

Informatik aktuell

Herausgeber: W. Brauer
im Auftrag der Gesellschaft für Informatik (GI)

H. Handels J. Ehrhardt
A. Horsch H.-P. Meinzer
T. Tolxdorff (Hrsg.)

Bildverarbeitung für die Medizin 2006

Algorithmen
Systeme
Anwendungen

Proceedings des Workshops
vom 19. – 21. März 2006 in Hamburg



 Springer

Herausgeber

Heinz Handels

Jan Ehrhardt

Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf

Institut für Medizinische Informatik

Martinistraße 52, 20246 Hamburg

Alexander Horsch

Technische Universität München, Klinikum rechts der Isar

Institut für Medizinische Statistik und Epidemiologie

Ismaninger Straße 22, 81675 München

Hans-Peter Meinzer

Deutsches Krebsforschungszentrum

Abteilung für Medizinische und Biologische Informatik / H0100

Im Neuenheimer Feld 280, 69120 Heidelberg

Thomas Tolxdorff

Charité – Universitätsmedizin Berlin

Institut für Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie

Campus Benjamin Franklin

Hindenburgdamm 30, 12000 Berlin

Bibliographische Information der Deutschen Bibliothek

Die Deutsche Bibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.ddb.de> abrufbar.

CR Subject Classification (2001): A.0, H.3, I.4, I.5, J.3, H.3.1, I.2.10, I.3.3, I.3.5, I.3.7, I.3.8, I.6.3

ISSN 1431-472-X

ISBN-10 3-540-32136-5 Springer Berlin Heidelberg New York

ISBN-13 978-3-540-32136-1 Springer Berlin Heidelberg New York

Dieses Werk ist urheberrechtlich geschützt. Die dadurch begründeten Rechte, insbesondere die der Übersetzung, des Nachdrucks, des Vortrags, der Entnahme von Abbildungen und Tabellen, der Funksendung, der Mikroverfilmung oder der Vervielfältigung auf anderen Wegen und der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen, bleiben, auch bei nur auszugsweiser Verwertung, vorbehalten. Eine Vervielfältigung dieses Werkes oder von Teilen dieses Werkes ist auch im Einzelfall nur in den Grenzen der gesetzlichen Bestimmungen des Urheberrechtsgesetzes der Bundesrepublik Deutschland vom 9. September 1965 in der jeweils geltenden Fassung zulässig. Sie ist grundsätzlich vergütungspflichtig. Zuwiderhandlungen unterliegen den Strafbestimmungen des Urheberrechtsgesetzes.

Springer Berlin Heidelberg New York

Springer ist ein Unternehmen von Springer Science+Business Media

springer.de

© Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2006

Printed in Germany

Satz: Reproduktionsfertige Vorlage vom Autor/Herausgeber

Gedruckt auf säurefreiem Papier SPIN: 11616719 33/3142-543210

Veranstalter

IMI	Institut für Medizinische Informatik Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, Hamburg
GMDS	Arbeitsgruppe Medizinische Bildverarbeitung der Gesellschaft für Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie
GI	Fachgruppe Imaging und Visualisierungstechniken der Gesellschaft für Informatik
DGBMT	Fachgruppe Medizinische Informatik der Deutschen Gesellschaft für Biomedizinische Technik im VDE
IEEE	Joint Chapter Engineering in Medicine and Biology, German Section
DAGM	Deutsche Arbeitsgemeinschaft für Mustererkennung
BVMI	Berufsverband Medizinischer Informatiker e.V.

Lokaler Veranstalter

Institut für Medizinische Informatik
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, Hamburg

Tagungsleitung und -vorsitz

Prof. Dr. Heinz Handels
Institut für Medizinische Informatik
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf

Lokale Organisation

Dipl.-Ing. Martin Dalladas
Dr. Jan Ehrhardt
Dipl.-Inform. Matthias Färber
Dipl.-Geogr. Dipl.-Systemwiss. Silke Hacker
Priv.-Doz. Dr. Claus-Jürgen Peimann
Dr. Andreas Pommert
Renate Reche
Dipl.-Ing. Martin Riemer
Dipl.-Inform. Dennis Säring
Institut für Medizinische Informatik
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf

Verteilte BVM-Organisation

Prof. Dr. Heinz Handels, Dipl.-Ing. Martin Riemer
Universität Hamburg und Universität zu Lübeck (Begutachtung)
Prof. II Dr. Alexander Horsch, Dipl.-Phys. Andreas Enterrottacher
Technische Universität München (Tagungsband)
Prof. Dr. Hans-Peter Meinzer und Dipl.-Ing. Matthias Baumhauer
Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg (Anmeldung)
Prof. Dr. Thomas Tolxdorff, Dagmar Stiller
Charité – Universitätsmedizin Berlin (Internetpräsenz)

Programmkomitee

Prof. Dr. Til Aach, RWTH Aachen
Prof. Dr. Dr. Johannes Bernarding, Universität Magdeburg
Prof. Dr. Thorsten M. Buzug, Rhein Ahr Campus Remagen
Prof. Dr. Hartmut Dickhaus, Fachhochschule Heilbronn
Prof. Dr. Dr. Karl-Hans Englmeier, GSF Forschungszentrum Neuherberg
Prof. Dr. Bernd Fischer, Universität zu Lübeck
Prof. Dr. Heinz Handels, Universität Hamburg
Priv.-Doz. Dr. Peter Hastreiter, Universität Erlangen-Nürnberg
Prof. Dr. Joachim Hornegger, Universität Erlangen-Nürnberg
Prof. Dr. Ulrich Hoppe, Technische Universität Ilmenau
Prof. II Dr. Alexander Horsch, TU München & Universität Tromsø, Norwegen
Priv.-Doz. Dr. Frithjof Kruggel, MPI für neuropsychologische Forschung Leipzig
Priv.-Doz. Dr. Thomas M. Lehmann, RWTH Aachen
Prof. Dr. Dr. Hans-Gerd Lipinski, Fachhochschule Dortmund
Prof. Dr. Tim Lüth, Technische Universität München
Prof. Dr. Hans-Peter Meinzer, Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg
Prof. Dr. Heinrich Müller, Universität Dortmund
Prof. Dr. Heinrich Niemann, Universität Erlangen-Nürnberg
Prof. Dr. Heinrich Martin Overhoff, Fachhochschule Gelsenkirchen
Prof. Dr. Dietrich Paulus, Universität Koblenz-Landau
Prof. Dr. Heinz-Otto Peitgen, Universität Bremen
Prof. Dr. Dr. Siegfried J. Pöppel, Universität zu Lübeck
Prof. Dr. Bernhard Preim, Universität Magdeburg
Dr. Karl Rohr, Universität Heidelberg
Prof. Dr. Georgios Sakas, Fraunhofer Institut Darmstadt
Prof. Dr. Dietmar Saupe, Universität Konstanz
Prof. Dr. Rainer Schubert, UMIT Innsbruck
Prof. Dr. Hans-Siegfried Stiehl, Universität Hamburg
Prof. Dr. Thomas Tolxdorff, Charité – Universitätsmedizin Berlin
Prof. Dr. Herbert Witte, Universität Jena
Dr. Thomas Wittenberg, Fraunhofer Institut Erlangen

Preisträger des BVM-Workshops 2005 in Heidelberg

Die BVM-Preise zeichnen besonders hervorragende Arbeiten aus. In 2005 wurden vom Programmkomitee folgende Preisträger ausgewählt:

BVM-Preis 2005 für die beste wissenschaftliche Arbeit

1. Preis: *Eldad Haber und Jan Modersitzki*

Beyond Mutual Information: A Simple and Robust Alternative

2. Preis: *Marcus Vetter, Martin Libicher, Ivo Wolf, Mehmet Ucar, Jochen Neuhaus, Mark Hastenteufel, Götz Martin Richter und Hans-Peter Meinzer*

Navigationssystem für die perkutane CT-gesteuerte Radiofrequenz-Ablationstherapie von Lebertumoren

3. Preis: *Sven Kabus, Astrid Franz und Bernd Fischer*

On Elastic Image Registration with Varying Material Parameters

BVM-Preis 2005 für den besten Vortrag

1. Preis: *Eldad Haber und Jan Modersitzki*

Beyond Mutual Information: A Simple and Robust Alternative

2. Preis: *Sven-Olaf Ropers, Thomas Würflinger, André Alexander Bell, Alfred Böcking und Dietrich Meyer-Albrecht*

Automatische mikroskopische Relokalisation von Zellkern-Ensembles mit Hilfe eines multimodalen Szenenvergleichs

3. Preis: *Sven Kabus, Astrid Franz und Bernd Fischer*

On Elastic Image Registration with Varying Material Parameters

BVM-Preis 2005 für die beste Poster- bzw. Softwarepräsentation

1. Preis: *Stephan Bischof, Tobias Weyand und Leif Kobbelt*

Snakes on Triangle Meshes

2. Preis: *Silke Bommersheim, Ulf Tiede, Eike Burmester, Martin Riemer und Heinz Handels*

Simulation von Ultraschallbildern für ein virtuelles Trainingssystem für endoskopische Longitudinal-Ultraschalluntersuchungen

3. Preis: *Caroline Langer, Markus Hardwiger und Katja Bühler*

Interaktive diffusionsbasierte Volumensegmentierung auf Grafikkhardware

Vorwort

In diesem Jahr findet der Workshop Bildverarbeitung für die Medizin zum ersten Mal in der Freien und Hansestadt Hamburg statt. Er ist in dieser Form die neunte Veranstaltung. Die Bedeutung des Themas Bildverarbeitung für die Medizin hat über die Jahre deutlich zugenommen. Die Bildverarbeitung ist eine Schlüsseltechnologie in verschiedenen medizinischen Bereichen wie der Diagnoseunterstützung, der OP-Planung und der bildgeführten Chirurgie.

Der BVM-Workshop konnte sich durch erfolgreiche Veranstaltungen in Freiburg, Aachen, Heidelberg, München, Lübeck, Leipzig, Erlangen und Berlin als ein zentrales interdisziplinäres Forum für die Präsentation und Diskussion von Methoden, Systemen und Anwendungen im Bereich der Medizinischen Bildverarbeitung etablieren. Ziel des Workshops ist die Darstellung aktueller Forschungsergebnisse und die Vertiefung der Gespräche zwischen Wissenschaftlern, Industrie und Anwendern. Der Workshop richtet sich ausdrücklich auch an Nachwuchswissenschaftler, die über ihre Diplom-, Promotions- und Habilitationsprojekte berichten wollen.

Der Workshop wird vom Institut für Medizinische Informatik des Universitätsklinikums Hamburg-Eppendorf ausgerichtet. Die Organisation ist wie in den vergangenen Jahren auf Fachkollegen aus Hamburg, München, Heidelberg und Berlin verteilt, so dass die Organisatoren der vergangenen Jahre ihre Erfahrungen mit einfließen lassen können. Diese Aufgabenteilung bildet nicht nur eine starke Entlastung des lokalen Tagungsausrichters, sondern führt auch insgesamt zu einer Effizienzsteigerung.

Die etablierte webbasierte Einreichung und Begutachtung der Tagungsbeiträge hat sich auch diesmal wieder bewährt. Anhand anonymisierter Bewertungen durch jeweils drei Gutachter wurden aus 130 eingereichten Beiträgen 92 zur Präsentation ausgewählt: 52 Vorträge und 40 Poster. Die Qualität der eingereichten Arbeiten war insgesamt sehr hoch. Die besten Arbeiten werden auch im Jahr 2006 mit BVM-Preisen ausgezeichnet.

Am Tag vor dem wissenschaftlichen Programm werden drei Tutorien angeboten: Prof. Dr. Bernd Fischer und Priv.-Doz. Dr. Jan Modersitzki vom Institut für Mathematik der Universität zu Lübeck werden ein Tutorium zum Thema *Medizinische Bildregistrierung* halten. Dieses hochaktuelle Thema der Bildverarbeitung hat in den letzten Jahren eine stürmische Entwicklung genommen. Ziel dieses Tutorials ist es, allgemeine Konzepte vorzustellen, die eine inhaltliche Einordnung von modernen medizinischen Bildregistrierungsverfahren erlauben. Insbesondere sollen die gängigen Verfahren übersichtlich dargestellt werden.

Das zweite Tutorium trägt den Titel *Visualisierung für die bildbasierte Diagnostik und Therapieplanung*. Die Referenten der Universität Magdeburg, Prof. Dr.-Ing. Bernhard Preim, Dipl.-Ing. Steffen Oeltze und Christian Tietjen werden grundlegende Methoden der medizinischen Visualisierung vorstellen und ihre Anwendungsmöglichkeiten demonstrieren. Hierbei wird erläutert, welche Vor-

und Nachteile 2D- und 3D-Visualisierungen bieten und wie beide Darstellungsarten bei komplexen Problemstellungen in der Therapieplanung integriert werden können. Der Schwerpunkt liegt auf der direkten Visualisierung medizinischer Volumendaten (Volume Rendering).

In einem dritten Tutorium wird Herr Dr. Ph. Lahorte vom Europäischen Patentamt in München über das *Patentrecht und geistiges Eigentum in der Forschung im Bereich der Medizinischen Bildverarbeitung* referieren. Ziel dieses Tutoriums ist es, eine Einführung in das Gebiet des geistigen Eigentums allgemein und des Patentwesens im Besonderen zu geben und deren Bedeutung für die Forschung in der Medizinischen Bildverarbeitung aufzuzeigen. Es wird ein Überblick über verschiedene Formen geistigen Eigentums mit dem Schwerpunkt Patente gegeben. Die gesetzliche Bedeutung eines Patents wird ebenso diskutiert wie verschiedene Verfahren, ein Patent zu erlangen.

Anhand der Bewertungen der Gutachter wurden 95 Beiträge für den Workshop in Vortrags- und Postersession sowie Softwaredemonstrationen ausgewählt und in diesem Tagungsband abgedruckt. Die Internetseiten des Workshops bieten ausführliche Informationen über das Programm und organisatorische Details rund um den Workshop. Sie sind abrufbar unter der Adresse:

<http://www.bvm-workshop.org>

Wie schon in den letzten Jahren, wurde der Tagungsband auch diesmal als \LaTeX -Projekt erstellt und in dieser Form an den Verlag übergeben. Von den 92 Beiträgen wurden erfreulicherweise 82 von den Autoren bereits im \LaTeX -Format eingereicht (das sind 89% und damit 11% mehr als im Vorjahr). Die 10 im Winword-Format abgefassten Arbeiten wurden konvertiert und nachbearbeitet. Die Vergabe von Schlagworten nahmen die Autoren selbst vor. Die Literaturverzeichnisse sämtlicher Beiträge wurden wieder mit \BIBTeX generiert. Der gesamte Erstellungsprozess erfolgte ausschließlich über das Internet.

Die Herausgeber dieser Proceedings möchten allen herzlich danken, die zum Gelingen des BVM-Workshops 2006 beigetragen haben: Den Autoren für die rechtzeitige und formgerechte Einreichung ihrer qualitativ hochwertigen Arbeiten, dem Programmkomitee für die gründliche Begutachtung, den Referenten der Tutorien sowie den Mitarbeitern des Instituts für Medizinische Informatik der Universität Hamburg für ihre tatkräftige Unterstützung bei der Organisation und Durchführung des Workshops. Frau Dagmar Stiller vom Institut für Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie der Charité, Universitätsmedizin Berlin, danken wir für die engagierte Mithilfe bei der Erstellung und Pflege der Internetpräsentation. Herrn Andreas Enterrottacher vom Institut für Medizinische Statistik und Epidemiologie der Technischen Universität München danken wir für die tatkräftige Mitarbeit bei der Erstellung der Workshop-Proceedings. Dem Springer-Verlag, der nun schon den neunten Tagungsband zu den BVM-Workshops herausbringt, wollen wir für die gute Kooperation ebenfalls unseren Dank aussprechen. Für die webbasierte Durchführung des Reviewingprozesses gebührt Herrn Dipl.-Ing. Martin Riemer vom Institut für Medizinische Informatik der Universität Hamburg unser Dank.

Für die finanzielle Unterstützung bedanken wir uns bei den Fachgesellschaften und der Industrie.

Wir wünschen allen Teilnehmerinnen und Teilnehmern des Workshops BVM 2006 lehrreiche Tutorials, viele interessante Vorträge, Gespräche an den Postern und der Industrieausstellung sowie interessante neue Kontakte zu Kolleginnen und Kollegen aus dem Bereich der Medizinischen Bildverarbeitung.

Januar 2006

Heinz Handels, Jan Ehrhardt (Hamburg)

Alexander Horsch (München)

Hans-Peter Meinzer (Heidelberg)

Thomas Tolxdorff (Berlin)

Inhaltsverzeichnis

Die fortlaufende Nummer am linken Seitenrand entspricht den Beitragsnummern, wie sie im endgültigen Programm des Workshops zu finden sind. Dabei steht V für Vortrag, P für Poster.

Bildanalyse

V01	<i>Thies C, Schmidt-Borreda M, Lehmann T</i> : Einsatz von Klassifikatoren zum Lernen von Objektbeschreibungen aus hierarchisch partitionierten Bildern	1
V02	<i>Werner R, Ehrhardt J, Frenzel T, Säring D, Low D, Handels H</i> : Rekonstruktion von 4D-CT-Daten aus räumlich-zeitlichen CT-Segmentfolgen zur Analyse atmungsbedingter Organbewegungen ...	6
V03	<i>Jäger P, Vogel S, Knepper A, Kraus T, Aach T</i> : 3D-Erkennung, Analyse und Visualisierung pleuraler Verdickungen in CT-Daten ...	11
V04	<i>Hensel M, Pralow T, Grigat R-R</i> : LAST Filter for Artifact-Free Noise Reduction of Fluoroscopic Sequences in Real-Time	16
V05	<i>Hahn T, Condurache AP, Aach T, Scharfschwerdt M, Misfeld M</i> : Automatic In-Vitro Orifice Area Determination and Fluttering Analysis for Tricuspid Heart Valves	21
V06	<i>Lamecker H, Wenckebach TH, Hege H-C, Duda GN, Heller MO</i> : Atlas-basierte 3D-Rekonstruktion des Beckens aus 2D-Projektionsbildern	26
V07	<i>Menze BH, Kelm BM, Heck D, Lichy MP, Hamprecht FA</i> : Machine-Based Rejection of Low-Quality Spectra and Estimation of Brain Tumor Probabilities from Magnetic Resonance Spectroscopic Images	31
V08	<i>Oehler M, Buzug TM</i> : Maximum-Likelihood-Ansatz zur Metallartefaktreduktion bei der Computertomographie	36
V09	<i>Kier C, Meyer-Wiethe K, Seidel G, Aach T</i> : Ultraschall-Perfusionsbildgebung für die Schlaganfalldiagnostik auf Basis eines Modells für die Destruktionskinetik von Kontrastmittel	41

XIV Inhaltsverzeichnis

P01 *Hensel M, Lundt B, Pralow T, Grigat R-R*: Robust and Fast Estimation of Signal-Dependent Noise in Medical X-Ray Image Sequences 46

P02 *Kelm BM, Menze BH, Neff T, Zechmann CM, Hamprecht FA*: CLARET: A Tool for Fully Automated Evaluation of MRSI with Pattern Recognition Methods 51

P03 *Säring D, Ehrhardt J, Stork A, Bansmann MP, Lund GK, Handels H*: Analysis of the Left Ventricle After Myocardial Infarction Combining 4D Cine-MR and 3D DE-MR Image Sequences 56

P04 *Lessmann B, Nattkemper TW, Huth J, Loyek C, Kessar P, Khazen M, Pointon L, Leach MO, Degenhard A*: Content Based Image Retrieval for Dynamic Time Series Data 61

P05 *Varini C, Lessmann B, Degenhard A, Hans V, Nattkemper T*: Visual Exploration of Pathology Images by a Discrete Wavelet Transform Preprocessed Locally Linear Embedding 66

P06 *Fischer B, Winkler B, Thies C, Güld MO, Lehmann TM*: Strukturprototypen zur Modellierung medizinischer Bildinhalte 71

P07 *Wirjadi O, Breuel TM, Feiden W, Kim Y-J*: Automated Feature Selection for the Classification of Meningioma Cell Nuclei 76

P08 *Iserhardt-Bauer S, Schoell S, Hammen T, Stefan H, Doerfler A, Hastreiter P*: Efficient Atlas-Based Analysis of the Hippocampus ... 81

Segmentierung

V10 *Brox T, Kim Y-J, Weickert J, Feiden W*: Fully-Automated Analysis of Muscle Fiber Images with Combined Region and Edge-Based Active Contours 86

V11 *Grünerbl A, Fritscher K, Blauth M, Kuhn V, Schubert R*: Shape-Based 3D Level Set Segmentation of the Proximal Femur in CT-Data 91

V12 *Dornheim L, Dornheim J, Seim H, Tönnies K*: Aktive Sensoren: Kontextbasierte Filterung von Merkmalen zur modellbasierten Segmentierung 96

V13 *Stehle TH, Ecabert O*: Vergleich von Geschwindigkeitsfunktionen zur Segmentierung der Koronararterien aus CT-Volumina mit Front-Propagation-Algorithmen 101

V14	<i>Seim H, Dornheim J, Preim U</i> : Ein 2-Fronten-Feder-Masse-Modell zur Segmentierung von Lymphknoten in CT-Daten des Halses	106
V15	<i>Schreiber J, Schubert R, Kuhn V</i> : Femur Detection in Radiographs Using Template-Based Registration	111
V16	<i>von Berg J, Lorenz C</i> : A Statistical Geometric Model of the Heart .	116
V17	<i>Jetzek F, Rahn C-D, Dreschler-Fischer L</i> : Ein geometrisches Modell für die Zellsegmentierung	121
V18	<i>Brüß C, Strickert M, Seiffert U</i> : Towards Automatic Segmentation of Serial High-Resolution Images	126
V19	<i>Chen L, Wagenknecht G</i> : Topology Correction for Brain Atlas Segmentation	131
V20	<i>Rink K, Törsel A-M, Tönnies K</i> : Segmentation of the Vascular Tree in CT Data Using Implicit Active Contours	136
V21	<i>Bruijns J, Peters FJ, Berretty RPM, Barenbrug B</i> : Shifting of the Aneurysm Necks for Enhanced Aneurysm Labelling	141
P09	<i>Schönmeyer R, Rotarska-Jagiela A, Prvulovic D, Haenschel C, Linden DEJ</i> : Vollautomatische Segmentierung der weißen Hirnsubstanz oberhalb der Seitenventrikel aus kernspintomographischen Datensätzen	146
P10	<i>Popovic A, Engelhardt M, Radermacher K</i> : Knowledge-Based Segmentation of Calvarial Tumors in Computed Tomography Images	151
P11	<i>Zerfaß T, Mues-Hinterwäller S, Paulus D, Wittenberg T</i> : Live-Wire Segmentierung für hochaufgelöste Farbbilder mit optimierter Graphensuche	156
P12	<i>Kovács T, Cattin P, Alkadhi H, Wildermuth S, Székely G</i> : Automatic Segmentation of the Vessel Lumen from 3D CTA Images of Aortic Dissection	161
P13	<i>Heimann T, Wolf I, Meinzer H-P</i> : Automatische Erstellung von gleichmäßig verteilten Landmarken für statistische Formmodelle ...	166
P14	<i>Böhler T, Boskamp T, Müller H, Hennemuth A, Peitgen H-O</i> : Evaluation of Active Appearance Models for Cardiac MRI	171

P15	<i>Göb S, Maier T, Benz M, Lowitzsch S, Wittenberg T, Kullmann W, Nkenke E, Neukam FW, Häusler G</i> : Automatische Segmentierung der Gewebegrenzen in 2D-Ultraschalldaten aus der Mund-, Kiefer- und Gesichtschirurgie	176
P16	<i>Riegg T, Zucker U, Horsch A</i> : Intelligente Kantendetektion in endoskopischen Ultraschallbildern mit dem Centered-Compass-Filter	181
P17	<i>Wörz S, Rohr K</i> : Limits on Estimating the Width of Thin Vessels in 3D Medical Images	186
P18	<i>Wilharm S, Maier T, Benz M, Sußner G, Lowitzsch S, Häusler G, Greiner G</i> : Weichgewebemodellierung durch Flächeninterpolation heterogen verteilter Messdaten	191

Registrierung

V22	<i>Winter S, Brendel B, Pechlivanis I, Schmieder K</i> : Registrierung verschiedener Knochenstrukturen in Ultraschall- und CT-Daten anhand von prä- und intraoperativen Patientendatensätzen	196
V23	<i>Franz A, Carlsen IC, Renisch S</i> : An Adaptive Irregular Grid Approach Using SIFT Features for Elastic Medical Image Registration	201
V24	<i>Wörz S, Rohr K</i> : New Approximating Gaussian Elastic Body Splines for Landmark-Based Registration of Medical Images	206
V25	<i>Čech P, Andronache A, Wang L, Székely G, Cattin P</i> : Piecewise Rigid Multimodal Spine Registration	211
V26	<i>Mattes J, Steingruber I, Netzer M, Fritscher K, Kopf H, Jaschke W, Schubert R</i> : A Robust Semi-automatic Procedure for Motion Quantification of Aortic Stent Grafts Using Point Set Registration .	216
P19	<i>Hahn D, Wolz G, Sun Y, Sauer F, Hornegger J, Kuwert T, Xu C</i> : Utilizing Salient Region Features for 3D Multi-modality Medical Image Registration	221
P20	<i>Feldmann T, Bouattour S, Paulus D, Deinzer F</i> : Kombination verschiedener Ähnlichkeitsmaße für die 2D/3D-Registrierung von Röntgenbildern mittels Demokratischer Integration	226
P21	<i>Braumann U-D, Einkenkel J, Horn L-C, Kuska J-P, Löffler M, Scherf N, Wentzensen N</i> : Registration of Histologic Colour Images of Different Staining	231

P22	<i>Jäger F, Han J, Hornegger J, Kuwert T</i> : Wissensbasierte nicht-starre Registrierung von SPECT/CT Datensätzen	236
P23	<i>Erbacher M, Korosoglou G, Dickhaus H</i> : Computergestützte Auswertung koronarangiographischer Bildfolgen hinsichtlich des Myocardialen Blushgrades	241
P24	<i>Han J, Berkels B, Rumpf M, Hornegger J, Droske M, Fried M, Scorzin J, Schaller C</i> : A Variational Framework for Joint Image Registration, Denoising and Edge Detection	246
P25	<i>Palm C, Vieten A, Bauer D, Pietrzyk U</i> : Evaluierung von Registrierungsstrategien zur multimodalen 3D-Rekonstruktion von Rattenhirnschnitten	251
P26	<i>Ehrhardt J, Säring D, Handels H</i> : Interpolation of Temporal Image Sequences by Optical Flow Based Registration	256
P27	<i>Köhn A, Drexel J, Ritter F, König M, Peitgen HO</i> : GPU Accelerated Image Registration in Two and Three Dimensions	261

Visualisierung

V27	<i>Baer A, Tietjen C, Spindler M, Preim B</i> : Hardwaregestütztes Stippling von medizinischen Oberflächenmodellen	266
V28	<i>Merhof D, Sonntag M, Enders F, Nimsky C, Hastreiter P, Greiner G</i> : Streamline Visualization of Diffusion Tensor Data Based on Triangle Strips	271
V29	<i>Hacker S, Handels H</i> : Repräsentation und Visualisierung von 3D-Formvarianten von Organen für die medizinische Ausbildung ...	276
V30	<i>Bischoff S, Kobbelt L</i> : Extracting Consistent and Manifold Interfaces from Multi-valued Volume Data Sets	281
V31	<i>Mang A, Wagner M, Müller J, Fuchs M, Buzug TM</i> : Restoration of the Sphere-Cortex Homeomorphism	286
P28	<i>Oeltze S, Kuß A, Hennemuth A, Kühnel C, Preim B</i> : Integrierte Visualisierung von Anatomie und Perfusion des Myokards zur Früherkennung der Koronaren Herzkrankheit	291
P29	<i>Mühler K, Bade R, Preim B</i> : Skriptbasierte Animationen für die Operationsplanung und Ausbildung	296

XVIII Inhaltsverzeichnis

P30	<i>Wegner I, Wolber P, Gebhard B, Vetter M, Meinzer H-P:</i> Verzerrung einer virtuellen Szene zur Erweiterung der Realität eines Endoskopiebildes	301
P31	<i>Seitel M, Vaidya V, Raghu K, Mullick R:</i> Modeling Dynamic Aspects in Virtual Interactive Environments	306
P32	<i>Mönch T, Bernarding J:</i> Simulation und kombinierte Visualisierung von aktivierten Hirnarealen, Diffusionstensor- und Magnetenzephalographie (MEG)-Signalverläufen	311

Navigation und Tracking

V32	<i>Richter D, Egger J, Straßmann G:</i> Ein Algorithmus zur Positionsbestimmung von Patienten und Biopsienadeln mit einem Vierkammersystem	316
V33	<i>Riefenstahl N, Walke M, Michaelis B, Gademann G:</i> Multimodale Bilddatenfusion zur verbesserten Patientenlagerung und -überwachung in der Strahlentherapie	321
V34	<i>Baumhauer M, Richter G, Gutt C, Rassweiler J, Meinzer H-P, Vetter M:</i> Entwicklung eines Navigationssystems für die laparoskopische Prostatektomie	326
V35	<i>Kenngott H, Neuhaus J, Gutt C, Wolf I, Meinzer H-P, Vetter M:</i> Entwicklung eines Navigationssystems für die telemanipulatorgestützte Oesophagektomie	331
P33	<i>Meyer B, Tietjen C, Preim B:</i> Schichtbasierte Illustration medizinischer Volumendaten zur intraoperativen Navigation	335
P34	<i>Kahrs LA, Raczkowsky J, Wörn H:</i> Optische Vermessung mittels kodierte Lichts von variabel reflektierenden Oberflächen zur Registrierung oder Dokumentation	340
P35	<i>Krause UHW, Nagel M, Seibel RMM:</i> IGS (Image Guided Surgery) – Phantomversuche und erste klinische Erfahrungen mit einem neuartigen CT-basierten Navigationssystem	345
P36	<i>Richter D, Bekkaoui F, Mostarkic Z, Straßmann G:</i> Tetraoptisches Kamerasystem zur rahmenlosen Repositionierung und respirativen Überwachung in der extrakraniellen Hochpräzisionsbestrahlung	350
P37	<i>Gröger M, Arbter K, Hirzinger G:</i> Analysis of Colour Distributions of Anodised Titanium Clips and the Heart Surface for Tracking	355

Visible Light

- V36 *Tscherepanow M, Zöllner F, Kummert F*: Segmentierung
ungefärbter, lebender Zellen in Hellfeld-Mikroskopbildern 359
- V37 *Yang S, Köhler D, Teller K, Cremer T, Eils R, Rohr K*: Non-rigid
Registration of 3D Microscopy Images for the Normalization of
Different Cell Nuclei 364
- V38 *Fehr J, Sauer C, Kurz H, Ronneberger O, Burkhardt H*:
Identifikation von Zellen in intaktem Gewebe 369
- V39 *Harder N, Neumann B, Held M, Liebel U, Erfle H, Ellenberg J,
Eils R, Rohr K*: Automated Analysis of Mitotic Phenotypes in
Fluorescence Microscopy Images of Human Cells 374
- V40 *Braumann U-D, Franke H, Hengstler J, Kuska J-P, Weber M*:
Graph-Based Quantification of Astrocytes 379
- P38 *Gladilin E, Eils R, Rohr K*: 3D Formnormalisierung von Zellkernen
mit Hilfe einer elastischen Kugelabbildung 384

Simulation und Planung

- V41 *Gladilin E, Ivanov A, Roginsky V*: Biomechanische Optimierung
individueller craniofazialer Implantate 389
- V42 *Tropp A, Giesel FL, Dickhaus H, Bendl R, Neff T*: Integration der
T2*-Perfusionsmessung niedergradiger Gliome in die
Strahlentherapieplanung 394
- V43 *von Jan U, Sandkühler D, Kirsch L, Maas S, Rühmann O,
Overhoff HM*: Ultrasound Volume Guided Navigated Implantation
of the Humeral Part of a Shoulder Prosthesis 399
- V44 *Valvoda JT, Ullrich S, Kuhlen T, Bischof CH*: Interactive
Biomechanical Modeling and Simulation of Realistic Human
Musculature in Virtual Environments 404
- P39 *Bade R, Riedel I, Schmidt L, Oldhafer KJ, Preim B*: Combining
Training and Computer-Assisted Planning of Oncologic Liver
Surgery 409

Endoskopie und minimalinvasive Chirurgie

V45	<i>Rilk ME, Winkelbach S, Wahl FM: Partikelfilter-basiertes Tracking chirurgischer Instrumente in Endoskopbildern</i>	414
V46	<i>Wengert C, Reeß M, Cattin PC, Székely G: Fully Automatic Endoscope Calibration for Intraoperative Use</i>	419
V47	<i>Rupp S, Winter C, Wittenberg T: Camera Calibration from Fiberscopic Views with Accuracy Evaluation</i>	424
V48	<i>Winter C, Weisensel S, Rupp S, Wittenberg T: Auflösungssteigerung von fiberskopischen Bildsequenzen im Ortsraum</i>	429

Freie Themen

V49	<i>Baron S, Orhan G, Hornung O, Blume H, Misske J, Norozi K, Wessel A, Yelbuz TM, Heimann B: Konstruktion und Etablierung einer Klimakammer für die Untersuchung der embryonalen Herzentwicklung</i>	434
V50	<i>Weber M, Ruiter NV, Schwarzenberg G, Zapf M, Müller TO: Ultraschallsimulation für die Ultraschall-Computertomographie</i>	439
V51	<i>Krings M, Mahnken A, Schroer C, Patommel J, Kalender W, Glasmacher B: CT, μ-CT und μ-Tomographie (Synchrotron) der in vitro Kalzifizierung</i>	444
V52	<i>Weichert F, Linder R, Landes CA, Groh A, Wunderlich R, Wagner M: Photorealistische Generierung histologischer und histopathologischer Schnittpräparate</i>	449
P40	<i>Rink E, Dürschmied D, Harder D, Zhou Q, Freund G, Rossknecht A, Hehrlein C: Contrast Enhanced Ultrasound Perfusion Imaging</i>	454

Kategorisierung der Beiträge	459
---	-----

Autorenverzeichnis	461
---------------------------------	-----

Stichwortverzeichnis	465
-----------------------------------	-----

Einsatz von Klassifikatoren zum Lernen von Objektbeschreibungen aus hierarchisch partitionierten Bildern

Christian Thies, Marcel Schmidt-Borreda und Thomas Lehmann

Institut für Medizinische Informatik, RWTH Aachen, 52057 Aachen
Email: cthies@mi.rwth-aachen.de

Zusammenfassung. Die automatisierte explizite Extraktion von Objekten aus Bildserien, erfordert eine reproduzierbare Beschreibung der entsprechenden Bildregionen. Ein hierarchisches Partitionierungsverfahren zerlegt dazu ein Bild in seine visuell plausiblen Regionen, für die dann ein Vektor mit beschreibenden ordinalen Merkmalen berechnet wird. Objektextraktion entspricht damit der Klassifikation entsprechender Merkmalsvektoren, die vom Anwender durch markieren, trainiert werden. Da für die Klassifikation das “No-Free-Lunch-Theorem” gilt, müssen Klassifikator und Merkmalsauswahl für jede Domäne experimentell ermittelt werden. Beim Vergleich des Nearest-Neighbor Klassifikators mit dem Bayes Klassifikator mit Gaußschen Mischverteilungen und der Supportvektormaschine liefert letztere für die Handknochenextraktion aus Röntgenaufnahmen das beste Ergebnis.

1 Einleitung

In der medizinische Bildverarbeitung wächst die Menge der digital erfassten Bilder, sowie die Arten von Objekten, die in ihnen gesucht werden, in einem Maße, dass eine rein manuelle Auswertung mittelfristig nicht mehr möglich sein wird. Daher werden Verfahren immer wichtiger, mit denen a-priori unbekannte Objektbeschreibungen flexibel und effizient formulierbar sind. Hierzu ist in erster Linie eine anwenderorientierte Benutzerschnittstelle erforderlich, in der das Lernen anwendungsangepasst und mit kleinen Stichproben erfolgt.

Hierarchische Partitionierungen liefern eine vollständige Bildzerlegung in visuell plausible Regionen, die sich durch einen Merkmalsvektor beschreiben lassen [1]. Um eine solche Region als Objekt zu identifizieren, muss der regionenbeschreibende Merkmalsvektor analysiert werden, was einer Klassifikationsaufgabe entspricht. Mit diesem Ansatz lässt sich die komplexe Formalisierung von a-priori unbekanntem Objekten als anwenderorientiertes “Point & Click”- Training realisieren. Problem dabei ist die Auswahl des geeigneten Klassifikators und dessen Integration in einen Workflow.

In der Literatur existieren zahlreiche Klassifikatoren, sowie Methoden zur Merkmalsreduktion, Sampling der Daten und Parametersuche [2]. Ferner gibt es Verfahren, die Bilder vollständig und hierarchisch in die visuell plausiblen

Regionen aller Skalen partitionieren [1]. Die Auswahl des Klassifikators hängt allerdings von der Struktur des verwendeten Merkmalsraums ab und lässt sich nach dem “No-Free-LunchTheorem” nicht generisch beantworten, sondern muss experimentell ermittelt werden [2].

Die mit dem hier vorgestellten Framework durchgeführten Experimente dienen dazu, die Abhängigkeit der Klassifikationsergebnisse vom Merkmalsraum, den verwendeten Parametern und dem gewählten Klassifikationsparadigma für hierarchisch partitionierte Bilder zu verstehen. Auf diese Weise wird untersucht, ob es möglich ist, Anwenderwissen durch simples Markieren relevanter Beispielregionen ohne formale Interaktion zu lernen, und dieses Wissen automatisiert zu reproduzieren. Dabei werden reale Daten der klinischen Routine verwendet.

2 Klassifikatoren für die Objektsuche

Als Werkzeug dient ein Framework, das den Datenfluss der Klassifikation modelliert und so effiziente Experimente ermöglicht. Zur Merkmalsreduktion stehen die Lineare Diskriminanz Analyse (LDA), die Hauptkomponenten Analyse (PCA) sowie das auf- und absteigende Greedy-Verfahren zur Verfügung. Als Klassifikatoren wurden die Supportvektormaschine (SVM), der Bayes Klassifikator mit Gaußschen Mischverteilungen (GMM) und das k-Nearest-Neighbor-Ähnlichkeitsmaß (KNN) gewählt. SVM und GMM sind modellbasiert, wobei die SVM versucht, strukturelles und empirisches Risiko zu minimieren, während GMM zwar theoretisch durch empirische Risikominimierung immer das beste Resultat liefert, dieses aber mit Overfitting einhergeht. Im Vergleich dazu wird der KNN-Klassifikator als modellfreier Ansatz verwendet. Die Tests werden mit unterschiedlich gesampelten Test- und Trainingsdaten durchgeführt. Dazu steht das Bootstrapping zur Verfügung. Beim GMM kann zusätzlich Varianz-Pooling verwendet werden. Aus Anwendersicht ist bei der Klassifikation die Zahl der korrekt identifizierten Objekte entscheidend. Dies sowohl im Verhältnis zur Gesamtzahl aller Rückgaben (Precision) als auch in Bezug zu allen im Datensatz vorhandenen Werten (Recall). Die Accuracy als Maß der Klassifikationsgüte ist für die Objektsuche von untergeordneter Bedeutung. Daher wird das F-Measure als harmonisches Mittel aus Precision und Recall als Qualitätsmaß verwendet [3].

$$\text{F-Measure} = \frac{2 \cdot \text{Recall} \cdot \text{Precision}}{\text{Recall} + \text{Precision}} \quad (1)$$

Ziel der Experimente ist also die Bestimmung des Klassifikators, der ein maximales F-Measure (Gl. 1) für die gegebene Ground-Truth liefert.

3 Experimente

Die Experimente werden auf 105 zufällig ausgewählten Handradiographien aus der klinischen Routine durchgeführt. Diese Bilder werden z.B. für die vergleichende Auswertung von Handknochen zur Maturitätsbestimmung bei Heranwachsenden eingesetzt. In dieser Anwendung würde eine automatisierte Extraktion der Knochen dem befundenden Radiologen reproduzierbare Abmessungen

der Objekte liefern. Für die Experimente wurden die Mittelhandknochen als Referenzobjekte gewählt.

Die Bilder werden auf eine maximale Kantendimension von 256 Pixeln unter Beibehaltung der Aspect-Ratio verkleinert. In dieser Größe sind die gesuchten Handknochen immer noch erkenn- und vermessbar, wobei der Raum der zu durchsuchenden Daten beschränkt bleibt. Die Partitionierung erfolgt mittels eines hierarchischen Bereichswachstumsverfahrens [1], das die Verschmelzung von Pixeln über Regionen hin zum gesamten Bild protokolliert. Dabei werden für alle Regionen 38 beschreibende Merkmale (Rundheit, Größe, Grauwertvarianz,...) berechnet. Für jedes Bild ergeben sich ca. 2.500 Regionen, was wiederum für die gesamte Bildmenge einen 43-dimensionalen Merkmalsraum mit ca. 265.000 Elementen ergibt. Als Ground-Truth wurden manuell 372 Vektoren bestimmt, die die erkennbaren Mittelhandknochen im Datenraum repräsentieren. Alle anderen Vektoren fallen in die Rückweisungsklasse.

3.1 Merkmalsauswahl

Im ersten Schritt wird die Abhängigkeit des Ergebnisses von der Merkmalsauswahl und damit ein optimaler Merkmalsatz bestimmt. Die Tests erfolgen dabei über eine zufällige Auswahl von 10 Trainings- und 53 Testbilder aus der Ground-Truth von 105 Bildern, also etwa 130.000 Merkmalsvektoren und 50 Trainingsobjekte.

Greedy-Verfahren. Für alle drei Klassifikatoren wird jeweils das auf- und absteigende Greedy-Verfahren, zur Merkmalsauswahl angewandt. Die Parametersuche für die SVM erfolgt dabei mittels Grid-Suche und Gaußschem Kernel (RBF), für den GMM-Klassifikator wird ein Cluster sowie Varianz-Pooling verwendet. Der KNN wird für den ersten Nachbarn (1-NN) mit minimaler Euklidischer Norm (L2), Mahalanobis-Distanz (MAH) sowie Cosinusnorm (COS) untersucht.

Korrelationsanalyse. Zum Vergleich mit den beiden Greedy-Verfahren werden die PCA und die LDA für eine bis 38 Zieldimensionen jeweils für alle drei Klassifikatoren getestet.

3.2 Anwendungsszenario

Im zweiten Schritt wird das Anwendungsszenario simuliert. Es entspricht dem Markieren von gesuchten Objekten in einer kleinen und zufälligen Auswahl von Bildern durch den Anwender. Mit den markierten Vektoren wird dann der Klassifikator trainiert, und auf die verbleibende Testmenge angewandt. Es werden 5, 10, 20 und 40 Mittelhandknochen gewählt, was 1,2,4, bzw. 8 aus 105 Bildern zum Training entspricht. Um die statistische Verteilung der Auswahl zu simulieren, werden jeweils 20 Samples mittels Bootstrapping gezogen.

Tabelle 1. F-Measure, Precision und Recall für das aufsteigende Greedy-Verfahren im Vergleich der untersuchten Klassifikatoren

Klassifikator # Merkmale	Recall	Precision	F-Measure	
1-NN, L2	7	0,36	0,28	0,31
1-NN, COS	12	0,52	0,28	0,36
1-NN, MAH	4	0,36	0,28	0,32
GMM	12	0,58	0,37	0,45
SVM	14	0,58	0,67	0,62

4 Ergebnisse

4.1 Merkmalsauswahl

Greedy-Verfahren aufsteigend. Bei der Berechnung der Merkmalsreduktion mit dem aufsteigenden Greedy-Verfahren war die SVM mit einem F-Measure von 0.62 und 14 Merkmalen der Klassifikator mit der höchsten erzielbaren Genauigkeit während der modellfreie 1-NN Klassifikator mit der L2-Norm das schlechteste Ergebnis liefert (Tab. 1). Von den 38 verfügbaren Merkmalen wurden maximal 14 ausgewählt. Precision und Recall variieren für die einzelnen Klassifikatoren.

Greedy-Verfahren absteigend. Mit dem absteigenden Greedy-Verfahren lieferte ebenfalls die SVM bei 32 Merkmalen das beste Ergebnis allerdings nur mit einem F-Measure von 0.46. Für den 1-NN ergaben sich mit COS bei 12 Merkmalen ein F-Measure von 0.36.

PCA. Die zum Vergleich durchgeführte PCA lieferte mit einem F-Measure von 0.21 ihr bestes Ergebnis bei einer Zieldimension von 26 für GMM. Dabei verbessert sich das Ergebnis mit wachsender Zieldimension.

LDA. Bei der LDA liefert 1-NN mit der L2 Norm das beste Ergebnis mit einem F-Measure von 0.31 bei einer Zieldimension von 23. Dabei variieren die Werte für die Zieldimensionen von 1 bis 38 nicht monoton zwischen 0.2 und 0.3.

4.2 Anwendungsszenario

Die Simulation des Anwendungsszenarios liefert für die SVM bei 20 unterschiedlichen Trainings-Samples von jeweils 40 Knochen ein bestes mittleres F-Measure von 0.42 (Tab. 2). Die angegebenen Werte sind dabei jeweils eine Mittelung aus 20 Einzelklassifikationen. Precision und Recall weisen für die SVM und den GMM Klassifikator hohe Differenzen auf, aber man erkennt einen monotonen Anstieg mit wachsender Anzahl Trainingsobjekte. Ein Wilcoxon-Test auf dem 5% Niveau bestätigt außerdem das signifikant bessere Abschneiden der SVM über die 20 Samples im Vergleich zu 1-NN und GMM. Für den Grenzwert von 80 Trainingsvektoren ergeben sich keine höheren Werte.

5 Diskussion

Die SVM liefert für die gestellte Aufgabe das beste Ergebnis hierbei dient die Kombination aus hoher Generalisierungsfähigkeit bei gleichzeitiger Minimierung

Tabelle 2. Ergebnisse der Klassifikatoren bei wachsender Anzahl von Trainingsobjekten.

# Trainingobjekte	Klassifikator	Recall	Precision	F-Measure
5 Knochen	1-NN L2-Norm	0,25	0,26	0,25
	GMM (1)	0,28	0,26	0,25
	SVM	0,26	0,29	0,25
10 Knochen	1-NN L2-Norm	0,27	0,28	0,28
	GMM (1)	0,50	0,22	0,30
	SVM	0,24	0,44	0,28
20 Knochen	1-NN L2-Norm	0,29	0,29	0,29
	GMM (1)	0,30	0,30	0,30
	SVM	0,35	0,43	0,37
40 Knochen	1-NN, L2-Norm	0,32	0,33	0,33
	GMM (1)	0,60	0,28	0,38
	SVM	0,38	0,52	0,42

des empirischen Risikos dem Ausgleich der extremen Klassenschieflage zwischen Objekt- und Rückweisungsklasse. Die Greedy-Heuristik liefert die Merkmalsauswahl, die zum besten Ergebnis führt. Dies liegt an der nichtlinearen Korrelation der Merkmalsverteilungen, die von LDA und PCA nicht modelliert wird. Diese Beobachtungen lassen sich jedoch nach dem “No-Free-Lunch-Theorem” nicht ohne weiteres verallgemeinern. Für andere Aufgabenstellungen, d.h. Merkmalsräume, müssen die Experimente entsprechend wiederholt werden, wozu das vorgestellte Framework ein nachvollziehbares Werkzeug bietet.

Die Erkennungsrate für die vorgestellte Anwendung der lokalen Bildanalyse ist in jedem Fall verbesserungsfähig, sie liegt allerdings in einer Größenordnung wie sie auch aktuelle und von der Komplexität vergleichbare Ansätze zum globalen inhaltsbasierten Bilddatenbankzugriff liefern [4]. Die Experimente zeigen, das ein “Point & Click”-Training zur Beschreibung und Extraktion a-priori unbekannter Objekte mittels Klassifikation prinzipiell möglich ist. Um die Genauigkeit zu verbessern, müssen die verwendeten Merkmale und ihre Variationen jedoch weitergehend untersucht werden.

Literaturverzeichnis

1. Beier D, Thies C, Güld MO, Fischer B, Kohnen M, Lehmann TM. Ein lokal-adaptives Ähnlichkeitsmaß als Kriterium der hierarchischen Regionenverschmelzung. In: Procs BVM; 2004. p. 100–4.
2. Duda RO, Hart PF, Stork DG. Pattern Classification. 2nd edition, Wiley Interscience, New York; 2001.
3. van Rijsbergen CJ. Information Retrieval. 2nd edition, Butterworths, London; 1979.
4. Clough P, Müller H, Sanderson M. The CLEF 2004 Cross-Language Image Retrieval Track. LNCS 2005;3491:597–613.

Rekonstruktion von 4D-CT-Daten aus räumlich-zeitlichen CT-Segmentfolgen zur Analyse atmungsbedingter Organbewegungen

René Werner¹, Jan Ehrhardt¹, Thorsten Frenzel²,
Dennis Säring¹, Daniel Low³ und Heinz Handels¹

¹Institut für Medizinische Informatik,
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, 20246 Hamburg

²Hermann-Holthusen-Institut für Strahlentherapie,
Allgemeines Krankenhaus St. Georg, 20099 Hamburg

³Mallinckrodt Institute of Radiology,
Washington University, St. Louis, USA
Email: r.werner@uke.uni-hamburg.de

Zusammenfassung. Atmungsbedingte Organbewegungen stellen eines der Hauptprobleme der Strahlentherapie thorakaler und abdominaler Tumoren dar. Die Entwicklung von Lösungsansätzen bedarf der Analyse des räumlich-zeitlichen Verhaltens der strahlentherapeutisch relevanten Volumina, z.B. auf Basis von 4D-CT-Daten. Moderne CT-Scanner gestatten allerdings lediglich die simultane Aufnahme einer begrenzten Anzahl benachbarter Körperschichten. Um dennoch Bewegungen größerer Volumina untersuchen zu können, werden durch wiederholtes Scannen der entsprechenden anatomischen Segmente räumlich-zeitliche CT-Segmentfolgen generiert. Es kann jedoch nicht sichergestellt werden, dass für die Scans der unterschiedlichen anatomischen Segmente die Zeitpunkte relativ zum Atemzyklus des Patienten einander entsprechen. Werden 3D-CT-Daten zu einem vorgegebenen Zeitpunkt des Atemzyklus ausschließlich aus den aufgezeichneten Datensegmenten zusammengesetzt, treten folglich Bewegungsartefakte an den Segmentgrenzen auf. Dieser Beitrag präsentiert ein Verfahren zur Rekonstruktion von (3D+t)-CT-Daten (4D-CT-Daten), das zur Reduktion der Artefakte führt. Hierzu wird der Optische Fluss zwischen den aufgezeichneten Datensegmenten bestimmt und zur Interpolation von Datensegmenten für vorgegebene Zeitpunkte des Atemzyklus eingesetzt. Die rekonstruierten 4D-CT-Daten bilden die Grundlage der Analyse und Visualisierung der Bewegungen der dargestellten Bildstrukturen (Lungenflügel, Bronchialbaum, Lungentumoren).

1 Problemstellung

Atmungsbedingte Organbewegungen stellen eines der Hauptprobleme im Kontext der Strahlentherapie thorakaler und abdominaler Tumoren dar. Derzeitig werden mögliche Bewegungen des Tumors durch Addition statischer Sicherheitssäume zu dem Volumen berücksichtigt, das auf Basis eines 3D-CT-Datensatzes als tatsächlich bzw. sehr wahrscheinlich tumorhaltig identifiziert wird.

Aufgrund der großen Amplituden atmungsbedingter Organbewegungen kann ein solches Vorgehen stark zu Lasten des gesunden Gewebes gehen. Eine explizite Berücksichtigung der atmungsbedingten Dynamik ist demnach erstrebenswert, bedarf allerdings einer detaillierten Kenntnis bzw. der Analyse des räumlich-zeitlichen Verhaltens der strahlentherapeutisch relevanten Volumina.

Zur Durchführung entsprechender Analysen werden mittels eines Mehrzeilen-CT räumlich-zeitliche CT-Segmentfolgen aufgenommen (siehe [1]): Die derzeitige Mehrzeilen-Computertomographie gestattet lediglich die simultane Aufnahme einer begrenzten Anzahl benachbarter Körperschichten. Um dennoch Bewegungen größerer Volumina untersuchen zu können, werden die das zu untersuchende Volumen abdeckenden Couchpositionen wiederholt gescannt. Zeitgleich wird mittels Spirometrie das Atemvolumen des Patienten gemessen. Hierauf basierend werden den aufgezeichneten Datensegmenten das zugehörige Atemvolumen und die Atemphase (Ein- oder Ausatmung) zugeordnet. Die Gesamtheit der Datensegmente stellt somit eine räumlich-zeitliche CT-Segmentfolge dar.

Gesucht ist nun ein Verfahren, das es erlaubt, auf Basis der CT-Segmentfolgen (3D+t)-CT-Daten (d.h. 4D-CT-Daten) zu rekonstruieren. Als problematisch erweist sich hierbei, dass bei Aufzeichnung der Segmentfolgen, insbesondere bei freier Atmung des Patienten, für unterschiedliche Couchpositionen die Datensegmente zumeist zu verschiedenen Zeitpunkten des Atemzyklus erfasst werden. Setzt man die 3D-CT-Daten des gesuchten 4D-Datensatzes aus den aufgezeichneten Datensegmenten zusammen, treten Bewegungsartefakte auf, die sich durch Kontursprünge an den Segmentgrenzen manifestieren (siehe Abb. 1, oben). Eine Minimierung der Bewegungsartefakte bildet die Grundlage für eine computergestützte Analyse und Visualisierung der atmungsbedingten Organbewegungen.

2 Methodik

Durch Vorgabe einer sortierten Sequenz von Zeitpunkten des Atemzyklus ($\hat{=}$ Wertepaaren, je bestehend aus Atemvolumen und Atemphase) wird die zeitliche Auflösung des zu generierenden (3D+t)-CT-Datensatzes festgelegt. Zu jedem der Zeitpunkte ist ein korrespondierender 3D-CT-Datensatz zu rekonstruieren.

2.1 Rekonstruktion durch Nächster-Nachbar-Interpolation

Bislang eingesetzte Verfahren zur Rekonstruktion von (3D+t)-CT-Daten aus bei freier Atmung des Patienten aufgenommenen, räumlich-zeitlichen CT-Segmentfolgen beruhen auf dem Prinzip der *Nächster-Nachbar-Interpolation*: Um einen 3D-CT-Datensatz zu einem vorgegebenen Zeitpunkt des Atemzyklus des Patienten zu rekonstruieren, wird auf Basis der spirometrischen Daten zu jeder Couchposition dasjenige aufgezeichnete Datensegment ermittelt, dessen zugeordneter Zeitpunkt dem Vorgegebenen am nächsten kommt. Der 3D-CT-Datensatz wird dann generiert, indem diese Datensegmente entsprechend ihrer räumlichen Positionen zusammengesetzt werden. Aufgrund der dargestellten Problematik führt dieses Vorgehen zu den beschriebenen Bewegungsartefakten.

2.2 Rekonstruktion durch Interpolation unter Verwendung des Optischen Flusses

Um eine Minimierung dieser Bewegungsartefakte zu erzielen, wurde ein neues Rekonstruktionsverfahren entwickelt und umgesetzt. Zur Rekonstruktion eines 3D-Datensatzes zu einem gegebenen Atemvolumen werden hierbei für jede zu berücksichtigende Couchposition Datensegmente interpoliert, die dem zur Rekonstruktion vorgegebenen Atemvolumen entsprechen. Hierzu werden auf Basis der spirometrischen Informationen für die einzelnen Couchpositionen je die beiden aufgezeichneten Datensegmente ermittelt, die dem vorgegebenen Zeitpunkt am nächsten kommen (zeitlich vorhergehend, zeitlich nachfolgend). Zwischen diesen wird durch Anwendung der *dämonenbasierten Registrierung* nach Thirion [2] der *Optische Fluss* [3] geschätzt. Das resultierende Geschwindigkeitsfeld repräsentiert die auftretenden Bewegungen innerhalb des zeitlichen Intervalls, das durch die den Datensegmenten zugeordneten Zeitpunkte definiert wird, und wird in Analogie zu [4] zur Erzeugung eines interpolierten Datensegmentes zum vorgegebenen Zeitpunkt herangezogen. Durch auftretende Bewegungen über die Segmentgrenzen hinaus können hierbei allerdings Registrierungsartefakte an den Segmentgrenzen auftreten. Diesen wird entgegengewirkt, indem die originär zu verarbeitenden Datensegmente um die zeitlich annähernd korrespondierenden Datensegmente benachbarter Couchpositionen erweitert werden. Die beschriebene Methodik wird auf diese „erweiterten Datensegmente“ angewendet. Indem somit während des Registrierungsprozesses Voxelkorrespondenzen über die Grenzen der originären Datensegmente hinaus definiert werden können, werden die Artefakte reduziert.

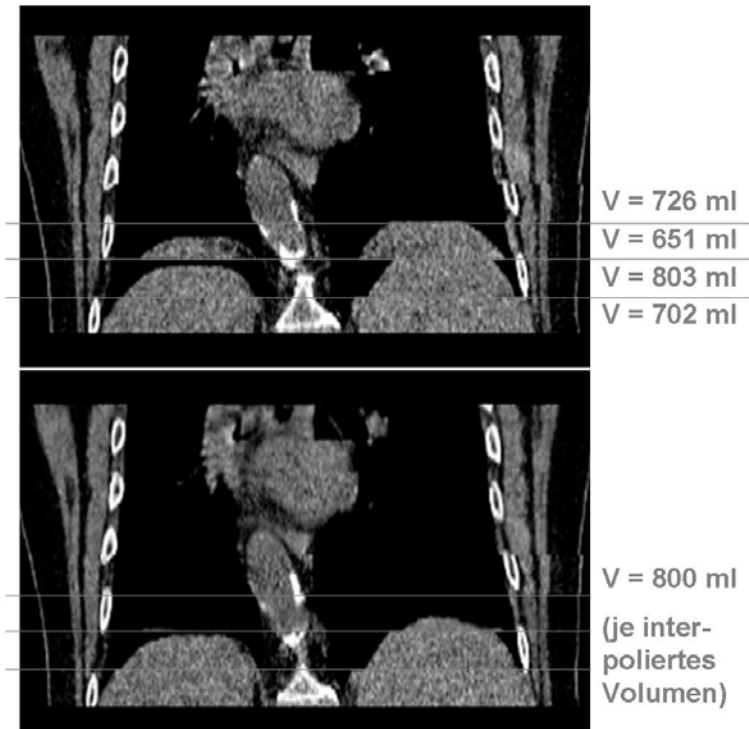
2.3 Evaluation der Rekonstruktionsverfahren

Die Rekonstruktionsverfahren werden evaluiert, indem die innerhalb der generierten 4D-CT-Datensätze auftretenden Sprünge quantifiziert werden. Hierzu wird das Verhältnis der mittleren Ähnlichkeit der Schichten eines Segmentüberganges (unterste Schicht des oberen Segmentes, oberste Schicht des unteren Segmentes) und der mittleren Ähnlichkeit der innerhalb eines Segmentes benachbarten Schichten betrachtet. Gemittelt wird über alle entsprechenden Schichtübergänge sämtlicher 3D-Datensätze des betrachteten 4D-Datensatzes. Als Ähnlichkeitsmaß wird die SSD-Metrik (SSD: Summed Squared Deviation) eingesetzt.

2.4 Analyse und Visualisierung von Organbewegungen auf Basis der rekonstruierten 4D-CT-Daten

Die rekonstruierten 4D-CT-Datensätze werden zur Analyse und Visualisierung atmungsbedingter Organbewegungen eingesetzt. Hierzu werden die interessierenden Strukturen (hier: Lungenflügel, Bronchialbaum, Lungentumoren) segmentiert. Unter Verwendung der Binärdaten wird dann für die einzelnen 3D-CT-Datensätze überprüft, ob das Volumen der in der Lunge enthaltenen Luft (die Bestimmung des Volumens erfolgt in Anlehnung an [5]) und die spirometrisch

Abb. 1. Schnitt eines rekonstruierten 3D-CT-Datensatzes zu einem Atemvolumen von 800 ml (Ausatmung). Oben: Rekonstruktion durch Nächster-Nachbar-Interpolation. Unten: Rekonstruktion durch Interpolation unter Verwendung des optischen Flusses.



gemessenen Atemvolumenwerte korrelieren. Weitergehend werden organspezifische Landmarken verfolgt und deren Trajektorien analysiert. 4D-Darstellungen der Bewegungen der Strukturen werden erzeugt, indem zeitliche Sequenzen von Oberflächenmodellen generiert werden.

3 Ergebnisse

Die Rekonstruktionsverfahren wurden jeweils auf vier räumlich-zeitliche CT-Segmentfolgen (Lungentumor-Patienten) angewendet, aufgenommen mittels eines 12-Zeilen-CT (räumliche Auflösung: $0.9 \times 0.9 \times 1.5 \text{ mm}$ bei $512 \times 512 \times 12$ Voxel pro Couchposition; Datensätze umfassen 16-19 Couchpositionen). Für jede Couchposition liegen 15 Datensegmente vor, die jeweils im Abstand von 0.75 s aufgezeichnet wurden. Die Datensätze umfassen den Thorax sowie das obere Abdomen und bestehen je aus mehr als 2880 transversalen Schichtbildern.

Die visuelle Prüfung der Datensätze, die aus der Rekonstruktion durch Interpolation unter Verwendung des optischen Flusses resultieren, ergibt im Vergleich

zu den Daten, die mittels der Nächster-Nachbar-Interpolation erzeugt sind, eine deutliche Reduktion der Bewegungsartefakte (siehe Abb. 1). Anhand der zur Evaluation der Verfahren eingeführten Kenngröße werden für die vier Patientendatensätze Reduktionen der Sprünge um 32.7 %, 23.3 %, 24.6 % und 27.3 % erzielt.

Die Bewegungsanalyse der rekonstruierten 4D-CT-Daten erbringt für den Zusammenhang zwischen dem spirometrisch gegebenen Atemvolumen und dem in der Lunge enthaltenen Luftvolumen für die Patienten jeweils einen Korrelationskoeffizienten von 0.99. Die ermittelten Bewegungsamplituden organspezifischer Landmarken stimmen mit verfügbaren Literaturwerten [6] überein (z.B. Bifurkation und Lungenbasis: 1-2 cm). Für Lungentumoren wird eine starke Abhängigkeit des Bewegungsausmaßes von der Lage des Tumors beobachtet.

4 Diskussion

Die Rekonstruktion von 4D-CT-Daten aus räumlich-zeitlichen CT-Segmentfolgen durch Interpolation von Datensegmenten unter Verwendung des optischen Flusses erlaubt es, zu vorgegebenen Zeitpunkten des Atemzyklus 3D-CT-Datensätze zu generieren. Insbesondere bei Anwendung auf Segmentfolgen, die bei freier Atmung des Patienten aufgenommen werden, zeichnet sich das Verfahren im Vergleich zu der bisher eingesetzten Nächster-Nachbar-Interpolation durch eine deutliche Reduktion atmungsbedingter Bewegungsartefakte an den Übergängen zwischen räumlich benachbarten Datensegmenten der 3D-CT-Datensätze aus.

Die resultierenden 4D-CT-Daten sollen zu weiterführenden computergestützten Analysen atmungsbedingter Bewegungen anatomischer Strukturen verwendet werden. Der Schwerpunkt wird hierbei auf dem Auffinden von Korrelationen zwischen Bewegungen körperinterner Strukturen und Bewegungen der Körperoberfläche liegen, um z.B. Regionen der Körperoberfläche zu identifizieren, die ein nicht invasives Tracking der Bewegungen strahlentherapeutisch relevanter Volumina erlauben.

Literaturverzeichnis

1. Low DA, Nystrom M, Kalinin E, et al. A method for the reconstruction of four-dimensional synchronized CT scans acquired during free breathing. *Med Phys* 2003;30(6):1254–1263.
2. Thirion JP. Image matching as a diffusion process: an analogy with Maxwell's demons. *Med Image Anal* 1998;2(3):243–260.
3. Horn BKP, Schunck BG. Determining optical flow. *Artif Intell* 1981;17:185–203.
4. Ehrhardt J, Säring D, Handels H. Optical Flow-based Interpolation of Temporal Image Sequences. In: *Procs BVM*; 2006, accepted.
5. Lu W, Parikh PJ, Naqa IMEL, et al. Quantitation of the reconstruction quality of a four-dimensional computed tomography process for lung cancer patients. *Med Phys* 2005;32(4):890–901.
6. Langen KM, Jones DT. Organ motion and its management. *Int J Radiat Oncol Biol Phys* 2001;50(1):265–278.

3D-Erkennung, Analyse und Visualisierung pleuraler Verdickungen in CT-Daten

Patrick Jäger¹, Stefan Vogel³, Achim Knepper¹,
Thomas Kraus² und Til Aach¹

¹Lehrstuhl für Bildverarbeitung, RWTH Aachen
Templergraben 55, 52056 Aachen

²Institut für Arbeitsmedizin,

Universitätsklinikum der RWTH Aachen, 52057 Aachen

³Lehrstuhl für medizinische Informationstechnik, RWTH Aachen
Templergraben 55, 52056 Aachen

Email: knepper@lfb.rwth-aachen.de

Internet: www.lfb.rwth-aachen.de/mesotheliom

Zusammenfassung. Aufbauend auf früheren Arbeiten wurde ein Bildverarbeitungssystem entwickelt, welches pleurale Verdickungen automatisch lokalisiert und visualisiert. Es liefert reproduzierbare, quantitative Daten, die eine genauere Beobachtung der Verdickungen ermöglichen als die konventionelle Befundungsmethode, und reduziert den für die Befundung nötigen Zeitaufwand. Die automatische Detektion findet innerhalb eines zweistufigen Algorithmus statt, der zuerst aus allen Schichten des Datensatzes die Pleurakonturen extrahiert und darauf aufbauend die Verdickungen in den Pleurakonturen detektiert. Da die Änderung der Form einer Verdickung ein wichtiges Kriterium bei der Entscheidung ist, ob eine Verdickung entartet, wurde eine Möglichkeit zur Visualisierung der Verdickungen und der Lungenflügel implementiert. Diese können nun aus allen Perspektiven betrachtet werden. Unterschiede in den Verdickungen zweier aufeinanderfolgender Scans können so erkannt werden.

1 Problemstellung

Asbest ist ein Sammelbegriff für natürlich vorkommende, faserförmige, mineralische Silikatmaterialien, die dank ihrer guten thermischen, mechanischen und isolatorischen Eigenschaften in vielen Anwendungsbereichen eingesetzt wurden. Asbest ist eine gesicherte humankanzerogene Substanz und kann Lungen- und Pleurafibrosen, Lungen- und Kehlkopfkrebs sowie maligne Mesotheliome verursachen. Die Asbestfasern gelangen über die Atemluft in die Lunge und lagern sich an der Pleura ab, wo sich gutartige und bösartige Veränderungen ausbilden können. Die Latenzzeit zwischen der Asbestexposition und dem Entstehen eines Mesothelioms kann 10 bis 65 Jahre betragen [1, 2, 3]. Der Höhepunkt des Asbesteinsatzes wurde in Deutschland Ende der 70er Jahre erreicht. Daher geht man von einem weiteren Anstieg der Neuerkrankungen auf über 1000 Fälle pro Jahr aus. Bei den Todesfällen Berufserkrankter ist Asbest die weitaus häufigste

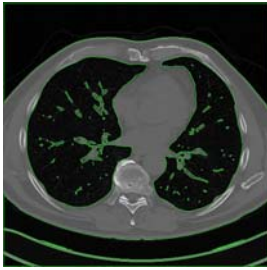
Todesursache und stellt damit in der Arbeitsmedizin ein großes Problem dar. In anderen europäischen Ländern sind die Fallzahlen noch deutlich höher [4]. Daher werden in den kommenden 30 Jahren in Westeuropa etwa 250.000 Mesotheliom-tote prognostiziert [5].

2 Stand der Forschung

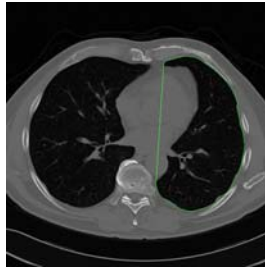
Eine Heilung des Mesothelioms ist bisher nur in Einzelfällen möglich, wenn eine Früherkennung erfolgte. Zurzeit beträgt die mittlere Überlebenszeit nach Diagnosestellung ca. 9 Monate. In dem Bestreben, die Überlebenszeit Betroffener zu erhöhen, kommt der Früherkennung des malignen Tumors eine entscheidende Rolle zu. Eine Wachstumstendenz pleuraler Verdickungen im zeitlichen Verlauf stellt ein wesentliches Kriterium zur Differenzierung zwischen gutartigen und bösartigen Veränderungen dar. Zur Diagnosestellung von gutartigen und bösartigen Veränderungen wird die Pleura mittels CT auf Verdickungen untersucht, die dabei vom befundenden Arzt nach Größe und Form in Klassen eingeteilt werden. Die Ergebnisse werden in einen standardisierten Erfassungsbogen eingetragen. Dies ist zum einen mit sehr hohem zeitlichen Aufwand verbunden, zum anderen unterliegen die Auswertungsergebnisse aufgrund der subjektiven visuellen Beurteilung hohen Schwankungen. Intra- und Interreadervariabilitätsuntersuchungen zeigen, dass eine genaue und reproduzierbare Aussage über die quantitative Ausdehnung einer Pleuraverdickung schwer zu treffen ist. Heute zur Befundung eingesetzte, kommerziell erhältliche Workstations werden momentan lediglich als Werkzeug zur Visualisierung der CT-Scans eingesetzt und erleichtern es dem Befunder, die Ergebnisse in Formulare einzutragen. In [6] wird von einem System berichtet, das semiautomatisch zur eindimensionalen Vermessung von Mesotheliomen in der Lage ist. Systeme, welche pleurale Verdickungen automatisiert erfassen und vermessen, sind zurzeit noch nicht verfügbar.

3 Wesentlicher Fortschritt durch den Beitrag

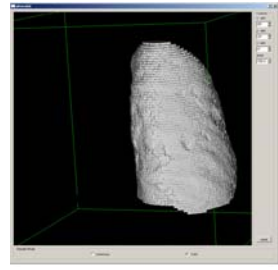
Die Verwendung eines vollautomatischen Bildverarbeitungssystems bei der Befunderhebung hat zum einen das Ziel, die zeitliche Belastung des befundenden Arztes zu verringern. Zum anderen soll sie zu exakten, reproduzierbaren Messwerten führen, die eine einfache, möglichst objektive Verlaufsdokumentation der pleuralen Verdickungen ermöglichen. Die vom System dargestellten Ergebnisse können dabei jederzeit vom untersuchenden Arzt korrigiert werden. So können Veränderungen der Verdickungen, die auf die Bildung eines malignen Tumors hinweisen, früher erkannt und schon im Frühstadium geeignete Therapiemaßnahmen ergriffen werden, welche sowohl die Lebenserwartung als auch die Lebensqualität des Patienten erhöhen.

Abb. 1. Extraktion und Visualisierung der Pleurakonturen.

(a) Alle im Bild gefundenen Konturen



(b) Gefundene Pleurakontur, Bronchialbaum herausgeschnitten



(c) Visualisierung eines Lungenflügels

4 Methoden

Im CT-Scan werden zuerst die Pleurakonturen extrahiert, daraufhin nach vordefinierten Kriterien die Verdickungen lokalisiert und deren charakteristische Abmessungen bestimmt. Unser Verfahren arbeitet wie folgt: Der Anwender lädt zu Beginn einen CT-Scan zur Befundung in den Arbeitsbereich. Per Knopfdruck startet er die Detektion der Pleurakonturen. Dabei wird jedes DICOM-Bild mit einer Schwellwert-Operation (-550 HU) [7] in ein Binärbild umgewandelt. In diesem Binärbild werden mittels eines Konturfindungsalgorithmus [8] alle geschlossenen Konturen gefunden. Diese werden nach vordefinierten Kriterien sortiert, so dass am Ende die Konturen der Pleura übrig bleiben. Da im Bereich des Bronchialbaumes und mediastinaler Strukturen keine Verdickungen zu erwarten sind, werden diese Bereiche im Scan nicht betrachtet.

Mit Hilfe der so gefundenen Pleurakonturen lassen sich die Lungenflügel in einem gesonderten Fenster in einer 3D-Ansicht visualisieren und von allen Seiten betrachten. Dabei sind die Bereiche der Verdickungen gut erkennbar (Abb. 1c). Mit einem weiteren Knopfdruck startet der Anwender den Algorithmus zum Auffinden der Verdickungen. Verdickungen stellen sich immer als nichtkonvexe Bereiche in der konvex modellierten Kontur der Lunge dar. Daher werden in den gefundenen Konturen der Pleura alle Punkte identifiziert, welche die Pleurakontur vollständig umschließen, wenn sie mit Geraden verbunden werden. Aus je zweien dieser Punkte wird nun mit Hilfe ihrer Verbindungsgerade und dem zwischen ihnen liegenden Konturstück eine neue, kleine Kontur erstellt (Abb. 2).

Diese neuen Konturen werden als potentielle Verdickungen angesehen und nach drei Kriterien beurteilt: Sie werden nur weiter betrachtet, wenn sie mindestens ein Pixel umschließen, sich mindestens eine Kontur im selben Bereich des Schichtbildes darüber oder darunter befindet und sich in ihrem Innern ein bestimmter Anteil an Pixeln befindet, deren Hounsfield-Werte denen von Tumorgewebe (größer 40 HU) entsprechen. Ist eine dieser Bedingungen nicht erfüllt, wird die Kontur verworfen. Die gefundenen Verdickungen (Abb. 3) werden mit