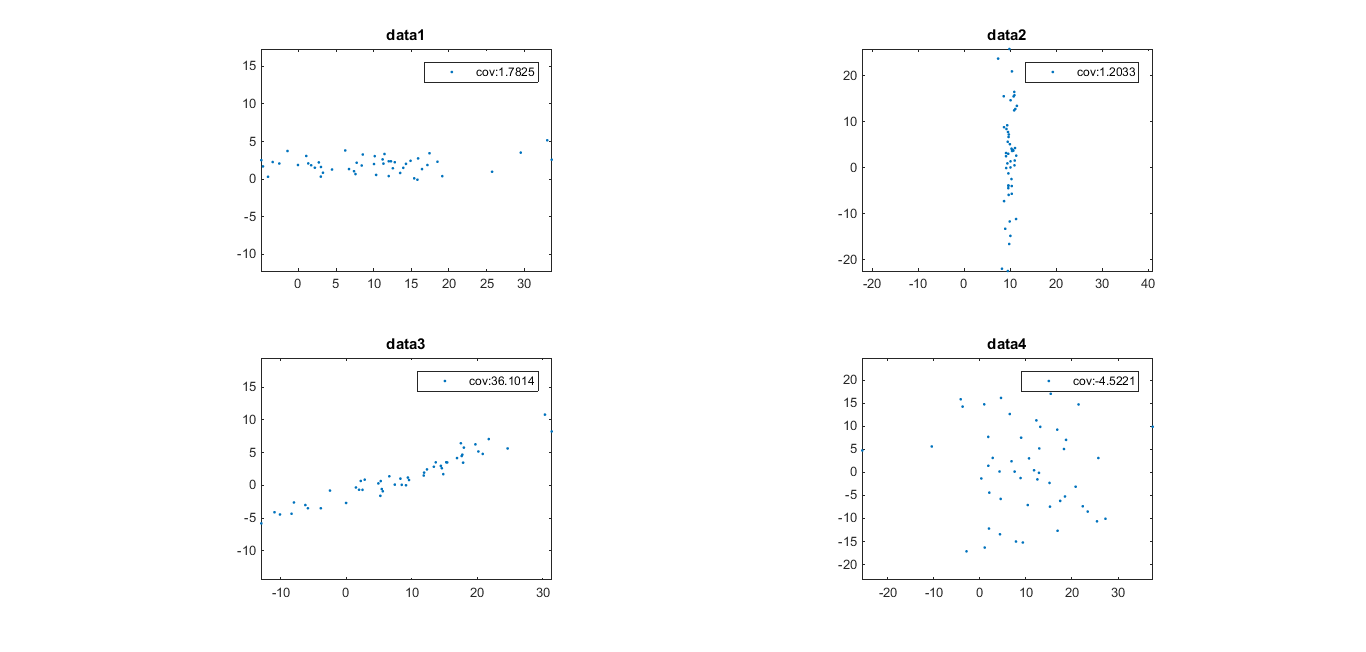
Medizinische Bildverarbeitung

Übung 1 – PCA

# Kovarianzmatrix

## b) Kovarianz



Bsp.: data3

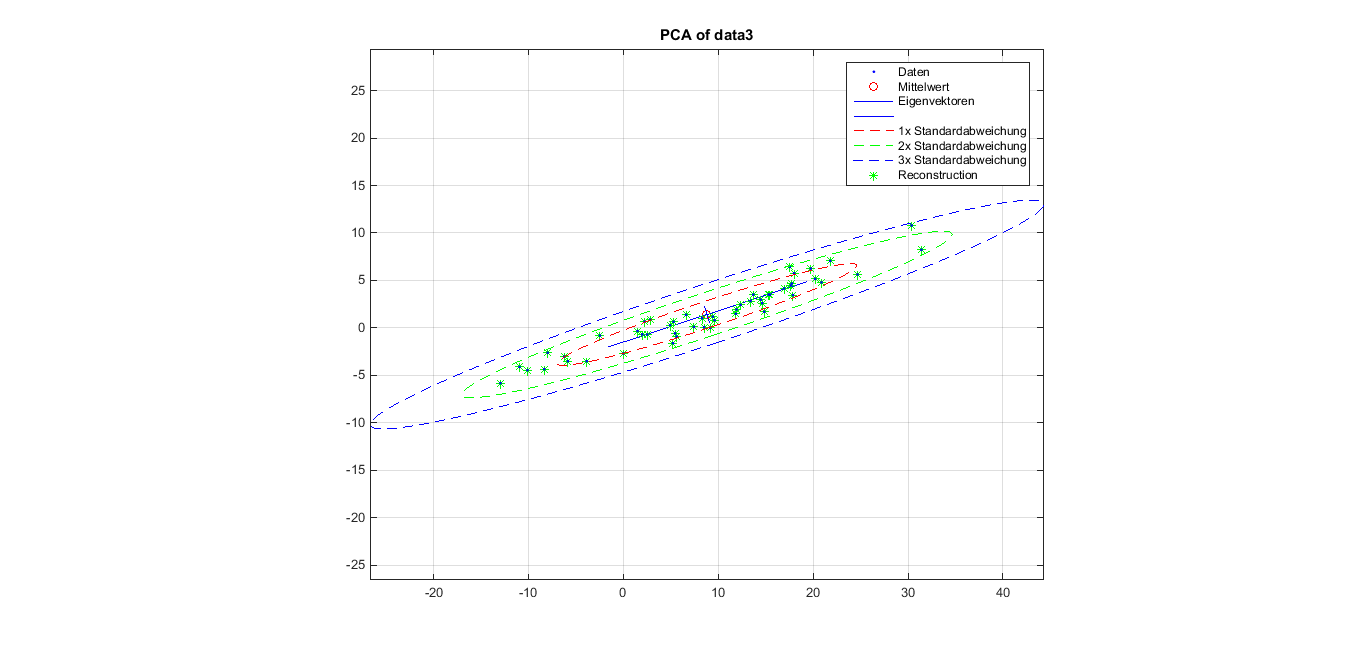
Varianz der X-Werte: 110.4927  
(Streu-Maß für Abweichung der X-Werte vom Mittelwert aller X-Werte)

Varianz der Y-Werte: 12.7527  
(Streu-Maß für Abweichung der Y-Werte vom Mittelwert aller Y-Werte)

Kovarianz: 36.1014  
(Maßzahl für den lin. Zusammenhang von X und Y)

# PCA

## a) PCA-Plot



## b) Eigenvektoren

Eigenvektoren spannen den Eigenraum auf und stehen orthogonal aufeinander.   
Die Eigenvektoren sind im Plot blau eingezeichnet.

## c) Eigenwerte

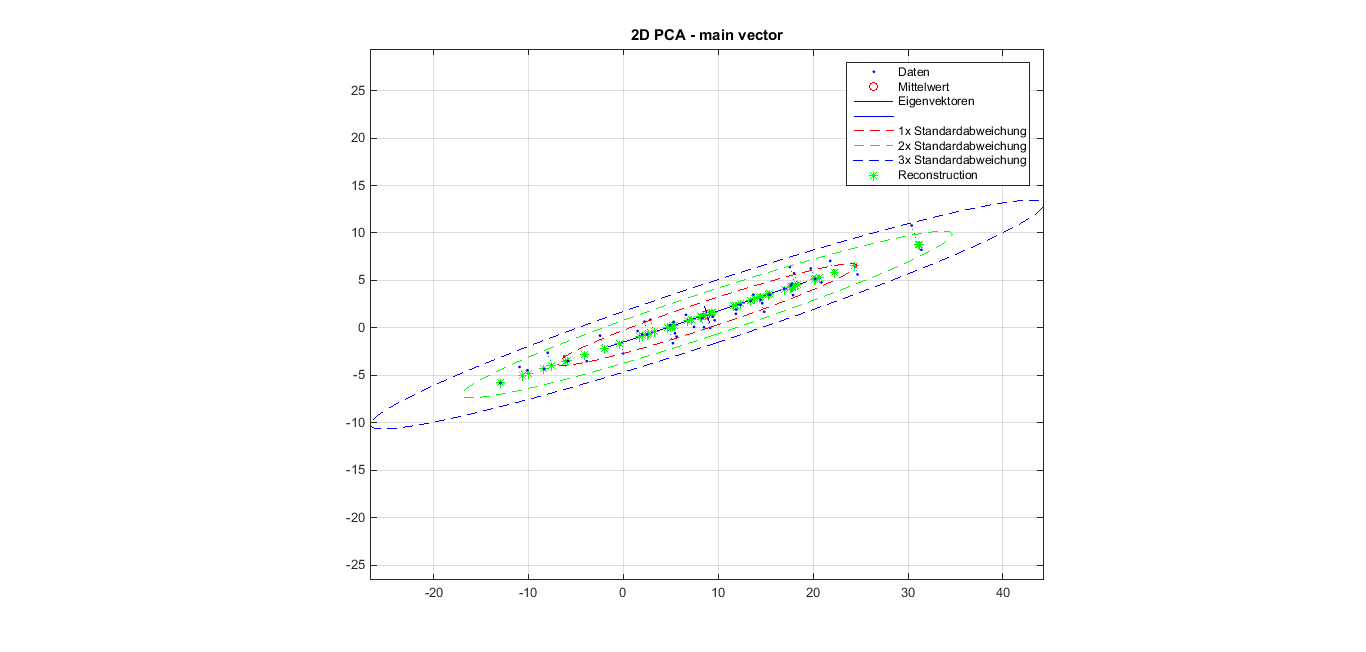
Eigenwerte werden als Skalierungsfaktoren für Eigenvektoren verwendet (Anteil an der Gesamtvarianz). Im Plot als Länge der blauen Linie dargestellt. Die Gesamtvarianz ergibt sich aus der Summe aller Eigenwerte.

## d) fehlender Mittelwertabzug

Wird der Mittel nicht abgezogen, bleibt ein Offset erhalten und die Daten werden nicht zentriert.

# Unterraum-Projektion

## a) Rekonstruktion (Hauptvektor)



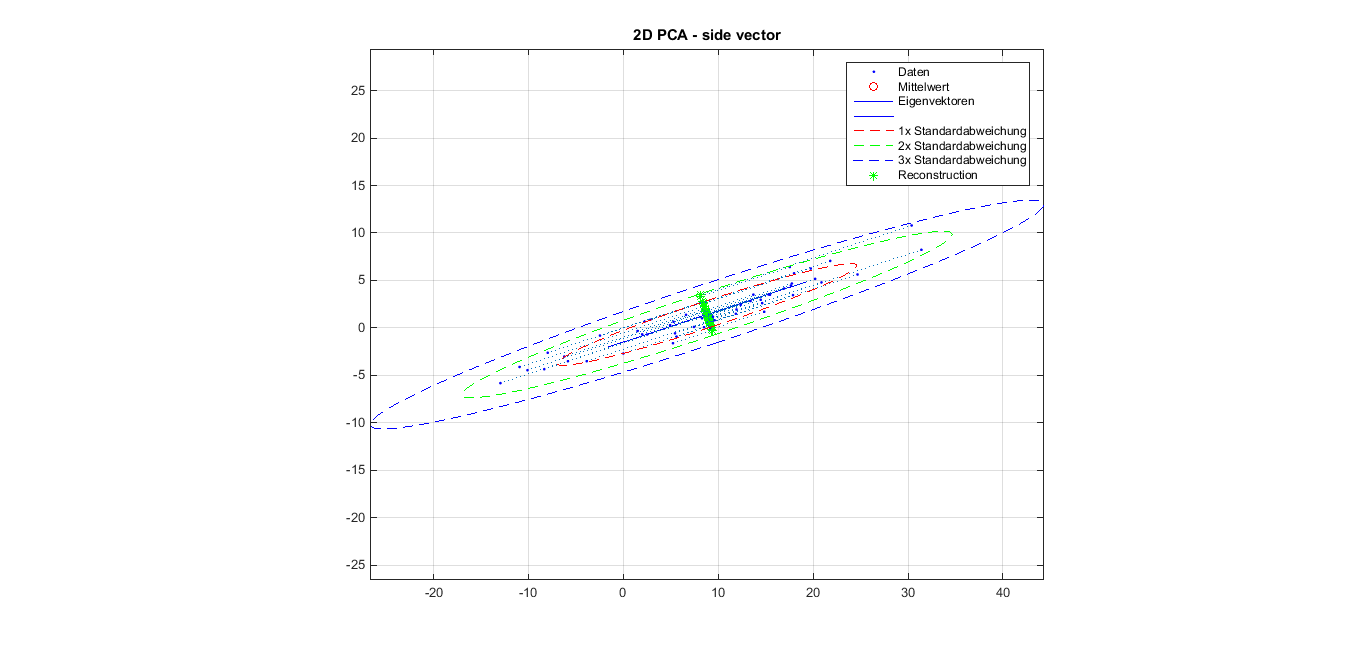
2D Daten 🡪(Projektion)🡪 1D Daten 🡪(Rekonstruktion)🡪 2D Daten

Effekt auf Datenpunkte: Datenpunkte verlieren Wert der 2. Dimension und liegen nur noch auf dem Eigenvektor mit dem größten Eigenwert.

durchschnittlicher Fehler:

* X-Achse: 0.2270
* Y-Achse: 0.6893

## b) Rekonstruktion (Nebenvektor)



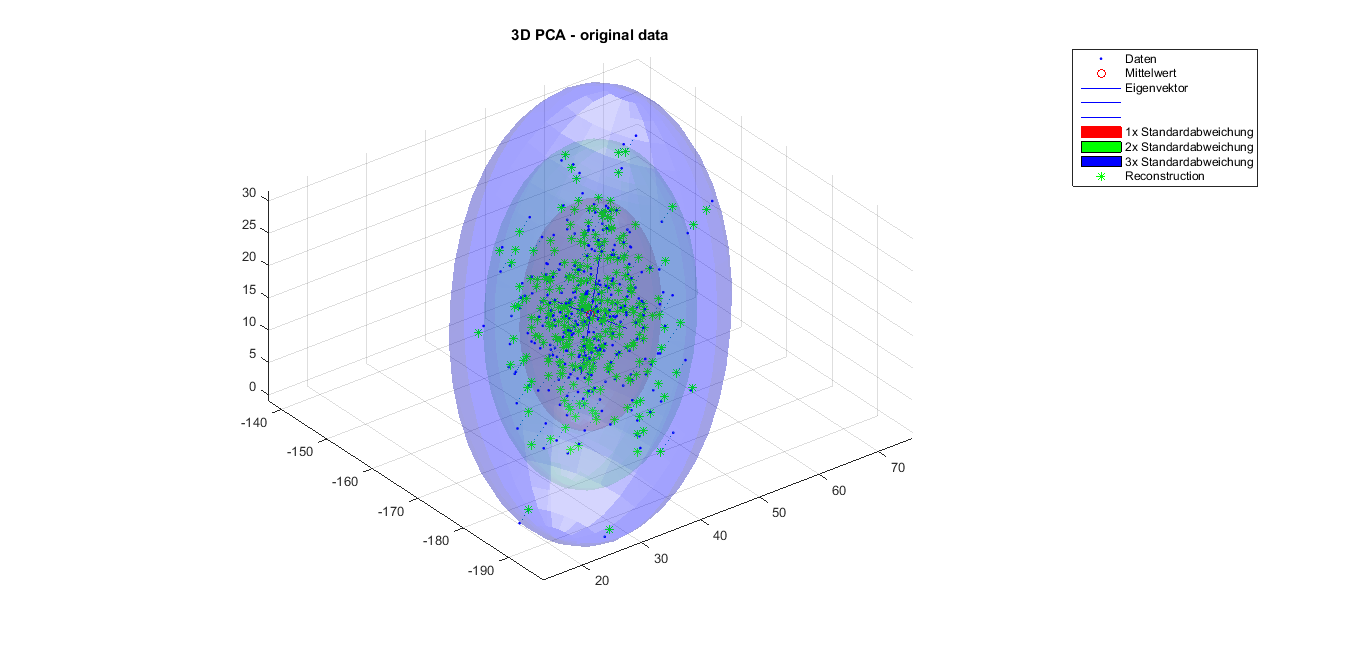
durchschnittlicher Fehler:

* X-Achse: 8.4626
* Y-Achse: 2.7868

Um die Datenmatrix mit möglichst geringem Fehler darzustellen, werden die k Eigenvektoren mit den größten dazugehörigen Eigenwerten verwendet (in unserem Fall: 2D 🡪 k=1).

# Untersuchungen in 3D

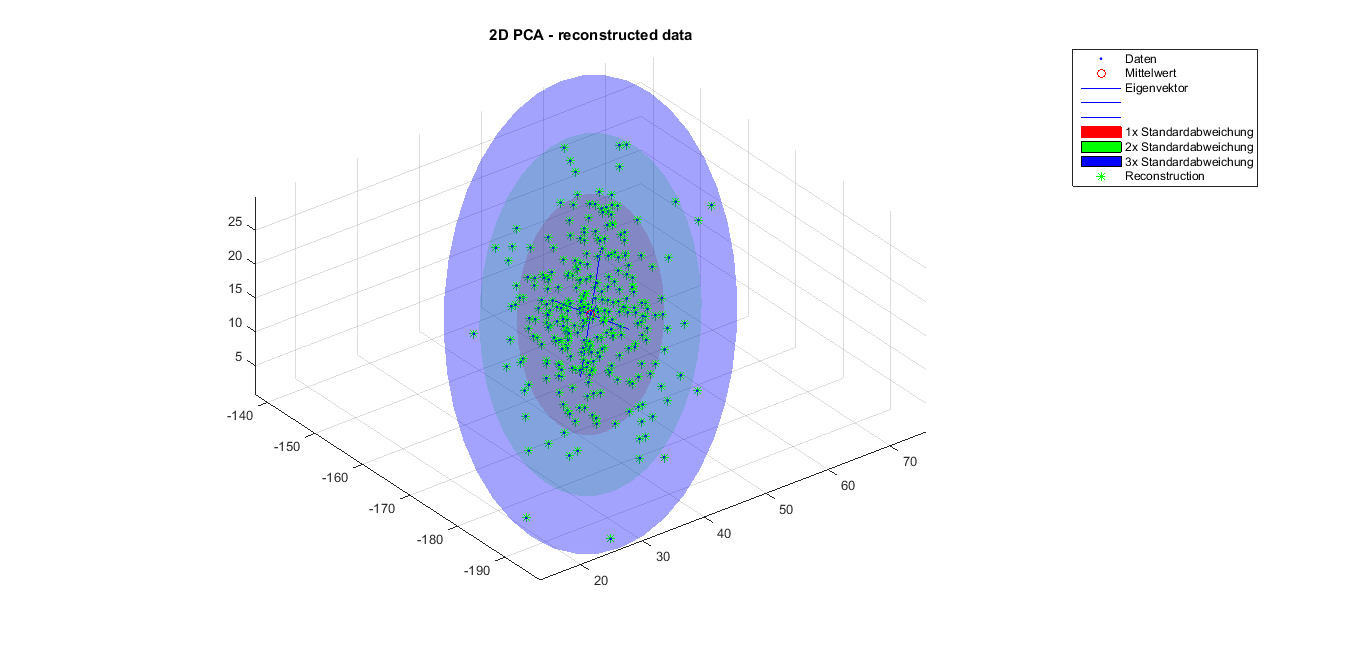
## a) 3D – PCA



Relationen:

* umso größer die **Varianz** der Daten einer Achse, umso
  + größer sind die **Eigenwerte** dieser Achse
  + größer ist die **Standardabweichung** dieser Achse
  + **Eigenvektoren** sind normiert und stehen nicht in Relation zur Varianz

## b) 3D – Unterraum-Projektion



3D Daten 🡪(Projektion)🡪 2D Daten (da Unterraum auf 2 Eigenvektoren aufgespannt) 🡪(Rekonstruktion)🡪 3D Daten

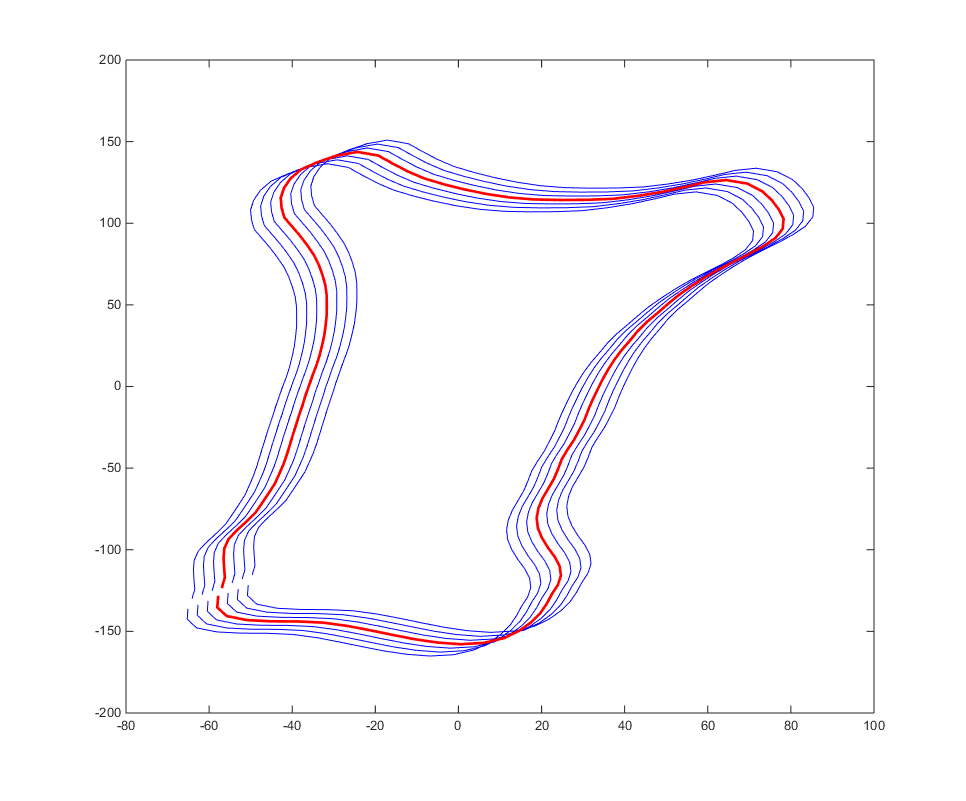
durchschnittlicher Fehler:

* X-Achse: 0.2097
* Y-Achse: 0.8539
* Z-Achse: 1.5003

Bei dem Ergebnis der Rekonstruktion ist die Information der 3. Dimension verloren gegangen. Es liegen alle Datenpunkte auf einer Ebene (Standardabweichung der 3. Dimension = 0).

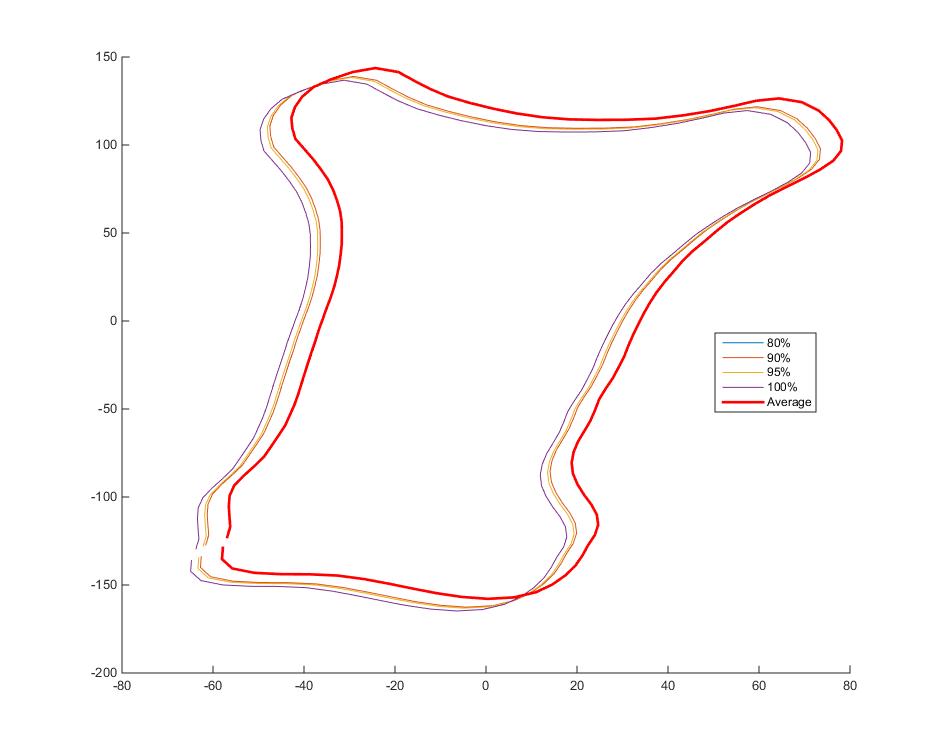
# Shape Model

## b) Standardabweichung



Das Diagramm stellt die -3 bis 3 fache Standardabweichung (blau) zum Meanshape (rot) für jeden Punkt dar. Daran lässt sich erkennen an welchen Stellen sich die meisten Shapes ähnlich sind und wo die größten Unterschiede bestehen. An den Stellen an denen die Abweichung zum Meanshape minimal ist, sind sich die Shapes ähnlich, die Varianz an diesen Stellen ist niedrig. Dort wo die größten Abweichungen sichtbar sind, unterscheiden sich die Shape Daten am meisten, die Varianz ist groß. Stellen an denen alle Shapes nahe aneinander liegen, eignen sich um den Knochen zu identifizieren.

## c) Shape Model



Im Diagramm sind rekonstruierte Shapes aus einem zufällig erzeugten Parametervektor dargestellt. Die Gesamtvarianz ergibt sich aus der Summe der Eigenwerte. Der Parametervektor wurde solange um einen Wert erweitert, bis das Shape Modell 80%, 90%, 95% und 100% der Gesamtvarianz beinhaltet.

|  |  |
| --- | --- |
| Anteil der Gesamtvarianz | Erreicht nach Anzahl Parameterwerten |
| 80% | 3 |
| 90% | 3 |
| 95% | 5 |
| 100% | 13 |

Es ist zu erkennen, dass je mehr Werte der Parametervektor enthält, und damit größeren Anteil an der Gesamtvarianz hat, sich das Shape immer weiter vom Meanshape entfernt.