



UNIVERSITÄT ZU LÜBECK
INSTITUTE OF MATHEMATICS AND
IMAGE COMPUTING

Masterarbeit

Parametrische und nicht parametrische Registrierung von CT und SPECT Daten basierend auf Mutual Information

Christopher Klie

Thema ausgegeben von
Prof. Dr. Bernd Fischer
Institute of Mathematics and Image Computing

Arbeit betreut von
Dr. Stefan Heldmann und Dr. Nils Papenberg
Institute of Mathematics and Image Computing

Erklärung

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst und noch nicht anderweitig zu Prüfungszwecken vorgelegt habe. Für die Anfertigung der Masterarbeit wurden von mir nur die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet.

Lübeck, den 5. März 2011

Danksagung

Für eine nette Aufnahme und eine sehr gute Betreuung im Institute of Mathematics and Image Computing an der Universität zu Lübeck danke ich Herrn Prof. Dr. Bernd Fischer, Dr. Nils Papenberg und Dr. Stefan Heldmann. Mein Dank gilt zusätzlich für so manche Erklärung, Hilfestellung genauso wie für wertvolle Tipps.

Einen besonderen Dank möchte ich an meine Eltern Dr.-Ing. Jürgen Klie und Dipl. soz. päd. Ingrid Klie für ihre moralische und finanzielle Unterstützung meines ganzen Studiums richten. Ohne Euch wäre diese Arbeit nicht entstanden.

Auch meiner Frau Dipl. -Ing. Kim Barbara Klie danke ich für ihre Geduld und ihr Verständnis, besonders während der Schreibphase dieser Arbeit.

Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit werden Bilder des Computertomographen (CT) und des Single Photon Emissionscomputertomographen (SPECT) registriert, um auf diesem Wege ein Fusionsbild zu generieren, das erweiterte Informationen für eine präzisere Diagnose liefert.

Methoden

Die Registrierung wird durch die Minimierung einer Zielfunktion erreicht, die im wesentlichen durch die Mutual Information von Referenz und Templatebild definiert wird. Die Registrierung wird in zwei Arten durchgeführt, parametrisch und nicht parametrisch.

Bei der parametrischen Registrierung wird der Suchraum der Deformation durch die Beschränkung auf die vier linearen Transformationen Scherung, Rotation, Skalierung und Translation beschränkt. Die Qualität der Registrierung wird durch iterative Veränderung der Parameter verbessert. Jeder Iterationschritt hat eine Richtung und eine Schrittweite, die im Linesearch-Verfahren durch BFGS und Amijo Verfahren bestimmt werden.

Bei der nicht parametrischen Registrierung werden zur Einschränkung des Suchraumes Regularisierer zusammen mit Randbedingungen verwendet. Zur Beschleunigung der Registrierung und zur Vermeidung lokaler Minima der Zielfunktion wird ein Multiresolutionsansatz eingesetzt.

Ergebnisse

Es wurden sowohl generierte Test- als auch reale klinische Bilder aus CT und SPECT mit den Methoden der Optimierung registriert. Die Ergebnisse der affin linearen als auch der nicht parametrischen Registrierung sind abhängig von dem verwendeten Datensatz. Bei den generierten Datensätzen führt jeweils eines der Verfahren zu gewünschten Ergebnissen. Bei den klinischen Datensätzen zeigt sich, dass beide Arten der Registrierung zu einem positiven Ergebnis führen können. Bei anderen klinischen Datensätzen bringt wenigstens eines der Verfahren ein positives Resultat. Es existieren auch Datensätze bei denen das angestrebte Ziel verfehlt wird.

Ausblick

Die Ergebnisse machen deutlich, dass für jedes zu registrierende Bildpaar eine optimale Registrierungsmethode erarbeitet werden muss. Durch die Veränderung variierbarer Terme in der Zielfunktion kann dies aufwändig erreicht werden. Daher wäre es ein anzustrebendes Ziel zukünftiger Forschungsarbeiten, ein objektives Verfahren zu entwickeln, das aus den Daten heraus die optimale Registrierungsmethode ableitet und dadurch den Aufwand reduziert.

Inhaltsverzeichnis

1	Motivation der Arbeit	1
2	Einleitung	3
2.1	Computertomographie	3
2.2	Single Photon Emissionscomputertomographie	4
2.3	Aufbau der Arbeit	5
3	Registrierung	7
3.1	Gitter	9
3.2	Interpolation	12
3.3	Distanzmaße	16
3.4	Deformation	20
3.5	Regularisierer	22
4	Optimierung	25
4.1	Abstiegsverfahren	25
4.2	Schrittweitenbestimmung	26
4.3	Suchrichtung	26
4.4	Abbruch Kriterien	29
4.5	Algorithmen	30
4.6	Multiresolution	31
5	Ergebnisse	33
5.1	Generierte Datensätze	33
5.2	Klinische Daten	45
6	Diskussion und Ausblick	63
	Literaturverzeichnis	65

Abbildungsverzeichnis

2.1	CT-Scanner der Firma Philips	4
2.2	SPECT-Gerät der Firma Siemens	5
3.1	Beispiel eines eindimensionalen Cellcentered Gitters	9
3.2	Dreidimensionales Cellcentered Gitter mit gegebener Durchlaufreihenfolge	11
3.3	B-Splines vom Grade 0, 1 und 3	13
3.4	Aufteilung der Grauwerte in Bins	17
3.5	Verlauf der Entropie	18
3.6	Distanzfunktion einer Rotation	20
4.1	Multiresolution: Auflösungspyramide	31
5.1	generierte Testdaten	33
5.2	affin lineare Registrierung von 'square'	34
5.3	affin lineare Registrierung von 'L'	35
5.4	Vier Kombinationen von Randbedingung und Regularisierer	36
5.5	Suche nach α	37
5.6	'square' nicht parametrisch registriert grobe Auflösung	38
5.7	'square' nicht parametrisch registriert mittlerer Auflösung	39
5.8	'square' nicht parametrisch registriert feine Auflösung	40
5.9	Suche nach α	41
5.10	'L' nicht parametrisch registriert grobe Auflösung	42
5.11	'L' nicht parametrisch registriert mittlerer Auflösung	43
5.12	'L' nicht parametrisch registriert feine Auflösung	44
5.13	CT und SPECT Datensatz 1	45
5.14	CT und SPECT Datensatz 2	45
5.15	CT und SPECT Datensatz 3	46
5.16	affin lineare Registrierung von Datensatz 1	47
5.17	Ergebnis affin linear CT SPECT Datensatz 1	48
5.18	Suche nach α	49
5.19	klinische Daten 1, nicht parametrisch registriert, grobe Auflösung	50
5.20	klinische Daten 1, nicht parametrisch registriert, mittlere Auflösung	51
5.21	klinische Daten 1, nicht parametrisch registriert, feiner Auflösung	52
5.22	Ergebnis nicht parametrisch CT SPECT Datensatz 1	53
5.23	Vergleich Ergebnisse affin linear und nicht parametrisch Datensatz 1	54
5.24	Ergebnis affin linear CT SPECT Datensatz 2	55
5.25	Suche nach α	56
5.26	Ergebnis nicht parametrisch CT SPECT Datensatz 2	57
5.27	Vergleich Ergebnisse affin linear und nicht parametrisch Datensatz 2	58
5.28	Ergebnis affin linear CT SPECT Datensatz 3	59

5.29 Suche nach α	60
5.30 Ergebnis nicht parametrisch CT SPECT Datensatz 3	61
5.31 Vergleich Ergebnisse affin linear und nicht parametrisch Datensatz 3	62

1 Motivation der Arbeit

In der heutigen Medizin werden eine Reihe von bildgebenden Verfahren zur Diagnose eingesetzt. Unterschieden wird dort zwischen zwei- und dreidimensionalen Verfahren. Zu den klassischen 2D Methoden gehören das Röntgen und das Ultraschall. Zu den bekanntesten Geräten zur Erstellung von dreidimensionalen Bildern gehören die Computertomographie CT, Magnet Resonanz Tomographie MRT, Positronen Emissionstomographie PET und die Single Photon Emissionscomputertomographie SPECT. All diese Geräte liefern vergleichbare aber doch unterschiedliche Informationen über die untersuchten Objekte. Die CT liefert im Wesentlichen die Morphologie, während SPECT Auskunft über die Stoffwechselaktivitäten des Patienten gibt.

Für eine umfassende Diagnose ist es wünschenswert, beide Informationen gleichzeitig in einem Fusionsbild zur Verfügung zu haben. So wäre es möglich, zum Beispiel der Ortsinformation des CT die Aktivitätsinformation des SPECT hinzuzufügen.

In dieser Arbeit soll untersucht werden, ob es möglich ist, CT und SPECT Bilder mit den hier vorgestellten Methoden zu registrieren und damit das gewünschte Fusionsbild zu erhalten.

2 Einleitung

In den letzten Jahrzehnten wurden viele Techniken entwickelt, um für diagnostische Zwecke Bilder vom menschlichen Körper, seinen Organen und Funktionen zu gewinnen. Zu diesen Techniken gehört unter anderem die Computertomographie (CT), die Magnet Resonanz Tomographie (MRT), die Positronen Emissions Tomographie (PET) und die Single Photon Emissionscomputertomographie (SPECT). Jede dieser Methoden ist für die Visualisierung bestimmter Eigenschaften des untersuchten Objektes spezialisiert.

Zum Beispiel lassen mit dem CT die Dichtestrukturen wie Knochen darstellen, während die MRT die weicheren Gewebearten besser abbildet. PET und SPECT visualisieren Funktionen wie zum Beispiel Stoffwechselprozesse.

Mit der Verfügbarkeit schneller Computer ist verstärkt der Wunsch aufgekommen, die Bilder unterschiedlicher bildgebender Verfahren miteinander zu vergleichen und aneinander anzupassen. Aus diesem Wunsch heraus ist das noch junge Forschungsgebiet der Bildregistrierung entstanden.

In dieser Arbeit wird untersucht, ob mit den bekannten Methoden der Registrierung Bilder von CT und SPECT registriert werden können. Dazu wird zunächst die Funktionsweise dieser Techniken kurz erläutert.

2.1 Computertomographie

Die Computertomographie (CT) ist eine Computer gestützte Verarbeitung von Röntgenaufnahmen, die aus verschiedenen Richtungen von demselben Objekt aufgenommen werden mit dem Ziel, ein dreidimensionales Bild zu erzeugen.

Bei der konventionellen Röntgenuntersuchung wird das zu untersuchende Objekt mit einer Röntgenquelle durchleuchtet und die nicht absorbierte Strahlung auf einem Film aufgezeichnet. Damit gehen Informationen über die Dicke des Objektes verloren, da im nachhinein nicht mehr festgestellt werden kann ob die Absorption der Röntgenstrahlung durch Gewebe höherer Dichte oder durch größere Schichtdicke verursacht wurde (siehe Labert-Beersches Gesetz).

Die Computertomografie löst dieses Problem durch die Erstellung vieler Aufnahmen aus verschiedenen Richtungen. Mit diesen Bildern kann durch Rekonstruktion die nicht erfasste Volumeninformation berechnet werden.

CT hat den Vorteil, dass eine überlagerungsfreie und naturgetreue Darstellung von Organen möglich ist. Insbesondere zur Beurteilung von inneren Krankheiten wie zum Beispiel der Größe, Lokalisation und Ausbreitung von Tumoren, aber auch bei der Untersuchung von Verletzungen und zur genaueren Planung von Operationen ist die Computertomografie unverzichtbar geworden. Ebenfalls genutzt wird sie im Rahmen weiterer Untersuchungen, beispielsweise zur Kontrolle einer gezielten Entnahme von Gewebeproben aus Organen oder zur Ableitung von Flüssigkeitsansammlungen. Die Computertomografie hat sich bei der Erkennung einiger Erkrankungen zur Standarduntersuchung etabliert. Sie ist inzwischen beinahe überall

verfügbar und schnell und einfach durchzuführen. Ein solches Gerät ist in folgender Abbildung zu sehen. Es handelt sich um einen CT-Scanner der Firma Philips.



Abbildung 2.1: CT-Scanner der Firma Philips

Die Röntgenröhre dreht sich während der Untersuchung kreisförmig um den Patienten. Ein Detektor, der gegenüber der Röhre platziert ist, dreht sich zeitgleich mit und nimmt die durch die verschiedenen Körperstrukturen mehr oder weniger abgeschwächte Strahlung auf. Die so detektierten Strahlungsintensitäten werden mit einem iterativen Verfahren basierend auf der inversen Radon-Transformation zu den Einzelschichten verrechnet. Aus allen Schichten zusammen lassen sich einzelne Organe und andere Strukturen komplett also dreidimensional darstellen. Die verschiedenen Graustufen beschreiben die Gewebedichten, je heller desto dichter. Krankhafte Veränderungen der Organe oder Tumoren werden so in ihrer Ausdehnung erkennbar.

2.2 Single Photon Emissionscomputertomographie

Die Single Photon Emissionscomputertomographie (SPECT) ist ein bildgebendes Verfahren, mit dem sich der Stoffwechsel verschiedener Organe grafisch darstellen lässt.

Es basiert auf der Technik der Szintigrafie. Dem Patienten bzw. Probanden werden unterschiedliche radioaktiv markierte Tracer verabreicht. Diese können in den Organen wie körpereigene Substanzen verarbeitet und angereichert werden. Je stärker der Stoffwechsel eines Organs bzw. Gewebebereiches ist, desto stärker die Konzentration des Tracers und damit die Strahlung an diesem Ort. Die Strahlung wird von Gamma-Kameras aufgenommen, die um den Patienten rotieren. Es werden so zahlreiche Aufnahmen aus unterschiedlichen Winkeln und in verschiedenen Ebenen des Körpers erzeugt. Aus den einzelnen Messergebnissen erstellt ein Computer wie bei der CT schon beschrieben ein dreidimensionales Bild. Die Abbildung zeigt ein SPECT-Gerät der Firma Siemens.

Die unterschiedlich stoffwechselaktiven Teile des Gewebes sind auf den Aufnahmen farblich gekennzeichnet. Intensive Farben signalisieren eine starke Anreicherung.



Abbildung 2.2: SPECT-Gerät der Firma Siemens

rung und damit hohe Stoffwechselaktivität, weniger intensiv gefärbte Bereiche eine schwache bis fehlende Gewebefunktion.

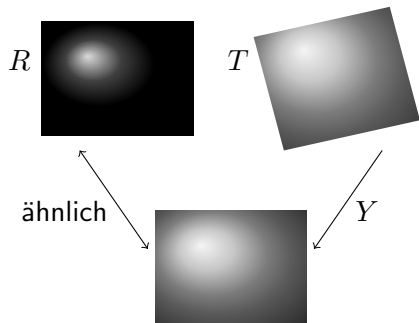
Die SPECT gehört zu den funktionellen bildgebenden Verfahren. Die erzeugten Bilder geben vor allem Aufschluss über Stoffwechselabläufe im untersuchten Körper. Die Morphologie des Körpers lässt sich hingegen nur grob beurteilen, da diese in den abgebildeten Stoffwechsellinformationen nicht oder nur teilweise enthalten ist und zusätzlich die Auflösung anderen Verfahren unterlegen ist.

2.3 Aufbau der Arbeit

Die Kapitel 3 und 4 behandeln die mathematischen Methoden der Registrierung und die Randbedingungen, die für eine praktische Anwendung erforderlich sind. Kapitel 5 beschreibt die in dieser Arbeit verwendeten Ausgangsdaten und präsentiert die Ergebnisse, die mit den Vorhergehenden Kapiteln erläuterten Methoden erzielt worden sind. Diese Ergebnisse werden in Kapitel 6 diskutiert und es wird ein Ausblick auf zukünftige weitere Arbeiten gegeben.

3 Registrierung

Unter Registrierung versteht man, zwei Bilder durch Verschieben und Verzerren zur Deckung zu bringen[9]. Es ist eine Methode zur geometrischen Anpassung eines Bildes an ein anderes, so dass korrespondierende Strukturen übereinander liegen. Das Registrierungsproblem lässt sich wie folgt formulieren:



Es existieren ein Referenzbild R und ein Templatebild T . Gesucht wird eine sinnvolle Deformation Y , mit der $T(Y)$ so an R angepasst wird, dass für alle Punkte der Urbildmenge die Bilder in einem geeigneten zu definierenden Sinn ähnlich sind.

Sowohl R als auch T sind Bilder, die der folgenden Definition genügen.

Definition 3.1 Ein Bild B ist eine Funktion

$$B : \mathbb{R}^d \mapsto \mathbb{R} \quad x \mapsto B(x)$$

die jedem Ort x einen Grauwert $B(x)$ zuordnet. Dabei ist d die Dimension des Bildes. Der Grauwertbereich ist endlich, d.h. es existieren Konstanten c mit

$$-\infty < c_{min} \leq B(x) \leq c_{max} < \infty \quad \forall x \in \mathbb{R}^d$$

Das Bild sei differenzierbar und seine Energie sei endlich:

$$B \in V \subset C^1(\mathbb{R}^d, \mathbb{R})$$

$$\int_{\mathbb{R}} |B(x)| dx < \infty$$

Definition 3.2 Eine Deformation Y ist eine Funktion

$$Y : \mathbb{R}^n \mapsto \mathbb{R}^n \quad x \mapsto Y(x)$$

die jedem Ort x einen neuen Ort $Y(x)$ zuordnet.

Die Ähnlichkeit von Template zu Referenz wird durch ein Distanzmaß D ausgedrückt. Es ist Aufgabe der Registrierung mit Methoden der Optimierung eine Deformation zu bestimmen, so dass das Maß minimiert wird.

Definition 3.3 Sei D ein Distanzmaß, dann hat D folgende Eigenschaften.

$$\begin{aligned} D : V \times V &\mapsto [-\infty, \infty] \\ V &\subset C^1(\mathbb{R}^d, \mathbb{R}) \\ D(R, T) &= D(T, R) \end{aligned}$$

Die Distanz kann auf der Basis unterschiedlicher Eigenschaften der Bilder berechnet werden. Ein Maß, das direkt auf den Intensitäten beruht, ist das SSD-Maß (sum of squared differences). Ein auf Information bzw. Entropie basierendes Maß ist die hier verwendete Mutual Information, näheres dazu im Abschnitt 3.3.

In der Literatur [5, 9, 11] werden unterschiedliche Methoden der Registrierung beschrieben. Im Wesentlichen unterscheidet man zwischen parametrischen und nicht parametrischen Registrierungen. Bei der parametrischen Registrierung wird die Deformation Y durch vorgegebene variable Parameter bestimmt, die in einem Vektor θ zusammengefasst werden. Ist θ auf die Parameter der vier linearen Operationen Scherung, Skalierung, Rotation und Translation beschränkt, spricht man von der affin linearen Deformation, die in der folgenden Gleichung zusammengefasst werden kann

$$y = Ax + b.$$

Ist θ auf Rotation und Translation beschränkt ist es eine rigide Deformation. Das Ziel der Registrierung, die Distanzfunktion D zu minimieren, lässt sich wie folgt formulieren

$$\min_{\theta} \stackrel{!}{=} D(R, T(Y(\theta))). \quad (3.1)$$

Bei der nicht parametrischen Registrierung wird das Distanzmaß um einen Term ergänzt. Dieser Term heißt Regularisierer S (siehe Abschnitt 3.5) und erlaubt eine sinnvolle Einschränkung des Suchraums für geeignete Deformationen Y . Zwei verschiedene Regularisierer werden vorgestellt. Sie sind abhängig von der Verrückung $u := Y - id$, wobei id die Identitätsfunktion ($id(x) = x$) ist.

Diffusiver Regularisierer

$$S^{diff}(u) = \frac{1}{2} \int_{\Omega} \sum_{i=1}^d \|\nabla u_i\|^2 dx.$$

Curvature Regularisierer

$$S^{curv}(u) = \frac{1}{2} \int_{\Omega} \sum_{i=1}^d (\Delta u_i)^2 dx.$$

Die Menge Ω sei eine offene und zusammenhängende Teilmenge des \mathbb{R}^d . Hier ist Ω ein rechteckiges bzw. quaderförmiges Gebiet. Die Zielfunktion der nicht parametrischen Registrierung formuliert sich zu

$$\min_Y \stackrel{!}{=} D(R, T(Y)) + \alpha S(u). \quad (3.2)$$

Die rechnergestützte Registrierung macht es erforderlich, die verwendeten Funktionen, Bilder, Distanzmaß und Regularisierer zu diskretisieren. Es wird ein Gitter definiert um die bei der Formulierung von Distanzmaß und Regularisierer auftretenden Integrale und Differentiale durch Summation und Subtraktion berechenbar bzw. auswertbar zu machen.

Die Deformation wirkt sich auf das Gitter aus. Die Knotenpunkte des Gitters werden als Stützstellen genutzt, um durch Interpolation das deformierte Bild zu erhalten.

3.1 Gitter

Ein regelmäßiges Gitter ist ein Konstrukt, um mit diskreten Bildern arbeiten zu können. Es besteht aus einer Menge von Punkten und ist regelmäßig, wenn die Punkte einem Muster folgen. Das Gitter entsteht durch Unterteilung des Gebiets $\Omega \subset \mathbb{R}^d$ in $m = (m_1, \dots, m_d) \in \mathbb{N}^d$ Abschnitte. Sei $\Omega = (0, \omega_1) \times (0, \omega_2) \times \dots \times (0, \omega_d)$ dann ist die Ausdehnung der Abschnitte $h_1 \times h_2 \times \dots \times h_d$ mit $h_i = \omega_i / m_i$. Gitter unterscheiden sich in der Lage ihrer Punkte innerhalb der Abschnitte. Liegen die Punkte genau auf den Grenzen der Abschnitte, spricht man vom Nodal-Gitter. Liegen die Punkte im Zentrum der Abschnitte, ist es ein Cellcentered-Gitter. Hier ein Beispiel für $d = 1$.

Beispiel 3.4 Eindimensionales Gitter

Sei $\Omega = (0, \omega)$, die Anzahl der Abschnitte m , die Länge der Abschnitte $h = \omega / m$, und der Index der Punkte des Gitters k . Dann sind $X^{nodal} \in \mathbb{R}^{m+1}$ und $X^{cc} \in \mathbb{R}^m$ Gitter mit folgender Struktur.

$$\begin{aligned} X_k^{nodal} &= h \cdot k & k = 0, \dots, m \\ X_k^{cc} &= h \cdot \left(k - \frac{1}{2}\right) & k = 1, \dots, m \end{aligned}$$

In beiden Fällen wird das Gitter in einem Vektor gespeichert.

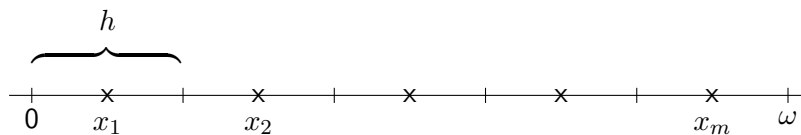


Abbildung 3.1: Beispiel eines eindimensionalen Cellcentered Gitters

Für diese Arbeit werden die Cellcentered Gitter benutzt, denn die Abschnitte werden jeweils die Größe eines Voxels haben und es wird angenommen, dass ihr Grauwert die Intensität der aufgenommenen Strahlung im entsprechenden Feld des Detektors widerspiegelt. Die Intensitäten liegen also innerhalb des Voxels und nicht an ihren Rändern vor.

Ein Ziel dieser Arbeit ist es, dreidimensionale Bilder zu registrieren, dazu sind dreidimensionale Gitter erforderlich. Durch Kombination von drei eindimensionalen Gittern lassen sich diese Gitter erzeugen. Sei $d = 3$, $\Omega = (0, \omega_1) \times (0, \omega_2) \times (0, \omega_3) \subset$

\mathbb{R}^3 , $m \in \mathbb{N}^3$, $h_i = \omega_i/m_i$ und seien $x_1^{cc} \in \mathbb{R}^{m_1}$, $x_2^{cc} \in \mathbb{R}^{m_2}$, $x_3^{cc} \in \mathbb{R}^{m_3}$ die eindimensionalen Cellcentered Gitter in den entsprechenden Raumrichtungen. Dann ist

$$X^{cc} = \begin{pmatrix} e_{m_3} \otimes e_{m_2} \otimes x_1^{cc} \\ e_{m_3} \otimes x_2^{cc} \otimes e_{m_1} \\ x_3^{cc} \otimes e_{m_2} \otimes e_{m_1} \end{pmatrix}$$

$X^{cc} \in \mathbb{R}^{3 \cdot m_1 m_2 m_3}$ ein vektorisiertes 3D-Gitter, wobei der Hilfsvektor e_{m_i} aus m_i Einsen besteht und \otimes das Kroneckerprodukt ist. Es existieren noch viele weitere Gitter, die sich ähnlich definieren lassen. Diese sind aber für den weiteren Fortschritt dieser Arbeit ohne Bedeutung.

Beispiel 3.5 Sei $d = 3$, $\Omega = (0, 3) \times (0, 4) \times (0, 3)$ und $m = (3, 2, 2)$ dann sind die drei eindimensionalen Gitter

$$x_1^{cc} = \left(\frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}\right)^T \quad x_2^{cc} = (1, 3)^T \quad x_3^{cc} = \left(\frac{3}{4}, \frac{9}{4}\right)^T.$$

Daraus ergeben sich die Elemente des 3D-Gitters

$$\begin{aligned} e_2 \otimes e_2 \otimes x_1^{cc} &= \left(\frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}, \frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}, \frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}, \frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}\right)^T \\ e_2 \otimes x_2^{cc} \otimes e_3 &= (1, 1, 1, 3, 3, 3, 1, 1, 1, 3, 3, 3)^T \\ x_3^{cc} \otimes e_2 \otimes e_3 &= \left(\frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}\right)^T. \\ X^{cc} &= \left(\frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}, \frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}, \frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}, \frac{1}{2}, \frac{3}{2}, \frac{5}{2}, 1, 1, 1, 3, 3, 3, \dots \right. \\ &\quad \left. 1, 1, 1, 3, 3, 3, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}, \frac{9}{4}\right)^T \end{aligned}$$

In folgender Abbildung ist das Gebiet Ω in m Abschnitte eingeteilt. Die Koordinaten der Abschnittmittelpunkte stehen in X^{cc} . Die Zahlen zeigen die gewählte Durchlaufreihenfolge der Abschnitte.

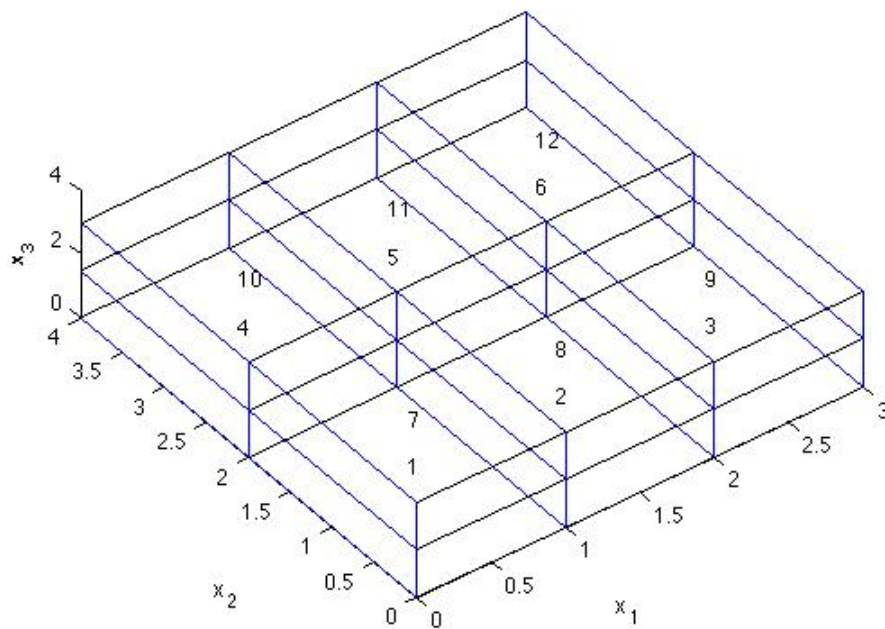


Abbildung 3.2: Dreidimensionales Cellcentered Gitter mit gegebener Durchlaufreihenfolge

3.2 Interpolation

Die Aufgabenstellung der Registrierung soll durch Auffinden eines Minimums der Distanzfunktion gelöst werden. Die Minimierung der Distanzfunktion führt zu einer Vorschrift zur Deformierung des Gitters. Den neu entstandenen Stützpunkten müssen neue Grauwerte zugeordnet werden. Da die Deformierung des Gitters keiner diskreten sondern einer kontinuierlichen Funktion folgt, muss zur Zuordnung neuer Bildpunkte ein stetiges Bild (siehe Definition von Bild) vorliegen. Dies wird durch Interpolation gewonnen. Das Auffinden des Minimums erfordert die Differenzierbarkeit der Distanzfunktion. Da diese vom Bild abhängt, muss auch das Bild differenzierbar sein.

An das verwendete Interpolationsverfahren werden Bedingungen gestellt. Es soll die Daten möglichst gut beschreiben, schnell berechenbar und differenzierbar sein.

Zum leichteren Verständnis und zur besseren Anschauung wird zunächst der eindimensionale Fall beschrieben. Gegeben sei das Gebiet $\Omega = [\omega_1, \omega_2]$, die Anzahl der Datenpunkte $m \in \mathbb{N}$, die Auflösung $h = \frac{\omega_2 - \omega_1}{m}$, die Positionen der Daten $x_j = x_0 + hj$ mit $x_0 = \omega_1 + \frac{h}{2}$ und die Daten an den Stellen x_j seien t_j . Gesucht ist die Funktion $I : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ mit der Eigenschaft $I(x_j) = t_j$. Diese Funktion wird Interpolante genannt.

Es existieren viele verschiedene Ansätze dieses Problem zu lösen. Hier wird die Spline-Interpolation gewählt[6], weil sie mehrere Ansätze abhängig von ihrem Grad vereint und schnell zu bestimmen ist. Ein Spline $b^n : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ vom Grad $n \in \mathbb{N}$ ist eine auf $]0, v[$ $(n - 1)$ mal stetig differenzierbare Funktion. Für jedes Intervall $(k, k + 1)$ aus $]0, v[$ ist b gleich einem Polynom vom Grad n .

Die Interpolante I ist eine Linearkombination lokaler Basisfunktionen

$$I(x) = \sum_{j=0}^m c_j b_j^n(x).$$

Die Basisfunktion b_j ist der verschobene B-Spline b_0 .

$$b_j(x) = b_0(x - j).$$

Definition 3.6 Sei $*$ der Faltungsoperator, dann ist der B-Spline b_0^n vom Grad $n \in \mathbb{N}$ mit

$$b^0(x) = \begin{cases} 1 & x \in [0, 1[\\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

gegeben durch

$$b^n = b^{n-1} * b^0.$$

Im Vektorraum der stückweisen Polynome stellen die B-Splines eine Basis dar. Drei der B-Splines sind in folgender Abbildung dargestellt.

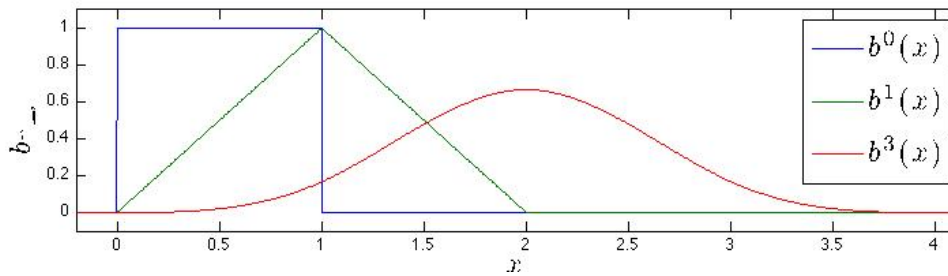


Abbildung 3.3: B-Splines vom Grade 0, 1 und 3

Eigenschaften der B-Splines:

- Nichtnegativität

$$b^n(x) \geq 0 \quad \forall x \in \mathbb{R}$$

- Träger ist kompakt

$$\text{supp } b^n = \{x : b^n(x) \neq 0\} = [0, n + 1]$$

- Monotonie

$$\frac{d}{dx} b^n(x) \begin{cases} \geq 0 & x \leq \frac{n+1}{2} \\ \leq 0 & x \geq \frac{n+1}{2} \end{cases}$$

- $(n - 1)$ -fach stetig differenzierbar

$$b^n \in C^{n-1}(\mathbb{R}, \mathbb{R})$$

- Stückweise Polynome

$$b^n(x) = p_k^n(x - k) \text{ für } x \in [k, k + 1]$$

$$\text{mit } p_k^n(z) = \sum_{j=0}^n a_{k,j}^n z^j \text{ und } k = 0, \dots, n.$$

Die stückweise Darstellung der Splines als Polynome ist zur schnellen Berechenbarkeit entscheidend.

$$b^n(x) = \begin{cases} p_0^n(x) & , x \in [0, 1[\\ p_1^n(x - 1) & , x \in [1, 2[\\ p_2^n(x - 2) & , x \in [2, 3[\\ \vdots & \\ p_n^n(x - n) & , x \in [n, n + 1[\\ 0 & , x \notin [0, n + 1[\end{cases} \quad (3.3)$$

Für die Koeffizienten $a_{k,j}^n$ gilt

$$a_{k,j}^n = \frac{k}{n} a_{k,j}^{n-1} + \frac{1}{n} a_{k,j-1}^{n-1} + \frac{n+1-k}{n} a_{k-1,j}^{n-1} - \frac{1}{n} a_{k-1,j-1}^{n-1}$$

mit $a_{0,0}^0 = 1$ und $a_{k,j}^n = 0$ falls $k, j \notin \{0, \dots, n\}$.

n	1	2	3
$a_{0,j}^n$	0,1	0,0, $\frac{1}{2}$	0,0,0, $\frac{1}{6}$
$a_{0,j}^n$	1,-1	$\frac{1}{2},1,-1$	$\frac{1}{6},\frac{1}{2},\frac{1}{2},-\frac{1}{2}$
$a_{0,j}^n$		$\frac{1}{2},-1,\frac{1}{2}$	$\frac{2}{3},0,-1,\frac{1}{2}$
$a_{0,j}^n$			$\frac{1}{6},-\frac{1}{2},\frac{1}{2},-\frac{1}{6}$

Mit diesen Werten wird aus Gleichung 3.3

$$b^1(x) = \begin{cases} x & , x \in [0, 1[\\ 1 - (x - 1) & , x \in [1, 2[\\ 0 & , x \notin [0, 2[\end{cases}$$

$$b^2(x) = \begin{cases} \frac{1}{2}x^2 & , x \in [0, 1[\\ \frac{1}{2} + (x - 1) - (x - 1)^2 & , x \in [1, 2[\\ \frac{1}{2} - (x - 2) + (x - 2)^2 & , x \in [2, 3[\\ 0 & , x \notin [0, 3[\end{cases}$$

$$b^3(x) = \begin{cases} \frac{1}{6}x^3 & , x \in [0, 1[\\ \frac{1}{6} + \frac{1}{2}(x - 1) + \frac{1}{2}(x - 1)^2 - \frac{1}{2}(x - 1)^3 & , x \in [1, 2[\\ \frac{2}{3} - (x - 2) + \frac{1}{2}(x - 2)^2 + \frac{1}{2}(x - 2)^3 & , x \in [2, 3[\\ \frac{1}{6} - \frac{1}{2}(x - 3) + \frac{1}{2}(x - 3)^2 - \frac{1}{6}(x - 3)^3 & , x \in [3, 4[\\ 0 & , x \notin [0, 4[\end{cases}$$

Definition 3.7 Zu den gegebenen Punkten $x_j = x_0 + h \cdot j$ werden die kardinalen B-Splines definiert als

$$b_{k,h}^n(x) := b^n \left(\frac{x - x_0}{h} - k + \frac{n + 1}{2} \right).$$

Es gilt

$$\text{supp } b_{k,h}^n = \left[x_k - \frac{n + 1}{2}h, x_k + \frac{n + 1}{2}h \right].$$

Für die Koeffizienten c_k und $j = 0, \dots, m - 1$ soll gelten

$$t_j = I(x_j) = \sum_{k=1}^m c_k b_{k,h}^n(x_j)$$

Dies ist ein lineares Gleichungssystem und kann in Matrixschreibweise dargestellt werden.

$$Ac = t$$

$$t = (t_1, \dots, t_m)^T \in \mathbb{R}^m$$

$$c = (c_1, \dots, c_m)^T \in \mathbb{R}^m$$

$$A = (b_{k,h}^n(x_j)) \in \mathbb{R}^{m \times m}$$

Für die kardinalen B-Splines gilt

$$b_{k,h}^n(x_j) := b^n \left(\frac{x_j - x_0}{h} - k + \frac{n+1}{2} \right) = b^n \left(j - k + \frac{n+1}{2} \right)$$

Beispiel 3.8 Bei $n = 1$

$$b_{k,h}^1(x_j) = \begin{cases} b^1(1) = 1 & j = k \\ 0 & j \neq k \end{cases}$$

Daraus folgt: A ist Einheitsmatrix und $c = t$. Bei $n = 3$

$$b_{k,h}^1(x_j) = \frac{1}{6} \begin{cases} 4 & j = k \\ 1 & j = k - 1 \\ 1 & j = k + 1 \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

$$A = \frac{1}{6} \begin{pmatrix} 4 & 1 & & & & \\ 1 & 4 & 1 & & & 0 \\ & 1 & & & & \\ & & & \ddots & & \\ 0 & & & & & 1 \\ & & & & 1 & 4 \end{pmatrix}$$

Mehrdimensionale Splines

Da die zu registrierenden Daten dreidimensionale Bilder sind, wird die bisher beschriebene eindimensionale Interpolation auf drei Dimensionen erweitert. Dabei wird im Ansatz davon ausgegangen, dass sich die mehrdimensionalen Basisfunktionen in jeder Koordinatenrichtung wie eine eindimensionale Basisfunktion verhalten.

Sind b_i, b_k, b_l die eindimensionalen Basisfunktionen ergibt sich die dreidimensionale Basisfunktion zu

$$b_{i,k,l}(x) = b_i(x_1)b_k(x_2)b_l(x_3).$$

Wie oben schon erwähnt ist die Basisfunktion der verschobene B-Spline. Auch im Dreidimensionalen ist das der Fall

$$b_{i,k,l}(x) = b_0(x_1 - i)b_0(x_2 - k)b_0(x_3 - l).$$

Die Interpolante I ist die Mehrfachsumme über die gewichteten Basisfunktionen entlang der Raumrichtungen

$$I = \sum_{l=1}^{m_3} \sum_{k=1}^{m_2} \sum_{i=1}^{m_1} c_{i,k,l} b_{i,k,l}.$$

Jeder der Basisfunktionen b und jeder der Koeffizienten c gehört zu einer Stützstelle des dreidimensionalen Cellcentered-Gitters. Unter Berücksichtigung der gleichen Durchlaufreihenfolge wie in Abschnitt 4.1 (Gitter) und bedingt durch die

Kroneckerstruktur des Gitters lässt sich eine einfache Gleichung zur Berechnung der Koeffizienten bestimmen.

$$(A_{m_3} \otimes E_{m_2} \otimes E_{m_1})(E_{m_3} \otimes A_{m_2} \otimes E_{m_1})(E_{m_3} \otimes E_{m_2} \otimes A_{m_1})c = t$$

Wobei A die Matrix der Basisfunktionen und E die Einheitsmatrix ist.

3.3 Distanzmaße

Bei der Auswahl des geeigneten Distanzmaßes ist die Modalität der Bilder zu berücksichtigen. Zwei Bilder sind monomodal wenn sie durch ein identisches Aufnahmeverfahren entstanden sind. Das heißt, dass die gemessenen Intensitäten (Grauwerte) die gleiche Bedeutung haben und direkt vergleichbar sind. Zum Beispiel stellen die Intensitäten in Röntgenaufnahmen die Gewebedichte an der jeweiligen Sensorstelle dar.

Zwei Bilder sind multimodal, wenn sie durch zwei verschiedene Aufnahmeverfahren entstanden sind. In diesem Fall haben die gemessenen Intensitäten eine unterschiedliche Bedeutung und sind nicht direkt vergleichbar. Ein einfaches Beispiel wäre eine Wärmebildaufnahme einer Fassade und eine normale fotografische Aufnahme der selben Fassade.

In dieser Arbeit werden multimodale Bilder registriert (CT, SPECT). Dafür muss ein Distanzmaß verwendet werden, welches nicht auf dem direkten Vergleich der Intensitäten basiert[1]. Mögliche multimodale Distanzmaße sind die Kreuzkorrelation, die Mutual Information (MI) oder das Normalized Gradient Field. Das in der Literatur häufig verwendete Maß ist die von P. A. Viola[14] vorgestellte Mutual Information, dieses wird in dieser Arbeit Verwendung finden.

Entropie

MI berechnet sich aus dem mittleren Informationsgehalt (Entropie) der Bilder und ihrer statistischen Abhängigkeit. Die Herleitung der Berechnungsvorschrift beruht auf Teilen der Informationstheorie die von diskretisierten Bildern ausgeht. Laut der Definition 3.1 ist der Grauwertbereich G des Bildes kontinuierlich. Dazu gehört eine kontinuierliche Dichtefunktion $p(x)$, die für die unten angeführte Berechnung der MI diskretisiert werden muss. Zu diesem Zweck wird der ganze Grauwertbereich zwischen schwarz und weiß in gleichgroße Intervalle (Bins) B_k aufgeteilt.

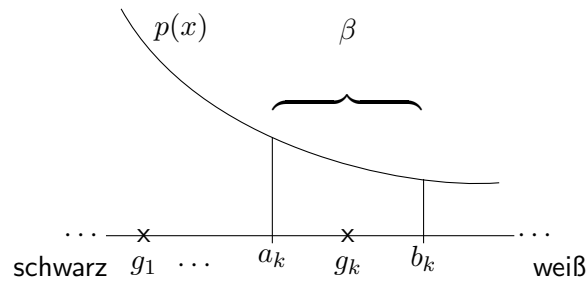


Abbildung 3.4: Wahrscheinlichkeitsdichte einer Grauwertverteilung $p(x)$ und Aufteilung der Grauwerte in Bins B mit $B_k = [a_k, b_k]$, $\beta = b_k - a_k$, $g_k = \frac{a_k + b_k}{2}$.

Die Wahrscheinlichkeit, dass ein Grauwert x im Bin B_k liegt, beträgt

$$P(x \in B_k) = \int_{a_k}^{b_k} p(x) dx.$$

Mit der Mittelpunktsregel der numerischen Integration approximiert $\beta p(g_k)$ die Wahrscheinlichkeit $P(x \in B_k)$.

$$P(x \in B_k) = \int_{a_k}^{b_k} p(x) dx \approx \beta p(g_k) \quad (3.4)$$

Die Dichtefunktion $p(x)$ wird laut Heldmann[5] mit dem Kerndichteschätzer K geschätzt. Durch Einsetzen der Intervallmittelpunkte g_k und M als Anzahl der Intervalle

$$p(x) \approx \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M K(b_j - x). \quad (3.5)$$

Aus 3.5 und 3.4 resultiert die Wahrscheinlichkeit, dass ein Grauwert im Intervall I_k liegt zu

$$p(B_k) := P(x \in B_k) \approx \frac{\beta}{M} \sum_{j=1}^M K(b_j - g_k). \quad (3.6)$$

Wie alle Wahrscheinlichkeiten muss $p(B_k)$ den folgenden Bedingungen entsprechen:

$$0 \leq p(B_k) \leq 1, \quad \sum p(B_k) = 1.$$

Um diese Eigenschaften sicherzustellen werden als Kerndichteschätzer die kubischen B-Splines verwendet [13, 5].

Der Informationsgehalt I eines Bins ist antiproportional zu seiner Wahrscheinlichkeit

$$I(B_k) = \log \frac{1}{p(B_k)} = -\log(p(B_k)).$$

Wird die Wahrscheinlichkeit $p(B_k) = 1$, ist der Informationsgehalt Null. Wahrscheinlichkeit 1 bedeutet, dass nur das eine Bin B_k auftritt.

Die Entropie ist der mittlere Informationsgehalt H einer Quelle über alle Bins.

Definition 3.9 Sei die Quelle ein Bild $T : \Omega \rightarrow G \subset \mathbb{R}$ dann ist

$$H(T) = - \sum_{k=0}^M p_T(B_k) \log(p_T(B_k))$$

mit der Gleichung 3.6 und $\log(0) = 0$ die Entropie des Bildes T .

Die Entropie kann auch betrachtet werden als Messung der Unsicherheit. Wenn alle Bins mit der gleichen Wahrscheinlichkeit auftreten, kann nicht vorausgesagt werden in welches Bin der nächste Grauwert fällt. Dies ist der Zustand der größten Unsicherheit und die Entropie ist maximal. Tritt ein Bin mit einer höheren Wahrscheinlichkeit auf sinkt die Unsicherheit und die Entropie fällt.

Beispiel 3.10 Entropieverlauf einer diskreten gedächtnislosen binären Quelle Q . Sie besteht aus zwei Bins, die mit Wahrscheinlichkeiten $P(B_1) = p$ und $P(B_2) = q = 1 - p$ auftreten. Die Entropie berechnet sich zu

$$\begin{aligned} H(Q) &= -(p \log p + q \log q) \\ &= -p \log p - (1 - p) \log(1 - p). \end{aligned}$$

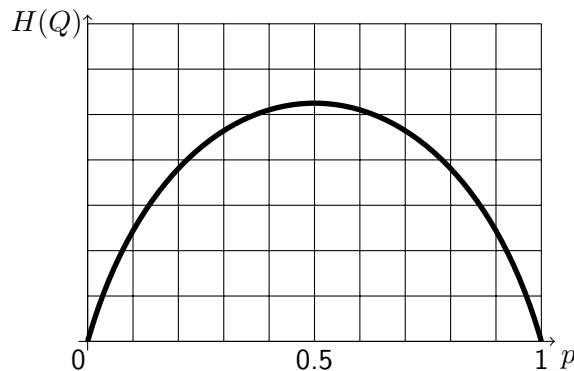


Abbildung 3.5: Verlauf der Entropie einer diskreten binären Quelle mit Auftrittswahrscheinlichkeit p und q . Für $p = q = \frac{1}{2}$ ist die Entropie maximal und die Unsicherheit am größten. Für $p = 1$ und $p = 0$ ist $H = 0$.

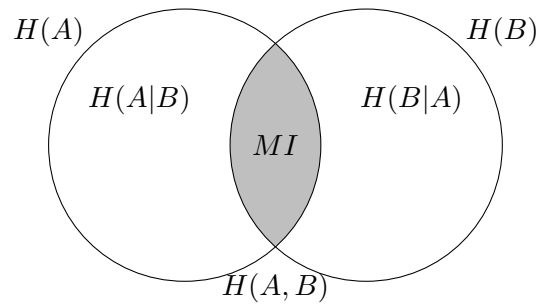
Mutual Information

Die Mutual Information[12] ist ein gängiges Distanzmaß in der Bildregistrierung. Sie wird hergeleitet aus der in der Informationstheorie bekannten Transinformation. Sie gibt Auskunft über die statistische Abhängigkeit zweier Bilder.

In der Informationstheorie ist die Transinformation von Bild A und Bild B ein Maß für die Informationen von A , die bereits in B vorhanden sind und umgekehrt.

Bild A und B sind in die gleiche Anzahl n von Bins segmentiert. Sie werden in Bild A als $\{a_1, \dots, a_n\}$ und in Bild B als $\{b_1, \dots, b_n\}$ bezeichnet. Der Informationsgehalt der Transinformation ist gegeben durch

$$\begin{aligned} MI(a_i, b_j) &= I(a_i) - I(a_i|b_j) \\ &= -\log p(a_i) - (-\log p(a_i|b_j)) \end{aligned} \quad (3.7)$$



Die Gleichung 3.7 besagt, dass die MI sich errechnet aus dem Informationsgehalt des Bins a_i abzüglich des Informationsgehaltes, der bereits im Bin b_j über a_i bekannt ist. Die mittlere Transinformation MI des ganzen Bildes wird durch Summierung über alle i und j errechnet.

$$\begin{aligned} MI(A, B) &= - \sum_{i=1}^n p(a_i) \log p(a_i) - \left(- \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n p(a_i|b_j) \log p(a_i|b_j) \right) \\ &= H(A) - H(A|B) \end{aligned} \quad (3.8)$$

Nach Regeln der bedingten Wahrscheinlichkeit

$$\begin{aligned} H(A) - H(A|B) &= H(B) - H(B|A) \\ H(B|A) &= H(A, B) - H(A) \end{aligned}$$

gilt folgende Definition.

Definition 3.11 Seien A und B Bilder und H die Entropie, dann ist durch

$$MI(A, B) = H(A) + H(B) - H(A, B) \quad (3.9)$$

die Mutual Information gegeben.

Für den Fall der statistischen Unabhängigkeit der Bilder A und B ist die MI gleich Null.

$$\begin{aligned} H(A|B) &= H(A) \\ MI(A, B) &\stackrel{3.8}{=} H(A) - H(A) = 0. \end{aligned}$$

Bei Gleichheit der Bilder ist die MI maximal.

$$\begin{aligned} H(A, A) &= H(A) \\ MI(A, A) &\stackrel{3.9}{=} H(A) + H(A) - H(A) = H(A) \end{aligned} \quad (3.10)$$

Die Gleichung 3.10 besagt, dass die MI die das Bild A über sich selbst hat, identisch ist mit der Entropie des Bildes.

Beim Vorgang der Registrierung wird eines der Bilder durch Deformation so verändert, dass ihre gegenseitige Information maximal wird[8]. In Gleichung 3.9 ist die Verbundentropie $H(A, B)$ der Bilder A und B enthalten, diese muss bei der Registrierung minimiert werden, damit die MI maximal wird.

Zur Maximierung der MI wird ein Distanzmaß

$$D_{MI}(A, B) = -MI(A, B)$$

definiert, welches als Zielfunktion in die Optimierung eingeht. Die Abbildung 3.6 zeigt den Verlauf des Distanzmaßes zwischen dem Referenzbild und einem Templatebild, welches schrittweise von $-\pi$ bis π gedreht wird. Beide Bilder wurden monomodal generiert mit Intensitäten in Falschfarbendarstellung von Blau 0 bis Rot 200. Die Distanzfunktion zeigt ein ausgeprägtes Minimum beim Winkel 0. Das heißt, die Mutual Information ist bei diesem Winkel maximal, was sich durch Betrachtung der Bilder bestätigt. Die Differenzbilder entstehen durch einfache Subtraktion $D = T - R$. In den Differenzbildern bedeutet eine grüne Einfärbung eine Differenz nahe Null, blaue Einfärbung ist eine negative und rote Einfärbung eine positive Differenz.

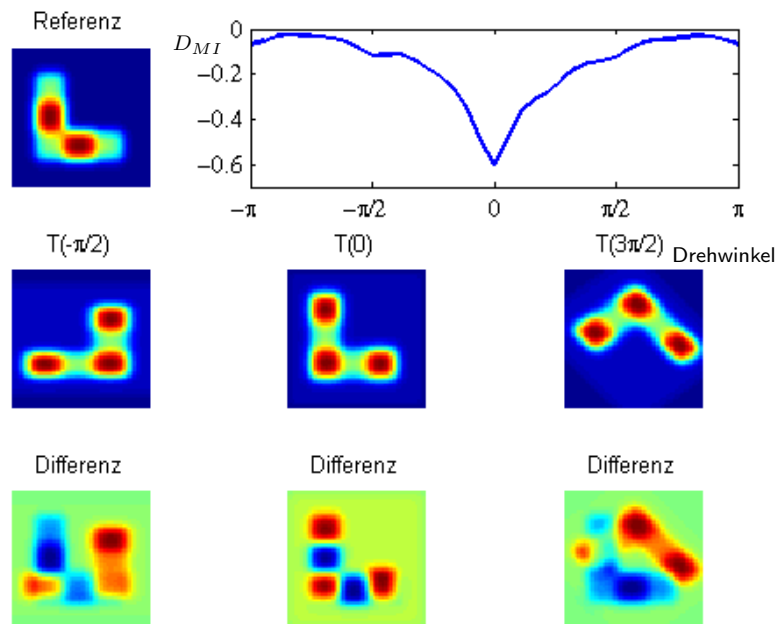


Abbildung 3.6: Distanzfunktion von Referenz R und rotierendem Template T . Und Differenzbilder von R und T

3.4 Deformation

Eine Deformation ist gemäß der Definition 3.2 eine Abbildung vom \mathbb{R}^n in den \mathbb{R}^n . Um die Deformation von Bildern unabhängig von ihrer Auflösung und Größe durchführen zu können, wurde das diskrete Gitter eingeführt und im Abschnitt 3.1 beschrieben. Die Deformation ist als Modifizierung der einzelnen Gitter-Koordinaten zu verstehen.

Registrierung bedeutet somit die Suche nach einer Deformation des Gitters, so dass das auf dem Gitter interpolierte Bild zu einem Referenzbild eine minimale Distanz hat.

Die Dimension des Suchraums bestimmt sich durch die drei Koordinaten aller Gitterpunkte. Schon bei sehr kleinen Gittern von einer Größe $10 \times 10 \times 10$ wird nach einer optimalen Kombination von 3000 Koordinaten gesucht. Mit steigender Gittergröße wird diese Suche ohne weitere Einschränkungen sehr aufwändig.

Es gibt unterschiedliche Methoden, den Suchraum einzuschränken. Bei einer freien nicht parametrischen Registrierung wird der Suchraum durch einen Regularisierer (siehe Abschnitt 3.5) begrenzt. Bei der parametrischen Registrierung wird der Suchraum durch die Festlegung auf wenige veränderbare Parameter eingeschränkt. Werden nur Translation, Scherung, Rotation und Skalierung zugelassen, sind die Deformationen linear und global und lassen sich mit einer einfachen linearen Gleichung darstellen.

Definition 3.12 Sei Y Deformation und X_{cc} sei d -dimensionales CC-Gitter und x_j sei j -ter Gitterknotenpunkt. Die Matrix $A \in \mathbb{R}^{d \times d}$, Vektor $b \in \mathbb{R}^d$, Dimension $d = 3$, dann existieren die folgenden linearen Abbildungen.

- Translation

$$Y \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x_{j1} + b_1 \\ x_{j2} + b_2 \\ x_{j3} + b_3 \end{pmatrix}$$

- Skalierung

$$Y \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & 0 & 0 \\ 0 & a_{22} & 0 \\ 0 & 0 & a_{33} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix}$$

- Rotation

$$Y \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & c_1 & -s_1 \\ 0 & s_1 & c_1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} c_2 & 0 & -s_2 \\ 0 & 1 & 0 \\ s_2 & 0 & c_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} c_3 & -s_3 & 0 \\ s_3 & c_3 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix}$$

mit $c_i = \cos(\gamma_i)$ und $s_i = \sin(\gamma_i)$.

- Scherung

$$Y \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & a & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & b \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ c & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix}$$

- Zusammengekommen:

$$Y \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \theta_1 & \theta_2 & \theta_3 \\ \theta_5 & \theta_6 & \theta_7 \\ \theta_9 & \theta_{10} & \theta_{11} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_{j1} \\ x_{j2} \\ x_{j3} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \theta_4 \\ \theta_8 \\ \theta_{12} \end{pmatrix} = Ax + b = Y(x) \quad (3.11)$$

Die Gitterknoten lassen sich so für $d = 3$ mit 12 Parametern modifizieren. Diese Art der Deformation wird affin lineare Deformation genannt. Die Matrix A soll invertierbar sein. Ist A nicht invertierbar können mehrere Punkte auf dieselbe Koordinate abgebildet werden und damit Informationen verloren gehen.

Zusammengefasst ist die zu minimierende Zielfunktion im affin linearen Fall

$$\min_{\theta} \stackrel{!}{=} -MI(R, T(Y(\theta))). \quad (3.12)$$

Werden nur Translation und Rotation zugelassen, heißt die Deformation rigide. Die parametrische Registrierung führt aufgrund des geringeren Rechenaufwandes schnell zu einem ersten vorläufigen Ergebnis, das aber aufgrund der globalen Eigenschaften der Deformation ungenau in lokalen Umgebungen ist.

Das Ergebnis der parametrischen Registrierung kann deshalb als Startwert für eine nachgeschaltete nicht parametrische Registrierung dienen, die auch lokale Deformationen zulässt und dadurch eine bessere Minimierung des Distanzmaßes erreicht.

3.5 Regularisierer

Bei einer freien nicht parametrischen Registrierung wird eine beliebige zweimal differenzierbare Funktion $Y : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^3$ als Deformation gewählt. Ein Regularisierer (Smoother S) schränkt den Suchraum der Deformation Y ein. Dieser ist ein Maß von Y welches die Glattheitseigenschaften misst.

Die Zielfunktion 3.12 wird mit Einführung des Smoothers zu

$$\min_Y \stackrel{!}{=} MI(R, T(Y)) + \alpha S(u) \quad (3.13)$$

mit der Verrückung $u = Y - id$.

Der Regularisierer unterdrückt ungewünschte Eigenschaften der Deformation und reduziert dadurch den Suchraum. Der Faktor α gewichtet den Regularisierer $S(u)$ und steuert dadurch den Grad der Regularisierung. Insbesondere soll $\alpha S(u)$ klein sein wenn Y glatt ist und $S(u)$ soll groß sein, falls Y nicht glatt ist. Zwei verschiedene Regularisierer werden vorgestellt, Diffusiv und Curvature.

Diffusiver Regularisierer

Der diffuse Regularisierer wurde von Fischer und Modersitzki in 2002 [2] erstmals für die Verwendung in der Bildregistrierung vorgeschlagen. Er wurde entwickelt für einen schnellen und stabilen Registrierungsalgorithmus und ist gegeben durch

$$S^{diff}(Y) = \frac{1}{2} \int_{\Omega} \|\nabla u_1\|^2 + \|\nabla u_2\|^2 + \|\nabla u_3\|^2 dx. \quad (3.14)$$

Die Idee ist die Unterdrückung von Oszillationen in der Deformation Y .

Curvature Regularisierer

Ein weiterer Regularisierer ist der ebenfalls von Fischer und Modersitzki[3] vorgeschlagene Curvature Regularisierer, gegeben durch

$$S^{curv}(Y) = \frac{1}{2} \int_{\Omega} (\Delta u_1)^2 + (\Delta u_2)^2 + (\Delta u_3)^2 dx. \quad (3.15)$$

Wobei Δ der Laplace-Operator ist mit $\Delta x = \frac{d^2}{dx_1^2}x + \frac{d^2}{dx_2^2}x + \frac{d^2}{dx_3^2}x$. Jedes Element der Summe $(\Delta u_j)^2$ ist eine grobe Approximation an die Krümmung der Verrückung. Charakteristisch für diesen Ansatz ist, dass die globalen linearen Deformationsanteile wie Translation, Rotation, Skalierung und Scherung nicht beeinflusst werden, da sie in der zweiten Ableitung nicht mehr auftreten.

Diskretisierung:

Für die Durchführung der nicht parametrischen Registrierung mit einem diskreten Gitter ist eine Diskretisierung des verwendeten diffusiven Regularisierers erforderlich. Zur Veranschaulichung wird die Diskretisierung zunächst im eindimensionalen Fall beschrieben. Es lässt sich später vom Eindimensionalen auf das Mehrdimensionale schließen.

Die Gleichung 3.14 vereinfacht sich im Eindimensionalen zu

$$S(u) = \frac{1}{2} \int_a^b u'(x)^2 dx$$

Um diese Gleichung mit der partiellen Integration zu lösen wird der Term $u'(x)^2$ ausgedrückt als $u'(x)u'(x)$.

$$S(u) = -\frac{1}{2} \int_a^b u''(x)u(x)dx + [u'(x)u(x)]_a^b$$

Um den störenden Term $[u'(x)u(x)]_a^b$ zu eliminieren werden die bekannten Dirichlet ($u(a) = u(b) = 0$) und Neumann ($u'(a) = u'(b) = 0$) Randbedingungen verwendet

$$S(u) = -\frac{1}{2} \int_a^b u''(x)u(x)dx.$$

Die Standardapproximation zur zweiten Ableitung ist der Differenzenquotient

$$f''(x) = \frac{f(x+h) - 2f(x) + f(x-h)}{h^2} + \mathcal{O}(h^2).$$

Dieser führt zu folgender Diskretisierung

$$S(u) = \frac{h}{2} \sum_{j=1}^m -u_j \left(\frac{1}{h^2} (u_{j-1} - 2u_j + u_{j+1}) \right). \quad (3.16)$$

Mit den Randbedingungen von Dirichlet ergeben sich folgende Werte für die zweiten Ableitungen

$$\begin{aligned} u''(x_1) &= \frac{1}{h^2} (-3u_1 + u_2) \\ u''(x_j) &= \frac{1}{h^2} (u_{j-1} - 2u_j + u_{j+1}) \\ u''(x_m) &= \frac{1}{h^2} (u_{m-1} - 3u_m) \end{aligned}$$

In Matrixschreibweise ist der diffusive Regularisierer gegeben durch

$$S(u) = \frac{h}{2} u^T A u$$

mit $u = (u_1, \dots, u_m) \in \mathbb{R}^m$ und

$$A = \frac{1}{h^2} \begin{pmatrix} -3 & 1 & & & \\ 1 & -2 & 1 & & 0 \\ & \ddots & \ddots & \ddots & \\ 0 & & 1 & -2 & 1 \\ & & & 1 & -3 \end{pmatrix} \in \mathbb{R}^{m \times m}$$

Mit den Randbedingungen von Neumann ändern sich die Werte wie folgt

$$\begin{aligned} u''(x_1) &= \frac{1}{h^2} (-1u_1 + u_2) \\ u''(x_j) &= \frac{1}{h^2} (u_{j-1} - 2u_j + u_{j+1}) \\ u''(x_m) &= \frac{1}{h^2} (u_{m-1} - 3u_m) \end{aligned}$$

$$A = \frac{1}{h^2} \begin{pmatrix} -1 & 1 & & & \\ 1 & -2 & 1 & & 0 \\ & \ddots & \ddots & \ddots & \\ 0 & & 1 & -2 & 1 \\ & & & 1 & -1 \end{pmatrix} \in \mathbb{R}^{m \times m}$$

Der Übergang ins Mehrdimensionale wird durch die Trennung der Raumrichtungen für $d = 3$ in drei eindimensionale Diskretisierungen bewerkstelligt. Zu berücksichtigen ist die Struktur des CC-Gitters und damit auch der Verrückung $u \in \mathbb{R}^{3M}$ mit $M = m_1 m_2 m_3$. Weiter sei $A_p \in \mathbb{R}^{p \times p}$ Matrix der Diskretisierung im 1D Fall für Dirichlet oder Neumann Randbedingungen. Dann gilt

$$\begin{aligned} \hat{A}_{3D}^h &= (A_{m_3} \otimes E_{m_2} \otimes E_{m_1}) \\ &+ (E_{m_3} \otimes A_{m_2} \otimes E_{m_1}) \\ &+ (E_{m_3} \otimes E_{m_2} \otimes A_{m_1}) \end{aligned}$$

$$A_{3D}^h = E_3 \otimes \hat{A}_{3D}^h \in \mathbb{R}^{3M \times 3M}.$$

Der diffusive Regularisierer ist dann

$$S(u) = \frac{h_1 h_2 h_3}{2} u^T A_{3D}^h u.$$

Der Curvature Regularisierer ist gegeben durch

$$S(u) = \frac{h_1 h_2 h_3}{2} u^T A_{3D}^h A_{3D}^h u.$$

4 Optimierung

Die zu minimierende Zielfunktion (Gl. 3.1, Gl. 3.2) ist abhängig von einer Vielzahl von Parametern, so dass ein Ausprobieren aller möglichen Kombinationen in einem sinnvollen Zeitrahmen nicht zu bewerkstelligen ist. Um diesem Problem zu begegnen, werden Methoden der numerischen Optimierung angewendet, die bei einer verbleibenden aber akzeptablen Abweichung eine Lösung finden.

In diesem Kapitel werden die verwendeten Verfahren und Methoden der Optimierung vorgestellt und erläutert, basierend auf dem Buch von Nocedal & Wright *Numerical Optimization* [10].

Die Optimierung ist ein Teilgebiet der angewandten Mathematik. Sie beschäftigt sich damit, die optimalen Parameter eines komplexen Systems zu finden. Die Parameter sind optimal, wenn die zum Problem gehörende Zielfunktion $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$, $n > 1$ minimal ist.

$$x_* = \operatorname{argmin} f(x).$$

Eine analytische Lösung ist in den meisten Fällen nicht möglich. Darum werden hier iterative numerische Verfahren verwendet. Für das effektive Finden einer Lösung wird zusätzlich vorausgesetzt, dass die Funktion f differenzierbar ist.

Es wird zwischen lokalen und globalen Minimierern x_* unterschieden. Global ist x_* , wenn gilt: $f(x_*) < f(x)$ für alle x . Lokal ist x_* , wenn eine Umgebung X um x_* existiert mit $f(x_*) < f(x)$ für alle $x \in X$.

4.1 Abstiegsverfahren

Optimierungsalgorithmen generieren ausgehend von einem von außen vorgegebenen Startwert $x_0 \in \mathbb{R}^n$ eine Iterationsfolge $x_0, x_1, \dots, x_k \in \mathbb{R}^n$, so dass die Funktionswerte monoton fallen $f(x_{k+1}) \leq f(x_k)$. Die stetige Distanzfunktion wird durch die Iterationsmethode an diskreten Stellen ausgewertet, deshalb ist davon auszugehen, dass lokale Minima gefunden werden. Zur Ermittlung des Iterationsschrittes $k \rightarrow k + 1$ gibt es zwei Techniken, das Line-Search und das Trust-Region Verfahren. In dieser Arbeit verwenden wir das Line-Search Verfahren [10, 11]. Beginnend mit dem Startwert x_0 wird dieser schrittweise modifiziert. Die Aktualisierungsregel lautet:

$$x_{k+1} = x_k + \alpha * p_k. \quad (4.1)$$

Wobei $x \in \mathbb{R}^n$ und $k \in \mathbb{N}$. Die positive und skalare Schrittweite $\alpha > 0$ und die mehrdimensionale Suchrichtung $p_k \in \mathbb{R}^n$ werden in jeder Iteration neu bestimmt, wobei das resultierende x_{k+1} der Bedingung $f(x_{k+1}) < f(x_k)$ genügen muss. Die verschiedenen Optimierungsverfahren im Rahmen der Line-Search Methode unterscheiden sich in der Bestimmung von α und p .

4.2 Schrittweitenbestimmung

In Gleichung 4.1 ist die Variable $\alpha > 0$ die Schrittweite oder auch das Gewicht der gegebenen Richtung p_k . Ziel ist, das eindimensionale Problem

$$\alpha_* = \operatorname{argmin} f(x_k + \alpha p_k) \quad (4.2)$$

möglichst effizient zu lösen. Auf die Berechnung der exakten Lösung wird verzichtet, da diese die Laufzeit des Gesamtalgorithmus zu stark erhöht. Nach dem Wählen eines Startwerts wird α iterativ bestimmt. An die Iterierte α_{l+1} werden Bedingungen gestellt, welche einen möglichst weiten effektiven Abstieg garantieren sollen. Vorgeschlagen wurden diese Bedingungen von Wolfe[10] und sind durch

$$f(x_k + \alpha p_k) \leq f(x_k) + c\alpha \nabla f(x_k)^T p_k$$

gegeben. Gesucht ist ein Abstieg der Zielfunktion f . Es ist also naheliegend zu fordern, dass $f_{k+1} < f_k$ ist. Für kleine $c \in (0, 1)$ wird weiterhin gefordert, dass die Reduktion von f proportional zur Schrittlänge und der Richtungsableitung ist.

Algorithmus

- $l \leftarrow 0, \alpha_l \leftarrow 1$ und $c \leftarrow 10^{-4}$
- while $f(x_k + \alpha_l p_k) > f(x_k) + c\alpha_l \nabla f(x_k)^T p_k$

$$\begin{aligned} \alpha_{l+1} &\leftarrow \frac{\alpha_l}{2} \\ l &\leftarrow l + 1 \end{aligned}$$

end(while)

$f(x_k)$ und $\nabla f(x_k)$ können vorab bestimmt werden, $f(x_k + \alpha_l p_k)$ allerdings nicht. Die Iteration sollte etwa nach zehn Durchläufen abgebrochen werden, da das $\alpha_{10} = \frac{1}{2048}$ kaum noch Änderungen von $f(x_{k+1})$ zulässt.

4.3 Suchrichtung

Die Suchrichtung p kann sehr effizient mit der Taylorreihenentwicklung bestimmt werden. Das einfachste Verfahren dieser Art ist das Gradientenabstiegsverfahren [10, 11]. Dies ist zwar leicht zu bestimmen aber auch langsam in seiner Konvergenz. Das Newtonverfahren basiert auch auf der Taylorreihenentwicklung und konvergiert lokal schon quadratisch. Die Newtonrichtung $p = -(\nabla^2 f(x_k))^{-1} \nabla f(x_k)$ ist allerdings abhängig von der Hessematrix von f , welche aufwändig zu bestimmen und auch nicht in jedem Fall invertierbar ist.

In dieser Arbeit wird eine Quasi-Newton Suchrichtung benutzt, welche bessere Konvergenzeigenschaften aufweist als das Gradientenverfahren aber leichter zu bestimmen ist als das Newtonverfahren[10].

Quasi-Newton-Verfahren sind eine Klasse von numerischen Verfahren zur Lösung nichtlinearer Minimierungsprobleme. Die Verfahren berechnen die Inverse der Hesse-Matrix nicht direkt, sondern nähern sie lediglich an, um den Rechenaufwand pro

Iteration zu verkleinern. Der populärste Algorithmus ist von Broyden, Fletcher, Goldfarb und Shanno (BFGS)[5] und wird für diese Arbeit verwendet.

Die Herleitung des Algorithmus basiert auf dem Buch von Nocedal & Wright[10] und beginnt mit der Taylorreihenentwicklung, die nach dem quadratischen Glied abgebrochen wird.

$$m(x_k, p) := f(x_k + p) \approx f(x_k) + \nabla f(x_k)^T p + \frac{1}{2} p^T \nabla^2 f(x_k) p.$$

Die Hessematrix $\nabla^2 f(x_k) \in \mathbb{R}^{n \times n}$ wird durch die Matrix B_k ersetzt, welche symmetrisch positiv definit und vom selben Format ist. Sei außerdem $f_k := f(x_k)$ und $m_k(p) := m(x_k, p)$;

$$m_k(p) = f_k + \nabla f_k^T p + \frac{1}{2} p^T B_k p.$$

Den Minimierer p_k , also die gesuchte Richtung, kann man für dieses Problem explizit aufschreiben.

$$p_k = -B_k^{-1} \nabla f_k.$$

Das Problem ist also die Bestimmung der Matrix B_k . Wir wissen, dass $x_{k+1} = x_k + \alpha_k p_k$ ist. Also ist auch

$$\begin{aligned} m_{k+1}(p) &= f_{k+1} + \nabla f_{k+1}^T p + \frac{1}{2} p^T B_{k+1} p \\ \nabla m_{k+1}(p) &= \nabla f_{k+1} + B_{k+1} p \end{aligned}$$

Für $p = -\alpha_k p_k$ gilt

$$\begin{aligned} m_{k+1}(-\alpha_k p_k) &= f(x_{k+1} - \alpha_k p_k) = f(x_k) = f_k \\ \nabla m_{k+1}(-\alpha_k p_k) &= \nabla f_k \\ \nabla f_k &= \nabla f_{k+1} - \alpha_k B_{k+1} p_k \\ B_{k+1} \alpha_k p_k &= \nabla f_{k+1} - \nabla f_k \\ B_{k+1}(x_{k+1} - x_k) &= \nabla f_{k+1} - \nabla f_k \end{aligned}$$

Sei ferner $s_k := x_{k+1} - x_k$ und $y_k := \nabla f_{k+1} - \nabla f_k$, dann ergibt sich die Gleichung

$$B_{k+1} s_k = y_k. \quad (4.3)$$

Die von Broyden, Fletcher, Goldfarb und Shanno [5] vorgeschlagene Updateregeln für B lautet:

$$B_{k+1} = B_k - \frac{B_k s_k s_k^T B_k}{s_k^T B_k s_k} + \frac{y_k y_k^T}{y_k^T s_k} \quad (4.4)$$

Dabei hat B die Eigenschaft symmetrisch positiv definit zu sein, wenn B^0 symmetrisch positiv definit ist[5, s.137].

Limited-Memory BFGS

Die BFGS Methode beinhaltet speicher- und zeitaufwändige Rechnungen. Die vollbesetzte Hessematrix führt zu unakzeptabel langen Rechenzeiten. Deshalb berechnet die Limited-Memory BFGS[7] nicht die volle $n \times n$ Matrix sondern approximiert diese mit wenigen Vektoren der Länge n .

Die Iteration aus Gleichung 4.1 ist

$$x_{k+1} = x_k - \alpha_k H_k \nabla f_k, \quad k = 1, 2, 3, \dots$$

mit der Schrittweite α_k und Richtung $p_k = -H_k \nabla f_k$ und $H_k = B_k^{-1}$. In jeder Iteration wird H_k aktualisiert zu

$$H_{k+1} = V_k^T H_k V_k + \rho_k s_k s_k^T. \quad (4.5)$$

wobei $\rho_k = \frac{1}{y_k^T s_k}$, $V_k = E - \rho_k y_k s_k^T$, $s_k = x_{k+1} - x_k$ und $y_k = \nabla f_{k+1} - \nabla f_k$ ist.

Die inverse Hesseapproximation H_k wird nicht explizit ausgerechnet, sondern durch eine modifizierte Version ersetzt. Die Modifizierung basiert auf den letzten m Vektoren $(s_k, y_k), \dots, (s_{k-m}, y_{k-m})$. Wird Gleichung 4.5 m -mal hintereinander angewendet, entsteht folgende Gleichung

$$\begin{aligned} H_k &= (V_{k-1}^T \cdots V_{k-m}^T) H_k^0 (V_{k-m} \cdots V_{k-1}) \\ &+ \rho_{k-m} (V_{k-1}^T \cdots V_{k-m+1}^T) s_{k-m} s_{k-m+1}^T (V_{k-m+1} \cdots V_{k-1}) \\ &+ \rho_{k-m+1} (V_{k-1}^T \cdots V_{k-m+2}^T) s_{k-m+1} s_{k-m+2}^T (V_{k-m+2} \cdots V_{k-1}) \\ &+ \cdots \\ &+ \rho_{k-1} s_{k-1} s_{k-1}^T. \end{aligned}$$

Aus dieser Gleichung kann ein rekursiver Algorithmus zur Berechnung von $H_k \nabla f_k$ bestimmt werden.

Algorithmus

- $q \leftarrow \nabla f_k$
- for $i = k - 1 : k - m$

$$\begin{aligned} a_i &\leftarrow \rho_i s_i^T q \\ q &\leftarrow q - a_i y_i \end{aligned}$$

end

- $r \leftarrow H_k^0 q$
- for $i = k - m_{k-1}$

$$\begin{aligned} b &\leftarrow \rho_i y_i^T r \\ r &\leftarrow r + s_i (a_i - b) \end{aligned}$$

end

- r ist Ergebnis, also $r = H_k \nabla f_k$

Als Startwert H^0 ist es zulässig ein Vielfaches der Identität $\epsilon \cdot E_n$, die Hessematrix selbst oder auch die Matrix des Regularisierers A (siehe Abschnitt 3.5) zu verwenden. Nach Heldmann [5, s.139] führt die letzte Option zu guten Ergebnissen.

4.4 Abbruch Kriterien

Sobald Schrittweite und Suchrichtung feststehen, wird eine weitere Iteration durchgeführt, also wieder eine neue Schrittweite und Richtung bestimmt. Erst wenn dem Algorithmus ein definiertes Ende gesetzt wird, terminiert er. Die Abbruchkriterien wurden von Gill, Murray und Wright[4] vorgeschlagen und werden im Rahmen dieser Arbeit so eingesetzt.

$$\|f(x_{k-1}) - f(x_k)\| < \tau(1 + \|f(x_k)\|) \quad (K1)$$

$$\|x_{k-1} - x_k\| < \sqrt{\tau}(1 + \|x_k\|) \quad (K2)$$

$$\|\nabla f(x_k)\| < \sqrt[3]{\tau}(1 + \|f(x_k)\|) \quad (K3)$$

$$\|\nabla f(x_k)\| < \epsilon \quad (K4)$$

$$k > k_{max}. \quad (K5)$$

Dabei sei $\tau \in \mathbb{R}$ vom Benutzer festgelegt, $\epsilon \in \mathbb{R}$ die Maschinengenauigkeit und $k_{max} \in \mathbb{N}$ die obere Grenze für die Anzahl an Iterationen im Algorithmus. Der Algorithmus wird abgebrochen, wenn die Verknüpfung der Kriterien erfüllt ist.

$$(K1 \wedge K2 \wedge K3) \vee K4 \vee K5.$$

Die erste Bedingung $K1$ bezieht sich auf die Änderung der Funktionswerte. Die zweite Bedingung $K2$ bezieht sich auf die Änderung der Iterationswerte und die dritte auf die Größe des Gradienten. Sollten diese drei jeweils kleiner sein als ihre jeweilige Schranke, gibt es kaum noch eine Änderung in den Werten, und es kann angenommen werden, nahe an einem eigentlichen Minimum zu sein. Gleiches gilt auch für die vierte Bedingung. Kann der Computer die Länge des Gradienten nicht von Null unterscheiden, ist der Iterationswert nahe am Minimum. Die fünfte Bedingung ist eine Garantie für das Terminieren des Algorithmus.

4.5 Algorithmen

Die Zusammenfassung dieses Kapitels mündet in den folgenden Algorithmen.

BFGS

- wähle Startwerte für x_0 , B_0 und berechne f_0 und ∇f_0 .
- $k \leftarrow 0$
- while $NOT((K1 \wedge K2 \wedge K3) \vee K4 \vee K5)$

$$\begin{aligned}
 p_k &\leftarrow -B_k^{-1} \nabla f_k \\
 \alpha_k &\leftarrow \text{Schrittlänge nach Wolfe} \\
 x_{k+1} &\leftarrow x_k + \alpha_k p_k \\
 \text{berechne } \nabla f_{k+1} & \\
 s_k &\leftarrow x_{k+1} - x_k \\
 y_k &\leftarrow \nabla f_{k+1} - \nabla f_k \\
 B_{k+1} &\leftarrow B_k - \frac{B_k s_k s_k^T B_k}{s_k^T B_k s_k} + \frac{y_k y_k^T}{y_k^T s_k} \\
 k &\leftarrow k + 1
 \end{aligned}$$

end

L-BFGS

- wähle Startwerte für x_0 , $m \in \mathbb{N}$ und berechne f_0 und ∇f_0 .
- $k \leftarrow 0$
- while $NOT((K1 \wedge K2 \wedge K3) \vee K4 \vee K5)$

$$\begin{aligned}
 \text{wähle } H_k^0 & \\
 p_k &\leftarrow -H_k \nabla f_k \text{ siehe Algorithmus 4.3} \\
 \alpha_k &\leftarrow \text{Schrittlänge nach Wolfe} \\
 x_{k+1} &\leftarrow x_k + \alpha_k p_k \\
 \text{berechne } \nabla f_{k+1} & \\
 s_k &\leftarrow x_{k+1} - x_k \\
 y_k &\leftarrow \nabla f_{k+1} - \nabla f_k
 \end{aligned}$$

if $k > m$
lösche s_{k-m} und y_{k-m}

end

$$k \leftarrow k + 1$$

end

4.6 Multiresolution

Der Rechenaufwand für eine Registrierung ist direkt abhängig von der Anzahl der verwendeten Gitterpunkte. Wird die Anzahl der Gitterpunkte reduziert, reduziert sich der Rechenaufwand gleichermaßen. Die Anzahl der Gitterpunkte ist ein Maß für die Auflösung. Für die Registrierung werden Referenz und Templatebild unabhängig von ihrer ursprünglichen Auflösung auf das Gitter interpoliert und nehmen damit die Auflösung des Gitters an.

Die Idee der Multiresolution ist es, eine schnelle Vorregistrierung auf einer größeren Auflösung durchzuführen. Im Anschluss wird die Auflösung schrittweise erhöht wobei das Ergebnis der vorherigen Registrierung als Ausgangspunkt für die neue Registrierung verwendet wird. Dies wird solange fortgeführt, bis die gewünschte Auflösung erreicht ist.

Durch die Interpolation der Bilder auf das niedrig aufgelöste Gitter werden die Bilder geglättet. Damit steigt die Wahrscheinlichkeit, dem globalen Minimum der Distanzfunktion näher zu kommen, da die Anzahl der lokalen Minima durch die Glättung reduziert wird.

Für die Anwendung der Multiresolution in dieser Arbeit wird eine Auflösungs- pyramide erstellt in der die verschieden aufgelösten Bilder gespeichert werden. Die niedrig aufgelösten Bilder werden durch Tiefpassfilterung (Faltung mit Gaußkern) und Unterabtastung der jeweils feineren Auflösung gewonnen.

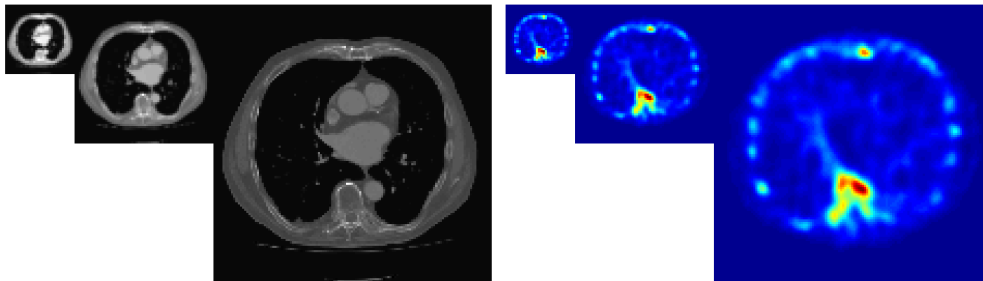


Abbildung 4.1: Auflösungs- pyramide von Referenz (CT-Bilder) und Template (SPECT-Bilder)

5 Ergebnisse

Die in den Kapiteln 3 und 4 vorgestellten Verfahren wurden in der Programmierumgebung MATLAB implementiert. Das entwickelte Programmsystem wird zunächst auf selbstgenerierte Datensätze angewendet, um die Richtigkeit der Implementierung zu zeigen. Darüber hinaus wird mit diesen Datensätzen untersucht, ob die verwendeten Methoden funktionieren und zu einem gewünschten Ergebnis führen. Anschließend werden die im Programmsystem implementierten Methoden auf reale klinische Daten angewendet.

5.1 Generierte Datensätze

Die generierten Datensätze bestehen aus multimodalen dreidimensionalen Bildern, wobei die dritte Dimension durch Wiederholung des am Beginn generierten zweidimensionalen Bildes gewonnen wird. Diese Art der Generierung wird angewendet um sicherzustellen, dass das auf drei Dimensionen ausgelegte Programmsystem ohne zusätzliche Veränderungen auf die generierten Daten angewendet werden kann. Dadurch wird eine möglichst hohe Anschaulichkeit durch die Darstellung einer zweidimensionalen Schicht erreicht.

Es werden zwei verschiedene Testdatenpaare 'square' und 'L' verwendet, die in Abbildung 5.1 gezeigt werden.

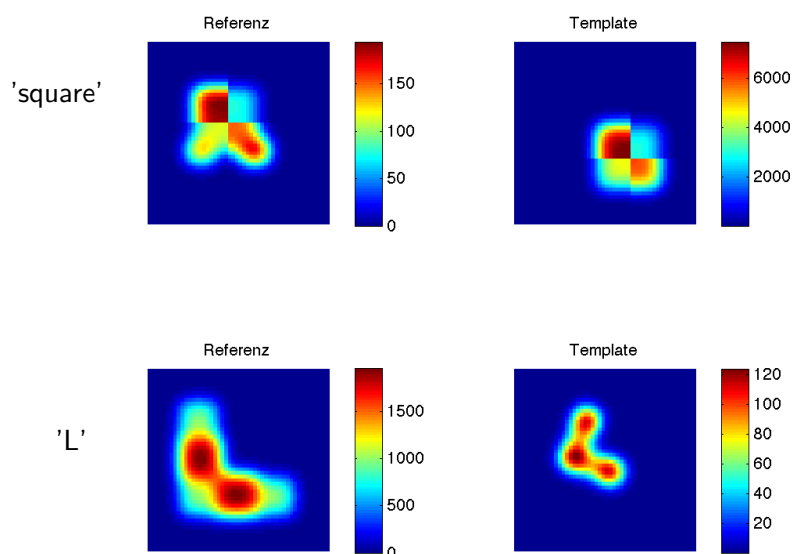


Abbildung 5.1: Referenz- und Templatebilder der Testdatensätze 'square' und 'L'

Affin Lineare Registrierung

Bei dem Testbildpaar 'square' wird erwartet, dass die vier Intensitätslevel zur Deckung kommen und die Größe des Template sich nicht ändert. Die erste Registrierung erfolgt mit der im Abschnitt 3.4 beschriebenen Deformation. Der Startwert für die 12 Parameter wird gemäß Gleichung 3.11 auf die Identität festgesetzt.

Das Ergebnis dieser Registrierung zeigt Abbildung 5.2.

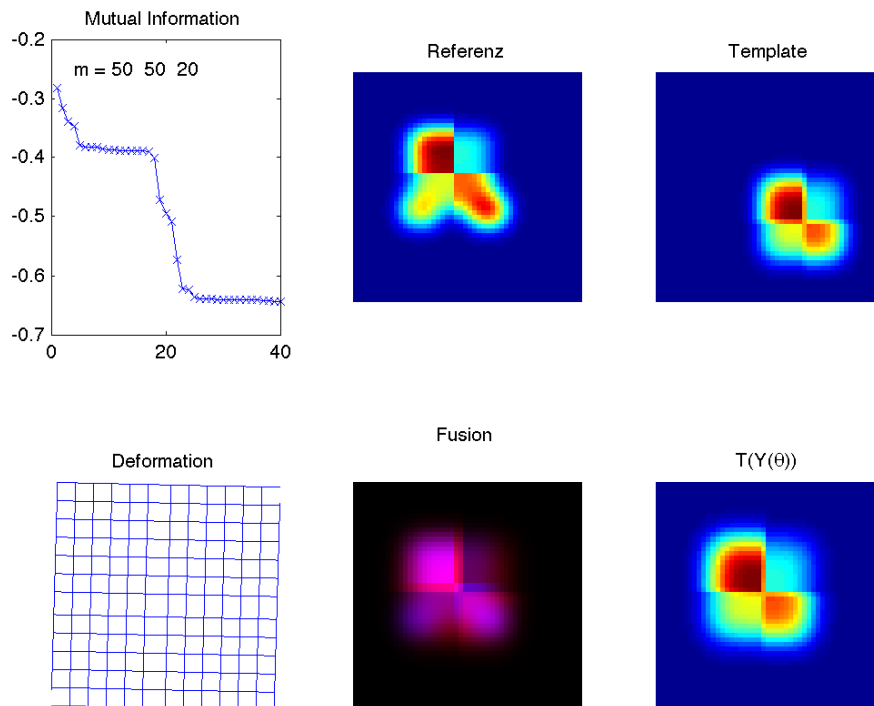


Abbildung 5.2: Die erste Zeile besteht aus Referenz und Ausgangstemplate. Links daneben ist der Verlauf der Distanzfunktion während der Registrierung. Die zweiten Reihe zeigt das Fusionsbild und das deformierte Template nach der Registrierung. Links daneben das zugehörige Gitter.

Die Registrierung erfolgte bei monoton fallender Distanz in 40 Iterationsschritten. Das deformierte Template erfüllt nur teilweise die Erwartungen. Die vier Intensitätslevel liegen zwar übereinander, allerdings sind die Ausmaße des Templates gewachsen. Der Grund kann darin liegen, dass die MI bei Einbeziehung der nach unten zeigenden Nasen der Referenz steigt und dafür das Template vergrößert wird.

Bei dem Testdatensatz 'L' wird erwartet, dass das Template sich dreht, nach unten links verschoben und vergrößert wird. Die Registrierung startet mit den gleichen Parametern wie oben.

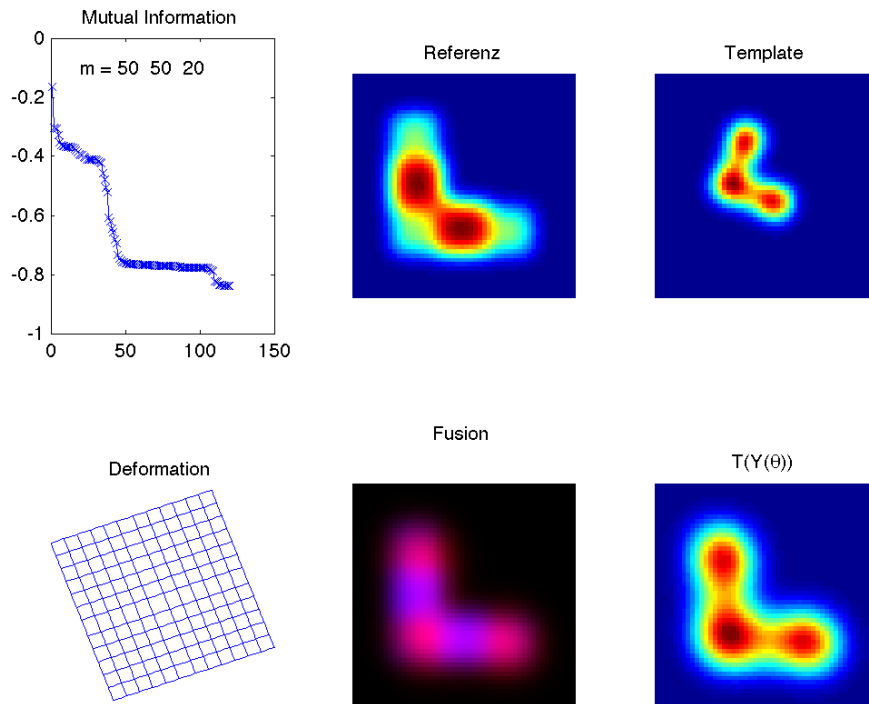


Abbildung 5.3: Die erste Zeile besteht aus Referenz und Ausgangstemplate. Links daneben ist der Verlauf der Distanzfunktion während der Registrierung. Die zweiten Reihe zeigt das Fusionsbild und das deformierte Template nach der Registrierung. Links daneben das zugehörige Gitter.

Die Distanz fällt über etwa 130 Iterationsschritten monoton. Nach der Deformation erfüllt das Template die oben formulierten Erwartungen.

Nicht parametrische Registrierung

Für die Durchführung von nicht parametrischer Registrierung sind Regularisierer und Randbedingungen erforderlich, um den Suchraum sinnvoll einzuschränken. In Abschnitt 3.5 sind zwei Regularisierer Diffusive und Curvature vorgestellt worden sowie die Randbedingungen von Dirichlet und Neumann. In einer ersten Registrierung soll ermittelt werden, welche der vier Kombinationen die besten Ergebnisse liefert.

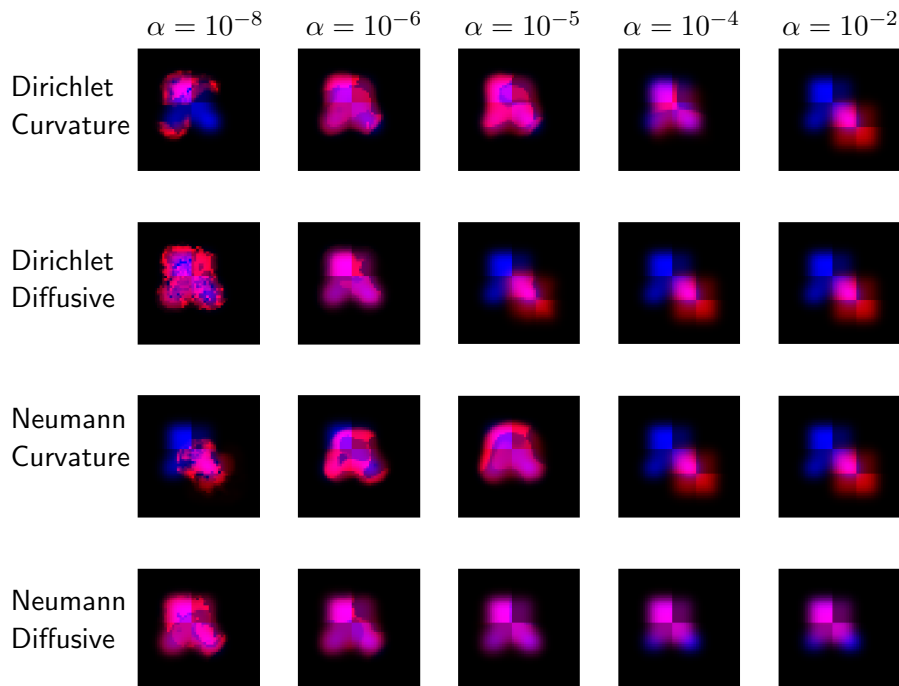


Abbildung 5.4: Ergebnisse der nicht parametrischen Registrierung bei variierendem α .

	Randbedingung	Regularisierer
Zeile 1	Dirichlet	Curvature
Zeile 2	Dirichlet	Diffusive
Zeile 3	Neumann	Curvature
Zeile 4	Neumann	Diffusive

Die Registrierung wurde mit dem Multiresolutionsansatz durchgeführt. Um die Rechenzeit auf die minimal nötige zu beschränken, wurde für jede Kombination aus Randbedingung, Regularisierer und α die Zahl der Iterationsschritte pro Auflösung auf 10 beschränkt. Es wurden drei Auflösungsstufen verwendet. Durch optischen Vergleich zeigt sich deutlich, dass der diffusive Regularisierer mit den Randbedingungen von Neumann die besten Ergebnisse liefert. Diese Kombination wird deshalb für alle weiteren nicht parametrischen Registrierungen verwendet. Dieselbe Untersuchung mit dem zweiten Testdatensatz 'L' führte zum äquivalenten Ergebnis. Auf eine Darstellung wird deshalb verzichtet.

Das α wurde für diese Auswertung in groben Stufen gewählt. Für die erfolgreiche Registrierung wird nun mit einer weiteren Versuchsreihe das α feiner gestuft.

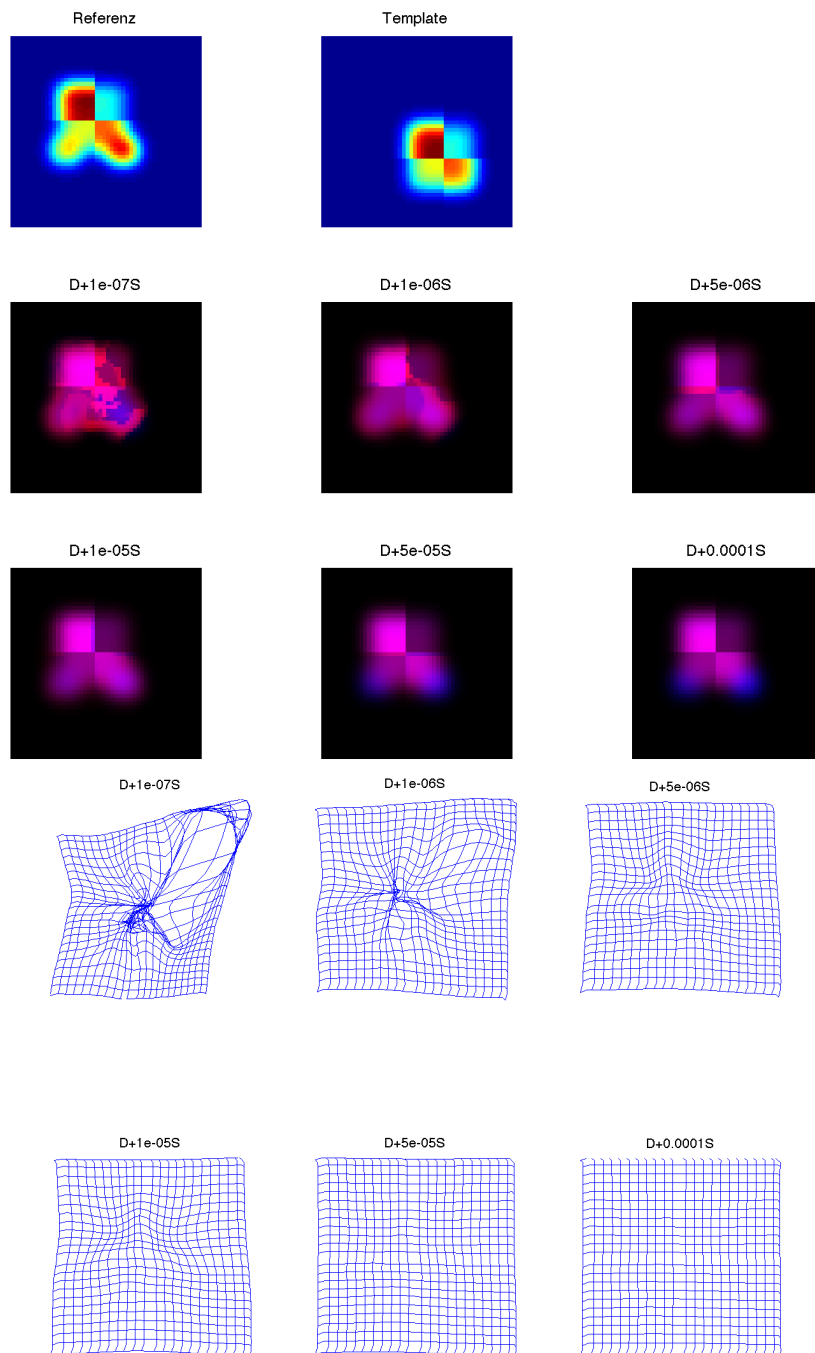


Abbildung 5.5: Ergebnis der nicht parametrischen Registrierung bei variierendem α . Fusionsbilder und zugehörige Gitter der Deformation.

In der Gitterdarstellung ist gut zu erkennen, ob die Gitterpunkte überschneiden und es so zu einer Faltung im Bild kommt. Für $\alpha = 10^{-9}$ ist dieses Phänomen deutlich zu erkennen. Hingegen ist für große α das Gitter quasi regelmäßig oder die Registrierung überregularisiert. Für die endgültige Registrierung des Testdatensatzes 'square' wird $\alpha = 10^{-5}$ gewählt.

Mit den in den vorherigen Schritten ermittelten Werten für die Randbedingung, den Regularisierer und dessen Gewicht, wird die Registrierung mit einer dreistufigen Multiresolution durchgeführt.

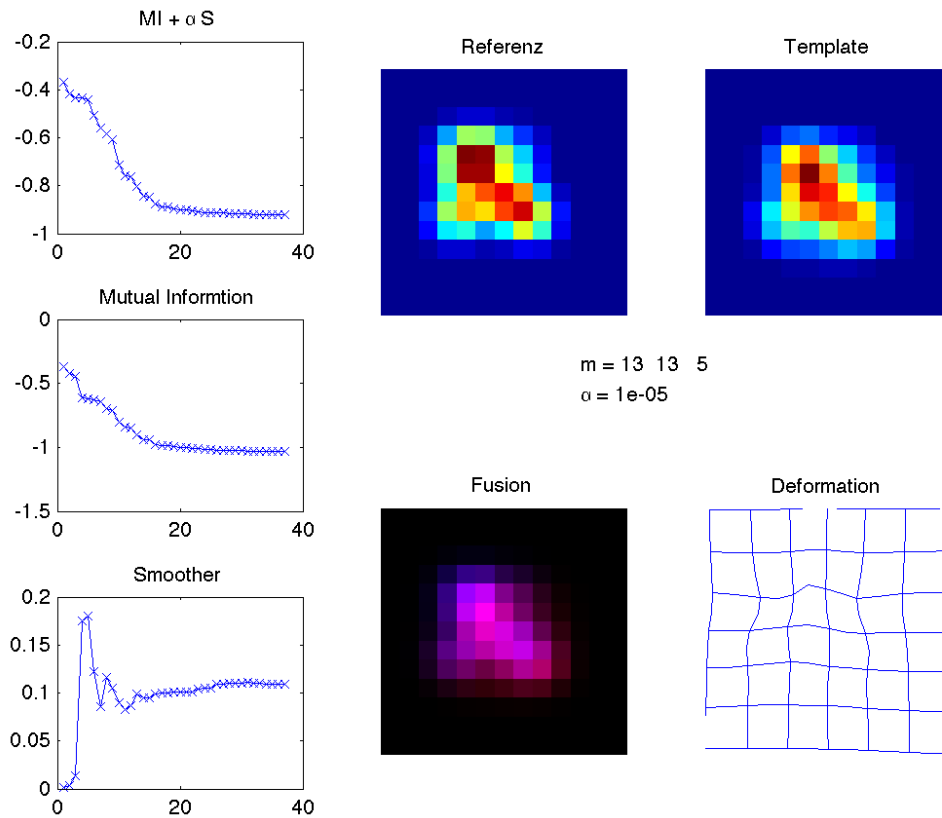


Abbildung 5.6: Nicht parametrische Registrierung in grober Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Die Abbruchbedingungen sind bei weniger als 40 Iterationen eingetreten. Im Ergebnis der Registrierung sind globale Bewegungen des Templates in Richtung Bildmitte und grobe Verformungen am Gitter zu erkennen. Das Ergebnis der ersten Multiresolutionsstufe ist der Startwert der nächst höheren Stufe.

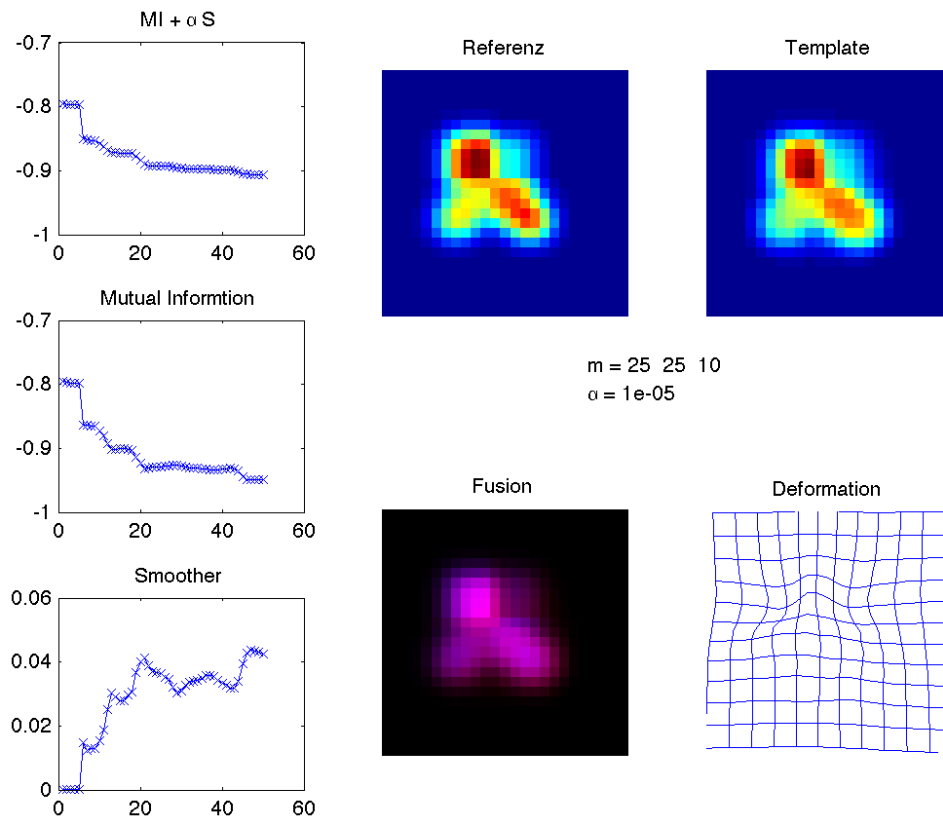


Abbildung 5.7: Nicht parametrische Registrierung in mittlerer Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Es wurden 50 Iterationsschritte ausgeführt. Das Template passt sich der Form der Referenz weiter an. Die unteren Nasen der Referenz bilden sich auch im Template aus. Das Ergebnis dieser Registrierung ist der Startwert der letzten Registrierung.

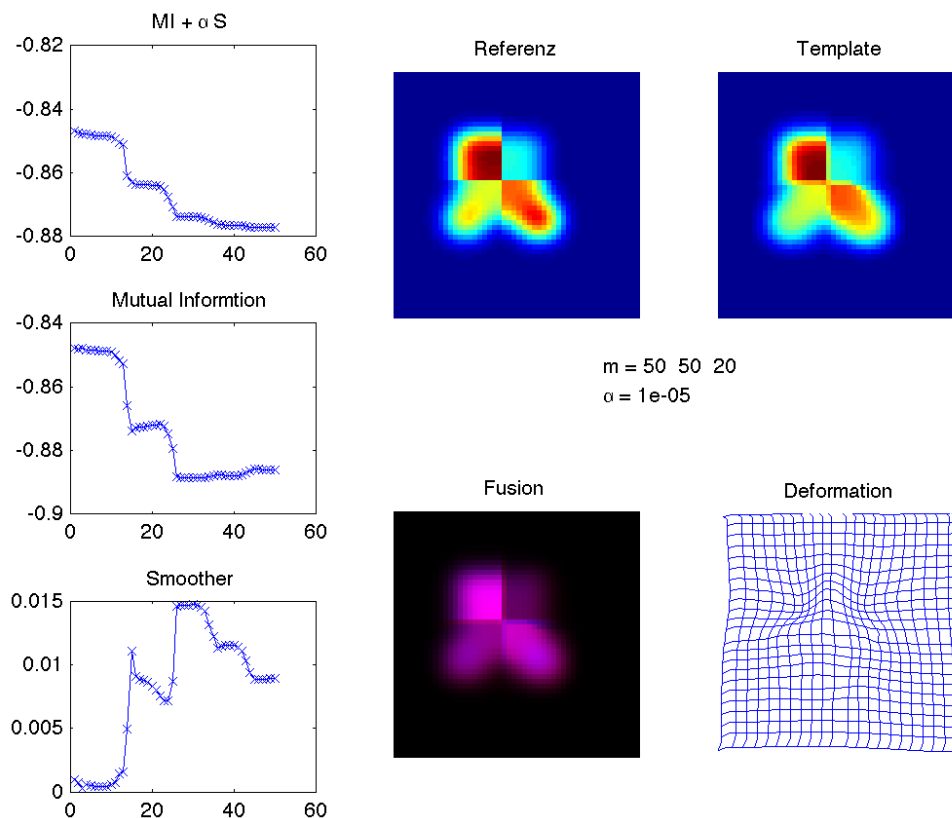


Abbildung 5.8: Nicht parametrische Registrierung in feiner Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Nach weiteren 50 Iterationsschritten ist hier das Endergebnis der nicht parametrischen Registrierung gezeigt. Das Template hat die Form der Referenz angenommen. Im Verlauf der negativen MI ist in mehreren Abschnitten zu sehen, dass diese auch steigen kann. Gleichzeitig fällt der Regularisierer, so dass die resultierende Distanzfunktion weiterhin monoton fällt. Im Vergleich zwischen der affin linearen und der nicht parametrischen Registrierung entspricht das in Abbildung 5.8 gezeigte Ergebnis den Erwartungen.

Zur nicht parametrischen Registrierung des Datensatzes 'L' werden die Ergebnisse bezüglich der Kombination von Randbedingungen und Regularisierer aus den vorherigen Untersuchungen übernommen. Da der Grad der Regularisierung abhängig von den zu registrierenden Daten ist, wird für den Datensatz 'L' ein neues α bestimmt.

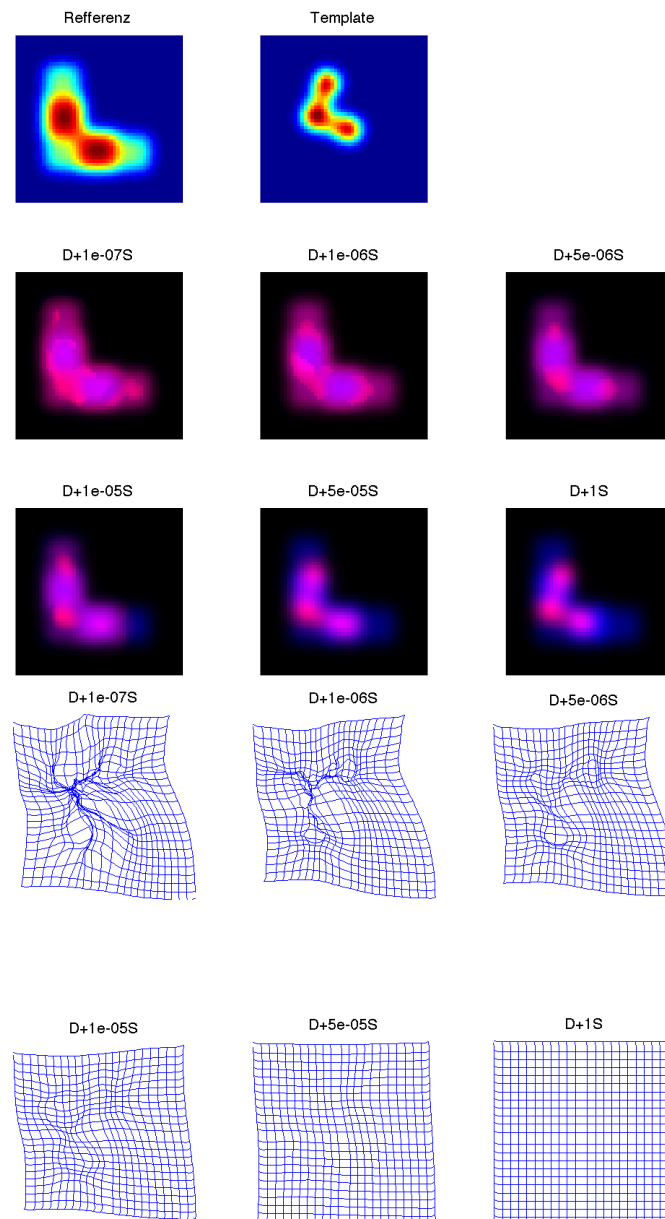


Abbildung 5.9: Ergebnis der nicht parametrischen Registrierung bei variierendem α . Fusionsbilder und zugehörige Gitter der Deformation.

Mit der gleichen Argumentation wie im vorhergehenden Testsatz 'square' wird $\alpha = 5 \cdot 10^{-6}$ gewählt.

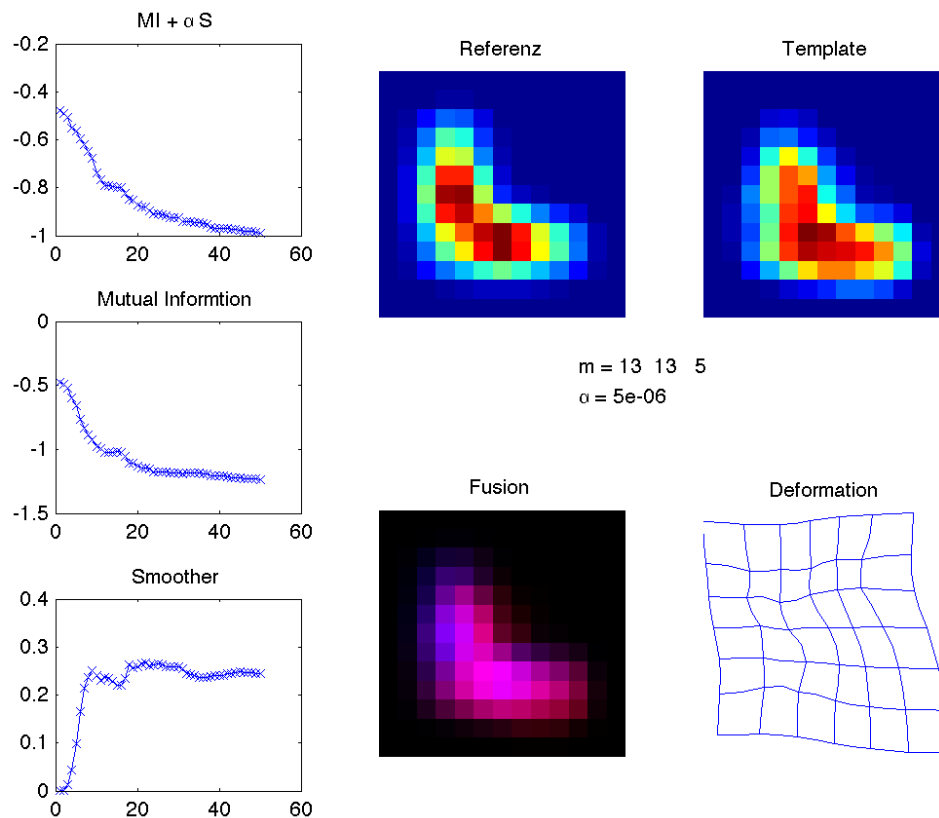


Abbildung 5.10: Nicht parametrische Registrierung in grober Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Die Abbruchbedingungen sind bei weniger als 50 Iterationen eingetreten. Im Ergebnis der Registrierung sind Drehung, Skalierung und eine grobe Verformung am Gitter zu erkennen. Das Ergebnis der ersten Multiresolutionsstufe ist der Startwert der nächst höheren Stufe.

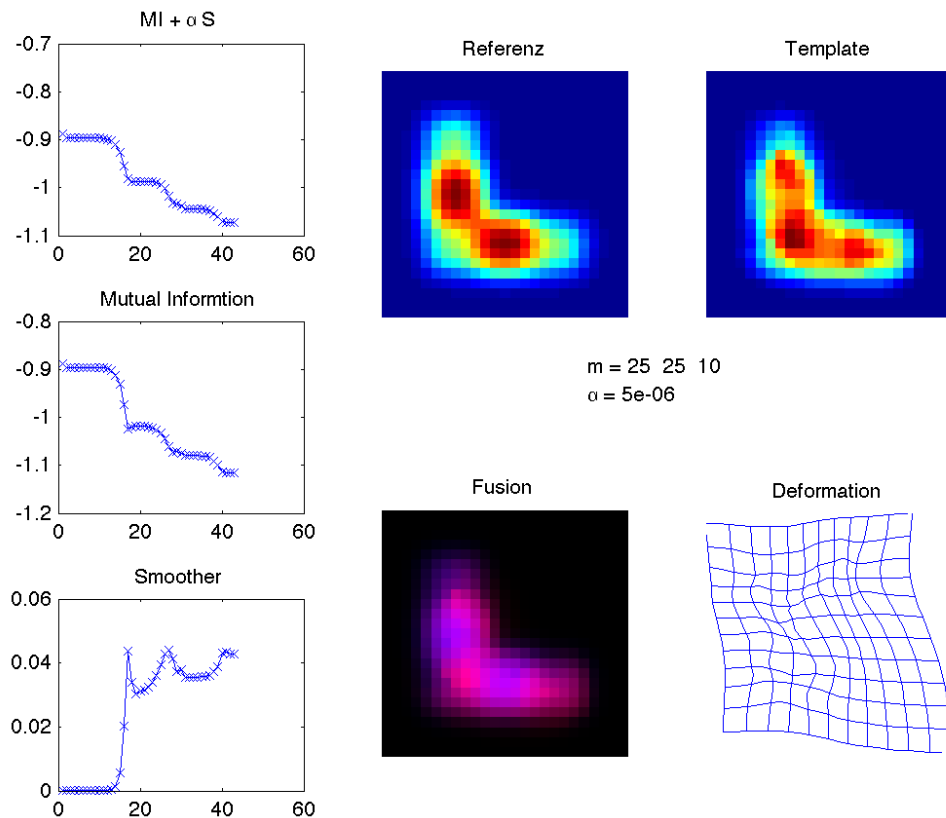


Abbildung 5.11: Nicht parametrische Registrierung in mittlerer Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Es wurden etwas mehr 40 Iterationsschritte ausgeführt. Das Template passt sich der Form der Referenz weiter an. Das Ergebnis dieser Registrierung ist der Startwert der letzten Registrierung.

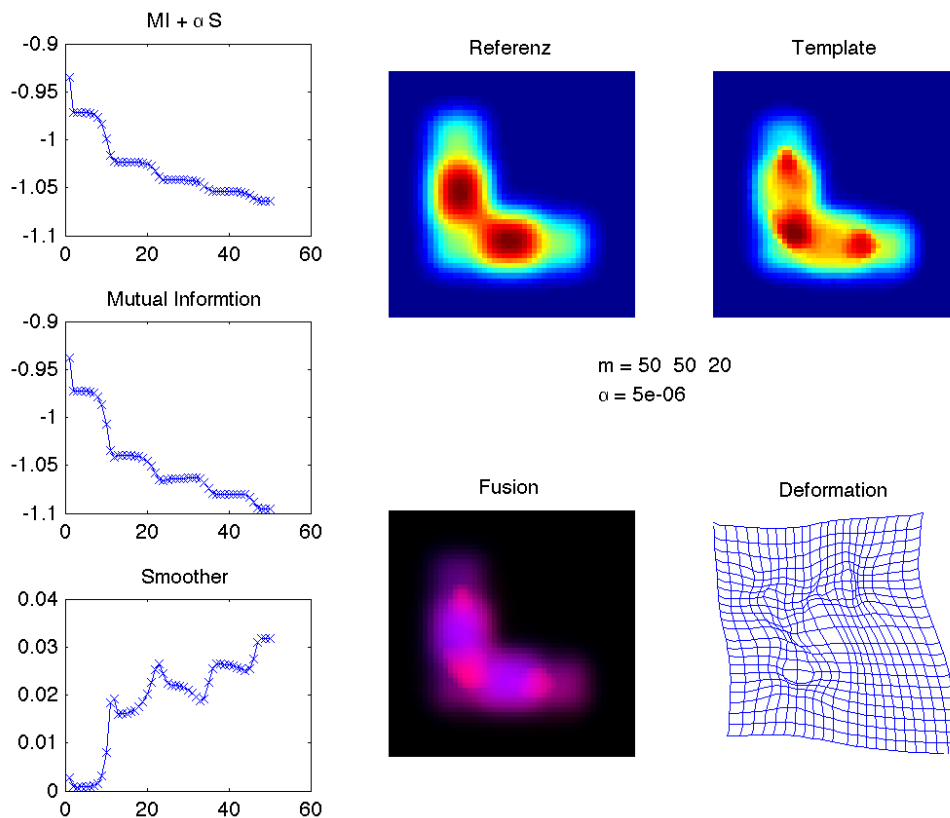


Abbildung 5.12: Nicht parametrische Registrierung in feiner Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Nach Abschluss der Registrierung nach 50 weiteren Iterationsschritten zeigt das deformierte Template eine nicht überzeugende Form. Die Enden der L-Form sind unterentwickelt, und die Ecke der Form hat eine Rundung ausgebildet. Im Vergleich zur affin linearen Registrierung ist dieses Ergebnis schlechter.

Zusammengefasst lassen sich anhand der Testdatensätze folgende Aussagen treffen:

1. Die Implementierung der Registrierung führt zu korrekten Ergebnissen.
2. Die optimale Registrierungsmethode (parametrisch / nicht parametrisch) ist abhängig von dem Datensatz.
3. Bei der nicht parametrischen Registrierung muss das Gewicht des Regularisierers abhängig vom Datensatz neu bestimmt werden.

5.2 Klinische Daten

Für diese Arbeit wurden sechs verschiedene Datensätze von CT (Referenz) und SPECT (Template) zu Verfügung gestellt. Die Registrierungen wurden mit den beschriebenen Methoden für alle sechs Datensätze durchgeführt. Für die Präsentation der Ergebnisse werden drei Datensätze ausgewählt. Auswahlkriterium war dabei die Qualität der Ergebnisse.

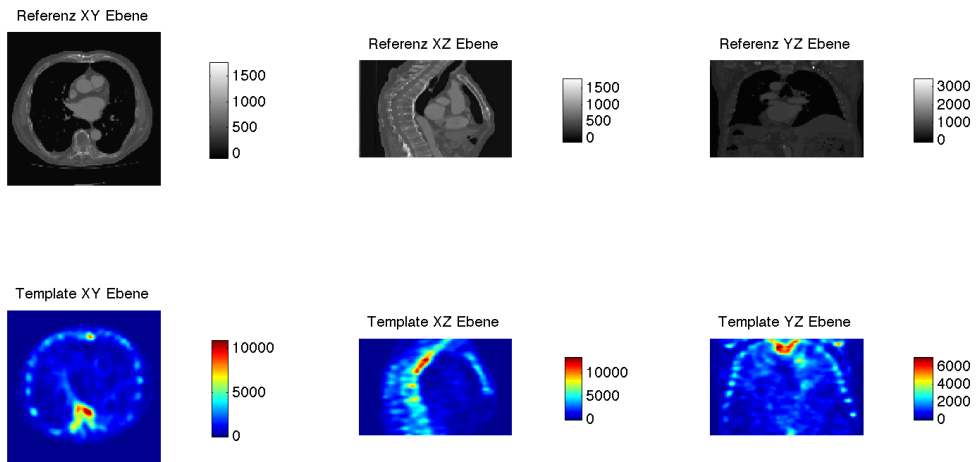


Abbildung 5.13: Datensatz 1
Referenz (CT) und Template (SPECT)
Schnittbilder in drei Raumrichtungen

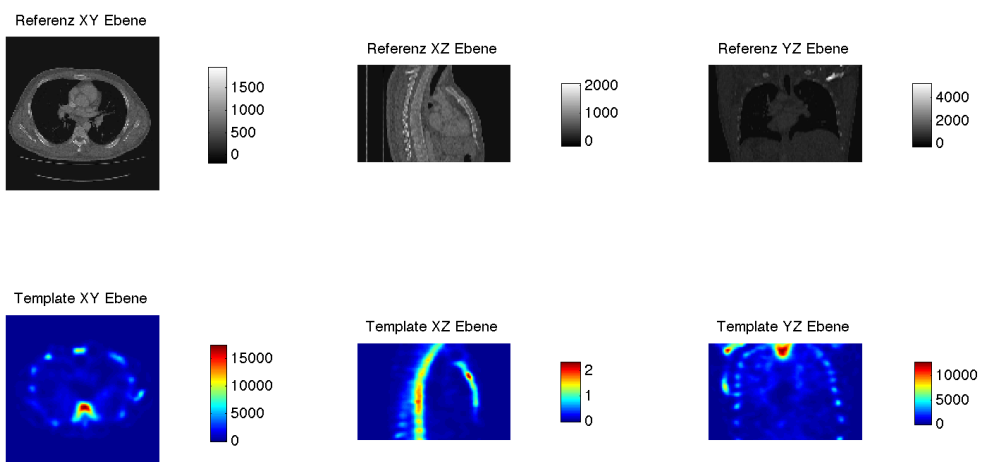


Abbildung 5.14: Datensatz 2
Referenz (CT) und Template (SPECT)
Schnittbilder in drei Raumrichtungen

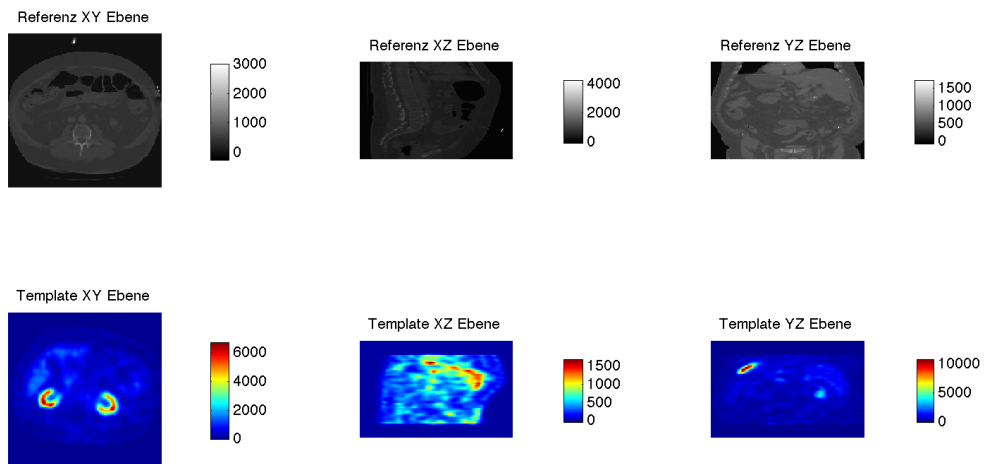


Abbildung 5.15: Datensatz 3
Referenz (CT) und Template (SPECT)
Schnittbilder in drei Raumrichtungen

Klinischer Datensatz 1

Die erste Registrierung erfolgt mit der im Abschnitt 3.4 beschriebenen affin linearen Deformation. Der Startwert für die 12 Parameter wird gemäß Gleichung 3.11 auf $\theta = (1, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 1, 0)$ festgesetzt.

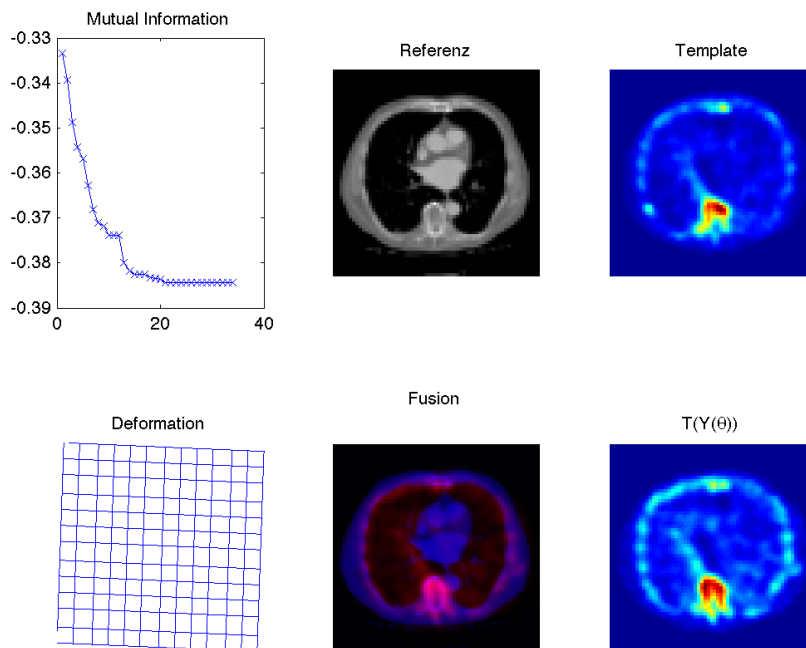


Abbildung 5.16: Die erste Zeile besteht aus Referenz und Ausgangstemplate. Links daneben ist der Verlauf der Distanzfunktion (-MI) während der Registrierung. Die zweiten Reihe zeigt das Fusionsbild und das deformierte Template nach der Registrierung. Links daneben das zugehörige Gitter.

Das Ergebnis dieser Registrierung zeigt Abbildung 5.16. Für die Darstellung wurde die mittlere Schicht in der XY-Ebene ausgewählt. Um die Dreidimensionalität des Datensatzes zu demonstrieren, werden die mittleren Schichten der drei Raumrichtungen des Bildes abgebildet.

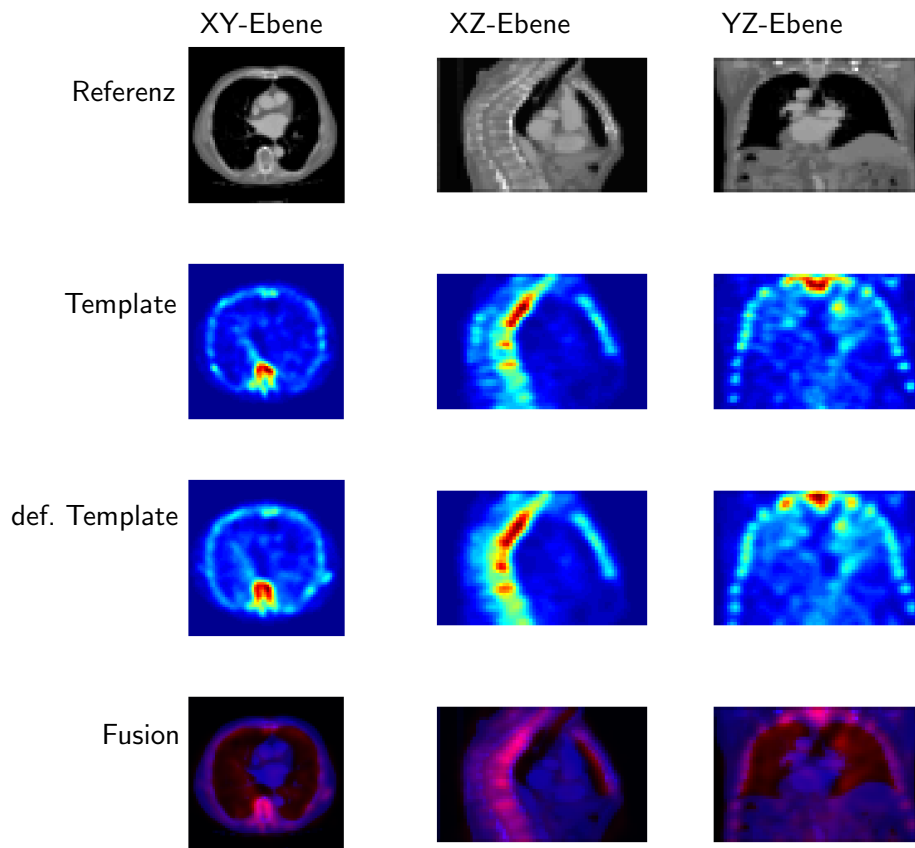


Abbildung 5.17: Zeile 1 Referenzbild (Mittlere Ebene der drei Raumrichtungen).
 Zeile 2 Template vor der Registrierung.
 Zeile 3 Template nach der affin linearen Registrierung.
 Zeile 4 Fusion aus Referenz und deformiertem Template

In den zwei Abbildungen 5.16 und 5.17 zeigt die affin lineare Registrierung gute Ergebnisse. Die Abbruchkriterien waren in weniger als 40 Iterationsschritten erreicht. Die guten Ergebnisse können auch zum Teil dadurch begründet sein, dass Referenz und Template schon vor der Registrierung eine Übereinstimmung zeigen, d.h. die MI ist schon relativ hoch. Beide Bilder zeigen korrespondierende Strukturen über den ganzen Bildbereich.

Bei der folgenden nicht parametrischen Registrierung des klinischen Datensatzes 1 wird auf die bei der Registrierung des Testdatensatzes 'square' ermittelte optimale Kombination aus Regularisierer (Diffusive) und Randbedingung (Neumann) zurückgegriffen. Aufbauend auf den Erfahrungen mit den Testdaten muss das Gewicht α des Regularisierers für jeden Datensatz individuell neu bestimmt werden.

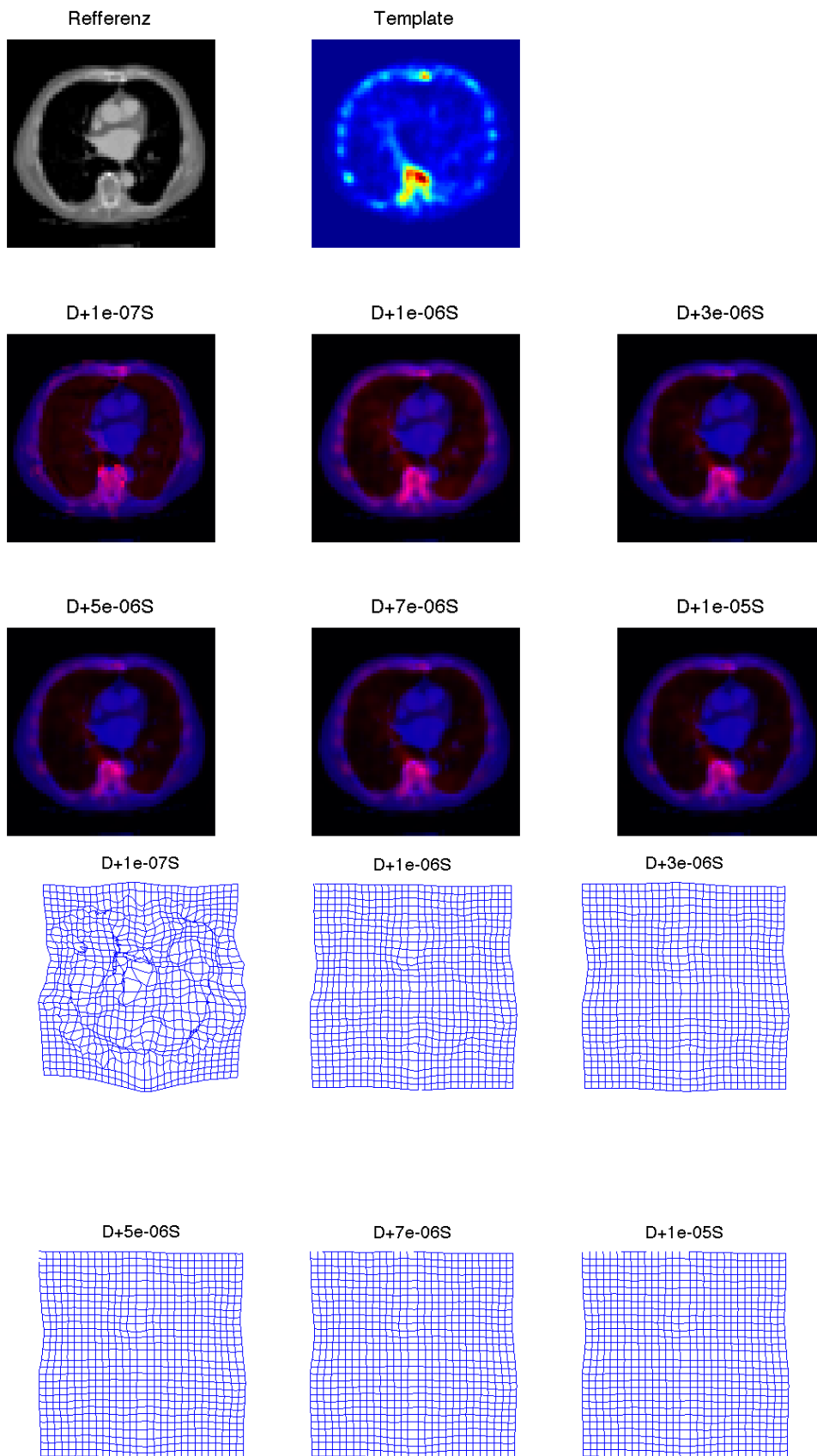


Abbildung 5.18: Ergebnis der nicht parametrischen Registrierung bei variierendem α . Fusionsbilder und zugehörige Gitter der Deformation.

Bei der Auswahl von α werden die gleichen Kriterien wie bei den Testdaten angewendet. Die α -Werte, bei denen die Gitter eine Faltung des Bildes erwarten lassen oder bei denen das Gitter nahezu unverändert bleibt, werden ausgeschlossen. Für die endgültige Registrierung des klinischen Datensatzes 1 wird deshalb $\alpha = 3 \cdot 10^{-6}$ gewählt.

Die nicht parametrische Registrierung wird mit einer dreistufigen Multiresolution durchgeführt.

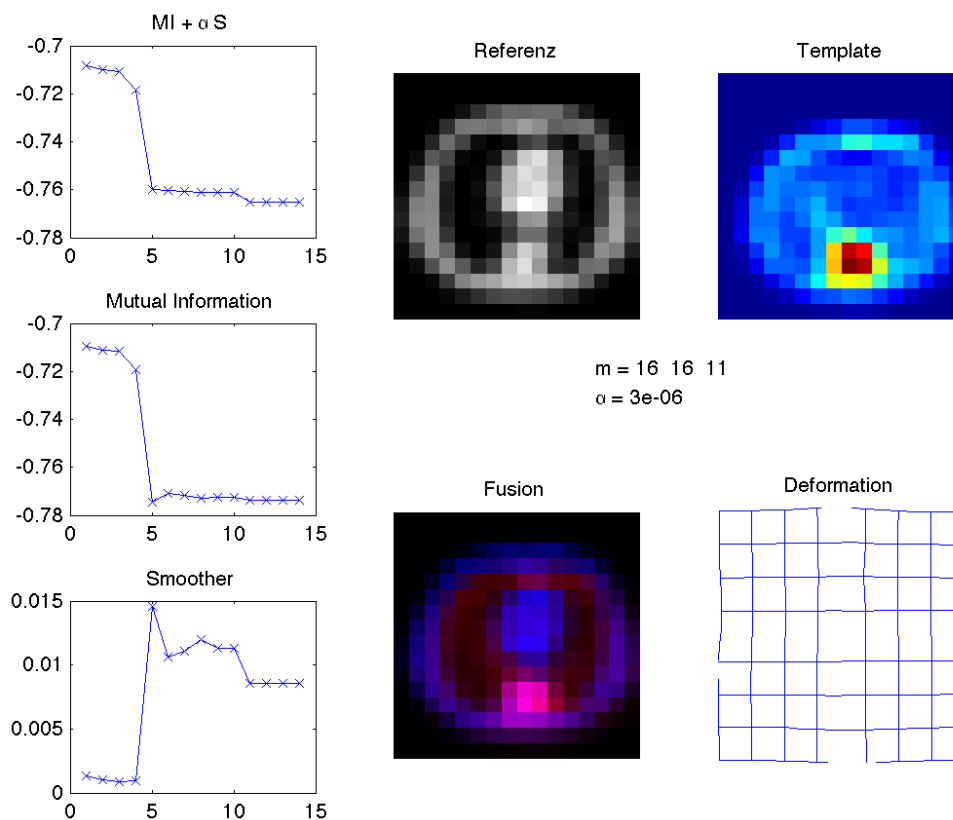


Abbildung 5.19: Nicht parametrische Registrierung in grober Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Nach 14 Iterationsschritten sind die Abbruchbedingungen erfüllt. Das nur gering verformte Gitter ist Startwert für die Registrierung in der nächst höheren Auflösung.

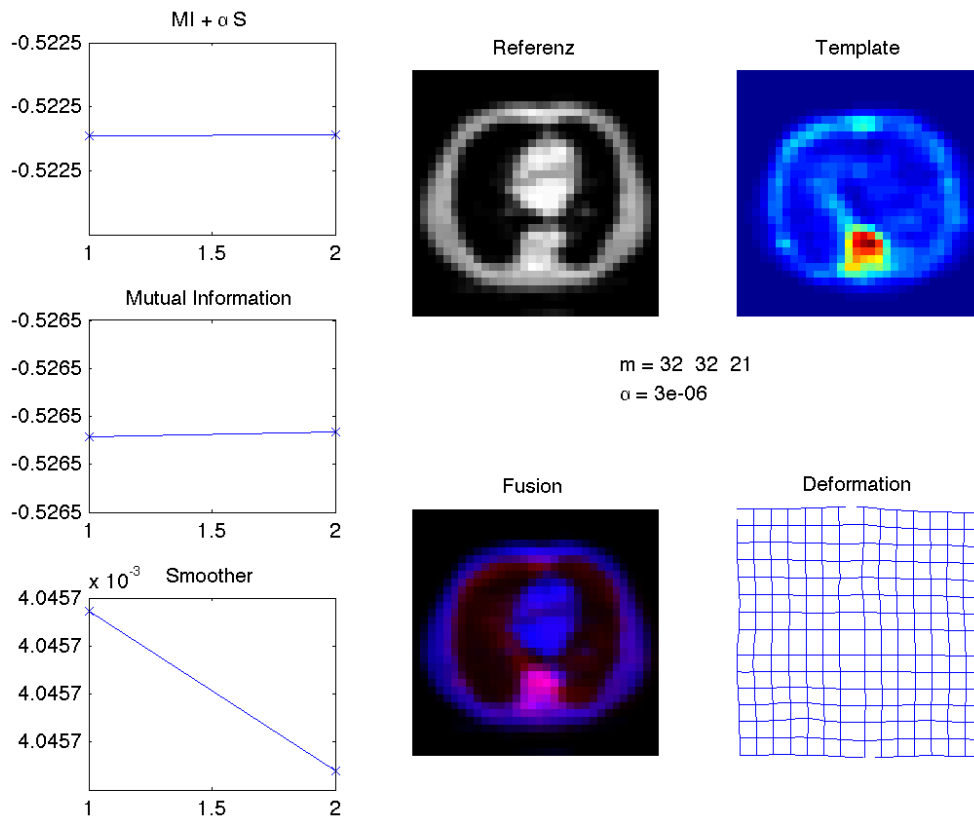


Abbildung 5.20: Nicht parametrische Registrierung in mittlerer Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Der Abbruch nach nur zwei Iterationsschritten zeigt, dass schon die Registrierung bei niedriger Auflösung zu einem guten Ergebnis führte. Es liegt nahe, die Registrierung an dieser Stelle zu beenden. Allerdings werden durch die Erhöhung der Auflösung den Bildern zusätzliche Informationen hinzugefügt, die sich im nächsten Schritt der Registrierung positiv auswirken könnten.

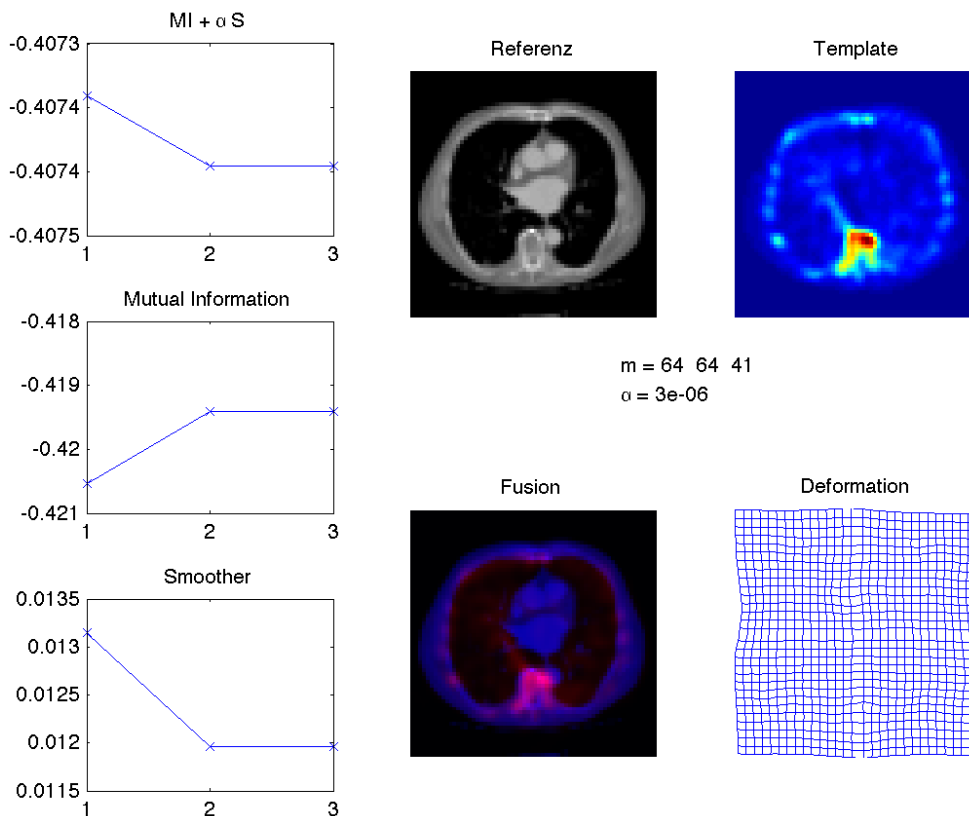


Abbildung 5.21: Nicht parametrische Registrierung in feiner Auflösung. Referenz und deformiertes Template, Fusion und Gitter. Links neben den Bildern der Verlauf der Distanzfunktion, der negativen MI und des Regularisierers.

Abbildung 5.21 zeigt, dass die Vermutungen einer bereits guten Registrierung bei geringer Auflösung als auch die Möglichkeit eines zusätzlichen Informationsgewinns bestätigt werden. Die Registrierung bei höchster Auflösung wird nach 3 Schritten beendet. Der Verlauf der Distanzfunktion zeigt jedoch schon nach dem zweiten Schritt keine nennenswerten Veränderungen mehr.

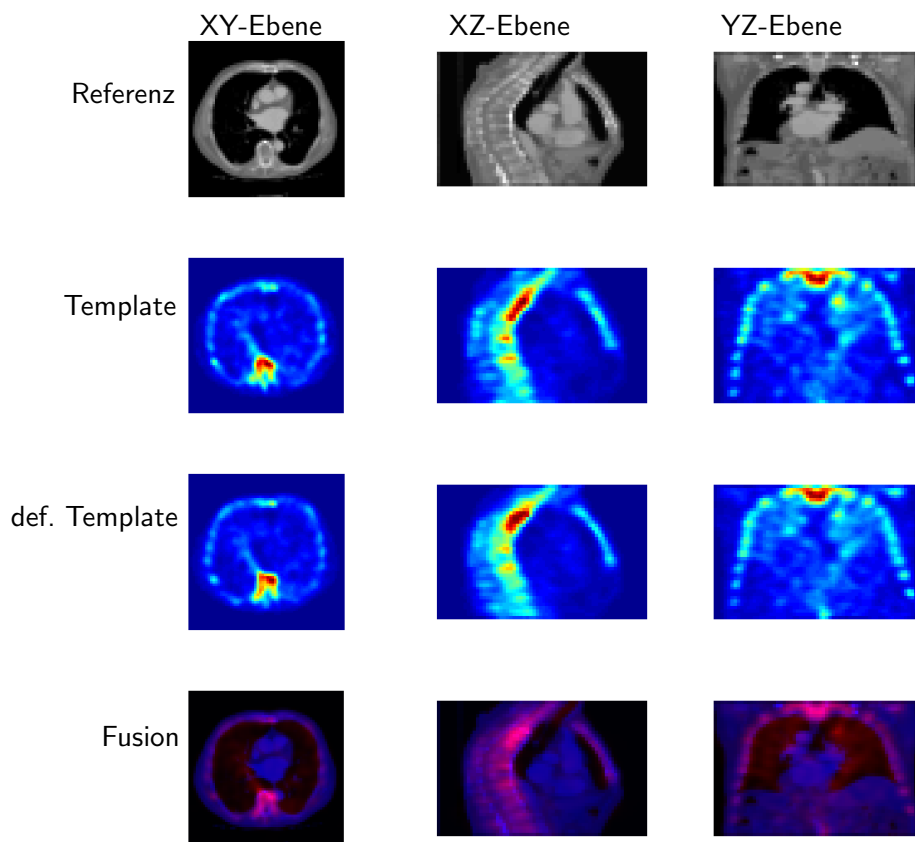


Abbildung 5.22:
 Zeile 1 Referenzbild (Mittlere Ebene der drei Raumrichtungen).
 Zeile 2 Template vor der Registrierung.
 Zeile 3 Template nach der affinen linearen Registrierung.
 Zeile 4 Fusion aus Referenz und deformiertem Template

In den zwei Abbildungen 5.21 und 5.22 zeigt die nicht parametrische Registrierung schnell gute Ergebnisse. Die Abbruchkriterien waren nach wenigen Iterationsschritten erreicht. Wie schon bei der affinen linearen Registrierung können diese Ergebnisse dadurch begründet sein, dass Referenz und Template schon vor der Registrierung eine Übereinstimmung zeigen, d.h. die MI ist schon relativ hoch.

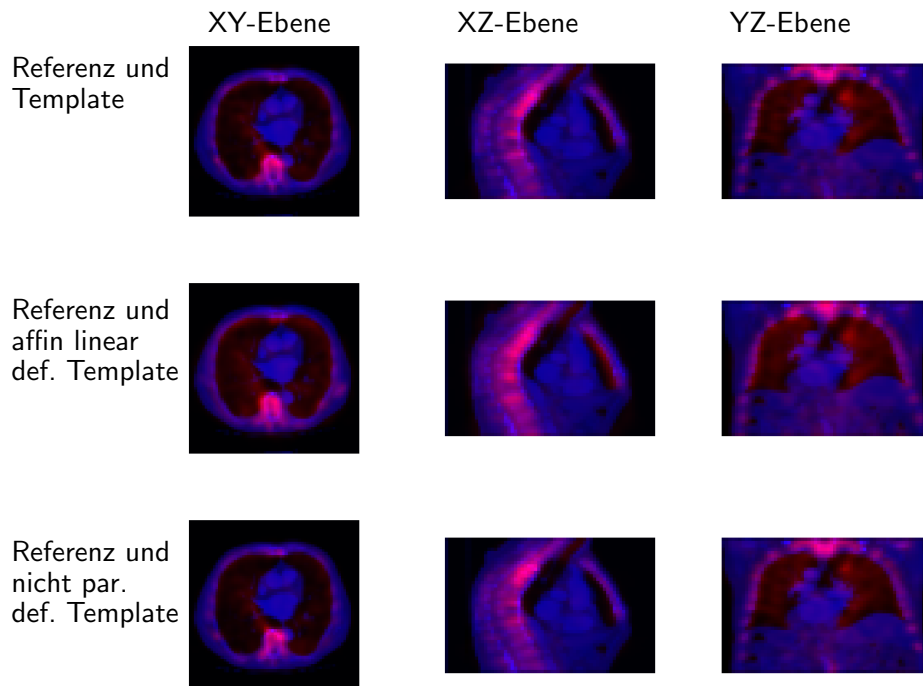


Abbildung 5.23: Zeile 1 Fusion aus Referenz und Template
Zeile 2 Fusion aus Referenz und affin linear deformiertem Template
Zeile 3 Fusion aus Referenz und nicht parametrisch deformiertem Template

Um einen abschließenden Überblick und ein Urteil über das Ergebnis der jeweiligen Registrierungsmethode zu erlangen, zeigt die Abbildung 5.23 die Fusionsbilder des originalen klinischen Datensatzes 1 und die Fusionsbilder der Registrierung jeweils als mittlere Schicht der drei Raumrichtungen.

Ein Vergleich der Fusionsbilder in jeder Spalte veranschaulicht die Qualität der Registrierung. Es sind nur geringfügige Deformationen sowohl in der affin linearen als auch in der nicht parametrischen Registrierung auszumachen. Das heißt bei diesem Datensatz sind beide Verfahren als gleichwertig anzusehen.

Bei den weiter durchgeführten Registrierungen der klinischen Datensätze 2 und 3 werden aus Übersichtsgründen die Ergebnisse dargestellt und auf die Darstellung der Distanzverläufe und der Gitter verzichtet.

Klinischer Datensatz 2

Affin lineare Registrierung:

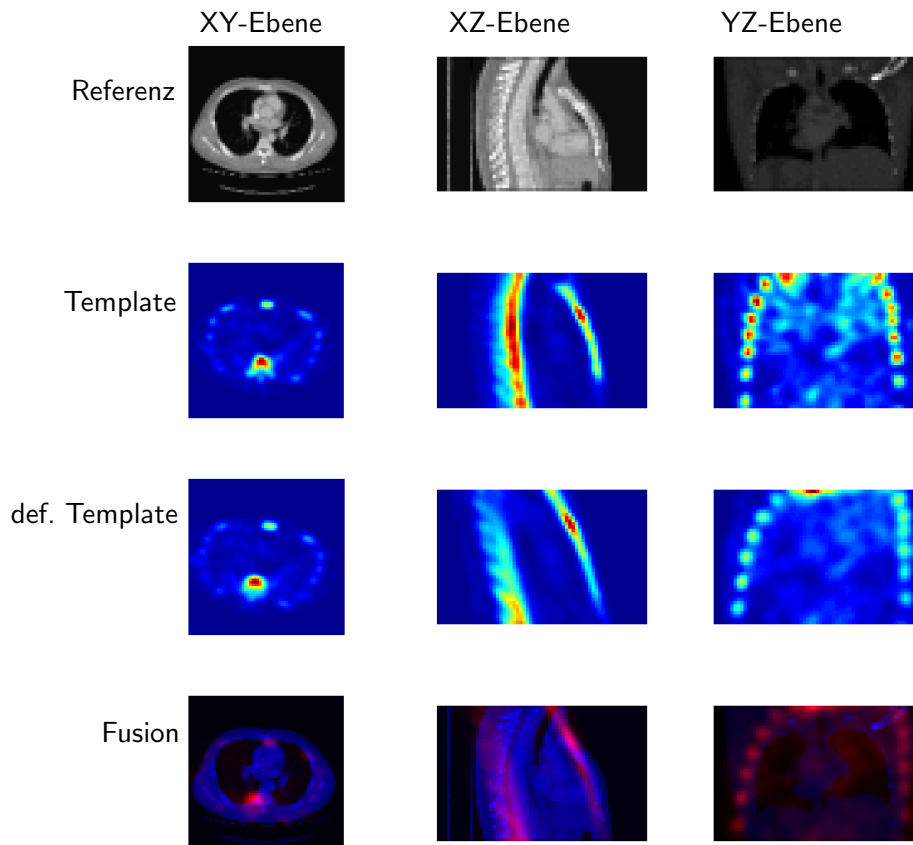


Abbildung 5.24:
 Zeile 1 Referenzbild (Mittlere Ebene der drei Raumrichtungen).
 Zeile 2 Template vor der Registrierung.
 Zeile 3 Template nach der affin linearen Registrierung.
 Zeile 4 Fusion aus Referenz und deformiertem Template

Aus der Abbildungen 5.24 wird ersichtlich, dass bei diesem Datensatz die affin lineare Registrierung zu keinem akzeptablen Ergebnis kommt. In der XZ-Ebene und der YZ-Ebene wird ersichtlich, dass das deformierte Template noch weiter von der Referenz abweicht als das Template selbst.

Nicht parametrische Registrierung:

Die Bestimmung eines geeigneten Werte für die Gewichtung des Regularisierers wird analog zum Datensatz 1 durchgeführt.

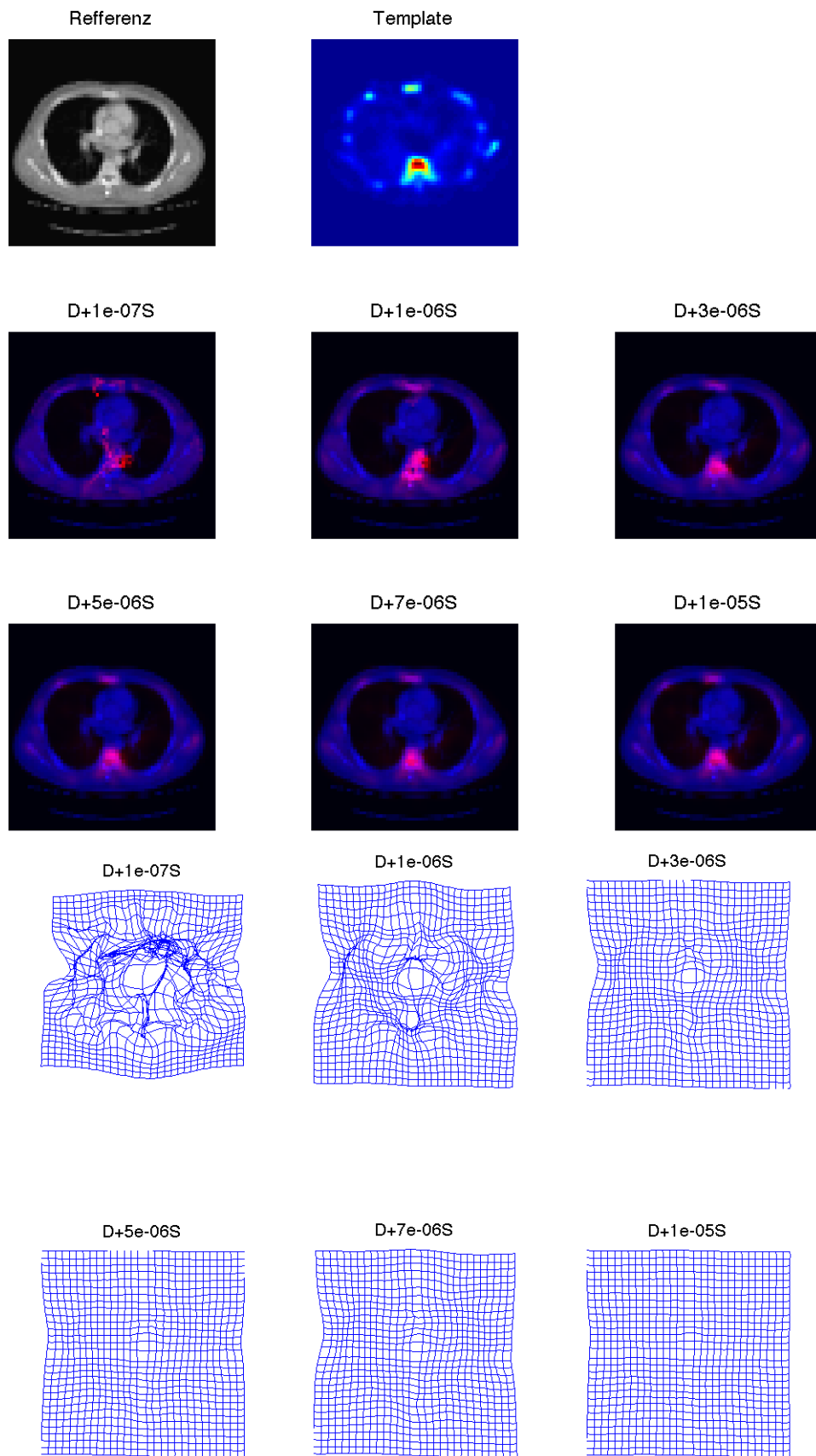


Abbildung 5.25: Ergebnis der nicht parametrischen Registrierung bei variierendem α . Fusionsbilder und zugehörige Gitter der Deformation.

Mit der gleichen Argumentation wie beim Datensatz 1 wird auf $\alpha = 10^{-5}$ festgelegt. Das Ergebnis der nicht parametrischen Registrierung mit einer drei stufigen Multiresolution zeigt Abbildung 5.26.

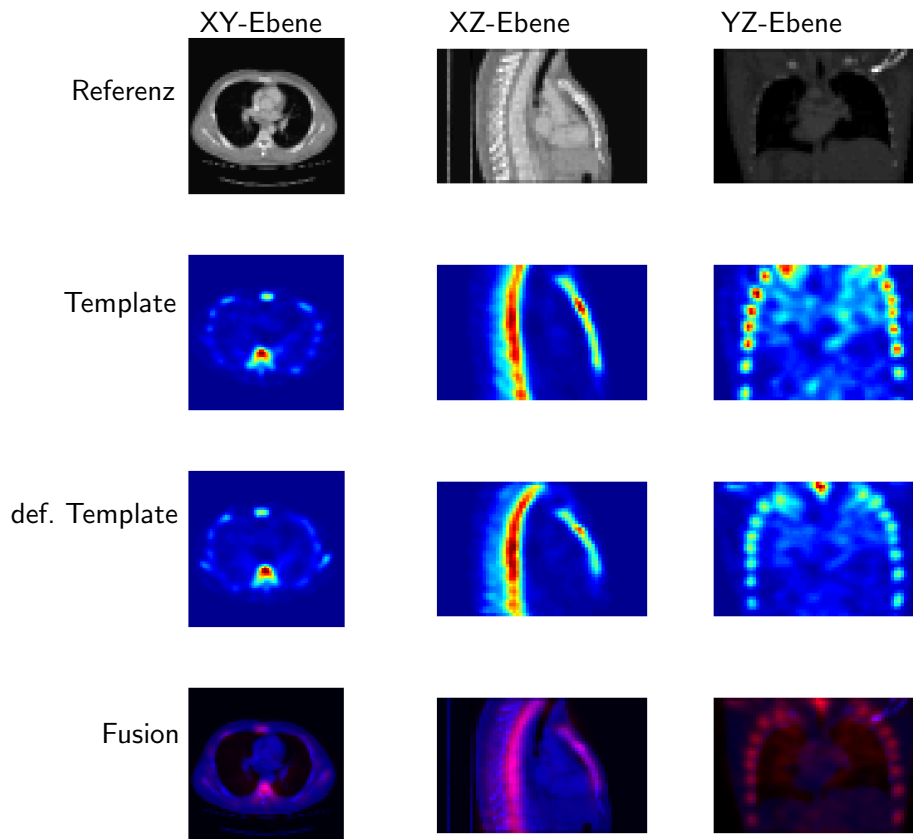


Abbildung 5.26:

- Zeile 1 Referenzbild (Mittlere Ebene der drei Raumrichtungen).
- Zeile 2 Template vor der Registrierung.
- Zeile 3 Template nach der affin linearen Registrierung.
- Zeile 4 Fusion aus Referenz und deformiertem Template

Aus der Abbildung 5.26 lässt sich aussagen, dass die nicht parametrische Registrierung beim Datensatz 2 in jeder Raumrichtung zu einem verwendbaren Ergebnis führt.

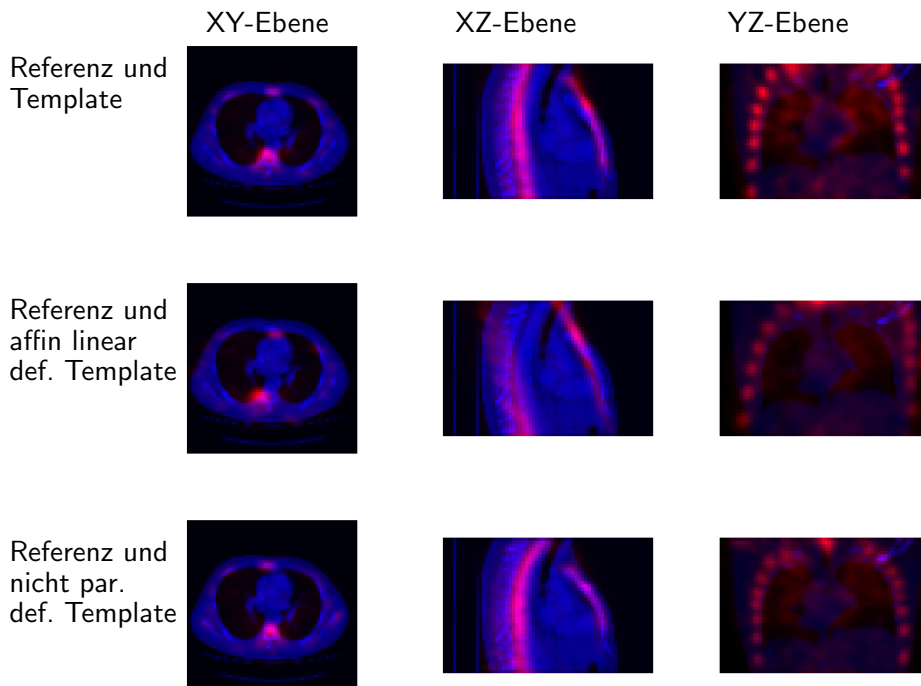


Abbildung 5.27: Zeile 1 Fusion aus Referenz und Template
 Zeile 2 Fusion aus Referenz und affin linear deformiertem Template
 Zeile 3 Fusion aus Referenz und nicht parametrisch deformiertem Template

Für ein abschließendes Urteil über das Ergebnis der jeweiligen Registrierungs-
 methode zeigt die Abbildung 5.27 die Fusionsbilder des originalen klinischen Daten-
 satzes 2 und die Fusionsbilder der Registrierung jeweils als mittlere Schicht der drei
 Raumrichtungen.

Bei dem klinischen Datensatz 2 führt die nicht parametrische Registrierung zu
 sehr guten Ergebnissen. Besonders die Strukturen der Wirbelsäule und des Brust-
 beins in der XZ-Ebene und die Rippenbögen in der YZ-Ebene überdecken sich in
 Referenz und deformiertem Template sehr gut, während die affin lineare Registrie-
 rung kein brauchbares Ergebnis ausweist.

Klinischer Datensatz 3

Affin lineare Registrierung:

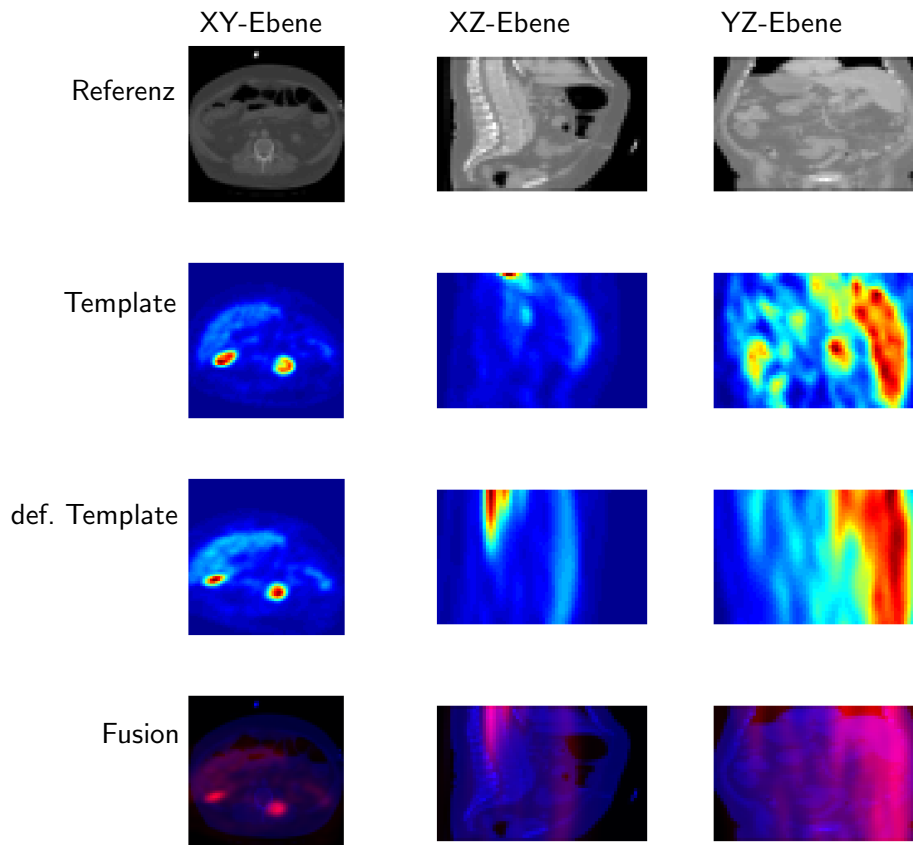


Abbildung 5.28:

- Zeile 1 Referenzbild (Mittlere Ebene der drei Raumrichtungen).
- Zeile 2 Template vor der Registrierung.
- Zeile 3 Template nach der affin linearen Registrierung.
- Zeile 4 Fusion aus Referenz und deformiertem Template

Aus der Abbildung 5.28 wird ersichtlich, dass bei diesem Datensatz die affin lineare Registrierung zu keinem akzeptablen Ergebnis kommt. Der Grund dafür könnte das Fehlen struktureller Ähnlichkeiten zwischen Referenz und Template sein. Das Fehlen der korrespondierenden Struktur wird besonders in der XZ-Ebene deutlich. Im CT-Bild ist die Wirbelsäule in der linken Bildhälfte gut auszumachen, hingegen treten im SPECT-Bild keine entsprechenden Intensitäten auf.

Nicht parametrische Registrierung:

Als erster Schritt der nicht parametrischen Registrierung wird dem Verfahren folgend ein verwendbarer Wert für α bestimmt.

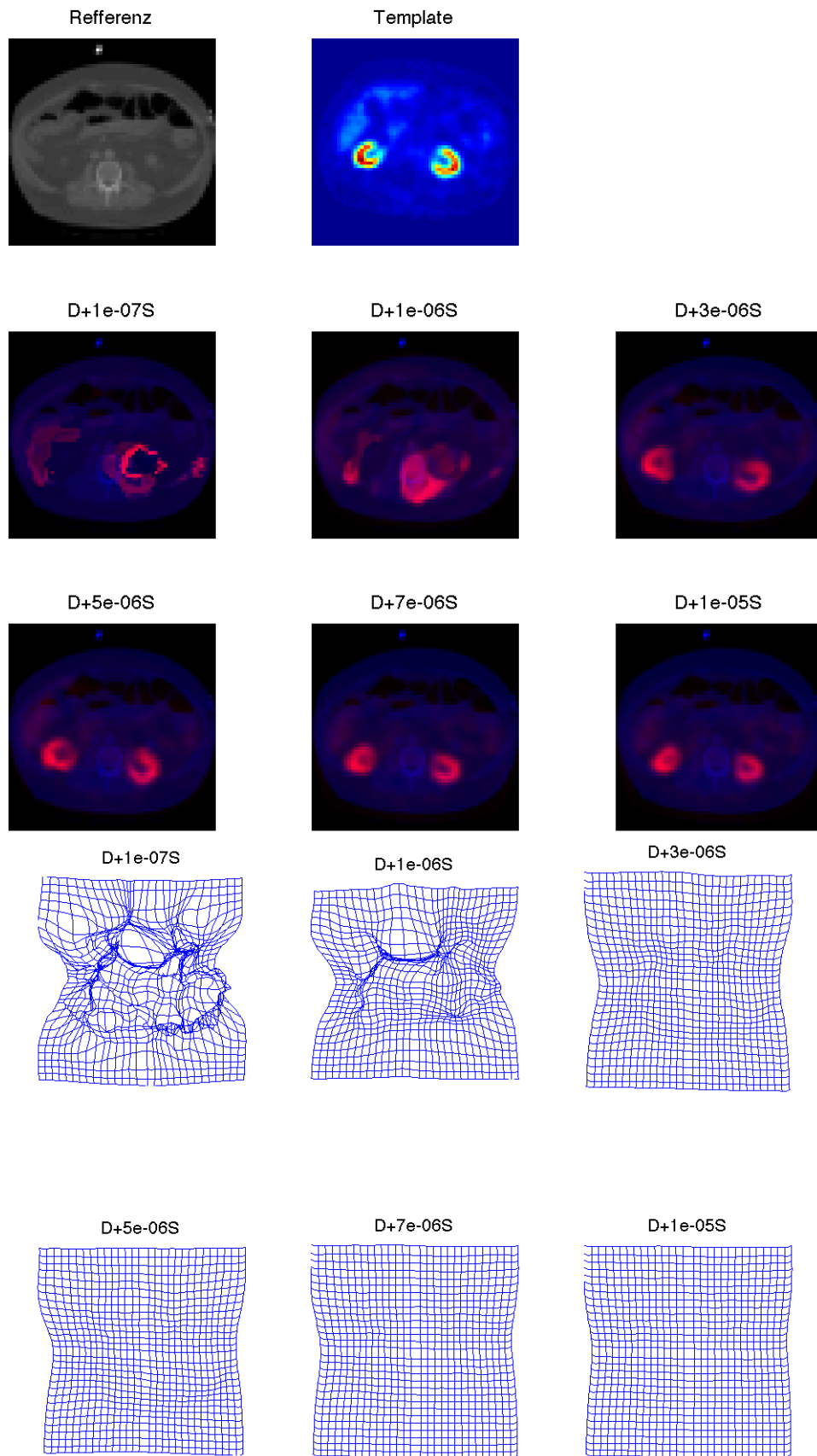


Abbildung 5.29: Ergebnis der nicht parametrischen Registrierung bei variierendem α . Fusionsbilder und zugehörige Gitter der Deformation.

Nach Abbildung 5.29 wird $\alpha = 5 \cdot 10^{-6}$ gesetzt. Das Ergebnis der nicht parametrischen Registrierung mit einer dreistufigen Multiresolution zeigt Abbildung 5.30.

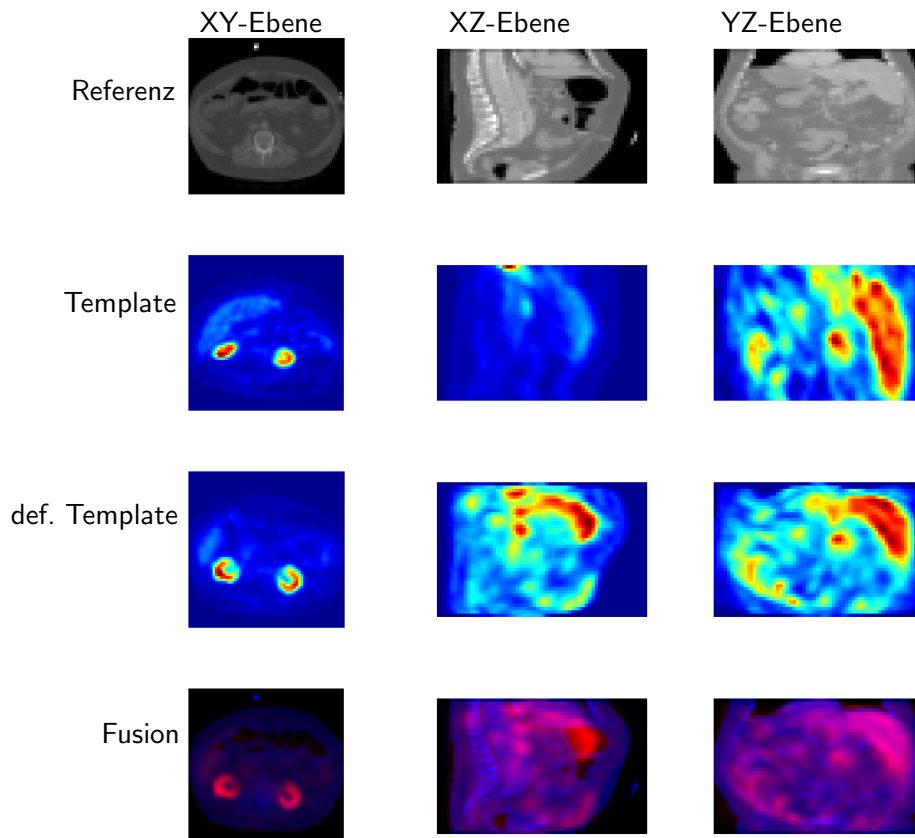


Abbildung 5.30:
 Zeile 1 Referenzbild (Mittlere Ebene der drei Raumrichtungen).
 Zeile 2 Template vor der Registrierung.
 Zeile 3 Template nach der affinen linearen Registrierung.
 Zeile 4 Fusion aus Referenz und deformiertem Template

Mit der Abbildung 5.30 lässt sich aussagen, dass die nicht parametrische Registrierung beim Datensatz 3 wie schon die affinen lineare Registrierung zu keinem verwendbaren Ergebnis führt.

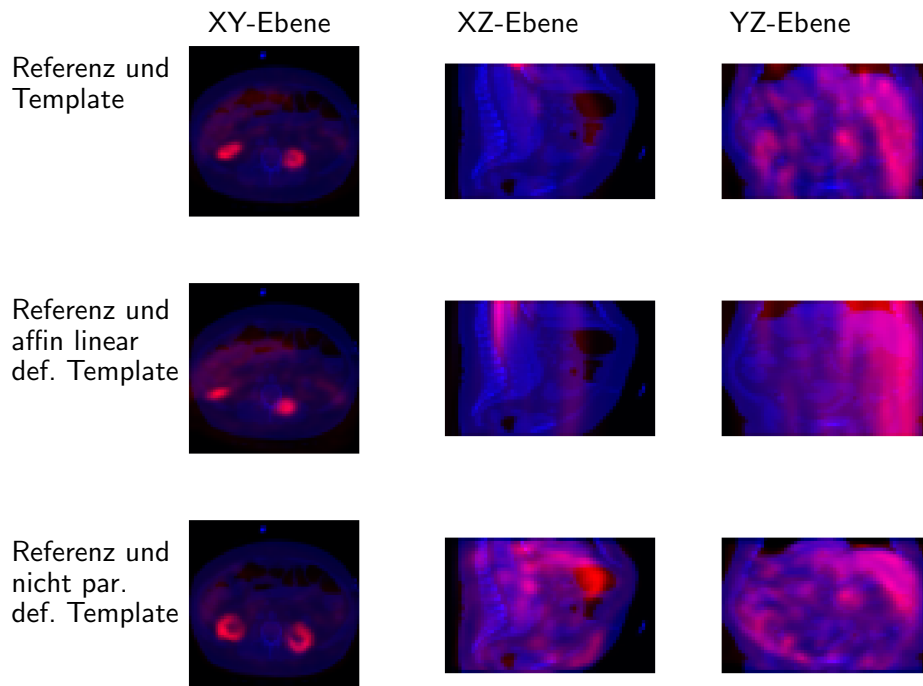


Abbildung 5.31: Zeile 1 Fusion aus Referenz und Template
 Zeile 2 Fusion aus Referenz und affin linear deformiertem Template
 Zeile 3 Fusion aus Referenz und nicht parametrisch deformiertem Template

Um einen abschließenden Überblick und ein Urteil über das Ergebnis der jeweiligen Registrierungsmethode zu erlangen, zeigt die Abbildung 5.31 die Fusionsbilder des originalen klinischen Datensatzes 3 und die Fusionsbilder der Registrierung jeweils als mittlere Schicht der drei Raumrichtungen.

Beide Registrierungsmethoden liefern unterschiedliche Ergebnisse, die in beiden Fällen unbrauchbar sind. Das heißt bei dem klinischen Datensatz 3 versagen beide Methoden.

6 Diskussion und Ausblick

In dieser Arbeit wurden sowohl generierte Testbilder als auch reale klinische Daten aus CT und SPECT mit den Methoden der Optimierung registriert. Die Methoden der Optimierung umfassen das Line Search Verfahren, die Schrittweitenbestimmung nach Armijo mit den Wolfebedingungen und die Bestimmung der Suchrichtung durch das BFGS-Verfahren ergänzt mit dem L-BFGS für beschränkte Speicher.

Die zu minimierende Funktion ist eine Distanzfunktion, die im wesentlichen durch die Mutual Information der zu registrierenden Bilder bestimmt wird. Die Distanzfunktion wird durch die gezielte Variation der sie bestimmenden Parameter verändert und so zu ihrem Minimum geführt. Diese Parameter verformen ein Cellcentered Gitter, auf welches die Bilder interpoliert werden, um die in der Mutual Information ausgedrückte Ähnlichkeit unabhängig von der Ausgangsauflösung der zu registrierenden Bilder zu bestimmen. Es werden grundsätzlich zwei Registrierungsverfahren unterschieden. Die affin lineare Registrierung lässt nur globale lineare Deformationen des Gitters wie Rotation, Scherung, Translation und Skalierung zu, während die nicht parametrische Registrierung eine kontinuierliche Veränderung jeder Koordinate der Gitterknotenpunkte erlaubt. Um den Suchraum bei dieser Art der Registrierung einzuschränken, werden Regularisierer mit zugehörigen Randbedingungen eingesetzt.

Um bei der Minimierung der Distanzfunktion im nicht parametrischen Fall lokale Minima zu vermeiden und um Rechenzeit zu sparen, wird das Multiresolutionsverfahren eingesetzt. Dabei wird die Registrierung mit einer zunächst deutlich reduzierten Auflösung der Bilder durchgeführt, um dann in weiteren Schritten diese Auflösung bis zur einer vorgegebenen maximal verfügbaren Auflösung zu erhöhen. In dieser Arbeit wurde mit drei Auflösungen gearbeitet.

Als Fazit der Ergebnisse aus Test- und klinischen Daten können zusammengefasst die folgenden Aussagen getroffen werden:

- Die vorgestellten und programmtechnisch implementierten Verfahren funktionieren in ihrer Kombination aus Distanzmaß und Optimierer.
- Die Ergebnisse von affin linearer und nicht parametrischer Registrierung sind nicht identisch
- Die Qualität der Registrierung hängt stark von den gegebenen Daten ab
- Welche Art der Registrierung erfolgreicher ist, hängt ebenfalls von den Daten ab
- Die Gewichtung des in der nicht parametrischen Registrierung eingesetzten Regularisierers beeinflusst das Ergebnis und muss für jeden Datensatz individuell ermittelt werden
- Weist das Template Bild keinerlei Strukturen auf, die ähnlich zu einer Struktur im Referenzbild sind, versagt die Registrierung

Der Erfolg der Registrierung von Bildern mit den in dieser Arbeit untersuchten Verfahren ist somit generell nicht vorhersagbar sondern hängt in massivem Maße von dem Ausgangsmaterial ab.

Was kann getan werden, um die Ergebnisse zu verbessern?

Reale Daten sollten einer Vorverarbeitung unterworfen werden, um sicher zu stellen, dass Referenz und Template denselben Bildausschnitt eines untersuchten Objektes zeigen. Damit wird die Wahrscheinlichkeit erhöht, dass die für eine erfolgreiche Registrierung wünschenswerten Strukturähnlichkeiten tatsächlich in den Bildern vorhanden sind, soweit die Technik der Bildgewinnung dies nicht von vornherein ausschließt. Für die Vorverarbeitung sind auch Methoden zu entwickeln, die es ermöglichen, auf der Basis der vorhandenen Daten diejenige Registrierung auszuwählen, die den höchst möglichen Erfolg verspricht. Es bleibt auch zu untersuchen, in welchem Maße z.B. die Anzahl der gewählten Bins bei der Diskretisierung der Wahrscheinlichkeitsverteilung der Bilder Einfluss auf die Qualität der Registrierung hat. Jede Verringerung der Anzahl führt zwangsläufig zu einem Informationsverlust, der eventuell Einfluss auf das Ergebnis nehmen kann. Verfahren, die heute eingesetzt werden, um Aufwand und damit Rechenzeit zu sparen, sind bei der dynamischen Entwicklung der Rechnertechnologie eventuell in naher oder fernerer Zukunft nicht mehr erforderlich. Auch eine Optimierung der von den Geräten gelieferten Bilder bezüglich Auflösung und Rauschfreiheit kann zu einer verbesserten Registrierung beitragen.

Unter der Annahme, dass es möglich wäre, ein objektives Maß für die Beurteilung der Qualität einer Registrierung zu finden, und wenn sich dieses Maß als differenzierbare Funktion ausdrücken ließe, wäre es möglich mit den Methoden der Optimierung eine optimale Registrierung zu bestimmen.

Literaturverzeichnis

- [1] A. Collignon, F. Maes, P. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Automated multi-modality image registration based on information theory. In Ile de Berder, Bizais Y. France, Barillot C., and R. Di Paola, editors, *Computational Imaging and Vision: Proceedings XIVth international conference on information processing in medical imaging - IPMI'95*, volume 3, pages 263–274. Kluwer Academic Publishers, 1995.
- [2] B. Fischer and J. Modersitzki. Fast diffusion registration. *Inverse Problems, Image Analysis and Medical Imaging*, 313, 2002.
- [3] B. Fischer and J. Modersitzki. Curvature based image registration. *JMIV*, 18(1), 2003.
- [4] Philip E. Gill, Walter Murray, and Margret H. Wright. *Practical Optimization*. Academic Press, 1992.
- [5] S. Heldmann. *Non-Linear Registration Based on Mutual Information*. Logos Verlag: Berlin, 2006.
- [6] Klaus Höllig. *Finite element methods with B-splines*. Society Industrial and Applied Mathematics, Philadelphia, 2003.
- [7] D.C. Liu and Nocedal J. On the limited-memory bfgs method for large scale optimization. *Mathematical Programming*, 45:503–528, 1989.
- [8] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, G. Marchal, and P. Suetens. Multimodality image registration by maximization of mutual information. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 16(2):187–198, 1997.
- [9] J. Modersitzki. *Numerical Methods for Image Registration*. Numerical Mathematics and Scientific Computation. Oxford University Press, 2003.
- [10] J. Nocedal and S.J. Wright. *Numerical Optimization*. Springer: Berlin, 1999.
- [11] N. Papenberg. *Ein genereller Registrierungsansatz mit Anwendung in der navigierten Leberchirurgie*. 2008.
- [12] Josien P. W. Pluim, J. B. Antoine Maintz, and Max A. Viergever. Mutual information based registration of medical images: a survey. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22:986–1004, 2003.
- [13] B. W. Silverman. *Density Estimation for Statistics and Data Analysis*, volume 26 of *Monographs on Statistics and Applied Probability*. Chapman & Hall, 1986.
- [14] P.A. Viola and W.M. Wells. Alignment by maximization of mutual information. *International Journal of Computer Vision*, 24(2):137–154, 1997.