

Statistische Appearance-Modelle basierend auf probabilistischen Korrespondenzen für die medizinische Bildanalyse¹

Julia Krüger²

1 Einführung

Die Segmentierung medizinischer Bilder ist ein zentrales Problem in der Analyse und Bearbeitung medizinischer Bilddaten. Sie bildet meist die Grundlage für weitergehende Verfahren zur computergestützten Diagnostik und Therapie. Automatische robuste Segmentierungsverfahren werden unter anderem benötigt bei der quantitativen Radiologie – automatische Anatomie-/Pathologiedetektion mit anschließender Volumenbestimmung, Strahlentherapie – Identifikation von betroffenem und gesundem Gewebe – oder computergestützten Chirurgie – Planung von chirurgischen Eingriffen mittels 3D Modellen der betroffenen Region/Organe.

Eine automatische Segmentierung der Daten gewährleistet dabei im Gegensatz zur manuellen Segmentierung stabilere und reproduzierbare Ergebnisse. Des Weiteren kann eine genaue manuelle Segmentierung der gesuchten Organe/Strukturen mit einem enormen Zeitaufwand verbunden sein.

Die größten Herausforderungen für automatische Segmentierungsverfahren bilden zum einen die hohe anatomische (und pathologische) Variabilität zwischen Patienten und zum anderen die schwankende Bildqualität der Daten. Bei der Entwicklung solcher Verfahren muss berücksichtigt werden, dass die Form und Erscheinung der gesuchten Objekte (Organe) zwischen Patienten oder sogar zwischen zeitlich auseinanderliegenden Aufnahmen desselben Patienten stark schwanken können. Abgesehen von unterschiedlicher Bildauflösung, verschiedener Positionierung der Patienten oder abweichenden Akquirierungsparametern leiden medizinische Bilddaten außerdem unter Rauschen oder Artefakten. Einfachere Segmentierungsverfahren wie rein signalwertbasierte oder gradientenbasierte Methoden stoßen daher schnell an ihre Grenzen, wenn es sich um schlecht definierte Organgrenzen handelt.

Die Idee der modellbasierten Segmentierungsverfahren ist die Nutzung von Vorwissen über das gesuchte Objekt. Einfache Methoden gehen dabei lediglich von einer z. B. “glatte Konturgrenze” als Modellannahme aus, wohingegen komplexere Modelle die Form oder Erscheinung eines betrachteten Organs modellieren. Die Herausforderung bei der

¹ Titel engl.: Statistical appearance models based on probabilistic correspondences for medical image analysis

² Institut für Medizinische Informatik der Universität zu Lübeck, Julia.Krueger.SN@gmail.com

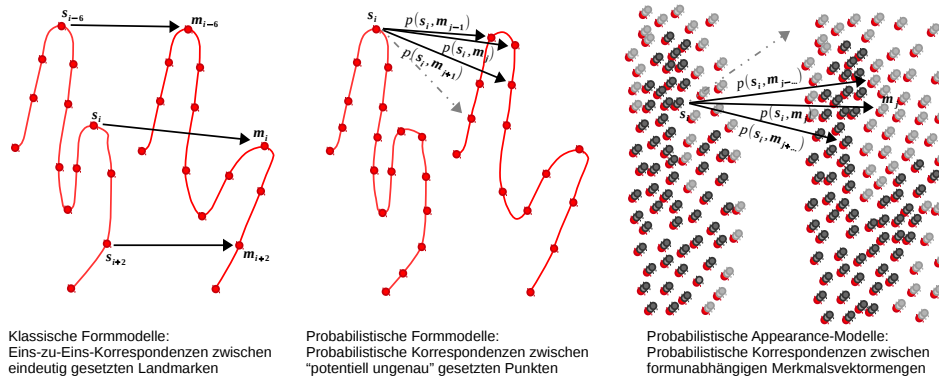


Abb. 1: Klassische Modellansätze gehen von einer Eins-zu-Eins-Korrespondenz zwischen “exakt” lokalisierten Landmarken aus. Probabilistische Formmodelle berechnen stattdessen die Korrespondenzwahrscheinlichkeiten zwischen “potentiell ungenau” bestimmten Merkmalsvektoren. Bei den probabilistischen Appearance-Modellen wird die Korrespondenzschätzung um die Appearance-Merkmale erweitert und des Weiteren wird von einer formunabhängigen Positionierung der Merkmalsvektoren ausgegangen.

Generierung dieses Vorwissens ist die heterogene Natur von medizinischen Strukturen, die oftmals eine hohe Variabilität in Form und Erscheinung aufweisen: Ungeachtet der Tatsache, dass ein bestimmtes Organ einem generellen “Bauplan” folgt, unterscheiden sich die individuelle Form und Erscheinung jedes Patienten voneinander. Um dieses Problem der “Individualität versus Generalität” einer gewissen anatomischen Struktur zu adressieren, können statistische Modelle eingesetzt werden [HM09]. Diese wurden entwickelt, um die statistischen Eigenschaften einer Gruppe von ähnlichen Objekten (Organe, Knochen,...) zu beschreiben. Der Vorteil eines modellbasierten Verfahrens liegt in seiner Robustheit: Wird ein solches Modell, welches das gesuchte Organ mit allen möglichen Variationen beschreibt, auf ein neues Bild adaptiert, ist gewährleistet, dass die Ergebnissegmentierung einer Instanz dieses Objekts entspricht.

Die Grundlage eines jeden statistischen Modells stellt eine Trainingsdatenmenge von N Datensätzen dar, welche das zu modellierende Objekt beschreibt: $\mathbf{S}_{tr} = \{\mathbf{S}_k | k = 1, \dots, N\}$. In den klassischen Methoden werden die Datensätze als Sequenz von N_s Landmarken beschrieben: $\mathbf{S}_k = [s_{k,1}, s_{k,2}, \dots, s_{k,N_s}]$. Jede Landmarke $s_{k,i} \in \mathbb{R}^D$ repräsentiert dabei eine definierte Position im Objekt. Alle Landmarken $s_{1,i}, s_{2,i}, \dots, s_{k,i}, \dots, s_{N,i}$ mit demselben Index i in allen Trainingsdaten werden als korrespondierend angenommen. Cootes et al. führte den Begriff der *point distribution models* für diese Repräsentation mittels korrespondierender Landmarken ein [Co92]. Neben der Beschreibung der Form (durch Landmarken) eines Organs kann ebenfalls die Erscheinung (engl. appearance) der betrachteten Struktur mit modelliert werden. Diese “Appearance”-Informationen werden in klassischen Modellen abhängig von der durch Landmarken repräsentierten Objektform abgetastet [CET01].

Da mithilfe dieser Informationen die statistischen Form- bzw. Appearance-Eigenschaften des Objekts bestimmt werden, hängt die Qualität des generierten Modells vollständig von

einer korrekten Positionierung der Landmarken ab. Allerdings stellt sich dabei die Frage, ob die exakte anatomische Landmarke in allen Bildern an gut definierten Positionen existiert – auf Grund von anatomischen (oder pathologischen) Unterschieden zwischen Patienten oder auf Grund von unterschiedlichen Bildakquirierungstechniken. Dieselbe Problematik ergibt sich bei der Adaption des Modells an neue unbekannte Bilder, da hier ebenfalls von einer Eins-zu-Eins-Korrespondenz zwischen Modell und neuem Bild ausgegangen wird.

Um die grundlegende Annahme der Eins-zu-Eins-Korrespondenzen in klassischen Modellen zu ersetzen, können probabilistische Korrespondenzen eingesetzt werden [Hu08]. Diese Korrespondenzwahrscheinlichkeiten bieten Robustheit gegenüber “ungenau” bestimmten “Landmarken” sowie gegenüber fehlenden Strukturen in Bilddaten.

Der zweite wichtige Aspekt – neben den korrekten Landmarken – der die Qualität der modellbasierten Anwendungen ausschlaggebend bestimmt, ist die Art der Anpassung des Modells an neue Bilddaten. Ist die Modellgenerierung in den meisten Fällen durch ein gut definiertes Verfahren abgedeckt, so müssen hingegen für die Modellanpassung unabhängige Methoden entwickelt werden, da zuerst zu definieren ist, wie eine “gute Anpassung” bestimmt ist.

Die hier zusammengefasste Arbeit präsentiert einen neuen vielseitig einsetzbaren probabilistischen Maximum-A-posteriori-Ansatz für statistische Appearance-Modelle [KEH17, KEH15]. Die Grundlage der vorangestellten Problemformulierung bildet eine merkmalsvektorbasierte Repräsentation von Bildern durch eine Menge unabhängiger D -dimensionaler Merkmalsvektoren $\mathbf{S} = \{\mathbf{s}_i = (\mathbf{x}_i, \mathbf{f}_i) | i = 1, \dots, N_s\}$, welche Positions- ($\mathbf{x}_i \in \Omega$) und beliebige Appearance-Informationen (\mathbf{f}_i) kombinieren. Im Kontrast zu klassischen statistischen Form- oder Appearance-Modellen nutzt das probabilistische Modell Korrespondenzwahrscheinlichkeiten, wodurch eine vorangehende, potentiell aufwendige Definition von Eins-zu-Eins-Korrespondenzen unnötig wird. Dies eliminiert den Bedarf einer elaborierten Vorverarbeitung der Trainingsdaten und unterstützt außerdem ein arbiträres Abtasten der Test- und Trainingsdaten. Ein abgeleitetes globales Optimierungskriterium wird sowohl für die Modellgenerierung als auch -anpassung genutzt. Für die Optimierung der gesuchten Parameter über das globale Kriterium wird ein iterativer Expectation-Maximization-Algorithmus angewendet, um abwechselnd Modellparameter und probabilistische Korrespondenzen zwischen den Trainingsinstanzen und dem Modell zu bestimmen. Für die Steigerung der Robustheit während der Modelloptimierung wurden verschiedene Multi-Level-Erweiterungen vorgestellt.

2 Methode

2.1 Korrespondenzwahrscheinlichkeiten zwischen Bildrepräsentationen

Es seien zwei Bildrepräsentationen $\mathbf{S} = \{\mathbf{s}_i | i = 1, \dots, N_s\}$ und $\mathbf{M} = \{\mathbf{m}_j | j = 1, \dots, N_m\}$ gegeben. Es sei unbekannt, welche Merkmalsvektoren beider Mengen miteinander korrespondieren. Des Weiteren wird angenommen, dass die Positionierung der Merkmals-

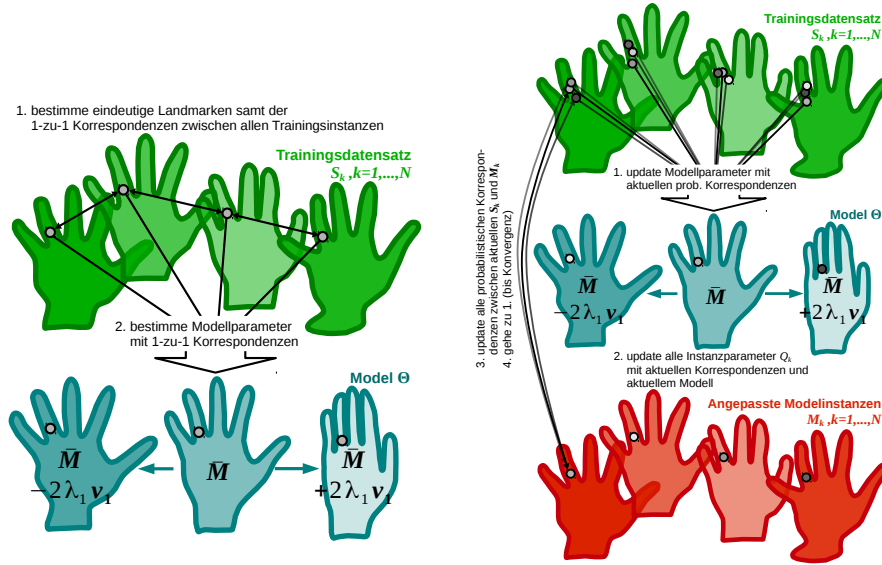


Abb. 2: Links: Modellgenerierung mit bekannten Eins-zu-Eins-Korrespondenzen: In klassischen Modellen sind die eindeutigen Korrespondenzen zwischen den Trainingsinstanzen und somit auch zum resultierenden Modell bekannt. Es können also in einem Schritt das mittlere Modell \bar{M} und die Variationsmoden \mathbf{V} (mittels PCA) bestimmt werden.

Rechts: Modellgenerierung ohne bekannte Eins-zu-Eins-Korrespondenzen unter Nutzung von Korrespondenzwahrscheinlichkeiten: Das Modell kann nicht in einem Schritt berechnet werden, da die optimalen Modellparameter abhängig von den aktuellen probabilistischen Korrespondenzen sind. Um diese bestimmen zu können, werden nicht nur neue Modellparameter berechnet (1.), sondern ebenfalls das aktuelle Modell auf die Trainingsinstanzen angepasst (2.). Anschließend können die Korrespondenzwahrscheinlichkeiten zwischen S_k und Modell bzw. M_k aktualisiert werden (3.). Die Optimierung des Modells wird iterativ fortgesetzt bis zur Konvergenz.

vektoren “ungenau” ist und daher keine Eins-zu-Eins-Korrespondenz zwischen den Mengen vorliegt. Daher sind die Korrespondenzwahrscheinlichkeiten zwischen beiden Repräsentationen über die paarweisen Wahrscheinlichkeiten so definiert, dass Merkmalsvektor \mathbf{s}_i aus \mathbf{S} eine verauschte Observation des Merkmalsvektors \mathbf{m}_j aus \mathbf{M} ist. Dies wird nach Granger et al. [GP02] als Gauß-verteilt modelliert:

$$p(\mathbf{s}_i | \mathbf{m}_j) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{D}{2}} |\Sigma|^{\frac{1}{2}}} \exp \left(-\frac{1}{2} (\mathbf{s}_i - \mathbf{m}_j)^T \Sigma^{-1} (\mathbf{s}_i - \mathbf{m}_j) \right), \quad (1)$$

wobei $\Sigma \in \mathbb{R}^{D \times D}$ die Kovarianzmatrix repräsentiert und sowohl Positions- als auch Appearance-Merkmalsvarianzen beschreibt. Die Korrespondenzwahrscheinlichkeit von \mathbf{S} zu \mathbf{M} kann zusammengefasst werden als: $p(\mathbf{S} | \mathbf{M}) = \prod_{i=1}^{N_s} \frac{1}{N_m} \sum_{j=1}^{N_m} p(\mathbf{s}_i | \mathbf{m}_j)$. $p(\mathbf{S} | \mathbf{M})$ kann demnach als Maß betrachtet werden, welches anzeigt, wie stark beide Bildrepräsentationen miteinander korrespondieren. Abbildung 1 stellt die klassische Eins-zu-Eins-Korrespondenz der probabilistischen Korrespondenzdefinition visuell gegenüber.

2.2 Modell auf Basis von zufälligen Observationen

Liegt eine Trainingsmenge von N Bildern samt dazugehörigen Bildrepräsentationen $\mathbf{S}_{\text{tr}} = \{\mathbf{S}_k | k = 1, \dots, N\}$ vor, wird das Modell, welches diese Daten optimal abbildet, gesucht. Die probabilistische Sichtweise betrachtet die gegebenen Daten als Menge von Observationen, auf dessen Basis gewisse Populationsparameter – in diesem Fall “das Modell” – geschätzt werden sollen. Das heißt, folgende Wahrscheinlichkeit wird maximiert: $\text{Modell} = \arg\max_{\text{Modell}} p(\text{Modell} | \mathbf{S}_{\text{tr}})$. Die Trainingsobservationen werden als zufällig durch das Modell generiert angenommen. Wie bei klassischen Ansätzen setzt sich das Modell aus einem mittleren Modell $\bar{\mathbf{M}}$ und einer Anzahl an n Variationsmoden $\mathbf{V} = \{\mathbf{V}_p | p = 1, \dots, n\}$ mit Standardabweichung $\{\lambda_p | p = 1, \dots, n\}$ zusammen. Laut Modellannahme werden neue Instanzen \mathbf{M} durch ein solches Modell generiert, indem die Moden mittels Gewichte ω_p manipuliert werden. Größere lineare Anpassungen werden durch eine affine Transformation T durchgeführt: $\mathbf{M} = T^{-1}(\bar{\mathbf{M}} + \sum_{p=1}^n \omega_p \mathbf{V}_p)$ mit $\omega_p \sim N(0, \lambda_p)$. ω_p wird als normalverteilt mit der Standardabweichung λ_p angenommen.

Um die optimalen Parameter zu finden, werden nun diejenigen Modellinstanzen \mathbf{M}_k gesucht, welche die gegebene Trainingsdaten \mathbf{S}_k am besten beschreiben $\forall k: \mathbf{S}_k \approx \mathbf{M}_k$ mit $\mathbf{M}_k = T_k^{-1}(\bar{\mathbf{M}} + \sum_{p=1}^n \omega_{k,p} \mathbf{V}_p)$. Um zu bestimmen, ob zwei Merkmalsvektormengen (\mathbf{S}_k und \mathbf{M}_k) einander ähnlich sind, müssen Korrespondenzen zwischen beiden bekannt sein. Diese sind zu Beginn der Modellgenerierung nicht bekannt und müssen gemeinsam mit den Parametern optimiert werden. Die probabilistischen Korrespondenzen werden über die Gleichung 1 berechnet. Dabei bestimmen die Merkmalsvarianzen Σ , welche Vektoren in beiden Mengen wie stark korrespondieren. Die Abbildungen 2 stellen den Unterschied zwischen der klassischen Modellgenerierung in einem Schritt mit bekannten Korrespondenzen (Abbildung 2, links) und der iterativen probabilistischen Modellgenerierung über die gemeinsame Optimierung der Modellinstanzen und Korrespondenzen (Abbildung 2, rechts) optisch dar.

Alle Parameter $\{\bar{\mathbf{M}}, \mathbf{V}_p, \lambda_p, \omega_{k,p}, T_k, n, \Sigma | p = 1, \dots, n, k = 1, \dots, N\}$ können in *Modellparameter* und *instanzabhängige Parameter* unterteilt werden. Als Modellparameter Θ werden diejenigen Parameter betrachtet, die für den gesamten Trainingsdatensatz und somit optimalerweise für die gesamte Population gleich sind: $\Theta = \{\bar{\mathbf{M}}, \mathbf{V}_p, \lambda_p, n, \Sigma | p = 1, \dots, n\}$. Als instanzabhängige Parameter $Q = \{Q_k | k = 1, \dots, N\}$ werden die Parameter definiert, welche die Modellinstanz modifizieren: $Q_k = \{T_k, \omega_{k,p} | p = 1, \dots, n\}$.

2.3 Maximum-A-posteriori-Ansatz zur Parameteroptimierung:

Das aufgestellte Problem, diejenigen Modellinstanzen \mathbf{M}_k zu finden, welche die gegebene Trainingsdaten \mathbf{S}_k am besten beschreiben $\forall k: \mathbf{S}_k \approx \mathbf{M}_k$ mit $\mathbf{M}_k = T_k^{-1}(\bar{\mathbf{M}} + \sum_{p=1}^n \omega_{k,p} \mathbf{V}_p)$ kann als Maximum-A-posteriori-Schätzung der Parameter Θ und $Q = \{Q_k | k = 1, \dots, N\}$ definiert werden: $p(Q, \Theta | \mathbf{S}_{\text{tr}}) \rightarrow \max_{Q, \Theta}$. Unter Nutzung des Bayes-Theorems wird folgendes Kriterium minimiert:

$$C(Q, \Theta) = -\log p(Q, \Theta | \mathbf{S}_{\text{tr}}) = -\log \left(\frac{p(\mathbf{S}_{\text{tr}} | Q, \Theta) p(Q | \Theta) p(\Theta)}{p(\mathbf{S}_{\text{tr}})} \right). \quad (2)$$

2.4 Modellgenerierung und Modellanpassung:

Als *Modellgenerierung* wird die Optimierung des globalen Kriteriums nach Θ bezeichnet. Durch die unbekannten Korrespondenzen zwischen Trainingsdatensatz und Modell müssen darüber hinaus gleichzeitig die instanzabhängigen Parameter Q_k optimiert werden. Das heißt, die Modellgenerierung kann zusammengefasst werden als:

- **gegeben:** N Trainingsinstanzen $\mathbf{S}_{\text{tr}} = \{\mathbf{S}_k | k = 1, \dots, N\}$

- **gesucht:** das Modell Θ – mithilfe der Optimierung von $\text{argmin}_{Q, \Theta} C(Q, \Theta) = \text{argmin}_{Q, \Theta} -\log p(Q, \Theta | \mathbf{S}_{\text{tr}})$.

Als *Modellanpassung* wird die Optimierung desselben globalen Kriteriums nach Q_{new} mit fixer Parameterbelegung für Θ bezeichnet. Dies kann zusammengefasst werden als:

- **gegeben:** das Modell Θ und eine Instanz \mathbf{S}_{new}

- **gesucht:** die Modellinstanz \mathbf{M}_{new} , die über die instanzabhängigen Parameter $Q_{\text{new}} = \{T_{\text{new}}, \boldsymbol{\omega}_{\text{new}}\}$ definiert ist und \mathbf{S}_{new} “am ähnlichsten” ist – mithilfe der Optimierung von $\text{argmin}_{Q_{\text{new}}} C(Q_{\text{new}}, \Theta) = \text{argmin}_{Q_{\text{new}}} -\log p(Q_{\text{new}}, \Theta | \mathbf{S}_{\text{new}})$.

Durch die Optimierung des globalen Kriteriums $C(Q, \Theta)$ sollen Modell- und instanzabhängige Parameter bestimmt werden, welche die gegebene Trainingsmenge abbilden können, $\forall k: \mathbf{S}_k \approx \mathbf{M}_k$ mit $\mathbf{M}_k = T_k^{-1}(\bar{\mathbf{M}} + \sum_{p=1}^n \omega_{k,p} \mathbf{V}_p)$

Die Optimierung des Kriteriums nach den Parametern erfolgt iterative mit Hilfe eines Expectation-Maximization-Algorithmus. Dabei wird zwischen einem E(xpectation)-Schritt, indem die Korrespondenzwahrscheinlichkeiten für die aktuellen Parameter bestimmt werden, und einem M(aximization)-Schritt, indem die Parameter für die aktuellen Korrespondenzen optimiert werden, alterniert. Die Optimierung im M-Schritt erfolgt dabei über die partiellen Ableitungen des Kriteriums nach allen Parametern.

3 Zusammenfassung der Vorteile des vorgestellten Frameworks

Die Nutzung der **probabilistischen Korrespondenzen** liefert eine Vielzahl an Vorteilen im Gegensatz zu vorher aufwendig bestimmten Eins-zu-Eins-Korrespondenzen:

- Eine kostenaufwendige Bestimmung von Landmarken und Eins-zu-Eins-Korrespondenzen vor der Modellgenerierung ist nicht notwendig. Außerdem ist die Qualität des resultierenden Modells nicht von potentiell falsch gesetzten Landmarken abhängig.
- Die probabilistischen Korrespondenzen führen zu einer gesteigerten Robustheit gegenüber nicht vorhandener korrespondierender Strukturen in den Bilddaten.
- Außerdem sind zusätzliche Informationen über lokale Unsicherheiten des Modells durch probabilistische Korrespondenzen nach abgeschlossener Modellanpassung gegeben. Es werden Bereiche (mit geringen Korrespondenzwerten) in neuen Bilddaten

indiziert, die nicht oder “schlecht” durch das Modell abgebildet werden konnten. Diese können beispielsweise automatisch auf pathologische Bereiche in den Bilddaten hinweisen.

Im Gegensatz zu klassischen Verfahren, die zu meist auf einer Vielzahl an verschiedenen Algorithmen bestehen, basiert die vorgestellte Methode auf einer **geschlossenen mathematischen Formulierung** eines globalen Optimierungskriteriums:

- Die Qualität des Verfahrens ist nicht abhängig von Ergebnissen von einzelnen unabhängigen aneinandergereihten Verfahren.
- Sowohl die Modellgenerierung und als auch die Modellanpassung werden mit demselben Optimierungsverfahren durchgeführt. Im Gegensatz dazu stellt bei klassischen Modellansätzen die Modellanpassung oftmals ein komplett neues und sogar schwereres Problem als die Modellgenerierung dar.
- Alle Parameter werden entweder über das Kriterium optimiert oder datengetrieben an die aktuelle Situation während der Optimierung angepasst. Es findet kein manuelles Tuning von Parametern statt.

Die Grundlage der Modellformulierung bildet eine Datenrepräsentation über eine **gemeinsame Definition von Positions- und Appearance-Merkmalen** in einer Merkmalsvektormenge:

- Durch die Repräsentation der Merkmalsvektoren als beliebig lange Vektoren, bei denen Positionsmerkmale und Appearance- oder Segmentierungsmerkmale gleich behandelt werden, gibt es keinerlei Einschränkungen die Art oder Anzahl der Merkmale betreffend.
- Es können automatisch “beliebigdimensionale” Bilder verarbeitet werden: Ob 2D, 3D oder 4D (3D+Zeit), ob mehrkanal Bilder (verschiedene MRT-Sequenzen) oder multimodale Bilddaten (MRT und CT Daten), ob eine Segmentierungsmaske oder Multi-Organsegmentierung – es muss keinerlei Anpassung an die vorgestellte Methode erfolgen.
- Durch die zusätzliche Anpassung der Appearance-Werte während der Modellgenerierung ist ebenfalls keine Vorverarbeitung der Signalwerte (Histogrammangleichung, etc.) der Trainingsdaten notwendig.
- Außerdem ist die Anwendung des Ansatzes nicht auf die Segmentierungsproblematik beschränkt.

Der Modellgenerierungsansatz wurde zu einer **probabilistischen Registrierung zweier Bilder** vereinfacht, wobei eine solche Registrierung folgende Vorteile liefert:

- Im Gegensatz zur klassischen Registrierung weist die probabilistische Registrierung durch die Nutzung der Korrespondenzwahrscheinlichkeiten eine hohe Robustheit

gegenüber pathologischen Bereichen, die nicht in beiden Bildern vorhanden sind, auf.

- Solche Bereiche werden darüber hinaus automatisch durch geringe Korrespondenzwerte nach der Registrierung indiziert und können daher zusätzlich segmentiert werden.
- Durch die “beliebigdimensionale Formulierung” der Bildrepräsentationen und der Deformation können im Gegensatz zur klassischen Registrierung nicht nur die Verschiebungsfelder der Bildpositionen bestimmt werden, sondern ebenfalls die Signalwertunterschiede beider Bilddaten ausgeglichen werden.

Im Gegensatz zum klassischen Form- oder Appearance-Modell, das vor allem zur Segmentierung des modellierten Objekts eingesetzt wird, liefert der vorgestellte Modellansatz eine Vielzahl an Anwendungsmöglichkeiten – zum einen durch die flexible Formulierung der Bildrepräsentation mit beliebigdimensionalen Merkmalsvektoren und zum anderen durch die Nutzung der probabilistischen Korrespondenzen. Anwendungsszenarien umfassen unter anderem: Segmentierung von Objektkonturen, Detektion von Landmarken, Multi-Objektsegmentierung bzw. Übertragung von beliebig vielen Labels auf ein neues Bild, Rekonstruktion von fehlenden Merkmalen (z.B. fehlende Sequenz in MRT-Bildern), robuste Modellanpassung bei fehlenden Korrespondenzen bzw. “fehlerhaften Bereichen” im neuen Bild, Identifikation von lokalen Unsicherheiten des Modells, Klassifikation von pathologischen Regionen oder Rekonstruktion von “fehlerhaften Bereichen” in Bildern.

Neben solchen Modellanwendungen, welche Vorwissen über das betrachtete Objekt in einem Modell speichern und dieses Vorwissen als Grundlage für die Analyse neuer Bilddaten nutzen, wurde außerdem die Anwendung des beschriebenen mathematischen Frameworks zur probabilistischen Registrierung zweier Bilder vorgestellt.

4 Diskussion der Ergebnisse

Die Evaluierung des probabilistischen Modellansatzes und der probabilistischen Registrierung in der hier zusammengefassten Arbeit hat vor allem die Intention, die Möglichkeiten der Methode aufzuzeigen und nicht einzelne Problemstellungen so genau wie möglich zu lösen. Aufgrund dessen wurden die genutzten Daten nicht vorverarbeitet – eine Histogrammangleichung würde z. B. die Variabilität der Appearance-Werte in jedem Trainingsdatensatz verringern.

4.1 Segmentierung der Hand:

Die Segmentierung der 2D Röntgenbilder der Handdaten demonstriert, dass der Modellansatz in der Lage ist, relativ flexible und stark variierende Handstellungen zu modellieren. Außerdem wird zum einen die Segmentierung einer Objektkontur (Handkontur) und zum anderen eine Landmarkenbestimmung (der Fingerknochen) demonstriert. Da die Genauigkeit der Ergebnisse ($\leq 1mm$) wesentlich kleiner ist als der Abstand zwischen den Merkmalsvektoren ($3mm$), kann geschlussfolgert werden, dass die Modellierung der Kontur

bzw. der Landmarken über die Werte einer Distanzkarte eine ausreichend große Genauigkeit bereitstellt. Die Segmentierung von unbekannten Bildern zeigt, dass das generierte Modell erfolgreich an unbekannte Daten angepasst und dass fehlende Merkmale (Distanzkartenwerte) für die Bilder rekonstruiert werden können. Außerdem wurde gezeigt, dass die Initialisierung der Merkmalsvektoren für ein neues Bild über die Reduktion der Vektoren pro Iteration stabile Ergebnisse liefert. Eine weitere nachgeschaltete probabilistische Registrierung zwischen Bild und angepasstem Modell als Nachbearbeitungsschritt liefert die Möglichkeit, die Ergebnisse zu verbessern.

4.2 Klassifikation von 3D Gehirndaten:

Das 3D Gehirnmodell über die 3D MRT-Daten wurde genutzt, um die Modellgenerierung mit partiellen Trainingsdaten zu demonstrieren. Darüber hinaus wurde das generierte “gesunde” Modell eingesetzt, um pathologische (Schlaganfall-) Regionen in neuen Bildern mittels resultierenden Korrespondenzwerten zu identifizieren. Durch die 3D Daten erhöht sich die Anzahl der Merkmalsvektoren stark und durch die Berechnung der Korrespondenzwahrscheinlichkeiten (potentiell zwischen allen möglichen Merkmalsvektorpaaren), welche in jeder Iteration durchgeführt wird, steigt der Rechenaufwand quadratisch mit der Anzahl der Merkmalsvektoren. Das heißt, um den Rechen- und Speicherplatzaufwand für die Evaluierung gering zu halten, wurde ein relativ grober Abstand zwischen den Merkmalsvektoren von $5mm$ gewählt. Dies spiegelt sich dementsprechend in den Ergebnissen wider: große Läsionen ($> 10cm^3$) können gut durch die vorgestellte Methode segmentiert werden, wohingegen kleine Läsionen nicht gefunden werden, da das Modell zu grob ist. Außerdem wurde ein relativ einfaches automatisches Schwellwertverfahren zur Aufteilung in “gute” und “schlechte” Korrespondenzwerte genutzt. Der Vergleich mit den manuell gewählten Schwellwerten zeigt, dass an dieser Stelle eine Verbesserung durch aufwendigere Verfahren möglich ist. Die Evaluierung zeigt jedoch, dass aus den resultierenden Korrespondenzwerten eindeutig Informationen über “nichtmodellierbare” – in diesem Fall pathologische – Regionen extrahiert werden können. Für genauere Ergebnisse (vor allem für kleine Läsionen) muss ein feineres Modell generiert werden. Dies erfordert ebenfalls einen größeren Trainingsdatensatz.

4.3 Registrierung von 2D Gehirndaten:

Das probabilistische Appearance-adaptierende Registrierungsverfahren wurde an 2D-MRT-Bildern des Gehirns getestet. Verglichen wurden die Ergebnisse mit einem gut etablierten nichttrigiden Registrierungsverfahren. Die Ergebnisse zeigen, dass die probabilistische Registrierung ohne Appearance-Adaption bereits eine signifikant bessere Performanz zeigt als der klassische Ansatz. Die zusätzliche Anpassung der Appearance-Werte während der Deformationsoptimierung stellt eine weitere eindeutige Verbesserung da. Daraus lässt sich überdies verallgemeinern, dass das vorgestellte Verfahren der iterativen Korrespondenzwahrscheinlichkeitsbestimmung im Vergleich zur registrierungsbasierten Korrespondenz-/Landmarkenbestimmung gute Ergebnisse liefert. Wie beim Modellansatz können hier

ebenfalls beliebig viele Merkmale in der Registrierung genutzt werden. Die Anpassung der Appearance-Werte wird angewendet, um die Korrespondenzen genauer bestimmen zu können, da so “störende” Appearance-Unterschiede ausgeglichen werden. Außerdem kann diese Anpassung eingesetzt werden, um die Signalwerte der Bilder einander anzugleichen (mit oder ohne Positionsdeformation). Bei der evaluierten Anwendung war dies nicht von Bedeutung, da die anhand der Signalwerte optimierte Positionsdeformation auf Labelbilder übertragen wurde.

Literaturverzeichnis

- [CET01] Cootes, T. F.; Edwards, G. J.; Taylor, C. J.: Active Appearance Models. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on, 23(6):681–685, Juni 2001.
- [Co92] Cootes, T. F.; Taylor, C. J.; Cooper, D. H.; Graham, J.: Training Models of Shape from Sets of Examples. In: Proceedings of the British Machine Vision Conference. BMVA Press, S. 2.1–2.10, 1992. doi:10.5244/C.6.2.
- [GP02] Granger, Sébastien; Pennec, Xavier: Multi-scale EM-ICP: A Fast and Robust Approach for Surface Registration. In: Computer Vision - ECCV 2002, Jgg. 2353 in Lecture Notes in Computer Science, S. 418–432. Springer, 2002.
- [HM09] Heimann, Tobias; Meinzer, Hans-Peter: Statistical Shape Models for 3D Medical Image Segmentation: A Review. Medical Image Analysis, 13(4):543 – 563, 2009.
- [Hu08] Hufnagel, Heike; Pennec, Xavier; Ehrhardt, Jan; Ayache, Nicholas; Handels, Heinz: Generation of a Statistical Shape Model with Probabilistic Point Correspondences and the Expectation Maximization-Iterative Closest Point Algorithm. International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery, 2:265 – 273, 3/2008 2008.
- [KEH15] Krüger, Julia; Ehrhardt, Jan; Handels, Heinz: Probabilistic Appearance Models for Segmentation and Classification. In: The IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV). S. 1698–1706, Dez 2015.
- [KEH17] Krüger, Julia; Ehrhardt, Jan; Handels, Heinz: Statistical Appearance Models based on Probabilistic Correspondences. Medical Image Analysis, 37:146 – 159, 2017.



Julia Krüger wurde geboren am 6. Juli 1986, in Schwerin. Das Informatik Studium (B. Sc., M. Sc.) mit dem vertiefenden Nebenfach „Medizinische Informatik“ absolvierte sie in Lübeck. Bereits mit dem Bachelor spezialisierte sie sich auf die Bildverarbeitung medizinischer Daten. Als wissenschaftliche Mitarbeiterin an der Universität zu Lübeck arbeitet Julia Krüger sieben Jahre (2011-18) in der Forschung und Entwicklung von Methoden und Algorithmen für die medizinische Bildverarbeitung. Die Ergebnisse ihrer Forschungen, die sie auf zahlreichen internationalen Konferenzen sowie in Vorträgen und mehreren wissenschaftlichen Publikationen in renommierten internationalen Journalen präsentieren konnte, führten zu einer Dissertationsschrift, die mit „summa cum laude“ bewertet wurde. Seit 2018 arbeitet sie bei einer Hamburger Firma, die durch computergestützte Analysen (mittels künstlicher Intelligenz und Deep Learning Verfahren) von neuro-radiologischen Daten die Versorgung von Patienten unterstützt.