



UNIVERSITÄT ZU LÜBECK



**MIC**

Institute of Mathematics and  
Image Computing

---

# SEGMENTIERUNG KOMPLEXER LEBERLÄSIONEN MIT OBJEKTBASIERTER BILDANALYSE

–  
*Segmentation of complex liver lesions using object based image analysis*

---

Masterarbeit

im Rahmen des Studiengangs  
– **Mathematik in Medizin und Lebenswissenschaften** –  
der Universität zu Lübeck

vorgelegt von  
Erik Soltow

ausgegeben und betreut von  
Prof. Dr. Jan Modersitzki  
*Institute of Mathematics and Image Computing*

mit Unterstützung von  
Jan Hendrik Moltz  
Michael Schwier  
*Fraunhofer MEVIS*

Die Masterarbeit ist im Rahmen von Arbeiten bei Fraunhofer MEVIS  
entstanden.

Abgabe: 22.11.2012

## Erklärung

Ich versichere, die vorliegende Arbeit selbstständig und nur unter Benutzung der angegebenen Hilfsmittel angefertigt zu haben.

Lübeck, den 22.11.2012

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>5</b>
1.1	Frühere Arbeiten . . . . .	6
1.2	Eigenschaften von Lebermetastasen . . . . .	7
1.3	Übersicht . . . . .	10
<b>2</b>	<b>Grundlagen</b>	<b>12</b>
2.1	Bilder . . . . .	12
2.2	Segmentierung . . . . .	16
2.3	Objektbasierte Bildanalyse . . . . .	17
2.3.1	Konzept . . . . .	18
2.3.2	Arbeitsfluss . . . . .	21
2.3.3	Merkmale . . . . .	23
2.3.4	Klassifikation . . . . .	34
2.3.5	Beispiel . . . . .	40
2.4	Vorverarbeitung . . . . .	43
2.4.1	Glättung . . . . .	43
2.4.2	Vorsegmentierung . . . . .	46
2.5	Nachbearbeitung . . . . .	52
2.5.1	Morphologische Bildverarbeitung . . . . .	52
<b>3</b>	<b>Segmentierung von Leberläsionen</b>	<b>56</b>
3.1	Vorsegmentierung . . . . .	56
3.2	Menschliche Wahrnehmung . . . . .	60
3.3	Zweidimensionale Segmentierung . . . . .	64
3.3.1	Randdetektion . . . . .	65
3.3.2	Klassifikation auf Basis des Benutzerstriches . . . . .	71
3.3.3	Region Growing und Region Shrinking . . . . .	76
3.4	Dreidimensionale Segmentierung . . . . .	87
3.5	Nachbearbeitung . . . . .	92
3.5.1	Randglättung . . . . .	93
3.5.2	Lebersegmentierung . . . . .	94
<b>4</b>	<b>Ergebnisse</b>	<b>96</b>
4.1	MICCAI-Score . . . . .	96
4.2	Referenzengewichteter Score . . . . .	105
4.3	Reproduzierbarkeit . . . . .	109

4.4 Laufzeit . . . . .	112
<b>5 Ausblick</b>	<b>118</b>

# 1 Einleitung

Krebs gehört zu den häufigsten Todesursachen nicht nur in Deutschland sondern auch weltweit. Primäre Tumore in der Leber sind mit einer Inzidenz von unter 0.01% in Deutschland zwar selten, weltweit gesehen ist das Hepatozelluläre Karzinom jedoch der fünfthäufigste maligne Tumor und belegt bei den tumorbedingten Todesursachen den dritten Platz. Besonders in den Industrieländern ist in den letzten Jahren zudem eine Zunahme zu erkennen, die sich vermutlich auf eine steigende Anzahl von Patienten mit Leberzirrhose und eine erhöhte Infektionsrate von Hepatitis C zwischen 1960 und 1990 zurückführen lässt.

Außerdem ist die Leber aufgrund der Funktionen, die sie im Körper übernimmt nach den Lymphknoten das Organ, welches am Häufigsten von sekundären Tumoren befallen wird. Besonders Tumore im Magen-Darm-Trakt streuen oft in die Leber. Bei bis zu 50% aller Krebspatienten lassen sich daher Lebermetastasen finden.

Die Methoden zur Bekämpfung des Krebses sind vielfältig, zur Feststellung der Wirksamkeit der Behandlung ist jedoch in jedem Fall die Bestimmung und Beobachtung der Tumorgöße nötig. Zu diesem Zweck wird in den meisten Fällen die Computertomographie (CT) verwendet und die Läsionen von einem Radiologen per Hand detektiert und vermessen. Nach RECIST Standard [31] wird hierzu der größte Durchmesser (eindimensionale Messung) oder seltener zusätzlich der entsprechend größte orthogonale Durchmesser bestimmt (zweidimensionale Messung).

Diese Aufgabe ist für den Radiologen nicht nur sehr zeitaufwändig, auch die Ergebnisse sind schlecht reproduzierbar und stark vom Benutzer abhängig. Besonders kleine Tumore, die oftmals nur wenige Millimeter groß sind und deren Durchmesser damit bei entsprechender Auflösung der CT-Aufnahmen auch nur wenige Bildpunkte beträgt, sind anfällig für Fehler. Bei der eindimensionalen Messung wird bei einem Wachstum von mindestens 20% von einem progressiven Tumor ausgegangen, während eine Verminderung des Durchmesser um mehr als 30% für einen Therapieerfolg spricht. Selbst kleinere Unterschiede in der einfachen eindimensionalen Messung können somit schnell zu falschen Annahmen führen.

Hinzu kommt das Problem, dass die Schätzung eines dreidimensionalen Objektes allein durch den Durchmesser nur richtig ist, wenn der entsprechende Tumor auch kugelförmig ist. Auch die Hinzunahme des zweiten orthogonalen Durchmessers liefert nur ein ungenaue Approximation, wenn die Läsion nicht ellipsoid ist. Eine Betrachtung des tatsächlichen Volumens ist somit nur selten möglich und es besteht die Gefahr, dass sich die Tumorgöße signifikant ändert, ohne dass dabei der gemessene Durchmesser stark variiert.

Wünschenswert ist somit eine möglichst genaue dreidimensionale Segmentierung, um

die räumliche Form der Läsion direkt zu bestimmen.

## 1.1 Frühere Arbeiten

Die Methoden zur Segmentierung von Leberläsionen sind vielfältig, was darauf hindeutet, dass ein zufriedenstellendes Ergebnis schwer zu erzielen ist. An diese Stelle soll deshalb nur ein kurzer Überblick der Algorithmen gegeben werden, die in Konkurrenz zu dem hier zu entwickelnden Verfahren stehen.

Li und Jolly [18] verfolgen in ihrer Arbeit einen graphenbasierten Ansatz zur Segmentierung. Ausgehend von einem Strich, den der Nutzer in der Läsion zeichnet, werden im Objekt und im Hintergrund Saatpunkte gesetzt, mit deren Hilfe das Bild grob vorsegmentiert wird. Mittels Histogrammen wird nun die Verteilung der Intensitäten in Objekt und Hintergrund geschätzt und ein Graph aus den gewonnenen Daten generiert, der neben den Informationen zur Grauwertverteilung auch Annahmen über die Form des Tumors mit einbezieht. Abschließend wird der Graph mit einem Max-Flow-Min-Cut-Algorithmus partitioniert und somit die Segmentierung bestimmt. Der Algorithmus ist auf diese Weise auch in der Lage multiple Grenzen im Bild zu detektieren, indem die Gewichte des Graphen angepasst werden.

Smeets et al [30] kombinieren verschiedene bekannte Verfahren. Der Nutzer markiert mit Punkten sowohl die gesuchte Läsion als auch den Hintergrund und damit die ungefähre Größe des zu bestimmenden Objektes. In geeignetem Abstand werden Punkte spiralförmig um die Läsion angeordnet und das dreidimensionale Bild in die Ebene projiziert, indem Linien vom Mittelpunkt der Läsion zu diesen Punkten abgetastet werden. In dem planaren Bild kann nun eine Vorsegmentierung bestimmt werden, indem ein Pfad mit minimalen Kosten vom linken zum rechten Rand berechnet wird, die der Ausgangspunkt einer genaueren Segmentierung mittels Level Sets ist.

Häme und Pollari [13] verwenden einen stochastischen Ansatz, in dem mit Hilfe eines Hidden Markov Modells versucht wird, eine möglichst optimale Aufteilung in Objekt und Hintergrund zu finden. Gesucht ist an dieser Stelle eine Segmentierung, die auf der Basis der Schätzung der Intensitätsverteilungen in Objekt und Hintergrund die wahrscheinlichste Unterteilung ist, die das beobachtete Bild hervorbringt. Auch hier muss der Nutzer zunächst Lage und Größe des Tumors über die Markierung geeigneter Punkte im Bild bestimmen.

Zusätzlich existieren diverse Verfahren, die auf dem recht einfachen Region Growing Algorithmus beruhen, wobei durch unterschiedliche Methoden versucht wird das Ergebnis zu beeinflussen oder im Anschluss zu verfeinern. Ausgangspunkt eines solchen Verfahrens ist immer mindestens ein Saatpunkt, von dem aus das Objekt wächst, so lange benachbarte Bildpunkte ähnlich genug sind.

Zhao et al [36] klassifizieren die Bildpunkte dabei auf der Basis von Schwellwerten, die aus einer Schätzung des Leberparenchyms bestimmt werden und integrieren zusätzlich lokale Kompaktheitsannahmen, um ein Auslaufen der Kontur beim Wachstum zu unterdrücken. Moltz et al [23] bestimmen die Schwellwerte im Region Growing Algo-

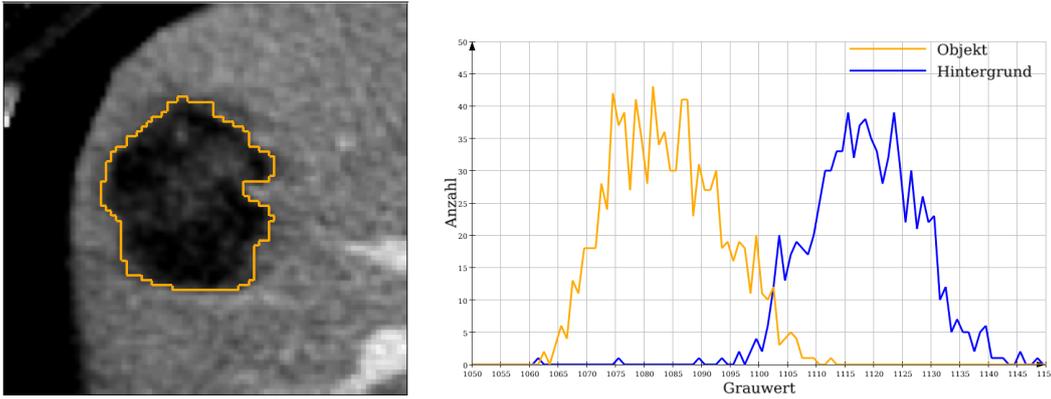


Abbildung 1.1: Segmentierung und Histogramm der Läsion und der näheren Umgebung eines kompakten, hypodensen Tumors

rithmus adaptiv und bearbeiten das Ergebnis mit morphologischen Operationen, um ein mögliches Auslaufen zu korrigieren. Zhou et al [37] hingegen passen das Homogenitätskriterium, mit dem das Wachstum der Kontur bestimmt wird, mit Hilfe von Lernverfahren im Verlauf der Iterationen an.

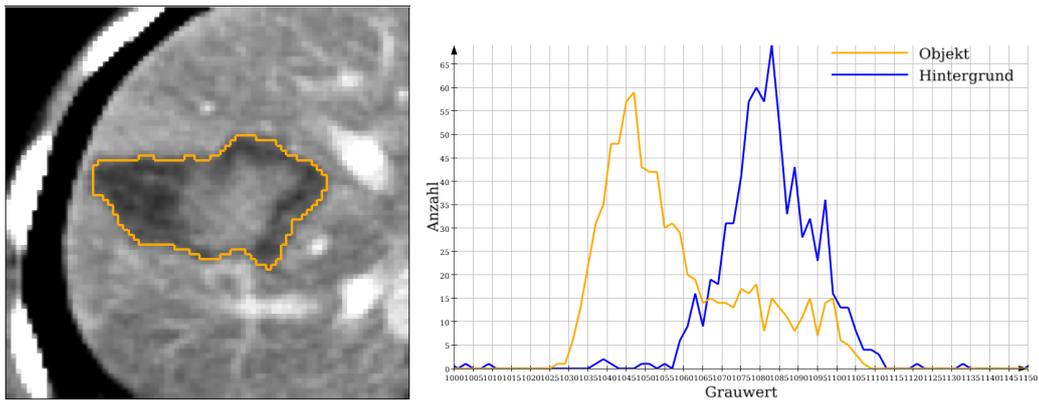
## 1.2 Eigenschaften von Lebermetastasen

Alle bisherigen Verfahren zu Segmentierung von Leberläsionen nutzen einige Annahmen zur Form und Grauwertverteilung innerhalb der Tumore und der umliegenden Strukturen. Üblicherweise wird davon ausgegangen, dass die typische Läsion relativ kompakt, homogen und hypodens gegenüber dem umliegenden Lebergewebe ist. Im einfachsten Fall ist das zu segmentierende Objekt also dunkler, annähernd kugelförmig und damit klar vom Leberparenchym abgegrenzt, wie in Abbildung 1.1. Die Läsion lässt sich hier bereits recht einfach anhand der Grauwerte segmentieren, die Histogramme des Tumors und seiner Umgebung überschneiden sich kaum.

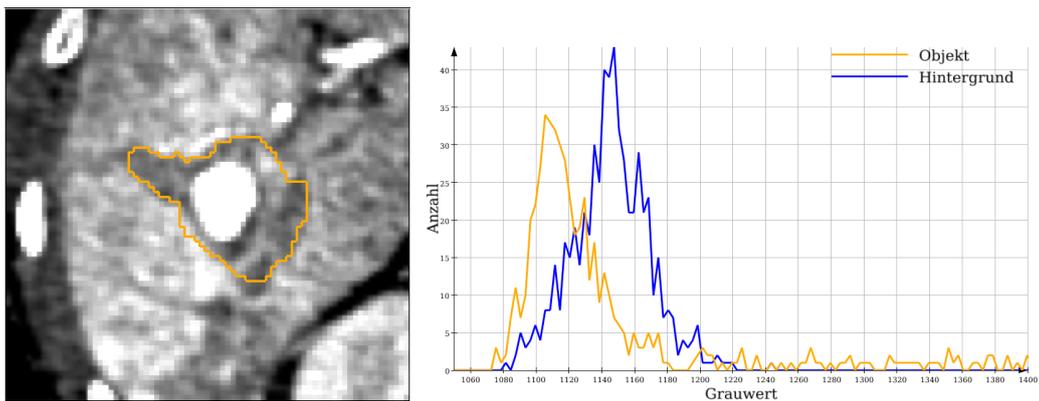
Auch wenn die Mehrheit der Lebermetastasen diese Annahmen rechtfertigen, kann das tatsächliche Erscheinungsbild beträchtlich variieren. Abhängig vom zugrunde liegenden Primärtumor, dem Stadium und der bisherigen Behandlung kann sich das Aussehen sehr viel komplexer darstellen. Ein Teil dieser deutlich schwieriger abzugrenzenden Tumore sollen der Schwerpunkt der Untersuchung in dieser Arbeit sein: Tumore nach einer Radiofrequenzablation, randanreichernde und multifokale Läsionen.

### Läsionen nach einer Radiofrequenzablation

Bei der Radiofrequenzablation oder auch Hochfrequenzablation wird in einem minimal invasivem Eingriff eine Sonde in das Gebiet des Tumors eingebracht. Über einen hochfrequenten Wechselstrom wird zwischen zwei Elektroden am Ende der Sonde lokal eine hohe Temperatur erzeugt, die das Tumorgewebe schädigt, umliegendes Gewebe



(a) inhomogene Läsion



(b) Läsion mit Einschluss

Abbildung 1.2: Segmentierung und Histogramme zweier Läsionen nach einer Radiofrequenzablation

aber weitgehend unangegriffen lässt. Diese Methode ist daher schonend für den Patienten und lässt sich bei Bedarf mehrfach wiederholen ohne schwerwiegende, bleibende Schäden zu hinterlassen.

Die Intensitätsverteilungen innerhalb von Tumoren nach der Behandlung mit Radiofrequenzen sind vielfältig. Hauptsächlich erscheinen diese Läsionen auf den CT-Aufnahmen dunkler oder sehr inhomogen, wobei sich die Grauwertverteilung oftmals stark mit der des umliegenden Leberparenchyms überschneidet, wie Abbildung 1.2(a) zeigt. Seltener sind sehr dichte Einschlüsse oder komplett hyperdense Läsionen, die in den Aufnahmen deutlich heller als das umliegende Lebergewebe erscheinen. Besonders diese hyperdensen Einschlüsse können bei der Segmentierung Probleme aufwerfen. Zwar sind sie zumeist deutlich heller als das umliegende Leberparenchym, aber eine klare Abgrenzung ist schwierig. “Harte” Kanten sind im Körper selten, so dass abhängig von der gewählten Diskretisierung die Übergänge fließend sind. Abbildung 1.2(b) verdeutlicht dies an dem gegebenen Histogramm. Anstatt eines markanten Maximums sind die helleren Grauwerte über einen relativ großen Bereich verteilt.

Als Problem stellt sich bei dieser Gruppe zudem die Form heraus. Durch die Behand-

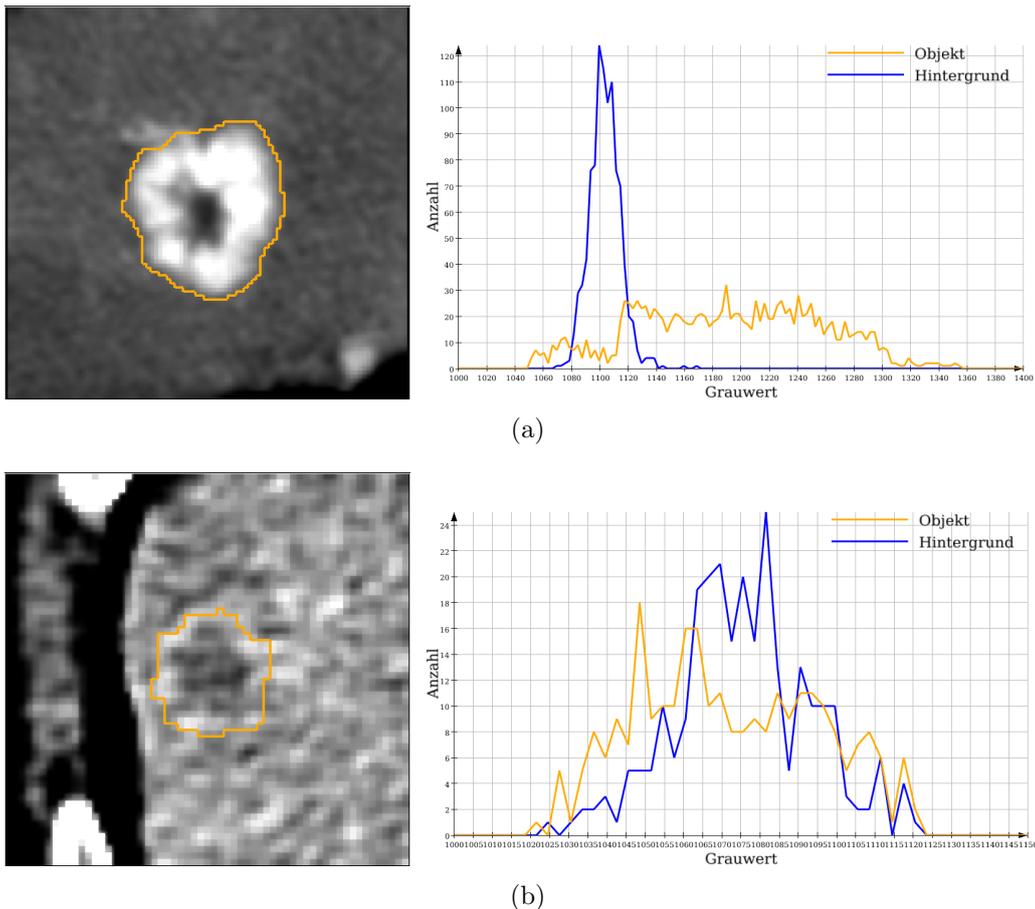


Abbildung 1.3: Segmentierung und Histogramme zweier randverstärkter Läsionen

lung sind auch unregelmäßige Formen zu erwarten, insbesondere der Eintrittskanal der Sonde kann für einen ungewöhnlichen, dünnen Fortsatz sorgen, den es zu erkennen gilt. Eine weitere Schwierigkeit ist zudem eine mögliche Folge der Radiofrequenzablation. Unter Umständen wird auch das umliegende Parenchym der Leber geschädigt, wodurch dieses das Kontrastmittel unterschiedlich stark aufnimmt. Somit kann die Grauwertverteilung auch innerhalb der Leber sehr inhomogen sein.

### Randanreichernde Läsionen

Randanreichernde Läsionen können durch Einlagerung von Kalk oder durch eine Nekrose des zentralen Bereiches entstehen. Typischerweise sind diese Tumore durch den deutlich helleren Rand gut vom Leberparenchym zu unterscheiden und sind zudem oft sehr kompakt, nahezu kugelförmig. Häufig weist der Kern der Läsion Grauwerte auf, die denen des Leberparenchyms ähneln. Besonders bei sehr inhomogenen Rändern besteht somit die Gefahr, das Bereiche des Leberparenchyms als Tumor segmentiert werden, da eine Unterscheidung auf Basis der Intensitäten schwierig ist. Ähnlich wie bei hypodensen Einschlüssen gilt auch hier, dass die helleren Grauwerte meist breit

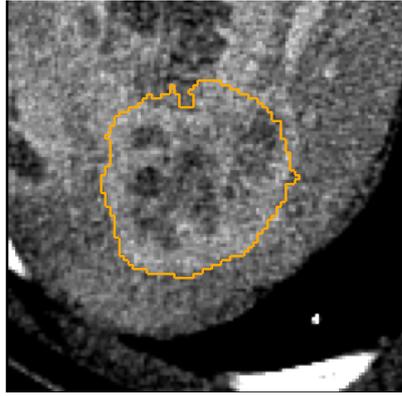


Abbildung 1.4: Segmentierung einer multifokalen Läsion

gefächert sind. Abbildung 1.3(a) zeigt eine solche typische Läsion.

Schwieriger sind Fälle in denen die Anreicherung weniger stark ausgeprägt ist. Diese Läsionen sind häufig recht klein und schwierig einzugrenzen. Oftmals zeichnet sich das gesuchte Objekt nur dadurch aus, dass etwas hellere Bildbereiche kugelförmige Strukturen bilden. Eine Unterscheidung von Objekt und Hintergrund auf Basis der Grauwerte ist dann fast nicht möglich, wie Abbildung 1.3(b) zeigt.

### **Multifokale Läsionen**

Bei multifokalen Läsionen entsteht der Tumor an mehreren Stellen gleichzeitig. Im Laufe der Zeit können die einzelnen Läsionen zusammenwachsen, wodurch sie nicht mehr eindeutig voneinander unterschieden werden können. Obwohl diese Tumore oft sehr groß und kompakt sind, kann die Segmentierung sehr schwierig sein. Sie zeichnen sich durch hellere Strukturen aus, in denen mehrere dunklere Kerne zu finden sind, die jedoch meist die Grauwerte der gesunden Leber aufweisen. Zudem ist mit weiteren Läsionen in der Nähe zu rechnen, zwischen denen eine genaue Abgrenzung oftmals nur erahnt werden kann, wie Abbildung 1.4 zeigt.

## **1.3 Übersicht**

In dieser Arbeit soll untersucht werden, inwiefern sich ein objektbasierter Ansatz bei der Bildanalyse zur Segmentierung komplexerer Tumore eignet. Während der Arbeit wurde besonderen Wert auf eine praktische Bearbeitung des Themas gelegt. Das Ziel ist daher die Entwicklung eines Verfahrens mit dem die gegebenen computertomographischen Aufnahmen von Leberläsionen möglichst gut, halbautomatisch segmentiert werden können.

Hierzu werden zunächst die grundlegenden Methoden in Kapitel 2 vorgestellt, die im Verlauf der Bearbeitung des Themas Verwendung fanden. Von besonderem Interesse ist dabei die objektbasierte Bildanalyse und ihre entscheidenden Unterschiede

zur konventionellen Analyse einzelner Bildpunkte. Neben wesentlichen konzeptionellen Grundlagen sollen vor allem die wichtigsten Merkmale von Objekten und Verfahren zur Klassifikation dargestellt werden. Zusätzlich soll ein kurzer Überblick über Möglichkeiten zur Vor- und Nachbearbeitung gegeben werden. Hierzu gehören Methoden zur Glättung von Bildern und zur Generierung von Basisobjekten (Vorsegmentierung), sowie einfache Prinzipien der morphologischen Bildverarbeitung.

Im Anschluss wird in Kapitel 3 eine Übersicht über die vielversprechendsten Varianten zur Segmentierung von Leberläsionen mit Hilfe der objektbasierten Bildanalyse gegeben, die im Laufe der Arbeit entwickelt wurden. An dieser Stelle werden die entsprechenden Ideen dargelegt und besonders die Schwierigkeiten diskutiert, die sich im Laufe der Entwicklung ergeben haben. Ausgehend von einem Strich, den der Benutzer als einzige Interaktion in die Läsion zeichnet, erfolgt zunächst eine zweidimensionale Segmentierung der Schicht, in der der Benutzerstrich liegt. Im Weiterem werden Möglichkeiten vorgestellt, wie auf dieser Basis die dreidimensionale Segmentierung erfolgen kann.

Kapitel 4 beinhaltet die Analyse und Diskussion der erzielten Ergebnisse. Die Segmentierungen werden hierzu mit gegebenen, von Experten erstellten Referenzen verglichen, um eine Bewertung zu ermöglichen. Zusätzlich wird das Verfahren hinsichtlich der Reproduzierbarkeit der Ergebnisse und der Laufzeit untersucht.

Abschließend wird auf weitere Möglichkeiten und Verbesserungen der objektbasierten Bildanalyse eingegangen, die aus zeitlichen Gründen nicht mehr in dieser Masterarbeit verfolgt werden konnten.

## 2 Grundlagen

Im Folgenden sollen die wesentlichen mathematischen und informatischen Grundlagen, sowie die wichtigsten während der Arbeit verwendeten Algorithmen vorgestellt werden. Neben einigen grundlegenden Konzepten zu Vorsegmentierung und Nachbearbeitung steht vor allem die objektbasierte Bildanalyse im Mittelpunkt.

### 2.1 Bilder

Um reale Problemstellungen computergestützt lösen zu können, muss die Wirklichkeit mit einem geeigneten Modell abgebildet werden, das der Computer verarbeiten kann und das eine sinnvolle Definition von Arbeitsschritten zur Problemlösung ermöglicht. In der Bildverarbeitung beziehen sich die Fragestellungen auf die Analyse und Bearbeitung eines Gebietes von Interesse, dessen räumliche Dimension  $d$  von der zu lösenden Aufgabe abhängt. Üblich sind zum Beispiel  $d = 3$ , wenn es um die Betrachtung eines Volumens geht oder  $d = 2$ , wenn die Projektion der Realität in eine Ebene im Mittelpunkt steht.

Zur Beschreibung des Gebietes wird in der Wirklichkeit ein  $d$ -dimensionales (Welt-) Koordinatensystem geschaffen und die interessante Region durch eine Box

$$\Omega = [\omega_1^1, \omega_1^2] \times \dots \times [\omega_d^1, \omega_d^2] \subset \mathbb{R}^d$$

dargestellt (siehe Abbildung 2.1(a)). Diese Box wird das *Bildgebiet* genannt und oft mit ROI (*region of interest*) bezeichnet. Die Punkte  $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^d$ , die im Bildgebiet liegen, werden entsprechend Bildpunkte genannt.

Ein *Bild* lässt sich nun als Funktion definieren, die jedem Bildpunkt einen bestimmten Wert zuweist

$$f : \Omega \rightarrow \mathbb{W}, \quad \mathbf{x} \mapsto f(\mathbf{x}),$$

wobei der *Farbraum*  $\mathbb{W}$  davon abhängig ist, welche Information das Bild enthalten soll. Er kann eindimensional sein und lediglich Intensitäten enthalten oder er ist mehrdimensional und lässt somit die Darstellung von Farbe zu, indem zum Beispiel verschiedene Farbanteile (RGB, CMYK) oder Werte für Farbton, Sättigung und Helligkeit (HSV) angegeben werden. Auch komplexere Strukturen wie die Tensoren der Diffusions-Tensor-Bildgebung [3] können in  $\mathbb{W}$  enthalten sein.

Sowohl das Gebiet  $\Omega$  als auch der Farbraum  $\mathbb{W}$  sind in obiger Definition kontinuierlich. Damit ein allgemeines Bild  $f$  tatsächlich gespeichert und bearbeitet werden kann, muss

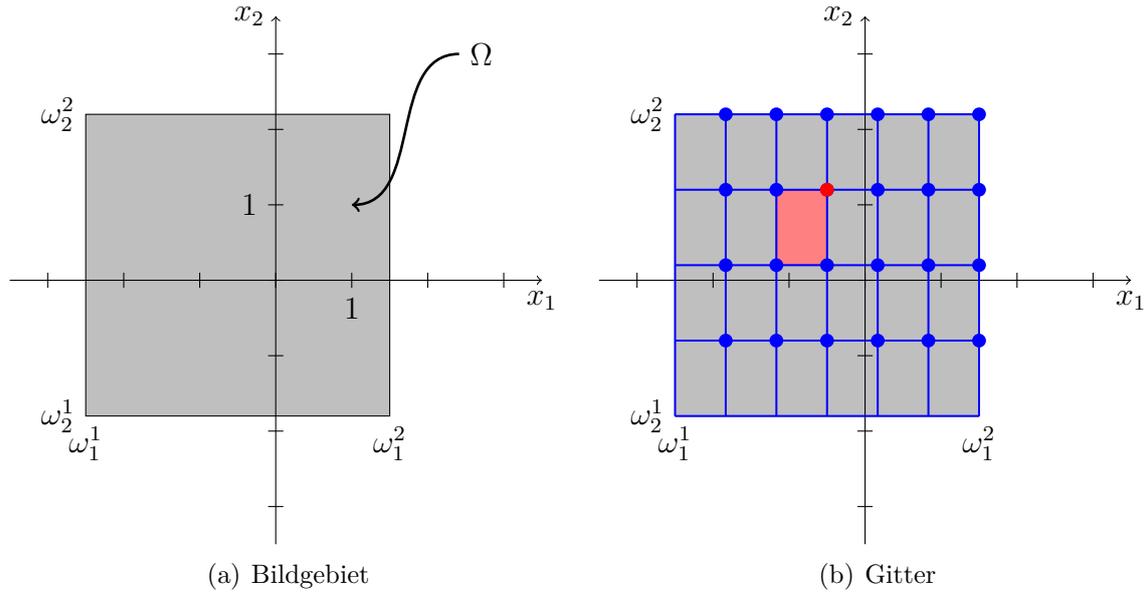


Abbildung 2.1: Zweidimensionales Bildgebiet mit einem Gitter der Größe  $\mathbf{m} = (6, 4)$ . Jeder Gitterpunkt repräsentiert eine Zelle mit den Abmessungen  $\mathbf{h} = (0.75, 1)$ . Beispielhaft ist die entsprechende Zelle zu dem Punkt  $\mathbf{x} = (0.5, 1.2)$  in rot eingefärbt.

die enthaltene Information beschränkt werden, das Modell also noch weiter vereinfacht werden.

Eine gängige Methode ist die Unterteilung von  $\Omega$ , indem eine Menge von äquidistant verteilten Gitterpunkten ausgewählt wird (Diskretisierung). Mit der Gittergröße

$$\mathbf{m} = (m_1, \dots, m_d) \in \mathbb{N}^d$$

ergeben sich Zellen der Größe

$$\mathbf{h} = (h_1, \dots, h_d) \in \mathbb{R}^d,$$

so dass

$$\mathbf{m} \cdot \mathbf{h} = \sum_{i=1}^d m_i h_i = \prod_{i=1}^d \omega_i^2 - \omega_i^1 = |\Omega|$$

erfüllt ist.

Die Koordinaten der Gitterpunkte  $\mathbf{x} \in \Omega$  hängen von der Feinheit der Diskretisierung - das heißt der Gittergröße  $\mathbf{m}$  - und der Lage von  $\Omega$  im Weltkoordinatensystem ab. Hier sei die Menge  $\mathcal{P}$  der Gitterpunkte in Weltkoordinaten deshalb wie folgt bestimmt:

$$\mathcal{P} = \left\{ (x_1, \dots, x_d) \in \Omega \mid x_i = \omega_i^1 + h_{ij}; i = 1, \dots, d; j = 1, \dots, m_i \right\}. \quad (2.1)$$

Jeder Gitterpunkt definiert hierbei eineindeutig eine Zelle des Bildgebietes. Für  $d = 2$  werden die Bildpunkte  $\mathbf{x}$  deshalb auch als Pixel (picture element, Bildelement) und für  $d = 3$  Voxel (volume element, Volumenelement) bezeichnet. Abbildung 2.1(b) zeigt ein Gitter der Größe  $\mathbf{m} = (6, 4)$  in einem zweidimensionalen Bildgebiet. Der rot markierte Punkt repräsentiert die rot unterlegte Zelle.

Hier werden die Zellen durch Punkte dargestellt, die auf den Knoten des Gitters liegen. Eine weitere Möglichkeit ist die zellzentrierte Repräsentation, die hier jedoch unberücksichtigt bleiben soll. Näheres zu den Unterschieden und weitere Ausführungen zu den mathematischen Modellen finden sich in [21].

Den Gitterpunkten wird abschließend ein Farbwert zugewiesen, der den entsprechend repräsentierten Teil der Wirklichkeit möglichst gut wiedergibt. Auch hier muss die Information des Farbraumes auf eine endliche Teilmenge  $\mathcal{W} \subset \mathbb{W}$  beschränkt werden (Quantisierung).

Es ergibt sich somit das *diskretisierte* und *quantisierte* Bild

$$f_d : \mathcal{P} \rightarrow \mathcal{W}, \quad \mathbf{x} \mapsto f_d(\mathbf{x}). \quad (2.2)$$

Die endliche Information des Bildes  $f_d$  kann durch die rasterförmige Anordnung der Gitterpunkte nun mit Hilfe einer Matrix

$$I \in \mathcal{W}^{m_1 \times \dots \times m_d}$$

effizient dargestellt werden. Die Elemente enthalten die Informationen zu den Farbwerten, während über die Indizes der Komponenten eine Beziehung zur relativen Lage hergestellt werden kann.

Eine entsprechende Matrix zu Abbildung 2.1 könnte wie folgt aussehen:

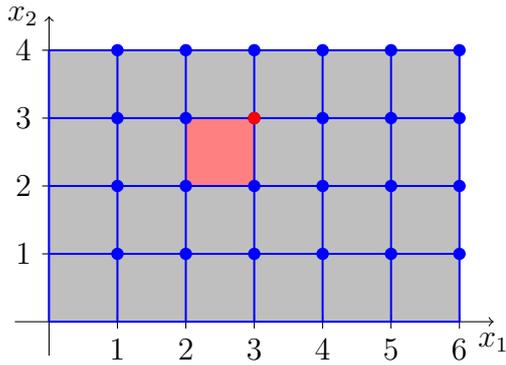
$$I = \begin{pmatrix} 100 & 120 & 110 & 60 & 80 & 200 \\ 50 & 70 & 30 & 110 & 130 & 180 \\ 220 & 30 & 50 & 100 & 10 & 240 \\ 100 & 100 & 50 & 40 & 150 & 170 \end{pmatrix} \quad (2.3)$$

Die Definition der Gitterpunkte in Weltkoordinaten ist allerdings mitunter recht unständlich und zur Vereinfachung wird das Bildgebiet oftmals so verschoben, dass es im Ursprung beginnt, und so skaliert, dass die Zellen Einheitsgröße haben. Für das transformierte Bildgebiet  $\Omega_B$  gilt demnach

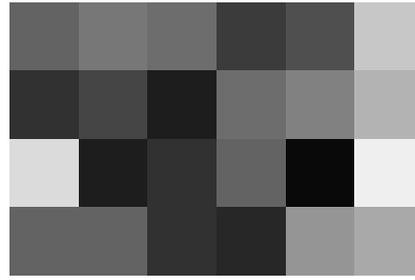
$$\Omega_B = [0, m_1] \times \dots \times [0, m_d]$$

und die Menge der Gitterpunkte ergibt sich im neuen Bildkoordinatensystem zu

$$\mathcal{P} = \{(x_1^B, \dots, x_d^B) \in \Omega_B \mid x_i^B = 1, \dots, m_i\}. \quad (2.4)$$



(a) Gitter in Bildkoordinaten



(b) grafische Darstellung der Beispielmatrix

Abbildung 2.2: Gitter aus Abbildung 2.1 in Bildkoordinaten und übliche grafische Darstellung der Matrix  $I$  aus (2.3) (8-Bit Graustufenbild)

Somit wird der Zugriff in der Matrix  $I$  deutlich vereinfacht, denn der Bildpunkt  $\mathbf{x}$  und der zugehörige Index in der Matrix entsprechen sich und es gilt

$$f_d(\mathbf{x}) = I(\mathbf{x}).$$

Abbildung 2.2(a) zeigt das in 2.1(b) dargestellte Gitter in Bildkoordinaten. Der hervorgehobene Bildpunkt hat in diesem System die Koordinaten  $(x_1, x_2) = (3, 3)$  und kann somit direkt mit dem Matrixelement  $I(3, 3) = 50$  in Verbindung gebracht werden.

Üblicherweise wird ein Bild grafisch über die Einfärbung der Bildelemente dargestellt, wie Abbildung 2.2(b) zeigt. Die Matrix  $I$  aus 2.3 ist hier als 8-Bit-Graustufenbild abgebildet, das heißt der Wert 0 wird schwarz und der Wert 255 weiß dargestellt. Werte dazwischen erhalten einen entsprechend interpolierten Grauton.

Durch den Übergang zu Bildkoordinaten wird allerdings die Verknüpfung zum realen Bildraum  $\Omega$  verloren. Sollen Größen wie Längen oder Volumina bestimmt werden oder soll die Lage von mehreren Bildern zueinander untersucht werden, muss ein Übergang in die Weltkoordinaten erfolgen. Bei Kenntnis des ursprünglichen Bildgebietes und der Gittergröße ist dies durch den Zusammenhang

$$x_i = \omega_i^1 + h_i x_i^B \tag{2.5}$$

jedoch problemlos möglich.

### Bilder in dieser Arbeit

In dieser Arbeit wird mit dreidimensionalen Bildern gearbeitet, die mittels Computertomographie generiert wurden. Bei diesem Verfahren erfolgt die Bildgebung mit Hilfe von Röntgenstrahlen, die aus einer Richtung das Bildgebiet durchleuchten. Verschiedene Stoffe - besonders im Bezug auf ihre Dichte - schirmen diese Strahlung in

unterschiedlichem Maße ab und über die Messung der Abschwächung lässt sich eine zweidimensionale Projektion erstellen. Für die dreidimensionale Bildgebung wird das Bildgebiet  $\Omega$  spiralförmig umrundet und aus den verschiedenen Projektionen das Volumen geeignet rekonstruiert. Eine genauere Erklärung möglicher Methoden finden sich unter anderem in [7].

Im Folgenden wird sich aus Gründen der Übersichtlichkeit somit auf  $d = 3$  oder sogar  $d = 2$  beschränkt. Im zweidimensionalen Fall beschränkt sich das Bild auf eine einzelne Schicht, was die Darstellung deutlich erleichtert. Je nach Notwendigkeit wird ein Bild als Menge von Gitterpunkten  $\mathcal{P}$  oder in der Matrixdarstellung angenommen.

Der Farbraum  $\mathcal{W}$  besteht aus Hounsfield-Einheiten (HU), die die Abschwächung eines Stoffes in Relation zur Abschwächung durch Wasser beschreibt. Während Wasser den Wert von 0 HU erhält, wird Stoffen, die die Strahlung weniger stark abschwächen, ein negativer Wert zugeordnet, während dichtere Stoffe positive Werte erhalten.

Die Hounsfield-Skala ist beschränkt und reicht von ungehinderter Durchdringung (-1024 HU) bis zu totaler Abschwächung (3035 HU). Üblicherweise werden den ganzzahligen Hounsfield-Einheiten nichtnegative Grauwerte zugeordnet, so dass in dieser Arbeit

$$\mathcal{W} = \{0, 1, \dots, 4047\} \subset \mathbb{N}$$

gelten soll.

## 2.2 Segmentierung

Ziel der Segmentierung ist die Aufteilung eines Bildgebietes  $\Omega$ , so dass die entstehenden Unterregionen inhaltlich zusammenhängen. Es ist ein wesentlicher Schritt in der Bildverarbeitung, denn für weiterführende Aufgaben muss oftmals bestimmt werden, was im Bild von Interesse ist und wo es liegt.

Die Segmentierung der Bildpunkte lässt sich über die Abbildung

$$s : \mathcal{P} \rightarrow \{1, \dots, l\}, \quad \mathbf{x} \mapsto s(\mathbf{x}) \quad (2.6)$$

beschreiben.  $s$  weist jedem Bildpunkt ein *Label* zwischen 1 und  $l$  zu und entsprechend der Label lassen sich die Bildpunkte in die *Segmente*

$$\mathcal{S}_i = \{\mathbf{x} | s(\mathbf{x}) = i\} \quad (2.7)$$

unterteilen. Die Zuordnung der Bildpunkte zu den Segmenten ist somit eindeutig und es gilt

$$\mathcal{S}_i \cap \mathcal{S}_j = \emptyset \quad \text{und} \quad \bigcup_{i=1}^l \mathcal{S}_i = \mathcal{P}. \quad (2.8)$$

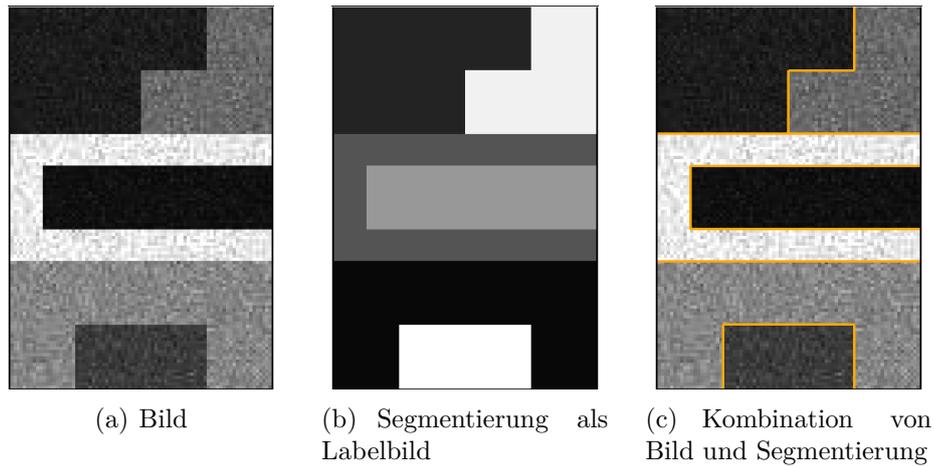


Abbildung 2.3: Darstellungsmöglichkeiten von Segmentierungen

Abhängig von der Anzahl vergebener Label lassen sich prinzipiell zwei verschiedene Arten von Segmentierungen unterscheiden. Bei der *binären Segmentierung* ( $l = 2$ ) wird das Bild in zwei Mengen unterteilt, die das Objekt und den Hintergrund darstellen. Das Objekt bezeichnet an dieser Stelle den Bereich des Bildes, den es herauszustellen gilt, während der Hintergrund alle übrigen Bereiche umfasst. Im Gegensatz dazu steht eine vollständige Segmentierung, bei der das Bild in beliebig viele Regionen aufgeteilt wird.

Die in dieser Arbeit angestrebte Segmentierung ist binär, das gesuchte Objekt ist die Läsion. Alle weiteren Strukturen im Bild wie Leberparenchym, Knochen oder Gefäße lassen sich zwar auch einzeln segmentieren, sind aber nicht von Interesse und werden daher im Hintergrund zusammengefasst.

Im Wesentlichen ist eine Segmentierung ebenfalls eine Abbildung des Bildgebietes, lässt sich somit als Bild definieren und mit Hilfe einer Matrix darstellen. Der Farbraum setzt sich in diesem Fall aus den Labeln zusammen. Abbildung 2.3 zeigt ein einfaches Beispielbild und ein entsprechendes Labelbild. Für eine bessere Darstellung lassen sich beide Bilder auch kombinieren, die verschiedenen Segmente werden dann durch Linien getrennt.

## 2.3 Objektbasierte Bildanalyse

Die in Kapitel 2.1 vorgestellte punktbasierte Darstellung von Bildern ist in Bezug auf die Speicherung der Informationen sehr effizient. Die Matrix  $I$  lässt sich über ein Array speichern und ermöglicht so einen einfachen Zugriff auf ausgewählte Bildinhalte. Auch die Relation zwischen den Punkten lässt sich aus den Indizes direkt erschließen.

Eine weitere Analyse des Bildbereiches auf der Basis der Bildpunkte ist jedoch durch die regelmäßige Anordnung der verwendeten Punkte eingeschränkt, die zumeist keiner Semantik im Bildgebiet folgt. Aus den Bildpunkten lassen sich somit nur wenige sinn-

volle Merkmale extrahieren, die im Wesentlichen die Eigenschaften der Diskretisierung und weniger die von echten Bildinhalten abbilden.

Um dieses Problem zu lösen, wird im Folgenden ein Ansatz vorgestellt, der stärker auf der menschlichen Wahrnehmung beruht. Bei der Betrachtung einer Aufnahme werden wir selten jeden Bildpunkt einzeln untersuchen, sondern das Bild wird als Zusammensetzung mehrerer, semantisch zusammenhängender Regionen wahrgenommen. Insbesondere sind diese Regionen stark unterschiedlich in Bezug auf Form und Größe. Dieser Ansatz, der zur Bildanalyse größere Regionen verwendet, wird als objektbasiert bezeichnet, wobei in diesem Zusammenhang Objekte für den Betrachter sinnvolle Teile des diskreten Bildes sind.

Ursprünglich wurde dieses Prinzip entwickelt, um die Auswertung der meist umfangreichen Daten der Fernerkundung (engl.: *remote sensing*) zu unterstützen. Hierbei ist es nötig hochauflösende Bilder - zum Beispiel der Erdoberfläche - zu analysieren und Gebiete entsprechend ihrer Eigenschaften zu klassifizieren [11, 29]. Die objektbasierte Bildanalyse hat sich jedoch auch bereits bei der Segmentierung medizinischer Bilddaten bewährt [28].

### 2.3.1 Konzept

Hay und Castillas untersuchten die objektbasierte Bildanalyse hinsichtlich möglicher Stärken und Schwächen [12] und das größte Problem scheint das Fehlen eines einheitlichen Konzeptes zu sein. Anwendungen sind vielfach sehr problemspezifisch und lassen sich schwierig flexibel und gleichzeitig unkompliziert gestalten. Aus diesem Grund wurde am Fraunhofer-Institut MEVIS ein generisches Konzept entwickelt [14] und als Framework implementiert, was die Grundlage dieser Masterarbeit ist.

Wie bereits angedeutet ist die Idee der objektbasierten Bildanalyse die Arbeit auf Bildregionen, die sich aus mehreren, inhaltlich zusammenhängenden Bildpunkten zusammensetzen. Im Grunde wird also zunächst eine vollständige (Über-)Segmentierung der Bildpunkte  $\mathcal{P}$  benötigt.

Die Segmente  $S_i$  werden deshalb von nun an als (*Basis-Objekte*) bezeichnet und in der Menge

$$\mathcal{O} = \{S_1, \dots, S_l\} \quad (2.9)$$

zusammengefasst.

Das Problem besteht nun in einer geeigneten Modellierung dieser Bildinformation. Das Bildgebiet ist nicht mehr in gleichförmige, regelmäßig angeordnete Zellen unterteilt, wodurch die einfache Darstellung über eine Matrix nicht mehr möglich ist. Zwar kann die Zuordnung der Bildpunkte zu den einzelnen Objekten wie bei der Segmentierung üblich über ein Labelbild erfolgen, das Zuordnen von Informationen und der Zugriff auf bestimmte Objekte wäre allerdings recht aufwändig.

Stattdessen wird zur Modellierung ein *Graph*  $\mathcal{G} = (\mathcal{V}, \mathcal{E})$  verwendet.  $\mathcal{V}$  bezeichnet eine

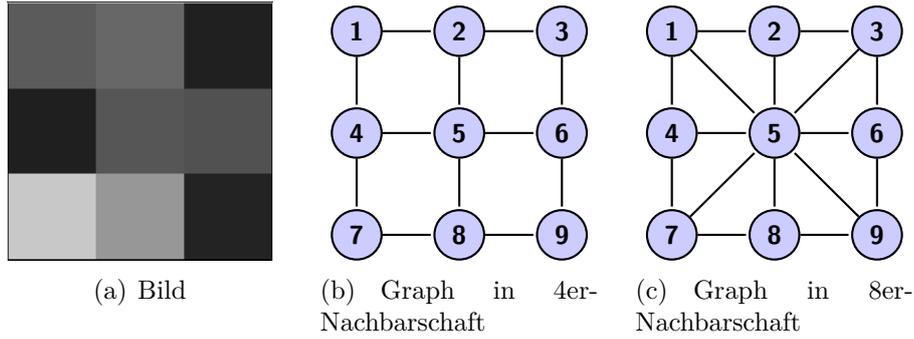


Abbildung 2.4: Darstellung eines Bildes über einen Graphen. Die Bildpunkte werden durch die Knoten abgebildet, die Kanten zeigen die verwendete Nachbarschaft im Bild an.

Menge von *Knoten* und  $\mathcal{E} \subset \mathcal{V} \times \mathcal{V}$  eine Menge von *Kanten*, die jeweils zwei Knoten miteinander verbinden.

Bilder mittels Graphen abzubilden ist weit verbreitet und ermöglicht die Verwendung schneller und relativ einfacher Algorithmen zur Bildverarbeitung, die speziell für diese abstrakten Netzwerke entwickelt wurden. Zum Beispiel werden Graphen von Rangathan et al [27] zur Bestimmung der Oberfläche eines Proteins und von Boykov und Jolly [5] zur Bildsegmentierung verwendet, jeweils unter Verwendung eines effizienten Max-Flow-Min-Cut-Algorithmus [6].

Üblicherweise werden die Bildpunkte als Knoten aufgefasst, die Kanten ergeben sich aus der gewählten Nachbarschaft im Bild. Abbildung 2.4 zeigt dieses Vorgehen für ein einfaches Beispielbild in einer Vierernachbarschaft, wo jeder Bildpunkt mit seinen direkten Nachbarn in Kontakt steht. Je nach Anwendung werden den Kanten bestimmte Gewichte zugeordnet, die beschreiben, wie stark die Beziehung zwischen den Knoten ist.

Der Graph kann durch eine Adjazenzmatrix  $A \in \mathbb{R}^{|\mathcal{V}| \times |\mathcal{V}|}$  dargestellt werden, wobei  $A(i, i)$  eine Information über den Knoten  $i \in \mathcal{V}$  enthält und  $A(i, j)$  das Gewicht zwischen den Knoten  $i$  und  $j$  speichert. Für das Beispiel aus Abbildung 2.4 ergibt sich dann

$$A = \begin{pmatrix} 90 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 150 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 30 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 50 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 100 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 110 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 180 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 150 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 50 \end{pmatrix}. \quad (2.10)$$

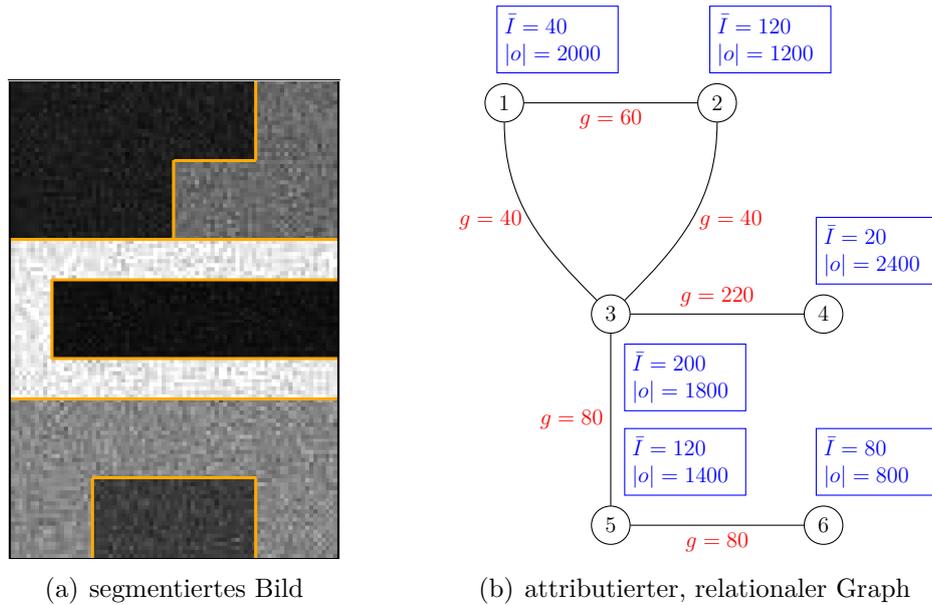


Abbildung 2.5: (Vor-)Segmentiertes Bild und ein entsprechender attributierter, relationaler Graph. Merkmale der Knoten sind in blau abgebildet, während Eigenschaften, die sich auf die Relationen beziehen in rot dargestellt sind.

Hier enthalten die Elemente der Hauptdiagonalen die Intensitäten der einzelnen Bildpunkte und das Element  $A(i, j)$  ist 1, wenn  $i$  und  $j$  benachbart sind.

Für die objektbasierte Bildanalyse ist ein solch einfaches Modell allerdings nicht ausreichend. Eine effektive Segmentierung benötigt eine Vielzahl von Eigenschaften, die sowohl die Regionen als auch die Beziehung zwischen ihnen beschreiben. Hier bietet sich der attributierte, relationale Graph an [8].

Ähnlich wie zuvor werden die Objekte im Bild durch die Knoten im Graphen dargestellt. Der Unterschied besteht darin, dass jeder Knoten nun ein Bildsegment repräsentiert und damit direkt eine Vielzahl von Bildpunkten. Objekte, die in Verbindung stehen, werden wiederum durch eine Kante verbunden. Jedem Knoten (Objekt) und jeder Kante (Relation) können nun noch nominale oder numerische Werte, genannt *Attribute*, beigefügt werden, wodurch den Regionen oder den Beziehungen zwischen ihnen beliebige Merkmale zugeordnet werden können.

Ein einfaches Beispiel ist in Abbildung 2.5 gezeigt. Jedes der sechs Segmente im Bild wird durch einen Knoten repräsentiert, dem der mittlere Grauwert  $\bar{I}$  in der Region und die Anzahl der Bildpunkte  $|o|$  als Merkmale zugeordnet werden. Kanten verbinden benachbarte Regionen, als Eigenschaft wird die Größe der gemeinsamen Grenze  $g$  festgehalten. Der Menge an Attributen sind prinzipiell keine Grenzen gesetzt, aus Gründen der Übersichtlichkeit wird an dieser Stelle allerdings auf weitere Merkmale verzichtet. Eine Vorstellung gängiger Attribute erfolgt in den folgenden Kapiteln.

Dieser attributierte relationale Graph kann problemlos in ein relationales Datenmodell

überführt werden, womit sich der gesamte Bildinhalt und alle zugehörigen Merkmale in einer Datenbank speichern lassen. Um Redundanzen zu vermeiden, werden verschiedene Merkmale in unterschiedlichen Tabellen zusammengefasst, denn zumeist ist es nicht nötig alle verwendeten Eigenschaften für alle gegebenen Basisobjekte zu bestimmen. So werden zum Beispiel Attribute, die die Intensitäten in den Objekten beschreiben, von Formmerkmalen getrennt abgespeichert, was zu einer allgemeinen Entlastung der Datenbank führt.

Der attributierte, relationale Graph aus 2.5 lässt sich somit in die Tabellen 2.1, 2.2 und 2.3 überführen, die direkt in einer Datenbank festgehalten werden können.

ID	Mittelwert $\bar{I}$	...
1	40	
2	120	
3	200	
4	20	
5	120	
6	80	

Tabelle 2.1: Intensitätsmerkmale

ID	Größe $ o $	...
1	2000	
2	1200	
3	1800	
4	2400	
5	1400	
6	800	

Tabelle 2.2: Formmerkmale

Start ID	End ID	gemeinsame Grenze $g$	...
1	2	60	
1	3	40	
2	3	40	
3	4	220	
3	5	80	
5	6	80	

Tabelle 2.3: Nachbarschaftsmerkmale

Zugriffe auf die Daten können nun mittels einer geeigneten Abfragesprache wie zum Beispiel SQL (*Structured Query Language*) erfolgen, die nicht nur weit verbreitet und etabliert ist, sondern auch diverse Vorteile bietet. Unter anderem kann die objektbasierte Analyse nun deskriptiv erfolgen. Hierbei muss lediglich angegeben werden, was mit den Daten geschehen soll, die tatsächliche Verarbeitung wird den untergeordneten Systemen überlassen. Für den Nutzer ist somit ein einfacher, gezielter Zugriff möglich, ohne dass er die genaue Art der Speicherung kennen oder beachten muss.

### 2.3.2 Arbeitsfluss

Jede objektbasierte Bildanalyse folgt in etwa dem gleichen Schema, auf dessen einzelne Schritte im Anschluss näher eingegangen wird.

Der Vorgang beginnt mit dem Aufbau des zuvor beschriebenen attributierten, relationalen Graphen, das heißt dem Aufbau der entsprechenden Tabellen. Dazu werden aus dem vorliegenden Bild die interessanten Regionen (Basisobjekte) extrahiert, sowie anschließend die Merkmalen bezüglich der Objekte und der Relationen zwischen ihnen bestimmt.

Auf der Grundlage dieser Attribute findet die Klassifizierung der Regionen statt. Für die Segmentierung, wie sie in dieser Arbeit angestrebt wird, bedeutet das die Zuordnung der Regionen zur Läsion oder zum Hintergrund.

Je nach Schwierigkeit der zu lösenden Aufgabe sind diese Schritte bereits ausreichend. Bei komplexeren Aufgabenstellungen oder wenig aussagekräftigen Ausgangsobjekten kann es erforderlich sein, die Regionen zunächst zu größeren Objekten zusammenzufassen. In diesem Fall liefert die Klassifikation eine Menge von neuen Regionen, die aus der Verschmelzung der gleich klassifizierten Unterobjekte entsteht.

Auch diese verschmolzenen Objekte lassen sich problemlos in den bisher verwendeten relationalen Graphen einfügen, indem wiederum jedem dieser Objekte ein neuer Knoten zugeordnet wird. Mit Hilfe von Kanten zu den Basisobjekten ist eine eindeutige Zuordnung möglich.

Somit können auch auf zusammengefassten Objekten Merkmale zur Klassifizierung extrahiert werden und der Vorgang bis zum Erreichen des gewünschten Ergebnisses fortgeführt werden.

Als Verdeutlichung des Vorgangs soll der menschliche Körper dienen, Ausgangspunkt seien die verschiedenen Zellen im Körper. Diese lassen sich anhand ihres Aufbaus, ihrer Funktionen und der Lage im Körper unterscheiden und unter anderem in Muskelzellen, Nervenzellen oder Zellen der Haut und anderer Organe einteilen. Ähnlich differenzierte Zellen mit gleicher Funktion lassen sich zu Zellverbänden zusammenfassen. Den Gewebearten (Muskel-, Nerven-, Epithel- und Bindegewebe) lassen sich nun, obwohl sie lediglich eine Vereinigung von gleichartigen Zellen darstellen, neue Eigenschaften zuordnen, die auf dem Level der Zellen noch keinen Sinn ergeben hätten. Verschiedene Arten von Gewebe lassen sich nun wiederum abhängig von ihrer Lage und den Wechselwirkungen zwischen ihnen zu Organen zusammenfassen, welche noch weiter zu Organsystemen und schlussendlich zum ganzheitlichen Menschen zusammengeführt werden können.

Der menschliche Körper ist also hierarchisch aufgebaut, wobei in jeder Schicht andere Merkmale bestimmt werden können, die zur Unterscheidung herangezogen werden können und je weiter die einzelnen Bestandteile zusammengefasst werden, desto einfacher lässt sich auch ihre Gesamtheit erkennen. Prinzipiell ist auch eine weitere Unterteilung der Zellen in Zellorganellen, verschiedene Proteine oder gar Atome und deren Bestandteile möglich.

Der Vorgang der Bildsegmentierung kann als Analogon hierzu gesehen werden. Die Zellen entsprechen den extrahierten Basisobjekten im Bild, die an sich bereits eine Zusammenfassung einzelner Bildpunkte sind, während das gesamte Bild dem menschlichen Körper entspricht. Je nach gesuchtem Bildinhalt kann nun eine mehrfache Verschmelzung gleichartiger Objekten nötig sein, bis eine eindeutige Unterscheidung möglich

ist.

Zusammenfassend lässt sich der Arbeitsfluss dementsprechend wie folgt darstellen:

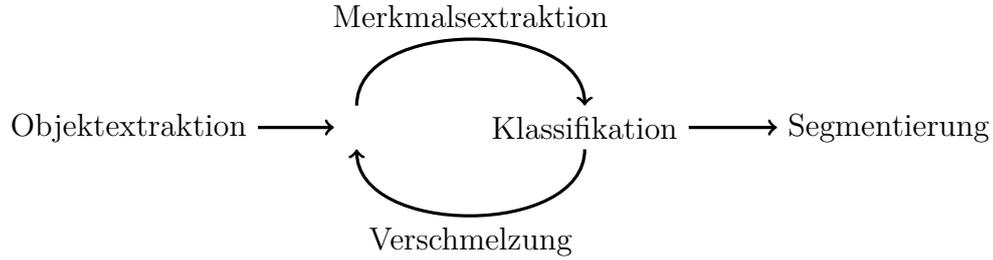


Abbildung 2.6: Grundlegender Ablauf der objektbasierten Bildanalyse

### 2.3.3 Merkmale

Das in dieser Arbeit verwendete Framework beinhaltet nicht nur die Möglichkeit gängige Merkmale betreffend der Objekte oder den Beziehungen zwischen ihnen zu extrahieren, sondern bietet zusätzlich die Möglichkeit beliebige Merkmale zu implementieren und die verwendeten Eigenschaften somit optimal an das jeweilige Problem anzupassen. Einige wesentliche Eigenschaften, die zur Segmentierung während dieser Masterarbeit verwendet wurden und als Basis komplexerer Merkmale dienen, sollen hier zunächst kurz theoretisch vorgestellt werden.

#### Merkmale auf Basis der Intensitäten

Die wohl wichtigsten Eigenschaften beziehen sich auf die Verteilung der Farbwerte und sind immer ein erstes Indiz zur Unterscheidung. Als Menge von Bildpunkten lassen sich den Objekten  $o \in \mathcal{O}$  sinnvolle Kenngrößen zur Beschreibung der Intensitätsverteilung innerhalb dieser Segmente zuordnen. Hierzu gehören vor allem der (*arithmetische*) *Mittelwert*

$$\bar{I}(o) = \frac{1}{|o|} \sum_{\mathbf{x} \in o} I(\mathbf{x}), \quad (2.11)$$

der den durchschnittlichen Grauwert der Region angibt, und die *Standardabweichung*

$$\sigma(o) = \left( \frac{1}{|o| - 1} \sum_{\mathbf{x} \in o} (I(\mathbf{x}) - \bar{I}(o))^2 \right)^{\frac{1}{2}}, \quad (2.12)$$

die ein Maß dafür ist, wie stark die Grauwerte um den Mittelwert gestreut sind.

Weiterhin wird häufig die *Schiefe*

$$\nu(o) = \frac{|o|}{(|o| - 1)(|o| - 2)} \sum_{\mathbf{x} \in o} \left( \frac{I(\mathbf{x}) - \bar{I}(o)}{\sigma(o)} \right)^3 \quad (2.13)$$

einer Verteilung betrachtet, die die Neigung beschreibt. Abhängig vom Vorzeichen werden *linksschiefe* Verteilungen ( $\nu \geq 0$ ) und *rechtsschiefe* Verteilungen ( $\nu \leq 0$ ) unterschieden. Je größer der absolute Wert, desto stärker weicht die Verteilung von einer symmetrischen Verteilung ab.

Alternativ lassen sich Quantile bestimmen, aus denen sich ähnliche Aussagen ableiten lassen. Hierfür sei  $X$  eine stetige, eindimensionale Zufallsvariable,  $p_X$  die zugehörige Dichte und  $p \in (0, 1)$ . Dann heißt  $\tilde{x}_p \in X$  mit

$$\int_{-\infty}^{\tilde{x}_p} p_X(x) dx = p$$

$p$ -Quantil.

Das  $p$ -Quantil unterteilt eine Verteilung also derart, dass  $p \cdot 100\%$  aller Werte kleiner oder gleich dem Quantil sind und entsprechend  $(1 - p) \cdot 100\%$  größer oder gleich. Bei stetigen Verteilungen ist diese Definition problemlos, während bei diskreten Verteilungen einige Schwierigkeiten auftreten können. Zur Verdeutlichung sei die Beobachtung  $X = \{1, 2, 4, 7\}$  gegeben.  $\tilde{I}_{0.5}(X)$  ist nach obiger Definition - auch nach entsprechender Anpassung an den diskreten Fall mit Ersetzung des Integrals durch eine Summe - nicht eindeutig und kann prinzipiell jeden Wert zwischen 2 und 4 annehmen.

Zur Gewährleistung von Eindeutigkeit und Existenz des  $p$ -Quantils bei endlichen Daten, wie sie bei den Verteilungen der Intensitäten in den Objekten vorliegt, werden die Beobachtungen deshalb zunächst sortiert. Mit den geordneten Intensitäten  $I_1 \leq \dots \leq I_{|o|}$  kann das Quantil nun über

$$\tilde{I}_p(o) = \begin{cases} \frac{1}{2}(I_{|o|p} + I_{|o|p+1}) & \text{für } |o|p \in \mathbb{N} \\ I_{\lceil np \rceil} & \text{für } |o|p \notin \mathbb{N} \end{cases} \quad (2.14)$$

geeignet definiert werden.

Von besonderem Interesse sind die drei *Quartile*: Das 0.25-Quantil (*unteres Quartil*), das 0.5-Quantil (*Median*) und das 0.75-Quantil (*oberes Quartil*). Ähnlich wie der Mittelwert gibt der Median einen mittleren Grauwert im Objekt an, während der Abstand der beiden weiteren Quartile einen Eindruck vermittelt, wie stark die Intensitäten verstreut liegen.

Der Median bietet gegenüber dem Mittelwert zwei entscheidende Vorteile. Er wird nicht so stark durch Ausreißer beeinflusst und bietet eine bessere Information bei schiefen Verteilungen, indem immer der Wert angegeben wird, der in der „Mitte“ der

gegebenen Daten liegt. Durch die nötige Sortierung der Beobachtungen ist die Bestimmung des Medians allerdings aufwändiger und unter Umständen kann die Anzeige von Ausreißern über Mittelwert und Standardabweichung auch gewünscht sein. Sowohl Mittelwert als auch Median haben somit ihre Bedeutung, auch wenn sie ähnliche Informationen liefern.

## Texturmerkmale

Nicht nur die Verteilung der Intensitäten an sich liefert wertvolle Informationen über das Objekt, sondern auch die räumliche Verteilung der Grauwerte kann zur Unterscheidung herangezogen werden. Gesucht wird hierbei nach wiederkehrenden Strukturen im Bild, sogenannten Texturen. Texturmerkmale werden nur auf zweidimensionalen Bildern definiert, können also nur auf einzelne Schichten angewendet werden.

Wünschenswert sind Merkmale, die sowohl unabhängig vom mittleren Grauwert und der Skalierung der Grauwerte als auch invariant gegenüber Rotation sind. Texturmerkmale beruhen daher meist auf den Differenzen benachbarter Bildpunkte und es lassen sich zwei prinzipiell verschiedene Ansätze zur Definition der Merkmale unterscheiden. Eine Möglichkeit ist die Bestimmung von Ausschnitten von Beispielt Texturen und eine Untersuchung, wie häufig diese im Objekt auftreten. Das Verhältnis verschiedener Muster lässt Rückschlüsse über die Textur zu. Ojala2002 et al [25] verwenden zum Beispiel kreisförmige Grundstrukturen, sogenannte *Local Binary Patterns*. Im Abstand  $R$  zu dem Mittelpunkt  $(x_c, y_c)$  werden dazu  $P > 1$  gleichmäßig verteilte Punkte  $(x_1, y_1), \dots, (x_P, y_P)$  bestimmt. Es gilt

$$(x_p, y_p) = (x - R \sin(2\pi p/P), y + R \cos(2\pi p/P)), \quad p = 1, \dots, P. \quad (2.15)$$

Der Mittelpunkt wird nun schrittweise auf jedem Bildpunkt platziert und eine Textur  $T$  lässt sich über den Punkt  $(x_c, y_c)$ , sowie die umliegenden Punkte definieren, das heißt

$$T = t(I(x_1, y_1) - I(x_c, y_c), \dots, I(x_P, y_P) - I(x_c, y_c)). \quad (2.16)$$

Liegt einer der Punkte nicht direkt auf einem gegebenen Bildpunkt, so ergibt sich der Grauwert an dieser Stelle aus der Interpolation der umgebenden Werte. Um die Unabhängigkeit vom mittleren Grauwert im Bild zu erzielen, erfolgt hier die Subtraktion des Grauwertes des zentralen Punktes. Durch die Verwendung exakter Differenzen wird die Textur jedoch noch durch die Skalierung der Grauwerte beeinflusst. Sind zwei Bilder gegeben, wobei das zweite Bild bis auf einem Skalierungsfaktor dem ersten entspricht, lassen sich die tatsächlich gleichen Strukturen im Bild schlecht miteinander vergleichen. Um das Problem zu lösen, werden deshalb nur die Vorzeichen der Differenzen betrachtet und es gilt

$$T = t(g(I(x_1, y_1) - I(x_c, y_c)), \dots, g(I(x_P, y_P) - I(x_c, y_c))) \quad (2.17)$$

mit

$$g(d) = \begin{cases} 1 & \text{falls } x \geq 0 \\ 0 & \text{falls } x < 0. \end{cases} \quad (2.18)$$

Mit Hilfe der Faktoren  $2^p$  lässt sich jeder (lokalen) Textur eine eindeutige Nummer zuordnen, das heißt mit

$$LBP_{P,R} = \sum_{p=1}^P g(I(x_1, y_1) - I(x_c, y_c))2^p \quad (2.19)$$

kann jedem Bildpunkt das entsprechende Local Binary Pattern zugeordnet werden. Verschiedene Bilder können nun anhand ihrer Texturen verglichen werden, indem der relative Anteil der verschiedenen Muster verglichen wird. Die so definierten Texturen sind jedoch noch nicht rotationsinvariant, gleichen Mustern in verschiedenen Lagen werden verschiedene  $LBP_{P,R}$  zugeordnet. Zudem ist die Anzahl verschiedener Muster sehr groß und Vergleiche zwischen Bildern gestalten sich schwierig. Gängig ist die Wahl  $P = 8$  und  $R = 1$ , was insgesamt 256 verschiedene Muster ermöglicht.

Versuche haben nun gezeigt, dass Bilder zu großen Teilen aus *Einheitsmustern* bestehen und es ausreichend ist, die Anzahl dieser im Bild zu bestimmen. Die Einheitsmuster für  $P = 8$  sind in Abbildung 2.7 dargestellt. Es ist zu erkennen, dass bei diesen grundlegenden Strukturen höchstens zweimal ein Wechsel zwischen verschiedenen Werten stattfindet, wenn die Punkte nacheinander abgelaufen werden. Andere Muster würden mehr Übergänge aufweisen. Aufgrund dieser Tatsache lässt sich auf einfache Art und Weise jedem Bildpunkt ein rotationsinvariantes Muster zuweisen. Es gilt

$$LBP_{P,R}^{riu2} = \begin{cases} \sum_{p=1}^P g(I(x_p, y_p) - I(x_c, y_c)) & \text{falls } U(LBP_{P,R}) \leq 2 \\ P + 1 & \text{sonst,} \end{cases} \quad (2.20)$$

wobei

$$U(LBP_{P,R}) = |g(I(x_P, y_P) - I(x_c, y_c)) - g(I(x_1, y_1) - I(x_c, y_c))| + \sum_{p=2}^P |g(I(x_p, y_p) - I(x_c, y_c)) - g(I(x_{p-1}, y_{p-1}) - I(x_c, y_c))| \quad (2.21)$$

die Anzahl der Übergänge zählt. Gleiche Einheitsmuster erhalten unabhängig von ihrer Ausrichtung den gleichen Wert, alle übrigen Muster werden zusammengefasst.

Eine andere Möglichkeit ist die Definition verschiedener Kenngrößen auf der Basis der Unterschiede in den benachbarten Grauwerten, deren Kombination eine Einteilung in verschiedene Texturen möglich macht. Amadasun und King [2] definieren diese Textur-

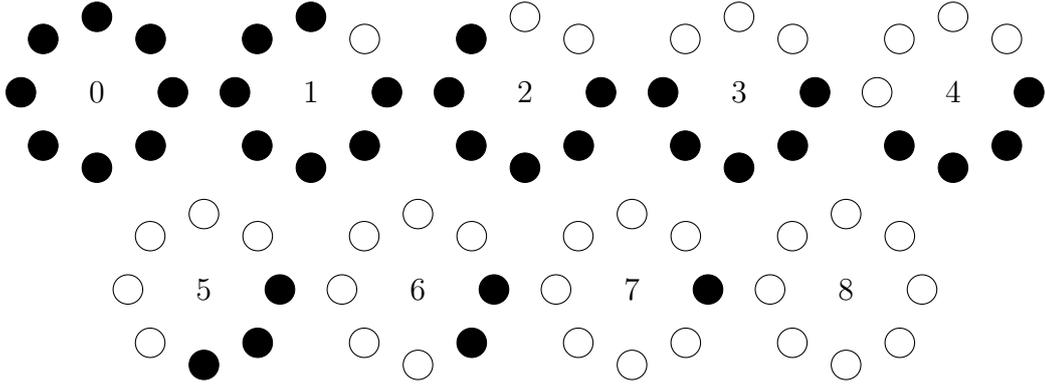


Abbildung 2.7: Einheitsmuster für  $P = 8$  und  $R = 1$ .

Punkte mit  $g(I(x_1, y_1) - I(x_c, y_c)) = 1$  sind schwarz markiert.

merkmale auf Basis der *Neighborhood Gray-Tone Difference Matrix* (NGTDM), die zu jedem Farbwert speichert, wie stark sich die Intensitäten in der Nähe der Bildpunkte mit diesem Farbwert unterscheiden.

Hierzu wird zunächst zu jedem Punkt  $(x, y) \in \mathcal{P}$  der durchschnittliche Grauwert  $\bar{A}(x, y)$  in der Umgebung bestimmt, das bedeutet

$$\bar{A}(x, y) = \frac{1}{(2d+1)^2 - 1} \left( \sum_{m=-d}^d \sum_{n=-d}^d I(x+m, y+n) \right), \quad (m, n) \neq (0, 0). \quad (2.22)$$

$d$  gibt hier die verwendete Größe der Nachbarschaft an.

Mit den Mengen

$$\mathcal{N}_i = \{(x, y) \in \mathcal{P} | I(x, y) = i\} \quad (2.23)$$

lässt sich nun die NGTDM  $s$  über

$$s(i) = \sum_{(x, y) \in \mathcal{N}_i} |i - \bar{A}(x, y)| \quad (2.24)$$

definieren.

Mit Hilfe dieser Matrix bestimmen die Autoren fünf Kenngrößen für Texturen:

- Grobheit (*coarseness*)

$$f_{coa} = \left( \epsilon + \sum_{i \in \mathcal{W}} p_i s(i) \right)^{-1}, \quad p_i = \frac{|\mathcal{N}_i|}{|\mathcal{P}|} \quad (2.25)$$

- Kontrast (*contrast*)

$$f_{con} = \left( \frac{1}{N_g(N_g - 1)} \sum_{i \in \mathcal{W}} \sum_{j \in \mathcal{W}} p_i p_j (i - j)^2 \right) \left( \frac{1}{|\mathcal{P}|^2} \sum_{i \in \mathcal{W}} s(i) \right) \quad (2.26)$$

- Aktivität (*busyness*)

$$f_{bus} = \frac{\sum_{i \in \mathcal{W}} p_i s(i)}{\sum_{i \in \mathcal{W}} \sum_{j \in \mathcal{W}} (i p_i - j p_j)}, \quad p_i, p_j \neq 0 \quad (2.27)$$

- Komplexität (*complexity*)

$$f_{com} = \sum_{i \in \mathcal{W}} \sum_{j \in \mathcal{W}} \frac{|i - j|}{n^2(p_i + p_j)} (p_i s(i) + p_j s(j)), \quad p_i, p_j \neq 0 \quad (2.28)$$

- Texturstärke (*texture strength*)

$$f_{str} = \frac{\sum_{i \in \mathcal{W}} \sum_{j \in \mathcal{W}} (p_i + p_j) (i - j)^2}{\epsilon + \sum_{i \in \mathcal{W}} p_i s(i)}, \quad p_i, p_j \neq 0, \quad (2.29)$$

mit denen versucht wird verschiedene sichtbare Eigenschaften von Texturen zu bewerten. So beschreibt der Kontrast zum Beispiel, wie gut sich Bereiche verschiedener Grauwerte unterscheiden lassen. Der erste Faktor vermittelt einen Eindruck über die Skalierung der Werte, während der zweite Faktor den durchschnittlichen Grauwertunterschied im Bild beschreibt. Ein Bild hat somit einen hohen Kontrast, wenn die Grauwerte stark gespreizt sind oder die Frequenz der Grauwertänderungen sehr hoch ist. Weitere Ausführungen zu den verschiedenen Kenngrößen finden sich in der Arbeit von Amadasun und King.

## Formmerkmale

Neben den Intensitäten lassen sich Objekte vor allem anhand ihrer Form unterscheiden. Die hier verwendeten Formmerkmale basieren auf den *Bildmomenten*

$$M_{ijk}(o) = \sum_{(x,y,z) \in o} x^i y^j z^k, \quad i, j, k = 0, 1, \dots \quad (2.30)$$

$(i + j + k)$ -ten Grades. Mit Hilfe dieser Momente lassen sich erste Eigenschaften zu den Objekten bestimmen, denn sie kennzeichnen die Verteilung der Bildpunkte im Bildgebiet. Die Anzahl der Bildpunkte wird durch das Moment 0-ten Grades wiedergegeben,

das bedeutet

$$|o| = M_{000}(o), \quad (2.31)$$

während der Schwerpunkt  $\mathbf{x}_S$  des Objektes sich mittels Momenten 1-tes Grades zu

$$\mathbf{x}_S(o) = (\bar{x}(o), \bar{y}(o), \bar{z}(o)) = \frac{1}{M_{000}(o)} (M_{100}(o), M_{010}(o), M_{001}(o)) \quad (2.32)$$

ergibt.

Zur Beschreibung der Form ist allerdings weniger die tatsächliche Lage im Bildgebiet interessant, vielmehr spielt die relative Verteilung der Bildpunkte eine Rolle, denn zwei Objekte können selbstverständlich die gleiche Form haben, wenn sie an unterschiedlichen Stellen im Bild platziert sind. Zur Kennzeichnung lassen sich daher *zentrale Bildmomente* als

$$\mu_{ijk}(o) = \sum_{(x,y,z) \in o} (x - \bar{x}(o))^i (y - \bar{y}(o))^j (z - \bar{z}(o))^k, \quad i, j, k = 0, 1, \dots \quad (2.33)$$

definieren. Für beliebige Objekte gilt

$$\mu_{000} = M_{000} \quad \text{und} \quad \mu_{100} = \mu_{010} = \mu_{001} = 0$$

und die zentralen Bildmomente sind somit translationsinvariant, denn sie beschreiben eine Verteilung mittelwertsbereinigt um den Nullpunkt.

Durch die zentralen Bildmomente 2-ten Grades lässt sich die räumliche Verteilung der Bildpunkte beschreiben. Während  $\mu_{200}$ ,  $\mu_{020}$  und  $\mu_{002}$  geeignete Schätzer für die Varianz in den entsprechenden Richtungen sind und damit angeben, wie stark die Bildpunkte auseinandergezogen sind, kann über die restlichen Momente  $\mu_{110}$ ,  $\mu_{101}$  und  $\mu_{011}$  als Schätzer für die Kovarianzen eine Beziehung zwischen den Richtungen hergestellt werden.

Zur Bestimmung von Kenngrößen, die auf dieser Basis die Form des Objektes beschreiben, kann die *Kovarianzmatrix*

$$Cov(o) = \frac{1}{\mu_{000}(o)} \begin{pmatrix} \mu_{200}(o) & \mu_{110}(o) & \mu_{101}(o) \\ \mu_{110}(o) & \mu_{020}(o) & \mu_{011}(o) \\ \mu_{101}(o) & \mu_{011}(o) & \mu_{002}(o) \end{pmatrix} \quad (2.34)$$

aufgestellt werden. Die Lösung des Eigenwertproblems liefert die Hauptkomponenten des Objektes, die ein Orthogonalsystem bilden und den Bildraum aufspannen (siehe [4] für eine genauere Herleitung). Die erste Hauptkomponente gehört zum größten Eigen-

wert und gibt die Richtung der größten Varianz in der Verteilung der Bildpunkte an. Die zweite Hauptkomponente steht als Eigenvektor zum zweiten Eigenwert orthogonal auf der ersten und gibt wiederum unter allen möglichen Richtungen, die der größten Varianz an. Die dritte Hauptkomponente vervollständigt das Orthogonalsystem und entspricht dem Eigenvektor zum kleinsten Eigenwert.

Mit den Eigenwerten  $\lambda_1 \leq \lambda_2 \leq \lambda_3$  lassen sich nun rotationsinvariante Merkmale definieren, da das Objekt immer in ein Koordinatensystem transformiert wird, das von der Verteilung der Bildpunkte abhängt und nicht von Lage im Raum.

Die *Elongation*

$$\text{elong}(o) = 1 - \sqrt{\frac{\lambda_2}{\lambda_3}} \in [0, 1] \quad (2.35)$$

ist ein Maß für die Streckung des Objektes in der Ebene, die die ersten beiden Hauptkomponenten aufspannen. Je gleichmäßiger die Bildpunkte in dieser Ebene verteilt sind, desto kleiner ist die Elongation. Ein kreisförmiges Objekt wird ungefähr den Wert 0 aufweisen, während langgestreckte Objekte sich durch ein größeres Verhältnis der beiden größten Eigenwerte auszeichnen.

Mit der *Flachheit*

$$\text{flach}(o) = 1 - \sqrt{\frac{\lambda_1}{\lambda_2}} \in [0, 1] \quad (2.36)$$

kann hingegen bestimmt werden, wie stark die Dreidimensionalität des Objektes ausgeprägt ist. Je schwächer die (relative) Streuung in Richtung der dritten Hauptachse ist, desto größer ist die Flachheit des Objektes. Planare Objekte besitzen immer die Flachheit 0.

Oftmals ist es zudem hilfreich zu bestimmen, wie stark sich das Objekt von einer perfekten Kugel unterscheidet, unter der Annahme, dass das Objekt annähernd elliptisch ist. Hierfür kann die *Exzentrizität*

$$\text{exzen}(o) = \begin{cases} 1 - \frac{27\lambda_1\lambda_2\lambda_3}{(\lambda_1+\lambda_2+\lambda_3)^3} & \text{für } \lambda_1 > 0 \\ 1 - \frac{4\lambda_2\lambda_3}{(\lambda_2+\lambda_3)^3} & \text{für } \lambda_1 = 0 \end{cases} \quad (2.37)$$

verwendet werden. Die Ungleichung vom arithmetischen und geometrischen Mittel

$$\sqrt[n]{x_1 \cdot x_2 \cdot \dots \cdot x_n} \leq \frac{1}{n} (x_1 + x_2 + \dots + x_n), \quad x_1, x_2, \dots, x_n \in \mathbb{R}_0^+$$

garantiert, dass die Exzentrizität zwischen 0 und 1 liegt und genau dann 0 ist, wenn

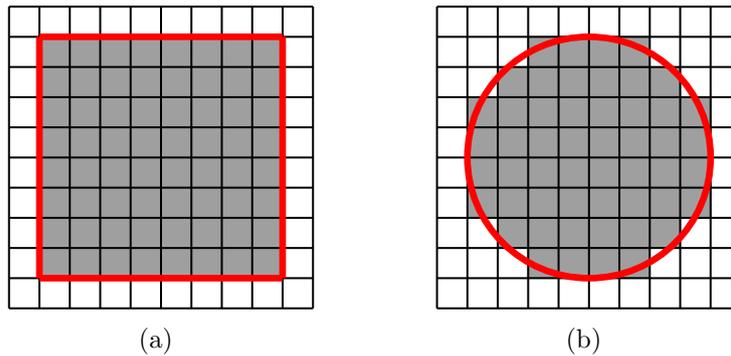


Abbildung 2.8: zwei Formen (rot) und ihre diskrete Darstellung (grau)

die Eigenwerte gleich sind. Je stärker die Form des Objektes also von einer Kugel (beziehungsweise einem Kreis bei ebenen Objekten) abweicht, die in allen Richtungen gleich verteilt ist, desto größer ist auch die Exzentrizität.

### Merkmale von Relationen

Neben den Objekten lassen sich auch den Relationen zwischen ihnen Merkmale zuweisen. So lässt sich mit Hilfe einer Relation vermerken, wie zwei Objekte miteinander in Verbindung stehen.

Im einfachsten Fall gibt die Relation lediglich an, ob die Objekte in Verbindung stehen, also zum Beispiel benachbart sind. Eine Zuweisung der Werte 0 und 1 würde hier reichen. Mehr Informationen kann in den Merkmalen enthalten sein, wenn auch die Stärke der Verbindung angezeigt wird. So lässt sich zum Beispiel festhalten, wie ähnlich sich zwei Objekte sind.

Eine häufig benötigte Eigenschaft ist die Größe der gemeinsamen Grenze zwischen zwei Objekten. Im Gegensatz zu einer Analyse auf Basis der einzelnen Bildpunkte werden die Objekte im Allgemeinen unterschiedliche Formen und Größen haben, so dass die Kenntnis über die gemeinsame Grenze wertvolle Informationen zur Lage zueinander und insbesondere auch zur Form des verschmolzenen Objektes liefert, dass durch ihre Vereinigung entsteht.

Die Betrachtung der Größe der Grenze zwischen Objekten wirft direkt auch die Frage nach der Oberfläche von Objekten auf. Dessen Bestimmung ist im diskretisierten Bild allerdings schwierig, wenn die Form des Objektes nicht vollständig abgebildet werden kann. Eine einfache Zählung der Seiten von Bildpunkten, die der Umgebung zugewandt sind, ist im Normalfall dann nicht ausreichend.

Abbildung 2.8 zeigt ein Quadrat und einen Kreis, die dieses Problem verdeutlichen. Während das Quadrat in der verwendeten Diskretisierung gut abgebildet werden kann und ein Zählen der Pixelseiten, die der Umgebung zugewandt sind, den tatsächlichen Umfang exakt wiedergibt, wird der Umfang des Kreises stark überschätzt, wenn lediglich die Seiten gezählt werden.

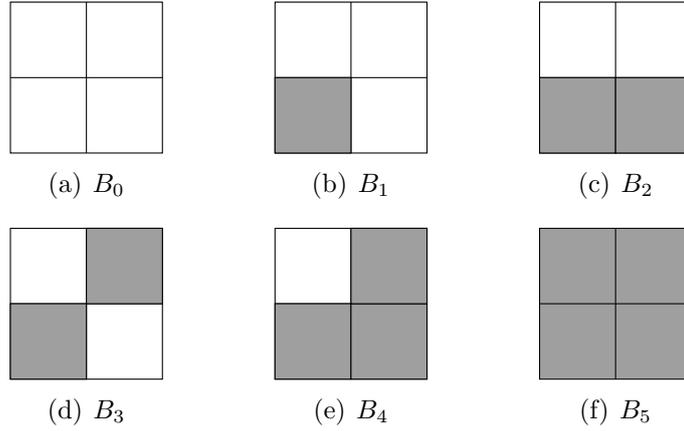


Abbildung 2.9: Möglichkeiten  $2 \times 2$  großer Binärbilder

Abhilfe schaffen Ansätze wie der von Lindblad [19], die dieses Problem mit einbeziehen. Aus Gründen der Einfachheit wird im Folgenden die Schätzung des Umfangs von zweidimensionalen Objekten vorgestellt. Die Oberflächenschätzung von dreidimensionalen Objekten kann analog hergeleitet werden.

Zur Bestimmung des Randes wird das Objekt als Binärbild angenommen, die Werte der Bildpunkte bestimmen also die Zugehörigkeit zum Objekt oder zur Umgebung. Der Ansatz beruht nun auf der Untersuchung der Vorkommen von  $2 \times 2$  großen Pixelkombinationen, die in Abbildung 2.9 dargestellt sind und in Anlehnung an den Marching-Squares-Algorithmus [20] *m-squares* genannt werden. Alle weiteren Kombinationen lassen sich per Rotation in diese 6 Grundvarianten überführen.

Abhängig von ihrem Beitrag zum Umfang des Objektes wird den Fällen  $B_i$  ein Gewicht  $L_i \in \mathbb{R}$  zugeordnet. Mit der entsprechenden Häufigkeit  $N_i$  im Binärbild ergibt sich für die Schätzung des Randes

$$\hat{L} = \sum_{i=0}^5 N_i L_i. \quad (2.38)$$

$B_0$  und  $B_5$  stellen keine Randbereiche dar, erhalten also das Gewicht 0. Wünschenswert ist es zudem - unabhängig von der Wahl von Objekt und Hintergrund - die gleiche Schätzung des Randes zu erhalten, so dass  $B_1$  und  $B_4$  das gleiche Gewicht erhalten sollten. Es gilt

$$\begin{aligned} L_0 &= L_5 = 0 \\ L_4 &= L_1. \end{aligned}$$

Bei eingeschränkter Krümmung des Randes und steigender Feinheit der Diskretisierung ist die Approximation des Objektrandes durch Geraden möglich. Die Gewichte  $L_1$  und  $L_2$  werden deshalb so bestimmt, dass die Länge von geraden Linien unabhän-

gig von der Lage und Ausrichtung möglichst gut approximiert werden kann. Hierzu wird für Linien der Länge  $L$  in Richtung  $\vec{n}$  die erwartete Anzahl  $N_i(\vec{n})$  von m-squares bestimmt, die diese Linie darstellen. Er ergibt sich die Schätzung

$$\hat{L}(\vec{n}) = \sum_{i=1}^3 L_i N_i(\vec{n}). \quad (2.39)$$

Die Bestimmung der Gewichte erfolgt über die Minimierung der mittleren quadratischen Abweichung (*mean squared error*)

$$MSE = \frac{\int_D \epsilon(\vec{n})^2 dS}{\int_D dS} \quad (2.40)$$

als Integral des relativen Fehlers

$$\epsilon(\vec{n}) = \frac{\hat{L}(\vec{n}) - L}{L} \quad (2.41)$$

über alle Richtungen unter der Nebenbedingung, dass der Schätzer ohne Verzerrung (*Bias*) ist. Es gelte also

$$B = \frac{\int_D \epsilon(\vec{n}) dS}{\int_D dS} = 0. \quad (2.42)$$

Somit ergibt sich

$$\begin{aligned} L_1 &= \frac{\pi}{16} (\sqrt{2} + 2) \approx 0.670 \\ L_2 &= \frac{\pi}{8} (\sqrt{2} + 1) \approx 0.948. \end{aligned}$$

Der Fall  $B_3$  kommt bei geraden Begrenzungen nicht vor und kann in der Diskretisierung entweder eine oder zwei zusammenhängende Komponenten darstellen. Abhängig von der realen Struktur, die abgebildet wird, sind damit entweder die Punkte des Objektes oder des Hintergrundes zu verbinden. Der Fall lässt sich somit lokal auf zwei Komponenten zurückführen, die sich über  $B_1$  darstellen lassen. Dies impliziert das Gewicht

$$L_3 = 2L_1.$$

Für das Beispiel in Abbildung (2.8) ergibt sich vergleichend

	tatsächliche Größe	Pixelseiten	Lindblad
(a)	32	32	29.224
(b)	25.133	32	24.776

Tabelle 2.4: Vergleich des geschätzten Umfangs der Rechtecke in Abbildung (2.8) über einfaches Zählen von Pixelseiten, die dem Hintergrund zugewandt sind und der Schätzung nach Lindblad

Zwar kann die der Umfang des Quadrats mit der Variante nach Lindblad nicht perfekt bestimmt werden, dafür ergibt sich eine deutlich bessere Approximation an den Umfang des Kreises. Insbesondere ein Vergleich mit dem Quadrat ist besser möglich, da sich das Verhältnis der Umnfänge gut über die Werte nach Lindblad herstellen lässt. Neben der Bestimmung des Umfangs kann diese Methode auch für die Berechnung der gemeinsamen Grenze benutzt werden. In diesem Fall werden einfach nur die entsprechenden m-squares zwischen zwei verschiedenen Objekten gezählt.

### 2.3.4 Klassifikation

Ziel der objektbasierten Bildanalyse ist eine Klassifikation, das heißt die Aufteilung der Basisobjekte anhand zuvor ausgewählter Merkmale. Die Merkmale  $a_1 \in A_1, \dots, a_k \in A_k$  spannen hierbei einen  $k$ -dimensionalen Merkmalsraum auf, in den die Objekte entsprechend ihrer Eigenschaften abgebildet werden:

$$f : \mathcal{O} \rightarrow A_1 \times \dots \times A_k, \quad o \mapsto f(o). \quad (2.43)$$

Bei der Klassifikation wird der Merkmalsraum nun in die Klassen  $C_1, \dots, C_l$  aufgeteilt. Gesucht ist dementsprechend eine Abbildung

$$c : A_1 \times \dots \times A_k \rightarrow \{1, 2, \dots, l\}, \quad \mathbf{a} \mapsto c(\mathbf{a}), \quad (2.44)$$

die jedem Punkt im Merkmalsraum ein Klassenlabel zuordnet. Bei bekannter Abbildung  $c$  lässt sich jedes Objekt somit über die Beziehung

$$o \in C_i \iff (c \circ f)(o) = c(f(o)) = i \quad (2.45)$$

klassifizieren. Von Interesse ist daher im Folgenden lediglich die Aufteilung des Merkmalsraumes.

Jede Klassifikation kann auch als Segmentierung angesehen werden, wobei jede Klasse einem Segment entspricht. Durch die eindeutige Zuordnung der Bildpunkte zu den Basisobjekten lässt sich die Klassifikation zudem direkt auch auf die einzelnen Bildpunkte übertragen und eine jede Klassifikation der Bildpunkte entspricht somit einer

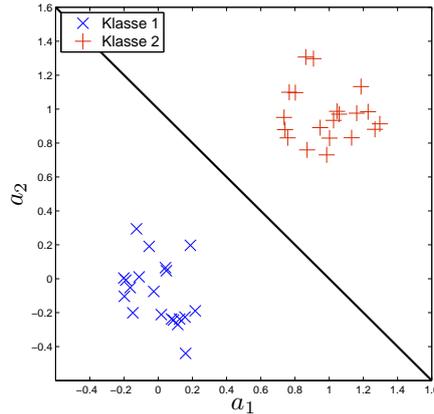


Abbildung 2.10: Einfaches Beispiel zur Klassifikation im zweidimensionalen Merkmalsraum

Segmentierung des Bildes. Es gilt für alle  $\mathbf{x} \in \mathcal{P}$

$$\mathbf{x} \in \mathcal{S}_i \iff (\mathbf{x} \in o \wedge o \in C_i) \quad (2.46)$$

Abbildung 2.10 zeigt ein einfaches Beispiel zur Klassifikation. Den Daten wurden jeweils zwei Merkmale  $a_1$  und  $a_2$  zugewiesen. Die Einteilung erfolgt anhand der Lage bezüglich der Klassifikationsgeraden, das heißt

$$c(\mathbf{a}) = c(a_1, a_2) = \begin{cases} 1 & \text{falls } a_1 + a_2 \leq 1 \\ 2 & \text{falls } a_1 + a_2 > 1. \end{cases}$$

Die manuelle Bestimmung der Klassifikation erfordert eine genaue Analyse des Problems und ist meist recht aufwändig. Es ist daher sinnvoll diese Aufgabe den Computer übernehmen zu lassen und die Klassenzugehörigkeit automatisch bestimmen zu lassen. Zu diesem Zweck wird ein *Klassifikator* entwickelt, der zunächst „lernen“ muss, wie sich die Klassen möglichst gut aufteilen lassen.

Prinzipiell lassen sich zwei Arten von Klassifikator-Training unterscheiden. Beim überwachten Lernen wird eine Menge von Beispielen benötigt, bei denen die zugehörigen Klassen bekannt sind und mit deren Hilfe sich der Klassifikator auf das Problem einstellen kann. Unüberwachte Lernverfahren kommen ohne Trainingsdaten aus, die Bestimmung sinnvoller Klassen ist dem System überlassen.

Die Klassifikation kann anhand von Trennebenen erfolgen, die die Trainingsdaten möglichst gut trennen (*Perzeptron*, *Support-Vector-Machines*), auf geschätzten Verteilungsfunktionen beruhen (*Maximum-Likelihood-Klassifikation*, *Maximum-a-Posteriori-Klassifikation*) oder sich aus dem Abstand zu bekannten Trainingsdaten bestimmen lassen (*kNN*).

Eine Übersicht wichtiger Methoden zur Klassifikation findet sich zum Beispiel in [35].

Hier sollen nur zwei einfache, dafür robuste Algorithmen vorgestellt werden.

### ***k*NN-Klassifikation**

Es scheint sinnvoll einen Punkt einer Klasse zuzuweisen, wenn sich in der Nähe viele Punkte befinden, von denen bekannt ist, dass sie dieser Klasse angehören. Diesen Ansatz verfolgt die *k*NN-Klassifikation.

Für einen zu klassifizierenden Punkt  $\mathbf{a}$  wird zunächst der Abstand  $d$  zu den Trainingsdaten  $\mathbf{t}_i$  mit bekannter Klassenzugehörigkeit im Merkmalsraum bestimmt. Die Wahl des Distanzmaßes hängt dabei von der Art der verwendeten Merkmale ab. Für reellwertige Merkmale bietet sich ein einfacher euklidischer Abstand an:

$$d(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \left( \sum_{i=1}^k (a_i - b_i)^2 \right)^{\frac{1}{2}}. \quad (2.47)$$

Alternativ ist eine Wichtung der einzelnen Merkmale möglich

$$d_w(\mathbf{a}, \mathbf{a}) = \left( \sum_{i=1}^k w_i (a_i - b_i)^2 \right)^{\frac{1}{2}}. \quad (2.48)$$

Auf diese Weise kann zum Beispiel auf unterschiedliche Skalierungen in den einzelnen Merkmalen eingegangen werden und verhindert werden, dass ein Merkmal die Klassifikation dominiert.

Anschließend werden die  $k$  dichtesten Punkte (*k Nearest Neighbors*) untersucht.  $\mathbf{x}$  wird nun der Klasse zugeordnet, die unter den nächsten Punkten am häufigsten ist.

Die *k*NN-Klassifikation lässt sich damit wie folgt zusammenfassen:

---

#### **Algorithmus 1** *k*NN-Klassifikation

---

**Eingabe:** Trainingsdaten  $\mathbf{t}_i$ ,  $i = 1, \dots, n$   
 Klassenlabel  $c(\mathbf{t}_i) \in \{1, 2, \dots, l\}$   
 zu klassifizierende Punkte  $\mathbf{a}_j$ ,  $j = 1, \dots, m$

**Ausgabe:** Klassenlabel  $c(\mathbf{a}_j)$

**for**  $j = 1, \dots, m$  **do**

    Bestimme den Abstand  $d(\mathbf{a}_j, \mathbf{t}_i)$  zu allen Trainingspunkten

    Bestimme  $D_k$ , die Menge der  $k$  nächsten Nachbarn

$c(\mathbf{a}_j) = \operatorname{argmax}_{1 \leq c \leq l} (|\{\mathbf{t}_i \in D_k | c(\mathbf{t}_i) = c\}|)$

**end for**

---

Ein Problem des *k*NN-Algorithmus ist die Wahl des richtigen Parameters  $k$ . Bei zu kleinen Werten kann die Klassifikation zu sensitiv sein und zum Beispiel durch ver-

rauschte Daten gestört werden, zu große Werte können unterrepräsentierte Klassen benachteiligen, indem zu viele Punkte anderer Klassen in der Nähe betrachtet werden. Abbildung 2.11 zeigt den Einfluss des Parameters  $k$  auf das Ergebnis der Klassifikation. Die Wahl von  $k = 3$  scheint zu einer starken Anpassung an die Trainingsmenge zu führen (*overfitting*). Im Gegensatz dazu werden bei  $k = 7$  vereinzelte Punkte größtenteils ignoriert, wenn sie von vielen Punkten der anderen Klasse umgeben sind. Die Klassifikation scheint in diesem Fall eher der einen menschlichen Beobachters zu entsprechen.

Abhilfe kann die Verwendung eines gewichteten Votings schaffen, denn bisher beeinflusst jeder der  $k$  dichtesten Punkte das Klassifikationsergebnis gleichermaßen. Üblich ist Gewichtung mit dem reziproken, quadratischen Abstand, das bedeutet

$$c(a_j) = \operatorname{argmax}_{1 \leq c \leq l} \left( \sum_{\mathbf{t}_i \in D_k} v(\mathbf{a}_j, \mathbf{t}_i) \cdot \mathbb{1}_{\{c(\mathbf{t}_i)=c\}} \right) \quad (2.49)$$

mit

$$v(\mathbf{a}_j, \mathbf{t}_i) = \frac{1}{d(\mathbf{a}_i, \mathbf{t}_j)^2}$$

und

$$\mathbb{1}_{\{c(\mathbf{t}_i)=c\}} = \begin{cases} 1 & \text{falls } c(\mathbf{t}_i) = c \\ 0 & \text{sonst .} \end{cases}$$

Je dichter ein Trainingspunkt ist, desto stärker ist sein Einfluss auf die Klassifikation. Die Wahl des Parameters  $k$  ist in diesem Fall weniger entscheidend, da jeder weitere hinzugenommene Punkt das Klassifikationsergebnis weniger beeinflusst.

## Bayes-Klassifikation

Einen anderen Ansatz verfolgt die Bayes'sche Entscheidungstheorie. Ausgehend von der Verteilung der Trainingsdaten wird jeder Punkt der Klasse zugeordnet, die wahrscheinlicher ist. Es gilt also

$$c(\mathbf{a}) = i \iff P(C_i|\mathbf{a}) \geq P(C_j|\mathbf{a}) \quad (2.50)$$

wobei  $P(C_i|\mathbf{a})$  die bedingte Wahrscheinlichkeit der Klasse  $C_i$  ist, wenn der Merkmalsvektor  $\mathbf{a}$  gegeben ist. Mit dem Bayes-Theorem

$$P(C_i|\mathbf{a}) = \frac{p(\mathbf{a}|C_i)P(C_i)}{p(\mathbf{a})}, \quad (2.51)$$

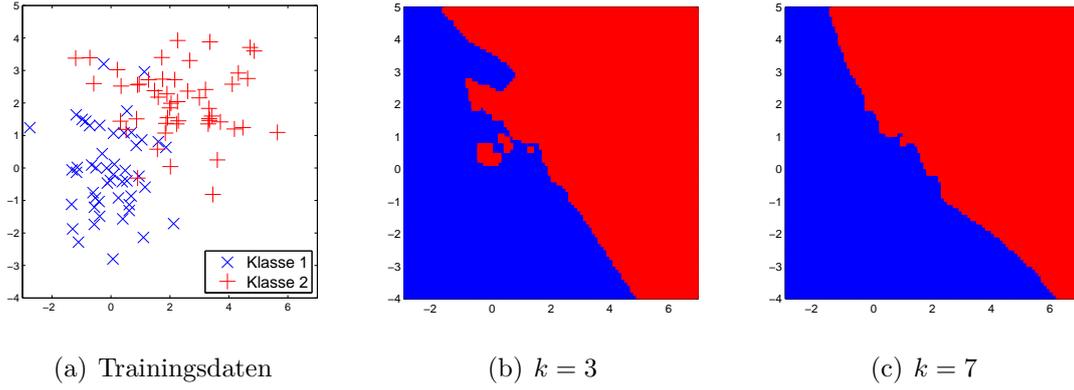


Abbildung 2.11: Beispiele zur  $kNN$ -Klassifikation.  
Punkte, die zur Klasse 1 gehören, sind blau markiert, Punkte der Klasse 2 sind rot

lässt sich (2.50) zu

$$\mathbf{a} \in C_i \iff p(\mathbf{a}|C_i)P(C_i) \geq p(\mathbf{a}|C_j)P(C_j) \quad (2.52)$$

umformen. Zur Bestimmung der Klassen ist somit die Kenntnis des Priors  $P(C_i)$  und der Likelihood  $p(\mathbf{a}|C_1)$  notwendig. Während der Prior die Grundwahrscheinlichkeit der entsprechenden Klasse angibt, beschreibt die Likelihood die Verteilung der Punkte im Merkmalsraum in den Klassen. Für jede Klasse wird also eine Dichte über den Merkmalsraum gelegt, die beschreibt, wie wahrscheinlich es ist, dass ein Punkt der entsprechenden Klasse entstammt.

Diese Größen ergeben sich entweder aus bestehendem Vorwissen oder lassen sich aus den gegebenen Trainingsdaten  $\mathbf{t} \in T$  schätzen. Für den Prior ist eine Annäherung durch den relativen Anteil der Klasse  $C_i$  in den Trainingsdaten möglich:

$$P(C_i) = \frac{|T \cup C_i|}{|T|}. \quad (2.53)$$

Die Likelihood lässt sich zum Beispiel auf Basis eines Histogramms approximieren. Alternativ lässt sich bei der Kenntnis oder Annahme einer bestimmten Art die Verteilung die Dichtefunktion direkt als Schätzung aus den Trainingsdaten bestimmen. Häufig wird an dieser Stelle eine normalverteilte Stichprobe angenommen, so dass die Dichte über

$$p(\mathbf{a}|C_i) = \frac{1}{(2\pi)^{k/2}|\Sigma_i|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2}(\mathbf{a} - \mu_i)^\top \Sigma_i^{-1}(\mathbf{a} - \mu_i)\right) \quad (2.54)$$

dargestellt werden kann, wobei  $\mu_i$  der Mittelwert der Daten der Klasse  $i$  ist und  $\Sigma_i$  die entsprechende Kovarianzmatrix.

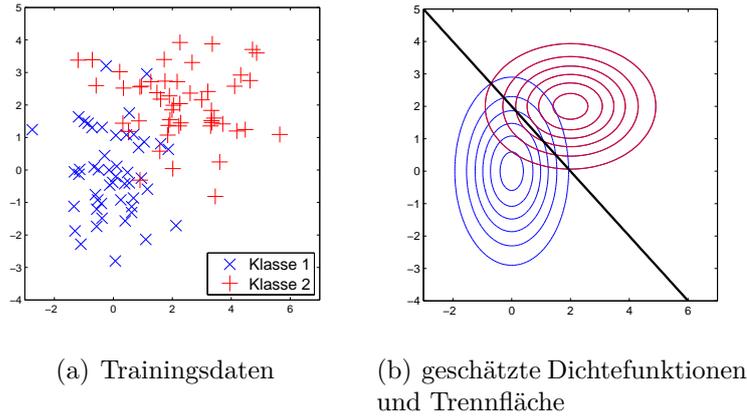


Abbildung 2.12: Beispiel der Bayes-Klassifikation.

Die geschätzten Dichtefunktionen sind über ihre Konturen dargestellt. Die Trennfläche der Klassen ist in schwarz eingezeichnet.

Ein Beispiel zur Klassifikation ist in Abbildung 2.12 gezeigt. Die Daten in den Klassen werden als normalverteilt angenommen und die Dichten entsprechend geschätzt. Als Trennfläche zwischen den Klassen ergibt sich mit dem Ansatz ein Gerade.

Zusammengefasst lässt sich ein Algorithmus zur Klassifikation damit wie folgt beschreiben:

---

**Algorithmus 2** Bayes-Klassifikation

---

**Eingabe:** Trainingsdaten  $\mathbf{t}_i, i = 1, \dots, n$   
 Klassenlabel  $c(\mathbf{t}_i) \in \{1, 2, \dots, l\}$   
 zu klassifizierende Punkte  $\mathbf{a}_j, j = 1, \dots, m$

**Ausgabe:** Klassenlabel  $c(\mathbf{a}_j)$

Schätze  $P(C_k)$  und  $p(\mathbf{a}|C_k)$  für alle Klassen  $C_1, \dots, C_l$  aus den Daten  $\mathbf{t}_i$

**for**  $j = 1, \dots, m$  **do**

$$c(\mathbf{x}) = \underset{k}{\operatorname{argmax}}(p(\mathbf{a}_j|C_k)P(C_k))$$

**end for**

---

Das größte Problem ist (offensichtlich) die Bestimmung der nötigen Wahrscheinlichkeiten im mehrdimensionalen Merkmalsraum. Unter bestimmten Annahmen, wie zum Beispiel dem Vorliegen einer Normalverteilung, ist dies zwar relativ gut möglich, diese Annahmen können jedoch nicht immer getroffen werden. Einige Vereinfachungen sind zumindest noch bei angenommener Unabhängigkeit der Verteilungen in den einzelnen

Merkmalen möglich. Die Likelihood kann in diesem Fall multiplikativ

$$p(\mathbf{a}|C_k) = \prod_{i=1}^k p(a_i|C_k) \quad (2.55)$$

oder mit Hilfe der monotonen Logarithmusfunktion additiv

$$p(\mathbf{a}|C_k) = \sum_{i=1}^k \ln p(a_i|C_k) \quad (2.56)$$

aus den eindimensionalen Wahrscheinlichkeiten bestimmen, die im Allgemeinen einfacher und robuster zu schätzen sind.

### 2.3.5 Beispiel

Im Folgenden soll das vorgestellte Konzept zur objektbasierten Bildanalyse an einem einfachen (akademischen) Beispiel dargestellt werden. Hierzu wird das Bild 2.13(a) betrachtet. Ziel soll die Segmentierung des Baumes auf der rechten Seite sein, wie in Abbildung 2.13(c) gezeigt.

Eine Generierung von Basisobjekten  $\mathcal{O}$  gestaltet sich aufgrund der Wahl des rauschfreien Bildes recht einfach. Alle zusammenhängenden Bildpunkte gleicher Farbe werden in einem Objekt zusammengefasst und wir erhalten das Labelbild 2.13(b), wo jeder Wert ein anderes Basisobjekt repräsentiert. Die Nachbarschaften der Objekte werden in der Menge  $\mathcal{N} \subset \mathcal{O} \times \mathcal{O}$  zusammengefasst.

Vor der Klassifikation der Basisobjekte findet eine Analyse des Bildes hinsichtlich geeigneter Eigenschaften statt. Das Bild wurde so gewählt, dass die Basisobjekte klar aufgrund ihrer Farbwerte unterschieden werden können und die Objekte im Bild eindeutige Formmerkmale aufweisen. Eine Definition besonderer Merkmale ist für dieses Bild also nicht nötig und es genügen die in Kapitel 2.3.3 vorgestellten Eigenschaften.

Um den Baum im Bild segmentieren zu können, ist es sinnvoll das gesuchte Objekt in weitere Teile zu zerlegen, die möglichst schon durch einzelne Basisobjekte dargestellt werden und so direkt bestimmt werden können. In diesem Fall bietet es sich an den Stamm  $S \in \mathcal{O}$ , die Baumkrone  $K \in \mathcal{O}$  und die Früchte  $F \in \mathcal{O}$  im Bild zu detektieren, die zusammengesetzt den gesamten Baum  $B \in \mathcal{O}$  ergeben.

Eine erste Einschränkung der Basisobjekte kann nun auf Basis der Farbwerte erfolgen. Für den rötlich-braunen Stamm ergibt sich

$$S_1 = \{o \in \mathcal{O} | \bar{I}(o) = (100, 0, 0)\}$$

und es ergibt sich die in 2.13(d) markierte Menge an Bildpunkten. Unglücklicherweise lassen sich noch weitere Objekte im Bild finden, die diesen Farbwert aufweisen: Die Vögel und der Blütenkorb der Sonnenblume. Zur Unterscheidung ist demnach ein

weiteres Merkmal nötig. Im Gegensatz zu den übrigen Objekten in  $S_1$  ist der Stamm eher langgestreckt und wenig kreisförmig. Eine weitere Einschränkung kann also über die Form mit Hilfe der Exzentrizität erfolgen und mit

$$S_2 = \{o \in \mathcal{O} \mid \bar{I}(o) = (100, 0, 0) \wedge exzen(o) \geq 0.8\}$$

ergibt sich in Abbildung 2.13(e) die tatsächlich gesuchte Menge, die den Stamm darstellt.

Ähnlich kann nun auch die Baumkrone segmentiert werden, während eine einfache Klassifikation

$$K_1 = \{o \in \mathcal{O} \mid \bar{I}(o) = (0, 180, 0)\}$$

anhand der Farbwerte ebenfalls den Stiel der Blume dem gesuchten Objekt zuweist (siehe Abbildung 2.13(f)), kann über die Elongation

$$K_2 = \{o \in \mathcal{O} \mid \bar{I}(o) = (0, 180, 0) \wedge elong(o) \leq 0.2\}$$

auch der Stiel ausgeschlossen werden (siehe Abbildung 2.13(g)).

Die Bestimmung der Früchte ist hingegen etwas aufwändiger. Wird nur der Farbwert betrachtet, kann mit der Menge

$$F_1 = \{o \in \mathcal{O} \mid \bar{I}(o) = (255, 180, 0)\}$$

nicht zwischen der Sonne, den Blütenblättern und den Früchten unterschieden werden (siehe Abbildung 2.13(h)). Auch über Formmerkmale lassen sich lediglich die eher ovalen Blütenblätter ausschließen

$$F_2 = \{o \in \mathcal{O} \mid \bar{I}(o) = (255, 180, 0) \wedge exzen(o) \leq 0.1\}.$$

Eine endgültige Segmentierung kann über die Nachbarschaften erfolgen. Die Früchte sollten am Baum hängen, so dass mit

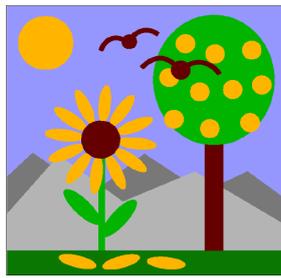
$$F_3 = \{o \in \mathcal{O} \mid \bar{I}(o) = (255, 180, 0) \wedge exzen(o) \leq 0.1 \wedge \exists \hat{o} \in \mathcal{O} \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N}\}$$

auch die Sonne nicht mehr als Frucht klassifiziert wird, wie in Abbildung 2.13(j) zu sehen ist.

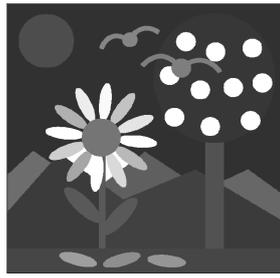
Für den Baum gilt somit

$$B = S_2 \cup K_2 \cup F_3,$$

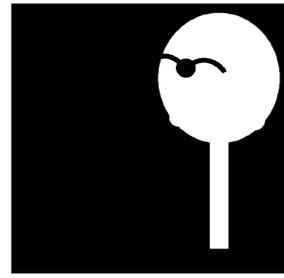
was genau der gesuchten Menge an Bildpunkten entspricht.



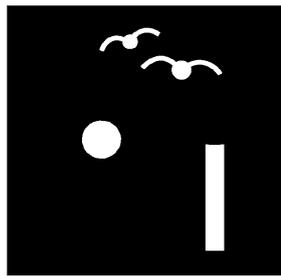
(a) Bild



(b) Basisobjekte



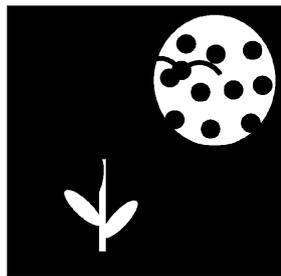
(c) gesuchte Segmentierung



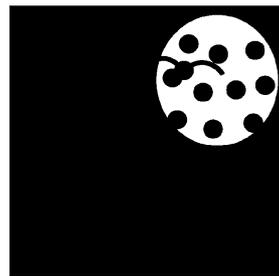
(d)  $S_1$



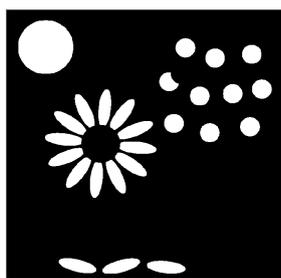
(e)  $S_2$



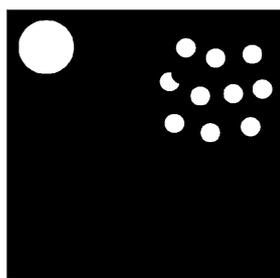
(f)  $K_1$



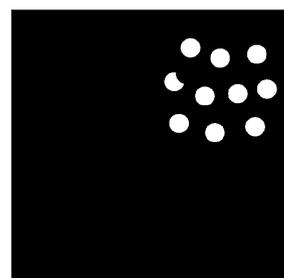
(g)  $K_2$



(h)  $F_1$



(i)  $F_2$



(j)  $F_3$

Abbildung 2.13: Illustrationen zum Beispiel

Für dieses einfache Beispiel lässt sich die gestellte Aufgabe bereits mit den gewählten Basisobjekten gut lösen, da die Objekte eine große inhaltliche Aussagekraft haben. Schwierigere Aufgabenstellungen oder Basisobjekte, denen sich weniger gut eindeutige Merkmale zuweisen lassen, würden an der jetzigen Stelle eine Verschmelzung der gefundenen Objekte erfordern. Denkbar wäre zum Beispiel, dass sich auf dem Bild mehrere Bäume finden lassen, denen dann wiederum neue Merkmale zugeordnet werden können, was eine weitere Unterscheidung möglich macht. So entstehen schrittweise immer größere Objekte, die inhaltlich immer weiter zusammengefassten Bildelementen entsprechen und so eine tiefere Analyse ermöglichen.

## 2.4 Vorverarbeitung

Im Gegensatz zu dem Beispiel in Abschnitt 2.3.5 ist bei realen Anwendungen meist eine Aufbereitung der Bilddaten nötig. Wichtige Elemente der Vorverarbeitung sind das Entfernen störender Einflüsse (Rauschen) und vor allem die durchaus schwierige Einteilung des Bildes in die Basisobjekte  $o \in \mathcal{O}$ .

### 2.4.1 Glättung

Bei der Arbeit mit CT-Bildern muss abhängig von der verwendeten Aufnahmetechnik mit mehr oder weniger starkem Rauschen gerechnet werden. Um möglichst gute Ergebnisse zu erzielen, muss dieses Rauschen bestmöglich entfernt werden. Neben der Möglichkeit zur Schätzung des Rauschens, die im Allgemeinen recht schwierig ist, besteht die Möglichkeit das Bild mit Hilfe von Filtern zu bearbeiten.

Bei der Filterung wird jeder Bildpunkt lokal mit seiner Nachbarschaft betrachtet, indem ein Fenster über das Bild  $I$  bewegt und auf jedem Punkt  $x \in \mathcal{P}$  zentriert wird. Diesem Punkt wird im gefilterten Bild ein Wert zugewiesen, der sich aus einer Wichtung der Bildpunkte in der Umgebung bestimmt.

Im Zweidimensionalen lässt sich ein linearer Filter

$$W \in \mathbb{R}^{(2*d_1+1) \times (2*d_2+1)}; d_1, d_2 = 1, 2, \dots$$

geeignet über ein Array darstellen:

$$W = \begin{pmatrix} w_{(-d_1, -d_2)} & \cdots & w_{-d_1, 0} & \cdots & w_{-d_1, d_2} \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ w_{(0, -d_2)} & \cdots & w_{0, 0} & \cdots & w_{0, d_2} \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ w_{(d_1, -d_2)} & \cdots & w_{d_1, 0} & \cdots & w_{d_1, d_2} \end{pmatrix}$$

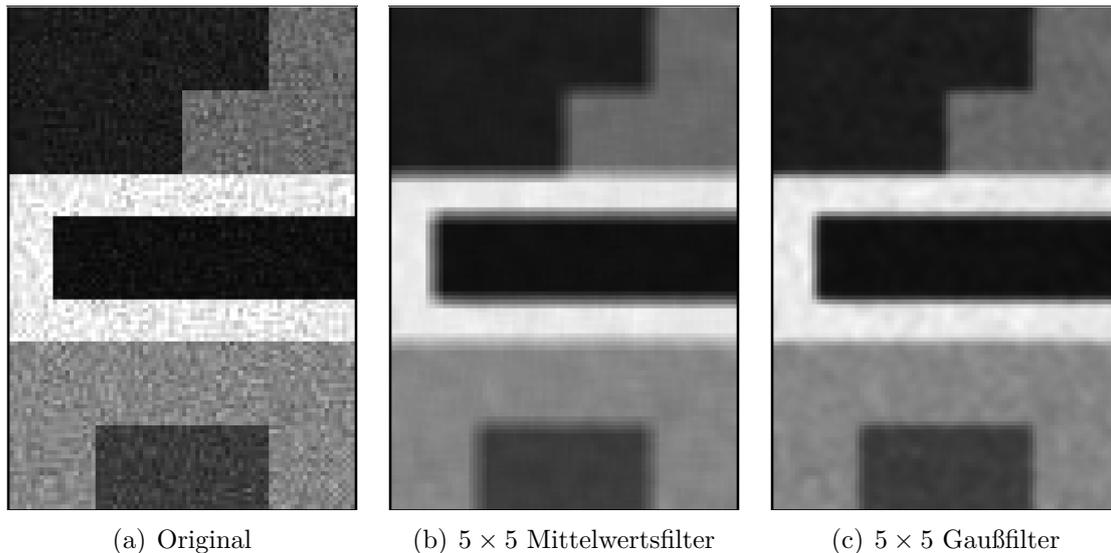


Abbildung 2.14: Lineare Glättungsfilter

Der Wert des gefilterten Bildes bestimmt sich damit zu

$$(W * I)(x_1, x_2) = \sum_{i_1=-d_1}^{d_1} \sum_{i_2=-d_2}^{d_2} w_{(i_1, i_2)} I(x_1 + i_1, x_2 + i_2). \quad (2.57)$$

Zur Bildglättung wird ein Tiefpassfilter verwendet. So wird gewährleistet, dass der Großteil der Bildinformation erhalten bleibt, während hochfrequente Bildanteile, zu denen das Rauschen typischerweise gehört, unterdrückt werden. Die Gewichte eines Tiefpassfilters sind positiv und addieren sich zu eins. Durch die Filterung werden die Bildpunkte also gemittelt, während die Gesamtenergie im Bild gleich bleibt.

Typische Beispiele für Glättungsfilter sind die Mittelwertfilter mit  $w_{(i,i)} = 1/(2d+1)^2$ , die alle Werte in der Nachbarschaft gleich gewichten, oder Gaußfilter, wo die Gewichte einer Gaußverteilung ähneln und der zentrale Punkt das größte Gewicht erhält. Tiefpassfilter lassen sich effizient über Matrix-Vektor-Multiplikationen implementieren und sind bei ausreichend gewählter Größe  $d$  wirksam bei der Rauschunterdrückung, allerdings werden häufig auch Kanten im Bild geglättet und somit gehen wichtige Informationen möglicherweise verloren. Abbildung 2.14 zeigt das Ergebnis zweier solcher linearer Filter der Größe  $5 \times 5$ . Zwar kann ein Großteil des Rauschens entfernt werden, allerdings sind auch die einzelne Bildbereiche deutlich schlechter abgegrenzt. Je homogener die Flächen im geglätteten Bild sind, desto mehr Information über die Kanten geht verloren.

Abhilfe sollen deshalb (meist nichtlineare) Filtermethoden schaffen. Eine recht einfache Variante ist der Medianfilter. Hier werden die Intensitäten der Punkte in der Nachbarschaft geordnet und dem Bildpunkt im gefilterten Bild wird - wie der Name andeutet - der Median der sortierten Intensitäten zugewiesen. Besonders Salt-and-

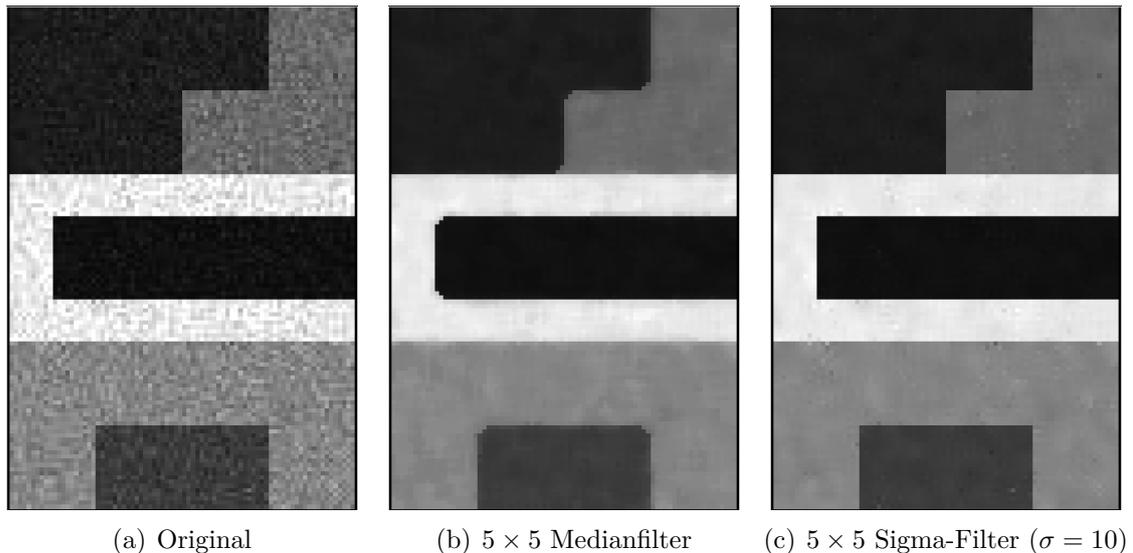


Abbildung 2.15: Nichtlineare Glättungsfilter

Pepper-Rauschen, wo einzelne Bildpunkte sehr hell oder dunkel sind, können so gut herausgefiltert werden.

Der Medianfilter beachtet allerdings noch nicht die Kanten im Bild und tendiert dazu Ecken im Bild abzurunden, da an dieser Stelle die Menge der äußeren Grauwerte in den geordneten Intensitäten überwiegt, was in Abbildung 2.15(b) dargestellt ist. Aus diesem Grund wurden kantenerhaltende Filter entwickelt, die dieses Problem beheben sollen.

Ein solcher Filter ist der Sigma-Filter [16]. Hier wird davon ausgegangen, dass das Rauschen im Bild normalverteilt ist, was im Großteil der Fälle auch zutreffend ist. In der Normalverteilung liegen 95,5% aller Werte innerhalb der doppelten Standardabweichung  $\sigma$  um den Erwartungswert. Es kann also davon ausgegangen werden, dass Bildpunkte, die zum gleichen Bereich gehören, sich maximal um den Wert  $2\sigma$  unterscheiden.

Im Wesentlichen ist der Sigma-Filter nur ein Mittelwertfilter, der zur Mittelung nun allerdings nur die Werte betrachtet, die innerhalb der  $2\sigma$ -Umgebung liegen. Kanten, also Bildbereiche, die sich durch eine große Änderung der Intensitäten auszeichnen, werden so nicht geglättet, zumindest wenn die Bereiche im Bild sich ausreichend unterscheiden. Abbildung 2.15(c) zeigt die Wirkung des Sigma-Filters. Problematisch ist allerdings hier die Schätzung der Standardabweichung des Rauschens, damit der Filter möglichst gute Ergebnisse erzielt. Zusätzlich wird punktweises, starkes Rauschen kaum geglättet, da zu diesem Bildpunkt wenige Nachbarpunkte in der nötigen Grauwertumgebung liegen.

## 2.4.2 Vorsegmentierung

Es ist prinzipiell möglich jedem Voxel der CT-Aufnahme ein eigenes Objekt zuzuweisen. Dieses Verfahren ist jedoch wenig effektiv. Die so verwendeten Regionen liefern keine zusätzlichen Informationen bezüglich Form, Grauwertverteilung oder Nachbarschaftsbeziehungen, die nicht bereits aus dem Bild bekannt sind und die nötige Datenbank würde zudem sehr umfangreich werden.

Somit ist eine Vorsegmentierung nötig, die bereits einzelne Bildbereiche mit ähnlichen Eigenschaften zusammenfasst und auf diese Weise die Anzahl an Basisobjekten verringert und eine sinnvolle Extraktion von Eigenschaften ermöglicht.

Eine möglichst gute Vorsegmentierung zu bestimmen ist schwierig, denn die Anforderungen sind hoch. Die Bestimmung der Objekte sollte nicht nur schnell sein, sondern Regionen sollten bestmöglich zusammengefasst werden, sodass die Anzahl so gering wie möglich ist, gleichzeitig jedoch alle relevanten Grenzen im Bild noch erhalten bleiben. Je besser die so bestimmten Regionen reelle Objekte in der Aufnahme abbilden, desto einfacher ist die anschließende Segmentierung mit der objektbasierten Bildanalyse. Idealerweise werden durch die Vorsegmentierung bereits alle im Bild enthaltenen Strukturen wie Leber, Tumor, Rippen und Gefäße abgebildet. Praktisch ist dies jedoch nicht möglich und würde eine weitere Bearbeitung auch weitestgehend unnötig machen.

Eine umfassende Auswertung möglicher Verfahren zur Vorsegmentierung würde den Rahmen dieser Arbeit deutlich überschreiten. Es wurden daher nur zwei von zahlreichen Varianten näher betrachtet, auf die im Anschluss näher eingegangen werden soll.

### Wasserscheidentransformation

Die Idee der Wasserscheidentransformation beruht auf der Annahme, dass das Bild als Gebirge angesehen werden kann, wobei die Intensität die Höhe des jeweiligen Bildpunktes angibt. Bei dieser Vorstellung entstehen Täler, die durch unterschiedlich hohe Grate voneinander getrennt werden. Jedes dieser Täler kann als ein Bildsegment angesehen werden.

Die Bestimmung der Segmente lässt sich mit dem folgenden Vorgang beschreiben. Über dem Gebirge fängt es an zu regnen und in den Senken bilden sich somit Wasserbassins, die mit zunehmender Wasserzufuhr steigen. Bevor zwei verschiedene Bassins zusammenfließen, wird zwischen ihnen ein Damm errichtet. Der Wasserspiegel steigt solange, bis das Grauwertgebirge vollständig unter Wasser steht und somit nur noch aus Dämmen zwischen den verschiedenen Bassins besteht. Diese Dämme definieren nun die Grenzen der einzelnen Segmente.

Abbildung 2.16 zeigt dieses Vorgehen für ein eindimensionales Bild. Bei steigendem Wasserspiegel entsteht zunächst der Damm zwischen den Segmenten  $S_1$  und  $S_2$  und später die Grenze zwischen  $S_2$  und  $S_3$ . Das Bild ist somit vollständig in drei Segmente aufgeteilt.

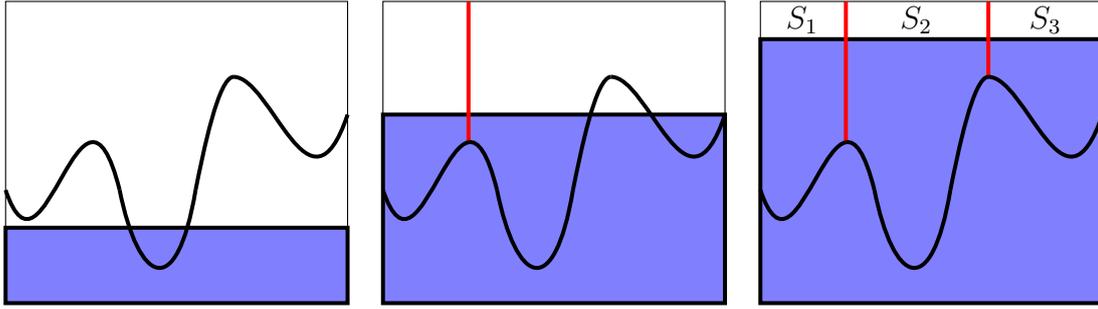


Abbildung 2.16: Illustration der Wasserscheidentransformation an einem 1D-Beispiel

Formaler lässt sich die Wasserscheidentransformation nach Vincent und Soille [33] wie folgt beschreiben: Zu jedem lokalen Minimum  $M$ , das heißt  $M \subset \mathcal{P}$  ist zusammenhängend und

$$\forall \mathbf{x} \in M, \forall \mathbf{y} \in \mathcal{P} \text{ gilt } I(\mathbf{x}) \leq I(\mathbf{y}),$$

wird in Analogie zum oben beschriebenen Vorgang das *Abflussgebiet*  $C(M)$  bestimmt. Dieses wird über *fallende Wege*

$$w_f(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_n) = (\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_n)_f \text{ mit } (\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_{i+1}) \in \mathcal{N} \wedge I(\mathbf{x}_i) \geq I(\mathbf{x}_{i+1}) \quad (2.58)$$

definiert, wobei  $\mathcal{N}$  die verwendete Nachbarschaft im Bild beschreibt.  $l(w_f) = n$  gibt die Länge des Pfades an. Es gilt

$$C(M) = \{\mathbf{x} \in \mathcal{P} \mid \exists \mathbf{y} \in M \text{ und } \exists w_f(\mathbf{x}, \mathbf{y})\}. \quad (2.59)$$

Gedanklich umfasst ein Abflussgebiet somit alle Punkte, von denen ein Wassertropfen zum Minimum fließen würde. Die Abflussgebiete  $C(M_i)$  zu den Minima  $M_i \in \mathcal{M}$  im Bild entsprechen den gesuchten Segmenten im Bild, das bedeutet

$$S(\mathbf{x}) = i \iff \mathbf{x} \in C(M_i). \quad (2.60)$$

Zur Bestimmung der Bildsegmente werden die Bildpunkte entsprechend ihrer Intensitäten in aufsteigender Reihenfolge betrachtet. Bei gegebener Intensität wird zunächst die Menge  $T$  bestimmt, die alle Bildpunkte mit diesem Grauwert enthält, bei denen ein benachbarter Punkt bereits segmentiert wurde. Diese Punkte werden der Reihe nach dem ähnlichsten, benachbarten Segment zugewiesen, wobei die Menge  $T$  gegebenenfalls aktualisiert wird. Der Abstand  $d(\mathbf{x}, M)$  eines Punktes zu einem Minimum kann sich zum Beispiel aus dem geodätischen Abstand bestimmen lassen, indem die Länge des kürzesten fallenden Pfades von  $\mathbf{x}$  zum Minimum betrachtet wird.

Alle übrigen Punkte der momentan betrachteten Intensität gehören zu neuen Minima

und werden einem neuen Segment mit einem neuen Label zugeordnet.

Ein besonderer Parameter der Wasserscheidentransformation ist die Höhe der Vorflutung  $v$ . Mit diesem lässt sich (indirekt) die Anzahl der Regionen steuern, indem direkt zu Beginn bereits Minima zusammengefasst werden. Der Algorithmus beginnt entsprechend erst bei einer Wasserhöhe von  $v$  und alle Maxima, die kleiner als dieser Wert sind, werden ignoriert, trennen also keine Regionen mehr.

Zusammenfassend lässt sich die Wasserscheidentransformation wie folgt darstellen:

---

**Algorithmus 3** Wasserscheidentransformation

---

**Eingabe:** zu segmentierendes Bild  $I$

Vorflutungshöhe  $v \in \mathcal{F}$

**Ausgabe:** Labelbild  $S$

$\forall \mathbf{x} \in \mathcal{P} : S(\mathbf{x}) = 0$

Markiere alle  $\mathbf{x} \in \mathcal{P}$  mit  $I(\mathbf{x}) \leq v$ , benachbarte Punkte erhalten das gleiche Label

**for**  $i = v + 1, \dots, \max_{\mathbf{x} \in \mathcal{P}}(I(\mathbf{x}))$  **do**

Bestimme  $T_i = \{\mathbf{x} \in \mathcal{P} | I(\mathbf{x}) = i \wedge S(\mathbf{x}) = 0 \wedge (\exists \mathbf{y} \in \mathcal{P} \text{ mit } (\mathbf{x}, \mathbf{y}) \in \mathcal{N} \wedge S(\mathbf{y}) \neq 0)\}$

**while**  $T_i \neq \emptyset$  **do**

**for all**  $\mathbf{x} \in T_i$  **do**

$S(\mathbf{x}) = \underset{j}{\operatorname{argmin}}(d(\mathbf{x}, M_j))$

**end for**

Update  $T_i$

**end while**

Weise allen übrigen  $\mathbf{x}$  mit  $I(\mathbf{x}) = i$  ein neues Label zu, benachbarte Punkte erhalten das gleiche Label

**end for**

---

Effizient lässt sich der Algorithmus zum Beispiel über eine Vorsortierung der Bildpunkte und die Verwendung einer Breitensuche zur Segmentierung von Plateaus gleicher Intensität realisieren.

Mit Hilfe der Wasserscheidentransformation können nur Minima - oder Maxima, wenn der Algorithmus auf dem invertierten Bild angewendet wird - getrennt werden. Kanten im Bild stellen damit keine wichtigen Grenzbereiche in diesem Algorithmus dar, sind jedoch meist als Begrenzung von Segmenten gewünscht.

Damit die Wasserscheidentransformation zur gewünschten Bildunterteilung verwendet werden kann, muss das Bild so umgeformt werden, dass die Kanten maximale Werte erhalten, während homogene Bereiche durch Minima angezeigt werden. Hierzu können Ableitungsfilter (Hochpassfilter) benutzt werden. Diese zeigen Bereiche mit starker lokaler Änderung an, während ebene Bereiche weitestgehend ignoriert werden.

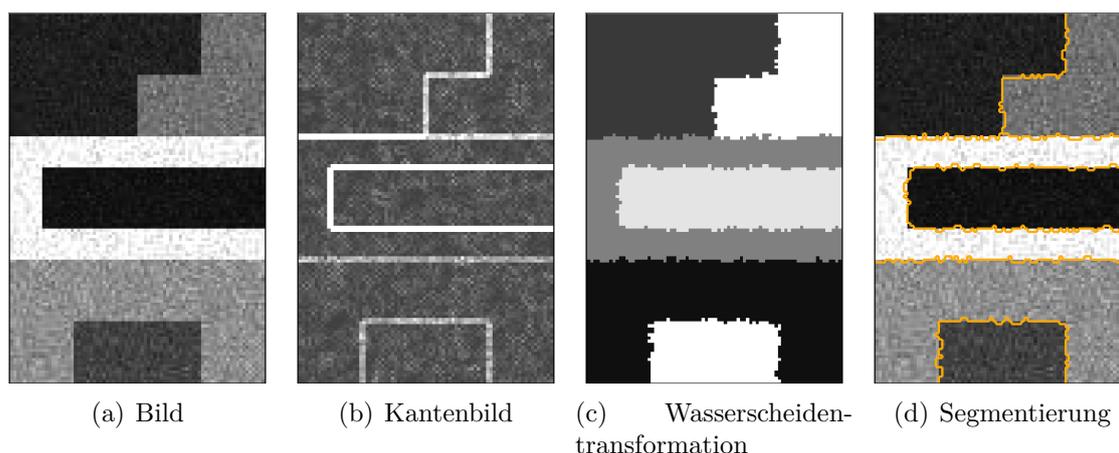


Abbildung 2.17: Segmentierung mittels Wasserscheidentransformation.

Im Gegensatz zu Tiefpassfiltern, die das Bild mitteln, summieren sich die Gewichte von Ableitungsfiltern zu 0 und können auf diese Weise die Stärke der Ableitung approximieren. Typische Vertreter zur Kantendetektion sind die Sobelfilter

$$S_x = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 0 & -2 \\ 1 & 0 & -1 \end{pmatrix} \quad \text{und} \quad S_y = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -1 \end{pmatrix}, \quad (2.61)$$

die die Ableitung in  $x$ - beziehungsweise  $y$ -Richtung approximieren und der Laplacefilter

$$D_{xy}^2 = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & -4 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad \text{oder} \quad D_{xy}^2 = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & -8 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}, \quad (2.62)$$

eine Näherung für die Summe der zweiten Ableitungen.

Abbildung 2.17 zeigt das gesamte Vorgehen an einem einfachen Beispiel. Auf das Bild wird zunächst ein Kantenfilter angewendet, anschließend wird die Wasserscheidentransformation auf das gefilterte Bild angewendet. Die so erzielten Segmente unterteilen das ursprüngliche Bild entsprechend der gefundenen Kanten im Bild.

## Superpixel

Der Sinn von Superpixeln ist die Zusammenfassung von Bildbereichen, um die Informationsmenge im Bild zu verringern und somit eine Vielzahl von Algorithmen zu beschleunigen, die normalerweise jeden Bildpunkt einzeln bearbeiten. Gewollt ist eine Aufteilung in größere Objekte, wobei Wert auf die Steuerung der Anzahl und Kompaktheit der entstehenden Objekte gelegt wird.

Somit stellen sie eine interessante Alternative zur Bestimmung der Basisobjekte bei

der objektbasierten Bildanalyse dar. Der hier verwendete Algorithmus beruht auf der Arbeit von Achanta et al [1] und verspricht neben einem geringen Rechenaufwand auch Ergebnisse, die verglichen mit anderen Methoden [17, 32] zur Generierung von Superpixeln besonders gut zur Segmentierung geeignet sind, da Kanten gut über die Grenzen der Superpixel wiedergegeben werden.

Im Wesentlichen ist der Algorithmus ein  $k$ -means Clustering-Verfahren mit linearer Laufzeit, was den Namen SLIC (*simple linear iterative clustering*) der Methode impliziert.

Aus den Bildpunkten werden zu Beginn  $k$  gleichmäßig verteilte Clusterzentren  $\mathbf{x}_k$  ausgewählt. So lässt sich die Anzahl der entstehenden Regionen steuern. Um eine möglichst gute Kantenerhaltung zu ermöglichen, wird vermieden die Zentren auf Kanten im Bild zu initialisieren. Dazu wird nach der Platzierung jedes Clusterzentrum auf den Bildpunkt in der Nachbarschaft verschoben, der den kleinsten Gradienten aufweist.

Die restlichen Bildpunkte werden nun dem nächsten Clusterzentrum zugeordnet, wobei sich das Distanzmaß aus der räumlichen Entfernung und dem Unterschied in der Intensität zusammensetzt, das heißt

$$\begin{aligned} d(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) &= d_I(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) + m d_x(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) \\ &= |I(\mathbf{x}_1) - I(\mathbf{x}_2)| + m \|\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2\|_2. \end{aligned} \quad (2.63)$$

Über den Parameter  $m$  lässt sich die Kompaktheit der Superpixel steuern. Je größer der Wert für  $m$ , desto wichtiger ist der räumliche Abstand zwischen den Punkten, je kleiner, desto homogener werden die entstehenden Objekte bezüglich der enthaltenen Intensitäten.

Entsprechend dem zugrunde liegenden  $k$ -means Algorithmus wird jedes Clusterzentrum nun in das tatsächliche Zentrum der ihm zugeordneten Bildpunkte verschoben. Erneut wird jeder Bildpunkt dem nächsten Clusterzentrum zugeordnet. Dieser Vorgang wird solange wiederholt, wie sich die Zentren noch signifikant verschieben. Das Ergebnis des Algorithmus ist eine Unterteilung der Bildpunkte in die  $k$  Cluster

$$C_i = \{\mathbf{x} \in \mathcal{P} | d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i) < d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_j), j \in \{1, \dots, i-1, i+1, \dots, k\}\}, \quad (2.64)$$

wobei  $\mathbf{x}_i$  das jeweilige Clusterzentrum beschreibt. Jedes Cluster definiert ein Bildsegment:

$$S(\mathbf{x}) = i \iff \mathbf{x} \in C_i \quad (2.65)$$

Abbildung 2.18 zeigt das erzielte Ergebnis für verschiedene Anzahlen an gewünschten Regionen. Durch die gleichmäßige Verteilung lassen sich die vorhandenen sechs Bildsegmente nicht direkt über sechs Superpixel darstellen. Im letzten gesuchten Segment wird kein Clusterzentrum platziert, wodurch keine Trennung vom umgebenden Bereich möglich ist und die Bildpunkte entsprechend der räumlichen Entfernung zu-

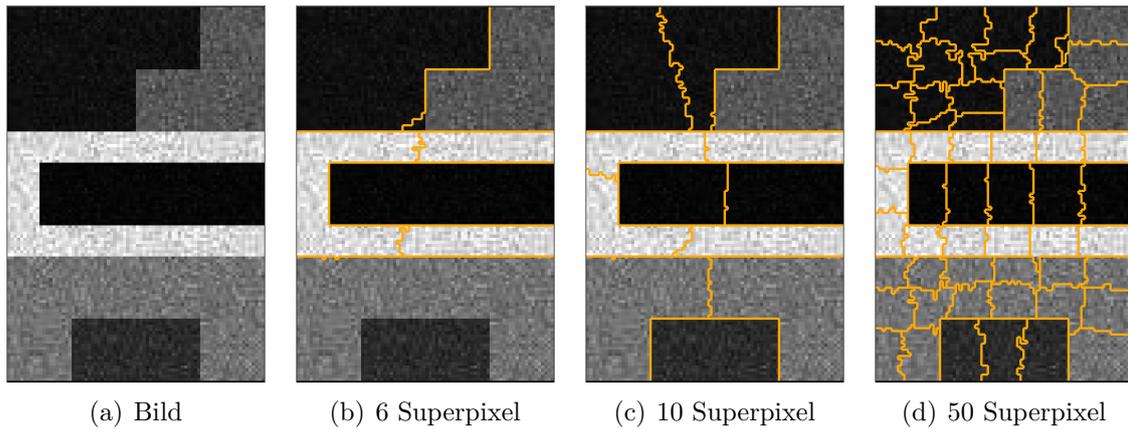


Abbildung 2.18: Bildunterteilung mittels Superpixel

sammengefasst werden müssen. Erst die Erhöhung der Anzahl macht die Abgrenzung möglich, allerdings werden die Segmente zusätzlich noch weiter unterteilt.

Gut ist zusätzlich der Einfluss der beiden Bestandteile im Distanzmaß zu erkennen. Obwohl ein deutlicher Unterschied in den Intensitäten besteht, werden bei der Verwendung von sechs Superpixeln einige Punkte im Bereich der Ecke dem benachbarten Gebiet zugeordnet, da hier das Clusterzentrum scheinbar näher liegt und der räumliche Einfluss damit überwiegt.

Der Algorithmus lässt sich wie folgt zusammenfassen:

---

**Algorithmus 4** SLIC Superpixel

---

**Eingabe:** zu segmentierendes Bild  $I$

Anzahl  $k$  der gewünschten Objekte

Maß für die Kompaktheit  $m$

**Ausgabe:** Labelbild  $S$

Platziere die  $k$  Clusterzentren  $\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_k$  gleichmäßig in  $I$

Verschiebe die Zentren gegebenenfalls auf den Punkt mit dem schwächsten Gradienten in der Nähe

$$\forall \mathbf{x} \in \mathcal{P} : S(\mathbf{x}) = \operatorname{argmin}_{1 \leq i \leq k} (d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i))$$

**repeat**

$$\text{Bestimme neue Clusterzentren: } \mathbf{x}_i^{neu} = \frac{1}{|C_i|} \sum_{\mathbf{x} \in C_i} \mathbf{x}$$

$$\text{Bestimme Verschiebung: } E = \sum_{i=1}^k (x_i^{neu} - x_i)$$

$$\text{Cluster die Bildpunkte neu: } \forall \mathbf{x} \in \mathcal{P} : S(\mathbf{x}) = \operatorname{argmin}_{1 \leq i \leq k} (d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i^{neu}))$$

$$\forall i = 1, \dots, k : \mathbf{x}_i = \mathbf{x}_i^{neu}$$

**until**  $E \leq$  Schwellwert

---

Zur Verbesserung der Performance lassen sich für diese Methode zusätzlich einige Einschränkungen einbauen. Die mittlere Größe der entstehenden Superpixel hängt von der Anzahl  $k$  der gewünschten Gebiete ab. Es ist somit nicht der Abstand jedes Bildpunktes zu jedem Clusterzentrum relevant, sondern der Suchbereich kann um jedes Clusterzentrum entsprechend eingeschränkt werden.

Auch die Anzahl der Iterationsschritte, in denen die Clusterzentren verschoben und die Abstände neu berechnet werden, ist typischerweise recht begrenzt. Mit einer festen maximalen Iterationsanzahl kann das Ergebnis somit tatsächlich in linearer Zeit, abhängig von der Anzahl der gewünschten Segmente ermittelt werden.

## 2.5 Nachbearbeitung

Abhängig von den erzielten Ergebnissen der objektbasierten Bildanalyse kann es nötig sein einige Nachbearbeitungsschritte anzuschließen, um die Segmentierung weiter zu verbessern. Die nötigen Grundlagen sollen im Folgenden dargestellt werden.

### 2.5.1 Morphologische Bildverarbeitung

Methoden der morphologischen Bildverarbeitung lassen sich sowohl auf Binärbildern als auch auf Grauwertbildern definieren. Da die Verfahren zur Bearbeitung von Seg-

mentierungen genutzt werden sollen, soll hier jedoch nur auf die Morphologie auf Binärbildern eingegangen werden. Weitere Ausführungen finden sich zum Beispiel in [15].

Für die folgenden Methoden sei also ein Binärbild (Maskenbild) gegeben. Bildpunkte, die als das gesuchte Objekt segmentiert wurden, erhalten den Wert 1, der Hintergrund wird mit 0 markiert. Die Definition von morphologischen Bildverarbeitungsverfahren erfolgt über die Mengendarstellung des Binärbildes, wobei das Bild  $A$  über die Menge der segmentierten Punkte bestimmt wird, das heißt

$$A = \mathcal{S}_1 = \{\mathbf{x} | s(\mathbf{x}) = 1\} \subset \mathcal{P}. \quad (2.66)$$

Essentielle Bestandteile in der Morphologie sind die *Strukturelemente*  $S$ . Hierbei handelt es sich im Wesentlichen um kleinere Binärbilder, die punktweise mit dem Bild  $A$  verglichen werden. Jedes Strukturelement besitzt einen ausgezeichneten *Referenzpunkt*, der im Bildkoordinatensystem des Strukturelements im Ursprung liegt. Alle weiteren Punkte werden als *aktiv* bezeichnet, wenn ihnen der Wert 1 zugeordnet wurde, ansonsten handelt es sich um *passive* Punkte. Einfache Beispiele für Strukturelemente sind

$$S_1 : \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & \boxed{1} & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \quad \text{oder} \quad S_2 \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 1 & \boxed{0} & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix},$$

wobei der Referenzpunkt mit einem Rechteck markiert ist. Die Strukturelemente werden ebenfalls als Menge über die Aktivelemente dargestellt:

$$S = \{\mathbf{x} \in Z^d | \mathbf{x} \text{ ist aktives Element}\}. \quad (2.67)$$

Strukturelemente ähneln damit den in Abschnitt 2.4 vorgestellten Filtern, mit dem Unterschied, dass nur die Gewichte 0 und 1 vergeben werden.

Bei morphologischen Operationen wird nun das Strukturelement mit seinem Referenzpunkt schrittweise auf allen Bildpunkten  $\mathbf{p} \in \mathcal{P}$  platziert. Hierzu wird das verschobene Strukturelement

$$\mathcal{S}_{\mathbf{p}} = S + \mathbf{p} = \{\mathbf{x} + \mathbf{p} | \mathbf{x} \in S\}, \quad \mathbf{p} \in \mathcal{P} \quad (2.68)$$

verwendet.

Nun lassen sich die beiden wichtigsten Operationen *Dilatation* und *Erosion* definieren. Die Dilatation vergrößert die gegebene Maske  $A$  abhängig vom gegebenen Strukturelement  $S$ . Es gilt

$$A \oplus S = \{\mathbf{p} | A \cap \mathcal{S}_{\mathbf{p}} \neq \emptyset\}. \quad (2.69)$$

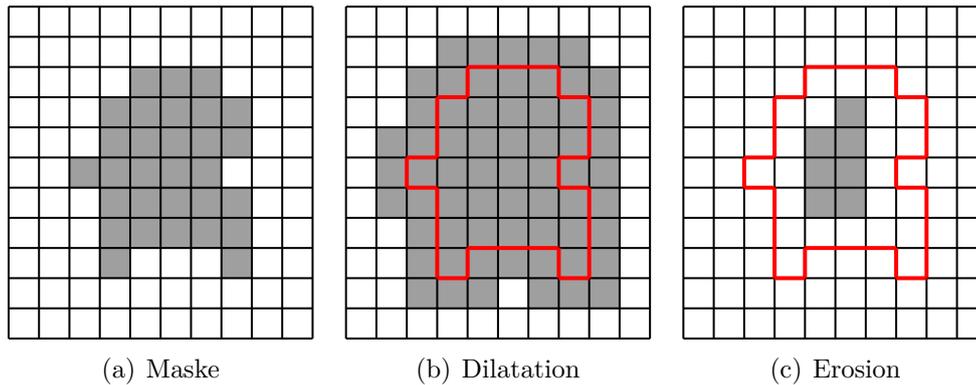


Abbildung 2.19: Erosion und Dilatation mit dem einfachen  $3 \times 3$ -Strukturelement  $S_1$ . Die ursprüngliche Maske ist in rot markiert.

Das dilatierte Binärbild umfasst demnach alle Bildpunkte, wo mindestens ein aktives Element des entsprechend verschobenen Strukturelementes auf ein als Objekt klassifizierten Bildpunkt in  $A$  trifft. Für die Erosion gilt

$$A \ominus S = \{\mathbf{p} | S_{\mathbf{p}} \subset A\} \quad (2.70)$$

und die Maske wird verkleinert. Das erodierte Bild umfasst damit alle Punkte, in denen die Aktivelemente des Strukturelementes auf den Objektpunkten der Maske liegen. Abbildung 2.19 zeigt das Ergebnis der morphologischen Schritte Dilatation und Erosion mit dem einfachen Strukturelement  $S_1$ .

Dilatation und Erosion sind keine inversen Operationen, die Hintereinanderausführung liefert auch bei gleichem Strukturelement nicht die ursprüngliche Maske. Stattdessen können durch die Verbindung der Schritte zwei weitere grundlegende Operationen definiert werden. Das *Closing*

$$A \bullet S = (A \oplus S) \ominus S \quad (2.71)$$

schließt Löcher in der Maske, in die das Strukturelement hineinpasst, wie Abbildung 2.20(b) zeigt. Größere Löcher, wie das am unteren Rand der Maske, werden nicht geschlossen und auch alle übrigen Strukturen im Bild bleiben erhalten.

Die duale Operation zum Closing ist das *Opening*

$$A \circ S = (A \ominus S) \oplus S, \quad (2.72)$$

bei dem Engstellen entfernt werden, in die das Strukturelement nicht hineinpasst, wie Abbildung 2.20(c) zeigt. Fortsätze, wie auf der linken Seite der Maske, die kleiner als das Strukturelement sind, werden entfernt, während größere Gebilde erhalten bleiben. Opening und Closing sind damit ideale Operationen um Einfluss auf die Form von Bildmasken zu nehmen. Zusätzlich lassen sich viele weitere morphologische Operationen

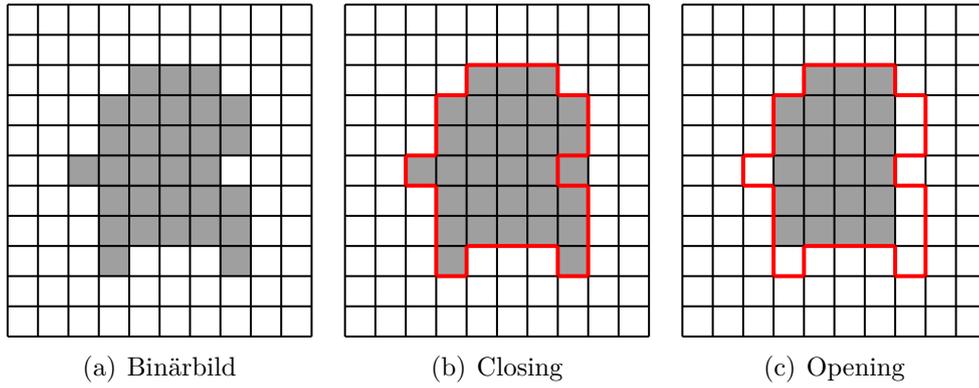


Abbildung 2.20: Opening und Closing mit dem einfachen  $3 \times 3$ -Strukturelement  $S_1$ . Die ursprüngliche Maske ist in rot markiert.

definieren, wie zum Beispiel die Bestimmung der konvexen Hülle oder von Zusammenhangskomponenten, auf die hier jedoch nicht näher eingegangen werden soll.

# 3 Segmentierung von Leberläsionen

Die Entwicklung und (praktische) Untersuchung geeigneter Methoden zur Segmentierung von Leberläsionen mit Hilfe des gegebenen Frameworks zur objektbasierten Bildanalyse umfasste einen Großteil der Arbeitszeit und in diesem Kapitel sollen die vielversprechendsten Ansätze vorgestellt werden. Eingegangen wird in diesem Kapitel vor allem auf die initiale Idee der vorgestellten Varianten, sowie Probleme und Lösungsvorschläge, die sich bei der Umsetzung ergeben haben.

Ziel ist dabei immer die Einteilung der Basisobjekte  $\mathcal{O}$  in die beiden disjunkten Untermengen Läsion  $\mathcal{L}$  und Hintergrund  $\mathcal{H}$ . Als gesuchtes Bildobjekt steht die Läsion im Vordergrund und so weit nicht anders angegeben, gelte deshalb  $\mathcal{H} = \mathcal{O} \setminus \mathcal{L}$ .

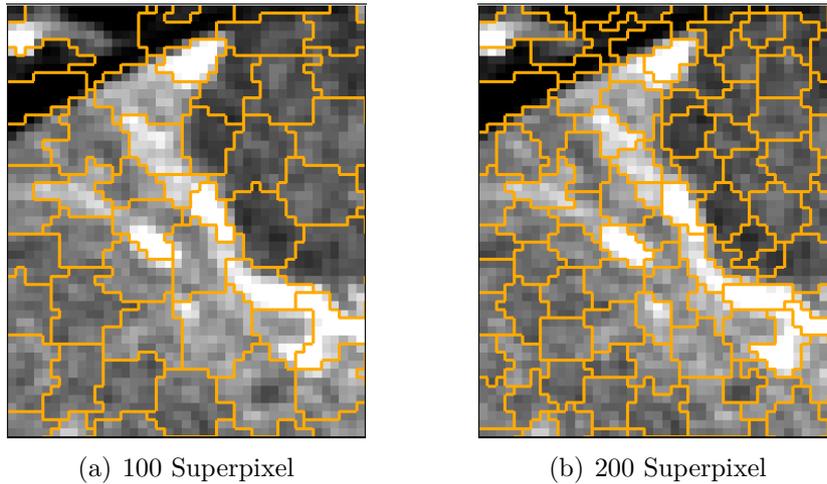
Zusätzlich sollen noch einige nötige Schritte zur Vor- und Nachbearbeitung dargestellt werden.

## 3.1 Vorsegmentierung

Entscheidend für die objektbasierte Bildanalyse ist die Wahl geeigneter Basisobjekte. Die Art der Vorsegmentierung ist somit maßgeblich für den weiteren Verlauf, da verschiedene Methoden durchaus deutlich unterschiedliche Segmente generieren, deren Merkmale sich stark unterscheiden können. In dieser Arbeit wurden besonders die Wasserscheidentransformation und ein Superpixelalgorithmus, die bereits in Kapitel 2.4.2 theoretisch vorgestellt wurden, hinsichtlich ihrer Eignung zur Vorsegmentierung untersucht. Diese Methoden liefern vergleichsweise schnelle Ergebnisse und lassen sich problemlos auf zwei- und dreidimensionalen Daten anwenden.

Dadurch, dass der Superpixelalgorithmus nur zwei Parameter erfordert, lässt er sich intuitiv bedienen. Über die Angabe der Anzahl an gewünschten Superpixeln kann direkt definiert werden, wieviele Regionen entstehen sollen. Somit lässt sich der Aufwand der anschließenden Bildanalyse gut abschätzen und ist unabhängig von den gegebenen Bilddaten in etwa gleich. Mit dem zweiten Parameter lässt sich regeln, wie stark sich die Regionen an den Intensitäten im Bild orientieren. Da zur Segmentierung eher Superpixel mit guter Kantenerhaltung gesucht sind und die Kompaktheit der einzelnen Objekte zweitrangig ist, wird dieser Parameter meist kleiner als 1 gewählt, um große Unterschiede in den Intensitäten stärker zu bestrafen.

Der Superpixelalgorithmus ist jedoch im Wesentlichen ein Verfahren zum Clustering und weniger eine Segmentierung im eigentlichen Sinne. Die entstehenden Objekte erfüllen kein einheitliches Homogenitätskriterium und auch benachbarte Objekte können sehr ähnlich sein. Eine Stärke des Ansatzes, die Vorgabe der Anzahl der entstehenden



(a) 100 Superpixel

(b) 200 Superpixel

Abbildung 3.1: Abhängigkeit der Vorsegmentierung von der Anzahl der gewählten Superpixel (Bildausschnitt)

Regionen, ist somit zugleich auch ein deutliches Problem, denn die Information, die zur Segmentierung benötigt wird, ist im Allgemeinen nicht gleichmäßig im Bild verteilt. Neben Bereiche mit feinen Strukturen, wo eine größere Anzahl von Objekten nötig ist um die Bildinformation abzubilden, gibt es recht große, homogene Bereiche, wo deutlich weniger Objekte nötig sind. Die Bestimmung einer geeigneten Anzahl an Superpixel ist somit recht schwierig und erfordert das Abwägen zwischen einem Informationsverlust bei einer zu geringen Menge an Superpixeln und einem erhöhten Rechenaufwand bei einer zu großen Menge an Basisobjekten.

Abbildung 3.1 zeigt dieses Problem. Bei einer Aufteilung des Bildes in 100 Superpixel können vor allem der verstärkte Rand und die Blutgefäße schlecht vom umliegenden Parenchym abgegrenzt werden. Eine bessere Vorsegmentierung kann durch die Erhöhung der Superpixelanzahl erzielt werden, allerdings werden auch relativ homogene Bildabschnitte wie das Leberparenchym oder die Läsion am rechten oberen Rand weiter unterteilt.

Die Wasserscheidentransformation weist dieses Problem prinzipiell nicht auf, da keine maximale Anzahl an Regionen im Algorithmus verankert ist. Allerdings benötigt diese Variante der Bildsegmentierung einen größeren Aufwand in der Vorverarbeitung des Bildes. Wie in den Grundlagen beschrieben, können mit Hilfe der Wasserscheidentransformation entweder nur helle oder nur dunkle Bereiche unterschieden werden. Damit Kanten im Bild gefunden werden und der Algorithmus somit auch eine Segmentierung liefert, die sich an Kanten im Bild orientiert, müssen diese zunächst mittels geeigneter Filter herausgestellt werden. Anschließend kann über die Wahl der Vorflutung eine Segmentierung generiert werden, die den Anforderungen entspricht. Durch die Menge an existierenden Kantenfiltern und die Bestimmung einer geeigneten Größe zur Vorflutung sind im Gegensatz zu den Superpixeln deutlich mehr Parameter vorab zu bestimmen, die sich auf das Ergebnis auswirken können.

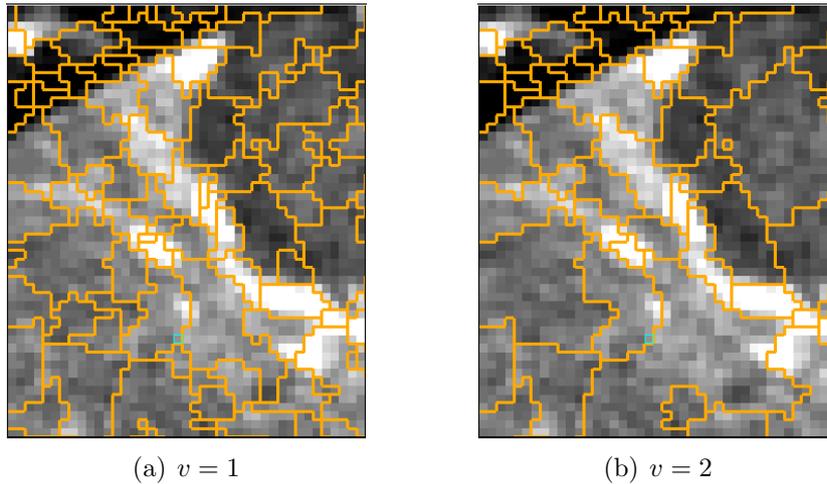


Abbildung 3.2: Abhängigkeit der Vorsegmentierung von der Vorflutung bei der Wasserscheidentransformation

Die Wasserscheidentransformation bietet über die Vorflutung allerdings auch einen interessanten Ansatzpunkt. Je kleiner der Wert der Vorflutung gewählt wird, desto kleiner werden die Regionen. Allerdings bleiben die Grenzen der großen Regionen erhalten, wenn der Parameter verkleinert wird. So lassen sich vorab größere Regionen weiter unterteilen, was einen Ansatz mit verschiedenen Leveln an Regionen - zum Beispiel grobe und feine Objekte - ermöglicht.

Die Auswirkungen der Vorflutungshöhe  $v$  sind beispielhaft in Abbildung 3.2 dargestellt. Zusätzlich ist zu erkennen, dass sich die Regionen in der Wasserscheidentransformation deutlich in Form und Größe unterscheiden, wodurch im Gegensatz zu den Superpixeln prinzipiell eine bessere automatische Anpassung an die Gegebenheiten des Bildes möglich ist.

Die Verwendung der Wasserscheidentransformation scheint damit für diese Arbeit sinnvoller.

### Vorverarbeitung

Um eine möglichst optimale Unterteilung mit Hilfe der Wasserscheidentransformation zu erzielen, ist wie erwähnt die Vorverarbeitung entscheidend. Damit der verwendete Kantenfiter auch tatsächlich nur Kanten im Bild und nicht das Rauschen herausstellt, ist eine Filterung zur Entfernung des Bildrauschens vorab nötig. Das wahrgenommene Rauschen hängt jedoch stark von der verwendeten Aufnahmetechnik ab und kann sich daher in den Bilddaten stark unterscheiden, wie Abbildung 3.3 zeigt. Dargestellt sind hier zwei Ausschnitte, die das Leberparenchym in zwei verschiedenen Fällen zeigen. Im Normalfall sollte dieses bis auf die vorhandenen Blutgefäße annähernd homogen sein, dennoch zeigt das rechte Bild eine deutlich höhere Standardabweichung.

Zur Wahl einer geeigneten Vorglättung müsste daher die tatsächliche Rauschstärke

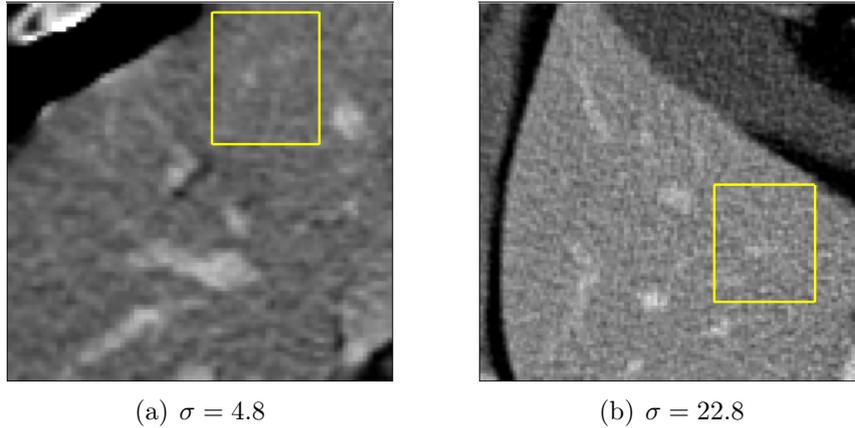


Abbildung 3.3: Zwei Aufnahmen der Leber, die unterschiedlich starkes Bildrauschen aufweisen. Die Standardabweichung  $\sigma$  wurde in den hervorgehobenen Bereichen bestimmt, die annähernd homogen sein sollten.

bestimmt werden, was allerdings das Wissen über die Lage - vom Rauschen abgesehen - homogener Bildbereiche erfordert, in denen sich das Rausche schätzen lässt. Eine manuelle Bestimmung dieser Gebiete ist wenig praktikabel und eine automatische Detektion schwierig. Die Bilder in dieser Arbeit werden daher nur wenig vorgeglättet, um möglichst viele Kanten und damit wichtige Informationen zu erhalten. Im Gegenzug muss dafür mit relativ kleinen Basisobjekten gerechnet werden, was besonders die Laufzeit beeinträchtigt.

Als praktikabel hat sich während der Entwicklung die Verwendung verschiedener Glättungsmethoden herausgestellt. Zunächst wird das Bild mit einem Sigmafilter der Größe  $3 \times 3 \times 1$  vorgeglättet, wobei  $\sigma = 5$  gewählt wird, was in etwa die kleinste beobachtete Standardabweichung in den gegebenen Testdaten darstellt. So sollen vor allem auch dünnere Kanten im Bild erhalten bleiben. Da auch die spätere Analyse zunächst nur auf den zweidimensionalen Schichten erfolgt, findet nur eine schichtweise Glättung statt. Auf diesem vorgeglätteten Bild werden die Kanten über die Norm des Gradienten im Bild bestimmt.

Anschließend wird auch das Kantenbild noch einmal mit einem Gaußfilter nachgeglättet, um schwache Kanten im Bild zu erwähnen, die vermutlich keinen echten Grenzen im Bild entsprechen. Hier erneut einen kantenerhaltenden Filter wie den Sigmafilter zu verwenden scheint wenig sinnvoll, da vor allem mit störendem, punkweisem Rauschen gerechnet wird, das zuvor nicht entfernt werden konnte. Für den zweidimensionalen Gaußfilter wird  $\sigma = 0.5$  Voxelinheiten verwendet, das heißt die Gewichte des (endlichen) Filters sind abgetastete Werte der Funktion

$$f(x, y) = \exp\left(-\frac{1}{2} \frac{x^2 + y^2}{0.5^2}\right), \quad (3.1)$$

die so skaliert sind, dass sich die Elemente zu eins aufsummieren.

Die anschließende Wasserscheidentransformation findet ohne Vorfüllung statt, da bereits durch den zweiten Glättungsschritt verhindert wird, dass die entstehenden Regionen zu klein sind, indem zu schwache Kanten entfernt werden.

Die Schritte zur Bestimmung der Basisobjekte lassen sich damit wie folgt zusammenfassen:

1. Vorglättung zur Rauschunterdrückung mit einem Sigmafilter der Größe  $3 \times 3 \times 1$  und  $\sigma = 5$
2. Kantendetektion über die Berechnung der Norm der Gradienten
3. Nachglättung des Kantenbildes mit einem Gaußfilter mit  $\sigma = 0.5$
4. Wasserscheidentransformation ohne Vorfüllung

## 3.2 Menschliche Wahrnehmung

Die objektbasierte Bildanalyse versucht ein Bild ähnlich wie ein menschlicher Betrachter zu untersuchen. Vor der Wahl geeigneter Merkmale und Klassifikatoren sollte demnach eine Untersuchung der menschlichen Wahrnehmung stehen. Vordergründig stellen sich die Fragen "Wie kann ein Mensch die Läsion erkennen?" und „Wie lässt sich die menschliche Wahrnehmung im Rahmen der Bildanalyse modellieren?“.

Das wohl wichtigste Merkmal zur Unterscheidung von Objekten im Bild ist die Intensität beziehungsweise die Verteilung der Grauwerte in den einzelnen Objekten. Am einfachsten lassen sich Regionen im Bild unterscheiden, wenn sie sich bereits in ihrem mittleren Grauwert deutlich unterscheiden. Hierbei sind Grenzen besser zu erkennen je größer der Unterschied im Mittelwert ist, wie Abbildung 3.4(a) zeigt. Aber auch Regionen mit gleichem Mittelwert lassen sich durchaus unterscheiden, wenn sich die Streuung der Intensitäten um den Mittelwert unterscheidet, wie Abbildung 3.4(b) zeigt. Auch hier gilt, je größer der Unterschied ist, desto einfacher fällt die Unterscheidung.

Auch Momente höherer Ordnung können zur Abgrenzung herangezogen werden. So unterscheiden sich die beiden Bildhälften in 3.5 in Mittelwert und Standardabweichung kaum, wohl aber in der Schiefe ihrer Intensitätsverteilungen, wie die Histogramme andeuten. Solche schiefen Verteilungen sind auch in den Basisobjekten bei der Segmentierung von Leberläsionen zu erwarten, da es kaum "harte" Kanten in CT-Bildern gibt. Aufgrund der Diskretisierung ist der Übergang zwischen Bereichen mit relativ hohen Intensitätsunterschieden - wie zum Beispiel zwischen Leber und Bauchraum - fließend und das Bestimmen einer eindeutigen Grenze kaum möglich. Objekte in diesen Bereichen enthalten deshalb oft einige Bildpunkte mit ungewöhnlich hohen oder niedrigen Grauwerten, die sich auf die Verteilungen der Grauwerte auswirken.

Die Beschreibung der Intensitätsverteilung über Mittelwert und Standardabweichung ist in diesen Fällen wenig aussagekräftig, da sich der wahrgenommene Unterschied nicht abbilden lässt. Während dieser Arbeit werden daher die Quartile zur Beschrei-



(a)  $\bar{I}(o_1) = 50$ ,  $\bar{I}(o_2) = 150$ ,  $\bar{I}(o_3) = 175$



(b)  $\bar{I}(o_1) = \bar{I}(o_2) = \bar{I}(o_3) = 150$ ,  $\sigma(o_1) = 25$ ,  $\sigma(o_2) = 5$ ,  $\sigma(o_3) = 10$

Abbildung 3.4: Einfluss von Mittelwert und Standardabweichung auf die Unterscheidbarkeit von Bildregionen

Abbildung bevorzugt. Im dargestellten Fall ergibt sich

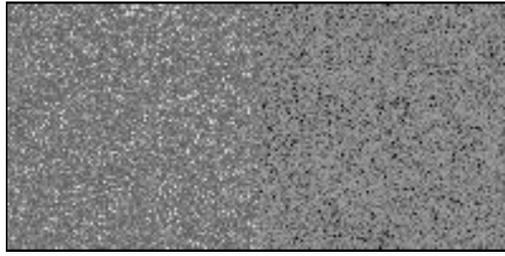
$$\begin{aligned} \tilde{I}_{0.25}(o_1) &= 131, \tilde{I}_{0.5}(o_1) = 145, \tilde{I}_{0.75}(o_1) = 164 \\ \tilde{I}_{0.25}(o_2) &= 137, \tilde{I}_{0.5}(o_2) = 155, \tilde{I}_{0.75}(o_2) = 169, \end{aligned}$$

und die Bildhälften lassen sich bereits direkt über die Mediane unterscheiden. Mit Hilfe der oberen und unteren Quartile und ihrem Abstand zum Median können sogar Aussagen zur Schiefe der Verteilungen gemacht werden ohne weitere Kennzahlen bestimmen zu müssen.

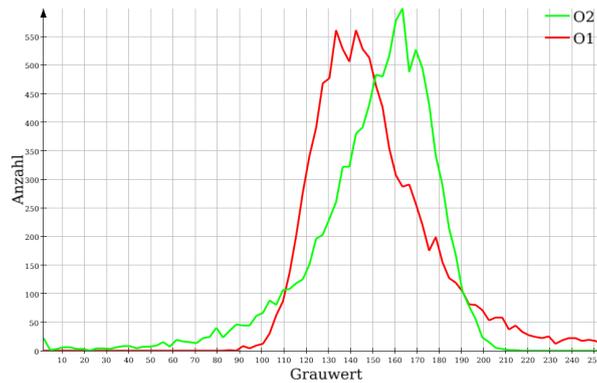
Ein weiteres wichtiges Merkmal, das ein menschlicher Betrachter zur Unterscheidung von Bildern beziehungsweise Bildbereichen verwendet ist die Textur, also die räumliche Verteilung der Grauwerte. Trotz kaum unterscheidbarer Intensitätsverteilungen der beiden Bildhälften in Abbildung 3.6 lassen sich diese klar anhand der gegebenen Textur abgrenzen.

Die gegebenen Testdaten wurden hinsichtlich verwendbarer Texturmerkmale sowohl mit der *Neighborhood Graytone Difference Matrix* als auch mit den *Local Binary Pattern* (siehe Kapitel 2.3.3) untersucht, ohne dass signifikante Unterschiede zwischen den Objekten der Läsion und denen des Hintergrunds festgestellt werden konnten.

Texturmerkmale werden zumeist auf größeren Flächen im Bild definiert und extrahiert. Die relativ klein gewählten Basisobjekte erschweren somit eine sinnvolle Bestimmung der Textur. Zudem wird davon ausgegangen, dass die CT-Aufnahmen der Leber eher durch Bildrauschen als durch tatsächliche Texturen dominiert werden. Merkmale, die



(a)  $\bar{I}(o_1) \approx \bar{I}(o_2) \approx 150, \sigma(o_1) \approx \sigma(o_2) \approx 28$



(b) Histogramm

Abbildung 3.5: Momente höherer Ordnung als Merkmale zur Abgrenzung von Bildbereichen

versuchen die Textur zu beschreiben, werden daher im weiteren Verlauf der Arbeit nicht weiter betrachtet.

Von Interesse für die Bildsegmentierung ist nun eine Bestimmung, wann sich zwei Objekte so stark unterscheiden, dass sie zu verschiedenen Bildsegmenten gehören. An dieser Stelle spielen neben den vorgestellten Merkmale auch noch andere Eigenschaften wie die Form der Basisobjekte und der gesamten Läsion, das heißt dem Zusammenschluss mehrerer Basisobjekte, eine entscheidende Rolle.

Zum Beispiel beeinflusst die Größe der Objekte die Wahrnehmung, wie Abbildung 3.7 zeigt. Je größer das Objekt, desto leichter fällt die Abgrenzung zu umliegenden Bereichen. Während kleinräumige Abweichungen von der Umgebung durchaus durch Rauschen oder Bildartefakte verursacht sein können, können größere Strukturen auch bei geringen Unterschieden abgegrenzt werden.

Zudem hängt die Trennung von Bildbereichen immer auch von den Erwartungen an das Aussehen des gesuchten Objektes ab. Abbildung 3.8 zeigt neben dem dunkleren Objekt noch einen zweiten helleren Bildbereich, der sich deutlich vom Hintergrund abhebt. Ob diese beiden Objekte nun zusammengehören oder zu trennen sind, ist von den Annahmen an Form und Grauwerten oder in der Nähe zu erwartenden Strukturen abhängig.

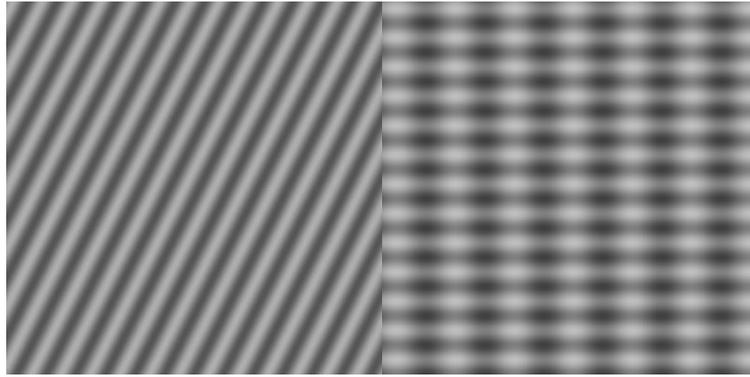


Abbildung 3.6: Textur als Merkmal zur Abgrenzung von Bildbereichen

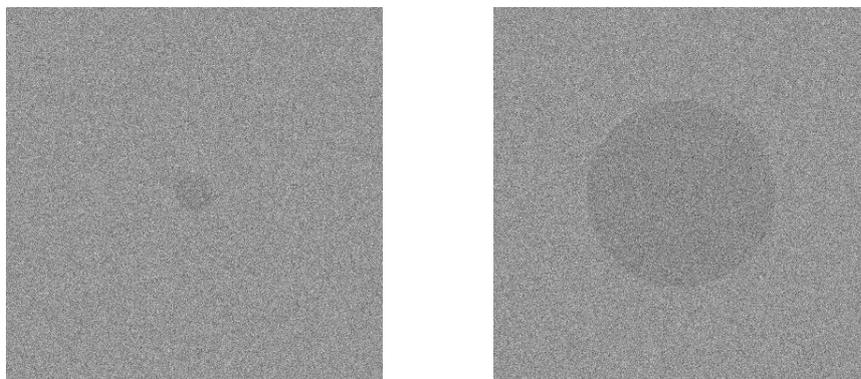


Abbildung 3.7: Einfluss der Größe auf die Unterscheidbarkeit von Bildbereichen

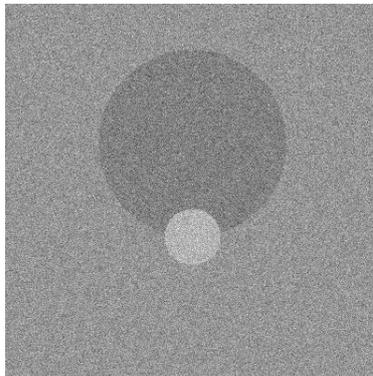


Abbildung 3.8: Einfluss der Erwartung an das Erscheinungsbild auf die Segmentierung: Abhängig von den Annahmen an das gesuchte Objekt, lässt sich der hellere Bereich dem Objekt oder dem Hintergrund zuordnen.

Übertragen auf die Segmentierung eines Tumors könnte der hellere Bereich einem hyperdensen Einschluss entsprechen und sollte daher mitsegmentiert werden. Auf der

anderen Seite ist es möglich, dass dieser Bereich ein Blutgefäß darstellt, was dementsprechend nicht mitsegmentiert werden sollte.

Das Ziel der objektbasierten Bildanalyse ist damit die Kombination möglicher Eigenschaften und des Wissens über das typische Erscheinungsbild von Tumoren, um eine möglichst gute Segmentierung der Läsionen zu gewährleisten.

### 3.3 Zweidimensionale Segmentierung

Zu Beginn sollen zunächst verschiedene Ansätze zur zweidimensionalen Segmentierung vorgestellt werden, denn auch ein menschlicher Betrachter wird aus Gründen der Darstellbarkeit das Problem hauptsächlich zweidimensional betrachten und sich ein Bild von der räumlichen Struktur durch die Analyse der einzelnen Schichten machen. Soll also versucht werden die menschliche Wahrnehmung nachzubilden, so bietet es sich an, direkt auf den zweidimensionalen Schichten zu arbeiten.

Ein weiterer Grund ist der Ausgangspunkt der Segmentierung: Der Strich des Benutzers, mit dem die gesuchte Läsion markiert wird. Dieser vermittelt nicht nur ein Bild von der Lage und der ungefähren Größe der Läsion, sondern liefert auch entscheidende Informationen über die Verteilung der Intensitäten im Tumor.

Der Strich ergibt sich im Wesentlichen auf der Basis der Informationen aus der Schicht, in der er liegt. Schon in dieser Startschicht kann der Tumor durch einen einfachen eindimensionalen Strich nur approximiert werden. Die enthaltene dreidimensionale Information wird noch geringer sein, da sie bei der Wahl des Striches nur eine untergeordnete Rolle spielt.

Die Wahl des Striches zur Initialisierung der Segmentierung bedeutet keinen Mehraufwand bei der Bestimmung von Tumorgrößen, denn Standard ist auch heute noch die Verwendung des größten Durchmessers zur Annäherung der Größe des Tumors und es gilt deshalb diesen zu bestimmen. Das hier entwickelte Verfahren zur Segmentierung auf Basis der objektbasierte Bildanalyse kann damit problemlos in den üblichen Arbeitsfluss aufgenommen werden.

Für ein möglichst optimales Segmentierungsergebnis sollte der Strich des Benutzers in etwa durch den Mittelpunkt der Läsion verlaufen, dem größten Durchmesser entsprechen und möglichst das gesamte Intensitätsspektrum abdecken. Die perfekte Erfüllung aller Anforderungen wird zwar in den seltensten Fällen möglich sein, dennoch liefert der Strich im Allgemeinen eine solide Grundlage für die Segmentierung.

Mit gegebenem Start- und Endpunkt des Benutzerstriches

$$\mathbf{x}_{Start} = (x_{Start}, y_{Start}, z_{Start}) \quad \text{beziehungsweise} \quad \mathbf{x}_{End} = (x_{End}, y_{End}, z_{End})$$

ergeben sich bereits erste grundlegende Informationen, die in den folgenden Varianten zur Segmentierung eine wichtige Rolle spielen. Hierzu gehören der geschätzte Durch-

messer der Läsion

$$\begin{aligned} d_L &= \|\mathbf{x}_{Start} - \mathbf{x}_{End}\|_2 \\ &= \sqrt{(x_{Start} - x_{End})^2 + (y_{Start} - y_{End})^2 + (z_{Start} - z_{End})^2} \end{aligned} \quad (3.2)$$

und der Mittelpunkt

$$\mathbf{x}_M = \frac{1}{2} (\mathbf{x}_{Start} + \mathbf{x}_{End}). \quad (3.3)$$

Es sollte erwähnt werden, dass für eine korrekte Bestimmung der Länge, die Punkte in Weltkoordinaten gegeben sein müssen oder die reale Größe der Bildpunkte beachtet werden muss. Im Folgenden seien daher alle Angaben in Weltkoordinaten, sofern nicht explizit etwas anderes erwähnt wird.

Im Folgenden werden nun drei Methoden vorgestellt, die eine zweidimensionale Segmentierung ermöglichen und verschiedene Ansätze verfolgen. Bei der Randdetektion wird explizit der Bereich gesucht, der die Läsion von seiner Umgebung abgrenzt. Im Gegensatz dazu werden bei der Klassifikation auf Basis des Benutzerstriches die Eigenschaften der gesamten Läsion betrachtet. Abschließend wird eine Variante auf Basis eines Region Growing Algorithmus untersucht, bei der ausgehend von einer Startmenge, die als Läsion bekannt ist, ähnliche Basisobjekte zu der Segmentierung hinzugekommen werden.

### 3.3.1 Randdetektion

Bei der Segmentierung wird ein gesuchtes Objekt von seiner Umgebung abgegrenzt. Es kann also davon ausgegangen werden, dass sich das Objekt lokal anhand bestimmter Merkmale vom Hintergrund abhebt und somit allein über den Rand definiert werden kann. Bei Kenntnis des Randes kann problemlos auf die gesamte Läsion geschlossen werden, wenn davon ausgegangen wird, dass sie keine Löcher enthält.

Die erste hier vorgestellte Methode zur zweidimensionalen Segmentierung der Startschicht beruht deshalb auf der Detektion des Objektrandes. Ausgangspunkt ist auch hier der Strich des Benutzers. Durch Start- und Endpunkt wird die Größe des Objektes bestimmt, diese beiden Punkte sollten dementsprechend bereits im Randbereich des Objektes liegen und zwei der Randregionen lassen sich damit über

$$l_1 \in \mathcal{O} \text{ mit } \mathbf{x}_{Start} \in l_1 \quad \text{und} \quad l_2 \in \mathcal{O} \text{ mit } \mathbf{x}_{End} \in l_2$$

definieren.

Problematisch ist die Definition von  $l_i$ , wenn der gesetzte Strich ungenau ist oder die Abgrenzung zwischen Objekt und Hintergrund weniger stark ausgeprägt ist und die gewählten Basisobjekte somit sowohl Läsions- als auch Hintergrundbereiche umfassen. Um zu vermeiden, dass auf diese Weise bereits fälschlicherweise Teile des Hintergrunds

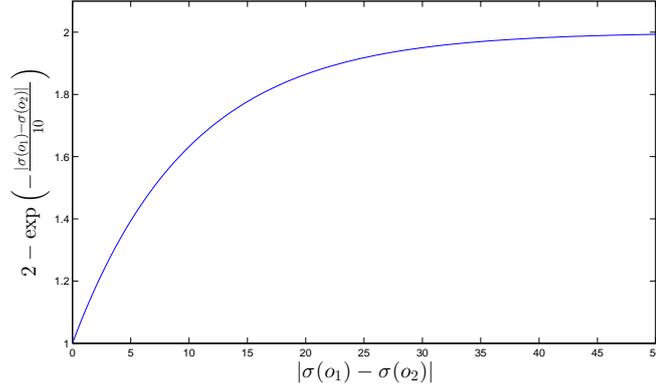


Abbildung 3.9: Funktion zur Gewichtung des Unterschiedes in den Medianen zur Bestimmung der Ähnlichkeit zwischen zwei Objekten

markiert werden, erfolgt die Bestimmung der Randregionen etwas pessimistischer:

$$\begin{aligned}
 l_1 &\in \mathcal{O} \text{ mit } \mathbf{x}_{Start} + \frac{1}{10}(\mathbf{x}_{End} - \mathbf{x}_{Start}) \in l_1 \text{ und} \\
 l_2 &\in \mathcal{O} \text{ mit } \mathbf{x}_{Start} + \frac{9}{10}(\mathbf{x}_{End} - \mathbf{x}_{Start}) \in l_2,
 \end{aligned} \tag{3.4}$$

indem „unsichere“ Bereiche des Striches ignoriert werden.

Ausgehend von diesen Regionen wird der Strich des Benutzers nun in den Hintergrund verlängert. Wird dabei eine neue Region gefunden, muss zunächst entschieden werden, ob diese - aufgrund der konservativeren Initialisierung - noch zum Objekt gehört oder bereits den Hintergrund darstellt. Hierzu wird ein Distanzmaß  $s : \mathcal{O} \times \mathcal{O} \rightarrow \mathbb{R}_0^+$  zwischen zwei Objekten definiert:

$$s(o_1, o_2) = \frac{|\tilde{I}_{0.5}(o_1) - \tilde{I}_{0.5}(o_2)|}{\min(\sigma(o_1), \sigma(o_2))} \left( 2 - \exp\left(-\frac{|\sigma(o_1) - \sigma(o_2)|}{10}\right) \right). \tag{3.5}$$

Dieses Maß bewertet die Ähnlichkeit zwischen zwei Objekten auf der Basis der Intensitätsverteilungen und es gilt, je größer der Unterschied im mittleren Grauwert ist, desto größer ist auch ihr Abstand. Zusätzlich wird die Distanz zwischen den Objekten durch die Standardabweichung beeinflusst. Diese gibt an, wie vertrauenswürdig der Unterschied in den Mittelwerten ist. Bei kleiner Standardabweichung ist es wahrscheinlich, dass sich die Objekte auch bei relativ kleinem Unterschied nicht sehr ähnlich sind, während bei großen Standardabweichungen auch ein größerer Abstand in den Mittelwerten kein Indiz für eine stark unterschiedliche Verteilung in den Objekten sein muss. Um diesen Umstand zu berücksichtigen, wird der Abstand der Mittelwerte deshalb mit der kleineren Standardabweichung gewichtet.

Zudem kann auch die Standardabweichung an sich bereits ein Maß für die Ähnlichkeit

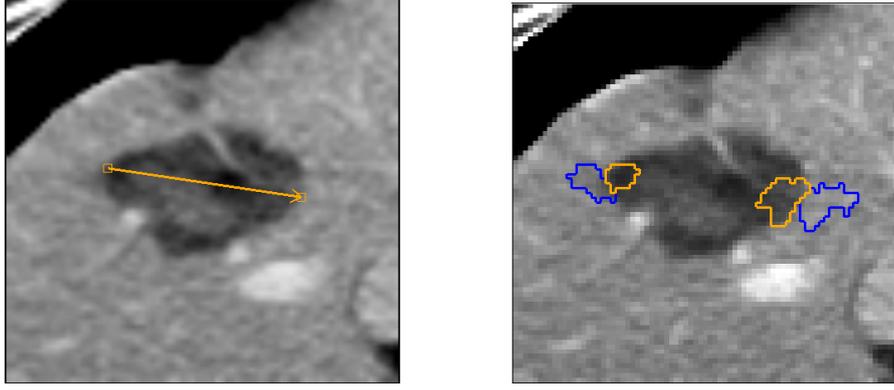


Abbildung 3.10: Benutzerstrich und Initialisierung der Randdetektion. Die Randregionen des Objekts sind in orange, Hintergrundobjekte in blau dargestellt.

darstellen. Zwei Objekte, die sich im Mittelwert ähneln, können sich dennoch stark anhand der Standardabweichungen unterscheiden (siehe auch Kapitel 3.2). Der wahrgenommene Unterschied in den Standardabweichungen fällt jedoch weitaus geringer aus und ist auch vom allgemeinen Level des Rauschens im Bild abhängig. An dieser Stelle wurde sich deshalb dafür entschieden, dass dieser Abstand lediglich den bereits vorhanden Unterschied der Mediane verstärkt. Abbildung 3.9 zeigt die hierfür verwendete Funktion. Abhängig vom Unterschied, wird der Abstand aus den Mittelwerten maximal verdoppelt.

Ein neu gefundenes Objekt  $o$  wird nun auf Basis des Distanzmaßes  $s$  klassifiziert:

$$o \in \begin{cases} \mathcal{L} & \text{falls } s(o, l_i) \leq tol_s \wedge \|\mathbf{x}_S(o) - \mathbf{x}_M\|_2 \leq 1.2 \cdot d_L/2 \\ \mathcal{H} & \text{sonst,} \end{cases} \quad (3.6)$$

wobei sich experimentell  $tol_s = 1.5$  als sinnvolle Toleranz erwiesen hat. Zur Sicherheit wird zusätzlich der Abstand des Schwerpunktes von  $o$  zum Mittelpunkt des Benutzerstriches verwendet, um ein allzu großes Auslaufen der Kontur zu verhindern, falls der Unterschied in den Intensitäten zwischen Objekt und Hintergrund zu gering ist. Das verwendete Vergleichsobjekt  $l_i$  hängt von der Richtung ab, in die der Strich verlängert wird, und wird bei der Klassifizierung von  $o$  als Läsion entsprechend angepasst.

Das Ergebnis sind zwei Randregionen des Objektes, sowie zwei angrenzende Hintergrundregionen, wie in Abbildung 3.10 illustriert.

Die Idee der Randdetektion basiert nun auf der Tatsache, dass der Rand eines zweidimensionalen Objektes einfach abgelaufen werden kann, indem die Randregionen der Reihe nach betrachtet werden. Zu einem bekannten Paar aus Läsions- und Hintergrundregionen wird dazu ein gemeinsamer Nachbar untersucht und nach seinen Eigenschaften entweder der Läsion oder dem Hintergrund zugeordnet. Mit dem neuen Paar kann dieser Vorgang solange wiederholt werden, bis das gesuchte Objekt einmal

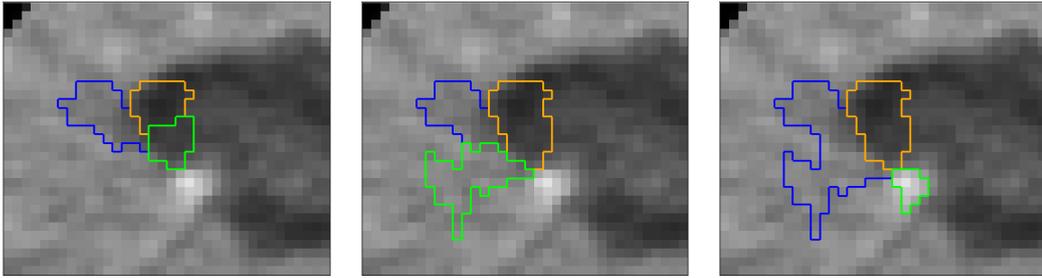


Abbildung 3.11: Erste Schritte der Randdetektion:

Die grün gekennzeichnete Region wird nach ihren Eigenschaften als Läsion oder Hintergrund klassifiziert und das nächste benachbarte Objekt untersucht.

umrundet ist. Abbildung 3.11 zeigt exemplarisch die ersten Schritte der Randdetektion zur Verdeutlichung.

Um eine korrekte Bestimmung des Randes zu gewährleisten, ist es wichtig, dass die Regionen richtig klassifiziert werden. Hierbei hat sich eine Mischung verschiedener Merkmale bewährt. Eine wichtige Eigenschaft ist die Entfernung des Objektes zum Mittelpunkt des Striches. So wird gewährleistet, dass die Läsion beschränkt bleibt auch wenn der Rand nicht komplett bestimmt werden kann.

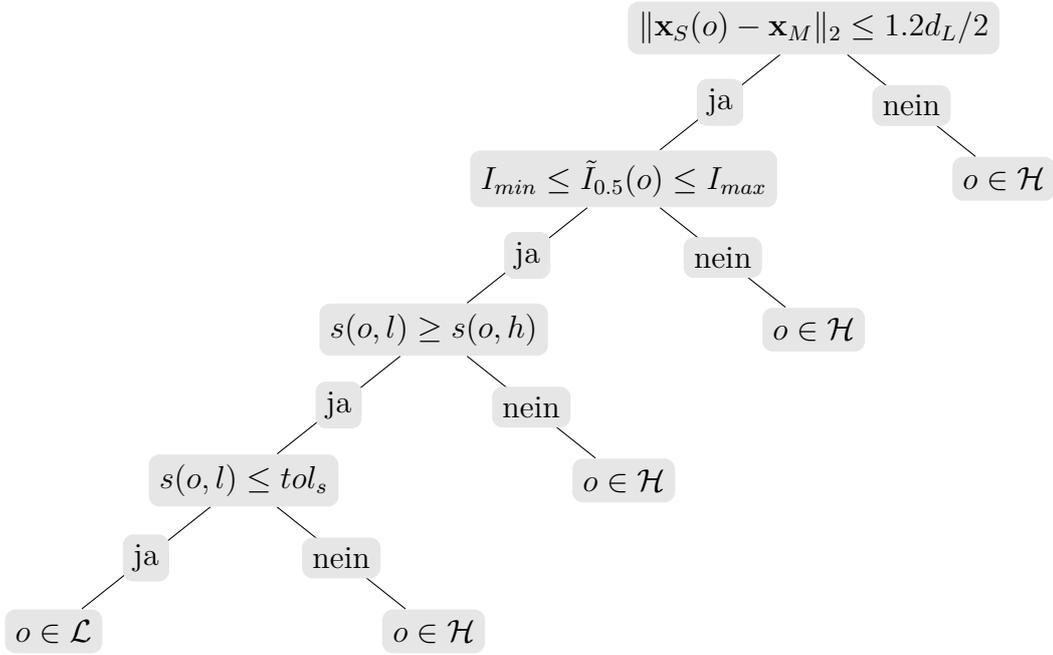
Ist die Entfernung des Objektes nicht zu groß, wird die Intensitätsverteilung betrachtet. Hierbei sollte der mittlere Grauwert im Bereich des Benutzerstriches liegen, der durch die Intensitäten der Bildpunkte auf dem Strich definiert wird:

$$\begin{aligned}
 I_{min} &= \min_{0.1 \leq s \leq 0.9} I(\mathbf{x}_{Start} + s(\mathbf{x}_{End} - \mathbf{x}_{Start})) \\
 I_{max} &= \max_{0.1 \leq s \leq 0.9} I(\mathbf{x}_{Start} + s(\mathbf{x}_{End} - \mathbf{x}_{Start}))
 \end{aligned}
 \tag{3.7}$$

Da hier einzelne Bildpunkte ausschlaggebend sind und im Objekt lediglich der Median betrachtet wird, sollte dieser Bereich ausreichend groß sein, um die Intensitäten in der Läsion zu charakterisieren. Objekte, deren Mittelwert außerhalb dieses Bereiches liegen, werden prinzipiell dem Hintergrund zugeordnet.

Bei Objekten, die hinsichtlich ihres Mittelwertes und der Lage im Bild noch als Teil der Läsion in Frage kommen, spielt anschließend die Distanz  $s$  zu dem benachbarten Läsions- beziehungsweise Hintergrundobjekt die entscheidende Rolle zur Klassifikation. Ist die betrachtete Region weder dem Hintergrund noch dem Objekt wirklich ähnlich, wird sie dem Hintergrund zugeordnet, um eine Überschätzung der Läsion zu verhindern.

Die Klassifikation erfolgt somit anhand des folgenden Entscheidungsbaumes.  $o$  sei hierbei die zu klassifizierende Region,  $l$  und  $h$  die benachbarten Regionen aus Läsion und Hintergrund.



Im Idealfall ist das Bild nach dem Schritt der Randdetektion wie in Abbildung 3.12 unterteilt. Die fehlenden Regionen innerhalb der Läsion lassen sich iterativ über

$$\mathcal{L} = \mathcal{L} \cup \{o \in \mathcal{O} \setminus \mathcal{H} \mid \exists \hat{o} \in \mathcal{L} \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N}\} \quad (3.8)$$

bestimmen, da die Läsion nach außen durch bereits bekannte Hintergrundregionen begrenzt ist.  $\mathcal{N} \subset \mathcal{O} \times \mathcal{O}$  beschreibt hierbei die Menge der benachbarten Regionen. Im Anschluss kann die gefundene Region nach Bedarf weiter bearbeitet werden, um das Ergebnis der Segmentierung weiter zu verbessern.

### Schwierigkeiten

Das Verfahren zur Randdetektion funktioniert recht gut, wenn der Rand der Läsion wie im gezeigten Beispiel relativ homogen und idealerweise vollständig hypodens oder hyperdens gegenüber den umliegenden Bildregionen ist. Schwieriger ist die Verfolgung des Randes, wenn sich die Intensitäten im Hintergrund stark unterscheiden. Abbildung 3.13 zeigt dieses Problem, das vor allem am Rand der Leber auftritt. Während die Leber hellere Grauwerte als die Läsion aufweist, ist der angrenzende Bauchraum deutlich dunkler. Beim Übergang zeigt das Distanzmaß in 3.5 damit eine falsche Ähnlichkeit zum Objekt an. Greifen in diesem Fall nicht die übrigen Sicherheitsabfragen, kann der Rand nicht sinnvoll weiterverfolgt werden. Während die linke Läsion sich wohl noch mit Hilfe von weiteren Schritten recht gut segmentieren lässt, gestaltet sich dies beim mittleren Tumor bereits schwieriger, da ein erheblicher Teil des Bildes bereits falsch klassifiziert wurde.

Die Läsion auf der rechten Seite hingegen zeigt ein zweites Problem, das auftreten kann, wenn sich Läsion und Hintergrund weniger stark unterscheiden, da das Verfahren

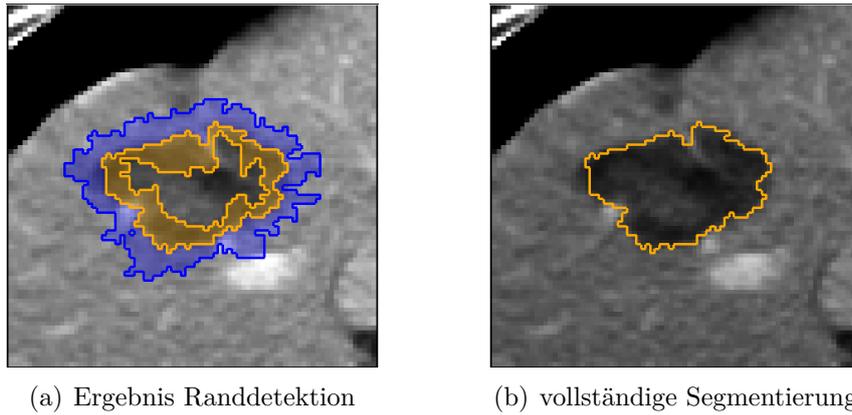


Abbildung 3.12: Ergebnis der Randdetektion und vollständige Segmentierung der Läsion. Die gefundene Läsion ist orange markiert, der Hintergrund blau.

zur Randdetektion vor allem auf dem Vergleich der Intensitätsverteilungen in den Basisobjekten beruht. In diesem Fall wurde ausgehend von den zwei ursprünglichen Paaren aus Objekt und Hintergrund kein zusammenhängender Rand gefunden, da sich Läsion und Leberparenchym zu stark ähneln.

In diesem Zusammenhang ist auch die starke Abhängigkeit vom Benutzerstrich zu erwähnen, denn das Ergebnis beruht maßgeblich auf der initialen Bestimmung der Randregionen. Besonders bei schwach abgegrenzten Tumoren ist diese Bestimmung bereits sehr schwierig. Nicht nur Ungenauigkeiten in der Markierung durch den Benutzer spielen hier eine Rolle, sondern auch die Vorsegmentierung an sich. Je geringer der Unterschied zum Hintergrund in den Intensitäten ausfällt, desto unwahrscheinlicher ist es, dass die Basisobjekte die gesuchten Ränder des Tumors widerspiegeln. Stattdessen können recht große Objekte entstehen, die sowohl Bildpunkte der Läsion als auch des Hintergrundes enthalten. Startet das Verfahren jedoch mit falsch klassifizierten Regionen ist kaum ein sinnvolles Ergebnis zu erwarten.

Hinzu kommt der recht große rechnerische Aufwand des Verfahrens. Jeder Schritt benötigt mindestens eine Datenbankabfrage, da für ein bekanntes Paar aus Läsions- und Hintergrundobjekt bestimmt werden muss, ob diese Kombination bereits untersucht wurde und welche benachbarten Regionen gegebenenfalls noch klassifiziert werden müssen.

Alles in allem hat sich die Methode zur Randdetektion als wenig praktikabel herausgestellt, obwohl sich das Verfahren sicherlich noch verbessern lässt. Denkbar wäre zum Beispiel die Integration lokaler Formmerkmale der Läsion, die bisher außer Acht gelassen wurden. Mit den klassifizierten (Rand-)Objekten ist bereits ein Teil der Grenze zwischen Läsion und Hintergrund bekannt. Über Annahmen an die Krümmung des Randes könnte die Klassifikation weiterer Objekte verbessert werden, indem der weitere Verlauf der Grenze geschätzt wird. Besonders konkave Bereiche mit zu starker Krümmung, wie sie in 3.13 auftreten, könnten so vermieden werden.

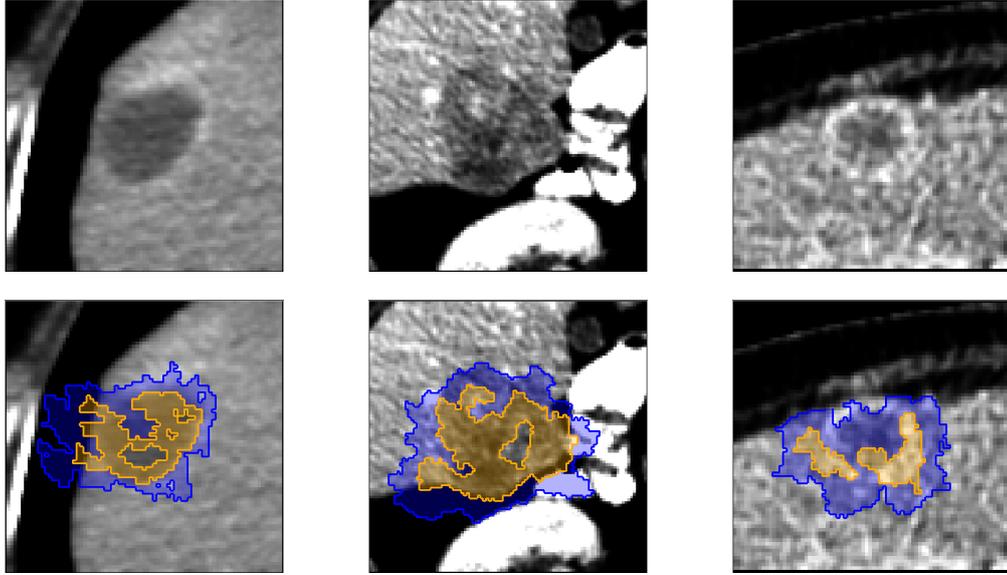


Abbildung 3.13: Problematische Fälle der Randdetektion

### 3.3.2 Klassifikation auf Basis des Benutzerstriches

Im vorherigen Verfahren zur Segmentierung der Startschicht wurden nur wenige Informationen des Benutzerstriches genutzt: Die Intensitäten der Bildpunkte auf dem Strich und die Eigenschaften der Objekte an den Enden. Unter der Annahme, dass der Strich vollständig in der gesuchten Läsion liegt, können jedoch bereits deutlich mehr Objekte als Läsion klassifiziert werden. Hierzu wird zunächst die Menge an Bildpunkten auf dem Strich definiert:

$$S_L = \{\mathbf{x} = (x, y, z_{Start}) \in \mathcal{P} \mid \exists s \in [0.1, 0.9] \text{ mit } \mathbf{x} = \mathbf{x}_{Start} + s(\mathbf{x}_{End} - \mathbf{x}_{Start})\} \quad (3.9)$$

Auch hier werden aus Gründen der sicheren Zuweisung zur Läsion jeweils 10% des Striches zu Beginn und am Ende ignoriert.

Gleichzeitig liefert der Strich auch Informationen zum Hintergrund. Wird er verlängert, umfasst er eine Menge an Bildpunkten des Hintergrundes, die sich analog als

$$S_H = \{\mathbf{x} = (x, y, z_{Start}) \in \mathcal{P} \mid \exists s \in [-0.3, -0.1] \cup [1.1, 1.3] \text{ mit } \mathbf{x} = \mathbf{x}_{Start} + s(\mathbf{x}_{End} - \mathbf{x}_{Start})\} \quad (3.10)$$

definieren lässt.

Eine Ausgangsmenge an Basisobjekten, die der Läsion zugeordnet werden können, ergibt sich damit als

$$L_S = \{o \in \mathcal{O} \mid o \cap S_L \neq \emptyset \wedge o \cap S_H = \emptyset\} \quad (3.11)$$

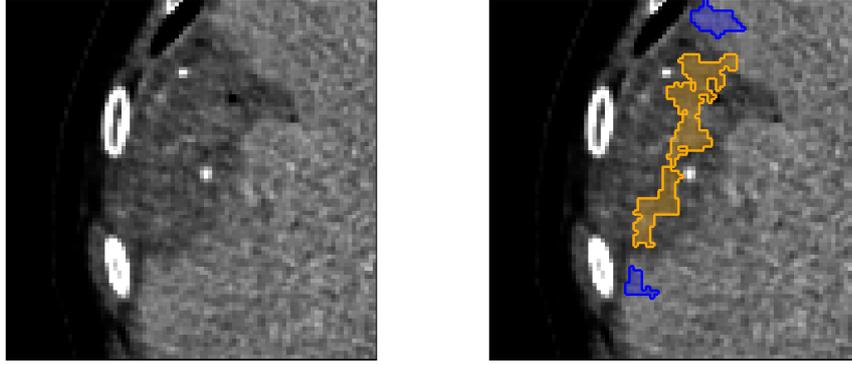


Abbildung 3.14: Erste Klassifikation auf Basis des Benutzerstriches. Die gefundene Läsion unter dem Strich ist orange markiert, der Hintergrund unter dem verlängerten Strich blau.

während die ersten durch den Strich bestimmten Hintergrundregionen in

$$H_S = \{o \in \mathcal{O} \mid o \cap S_L = \emptyset \wedge o \cap S_H \neq \emptyset\} \quad (3.12)$$

gesammelt werden.  $L_S$  und  $H_S$  umfassen damit die Objekte, die die entsprechenden Bildpunkte auf dem Strich enthalten. Gleichzeitig kann verhindert werden, dass übergroße Basisobjekte, die sowohl Bereiche der Läsion als auch des Hintegrundes enthalten, vorab (möglicherweise falsch) zugewiesen werden. Ein Beispiel für diese Initialisierung ist in Abbildung 3.14 gegeben.

Auf der Basis dieser bereits zugeordneten Regionen kann nun die Klassifikation von Basisobjekten in einem definierten Bereich um den Strich erfolgen. Im Gegensatz zur Randdetektion ist somit nur eine einzige (größere) Datenbankabfrage nötig.

Die Klassifikation erfolgt dabei anhand verschiedener Merkmale, die sich aus den Intensitätsverteilungen in den Objekten bestimmen. Ähnlich wie bei der Randdetektion wird zunächst aus dem Strich ein Bereich geschätzt, in dem die (mittleren) Intensitäten der Läsion liegen. Hierzu werden nicht nur die Punkte auf dem Strich verwendet, sondern alle Regionen, die durch den Strich als Läsion markiert wurden. Es gilt also

$$\begin{aligned} I_{min} &= \min_{o \in L_S} \left( \tilde{I}_{0.5}(o) \right) - 20 \\ I_{max} &= \max_{o \in L_S} \left( \tilde{I}_{0.5}(o) \right) + 20, \end{aligned} \quad (3.13)$$

wobei eine Vergrößerung des Bereiches erfolgt, um eine Unterschätzung zu vermeiden. Basisobjekte in der Läsion sollten in diesem Bereich liegen und sich gleichzeitig von den Objekten im Hintergrund unterscheiden. Auch eine Einschränkung der möglichen Objekte über den Abstand zum Strich ist sinnvoll, um direkt die Klassifizierung von Strukturen, die weiter entfernt liegen, aber ähnlich wie der Tumor aussehen, zu

vermeiden. Eine erste einfache Schätzung der Läsion kann somit über

$$\begin{aligned} \mathcal{L}_1 = L_S \cup \{o \in \mathcal{O} \mid & \tilde{I}_{0.5}(o) \in [I_{min}, I_{max}] \\ & \wedge \forall \hat{o} \in H_S \text{ gilt } |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| > 10 \\ & \wedge \|\mathbf{x}_S(o) - \mathbf{x}_M\|_2 \leq 1.2 \cdot d_L/2\} \end{aligned} \quad (3.14)$$

erfolgen.

Strukturen im Bild, die dichter an der Läsion liegen und ähnliche Intensitäten aufweisen, können so bisher nicht abgegrenzt werden und werden deshalb ebenfalls der Läsion zugeordnet, wie Abbildung 3.15(a) zeigt. Es kann jedoch davon ausgegangen werden, dass der gesuchte Tumor - zumindest in der Startschicht - zusammenhängend ist, so dass es genügt alle Regionen zu bestimmen, die nicht mit den Basisobjekten auf dem Strich in Verbindung stehen.

Hierzu muss untersucht werden, ob von einem Objekt  $o \in \mathcal{L}_1$  der Läsion ein Objekt  $\hat{o} \in S_L$  auf dem Strich erreicht werden kann. Dies ist der Fall, wenn es eine Reihe von Objekten  $o_1, \dots, o_n \in \mathcal{L}_1$  mit  $(o, o_1), (o_1, o_2), \dots, (o_{n-1}, o_n), (o_n, \hat{o}) \in \mathcal{N}$  gibt. Diese Abfolge von benachbarten Basisobjekten in der Läsion

$$w_{\mathcal{L}_1}(o, \hat{o}) = (o, o_1, \dots, o_n, \hat{o}) \quad (3.15)$$

wird *Weg* von  $o$  nach  $\hat{o}$  in  $\mathcal{L}_1$  genannt. Die gesuchte Läsion kann also über

$$\mathcal{L}_2 = \{o \in \mathcal{L}_1 \mid \exists \hat{o} \in L_S \text{ mit } w_{\mathcal{L}_1}(o, \hat{o})\} \quad (3.16)$$

verfeinert werden, was in Abbildung 3.15(b) dargestellt ist. Effektiv kann dies im gegebenen Framework über das Verschmelzen der Basisobjekte in  $\mathcal{L}_1$  gelöst werden. Regionen werden zusammengefasst, falls sie in der bisher bestimmten Läsion liegen und benachbart sind. Vom Benutzerstrich isolierte Objekte lassen sich so direkt erkennen und aus der Läsion entfernen.

Abschließend müssen die Löcher in der gefundenen Läsion geschlossen werden. Diese können entstehen, wenn der Tumor Regionen enthält, deren Intensitäten nicht zu denen auf dem Strich passen oder wenn diese in einer inhomogenen Läsion den Intensitäten des Hintergrundes zu nahe kommen. Eine Möglichkeit die Objekte zu bestimmen, die diese Löcher darstellen, ist die Bestimmung der gemeinsamen relativen Grenze  $r_L(o) \in [0, 1]$  zwischen dem betrachteten Objekt  $o$  und den umliegenden Regionen, die bereits als Läsion klassifiziert wurden. Es gilt

$$r_L(o) = \frac{1}{g(o)} \sum_{\hat{o} \in \mathcal{N}(o) \cap \mathcal{L}_2} g(o, \hat{o}) \quad (3.17)$$

wobei  $g(o)$  den Umfang des Objektes und  $g(o, \hat{o})$  die Länge der gemeinsamen Grenze zwischen den beiden Regionen wiedergibt (siehe auch Kapitel 2.3.3) .

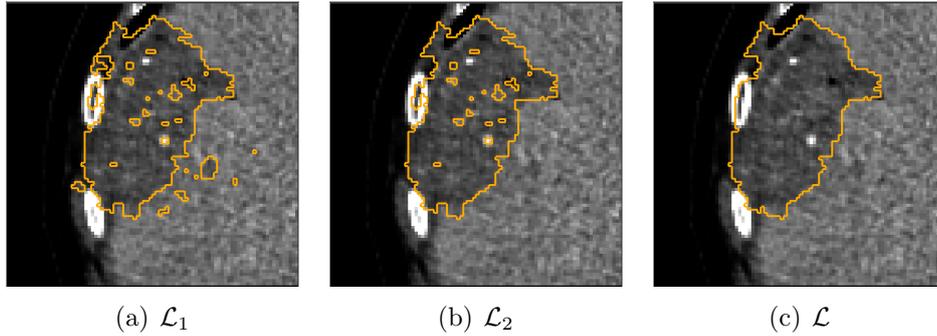


Abbildung 3.15: Schritte der Segmentierung mit Klassifikation auf Basis des Benutzerstriches: Aus den Trainingsdaten, gegeben durch den Strich (siehe Abbildung 3.14), erfolgt die grobe Bestimmung der Läsion  $\mathcal{L}_1$ . Anschließend werden isolierte Bereiche entfernt ( $\mathcal{L}_2$ ) und Unregelmäßigkeiten in der Form aufgefüllt ( $\mathcal{L}$ ).

Löcher in der Läsion zeichnen sich nun durch eine große gemeinsame Grenze zum Objekt aus. Gleichzeitig kann auf diese Weise auch auf die äußere Form der Läsion Einfluss genommen werden. Auch hier weisen große Werte von  $r_L(o)$  auf konkave Bereiche hin und je größer der Wert, desto wahrscheinlicher ist es, dass das Objekt doch zur Läsion gehört.

Die Läsion lässt sich damit über

$$\mathcal{L} = \mathcal{L}_2 \cup \left\{ o \in \mathcal{O} \mid r_L(o) \geq 0.8 \vee \left( r_L(o) \geq 0.6 \wedge \tilde{I}_{0.5}(o) \in [I_{min}, I_{max}] \right) \right\} \quad (3.18)$$

bestimmen und enthält neben den zuvor klassifizierten Regionen der Läsion auch die fehlenden Objekte innerhalb. Zusätzlich werden konkave Bereiche am Rand der Läsion hinzugefügt, wenn sie von den Intensitäten her sinnvoll erscheinen. Die so erzielte Segmentierung ist in Abbildung 3.15(c) dargestellt.

### Schwierigkeiten

Die vorgestellte Klassifikation beruht maßgeblich auf der Definition des Hintergrundes durch den Strich, was prinzipiell zwei Probleme mit sich bringt.

Abhängig von der Lage der Läsion und der Wahl des Striches, muss dieser nicht zwangsläufig die umliegende Bereiche ausreichend abbilden. An die Läsion angrenzende, inhomogene Regionen können zu einer Überschätzung der Läsion führen, wenn diese Objekte sowohl hellere als auch dunklere Bildbereiche enthalten und die mittlere Intensität somit in dem Bereich liegt, der wahrscheinlich zur Läsion gehört. Dies trifft besonders auf Objekte im Bereich der Rippen zu, wo helle Knochen und dunklere Bildbereiche dicht zusammenliegen, die durch die Wasserscheidentransformation nicht in einzelne Objekte aufgeteilt werden können. Diese Regionen zeichnen sich allerdings durch ungewöhnlich hohe Standardabweichungen aus. Zur Charakterisierung

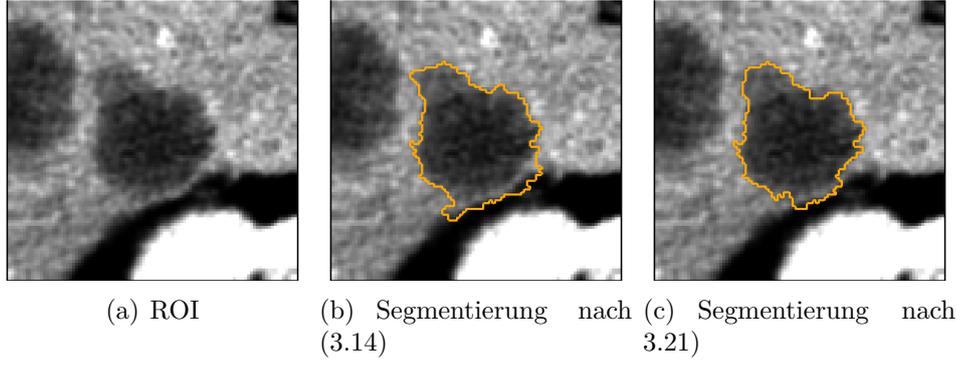


Abbildung 3.16: Verbesserung der Segmentierung durch Verwendung des maximalen Abstandes zur mittleren Intensität des Striches

kann daher ein Merkmal verwendet werden, was neben den mittleren Intensitäten auch die Standardabweichung enthält. Bewährt hat sich hier ein gewichteter Abstand zur mittleren Intensität des Striches:

$$h(o) = \left| \frac{I_{min} + I_{max}}{2} - \tilde{I}_{0.5}(o) \right| \cdot \sigma(o) \quad (3.19)$$

Je weiter der mittlere Grauwert eines Objekts am Rand des Intensitätsbereiches des Striches liegt, desto homogener müssen die Grauwerte verteilt sein, um kleine Werte zu erzeugen. Mit einem geschätzten maximalen Wert für  $h$  der Läsion aus den Objekten auf dem Benutzerstrich

$$h_L = \max_{o \in S_L} h(o) \quad (3.20)$$

kann die initiale Klassifikation aus (3.14) verbessert werden:

$$\begin{aligned} \mathcal{L}_1 = L_S \cup \{o \in \mathcal{O} \mid & \tilde{I}_{0.5}(o) \in [I_{min}, I_{max}] \\ & \wedge \forall \hat{o} \in H_S \text{ gilt } |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| > 10 \\ & \wedge \|\mathbf{x}_S(o) - \mathbf{x}_M\|_2 \leq 1.2 \cdot d_L \\ & \wedge h(o) \leq 1.1 \cdot h_L\}. \end{aligned} \quad (3.21)$$

Besonders bei hypodensen Leberläsionen kann so oftmals eine bessere Abgrenzung erreicht werden, was in Abbildung 3.16 gezeigt ist. Regionen, deren Standardabweichung aufgrund der Nähe zum Bauchraum relativ hoch ist, werden nicht als Läsion klassifiziert. Auf Tumore mit hyperdensen Einschlüssen oder randverstärkte Läsionen kann dagegen so kaum Einfluss genommen werden, da der Intensitätsbereich des Striches bereits stark gespreizt ist und sich eine Vielzahl von Regionen damit innerhalb des maximalen Abstandes  $h_L$  befinden.

Ein größeres Problem stellen bei diesem Weg zur Segmentierung allerdings Läsionen

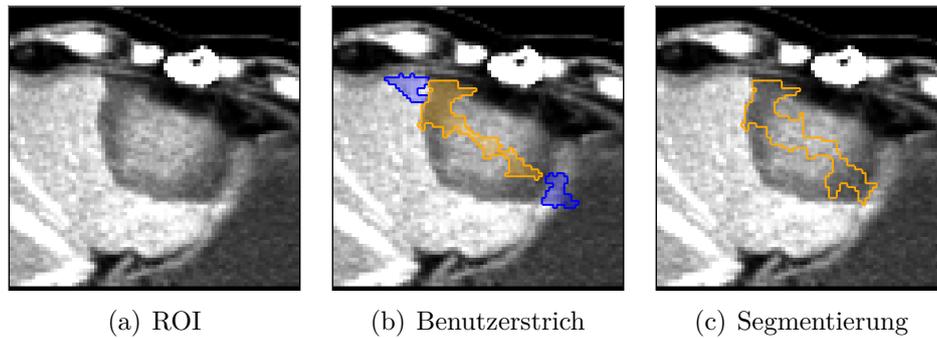


Abbildung 3.17: Objekte unter dem Strich und daraus resultierende Segmentierung einer inhomogenen Läsion

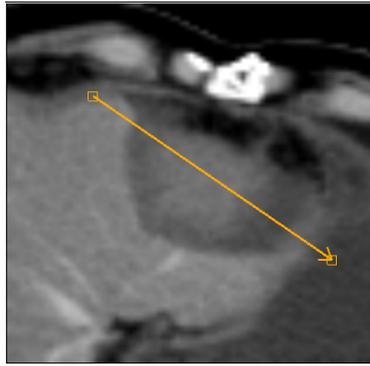
dar, deren Intensitäten sich mit denen der umgebenden Bereiche überlappen. Dies kann bei inhomogenen Tumoren auftreten, die auch Grauwerte des Leberparenchyms annehmen oder wenn sich in der Nähe Strukturen (weitere Läsionen, Fettgewebe zwischen den Rippen, ...) befinden, die dem Tumor ähneln. Im ungünstigsten Fall kann dann der Benutzerstrich in diese Bereiche verlängert werden und es werden bei der einfachen Klassifikation, wie sie bisher vorgestellt wurde, einige Bereiche der Läsion nicht segmentiert, wie es in Abbildung 3.17 gezeigt ist.

Um auch solche Fälle segmentieren zu können, muss die Klassifikation verbessert werden, indem der Benutzerstrich genauer analysiert wird. Der Strich lässt nicht nur einen groben Überblick über die Intensitäten in der Läsion und der unmittelbaren Umgebung zu, sondern es sind auch Aussagen zur räumlichen Verteilung der Grauwerte möglich. Beispielfhaft seien hierzu die Intensitäten der Bildpunkte auf dem Strich des Benutzers aus dem Bild in Abbildung 3.17 gegeben, die in 3.18 abgebildet sind. Zwar finden sich ähnliche Grauwerte sowohl in der Läsion als auch im Hintergrund, diese lassen sich aber durch den Abstand zum Mittelpunkt des Striches unterscheiden. Der Verlauf zeigt deutlich, dass sich die Läsion aus einem dunkleren Rand und einem helleren Kern zusammensetzt. Abgegrenzt ist die Läsion durch das hellere Leberparenchym, das ähnliche Grauwerte wie der Kern der Läsion enthält. Erst in größerem Abstand sind wieder dunklere Bereiche im Hintergrund zu finden. Eine naheliegende Vermutung ist also, dass sich die Läsion durch eine Kombination aus Intensität und Abstand zum Strichmittelpunkt gut vom Hintergrund unterscheiden lässt.

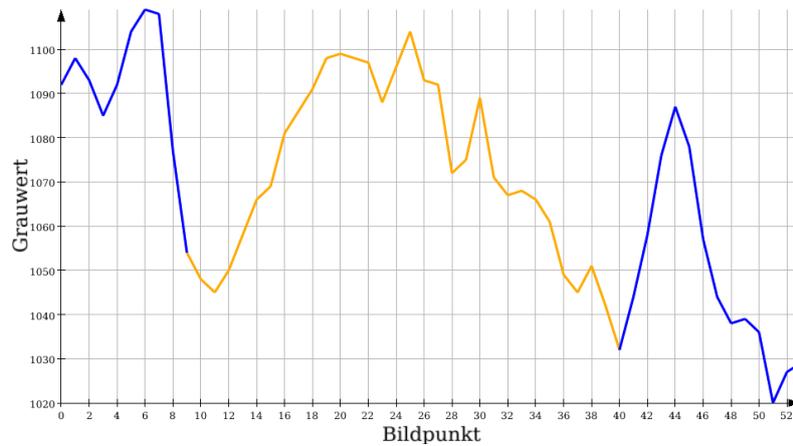
Dieser Ansatz geht allerdings davon aus, dass sich die Verteilung in der Läsion kaum ändert und sie idealerweise rund ist. Mehr Informationen lassen sich aus einem eindimensionalen Strich nicht extrahieren. Besonders unregelmäßig geformte Läsionen sind so immernoch ein Problem, da die Annahmen dort nicht erfüllt sind.

### 3.3.3 Region Growing und Region Shrinking

Eine weitere Möglichkeit zur Segmentierung mit Hilfe einer objektbasierter Bildanalyse ist die Verwendung einer Methode, die dem Region Growing ähnelt. Regionen



(a) Benutzerstrich



(b) Grauwerte des Striches

Abbildung 3.18: (Verlängerter) Benutzerstrich und entsprechende Grauwerte  
 Im Diagramm sind die Abschnitte außerhalb der gesuchten Läsion zur besseren Übersicht in blau dargestellt.

werden also auf der Basis ihrer unmittelbaren Umgebung klassifiziert. Im Gegensatz zu der vorherigen Methode, ist es somit nicht möglich, die gesamte Läsion in einem einzigen Schritt zu bestimmen. Stattdessen erfolgt eine iterative Bestimmung der Läsion. Der Mehraufwand wird allerdings durch eine bessere Kontrolle über das Ergebnis aufgewogen. So können sich die Eigenschaften von Regionen innerhalb und außerhalb der Läsion zwar immernoch stark überlappen, sehr ähnliche Objekte werden aber selten direkt nebeneinander liegen, wenn sie verschieden klassifiziert werden sollen. In einem solchen Fall wäre die Trennung wohl auch für einen menschlichen Betrachter schwierig.

Ausgehend von Objekten, die bereits als Läsion klassifiziert wurden - auch hier kann der Benutzerstrich verwendet werden - werden alle angrenzenden Regionen zur Läsion hinzugefügt, falls sie ähnlich genug sind. Das verwendete Ähnlichkeitsmaß hängt von

den zur Unterteilung verwendeten Merkmalen ab und lässt sich als

$$r(o, \hat{o}) = \sum_{i=1}^{n_1} \alpha_i p_i(o, \hat{o}) + \sum_{j=1}^{n_2} \beta_j p_j(o) \quad (3.22)$$

definieren. Dieses setzt sich aus verschiedenen Ähnlichkeiten  $p_i(o, \hat{o})$  zwischen dem zu klassifizierenden Objekt  $o$  und dem bekannten Objekt  $\hat{o}$  der Läsion zusammen, sowie einigen Eigenschaften  $p_j(o)$ , die aufgrund von bestehendem Wissen über die Läsion getroffen werden können. Je nach gewünschtem Einfluss des Merkmals auf die Klassifikation werden verschiedene Gewichte  $\alpha_i$  und  $\beta_j$  verteilt. Als sinnvoll haben sich die Funktionen

$$p(o, \hat{o}) = \min \left( 1, \frac{\gamma}{|m(o) - m(\hat{o})|} \right) \quad \text{bzw.} \quad p(o) = \min \left( 1, \frac{\gamma}{|m(o) - m|} \right) \quad (3.23)$$

erwiesen. Je kleiner der Abstand des Merkmals  $m$  zwischen den Objekten beziehungsweise der Abstand des Objektes zu einem vorgegebenen allgemeinen Wert ist, desto größer ist die bestimmte Ähnlichkeit. Um zu verhindern, dass eine starke Ähnlichkeit das Maß  $r$  dominiert, wird als Maximalwert 1 angenommen. Der Schwellwert  $\gamma$  gibt hierbei an, wie unterschiedlich die Objekte sein dürfen. Abstände unterhalb des Schwellwertes erhalten grundsätzlich den maximalen Wert, während die Ähnlichkeit bei größerem Abstand umgekehrt proportional abnimmt.

Ist ein schnellerer Abfall der Ähnlichkeit gewünscht, lässt sich alternativ eine Funktion der Form

$$p(o, \hat{o}) = \min \left( 1, \exp \left( 1 - \gamma \frac{m(\hat{o})}{m(o)} \right) \right) \quad (3.24)$$

verwenden.

Da nur Werte zwischen 0 und 1 erzielt werden, können die einzelnen Funktionen auch als Wahrscheinlichkeiten angesehen werden. In diesem Fall geben die Funktionswerte  $p_i$  an, wie wahrscheinlich eine Zuordnung auf Basis des entsprechenden Merkmals ist. Eine Klassifikation ist nun über

$$o \in \begin{cases} \mathcal{L} & \text{falls } r(o, \hat{o}) \geq \text{tol}_r \\ \mathcal{H} & \text{sonst} \end{cases} \quad (3.25)$$

möglich.

Die Bestimmung geeigneter Parameter  $(\alpha, \beta, \gamma)$  ist allerdings recht aufwändig, besonders da sich die betrachteten Fälle hinsichtlich ihrer Merkmale stark unterscheiden

können. Relativ gute Ergebnisse konnten mit

$$r(o, \hat{o}) = \frac{2}{11} p_{\tilde{I}_{0.5}}(o, \hat{o}) + \frac{4}{11} p_{\sigma}(o) + \frac{1}{11} p_{dist}(o) + \frac{4}{11} p_{hist}(o), \quad tol_r = 0.8 \quad (3.26)$$

erreicht werden. Hier beschreibt

$$p_{\tilde{I}_{0.5}(o, \hat{o})} = \min \left( 1, \frac{5}{|\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})|} \right)$$

den Intensitätsunterschied zwischen den benachbarten Objekten,

$$p_{\sigma}(o) = \min \left( 1, \frac{20}{\sigma(o)} \right)$$

die Homogenität des Objektes und

$$p(o) = \min \left( 1, \exp \left( 1 - 5 \frac{\|\mathbf{x}_S(o) - \mathbf{x}_M\|_2}{d_L/2} \right) \right)$$

den Abstand des Objektes zum Mittelpunkt des Striches.  $p_{hist}(o)$  beschreibt die Wahrscheinlichkeit zur Zugehörigkeit zur Läsion auf Basis eines Histogramms der Regionen unter dem Benutzerstrich und gibt damit die Ähnlichkeit zum Benutzerstrich wieder.

Dennoch ist eine zufriedenstellende Segmentierung so im Allgemeinen nicht möglich und eine weitere Optimierung der Parameter umständlich. Diese Variante wurde daher nicht weiter verfolgt und stattdessen ein einfacherer Ansatz bevorzugt: Mit Hilfe des Region Growings soll lediglich eine grobe Vorsegmentierung der Läsion erfolgen, wobei anschließend mit umfangreicherer Analyse auf größeren, verschmolzenen Objekten das Ergebnis verfeinert wird.

Ausgehend von der initialen Segmentierung der Läsion  $L_S$  über den Strich des Benutzers (siehe (3.11)) erfolgt ein einfaches Region Growing, primär auf Basis der Intensitäten. Es gilt

$$\begin{aligned} \mathcal{L}_0 &= L_S \\ \mathcal{L}_k &= \mathcal{L}_{k-1} \cup \left\{ o \in \mathcal{O} \setminus \mathcal{L}_{k-1} \mid \|\mathbf{x}_S(o) - \mathbf{x}_M\|_2 \leq 1.2 \cdot d_L \right. \\ &\quad \wedge \tilde{I}_{0.5}(o) \in [I_{min}, I_{max}] \\ &\quad \wedge \exists \hat{o} \in L_{k-1} \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N} \\ &\quad \left. \wedge \left( |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 12 \vee |\tilde{I}_{0.75}(o) - \tilde{I}_{0.75}(\hat{o})| \leq 12 \right) \right\}. \end{aligned}$$

Der Wachstumsvorgang endet mit der Menge  $\mathcal{L}_m$ , wenn sich keine weiteren benachbarten Regionen finden lassen, die ähnlich genug sind. Besonders bei randverstärkten

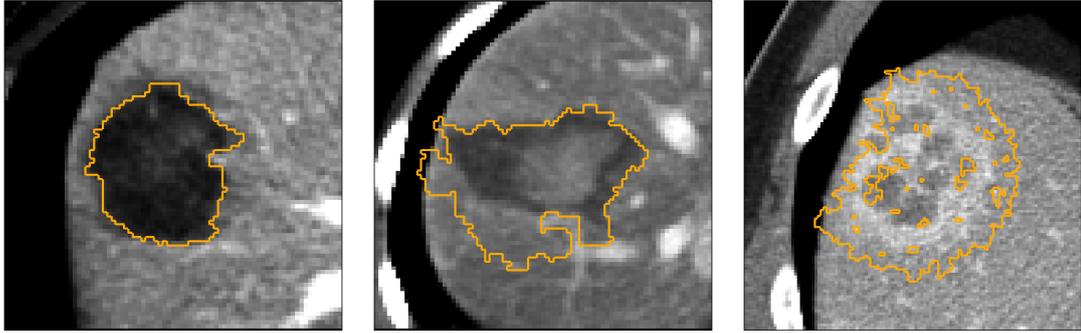


Abbildung 3.19: Ergebnisse des Region Growing

Tumoren kommt es vor, dass die Regionen weniger homogen sind und die Überprüfung der Ähnlichkeit über den Median nicht genügt, da dieser hier stärker variieren kann. Hier hilft es, das Wachstum über das obere Quartil zu steuern. Zusätzlich wird auch in dieser Variante der Abstand zum Strich, sowie die Schätzung des Grauwertbereiches des Striches aus (3.13) verwendet, um eine allzu starke Überschätzung zu vermeiden. Je nach Kontrast zwischen Läsion und Hintergrund fällt das Ergebnis des Region Growings unterschiedlich aus. Gut abgegrenzte, relative homogene Läsionen können bereits sehr gut bestimmt werden, während es an kontrastärmeren Bereichen zu einem Auslaufen kommen kann. Im ungünstigsten Fall ist es überhaupt nicht möglich den Rand der Läsion zu finden und das Wachstum wird nur durch den Abstand gebremst. Abbildung 3.19 zeigt Beispiele für die möglichen, durch Region Growing erzielten Ergebnisse.

Die Toleranz in der Ähnlichkeit zwischen benachbarten Objekten wurde bewusst groß gehalten, um zu garantieren, dass nach dem Region Growing alle Basisobjekte, die die Läsion darstellen, auch in  $\mathcal{L}_m$  enthalten sind. Eine mögliche Überschätzung der Läsion wird in Kauf genommen.

Für eine Verbesserung der Segmentierung erfolgt deshalb ein Rückschrumpfen der Kontur, im Wesentlichen also ein umgekehrtes Region Growing, bei dem der Hintergrund wächst. Ziel ist es, alle Regionen zu entfernen, die wahrscheinlich zum Leberparenchym gehören und zunächst nur durch einen zu geringen Unterschied zur Läsion übernommen wurden. Es ist daher eine Schätzung des mittleren Grauwertes des Leberparenchyms nötig, um besser abwägen zu können, welche Objekte zum Hintergrund gehören. Auch dies kann auf Basis des Benutzerstriches geschehen. Da dieser in etwa die Größe des gesuchten Tumors angibt, können so auch Bereiche des Hintergrundes definiert werden, in denen sich zu großen Teilen gesundes Lebergewebe befindet. Aus den Bildpunkten

$$\mathcal{P}_{hist} = \{\mathbf{x} \in \mathcal{P} | 1.2 \cdot d_L/2 \leq \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_M\|_2 \leq 1.5 \cdot d_L/2\} \quad (3.27)$$

mit einem festen Abstand um den Mittelpunkt des Striches wird ein Histogramm erstellt. Diese Punkte sollten im Hintergrund liegen und größtenteils Lebergewebe

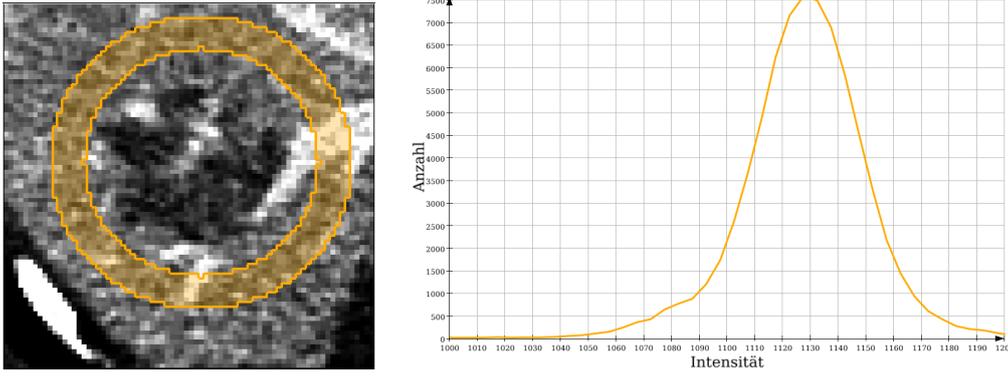


Abbildung 3.20: Bereich und Histogramm zur Approximation des Leberparenchyms  
 Als mittlerer Wert des gesunden Lebergewebes wird der häufigste Wert im Histogramms verwendet, in diesem Fall also 1128 (etwa 100 HU).

darstellen. Der mittlere Grauwert des Parenchyms entspricht somit im Allgemeinen dem häufigsten Wert im Histogramm, wie Abbildung 3.20 zeigt. Sicherheitshalber lässt sich der mögliche Intensitätsbereich einschränken. Die Leber weist üblicherweise Werte um die 60 HU in CT-Bildern auf, was einem Grauwert um 1080 entspricht, wenn die Hounsfield-Einheiten auf nichtnegative Werte abgebildet werden. Mit einem etwas größer gewählten Bereich kann somit

$$\tilde{I}_{Leber} = \max_{1000 \leq i \leq 1200} |\{\mathbf{x} \in \mathcal{P}_{hist} | I(\mathbf{x}) = i\}| \quad (3.28)$$

als Approximation an den mittleren Grauwert des Leberparenchyms definiert werden. Analog lässt sich  $\tilde{I}_{Leber}$  mit größeren *Bins* definieren, wobei mehrere Intensitäten im Histogramm zusammengefasst werden. Als ausreichend haben sich während der Arbeit *Bins* der Größe 5 ergeben. Abhängig von der tatsächlichen Umgebung der Läsion muss der so bestimmte Wert nicht zwangsläufig das Leberparenchym repräsentieren, aber es wird zumindest die umgebende dominierende Struktur wiedergegeben, was für die folgenden Zwecke genügen soll.

Für den iterativen Schrumpfungsprozess ergibt somit für  $k > m$

$$\begin{aligned} \mathcal{L}_k = \mathcal{L}_{k-1} \setminus \{o \in \mathcal{L}_{k-1} \setminus L_S | \exists \hat{o} \in \mathcal{O} \setminus \mathcal{L}_{k-1} \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N} \\ \wedge |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 10 \\ \wedge |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{Leber}| \leq 10\}. \end{aligned}$$

Der Vorgang endet bei  $L_n$ , wenn keine weiteren Objekte mehr gefunden werden, die die nötigen Bedingungen erfüllen. Somit werden nur Regionen entfernt, die in etwa die Intensität des umgebenden Leberparenchyms haben und wo sich auch tatsächlich

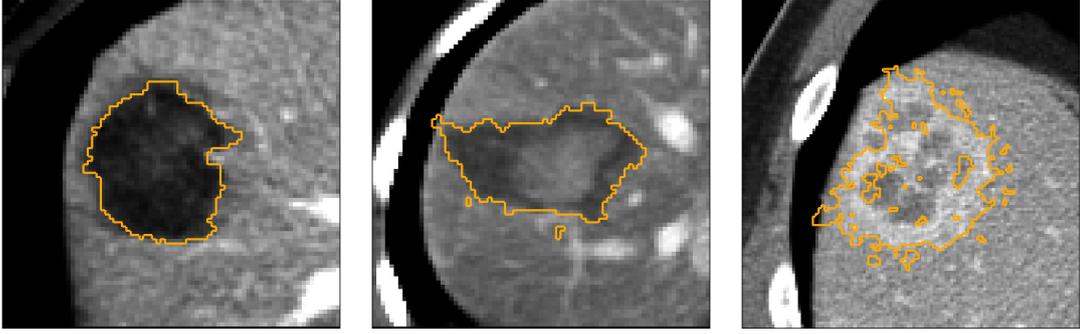


Abbildung 3.21: Ergebnisse des Region Shrinking

ein ähnliches Hintergrundobjekt finden lässt. Tatsächlich ist dies zumeist nicht ausreichend, insbesondere wenn die Schätzung des Parenchyms zu ungenau ist oder sich verschiedene Strukturen um die Läsion finden lassen, die andere Intensitäten aufweisen.

Um ein besseres Region Shrinking zu ermöglichen, sind mehr Informationen über die Abgrenzung der Läsion zum Hintergrund nötig. Der entscheidende Unterschied liegt darin, ob der Rand der Läsion hyperdens oder hypodens gegenüber dem Leberparenchym ist, was sich über das Profil des Benutzerstriches (siehe Abbildung 3.18) abschätzen lässt: Finden sich an beiden Enden des Benutzerstriches deutlich hellere Werte als im Hintergrund zu erwarten sind, kann davon ausgegangen werden, dass die Läsion durch einen hyperdensen Bereich nach außen hin abgegrenzt ist. Die Läsion ist in diesen Fällen zumeist randverstärkt.

Eine angepasste Variante der Schrumpfung ergibt sich damit zu

$$\begin{aligned} \mathcal{L}_k^{hypo} = \mathcal{L}_{k-1}^{hypo} \setminus \left\{ o \in \mathcal{L}_{k-1}^{hypo} \setminus L_S \mid \exists \hat{o} \in \mathcal{O} \setminus \mathcal{L}_{k-1}^{hypo} \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N} \right. \\ \wedge \left( (|\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 10 \wedge |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{Leber}| \leq 10) \right. \\ \vee (|\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 5 \wedge \tilde{I}_{0.5}(o) \geq \tilde{I}_{Leber}) \\ \left. \left. \vee (|\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 5 \wedge |\tilde{I}_{0.5}(o) - I_{max}| \leq 10) \right) \right\} \end{aligned}$$

für hypodense Läsionen. Es erfolgt damit zusätzlich ein Schrumpfen der Läsion, wenn sich ähnliche Objekte in der Nähe finden lassen und die betrachtete Region tendentiell heller als in der Läsion üblich ist, was in dieser Art von Tumor zumeist für eine Zugehörigkeit zum Hintergrund spricht. Zudem haben dunklere Bereiche in der Umgebung keinen Einfluss auf das weitere Region Shrinking. So kann verhindert werden, dass sehr ähnliche Bereiche wie zum Beispiel zwischen den Rippen, die zumeist lediglich durch den Abstand zum Mittelpunkt abgegrenzt werden können, zu einer Unterschätzung der Läsion führen.

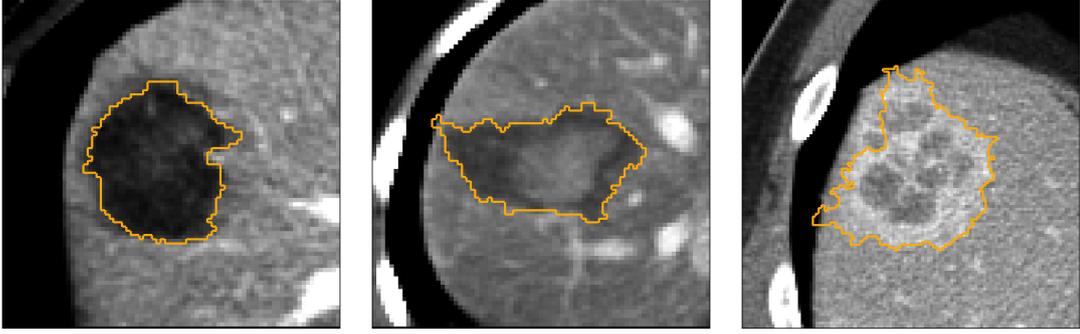


Abbildung 3.22: Ergebnisse nach der Entfernung isolierter Regionen und dem Füllen von Löchern

Für hyperdense beziehungsweise randverstärkte Läsionen gilt einfacher

$$\mathcal{L}_k^{hyper} = \mathcal{L}_{k-1}^{hyper} \setminus \left\{ o \in \mathcal{L}_{k-1}^{hyper} \setminus L_S \mid \exists \hat{o} \in \mathcal{O} \setminus \mathcal{L}_{k-1}^{hyper} \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N} \right. \\ \left. \wedge \left( (|\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 10 \wedge |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{Leber}| \leq 10) \right. \right. \\ \left. \left. \vee |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 5 \right) \right\},$$

da kaum Strukturen im Hintergrund zu erwarten sind, die ähnliche Verteilungen wie der relativ helle Rand aufweisen. Die so erzielten Ergebnisse sind in Abbildung 3.21 abgebildet. Gut abgegrenzte Läsionen werden wie erwartet nicht weiter eingeschränkt, während ausgelaufene Bereiche bereits gut wieder ausgeschlossen werden können.

## Nachbearbeitung

Das erzielte Ergebnis aus Region Growing und Region Shrinking ist selten ideal. Es sind daher noch weitere Schritte der Nachbearbeitung nötig. Wie im vorherigen Kapitel 3.3.2 beschrieben, werden zunächst isolierte Bereiche entfernt, da davon ausgegangen wird, dass die Läsion zumindest in der Startschicht vollständig zusammenhängend ist. Hierzu wird überprüft, von welchen Objekten die Regionen des Benutzerstriches erreicht werden können ohne die bisher bestimmte Läsion zu verlassen.

Anschließend werden mögliche Löcher und konkave Randbereiche aufgefüllt, indem von benachbarten Hintergrundregionen der relative Anteil der Grenze  $r_L$  (siehe (3.17)) zur Läsion bestimmt wird. Für die bisher betrachteten Fälle ergeben sich somit die in Abbildung 3.22 gezeigten Ergebnisse.

Die Füllung der Löcher und Hinzunahme weiterer Regionen am Rand kann ebenfalls daran angepasst werden, ob die gesuchte Läsion hyper- oder hypodens ist. Zum Beispiel werden sehr helle Bereiche in der Nähe einer hypodensen Läsion vermutlich nicht zum Tumor gehören, sondern stellen Gefäße dar und sollten daher nicht mitsegmentiert werden, auch wenn die gemeinsame Grenze zur Läsion sehr groß ist.

Weniger zufriedenstellend sind nach den bisherigen Schritten vor allem die Ergebnisse

von randverstärkten Läsionen, wo der Rand sehr inhomogen ist. Im Gegensatz zu hypodensen Tumoren kann die Varianz in den Medianen der Randbereiche hier sehr hoch sein und das Region Growing und Region Shrinking mit den festen Schwellwerten weniger effizient sein.

Zudem kann eine Abgrenzung schwierig sein, wenn auch der unmittelbare Bereich des Hintergrundes um den Tumor heller als normales Lebergewebe ist. Ziel ist daher eine Segmentierung, wo die Läsion tatsächlich durch deutlich hellere Randregionen begrenzt ist.

Hilfreich ist hier eine teilweise Verschmelzung der bereits als Läsion klassifizierten Regionen, um die Menge an Objekten zu verringern. Grundlage der Verschmelzung sind die Intensitätsverteilungen in den Objekten, so dass sich die Partitionierung

$$\mathcal{L}_V = \{O \subset \mathcal{L} | \forall o \in O \exists \hat{o} \in O \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N} \wedge |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 8\} \quad (3.29)$$

ergibt.

Für die Bestimmung von Regionen am Rand der Läsion, die vermutlich eher Hintergrund sind, werden im Folgenden drei verschiedene relative Grenzen der Objekte betrachtet.

$$r_{\mathcal{L}_V}(o) = \frac{1}{g(o)} \sum_{\hat{o} \in \mathcal{N}(o)} \mathbb{1}_{\{\hat{o} \in \mathcal{L}_V\}} g(o, \hat{o}) \quad (3.30)$$

gibt an, wie groß der Anteil der Grenze zur bisher gefundenen Läsion ist.  $\mathcal{N}(o)$  beschreibt die Menge an Objekten, die mit  $o$  benachbart sind, während

$$\mathbb{1}_{\{\hat{o} \in \mathcal{L}_V\}} = \begin{cases} 1 & \text{falls } \hat{o} \in \mathcal{L}_V \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

als Indikatorfunktion die Summe der Objektgrenzen  $g(o, \hat{o})$  auf Objekte der Läsion einschränkt.

$$r_{\mathcal{L}_V}^d(o) = \frac{1}{g(o)} \sum_{\hat{o} \in \mathcal{N}(o)} \mathbb{1}_{\{\hat{o} \in \mathcal{L}_V\}} \mathbb{1}_{\{\|\mathbf{x}_S(\hat{o}) - \mathbf{x}_M\|_2 \leq \|\mathbf{x}_S(o) - \mathbf{x}_M\|_2\}} g(o, \hat{o}) \quad (3.31)$$

beschreibt den Anteil der Grenze zu Objekten der Läsion, die näher am Mittelpunkt des Benutzerstriches sind, und

$$r_{\mathcal{L}_V}^{d,h}(o) = \frac{1}{g(o)} \sum_{\hat{o} \in \mathcal{N}(o)} \mathbb{1}_{\{\hat{o} \in \mathcal{L}_V\}} \mathbb{1}_{\{\|\mathbf{x}_S(\hat{o}) - \mathbf{x}_M\|_2 \leq \|\mathbf{x}_S(o) - \mathbf{x}_M\|_2\}} \mathbb{1}_{\{\tilde{I}_{0.5}(\hat{o}) - \tilde{I}_{0.5}(o) \geq 15\}} g(o, \hat{o}) \quad (3.32)$$

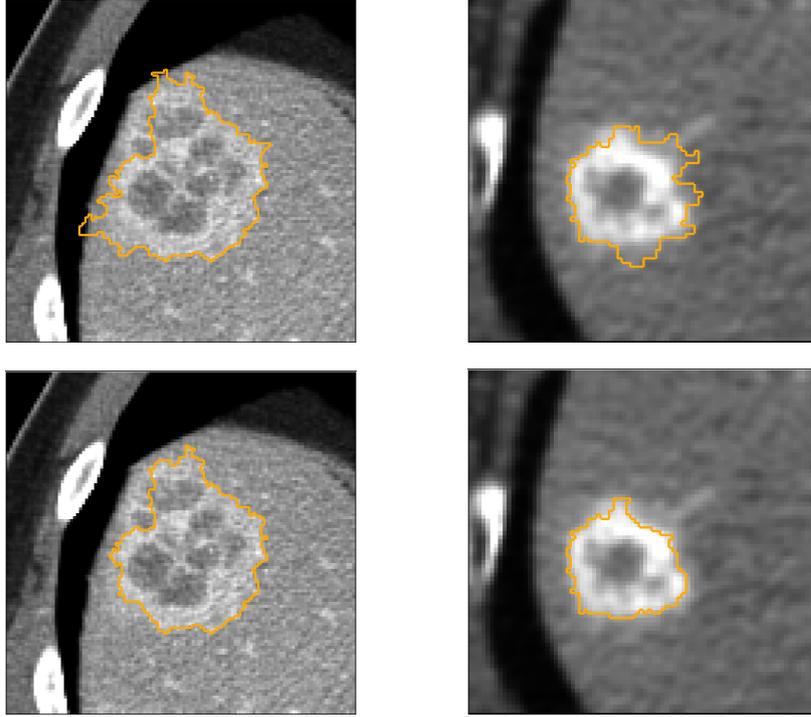


Abbildung 3.23: Entfernung weiterer Regionen bei randverstärkten Tumoren unter der Annahme, dass die Läsion über einen deutlichen Rand abgegrenzt ist.

gibt an, wie groß der Anteil der Grenze zu Objekten der Läsion ist, die näher am Mittelpunkt des Benutzerstriches sind und zusätzlich deutlich heller erscheinen.

Es wird nun davon ausgegangen, dass eine Region nicht zum Rand der randverstärkten Läsion gehört, wenn das Objekt eine relativ geringe gemeinsame Grenze mit dem Rest der Läsion aufweist und zusätzlich entweder dunkler erscheint und weit vom Zentrum entfernt ist oder wenn sich ein deutlicher Anteil an helleren Regionen näher am Zentrum finden lässt, was darauf hindeutet, dass der Tumor überschätzt wurde und die tatsächliche Grenze näher am Zentrum der Läsion liegt.

Die Läsion kann damit über

$$\mathcal{L}_V = \mathcal{L}_V \setminus \left\{ o \in \mathcal{L}_V \mid r_{\mathcal{L}_V}(o) \leq 0.65 \wedge \left( \frac{r_{\mathcal{L}_V}^{d,h}(o)}{r_{\mathcal{L}_V}^d(o)} \geq 0.6 \right. \right. \quad (3.33)$$

$$\left. \left. \vee \left( \|\mathbf{x}_S(\hat{o}) - \mathbf{x}_M\|_2 \geq 0.9 \cdot d_L/2 \wedge \tilde{I}_{0.5}(o) \leq \tilde{I}_{Leber} + 10 \right) \right) \right\}$$

weiter eingeschränkt werden und die erzielte Verbesserung ist beispielhaft in Abbildung 3.23 dargestellt.

## Schwierigkeiten

Wie die übrigen Verfahren, beruht auch dieses primär auf dem Strich des Benutzers. Als Startpunkt des Region Growings werden die Basisobjekte unter dem Strich verwendet. Bereiche der Läsion, deren Intensitäten nicht direkt auf dem Strich enthalten sind, werden somit nicht erkannt. Gleiches gilt für Regionen, deren Intensitäten zwar über den Strich abgebildet werden, die jedoch nicht direkt über eine Reihe ähnlicher Objekte vom Strich aus erreicht werden können.

Ein solcher Fall ist exemplarisch in Abbildung 3.24(a) gezeigt. Die Läsion wurde bei der Segmentierung eindeutig unterschätzt, da das Verfahren in die gesuchten Bereiche nicht wachsen konnte, da keine ausreichend ähnlichen Objekte in der Nähe zu finden sind. In diesem Fall sind die Regionen zu hell gegenüber den Rest des Tumors, da der Übergang zum Leberparenchym relativ fließend ist.

Die fehlenden Bereiche sind jedoch deutlich vom Hintergrund und insbesondere vom gesunden Leberparenchym zu unterscheiden und sollten durch eine relativ hohe gemeinsame Grenze zur bisher bestimmten Läsion erkannt werden. Es ist möglich, dass die gesuchten Bereiche aus mehreren Basisobjekten bestehen, was die Nutzung der Grenze als Entscheidungsmerkmal erschwert. Aus diesem Grund findet zunächst eine Verschmelzung der Objekte im Hintergrund statt. Es gilt

$$\begin{aligned} \mathcal{H}_V = \{O \subset \mathcal{H} \mid \forall o \in O \exists \hat{o} \in O \text{ mit } (o, \hat{o}) \in \mathcal{N} \\ \wedge |\tilde{I}_{0.5}(o) - \tilde{I}_{0.5}(\hat{o})| \leq 13 \\ \wedge |\sigma(o) - \sigma(\hat{o})| \leq 10 \\ \wedge \tilde{I}_{0.5}(o), \tilde{I}_{0.5}(\hat{o}) \in [I_{min} - 10, I_{max} + 10]\}. \end{aligned}$$

Zwei Basisobjekte werden damit verschmolzen, wenn sie sich in der Verteilung ihrer Intensitäten ähneln und im Bereich der Grauwerte des Benutzerstriches liegen, wobei dieser Bereich etwas erweitert wird, um eine mögliche Unterschätzung zu vermeiden. Die Segmentierung der Läsion lässt sich nun über

$$\mathcal{L} = \mathcal{L} \cup \{O \in \mathcal{H}_V \mid obj(O) > 1 \wedge |\tilde{I}_{0.5}(O) - \tilde{I}_{Leber}| \geq 15 \wedge r_{\mathcal{L}} \geq 0.5\} \quad (3.34)$$

verbessern, wobei  $obj(O)$  die Anzahl der Basisobjekte bezeichnet, die zum Objekt  $O$  verschmolzen wurden. Die Objekte, die zur Läsion hinzugenommen werden, sind somit recht stark mit der Läsion verbunden und sollten aus mehr als einem Basisobjekt bestehen, da diese Region ansonsten bereits beim Füllen der Löcher hinzugefügt worden wären. Das Ergebnis dieses Schrittes ist in Abbildung 3.24(b) gezeigt.

Problematisch bleibt die Trennung von tatsächlich fehlenden Regionen der Läsion und Hintergrundbereichen, die aus verschiedenen Gründen ebenfalls die verwendeten Eigenschaften erfüllen. Ein solches Beispiel zeigt Abbildung 3.25. Die Hinzunahme der weiteren Regionen erscheint aus Gründen der erwarteten runden Form durchaus plausibel und auch die enthaltenen Grauwerte grenzen sich deutlich vom übrigen Le-

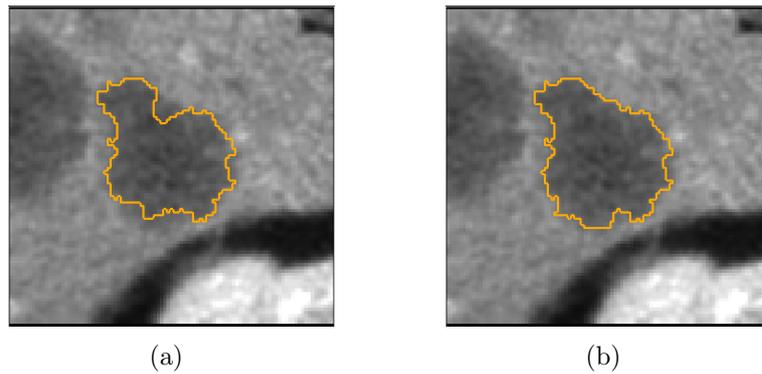


Abbildung 3.24: Unterschätzung der Läsion durch unzureichendes Region Growing (a) und Verbesserung der Segmentierung durch Hinzunahme weiterer (verschmolzener) Regionen (b)

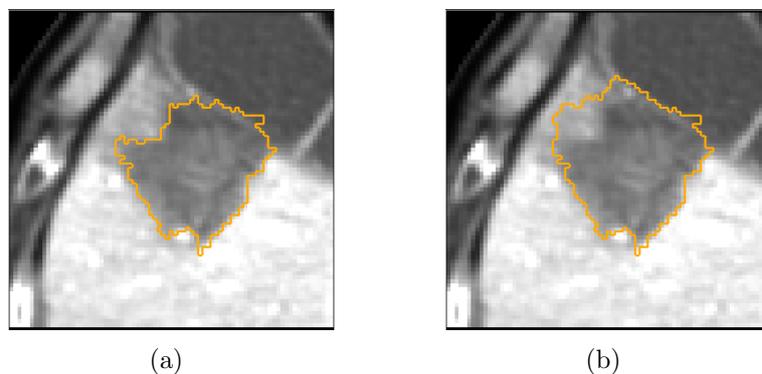


Abbildung 3.25: gelungene Segmentierung (a) und fehlerhafte Hinzunahme weiterer (verschmolzener) Regionen (b)

berparenchym ab. Tatsächlich handelt es sich an dieser Stelle aber um eine Schädigung des Lebergewebes durch die Radiofrequenzablation und die Bereiche sollten nicht als Läsion segmentiert werden.

Auf der anderen Seite kann bei schlecht abgegrenzten Läsionen auch das verwendete Region Shrink bereits zu stark sein, wodurch die Läsion unterschätzt wird. Insgesamt beruhen die verwendeten Schwellwerte beim Region Growing, Region Shrinking und bei den weiteren Schritten der Verfeinerung auf einer (manuellen) Analyse der gegebenen Trainingsdaten. Sinnvoller wäre an dieser Stelle vermutlich eine adaptive Bestimmung, die sich besser an die Gegebenheiten des Bildes anpasst.

### 3.4 Dreidimensionale Segmentierung

Die bisher vorgestellten Methoden befassten sich mit der zweidimensionalen Segmentierung der Startschicht, in der ein menschlicher Betrachter einen Strich zur groben

Bestimmung der Läsion einzeichnet. Ziel ist jedoch eine vollständige dreidimensionale Segmentierung der Lebertumore, um eine solide Grundlage zur Bestimmung von Größe oder Volumen des Tumors zu schaffen.

Prinzipiell lassen sich die verschiedenen vorgestellten Methoden zur Segmentierung auch für eine dreidimensionale Segmentierung verwenden. Basisobjekte lassen sich hier entweder ebenfalls dreidimensional bestimmen, indem Bildpunkte aus verschiedenen Schichten zusammengefasst werden oder die Objekte werden zweidimensional in jeder Schicht bestimmt. Mit einer Erweiterung der Nachbarschaften auf angrenzende Schichten lässt sich dann problemlos die Klassifikation auf der Basis des Benutzerstriches oder das Region Growing und Region Shrinking direkt auf 3D-Daten übertragen.

Schwieriger ist es das Verfahren der Randdetektion auf dreidimensionalen Objekten zu definieren, da die Regionen des Randes im Raum nicht auf einfache Weise nacheinander “abgelaufen” werden können. Dies hieße, dass der Graph aus Randobjekten und entsprechenden Nachbarschaften hamiltonsch ist, was nicht garantiert werden kann. Alternativ lässt sich das Verfahren schichtweise anwenden, indem ausgehend von einer bekannten zweidimensionalen Segmentierung geeignete benachbarte Regionen aus Läsion und Hintergrund in den angrenzenden Schichten bestimmt werden.

Die Probleme, die bereits in der Startschicht zu schlechten Ergebnissen führen, fallen bei der Arbeit im Dreidimensionalen zumeist weitaus gravierender aus, da bereits eine hinreichend gute Beschreibung der Startschicht über den Benutzerstrich schwierig ist. Aus diesem Grund soll im Weiteren eine Segmentierung auf der Basis der gefundenen Läsion in der Startschicht vorgestellt werden.

Die Segmentierung verwendet hierbei die Annahme, dass sich die Läsion innerhalb zweier benachbarter Schichten nicht grundlegend ändert, das heißt die Segmentierung einer Schicht ist bereits eine gute Approximation an die Segmentierung der folgenden Schicht. Bei der Übertragung der Läsion können automatische Klassifikatoren effektiv eingesetzt werden, da durch die vorherige Schicht eine ausreichend große Menge an Trainingsdaten gegeben ist. In dieser Arbeit wurden hauptsächlich die in Kapitel 2.3.4 vorgestellten Klassifikatoren getestet.

Im Folgenden seien  $\mathcal{O}_z$  die Basisobjekte in einer Schicht, in der die Läsion  $\mathcal{L}_z \subset \mathcal{O}_z$  bereits bekannt ist. Entsprechend beschreibe  $\mathcal{H}_z = \mathcal{O}_z \setminus \mathcal{L}_z$  die Regionen des Hintergrundes. Gesucht ist die Menge  $\mathcal{L}_{z+1} \subset \mathcal{O}_{z+1}$ , die die Läsion in der folgenden Schicht beschreibt.

Aus Performancegründen werden nicht alle Objekte in der angrenzenden Schicht klassifiziert. Interessant sind lediglich die Objekte in

$$\mathcal{O}_{z+1}^c = \{o \in \mathcal{O}_{z+1} \mid \exists \hat{o}_1 \in \mathcal{L}_z \text{ mit } (o, \hat{o}_1) \in \mathcal{N} \wedge \exists \hat{o}_2 \in \mathcal{H}_z \text{ mit } (o, \hat{o}_2) \in \mathcal{N}\}. \quad (3.35)$$

Unter der Annahme, dass die Läsion annähernd kugelförmig ist sollte diese Menge den Randbereich der Läsion in der folgenden Schicht darstellen. Abbildung 3.26 zeigt die zweidimensionale Segmentierung einer Schicht und die daraus resultierende Menge interessanter Regionen, die es zu klassifizieren gilt.

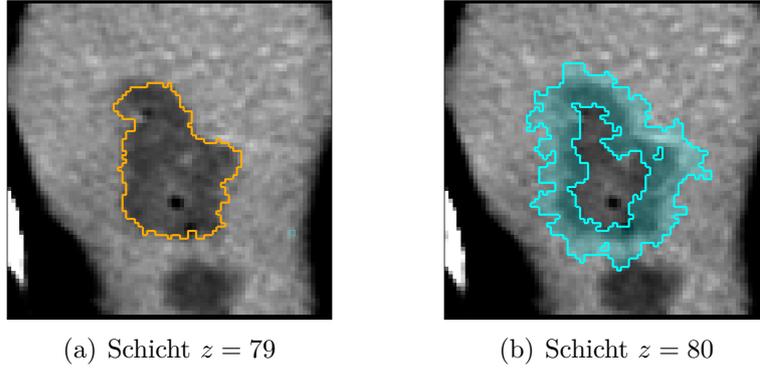


Abbildung 3.26: Zweidimensionale Segmentierung der Schicht  $z = 70$  und die daraus resultierende Menge zu klassifizierender Regionen  $O_{z+1}^c$  in der folgenden Schicht

Durch die Verwendung weiterer geeigneter Merkmale kann die Menge potentieller Läsionsobjekte weiter eingeschränkt werden. Zunächst werden alle Regionen ausgeschlossen, deren mittlerer Intensitätswert nicht im Bereich des Striches liegt. Besonders bei homogenen Läsionen können so bereits viele Bereiche des Hintergrundes ausgeschlossen werden. Auch Regionen, die dem approximierten Grauwert der Leber sehr nahe kommen und recht weit vom Zentrum des Striches entfernt liegen, werden bereits vorab dem Hintergrund zugeordnet.

Zusätzlich kann die Überlappung einer Region mit der Läsion der vorherigen Schicht bestimmt werden:

$$overlap(o) = \frac{1}{|o|} |\{(x, y, z + 1) \in o | \exists \hat{o} \in \mathcal{L}_z \text{ mit } (x, y, z) \in \hat{o}\}|. \quad (3.36)$$

Um ein Auslaufen der Läsion zu verhindern, werden Regionen als mögliche Teile der Läsion ausgeschlossen, wenn sie sich nicht stark genug mit der Segmentierung aus der vorherigen Schicht überlappen. Der Grund ist auch hier die Wahrung einer einigermaßen regelmäßigen Form.

Alle verbliebenen Regionen werden anschließend auf Basis der bereits bekannten Läsion aus vorherigen Schichten durch einen geeigneten Klassifikator klassifiziert.

Der Ablauf der Klassifikation von Objekten  $o \in \mathcal{O}_{z+1}$  wird in Abbildung 3.27 zusammengefasst.

Für die abschließende Klassifikation hat sich während der Entwicklung ein  $kNN$ -Klassifikator als zuverlässig erwiesen. Als Abstandsmaß wird im Wesentlichen das zuvor definierte Ähnlichkeitsmaß  $s$  (siehe (3.5)) verwendet und durch einen einfachen Abstand auf Basis der Nachbarschaften ergänzt:

$$d_{kNN}(o_1, o_2) = d_{\mathcal{N}}(o_1, o_2) \cdot s(o_1, o_2) \quad (3.37)$$

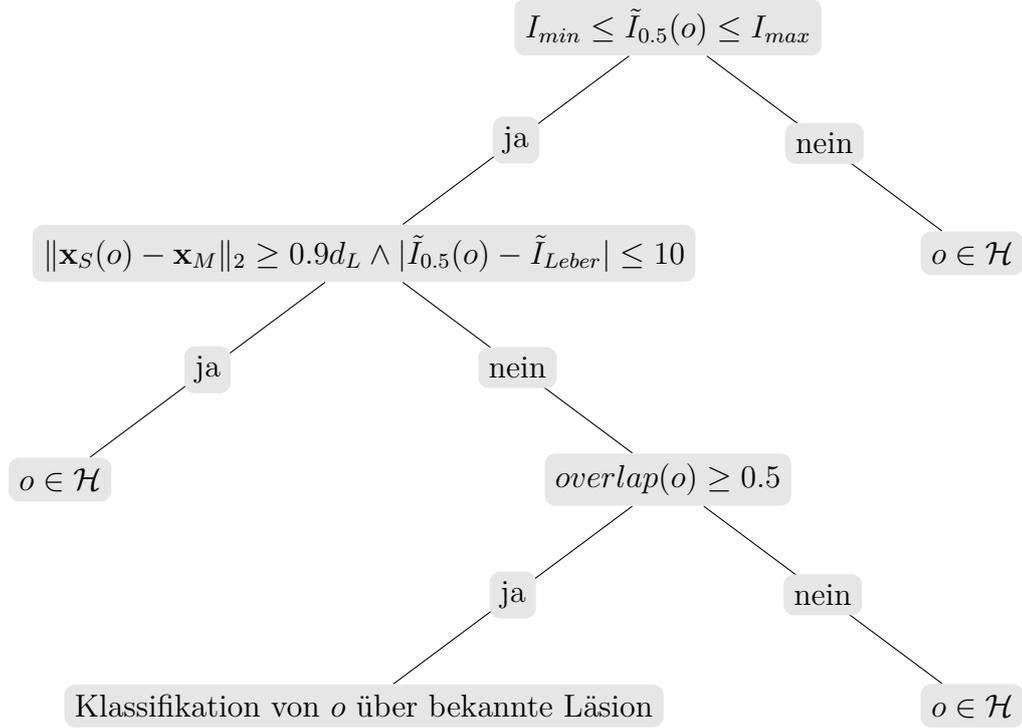


Abbildung 3.27: Entscheidungsbaum zur Klassifikation von Regionen in den Folgeschichten

mit

$$d_{\mathcal{N}}(o_1, o_2) = \begin{cases} 1 & \text{falls } (o_1, o_2) \in \mathcal{N} \\ 2 & \text{falls } \exists \hat{o} \in \mathcal{O} \text{ mit } (o_1, \hat{o}) \in \mathcal{E} \wedge (\hat{o}, o_2) \in \mathcal{E} \\ \infty & \text{sonst .} \end{cases} \quad (3.38)$$

Für die Klassifikation der Objekte sind somit nur relativ nahe Objekte interessant, damit Inhomogenitäten das Ergebnis so wenig wie möglich beeinflussen. Die Entscheidung fiel an dieser Stelle bewusst auf einen Abstand, der sich aus der Nachbarschaft der Objekte bestimmt und nicht aus einem direkten räumlichen Abstand der Schwerpunkte. Bei relativ kompakten, ähnlich großen Regionen besteht kaum ein qualitativer Unterschied zwischen den beiden Varianten, während die Definition über Nachbarschaften einen Vorteil bei unregelmäßigen Objekten aufweist. Die relative Lage zweier Objekte ist hier schlecht über den (euklidischen) Abstand der Schwerpunkte darstellbar. Zusätzlich lässt sich ein Abstand über mehrere Schichten hinweg einfacher bestimmen, ohne dass die Dicke der Schichten beachtet werden muss.

Die  $kNN$ -Klassifikation erfolgt damit in einem eindimensionalen Merkmalsraum, der sich aus verschiedenen Eigenschaften der Objekte zusammensetzt. Hauptsächlich wird der Unterschied in den mittleren Intensitäten betrachtet, der durch die Standardabweichung

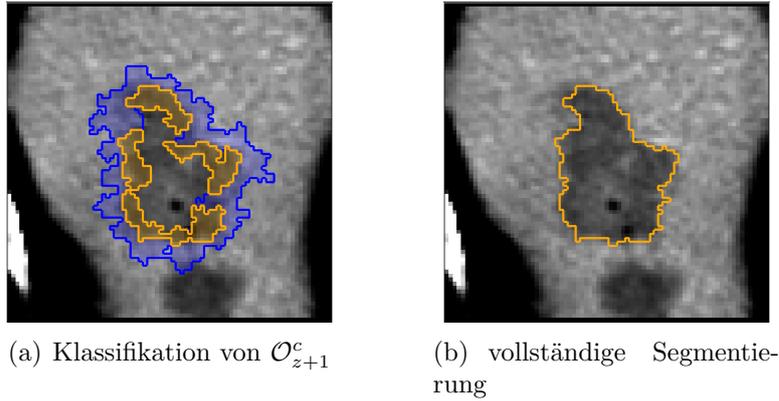


Abbildung 3.28: Klassifikation der Menge  $\mathcal{O}_{z+1}^c$  und daraus resultierende Segmentierung der Schicht

chung und die Nachbarschaft weiter gewichtet wird. Andere Abstände, zum Beispiel in einem mehrdimensionalen Merkmalsraum bestehend aus elementaren Merkmalen wie Median, Standardabweichung, Abstand zum Mittelpunkt des Benutzerstriches, ..., waren weniger erfolgreich. Oftmals ist hier eine Gewichtung der einzelnen Merkmale schwierig.

Nach der Zuordnung der Randbereiche  $\mathcal{O}_{z+1}^c$  werden die übrigen Regionen innerhalb des betrachteten Bereiches der Läsion zugeordnet. Diese überlappen sich vollständig mit der Läsion in der vorherigen Schicht:

$$\mathcal{L}_{z+1} = \mathcal{L}_{z+1} \cup \{o \in \mathcal{O}_{z+1} | \text{overlap}(o) = 1\}. \quad (3.39)$$

Im Anschluss erfolgt in jeder neuen Schicht ein Füllen von Löchern und Unregelmäßigkeiten im Rand der Läsion, wie bei der Segmentierung der Startschicht beschrieben. Es ergibt sich das Ergebnis in 3.28.

### Verfeinerung

Die bisherige Segmentierung weist im Wesentlichen noch zwei Probleme auf. Einerseits kann es durch die Verwendung der Überlappung als Merkmal zur Beschränkung der Läsion zu einer Unterschätzung der Läsion im Verlauf der Schichten kommen. Bereiche, die bereits in der Startschicht nicht segmentiert werden konnten, setzen sich in der dreidimensionalen Segmentierung fort, wie Abbildung 3.29 zeigt. Zusätzlich kann sich die gesuchte Läsion in der folgenden Schicht bei ungewöhnlicher Form oder Ausrichtung des Tumors auch außerhalb des segmentierten Gebietes in der vorherigen Schicht fortsetzen, wobei dieses Problem weitaus seltener auftritt.

Andererseits kann es - besonders bei Läsionen mit relativ schlechter Abgrenzung zum Hintergrund - auch zu deutlichen Überschätzungen kommen, wenn im Verlauf der Segmentierung Hintergrundbereiche als Läsion klassifiziert werden und somit falsche

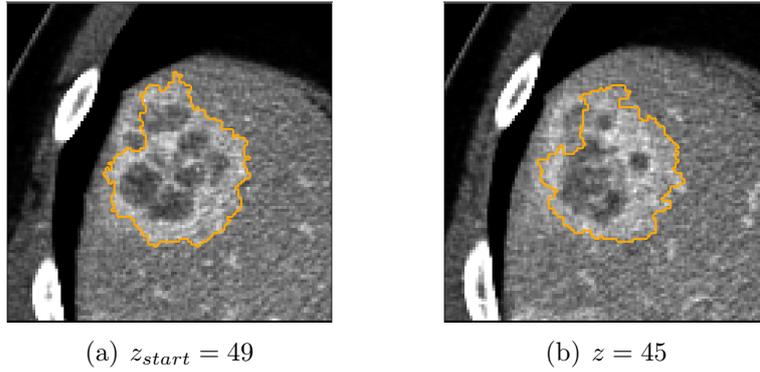


Abbildung 3.29: Unterschätzung der Läsion im Laufe der dreidimensionalen Segmentierung

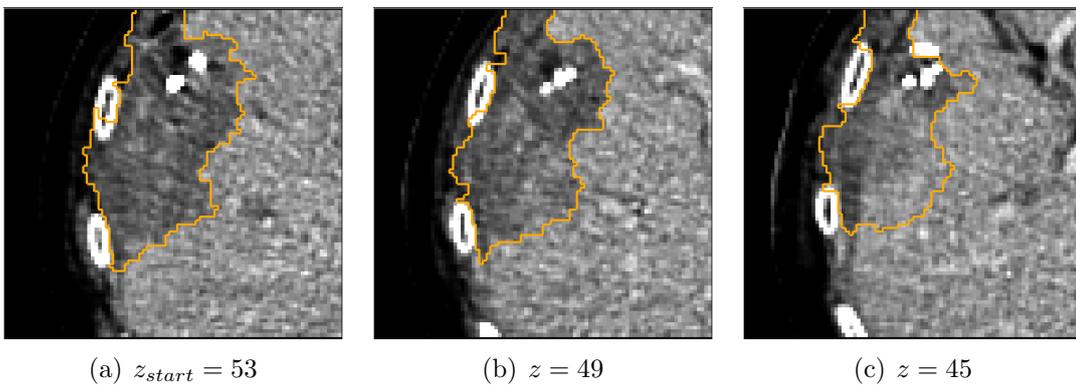


Abbildung 3.30: Überschätzung der Läsion im Laufe der dreidimensionalen Segmentierung

Trainingsdaten für die folgenden Schichten geschaffen werden. Dieses Problem ist in Abbildung 3.30 dargestellt.

Eine abschließende Bearbeitung der bisherigen Segmentierung muss beiden Problemen gerecht werden und somit die Möglichkeit bieten sowohl weiter zu wachsen als auch weiter zu schrumpfen. Die bisher getesteten Ansätze hierzu waren jedoch wenig erfolgreich und werden daher nicht aufgeführt.

## 3.5 Nachbearbeitung

Einige Probleme lassen sich allein mit der objektbasierten Bildanalyse nicht oder nur sehr aufwändig lösen. Aus diesem Grund kann es notwendig sein die Segmentierung im Anschluss weiter zu bearbeiten. Hier bieten sich besonders morphologische Operationen und weitere Methoden, die auf den einzelnen Punkten des Bildes oder der Segmentierungsmaske arbeiten.

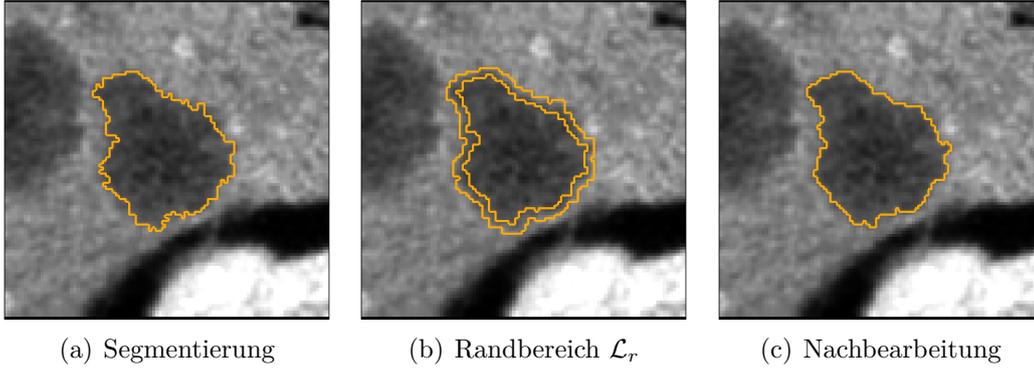


Abbildung 3.31: Segmentierte Läsion ohne und mit Nachbearbeitung der Punkte in  $\mathcal{L}_r$

### 3.5.1 Randglättung

Die objektbasierte Bildanalyse ist an die zuvor bestimmten Basisobjekte gebunden. Werden die gesuchten Grenzen im Bild nicht über diese Objekte abgebildet, kann eine zufriedenstellende Segmentierung unmöglich sein. Aus diesem Grund folgt der objektbasierten Segmentierung eine Nachbearbeitung des Tumorrandes. Hierbei werden sowohl die äußersten Bildpunkte der Läsion als auch die nächsten Punkte des Hintergrund einzeln betrachtet und erneut klassifiziert.

Der Rand von Interesse wird über morphologische Operationen bestimmt und es gilt

$$\mathcal{L}_r = \mathcal{L}_o \setminus \mathcal{L}_u = (\mathcal{L} \oplus A) \setminus (\mathcal{L} \ominus A), \quad (3.40)$$

wobei  $A$  ein Strukturelement der Größe  $3 \times 3 \times 1$  ist. Die Menge ist beispielhaft in Abbildung 3.31(b) dargestellt.

Für alle Punkte  $\mathbf{x} \in \mathcal{L}_r$  werden jetzt zur Klassifikation die Bildpunkte herangezogen, die nicht in  $\mathcal{L}_r$  und deren Zuordnung als richtig angenommen wird. Somit wird in einer hinreichend großen Umgebung um  $\mathbf{x}$  der Median  $\tilde{I}_{0.5}^{\mathcal{L}}(\mathbf{x})$  der Punkte in  $\mathcal{L}_p = \mathcal{L} \setminus \mathcal{L}_r$  bestimmt. Dieser gibt den mittleren Grauwert der Läsion in der Nähe von  $\mathbf{x}$  wieder. Analog wird der Median  $\tilde{I}_{0.5}^{\mathcal{H}}(\mathbf{x})$  des Hintergrundes aus den Punkten in  $\mathcal{H}_p = \mathcal{P} \setminus \mathcal{L}_o$  bestimmt.

Ein einfacher Vergleich mit der Intensität am betrachteten Punkt  $\mathbf{x}$  ergibt die Zuordnung:

$$\mathbf{x} \in \begin{cases} \mathcal{L} & \text{falls } |I(\mathbf{x}) - \tilde{I}_{0.5}^{\mathcal{L}}(\mathbf{x})| \leq |I(\mathbf{x}) - \tilde{I}_{0.5}^{\mathcal{H}}(\mathbf{x})| \\ \mathcal{H} & \text{sonst.} \end{cases} \quad (3.41)$$

Das Ergebnis dieses Vorgangs ist in Abbildung 3.5.1 gezeigt.

Unter Umständen kann der Rand der bearbeiteten Läsion sehr ungleichmäßig sein. Dies tritt besonders bei stark verrauschten Bildern wie in Abbildung 3.32(b) auf. Er-

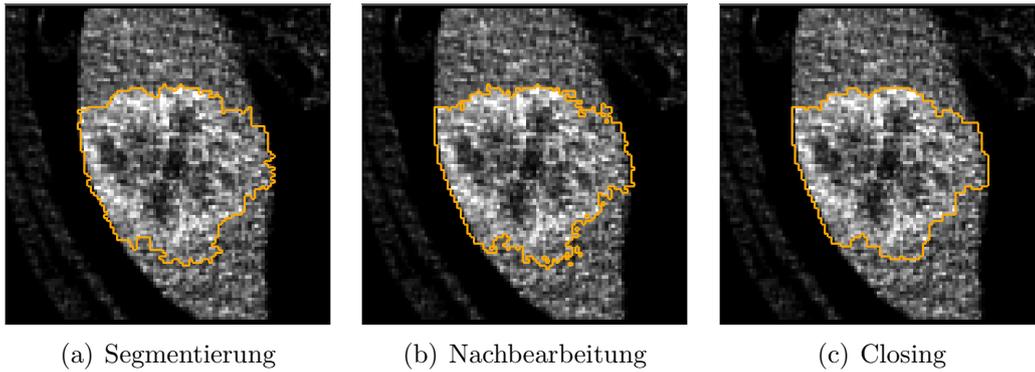


Abbildung 3.32: Nachbearbeitung auf verrauschten Bilddaten. Aufgrund des Rauschens bietet sich eine Glättung des Randes mit Hilfe eines morphologischen Closings an.

wartet wird zumeist jedoch ein glatterer Rand. Um dies zu erreichen findet auf der Maske, die die Segmentierung darstellt, im Anschluss ein morphologisches Closing statt.

### 3.5.2 Lebersegmentierung

Ein wiederkehrendes Problem ist eine Übersegmentierung der Läsion durch ein Auslaufen in die Bereiche zwischen den Rippen. Das Fett in diesem Gebiet hat typischerweise eine Intensitätsverteilung, die der eines hypodensen Tumors stark ähnelt und eine Trennung der Gebiete ist schwierig. Eine Entfernung dieser Bereiche ist im Anschluss an die Segmentierung über den Vergleich mit einer Lebersegmentierung möglich, wie Abbildung 3.33 zeigt.

Allerdings ist die Segmentierung der Leber kein triviales Problem, insbesondere da hier zusätzlich ein Tumor die übliche Form und Grauwertverteilung stört. Vielversprechende Methoden wurden im Rahmen eines MICCAI-Wettbewerbes [10] zur Lebersegmentierung vorgestellt. Da dies aber nicht das Hauptthema dieser Arbeit ist, wird an dieser Stelle nur eine einfache Variante zur lokalen Lebersegmentierung verwendet, deren Verlauf in Abbildung 3.34 illustriert ist.

Zunächst wird das Bild mit einem Tiefpassfilter relativ stark geglättet. Kleinere Details sind an dieser Stelle ohne Bedeutung, da eine große Struktur im Bild gesucht ist. Auf dem Bild erfolgt nun eine einfache Approximation des Leberparenchyms über Schwellwerte, die aus dem approximierten Mittelwert  $\tilde{I}_{Leber}$  des Leberparenchyms gewonnen werden. Ein morphologisches Opening entfernt den Großteil ungewollter Strukturen im Bild. Anschließend wird die größte zusammenhängende Komponente im Bild bestimmt und die Leber über die Bildung der konvexen Hülle approximiert.

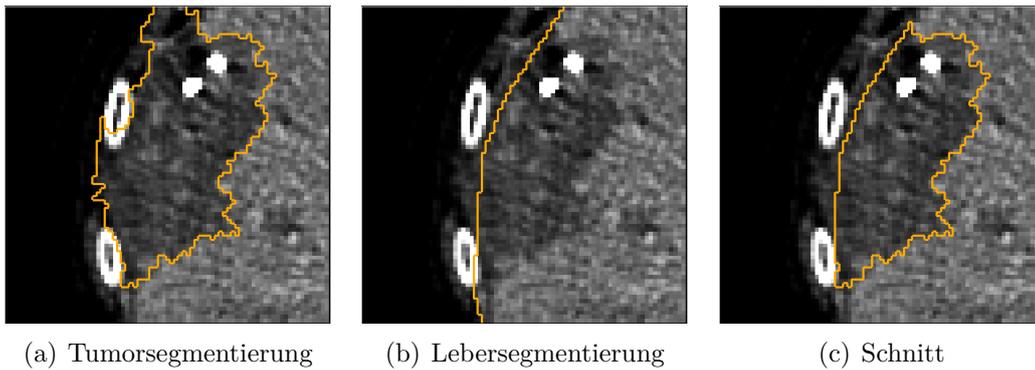


Abbildung 3.33: Anpassung der Tumorsegmentierung mit Hilfe der lokalen Segmentierung der Leber

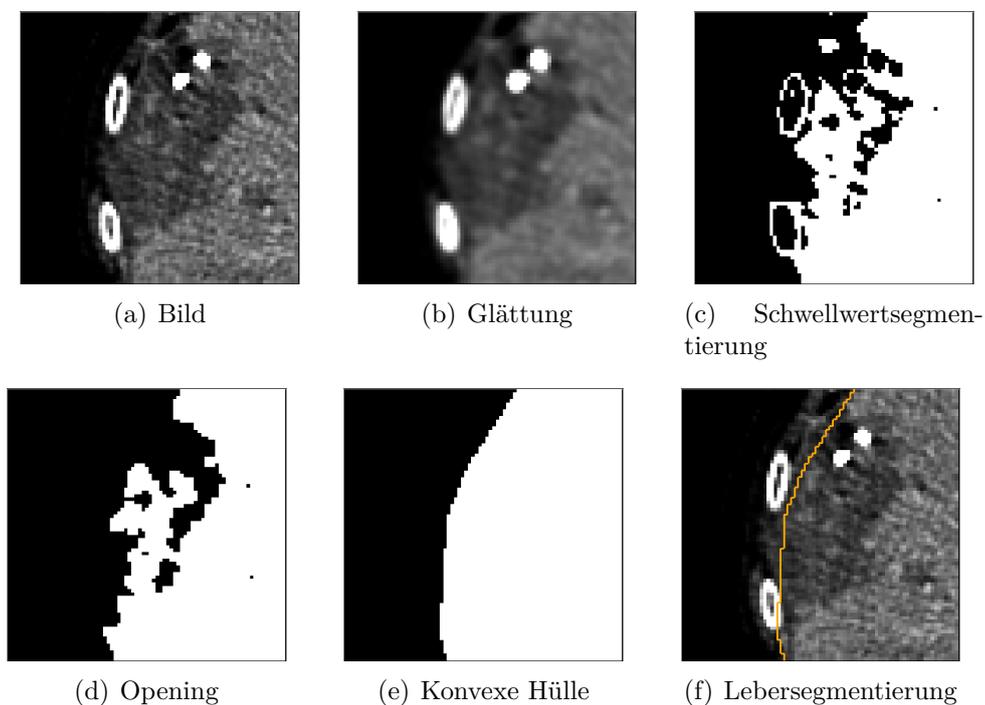


Abbildung 3.34: einzelne Schritte der lokalen Lebersegmentierung

Dieser Nachbearbeitungsschritt sollte jedoch nicht prinzipiell in allen Fällen ausgeführt werden. Liegt die Läsion zum Beispiel am Ende des Leberlappens, sind zu wenig Informationen vorhanden, um die Leber korrekt zu bestimmen. Zusätzlich fehlt eine Integration des Vorwissens über die Form der Leber. Durch die konvexe Hülle wird die Leber mit sehr harten, geraden Kanten approximiert, was nicht den realen Gegebenheiten entspricht. Auf diese Weise können somit auch erhebliche Teile des Tumors abgeschnitten werden, was im Allgemeinen die Vorteile einer besseren Segmentierung einiger weniger Läsionen überwiegt.

## 4 Ergebnisse

Die Bewertung von erzielten Ergebnissen gestaltet sich schwierig, da Segmentierung ein schlecht gestelltes Problem ist. In den seltensten Fällen gibt es die perfekte Lösung und auch manuell erstellte Segmentierungen unterscheiden sich unter Umständen deutlich. Die Einschätzung der Ergebnisse hängt also immer auch vom Beobachter und den Erwartungen an die Segmentierung ab.

Zum Vergleich verschiedener Methoden ist es trotzdem sinnvoll ein Maß für die Güte einer Segmentierung zu bestimmen, wobei zumeist eine von Experten erstellte Referenzsegmentierung als Grundlage verwendet wird. Zunächst sollen deshalb mögliche Gütekriterien vorgestellt und die erzielten Ergebnisse diskutiert werden. Zur Segmentierung mit Hilfe der objektbasierten Bildanalyse wird das in Kapitel 3 vorgestellte Verfahren verwendet, das auf dem Region Growing beruht und optisch die besten Ergebnisse erzielt hat.

Der Test erfolgte an 77 Läsionen, von denen 43 mittels Radiofrequenzablation behandelt wurden. 29 weitere weisen einen verstärkten Rand auf, die übrigen fünf Läsionen sind multifokal. Zu den multifokalen Tumoren existiert eine Referenz, während für alle weiteren Läsionen zwei verschiedene Segmentierungen zum Vergleich bereit stehen.

Ein wesentlicher Bestandteil dieser Masterarbeit war die Segmentierung der Läsion in der Schicht, in der der Benutzer den Tumor markiert. Aus diesem Grund sollen sowohl die Ergebnisse der zweidimensionalen Segmentierung der Startschicht als auch die vollständigen dreidimensionalen Segmentierungen evaluiert werden.

Das entwickelte Verfahren ist halbautomatisch und hängt von der initialen Interaktion mit dem Benutzer ab. Im Gegensatz zu einer manuellen Segmentierung soll die partielle Automatisierung des Segmentierungsvorgangs die Reproduzierbarkeit der Ergebnisse verbessern und gleichzeitig den zeitlichen Aufwand verringern. Zum Abschluss wird deshalb untersucht, wie stark das Ergebnis von der Eingabe des Benutzers abhängt und wie groß die Laufzeit ist.

### 4.1 MICCAI-Score

Eine Möglichkeit zum Vergleich von Segmentierungen mit einer gegebenen Referenz ist der MICCAI-Score. Dieser wurde ursprünglich im Rahmen eines Wettbewerbs zur Segmentierung der Leber vorgestellt und für einen zweiten Wettbewerb [9] zur Tumorsegmentierung angepasst.

Der Score beruht auf fünf unterschiedlichen Distanzen zwischen der erzielten Segmentierung und der Referenz. Es bezeichne ab jetzt  $S \subset \mathcal{P}$  die Menge an Bildpunkten,

die in der erzielten Segmentierung dem gesuchten Objekt zugewiesen wurden, und  $R \subset \mathcal{P}$  diese Menge in der Referenz.  $\delta S \subset S$  und  $\delta R \subset R$  bezeichnen die Mengen an Randpunkten in den jeweiligen Segmentierungen.

Damit lassen sich folgende Abstände  $m_i \in [0, 1]$  definieren:

1. (inverse) Volumenüberlappung

$$m_1 = \left( 1 - \frac{|S \cap R|}{|S \cup R|} \right) \quad (4.1)$$

Ein Maß für den Anteil an Bildpunkten, die in beiden Segmentierungen verschieden klassifiziert wurden.

2. Relative absolute Volumendifferenz

$$m_2 = \frac{|S \setminus R|}{|S|} \quad (4.2)$$

Ein Maß für den Anteil an falsch klassifizieren Bildpunkten.

3. Durchschnittlicher symmetrischer Oberflächenabstand

$$m_3 = \frac{1}{|\delta S| + |\delta R|} \left( \sum_{\mathbf{x} \in \delta S} \min_{\mathbf{y} \in \delta R} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2 + \sum_{\mathbf{y} \in \delta R} \min_{\mathbf{x} \in \delta S} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2 \right) \quad (4.3)$$

4. Effektivwert des symmetrischen Oberflächenabstandes

$$m_4 = \sqrt{\frac{1}{|\delta S| + |\delta R|} \left( \sum_{\mathbf{x} \in \delta S} \min_{\mathbf{y} \in \delta R} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2^2 + \sum_{\mathbf{y} \in \delta R} \min_{\mathbf{x} \in \delta S} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2^2 \right)} \quad (4.4)$$

Ein Maß für die Variabilität des Oberflächenabstandes, das sich aus einer anderen Gewichtung der Abstände ergibt.

5. maximaler Oberflächenabstand

$$m_5 = \max \left( \max_{\mathbf{x} \in \delta S} \left( \min_{\mathbf{y} \in \delta R} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2 \right), \max_{\mathbf{y} \in \delta R} \left( \min_{\mathbf{x} \in \delta S} \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2 \right) \right) \quad (4.5)$$

Der Vergleich zweier manuell erstellten Segmentierungen von 30 Tumoren ergab im Vorfeld des Wettbewerbs durchschnittlich die Werte

$$\begin{aligned} m_1^E &= 0.1294 & m_2^E &= 0.0964 & m_3^E &= 0.40 \text{ mm} \\ m_4^E &= 0.72 \text{ mm} & m_5^E &= 4.0 \text{ mm}, \end{aligned}$$

während eine perfekte - bezogen auf die gegebene Referenz - Segmentierung überall den Wert 0 erreicht.

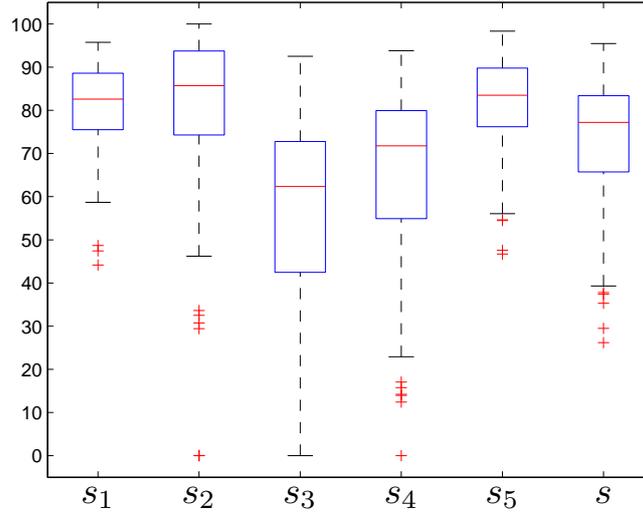


Abbildung 4.1: MICCAI-Scores der zweidimensionalen Segmentierungen der jeweiligen Startschicht. Sind zwei Referenzen verfügbar, wird der Score der Segmentierung zu beiden Referenzen bestimmt.

Jedem Abstand wird nun ein eigener Score  $s_i$  zwischen 0 und 100 derart zugewiesen, dass Segmentierungen mit  $m_i = 0$  den Score 100 erhalten, während die angegebenen durchschnittlichen Werte einer manuellen Segmentierung per Definition mit  $s_i = 90$  bewertet werden. Der Score eines beliebigen Wertes kann nun mittels Interpolation aus diesen beiden Werten bestimmt werden. Das Minimum der Scores ist 0, so dass negative Punktzahlen ignoriert werden. Es gilt somit

$$s_i = \max\left(0, 100 - 10 \frac{m_i}{m_i^E}\right). \quad (4.6)$$

Der Gesamtscore ist der arithmetische Mittelwert der fünf erzielten Einzelscores

$$s = \frac{1}{5} \sum_{i=1}^5 s_i \in [0, 100]. \quad (4.7)$$

Abbildung 4.1 zeigt zusammengefasst die erzielten Punktzahlen der einzelnen Scores für die Segmentierung der Startschicht als Boxplot. Die Ergebnisse werden an dieser Stelle über alle Fälle und alle gegebenen Referenzen zusammengefasst. Ausgangspunkt für die erstellten Segmentierungen ist ein Benutzerstrich pro Tumor, wobei die Referenzsegmentierungen als grobe Hilfe zur Lokalisation der Läsionen verwendet wurden. Sind zwei Referenzen zu einer Läsion gegeben, werden entsprechend zwei verschiedene Scores für eine Segmentierung bestimmt.

In der Grafik deutet die Box den Interquartilsabstand der Daten an. Die untere Be-

grenzung entspricht damit dem unteren Quartil, während der obere Rand das obere Quartil darstellt. Die Hälfte aller Daten liegt somit innerhalb der dargestellten Box. Der rote Strich gibt den Median der Daten wieder. Die Antennen, in der Grafik über die gestrichelten Linien angedeutet, haben maximal die Länge des 1,5-fachen Interquartialsabstandes, enden jedoch am letzten Datenpunkt innerhalb dieses Bereiches. Datenpunkte außerhalb dieses Bereiches werden als Ausreißer angesehen und gesondert abgebildet. Ohne Ausreißer gibt das Ende der Antennen den maximalen beziehungsweise minimalen Wert in den Daten wieder.

Die Grafik zeigt, dass sich die erzielten Punkte in den einzelnen Abständen relativ stark unterscheiden, wobei ein Vergleich verschiedener Bestandteile des MICCAI-Scores im Allgemeinen schwierig ist, da sich die Eigenschaften des Tumors und des untersuchten Bildes unterschiedlich auf die einzelnen Distanzen auswirken. Je größer die Läsion, desto schwächer ist zum Beispiel der Einfluss einzelner falsch klassifizierter Bildpunkte auf die Volumendifferenz. Der Score  $s_2$  liefert bei größeren Tumoren damit tendenziell bessere Ergebnisse.

Der maximale Oberflächenabstand dagegen wird von der Größe des Tumors kaum beeinflusst, so dass der Score  $s_5$  unabhängig von der Tumorgröße vergleichbare Ergebnisse liefert. Hier spielt jedoch die gegebene Diskretisierung eine Rolle. Je weniger Bildpunkte zur Darstellung verwendet werden, desto größer ist ihr Abstand, so dass sich die Fehlklassifikation einzelner Bildpunkte stärker bei größeren Volumenobjekten auswirkt.

Die Scores, die sich aus der Volumenüberlappung oder dem maximalen Oberflächenabstand bestimmen, erzielen durchschnittlich hohe Punktzahlen und auch die Varianz in den Punktzahlen ist relativ gering. Tendenziell wird also ein größerer Teil der Bildpunkte ähnlich wie in der Referenz klassifiziert und gleichzeitig ist der maximale Abstand zwischen der erzielten Segmentierung und der Referenz verhältnismäßig klein. Dies spricht dafür, dass die Verwendung des Benutzerstriches und die Einschränkung der maximalen Größe über die Länge dieses Striches sinnvoll ist.

Der Score für die Volumendifferenz liefert die meisten hohen Punktzahlen. Die Größe des Tumors kann damit verhältnismäßig gut geschätzt werden, auch wenn die tatsächlichen Grenzen eventuell nicht perfekt segmentiert werden, was die schlechteren Punktzahlen des mittleren Oberflächenabstand andeuten. Das Verfahren scheint sich damit besonders für Aufgabenstellungen zu eignen, wo das Volumen des Tumors bestimmt werden soll und die Ränder der Läsion weniger entscheidend sind. Dies ist zum Beispiel bei der Bewertung des Therapieerfolges der Fall.

Allerdings finden sich bei der Volumendifferenz auch einige, teilweise starke Ausreißer nach unten. Ein Großteil dieser sehr schlechten Punktzahlen ergibt sich aus Fällen, wo die gegebenen Referenzen stark voneinander abweichen, wie in Abbildung 4.2(b) gezeigt. Das entwickelte Verfahren wurde unabhängig von den Referenzen lediglich mit einem Benutzerstrich gestartet. Da es nicht möglich ist beiden Referenzen mit nur einer Segmentierung gerecht zu werden, ist beim Vergleich mit wenigstens einer der beiden Referenzen eine schlechte Punktzahl zu erwarten. Prinzipiell lässt sich das Ergebnis jedoch an beide Referenzen anpassen, wenn auch die Initialisierung entspre-

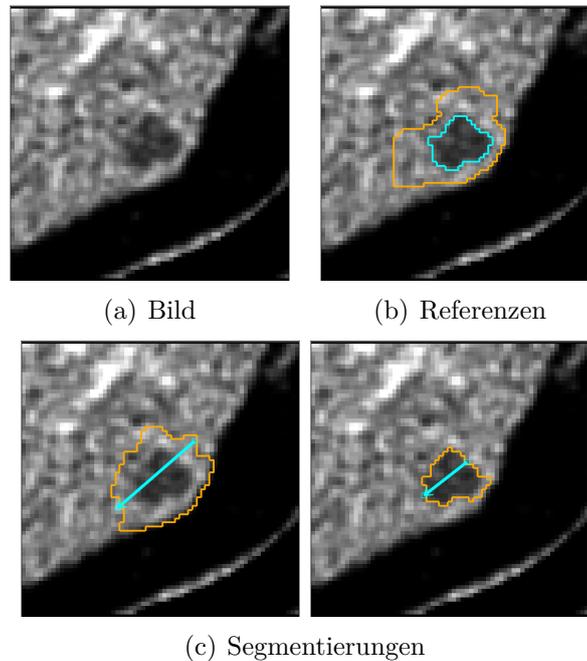


Abbildung 4.2: Unterschiedlichkeit der Referenzsegmentierungen und Abhängigkeit der erzielten Segmentierung vom gewählten Strich des Benutzers

chend angepasst wird, wie Abbildung 4.2(b) vermuten lässt.

Mit der Wahl eines geeigneten Striches können allzu schlechte Ergebnisse dementsprechend vermieden werden, wie Abbildung 4.3 zeigt. Hier werden nur die Punktzahlen zu der Referenz dargestellt, die der Segmentierung ähnlicher ist. Eine Verbesserung ist besonders in den Punktzahlen der Volumendifferenz zu erkennen, wo sich die Varianz der erzielten Punktzahlen deutlich verringert hat.

Die größte Streuung zeigen die Ergebnisse des mittleren Oberflächenabstandes und des Effektivwertes des Oberflächenabstandes, sowohl bei der Betrachtung aller Referenzen als auch bei der Einschränkung auf die ähnlichsten Referenzen. Dies ist ein Hinweis darauf, dass der detektierte Rand der Läsion in der eigenen Segmentierung und den Referenzen größere Unterschiede zeigt. Ursächlich können die verwendeten pixelweisen Nachbearbeitungsschritte sein. Besonders das abschließende Closing zur Glättung des Randes tendiert bei unregelmäßigen Rändern zu einer minimalen Überschätzung der Läsion, indem Randbereiche aufgefüllt werden.

Abbildung 4.12 (am Ende des Kapitels) zeigt eine Übersicht über verschiedene Tumore und die Segmentierungen, die mit der objektbasierten Bildanalyse möglich sind. Relativ einfach lassen sich homogene Läsionen segmentieren, die im Idealfall deutlich vom umgebenden Gewebe abgegrenzt sind, wie Fall (a) zeigt. Im Wesentlichen ist das hier gezeigte Ergebnis bereits durch den ersten Schritt des Region Growings zu erreichen. Aber auch inhomogene Tumore lassen sich gut segmentieren, wenn sie nach außen gut abgegrenzt sind, wie der Fall (b) zeigt.

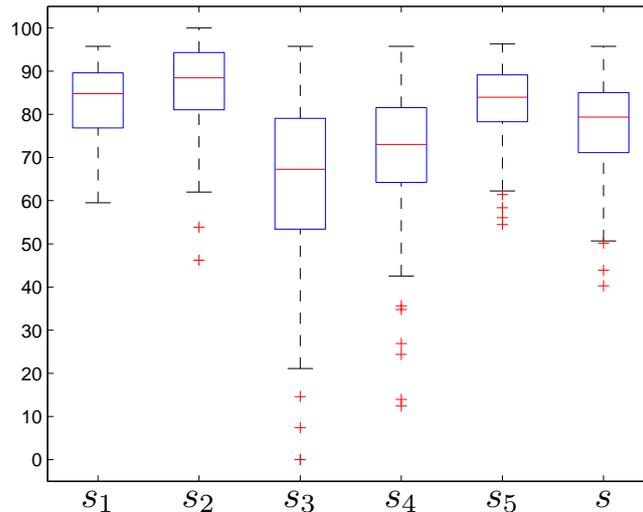


Abbildung 4.3: MICCAI-Scores der zweidimensionalen Segmentierungen der Startschicht. Dargestellt sind nur die Punktzahlen zu der jeweils ähnlichsten Referenz einer jeden Läsion.

Schwieriger sind Fälle, wo die Läsion von Strukturen verschiedener Intensitäten umgeben ist, wie in Fall (c). Durch die Schätzung des Leberparenchyms lässt sich zwar eine gute Abgrenzung zum Gewebe der Leber erzielen, ein Auslaufen der Segmentierung in die dunkleren Bereichen außerhalb der Leber kann aber nicht verhindert werden, obwohl diese Gebiete durch einen dünneren, helleren Bereich zu unterscheiden sind. Das Problem wird an dieser Stelle durch die verwendete Vorsegmentierung verursacht. Durch die nötigen Vorverarbeitungsschritte (Glättung, Kantenfilter) kann diese feine Struktur nicht durch die Wasserscheidentransformation wiedergegeben werden und es entstehen Basisobjekte in Läsion und Hintergrund, deren Grauwertverteilungen sich durch die Vermengung hellerer und dunklerer Bereiche stark ähneln.

Ein ähnliches Problem ist im Fall (d) gegeben. Im Normalfall lassen sich das Fettgewebe im Bereich der Rippen und eine typische hypodense Läsion anhand der Grauwerte kaum voneinander trennen, eine starke Überschätzung der Läsion ist die Folge, die den niedrigen Score erklärt. Zumindest in diesem Fall ist eine verbesserte Bestimmung der Läsion möglich, wenn die Segmentierung der Leber mit einbezogen wird, wie in Kapitel 3.5.2 beschrieben. Da für den Großteil der Fälle dieser Schritt aber nicht nötig ist und die Segmentierung der Leber mit diesem einfachen Verfahren teilweise ungenügend ist, wurde diese Variante in den Tests nicht verwendet.

Schlechtere Ergebnisse sind bei Läsionen zu erwarten die nur undeutlich abgegrenzt sind. Fall (e) zeigt einen Tumor, der durch einen diffusen Rand abgegrenzt ist, der sich kaum vom Leberparenchym abhebt. Die fest gewählten Parameter beim Wachstums- und Schrumpfungsprozess, die auf eine Vielzahl unterschiedlicher Gegebenheiten zugeschnitten sind, lassen eine genauere Bestimmung des Randes hier nicht zu. Während

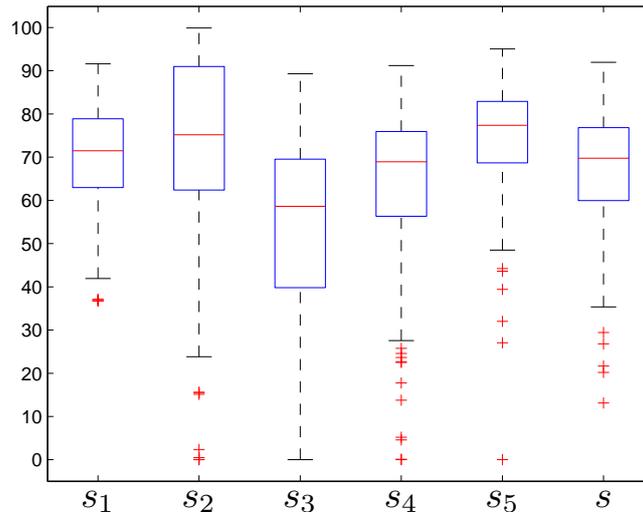


Abbildung 4.4: MICCAI-Scores der dreidimensionalen Segmentierungen der Startschicht über alle Referenzen.

am oberen Rand die Läsion überschätzt wird, weil sich ein dunklerer Bereich in der Nähe befindet, wurde im unteren Bereich die Läsion zu stark geschrumpft.

Fall (f) zeigt abschließend einen besonders schwierigen Fall. Der Tumor ist sehr unregelmäßig geformt und zusätzlich sehr inhomogen. Die Annäherung der Verteilung der Grauwerte in der Läsion ist kaum durch einen einfachen Strich möglich. Zudem ist auch das Lebergewebe über der Läsion durch die Radiofrequenzablation geschädigt und unterscheidet sich in den Eigenschaften stark vom Gewebe in der unteren Bildhälfte. In diesem Fall ist die Läsion unterschätzt, tatsächlich sollten weitere Bereiche zum Tumor gezählt werden, was sich allerdings erst im Verlauf der weiteren Schichten erkennen lässt.

Neben der Segmentierung der Startschicht ist vor allem die dreidimensionale Segmentierung interessant. Die Ergebnisse zeigen in etwa das gleiche Verhalten, wie die der zweidimensionalen Segmentierung. Im Schnitt werden aber niedrigere Scores erzielt, was in Abbildung 4.4 dargestellt ist. Die Grafik fasst an dieser Stelle erneut die Segmentierung aus einem Benutzerstrich zu allen gegebenen Referenzen zusammen. Niedrigere Punktzahlen sind allerdings zu erwarten, da die Informationen auf dem Strich des Benutzers besonders die Eigenschaften der Läsion in der Startschicht beschreiben. Zudem beruht die Segmentierung der folgenden Schicht immer auf der Segmentierung der vorherigen Schicht, so dass sich Fehler im Allgemeinen fortpflanzen.

Interessant ist vor allem, wie sich die Qualität der zweidimensionalen Segmentierung auf die räumliche Bestimmung der Läsion auswirkt, was bei der bisherigen Darstellung nicht zu erkennen ist. Abbildung 4.5 zeigt aus diesem Grund die Differenz der Gesamtscores in 3D und in 2D. Erkennbar ist, dass sich der Großteil der Segmentierungen (leicht) verschlechtert und im Allgemeinen gilt: Je besser die Segmentierung in

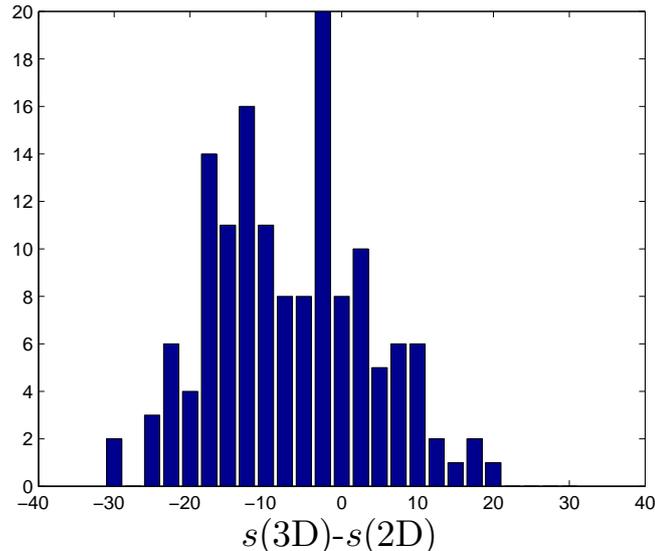


Abbildung 4.5: Vergleich des MICCAI-Scores der Segmentierungen in 2D und 3D

der Startschicht, desto weniger nimmt die Punktzahl beim Übergang zur dreidimensionalen Segmentierung ab.

Es ist jedoch auch möglich, dass bei der dreidimensionalen Segmentierung bessere Ergebnisse erzielt werden. Exemplarisch ist in Abbildung 4.13 (am Ende des Kapitels) diesbezüglich ein Beispiel dargestellt. Die Segmentierung und die Referenz weisen in der Startschicht durch die ungewöhnliche Form, die starke Spreizung der Intensitäten auf dem Strich durch den hyperdensen Einschluss, sowie weiterer Strukturen in der Nähe, die das Schrumpfen der Läsion erschweren, größere Unterschiede auf. Im Verlauf der Segmentierung kann sich das Ergebnis der objektbasierten Analyse allerdings besser an die Referenz anpassen. Durch die Klassifikation der Folgeschichten auf der Basis von Läsion und Hintergrund werden besonders die überschätzten Bereiche weiter eingeschränkt, da sich viele Objekte mit ähnlichen Grauwertverteilungen im Hintergrund finden lassen.

Die verschiedenen Arten von Läsionen, die in Kapitel 1.2 vorgestellt wurden und während dieser Arbeit segmentiert werden sollten, lassen sich unterschiedlich gut mit Hilfe der objektbasierten Bildanalyse segmentieren, wie Abbildung 4.6 zeigt. Dargestellt ist die Verteilung des erzielten MICCAI-Scores in den gegebenen Beispielen zu multifokalen Tumoren (MF), den Tumoren nach einer Radiofrequenzablation (RFA) und Läsionen, die einen verstärkten Rand aufweisen (RV).

Die multifokalen Läsionen zeigen im Mittel die schlechtesten Ergebnisse. Dies liegt vor allem an einem hohen Rauschen in den Bildern, wodurch die Abgrenzung der Läsion von der Umgebung schwierig ist. Durch die Inhomogenität der Intensitäten kann es zudem leicht zu einer Unterschätzung der Läsion kommen, indem einige Bestandteile während des Region Growings nicht mitsegmentiert werden. Auch die Nähe zu weiteren Läsionen erschwert die Abgrenzung nach außen.

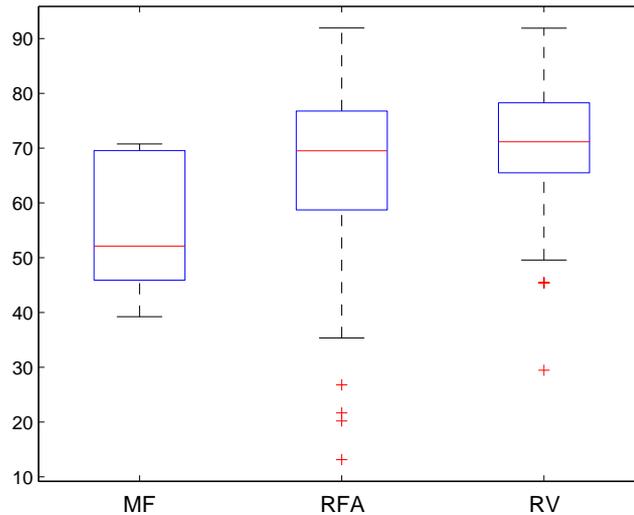


Abbildung 4.6: MICCAI-Score der dreidimensionalen Segmentierung, dargestellt in den einzelnen untersuchten Fällen (MF - multifokale Tumore, RFA - Tumore nach einer Radiofrequenzablation, RV - randverstärkte Tumore)

Die Gruppe der Tumore nach einer Radiofrequenzablation umfasst sowohl homogene Läsionen die sich einfach abgrenzen lassen, als auch Tumore, deren Verteilung der Grauwerte und Form stark von den üblichen Gegebenheiten abweicht. Die Schwierigkeit der Fälle variiert damit stark, was durch die Streuung der erzielten Ergebnisse deutlich wird.

Die randverstärkten Tumore lassen sich insgesamt am Besten segmentieren. Dies liegt zum einen daran, dass oftmals ein hyperdenser Rand die Läsion deutlich nach außen abgrenzt. Zusätzlich sind diese Tumore häufig relativ klein, sodass bereits der Benutzerstrich einen Großteil der Läsion markiert und das Ergebnis damit weniger stark vom anschließenden Wachstums- und Schrumpfungsprozess abhängt.

Tabelle 4.1 stellt die hier erzielten Ergebnisse denen verschiedener Teilnehmer der *MICCAI Grand Challenge* [9] zur Segmentierung von Leberläsionen gegenüber.

Obwohl den Ergebnissen nicht die gleichen Daten zugrunde liegen, ist ein prinzipieller Vergleich mit anderen Verfahren möglich. Zu erkennen ist, dass die objektbasierte Bildanalyse im Vergleich mit den übrigen halbautomatischen Verfahren vor allem bei randverstärkten Tumoren gute Ergebnisse liefert. Insbesondere die Tatsache, dass in dieser Arbeit komplexere Lebertumore im Mittelpunkt standen, die typischerweise schwierig zu segmentieren sind, spricht für die objektbasierte Bildanalyse als Verfahren zur Segmentierung.

Die erzielten Ergebnisse müssen allerdings etwas differenzierter betrachtet werden. Die Referenzen zu den Testdaten waren während der Entwicklung bekannt und der

objektbasierte Bildanalyse									
MF	RFA	RV	Gesamt	Smeets et al [30]	Moltz et al [22]	Wong et al [34]	Zhou et al [38]	Qi et al [26]	
55.9	64.5	70.1	66.4	69.4	69.1	64.5	69.4	57.1	

Tabelle 4.1: Vergleich des durchschnittlichen MICCAI-Scores mit verschiedenen halb-automatischen Algorithmen

verwendete Benutzerstrich, mit dem die hier vorgestellten Ergebnisse generiert wurden, beruht auf diesen Referenzen, indem das Wissen über die Lage und erwartete Größe genutzt wurde. Der zum Test verwendete Strich wurde zu Beginn der Arbeit im Bereich der Referenzsegmentierungen so platziert, dass die geforderten Bedingungen an den Benutzerstrich so gut wie möglich erfüllt wurden.

Im weiteren Verlauf wurden die Striche nicht weiter verändert, stattdessen erfolgte eine grobe Anpassung der verwendeten Parameter in den einzelnen Arbeitsschritten auf Basis der erzielten Punktzahlen im Vergleich zu den gegebenen Referenzen. Es muss also davon ausgegangen werden, dass die Ergebnisse einen Bias aufweisen, da ein Großteil der Testdaten auch in der Entwicklung verwendet wurde.

Weitere Ausführungen dazu finden sich im späteren Abschnitt zur Reproduzierbarkeit.

## 4.2 Referenzengewichteter Score

Wie bereits eingangs beschrieben gibt es selten die perfekte Segmentierung und auch die gegebenen Referenzen können sich unter Umständen deutlich unterscheiden, wie das Beispiel in Abbildung 4.2(b) zeigt. Beim MICCAI-Score wird die Segmentierung jedoch nur mit jeweils einer Referenz verglichen, so dass sich auch die erzielten Punktzahlen einer Segmentierung abhängig von der verwendeten Referenz deutlich unterscheiden können. Die Ergebnisse lassen sich damit vermutlich besser vergleichen, wenn dieser Umstand in den verwendeten Score mit einbezogen wird.

Zudem ist nicht sichergestellt, dass die im MICCAI-Score zur Normierung verwendeten mittleren Distanzen zwischen zwei manuellen Segmentierungen auch die Unsicherheiten in den gegebenen Daten ausreichend genau beschreiben. Im Folgenden soll daher ein Maß vorgestellt werden, das das Ergebnis auf der Basis der Unterschiede in den Referenzen bewertet. Eine ausführliche Beschreibung findet sich in [24].

Gegeben seien hierfür  $n \geq 2$  verschiedene Referenzsegmentierungen. Zunächst werden die Distanzen  $m_i(k)$  zwischen der erzielten Segmentierung und den einzelnen Referenzen  $k$ , sowie die Abstände  $m_i^{Ref}(k, l)$  zwischen den Referenzen  $k \neq l$  wie im vorherigen

Abschnitt bestimmt. Aus diesen können die Werte

$$\bar{m}_i = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n m_i(k) \quad (4.8)$$

als Maß für den mittleren Abstand der Segmentierung zu allen Referenzen und

$$\bar{m}_i^{Ref} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{k=1}^{n-1} \sum_{l=k+1}^n m_i^{Ref}(k, l) \quad (4.9)$$

als Maß für den mittleren Abstand zwischen den Referenzen bestimmt werden.

Unter der Annahme, dass die Referenzen nicht völlig identisch sind, wird jedem dieser Distanzen nun wiederum ein einzelner gewichteter Score  $s_i^w$  zwischen 0 und 100 zugewiesen:

$$s_i^w = \max \left( 0, 100 - 10 \frac{\bar{m}_i}{\bar{m}_i^{Ref}} \right). \quad (4.10)$$

Es ergibt sich der Gesamtscore

$$s^w = \frac{1}{5} \sum_{i=1}^5 s_i^w \in [0, 100]. \quad (4.11)$$

Eine Segmentierung erhält somit einen Score von 90 Punkten, wenn der durchschnittliche Abstand zu den Referenzen so groß ist, wie die Distanz der Referenzen zueinander. Hierbei ist es irrelevant, ob die Segmentierung einer der Referenzen ähnelt oder versucht allen Referenzen gerecht zu werden. Je stärker die Unterschiede zwischen den Referenzen sind, desto größere Ungenauigkeiten werden auch in der zu vergleichenden Segmentierung toleriert.

Im Wesentlichen ist der MICCAI-Score damit lediglich ein Spezialfall, bei dem mit den durchschnittlichen Unterschieden zwischen zwei manuell erstellten Referenzen gewichtet wird.

Für die erzielten Segmentierungen ergeben sich damit die in Abbildung 4.7 (am Ende des Kapitels) zusammengefassten Ergebnisse, wobei ein Großteil der Läsionen im Bereich der Unterschiede zwischen den Läsionen zu liegen scheint. Auch der Unterschied zwischen den Ergebnissen in der Startschicht und den dreidimensionalen Segmentierungen fällt deutlich geringer aus.

Interessanterweise scheint in diesem Vergleich die Volumendifferenz die schlechtesten Punktzahlen zu liefern, da die Werte hier die stärkste Varianz aufweisen. Da die anderen vier Scores vergleichbare Punktzahlen liefern, liegt die Vermutung nahe, dass besonders der Referenzwert zur Volumendifferenz im MICCAI-Score zumindest für die vorliegenden Daten zu hoch ist.

In Abbildung 4.14 (am Ende des Kapitels) sind weitere Beispiele von erzielten Seg-

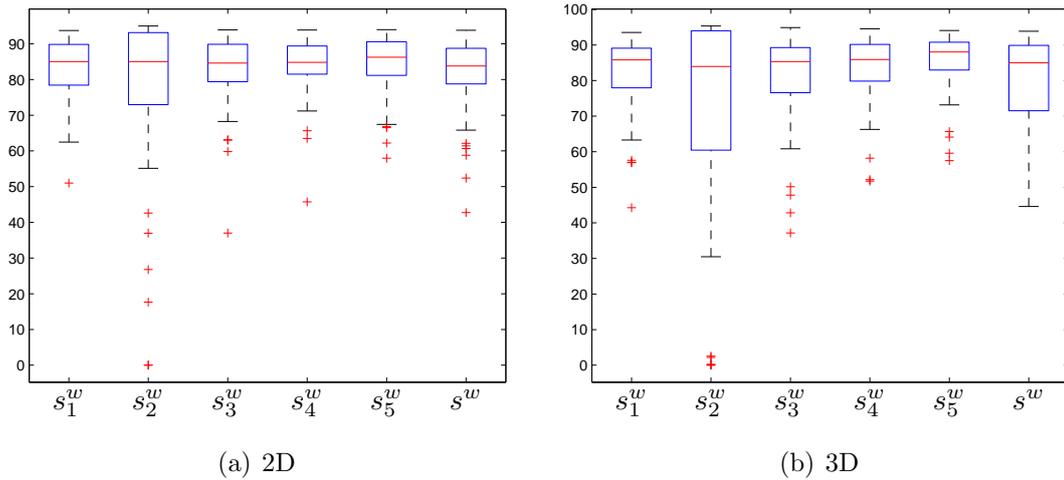


Abbildung 4.7: Referenzengewichteter Score

mentierungen im Vergleich zu den gegebenen Referenzen gezeigt. Die angegebenen Scores beziehen sich auf die dreidimensionalen Segmentierungen, wobei aus Gründen der Übersichtlichkeit hier nur eine Schicht dargestellt ist. Hier lässt sich gut erkennen, welche Vorteile dieser gewichtete Score beim Vergleich der Ergebnisse bietet.

Fall (a) zeigt die Segmentierung einer relativ einfach abzugrenzenden Läsion. Trotz der Lage am Rand der Leber sind ausreichend scharfe Ränder zur Abgrenzung vorhanden, insbesondere da keine weiteren Strukturen in der Nähe das Ergebnis beeinflussen können. Die Segmentierung auf der Basis der objektbasierten Bildanalyse zeigt deshalb auch starke Ähnlichkeit zu den Referenzen, was sich ebenfalls in den Punktzahlen der MICCAI-Scores zeigt. Zwar sind kleinere Abweichungen zu erkennen, die sich aber bereits in den Referenzsegmentierungen zeigen, so dass auch der gewichtete Score das gute Ergebnis widerspiegelt.

Im zweiten Fall (b) zeigt sich ein deutlicher Unterschied in den Referenzen. Die orangene Referenz tendiert dazu den Tumor etwas großzügiger einzugrenzen. Die bestimmte Segmentierung passt sich dagegen stark der hellblauen Referenz an, so dass hier auch ein hoher Score erzielt wird. Ein Vergleich nur mit der orangenen Referenz würde dagegen auf ein schlechteres Ergebnis schließen lassen. Eine Segmentierung, die dieser Referenz ähnelt, kann mit dem entwickelten Verfahren auch nicht erreicht werden, da bereits die Basisobjekte größere Bereiche außerhalb des Tumors zusammenfassen und auch der verwendete Nachbearbeitungsschritt auf der Ebene der Bildpunkte die äußeren Punkte aufgrund der größeren Ähnlichkeit dem Hintergrund zuordnen würde. Der Unterschied in den Referenzen fließt jedoch in den gewichteten Score  $s^w$ , so dass hier eine hohe Punktzahl erreicht wird, obwohl nur die Ähnlichkeit zu einer Referenz gegeben ist.

Fall (c) zeigt einen Tumor, durch den ein Blutgefäß läuft, was sich durch die helleren Grauwerte darstellt. Sowohl die Segmentierung aus dieser Arbeit als auch die orangene Referenz beachten dies und schließen diese Gefäße aus, während die hellblaue Referenz

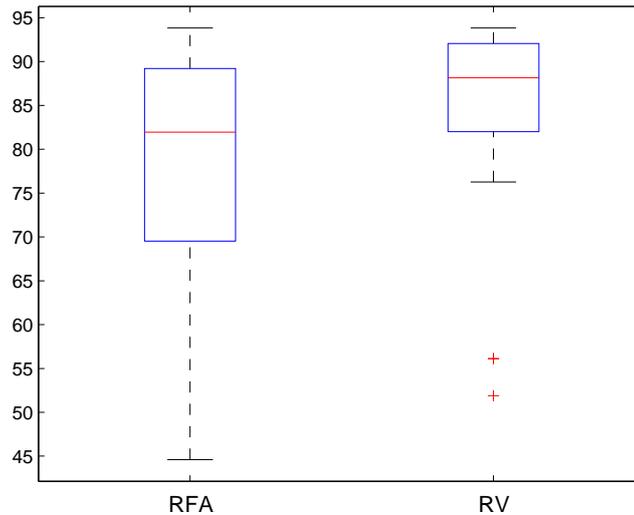


Abbildung 4.8: Referenzengewichteter Score der dreidimensionalen Segmentierung in den untersuchten Fällen

den gesamten Bereich als Tumor klassifiziert, was unter Umständen auch gewünscht sein kann. Die MICCAI-Scores zeigen jedoch, dass die Segmentierung keiner der Referenzen gerecht wird, da sie vom Volumen her zwischen den beiden Referenzen liegt. Der gewichtete Score zeigt aber auch diesen Umstand an. Werden beide Referenzen als sinnvolle Segmentierungen angenommen, erscheint auch die Mittelung akzeptabel. Im Gegensatz dazu steht der Fall (d). Ähnlich zum vorherigen Beispiel werden im Vergleich zu den einzelnen Referenzen nur durchschnittliche Ergebnisse erzielt. Dies liegt an den verwendeten Basisobjekten, die durch die Wasserscheidentransformation gewonnen werden. In diesem Fall ist der Übergang von der Leber zum Bauchraum fließend, was einen breiten Bereich mit hohen Gradienten schafft. Die Wasserscheiden trennen dieses Gebiet in der Mitte dieses Bereiches, wie die Segmentierung zeigt, was allerdings nicht der in der verwendeten Fensterung wahrgenommenen Grenze entspricht. Tatsächlich ist die Abgrenzung des Tumors jedoch recht eindeutig, wie der kaum wahrnehmbare Unterschied in den Referenzen zeigt. Dementsprechend liefert auch der gewichtete Score eine niedrige Punktzahl. Auch die kleineren Unterschiede werden aufgrund der prinzipiell einfachen Abgrenzbarkeit daher stärker bestraft. Dies liegt durchaus im Bereich der Erwartung an die Vergleichbarkeit von Ergebnissen, denn ein mittelmäßiges Ergebnis bei einem einfachen Fall stellt im Wesentlichen ein schlechtes Ergebnis dar.

Abbildung 4.8 bestätigt an dieser Stelle noch einmal die Vermutung unter Verwendung des gewichteten Scores, dass sich randverstärkte Tumore mit dem während dieser Arbeit entwickelten Verfahren besser segmentieren lassen als Läsionen nach einer Radiofrequenzablation. Zu den multifokalen Läsionen stehen nur jeweils eine Referenz zur Verfügung, so dass ein Vergleich an dieser Stelle nicht möglich ist.

## 4.3 Reproduzierbarkeit

Als halbautomatisches Verfahren ist eine (minimale) Interaktion des Benutzers nötig, um die Segmentierung zu starten. Wünschenswert ist ein möglichst robustes Verfahren, das vergleichbare Ergebnisse liefert, wenn es mit verschiedenen sinnvollen Ausgangswerten gestartet wird.

Zur Überprüfung der Reproduzierbarkeit wurden aus den gegebenen Testdaten 14 Fälle verschiedener Schwierigkeit zufällig ausgewählt.

$A_1$  umfasst Läsionen, die gut mit der objektbasierten Bildanalyse segmentiert werden konnten und gewichtete Scores  $s^w > 85$  erzielten. In  $A_2$  wurden die Fälle gesammelt, die Punktzahlen zwischen 60 und 85 erreichten. Die schwerer zu segmentierenden Tumore ( $s^w < 60$ ) bilden die Menge  $A_3$ . Aus den Mengen  $A_1$ ,  $A_2$  und  $A_3$  wurden nun je zwei randverstärkte Tumore und zwei Läsionen, die mittels Radiofrequenzablation behandelt wurden, ausgewählt.

Zusätzlich wurden zwei weitere multifokale Tumore anhand des MICCAI-Scores als Vergleich zur einzigen verfügbaren Referenz ausgewählt und zur besseren Übersicht den Fällen aus  $A_2$  beziehungsweise  $A_3$  zugeordnet. Ausgesprochen gute Ergebnisse konnten bei dieser Art von Läsionen nicht erzielt werden, weshalb kein weiterer Fall zur Gruppe  $A_1$  hinzugefügt wurde.

Zu jedem der ausgewählten Fälle wurden fünf weitere Striche zur Definition der Läsion in unterschiedlichen Schichten und Lagen bestimmt. Insgesamt stehen damit 6 (dreidimensionale) Segmentierungen zu jeder Läsion zur Verfügung, die im Folgenden hinsichtlich ihrer Ähnlichkeit untersucht werden.

Eine Möglichkeit zum Vergleich ist auch hier der MICCAI-Score, wobei die ursprüngliche Segmentierung als Referenz für die übrigen Fünf dient. Tabelle 4.2 zeigt einen Überblick über die mittleren erzielten Punktzahlen  $\bar{s}$ , sowie die Standardabweichung  $\sigma(s)$  der Scores. In den einfachen Fällen aus  $A_1$  ist kaum eine Variabilität der Segmentierungen zu erkennen. Die Punktzahlen liegen größtenteils deutlich über 90. Besonders in den übrigen Fällen sind jedoch teilweise deutliche Abweichungen in den Segmentierungen zu erkennen. Je schwerer der Fall, desto größer fallen auch die Unterschiede in den Segmentierungen aus.

Besonders interessant ist in dieser Hinsicht, wie gut sich das Volumen des Tumors aus der Segmentierung bestimmen lässt. Auch wenn die Segmentierungen größere Unterschiede aufweisen, kann eine prinzipielle Approximation der Größe möglich sein. Im Weiteren wurde daher ebenfalls die Variabilität in den Volumina der segmentierten Läsionen bestimmt. Tabelle 4.2 fasst auch hier das mittlere Volumen  $\bar{V}$ , sowie die Standardabweichung  $\sigma(V)$  zusammen. Abhängig von der tatsächlichen Größe wirken sich Abweichungen unterschiedlich stark aus. Je größer ein Tumor ist, desto schwächer wirken sich kleinere Fehler in der Bestimmung des Volumens aus. Für einen besseren Vergleich ist daher ebenfalls der *Variationskoeffizient*

$$\text{VarK}(V) = \frac{\sigma(V)}{\bar{V}} \quad (4.12)$$

angegeben, bei der die Standardabweichung mit dem mittleren Wert gewichtet wird. Dieses Maß ist damit unabhängig von der Größe des Tumors.

Da die Volumendifferenz im MICCAI-Score enthalten ist, bietet sich beim Vergleich der Volumina in den einfachen Fällen ein ähnliches Bild wie beim Vergleich der Segmentierungen über den MICCAI-Score. Gut abgrenzbare Läsionen werden unabhängig vom Strich bestimmt.

Es zeigt sich aber auch, dass die Fälle mit weniger guten Punktzahlen unabhängig vom Benutzerstrich die Läsionen in vergleichbarer Größe segmentieren können. Besonders die schwierigeren Fälle können sich jedoch auch in den Volumina erheblich unterscheiden.

Fall	$\bar{s}$	$\sigma(s)$	$\bar{V}$ in mm <sup>3</sup>	$\sigma(V)$ in mm <sup>3</sup>	VarK( $V$ )	
$A_1$	1	95.9	3.0	1.43	0.06	0.04
	2	92.3	5.3	14.56	0.78	0.05
	3	93.0	3.1	16.49	0.88	0.05
	4	95.6	3.2	19.46	0.31	0.02
$A_2$	5	69.8	21.5	104.64	16.20	0.15
	6	68.6	6.3	2.46	0.65	0.26
	7	76.5	16.1	176.40	5.50	0.03
	8	88.3	4.9	27.63	1.38	0.05
	9	40.9	14.6	91.45	27.60	0.30
$A_3$	10	69.5	17.9	10.41	2.56	0.25
	11	69.4	10.0	1.11	0.44	0.40
	12	78.3	8.6	4.23	0.76	0.18
	13	66.1	9.7	125.87	17.20	0.14
	14	38.0	9.4	45.51	11.23	0.25

Tabelle 4.2: Vergleich der Segmentierungsergebnisse auf der Basis verschiedener Benutzerstriche. Angegeben sind Mittelwert  $\bar{s}$  und Standardabweichung  $\sigma(s)$  der MICCAI-Scores zur ursprünglichen Segmentierung, sowie Mittelwert  $\bar{V}$ , Standardabweichung  $\sigma(V)$  und Variationskoeffizient  $\text{VarK}(V)$  der Volumen über alle sechs Striche.

Abbildung 4.15 zeigt ebenfalls die Abhängigkeit der Segmentierung von der Wahl des Benutzerstriches in Fällen verschiedener Schwierigkeit. Auch hier ist deutlich zu erkennen, dass die Wahl des Striches bei einer relativ einfachen, homogenen Läsion kaum Einfluss auf das erzielte Ergebnis hat. Inhomogene Läsionen dagegen sind deutlich stärker vom Benutzerstrich abhängig, da hier die Vorauswahl der Startregionen zum Region Growing und die Approximation verschiedener Merkmale auf der Basis des Striches entscheidend auf die Segmentierung einwirkt.

Interessant ist in diesem Zusammenhang der Vergleich mit den gegebenen Referenzen.

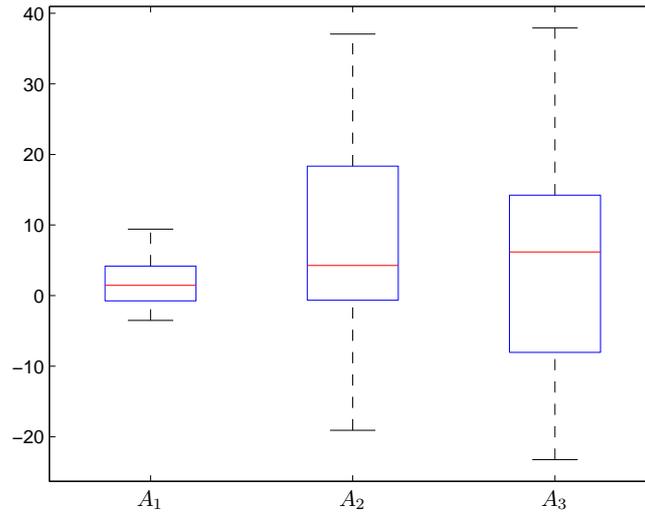


Abbildung 4.9: Differenz  $s_i^{orig} - s_i^j$  der MICCAI-Scores der ursprünglichen Segmentierung und den Ergebnissen aus den zusätzlichen Benutzerstrichen. Die Fälle sind entsprechend der Qualität der ursprünglichen Segmentierung zusammengefasst und umfassen die Scores zu beiden gegebenen Referenzsegmentierungen.

Abbildung 4.9 zeigt hierzu die Differenz

$$s_i^{orig} - s_i^j; \quad i = 1, 2, \dots, 14; \quad j = 1, 2, \dots, 5$$

zwischen dem erzielten MICCAI-Score  $s_i^{orig}$  der ursprünglichen Segmentierung im Fall  $i$  und den entsprechenden Ergebnissen  $s_i^j$  der fünf zusätzlich gewählten Benutzerstriche. Auffällig ist vor allem die Tendenz, dass die Segmentierung des ursprünglichen Striches bezogen auf die Referenzen bessere Ergebnisse liefert. Damit scheint tatsächlich ein Bias in den Daten zu bestehen, der sich in der Nutzung der Testdaten zur Entwicklung des Verfahrens begründet.

Für eine bessere Bewertung des entwickelten Verfahrens sind damit weitere Tests an unbekanntem Daten nötig.

Auf der anderen Seite finden sich auch Ergebnisse, die deutlich besser sind als die des ursprünglich platzierten Striches. Ein gutes Segmentierungsergebnis hängt demnach maßgeblich von der Wahl des Benutzerstriches ab. Es ist jedoch nicht zwangsläufig eindeutig, welche Markierung der Läsion auch tatsächlich ein gutes Ergebnis liefert.

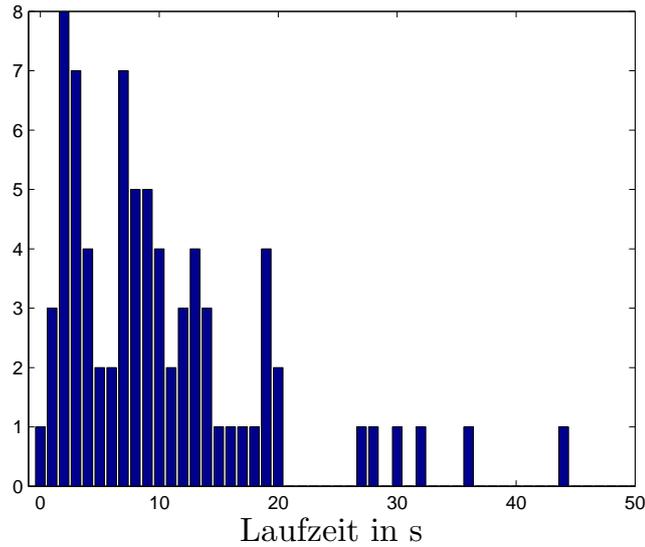


Abbildung 4.10: Verteilung der benötigten Laufzeiten

## 4.4 Laufzeit

Da das entwickelte Verfahren erst durch die Initialisierung durch einen Benutzer gestartet werden kann, ist für eine praktische Anwendung nötig, dass sich die benötigte Rechenzeit zur Bestimmung der Segmentierung in Grenzen hält. Als grober Richtwert können 10 Sekunden als maximal annehmbare Wartezeit angenommen werden.

Die objektbasierte Bildanalyse verwendet zur Speicherung der Objekte und ihrer Eigenschaften eine Datenbank. Die benötigte Zeit für den Zugriff auf die Daten hängt im Wesentlichen also von der Menge an enthaltenen Informationen ab. Während der Entwicklung des Verfahrens wurde deshalb bereits darauf geachtet, dass nur die notwendigen Informationen gespeichert werden. Aus diesem Grund werden zum Beispiel Basisobjekte im Bild nur extrahiert, wenn sie für die Analyse notwendig sind und damit nicht zu weit vom Benutzerstrich entfernt liegen. Auch eine schichtweise Extraktion der Objekte hat sich als sinnvoll erwiesen. Ebenso werden Merkmale nur für die Gruppen von Objekten bestimmt, wo diese auch tatsächlich benötigt werden.

Die zweidimensionale Segmentierung der Startschicht erfolgt ohne merkbare Wartezeit, die Laufzeiten benötigen daher keiner weiteren Untersuchung. Abbildung 4.10 zeigt die Verteilung der benötigten Laufzeiten zur Bestimmung der dreidimensionalen Segmentierung auf einem Intel<sup>®</sup> Core<sup>™</sup> i7-2000 mit 3.4 GHz. Etwa 60% der gegebenen Läsionen konnten tatsächlich innerhalb von 10 Sekunden segmentiert werden, der Großteil zumindest innerhalb der doppelten Zeit.

Ein wichtiger Punkt ist daher eine weitere Verbesserung der Laufzeit. Diese hängt grundlegend von der Anzahl an Objekten ab, die während der Analyse bearbeitet werden müssen. Hier spielen die Größe der Läsion und die Größe der Basisobjekte eine entscheidende Rolle, so dass die Laufzeit im Wesentlichen von der Anzahl an

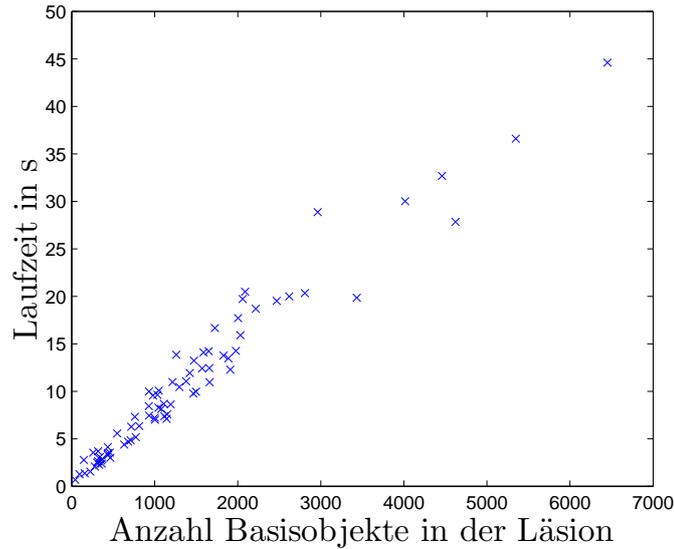


Abbildung 4.11: Laufzeit in Abhängigkeit von der Anzahl der Basisobjekte in der Läsion

Basisobjekten in der Läsion abhängt, wie Abbildung 4.11 zeigt. Eine Möglichkeit die Laufzeit zu verringern ist damit die Verringerung der Anzahl an Basisobjekten, das heißt die Vergrößerung der Objekte.

Im gegebenen Verfahren ist das zum Beispiel über eine stärkere Vorglättung möglich. Auf diese Weise werden die Bildbereiche homogener in den Intensitäten und die verwendete Wasserscheidentransformation generiert größere Segmente. Versuche, die Laufzeiten so zu verbessern, schlugen bisher jedoch fehl, da eine stärkere Glättung zugleich zu schlechteren Segmentierungsergebnissen führte. Ob dieses Verhalten auf einer schlechteren Vorsegmentierung durch die größeren Segmente oder eine zu starke Anpassung des entwickelten Verfahrens an die ursprünglich kleineren Basisobjekte zurückzuführen ist, konnte bisher noch nicht festgestellt werden.

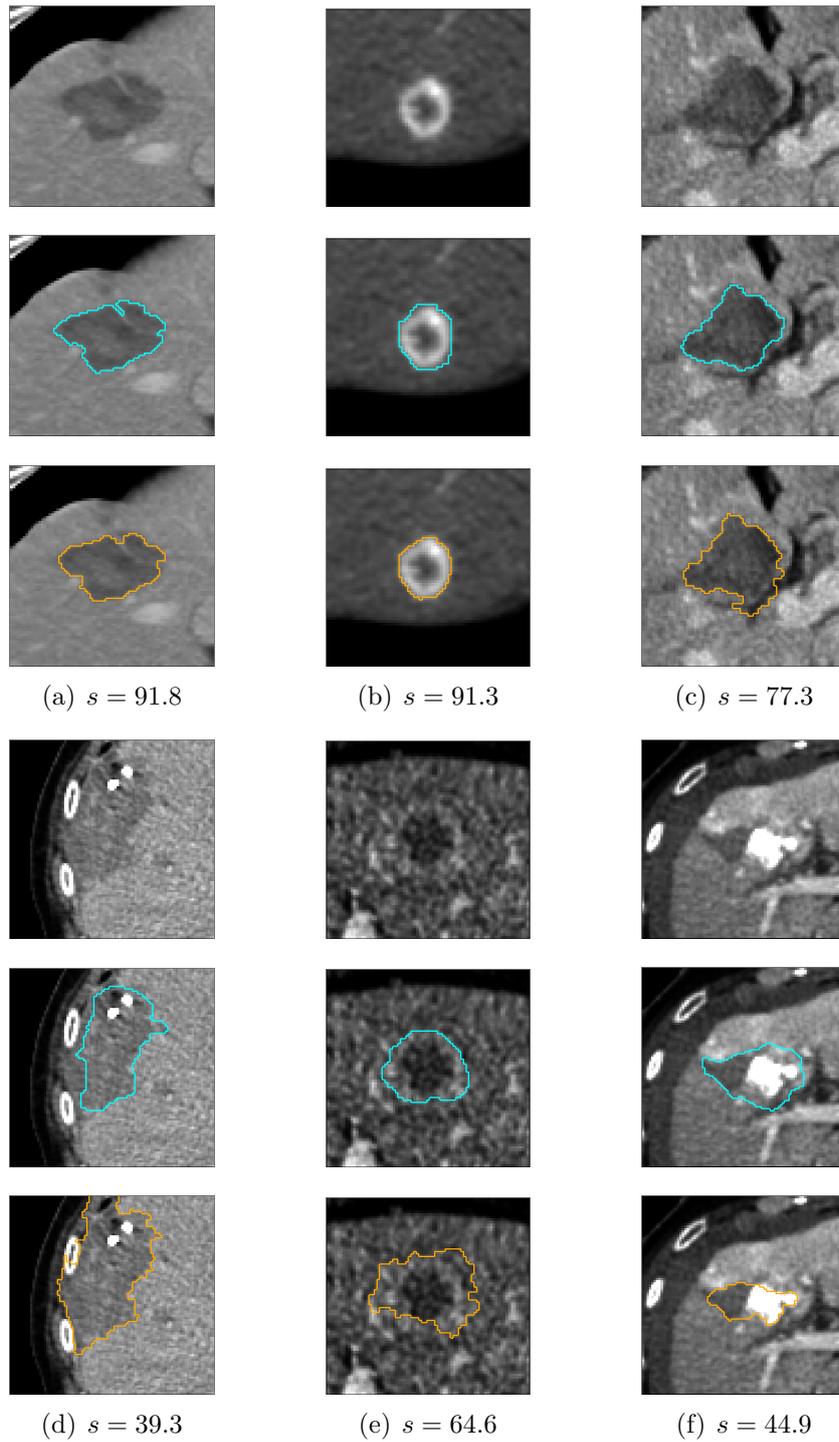


Abbildung 4.12: Unterschiedliche Ergebnisse der (zweidimensionalen) Bildsegmentierung mit Hilfe der objektbasierten Bildanalyse, dargestellt in orange. Zum Vergleich ist der erzielte MICCAI-Score angegeben und die Referenzsegmentierung in hellblau abgebildet.

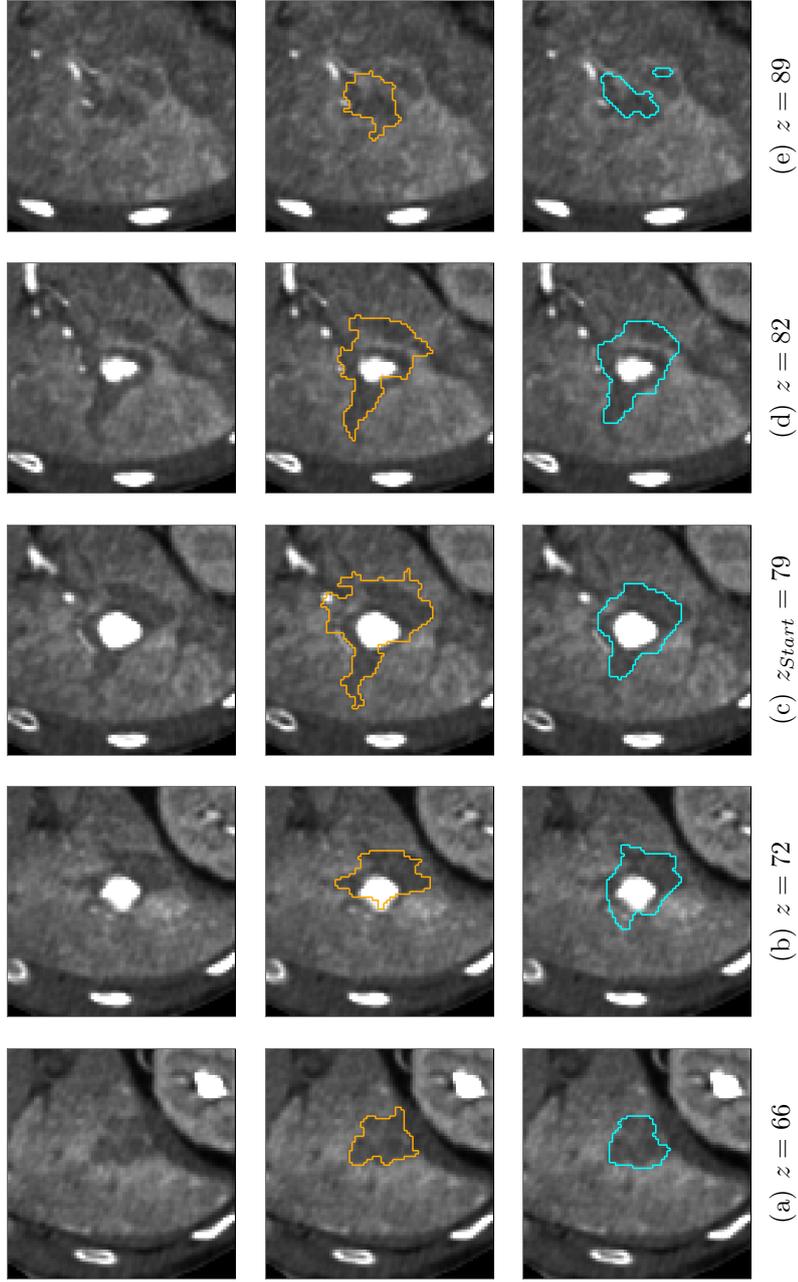
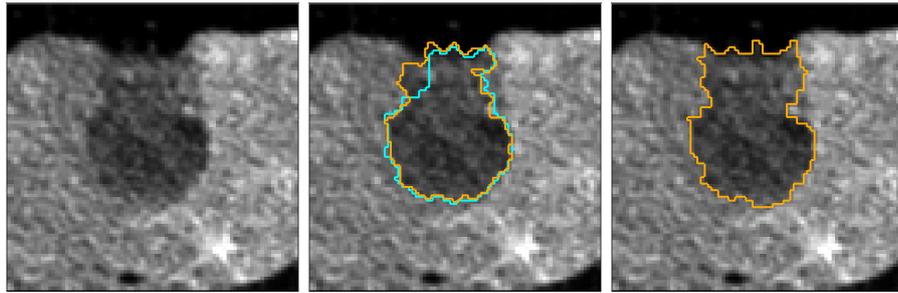
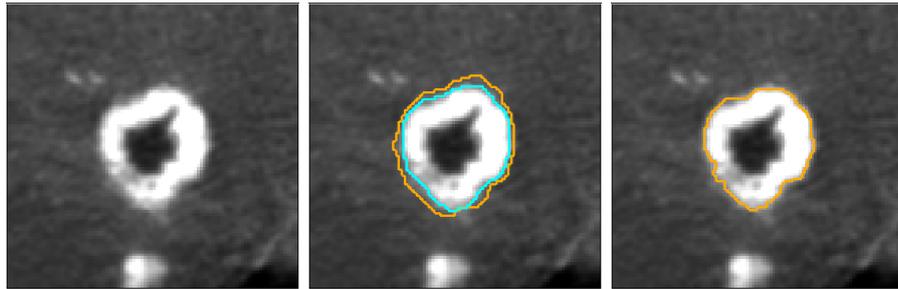


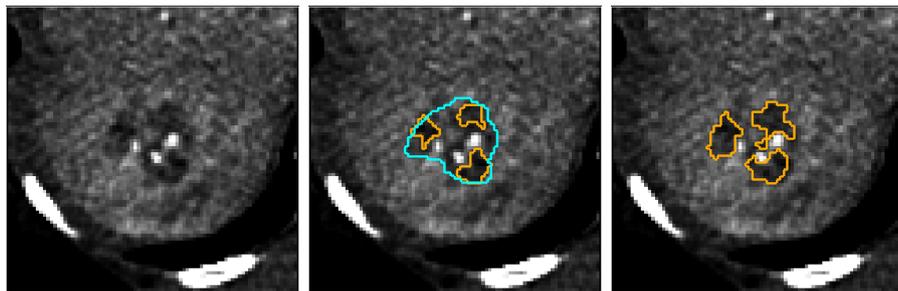
Abbildung 4.13: Segmentierung in der Startschicht und den folgenden Schichten. Im Vergleich mit der Referenz ergibt sich in der Startschicht  $s(2D) = 51.4$  und für die vollständige Segmentierung  $s(3D) = 70$



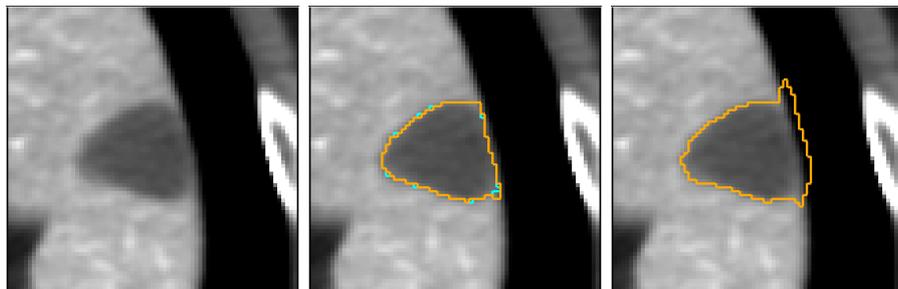
(a)  $s(Ref_1) = 85.9$ ,  $s(Ref_2) = 80.5$ ,  $s^w = 88.9$



(b)  $s(Ref_1) = 76.2$ ,  $s(Ref_2) = 91.9$ ,  $s^w = 93.8$

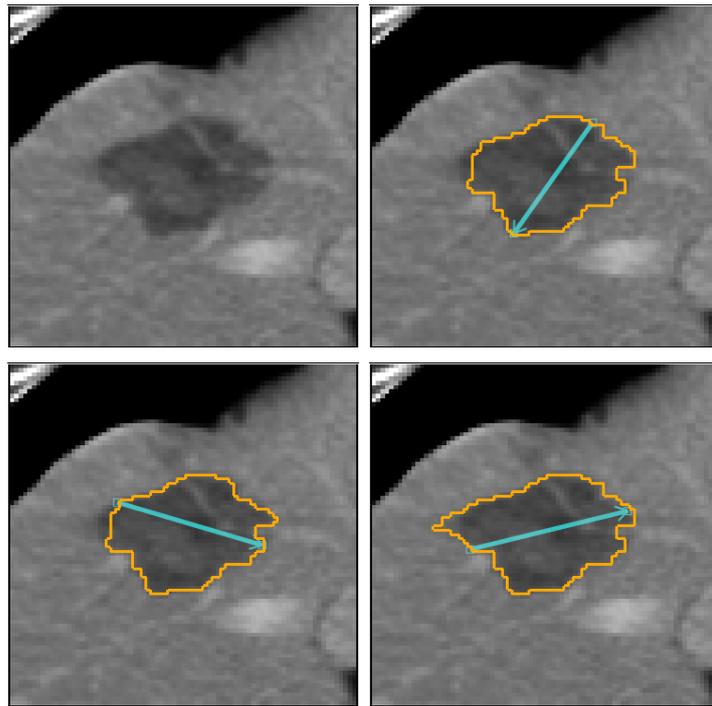


(c)  $s(Ref_1) = 78.3$ ,  $s(Ref_2) = 70.0$ ,  $s^w = 90.4$

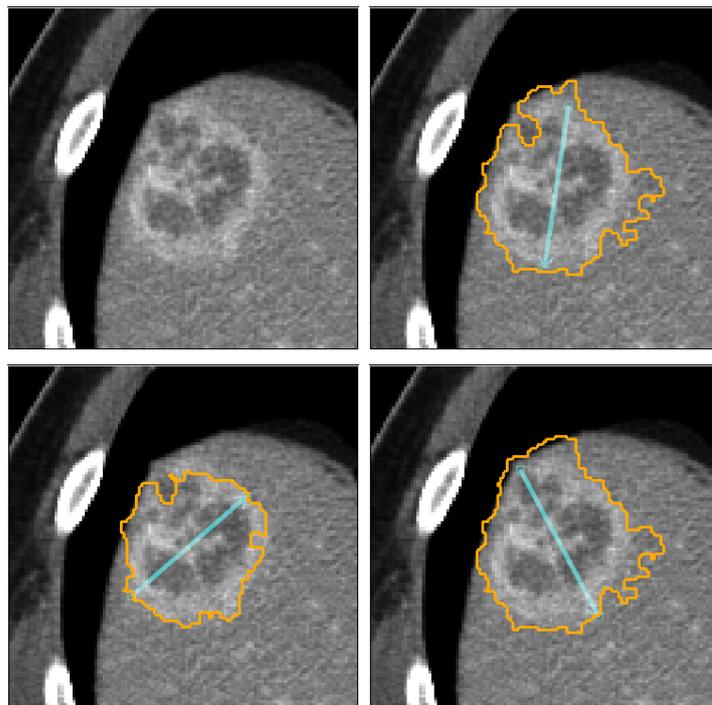


(d)  $s(Ref_1) = 78.3$ ,  $s(Ref_2) = 79.2$ ,  $s^w = 36.3$

Abbildung 4.14: Beispiele der (dreidimensionalen) Segmentierung mit Hilfe der objektbasierten Bildanalyse (ganz rechts). Zum Vergleich sind die beiden gegebenen Referenzen in der Mitte abgebildet. Angegeben sind zusätzlich die MICCAI-Scores  $s(Ref_1)$  zur Referenz in orange und  $s(Ref_2)$  zur Referenz in hellblau, sowie der erzielte gewichtete Score  $s^w$ .



(a) homogene Läsion



(b) inhomogene Läsion

Abbildung 4.15: Abhängigkeit der Segmentierung von der Wahl des Benutzerstriches.

## 5 Ausblick

Kapitel 4 zeigt, dass Segmentierung von Leberläsionen unter Verwendung der objektbasierten Bildanalyse durchaus mit anderen vergleichbaren halbautomatischen Segmentierungsmethoden konkurrieren kann. Untersucht wurden vor allem komplexere Tumore, die sich durch eine unregelmäßige Form oder sehr inhomogen verteilte Grauwerte auszeichnen. Zudem ist eine Trennung der Läsion vom umliegenden Lebergewebe allein auf der Basis der Intensitäten oftmals nicht möglich. Unter den gegebenen Umständen ist die Qualität der erzielten Segmentierungen damit zufriedenstellend.

Allerdings kann ein Bias der Ergebnisse nicht ausgeschlossen werden. Die zur Bewertung verwendeten Referenzsegmentierungen waren während der Entwicklung des Verfahrens bekannt und dienten neben der initialen Lokalisation der Läsionen auch zur Anpassung einzelnen Arbeitsschritte, indem die Ähnlichkeit mit den erzielten Zwischenergebnissen gemessen wurde. Es besteht damit die Gefahr, dass eine Überanpassung an die Trainingsdaten stattfand. Für eine ausführliche Bewertung des Verfahrens sind daher weitere Tests nötig.

Das während dieser Arbeit entwickelte Verfahren segmentiert das Bild halbautomatisch, wobei darauf geachtet wurde, dass der Benutzeraufwand minimal ist. Es ist lediglich nötig Größe und Lage der Läsion mit einem Strich zu markieren, ein Vorgang der im klinischen Alltag bei der Untersuchung von Lebertumoren Standard ist. Die Wahl von Parametern oder die Integration von speziellem Vorwissen ist nicht nötig.

Die Tests zeigten jedoch, dass das Ergebnis der Segmentierung stark vom gewählten Strich abhängen kann. Besonders bei inhomogenen Tumoren ist die Wahl des Striches von Bedeutung. Idealerweise verläuft dieser als Durchmesser durch den Mittelpunkt der Läsion und die Grauwerte der Regionen unter dem Strich geben die Verteilung der Intensitäten innerhalb des Tumors bestmöglich wieder.

Gute Ergebnisse zeigt das Verfahren vor allem bei der Bestimmung des Volumens. Auch die Variabilität ist hier relativ gering, so dass sich die objektbasierte Bildanalyse gut zur Approximation der Tumorgöße verwenden. Anwendungsmöglichkeiten bestehen damit zum Beispiel in der Verfolgung des Tumorwachstums zur Bewertung des Therapieerfolges.

Problematisch ist allerdings die Laufzeit der entwickelten Methode. Das vorgegebene Ziel von 10 Sekunden konnte nur in etwa der Hälfte der Fälle erreicht werden. Für einen effektiven Einsatz, müssen besonders in diesem Bereich Verbesserungen erzielt werden.

Viele der verwendeten Parameter wurden während der Entwicklung empirisch bestimmt, um eine möglichst gute Segmentierung der gegebenen Testdaten zu ermögli-

chen. Für einzelne Fälle ist die Verwendung fester Werte jedoch ungeeignet. Bessere Ergebnisse können vermutlich erzielt werden, wenn diese Werte weiter auf der Basis von Trainingsdaten optimiert werden. Eine weitere Möglichkeit ist die Verwendung adaptiver Parameter, die sich bestmöglich an das jeweilige Problem anpassen.

Das momentan verwendete Verfahren beruht größtenteils auf einfachen, aber robusten Prinzipien, wie der  $kNN$ -Klassifikation oder dem Region Growing. Bei einer weiterführenden Betrachtung sollten auch komplexere Methoden auf die Eignung zur Integration in die objektbasierte Bildanalyse untersucht werden.

Denkbar ist zum Beispiel die Verwendung von verbesserten Region Growing Algorithmen um eine bessere Näherung an die Menge der Läsionsobjekte zu erhalten, die dann mit den Schritten der objektbasierten Bildanalyse weiter verfeinert werden kann.

Während der Arbeit wurden verschiedene Ansätze zur Arbeit mit der objektbasierten Bildanalyse entwickelt und zum größten Teil wieder verworfen, wenn sie sich als ungeeignet für die Segmentierung der vorliegenden Testdaten herausstellten. Unter Umständen lassen sich die Ansätze jedoch kombinieren, da diese oftmals bei Läsionen mit bestimmten Eigenschaften gute Ergebnisse erzielten.

Ein wichtiger Punkt ist zudem die Verbesserung der Vorsegmentierung. Die objektbasierte Bildanalyse dient dazu, das Bild auf der Basis von Objekten, die aus semantisch zusammenhängenden Bildbereichen bestehen, zu untersuchen. Je besser bereits die initiale Übersegmentierung ist, desto einfacher ist die anschließende Bildanalyse. Die hier verwendete Wasserscheidentransformation generiert zumeist sehr kleine Objekte, die zunächst verschmolzen werden müssen, um die Verwendung aussagekräftiger Merkmale zu ermöglichen.

Dieser Punkt beeinflusst zudem signifikant die Laufzeit des Verfahrens, da die nötige Zeit vor allem von der Anzahl der Basisobjekte in der Läsion abhängt. Erste Versuche, die Menge der Basisobjekte zu verringern, indem eine stärkere Vorglättung der Bilder stattfindet, waren bisher nicht erfolgreich, da die Teilschritte zur Segmentierung vermutlich an die kleineren Objekte angepasst sind.

Während der Entwicklung wurde bereits festgestellt, dass die erzielte dreidimensionale Segmentierung prinzipiell zwei mögliche Probleme aufweist, da die Klassifikation der folgenden Schicht auf der Segmentierung der vorherigen Schicht beruht. Fehler pflanzen sich damit im Verlauf der Segmentierung fort. Konnten Teil der Läsion in der Startschicht nicht segmentiert werden, werden diese vermutlich auch in den folgenden Schichten nicht als Bestandteil des Tumors erkannt und es kommt zu einer Unterschätzung. Auf der anderen Seite wird die Läsion überschätzt, wenn die Abgrenzung zur Umgebung schwierig ist und Teile des Hintergrundes als Läsion klassifiziert werden.

Eine weiterführende Bearbeitung der dreidimensionalen Segmentierung muss beide Probleme beachten und gestaltet sich deshalb schwierig. Während dieser Arbeit konnten keine zufriedenstellenden Schritte zur abschließenden Bearbeitung der Läsion gefunden werden, so dass dies ein wichtiger Ansatzpunkt der Weiterentwicklung ist.

Erste Anhaltspunkte zur Abgrenzung der Läsion vom Hintergrund bieten immer die Merkmale, die auf den Intensitätsverteilungen beruhen. In Fällen, wo sich der Tumor

vom umliegenden Gewebe aber kaum unterscheidet, ist eine Segmentierung so nicht möglich. Ein Ziel sollte daher immer auch die Bestimmung neuer Eigenschaften sein, mit denen eine Unterscheidung möglich ist.

In diesem Zusammenhang ist auch ein weiterer Ansatz zur Segmentierung interessant, bei dem ein Klassifikator auf der Basis der gegebenen Referenzen trainiert wird. Nötig wäre hier die Schaffung eines Merkmalsraums, in dem die Läsion vom Hintergrund zu trennen ist. Denkbar sind hier Merkmale, die sich auf die Läsion als Ganzes beziehen, also über den Zusammenschluss verschiedener Basisobjekte definiert werden.

Ein weiterer interessanter Ansatzpunkt ist die Ausweitung der Interaktion mit dem Benutzer. Die Wahl eines Benutzerstriches, der ein gutes Segmentierungsergebnis liefert ist schwierig. Die Segmentierung der Startschicht ist allerdings ohne merkbare Wartezeit möglich und beeinflusst stark die dreidimensionale Segmentierung. Somit besteht die Möglichkeit den Strich so lange zu verändern, bis ein zufriedenstellendes Ergebnis in der Startschicht erreicht wird, um die aufwändigere Segmentierung der Folgeschichten zu starten.

Ebenso ist es möglich neben einem Benutzerstrich auch noch einen zweiten orthogonalen Strich zu verwenden, der auch bei der zweidimensionalen Approximation an die Größe des Tumors verwendet wird. Im Allgemeinen sollte mit den zusätzlichen Informationen ein besseres Segmentierungsergebnis möglich sein.

Die objektbasierte Bildanalyse bietet demnach eine Vielzahl an Möglichkeiten, um das bisher entwickelte Verfahren zu verbessern oder komplett neue Ansätze zu verfolgen.

# Literaturverzeichnis

- [1] ACHANTA, Radhakrishna ; SHAJI, Appu ; SMITH, Kevin ; LUCCHI, Aurelien ; FUA, Pascal ; SÜSSTRUNK, Sabine: SLIC Superpixels Compared to State-of-the-art Superixel Methods. In: *Journal of Latex Class Files* 6 (2011), S. 1–8
- [2] AMADASUN, Moses ; KING, Robert: Textural Features Corresponding to Textural Properties. In: *IEEE Transactions on Systems, Man, And Cybernetics* 19 (1989), S. 1264–1274
- [3] BIHAN, Denis L. ; MANGIN, Jean-Francois ; POUPON, Cyril ; CLARK, Chris A. ; PAPPATA, Sabina ; MOLKO, Nicolas ; CHABRIAT, Hughes: Diffusion Tensor Imaging: Concepts and Applications. In: *Journal of Magnetic Resonance Imaging* 13 (2001), S. 534–546
- [4] BISHOP, Christopher M.: *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2009
- [5] BOYKOV, Yuri ; JOLLY, Marie-Pierre: Interactive Organ Segmentation using Graph Cuts. In: *Proceedings of MICCAI* (2000), S. 276–286
- [6] BOYKOV, Yuri ; KOLMOGOROV, Vladimir: An Experimental Comparison of Min-Cut/Max-Flow Algorithms for Energy Minimization in Vision. In: *IEEE Transactions on PAMI* 26 (2004), S. 1–34
- [7] BUZUG, Thorsten M.: *Einführung in Die Computertomographie: Mathematisch-physikalische Grundlagen Der Bildrekonstruktion*. Springer, 2005
- [8] CHANG, N. S. ; FU, K. S.: A relational database model for images. In: *Pictorial Information Systems*. Springer, 1979
- [9] DENG, Xiang ; DU, Guangwei: Editorial: 3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge II - Liver Tumor Segmentation. (2008)
- [10] GINNEKEN, Bram van ; HEIMANN, Tobias ; STYNER, Martin: 3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge. (2007)
- [11] HAY, Geoffrey J. ; CASTILLA, Guillermo ; WULDER, Michael A. ; RUIZ, Jose R.: An automated object-based approach for the multiscale image segmentation of forest scenes. In: *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation* 7 (2005), S. 339–359

- [12] HAY, G.J. ; CASTILLA, G.: Object-Based Image Analysis: Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats (SWOT). In: *Bridging Remote Sensing and GIS: International Symposium on Object-based Image Analysis*, 2006
- [13] HÄME, Yrjö ; POLLARI, Mika: Semi-automatic liver tumor segmentation with hidden Markov measure field model and non-parametric distribution estimation. In: *Medical Image Analysis* 16 (2012), S. 140–149
- [14] HOMEYER, A. ; SCHWIER, M. ; HAHN, H.: A Generic Concept for Object-Based Image Analysis. In: *Proceedings of the International Conference on Computer Vision Theory and Applications* 2 (2010), S. 530–533
- [15] JÄHNE, Bernd: *Digitale Bildverarbeitung*. Springer, 2005
- [16] LEE, Jong-Sen: Digital Image Smoothing and the Sigma Filter. In: *Computer Vision, Graphics, and Image Processing* 24 (1983), S. 255–269
- [17] LEVINSHTEIN, Alex ; STERE, Adrian ; KUTULAKOS, Kiriakos N. ; FLEET, David J. ; DICKINSON, Sven J. ; SIDDIQI, Kaleem: TurboPixels: Fast Superpixels Using Geometric Flows. In: *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 31 (2009), S. 2290–2297
- [18] LI, Kang ; JOLLY, Marie-Pierre: Simultaneous Detection of Multiple Elastic Surfaces with Application to Tumor Segmentation in CT Images. In: *Proc. SPIE International Symposium on Medical Imaging: Image Processing* 6914 (2008)
- [19] LINDBLAD, Joakim: Surface area estimation of digitized 3D objects using weighted local configurations. In: *Image and Vision Computing* 23 (2005), S. 111–122
- [20] LORENSEN, William E. ; CLINE, Harvey E.: Marching cubes: A high resolution 3D surface construction algorithm. In: *Proceedings of the 14th annual conference on Computer graphics and interactive techniques* 21 (1987), S. 163–169
- [21] MODERSITZKI, Jan: *FAIR: Flexible Algorithms for Image Registration*. SIAM, 2009
- [22] MOLTZ, Jan H. ; BORNEMANN, Lars ; DICKEN, Volker ; PEITGEN, Heinz-Otto: Segmentation of Liver Metastases in CT Scans by Adaptive Thresholding and Morphological Processing. In: *The MIDAS Journal - Grand Challenge Liver Tumor Segmentation* (2008)
- [23] MOLTZ, Jan H. ; BORNEMANN, Lars ; KUHNIGK, Jan-Martin ; DICKEN, Volker ; PEITGEN, Elena ; MEIER, Stephan ; BOLTE, Hendrik ; FABEL, Michael ; BAUKNECHT, Hans-Christian ; HITTINGER, Markus ; KIESSLING, Andreas ; PÜSKEN, Michael ; PEITGEN, Heinz-Otto: Advanced Segmentation Techniques for Lung Nodules, Liver Metastases, and Enlarged Lymph Nodes in CT Scans. In: *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing* 3 (2009), S. 122–134

- [24] MOLTZ, Jan H. ; RÜHAAK, Jan ; HAHN, Horst K. ; PEITGEN, Heinz-Otto: A Novel Adaptive Scoring System for Segmentation Validation with Multiple Reference Masks. In: *SPIE Medical Imaging 2011: Image Processing*, 2011
- [25] OJALA, Timo ; PIETIKÄINEN, Matti ; MÄENPÄÄ, Topi: Multiresolution Gray-Scale and Rotation Invariant Texture Classification with Local Binary Patterns. In: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 24 (2002), S. 971–987
- [26] QI, Yingyi ; XIONG, Wei ; LEOW, Wee K. ; TIAN, Qi ; ZHOU, Jiayin ; LIU, Jiang ; HAN, Thazin ; VENKATESH, Sudhakar K. ; WANG, Shih chang: Semi-automatic Segmentation of Liver Tumors from CT Scans Using Bayesian Rule-based 3D Region Growing. In: *The MIDAS Journal - Grand Challenge Liver Tumor Segmentation* (2008)
- [27] RANGANATH, Aruna ; SHET, K.C. ; VIDYAVATHI, N.: 3D image and graph based Computation of Protein Surface. In: *Journal of Integrative Bioinformatics* 2006 3 (2006)
- [28] SCHWIER, Michael ; MOLTZ, Jan H. ; PEITGEN, Heinz-Otto: Object-based analysis of CT images for automatic detection and segmentation of hypodense liver lesions. In: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* 6 (2011), S. 737–747
- [29] SHACKELFORD, Aaron K. ; DAVIS, Curt H.: A Combined Fuzzy Pixel-Based and Object-Based Approach for Classification of High-Resolution Multispectral Data Over Urban Areas. In: *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing* 41 (2003), S. 2354–2363
- [30] SMEETS, Dirk ; LOECKX, Dirk ; STIJNEN, Bert ; DOBBELAER, Bart D. ; VANDERMEULEN, Dirk ; SUETENS, Paul: Semi-automatic level set segmentation of liver tumors combining a spiral-scanning technique with supervised fuzzy pixel classification. In: *Medical Image Analysis* 14 (2010), S. 13–20
- [31] THERASSE, Patrick ; ARBUCK, Susan G. ; EISENHAEUER, Elizabeth A. ; WANDERS, Jantien ; KAPLAN, Richard S. ; RUBINSTEIN, Larry ; VERWEIJ, Jaap ; GLABBEKE, Martine V. ; OOSTEROM, Allan T. ; CHRISTIAN, Michael C. ; GWY-THER, Steve G.: New Guidelines to Evaluate the Response to Treatment in Solid Tumors. In: *JNCI J Natl Cancer Inst* 92 (3) (2000), S. 205–216
- [32] VEKSLER, Olga ; BOYKOV, Yuri ; MEHRANI, Paria: Superpixels and supervoxels in an energy optimization framework. In: *Proceedings of the 11th European conference on Computer vision: Part V* (2010), S. 211–224
- [33] VINCENT, Luc ; SOILLE, Pierre: Watersheds in Digital Space: An Efficient Algorithm Based on Immersion Simulations. In: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 13 (1991), S. 583–598

- [34] WONG, Damon ; LIU, Jiang ; FENGSHOU, Yin ; TIAN, Qi ; XIONG, Wei ; ZHOU, Jiayin ; QI, Yingyi ; HAN, Thazin ; VENKATESH, Sudhakar K. ; WANG, Shih chang: A semi-automated method for liver tumor segmentation based on 2D region growing with knowledge-based constraints. In: *The MIDAS Journal - Grand Challenge Liver Tumor Segmentation* (2008)
- [35] WU, Xindong ; KUMAR, Vipin ; QUINLAN, J. R. ; GHOSH, Joydeep ; YANG, Qiang ; MOTODA, Hiroshi ; MCLACHLAN, Geoffrey J. ; NG, Angus ; LIU, Bing ; YU, Philip S. ; ZHOU, Zhi-Hua ; STEINBACH, Michael ; HAND, David J. ; STEINBERG, Dan: Top 10 algorithms in data mining. In: *Knowledge and Information Systems* 14 (2008), S. 1–37
- [36] ZHAO, Binsheng ; SCHWARTZ, Lawrence H. ; JIANG, Li ; COLVILLE, Jane ; MOSKOWITZ, Chaya ; WANG, Liang ; LEFTOWITZ, Robert ; LIU, Fan ; KALAIGIAN, John: Shape-Constraint Region Growing for Delineation of Hepatic Metastases on Contrast-Enhanced Computed Tomograph Scans. In: *Investigative Radiology* 41 (2006), S. 753–762
- [37] ZHOU, Jia-Yin ; WONG, Damon W. K. ; DING, Feng ; VENKATESH, Sudhakar K. ; TIAN, Qi ; QI, Ying-Yi ; XIONG, Wei ; LIU, Jimmy J. ; LEOW, Wee-Kheng: Liver tumour segmentation using contrast-enhanced multi-detector CT data: performance benchmarking of three semiautomated methods. In: *European Radiology* 20 (2010), S. 1738–1748
- [38] ZHOU, Jiayin ; XIONG, Wei ; TIAN, Qi ; QI, Yingyi ; LIU, Jiang ; LEOW, Wee K. ; HAN, Thazin ; VENKATESH, Sudhakar K. ; WANG, Shih chang: Semi-automatic Segmentation of 3D Liver Tumors from CT Scans Using Voxel Classification and Propagational Learning. In: *The MIDAS Journal - Grand Challenge Liver Tumor Segmentation* (2008)