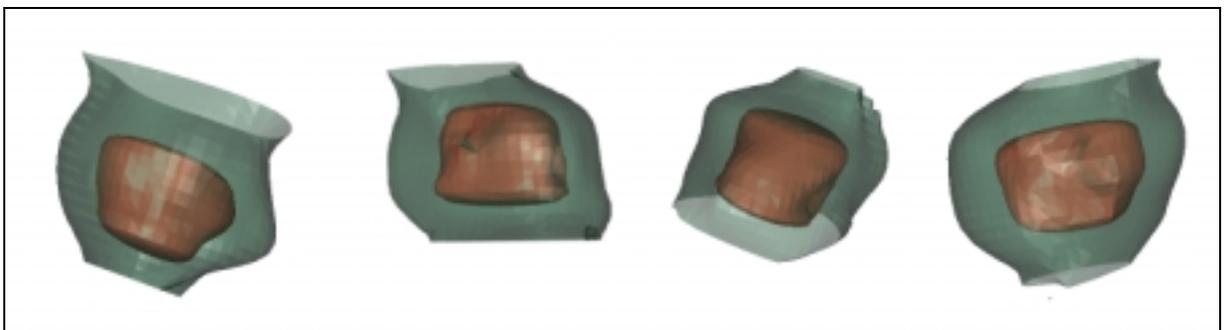


Abb. 9.46: Beispiele für erzeugte Ventrikel-Segmentierungsergebnisse in vier verschiedenen Datensätzen, Bilder aus [Wegn03]

9.3.3.5 Erzielte Segmentierungsergebnisse

Zur Bewertung der Ergebnisse des vorgestellten Segmentierungsansatzes wurden manuelle Segmentierungen von jeweils drei unterschiedlichen Experten genutzt. Die Tests mit den bisher zur Verfügung stehenden sechs Datensätzen haben gezeigt, dass die Methode trotz der teilweise schlechten Datenqualität sehr gute Segmentierungsergebnisse liefert. Der ermittelte mittlere Segmentierungsfehler in Form der mittleren Abweichung korrespondierender Oberflächenpunkte für das Epikard betrug 1 Pixel im Vergleich zu dem mittleren Modell der manuellen Segmentierung. Für das Endokard wurde ein mittlerer Segmentierungsfehler von einem Pixel gemessen. Diese Fehler lagen damit in dem selben Bereich wie die Unterschiede zwischen den einzelnen manuellen Segmentierungen. Die Tests haben weiterhin gezeigt, dass

die Positionierung des Modells durch den Benutzer in den Daten im Allgemeinen nur um 3 Pixel in jeder Richtung voneinander abwich. Derartig geringe Abweichungen hatten keinen Einfluss auf das erzielte Segmentierungsergebnis.

Eine weitere Untersuchung beschäftigte sich mit dem Einfluss der Iterationszahl bei der FFD auf das Ergebnis. Es konnte festgestellt werden, dass mit steigender Iterationsanzahl der Einfluss falsch-segmentierter Konturpunkte auf das Ergebnis zunimmt. Aus diesem Grund wird die FFD nur mit einer Iteration durchgeführt.

Tests mit simulierten Bildern von einem Patientenphantom haben gleichfalls gute Ergebnisse geliefert. Dies war dadurch möglich, dass nur eine kleinere Anzahl der Singulärwerte bei der FFD genutzt wurde. Durch die Auswahl der Anzahl der verwendeten Werte ließ sich die Steifheit des Modells variieren. Dadurch wurde eine Minimierung der Untersegmentierung der nicht vom Blut durchflossenen Herzbereiche gewährleistet. Genaue Ergebnistabellen für alle durchgeführten Testläufe sind in [Wegn03] zu finden.

Zur Segmentierung des Herzens in dSPECT-Daten konnten aufgrund der bisherigen geringen Verbreitung dieser Bilderzeugungsmethode in der Literatur keine Vergleichsansätze gefunden werden. Die in diesem Beispiel auf das konkrete Problem angepasste Segmentierungsmethode der Nutzung von verformbaren Superquadriken mit FFD wurde aber bereits von anderen Arbeitsgruppen zur Detektion des linken Ventrikels in statischen SPECT-Daten genutzt [Bard98]. Die erzielte mittlere Volumenabweichung wird in dem Beitrag mit 0.42% angegeben. Diese geringe Abweichung konnte jedoch mit den in diesem Beispiel verwendeten Daten aufgrund der geringen Bildqualität nicht erreicht werden.

9.3.3.6 Zusammenfassung

In dem betrachteten Beispiel wurde die Gestaltinformation aus einer manuellen Segmentierung abgeleitet. Das sich ergebende Gestaltmodell musste anschließend durch eine interaktive Eingabe von Seiten des Benutzers im Datensatz positioniert werden. Zusätzlich zu der Gestaltinformation werden auch noch Grauwertinformationen in Form von maximalen Gradienten ausgewertet. Durch die Nutzung eines verformbaren Superellipsoids wird schließlich auch die Geschlossenheit der segmentierten Oberfläche gesichert.

Die Ergebnisse der Segmentierung dienen drei unterschiedlichen Zwecken. So kann nun im ersten Fall mit dem Resultat der Lebersegmentierung versucht werden, die vorhandenen Scatterartefakte in den Herzarealen zu beseitigen. Hierzu können Arbeiten von [Pran03] weiterentwickelt werden. Weiterhin kann im zweiten Fall untersucht werden, inwieweit sich die gewonnene anatomische Information der Position von Herz und Leber in den Datensätzen zur Verbesserung des Bildrekonstruktionsprozesses nutzen lässt. Schließlich kann im dritten Fall das Rendering-System zur Visualisierung der Daten mit dieser zusätzlichen Information angereichert werden, um die Wahrnehmung und Interpretation der Daten für den Arzt zu verbessern. Hier sind z. B. hybride Visualisierungen realer und segmentierter Daten [Hinz03] (Abb. 9.47) und die Abbildung der Durchblutungsparameter auf der segmentierten Oberfläche denkbar.

Mit diesem Beispiel konnte gezeigt werden, dass es mitunter wegen der unzureichenden Information in den Daten notwendig ist, die Erwartungshaltung des Benutzers in das Modellwissen zu integrieren. Dieses Modell kann dann an die Daten angepasst werden, wodurch sich das Segmentierungsproblem lösen lässt. Ein Problem besteht jedoch noch darin, ein ausgewogenes Maß zwischen den Modellannahmen und den Informationen zu finden.

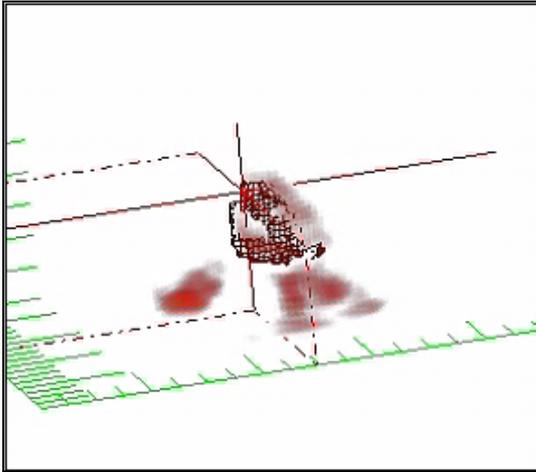


Abb. 9.47: Beispiel für eine hybride Visualisierung der Volumen-gereinigten Daten und des Ergebnisses der Segmentierung des linken Ventrikels, Bild aus [Hinz03]. Durch das Ein- und Ausblenden des segmentierten Herzens kann der Kardiologe bei der visuellen Exploration der Daten unterstützt werden, da er einen besseren Eindruck von der tatsächlichen Position und Größe des Ventrikels im Datensatz erhält.

9.3.4 Segmentierung von Blutgefäßen in Angiogrammen

Als letztes Beispiel soll die Segmentierung von Blutgefäßen in Angiogrammen betrachtet werden. Bilder von digitalen Subtraktionsangiogrammen (DSA) ermöglichen die Darstellung cerebraler Gefäße in einer sehr hohen Auflösung. Die Größe eines Pixels beträgt zumeist weniger als 0.2 mm. Die Feststellung der Lage von solchen Gefäßen ist für die 3D-Rekonstruktion des Gefäßbaums im Zusammenhang mit der Planung neurochirurgischer und neuroradiologischer Operationen notwendig. Das Verfolgen kleiner Gefäße in den DSA-Bildern wird durch das geringe SNR und durch die hohe Komplexität der Bilder infolge der Projektion der Daten in 2D erschwert. In Abb. 9.48 ist eine typische DSA-Aufnahme zu sehen, wie sie für die Untersuchungen genutzt wurde.

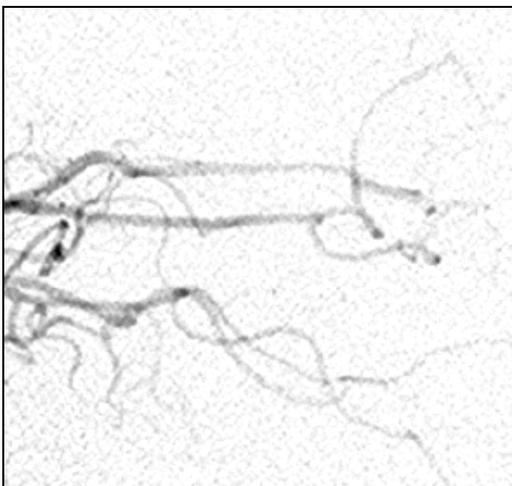


Abb. 9.48: Typische DSA-Aufnahme mit einem geringen SNR für kleine Gefäße. Infolge der Projektion ergeben sich außerdem Überschneidungen einzelner Gefäße.

In der Literatur findet man zahlreiche, verschiedene Ansätze zur Segmentierung von Blutgefäßen in medizinischen Bilddaten. Ein umfassender Überblick über die unterschiedlichen verwendeten Methoden sowohl zur 2D- als auch zur 3D-Gefäßsegmentierung wird von Kirbas und Quek [Kirb03] gegeben. Zur 2D- und 3D-Segmentierung werden demzufolge häufig Matching-Filter-Ansätze ([Sato98], [Poli97]) genutzt, bei denen das Modellwissen in der Form der verwendeten Filtermasken in den Algorithmus integriert ist. Nachteilig bei diesen Verfahren ist jedoch, dass kein durchgängiger Konturverlauf bei den einzelnen Gefäßen gewährleistet wird und dass alle im Bild enthaltenen Gefäße segmentiert werden. Dieses gilt auch für Gefäßsegmentierungsverfahren, die morphologische Schemen benutzen ([Eiho97],

[Thac93]). Hier muss bei einem schlechten SNR in den Bilddaten mit zahlreichen Fehlsegmentierungen gerechnet werden. Region growing Methoden, die u.a. von O'Brien [Obri94] und Yim [Yim00] verwendet wurden, haben häufig das Problem, dass Gefäße mit einem geringen Durchmesser aufgrund des geringen Kontrastes nicht mehr korrekt detektiert werden können. Außerdem werden alle mit dem Startpunkt verbundenen Pixel, die das vorgegebene Homogenitätskriterium erfüllen, erkannt. Allen bisher genannten Segmentierungsverfahren ist gemeinsam, dass der gesamte Gefäßverlauf in einer DSA-Aufnahme detektiert wird. Deshalb sind zur Rekonstruktion einzelner Gefäßverläufe umfangreiche Nachverarbeitungsschritte erforderlich. Eine der am häufigsten in der Literatur beschriebenen Methoden basiert auf der Verwendung parametrischer deformierbarer Modelle ([Klei97], [Ruec97]). Mit diesem Ansatz ist teilweise von vornherein eine Rekonstruktion einzelner Gefäßstrukturen möglich. Deshalb wurde eine derartige Segmentierungsmethode auch zur Lösung der konkreten Segmentierungsaufgabe in dem Beispiel benutzt.

Aufgrund des schlechten SNR in den vorliegenden Bilddaten kann eine erfolgreiche Segmentierung nur durch das Einbringen von zusätzlichem Modellwissen in den Segmentierungsalgorithmus erreicht werden. Neben Modellinformation aus der Bildaufnahme werden in dem entwickelten Algorithmus auch Modellannahmen über durchgehende Konturen und Wissen über die Gestalt des Objekts verwendet.

Zuerst soll im ersten Teil der Ausführungen kurz auf die Ableitung des Modellwissens eingegangen werden. Der sich anschließende zweite Teil beinhaltet die Beschreibung der gewählten Segmentierungsmethode. Schließlich werden im dritten Abschnitt die erzielten Ergebnisse vorgestellt und abschließend wird eine kurze Zusammenfassung zu der Thematik gegeben.

9.3.4.1 Ableitung des Modellwissens aus den DSA-Aufnahmen

Um die für den Segmentierungsalgorithmus genutzte Modellinformation ableiten zu können, mussten zuerst die typischen Eigenschaften der Daten untersucht werden. Bei der Analyse der zur Verfügung stehenden Bilder zeigte sich, dass folgende Charakteristiken von kleinen cerebralen Blutgefäßen in den DSA-Aufnahmen vorausgesetzt werden können:

- Die zu segmentierenden Gefäße weisen ein sehr geringes SNR (unter 2:1) auf, da den Bilddaten weißes Rauschen mit einem Mittelwert von Null überlagert ist.
- Die Gefäße können sich im Projektionsbild überlagern.
- Bei der Verfolgung eines Gefäßes ändern sich die Richtung und der Grauwert nur sehr langsam.
- Die Gestalt der Gefäße ist länglich. Der Verlauf der Gefäßbegrenzungen ist glatt und nahezu parallel.

Da zur Operationsplanung nur Teile des vaskulären Systems rekonstruiert werden müssen, ist zu diesem Zweck auch nur eine Segmentierung von bestimmten Gefäßbereichen im Bild erforderlich. Um den interessierenden Bereich abgrenzen zu können, wurde bei dem entwickelten Segmentierungsverfahren vom Benutzer verlangt, die Anfangs- und die Endpositionen der einzelnen Gefäße interaktiv zu spezifizieren. Die eingegebenen Punkte wurden anschließend durch eine aktive Kontur miteinander verbunden. Bei der Auswahl des Segmentierungsverfahrens wurde der hohe Rauschanteil in den Daten berücksichtigt. Durch die Nutzung einer aktiven Kontur konnte vermieden werden, dass Helligkeitsschwankungen bis hin zu kleinen Unterbrechungen der Gefäße das Segmentierungsergebnis maßgeblich beeinflussen. Die Anpassung der Kontur an die Daten wird dabei über die Gradienten an den Gefäßgrenzen ge-

steuert, und die Glattheit der Gefäßgrenzen und des Gefäßverlaufs lässt sich mit den inneren Bedingungen der Kontur beeinflussen.

9.3.4.2 Segmentierung der Blutgefäße mittels aktiver Doppelkontur

Die Segmentierung der Blutgefäße erfolgte mit Ziplock-Snakes [Neue97], die die Eigenschaft besitzen, sich wie ein Reißverschluss an die Gefäßgrenzen anzuziehen, wenn der Anfangs- und der Endpunkt der Kontur spezifiziert wurden. Um die Schwierigkeiten bei der Gefäßverfolgung in Bereichen mit Gefäßüberlagerungen und mit Artefakten infolge des geringen SNR besser beherrschen zu können, wurde eine Backtracking-Möglichkeit in den Algorithmus integriert.

In dem realisierten Ansatz wird das Blutgefäß über die Mittellinie dargestellt, der außerdem zwei Gefäßgrenzen zugeordnet sind. Die Mittellinie besteht dabei aus einer Sequenz von Knoten C_i mit $i=1, \dots, n$. Jedem dieser Knoten C_i wurden zwei korrespondierende Knoten L_i und R_i an der linken und der rechten Gefäßgrenze zugeordnet. Der Verlauf des Gefäßes zwischen den Knoten wird mit Hilfe einer Spline-Funktion interpoliert. Außerdem erhält jede Position auf der Mittellinie eine lokale Richtung, die aus den partiellen Ableitungen der Spline-Funktion in x - und y -Richtung berechnet wird. Die zu einem Knoten C_i korrespondierenden Grenzknoten L_i und R_i werden ermittelt, indem eine Linie durch den jeweiligen Knotenpunkt senkrecht zur ermittelten aktuellen Gefäßrichtung gelegt wird. Die beiden gesuchten Knoten befinden sich dann an den Schnittpunkten mit der linken und rechten Gefäßgrenze.

Der Algorithmus, der zur Gefäßsegmentierung entwickelt wurde, besteht aus vier Modulen. Diese haben folgende Funktionen:

- Interaktive Initialisierung der Kontur durch den Benutzer, indem er die Start- und die Endpunkte eingibt.
- Berechnung der lokalen Merkmale entlang des aktuell geschätzten Gefäßverlaufs.
- Heuristische Suche nach dem optimalen Gefäßverlauf unter Einbeziehung der ermittelten lokalen Merkmale und unter Berücksichtigung des allgemeinen Gefäßmodells.
- Durchführung des Backtracking und erneute Berechnung des Gefäßverlaufs in dem Fall, wenn die Suchfunktion kein lokales Optimum ermitteln konnte.

Im Zusammenhang mit der Initialisierung muss der Benutzer zwei Paare von Punkten L_1, R_1 und L_n, R_n spezifizieren, die den Beginn und das Ende des zu segmentierenden Gefäßstücks markieren. Die beiden jeweils korrespondierenden Punkte sind dabei so zu positionieren, dass ihre Verbindungslinie ungefähr senkrecht zum Gefäßverlauf angeordnet ist (Abb. 9.49, links). Die vier Punkte werden anschließend in die optimale Position verschoben, indem nach den höchsten Gradienten in der Umgebung der manuell gesetzten Punkte gesucht wird. Die initialen Richtungen d_1 und d_n am Beginn und am Ende des betrachteten Gefäßbereiches werden durch die Mittelung der Richtungen senkrecht zu den Gradienten an den jeweiligen Punkten berechnet. Die beiden berechneten Richtungen werden nun den Knoten C_1 und C_n zugeordnet, die auf der Hälfte der beiden Verbindungslinien L_1, R_1 und L_n, R_n positioniert werden (Abb. 9.49, rechts). Die ermittelte Lage und die Orientierung der beiden Knoten auf der Mittellinie wird dann dazu benutzt, die erste Kurve zwischen den beiden Punkten möglichst richtig aufzuspannen. Die Mittellinie wird anschließend in eine Anzahl von n Segmenten unterteilt. Die Anzahl der Knotenpunkte hängt dabei zum einen von der Länge der Mittellinie ab und zum anderen von der durch den Benutzer eingegebenen nutzerspezifischen mittleren Segmentlänge Δs . Der Wert von Δs zwischen zwei aufeinanderfolgenden Knoten kann innerhalb der Optimierungsprozedur nach jedem Optimierungsschritt verändert werden, indem

neue Knotenpunkte eingefügt oder vorhandene Knotenpunkte gelöscht werden. Hohe Werte von Δs gewährleisten dabei einen glatten Kurvenverlauf. Kleinere Werte von Δs sind immer dann notwendig, wenn sich die Richtung über den Kurvenverlauf zwischen den beiden eingegebenen Punkten C_1 und C_n häufig verändert.

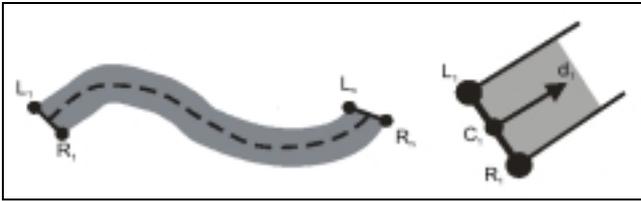


Abb. 9.49: Vorgesehene Anordnung der Startpunkte (links) und daraus berechneter Knotenpunkt C_1 und ermittelte Richtung d_1 (rechts), Bild aus [Hinz01]

Die Merkmalsberechnung erfolgt anhand der Daten für jeden Knotenpunkt auf der Mittellinie in einer lokalen Umgebung. Sie beinhaltet die Berechnung der Richtungsinformation mittels eines Kompassfilters. Vor der Anwendung des Prewitt-Operators [Sonk93] wurde jedoch die lokale Nachbarschaft rund um den gerade betrachteten Knotenpunkt rotiert, so dass die Gefäßrichtung mit der x -Achse übereinstimmte (Abb. 9.50). Der benutzte Prewitt-Filter besteht aus einer Sequenz von 3×3 -Filtern, die eine Schätzung der partiellen Ableitungen in 8 Hauptrichtungen berechnen (N, NE, E, SE, S, SW, W, NW). Das resultierende Feld, in dem die Richtung mit der maximalen Filterantwort vermerkt wurde, wird anschließend gefiltert, um Ausreißer infolge von Rauschen zu entfernen. Pixelpositionen, die mit „N“ gekennzeichnet wurden, sind potentielle Markierungen für die linke Gefäßgrenze und welche, die mit „S“ bezeichnet wurden, welche für die rechte Gefäßgrenze. Die exakte Lage der zwei Begrenzungen wird anhand der Position des Nulldurchgangs in der Nähe dieser beiden Pixellinien ermittelt. Die Bestimmung des Nulldurchgangs erfolgt durch Filterung des Bildes mit einem LoG-Operator, der eine Standardabweichung von $\sigma = 3.0$ und eine Größe von 17×17 Pixeln besitzt. Die ermittelten Nulldurchgänge werden nun zur Bestimmung der folgenden drei lokalen Merkmale genutzt:

- Ermittlung des lokalen Gefäßdurchmessers am Knotenpunkt,
- des lokalen Kontrasts als der mittleren Grauwertdifferenz zwischen den jeweiligen Grenzpixeln und ihren lokalen Nachbarn außerhalb des Gefäßes und
- Ableitung der lokalen Richtung des Gefäßes anhand des Ergebnisses des Kompassfilters.

Anhand dieser Merkmale wird der lokale, optimale Gefäßverlauf ermittelt.

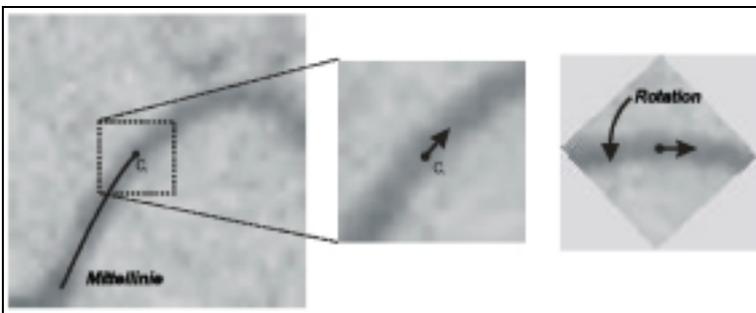


Abb. 9.50: Ausrichtung des Gefäßes in Richtung der x -Achse zur Bestimmung der Merkmale, um eine einheitliche Kennzeichnung der linken und rechten Gefäßgrenze vornehmen zu können. Bilder aus [Hinz01]

Bei der anschließenden Optimierung der Position der aktiven Kontur mit der Ziplock-Methode werden zwei unterschiedliche Arten von Knoten unterschieden. Die aktiven Knoten befinden sich bereits in der Nähe ihrer optimalen Position. Ihre Lage verändert sich während des jeweiligen Optimierungsprozesses in Abhängigkeit von den äußeren und inneren Kräften. Die passiven Knoten dagegen sind noch weit von ihrer optimalen Position entfernt, so dass

nur die inneren Energieterme bei einem Berechnungsschritt optimiert werden. Zwischen beiden Arten von Knoten befinden sich Kraftgrenzen. Die aktiven Knoten an den Kraftgrenzen werden deshalb auch als Kraftgrenzknoten bezeichnet (Abb. 9.51). In dem betrachteten Fall sind die beiden Initialknoten C_1 und C_n die ersten Kraftgrenzknoten. Die Optimierung wird jeweils immer für einen Knoten ausgeführt. Einer der zwei Kraftgrenzknoten wird zuerst ausgewählt und seine optimale Position wird im Zusammenhang mit der Suche nach dem Minimum der Gesamtenergie bestimmt. Anschließend wird der dem gerade betrachteten Knoten am nächsten liegende passive Knoten aktiv und die Optimierung wird mit dem Kraftgrenzknoten an der anderen Kraftgrenze ausgeführt. Danach wird die aktive Kontur reparametrisiert, indem neue Knoten eingefügt oder überzählige Knoten entfernt werden, um sicherzustellen, dass wieder ein ausreichender Abstand zwischen den einzelnen Knoten vorhanden ist.

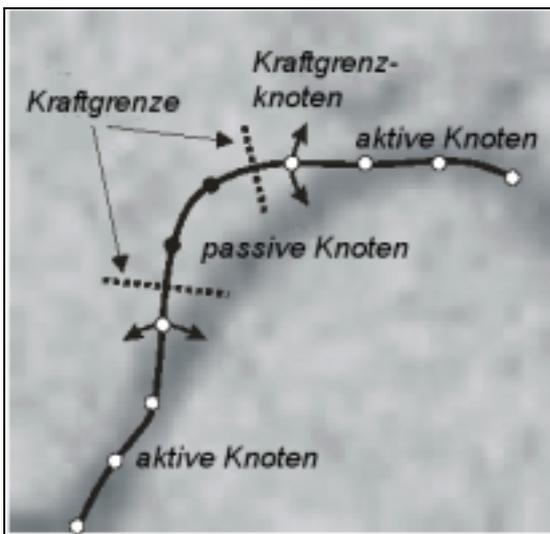


Abb. 9.51: Knotenbezeichnung bei einem Ziplock-Snake, Bild aus [Hinz01]. Die äußere Energie wird nur von den aktiven Knoten in der Optimierung berücksichtigt. Dahingegen werden in die Ermittlung der inneren Energie sowohl die aktiven als auch die passiven Knoten einbezogen.

Die definierte aktive Kontur nutzt zur Festlegung der äußeren Energie den lokalen Kontrast an den Knoten. Die innere Energie ergibt sich aus der ersten und zweiten Ableitung der Mittellinie an den Knotenpunkten und aus der ersten Ableitung des Gefäßdurchmessers. Zur Berechnung des lokalen Minimums der Energiefunktion wird die Gradientenabstiegsmethode verwendet.

In Gefäßbereichen, bei denen es zu einer Überlagerung mit anderen Gefäßen kam, können bei der bisher beschriebenen Vorgehensweise fehlerhafte Positionsentscheidungen getroffen werden. Für solche Fälle ist eine Backtracking-Prozedur vorgesehen, die zum einen derartige Fehler erkennt und sie zum anderen möglichst korrigiert. Die genaue Realisierung dieses Backtracking ist in [Hinz01] beschrieben.

9.3.4.3 Ergebnisse der Gefäßsegmentierung

Die erläuterte Methode der Segmentierung von Blutgefäßen mit Ziplock-Snakes wurde anhand von künstlichen Testbildern und realen Bilddaten evaluiert. In den künstlichen Daten wurden die Effekte eines geringen SNR und die Einflüsse von Überkreuzungen und starken Richtungsänderungen untersucht. Bei der Erzeugung der künstlichen Bilder wurden Gefäße mit einer Stärke von 3 bzw. 5 Pixeln generiert, auf die ein Gauß'sches Rauschen mit unterschiedlicher Standardabweichung addiert wurde. Das SNR wurde aus dem Grauwertunterschied zwischen dem Gefäß und dem Hintergrund d_{max} und der Standardabweichung des Rauschens σ_R berechnet nach:

$$SNR = \frac{d_{\max}}{2\sigma_n}. \quad (9.16)$$

Das SNR wurde für die Tests zwischen 0.8 und 2.5 variiert. Die Segmentierung wurde zur Untersuchung jeweils fünfmal durchgeführt, um eine Unabhängigkeit des gemessenen Fehlers von der Initialisierung zu erreichen. Als Fehlermaße wurden der Hausdorff-Abstand und die mittlere Abweichung verwendet, die bereits in Abschnitt 8.2.2 beschrieben wurden. Für ein SNR von 1.3:1 und besser wurde ein gutes Segmentierungsergebnis erreicht. Die mittlere Abweichung betrug in diesem Fall maximal 1 Pixel und die maximale Abweichung 3 ± 1 Pixel. Für ein SNR von 1:1 und schlechter erhöhte sich der ermittelte Fehler signifikant, wobei der rekonstruierte Gefäßverlauf vom wahren Verlauf stark abwich. Dies wird auch in den Darstellungen in Abb. 9.52 deutlich. Ausführlichere Ergebnisse der Segmentierung sind in [Groh00] und [Hinz01] zu finden.

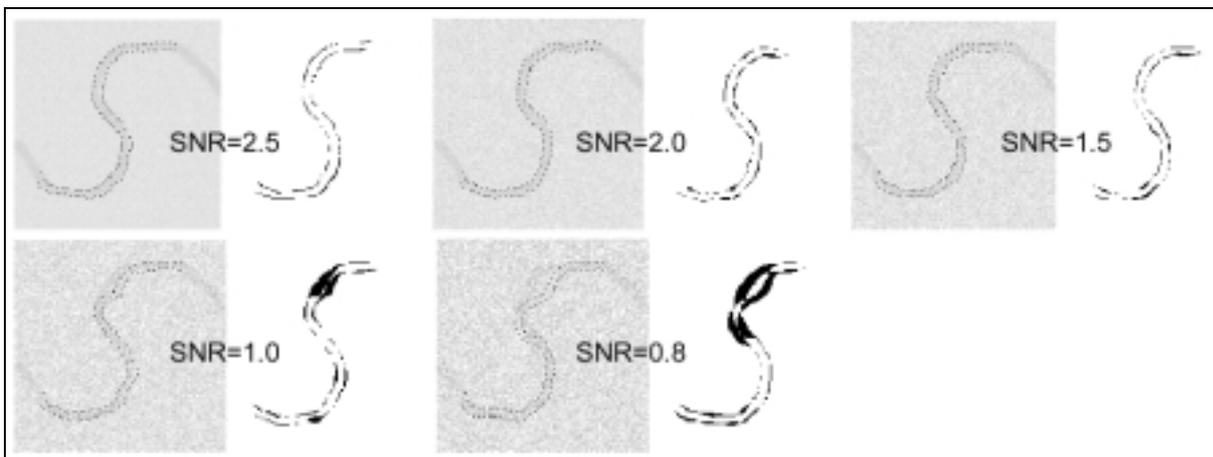


Abb. 9.52: Segmentierungsergebnisse für künstliche Testbilder mit einem unterschiedlichen SNR, linke Darstellung: die Gefäße mit den ermittelten Knotenpositionen an den Segmentgrenzen, rechter Bildteil: fehlerhaft segmentierte Pixel im Vergleich zu einer manuellen Segmentierung, Bilder aus [Hinz01]

Das Verhalten des Segmentierungsverfahrens an Verzweigungen und Überkreuzungen ist in Abb. 9.53 und Abb. 9.54 dargestellt. Es wurde für Bilder mit einem SNR von 1.5:1 bis 5:1 untersucht. Bei den Tests zeigte sich, dass der Erfolg der Segmentierung nicht so stark vom SNR, sondern mehr von fehlerhaften Entscheidungen bei der lokalen Optimierung an den aktiven Knoten abhängt. Im Allgemeinen waren die Entscheidungen bei Verzweigungen häufiger fehleranfällig als dies bei Überschneidungen der Fall war.

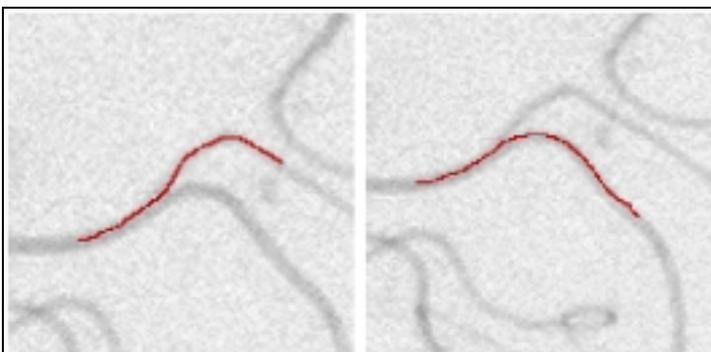


Abb. 9.53: Segmentierungsergebnisse für die Verfolgung von Gefäßen mit Verzweigungen, Bilder aus [Hinz01]

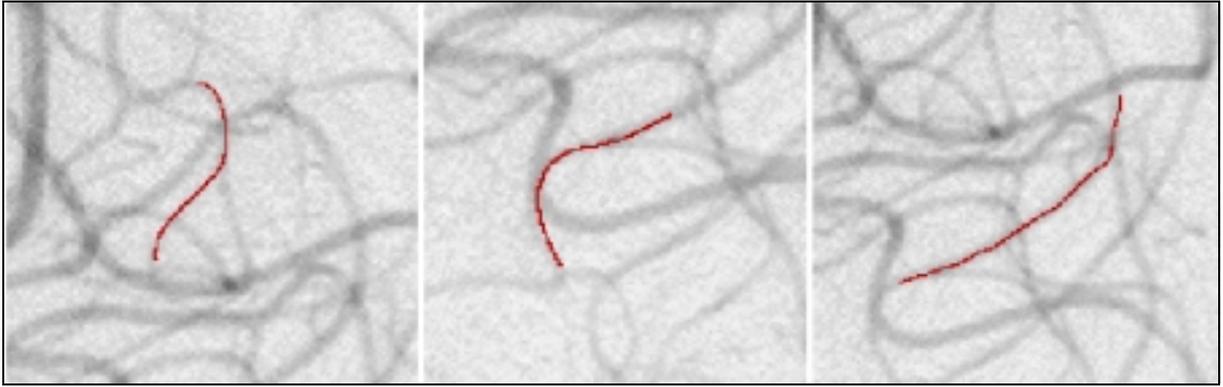


Abb. 9.54: Ergebnisse der Segmentierung bei sich überkreuzenden Gefäßen, Bilder aus [Hinz01]

Ähnliche Ergebnisse konnten auch für die Segmentierung in realen Bilddaten erzielt werden. So war dort gleichfalls die Verfolgung von Gefäßen mit einem SNR von etwa 1.5:1 und besser zumeist erfolgreich.

9.3.4.4 Zusammenfassung der Ergebnisse bei der Gefäßsegmentierung

Der verwendete Segmentierungsansatz ermöglicht in vielen Fällen gute Ergebnisse, trotz des teilweise doch sehr schlechten SNR in den Daten und der Schwierigkeiten infolge von Verzweigungen und Überlagerungen von Gefäßen. Dies ist vor allem deshalb möglich, weil in der Segmentierungsroutine umfangreiches Modellwissen genutzt wird. So wird durch die Auswahl des Verfahrens eine Durchgängigkeit der segmentierten Gefäße gewährleistet. Die verwendeten äußeren Bildkräfte, die ein Anziehen der Kontur an die Gefäßgrenzen bewirken, können aus der Bildaufnahme hergeleitet werden. Schließlich wird Formwissen genutzt, um die Gefäßgrenzen mit dem Kompass-Operator zu detektieren oder um Bereiche mit Fehlsegmentierungen zu erkennen. Diese Segmentierungsfehler traten zumeist dann auf, wenn die Abstände des linken und des rechten Knotens vom mittleren Knoten sich sehr stark unterschieden.

In diesem Beispiel verhält es sich mit dem Modellwissen ähnlich, wie dies bei dem vorhergehenden Segmentierungsproblem auch der Fall war. Auch hier musste wiederum eine optimale Übereinstimmung zwischen der Erwartungshaltung des Benutzers, die in die eingesetzten Modellannahmen eingeflossen ist, und der Information aus den Daten gefunden werden. Da jedoch die Bildqualität etwas besser war, konnte den Bildinformationen gegenüber der Erwartungshaltung ein größeres Gewicht an der Lösung des Segmentierungsproblems eingeräumt werden.

9.3.5 Fazit aus den Beispielen für die Nutzung komplexer Modelle

Bei den betrachteten vier Beispielen für Segmentierungslösungen bei Verwendung von komplexem Modellwissen zeigt sich, dass mit zunehmender Integration fester Modellinformation die Flexibilität der Verfahren bezüglich unterschiedlicher Einsatzgebiete stark eingeschränkt wird. So war es bei den ersten beiden Beispielen noch möglich, beliebige Segmentierungsaufgaben mit den entwickelten Verfahren zu lösen, da das Modellwissen interaktiv in den Segmentierungsvorgang eingebracht werden konnte. Die letzten beiden Ansätze wurden dagegen so konzipiert, dass sie nur für die ganz spezielle Aufgabenstellung, für die sie entwickelt wurden, auch zu einer tragfähigen Segmentierungslösung führen.

Allen entwickelten vier Methoden war gemeinsam, dass es durch die Integration unterschiedlicher Kategorien von Modellwissen möglich war, trotz einer teilweise schlechten Bildqualität zu guten Segmentierungsergebnissen zu gelangen.

9.4 Zusammenfassung der Ergebnisse aus den Beispielen

Bei den unterschiedlichen Beispielen in diesem Kapitel zeigte sich, dass zur Lösung komplizierter Aufgabenstellungen und zur Segmentierung von Bilddaten mit einer schlechten Qualität der Anteil an notwendigem Modellwissen steigen muss, um gute Ergebnisse zu erzielen. Wird dieses Wissen automatisch aus den Bilddaten abgeleitet und direkt in den Segmentierungsalgorithmus integriert, so sind die entwickelten Verfahren nur noch für einen kleinen Problemkreis einsetzbar. Nutzt man hingegen interaktive Techniken zum Einbringen der Modellinformation, hat man Segmentierungsverfahren, die sehr flexibel einsetzbar sind. Hier ist jedoch der Zeitaufwand für den Benutzer größer, was für häufig wiederkehrende Fragestellungen nachteilig sein kann.

Außerdem konnte festgestellt werden, dass es bei der Auswahl, Weiterentwicklung und Anpassung von Segmentierungsalgorithmen sinnvoll ist, sich an den für die jeweilige Problemstellung nutzbaren Modellannahmen zu orientieren. Dadurch ist am ehesten ein optimales Segmentierungsergebnis zu erreichen. Die Entscheidung, welche Bildinformation zur Segmentierung genutzt werden kann, sollte sich an der menschlichen Wahrnehmung und am ausgewählten Modellwissen orientieren.

Nachdem in den vorangegangenen Kapiteln einzelne Aspekte des Bildanalyseprozesses beleuchtet und mit Beispielen untermauert wurden, soll im nächsten Kapitel ein Resümee bezüglich des erreichten Standes auf dem Gebiet der medizinischen Bildverarbeitung gezogen werden.

10 Schlussfolgerungen

Im diesem Kapitel sollen die Erkenntnisse, die aus der Literaturlauswertung und aus den eigenen Beispielen gewonnen wurden, zusammengefasst werden. Dieses soll unter drei verschiedenen Gesichtspunkten erfolgen. Im ersten Teil soll kurz der aktuelle Stand der Bildverarbeitung analysiert werden. Daran sollen sich Empfehlungen bezüglich der Vorgehensweise bei der Auswahl von Segmentierungsverfahren anschließen. Diese Auswahl stellt bisher für einen nicht so erfahrenen Entwickler bzw. Anwender ein schwieriges Problem dar, da es eine Vielzahl von unterschiedlichen Ansätzen gibt. Im dritten Teil dieses Kapitels soll dann ein Vorschlag für eine dreistufige Strategie zur Bewertung von Segmentierungsverfahren unterbreitet werden, um hier möglichst schnell eine Aussage ableiten zu können, ob ein Verfahren für ein bestimmtes Anwendungsgebiet geeignet ist, ob eine spezielle Anpassung vorgenommen werden kann oder ob grundsätzlich eine andere Vorgehensweise gewählt werden muss.

10.1 Aktueller Stand der medizinischen Bildverarbeitung

Die entwickelten medizinischen Bildanalyseysteme sind immer in einen komplexen medizinischen Entscheidungsprozess eingebunden. Wie die Beispiele im Kapitel 7 und im Kapitel 9 dieser Arbeit gezeigt haben, wurden mit dieser Integration bisher verschiedene Zielstellungen verfolgt. So war es teilweise das Ziel, eine Reduktion der diagnostischen Fehler zu erreichen. Außerdem wurden Projekte bearbeitet, bei denen durch die Bereitstellung zusätzlicher Informationen aus den Bilddaten eine Entscheidungsunterstützung bei der OP-Planung erfolgen konnte. In einigen Fällen wurde auch durch die Integration von Bildanalyseverfahren in computerunterstützte Operationssysteme eine Verbesserung der Sicherheit für den Patienten bewirkt. Bei allen Entwicklungen von Bildanalyseystemen für medizinische Anwendungen war zu beobachten, dass die Systeme so konzipiert wurden, dass der Arzt immer im Mittelpunkt des medizinischen Entscheidungsprozesses steht. Die eingesetzten Bildanalyseysteme stellen in diesem Zusammenhang nur eine Hilfe und Unterstützung für den Arzt dar und können ihn nicht mit seinem komplexen Wissen ersetzen.

Bei der Analyse des aktuellen Standes der medizinischen Bildverarbeitung kann man außerdem feststellen, dass sich das Gebiet in den letzten Jahren stark weiterentwickelt hat. Dies spiegelt sich auch in einer steigenden Anzahl von Konferenzen, Lehrveranstaltungen und Büchern zu dieser Thematik wider. Einen besonderen Einfluss auf diesen Fortschritt hatte wohl die Weiterentwicklung der bildgebenden Systeme. So wurde bei den häufig in der Praxis benutzten Schnittbildverfahren (CT, MRT) eine Verbesserung im Bereich der Bildqualität erreicht. Durch die bessere Qualität der Aufnahmen wurde es möglich, ein breiteres Anwendungsspektrum für den Einsatz der Bildanalysemethoden zu erschließen. Außerdem ist durch die wachsende Anzahl von Schichten in einem Datensatz bei den modernen Schnittbildverfahren das Interesse an der Bildverarbeitung von Seiten der Ärzte gestiegen. In vielen Fällen würde eine herkömmliche rein manuelle Auswertung sehr viel mehr Zeit in Anspruch nehmen, als dies mit der vorherigen Gerätegeneration der Fall war.

Einen weiteren Impuls für die Verbreitung der medizinischen Bildverarbeitung gab es auch durch die Akzeptanz und Verfügbarkeit des DICOM-Standards in der Praxis. Da inzwischen alle neuen bildgebenden medizinischen Geräte diesen Standard benutzen, ist der Austausch und das Einlesen der Bilddaten sehr einfach mit Standardfunktionen möglich. Der früher damit verbundene Aufwand kann somit heute in die Entwicklung und Verbesserung von Bildanalysemethoden gesteckt werden.

Trotz dieser Fortschritte beim Datenaustausch ist die Beschaffung einer ausreichenden Anzahl von Testdaten und vor allem von dazugehörigen Daten einer manuellen Segmentierung immer noch ein großes Problem. So existieren umfangreiche Bilddatenbanken bisher nur für sehr wenige Anwendungsgebiete, wie z.B. für die Mammographie. In den meisten anderen Fällen ist man über kleinere prototypische Datensammlungen nicht hinausgekommen. Durch diese Tatsache ist ein Vergleich verschiedener Segmentierungsansätze und die Einschätzung der Qualität der einzelnen Methoden immer noch mit Schwierigkeiten verbunden.

Durch verbesserte Computertechnik und neu entwickelte Geräte, wie z.B. dem 3D-Display, schnellen Grafikkarten mit Hardwareunterstützung für das Volume-Rendering und haptischen Feedback-Möglichkeiten, wurden weitere Anwendungsfelder im Bereich der Operationsplanung und der computerunterstützten Operationen erschlossen. Auch die verbesserte Simulation der physikalischen Vorgänge bei den bildgebenden Verfahren und die virtuelle Erprobung therapeutischer Eingriffe wurde dadurch ermöglicht.

Weiterhin konnte auf dem Gebiet der medizinischen Bildanalyse beobachtet werden, dass die hochgesteckten Erwartungen, die noch vor einigen Jahren mit der Integration intelligenter wissenschaftlicher Systeme verbunden waren, sich nicht erfüllt haben. Bis auf die neuronalen Netze konnte sich keine dieser Techniken dauerhaft in dem Gebiet etablieren. Vielmehr ist ein verstärkter Trend zur Entwicklung semiautomatischer Verfahren festzustellen. Dieses gilt vor allem für den Bereich der 3D-Segmentierung. Hier wurden vermehrt Methoden entwickelt, die das Wissen des Arztes in den Bildanalyseprozess mit einbeziehen. Da außerdem durch den steigenden Einsatz der Computertechnik infolge der Einführung von PACS- und Klinikinformationssystemen in die klinische Routine und die Verwendung von Lehr- und Lernsystemen in der Ausbildung die Offenheit gegenüber dem Umgang mit Computern bei den Ärzten gewachsen ist, haben sich auch die Möglichkeiten für eine interdisziplinäre Zusammenarbeit in den letzten Jahren weiter verbessert.

Trotzdem ist die Überführung der in einer Forschungszusammenarbeit entwickelten Prototypen in die medizinische Praxis immer noch ein großes Problem. Dies liegt sicher im wesentlichen an dem beträchtlichen Zertifizierungsaufwand für die entwickelte Software. Ein anderer Punkt, der die Nutzung von Bildanalyseprogrammen im medizinischen Umfeld erschwert, ist das teilweise fehlende Vertrauen der Ärzte bezüglich der Korrektheit der Ergebnisse. Dies liegt zum Teil daran, dass die verwendeten Algorithmen schwer zu durchschauen sind. Durch die Komplexität der Verfahren und die Vielzahl der einstellbaren Parameter ist eine einfache Vorhersage der Qualität der zu erwartenden Ergebnisse oft nicht möglich. Hier muss der in der letzten Zeit zu beobachtende Trend hinsichtlich einer umfangreicheren Evaluation und der Entwicklung besserer Evaluationsmethoden verstärkt fortgesetzt werden.

Schließlich ist es trotz der hohen Anforderungen, die bezüglich der Benutzerfreundlichkeit an ein Bildanalyseprogramm gestellt werden, häufig für einen Arzt nicht möglich, die in einem Programmsystem zur Verfügung stehenden Bildanalysemethoden optimal einzusetzen. Dies ist vor allem dann ein Problem, wenn es sich um relativ selten vorkommende Fragestellungen oder besonders problembehaftete medizinische Fälle handelt. Zur Lösung von anspruchsvollen Bildanalyseaufgaben ist oft spezielles Wissen auf dem Gebiet der Bildverarbeitung und der Visualisierung zum Ausreizen aller Möglichkeiten bei den zur Verfügung stehenden Verfahren erforderlich. Derartige Experten sind jedoch nur selten in den Krankenhäusern anzutreffen.

Deshalb ist für einen breiteren Einsatz der medizinischen Bildverarbeitung in der Praxis die Schaffung von Kompetenzzentren zur computerunterstützten Bildauswertung unbedingt erforderlich. Nur in einer derartigen Umgebung kann die komplexe Bedienung von anspruchsvoller Bildanalysesoftware korrekt gewährleistet werden. Hier ist dann eine spezielle

Schulung für die in diesem Bereich tätigen Mediziner und ein intensiver Austausch über die Erfahrungen beim Einsatz der unterschiedlichen Bildanalysemethoden möglich.

Ein weiteres Problem in diesem Zusammenhang ist derzeit außerdem, dass es eine sehr große Anzahl von Bildanalysealgorithmen gibt, die zur Lösung von Aufgabenstellungen in der Medizin verwendet werden können. Bisher fehlt jedoch noch eine geeignete Systematik, die es ermöglicht, sehr leicht die, für ein spezielles Problem, adäquate Methode auszuwählen. In diesem Zusammenhang soll auch die vorliegende Arbeit, in der ein Versuch einer Kategorisierung der unterschiedlichen Methoden vorgenommen wurde, einen Beitrag zur Verbesserung der bisher in der Praxis üblichen Herangehensweise leisten. Deshalb sollen im nächsten Abschnitt auch Empfehlungen für die Auswahl von Segmentierungsverfahren, die aus den vielen Beispielen in dieser Arbeit abgeleitet wurden, gegeben werden.

10.2 Empfehlungen für die Auswahl von Segmentierungsverfahren

Bei der Nutzung von Segmentierungsverfahren zur Detektion von Strukturen in medizinischen Datensätzen besteht das Ziel darin, den Menschen von der aufwendigen manuellen Markierung zu entlasten oder ihn wenigstens bei dieser Arbeit zu unterstützen. Im Ergebnis soll die Auswertung der Bilddaten außerdem objektiver und besser reproduzierbar werden.

Wenn man sich unter diesen Gesichtspunkten noch einmal die Vorgehensweise des Menschen bei der Bildanalyse ins Gedächtnis ruft, so war dabei festgestellt worden, dass das menschliche Sehen vor allem auf der Wahrnehmung von Hell-Dunkel- bzw. Farbkontrasten und in höheren Stufen der menschlichen Signalverarbeitung auf der Wahrnehmung von Konturen beruht. Die Differenzierung von Strukturen anhand von Leuchtdichtewerten wird in dem menschlichen Wahrnehmungsprozess weniger ausgenutzt. Weiterhin stützt sich das menschliche Sehen auch auf das Erkennen von Bereichen gleicher Frequenz und Orientierung im Bild. Somit ist neben dem Grauwert auch die Texturinformation ein bedeutendes Detail für die vom Menschen vorgenommene Segmentierung in Bildern. Dieser Komplexität der Informationsverarbeitung muss bei der Auswertung der Bilddaten mit Mitteln der Bildverarbeitung auch Rechnung getragen werden. Die alleinige Nutzung von Verfahren, die nur auf einer Art von Modellwissen beruhen, scheint demzufolge für die meisten Anwendungen in der medizinischen Bildverarbeitung nicht erfolgversprechend.

Schließlich beruht die menschliche Bildsegmentierung neben der Wahrnehmung der Bildinformationen auch auf solchen Faktoren wie der Erfahrung, der Erwartung und dem Wissen um bestimmte Zusammenhänge. Gerade diese Einflussfaktoren sind nur schwer in Bildanalysesoftware zu integrieren. Wenn man möglichst allgemeine Verfahren entwickeln will, kann dies zumeist nur durch eine interaktive Eingabe von Wissen von Seiten des Benutzers erreicht werden.

Ein weiteres Problem bei der Bildauswertung ist gleichfalls die Unvollständigkeit der Daten über einen Bildpunkt. So liegt zumeist für jeden zu segmentierenden Pixel nur ein Grauwert bzw. Farbwert vor, der genau eine physikalische Eigenschaft des im Bild dargestellten Gewebes charakterisiert. In der Realität besitzen die zu segmentierenden Strukturen jedoch wesentlich mehr Eigenschaften. Deshalb ist eine alleinige Betrachtung einer Eigenschaft eines Pixels im Allgemeinen auch wenig erfolgversprechend. Segmentierungsverfahren die mehrere Informationen gleichzeitig auswerten und dabei auch die Eigenschaften von Pixeln in der näheren Umgebung berücksichtigen, erscheinen zur Lösung komplizierterer Fragestellungen geeigneter zu sein.

Eine mögliche Strategie bei der Verfahrensauswahl könnte deshalb darauf beruhen, Verfahren einzusetzen, die komplexeres Modellwissen ausnutzen und möglichst viele verschiedene Informationen auswerten. Schließlich ist auch eine Kopplung von verschiedenen Bildanalysemethoden, die unterschiedliche Eigenschaften des Bildes berücksichtigen, günstig, wobei zur Ableitung des Segmentierungsergebnisses nach der optimalen Lösung zwischen den unterschiedlichen Vorgehensweisen gesucht werden muss. In Anlehnung an die menschliche Vorgehensweise ist bei komplizierten Fragestellungen eine Lösung in verschiedenen Hierarchiestufen empfehlenswert.

Wenn man unter dem Gesichtspunkt der Verfahrensauswahl die bisher im Rahmen der medizinischen Bildverarbeitung häufig eingesetzten Segmentierungsansätze betrachtet, kann man einige wesentliche Unterschiede feststellen. So wird von den einzelnen Verfahren unterschiedlich komplexes Modellwissen genutzt. Außerdem ist bei einigen Methoden unbedingt eine Nutzerinteraktion erforderlich, wohingegen bei anderen Ansätzen das genutzte Modellwissen vollständig in den Algorithmus integriert werden kann. In Tabelle 10.1 wurde als Zusammenfassung der Analyse der Segmentierungsansätze von Kapitel 7 eine entsprechende Klassifikation für die wichtigsten in der medizinischen Bildverarbeitung eingesetzten Grundalgorithmen vorgenommen.

Tabelle 10.1: Einteilung der, in der medizinischen Bildanalyse häufig verwendeten Segmentierungsverfahren nach der Art des verwendeten Modellwissens

<i>Verfahren</i>	<i>Information</i>	<i>Unbedingt notwendige Interaktion</i>	<i>Typische Segmentierungsanwendungen</i>
<i>Kein Modellwissen im Algorithmus</i>			
Manuelle Markierung	alle visuell nutzbare Information, Erfahrung und Wissen des Benutzers	Position und konkrete Gestalt	Seltene Fragestellungen, Präsentationen
<i>Modellwissen über die Bildaufnahme</i>			
Schwellenwertverfahren	hauptsächlich Grauwertinformation	Keine	Knochen und Lunge im CT
Region growing	hauptsächlich Grauwertinformation	Position	Bronchialbaum im CT, Ventrikelsystem im MRT
Split-and-Merge	hauptsächlich Grauwertinformation	Keine	Merging als Nachverarbeitung bei vorliegender Übersegmentierung
Diffusion	Grauwertinformation, Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten	Keine	Vorverarbeitung zur Rauschreduktion, z.B. bei US- und SPECT-Daten
Klassifikation und Clusteranalyse	Grauwertinformation, Texturinformation	Keine	Gewebedifferenzierung, z.B. im MRT des Gehirns Differenzierung von Tumoren

Markov Random Fields	Grauwertinformation, Texturinformation	Keine	Gewebedifferenzierung im MRT des Gehirns, Tumore in Mammographien
Wasserscheiden-transformation	Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten, Grauwertinformation	teilweise Position (markerbasierte WT)	Zellen in Mikroskopbildern, Gewebedifferenzierung im MRT des Gehirns, Lunge im CT
Kantenfilter	Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten	Keine	Zellen in Mikroskopbildern
<i>Modellannahmen über die Bildaufnahme, Wissen über durchgehenden Verlauf der Struktur-grenze</i>			
Kantenerkennung mit dynamischer Programmierung	Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten	Position	Knochen im CT, Strukturen des Gehirns im CT und MRT, Leber im CT und MR
<i>Modellwissen über die Bildaufnahme, über durchgehenden Verlauf der Struktur-grenze und über die Gestalt der Struktur</i>			
Deformierbare Modelle	Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten, teilweise Grauwertinformation	Position, Gestalt	Linker Ventrikel in Echokardiogrammen, Gefäße in Angiographien und US-Bildern
Hough-Transformation	Information über die Abgrenzbarkeit von Objekten	keine	Gelenke im CT und MRT, optischer Fleck in retinalen Bildern, Zellen in Mikroskopbildern

Betrachtet man die typischen Segmentierungsanwendungen der einzelnen Verfahren, so kann man erkennen, dass eine manuelle Markierung nur für seltene Fragestellungen sinnvoll einsetzbar ist. Sehr einfache Verfahren, die ausschließlich Modellwissen aus der Bildaufnahme auswerten und sich dabei auch nur auf eine einzige genutzte Information stützen, können für einfache, gut abgrenzbare Segmentierungsaufgaben genutzt werden. Dies ist z.B. bei der Segmentierung mit dem Schwellenwert-Verfahren, beim Region growing oder beim Einsatz von Kantenfiltern der Fall.

Verfahren, die gleichfalls nur eine Art von Modellwissen benutzen, sich hierbei aber auch auf die Information größerer Nachbarschaftszusammenhänge stützen, wie z.B. die Diffusion, die Markov Random Fields oder das Split-and-Merge-Verfahren, werden eher begleitend eingesetzt. Mit ihnen wird entweder im Rahmen der Bildvorverarbeitung eine Verbesserung der Datenqualität ermöglicht oder sie werden im Zuge einer Nachverarbeitung zur Beseitigung von Übersegmentierungen verwendet.

Klassifikationsansätze liefern meist dann ein gutes Ergebnis, wenn die zur Charakterisierung der Strukturen genutzten Merkmale möglich voneinander unabhängig sind. Sie werden deshalb vor allem zur Lösung einfacher Segmentierungsprobleme in MR-Bildern eingesetzt.

Im Gegensatz dazu lassen sich Verfahren, die umfangreicheres Modellwissen anwenden, auch für kompliziertere Fragestellungen einsetzen. Dies zeigt sich z.B. bei den Einsatzgebiete-

ten deformierbarer Modelle. Teilweise sind sie jedoch auch, wie z.B. die Hough-Transformation, nur für ein sehr eingeschränktes Einsatzgebiet nutzbar.

Will man also ein Verfahren für eine bestimmte Aufgabenstellung auswählen, so sollte man sich folgende Fragen unbedingt vorher stellen:

- Wie häufig ist das entsprechende Problem zu lösen?
- Wie hoch sind die Anforderungen an die Qualität der Ergebnisse?
- Welche Art von Modellwissen lässt sich sicher aus der Aufgabenstellung und aus dem Bildmaterial ableiten und kann dann bei der Segmentierung genutzt werden?
- Auf welche Art und Weise kann es zur Verfügung gestellt werden?
- Welche signifikanten Informationen können zur Lösung der Aufgabenstellung ausgewertet werden?
- Wie hoch darf der Berechnungsaufwand sein?

Wenn ein Entwickler diese Fragestellungen anfangs bedenkt und das im Vorfeld gesagte beachtet, wird er am ehesten zu einer möglichst optimalen Segmentierungslösung für sein Problem kommen.

10.3 Vorschlag einer dreistufigen Bewertungsstrategie

Gegenwärtig werden in der medizinischen Praxis hauptsächlich ROC-Analysen zur Bewertung der Brauchbarkeit eines Verfahrens eingesetzt. Diese sind jedoch sehr aufwendig und benötigen einen großen Zeitbedarf. Da die Ärzte im Allgemeinen jedoch nur wenig Zeit für derartige Analysen aufwenden können und es noch schwieriger ist, gleich mehrere Ärzte zu einer manuellen Vergleichsauswertung zu motivieren, werden diese ROC-Untersuchungen auch nur für ausgewählte Studien durchgeführt. Deshalb wird in diesem Abschnitt auch ein Evaluationsprozess vorgeschlagen, bei dem die Bewertung der Segmentierungsverfahren in verschiedene Stufen stattfindet. Diese Unterteilung wurde vorgesehen, um die zeitaufwendigen Bewertungsschritte nur mit den Verfahren durchführen zu müssen, bei denen eine erfolgreiche Segmentierung vorher absehbar ist. Dieses Vorgehen ermöglicht es, die Evaluierung in den gesamten Entwicklungsprozess von einem neuen Segmentierungsverfahren einzubinden. Das Schema wurde aus den Erfahrungen, die beim Testen der eigenen Entwicklungen entstanden sind, abgeleitet. Um die Anwendbarkeit zu untersuchen, wurde die vorgeschlagene Bewertungsstrategie anhand der Auswahl eines Verfahrens zur Segmentierung der Leber in 3D-CT-Datensätzen getestet.

Die Segmentierung kann, wie bereits in Abschnitt 2.2.3 dargelegt wurde, als Anwendung der abgeleiteten Modellinformation auf das Bild aufgefasst werden. Im ersten Schritt des in Abb. 10.1 dargestellten Ablaufschemas des vorgeschlagenen Bewertungsprozesses, bei dem über die generelle Brauchbarkeit des Segmentierungsansatzes entschieden wird, erfolgt die Segmentierung der interessierenden Objekte in ausgewählten repräsentativen Datensätzen. Anhand einer visuellen Bewertung des Segmentierungsergebnisses durch den Benutzer kann die Brauchbarkeit des gewählten Segmentierungsverfahrens eingeschätzt werden. Hierzu sind in der Praxis verschiedene Möglichkeiten denkbar. Diese erste visuelle Abschätzung kann z.B. bei 2D-Bildern anhand der Einblendung des segmentierten Objekts in das Originalbild erfolgen. Bei 3D-Datensätzen können z.B. zur Erlangung eines schnellen Überblicks über die Qualität der Segmentierung hybride Renderingverfahren eingesetzt werden.

10.3.1 Bewertung einer 3D-Segmentierung durch hybrides Rendering

Ziel des ersten Bewertungsschrittes soll es sein, sich schnell einen qualitativen Eindruck von der Güte des Segmentierungsergebnisses zu verschaffen. So soll festgestellt werden, ob die visuell wahrgenommenen Kanten mit den Grenzen des Segmentierungsergebnisses übereinstimmen, ob ein Auslaufen der Region in andere Bereiche stattgefunden hat und ob die Form und Größe des Objekts den Erwartungen entspricht. Um sich bei 3D-Datensätzen zur Erlangung dieser Aussagen nicht alle Schichten einzeln ansehen zu müssen, kann zu diesem Zweck ein hybrides Rendering genutzt werden. Dabei wird die Bildinformation mittels Volumenrendering und das Segmentierungsergebnis mittels Oberflächenrendering angezeigt. Dieser Ansatz funktioniert jedoch nur, wenn sich die Objekte sich aufgrund ihrer Grauwerte und eines ausreichenden Gradienten von ihrer Umgebung abgrenzen lassen. Ansonsten muss nach anderen geeigneteren Präsentationsformen gesucht werden. Die entsprechenden Visualisierungen können dann auch Ärzten als den zukünftigen Anwendern eines Verfahrens präsentiert werden. Auf der Grundlage der erzeugten hybriden Darstellung kann außerdem eine Diskussion möglicher Verbesserungsansätze für ein Segmentierungsverfahren erfolgen.

Die Wiedergabe der Bildinformation durch direkte Volumenvisualisierungsverfahren erlaubt es, Oberflächen darzustellen oder aber diese transparent zu machen, wodurch der Blick auf tiefer gelegene Strukturen freigegeben wird. Durch eine entsprechende Definition der Transferfunktion (siehe auch Abschnitt 7.1.2) können Teilstrukturen in ihrer Umgebung dargestellt werden. Bei der Festlegung der Transferfunktion kann ausgenutzt werden, dass sich die Strukturen in den am häufigsten genutzten medizinischen 3D-Bildgebungsverfahren (CT, MRT) durch annähernd homogene Grauwertbereiche charakterisieren lassen. Da sich die einzelnen Strukturen im Bild aber häufig nur durch wenige Grauwerte von ihrer Umgebung unterscheiden, ist eine rein interaktive Wahl der optimalen Transferfunktion, mit der die Strukturen sichtbar oder durchsichtig gemacht werden können, oft schwierig und sehr zeitaufwendig.

Zur Generierung der Transferfunktion kann z.B. der in [Hinz00] vorgeschlagene Algorithmus verwendet werden. Bei diesem wird ausgenutzt, dass die zur darzustellenden Struktur gehörigen Volumenelemente ein Homogenitätskriterium erfüllen und sich darüber auch von ihrer Umgebung abgrenzen lassen. Als Werte für die Einstellung der Intervallgrenzen bei der Transferfunktion zur Visualisierung der Struktur werden die untere und die obere Grenze des mittels adaptivem Region growing geschätzten Homogenitätskriteriums (Abschnitt 9.2) verwendet. Diese Vorgehensweise ist in Abb. 10.2 demonstriert. Im Gegensatz zum Einsatz des adaptiven Region growing Verfahrens zur Segmentierung wird jedoch bei der Nutzung des Algorithmus zur Ermittlung der Transferfunktion der Wachstumsprozess abgebrochen, wenn eine ausreichend große Anzahl von Voxeln zum Objekt gehört und sich die Schätzung nicht mehr signifikant verändert. Diese Intervallgrenzen können anschließend interaktiv während des Bewertungsschrittes variiert werden, um festzustellen, ob tatsächlich Segment- und Objektgrenzen übereinstimmen. Weiterhin ist zur Überprüfung der Übereinstimmung das Ein- und Ausblenden einer der beiden Darstellungen und deren Rotation möglich.

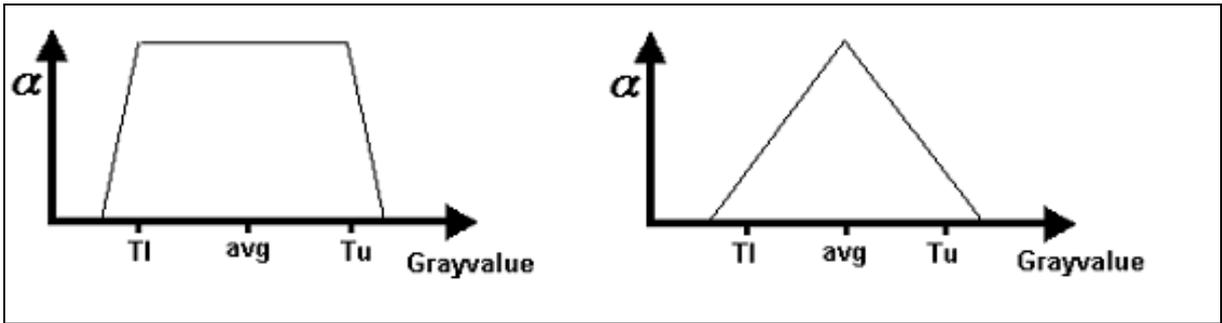


Abb. 10.2: Nutzung der ermittelten Grenzen und des mittleren Wertes vom Homogenitätskriterium beim Regionenwachstumsverfahren zur Einstellung der Intervallgrenzen bei der Transferfunktion, Darstellung aus [Hinz00]

Doch auch trotz des durch den Benutzer eingebrachten Wissens über die optimale Transferfunktion kann es vorkommen, dass benachbarte Organe mit ähnlichen Grauwerten das zu visualisierende Organ verdecken. In einem solchen Fall, wenn nur Teile des zu segmentierenden Organs in der Volumenvisualisierung sichtbar sind, ist eine visuelle Bewertung der Segmentierungsgüte nicht mehr vollständig möglich. Deshalb ist es zur visuellen Überprüfung des Segmentierungsergebnisses günstig, nur einen bestimmten interessierenden Bereich darzustellen, um so möglichst wenig störende Information im Bild zu haben. Der zu visualisierende Bereich sollte also neben der zu untersuchenden Struktur möglichst wenig Information aus der Umgebung enthalten.

Zur Auswahl des zu visualisierenden Bereichs kann z. B. die regionenorientierte Segmentierung mit der „Image Foresting Transformation“ (IFT) bei reduzierter Bildauflösung genutzt werden, die bereits im Abschnitt 9.3.1 erläutert wurde. In Abb. 10.3 ist ein Beispiel für einen extrahierten Bildausschnitt von einer Nierenregion in einem CT-Datensatz zu sehen, der außer der zu untersuchenden Niere nur wenig Information über benachbarte Strukturen enthält.

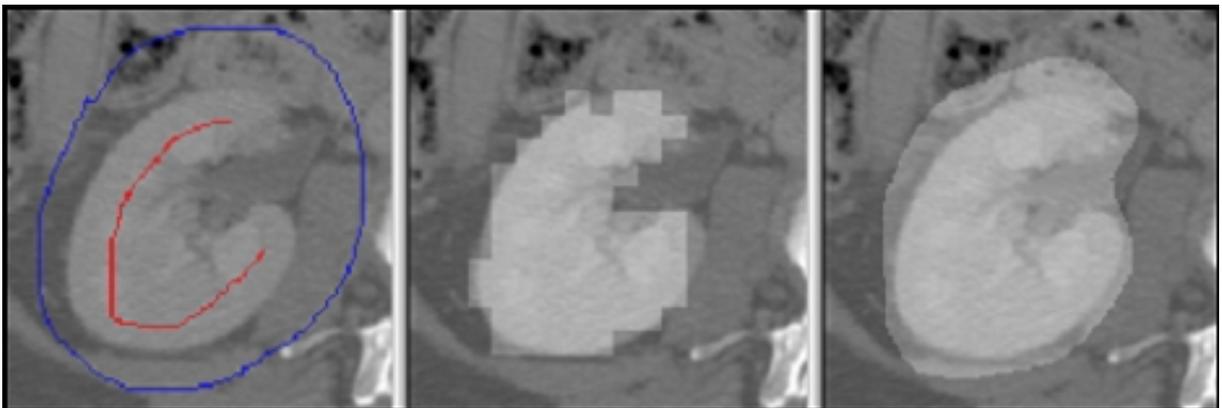


Abb. 10.3: Beispiel für die Auswahl eines zu visualisierenden Bereichs, der außer dem interessierenden Objekt nur wenig störende Information von benachbarten Objekten enthält, Links: manuelle Markierung in einer Schicht, Mitte: Ergebnis der Grobsegmentierung mit der IFT für die betrachtete Schicht, Rechts: extrahierte ROI in der betrachteten Schicht, Bilder aus [Pohl02c]

Die Einschätzung der Nutzbarkeit eines Segmentierungsverfahrens kann in der hybriden Anzeige anhand der Übereinstimmung der Grenzen in den beiden Darstellungen getroffen werden. Liegen diese dicht beieinander, so handelt es sich voraussichtlich um ein brauchbares Segmentierungsverfahren. Wird jedoch eine starke Abweichung der Objektgrenzen festge-

stellt, so kann darauf geschlossen werden, dass das zur Segmentierung verwendete Modellwissen nicht ausreicht bzw. die tatsächlichen Gegebenheiten nicht in allen Punkten richtig wiedergespiegelt werden. In Abb. 10.4 ist die Einschätzung der Segmentierungsqualität für eine Untersegmentierung, eine korrekte Segmentierung und eine Übersegmentierung am Beispiel der Segmentierung des linken Ventrikels in 4D-dSPECT-Daten dargestellt. In diesem Beispiel wurde für die Visualisierung des Segmentierungsergebnisses eine Wireframe-Darstellung ausgewählt. Bei dieser Art der Darstellung können sehr gut korrekte Segmentierungen und Übersegmentierungen wahrgenommen werden, da durch die Verdeckung an nur wenigen Stellen neben der Oberflächendarstellung auch die Volumenvisualisierung sichtbar bleibt.

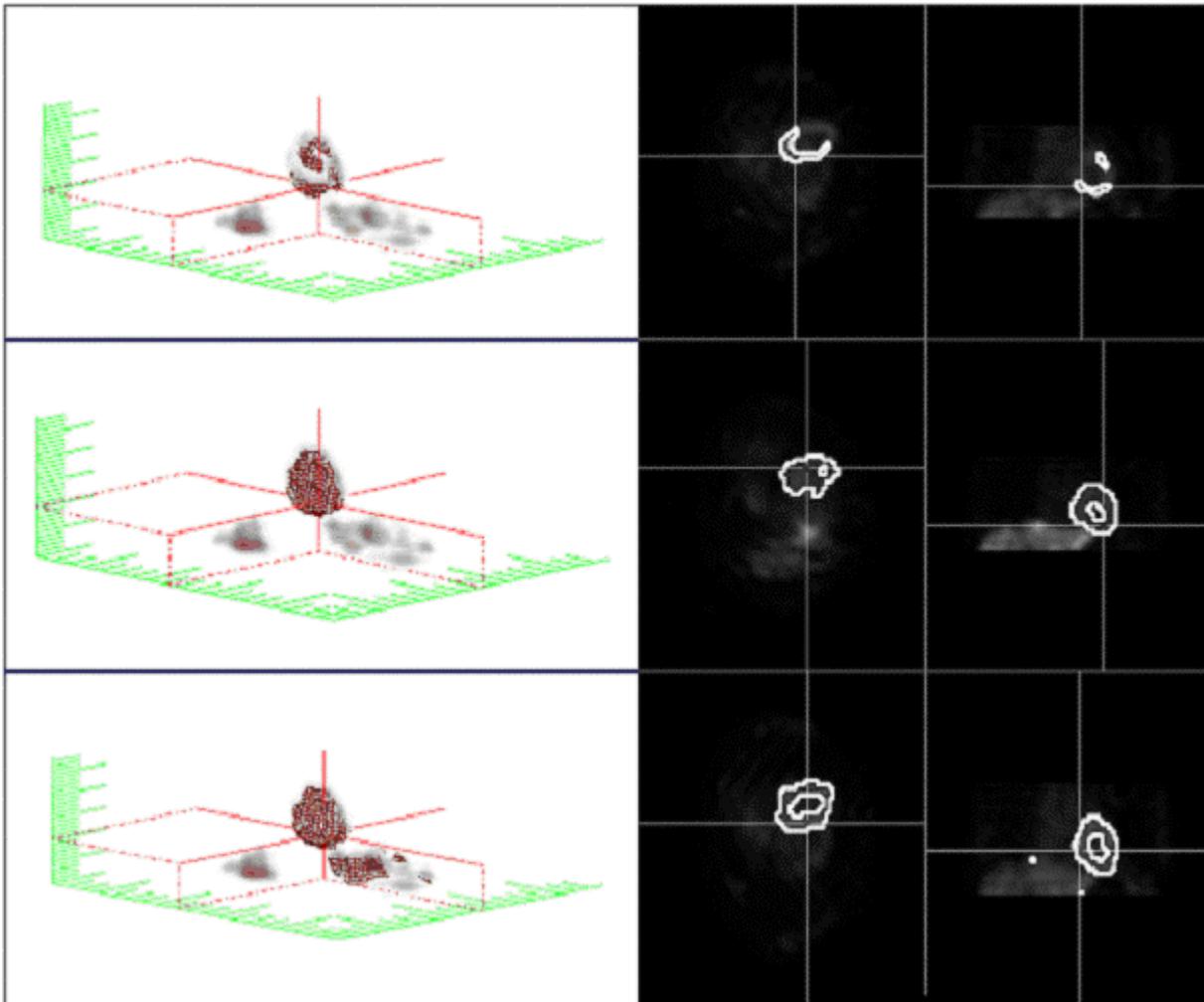


Abb. 10.4: Bewertungsmöglichkeiten für die Qualität der Segmentierungsergebnisse mittels hybridem Renderingverfahren. Die Darstellung des Segmentierungsergebnisses erfolgte in diesem Fall als Wireframe-Modell. Oben: Beispiel für eine Untersegmentierung, Mitte: Anzeige für ein korrektes Segmentierungsergebnis, unten: Visualisierung einer Übersegmentierung, Bilder aus [Hinz03]

In Abb. 10.5 wird das hybride Rendering für zwei weitere Beispiele gezeigt, bei denen die Segmentierung nicht alle zum Objekt gehörenden Bereiche korrekt erfasst hat. In diesem Fall ist das Segmentierungsergebnis als beleuchtete Oberfläche dargestellt, die der Volumenvisualisierung überlagert wurde. Durch diese Art der Darstellung lassen sich vor allem Untersegmentierungen besser wahrnehmen.

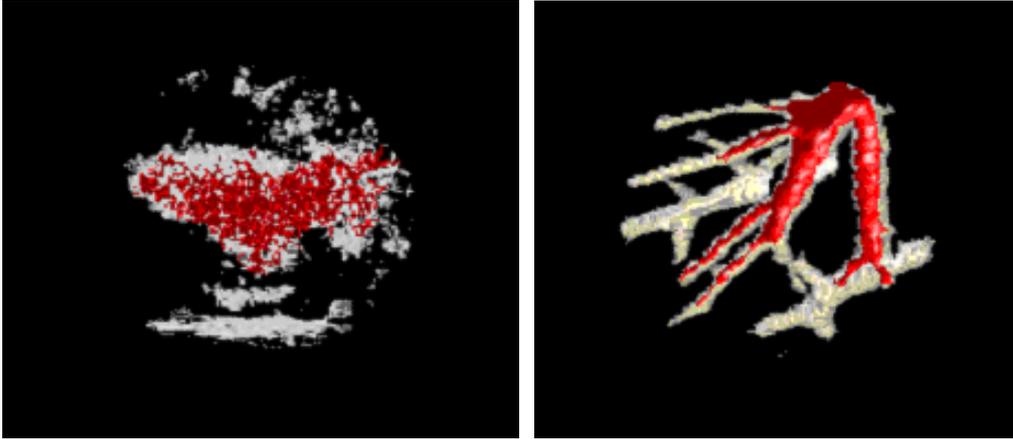


Abb. 10.5: Hybrides Rendering zur Einschätzung der Ergebnisqualität bei der Segmentierung eines Lebertumors und eines Blutgefäßes in der Lunge. In beiden Fällen erfolgte eine Untersegmentierung und die gesuchten Objekte wurden zu klein detektiert. Die Segmentierungsergebnisse wurden als beleuchtete Oberfläche dargestellt, damit die Abweichungen zu den tatsächlichen Strukturgrenzen gut sichtbar werden. Bilder aus [Hinz02]

Eine letzte Abbildung (Abb. 10.6) zeigt die hybride Darstellung für das Beispielbild von Abb. 10.3. Neben dem gesamten Objekt können zur Analyse von Segmentierungsfehlern auch kleine Bereiche separat betrachtet werden, wobei bei der Volumenvisualisierung entweder die Gradienten oder die Grauwerte genutzt werden können. In der Visualisierung durch alleinige Nutzung der Grauwerte ist das Auslaufen der Segmentierung im Bereich des Blutgefäßes gut sichtbar. Genauere Details zu den genutzten hybriden Rendering-Methoden sind in [Hinz02] und [Hinz03] zu finden.

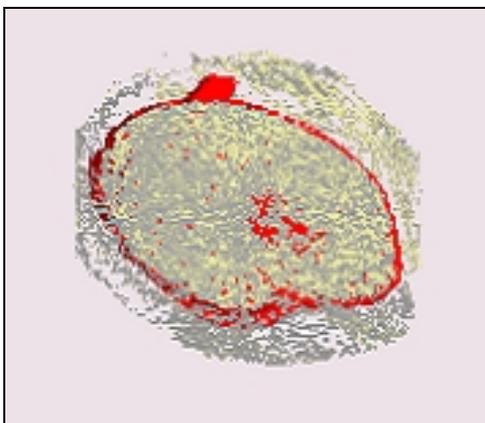


Abb. 10.6: Grobevaluation der Qualität von Segmentierungsmethoden mit hybridem Rendering. Das Auslaufen der Segmentierung im Bereich des Blutgefäßes ist hierbei sehr gut wahrnehmbar. Bild aus [Pohle02]

10.3.2 Durchführung der Stabilitätstests

Die zweite Evaluationsstufe soll nicht der Ermittlung der Korrektheit der Ergebnisse, sondern der Ermittlung der Zuverlässigkeit eines Verfahrens dienen. Gerade in der medizinischen Anwendung, wo häufig nur eine geringere Anzahl von Bildern zur Testung eines Verfahrens zur Verfügung steht, ist es wichtig, abschätzen zu können, wie stabil die erzielten Resultate gegenüber kleineren Abweichungen im Bildmaterial sind. Zu diesem Zweck kann die Bootstrap-Methode, die schon in [Cho97] zur Evaluation von Kantendetektionstechniken benutzt wurde, eingesetzt werden. Die gewählte Vorgehensweise zur Erzeugung von Testbildserien soll im Folgenden kurz vorgestellt werden.

Einsatz des Bootstrap-Verfahrens zur Erzeugung von Variationen des Ausgangsbildes

Die Bootstrap-Technik ist eine nichtparametrische Schätztechnik und wurde von Efron [Efr93] als Möglichkeit eingeführt, die Zuverlässigkeit der Schätzung von Parametern der Schätzfunktion zu bestimmen, die auf Grundlage einer zufälligen Stichprobe durchgeführt wurde. Die einfachste Form nutzt das Plug-in-Prinzip. Hierbei werden anhand einer zufällig erfassten Stichprobe durch zufälliges Herausgreifen einzelner Werte beliebig viele sogenannte Bootstrap-Kopien erstellt. Aus dem Zusammenhang zwischen den Schätzparametern der zufällig erfassten Stichprobe und den Bootstrap-Kopien wird durch Ausnutzung des Korrespondenzaspekts auf den Zusammenhang zwischen den realen Parametern und den aus der zufälligen Stichprobe abgeleiteten Schätzparametern geschlossen.

Im Rahmen der Bewertung der Stabilität eines Segmentierungsverfahrens werden aus den Eingabedaten mittels des Prinzips des zufälligen Herausgreifens von Stichprobenelementen beliebig viele ähnlich aussehende Realisierungen abgeleitet. Aus der Schwankung der Ergebnisse der Segmentierung in den neu erzeugten Bildern kann dann auf die Zuverlässigkeit der Segmentierung für den realen Anwendungsfall geschlossen werden. Da die erzeugten Bootstrap-Kopien der Bilder eine größere Ähnlichkeit zu den realen Daten aufweisen, ist auch eine größere Sicherheit hinsichtlich der Übertragbarkeit der erzielten Ergebnisse auf die reale Anwendung zu erwarten.

Die Erzeugung der Bootstrap-Bilder erfolgt durch Schätzung der zur Segmentierung verwendeten Modellparameter. Je nach Art der Untersuchung und des eingesetzten Modellwissens im Segmentierungsverfahren können entweder neue Bilder mit dem zu segmentierenden Objekt erzeugt werden oder nur Bilder von kritischen Teilregionen, bei denen ein Versagen des Segmentierungsverfahrens möglich wäre. Bei Regionenwachstumsverfahren wären dies z.B. Regionengrenzen, die einen geringen Kontrast aufweisen, um die Wahrscheinlichkeit des Auslaufens der Region zu untersuchen.

Im Folgenden soll die Ableitung von Bootstrap-Kopien für zwei häufig in der medizinischen Bildverarbeitung genutzte Modellannahmen beschrieben werden. Im ersten Fall werden Bilder erzeugt, die für die Untersuchung von regionenorientierten Segmentierungsverfahren, welche Modelle der Bildaufnahme nutzen, geeignet sind. Modellparameter, die bei diesen Verfahren geschätzt werden, sind z. B. der mittlere Grauwert und die Streuung der Grauwerte innerhalb einer Region. Sie beeinflussen das Ergebnis des Algorithmus wesentlich. Die Anordnung der Pixel in homogenen Regionen hat hingegen bei ungestörten Bildern keinen Einfluss. Ausgehend von diesen Erkenntnissen wurde eine Strategie zur Erzeugung neuer Variationen des Ausgangsbildes entwickelt.

Zur Vereinfachung der Umsetzung des Bilderzeugungsprozesses wird davon ausgegangen, dass zu Beginn eine Grobsegmentierung des Bildes in mindestens zwei Regionen vorliegt. Diesen Regionen werden nun neue Grauwerte zugeordnet. Dazu wird jeweils eine zufällige Anzahl von Pixeln an zufälligen Positionen der jeweiligen Region im Ausgangsbild erfasst. Anhand der Verteilung der Grauwerte dieser Pixel wird ein neuer mittlerer Grauwert und eine neue Streuung der Grauwerte für die jeweilige Region ermittelt (siehe Abb. 9.62). Ausgehend von diesen beiden Kennwerten werden so viele neue Grauwerte erzeugt, wie die jeweilige Region Pixel hat.

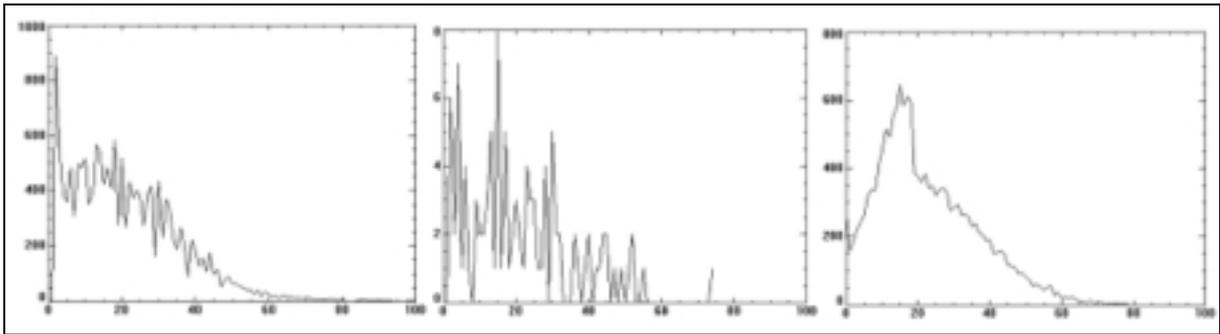


Abb. 10.7: Links: Verteilung der Grauwerte im Originalbild für die Hintergrundregion in Abb. 10.8, Mitte: Verteilung der Grauwerte bei zufälliger Auswahl einiger Pixel, Rechts: Erzeugte Bootstrap-Verteilung der Grauwerte, die genauso viele Elemente enthält, wie die Ausgangsverteilung, Bild aus [Pohl02c]

Da die in medizinischem Bildmaterial auftretenden Störungen, wie z.B. Bildrauschen, Rekonstruktionsartefakte und Partialvolumeneffekte in Schichtbildern oder Beugungsartefakte bei Ultraschallaufnahmen, sich nicht nur auf den Grauwert eines einzelnen Pixels auswirken, sondern vielmehr auch das Erscheinungsbild der jeweiligen Nachbarpixel mit beeinflussen, muss dieser Nachbarschaftszusammenhang auch im erzeugten Bild berücksichtigt werden. Um dies zu erreichen, erfolgte die Zuordnung der neuen Grauwerte zu einer Position bisher derart, dass der vormals hellste Pixel auch wieder den höchsten Wert der neuen Grauwerte erhält und der dunkelste schließlich auch wieder den niedrigsten. Dadurch konnte ein möglichst realistisches Erscheinungsbild, besonders auch im Kantenbereich, erreicht werden. Der Effekt dieser Zuordnungsweise, im Vergleich zur völlig zufälligen Zuordnung, ist in Abb. 10.8 zu sehen.

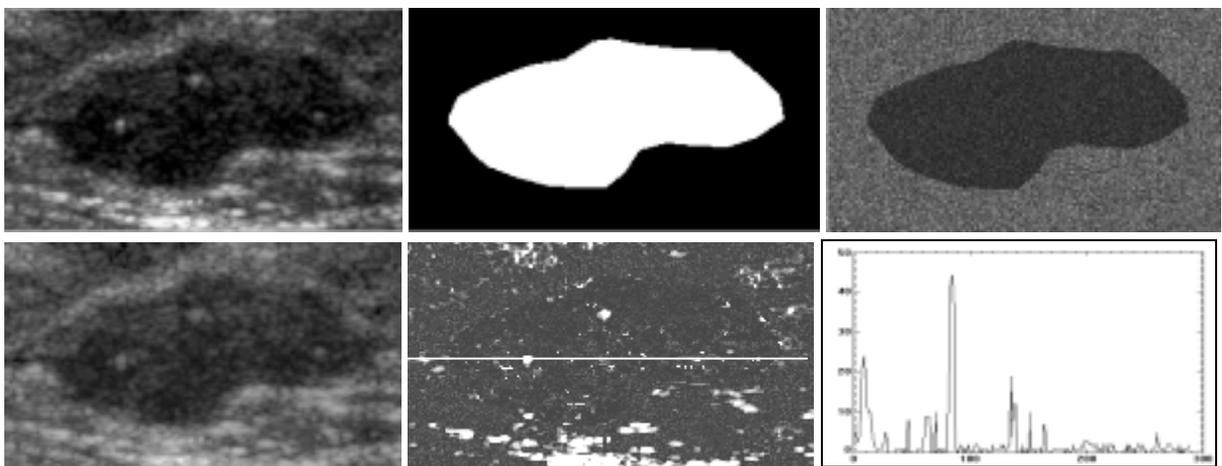


Abb. 10.8: Erzeugung einer Bootstrap-Kopie. Links oben: Originalultraschallbild von einem Brusttumor, Mitte oben: Labelbild zur Generierung der Bootstrap-Kopien, Rechts oben: erzeugte Bootstrap-Grauwertverteilung bei zufälliger Anordnung der Grauwerte, Links unten: Bootstrap-Verteilung mit Beachtung der vorgeschlagenen Zuordnungsvorschrift, Mitte unten: Differenzbild der beiden linken Bilder, Rechts unten: Grauwertprofil an der markierten Zeile, Bild aus [Pohl02c]

Als zweites Beispiel soll die Erzeugung von Bootstrap-Kopien für die Untersuchung von Segmentierungsverfahren betrachtet werden, die Modellannahmen über die Objektgestalt verwenden. Neben Grauwertparametern müssen in diesem Fall auch noch Gestaltparameter geschätzt werden. Um das ganze Vorgehen zu vereinfachen, wird wiederum von einem seg-

mentierten Beispielbild ausgegangen. In diesem Bild werden durch Konturverfolgung die Koordinaten der Objektkontur erfasst, aus denen dann mittels Fourier-Transformation die Fourier-Koeffizienten zur Beschreibung der Objektgestalt berechnet werden [Sonk93] können. Nur wenige dieser Koeffizienten, welche die tiefen Frequenzen beinhalten, werden zur Rücktransformation verwendet. Alle anderen Koeffizienten werden auf 0 gesetzt. Auf diese Art und Weise lässt sich die grobe Gestalt des Objekts (Abb. 10.9) beschreiben. Zur Erzeugung der Bootstrap-Varianten werden nun zufällige Bildpunkte der Objektkontur herausgegriffen. Von deren Koordinaten werden wiederum jeweils die Fourier-Koeffizienten abgeleitet. Zur Rücktransformation wird dann ein Vektor verwendet, der die gleiche Länge, wie bei Verwendung aller Konturpunkte, besitzt und die gleiche Anzahl von Koeffizienten für die tiefen Frequenzen nutzt. Die auf Grundlage dieser Vorgehensweise erzeugten Gestaltvarianten sind in Abb. 10.10 zu sehen. Die Erzeugung der Grauwerte für die Bootstrap-Kopien kann nun, wie bei der Schätzung der Modellparameter für die Bildaufnahme bereits beschrieben, vorgenommen werden. Ein Problem bereitet in diesem Zusammenhang noch die Generierung einer ähnlichen Textur wie in den Beispielbildern. Versuche, diese in einem iterativen Vorgang über eine Korrelation von Texturparametern, wie z.B. von Co-occurrence-Matrizen, zu erreichen, erwiesen sich bisher als nicht erfolgreich. Hier wäre zu untersuchen, ob mit den Methoden zur Textursynthese, wie sie in [Beut00] beschrieben wurden, ein besseres Ergebnis zu erreichen ist.

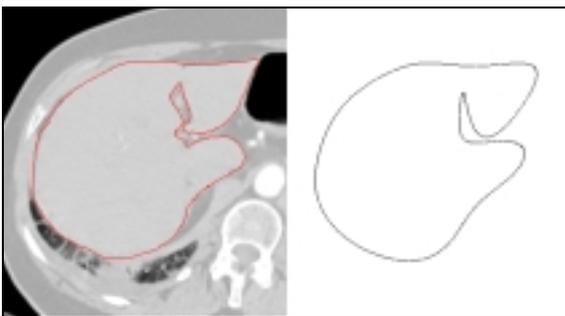


Abb. 10.9: Links: CT-Bild des Abdomens mit segmentierter Leber, Rechts: grobe Gestaltapproximation mittels Fourier-Koeffizienten, Bild aus [Pohl02c]

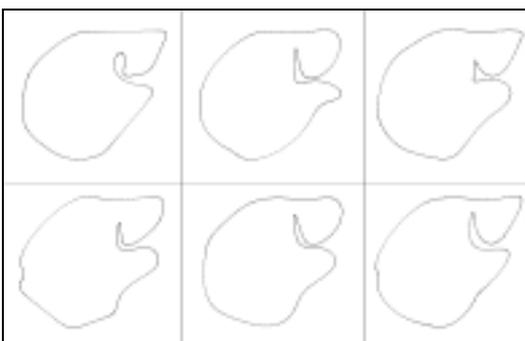


Abb. 10.10: Bootstrap-Kopien der Lebergestalt durch Nutzung von jeweils 10% der Konturinformation der Originalkontur, Bild aus [Pohl02c]

Auswertung der Segmentierung der Bootstrap-Bilder

Zur Untersuchung der Stabilität der Segmentierung werden bei dem vorgeschlagenen Ansatz von einer Region jeweils eine Vielzahl von Bootstrap-Variationen erzeugt. Diese werden anschließend mit dem zu untersuchenden Verfahren segmentiert. Von diesen Segmentierungsergebnissen kann dann für jeden Pixel der zu untersuchenden Region die Wahrscheinlichkeit p ermittelt werden, Teil der Region zu sein. In die Berechnung des Kennwertes für die Bewertung der Stabilität eines Verfahrens gehen nur solche Pixel ein, bei denen $0 < p < 1$ ist. Pixel mit $p=0$ bzw. $p=1$ gelten als stabil, da sie unabhängig von den jeweiligen Gegebenheiten in der Bootstrap-Kopie immer der gleichen Region zugeordnet werden. Die Maßzahl für die lokale

Stabilität p_s ergibt sich als die Summe der Wahrscheinlichkeit p eines Pixels, falsch zugeordnet worden zu sein, entsprechend der Vorschrift:

$$p_s = \begin{cases} p, & \text{für } 0 < p \leq 0.5 \\ p - 0.5, & \text{sonst} \end{cases} . \quad (10.1)$$

Die mittlere Stabilität p_a als die Summe der lokalen Stabilität für alle Pixel im Verhältnis zur Anzahl der Randpixel wird zur Bewertung und zum Vergleich von Segmentierungsverfahren genutzt. Je kleiner dieser Wert ist, desto besser ist die Stabilität einer Segmentierungsmethode bezüglich der Variation der betrachteten Modellinformation.

Weiterhin müssen im Zusammenhang mit den Stabilitätsbetrachtungen verschiedene Initialisierungen untersucht werden, wenn bei dem betrachteten Verfahren eine Nutzerinteraktion vorgesehen ist. Anhand der berechneten Werte für die Summenwahrscheinlichkeiten über alle Pixel erhält der Benutzer einen Eindruck davon, wie er die Modellinformation für eine optimale Segmentierung interaktiv einbringen muss.

10.3.3 Durchführung der Diskrepanzmessung

In der dritten Evaluationsstufe erfolgt schließlich die Bewertung der Qualität der Segmentierungsergebnisse quantitativ durch empirische Diskrepanzmethoden, die ausführlich in Abschnitt 8.1.2.3 vorgestellt wurden. Mit dieser Methode wird man zwar infolge des Fehlens einer objektiven Wahrheit über die tatsächlichen Organgrenzen keine wirkliche Berechnung des Segmentierungsfehlers erreichen, aber es kann eine Einschätzung gegeben werden, inwieweit das Ergebnis der Segmentierung mit einer manuellen Segmentierung übereinstimmt, die bisher in vielen Bereichen, wenn es um die Bestimmung der Organgrenzen geht, eine akzeptierte Methode für nachfolgende Behandlungsschritte ist. Günstig ist es, wenn mehrere manuelle Segmentierungen zugrunde gelegt werden können, da dann inter- und intra-individuelle Unterschiede bei der Bewertung des Bildmaterials keinen so großen Einfluss auf das Ergebnis haben.

Für den Vergleich der Qualität der Segmentierungsergebnisse können in Abhängigkeit von der jeweiligen medizinischen Fragestellung die im Abschnitt 8.2 beschriebenen Metriken benutzt werden.

Zur schnellen Identifizierung von Problembereichen bei 3D-Segmentierungen ist es auch möglich, die mittlere ermittelte Oberfläche der manuellen Segmentierung mittels Oberflächenrendering zu visualisieren und die festgestellte Abweichung des Segmentierungsergebnisses anschließend darauf farbcodiert darzustellen.

10.3.4 Test des vorgeschlagenen Bewertungsansatzes

Das vorgeschlagene dreistufige Bewertungsschema wurde in [Pohl02c] zum Vergleich zweier regionenorientierter Verfahren für den konkreten Fall der Segmentierung der Leber in CT-Daten untersucht. Beide Ansätze stützen sich dabei auf Modellwissen aus der Bildaufnahme und gehen von einer Ähnlichkeit der Grauwerte innerhalb der Leberregion aus. Das erste untersuchte Verfahren war das adaptive Regionenwachstum, welches in diesem Fall für eine 3D-Segmentierung erweitert wurde. Es wurde bereits in Abschnitt 9.2 ausführlich vorgestellt. Weiterhin wurde als zweiter Ansatz die Segmentierung mit der erweiterten IFT unter Nutzung von zwei verschiedenen Auflösungsstufen untersucht, die in Abschnitt 9.3.1 erläutert wurde.

Aufgrund der großen Schichtanzahl der CT-Datensätze von bis zu 120 Schichten erfolgte die Grobanalyse mittels hybridem Rendering anhand von vier Datensätzen. Hierbei zeigte sich, dass bei Anwendung des adaptiven Regionenwachstumsverfahrens ein Auslaufen der Region in andere Gebiete auftrat. Eine Fokussierung der Visualisierung auf diese Problembe- reiche ergab, dass es sich fast immer um Bereiche mit Partialvolumeneffekten handelte, bei denen nur ein sehr schwacher Gradient an der Objektgrenze auftrat. Bei der Segmentierung mittels erweiterter IFT konnte durch die Möglichkeit der manuellen Nachkorrektur hingegen eine gute Anpassung des Segmentierungsergebnisses an die durch Volumenrendering erzeugte Objektgestalt festgestellt werden. In Abb. 10.11 sind die der Bewertung zugrundegelegten Bilder eines Beispieldatensatzes zu sehen. Als Ergebnis der Grobanalyse zeigte sich, dass das adaptive Regionenwachstum ohne Einbringen weiteren Modellwissens zur 3D-Segmentierung der Leber in CT-Datensätzen nicht geeignet ist. Deshalb wurde es bei den weiteren Evaluati- onsschritten nicht mehr berücksichtigt.

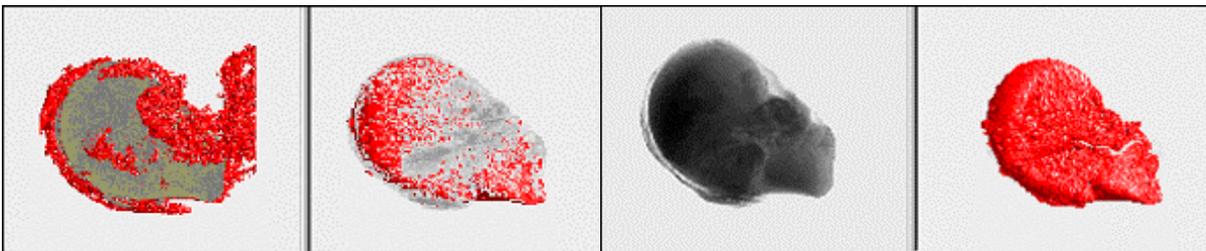


Abb. 10.11: von links nach rechts: Ergebnis für die Segmentierung mittels adaptiven Region growing. Hierbei ist deutlich das Auslaufen der Segmentierung in Bereiche, die nicht zur Leber dazugehören, zu erkennen. Ergebnis der Segmentierung bei Nutzung der erweiterten IFT in hybrider Darstellung, Ausblendung des Segmentierungsergebnisses der IFT-Segmentierung, Ausblendung der Volumendarstellung. Durch die Möglichkeit des Ein- und Ausblendens einer Darstellungsart und durch die Exploration der Daten durch Variation der Transferfunktion konnte die visuelle Korrektheit des Ergebnisses abgeschätzt werden.

Zur Untersuchung der Stabilität der Segmentierung mit der erweiterten IFT wurden mittels Bootstrap-Methode 25 Kopien einer kritischen Region erzeugt. Fünf Beispiele dieser Regionen sind in Abb. 10.12 zu sehen. Die unterschiedlichen Bilder variieren dabei im Grauwertkontrast an den Objektgrenzen und im Rauschanteil. Die Untersuchung wurde deshalb auf kritische Teilregionen begrenzt, da die verwendete Segmentierungsmethode direkt im Algorithmus nur Modellannahmen über die Bildaufnahme integriert hat. Das andere Modellwissen über die Gestalt des Objekts muss durch den Benutzer interaktiv eingebracht werden. Diese Einschränkung auf kritische Regionen wurde auch deshalb vorgenommen, weil Segmentierungsfehler hauptsächlich durch einen geringen Gradienten an der Objektgrenze hervorgerufen werden und auch die Segmentierung der ganzen Leber mit einem großen Zeitaufwand verbunden ist.

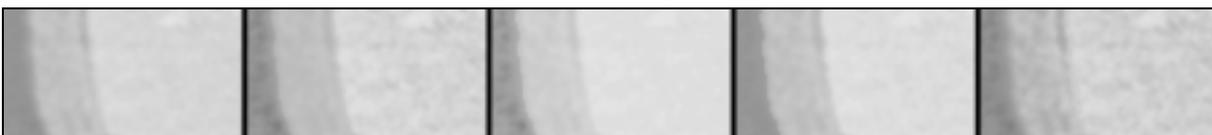


Abb. 10.12: Beispiele für die zur Evaluation genutzten Bootstrap-Kopien, Die einzelnen Kopien weisen aufgrund des zufälligen Herausgreifens von Pixeln zur Schätzung der Grauwertverteilungsfunktion eine leicht unterschiedliche Texturierung und eine variierende Kantenstärke auf.

Nach der Segmentierung aller erzeugten Kopien mit einer konstanten Markierung wurde die mittlere Stabilität p_a berechnet. Dieses Prozedere wurde für drei unterschiedliche Startmarkierungen wiederholt. Die sich ergebenden Werte für die lokale Stabilität eines Pixels p_s sind in Abb. 10.13 zu sehen. Die weiß dargestellten Pixel besitzen darin den Wert von 0.5. Das bedeutet, dass sie genauso oft als Hintergrund- wie als Leberpixel segmentiert wurden. Demzufolge ist ein Pixel je stabiler, je dunkler es dargestellt wurde. Aus den Bildern kann man entnehmen, dass die Anzahl der helleren Pixel und damit auch der Wert für die mittlere Stabilität p_a kleiner ist, wenn die Markierungen sich näher an den tatsächlichen Objektgrenzen befinden. So betrug der berechnete Wert für die mittlere Stabilität für die Segmentierung im linken Teilbild 4.3. Für das mittlere Teilbild wurde ein Wert von 3.5 ermittelt und für das rechte Teilbild ein Wert von 2.0. Der maximale Abstand zwischen den detektierten Grenzen in zwei unterschiedlichen Bootstrap-Kopien betrug 24 Pixel für das linke, 19 Pixel für das mittlere und 12 Pixel für das rechte Bild. Eine noch weiter entfernte Markierung hatte keinen deutlichen Effekt auf das erzielte Ergebnis.

Aus dieser Tatsache kann man schlussfolgern, dass es bei der Segmentierung mittels erweiterter IFT besser ist, die Markierungen bei kritischen Regionen in die Nähe der Kanten zu setzen. Wenn der Nutzer diese Tatsache berücksichtigt, dann verringert sich für ihn der Aufwand, da er weniger spätere Korrekturen am Ergebnis vornehmen muss. Ansonsten muss er mit einer Schwankung zwischen den segmentierten Grenzen von maximal 24 Pixeln rechnen.

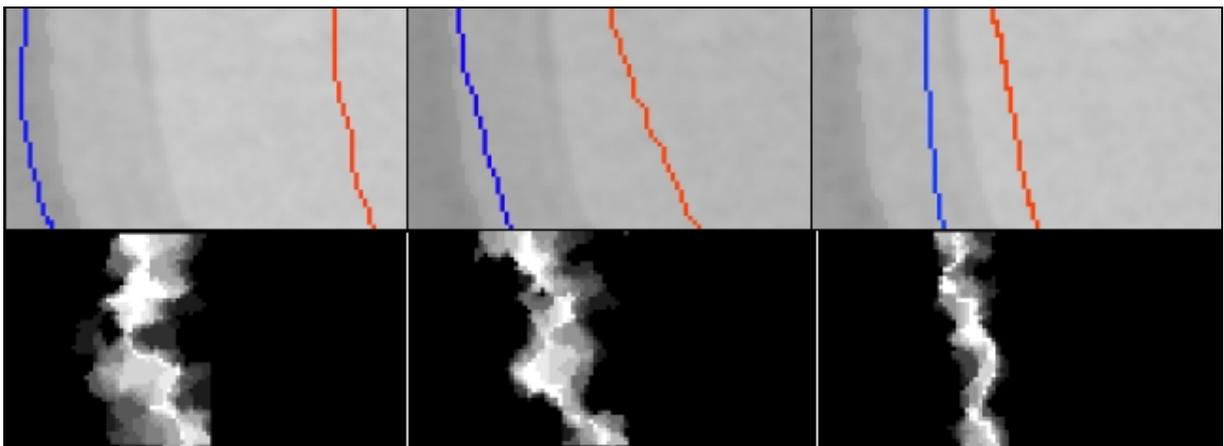


Abb. 10.13: oben: Bootstrap-Kopien mit den eingegebenen Markierungen, unten: das entsprechende Ergebnis der lokalen Stabilitätsberechnung p_s für jeden eingegebenen Pixel. Je heller ein Pixel in der Darstellung ist, desto größer war die ermittelte Wahrscheinlichkeit dieses Pixels in den betrachteten 25 Bootstrap-Kopien unterschiedlich zugeordnet worden zu sein.

Die Untersuchung der Korrektheit der Segmentierung im dritten Evaluationsschritt wurde anhand von vier Datensätzen überprüft, für die eine manuelle Segmentierung durch einen Arzt vorlag. Ein Teil der Ergebnisse des durchgeführten Vergleichs mit der manuellen Segmentierung wurde bereits im Abschnitt 9.3.1.2 angegebenen. Weitere ermittelte Diskrepanzgrößen sind in [Pohl02c] zu finden. Da es sich jedoch bei dem betrachteten Verfahren um einen Segmentierungsansatz handelt, bei dem eine nachträgliche Korrektur der Ergebnisse durch das Einbringen von Markierungen von Seiten des Benutzers vorgenommen werden kann, ist dieser Teil der Untersuchungen in diesem konkreten Fall nicht so hilfreich.

10.3.5 Fazit

In dem dargelegten Beispiel erwies es sich als nützlich, dass die Evaluation in unterschiedlichen Stufen durchgeführt wurde. So konnten die Schwachpunkte der einzelnen Verfahren für die gewählte Aufgabenstellung sehr schnell sichtbar gemacht werden. Dadurch musste die aufwendige Bewertung der Korrektheit einer Segmentierung nur für das Verfahren durchgeführt werden, bei dem ein brauchbares Ergebnis zu erwarten war.

Weiterhin wurde im Zusammenhang bei der Testung des vorgeschlagenen Evaluationschemas festgestellt, dass die erste Evaluationsstufe nur für solche Bilddaten und Objekte möglich ist, bei denen ausreichend starke Gradienten an den Objektgrenzen vorhanden sind, um eine Visualisierung des Volumens mittels Volumen-Rendering zu erzeugen. Bei dem zweiten Evaluationsschritt muss überlegt werden, welche Modellinformation im Segmentierungsalgorithmus genutzt wird und welche Annahmen zusätzlich einen Einfluss auf die Segmentierung haben könnten. Diese Gedanken sind notwendig, um zu entscheiden, welche Stabilitätstests im jeweiligen Anwendungsfall ausgeführt werden müssen. Auch die Auswahl der genutzten Metriken in der dritten Evaluationsstufe sollte durch die medizinische Problemstellung und durch das verwendete Segmentierungsverfahren begründbar sein.

Bei Segmentierungsverfahren, die eine Interaktion mit dem Benutzer beinhalten, ist eine mehrfache Durchführung der Tests erforderlich, um so auch die Variation der Ergebnisse in Abhängigkeit von der Benutzereingabe erfassen und bewerten zu können.

11 Zusammenfassung

In den letzten Jahren hat der Einsatz und auch die Bedeutung der medizinischen Bildanalysemethoden stetig zugenommen. Trotz dieser wahrnehmbaren Entwicklungen existieren jedoch auch noch eine Vielzahl von Defiziten in diesem Bereich. Deshalb war es ein Ziel dieser Arbeit, den inzwischen erreichten Stand und die auftretenden Probleme genauer zu analysieren. Da sich jedoch die computergestützte Bildauswertung in der Medizin nicht generell von der allgemeinen Bildauswertung unterscheidet, wurde zu Beginn dieser allgemeine Bildanalyseprozess etwas genauer betrachtet. Denn nur wenn man versteht, wie der Mensch bei der Extraktion von Informationen aus Bilddaten vorgeht, wird man auch in der Lage sein, diesen Prozess in vereinfachter Art und Weise mittels Algorithmen auf dem Computer nachbilden zu können.

Ausgehend von diesem allgemeinen Bildanalyseprozess wurden im folgenden die Besonderheiten des medizinischen Bildanalyseprozesses herausgearbeitet. So werden hier sehr häufig problemspezifische Ansätze zur Segmentierung verwendet. In vielen Fällen ist außerdem die Nutzung von zusätzlichem Modellwissen erforderlich, um eine Segmentierung vornehmen zu können. Um die einzelnen Einflüsse auf das Segmentierungsergebnis besser verstehen zu können, wurden die einzelnen Komponenten, die im Bildanalyseprozess wirken, jeweils gezielt betrachtet.

So wurden zuerst die einzelnen Aufgaben und Ziele im Bereich der medizinischen Bildanalyse genauer untersucht. Die genutzten Verfahren unterscheiden sich dabei wesentlich in Abhängigkeit von der Aufgabenstellung. Während z.B. bei der Segmentierung eines Organs zu reinen Präsentationszwecken nicht so hohe Genauigkeitsanforderungen bestehen, ist beim Einsatz von Segmentierungsalgorithmen im Rahmen z.B. der computerunterstützten Operationsplanung die Garantie einer bestimmten Mindestgüte des Ergebnisses unerlässlich.

Da die Entwicklung von Verfahren der medizinischen Bildanalyse in einem großen Umfang von der Qualität der Bilddaten beeinflusst wird, wurden wesentliche Aspekte der medizinischen Bildgebung in einem nächsten Schritt betrachtet. Dies ist vor allem deswegen wichtig, weil der Entwickler von Bildanalysemethoden die zu erwartende Qualität der Bilder kennen muss. Nur wenn er alle möglichen im Bildmaterial vorkommenden Artefakte und Störungen kennt, kann er diese bei der Entwicklung oder Anpassung eines Segmentierungsverfahrens berücksichtigen.

Bei der Betrachtung des Bildanalyseprozesses wurde festgestellt, dass dabei immer eine Informationsreduktion ausgehend von allen in den Bilddaten enthaltenen Informationen hin zu den für die Problemlösung relevanten Informationen erfolgt. Deshalb wurden in der Arbeit die Arten von Informationen betrachtet, die im Verlauf der Bildanalyse ausgewertet werden können. Diese ließen sich in drei große Kategorien unterteilen: die Meta-Informationen, die Informationen über die Qualität des Abbildungsprozesses und die Informationen über die Abgrenzbarkeit von Objekten.

Weiterhin werden zur Detektion von Objekten in medizinischen Bilddaten Modellannahmen genutzt. Diese eingesetzten Modelle stellen eine Abstraktion von spezifischen Eigenschaften der gesuchten Strukturen im Bild und von Annahmen, die aus der Aufgabenstellung abgeleitet werden können, dar. Da das in einem Segmentierungsverfahren genutzte Modellwissen wesentlich den Erfolg bei der Lösung einer Segmentierungsaufgabe beeinflusst, wurde es im Rahmen dieser Arbeit genauer analysiert. So wurden zum einen die Anforderungen formuliert, die an derartiges Modellwissen gestellt werden. Zum anderen wurde der Versuch einer Kategorisierung dieses Modellwissens vorgenommen. Es wurde in vier große Gruppen

unterteilt: in topologische und geometrische Modelle, Kohärenzmodelle sowohl in zeitlicher als auch räumlicher Dimension und in Modelle, die auf Annahmen bei der Bildaufnahme beruhen.

Der eigentliche Prozess der medizinischen Bildanalyse besteht in der Anwendung der Modellinformation auf das Bild, wobei jedoch in der Realität ein Matching zwischen dem extrahierten Modell und den abgeleiteten Bildinformationen stattfindet. Somit lassen sich die in der medizinischen Bildanalyse eingesetzten Segmentierungsverfahren auch entsprechend der verwendeten und in den jeweiligen Algorithmus integrierten Modellannahmen klassifizieren. Diese Sichtweise wurde auch bei der Analyse der in der Praxis häufig genutzten Segmentierungsansätze verfolgt. Die in dieser Arbeit vorgenommene Fokussierung der Betrachtung von Segmentierungsmethoden auf das genutzte Modellwissen ermöglicht es einem Benutzer sehr viel leichter zu erkennen, warum ein von ihm entwickeltes Verfahren eventuell nicht die gewünschte Qualität der Ergebnisse ermöglicht.

Da die Evaluation der Ergebnisse gerade im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung in den letzten Jahren immer mehr an Bedeutung gewonnen hat, werden in der Arbeit die allgemein zur Evaluation in der Literatur beschriebenen Methoden in einem gesonderten Kapitel zusammengefasst und bezüglich ihrer Nützlichkeit im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung eingeschätzt. Damit soll dem Entwickler von Bildverarbeitungsalgorithmen im medizinischen Umfeld eine Auswahl von geeigneten Ansätzen erleichtert werden.

Die im Verlauf der Betrachtung des Bildanalyseprozesses gewonnenen Erkenntnisse sind auch in die Entwicklung eigener Anwendungen eingeflossen. Bei den einzelnen Beispielimplementationen werden gleichfalls unterschiedliche Arten von Modellen verwendet. So wird die Gewebedifferenzierung zur Erkennung neuromuskulärer Erkrankungen anhand des Ultraschallbildes als ein Ansatz ohne Verwendung von Modellwissen betrachtet. Daneben wurde mit dem adaptiven modellbasierten Regionenwachstum ein allgemein einsetzbareres Segmentierungsverfahren entwickelt, welches Modellwissen aus der Bildaufnahme einsetzt. Schließlich wurden noch vier weitere Segmentierungsansätze, die komplexes Modellwissen verwenden, im Rahmen dieser Arbeit vorgestellt. Die vorgenommene Erweiterung der Segmentierung mit der Image Foresting Transformation und die Kopplung dieser Methode mit einer aktiven Oberfläche ermöglichen die Lösung allgemeiner 3D-Segmentierungsprobleme. Mit dem Einsatz deformierbarer Superellipsoide wurde die Detektion des linken Ventrikels in dSPECT-Daten ermöglicht. Auch die Segmentierung von Blutgefäßen in DSA-Aufnahmen mittels Ziplock-Snakes stellt eine speziell für einen konkreten Anwendungsfall geschaffene Segmentierungslösung dar.

Im Anschluss an die Darlegung der eigenen Beispielentwicklungen werden die Erkenntnisse, die aus der Literaturlauswertung und aus den eigenen Beispielen gewonnen wurden, abschließend zusammengefasst. Diese Zusammenfassung erfolgt dabei unter drei verschiedenen Gesichtspunkten. So wird zuerst kurz der aktuelle Stand der Bildverarbeitung dargestellt. Daran schließen sich Empfehlungen bezüglich der Vorgehensweise bei der Auswahl von Segmentierungsverfahren an. Schließlich wird abschließend noch ein Vorschlag für eine dreistufige Strategie zur Bewertung von Segmentierungsverfahren unterbreitet. Mit den Erkenntnissen aus dieser Arbeit sollte es dem Benutzer besser möglich sein, geeignete Anwendungen auf dem Gebiet der medizinischen Bildanalyse zu entwickeln und erfolgreich zum Einsatz zu bringen.

Literaturverzeichnis

- [Abde98] Abdel-Mottaleb, M., Krishnamachari, S., Mankovich, N.J.: Performance Evaluation of Clustering Algorithms for Scalable Image Retrieval, in Empirical Evaluation Techniques in Computer Vision, edited by K. Bowyer and P. J. Phillips, IEEE Computer Society, 1998
- [Abma94] Abmayr, W.: Einführung in die Bildverarbeitung, B.G.Teubner, Stuttgart, 1994.
- [Adam94] Adams R, Bischof L: Seeded Region Growing, IEEE-PAMI, Vol. 16, No. 6, pp. 641-647, 1994.
- [Akgu99] Akgul, Y.S., Kambhamettu, C., Stone, M.: Automatic Extraction and Tracking of the Tongue Contours, IEEE Trans. on Medical Imaging, Special Issue on Model-Based Analysis of Medical Images, Vol 18, No. 10, pp. 1035-1045, 1999.
- [Alzu02] Al-zubi, S., Tönnies, K.D., Bodammer, N., Hinrichs, H.: Fusing Markov Random Fields with Anatomical Knowledge and Shape based Analysis to Segment Multiple Sclerosis White Matter Lesions in Magnetic Resonance Images of the Brain, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 3, No. 22, SPIE, pp. 206-215, 2002.
- [Arge90] Argenti, F., Alparone, L., Benelli, G.: Fast Algorithms for Texture Analysis using Co-occurrence Matrices, IEEE Proc., Part F: Radar and Signal Processing, 443-448, 1990.
- [Bail99] Bailey, S., Forshaw, Hodgetts, M.: A Methodology for Goal Oriented Image Processing Performance Evaluation, Workshop on Performance Characterization and Benchmarking of Vision Systems, 1. Intern. Conference on Vision Systems, pp. 54-72, 1999.
- [Bajl98] Bajla, I., Holländer, I.: Nonlinear filtering of magnetic resonance tomograms by geometry-driven diffusion, Machine Vision and Applications, Springer-Verlag, Vol. 10, pp. 243-255, 1998.
- [Ball81] Ballard, D.H.: Generalizing the Hough Transform to Detect Arbitrary Shapes, Pattern Recognition, Vol. 13, No. 2, pp. 111-122, 1981.
- [Ball82] Ballard, D.H., Brown, C.M.: Computer Vision, Prentice Hall, Englewood Cliffs, New York, 1982.
- [Bamf03] Bamford, P.: Automating Cell Segmentation Evaluation with Annotated Examples, Proc. of the WDIC, APRS Workshop on Digital Image Digital Image Computing, University of Queensland, Australia, pp. 21-28, 2003.
- [Bard96] Bardinet, E., Cohen, L.D., Ayache, N.: Tracking and motion analysis of the left ventricle with deformable superquadrics, Medical Image Analysis, No. 2, pp: 129-149, 1996.
- [Bard98] Bardinet, E., Cohen, L.D., Ayache, N.: A parametric deformable model to fit unstructured 3D data, Computer Vision and Image Understanding, Vol. 71, No. 1, pp. 39:54, 1998.
- [Barr97] Barrett, W. A., Mortensen, E.N.: Interactive Live-wire Boundary Extraction, Medical Image Analysis, Vol. 1, No. 4, pp. 331-341, 1997.

- [Bart99] Bartz, D., Skalej, M.: VIVENDI – A Virtual Ventricle Endoscopy System for Virtual Medicine, Proc. of the Symposium on Visualization'99, Wien, 1999.
- [Baud81] Baudisch, E., Becker, T.: Klinische Röntgendiagnostik, J. Ambrosius Barth Leipzig, 1981.
- [Behn03] Behnke, K.J., Rettmann, M.E., Pham, D.L., Shen, D., Resnick, S.M., Davatzikos, C., Prince, J.L.: Automatic classification of sulcal regions of the human brain cortex using pattern recognition, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part 3, pp. 1499-1510, 2003.
- [Besa86] Besag, J.: On the Statistical Analysis of Dirty Pictures, J.R. Statist. Soc. B, Vol. 48, No. 3, pp. 259-302, 1986.
- [Beut00] Beutel, J., Kundel, H.L., Metter, R. L.: Handbook of Medical Imaging, Volume 1, Physics and Psychophysics, SPIE Press, 2000.
- [Bock87] Bocklisch, S.F.: Prozessanalyse mit unscharfen Verfahren, Berlin, VEB Verlag Technik, 1987.
- [Bode89] Boden, M.: Artificial Intelligence and Natural Man, MIT Press, London, 1989.
- [Boma90] Bomas, M., Höhne, K.H., Tiede, U., Riemer, M.: 3-D segmentation of MR images of the head for 3-D display, IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. MI-9, pp. 177-183, 1990.
- [Book89] Bookstein, F.L.: Principal Warps: Thin-Plate Splines and the Decomposition of Deformations, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 11, No. 6, pp. 567-585, 1989.
- [Boom01] Boomgaard, R. van den: Algorithms for Non-Linear Diffusion, Technical Report, <http://carol.wins.uva.nl/~rein/nldiffusionweb/material.html>, 2001.
- [Bors98] Borsotti, M., Campadelli, P., Schettini, R.: Quantitative evaluation of color image segmentation results, Pattern Recognition Letters, Vol. 19, pp. 741-747, 1998.
- [Brow00] Brown, C.W.: Building a medical image processing algorithm verification database, Proc. of SPIE, Medical Imaging, Vol. 3979, Part 2, pp. 772-780, 2000.
- [Brow02] Brown, M.S., Wilson, L.S., Doust, B.D., Gill, R.W. Sun, C.: Knowledge-based method for segmentation and analysis of lung boundaries in chest X-ray images, Computerized Medical Imaging and Graphics 22, 1998, 463-477, 2002.
- [Buen01a] Bueno, G., Fisher, M., Burnham, K., Mills, J., Haas, O.: Automatic segmentation of clinical structures for RTP: Evaluation of a morphological approach, Medical Image Understanding and Analysis '01, Conference Proceedings, University of Birmingham, 2001.
- [Buen01b] Bueno, G., Musse, O., Heitz, F., Armspach, J.P.: Three-dimensional segmentation of anatomical structures in MR images on large data bases, Magnetic Resonance Imaging, No. 19, pp. 73-88, 2001.
- [Buer02] Buerki, M., Oswald, H., Schroth, G.: Fuzzy clustering of fMRI data: towards a theoretical basis for choosing the fuzziness index, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 3, No. 22, Part 2, pp.993-1001, 2002.

- [Burt81] Burt, P.J., Hong, T.H., Rosenfeld, A.: Segmentation and estimation of image region properties through cooperative hierarchical computation. *IEEE Trans. Systems, Man, Cybernetics*, vol. 11, no. 12, pp 802-809, 1981.
- [Cagn97] Cagnoni, S., Dobrzeniecki, A.B., Poli, R., Yanch, J.C.: Segmentation of 3D medical images through genetically-optimized contour-tracking algorithms, Technical Report CSRP-97-28, 1997.
- [Cann86] Canny, J.: A Computational Approach to Edge Detection, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. PAMI-8, No. 6, pp. 679-698, 1986.
- [Case95] Caselles, V., Kimmel, R., Sapiro, G.: Geodesic Active Contours, 5. International Conference on Computer Vision (ICCV), Boston, pp. 694-699, 1995.
- [Cast98] Castro S, König A, Löffelmann H, Gröller E: Transfer Function Specification for Visualization of Medical Data: TU-Wien, Technical Report TR-186-2-98-12, März 1998.
- [Cava02] Cavallaro, A., Gelasca, E.D., Ebrahimi, T.: Objective Evaluation of Segmentation Quality Using Spatio-Temporal Context, *IEEE Int. Conference on Image Processing (ICIP)*, Rochester, Conference Proceedings, pp. 301-304, 2002.
- [Cell00] Celler, A., Farncombe, T., Bever, C., Noll, D., Maeght, J., Harrop, R., Lyster, D.: Performance of the dynamic single photon emission computed tomography (dSPECT) method for decreasing or increasing activity changes, *Physics in Medicine and Biology*, Vol. 45, pp. 3525-3544, 2000.
- [Chal97] Chalana, V., Kim, Y.M.: A methodology for evaluation of boundary detection algorithms on medical images, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol. 16, no. 5, pp. 642-652, 1997.
- [Chan94] Chang YL, Li X: Adaptive Image Region-Growing, *IEEE Trans. on Image Processing*, Vol. 3, No. 6, pp. 868-872, 1994.
- [Char94] Charbonnier, P., Blanc-Féraud, L., Aubert, G., Barlaud, M.: Two deterministic half-quadratic regularization algorithm for computed imaging, *Proc. IEEE Int. Conf. Image Processing (ICIP)*, Vol. 2, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, 168-172, 1994.
- [Cho97] Cho, K., Meer, P., Cabrera, J.: Performance assessment through bootstrap, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 19, 1185-1198, 1997.
- [Chra02] Chrastek, R., Wolf, M., Donath, K., Michelson, G., Niemann, H.: Optic Disc Segmentation in Retinal Images, *Bildverarbeitung für die Medizin 2002, Tagungsband*, Springer Verlag, S. 263-266, 2002.
- [Chra03] Chrastek, R., Wolf, M., Donath, K., Niemann, H, u.a.: Automated Segmentation of the Optic Nerve Head for Glaucoma Diagnosis, *Bildverarbeitung für die Medizin 2003, Tagungsband*, Springer Verlag, S. 338-342, 2003.
- [Chri97] Christensen, H. I., Förstner, W.: Performance Characteristics of Vision Algorithms, *Machine Vision and Application*, Vol. 9, No. 5/6, pp. 215-218, 1997.

- [Cohe91] Cohen, L.D.: On Active Contour Models and Balloons, *CGVIP: Image Understanding*, Vol. 53, No. 2, pp. 211-218, 1991.
- [Cohe93] Cohen, L.D., Cohen, I.: Finite Element Methods for Active Contour Models and Balloons for 2D and 3D, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 15, No. 11, pp. 1131-1147, 1993.
- [Cohe96] Cohen, L.D., Pajany, F., Pellerin, D., Veyrat, C.: Cardiac Wall Tracking Using Doppler Tissue Imaging (DTI), *IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'96)*, Lausanne, Suisse, Conference Proceedings, 1996.
- [Cohe97] Cohen, L.D., Kimmel, R.: Global Minimum Active Contour Models: A Minimal Path Approach, *IJCV*, vol. 24, no. 1, pp. 57-78, 1997.
- [Coll98] Collins, D.L., Zijdenbos, A.P., Kollokian, V., Sled, J.G., Kabani, N.J., Holmes, C.J., Evans, A.C.: Design and Construction of a realistic Digital Brain Phantom, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol. 17, No. 3, pp. 463-468, 1998.
- [Come94] Comer, M.L., Delp, E.J.: Parameter Estimation and Segmentation of Noisy or Textured Images using the EM Algorithm and MPM Estimation, *ICIP, Conference Proceedings, Part 2*, pp. 650-654, 1994.
- [Come96] Comer, M.L., Liu, S., Delp, E.J.: Statistical Segmentation of Mammograms, *Proceedings of the 3rd International Workshop on Digital Mammography*, Chicago, pp. 475-478, 1996.
- [Coot94] Cootes, T.F., Hill, A., Taylor, C.J., Haslam, J.: The Use of Active Shape Models for Locating Structures in Medical Images, *Image and Vision Computing*, Vol. 12, No. 6, pp. 355-366, 1994.
- [Coot98a] Cootes, T.F., Edwards, G., Taylor, C.J.: Active Appearance Models, *Proc. European Conference on Computer Vision*, Vol. 2, pp. 484-498, 1998.
- [Coot98b] Cootes, T.F., Edwards, G.J., Taylor, C.J.: A Comparative Evaluation of Active Appearance Model Algorithms, *Proc. of the British Machine Vision Conference*, Vol. 2, pp.680-689, BMVA Press, 1998.
- [Coot99] Cootes, T.F., Edwards, G., Taylor, C.J.: Comparing Active Shape Models with Active Appearance Models, *Proc. British Machine Vision Conference*, Vol. 1, pp. 173-182, 1999.
- [Corr00] Correia, P., Pereira, F.: Objective Evaluation of Relative Segmentation Quality, *Proceedings of the 2000 International Conference on Image Processing (ICIP 2000)*, Vancouver, IEEE Computer Society, 2000.
- [Cosi97] Cosic, D., Loncaric, S.: Rule-Based Labeling of CT Head Image, *Proc. of the 6th Conference on Artificial Intelligence in Medicine Europe*, pp. 453-456, Springer, 1997.
- [Cour97] Courtney, P., Thacker, N., Clark, A.: Algorithmic Modelling for Performance Evaluation, *Machine Vision and Application*, Vol. 9, No. 5/6, pp. 219-228, 1997.
- [Cuad02] Cuadra, M.B., Gomez, J., Haggmann, P., Pollo, C. u.a.: Atlas-based Segmentation of Pathological Brains using a Model of Tumor Growth, *MICCAI 2002*, Tokyo, Japan, pp. 380-387, 2002.

- [Cuis96] Cuisenaire, O., Thiran, J.-P., Macq, B., Michel, C. u.a.: Automatic Registration of 3D MR Images with Computerized Brain Atlas, SPIE Medical Imaging, Newport Beach, Proceedings, Vol. 2710, pp. 438-448, 1996.
- [Decl99] Declerck, J., Ayache, N., Veigh, M.V.: Use of a 4D planispheric transformation for the tracking and the analysis of LV motion with tagged MR images, SPIE Medical Imaging, Vol. 3660, San Diego, 1999.
- [Deli94] Delingette, H.: Simplex meshes: a general representation for 3D shape reconstruction, Proc. of Int. Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Seattle, pp. 856-857 1994.
- [Deli01] Delignette, H., Montagnat, J.: Shape and Topology Constraints on Parametric Contours, Computer Vision and Image Understanding, Vol. 83, No. 2, pp. 140-171, 2001.
- [Delo95] Delorme, S., Zuna, I.: Quantitative Auswerteverfahren in der B-Bild- und Farbdopplersonographie, Ultraschall in Klinik und Praxis, No. 10, S. 50-61, 1995.
- [Dico03] DICOM-Standard, <http://medical.nema.org/dicom/2003.html>, 2003.
- [Donn01] Donnell, L., Westin, C.F., Grimson, E.L., Shenton, M.E., Kikinis, R.: Phase-Based User-Steered Image Segmentation, Proc. of the Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI'01, pp. 1022-1030, 2001.
- [Doug98] Dougherty, S., Bowyer, K.: Objective Evaluation of Edge Detectors Using a Formally Defined Framework, in K.W. Bowyer, P. J. Phillips: Empirical Evaluation Techniques in Computer Vision, pp. 211-234, 1998.
- [Druk03] Drukker, K., Giger, M.L., Vyborny, C.J., Schmidt, R.A., Mendelson, E.B., Stern, M.: Computerized Detection and Classification of Lesions on Breast Ultrasound, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part 1, pp.106-119, 2003.
- [Dubu01] Dubuisson-Jolly, M.P., Gupta, A.: Tracking Deformable Templates Using a Shortest Path Algorithm, Computer Vision and Image Understanding, Vol. 81, pp. 26-45, 2001.
- [Duda72] Duda, R.O., Hart, P.E.: Use of the Hough Transformation To Detect Lines and Curves in Pictures, Graphics and Image Processing, Vol. 15, No. 1, pp. 11-15, 1972.
- [Duda73] Duda, R.O., Hart, P.E.: Pattern Classification and Scene Analysis, J. Wiley, New York, 1973.
- [Duta98] Duta, N., Sonka, M.: Segmentation and Interpretation of MR Brain Images: An improved active shape model, IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol.17, No.6, pp.1049-1067, 1998.
- [Duta99] Duta, N., Sonka, M., Jain, A.K.: Learning Shape Models from Examples using Automatic Shape Clustering and Procrustes Analysis, Proc. Information Processing in Medical Imaging (IPMI) '99, pp.370-375,1999.
- [Edwa98] Edwards, G.J., Taylor, C.J., Cootes, T.F.: Learning to Identify and Track Faces in Images Sequences, Proc. of the International Conference on Computer Vision, pp. 317-322, 1998.

- [Efro93] Efron, B., Tibshirani, R.J.: An Introduction in the Bootstrap, Chapman & Hall, New York, 1993.
- [Erde00] Erdem, C.E., Sankur, B.: Performance Evaluation Metrics for Object-Based Video Segmentation, EUSIPCO'2000: 10th European Signal Processing Conference, pp. 917-920, Tampere, 2000.
- [Eiho97] Eiho, S., Qian, Y.: Detection of coronary artery tree using morphological operator, IEEE Computers in Cardiology, Vol. 24, pp. 525–528, 1997.
- [Ever01] Everingham, M., Muller, H., Thomas, B.: Evaluation image segmentation algorithms using monotonic hulls in fitness/cost space, Proceedings of the 12th British Machine Vision Conference (BMVC2001), pp. 363-372, BMVA, 2001.
- [Ever02a] Everingham, M., Muller, H., Thomas, B.: Evaluating Image Segmentation Algorithms using the Pareto Front, Proceedings of the 7th European Conference on Computer Vision (ECCV2002), Part IV (LNCS 2353), pp. 34-48, Springer, 2002.
- [Ever02b] Everingham, M., Muller, H., Thomas, B.: Algorithm Evaluation by Probabilistic Fitness/Cost Analysis, and Application to Image Segmentation, Proceedings of the 5th Asian Conference on Computer Vision (ACCV2002), pp. 580-586, 2002.
- [Falc97] Falcão, A.X., Udupa, J.K.: Segmentation of 3D Objects using Live Wire, Proc. of SPIE Medical Imaging, vol. 3034, part 1, pp. 228-239, 1997.
- [Falc98] Falcão, A.X., Udupa, J.K., Samarasekera, S., Sharma, S.: User-Steered Image Segmentation Paradigms: Live Wire and Life Lane, Graphical Models and Image Processing, Vol. 60, No. 4, pp. 233-260, 1998.
- [Falc00] Falcão, A.X., Lotufo, R.A., Araujo, G.: The Image Foresting Transformation, Relatorio Tecnico IC-00-12, 2000.
- [Fang97] Fang S, Biddlecome T, Tuceryan M, Image-Based Transfer Function Design for Data Exploration in Volume Visualization , Proc. IEEE Visualization'98, S. 319-326, 1997.
- [Fant02] Fantacci, M.E., Bottigli, U., Delogu, P., Fauci, F. u.a.: Search of Microcalcification Clusters with the CALMA CAD Station, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 3, No. 22, Part 3, pp. 1301-1310, 2002.
- [Felk97] Felkel, P., Sykora, L., Zara, J.: Three Medical Image Segmentation Algorithms, Acta Polytechnica, Vol. 37, No. 2, pp. 51-63, 1997.
- [Felk01] Felkel, P., Wegenkittl, R., Kanisar, A.: Vessel Tracking in Peripheral CTA Datasets – an overview, Technical Report, VRVis Zentrum für Virtual Reality und Visualisierung Forschungs-GmbH, TR VRVIS-2001-008, 2001.
- [Fens00a] Fenster, S. D.: Training, Evaluation and Local Adaptation in Deformable Models, PhD. Thesis, Columbia University, Department of Computer Science, 2000.
- [Fens00b] Fenster, S.D., Kender, J.R.: A Comparative Technique and Performance Results on Novel Learned Snakes in Two Dissimilar Medical Domains, Proc. of the CVPR '00, pp. 2706-2713, 2000.

- [Ferr99] Ferrant, M., Cuisenaire, O., Macq, B.: Multi-object segmentation of brain structures using a computerized brain atlas, SPIE Medical Imaging 1999, San Diego, Vol. 3661, part 2, pp. 986-995, 1999.
- [Fisc88] Fischer, A.Q., Carpenter, D.W., Hartlage, P.L., Carroll, J.E., Stephens, S.: Muscle imaging in neuromuscular disease using computerized real-time sonography, Muscle Nerve, No. 11, pp. 270-275, 1988.
- [Fisc02] Fischer, D.: Myosonographie und objektive Texturanalyse zur Differenzierung von Erkrankungen der Skelettmuskulatur, Dissertationsschrift, Medizinische Fakultät der Otto-von-Guericke-Universität, 2002.
- [Fitz98a] Fitzpatrick, J. M., West, J. B.: A Blinded Evaluation and Comparison of Image Registration Methods, in K.W. Bowyer, P. J. Phillips: Empirical Evaluation Techniques in Computer Vision, S.12-27, 98.
- [Fitz98b] Fitzpatrick, J.M., Hill, D.L.G., Shyr, Y., West, J., Studholm, C., Maurer, C.R.: Visual Assessment of the Accuracy of Retrospective Registration of MR and CT Images of the Brain, IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 17, No. 4, pp. 571-585, 1998.
- [Fole87] Foley, J.D., van Dam, A., Feiner, S., Hughes, J.F.: Computer Graphics – Principles and Practice, Addison Wesley Publishing Company, Second Edition, 1987.
- [Fors86] Forst, R.: Skelettmuskel-Sonographie bei neuromuskulären Erkrankungen – unter Einsatz rechnergestützter Ultraschall-B-Bild-Auswertung, Ferdinand Enke, Stuttgart, 1986.
- [Förs94] Förstner, W.: Diagnostics and Performance Evaluation in Computer Vision, Performance versus Methodology in Computer Vision, NSF/ARPA Workshop, Seattle, pp. 11-25, IEEE Computer Society, 1994.
- [Förs96] Förstner, W.: 10 Pros and Cons Against Performance Characterization of Vision Algorithms, Proc of the Workshop on Performance Characteristics of Vision Algorithms, Cambridge, 1996.
- [Fors03] Forsyth, D.A., Ponce, J.: Computer Vision – A Modern Approach, Prentice Hall, New Jersey, 2003.
- [Fran99] Frantz, S., Rohr, K., Kim, S.I., Weese, J.: Validation Point-based MR/CT Registration Based on Semi-automatic Landmark Extraction, Proc. CARS' 99, Paris, pp. 233-237, Elsevier Science, Amsterdam, 1999.
- [Frit03] Fritz, D.: Unterlagen unter http://wwwiaim.ira.uka.de/Teaching/SeminarMedizin/Vortraege/WS0203/01_Bildakquisition_MR-Diagnostik.pdf
- [Fröb02] Fröba, B., Münzenmayer, C., Stecher, S., Wittenberg, T.: Augenlokalisation und –analyse in klinischen Applikationen, Bildverarbeitung für die Medizin 2002, Tagungsband, Springer Verlag, S. 47-50, 2002.
- [Garr00] Garrido, A., Pérez de la Blanca, N.: Applying deformable templates for cell image segmentation, Pattern Recognition, Vol. 33, No. 5, pp. 821-832, 2000.
- [Ge03] Ge, X., Tian, J., Zhu, F.: Segmentation of medical images based on homogram thresholding, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, pp. 1511-1519, 2003.

- [Gema84] Geman, S., Geman, D.: Stochastic Relaxation, Gibbs Distribution, and the Bayesian Restoration of Images, *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 6, No. 6, pp. 721-741, 1984.
- [Gera02] Gérard, O., Deschamps, T., Greff, M., Cohen, L.D.: Real-time Interactive Path Extraction with On-The-Fly Adaption of the External Forces, *Proc. of the ECCV*, Vol. 3, pp. 807-821, 2002.
- [Geri92a] Gering, G., Martin, J., Kikinis, R., Kübler, O., Shenton, M., Jolesz, F.A.: Unsupervised tissue typ segmentation of 3-D dual-echo MR Head Data, *Image and Vision Computing, IPMI 1991 special issue*, Vol. 10, No. 6, pp. 349-360, 1992.
- [Geri92b] Gering, G., Kikinis, R., Kübler, O., Jolesz, F.A.: Nonlinear Anisotropic Filtering of MRI Data, *IEEE Transaction on Medical Imaging*, Vol. 11, No. 2, pp. 221-232, 1992.
- [Geri01] Gerig, G., Jomier, M., Chakos, M.: Valmet: A new validation tool for assessing and improving 3D object segmentation, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Proc. MICCAI 2001, Lecture Notes in Computer Science 2208*, Springer-Verlag, Berlin, pp. 516–523, 2001.
- [Ghan98] Ghanei, A., Soltanian-Zadeh, H., Windham, J.P.: Segmentation of the Hippocampus from Brain MRI using deformable Contours, *Computerized Medical Imaging and Graphics*, Vol. 22, No. 3, pp. 203-216, 1998.
- [Gill99] Gill, J., Dadek, H., Steinmann, O., Fenster, A.: Development and Evaluation of a Semi-Automatic 3D-Segmentation Technique of the Carotid Arteries from 3D Ultrasound Images, *Proc. SPIE, Medical Image Processing*, Vol. 3661, pp. 214-221, 1999.
- [Gind93] Gindi, G., Rangarajan, A., Zubal, I.G.: Atlas guided segmentation of brain images via optimizing neural network, *Proc. SPIE Biomedical Image Processing, Part IV, SPIE Proceedings Vol. 1905*, 1993.
- [Ginn00] Ginneken, B. v., Romeny, B.M.t.H.: Statistical local texture analysis applied to computer-aided diagnosis in chest radiography, *Statistics of Shapes and Textures, Copenhagen Summer School in Computer Vision*, September, 2000.
- [Glas01] Glas, M. van der, Vos, F., Vossepoel, A.: Assessment of Center of Rotation of the Glenohumeral Joint, *Proc. of the MICCAI 2001*, pp. 1207-1209, 2001.
- [Glas02a] Glas, M. van der, Vos, F.M., Botha, C.P., Vossepoel, A.M.: Determination of position and radius of ball joints, *Progress in Biomedical Optics and Imaging*, Vol. 3, No. 22, pp. 1571-1577, 2002.
- [Glas02b] Glass, J.O., Reddick, W.E., Ji, Q., Glas, L.: Segmentation and classification of normal appearing brain – how much is enough? *Progress in Biomedical Optics and Imaging*, Vol. 3, No. 22, pp. 216-224, 2002.
- [Gold89] Goldberg, D.E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison Wesley Publishing Company, Inc., 1989.
- [Gree01] Greenspan, H., Laifenfeld, M., Einav, S., Barnea, O.: Evaluation of Center-Line Extraction Algorithms in Quantitative Coronary Angiography, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol. 20, No. 9, pp. 928-941, 2001.

- [Groh00] Grohmann, M.: Integration von Regionenmerkmalen durch aktive Doppelkonturen zur Segmentierung von Digitalen Subtraktionsangiogrammen, Diplomarbeit, Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg, Institut für Simulation und Graphik, 2000.
- [Gros88] Grossmann, H.: Informationsgehalt von Ultraschallbildern, Vortragsband, Kongress der Gesellschaft für Ultraschall der DDR, Berlin, S. 60, 1988.
- [Gupt94] Gupta, A., O'Donnell, T., Singh, A.: Segmentation and Tracking of Cine Cardiac MR and CT Images Using a 3-D Deformable Model, Proc. of the IEEE Conf. Computers in Cardiology, pp. 661-664, 1994.
- [Gurc02] Gurcan, M.N., Chan, H.P., Sahiner, B., Hadjiiskii, L.M., Petrick, N., Helvie, M.A.: Optimal neural network architecture selection: Effects on computer-aided detection of mammographic microcalcifications, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 3, No. 22, Part 3, pp. 1325-1330, 2002.
- [Habe89] Haberäcker, P.: Digitale Bildverarbeitung, Carl Hanser Verlag München Wien, 1989.
- [Haen03] Haenselmann, T., Effelsberg, W.: Wavelet-based semi-automatic live-wire segmentation, SPIE Human Vision and Electronic Imaging, Part VIII, San Jose, pp. 260-269, 2003.
- [Hahn02] Hahn, H.K., Millar, W.S., Durkin, M.S., Klinghammer, O., Peitgen, H.O.: Cerebral Ventricular Volumetry in Pediatric Neuroimaging, Bildverarbeitung für die Medizin, Springer Verlag, S. 59-62, 2002.
- [Hahn03] Hahn, H.K., Peitgen, H.O.: IWT – Interactive Watershed Transform: A hierarchical method for efficient interactive and automated segmentation of multidimensional grayscale images, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part. 1, pp. 643-653, 2003.
- [Hama03] Hamarneh, G., McInerney, T.: Physics-based Shape Deformations for Medical Image Analysis, SPIE-IS&T Electronic Imaging: Image Processing: Algorithms and Systems, Vol. 5014, pp. 354-362, 2003.
- [Hane00] Haney, S., Thompson, P.M., Cloughesy, T.F., Alger, J.R., Frew, A., Toga, A.W.: Cross Validation of Tissue Classification and Surface Modeling Algorithms for Determining Growth Rates of Malignant Gliomas: Prognostic Value of Growth Rates and MR Spectroscopy, Proc. of the International Conference on Mathematics and Engineering Techniques in Medicine and Biological Sciences (METEMBS), Las Vegas, 2000.
- [Hand00] Handels, H.: Medizinische Bildverarbeitung, B.G. Teubner Verlag Stuttgart Leipzig, 2000.
- [Hara73] Haralick, R.M., Shangmugam, K., Dinstein, I.: Textural Features for Image Classification, IEEE SMC 3: 610-621, 1973.
- [Hara85] Haralick RM, Shapiro LG: Image Segmentation Techniques. Computer Vision, Graphics and Image Processing, Vol. 29, No. 1, pp. 100-132, 1985.
- [Hara96] Haralick, R.M.: Propagating Covariance in Computer Vision, Advances in Image Understanding, IEEE Computer Society Press, pp. 142-157, Washington, 1996.

- [Hara00] Haralick, R.M.: Validating image processing algorithms, Proc. of SPIE, Medical Imaging, Vol. 3979, Part 1, pp. 2-16, 2000.
- [Hari98] Haris, K., Efstratiadis, S.N., Maglaveras, N., Katsaggelos, A.: Hybrid Image Segmentation Using Watersheds and Fast Region Merging, IEEE Transaction on Image Processing, Vol. 7, No. 12., pp. 1684-1699, 1998.
- [Hast98] Hastreiter, P., Ertl, T.: Fast and Interactive 3D-Segmentation of Medical Volume Data, Proc. of Img. and Multidim. Dig. Sig. Process. (IMDSP), pp. 41-44, IEEE Sig. Proc. Soc., 1998.
- [He96] He, T., Hong, L., Kaufman, A., Pfister, H.: Generation of transfer functions with stochastic search technique, Visualization '96, pp. 227-234, 489, IEEE, 1996.
- [Heat97] Heath, M.D, Sarkar, S., Sanocki, T., Bowyer, K.W.: A Robust Visual Method for Assessing the Relative Performance of Edge Detection Algorithms, Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 19, No. 12, pp. 1338-1359, 1997.
- [Heck80] Heckmatt, J. Z., Dubowitz, V., Leeman, S.: Detection of pathological change in dystrophic muscle with B-scan ultrasound imaging, Lancet I, pp. 1389-1390, 1980.
- [Heck88] Heckmatt, J.Z., Pier, N., Dubowitz, V.: Real-time ultrasound imaging of muscles. Muscle Nerve, No. 11, pp. 56-65, 1988.
- [Hein02] Heinze, P., Däubner, S., Meister, D., Sungu, M., Wörn, H.: Formvariables Oberflächenmodell zur Segmentierung pathologischer Kniegelenke aus medizinischen Bilddaten, Bildverarbeitung für die Medizin 2002, Tagungsband, Springer Verlag, S. 2001-204, 2002.
- [Herl92] Herlin, I.L., Ayache, N.: Feature Extraktion and Analysis Methods for Sequences of Ultrasound Images, Image and Vision Computing, Vol. 10, No. 10, pp. 673-682, 1992.
- [Herl94] Herlin, I.L., Béréziat, D., Giraudon, G., Nguyen, C., Graffigne, C.: Segmentation of echocardiographic images with Markov random fields, Third European Conference on Computer Vision, Proceedings, Volume II, Lecture Notes in Computer Science, No. 801, pp. 201-206, 1994.
- [Hill96] Hill, A., Cootes, T.F., Taylor, C.J.: Active Shape Models and the Shape Approximation Problem, Image and Vision Computing, Vol. 14, No. 8, pp. 601-608, 1996.
- [Hinz00] Hinz, M., Pohle, R., Tönnies, K.D.: Interpretation medizinischer Schichtbilddaten durch interaktiv gesteuerte 3D-Bildanalyse, Simulation und Visualisierung 2000, 12. Märztagung, Magdeburg, S. 375-384, 2000.
- [Hinz01] Hinz, M., Toennies, K.D., Grohmann, M., Pohle, R.: An Active Double-Contour sor Segmentation of Vessels in Digital Subtraction Angiographie, Proceedings of SPIE Medical Imaging 2001, Vol. 4322, pp. 1554-1562, 2001.
- [Hinz02] Hinz, M., Pohle, R., Shin, H. oh, Tönnies, K. D.: Region-based interactive 3d image analysis of structures in medical data by hybrid volume rendering. Proceedings of SPIE Medical Imaging 2002, pp. 388-395, 2002.

- [Hinz03] Hinz, M., Walz, D., Pohle, R., Toennies, K.D., Celler, A.: Interactive visual exploration of dynamic SPECT volume data using hybrid rendering, Proc. SPIE Medical Imaging, Part: Visualization, 2003.
- [Hojj95] Hojjattolesami SA, Kittler J: Region Growing – A New Approach, University of Surrey, VSSP-TR-6/95, 1995.
- [Hong98] Hong, L., Wan, Y., Jain, A.: Fingerprint Image Enhancement: Algorithm and Performance Evaluation, in K.W. Bowyer, P. J. Phillips: Empirical Evaluation Techniques in Computer Vision, S. 117-134, 1998.
- [Houg62] Hough, P.V.C.: Methods and means for recognizing complex patterns, U.S. Patent 3069654, 1962.
- [Hsie03] Hsieh, J.: Computed Tomography–Principles, Design, Artifacts, and Recent Advances, SPIE Press, Bellingham, 2003.
- [Huan95] Huang, L.K., Wang, M.J.J.: Image Thresholding by Minimization the Measures of Fuzziness, Pattern Recognition, Vol. 28 , No. 1, pp. 41-51, 1995.
- [Huan02] Huang, K., Xuan, J., Varga, J., Freedman, M., Szabo, Z., Hayes, D., Stearns, V., Wang, Y.: MR Image-based Tissue Analysis and Its Clinical Application, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 3, No. 22, pp. 424-432, 2002.
- [Hume96] Hume, A., Thanisch, P., Hartswood, M.: On the Evaluation of Microcalcification Detection Algorithms, Proc. of the Digital Mammography '96, Elsevier, pp. 273-276, 1996.
- [Huo02] Huo, Z., Giger, M.L.: Effect of Case-Mix on Feature Selection in the Computerized Classification of Mammographic Lesions, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 3, No. 22, Part 2, pp. 762-773, 2002.
- [Intr91] Introcaso, J.H., Holsbeeck, M. van: Sonographic examination of the musculoskeletal system. In: Gebhardt, J., Hackelöer, B.J., Klinggräff, G., Seitz, K.: Ultraschalldiagnostik Dreilandertreffen Lausanne 1991, pp 255-259, Springer Verlag, Berlin Heidelberg New York, 1991.
- [Ishi02] Ishida, T., Katsuragawa, S., Nakamura, K., Ashizawa, K., MacMahon, H., Doi, K.: Computerized analysis of interstitial lung diseases on chest radiographs based on lung texture, geometric-pattern features and artificial neural networks, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 3, No. 22, Part 3, pp. 1331-1338, 2002.
- [Jain97] Jain, A., Zongker, D.: Feature Selection: Evaluation, Application, and Small Sample Performance, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 19, No. 2, pp. 153-158, 1997.
- [Jais95] Jaisimha, M. Y., Haralick, R. M., Dori, D.: A Methodology for the Characterization of the Performance of Thinning Algorithms, IEEE Transactions on Image Processing, Vol. 4, No. 12, pp. 1667-1673, 1995.
- [Jann02] Jannin, P., Fitzpatrick, J.M., Hawkes, D.J., Pennec, X., Shahidi, R., Vannier, M.W.: White paper: Validation of Medical Image Processing in Image-guided Therapy,. IEEE Transactions on Medical Imaging, Volume 21, Number 11, pp. 1445-1449, 2002.

- [Jens96] Jensen, J.A.: Field: A Program for Simulating Ultrasound Systems, *Medical & Biological Engineering & Computing*, pp. 351-353, Volume 34, Supplement 1, Part 1, 1996.
- [Ji00] Ji, Q., Engel, J., Craine, E.: Classifying Cervix Tissue Patterns With Texture Analysis, *Pattern Recognition*, Vol. 33, No. 9, pp. 1561-1573, 2000.
- [Jule75] Julesz, B.: Experiments in the Visual Perception of Textures, *Scientific American*, Vol. 232, No. 4, pp. 34-44, 1975.
- [Jule81] Julesz, B., Bergen, J.R.: Textons, the Elements of Texture Perception and their Interaction, *Nature*, Vol. 290, No. 12, pp. 1619-1645, 1981.
- [Kanu95] Kanungo, T., Jaisimha, J.P., Haralick, R.M.: A Methodology for Quantitative Performance Evaluation of Detection Algorithms, *IEEE Transactions on Image Processing*, Vol. 4, No. 12, pp. 1667-1673, 1995.
- [Kapu96] Kapur, T., Grimson, W.E.L., Wells, W.M., Kikinis, R.: Segmentation of Brain Tissue from Magnetic Resonance Images, *Medical Image Analysis*, Vol. 1, No. 2, pp. 109-127, 1996.
- [Kapu98] Kapur, T., Beardsley, P.A., Gibson, S.F., Grimson, W.E.L., Wells, W.M.: Model Based Segmentation of Clinical Knee MRI, *Proc. of the Model-based 3D Image Analysis (in conjunction with the ICCV)*, Bombay, 1998.
- [Kasi98] Kasirajam, V., Hertzner, N.R., Beven, E.G., O'Hara, P.J., Krajewski, L.P., Sulliva, T.M.: Management of isolated common iliac artery aneurysms. *Cardiovasc Surg*; No. 6, pp. 171-177, 1998.
- [Kass87] Kass, M., Witkin, A., Terzopoulos, D.: Snakes: active contour models, *International Journal of Computer Vision*, Vol. 1, No. 4, pp.321-331, 1987.
- [Katz00] Katz, A.R.J.: Image Analysis and Supervised Learning in the automated Differentiation of White Blood Cells from Microscope Images, *Masterthesis, Department of Computer Science, RHIT*, 2000.
- [Kerv99] Kervrann, C., Heitz, F.: Statistical Deformable Model-based Segmentation of Image Motion, *Image Processing*, Vol. 8, No. 4, pp. 583-588, 1999.
- [Kimm75] Kimmel, C., Ballard, D., Sklansky, J.: Finding Circles by an Array of Accumulators, *Communications of the ACM*, Vol. 18, No. 2, pp. 120-122, 1975.
- [Kind98] Kindlmann G, Semi-Automatic Generation of Transfer Functions for Direct Volume Rendering: *Proc. of the IEEE 1998 Symposium on Volume Visualization*, pp. 79-86, 1998.
- [Kinn02] Kinnard, L., Lo, S.C.B., Wang, P., Freedman, M., Chouikha, M.: Separation of Malignant and Benign Masses using Maximum-Likelihood Modeling and Neural Networks, *Progress in Biomedical Optics and Imaging*, Vol. 3, No. 22, Part 2, pp. 733-741, 2002.
- [Kirb03] Kirbas, C., Quek, F.K.H.: Vessel Extraction Techniques and Algorithms: A Survey, *Proceedings of the 3rd IEEE International Symposium on BioInformatics and BioEngineering*, pp. 238-245, 2003.
- [Kitt86] Kittler, J., Illingworth, J.: Minimum error thresholding, *Pattern Recognition*. Vol. 19, No. 1, pp 41-47, 1986.

- [Klau99] Klausmann, P., Fries, S., Willersinn, D., Stilla, U., Thönnessen, U.: Application-oriented Assessment of Computer Vision Algorithms, Handbook of Computer Vision and Applications, Volume 3, S. 133-152, 1999.
- [Klei97] Klein, A.K., Lee, F., Amini, A.A.: Quantitative coronary angiography with deformable spline models, IEEE Transaction on Medical Imaging, Vol. 16, pp. 468–482, 1997.
- [Klet96] Klette, R., Koschan, A., Schlüns, K.: Computer Vision – Räumliche Information aus Bildern, Vieweg Technik, Braunschweig, 1996.
- [Koch86] Kocher M, Leonardi R: Adaptive Region Growing Techniques using Polynomial Functions For Image Approximation, Signal Processing, No. 11, pp. 47-60, 1986.
- [Kohn02] Kohnen, M., Mahnken, A.H., Kesten, J., Günther, R.W., Wein, B.B.: Ein wissensbasiertes dreidimensionales Formmodell für die Segmentierung von organischen Strukturen, Bildverarbeitung für die Medizin 2002, Tagungsband, Springer Verlag, S. 197-200, 2002.
- [Kohn03] Kohnen, M., Mahnken, A.H., Brandt, A., Günther, R.W., Wein, B.B.: Fully Automatic Segmentation and Evaluation of Lateral Spine Radiographs, Bildverarbeitung für die Medizin 2003, Tagungsband, Springer Verlag, S. 413-417, 2003.
- [Krec92] Krech, D., Crutchfield, R. u.a.: Grundlagen der Psychologie, Studienausgabe, Hrsg. H. Benesch, Beltz–Psychologie Verlags Union, Weinheim, 1992
- [Kudo00] Kudo, M., Sklansky, J.: Comparison of algorithms that select features for pattern classifiers, Pattern Recognition, Vol. 33, No. 1, pp. 25-41, 2000.
- [Kuhn03a] Kuhnigk, J.M., Hahn, H.K., Hindennach, M., Dicken, V., Krass, S., Peitgen, H.O.: Lung lobe segmentation by anatomy-guided 3D watershed transform, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part. 3, pp. 1482-1490, 2003.
- [Kuhn03b] Kuhnigk, J.M., Hahn, H.K., Hindennach, M., Dicken, V., Kraß, S., Peitgen, H.O.: 3D-Lungenlappen-Segmentierung durch Kombination von Region Growing, Distanz- und Wasserscheiden-Transformation, Bildverarbeitung für die Medizin, Springer Verlag, S. 146-150, 2003.
- [Kune01] Kunert, T., Heiland, M., Meinzer, H.P.: Interaktive Segmentierung von zweidimensionalen Datensätzen mit Hilfe von Aktiven Konturen, Informatik Aktuell - Bildverarbeitung für die Medizin 2001 - Algorithmen, Systeme, Anwendungen. Heidelberg, Springer, pp. 257-261, 2001.
- [Kwoh99] Kwoh, C.K., Khan, G.N., Gillies, D.F.: Automated Endoscope Navigation and Advisory System from medical imaging, Proc. SPIE, Physiology and Function from Multidimensional Images, Medical Imaging, 1999.
- [Lang03] Lange, T., Lamecker, H., Seebaß. M.: Ein Softwarepaket für die modellbasierte Segmentierung anatomischer Strukturen, Bildverarbeitung für die Medizin 2003, Tagungsband, Springer Verlag, S. 111-115, 2003.
- [Law80] Law, K.I.: Textured Image Segmentation, Ph.D. Thesis, TR. No. 940, Image Processing Institute, University of Southern California, 1980.

- [Law00] Law T Y, Heng P A: Automated extraction of bronchus from 3D CT images of lung based on genetic algorithm and 3D region growing. Medical Imaging 2000, Proc. of SPIE, Vol. 3979, pp. 906-916, 2000.
- [Laye91] Layer, G., Zuna, I., Lorenz, A. u.a.: Computerized Ultrasound B-Scan Texture Analysis of Experimental Diffuse Parenchymal Liver Disease: Correlation with Histopathology and Tissue Composition, J Clin Ultrasound, Vol. 19, No. 5, pp. 193-201, 1991.
- [Lee92] Lee, J.H., Lee, N.I.: A fast and Adaptive Method to Estimate Texture Statistics by the Spatial Gray Level Dependence Matrix (SGLDM) for Texture Image Segmentation, Pattern Recognition. Letters, Vol. 13, No. 4, pp. 291-303, 1992.
- [Lee01] Lee, K.M., Street, W.N.: Model-based Detection, Segmentation and Classification for Image Analysis using On-line Shape Learning, Machine Vision and Application, Vol. 13, No. 4, pp. 222-233, 2001.
- [Leem96] Leeman, S., Heckmatt, J. Z.: Analysis of ultrasound pulse-echo images for characterization of muscle disease, Proc. SPIE Medical Imaging, Vol. 2709, pp. 501-504, 1996.
- [Lehm97] Lehmann, Th., Oberschelp, W., Pelikan, E., Repges, R.: Bildverarbeitung für die Medizin, Springer Verlag, Berlin Heidelberg New York, 1997.
- [Lehm01a] Lehmann, T.M., Bredno, J., Spitzer, K.: Silberstandards aus Fourier-basierter Textursynthese zur Evaluierung von Segmentierungsalgorithmen, Bildverarbeitung für die Medizin, Tagungsband, S. 192-196, 2001.
- [Lehm01b] Lehmann, T.M., Bredno, J., Spitzer, K.: Silver Standards obtained from Fourier-based texture synthesis to evaluate segmentation procedures, Proc. of SPIE, Medical Imaging, Vol. 4322, Part 1, pp. 214-225, 2001.
- [Lehm03] Lehmann, T.M., Bredno, J., Spitzer, K.: On the Design of Active Contours for Medical Image Segmentation: A Scheme for Classification and Construction, Methods Inf. Med., Vol. 1, pp. 89-98, 2003.
- [Leto02] Letournel, V., Sankur, B., Pradeilles, F., Maitre, H.: Feature Extraction for Quality Assessment of Aerial Image Segmentation, Proc. of the Photogrammic Computer Vision, Graz, pp. 199-204, 2002.
- [Leun96] Leung, C.K., Lam, F. K.: Performance Analysis for a Class of Iterative Image Thresholding Algorithms, Pattern Recognition, Vol. 29, No. 9, pp. 1523-1530, 1996.
- [Levi81] Levine, M., Shaheen, M.: A Modular Computer Vision System for Image Segmentations, IEEE PAMI, Vol. 3, No. 5, pp. 540-554, 1981.
- [Levo88] Levoy, M.: Display of Surfaces from Volume Data, IEEE Computer Graphics and Applications, Vol. 8, No. 3, May, 1988, pp. 29-37.
- [Li94] Li, S., de Vel, O., Coomans, D.: Comparative Performance Analysis of Non-Linear Dimensionality Reduction Methods, Techn.-Report 94-8, <http://www.cs.jcu.edu.au/ftp/pub/techreports/94-8.ps.gz>, 1994.
- [Li95] Li, H.D., Kallergi, M., Clarke, L.P., Jain, V.K., Clark, R. A.: Markov Random Field for Tumor Detection in Digital Mammography. IEEE Tran. on Medical Imaging, Vol. 14, No. 3, pp. 565-576, 1995.

- [Liu98] Liu, G., Zhuge, F., Gong, L., Haralick, R.M.: Performance Evaluation of the CFAR Vehicle Detection Algorithm, Proc. of the 3-D Reconstruction of Urban Environments From Dense Digital Elevation Models, pp. 1229-1234, 1998.
- [Liu01] Liu, Y., Dellaert, F., Rothfus, W.E., Moore, A., Schneider, J., Kanade, T.: Classification-Driven Pathological Neuroimage Retrieval Using Statistical Assymetry Measures, Proc. of the International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI), Utrecht, pp. 655-665, 2001.
- [Liu02] Liu, G., Haralick, R.M.: Optimal matching problem in detection and recognition performance evaluation, Pattern Recognition, Vol. 35, pp. 2125-2139, 2002.
- [Lo03] Lo, S.C.B., Hsu, L.Y., Freedman, M.T., Lure, Y.M.F., Zhao, H.: Classification of Lung Nodules in Diagnostic CT: An Approach Based on 3-D Vascular Features, Nodule Density Distributions, and Shape Features, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part 1, pp. 183-189, 2003.
- [Lonc97] Loncaric, S., Kovacevic, D.: A Method for Segmentation of Head Images, 9th International Conference ICIAP, Florence, Vol. 2, pp. 388-395, 1997.
- [Lonc98] Loncaric, S., Majcenic, Z.: Multiresolution CT Head Image analysis using Simulated Annealing, Proceedings of the 20th International Conference of Information Technology Interfaces, Pula, pp. 257-262, 1998.
- [Lore87] Lorensen, W.E., Cline, H.E.: Marching cubes: A high resolution 3d surface construction algorithm. In: Stone, M.C.: Computer Graphics, Vo. 21, pp. 163-169, ACM SIGGRAPH, 1987.
- [Lore95] Lorensen, B.: Marching Through the Visible Man, Proceedings of Visualization, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, pages 368-373, 1995
- [Lori98] Lorigo, L.M., Faugeras, O., Grimson, W.E.L., Keriven, R., Kikinis, R.: Segmentation of Bone in Clinical Knee MRI Using Texture-Based Geodesic Active Contours, Proceedings of the MICCAI, pp. 1195-1204, 1998.
- [Lötj99] Lötjönen, J., Magnin, I.E., Reinhardt, L., Nenonen, J., Katila, T.: Automatic Reconstruction of 3D Geometry Using Projections and a Geometric Prior Model, Proceedings of the MICCAI, pp. 192-201, 1999.
- [Luo01] Luo, B.: Statistical Methods for Point Pattern Matching, Doctor Thesis, Department of Computer Sciences, University of York, 2001.
- [Maca01] Macan, T., Loncaric, S.: Hybrid Optical Flow and Segmentation Technique for LV Motion Detektion, Proceedings of SPIE Medical Imaging – Image Processing, Part II, San Diego, pp. 475-482, 2001.
- [Mall95] Malladi, R., Sethian, J.A., Vemuri, B.C.: Shape Modeling with Front Propagation: A Level Set Approach, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 17, No. 2, pp. 158-175, 1995.
- [Mang98] Mangin, J.F., Coulon, O., Frouin, V.: Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis and mathematical morphology, Proceedings of the 1st MICCAI, Boston, pp. 1230-1241, 1998.

- [Mano98] Manousakas, I.N., Undrill, P.E., Cameron, G.G., Redpath, T.W.: Split-and-Merge Segmentation of Magnetic Resonance Medical Images: Performance Evaluation and Extension to Three Dimensions, *Computers and Biomedical Research*, vol. 31, pp. 393-412, 1998.
- [Mao99] Mao, F., Jeremy, D., Fenster, A.: Technique for evaluation of semiautomatic segmentation methods, *Medical Imaging 1999 - Image Processing*, Proc. SPIE Vol. 3661, Part II, pp. 1027-1036, 1999.
- [Marr82] Marr, D.: *Vision—A Computational Investigation into Human Representation and Processing of Visual Information*, W.H. Freeman and Company, New York, 1982.
- [McIn95a] McInerney, T., Terzopoulos, D.: Topologically Adaptable Snakes, Proc. of the Fifth Int. Conf. on Computer Vision, pp. 840-845, Cambridge, 1995.
- [McIn95b] McInerney, T., Terzopoulos, D.: A dynamic finite element surface model for segmentation and tracking in multidimensional medical images with application to cardiac 4d image analysis, *Comp. Med. Imag. Graph.*, Vol. 19, No. 1, pp.69--83, 1995.
- [McIn96] McInerney, T., Terzopoulos, D.: Deformable models in medical image analysis: a survey, *Medical Image Analysis*, Vol. 1, No. 2, pp. 91-108, 1996.
- [Meij01] Meijering, E., Niessen, W., Weickert, J., Viergever, M.: Evaluation of Diffusion Techniques for Improved Vessel Visualization and Quantification in Three-Dimensional Rotational Angiography, *Proceedings of the MICCAI*, pp. 177-185, 2001.
- [Meij03] Meijering, E., Jacob, M., Sarría, J.C.F., Unser, M.: A Novel Approach to Neurite Tracing in Fluorescence Microscopy Images, *Proceedings of the Fifth IASTED International Conference on Signal and Image Processing*, Honolulu, ACTA Press, pp. 491-495, 2003.
- [Mest89] Mester, R.: Regionenorientierte Bildsegmentierung unter Verwendung stochastischer Bildmodelle, *Fortschrittsberichte Vol. 106*, No. 10, VDI-Verlag, 1989.
- [Meye96] Meyer, F.G., Todd, R., Sinusas, A.J., Duncan, J.S.: Tracking Myocardial Deformation using Phase Contrast MR Velocity Fields: A Stochastic Approach, *IEEE Trans. on Medical Imaging*, Vol. 15, No. 4, pp 453-465, 1996.
- [Miki98] Mikic, I., Krucinski, S., Thomas, J.D.: Segmentation and Tracking in Echocardiographic Sequences: Active Contours Guided by Optical Flow Estimates, *IEEE Trans. on Medical Imaging*, Vol. 17, No. 2, pp 274-283, 1998.
- [Mill87] Millner, R.: *Wissenspeicher Ultraschalltechnik*, Leipzig: Fachbuchverlag, 1987.
- [Mitic96] Mitchell, J.R., Karlik, S.J., Lee, D.H., Eliasziw, M., Rice, G.P., Fenster, A.: The variability of manual and computer assistend quantification of multiple sclerosis lesion volumes, *Medical Physics*, Vol. 23, No. 1, pp. 85-97, 1996.
- [Mont97] Montagnat, J., Delingette, H.: Volumetric medical images segmentation using shape constrained deformable models, *CVR Medicine*, pp. 13-22, 1997.

- [Mont03] Montagnat, J., Sermesant, M., Delingette, H., Malandain, G., Ayache, N.: Anisotropic filtering for model-based segmentation of 4D cylindrical echocardiographic images, *Pattern Recognition Letters*, Vol. 24, No. 4-5, pp. 815-828, 2003.
- [More00] Moretti, Bruno, Fadili, J.M., Ruan, S., Bloyet, D., Mazoyer, B.: Phantom-based performance evaluation: Application to brain segmentation from magnetic resonance images, *Medical Image Analysis*, Vol. 4, No. 3, pp. 303-316, 2000.
- [Mort95] Mortensen, E.N., Barrett, W.A.: Intelligent Scissors for Image Composition, *Computer Graphics Proceedings of SIGGRAPH*, pp. 191-198, 1995.
- [Mort98] Mortensen, E.N., Barrett, W.A.: Interactive Segmentation with Intelligent Scissors, *Graphical Models and Image Processing*, Vol. 60, No. 5, pp. 349-384, 1998.
- [Mour97] Mouroutis, T., Roberts, S.J., Bharath, A.A., Alusi, G.: Compact Hough Transform and a Maximum Likelihood Approach to Cell Nuclei Detection, *Proceedings of the 13th International Conference on Digital Signal Processing*, pp. 869-872, 1997.
- [Mroz01] Mroz, L., Hauser, H.: RTVR a flexible Java library for interactive volume rendering, *Proceedings of the 12th IEEE Visualization '01*, pp. 279-286, 2001.
- [Münk98] Münk, H., Liedtke, C.-E., Rost, U.: Automatische Bewertung von Bildverarbeitungsrountinen zur konturorientierten Segmentierung mit FuzzySOLUTION, *Proceedings of the DAGM-Symposium*, pp. 151-158, 1998.
- [Nedz00] Nedzved, A., Ablameyko, S., Pitas, I.: Morphological segmentation of histology cell images, *Proceedings of the ICPR*, pp. 1500-1503, 2000.
- [Neue96] Neuenschwander, W., Fua P., Iverson L., Szekely G., Kubler O.: Ziplock Snakes, *International Journal of Computer Vision*, Vol. 25, No.3, pp.191-201, 1997.
- [Ney95] Ney, H.: *Mustererkennung und neuronale Netze*, Vorlesungsskript, RWTH Aachen, 1995.
- [Niem83] Niemann, H.: *Klassifikation von Mustern*, Springer-Verlag Berlin Heidelberg New York, 1983.
- [Nils99] Nilsson, N.J.: *Artificial Intelligence: A New Synthesis*, Morgan Kaufmann, 1999.
- [Obri94] O'Brien, J.F., Ezquerra, N.F.: Automated segmentation of coronary vessels in angiographic image sequences utilizing temporal, spatial structural constraints", in *Proc. SPIE Conference of Visualization in Biomedicine Computing*, 1994.
- [Odet02] Odet, C., Belaroussi, B., Benoit-Cattin, H.: Scalable Discrepancy Measures for Segmentation Evaluation, *Proceedings of the ICIP*, Vol. 1, pp. 785-788, 2002.
- [Olab01] Olabarriaga, S.D., Smeulders, A.W.M.: Interaction in the segmentation of medical images: a survey, *Medical image analysis*, Vol. 5, No. 2, pp. 127-142, 2001.

- [Olse97] Olsen, O.F., Nielsen, M.: Multi-Scale Gradient Magnitude Watershed Segmentation, Proceedings of the ICIAP, Vol. 1, pp. 6-13, 1997.
- [Otsu79] Otsu, N.A.: A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms. Proceedings of the IEEE SMC, pp. 9:62, 1979.
- [Pal93] Pal, N.R., Pal, S.K.: A Review on Image Segmentation Techniques, Pattern Recognition, Vol. 26, No. 9, pp. 1277-1294, 1993.
- [Palm00] Palm, C., Fischer, B., Lehmann, T., Spitzer, K.: Hierarchische Wasserscheiden-Transformation zur Lippensegmentierung in Farbbildsequenzen, Bildverarbeitung für die Medizin, Springer Verlag, S. 106-110, 2000.
- [Park94] Parker, A.D., Hill, A., Taylor, C.J., Cootes, T.F., Jin, X.Y., Gibson, D.G.: Application of Point Distribution Models to the Automated Analysis of Echocardiograms, Proceedings of the Computer in Cardiology, pp. 25-28, 1994.
- [Park97] Parker, J.R.: Algorithms for image processing and computer vision, Wiley computer publishing, 1997.
- [Park00] Park, M., Wilson, L.S., Jin, J.S.: Automatic Extraction of Lung Boundaries by a Knowledge-Based Method, Proc. of Workshop on Visual Information Processing, Vol. 2, Sydney, 2000.
- [Paul01] Palus, H., Kotyczka, T.: Evaluation of Colour Image Segmentation Results, 7. Workshop Farbbildverarbeitung 2001, Erlangen, 2001.
- [Pero87] Perona, P., Malik, J.: Scale space and edge detection using anisotropic diffusion, Proc. IEEE Comp. Soc. Workshop on Computer Vision, IEEE Computer Society Press, Washington, pp. 16-22, 1987.
- [Pero90] Perona, P., Malik, J.: Scale space and edge detection using anisotropic diffusion, IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., Vol. 12, pp. 629-639, 1990.
- [Pham99a] Pham, D.L., Xu, C., Prince, J.L.: A Survey of current Methods in Medical Image Segmentation, Annual Review of Miomedical Engineering, Technical Report JHU/ECE 99-01, Johns Hopkins University, Department of Electrical and Computer Engineering, 1999.
- [Pham99b] Pham, D.L., Prince, J.L.: A Generalized EM Algorithm for Robust Segmentation of Magnetic Resonance Images, 33rd Annual Conference on Information Sciences and Systems, CISS' 99, Baltimore, pp. 558-563, 1999.
- [Phil90] Phillips, J., Moon, H. u.a.: The FERET Evaluation Methodology for Face-Recognition Algorithms, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 12, No. 1, pp. 103-107, 1990.
- [Piet81] Pietikäinen, M., Rosenfeld, A.: Image Segmentation by Texture Using Pyramid Node Linking, IEEE Trans. Systems, Man, Cybernetics, vol. 11, no. 12, pp 822-825, 1981.
- [Piti02] Pitiot, A., Toga, A.W., Ayache, N., Thompson, P.: Texture Based MRI Segmentation with a Two-Stage Hybrid Neural Classifier, Proceedings of the World Congress on Computational Intelligence INNS-IEEE International Joint Conference on Neural Networks WCCI-IJCNN'02, 2002.

- [Pohl97] Pohle, R., von Rohden, L., Fischer, D.: Skeletal muscle sonography with texture analysis, Medical Imaging 1997, Newport Beach, Proceedings, Vol. 3034, part 2, pp. 772-778, 1997.
- [Pohl00a] Pohle, R., Grohmann, M., Tönnies, K.D.: Bewertung der Ergebnisse von Segmentierungslösungen in radiologischen Bilddaten am Beispiel des Einsatzes von aktiven Konturen, Bildverarbeitung für die Medizin, S. 91-95, 2000.
- [Pohl00b] Pohle, R., Fischer, D., von Rohden, L.: Computergestützte Gewebedifferenzierung bei der Skelettmuskelsonographie, Ultraschall in der Medizin, Vol. 21, Heft 12, Georg Thieme Verlag, S. 245-252, 2000.
- [Pohl01] Pohle, R., Toennies, K.D.: A New Approach for Model-Based Adaptive Region Growing in Medical Image Analysis, Proc. of the 9th Int. Conf. on Computer Analysis and Patterns, pp. 238-246, Warsaw, 2001.
- [Pohl02a] Pohle, R., Tönnies, K. D.: Self-learning model-based segmentation of medical images, Image Processing & Communication, vol. 7, no. 3-4, pp. 97-113, 2002.
- [Pohl02b] Pohle, R., Hinz, M., Tönnies, K. D., Stamm, G., Pohle, T.: Schnelle, interaktive Segmentierung medizinischer 3d-Datensätze durch Anwendung der Image Foresting Transformation in zwei verschiedenen Auflösungsstufen, Bildverarbeitung für die Medizin, S. 189-192, 2002.
- [Pohl02c] Pohle, R., Tönnies, K. D.: A three-level evaluation process for segmentation methods in medical imaging. Proceedings of SPIE Medical Imaging 2002, pp. 287-298, 2002.
- [Pohl03a] Pohle, R., Behlau, T., Tönnies, K.D.: Segmentation of 3-d medical image data sets with a combination of region based initial segmentation and active surfaces. Proceedings of SPIE Medical Imaging 2003, San Diego, Part II, pp. 1225-1232, 2003.
- [Pohl03b] Pohle, R., Tönnies K.D., Celler, A.: 4d-Segmentierung von dSPECT-Daten des Herzens. Bildverarbeitung für die Medizin, Erlangen, Tagungsband, Springer Verlag, S.176-180, 2003.
- [Poli97] Poli, R., Valli, G.: An algorithm for real-time vessel enhancement and detection, Computer Methods and Progress in Biomedicine, Vol. 52, pp. 1-22, 1997.
- [Pran03] Prang, C.: Modellgestützte Extraktion von Streuartefakten in dynamischen SPECT-Daten, Diplomarbeit, Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Institut für Simulation und Graphik, 2003.
- [Prei03] Preim, B.: Unterlagen zur Vorlesung „Medizinische Visualisierung“, Vorlesung 8, <http://isgwww.cs.uni-magdeburg.de/cv/lehre/MedVisualization/Vorlesungen/ziele.html>, 2003.
- [Prew01] Prewer, D., Kitchen, L.: Soft Image Segmentation by Weighted Linked Pyramid, Pattern Recognition Letters, Vol. 22, No. 2, pp.123-132, 2001.
- [Prov97] Provost, F., Fawcett, T.: Analysis and Visualization of Classifier Performance: Comparison under Imprecise Class and Cost Distribution, Proceedings of the Third International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, pp. 43-48, 1997.

- [Prov01] Provost, F., Fawcett, T.: Robust Classification for Imprecise Environments, *Machine Learning*, Vol. 42, No. 3, pp. 203-231, 2001.
- [Rade01] Radeva, P., Vitrià, J.: Region-Based Approach for Discriminant Snakes, *Proceedings of the IEEE International Conference on Image Processing*, Thessaloniki, pp. 801-804, 2001.
- [Raja97] Rajapakse, C.J., Giedd, J.N., Rapoport, J.L., Statistical Approach to Segmentation of Single-Channel Cerebral MR Images, *IEEE Trans. on Medical Imaging*, Vol.16, No.2, pp 176-186, 1997.
- [Rame93] Ramesh, V., Haralick, R.M.: Performance Characterization of Edge Detectors, *Proceedings of Image Understanding Workshop DARPA*, pp. 1071-1079, 1993.
- [Rame94] Ramesh, V., Haralick, R.M.: An Integrated Gradient Edge Detector–Theory and Performance Evaluation, *Proceedings of the ARPA*, pp. 689-702, 1994.
- [Rao93] Rao, A.R., Lohse, G.L.: Identifying High Level Features of Texture Perception, *CVGIP* 55:218-233, 1993.
- [Reim92] Reimers, C.D., Naegele, M., Fenzl, G., Witt, T.N., Hahn, D., Pongratz, D.E.: Sonographie, Computer- und Kernspintomographie in der Diagnostik generalisierter neuromuskulärer Erkrankungen: Methodenvergleich - diagnostische Möglichkeiten, In: Kunze, K., Arlt, A., Thayssen, G. (Hrsg.): *Neuromuskuläre Erkrankungen – Diagnostik und Therapieansätze*, pp. 141-146, Gustav Fischer, Stuttgart, Jena, New York, 1992.
- [Reim93] Reimers, C.D., Fleckenstein, J.L., Witt, T.N., Müller-Felber, W., Pongratz, D.E.: Muscular ultrasound in ideopathic inflammatory myopathies of adults, *Journal of Neurological Science*, Vol. 116, pp. 82-92, 1993.
- [Reim98] Reimers, C. D., Gaulrapp, H.: *Muskel- und Sehnensonographie*, Köln : Dt. Ärzte-Verl., 1998
- [Rein98] Reinhardt, J.M., Higgins, W.E.: Paradigm for Shape-based Image Analysis, *Opt. Eng.*, Vol. 37, No. 2, pp. 570-581, 1998.
- [Rett02] Rettmann, M.E., Tao, X., Prince, J.L.: Assisted labeling techniques for the human brain cortex, *Progress in Biomedical Optics and Imaging*, Vol. 3, No. 22, Part. 1, pp. 179-190, 2002.
- [Reye03] Reyes-Aldasoro, C.C., Bhalerao, A.: Volumetric Texture Description and Discriminant Feature Selection for MRI, *Proceedings of the Information Processing in Medical Imaging*, Ambleside, 2003.
- [Rezk00] Rezk-Salama, C., Hastreiter, P., Scherer, J., Greiner, G.: Automatic Adjustment of Transfer Functions for 3D Volume Visualization, *VMV* 2000, pp. 357-364, 2000.
- [Rohd89] Rohden, L. von: *Ultraschalluntersuchungen der quergestreiften Muskulatur bei neuromuskulären Erkrankungen*, Habilitationsschrift, Med. Akademie, Magdeburg, 1989.
- [Roma01] Román-Roldán, R., Gómez-Lopera, J.F., Atae-Allah, C., Martínez-Aroza, J., Luque-Escamilla, P.L.: A measure of quality for evaluating methods of segmentation and edge detection, *Pattern Recognition*, Vol. 34, pp. 969-980, 2001.

- [Rott82] Rott, H. D., Mulz, D.: Muskeldystrophie Duchenne: Konduktorin-nenerfassung mit Ultraschall, Dtsch. med. Wschr. 107, S. 1678-1681, 1982
- [Rott88] Rott, H.D., Lang, C., Engelhardt, A.: Sonographic Findings in Pseudomyopathic Spinal Muscular Atrophy Kugelberg-Welander Type, Journal Ultrasound in Medicine, No. 7, p. 596, 1988.
- [Rue98] Rue, H., Husby, O.K.: Identification of partly destroyed objects using deformable templates, Statistics and Computing, Vol. 8, No. 3, pp. 221-228, 1998.
- [Ruec97] Rueckert, D., Burger, P., Forbat, S.M., Mohiaddin, R.D., Yang, G.Z.: Automatic tracking of the aorta in cardiovascular MR images using deformable models, IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 16, pp. 581-590, 1997.
- [Saho88] Sahoo, P.K., Soltani, S., Wong, A.K.C., Chen, Y.C.: A survey of threshold techniques, CVGIP, Vol. 41, pp. 233-260, 1988.
- [Salo96] Salotti, M., Bellet, F., Garbay, C.: Evaluation of Edge Detectors: Critics and Proposal, Proceedings of the Workshop on Performance Characteristics of Vision Algorithms, Cambridge, 1996.
- [Sanc99] Sanchez-Ortiz, G.I., Rueckert, D., Burger, P.: Knowledge-based tensor anisotropic diffusion of cardiac MR images.. Medical Image Analysis, Vol. 3, No. 1, pp. 77-101, 1999.
- [Sand97] Sandor, S., Leahy, R.: Surface-Based Labeling of Cortical Anatomy Using a Deformable Atlas, IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 16, No. 1, pp. 41-54, 1997.
- [Sato98] Sato, Y., Nakajima, S., Shiraga, N., Atsumi, H., Yoshida, S., Koller, T., Gerig, G., Kikinis, R.: 3d multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images, IEEE Medical Image Analysis, Vol. 2, pp. 143-168, 1998.
- [Sche00] Schenk, A., Prause, G., Peitgen, H.O.: Local Cost Computation for Efficient Segmentation of 3D Objects with Live Wire, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 2, No. 27, pp. 1357-1364, 2000.
- [Sche01a] Schenk, A. Prause, G. Peitgen, H.-O.: Local Cost Computation for Efficient Segmentation of 3D Objects with Live Wire *Medical Imaging 2001: Image Processing* (San Diego, USA, 17.-23. February), M. Sonka, K.M. Hanson (Eds.), Proceedings of SPIE Vol. 4322, pp.1357-1364, 2001.
- [Sche01b] Schenk, A., Prause, G., Peitgen, H.-O.: Optimierte Semi-automatische Segmentierung von 3D-Objekten mit Live Wire und Shape-Based Interpolation, Bildverarbeitung für die Medizin 2001, Lübeck, Springer Verlag, pp. 202-206, 2001.
- [Schi00] Schindewolf, T., Peitgen, H.O.: Interaktive Bildsegmentierung von CT- und MR-Daten auf Basis einer modifizierten hierarchischen Wasserscheidentransformation, Bildverarbeitung für die Medizin, Springer Verlag, S. 96-100, 2000.
- [Schi87] Schinz: Radiologische Praxis in Klinik und Praxis, Hrsg.: Frommhold, W., Dihlmann, W., Stender, H.-St., Thurn, P., Band I - Teil 1: Allgemeine Grundlagen, Georg Thieme Verlag Stuttgart-New York, 7. Auflage, 1987.

- [Schl02] Schlathölder, T., Lorenz, C., Carlsen, I.C., Renisch, S., Deschamps, T.: Simultaneous Segmentation and Tree Reconstruction of the Airways for Virtual Bronchoscopy, Medical Imaging 2002: Image Processing, Proc. of the SPIE, Vol. 4684, S. 103-113, 2002.
- [Schö03] Schöbinger, M., Thorn, M., Vetter, M., Cardenas, C.E. u.a.: Robuste Analyse von Gefäßstrukturen auf Basis einer 3D-Skelettierung, Bildverarbeitung für die Medizin 2003, Tagungsband, Springer Verlag, S. 76-80, 2003.
- [Schu02] Schubert, A., Hahn, H.K., Peitgen, H.O.: Robuste vollautomatische Gehirnsegmentierung basierend auf einer 3D-Wasserscheidentransformation, Bildverarbeitung für die Medizin, Springer Verlag, S. 193-196, 2002.
- [Sede86] Sederberg, S., Parry, R.: Free-Form Deformation of Solid Geometric Models, Proceedings of the 13th Annual Conference on Computer Graphics, Dallas, pp. 151-160, 1986.
- [Sest95] Sester, M.: Lernen struktureller Modelle für die Bildanalyse, Dissertation, Universität Stuttgart, Fakultät für Bauingenieur- und Vermessungswesen, 1995.
- [Shaf02] Shaffrey, C.W., Jermyn, I.H., Kingsbury, N.G.: Psychovisual Evaluation of Image Segmentation Algorithms, Proceedings of ACIVS, Ghent, 2002.
- [Shin98] Shin, M. C., Goldgof, D., Bowyer, K. W.: An Objective Comparison Methodology of Edge Detection Algorithms Using a Structure from Motion Task, Proc. of the Computer Vision and Pattern Recognition, pp. 190-195, 1998.
- [Sieb97] Siebert A: Dynamic Region Growing, Proceedings of the Vision Interface '97, Kelowna, 1997.
- [Sijb97] Sijbers, J., Verhoye, M., Scheunders, P., van der Linden, A., van Dyck, D., Raman, E.: Watershed-based Segmentation of 3D MR Data for Volume Quantization, Magnetic Resonance Imaging, Vol. 15, No. 6, pp 679-688, 1997.
- [Silv01] da Silva, A.M.M., Dietrich, C., Olabarriaga, S.D.: Estimating and Enhancing Robustness against Variation in User Initialisation for Interactive Segmentation, Proceedings of the Workshop on Interactive Medical Image Visualization and Analysis, pp. 21-24, 2001.
- [Smet00] Smet, P. de, Pires, R.L.V.P.M: Implementation and analysis of an optimized rain falling watershed algorithm, 12th Annual Symposium Electronic Imaging 2000: Science and Technology, Conference: Image and Video Communications and Processing, San Jose, 2000.
- [Smut01] Smutek, D., Šára, R., Švec, M., Sucharda, P., Svacina, Š.: Chronic Inflammatory Processes in Thyroid Gland – Texture Analysis of Sonographic Images, Research Report, Prague : CTU, Faculty of Electrical Engineering, Center for Machine Perception, CTU--CMP--2001--15., 2001.
- [Smyt95] Smyth, P.P., Taylor, C.J., Adams, J.: Texture Analysis Using Local Property Maps, Proceedings of the British Machine Vision Conference, 1995.
- [Soch96] Sochen, N., Kimmel, R., Malladi, R.: From High Energy Physics to Low Level Vision, Technical Report 39243, LBNL report, UC Berkeley, 1996.

- [Sola98] Solaiman, B., Burdsall, B., Roux, C.: Hough transform and uncertainty handling. Application to circular object detection in ultrasound medical images, Proceedings of the ICIP, Vol. 3, pp. 828-831, 1998.
- [Solt97a] Soltianan-Zadeh, H., Windham, J.P., Peck, D.J.: Feature Space Analysis of MRI, Proc. of SPIE, Medical Imaging, New Port Beach, Vol. 3034, Part 1, pp. 26-37, 1997.
- [Solt97b] Soltianan-Zadeh, H., Windham, J.P., Robbins, L.: Semi-Supervised Segmentation of MRI Stroke Studies, Proc. of SPIE, Medical Imaging, New Port Beach, Vol. 3034, Part 1, pp. 437-448, 1997.
- [Sonk93] Sonka, M., Hlavac, V., Boyle, R.: Image Processing, Analysis and Machine Vision, Chapman & Hall, 1993.
- [Sonk95] Sonka, M., Winniford, M. D., Collins, S. M.: Robust Simultaneous Detection of Coronary Borders in Complex Images, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 14, no. 1, pp. 146-150, 1995.
- [Sonk97] Sonka, M., Reddy, G.K., Winniford, M. D., Collins, S. M.: Adaptive Approach to Accurate Analysis of Small-Diameter Vessels in Cineangiograms, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 16, no. 1, pp. 87-95, 1997.
- [Sonk00] Sonka, M., Fitzpatrick, J.M.: Handbook of Medical Imaging, Vol. 2: Medical Image Processing and Analysis, SPIE Press, 2000.
- [Sout00] Southall, B., Buxton, B.F., Marchant, J.A., Hague, T.: On the performance characterisation of image segmentation algorithms: a case study, Proceedings of the 6th European Conference on Computer Vision, Dublin, Vol. 2, pp. 351-365, 2000.
- [Stal96] Stalling, D., Hege, H.C.: Intelligent Scissors for Medical Image Segmentation, 4th Workshop "Digitale Bildverarbeitung in der Medizin", Freiburg, pp. 32-36, 1996.
- [Steg98] Steger, C.: Analytical and Empirical Performance Evaluation of Subpixel Line and Edge Detection, in K.W. Bowyer, P. J. Phillips: Empirical Evaluation Techniques in Computer Vision, pp. 188-210, 1998.
- [Stei84] Steinbicker V, Rohden L von, Krebs P, Szibor R: Duchenne muscular dystrophy: Carrier detection by ultrasound, Lancet, No. 1, pp. 1463, 1984.
- [Stei93] Steinbrecher, R.: Bildverarbeitung in der Praxis, Oldenbourg Verlag, 1993.
- [Subr97] Subramanian, K., Lawrence, D.M., Mostafavi, M.T.: Interactive Segmentation and Analysis of Fetal Ultrasound Images, 8th EG Workshop on ViSC, Boulogne sur Mer, 1997.
- [Sun03] Sun, X., Qian, W., Song, X., Qian, Y., Song, D., Clark, R.A.: Computer-Aided Detection (CAD) of Breast Cancer on Full Field Digital and Screening Film Mammograms, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part 2, pp. 930-939, 2003.
- [Szek93] Székely, G., Gerig, G., Koller, T., Brechbühler, C., Kübler, O.: Analysis of MR Angiography Volume Data Leading to the Structural Description of the Cerebral Vessel Tree, Proceedings of the CAIP, pp. 687-692, 1993.

- [Szel93] Szeliski, R., Toennesen, D., Terzopoulos, D.: Modelling surfaces of arbitrary topology with dynamic particles, Proceedings of the Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, pp. 82-87, 1993.
- [Szel94] Szeliski, R., Lavallée, S.: Matching 3-D anatomical surfaces with non-rigid deformations using octree-splines, Proceedings of the IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis, Seattle, pp. 144-153, 1994.
- [Terz91] Terzopoulos, D., Metaxas, D.: Dynamic 3D Models with Local and Global Deformation: Deformable Superquadrics, IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 13, No. 7, pp 703-712, 1991.
- [Thac93] Thackray, B.D., Nelson, A.C.: Semi-automatic segmentation of vascular network images using a rotating structuring element (rose) with mathematical morphology and dual feature thresholding, IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 12, pp. 385-392, 1993.
- [Thac02] Thacker, N., Lacey, T., Courtney, P.: Empirical Design Methodology for the Construction of Machine Vision Systems, Tutorial at ECCV, Copenhagen, 2002.
- [Thij03] Thijssen, J.M.: Ultrasonic speckle formation, analysis and processing applied to tissue characterization, Pattern Recognition Letters, Vol. 24, pp. 659-675, 2003.
- [Thie96] Thiele, D.L., Kimme-Smith, C., Johnson, T.D., McCombs, M., Bassett, L.W.: Using tissue texture surrounding calcification clusters to predict benign vs. malignant outcomes, Medical Physics, Vol. 23, pp. 549-555, 1996.
- [Tied98] Tiede, U., Schiemann, T., Höhne, K.-H.: High Quality Rendering of Attributed Volume Data, Proceedings of the IEEE Visualization '98, pp. 255-262, 1998.
- [Till93] Tilli, T.: Mustererkennung mit Fuzzy-Logik – Analysieren, klassifizieren, erkennen und diagnostizieren, Franzis-Verlag, München, 1993.
- [Tönn93] Tönnies, K.D.: Bildverarbeitung und Computer-Graphik in der Radiologie, Habilitationsschrift, 1993.
- [Tönn03] Toennies, K.D., Celler, A., Blinder, S., Möller, T., Harrop, R.: Scatter segmentation in dynamic SPECT images using principal component analysis, Proceedings of SPIE (Medical Imaging 2003), San Diego, Part I, pp. 507-516, 2003.
- [Tomi90] Tomita, F., Tsuji, S.: Computer Analysis of Visual Textures, Kluwer Academic Publishers, Norwell, 1990.
- [Trie95] Trier, O.D., Jain, A.K.: Goal-Directed Evaluation of Binarization Methods, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 17, No. 12, pp. 1191-1201, 1995.
- [Tsai95] Tsai, D.M.: A fast thresholding selection procedure for multimodal and unimodal histograms, Pattern Recognition Letters, Vol. 16, No. 6, pp. 653-666, 1995.
- [Udup00] Udupa, J. K., Herman, G. T.: 3D Imaging in Medicine, CRC Press, Boca Raton, London, New York, Washington, D.C., 2000.

- [Urs02] Urschler, M., Mayer, H., Bolter, R., Leberl, F.: The Live Wire Approach for the Segmentation of Left Ventricle Electron-Beam CT Images, Proceedings of the 26th Workshop of the Austrian Association for Pattern Recognition (ÖAGM/AAPR), OCG-Volume 160, pp 319-326, 2002.
- [Vare03] Varela, C., Muller, J.M., Karssemeijer, N.: Mammographic mass characterization using sharpness and lobulation measures, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part 1, pp. 120-129, 2003.
- [Vemu97] Vemuri, B.C., Guo, Y., Leonard, C.M., Lai, S.H.: Fast numerical algorithms for fitting multiresolution hybrid shape models to brain MRI, Medical Image Analysis, Vol. 1, No. 4, pp. 343-362, 1997.
- [Vero98] Veropoulos, K., Campbell, C., Learmonth, G., Knight, B., Simpson, J.: The Automated Identification of Tubercle Bacilli using Image Processing and Neural Computing Techniques, Proceedings of the 8th International Conference on Artificial Neural Networks, vol. 2, pp. 797-802, 1998.
- [Vinc91] Vincent, L., Soille, P.: Watersheds in Digital Spaces: An Efficient Algorithm Based on Immersion Simulations, IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 13, No. 6, pp. 583-597, 1991.
- [Vitu97] Vitulano, S., Ruberto, C. Di, Nappi, M.: Defferent methods to segment biomedical images, Pattern Recognition Letters, Vol. 18, No. 11-13, pp. 1125-1131, 1997.
- [Vlaa99] Vlaardingerbroek, M.T., den Boer, J.A.: Magnetic resonance imaging: theory and practice, Springer Verlag, Berlin Heidelberg New York, 1999.
- [Volk02] Volkmann, N.: A novel three-dimensional variant of the watershed transform for segmentation of electron density maps, Journal of Structural Biology, No. 138, pp. 123-129, 2002.
- [Wage00] Wagenknecht, G., Kaiser, H.J., Obladen, T., Sabri, O., Buell, U.: Simulation of 3D MRI brain images for quantitative evaluation of image segmentation algorithms, Proc. of SPIE, Medical Imaging, Vol. 3979, Part 2, pp. 1074-1084, 2000.
- [Wan03] Wan, S.Y., Higgins, W.E.: Symmetric Region Growing, IEEE Transactions on Image Processing, Vol.12, No. 9, pp. 1007-1015, 2003.
- [Wang01] Wang, D., Doddrell, D.M.: A segmentation-based method incorporating fractional volume analysis for quantification of brain atrophy on magnetic resonance images, Medical Imaging 2001: Image Processing, Vol. 4322, pp. 1411-1421, 2001.
- [Warf95] Warfield, S., Dengler, J., Zaers, J., Guttman, C.R.G. u.a.: Automatic Identification of Grey Matter Structures from MRI to Improve the Segmentation of White Matter Lesions, Journal on Image Guided Surgery, Vol. 1, No. 6, pp. 326-338, 1995.
- [Warf00] Warfield, S.K., Mulkern, R.V., Winalski, C.S., Jolesz, F.A., Kikinis, R.: An Image Processing Strategy for Quantification and Visualization of Exercise Induced Muscle MRI Signal Enhancement, Journal on Magnetic Resonance Imaging, Vol. 11, No. 5, pp. 525-531, 2000.
- [Warf02a] Warfield, S.K., Zou, K.H., Wells, W.M.: Validation of Image Segmentation and Expert Quality with an Expectation-Maximization Algorithm, Proceeding of the MICCAI, Vol. 1, pp. 298-306, 2002.

- [Warf02b] Warfield, S.K., Zou, K.H., Kaus, M.R., Wells, W.M.: Simultaneous Validation of Image Segmentation and Assessment of Expert Quality, Proceedings of the International Symposium on Biomedical Imaging, Washington D.C., pp. 1494:1-4, 2002.
- [Watt02] Watt, A.: 3D-Computergrafik, Pearson Studium, München, 2002.
- [Wegn98] Wegner, S., Sahlström, A., Pleißner, K.P., Oswald, H., Fleck, E.: Eine hierarchische Wasserscheidentransformation für die Spotdetektion in 2D Gelelektrophorese-Bildern, Bildverarbeitung für die Medizin, Proceedings, Springer-Verlag, S. 134-138, 1998.
- [Wegn99] Wegner, S.: Die Wasserscheidentransformation als Segmentierungsverfahren in der medizinischen Bildverarbeitung, Fortschritt-Berichte VDI, Reihe 10, Informatik/Kommunikation, Nr. 612, 1999.
- [Wegn01] Wegner, M.: Contour Detection in MR Cardiac Images of the Left Ventricle, Studienarbeit, Otto-von-Guericke Universität Magdeburg und University of Queensland (Australia), 2001.
- [Wegn03] Wegner, M., Diplomarbeit, Otto-von-Guericke-Universität, Institut für Simulation und Graphik, Magdeburg, 2003.
- [Weic02] Weichert, F., Wilke, C., Spilles, P., Kraushaar, A. u.a.: Modellbasierte Segmentierung und Visualisierung von IVUS-Aufnahmen zur Bestrahlungsplanung in der kardiovaskulären Brachytherapie, Bildverarbeitung für die Medizin 2002, Tagungsband, Springer Verlag, S. 85-88, 2002.
- [Weic03] Weichert, F., Wawro, M., Wilke, C.: Korrekte dreidimensionale Visualisierung von Blutgefäßen durch Matching von intravaskulären Ultraschall- und biplanaren Angiographiedaten als Basis eines IVB-Systems, Bildverarbeitung für die Medizin 2003, Tagungsband, Springer Verlag, S. 61-65, 2003.
- [Weik97] Weikert, J.: A Review of Nonlinear Diffusion Filtering, in B. ter H. Romeny, L. Florack, J. Koenderink, M. Viergever (Eds.): Scale-Space Theory in Computer Vision, Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1252, Springer, Berlin, pp 3-28, 1997.
- [Weik98] Weikert, J.: Anisotropic diffusion in image processing, ECMI Series, Teubner, Stuttgart, 1998.
- [West97] West, J., Fitzpatrick, J.M., Wang, M.Y., Dawant, B.M. u.a.: Comparison and Evaluation of Retrospective Intermodality Brain Image Registration Techniques, Journal on Computer Assisted Tomography, Vol. 21, No. 4, pp. 554-566, 1997.
- [Whit93] Whitaker, R.T., Pizer, S.M.: A multi-scale approach to nonuniform diffusion, CVGIP: Image Understanding, Vol. 57, 99-110, 1993.
- [Wied98] Wiedemann, C., Heipke, C., Mayer, H., Jamet, O.: Empirical Evaluation of Automatically Extracted Road Axes, In: Empirical Evaluation Methods in Computer Vision, Kevin J. Bowyer, P. Jonathon Phillips (Editors), IEEE Computer Society Press, pp 172-187, 1998.
- [Wiem01] Wiemker, R., Zwartkuis, A.: Optimal thresholding for 3D segmentation of pulmonary nodules in high resolution CT, Int. Congress Series 1230, pp. 653-658, 2001.

- [Wino85] Winograd, T.: Frame Representation and the Declarative/ Procedural Controversy , in R. Brachman & H. Levesque, Hrsg., :Readings in Knowledge Representation, Morgan Kaufmann, pp. 357–370, 1985.
- [Wolf03] Wolf, I., Vetter, M., Hassenpflug, P., Meinzer, P.: Extension of 2D segmentation methods into 3D by means of Coons-patch interpolation, Medical Imaging 2003: Image Processing, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, S. 1413-1420, 2003.
- [Wu95] Wu, K., Gauthier, D., Levine, M.D.: Live Cell Image Segmentation, IEEE Trans. on Biomedical Engineering, Vol. 42, No. 1, pp 1-12, 1995.
- [Xu97] Xu, Ch., Pham, D.L., Prince, J.L.: Finding the Brain Cortex Using Fuzzy Segmentation, Isosurfaces, and Deformable Surface Models, XVth. Int. Conf. on Information Processing in Medical Imaging (IPMI), pp. 399-404, 1997.
- [Xu98] Xu, C., Prince, J.L.: Generalized gradient vector flow external force for active contours, Signal Processing – An International Journal, Vol. 71, No. 2, pp. 131-139, 1998.
- [Yang95] Yang, L., Albrechtsen, F., Lonnestad, T., Grottum, P.: A Supervised Approach to the Evaluation of Image Segmentation Methods, Proceedings of the CAIP, pp. 759-765, 1995.
- [Yim00] Yim, P.J., Choyke, P.L., Summers, R.M.: Gray-scale skeletonization of small vessels in magnetic resonance angiography, IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 19, pp. 568–576, 2000.
- [Yim03] Yim, P.J., Kim, D., Choyke, P.L.: The Watershed and Skeletonization of Angiography, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, Part. 3, pp. 1685-1698, 2003.
- [Yu00] Yu, D.N., Xu, C., Rettmann, M.E., Pham, D.L., Prince, J.L.: Quantitative validation of a deformable cortical surface model, Proc. of SPIE, Medical Imaging, Vol. 3979, Part 3, pp. 1593-1604, 2000.
- [Yu02] Yu, Y., Acton, S.T.: Speckle reducing Anisotropic Diffusion, IEEE Transactions on Image Processing, Vol. 11, No. 11, pp. 1260-1270, 2002.
- [Zack77] Zack, G.W., W.E. Rogers, and S.A. Latt, Automatic Measurement of Sister Chromatid Exchange Frequency, Vol. 25, No. 7, pp. 741-753, 1977.
- [Zhan96] Zhang, Y. J.: A Survey on Evaluation Methods for Image Segmentation, Pattern Recognition, Vol. 29, No. 8, pp. 1335-1346, 1996.
- [Zhang97] Zhang, Y. J.: Evaluation and Comparison of Different Segmentation Algorithms, Pattern Recognition Letters, Vol. 18, No. 10, pp. 963-974, 1997.
- [Zhen01] Zheng, Y., Nixon, M.S., Allen, R.: Automatic Lumbar Vertebrae Segmentation in Fluoroscopic Images via optimised Concurrent Hough Transform, Proceedings of 23rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, 2001.
- [Zhen03] Zheng, B., Leader, J.K., Maitz, G.S. u.a.: A simple method for automated lung segmentation in X-ray CT images, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, 1455-1463, 2003.

- [Zhou01] Zhou, L., Kambhamettu, C.: Extending Superquadrics with Exponent Functions: Modelling and Reconstruction, Graphical Models, Vol. 63, No. 1, pp. 1-20, 2001.
- [Zhou03] Zhou, C., Hadjiiski, L.M., Sahiner, B. u.a.: Computerized Detection of Pulmonary Embolism in 3D Computed Tomographic Images: Vessel Tracking and Segmentation Techniques, Progress in Biomedical Optics and Imaging, Vol. 4, No. 23, 1613-1620, 2003.
- [Zhu02] Zhu, H.: Determination and Validation of segmentation by Thresholding to Cranial Bones in Medical Tomographic Data, Master Thesis, Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, 2002.
- [Zizz01] Zizzari, A., Seiffert, U., Michaelis, B., Gademann, G., Swiderski, S.: Detection of Tumor in Digital Images of the Brain, Proc. Of the IASTED International Conference Signal Processing, Pattern Recognition and Applications, Rhodes, pp. 132-137, 2001.
- [Zong96] Zongker, D., Jain, A.: Algorithms for Feature Selection: An Evaluation, Proceedings of ICPR '96, pp. 18-22, 1996.
- [Zuna91] Zuna, I.: Aktueller Stand der Gewebeklassifizierung, Jahrbuch der Radiologie, S. 135-144, Biermann Verlag, 1991
- [Zwig96] Zwiggelaar, R., Parr, T.C., Taylor, C.J.: Finding orientated line patterns in digital mammographic images. Proceedings of the 7th British Machine Vision Conference, Edinburgh, pp. 715-724, 1996.

Lebenslauf

Name : Dr. Pohle
Vorname : Regina
geboren : 28. Januar 1965 in Magdeburg
Nationalität : Deutsch
Adresse : Kretschmannstraße 69
39118 Magdeburg
Familienstand : verheiratet
Kinder : zwei (13 und 16 Jahre)

Schulbildung

1971 - 1979 : Polytechnische Oberschule „Richard Dembny“
1979 - 1983 : Erweiterte Oberschule „Otto von Guericke“
Abschluß : Abitur 1983

Studium

1984 - 1989 : Studium in der Fachrichtung Werkstofftechnik in Magdeburg
an der Technischen Universität „Otto von Guericke“
Abschluß : Diplom-Ingenieur, 1989

Bisherige Tätigkeiten

1989 - 9/1994 : wiss. Assistentin im Institut für Simulation und Graphik der
Fakultät für Informatik der Otto-von-Guericke-Universität
1990 : Mütterjahr
10/94-12/94 : wiss. Assistentin im Institut für Werkstofftechnik und
Werkstoffprüfung der Fakultät für Maschinenbau
2/1995 : Dissertation
1/95-10/97 : Mitarbeiterin in der Klinik für Dermatologie und in der
Kinderklinik
ab 11/97 : wiss. Mitarbeiterin in der Fakultät für Informatik im Institut für
Simulation und Graphik, AG Bildverarbeitung / Bildverstehen
7/02-10/02 : Forschungsaufenthalt am Vancouver Hospital and Health
Sciences Centre der Universität von British Columbia bei

Magdeburg, den 18. Dezember 2003

Erklärung

Ich erkläre hiermit, dass ich die hier vorliegende Habilitationsschrift ohne sonstige Hilfe selbst durchgeführt habe und bei der Abfassung der Arbeit keine anderen als die aufgeführten Hilfsmittel benutzt habe. Ich habe bisher noch an keiner Universität oder Hochschule eine derartige Arbeit vorgelegt.

Dr.-Ing. Regina Pohle

Magdeburg, den 18. Dezember 2003