



BMBF-Verbundprojekt 3D-RETISEG

Lutz Prieße
Frank Schmitt
Patrick Sturm
Haojun Wang

Nr. 26/2007

**Arbeitsberichte aus dem
Fachbereich Informatik**

Die Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik dienen der Darstellung vorläufiger Ergebnisse, die in der Regel noch für spätere Veröffentlichungen überarbeitet werden. Die Autoren sind deshalb für kritische Hinweise dankbar. Alle Rechte vorbehalten, insbesondere die der Übersetzung, des Nachdruckes, des Vortrags, der Entnahme von Abbildungen und Tabellen – auch bei nur auszugsweiser Verwertung.

The “Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik“ comprise preliminary results which will usually be revised for subsequent publication. Critical comments are appreciated by the authors. All rights reserved. No part of this report may be reproduced by any means or translated.

Arbeitsberichte des Fachbereichs Informatik

ISSN (Print): 1864-0346

ISSN (Online): 1864-0850

Herausgeber / Edited by:

Der Dekan:

Prof. Dr. Paulus

Die Professoren des Fachbereichs:

Prof. Dr. Bátori, Jun.-Prof. Dr. Beckert, Prof. Dr. Burkhardt, Prof. Dr. Diller, Prof. Dr. Ebert, Prof. Dr. Furbach, Prof. Dr. Grimm, Prof. Dr. Hampe, Prof. Dr. Harbusch, Jun.-Prof. Dr. Hass, Prof. Dr. Krause, Prof. Dr. Lautenbach, Prof. Dr. Müller, Prof. Dr. Oppermann, Prof. Dr. Paulus, Prof. Dr. Priese, Prof. Dr. Rosendahl, Prof. Dr. Schubert, Prof. Dr. Staab, Prof. Dr. Steigner, Prof. Dr. Troitzsch, Prof. Dr. von Kortzfleisch, Prof. Dr. Walsh, Prof. Dr. Wimmer, Prof. Dr. Zöbel

Kontakt Daten der Verantwortlichen

Lutz Priese, Frank Schmitt, Patrick Sturm, Haojun Wang

Institut für Computervisualistik

Fachbereich Informatik

Universität Koblenz-Landau

Universitätsstraße 1

D-56070 Koblenz

E-Mail: priese@uni-koblenz.de; fschmitt@uni-koblenz.de; sturm@uni-koblenz.de;

haojunwa@usc.edu;

BMBF-Verbundprojekt 3D-RETISEG

Abschlussbericht des Labors Bilderkennen der Universität Koblenz-Landau

01.01.2003-31.12.2006

01 IR C01 B (Förderkennzeichen)

524-40001-01IRC01B (Geschäftszeichen)

Lutz Priebe, Frank Schmitt, Patrick Sturm, Haojun Wang
Universität Koblenz-Landau, Campus Koblenz
Institut für Computervisualistik

Inhaltsverzeichnis

1. Aufgabenstellung und Ziele	4
1.1. Allgemeine Aufgabenstellung	4
1.2. Aufgabestellung der Universität Koblenz-Landau	4
1.3. Gliederung des Berichts	5
2. Vorarbeiten und Voraussetzungen	6
2.1. Der Color-Structure-Code	6
2.2. Das Generalisierungsproblem	8
2.3. Ansätze der Generalisierung	9
2.4. $f_{cc_{15}}$ auf dem orthogonalen Gitter	11
2.5. Dichte von S_{15} bzw. C_{15}	13
3. Zielerreichung der Universität Koblenz-Landau	15
4. Optimierung des 3D-CSC	17
4.1. Filter	17
4.2. Berechnung von mittleren Grauwerten	18
4.3. Zusätzliche Homogenitätsmerkmale	20
4.4. Deferred-Merging-And-Splitting	21
4.5. Splitverfahren für den S_{15}/C_{15} -CSC	23
4.6. Die C_{19} -Zellhierarchie	24
4.7. Bottom-Up-Splitting für den C_{19} -CSC	27
4.8. Exakte Berechnung der Graumittelwerte im C_{19} -CSC	27
4.9. Vergleich des S_{15}/C_{15} - und des C_{19} -CSC	30
4.9.1. Aufbau einer künstlichen Bilddatenbank zur Evaluation von Segmentierungen	30
4.9.2. Evaluation: Segmentierung der Geflecht Datenbank	31
4.9.3. Ergebnisse: Segmentierung der Geflecht Datenbank	33
4.9.4. Evaluation: Segmentierung eines 3D-Gehirndatensatzes	36
4.10. Zusammenfassung	39
5. CSC-basierte Klassifikationsverfahren	40
5.1. Gehirnklassifikator	40
5.1.1. Biasfeldkorrektur	41
5.1.2. Histogrammanalyse	42
5.1.3. Segmentierung	44
5.1.4. Klassifikation	46
5.2. Evaluation der Gehirnklassifikation	46
5.2.1. Evaluierung der Verfahren zur automatischen Ähnlichkeits- schwellebestimmung	47

5.2.2.	Evaluation der Biasfeldkorrektur	48
5.2.3.	Vergleich der verwendeten Biasfeldkorrektur mit N3	48
5.2.4.	Vergleich mit SPM	49
5.3.	Handsegmentierungen	51
5.4.	Modifikationen am Gehirnklassifikator	52
5.5.	CT-Gewebeklassifikator	53
5.5.1.	Vorgehen	53
5.5.2.	Evaluation	56
5.6.	Fehlerdetektion in Werkstücken	56
5.7.	Zusammenfassung	57
6.	Integration der Methoden	58
7.	Veröffentlichungen / Öffentlichkeitsarbeit	59
A.	Ergebnistabellen	61
A.1.	Vergleich der Verfahren zur automatischen Ähnlichkeitsschwelle für den CSC	61
A.1.1.	S_{15} -Segmentierung mit Kuwahara-Filterung	62
A.1.2.	C_{19} -Segmentierung mit Kuwahara-Filterung	62
A.2.	Auswirkung der Biasfeldkorrektur	63
A.2.1.	Klassifikation mit S_{15} -CSC und ohne Kuwahara-Filterung	63
A.2.2.	Klassifikation mit S_{15} und mit Kuwahara-Filterung	64
A.3.	Vergleich von Biasfeldkorrekturen	64
A.3.1.	Klassifikation mit S_{15} -CSC	65
A.4.	Vergleich	65
A.4.1.	Kurzbeschreibung des Experiments	65
A.4.2.	Arbeitsanleitung zur Beurteilung der Segmentierungsqualität (Wickenhöfer et al)	67
A.4.3.	Auswahl der Schichten	69
A.4.4.	Schwellwertbestimmung für den CSC	69
A.4.5.	Ergebnisse der Ärzte	70
A.4.6.	Durchschnitt über alle Probanden	79
A.4.7.	Durchschnitt über alle Probanden und Schichten	79
A.5.	Vergleich von drei Handsegmentierungen	81

1. Aufgabenstellung und Ziele

1.1. Allgemeine Aufgabenstellung

Ziel des Verbundprojektes *3D-RETISEG* ist es, ein optimiertes echtzeitfähiges Soft- und Hardwarepaket zur 2D/3D-Segmentierung und Klassifizierung basierend auf hierarchischen Inselstrukturen, und zur schnellen Volumenvisualisierung sehr großer Volumendaten aus komprimierten Datensätzen zu entwickeln. Die Entwicklungen sollen in konkreten Anwendungsfällen der Forschung und der Wirtschaft als marktreifes Modul in das Softwarepaket *VGStudioMax* integriert werden.

In der Medizin, speziell bei der Segmentierung von Volumendatensätzen, die durch unterschiedliche Tomographietechniken (z.B. CT und MRI) erzeugt werden, liefern zweidimensionale Verfahren häufig eine unzureichende Qualität aufgrund der anisotropen Berücksichtigung der Rauminformationen. Bisher entwickelte dreidimensionale Verfahren sind, neben der schlechten Verfügbarkeit ihrer Implementierungen, häufig nur für bestimmte Fragestellungen dediziert und daher für andere Anwendungsfälle schlecht adaptierbar. Weiterhin benötigen Verfahren, die gute Ergebnisse liefern, meist eine hohe Laufzeit. Dies ist aber speziell in medizinischen Anwendungen von großem Nachteil, da hier die Qualität der Ergebnisse in letzter Instanz von einem Experten beurteilt wird. Damit das Ergebnis schnell zu benutzerdefinierten Optimierungen durch Veränderung der Verfahrensparameter zur Verfügung steht, sollte ein Verfahren nur sehr kurze Rechenzeiten benötigen. Weist ein Verfahren eine geringe Laufzeit auf, so kann es außerdem intra-operativ eingesetzt werden.

Der hier im Projekt verwendete 3D-Color-Structure-Code verspricht, ein besseres und generisches Verfahren zu ermöglichen.

1.2. Aufgabestellung der Universität Koblenz-Landau

Die Aufgabenstellung der Universität Koblenz-Landau im Projekt 3D-RETISEG besteht in der Verbesserung des zentralen Segmentierungsalgorithmus, 3D-Color-Structure-Codes (CSC). Im CSC werden hierarchisch in einem bottom-up Ansatz kleinere sich überlappende Segmente zu größeren verschmolzen (Verknüpfungsphase) und gegebenenfalls werden in einem top-down Verfahren Pixel/Voxel im Überlappungsbereich zweier Segmente letztlich zwischen beiden Segmenten optimal aufgeteilt (Split-Phase). Entscheidend dazu ist eine sich überlappende hierarchische hexagonale Pixeltopologie im Zweidimensionalen. Diese Topologie konnte zu Beginn des Projektes 3D-RETISEG nur unvollständig in den dreidimensionalen Voxelraum übertragen werden. Die verwendeten dreidimensionalen Topologien S_{15} und C_{15} weisen so genannte Barrieren auf, über die Segmente nicht direkt miteinander zu einem größeren Segment verknüpft werden können. Das Resultat ist eine inhärente Übersegmentierung, die durch geeignete Methoden zu korrigieren ist.

Ferner werden neue verbesserte Verfahren für die Split-Phase des 3D-CSC zu entwickeln.

Die Ergebnisse der Segmentierungsphase sollen durch speziell entwickelte Klassifikationsverfahren weiterverarbeitet werden. Diese sollen die Datenstruktur des 3D-CSC möglichst direkt ausnutzen, um Merkmale zu extrahieren und optimierte Klassifikationsergebnisse bzgl. Geschwindigkeit und Qualität für die Anwendung innerhalb des Projektes zu liefern.

Sämtliche oben genannten Ziele konnten erreicht werden, siehe hierzu Kapitel 3.

1.3. Gliederung des Berichts

Im Bericht werden Arbeiten am Labor Bilderkennen der Universität Koblenz-Landau für das Projekt „3D-RETISEG“ für den Berichtszeitraum vom 1.1.2003-31.12.2006 beschrieben. Die Tätigkeiten sind thematisch und nicht zeitlich geordnet.

Im Kapitel 2 wird der Stand vor Beginn des Projektes 3D-RETISEG beschrieben. Es wird die Funktionsweise des ersten 3D-CSC basierend auf der vom Forschungszentrum Jülich entwickelten Zellhierarchie S_{15} vorgestellt (vergl. [Vog02]). Es wird nachgewiesen, dass die S_{15} -Zellhierarchie nicht dicht ist, und somit zu Übersegmentierung führt. Dieses Kapitel kann ggf. übersprungen werden, da es inhaltlich gestraffter bereits im Projektantrag enthalten ist. Es führt aber die wichtigsten Begriffe und Konzepte im Zusammenhang mit dem CSC ein und erleichtert das Verständnis der folgenden Kapitel.

Kapitel 3 gibt eine Zusammenfassung der wichtigsten Arbeiten und erreichten Ziele.

In Kapitel 4 werden die durchgeführten Optimierungsmaßnahmen am 3D-CSC erläutert.

Die für das Projekt 3D-RETISEG entwickelten Klassifikationsmethoden werden in Kapitel 5 vorgestellt.

Im Anhang sind wichtige durchgeführte Experimente und deren Ergebnisse aufgeführt.

2. Vorarbeiten und Voraussetzungen

Der zentrale Forschungsgegenstand der Universität Koblenz-Landau im Rahmen des Projekt 3D-RETISEG ist der auf drei Dimensionen generalisierte Color-Structure-Code. Der Color-Structure-Code ist ein von Rehrmann und Priese entwickeltes Segmentierungsverfahren (siehe Abschnitt 2.1) zur effizienten Berechnung von farblich homogenen und zusammenhängenden Regionen in einem Bild. In Vorarbeiten zum Projekt 3D-RETISEG (siehe 2.3) wurde der CSC in einer ersten Variante verallgemeinert.

2.1. Der Color-Structure-Code

Hartmann [Har87] entwickelte 1987 für seinen HSC (Hierarchischer Struktur Code) eine Hierarchie von sich gegenseitig überlappenden Inseln (siehe Abbildung 2.1). Dazu wird ein Bild, dessen Bildpunkte in einer hexagonalen Topologie vorliegen, in sich gegenseitig überlappende Inseln der Ebene 0 zerlegt. Eine Insel der Ebene 0 besteht aus einem Zentrumspixel und dessen sechs direkten Nachbarn. Die Pixel, aus denen eine Insel I der Ebene 0 besteht, werden als die *Kindpixel* von I bezeichnet und entsprechend ist I die *Elterninsel* seiner Kindpixel. Jedes zweite Pixel einer jeden zweiten Pixelreihe wird als Zentrumspixel festgelegt. Daraus ergibt sich ein interessantes Überlappungsmuster: Jede Insel der Ebene 0 überlappt sich mit sechs anderen Inseln der Ebene 0 jeweils in genau einem gemeinsamen Pixel. Wir bezeichnen dabei zwei überlappende Inseln der Ebene 0 als *Nachbarinseln*. Inseln der Ebene 0 formen selbst ein hexagonales *Makrogitter* mit den Inseln der Ebene 0 als Makropixel.

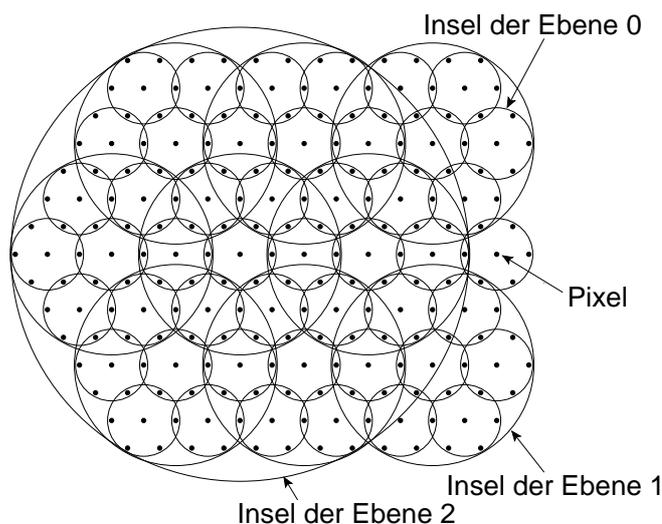


Abbildung 2.1.: Die hexagonale Inselhierarchie

Das gleiche Prinzip der Zusammenfassung von Pixeln zu Inseln der Ebene 0 kann nun allgemein auf Inseln der Ebene n angewendet werden: Sieben Inseln der Ebene n – eine Zentrumsinsel und die sich mit ihr überlappenden (Nachbar-)Inseln – werden zu einer Insel der Ebene $n + 1$ zusammengefasst. Auch hier gilt, dass jede zweite Insel einer jeden zweiten Makroinselzeile der Ebene n eine Zentrumsinsel darstellt. Analog zum Begriff „Kindpixel“ werden die zu einer Insel I zusammengefassten Inseln der Ebene n als *Kindinseln* von I bezeichnet. Entsprechend ist I eine *Elterninsel* ihrer *Kindinseln*. Auf der obersten Hierarchieebene wird nur noch eine Insel benötigt. Diese Insel wird als *höchste Insel* bezeichnet. Sie überdeckt das komplette Bild.

Die Segmentierung selbst wird durch die hexagonalen Inselhierarchie gesteuert. Es existieren dabei drei Phasen der Segmentierung:

- Detektion
- Verknüpfung
- Trennung

Detektion Zu Beginn werden in allen Insel der Ebene 0 unabhängig voneinander lokale Segmentierungen durchgeführt. Alle benachbarten und farbähnlichen Pixel innerhalb einer Insel der Ebene 0 werden zu Teilsegmenten der Ebene 0 zusammengefasst. Diese lokalen Segmentierungen sind inhärent parallel. Das Ergebnis der Detektionsphase ist eine Menge von Teilsegmenten der Ebene 0. Die Verschmelzung der detektierten Teilsegmente der Ebene 0 zu größeren Teilsegmenten geschieht in der Verknüpfungsphase.

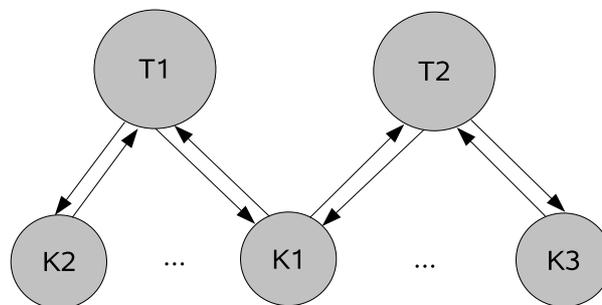


Abbildung 2.2.: Doppelte Verzeigerung der Teilsegmente

Verknüpfungsphase Zwei Teilsegmente der Ebene n heißen *zusammenhängend*, wenn sie sich in einem gemeinsamen Teilsegment der Ebene $n - 1$ überlappen. So überlappen sich zwei überlappende Teilsegmente der Ebene 0 in genau einem gemeinsamen Pixel. Sind zwei zusammenhängende Teilsegmente zudem noch farbähnlich, dann heißen sie *verknüpfbar*. Sind alle verknüpfbaren Teilsegmente innerhalb der höchsten Insel der Hierarchie verknüpft worden, terminiert der Algorithmus. Während der Verknüpfungsphase wird eine Doppelverzeigerung zwischen den Teilsegmenten aufgebaut. Alle Teilsegmente der Ebene n , die zu einem Teilsegment S der Ebene $n + 1$ verknüpft wurden, erhalten einen Zeiger (Elternzeiger), der auf S verweist. Umgekehrt

- **Starke Sättigung:** Alle Kindinseln einer Insel der Ebene n , bis auf die Zentrumsinsel besitzen genau zwei Elternzellen.
- **Dichte:** Alle Paare von Inseln der Ebene $n + 1$, die sich in einer gemeinsamen Insel der Ebene n überlappen, haben eine gemeinsame Elterninsel der Ebene $n + 2$.

Einfachheit und *Starke Sättigung* sorgen für eine einfache und effiziente Implementierung des Segmentierungsalgorithmus. Würden sich Inseln in mehr als einer gemeinsamen Insel überlappen (Verletzung der Einfachheit) oder hätten Inseln mehr als nur zwei Elterninsel, gäbe es mehr Möglichkeiten des Zusammenhangs von Teilsegmenten, die alle im Algorithmus zu berücksichtigen wären.

Die *Dichte* der hexagonalen Inselhierarchie gewährleistet, dass zwei zusammenhängende Teilsegmente der Ebene n , immer in der Verknüpfungsphase zu einem Teilsegment der Ebene $n + 1$ verknüpfbar sind. In Abbildung 2.3 sind zwei Teilsegmente S_1 und S_2 dargestellt, die sich in einem Pixel überlappen. Da die Verknüpfungsphase eine lokale Operation ist und nur innerhalb von Inseln durchgeführt wird, kann der Zusammenhang von S_1 und S_2 nur in der gemeinsamen Elterninsel I_H detektiert werden. Würde I_H fehlen (Verletzung der Dichte) könnte S_1 und S_2 weder verschmolzen noch getrennt werden. Bei Verletzung der Dichte entstehen sogenannte *Barrieren* in der verwendeten Inselhierarchie, über die hinaus Teilsegmente nicht miteinander verschmolzen werden können. Eine Übersegmentierung wäre die Folge. Da auch die Trennung nur innerhalb von Inseln durchgeführt wird, ist die entstehende Segmentierung nicht mehr in jedem Fall disjunkt.

2.3. Ansätze der Generalisierung

Im Jahre 2000 wurden zwischen dem Forschungszentrum Jülich und der Universität Koblenz in einer Gemeinschaftsarbeit erste Ansätze zur Generalisierung des CSC diskutiert. Als Ausgangspunkt zur Generalisierung wurde vom Forschungszentrum Jülich eine dichteste Kugelpackung als dreidimensionales Analogon zum hexagonalen Gitter vorgeschlagen.

Die dichteste Kugelpackung im eigentlichen Sinne gibt es nicht. Es gibt unterschiedliche Kugelpackungen, die zwar so dicht wie möglich gepackt sind, aber deren Aufbau unterschiedlich sind. Alle diese Kugelpackungen können als übereinanderliegende, gegenseitig verschobene Schichten von Kugeln aufgefasst werden. In jeder dieser Schichten sind die Kugelzentren identisch zu den Gitterpunkten eines hexagonalen Gitters. Eine Kugel liegt immer auf genau drei anderen Kugeln der darunterliegenden Schicht. Abbildung 2.4 zeigt die möglichen Positionen, mit denen Kugeln zu einer dichtesten Kugelpackung aufeinander gelegt werden können. Eine dichteste Kugelpackung, deren Kugelmittelpunkte das sogenannte *fcc*-Gitter formen, wird mit dem periodischem Schichtaufbau *...abcabcabc...* beschrieben. Unabhängig von der Abfolge der Kugelschichten berührt jede Kugel 12 andere Kugeln (Nachbarkugeln): 6 Kugeln in derselben, 3 Kugeln in der darunter und 3 Kugeln in der darüber liegenden Schicht.

Basierend auf dem *fcc*-Gitter wurde vom Forschungszentrum Jülich und der Universität Koblenz-Landau eine erste dreidimensionale Zellhierarchie, die *fcc*₁₃-Zellhierarchie, definiert. Eine *fcc*₁₃-Zelle der Ebene 0 besteht aus einer Zentrums-

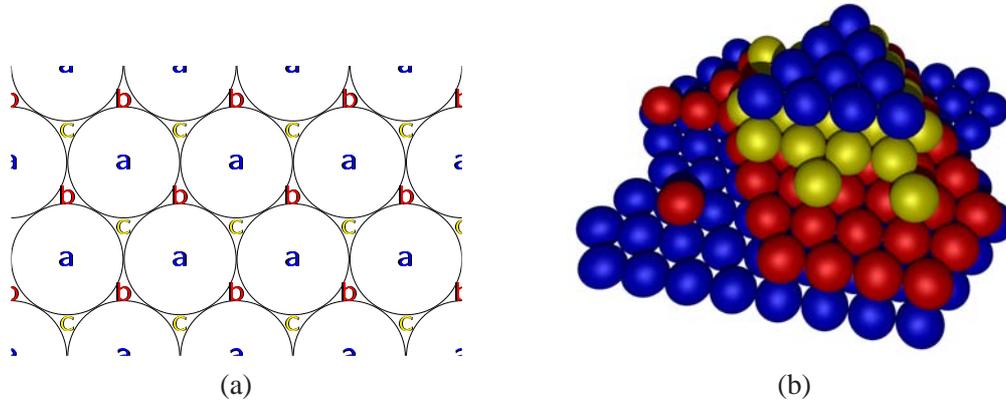


Abbildung 2.4.: (a) mögliche Positionen von Kugeln in einer dichtesten Kugelpackung. (b) Ausschnitt: Kugelpackung mit periodischem Schichtaufbau ...abcabcabc...

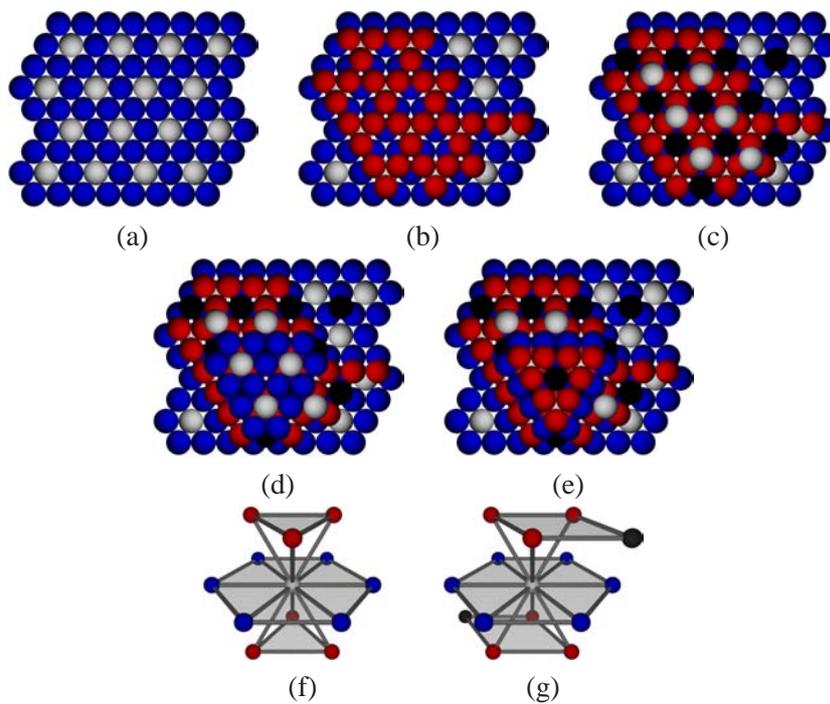


Abbildung 2.5.: (a–e) Zellen auf dem fcc -Gitter. (f) fcc_{13} -Zelle. (g) fcc_{15} -Zelle

voxel (bzw. Kugel) und den 12 Nachbarvoxeln (siehe Abbildung 2.5f). Jedes zweite Voxel einer jeden zweiten Zeilen einer jeden zweiten Schicht wird dazu als Zentrumsvoxel definiert (siehe Abbildung 2.5a-e, weiße Kugeln repräsentieren Zentrumsvoxel). Jede fcc_{13} -Zelle der Ebene 0 überlappt sich mit zwölf umliegenden fcc_{13} -Zellen der Ebene 0 in jeweils einem gemeinsamen Voxel. Doch durch die zu geringe Größe der fcc_{13} -Zellen der Ebene 0 existieren Voxel, die keine fcc_{13} -Elternzelle besitzen. In Abbildung 2.5a-e sind diese Voxel als schwarze Kugeln dargestellt. Diejenigen Voxel ohne Elternzellen werden als *Löcher* in der Hierarchie bezeichnet.

Die Problematik des Vorkommens von Löchern in der fcc_{13} -Zellhierarchie ist pragmatisch gelöst worden. Jede fcc_{13} -Zelle der Ebene 0 wird einfach durch die Hinzunahme von zwei nahe gelegenen Löchern auf 15 Voxel erweitert. Diese Erweiterung führt zu weiteren Überlappungen von Zellen der Ebene 0, die sich vorher nicht überlappt haben. Die erweiterten fcc_{13} -Zellen der Ebene 0 werden als fcc_{15} -Zellen der Ebene 0 bezeichnet.

Eine fcc_{15} -Zelle der Ebene 0 überlappt sich mit 14 anderen Zellen der Ebene 0 in jeweils genau einem Voxel. fcc_{15} -Zellen der Eben $n + 1$ setzen sich aus einer Zentrumszelle der Ebene n und den mit ihr überlappenden 14 fcc_{15} -Zellen der Ebene n zusammen. Jede zweite fcc_{15} -Zelle einer jede Makrozeile der Ebene n einer jeden Makroschicht wird als Zentrumszelle definiert. Die so entstehende fcc_{15} -Zellhierarchie ist einfach und stark gesättigt. Sie lässt sich daher in einer einfachen und effizienten Implementierung des 3D-CSC einsetzen. Die fcc_{15} -Zellhierarchie ist aber nicht dicht [1].

2.4. fcc_{15} auf dem orthogonalen Gitter

Die hexagonale Inselhierarchie und auch die fcc_{15} -Zellhierarchie sind auf speziellen Gittern definiert. Die hexagonale Inselhierarchie auf dem hexagonalen (siehe 2.6a) und die fcc_{15} -Zellhierarchie auf dem fcc -Gitter. Bilder liegen, aus technischen Gründen, in der Regel jedoch in einer orthogonalen Topologie (siehe 2.6a) vor.

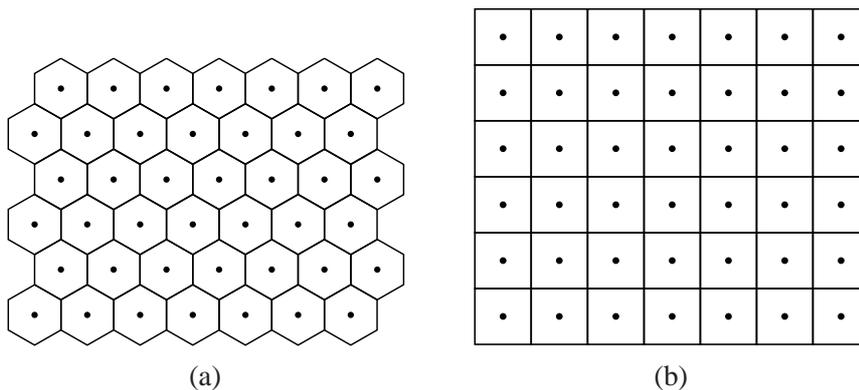


Abbildung 2.6.: Hexagonale und orthogonale Topologie

Um die hexagonale Inselhierarchie oder auch die fcc_{15} -Zellhierarchie auf einem orthogonalen Gitter zu verwenden, gibt es grundsätzlich zwei Möglichkeiten:

1. Umrechnung eines Bildes mit Pixeln in orthogonaler Topologie in die gewünschte Topologie
2. Verwendung der Insel-/Zellhierarchie als logische Struktur auf dem orthogonalen Gitter

Um ein in orthogonaler Topologie vorliegendes Bild in eine andere Topologie umzurechnen, werden „virtuelle Sensoren“ über das Bild gelegt. Der Farb- oder auch Helligkeitswert eines orthogonalen Pixels wird dann anteilig auf die virtuellen Sensoren umgerechnet, die das Pixel überdecken. Diese Umrechnung führt durch die verwendete Interpolation zu einer leichten Tiefpassfilterung des Bildes. Eine Reduktion der Qualität des Eingabebildes ist nicht zu vermeiden. Im Gegensatz dazu ist eine Umrechnung unnötig, wenn die Insel-/Zellhierarchie als eine logische Struktur auf dem orthogonalen Gitter definiert wird. Es ist dabei lediglich festzulegen, welche Pixel in orthogonaler Topologie eine Insel/Zelle der Ebene 0 bilden. [Reh94] schlägt für die hexagonale zweidimensionale Inselhierarchie die in Abbildung 2.7 gezeigte logische Struktur vor.

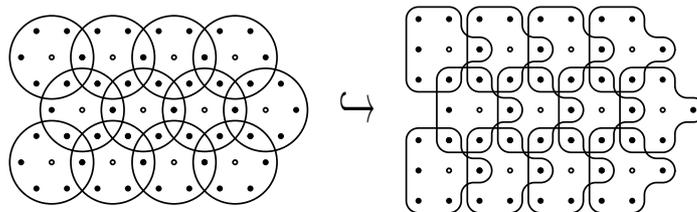


Abbildung 2.7.: Die hexagonale Inselhierarchie auf dem orthogonalen Gitter

Analog zur hexagonalen Inselhierarchie lässt sich die fcc_{15} -Zellhierarchie ebenfalls als logische Struktur auf dem dreidimensionalen orthogonalen Gitter definieren. In Abbildung 2.8 sind zwei logische orthogonal verzerrte fcc_{15} -Zellen dargestellt. Sowohl die Zellen vom Typ S_{15} (Entwicklung des Forschungszentrums Jülich) als auch die Zellen vom Typ C_{15} (Entwicklung der Universität Koblenz) können eine für die Segmentierung geeignete Zellhierarchie auf dem orthogonalen Gitter definieren.

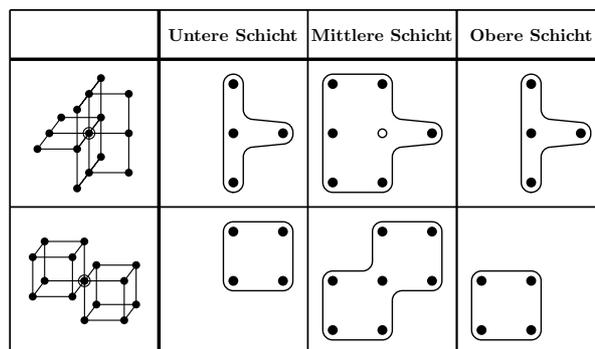


Abbildung 2.8.: S_{15} (oben) und C_{15} (unten)

Zellen vom Typ S_{15} sind im Vergleich zu Zellen vom Typ C_{15} kompakter, da der maximale Abstand $\Delta_{S_{15}} = \sqrt{2}$ eines Kindvoxels von S_{15} zu dessen Zentrum kleiner

ist als der entsprechende maximale Abstand in C_{15} ($\Delta_{C_{15}} = \sqrt{3}$). Aus diesem Grund verzichten wir in der Regel auf Segmentierungen mit der C_{15} -Zellhierarchie.

2.5. Dichte von S_{15} bzw. C_{15}

Bereits zu Beginn des Projektes 3D-RETISEG wurde am Labor Bilderkennen entdeckt, dass die S_{15} -/ C_{15} -Zellhierarchie nicht dicht ist [1]. Diese Tatsache lässt sich anhand einer graphischen Darstellung belegen. Abbildung 2.9 zeigt fünf aufeinander folgende Schichten der C_{15} -Zellhierarchie. Eine C_{15} -Zelle der Ebene 0 beinhaltet Voxel von drei übereinander liegenden Schichten. Hat die Zelle ihr Zentrum auf Schicht z , so überlappt sie sich mit sechs C_{15} -Zellen der Ebene 0 mit Zentrum in Schicht z , mit vier C_{15} -Zellen der Ebene 0 mit Zentrum in Schicht $z - 2$ und mit vier C_{15} -Zellen der Ebene 0 mit Zentrum in Schicht $z + 2$. Grau hinterlegte Zellen, wie z.B. A_{42} , A_{24} und C_{42} , sind Zentrumszellen von C_{15} -Zellen der Ebene 1. Wir bezeichnen $M(X)$ als die C_{15} -Zelle der Ebene 1 mit Zentrumszelle X . $M(X)$ hat alle C_{15} -Zellen der Ebene 0 als Kindzellen, die sich mit X überlappen. Die Zelle A_{33} überlappt sich mit den beiden Zentrumszellen A_{22} und A_{44} . A_{33} hat damit MA_{22} und $M(A_{44})$ als einzige Elternzellen. Die Zelle B_{23} überlappt sich dagegen mit den beiden Zentrumszellen A_{24} und C_{22} . Sie hat damit nur $M(A_{24})$ und $M(C_{22})$ als einzige Elternzellen. A_{33} und C_{22} können keine weitere Elternzellen besitzen, da die C_{15} -Zellhierarchie stark gesättigt ist. Obwohl A_{33} und C_{22} sich gegenseitig überlappen, haben sie keine gemeinsame Elternzelle. Dies ist eine Verletzung der Dichteigenschaft. Da sich die C_{15} -, die S_{15} -, und die fcc -Zellhierarchien ineinander transformieren lassen, sind alle drei Zellhierarchien **nicht** dicht. Die Verletzung der Dichteigenschaft tritt nicht nur auf der untersten Hierarchieebene sondern auf jeder Hierarchieebene auf. Eine CSC-Segmentierung gesteuert durch eine nicht dichte Zellhierarchie führt dabei immer zu einer Übersegmentierung, die durch eine Nachbehandlung zu beseitigen ist, in der benachbarte ähnliche Segmente verschmolzen werden.

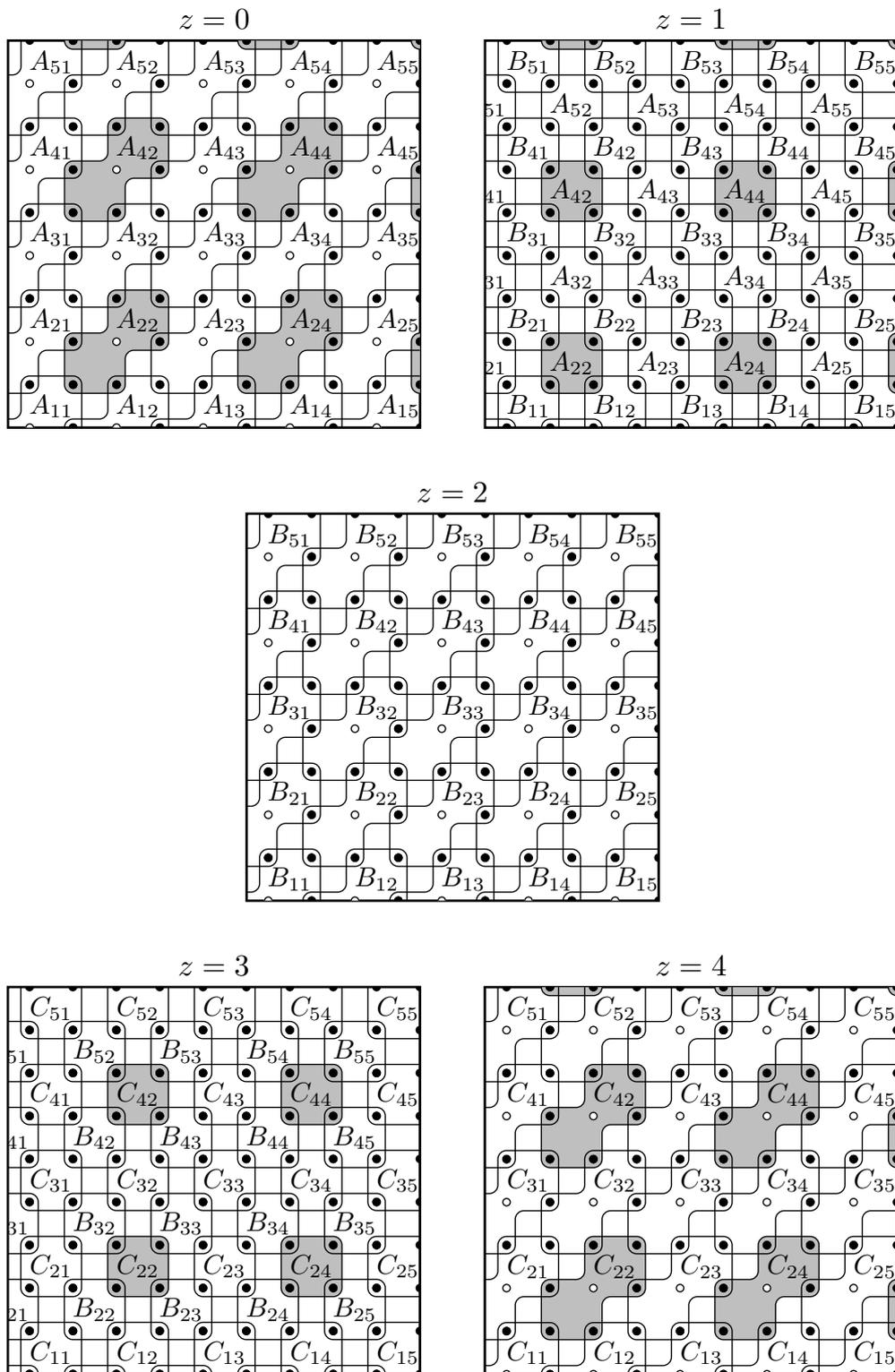


Abbildung 2.9.: Schichtdarstellung der C_{15} -Zellhierarchie

3. Zielerreichung der Universität Koblenz-Landau

Die Teilziele des Projektes „3D-RETISEG“ am Labor Bilderkennen der Universität Koblenz-Landau, nämlich die Entwicklung und Implementation qualitätssteigernden Maßnahmen am CSC, sowie die Entwicklung und Implementation von CSC-basierten Klassifikationsmethoden wurde erreicht.

Es wurde eine neuartige Zellhierarchie C_{19} entwickelt und implementiert, die im Gegensatz zur S_{15} -/ C_{15} -Zellhierarchie dicht ist und somit keine Barrieren enthält. Die C_{19} -Zellhierarchie verletzt dafür die Eigenschaften *Einfachheit* (größere Überlappungsbereiche) und *starke Sättigung* (2-3 Elternzellen). Bei Verwendung des durch C_{19} gesteuerten CSC tritt keine barrieren-bedingte Übersegmentierung auf. Eine nachträglich Korrektur ist somit unnötig. Die drei Hierarchien wurden anhand einer künstlich erstellten Geflecht Datenbank evaluiert. Die Segmentierungsqualität von C_{19} ist im Allgemeinen etwas besser als die von S_{15} und C_{15} . Die komplexere Überlappingsstruktur führt also nicht zu einer Reduktion der Segmentierungsqualität. Auch ist eine nachträgliche Verschmelzung von Segmenten nicht mehr notwendig. Die C_{19} -Zellhierarchie ersetzt die S_{15} -Zellhierarchie aber nicht, da die Segmentierungen mit S_{15} durch die einfachen Überlappungseigenschaften effizienter gestaltet werden können. Da eine effiziente Hardwareimplementation der C_{19} -Zellhierarchie nur schwer realisierbar ist und zu Beginn des Projektes die C_{19} -Zellhierarchie noch nicht bekannt war, verwendet das Forschungszentrum Jülich für die Hardwareimplementation weiterhin die S_{15} -Zellhierarchie. In Experimenten konnte aber gezeigt werden, dass auch die Klassifikationen von S_{15} -Segmentierungen zu guten Ergebnissen führen.

Auf die CSC-Segmentierungen wurde Methoden eine Segmentklassifikation aufgesetzt, die MR-Kopfbilder in die Klassen *Nicht-Gehirn*, *graue Gehirnmasse* und *weiße Gehirnmasse* aufteilt. Ein MR-Kopfbild wird zunächst mit dem auf der S_{15} - oder C_{19} -Zellhierarchie basierenden 3D-CSC in Segmente eingeteilt. Mögliche Übersegmentierung der grauen und weißen Gehirnmasse ist im Klassifikator berücksichtigt und wird behandelt. Durch eine Scale-Space basierte Histogrammanalyse wird das Histogramm des MR-Kopfbildes in 5 Klassen eingeteilt (Luft, Gehirnflüssigkeit, graue und weiße Gehirnmasse und Fett). Anhand des mittleren Grauwertes wird jedes CSC-Segment einer Klasse zugeordnet. Die größte Zusammenhangskomponente aus Segmenten der weißen und grauen Gehirnmasse wird als Gehirn aufgefasst. Durch das Vorhandensein von Brücken können Fehlsegmentierungen entstehen. Dabei „verwächst“ das Gehirn mit dem Schädel. Mittels morphologischer Operationen auf dem Binärbild des bereits klassifizierten Gehirns werden diese Brücken nachträglich wieder aufgelöst, dabei werden alle Voxel aus der Klassifikation entfernt, die nicht Teil Binärbildes sind. Zur Qualitätssteigerung wurde zusätzlich eine Biasfeldkorrektur aus der Literatur implementiert, die in einem Vorverarbeitungsschritt die Inhomogenitäten im originalen MR-Bild reduziert.

In Zusammenarbeit mit Ärzten (Dr. Ralph Wickenhöfer, Ralf Matern, u.a.) aus dem Bundeswehrzentral Krankenhaus Koblenz (BWZK Koblenz) wurde diese Gehirnklassifikationmethode evaluiert. Dazu wurden die MR-Gehirndatensätze von 8 Probanden mit dem CSC segmentiert. Es wurden Segmentierungen mit S_{15} - und C_{19} -CSC durchgeführt. Zum Vergleich wurde außerdem eine Klassifikation mit SPM, einer frei verfügbaren state-of-the-art Gehirnanalyse Software, durchgeführt. SPM verwendet im Gegensatz zur CSC-basierten Klassifikationsmethode ein Standardgehirn, das mittels Registerierung auf das zu untersuchende Bild angepasst wird.

Von den Ärzten des BWZK Koblenz wurden zunächst drei repräsentative Referenzschichten aus einem kranialen Gehirnatlas und anschließend die entsprechenden Schichten in den 8 Gehirndatensätzen ausgewählt. Die zugehörigen 3 Schichten der 24 Klassifikationen wurden den Ärzten übergeben. In die Schichtbilder sind die Grenzen zwischen den Klassen „graue Gehirnmasse“, „weiße Gehirnmasse“ und „Nicht-Gehirn“ eingezeichnet. Anhand eines von den Ärzten aufgestellten Kriterienkataloges wurden die Klassifikationsergebnisse bewertet. Die Ergebnisse zeigen, dass unsere sehr allgemeine CSC-basierte Klassifikationsmethode mit den Ergebnissen der hoch spezialisierten SPM-Methode konkurrieren kann.

Neben dem Gehirnklassifikator wurde auch ein Klassifikator speziell für CT-Knochenbilder entwickelt und implementiert. Der Klassifikator detektiert in einem CT-Bild die Klassen „Hintergrund“, „Weiches Gewebe“, „Knochen“ und „Luft einschlüsse“. Die topologische Lage der Klassen untereinander findet dabei Berücksichtigung. Anhand des Grauwertes und der Position im Bild wird zunächst entschieden welche Segmente „Hintergrund“ sind oder zum weichen Gewebe zählen. So sind sehr dunkle Segmente in der Nähe des Bildrandes definitiv Hintergrund während etwas hellere und große Segmente zum weichen Gewebe zählen. Kleine Cluster von Segmenten, die von Hintergrundsegmenten umschlossen sind, werden ebenfalls zum Hintergrund zugeordnet. Segmente, die Hintergrund und Weichgewebe berühren werden mit einem Cluster-Verfahren einer der beiden Klassen zu geordnet. Segmente, die weitgehend vom weichen Gewebe umschlossen sind, bleiben in diesem ersten Schritt von der Klassifikation unberührt. Im zweiten Schritt werden die Segmente klassifiziert, die vom Weichgewebe umschlossen sind. Dunklere Segmente sind Luft einschlüsse während hellere Segmente Knochen sind. Das Verfahren wurde erfolgreich auf dem CT einer Ratte (Größe $895 \times 280 \times 370$), für das eine Handsegmentierung vorlag, durchgeführt. Im CT der Ratte konnten sogar die Lungen als Hohlraum detektiert werden. Der Klassifikator wurde für eine Demonstration auf der Hannovermesse des Forschungszentrum Jülichs angepasst, um Fehler in Werkstücken zu detektieren. Die Ergebnisse wurden publiziert und auf diversen Fachtagungen vorgestellt, siehe Punkt 7.

4. Optimierung des 3D-CSC

3D-Voxelbilder liegen in der Regel als Grauwertdatensätze vor. Der ursprüngliche 2D-CSC wurde aber vorwiegend zur Farbsegmentierung verwendet. In Farbbildern können die drei Merkmale Sättigung, Helligkeit und Farbton zur Differenzierung von farblich homogenen Bereichen herangezogen werden. In Grauwertdatensätzen existiert dagegen nur ein einziges Merkmal, der Grauwert. In Abschnitt 4.2 wurden einige CSC-Varianten untersucht, um den CSC auf Grauwerte zu optimieren.

In den Vorarbeiten zum Projekt 3D-RETISEG entstand eine erste Implementation des 3D-CSC. Im Forschungszentrum Jülich wurde die S_{15} - und an der Universität Koblenz-Landau die C_{15} -Zellhierarchie implementiert. Beide Zellhierarchien unterscheiden sich in ihrer Segmentierungsleistung nur unwesentlich (siehe Ergebnisse in Abschnitt 4.9). Ein 3D-CSC gesteuert durch eine S_{15} - oder auch C_{15} -Zellhierarchie führt zu einer leichten aber systematischen Übersegmentierung. Im Projekt 3D-RETISEG wurde deshalb eine neue Zellhierarchie entwickelt und implementiert, die zwar dicht ist, dafür aber ein größere Überlappungsbereiche zwischen den Zellen erlaubt. Diese neue Zellhierarchie wird in Abschnitt 4.6 vorgestellt.

4.1. Filter

Nahezu jedes natürliche Bild enthält additives Rauschen. Abhilfe schaffen Filter, die das Bild vor der Segmentierung glätten (Verminderung von Rauschen) und gleichzeitig die Kanten im Bild erhalten. Zu diesem Zweck wurden drei verschiedene kantenerhaltende Glättungfilter auf drei Dimensionen erweitert und implementiert:

- **3D-Symmetric-Nearest-Neighbor (3D-SNN):**

Bei der dreidimensionalen Erweiterung des SNN-Filters von [HSHD87]) wird eine $3 \times 3 \times 3$ große Maske über jedes Bildvoxel gelegt. Das Zentrum der Maske wird mit seinen 26 Nachbarn verglichen. Dabei werden die jeweils gegenüberliegenden Nachbarvoxel zu Paaren zusammengefasst. Die Voxel eines jeden Paares werden mit dem Zentrum verglichen und dasjenige Voxel ausgewählt, dessen Grauwert dem Zentrum am ähnlichsten ist. Auf diese Weise werden 13 Grauwerte selektiert (1 Grauwert pro Paar) und gemittelt. Der Grauwert im Zentrum wird durch den berechneten Mittelwert ersetzt.

- **3D-Kuwahara-Filter (3D-Kuwahara):**

Der Kuwahara-Filter [KHEK76] ist ein nicht-linearer kantenerhaltender Glättungfilter. Eine $3 \times 3 \times 3$ große Maske wird über jeden Voxel des Bildes gelegt. Sie wird in 8 überlappende Untermasken der Größe $2 \times 2 \times 2$ zerlegt. Es wird nun die Teilmaske mit der niedrigsten Varianz ausgewählt. Die 8 Voxel innerhalb dieser Teilmaske liegen mit der höchsten Wahrscheinlichkeit innerhalb einer homogenen Region. Nur die Grauwerte der homogensten Teilmaske werden gemittelt. Auf diese Weise bleiben etwaige Kanten im Bild erhalten.

- **3D-Anisotropische-Diffusion (3D-AnDi):** Die Anisotropische-Diffusion [PM90] ist ein Iterationsverfahren, das als kantenerhaltender Glättungsfilter eingesetzt wird. In jedem Iterationsschritt wird der Grauwert eines jeden Voxels an die Grauwerte seiner Nachbarvoxel angeglichen (Diffusion). Die Angleichung der Grauwerte zweier benachbarter Voxel hängt dabei von ihrem Grauwertabstand ab. Je größer dieser Abstand ist, desto geringer ist die Angleichung dieser beiden Voxel. Gesteuert wird dies über sogenannte *Edge-Stopping-Funktionen*. Eine *Edge-Stopping-Funktion* erhält als Parameter den Grauwertabstand zweier benachbarter Voxel und berechnet einen Wert zwischen 0 und 1. Ein Wert von 0 bedeutet, dass der Grauwertabstand der benachbarten Voxel zu groß ist und keine Angleichung der Grauwerte stattfinden darf. 1 dagegen bedeutet, dass zwischen den benachbarten Voxeln keine Kante verläuft und die Angleichung maximal ist. Die maximale Angleichung des Grauwerte g_1^t an den Grauwert g_2^t wird dabei wie folgt beschrieben:

$$g_1^{t+1} := g_1^t + r \cdot (g_2^t - g_1^t) \quad (4.1)$$

$r > 0$ ist eine *Rate*, die die maximale Angleichung definiert.

Mittels der Anisotropischen Filterung erreicht man eine Glättung in weitgehend homogenen Bereichen des Bildes ohne dabei die Kanteninformationen zu zerstören. Die Detektion der Kanten ist allerdings stark von der Wahl der Edge-Stopping-Funktion abhängig.

Das Iterationsverfahren der 3D-Anisotropischen-Diffusion ändert in jedem Iterationsschritt das Bild nur wenig ab. Im Vergleich zum 3D-SNN-Filter und zum 3D-Kuwahara-Filter ist daher eine hohe Anzahl von Iterationen notwendig (ab 100 Iterationen). Die Laufzeit der 3D-Anisotropischen-Diffusion ist damit sehr hoch. Die 3D-AnDi benötigt für ein 256^3 Voxel umfassendes Bild bei 100 Iterationen ca. 3 Minuten (Intel Pentium IV, 2.4 Ghz). Die 3D-Anisotropische Diffusion glättet homogene Bereiche bereits so stark, dass sie die Arbeit des eigentlichen Segmentierungsalgorithmus vorweg nimmt.

Im Vergleich zur 3D-Anisotropischen-Diffusion benötigen der 3D-SNN-Filter und der 3D-Kuwahara-Filter weniger Iterationsschritte, um gute Ergebnisse zu erzielen. Sie sind damit auch die schnelleren Filter. Für 10 Filteriterationen eines 256^3 Voxel umfassendes Bild benötigt der 3D-Kuwahara-Filter 20 sec und der 3D-SNN-Filter 30 sec. Bei der Implementation des 3D-Kuwahara-Filters handelt es sich bereits um eine bezüglich der Laufzeit optimierte Variante.

4.2. Berechnung von mittleren Grauwerten

Im CSC werden zwei überlappende Segmente der Ebene n verschmolzen, wenn ihr mittlerer Grauwert unter einer vorgegebenen *Ähnlichkeitsschwelle* T liegt. Die mittleren Grauwerte können nicht ohne weiteres exakt berechnet werden. Ursprünglich wurde der mittlere Grauwert $\bar{g}(S)$ eines Segments S der Ebene $n + 1$, das aus der Verschmelzung der m überlappenden Segmenten S_1, \dots, S_m der Ebene n entstanden ist, berechnet als der Mittelwert der mittleren Grauwerte von S_1, \dots, S_m :

$$\bar{g}(S) := \frac{1}{n} \cdot \sum_{i=1}^n \bar{g}(S_I) \quad (4.2)$$

Diese Approximation lässt sich zwar schnell berechnen, ist aber sehr ungenau. Die Größe der m Teilsegmente wird in der Berechnung nicht berücksichtigt. Teilsegmente mit kleinem Volumen beeinflussen den approximierten mittleren Grauwert von S in gleichem Maße wie Kindsegmente mit großem Volumen. Da die Überlappung der Teilsegmente unberücksichtigt bleiben, werden die Grauwerte in Überlappungsbereichen stärker gewichtet. Die Güte der Approximation hängt im Wesentlichen vom verwendeten Ähnlichkeitsschwelle T ab. Je größer T desto schlechter wird die Approximation des mittleren Grauwerts. Ebenso gilt, dass die Genauigkeit der Approximation für kleine Segmente höher ist als die von großen Segmenten. Große Segmente sind erst auf einer hohen Hierarchieebene vollständig verknüpft und Approximationsfehler erhöhen sich kumulativ während der Verknüpfungsphase.

Einfache Gewichtung: Um diese Approximationsfehler zu verringern wurde eine andere Berechnung der mittleren Grauwerte von Segmenten implementiert. Dazu werden die mittleren Grauwerte der Teilsegmente T_1, \dots, T_m von S unterschiedlich gewichtet. Als Gewicht $w(T_i)$ eines Teilsegments T_i wird die Anzahl der Kindsegmente $\#(T_i)$, aus denen T_i zusammengesetzt ist, verwendet (einfache Gewichtung):

$$\bar{g}(S) := \frac{1}{\sum_{i=1}^n w(T_i)} \cdot \sum_{i=1}^n w(T_i) \cdot \bar{g}(S_I) \quad (4.3)$$

mit

$$w(T_i) := \#(T_i) \quad (4.4)$$

Die Anzahl der Kindsegmente eines Segmentes ist ein Indikator für das Volumen des Segments. Hat ein Segment S_1 mehr Kindsegmente als ein Segment S_2 und liegen beide Segmente in der gleichen Hierarchieebene, kann in der Regel davon ausgegangen werden, dass S_1 ein größeres Volumen als S_2 hat. Durch diese Heuristik beeinflussen die größeren Teilsegmente von S den mittleren Grauwert von S stärker als kleinere Teilsegmente.

Erweiterte Gewichtung: Trotz der *einfachen Gewichtung* sind besonders bei großen Segmenten noch Unterschiede zwischen approximierten und tatsächlichem mittleren Grauwert von Segmenten feststellbar. Eine genauere optimierte Bestimmung der Gewichte kann erreicht werden, wenn das Gewicht $w(T_i)$ eines Segments T_i sämtliche Gewichte seiner Teilsegmente akkumuliert:

$$w(T_i) := \begin{cases} \text{Anzahl der Voxel von } T_i & , \text{ falls } T_i \text{ ein Segment der Ebene 0 ist} \\ \sum_{i=1}^k w(T'_i) & , \text{ falls } T_i \text{ aus den Kindsegmenten } T'_1, \dots, T'_k \text{ besteht} \end{cases} \quad (4.5)$$

$w(T_i)$ lässt sich auch als die Anzahl aller Pfade im CSC-Wald, die von T_i zu einem Voxel führen, interpretieren.

Fazit: Im Nachhinein hat sich herausgestellt, dass für die realen Anwendungsfälle – Klassifikation von MR-Gehirnbildern und CT-Knochenbildern – nur eine kleine Ähnlichkeitsschwelle verwendet werden kann (ca. 3% – 6% des maximal vorkommenden Grauwerts). Die unterschiedlichen Berechnungsarten des mittleren Grauwerts von Segmenten spielen daher in der Praxis eine eher untergeordnete Rolle. Da für die *einfache Gewichtung* der wenigste Speicherbedarf notwendig ist und diese auch schnell berechenbar ist, wird die *einfache Gewichtung* in allen entwickelten Klassifikationsverfahren verwendet (siehe Kapitel 5).

4.3. Zusätzliche Homogenitätsmerkmale

Selbst bei klein gewählten Ähnlichkeitsschwellen können Segmente entstehen, die eine hohe Varianz ihrer Grauwerte (kurz: Grauwertvarianz) aufweisen. Ebenso kann die Differenz zwischen dem kleinsten und dem größten vorkommenden Grauwert innerhalb eines Segmentes sehr hoch werden. Diese Differenz wird als Grauwertspanne bezeichnet. Sowohl die Grauwertvarianz als auch die Grauwertspanne sind Maße für den Kontrast eines Segmentes. Eine hohe Grauwertvarianz oder eine hohe Grauwertspanne wirken daher der geforderten Homogenität von Segmenten entgegen. Die möglichen hohen Grauwertspannen und -varianzen lassen sich durch Kettenfehler erklären, die während der Verknüpfungsphase des CSC auftreten. Obwohl der CSC mit einer zentroiden Verknüpfungsstrategie arbeitet, können solche Kettenfehler nicht vollständig vermieden werden.

Aus diesem Grund wurde der 3D-CSC dahingehend erweitert, dass sowohl die Grauwertspannen als auch die Grauwertvarianzen der CSC-Segmente über Schwellwerte eingeschränkt werden können. Bei Einschränkung der Grauwertspanne bzw. -varianz dürfen sich zwei überlappende Teilsegmente der Ebene n nur dann zu einem neuen Segment S der Ebene $n + 1$ verknüpft werden, wenn die Teilsegmente grauwertähnlich (bzw. farbähnlich; Farbähnlichkeit ist ein allgemeiner Begriff, der die Grauwertähnlichkeit einschließt) sind die Grauwertspanne bzw. -varianz des neu entstehenden Segmentes S unter einem parametrisierbaren Schwellwert liegt. So wird vermieden, dass Segmente mit zu hohem Kontrast entstehen können. Um die Grauwertspanne aller Teilsegmente während der Verknüpfungsphase effizient berechnen zu können, wird für jedes Teilsegment sein kleinster und höchster vorkommender Grauwert gespeichert. Werden nun m überlappende Teilsegmente der Ebene n zu einem neuen Segment S der Ebene $n + 1$ verknüpft, ist der kleinste (bzw. größte) vorkommende Grauwert von S das Minimum (bzw. Maximum) der m Teilsegmente. Die Grauwertvarianzen für Segmente werden ebenfalls effizient während der Verknüpfungsphase berechnet. Für die Berechnung der Grauwertvarianzen eines Segmentes S der Ebene $n + 1$ werden die mittleren Grauwerte, die Grauwertvarianzen und die Volumina derjenigen Teilsegmente der Ebene n benötigt, aus denen S zusammengesetzt ist. Da Teilsegmente sich gegenseitig überlappen wird die Höhe der Segmentvolumina, wie auch bei der erweiterten Gewichtung, nur approximiert.

Die Einschränkung der Grauwertspanne von Segmenten führt fast immer zu einer

starken Übersegmentierung des Bildes. Dies liegt darin begründet, dass die Grauwerte in realistischen Bildern statistischen Schwankungen unterworfen sind (Rauschen). Ausreißer in den Grauwerten führen dazu, dass die erlaubten Grauwertspannen innerhalb eines Segmentes während der Segmentierung bereits auf niedriger Hierarchieebene überschritten werden. Die Begrenzung der Grauwertspanne von Segmenten ist daher für die Praxis zu restriktiv und ist als zusätzliches Homogenitätskriterium ungeeignet.

Die Grauwertvarianz ist robuster als die Grauwertspanne. Obwohl sie nur näherungsweise bestimmt wird, erhöht sich die Homogenität der Segmente. Sie stellt neben der Grauwertähnlichkeit einen weiteren Parameter dar, durch den die Homogenität eines Segmentes gesteuert werden kann.

Um Segmente trotz der zusätzlichen Restriktion bezüglich ihrer Kontraste so groß wie möglich wachsen zu lassen, wurde die zentroidale Verknüpfungsstrategie um eine spezielle Reihenfolge bei der Verknüpfung erweitert: Beginnend mit einem Teilsegment wird zunächst das ähnlichste überlappende Teilsegment gesucht und mit S zu einem Segment S' verschmolzen. Diese Strategie bezeichnen wir als *Best-Neighbor-First*. Dadurch wird erreicht, dass in jedem Verschmelzungsschritt die Änderung der Grauwertvarianz und des mittleren Grauwert des wachsenden Segmentes möglichst klein ist. Die *Best-Neighbor-Strategie* wird unabhängig vom Ähnlichkeitskriterium als Standardeinstellung im CSC verwendet.

4.4. Deferred-Merging-And-Splitting

Eine Segmentierung mit dem S_{15}/C_{15} -CSC führt in der Regel zu einem nicht disjunkten Segmentierungsergebnis, da die S_{15}/C_{15} -Zellhierarchie nicht dicht ist. Es wurde daher ein Verfahren entwickelt und implementiert, um nachträglich ein Segmentierungsergebnis mit überlappenden Segmenten in ein Segmentierungsergebnis ohne überlappende Segmente zu transformieren. Es können dabei drei verschiedene Fälle auftreten:

1. Zwei Segmente überlappen sich **nicht**.
2. Zwei Segmente überlappen sich und sind grauwertähnlich.
3. Zwei Segmente überlappen sich und sind **nicht** grauwertähnlich.

Der erste Fall bedarf keiner weiteren Behandlung. Im zweiten Fall sollten die Segmente zu einem neuen Segment verschmolzen werden (Verschmelzung). Im dritten Fall ist der Überlappungsbereich der beiden Segmente optimal auf die Segmente aufzuteilen (Trennung bzw. Splitting). Die nachträgliche Verschmelzung und Trennung von Segmenten geschieht direkt auf dem CSC-Wald. Dazu müssen zunächst die überlappenden Segmente identifiziert werden. Da jedes Teilsegment im CSC-Wald durch einen CSC-Baum repräsentiert wird, überlappen sich zwei Teilsegmente genau dann, wenn die beiden entsprechenden CSC-Bäume ein gemeinsames Teilsegment besitzen. Die Teilsegmente im CSC-Wald werden dabei Hierarchieebene für Hierarchieebene durchsucht und mit einem eindeutigen Label versehen. Erhält ein Teilsegment T zwei verschiedene Label, wurde ein Überlappungsbereich zwischen zwei CSC-Bäumen B_1 und B_2 entdeckt. Sind die überlappenden Segmente, repräsentiert durch B_1 und B_2 ,

grauwertähnlich, wird für B_1 und B_2 ein neues gemeinsames Wurzelsegment (Metasegment) erzeugt, welches beide CSC-Bäume und damit die beiden überlappenden Segmente verschmilzt. Dieses Wurzelsegment liegt wegen der fehlenden Dichteigenschaft außerhalb der Zellhierarchie. Sind die überlappenden CSC-Bäume nicht grauwertähnlich wird direkt eine Trennung nach dem von Rehrmann und Priese entwickelten Trennungsverfahren [Reh94] durchgeführt. Dazu wird geprüft zu welchem CSC-Baum das Teilsegment K farblich am Besten passt. Passt K besser zu B_1 wird in B_2 ein Zeiger gelöscht, so dass K nicht mehr im Baum B_2 enthalten ist. Nach dieser Operation sind die beiden CSC-Bäume nicht unbedingt getrennt. Sie können sich immer noch auf anderen Hierarchieebenen überlappen. Daher wird für jeden Teilsegment, in dem sich zwei Bäumen überlappen, die vorgestellte Operation durchgeführt. Für die Trennung wird aber immer die globale Grauwertinformation der beiden vollständigen Bäume betrachtet. Nach der Korrektur liegt dann ein disjunktes Segmentierungsergebnis vor.

Das oben skizzierte Verfahren gibt implizit eine Reihenfolge vor, in der überlappende Bäume verschmolzen werden. Dabei gilt: Je höher das gemeinsame Segment T zweier Bäume in der Hierarchie liegt, desto früher werden die Bäume verschmolzen. Es wurde daher die Best-Neighbor-First-Verknüpfungsstrategie implementiert: Es werden alle Segmentpaare von überlappenden und grauwertähnlichen Segmenten bestimmt. Mit der Verschmelzung wird nun beim größten im Bild vorkommenden Segment A begonnen. Das Segment A wird zuerst mit dem grauwertähnlichsten überlappenden Segment B zu einem neuen Metasegment C verschmolzen (Best-Neighbor-First). Das neue Metasegment C wird auf die gleiche Weise mit dem ähnlichsten, überlappenden Nachbarsegment verschmolzen. Dies wird solange durchgeführt bis es keine grauwertähnlichen und überlappenden Segmente mehr existieren. Überlappende Segmente, die sehr ähnlich sind, werden in diesem Verfahren bevorzugt behandelt.

Durch die zusätzliche Verknüpfung wird die Anzahl der detektierten Segmente um ca. 6%-10% reduziert. Die Deferred Merging-And-Splitting-Phase weist allerdings einige erhebliche Nachteile auf. Die entstehenden Metasegmente können Kindsegmente besitzen, die auf unterschiedlichen Hierarchieebenen erzeugt wurden. Ferner besitzen die Metasegmente keine korrespondierende Zelle in der Zellhierarchie. Damit kann die Lage eines Metasegmentes nur indirekt über die korrespondierenden Inseln der Kindsegmente ermittelt werden. Die Deferred-Merging-And-Splitting-Phase führt zu einer komplizierteren Datenstruktur. Weiterhin ist die nachträgliche Trennung von überlappenden Segmenten problematisch. Die gefundene Trennungslinie zwischen beiden Segmenten ist nicht in jedem Fall als optimal anzusehen. Die Lage und Form der Trennungslinie wird sehr viel stärker durch die Defekte der Inselhierarchie als durch die mittleren Grauwerte der beteiligten Segmente bestimmt.

Abbildung 4.1a) zeigt einen aus zwei Segmenten bestehenden CSC-Wald: Das erste Segment (kurz: Segment A) wird durch den Baum mit der Wurzel A und das zweite Segment (kurz: Segment B) durch den Baum mit der Wurzel B bestimmt. Ein solcher Wald kann unter Verwendung der S_{15}/C_{15} -Zellhierarchie entstehen. Signifikant ist, dass Segmente A und B sich in einem gemeinsamen Kindsegment K überlappen, d.h. es wurde keine Trennung oder Verschmelzung der Elternsegmente von K (E und F) durchgeführt. Dies wird deutlich, da E und F kein gemeinsames Elternsegment haben. Wenn E und F farbähnlich sind, hätten sie auch verknüpft werden müssen. Wenn nicht, hätte eine Trennung zwischen E und F stattfinden müssen. Da der CSC

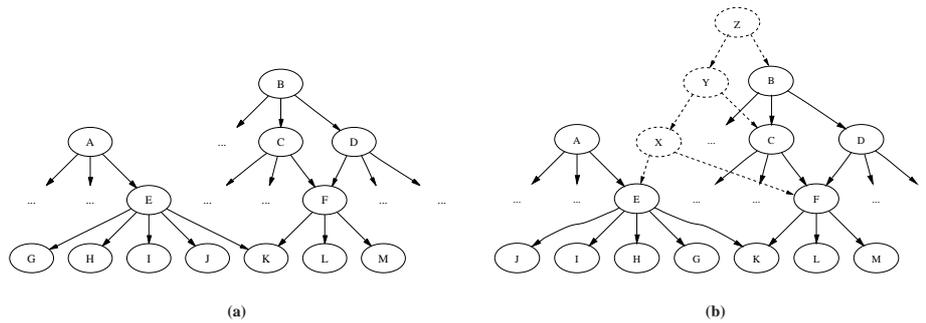


Abbildung 4.1.: Beispielhafte CSC-Wälder

basierend auf der S_{15}/C_{15} -Zellhierarchie nicht jede Überlappung zwischen zwei Segmenten feststellen kann, kann es zu einem solchen Wald als Segmentierungsergebnis kommen. Eine auf diesen Wald angewendete Deferred-Merging-And-Splitting-Phase würde, wenn Segment A und B nicht farbähnlich sind, zu einer Trennung führen. Die Trennungslinie kann sich aber nur im Überlappungsbereich von Segment A und B befinden. Dass dieser Überlappungsbereich nur aus Segment K besteht, ist aber nur auf die S_{15}/C_{15} -Zellhierarchie zurückzuführen. Würde der CSC bereits in der Verknüpfungsphase alle überlappenden und farbähnlichen Segmenten zu größeren Segmenten verknüpfen können, könnte ein CSC-Wald wie in Abbildung 4.1b) entstehen. Das Segment A ist unverändert geblieben während das ursprüngliche Segment B zum Segment Z vergrößert wurde. Dabei ist das Segment B in Z enthalten. A und Z haben einen größeren Überlappungsbereich als A und B . Eine optimale Trennungslinie kann so besser gefunden werden.

4.5. Splitverfahren für den S_{15}/C_{15} -CSC

Für den S_{15}/C_{15} -CSC wurden verschiedene Splitverfahren entwickelt und implementiert:

1. Direct-Splitting
2. Deferred-Splitting
3. Combined-Splitting

Direct-Splitting Direct-Splitting ist die für den 3D-CSC angepasste Methode, die auch im (hexagonalen) 2D-CSC implementiert ist. Sobald in der Verknüpfungsphase festgestellt wird, dass zwei überlappende Teilsegmente nicht farbähnlich sind, wird das Splitting zwischen beiden Teilsegmenten rekursiv, top-down durchgeführt. Wegen der Verletzung der Density-Eigenschaft werden nur farbunähnliche, überlappende Teilsegmente getrennt, deren Überlappung auch detektiert werden kann.

Deferred-Splitting Das Verfahren ist ähnlich zu *Direct-Splitting* wird aber erst angewandt, nachdem die Verknüpfungsphase des CSC terminiert ist und der komplet-

te CSC-Wald aufgebaut wurde. Das Verfahren arbeitet wie Deferred-Merging-and-Splitting aber ohne Verschmelzungen von überlappenden Segmenten zu Metasegmenten durchzuführen.

Combined-Splitting *Combined-Splitting* ist eine kombinierte Methode. Während der Segmentierung wird *Direct-Splitting* verwendet und nur die wegen der fehlenden Dichte von S_{15}/C_{15} überlappenden Segmente werden anschließend durch Deferred-Splitting getrennt.

4.6. Die C_{19} -Zellhierarchie

Die Zellen einer Zellhierarchie ohne Löcher müssen mindestens 15 Kindzellen bzw. 15 Voxel besitzen. Die Verwendung von größeren Zellen führt zu einer Verletzung der *starken Sättigung* und der *Einfachheit*. Die fehlende Dichte-eigenschaft der dreidimensionalen C_{15} - und S_{15} -Zellhierarchien ist im Wesentlichen in den noch zu kleinen Zellen begründet. Im Projekt 3D-RETISEG wurde daher eine Zellhierarchie mit größeren Zellen entwickelt und im CSC implementiert, die dicht ist, aber nicht unbedingt einfach und stark gesättigt sein muss. Ausgangspunkt dafür ist die Zellhierarchie C_{27} , die sehr komplexe Überlappungen von Zellen aufweist. Eine C_{27} -Zelle der Ebene 0 ist ein Würfel, der aus einem Zentrumsvoxel und dessen 26 Nachbarvoxeln im orthogonalen Gitter besteht. Zwei solcher Würfel können sich in einer gemeinsamen Ecke, Kante oder Seite überlappen (vergl. Abbildung 4.2). Dabei teilen sich zwei überlappende Würfel 1, 3 bzw. 9 gemeinsame Voxel.

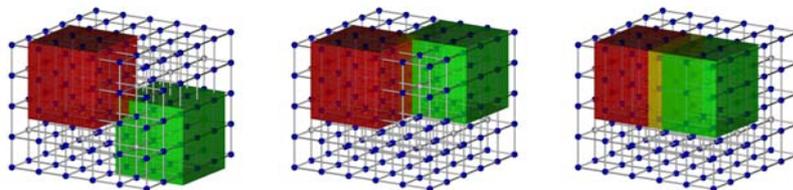


Abbildung 4.2.: Überlappungsarten zweier C_{27} -Zellen

Eine C_{27} -Zelle der Ebene $n + 1$ besteht aus einer Zentrumszelle Z und aus den mit Z überlappenden C_{27} -Zellen der Ebene n . Geometrisch bildet eine C_{27} -Zelle der Ebene $n + 1$ wiederum einen Würfel. Eine C_{27} -Zelle der Ebene n kann dabei eine, zwei, vier oder acht Elternzellen besitzen. Die C_{27} -Zellhierarchie ist zwar eine dichte Zellhierarchie, aber für die Segmentierungsaufgabe denkbar ungeeignet. Durch die Vielzahl der Überlappungsmöglichkeiten der C_{27} Zellen existieren viele unterschiedliche Möglichkeiten des Zusammenhangs von bereits detektierten Teilsegmenten innerhalb einer C_{27} -Zelle. Daß alle Möglichkeiten des Zusammenhangs von Teilsegmenten in einer C_{27} -Zelle untersucht werden müssen, macht die Implementation des 3D-CSC schwierig und die Detektions- und Verknüpfungsphase rechenintensiv. Um eine Doppelverzögerung, wie sie in der Implementation des hexagonalen CSC verwendet wurde zu realisieren, werden erheblich mehr Zeiger und damit auch mehr Speicher als unter Verwendung der S_{15}/C_{15} -Zellhierarchie benötigt.

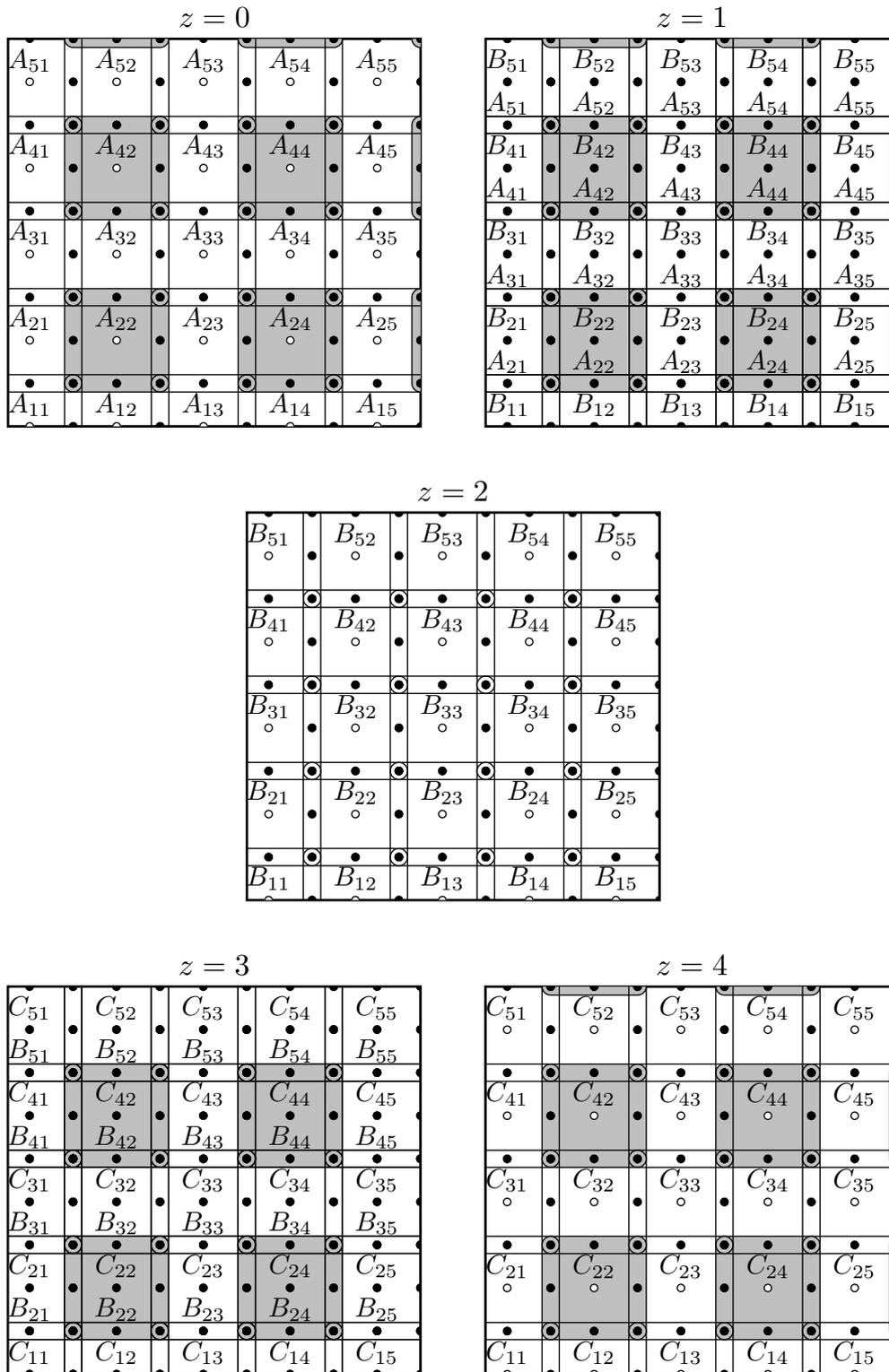


Abbildung 4.3.: Schichtdarstellung der C_{27} -Zellhierarchie

Die C_{27} -Zellhierarchie ist ein Beispiel dafür, dass durch größere Zellen die Dichte-eigenschaft einer Zellhierarchie erfüllt werden kann. Für eine sinnvolle Implementation sind die Überlappungen der C_{27} -Zellen zu komplex. Im Projekt 3D-RETISEG wurde die C_{27} -Zellhierarchie als Ausgangspunkt verwendet, um systematisch eine dichte Zellhierarchie mit möglichst kleinen Zellen zu finden. Dazu wurde ein Algorithmus entwickelt und implementiert, der über alle Hierarchieebenen hinweg Kindzellen an den gleichen relativen Positionen aus den C_{27} -Zellen entfernt. Dadurch entsteht automatisch eine neue Zellhierarchie, die mit C_x bezeichnet wird. x gibt die Anzahl der Kindzellen in einer C_x -Zellhierarchie an. Der Algorithmus generiert systematisch alle möglichen C_x -Zellhierarchien mit Zellen, die mehr als 15 und weniger als 27 Kindzellen besitzen. Er überprüft dabei die Dichte der jeweiligen C_x -Zellhierarchie und gibt die dichte Zellhierarchie mit den kleinsten Zellen aus. Mit diesem Algorithmus wurden 18.696.432 Zellhierarchien auf Dichte hin untersucht. Die dichte Zellhierarchie mit den kleinsten Zellen ist die C_{19} Zellhierarchie. C_{19} -Zellen der Ebene 0 bestehen aus einem Zentrum, 7 Nachbarvoxel aus der gleichen, vier Nachbarvoxel aus der Schicht darüber und 7 Nachbarvoxeln aus der Schicht darunter (siehe Abbildung 4.4).

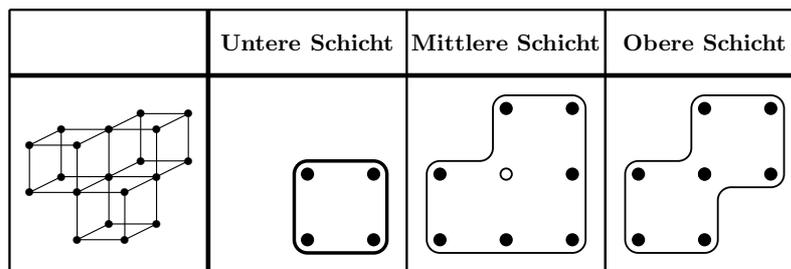


Abbildung 4.4.: Aufbau einer C_{19} -Zelle der Ebene 0

Zwei überlappende C_{19} -Zellen der Ebene $n + 1$ überlappen sich in zwei oder drei gemeinsamen C_{19} -Zellen der Ebene n . Die Überlappungen der C_{19} -Zellen der Ebene 0 lassen sich aus der Schichtdarstellung in Abbildung 4.6 entnehmen. Interessanterweise überlappt sich eine C_{19} -Zelle nur mit 12 anderen C_{19} -Zellen der Ebene 0 und nicht wie man annehmen könnte mit 19. Eine C_{19} -Zelle der Ebene $n + 1$ besteht damit aus einer Zentrumszelle Z , den 12 mit Z überlappenden Zellen der Ebene n und 6 zusätzlichen Zellen der Ebene n , die sich nicht mit Z überlappen.

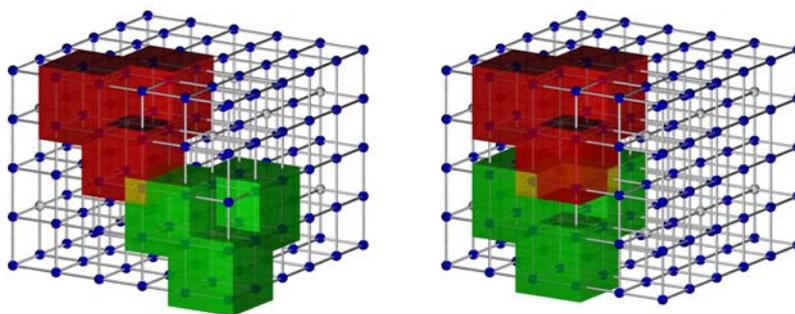


Abbildung 4.5.: Überlappungsarten zweier C_{29} -Zellen

Im Vergleich zur C_{27} -Zellhierarchie sind die Überlappungsbereiche insgesamt deutlich kleiner und es existieren weniger Fälle. Während eine C_{27} -Zelle bis zu acht Elternzellen haben kann, kann eine C_{19} -Zelle nur eine, zwei oder drei Elternzellen haben. Die Implementation der C_{19} -Zellhierarchie ist zwar schwieriger als die Implementation der S_{15}/C_{15} -Zellhierarchie aber deutlich einfacher als die Implementation der C_{27} -Zellhierarchie (vergl. Tabelle 4.1).

Da die C_{19} -Zellhierarchie dicht ist, können alle überlappenden Teilsegmente in der Verknüpfungsphase verknüpft werden, wenn sie einen ähnlichen mittleren Grauwert haben bzw. getrennt werden, wenn sie unähnlich sind. Die hierarchiebedingte Übersegmentierung des S_{15}/C_{15} -CSC wird reduziert (vergl. Evaluation in Abschnitt 4.9).

Zelltyp	Anzahl der gemeinsamen Kindzellen	Anzahl der Elternzellen
S_{15}/C_{15}	0, 2	1, 2
C_{19}	0, 2, 3	1, 2, 3
C_{27}	0, 1, 3, 9	1, 2, 4, 8

Tabelle 4.1.: Vergleich von S_{15}/C_{15} , C_{19} und C_{27}

4.7. Bottom-Up-Splitting für den C_{19} -CSC

Wegen der höheren Komplexität der Überlappungen von C_{19} -Zellen wurde für den C_{19} -CSC ein spezielles Splitverfahren entwickelt: *Bottom-Up-Splitting*

Bottom-Up-Splitting wird erst angewendet nachdem alle Segmente im Bild vollständig verknüpft wurden. Das Bottom-Up-Splitting selbst verändert, im Gegensatz zum Deferred-Splitting, den CSC-Wald nicht. Das Ergebnis des Splittings ist ein sogenanntes Labelbild, in dem Voxel mit gleichem Label zu einem gemeinsamen Segment gehören. Für jedes Voxel V werden durch bottom-up-Traversierung im CSC-Wald alle CSC-Segmente bestimmt, die sich in V überlappen. V wird dann nur dem CSC-Segment zugeordnet zu dessen Graumittelwert es am Ähnlichsten ist.

Beim Bottom-Up-Splitting kann es, wie auch mit allen anderen Splitting-Verfahren, zu einem Zerfall von Segmenten in mehrere Teilsegmente kommen. Im Labelbild bilden daher nicht alle Voxel mit gleichem Label auch (zusammenhängende) Segmente. Um dies zu korrigieren, wurde ein schneller CCF (Connected Component Filter) implementiert, der direkt im Anschluss an das Bottom-Up-Splitting, direkt auf dem Labelbild ausgeführt wird. Der Filter detektiert jeweils die größten möglichen Zusammenhangskomponenten eines Labelbildes und teilt zerfallene Segmente in mehrere (wieder zusammenhängende) Segmente durch Umbenennung ihrer Label auf.

4.8. Exakte Berechnung der Graumittelwerte im C_{19} -CSC

Zur Steigerung der Segmentierungsqualität wurde der C_{19} -CSC dahingehend modifiziert, dass während der Segmentierung die mittleren Grauwerte aller Teilsegmente exakt berechnet werden können.

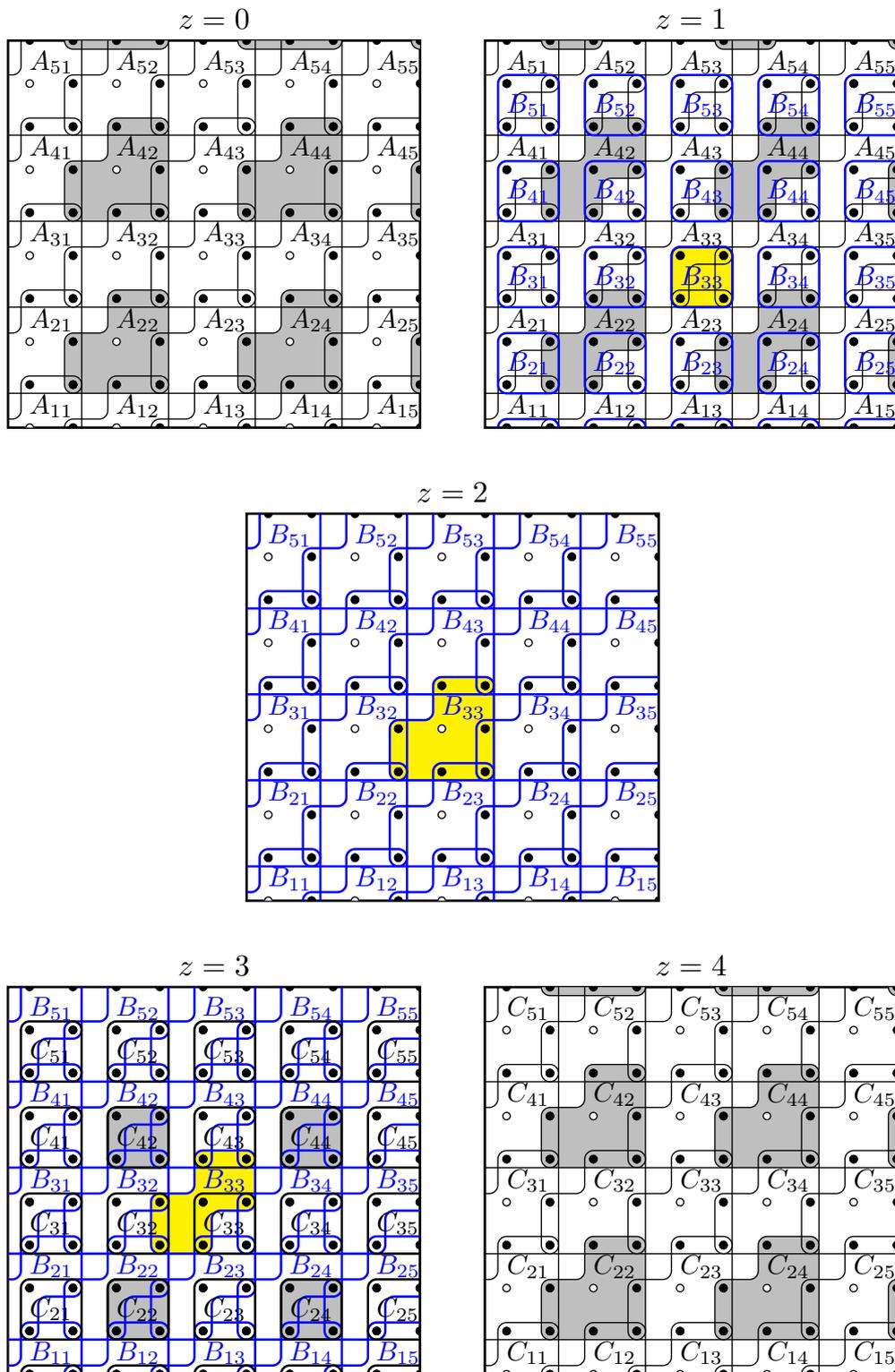


Abbildung 4.6.: Schichtdarstellung der C_{19} -Zellhierarchie

Der korrekte mittlere Grauwert eines Teilsegments lässt sich aber aufgrund der Überlappungen seiner Kindsegmente nicht trivial berechnen. Zwei Segmente der Ebene $n + 1$, die sich in einem Segment der Ebene n überlappen, können sich zusätzlich noch in Segmenten der Ebene $m < n$ überlappen. Deshalb muss zu jedem Teilsegment T eine Koordinatenliste gespeichert werden, die die Koordinaten aller Voxel aus T enthält. Mittels dieser Koordinaten können die zum Segment T gehörenden Grauwerte gemittelt werden. In der Detektionsphase des CSC wird für jedes entstehende Teilsegment der Ebene 0 eine solche Koordinatenliste erzeugt. Wenn in der Verknüpfungsphase des CSC zwei Segmente der Ebene n , T_1 und T_2 , zu einem Segment S der Ebene $n + 1$ verknüpft werden, werden die Koordinatenlisten von T_1 und T_2 zur neuen Koordinatenliste vereinigt.

Um diese Vereinigung möglichst effizient durchführen zu können wird eine Koordinate (x, y, z) als ein Index gespeichert. In diesem Kontext ist ein Index eine natürliche Zahl, die eine Koordinate eindeutig identifiziert. Die Voxel eines Bildes werden dazu erst zeilenweise, dann schichtweise durchnummeriert (vergl. Abbildung 4.7). Formal lässt sich der Index $idx(x, y, z)$ einer Koordinate (x, y, z) in einem Bild der Dimension $W \times H \times D$ wie folgt definieren:

$$idx(x, y, z) := x + y * H + z * W * H \quad (4.6)$$

(0,0)	(1,0)	(2,0)	(3,0)
(0,1)	(1,1)	(2,1)	(3,1)
(0,2)	(1,2)	(2,2)	(3,2)
(0,3)	(1,3)	(2,3)	(3,3)
(0,4)	(1,4)	(2,4)	(3,4)

(a)

0	1	2	3
4	5	6	7
8	9	10	11
12	13	14	15
16	17	18	19

(b)

Abbildung 4.7.: (a) Koordinaten in einem 2-dimensionalen Bild der Größe 4×5 . (b) Indizes der Koordinaten aus (a)

Beispielsweise wird die Koordinatenliste

$$\{(1, 2, 3), (2, 2, 3), (3, 2, 3), (2, 3, 3), (3, 3, 3), (4, 3, 3), (4, 3, 4)\}$$

eines Segments S – in einem $20 \times 10 \times 10$ großen Bild – in *Indexdarstellung* als $\{641, 642, 643, 662, 663, 664, 864\}$ notiert.

Da auf Ebene 0 Segmente aus nur 15 Voxeln bestehen, sind die entsprechenden Listen durch ein Standardsortierverfahren schnell sortierbar. Die Vereinigung zweier sortierter Koordinatenlisten zu einer neuen sortierten Koordinatenliste wird in linearer Zeit vollzogen.

Um den Speicherplatz solcher Koordinatenlisten gering zu halten, werden diese mit einem Run-Length-Encoding (RLE) Verfahren komprimiert. Dazu wird eine Koordinatenliste L gespeichert als (x_1, \dots, x_{2n}) . Alle x_{2i} bezeichnen die Anzahl von aufeinanderfolgenden Indizes, die keine Koordinaten der Liste beschreiben. Umgekehrt bezeichnen x_{2i+1} alle aufeinanderfolgenden Indizes von Koordinaten in L . Die obige Koordinatenliste in Indexdarstellung $\{641, 642, 643, 662, 663, 664, 864\}$ wird so-

mit als (641, 3, 19, 3, 200, 1) gespeichert. Da Segmente zusammenhängend sind, sind auch lange Folgen von Indizes zu erwarten.

Trotz der Modifikation führt die exakte Berechnung der Grauwerte der Segmente nicht zu einer Steigerung der Segmentierungsqualität. Die Segmentierungszeit, die der C_{19} -CSC benötigte erhöhte sich aber um das Doppelte. Wie auch im S_{15}/C_{15} -CSC wird standardmäßig mit einer einfachen Gewichtung gearbeitet.

4.9. Vergleich des S_{15}/C_{15} - und des C_{19} -CSC

Die drei CSC-Varianten gesteuert durch die S_{15} , C_{15} und C_{19} -Zellhierarchie wurden miteinander verglichen. Dazu wurde eine künstliche Bilddatenbank von Geflechtern zur Evaluation der Segmentierungen erstellt. Die drei CSC-Varianten wurden anhand dieser Bilddatenbank und einem Gehirndatensatz, für den es eine Referenzsegmentierung gibt, evaluiert.

4.9.1. Aufbau einer künstlichen Bilddatenbank zur Evaluation von Segmentierungen

Es wurde eine Datenbank mit 40 unterschiedlichen 3D-Geflechtern in insgesamt 16 Bildern mit der Dimension 256^3 erzeugt. Die Geflechte wurden mit unterschiedlichen Lindenmayer-Grammatiken [BD89] erzeugt. Jedes Geflecht wurde mit einem „virtuellen Zeichenstift“ mit Durchmesser 5 Voxel in die Bilder eingezeichnet. Da ein Geflecht sich aber selbst berühren und auch durchdringen darf, ist der Durchmesser des Geflechts nicht an allen Stellen konstant. Die eine Hälfte der Bilder enthält zwei, die andere Hälfte drei Geflechte. Zwischen den Geflechtern existiert ein vorgegebener Mindestabstand d , d. h. die Geflechte berühren sich nicht gegenseitig. In acht der Bilder (mit 20 Geflechtern) beträgt der Mindestabstand $d = 1$ Voxel. In den restlichen acht Bildern (mit 20 Geflechtern) ist der Mindestabstand $d = 2$ Voxel. In allen Bildern hat der Hintergrund einen Grauwert von 88. In Bildern mit nur zwei Geflechtern sind die Grauwerte der Geflechte 122 und 133. In Bildern mit drei Geflechtern besitzt das zusätzliche Geflecht einen Grauwert von 143. Allein aus dem Grauwert lässt sich ableiten, ob ein Voxel zu einem Geflecht g gehört oder zum Hintergrund. Die idealen Segmente sind somit für alle Bilder bekannt. In Abbildung 4.8 sind die 16 Geflechtbilder visualisiert. Zur besseren Unterscheidung sind die einzelnen Geflechte unterschiedlich eingefärbt.

Die Geflechtbilder werden alle nach dem gleichen Verfahren verfremdet, um den Schwierigkeitsgrad der Segmentierung zu erhöhen. Dazu wird zunächst eine Sinuskurve entlang der Z -Achse mit den Geflechtbildern überlagert. Die Sinuskurve ändert die Grauwerte im Bereich von $-5,3$ bis $+5,3$ ab. Dadurch wird eine Inhomogenität innerhalb der Geflechte und innerhalb des Hintergrunds erzeugt. Anschließend werden die Bilder mit einem Binomialfilter mit der Maske $\frac{1}{4} \cdot (1 \ 2 \ 1)$ entlang allen drei Raumrichtungen geglättet. Der Binomialfilter „verwäscht“ die Kanten zwischen Geflecht und Hintergrund. Abschließend werden die verfremdeten Bilder mit Gaußrauschen unterschiedlicher Stärke ($\sigma = 2$, $\sigma = 4$ und $\sigma = 6$) verschlechtert. Gaußrauschen mit $\sigma = 6$ ist bereits sehr stark. Der Grauwert von 32% aller Voxel ändert sich bereits um einen Wert von ≤ -6 bzw. $\geq +6$. 4,5% aller Voxel ändern ihren Wert sogar um ≤ -12 bzw. $\geq +12$. Für so stark verrauschte Bilder kann keine gute Segmentierung

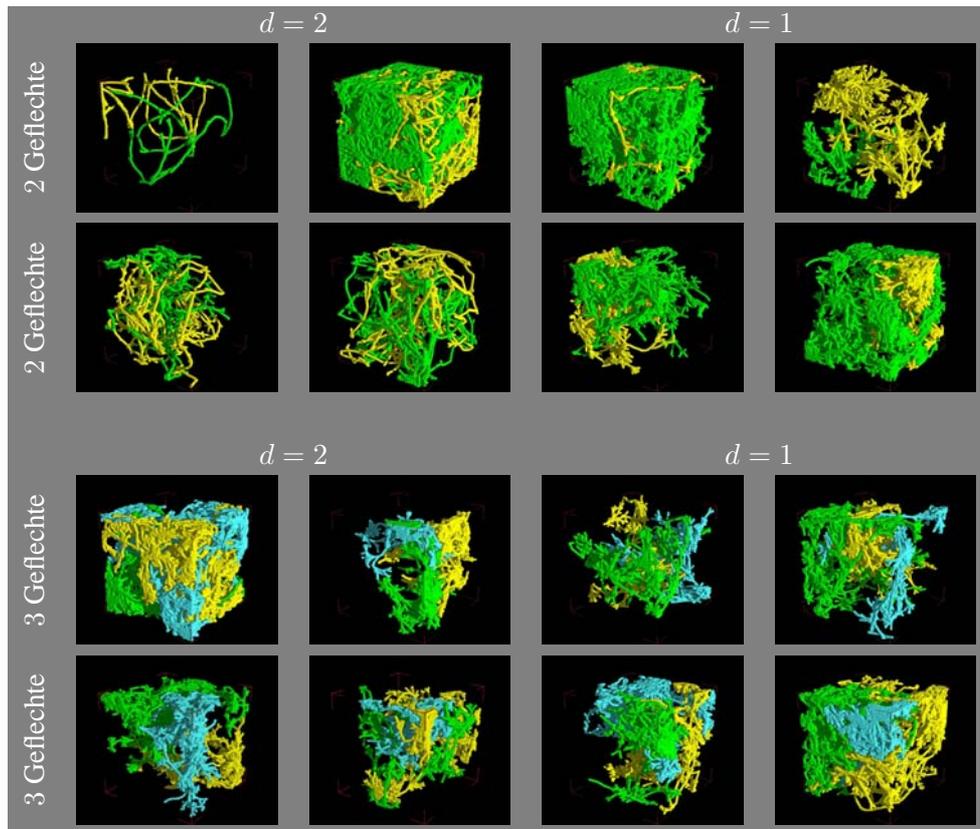


Abbildung 4.8.: Geflecht Datenbank mit insgesamt 40 Geflechten

erwartet werden. Insgesamt existieren 48 verfremdete Geflechtbilder (siehe Beispiel in Abbildung 4.9).

4.9.2. Evaluation: Segmentierung der Geflecht Datenbank

Mit allen drei CSC-Varianten (S_{15} , C_{15} und C_{19}) wurden alle 48 verfremdeten Geflechtbilder segmentiert. Zwei überlappende Teilsegmente werden innerhalb einer Zelle im CSC verschmolzen, wenn ihr mittlerer Grauwertabstand kleiner ist als ein globaler Schwellwert t . Innerhalb der Zellen wird eine Best-Neighbor-First-Verknüpfungsstrategie verfolgt. Für die Experimente wurde der globale Schwellwert t im Bereich von sechs bis 20 variiert (15 verschiedene Schwellwerte). Pro CSC-Variante existieren somit 720 unterschiedliche Segmentierungen, d. h. 2160 Segmentierungen insgesamt.

Für die Evaluation der Segmentierungen werden drei eigens entwickelte Maße verwendet: Die *Coverability Rate* ($CR_{S,R}$) eines CSC-Segments S bezüglich einem Referenzsegment R gibt an, wieviel Prozent der Voxel von R durch S abgedeckt sind. Idealerweise sollte ein CSC-Segment eine möglichst hohe *Coverability Rate* aufweisen. Da CSC-Segmente auch über die Grenzen von Referenzsegmenten „hinausragen“ können, wird die *Error Rate* ($ER_{S,R}$) benötigt, die den Anteil der Voxel von S beschreibt, die außerhalb von R liegen. Das dritte Maß, die *Similarity* ($SIM_{S,R}$) gibt die Ähnlichkeit zwischen einem CSC-Segment S und dem Referenzsegment R an. Die

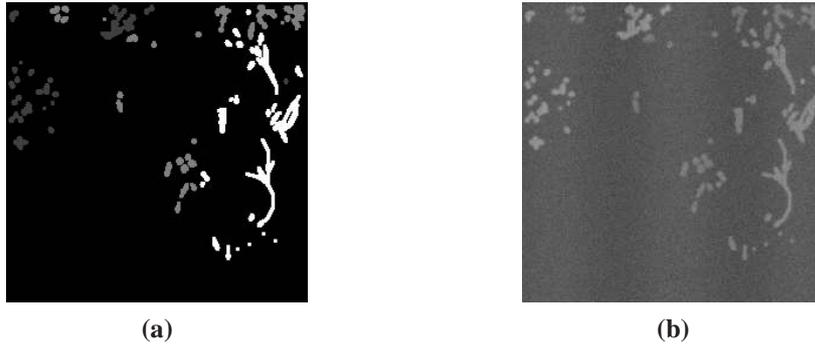


Abbildung 4.9.: **(a)** Schnitt $x = 181$ durch die ZY-Ebene der Referenzsegmentierung.
(b) Schnitt $x = 181$ durch die ZY-Ebene des zugehörigen verfremdeten Bildes mit $\sigma = 6$

Similarity ist eine Kombination von *Coverability Rate* und *Error Rate*. Je höher der Wert der *Similarity* eines Segmentes bezüglich eine Referenzsegment desto ähnlicher sind die Werte.

$$CR_{S,R} := \frac{\text{Volumen}(S \cap R)}{\text{Volumen}(R)} \quad (4.7)$$

$$ER_{S,R} := \frac{\text{Volumen}(S - R)}{\text{Volumen}(S)} \quad (4.8)$$

$$SIM_{S,R} := CR_{S,R} - \frac{\text{Volumen}(S)}{\text{Volumen}(R)} \cdot ER_{S,R} \quad (4.9)$$

In der Praxis sind Segmentierungen nicht ideal. Ein Referenzsegment R bzw. ein zu detektierendes Objekt kann in der Regel nicht nur durch ein einziges CSC-Segment dargestellt werden. Vielmehr müssen mehrere geeignete CSC-Segmente zusammengefasst werden, um das Referenzsegment approximieren zu können. Diese Aggregation wird in der Bildverarbeitung durch einen Segmentklassifikator erledigt. Um eine reine Segmentierung unabhängig von einem Segmentklassifikator bewerten zu können, werden wir einfach alle zu einem Handsegment *passenden* Segmente zu einem aggregierten Segment zusammenfassen. Dabei ist ein Segment S zu einem Referenzsegment R passend, wenn dessen *Coverability Rate* $CR_{S,R}$ über einem Schwellwert CR_{min} und dessen *Error Rate* $ER_{S,R}$ unter einem Schwellwert ER_{max} liegt. Der Vorgang der Aggregation von passenden Segmenten ist nichts anderes als eine Simulation einer Segmentklassifikation. Diese simulierte Segmentklassifikation ist durch die Parameter CR_{min} und ER_{max} parametrisierbar. Der Parameter CR_{min} steuert auch die Größe der für die Aggregation verwendeten CSC-Segmenten.

Für jedes Geflechtbild I wurde jeweils für $CR_{min} = 0,1\%$, $CR_{min} = 1\%$ und $CR_{min} = 10\%$ eine optimale simulierte Segmentklassifikationen ausgewählt. ER_{max} wurde dabei fix auf 20% gesetzt. Eine simulierte Segmentklassifikation K_1 ist dabei besser als eine andere simulierte Segmentklassifikation K_2 , wenn der mittlere *Similarity*-Wert aller Geflechte von K_1 besser ist als der von K_2 . Es verbleiben somit für

$CR_{min} = 0,1\%$, $CR_{min} = 1\%$ und $CR_{min} = 10\%$ jeweils 144 optimale simulierte Segmentklassifikationen (drei CSC-Varianten mal 48 verfremdete Bilder).

Diese optimalen simulierten Segmentklassifikationen werden nun in sechs Klassen eingeteilt. Die Klasse $(d, \sigma) \in \{1, 2\} \times \{2, 4, 6\}$ enthält dabei alle optimalen simulierten Segmentklassifikationen von verfremdeten Geflechtbildern mit Gaußrauschen von σ , deren Geflechte einen Mindestabstand von d Voxeln besitzen. Innerhalb einer jeden Klasse (d, σ) werden über alle Klassifikationen \mathcal{K} und alle Geflechte die *Coverability Rate*, die *Error Rate* und die *Similarity* gemittelt. undefinierte Werte in der Mittelung führen wiederum zu einem undefinierten Wert.

4.9.3. Ergebnisse: Segmentierung der Geflecht Datenbank

Die Ergebnisse sind in den Tabellen 4.2 (für $CR_{min} = 0,1\%$), 4.3 (für $CR_{min} = 1\%$) und 4.4 (für $CR_{min} = 10\%$) dargestellt.

d	σ	Zelle	Ohne Vorverarbeitung					Mit Vorverarbeitung				
			t	CR	ER	SIM	#	t	CR	ER	SIM	#
2	2	S_{15}	12,60	96,37	2,93	93,39	13,55	11,25	97,42	1,19	96,25	12,55
2	2	C_{15}	12,60	96,22	3,21	92,94	13,25	10,80	97,39	1,16	96,25	12,40
2	2	C_{19}	11,70	98,10	2,48	95,58	1,00	10,80	97,59	1,13	96,47	1,00
2	4	S_{15}	13,60	94,92	5,50	89,23	13,40	13,60	95,38	2,17	93,26	12,55
2	4	C_{15}	13,60	94,93	5,75	88,96	13,15	13,00	95,33	2,14	93,25	12,55
2	4	C_{19}	13,45	97,24	5,26	91,77	1,00	13,65	95,60	2,13	93,52	1,00
2	6	S_{15}	15,75	92,48	10,41	81,51	14,70	15,05	92,58	4,79	87,92	12,95
2	6	C_{15}	15,40	92,62	10,04	82,04	15,15	14,95	92,58	4,77	87,92	12,85
2	6	C_{19}	15,95	89,25	9,15	80,03	7,90	15,85	93,01	4,78	88,32	1,05
1	2	S_{15}	10,00	88,47	1,55	86,95	17,10	9,15	97,22	1,32	95,92	11,20
1	2	C_{15}	10,10	88,54	1,81	86,76	19,15	9,10	97,26	1,32	95,96	12,15
1	2	C_{19}	8,00	89,09	1,53	87,60	13,80	8,75	97,55	1,32	96,25	1,05
1	4	S_{15}	10,35	85,65	2,89	82,86	16,40	9,35	94,92	2,06	92,93	11,65
1	4	C_{15}	10,65	86,11	3,43	82,79	17,05	9,35	94,98	2,07	92,98	12,95
1	4	C_{19}	7,95	82,92	2,05	81,03	14,10	8,70	95,29	2,04	93,31	1,05
1	6	S_{15}	10,45	79,06	4,25	75,12	18,70	10,65	92,37	3,49	89,02	11,50
1	6	C_{15}	10,30	78,00	4,24	74,07	20,05	11,25	92,58	3,62	89,10	12,65
1	6	C_{19}	8,80	75,14	4,85	70,97	10,70	8,95	92,37	3,10	89,41	1,05

Tabelle 4.2.: Evaluation der Geflecht Datenbank mit $CR_{min} = 0,1\%$ und $ER_{max} = 20\%$

Die Tabellenzeile

d	σ	Zelle	t	CR	ER	SIM	#
1	2	S_{15}	10,00	88,47	1,55	86,95	17,10

 ist dabei wie folgt zu lesen: Es werden durchschnittlich 17,10 Segmente benötigt, um durchschnittlich 88,47% der Geflechte in der Klasse (1,2), mit einer durchschnittlichen *Error Rate* von 1,55% und einer durchschnittlichen *Similarity* von 86,95%, abzudecken, wenn die Segmentierung mit einem S_{15} -CSC durchgeführt wurde. Die durchschnittlich verwendete Ähnlichkeitsschwelle beträgt $t = 10,00$.

Die unterschiedlichen Klassen (d, σ) der verfremdeten Geflechtbilder stellen unterschiedliche Schwierigkeitsgrade für die Segmentierung dar. Durch die Anwendung des Binomialfilters bei der Erzeugung der verfremdeten Bilder kann es zu „Grauwert-

d	σ	Zelle	Ohne Vorverarbeitung					Mit Vorverarbeitung				
			t	CR	ER	SIM	#	t	CR	ER	SIM	#
2	2	S_{15}	13,35	93,96	3,56	90,39	5,05	13,50	94,54	1,32	93,27	4,75
2	2	C_{15}	13,20	93,80	3,78	90,02	5,05	12,45	94,63	1,26	93,42	4,85
2	2	C_{19}	11,70	98,10	2,48	95,58	1,00	10,00	97,59	1,13	96,47	1,00
2	4	S_{15}	13,95	92,18	5,86	86,27	5,15	13,55	92,32	2,18	90,26	4,65
2	4	C_{15}	14,10	92,35	6,27	86,02	5,20	12,90	92,23	2,11	90,25	4,55
2	4	C_{19}	13,45	97,24	5,26	91,77	1,00	13,65	95,60	2,13	93,52	1,00
2	6	S_{15}	15,60	88,56	10,24	78,24	4,90	13,65	89,19	4,57	84,90	4,65
2	6	C_{15}	15,55	89,17	10,16	78,89	5,45	14,70	89,44	4,73	84,98	4,50
2	6	C_{19}	14,00	87,29	7,86	79,32	1,25	15,85	93,01	4,78	88,32	1,05
1	2	S_{15}	11,00	85,76	2,78	82,96	3,70	9,35	94,57	1,34	93,29	3,80
1	2	C_{15}	10,00	84,39	1,73	82,74	4,55	9,10	94,60	1,33	93,33	4,05
1	2	C_{19}	8,00	86,17	1,46	84,74	2,30	8,75	97,55	1,32	96,25	1,05
1	4	S_{15}	10,80	82,56	3,72	79,00	4,60	9,75	92,20	2,15	90,18	3,95
1	4	C_{15}	10,35	81,81	3,13	78,94	4,30	10,50	92,23	2,24	90,12	3,85
1	4	C_{19}	8,10	80,69	2,31	78,50	2,15	8,70	95,29	2,04	93,31	1,05
1	6	S_{15}	10,45	74,66	4,23	70,88	4,80	10,65	89,42	3,50	86,17	3,60
1	6	C_{15}	10,30	73,35	4,22	69,60	4,85	11,15	89,58	3,59	86,24	3,75
1	6	C_{19}	8,80	73,21	4,78	69,13	2,50	8,95	92,37	3,10	89,41	1,05

Tabelle 4.3.: Evaluation der Geflecht Datenbank mit $CR_{\min} = 1\%$ und $ER_{\max} = 20\%$

„brücken“ kommen, die zwei zuvor berührungsfreie Geflechte verbinden. Ist $d = 2$, ist die Wahrscheinlichkeit für das Vorkommen solcher „Grauwertbrücken“ niedriger als für $d = 1$. Ebenso ist geringes Gaußrauschen für die Qualität der Segmentierung von Vorteil. (2, 2) ist die einfachste Klasse und (1, 6) die schwierigste Klasse für die Segmentierung.

Da die Evaluationsmethode, in Abhängigkeit der Parameter CR_{\min} und ER_{\max} , für jedes verfremdete Geflechtbild die beste simulierte Klassifikation auswählt, sind bei großen Werten für CR_{\min} die gewählten Ähnlichkeitsschwellen ebenfalls tendenziell größer als bei kleineren Werten. Gilt $CR_{\min} = 10\%$, stehen der Evaluationsmethode nur Segmente zur Verfügung, die bezüglich der Geflechte mindestens 10% der Voxel abdecken. In Segmentierungen, die mit einem sehr kleinen Schwellwert durchgeführt worden sind, existieren viele Segmente, die weniger als 10% der Geflechte abdecken. Die Segmentierungsqualität ist daher bei sehr kleinen Ähnlichkeitsschwellen sehr schlecht.

Die Unterschiede zwischen den CSC-Segmentierungen unter Verwendung von S_{15} und C_{15} sind nicht signifikant. Die Unterschiede zwischen S_{15}/C_{15} auf der einen Seite und C_{19} auf der anderen Seite dagegen schon. Betrachten wir zunächst die Ergebnistabelle für $CR_{\min} = 0,1\%$ (siehe Tabelle 4.2). In den Klassen (2, 2) und (2, 4) genügt bereits durchschnittlich ein C_{19} -Segment, um die Geflechte zu rekonstruieren. Dagegen werden in den gleichen Klassen rund 13 S_{15} -Segmente benötigt, um die optimale Qualität der S_{15} -Segmentierungen zu erreichen. Gleichzeitig ist, im Vergleich der drei CSC-Varianten untereinander, die durchschnittliche *Coverability Rate* von C_{19} am höchsten, während deren durchschnittliche *Error Rate* am niedrigsten ist. Mit steigendem Rauschen ändert sich die Sachlage. In der schwierigsten Klasse (1, 6) schnei-

d	σ	Zelle	Ohne Vorverarbeitung					Mit Vorverarbeitung				
			t	CR	ER	SIM	#	t	CR	ER	SIM	#
2	2	S_{15}	13,60	82,88	3,92	79,41	1,35	13,40	83,73	1,30	82,57	1,40
2	2	C_{15}	13,65	84,03	4,22	80,22	1,35	11,50	84,63	1,21	83,55	1,35
2	2	C_{19}	11,70	98,10	2,48	95,58	1,00	10,00	97,59	1,13	96,47	1,00
2	4	S_{15}	14,20	81,47	6,08	76,05	1,40	13,85	81,76	2,23	79,86	1,35
2	4	C_{15}	14,00	82,24	6,18	76,78	1,35	12,35	82,96	2,09	81,18	1,35
2	4	C_{19}	13,45	97,24	5,26	91,77	1,00	13,65	95,60	2,13	93,52	1,00
2	6	S_{15}	15,85	78,18	10,39	68,95	1,45	14,10	78,59	4,62	74,69	1,30
2	6	C_{15}	15,80	78,44	10,46	69,23	1,40	15,70	80,37	4,98	76,10	1,30
2	6	C_{19}	14,00	86,19	7,88	78,36	1,00	15,85	93,01	4,78	88,32	1,05
1	2	S_{15}	10,90	79,86	2,71	77,27	1,40	9,3	88,05	1,37	86,82	1,35
1	2	C_{15}	10,35	76,51	2,56	74,08	1,45	9,75	87,81	1,42	86,54	1,60
1	2	C_{19}	7,90	83,20	1,37	81,87	1,05	8,75	97,49	1,32	96,19	1,00
1	4	S_{15}	10,40	74,54	3,06	71,86	1,40	9,95	86,12	2,17	84,20	1,35
1	4	C_{15}	10,55	74,03	3,35	71,11	1,50	10,75	85,50	2,28	83,48	1,60
1	4	C_{19}	7,95	77,93	1,86	76,21	1,15	8,70	95,23	2,04	93,25	1,00
1	6	S_{15}	10,35	66,37	4,10	62,98	1,45	10,50	82,80	3,45	79,79	1,20
1	6	C_{15}	10,30	63,03	4,19	59,59	1,40	10,85	83,11	3,52	80,03	1,60
1	6	C_{19}	9,10	70,08	5,68	65,23	1,15	8,95	92,31	3,10	89,35	1,00

Tabelle 4.4.: Evaluation der Geflecht Datenbank mit $CR_{\min} = 10\%$ und $ER_{\max} = 20\%$

den die S_{15}/C_{15} -Segmentierungen gegenüber den C_{19} -Segmentierungen signifikant besser ab. Dabei wird aber unterstellt, dass eine Segmentklassifikation alle Segmente S mit $CR_{S,R} > 0,1\%$ und $ER_{S,R} < 20\%$ einem Geflecht R korrekt zuordnen kann. Dies ist in der Praxis aber kaum erreichbar. Segmente mit einer *Coverability Rate* $CR_{S,R} = 0,1\%$ sind verhältnismäßig klein und schwerer zu klassifizieren als große Segmente. Die Erhöhung von CR_{\min} auf 1% bzw. auf 10% simuliert die nicht perfekte Klassifikation. Höhere Werte von CR_{\min} sorgen im Allgemeinen für eine Verschlechterung der Qualität, da kleine Segmente nicht zur Rekonstruktion der Geflechte verwendet werden können. Es kann festgestellt werden, dass die Unterschiede in der Segmentierungsqualität zwischen den CSC-Varianten für $CR_{\min} = 1\%$ sich bereits verringert haben. Für $CR_{\min} = 10\%$ weisen die C_{19} -Segmentierungen in fast allen Klassen die beste Segmentierungsqualität auf. Mit durchschnittlich einem Segment werden die höchsten Werte für SIM erreicht. Hier zeigt sich, dass der S_{15}/C_{15} -CSC gegenüber dem C_{19} -CSC eher zur Übersegmentierung neigt.

Das beschriebene Experiment wurden unter einmaliger Verwendung des Kuwahara-Filters vor der Segmentierung wiederholt. Die Ergebnisse sind in den Tabellen 4.2, 4.3 und 4.4 dargestellt. Im Vergleich zu den Ergebnissen ohne Vorverarbeitung sind die Ergebnisse durchweg für alle CSC-Varianten und Geflecht Klassen (d, σ) besser geworden. Selbst der C_{19} -CSC erreicht in der schwierigsten Klasse (1, 6) mit Vorverarbeitung eine durchschnittliche *Coverability Rate* von $92,37\%$ bei Verwendung von durchschnittlich $1,05$ Segmenten ($CR_{\min} = 0,1\%$). Ohne Vorverarbeitung ist nur eine *Coverability Rate* von $75,14\%$ möglich. Insgesamt sind die Werte für alle drei CSC-Varianten mit Vorverarbeitung für $CR_{\min} = 0,1\%$ nicht signifikant unterschiedlich. Aber C_{19} benötigt weniger Segmente als S_{15} bzw. C_{15} . Bei höheren Werten

für CR_{\min} zeigt sich deutlich, dass C_{19} signifikant höhere Qualitätswerte erreicht als S_{15} und C_{15} . C_{19} vereinfacht die Klassifikation, da er bei wenig Rauschen nur wenige große Segmente pro Referenzsegment erzeugt. Insgesamt ist C_{19} mit Vorverarbeitung den anderen CSC-Varianten vorzuziehen. Die C_{19} -Segmentierungen mit Vorverarbeitung zeigen eine höhere Segmentierungsqualität bei gleichzeitig weniger verwendeten Segmenten.

d	Zelle	$CR_{\min} = 0$		$CR_{\min} = 0,1\%$		$CR_{\min} = 1\%$		$CR_{\min} = 10\%$	
		CR	#	CR	#	CR	#	CR	#
2	S_{15}	100,00	15,60	99,78	10,25	97,53	4,45	86,81	1,35
2	C_{15}	100,00	16,40	99,80	11,10	97,08	4,35	86,99	1,30
2	C_{19}	100,00	1,00	100,00	1,00	100,00	1,00	100,00	1,00
1	S_{15}	100,00	17,25	99,76	9,75	97,61	3,50	91,40	1,25
1	C_{15}	100,00	19,40	99,72	10,40	97,67	3,75	91,04	1,65
1	C_{19}	100,00	1,00	100,00	1,00	100,00	1,00	100,00	1,00

Tabelle 4.5.: Evaluation der mit Schwellwert $t = 0$ segmentierten originalen Geflechtbilder. ER_{\max} wurde für die Evaluation auf 50 % gesetzt

Abschließend sind in Tabelle 4.5 die Ergebnisse der Segmentierungen von den originalen (nicht verfremdeten) Geflechtbildern mit Schwellwert $t = 0$ dargestellt. Für die Evaluationsmethode wurde $ER_{\max} = 50\%$ gesetzt. Dies ist aber irrelevant, da ein Segment, wegen $t = 0$, bezüglich eines Referenzsegments nur eine *Error Rate* von 0% oder 100% aufweisen kann. Für CR_{\min} wurden 0%, 0,1%, 1% und 10% verwendet. Für $CR_{\min} = 0\%$ zeigt sich, dass alle drei CSC-Varianten eine *Coverability Rate* von 100% erreichen. Die C_{19} -Segmentierungen benötigen aber nur ein Segment pro Geflecht. In den S_{15} -/ C_{15} -Segmentierungen sind dafür durchschnittlich rund 17 Segmente pro Geflecht notwendig. Davon sind durchschnittlich rund sieben (13) Segmente pro Geflecht kleiner als 0,1% (1%) des Geflechtvolumens. Der Einfluss der fehlenden Dichte eigenschaft auf die S_{15} -/ C_{15} -Segmentierungen macht sich bemerkbar. Während der Segmentierung der „dünnen“ Geflechte, ist das indirekte Verschmelzen von Teilsegmenten um eine Barriere herum fast nicht möglich. Völlig ausgeschlossen ist es allerdings nicht.

4.9.4. Evaluation: Segmentierung eines 3D-Gehirndatensatzes

Im Rahmen des Projektes 3D-RETISEG wurde mit der gleichen Evaluationsmethode die Segmentierung eines realistischen Gehirnphantoms bewertet.

[CZK⁺98] erzeugten auf Basis von 27 hochauflösenden (1 mm isotropische Voxel) T1-Scans eines menschlichen Gehirns einen rauscharmen Datensatz. Auf Basis dieses Datensatzes wurden mittels manueller, semiautomatischer und automatischer Klassifikationsmethoden Referenzklassifikationen (siehe Abbildung 4.10a) von verschiedenen Gewebearten (u. a. graue Gehirnmasse, weiße Gehirnmasse, Gehirnflüssigkeit und Fett) erzeugt. [KEP96] erzeugen unter Verwendung eines realistischen MR-Scanner-Modells aus dem Gehirnphantom von [CZK⁺98] einen simulierten MR-Gehirndatensatz. Im Web-Interface des Simulators lassen sich die Stärke des Rauschens n , die Schichtdicke d und die durch die Magnetspulen erzeugten räumlichen

Intensitätsinhomogenitäten RF einstellen. Für die nachfolgende Untersuchung wurde ein simulierter Datensatz (siehe Abbildung 4.10b) mit typischen Parametern verwendet ($n = 3\%$, $RF = 20\%$, $d = 1$ mm). Die Evaluierung wurde nur für die beiden größten Referenzsegmente (weiße und graue Gehirnmasse) durchgeführt. Der simulierte MR-Gehirndatensatz wurde mit allen drei CSC-Varianten segmentiert. Die Schwellwerte der Segmentierungen variieren von sechs bis 20. Für jede der drei CSC-Varianten wurde die Ähnlichkeitsschwelle gewählt, so dass die *Similarity* zwischen der Segmentierung mit Ähnlichkeitsschwelle t und der Referenzsegmentierung möglichst groß wird (siehe Abbildung 4.10c+d). Die Ergebnisse sind in Tabelle 4.6 dargestellt.

$CR_{\min} = 0,1\%$										
Zelle	Ohne Vorverarbeitung					Mit Vorverarbeitung				
	t	CR	ER	SIM	#	t	CR	ER	SIM	#
S_{15}	11,00	86,50	4,06	82,86	1,50	10,00	92,42	5,18	87,36	2,50
C_{15}	14,00	88,11	5,17	83,29	2,50	10,00	92,15	5,21	87,07	3,00
C_{19}	10,00	84,58	3,84	80,98	3,50	12,00	93,53	5,83	87,69	1,00
$CR_{\min} = 1\%$										
Zelle	Ohne Vorverarbeitung					Mit Vorverarbeitung				
	t	CR	ER	SIM	#	t	CR	ER	SIM	#
S_{15}	11,00	86,50	4,06	82,86	1,50	10,00	91,98	5,18	86,95	1,50
C_{15}	14,00	87,91	5,14	83,13	1,50	10,00	91,62	5,15	86,63	1,50
C_{19}	10,00	84,02	3,77	80,48	1,00	12,00	93,53	5,83	87,69	1,00
$CR_{\min} = 10\%$										
Zelle	Ohne Vorverarbeitung					Mit Vorverarbeitung				
	t	CR	ER	SIM	#	t	CR	ER	SIM	#
S_{15}	12,00	86,53	4,30	82,67	1,00	10,00	90,26	4,85	85,66	1,00
C_{15}	14,00	87,08	5,05	82,41	1,00	11,00	90,12	5,33	85,04	1,00
C_{19}	10,00	84,02	3,77	80,48	1,00	12,00	93,53	5,83	87,69	1,00

Tabelle 4.6.: Evaluation des simulierten Gehirndatensatzes mit $CR_{\min} \in \{0,1\%, 1\%, 10\%\}$ und $ER_{\max} = 20\%$

Ohne Vorverarbeitung sind, unabhängig vom Evaluationsparameter CR_{\min} , die S_{15} -/ C_{15} -Segmentierungen besser als die C_{19} -Segmentierungen. Mit Vorverarbeitung dagegen sind die C_{19} -Segmentierungen besser. Die C_{19} -Segmentierungen erreichen eine durchschnittliche *Coverability Rate* von 93,53% bei einer durchschnittlichen *Error Rate* von 5,83% mit jeweils nur einem Segment für weiße und graue Gehirnmasse. Für eine ähnlich gute Qualität sind für die S_{15} -/ C_{15} -Segmentierungen durchschnittlich zwei bis drei Segmente notwendig. Abbildung 4.10c bis e zeigt einen Schnitt durch die jeweilige beste Segmentierung der drei CSC-Varianten mit Vorverarbeitung. Den visuell besten Eindruck macht die C_{19} -Segmentierung. Hier zeigt sich aber auch, dass auch die S_{15} -/ C_{15} -Segmentierungen durchaus in der Praxis angewendet werden können.

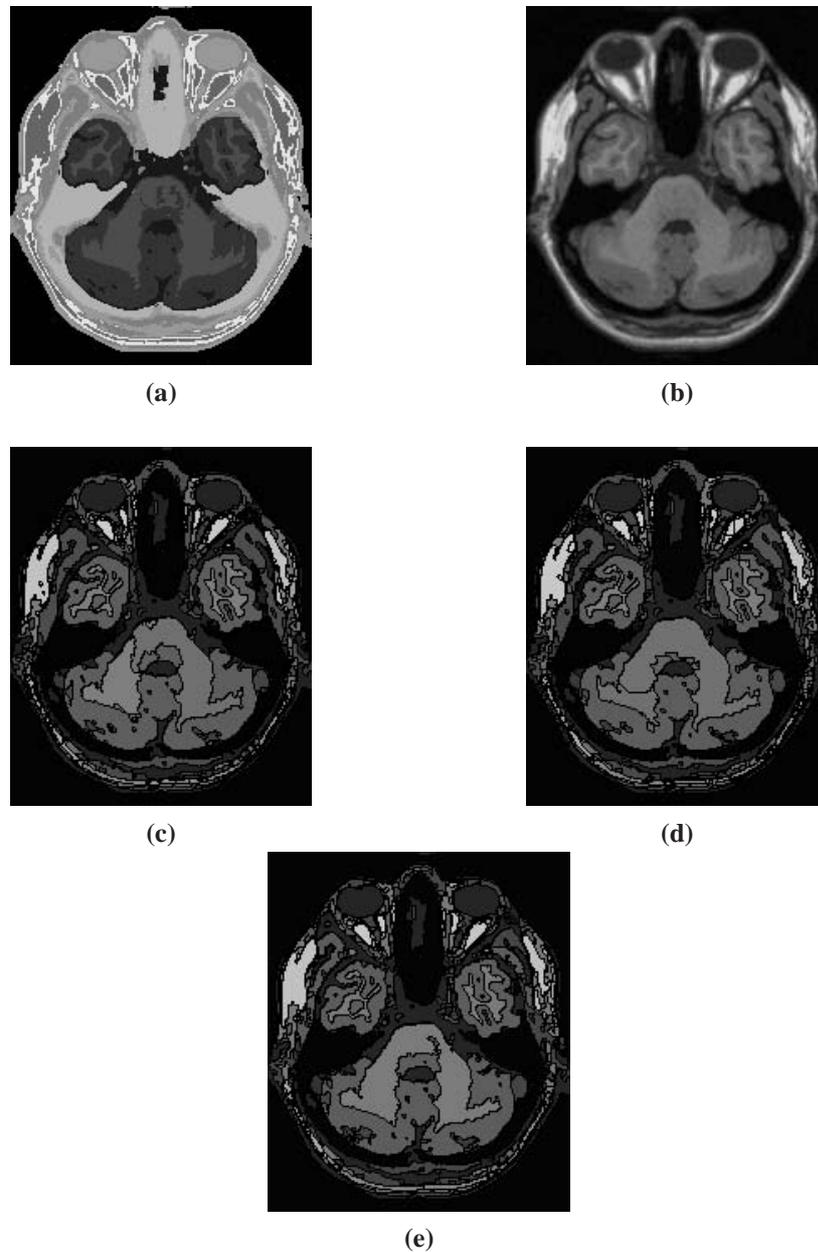


Abbildung 4.10.: Diese Abbildungen zeigen jeweils einen 2D-Schnitt ($z = 35$) durch einen 3D-Datensatz. (a) Klassifizierter Datensatz. (b) Simulierter MR-Datensatz. (c) S_{15} -segmentierter Datensatz mit Vorverarbeitung (Schwellwert 10). (d) C_{15} -segmentierter Datensatz mit Vorverarbeitung (Schwellwert 10). (e) C_{19} -segmentierter Datensatz mit Vorverarbeitung (Schwellwert 12)

4.10. Zusammenfassung

Es wurden verschiedene Verfahren sowohl zur Überprüfung der Ähnlichkeit zwischen überlappenden Teilsegmenten, als auch zum optimalen Trennen sich überlappender, jedoch nicht ähnlicher Segmente entwickelt. Dabei zeigte sich, dass die Unterschiede zwischen den einzelnen Varianten nicht gravierend sind, so dass Algorithmen als Standardeinstellung festgelegt werden konnten, die einen guten Kompromiss zwischen Qualität der Segmentierung und benötigter Laufzeit bieten.

Eine starke Verbesserung der Segmentierungsergebnisse kann in den meisten Einsatzszenarien durch Anwendung kantenerhaltender Glättungsfilter erreicht werden. Hierzu wurden verschiedene Filter implementiert und getestet. Der 3D-Kuwahara-Filter zeigte hierbei sehr gute Ergebnisse bei geringer Laufzeit.

CSC-Segmentierungen basierend auf den S_{15} - und C_{15} -Zellhierarchien erzeugen aufgrund der Verletzung der Dichteigenschaft eine geringe Übersegmentierung, die durch eine Nachbehandlung behoben werden muss. Es wurde die neue C_{19} -Zellhierarchie entwickelt, die dieses Problem nicht aufweist. Durch den komplexeren Aufbau der C_{19} -Hierarchie wird jedoch die Laufzeit erhöht und die Implementation stark verkompliziert. Die drei Zellhierarchien wurden auf Referenzdatensätzen evaluiert, dabei zeigte sich, dass C_{19} die besten Ergebnisse liefert. Die Unterschiede sind jedoch gering, so dass auch die S_{15} -/ C_{15} -Segmentierungen als praxistauglich angesehen werden können.

5. CSC-basierte Klassifikationsverfahren

Im Rahmen des Projektes 3D-RETISEG wurden zwei Anwendungsfälle für die Klassifikation fokussiert. Im ersten Anwendungsfall wurde ein automatisches Klassifikationsverfahren auf Basis des CSC zur Unterscheidung von grauer und weißer Gehirnmasse in MR-Kopfbildern entwickelt (siehe Abschnitt 5.1). Im zweiten Anwendungsfall wurde ein automatisches Klassifikationsverfahren zur Unterscheidung von weichem Gewebe, Knochen und eingeschlossenen Lufträumen in 3D-CT-Bildern entwickelt (siehe Abschnitt 5.5).

5.1. Gehirnklassifikator

Es wurde ein Klassifikator zur Detektion von grauer und weißer Gehirnmasse in MR-Kopfbildern entwickelt und implementiert.

Im ersten Schritt wird das original MR-Kopfbild durch Reduzierung des Rauschens (Kuwaharafilter) verbessert. Zusätzlich führen Inhomogenitäten der Magnetfeldspulen zu einem dem Bild überlagerten Biasfeld. Dadurch können zum Teil starke Intensitätsschwankungen innerhalb einer Gewebeart vorkommen. Diese Intensitätsschwankungen beeinflussen insbesondere die Qualität der Segmentierung und damit auch die Qualität der Klassifikation. Eine vor der Segmentierung durchgeführte Biasfeldkorrektur (siehe Abschnitt 5.1.1) reduziert diesen Effekt.

Im zweiten Schritt wird eine CSC-Segmentierung auf dem biasfeldkorrigierten Bild durchgeführt. Die Ähnlichkeitsschwelle (siehe Abschnitt 5.1.3) für den CSC wird automatisch aus dem Histogramm des biasfeldkorrigierten Bildes berechnet.

Die CSC-Segmente werden vorläufig in nicht-Gehirn, graue Gehirnmasse und weiße Gehirnmasse klassifiziert. Dazu werden aus dem Grauwert-Histogramm des biasfeldkorrigierten Bildes mit einer Histogrammanalyse (siehe Abschnitt 5.1.2) Grauwertintervalle für graue und weiße Gehirnmasse ermittelt. Die Klassifikation eines Segmentes erfolgt über dessen mittleren Grauwert. Fällt der mittlere Grauwert eines Segments in das Grauwertintervall für graue (bzw. weiße) Gehirnmasse so wird das komplette Segment als graue (bzw. weiße) Gehirnmasse klassifiziert. Da Bereiche im Schädelgewebe Grauwerte aus den Grauwertintervallen von grauer und weißer Gehirnmasse annehmen können, kommt es hier zwangsläufig zu Fehlklassifikationen. Zudem können Segmente über sogenannte Grauwertbrücken Bereiche des Schädels und Bereiche Gehirns miteinander verschmelzen. Die Extraktion des Gehirns vom restlichen Schädel geschieht über morphologische Operationen (siehe Abschnitt 5.1.4).

5.1.1. Biasfeldkorrektur

Durch Inhomogenitäten der Spulen eines Magnetresonanztomographen sind die erzeugten Magnetfelder nicht völlig homogen. Diese Inhomogenitäten verursachen ein sogenanntes Biasfeld, das dem eigentlichen Bildsignal multiplikativ überlagert ist. Das Biasfeld selbst ist niederfrequent, das heißt seine Stärke ändert sich lokal nur sehr wenig. Die Überlagerung des Biasfelds mit dem eigentlichen Signal führt zu Schwierigkeiten bei der Segmentierung und Klassifikation von Gewebe. Ein Gewebetyp, wie zum Beispiel graue oder weiße Gehirnmasse, ist durch das Biasfeld selbst nicht mehr homogen. Grauwertbereiche von eigentlich unterscheidbaren Geweben überlagern sich.

Im Projekt 3D-RETISEG wurde daher eine Biasfeld-Korrektur aus der Literatur implementiert. Das Verfahren wurde von Vovk et al [VPL04] vorgestellt. Das verwendete Modell des Biasfeld lässt sich mit der Gleichung

$$u(x) = v(x) \cdot f(x) + n(x) \quad (5.1)$$

beschreiben. Dabei ist $u(x)$ der gemessene Grauwert, $v(x)$ der unverfälschte Grauwert, $f(x)$ die Stärke des Biasfeldes und $n(x)$ das additive Rauschen jeweils an Position x . Additives Rauschen, Biasfeld und korrektes Bildsignal sind dabei unbekannt. Das additive Rauschen lässt sich durch Anwendung des Kuwaharafilts eliminieren.

Die Gleichung 5.1 vereinfacht sich dann zu:

$$u(x) = v(x) \cdot f(x) \quad (5.2)$$

Auf das gemessene Bildsignal u wird ein Laplacefilter L angewandt, um die zweite Ableitung $d_u = L(u)$ von u zu bestimmen. Ausgehend von u und dessen zweiten Ableitung d_u wird ein zweidimensionales Histogramm P_u bestimmt. $P_u(g, d)$ gibt an wie viele Voxel von u , den Grauwert g und die zweite Ableitung d besitzen. Im Gegensatz zu einem reinen Grauerthistogramm, fallen Voxel mit gleichem Grauwert aber unterschiedlicher zweiter Ableitung in unterschiedliche Bins. Die zweite Ableitung wird hier als ein weiteres Unterscheidungsmerkmal genutzt. Es wird angenommen, dass die Voxel einer Gewebeklasse, z.B. weiße Gehirnmasse, im Histogramm P_u in benachbarte Bins fallen.

Mittels des Histogramm P_u werden für jedes Voxel aus u Korrekturkräfte in Abhängigkeit von dessen Grauwert und zweiter Ableitung bestimmt:

$$F_u(x) = \frac{1}{|u|} \cdot \left(\frac{\partial}{\partial g} \ln P_u \right) (u(x), d_u(x)) \quad (5.3)$$

Die Korrekturkräfte F_u werden mit einem Gaußfilter G_{σ^2} geglättet, um ihren Einflussbereich zu erweitern. Das inverse Biasfeld f_u^{-1} von u wird direkt aus dem geglätteten Korrekturkräften $G(F_u)$ gewonnen:

$$f_u^{-1} := 1 + \frac{k}{\mu_{F_u}} \cdot G_{\sigma^2}(F_u) \quad (5.4)$$

Die gaußgeglätteten Korrekturkräfte $G_{\sigma^2}(F_u)$ werden zunächst mit dem reziproken Mittelwert μ_{F_u} von F_u normiert und mit einem Kontrollparameter $0 < k \leq 1$ multipliziert. Alle Kräfte liegen jetzt im Wertebereich von $[-1, 1]$. Um das normierte Kräftefeld als inverses Biasfeld verwenden zu können, werden alle normierten Kräfte

um eins erhöht. Das inverse Biasfeld f_u^{-1} kann zur Korrektur mit dem gemessenen Bild u multipliziert werden:

$$u' := C \cdot u \cdot f_u^{-1} \text{ mit } C = \frac{\mu_u}{\mu_{u \cdot f_u^{-1}}} \quad (5.5)$$

Der multiplikative Faktor C normiert das korrigierte Bild u' , so dass der Mittelwert von u' und u identisch ist.

Die Korrektur ist nicht mit einmaliger Bestimmung des inversen Biasfelds erledigt. Vielmehr muss das Biasfeld iterativ immer wieder neu bestimmt werden. Zu Anfang der Iteration wird das korrigierte Bild $u_0 = u$ gesetzt. Das korrigierte Bild u_{i+1} im $i + 1$ -te Iterationsschritt berechnet sich nun zu:

$$u_{i+1} = C \cdot u_i \cdot f_{u_i}^{-1} \text{ mit } C := \frac{\mu_{u_i}}{\mu_{u_i \cdot f_{u_i}^{-1}}} \quad (5.6)$$

Um das Verfahren von Vovk et al automatisch terminieren lassen zu können, wurde im Projekt 3D-RETISEG das Verfahren um ein automatisches Konvergenzkriteriums erweitert:

$$D_i := \mu_{f_{u_i}^{-1}} \quad (5.7)$$

Für die aktuellsten fünf Iterationsschritte $i - 4, \dots, i$ wird durch die Koordinaten $(i - 4, D_{i-4}), (i - 3, D_{i-3}), \dots (i, D_i)$ eine Regressionsgerade gelegt. Ist die Steigung dieser Regressionsgeraden unter einem vorgegebenen Schwellwert δ_{stop} terminiert die Biasfeldkorrektur.

Um diese recht aufwendige Biasfeldkorrektur zu beschleunigen, wird das MR-Bild um Faktor 3 herunterskaliert. Da das Biasfelds lokal nur wenig variiert genügt diese Approximation.

5.1.2. Histogrammanalyse

Zur Bestimmung der Grauwertbereiche von grauer und weißer Gehirnmasse in einem MR-Kopfeld wurde im Projekt 3D-RETISEG eine Histogrammanalyse basierend auf dem Verfahren von Carlotto [Car87] implementiert. Das Verfahren findet auch Anwendung bei der Bestimmung einer automatischen Ähnlichkeitsschwelle für den 3D-CSC (siehe Abschnitt 5.1.3).

Im Histogramm eines T1-gewichteten MRT-Bildes des menschlichen Kopfes sind in der Regel 5 Peaks zu beobachten, die folgenden Gewebetypen im menschlichen Kopf zugeordnet werden können: Luft (L), Gehirnflüssigkeit (CSF=cerebrospinal fluid), graue Gehirnmasse (GM), weiße Gehirnmasse (WM) und Fett (F). Wegen Messfehler, z.B. Abtastung, und wegen der Inhomogenität der Magnetspulen, überlappen sich die Grauwertbereiche der einzelnen Gewebeklassen. Oftmals ist der Peak für CSF nur schwer zu sehen. Für die Klassifikation werden Schwellwerte gesucht, die die fünf Gewebeklassen im Histogramm möglichst gut voneinander trennen. Dabei wird angenommen, dass die Peaks annähernd gaußverteilt sind und das Histogramm durch 5 überlagerte Gaußkurven $G_{\hat{\mu}_c, \hat{\sigma}_c^2}$ approximiert werden kann:

$$h \approx \sum_{c \in \{L, CSF, GM, WM, F\}} \hat{w}_c \cdot G_{\hat{\mu}_c, \hat{\sigma}_c^2} \quad (5.8)$$

mit

$$G_{\mu_c, \sigma_c^2} := \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_c^2}} \cdot e^{-\frac{(g-\mu_c)^2}{2\sigma_c^2}} \quad (5.9)$$

Jede Gaußkurve wird durch drei Parameter beschrieben. $\hat{\mu}_c$ gibt den Mittelwert, $\hat{\sigma}_c^2$ die Varianz und \hat{w}_c die Gewichtung von $G_{\hat{\mu}_c, \hat{\sigma}_c^2}$ an. Die Approximation eines relativen Grauerthistogramms h durch n Gaußkurven wird in dem implementierten Verfahren in zwei Schritten durchgeführt. Im ersten Schritt werden der Mittelwert $\hat{\mu}_c$ und Varianz $\hat{\sigma}_c^2$ sowie die Gewichtung \hat{w}_c einer jeden Gaußkurve $G_{\hat{\mu}_c, \hat{\sigma}_c^2}$ geschätzt. Im zweiten Schritt werden die geschätzten Gaußkurven mittels des EM-Algorithmus optimal an h angepasst.

Schätzung der Gaußparameter Das Histogramm h ist für gewöhnlich ver-rauscht. Um die 5 signifikantesten Peaks in h trotzdem detektieren zu können, wird h durch mehrere Gaußfilter mit unterschiedlich großer Varianz $\sigma^2 \in \mathbb{N}$ geglättet. h_{σ^2} bezeichnet das durch den Gaußfilter mit Varianz σ^2 geglättete Histogramm h . Durch die iterative Erhöhung von σ^2 , beginnend mit 1, wird das Histogramm h solange gefiltert, bis σ^2 einen Wert erreicht (hier σ_{top}^2 genannt), bei dem die Filterung so stark ist, dass das geglättete Histogramm $h_{\sigma_{top}^2}$ nur noch maximal 5 Peaks enthält und alle nicht-signifikanten Peaks verschwunden sind. Ist der CSF-Peak nur schwach ausgeprägt, wird auch er während des Glättungsprozesses verschwinden. In dem Fall können zunächst nur 4 Peaks detektiert werden. Alle Glättungen von h zusammengenommen, werden als *Scalespace* von h bezeichnet.

Jeder Peak ist durch seinen linken und rechten Wendepunkt eingeschlossen. Die Wendepunkte lassen sich durch die Bestimmung der Nullstellen der zweiten Ableitung von $h_{\sigma_{top}^2}$ ermittelt. Ein Nullübergang vom Positiven ins Negative in der zweiten Ableitung definiert den linken Wendepunkt *LWP* und ein Nullübergang vom Negativen ins Positive den rechten Wendepunkt *RWP* eines Peaks. Nach Carlotto ist die Bestimmung der Wendepunkte robuster als die direkte Bestimmung der lokalen Maxima über die erste Ableitung.

Im geglätteten Histogramm $h_{\sigma_{top}^2}$ werden maximal 5 Wendepunktpaare (LWP_c, RWP_c) detektiert. Um diese genauer zu lokalisieren, werden sie über den kompletten Scale Space ausgehend von $h_{\sigma_{top}^2}$ bis ins Originalhistogramm h zurückverfolgt. Diese Zurückverfolgung führt zu einer exakten Bestimmung der Positionen der Wendepunkte.

Der Erwartungswert $\hat{\mu}_c$ der approximierenden Gaußkurven G_{μ_c, σ_c^2} eines Peaks c wird aus dem zugehörigen Wendepunktpaar (LWP_c, RWP_c) berechnet:

$$\hat{\mu}_c := \frac{1}{\sum_{i=LWP_c}^{RWP_c} h(i)} \cdot \sum_{i=LWP_c}^{RWP_c} i \cdot h(i) \quad (5.10)$$

Da ein schwacher CSF-Peak in der Praxis nicht detektiert werden kann, da er mit dem Luft-Peak verschmilzt, wird in diesem Fall $\mu_{\hat{C}_{SF}}$ aus den den Mittelwerten der „benachbarten Peaks“ $\hat{\mu}_L$ und $\hat{\mu}_M$ gemittelt:

$$\hat{\mu}_{CSF} := \frac{\hat{\mu}_L + \hat{\mu}_{GM}}{2} \quad (5.11)$$

Um die Varianz $\hat{\sigma}_c^2$ und die Gewichtung w_c zu schätzen, wird für jede Klasse ein möglichst großes Intervall $[L, R]_c$ um $\hat{\mu}_c$ festgelegt, wobei die Intervalle der einzelnen Klassen sich nicht überlappen dürfen:

$$[L, R]_c := \begin{cases} [0, 0.5 \cdot (\hat{\mu}_L + \hat{\mu}_{CSF})] & , \text{ falls } c = L \\ [0.5 \cdot (\hat{\mu}_L + \hat{\mu}_{CSF}), 0.5 \cdot (\hat{\mu}_{CSF} + \hat{\mu}_{GM})] & , \text{ falls } c = CSF \\ [0.5 \cdot (\hat{\mu}_{CSF} + \hat{\mu}_{GM}), 0.5 \cdot (\hat{\mu}_{GM} + \hat{\mu}_{WM})] & , \text{ falls } c = GM \\ [0.5 \cdot (\hat{\mu}_{GM} + \hat{\mu}_{WM}), 0.5 \cdot (\hat{\mu}_{WM} + \hat{\mu}_F)] & , \text{ falls } c = WM \\ [0.5 \cdot (\hat{\mu}_{WM} + \hat{\mu}_F), \text{MAXGRAYVALUE}] & , \text{ falls } c = F \end{cases} \quad (5.12)$$

Innerhalb dieser Intervalle wird die Varianz und Gewichtung in h einer jeden Gaußkurve (bzw. Klasse) geschätzt:

$$\hat{w}_c := \sum_{g \in [L, R]_c} h(g) \quad (5.13)$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = \frac{1}{\hat{w}_c} \cdot \sum_{g \in [L, R]_c} (h(g) - \hat{\mu}_c)^2 \quad (5.14)$$

Optimierung der Schätzwerte Die im letzten Schritt geschätzten Parameter der 5 Gaußkurven werden mit dem Expectation-Maximization-Algorithmus iterativ an das Histogramm angepasst. Konnte der CSF-Peak bei der Parameterschätzung nicht detektiert werden, wird der Hintergrundpeak „fixiert“, d.h. seine Parameter werden nicht weiter optimiert. Ohne diese Einschränkung würde der EM-Algorithmus keine sinnvollen Ergebnisse liefern. Die Standardabweichung des Luft-Peaks wird um den Faktor 1.5 vergrößert, da der Peak tendenziell zu schmal geschätzt wird.

Bestimmung der Schwellwerte Die gesuchten Schwellwerte, die die einzelnen Grauwertklassen voneinander trennen, werden nun durch die Schnittpunkte von unmittelbar benachbarten Gaußkurven berechnet.

5.1.3. Segmentierung

Wahlweise kommt für die Segmentierung der in Kapitel 3 beschriebene S_{15}/C_{15} - bzw. C_{19} -CSC zum Einsatz. Als Ähnlichkeitskriterium wird der einfache Grauwertabstand verwendet, d.h. zwei Grauwerte sind ähnlich, wenn ihr Abstand unter einer Ähnlichkeitsschwelle T liegt. Für die Mittelung der Grauwerte während Segmentierung wird die einfache Gewichtung verwendet.

Damit der Klassifikator automatisiert arbeiten kann, wurden zwei eigene Verfahren zur automatischen Bestimmung der Ähnlichkeitsschwelle implementiert.

Ähnlichkeitsschwellenbestimmung auf Basis des Hintergrundrauschens

In diesem Verfahren wird die Histogrammanalyseverfahren aus Abschnitt 5.1.2 angewendet, um die Varianz $\hat{\sigma}_L^2$ des Luft-Peaks zu bestimmen. Die Varianz des Luft-Peaks gibt Auskunft über das vorliegende additive Rauschen. Die Ähnlichkeitsschwelle T_{BG} wird proportional zu $\hat{\sigma}_L^2$ festgelegt, um das Rauschen für die Segmentierung zu kompensieren:

$$T_{BG} := p_{BG} \cdot \hat{\sigma}_L^2 \quad (5.15)$$

Der Faktor p_{BG} wird per Default auf 1.15 gesetzt. Bei starkem Rauschen liegt die Ähnlichkeitsschwelle höher als bei niedrigem Rauschen.

Ähnlichkeitsschwellenbestimmung auf Basis des minimalen Klassenabstands

In diesem Verfahren wird der minimale Abstand zweier Peaks im Histogramm bestimmt (minimaler Klassenabstand). Dazu wird die Histogrammanalyseverfahren aus Abschnitt 5.1.2 angewendet. Der minimale Klassenabstand Δ_{min} berechnet sich wie folgt:

$$\Delta_{min} := \min\{|\hat{\mu}_{c_1}, \hat{\mu}_{c_2} \mid c_1, c_2 \in \{L, CSF, GM, WM, F\} \wedge c_1 \neq c_2\} \quad (5.16)$$

Damit in der Segmentierung Grauwerte von unterschiedlichen Klassen möglichst nicht miteinander verschmelzen, muss die Ähnlichkeitsschwelle zumindest kleiner als Δ_{min} gewählt werden. Wir setzen für die Ähnlichkeitsschwelle T_{CC} :

$$T_{CC} := 0.25 \cdot \Delta_{min} \quad (5.17)$$

Dynamische Bestimmung der Ähnlichkeitsschwelle

Es wurde außerdem versucht eine neue Ähnlichkeitsfunktion entwickelt und implementiert, die nicht einen globalen Schwellwert verwendet, sondern mit einer so genannten Schwellwertkarte arbeitet. Die Schwellwertkarte gibt an, in welchen Bereichen des Bildes welcher Schwellwert verwendet werden soll. In kontrastarmen Bereichen wird ein kleiner Schwellwert in der Schwellwertkarte eingetragen. In Bereichen mit starkem Kontrast wird der Schwellwert höher gewählt. Die Schwellkarte wird, wie folgt, algorithmisch bestimmt: Das zu segmentierende Bild wird in sich überlappende kubische Teilbilder zerlegt. Die Größe der Teilbilder und die Größe ihres Überlappungsbereich sind parametrisierbar. Auf jedes dieser Teilbilder wird das oben beschriebene, automatische Verfahren zur Bestimmung eines globalen Schwellwerts separat angewandt. Jedes Teilbild erhält somit einen eigenen Schwellwert. Im Überlappungsbereich mehrerer Teilbilder werden die unterschiedlichen Schwellwerte interpoliert. Die Schwellwerte für höhere Hierarchieebenen werden durch Verkleinerung der Auflösung der Schwellwertkarte erreicht.

Die Erwartungen, dass dynamische Schwellwerte in Abhängigkeiten des Bildinhalts zu einer Verbesserung der Segmentierung führen, konnten nicht bestätigt werden. Die anderen beiden Verfahren zur Bestimmung einer globalen Ähnlichkeitsschwelle sind dagegen gleichermaßen für die Segmentierung geeignet (vergl. Abschnitt 5.2.1).

5.1.4. Klassifikation

Die Segmentierung selbst ist noch keine fertige Klassifikation, da die graue und weiße Gehirnmasse in der Regel in mehrere Segmente zerfallen. Zudem können graue Gehirnmasse und Muskelgewebe des Schädels durch sogenannte Grauwertbrücken in der Segmentierung verschmelzen.

Die entwickelte und implementierte Klassifikationsmethode führt zunächst eine vorläufige Klassifikation der Segmente in Nicht-Gehirn, in graue und in weiße Gehirnmasse durch. Etwaige Grauwertbrücken werden dabei mittels morphologischer Operationen aufgetrennt. Segmente können dabei wieder zerfallen.

Vorläufige Klassifikation Die Histogrammanalyse (vergl. Abschnitt 5.1.2) liefert bereits Schwellwerte, die die Grauwertbereiche der grauen Gehirnmassen gegenüber der CSF und die Grauwertbereiche der weißen Gehirnmasse gegenüber Fett abgrenzen. Mittels dieser Schwellwerte werden die Segmente in Segmente der grauen bzw. weißen Gehirnmasse und in Nicht-Gehirnsegmente klassifiziert. Als Entscheidungsgrundlage dient dabei der mittlere Grauwert eines jeden Segments.

Morphologische Gehirnextraktion Aus der vorläufigen Klassifikation wird ein Binärbild G wie folgt erzeugt: Jedes Voxel, das zu einem Segment der weißen oder grauen Gehirnmasse gehört, ist in G gesetzt, alle anderen Voxel sind nicht gesetzt. Die größte Zusammenhangskomponente in G umfasst das Gehirn. Da das Gehirn aber über Grauwertbrücken mit dem Schädel verschmelzen kann, wird auf G eine Erosion mit einem kugelförmigen Strukturelement K mit Radius 5 Voxel angewendet. Die Grauwertbrücken werden durch die Erosion geöffnet. Die größte Zusammenhangskomponente verbleibt in G , alle anderen Zusammenhangskomponenten werden entfernt. Um das erodierte Gehirn in G wieder zu rekonstruieren, wird eine Dilatation mit dem gleichen kugelförmigen Strukturelement K durchgeführt. Durch diese morphologischen Operationen können leider auch kleinere Strukturen am Rande des Gehirns verloren gehen. Um diese zu rekonstruieren werden vier konditionelle Dilatationen mit einem kugelförmigen Strukturelement mit Radius 1 durchgeführt. Konditionell bedeutet, dass nur Voxel zu G hinzukommen, die vorher schon mal in G gesetzt waren und nur durch die Erosion aus G entfernt wurden.

Klassifikation Aus der vorläufigen Klassifikation und dem Binärbild G wird die abschließende Klassifikation berechnet. Jedes Voxel, das in G gesetzt ist und in der vorläufigen Klassifikation zu einem Segment der grauen (bzw. weißen) Gehirnmasse gehört, wird als graue (bzw. weiße) Gehirnmasse klassifiziert. Alle anderen Voxel werden als Nicht-Gehirn klassifiziert.

5.2. Evaluation der Gehirnklassifikation

Es wurden im Zusammenhang mit der Gehirnklassifikation unterschiedliche Fragestellungen untersucht:

- Welches der beiden Verfahren zur Ähnlichkeitsschwellenbestimmung ist am Besten geeignet (siehe Abschnitt 5.2.1)?

- Führt eine Biasfeldkorrektur zu verbesserten Klassifikationsergebnissen (siehe Abschnitt 5.2.2) ?
- Wie gut ist die Biasfeldkorrektur im Vergleich zu einer anderen bekannten Methode (siehe Abschnitt 5.2.3)?
- Wie gut ist die entwickelte Methode im Vergleich zu einer Standardmethode zur Gehirnklassifikation (siehe Abschnitt 5.2.4) ?

Für die Evaluation stand ein simulierter $T1$ -gewichteter Gehirndatensatz mit gegebener Referenzsegmentierung in unterschiedlichen Verfremdungsstufen zur Verfügung. Dieser Datensatz (Brainweb) kann unter <http://www.bic.mcgill.ca/brainweb/selectionnormal.html> heruntergeladen werden. Die Auflösung des Datensatzes beträgt $181 \times 217 \times 181$ Voxel bei einer Schichtdicke von $1mm$. Der Datensatz kann auf der angegebenen Webseite mit Rauschen in 6 (0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%) und durch das Hinzufügen von Intensitätshomogenitäten (Biasfeld) in 3 Stärkestufen (0%, 20%, 40%) verfremdet werden. Beim Vergleich einer Klassifikation mit einer Referenzsegmentierung wird für jede Klasse der sogenannte *Similarity Index* einer Klasse C bezüglich eines Referenzsegment R berechnet ($SI_{C,R}$):

$$SI_{C,R} := 2 \cdot \frac{|C \cap R|}{|S| + |R|} \quad (5.18)$$

Je höher der mittlere *Similarity Index* einer Klassifikation bezüglich der Referenzsegmentierung ist, desto besser ist die Klassifikation.

Außerdem standen 8 MR-Aufnahmen vom Bundeswehrzentral Krankenhaus in Koblenz (BWZK) zur Verfügung, für die allerdings keine Referenzsegmentierung existiert. Die Voxelgröße aller acht Aufnahmen beträgt $0,49mm \times 0,49mm$ bei einer Schichtdicke von $1mm$.

5.2.1. Evaluierung der Verfahren zur automatischen Ähnlichkeitsschwellenbestimmung

Es wurde für jede der 18 Verfremdungen (3 Intensitätsinhomogenitätsstufen * 6 Rauschstufen) des Brainwebdatensatzes eine Klassifikation mit der beschriebenen Methode durchgeführt. Auf den Ergebnissen wurde jeweils die Ähnlichkeitsschwelle basierend auf dem Hintergrundrauschen und basierend auf dem minimalen Klassenabstand berechnet, d.h. es wurden insgesamt 36 Schwellwerte berechnet. Mittels dieser Schwellwerte wurde sowohl eine Segmentierung mit dem S_{15} - als auch mit dem C_{19} -CSC durchgeführt. Insgesamt wurden $2 \cdot 2 \cdot 18 = 72$ Klassifikationen durchgeführt.

In 14 von 36 Fällen führte die Klassifikation unter Verwendung der Ähnlichkeitsschwelle basierend auf dem Hintergrundrauschen zu leicht besseren Ergebnissen. In 20 von 36 Fällen war die Klassifikation unter Verwendung der Ähnlichkeitsschwelle basierend auf dem minimalen Klassenabstand leicht besser. Keines der beiden Verfahren zur Bestimmung der Ähnlichkeitsschwelle kann eindeutig dem anderen vorgezogen werden und beide sind gleichermaßen geeignet. Die detaillierten Ergebnisse finden sich im Anhang A.1

5.2.2. Evaluation der Biasfeldkorrektur

Es wurde untersucht, ob die Klassifikationsergebnisse mit Biasfeldkorrektur verbessert werden konnten. Dazu wurden Klassifikation von 12 Verfremdungen des Brainweb-Datensatzes durchgeführt. Die Verfremdungen ohne überlagertes Biasfeld wurden nicht betrachtet. Die Segmentierungen wurden mit dem S_{15} -CSC durchgeführt und dessen Schwellwerte wurden mit dem Ähnlichkeitsschwellenverfahren basierend auf dem minimalen Klassenabstand berechnet. Abbildung 5.1 zeigt die Klassifikationsergebnisse anhand der durchschnittlichen SI-Werte bezüglich der Referenzsegmentierung (weiße und graue Gehirnmasse).

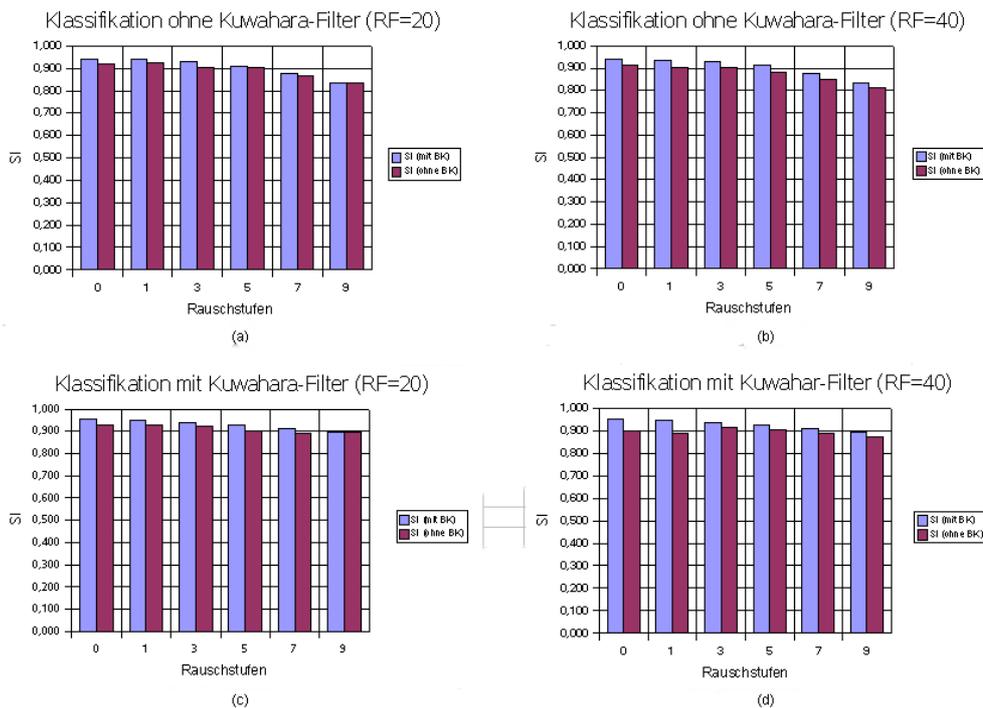


Abbildung 5.1.: Klassifikationsergebnisse mit und ohne Biasfeldkorrektur

Abbildungen 5.1a und c zeigen die Ergebnisse für ein Bild mit normal starkem (RF=20%) Biasfeld. Abbildung b und c zeigen die entsprechenden Klassifikationsergebnisse für ein Bild mit starkem Biasfeld (RF=40%). Unabhängig von der Biasfeldstärke und unabhängig davon ob eine Biasfeldkorrektur verwendet wurde, führt der Einsatz einer Kuwaharafilierung vor der Klassifikation zu einer Verbesserung der Klassifikationsergebnisse. Auch der Einsatz der vorgestellten Biaskorrektur führt konstant zu besseren Klassifikationsergebnissen. Aus diesem Grunde wird standardmäßig vor der Klassifikation eine Kuwaharafilierung und dann eine Biasfeldkorrektur durchgeführt.

5.2.3. Vergleich der verwendeten Biasfeldkorrektur mit N3

Das Experiment aus Abschnitt 5.2.2 wurde mit N3, einer bekannten Biasfeldkorrekturmethode, wiederholt. N3 steht im Internet zur freien Verfügung. Die Ergebnisse des

Experiments sind in Abbildung 5.2 dargestellt. Die Ergebnistabellen finden sich im Anhang A.3.

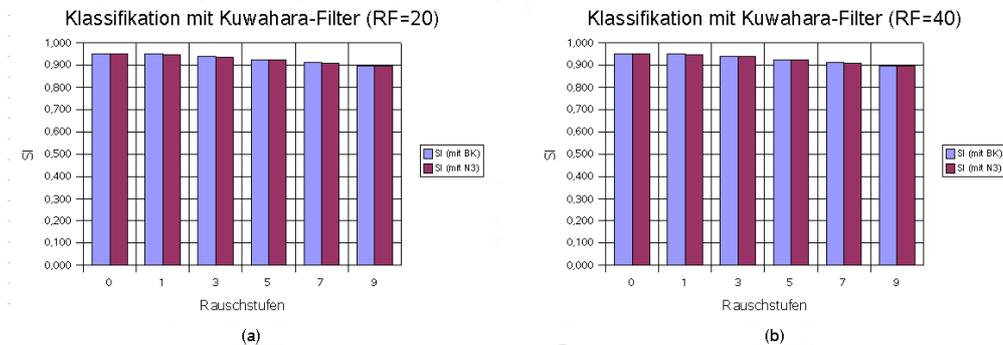


Abbildung 5.2.: Klassifikationsergebnisse mit eigener Biasfeldkorrektur und N3

Die Klassifikationsergebnisse sind fast völlig identisch. Die Klassifikationen unter Verwendung von $N3$ sind nur marginal schlechter. Beide Biasfeldkorrekturmethode sind für das vorgestellte Klassifikationsverfahren durchaus geeignet.

5.2.4. Vergleich mit SPM

Die eigens entwickelte Klassifikationsmethode auf Basis des CSC wurde mit der frei verfügbaren state-of-the-art Gehirnanalyse Software SPM Version 2[AF00] verglichen. SPM verwendet bei der Klassifikation ein Standardgehirn, das mittels Registrierungsalgorithmen an das zu klassifizierende Bild angepasst wird. Unser selbst entwickeltes Verfahren ist dabei ein sehr generelles Verfahren, das aus dem CSC und einfachen Erweiterung besteht. Es kommt komplett ohne solche a priori Informationen aus. Beide Methoden wurde mit Hilfe von Ärzten aus dem Bundeswehrzentral Krankenhaus Koblenz (BWZK Koblenz) evaluiert.

Da die Zeit der teilnehmenden Ärzte des BWZK Koblenz begrenzt war, wurde auf die Erstellung von Handsegmentierungen und auf eine vollständige Evaluation verzichtet. Stattdessen wählten Ärzte drei repräsentative Schichten in einem craniale Anatomieatlas aus und bestimmten die korrespondierenden Schichten in den Datensätzen von 8 Probanden.

Alle 8 Datensätze wurden zum einen mit SPM und zum anderen mit der eigens entwickelten Klassifikationsmethode in graue und weiße Gehirnmasse und in Nicht-Gehirn klassifiziert. In der eigenen Methode wurde sowohl der S_{15} - als auch der C_{19} -CSC angewendet. Die Ähnlichkeitsschwellen für die CSC-Segmentierungen wurden für jeden Datensatz separat basierend auf dem Hintergrundrauschen (Verfahren A) und auf dem minimalen Klassenabstand (Verfahren B) ermittelt. Zusätzlich wurden die 8 Schwellwerte aus Verfahren A bzw. Verfahren B gemittelt. Für Verfahren C (Verfahren D) wurden die Schwellwerte aus Verfahren A (Verfahren B) gemittelt und für die Segmentierung der 8 Datensätze verwendet. In allen Varianten wurde der Kuwahara-Filter und die Biaskorrektur angewandt. Es ergaben sich hier 64 3D-Klassifikationen (2 CSC-Varianten · 4 Verfahren zur automatischen Berechnung der Ähnlichkeitsschwelle · 8 Datensätze).

In einer Vorauswahl wurde von der Universität Koblenz-Landau das beste Verfahren zur Berechnung der Ähnlichkeitsschwelle ausgewählt. Dies war für die S_{15} - und C_{19} -segmentierten Klassifikationen Verfahren A.

Die 3 von den Ärzten ausgewählten Referenzschichten wurden aus den verbleibenden 24-Volumenklassifikationen entnommen und in einer Mappe zusammengestellt. Eine solche Schicht ist in der Mappe als Originalschicht plus Grenzlinien zwischen Nicht-Gehirn, grauer und weißer Gehirnmasse dargestellt. Die einzelnen Klassifikationen wurden von den Ärzten aus dem BWZK anhand eines von Dr. Wickenhöfer (BWZK Koblenz) erstellten Kriterienkatalogs evaluiert.

Kriterienkatalog

Der Kriterienkatalog umfasst 8 unterschiedliche Bewertungskriterien. Im folgenden ist a die Anzahl von unterscheidbaren solitären Regionen, die von Experten in der betrachtenden Schicht beobachtet wurden und zur grauen Gehirnmasse gehören. b ist die Anzahl der beobachtbaren CSF-Räumen in der betrachteten Schicht.

Kriterium 1 ist die Anzahl der korrekt detektierten Regionen der grauen Gehirnmasse geteilt durch a .

Kriterium 2 ist die Anzahl der partiell detektierten Regionen der grauen Gehirnmasse geteilt durch a .

Kriterium 3 ist die Anzahl der nicht detektierten Regionen der grauen Gehirnmasse geteilt durch a .

Kriterium 4 ist die Anzahl der korrekt detektierten Liquorräume durch b .

Kriterium 5 ist die Anzahl der partiell detektierten Liquorräume durch b .

Kriterium 6 ist die Anzahl der nicht detektierten Liquorräume durch b .

Kriterium 7 ist die Anzahl absoluten Fehler der Grenzlinie zwischen Medulla und Cortex

Kriterium 8 Zahl der erkannten kleineren Strukturen geteilt durch die Anzahl der vorhandenen Strukturen

Kriterium 9 Abgrenzung des gesamten Cerebrum gegen den Subarachnoidalraum

Kriterium 10 Plausibilität der gezogenen Grenzen (Vergleich mit Originalschicht)

Je höher die Werte der Kriterien 1, 4, 8 und 10 ist desto besser ist die Klassifikation. Umgekehrt stehen hohe Werte bei den Kriterien 3, 6 und 7 für eine schlechte Klassifikation. Hohe Werte bei den Kriterien 2 und 5 steht für eine mittelmäßige Klassifikation. Die Summe der Kriterien 1, 2 und 3 bzw. 4, 5 und 6 ergeben immer 100%.

Ergebnisse

Die mittleren Ergebnisse über alle 8 Datensätze sind in Tabelle 5.1 dargestellt. In Abbildung 5.3 sind die Ergebnisse für Kriterium 1, 2, 3, in Abbildung 5.4 die Ergebnisse für Kriterium 2, 3, 4, in Abbildung 5.5 die Ergebnisse für Kriterium 7 und in Abbildung die Ergebnisse für Kriterium 8 graphisch dargestellt.

Die Unterschiede zwischen SPM und den beiden Varianten der CSC-basierten Klassifikation sind kaum signifikant. Das SPM-Verfahren verwendet aber zur Klassifikation einen Gehirnatlas und ist damit sehr speziell auf eine Aufgabe hin optimiert. Die auf dem CSC basierten Klassifikation ist aber ein sehr generelles Verfahren. Mit einer

	SPM	S ₁₅ -CSC	C ₁₉ -CSC
Kriterium 1	50.5%	43.7%	57.3%
Kriterium 2	44.7%	45.6%	35%
Kriterium 3	4.9%	10.7%	7.8%
Kriterium 4	91.9%	82.6%	84.9%
Kriterium 5	8.1%	17.4%	15.1%
Kriterium 6	0%	0%	0%
Kriterium 7	15.6	18.1	12.2
Kriterium 8	2.5	1.5	1.5
Kriterium 9	15	16.3	16.2
Kriterium 10	1.9	2.2	1.9

Tabelle 5.1.: Mittelung der Ergebnisse für alle 8 Datensätze

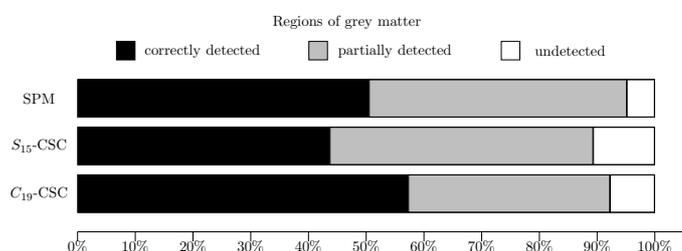


Abbildung 5.3.: Kriterium 1,2 und 3

einfachen Vorverarbeitung und Nachbearbeitung der Segmentierung wird ein mit SPM vergleichbares Ergebnis geliefert.

5.3. Handsegmentierungen

Dezember 2004 wurden drei Studenten eingestellt, die innerhalb von drei Monaten jeweils das gleiche MR-Gehirnbild von Hand in Nicht-Gehirn, graue und weiße Gehirnmasse segmentieren sollten. Zur Durchführung stand den Studenten eine Handsegmentierung eines Referenzdatensatzes zur Verfügung. Für die Erstellung der Handsegmentierung wurde VGStudioMax von VolumeGraphics eingesetzt. Der Zeitaufwand für die Handsegmentierungen war erheblich, so dass alle drei Studenten innerhalb der vorgegebenen Zeit nur die Handsegmentierung der weißen Gehirnmasse abschliessen konnten. Ein Vergleich der drei Handsegmentierungen untereinander wies erhebliche Unterschiede auf. In keiner der drei Handsegmentierungen war die weiße Gehirnmasse als zusammenhängend segmentiert worden. Die Anzahl der Zusammenhangskomponenten variiert in den drei Handsegmentierungen von 52 bis 187. Das Volumen der meisten Zusammenhangskomponenten ist kleiner als 5 Voxel. Auch das Gesamtvolumen der segmentierten weißen Gehirnmasse variiert erheblich. Im Mittel über die drei Handsegmentierungen hat die weiße Gehirnmasse ein Volumen von 417.117,33 Voxel. Die mittlere Standardabweichung beträgt hier 51.097,33 Voxel.

Durch die erhebliche Unterschiede der drei Handsegmentierungen wurde auf die Handsegmentierung der grauen Gehirnmasse verzichtet. Die Verwendung der Hand-

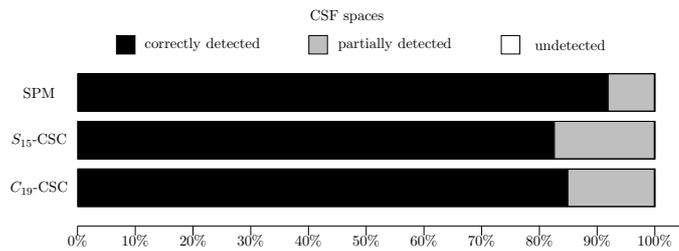


Abbildung 5.4.: Kriterium 4,5 und 6

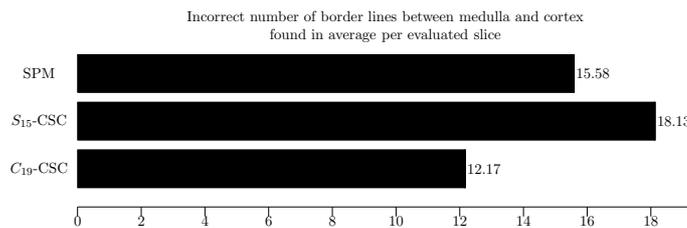


Abbildung 5.5.: Kriterium 7

segmentierungen als Referenzsegmentierung ist nicht möglich.

5.4. Modifikationen am Gehirnklassifikator

Ein Nachteil des beschriebenen Gehirnklassifikators liegt in den morphologischen Operationen zur Extraktion des Gehirns. Einige Teile am Rande des Gehirns gehen dabei verloren. In einer Modifikation des Verfahrens wurde unter Ausnutzung von topologischen Informationen versucht, die innere Schädelkontur zu detektieren. Sämtliche Voxel außerhalb dieser Kontur werden entfernt, da sie nicht zum Gehirn gehören können. Das größte Cluster von Segmenten, deren Grauwert zur weißen Gehirnmasse zuzuordnen ist, wird zunächst als weiße Gehirnmasse festgelegt. Die graue Gehirnmasse umschließt mit einer relativ dünnen Schicht die weiße Gehirnmasse. Alle Voxel, die weiter als 4.5mm von der weißen Gehirnmasse entfernt sind, werden daher zunächst als Nicht-Gehirn klassifiziert und später nochmals genauer untersucht. Alle Segmente oder Teile von Segmenten in der Nähe der weißen Gehirnmasse, deren Grauwert der grauen Gehirnmasse zuzuordnen ist, werden als Grau definiert. Da die ermittelte innere Schädelkontur nicht perfekt passt existieren immer noch Segmente, die sowohl Teile der grauen Gehirnmasse als auch anderes Gewebe außerhalb des Gehirns enthalten. Diese werden morphologisch getrennt. Dabei wird aber ein kleineres kugelförmiges Strukturelement verwendet. Die Modifikationen haben zu keiner Verbesserung der Klassifikation geführt.

In einer weiteren Modifikation wurde mit einer Standardsoftware (BET) versucht, dass Gehirn schon vor der Segmentierung aus dem Bild zu extrahieren. BET entfernt aber auch fälschlicherweise Teile des Gehirns aus dem Bild und ist daher als Vorverarbeitungsschritt für die Segmentierung ungeeignet.

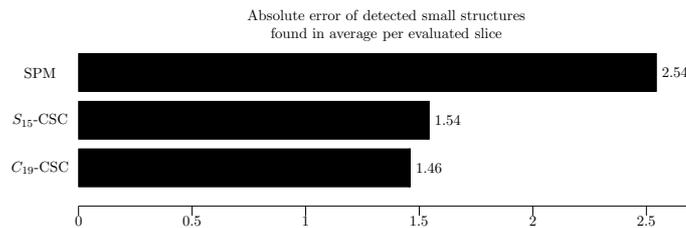


Abbildung 5.6.: Kriterium 8

5.5. CT-Gewebeklassifikator

Neben der Gehirnklassifikation wurden der 3D-CSC um einfache Algorithmen zur Klassifikation von CT-Knochenbildern erweitert. Die zu detektierenden Klassen sind: Hintergrund, Knochen, weiches Gewebe und Lufteinschlüsse (siehe Abbildung 5.7).

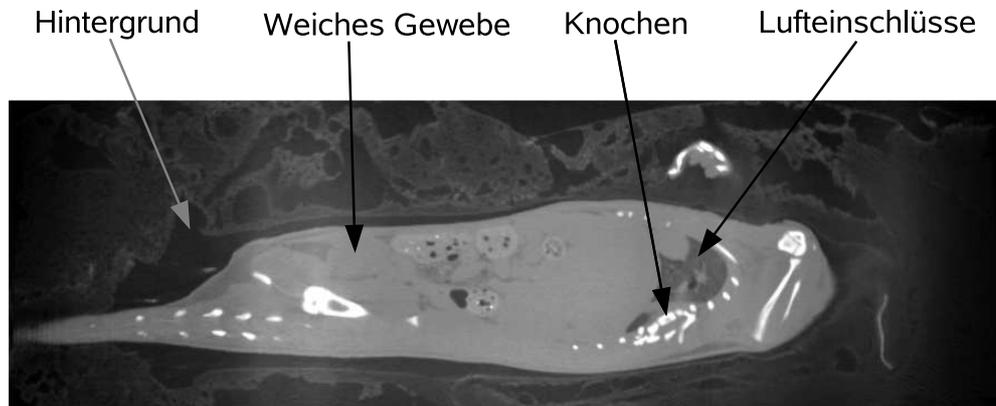


Abbildung 5.7.: Schnitt durch das CT-Bild einer Ratte

5.5.1. Vorgehen

Die Klassifikation unterteilt sich in die Schritte Vorverarbeitung, CSC-Segmentierung und topologische Segmentklassifikation.

Vorverarbeitung In der Vorverarbeitung wird mögliches Rauschen durch die Anwendung des Kuwaharafilts gemindert. Die Vorverarbeitung ist optional, da in einigen Fällen sehr feine Strukturen durch die Filterung zerstört werden können.

Segmentierung Die Segmentierung wird mittels des S_{15} - und C_{19} -CSC mit einer kleinen aber fixen Ähnlichkeitsschwelle durchgeführt. In CT-Knochenbildern hat das weiche Gewebe und auch der Hintergrund eine nur geringe Grauwertvarianz. Beide Gewebearten zeichnen sich daher durch sehr homogene Bereiche im Bild aus. Durch eine CSC-Segmentierung zerfällt das weiche Gewebe und der Hintergrund in nur sehr wenige große Segmente. Das Knochengewebe dagegen hat eine sehr hohe Grauwertvarianz und zerfällt in viele kleine Segmente.

Topologische Segmentklassifikation Für die Segmentklassifikation werden neben den mittleren Grauwerten der Segmente auch zusätzliche topologische Informationen ausgenutzt. Die Klassifikation ausschließlich mit den mittleren Grauwerten als Merkmale ist schwierig, da die Grauwertbereiche von Knochen sich mit den Grauwertbereichen von Hintergrund und weichem Gewebe überlappen. Eine robustere Klassifikation wird durch Hinzunahme von Lageinformation der Segmente und der relativen Lage von Segmenten zueinander (topologische Information) erreicht.

Histogramme von Knochen-CTs weisen drei signifikante Peaks auf. Der dunkelste Peak repräsentiert Luft (Lufteinschlüsse und Hintergrund), der mittelhelle Peak das weiche Gewebe und der helle Peak die Knochen im CT-Bild. Zur Einordnung des mittleren Grauwerts eines Segments werden Schwellwerte über eine Histogrammanalyse ermittelt. Mit dem in Abschnitt 5.1.2 beschriebenen Verfahren, wird das Grauwert-Histogramm des CT-Bildes mit drei Gaußkurven approximiert. Jede Gaußkurve repräsentiert eine Gewebeklasse. Die Schnittpunkte von benachbarten Gaußkurven bestimmen die Schwellwerte zwischen den zugehörigen Klassen (vergl. 5.8). Für die Klassifikationen werden auch die Positionen μ_a , μ_s und μ_b der drei Peaks benötigt.

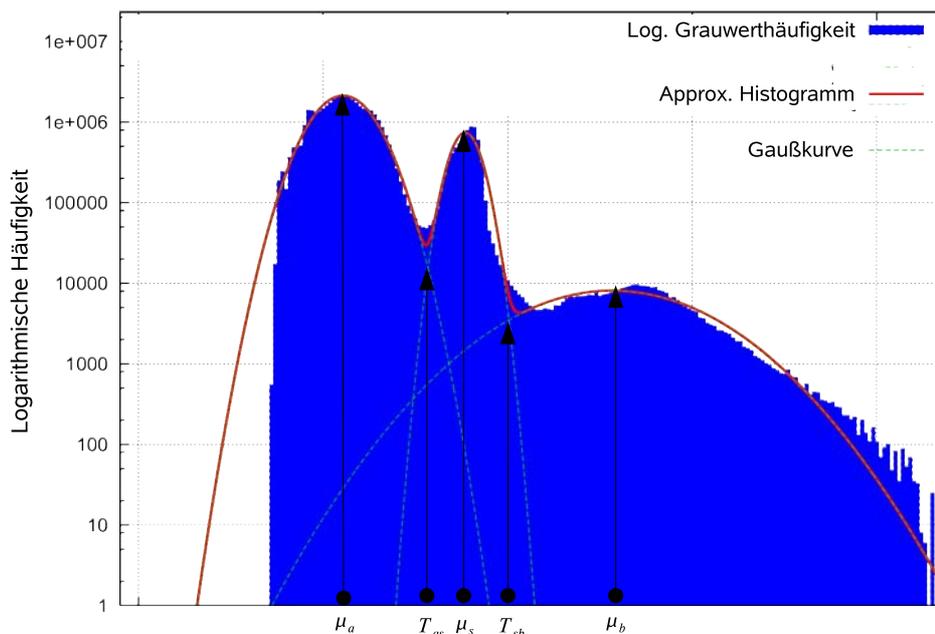


Abbildung 5.8.: Kenngrößen für die CT-Knochenklassifikation

Der eigentliche Segmentklassifikationsalgorithmus geht in drei Schritten vor:

1. Grobe Klassifikation des Hintergrunds
2. Verfeinerte Klassifikation des Hintergrunds und des weichen Gewebes
3. Klassifikation der Luftpneumothorax
4. Klassifikation der Knochen

Grobe Klassifikation des Hintergrunds

Im ersten Schritt werden zunächst die sicheren Hintergrundsegmente klassifiziert. Sichere Hintergrundsegmente berühren den Bildrand und haben einen dunklen ($< T_{as}$) mittleren Grauwert. Kleine Cluster von dunklen Segmenten, die komplett von bereits klassifizierten Hintergrundsegmenten umschlossen sind, werden ebenfalls als Hintergrund klassifiziert. Durch dieses einfache Vorgehen werden schon große Teile des Hintergrunds klassifiziert. Segmente, die sowohl von Hintergrund als auch weichem Gewebe umschlossen sind, können erst im zweiten Schritt klassifiziert werden.

Differenzierung von Hintergrund und weichem Gewebe

Das weiche Gewebe ist im CT-Bild sehr homogen und zerfällt in wenige große Segmente. Im zweiten Schritt wird daher das größte Segment mit einem mittleren Grauwert aus dem Intervall $[T_{as}, T_{sb}]$ als weiches Gewebe klassifiziert. Die noch unsicheren Segmente, die „zwischen“ Hintergrundsegmenten und Segmenten des weichen Gewebes eingeschlossen sind, werden als nächstes klassifiziert. Es wird ein Histogramm über alle mittleren Grauwerte von bereits klassifizierten Hintergrundsegmenten und Segmenten des weichen Gewebes sowie über alle mittleren Grauwerte der noch unsicheren Zwischensegmente erstellt. Mittels des Standard-Fuzzy-C-Mean-Algorithmus (FCM) wird das Histogramm in zwei Grauwertklassen C_a und C_s unterteilt. Jedes Segment mit einem mittleren Grauwert aus C_a , das ein weiteres Hintergrundsegment berührt, wird als Hintergrund klassifiziert. Ebenso wird jedes Segment mit einem mittleren Grauwert aus C_s , das ein Segment des weichen Gewebes berührt, als weiches Gewebe klassifiziert. Diese Regeln werden so oft wie möglich hintereinander ausgeführt. Sie sorgen dafür, dass sowohl der klassifizierte Hintergrund als auch das klassifizierte weiche Gewebe jeweils eine zusammenhängende Region ergeben. Segmente, die nach diesem Schritt, von Hintergrundsegmenten komplett umschlossen sind, werden als Hintergrund klassifiziert. Übrig bleiben Segmente, die komplett von weichem Gewebe umschlossen sind.

Klassifikation von Knochen und Lufteinschlüsse

Die bisher nicht klassifizierten Segmente werden im letzten Schritt in die Klassen *Lufteinschlüsse*, *Knochen* und *weiches Gewebe* eingeteilt. Zur Detektion der Lufteinschlüsse wird ein „dunkles“ Histogramm über alle Voxel von unklassifizierten Segmenten, deren mittlere Grauwert kleiner oder gleich dem mittleren Grauwert M des bereits klassifizierten weichen Gewebes sind, erzeugt. Da die beiden Peaks des Histogramms sehr nahe beieinander liegen, wird der FCM-Algorithmus verwendet, um den Grauwertbereich in zwei Klassen zu unterteilen. Beide Klassen werden durch einen Schwellwert T_{encair} voneinander getrennt. Analog dazu wird ein „helles Histogramm“ über alle Voxel von unklassifizierten Segmenten, deren mittlere Grauwert größer oder gleich M ist, erstellt. Da in diesem Histogramm die beiden Peaks breiter sind, wird zur Histogrammanalyse das Verfahren aus Abschnitt 5.1.2 verwendet. Der Schnittpunkt der beiden Gaußkurven wird als Schwellwert T_{bones} festgelegt. Alle Segmente, die dunkler sind als T_{encair} , werden als Hohlraum klassifiziert und alle Segmente, die heller sind als T_{bones} , werden als Knochen klassifiziert. Jedes noch nicht klassifizierte Segment S wird der Klasse des grauwertähnlichsten Nachbarsegments von S zugeordnet. In diesem Schritt werden auch das innere Gewebe von Knochen, das im CT-Bild

sehr dunkel ist, als Knochen klassifiziert.

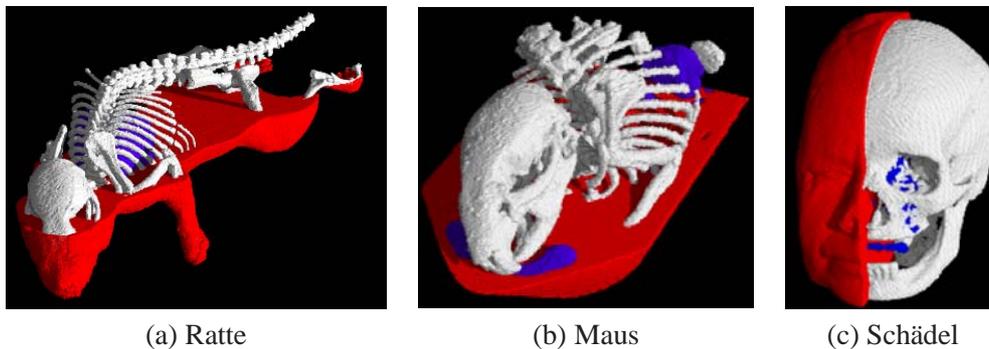


Abbildung 5.9.: 3D-Visualisierungen von drei Klassifikationsergebnissen (Rot = Weiches Gewebe, Weiß = Knochen, Blau = Lufteingüsse).

5.5.2. Evaluation

Zum Zwecke der Evaluation lag ein CT-Bild einer Ratte inklusive der vom Forschungszentrum Jülich durchgeführten Handsegmentierung vor. Die Handsegmentierung des Ratten-CTs wurde vom Forschungszentrum Jülich semimanuell, d.h. unter Verwendung von Bildverarbeitungstools durchgeführt. Das Bild wurde dabei in die Klassen *Hintergrund*, *Knochen* und *Rest* klassifiziert. Die Klasse *Rest* ist eine Zusammenfassung der Klassen *weiches Gewebe* und *Lufteingüsse*.

Class	CR	ER	Class	CR	ER
Knochen	95,97%	9,2%	Knochen	95,97%	9,2%
Rest	98,23%	1,17%	Rest	98,23%	1,17%
(a) ohne Kuwahara-Filterung			(b) mit Kuwahara-Filterung		

Tabelle 5.2.: *Coverability Rate* und *Error Rate* der Klassifikation des Ratten-CTs

Abbildung 5.9 zeigt die 3D-Visualisierung von drei CT-Klassifikationen.

5.6. Fehlerdetektion in Werkstücken

Auf Anfrage des Forschungszentrum Jülich wurde der CT-Gewebeklassifikator vom Labor Bilderkennen derart angepasst, dass er Lufteingüsse (Defekte) in Werkstücken detektieren kann. Dieser Defektklassifikator wurde vom Forschungszentrum Jülich für die Erstellung einer Demo für die Hannovermesse verwendet. Es sollte das Interesse für nicht-medizinische Anwendungen geweckt werden.

Der Defekt-Klassifikator arbeitet im Prinzip wie der CT-Gewebeklassifikator. Das Werkstück selbst ist, vergleichbar zum weichen Gewebe, im CT-Bild sehr homogen. Das Werkstück wird von Luft umschlossen, d.h. die Hintergrunddetektion kann ohne Änderungen übernommen werden. Lufteingüsse sind die gesuchten Defekte. Das Analogon zu den Knochen ist in den Werkstücken nicht enthalten.

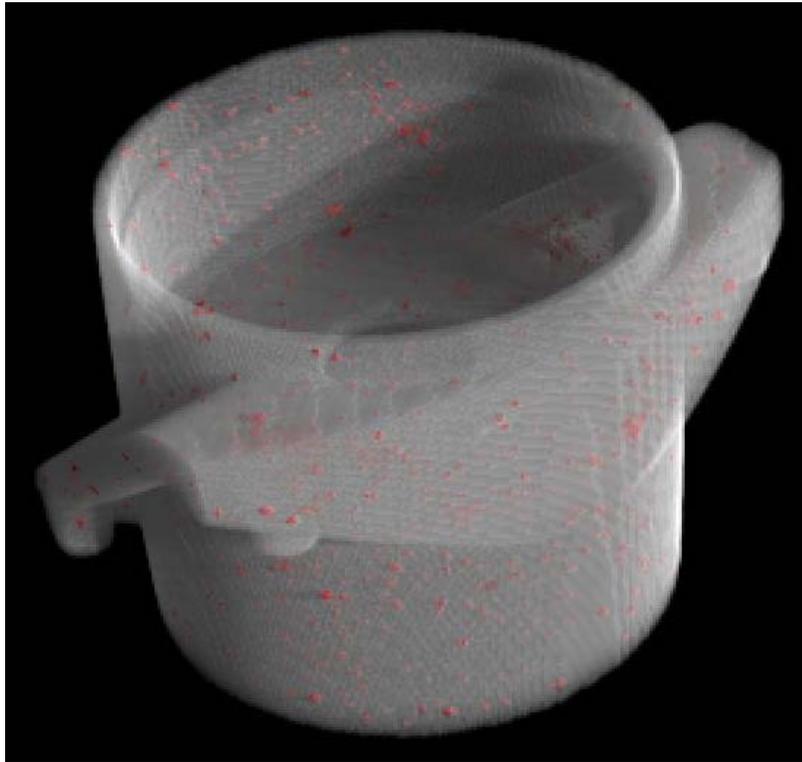


Abbildung 5.10.: Defekte im Werkstück sind rot gekennzeichnet. Das Werkstück selbst ist halbtransparent dargestellt.

5.7. Zusammenfassung

Die Ergebnisse der entwickelten Klassifikationsmethoden machen die hohe Qualität und generelle Anwendbarkeit der CSC-Segmentierung deutlich. Durch relativ einfache Verfahren können verschiedenste dreidimensionale Strukturen in Volumendatensätzen aus unterschiedlichen Quellen detektiert werden.

Der entwickelte MR-Gehirnklassifikator liefert Ergebnisse die qualitativ vergleichbar mit der State-of-the-Art-Methode SPM sind, ist dabei jedoch genereller, da er kein Modell eines Standardgehirns verwendet. Er basiert auf einer Vorverarbeitung um typische Bildfehler zu verringern gefolgt von einer CSC-Segmentierung des verbesserten Bildes. Eine Analyse der statistischen Verteilung der Grauwerte im Bild liefert Entscheidungskriterien für die nachfolgende Klassifikation der CSC-Segmente in Gewebeklassen sowie für die Auswahl des optimalen CSC-Ähnlichkeitsschwellwerts.

Der CT-Klassifikator verwendet ähnliche Methoden: Wieder werden zunächst Bildfehler durch Vorverarbeitungsschritte verringert und die statistische Verteilung der Grauwerte untersucht um einen optimalen CSC-Ähnlichkeitsschwellwert und Grauwertschwellen zwischen Gewebeklassen zu detektieren. Nach der CSC-Segmentierung werden neben den mittleren Grauwerten hier die Nachbarschaftsbeziehungen zwischen den CSC-Segmenten zur Klassifikation herangezogen. Auch der CT-Klassifikator liefert sehr gute Ergebnisse, was mittels Vergleich mit einer Handsegmentierung verifiziert wurde.

6. Integration der Methoden

Da für die Kunden von VolumeGraphics Hauptspeicherplatz besonders wichtig ist, wurden die entwickelten Algorithmen dahingehend optimiert. Eine Segmentierung wird am Labor Bilderkennen als Labeldatensatz dargestellt. Dabei wird jedem Voxel ein 32bit großes Segmentlabel zugeordnet. Um hier den Speicherbedarf zu reduzieren, wurde eine Datenstruktur entwickelt und implementiert, die den Labeldatensatz in kleine kubische Teillabelbilder zerlegt und diese komprimiert. Je weniger verschiedene Segmente ein Teilbild enthält, desto weniger Bits werden für ihre Repräsentation benötigt. Die neue Datenstruktur wurde im Gehirnklassifikator integriert. Bei MR-Gehirn-Bilder der Größe $384 \times 512 \times 192$ bei 12 Bit Grauwerttiefe werden nun nur noch 450 MB anstatt 1300 MB Speicher verwendet.

Um auch die Segmentierung von sehr großen Bildern zu ermöglichen, kann ein Bild vor der CSC-Segmentierung in kleinere Teilbilder zerlegt werden. Die CSC-Segmentierung wird dann auf jedem Teilbild separat mit weniger Speicherbedarf durchgeführt. Wahlweise werden ähnliche Segmente, die sich an der Schnittfläche zweier Teilbilder berühren, verschmolzen werden. Damit wird eine komplette Segmentierung des Bildes erreicht.

In einem Treffen am 3.8.2006 in Heidelberg wurden der 3D-CSC und die Klassifikatoren von VolumeGraphics und vom Labor Bilderkennen in die Software „VGStudioMax“ integriert.

7. Veröffentlichungen / Öffentlichkeitsarbeit

Folgende Vorträge und Präsentationen wurden im Rahmen des Projektes 3D-RETISEG von der Universität Koblenz-Landau, Laborbilderkennen, gehalten:

- Dipl. Inf. Patrick Sturm präsentierte auf der Scandinavian Conference on Image Analysis (SCIA, 29.6.-2.7.2003) in Göteborg, Schweden, ein Poster über den 3D-CSC (siehe [2]).
- Dipl. Inf. Patrick Sturm präsentierte auf der ICCSA, Computational Science and Its Applications, in Assisi, Italien, einen theoretischen Vortrag über die neue Zellhierarchie C_{19} (siehe [3]).
- Dipl. Inf. Patrick Sturm präsentierte auf der IEEE International Conference on Image Processing (ICIP, 24.-27.10.2004) in Singapur ein Poster zum Thema „3D-Color-Structure-Code - Segmentation by Using a New Non-Plainness Island Hierarchy“ (siehe [4]).
- Dipl. Inf. Patrick Sturm präsentierte auf der Scandinavian Conference on Image Analysis (SCIA, 19.6.-22.6.2005) in Joensuu, Finnland, einen Vortrag über die Evaluation des S_{15} - und C_{19} -CSC (siehe [5]).
- Frau Dr. Haojun Wang präsentierte in einem Vortrag den im Projekt 3D-RETISEG entwickelten Gehirnklassifikator auf der *ICGST International Conference on Graphics, Vision and Image Processing* (GVIP) im Dezember 2005 in Kairo, Ägypten (siehe [6]).
- Dipl. Inf. Patrick Sturm promovierte im Dezember 2006 mit dem Thema „Selbstähnliche und überlappende 3D-Zellhierarchien für die Segmentierung“ (siehe [7]).
- Frau Dr. Haojun Wang präsentierte in einem Vortrag den entwickelten Gehirnklassifikator mit integrierter Biasfeldkorrektur auf der „International Conference on Computer Vision Theory and Applications“ in Setubal (VISAPP, 25.-28.02.2006), Portugal (siehe [8]).
- Prof. Dr. Lutz Pries stellte die Evaluationsergebnisse des entwickelten Gehirnklassifikators im Vergleich zu SPM auf der „SPIE Medical Imaging 2006“ (11.-16.02.2006) in San Diego, USA, vor (siehe [9]).
- Dr. Patrick Sturm präsentierte auf dem Third International Symposium on 3D Data Processing, Visualization and Transmission 2006 (3DPVT, 14.-16.06.2006) in Chapel Hill, USA, ein Poster über die CSC basierte CT-

Klassifikationsmethode zur Klassifikation von Knochen in CT-Aufnahmen (siehe [10]).

- Der auf der GVIP 2005 vorgestellte Artikel [6] wurde für die Zeitschrift *Special Issues on Medical Image Processing* [11] ausgewählt und dort veröffentlicht.
- Dipl. Inf. Frank Schmitt besuchte auf Einladung von Professor Dr. Alexander Horsch, TU München den „Workshop on Validation of Medical Image Processing Systems“ im Rahmen der „Tromso Telemedicine and eHealth Conference 2006“ vom 12. bis 24. Juni 2006 in Tromso, Norwegen. Im Rahmen des Workshops stellte er unter dem Titel „Validation of 3-D-Segmentation Results“ die im Projekt 3D-RETISEG verwendeten Ansätze zur Validierung von 3-D Segmentierungs- und Klassifikationsergebnissen vor.
- Dipl. Inf. Frank Schmitt präsentierte auf den 3. Remagener Physiktagen (RPT 2007, 7.-9. März) ein Poster zum Thema „3D-CSC: A General Segmentation technique for Voxel Images with Application in Medicine“ ([12]).

A. Ergebnistabellen

A.1. Vergleich der Verfahren zur automatischen Ähnlichkeitsschwelle für den CSC

Kennzeichen: 190905EvalAutoTH

Datum des Experiments: 16. September 2005

Untersuchte Fragestellung: Es wurde untersucht, welches der beiden Verfahren (Hintergrund basierte (BG) und Klassenabstand basierte Ähnlichkeitsschwelle (CC)) aus Abschnitt 5.1.3 zur automatischen Bestimmung einer Ähnlichkeitsschwelle für die Klassifikation von Gehirndatensätzen am Besten geeignet ist.

Durchführung des Experiments: Für das Experiment wurde der simulierte Gehirndatensatz von Brainweb mit 18 unterschiedlichen Verfremdungsparametern verwendet. Der Datensatz kann unter http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/selection_normal.html heruntergeladen werden. Als Parameter wurde gewählt:

- Modalität = T1
- Schichdicke = 1mm
- Rauschen = 0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%
- Intensitätsinhomogenität (RF) = 0%, 20%, 40%

Die Parameter für Rauschen und Intensitätsinhomogenität verfremden die ideale MR-Aufnahme. Für den gewählten Datensatz existiert eine Referenzsegmentierung.

Evaluation: Die 18 verfremdeten MR-Aufnahmen (6 Rauschstufen * 3 RF-Stufen) wurden einmal mit dem Kuwahara-Filter gefiltert und sowohl mit S_{15} als auch C_{19} -CSC segmentiert und mit dem Klassifikationsverfahren aus Abschnitt 4.9 ohne Biasfeldkorrektur klassifiziert. Die Ähnlichkeitsschwelle wurde basierend auf dem Hintergrundrauschen (T_{BG}) und auf dem Klassenabstand (T_{CC}) berechnet. Für die Evaluation wurde $CR_{min} = 0.1$ und $ER_{max} = 0.4$ gesetzt. Anstelle der *Similarity* wurde das vergleichbare Maß des Similarityindex (SI) verwendet.

$$SI_{S,R} := 2 \cdot \frac{|S \cap R|}{|S| + |R|} \quad (\text{A.1})$$

Coverability Rate (CR), Error Rate (ER) und Similarityindex (SI) für die graue und weiße Gehirnmasse wurden gemittelt.

Ergebnis: In 10 von 18 Fällen führte die Ähnlichkeitsschwellenbestimmung basierend auf dem Klassenabstand zu leicht besseren Ergebnissen, unabhängig von der verwendeten Zellhierarchie. In 7 von 18 Fällen war die Ähnlichkeitsschwellenbestimmung basierend auf dem Hintergrundrauschen besser. Insgesamt kann keines der beiden Verfahren eindeutig dem anderen vorgezogen werden. Dies zeigt sich auch am mittleren SI-Wert. Der mittlere SI-Wert SI_{CC} für den S_{15} -CSC (bzw. C_{19} -CSC) beträgt 9.12 (bzw. 9.18) unterscheidet sich nur geringfügig vom mittleren SI-Wert SI_{BG} für den S_{15} -CSC (bzw. C_{19} -CSC) mit 0.911 (bzw. 0.910).

A.1.1. S_{15} -Segmentierung mit Kuwahara-Filterung

Rauschen	RF	T_{CC}	T_{BG}	CR_{CC}	ER_{CC}	CR_{BG}	ER_{BG}	SI_{CC}	SI_{BG}	Sieger
0	0	10.366	7.656	0.958	0.054	0.955	0.055	0.952	0.950	CC
0	20	10.573	7.292	0.935	0.075	0.949	0.065	0.929	0.942	BG
0	40	9.443	6.577	0.905	0.097	0.911	0.094	0.900	0.950	BG
1	0	10.15	7.091	0.958	0.056	0.954	0.056	0.951	0.949	CC
1	20	10.287	6.778	0.936	0.076	0.934	0.076	0.929	0.928	CC
1	40	9.186	6.130	0.890	0.106	0.912	0.093	0.887	0.906	BG
3	0	9.576	6.310	0.945	0.067	0.944	0.067	0.939	0.938	CC
3	20	9.158	6.055	0.932	0.080	0.923	0.085	0.925	0.918	CC
3	40	8.345	5.482	0.924	0.093	0.897	0.105	0.914	0.892	CC
5	0	8.962	5.944	0.928	0.080	0.933	0.077	0.924	0.928	BG
5	20	8.327	5.976	0.909	0.097	0.912	0.095	0.904	0.907	BG
5	40	8.082	5.976	0.909	0.100	0.871	0.225	0.904	0.872	CC
7	0	8.275	6.174	0.914	0.093	0.914	0.092	0.909	0.910	BG
7	20	7.884	6.179	0.896	0.110	0.896	0.110	0.891	0.891	CC/BG
7	40	7.477	5.638	0.891	0.115	0.875	0.124	0.887	0.873	CC
9	0	7.475	6.288	0.901	0.108	0.904	0.104	0.896	0.899	BG
9	20	7.364	6.349	0.903	0.111	0.883	0.118	0.895	0.880	CC
9	40	6.925	6.219	0.878	0.128	0.861	0.133	0.873	0.861	CC

A.1.2. C_{19} -Segmentierung mit Kuwahara-Filterung

Noise	RF	T_{CC}	T_{BG}	CR_{CC}	ER_{CC}	CR_{BG}	ER_{BG}	SI_{CC}	SI_{BG}	Sieger
0	0	10.366	7.656	0.960	0.054	0.954	0.055	0.953	0.949	CC
0	20	10.573	7.292	0.962	0.058	0.950	0.062	0.952	0.944	CC
0	40	9.443	6.577	0.938	0.079	0.908	0.096	0.929	0.902	CC
1	0	10.15	7.091	0.957	0.055	0.955	0.054	0.951	0.950	CC
1	20	10.287	6.778	0.953	0.064	0.934	0.076	0.944	0.928	CC
1	40	9.186	6.130	0.938	0.080	0.888	0.105	0.928	0.885	CC
3	0	9.576	6.310	0.947	0.066	0.947	0.065	0.940	0.941	BG
3	20	9.158	6.055	0.921	0.085	0.924	0.084	0.917	0.918	BG
3	40	8.345	5.482	0.928	0.092	0.893	0.107	0.927	0.888	CC
5	0	8.962	5.944	0.930	0.078	0.934	0.076	0.927	0.928	BG
5	20	8.327	5.976	0.921	0.090	0.912	0.095	0.914	0.907	CC
5	40	8.082	5.976	0.911	0.100	0.882	0.109	0.905	0.882	CC
7	0	8.275	6.174	0.915	0.089	0.915	0.089	0.912	0.912	BG/CC
7	20	7.884	6.179	0.902	0.104	0.897	0.108	0.897	0.892	CC
7	40	7.477	5.638	0.865	0.129	0.884	0.119	0.864	0.881	BG
9	0	7.475	6.288	0.904	0.102	0.907	0.100	0.901	0.904	BG
9	20	7.364	6.349	0.882	0.119	0.900	0.113	0.879	0.887	BG
9	40	6.925	6.219	0.883	0.125	0.881	0.122	0.877	0.878	BG

A.2. Auswirkung der Biasfeldkorrektur

Kennzeichen: 251005EvalBiasCorrection

Datum des Experiments: 25. Oktober 2005

Untersuchte Fragestellung: Es wurde untersucht, ob die Klassifikationsergebnisse durch die Verwendung einer Biasfeldkorrektur verbessert werden können.

Durchführung des Experiments: Für das Experiment wurde der simulierte Gehirndatensatz von Brainweb mit 12 unterschiedlichen Verfremdungsparametern (4 Rausch- und 3 Intensitätsinhomogenitätsstufen) verwendet. Der Datensatz kann unter http://www.bic.mcgill.ca/brainweb/selection_normal.html heruntergeladen werden. Als Parameter wurde folgende Werte gewählt:

- Modalität = T1
- Schichtdicke = 1mm
- Rauschen = 0%, 1%, 3%, 5%
- Intensitätsinhomogenität (RF) = 0%, 20%, 40%

Die Parameter für Rauschen und Intensitätsinhomogenität verfremden die ideale MR-Aufnahmen. Für den gewählten Datensatz existiert eine Referenzsegmentierung.

Evaluation: Die 12 verfremdeten MR-Aufnahmen wurden einmal mit dem S_{15} -CSC segmentiert. Die Segmentierung wurde mit dem Klassifikationsverfahren aus Abschnitt 4.9 sowohl unter der Verwendung der Biasfeldkorrektur als auch ohne Biasfeldkorrektur klassifiziert. Anstelle der *Similarity* wurde das vergleichbare Maß des Similarityindex (SI) verwendet.

$$SI_{S,R} := 2 \cdot \frac{|S \cap R|}{|S| + |R|} \quad (\text{A.2})$$

Die Standardabweichung des Gaußfilters der Biasfeldkorrektur wurde auf $\sigma = 30$ gesetzt. Die Ähnlichkeitsschwelle wurde basierend auf dem Klassenabstand (T_{CC}) berechnet. Für die Evaluation wurde $CR_{min} = 0.1$ und $ER_{max} = 0.4$ gesetzt. Coverability Rate (CR), Error Rate (ER) und Similarityindex (SI) für die graue und weiße Gehirnmasse wurden gemittelt.

Ergebnis: Insgesamt lässt sich sagen, dass die Qualität der Segmentierung steigt, wenn zuvor der Kuwahara-Filter angewendet wurde. In allen Klassifikationsergebnissen mit vorheriger Biaskorrektur ist der relevante *SI*-Wert höher als in Klassifikationen ohne diese Biaskorrektur.

A.2.1. Klassifikation mit S_{15} -CSC und ohne Kuwahara-Filterung

Rauschen	RF	T_{bias}	T_{nobias}	CR_{bias}	ER_{bias}	CR_{nobias}	ER_{nobias}	SI_{bias}	SI_{nobias}	Sieger
0	20	9.305	10.452	0.941	0.059	0.926	0.086	0.939	0.919	bias
0	40	8.642	10.047	0.942	0.059	0.924	0.094	0.939	0.914	bias
1	20	9.307	10.461	0.942	0.060	0.936	0.083	0.940	0.926	bias
1	40	8.649	9.542	0.938	0.062	0.920	0.108	0.937	0.905	bias
3	20	8.697	9.515	0.934	0.070	0.915	0.101	0.931	0.906	bias
3	40	8.155	9.151	0.935	0.069	0.910	0.106	0.932	0.901	bias
5	20	8.161	8.757	0.919	0.096	0.917	0.106	0.912	0.906	bias
5	40	7.506	8.385	0.916	0.092	0.886	0.126	0.912	0.879	bias
7	20	8.087	8.664	0.882	0.129	0.876	0.137	0.876	0.869	bias
7	40	7.228	8.218	0.881	0.132	0.846	0.143	0.874	0.851	bias
9	20	7.810	8.657	0.836	0.161	0.826	0.158	0.837	0.833	bias
9	40	6.753	6.714	0.835	0.171	0.796	0.172	0.831	0.812	bias

A.2.2. Klassifikation mit S_{15} und mit Kuwahara-Filterung

Rauschen	RF	T_{bias}	T_{nobias}	CR_{bias}	ER_{bias}	CR_{nobias}	ER_{nobias}	SI_{bias}	SI_{nobias}	Sieger
0	20	9.447	10.573	0.960	0.053	0.935	0.075	0.953	0.929	bias
0	40	8.815	9.443	0.959	0.054	0.905	0.097	0.953	0.900	bias
1	20	9.500	10.286	0.958	0.056	0.936	0.076	0.951	0.929	bias
1	40	8.841	9.186	0.957	0.056	0.890	0.106	0.950	0.887	bias
3	20	8.868	9.158	0.946	0.066	0.932	0.080	0.940	0.925	bias
3	40	8.516	8.345	0.945	0.067	0.924	0.093	0.939	0.914	bias
5	20	8.369	8.327	0.932	0.079	0.909	0.097	0.926	0.904	bias
5	40	7.971	8.082	0.931	0.079	0.909	0.100	0.926	0.904	bias
7	20	8.122	7.884	0.916	0.092	0.896	0.110	0.911	0.891	bias
7	40	7.551	7.477	0.916	0.092	0.891	0.115	0.912	0.887	bias
9	20	7.414	7.364	0.904	0.107	0.903	0.111	0.899	0.895	bias
9	40	7.022	7.364	0.903	0.108	0.878	0.128	0.897	0.873	bias

A.3. Vergleich von Biasfeldkorrekturen

Kennzeichen: 251005EvalBiasCorrection

Datum des Experiments: 25. Oktober 2005

Untersuchte Fragestellung: Wird die Klassifikation durch die Verwendung einer anderen Biasfeldkorrektur N3 verbessert ?

Durchführung des Experiments: Die in Abschnitt 5.1 verwendete Biasfeldkorrektur (hier MICIS genannt) wurde mit der Biasfeldkorrektur N3 verglichen. Für das Experiment wurde der simulierte Gehirndatensatz von Brainweb mit 12 unterschiedlichen Verfremdungsparametern (4 Rausch- und 3 Intensitätsinhomogenitätsstufen) verwendet. Der Datensatz kann unter http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/selection_normal.html heruntergeladen werden. Als Parameter wurde folgende Werte gewählt:

- Modalität = T1
- Schichtdicke = 1mm
- Rauschen = 0%, 1%, 3%, 5%
- Intensitätsinhomogenität (RF) = 0%, 20%, 40%

Die Parameter für Rauschen und Intensitätsinhomogenität verfremden die ideale MR-Aufnahmen. Für den gewählten Datensatz existiert eine Referenzsegmentierung.

Die 12 verfremdeten MR-Aufnahmen wurden einmal mit dem S_{15} -CSC segmentiert. Die Segmentierung wurde mit dem Klassifikationsverfahren aus Abschnitt 5.1 sowohl unter der Verwendung der Biasfeldkorrektur als auch ohne Biasfeldkorrektur klassifiziert.

Evaluation: Die Standardabweichung des Gaußfilters der Biasfeldkorrektur wurde auf $\sigma = 30$ gesetzt. Die Ähnlichkeitsschwelle wurde basierend auf dem Klassenabstand (T_{CC}) berechnet. Für die Evaluation wurde $CR_{min} = 0.1$ und $ER_{max} = 0.4$ gesetzt. Coverability Rate (CR), Error Rate (ER) und Similarity (SI) für die graue und weiße Gehirnmasse wurden gemittelt.

Ergebnis: Die Klassifikation ist allen Fällen die MICIS-Biaskorrektur für die Klassifikation leicht besser oder genauso gut wie die N3-Biasfeldkorrektur.

A.3.1. Klassifikation mit S_{15} -CSC

Rauschen	RF	T_{MICIS}	T_{N3}	CR_{MICIS}	ER_{MICIS}	CR_{N3}	ER_{N3}	SI_{MICIS}	SI_{N3}	Sieger
0	20	9.447	9.273	0.960	0.053	0.958	0.054	0.953	0.952	MICIS
0	40	8.815	9.345	0.959	0.054	0.959	0.056	0.953	0.951	MICIS
1	20	9.500	9.562	0.958	0.056	0.956	0.059	0.951	0.949	MICIS
1	40	8.841	9.270	0.957	0.056	0.957	0.058	0.950	0.949	MICIS
3	20	8.868	9.168	0.946	0.066	0.943	0.071	0.940	0.936	MICIS
3	40	8.516	9.153	0.945	0.067	0.947	0.068	0.939	0.939	-
5	20	8.369	9.369	0.932	0.079	0.931	0.081	0.926	0.925	MICIS
5	40	7.971	8.565	0.931	0.079	0.931	0.080	0.926	0.925	MICIS
7	20	8.122	8.916	0.916	0.092	0.914	0.093	0.911	0.910	MICIS
7	40	7.551	8.510	0.916	0.092	0.913	0.095	0.912	0.909	MICIS
9	20	7.414	8.033	0.904	0.107	0.900	0.106	0.899	0.896	MICIS
9	40	7.022	7.176	0.903	0.108	0.902	0.107	0.897	0.897	-

A.4. Vergleich

A.4.1. Kurzbeschreibung des Experiments

Experiment-ID: 13012006-Auswertung-BWZK
Fertigstellung: 13. Januar 2006
Ziel: Qualitätsvergleich zwischen dem Standardklassifikationsverfahren SPM mit dem eigens entwickelten Klassifikationsverfahren basierend auf dem CSC.

Programme:

SPM2 (<http://www.fil.ion.ucl.ac.uk>, lokale Kopie unter `~/lb/software/spm/spm2`), Kuwaharafilte (`kuwa3d.sh`), Biasfield-Korrektur (`biasfield.sh`), S_{15} -CSC (`csc-s15.sh`), C_{19} -CSC (`csc-c19.sh`), Programm zur automatischen Schwellwertberechnung für den CSC (`autoth.sh`)

Testbilder:

Es wurden für das Experiment die MR-Kopfaufnahmen von 8 Probanden verwendet. Die Bilder sind im Verzeichnis `~/lb/imagetdatabase/voxelimages/categories/mrt/students` abgespeichert und sind mit `students x .rah` ($x \in \{1, \dots, 8\}$) bezeichnet.

Auswertung:

In einem cranialen Anatomieatlas wurden durch Ärzte des BWZK¹ drei repräsentative Schichten im Gehirn ausgewählt. Die gleichen Ärzte bestimmten in den Datensätzen der 8 Probanden die korrespondierenden Schichten (Siehe Tabelle in Abschnitt A.4.3). Die 8 Datensätze wurden zunächst mittels Kuwahara-Filter und folgender Biasfield-Korrektur (Parameter: $\text{Sigma}=10$) vorverarbeitet. Anschließend wurde auf den vorverarbeitenden Datensätzen mittels `autoth.sh` jeweils ein Schwellwert für die anschließende CSC-Segmentierungen bestimmt (Aufruf: `autoth.sh 200 1 5 0 datensatz.rah`, Detail siehe Abschnitt A.4.4). Es wurde jeweils eine CSC-Segmentierungen mit S_{15} und C_{19} auf die Datensätze angewandt. Die Segmentierungen wurden anschließend klassifiziert (`spem.sh 200 4 5 datensatz.rah klassifikation.rah`). Ebenso wurden die Originaldatensätze mit SPM2 klassifiziert. Die von den Ärzten ausgewählten Schichten wurden aus den 24 Klassifikationen entnommen und in einer Mappe zusammengestellt. Eine Schichtklassifikation wird in der Mappe als Originalschicht plus Grenzlinien zwischen Nicht-Gehirn, grauer und weißer Gehirnmasse dargestellt. Die Ergebnisse der drei Gehirnklassifikationen wurde von Experten aus dem BWZK anhand eines Kriterienkatalog (siehe Abschnitt A.4.2) evaluiert.

¹BWZK: Bundeswehrzentral Krankenhaus Koblenz (BWZK)

Ergebnis der Auswertung:

Die auf den CSC-Segmentierungen basierte Klassifikation ist mindestens genauso gut wie SPM2. SPM2 verwendet zur Detektion der grauen und weißen Gehirnmasse einen Atlas. Die auf den CSC-Segmentierungen basierte Klassifikation ist dagegen unabhängig von solchem A-priori-Wissen.

A.4.2. Arbeitsanleitung zur Beurteilung der Segmentierungsqualität (Wickenhöfer et al)

Die folgende Beschreibung zur Evaluierung wurde von Wickenhöfer et al (Ärzte am BWZK Koblenz) verfasst. Sie lag allen beteiligten Ärzten zum Zweck einer möglichst objektiven Beurteilung als Richtlinie vor.

Begriffsdefinition

Segmentierung ist ein Teilgebiet der digitalen Bildverarbeitung und des maschinellen Sehens. Die Erzeugung inhaltlich zusammenhängender Regionen durch Zusammenfassung benachbarter Pixel oder Voxel entsprechend einem bestimmten Homogenitätskriterium bezeichnet man als Segmentierung.

Material

Schädel-MRT von insgesamt 8 Probanden wurden mittels T1-gewichteter Sequenzen und mit isotropen Schichten angefertigt. Aus jeder Gesamt-Sequenz wurden 9 Schichtbilder mit repräsentativen anatomischen Strukturen ausgewählt. Die Schichten liegen je 3x

- a) parietal
- b) in Höhe der Zella media
- c) in Höhe der Stammganglien

Auswertung

1. Für jedes Schnittbild wird zunächst die Anzahl segmentierbarer Strukturen (ohne Einbezug der Mark-Rinden-Grenze) festgelegt. Hierzu gehören auch alle anatomisch definierbaren Strukturen sowie umschriebene Cortexinseln. Ebenso werden physiologische wie Robin-Virchowsche-Räume und nicht physiologische Formationen wie z.B. Lakunen hierzu gezählt. Anschließend Bestimmung der Anzahl der durch das jeweilige Segmentierungsverfahren richtig abgegrenzten solitären Elemente und Eintragung in die Ergebnistabelle. Dabei wird qualitativ differenziert in die Kategorien:
 - erkannt
 - partiell erkannt
 - nicht erkannt
2. Festlegung der Anzahl der zu erkennenden einzelnen Liquorräume durch den ärztlichen Beurteiler. Bestimmung der Anzahl der durch das jeweilige Segmentierungsverfahren richtig abgegrenzten Liquorräume und Eintragung in die Tabelle. Die qualitative Differenzierung erfolgt anhand der Kategorien
 - erkannt
 - partiell erkannt
 - nicht erkannt
3. Bestimmung der fehlerhaften Abgrenzungen zwischen Substantia alba und Cortex unter Berücksichtigung der unsegmentierten Vorlage. Eintragung in die Tabelle als absolute Anzahl pro Proband und Schnitt.
4. Bestimmung der fehlerhaften Abgrenzungen zwischen Cortex und Subarachnoidalraum unter Berücksichtigung der unsegmentierten Vorlage. Eintragung in die Tabelle als absolute Anzahl der Fehler pro Proband und Schnitt.

5. Plausibilität der gezogenen Grenzen unter Berücksichtigung der unsegmentierten Vorlage. Dieses bedeutet, dass die gezogenen Grenzen durch den ärztlichen Untersucher anhand der Vorlage dahingehen überprüft werden, ob die gezogene Grenze visuell auf der Vorlage nachvollziehbar ist. Wenn eine Struktur beispielsweise stellenweise mit keiner eindeutigen Grenze oder multiplen kleinsten Randsegmenten versehen wurde, dieses aber durch Unschärfe in der Vorlage (Artefakte, mangelnder Kontrast) nachvollziehbar ist, so ist diese Abgrenzung plausibel. Wenn in einem anderen Beispiel in einer segmentierten Struktur weitere Grenzen gezogen sind, die durch den Untersucher anhand der Vorlage nicht nachvollziehbar sind, so ist dieses als nicht plausibel zu werten. In dieser Bewertung sind folgende Abstufungen zu verwenden:

- 1 plausibel
- 2 größtenteils nachvollziehbar
- 3 ca. zur Hälfte nachvollziehbar
- 4 überwiegend nicht nachvollziehbar
- 5 nicht plausibel

Beispiel

Proband 1; Verfahren 1	Schnitt 1	Schnitt 2	Schnitt 3	Schnitt 4	Schnitt 5	Schnitt 6	Schnitt 7	Schnitt 8	Schnitt 9
Kriterium 01	8 von 12								
Kriterium 02	2 von 12								
Kriterium 03	2 von 12								
Kriterium 04	2 von 3								
Kriterium 05	1 von 3								
Kriterium 06	0 von 3								
Kriterium 07	4								
Kriterium 08	9								
Kriterium 09	7								
Kriterium 10	Plausibel								

Legende:

- Kriterium 01: Zahl der erkannten solitären Elemente grauer Substanz / Zahl der vorhandenen erkannten Elemente
- Kriterium 02: Zahl der erkannten solitären Elemente grauer Substanz / Zahl der vorhandenen partiell erkannten Elemente
- Kriterium 03: Zahl der erkannten solitären Elemente grauer Substanz / Zahl der vorhandenen nicht erkannten Elemente
- Kriterium 04: Zahl der erkannten Liquorräume / Zahl der vorhandenen Liquorräume.
- Kriterium 05: Zahl der partiell erkannten Liquorräume / Zahl der vorhandenen Liquorräume.
- Kriterium 06: Zahl der nicht erkannten Liquorräume / Zahl der vorhandenen Liquorräume.
- Kriterium 07: Zahl der fehlerhaften Abgrenzungen Medulla / Cortex (absolut)
- Kriterium 08: Zahl der erkannten kleineren Strukturen (PVS, Lakunen etc.) / Zahl der vorhandenen Strukturen
- Kriterium 09: Abgrenzung des gesamten Cerebrum gegen den Subarachnoidalraum.
- Kriterium 10: Plausibilität der gezogenen Grenzen (Vergleich mit Originalschicht SnR)

A.4.3. Auswahl der Schichten

In der folgenden Tabelle sind für jeden der acht Datensätze die drei von den Ärzten ausgewählten Schichtnummern eingetragen:

Name des Datensatzes	parietale Schicht	Schicht in Höhe der Zella media	Schicht in Höhe der Stammganglien
students1	102	115	125
students2	92	106	116
students3	92	108	119
students4	87	105	116
students5	95	110	121
students6	101	112	126
students7	90	109	122
students8	90	105	116

A.4.4. Schwellwertbestimmung für den CSC

Für die Schwellwertbestimmung wurden verschiedene Methoden untersucht.

Methode background:

Hier werden die Schwellwerte über Analyse der Breite des Hintergrund-Peaks im Histogramm berechnet. Für jedes Bild wird einzeln der Schwellwert berechnet und für die CSC-Segmentierung verwendet.

Aufruf: autoth.sh 200 1 5 0 studentsX-fil-bias.rah

Es ergaben sich folgende Schwellwerte

Proband	Schwellwert	gerundeter Schwellwert
students1	18,9949	19
students2	20,2361	20
students3	17,1902	17
students4	16,9398	17
students5	18,076	18
students6	21,2899	21
students7	19,8943	20
students8	17,0203	17

Methode background mean:

Hier werden die Schwellwerte über Analyse des minimalen Abstands zweier benachbarter Peaks im Histogramm berechnet. Für jedes Bild wird einzeln der Schwellwert berechnet, dann wird der mittlere Schwellwert bestimmt und für die CSC-Segmentierung aller Bilder verwendet.

Das Mittel ergibt sich als $(18,9949 + 20,2361 + 17,1902 + 16,9398 + 18,076 + 21,2899 + 19,8943 + 17,0203)/8 = 18.71$ gerundet auf 19

Methode center:

Hier werden die Schwellwerte über Analyse des minimalen Abstands zweier benachbarter Peaks im Histogramm berechnet. Für jedes Bild wird einzeln der Schwellwert berechnet und für die CSC-Segmentierung verwendet.

Aufruf: autoth.sh 200 1 5 2 studentsX-fil-bias.rah

Es ergaben sich folgende Schwellwerte

Proband	Schwellwert	gerundeter Schwellwert
students1	19,6868	20
students2	21,7828	22
students3	16,8	17
students4	18,1283	18
students5	20,7714	21
students6	20,9108	21
students7	19,8773	20
students8	18,9504	19

Methode center mean:

Hier werden die Schwellwerte über Analyse des minimalen Abstands zweier benachbarter Peaks im Histogramm berechnet. Für jedes Bild wird einzeln der Schwellwert berechnet, dann wird der mittlere Schwellwert bestimmt und für die CSC-Segmentierung aller Bilder verwendet.

Das Mittel ergibt sich als $(19,6868 + 21,7828 + 16,8 + 18,1283 + 20,7714 + 20,9108 + 19,8773 + 18,9504) / 8 = 19.61$ gerundet auf 20

Methode center background mean:

Hier wird für jeden Probanden der Schwellwert über die Methode center und die Methode background berechnet. Diese beiden Schwellwerte werden gemittelt und zur CSC-Segmentierung dieses Bildes verwendet.

Es ergaben sich folgende Schwellwerte

Proband	(gerundeter mittlerer) Schwellwert
students1	$(19,6868 + 18,9949)/2=19.34$ gerundet auf 19
students2	$(21,7828 + 20,2361)/2=21.01$ gerundet auf 21
students3	$(16,8 + 17,1902)/2=17.00$ gerundet auf 17
students4	$(18,1283 + 16,9398)/2=17.53$ gerundet auf 18
students5	$(20,7714 + 18,076)/2=19.42$ gerundet auf 19
students6	$(20,9108 + 21,2899)/2=21.10$ gerundet auf 21
students7	$(19,8773 + 19,8943)/2=19.89$ gerundet auf 20
students8	$(18,9504 + 17,0203)/2=17.99$ gerundet auf 18

Ergebnis

Die Ergebnisse wurden innerhalb der Arbeitsgruppe Bilderkennen analysiert wobei sich in den einzelnen Bildern durchaus größere Unterschiede zeigten, kein Verfahren jedoch in allen Bildern deutlich besser oder schlechter als die anderen arbeitete. Es konnte beobachtet werden, dass schon kleine Änderungen der Schwellwerte zu großen Änderungen in der Klassifikation, speziell im Bereich der Kerngebiete führen. Insgesamt beurteilten wir die Qualität der Ergebnisse mit dem Verfahren *background* am Besten, deshalb wurde dieses zur Bestimmung des Schwellwerts für die CSC-Segmentierungen gewählt.

A.4.5. Ergebnisse der Ärzte

Folgende Tabellen enthalten die Ergebnisse der Ärzte. Für jedes Kriterium wurde zusätzlich der Durchschnitt über die drei Schichten in der Tabelle eingetragen.

Erläuterung:

Schnitt 2 $\hat{=}$ parietal

Schnitt 5 $\hat{=}$ Schicht in Höhe der Zella media

Schnitt 8 $\hat{=}$ Schicht in Höhe der Stammganglien

Ergebnisse Proband 1

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	5 von 5	2 von 7	3 von 4	3.3 von 5.3
Kriterium 02	0 von 5	5 von 7	1 von 4	2.0 von 5.3
Kriterium 03	0 von 5	0 von 7	0 von 4	0.0 von 5.3
Kriterium 04	4 von 7	2 von 2	0 von 0	2.0 von 3.0
Kriterium 05	3 von 7	0 von 2	0 von 0	1.0 von 3.0
Kriterium 06	0 von 7	0 von 2	0 von 0	0.0 von 3.0
Kriterium 07	21	26	15	20.7
Kriterium 08	22 von 0	28 von 0	18 von 7	20.3
Kriterium 09	11	16	14	13.7
Kriterium 10	1	2	2	1.7

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	2 von 5	2 von 7	1 von 4	1.7 von 5.3
Kriterium 02	3 von 5	5 von 7	2 von 4	3.3 von 5.3
Kriterium 03	0 von 5	0 von 7	1 von 4	0.3 von 5.3
Kriterium 04	5 von 7	2 von 2	0 von 0	2.3 von 3.0
Kriterium 05	2 von 7	0 von 2	0 von 0	0.7 von 3.0
Kriterium 06	0 von 7	0 von 2	0 von 0	0.0 von 3.0
Kriterium 07	16	18	15	16.3
Kriterium 08	9 von 0	17 von 0	15 von 7	11.3
Kriterium 09	6	9	14	9.7
Kriterium 10	1	1	1	1.0

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	5 von 5	2 von 7	2 von 4	3.0 von 5.3
Kriterium 02	0 von 5	5 von 7	1 von 4	2.0 von 5.3
Kriterium 03	0 von 5	0 von 7	1 von 4	0.3 von 5.3
Kriterium 04	6 von 7	2 von 2	0 von 0	2.7 von 3.0
Kriterium 05	1 von 7	0 von 2	0 von 0	0.3 von 3.0
Kriterium 06	0 von 7	0 von 2	0 von 0	0.0 von 3.0
Kriterium 07	17	11	9	12.3
Kriterium 08	6 von 0	25 von 0	11 von 7	11.7
Kriterium 09	4	14	24	14.0
Kriterium 10	1	1	1	1.0

Ergebnisse Proband 2

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 6	2 von 7	1 von 2	1.0 von 5.0
Kriterium 02	6 von 6	3 von 7	1 von 2	3.3 von 5.0
Kriterium 03	0 von 6	2 von 7	0 von 2	0.7 von 5.0
Kriterium 04	13 von 13	12 von 12	9 von 11	11.3 von 12.0
Kriterium 05	0 von 13	0 von 12	2 von 11	0.7 von 12.0
Kriterium 06	0 von 13	0 von 12	0 von 11	0.0 von 12.0
Kriterium 07	22	46	29	32.3
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	10	6	8	8.0
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 6	3 von 7	1 von 2	1.3 von 5.0
Kriterium 02	6 von 6	4 von 7	1 von 2	3.7 von 5.0
Kriterium 03	0 von 6	0 von 7	0 von 2	0.0 von 5.0
Kriterium 04	13 von 13	12 von 12	11 von 11	12.0 von 12.0
Kriterium 05	0 von 13	0 von 12	0 von 11	0.0 von 12.0
Kriterium 06	0 von 13	0 von 12	0 von 11	0.0 von 12.0
Kriterium 07	19	19	20	19.3
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	6	3	4	4.3
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 6	4 von 7	1 von 2	1.7 von 5.0
Kriterium 02	6 von 6	3 von 7	1 von 2	3.3 von 5.0
Kriterium 03	0 von 6	0 von 7	0 von 2	0.0 von 5.0
Kriterium 04	13 von 13	12 von 12	11 von 11	12.0 von 12.0
Kriterium 05	0 von 13	0 von 12	0 von 11	0.0 von 12.0
Kriterium 06	0 von 13	0 von 12	0 von 11	0.0 von 12.0
Kriterium 07	9	8	10	9.0
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	3	2	3	2.7
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Ergebnisse Proband 3

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	3 von 7	1 von 3	3 von 3	2.3 von 4.3
Kriterium 02	4 von 7	2 von 3	0 von 3	2.0 von 4.3
Kriterium 03	0 von 7	0 von 3	0 von 3	0.0 von 4.3
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	20	26	18	21.3
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	29	28	27	28.0
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	3 von 7	2 von 3	3 von 3	2.7 von 4.3
Kriterium 02	4 von 7	1 von 3	0 von 3	1.7 von 4.3
Kriterium 03	0 von 7	0 von 3	0 von 3	0.0 von 4.3
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	35	40	38	37.7
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	37	38	30	35.0
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	3 von 7	3 von 3	3 von 3	3.0 von 4.3
Kriterium 02	4 von 7	0 von 3	0 von 3	1.3 von 4.3
Kriterium 03	0 von 7	0 von 3	0 von 3	0.0 von 4.3
Kriterium 04	3 von 5	2 von 2	0 von 0	1.7 von 2.3
Kriterium 05	2 von 5	0 von 2	0 von 0	0.7 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	32	39	19	30.0
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	35	34	50	39.7
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Ergebnisse Proband 4

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	4 von 6	5 von 5	1 von 1	3.3 von 4.0
Kriterium 02	2 von 6	0 von 5	0 von 1	0.7 von 4.0
Kriterium 03	0 von 6	0 von 5	0 von 1	0.0 von 4.0
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	21	18	34	24.3
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	30	32	48	36.7
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	4 von 6	5 von 5	1 von 1	3.3 von 4.0
Kriterium 02	2 von 6	0 von 5	0 von 1	0.7 von 4.0
Kriterium 03	0 von 6	0 von 5	0 von 1	0.0 von 4.0
Kriterium 04	5 von 5	0 von 2	0 von 0	1.7 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	2 von 2	0 von 0	0.7 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	41	32	44	39.0
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	45	38	41	41.3
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	6 von 6	5 von 5	1 von 1	4.0 von 4.0
Kriterium 02	0 von 6	0 von 5	0 von 1	0.0 von 4.0
Kriterium 03	0 von 6	0 von 5	0 von 1	0.0 von 4.0
Kriterium 04	5 von 5	0 von 2	0 von 0	1.7 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	2 von 2	0 von 0	0.7 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	23	34	24	27.0
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	30	39	39	36.0
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Ergebnisse Proband 5

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 6	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.7
Kriterium 02	4 von 6	2 von 2	0 von 0	2.0 von 2.7
Kriterium 03	2 von 6	0 von 2	0 von 0	0.7 von 2.7
Kriterium 04	3 von 5	2 von 2	0 von 0	1.7 von 2.3
Kriterium 05	2 von 5	0 von 2	0 von 0	0.7 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	7	5	5	5.7
Kriterium 08	0 von 0	1 von 1	1 von 1	0.0
Kriterium 09	13	11	8	10.7
Kriterium 10	2	2	2	2.0

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 6	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.7
Kriterium 02	3 von 6	1 von 2	0 von 0	1.3 von 2.7
Kriterium 03	3 von 6	1 von 2	0 von 0	1.3 von 2.7
Kriterium 04	3 von 5	0 von 2	0 von 0	1.0 von 2.3
Kriterium 05	2 von 5	2 von 2	0 von 0	1.3 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	9	5	10	8.0
Kriterium 08	0 von 0	1 von 1	1 von 1	0.0
Kriterium 09	11	8	10	9.7
Kriterium 10	3	2	2	2.3

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 6	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.7
Kriterium 02	2 von 6	2 von 2	0 von 0	1.3 von 2.7
Kriterium 03	4 von 6	0 von 2	0 von 0	1.3 von 2.7
Kriterium 04	3 von 5	2 von 2	0 von 0	1.7 von 2.3
Kriterium 05	2 von 5	0 von 2	0 von 0	0.7 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	8	4	4	5.3
Kriterium 08	0 von 0	1 von 1	1 von 1	0.0
Kriterium 09	14	12	13	13.0
Kriterium 10	3	2	3	2.7

Ergebnisse Proband 6

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 7	0 von 2	0 von 0	0.0 von 3.0
Kriterium 02	6 von 7	2 von 2	0 von 0	2.7 von 3.0
Kriterium 03	1 von 7	0 von 2	0 von 0	0.3 von 3.0
Kriterium 04	4 von 4	2 von 2	0 von 0	2.0 von 2.0
Kriterium 05	0 von 4	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.0
Kriterium 06	0 von 4	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.0
Kriterium 07	7	5	über 20	11.0
Kriterium 08	1 von 1	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	13	10	16	13.0
Kriterium 10	2	2	3	2.3

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 7	0 von 2	0 von 0	0.0 von 3.0
Kriterium 02	4 von 7	2 von 2	0 von 0	2.0 von 3.0
Kriterium 03	3 von 7	0 von 2	0 von 0	1.0 von 3.0
Kriterium 04	0 von 4	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.0
Kriterium 05	4 von 4	2 von 2	0 von 0	2.0 von 2.0
Kriterium 06	0 von 4	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.0
Kriterium 07	9	10	9	9.3
Kriterium 08	1 von 1	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	12	12	17	13.7
Kriterium 10	3	3	3	3.0

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	0 von 7	0 von 2	0 von 0	0.0 von 3.0
Kriterium 02	4 von 7	2 von 2	0 von 0	2.0 von 3.0
Kriterium 03	3 von 7	0 von 2	0 von 0	1.0 von 3.0
Kriterium 04	0 von 4	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.0
Kriterium 05	4 von 4	2 von 2	0 von 0	2.0 von 2.0
Kriterium 06	0 von 4	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.0
Kriterium 07	6	7	12	8.3
Kriterium 08	1 von 1	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	11	16	13	13.3
Kriterium 10	3	3	3	3.0

Ergebnisse Proband 7

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	4 von 10	4 von 5	3 von 3	3.7 von 6.0
Kriterium 02	6 von 10	1 von 5	0 von 3	2.3 von 6.0
Kriterium 03	0 von 10	0 von 5	0 von 3	0.0 von 6.0
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	11	2	4	5.7
Kriterium 08	2 von 2	1 von 1	0 von 0	0.0
Kriterium 09	4	5	5	4.7
Kriterium 10	2	2	1	1.7

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	3 von 10	4 von 5	2 von 3	3.0 von 6.0
Kriterium 02	5 von 10	0 von 5	1 von 3	2.0 von 6.0
Kriterium 03	2 von 10	1 von 5	0 von 3	1.0 von 6.0
Kriterium 04	5 von 5	1 von 2	0 von 0	2.0 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	1 von 2	0 von 0	0.3 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	9	7	11	9.0
Kriterium 08	0 von 2	0 von 1	0 von 0	1.0
Kriterium 09	9	8	8	8.3
Kriterium 10	3	3	3	3.0

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	4 von 10	5 von 5	3 von 3	4.0 von 6.0
Kriterium 02	6 von 10	0 von 5	0 von 3	2.0 von 6.0
Kriterium 03	0 von 10	0 von 5	0 von 3	0.0 von 6.0
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	2	2	5	3.0
Kriterium 08	2 von 2	1 von 1	0 von 0	0.0
Kriterium 09	6	8	5	6.3
Kriterium 10	2	1	1	1.3

Ergebnisse Proband 8

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	6 von 7	2 von 2	3 von 3	3.7 von 4.0
Kriterium 02	1 von 7	0 von 2	0 von 3	0.3 von 4.0
Kriterium 03	0 von 7	0 von 2	0 von 3	0.0 von 4.0
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	5	3	3	3.7
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	5	7	3	5.0
Kriterium 10	2	1	1	1.3

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	4 von 7	2 von 2	3 von 3	3.0 von 4.0
Kriterium 02	3 von 7	0 von 2	0 von 3	1.0 von 4.0
Kriterium 03	0 von 7	0 von 2	0 von 3	0.0 von 4.0
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	8	5	6	6.3
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	5	10	11	8.7
Kriterium 10	3	2	2	2.3

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	7 von 7	2 von 2	3 von 3	4.0 von 4.0
Kriterium 02	0 von 7	0 von 2	0 von 3	0.0 von 4.0
Kriterium 03	0 von 7	0 von 2	0 von 3	0.0 von 4.0
Kriterium 04	5 von 5	2 von 2	0 von 0	2.3 von 2.3
Kriterium 05	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 06	0 von 5	0 von 2	0 von 0	0.0 von 2.3
Kriterium 07	3	1	3	2.3
Kriterium 08	0 von 0	0 von 0	0 von 0	0.0
Kriterium 09	4	5	5	4.7
Kriterium 10	1	1	1	1.0

A.4.6. Durchschnitt über alle Probanden

Aus den Evaluationsresultaten der Ärzte (siehe Abschnitt A.4.5) wurden für alle Kriterien und für jede Schicht die Durchschnitte über alle Probanden berechnet:

SPM	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	2.8 von 6.8	2.0 von 4.1	1.8 von 2.0	2.2 von 4.3
Kriterium 02	3.6 von 6.8	1.9 von 4.1	0.3 von 2.0	1.9 von 4.3
Kriterium 03	0.4 von 6.8	0.3 von 4.1	0.0 von 2.0	0.2 von 4.3
Kriterium 04	5.5 von 6.1	3.3 von 3.3	1.1 von 1.4	3.3 von 3.6
Kriterium 05	0.6 von 6.1	0.0 von 3.3	0.3 von 1.4	0.3 von 3.6
Kriterium 06	0.0 von 6.1	0.0 von 3.3	0.0 von 1.4	0.0 von 3.6
Kriterium 07	14.3	16.4	16.1	15.6
Kriterium 08	2.8	3.5	1.4	2.5
Kriterium 09	14.4	14.4	16.1	15.0
Kriterium 10	1.9	1.9	1.9	1.9

Koblenz S15	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	2.0 von 6.8	2.3 von 4.1	1.4 von 2.0	1.9 von 4.3
Kriterium 02	3.8 von 6.8	1.6 von 4.1	0.5 von 2.0	2.0 von 4.3
Kriterium 03	1.0 von 6.8	0.3 von 4.1	0.1 von 2.0	0.5 von 4.3
Kriterium 04	5.1 von 6.1	2.4 von 3.3	1.4 von 1.4	3.0 von 3.6
Kriterium 05	1.0 von 6.1	0.9 von 3.3	0.0 von 1.4	0.6 von 3.6
Kriterium 06	0.0 von 6.1	0.0 von 3.3	0.0 von 1.4	0.0 von 3.6
Kriterium 07	18.3	17.0	19.1	18.1
Kriterium 08	1.4	2.3	1.0	1.5
Kriterium 09	16.4	15.8	16.9	16.3
Kriterium 10	2.4	2.1	2.1	2.2

Koblenz C19	Schnitt 2	Schnitt 5	Schnitt 8	Durchschnitt
Kriterium 01	3.1 von 6.8	2.6 von 4.1	1.6 von 2.0	2.5 von 4.3
Kriterium 02	2.8 von 6.8	1.5 von 4.1	0.3 von 2.0	1.5 von 4.3
Kriterium 03	0.9 von 6.8	0.0 von 4.1	0.1 von 2.0	0.3 von 4.3
Kriterium 04	5.0 von 6.1	2.8 von 3.3	1.4 von 1.4	3.0 von 3.6
Kriterium 05	1.1 von 6.1	0.5 von 3.3	0.0 von 1.4	0.5 von 3.6
Kriterium 06	0.0 von 6.1	0.0 von 3.3	0.0 von 1.4	0.0 von 3.6
Kriterium 07	12.5	13.3	10.8	12.2
Kriterium 08	0.8	3.1	0.5	1.5
Kriterium 09	13.4	16.3	19.0	16.2
Kriterium 10	2.0	1.8	1.9	1.9

A.4.7. Durchschnitt über alle Probanden und Schichten

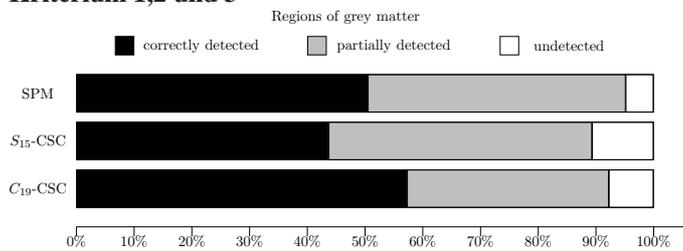
Aus den Evaluationsresultaten der Ärzte (siehe Abschnitt A.4.5) wurden für alle Kriterien die Durchschnitte über alle Probanden und Schnitte berechnet:

Tabellarische Repräsentation

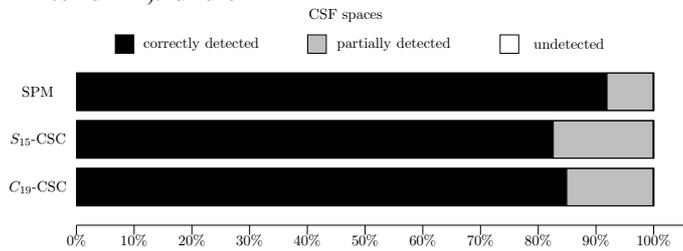
	SPM	S ₁₅ -CSC	C ₁₉ -CSC
Kriterium 1	50.5%	43.7%	57.3%
Kriterium 2	44.7%	45.6%	35%
Kriterium 3	4.9%	10.7%	7.8%
Kriterium 4	91.9%	82.6%	84.9%
Kriterium 5	8.1%	17.4%	15.1%
Kriterium 6	0%	0%	0%
Kriterium 7	15.6	18.1	12.2
Kriterium 8	2.5	1.5	1.5
Kriterium 9	15	16.3	16.2
Kriterium 10	1.9	2.2	1.9

Grafische Repräsentation

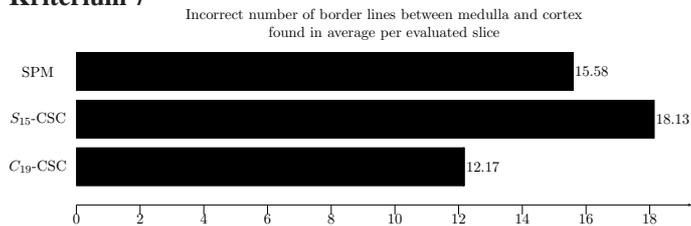
Kriterium 1,2 und 3



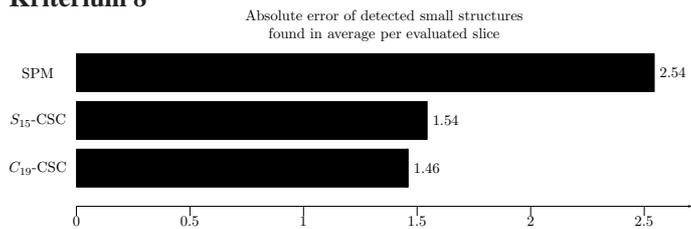
Kriterium 4,5 und 6



Kriterium 7

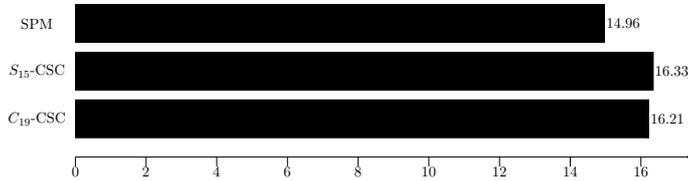


Kriterium 8



Kriterium 9

Incorrect number of borderlines between cerebrum and subarachnoid space found in average per evaluated slice



A.5. Vergleich von drei Handsegmentierungen

Drei Studentinnen haben jeweils eine Handsegmentierung der weißen Gehirnmasse im selben Bild (8607_10_T1) durchgeführt. Diese Studentinnen sind:

1. Ria Müller (RM)
2. Ruth Recker (RR)
3. Verana Scheel (VS)

Aus den drei Handsegmentierungen wurde eine durchschnittliche Handsegmentierung (DH) durch Mehrheitsbeschluss generiert:

$$DH(x, y, z) := \begin{cases} 1 & , \text{ falls } RM(x, y, z) + RR(x, y, z) + VS(x, y, z) \geq 2 \\ 0 & , \text{ sonst} \end{cases}$$

Das Bild 8607_10_T1 hat eine Dimension von $256 \times 256 \times 192$. Es umfasst also 12582912 unterschiedliche Voxel. Die nachfolgende Tabelle gibt für jede Handsegmentierung die Größe der weißen Gehirnmasse in Prozent bezüglich der Gesamtvoxelzahl des Bildes an. Die Vorversionen der Handsegmentierungen sind ca. 2 Wochen älter als die finalen Versionen:

	RM	RR	VS	DH
Finale Version	3.40% (427.561)	2.87% (361.605)	3.67% (462.186)	3.32% (418.199)
Vorversion	4.13% (519465)	3.51% (441929)	3.73% (469259)	3.89% (489985)

In der folgenden Tabelle wurde jeweils eine Handsegmentierung als *Referenzsegmentierung* aufgefasst. Für alle anderen Handsegmentierungen wurden jeweils die Coverability Rate (CR) und die Error Rate (ER) bezüglich der Referenzsegmentierung berechnet:

CR (ER)	RM (RS)	RR (RS)	VS (RS)	DH (RS)
RM (Final)	100% (0%)	92.29% (21.95%)	84.62% (8.53%)	93.99% (8.07%)
RR (Final)	78.05% (7.71%)	100% (0%)	77.21% (1.30%)	85.81% (7.60%)
VS (Final)	91.47% (15.38%)	98.70% (22.78%)	100% (0%)	99.53% (9.94%)
RM (Vorversion)	100% (0%)	90.80% (22.75%)	92.61% (16.33%)	93.45% (11.85%)
RR (Vorversion)	77.25% (9.20%)	100% (0%)	87.38% (7.21%)	88.44% (1.92%)
VS (Vorversion)	83.66% (7.39%)	92.79% (12.62%)	100% (0%)	95.24% (0.55%)

Die Tabelle ist folgendermaßen zu lesen: Der Eintrag 98.70% (22.78%) in Spalte **RR (RS)** und Zeile **VS** bedeutet, dass die Handsegmentierung von Ruth Recker als Referenzsegmentierung angenommen wird. 98.70% der Voxel aus der Handsegmentierung von Ruth Recker (RR) sind auch in der Handsegmentierung von Verana Scheel (VS) enthalten. 22.78% der Voxel aus der Handsegmentierung von Verana Scheel liegen aber außerhalb der Handsegmentierung von Ruth Recker.

In keiner der drei Handsegmentierungen ist die weiße Gehirnmasse als eine Zusammenhangskomponente (ZK) segmentiert worden.

	RR	RM	VS
Anzahl von Zusammenhangskomponenten (ZK)	187	61	52
Volumen der größten Zusammenhangskomponente (ZK)	360747	426948	462082
Anzahl von ZK mit einem Volumen von > 100	1	1	1
Anzahl von ZK mit einem Volumen von $51 - 100$	1	1	0
Anzahl von ZK mit einem Volumen von $26 - 50$	6	3	0
Anzahl von ZK mit einem Volumen von $6 - 25$	27	29	3
Anzahl von ZK mit einem Volumen von ≤ 5	149	27	46

Eigene Publikationen

- [1] Patrick Sturm and Lutz Prieße. Properties of a three-dimensional island hierarchy for segmentation of 3d images with the color structure code. In Luc van Gool, editor, *Pattern Recognition*, LNCS 2449, pages 274–281. DAGM, Springer, Berlin, Heidelberg, New York, 7 2002. 24th DAGM Symposium, Zurich, Switzerland.
- [2] Patrick Sturm and Lutz Prieße. 3D-Color-Structure-Code - A Hierarchical Region Growing Method for Segmentation of 3D-Images. In Josef Bigun, editor, *Image Analysis, 13th Scandinavian Conference on Image Analysis, SCIA 2003, Halmstadt, Sweden, June/July 2003*, LNCS 2749, pages 603–608. Springer Verlag, 6 2003.
- [3] Patrick Sturm. 3D-Color-Structure-Code. A New Non-Plainness Island Hierarchy. In A. Lagana, editor, *Computational Science and Its Applications, ICCSA 2004*, LNCS 3045, pages 109–116. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York, 5 2004.
- [4] Patrick Sturm. 3D-Color-Structure-Code - Segmentation by Using a New Non-Plainness Island Hierarchy. In *IEEE International Conference on Image Processing*, pages 953–956. IEEE Signal Processing Society, IEEE Signal Processing Society, 10 2004. 0-7803-8555-1 (ISBN), ICIP 2004, Singapore.
- [5] Lutz Prieße, Patrick Sturm, and Haojun Wang. Hierarchical Cell Structures for Segmentation of Voxel Images. In *Image Analysis: 14th Scandinavian Conference, SCIA 2005, Joensuu, Finland, June 19-22, 2005.*, LNCS 3540, pages 6–16. Springer Verlag, 6 2005.
- [6] Haojun Wang, Patrick Sturm, Frank Schmitt, and Lutz Prieße. Hybrid and Unsupervised Segmentation of 3D Brain MR Images. In *ICGST International Conference on Graphics, Vision and Image Processing (GVIP 2005), 19-21 December 2005, Cairo, Egypt*, pages 247–252, 12 2005.
- [7] Patrick Sturm. *Selbstähnliche und überlappende 3D-Zellhierarchien für die Segmentierung*. PhD thesis, Universität Koblenz, Logos Verlag Berlin, 2006.
- [8] Wang, Haojun and Sturm, Patrick and Schmitt, Frank and Prieße, Lutz. Improved Segmentation of MR Brain Images Including Bias Field Correction Based on 3D-CSC. In *VISAPP 2006 - First International Conference on Computer Vision Theory and Applications 25 - 28 February, 2006. Setúbal, Portugal*. International Conference on Computer Vision Theory and Applications, 2 2006.
- [9] Lutz Prieße, Frank Schmitt, Patrick Sturm, Haojun Wang, Ralf Matern, and Ralph Wickenhöfer. Analysis of Brain Images Using the 3D-CSC Segmentation Method. In Joseph M. Reinhardt and Josien P. Pluim, editors, *Medical Imaging 2006: Image Processing, 11-16 February 2006, San Diego, California USA*, volume 6144 of *Proceedings of SPIE*, pages 1303–1313. The International Society for Optical Engineering, 2 2006.
- [10] Patrick Sturm, Lutz Prieße, and Haojun Wang. A CSC Based Classification Method For CT Bone Images. In Marc Pollefeys and Kostas Daniilidis, editors, *Proceedings 3DPVT 2006*, 6 2006.
- [11] Haojun Wang, Patrick Sturm, Frank Schmitt, and Lutz Prieße. Hybrid And Unsupervised Segmentation of 3D Brain MR Images. *ICGST International Journal on Graphics, Vision and Image Processing*, Special Issue on Medical Image Processing, 2006.

- [12] Frank Schmitt, Patrick Sturm, and Lutz Priebe. 3d-csc: A general segmentation technique for voxel images with application in medicine. In Thorsten M. Buzug, Dietrich Holz, Simone Weber, Jens Bongartz, Kohl-Bareis Matthias, and Ulrich Hartmann, editors, *Advances in Medical Engineering*, Springer Proceedings in Physics 114, pages 187–192. Springer, Berlin, Heidelberg, New York, 3 2007. 3. Remagener Physiktage (RPT 2007).

Literaturverzeichnis

- [AF00] J. Ashburner and K.J. Friston. Voxel-based morphometry – the methods. *NeuroImage*, 11:805–821, 2000.
- [BD89] Karl-Heinz Becker and Michael Dörfler. *Dynamische Systeme und Fraktale*. Vieweg Verlag, Braunschweig, 1989.
- [Car87] M. J. Carlotto. Histogram analysis using a scale-space approach. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 9(1):121–129, 1987.
- [CZK⁺98] D. Louis Collins, Alex P. Zijdenbos, Vasken Kollokian, John G. Sled, N. J. Kabani, Colin J. Holmes, and Alan C. Evans. Design and construction of a realistic digital brain phantom. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 17(3):463–468, 1998.
- [Har87] G. Hartmann. Recognition of hierarchically encoded images by technical and biological systems. *Biological Cybernetics*, 57:73–84, 1987.
- [HSHD87] David Harwood, Muralidhara Subbarao, Hannu Hakalahti, and Larry S. Davis. A new class of edge-preserving smoothing filters. *Pattern Recogn. Lett.*, 6(3):155–162, 1987.
- [KEP96] Remi K.-S. Kwan, Alan C. Evans, and G. Bruce Pike. An extensible MRI simulator for post-processing evaluation. In *VBC*, pages 135–140, 1996.
- [KHEK76] M. Kuwahara, K. Hachimura, S. Eiho, and M. Kinoshita. Processing of ri-angiocardigraphic images. *Digital Processing of Biomedical Images*, pages 187–203, 1976.
- [PM90] Pietro Perona and Jitendra Malik. Scale-Space and Edge Detection Using Anisotropic Diffusion. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 12(7):629–639, 1990.
- [Reh94] Volker Rehrmann. *Stabile, echtzeitfähige Farbbildauswertung*. PhD thesis, Universität Koblenz, Koblenz, 1994. Fölbach, Koblenzer Schriften zur Informatik.
- [Vog02] Jan-Friedrich Vogelbruch. *Segmentierung von Volumendatensätzen mittels dreidimensionaler hierarchischer Inselstrukturen*. PhD thesis, RWTH Aachen, Forschungszentrum Jülich, Jülich, 2002. Schriften des Forschungszentrum Jülich, Reihe Informationstechnik, Band 3.
- [VPL04] U. Vovk, F. Pernuš, and B. Likar. MRI intensity inhomogeneity correction by combining intensity and spatial information. *Phys Med Biol*, 49:4119–4133, 2004.

Bisher erschienen

Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik

(<http://www.uni-koblenz.de/fb4/publikationen/arbeitsberichte>)

Lutz Priese, Frank Schmitt, Patrick Sturm, Haojun Wang: BMBF-Verbundprojekt 3D-RETISEG, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 26/2007

Stephan Philippi, Alexander Pinl: Proceedings 14. Workshop 20.-21. September 2007
Algorithmen und Werkzeuge für Petrinetze, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 25/2007

Ulrich Furbach, Markus Maron, Kevin Read: CAMPUS NEWS – an Intelligent Bluetooth-based Mobile Information Network, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 24/2007

Ulrich Furbach, Markus Maron, Kevin Read: CAMPUS NEWS - an Information Network for Pervasive Universities, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 23/2007

Lutz Priese: Finite Automata on Unranked and Unordered DAGs Extended Version, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 22/2007

Mario Schaarschmidt, Harald F.O. von Kortzfleisch: Modularität als alternative Technologie- und Innovationsstrategie, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 21/2007

Kurt Lautenbach, Alexander Pinl: Probability Propagation Nets, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 20/2007

Rüdiger Grimm, Farid Mehr, Anastasia Meletiadou, Daniel Pähler, Ilka Uerz: SOA-Security, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 19/2007

Christoph Wernhard: Tableaux Between Proving, Projection and Compilation, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 18/2007

Ulrich Furbach, Claudia Obermaier: Knowledge Compilation for Description Logics, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 17/2007

Fernando Silva Parreiras, Steffen Staab, Andreas Winter: TwoUse: Integrating UML Models and OWL Ontologies, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 16/2007

Rüdiger Grimm, Anastasia Meletiadou: Rollenbasierte Zugriffskontrolle (RBAC) im Gesundheitswesen, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 15/2007

Ulrich Furbach, Jan Murray, Falk Schmidsberger, Frieder Stolzenburg: Hybrid Multiagent Systems with Timed Synchronization-Specification and Model Checking, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik 14/2007

Björn Pelzer, Christoph Wernhard: System Description: "E-KRHyper", Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 13/2007

Ulrich Furbach, Peter Baumgartner, Björn Pelzer: Hyper Tableaux with Equality, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 12/2007

Ulrich Furbach, Markus Maron, Kevin Read: Location based Information systems, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 11/2007

Philipp Schaer, Marco Thum: State-of-the-Art: Interaktion in erweiterten Realitäten, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 10/2007

Ulrich Furbach, Claudia Obermaier: Applications of Automated Reasoning, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 9/2007

Jürgen Ebert, Kerstin Falkowski: A First Proposal for an Overall Structure of an Enhanced Reality Framework, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 8/2007

Lutz Prieße, Frank Schmitt, Paul Lemke: Automatische See-Through Kalibrierung, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 7/2007

Rüdiger Grimm, Robert Krimmer, Nils Meißner, Kai Reinhard, Melanie Volkamer, Marcel Weinand, Jörg Helbach: Security Requirements for Non-political Internet Voting, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 6/2007

Daniel Bildhauer, Volker Riediger, Hannes Schwarz, Sascha Strauß, „grUML – Eine UML-basierte Modellierungssprache für T-Graphen“, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 5/2007

Richard Arndt, Steffen Staab, Raphaël Troncy, Lynda Hardman: Adding Formal Semantics to MPEG-7: Designing a Well Founded Multimedia Ontology for the Web, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 4/2007

Simon Schenk, Steffen Staab: Networked RDF Graphs, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 3/2007

Rüdiger Grimm, Helge Hundacker, Anastasia Meletiadou: Anwendungsbeispiele für Kryptographie, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 2/2007

Anastasia Meletiadou, J. Felix Hampe: Begriffsbestimmung und erwartete Trends im IT-Risk-Management, Arbeitsberichte aus dem Fachbereich Informatik, 1/2007

„Gelbe Reihe“

(<http://www.uni-koblenz.de/fb4/publikationen/gelbereihe>)

Lutz Prieße: Some Examples of Semi-rational and Non-semi-rational DAG Languages. Extended Version, Fachberichte Informatik 3-2006

Kurt Lautenbach, Stephan Philippi, and Alexander Pinl: Bayesian Networks and Petri Nets, Fachberichte Informatik 2-2006

Rainer Gimnich and Andreas Winter: Workshop Software-Reengineering und Services, Fachberichte Informatik 1-2006

Kurt Lautenbach and Alexander Pinl: Probability Propagation in Petri Nets, Fachberichte Informatik 16-2005

Rainer Gimnich, Uwe Kaiser, and Andreas Winter: 2. Workshop "Reengineering Prozesse" – Software Migration, Fachberichte Informatik 15-2005

Jan Murray, Frieder Stolzenburg, and Toshiaki Arai: Hybrid State Machines with Timed Synchronization for Multi-Robot System Specification, Fachberichte Informatik 14-2005

Reinhold Letz: FTP 2005 – Fifth International Workshop on First-Order Theorem Proving, Fachberichte Informatik 13-2005

Bernhard Beckert: TABLEAUX 2005 – Position Papers and Tutorial Descriptions, Fachberichte Informatik 12-2005

Dietrich Paulus and Detlev Droege: Mixed-reality as a challenge to image understanding and artificial intelligence, Fachberichte Informatik 11-2005

Jürgen Sauer: 19. Workshop Planen, Scheduling und Konfigurieren / Entwerfen, Fachberichte Informatik 10-2005

Pascal Hitzler, Carsten Lutz, and Gerd Stumme: Foundational Aspects of Ontologies, Fachberichte Informatik 9-2005

Joachim Baumeister and Dietmar Seipel: Knowledge Engineering and Software Engineering, Fachberichte Informatik 8-2005

Benno Stein and Sven Meier zu Eißén: Proceedings of the Second International Workshop on Text-Based Information Retrieval, Fachberichte Informatik 7-2005

Andreas Winter and Jürgen Ebert: Metamodel-driven Service Interoperability, Fachberichte Informatik 6-2005

Joschka Boedecker, Norbert Michael Mayer, Masaki Ogino, Rodrigo da Silva Guerra, Masaaki Kikuchi, and Minoru Asada: Getting closer: How Simulation and Humanoid League can benefit from each other, Fachberichte Informatik 5-2005

Torsten Gipp and Jürgen Ebert: Web Engineering does profit from a Functional Approach, Fachberichte Informatik 4-2005

Oliver Obst, Anita Maas, and Joschka Boedecker: HTN Planning for Flexible Coordination Of Multiagent Team Behavior, Fachberichte Informatik 3-2005

Andreas von Hessling, Thomas Kleemann, and Alex Sinner: Semantic User Profiles and their Applications in a Mobile Environment, Fachberichte Informatik 2-2005

Heni Ben Amor and Achim Rettinger: Intelligent Exploration for Genetic Algorithms – Using Self-Organizing Maps in Evolutionary Computation, Fachberichte Informatik 1-2005