

Aus dem Universitätsklinikum Münster  
Institut für Experimentelle Audiologie  
— Kommissarischer Direktor: Prof. Dr. B. Lütkenhöner —

Rekonstruktion der Kortexoberfläche aus  
Magnetresonanztomogrammen unter besonderer  
Berücksichtigung tiefer Furchenstrukturen

INAUGURAL-DISSERTATION  
zur  
Erlangung des doctor rerum medicinalium  
der Medizinischen Fakultät  
der Westfälischen Wilhelms-Universität Münster

vorgelegt von Olaf Steinträger  
aus Neuenkirchen  
2004

Gedruckt mit Genehmigung der Medizinischen Fakultät  
der Westfälischen Wilhelms-Universität Münster

Dekan: Univ.-Prof. Dr. H. Jürgens

1. Berichterstatter: Prof. Dr. B. Lütkenhöner
2. Berichterstatter: Prof. Dr. S. Knecht

Tage der mündlichen Prüfungen: 9./11./13. Feb. 2004

Aus dem Universitätsklinikum Münster  
Institut für Experimentelle Audiologie  
— Kommissarischer Direktor: Prof. Dr. B. Lütkenhöner —  
Referent: Prof. Dr. B. Lütkenhöner  
Koreferent: Prof. Dr. S. Knecht

## ZUSAMMENFASSUNG

Rekonstruktion der Kortexoberfläche aus Magnetresonanztomogrammen unter besonderer Berücksichtigung tiefer Furchenstrukturen

Steinsträter, Olaf

Die Magnetresonanztomographie (MRT) ist das derzeit wohl führende Instrument zur in-vivo-Aufklärung der Morphologie des menschlichen Gehirns, sowohl im Rahmen klinischer Fragestellungen als auch im Hinblick auf die neurologische Forschung. Aufgrund der großen Informationsmenge, die moderne MRT-Scanner liefern, gewinnen dabei automatische Auswertungsverfahren eine immer größere Bedeutung. Aber obwohl Computer maßgeblich an der Erzeugung von MRT-Aufnahmen beteiligt sind, erweist sich eine automatische Weiterverarbeitung häufig als außerordentlich schwierig.

Hinsichtlich seiner Erzeugung ist ein MRT-Bild eine Sammlung vieler unabhängiger Messresultate, die in einem Raster angeordnet sind, welches Rückschlüsse auf den jeweiligen Ort der Datenerhebung erlaubt. Erst im Auge des menschlichen Untersuchers schließen sich diese Einzelwerte zu bildhaften Strukturen zusammen. Computer sind dadurch zunächst von den wesentlichen Informationsinhalten der MRT-Aufnahmen ausgeschlossen. Verfahren, die die Integrationsleistung des menschlichen Auges nachvollziehen und aus der vom MRT-Scanner gelieferten Sammlung einzelner Messwerte anatomische Strukturen rekonstruieren, stehen daher am Anfang jeder automatischen Auswertung.

In dieser Arbeit wird ein neuartiges automatisches Verfahren zur Rekonstruktion des Kortex aus MRT-Daten vorgeschlagen. Für dieses genau so schwierige wie wichtige Rekonstruktionsproblem wurde in den letzten Jahren eine Vielzahl unterschiedlicher Verfahren entwickelt, deren Hauptströmung gegenwärtig wohl die statistischen Segmentierverfahren darstellen. Im Unterschied zu diesen wurde hier aber ein primär geometrischer Ansatz gewählt, der über eine Kombination von neu entwickelten Bereichswachstumsverfahren und konturorientierten Analyse-schritten in der Lage ist, auch tiefe und enge Furchenstrukturen sicher aufzulösen, deren Grauwertverlauf, bedingt durch Partialvolumeneffekt und Bildstörungen, statistischen Klassifizierern kaum Möglichkeiten zur eindeutigen Abgrenzung zwischen grauer Hirnsubstanz und Liquorraum bietet.

Das Verfahren wurde insbesondere im Hinblick auf das Problem der Quellenlokalisation bei Magnetoenzephalographie-Untersuchungen entwickelt. Zur Einschränkung des Lösungsraums ist hierbei eine möglichst exakte Rekonstruktion des Kortexverlaufs von größter Bedeutung.



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>3</b>
1.1	Motivation und Übersicht . . . . .	3
1.2	Entwicklungslinien der Kortexrekonstruktionsverfahren . . . . .	15
1.2.1	Gebietsorientierte Segmentierverfahren . . . . .	17
1.2.2	Randorientierte Segmentierverfahren . . . . .	18
1.2.3	Statistische Segmentierverfahren . . . . .	24
<b>2</b>	<b>Theorie</b>	<b>29</b>
2.1	Digitale Bilder . . . . .	29
2.1.1	Definition . . . . .	29
2.1.2	Implementierung . . . . .	30
2.2	Digitale Topologie . . . . .	35
2.2.1	Einleitung . . . . .	35
2.2.2	Nachbarschaftsbeziehungen . . . . .	37
2.2.3	Binäre Digitale Bilder . . . . .	38
2.3	Mathematische Morphologie . . . . .	41
2.3.1	Einleitung . . . . .	41
2.3.2	Morphologische Operatoren für Binärbilder . . . . .	42
2.3.3	Erweiterung auf Grautonbilder . . . . .	50
2.3.4	Hit-and-Miss Transformation . . . . .	54
2.4	Distanztransformation . . . . .	55
2.4.1	Einleitung . . . . .	55
2.4.2	Zusammenhang zur mathematischen Morphologie . . . . .	56
2.4.3	Schnelle Distanztransformationen . . . . .	57
2.4.4	Euklidische Distanztransformation . . . . .	60
2.5	Glättungsfilter . . . . .	64
2.5.1	Lineare Glättung . . . . .	65
2.5.2	Nicht-lineare kantenerhaltende Glättung . . . . .	67
2.6	Bereichswachstumsverfahren . . . . .	74
2.6.1	Einleitung . . . . .	74
2.6.2	Klassischer Ansatz . . . . .	75
2.6.3	Konturorientierter Ansatz . . . . .	81
2.7	Thinning . . . . .	96

2.7.1	Einleitung . . . . .	96
2.7.2	Zusammenhang zur Distanztransformation . . . . .	98
2.7.3	Topologieerhaltende Bildtransformationen . . . . .	100
2.7.4	Algorithmen . . . . .	108
<b>3</b>	<b>Kortexrekonstruktion</b>	<b>125</b>
3.1	Übersicht . . . . .	125
3.2	Vorverarbeitung . . . . .	127
3.3	Freistellung des Gehirns . . . . .	138
3.3.1	Schablonenorientiertes Freistellungsverfahren . . . . .	142
3.3.2	Morphologisches Freistellungsverfahren . . . . .	143
3.4	Volume-Rendering . . . . .	150
3.5	Bias-Korrektur . . . . .	155
3.6	Zweidimensionale Rekonstruktion . . . . .	158
3.6.1	Detektierung linienartiger Strukturen . . . . .	164
3.6.2	Kurvenoptimierung . . . . .	171
3.7	Dreidimensionale Rekonstruktion . . . . .	182
3.7.1	Rekonstruktion des dreidimensionalen Furchenverlaufs . . . . .	182
3.7.2	Geometrische Optimierung . . . . .	190
3.7.3	Topologische Optimierung . . . . .	194
3.8	Oberflächendarstellung . . . . .	199
3.9	Vergleich mit SPM99 und FSL . . . . .	206
<b>4</b>	<b>Diskussion und Ausblick</b>	<b>214</b>
4.1	Die Hauptschritte des Rekonstruktionsprozesses . . . . .	215
4.2	Bewertung und Einordnung . . . . .	219
4.3	Verbesserungsmöglichkeiten . . . . .	226
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>230</b>

# Kapitel 1

## Einleitung

### 1.1 Motivation und Übersicht

Verfahren zur Abbildung des lebenden Nervensystems — im englischen auch unter dem Begriff *Neuroimaging*-Verfahren zusammengefasst — haben sich in den letzten zwei bis drei Jahrzehnten zu integralen Bestandteilen der neurologischen Diagnostik sowie zu führenden Werkzeugen in der neurowissenschaftlichen Forschung entwickelt. Dabei fanden bildgebende Verfahren erst relativ spät nach der Entdeckung der Röntgenstrahlen durch Wilhelm Conrad Röntgen im Jahre 1895 (Nobelpreis 1901) Eingang in die Neurologie. Tatsächlich sind konventionelle Röntgen-Aufnahmen für das Studium der Gehirnstruktur relativ ungeeignet, weshalb es erst der Entwicklung spezieller Techniken wie der *Pneumoencephalographie* bedurfte, um Röntgenstrahlen für die neurologische Diagnostik des Zentralnervensystems anwendbar zu machen. Bei dieser Technik wird Luft in den Raum der *cerebrospinalen Flüssigkeit* (CSF) injiziert, ein Verfahren, das weder schmerzfrei noch ungefährlich ist. Obwohl diese Technik in den späten Fünfzigern durch die Einführung verschiedener Kontrastmittel ersetzt wurde, traten bildgebende Verfahren doch erst mit der Entwicklung der *Computertomographie* (CT) durch Hounsfield and Cormack (Nobelpreis 1979) ihren Siegeszug im Bereich der Neurologie an. Die Computertomographie ist eigentlich nur eine Spielart der Röntgendurchleuchtung; dennoch ermöglicht die mathematische<sup>1</sup> Rekonstruktion der Abschwächung einer Vielzahl von in unterschiedlichen Winkeln den menschlichen Körper durchdringenden Röntgen-Strahlen einen unvergleichlich höheren Weichteilkontrast, sodass bemerkenswert detailreiche Schnittbilder des menschlichen Gehirns erzielt werden. Eine weitere Revolution in diesem Bereich stellte die Einführung der Magnetresonanztomographie (MRT) dar, welche gegenüber der Computertomographie nochmals einen deutlich erhöhten Weichteilkontrast bietet

---

<sup>1</sup>Die Bedeutung der Mathematik in der Entwicklung der Computertomographie klingt auch in der Bezeichnung an, wenn man den Begriff Computer durch „mathematisches Werkzeug“ ersetzt, was in den Siebzigerjahren noch weitaus gerechtfertigter war als heute.

und mittlerweile das CT als führende strukturelle Neuroimaging-Technik abgelöst hat. Das Verfahren, das nicht nur Struktur, sondern auch Chemie und Funktion des Gehirns darstellen kann, nutzt das Resonanzverhalten des Eigendrehimpulses (*Spin*) von Wasserstoffkernen zur Bilderzeugung aus, eine Technik, die in ihren Grundlagen bereits 1946 von Bloch und Purcell demonstriert wurde (Nobelpreis 1952) und diesbezüglich sogar älter als das CT-Verfahren ist.

Seit der Einführung von CT und MRT in den Siebzigerjahren hat die Entwicklung von Neuroimaging-Techniken teilweise dramatische Fortschritte erzielt. Eine Vielzahl verschiedener Verfahren ermöglicht heute eine nicht-invasive<sup>2</sup> Aufklärung nicht nur der Morphologie, sondern auch der Chemie und Funktion des lebenden Gehirns. Als aktuell wichtigste Vertreter der funktionellen Bildgebung müssen dabei insbesondere die folgenden Methoden erwähnt werden:

- *Positronenemissionstomographie (PET)*. Eine nuklearmedizinische Untersuchungsmethode zur Darstellung von Gewebedurchblutung und Stoffwechselverhalten (und damit indirekt der Gehirnfunktion). Die verwendeten Radiopharmaka emittieren Positronen, die sich aber nach kurzer Laufzeit unter Aussendung jeweils zweier Gamma-Quanten mit umgebenden Elektronen annihilieren. Die beiden Gamma-Quanten verlassen das Untersuchungsvolumen in einem Winkel von  $180^\circ$  und werden an entgegengesetzten Stellen des Detektors zur gleichen Zeit gemessen (Koinzidenzmessung). Hierdurch wird eine besonders hohe Ortsauflösung erzielt.
- *Single photon emission computerized tomography (SPECT)*. Eine nuklearmedizinische Untersuchungsmethode ähnlich dem PET. Das SPECT setzt aber direkt Gamma-Quanten emittierende Radiopharmaka ein, sodass eine Koinzidenzmessung wie beim PET nicht möglich ist. Die Ortsauflösung ist entsprechend geringer, das Verfahren allerdings auch sehr viel kostengünstiger (sowohl im Hinblick auf das Gerät als auch bezüglich der benötigten Radionukleide (das PET benötigt z. B. ein ortsnahees Zyklotron)).
- *Funktionelle Kernspintomographie (fMRT, auch fMRI für functional magnetic resonance imaging)*. Die funktionelle Kernspintomographie beruht auf den gleichen Gesetzmäßigkeiten wie die morphologische Kernspintomographie (es wird insbesondere das gleiche Gerät verwendet), nutzt aber spezielle Aufnahmesequenzen, um die lokale Änderung der Blutoxygenierung sichtbar zu machen (BOLD-Effekt (blood-oxygen-level-dependent)): oxygeniertes Blut ist diamagnetisch, deoxygeniertes Blut aber paramagnetisch. Wie bei PET und SPECT wird auf die neuronale Aktivität indirekt über eine Stoffwechsel-Antwort zurückgeschlossen. Einer der wesentlichsten Vorteile gegenüber PET und SPECT ist aber die Risikolosigkeit dieses Verfahrens. Eine fMRI-Untersuchung kann beliebig oft wiederholt werden, eine

---

<sup>2</sup>Die Verwendung von Röntgenstrahlen sowie die Injektion von Kontrastmitteln und radioaktiv markierten Substanzen mögen an dieser Stelle als nicht-invasiv angesehen werden.

Möglichkeit, die beim PET bzw. SPECT aufgrund der Strahlenbelastung nicht zur Verfügung steht.

Das wohl bedeutsamste Sinnesorgan des Menschen sind seine Augen. Dies allein erklärt schon die besondere Faszination bildgebender Verfahren, die es erlauben, direkten Einblick in das ansonsten verborgene Innere des lebenden menschlichen Körpers zu nehmen. Dies gilt natürlich in besonderem Maße für morphologische Verfahren wie das CT und das MRT, welche — abgesehen von der artifiziellen und insbesondere beim MRT zudem äußerst variablen (von der gewählten Aufnahmesequenz abhängigen) Grauwertbelegung — Schichtbilder liefern, die anatomischen Schnitten nahe kommen. Aber auch die abstrakteren Daten funktioneller Aufnahmetechniken lassen sich — bis zu einem gewissen Grad — durch visuelle Inspektion analysieren. Gerade die Möglichkeit der direkten visuellen Auswertung macht ein bildgebendes Untersuchungsverfahren so wertvoll. Die beeindruckende Leistungsfähigkeit des menschlichen Gehirns hinsichtlich der Analyse bildhafter Daten kann von automatischen Verfahren gegenwärtig nur in eng begrenzten Teilfeldern nachvollzogen werden, und es steht nicht zu erwarten, dass sich dies in absehbarer Zeit grundsätzlich ändern wird. Dennoch ist die automatische Analyse bildartiger Datensätze im Begriff, eine Schlüsseltechnologie der modernen Medizin und der biomedizinischen Forschung zu werden.

Bildgebende Verfahren liefern primär keine Bilder, sondern orts aufgelöste Messwerte, die erst durch ein gewöhnlich verlustbehaftetes Verfahren in betrachtbare Bilder umgewandelt werden müssen. Dies gilt schon auf relativ niedrigem Niveau. So überfordert die Grauwertdynamik (d. h. die Anzahl der Graustufen) heutiger CT-Aufnahmen das Auflösungsvermögen des menschlichen Sehsystems bei weitem. Der Untersucher muss also jeweils ein geeignetes Grauwertfenster<sup>3</sup> auswählen, um die Messwerte in ein betrachtbares Bild zu verwandeln<sup>4</sup>. Um die Daten auswertbar zu machen, ist hier also bereits die Unterstützung durch ein einfaches Bildverarbeitungssystem notwendig. Anspruchsvollere Methoden der medizinischen Bildverarbeitung erleichtern die visuelle Inspektion der Daten durch Bildverbesserungsschritte wie z. B. Rauschunterdrückung, Kontrastverbesserung oder Erhöhung der Bildschärfe. Solche Methoden können bereits als mehr oder weniger etabliert betrachtet werden, unterstützen aber nur die gewöhnliche, schnittorientierte Interpretation der Untersuchungsdaten. Weitaus revolutionärer sind Verfahren zur dreidimensionalen Rekonstruktion von Organen und Gewebestrukturen.

Üblicherweise liefern Neuroimaging-Verfahren einzelne Schnittbilder (daher das Wort „Tomographie“ in vielen Technikbezeichnungen). Durch lückenlose Überdeckung des Untersuchungsvolumens mit Einzelschnitten erhält man dennoch

---

<sup>3</sup>Eine Abbildung, die ein vorgegebenes Werteintervall  $[c_{\min}, c_{\max}]$  linear auf die Grauwerte von schwarz ( $c_{\min}$ ) bis weiß ( $c_{\max}$ ) abbildet und alle außerhalb des Intervalls liegenden Werte entweder schwarz ( $c < c_{\min}$ ) oder weiß ( $c > c_{\max}$ ) darstellt.

<sup>4</sup>Für CT-Bilder ist dies so wichtig, dass es dafür eine Norm gibt: *Hounsfield-Fenster*.

einen 3D-Datensatz, der mit geeigneten Bildverarbeitungsverfahren ausgewertet werden kann. Einige Verfahren erlauben aber auch (teilweise trotz des Begriffes „Tomographie“ in der Namensgebung) die direkte Akquisition dreidimensionaler Daten. Beispiele hierfür sind das Spiral-CT und 3D-Aufnahmesequenzen des MRT. In jedem Fall ist das Resultat ein dreidimensionales Bild: Genau wie ein zweidimensionales Bild aus einzelnen Rasterpunkten, *Pixel* genannt (nach *picture element*), zusammengesetzt ist, baut sich ein dreidimensionales Bild aus einem regelmäßigen Gitter von Volumenelementen, *Voxel* genannt, auf. Aufgrund ihrer Entstehung aus einzelnen Schnittbildern sind *Voxel* häufig keine Würfel, sondern Quader, deren längste Seite in Richtung der Schnitfführung liegt, also der Schnittdicke entspricht. Die Frontseite der *Voxel*, also derjenige Teil, der in einem Schnittbild als *Pixel* erscheint, ist allerdings in aller Regel quadratisch mit einer gemeinsamen Seitenlänge, die, wenn es sich nicht um würfelförmige *Voxel* handelt, praktisch immer die Schnittdicke unterschreitet. Mitunter lässt der Scanner zwischen den einzelnen Schnitten Lücken, d. h. der Abstand der Mittelpunkte der *Voxel* entlang der Schnitfführung ist größer als die Schichtdicke (einige MRT-Aufnahmesequenzen erfordern solche Lücken). Derartige Aufnahmen müssen unter Verwendung geeigneter Interpolationsverfahren vorverarbeitet werden, da dreidimensionale Bildverarbeitungsalgorithmen fast immer davon ausgehen, dass der zu verarbeitende dreidimensionale Block von *Voxeln* das Untersuchungsobjekt lückenlos überdeckt. Nicht selten erfordern Bildverarbeitungs-methoden auch zwingend würfelförmige *Voxel*; dies kann ebenfalls über den Einsatz von Interpolationsverfahren sichergestellt werden.

Das Fernziel dreidimensionaler Rekonstruktionsverfahren ist die räumliche Darstellung des lebenden Organs in einer Qualität, wie man sie von anatomischen Zeichnungen oder Präparaten kennt. Dabei ist man hier aber keineswegs auf den statischen Fall beschränkt: In der Kardiologie ist beispielsweise naturgemäß die Dynamik des schlagenden Herzens von besonderem Interesse, während in der neurologischen Forschung die Kombination exakter anatomischer Darstellungen mit funktionellen Resultaten im Vordergrund steht. Das letzte Beispiel zeigt auch, dass sich das Ziel der dreidimensionalen Rekonstruktion „anatomischer“ Strukturen keineswegs auf morphologische Scans beschränkt. Für die effektive Kombination morphologischer und funktioneller Daten müssen beide Datensätze Rekonstruktionsverfahren unterworfen werden. Darüber hinaus sind Rekonstruktionsverfahren im Bereich funktioneller Scans häufig auch ohne Rückgriff auf morphologische Daten sinnvoll ([91] zeigt einige Beispiele aus dem Bereich des SPECT): Es ist ja gerade ein Kennzeichen von Neuroimaging-Verfahren, dass diese (im weiteren Sinne) stets „anatomische“ Daten liefern, i. Allg. natürlich keine primär gewebebezogenen.

Die dreidimensionale Rekonstruktion von Organen — oder allgemeiner biomedizinisch relevanter Objekte — aus dreidimensionalen Bildern ist in aller Regel nicht trivial, auch wenn die Mühelosigkeit, mit der das menschliche Auge Bilder interpretieren kann, zu dieser Ansicht verführen könnte. Rekonstruktions-

verfahren, die auf künstlichen neuronalen Netzen beruhen, versuchen sogar diese menschliche Art der visuellen Informationsverarbeitung nachzuahmen. Allerdings sind solche Methoden gegenwärtig noch Gegenstand intensiver Grundlagenforschung, sodass praxisrelevante Verfahren in der Regel auf mathematische Analysemethoden zurückgreifen, die das gesteckte Ziel auf gänzlich anderem Wege zu erreichen suchen.

Die Kernaufgabe innerhalb eines Rekonstruktionsverfahrens besteht in der Zuordnung der Voxel zu vorgegebenen Objektklassen, bei Auswertung morphologischer Scans — um die es in dieser Arbeit primär geht — also zu Gewebetypen. In der Sprache der digitalen Bildverarbeitung bezeichnet man eine solche Zuordnungsoperation als *Segmentierung*<sup>5</sup>, hier also als Aufteilung eines dreidimensionalen Bildes in einzelne Gewebeklassen. Der Scanner selbst ordnet jedem Voxel zunächst nur einen, in der Regel eindimensionalen<sup>6</sup>, Messwert zu, welcher sich direkt in einen Grauwert umsetzen lässt. Dieser Grauwert hängt von der repräsentierten Gewebeklasse ab, unter Umständen aber auf sehr komplizierte Weise.

Selbst wenn es prinzipiell eine relativ eindeutige Zuordnung zwischen Grauwert und Gewebetypus gibt — das CT ist hierfür ein Beispiel — ist die Interpretation eines Voxelgrauwertes nicht trivial: Aufgrund biologischer Variationen innerhalb einer Gewebeklasse sowie weiteren Messunsicherheiten, die in der Technik des eingesetzten Scanners bzw. der gewählten Aufnahmesequenz begründet sind, kann einem Gewebetypus praktisch niemals eine einzelne Graustufe zugeordnet werden, sondern man muss sich in der Regel mit einem ganzen Intervall möglicher Grauwerte zufrieden geben. Im Allgemeinen wird für die Statistik dieser Grauwertbereiche eine Gaussverteilung angenommen, was die Zuordnung einer „typischen“ Graustufe für den betrachteten Gewebetyp über den Erwartungswert erlaubt. Die Standardabweichung kann aber relativ groß sein, was signifikante Überlappungen zwischen den Grauwertbereichen unterschiedlicher Gewebetypen wahrscheinlich macht. Solche Überlappungen erschweren die Interpretation von Grauwerten natürlich erheblich und erlauben rein grauwertbasierte Analysen höchstens im Rahmen statistischer Klassifizieransätze. Darüber hinaus führt die endliche Auflösung der Bilder (also das von null verschiedene Volumen der Voxel) zu einem weiteren Problem, welches man als *Partialvolumen-Effekt* bezeichnet: Liegt ein Voxel in der Nähe zweier oder mehrerer Gewebegrenzen, so umfasst das Volumen des Voxels mehrere Gewebetypen, und der resultierende Grauwert ist eine anteilige Kombination der Grauwerte dieser Gewebearten. Der auf diese

---

<sup>5</sup>Die Begriffe *Rekonstruktion* und *Segmentierung* sind nicht synonym. *Segmentierung* ist ein Begriff aus dem Methodenvorrat der digitalen Bildverarbeitung, während *Rekonstruktion* in der Regel eine Aufgabe bezeichnet, die mit Methoden der digitalen Bildverarbeitung angegangen werden soll. Da aber bei den in dieser Arbeit behandelten Rekonstruktionsproblemen die Aufgabe mit der erfolgreichen Segmentierung praktisch gelöst ist, wird im weiteren Text zwischen den beiden Begriffen nicht mehr streng unterschieden.

<sup>6</sup>Ein MRT-Scanner kann z. B. auch mehrdimensionale Daten liefern.



Weise entstandene Grauwert kann ohne weiteres in den Grauwertbereich eines Gewebetyps fallen, der an der Entstehung des Voxelgrauwertes gar nicht beteiligt war. Eine erfolgreiche Analyse nur auf der Basis isolierter Voxelgrauwerte ist daher häufig nicht möglich; man ist gezwungen, die Umgebung der einzelnen Voxel mit in das Analysemodell aufzunehmen.

Selbst die schon relativ etablierte Rekonstruktion von Knochenstrukturen aus CT-Daten, die aufgrund der relativ stabilen Grauwertzuordnung auf den ersten Blick als moderates Problem erscheint, ist daher mit beträchtlichen Schwierigkeiten behaftet, wenn man entsprechende Qualitätsanforderungen stellt, und ist weiterhin Gegenstand intensiver Forschung. Die Rekonstruktion des Gehirns aus MRT-Daten ist noch erheblich anspruchsvoller, da hier insbesondere eine eindeutige Zuordnung zwischen Gewebe und Graustufen fehlt. Die Grauwertzuordnung hängt zunächst von der gewählten Aufnahmesequenz ab. Dies ist im Prinzip eine besondere Stärke des MRTs, da aufgrund dieser Flexibilität MRT-Aufnahmen für die verschiedensten Untersuchungsfragestellungen optimiert werden können. Tatsächlich werden auch Rekonstruktionsverfahren speziell im Hinblick auf bestimmte Klassen von Aufnahmesequenzen ausgerichtet (im Bereich der Rekonstruktion des Gehirns sind T1-gewichtete Aufnahmesequenzen am gebräuchlichsten). Die genaue Grauwertzuordnung hängt aber empfindlich vom eingesetzten Scanner und den Details der Aufnahmesequenz ab. Diese exakte Grauwertzuordnung ließe sich theoretisch durchaus bestimmen; aber ein Rekonstruktionsverfahren, das sich auf solche Informationen stützt, wäre höchst unpraktikabel, da jeder Scannerwechsel und jede Veränderung an der Aufnahmesequenz eine entsprechend aufwändige Anpassung des Verfahrens nach sich ziehen würde. MRT-Bilder, deren Aufnahmesequenzen nicht vollständig bekannt sind, könnten mit solchen Rekonstruktionsverfahren gar nicht bearbeitet werden. In der Praxis ist die Grauwertzuordnung aber selbst bei bekannter Aufnahmesequenz nicht eindeutig, da man neben einer Reihe anderer Artefakte [148] in MR-Bildern gewöhnlich eine langwellige räumliche Störung im Grauwertverlauf beobachtet, die man als *Bias-Feld* bezeichnet [145, 147, 167, 146]. Unvermeidbare Fehler im Hochfrequenzsystem des MR-Scanners und patienteninduzierte elektromagnetische Wechselwirkungen führen zu einer Tiefpass-Filterung im K-Raum<sup>7</sup>, aus der sich im Rahmen der Bilderzeugung durch inverse Fourier-Transformation eine punktweise Multiplikation des „idealen“ MR-Bildes mit dem räumlich langsam variierenden verfälschenden Bias-„Bild“ ergibt.

Obwohl bei der visuellen Inspektion von MR-Schnitten mitunter kaum zu bemerken, stellt das Bias-Feld Segmentierverfahren vor schwerwiegende Probleme, da hierdurch die Grauwertmittelwerte der verschiedenen Gewebeklassen ortsabhängig werden. Die Amplitude des Bias-Feldes ist i. Allg. so hoch, dass die

---

<sup>7</sup>Bedingt durch das Aufnahmeverfahren liegen die Messergebnisse einer MR-Scansequenz zunächst als Datenpunkte im so genannten K-Raum vor, der im Wesentlichen eine nach Phase und Frequenz aufgelöste Beschreibung der Antwortsignale enthält. Erst durch inverse Fourier-Transformation entsteht aus dieser Matrix das eigentliche Schnittbild [171].



Grauwertverteilungen benachbarter Gewebeklassen signifikant überlappen. Das bedeutet beispielsweise für die Segmentierung des Gehirns, dass eine bestimmte Graustufe an der einen Stelle weiße Hirnsubstanz, an der anderen Stelle graue Hirnsubstanz und — im Extremfall — an einer dritten Stelle sogar Liquorraum darstellen kann. Alle im Zusammenhang mit Artefakten, Rauschen und insbesondere dem Partialvolumen-Effekt auftretenden Probleme werden hierdurch erheblich verstärkt. Rein intensitätsbasierte Segmentierer erzeugen daher i. Allg. schwerwiegende Klassifizierungsfehler und sind für hohe Qualitätsanforderungen nicht geeignet. Aber auch komplexere Verfahren müssen diesem Problem besondere Aufmerksamkeit widmen, so ist z. B. in statistischen Klassifizierern ein einfaches Gaußsches Modell für die Gewebeklassen unzureichend. Es ist deshalb nicht verwunderlich, dass mittlerweile eine ganze Reihe von Verfahren existieren, die sich ausschließlich mit der Korrektur des Bias-Feldes beschäftigen [64, 27, 164, 6].

Trotz dieser Probleme stellt die morphologische Magnetresonanztomographie mit ihrem hohen Weichteilkontrast gegenwärtig wohl das führende Neuroimaging-Verfahren zur in-vivo-Aufklärung der anatomischen Struktur des Gehirns dar. Entsprechend hoch sind die Erwartungen an die Rekonstruktion. Heutige MRIs<sup>8</sup> liefern standardmäßig eine Voxelauflösung zwischen  $1 \times 1 \times 1.5 \text{ mm}^3$  und  $1 \times 1 \times 1 \text{ mm}^3$ , zu wenig z. B. für eine detaillierte Rekonstruktion des Kleinhirns. Aber auch die Rekonstruktion der Furchenstruktur der Großhirnrinde wird aufgrund des Partialvolumen-Effekts zu einem schwierigen Unterfangen. Dies scheint im Widerspruch zur visuellen Inspektion von MR-Schnittbildern zu stehen, erscheinen hier doch auch feine Verästelungen — bis hin zu Detailstrukturen des Kleinhirns — klar erkennbar. Eine genaue Analyse zeigt jedoch, dass man teilweise Strukturen zu erkennen glaubt, die in der Nähe oder sogar unterhalb der Auflösung des Bildes liegen<sup>9</sup>. Das menschliche Sehsystem führt hier also selbständig eine Rekonstruktion<sup>10</sup> durch, die insbesondere auch globale Aspekte des Bildes in die Analyse der Detailstrukturen einführt. Eine Nachbildung dieses Vorgangs ist unerhört schwierig. Gerade das Einbeziehen globaler Informationen ist ein Problem: Werden bei der Analyse eines Voxel mehr als seine unmittelbaren Nachbarn berücksichtigt, wird der Rechenaufwand für handelsübliche Computer sehr schnell unpraktikabel groß<sup>11</sup>. Gerade im Bereich des Partialvolumen-Effekts

---

<sup>8</sup>*MR-Bild* soll im Weiteren als *MRI* abgekürzt werden: *magnetic resonance image*. Diese Bezeichnung ist in anderen Darstellungen allerdings auch für das Verfahren als solches üblich: *magnetic resonance imaging*.

<sup>9</sup>Ein Beispiel zeigt die Abbildung 3.28 in Abschnitt 3.6.1. Die Abbildung zeigt zwei Furchenstrukturen in verschiedenen Vergrößerungsstufen. Ab einer bestimmten Vergrößerung ist auch das menschliche Sehsystem nicht mehr in der Lage, die Struktur eindeutig zu erkennen.

<sup>10</sup>Dass das Gehirn seine Leistungen zum Teil durch „interpolierende“ Verfahren erbringt, zeigen die Fehlschläge: optische Täuschungen [188]. Die durch die Evolution vervollkommnete Kunst besteht darin, Verfahren zu entwickeln, die nur in seltenen Ausnahmen fehlschlagen.

<sup>11</sup>Globale Informationen können daher nur in der Form abstrakter Daten in die Berechnungen einfließen; beispielsweise als Vorsegmentierungen auf niedrigerem Qualitätsniveau, eine Überlegung, die zu iterativen Rekonstruktionsansätzen führt.

leistet das menschliche Gehirn Erstaunliches<sup>12</sup>: In T1 gewichteten MRIs ist der Liquorraum schwarz dargestellt, während der grauen Hirnsubstanz typischerweise eine mittlere Graustufe zugeordnet ist. Liegt ein Voxel auf der Kortexoberfläche, überdeckt also teilweise graue Hirnsubstanz wie auch Liquorraum, so erhält das Voxel einen im Vergleich zur typischen Graustufe der grauen Hirnsubstanz etwas abgedunkelten Grauwert, ist damit also nicht mehr eindeutig einem der beiden Gewebetypen zuordbar. Wenn die betrachtete Furche hinreichend breit ist, so schließen sich an diesen Voxel mehrere schnell dunkler werdende Voxel an, und die Furche selbst bleibt identifizierbar. Der Partialvolumen-Effekt führt hier nur zu einem, je nach Qualität der MR-Aufnahme, mehr oder weniger schwerwiegenden Lokalisierungsfehler für die Kortexoberfläche. Ist die Furche aber zu eng<sup>13</sup>, so macht sich diese unter Umständen nur als leichte Absenkung im Grauwertverlauf der grauen Hirnsubstanz bemerkbar und wird, im Verein mit Rauschen und Bias-Feld, für gängige automatische Segmentier-Verfahren unsichtbar<sup>14</sup>, nicht selten lange bevor die Furche auch im Rahmen einer visuellen Inspektion nicht mehr erkennbar ist. Diese Überlegenheit des menschlichen visuellen System beruht nicht zuletzt auf einer erweiterten Fähigkeit zur Unterscheidung zwischen realen Strukturen und Artefakten, die insbesondere auf Vorwissen beruht; einschließlich des Vorwissens, welches, quasi im Vorübergehen, durch ähnliche, aber klarer identifizierbare Strukturen desselben Bildes gewonnen wurde. Analoge Techniken überfordern den aktuellen Methodenkatalog der digitalen Bildverarbeitung bei weitem.

Hochqualitative MRT-Segmentierungen erweisen sich daher als äußerst schwierig, werden aber gleichzeitig für die Forschung immer unverzichtbarer [73]:

- Segmentierverfahren wurden z.B. bereits erfolgreich beim Studium der Zusammensetzungsänderung von weißer Hirnsubstanz, grauer Hirnsubstanz und Liquor (auch CSF, *cerebro-spinal-fluid*) für verschiedene neurologische Erkrankungen wie z. B. Multiple Sklerose [102, 135, 83, 80, 70] und Epilepsie [94, 177, 175, 176, 178] eingesetzt. Weitere wichtige Einsatzfelder im Bereich der volumetrischen Analysemethoden stellen Tumore [168, 118], Schlaganfälle [105, 70] und neurodegenerative Erkrankungen wie z. B. Alzheimer [53], aber auch Alkoholismus [69] dar.

---

<sup>12</sup>Zum Beispiel stellen sich in Rasterbildern diagonale Linien als treppenförmige Gebilde dar, die vom Betrachter zum Teil als äußerst störend empfunden werden. Zur Abmilderung werden in der Computergrafik so genannte *Antialiasing-Verfahren* [52] eingesetzt, die im Endeffekt eine „Verschmierung“ der treppenförmigen Linie über einen gewissen Bereich ihrer Umgebung bewirken. Dies bedeutet praktisch die künstliche Einführung des Partialvolumen-Effekts zur Bildverbesserung.

<sup>13</sup>Dies ist mindestens dann der Fall, wenn die Furchenbreite in der Größenordnung der Bildauflösung liegt. Durch Rauschen, Bias-Feld und weitere die Identifizierung erschwerende Artefakte kann die kritische Breite aber erheblich über der theoretischen Auflösungsgrenze liegen.

<sup>14</sup>Natürlich kann man dies in den meisten Fällen verhindern, indem man die Sensitivität des Verfahrens erhöht. Dies bedeutet in aller Regel aber auch, dass das Verfahren dann viele rauschinduzierte Strukturen fälschlich als Furchen identifiziert.

- Die Möglichkeit, Gewebestrukturen dreidimensional darzustellen und interaktiv zu manipulieren<sup>15</sup>, erlaubt die effizientere Auswertung von MRI-Daten; z. B. in der Operationsplanung [184] oder für die Visualisierung von Tumoren und anderen Anomalien [57, 87, 86]. Die zuverlässige Identifizierung wichtiger Hirnstrukturen wird durch die dreidimensionale Darstellung sehr erleichtert [166, 55] und erlaubt entsprechende Studien [106]. Darüber hinaus bildet eine zuverlässige Segmentierung die Grundlage für Verfahren zur automatischen Analyse und Identifizierung von Hirnstrukturen [61, 150, 136]. Eine Erweiterung der 3D-Visualisierung ergibt sich durch die Einbeziehung weiterer Datenquellen wie z. B. EEG (*Elektroenzephalography*), MEG (*Magnetoenzephalography*), fMRI, SPECT oder PET [137, 98, 17, 72]. In diesem Zusammenhang muss auch die Koregistrierung von Bildern verschiedener Datenquellen oder Aufnahmesequenzen genannt werden [67, 96, 179, 54, 140].
- Verfahren zur Segmentierung von MRT-Daten haben auch als Vorstufe weiterführender Anwendungen große Bedeutung. Sind beispielsweise die Leitfähigkeiten der einzelnen Gewebetypen bekannt, so kann aus der Segmentierung eines MRTs des Kopfes eine detaillierte Karte der individuellen Leitfähigkeitsverteilung in diesem Volumenleiter abgeleitet werden. Solche Karten erlauben Voraussagen über die Ausbreitung elektromagnetischer Felder im Kopf und sind sowohl für die Optimierung elektrischer und magnetischer Stimulationsverfahren [77, 31] als auch für die detaillierte Analyse von EEG- und MEG-Untersuchungen [9] relevant. Speziell für die EEG- und MEG-Analyse ist eine weitere Anwendung von MRT-Segmentierverfahren von mindestens ebenso großer Bedeutung: Eine detaillierte Rekonstruktion des Kortexverlaufs kann zur Einschränkung des Lösungsraums bei der Quellenlokalisierung verwendet werden [9].

Gerade die letztgenannte Anwendung, also das Quellenlokalisationsproblem im Bereich der EEG- und MEG-Analyse, ist der Rahmen, in dem das in dieser Arbeit vorgestellte Segmentier- bzw. Rekonstruktionsverfahren entwickelt wurde. Zur Verdeutlichung der hieraus erwachsenden besonderen Anforderungen an das Verfahren soll diese Anwendung hier daher etwas ausführlicher beleuchtet werden.

Die mit neuronaler Aktivität verbundenen Ladungstransporte führen sowohl zu Potentialänderungen innerhalb des umgebenden Volumenleiters, die auf der Kopfhaut als Elektroenzephalogramm (EEG) gemessen werden können, als auch zu einer Schwankung des magnetischen Feldes außerhalb des Kopfes, welche als Magnetoenzephalogramm (MEG) registriert werden kann. Als relevante Quellen von EEG und MEG werden *exzitatorische postsynaptische Potentiale* (EPSP)

---

<sup>15</sup>Aufgrund der stürmischen Entwicklung im Bereich der 3D-Grafikkarten in den letzten Jahren ist dies heute schon auf handelsüblichen PCs möglich.

angesehen, die in den apikalen Dendritenbäumen der Pyramidenzellen des Kortex generiert werden. Die mit diesen Potentialen verbundenen Ströme kann man in drei Teile unterteilen: Einen primären Strom innerhalb des Dendriten, einen transmembranen Strom nach außen und schließlich einen sekundären Strom, der den Stromkreis im extrazellulären Raum schließt. Während das EEG von den sekundären Strömen des Volumenleiters bestimmt ist, ist für das MEG der primäre, intrazelluläre Strom dominierend. Der Transmembranstrom kann in aller Regel vernachlässigt werden. Aufgrund der geringen Ausdehnung eines Dendriten kann der in ihm fließende Strom gut durch einen so genannten *Stromdipol* beschrieben werden, einem mathematischen Konstrukt, das man sich anschaulich als kurzes stromdurchflossenes Leiterstück vorstellen kann. Die Kenngröße des Stromdipols, sein *Dipolmoment*, ist dabei ein Vektor der in Richtung des Stroms zeigt und dessen Länge dem Produkt aus Stromstärke und Länge des Leiterstücks entspricht. Ein solcher Stromdipol hat aber typischerweise nur eine Stärke von etwa 20 fAm, während empirische Untersuchungen Dipolmomente in der Größenordnung von 10 nAm als Quellen für die gemessenen EEG- und MEG-Antworten erwarten lassen. An einem messbaren Signal sind also mehrere 100000 synchron aktive Neuronen beteiligt, was einer Kortexfläche von einigen Quadratmillimetern entspricht. Aber auch diese makroskopischen Quellen lassen sich i. Allg. noch gut über das Stromdipolmodell beschreiben, da aufgrund der großen Entfernung der Messsensoren im Vergleich zur Ausdehnung des generierenden Kortexareals in der Regel nur der erste nichtverschwindende Term der Multipolentwicklung<sup>16</sup> des betrachteten Feldes, also gerade der Dipolterm, berücksichtigt werden muss. Die Quellenanalyse besteht nun darin, aus gemessenen EEG- oder MEG-Verteilungen, unter Umständen auch unter simultaner Berücksichtigung beider Verteilungen, auf diese makroskopischen Stromdipole zurückzuschließen. Das Problem kann dabei in drei Teile unterteilt werden:

1. Die Analyse der Volumenleitereigenschaften des Kopfes, d. h. die Frage, welches Potential oder magnetische Feld mit einem gegebenen Stromdipol verknüpft ist. Dieses Problem wird als *Vorwärtsproblem* bezeichnet. Nicht alle in diesem Bereich verwendeten Modelle (z. B. die einfache, aber zumindest im MEG-Bereich recht erfolgreiche Approximation des Kopfes als Kugel) benötigen die Unterstützung eines Rekonstruktionsverfahrens. Die so genannten *realistischen Kopfmodelle* sind aber in der Regel auf Informationen angewiesen, die über ein Rekonstruktionsverfahren aus den MRT-Daten

---

<sup>16</sup>Eine Multipolentwicklung ist einfach die Taylorentwicklung eines Feldes bezüglich des Abstandes  $r$  von der generierenden Quelle. Die einzelnen Summanden der resultierenden Taylorreihe bezeichnet man dann als Multipol-Terme: Der führende Term wird als Monopolterm bezeichnet und fällt proportional  $r^{-1}$  ab, der nächste Term fällt mit  $r^{-2}$  ab und heißt Dipolterm, darauf folgen Quadrupol- ( $r^{-3}$ ), Oktopol- ( $r^{-4}$ ) und, für eine exakte Berechnung, unendlich viele weitere nach diesem Schema bezeichnete Terme. Im konkreten Fall ist der Monopolterm 0, und die Approximation der EEG- und MEG-Quellen als Dipolterme folgt daher aus der Vernachlässigung aller Terme, die schneller als  $r^{-2}$  abfallen.

des konkreten Patienten oder Probanden gewonnen wurden. Der Aufwand für die Rekonstruktion hängt dabei von der Komplexität des Modells ab. Soll nur ein Kugelmodell an die realen Geometrie-Verhältnisse angepasst werden, ist das Segmentierproblem noch relativ moderat. Ein Beispiel für das andere Extrem ist die Modellierung der Leitfähigkeitsverhältnisse über ein Finite-Elemente-Modell, was die exakte Segmentierung eines MRIs der untersuchten Person nach verschiedenen Gewebetypen (z. B. Gehirn, Liquor, Kopfhaut, usw.) erfordert.

2. Die Lösung des Quellenlokalisationsproblems auf der Grundlage des Vorwärtsproblems, das so genannte *inverse Problem*. Wie schon von Helmholtz erkannt wurde [75], kann weder aus der Kenntnis des Potentials auf der Kopfoberfläche noch aus der magnetischen Feldverteilung außerhalb des Kopfes, nicht einmal aus der Kombination beider Datenquellen, eindeutig auf die Verteilung der Quellen im Inneren des Kopfes zurückgeschlossen werden. Tatsächlich existieren zu einer außerhalb des Kopfes gemessenen Feldverteilung unendlich viele Quellkonfigurationen, die alle für dieses Feld verantwortlich sein könnten. Eine natürliche Möglichkeit, den Quellenraum einzuschränken, besteht in der Berücksichtigung der konkreten Geometrie der Kortexoberfläche. Es kann angenommen werden, dass neuronaler Aktivität entsprechende Stromdipole nur auf der Kortexoberfläche lokalisiert sein können. Weil die apikalen Dendriten, in denen das messbare Feld entsteht, senkrecht zur Kortexoberfläche orientiert sind, können die Richtungen der Dipole überdies jeweils auf die lokale Oberflächennormale eingeschränkt werden. Eine detaillierte Rekonstruktion der Kortexoberfläche aus einem MRT-Datensatz des untersuchten Probanden bzw. Patienten ist hier offensichtlich unverzichtbar.
3. Die Zuordnung der berechneten Quellenorte zu konkreten Kortexarealen. Hier werden Kortexrekonstruktionsverfahren insbesondere für die dreidimensionale Visualisierung eingesetzt. Neben der erheblich besseren Übersicht über die anatomische Struktur in der Umgebung der berechneten Quelle bietet dies auch eine Plausibilitätskontrolle: Der berechnete Stromdipol sollte senkrecht zur Kortexoberfläche ausgerichtet sein.

Wie bereits erwähnt, wurde das in dieser Arbeit vorgeschlagene Kortexrekonstruktionsverfahren im Kontext der MEG-Quellenanalyse entwickelt. Das Verfahren wurde in allen drei der oben aufgeführten Problembereiche eingesetzt, in erster Linie aber im Hinblick auf die Einschränkung des Lösungsraums für das inverse Problem entworfen. Diese Zielsetzung erfordert eine besonders detaillierte Rekonstruktion, für die zu Beginn des Projekts (1995) keine geeigneten Verfahren zur Verfügung standen. Mittlerweile hat die Entwicklung im Bereich der Segmentierung von MRT-Daten des Kopfes eine recht stürmische Entwicklung durchgemacht und eine Vielzahl höchst unterschiedlicher Ansätze hervorgebracht (die we-

sentlichsten Entwicklungslinien sind in Abschnitt 1.2 skizziert); aber noch immer ist das Problem der automatischen Segmentierung des Gehirns aus MR-Daten nicht befriedigend gelöst, was durch den stetigen Strom von Neuveröffentlichungen in diesem Bereich eindrucksvoll bewiesen wird. Insbesondere die spezifischen Probleme des hier angestrebten Verwendungszwecks sind in der Literatur bisher nur unzureichend berücksichtigt. So ist hier insbesondere die exakte Trennung anatomisch nicht zusammenhängender Hirnwindungen von besonderer Bedeutung, ein Problem, für das es, bedingt durch den Partialvolumen-Effekt, auch im Rahmen idealer MRIs keine triviale Lösung gibt. Das in den folgenden Kapiteln dargestellte Verfahren wurde besonders daraufhin ausgerichtet, auch sehr enge und schwer identifizierbare Furchen sicher zu erkennen. Viele Verfahren setzen hier andere Prioritäten, was allerdings nicht zwangsläufig mit einem Segmentierresultat geringerer Qualität gleichzusetzen ist.

Im Allgemeinen besteht die Aufgabe eines Segmentierverfahrens darin, jedem Voxel bestmöglich die von ihm überdeckte Gewebeklasse zuzuordnen. Liegt ein Voxel auf der Grenze zweier oder mehrerer Gewebetypen, wird man dem Voxel daher in der Regel den Gewebetyp mit dem größten Volumenanteil zuweisen<sup>17</sup>. Im speziellen Fall zweier anatomisch getrennter, allerdings eng benachbarter Hirnwindungen resultiert hieraus aber die Gefahr, dass die trennende Furche im Segmentiererergebnis nicht mehr auftaucht, die betrachteten Gyri also artifizielle Verbindungen erhalten. Für das hier behandelte Problem sind aber derartige Verschmelzungen anatomisch getrennter Hirnareale höchst unerwünscht und das Verfahren würde in diesem Fall die Kennzeichnung des Voxel als „Liquorraum-Voxel“ erzwingen<sup>18</sup>. Für ein volumetrisches Problem wäre ein solches Vorgehen allerdings inkorrekt. Hier kommt es nicht in erster Linie auf eine saubere Trennung auch sehr eng benachbarter Strukturen an, sondern auf die möglichst korrekte Bestimmung der Volumenanteile der interessierenden Gewebetypen. Die „erzwungenen Liquorraum-Voxel“ würden hier das Ergebnis verfälschen. Dies gilt um so mehr, als man realistischerweise stets mit einem gewissen Anteil an Fehlklassifikationen rechnen muss. Die Art der Ausrichtung des Verfahrens beeinflusst die Art der Fehler, und die zu bearbeitende Fragestellung zeigt, welcher Fehlertyp besonders kritisch ist bzw. welcher Fehlertyp (in Maßen) toleriert werden kann. So wird ein volumenorientiertes Segmentierverfahren dazu neigen, enge Furchen

---

<sup>17</sup>Alternativ könnte man für solche Voxel auch Mischklassen einführen. Als Endresultat einer Segmentierung ist dies aber häufig unzweckmäßig, da nachfolgende Auswertungsschritte meist klare Zuordnungen aus dem begrenzten Vorrat der erwarteten Gewebetypen wünschen. Auf der anderen Seite können aber z. B. statistische Segmentieralgorithmen von der Einführung von Mischklassen im Rahmen des iterativen Berechnungsprozesses profitieren. Allerdings macht die Einführung solcher Klassen die Modellbildung erheblich schwieriger.

<sup>18</sup>Wesentlich ist hierbei natürlich, dass nur für Voxel, die für eine anatomisch korrekte Trennung unverzichtbar sind, eine solche „Zwangsklassifizierung“ durchgeführt wird. Würde jeder Voxel, der etwas Liquorraum überdeckt, stets als „Liquorraum-Voxel“ gekennzeichnet werden, hätte dies eine anatomisch inkorrekte Verbreiterung der Sulci zur Folge, welche natürlich ebenfalls unerwünscht ist.



auszulöschen, während das im Folgenden vorgestellte Verfahren damit zu kämpfen hat, Furchen nicht zu breit erscheinen zu lassen oder gar rauschinduzierte Strukturen und Artefakte fälschlich als Hirnfurchen zu klassifizieren. Allerdings: Ein volumetrisch ausgerichtetes Klassifizierungsverfahren kann nur mit großem Aufwand zu einem Verfahren erweitert werden, das die hier erhobene Forderung nach einer detaillierten Rekonstruktion des Kortexverlaufs erfüllt. Fälschlich verbundene Hirnwindungen sind im Nachhinein nur noch schwer identifizier- und korrigierbar<sup>19</sup>. Im Gegensatz dazu widerspricht das in dieser Arbeit vorgestellte Segmentierverfahren einer exakten Volumetrie nur hinsichtlich der verfahrensbedingten Minimalfurchenbreite von einem Voxel. Durch Nachbearbeitung der erkannten Furchenstruktur besteht daher die Möglichkeit, das Verfahren soweit auszubauen, dass es auch für sehr genaue volumetrische Messungen einsetzbar ist. Verbesserungsmöglichkeiten im Hinblick auf eine Reduzierung der minimalen Furchenbreite werden im Abschnitt 4.3 der Diskussion erörtert.

Eine Übersicht über die aktuellen Hauptströmungen im Bereich der Kortexrekonstruktionsverfahren sowie eine Einordnung des hier vorgeschlagenen Verfahrens in diesen Kontext gibt der nachfolgende Abschnitt 1.2. In den beiden anschließenden Kapiteln wird dann das hier entwickelte Rekonstruktionsverfahren selbst vorgestellt: Im Kapitel 2 werden zunächst die den Rekonstruktionsprozess bildenden Einzelmethoden erläutert (sowohl klassische als auch neuentwickelte), soweit dies ohne direkten Bezug zum Gesamtverfahren möglich ist. Im Kapitel 3 wird schließlich der vollständige Rekonstruktionsprozess im Detail dargestellt. Eine Diskussion des vorgestellten Verfahrens erfolgt im Kapitel 4.

## 1.2 Entwicklungslinien der Kortexrekonstruktionsverfahren

Die Literatur zur Segmentierung des Gehirns aus MR-Daten liefert mittlerweile eine nur noch schwer überschaubare Anzahl von Einzelverfahren und der Strom von Neuveröffentlichungen in diesem Bereich scheint ungebrochen. Beinahe jedes in der digitalen Bildverarbeitung bewährte Werkzeug wurde schon einmal im Zusammenhang mit der Kortexrekonstruktion eingesetzt. Hinzu treten noch eine Fülle von Spezialverfahren, die explizit im Hinblick auf dieses Segmentierproblem entwickelt wurden. Eine vollständige Übersicht über die Literatur zu geben, ist daher schwierig. In der Literatur werden nicht nur eine Vielzahl verschiedener Ansätze verfolgt, sondern die einzelnen Verfahren zeichnen sich häufig dadurch aus, dass sie nicht auf einer einzelnen Methode beruhen, sondern sich als Sequenz höchst verschiedener Segmentiermethoden darstellen, die erst in Kombination ak-

---

<sup>19</sup>Dies gilt nicht, wenn fehlerhafte Verbindungen nur sehr sporadisch auftreten, da diese dann über eine Analyse der Topologie erkannt werden können (vgl. hierzu das in Abschnitt 3.7.3 beschriebene *topologische Optimierungsverfahren*).

zeptable Ergebnisse liefern. Selbst eine Klasseneinteilung der verschiedenen Segmentieransätze ist daher schwierig.

Einfache Klassifizierungen gibt es mehrere. Man kann z. B. die Verfahren nach dem Grad der Benutzerinteraktion in *manuelle*, *semi-automatische* und *automatische* Verfahren unterteilen [73]. Die Unterscheidung zwischen manuell und semi-automatisch ist aber schon nicht eindeutig. Sicherlich ist das alte Verfahren, MR-Bilder auf Wachs scheiben zu übertragen und hieraus Schicht für Schicht ein Modell aufzubauen, ein manuelles Verfahren. Sobald aber ein Computer für die Rekonstruktion herangezogen wird, ist das Verfahren aber zumindest als semi-automatisch einzustufen. Der Übergang zum automatischen Verfahren ist ebenfalls fließend. Wieviel Benutzerinteraktion ist erlaubt, damit ein Verfahren noch als automatisch klassifiziert werden kann? In der Praxis wird hier eine pragmatische Unterteilung vorgenommen. In aller Regel bezeichnet ein Autor ein Verfahren nur dann als semi-automatisch, wenn es als ein hochspezialisiertes Mal- und Konstruktionsprogramm vorgestellt wird [71]. Segmentierverfahren, die nicht primär interaktiv arbeiten, werden beinahe immer als automatisch bezeichnet, völlig unabhängig von der Anzahl der Parameter, die der Benutzer bei jedem Programmablauf kontrollieren muss. Diese Unterteilung mag nicht immer den Eindruck des Endnutzers widerspiegeln, ist aber zumindest technisch gerechtfertigt. Entwickler semi-automatischer Rekonstruktionserfahren stehen vor anderen Herausforderungen als die Entwickler automatischer Verfahren; denn während die Letzteren auf die „Eigenintelligenz“ ihrer Programme bauen, stehen die Entwickler semi-automatischer Lösungen vor der Aufgabe, die Bildverarbeitungsfähigkeiten des menschlichen Anwenders möglichst effizient in den Rekonstruktionsprozess einzubeziehen. Semi-automatische Bildverarbeitungsalgorithmen benötigen daher keine besondere „Eigenintelligenz“, müssen aber schnell sein, damit der Nutzer die Auswirkungen verschiedener Operationen möglichst ohne merkliche Zeitverzögerung begutachten und so den Rekonstruktionsprozess effektiv steuern kann [51].

Eine andere Unterteilung [123] klassifiziert die Segmentieransätze in *klassische Verfahren*, *statistische Verfahren*, *Fuzzy-Verfahren* sowie in Verfahren auf der Basis von *neuronalen Netzwerken*. Allerdings scheint in dieser Aufzählung die Gruppe „*klassische Verfahren*“ eher deklassierend gemeint zu sein, d. h. als Gruppe von Verfahren, die das Problem nicht zu lösen vermögen. Dieser Pessimismus scheint voreilig. Insbesondere als Teil einer Sequenz von Einzelschritten erweisen sich viele alt bekannte Verfahren der digitalen Bildverarbeitung nach wie vor als mächtige Segmentierwerkzeuge und werden, neben Neuentwicklungen, auch im Rahmen des hier vorgeschlagenen Segmentierverfahrens mit Gewinn eingesetzt. Darüber hinaus werden viele klassische Methoden (z.B. Kantenoperatoren) stetig fortentwickelt, womit sich auch die Frage stellt, warum nicht auch die neueren statistischen Ansätze zu den klassischen Methoden gerechnet werden. Immerhin wurden statistische Methoden von je her in der digitalen Bildverarbeitung eingesetzt.

Eine dritte Unterteilung [73] gruppiert die Methoden nach ihrem grundsätzli-



chen Operationsprinzip in *gebietsorientierte*, *randorientierte* und *statistische Verfahren*. Auch diese Einteilung ist nicht unproblematisch; so ist z. B. nicht unmittelbar klar, in welche Gruppe die auf neuronalen Netzen basierenden Methoden einzuordnen sind. Dennoch wird in der nachstehenden Literaturübersicht dieser Klassifizierung gefolgt; insbesondere, da sie die Abgrenzung des in dieser Arbeit vorgestellten Segmentieransatzes erleichtert, der sich als Übertragung randorientierter Ansätze auf prinzipiell gebietsorientierte Verfahren versteht.

Während man die Gruppe der statistischen Verfahren noch relativ gut überschauen kann, ordnen sich in die beiden anderen Klassen eine Vielzahl verschiedener Ansätze ein, die hier nicht alle gewürdigt werden können. Tatsächlich beschränken sich die weiteren Ausführungen auf die aktuellen Hauptentwicklungslinien. Viele Einzelverfahren bleiben dabei unberücksichtigt<sup>20</sup>. Nicht näher diskutiert werden hier insbesondere Verfahren auf der Basis neuronaler Netze [124, 142, 84].

### 1.2.1 Gebietsorientierte Segmentierverfahren

Die im Rahmen dieser Arbeit wichtigsten Verfahren aus der Gruppe der gebietsorientierten Segmentierverfahren sind die in Abschnitt 2.6 näher erläuterten *Bereichswachstumsverfahren*, auch *Region-Growing-Verfahren* genannt. Ausgehend von einem vorgegebenen Saatpunkt füllt ein Bereichswachstumsverfahren sukzessive alle hiermit verbundenen Voxel, solange diese ein vorgegebenes *Homogenitätskriterium* erfüllen. Unabhängig vom Homogenitätskriterium haben die Segmentiererergebnisse dieser Verfahrensklasse die wichtige Eigenschaft zusammenhängend zu sein. Tatsächlich werden in vielen Segmentierverfahren Bereichswachstumsverfahren mit trivialem Homogenitätskriterium als Nachbearbeitungsschritt eingesetzt, um gerade diese topologische Eigenschaft sicherzustellen. Für die Segmentierung des Gehirns ist dies besonders wichtig, lässt sich das Gehirn im MR-Bild doch einfach als größtes zusammenhängendes Objekt charakterisieren; eine Information, die einem Menschen in der Regel schon ausreichen würde, eine akzeptable Segmentierung anzufertigen, auch wenn dieser noch niemals zuvor ein MRI gesehen hat.

Wagner [170] beschreibt ein Segmentierverfahren, das sich ausschließlich auf ein Bereichswachstumsverfahren stützt. Das Verfahren wird durch zwei Parameter, einen Saatpunkt  $\mathbf{r}_0$  und einen Schwellenwert  $I_{\text{thresh}}$  parametrisiert. Ein Voxel  $\mathbf{r}$  erfüllt damit das Homogenitätskriterium des Bereichswachstumsverfahrens genau dann, wenn seine Intensität  $I(\mathbf{r})$  nicht kleiner als  $I_{\text{thresh}}$  ist. Ausgehend von  $\mathbf{r}_0$  wächst das Segmentiergebiet nun voxelweise in alle Richtungen, wobei ein Voxel nur dann Ausgangspunkt des weiteren Wachstums ist, wenn alle seine Nachbarn ebenfalls das Homogenitätskriterium erfüllen. Ist dies nicht der Fall, so ist dieses Voxel ein Randpunkt des Segmentiererergebnisses; andernfalls ein innerer Punkt.

<sup>20</sup>Eine Reihe klassischer Verfahren werden allerdings im Kapitel 2 vorgestellt.

Die gleiche Arbeit diskutiert auch bereits einige Erweiterungen dieses Grundverfahrens: So wird zur Erhöhung der Sensitivität vorgeschlagen, das Homogenitätskriterium um eine obere Grenze  $I_{\max}$  zu erweitern, sodass ein Voxel  $\mathbf{r}$  nur noch dann zum Segmentierergebnis gehört, wenn die Bedingung  $I_{\max} \geq I(\mathbf{r}) \geq I_{\text{thresh}}$  erfüllt wird. Ein weiterer Vorschlag bezieht sich auf die Einführung eines maximalen Abstands zum initialen Saatpunkt. Ein solcher Maximalabstand würde den Fehler im Falle eines Auslaufens aus der Zielstruktur begrenzen. Ein dritter Vorschlag erörtert die Möglichkeit, interaktiv in den Segmentierprozess einzugreifen, indem mit der Maus ausgewählte Strukturen als auf jeden Fall zum Segmentierergebnis gehörig gekennzeichnet werden und auf der anderen Seite schwierige Objektgrenzen durch explizit eingeführte Barrieren verstärkt werden<sup>21</sup>.

Viele Autoren verwenden Bereichswachstumsverfahren zur Segmentierung der weißen Hirnsubstanz, die dann als Initialmenge für komplexere Segmentierer verwendet wird, welche schließlich eine Rekonstruktion der Kortexoberfläche liefern. Ein Beispiel hierfür geben Dale *et al.* [35], in deren Verfahren der Schritt von der Oberfläche der weißen Hirnsubstanz zur Kortexoberfläche mittels einer deformierbaren Kontur ausgeführt wird.

### 1.2.2 Randorientierte Segmentierverfahren

Segmentierverfahren, die *deformierbare Konturen* einsetzen, stellen aktuell wohl die wichtigste Gruppe aus dem Bereich der randorientierten Segmentierverfahren dar. Im Zweidimensionalen wird eine *deformierbare* oder *aktive Kontur*, häufig auch als *Snake* bezeichnet, als eine geschlossene Kurve  $\mathbf{r} : [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}^2$ ,  $s \mapsto \mathbf{r}(s)$  definiert, die sich unter dem Einfluss äußerer und innerer Kräfte derart deformiert, dass sie das Energiefunktional

$$E = \int_0^1 \left( \frac{1}{2} (\alpha |\mathbf{r}'|^2 + \beta |\mathbf{r}''|^2) + E_{\text{ext}}(\mathbf{r}) \right) ds$$

minimiert.  $\alpha$  und  $\beta$  sind dabei Wichtungsparameter, die den Dehnungswiderstand respektive die Biegesteifigkeit der Kurve kontrollieren, welche jeweils mit der ersten bzw. zweiten Ableitung von  $\mathbf{r}(s)$  nach  $s$  verbunden sind. Neben diesen inneren Kräften ist die aktive Kontur zusätzlich einer äußeren und vom untersuchten MR-Schnittbild abhängigen Kraft mit dem Potential  $E_{\text{ext}}$  unterworfen, welche die Kontur in Richtung auf die zu erkennende Objektgrenze verformt. Ein typisches Potential wäre z. B.

$$E_{\text{ext}} = -|\nabla(G_\sigma * I)|^2,$$

wobei  $I : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$  den Grauwertverlauf des zu segmentierenden MRI-Schnitts und  $G_\sigma$  einen gaussischen Faltungskern (Standardabweichung  $\sigma$ ) zur Vorabglättung von  $I$  bezeichnen möge.

---

<sup>21</sup>Tatsächlich gehören Bereichswachstumsverfahren auch im Bereich der semi-automatischen Verfahren zu den beliebtesten Segmentiertechniken.

Zur konkreten Berechnung wird das obige Minimierungsproblem in eine äquivalente Differentialgleichung überführt, die dann im Rahmen eines iterativen Prozesses gelöst wird: Eine aktive Kontur, die  $E$  minimiert, muss der *Eulerschen Differentialgleichung* [82]

$$\alpha \mathbf{r}'' - \beta \mathbf{r}'''' - \nabla E_{\text{ext}} = 0$$

gehörchen, was als Gleichgewicht der inneren ( $\alpha \mathbf{r}'' - \beta \mathbf{r}''''$ ) und der äußeren Kräfte ( $-\nabla E_{\text{ext}}$ ) aufgefasst werden kann. Zur Lösung dieser Differentialgleichung wird  $\mathbf{r}$  explizit zeitabhängig gemacht und der Bewegungsgleichung

$$\frac{\partial}{\partial t} \mathbf{r}(s, t) = \alpha \frac{\partial^2}{\partial s^2} \mathbf{r}(s, t) - \beta \frac{\partial^4}{\partial s^4} \mathbf{r}(s, t) - \nabla E_{\text{ext}}(\mathbf{r}(s, t))$$

unterworfen. Wird die Lösung stationär, d. h. verschwindet  $\partial \mathbf{r} / \partial t$ , so minimiert  $\mathbf{r}$  damit also den obigen Ausdruck für die Gesamtenergie  $E$ .

Snakes detektieren Objektgrenzen, indem sie gegen diese konvergieren. Bei geeigneter Wahl der bildabhängigen Kräfte und bei Initialisierung hinreichend nahe an der zu detektierenden Kontur sind Snake-Ansätze in der Lage, auch schwer erkennbare Objektgrenzen sicher zu detektieren. Snakes stellen somit äußerst mächtige Segmentierwerkzeuge dar, die zudem relativ leicht auf höhere Dimensionen verallgemeinert werden können.

Eine *deformierbare Oberfläche* (der Begriff Snake wird i. Allg. nur für eindimensionale deformierbare Strukturen verwendet) ist eine zweidimensionale Mannigfaltigkeit  $\mathbf{r} : [0, 1]^2 \rightarrow \mathbb{R}^3$ ,  $(s_1, s_2) \mapsto \mathbf{r}(s_1, s_2)$ , die sich unter dem Einfluss innerer und äußerer Kräfte so deformiert, dass sie das Energiefunktional

$$E = \int_0^1 \int_0^1 \left( \frac{1}{2} \left( \alpha \sum_{i=1}^2 \left| \frac{\partial}{\partial s_i} \mathbf{r} \right|^2 + \beta \sum_{i,j=1}^2 \left| \frac{\partial}{\partial u_i} \frac{\partial}{\partial u_j} \mathbf{r} \right|^2 \right) + E_{\text{ext}}(\mathbf{r}) \right) ds_1 ds_2$$

minimiert. Wiederum beschreiben die ersten Ableitungen den Spannungs- und die zweiten Ableitungen den Biegezustand der deformierbaren Struktur.  $\alpha$  und  $\beta$  sind wiederum Wichtungsfaktoren und das von den MRI-Intensitäten abhängige äußere Potential erzeugt wiederum die Bewegung hin auf die zu detektierende Objektgrenze.

Analog zum eindimensionalen Fall wird das Problem auch hier über eine entsprechende Bewegungsgleichung gelöst:

$$\frac{\partial}{\partial t} \mathbf{r} = \alpha \nabla_{\mathbf{s}}^2 \mathbf{r} - \beta \nabla_{\mathbf{s}}^2 \nabla_{\mathbf{s}}^2 \mathbf{r} - \nabla E_{\text{ext}}(\mathbf{r}).$$

Hierbei bezeichne  $\nabla_{\mathbf{s}}^2 = \partial^2 / (\partial s_1)^2 + \partial^2 / (\partial s_2)^2$  den Laplace-Operator.

Ein Problem in der Handhabung deformierbarer Strukturen besteht darin, dass die Methode in der Regel eine Initialisierung in der Nähe der aufzufindenden Objektgrenze erfordert. Dies ist bei der Kortexoberfläche aufgrund seiner Größe und Komplexität naturgemäß problematisch. Deshalb beschränken sich viele Anwendungen dieser Methodik entweder auf die Segmentierung von Teilbereichen des Gehirns [46, 85, 144] oder arbeiten nur die äußere Form des Gehirns

heraus, ohne dabei tiefere Furchenstrukturen zu erfassen [40, 39]<sup>22</sup>. Dale *et al.* [35] wenden die Methode allerdings für beide Probleme an. Zunächst wird eine deformierbare Oberfläche eingesetzt, um die Gehirngrenzen zu erfassen und das Gehirn auf diese Weise aus dem umgebenden Gewebe herauszutrennen; nach weiteren Vorbereitungen wird dann ein etwas abgewandeltes deformierbares Modell zur Rekonstruktion der Kortexoberfläche angewandt. Beide Modelle sind in der Form von Polygonnetzen implementiert, deren Vertices ihre Position unter dem Einfluss innerer und äußerer Kräfte verändern. Nach der Initialisierung des jeweiligen Netzes ändert sich die Anzahl der Vertices und Polygone sowie die Topologie der hierdurch gebildeten Oberfläche nicht mehr.

Das Netz zur Extraktion des Gehirns wird als Ellipsoid initialisiert, dessen Position und Größe über eine Koregistrierung mit dem Talairach-Atlas [157] bestimmt wird [34]. Sei nun  $V$  die Gesamtzahl der Vertices,  $\mathbf{r}_k$  die Position des  $k$ ten Vertex,  $\hat{\mathbf{n}}_k$  die zugehörige Oberflächennormale und  $\mathcal{N}_k$  die Menge der Indizes der  $\mathbf{r}_k$  unmittelbar benachbarten Vertices<sup>23</sup>, so wird für den Vertexpunkt  $\mathbf{r}_k$  die aus der inneren Spannung erwachsene Kraft  $\mathbf{F}_t^{(k)}$  ( $t$  für „transversal“ über

$$\mathbf{F}_t^{(k)} = \lambda_t \sum_{j \in \mathcal{N}_k} (\mathbf{I} - \hat{\mathbf{n}}_k \hat{\mathbf{n}}_k^t)(\mathbf{r}_j - \mathbf{r}_k),$$

die Verbiegungskraft  $\mathbf{F}_n^{(k)}$  ( $n$  für „normal“ über

$$\mathbf{F}_n^{(k)} = \lambda_n \left( \sum_{j \in \mathcal{N}_k} (\hat{\mathbf{n}}_k \hat{\mathbf{n}}_k^t)(\mathbf{r}_j - \mathbf{r}_k) - \frac{1}{V} \sum_{i=1}^V \sum_{j \in \mathcal{N}_i} (\hat{\mathbf{n}}_i \hat{\mathbf{n}}_i^t)(\mathbf{r}_j - \mathbf{r}_i) \right),$$

und die extern Kraft  $\mathbf{F}_{\text{ext}}^{(k)}$  über

$$\mathbf{F}_{\text{ext}}^{(k)} = \lambda_{\text{ext}} \hat{\mathbf{n}}_k \prod_{d=1}^{30} \max(0, \tanh(I(\mathbf{r}_k - d\hat{\mathbf{n}}_k) - I_{\text{thresh}}))$$

modelliert<sup>24</sup>.  $\hat{\mathbf{n}}^t$  bezeichnet hierbei die Transponierte von  $\hat{\mathbf{n}}$  und  $\mathbf{I}$  die  $3 \times 3$  Einheitsmatrix.  $\lambda_t$ ,  $\lambda_n$  und  $\lambda_{\text{ext}}$  sind Wichtungsfaktoren, während  $I_{\text{thresh}}$  ein vorgegebener Schwellenwert bzgl. des MRIs  $I : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$  darstellt. Letzteres wird aus dem Original-MRI durch ein einfaches Bias-Korrekturverfahren — vergleichbar mit dem in Abschnitt 3.2 beschriebenen Verfahren — ermittelt.

<sup>22</sup>Tatsächlich versuchen Davatzikos und Prince [40] in ihrer Methode tiefere Furchen nachträglich durch einen zweiten Segmentierschritt zu erfassen, bei dem eine Anzahl von Kontrollpunkten unter Einwirkung einer zum Gehirnzentrum wirkenden Kraft sowie einer bzgl. der weißen Hirnsubstanz repulsiven Wechselwirkung in die Furchen hineingezogen werden. Diese Kontrollpunkte sind wiederum mit der deformierbaren Oberfläche über eine attraktive Kraft verbunden und bewirken so ein Einfließen dieser Struktur in tiefere Furchen. Die Methode ist zwar interessant, stellt aber im Vergleich zu einer vollständigen Formulierung des Problems über aktive Konturen nur einen Notbehelf dar. Tatsächlich verfeinert dieser Zusatzschritt im Ergebnis zwar die gewonnene Hirnkontur, von einer detaillierten Rekonstruktion auch tieferer Hirnwindungen kann aber noch nicht gesprochen werden.

<sup>23</sup> $\mathcal{N}_k$  bezeichnet also gerade die Vertices, die mit  $\mathbf{r}_k$  eine gemeinsame Polygonkante teilen.

<sup>24</sup>Zum Verständnis sei hier angemerkt, dass sich die Zerlegung eines Vektors  $\Delta \mathbf{r}$  in einem zur Normale  $\hat{\mathbf{n}}$  parallelen Anteil  $\Delta \mathbf{r}_n$  und einem senkrechten Anteil  $\Delta \mathbf{r}_t$ ,  $\Delta \mathbf{r} = \Delta \mathbf{r}_n + \Delta \mathbf{r}_t$ , zu  $\Delta \mathbf{r}_n = \hat{\mathbf{n}} \hat{\mathbf{n}}^t \Delta \mathbf{r}$  bzw. zu  $\Delta \mathbf{r}_t = (\mathbf{I} - \hat{\mathbf{n}} \hat{\mathbf{n}}^t) \Delta \mathbf{r}$  ergibt.

Für die Rekonstruktion des Kortex muss die deformierbare Oberfläche aufwändiger initialisiert werden. Dale *et al.* [35] segmentieren hierzu, wie bereits in Abschnitt 1.2.1 angesprochen, die weiße Hirnsubstanz unter Verwendung eines Bereichswachstumsverfahrens und verwenden die resultierende Oberfläche als Ausgangsform für das deformierbare Modell. Die innere Energie wird dabei über die beiden Terme

$$E_n = \frac{1}{2V} \sum_{i=1}^V \sum_{j \in \mathcal{N}_i} (\hat{\mathbf{n}}_i(\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j))^2$$

und

$$E_t = \frac{1}{2V} \sum_{i=1}^V \sum_{j \in \mathcal{N}_i} (\mathbf{e}_{0,i}(\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j))^2 + \mathbf{e}_{1,i}(\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j))^2$$

modelliert, während der Einfluss des MRIs über den Energieterm

$$E_{\text{ext}} = \frac{1}{2V} \sum_{i=1}^V (T_i - I(\mathbf{r}_i))^2$$

festgelegt wird. Hierbei bezeichnet  $\{\mathbf{e}_{0,i}, \mathbf{e}_{1,i}\}$  eine Orthonormalbasis des Tangentenraums an der Stelle  $\mathbf{r}_i$ , während  $T_i$  eine Zielgraustufe für den Vertex  $i$  vorgibt. Zur Rekonstruktion der Oberfläche der weißen Hirnsubstanz können diese Zielgraustufen aus der Vorabsegmentierung abgeleitet werden. Da für Rekonstruktion der Kortexoberfläche solche lokalen Informationen nicht zur Verfügung stehen, ersetzen die Autoren die  $T_i$  hier durch eine globale Konstante  $T$ .

Ein Problem bei der Deformierung von Polygonnetzen besteht in der Entstehung von Inkonsistenzen durch Selbstdurchdringungen. Dale *et al.* [35] verhindern dies durch die stetige Überprüfung der gegenseitigen Lage aller Vertices, wobei die Anzahl notwendiger Überprüfungen durch eine *Lookup Table* reduziert wird, die das MRI-Volumen in Voxel der Größe  $4 \times 4 \times 4 \text{ mm}^3$  unterteilt.

Um aktive Konturmodelle weit von ihrem Zielort entfernt initialisieren zu können, müssen diese in der Lage sein, ihre Konfiguration (z. B. die Anzahl der repräsentierenden Vertices) und eventuell auch ihre Topologie verändern zu können<sup>25</sup>. McInerney und Terzopoulos [109] setzen hierzu sogenannte *T-Snakes* bzw. *T-Surfaces* (Topologieadaptive Snakes/Oberflächen) ein. Diesen deformierbaren Strukturen ist eine feste Zerlegung ihres zwei- bzw. dreidimensionalen Segmentierbereichs in ein Gitter affiner Zellen (*ACID*, affine cell image decomposition) zugeordnet. Phasen, in denen die aktive Kontur wie üblich unter dem Einfluss interner und externer Kräfte deformiert wird, werden von Phasen zur Neu-Parametrisierung unterbrochen, in denen das repräsentierende Polygonnetz anhand der ACID neu berechnet wird. Dazu werden die Schnittpunkte der bisherigen Polygonnetzrepräsentation mit dem ACID bestimmt. Diese Schnittpunkte ergeben die Vertices der neuen Repräsentation. Überdies können zu diesem Zeitpunkt alle Vertices des ACIDs, die in das Innere der aktiven Kontur gewandert

<sup>25</sup> Andererseits kann eine konstant gehaltene Topologie die Segmentierung verbessern (Dale *et al.* [35] betrachten in diesem Sinne die unveränderliche Topologie ihres Ansatzes als Vorteil). Man benötigt dann aber mehr Vorabinformationen bei der Initialisierung.

sind, markiert werden. Hierdurch ergibt sich eine ständige Kontrolle des segmentierten Volumens (bzw. der segmentierten Fläche), was den Einsatz volumenorientierter Verfahren möglich macht, insbesondere aber eine einfache Behandlung des Selbstdurchdringungsproblems erlaubt.

Yezzi *et al.* [183] verwenden in ihrem Segmentierverfahren einen anderen Ansatz. Die Autoren implementieren das deformierbare Modell nicht über ein Polygonnetz, sondern formulieren es als Niveaumenge einer zwei- bzw. dreidimensionalen skalaren Funktion  $\Psi$ . Die Menge  $\{\mathbf{r} : \Psi(\mathbf{r}) = 0\}$  repräsentiert hierbei die aktive Kontur, während  $\{\mathbf{r} : \Psi(\mathbf{r}) < 0\}$  das innere und  $\{\mathbf{r} : \Psi(\mathbf{r}) > 0\}$  das äußere der segmentierten Menge darstellt. Als Bewegungsgleichung für  $\Psi$  leiten Yezzi *et al.* [183]

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} = \phi \|\nabla \Psi\| \left( \operatorname{div} \left( \frac{\nabla \Psi}{\|\nabla \Psi\|} \right) + \nu \right) + \nabla \phi \nabla \Psi$$

ab, eine Beziehung, die formal sowohl für den zwei- ( $\Psi$  und  $\phi$  hängen von zwei räumlichen Koordinaten ab) als auch für den dreidimensionalen Fall ( $\Psi$  und  $\phi$  hängen von zwei räumlichen Koordinaten ab) gilt. Die bildabhängig Kraft wird in die obige Formulierung dabei durch die Funktion  $\phi$  eingeführt, die z. B. gemäß

$$\phi = \frac{1}{1 + \|\nabla(G_\sigma * I)\|^2}$$

gewählt werden kann und die Nähe der aufzufindenden Objektgrenze durch besonders kleine Werte anzeigt („stopping function“). Die Konstante  $\nu$  („inflation term“) steuert durch ihr Vorzeichen die Ausbreitungsrichtung der Kontur. Ein positives Vorzeichen führt zu einer einwärts gerichteten Entwicklung, ein negatives Vorzeichen zu einer nach außen gerichteten Entwicklung der Konturlinie.

Das von Zeng *et al.* [186] vorgeschlagene Segmentierverfahren verwendet ebenfalls Niveaumengen zur Repräsentierung, erweitert das Konzept der deformierbaren Kontur aber auf zwei gekoppelte Konturflächen; eine für die Detektierung der Oberfläche der weißen Hirnsubstanz, eine zweite zur Rekonstruktion der Kortexoberfläche. Die beiden Flächen sind über ihren gegenseitigen Abstand, der sich über die Niveaumengen-Formulierung effizient berechnen lässt, miteinander gekoppelt. Der Abstand wird dabei möglichst konstant gehalten, wobei größere Abweichungen zu entsprechenden rückstellenden Kräften führen. Der Ansatz nutzt aus, dass sich die Anatomie des Kortex als dünne Schicht konstanter Dicke oberhalb der weißen Hirnsubstanz darstellt. Ist an einer bestimmten Stelle die Form nur einer der beiden Gewebegrenzen eindeutig aus dem MRI erschließbar, so wird das „Auslaufen“ der jeweils anderen Konturfläche über die Abstandsbedingung verhindert. Einem ähnlichen Argument folgt das von MacDonald *et al.* [104] vorgeschlagene Segmentierverfahren. Dieses Verfahren verwendet aber polygonale Repräsentationen für die deformierbaren Konturflächen.

Die in [103] dargestellte Vorläuferversion des in den nachfolgenden Kapiteln vorgeschlagenen Segmentierverfahrens basiert auf einer ähnlichen Idee. Ausgehend von einer vorsegmentierten weißen Hirnsubstanz wird ein Wachstum in

Richtung der Kortexgrenze initiiert. Konkurrierend dazu wird gleichzeitig der Liquorraum mit einem analogen Wachstumsverfahren segmentiert. Das Verbot, in die jeweils andere Menge einzudringen, wird von beiden Mengen als Randbedingung zur Vermeidung von Segmentierfehlern verwendet. Das Resultat der Kortexrekonstruktion besteht hier in der Berührfläche der beiden Mengen, nachdem das Verfahren aufgrund der vollständigen Zuteilung der einzelnen Voxel zu jeweils einer der beiden Mengen terminiert.

Dieses „concurrent region growing“ Verfahren stellt ein mächtiges Werkzeug zur Segmentierung von MR-Bildern dar, krankt aber etwas an der Komplexität der Parametereinstellungen für die bildabhängige Wachstumsgeschwindigkeit der beiden Mengen. Tatsächlich lässt sich der Entwicklungsprozess des in den folgenden Kapiteln dargestellten Segmentierverfahrens als die Suche nach geeigneten Vorverarbeitungsschritten zur Vereinfachung der Parameterfindung beschreiben. Letzlich war diese Suche so erfolgreich, dass das ursprüngliche Verfahren hier schließlich nur noch als einzelne Wachstumsmenge vorhanden ist (die zweite Menge, die den Liquorraum darstellt, ist zwar ebenfalls noch vorhanden, wächst aber nicht mehr explizit; vgl. Abschnitt 3.7.3). Einen in diesem Sinne bedeutenden Meilenstein stellt das in [153] beschriebene Segmentierverfahren dar. Das Verfahren des „concurrent region growing“ ist hier noch in vollem Umfang vorhanden, gleichzeitig sind aber auch schon die wesentlichen Vorverarbeitungsschritte dargestellt.

Xu *et al.* [180] verwenden einen ganz anderen Ansatz, um konturorientierten Verfahren das Eindringen in tiefe enge Furchen zu ermöglichen. Statt die externe Kraft im Wesentlichen als Gradientenfeld mit dem zugrunde liegende MRI als Potential zu formulieren, wird hier das so genannte GGVF-Modell (generalized gradient vector flow) der externen Kraft verwendet [181]. Ein GGVF  $\mathbf{v}(\mathbf{r}, \infty)$  mit  $\mathbf{v} : \mathbb{R}^4 \rightarrow \mathbb{R}^3$ ,  $(\mathbf{r}, t) \mapsto \mathbf{v}(\mathbf{r}, t)$ , ergibt sich hierbei aus dem „Kantenbild“  $f$  des zu segmentierenden Bildes  $I$  (z. B.  $f = |\nabla(G_\sigma * I)|^2$ , aber auch  $f = \nabla(G_\sigma * I)$  wäre möglich) als stationäre Lösung ( $\partial\mathbf{v}/\partial t = 0$ ) des folgenden Systems partieller Differentialgleichung:

$$\begin{aligned}\partial\mathbf{v}/\partial t &= g(|\nabla f|)\nabla^2\mathbf{v} - h(|\nabla f|)(\mathbf{v} - \nabla f), \\ \mathbf{v}(\mathbf{r}, 0) &= \nabla f.\end{aligned}$$

Die Funktionen  $g$  und  $h$  parametrisieren hierbei das Modell und werden von Xu *et al.* [180] als  $g(r) = \exp(-(r/\kappa)^2)$  und  $h(r) = 1 - g(r)$  mit  $\kappa$  als Konstante gewählt.

Der Diffusions-Charakter dieses Modells liefert ein größeres Einzugsgebiet für die aufzufindenden Objektkanten im externen Kraftfeld als dies mit dem Gradientenmodell möglich wäre. Darüber hinaus zeigen Experimente, dass auch die Richtungen der einzelnen Kraftvektoren positiv beeinflusst werden und ein einfacheres Einfließen der aktiven Kontur in tiefe Furchenstrukturen ermöglichen.



### 1.2.3 Statistische Segmentierverfahren

Eine wesentlich andere Grundidee als den bisher beschriebenen Verfahren liegt den statistischen Segmentierverfahren zugrunde, welche in letzter Zeit im Bereich der Segmentierung des Gehirns eine wachsende Bedeutung erlangt haben. Statistische Segmentierer klassifizieren Voxel über Wahrscheinlichkeitswerte, welche auf der Grundlage eines geeigneten statistischen Modells aus der Intensitätsverteilung des zugrunde liegenden Bildes abgeleitet werden. Das Problem kann häufig in der Form zweier gekoppelter Familien von Zufallsvariablen  $\mathbf{X} = ((X_i))_{(i=1,\dots,N)}$  und  $\mathbf{Y} = ((Y_i))_{(i=1,\dots,N)}$  formuliert werden, wobei jeweils  $Y_i$  die gemessene Signalintensität des  $i$ ten Voxels (mitunter auch den Logarithmus dies Messwerts),  $X_i \in \mathcal{X} = \{CSF, \text{ graue Hirnsubstanz, wei\ss e Hirnsubstanz, } \dots\}$  die zugehörige Klassifizierung und  $N$  die Anzahl der Voxel im Bild beschreibt. Der Zusammenhang zwischen  $\mathbf{X}$  und  $\mathbf{Y}$  wird dabei über eine bedingte Wahrscheinlichkeitsverteilung<sup>26</sup>

$$p(y_i | X_i = x) = f(y_i; \theta_x) \quad \forall x \in \mathcal{X}$$

modelliert, wobei  $\theta_x$  einen zu  $x \in \mathcal{X}$  gehörigen Parametersatz darstellt. Eine gebräuchliche Wahl für  $f$  ist hier z. B. die Normalverteilung, womit  $\theta_x$  dann den zu jeder Gewebeklasse  $x$  gehörenden Intensitätsmittelwert (also den diese Gewebeklasse charakterisierenden Intensitätswert) sowie die zugehörige Standardabweichung angibt. Für  $(\mathbf{X}, \mathbf{Y})$  wird i. Allg. zusätzlich paarweise Unabhängigkeit angenommen<sup>27</sup>:

$$p(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = \prod_{i=1}^N p(y_i, x_i).$$

Sollen keine Nachbarschaftsbeziehungen zwischen den Gewebeklassen  $X_i$  berücksichtigt werden, so kann man  $\mathbf{X}$  gemäß

$$p(X_i = x) = \omega_x \quad \forall x \in \mathcal{X}$$

mit dem Parametersatz  $\Phi = \{(\omega_x; \theta_x) : x \in \mathcal{X}\}$  modellieren, was zu ( $\Phi$  hier als Zufallsvariable aufgefasst)

$$p(Y_i = y | \Phi) = \sum_{x \in \mathcal{X}} \omega_x f(y; \theta_x)$$

führt und daher in der englischsprachigen Literatur als *Finite Mixture Model* bezeichnet wird. Die Konstanten  $\omega_x$  heißen in diesem Zusammenhang auch *Mixing Parameter*.

<sup>26</sup> $y_i$  kürze im Folgenden  $\{Y_i = y_i\}$  ab (die Mengenklammern werden in der Regel ebenfalls unterdrückt), während  $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_N)$  für  $\{\mathbf{Y} = \mathbf{y}\}$  steht. Für andere Zufallsvariablen wird in gleicher Weise verfahren.

<sup>27</sup>Das Komma symbolisiere hier die Schnittmengenbildung.



Ein prominentes Segmentierverfahren, dem dieses Modell zugrunde liegt, ist das von Wells *et al.* [173] vorgeschlagene Verfahren, dessen wesentliche Bedeutung in der nahtlosen Integration eines Schätzverfahrens für das Bias-Feld (siehe Abschnitt 1.1) liegt: Das Bias-Feld wird als normalverteilter Zufallsvektor  $\mathbf{B} = ((B_i))_{(i=1,\dots,N)}$  mit Mittelwert 0 und  $N \times N$  Kovarianzmatrix  $\psi$  modelliert. Um das multiplikative Bias-Feld als additive Störung der  $Y_i$  behandeln zu können, werden statt der Intensitätswerte ihre Logarithmen betrachtet, d. h.  $Y_i$  ist hier der Logarithmus des Intensitätswerts des Voxels  $i$ . Der Zusammenhang zwischen  $\mathbf{X}$  und  $\mathbf{Y}$  kann dann durch gewebeklassenabhängige Normalverteilungen beschrieben werden, in denen sich das Biasfeld  $\mathbf{B}$  als ortsabhängige Verschiebung der Mittelwerte auswirkt:

$$p(y_i | x_i, b_i) = G_{\sigma_{x_i}^2}(y_i - \mu_{x_i} - b_i).$$

$G_{\sigma^2}$  bezeichnet dabei die Normalverteilung um 0 mit der Varianz  $\sigma^2$ , während  $\theta_x = (\sigma_x^2, \mu_x)$  die Normalverteilung bzgl. der Gewebeklasse  $x$  parametrisiert. Mit Hilfe der *Bayes-Formel* [138] berechnet man aus obiger Festlegung dann  $p(\mathbf{b} | \mathbf{y})$  und gewinnt über

$$\hat{\mathbf{b}} : p(\hat{\mathbf{b}} | \mathbf{y}) = \max_{\mathbf{b}} p(\mathbf{b} | \mathbf{y})$$

einen Schätzwert  $\hat{\mathbf{b}}$  für das  $\mathbf{y}$  zugrunde liegende Biasfeld (*maximum-a-posteriori* Prinzip).

In den Ausdruck zur Berechnung des Bias-Feldes gehen die Gewebeklassen-Wahrscheinlichkeiten

$$W_{i,x} = \frac{p(y_i | x_i, b_i)p(X_i = x)}{p(y_i | \mathbf{b})}$$

ein, die in analoger Weise wie im Falle des Bias-Feldes durch Maximierung über  $x$  einen Schätzwert für die Gewebeklassenzugehörigkeit  $\hat{x}_i$  des Voxel  $i$  liefern. Für die Berechnung dieser Wahrscheinlichkeiten benötigt man aber bereits die Kenntnis des Bias-Feldes  $\hat{\mathbf{b}}$ .

Zur Lösung dieses Problems wird der von Dempster *et al.* [42] beschriebene *EM-Algorithmus* (*expectation-maximization*) eingesetzt. Dieses Verfahren führt zwei Schritte, den *E-Schritt* und den *M-Schritt*, wechselseitig solange aus, bis die vorgegebene Konvergenzbedingung erfüllt ist. Im Verfahren von Wells *et al.* [173] ist die Berechnung der  $W_{i,x}$  der E-Schritt und die Berechnung des Bias-Feldes  $\hat{\mathbf{b}}$  der M-Schritt. Der Algorithmus kann dabei sowohl mit dem E- als auch mit dem M-Schritt beginnen. Beginnt er mit dem E-Schritt, so wird ein Initialwert für das Bias-Feld benötigt; beginnt er mit dem M-Schritt, so benötigt man Initialwerte für die  $W_{i,x}$ . Im weiteren Verlauf der Berechnung verwendet dann der E-Schritt jeweils das im vorangegangenen M-Schritt berechnete Bias-Feld, während der M-Schritt die im vorangehenden E-Schritt berechneten Gewebeklassen-Wahrscheinlichkeiten nutzt.

In die Berechnung des Bias-Feldes geht die Kovarianzmatrix  $\psi$  ein, welche die Glattheit des Bias-Feldes modelliert. Aufgrund der Größe dieser  $N \times N$ -Matrix,

$N \sim 10^7$ , ist eine praktische Berechnung des M-Schrittes auf diese Weise nicht möglich. Daher wird von Wells *et al.* [173] eine Approximation vorgeschlagen, die die Berechnung des M-Schrittes im Wesentlichen auf die Anwendung eines Low-Pass-Filters zurückführt. Für eine ausführliche Begründung dieses Schritts sei hier aber auf [173] verwiesen.

Interessanterweise ist in dem hier vorgestellten Algorithmus die Berechnung der Segmentierung und die Schätzung des Bias-Feldes absolut gleichberechtigt. Dies spiegelt nochmals die Bedeutung des Bias-Feldes für das Segmentierproblem bei MR-Daten wider: Ist das Bias-Feld bekannt, so ist die Segmentierung (wenn von Problemen im Zusammenhang mit dem Partialvolumen-Effekt abgesehen wird) einfach. Umgekehrt ist bei bekannter Zerlegung der Voxel in Gewebeklassen die Bestimmung des Bias-Feldes nicht mehr schwierig. Die Dualität zwischen Segmentierung und Schätzung des Bias-Feldes führt übrigens dazu, dass verschiedene Verfahren, die auf dem Ansatz von Wells *et al.* [173] beruhen, sich gar nicht als Segmentierverfahren, sondern als Verfahren zur Bias-Korrektur bezeichnen (dennoch aber, quasi als Abfallprodukt, auch eine Segmentierung liefern). Ein Beispiel hierfür ist das unten näher diskutierte Verfahren von Guillemaud und Brady [64].

Eine Schwachstelle des Verfahrens von Wells *et al.* [173] besteht in der grundsätzlichen Annahme einer Normalverteilung für alle vorkommenden Gewebeklassen. Schon für den Liquorraum ist diese Annahme nicht mehr erfüllt, bzw. führt bei der Anwendung zu relativ großen Standardabweichungen, die die Qualität der gesamten Segmentierung signifikant verschlechtern. Guillemaud und Brady [64] schlagen diesbezüglich eine Erweiterung vor, die die zusätzliche Gewebeklasse *other* einführt, welche alle Gewebetypen subsummiert, die nicht über eine Normalverteilung beschrieben werden können oder sollen (z. B. weil sie für das Segmentierziel unerheblich sind). Im Gegensatz zu den anderen Gewebetypen wird die Klasse *other* über eine Gleichverteilung (Rechteckverteilung) modelliert. Darüber hinaus wird diese Klasse hinsichtlich der Berechnung des Bias-Feldes ignoriert.

Eine weitere wesentliche Verbesserung der statistischen Segmentiermethode besteht in der Einbeziehung räumlicher Korrelationen. Die einzelnen Voxel werden dann nicht mehr wie im Finite-Mixture-Modell als unabhängig voneinander betrachtet, sondern haben definierte Nachbarschaftsbeziehung, die sich in der Verteilung des Zufallsvektors  $\mathbf{X}$  widerspiegeln. Zhang *et al.* [187]<sup>28</sup> modellieren  $\mathbf{X}$  deshalb als *MRF* (*Markov Random Field*):

In einem *MRF* sind die einzelnen Voxel über ein Nachbarschaftssystem  $\mathcal{N} = \{\mathcal{N}_i : i = 1, \dots, N\}$  miteinander verbunden. Hierbei definiert  $\mathcal{N}_i$  die Menge aller Nachbarn des Voxel  $i$ , und es gilt  $i \notin \mathcal{N}_i$  sowie  $i \in \mathcal{N}_j \Leftrightarrow j \in \mathcal{N}_i$ .  $\mathbf{X}$  ist genau

---

<sup>28</sup>Ein Anwendungsbeispiel für das in [187] beschriebene Verfahren ist im Abschnitt 3.9 zu finden.

dann ein *MRF*, wenn<sup>29</sup>

$$p(\mathbf{x}) > 0 \quad \forall \mathbf{x} \in \mathcal{X}^N,$$

$$p(x_i | \mathbf{x}_{\{1, \dots, N\} \setminus \{i\}}) = p(x_i | \mathbf{x}_{N_i}) \quad \forall i \in \{1, \dots, N\}.$$

Aufgrund des *Hammersley-Clifford*-Theorems [18] kann ein *MRF* alternativ auch über eine *Gibbs-Verteilung* charakterisiert werden:

$$p(\mathbf{x}) = \frac{\exp(-U(\mathbf{x}))}{Z}.$$

$Z$  ist dabei eine Normalisierungskonstante (*Zustandssumme* genannt) und  $U(\mathbf{x})$  eine Energiefunktion der Form

$$U(\mathbf{x}) = \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(\mathbf{x}).$$

Die Potentiale  $V_c$  dienen hier der Modellierung der Nachbarschaftsbeziehungen. Jedes  $c$  beschreibt dabei ein System benachbarter Voxel<sup>30</sup>, während  $\mathcal{C}$  die Gesamtheit all dieser Systeme symbolisiert (siehe auch [74, 123, 165]).

Auch für das Partialvolumen-Problem gibt es im Bereich der statistischen Verfahren Lösungsansätze. Shattuck *et al.* [143] behandeln z. B. Voxel, die gleichzeitig zwei verschiedene Gewebeklassen überdecken (z. B. graue Hirnsubstanz und CSF), als eigenständige Klassen des statistischen Modells. Wie die übrigen Klassen werden auch diese Mischklassen als prinzipiell normalverteilt angesehen, der Graustufenmittelwert ergibt sich hier aber jeweils als Mischung der beiden konstituierenden Gewebetypen und ihrem jeweiligen Verhältnis  $\alpha \in (0, 1)$ . Sind die Mittelwerte für die graue Hirnsubstanz respektive der CSF also  $\mu_{\text{grau}}$  und  $\mu_{\text{CSF}}$ , so wird die Wahrscheinlichkeit für die Zugehörigkeit zur Mischklasse über

$$p(y_i | X_i = \text{graue Hirnsubstanz} / \text{CSF}) = \int_0^1 G_{\sigma^2}(y_i - (\alpha\mu_{\text{grau}} + (1 - \alpha)\mu_{\text{CSF}})) d\alpha$$

modelliert. Die Berechnung von Segmentierung und Bias-Feld wird im Verfahren von Shattuck *et al.* [143] übrigens getrennt vorgenommen. Die der Segmentierung vorangehende Bias-Feld-Bestimmung basiert ebenfalls auf einem statistischen Modell, dessen Parameter werden aber durch den Vergleich mit dem Grauwert histogramm des MRIs bestimmt. Grabowski *et al.* [62] verwenden eine solche histogrammbasierte Technik sogar zur Segmentierung.

Ein ganz anderes (und verglichen mit den bisher skizzierten Verfahren einfacheres) statistisches Segmentierverfahren wurde von Ashburner und Friston [7]

<sup>29</sup> $\mathbf{x}_S$  mit  $S \subset \{1, \dots, N\}$  bezeichne die Familie aller  $x_i$  mit  $i$  aus  $S$ .

<sup>30</sup>Hierzu gehören auch die einpunktigen Mengen, d. h. ein Voxel ist in diesem Sinne stets zu sich selbst benachbart.

vorgeschlagen und soll aufgrund seiner praktischen Bedeutung — das Verfahren ist Teil des verbreiteten Softwarepackets **SPM99** zur Auswertung von *PET*-, *SPECT*- und *fMRI*-Untersuchungen — im Folgenden kurz erläutert werden<sup>31</sup>.

Das Verfahren stützt sich zu einem wesentlichen Teil auf einen „Atlas“ räumlicher Wahrscheinlichkeitsverteilungen des *Montreal Neurological Institute* [49, 48, 50]) für die interessierenden Gewebeklassen, welcher durch Untersuchung einer großen Anzahl von Probanden abgeleitet wurde (weitere auf „Atlanten“ beruhende Segmentierverfahren findet man in [11, 10, 32, 38, 165]). Die Schwierigkeit in der Anwendung solcher „Atlanten“ besteht hauptsächlich in der Koregistrierung mit dem zu segmentierenden Bild. Im Falle einer „idealen“ Koregistrierung könnte man das Resultat einfach aus der Koordinatenzuordnung ablesen. Die von Ashburner und Friston [7] angewandte Koregistrierung (affine Transformation mit 12 Parametern) kann dies aber nur grob leisten<sup>32</sup> und wird daher mit einem einfachen statistischen Verfahren kombiniert, welches die koregistrierten Verteilungen als Initialisierung und Randbedingung nutzt und in einem iterativen Prozess eine Verbesserung auf der Grundlage der MRT-Grauwerte herbeizuführen sucht:

Sei  $((\omega_{i,x}))_{(i=1,\dots,N)}$  das bzgl.  $\mathbf{y}$  koregistrierte Wahrscheinlichkeits-Bild zur Gewebeklasse  $x \in \mathcal{X}$ . Berechnet werden für jedes Voxel  $i$  die Wahrscheinlichkeiten  $p_{i,x}$ , mit der es zur Gewebeklasse  $x$  gehört. Initial ist  $p_{i,x} = \omega_{i,x}$  und in jedem Iterationsschritt werden die  $p_{i,x}$  gemäß folgender Teilschritte aktualisiert: Zunächst wird ein neuer Mittelwert  $\mu_x = \sum_i p_{i,x} y_i / h_x$  und eine neue Varianz  $\sigma_x^2 = \sum_i p_{i,x} (y_i - \mu_x)^2 / h_x$  für jede Klasse  $x$  berechnet, wobei  $h_x = \sum_i p_{i,x}$  ist. Einer Normalverteilungsannahme folgend berechnet sich der Wert der Wahrscheinlichkeitsdichte für jedes Voxel  $i$  und für jede Klasse  $x$  zu  $r_{i,x} = G_{\sigma^2}(y_i - \mu_x)$  ( $G_{\sigma^2}$  bezeichne hier die Normalverteilung um 0 mit der Varianz  $\sigma^2$ ). Die neuen Wahrscheinlichkeiten ergeben sich nun zu  $p_{i,x} = q_{i,x} / \sum_x q_{i,x}$ , wobei  $q_{i,x}$  sich zu  $r_{i,x} h_x \omega_{i,x} / \sum_j \omega_{j,x}$  berechnet. Es ist hier wesentlich, dass die Wahrscheinlichkeits-Bilder nicht nur über den Initialwert, sondern bei jedem Schritt durch den Term  $\omega_{i,x} / \sum_x \omega_{i,x}$  Einfluss auf die Wahrscheinlichkeiten  $p_{i,x}$  nehmen.

<sup>31</sup>Ein Anwendungsbeispiel für das in [7] beschriebene Verfahren ist im Abschnitt 3.9 zu finden.

<sup>32</sup>Tatsächlich ist das eigentliche Thema von [7] die Darstellung eines sehr genauen Koregistrierungsverfahrens, für das die Segmentierung (die selbst auf einem notgedrungen größeren Koregistrierungsverfahren beruht) nur ein Teilschritt ist.

# Kapitel 2

## Theorie

### 2.1 Digitale Bilder

#### 2.1.1 Definition

Digitale Bilder, d. h. in maschinell auswertbarer Form vorliegende visuelle Informationen, werden heute in vielen Bereichen und unter sehr unterschiedlichen Fragestellungen eingesetzt. Entsprechend viele und zum Teil untereinander inkompatible formale Beschreibungen sind gebräuchlich. Selbst die in dieser Arbeit eingesetzten Verfahren betrachten die ihnen übergebenen Bilddaten oft aus sehr unterschiedlichen Blickwinkeln. Dennoch ist eine vereinheitlichende Definition sinnvoll; nicht nur unter formalen Gesichtspunkten, sondern auch aus praktischen Gründen, da die zur Implementierung der verschiedenen Verfahrensschritte notwendigen Programme sinnvollerweise auf eine einheitliche Datenstruktur hin ausgerichtet sein sollten.

Das im Folgenden beschriebene Modell ist allgemein genug, um zumindest allen für das hier betrachtete Segmentierproblem relevanten Bildverarbeitungsmethoden einen geeigneten Rahmen zu bieten:

**Definition 2.1** *Ein digitales Bild  $\mathbf{p}$  der Dimension  $n$  ist ein Tupel  $\mathbf{p} = (p, \mathcal{A})$ , bestehend aus einer Abbildung  $p : \mathbb{Z}^n \rightarrow \mathbb{R}$  und einer Attributmenge  $\mathcal{A}$ .*

Die eigentliche Bildinformation wird hierbei durch die Abbildung  $p$  festgelegt. Sie ordnet jedem Punkt des Koordinatenraums, d. h. jedem Bildpunkt, eine reelle Zahl zu, die hier in Anlehnung an ihre häufigste Visualisierung als *Graustufe* bezeichnet werden soll. Synonym hierzu wird aber auch gelegentlich der Begriff *Intensität* verwendet, insbesondere dann, wenn die Abstammung der Graustufe aus dem MR-Scanprozess betont werden soll.  $p$  selbst wird im Rahmen dieser Begriffe auch als *Grauwert-* oder *Intensitätsverteilung* bezeichnet.

Alle weitergehenden Informationen, die i. Allg. eine sinnvolle Interpretation und Verarbeitung des Bildinhalts erst ermöglichen, werden unter dem Begriff der

Attributmenge subsumiert. Die Bedeutung dieser Menge wird im nachfolgenden Abschnitt veranschaulicht, in dem die im Rahmen dieser Arbeit gewählte konkrete Realisierung des Konzepts aus Definition 2.1 skizziert wird.

### 2.1.2 Implementierung

Für die Implementierung der in dieser Arbeit vorgestellten Verfahren wurde das in der Definition 2.1 dargelegte Konzept über C++-Klassen realisiert, deren persistente Repräsentation in der Form zweier Dateien, einer Binärdatei zur Darstellung von  $p$  und einer Textdatei zur Repräsentierung der Menge  $\mathcal{A}$ , ausgeführt wurde<sup>1</sup>. Abbildung 2.1 zeigt einen Ausschnitt aus einer typischen Attributdatei. Die Einträge `datafile` bis `infinite` aus Abbildung 2.1 gehören dabei allerdings im strengen Sinne nicht zu den Attributen der Menge  $\mathcal{A}$ , sondern legen fest, wie aus der zugehörigen Binärdatei die Abbildung  $p$  zu konstruieren ist.

```
datafile = e6.data
voxeltype = LSBword
x_bgn = 0
x_end = 255
y_bgn = 0
y_end = 255
z_bgn = 0
z_end = 127
infinite = 0
xdim = 0.976562
ydim = 0.976562
zdim = 1.40625
handedness_of_array_coordinate_system = left-handed
RPa_LPa_nasion_relevance = exact
nasion = (4, 129, 65)
LPa = (111, 172, 120)
RPa = (119, 174, 10)
```

Abbildung 2.1: Beispiel für eine MRI-Attributdatei.

Der Pfadname der Binärdatei wird über das Attribut `datafile` festgelegt. Die Integration des Binärdateipfades in die Attributdatei verbindet beide Datenobjekte wieder zu einer logischen Einheit und erlaubt es insbesondere, sich bei der Referenzierung von gespeicherten Bildern auf die Angabe der Attributdatei zu beschränken. Dennoch ist die Aufteilung der Bildinformationen in zwei getrennte

---

<sup>1</sup>Die Verwendung eines standardisierteren Bilddatenformats zur Speicherung von MR-Bildern und daraus abgeleiteter Bilddatenobjekte bot sich nicht an, da zum Zeitpunkt der Erstellung dieser Arbeit ein solches Format entweder nicht mit hinreichendem Verbreitungsgrad existierte, um die damit verbundenen Einschränkungen zu rechtfertigen oder sich (man denke hier z. B. an das DICOM-Format) für den internen Datenaustausch zwischen den einzelnen Segmentierungstufen als zu sperrig erwies.

Dateien gelegentlich etwas unhandlich, wurde hier jedoch aus drei praktischen Erwägungen heraus gewählt:

**Speichereffizienz.** Über den Eintrag `datafile` können verschiedene Attributdateien die gleiche Binärdatei referenzieren. Dies erlaubt die Präsentation eines Bilddatensatzes im Licht unterschiedlicher Attribute, ohne die unveränderte und speicherintensive Grauwertverteilung physikalisch mehrfach repräsentieren zu müssen.

**Script-Sprachen.** Auf Interpretern basierende Script-Sprachen wie z. B. *Perl*<sup>2</sup>, *Python*<sup>3</sup> oder *Tcl*<sup>4</sup>, sind in der Regel ungeeignet, rechenintensive Bildoperationen aus eigener Kraft durchzuführen, erweisen sich aber für die intelligente Verbindung von Einzeloperationen zu einer Bildverarbeitungssequenz von großem Nutzen<sup>5</sup>. Wie im Kapitel 3 näher erläutert wird, besteht das in dieser Arbeit vorgeschlagene Kortextrekonstruktionsverfahren in der gesteuerten Anwendung einer beträchtlichen Anzahl einzelner Bildverarbeitungsoperationen. In der Implementierung wird diese Steuerung über Scripte — in der Regel *Perl*-Scripte — realisiert. Die eingesetzten Scripte brauchen keinen direkten Zugang zu den eigentlichen Bildinhalten; für die effiziente Steuerung des Gesamtablaufs müssen sie aber die Attributinformationen auswerten und gelegentlich sogar manipulieren können. Die Repräsentation der Bildattribute über eine eigenständige Textdatei ist hier besonders hilfreich, da Skript-Sprachen in aller Regel für dieses Datenformat optimiert sind.

**Kompatibilität.** Die Binärdateien sind als dreidimensionale Arrays von Datenworten fester Länge implementiert, dessen genaues Format über das Attribut `voxeltype` festgelegt wird<sup>6</sup>. Viele Bildverarbeitungsprogramme und Programme zur MRI-Auswertung betrachten diesen Dateiaufbau als „raw“-Format und erlauben durch die Bereitstellung entsprechender Ein- und Ausgabefilter einen relativ unkomplizierten Datenaustausch. Die Vermischung dieser Binärdaten mit den wesentlich weniger standardisierten Attributinformationen würde den Datenaustausch sehr erschweren.

Über  $[x\_bgn, x\_end] \times [y\_bgn, y\_end] \times [z\_bgn, z\_end]$  wird die in `datafile` gespeicherte endliche Gitterstruktur in den Koordinatenraum  $\mathbb{Z}^3$  eingebettet. Alle

---

<sup>2</sup><http://www.perl.com/>

<sup>3</sup><http://www.python.org/>

<sup>4</sup><http://dev.scriptics.com/software/tcltk/>

<sup>5</sup>Insbesondere ihre unkomplizierte Abänderbarkeit ohne aufwändige Compiler- und Link-Vorgänge spricht für den Einsatz von Script-Sprachen. Man spricht hier auch von kurzen *Turn-Around*-Zeiten.

<sup>6</sup>Der Eintrag in Abbildung 2.1 weist z. B. auf zwei Byte lange Ganzzahlen hin, die im *Little Endian* Format kodiert sind.



Koordinaten außerhalb dieses Quaders erhalten den gemeinsamen Hintergrundwert `infinite`. Da bei den hier betrachteten MRI-Daten stets ein eindeutiger Hintergrundwert bestimmt werden kann (bei T1 gewichteten Daten ist dies z. B. einfach der kleinste auftretende Intensitätswert), wird auf diese Weise das Problem der Randeffekte bei der Anwendung von Bildoperatoren umgangen. Überdies erlaubt dieses Vorgehen eine effektivere Speicherung der Bilddaten<sup>7</sup>, was von Bedeutung ist, da im Zuge der Segmentierung zum einen häufig mehrere 3D-Bilder verknüpft werden müssen (bei einem  $256 \times 256 \times 128$  Bildpunkte umfassenden MRI und der Verwendung von vier Byte floating point Zahlen werden z. B. 32 MByte pro 3D-Bild benötigt), zum anderen aber ein beträchtlicher Teil der MRI-Bildpunkte schon zu einem frühen Zeitpunkt als Hintergrundpunkte eingestuft werden kann.

Die Attribute `xdim` bis `RPa` in Abbildung 2.1 definieren eine Abbildung des Koordinatenraums  $\mathbb{Z}^3$  in ein anatomisch fixiertes Koordinatensystem, welches als *Headframe-Koordinatensystem* bezeichnet wird. Die wichtigsten Parameter stellen dabei `xdim`, `ydim` und `zdim` dar, welche über die realen Abstände der Bildpunkte entlang der x-, y- und z-Achse informieren. Jeder Bildpunkt lässt sich auf diese Weise als achsenparalleler Quader der angegebenen Dimensionen auffassen. Gemäß dieser Interpretation bezeichnet man Bildpunkte dreidimensionaler Bilder auch als *Voxel* (volume element), während für zweidimensionale Bildpunkte die Bezeichnung *Pixel* (picture element) gebräuchlich ist. Abbildung 2.2 verdeutlicht den Zusammenhang zwischen beiden Interpretationen anhand eines zweidimensionalen Schnitts durch ein MRI. Die gemäß (`xdim`, `ydim`, `zdim`) skalierten Punkte des Koordinatenraums  $\mathbb{Z}^3$  sind zur Verdeutlichung zusammen mit den durch sie induzierten Koordinatenlinien in Rot dargestellt (*Gitterdarstellung*). Um jeden Koordinatenpunkt  $\mathbf{r}$  wurde zusätzlich ein Quader der Abmessung `xdim`  $\times$  `ydim`  $\times$  `zdim` zentriert und mit einem aus  $p(\mathbf{r})$  abgeleiteten Grauwert eingefärbt (*Voxel- bzw. Pixeldarstellung*). In dieser Arbeit wird i. Allg. die Voxeldarstellung zur Visualisierung von MRIs verwendet. Zur Darlegung einiger theoretischer Sachverhalte wird aber auch auf die Gitterrepräsentation zurückgegriffen. Es ist dabei aber stets zu beachten, dass die Schnittpunkte der Gitterlinien die Mittelpunkte der Voxel und nicht deren Eckpunkte bilden. Dies kann insbesondere dann verwirren, wenn die Bildpunkte bei Verwendung der Voxeldarstellung nicht über ihre Graustufen, sondern im Wesentlichen nur über ihre Umrisse dargestellt werden.

Während die Informationen zur Bildpunktausdehnung für die korrekte Interpretation von Bildinhalten häufig unverzichtbar sind, entfalten die restlichen fünf Parameter ihre Bedeutung in erster Linie beim Datenabgleich mit Program-

<sup>7</sup>Die Möglichkeit, die Bilddaten in komprimierter Form (der modifizierte Lempel-Ziv Algorithmus [172] erwies sich als besonders effektiv) auf der Festplatte abzulegen (was insbesondere im Falle von durch den Segmentierungsprozess hochverdichteter Bilddaten zu extremen Speicherplatzeinsparungen führt), wird hiervon nicht berührt. Gemeint ist hier in erster Linie die Repräsentierung der Bilddaten im Hauptspeicher.



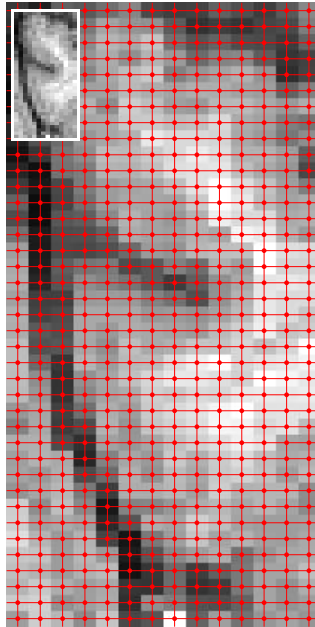


Abbildung 2.2: Überlagerung von Gitter- (rot) und Voxeldarstellung (Grauwerte) anhand eines MRI-Ausschnitts des Temporallappens. Das weiß umrandete Bild in der oberen Ecke zeigt eine Übersichtsdarstellung des MRI-Ausschnitts.

men, die die aus den MRI-Schnitten gewonnenen Rekonstruktionsergebnisse zu Daten anderer Quellen (z. B. MEG-Messungen) in Beziehung setzen. `nasion`, `RPa` und `LPa` sind mit den Bildkoordinaten dreier kontrastmittelgefüllter Zylinder belegt, welche zur Zeit der Aufnahme des MRIs in Höhe des *Nasion*s und der beiden *präaurikulären Punkte* angebracht waren<sup>8</sup>. Aus diesen Markerpositionen lässt sich über eine Vorschrift, die hier nicht weiter ausgeführt werden soll, ein Koordinatensystem konstruieren, welches Aufschluss über die Orientierung des zu segmentierenden Objekts im MRI geben kann. Abbildung 2.3 zeigt die Lage der Achsen dieses Koordinatensystems.

Während das Headframe-System als rechtshändiges Koordinatensystem definiert ist, ist die Orientierung des Bildkoordinatensystems i. Allg. nicht festgelegt und hängt vom verwendeten Scanner bzw. von der nachgeordneten Konvertierungssoftware ab. Das Attribut `handedness_of_array_coordinate_system` dient daher zur Spezifizierung der Händigkeit des Bildkoordinatensystems, also

<sup>8</sup>Die gewählten Markerpositionen stammen aus dem EEG-Bereich, wo diese anatomischen Orientierungspunkte unter Hinzunahme des *Inions* die Grundlage für die Elektrodenpositionierung nach dem *Internationalen Ten-Twenty-System* bilden [89]. Dieser Zusammenhang war im Rahmen dieser Arbeit aber meist ohne Bedeutung (das Attribut `inion` ist daher in Abbildung 2.1 auch nicht aufgeführt). Statt der wirklichen präaurikulären Punkte wurden daher häufig einfach die Mittelpunkte der Gehörgänge markiert, da dies über Ohrstöpsel besonders leicht zu realisieren war.

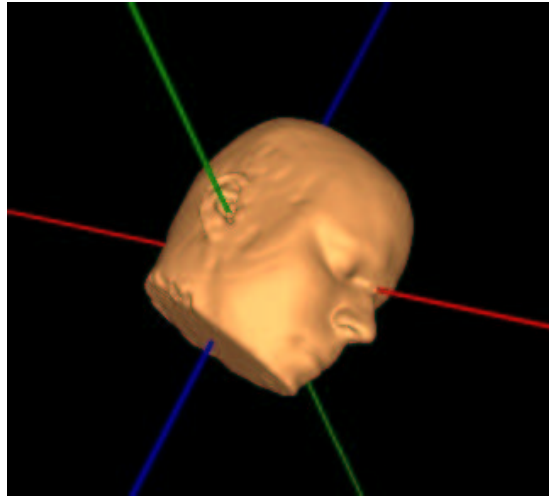


Abbildung 2.3: Koordinatenachsen des Headframe-Koordinatensystems. Rot entspricht der x-, Grün der y- und Blau der z-Achse.

der Identifizierung dieses generischen Koordinatensystems als Rechts- oder Linkssystem.

Mit Ausnahme der Attribute zur Festlegung der Markerpositionen können alle bisher vorgestellten Bildattribute i. Allg. automatisch aus Zusatzinformationen abgeleitet werden, die die verschiedenen MR-Scanner den von ihnen gelieferten Bilddaten beifügen. Bis vor kurzem war dies allerdings aufgrund der Vielzahl der eingesetzten proprietären und i. Allg. undokumentierten Datenformate schwierig zu realisieren. Seit einiger Zeit setzt sich aber das für den medizinischen Bereich entwickelte Standardbildformat DICOM (**D**igital **I**maging and **C**ommunications in **M**edicine) immer mehr durch. Obwohl dieses Format um Größenordnungen komplexer<sup>9</sup> ist als die bisher eingesetzten proprietären Formate, stellt es dennoch für dieses und ähnlich gelagerte Projekte eine große Erleichterung dar, da es hierdurch erstmals mit vertretbarem Aufwand möglich ist, Software zu entwickeln, die mit praktisch jedem MR-Scanner zusammenarbeitet (und dies auch in Zukunft tun wird).

Die Markerpositionen können häufig ebenfalls automatisch aus den MR-Rohdaten ermittelt werden, da sich die kontrastmittelgefüllten Zylinder in den MR-

---

<sup>9</sup>Das DICOM-Format dient nicht nur der Kodierung von MR-Bildern, sondern ist als zukunftssicheres Framework zur Repräsentation aller in der Medizin relevanter Bilddaten konzipiert. Darüber hinaus betrachtet der DICOM-Standard das Problem der Repräsentation von Bilddaten gar nicht in erster Linie vom Standpunkt der Datenspeicherung, sondern vielmehr vom Standpunkt des Datentransports aus. Dementsprechend beschäftigt sich der größte Teil des Standards mit der genormten Übertragung von Bilddaten über Computernetzwerke. Die Erzeugung von Dateien wird hierbei einfach als eine weitere Art verstanden, wie Bilddaten zwischen Computerprogrammen ausgetauscht werden können.

Bildern typischerweise als Flecken hoher Intensität abzeichnen, die sich dann mit Hilfe von Bildverarbeitungsmethoden entweder voll automatisch oder im Falle unzureichenden Kontrasts zum umgebenden Gewebe benutzergeführt lokalisieren lassen. Sind die Markerpositionen nicht verfügbar, so können aus im DICOM-Format vorliegenden Daten immerhin Schätzpositionen für die Referenzpunkte gewonnen werden, die zwar für einen Ortsabgleich mit fremden Programmen unzureichend sind, für die in dieser Arbeit vorgestellten Algorithmen aber ausreichend Ortsinformationen liefern. Liegen die Koordinatenwerte in `nasion`, `RPa` und `LPa` nur geschätzt vor, so wird dies dadurch angezeigt, dass das Attribut `RPa_LPa_nasion_relevance`, welches i. Allg. mit dem Wert `exact` belegt ist, auf `informal` abgeändert wird.

Neben den in Abbildung 2.1 aufgeführten Einträgen kann die Attributdatei problemlos um weitere Bildinformationen erweitert werden. Eine Reihe von zu  $\mathcal{A}$  zu zählenden Attributen, z. B. Nachbarschaftsbeziehungen (siehe Abschnitt 2.2) sind aber nur im Rahmen einer konkreten Bildoperation interessant und werden den Bildern daher nicht fest zugeordnet, sondern dynamisch im Zuge der Parametrisierung der entsprechenden Operatoren zugewiesen.

Das hier beschriebene Bilddatenformat eignet sich in erster Linie zur Verarbeitung von dreidimensionalen MR-Scans. Es kann aber natürlich auch zur Speicherung von zweidimensionalem Material dienen, indem man die Ausdehnung einer der Koordinatenachsen auf 0 setzt. Darüber hinaus lässt sich jedes dreidimensionale Bild als Folge zweidimensionaler Bilder auffassen. Die Bildebenen senkrecht zu den Koordinatenachsen liefern dabei drei kanonische Schnittfolgen, die man i. Allg. als sagittale, coronale bzw. axiale Scans identifizieren kann. Diese Interpretation eines 3D-MRIs als Menge dreier unterschiedlicher, aber nicht unabhängiger Schnittfolgen wird im Rahmen dieser Arbeit verwendet, um auch zweidimensional arbeitende Verfahren nutzen zu können<sup>10</sup>.

## 2.2 Digitale Topologie

### 2.2.1 Einleitung

Die *digitale Topologie* beschäftigt sich mit den topologischen Eigenschaften *binärer digitaler Bilder*, d. h. Bilder  $\mathbf{p} = (p, \mathcal{A})$  für die die Funktion  $p$  nur Werte aus  $\{0, 1\}$  annehmen kann<sup>11</sup>. Im Rahmen der in Abschnitt 2.1.2 vorgestellten Implementierung werden binäre Bilder aus praktischen Gründen allerdings etwas allgemeiner definiert: Statt den Wertebereich von  $p$  einzuschränken, wird der Attributmen-

<sup>10</sup>Durch die Verarbeitung aller drei redundanter Schnittrichtungen erlangen die Endergebnisse solcher 2D-Operationen (bei geeigneter Auswertung) einen pseudo-dreidimensionalen Charakter.

<sup>11</sup>Die *fuzzy digital topology* verallgemeinert dieses Konzept auf Bilder mit Werten aus  $[0, 1]$  (vgl. [127, 129, 130]).

ge  $\mathcal{A}$  ein Prädikat  $P$  (zum Begriff des Prädikats siehe z. B. [139]) hinzugefügt, welches gemäß

$$p_{\text{binär}}(\mathbf{r}) = \begin{cases} 1 & \text{wenn } P(p(\mathbf{r})) \\ 0 & \text{sonst} \end{cases} \quad (\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n)$$

den Zusammenhang zur obigen Definition herstellt. Durch Einführung parameterabhängiger Prädikate können auf diese Weise verschiedene Entwicklungsstufen eines binären Bildes in einem einzigen Datensatz festgehalten werden (z. B. das dynamische Wachsen oder Schrumpfen eines Ausgangsbildes (siehe hierzu auch die Abschnitte 2.3 und 2.4)). Weiterverarbeitende Algorithmen, die erst während des Programmlaufs entscheiden, welche Entwicklungsstufe des Binärbildes benötigt wird, können über diese Bilder in einfacher Weise mit Eingabedaten versorgt werden (insbesondere, wenn die Berechnung der verschiedenen Entwicklungsstufen hinreichend aufwändig ist). In entsprechender Weise eignen sie sich, sofern durch geeignete Verfahren visualisiert, zur intuitiven Parameterauswahl durch den Benutzer. Da allerdings auch diese Bilder letztlich auf Binärbilder der obigen Ausgangsdefinition zurückgeführt werden können, wird im Rahmen der theoretischen Untersuchung binärer Bilder, sofern nichts anderes gesagt wird, der Wertebereich  $\{0, 1\}$  für  $p$  angenommen.

Die Komplexität von Aussagen der digitalen Topologie hängt ganz wesentlich von der Dimension der betrachteten Bilder ab. Während zweidimensionale Bilder noch adäquat mit Hilfe kombinatorischer Methoden beschrieben werden können, ist der Übergang von 2D nach 3D schon außergewöhnlich schwierig. Ein Hinweis hierauf mag folgende Überlegung geben: Zur Einordnung der topologischen Eigenschaften eines Bildpunktes ist i. Allg. mindestens die unmittelbare Umgebung dieses Punktes, d. h. die Menge aller von diesem Zentralpunkt verschiedener Punkte, dessen Koordinaten um höchstens 1 von den Koordinaten des Zentralpunktes abweichen, zu betrachten. In zweidimensionalen Bildern besteht diese Umgebung aus 8 Punkten, was zu  $2^8 = 256$  möglichen Konfigurationen führt. Diese geringe Zahl erlaubt es, das Verhalten des Bildoperators vollständig durch Festlegung einer relativ kleinen Look-Up-Tabelle zu fixieren. Im Gegensatz dazu ist die Anzahl möglicher Umgebungskonfigurationen in dreidimensionalen Bildern schon unüberschaubar groß:  $2^{26} \approx 6 \cdot 10^7$ . Es ist daher offensichtlich, dass Algorithmen für den zweidimensionalen Fall nur in einfachen Fällen auf dreidimensionale Bilder übertragen werden können. Für Dimensionen  $n > 3$  kommt man mit einem kombinatorischen Ansatz i. Allg. überhaupt nicht mehr zu signifikanten Resultaten. Hier muss man auf abstraktere algebraische Methoden zurückgreifen, wie sie z. B. in der Übersicht von McAndrew und Osborne [108] beschrieben sind.

Die folgenden Abschnitte beschränken sich daher im Wesentlichen auf die Diskussion der Topologie zwei- und dreidimensionaler Bilder. Überdies wurde in dieser Arbeit, trotz der prinzipiell dreidimensionalen Fragestellung, bewusst auch auf die Möglichkeiten zweidimensionaler Bildoperatoren zurückgegriffen, da

sich diese Methoden nicht selten als ausgereifter und stabiler erwiesen als ihre dreidimensionalen Pendanten.

### 2.2.2 Nachbarschaftsbeziehungen

Das Basiskonzept der digitalen Topologie ist der Begriff der Punktnachbarschaft, also die Frage, wann zwei Bildpunkte als verbunden bzw. aneinander angrenzend anzusehen sind. In ihrer allgemeinsten Form lässt sich diese Frage durch die Angabe einer nicht-leeren Menge  $\mathcal{U} \subseteq \mathbb{Z}^n$  beantworten, die, vermöge der Definition

$$\mathbf{r}_1 \text{ ist zu } \mathbf{r}_2 \text{ benachbart} \stackrel{\text{def}}{\iff} \mathbf{r}_1 - \mathbf{r}_2 \in \mathcal{U},$$

eine Nachbarschaftsrelation auf  $\mathbb{Z}^n$  festlegt. Da diese Relation sinnvollerweise symmetrisch, nicht aber reflexiv sein sollte, sind an  $\mathcal{U}$  noch folgende Bedingung zu stellen:

$$\begin{aligned} 0 &\notin \mathcal{U} \\ \mathbf{r} \in \mathcal{U} &\Rightarrow -\mathbf{r} \in \mathcal{U}. \end{aligned}$$

Die Menge aller zu einem Punkt  $\mathbf{r}$  benachbarten Punkte wird mit  $\mathcal{U}(\mathbf{r})$  bezeichnet und *Umgebung* oder *Nachbarschaft* von  $\mathbf{r}$  genannt. Es ist zu beachten, dass  $\mathbf{r}$  selbst nicht zu  $\mathcal{U}(\mathbf{r})$  gehört.

Zur Interpretation von zweidimensionalen Bildern werden in dieser Arbeit zwei verschiedene Nachbarschaftsrelationen betrachtet: Die 8- und die 4-Nachbarschaft.

Zwei Punkte aus  $\mathbb{Z}^2$  heißen *8-benachbart*, wenn sie verschieden sind und sich je zwei korrespondierende Koordinatenwerte nur um höchstens 1 unterscheiden. Die *8-Umgebung* eines Punkte  $\mathbf{r}$  ergibt sich daher zu

$$\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) = \left\{ \mathbf{u} \in \mathbb{Z}^2 : 0 < |\mathbf{r} - \mathbf{u}| \leq \sqrt{2} \right\}.$$

Die Beziehung ist in Abbildung 2.4(a) veranschaulicht.

Zwei Gitterpunkte des  $\mathbb{Z}^2$  heißen *4-benachbart*, wenn sie 8-zusammenhängend sind und sich in höchstens einer Koordinate unterscheiden. Die zugehörige *4-Umgebung* ist in Abbildung 2.4(b) dargestellt. Sie berechnet sich zu

$$\mathcal{U}_4(\mathbf{r}) = \left\{ \mathbf{u} \in \mathbb{Z}^2 : 0 < |\mathbf{r} - \mathbf{u}| \leq 1 \right\}.$$

Neben diesen beiden Festlegungen existieren noch weitere sinnvolle Nachbarschaftsdefinitionen auf der diskreten Ebene, wie z. B. die in Abbildung 2.4(c) dargestellte *pseudo-hexagonale Nachbarschaft* [185]. Solche Relationen haben aber nur geringe praktische Bedeutung.

Für dreidimensionale Bilder sind drei verschiedene Nachbarschaftsbeziehungen gebräuchlich [90]: Die 26-, die 18- und die 6-Nachbarschaft.

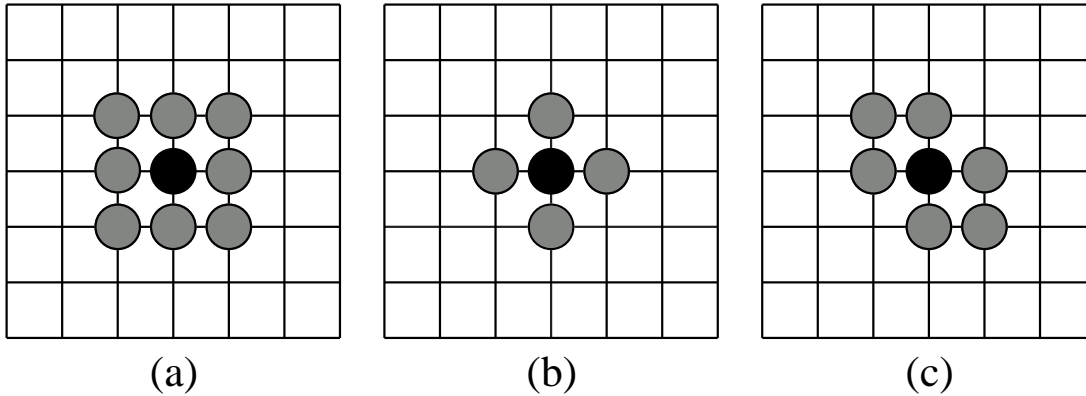


Abbildung 2.4: Nachbarschaftsbeziehungen zweidimensionaler Bilder (Gitterdarstellung): Die 8-Umgebung (a), die 4-Umgebung (b) und die (weniger gebräuchliche) pseudo-hexagonale Umgebung (c).

In Analogie zur 8-Nachbarschaft der Ebene heißen zwei Punkte aus  $\mathbb{Z}^3$  *26-benachbart*, wenn sie verschieden sind und sich je zwei korrespondierende Koordinatenwerte nur um höchstens 1 unterscheiden. Zwei Gitterpunkte heißen *18-benachbart*, wenn sie 26-benachbart sind und sich in höchstens zwei Koordinaten unterscheiden. Schließlich werden zwei Punkte als *6-benachbart* bezeichnet, wenn sie 26-benachbart sind und sich in nur höchstens einer Koordinate unterscheiden.

Die drei möglichen Umgebungen eines Punktes  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^3$  ergeben sich hierdurch zu

$$\begin{aligned} \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) &= \left\{ \mathbf{u} \in \mathbb{Z}^3 : 0 < |\mathbf{r} - \mathbf{u}| \leq \sqrt{3} \right\}, \\ \mathcal{U}_{18}(\mathbf{r}) &= \left\{ \mathbf{u} \in \mathbb{Z}^3 : 0 < |\mathbf{r} - \mathbf{u}| \leq \sqrt{2} \right\}, \\ \text{und } \mathcal{U}_6(\mathbf{r}) &= \left\{ \mathbf{u} \in \mathbb{Z}^3 : 0 < |\mathbf{r} - \mathbf{u}| \leq 1 \right\}. \end{aligned}$$

Die Abbildungen 2.5(a) bis 2.5(c) veranschaulichen diese Zusammenhänge.

### 2.2.3 Binäre Digitale Bilder

Von fundamentaler Bedeutung für das Studium der topologischen Eigenschaften binärer Bilder ist die auf den ersten Blick etwas bizarre Idee, für den Vorder- und Hintergrund des Bildes unterschiedliche Nachbarschaftsrelationen festzulegen; ein Vorgehen, das wahrscheinlich erstmals in [45] empfohlen wurde. Der Grund für diese Strategie besteht in der Vermeidung von paradoxen Konstellationen der Art, wie sie in den Abbildungen 2.6 und 2.7 dargestellt sind. Nimmt man z. B. in Abbildung 2.6 für Vorder- und Hintergrund eine 4-Nachbarschaft an, so sind alle vier schwarzen Vordergrundpunkte isoliert, d. h. mit keinem weiteren Punkt

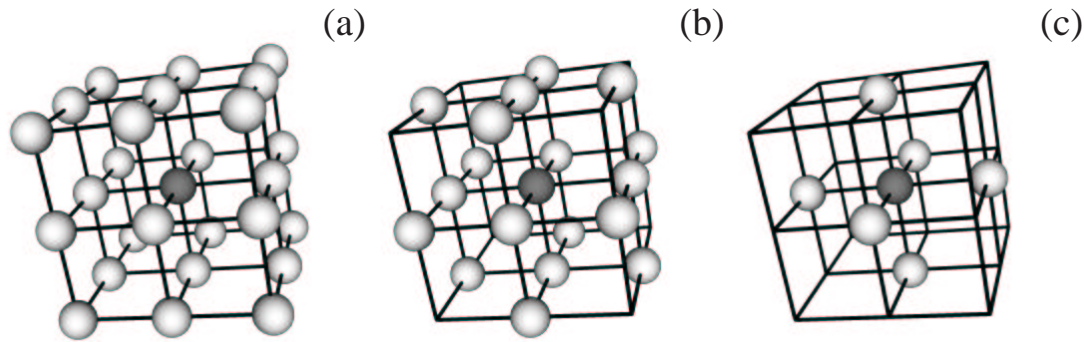


Abbildung 2.5: Die gebräuchlichsten Nachbarschaftsbeziehungen dreidimensionaler Bilder (Gitterdarstellung): Die 26-Umgebung (a), die 18-Umgebung (b) und die 6-Umgebung (c).

gleicher Farbe verbunden. Dennoch separieren diese vier Punkte die Ebene in zwei disjunkte Bereiche: Es besteht keine 4-Nachbarschaft zwischen dem hellgrauen Zentralpunkt und den weißen Hintergrundpunkten. Umgekehrt bilden die schwarzen Vordergrundpunkte in Abbildung 2.7, bei Wahl der 8-Nachbarschaft, eine geschlossene Kurve, also das diskrete Analogon zu einer Jordankurve<sup>12</sup>. Dennoch wird die in weiß eingezeichnete Hintergrundmenge nicht separiert. Wählt man stattdessen für Vorder- und Hintergrund unterschiedliche Nachbarschaftsrelationen, also entweder eine (8, 4)- oder eine (4, 8)-Konstellation, so treten die beschriebenen Schwierigkeiten offensichtlich nicht mehr auf. Für digitale Bilder dieser Art lassen sich dann auch Diskretisierungen des Jordanschen Kurvensatzes<sup>13</sup> beweisen [126, 155].

In Analogie zum zweidimensionalen Fall vermeidet man im dreidimensionalen Fall Paradoxien, wenn man die Nachbarschaftsrelationen für Vorder- und Hintergrund als (26, 6), (18, 6), (6, 26) oder (6, 18) auswählt (die (26, 18)- bzw. die (18, 26)-Beziehung ist allerdings nicht ausreichend). Auch für diese Konstellationen kann man eine diskrete Form des Jordanschen Flächentheorems beweisen [113].

In Erweiterung der Definition 2.1 kann ein binäres digitales Bild für die Dimensionen 2 und 3 daher zusammenfassend folgendermaßen definiert werden:

**Definition 2.2** *Ein binäres digitales Bild  $\mathbf{p}$  der Dimension  $n \in \{2, 3\}$  ist ein digitales Bild  $(p, \mathcal{A})$  mit  $p(\mathbb{Z}^n) \subseteq \{0, 1\}$  und einem Attribut  $(r, s) \in \mathcal{A}$ , welches die*

<sup>12</sup>Eine Punktmenge  $\mathcal{K}$  des  $\mathbb{R}^2$  heißt *Jordan-Kurve*, wenn sie homöomorph zur Kreislinie  $\mathcal{S}^1 = \{(x, y) \in \mathbb{R}^2 : x^2 + y^2 = 1\}$  ist.

<sup>13</sup>Ist  $\mathcal{K} \subset \mathbb{R}^2$  eine Jordankurve, so gibt es zwei Gebiete  $\mathcal{G}_1$  und  $\mathcal{G}_2$ , sodass  $\mathbb{R}^2 = \mathcal{G}_1 \uplus \mathcal{K} \uplus \mathcal{G}_2$  eine disjunkte Vereinigung ist.



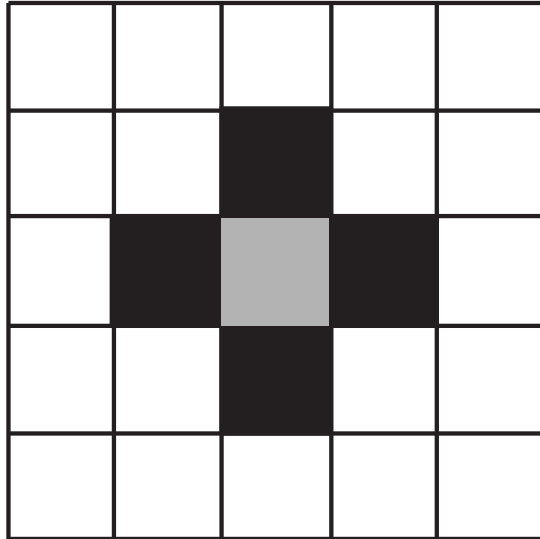


Abbildung 2.6: Separierung der Ebene durch unverbundene Punkte: Die schwarzen Bildelemente stellen den Vordergrund dar, alle übrigen Pixel gehören zum Hintergrund. Wird eine 4-Nachbarschaft für Vorder- und Hintergrund zugrunde gelegt, so zerfällt die Hintergrundmenge in zwei disjunkte Gebiete (grau bzw. weiß gekennzeichnet), obwohl die schwarzen Pixel unverbunden sind.

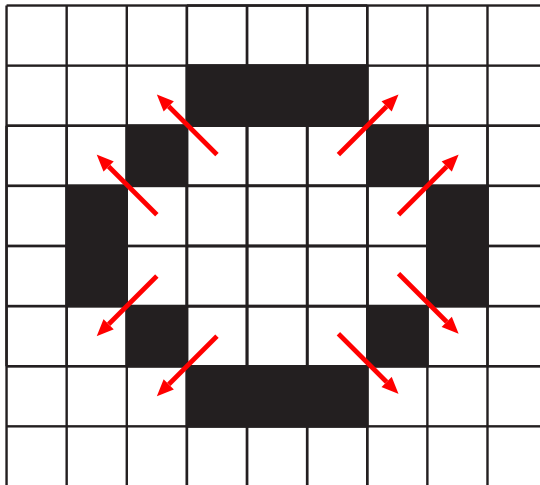


Abbildung 2.7: Verletzung des Jordanschen Kurventheorems: Die schwarzen Pixel bilden die Vordergrund-, die weißen die Hintergrundmenge. Nimmt man für beide Mengen eine 8-Nachbarschaft an, so bilden die schwarzen Pixel eine geschlossene Kurve, die von den „eingeschlossenen“ Hintergrundpixeln dennoch über die rot eingezeichneten Pfade überwunden werden kann, ohne die Kurve zu schneiden (d. h. ohne dass der Pfad einen schwarzen Vordergrundpixel enthält).

Nachbarschaftsrelation von Vorder- und Hintergrund beschreibt. Für  $n = 2$  muss  $(r, s)$  aus  $\{(4, 8), (8, 4)\}$ , für  $n = 3$  aus  $\{(6, 18), (6, 26), (18, 6), (26, 6)\}$  stammen. Die Elemente der Menge  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}} = \{\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n : p(\mathbf{r}) = 1\}$  heißen Vordergrundpunkte, die Elemente der Menge  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}^{\complement} = \mathbb{Z}^n \setminus \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  Hintergrundpunkte des Bildes  $\mathbf{p}$ . Zwei Vordergrundpunkte heißen benachbart, wenn sie  $r$ -benachbart sind, zwei Hintergrundpunkte heißen benachbart, wenn sie  $s$ -benachbart sind.

Ausgehend von dieser Definition lassen sich nun weitere topologische Begriffe auf digitale Bilder übertragen; insbesondere der wichtige Begriff der *zusammenhängenden Menge* kann nun formalisiert werden:

Sei  $\mathcal{S}$  eine beliebige Teilmenge des Vorder- bzw. Hintergrundes eines gegebenen binären Bildes  $\mathbf{p}$ ; d. h.  $\mathcal{S} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  oder  $\mathcal{S} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}}^{\complement}$ , wobei die  $\mathcal{S}$  zugrunde liegende Zusammenhangsrelation entsprechend Definition 2.2 entweder  $r$  oder  $s$  ist. Eine Punktfolge  $\langle \mathbf{r}_0, \dots, \mathbf{r}_m \rangle$  heißt dann *Pfad in  $\mathcal{S}$* , wenn  $\mathbf{r}_0, \dots, \mathbf{r}_m \in \mathcal{S}$  gilt und für jedes  $i$  mit  $0 \leq i < m$  die Bildpunkte  $\mathbf{r}_i$  und  $\mathbf{r}_{i+1}$  benachbart sind. Zwei Punkte  $\mathbf{p}$  und  $\mathbf{q}$  aus  $\mathcal{S}$  heißen auf der Grundlage dieser Definition *zusammenhängend in  $\mathcal{S}$* , wenn sie durch einen Pfad verbunden werden können, der vollständig in  $\mathcal{S}$  liegt; wenn es also einen Pfad  $\langle \mathbf{r}_0, \dots, \mathbf{r}_m \rangle$  in  $\mathcal{S}$  gibt, mit  $\mathbf{r}_0 = \mathbf{p}$  und  $\mathbf{r}_m = \mathbf{q}$ . Diese Relation ist offensichtlich reflexiv, symmetrisch und transitiv, also eine Äquivalenzrelation auf  $\mathcal{S}$ . Die hierdurch induzierten Äquivalenzklassen heißen *Zusammenhangskomponenten* von  $\mathcal{S}$ . Besteht  $\mathcal{S}$  nur aus einer einzigen Zusammenhangskomponente, so heißt  $\mathcal{S}$  *zusammenhängend*.

Neben der hier gewählten Definition sind auch andere Ansätze zur Formalisierung des Begriffs der zusammenhängenden Menge möglich (siehe z. B. [90, 78, 162]<sup>14</sup>). Zur Unterscheidung wird die obige Charakterisierung daher auch als *Pfadzusammenhang* bezeichnet.

## 2.3 Mathematische Morphologie

### 2.3.1 Einleitung

Unter dem Begriff der *morphologischen Operatoren* fasst man einen weiten Bereich von Bildverarbeitungsoperatoren zusammen, die sich im weitesten Sinne mit

<sup>14</sup>In [162] wird ein interessanter, als Oberflächenzusammenhang bezeichneter Ansatz für dreidimensionale Bilder beschrieben. Die ursprünglich aus [128] stammende Charakterisierung fasst die Oberflächen der außen liegenden 6-verbundenen Voxel der betrachteten Menge als Netz von Polygonen auf, das schließlich einen Polyeder bildet. Auf diese Weise kann die Topologie dreidimensionaler digitaler Bildern auf die entsprechenden Begriffe des  $\mathbb{R}^3$  zurückgeführt werden. Dieser Ansatz ist besonders darum interessant, weil er in natürlicher Weise die Verwendung der Euler-Poincaré-Charakteristik (siehe [30]) zur Überwachung topologieerhaltender Operationen erlaubt, wie sie z. B. bei der Konstruktion von Thinning-Algorithmen (siehe Abschnitt 2.7) Verwendung finden.

der Analyse und Manipulation von Objektformen befassen und sich alle auf wenige einfache Basisoperationen zurückführen lassen. Der Aufbau komplexerer Operatoren erfolgt über die Kombination der Grundoperatoren mittels elementarer mengentheoretischer Verknüpfungen. Der hierarchische Aufbau erlaubt hierbei eine relative tiefe theoretische Durchdringung der so erhaltenen Operatorenklasse, weshalb dieses Forschungsgebiet auch als *mathematische Morphologie* bezeichnet wird.

Die mathematische Morphologie ist mittlerweile ein klassischer Bereich geworden, dessen Stoff in zahlreichen Übersichtsarbeiten, von den theoretischen Grundlagen bis hin zu den Anwendungen, dargelegt ist [141, 58, 68, 20, 121, 154]. Das Hauptinteresse, insbesondere im Hinblick auf die Anwendung, richtet sich dabei meist auf die Manipulation und Analyse binärer Bilder. Die entsprechenden Konzepte, soweit sie für das hier erörterte Segmentierproblem von Relevanz sind, werden im Abschnitt 2.3.2 erläutert.

Die morphologischen Grundoperationen lassen sich auch auf Grauwertbilder, d. h. auf Bilder im Sinne der Definition 2.1, ausweiten. Die daraus erwachsenden Möglichkeiten werden in der Literatur zum hier behandelten Segmentierproblem in der Regel nur unzureichend gewürdigt. Zu Unrecht, lassen sich doch die Grauwertoperatoren, da sie im Gegensatz zu ihren auf Binärbildern angewiesenen Pendanten ohne Vorabsegmentierung auskommen, schon zu einem weit früheren Zeitpunkt der Bildanalyse einsetzen. Abschnitt 2.3.3 erläutert die notwendigen theoretischen Grundlagen.

### 2.3.2 Morphologische Operatoren für Binärbilder

Die elementaren Operationen der mathematischen Morphologie sind die *Erosion* und die *Dilatation* (gelegentlich auch *Minkowski-Subtraktion* bzw. *Minkowski-Addition* genannt). Angewandt auf ein binäres Bild  $\mathbf{p}$  verkleinern (Erosion) oder vergrößern (Dilatation) diese Operationen die Vordergrundmenge  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  im Hinblick auf ein gegebenes *Strukturelement*  $\mathcal{X}$ .

Der Begriff des Strukturelements ist für die gesamte mathematische Morphologie von zentraler Bedeutung: Morphologische Operatoren verknüpfen Bilder mit Strukturelementen. Ein Strukturelement  $\mathcal{X}$  ist dabei formal eine beliebige endliche und nicht-leere Teilmenge des  $\mathbb{Z}^n$ , wobei  $n$  die Dimension des verknüpften Bildes darstellt. Verschiebungsoperationen der Bauart

$$\mathcal{X} + \mathbf{r} \stackrel{\text{def}}{=} \{\mathbf{x} + \mathbf{r} : \mathbf{x} \in \mathcal{X}\}, \quad \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n$$

bzw.

$$\mathcal{X} - \mathbf{r} \stackrel{\text{def}}{=} \{\mathbf{x} - \mathbf{r} : \mathbf{x} \in \mathcal{X}\}, \quad \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n$$

erlauben nun die Zentrierung von  $\mathcal{X}$  über jeden Bildpunkt  $\mathbf{r}$  des zu modifizierenden Bildes  $\mathbf{p}$ . Eine mengentheoretische Verknüpfung des verschobenen Strukturelements mit  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  führt dann zu einer Neubewertung von  $\mathbf{r}$  hinsichtlich seiner Zugehörigkeit zur Vordergrundmenge von  $\mathbf{p}$ .

Hält man die Dimension  $n$  und die Attributmengenge  $\mathcal{A}$  fest, so wird ein Bild  $\mathfrak{p}$  gemäß Definition 2.2 durch seine Vordergrundmenge  $\mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$  eindeutig festgelegt. Die Menge aller Bilder mit vorgegebener Attributmengenge, d. h. insbesondere mit vorgegebenen Zusammenhangsrelationen für Vorder- und Hintergrund, kann also als isomorph zur Potenzmenge  $\mathfrak{P}(\mathbb{Z}^n)$  aufgefasst werden. Diese Überlegung erlaubt die Identifizierung eines Strukturelements  $\mathcal{X}$  mit einem zugehörigen binären Bild  $\mathfrak{x}$  gemäß  $\mathcal{X} = \mathcal{B}_{\mathfrak{x}}$ . Diese Identifizierung ist notwendig, wenn man die Vertauschbarkeit von Bild und Strukturelement unter einer gegebenen morphologischen Operation untersuchen möchte.

Die *Erosion* eines binären Bildes  $\mathfrak{p}$  mit einem Strukturelement  $\mathcal{X}$  liefert ein neues binäres Bild  $\mathfrak{q}$  mit gleicher Attributmengenge und einer Vordergrundmenge  $\mathcal{B}_{\mathfrak{q}}$  die sich gemäß

$$\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \ominus \mathcal{X} \stackrel{\text{def}}{=} \bigcap_{\mathfrak{x} \in \mathcal{X}} (\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} - \mathfrak{x})$$

berechnet<sup>15</sup>.

Analog führt die *Dilatation* eines binären Bildes  $\mathfrak{p}$  mit einem Strukturelement  $\mathcal{X}$  zu einem neuen binären Bild dessen Vordergrundmenge sich zu

$$\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \oplus \mathcal{X} \stackrel{\text{def}}{=} \bigcup_{\mathfrak{x} \in \mathcal{X}} (\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} + \mathfrak{x})$$

ergibt<sup>16</sup>

Um die Bedeutung von Erosion und Dilatation klarer hervortreten zu lassen, sind folgende Beziehungen nützlich, die sich durch elementare Umformungen aus den Definitionen ergeben:

$$\begin{aligned} \mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \ominus \mathcal{X} &= \{ \mathfrak{r} \in \mathbb{Z}^n : \mathcal{X} + \mathfrak{r} \subseteq \mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \}, \\ \mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \oplus \mathcal{X} &= \{ \mathfrak{r} \in \mathbb{Z}^n : (\mathcal{X} + \mathfrak{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \neq \emptyset \}. \end{aligned}$$

Ist wie üblich  $0 \in \mathcal{X}$ , so gilt offensichtlich  $\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \ominus \mathcal{X} \subseteq \mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$ . Die Erosion erhält also nur diejenigen Bildpunkte  $\mathfrak{r} \in \mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$ , für die das nach  $\mathfrak{r}$  verschobene Strukturelement  $\mathcal{X} + \mathfrak{r}$  vollständig in  $\mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$  eingebettet werden kann. Alle anderen Bildpunkte werden aus der Vordergrundmenge gelöscht. Wird ein kreis- oder kugelförmiges Strukturelement verwendet, so werden die im Bild repräsentierten Objekte um eine Randzone, die dem Radius des Strukturelements entspricht, verkleinert. Ein zweidimensionales Anwendungsbeispiel ist in Abbildung 2.9 (als Ausgangsbild dient die Abbildung 2.8), ein dreidimensionales in Abbildung 2.12 (Ausgangsbild 2.11) gezeigt.

<sup>15</sup>Einige Autoren (z. B. [141]) definieren die Erosion etwas anders, indem sie der Mengenoperation eine gespiegelte Version des Strukturelements zugrunde legen:  $\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \ominus \mathcal{X} \stackrel{\text{def}}{=} \bigcap_{\mathfrak{x} \in \mathcal{X}} (\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} + \mathfrak{x})$ .

<sup>16</sup>Analog zur Erosion wird auch bei der Dilatation von einigen Autoren (z. B. [100]) eine gespiegelte Version bevorzugt:  $\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \oplus \mathcal{X} \stackrel{\text{def}}{=} \bigcup_{\mathfrak{x} \in \mathcal{X}} (\mathcal{B}_{\mathfrak{p}} + \mathfrak{x})$ .

Die Dilatation stellt die zur Erosion komplementäre Operation dar. Sofern  $0$  zu  $\mathcal{X}$  gehört, gilt  $\mathcal{B}_p \subseteq \mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X}$ , und  $\mathcal{B}_p$  wird um alle Bildpunkte  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n$  ergänzt, für die das nach  $\mathbf{r}$  verschobene Strukturelement mindestens einen Punkt aus  $\mathcal{B}_p$  trifft. Bei Verwendung eines kreis- bzw. kugelförmigen Strukturelements fügt der Dilatationsoperator jedem Bildobjekt eine Randzone mit der halben Breite des Strukturelements hinzu. Abbildung 2.10 zeigt ein zweidimensionales, Abbildung 2.13 ein dreidimensionales Beispiel.

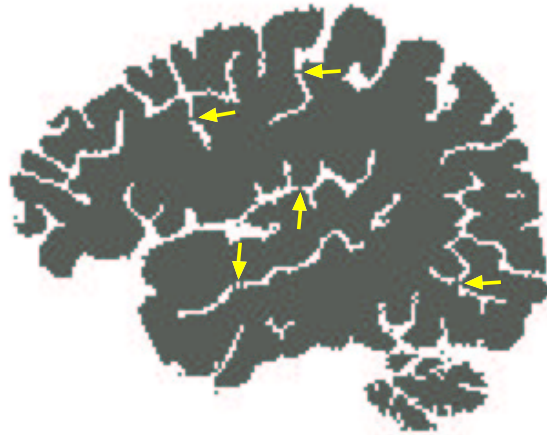


Abbildung 2.8: Ausgangsbild für die in den folgenden Abbildungen demonstrierten, zweidimensionalen morphologischen Operatoren. Gezeigt ist die Segmentierung des Gehirns aus einem sagittalen MRI-Schnitt. Die gelben Pfeile verweisen auf verschiedene Beispiele eines typischen Segmentierfehlers — dünne, artifizielle Verbindungen zwischen anatomisch getrennten Hirnwindungen — der insbesondere durch Rauschen hervorgerufen wird. Solche Fehler können gut über morphologische Operationen entfernt werden.

Der Dilatationsoperator erlaubt eine Vertauschung von Bild und Strukturelement<sup>17</sup>:

$$\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X} = -\mathcal{X} \oplus \mathcal{B}_p.$$

Die Dilatation ist damit, bis auf die Spiegelung, eine *kommutative Verknüpfung*<sup>18</sup>. Demgegenüber ist es im Falle der Erosion zumeist wenig sinnvoll, die Rollen von Bild und Strukturelement zu vertauschen: Da das Strukturelement  $\mathcal{X}$  in der Regel viel kleiner als das Bild  $\mathcal{B}_p$  ist, liefert die Vertauschung der beiden Operanden i. Allg. einfach das „leere“ Bild:  $\mathcal{X} \ominus \mathcal{B}_p = \emptyset$ .

<sup>17</sup> $-M$  ist dabei wie üblich als  $\{-m : m \in M\}$  definiert.

<sup>18</sup>Wird die Dilatation über  $\bigcup_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} (\mathcal{B}_p + \mathbf{x})$  definiert, so ergibt sich sogar eine strenge Kommutativität:  $\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X} = \mathcal{X} \oplus \mathcal{B}_p$ . Interessanterweise ist diese Folgerung verbreiteter als die zugehörige Definition. So führen z. B. [185] und [79] die strenge Kommutativität als Eigenschaft der Dilatation an, obwohl sie ansonsten der hier gewählten Definition folgen.

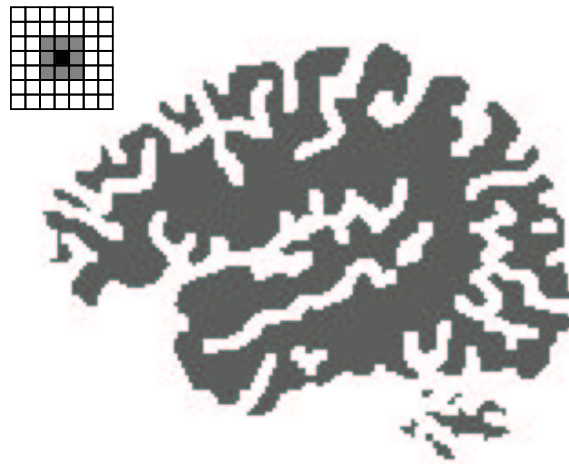


Abbildung 2.9: Erosion des in Abbildung 2.8 gezeigten Bildes. Das verwendete Strukturelement ist in der oberen linken Ecke dargestellt. Der Ursprung des Strukturelements, d. h. das Pixel mit der Koordinate  $(0, 0)$ , ist schwarz markiert.

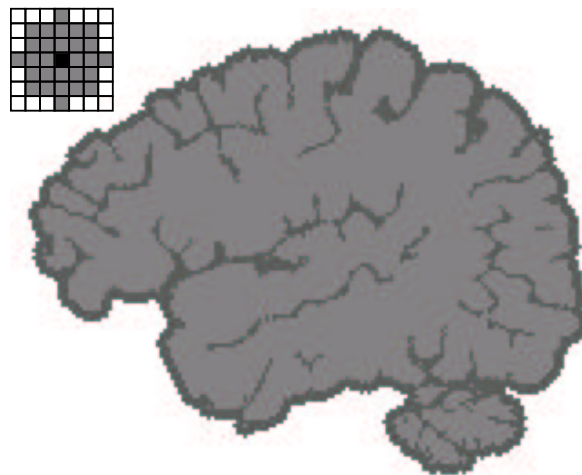


Abbildung 2.10: Dilatation des in Abbildung 2.8 gezeigten Bildes. Das Ausgangsbild ist dem Ergebnis der Operation überlagert (hellgrau). Die Dilatation selbst besteht aus den Pixeln beider Grauschattierungen, ist also eine echte Obermenge des Ausgangsbildes. In der oberen linken Ecke ist das zugrunde liegende Strukturelement dargestellt. Der Nullpunkt ist durch das schwarze Pixel gekennzeichnet.

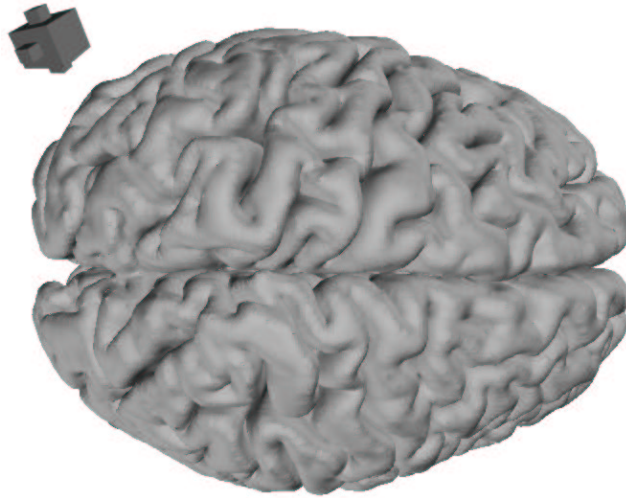


Abbildung 2.11: Ausgangsbild und Strukturelement für die in den folgenden Abbildungen demonstrierten dreidimensionalen morphologischen Operatoren. Das Ausgangsbild stellt eine 3D-Rekonstruktion des Gehirns aus einem MRI-Datensatz dar. Das in den nachfolgenden Anwendungsbeispielen verwendete Strukturelement ist in der oberen linken Ecke der Abbildung (vergrößert) eingezeichnet. Es wird hier eine digitalisierte Kugel mit Radius 2mm verwendet. Die asymmetrische Form des Elements resultiert aus der Anisotropie der dem Bild zugrunde liegenden Voxel:  $0.97 \text{ mm} \times 0.97 \text{ mm} \times 1.4 \text{ mm}$ .

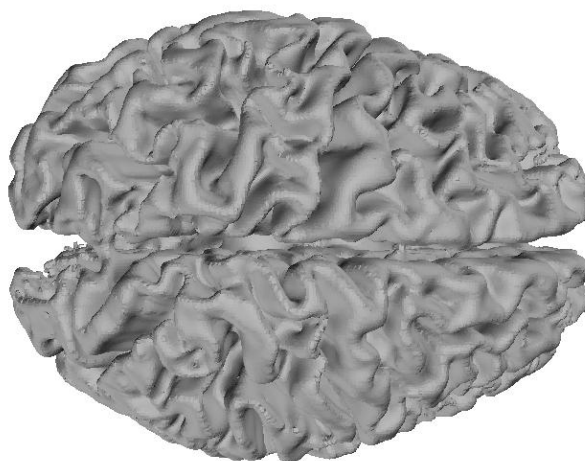


Abbildung 2.12: Erosion des in Abbildung 2.11 gezeigten Bildes. Das verwendete Strukturelement ist ebenfalls in Abbildung 2.11 dargestellt.



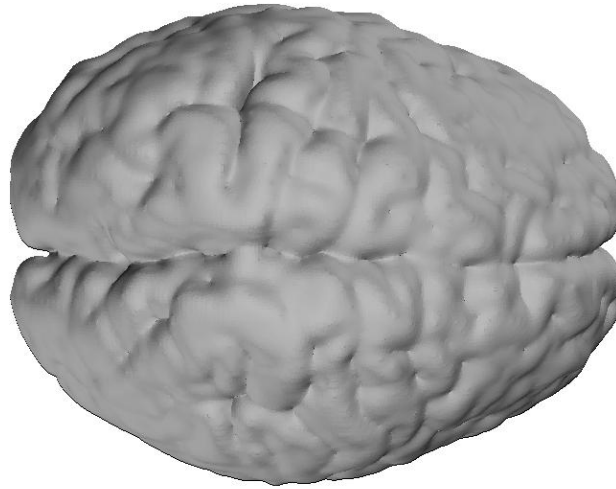


Abbildung 2.13: Dilatation des in Abbildung 2.11 gezeigten Bildes mit dem ebenfalls dort dargestellten Strukturelement.

Trotz aller Unterschiede sind sich Erosion und Dilatation strukturell so ähnlich, dass im Prinzip nur einer der beiden Operatoren implementiert werden muss:

$$\begin{aligned} (\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X})^c &= \mathcal{B}_p^c \oplus \mathcal{X}, \\ (\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X})^c &= \mathcal{B}_p^c \ominus \mathcal{X}. \end{aligned}$$

Die Erosion entspricht daher im Wesentlichen einer Dilatation der Hintergrundmenge, während die Dilatation als Erosion der Hintergrundmenge implementiert werden kann.

Die wichtigsten aus Erosion und Dilatation abgeleiteten Operatoren (sie haben in weiten Teilen noch den Charakter von Basisoperatoren) stellen der *Opening-Operator* (gelegentlich auch *Ouverture* genannt) und der *Closing-Operator* (mitunter auch als *Fermeture* bezeichnet) dar. Der Opening-Operator entspricht einer Erosion mit nachfolgender Dilatation (jeweils mit dem gleichen Strukturelement),

$$\mathcal{B}_p \circ \mathcal{X} \stackrel{\text{def}}{=} (\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X}) \oplus \mathcal{X},$$

während der Closing-Operator beide Grundoperationen in der umgekehrten Reihenfolge anwendet:

$$\mathcal{B}_p \bullet \mathcal{X} \stackrel{\text{def}}{=} (\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X}) \ominus \mathcal{X}.$$

Die Form dieser Operatoren wirft eine Frage auf, die im weiteren Sinne für die ganze mathematische Morphologie bedeutsam ist: Die Frage nach der selektiven Umkehrbarkeit morphologischer Operatoren. Es geht bei der Anwendung morphologischer Verfahren fast immer darum, eine Operationsfolge zu finden, die

die unerwünschte Objektform löscht, die erwünschten Objekte aber weitgehend unverändert belässt bzw. restauriert. Der Opening- und der Closing-Operator stellen im Hinblick auf diese Überlegung zwei einfache, aber sehr effektive Standardoperationen bereit. Während der Closing-Operator, in Rechtfertigung seines Namens, Lücken und Furchen zwischen den zu erhaltenen Objekten schließt, führt der Opening-Operator gerade die inverse Operation aus: Rauschinduzierte Übergänge zwischen ansonsten getrennten Objekten werden entfernt.

Die Abbildungen 2.14 und 2.16 zeigen zwei Anwendungsbeispiele: Das Segmentiererergebnis aus Abbildung 2.8 soll zum einen verbessert werden, d. h. fehlerhafte Übergänge (in Abbildung 2.8 mit gelben Pfeilen markiert) sollen entfernt und die Oberflächenrauigkeit des Ergebnisbildes insgesamt reduziert werden. Zum anderen mag neben der vollständigen Rekonstruktion eine Darstellung benötigt werden, in der zwar der exakte Verlauf des Gehirnumrisses ausgewiesen ist, tiefere innere Furchen aber, z. B. weil zu schwierig zu modellieren, unerwünscht sind. Eine solche Rekonstruktion wird z. B. in der MEG-Analyse im Zusammenhang mit dem Volumenleitermodell benötigt.

Für das erste Problem bietet sich der Opening-Operator an. Das Ergebnis der Anwendung eines 3x3-Strukturelements ist in 2.14 gezeigt. Hierbei ist insbesondere die Form des Strukturelements von Bedeutung. Kreisförmigere Strukturelemente, selbst wenn sie einen größeren Durchmesser aufweisen, sind nicht in der Lage, die markierten Problemstellen aufzulösen (siehe Abbildung 2.15). Das zweite Problem wird durch Anwendung einer Closing-Operation mit hinreichend großem Strukturelement, hier ein Kreis mit Radius 3, gelöst. Das Ergebnis ist in Abbildung 2.16 gezeigt. Bemerkenswert ist hier, dass trotz des großen Strukturelements die Umrisse der Rekonstruktion nahezu unverändert geblieben sind. Die Abbildung 2.16 verdeutlicht dies durch die Überlagerung des Operatorergebnisses mit dem Ausgangsdatensatz aus Abbildung 2.8.

Wie das Beispiel der Abbildung 2.16 zeigt, werden bei der Anwendung morphologischer Operatoren nicht selten relativ große Strukturelemente verwendet. Die folgenden Beziehungen, mitunter auch *Kettenregeln* genannt, erlauben die drastische Reduzierung des benötigten Rechenaufwands:

$$\begin{aligned} (\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X}_1) \ominus \mathcal{X}_2 &= \mathcal{B}_p \ominus (\mathcal{X}_1 \oplus \mathcal{X}_2), \\ (\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X}_1) \oplus \mathcal{X}_2 &= \mathcal{B}_p \oplus (\mathcal{X}_1 \oplus \mathcal{X}_2). \end{aligned}$$

Ein kubisches Strukturelement der Größe  $n \times n \times n$  (z. B. das in Abbildung 2.14 gezeigte Element) kann z. B. durch drei eindimensionale Strukturelemente der Länge  $n$  erzeugt werden, was den Rechenaufwand von  $O(n^3)$  auf  $O(n)$  reduziert. Kreis- bzw. kugelförmige Strukturelemente (z. B. das in Abbildung 2.16 dargestellte Element) können zwar nicht auf eindimensionale Elemente zurückgeführt werden, es ist aber jedenfalls möglich, ein kreis- bzw. kugelförmiges Strukturelement mit Radius  $r$  durch  $r$ -malige Anwendung eines entsprechenden Strukturelements mit Radius 1 hinreichend gut anzunähern.

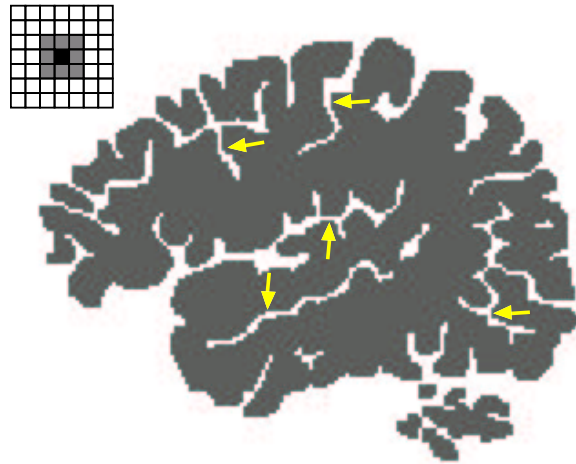


Abbildung 2.14: Opening des in Abbildung 2.8 gezeigten Bildes. Das verwendete Strukturelement ist in der oberen linken Ecke dargestellt. Der Ursprung des Elements ist durch das schwarze Pixel markiert. Die Pfeile sind aus Abbildung 2.8 übernommen und verweisen dort auf artifizielle Gewebeübergänge. Die Opening-Operation konnte alle diese Fehlverbindungen auflösen, ohne die grundsätzliche Struktur der Segmentierung wesentlich zu verändern.

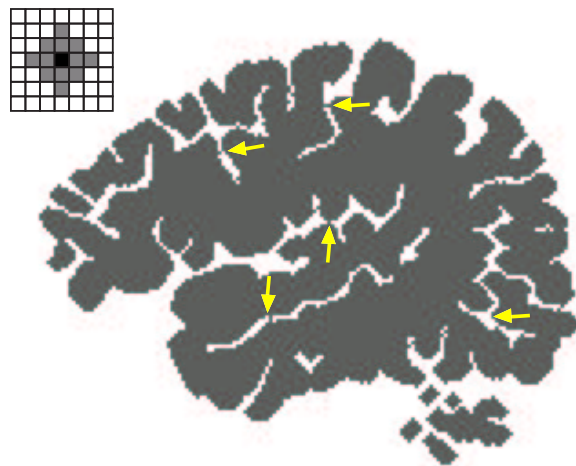


Abbildung 2.15: Opening des in Abbildung 2.8 gezeigten Bildes mit dem in der oberen linken Ecke dargestellten Strukturelement, dessen Ursprung durch das schwarze Pixel gekennzeichnet ist. Obwohl das Element größer ist als das in Abbildung 2.14 verwendete, ist es dennoch aufgrund seiner filigraneren Struktur gegenüber den gekennzeichneten fehlerhaften Verbindungen weitgehend ineffektiv (vgl. auch die äquivalenten Markierungen in Abbildung 2.8).

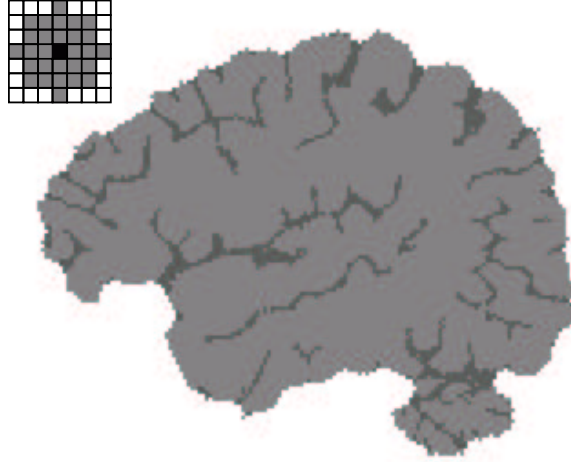


Abbildung 2.16: Closing des in Abbildung 2.8 gezeigten Bildes. Das verwendete Strukturelement ist in der oberen linken Ecke dargestellt, wobei der Ursprung des Elements durch das schwarze Pixel markiert ist. Zur Demonstration der Formstabilität ist dem Operatorergebnis das Originalbild überlagert (hellgrau). Das Ergebnis der Closing-Operation besteht aus den Pixeln beider Grauschattierungen, d. h. die Closing-Operation liefert eine echte Obermenge des Ausgangsbildes.

Alle vier vorgestellten Operatoren bilden bzgl. der von ihnen durchgeführten Flächen- bzw. Volumenänderungen eine Operatorenhierarchie: Gilt  $0 \in \mathcal{X}$  und ist  $\mathcal{X}$  überdies symmetrisch, d. h. gilt

$$\mathbf{x} \in \mathcal{X} \implies -\mathbf{x} \in \mathcal{X},$$

so stehen die Ergebnisse von Erosion, Dilatation, Opening und Closing in folgender Beziehung zueinander:

$$\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X} \subseteq \mathcal{B}_p \circ \mathcal{X} \subseteq \mathcal{B}_p \subseteq \mathcal{B}_p \bullet \mathcal{X} \subseteq \mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X}.$$

### 2.3.3 Erweiterung auf Grautonbilder

Ein Bildpunkt  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n$  liegt genau dann in  $\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X}$ , wenn  $(\mathcal{X} + \mathbf{r}) \subseteq \mathcal{B}_p$  gilt. Mit Hilfe der  $p$  definierenden Abbildung  $p$  lässt sich dies als

$$\mathbf{r} \in \mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X} \iff \min_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} (p(\mathbf{x} + \mathbf{r})) = 1$$

schreiben. In analoger Weise lässt sich über die Charakterisierung  $(\mathcal{X} + \mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p \neq \emptyset$  von  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X}$  die Bedingung

$$\mathbf{r} \in \mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X} \iff \max_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} (p(\mathbf{x} + \mathbf{r})) = 1$$

ableiten.

Da die rechten Seiten der obigen Beziehungen auch für allgemeine digitale Bilder wohldefiniert sind, ist es möglich, die Definition von Erosion und Dilatation auf Grautonbilder (d. h. auf digitale Bilder gemäß Definition 2.1) zu erweitern:

Sei  $\mathbf{p}$  ein digitales Bild und sei  $\mathcal{X}$  ein Strukturelement. Ein digitales Bild  $\mathbf{q}$  heißt dann *Erosion von  $\mathbf{p}$  mit  $\mathcal{X}$* , wenn sich die  $\mathbf{q}$  definierende Abbildung  $q : \mathbb{Z}^n \rightarrow \mathbb{R}$  folgendermaßen berechnet:

$$(p \ominus \mathcal{X})(\mathbf{r}) \stackrel{\text{def}}{=} \min_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} (p(\mathbf{x} + \mathbf{r})) \quad \forall \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n.$$

Analog heißt ein digitales Bild  $\mathbf{f}$  *Dilatation von  $\mathbf{p}$  mit  $\mathcal{X}$* , wenn sich die  $\mathbf{f}$  charakterisierende Abbildung  $f : \mathbb{Z}^n \rightarrow \mathbb{R}$  zu

$$(p \oplus \mathcal{X})(\mathbf{r}) \stackrel{\text{def}}{=} \max_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} (p(\mathbf{x} + \mathbf{r})) \quad \forall \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n$$

ergibt.

Mittels dieser Grundoperatoren können nun auch *Opening* und *Closing* auf Grautonbilder übertragen werden:

$$\begin{aligned} p \circ \mathcal{X} &\stackrel{\text{def}}{=} (p \ominus \mathcal{X}) \oplus \mathcal{X}, \\ p \bullet \mathcal{X} &\stackrel{\text{def}}{=} (p \oplus \mathcal{X}) \ominus \mathcal{X}. \end{aligned}$$

Die Abbildungen 2.18 bis 2.21 zeigen das Ergebnis der Anwendung von Erosion, Dilatation, Closing und Opening auf einen dreidimensionalen MR-Datensatz. Es wurde jeweils ein kugelförmiges Strukturelement von 3 mm Radius bei einer Voxelgröße von  $0.97 \text{ mm} \times 0.97 \text{ mm} \times 1.4 \text{ mm}$  verwendet. Ein Schnitt durch den unverarbeiteten Datensatz ist in Abbildung 2.17 gezeigt. Die Abbildungen 2.18 bis 2.21 zeigen jeweils einen Schnitt gleicher Lage durch das entsprechend verarbeitete MRI. Hinsichtlich der Interpretation der Ergebnisse ist der dreidimensionale Charakter zu beachten: Die in 2.18 bis 2.21 dargestellten Grauwerte errechnen sich nicht nur aus dem Bild 2.17, sondern beziehen auch weiter entfernte Schnitte mit ein.

Für das hier behandelte Segmentierproblem ist der Opening-Operator von besonderem Interesse. Wie in Abbildung 2.21 gezeigt, reduziert der Operator den Grauwert von Gewebestrukturen in Abhängigkeit von Ausdehnung und Lage. Diese Eigenschaft ist besonders für die Freistellung des Gehirns, d. h. der Entfernung aller nicht zum Gehirn zu rechnender Strukturen, von Bedeutung (siehe auch Abschnitt 3.3.2). Wie ein Vergleich mit 2.17 zeigt, reduziert der Operator die Grauwerte der meisten, das Gehirn direkt umgebenden Fremdstrukturen. Das Grauton-Opening unterdrückt bevorzugt Strukturen von geringer Ausdehnung, die in dunkle Bereiche eingebettet sind. Dünne Gewebestrukturen (z. B. der Sehnerv), aber auch Artefakte und rauschinduzierte Übergänge können auf diese Weise identifiziert werden. Breitere Strukturen, wie z. B. die Hirnhaut, werden aufgrund ihrer Einbettung in die cerebrospinale Flüssigkeit signifikant in ihren Grauwerten reduziert.



Abbildung 2.17: Ausgangsbild und Strukturelement für die in den nachfolgenden Abbildungen demonstrierten dreidimensionalen morphologischen Grauton-Operatoren. Gezeigt ist ein sagittaler Schnitt durch das Ausgangsbild (ein T1-gewichtetes MRI). Das in den folgenden Abbildungen verwendete Strukturelement ist in der oberen linken Ecke der Abbildung als (vergrößertes) 3D-Bild eingefügt. Das Element hat einen Radius von 3 mm und setzt sich aus Voxeln der Dimension  $0.97 \text{ mm} \times 0.97 \text{ mm} \times 1.4 \text{ mm}$  zusammen.

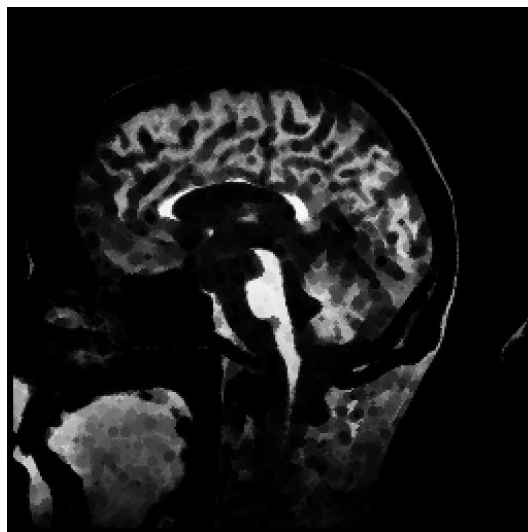


Abbildung 2.18: Sagittaler Schnitt durch das Ergebnis einer dreidimensionalen Grauton-Erosion. Die Abbildung 2.17 zeigt einen sagittalen Schnitt gleicher Position durch den Ausgangsdatensatz. Als Strukturelement wurde eine Kugel mit Radius 3 mm verwendet (ebenfalls in Abbildung 2.17 gezeigt).



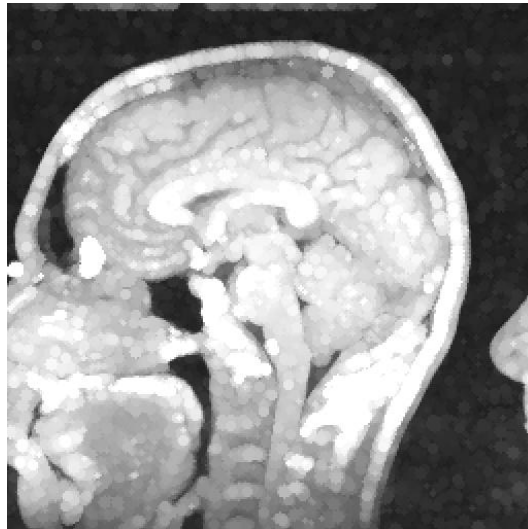


Abbildung 2.19: Sagittaler Schnitt durch das Ergebnis einer dreidimensionalen Grauton-Dilatation mit dem in Abbildung 2.17 gezeigten Strukturelement. Zum Vergleich ist in Abbildung 2.17 der entsprechende Schnitt durch das Originalbild gezeigt.

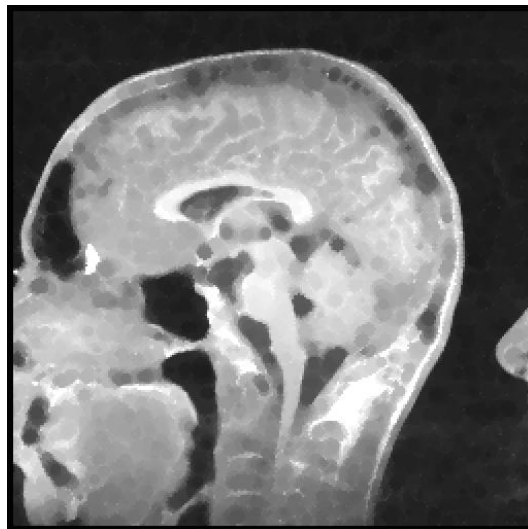


Abbildung 2.20: Sagittaler Schnitt durch das Ergebnis eines dreidimensionalen Grauton-Closings. In Abbildung 2.17 ist sowohl das Ausgangsbild als auch das verwendete Strukturelement dargestellt.



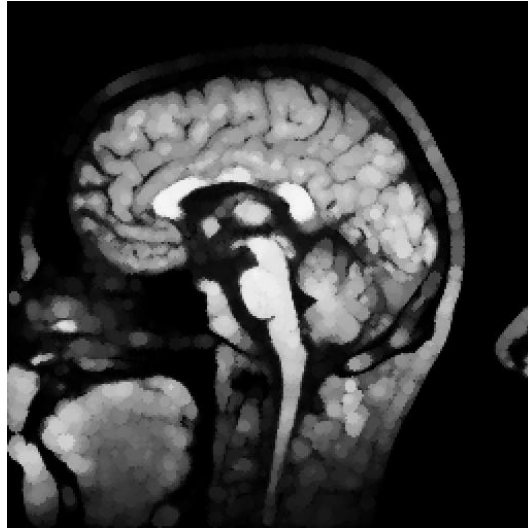


Abbildung 2.21: Sagittaler Schnitt durch das Ergebnis eines dreidimensionalen Grauton-Openings. Die Abbildung 2.17 zeigt einen sagittalen Schnitt gleicher Position durch den Ausgangsdatensatz. Als Strukturelement wurde eine digitalisierte Kugel mit Radius 3 mm verwendet, die ebenfalls in Abbildung 2.17 gezeigt wird.

### 2.3.4 Hit-and-Miss Transformation

Der *Hit-and-Miss-Operator* ist eine Verallgemeinerung der bisher vorgestellten Operatoren und kann als gemeinsamer Ursprung von Erosion und Dilatation angesehen werden [141]. Er verwendet ein erweitertes Strukturelement  $\mathcal{H}$ , welches sich als Tupel zweier gewöhnlicher, zueinander disjunkter Strukturelemente darstellt:

$$\mathcal{H} = (\mathcal{X}_1, \mathcal{X}_0), \quad \mathcal{X}_1 \cap \mathcal{X}_0 = \emptyset.$$

Die *Hit-and-Miss-Transformation* eines Bildes  $\mathbf{p}$  lässt sich nun folgendermaßen formulieren:

$$\mathcal{B}_{\mathbf{p}} * \mathcal{H} \stackrel{\text{def}}{=} \left\{ \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n : \mathcal{X}_1 + \mathbf{r} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}} \wedge \mathcal{X}_0 + \mathbf{r} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}}^c \right\}$$

Ein Bildpunkt  $\mathbf{r}$  gehört also genau dann zur Hit-and-Miss-Transformation des Bildes  $\mathbf{p}$ , wenn die Umgebung von  $\mathbf{r}$  (i. Allg. einschließlich  $\mathbf{r}$ ) bzgl. ihrer Vordergrundpunkte den Vorgaben von  $\mathcal{X}_1$ , bzgl. ihrer Hintergrundpunkte aber dem Diktat von  $\mathcal{X}_0$  folgt (Punkte außerhalb von  $\mathcal{X}_1 \cup \mathcal{X}_0$  dürfen beliebig belegt sein). Der Operator dient in erster Linie dem punktweisen Vergleich der zu analysierenden Bildstruktur mit einer vorgegebenen Maske.

Die Erosion von  $\mathbf{p}$  mit einem Strukturelement  $\mathcal{X}$  ergibt sich offensichtlich als

Spezialfall der Hit-and-Miss-Operation<sup>19</sup>:

$$\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X} = \mathcal{B}_p * (\mathcal{X}, \emptyset).$$

Aufgrund seiner Allgemeinheit entzieht sich der Hit-and-Miss-Operator allerdings einer tieferen mathematischen Analyse; Erosion und Dilatation können daher weiterhin als Basisoperationen der mathematischen Morphologie angesehen werden. Darüber hinaus kann der Hit-and-Miss-Operator umgekehrt auch wieder über Erosion und Dilatation ausgedrückt werden,

$$\mathcal{B}_p * \mathcal{H} = (\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{X}_1) \cap (\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X}_0)^c,$$

womit sich der Kreis dann schließt.

Ebenso wie Erosion und Dilatation lässt sich der Hit-and-Miss-Operator, mit gewissen Einschränkungen, auf Grauwertbilder verallgemeinern. Dies soll hier aber nicht weiter verfolgt werden.

## 2.4 Distanztransformation

### 2.4.1 Einleitung

Sei  $\mathbf{p}$  ein binäres digitales Bild und sei  $d : \mathbb{Z}^n \times \mathbb{Z}^n \rightarrow \mathbb{R}$  eine Metrik auf  $\mathbb{Z}^n$ . Ein digitales Bild  $\mathbf{q}$  heißt dann *Distanztransformation* von  $\mathbf{p}$ , wenn sich die zugehörige Abbildung  $q$  gemäß

$$q(\mathbf{r}) = \min_{\mathbf{b} \in \mathcal{B}_p^c} d(\mathbf{r}, \mathbf{b}) \quad \forall \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n$$

bestimmt.

Nach obiger Definition berechnet eine Distanztransformation für jeden Objektpunkt (Vordergrundpunkt) den Abstand zum nächstgelegenen Hintergrundpunkt. Die umgekehrte Aufgabenstellung, d. h. die Berechnung des minimalen Abstands zum nächstgelegenen Objekt für jeden Punkt der Hintergrundmenge, ist mindestens ebenso relevant und dürfte i. Allg. auch intuitiver sein; dennoch ist obige Herangehensweise in der Literatur allgemein üblich. Der Grund hierfür ist im konzeptionellen Unterschied zwischen  $\mathcal{B}_p$  und  $\mathcal{B}_p^c$  zu suchen. Während die Menge der Objektpunkte i. Allg. endlich ist, gilt dies, um Randeffekte nicht explizit behandeln zu müssen, für die Hintergrundmenge  $\mathcal{B}_p^c$  meist nicht. Da für die meisten Bilder  $\lim_{r \rightarrow \pm\infty} p(\mathbf{r}) = \text{const}$  gilt, können unendlich ausgedehnte Bilder dieser Art in der in Abschnitt 2.1.2 beschriebenen Weise, d. h. durch Festlegung eines gemeinsamen Hintergrundwertes für alle Voxel mit hinreichend großem Abstand zum eigentlichen Bildgeschehen, implementiert werden. Die obige Definition

<sup>19</sup>Analoges gilt für die Dilatation, wenn man sich an die Beziehung  $\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{X} = (\mathcal{B}_p^c \ominus \mathcal{X})^c$  erinnert.

ist auf Bilder dieser Art ausgerichtet: Es lässt sich stets eine eindeutige Distanztransformation berechnen und ohne Informationsverlust in Bilddatenstrukturen der oben angegebenen Implementierung speichern.

Dies gilt für das komplementäre Distanzproblem nicht mehr. Um für jeden Hintergrundpunkt den Abstand zum nächstgelegenen Objekt zu bestimmen, ist es offensichtlich nötig, zum komplementären Bild, d. h. zum Bild  $\mathbf{p}^c$  mit der charakterisierenden Abbildung

$$p^c(\mathbf{r}) = 1 - p(\mathbf{r}) \quad \forall \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n,$$

überzugehen. Für die Distanztransformation dieses Bildes,  $\tilde{q}$ , gilt nun  $\lim_{r \rightarrow \pm\infty} \tilde{q}(\mathbf{r}) = \infty$ , was eine verlustfreie Speicherung, zumindest in der oben angegebenen allgemeinen Form, unmöglich macht. Darüber hinaus wäre für ein Bild mit  $\mathcal{B}_p = \emptyset$  die Distanztransformation des Komplementärbildes gar kein digitales Bild im Sinne der Definition 2.1 mehr.

Natürlich ist keins der oben beschriebenen Probleme für die Anwendung wirklich unüberwindbar; für die Analyse von Algorithmen sind sie aber unangenehm genug, sodass sich obige etwas unanschauliche Definition eingebürgert hat. In den folgenden Abschnitten wird daher zunächst auch ausschließlich die strenge Definition der Distanztransformation verwendet. In späteren, mehr praxisorientierten Abschnitten wird allerdings häufig auch die Berechnung des Abstands der Hintergrundpunkte zu den Bildobjekten als Distanztransformation bezeichnet, ohne die notwendige Komplementbildung explizit zu erwähnen. Weiterhin kann dann auch stets angenommen werden, dass die nachfolgenden Verfahren die durch die verlustbehaftete Speicherung verursachten Randwertprobleme adäquat behandeln.

## 2.4.2 Zusammenhang zur mathematischen Morphologie

Es existiert ein enger Zusammenhang zwischen der Distanztransformation und den Grundoperatoren der mathematischen Morphologie: Sei  $\mathbf{p}$  ein binäres Bild,  $q$  die zugehörige Distanztransformation und  $\mathcal{S}_r$  ein kugelförmiges Strukturelement mit Radius  $r$ . Dann gilt für die Erosion (bei geeigneter, zu  $\mathcal{S}_r$  passender Metrik):

$$\mathcal{B}_p \ominus \mathcal{S}_r = \{\mathbf{x} \in \mathbb{Z}^n : q(\mathbf{x}) > r\}.$$

Aufgrund der Beziehung  $\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{S}_r = (\mathcal{B}_p^c \ominus \mathcal{S}_r)^c$  aus Abschnitt 2.3.2 lässt sich die Dilatation in analoger Weise aus der Distanztransformation  $\tilde{q}$  des Komplementärbildes  $\mathbf{p}^c$  bestimmen:

$$\mathcal{B}_p \oplus \mathcal{S}_r = \{\mathbf{x} \in \mathbb{Z}^n : \tilde{q}(\mathbf{x}) \leq r\}.$$

Für große Strukturelemente ist die Durchführung der Distanztransformation häufig weitaus effizienter als die direkte Berechnung von Erosion und Dilatation.

Dies gilt i. Allg. auch dann noch, wenn die in Abschnitt 2.3.2 beschriebene Kettenregel angewendet und die Gesamtoperation in mehrere Teilschritte mit jeweils kleineren Strukturelementen zerlegt wird. Im Falle der euklidischen Metrik ist hier das Ergebnis der Distanztransformation sogar von höherer Genauigkeit, da die Zerlegung eines kugelförmigen Strukturelements in Strukturelemente kleinerer Radien nur approximativ möglich ist.

Eine weitere für die Anwendung interessanter Aspekt ist die Unabhängigkeit der eigentlichen Distanztransformation vom Radius  $r$  des Strukturelements. Es wird also nur eine einzelne Distanztransformation benötigt, um Zugriff auf Erosionen bzw. Dilatationen mit beliebig großen Strukturelementen zu haben. Dies ist insbesondere für die interaktive Parameterauswahl nützlich. Nach Berechnung der Distanztransformation kann ein Programm dem Benutzer ohne weitere Zeitverzögerungen die Auswirkung beliebiger Erosions- bzw. Dilatationsoperationen anzeigen.

Interessanterweise wirkt die strukturelle Verwandtschaft zwischen Erosion und Dilatation auf der einen und Distanztransformation auf der anderen Seite auch in die andere Richtung: Es existieren Algorithmen, die die Distanztransformationen auf der Basis morphologischer Verfahren berechnen [133, 76].

### 2.4.3 Schnelle Distanztransformationen

Abstände innerhalb eines Bildes sind globale Eigenschaften, die nicht nur lokale Umgebungen, sondern das Bild als Ganzes betreffen. Es ist daher nicht selbstverständlich, dass Distanztransformationen über lokale Bildoperationen oder überhaupt in effizienter Weise berechnet werden können. Die Definition aus Abschnitt 2.4.1 ist als Grundlage für einen praktikablen Algorithmus zumindest wenig geeignet. Tatsächlich ist es aber sogar möglich, sofern man die Forderung nach einer exakten euklidischen Metrik zunächst aufgibt, eine Distanztransformation in zwei Durchgängen durch das Bild, d. h. insgesamt in linearer Zeit, zu berechnen<sup>20</sup>.

Um Abstandsfunktionen zu finden, die dem Rechteckgitter besser abgepasst sind als die euklidische Metrik, ist es nützlich, sich an die Umgebungsdefinitionen aus Abschnitt 2.2.2 zu erinnern. Sowohl die  $\mathcal{U}_4$ -Umgebung des  $\mathbb{Z}^2$  als auch die Umgebung  $\mathcal{U}_6$  des  $\mathbb{Z}^3$  lassen sich als Einheitskreise bzgl. der folgenden auf  $n$

---

<sup>20</sup>Prinzipiell kann man Algorithmen zur Distanztransformation in zwei Kategorien einteilen: sequentielle (bzw. rekursive) Algorithmen und parallele Algorithmen. Parallele Verfahren (z. B. [131, 24, 132]) arbeiten mit sukzessiven Iterationen eines lokalen Operators, wobei die Anzahl der erforderlichen Iterationen von der Größenordnung der zu erwartenden Distanzwerte ist. Im Fall parallel arbeitender Spezial-Hardware (möglichst ein Prozessor pro Bildpunkt) sind solche Verfahren äußerst effizient, da jede Iteration nur einen einzelnen Rechnerarbeitszyklus umfasst. Implementiert man diese Algorithmen allerdings auf einer herkömmlichen sequentiellen Rechnerarchitektur, resultiert jede Iteration in einem kompletten Durchgang durch das zu verarbeitende Bild, was die Verfahren entsprechend langsam macht. Da alle in dieser Arbeit vorgestellten Verfahren auf konventionelle, sequentiell arbeitende Hardware ausgerichtet sind, werden parallele Algorithmen zur Distanztransformation im Folgenden nicht weiter beachtet.

Dimensionen erweiterter Metrik auffassen<sup>21</sup>:

$$d_{\text{city-block}}^{(n)}(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \sum_{i=1}^n |a_i - b_i|, \quad \forall \mathbf{a} = (a_1, \dots, a_n), \mathbf{b} = (b_1, \dots, b_n) \in \mathbb{Z}^n.$$

Völlig analog leitet man aus der  $\mathcal{U}_8$ -Umgebung des  $\mathbb{Z}^2$  bzw. der  $\mathcal{U}_{26}$ -Umgebung des  $\mathbb{Z}^3$  die folgende Metrik ab<sup>22</sup>:

$$d_{\text{chessboard}}^{(n)}(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \max_{i=1}^n |a_i - b_i|, \quad \forall \mathbf{a} = (a_1, \dots, a_n), \mathbf{b} = (b_1, \dots, b_n) \in \mathbb{Z}^n.$$

Beide Metriken definieren Abstände als minimale Pfadlängen (siehe Abschnitt 2.2.3) bzgl. der zugrunde liegenden Nachbarschaftsbeziehung<sup>23</sup>.

Sei im folgenden  $d$  entweder  $d_{\text{city-block}}^{(n)}$  oder  $d_{\text{chessboard}}^{(n)}$  und  $\mathcal{U}$  die zu  $d$  gehörige Umgebung, d. h.

$$\mathcal{U} = \{\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^n : d(\mathbf{r}, 0) = 1\}.$$

Sei weiterhin  $\mathbf{p}$  ein  $N_1 \times \dots \times N_n$ -Bild, d. h. ein Bild, dessen Vordergrundpunkte sämtlich in  $\{0, \dots, N_1 - 1\} \times \dots \times \{0, \dots, N_n - 1\}$  liegen und dessen charakterisierende Abbildung also die Bedingung

$$p(\mathbf{r}) = 0 \quad \forall \mathbf{r} \notin \mathcal{N}$$

erfüllt.

Für die Punkte aus  $\mathcal{N}$  kann nun eine Anordnung (die im Folgenden insbesondere auch als „Verarbeitungsreihenfolge“ genutzt wird) festgelegt werden, bei der man ausgehend vom Punkt  $(0, \dots, 0)$  die einzelnen Koordinatenwerte  $r_i$  ( $i = 1, \dots, n$ ) in der durch  $i$  gegebenen Reihenfolge von 0 nach  $N_i$  hochzählt (für ein  $2 \times 3$ -Bild also  $(0, 0), (1, 0), (0, 1), (1, 1), (0, 2), (1, 2)$ ). Formal lässt sich dies über die Bijektion

$$\begin{aligned} \mathcal{N} &\xrightarrow{\circ} \{0, \dots, N_1 N_2 \dots N_n - 1\} \\ (r_1, \dots, r_n) &= r_1 + r_2 N_1 + r_3 N_1 N_2 + \dots + r_n N_1 \dots N_{n-1}. \end{aligned}$$

<sup>21</sup>In einer Stadt mit streng rechtwinkliger Straßenführung wie z. B. Manhattan wird ein Taxifahrer den Abstand zwischen zwei Punkten nicht hinsichtlich der Luftlinie (euklidischer Abstand), sondern über das rechtwinklige Abfahren der Gebäudeblöcke definieren. Da die durch  $\sum |a_i - b_i|$  definierte Metrik gerade diesen Gedanken aufgreift, wird sie häufig auch als *City-Block-Metrik* bezeichnet.

<sup>22</sup>Während die City-Block-Metrik hinsichtlich eines Einzelschritts ( $\mathbf{a} \rightarrow \mathbf{b}$  mit  $d(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = 1$ ) nur rechtwinklige Bewegungen erlaubt, lässt die Definition  $\max |a_i - b_i|$  auch Diagonalebewegungen zu. Der Abstand zwischen zwei Punkten entspricht damit der Anzahl der Züge die der König beim Schach benötigt um die entsprechende Distanz zu überwinden. Die Metrik wird daher häufig auch als *Chessboard-Metrik* bezeichnet.

<sup>23</sup>Im Gegensatz zur euklidischen Distanz im  $\mathbb{R}^n$  ist hier der minimalen Verbindungspfad nicht unbedingt eindeutig. In [59] wird z. B. ein Algorithmus vorgestellt, der die Anzahl solcher kürzester digitaler Pfade zählt.

beschreiben, die die Punkte aus  $\mathcal{N}$  auf ihre Position in der Anordnung (die Zählung beginnt mit 0) abbildet. Durch die Verschiebung von  $\mathcal{U}$  auf den Bildpunkt  $\mathbf{1} = (1, \dots, 1)$  definiert  $\mathfrak{o}$  auch auf  $\mathcal{U}$  eine Anordnung<sup>24</sup>. Diese kann genutzt werden, um  $\mathcal{U}$  in einen „oberen“,  $\mathcal{U}^{(+)}$ , und einen „unteren“ Teil,  $\mathcal{U}^{(-)}$ , aufzuspalten:

$$\begin{aligned}\mathcal{U} &= \mathcal{U}^{(+)} \uplus \mathcal{U}^{(-)}, \\ \mathcal{U}^{(+)} &= \{\mathbf{r} \in \mathcal{U} : \mathfrak{o}(\mathbf{r} + \mathbf{1}) < \mathfrak{o}(\mathbf{1})\}, \\ \mathcal{U}^{(-)} &= \{\mathbf{r} \in \mathcal{U} : \mathfrak{o}(\mathbf{r} + \mathbf{1}) > \mathfrak{o}(\mathbf{1})\}.\end{aligned}$$

Der im Folgenden dargestellte Algorithmus basiert auf [156] und [132] und berechnet die Distanztransformation von  $\mathbf{p}$  in zwei Iterationsschritten: Der erste Schritt durchläuft die Menge  $\mathcal{N}$  in der durch  $\mathfrak{o}$  festgelegten Reihenfolge und legt eine „partielle“ Distanztransformation in  $\mathbf{q}$  ab:

**Initialisierung:**

$$q(\mathbf{r}) \leftarrow 0 \quad \forall \mathbf{r} \notin \mathcal{N}$$

Für  $i = 0, \dots, |\mathcal{N}| - 1$  führe aus:

$$\mathbf{r} \leftarrow \mathfrak{o}^{-1}(i)$$

Wenn  $p(\mathbf{r}) = 1$

$$q(\mathbf{r}) \leftarrow \min_{\mathbf{u} \in \mathcal{U}^{(+)}} (q(\mathbf{r} + \mathbf{u}) + 1)$$

sonst

$$q(\mathbf{r}) \leftarrow 0.$$

Der zweite Schritt führt eine analoge Operation in umgekehrter Durchlaufrichtung aus und kombiniert diese Ergebnisse mit dem bisherigen Resultat aus  $\mathbf{q}$ . Nach Durchführung dieses Schritts enthält  $\mathbf{q}$  die gesuchte Distanztransformation:

Für  $i = |\mathcal{N}| - 1, \dots, 0$  führe aus:

$$\mathbf{r} \leftarrow \mathfrak{o}^{-1}(i)$$

$$q(\mathbf{r}) \leftarrow \min \left( q(\mathbf{r}), \min_{\mathbf{u} \in \mathcal{U}^{(-)}} (q(\mathbf{r} + \mathbf{u}) + 1) \right)$$

Im Kern berechnet der obige Algorithmus den Distanzwert an einer Stelle  $\mathbf{r}$  durch die Analyse der Distanzwerte seiner Umgebung  $\mathcal{U} + \mathbf{r}$ . Hat der Punkt  $\mathbf{s} \in \mathcal{U} + \mathbf{r}$  von allen Umgebungspunkten den kleinsten Distanzwert  $q(\mathbf{s})$ , so errechnet sich der Distanzwert für  $\mathbf{r}$  einfach zu  $q(\mathbf{s}) + d(\mathbf{s}, \mathbf{r})$ . Aufgrund der Wahl von  $d$  ist  $d(\mathbf{s}, \mathbf{r})$  aber stets 1, was in beiden Iterationsschritten zum Ausdruck

$$q(\mathbf{r} + \mathbf{u}) + 1$$

---

<sup>24</sup>Es wird hier stillschweigend angenommen, dass  $\mathcal{N}$  groß genug ist, dass also  $\mathcal{U} + \mathbf{1} \subseteq \mathcal{N}$  gilt.

führt. Indem man nun die Konstante 1 durch eine die wahren Abstandsverhältnisse besser wiedergebende Abbildung  $\delta : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}$  ersetzt, lässt sich durch relativ geringen Mehraufwand<sup>25</sup> eine erhebliche Verbesserung der Distanzwerte im Hinblick auf die euklidische Distanztransformation erzielen [23, 112]. Stellen die Bildattribute  $\Delta x_i$ ,  $i = 1, \dots, n$ , die Voxeldimensionen in den entsprechenden Koordinatenrichtungen dar, so ist folgender Ansatz nahe liegend<sup>26</sup>:

$$\delta(\mathbf{u}) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (\Delta x_i u_i)^2}, \quad \forall \mathbf{u} = (u_1, \dots, u_n) \in \mathcal{U}.$$

Durch Einführung von  $\delta$  berechnet obiger Algorithmus nicht mehr die Distanztransformation auf der Basis von  $d_{\text{city-block}}^{(n)}$  bzw.  $d_{\text{chessboard}}^{(n)}$ , sondern bzgl. entsprechend skaliertes Metriken  $\tilde{d}_{\text{city-block}}^{(n)}$  bzw.  $\tilde{d}_{\text{chessboard}}^{(n)}$ . Auch diese Metriken beschreiben Abstände weiterhin durch minimale Pfade gemäß der vorgegebenen Nachbarschaftsbeziehung; allerdings wird nun die euklidische Länge dieser Pfade als Abstandswert angegeben. Die Abbildungen 2.22 und 2.23 veranschaulichen die Metriken  $\tilde{d}_{\text{city-block}}^{(n)}$  und  $\tilde{d}_{\text{chessboard}}^{(n)}$ . Gezeigt ist jeweils eine Distanztransformation bzgl. eines einzelnen Hintergrundpunktes. Im Falle der euklidischen Metrik würde das Ergebnis eine (diskretisierte) Kugel darstellen. Die Abweichung von der Kugelgestalt veranschaulicht die Abweichung des entsprechenden Verfahrens von der exakten euklidischen Distanztransformation.

Es stellt sich nun die Frage, ob es möglich ist, die exakte euklidische Distanztransformation in analoger Weise, d. h. durch  $O(|\mathcal{N}|)$  Anwendungen eines lokalen Operators, zu bestimmen. Leider zeigt die in Abbildung 2.24 dargelegte Überlegung, dass auch ein beliebig großer lokaler Operator letztlich nicht in der Lage ist, den Distanzwert seines Zentralpunktes fehlerfrei aus den Distanzwerten der Umgebung abzuleiten. Der Fehler kann allerdings relativ klein gehalten werden [37]. Verfahren, wie das in [37] beschriebene sind allerdings schon recht aufwändig sodass es sich im Rahmen des hier behandelten Segmentierproblems als günstig erwiesen hat, in Fällen, in denen die oben beschriebenen schnellen Approximationen nicht mehr ausreichen, gleich ein moderneres, exaktes Verfahren einzusetzen.

## 2.4.4 Euklidische Distanztransformation

Mittlerweile existieren eine Reihe von Verfahren zur Berechnung der exakten euklidischen Distanztransformation [134, 182, 122]. Der in [134] vorgeschlagene

<sup>25</sup>Der Mehraufwand ergibt sich in erster Linie durch die nun notwendigen Fließkommaberechnungen. Wenn die sich hieraus ergebenden Geschwindigkeitseinbußen zu hoch sind, kann man auf die in [25] und [13] beschriebenen Ganzzahl-Approximationen zurückgreifen.

<sup>26</sup>Borgefors [23], Beckers und Smeulders[15], Kiryati und Szekely[88], sowie Verwer [169] zeigen allerdings, dass die euklidische Metrik als Grundlage für  $\delta$  im Mittel zu einer Überschätzung der Distanzwerte führt. Alle vier Autoren geben aber jeweils unterschiedliche Korrekturen für  $\delta$  an, da ihre Optimierungen jeweils auf unterschiedlichen Kriterien beruhen.



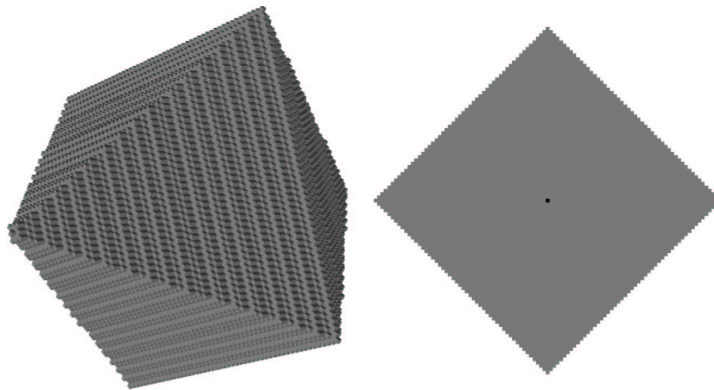


Abbildung 2.22: Dreidimensionale Distanztransformation eines einzelnen Hintergrundvoxels (im rechten Bild als schwarzer Punkt zu sehen) unter Verwendung der Metrik  $\tilde{d}_{\text{city-block}}^{(3)}$ . Dargestellt sind alle Voxel mit einem Abstandswert zwischen 0 und 5 cm (bei einer Voxeldimension von  $0.97 \text{ mm} \times 0.97 \text{ mm} \times 1.4 \text{ mm}$ ). Das linke Bild stellt eine dreidimensionale Rekonstruktion dieser Menge dar, während das rechte Bild einen zentralen Schnitt senkrecht zur Achse mit der 1.4 mm-Skalierung zeigt. Die beträchtliche Abweichung von der Kugelform macht deutlich, dass die  $\tilde{d}_{\text{city-block}}^{(3)}$ -Metrik i. Allg. keine hinreichende Approximation für die euklidische Metrik darstellt.

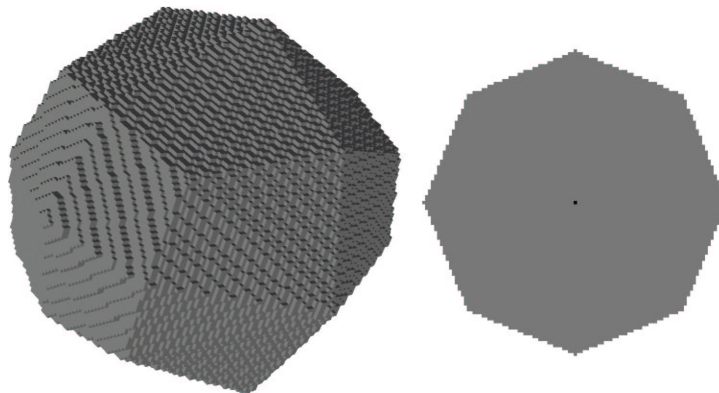


Abbildung 2.23: Dreidimensionale Distanztransformation eines einzelnen Hintergrundvoxels unter Verwendung der Metrik  $\tilde{d}_{\text{chessboard}}^{(3)}$ . Der Bildaufbau ist der gleiche wie in Abbildung 2.22. Die für die euklidische Abstandsfunktion zu erwartende Kugelform ist hier schon erheblich besser angenähert als dies noch für die  $\tilde{d}_{\text{city-block}}^{(3)}$ -Metrik in Abbildung 2.22 der Fall war. Die charakteristische Form dieser Kugelapproximation erklärt auch den Begriff *Chamfer-Transformation*, der für diese Approximation in der englischsprachigen Literatur gebräuchlich ist.

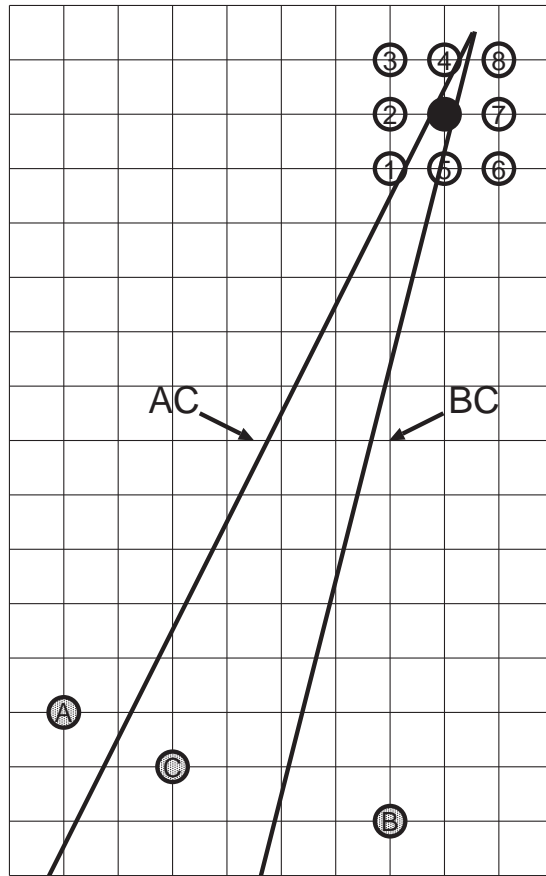


Abbildung 2.24: Versuch, den minimalen euklidischen Abstand des schwarz markierten Gitterpunktes von den mit A, B und C beschrifteten Hintergrundpunkten aus den Distanzwerten seiner Umgebung, d. h. den acht mit Zahlen markierten Gitterpunkten, zu bestimmen. Die mit AC beschriftete Linie ist der geometrische Ort aller Punkte, die von C genauso weit entfernt sind wie von A. Die Punkte, für die A der Hintergrundpunkt minimalen Abstands ist, liegen daher oberhalb dieser Linie. Analog beschreibt die mit BC markierte Linie den Ort gleichen Abstands zu B und C. Die Punkte unterhalb dieser Linie haben B als nächsten Hintergrundpunkt. Die zu C nächstgelegenen Punkte finden sich daher alle in dem aus diesen beiden Geraden gebildeten keilförmigen Bereich. Wie man sieht, liegt nur der schwarz markierte Zentralpunkt innerhalb dieses Bereichs. Seine Umgebung referenziert jeweils entweder A oder B als nächstgelegenen Punkt, nicht aber C. Es ist hier also nicht möglich, aus der Betrachtung der Punkte 1 bis 8 auf den korrekten Distanzwert für den Zentralpunkt zurückzuschließen. Da man offensichtlich stets eine solche keilförmige Anordnung konstruieren kann (selbst wenn man die Anzahl der Umgebungspunkte weiter erhöht), lässt sich kein Algorithmus finden, der den Wert einer fehlerfreien euklidischen Distanztransformation aus der jeweiligen Umgebung des betrachteten Punktes berechnet.

Algorithmus erwies sich dabei für das hier behandelte Segmentierproblem als am geeignetsten<sup>27</sup>, nicht zuletzt deshalb, weil er auch die einfache Integration anisotroper Gitterstrukturen, die bei der Behandlung von MR-Bildern häufig auftreten, erlaubt.

Eine zentrale Idee des hier vorgestellten Verfahrens ist die Vereinfachung des relativ komplexen Ausdrucks der euklidischen Metrik

$$d_{\text{eukl}}(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (a_i - b_i)^2}, \quad \forall \mathbf{a} = (a_1, \dots, a_n), \mathbf{b} = (b_1, \dots, b_n) \in \mathbb{Z}^n.$$

durch den Übergang zu quadratischen Abstandswerten:

$$d_{\text{eukl}}^2(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \sum_{i=1}^n (a_i - b_i)^2, \quad \forall \mathbf{a} = (a_1, \dots, a_n), \mathbf{b} = (b_1, \dots, b_n) \in \mathbb{Z}^n.$$

Die formale Ähnlichkeit mit der Metrik  $d_{\text{city-block}}^{(n)}$  ist offensichtlich.

Die Verwendung von  $d_{\text{eukl}}^2$  statt  $d_{\text{eukl}}$  als Grundlage der Berechnung dreidimensionaler Distanztransformationen<sup>28</sup> erlaubt die Aufteilung des Problems in drei eindimensionale Minimierungsschritte: Der erste Schritt berechnet aus dem Ausgangsbild  $\mathbf{p}$  eine eindimensionale (quadratische) Distanztransformation  $\mathbf{q}_x$  in Richtung der x-Achse:

$$\begin{aligned} \forall (x_0, y_0, z_0) \in \mathbb{Z}^3: \\ q_x(x_0, y_0, z_0) &\stackrel{\text{def}}{=} \min_{x:p(x,y_0,z_0)=0} (\Delta x (x - x_0))^2. \end{aligned}$$

Der nächste Schritt berechnet eine zweidimensionale (quadratische) Distanztransformation  $\mathbf{q}_{xy}$  senkrecht zur z-Achse. Da sich die Berechnung auf die Informationen in  $\mathbf{q}_x$  stützen kann, erfordert auch dieser Schritt nur eine eindimensionale Suche:

$$\begin{aligned} \forall (x_0, y_0, z_0) \in \mathbb{Z}^3: \\ q_{xy}(x_0, y_0, z_0) &\stackrel{\text{def}}{=} \min_y ((\Delta y (y - y_0))^2 + q_x(x_0, y, z_0)). \end{aligned}$$

<sup>27</sup>Das in [182] vorgestellte Verfahren ist allerdings für bestimmte Fragestellungen ebenfalls von besonderem Wert, da es zusätzlich zu den Abstandswerten auch die Orte der nächstbenachbarten Hintergrundpixel liefert. Werden diese Informationen hingegen nicht benötigt, ist das Verfahren in Bezug auf Effizienz und Speicherplatzanforderungen weniger günstig als die Methode aus [134].

<sup>28</sup>Der Algorithmus erlaubt die Berechnung von Distanztransformationen beliebiger Dimension. Die Beschränkung auf den für diese Arbeit wichtigsten Fall  $n = 3$  dient nur der Vereinfachung der Darstellung.

Analog zum vorangehenden Schritt wird nun die Berechnung der dreidimensionalen (quadratischen) Distanztransformation  $\mathbf{q}_{xyz}$  durch eine weitere eindimensionale Suche, nun in  $z$ -Richtung, beendet:

$$\forall (x_0, y_0, z_0) \in \mathbb{Z}^3: \\ q_{xyz}(x_0, y_0, z_0) \stackrel{\text{def}}{=} \min_z \left( (\Delta z (z - z_0))^2 + q_{xy}(x_0, y_0, z) \right).$$

Die gesuchte Distanztransformation  $\mathbf{q}$  ergibt sich durch Ziehen der Wurzel:

$$\forall (x_0, y_0, z_0) \in \mathbb{Z}^3: \quad q(x_0, y_0, z_0) \stackrel{\text{def}}{=} \sqrt{q_{xyz}(x_0, y_0, z_0)}.$$

Die Distanztransformation  $\mathbf{q}_x$  lässt sich effizient mittels der in Abschnitt 2.4.3 beschriebenen Algorithmen berechnen, da im eindimensionalen Fall  $d_{\text{city-block}} \equiv d_{\text{chessboard}} \equiv d_{\text{eukl}}$  gilt. Gleiches gilt für die Schritte 2 und 3 leider nicht. In [134] wird allerdings eine Optimierung vorgeschlagen, die die Suchoperationen in Anlehnung an das Vorgehen in Abschnitt 2.4.3 ebenfalls in zwei gegenläufige Prozesse zerlegt. Die Einzelschritte bestehen hier aber nicht aus lokalen Operationen, die in konstanter Zeit ausgeführt werden können, sondern es muss weiterhin für jeden Bildpunkt eine Suchoperation durchgeführt werden, die sich im worst-case über die ganze Breite der zu bearbeitenden Zeile erstrecken kann. Dennoch erlaubt diese Erweiterung i. Allg. eine wesentliche Verringerung der benötigten Rechenzeit, da die Aufspaltung der Suchoperation die Formulierung erweiterter Abbruchkriterien erlaubt, die den wirklich zu durchlaufenden Suchradius stark einschränken.

Die Abbildung 2.25 zeigt, analog zu den Abbildungen 2.22 und 2.23, die Anwendung des eben beschriebenen Algorithmus auf ein Bild mit nur einem einzigen Hintergrundvoxel. Da hier eine exakte euklidische Distanztransformation zugrunde gelegt ist, zeigt die 3D-Darstellung in Abbildung 2.25 die erwartete Kugelform.

## 2.5 Glättungsfiler

Glättungsfiler werden in der digitalen Bildverarbeitung meistens im Rahmen der Bildverbesserung eingesetzt. Ihre Aufgabe besteht hierbei in der Unterdrückung des Rauschanteils der vorgelegten Bilder. Da das Signal-Rausch-Verhältnis heute üblicher Magnetresonanztomogramme in der Regel relativ niedrig ist, wäre ein solcher Vorverarbeitungsschritt zur Kortexrekonstruktion im Prinzip wünschenswert. Allerdings werden durch die Tiefpasseigenschaft dieser Filter auch viele für die detaillierte Rekonstruktion unabdingbare Details entfernt. Ihr genereller Einsatz als bildverbessernder Vorverarbeitungsschritt ist daher i. Allg. nicht empfehlenswert. Dennoch werden Glättungsfiler im Rahmen dieser Arbeit an verschiedenen Stellen eingesetzt, wobei allerdings die Absenkung des Rauschniveaus häufig nur ein willkommener Nebeneffekt ist.

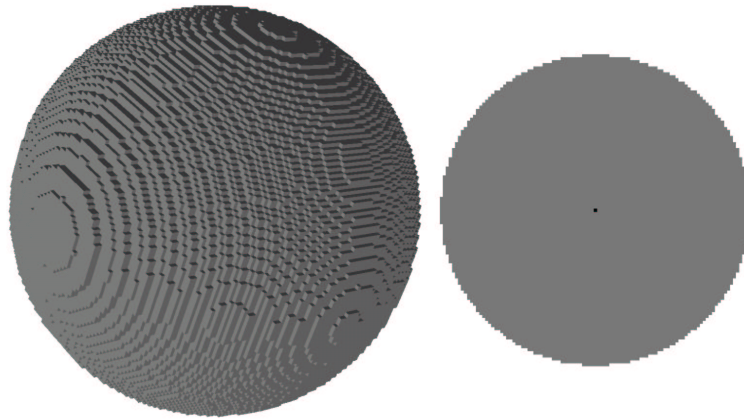


Abbildung 2.25: Dreidimensionale euklidische Distanztransformation eines einzelnen Hintergrundvoxels. Der Bildaufbau ist der gleiche wie in den Abbildung 2.22 und 2.23.

Im Abschnitt 3.7.2 geht es z. B. um die Lageoptimierung von Linienstrukturen, mit deren Hilfe der Verlauf insbesondere tiefer und enger Hirnfurchen herausgearbeitet werden soll. Die Linien werden dabei in einem iterativen Prozess auf ihre optimale Position geschoben, wobei die Intensitätswerte des zugrunde liegenden MRIs in die entsprechende Bewegungsgleichung als Potential eines Kraftfeldes einfließen. Für eine gleichmäßige und kontrollierte Bewegung ist daher ein möglichst glatter Grauwertverlauf wünschenswert. Dies kann durch Anwendung eines Glättungsfilters sichergestellt werden.

Ein anderes Anwendungsbeispiel stellt das in Abschnitt 3.5 beschriebene Verfahren zur Bias-Korrektur dar. Diese Methode benötigt zur Bias-Schätzung Informationen über die langwelligen Anteile im Grauwertverlauf des betrachteten MRIs. Durch Tiefpassfilterung mit einem geeigneten Glättungsfiler können derartige Informationen aus einem MRI abgeleitet werden.

Im Rahmen dieser Arbeit werden zwei verschiedene Glättungsfiler eingesetzt: Ein linearer Filter auf der Basis der Normalverteilung und ein nicht-linearer Filter, der sich des Problems der „Verschmierung“ von Gewebegrenzen bei Glättungsoperationen annehmen soll.

### 2.5.1 Lineare Glättung

Der in dieser Arbeit verwendete lineare Glättungsfiler, *Gauß-Tiefpass* oder einfach *Gaußfilter* genannt, faltet die Grauwertverteilung  $p$  des betrachteten Grauwertbildes  $\mathbf{p}$  mit einer dreidimensionalen Normalverteilung mit Erwartungswert

$(0, 0, 0)$  und Kovarianzmatrix<sup>29</sup>  $\Sigma = ((\sigma^2 \delta_{ij}))_{3 \times 3}$ :

$$G_\sigma(x, y, z) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi)^3 \sigma^3}} e^{-\frac{x^2+y^2+z^2}{2\sigma^2}}.$$

Das geglättete Bild  $q$  berechnet sich zu

$$\begin{aligned} q(x, y, z) &= \\ &= \frac{1}{N} p(x, y, z) * G_\sigma(x \Delta x, y \Delta y, z \Delta z) = \\ &= \frac{1}{N} \sum_{i,j,k=-\infty}^{+\infty} G_\sigma(i \Delta x, j \Delta y, k \Delta z) p(x - i, y - j, z - k), \end{aligned}$$

wobei  $\Delta x$ ,  $\Delta y$  und  $\Delta z$  die Voxelausdehnungen hinsichtlich der drei Achsenrichtungen bezeichnen und  $N$  eine Normierungskonstante<sup>30</sup> ist, die sich gemäß

$$N = \sum_{i,j,k=-\infty}^{+\infty} G_\sigma(i \Delta x, j \Delta y, k \Delta z)$$

berechnet.

Konkret muss man sich bei der Summation natürlich auf einen endlichen Ausschnitt  $I = [-\delta x, +\delta x] \times [-\delta y, +\delta y] \times [-\delta z, +\delta z]$ ,  $(\delta x, \delta y, \delta z) \in \mathbb{N}^3$ , beschränken, wobei sich die Maskengröße  $(2\delta x + 1) \times (2\delta y + 1) \times (2\delta z + 1)$  bei vorgegebenem „Abschneidewert“  $\epsilon$  so bestimmt, dass  $I$  unter Berücksichtigung von

$$G_\sigma(x \Delta x, y \Delta y, z \Delta z) < \epsilon \quad \forall (x, y, z) \notin I$$

minimal wird. Da die so erhaltenen Filtermasken dazu tendieren, relativ groß zu werden, ist die Separierbarkeit von  $G_\sigma$  in eindimensionale Normalverteilungen von besonderer Bedeutung:

$$\begin{aligned} G_\sigma(x, y, z) &= g_\sigma(x) g_\sigma(y) g_\sigma(z) \\ \text{mit } g_\sigma(\lambda) &= \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{\lambda^2}{2\sigma^2}}. \end{aligned}$$

Obiger Zusammenhang erlaubt die Aufspaltung der dreidimensionalen Faltung in drei jeweils eindimensionale Faltungen, was insbesondere bei großen Masken zu einer dramatischen Reduktion der benötigten Rechenschritte führt.

<sup>29</sup> $\delta_{ij}$  bezeichne das über  $\delta_{ij} \stackrel{\text{def}}{=} \begin{cases} 1 & \text{für } i = j \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$  definierte Kronecker-Symbol.

<sup>30</sup>In [79] ist ein alternativer Ansatz für die Approximation des Gauß-Tiefpasses auf dem diskreten Gitter vorgeschlagen, der auf der Binomialverteilung  $b_{n,p}(k) = \binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k}$  ( $k = 0, \dots, n$ ) beruht (Satz von de Moivre/Laplace [138]). Man vermeidet bei dieser eleganten Formulierung insbesondere den Kunstgriff der Einführung einer zusätzlichen Normierungskonstante.

Abbildung 2.27 zeigt das Ergebnis einer Gaußfilterung ( $\sigma = 1$ ) des in Abbildung 2.26 gezeigten MRIs. Der Verlust an Detailreichtum ist offensichtlich. Unangenehmer für Segmentierfragestellungen ist aber in den meisten Fällen die „Verschmierung“ der Gewebegrenzen. Schon in den Originalbildern heben sich die Grauwertkanten so schlecht vom Hintergrundrauschen und anderen natürlichen wie artifiziellen Schwankungen des Grauwertverlaufs ab, dass sich z. B. durch den Einsatz von Kantenoperatoren (z. B. der klassische *Sobeloperator* [1], aber auch modernere Operatoren wie der *Canny-* [29] bzw. der *Deriche-Filter* [43, 44]) kaum Erfolge bei der Rekonstruktion des Kortex erzielen lassen.

## 2.5.2 Nicht-lineare kantenerhaltende Glättung

Um der Verschmierung der Grauwertkanten bei Glättungsoperationen entgegen zu wirken, wurde ein nicht-linearer Filter entwickelt, der über eine adaptive Auswahl der Wichtungsfaktoren die Mittelung über Gewebekanten hinweg zu vermeiden sucht<sup>31</sup>.

Sei  $\mathbf{p}$  das zu glättende Bild,  $p$  die zugehörige Grauwertverteilung und  $\Delta x \times \Delta y \times \Delta z$  die zugrunde liegende Voxelausdehnung. Die Metrik von  $\mathbf{p}$  wird dann durch die Norm

$$\begin{aligned} \|\cdot\|_p : \quad \mathbb{Z}^3 &\rightarrow \mathbb{R} \\ (x, y, z) &\mapsto \sqrt{x^2 \Delta x^2 + y^2 \Delta y^2 + z^2 \Delta z^2} \end{aligned}$$

beschrieben. Der Grauwert  $q(\mathbf{r})$  an der Stelle  $\mathbf{r}$  des geglätteten Bildes  $\mathbf{q}$  berechnet sich nun als gewichtetes arithmetisches Mittel über die Bildpunkte der  $3 \times 3 \times 3$ -Umgebung<sup>32</sup> von  $\mathbf{r}$ :

$$q(\mathbf{r}) = \frac{p(\mathbf{r}) + \sum_{\mathbf{u} \in \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r})} g_\sigma \left( \frac{p(\mathbf{u}) - p(\mathbf{r})}{\|\mathbf{u} - \mathbf{r}\|_p} \right) p(\mathbf{u})}{1 + \sum_{\mathbf{u} \in \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r})} g_\sigma \left( \frac{p(\mathbf{u}) - p(\mathbf{r})}{\|\mathbf{u} - \mathbf{r}\|_p} \right)}.$$

$g_\sigma$  bezeichne hierbei, wie oben, die eindimensionale Normalverteilung mit Erwartungswert 0 und Varianz  $\sigma^2$ . Die Bedeutung dieser Funktion ist hier aber eine

<sup>31</sup>Zusätzlich zu der hier vorgestellten Eigenentwicklung wurde auch der in [119] vorgeschlagene *anisotrope Diffusionsfilter* implementiert (gemäß der Ausarbeitung in [56]). Dieses auf einem gesteuerten Diffusionsprozess beruhende Verfahren,

$$\frac{\partial}{\partial t} p(\mathbf{r}, t) = \operatorname{div}(c(\mathbf{r}, t) \nabla p(\mathbf{r}, t)),$$

liefert im Prinzip ein vergleichbares Ergebnis. Allerdings hat sich der hier vorgeschlagene Algorithmus für den angepeilten Verwendungszweck häufig als geeigneter erwiesen und wurde daher, nicht zuletzt weil dieses Verfahren i. Allg. auch mit weniger Iterationen auskommt, beibehalten.

<sup>32</sup>Auch die Umgebung  $\bar{\mathcal{U}}_6(\mathbf{r})$  wäre sinnvoll.  $\bar{\mathcal{U}}_{26}(\mathbf{r})$  ist aber i. Allg. stabiler.



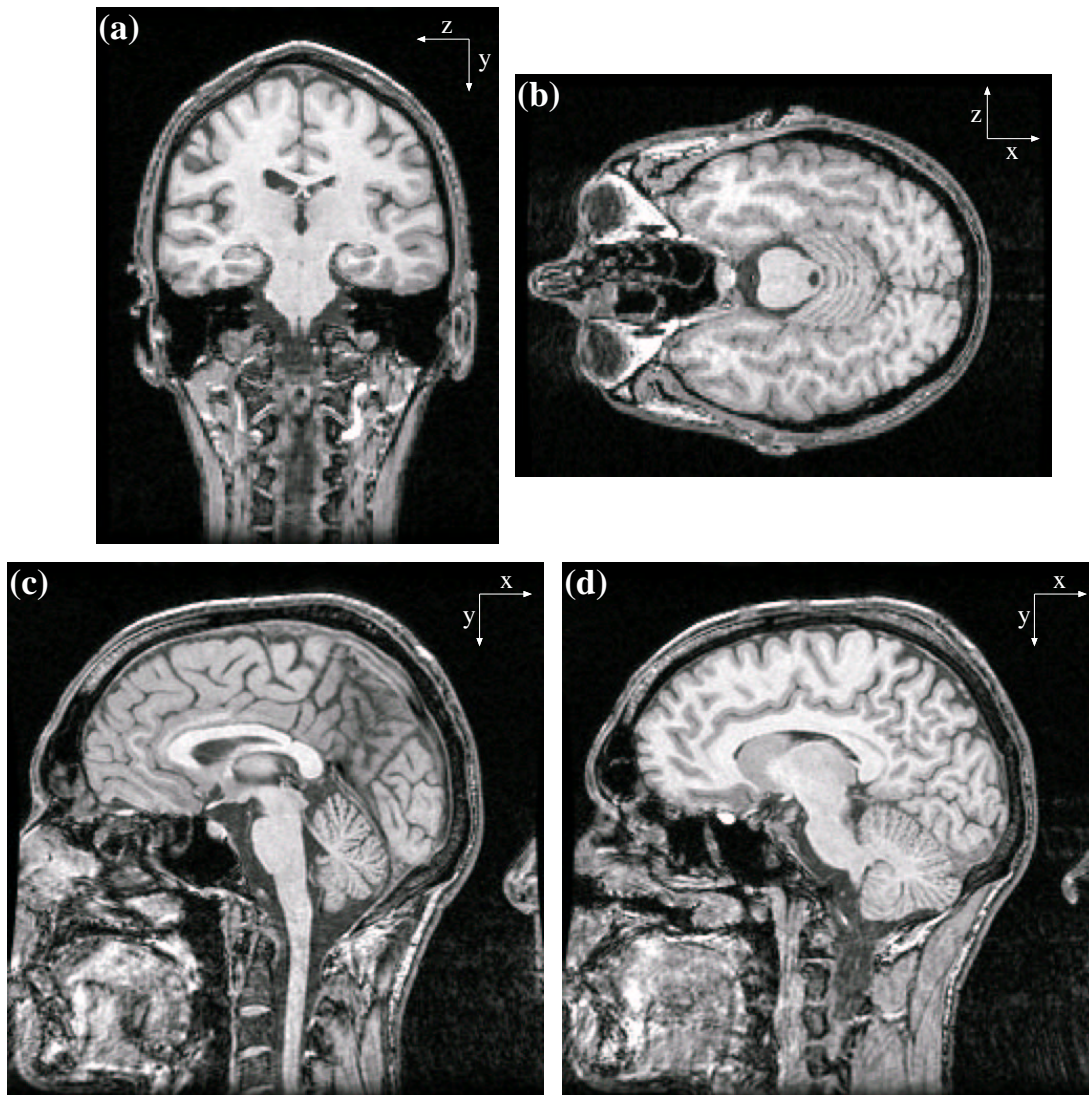


Abbildung 2.26: Ein coronaler (a), ein axialer (b) und zwei sagittale Schnitte (c, d) durch ein MRI des Kopfes. Dieses Beispiel-MRI wird in den nachfolgenden Abbildungen verschiedenen Filteroperationen unterworfen. Voxeldimensionen  $\Delta x = \Delta y = 0.98$ ,  $\Delta z = 1.5$ .

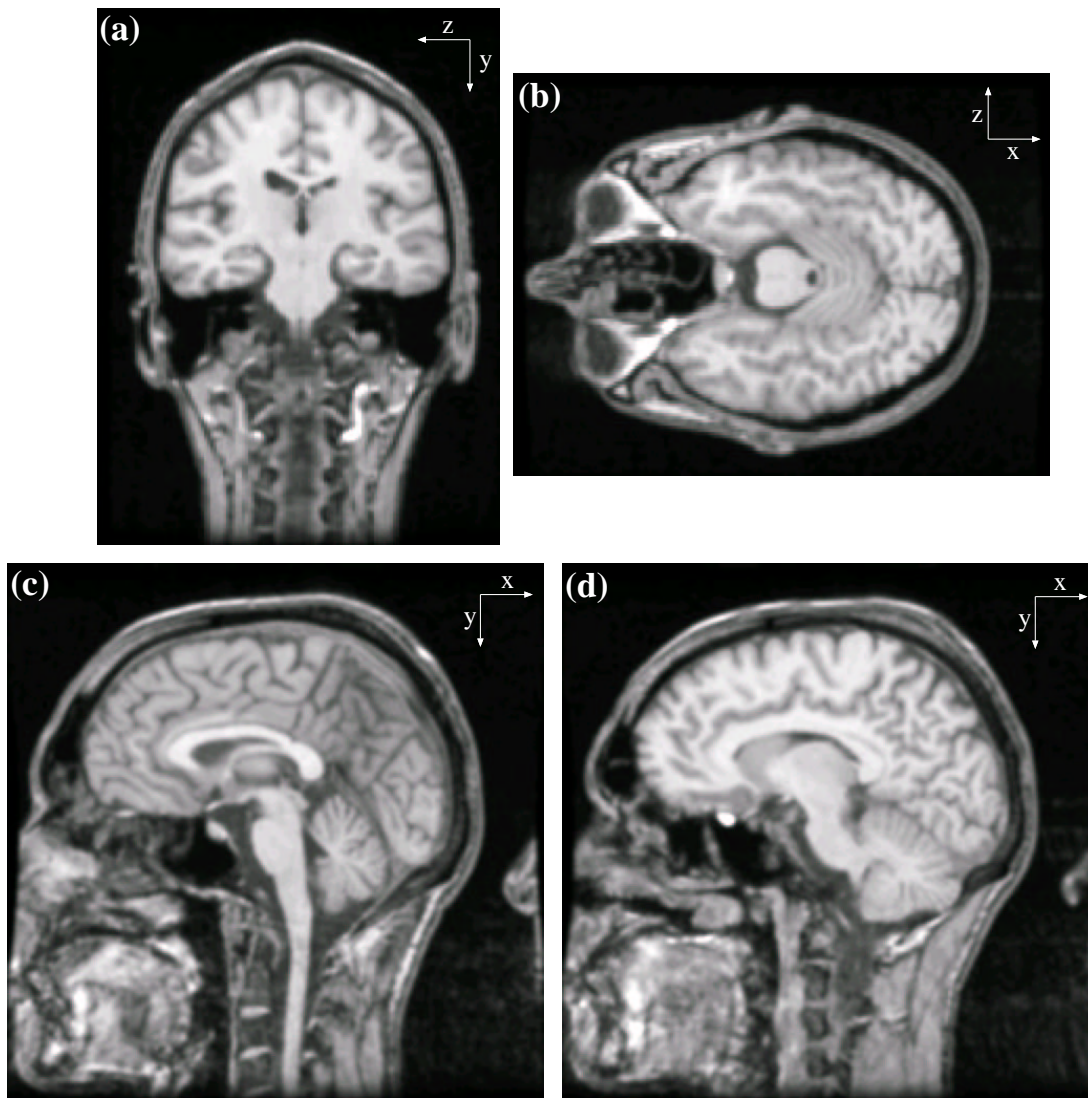


Abbildung 2.27: Gaußfilterung des MRIs aus Abbildung 2.26. Standardabweichung  $\sigma = 1.0$ , Maskengröße  $11 \times 11 \times 7$ .

andere. Während bei der Gaußfilterung die Normalverteilung direkt als Wichtungsfunktion auftaucht, dient die Verteilung hier nur zur Bewertung der eigentlichen Wichtungsgröße, des Grauwertgradienten. Anschaulich ausgedrückt, liefert  $g_\sigma$  für jeden Nachbarpunkt  $\mathbf{u} \in \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r})$  die „Wahrscheinlichkeit“ für das Auftreten der Richtungsableitung  $\nabla p \cdot \frac{\mathbf{u}-\mathbf{r}}{\|\mathbf{u}-\mathbf{r}\|_p}$ , für die  $\frac{p(\mathbf{u})-p(\mathbf{r})}{\|\mathbf{u}-\mathbf{r}\|_p}$  eine Approximation ist. Der Grauwert  $p(\mathbf{u})$  tritt dann mit diesem Gewicht in die Mittelwertbildung ein. Starke Grauwertabweichungen (nach Maßgabe von  $\sigma$ ), die auf eine Gewebegrenze hindeuten, werden also in der Mittelwertbildung weitaus weniger berücksichtigt als geringfügige Abweichungen, die i. Allg. als Rauschen angesehen werden können. Diese adaptive Wichtung verhindert die Mittelung über Grauwertkanten hinweg. Welche Kantenstärke  $|\nabla p|$  hierbei als Rauschen bzw. Gewebegrenze eingestuft wird, hängt dabei ganz von der Wahl des Parameters  $\sigma$  ab.

In Abbildung 2.28 ist das Ergebnis der Anwendung dieses Filters auf das MRI aus Abbildung 2.26 gezeigt. Für  $\sigma$  wurde hier 2 gewählt. Offensichtlich sind kaum Unterschiede zum Originalbild auszumachen. Tatsächlich macht der schnelle Abfall der Bewertungsfunktion  $g_\sigma$  den Ursprungsgrauwert  $p(\mathbf{r})$  des jeweils betrachteten Punktes zum dominierenden Term der Mittelwertbildung. Die Auswirkungen einer einzelnen Filteranwendung sind daher marginal. Der Filter muss in der Regel mehrfach angewendet werden, womit die Anzahl der Iterationen neben  $\sigma$  als weiterer Parameter hinzutritt.

Abbildung 2.29 zeigt das Ergebnis der Glättungsoperation (wiederum wurde  $\sigma = 2$  gewählt) nach 20 Iterationsschritten. Das merkwürdig „flache“ Aussehen des Resultats ist typisch für diesen Filter. Innerhalb der von  $\sigma$  festgelegten Grenzen tendiert das Verfahren dazu, einen konstanten Grauwert zu erreichen; ein Ansinnen, das zumindest im Bereich anatomischer Bilddaten als angemessen erscheint. Grauwertgrenzen scheint das Verfahren dabei aber noch stärker zu verwischen als der Gaußfilter. Auch das ist eine Folge der Tendenz, Plateaus zu bilden. Wird eine Kante nicht erkannt, sind die Auswirkungen wesentlich dramatischer als bei der Gaußfilterung.

Durch Verkleinerung von  $\sigma$  kann man natürlich ein im Sinne der Furchentrennung besseres Ergebnis erzielen (Abbildung 2.30 ist hierfür ein Beispiel), dennoch ist das Ergebnis aus Abbildung 2.29 für die Kortexrekonstruktion von besonderem Interesse. Die hier gewählte Einstellung für  $\sigma$  verhindert zwar nicht die Verschmelzung verschiedener Furchen, betont aber andererseits die Grenze zwischen Gehirn und umgebendem Gewebe. Dies erweist sich im ersten Schritt der Kortexrekonstruktion, der Freistellung des Gehirns (Abschnitt 3.3), als nützlich (siehe Abschnitt 2.6.3).



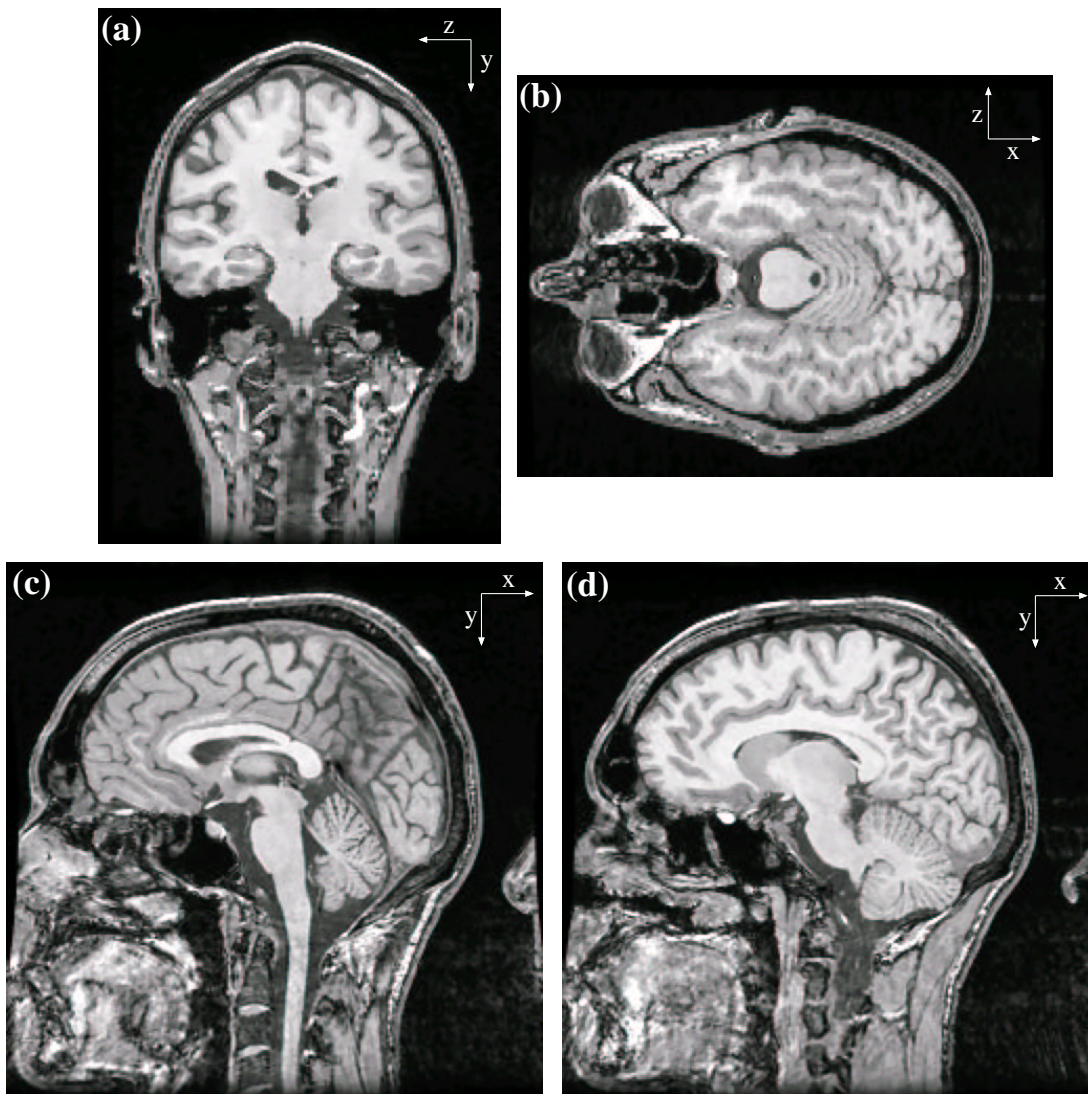


Abbildung 2.28: Kantenerhaltende Glättung des MRIs aus Abbildung 2.26.  $\sigma = 2$ , eine Iteration.

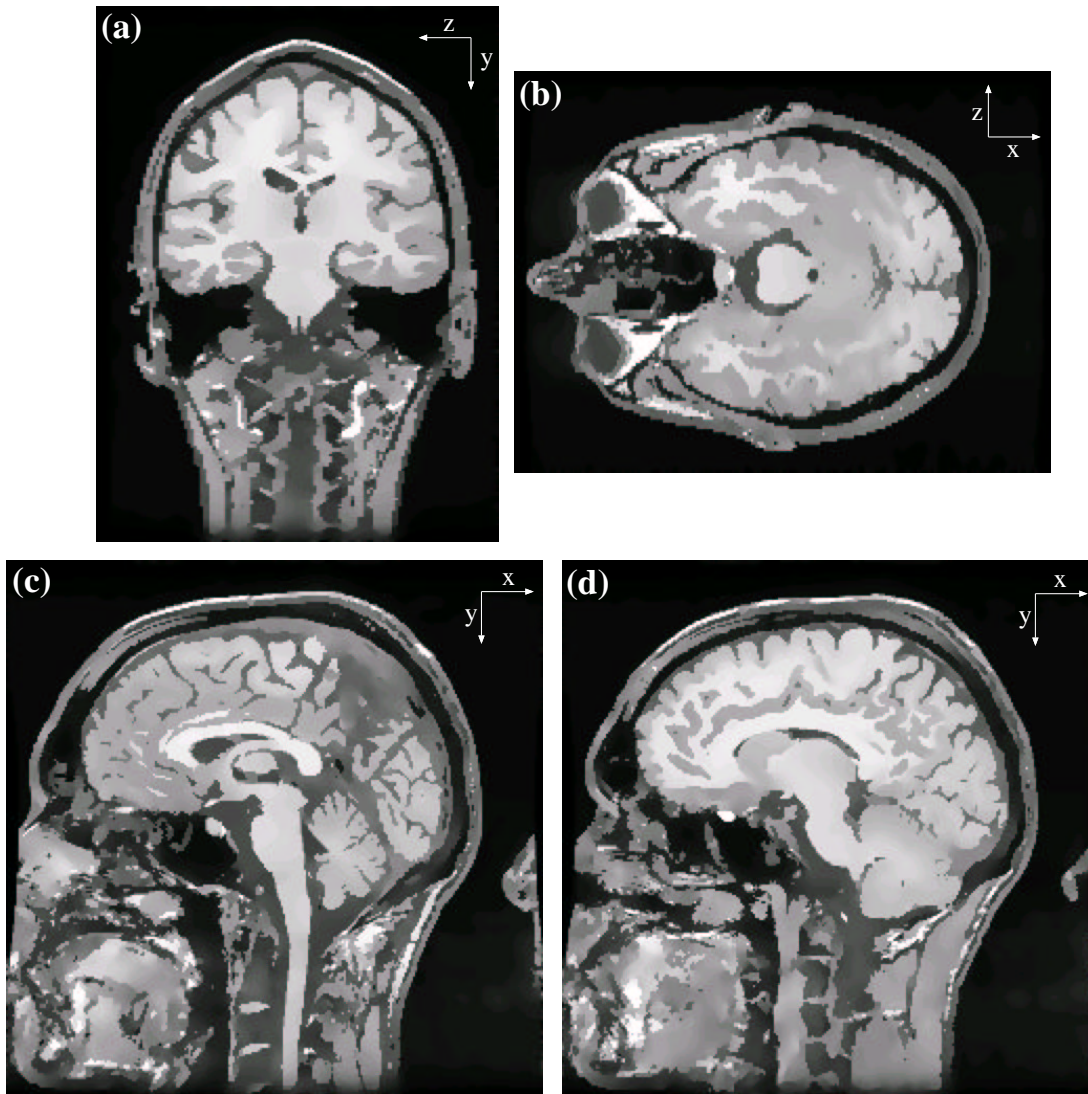


Abbildung 2.29: Kantenerhaltende Glättung des MRIs aus Abbildung 2.26.  $\sigma = 2$ , 20 Iterationen.

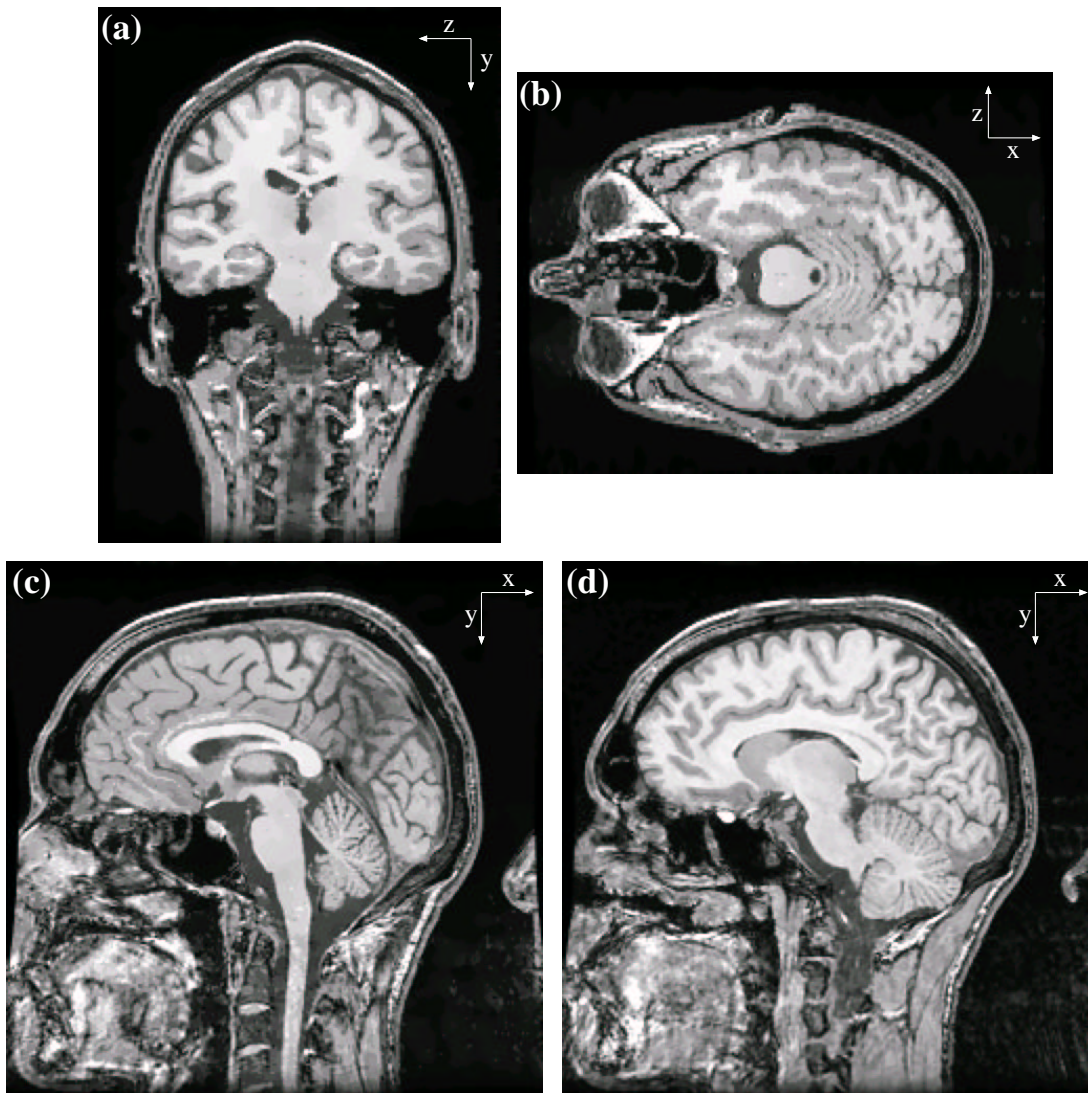


Abbildung 2.30: Kantenerhaltende Glättung des MRIs aus Abbildung 2.26.  $\sigma = 0.75$ , 20 Iterationen.



## 2.6 Bereichswachstumsverfahren

### 2.6.1 Einleitung

Als *Bereichswachstums-* oder *Region-Growing-Verfahren* bezeichnet man Segmentieralgorithmen, die, ausgehend von einem oder mehreren *Saatpunkten*, eine Bildzerlegung im Rahmen eines Wachstumsprozesses (d. h. durch sequentielle Angliederung benachbarter Bildpunkte) realisieren [12, 81]. In der Regel wird hierbei für jede zu erwartende Bildregion ein gesonderter Saatpunkt benötigt, welcher innerhalb der zu segmentierenden Region zu platzieren ist. Für jeden Saatpunkt werden die umgebenden Bildpunkte hinsichtlich ihrer Ähnlichkeit zum betreffenden Saatpunkt überprüft (Homogenitätskriterium) und, falls sie das Kriterium erfüllen, der Wachstumsmenge des Saatpunktes hinzugefügt. In den nachfolgenden Schritten werden dann jeweils die im vorangegangenen Schritt neu hinzutretenden Punkte als Ausgangspunkte des weiteren Wachstums herangezogen; sie werden also analog zu den Saatpunkten behandelt, definieren allerdings keine neuen, eigenständigen Wachstumsbereiche. Jedes Bereichswachstumsverfahren enthält also eine hochgradig rekursive Komponente: Sei  $\mathbf{p}$  ein digitales Bild,  $\mathbf{s}$  ein Saatpunkt,  $\mathcal{U}$  eine Abbildung, die jedem Bildpunkt  $\mathbf{r}$  seine Umgebung  $\mathcal{U}(\mathbf{r}) \subset \mathbb{Z}^n$  zuordnet, und  $P$  ein Prädikat, welches ein geeignetes Homogenitätskriterium realisiert. Das durch  $P$  induzierte Bereichswachstumsverfahren klassifiziert dann eine Menge  $\text{region}(\mathbf{s}, P)$ , welche sich formal über

$$\text{region}(\mathbf{s}, P) = \begin{cases} \emptyset & \text{falls } \neg P(\mathbf{s}), \\ \{\mathbf{s}\} \cup \left( \bigcup_{\mathbf{r} \in \mathcal{U}(\mathbf{s})} \text{region}(\mathbf{r}, P) \right) & \text{sonst} \end{cases}$$

darstellen lässt.

Unter Hinzunahme geeigneter Buchhaltungsfunktionen, die dafür Sorge tragen, dass ein Bildpunkt nur jeweils ein einziges Mal überprüft wird, lässt sich obiger Ausdruck (für einfache  $P$ ) direkt in einen Algorithmus umschreiben. Allerdings ist aufgrund des zu erwartenden Speicheraufkommens ein solcher rekursiver Ansatz nur dann sinnvoll, wenn die zu erwartenden Homogenitätsgebiete sehr klein sind. Auch die direkte Umsetzung in einen äquivalenten sequentiellen Algorithmus ist i. Allg. ungünstig, da hier die noch abzuarbeitenden Punkte in einem *Stack* [174, 63] verwaltet werden, was dazu führt, dass sich der Wachstumsprozess bevorzugt von seinem Saatpunkt fortbewegt, um erst ganz zum Schluss die unmittelbar benachbarten Bildpunkte zu berücksichtigen. Es ist daher i. Allg. wesentlich günstiger, den Stack durch eine *Warteschlange* (engl. *Queue*) [174, 63] zu ersetzen, da diese Art der Verwaltung ein gleichförmigeres Wachstum erwarten lässt. Bei klassischen Bereichswachstumsverfahren führen allerdings beide Ansätze letztlich zum gleichen Ergebnis, da  $P$  nicht davon abhängt, in welcher Reihenfolge die Bildpunkte verarbeitet werden. Im Rahmen dieser Ar-



beit wurden aber erweiterte Bereichswachstumsverfahren entwickelt, welche eine Zeitkomponente mit einfließen lassen: Unterschiedliche Bereiche der Menge wachsen, abhängig von lokalen Kriterien, unterschiedlich schnell. Insbesondere kann dann auch die aktuelle Form der wachsenden Menge, z. B. über eine vorgegebene maximale Oberflächenkrümmung, darauf Einfluss nehmen, ob ein Bildpunkt zum gegenwärtigen Zeitpunkt zur Menge hinzugenommen wird oder nicht.

Die gemeinsame Eigenschaft aller Bereichswachstumsverfahren ist die natürliche Einbeziehung der Zusammenhangsstruktur in den Vorgang der Objekterkennung:  $\text{region}(s, P)$  ist, nach Maßgabe von  $\mathcal{U}$ , stets eine zusammenhängende Menge. Gleichzeitig ist aber die Zusammenhangseigenschaft eine der wichtigsten, da zuverlässigsten Charakteristika des hier behandelten Segmentierproblems. Das Gehirn stellt sich in einem MRI des Kopfes als großes, relativ homogenes und insbesondere zusammenhängendes Gebiet in der Mitte des gescannten Volumens dar. Tatsächlich sollte zumindest die Unterscheidung zwischen Gehirn und umgebendem Gewebe einfach sein, da nur relativ wenige gut bekannte Übergänge zwischen den beiden Gewebeklassen existieren<sup>33</sup>. Bereichswachstumsverfahren bilden aus diesem Grund die Arbeitspferde der Kortextronstruktion. Viele Teilschritte des hier beschriebenen Rekonstruktionsverfahrens schließen jeweils mit dem Einsatz eines geeigneten Region-Growing-Algorithmus ab, um den Zusammenhang des Resultats zu gewährleisten. Darüber hinaus treten Bereichswachstumsverfahren auch als Teilfunktionen anderer Segmentierverfahren auf. Typischerweise besteht dabei die Aufgabe darin, aus einem Binärbild diejenige Zusammenhangskomponente zu extrahieren, zu der der aktuell zu verarbeitende Bildpunkt gehört. Speziell im Rahmen der Thinning-Verfahren (Abschnitt 2.7) werden hierbei Region-Growing-Verfahren eingesetzt, die nur die unmittelbare Umgebung ( $\mathcal{U}_8$  in zweidimensionalen bzw.  $\mathcal{U}_{26}$  in dreidimensionalen Bildern) des behandelten Bildpunktes betrachten (siehe hierzu u. a. Abschnitt 2.7.4). In solchen Verfahren ist das verwendete Homogenitätskriterium denkbar einfach: Je nach Untersuchungsgegenstand akzeptiert  $P$  alle Voxel des Vordergrundes oder aber des Hintergrundes. Solch einfache Bereichswachstumsverfahren sollen im Folgenden zur Unterscheidung von Verfahren, die tatsächlich eine Segmentieraufgabe erfüllen, als *Flood-Filling*-Verfahren bezeichnet werden, ein Begriff der für Bereichswachstumsverfahren im Einsatzgebiet der Mal- und Zeichenprogramme gebräuchlich ist.

## 2.6.2 Klassischer Ansatz

Das einfachste im Rahmen dieser Arbeit entwickelte Bereichswachstumsverfahren realisiert den in der Einleitung beschriebenen queue-orientierten Implementierungsansatz. Als Umgebungsabbildung wird i. Allg. die 26-Umgebung, seltener

---

<sup>33</sup>Dass dies nicht der Fall ist, liegt an der unzureichenden Qualität heutiger MRIs: Rauschen, Partialvolumeneffekt, Feldinhomogenitäten während des Scanvorgangs, Artefakte u. Ä..

(da diese Wahl der Umgebung zur Artefaktbildung neigt) die 6-Umgebung verwendet. Das Homogenitätskriterium ist einfach ein Intervall  $I = [a, b]$  erlaubter Graustufen. Wird also das Verfahren auf ein Bild  $p$  mit Grauwertverteilung  $p$  angewandt, so verwendet der Algorithmus das Prädikat

$$P(x, y, z) = (p(x, y, z) \in I)$$

als Homogenitätskriterium. Komplexe Segmentierstrategien werden in diesem Schema dadurch realisiert, dass das Bereichswachstumsverfahren nicht auf das Originalbild, sondern auf ein davon abgeleitetes Merkmalsbild angewendet wird.

Bereichswachstumsverfahren gehören zu den Segmentierverfahren und realisieren damit, obwohl in ihrer Grundkonzeption sehr einfach, einen komplexen Bildverarbeitungsschritt. Notgedrungen sind auch Anwendungsbeispiele daher etwas komplexer. In diesem und dem nachfolgenden Abschnitt sollen die Konzepte der vorgestellten Region-Growing-Verfahren an dem Eingangsproblem der Kortexrekonstruktion aufgezeigt werden, der Freistellung des Gehirns (siehe Abschnitt 3.3). Bei diesem ersten Schritt geht es darum, das vorgelegte MRI des Kopfes in ein MRI des Gehirns zu verwandeln. Voxel, die zum Gehirn gehören, müssen dabei von Voxeln, die zu anderen anatomischen Strukturen zu rechnen sind, separiert werden. Dabei ist in diesem ersten Schritt die saubere Trennung zwischen Gehirn und Liquorraum ausdrücklich nicht von Bedeutung. Mit dieser Trennung beschäftigen sich erst nachgeordnete Verfahrensschritte, die dann allerdings auch nicht mehr dazu ausgelegt sind, verschiedene Gewebeklassen voneinander zu trennen. Es ist also für die Qualität des Endresultats von großer Bedeutung, dass das Gehirn in diesem ersten Verfahrensschritt sauber aus dem MRI extrahiert wird.

Wie schon in der Einleitung erwähnt, ist die Überlegung, dass das Gehirn eine zusammenhängende Menge von Voxeln eines charakteristischen Graustufenbereichs  $I = [a, b]$  darstellt, die wichtigste Informationsquelle zu Beginn der Kortexrekonstruktion. Hier können Bereichswachstumsverfahren ihre Stärken ausspielen. Andere Verfahren, z. B. konturorientierte Segmentiermethoden, tun sich i. Allg. schwer damit, diese Information geeignet zu berücksichtigen.

Wie die Abbildung 2.31 zeigt, ist das Segmentierproblem allerdings auch für ein Bereichswachstumsverfahren unerwartet schwierig. Obwohl der gewählte Graustufenbereich (alle Voxel dieses Bereichs sind in der Abbildung farbig markiert) im Wesentlichen nur den Bereich der weißen Hirnsubstanz umfasst, existieren innerhalb der so charakterisierten Voxelmenge offensichtlich noch so viele Verbindungen zwischen dem Gehirn und den umgebenden Gewebestrukturen, dass das in Blau gezeichnete Ergebnis des Region-Growing-Prozesses auch weite Teile des Nicht-Gehirngewebes umfasst. Dieses einfache Verfahren ist also (zumindest ohne umfangreiche Vorverarbeitungsschritte) nicht in der Lage, die gestellte Aufgabe zu lösen.

Um erweiterte Segmentierschemata innerhalb eines Region-Growing-Prozesses realisieren zu können, wurde das Konzept des schichtorientierten Bereichswachs-

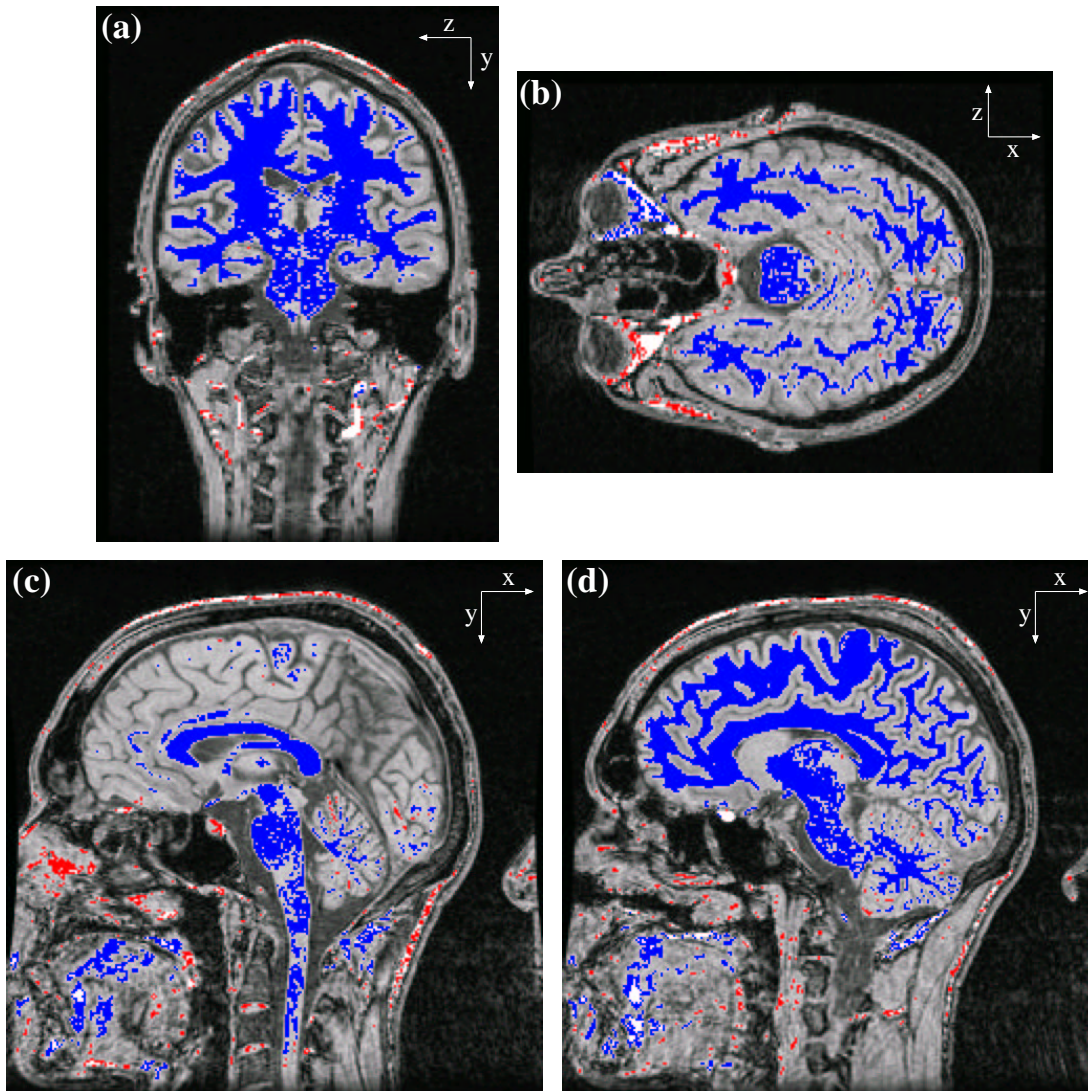


Abbildung 2.31: Anwendung eines einfachen Bereichswachstumsverfahrens auf das MRI der Abbildung 2.26. Als Homogenitätskriterium wurde hier ein Graustufenintervall  $I_{\text{weiß}}$  ausgewählt, welches die zur weißen Hirnsubstanz gehörigen Voxel charakterisiert. Alle Voxel mit einer Graustufe aus  $I_{\text{weiß}}$  sind in den Schnittbildern farbig markiert (blau und rot). Als Saatpunkt diente ein nicht gesondert gekennzeichnete, farbiger Voxel aus dem Bereich der weißen Hirnsubstanz. Das Ergebnis des Bereichswachstumsverfahrens ist in Blau eingezeichnet. Voxel, die zwar zu  $I_{\text{weiß}}$  gehören, aber vom Region-Growing-Prozess nicht erreicht wurden (also nicht zur gleichen Zusammenhangskomponente wie der Saatpunkt gehören) sind rot markiert.

tumsverfahrens entwickelt. Der Region-Growing-Prozess unterteilt sich hierbei in einzelne Iterationsschritte, bei denen nur jeweils eine einzelne neue Schicht von Voxeln zur Wachstumsmenge hinzugenommen wird.

Sei  $\mathcal{R}_i$  das Ergebnis des Wachstumsprozesses nach dem  $i$ -ten Iterationsschritt und sei  $P$  das zugrunde liegende Homogenitätskriterium. Dann bestimmt sich das Resultat des  $(i + 1)$ -ten Schrittes zu

$$\mathcal{R}_{i+1} = \Gamma_P(\mathcal{R}_i) \stackrel{\text{def}}{=} \mathcal{R}_i \cup \left\{ \mathbf{r} \in \mathcal{R}_i^c : \mathcal{U}_6(\mathbf{r}) \cap \mathcal{R}_i \neq \emptyset \wedge P(\mathbf{r}) \right\}.$$

Zur Parametrisierung des Prozesses wird kein einzelnes, konstantes Homogenitätskriterium verwendet, sondern eine Folge von Tupeln  $\langle (P_0, \lambda_0), (P_1, \lambda_1), \dots, (P_{m-1}, \lambda_{m-1}) \rangle$ ,  $m \in \mathbb{N}$ , bestehend jeweils aus einem Homogenitätskriterium  $P_k$  und einer maximalen Anzahl von Iterationsschritten  $\lambda_k \in \mathbb{N} \cup \{\infty\}$ . Der Region-Growing-Prozess besteht dann aus einer Folge von Mengen  $(\mathcal{R}_i)_{i \in \mathbb{N}_0}$ , deren Startmenge  $\mathcal{R}_0$  mit den jeweiligen Saatpunkten initialisiert wird und deren Wachstum folgendem Schema gehorcht:

$$\begin{array}{c} \mathcal{R}_0 \\ \underbrace{\xrightarrow{\Gamma_{P_0}} \mathcal{R}_1 \xrightarrow{\Gamma_{P_0}} \dots \xrightarrow{\Gamma_{P_0}} \mathcal{R}_{s_1}}_{\lambda_0 \times} \\ \dots \\ \underbrace{\xrightarrow{\Gamma_{P_k}} \mathcal{R}_{s_k+1} \xrightarrow{\Gamma_{P_k}} \dots \xrightarrow{\Gamma_{P_k}} \mathcal{R}_{s_{k+1}}}_{\lambda_k \times} \\ \dots \\ \underbrace{\xrightarrow{\Gamma_{P_{m-1}}} \mathcal{R}_{s_{m-1}+1} \xrightarrow{\Gamma_{P_{m-1}}} \dots \xrightarrow{\Gamma_{P_{m-1}}} \mathcal{R}_{s_m}}_{\lambda_{m-1} \times} \end{array}$$

Ist  $\lambda_k = \infty$ , so wird  $\Gamma_{P_k}$  solange angewandt, bis die Folge stationär wird:  $\mathcal{R}_{s_{k+1}-1} = \mathcal{R}_{s_{k+1}}$ . Ist  $\lambda_k < \infty$ , so wird die Folge der  $\Gamma_k$ -Anwendung zwangsweise nach  $\lambda_k$  Schritten (d. h. nach  $\lambda_k$  neu hinzugefügten Schichten) abgebrochen.

Die Familie von Prädikaten

$$P(\mathbf{r}; I, \rho) = (p(\mathbf{r}) \in I \wedge |\{\mathbf{u} \in \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) : p(\mathbf{u}) \in I\}| \geq \rho)$$

bildet eine einfache, aber robuste Klasse von Homogenitätskriterien, die im Rahmen dieses Bereichswachstumsverfahrens angewendet werden kann.  $P(\mathbf{r}; I, \rho)$  akzeptiert einen Bildpunkt  $\mathbf{r}$  genau dann, wenn  $\mathbf{r}$  eine Graustufe aus  $I$  besitzt und wenn zusätzlich die Graustufen von mindestens  $\rho$  Nachbarn ebenfalls aus diesem Intervall stammen.

Die Begrenzung auf Bildpunkte mit mindestens  $\rho$  Nachbarn der gleichen Art verhindert, dass das Bereichswachstumsverfahren dünne Übergänge nutzen kann, um den Bereich des Gehirns zu verlassen. Das Kriterium verhindert allerdings

auch, dass das Region-Growing-Verfahren den Rand des über  $I$  spezifizierten Bereichs erreicht. Um auch diese Randzone in das Segmentierergebnis einfließen zu lassen, kann dem eigentlichen Wachstumsprozess ein zusätzlicher einzelner Iterationsschritt angehängt werden, der auf dem gleichen  $I$  operiert, aber  $\rho = 0$  verwendet. Ein solcher Aufruf des Bereichswachstumsverfahrens würde also mit dem Tupel

$$\langle (P(I, \rho), \infty), (P(I, 0), 1) \rangle$$

parametrisiert werden.

Ein Beispiel hierzu ist in Abbildung 2.32 gezeigt. Für  $I$  wurde wiederum ein Graustufenintervall verwendet, das für die weiße Hirnsubstanz typisch ist. Allerdings operiert das Bereichswachstumsverfahren hier nicht direkt auf dem Original-MRI, sondern auf einer gaußgefilterten Version (Abbildung 2.27). Diese Filterung trägt dazu bei, dünne Übergänge zu löschen, könnte aber allein den Übergriff eines einfachen Bereichswachstumsverfahrens (wie es z. B. im Rahmen der Abbildung 2.31 angewandt wurde) auf große Teile des Nicht-Hirnbereichs nicht stoppen. In Zusammenarbeit mit dem gerade beschriebenen schichtorientierten Verfahren kann die weiße Hirnsubstanz<sup>34</sup> nun aber erfolgreich segmentiert werden, wie die Abbildung 2.32 zeigt. Das Ergebnis eines gemäß  $\langle (P(I, \rho), \infty), (P(I, 0), 1) \rangle$  parametrisierten schichtorientierten Region-Growing-Prozesses (im Beispiel wurde  $\rho = 20$  verwendet) ist hier in Hellblau in die einzelnen Schnittbilder eingetragen.

Eine Segmentierung des gesamten Gehirns kann auf diese Weise aber nicht erreicht werden. Wird  $I$  um den Bereich der Graustufen der grauen Hirnsubstanz  $I_{\text{grau}}$  erweitert, so entstehen Übergänge, die zu breit sind, um sie mit dem obigen Ansatz entfernen zu können. In den weiteren Iterationsschritten wird daher nicht direkt ein Wachstumsprozess mit  $I_{\text{grau}} = [a, b]$  versucht, sondern dieser Prozess wird in eine Folge von  $n$  Schritten gemäß der Grauwertintervalle

$$I_{\text{grau}}^{(k)} = \left[ a + k \frac{b-a}{n} - \delta, a + (k+1) \frac{b-a}{n} + \delta \right], \quad k = 0, \dots, (n-1)$$

aufgeteilt. Wird hier  $\delta$  gleich 0 gesetzt, so bilden diese Intervalle gerade eine Unterteilung von  $I_{\text{grau}}$  in  $n$  Teilintervalle. Mit  $\delta > 0$  ergeben sich Überlappungen.

---

<sup>34</sup>Im Rahmen der Beschreibung von Segmentierstrategien werden die Begriffe *weiße* und *graue Hirnsubstanz* häufig in einem stärker pragmatischen als anatomisch korrekten Sinne verwendet. Für Verfahren, deren primäres Ziel die Rekonstruktion der Gehirnoberfläche ist, hat die Trennung zwischen weißer und grauer Hirnsubstanz aber nur verfahrenstechnische Bedeutung: Die weiße Hirnsubstanz dient hier als leichter zu segmentierendes Modell für das gesamte Gehirn. In diesem Sinne kann eine Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz auch dann noch als „gut“ bewertet werden, wenn ein Anatom eine Reihe von Überschneidungen mit der grauen Hirnsubstanz kritisieren müsste. Eine schärfere Begriffsbildung wäre hier vielleicht angebracht, allerdings charakterisiert der Begriff „Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz“ die verfahrenstechnischen Anstrengungen recht gut, nur ist für die Bewertung des Endergebnisses die Möglichkeit der erfolgreichen Weiterverarbeitung wichtiger als die vollständige anatomische Korrektheit.



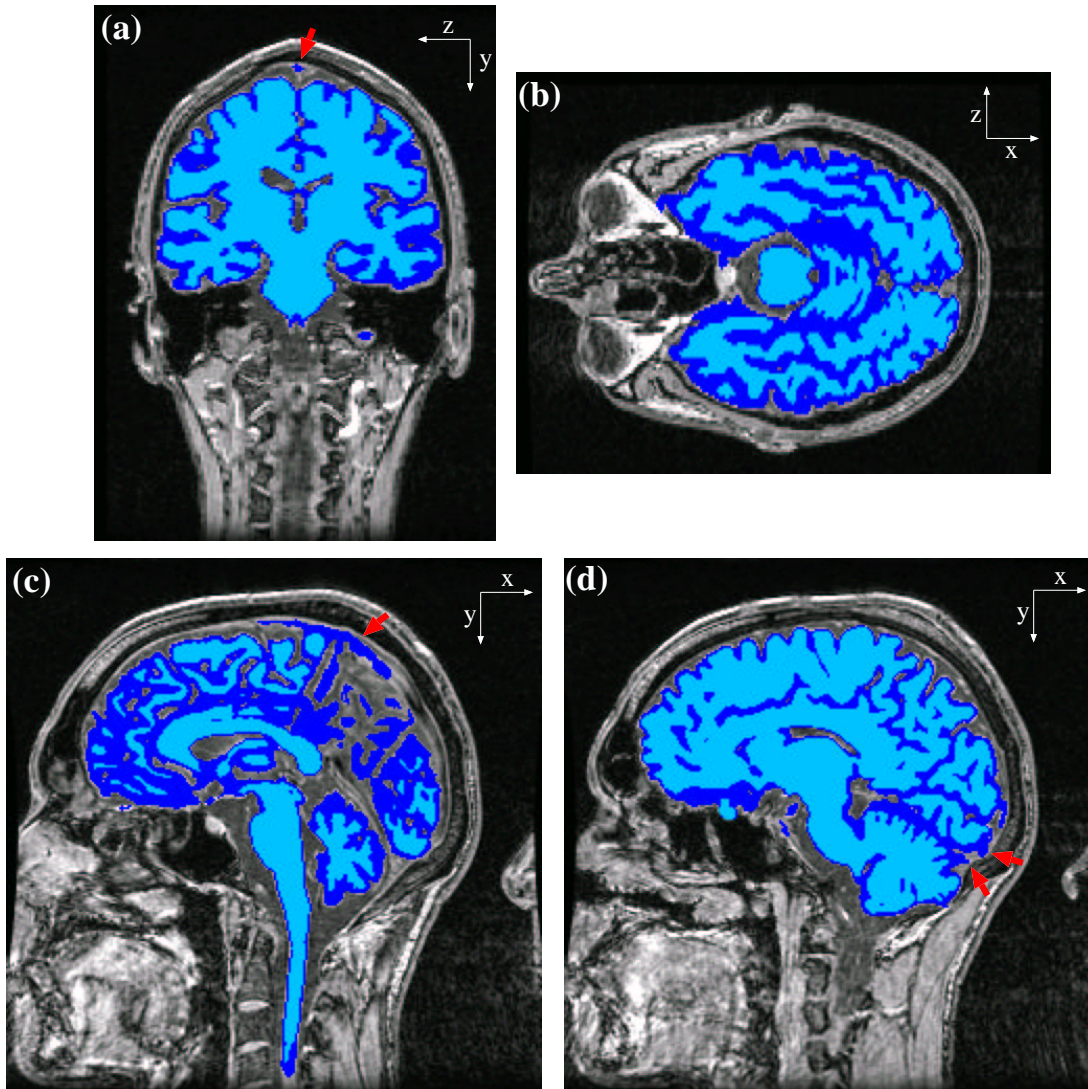


Abbildung 2.32: Anwendung des schichtorientierten Bereichswachstumsverfahrens auf das MRI der Abbildung 2.27. Das Verfahren gliedert sich grob in zwei Teilschritte, wobei der erste (in Hellblau dargestellt) eine Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz versucht und der zweite (dunkelblau) hiervon ausgehend die graue Hirnsubstanz segmentiert. Die roten Pfeile deuten auf einige Überläufe des Bereichswachstumsverfahrens in den Bereich der Hirnhaut hin.

Der gesamte Segmentierprozess wird also über folgendes Tupel parametrisiert:

$$\langle (P(I_{\text{weiß}}, \rho), \infty), (P(I_{\text{weiß}}, 0), 1), \\ (P(I_{\text{grau}}^{(0)}, \rho), \infty), \dots, (P(I_{\text{grau}}^{(n-1)}, \rho), \infty), (P(I_{\text{grau}}, 0), 1) \rangle$$

Die Zerlegung von  $I_{\text{grau}}$  in  $n$  überlappende Teilintervalle begründet sich in der Beobachtung, dass, ganz besonders nach einer Filterung mit einem Gauß-Tiefpass, die Graustufen monoton zum Rand des Gehirns hin abfallen. Sollten die Graustufen also zu irgendeinem Zeitpunkt wieder ansteigen, so ist der Rand des Gehirnbereichs überschritten worden. Da diese Regel natürlich nicht streng gilt, muss für die  $I_k$  ein genügend großer Überlappungsbereich vorgesehen werden. Trotzdem kann das Kriterium an manchen Stellen noch zu restriktiv sein und Lücken in der Ergebnismenge verursachen. Um Probleme dieser Art zu behandeln, wird ähnlich wie im vorangegangenen Teilschritt vorgegangen: Der Wachstumsprozess wird mit einer einzelnen Iteration beendet, die nun aber  $I_{\text{grau}}$  als Homogenitätskriterium nutzt.

Die neu hinzugewonnenen Voxel sind in der Abbildung 2.32 in Dunkelblau gekennzeichnet. Offensichtlich ist das Resultat im Wesentlichen akzeptabel. Allerdings kommen an einigen Stellen Überläufe in den Bereich der Hirnhaut vor (z. B. an dem mit den roten Pfeilen gekennzeichneten Stellen), die in nachfolgenden Segmentierschritten eventuell nicht mehr korrigiert werden können.

### 2.6.3 Konturorientierter Ansatz

Segmentiermodelle, die *deformierbare Konturen* [82, 158, 159, 33], auch *aktive Konturen*<sup>35</sup> genannt, einsetzen, verfolgen im Kern einen ähnlichen Ansatz wie die Bereichswachstumsverfahren, nämlich die Segmentierung eines Objekts mit Hilfe eines gesteuert wachsenden Bildbereichs. Aktive Kontur-Modelle deformieren eine Konturlinie (2D) bzw. eine Oberfläche (3D) unter der Einwirkung innerer Kräfte, die sich aus der „Physik“ der Kontur ableiten, und äußerer Kräfte, die aus dem vorgelegten Bild berechnet werden, bis sich die deformierbare Struktur schließlich der gesuchten Objektgrenze, hier z. B. der Hirnoberfläche, anschmiegt. Typischerweise wird der Prozess der Deformation einer Kontur  $\mathcal{C}$  als Minimierungsaufgabe über ein vorgegebenes Energiefunktional formuliert:

$$E(\mathcal{C}) = E_i(\mathcal{C}) + E_e(\mathcal{C}).$$

Hierbei beschreibt  $E_i$  die interne Deformationsenergie, während der Energieterm  $E_e$ , häufig ein Potential, sich aus dem zu segmentierenden Bild ableitet und über seine lokalen Minima die gewünschte Zielstruktur charakterisiert. Die Digitalisierung dieses Ansatzes kann auf verschiedene Weise erfolgen. Im Dreidimensionalen

<sup>35</sup>Im Zweidimensionalen ist auch der Begriff *Snake* gebräuchlich.



wird die deformierbare Oberfläche häufig als Dreiecksnetz modelliert, dessen Knoten (Eckpunkte der Einzeldreiecke) unter dem Einfluss der internen und externen Kräfte verschoben werden. Die Verschiebung eines Knotens  $\mathbf{r}_k$  erfolgt dabei in jedem Iterationsschritt proportional zu  $-\nabla_{\mathbf{r}_k} E(\mathcal{C})$ , was häufig zu einer lokalen Formulierung führt, in der sich die interne Kraft aus der Beziehung des Knotens  $\mathbf{r}_k$  zu seinen unmittelbaren Nachbarn  $\mathcal{U}_k$  ergibt, und in der die externe Kraft eine Funktion des Grauwertgradienten des betrachteten Bildes  $\mathbf{p}$  ist:

$$\mathbf{r}_k \longrightarrow \mathbf{r}_k + \sum_{\mathbf{u} \in \mathcal{U}_k} f_i(\mathbf{u} - \mathbf{r}_k) + f_e(\nabla p(\mathbf{r}_k)).$$

Sowohl Bereichswachstumsverfahren als auch Kontur-Modelle segmentieren ihre Zielobjekte, indem sie eine initiale Volumenstruktur so lange deformieren, bis sich diese Struktur dem zu segmentierenden Objekt angeschmiegt hat. Kontur-Ansätze erreichen hierbei i. Allg. eine höhere Flexibilität als gewöhnliche Bereichswachstumsverfahren. Die Stärke der Bereichswachstumsverfahren liegt aber in ihrem konzeptionsbedingt direkteren Zugang zu dem sich dynamisch verändernden Volumen. Da Kontur-Verfahren das zugrunde liegende Volumen nur indirekt über seine Oberfläche, also gewöhnlich über ein Dreiecksnetz, beschreiben, ergeben sich spezifische Schwierigkeiten im Rahmen der Verwaltung dieser Struktur. So muss bei der Deformierung eines Dreiecksnetzes dafür Sorge getragen werden, dass das Netz zu jedem Zeitpunkt eine wohldefinierte Oberfläche bildet, dass sich also insbesondere keine Dreiecke gegenseitig durchdringen. Eine Forderung, die u. U. nur mit großen Schwierigkeiten zu erfüllen ist. Ein anderes Problem kann die topologische Unveränderlichkeit dieses Ansatzes darstellen. Durch einfaches Deformieren kann ein Dreiecksnetz seine topologische Struktur nicht ändern. Das bedeutet, dass die Topologie des Endresultats entweder schon zum Zeitpunkt der Initialisierung der Kontur bekannt sein muss, oder aber Möglichkeiten geschaffen werden müssen, das Netz während des Deformationsprozesses umzubauen. Eine Operation, die keineswegs trivial ist. Auch sollte das Netz schon relativ nahe an der gesuchten Objektgrenze initialisiert werden; zum einen, da eine Deformation über weite Strecken außerordentlich zeitaufwändig ist, zum anderen aber, da eine starke Veränderung der durch das Dreiecksnetz beschriebenen Oberfläche i. Allg. eine Neu-Triangularisierung nötig macht, um die optimale Anzahl der Dreiecke pro Flächeneinheit aufrecht zu erhalten. Ebenfalls ein komplexes Problem.

Um den geringen Verwaltungsaufwand der Bereichswachstumsverfahren mit der Flexibilität von Kontur-Modellen kombinieren zu können, wurde hier ein erweitertes Schema für Bereichswachstumsverfahren entwickelt, das in der Lage ist, zumindest einen Teil der Flexibilität zu nutzen, die Kontur-Verfahren auszeichnen. Bereichswachstumsverfahren dieser Art sollen im Weiteren als *konturorientierte Bereichswachstumsverfahren* (bzw. als *konturorientierte Region-Growing-Verfahren*) bezeichnet werden.

Sei eine Abbildung  $\omega : \mathbb{Z}^3 \rightarrow [0, 1]$  und eine Nachbarschaftsbeziehung  $\mathcal{U} \in$

$\{\mathcal{U}_6, \mathcal{U}_{26}\}$  gegeben, dann induziert die Abbildung  $\omega$  eine Menge

$$\mathcal{K}_\omega \stackrel{\text{def}}{=} \{\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^3 : \omega(\mathbf{r}) = 1\},$$

dessen Rand über

$$\partial\mathcal{K}_\omega \stackrel{\text{def}}{=} \{\mathbf{r} \in \mathcal{K}_\omega : \mathcal{U}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{K}_\omega^c \neq \emptyset\}$$

festgelegt sei. Eine zusätzliche Randzone um  $\mathcal{K}_\omega$  herum werde über das Symbol

$$\partial^2\mathcal{K}_\omega \stackrel{\text{def}}{=} \{\mathbf{r} \in \mathcal{K}_\omega^c : \mathcal{U}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{K}_\omega \neq \emptyset\}$$

bezeichnet. Ein konturorientiertes Bereichswachstumsverfahren ist nun als iterativer Prozess definiert, der auf den Elementen der Menge

$$\Omega = \left\{ \omega : \mathbb{Z}^3 \rightarrow [0, 1] \mid \omega(\partial^2\mathcal{K}_\omega) = [0, 1) \wedge \omega\left(\left(\mathcal{K}_\omega \cup \partial^2\mathcal{K}_\omega\right)^c\right) = \{0\} \right\}$$

operiert:

$$\left( (\omega_i)_{i \in \mathbb{N}_0}, \quad \omega_i \in \Omega \quad \forall i \in \mathbb{N}_0. \right)$$

Die Interpretation der  $\omega_i$  kann auf verschiedene Weise erfolgen. So kann  $\omega_i$  als Mitgliedsgrad im Sinne der *Fuzzy-Set-Theorie* [19] aufgefasst werden.  $\omega_i$  beschreibt dann das zu deformierende Volumen als „unscharfe“ Menge, dessen Kern von den Punkten mit Mitgliedsgrad 1, also von den Punkten aus  $\mathcal{K}_{\omega_i}$ , gebildet wird. Die Elemente der Menge  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$  stellen in diesem Sinne Elemente mit geringerem Zugehörigkeitsgrad dar, während alle übrigen Punkte einen Mitgliedsgrad von 0 aufweisen, also im klassischen Sinne nicht zur Wachstumsmenge gehören.

$\omega_i$  kann aber ebenso als Grauwertverteilung eines digitalen Bildes aufgefasst werden. Man kann sich dabei vorstellen, dass das Bereichswachstumsverfahren im Prinzip eine kontinuierliche Menge  $\mathcal{V}_i \subseteq \mathbb{R}^3$  manipuliert, von der  $\omega_i$  ein digitalisiertes Abbild darstellt. Beschreibt  $\Delta x \times \Delta y \times \Delta z$  die Ausdehnung der Voxel im von  $\omega_i$  induzierten Bild, so kann  $\omega_i$  eindeutig aus  $\mathcal{V}_i$  abgeleitet werden<sup>36</sup>:

$$\omega_i(x_0, y_0, z_0) = \frac{1}{\Delta x \Delta y \Delta z} \int_{x_0 - \frac{\Delta x}{2}}^{x_0 + \frac{\Delta x}{2}} \int_{y_0 - \frac{\Delta y}{2}}^{y_0 + \frac{\Delta y}{2}} \int_{z_0 - \frac{\Delta z}{2}}^{z_0 + \frac{\Delta z}{2}} 1_{\mathcal{V}_i}(x, y, z) \, dx dy dz.$$

Die Rekonstruktion von  $\omega_i$  aus  $\mathcal{V}_i$  ist natürlich nicht mehr eindeutig. Allerdings können zur Bestimmung der Eigenschaften von  $\mathcal{V}_i$  alle Methoden eingesetzt werden, die die digitale Bildverarbeitung für die Rekonstruktion von Bildobjekten hervorgebracht hat (z. B. können Oberflächennormalen durch Kantenoperatoren wie dem Sobel-Operator [1] geschätzt werden).

---

<sup>36</sup> $1_{\mathcal{M}}$  bezeichne hier die *Indikatorfunktion* von  $\mathcal{M}$ :  $1_{\mathcal{M}}(\mathbf{r}) = \begin{cases} 1 & \text{falls } \mathbf{r} \in \mathcal{M}, \\ 0 & \text{sonst.} \end{cases}$

In einer dritten, mehr technischen Interpretation, bilden nur die Elemente der Menge  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  das zu deformierende Volumen. Alle Elemente aus  $\mathcal{K}_{\omega_i}^c$ , einschließlich  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$ , gehören nicht zur repräsentierten Menge. Sei nun  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^3$  ein beliebiger Bildpunkt, so liefert der Bereichswachstumsprozess für diesen Punkt eine monoton steigende Folge  $((\omega_i(\mathbf{r}))_{i \in \mathbb{N}_0})$  von Werten aus  $[0, 1]$ , die angibt, ob, und wenn ja, zu welchem Zeitpunkt, das Bereichswachstumsverfahren entschieden hat,  $\mathbf{r}$  zum zu segmentierenden Objekt hinzuzurechnen<sup>37</sup>. Die Ableitung<sup>38</sup>  $\frac{\partial}{\partial i}\omega_i(\mathbf{r})$  gibt dabei die Geschwindigkeit an, in der das Verfahren in den Punkt  $\mathbf{r}$  hineinwächst. Tatsächlich ist dies der Schlüssel zur Parametrisierung des Verfahrens:  $\frac{\partial}{\partial i}\omega_i(\mathbf{r})$  sollte für jedes  $i$  ein Maß für die „Wahrscheinlichkeit“ sein, dass  $\mathbf{r}$ , in Abhängigkeit vom bearbeiteten Bild und der lokalen Konfiguration von  $\omega_i$ , ein Teil des zu segmentierenden Objektes ist.

Die letzte Interpretation ist am bedeutsamsten, da sie die technische Realisierung eines konturorientierten Bereichswachstumsverfahrens widerspiegelt. Tatsächlich muss am Ende des Wachstumsprozesses eindeutig sein, ob ein bestimmter Bildpunkt zum zu segmentierendem Objekt gehört oder nicht. Die Werte aus  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$  könnten natürlich über einen Schwellenwert (z.B.  $\omega_i(\mathbf{r}) \geq 0.5$ ) bewertet werden. Letztlich sollte eine solche Entscheidung aber innerhalb des Bereichswachstumsprozesses getroffen werden. Die Bedeutung der anderen Interpretationen liegt in der Bereitstellung von Modellvorstellungen, aus denen Regeln für die lokale Wachstumsgeschwindigkeit abgeleitet werden können. So erlaubt beispielsweise die Interpretation als Grauwertbild die Anwendung aller für die digitale Bildverarbeitung entwickelter Differentialoperatoren. Mit Hilfe dieser Informationen kann ein Bereichswachstumsprozess dann z. B. sicherstellen, dass das kontrollierte Volumen nur in einer Weise wächst, bei der die Oberfläche der Wachstumsmenge vorgegebene Anforderungen hinsichtlich Glattheit und Krümmung einhält. In diesem Sinne schließen die verschiedenen Interpretationsmöglichkeiten für die  $\omega_i$  sich keineswegs gegenseitig aus.

Abbildung 2.33 verdeutlicht die grundsätzliche Wachstumsstrategie: Die Menge  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  wächst aus ihren Randpunkten  $\partial\mathcal{K}_{\omega_i}$  heraus in die Wachstumszone  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$  hinein. Sei  $\mathbf{r}_0$  ein Punkt aus  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$  und seien  $\mathbf{r}_1, \dots, \mathbf{r}_n \in \mathcal{U}(\mathbf{r}_0) \cap \partial\mathcal{K}_{\omega_i}$ ,  $n = |\mathcal{U}(\mathbf{r}_0) \cap \partial\mathcal{K}_{\omega_i}|$ , die unmittelbaren Nachbarn von  $\mathbf{r}_0$  in  $\mathcal{K}_{\omega_i}$ . Das Wachstum wird dann durch eine „Geschwindigkeitsfunktion“  $v(\mathbf{r}_0, \mathbf{r}_k; \mathbf{p}, \mathcal{K}_{\omega_i})$  kontrolliert, die aus der Beziehung zwischen  $\mathbf{r}_0$  und seinem Nachbarpunkt  $\mathbf{r}_k$ ,  $k = 1, \dots, n$ , unter Berücksichtigung der lokalen Konfiguration des zu segmentierenden Bildes  $\mathbf{p}$  und der aktuellen Wachstumsmenge  $\mathcal{K}_{\omega_i}$ , einen „Einstrom“ in den Punkt  $\mathbf{r}_0$ , d. h. eine Erhöhungsrate für  $\omega_i(\mathbf{r}_0)$ , festlegt. Der durch  $v$  vermittelte Einstrom wird

<sup>37</sup>Im Prinzip spricht nichts dagegen, in  $((\omega_i(\mathbf{r}))_{i \in \mathbb{N}_0})$  auch fallende Sequenzen zuzulassen. Dies würde bedeuten, dass das kontrollierte Volumen einmal okkupierte Bildpunkte auch wieder freigeben könnte, was das Verfahren ein Stück näher an die Möglichkeiten der Kontur-Modelle brächte. Bereichswachstumsverfahren dieser Art wurden aber im Rahmen dieser Arbeit noch nicht untersucht.

<sup>38</sup> $\frac{\partial}{\partial i}$  symbolisiere hier einen geeigneten digitalen Differentialoperator.

dabei zusätzlich durch den Abstand der beiden Voxel,  $\|\mathbf{r}_0 - \mathbf{r}_k\|_p$ , gewichtet, um auf diese Weise die realen Abstandsverhältnisse auf  $\mathbf{p}$  mit einfließen zu lassen:

$$\omega_{i+1}(\mathbf{r}_0) = \min \left( 1, \omega_i(\mathbf{r}_0) + \sum_{k=1}^n \frac{v(\mathbf{r}_0, \mathbf{r}_k)}{\|\mathbf{r}_0 - \mathbf{r}_k\|_p} \right).$$

In ihrer einfachsten Form hängt  $v(\mathbf{r}_0, \mathbf{r}_k)$  nur vom Grauwert des Bildes  $\mathbf{p}$  an der Stelle  $\mathbf{r}_0$  ab:

$$v(\mathbf{r}_0, \mathbf{r}_k) = \frac{1}{f_c(p(\mathbf{r}_0))}.$$

$f_c$  ist hierbei eine stückweise lineare Funktion, die das Bereichswachstumsverfahrens parametrisiert. Aufgrund ihrer Position im Nenner, soll sie im Folgenden als „Verzögerungsfunktion“ bezeichnet werden.

Eine exemplarische Anwendung zeigt die Abbildung 2.34. Das Bereichswachstumsverfahren sollte hier wiederum den Gehirnbereich aus dem in 2.26 gezeigten MRI extrahieren. Der Anwendung des Wachstumsverfahrens ging eine Gaußfilterung mit  $\sigma = 1$  (Abbildung 2.27) voraus. Als Startmenge wurde kein einzelner Saatpunkt, sondern die in den Schnitten der Abbildung 2.32 in Hellblau markierte Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz verwendet. Als Nachbarschaftsbeziehung wurde  $\mathcal{U}_6$  vereinbart. Die gewählte Verzögerungsfunktion  $f_c$  ist in 2.35(a) gezeigt. Es wurden hier zwei Stützstellen  $c_1$  und  $c_2$  verwendet, die im Wesentlichen das für die graue Hirnsubstanz charakteristische Grauwertintervall  $I_{\text{grau}} = [c_1, c_2]$  umfassen. Die Verzögerung für den unteren Wert  $c_1$  wurde auf einen geringen, die Verzögerung für den oberen Intervallwert  $c_2$  auf einen sehr viel höheren Wert gesetzt. Für Voxel mit Grauwerten außerhalb von  $I_{\text{grau}}$  ist  $f_c$  auf  $\infty$  gesetzt, diese Voxel können also niemals Bestandteil der Segmentierung werden. Nach 100 Iterationen wurde der Wachstumsprozess abgebrochen. Das Resultat, also die Menge  $\mathcal{K}_{\omega_{100}}$ , ist in Abbildung 2.34 den Schnittbildern in Blau überlagert.

Offensichtlich konnte ein Übergriff auf Nicht-Gehirngewebe im Wesentlichen verhindert werden. Aufgrund der geringen Wachstumsgeschwindigkeit für Voxel mit Graustufen in der Nähe der für die weiße Hirnsubstanz charakteristischen Grauwerte waren 100 Iterationen nicht ausreichend, die Übergänge zwischen Gehirn und Nicht-Gehirngewebe (z. B. die Sehnerven) zu nutzen. Hinzu kommt, dass aufgrund der Modellvorstellung, dass das Wachstum aus den Randpunkten  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  zu erfolgen habe, Voxel mit wenig Nachbarn, also mit nur wenig Einstromquellen, auch nur sehr langsam okkupiert werden. Das Verfahren überwindet dünne Übergänge also nur sehr schwer. Die resultierende Geschwindigkeitsfunktion ist in der Abbildung 2.35(b) gezeigt. Ihre  $1/x$ -Charakteristik bewirkt einen schnellen Abfall der Wachstumsgeschwindigkeit in Richtung höherer Graustufen. Ein linearer Abfall wäre nicht ausreichend. Typischerweise wird das Verfahren durch Angabe einiger weniger Bewertungen für charakteristische Graustufen, hier der minimale und der maximale Wert des Intervalls  $I_{\text{grau}}$ , parametrisiert. Die  $1/x$ -Kennlinie bewirkt dann die Umsetzung in geeignete Geschwindigkeitsverläufe.

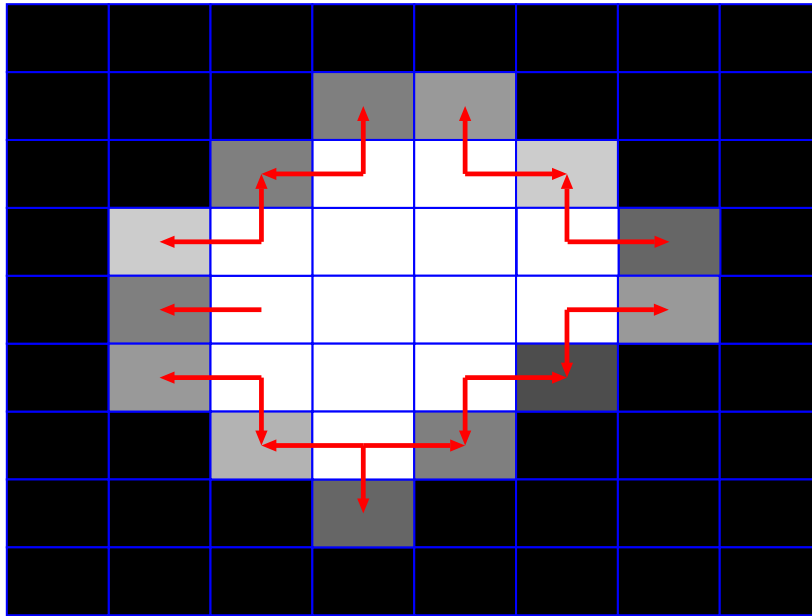


Abbildung 2.33: Veranschaulichung des Wachstumsprozesses beim konturorientierten Bereichswachstumsverfahren. Die Abbildung zeigt einen Schnitt durch ein dreidimensionales Bild, dessen Graustufen die Werte einer Zugehörigkeitsfunktion  $\omega_i \in \Omega$  darstellen: 0 entspricht schwarz, 1 weiß und Zwischenwerte werden durch Graustufen repräsentiert. Als Nachbarschaftsbeziehung ist hier  $\mathcal{U} = \mathcal{U}_6$  gewählt. Zwischen den weißen Voxeln des bereits okkupierten Gebiets  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  und den schwarzen Voxeln des vom Bereichswachstumsverfahren noch unberücksichtigten Gebiets liegt die genau ein Voxel breite Wachstumszone  $\partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}$ , dessen Voxel in der Abbildung in verschiedenen Graustufen dargestellt sind.  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  wächst entlang der roten Pfeile aus den Randbereich  $\partial \mathcal{K}_{\omega_i}$  in den Wachstumsbereich  $\partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}$  hinein. Da hier  $\mathcal{U} = \mathcal{U}_6$  gewählt ist, treten nur achsenparallele Wachstumspfeile auf. Der Wert von  $\omega_i$ , bzw. in der Abbildung die Graustufe, gibt an, wie weit  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  schon in das entsprechende Voxel aus  $\partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}$  „hineingewachsen“ ist: Sehr helle Voxel stehen daher kurz vor ihre Übernahme in diese Menge. Die genaue Wachstumsgeschwindigkeit hängt von verschiedenen Faktoren ab (insbesondere von der Graustufe des Zielvoxels). Bei ansonsten gleichen Bedingungen wächst  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  aber um so schneller in ein Voxel hinein, je mehr Voxel aus  $\partial \mathcal{K}_{\omega_i}$  unmittelbare Nachbarn dieses Voxels sind, also je mehr der roten Pfeile auf das fragliche Voxel zeigen. Dies führt insbesondere zu einer glatteren Oberfläche für  $\mathcal{K}_{\omega_i}$ . Um ein gleichmäßiges Wachstum auch bei anisotropen Voxeldimensionen (wie in der Abbildung) zu erreichen, ist die Wachstumsgeschwindigkeit zusätzlich umgekehrt proportional zur Länge der Pfeile. Bei ansonsten gleichen Bedingungen würde  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  daher trotz der unterschiedlichen Voxelausdehnung gleich schnell in horizontaler wie in vertikaler Richtung wachsen.



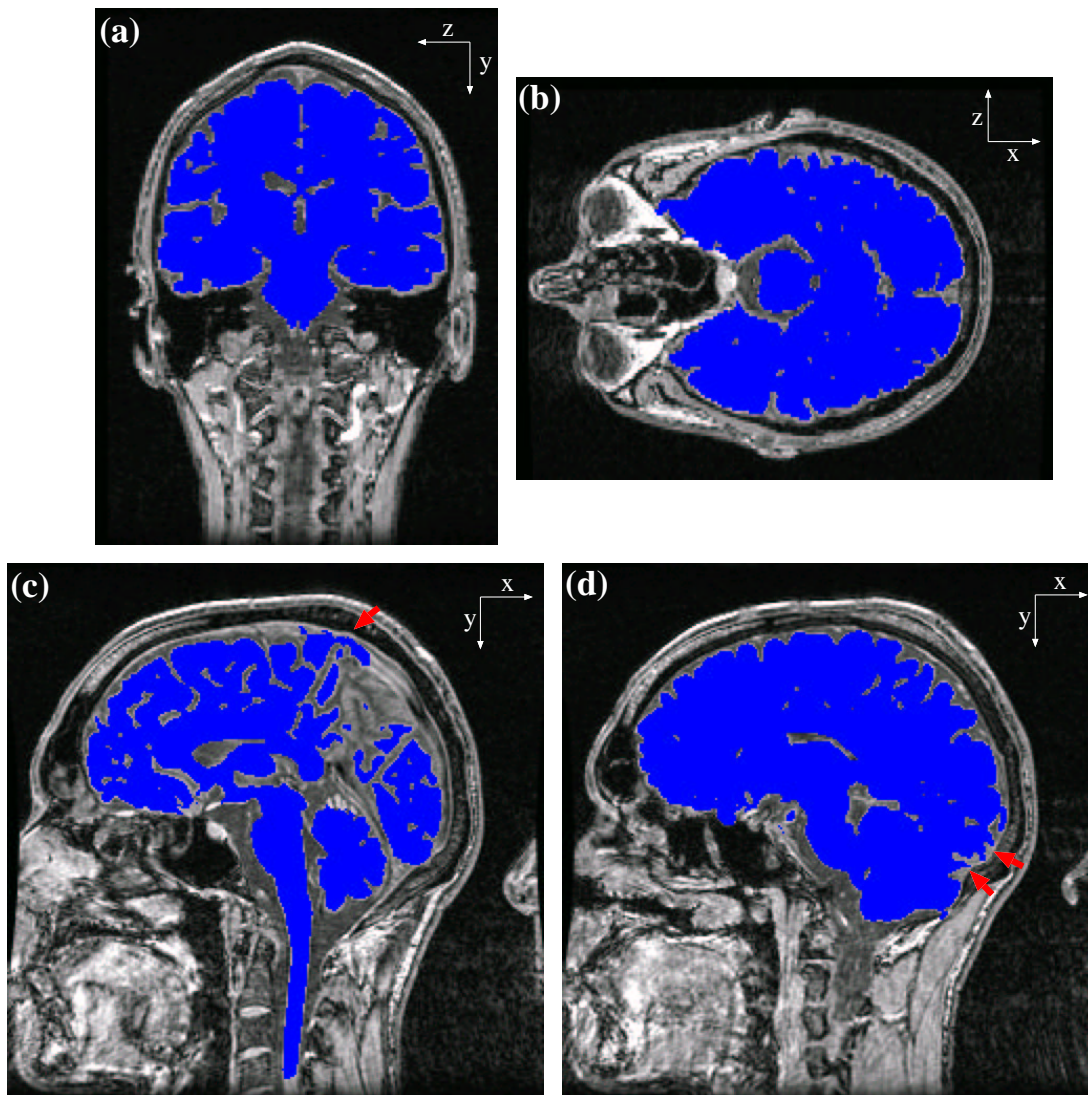


Abbildung 2.34: Anwendung des konturorientierten Bereichswachstumsverfahrens auf das MRI der Abbildung 2.26. Abbildung 2.35 zeigt den Verlauf der zugrunde liegenden Verzögerungsfunktion  $f_c$ . Die roten Pfeile deuten auf einige Überläufe des Bereichswachstumsverfahrens in den Bereich der Hirnhaut hin.

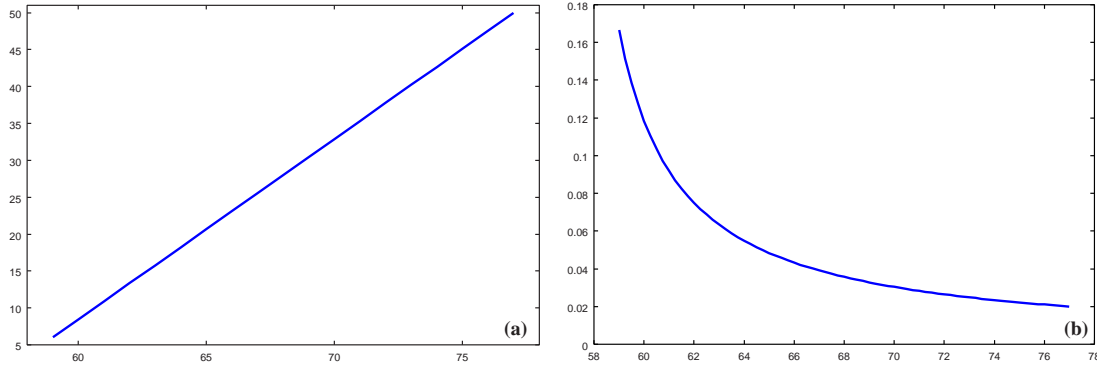


Abbildung 2.35: Verlauf der Verzögerungsfunktion  $f_c$  (a) und der zugehörigen Geschwindigkeitsfunktion  $v$  (b) des konturorientierten Bereichswachstumsverfahrens aus Abbildung 2.34. Für alle nicht durch (a) bzw. (b) festgelegten Abszissenwerte gilt  $f_c = \infty$  bzw.  $v = 0$ .

Prinzipiell sind auch andere Funktionen hierfür geeignet;  $v = \exp(-f_c^2)$  wäre z. B. ein anderer nahe liegender Kandidat. Die direkte Festlegung von  $v$  über eine stückweise lineare Funktion würde die Parametrisierung aber sehr erschweren.

Neben der Funktion  $f_c$  ist im hier diskutierten Beispiel auch die Beschränkung auf höchstens  $i_{\max}$  Iterationen ein wesentlicher Parameter. Die genaue Festlegung von  $i_{\max}$  ist zwar alles andere als kritisch, eine Ausführung des Prozesses bis zur Stationarität, d. h. bis zu  $\omega_{i_0-1} = \omega_{i_0}$  würde aber exakt das gleiche Ergebnis liefern wie das zu Beginn des Abschnitts 2.6.2 diskutierte, einfache Bereichswachstumsverfahren; nämlich diejenige Zusammenhangskomponenten aus  $\{\mathbf{r} : p(\mathbf{r}) \in I_{\text{grau}}\}$ , die gemeinsame Punkte mit der in Abbildung 2.32 hellblau markierten Initialmenge haben. Die Notwendigkeit für eine manuelle Beschränkung der Iterationszahl kann durch Einführung eines weiteren, parallel laufenden Bereichswachstumsprozesses vermieden werden.

Neben dem Wachstumsprozess  $((\omega_i^I))_{i \in \mathbb{N}_0}$  wird also (quasi-)gleichzeitig ein weiterer, konkurrierender Prozess  $((\omega_i^{II}))_{i \in \mathbb{N}_0}$  durchgeführt:

$$((\omega_i^I, \omega_i^{II}))_{i \in \mathbb{N}_0}, \quad \mathcal{K}_{\omega_i^I} \cap \mathcal{K}_{\omega_i^{II}} = \emptyset \quad \forall i \in \mathbb{N}_0.$$

Mit diesem Schema ist man nun tatsächlich in der Lage, auf den zusätzlichen Parameter  $i_{\max}$  zu verzichten. Der eigentliche Grund für die Durchführung eines solchen *konkurrierenden Bereichswachstumsverfahrens* ist aber der damit verbundene Gewinn an Flexibilität. Es ist sogar möglich, eine Rekonstruktion des Gehirns größtenteils auf dieses Verfahren zu stützen [103]. Die Parametrisierung des Wachstumsprozesses ist dann allerdings relativ aufwändig. Auf den Parameter  $i_{\max}$  wird man übrigens aus praktischen Gründen i. Allg. nicht verzichten wollen, da konkurrierende Bereichswachstumsverfahren dazu neigen, die letzten Voxel nur extrem langsam zu okkupieren. Gewöhnlich treten daher schon lange



vor dem Erreichen der Stationarität keine wesentlichen Veränderungen mehr auf. Eine Begrenzung der Laufzeit über  $i_{\max}$  ist daher fast immer sinnvoll.

Um das Verfahren kantensensitiver zu machen, wurde folgende Erweiterung von  $v$  eingeführt:

$$v(\mathbf{r}_0, \mathbf{r}_k) = \frac{1}{f_c(p(\mathbf{r}_0)) + f_g\left(\frac{p(\mathbf{r}_0) - p(\mathbf{r}_k)}{\|\mathbf{r}_0 - \mathbf{r}_k\|_p}\right)}.$$

Die stückweise lineare Parameterfunktion  $f_g$  bewertet hier die Richtungsableitung von  $p$  an der Stelle  $\mathbf{r}_k$  in Richtung  $\mathbf{r}_0$ .

Die Abbildung 2.36 zeigt einen weiteren Versuch zur Extraktion des Gehirnbereichs aus dem MRI der Abbildung 2.26. Es wurde hier ein konkurrierendes Wachstumsverfahren  $((\omega_i^{\text{Gehirn}}, \omega_i^{\text{Hintergr}}))$  eingesetzt, wobei für  $((\omega_i^{\text{Gehirn}}))$  die 6-Nachbarschaft, für  $((\omega_i^{\text{Hintergr}}))$  aber die 26-Nachbarschaft vereinbart wurde. Besonderen Wert wurde in diesem Beispiel darauf gelegt, das Überlaufen der Wachstumsmenge in den Hirnhautbereich zu verhindern. Aus diesem Grund wurde statt der Filterung mit einem Gauß-Tiefpass, die in Abschnitt 2.5 beschriebene kantenerhaltende Glättung als Vorverarbeitungsschritt gewählt. Wie in Abbildung 2.29 zu sehen ist, verstärkt dieser Glättungsfilter die Kanten zwischen Gehirn und Hirnhaut. In Abbildung 2.37 sind die Initialmengen für die beiden konkurrierenden Bereichswachstumsprozesse dargestellt. Der blau gekennzeichnete Bereich initialisiert dabei die Wachstumsmenge  $((\omega_i^{\text{Gehirn}}))$ . Diese Initialmenge wurde auch schon in Abbildung 2.34 verwendet und entspricht dem hellblauen Bereich der Abbildung 2.32. Die braun markierten Voxel initialisieren die Wachstumsmenge für  $((\omega_i^{\text{Hintergr}}))$ . Diese Menge wurde aus der gaußgefilterten Version des zu segmentierenden MRIs (Abbildung 2.27) über ein Schwellenwertverfahren abgeleitet: Nach Auswahl eines den Liquorraum charakterisierenden Intervalls  $I_{\text{Hintergr}} = [0, c_{\text{Hintergr}}]$  wurden genau die Voxel für die Initialmenge  $\mathcal{K}_{\omega_0}^{\text{Hintergr}}$  ausgewählt, deren Grauwert bzgl. des in Abbildung 2.27 eingeführten MRIs in  $I_{\text{Hintergr}}$  liegt. Die Parameter  $f_c^{\text{Gehirn}}$  und  $f_c^{\text{Hintergr}}$  sind in Abbildung 2.38(a) veranschaulicht. Zur Konstruktion wurden zwei Grauwertintervalle verwendet: Das Intervall  $I^{\text{HH}} = [c_1^{\text{HH}}, c_2^{\text{HH}}]$ , welches den Grauwertbereich der Hirnhaut kennzeichnet und das Intervall  $I^{\text{Gehirn}}$ , welches die Graustufen des zu segmentierenden Gehirnbereichs beschreibt.  $f_c^{\text{Gehirn}}$  wurde auf  $I^{\text{HH}}$  linear fallend und auf  $I^{\text{Gehirn}}$  konstant gewählt.  $f_c^{\text{Hintergr}}$  steigt demgegenüber von 0 bis  $c_2^{\text{HH}}$  linear an und ist überall sonst  $\infty$ . Die Parameterfunktionen  $f_g^{\text{Gehirn}}$  und  $f_g^{\text{Hintergr}}$  sind in Abbildung 2.38(b) dargestellt. Beide Funktionen wurden identisch gewählt und erlauben eine Schwankungsbreite von  $-10$  bis  $+10$  für die auftretenden Grauwertabweichungen. Die Anzahl durchzuführender Iterationsschritte wurde auf  $i_{\max} = 100$  festgesetzt. In Abbildung 2.36 ist das Resultat des so parametrisierten Wachstumsprozesses dargestellt. Die Resultatmenge  $\mathcal{K}_{\omega_{100}}^{\text{Gehirn}}$  ist den Originalschnittbildern in Blau überlagert.

Wie die Abbildung 2.36 zeigt, ist dieses Verfahren tatsächlich in der Lage, den

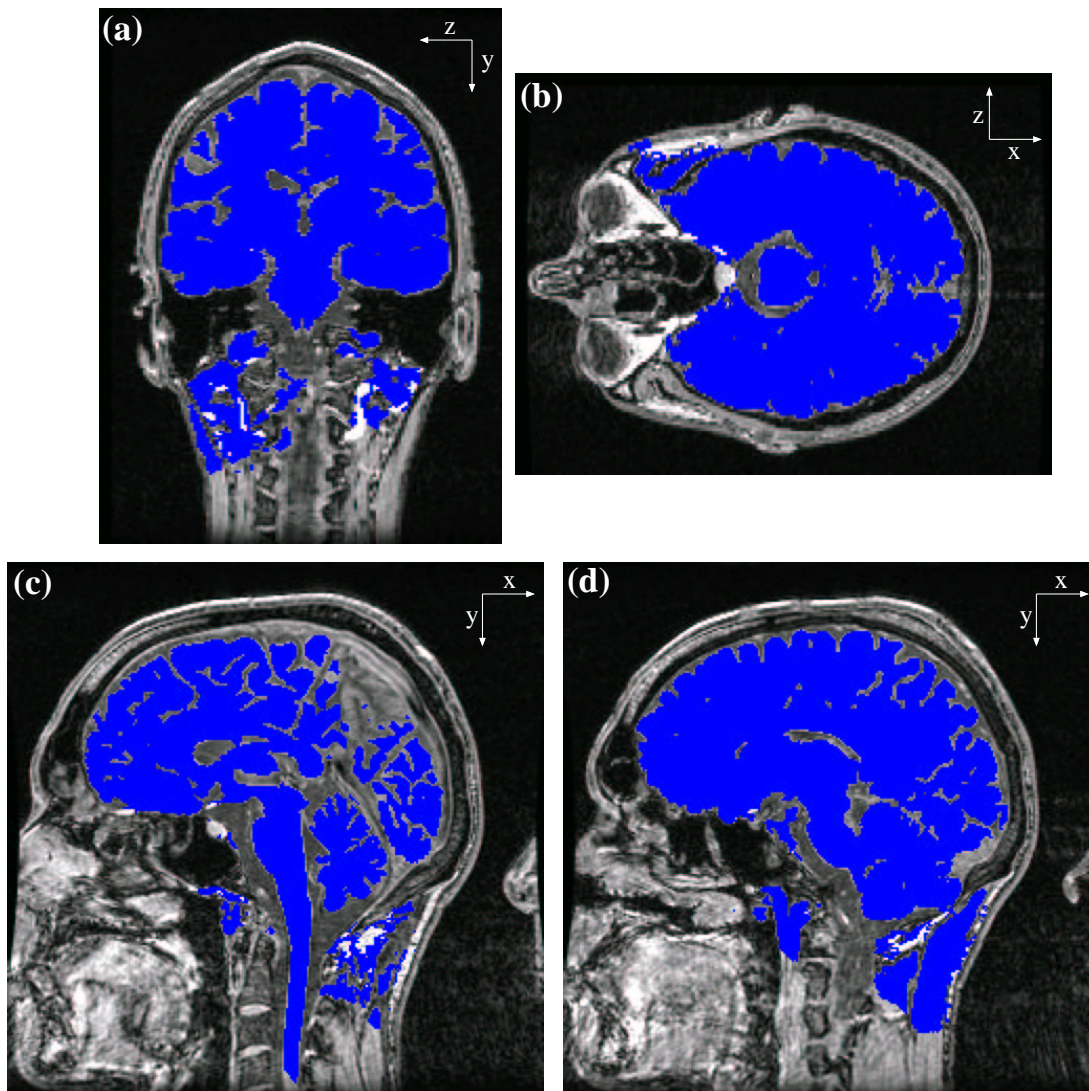


Abbildung 2.36: Anwendung des konkurrierenden Bereichswachstumsverfahrens auf das MRI der Abbildung 2.26. In Abbildung 2.37 sind die Initialmengen, in Abbildung 2.38 die Verzögerungsfunktionen der beiden Wachstumsprozesse gezeigt.

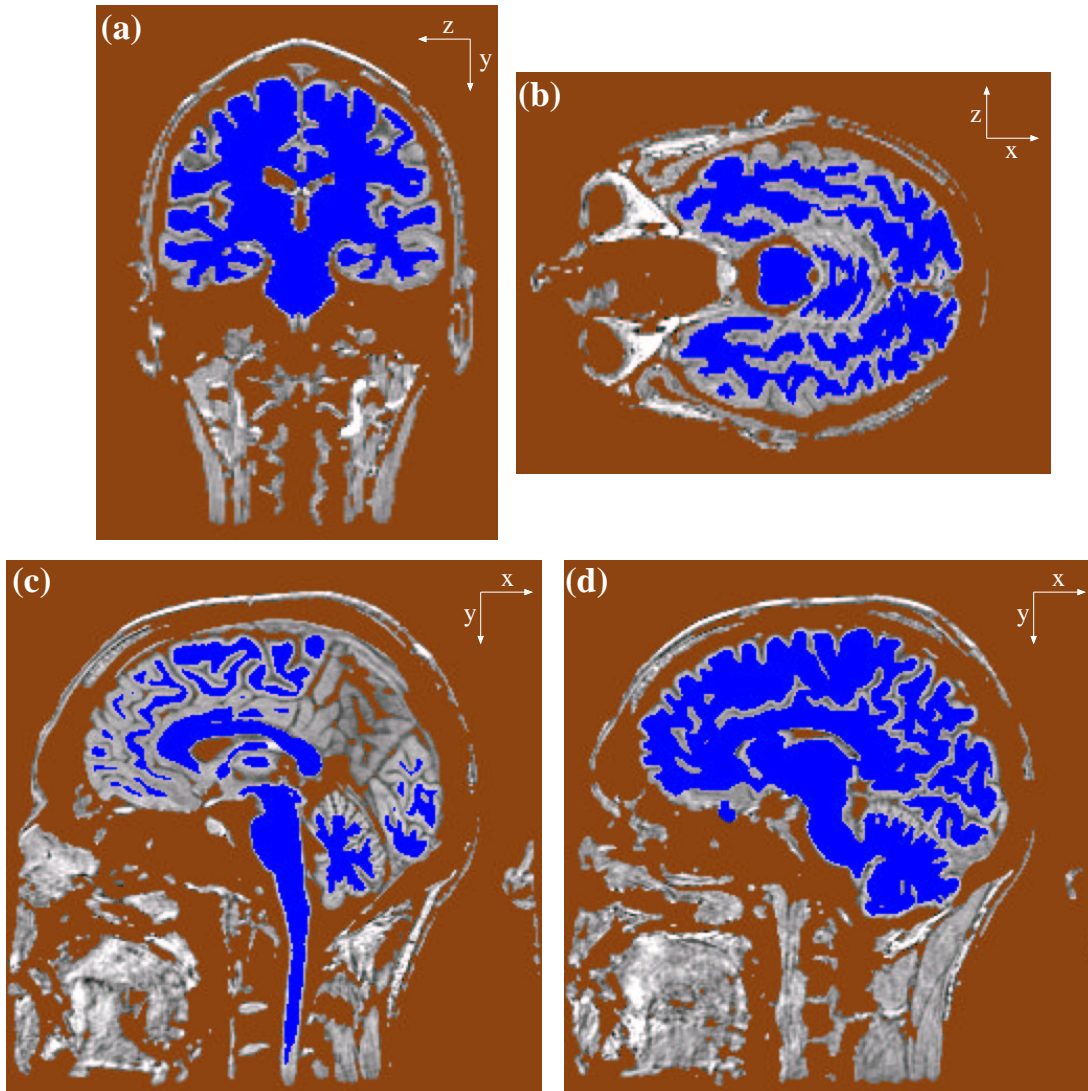


Abbildung 2.37: Initialmengen des konkurrierenden Bereichswachstumsverfahrens aus Abbildung 2.38. Die Initialmenge für  $(\omega_i^{\text{Gehirn}})$  ist in Blau, die Initialmenge für  $(\omega_i^{\text{Hintergr}})$  in Braun gehalten.

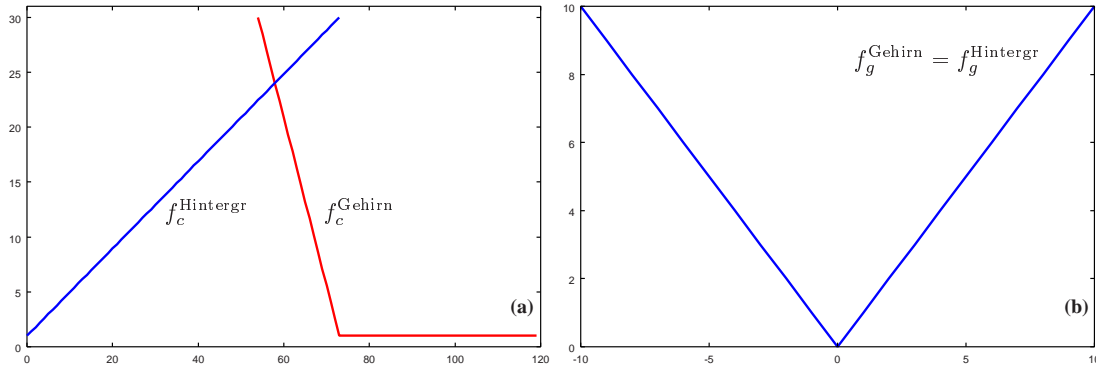


Abbildung 2.38: Verlauf der Funktionen  $f_c^{\text{Gehirn}}$  bzw.  $f_c^{\text{Hintergr}}$  (a) und der Funktionen  $f_g^{\text{Gehirn}}$  bzw.  $f_g^{\text{Hintergr}}$  (b) des konkurrierenden Bereichswachstumsverfahrens aus Abbildung 2.36. Auf allen nicht durch (a) bzw. (b) festgelegten Abszissenwerten nehmen die jeweiligen Funktionen den Wert  $\infty$  an.

Überlauf in den Hirnhautbereich zu verhindern. Allerdings treten dafür schwere Überläufe an anderen Stellen auf. Dies ist eine Folge der Vorverarbeitung mit dem kantenerhaltenden Glättungsfilter. Dieser verstärkt zwar Kanten, wenn sie als solche erkannt werden, glättet aber gleichzeitig Randstrukturen, die für Rauschen gehalten werden, noch weit stärker als ein Gaußfilter. Abhilfe könnte dadurch geschaffen werden, dass man, analog zum Beispiel in Abbildung 2.34, die Funktionen  $f_c^{\text{Gehirn}}$  und  $f_c^{\text{Hintergr}}$  auf einer gaußgefilterten Version des Original-MRIs operieren lässt und nur für die Kantenoperationen,  $f_g^{\text{Gehirn}}$  bzw.  $f_g^{\text{Hintergr}}$ , die Vorverarbeitung mit dem kantenerhaltenden Filter zulässt. Alternativ kann das Wachstumsverfahren aber auch durch die im Folgenden beschriebene, auf einer morphologischen Operation beruhende Zusatzbedingung erweitert werden, die dem Überqueren dünner Übergänge entgegenwirkt.

Zur Erläuterung der Zusatzbedingung ist ein Blick auf die Implementierung der Funktion  $\omega_i$  im Rahmen der hier vorgestellten konturorientierten Bereichswachstumsverfahren nützlich: Zunächst wird das jeweils aktuelle  $\omega_i$  in der Form eines dreidimensionalen digitalen Bildes vorgehalten, dessen Implementierung weitgehend den Überlegungen des Abschnitts 2.1.2 folgt. Zusätzlich werden aber noch drei Listen von Voxelkoordinaten verwaltet, die den Mengen  $\mathcal{K}_{\omega_i} \setminus \partial\mathcal{K}_{\omega_i}$ ,  $\partial\mathcal{K}_{\omega_i}$  und  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$  entsprechen: **interiorPts**, **borderPts** und **newPts**. Diese Listen erlauben zunächst einmal den schnellen Rückgriff auf einzelne Konstituenten von  $\omega_i$ , eignen sich aber auch gut zur Implementierung von Zusatzbedingungen. Im Zuge eines Iterationsschrittes  $i \in \mathbb{N}$  werden zunächst die Werte der Funktion  $\omega_{i-1}$  neu berechnet:  $\omega_{i-1} \rightarrow \omega_i$ . Anschließend müssen die drei Listen, die zu diesem Zeitpunkt noch die Situation  $\omega_{i-1}$  widerspiegeln, aktualisiert werden. Dazu wird zunächst für jedes Element  $\mathbf{r} \in \text{newPts}$  überprüft, ob  $\omega_i(\mathbf{r})$  mittlerweile den Wert 1 erreicht hat. Falls ja, so wird das entsprechende Element in die Liste



**borderPts** verschoben. Anschließend werden alle Elemente aus **borderPts** untersucht, ob sie noch zur Menge  $\partial\mathcal{K}_{\omega_i}$  gehören. Alle Punkte, für die dies nicht mehr zutrifft, werden aus **borderPts** entfernt und in **interiorPts** neu eingefügt. In einem letzten Schritt wird die Liste **newPts** um alle Punkte ergänzt, die neu in die Menge  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$  eingetreten sind. Zu diesem Zeitpunkt stimmen die drei Strukturen wieder mit den Mengen  $\mathcal{K}_{\omega_i} \setminus \partial\mathcal{K}_{\omega_i}$ ,  $\partial\mathcal{K}_{\omega_i}$  und  $\partial^2\mathcal{K}_{\omega_i}$  überein.

Die Aktualisierung der drei Datenstrukturen kann nun genutzt werden, um zusätzliche Überprüfungen durchzuführen und ggf. Veränderungen von  $\omega_i$  wieder rückgängig zu machen. Insbesondere kann zu diesem Zeitpunkt ein Mechanismus etabliert werden, der das Hineinwachsen in dünne Strukturen verhindert. Zu diesem Zweck wird im Zuge der Verschiebung **newPts**  $\rightarrow$  **borderPts** jeder Punkt  $\mathbf{r}_0 \in \mathbf{newPts} \cap \omega_i^{-1}(\{1\})$  der folgenden, über das Strukturelement  $\mathcal{X}$  (siehe Abschnitt 2.3.2) parametrisierten Bedingung unterworfen:

$$D_{i-1}(\mathbf{r}_0) = (\forall \mathbf{r} \in \mathcal{U}(\mathbf{r}_0) \cap \partial\mathcal{K}_{\omega_{i-1}} : \mathbf{r} \in \mathcal{K}_{\omega_{i-1}} \circ \mathcal{X}).$$

Erfüllt  $\mathbf{r}_0$  diese Bedingung nicht, so wird der Punkt nicht in die Struktur **borderPts** verschoben, sondern es wird stattdessen  $\omega_i(\mathbf{r}_0)$  auf einen vorgegebenen Wert  $\varkappa < 1$  zurückgesetzt.

Ein Beispiel für die Wirksamkeit dieser Zusatzbedingung ist in der Abbildung 2.39 gezeigt. Das hier verwendete konkurrierende Bereichswachstumsverfahren wurde in exakt der gleichen Weise parametrisiert wie das Verfahren, dessen Resultat in der Abbildung 2.36 gezeigt ist; nur wird der Prozess ( $(\omega_i^{\text{Gehirn}})$ ) nun zusätzlich mit den Parametern  $\mathcal{X} = \mathcal{U}_6 \cup \{0\}$  und  $\varkappa = 0.5$  versorgt (der Prozess ( $(\omega_i^{\text{Hintergr}})$ ) führt keine Überprüfung auf dünne Strukturen durch). In Abbildung 2.40 sind die ersten elf Iterationsschritte sowie die Initialkonfiguration ( $\#0$ ) dargestellt. Wie man sieht, nimmt die mittlere Wachstumsgeschwindigkeit des Verfahrens im Laufe der Iterationen dramatisch ab. Nach dem elften Iterationsschritt hat  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  schon den größten Teil des Gehirns segmentiert, in den weiteren Schritten kommen nur noch relativ wenige neue Voxel hinzu. Man wird daher ein konkurrierendes Bereichswachstumsverfahren nur in den seltensten Fällen bis zur Stationarität laufen lassen, sondern in der Regel einen vorzeitigen Abbruch über den Parametern  $i_{\max}$  festlegen.

Für die Anwendung des hier vorgestellten konkurrierenden Bereichswachstumsverfahrens im Rahmen einer detaillierten Segmentierung des Gehirns (im Gegensatz zu einer bloßen Freistellung des Gehirns) ist noch eine weitere Überprüfung wesentlich, die ebenfalls im Zuge des **newPts**  $\rightarrow$  **borderPts** Übergangs durchgeführt werden kann: Bleibt die topologische Struktur<sup>39</sup> von  $\mathcal{K}_{\omega_{i-1}}$  trotz Hinzunahme der Punkte aus  $\mathbf{newPts} \cap \omega_i^{-1}(\{1\})$  invariant? Alle Punkte, für die diese Frage verneint werden muss, werden dann nicht in die Menge  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  aufgenommen. Im Gegensatz zum obigen Test auf dünne Strukturen wird hier ein einmal

<sup>39</sup>Zwei Objekte haben die gleiche topologische Struktur, wenn sie sich stetig ineinander deformieren lassen (vgl. Abschnitt 2.7).

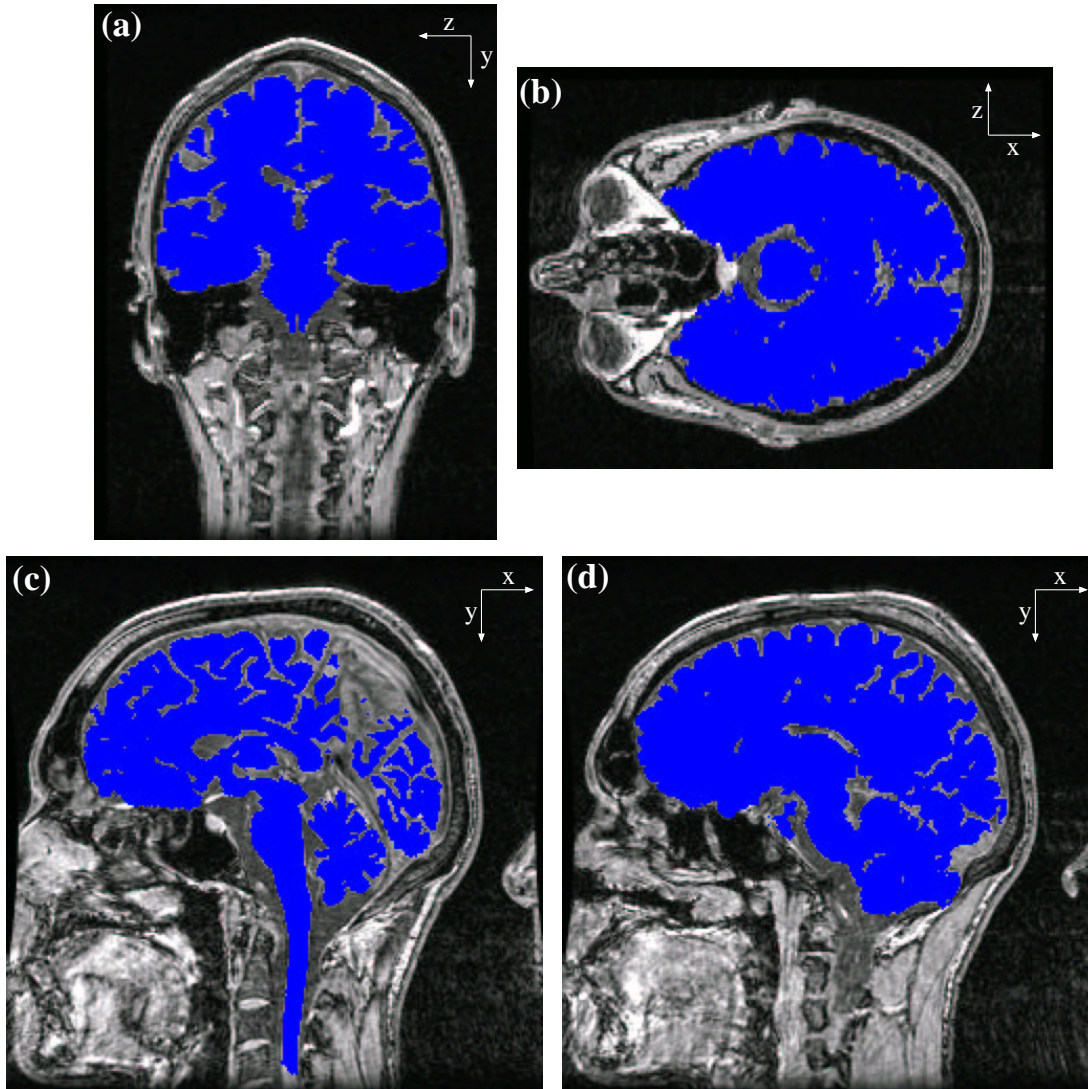


Abbildung 2.39: Anwendung des konkurrierenden Bereichswachstumsverfahrens mit Zusatzbedingung zur Vermeidung „dünner Übergänge“ auf das MRI der Abbildung 2.26. Das Verfahren verwendet alle Parameter des Bereichswachstumsverfahrens aus der Abbildung 2.36 und zusätzlich  $\mathcal{X} = \mathcal{U}_6 \cup \{0\}$  und  $\varkappa = 0.5$  für den Teilprozess  $((\omega_i^{\text{Gehirn}}))$ .



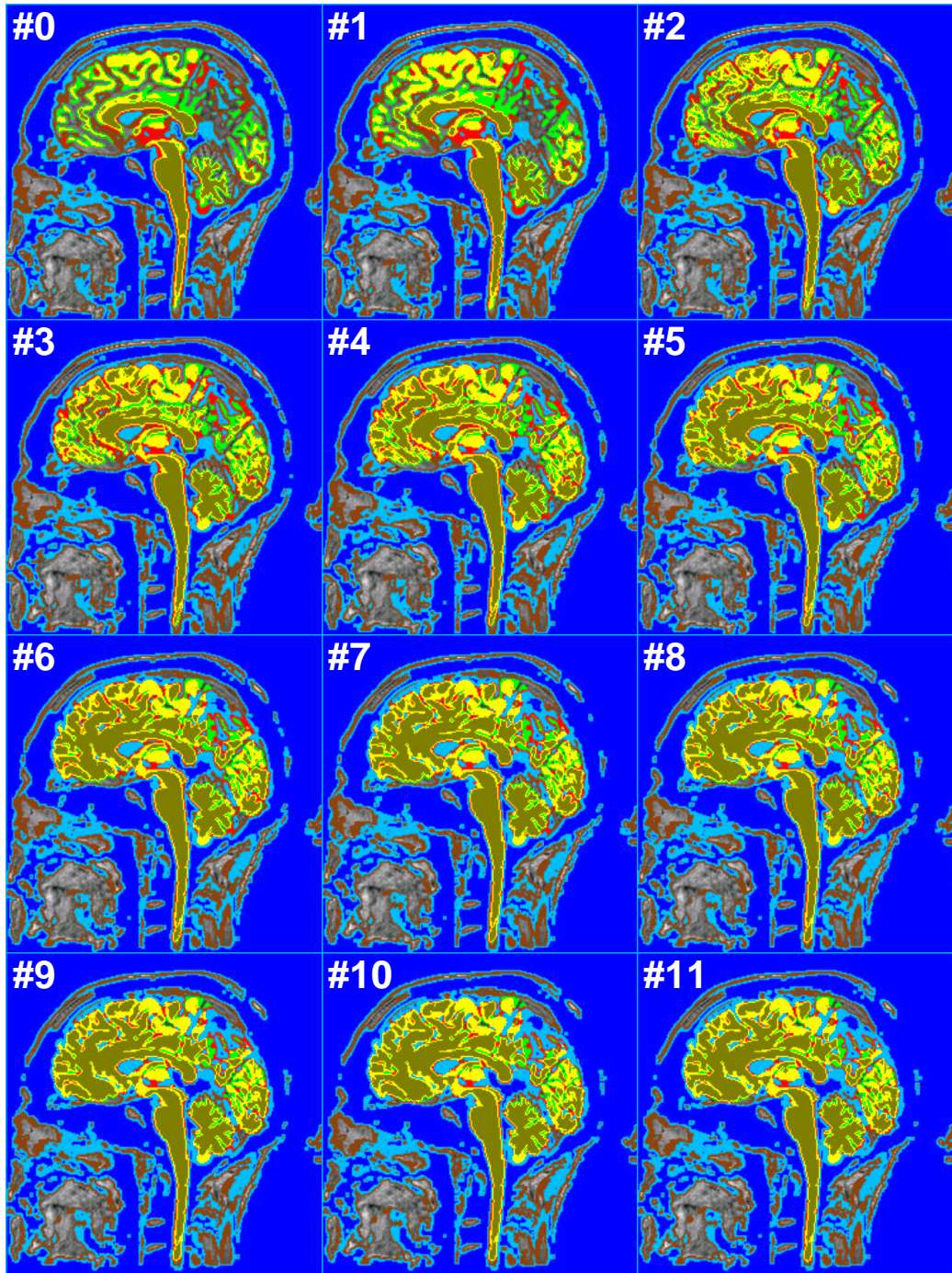


Abbildung 2.40: 11 Iterationsschritte des Region-Growing-Prozesses dessen Endresultat in Abbildung 2.39 gezeigt ist. Die Initialkonfiguration (#0) ist ebenfalls abgebildet. Dargestellt ist jeweils der Schnitt (c) aus Abbildung 2.39. Die einzelnen Elemente von  $((\omega_i^{\text{Gehirn}}, \omega_i^{\text{Hintergr}}))$  sind farbkodiert: Dunkelblau entspricht  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}} \setminus \partial \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}}$ , Hellblau entspricht  $\partial \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}}$ , Dunkelgelb entspricht  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}} \setminus \partial \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$ , Hellgelb entspricht  $\partial \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$ , Grün entspricht  $\partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}} \setminus \partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}}$ , Braun entspricht  $\partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}} \setminus \partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$ , Rot entspricht  $\partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}} \cap \partial^2 \mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}}$ .

als ungeeignet erkannter Punkt auch niemals wieder getestet, dieser Punkt kann also niemals Element der Wachstumsmenge werden.

Eine genaue Ausformulierung dieser Regel wird in Abschnitt 2.7.4 gegeben. Die Anwendung dieser Zusatzbedingung im Rahmen der Kortexrekonstruktion wird in Abschnitt 3.7.3 vorgestellt.

## 2.7 Thinning

### 2.7.1 Einleitung

Unter einem *Thinning-Algorithmus* versteht man ein Verfahren, welches die in einem gegebenen binären Bild  $\mathbf{p}$  dargestellten Objekte, d. h. die Zusammenhangskomponenten von  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}$ , in linienartige Repräsentationen überführt, deren topologischen und geometrischen Charakteristika denen der Ausgangsobjekte entsprechen. Ein Thinning-Algorithmus überführt daher ein binäres Bild  $\mathbf{p}$  in ein neues Binärbild  $\mathbf{q}$ , indem aus der Vordergrundmenge  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  alle für die topologische Struktur unwesentlichen Bildpunkte gelöscht werden:  $\mathcal{B}_{\mathbf{q}} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$ .

Abbildung 2.41 zeigt ein Beispiel. Als Ausgangsbild wurde hier ein Schnitt durch die Rekonstruktion einer weißen Hirnsubstanz gewählt, die aus einem sagittalen MR-Datensatz gewonnen wurde. Das Ergebnis der Thinning-Operation ist dem in Grau gehaltenen Ausgangsbild als schwarzes Linienmuster überlagert. Offensichtlich spiegelt diese Linienstruktur die Topologie und die grundlegenden geometrischen Eigenschaften (hier insbesondere die Gyri-Struktur) des zugrunde liegenden Objekts wider. Das Ergebnis einer Thinning-Transformation wird daher häufig auch als *Skelett* bezeichnet.

Im Rahmen der Theorie der Thinning-Algorithmen müssen an Objektskelette folgende drei Forderungen gestellt werden:

1. Die Skelette müssen die Topologie der Ausgangsobjekte erhalten.
2. Die Skelette müssen sich aus Linien (2D- oder 3D-Bilder) oder Flächen (3D-Bilder) der Breite eines Bildpunktes zusammensetzen.
3. Die Skelettlinien bzw. -flächen müssen in etwa in der Mitte der transformierten Objekte liegen.

Die erste Bedingung ist mathematisch am anspruchsvollsten: Das resultierende Skelett muss homöomorph<sup>40</sup> zum Ausgangsbild sein. Anschaulich bedeutet dies, dass sich die Anzahl der Komponenten, Löcher, Hohlräume und Tunnel nicht ändern darf, dass also niemals ein Objekt wie „b“ in ein Objekt wie „l“ transformiert werden kann. Der größte Teil der Literatur konzentriert sich auf

---

<sup>40</sup>Eine bijektive Abbildung  $f : \mathcal{X} \rightarrow \mathcal{Y}$  zwischen zwei topologischen Räumen  $\mathcal{X}$  und  $\mathcal{Y}$  heißt *homöomorph* (oder *topologische Abbildung*), wenn sowohl  $f$  als auch  $f^{-1}$  stetig sind;  $\mathcal{X}$  und  $\mathcal{Y}$  heißen dann *homöomorph* zueinander.



Abbildung 2.41: Beispiel für eine Thinning-Transformation. Das Originalbild ist in Grau dargestellt und zeigt einen sagittalen Schnitt durch die aus einem MRI des Kopfes rekonstruierte weiße Hirnsubstanz. Die berechneten Skelettlinien sind dem Originalbild als schwarzes Linienmuster überlagert.

diesen Aspekt, und auch die folgenden Abschnitte werden sich in der Hauptsache mit diesem Problem beschäftigen.

Die zweite Eigenschaft, d. h. die Forderung nach einer minimalen Dicke der resultierenden Skelettstruktur, ist offensichtlich am einfachsten zu formalisieren; allerdings ohne dass dadurch das Problem zwangsläufig trivial würde. Im Gegensatz zu den beiden anderen Forderungen hat diese Bedingung einen mehr praktischen als mathematisch-theoretischen Hintergrund. Die Erfüllung dieser Bedingung macht die resultierende Skelettstruktur — man denke hier z. B. an einen Linienverfolgungsalgorithmus — eindeutig. Vom Standpunkt der Anwendung liegt hierin aber gerade der größte Wert von Thinning-Verfahren: die Befreiung der geometrischen Eigenschaften der Bildobjekte von ihrer aus der Flächen- bzw. Volumenhaftigkeit der Originaldarstellung erwachsenden Redundanz.

Die dritte Forderung ist mathematisch am schwersten zu erfassen. Obwohl diese Anforderung zunächst als sehr statisch erscheint, ist der Begriff der Objektmitte bei näherer Betrachtung stark von der gewählten Aufgabenstellung abhängig. Die Bilder 2.60 und 2.61 mögen hierzu als Beispiele dienen: In beiden Bildern ist jeweils eine eigene Version der Skelettfläche des in Abbildung 2.57 gezeigten Objekts dargestellt. Dabei orientiert das Verfahren aus Abbildung 2.60 die Skelettfläche des ringförmigen Anteils des Beispielobjekts senkrecht zum Betrachter, während der für die Abbildung 2.61 verantwortliche Algorithmus die gleiche Fläche parallel zur Betrachtungsrichtung anordnet. Jedes dieser Verfahren

praktiziert offensichtlich eine andere Vorstellung des Begriffs „Objektmitte“.

Die dritte Bedingung kann hier als ein Gegenpol zur ersten Forderung aufgefasst werden. Jedes dreidimensionale Objekt ohne Hohlräume und ohne Tunnel, z. B. eine einzelne Hirnhemisphäre, ist homöomorph zur Kugel, bzw. zum für digitale Bilder kanonischeren einzelnen Voxel. Ein Algorithmus, der ein Bild in seine einfachste, topologisch äquivalente Form, hier also in ein einzelnes Voxel, überführt, heißt *Shrinking-Algorithmus* [117], und es ist offensichtlich, dass ein solcher Algorithmus, obwohl prinzipiell nicht ohne Wert, hinsichtlich der Grundidee des Thinning, also der Berechnung einer stark vereinfachten, aber dennoch geometrieehaltenden Transformation, völlig ungeeignet ist. Aus einem Shrinking-Algorithmus, der topologieerhaltende Verdünnungen des Ausgangsobjekts durchführt, wird aber durch Einführung zusätzlicher Restriktionen, die die Reduktion des Objekts unter die durch Bedingung 3 gezogene Schwelle verhindern, ein Thinning-Algorithmus.

## 2.7.2 Zusammenhang zur Distanztransformation

Dem Thinning eng verwandt ist eine Operation, die heute meist als *Mittelachsen-transformation*<sup>41</sup> bezeichnet wird. Sie geht auf die „Grassfire“-Transformation aus [21] zurück und kann auf sehr anschauliche Weise beschrieben werden: Man kann sich vorstellen, dass das zu transformierende Objekt aus Gras besteht, und dass an allen Punkten seines Randes gleichzeitig Feuer gelegt wird. Das Feuer breitet sich gleichmäßig nach allen Richtungen aus, und die Flammenfronten schnüren sich an denjenigen Stellen gegenseitig ab, die die gleiche minimale Entfernung zu mindestens zwei Randpunkten haben. Die Menge all dieser Abschnürpunkte bildet die Mittelachse des betrachteten Objekts.

Eine mathematisch greifbarere, aber zur obigen Beschreibung äquivalente Definition gelingt auf folgende Weise [95]: Sei das zu transformierende Objekt durch eine zusammenhängende Menge  $\mathcal{T} \subseteq \mathbb{R}^n$  beschrieben, und seien Kugeln um  $\mathbf{r} \in \mathbb{R}^n$  mit Radius  $\rho$  als  $\mathcal{S}_\rho(\mathbf{r})$  bezeichnet, so lassen sich maximale Kugeln bzgl.  $\mathcal{T}$  über

$$\rho_{\max}(\mathbf{r}) \stackrel{\text{def}}{=} \max \{ \rho \in \mathbb{R}_{\geq 0} \mid \mathcal{S}_\rho(\mathbf{r}) \subseteq \mathcal{T} \}$$

festlegen:  $\mathcal{S}_{\max}(\mathbf{r}) \stackrel{\text{def}}{=} \mathcal{S}_{\rho_{\max}(\mathbf{r})}(\mathbf{r})$ . Die Menge der Mittelachsenpunkte  $\mathcal{T}^*$  des Objekts  $\mathcal{T}$  ergibt sich dann zu

$$\mathcal{T}^* \stackrel{\text{def}}{=} \{ \mathbf{r} \in \mathcal{T} \mid \forall \mathbf{u} \in \mathcal{T}, \mathbf{u} \neq \mathbf{r} : \mathcal{S}_{\max}(\mathbf{u}) \not\supseteq \mathcal{S}_{\max}(\mathbf{r}) \}.$$

Abbildung 2.42 verdeutlicht dieses Konzept.

<sup>41</sup>Obwohl einige Autoren streng zwischen Thinning und Mittelachsen-transformation unterscheiden, ist die Begriffsbildung nicht eindeutig. Insbesondere wird das Ergebnis einer Thinningoperation sehr häufig als *Mittelachse* bezeichnet, während der Begriff *Skelett* auch für das Resultat von Mittelachsen-transformationen gebräuchlich ist.



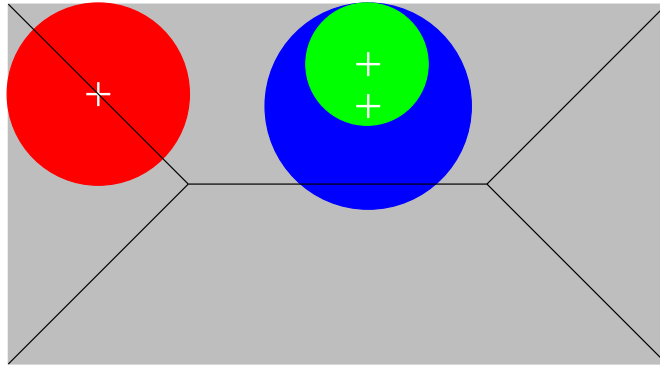


Abbildung 2.42: Erläuterung des Konzepts der maximalen Kugeln für die Konstruktion von Mittelachsen. Dem grau gehaltenen Bildobjekt ist seine Mittelachse in Schwarz überlagert. Weiterhin sind drei maximale Kreisscheiben (d. h. zweidimensionale maximale Kugeln) eingezeichnet, deren Mittelpunkte jeweils durch weiße Kreuze markiert sind. Der Mittelpunkt der grünen Kreisscheibe liegt nicht auf der Mittelachse des Bildobjekts. Daher müssen maximale Kreisscheiben mit größeren Radien existieren, die die grüne Kreisscheibe vollständig umfassen. Die blaue Kreisscheibe ist hierfür ein Beispiel. Der Mittelpunkt der roten Kreisscheibe liegt auf der Mittelachse des Objekts. Es gibt offensichtlich keine weitere maximale Kreisscheibe, die eine echte Obermenge der roten Kreisscheibe wäre.

Die Berechnung der Mittelachsentransformation binärer digitaler Bilder beruht in der Regel auf Algorithmen zur Distanztransformation oder verwandter Techniken (z. B. Voronoi-Diagrammen [26]). Ist z. B.  $\mathbf{p}$  ein binäres digitales Bild und  $\mathbf{d}$  die zugehörige Distanztransformation, so lassen sich die Mittelachsen der Objekte in  $\mathbf{p}$  als Menge der relativen Maxima in  $\mathbf{d}$  bestimmen. Eine sehr einfache Durchführung der Mittelachsentransformation von  $\mathbf{p}$  besteht daher in der Berechnung der Nullstellen des Gradienten von  $\mathbf{d}$ :

$$\nabla \mathbf{d} \approx 0.$$

Hierbei symbolisiert der Operator  $\nabla$  die Anwendung eines diskreten Differenzialoperators (z. B. des Sobeloperators [1], des Zuckeroperators [189] oder ähnlicher Kantenoperatoren), während das Zeichen  $\approx$  auf die Schwierigkeiten der Nullstellensuche auf dem diskreten Gitter aufmerksam machen soll. Für das letztgenannte Problem existiert wiederum eine sehr einfache Lösung, bei der man statt des scharfen Tests auf 0 eine kleine Umgebung der Breite  $2\epsilon$  als Kriterium für die Mittelachsenpunkte heranzieht:  $|\nabla \mathbf{d}| \leq \epsilon$ . Das Ergebnis ist aber naturgemäß von keiner allzu hohen Qualität, da hier weder eine Achsendicke von einem Bildpunkt erwartet werden kann, noch eine ununterbrochene Mittelachse garantiert ist. Ausgereifere Verfahren für den zweidimensionalen Fall findet man z. B. in [4, 5, 115]. Ein dreidimensionaler Algorithmus wird in [60] beschrieben.

Die Mittelachsentransformation liefert eine sehr detaillierte Beschreibung der Form des zugrunde liegenden Objekts, wobei ähnliche Objekte zum Teil sehr unterschiedliche Mittelachsen haben. Tatsächlich lässt sich jedes Objekt sogar aus seiner Mittelachse zurückgewinnen<sup>42</sup>. Ordnet man nämlich, wiederum der Idee aus [21] folgend, jedem Punkt  $\mathbf{r}$  der Mittelachse  $\mathcal{T}^*$  die Zeit  $\tau(\mathbf{r})$  zu, die die Flammenfront brauchte, um  $\mathbf{r}$  zu erreichen, so ist es möglich, aus der Punktmenge  $\mathcal{T}^*$  und der Funktion  $\tau$  das Objekt fehlerfrei zu rekonstruieren. Dafür ist es nur notwendig, dass sich aus jedem Punkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{T}^*$  ein „inverses Feuer“ über den Zeitraum  $\tau(\mathbf{r})$  ausbreitet, das das Gras wieder wachsen lässt.

Dennoch sind Thinning und Mittelachsentransformation nicht identisch, da die Mittelachsentransformation i. Allg. nicht topologierhaltend ist. Umgekehrt ist im Falle einer durch ein Thinning-Verfahren konstruierten Mittelachse nicht garantiert, dass sich aus dieser Achse das Objekt zurückgewinnen lässt. Im Rahmen des in dieser Arbeit beschriebenen Segmentierverfahrens lassen sich dennoch Thinning-Verfahren i. Allg. durch geeignete Mittelachsentransformationen ersetzen (eine Vorgängerversion des hier beschriebenen Verfahrens verwendete beispielsweise das einfache  $|\nabla d| \leq \epsilon$ -Verfahren zur Festlegung der Mittelflächen der Gehirnfurchen). Andererseits wird die im folgenden Abschnitt beschriebene zentrale Eigenschaft der Thinning-Verfahren, d. h. die Topologieerhaltung, auch an Stellen eingesetzt, die nicht die Konstruktion einer Mittelachse bzw. eines Objektskeletts zum Ziel haben.

### 2.7.3 Topologieerhaltende Bildtransformationen

Sei  $\mathbf{p}$  ein binäres digitales Bild und sei  $\mathcal{D}$  eine Auswahl der Vordergrundpunkte von  $\mathbf{p}$ , d. h.  $\mathcal{D} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$ . Durch Löschung der Punktmenge  $\mathcal{D}$  entsteht aus  $\mathbf{p}$  eine „verdünnte“ Version, dessen zugehöriges digitales Bild  $\mathbf{q}$  sich über  $\mathcal{B}_{\mathbf{q}} = \mathcal{B}_{\mathbf{p}} \setminus \mathcal{D}$  definiert. Die in diesem Abschnitt zu diskutierende Frage ist nun, unter welchen Bedingungen der Übergang von  $\mathbf{p}$  nach  $\mathbf{q}$  als topologieerhaltend anzusehen ist.

Für den zweidimensionalen Fall beantwortet [152] diese Frage durch folgendes Kriterium:

**Kriterium 2.1**  *$\mathbf{p}$  und  $\mathbf{q}$  seien zweidimensionale digitale Bilder und  $\mathbf{q}$  gehe aus  $\mathbf{p}$  hervor, indem alle Punkte einer gegebenen Menge  $\mathcal{D} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  aus  $\mathbf{p}$  gelöscht werden. Dann ist der Übergang von  $\mathbf{p}$  nach  $\mathbf{q}$  genau dann topologieerhaltend, wenn die folgenden beiden Bedingungen erfüllt sind:*

1. *Jede Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  enthält genau eine Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathbf{q}}$ .*
2. *Jede Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathbf{q}}^c$  enthält genau eine Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}^c$ .*

---

<sup>42</sup>Dies lässt sich sogar als Kompressionsverfahren einsetzen [114].



Das Kriterium gilt für beide möglichen Nachbarschaftsrelationen, also sowohl für die (8, 4)- als auch für die (4, 8)-Beziehung<sup>43</sup>. Tatsächlich lässt sich Kriterium 2.1 sogar auf die meisten nicht-orthogonalen Bilddefinitionen übertragen, sofern diese nicht zu exotisch sind. Das Kriterium gilt aber auf jeden Fall nur für zweidimensionale Bilder.

Das Kriterium 2.1 erfordert in der vorliegenden Form die Überprüfung globaler Bildeigenschaften, d. h. der Untersuchung der Zusammenhangsstruktur von  $\mathbf{p}$  und  $\mathbf{q}$ . Um zu einem lokalen Kriterium zu gelangen, ist es nützlich, den für die Theorie der Thinning- und Shrinking-Algorithmen zentralen Begriff des *einfachen Punktes* einzuführen: Ein Vordergrundpunkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  eines zweidimensionalen binären Bildes  $\mathbf{p}$  heißt einfacher Punkt, wenn seine Entfernung aus  $\mathbf{p}$  die Topologie im Sinnes des Kriteriums 2.1 erhält.

Hinsichtlich eines zweidimensionalen Binärbildes  $\mathbf{p}$  mit gegebener  $(m, n)$ -Nachbarschaftsstruktur kann ein Punkt  $\mathbf{r}$  offensichtlich nur dann einfach sein, wenn er *Randpunkt* bzgl.  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  ist, d. h. wenn  $\mathcal{U}_n(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}}^{\complement} \neq \emptyset$  ist. Weiterhin können *isolierte* Punkte, d. h. Punkte  $\mathbf{r}$  mit  $\mathcal{U}_m(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}} = \emptyset$ , niemals einfach sein. Ein nicht-isolierter Randpunkt  $\mathbf{r}$  ist nun genau dann einfach, wenn er eine der beiden folgenden äquivalenten Bedingungen erfüllt:

1.  $\mathbf{r}$  ist  $m$ -zusammenhängend mit genau einer Komponente von  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$ .
2.  $\mathbf{r}$  ist  $n$ -zusammenhängend mit genau einer Komponente von  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \setminus \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$ .

Zur Beantwortung der Frage, ob die Entfernung von  $\mathbf{r}$  Auswirkungen auf die Topologie des zugrunde liegenden Bildes  $\mathbf{p}$  hat oder nicht, genügt also die Inspektion der  $3 \times 3$ -Umgebung von  $\mathbf{r}$ . Überdies zeigt die obige Äquivalenz eine Dualität von  $\mathbf{p}$  und  $\mathbf{p}^{\complement}$  bzgl. der hier diskutierten Fragestellung:  $\mathbf{r}$  ist genau dann einfacher Punkt von  $\mathbf{p}$ , wenn  $\mathbf{r}$  einfacher Punkt von  $\mathbf{p}^{\complement} \cup \{\mathbf{r}\}$  ist<sup>44</sup>.

Das obige Kriterium erlaubt die Konstruktion eines sequentiellen Thinning-Algorithmus. Tatsächlich wird in [125] gezeigt, dass der topologieerhaltende Übergang von  $\mathbf{p}$  zu  $\mathbf{q}$  gemäß Kriterium 2.1 äquivalent zur Existenz einer Folge  $\mathbf{p} = \mathbf{p}_0, \mathbf{p}_1, \dots, \mathbf{p}_{n-1}, \mathbf{p}_n = \mathbf{q}$  ist, bei der jedes Bild  $\mathbf{p}_i$  ( $i = 1, \dots, n$ ) aus einem Bild  $\mathbf{p}_{i-1}$  durch Entfernung eines einfachen Punktes hervorgeht.

Für die Konstruktion paralleler Thinning-Algorithmen, d. h. von Verfahren, die in jedem Iterationsschritt mehrere Punkte gleichzeitig löschen<sup>45</sup>, ist es hilfreich, die Randpunkte weiter zu klassifizieren: Ist  $\mathbf{r} = (x, y)$  ein Randpunkt und gehört der Punkt  $(x, y - 1)$  zur Hintergrundmenge  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}}^{\complement}$ , so heißt  $\mathbf{r}$  *nördlicher*

<sup>43</sup>Die (4, 8)-Nachbarschaft ist allerdings für Thinning-Probleme weniger gebräuchlich, da sie nicht so dünne Skelette erlaubt wie die (8, 4)-Topologie.

<sup>44</sup> $\mathbf{p}^{\complement} \cup \{\mathbf{r}\}$  bezeichne hier das über  $\mathcal{B}_{\mathbf{q}} = \mathcal{B}_{\mathbf{p}}^{\complement} \cup \{\mathbf{r}\}$  definierte Binärbild  $\mathbf{q}$  mit  $(n, m)$ -Nachbarschaft.

<sup>45</sup>Parallele Thinning-Verfahren sind auch für die Verwendung auf sequentiellen Rechnern von Bedeutung, da das Resultat eines Thinning-Prozesses in der Regel von der Reihenfolge abhängt, in der die Randpunkte hinsichtlich ihrer Lösbarkeit überprüft werden.

*Randpunkt.* Entsprechend wird  $\mathbf{r}$  als *südlicher*, *westlicher* oder *östlicher Randpunkt* klassifiziert, wenn er einen Hintergrundpunkt in der entsprechenden Richtung<sup>46</sup>, also  $(x, y + 1)$ ,  $(x - 1, y)$  oder  $(x + 1, y)$  hat. Liegt ein Randpunkt  $\mathbf{r}$  nur zu einem einzigen weiteren Vordergrundpunkt unmittelbar benachbart, d. h. gilt  $|\mathcal{U}_m(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p| = 1$ , so wird  $\mathbf{r}$  als *Endpunkt* bezeichnet.

Es lässt sich nun zeigen, dass das gleichzeitige Löschen einer Liste von Punkten die Topologie erhält, sofern man sich auf Randpunkte einer der vier Kategorien beschränkt [90]:

*Sei  $\mathbf{p}$  ein zweidimensionales Binärbild mit  $(8, 4)$ - oder  $(4, 8)$ -Topologie und sei  $\mathcal{D}$  eine beliebige Teilmenge von  $\mathcal{B}_p$ , die ausschließlich einfache nördliche Randpunkte enthält, die nicht gleichzeitig auch Endpunkte sind. Dann erhält die (parallele) Entfernung aller Punkte aus  $\mathcal{D}$  die Topologie von  $\mathbf{p}$  im Sinne des Kriterium 2.1.*

Die Aussage dieses Satzes gilt in gleicher Weise auch für *südliche*, *westliche* sowie *östliche Randpunkte* und erlaubt so die Konstruktion von Thinning-Algorithmen, die in jedem Iterationsschritt nacheinander 4 Subzyklen durchlaufen, in denen jeweils parallel eine Auswahl von nördlichen, südlichen, westlichen und östlichen Randpunkten gelöscht werden.

Für dreidimensionale Bilder sind das Kriterium 2.1 und die hiervon abgeleiteten Aussagen leider nicht mehr ausreichend, um die Topologieerhaltung sicherzustellen. Löscht man beispielsweise den rot markierten Voxel aus dem in Abbildung 2.43(a) dargestellten dreidimensionalen Binärbild, so verändert man sicherlich die Topologie des Bildes — ein Tunnel wird aufgelöst — das Kriterium 2.1 wird aber nicht verletzt. Bettet man die in Abbildung 2.43(a) dargestellte Figur allerdings in ein zweidimensionales Bild ein, wie es in Abbildung 2.43(b) geschehen ist, so kann der markierte Voxel nicht mehr gelöscht werden, ohne Kriterium 2.1 zu verletzen. An diesem einfachen Beispiel erkennt man schon, welche Objekte im Dreidimensionalen Schwierigkeiten bereiten: Es sind die Tunnelstrukturen, die von der zweidimensionalen Theorie nicht erfasst werden.

Die mathematische Erfassung des Begriffs „Tunnel“ ist überraschend schwierig. So ist es z. B. nicht ohne weiteres klar, wie viele Tunnel das in Abbildung 2.44 dargestellte Objekt aufweist. Obwohl es Verfahren zur Beantwortung dieser Frage gibt — z. B. kann die Tunnelanzahl als die maximal mögliche Anzahl nicht-separierender Schnitte definiert werden [93] — geht man dennoch i. Allg. einen indirekteren Weg, indem man die Euler-Charakteristik in die Kontrolle der Topologieerhaltung einbezieht.

Die *Euler-Poincaré-Charakteristik*  $\chi(\mathcal{S})$ , 1758 von Leonard Euler für den Spezialfall von Polyedern des Geschlechts 0 (d. h. Kugelhomöomorphismen) entdeckt, ist eine wichtige topologische Invariante, welche die Anzahl der Zusammenhangskomponenten  $\mathfrak{h}(\mathcal{S})$ , Tunnel  $\mathfrak{g}(\mathcal{S})$  und Hohlräume  $\mathfrak{c}(\mathcal{S})$  einer Menge von Objekten

<sup>46</sup>Die Festlegung, welche Achsenrichtung man als nördlich, südlich, westlich oder östlich bezeichnet, ist selbstverständlich rein willkürlich.

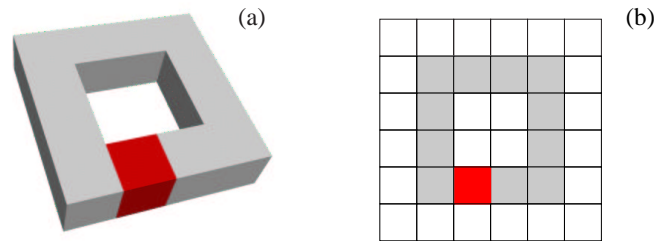


Abbildung 2.43: Einfaches Beispiel für das Versagen des Kriteriums 2.1 bei dreidimensionalen Bildern: Das in Abbildung (a) gezeigte torusähnliche Objekt würde durch Entfernung des rot markierten Voxels in ein schlauchähnliches Gebilde verwandelt werden, welches nun zu einer Kugel homöomorph wäre. Obwohl sich hier also die Topologie der dargestellten Figur ändert, bleibt die Zusammenhangsstruktur von Vorder- und Hintergrund unberührt. Das Kriterium 2.1 wäre also erfüllt. Dass dies eine direkte Folge des zusätzlichen Freiheitsgrades ist, erkennt man in Abbildung (b). Hier wurde die Figur aus (a) in ein zweidimensionales Bild eingebettet. Das Löschen des roten Voxels ist nun durch Kriterium 2.1 verboten, da sich hierdurch die zwei Zusammenhangskomponenten des Hintergrundes zu einer einzelnen Komponente vereinigen würden.



Abbildung 2.44: Wieviel Tunnel weist das dargestellte Objekt auf? Die Methode der nicht-separierenden Schnitte [93] ergibt hier eine Tunnelzahl von 2: Es können gerade zwei, das Objekt vollständig durchdringende Schnitte ausgeführt werden, ohne die Figur in mehrere Teile aufzuspalten.

$\mathcal{S}$  miteinander verknüpft:

$$\chi = \mathfrak{h} - \mathfrak{g} + \mathfrak{c}.$$

Offensichtlich ist die Euler-Charakteristik eine globale Eigenschaft und es erscheint zunächst unwahrscheinlich, dass sie sich über lokale Bildoperatoren, d. h. hinreichend effizient, berechnen lässt. Betrachtet man allerdings den Spezialfall der Polyeder, so gelangt man zu einer wesentlich praktikableren Beschreibung.

Polyeder sind dreidimensionale geometrische Objekte, die sich vollständig aus Simplizes<sup>47</sup> der Dimensionen 0 bis 3, d. h. aus Punkten (0-Simplizes), geraden Liniensegmenten (1-Simplizes), Dreiecken (2-Simplizes) und Tetraedern (3-Simplizes), zusammensetzen. Simplizes der Dimension  $q \in \{0, 1, 2\}$  treten dabei als Ränder von  $(q + 1)$ -Simplizes auf. Simplizes gleicher Dimension durchdringen sich nicht, d. h. sie haben höchstens gemeinsame Rand-Simplizes<sup>48</sup>. Die Euler-Charakteristik  $\chi(\mathcal{S})$  eines Polyeders  $\mathcal{S}$  kann nun einfach aus der Anzahl der in  $\mathcal{S}$  vorkommenden Eckpunkte  $\mathfrak{v}(\mathcal{S})$ , Kanten  $\mathfrak{e}(\mathcal{S})$ , Dreiecke  $\mathfrak{f}(\mathcal{S})$  und Tetraeder  $\mathfrak{t}(\mathcal{S})$  bestimmt werden:

$$\chi = \mathfrak{v} - \mathfrak{e} + \mathfrak{f} - \mathfrak{t}.$$

Die Euler-Charakteristik eines Bildes  $\mathfrak{p}$  erhält man hieraus durch die Konstruktion eines äquivalenten Polyeders<sup>49</sup>  $\mathcal{C}(\mathfrak{p})$  ([90, 110, 162]):

$$\chi(\mathfrak{p}) \stackrel{\text{def}}{=} \chi(\mathcal{C}(\mathfrak{p})).$$

Offensichtlich lässt sich  $\chi$  auf diese Weise über lokale Operatoren berechnen, was insbesondere bedeutet, dass die Berechnung der Veränderung der Euler-Charakteristik nach Hinzunahme bzw. Entfernung von Bildpunkten nur lokale Untersuchungen erfordert. Die Überwachung der Bedingung  $\Delta\chi = 0$  kann also effizient realisiert werden.

Neben der auf diese Weise definierten dreidimensionalen Euler-Charakteristik ist es in der Literatur ebenso gebräuchlich, nur die Mantelflächen  $\partial\mathcal{S}$  der abgebildeten Strukturen  $\mathcal{S}$  zu betrachten und auf dieser zweidimensionalen Mannigfaltigkeit eine eigene Charakteristik zu erklären: Liefert eine Triangularisierung<sup>50</sup> von  $\partial\mathcal{S}$   $\mathfrak{f}(\partial\mathcal{S})$  Dreiecke,  $\mathfrak{e}(\partial\mathcal{S})$  Kanten und  $\mathfrak{v}(\partial\mathcal{S})$  Eckpunkte, so bestimmt sich die zweidimensionale Euler-Charakteristik  $\chi(\partial\mathcal{S})$  zu

$$\chi = \mathfrak{f} - \mathfrak{e} + \mathfrak{v}.$$

<sup>47</sup>Ein Standard- $q$ -Simplex  $\Delta_q$  ist die konvexe Hülle der  $q + 1$  kanonischen Basisvektoren des  $\mathbb{R}^{q+1}$ ,  $\Delta_q \stackrel{\text{def}}{=} \{(t_0, \dots, t_q) \in \mathbb{R}^{q+1} : t_0, \dots, t_q \geq 0, \sum_{i=0}^q t_i = 1\}$ . Ein  $q$ -Simplex eines topologischen Raums  $\mathcal{X}$  ist dann jede stetige Abbildung  $T : \Delta_q \rightarrow \mathcal{X}$ .

<sup>48</sup>Für eine genauere Diskussion der Forderungen, die an Simplex-Mengen zu stellen sind, um wohldefinierte Polyeder zu erhalten, siehe z. B. [116].

<sup>49</sup>Konstruktionen dieser und ähnlicher Art werden in der Literatur auch als Übergang zum *continuous analog* bezeichnet. Auf diese Weise können „kontinuierliche“ Methoden der Mathematik für digitale Bilder erschlossen werden.

<sup>50</sup>Dies entspricht dem Übergang  $\mathfrak{p} \rightarrow \mathcal{C}(\mathfrak{p})$  der dreidimensionalen Betrachtung.

Diese Zahl nimmt für kompakte, zusammenhängende Flächen nur die Werte  $2, 0, -2, -4, -6, \dots$  an [30] und erlaubt somit die Definition der ganzzahligen Größe

$$\mathfrak{g} = \frac{2 - \chi(\partial\mathcal{S})}{2},$$

welche als *Geschlecht* oder *Genus* der Mantelfläche bezeichnet wird. Zusammenhängende Flächen mit dem Geschlecht  $\mathfrak{g}$  sind homöomorph zu Kugeln mit  $\mathfrak{g}$  angesetzten „Henkeln“ (siehe Abbildung 2.45).  $\mathfrak{g}$  entspricht also gerade der Anzahl der durch  $\mathcal{S}$  führenden Tunnel. Tatsächlich existiert eine feste Beziehung zwischen den Euler-Charakteristiken von  $\mathcal{S}$  und  $\partial\mathcal{S}$  (*Poincaré Dualität*):

$$\chi(\mathcal{S}) = \frac{1}{2}\chi(\partial\mathcal{S}).$$

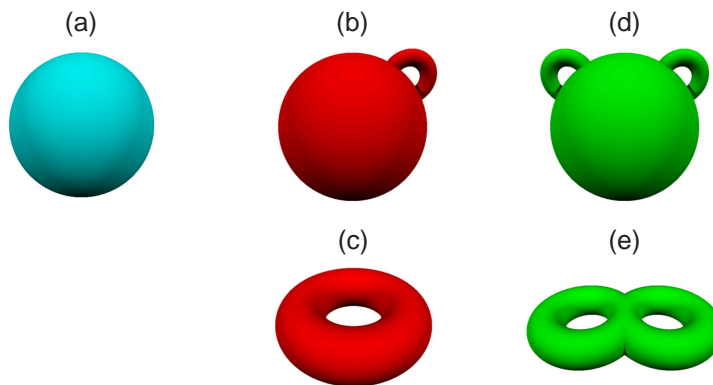


Abbildung 2.45: Mantelflächen verschiedenen Geschlechts. Abbildung (a) zeigt eine Kugel, d. h. eine Mantelfläche vom Geschlecht 0 und der Euler-Charakteristik 2. Die Abbildung (b) zeigt eine Kugel mit einem Henkel. Diese Fläche hat das Geschlecht 1 und die Euler-Charakteristik 0. Der Torus in Abbildung (c) ist hierzu homöomorph. Abbildung (d) zeigt eine Kugel mit 2 Henkeln. Diese Mantelfläche hat daher das Geschlecht 2 und die Euler-Charakteristik -2. Abbildung (e) zeigt den hierzu homöomorphen 2-Torus.

Mit Hilfe der Euler-Charakteristik ist es nun möglich, Kriterien für die Topologieerhaltung im dreidimensionalen Fall zu formulieren. Im Gegensatz zur zweidimensionalen Theorie existieren in der Literatur zum 3D-Thinning allerdings verschiedene, zum Teil zueinander inkompatible Ansätze. Der gemeinsame Nenner dieser Kriterien ist aber i. Allg. die aus ihnen ableitbare Definition der einfachen Punkte; d. h. es existiert eine gute Übereinstimmung, solange man sich auf sequentielle Löschoptionen beschränkt [90]:

**Kriterium 2.2**  $\mathbf{p}$  und  $\mathbf{q}$  seien dreidimensionale digitale Bilder der Zusammenhangsstruktur  $(m, n) \in \{(6, 26), (26, 6), (18, 6), (6, 18)\}$ , und  $\mathbf{q}$  gehe aus  $\mathbf{p}$  durch Löschung des Vordergrundpunktes  $\mathbf{r}$  hervor. Dann ist der Übergang von  $\mathbf{p}$  nach  $\mathbf{q}$  genau dann topologieerhaltend, bzw.  $\mathbf{r}$  ist genau dann einfach bzgl.  $\mathbf{p}$ , wenn die folgenden drei Bedingungen erfüllt sind:

1.  $\mathbf{r}$  ist  $m$ -zusammenhängend mit genau einer Komponente von  $\mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$ .
2.  $\mathbf{r}$  ist  $n$ -zusammenhängend mit genau einer Komponente von  $\mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \setminus \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$ .
3.  $\chi(\mathbf{p}) = \chi(\mathbf{q})$ .

Offensichtlich unterscheidet sich dieses Kriterium von seiner zweidimensionalen Version im Wesentlichen durch die Hinzunahme der dritten Bedingung, die, sofern 1 und 2 erfüllt sind, den Erhalt der „Tunnelanzahl“ einfordert. Allerdings sind nun die Bedingungen 1 und 2 nicht mehr äquivalent. Tatsächlich implizieren die Bedingungen 1 und 3 im Fall  $(m, n) \in \{(26, 6), (18, 6)\}$  die Bedingung 2, während im Fall  $(m, n) \in \{(6, 26), (6, 18)\}$  die Bedingung 1 aus den Bedingungen 2 und 3 abgeleitet werden kann.

Sei nun  $\mathbf{r} = (x_0, y_0, z_0)$  ein Randpunkt eines dreidimensionalen Bildes  $\mathbf{p}$ , welcher die dritte Bedingung des Kriteriums 2.2 erfüllt. An die Stelle  $\mathbf{r}$  können nun drei orthogonale Schnitte gelegt werden, die sich dann als zweidimensionale Bilder,  $\mathbf{p}_x$ ,  $\mathbf{p}_y$  und  $\mathbf{p}_z$ , auffassen lassen ( $(26, 6), (18, 6) \rightsquigarrow (8, 4)$  bzw.  $(6, 26), (6, 18) \rightsquigarrow (4, 8)$ ):

$$\begin{aligned} \mathcal{B}_{\mathbf{p}_x} &= \{(y, z) \in \mathbb{Z}^2 : (x_0, y, z) \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}}\}, \\ \mathcal{B}_{\mathbf{p}_y} &= \{(x, z) \in \mathbb{Z}^2 : (x, y_0, z) \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}}\}, \\ \mathcal{B}_{\mathbf{p}_z} &= \{(x, y) \in \mathbb{Z}^2 : (x, y, z_0) \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}}\}. \end{aligned}$$

In [163] konnte gezeigt werden, dass, wenn  $\mathbf{r}$  ein einfacher Punkt (im zweidimensionalen Sinne) von mindestens zwei der drei Schnittbilder  $\mathbf{p}_x$ ,  $\mathbf{p}_y$  und  $\mathbf{p}_z$  ist,  $\mathbf{r}$  auch in  $\mathbf{p}$  ein einfacher Punkt ist. Die Umkehrung dieser Aussage gilt allerdings nicht, womit dieses Kriterium strenger als 2.2 ist. 3D-Thinningverfahren, die auf diesem Kriterium basieren, sind für das hier diskutierte Kortextrekonstruktionsverfahren dennoch von besonderem Interesse, da durch diese eine gute Zusammenarbeit mit den ebenfalls eingesetzten 2D-Thinningverfahren in Aussicht gestellt ist.

In der Literatur existieren eine Reihe von (häufig leider nicht vollständig kompatiblen) direkten Erweiterungen des Kriteriums 1.1 auf 3D-Bilder. Sie ergänzen jeweils die beiden Bedingungen des 2D-Kriteriums durch zusätzliche Forderungen, welche der erhöhten Komplexität des dreidimensionalen Raums Rechnung tragen. So wird z. B. in [90] ein Kriterium vorgeschlagen, welches das algebraische Konzept der Fundamentalgruppe (auch erste Homotopiegruppe genannt) einsetzt:

$\mathbf{p}$  und  $\mathbf{q}$  seien dreidimensionale digitale Bilder und  $\mathbf{q}$  gehe aus  $\mathbf{p}$  hervor, indem alle Punkte einer gegebenen Menge  $\mathcal{D} \subseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}}$  aus  $\mathbf{p}$  gelöscht werden. Dann



ist der Übergang von  $\mathfrak{p}$  nach  $\mathfrak{q}$  genau dann topologieerhaltend, wenn die folgenden Bedingungen erfüllt sind:

1. Jede Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$  enthält genau eine Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathfrak{q}}$ .
2. Jede Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathfrak{q}}^{\mathbb{C}}$  enthält genau eine Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{B}_{\mathfrak{p}}^{\mathbb{C}}$ .
3. Die Einbettung  $i : \mathcal{B}_{\mathfrak{q}} \rightarrow \mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$  induziert für jeden Punkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_{\mathfrak{q}}$  einen Gruppenisomorphismus  $i_{(\mathbf{r})}^* : \pi_1(\mathfrak{q}, \mathbf{r}) \rightarrow \pi_1(\mathfrak{p}, \mathbf{r})$ .
4. Die Einbettung  $j : \mathcal{B}_{\mathfrak{p}}^{\mathbb{C}} \rightarrow \mathcal{B}_{\mathfrak{q}}^{\mathbb{C}}$  induziert für jeden Punkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_{\mathfrak{p}}^{\mathbb{C}}$  einen Gruppenisomorphismus  $j_{(\mathbf{r})}^* : \pi_1(\mathfrak{p}^{\mathbb{C}}, \mathbf{r}) \rightarrow \pi_1(\mathfrak{q}^{\mathbb{C}}, \mathbf{r})$ .

Zur Konstruktion der Fundamentalgruppe betrachtet man die Menge aller geschlossenen Wege mit festem Anfangs- und Endpunkt  $\mathbf{r}$ , die vollständig innerhalb eines betrachteten Objekts  $\mathcal{X}$  — formal ist dies ein topologischer Raum — verlaufen<sup>51</sup>. Zwei Wege werden dabei als äquivalent betrachtet, wenn sie homotop zueinander sind, d. h. wenn sie sich stetig ineinander deformieren lassen<sup>52</sup>. Auf der Menge der hierdurch definierten Äquivalenzklassen wird über das Aneinanderhängen von Wegen<sup>53</sup> eine Gruppenstruktur festgelegt, dessen neutrales Element die Äquivalenzklasse des Punktwegs<sup>54</sup> ist und bei der die Inversenbildung durch Umkehrung der Durchlaufrichtung geschieht<sup>55</sup>. Diese Gruppe heißt Fundamentalgruppe oder (erste) Homotopiegruppe von  $\mathcal{X}$  mit Basispunkt  $\mathbf{r}$  und wird mit  $\pi_1(\mathcal{X}, \mathbf{r})$  bezeichnet.

Die Fundamentalgruppe ist insbesondere geeignet, Tunnelstrukturen zu charakterisieren: Im Falle einer Kugel besteht die Fundamentalgruppe beispielsweise (unabhängig vom Basispunkt) nur aus dem neutralen Element, da sich jeder geschlossene Weg innerhalb der Kugel ungehindert auf seinen Ursprung zusammenziehen kann. Im Gegensatz dazu kann sich eine geschlossene Kurve, die den Tunnel innerhalb eines Torus umschließt, nicht auf einen Punkt zusammenziehen, ohne den Torus zu verlassen. Tatsächlich ist die Fundamentalgruppe eines Torus<sup>56</sup> (wiederum unabhängig von der Lage des Basispunktes) isomorph zu  $\mathbb{Z}$ . Die Zahlen aus  $\mathbb{Z}$  beschreiben dabei die Anzahl der Umläufe um den Tunnel, sowie, über das Vorzeichen, den Umlaufsinn.

<sup>51</sup>Konkret handelt es sich hierbei um stetige Abbildung  $\sigma : [0, 1] \rightarrow \mathcal{X}$ , für die  $\sigma(0) = \sigma(1) = \mathbf{r}$  gilt.

<sup>52</sup>Zwei geschlossene Kurven  $\sigma$  und  $\tau$  heißen homotop, wenn es eine stetige Abbildung  $F : [0, 1] \times [0, 1] \rightarrow \mathcal{X}$  gibt mit  $F(s, 0) = \sigma(s)$ ,  $F(s, 1) = \tau(s)$  und  $F(0, t) = F(1, t) = \mathbf{r} \forall t$ .

<sup>53</sup> $\rho = \sigma\tau$ , wobei  $\rho(t) = \sigma(2t)$  für  $0 \leq t \leq 1/2$  und  $\rho(t) = \tau(2t - 1)$  für  $1/2 < t \leq 1$  gilt.

<sup>54</sup> $[0, 1] \rightarrow \mathcal{X}, t \mapsto \mathbf{r}$ .

<sup>55</sup> $\sigma^{-1}(t) = \sigma(1 - t) \forall t$ .

<sup>56</sup>Gemeint ist hier der Torus als dreidimensionale Mannigfaltigkeit. Die in Beispielen häufiger diskutierte Mantelfläche hat eine Fundamentalgruppe isomorph zu  $\mathbb{Z} \times \mathbb{Z}$ .

Ein neueres, ebenfalls auf der algebraischen Topologie fußendes Kriterium wird in [108] diskutiert. Es wird dort gezeigt, dass man ein Kriterium für einfache Punkte sehr elegant mit Hilfe der Homologietheorie [107] formulieren kann; insbesondere erlaubt es diese Theorie, das Kriterium für beide hier interessierenden Dimensionen gemeinsam zu formulieren:

Sei  $\mathfrak{p}$  ein zwei- oder dreidimensionales Bild und sei  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$ .  $\mathfrak{q}$  bezeichne das durch  $\mathcal{B}_{\mathfrak{q}} = \mathcal{B}_{\mathfrak{p}} \setminus \{\mathbf{r}\}$  induzierte Bild, also  $\mathfrak{p}$  nach Löschung des Punktes  $\mathbf{r}$ . Dann sind folgende Aussagen äquivalent:

- (a)  $\mathbf{r}$  ist ein einfacher Punkt.
- (b) Die Einbettung  $i : \mathcal{B}_{\mathfrak{q}} \rightarrow \mathcal{B}_{\mathfrak{p}}$  induziert Isomorphismen  $i_{\rho} : \mathcal{H}_{\rho}(\mathfrak{q}) \rightarrow \mathcal{H}_{\rho}(\mathfrak{p})$  für alle  $\rho \geq 0$ .

$\mathcal{H}_{\rho}$  bezeichnet hierbei die dem entsprechenden Bild zugeordnete  $\rho$ -te Homologiegruppe. Obwohl die Homologietheorie abstrakter ist als die Theorie der Fundamentalgruppen, ist ihre Anwendung auf digitale Bilder dennoch natürlicher, nicht zuletzt, da die Homologiegruppen über Simplexes definiert werden, was die Übertragung der klassischen Definitionen auf digitale Bilder sehr vereinfacht. Die simpliziale Struktur dieser Theorie liefert auch einen interessanten Zusammenhang zwischen den Rangzahlen<sup>57</sup> der Homologiegruppen (auch *Betti-Zahlen* genannt) und der Euler-Charakteristik [108]:

$$\chi(\mathfrak{p}) = \sum_{\rho=0}^m (-1)^{\rho} \operatorname{rg}(\mathcal{H}_{\rho}(\mathfrak{p})).$$

## 2.7.4 Algorithmen

Im Rahmen des hier vorgestellten Kortextrekonstruktionsverfahrens wurden zwei unterschiedliche 2D-Thinning-Algorithmen implementiert. Zum einen wurde das von Arcelli *et al.* [3] beschriebene Verfahren realisiert und zum anderen wurde auf der Grundlage der in Abschnitt 2.7.3 dargestellten Theorie ein eigenes Thinning-Verfahren abgeleitet.

Nach Arcelli *et al.* [3] kann ein Vordergrundpunkt  $\mathbf{r}$  eines binären Bildes  $\mathfrak{p}$  genau dann getilgt werden, wenn seine 8-Umgebung einem der in Abbildung 2.46 aufgeführten Muster entspricht. Die rote 1 in den Masken kennzeichnet dabei den betrachteten Vordergrundpunkt  $\mathbf{r}$ , während die umgebenden Symbole die erlaubten Konfigurationen von  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r})$  beschreiben. Die mit 1 gekennzeichneten Felder dürfen nur von Vordergrundpunkten, die mit 0 gekennzeichneten Felder nur von Hintergrundpunkten belegt werden. Die Belegung der mit 0/1 gekennzeichneten Felder hat keinen Einfluss auf die Bewertung der Umgebung von  $\mathbf{r}$ .

<sup>57</sup>Der Rang abelscher Gruppen entspricht formal dem Dimensionbegriff bei Vektorräumen (allerdings kommt bei nicht-torsionsfreien abelschen Gruppen der Übergang zur Faktorgruppe bzgl. der Untergruppe der Torsionselemente als zusätzliche Abstraktion hinzu).

Nord	Süd	West	Ost								
0	0	0	1	1	0/1	0	0/1	1	0/1	0/1	0
0/1	1	0/1	0/1	1	0/1	0	1	1	1	1	0
0/1	1	1	0	0	0	0	0/1	0/1	1	0/1	0
0/1	0	0	0/1	1	0/1	0	0	0/1	0/1	1	0/1
1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0
0/1	1	0/1	0	0	0/1	0/1	1	0/1	0/1	0	0

Abbildung 2.46: Maskensatz für das 2D-Thinning-Verfahren von Arcelli *et al.* [3]. Die rote 1 bezeichnet den betrachteten Zentralpunkt, der hier stets ein Vordergrundpunkt sein muss. Schwarz unterlegte Felder (mit 1 gekennzeichnet) dürfen nur von Vordergrundpunkten, weiße Felder (mit 0 gekennzeichnet) nur von Hintergrundpunkten belegt sein. Die Belegung der grau unterlegten Felder (mit 0/1 gekennzeichnet) ist für die Auswertung ohne Bedeutung.

Man berechnet nun aus einem Bild  $p$  die zugehörige Thinning-Transformation  $q$ , indem in einem iterativen Verfahren solange Vordergrundpunkte aus  $p$  gelöscht werden, bis das obige Kriterium die Tilgung keines weiteren Bildpunktes mehr zulässt. Jeder komplette Durchgang durch die Bildpunktmenge, d. h. eine einzelne Iteration, wird dabei in vier Subzyklen unterteilt. Im ersten Subzyklus werden nur Nord-Randpunkte untersucht<sup>58</sup>, d. h. es werden nur die beiden Masken der Spalte „Nord“ in der Abbildung 2.46 verwendet. Erst nachdem alle löschbaren Nordpunkte ermittelt wurden, werden diese Punkte simultan gelöscht. Nach der Verarbeitung der nördlichen Randpunkte wird eine analoge Operation für die Süd-Randpunkte (Spalte „Süd“ in Abbildung 2.46), dann für die West-Randpunkte (Spalte „West“) und schließlich für die Ost-Randpunkte (Spalte „Ost“) durchgeführt.

Abbildung 2.47 zeigt die Anwendung des Verfahrens auf ein Testbild. Die Objekte des Originalbildes sind in der Abbildung in Grau gehalten. Die berechneten Skelette sind den einzelnen Objekten als weiße Linienzüge überlagert. Offensichtlich erhalten alle Skelettlinien die Topologie ihrer Ausgangsobjekte. Inwieweit diese Linien auch die Geometrie der skelettierten Objekte widerspiegeln, ist dagegen interpretationsabhängig. Zumindest die Skelettlinie des Objektes (c) scheint unzureichend.

Obwohl der Algorithmus als paralleles Verfahren konzipiert wurde, kann auch ein sequentieller Einsatz der Masken aus Abbildung 2.46 sinnvoll sein. Hierbei wird jeder Bildpunkt, nachdem er als löscher charakterisiert wurde, unverzüglich

<sup>58</sup>Siehe die Theorie zum parallelen 2D-Thinning in Abschnitt 2.7.3.

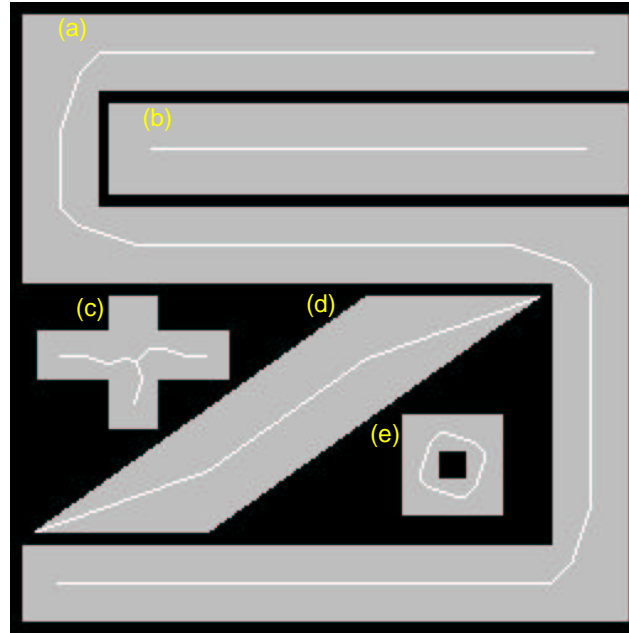


Abbildung 2.47: Anwendung des Thinning-Verfahrens von Arcelli *et al.* [3] auf ein Testbild. Dem in Grau gehaltenen Originalbild ist das berechnete Skelett in Weiß überlagert.

getilgt. Die Anwendung dieser „serialisierten“ Version des Algorithmus auf das obige Testbild ist in Abbildung 2.48 gezeigt. Das Resultat ähnelt stark dem Ergebnis, das von einer Mittelachsentransformation zu erwarten wäre (siehe Abschnitt 2.7.2). Dennoch arbeitet dieses Verfahren die Objektgeometrie im Beispiel (c) besser heraus als die Originalversion des Algorithmus. Zudem ist seine Eigenschaft, auch kleinste Verästelungen zu repräsentieren, mitunter sehr nützlich<sup>59</sup>.

Der zweite im Rahmen der Kortextrekonstruktion eingesetzte 2D-Thinning-Algorithmus ist eine aus der in Abschnitt 2.7.3 dargestellten Theorie abgeleitete Eigenentwicklung. Das Verfahren arbeitet iterativ, berechnet also die Verdünnung eines Ausgangsbildes  $\mathbf{p}$  zu einem Skelettbild  $\mathbf{q}$  durch Konstruktion einer antitonen Folge binärer Bilder  $\mathbf{p} = \mathbf{p}_0, \mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2, \dots$  mit  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}} \supseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}_1} \supseteq \mathcal{B}_{\mathbf{p}_2} \dots$ . Der Algorithmus terminiert, wenn die Folge  $((\mathbf{p}_i))_{i \in \mathbb{N}_0}$  stationär wird, d. h. wenn für ein  $n \in \mathbb{N}_0$  gilt:

$$\forall i = 0, \dots, n-1 : \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i} \supsetneq \mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i+1}}, \\ \mathcal{B}_{\mathbf{p}_n} = \mathcal{B}_{\mathbf{p}_{n+1}}.$$

Das zu  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{n+1}} \stackrel{\text{def}}{=} \mathcal{B}_{\mathbf{q}}$  gehörige Bild  $\mathbf{q}$  ist dann das Ergebnis der Thinning-Transformation.

<sup>59</sup>Gelegentlich aber auch sehr unerwünscht. Generell bezeichnet man Nachbearbeitungsverfahren, die kurze, rauschinduzierte Verzweigungen aus Thinning-Transformationen entfernen, als *Pruning*-Verfahren.

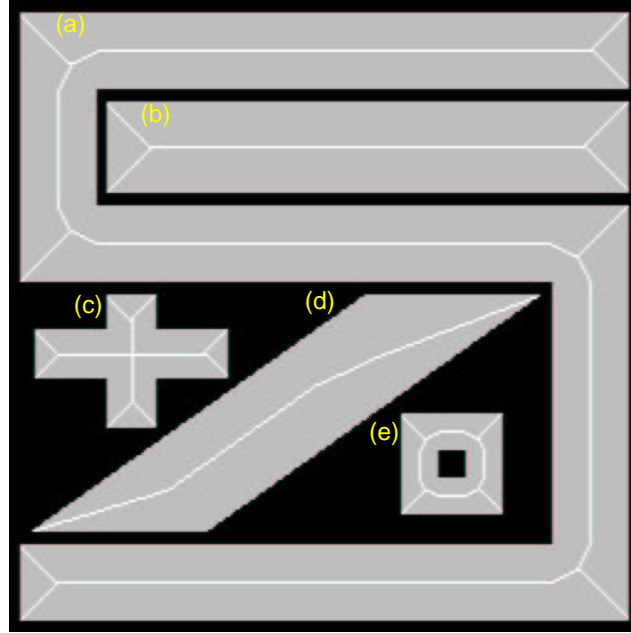


Abbildung 2.48: Anwendung der serialisierten Version des Thinning-Verfahrens von Arcelli *et al.* [3] auf das Testbild aus Abbildung 2.47.

Den Kern der Verfahrens bildet die Funktion `deletable`, die für jeden Punkt entscheidet, ob dieser zum gegenwärtigen Zeitpunkt gelöscht werden kann oder nicht. `deletable` setzt sich aus drei Teilen zusammen: der Funktion `hole`, die die Erzeugung von Löchern verhindert, der Funktion `connected` zur Überprüfung der lokalen Zusammenhangsstruktur, und schließlich der Funktion `endpoint`, die auf Endpunktkonfigurationen achtet. Alle diese Funktionen erwarten eine  $(8, 4)$ -Topologie, d. h. die Vordergrundpunkte werden als 8-zusammenhängend, die Hintergrundpunkte als 4-zusammenhängend betrachtet.

`hole`  $(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i)$ ,  $i \in \mathbb{N}_0$ ,  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^2$ , liefert genau dann `true` (d. h. einen Wahrheitswert von 1), wenn  $\mathbf{r}$  im gegenwärtigen Iterationsschritt ein Vordergrundpunkt ist (wenn also  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  gilt) und keine der in Abbildung 2.49 gezeigten Masken die aktuelle Konfiguration von  $\mathbf{r}$  in  $\mathbf{p}_i$  beschreibt.

Die Funktion `connected`  $(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i)$ ,  $i \in \mathbb{N}_0$ ,  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^2$ , untersucht, ob die Entfernung des Vordergrundpunktes  $\mathbf{r}$  die Zusammenhangsstruktur von  $\mathbf{p}_i$  ändern würde. Ist  $\mathbf{r} \notin \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  oder  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i} = \emptyset$ , so liefert `connected`  $(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i)$  `false` (also einen Wahrheitswert von 0) zurück. Die letztgenannte Bedingung verhindert dabei die Entfernung isolierter Punkte. Es sei nun  $\mathbf{s}$  ein Punkt aus  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  und `region` ein Flood-Filling-Verfahren (siehe Abschnitt 2.6.1), welches nur auf dem Teilbild  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  operiert,  $\mathcal{U}_8 : \mathbb{Z}^2 \rightarrow \mathfrak{P}(\mathbb{Z}^2)$  als Nachbarschaftsabbildung verwendet und sich auf  $P(\mathbf{u}) \stackrel{\text{def}}{=} (\mathbf{u} \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i})$  als Homogenitätskriterium stützt. `region`  $(\mathbf{s}, \mathbf{p}_i)$  liefert also diejenige 8-Zusammenhangskomponente aus  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  zurück, zu der

0/1	0	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1
0/1	1	0/1	0/1	1	0	0/1	1	0/1	0	1	0/1
0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0	0/1	0/1	0/1	0/1

Abbildung 2.49: Maskensatz für die Funktion `hole`. Hinsichtlich der verwendeten Symbole siehe Abbildung 2.46.

$s$  gehört<sup>60</sup>. Ist nun die von `region(s, pi)` bestimmte Zusammenhangskomponente die einzige Zusammenhangskomponente in  $\mathcal{U}_s(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{p_i}$ , so liefert `connected(r, pi)` `true` zurück:

$$\begin{aligned} \text{connected}(\mathbf{r}, p_i) = & \quad \mathbf{r} \in \mathcal{B}_{p_i} \\ & \wedge \mathcal{U}_s(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{p_i} \neq \emptyset \\ & \wedge \exists s \in \mathcal{U}_s(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{p_i} : \text{region}(s, p_i) = \mathcal{U}_s(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{p_i}. \end{aligned}$$

Die Funktion `endpoint(r, pi)`,  $i \in \mathbb{N}_0$ ,  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^2$ , überprüft, ob der Punkt  $\mathbf{r}$  in  $p_i$  ein Linienendpunkt ist. `endpoint(r, pi)` liefert daher genau dann `true`, wenn  $\mathbf{r}$  ein Vordergrundpunkt bzgl.  $p_i$  ist und  $\mathcal{U}_s(\mathbf{r})$  mit einer der in Abbildung 2.50 gezeigten Konfigurationen übereinstimmt.

1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0
0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0

Abbildung 2.50: Maskensatz für die Funktion `endpoint`. Hinsichtlich der verwendeten Symbole siehe Abbildung 2.46.

Ein Punkt  $\mathbf{r}$  eines Bildes  $p_i$ ,  $i \in \mathbb{N}_0$ , ist nun genau dann löschbar, d. h. `deletable(r, pi)` liefert genau dann `true`, wenn durch Löschen dieses Punktes kein Loch entsteht (`hole(r, pi) = false`), die Zusammenhangsstruktur unverändert bleibt (`connected(r, pi) = true`) und kein Linienendpunkt gelöscht

<sup>60</sup>Es ist hier natürlich ausschlaggebend, dass  $\mathbf{r}$  nicht zu  $\mathcal{U}_s(\mathbf{r})$  gehört (siehe Abschnitt 2.2.2).



wird ( $\text{endpoint}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i) = \text{false}$ ):

$$\text{deletable}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i) = \neg \text{hole}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i) \wedge \text{connected}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i) \wedge \neg \text{endpoint}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i).$$

Zur konkreten Berechnung von `deletable` ist es nicht notwendig, die oben beschriebenen Rechenschritte für jeden interessierenden Vordergrundpunkt jedes Mal erneut auszuführen. Lagert man die Bedingung  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  aus `deletable` aus, so hängt der Wert dieser Funktion nur noch von  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  ab. Da es aber nur  $|\mathfrak{P}(\mathcal{U}_8(\mathbf{r}))| = 256$  mögliche Umgebungsconfigurationen gibt, ist es möglich, alle auftretenden Werte in einer relativ kleinen Tabelle zu speichern:  $((\text{deletable}_k))_{k=0, \dots, 255}$ . Der zu einem Tupel  $(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i)$  gehörige Index  $k$  kann dabei beispielsweise über die Abbildung

$$\begin{aligned} k = \mathbb{k}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i) \stackrel{\text{def}}{=} & \sum_{s=-1}^{+1} p_i(r_x + s, r_y - 1) 2^{s+1} + \\ & p_i(r_x - 1, r_y) 2^3 + p_i(r_x + 1, r_y) 2^4 + \\ & \sum_{s=-1}^{+1} p_i(r_x + s, r_y + 1) 2^{s+6} \end{aligned}$$

kodiert werden, wobei  $p_i : \mathbb{Z}^2 \rightarrow \{0, 1\}$  die zum Bild  $\mathbf{p}_i$  gehörige Grauwertverteilung darstellt. `deletable`  $(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i)$  vereinfacht sich dadurch zu

$$\text{deletable}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i) = \mathbf{r} \in \mathcal{B}_{\mathbf{p}_i} \wedge \text{deletable}_{\mathbb{k}(\mathbf{r}, \mathbf{p}_i)}.$$

Für den Übergang  $\mathbf{p}_i$  zu  $\mathbf{p}_{i+1}$  müssen nun alle Randpunkte<sup>61</sup> aus  $\mathbf{p}$  mittels `deletable` überprüft und ggf. gelöscht werden. Dies kann prinzipiell auf zwei Arten geschehen: sequentiell oder parallel. Wird ein Bildpunkt gelöscht, so beeinflusst diese Operation die Bewertung der Funktion `deletable` für alle unmittelbar angrenzenden Bildpunkte. Die Reihenfolge, in der die Bildpunkte verarbeitet werden, beeinflusst also im entscheidenden Maße das Ergebnis der Thinning-Transformation; eine Tatsache, die insbesondere im Hinblick auf die Reproduzierbarkeit von Bildverarbeitungsverfahren höchst unerwünscht ist. Naturgemäß sind sequentielle Vorgehensweisen weit stärker betroffen als parallele Methoden. Tatsächlich wäre eine vollständig parallele Methode, also eine Methode, bei der zunächst alle löschbaren Punkte ermittelt und anschließend gemeinsam gelöscht werden, völlig unabhängig von der Bearbeitungsreihenfolge. Allerdings wäre ein solches Vorgehen weder geometrie- noch topologieerhaltend (siehe Abbildung 2.51). Ein Kompromiss stellt die in Abschnitt 2.7.3 erläuterte Aufspaltung der Randpunktmenge in nördliche, südliche, westliche und östliche Randpunkte dar. Die vier Einzelschritte werden parallel ausgeführt und sind daher jeweils von der Bearbeitungsreihenfolge unabhängig. Es verbleiben aber 24 Möglichkeiten,

<sup>61</sup>Wegen `hole` sind höchstens Randpunkte tilgbar.

die Teilschritte innerhalb einer Iteration anzuordnen<sup>62</sup>, und es steht zu erwarten, dass jede dieser Anordnungen zu einem anderen Ergebnis führt. Nichtsdestotrotz ist diese pseudo-parallele Lösung sicherlich stabiler als jeder sequentielle Ansatz und wird daher im Folgenden realisiert.

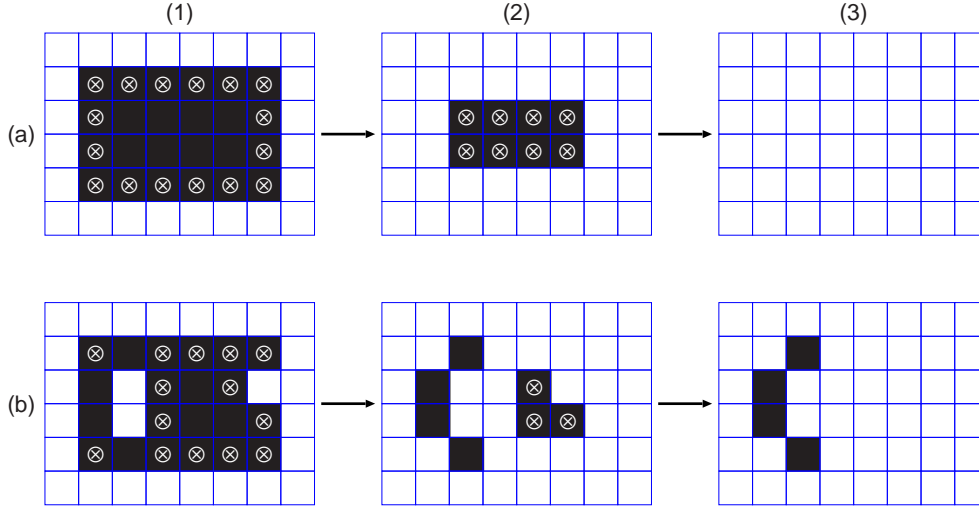


Abbildung 2.51: Parallele Anwendung von `deletable` auf zwei Testbilder. Die beiden Ausgangsbilder sind in der Spalte (1) dargestellt. Die Spalte (2) zeigt die Bilder nach der ersten, die Spalte (3) nach der zweiten Iteration. Die mit  $\otimes$  markierten Bildpunkte wurden jeweils von `deletable` als löscherbar identifiziert. In beiden Skelettierungen wurde offensichtlich die Topologie des jeweiligen Ausgangsobjekts ignoriert; Bild (a) wurde sogar vollständig gelöscht.

Der Übergang von  $\mathbf{p}_i$  zu  $\mathbf{p}_{i+1}$  teilt sich also, Abbildung 2.52 folgend, in vier Teilschritte auf, die zu den Bildern  $\mathbf{p}_{i,1}$ ,  $\mathbf{p}_{i,2}$ ,  $\mathbf{p}_{i,3}$  und  $\mathbf{p}_{i,4}$  führen. Die Symbole  $\mathbf{p}_{i,0}$  und  $\mathbf{p}_{i,4}$  in der Abbildung sind dabei jeweils Synonyme für  $\mathbf{p}_i$  bzw.  $\mathbf{p}_{i+1}$ . Seien nun  $F_1, F_2, F_3, F_4 : \mathfrak{P}(\mathbb{Z}^2) \rightarrow \mathfrak{P}(\mathbb{Z}^2)$  Filterfunktionen, die von einer übergebenen Menge von Randpunkten entweder nur Nord-Randpunkte, nur Süd-Randpunkte, nur West-Randpunkte oder nur Ost-Randpunkte durchlassen<sup>63</sup>. Die konkrete Aufteilung der Richtungen Nord, Süd, West und Ost auf die Indizes 1, 2, 3 und 4 gehört dabei zu den Einstellungsmöglichkeiten des hier vorgestellten Algorithmus. Sei nun `deletable` die Erweiterung von `deletable` auf Mengen, d. h.  $\mathbf{deletable}(\mathcal{M}, \mathbf{p}) = \{\mathbf{r} \in \mathcal{M} : \mathbf{deletable}(\mathbf{r}, \mathbf{p})\}$ , so kann der Übergang von  $\mathbf{p}_{i,\tau}$  nach  $\mathbf{p}_{i,\tau+1}$ ,  $i \in \mathbb{N}_0$ ,  $\tau \in \{0, 1, 2, 3\}$  folgendermaßen formuliert werden:

$$\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\tau+1}} = \mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\tau}} \setminus \mathbf{deletable}(F_{\tau+1}(\partial\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\tau}}), \mathbf{p}_{i,\tau}).$$

<sup>62</sup>Jede Iteration könnte sogar eine andere Anordnung der Teilschritte realisieren.

<sup>63</sup>Es ist zu beachten, dass  $F_1(\partial\mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}) \cup F_2(\partial\mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}) \cup F_3(\partial\mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}) \cup F_4(\partial\mathcal{B}_{\mathbf{p}_i})$  keine disjunkte Aufteilung der Randpunktmenge  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_i}$  darstellt, da ein Nord-Randpunkt beispielsweise ohne weiteres auch West-Randpunkt sein kann.

Um vor dem ersten Iterationsschritt ein initiales  $\partial\mathcal{B}_p$  zu bestimmen, muss jeder Punkt aus  $\mathcal{B}_p$  überprüft werden. In nachfolgenden Schritten ist es dann aber nur noch nötig, die Randpunktmenge simultan zu den durchgeführten Löschoptionen zu aktualisieren, um schließlich am Ende jedes Verfahrensschrittes eine neue Randpunktmenge  $\partial\mathcal{B}_{p_{i,\tau}}$  zu erhalten. Es müssen auf diese Weise in jedem Schritt nur relativ wenige Punkte überprüft werden.

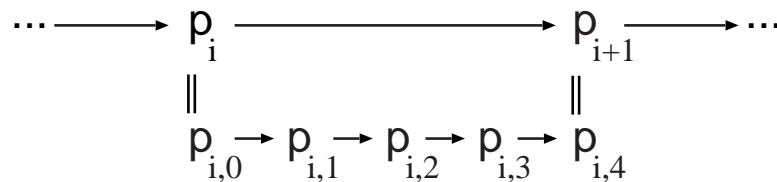


Abbildung 2.52: Aufspaltung des Übergangs  $\mathbf{p}_i$  nach  $\mathbf{p}_{i+1}$  in vier Einzelschritte, gemäß der Unterteilung der Randpunktmenge in nördliche, südliche, westliche und östliche Randpunkte.

Die Abbildung 2.53 zeigt eine Anwendung des Algorithmus auf das Testbild aus Abbildung 2.47. Jede Iteration wurde in der Reihenfolge Nord-Randpunkte, Süd-Randpunkte, West-Randpunkt und schließlich Ost-Randpunkte in Subzyklen aufgeteilt. Im Vergleich zum Ergebnis aus Abbildung 2.47 ist das resultierende Skelett hier offensichtlich geometrietreuer. Insbesondere die Figur (c) wurde jetzt zufrieden stellend skelettiert.

Das Ergebnis aus Abbildung 2.53 hängt davon ab, in welcher Reihenfolge die Subzyklen abgearbeitet werden. In Abbildung 2.54 sind die Ergebnisse aus 3 verschiedenen Thinning-Transformationen übereinander projiziert. Das Resultat aus Abbildung 2.53 ist hierbei in Grün dargestellt, während die rot eingezeichnete Skelettlinie von einem Programmdurchlauf mit der Subzyklenreihenfolge Ost–West–Süd–Nord stammt. Die dritte Beispiel-Transformation arbeitet die Randpunkte in der Reihenfolge Nord–West–Süd–Ost ab und ist in Abbildung 2.54 in Blau eingetragen. Die verbleibenden 21 Möglichkeiten zeigen Abweichungen in der gleichen Größenordnung wie die hier gezeigten drei Beispiele. Der Algorithmus scheint also relativ stabil gegen Veränderungen in der Abarbeitungsreihenfolge zu sein.

Zur Behandlung dreidimensionaler Thinning-Probleme wurden zwei verschiedene Algorithmen implementiert: Das von Srihari *et al.* [151] vorgeschlagene Verfahren und eine von Tsao und Fu [162] beschriebene Weiterentwicklung. Beide Verfahren wurden für Bilder mit einer  $(26, 6)$ -Topologie konzipiert, d. h. sie nehmen für die Vordergrundpunkte eine 26-Nachbarschaftsbeziehung an, während die Hintergrundpunkte als 6-zusammenhängend betrachtet werden. Sei nun  $\mathbf{p}$  ein binäres Bild dieser topologischen Struktur und sei  $\mathbf{r}$  ein Randpunkt. Jedes der beiden Verfahren fordern dann für die Tilgbarkeit von  $\mathbf{r}$ , dass die Zusam-

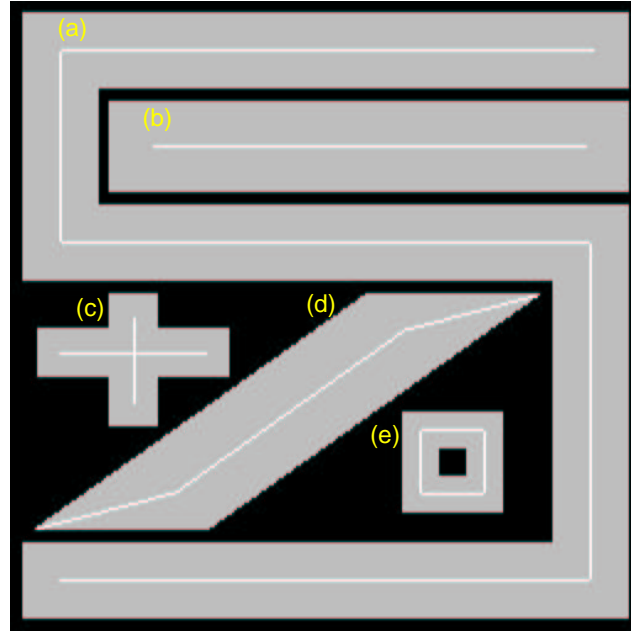


Abbildung 2.53: Anwendung des neu entwickelten 2D-Thinning-Verfahrens auf das Testbild aus 2.47. Die Verarbeitungsreihenfolge der Subzyklen ist Nord–Süd–West–Ost.

menhangsstruktur in  $\overline{\mathcal{U}}_{26}(\mathbf{r}) = \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cup \{\mathbf{r}\}$  trotz Löschung von  $\mathbf{r}$  verändert bleibt. Zur Sicherstellung dieser Forderung wurde im Rahmen der Implementierung ähnlich vorgegangen wie beim Kriterium `connected` im oben beschriebenen 2D-Verfahren. Bezeichnet also das Symbol  $\text{region}_{26}(\mathbf{u}, \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p)$  den Aufruf eines Flood-Filling-Verfahrens, welches diejenige 26-Zusammenhangskomponente von  $\mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p$  zurückgibt, in der  $\mathbf{u}$  enthalten ist, so stellt, völlig analog zu `connected`, die Bedingung

$$\exists \mathbf{u} \in \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p : \text{region}_{26}(\mathbf{u}, \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p) = \mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p$$

sicher, dass das Löschen von  $\mathbf{r}$  die Zusammenhangsstruktur von  $\mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p$  nicht berührt. Im Gegensatz zum zweidimensionalen Fall ist diese Bedingung aber nicht ausreichend, um auch die Invarianz der Zusammenhangsstruktur des Hintergrundes zuzusichern (siehe Abbildung 2.55). Die Zusammenhangsstruktur von  $\overline{\mathcal{U}}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p^c = (\mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p^c) \cup \{\mathbf{r}\}$  muss also gesondert überprüft werden:

$$\begin{aligned} \mathcal{T}(\mathbf{r}) &\stackrel{\text{def}}{=} \text{region}_6\left(\mathbf{r}, \overline{(\mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p^c)}\right) \setminus \{\mathbf{r}\}, \\ \exists \mathbf{u} \in \mathcal{T}(\mathbf{r}) : \text{region}_6(\mathbf{u}, \mathcal{T}(\mathbf{r})) &= \mathcal{T}(\mathbf{r}). \end{aligned}$$

Nach demselben Muster wie in  $\text{region}_{26}$  bezeichne hier  $\text{region}_6(\mathbf{u}, \mathcal{M})$  das Ergebnis eines Flood-Filling-Prozesses auf  $\mathcal{M}$  mit Ausgangspunkt  $\mathbf{u}$ . Die zugrun-

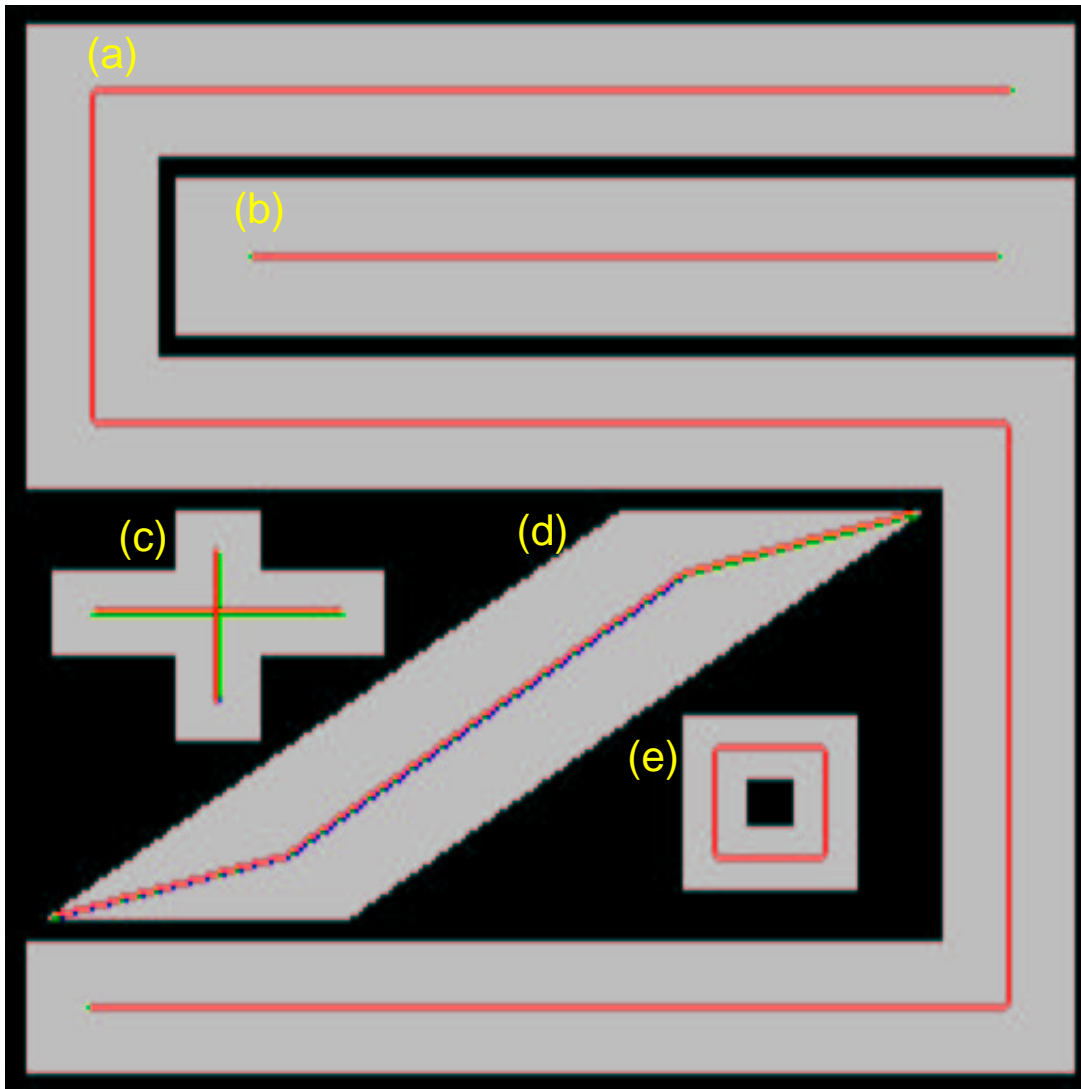


Abbildung 2.54: Überlagerung dreier Programmläufe des neu entwickelten 2D-Thinning-Verfahrens. Das Ergebnis aus 2.53 ist hier nochmals in Grün dargestellt. Die beiden anderen Beispiel-Transformation unterscheiden sich hiervon nur durch die Reihenfolge der Subzyklen: Die rote Skelettlinie wurde über Ost–West–Süd–Nord, die blaue über Nord–West–Süd–Ost erzeugt. Die Skelettlinien wurden in der Reihenfolge blau, grün, rot eingetragen. Daher überdeckt z. B. die rote Linie die grüne und die grüne Skelettlinie die blaue.

de liegende Nachbarschaftsabbildung ist hier aber  $\mathcal{U}_6 : \mathbb{Z}^2 \rightarrow \mathfrak{P}(\mathbb{Z}^2)$ . Die Einschränkung des Flood-Filling-Prozesses auf  $\mathcal{T}(\mathbf{r})$  in obiger Bedingung ist notwendig, da hier nur diejenigen Zusammenhangskomponenten des Hintergrundes interessieren, die mit  $\mathbf{r}$  6-verbunden sind.

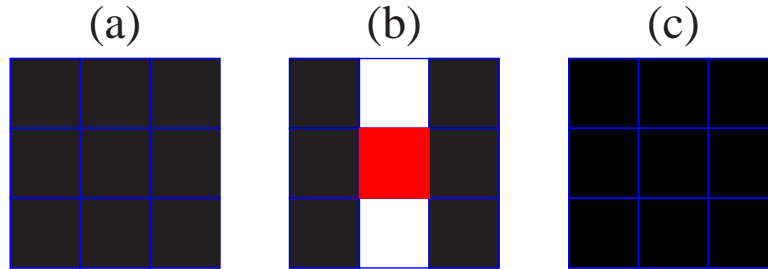


Abbildung 2.55: Unterschiedliches Verhalten von Zusammenhangsstrukturen in 2D und 3D bei Löschung eines Voxels. (a), (b) und (c) zeigen drei aufeinander folgende, parallele Schnitte durch die  $\overline{\mathcal{U}}_{26}$ -Umgebung des rot markierten Bildpunktes. Vordergrundpunkte sind in Schwarz und Rot, Hintergrundpunkte in Weiß eingezeichnet. Löscht man den roten Bildpunkt, so verschmelzen die beiden Hintergrundkomponenten zu einer einzelnen Komponente. Die Zusammenhangsstruktur würde sich also ändern. Allerdings ist dies an der Vordergrundmenge nicht abzulesen: Die Anzahl der Vordergrundkomponenten bleibt konstant. Im Zweidimensionalen tritt dieses Phänomen nicht auf. Betrachtet man (b) als Diagramm einer 2D-Umgebung, so würde sich durch Löschung des roten Bildpunktes die Anzahl der Zusammenhangskomponenten des Vordergrundes von eins auf zwei ändern.

Beide hier vorgestellten Algorithmen arbeiten als iterative Prozesse, wobei jede Iteration, ganz analog zu den oben beschriebenen zweidimensionalen Verfahren, eine Aufspaltung in Randpunktklassen erfährt. Allerdings treten nun zu den nördlichen, südlichen, westlichen und östlichen Randpunkten zwei neue Klassen hinzu, die hier als *vordere*  $((x, y, z) \in \mathcal{B}_p$  mit  $(x, y, z - 1) \notin \mathcal{B}_p$ ) bzw. *hintere Randpunkte*  $((x, y, z) \in \mathcal{B}_p$  mit  $(x, y, z + 1) \notin \mathcal{B}_p$ ) bezeichnet werden sollen. Als Symbole für die verschiedenen Randpunktrichtungen seien  $\mathbf{n}$  (nördlicher Randpunkt),  $\mathbf{s}$  (südlicher Randpunkt),  $\mathbf{w}$  (westlicher Randpunkt),  $\mathbf{e}$  (östlicher Randpunkt),  $\mathbf{v}$  (vorderer Randpunkt) und schließlich  $\mathbf{h}$  (hinterer Randpunkt) vereinbart. Zu jeder Randpunktichtung  $\kappa \in \{\mathbf{n}, \mathbf{s}, \mathbf{w}, \mathbf{e}, \mathbf{v}, \mathbf{h}\}$  existiert eine gegenüberliegende Richtung  $\kappa'$ :  $\mathbf{n}' = \mathbf{s}$ ,  $\mathbf{s}' = \mathbf{n}$ ,  $\mathbf{w}' = \mathbf{e}$ ,  $\mathbf{e}' = \mathbf{w}$ ,  $\mathbf{v}' = \mathbf{h}$ ,  $\mathbf{h}' = \mathbf{v}$ . Ein Punkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_p$  heißt nun *Endpunkt von Typ  $\kappa$* , wenn er gleichzeitig  $\kappa$ -Randpunkt und  $\kappa'$ -Randpunkt ist.

Das 3D-Thinning-Verfahren von Srihari *et al.* [151] arbeitet nun folgendermaßen: Sei  $i$  die gerade bearbeitete Iteration und bezeichne die Randpunktichtung  $\kappa$  den aktuellen Subzyklus. Dann wird ein Punkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_{p_i, \kappa}$  genau dann gelöscht,



wenn dieser Punkt ein  $\kappa$ -Randpunkt, aber kein  $\kappa$ -Endpunkt ist und seine Tilgung die Zusammenhangsstruktur von  $\bar{\mathcal{U}}(\mathbf{r})$  (im obigen Sinne) unverändert belässt.

Es zeigt sich allerdings, dass dieses Verfahren bei paralleler Löschung nicht immer zuverlässig funktioniert. In der in Abbildung 2.56 dargestellten Konfiguration sind, angenommen die Nordrichtung weist nach oben, beide rot markierten Bildpunkte vom Nordtyp. Weiterhin sind aber beide Punkte löscher, da sie weder Nord-Endpunkte sind, noch ihre Entfernung, für sich allein genommen, die lokale Zusammenhangsstruktur stören würde. Die gleichzeitige Entfernung beider Punkte verletzt aber offensichtlich die geforderte Topologieerhaltung.

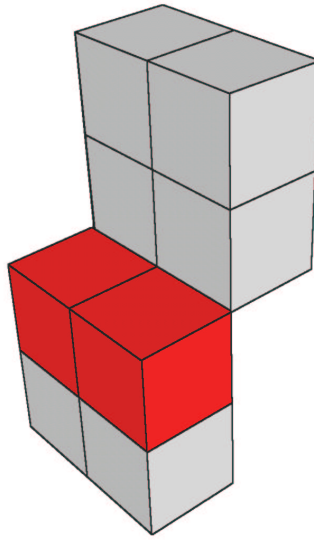


Abbildung 2.56: Schwachpunkt des 3D-Thinning-Verfahrens von Srihari *et al.* [151]. In der abgebildeten Konfiguration sind beide rot markierten Bildpunkte nach Srihari *et al.* [151] löscher. Bei paralleler Löschung dieser Punkte würde das Bild aber in zwei Komponenten zerfallen.

Das von Tsao und Fu [162] vorgeschlagene Verfahren löst das in Abbildung 2.56 dargestellte Problem durch Hinzuziehung zweidimensionaler Thinning-Kriterien. Für jeden Punkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{B}_p$  lassen sich offensichtlich drei orthogonale Schnittebenen definieren, die jeweils als zweidimensionale Bilder aufgefasst werden können:

$$\begin{aligned} \mathcal{B}_p^{\mathbf{r},x} &= \{(x, y, z) \in \mathcal{B}_p : x = r_x\}, \\ \mathcal{B}_p^{\mathbf{r},y} &= \{(x, y, z) \in \mathcal{B}_p : y = r_y\}, \\ \mathcal{B}_p^{\mathbf{r},z} &= \{(x, y, z) \in \mathcal{B}_p : z = r_z\}. \end{aligned}$$

Ein Randpunkt  $\mathbf{r}$  heißt nun löscher bzgl.  $\mathcal{B}_p^{\mathbf{r},k}$ ,  $k \in \{x, y, z\}$ , wenn der Punkt  $\mathbf{r}$  auf  $\mathcal{B}_p^{\mathbf{r},k}$  weder eine Endpunktconfiguration darstellt, noch seine Tilgung die Zusammenhangsstruktur von  $\bar{\mathcal{U}}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_p^{\mathbf{r},k}$  verändern würde. Die Endpunktbedingung

kann dabei über die Funktion `endpoint`, die Forderung nach der Invarianz der Zusammenhangsstruktur über die Funktion `connected` des oben vorgeschlagenen 2D-Thinning-Verfahrens implementiert werden.

Insgesamt erlaubt das von Tsao und Fu [162] beschriebene Verfahren die Löschung eines Randpunktes  $\mathbf{r}$  innerhalb der Iteration  $i$  und des Subzyklus  $\kappa \in \{\mathbf{n}, \mathbf{s}, \mathbf{w}, \mathbf{e}, \mathbf{v}, \mathbf{h}\}$  genau dann, wenn folgende Bedingungen erfüllt sind:

1.  $\mathbf{r}$  muss ein  $\kappa$ -Randpunkt sein.
2. Die Löschung von  $\mathbf{r}$  muss die lokale, dreidimensionale Zusammenhangsstruktur in  $\bar{\mathcal{U}}_{26}(\mathbf{r})$  invariant lassen.
3.  $\mathbf{r}$  darf keine Endpunktkonfiguration darstellen. Dies bedeutet nach Tsao und Fu [162] einfach, dass  $|\mathcal{U}_{26}(\mathbf{r}) \cap \mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\kappa}}| < 2$  gelten muss.
4.  $\mathbf{r}$  muss in den beiden orthogonalen Schnittebenen löschar sein, in denen der Hintergrundpunkt liegt, der  $\mathbf{r}$  zu einem  $\kappa$ -Randpunkt macht. Das heißt, ist  $\kappa = \mathbf{n}$  oder  $\mathbf{s}$ , so sind  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\kappa}}^{\mathbf{r},x}$  und  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\kappa}}^{\mathbf{r},z}$  zu testen, im Falle von  $\kappa = \mathbf{w}$  oder  $\mathbf{e}$ , müssen  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\kappa}}^{\mathbf{r},y}$  und  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\kappa}}^{\mathbf{r},z}$  überprüft werden und im Falle von  $\kappa = \mathbf{v}$  oder  $\mathbf{h}$  muss sich der Test auf  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\kappa}}^{\mathbf{r},x}$  und  $\mathcal{B}_{\mathbf{p}_{i,\kappa}}^{\mathbf{r},y}$  erstrecken.

In den Abbildungen 2.58 bis 2.62 sind Beispielläufe für beide hier dargestellten 3D-Thinning-Verfahren dargestellt. Als Ausgangsbild wurde jeweils das in Abbildung 2.57 gezeigte Testbild verwendet. Das in Abbildung 2.58 gezeigte Skelett wurde über die sequentiell arbeitende Version des Algorithmus von Srihari *et al.* [151] berechnet. Die Topologie des Ausgangsbildes ist zwar erhalten geblieben, die Geometrierhaltung ist aber höchst unbefriedigend. Ein Beispiel für die parallele Version dieses Verfahrens ist in Abbildung 2.59 gezeigt. Wie zu erwarten war, konnte das Programm den Topologieerhalt nicht gewährleisten.

Die Abbildungen 2.60 bis 2.62 zeigen Skelettflächen, welche nach dem Verfahren von Tsao und Fu [162] bestimmt wurden. Die drei Bilder unterscheiden sich jeweils in der Reihenfolge, in der die Subzyklen abgearbeitet wurden. Die Ergebnisse sind offensichtlich recht zufrieden stellend. Die Abhängigkeit von der Reihenfolge der Subzyklen ist aber groß genug, dass sie Probleme bereiten könnte, wenn die Ausgangsbilder nicht schon von vornherein flächenhaft sind.

Neben dem direkten Einsatz innerhalb eines Programms zur Thinning-Transformation werden die gerade erläuterten Löscharkeitsregeln (in leicht abgewandelter Form) auch innerhalb des in Abschnitt 2.6.3 beschriebenen konturorientierten Bereichswachstumsverfahrens eingesetzt. Soll dieses Verfahren die Topologie der wachsenden Menge invariant belassen, so ist vor der Hinzunahme jedes Punktes zu prüfen, ob diese Eingliederung die Topologie ändert oder nicht. Im Prinzip ist dies die inverse Operation zu der bisher behandelten Thinning-Transformation: Die topologiebewahrende Vergrößerung einer Menge. Diese, auch *Thickening* genannte Operation, geht aber mit einer Verdünnung der Hintergrundmenge einher;

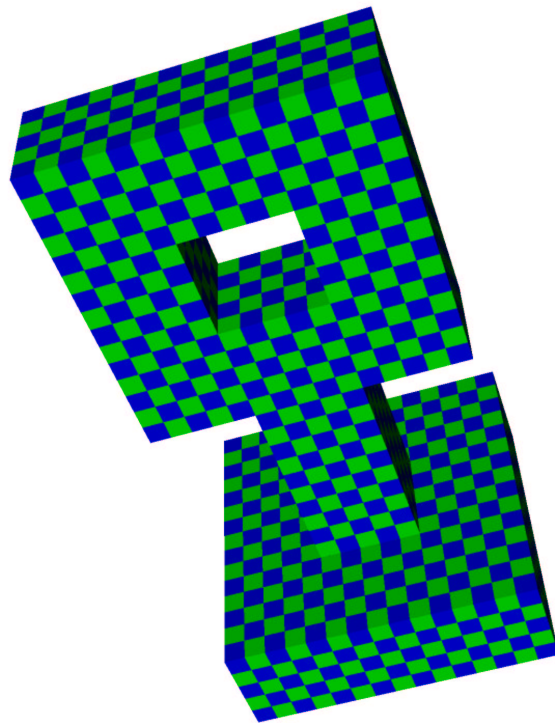


Abbildung 2.57: Testbild für die Überprüfung der beschriebenen 3D-Thinning-Verfahren. Die Ergebnisse der Testläufe sind in den Abbildungen 2.58 bis 2.62 dargestellt. Alle Bilder sind in exakt der gleichen Orientierung dargestellt, in der auch dieses Testbild gezeigt ist. Zur Verdeutlichung der Voxelstruktur sind die einzelnen Voxel alternierend eingefärbt.

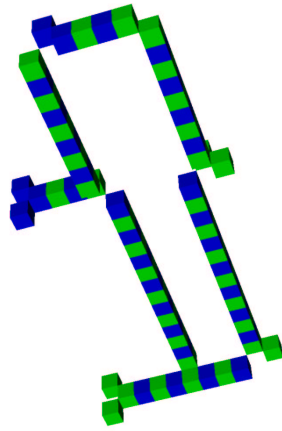


Abbildung 2.58: 3D-Thinning des Testbildes aus Abbildung 2.57 durch das Verfahren von Srihari *et al.* [151]. Sequentielle Version.

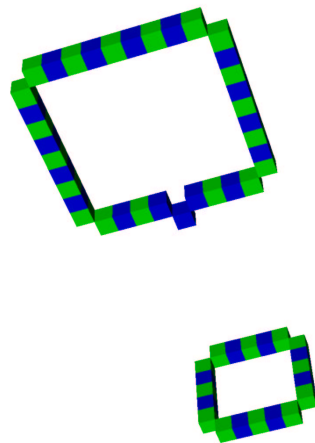


Abbildung 2.59: 3D-Thinning des Testbildes aus Abbildung 2.57 durch das Verfahren von Srihari *et al.* [151]. Parallele Version.

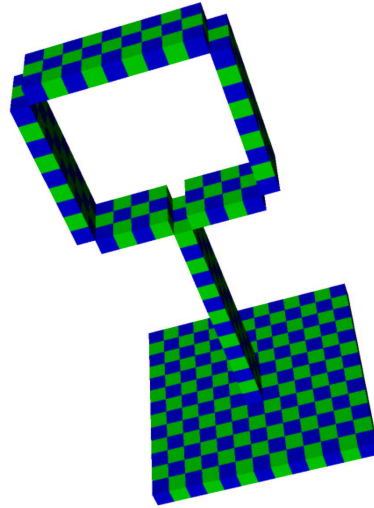


Abbildung 2.60: 3D-Thinning des Testbildes aus Abbildung 2.57 durch das Verfahren von Tsao und Fu [162]. Die Reihenfolge der Subzyklen war  $(n, s, w, e, v, h)$ .

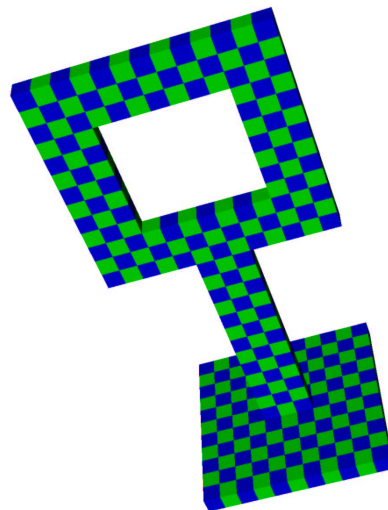


Abbildung 2.61: 3D-Thinning des Testbildes aus Abbildung 2.57 durch das Verfahren von Tsao und Fu [162]. Die Reihenfolge der Subzyklen war  $(h, v, e, w, s, n)$ .

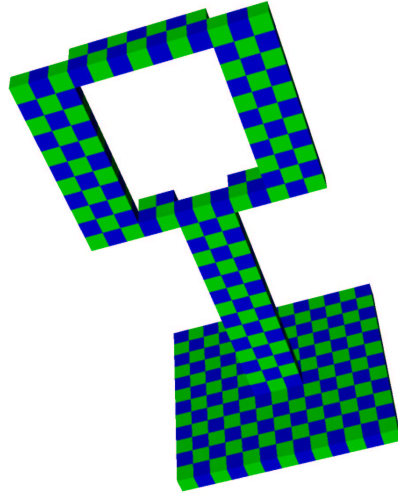


Abbildung 2.62: 3D-Thinning des Testbildes aus Abbildung 2.57 durch das Verfahren von Tsao und Fu [162]. Die Reihenfolge der Subzyklen war  $(\mathbf{n}, \mathbf{h}, \mathbf{s}, \mathbf{v}, \mathbf{w}, \mathbf{e})$ .

es können also die gleichen Regeln zur Anwendung gebracht werden. Der Test, ob ein Punkt  $\mathbf{r}$  zur aktuellen Wachstumsmenge  $\mathcal{K}_{\omega_i}$  hinzugenommen werden kann, wandelt sich also in einen Test, der die topologiebewahrende Löschung des Punktes  $\mathbf{r}$  aus der Menge  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\mathcal{C}}$  überprüft. Von den oben aufgelisteten 4 Bedingungen für die Lösbarkeit eines Randpunktes müssen hier aber alle Überprüfungen auf Endpunktkonfigurationen fortgelassen werden (Bedingung 3 sowie die hinsichtlich Bedingung 4 eingesetzte Funktion `endpoint`). Diese Bedingungen dienen nicht dem Topologieerhalt, sondern versuchen den geometrischen Gehalt der transformierten Menge zu bewahren. Das Herausarbeiten der gewünschten geometrischen Struktur ist aber gerade die zentrale Aufgabe des federführenden Bereichswachstumsverfahrens.



# Kapitel 3

## Kortexrekonstruktion

### 3.1 Übersicht

In diesem Kapitel wird das im Rahmen dieser Arbeit entwickelte Kortexrekonstruktionsverfahren im Detail beschrieben. Die Darstellung stützt sich dabei im Wesentlichen auf die im Kapitel 2 beschriebenen Theorien und Methoden, führt aber zusätzlich einige neue Bildverarbeitungsverfahren ein, die für das Kapitel 2 zu speziell waren, da zu ihrem Verständnis tiefer gehende Informationen über den Rekonstruktionsschritt erforderlich sind, in dessen Rahmen sie eingesetzt werden.

In der hier beschriebenen Version erwartet das Verfahren T1 gewichtete MR-Bilder. Die Diskussion der vorgefundenen Grauwertdynamik sowie Empfehlungen zur Parametrisierung der einzelnen Verfahrensschritte orientieren sich an der für diese Gruppe von Scan-Sequenzen typischen Intensitätsabstufungen, insbesondere an der von schwarz zu weiß aufsteigenden Kennlinie Liquorraum – graue Hirnsubstanz – weiße Hirnsubstanz. Die Anwendung des Verfahrens auf T2 gewichtete MR-Bilder sollte durch marginale Änderungen an den Algorithmen und Parametersätzen möglich sein. Für Multi-Echo-Bilder, also für MR-Sequenzen, die für jeden Voxel einen mindestens zweidimensionalen Vektor von Intensitätswerten liefern, ist das Verfahren in der gegenwärtigen Form noch nicht vorbereitet. Viele der hier vorgestellten Ideen und Ansätze sollten aber auch für die Segmentierung dieser Datensätze brauchbar sein.

Es wird erwartet, dass die zu segmentierenden MR-Daten als dreidimensionale digitale Bilder  $m = (m, \mathcal{A})$  vorliegen, wobei für die zugehörige Grauwertabbildung eine ganzzahlige und nicht-negative Bildmenge angenommen wird:  $m : \mathbb{Z}^n \rightarrow \mathbb{Z}_{\geq 0}$ . Die Beschränkung auf  $\mathbb{Z}_{\geq 0}$  ist für die dargestellten Algorithmen praktisch bedeutungslos; MR-Rohdaten, die Intensitätswerte in ganz  $\mathbb{Z}$  oder gar  $\mathbb{R}$  kodieren, sind aber so ungewöhnlich<sup>1</sup>, dass zur Vereinfachung der Darstellung in den folgenden Abschnitten stillschweigend  $\mathbb{Z}_{\geq 0}$  als Bildmenge angenommen wird.

Zur Repräsentation der originalen Bilddaten gehört stets auch die zugehöri-

---

<sup>1</sup>Bei Computertomogrammen (CT) wäre dies anders.

ge Voxelausdehnung  $(\Delta x, \Delta y, \Delta z) \in \mathcal{A}$  sowie die Orientierung der Koordinatenachsen im Raum (siehe z. B. die im Abschnitt 2.1.2 beschriebenen Attribute `handedness_of_array_coordinate_system`, `nasion`, `LPa` und `RPa`). Für die zugrunde liegenden Voxel wird hierbei keine Isotropie gefordert; im Extremfall dürfen daher  $\Delta x$ ,  $\Delta y$  und  $\Delta z$  jeweils paarweise verschieden sein<sup>2</sup>.

Die Einteilung dieses Kapitels in Abschnitte spiegelt die Hauptverfahrensschritte<sup>3</sup> des Rekonstruktionsprozesses wider: Im Abschnitt 3.2 werden grundsätzliche Qualitätsprobleme heutiger MR-Daten anhand zweier konkreter Beispiele diskutiert und entsprechende Korrekturverfahren vorgestellt. Das eigentliche Segmentierverfahren beginnt im Abschnitt 3.3 mit der Extraktion des Gehirns, d. h. es wird eine neue MRI-ähnliche Darstellung abgeleitet, die im Wesentlichen nur noch Gehirngewebe zeigt. Abschnitt 3.4 zeigt dann, dass schon nach diesem Verfahrensschritt eine Visualisierung des Gehirns möglich ist. Nach einem weiteren Bildverbesserungsschritt, der in Abschnitt 3.5 beschrieben ist, wird in den Abschnitten 3.6 und 3.7 die Furchenstruktur des Gehirns herausgearbeitet. Dabei werden in Abschnitt 3.6 zunächst nur zweidimensionale Operationen angewandt, deren Resultate dann in Abschnitt 3.7 in einen dreidimensionalen Kontext eingebettet und verfeinert werden. Bis zu diesem Zeitpunkt wurde ausschließlich auf dreidimensionalen Digitalbildern operiert und als Resultat der Bemühungen ergibt sich daher die Segmentierung des Eingangs-MRIs in ein Binärbild, in welchem 1 Gehirngewebe und 0 Nicht-Gehirngewebe kennzeichnet. Die Oberfläche des auf diese Weise rekonstruierten Gehirns wird nun über die im Abschnitt 3.8 beschriebenen Verfahren in ein Polygonnetz transformiert und kann auf diese Weise von nachfolgenden Algorithmen, z. B. von Verfahren zur Quellenlokalisierung im Rahmen der Analyse von MEG Daten, verarbeitet werden. Ein nahe liegender Verarbeitungsschritt, nämlich die Visualisierung der gewonnenen Kortextronstruktion, wird hier ebenfalls beschrieben. Im letzten Abschnitt dieses Kapitels wird ein Vergleich mit zwei anderen wichtigen Segmentierverfahren durchgeführt: Der gleiche Datensatz, der in den vorangehenden Abschnitten als Beispiel verwendet wurde, wird in diesem abschließenden Abschnitt über die Programmpakete `SPM99` und `FSL` nochmals segmentiert.

---

<sup>2</sup>Gewöhnlich sind genau zwei Dimensionsangaben gleich. Innerhalb der durch den Scanprozess bestimmten Schnittebene sind die Voxel in aller Regel isotrop, während die Schnittdicke, die die verbleibende Dimensionsangabe liefert, häufig beträchtlich über der innerhalb der Schnitte üblichen Ausdehnung liegt.

<sup>3</sup>Eine solche Unterteilung ist nicht eindeutig. In diesem Kapitel werden die technischen Details des Verfahrens erläutert, weswegen die Abschnittseinteilung hier im Wesentlichen von der Implementierung der einzelnen Verfahrensbestandteile geprägt ist. In Abschnitt 4.1 wird demgegenüber eine etwas abweichende Einteilung in Einzelschritte verwendet, die sich über technische Grenzen hinwegsetzt und sich mehr an der inhaltlichen Bedeutung der gewonnenen Teilresultate orientiert.

## 3.2 Vorverarbeitung

Klinische Magnetresonanztomogramme können von sehr unterschiedlicher Qualität sein. Die Abbildungen 3.1 und 3.2 zeigen hierzu zwei Beispiele.

In der ersten Abbildung sind verschiedene Schnitte durch ein T1-gewichtetes MRI einer 25 Jahre alten, gesunden Probandin gezeigt, das mit einem 1.5 T Magnetresonanztomographen der Firma Siemens (Magnetom Vision) aufgenommen wurde. Der Datensatz besteht aus 128 sagittalen Schnitten in einer Anordnung von  $256 \times 256$  Pixeln. Die Pixelauflösung beträgt  $0.98 \times 0.98 \text{ mm}^2$  bei einer Schichtdicke von 1.41 mm. Die gemessenen Intensitätswerte für die einzelnen Voxel sind als vorzeichenlose Ganzzahlen von jeweils 2 Byte Länge kodiert. Als Aufnahme­sequenz wurde die MPRAGE-Sequenz verwendet: TR 9.7 ms, TE 4 ms, FoV  $250 \times 250 \text{ mm}^2$ .

Die Abbildung 3.2 zeigt das MRI eines gesunden 27-jährigen Probanden. Als Aufnahme­gerät wurde hier ein 1.5T-Scanner der Firma General Electric eingesetzt. Die grundsätzlichen Bildparameter sind praktisch identisch: 124 sagittale Schnitte,  $256 \times 256$  Pixel, 2 Bytes je Voxel (vorzeichenbehaftet, es treten aber keine Werte unter 0 auf), Voxelvolumen  $0.98 \times 0.98 \times 1.5 \text{ mm}^3$ . Es wurde folgende 3D-Aufnahme­sequenz eingesetzt: 8PGR, TR 24 ms, TE 8 ms, FoV  $250 \times 250 \text{ mm}^2$ .

Offensichtlich ist das in Abbildung 3.2 gezeigte MRI von besserer Qualität als das MRI der Abbildung 3.1. Der augenfälligste Unterschied besteht in dem beträchtlich höheren Rauschniveau des MRIs aus Abbildung 3.1. Darüber hinaus beobachtet man in den Schnitten der Abbildung 3.2 einen besseren Kontrast, insbesondere was die Abgrenzung zwischen weißer und grauer Hirnsubstanz betrifft. Im Hinblick auf die Segmentierung bereitet aber noch ein weiterer, weniger auffälliger Unterschied Probleme: Das in der Abbildung 3.1 gezeigte MRI weist eine „Abschattung“ im oberen Drittel des Kopfbereichs auf.

In der Abbildung 3.3 wird dieses Problem verdeutlicht. Die Schnittbilder dieser Abbildung stellen alle jeweils den Schnitt (c) der Abbildung 3.1 dar. In jedem Schnitt sind die Graustufen eines Intervalls  $I_i = [c_0 - (i - 1)\delta, \infty)$ ,  $i = 1, 2, 3, 4$ , blau markiert. Mit  $[c_0, \infty)$  wurde in Abbildung 3.3(1) ein Grauwertbereich gefunden, der gerade bis in den Bereich der höchsten mit der weißen Hirnsubstanz verbundenen Intensitätswerte hineinreicht. In den weiteren Schritten  $I_i$ ,  $i = 2, 3, 4$ , wird die untere Grenze des Grauwertintervalls in äquidistanten Schritten abgesenkt, bis mit  $I_4$  der größte Teil der zum Gehirn gehörenden Voxel in das markierte Volumen mit eingeschlossen ist. Beachtenswert ist hierbei, dass das Auffüllen der weißen Hirnsubstanz im Verlauf der Bilder (1) bis (4) in der Mitte des Schnittes beginnt und den oberen Bereich des Gehirns erst ganz zum Schluss erreicht. Auch wird erst durch die hier vorgenommene Einfärbung deutlich, dass der obere Teil überhaupt weiße Hirnsubstanz enthält. Im Originalschnitt 3.1(c) ist dies kaum zu erkennen.

Für Segmentierverfahren ist ein solcher Grauwertverlauf sehr problematisch. Dies gilt insbesondere dann, wenn man sich durch die Segmentierung der wei-

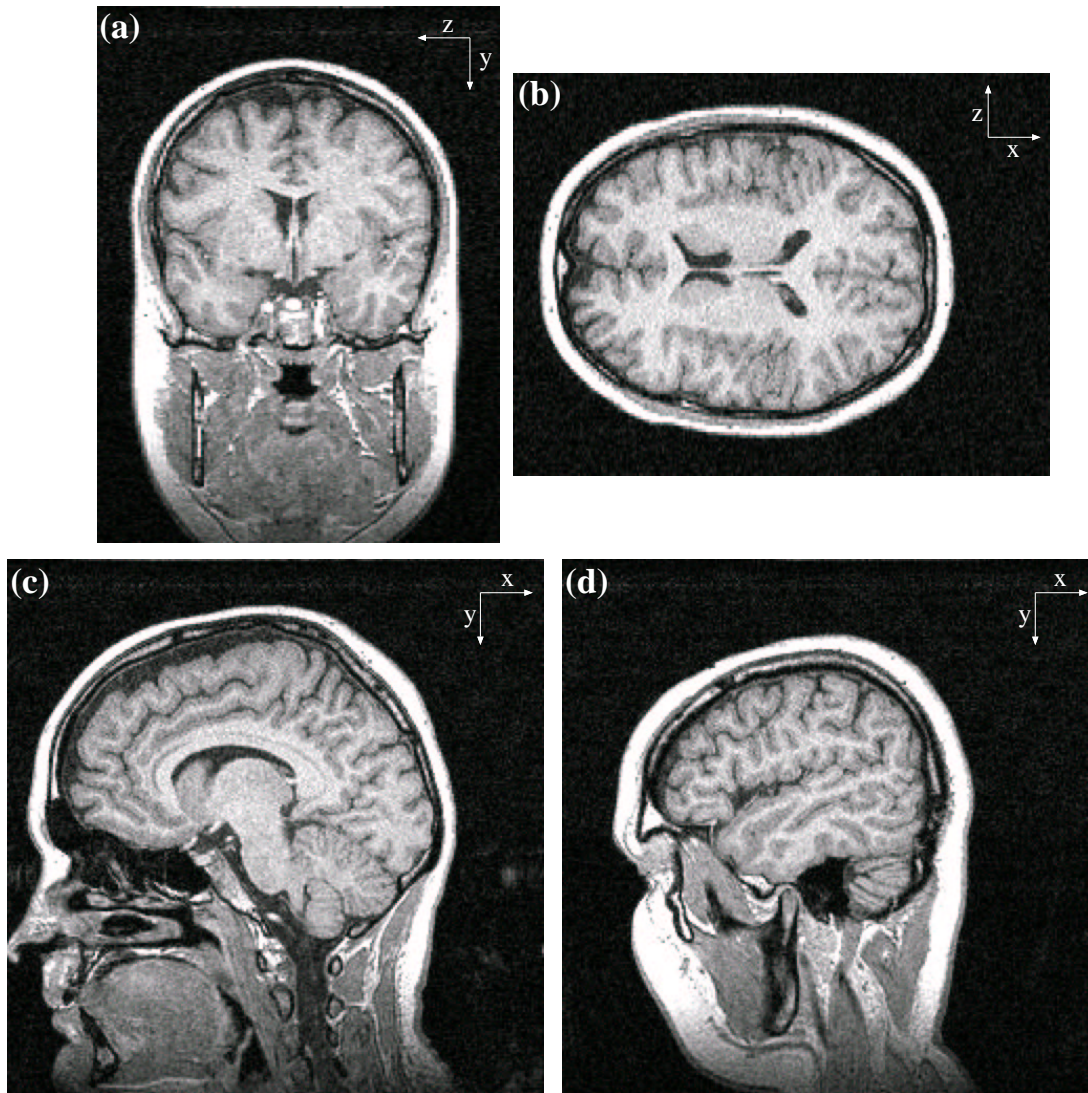


Abbildung 3.1: Ausgewählte Schnittbilder eines Magnetresonanztomograms des Kopfes, aufgenommen mit einem 1.5T-Scanner der Firma Siemens (Magnetom Vision): Aufnahmesequenz MPRAGE, TR 9.7 ms, TE 4 ms, FoV  $250 \times 250 \text{ mm}^2$ . Der Datensatz besteht aus 128 sagittalen Schnitten in einer  $256 \times 256$  Matrix: Auflösung  $0.98 \times 0.98 \text{ mm}^2$ , Schichtdicke 1.41 mm.



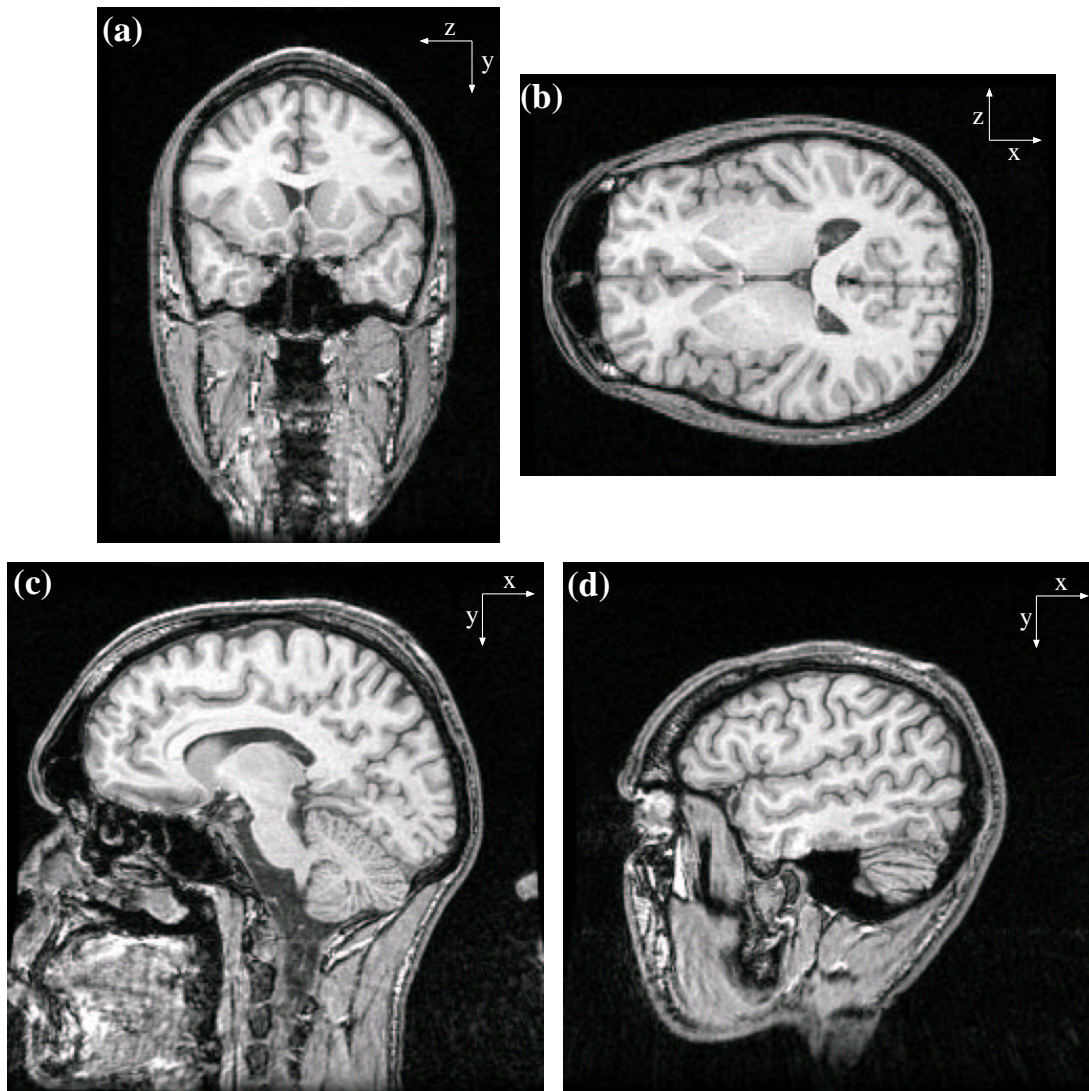


Abbildung 3.2: Schnittbilder aus einem MRI des Kopfes, aufgenommen mit einem 1.5T-Scanner der Firma General Electric: Aufnahmesequenz 8PGR, TR 24 ms, TE 8 ms, FoV  $250 \times 250 \text{ mm}^2$ . Der Datensatz besteht aus 124 sagittalen Schnitten in einer  $256 \times 256$  Matrix: Auflösung  $0.98 \times 0.98 \text{ mm}^2$ , Schichtdicke 1.5 mm.

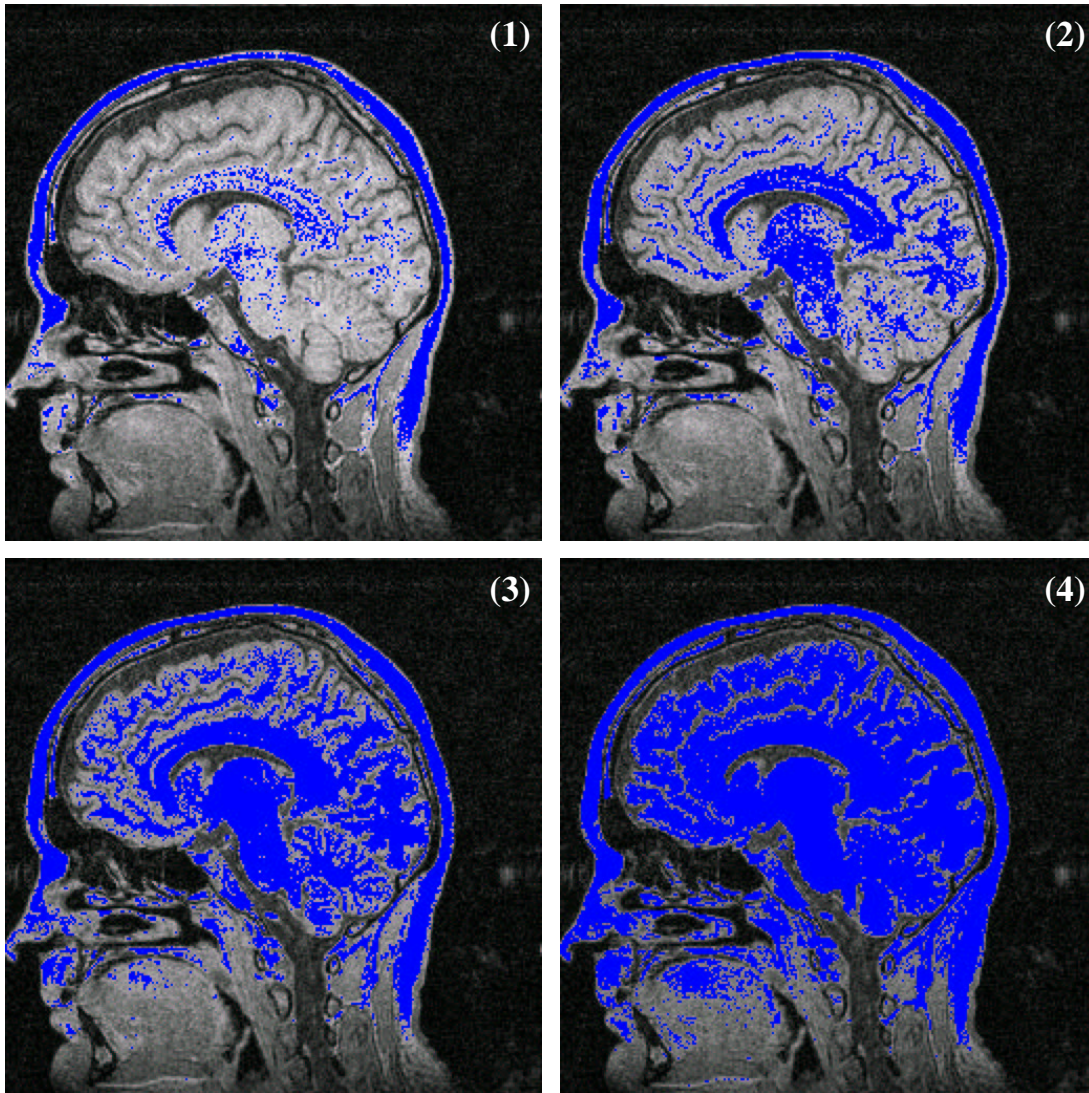


Abbildung 3.3: Veranschaulichung von Intensitätsinhomogenitäten anhand des Schnittbildes 3.1(c). Die blau dargestellten Bereiche in den einzelnen Schnitten markieren Voxel mit Intensitäten aus  $I_i = [c_0 - (i - 1)\delta, \infty)$ . Der Index  $i \in \{1, 2, 3, 4\}$  korrespondiert dabei mit den Markierungen (1), (2), (3) und (4), und  $c_0$  und  $\delta$  sind so festgelegt, dass  $I_1$  gerade den oberen Bereich des für die weiße Hirnsubstanz charakteristischen Grauwertumfangs enthält und  $I_4$  im Wesentlichen alle zum Gehirn gehörigen Voxel umfasst.



ßen Hirnsubstanz einen ersten Eindruck von der Form des zu rekonstruierenden Gehirns verschaffen will. Ein solches Vorgehen ist häufig nützlich, da die Segmentierung der weißen Hirnsubstanz i. Allg. über ein einfaches, grauwertorientiertes Bereichswachstumsverfahren realisiert werden kann, ohne den Überlauf in andere Teile des MRIs befürchten zu müssen. Die umgebende graue Hirnsubstanz stellt hierbei eine „farbliche Barriere“ dar, die solche Fehler i. Allg. verhindert. Im Falle des in Abbildung 3.1 dargestellten MRIs ist dies aber problematisch. Die weiße Hirnsubstanz im oberen Teil des Gehirns kann erst bei einem Grauwertniveau erfasst werden, bei dem der untere rechte Teil schon weit in den Bereich der grauen Hirnsubstanz hineinragt. Ein Überlauf des Segmentierverfahren an dieser Stelle ist daher wahrscheinlich.

Anders die Situation in der Abbildung 3.4. Diese Abbildung folgt den Konstruktionsregeln der Abbildung 3.3, legt aber das Schnittbild 3.2(c) zugrunde. Hier belegt der blau markierte Bereich zunächst Gebiete im oberen Teil des Gehirns und okkupiert dann schrittweise weiter unten gelegene Bildbereiche. Auch diese Situation ist weit vom Idealbild einer gleichförmigen und ortsunabhängigen Repräsentation der weißen Hirnsubstanz entfernt. Allerdings ist die Situation für eine Segmentierung der weißen Hirnsubstanz hier wesentlich günstiger. Zunächst einmal zeigt z. B. die Abbildung 3.4(3), dass hier eine gleichförmigere Repräsentation der weißen Hirnsubstanz vorliegt als im Beispiel der Abbildung 3.3. Darüber hinaus ist die Überrepräsentation der hellen Graustufen im oberen Bereich des Gehirns weniger problematisch, da das Gehirn hier durch eine relativ dicke Schicht Liquorraum vom umgebenden Gewebe getrennt ist.

Die in den Abbildungen 3.3 und 3.4 verdeutlichten Homogenitätsstörungen sind Beispiele für das schon in Abschnitt 1.1 angesprochene Bias-Feld. Diese langwellige Störung, die ihre Ursache im Wesentlichen in der Inhomogenität der beteiligten Felder hat (für eine detaillierte Betrachtung siehe auch [145]), ist dem idealen MR multiplikativ überlagert und stellt eine beträchtliche Herausforderung für jedes Segmentierverfahren dar. Es existieren verschiedene Ansätze das Bias-Feld zu berechnen und eine entsprechende Korrektur hin zum idealen MRI durchzuführen. Frühe Versuche nutzen Phantomköpfe, um das Bias-Feld empirisch zu bestimmen [161]. Allerdings gehen diese Messungen davon aus, dass das Bias-Feld bei gegebenen Scanparametern konstant bleibt, was nicht der Fall ist. Tatsächlich ist es sogar von der untersuchten Person abhängig [147]. Die gegenwärtig erfolgreichsten Verfahren nutzen statistische Ansätze zur Schätzung des Biasfeldes (siehe auch Abschnitt 1.2.3 für eine ausführlichere Diskussion). In der Regel haben diese Ansätze aber eine Komplexität, die mit der Durchführung einer vollständigen Kortextrekonstruktion vergleichbar ist. Tatsächlich ist es kein unübliches Verfahren, das Bias-Feld über einen vorangehenden Segmentierprozess zu bestimmen [41].

Obwohl das in den folgenden Abschnitten beschriebene Segmentierverfahren relativ robust gegen langwellige Grauwertstörungen ist, empfiehlt es sich dennoch, zumindest eine grobe Bias-Korrektur durchzuführen. Die in Abschnitt 1.2.3 skiz-

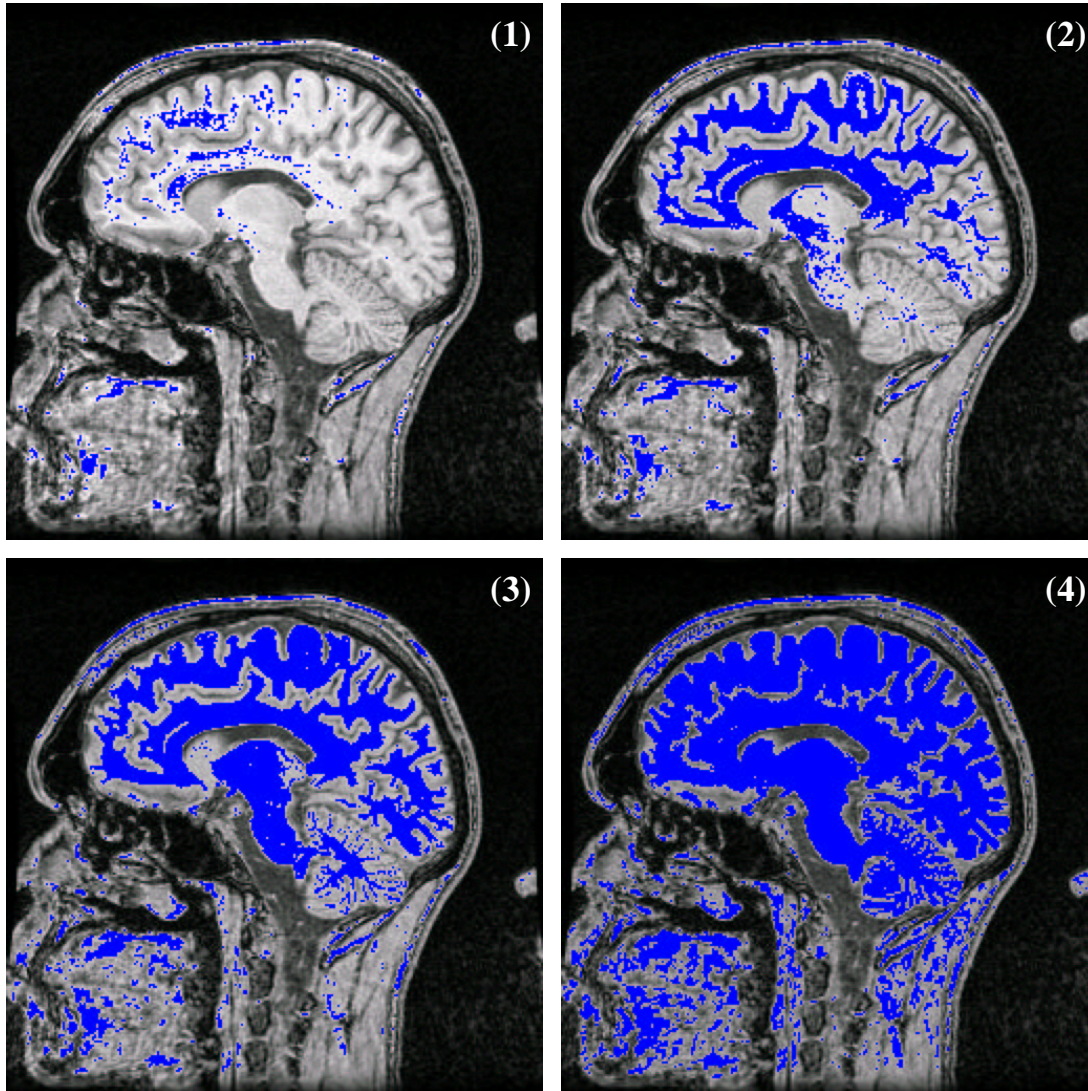


Abbildung 3.4: Veranschaulichung von Intensitätsinhomogenitäten anhand des Schnittbildes 3.2(c). Die blauen Markierungen folgen dem gleichen Konstruktionschema wie die Markierungen in der Abbildung 3.3.

zierten Verfahren sind für diesen Zweck aber unangemessen aufwändig. Es geht hier zunächst nur darum, die in den Bildern 3.3 und 3.4 diskutierten groben Grauwertstörungen zu behandeln. Tatsächlich umfasst das hier vorgeschlagene Segmentierverfahren sogar zwei unabhängige Bias-Korrekturen. Neben dem im Anschluss beschriebenen Korrekturschritt sieht das Verfahren später noch eine zweite Korrektur vor (Abschnitt 3.5). Diese zweite Bias-Korrektur ist feiner, benötigt aber ein bereits vorsegmentiertes MRI.

Das hier zur initialen Behandlung der Bias-Störung entwickelte Verfahren beschränkt sich auf die Korrektur einer einzelnen Achsenrichtung, nämlich der Superior-Inferior-Richtung, deren besondere Problematik in der obigen Diskussion der Abbildungen 3.3 und 3.4 aufgezeigt wurde. Gemäß den Achsenbeschriftungen in 3.1 wird also eine Korrekturfunktion

$$\begin{aligned}\beta : \mathbb{Z} &\rightarrow [0, \infty) \\ y &\mapsto \beta(y)\end{aligned}$$

gesucht, welche vermittelt

$$\tilde{m}(x, y, z) = \beta(y) m(x, y, z) \quad \forall (x, y, z) \in \mathbb{Z}^3$$

aus dem MRI  $m$  eine korrigierte Version  $\tilde{m}$  bestimmt. Die Ableitung von  $\beta$  geschieht dabei über eine Analyse der Histogrammstruktur von  $m$

Abbildung 3.5(1a) zeigt das Histogramm des MRIs aus 3.1. Die Kurve wird von einem einzelnen großen Peak beherrscht, der die Verteilung der Hintergrundvoxel (Luft, Knochen, Liquor, usw.) beschreibt. Blendet man diesen dominierenden Teil aus, so ergibt sich die in der Abbildung 3.5(1b) gezeigte Feinstruktur. Der Peak in der Mitte der Abbildung repräsentiert die Graustufen der grauen Hirnsubstanz. Der „Peak“ in der Nähe des Grauwerts 130, im Prinzip nur als Verzögerung im Abfall des ersten Peaks zu erkennen, repräsentiert die Voxel der weißen Hirnsubstanz. Die geringe Ausprägung des zweiten Peaks ist nicht typisch, sondern deutet einmal mehr auf die begrenzte Qualität des MRIs hin. Die Abbildung 3.5(2) zeigt beispielsweise das Histogramm (wiederum ohne den Hintergrundpeak) des MRIs der Abbildung 3.2. Hier ist sowohl der Peak der grauen wie auch der Peak der weißen Hirnsubstanz deutlich ausgeprägt.

Zur Bestimmung von  $\beta$  wird nicht das Histogramm des gesamten MRIs herangezogen, sondern ein „gleitendes Histogramm“  $h_{(y,\delta)}$ , welches nur die  $y$ -Schnitte im Bereich  $[y - \delta, y + \delta]$  berücksichtigt.  $y$  selber läuft hierbei, ausgehend von einem Startwert  $y_1^{\text{Gehirn}}$ , in Schritten von  $s \in \mathbb{N}$  bis zu einem Endwert  $y_2^{\text{Gehirn}}$ :

$$h_{(y_1^{\text{Gehirn}}, \delta)}, h_{(y_1^{\text{Gehirn}}+s, \delta)}, h_{(y_1^{\text{Gehirn}}+2s, \delta)}, \dots, h_{(y_2^{\text{Gehirn}}, \delta)}.$$

$y_1^{\text{Gehirn}}$  und  $y_2^{\text{Gehirn}}$  schließen hierbei den Bereich ein, in dem das Gehirn zu finden ist. Fehler außerhalb von  $[y_1^{\text{Gehirn}}, y_2^{\text{Gehirn}}]$  sind für das hier vorgestellte Kortexrekonstruktionsverfahren bedeutungslos. Die Schrittweite  $s$  darf 1 sein; i. Allg.

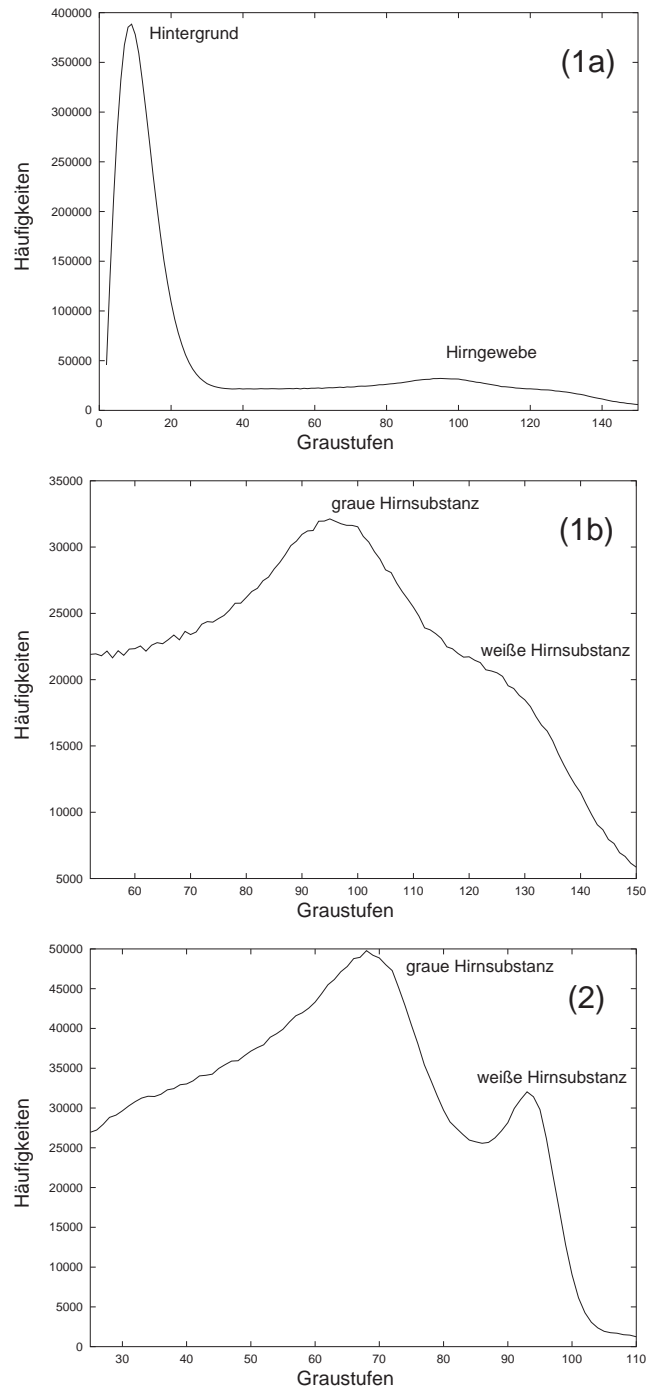


Abbildung 3.5: Die Abbildung zeigt die Grauwertistogramme der in den Abbildungen 3.1 (Diagramm (1a) und (1b)) und 3.2 (Diagramm (2)) eingeführten MRIs. Die wichtigsten Peaks sind gekennzeichnet. (1b) ist eine Detailansicht von (1a), bei der der (1a) dominierende Hintergrundpeak ausgeblendet wurde. (2) beschränkt sich ebenfalls auf die Graustufen rechts vom Hintergrundpeak.

ist eine solche Genauigkeit aber unnötig.  $s = 5$  hat sich als guter Kompromiss erwiesen. Der über  $\delta$  spezifizierte Bereich darf nicht zu klein gewählt werden, um aussagekräftige Histogramme zu erhalten. Darüber hinaus hat es sich als stabilisierend erwiesen, eine gewisse Überlappung zwischen den einzelnen Histogrammen vorzusehen. Eine vernünftige Wahl für  $\delta$  ist beispielsweise  $\delta = 5$ .

Die Analyse der Histogramme  $h_{(y,\delta)}$  besteht nun einfach in der Bestimmung der mit der grauen Hirnsubstanz verbundenen Peaks  $\Lambda_y$ . Im Prinzip kann an dieser Stelle auch der durch die Graustufen der weißen Hirnsubstanz induzierte Peak verwendet werden. Wie die Diskussion der Abbildung 3.5(1b) aber gezeigt hat, ist der Peak der grauen Hirnsubstanz in der Regel besser repräsentiert als der Peak der weißen Hirnsubstanz. Dies gilt im Bereich der Teilhistogramme  $h_{y,\delta}$  sogar in verstärktem Maße, da es Schnitte durch das Gehirn gibt, die keine weiße Hirnsubstanz enthalten, aber, zumindest theoretisch, keine Schnitte ohne graue Hirnsubstanz.

Für die konkrete Bestimmung der  $\Lambda_y$  ist es zunächst notwendig, von den Histogrammen  $h_{(y,\delta)}$  zu den geglätteten Histogrammen  $\bar{h}_{(y,\delta)}$  überzugehen. Die Glättung erfolgt hierbei durch die Berechnung eines gleitenden Mittelwerts über ein relativ groß zu fassendes Einzugsgebiet  $\Delta c_{\text{glatt}}$ :

$$\bar{h}_{y,\delta}(c) = \frac{1}{2\Delta c_{\text{glatt}} + 1} \sum_{i=c-\Delta c_{\text{glatt}}}^{c+\Delta c_{\text{glatt}}} h_{y,\delta}(i).$$

Ohne diese Mittelung wäre es schwierig, den gesuchten Peak von den lokalen Schwankungen des Histogramms zu unterscheiden. Mit einem hinreichend großen  $\Delta c_{\text{glatt}}$  ( $\Delta c_{\text{glatt}} = 5$  ist z. B. ein geeigneter Wert) ist dies aber relativ leicht: Sei  $[c_1^{\text{grau}}, c_2^{\text{grau}}]$  ein Grauwertbereich, der groß genug ist, um alle Grauwertpeaks aus  $((\bar{h}_{(y,\delta)})_{y_1^{\text{Gehirn}}, \dots, y_2^{\text{Gehirn}}})$  zu umfassen, aber möglichst wenig in den Bereich anderer Peaks (Hintergrund, weiße Hirnsubstanz) hineinragt. Dann ist ein lokales Maximum  $c_{\text{max}}$  von  $\bar{h}_{(y,\delta)}$  als Grauwert definiert, der innerhalb eines vorgegebenen Intervalls  $[c_{\text{max}} - \delta_{\text{lokal}}, c_{\text{max}} + \delta_{\text{lokal}}]$  ein globales Maximum darstellt ( $\delta_{\text{lokal}} = 10$  ist z. B. geeignet).  $\Lambda_y$  ist nun einfach als das größte lokale Maximum im Bereich  $[c_1^{\text{grau}}, c_2^{\text{grau}}]$  definiert.

Die Abbildung 3.6 zeigt das Ergebnis einer solchen Analyse für das MRI aus Abbildung 3.1. Die farbigen Kurven stellen dabei die geglätteten Teilhistogramme  $\bar{h}_{y,\delta}$  dar, während die senkrechten Linien jeweils die gefundenen Peaks  $\Lambda_y$  anzeigen. Es ist naturgemäß nicht möglich, für jede Kurve  $\bar{h}_{y,\delta}$  einen Peak zu bestimmen. Die fehlenden Werte werden in den weiteren Schritten durch Interpolation, sofern sie am Rand des Definitionsbereichs  $[y_1^{\text{Gehirn}}, y_2^{\text{Gehirn}}]$  liegen auch durch Extrapolation, bestimmt.

Aus den einzelnen Peaks  $\Lambda_y$  wird nun eine Kurve

$$\begin{aligned} \Lambda : [y_1^{\text{Gehirn}}, y_2^{\text{Gehirn}}] &\rightarrow \mathbb{R} \\ y &\mapsto \Lambda(y) \end{aligned}$$



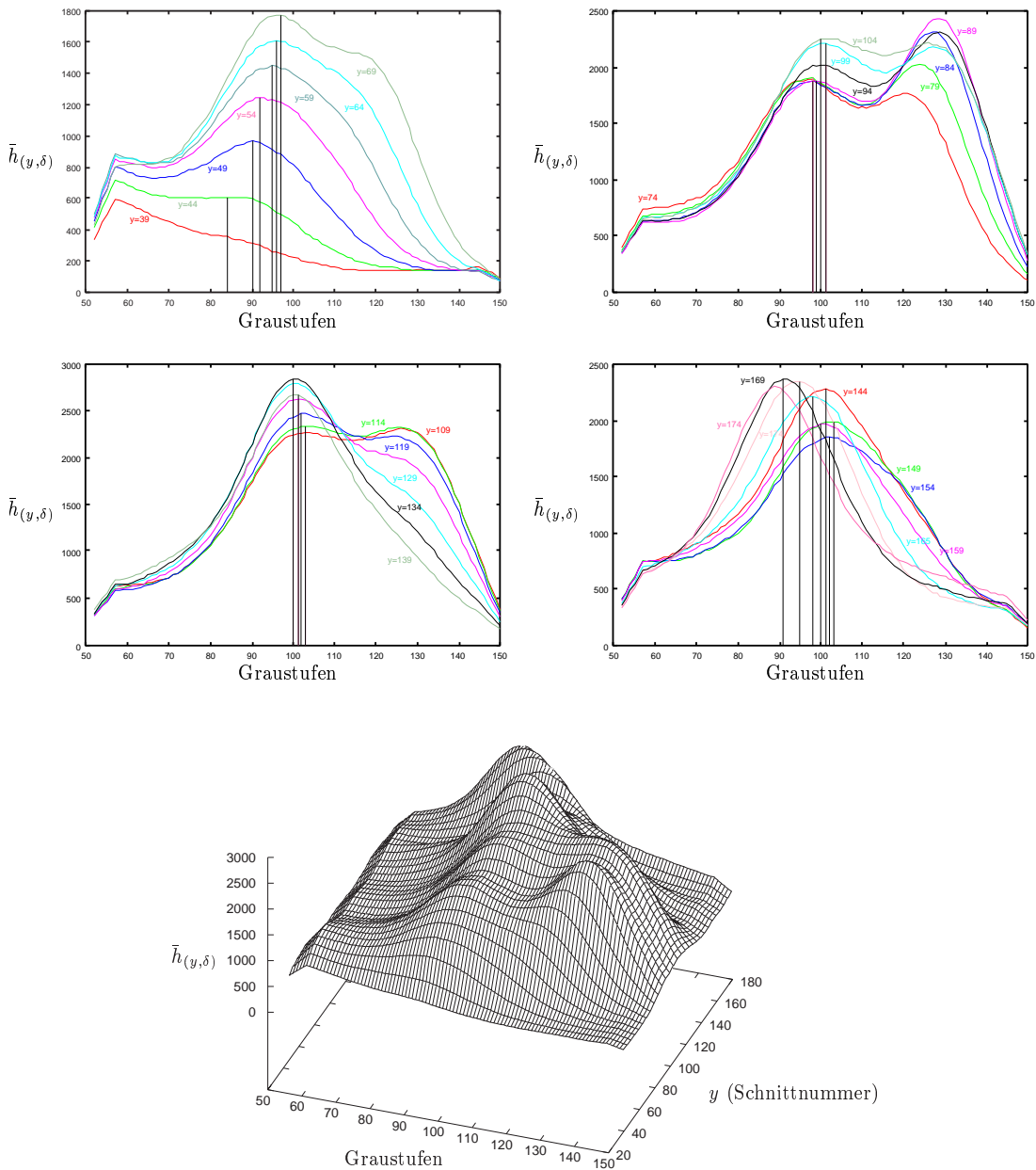


Abbildung 3.6: Satz von Teilhistogrammen  $\bar{h}(y, \delta)$  des MRIs aus Abbildung 3.1, der den Bereich des Gehirns abdeckt. Die senkrechten Linien in den 2D-Darstellungen markieren jeweils die berechneten Peaks  $\Lambda_y$ . Für die Kurve „ $y = 39$ “ konnte kein solcher Wert bestimmt werden. In der untersten Zeile sind nochmals alle Kurven in einer 3D-Darstellung angeordnet. Die von links nach rechts laufende Achse entspricht dabei der Abszisse der 2D-Darstellungen, während  $y$  in die Bildebene hinein abgetragen ist.



bestimmt, indem zunächst aus den  $\Lambda_y$  durch lineare Interpolation, sofern Werte am Rand des Definitionsbereichs  $[y_1^{\text{Gehirn}}, y_2^{\text{Gehirn}}]$  fehlen auch durch lineare Extrapolation, eine stückweise lineare Funktion konstruiert wird und nachfolgend durch Bildung eines gleitenden Mittelwerts der Breite  $\Delta y_{\text{glatt}}$  (z. B.  $\Delta y_{\text{glatt}} = 5$ ) eine glatte Kurve abgeleitet wird. Die resultierende „Peak“-Kurve  $\Lambda(y)$  für das MRI aus 3.1 ist in der Abbildung 3.7 dargestellt. Abbildung 3.8 zeigt die gleiche Kurve für das MRI aus Abbildung 3.2. Offensichtlich bestätigen die beiden Kurven die in den Abbildungen 3.3 und 3.4 angedeutete Tendenz. Das MRI aus Abbildung 3.1 ist im oberen Bereich (niedrige  $y$ -Werte) signifikant zu dunkel, während das Bias-Feld des MRIs aus Abbildung 3.2 einen entgegengesetzten Verlauf zeigt.

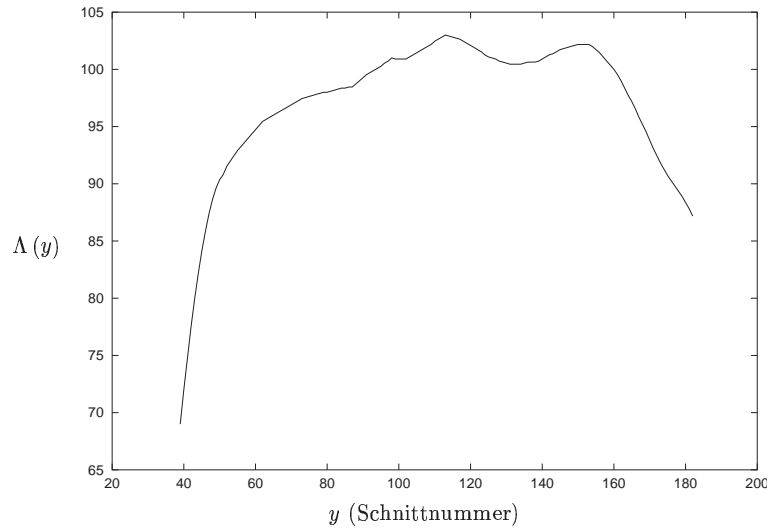


Abbildung 3.7: Die geglättete „Peak“-Kurve  $\Lambda(y)$  für das MRI aus Abbildung 3.1. Die zugrunde liegenden Einzel-Peaks  $\Lambda_y$  sind in Abbildung 3.6 gezeigt. Da für  $y = 39$  kein Peak bestimmt werden konnte, mussten die Funktionswerte für  $\Lambda(y)$  im Bereich  $[39, 44]$  durch lineare Extrapolation gewonnen werden ( $y = 44$  ist die  $y = 39$  nächst benachbarte Schnittnummer bzgl. der  $\Lambda_y$  bestimmt werden konnte).

Die gesuchte Korrekturfunktion  $\beta(y)$  ergibt sich nun aus  $\Lambda(y)$  durch Angabe einer gewünschten „mittleren“ Graustufe  $c_{\text{grau}}$  für die graue Hirnsubstanz:

$$\beta(y) = \frac{c_{\text{grau}}}{\Lambda(y)}.$$

Die Abbildung 3.9 zeigt die Korrekturfunktionen für die beiden hier diskutierten Beispiel-MRIs. Die Abbildung 3.10 zeigt die Schnittbilder 3.1(c) und 3.2(c) jeweils vor und nach der Intensitätskorrektur mit der jeweiligen Korrekturfunktion.

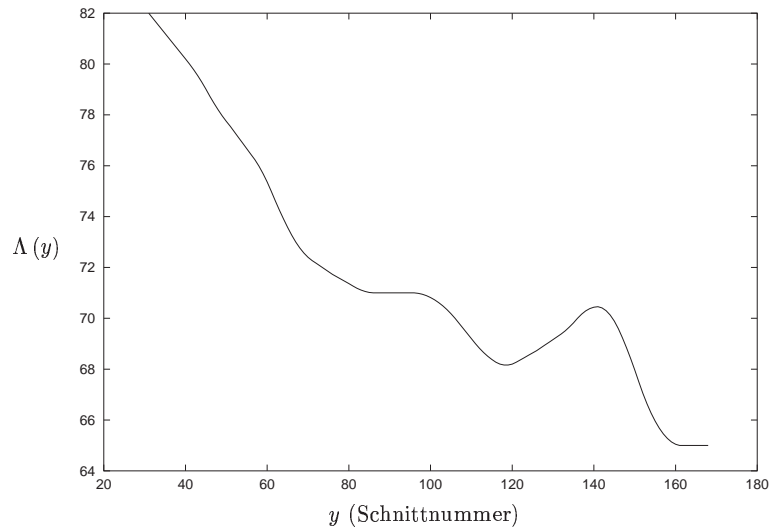


Abbildung 3.8: Die geglättete „Peak“-Kurve  $\Lambda(y)$  für das MRI aus Abbildung 3.2.

### 3.3 Freistellung des Gehirns

Eine beim professionellen Einsatz von Mal- und Zeichenprogrammen immer wiederkehrende Aufgabe besteht in der so genannten *Freistellung* von Bildobjekten. Es geht hierbei darum, ein Bildobjekt, z. B. eine Person, aus dem Bildhintergrund herauszulösen, um das Objekt dann später an anderer Stelle oder im Rahmen eines anderen Bildes neu einfügen zu können. Dies ist i. Allg. eine schwierige und mühsame Aufgabe, die leistungsfähigere Mal- und Zeichenprogramme mit mehr oder weniger großem Erfolg durch automatische Funktionen unterstützen.

Das hier vorgestellte Kortextrekonstruktionsverfahren sieht eine ähnlich gelagerte Operation als ersten Segmentierungsschritt vor: Alle Voxel außerhalb der unmittelbaren Umgebung des Gehirns sollen auf eine vorgegebene, typische Graustufe des Hintergrundes (Luft, Knochen, Liquor, usw.) abgeändert werden. Dieser Vorgang soll hier, in Analogie zu oben Gesagtem, als *Freistellung des Gehirns* bezeichnet werden<sup>4</sup>.

Konkret geht es hier darum, das gemäß Abschnitt 3.2 vorverarbeitete MRI des Kopfes  $m_{\text{Kopf}}$  in ein MRI  $m_{\text{Gehirn}}$  zu transformieren, welches nur noch das Gehirn darstellt. Alle nicht zum Gehirn gehörenden Voxel sind dabei mit einer vorgegebenen Hintergrundgraustufe einzufärben. Wesentlich ist hier, dass an dieser Stelle eine Trennung zwischen Gehirn und Liquorraum noch nicht im Detail zu erfolgen braucht. Die Auflösung der Feinstruktur der Gehirnwindungen ist die zentrale

<sup>4</sup>In der englischsprachigen Literatur wird diese Operation gelegentlich auch als *brain-peeling* [100, 92, 28] bezeichnet.

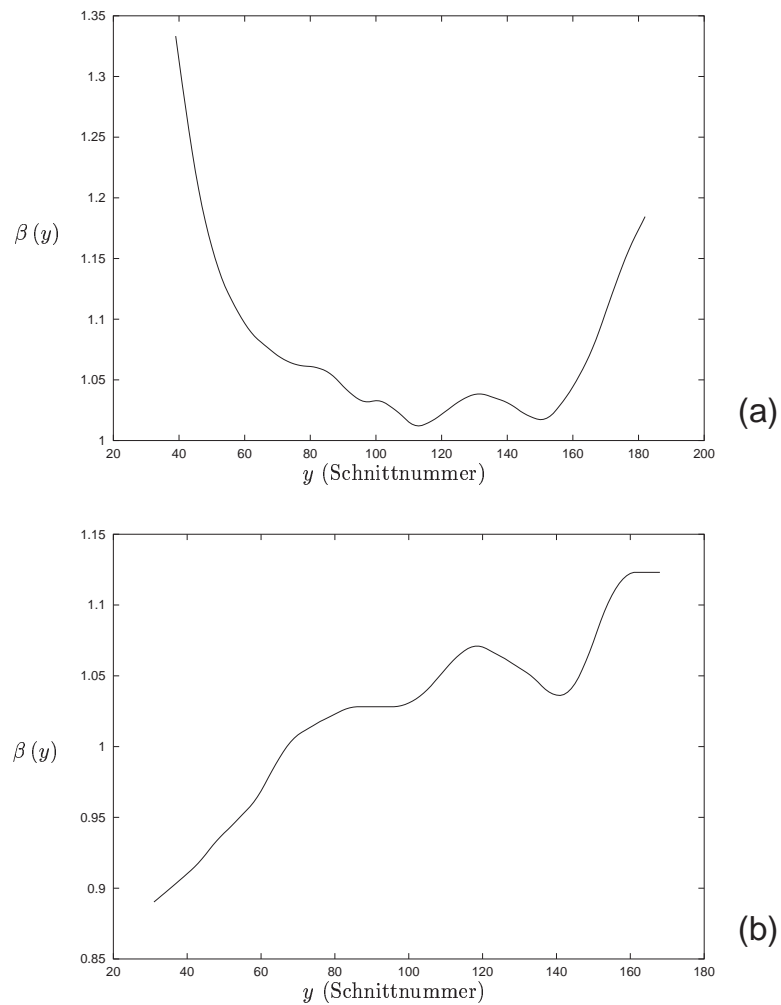


Abbildung 3.9: Die Korrekturfunktion  $\beta(y)$  für das MRI aus Abbildung 3.1 (Diagramm (a)) sowie für das in Abbildung 3.2 eingeführte MRI (Diagramm (b)). Die zugrunde liegenden „Peak“-Kurven sind in den Abbildung 3.7 (für (a)) und 3.8 (für (b)) angegeben.

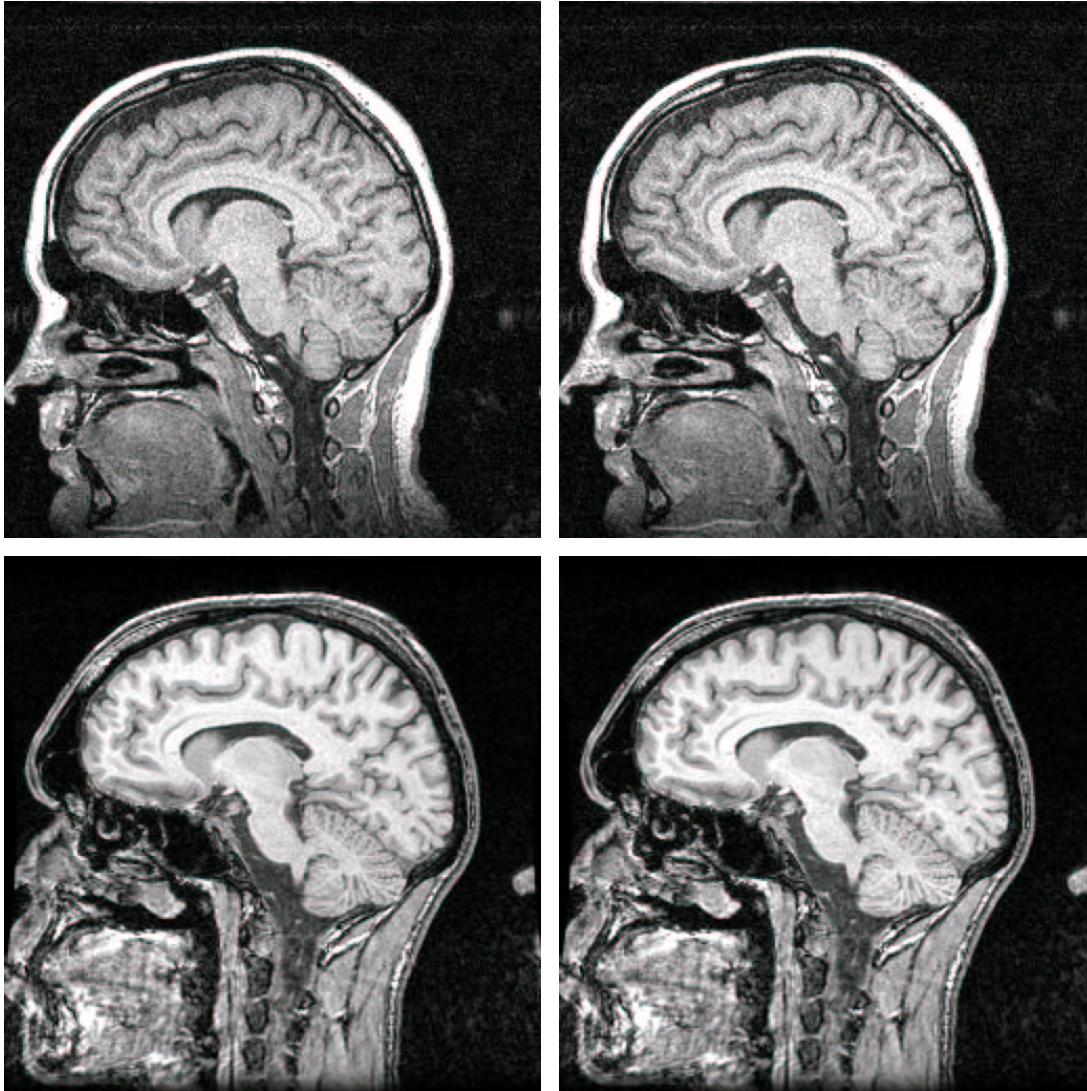


Abbildung 3.10: Anwendung der Korrekturen 3.9(a) (obere Zeile) und 3.9(b) (untere Zeile) auf die entsprechenden Schnitte 3.1(c) und 3.2(c). Links ist jeweils das originale Schnittbild, rechts die korrigierte Version gezeigt.

Aufgabe der nachfolgenden Rekonstruktionsschritte. Aufgrund des Partialvolumeneffekts in Verbindung mit Qualitätsproblemen aller Art (Rauschen, Inhomogenitäten in der Grauwertverteilung, Artefakte, usw.) ist diese Auflösung der inneren Furchenstruktur eine erheblich schwierigere Aufgabe als die Identifizierung außen liegender Nicht-Gehirnvoxel. Allerdings wurde im Rahmen der Beispiele des Abschnitts 2.6.2 gezeigt, dass auch die Freistellung des Gehirns keineswegs trivial ist. Dies gilt um so mehr, als im Rahmen dieses Rekonstruktionsverfahrens erhöhte Anforderungen an die Genauigkeit der Freistellung gestellt werden: Um die nachfolgenden Verfahrensschritte nicht zusätzlich mit dem möglichen Auftreten von Fremdgewebe zu belasten, muss das Freistellungsverfahren möglichst exakt arbeiten. Zur Bewertung der Schwere eines Segmentierfehlers kann dabei nicht die Größe des irrtümlich zum Gehirn gerechneten Gewebebereichs herangezogen werden. So kann es z. B. im Rahmen eines Artefakts zu einer Verbindung zwischen Gehirn und umgebendem Gewebe kommen, die sich im Segmentierergebnis als großes fehlerhaft klassifiziertes Volumen darstellt. Hängt dieser Bildbereich mit dem Gehirn nur an einer einzelnen dünnen Stelle zusammen, so stellt dieser Fehler i. Allg. kein großes Problem dar. Zum einen kann der fehlklassifizierte Bereich zu jedem Zeitpunkt innerhalb des Rekonstruktionsverfahrens durch simples „Anklicken“ des Übergangs manuell entfernt werden<sup>5</sup>, zum anderen wird dieser fehlerhafte Übergang im Rahmen der Trennung eng benachbarter Hirnwindungen wahrscheinlich wie eine Gehirnfurche behandelt, was zu einer automatischen Abtrennung des fehlerhaft klassifizierten Bereichs führen würde<sup>6</sup>. Hinsichtlich ihrer Ausdehnung sehr viel unscheinbarere Fehler können im Gegensatz hierzu sehr viel unangenehmere Probleme verursachen. Der Bereich der Hirnhäute ist eine Quelle von Segmentierfehlern dieser Art. Dieser Bereich stellt in einem MRI eine sich eng an das Gehirn anschließende Schicht dar, dessen Graustufen in weiten Teilen mit dem für die graue Hirnsubstanz charakteristischen Grauwertbereich übereinstimmen (siehe z. B. die Abbildung 3.11). Hier ist es für ein Segmentierverfahren u. U. schwierig, den Übergang von grauer Hirnsubstanz in die Hirnhaut zu erkennen. Darüber hinaus sind Fehlsegmentierungen dieser Art i. Allg. an mehreren Stellen mit dem Gehirn verbunden. Dies macht eine manuelle Fehlerkorrektur zeitaufwändig und erhöht gleichzeitig die Wahrscheinlichkeit, dass nicht alle Verbindungen in nachfolgenden Schritten aufgelöst werden können. Bleibt nur eine einzige Verbindung bestehen, so wird aber die ganze fehlerhaft klassifizierte Zusammenhangskomponente als zum Gehirn gehörig angesehen. Fehler dieser Art sollte ein Freistellungsverfahren also nach Möglichkeit vermeiden.

Freistellungsverfahren, die Bereichswachstumsverfahren als zentrale Kompo-

---

<sup>5</sup>Konkret wird die Verbindungsstelle durch das Anbringen einer Trennungslinie aufgelöst und nachfolgend der fehlklassifizierte Bereich über ein Bereichswachstumsverfahren gelöscht (der größte zusammenhängende Bereich wird dabei als Gehirn betrachtet).

<sup>6</sup>Der Einsatz von Bereichswachstumsverfahren an verschiedenen Stellen des Rekonstruktionsverfahrens stellt sicher, dass das Resultat nur eine einzelne Zusammenhangskomponente umfasst.



nente einsetzen, wurden bereits in den Abschnitten 2.6.2 und 2.6.3 ausführlich diskutiert. In diesem Abschnitt sollen daher nur zwei weitere wichtige Verfahren vorgestellt werden. Zum einen ein sehr intuitives Verfahren, das aber leider nur für MRIs hinreichender Qualität zu fehlerfreien Resultaten führt (und daher anhand des in Abbildung 3.2 eingeführten MRIs erläutert wird) und zum anderen ein etwas komplexeres Verfahren, das auch für MRIs schlechterer Qualität geeignet ist (was am Beispiel des MRIs aus Abbildung 3.1 gezeigt wird).

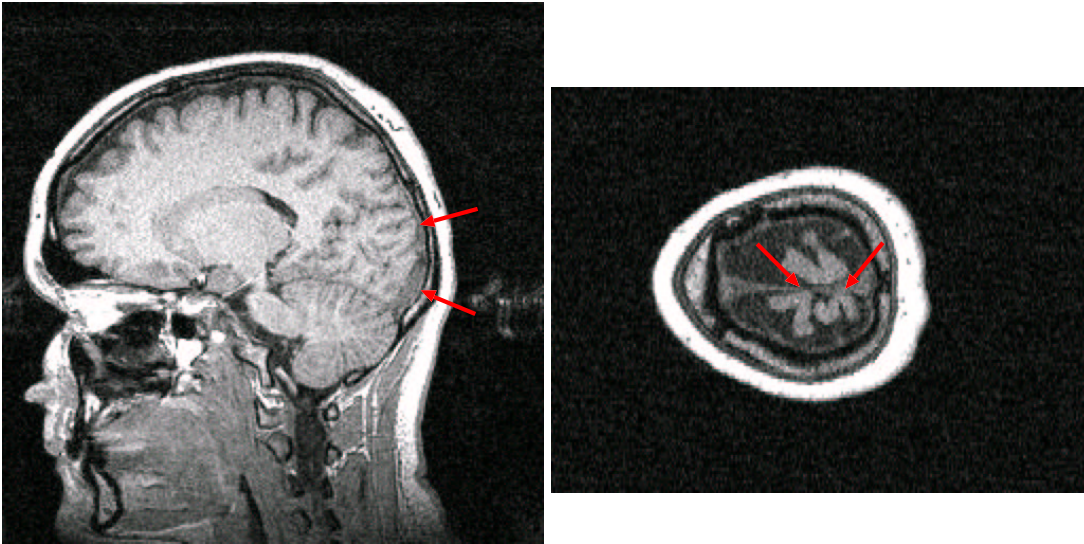


Abbildung 3.11: Beispiele für problematische Hirnhautstellen. Die Schnittbilder sind dem in Abbildung 3.1 vorgestellten MRI entnommen. Die roten Pfeile markieren Hirnhautbereiche, die aufgrund ihrer Nähe zum Kortex bei der Segmentierung zu Problemen führen könnten.

### 3.3.1 Schablonenorientiertes Freistellungsverfahren

Das hier vorgestellte Verfahren verwendet eine Segmentierung der weißen Hirnsubstanz zur Konstruktion einer Schablone zur Freistellung des Gehirns. Dabei wird ausgenutzt, dass die graue Hirnsubstanz eine Schicht relativ konstanter Dicke oberhalb der weißen Hirnsubstanz darstellt. Ist daher die Geometrie der weißen Hirnsubstanz sowie die durchschnittliche Dicke des Kortex bekannt, kann die Lage der Kortexoberfläche zumindest abgeschätzt werden. Für eine detaillierte Rekonstruktion des Kortex ist diese Methode zu ungenau. Bei hinreichend guter Segmentierung der weißen Hirnsubstanz ist sie aber ausreichend, um eine Freistellung des Gehirns zu erreichen.

Im Gegensatz zur Segmentierung des gesamten Gehirns ist die Segmentierung der weißen Hirnsubstanz in der Regel einfacher. Aufgrund der „farblichen Schutz-



schicht“, die die graue Hirnsubstanz um ihren Kern aus weißer Hirnsubstanz bildet, ist die weiße Hirnsubstanz relativ gut von Nicht-Gehirngewebe isoliert. Das heißt, wenn  $I_{\text{weiß}}$  ein die Graustufenverteilung der weißen Hirnsubstanz charakterisierendes Intervall ist, so existieren relativ wenige Brücken aus Voxeln mit Graustufen in  $I_{\text{weiß}}$ , die die weiße Hirnsubstanz mit Nicht-Gehirngewebe verbinden, dessen Voxel ebenfalls Graustufen aus  $I_{\text{weiß}}$  aufweisen.

Dass die Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz dennoch nicht trivial ist, wurde in den Beispielen des Abschnitts 2.6.2 erläutert. Dort wurden aber auch leistungsfähige Rekonstruktionsverfahren vorgestellt, auf die sich dieser Abschnitt nun beruft.

In den Schnitten der Abbildung 3.12 ist eine Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz<sup>7</sup> des in Abbildung 3.2 vorgestellten MRIs in Blau eingetragen. Die Rekonstruktion beruht auf dem in Abschnitt 2.6.2 vorgestellten schichtorientierten Bereichswachstumsverfahren. Die Abbildung selber zeigt eine auf dieser Rekonstruktion basierende Distanztransformation. Verschiedene Abstandsbereiche sind in der Abbildung farbig hervorgehoben. So sind alle Voxel, die von der blau eingetragenen Rekonstruktion einen Abstand von nicht mehr als 1 mm haben, in Rot dargestellt, der Abstandsbereich (1, 2] mm ist in Gelb markiert und die Voxel des Abstandsbereichs (2, 3] mm sind grün eingefärbt.

Die Freistellung des Gehirns geschieht nun einfach durch Auswahl eines geeigneten Abstandswertes  $\delta_{\text{grau}}$ . Die Distanztransformation  $d$  liefert dann über

$$\mathcal{S}_{\delta_{\text{grau}}} = \{\mathbf{r} : d(\mathbf{r}) \leq \delta_{\text{grau}}\}$$

eine Schablone zur Freistellung des Gehirns.

Das Ergebnis einer solchen Operation ist in Abbildung 3.13 gezeigt. Alle Voxel außerhalb von  $\mathcal{S}_{\delta_{\text{grau}}}$  wurden auf den Wert 0 gelöscht, sind in der Abbildung aber zur Abgrenzung von noch nicht erfassten Liquorraumvoxeln gelb eingefärbt.

### 3.3.2 Morphologisches Freistellungsverfahren

Den Kern dieses Freistellungsverfahrens, das in der Regel auch für MRIs schlechterer Qualität brauchbar ist, bilden morphologische Operationen: Ein vorverarbeitendes Grauwert-Opening, gefolgt vom eigentlichen Segmentierschritt, einer Kombination aus Bereichswachstumsverfahren und binärer Opening-Operation.

Die wesentliche Aufgabe des Grauwert-Opening besteht darin, die Graustufen der zur Hirnhaut gehörenden Voxel abzusenken. Die Opening-Operation nutzt dabei die Tatsache aus, dass die Hirnhaut nur eine dünne Schicht über dem

<sup>7</sup>Für die Bewertung eines Rekonstruktionsergebnisses als „gut“ ist hier ein mehr pragmatisches Verständnis des Begriffs *weiße Hirnsubstanz* angebracht: Ein Ergebnis ist „gut“, wenn das Rekonstruktionsresultat ein „gutes“ Modell für die Form des Gesamtgehirns darstellt. Überschneidungen mit Teilen grauer Hirnsubstanz sind hier von untergeordneter Bedeutung. Vergleiche hierzu auch die Fußnote auf der Seite 79.

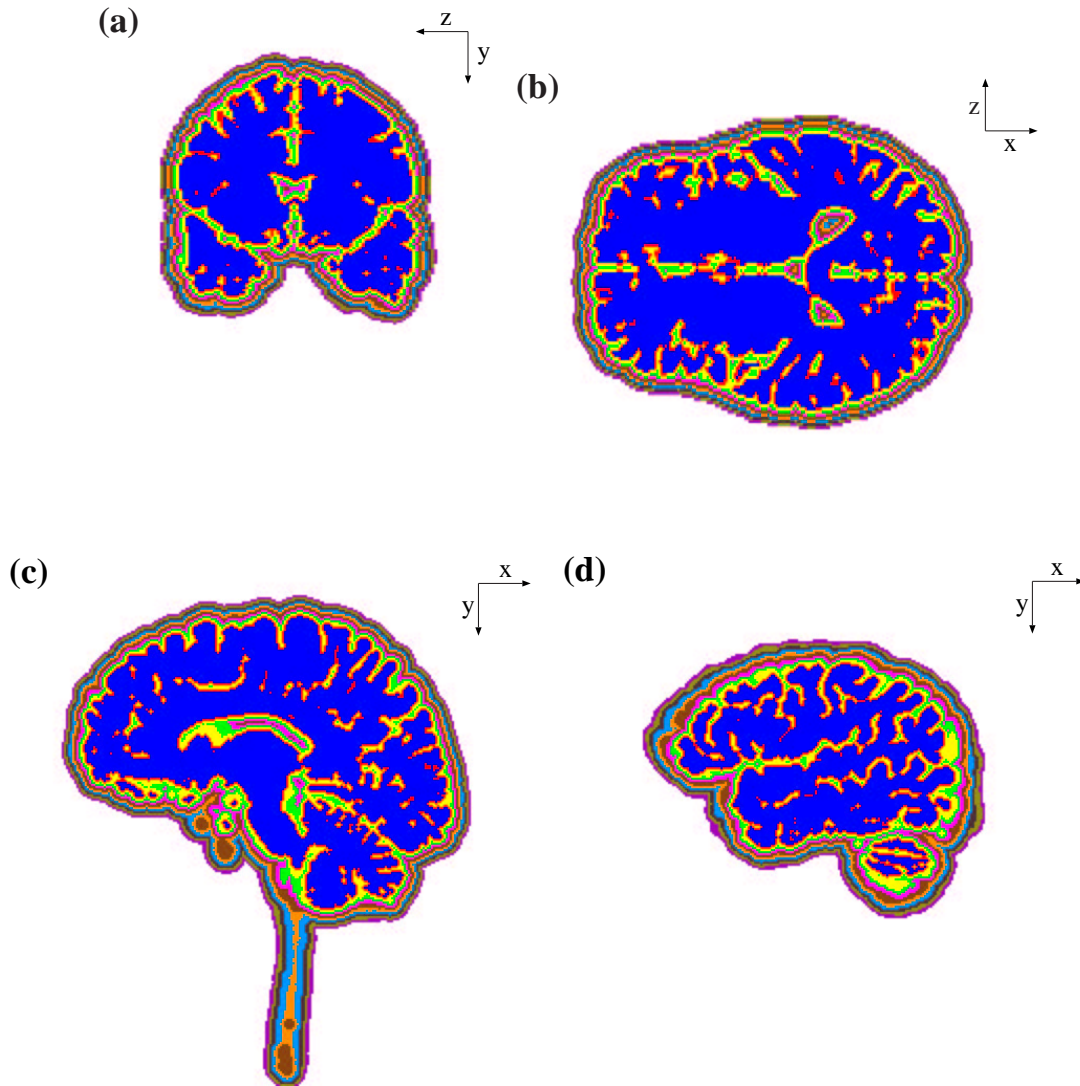


Abbildung 3.12: Distanztransformation einer rekonstruierten weißen Hirnsubstanz. Der Rekonstruktion liegt das MRI aus Abbildung 3.2 zugrunde. Die blaue Menge stellt das rekonstruierte Volumen dar. Die übrigen Farben kodieren jeweils 1 mm dicke Schichten. Voxel mit Abständen größer als 1 cm sind nicht mehr dargestellt.

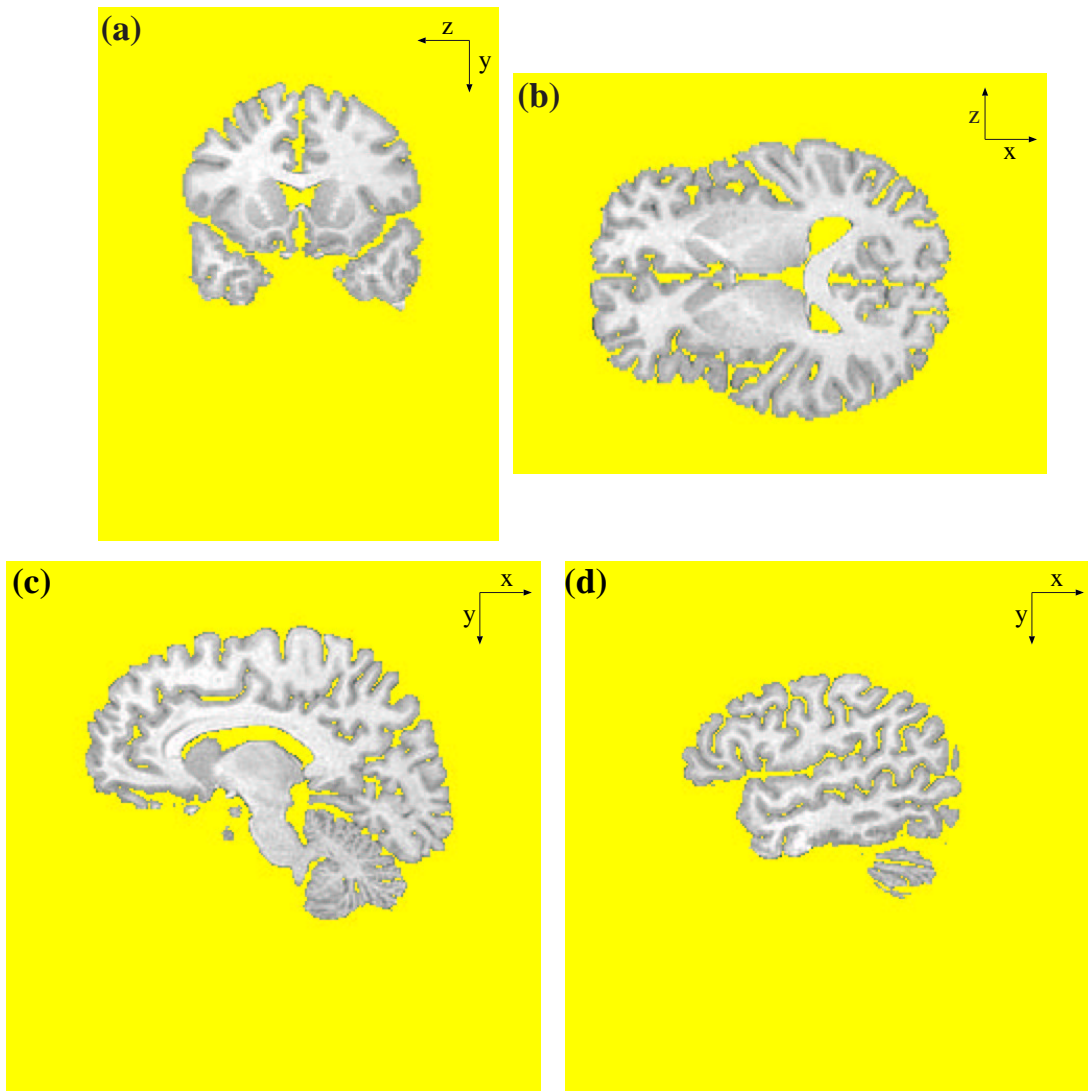


Abbildung 3.13: Ergebnis einer schablonenorientierten Freistellung des Gehirns. Alle Voxel, die durch das Verfahren als nicht zum Gehirn gehörig erkannt wurden, sind hier gelb eingefärbt. Das zugrunde liegende MRI ist in Abbildung 3.2 dargestellt. Die Distanztransformation, über die die Schablone berechnet wurde, zeigt Abbildung 3.12.

Gehirn bildet. Zusammen mit der im Vergleich zur grauen Hirnsubstanz schon von vornherein etwas dunkleren Tönung der Hirnhautvoxel verstärkt die Opening-Operation auf diese Weise den Abstand zwischen den Graustufen der grauen Hirnsubstanz und der Hirnhaut.

Die Abbildung 3.14 zeigt das Resultat dieser Operation am Beispiel des in Abbildung 3.1 eingeführten MRIs. Das verwendete Strukturelement ist in Abbildung 3.15 gezeigt.

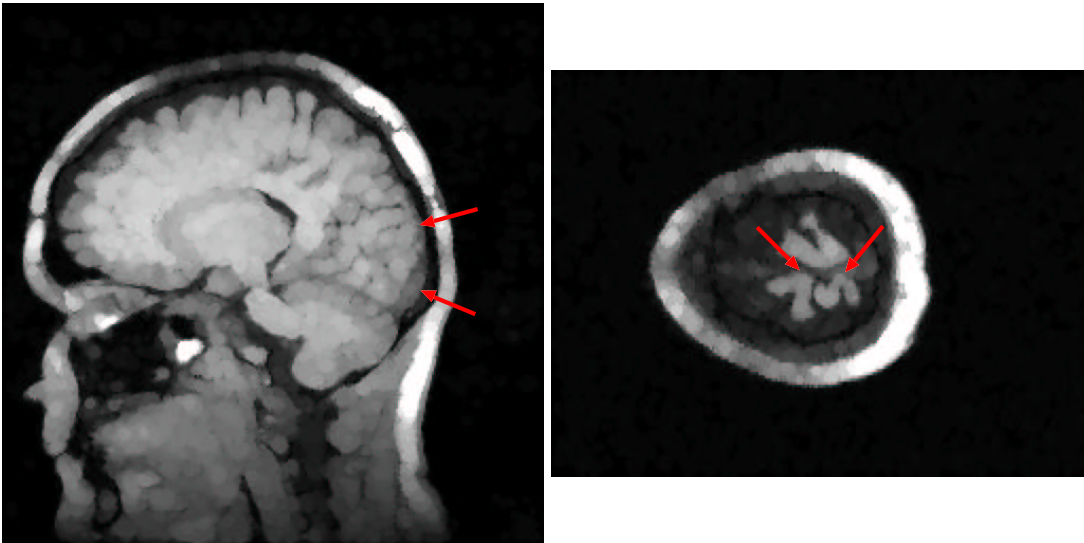


Abbildung 3.14: Grauerterrosion des in 3.1 gezeigten MRIs (nach Durchführung einer Bias-Korrektur gemäß Abschnitt 3.2). Das verwendete Strukturelement ist in Abbildung 3.15 dargestellt. Die roten Pfeile, die problematische Hirnhautstellen bezeichnen, stammen aus der Abbildung 3.11. Die Operation war offensichtlich in der Lage, die bezeichneten Problembereiche gegenüber der angrenzenden grauen Hirnsubstanz abzdunkeln.

Nach der Opening-Operation ist es nun möglich, die zur Hirnhaut gehörenden Voxel durch ein Grauwertintervall  $I_{HH} = [0, c_{HH}]$  zu charakterisieren. Über ein Schwellenwertverfahren kann jetzt bereits der größte Teil der Hirnhautvoxel aus dem Original-MRI entfernt werden. Die Abbildung 3.16 zeigt das Resultat. In ihr wurden alle Voxel, die bzgl. des MRIs der Abbildung 3.14 einen Grauwert aus  $I_{HH}$  haben, gelöscht.

Nach der Entfernung der Hirnhautvoxel wird die eigentliche Segmentierung mit Hilfe eines Bereichswachstumsverfahrens durchgeführt. Das Verfahren verwendet die Zugehörigkeit zu einem Grauwertintervall  $I_{Gehirn}$  als Homogenitätskriterium.  $I_{Gehirn}$  ist hierbei als charakteristischer Grauwertbereich des Gehirns zu bestimmen. Um Überläufe in Nicht-Gehirn-Bereiche zu vermeiden, ist das Bereichswachstumsverfahren mit einer Opening-Operation verschachtelt:

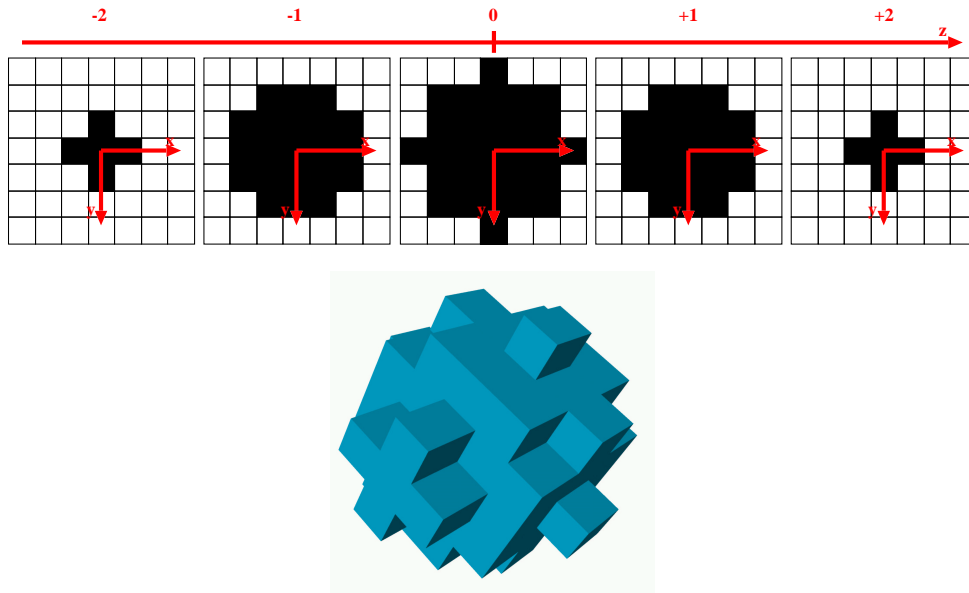


Abbildung 3.15: Kugelförmiges Strukturelement mit Radius 3 mm bei einer Voxelausdehnung von  $0.98 \times 0.98 \times 1.41 \text{ mm}^3$ . Die untere Zeile zeigt eine 3D-Darstellung des Strukturelements, während die obere Zeile das Element anhand von Schnitten (senkrecht zur z-Achse) erläutert.

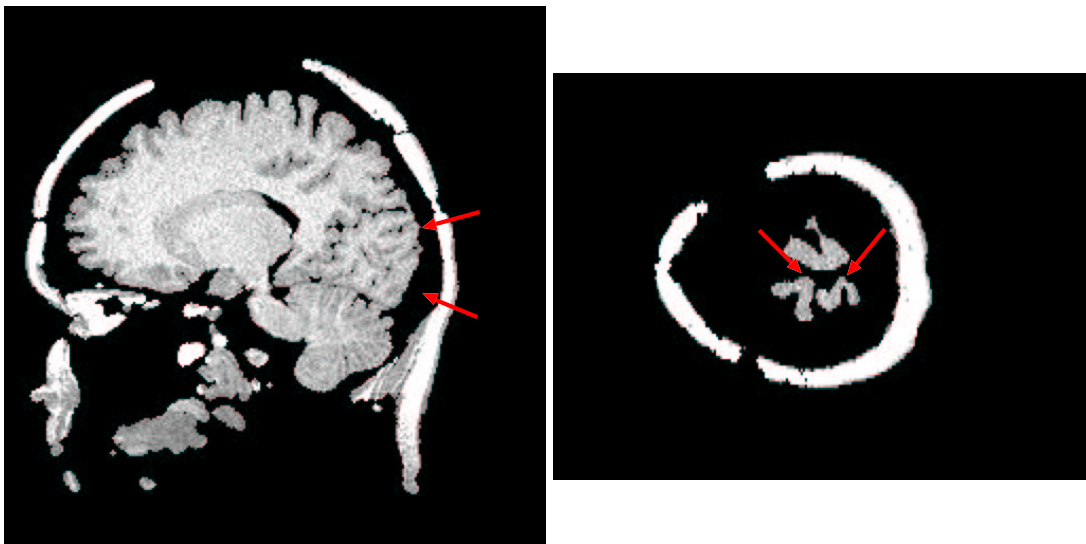


Abbildung 3.16: Entfernung aller Voxel aus dem in Abbildung 3.1 eingeführten MRI, die im gefilterten MRI der Abbildung 3.14 einen Grauwert besitzen, der für die Hirnhaut charakteristisch ist. Die roten Pfeile stammen aus der Abbildung 3.11 und markieren dort problematische Hirnhautbereiche. Die Operation konnte diese Bereiche offensichtlich erfolgreich entfernen.

1. Durchführung des Bereichswachstumsverfahrens mit  $c \in I_{\text{Gehirn}}$  als Homogenitätskriterium und einem beliebigen Voxel  $\mathbf{r}$  des Gehirns als Saatpunkt.
2. Durchführung einer Erosions-Operation auf dem aus Schritt 1 erhaltenen Binärbild.
3. Erneute Durchführung des Bereichswachstumsverfahrens. Der Saatpunkt  $\mathbf{r}$  wird beibehalten, als Homogenitätskriterium fungiert aber nun die Zugehörigkeit zur Ergebnismenge aus Schritt 2.
4. Durchführung einer Dilatations-Operation auf dem Ergebnis von Schritt 3.

Aufgrund der Aufspaltung der „Opening-Operation“ (Schritt 2 zusammen mit Schritt 4) durch den eingeschobenen Bereichswachstumsprozess (Schritt 3) verstärkt sich die Fähigkeit dieser Operation, dünne Verbindungswege aufzubrechen. Bereiche, die nach Schritt 2 nicht mehr mit dem Hauptvolumen verbunden sind, werden auf jeden Fall gelöscht. Bei einer normalen Opening-Operation könnten solche Bildteile durch die Dilatations-Operation wieder angeschlossen werden.

Die Abbildung 3.17 zeigt das Ergebnis dieser Operation. Alle Voxel, die durch das obige Verfahren als nicht zum Gehirn gehörig eingestuft wurden, sind auf den Wert 0 gelöscht und wurden in den Schnittbildern gelb markiert. Das Strukturelement, das hier verwendet wurde, ist in Abbildung 3.18 gezeigt.

Die Effizienz des hier beschriebenen Verfahrens kann noch durch eine Aufhellungstechnik gesteigert werden, die auch in anderen Bereichen, z. B. als Vorverarbeitung für Bereichswachstumsverfahren, einsetzbar ist. In seiner allgemeinsten Form wird das Verfahren durch ein Tupel  $(\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2, \lambda)$  parametrisiert und überführt ein MRI  $\mathbf{m}$  in ein „aufgehelltes“ MRI  $\tilde{\mathbf{m}}$ :

$$\tilde{\mathbf{m}}(\mathbf{u}) = \begin{cases} \mathbf{m}(\mathbf{u}) + (\lambda - 1) \frac{(\mathbf{u} - \mathbf{r}_1)(\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1)}{(\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1)^2} \mathbf{m}(\mathbf{u}) & \text{wenn } 0 \leq (\mathbf{u} - \mathbf{r}_1)(\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1) \leq (\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1)^2 \\ 0 & \text{sonst.} \end{cases}$$

Das Verfahren hellt also die Voxel entlang der Achse  $\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1$  auf. Ist  $E_{\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2}$  die Ebene durch  $\mathbf{r}_1$  bzgl. der  $\frac{\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1}{|\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1|}$  Normalenvektor ist, so wird ein Voxel  $\mathbf{u}$  gemäß seines Abstandes  $d_{\mathbf{u}}$  zu  $E_{\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2}$  skaliert: Liegt  $\mathbf{u}$  unterhalb der Ebene oder ist  $\mathbf{u}$  weiter von  $E_{\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2}$  entfernt als  $\mathbf{r}_2$ , so bleibt  $\mathbf{m}(\mathbf{u})$  unverändert. Ansonsten ist die Skalierung von  $\mathbf{m}$  eine lineare Funktion von  $d_{\mathbf{u}}$ , wobei für  $d_{\mathbf{u}} = 0$  die Skalierung 1 und für  $d_{\mathbf{u}} = |\mathbf{r}_2 - \mathbf{r}_1|$  die Skalierung  $\lambda$  vorgesehen ist.

Diese Vorverarbeitungsstufe arbeitet also wie eine grobe Version der in Abschnitt 3.2 beschriebenen Bias-Korrektur. Ein wesentlicher Unterschied ist hier jedoch, dass keine Korrektur im eigentlichen Sinne, sondern eine artifizielle Veränderung der Grauwertstruktur angestrebt wird, um eine bestimmte Wirkung zu erzielen.



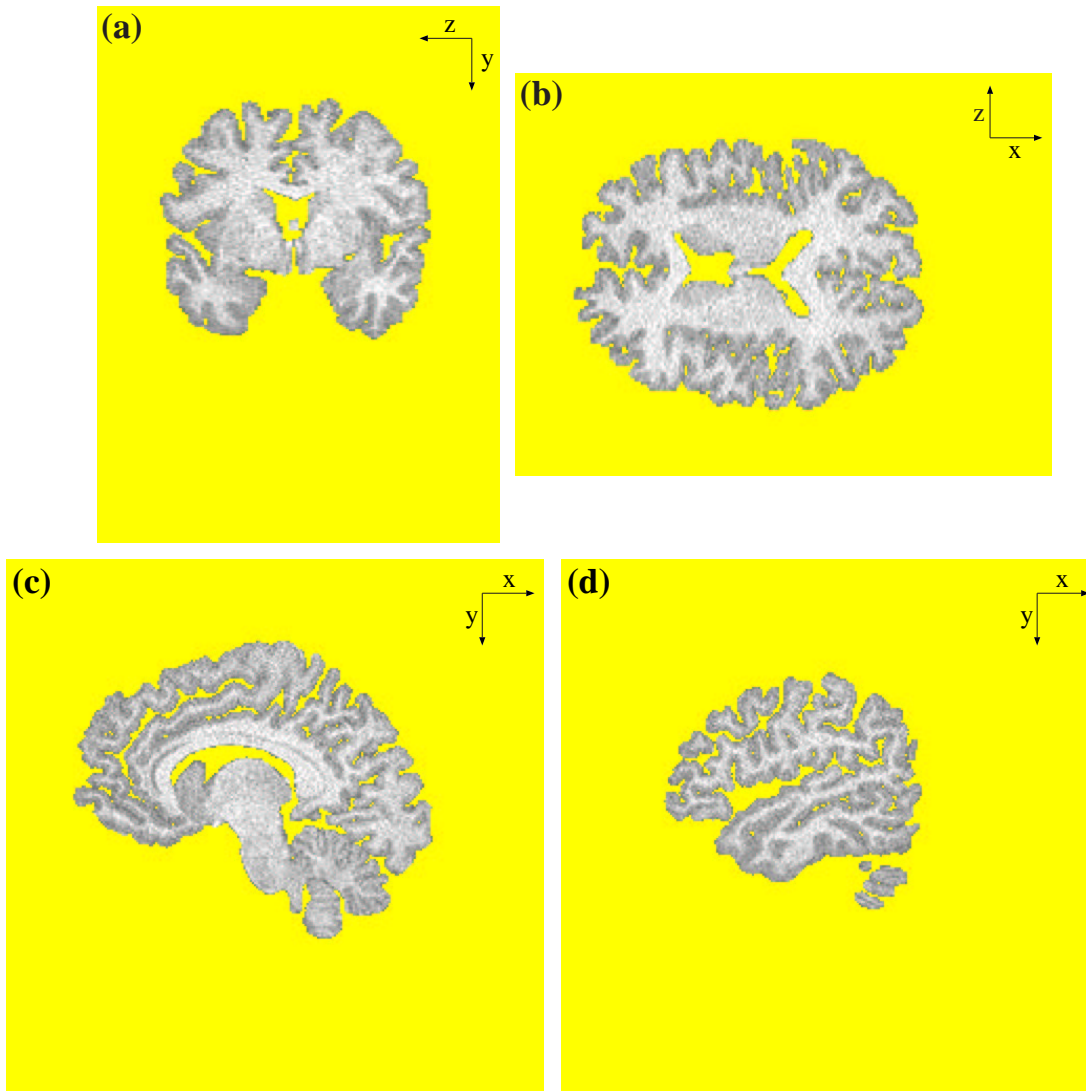


Abbildung 3.17: Freistellung des Gehirns aus Abbildung 3.1 über das hier diskutierte morphologische Verfahren. Alle Voxel, die durch das Verfahren als nicht zum Gehirn gehörig erkannt wurden, sind gelb markiert.

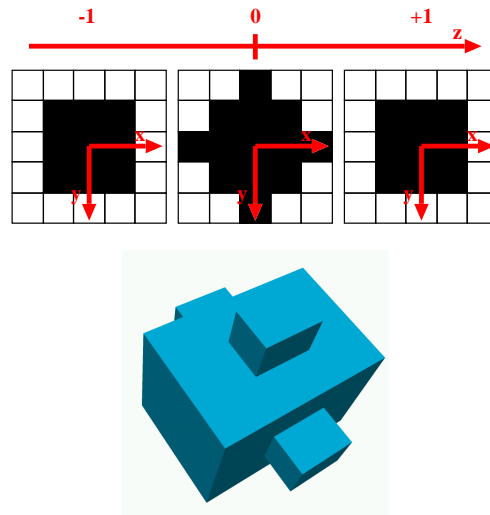


Abbildung 3.18: Kugelförmiges Strukturelement mit Radius 2 mm bei einer Voxel- ausdehnung von  $0.98 \times 0.98 \times 1.41 \text{ mm}^3$ . Die untere Zeile zeigt eine 3D-Darstellung des Strukturelements, während die obere Zeile das Element anhand von Schnitten (senkrecht zur  $z$ -Achse) erläutert. Dieses Element wurde im letzten Schritt (binäre Erosion/Dilatation) der Berechnung des in Abbildung 3.17 gezeigten MRIs eingesetzt.

Die Abbildung 3.20 zeigt ein Beispiel. Wiederum wurde das MRI aus Abbildung 3.1 bearbeitet, und auch das angewandte Freistellungsverfahren ist das gleiche, das auch in Abbildung 3.17 zum Einsatz kam. Der Vorverarbeitungsschritt nach 3.2 wurde aber durch zwei Aufhellungsoperationen ersetzt, deren Achsen in der Abbildung 3.19 gezeigt sind. Die blaue Achse ersetzt dabei die Bias-Korrektur. Diese Aufhellung ist i. Allg. nicht notwendig, wenn das MRI gemäß 3.2 vorverarbeitet ist. Die Aufhellung entlang der roten Achse ist aber auch bei erfolgter Bias-Korrektur nützlich. Diese Operation hellt die Gehirnbe- reiche entgegengesetzt zur Richtung, in der Hirnhautprobleme erwartet werden, auf. Auf diese Weise kann ein „aggressiveres“  $I_{\text{HH}}$  bestimmt werden, da nun die i. Allg. etwas dunkleren Voxel im vorderen unteren Drittel des Gehirns davor geschützt sind, versehentlich als Hirnhaut aufgefasst zu werden.

### 3.4 Volume-Rendering

Die oben dargestellten Techniken zur Freistellung des Gehirns führen i. Allg. noch nicht zu einer detaillierten Auflösung der Sulcistruktur. Dennoch ist es bereits jetzt möglich, eine 3D-Visualisierung zu berechnen, die zumindest einen ersten Eindruck von der Struktur des untersuchten Gehirns liefert. Im Gegensatz zu den

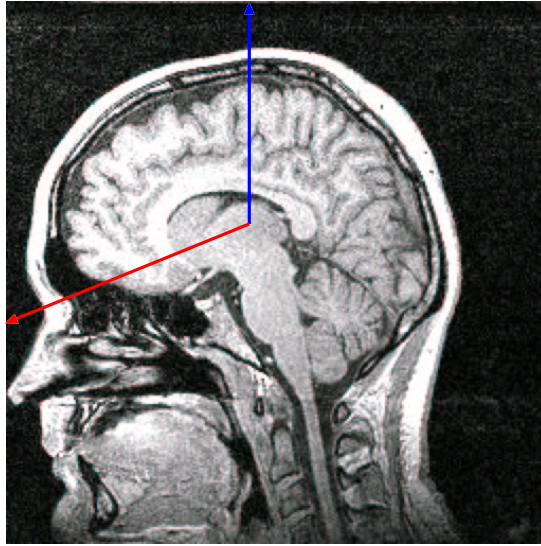


Abbildung 3.19: Skalierung des MRIs aus Abbildung 3.1. Die beiden Pfeile zeigen die Skalierungsrichtungen an. Am Fuß der Pfeile ist die Skalierung jeweils 1, an der Spitze jeweils 1.4.

üblichen Visualisierungstechniken, die als Surface-Rendering-Verfahren bezeichnet werden und eine exakte mathematische Beschreibung der darzustellenden Oberflächen erfordern, wird hierbei eine Technik eingesetzt, die zur Gruppe der Volume-Rendering-Verfahren [99, 22, 47, 160] gehört. Visualisierungstechniken dieser Kategorie fassen die darzustellende Struktur nicht als Objekt mit fest umrissenen Grenzflächen, sondern als eine Art Nebel<sup>8</sup> auf, dessen visuelle Dichte sich als Funktion der Voxelgrauwerte ergibt. Die Abschätzung von Objektgrenzen wird hierbei dem Auge des Betrachters überlassen, sodass auf eine detaillierte Segmentierung verzichtet werden kann. Überdies erlaubt die Freiheit bei der Zuordnung von Voxelgrauwerten zu Transparenzwerten, die zusätzlich noch durch die Einführung von Farbkodierungen erweitert werden kann, unterschiedliche Aspekte des zu visualisierenden Datensatzes hervorzuheben. Auf diese Weise kann man beispielsweise die innere Struktur eines Organs erforschen, indem man die Graustufenabbildung schrittweise in Richtung höherer Transparenz verändert und auf diese Weise immer tiefer liegende Organstrukturen zum Vorschein bringt. Die Graustufenstruktur des Ausgangsdatsatzes muss ein solches Vorgehen allerdings unterstützen. Eine Transformation zu finden, die bei einem MRI des Kopfes das Gehirn undurchsichtig, alle anderen Gewebetypen aber weitgehend transparent erscheinen lässt, ist z. B. kaum möglich. Hier ist zumindest eine

<sup>8</sup>Tatsächlich werden Volume-Rendering-Verfahren in der Computergrafik — z. B. bei der Berechnung computergenerierter Filmszenen — gerade auch zur Modellierung von Wolken und Rauchschwaden eingesetzt.

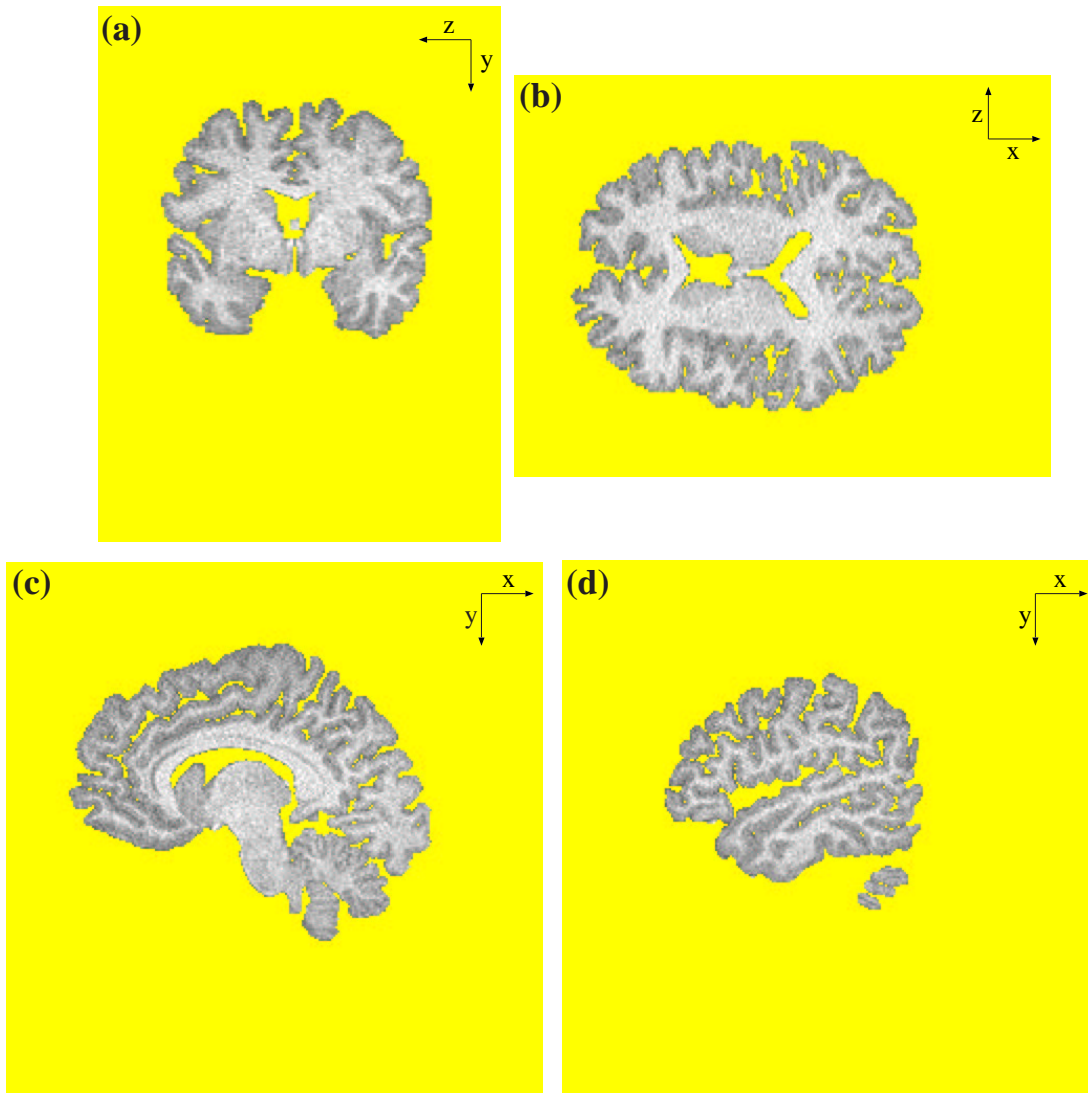


Abbildung 3.20: Freistellung des Gehirns aus Abbildung 3.1 über das gleiche Verfahren wie in Abbildung 3.17. Im Unterschied zum Ergebnis aus 3.17 wurde das MRI hier aber nicht durch das Bias-Korrekturverfahren aus Abschnitt 3.2 vorverarbeitet, sondern gemäß Abbildung 3.19 skaliert. Alle Voxel, die durch das Verfahren als nicht zum Gehirn gehörig klassifiziert wurden, wurden auf den Wert 0 gelöscht und sind daher im Folgenden von Liquorraumvoxeln nicht mehr unterscheidbar (sie werden in den nachfolgenden Abbildungen daher schwarz dargestellt). In dieser Abbildung sind die gelöschten Voxel aber, zur Unterscheidung von noch nicht identifizierten Liquorraumvoxeln, gelb markiert.

Vorsegmentierung der in Abschnitt 3.3 beschriebenen Art erforderlich. Die Güte dieser Vorsegmentierung wirkt sich dabei direkt auf die Qualität des Visualisierungsergebnisses aus. Reste von Hirnhautstrukturen können im resultierenden Bild zu schwer interpretierbaren Artefakten führen.

Volume-Rendering-Verfahren sind mächtige Werkzeuge zur 3D-Visualisierung medizinischer Datensätze. Wunder kann man von ihnen allerdings nicht erwarten. Tatsächlich sind über Volume-Rendering-Techniken erzeugte Bilder nicht selten gerade an den Stellen schwer interpretierbar und artefaktlastig, an denen sich auch Segmentierverfahren schwer tun. Überdies liefern diese Techniken nur Visualisierungen. Obwohl sich Objektgrenzen in den resultierenden Bildern mitunter verblüffend scharf darstellen, beruht dies doch weitgehend auf der Bildverarbeitungsfähigkeit des menschlichen Gehirns, das auch schon in den ursprünglichen Schnittbildern wenig Schwierigkeiten mit der Erkennung von Objektgrenzen hatte. Volume-Rendering-Verfahren selber liefern keine Informationen zur Lage von Gewebegrenzflächen.

Im Rahmen des hier vorgestellten Rekonstruktionsverfahrens sind Volume-Rendering-Verfahren vor allem deshalb von Interesse, weil sie eine von der eigentlichen Rekonstruktion unabhängige Visualisierung der Gehirnoberfläche liefern. Die auf diese Weise erzeugten Bilder können mit dem Endresultat des Rekonstruktionsverfahrens verglichen werden und erlauben auf diese Weise eine schnelle Abschätzung der Rekonstruktionsgüte. Ein für diesen Zweck ausreichendes Volume-Rendering-Verfahren wird im Folgenden dargestellt:

Sei  $\mathbf{m}$  das dreidimensionale Bild eines freigestellten Gehirns und sei  $I_{\text{Hintergr}} = [0, c_{\text{Hintergr}}]$  ein Grauwertintervall, welches die Hintergrundvoxel in  $\mathbf{m}$  charakterisiert. Dann kann für jedes  $(x, y) \in \mathbb{Z}^2$  eine  $z$ -Koordinate  $s(x, y)$  bestimmt werden, an der das Bild  $\mathbf{m}$  das erste Mal einen Wert außerhalb von  $I_{\text{Hintergr}}$  annimmt:

$$s(x, y) = \min \{z \in \mathbb{Z} : m(x, y, z) \notin I_{\text{Hintergr}}\}.$$

Für  $\{z \in \mathbb{Z} : m(x, y, z) \notin I_{\text{Hintergr}}\} = \emptyset$ , sei dabei speziell  $s(x, y) = \infty$  gesetzt.

Aus  $\mathbf{m}$  lässt sich nun in folgender Weise ein zweidimensionales Bild  $\mathbf{v}$  ableiten:

$$v(x, y) = \begin{cases} \lambda \sum_{i=s(x,y)}^{s(x,y)+\tau} m(x, y, z) & \text{wenn } s(x, y) < \infty \\ 0 & \text{sonst.} \end{cases}$$

$\lambda \in \mathbb{R}_{>0}$  ist hierbei eine Skalierungskonstante und  $\tau \in \mathbb{N}$  eine Konstante, die die gewünschte Integrationstiefe festlegt.

Das konstruierte Bild  $\mathbf{v}$  stellt eine Art Projektion von  $\mathbf{m}$  entlang der negativen  $z$ -Achse dar.  $s(x, y)$  bestimmt die „Oberfläche“ des Gehirns in Richtung der  $z$ -Achse und  $v(x, y)$  wird mit dem „Integral“ der ersten  $\tau$  Oberflächenvoxel belegt.

Das obige Schema lässt sich offensichtlich in trivialer Weise auf die restlichen fünf Achsenrichtungen erweitern. Die Abbildung 3.21 zeigt die entsprechenden Darstellungen für das MRI aus Abbildung 3.20.



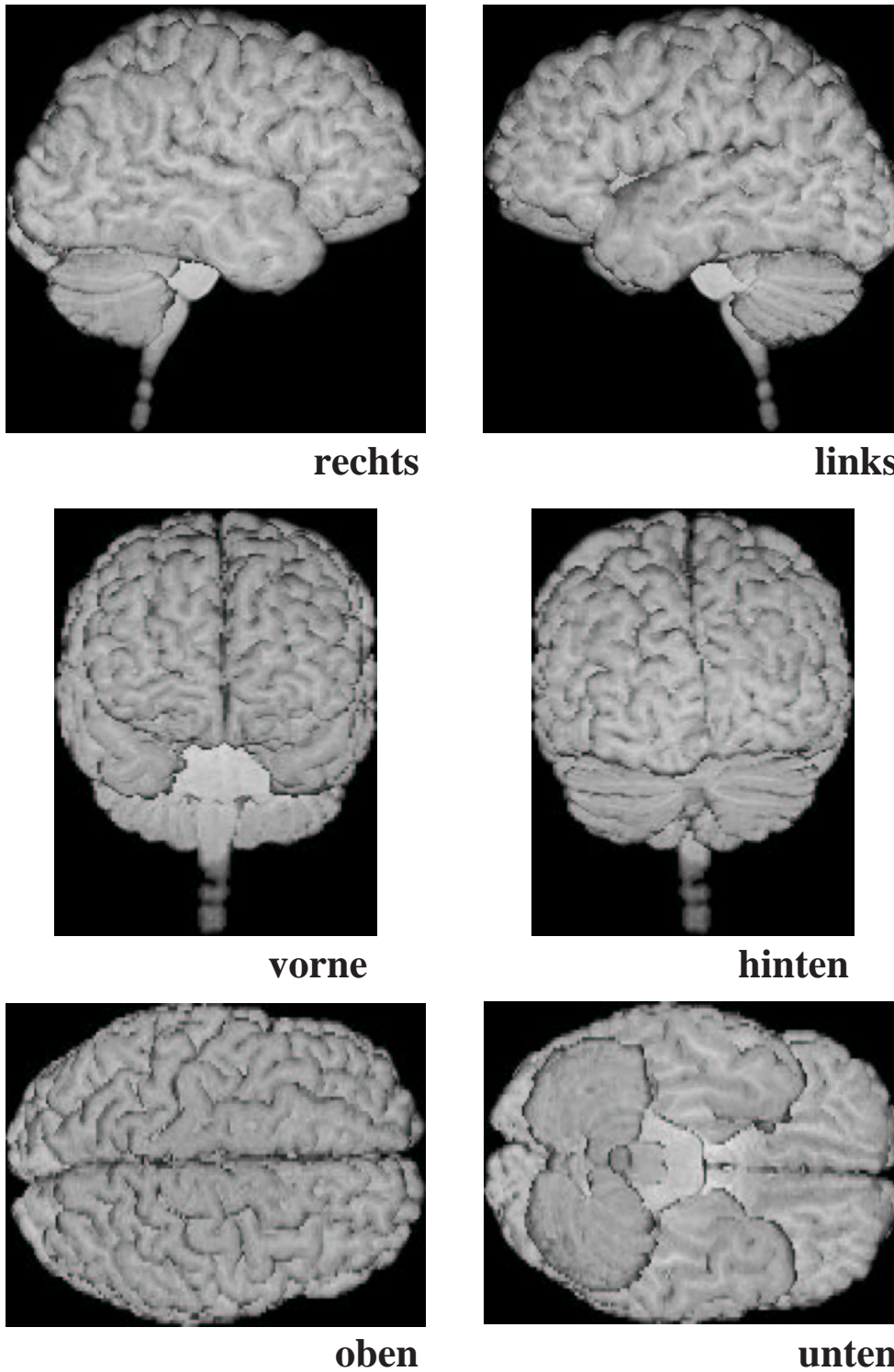


Abbildung 3.21: Volume-Rendering des in Abbildung 3.20 dargestellten MRIs. In der Darstellung, die das Gehirn von oben zeigt, liegt die Vorderseite des Gehirns rechts.



### 3.5 Bias-Korrektur

Die in Abschnitt 3.3 durchgeführte Freistellung des Gehirns erlaubt nun die Anwendung einer weiteren Methode zur Bias-Korrektur, die sich, im Gegensatz zur Methode aus Abschnitt 3.2, nicht nur auf die Korrektur entlang einer einzelnen Achse beschränkt, sondern dreidimensional arbeitet.

Sei hierzu  $\mathbf{m}$  das gemäß Abschnitt 3.3 freigestellte Gehirn, indem alle Voxel, die durch das Freistellungsverfahren als nicht zum Gehirn gehörig klassifiziert wurden, mit der Graustufe 0 eingetragen sind. Die Indikatorfunktion

$$1_{\{m>0\}}(\mathbf{r}) = \begin{cases} 1 & m(\mathbf{r}) > 0 \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}, \quad \forall \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^3,$$

spiegelt dann die gegenwärtige Grobeinteilung in Gehirn- und Hintergrundvoxel wider.

Das Biasfeld wird nun gemäß

$$b_\mu(\mathbf{r}) = \mu \frac{(1_{\{m>0\}} * G_\sigma)(\mathbf{r})}{(m * G_\sigma)(\mathbf{r})}$$

berechnet, wobei  $G_\sigma$  eine Normalverteilung mit Standardabweichung  $\sigma$  bezeichnet (siehe Abschnitt 2.5) und  $\mu$  eine frei wählbare, positive Konstante darstellt. Die Standardabweichung  $\sigma$  muss hierbei relativ groß gewählt werden ( $\sigma = 5$  ist ein typischer Wert), damit die Tiefpassfilterung  $m * G_\sigma$  im Wesentlichen nur noch von langwelligen Störungen aus  $\mathbf{m}$  beeinflusst wird. Um diese Information zur Bias-Korrektur nutzen zu können, müssen die Hintergrundvoxel aus der Filterung ausgeschlossen werden. Dies geschieht über die Normierungsfunktion  $1_{\{m>0\}} * G_\sigma$ . Die theoretische Annahme ist nun, dass, bei idealem MRI und hinreichend großem  $\sigma$ , die auf die Gehirnvoxel eingeschränkte Gauß-Tiefpassfilterung im Wesentlichen konstant ist:

$$\frac{(m * G_\sigma)(\mathbf{r})}{(1_{\{m>0\}} * G_\sigma)(\mathbf{r})} \approx \mu, \quad \forall \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^3.$$

Gemäß diesem Modell kann ein nicht ideales MRI dann über

$$m(\mathbf{r}) \mapsto m(\mathbf{r}) b_\mu(\mathbf{r}), \quad \forall \mathbf{r} \in \mathbb{Z}^3$$

korrigiert werden, wobei die gewünschte „mittlere Graustufe“ für das Gehirn,  $\mu$ , weitestgehend frei wählbar ist.

In Abbildung 3.22 ist ein Biasfeld und in Abbildung 3.23 ein mit diesem Biasfeld korrigiertes MRI gezeigt. Beide Abbildungen basieren auf dem in Abbildung 3.20 dargestellten Freistellungsergebnis. Abbildung 3.22 zeigt die gleiche Tendenz, die auch schon im Abschnitt 3.2 diskutiert wurde: Das in Abbildung 3.1 vorgestellte MRI ist im oberen Drittel des Kopfbereichs signifikant abgeschattet (im Biasfeld als Aufhellung zu sehen).

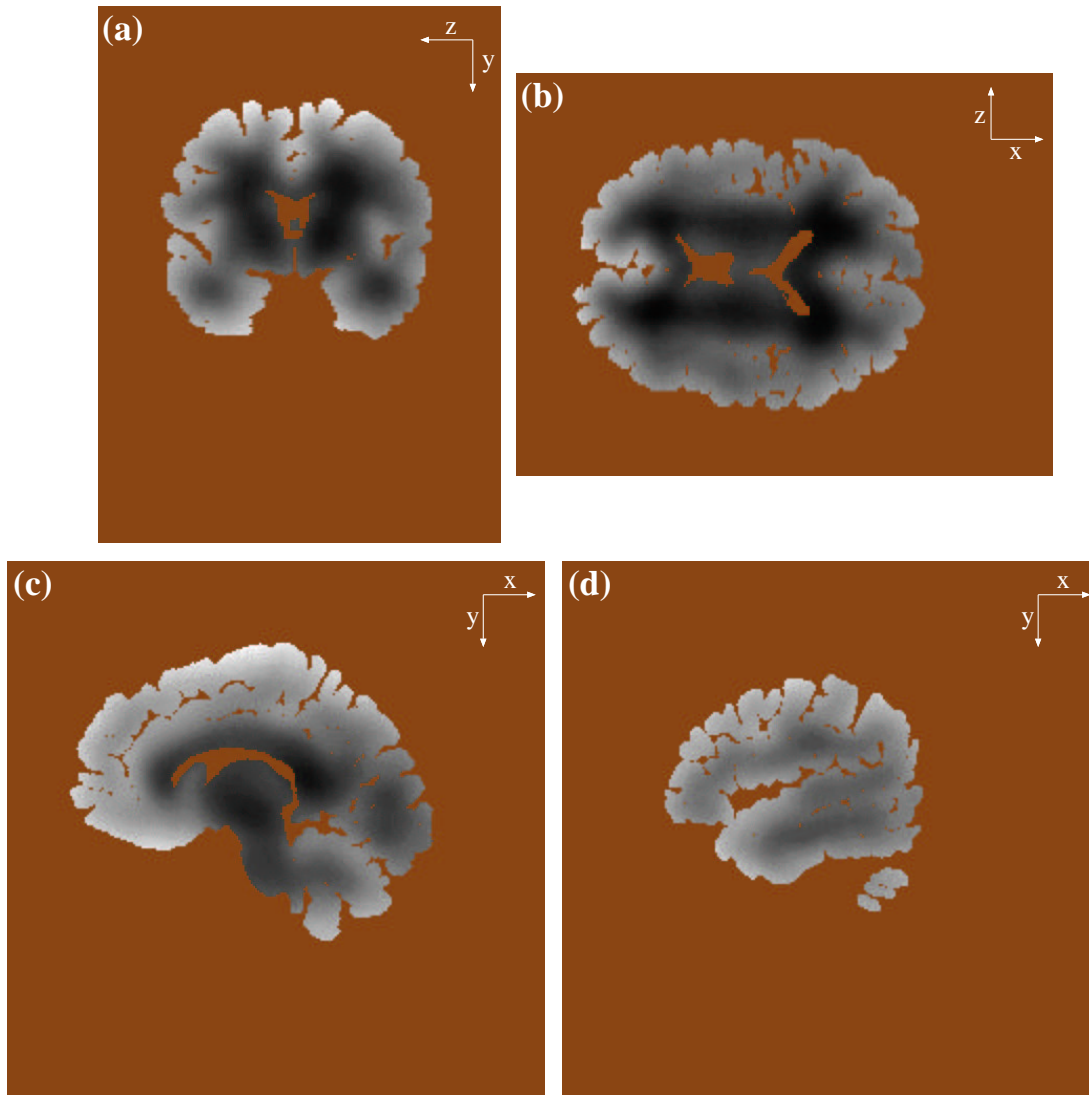


Abbildung 3.22: Biasfeld für das freigestellte Gehirn aus Abbildung 3.20. Es sind die gleichen Schnitte wie in jener Abbildung gezeigt. Die im Zuge der Freistellung des Gehirns als nicht zum Gehirn gehörig bestimmten Voxel sind hier in Braun dargestellt (in Abbildung 3.20 waren sie gelb markiert). Sie nehmen nicht an der Bias-Korrektur teil.

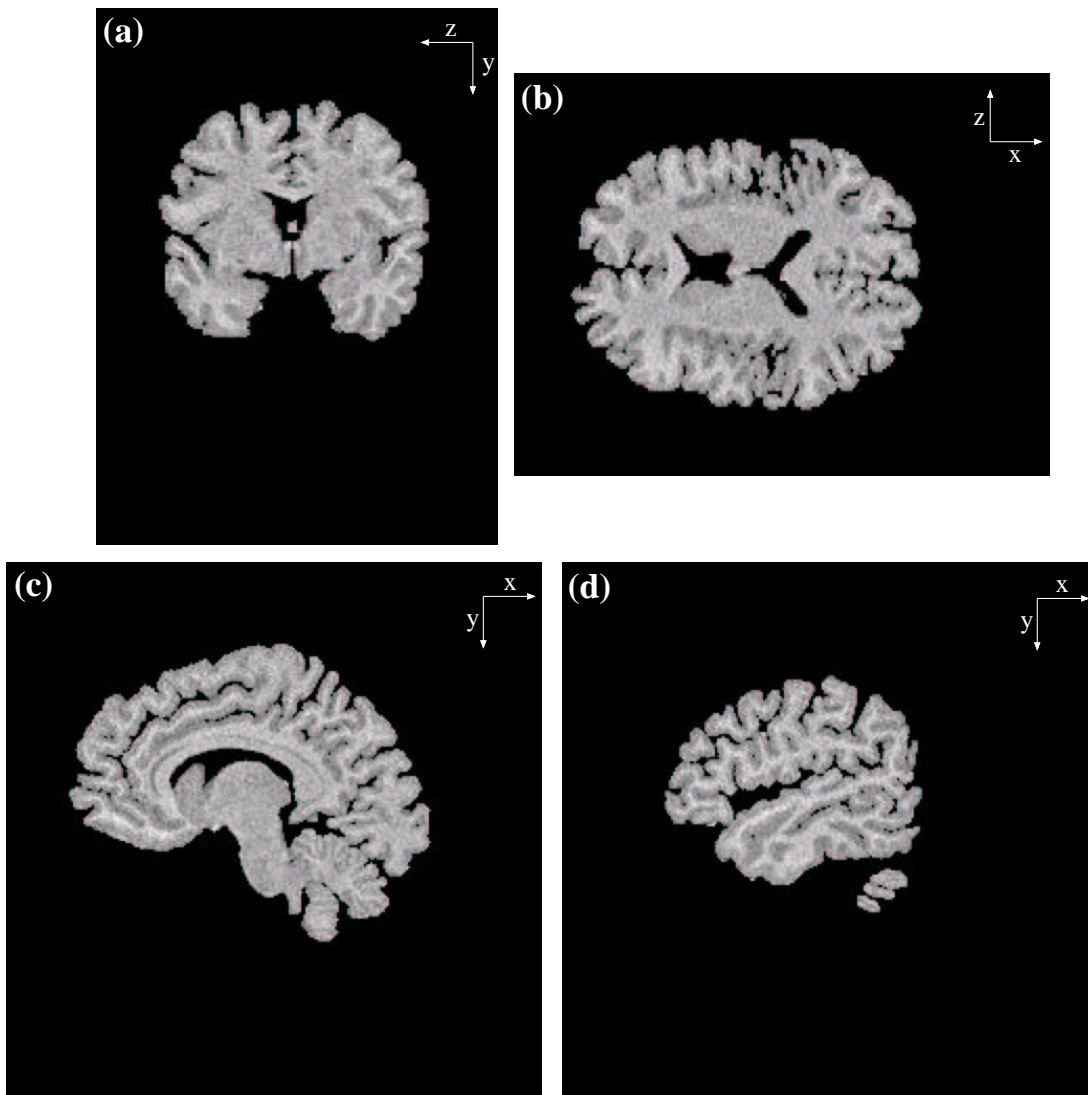


Abbildung 3.23: Korrektur des MRIs aus Abbildung 3.20 mit dem Biasfeld aus Abbildung 3.22.

Auf der Grundlage dieser Bias-Korrektur ist nun eine einfache Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz möglich, wie die Abbildung 3.25 zeigt. In dieser Abbildung ist dem Resultat aus Abbildung 3.23 eine Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz in Blau überlagert. Zur Konstruktion wurde das MRI aus Abbildung 3.20 mit einem Gaußfilter geglättet und anschließend bias-korrigiert (Abbildung 3.24). Die blau eingezeichnete Voxelmenge wurde diesem Resultat einfach durch Angabe eines charakteristischen Grauwertintervalls  $I_{\text{weiß}}$  entnommen. Eine solche schwellenwertbasierte Rekonstruktion wäre prinzipiell auch direkt auf der Grundlage von Abbildung 3.23 möglich. Die vorangestellte Gaußfilterung führt aber zu einem glatteren Rekonstruktionsergebnis.

Wie die Abbildung 3.1 zeigt, ist die Bestimmung der exakten Grenze zwischen weißer und grauer Hirnsubstanz in dem hier bearbeiteten MRI schwierig. Dennoch ist erkennbar, dass das Rekonstruktionsresultat aus Abbildung 3.25 dazu tendiert, die weiße Hirnsubstanz zu überschätzen. Durch Anpassung von  $I_{\text{weiß}}$  könnte man zu einem anatomisch korrekteren Resultat gelangen. Da aber auch die vorangehende Gaußfilterung durch eine Verschmierung der Grenzen zwischen grauer und weißer Hirnsubstanz zu dieser Überschätzung beiträgt, sollte man in diesem Fall auch auf diesen Vorverarbeitungsschritt verzichten.

Im Kontext des Gesamtverfahrens sind solche Verbesserungen aber unnötig. Das Resultat aus Abbildung 3.25 hat in den nachfolgenden Schritten zwar wesentliche Bedeutung — sowohl in der Festlegung von Bereichen, die ohne jeden Zweifel keine cerebrospinale Flüssigkeit enthalten, also auch als topologisches und geometrisches Modell für das Gesamtgehirn, Fehler im Hinblick auf die Abgrenzung zwischen weißer und grauer Hirnsubstanz werden aber erst dann wesentlich, wenn sie die nachfolgende Trennung zwischen grauer Hirnsubstanz und Liquorraum negativ beeinflussen (nicht erkannte weiße Hirnsubstanz kann hier genau so zu Irritationen führen wie ein zu starkes Vordringen der in Abbildung 3.25 gezeigten Menge in den Bereich der grauen Hirnsubstanz). Hinsichtlich dieser Weiterverwendung sind die durch die oben beschriebene Methode erzielbaren Segmentierungsergebnisse aber in aller Regel ausreichend; nicht selten sogar besser als anatomisch exaktere Rekonstruktionen.

## 3.6 Zweidimensionale Rekonstruktion

Die Durchführung eines der in Abschnitt 3.3 beschriebenen Freistellungsverfahren klassifiziert jedes Voxel des Ausgangs-MRIs hinsichtlich seiner Zugehörigkeit zum dargestellten Gehirn. Das vorgelegte MRI wird also in Vorder- und Hintergrund aufgeteilt, wobei die zum Hirngewebe zählenden Voxel zur Vordergrundmenge gerechnet, alle übrigen Voxel aber unterschiedslos in die Hintergrundmenge eingeordnet werden. Während die oben beschriebenen Methoden in der Lage sind, die im MRI vorkommenden Gewebetypen erfolgreich gemäß diesem Schema zu klassifizieren, gelingt die Trennung von Gehirn und Liquorraum, bedingt durch

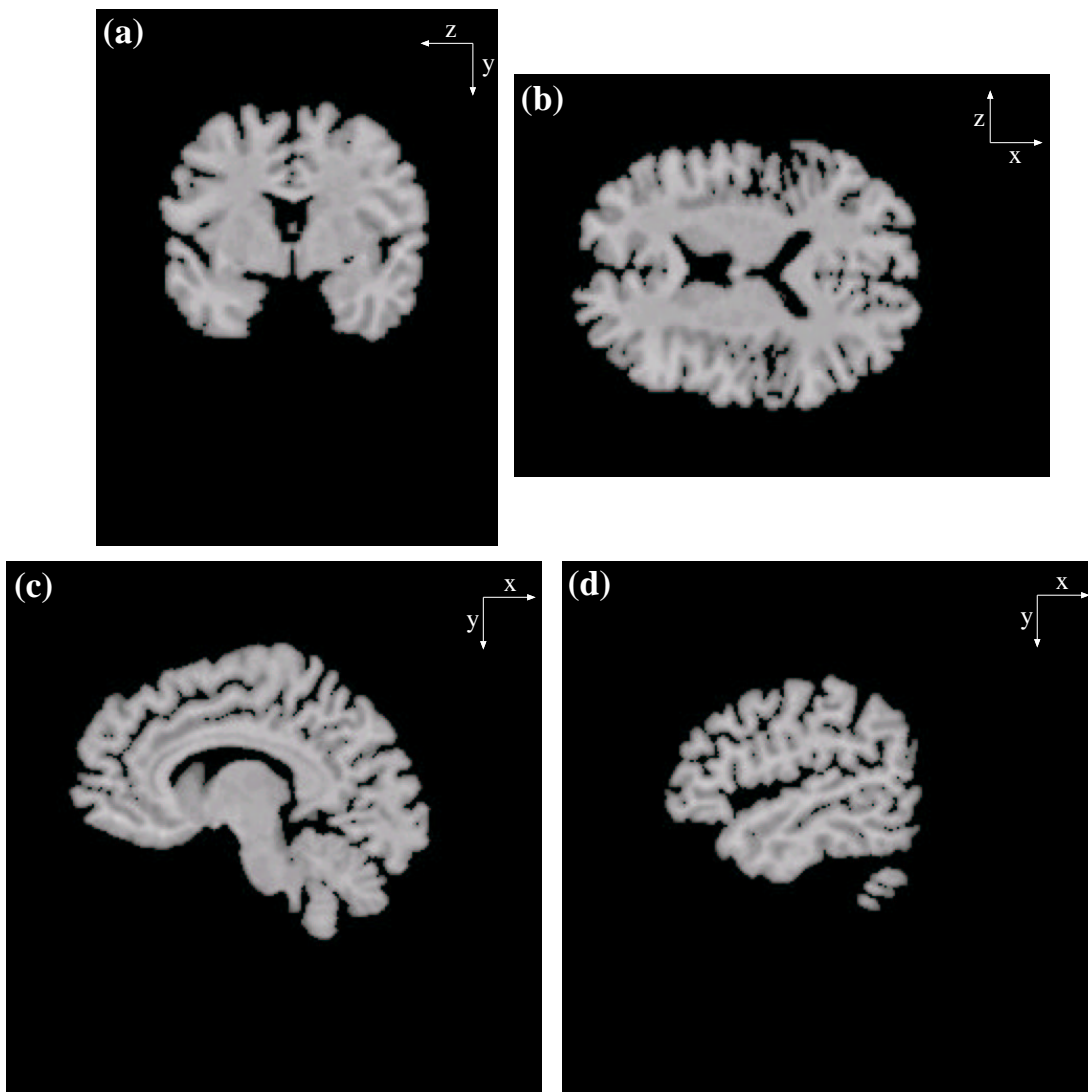


Abbildung 3.24: Gaußgefilterte ( $\sigma = 1$ ) und bias-korrigierte (Abbildung 3.22) Version des in Abbildung 3.20 gezeigten MRIs.

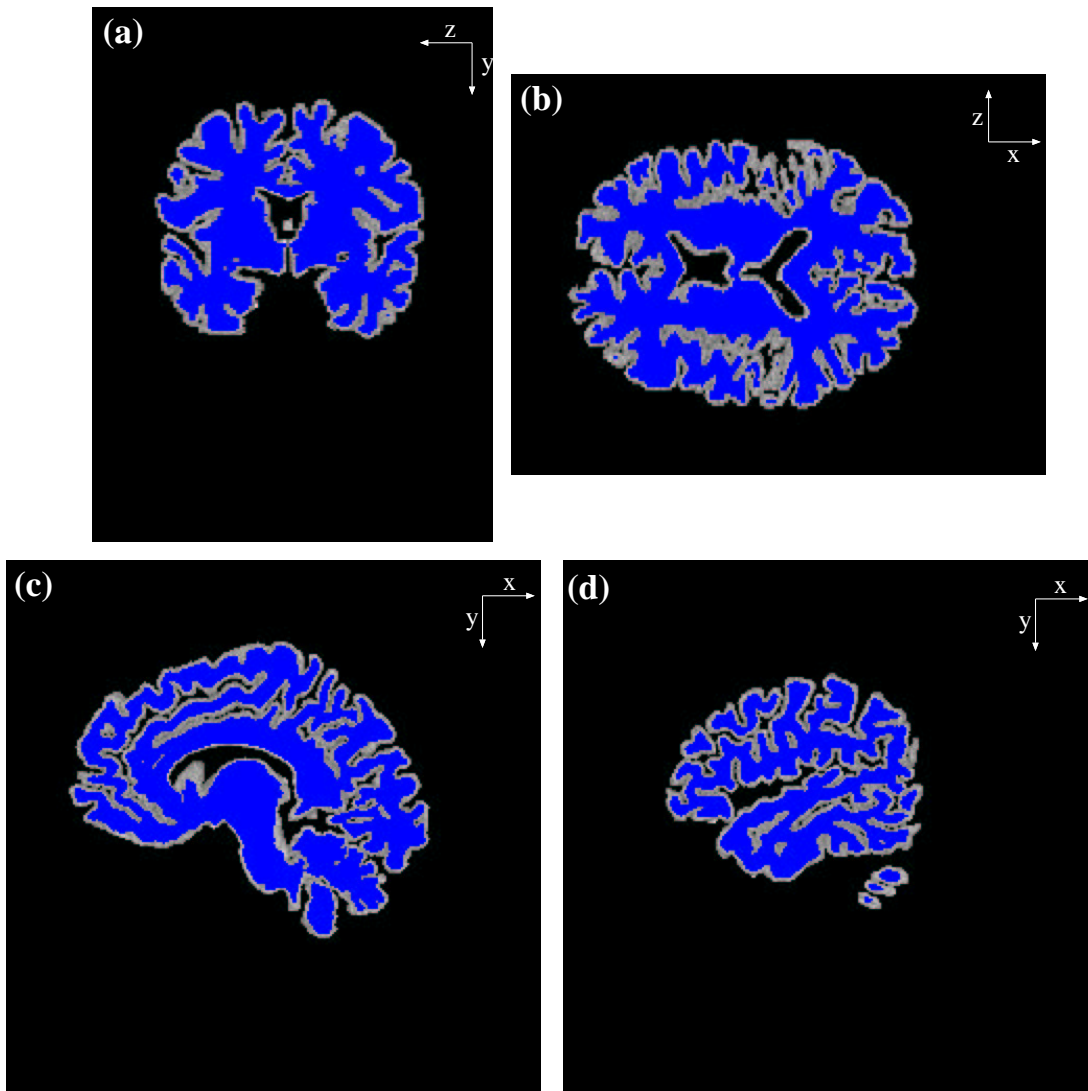


Abbildung 3.25: Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz unter Verwendung der Bias-Korrektur. Das in Blau gehaltene Rekonstruktionsergebnis ist den Schnittbildern aus 3.23 überlagert. Die Klassifizierung der zur weißen Hirnsubstanz gehörigen Voxel wurde über ein einfaches Schwellenwertverfahren aus dem in Abbildung 3.24 gezeigten Resultat abgeleitet: In der Abbildung sind genau diejenigen Voxel blau markiert, deren Grauwerte hinsichtlich des in Abbildung 3.24 gezeigten MRIs innerhalb eines vorgegebenen Intervalls  $I_{\text{weiß}}$  liegen. Man muss kritisch vermerken, dass das Rekonstruktionsergebnis zu einer Überschätzung der weißen Hirnsubstanz tendiert. Da das gezeigte Segmentierungsergebnis aber weniger als anatomisch korrekte Rekonstruktion, sondern mehr als Modell für nachfolgende Rekonstruktionsschritte Verwendung finden soll, ist dies hier mehr hilfreich als schädlich. Tatsächlich ließe sich durch Anpassung von  $I_{\text{weiß}}$  das Ergebnis in Richtung einer anatomisch korrekteren Segmentierung verschieben.



Partialvolumeneffekt und Rauschen, noch nicht vollständig.

In T1 gewichteten MR-Bildern sollte der Liquorraum durch seine geringe Signalintensität deutlich von Gehirngewebe unterscheidbar sein. Im Falle breiter Furchen gelingt dies auch, sodass der überwiegende Teil der Liquorraumvoxel bereits erfolgreich in die Hintergrundmenge eingeordnet ist. Quantitative Fragestellungen, beispielsweise Fragen nach dem Gehirnvolumen, sollten daher auf der Grundlage der in Abschnitt 3.3 diskutierten Verfahren bereits beantwortet werden können. Für Untersuchungen, die eine genaue Kenntnis der Lage und Form der Hirnoberfläche erfordern, liefern diese Verfahren aber noch keine ausreichende Genauigkeit; obwohl mit Hilfe der in Abschnitt 3.4 vorgeschlagenen Visualisierung bereits ein erster Eindruck von der Struktur der Gehirnoberfläche gewonnen werden kann.

Die Aufgabe der in diesem und den folgenden Abschnitten beschriebenen Verfahren besteht also darin, verbliebene Liquorraumvoxel aus der Vordergrundmenge, d. h. aus der Menge der das Gehirn repräsentierenden Voxel zu löschen. Dabei liegt der Grund für diese Neubewertung nicht primär in der Identifizierung von Voxeln, die in einem quantitativen Sinne Liquorraum darstellen; das eigentliche Ziel ist hier vielmehr die Trennung anatomisch nicht zusammenhängender Gewebestrukturen. Im Extremfall muss daher ein Voxel, welches die Berührstelle zweier Hirnwindungen darstellt und daher fast ausschließlich graue Hirnsubstanz und nur in Spuren Liquorraum repräsentiert, dennoch zum Liquorraum gerechnet werden, da ansonsten die Segmentierung durch eine anatomisch unsinnige Verbindung verfälscht würde<sup>9</sup>. Dies gibt auch einen Hinweis auf die Komplexität des Problems: Trennende Voxel müssen auch dann sicher erkannt werden, wenn ihr Liquorraumanteil so gering ist, dass selbst in idealen MRIs die beobachtete Intensität fast vollständig vom umgebenden Gewebe abhängt. Heutige MRIs sind aber weit davon entfernt ideal zu sein. Sie weisen ein relativ hohes Rauschniveau auf und werden darüber hinaus durch Artefakte und Inhomogenitäten gestört. Dies führt dazu, dass enge Sulci häufig nur sehr schwer von Bildfehlern unterscheidbar sind.

Zur Lösung des Problems werden in diesem und in den nachfolgenden Abschnitten eine Reihe von Verfahren eingeführt, die nacheinander angewandt eine immer genauere Rekonstruktion des Sulci-Verlaufs ermöglichen. Zunächst wird dabei zweidimensional vorgegangen: In den folgenden Unterabschnitten des Abschnitts 3.6 wird eine Sequenz von Verfahrensschritten vorgestellt, die geeignet ist, den grundsätzlichen Verlauf der Sulci-Struktur in einzelnen MRI-Schnitten aufzuklären. Es wird dabei angenommen, dass sich der Liquorraum in zweidimensionalen Schnittbildern im Wesentlichen in der Form dünner Trennlinien zwischen den Hirnwindungen darstellt. Diese Annahme ist unter Beachtung zweier wesentlicher Ausnahmen vertretbar: Zum einen ist die Annahme für breite Furchen offensicht-

---

<sup>9</sup>Im volumetrischen Sinne können daher die in den weiteren Verfahrensschritten zu erzielenden Verfeinerungen des Segmentierungsergebnisses sogar Verschlechterungen darstellen.

lich nicht gültig. Wie allerdings bereits ausgeführt wurde, darf erwartet werden, dass Strukturen dieser Art schon von den Methoden aus Abschnitt 3.3 eindeutig identifiziert wurden. Die zweite Ausnahme ist schwerwiegender. Verläuft ein MRI-Schnitt gerade entlang einer Furche, so erscheint diese Furche im Schnittbild nicht als Trennlinie, sondern als ausgedehnte Struktur (Abbildung 3.26). Da die betrachteten Furchen dünn sind, weisen sie im MR-Bild eine ähnliche Textur auf, wie sie auch bei oberflächennahen Schnitten durch Gehirngewebe beobachtet wird; nur sind die Grauwerte insgesamt etwas dunkler. Eine solche Struktur kann auch von einem menschlichen Untersucher leicht fehlklassifiziert werden (Abbildung 3.27). Eindeutigen Aufschluss darüber, ob es sich noch um Gewebe oder schon um Liquorraum handelt, dessen Grauwertstruktur lediglich durch den Partialvolumeneffekt mit einer gewebeähnlichen Textur moduliert wurde, kann nur die Betrachtung von Schnitten verschiedener Orientierung bringen; innerhalb eines einzelnen Schnittes ist eine Klassifizierung (sofern man nicht externes Zusatzwissen hinzuzieht) häufig nicht eindeutig möglich. Der im folgenden beschriebene zweidimensionale Algorithmus wird daher durch ein dreidimensional arbeitendes Optimierungsverfahren ergänzt (Abschnitt 3.7), das die gefundene Furchenstruktur im Licht der vollständigen dreidimensionalen Umgebung neu bewertet. Der Grund dafür, dass nicht von vornherein dreidimensional gearbeitet wird, liegt in der gewöhnlich höheren Stabilität zweidimensionaler Algorithmen. Wie im Kapitel 2 an verschiedenen Stellen ausgeführt wurde, ist der Übergang in die dritte Dimension häufig mit einem extremen Anwachsen an Komplexität verbunden. Konkret ist beispielsweise die Verwaltung von Linienstrukturen — die übliche Repräsentation von Furchen in MRI-Schnitten — sehr viel einfacher handhabbar als die Verwaltung eines komplexen Systems von Flächen, das im dreidimensionalen Raum für die Modellierung dünner Furchenstruktur herangezogen werden muss.

Der zunächst beschriebene Algorithmus dient dem Auffinden linienartiger Strukturen in zweidimensionalen Bildern. Obwohl das Verfahren zur Rekonstruktion von Furchenstrukturen entwickelt wurde, eignet sich die Methode prinzipiell auch zur Detektierung anderer Trennlinien (z. B. zur Trennung von grauer Hirnsubstanz und Hirnhautstrukturen). Allerdings ist das Verfahren relativ aufwändig und bietet sich daher in erster Linie dort an, wo die Anzahl der zu erwartenden Linien relativ überschaubar bleibt. Im Rahmen des hier beschriebenen Kortexrekonstruktionsverfahrens wird der Algorithmus daher auf das gemäß Abschnitt 3.3 vorverarbeitete MRI angewandt. In diesem MRI ist das Gehirn im Wesentlichen in seinen ursprünglichen Graustufen dargestellt (i. Allg. leicht vorverarbeitet durch die Bias-Korrekturmethode aus Abschnitt 3.2 und gegebenenfalls, sofern diese eindimensionale Methode unzureichend erscheint oder gar nicht angewandt wurde, auch durch die Korrekturmethode aus Abschnitt 3.5), während alle anderen Voxel auf den Hintergrundwert 0 (Luft, Liquorraum, usw.) gelöscht wurden. Das Verfahren arbeitet schnittorientiert. Zur Vorbereitung auf die später anschließenden dreidimensionalen Optimierungsschritte werden hier aber nicht nur die durch

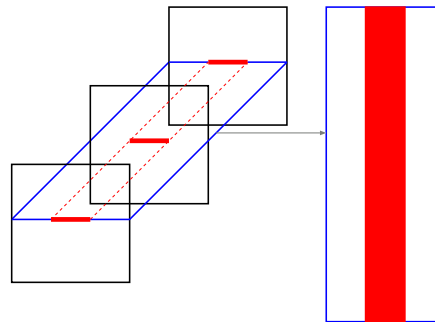


Abbildung 3.26: Die Abbildung zeigt verschiedene Schnitte durch ein dreidimensionales digitales Bild, das einen dünnen roten Balken (als Modell eines Sulcus) zeigen möge. Die drei schwarz berandeten Schnittbilder liegen senkrecht zu diesem Balken. Sie zeigen den Balken jeweils als kurzes Geradenstück. Der blau umrandete Schnitt, zur Verdeutlichung rechts ein zweites Mal dargestellt, liegt entlang des Balkens. In diesem Schnitt erscheint das Objekt flächig.

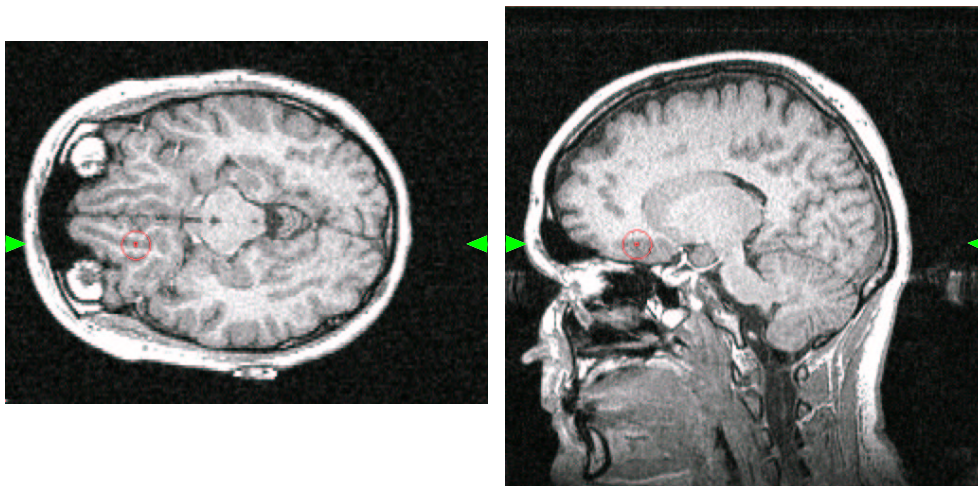


Abbildung 3.27: Gehört der rot markierte Voxel (zumindest im Sinne einer eindeutigen Furchentrennung) zum Liquorraum oder nicht? Die beiden Schnittbilder könnten für sich allein genommen jeweils zu unterschiedlichen Interpretationen verleiten. Beide Bilder sind dem gleichen MRI entnommen, links ist ein axialer, rechts ein sagittaler Schnitt dargestellt. Die grün markierten Voxelreihen stellen die gemeinsame Schnittlinie beider Bilder dar. Der rote Kreis markiert in beiden Bildern den gleichen Voxel.

den Scanvorgang vorgegebenen Schnitte bearbeitet, sondern auch die beiden anderen hierzu orthogonalen Schnittrichtungen. Jeder Voxel des Eingangs-MRIs wird also dreimal — jeweils in unterschiedlichem Kontext — dem hier vorgestellten Algorithmus unterworfen. Das Resultat besteht daher aus drei unabhängigen MRI-Datensätzen, die jeweils die sagittalen, coronalen und axialen Aspekte der Furchenstruktur des Eingangs-MRIs widerspiegeln.

### 3.6.1 Detektierung linienartiger Strukturen

Interpretiert man die Graustufen eines T1 gewichteten MR-Schnittbildes als Höhenangaben, so ergibt sich ein „Grauwertgebirge“, in dem sich Sulci als Täler und Gyri als Höhenzüge darstellen. Aufgrund des Partialvolumeneffekts, aber auch aufgrund verschiedener technischer Unzulänglichkeiten heutiger Aufnahmesysteme, tendieren die „Sulcitäler“ dazu, mit abnehmender Breite an Tiefe zu verlieren. Ein trennendes Liquorraumvoxel kann daher praktisch jeden Grauwert annehmen, von Tiefschwarz, im Falle breiter Furchen, bis hin zu typischen Graustufen der grauen Hirnsubstanz, im Falle nah zusammentretender Hirnwindungen. Eine Identifizierung dieser Voxel über ihre Graustufen ist daher grundsätzlich nicht möglich.

Weitere Schwierigkeiten, mit denen sich ein Verfahren zur Detektierung von Furchenstrukturen konfrontiert sieht, sind in Abbildung 3.28 verdeutlicht: Die Teilbilder (b), (c) und (d) der Abbildung zeigen verschiedene Detailvergrößerungen des in (a) dargestellten sagittalen Schnittbildes. In (b) ist deutlich die große Schwankungsbreite zu erkennen, die die Graustufen der als Trennlinien in Frage kommenden Voxel aufweisen. Zwei Ausschnitte dieser Abbildung sind in (c) und (d) nochmals vergrößert: Obwohl die Abbildung (c) den Schnitt durch eine Hirnwindung darstellt, während (d) den Bereich zwischen zwei Gyri abbildet, also insbesondere auch einen Sulcus zeigen müsste, fällt es schwer, diese Unterschiede in den Detailvergrößerungen zu erkennen. Dieses Problem stellt sich als um so bedeutsamer dar, als die typischen  $3 \times 3$ -Masken, mit denen Bildverarbeitungsoperatoren in der Regel arbeiten, nur etwa ein Viertel der in (c) und (d) dargestellten Voxel umfassen. Beachtenswert ist auch, dass die dargestellten Gebiete gar nicht besonders klein sind. (c) überstreicht die volle Breite des dargestellten Gyrius, während (d) einen signifikanten Anteil des kreisförmigen Furchenverlaufs überdeckt, den ein Vergleich mit Bild (b) und insbesondere auch mit der Übersicht 3.28(a) erwarten lässt. Die übliche  $1 \text{ mm} \times 1 \text{ mm}$ -Auflösung (die Schichtdicke ist hier mit  $1.4 \text{ mm}$  sogar noch ungünstiger) stellt also für Rekonstruktionszwecke ein relativ grobes Raster dar.

Obwohl die Graustufen der hier zu identifizierenden Liquorraumvoxel in der Regel mit den Graustufen der grauen Hirnsubstanz vergleichbar sind, beobachtet man beim Übergang Gyrius–Sulcus–Gyrius in der Regel dennoch zumindest eine geringfügige Grauwertabsenkung. Allerdings liegen diese Absenkungen häufig in der Größenordnung der beobachteten rauschinduzierten Grauwertschwankungen,

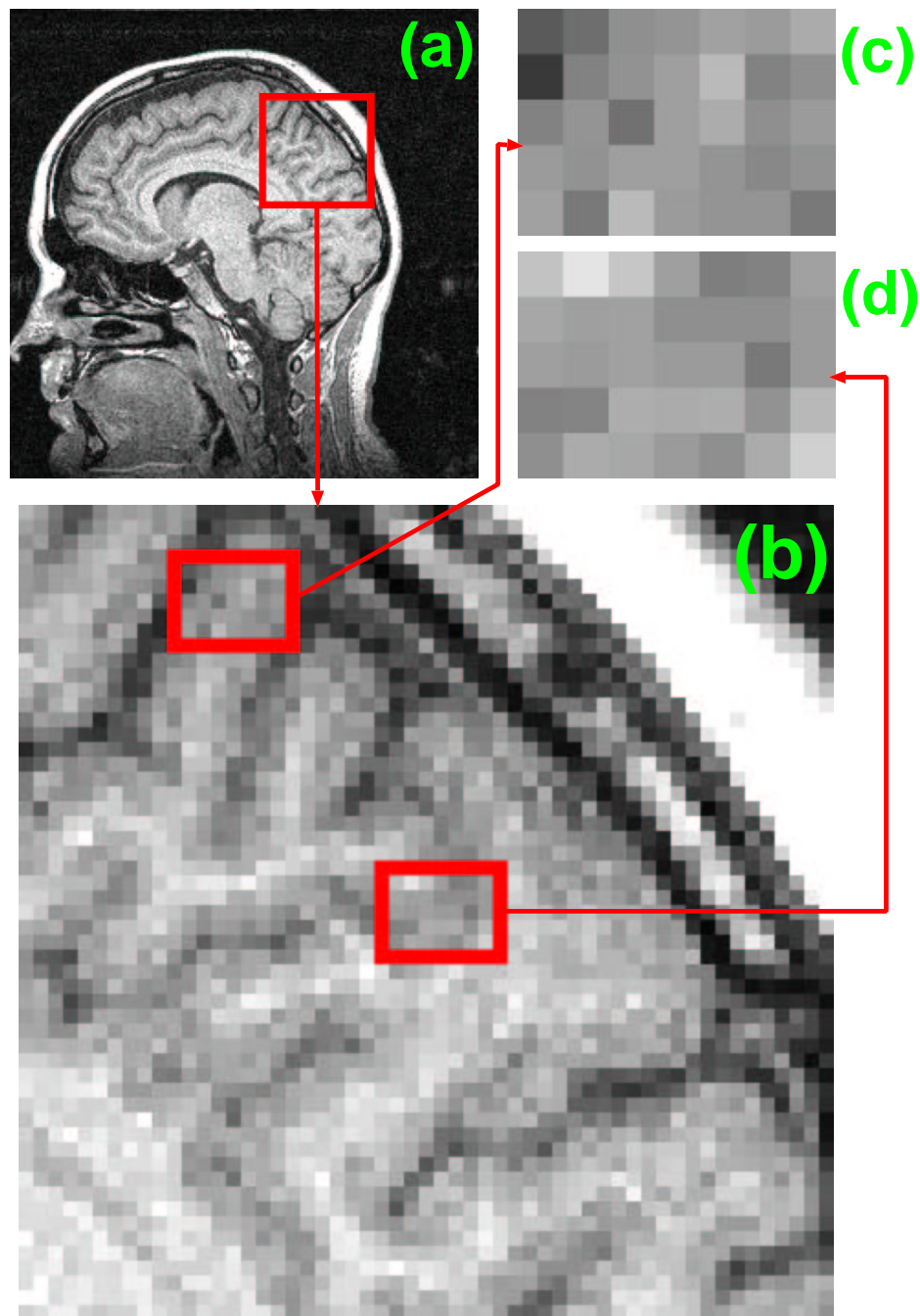


Abbildung 3.28: Detailvergrößerungen des sagittalen MR-Schnitts aus Abbildung 3.1(c). Bild (a) zeigt das Schnittbild im Überblick. Der rot umrandete Bereich aus (a) ist in (b) vergrößert dargestellt. Vergrößerungen der rot markierten Bereiche aus (b) zeigen die Bilder (c) und (d). Die Abbildungen verdeutlichen die Schwierigkeiten, die einer Rekonstruktion des Sulciverlaufs entgegenstehen. Insbesondere ist eine Identifizierung von Furchenstrukturen anhand eines typischen Grauwertbereichs offensichtlich unmöglich.



sodass die Untersuchung einzelner Voxel und ihrer Umgebungen in der Regel keine zuverlässigen Ergebnisse erbringt. Erst die Aggregation solcher Absenkungen zu Mustern, im konkreten Fall also zu Linien, kann als Hinweis interpretiert werden, dass die untersuchte Struktur tatsächlich ein anatomisches Korrelat hat und keine zufällige Grauwertschwankung darstellt.

Bringt man nun ein deformierbares, aber mit einer gewissen inneren Starre behaftetes Linienstück in die Nähe einer zu identifizierenden Furche und hat dieses Linienstück bereits im Wesentlichen die gleiche Orientierung wie diese Furche, so ist es möglich, die genaue Lage der Furche durch einen Optimierungsprozess zu ermitteln, bei dem die „Probelinie“ unter weitgehender Beibehaltung ihrer ursprünglichen Gestalt in das nächstgelegene lokale Minimum der durch das Schnittbild induzierten Grauwertfunktion geschoben wird. Punktförmige lokale Minima sind wahrscheinlich rauschinduziert. Linienförmige Minima aber, insbesondere wenn sie hinreichend ausgedehnt und keine unnatürlichen Krümmungen aufweisen, deuten auf eine Furche hin.

Das in Abschnitt 3.6.2 beschriebene Verfahren verwendet diesen Ansatz, um die Sulci-Struktur eines vorgelegten Schnittbildes zu rekonstruieren. Das Hauptproblem stellt dabei aber zunächst der Aufbau initialer Furchenlinien dar, von denen nicht nur erwartet wird, dass sie in der Nähe der gesuchten Sulci liegen, sondern dass zusätzlich auch ihre Orientierung schon näherungsweise korrekt ist. Der im Folgenden beschriebene Algorithmus konstruiert solche Initialstrukturen, indem er das vorgelegte Grauwertgebirge nach linienartigen, d. h. hinreichend engen Vertiefungen durchsucht.

Sei  $m$  das zu untersuchende Schnittbild und sei  $I$  ein beliebiges Grauwertintervall. Dann induziert  $I$  auf  $m$  eine Pixelmenge<sup>10</sup>

$$\mathcal{M}(I) = \{\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^2 : m(\mathbf{r}) \in I\}.$$

Das *Innere* dieser Menge sei nun über<sup>11</sup>

$$\begin{aligned} \mathring{\mathcal{M}} &= \{\mathbf{r} \in \mathcal{M} : \bar{u}_4 + \mathbf{r} \subseteq \mathcal{M}\} \\ &= \mathcal{M} \ominus \bar{u}_4 \end{aligned}$$

festgelegt (bzgl. der verwendeten Symbole siehe Abschnitt 2.2.2 und 2.3.2). Die Menge der *Randpunkte* ergibt sich dann als Komplementärmenge:

$$\partial\mathcal{M} = \mathcal{M} \setminus \mathring{\mathcal{M}}.$$

<sup>10</sup>Da jedes Schnittbild Teil eines 3D-Bildes ist, wäre hier der Begriff Voxelmenge ebenso erlaubt. Im Folgenden soll daher zwischen diesen beiden Begriffen nicht streng unterschieden werden.

<sup>11</sup>Der Abschluss einer Umgebung, d. h. die Hinzunahme des Zentralpunktes zur Umgebung, wird hier durch Überstreichen symbolisiert:  $\bar{u} \stackrel{\text{def}}{=} u \cup \{0\}$ .



Für die Identifizierung enger Grauwerttäler sind speziell die Randpunkte ohne direkte Verbindung zu inneren Punkten wichtig,

$$\begin{aligned}\tau(\mathcal{M}) &= \{\mathbf{r} \in \partial\mathcal{M} : (\overline{\mathcal{U}}_8 + \mathbf{r}) \cap \mathfrak{N} = \emptyset\} \\ &= \mathcal{M} \setminus ((M \ominus \overline{\mathcal{U}}_4) \oplus \overline{\mathcal{U}}_8),\end{aligned}$$

welche im Folgenden als *dünne Punkte* bezeichnet werden.

In Abbildung 3.29(a) ist dieses Konzept anhand eines konkreten Beispiels erläutert: Die Gesamtheit der schraffierten Pixel bildet dabei die Menge  $\mathcal{M}$ . Die Teilmengen  $\tau(\mathcal{M})$ ,  $\partial\mathcal{M} \setminus \tau(\mathcal{M})$  und  $\mathfrak{N}$  sind durch wachsende Schraffurdichten voneinander unterschieden. Beschreibt  $\mathcal{M}$  einen Talboden, so bilden die Zusammenhangskomponenten von  $\tau(\mathcal{M})$  gerade die gesuchten „engen Schluchten“. Die asymmetrische Umgebungswahl in den Definitionen von  $\mathfrak{N}$  und  $\tau(\mathcal{M})$  unterstützen diese Interpretation wie die Teilbilder 3.29(b) und (c) zeigen. In diesen Bildern wurde die Zerlegung erneut durchgeführt, wobei nun aber sowohl in der Definition von  $\mathfrak{N}$  als auch in der Definition von  $\tau(\mathcal{M})$  jeweils die gleiche Umgebung zugrunde gelegt wurde: In (b) wurde jeweils  $\mathcal{U}_4$ , in (c) jeweils  $\mathcal{U}_8$  verwendet. In beiden Fällen entstehen zusätzliche dünne Punkte, in den Abbildungen jeweils rot hervorgehoben, die im Rahmen der obigen Interpretation als hinderlich angesehen werden müssen.

Der Detektialgorithmus berechnet nun aus einem übergebenen System von Grauwertintervallen  $\mathcal{J} = \{I_1, \dots, I_n\}$ ,  $n \in \mathbb{N}$ , eine Menge  $\Upsilon(\mathcal{J})$ , die die dünnen Punkte aller über  $I \in \mathcal{J}$  induzierter Voxelmengen  $\mathcal{M}(I)$  umfasst:

$$\Upsilon(\mathcal{J}) = \bigcup_{I \in \mathcal{J}} \tau(\mathcal{M}(I)).$$

Um mit Hilfe dieses Algorithmus eine Schätzung für die Furchenstruktur zu gewinnen, muss das Intervall  $I_{\text{sulci}} = [0, c_{\text{grau}}]$ , das sowohl die typischen Graustufen des Liquorraums als auch die Intensitäten der grauen Hirnsubstanz umfassen sollte, geeignet in ein System von überlappenden Teilintervallen  $\mathcal{J}_{\text{sulci}}$  zerlegt werden:

$$\begin{aligned}I_1 &= [0, s], \\ I_2 &= [0, 2s], \\ &\dots \\ I_k &= [0, ks].\end{aligned}$$

Da Graustufen in der Regel als ganzzahlige Werte vorliegen, ist auch die *Schrittweite*  $s$  aus  $\mathbb{N}$  zu wählen.  $k$  ergibt sich dann zu  $\lceil c_{\text{grau}}/s \rceil \in \mathbb{N}$ , was  $I_k \subseteq I_{\text{sulci}}$  zusichert<sup>12</sup>.

Die Wahl des Parameters  $s$  kontrolliert die Rauschempfindlichkeit des Verfahrens. Ein größeres  $s$  verringert die Gefahr, Rauschstrukturen in die Ergebnismenge mit aufzunehmen. Gleichzeitig steigt damit aber auch das Risiko, besonders

<sup>12</sup>Für  $u \in \mathbb{R}$  ist  $\lceil u \rceil$  die kleinste ganze Zahl, die nicht kleiner als  $u$  ist.

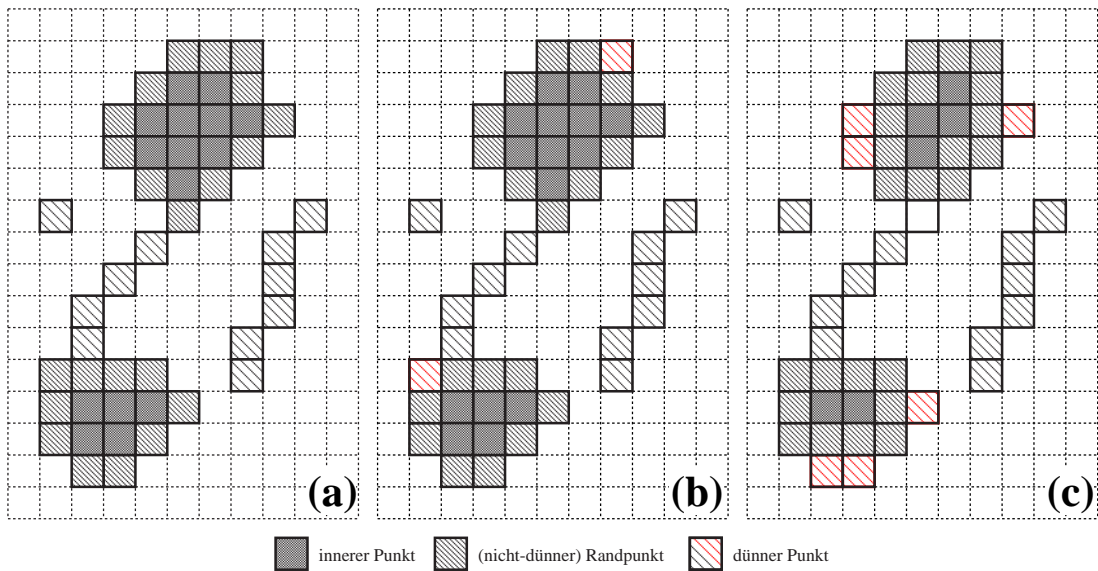


Abbildung 3.29: Beispiel für die Zerlegung einer Menge  $\mathcal{M}$  in innere Punkte, Randpunkte und dünne Punkte. Die Anteile  $\tau(\mathcal{M})$ ,  $\partial\mathcal{M} \setminus \tau(\mathcal{M})$  und  $\mathring{\mathcal{M}}$  sind jeweils durch unterschiedliche Schraffurdichten gekennzeichnet. (a) zeigt eine Zerlegung, bei der, wie im Text definiert,  $\mathring{\mathcal{M}}$  auf  $\mathcal{U}_4$ ,  $\tau(\mathcal{M})$  aber auf  $\mathcal{U}_8$  basiert. In Bild (b) basieren im Unterschied hierzu beide Zerlegungsdefinitionen auf  $\mathcal{U}_4$ , während in (c) stets  $\mathcal{U}_8$  angenommen wurde. Beide Veränderungen führen zu einer Vergrößerung von  $\tau(\mathcal{M})$ . Die im Vergleich zu Bild (a) jeweils neu hinzugeetretenen dünnen Punkte sind rot markiert.

filigrane Sulcistrukturen zu übersehen. Bis zu einem gewissen Grade wird das Problem aber durch die nachfolgenden Optimierungsschritte abgemildert. Da diese Verfahren insbesondere zur Erkennung und Entfernung rauschinduzierter Fehlklassifizierungen entworfen wurden, sollte  $s$  vordringlich in Richtung einer erfolgreichen Erkennung aller relevanten Sulci-Strukturen ausgewählt werden.  $s = 4$  hat sich in diesem Zusammenhang als guter Kompromiss erwiesen.

Die Abbildung 3.30 zeigt das Resultat einer solchen Berechnung, angewandt auf das freigestellte und bias-korrigierte MRI aus Abbildung 3.23.

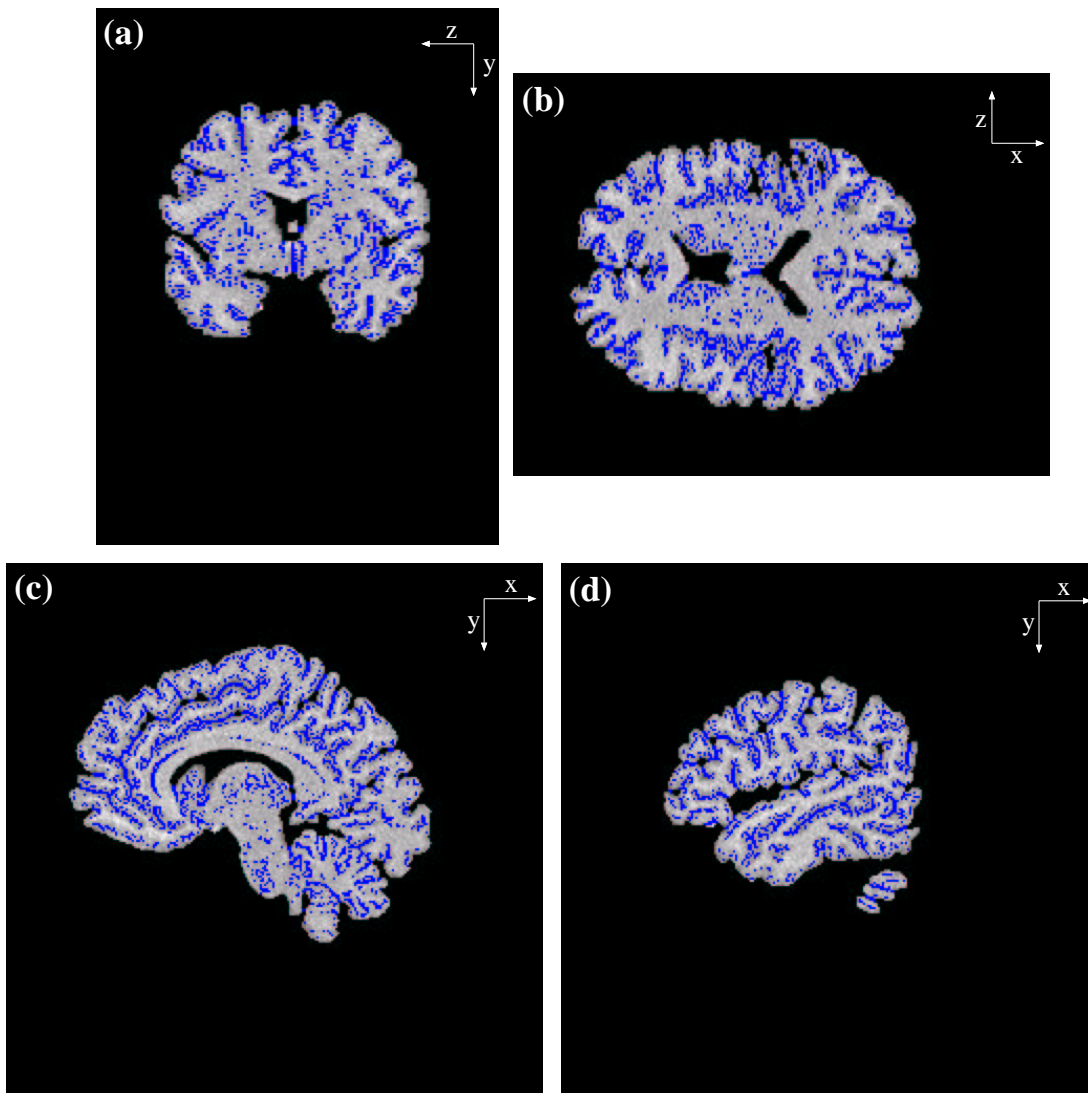


Abbildung 3.30: Resultat einer initialen Sulci-Detektierung am Beispiel der in Abbildung 3.23 dargestellten MRI-Schnitte. Den aus Abbildung 3.23 entnommenen Schnittbildern ist die Menge  $\Upsilon(J_{\text{sulci}})$  in Blau überlagert.

Im Rahmen einer ersten Nachbearbeitung wird durch Anwendung des in Abschnitt 2.7.4 beschriebenen 2D-Thinningverfahrens eine Linienbreite von einem Pixel erzwungen. Diese Operation ist insbesondere als Vorbereitung auf den nachfolgenden Optimierungsschritt notwendig, da nur so eine eindeutige Interpretation der Menge  $\Upsilon(\mathcal{J}_{\text{sulci}})$  als System von Trennlinien möglich ist. Das Resultat dieses Verarbeitungsschrittes zeigt Abbildung 3.31.

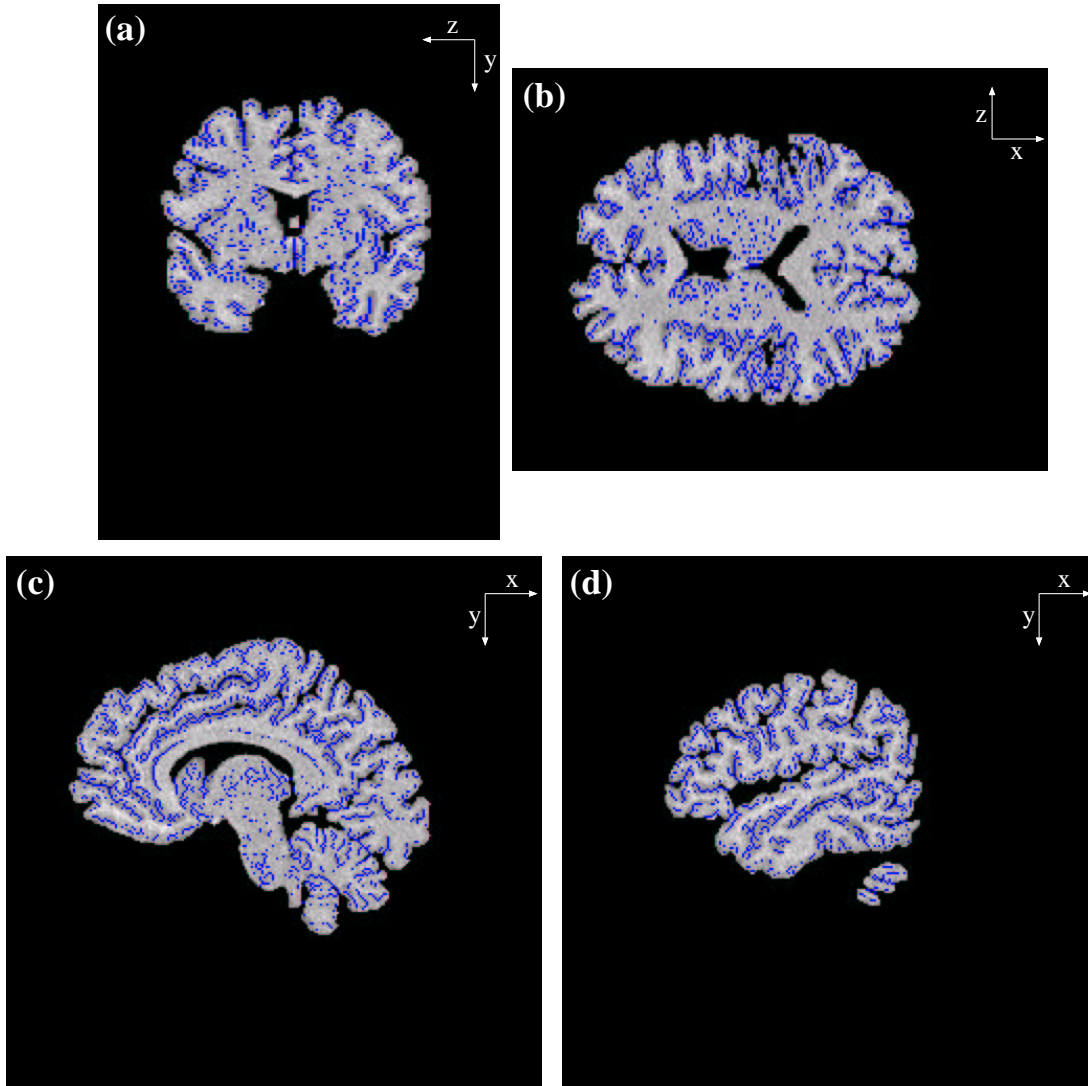


Abbildung 3.31: Anwendung einer Thinningoperation auf das Resultat aus Abbildung 3.30. Die verbliebenden Furchenmarkierungen sind wiederum den Schnittbildern aus Abbildung 3.23 in Blau überlagert.

Eine Analyse der Schnittbilder aus 3.31 verdeutlicht die Stärken und Schwächen des hier entwickelten Detektierverfahrens:

Das Verfahren ist offensichtlich in der Lage, alle in den Beispielschnitten vorhandenen Furchenstrukturen erfolgreich zu markieren (man vergleiche z. B. das Resultat aus (c) mit der in Abbildung 3.28(d) gezeigten Problemstelle). Die Orientierung der Markierungen entsprechen dabei im Wesentlichen den Vorgaben der zu detektierenden Furchen. Die genaue Furchenposition wurde allerdings in vielen Fällen noch nicht exakt herausgearbeitet. Insbesondere im Falle breiterer Sulci erkennt man parallel verlaufende Markierungslinien, die in den Bereich der angrenzenden grauen Hirnsubstanz konstruiert wurden. Das im nachfolgenden Abschnitt beschriebene Optimierungsverfahren wurde aber speziell entwickelt, um Fehler dieser Art zu beheben.

Ernsterer Natur ist die offensichtlich beträchtliche Rauschempfindlichkeit des Verfahrens. Da das Detektierverfahren speziell konstruiert wurde, um auch geringfügigste Grauwertabsenkungen zu erkennen, besteht auf der anderen Seite die Gefahr, dass auch linienartige Rauschstrukturen, Artefakte oder auch bestimmte anatomische Strukturen fälschlich als Sulci identifiziert werden. Obwohl ein Großteil dieser Fehlklassifizierungen relativ leicht aufgrund ihrer geringen Größe erkannt werden können, ist dies doch ein nicht unbedeutendes Problem, da es häufig einen Rest von Fehlklassifizierungen gibt, die ausgedehnte Strukturen bilden und deren lokale Grauwertumgebungen sich nur unwesentlich von den im Rahmen echter Furchen gefundenen Charakteristika unterscheiden. Solche Fehlklassifikationen können häufig erst im Rahmen der dreidimensionalen Nachbearbeitungsverfahren des Abschnitts 3.7 adäquat behandelt werden.

### 3.6.2 Kurvenoptimierung

Das in diesem Abschnitt diskutierte Nachbearbeitungsverfahren optimiert die gefundenen Strukturen im Hinblick auf ihre Aufgabe als Trennlinien zwischen separaten Gyri. Zur Erläuterung seien die Linien hier zunächst kontinuierlich, d. h. als differenzierbare und nach Bogenlänge parametrisierte Wege  $\beta : [0, l] \rightarrow \mathbb{R}^2$  beschrieben<sup>13</sup>. Ist dann  $m : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$  eine (z. B. durch lineare Interpolation entstandene) kontinuierliche Version des betrachteten MR-Schnittbildes, so beschreibt sich die Optimierung einer initialen Kurve<sup>14</sup>  $\beta_0$  als eine Minimierung des Funktionals

$$F(\beta) = \frac{1}{l} \int_0^l m(\beta(t)) dt$$

unter der Nebenbedingung, dass sich das minimale  $\beta$  hinsichtlich seiner Form und Orientierung (nicht aber hinsichtlich seiner Position innerhalb des MRI-Schnittes) nur unwesentlich von seiner Startkonfiguration  $\beta_0$  unterscheiden darf. Wie schon in den vorangegangenen Abschnitten angerissen wurde, ist die geforderte Formstabilität notwendig, um rauschinduzierte Grauwertabsenkungen zu vermeiden:

<sup>13</sup>Ein Pfad  $\beta$  heißt nach Bogenlänge parametrisiert, wenn  $|d\beta(t)/dt| = 1$  gilt.

<sup>14</sup>Die Begriffe Kurve und Linie werden im Folgenden synonym verwendet.

Für punktförmige Minima kann i. Allg. nicht entschieden werden, ob sie zufälliger Natur sind oder als Teil einer Furche angesehen werden müssen. Der Algorithmus sucht daher nach ausgedehnten Minima, die in Form und Orientierung mit den vorgelegten Initialstrukturen vergleichbar sind. Es wird dabei explizit nach lokalen Minima gesucht, d. h. eine Optimalkurve  $\beta$  wird in der Regel in der Nähe ihrer Startposition  $\beta_0$  liegen. Zur Behandlung von Fehlklassifikationen ist es aber darüber hinaus wünschenswert, wenn der Algorithmus in der Lage ist, fehlerhaft initialisierte Kurven, auch über weitere Strecken, in den Hintergrund zu schieben und damit zu löschen. Dies ist eine wichtige Methode, um ausgedehntere Fehlklassifikationen, die sich lokal nicht wesentlich von korrekten Initialkurven unterscheiden, zu behandeln. Auch scheinbar tief im Inneren der bearbeiteten Schnittbilder gelegene Fehlklassifizierungen können in der Regel auf diese Weise verarbeitet werden; zwar häufig noch nicht im Rahmen dieses zweidimensionalen Verfahrens, aber später durch analoge dreidimensionale Verfahrensschritte (Abschnitt 3.7), die Verschiebungen in alle Raumrichtungen erlauben.

Sulci-Rekonstruktionen werden zwischen den verschiedenen Schritten des Kortextrekonstruktionsverfahrens in der Form von Binärbildern ausgetauscht, d. h. in der Form von Bildern, in denen trennende Liquorraumvoxel mit 1, alle anderen Voxel aber mit 0 belegt sind. Im Zuge des hier betrachteten Segmentierverfahrens, in dem es letztlich darauf ankommt, jedes Voxel des Ausgangsdatensatzes eindeutig als zum Gehirn bzw. als zum Hintergrund gehörig zu klassifizieren, ist dies eine geeignete Repräsentationsform, die sich schnell und einfach mit anderen Teilergebnissen kombinieren lässt. Von dem hier beschriebenen Optimierungsverfahren muss daher ebenfalls gefordert werden, dass es sowohl Binärbilder als Eingangsdaten akzeptiert, als auch seine Ergebnisse wieder in dieser Form ausgibt. Für die Interpretation der Binärbilder als System von Trennlinien ist diese Repräsentationsform aber nicht unproblematisch. Zwar erlaubt diese Darstellung die einfache und schnelle Erkennung von Konstruktionsfehlern, namentlich z. B. die Erkennung von Selbstdurchdringungen, andererseits ist diese Kodierform nicht immer eindeutig. Aufgrund der Diskretisierung können eigentlich getrennte, sich aber hinreichend nahe kommende Kurven im Binärbild zusammenhängende Strukturen bilden, was die Aufteilung der Pixel auf verschiedene Linien mehrdeutig macht. Daneben ist die Beschränkung auf diskrete Gitterpunkte für die Anwendung von Methoden, die aus der Theorie kontinuierlicher Wege abgeleitet wurden, nicht ideal. Eine kontinuierliche Verschiebung von Kurven ist z. B. auf diese Weise nur schwer darzustellen. Für die Repräsentierung von Linienstrukturen wurde hier daher ein hybrider Ansatz gewählt. Abbildung 3.32 verdeutlicht den Zusammenhang beider Repräsentationsformen:

Das Grundgerüst einer Linie  $L$  besteht hier zunächst aus einer endlichen Folge  $L = \langle \mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2, \dots, \mathbf{r}_n \rangle$ ,  $n \in \mathbb{N}$ , von Punkten des  $\mathbb{R}^2$ , den *Knotenpunkten*. In der Abbildung 3.32 sind diese Punkte als schwarze Kreisscheiben dargestellt, dessen Abfolge durch die verbindenden schwarzen Pfeile verdeutlicht wird. Der Linie wird also eine Richtung zugeordnet, was die Begriffe *Anfangspunkt* für den Knoten-



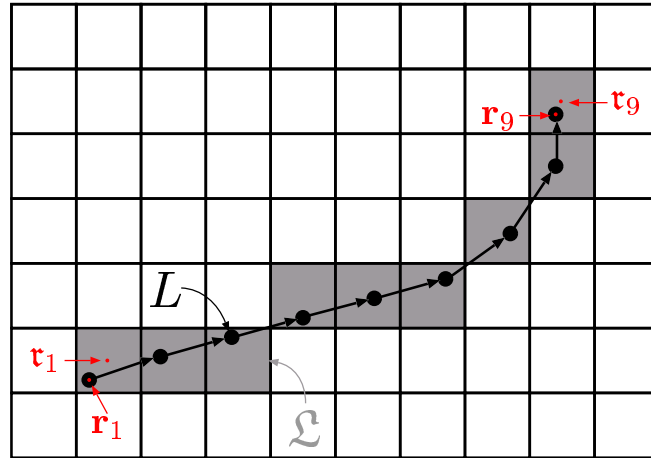


Abbildung 3.32: Veranschaulichung der Datenstruktur zur Repräsentation der Gyri-Trennlinien. Eine Linie  $L$  wird gleichzeitig als gerichteter Polygonzug  $L$ , hier als eine durch Pfeile verbundene Kette schwarzer Kreise eingezeichnet, als auch durch einen 8-verbundenen Pfad von Pixeln  $\mathcal{L}$ , hier in Grau dargestellt, verwaltet. Anfangs- und Endpunkt der Kurve sind sowohl für den Polygonzug  $(\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_9)$  als auch für den Pixelpfad  $(\tau_1, \tau_9)$  in Rot markiert.

punkt  $\mathbf{r}_1$  und *Endpunkt* für  $\mathbf{r}_n$  ermöglicht. Linien, bei denen Anfangs- und Endpunkt zusammenfallen, werden als *degenerierte Linien* bezeichnet. Durch Runden der Knotenpunkte  $\mathbf{r}_i$  auf Gitterkoordinaten  $\tau_i = \text{round}(\mathbf{r}_i) \in \mathbb{Z}^2$  ergibt sich nun eine zweite Folge  $\mathcal{L} = \langle \tau_1, \tau_2, \dots, \tau_n \rangle$ , die die Kurve  $L$  in das zugrunde liegende MRI einbettet. In der Abbildung sind die entsprechenden Pixel grau unterlegt. Beide Strukturen werden simultan verwaltet, wobei folgende Bedingungen aufrechterhalten werden:

1. Die Pixelkoordinaten  $\tau_1, \dots, \tau_n$  müssen paarweise verschieden sein. Es dürfen also keine zwei Punkte aus  $L$  den gleichen Pixel „belegen“. Treten im Rahmen des Optimierungsprozesses Punkte auf, die in diesem Sinne als überzählige anzusehen sind, so werden diese Punkte aus  $L$  und  $\mathcal{L}$  entfernt.
2. Die Folge  $\mathcal{L}$  muss einen 8-zusammenhängenden Pfad (Abschnitt 2.2.3) darstellen. Entsteht im Rahmen der Optimierung eine zu große Lücke zwischen zwei Knotenpunkten  $\mathbf{r}_i$  und  $\mathbf{r}_{i+1}$ , so wird diese durch Hinzunahme neuer Punkte geschlossen. Konkret wird hierbei über einen Algorithmus, der für das Einzeichnen gerader Linienstücke im Bereich der Rastergrafik entwickelt wurde (scan-conversion Algorithmus [2, 52]), eine Folge von Gitterpunkten  $\tau_{i,1}, \tau_{i,2}, \dots, \tau_{i,m}$  konstruiert, die die Lücke zwischen  $\tau_i$  und  $\tau_{i+1}$  schließen. Anschließend wird  $L$  um die Punkte  $\mathbf{r}_{i,1} \stackrel{\text{def}}{=} \tau_{i,1}, \dots, \mathbf{r}_{i,m} \stackrel{\text{def}}{=} \tau_{i,m}$  ergänzt.

Die Repräsentation  $L$  einer Linie  $L = (L, \mathcal{L})$  wird im Folgenden auch als *Poly-*

gonzug,  $\mathcal{L}$  auch als *Pixelpfad* bezeichnet.

In einem vorbereitenden Schritt muss das Optimierungsverfahrens zunächst die Menge der als Kurvenpunkte markierten Pixel  $\mathcal{M} = \{\mathbf{r}_1, \dots, \mathbf{r}_k\}$ ,  $k \in \mathbb{N}$ , in sinnvoller Weise in Pixelpfade  $\mathcal{L}_j = \langle \mathbf{r}_1^{(j)}, \dots, \mathbf{r}_{n_j}^{(j)} \rangle$ ,  $n_j \in \mathbb{N}$ ,  $j = 1, \dots, m$ ,  $m \in \mathbb{N}$ , aufteilen. Die Konstruktion der zugehörigen initialen Polygonzüge erfolgt dann gemäß:

$$L_j = \langle \mathbf{r}_1^{(j)}, \dots, \mathbf{r}_{n_j}^{(j)} \rangle,$$

$$\mathbf{r}_i^{(j)} \stackrel{\text{def}}{=} \mathbf{r}_i^{(j)}, \quad i = 1, \dots, n_j, j = 1, \dots, m.$$

Ein Pixel  $\mathbf{r}$  aus  $\mathcal{M}$ , welches in seiner 8-Umgebung höchstens 2 weitere Punkte aus  $\mathcal{M}$  enthält, ist eindeutig als Linienpunkt identifizierbar: Ist  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{M} = 0$ , so handelt es sich bei  $\mathbf{r}$  um den alleinigen Kurvenpunkt einer degenerierten Linie. Ist die Anzahl der Nachbarn 1, so ist  $\mathbf{r}$  entweder der Anfangs- oder der Endpunkt (die Festlegung ist im Prinzip willkürlich) einer Linie aus mindestens zwei Punkten, und enthält  $\mathbf{r}$  in seiner Nachbarschaft genau zwei Punkte, so ist  $\mathbf{r}$  ein *innerer Punkt* (also weder Anfangs- noch Endpunkt) einer Linie, die aus mindestens drei Punkten besteht. Sind nur diese drei Fälle zu beachten, d. h. gilt  $\mathcal{U}_8(\mathbf{r}) \cap \mathcal{M} \leq 2$  für alle  $\mathbf{r} \in \mathcal{M}$ , so ist die Kurvenaufteilung eindeutig. Ausgehend von einem beliebigen Startpunkt findet ein einfacher rekursiver Linienverfolgungsalgorithmus — im Prinzip ein Bereichswachstumsverfahren — alle an der Linie beteiligten Punkte.

Im Normalfall treten aber auch Punkte mit mehr als 2 Nachbarn auf. In einer solchen Konfiguration sind dann mehrere Linien beteiligt (siehe z. B. die Konfigurationen der Abbildung 3.33), und es ist nicht mehr offensichtlich, wie die Einzelpunkte zu Linien anzuordnen sind.

Eine erste Lösung dieses Mehrdeutigkeitsproblems besteht in der Erweiterung des Abbruchkriteriums für den Linienverfolgungsalgorithmus. Wird eine mehrdeutige Nachbarschaftskonfiguration gefunden, so beendet dies den Suchvorgang für die entsprechende Seite:

```

lineFinder( $\mathbf{r}_0, \mathcal{L}, \mathcal{M}$ ):
   $\mathcal{L} := \langle \mathbf{r}_0 \rangle$ 
   $\mathcal{M} := \mathcal{M} \setminus \{\mathbf{r}_0\}$ 
  if  $|\mathcal{U}_8(\mathbf{r}_0) \cap \mathcal{M}| = 2$ 
     $\{\mathbf{r}_l, \mathbf{r}_r\} := \mathcal{U}_8(\mathbf{r}_0) \cap \mathcal{M}$ 
     $\mathcal{M} := \mathcal{M} \setminus \{\mathbf{r}_l, \mathbf{r}_r\}$ 
    halflineFinder( $\mathbf{r}_l, \mathcal{L}, \text{left}, \mathcal{M}$ )
    halflineFinder( $\mathbf{r}_r, \mathcal{L}, \text{right}, \mathcal{M}$ )
  else if  $|\mathcal{U}_8(\mathbf{r}_0) \cap \mathcal{M}| = 1$ 
     $\{\mathbf{r}\} := \mathcal{U}_8(\mathbf{r}_0) \cap \mathcal{M}$ 
     $\mathcal{M} := \mathcal{M} \setminus \{\mathbf{r}\}$ 
    halflineFinder( $\mathbf{r}, \mathcal{L}, \text{right}, \mathcal{M}$ )

```

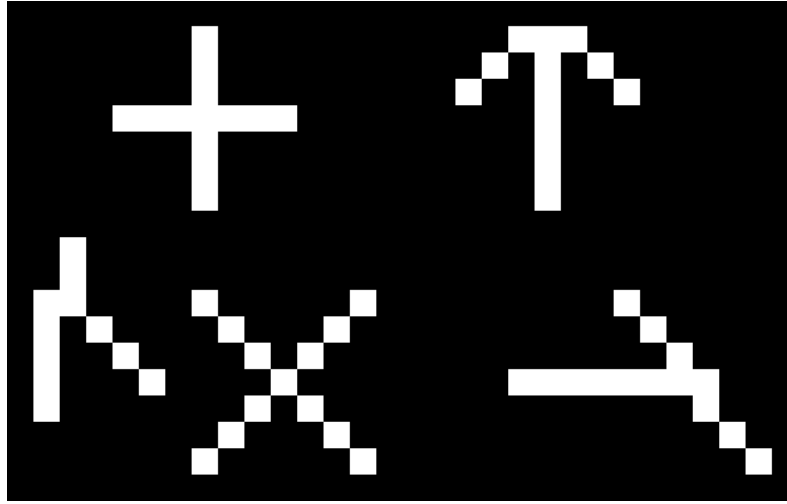


Abbildung 3.33: Beispiele für Kurvenkonfigurationen. Wenn Kurven sich auf der diskreten Ebene schneiden, berühren oder auch nur hinreichend nahe kommen, entstehen Kurvenpunkte mit mehr als zwei Nachbarn in ihrer 8-Umgebung. Die Zerlegung in Linien ist dann nicht mehr eindeutig möglich.

```

halflineFinder( $\mathbf{r}_0, \mathcal{L}, \rho, \mathcal{M}$ ):
  if  $\rho = \text{right}$ 
     $\mathcal{L} := \mathcal{L} + \langle \mathbf{r}_0 \rangle$ 
  else
     $\mathcal{L} := \langle \mathbf{r}_0 \rangle + \mathcal{L}$ 
  if  $|\mathcal{U}_8(\mathbf{r}_0) \cap \mathcal{M}| = 1$ 
     $\{\mathbf{r}\} := \mathcal{U}_8(\mathbf{r}_0) \cap \mathcal{M}$ 
     $\mathcal{M} := \mathcal{M} \setminus \{\mathbf{r}\}$ 
    halflineFinder( $\mathbf{r}, \mathcal{L}, \rho, \mathcal{M}$ )

```

Die zu einem vorgegebenen Punkt  $\mathbf{r}_0$  gehörige Linie  $\mathcal{L}$  wird über den Aufruf `lineFinder( $\mathbf{r}_0, \mathcal{L}, \mathcal{M}$ )` ermittelt, wobei über den Parameter  $\mathcal{M}$  die Menge der bisher noch keiner Linie zugeordneten Pixel übergeben wird. Der Algorithmus entfernt alle in  $\mathcal{L}$  eingefügten Punkte simultan aus  $\mathcal{M}$ . Nach dem Aufruf ist der Parameter  $\mathcal{M}$  daher um die Punkte aus  $\mathcal{L}$  verkleinert und kann direkt für einen weiteren Aufruf von `lineFinder` verwendet werden: `lineFinder( $\tilde{\mathbf{r}}_0, \tilde{\mathcal{L}}, \mathcal{M}$ )` mit beliebigem  $\tilde{\mathbf{r}}_0 \in \mathcal{M}$ . Die Zerlegung in Linien ist abgeschlossen, sobald  $\mathcal{M} = \emptyset$  erreicht ist.

Der vorgestellte Algorithmus zerlegt zwar die vorgegebene Pixelmenge in ein System von Einzellinien, die Aufspaltung an den Verzweigungspunkten ist aber größtenteils willkürlich. Die Optimierung hängt nicht allzu kritisch von der gewählten Zerlegung ab, dennoch sind lange, gerade Linien wünschenswert, da sie zum einen die Furchenstruktur besser widerspiegeln, zum anderen aber auch

eine stabilere Anwendung der Optimierungsverfahren erlauben. Insbesondere kurze Linien sollten vermieden werden, da nachfolgende Verfahrensschritte solche Linien als rauschinduziert, also als Fehlklassifikationen deuten.

Nach Konstruktion der initialen Pixelpfade  $\mathcal{L}_j$  und insbesondere der hiervon abgeleiteten Polygonzüge  $L_j$  wird daher jeder Verzweigungspunkt  $\mathbf{r}$  erneut bewertet. Die aktuelle Kurvenstruktur an der Stelle  $\mathbf{r}$  wird aufgebrochen und unter allen hieraus resultierenden, an  $\mathbf{r}$  angrenzenden Kurvenstücken werden diejenigen beiden Kurvenfragmente  $L_j$  und  $L_s$  über  $\mathbf{r}$  vereinigt,  $L_j + \langle \mathbf{r} \rangle + L_s$ , deren bzgl.  $\mathbf{r}$  berechneten Tangenten am ähnlichsten sind, d. h. einer Geraden am nächsten kommen. Tangenten werden hierbei über einen Least-Square-Fit bestimmt, wobei die maximale Anzahl zu berücksichtigender Kurvenpunkte,  $n_{\text{tang}}$ , ein Parameter des Verfahrens darstellt (ein typischer Wert ist  $n_{\text{tang}} = 5$ ): Sind  $\mathbf{r}_1, \dots, \mathbf{r}_s$ ,  $1 < s \leq n_{\text{tang}}$ , die relevanten Kurvenpunkte, so ergibt sich über

$$\mathbf{U} = \sum_{i=1}^s (\mathbf{r}_i - \mathbf{r})(\mathbf{r}_i - \mathbf{r})^t$$

eine symmetrische  $3 \times 3$ -Matrix  $\mathbf{U}$ , dessen normierter Eigenvektor zum kleinsten Eigenwert eine Normale  $\mathbf{n}$  an die Kurve darstellt. Der gesuchte Tangentenvektor ist nun derjenige normierte Vektor  $\mathbf{t}$ , der senkrecht zu  $\mathbf{n}$  liegt und in Kurvenrichtung zeigt.

Eine Auflösung der Kurvenstrukturen aus Abbildung 3.33 nach diesem Verfahren zeigt die Abbildung 3.34. Die einzelnen Kurven sind in der Abbildung durch verschiedene Farben gekennzeichnet.

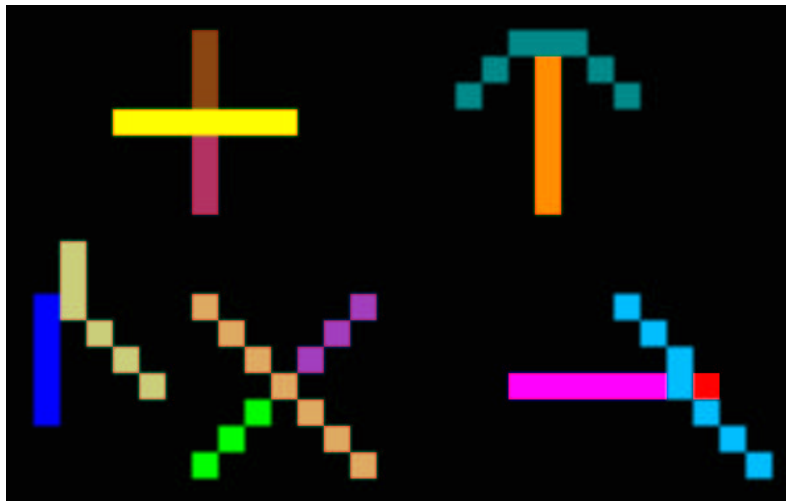


Abbildung 3.34: Auflösung der Kurvenkonfigurationen aus Abbildung 3.33. Die verschiedenen Einzelkurven tragen jeweils unterschiedliche Farben.

Es darf in der Regel angenommen werden, dass sehr kurze Linien keine gülti-

gen Furchenmarkierungen darstellen. Durch Aussonderung aller Linien mit einer Länge unterhalb eines gegebenen Schwellenwertes  $l_{\min}$  (ein üblicher Wert ist  $l_{\min} = 3$ ), wird daher an dieser Stelle ein Großteil des Rauschens aus den Eingangsdaten entfernt. Die Länge einer Linie  $L = \langle \mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2, \dots, \mathbf{r}_n \rangle$  wird dabei einfach als Anzahl der Knotenpunkte,  $|L| = n$ , festgesetzt. Alternativ kann auch  $\|L\| = \sum_{i=1}^{n-1} |\mathbf{r}_{i+1} - \mathbf{r}_i|$  als Längendefinition herangezogen werden. Der hiermit verbundene Genauigkeitszuwachs ist aber in der Regel unwesentlich.

Abbildung 3.35 zeigt das Ergebnis einer Längenfilterung mit  $l = 3$  angewandt auf die Furchenrekonstruktion aus Abbildung 3.31.

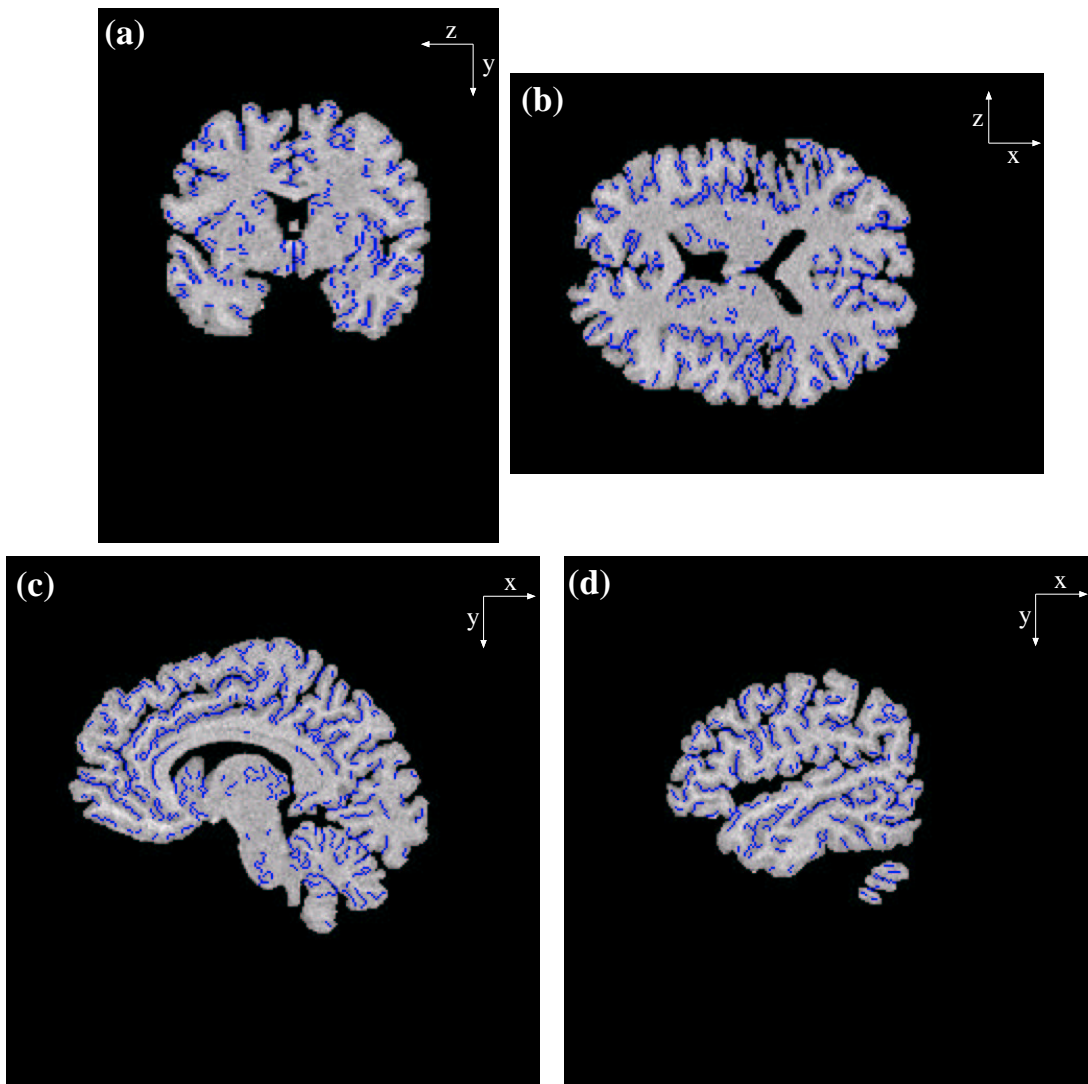


Abbildung 3.35: Längenfilterung der Furchenmarkierungen aus Abbildung 3.34. Alle Linien  $L$  mit  $|L| < 3$  wurden aus der Ergebnismenge entfernt.

Die als Binärbild vorliegende Furchenrekonstruktion ist nun in eine Liste von unabhängigen Linien der Minimallänge  $l_{\min}$  zerlegt:  $L_1, \dots, L_N$ ,  $N \in \mathbb{N}$ . Um auch Verästelungen modellieren zu können, muss das bisherige Linienkonzept um Verankerungen erweitert werden, mit Hilfe derer sich eine Linie mit jeweils bis zu zwei weiteren Linien dauerhaft verbinden kann. Formal wird dabei die Definition einer Linie  $L_i$ ,  $i \in \{1, \dots, N\}$ , um die beiden Tupel  $(\mathbf{r}_b^{(i)}, \mathbf{r}_e^{(i)})$  und  $(\mathbf{r}_b^{(i)}, \mathbf{r}_e^{(i)})$  erweitert, wobei beide Tupel Knoten zweier fremder Linien referenzieren, mit denen jeweils Anfangs- (Index  $b$ ) bzw. Endpunkt (Index  $e$ ) der Linie  $L_i$  eine Verbindung eingehen. Seien diese beiden Linien mit  $L_j$  und  $L_k$  bezeichnet,  $j, k \in \{1, \dots, N\}$ , u. U.  $j = k$  aber niemals  $j = i$  oder  $k = i$ , so existieren also zwei Indizes  $s_j$  und  $s_k$ , sodass zu jedem Zeitpunkt

$$\begin{aligned} \mathbf{r}_b^{(i)} &= \mathbf{r}_{s_j}^{(j)} \in L_j, \\ \mathbf{r}_b^{(i)} &= \mathbf{r}_{s_j}^{(j)} \in \mathcal{L}_j, \\ \mathbf{r}_e^{(i)} &= \mathbf{r}_{s_k}^{(k)} \in L_k, \\ \mathbf{r}_e^{(i)} &= \mathbf{r}_{s_k}^{(k)} \in \mathcal{L}_k \end{aligned}$$

gilt. Geht der Anfangs- bzw. Endpunkt von  $L_i$  keine Verbindung mit einer anderen Kurve ein, so fehlt das entsprechende Tupel. Abbildung 3.36 veranschaulicht dieses Konzept.

Die Optimierung der Linien  $L_1, \dots, L_N$  geschieht nun im Rahmen eines iterativen Prozesses, bei dem die Knotenpunkte der einzelnen Linien drei verschiedenen Kräften unterworfen werden: Zum einen einer externen Kraft  $f_{\text{ext}}$ , die aus dem MRI abgeleitet wird und die Knotenpunkte in ein lokales Grauwertminima zu verschieben sucht, des Weiteren einer internen Kraft  $f_{\text{int}}$ , die dem inneren Zusammenhalt der Kurvenstruktur dient und zuletzt einer Kraft  $f_{\text{verb}}$ , die der inneren Kraft vergleichbar ist und dem Zusammenhalt verbundener Linien dient. Bezeichne nun also  $t$  den aktuellen Iterationsschritt, so berechnet sich die neue Lage des Knotenpunktes  $j$  der Linie  $i$  gemäß

$$\begin{aligned} \mathbf{r}_j^{(i)}(t+1) &= f_{\text{ext}} \left( \mathbf{r}_j^{(i)}(t) \right) \\ &+ f_{\text{int}} \left( \mathbf{r}_j^{(i)}(t) \right) \\ &+ f_{\text{verb}} \left( \mathbf{r}_j^{(i)}(t) \right). \end{aligned}$$

Der Betrag der externen Kraft hängt dabei sowohl von der lokalen Umgebung des Punktes  $\text{round}(\mathbf{r}_j^{(i)}(t))$  auf dem MRI ab, als auch von der Umgebung des Knotens  $\mathbf{r}_j^{(i)}(t)$  innerhalb seines Polygonzuges, da zur Berechnung von  $f_{\text{ext}}$  die Tangente an  $L_i(t)$  an der Stelle  $j$  bestimmt werden muss.  $f_{\text{int}}$  hängt demgegenüber nur von  $\mathbf{r}_j^{(i)}(t)$  sowie seinen unmittelbaren Nachbarn  $\mathbf{r}_{j-1}^{(i)}(t)$  und  $\mathbf{r}_{j+1}^{(i)}(t)$  (soweit vorhanden) ab.  $f_{\text{verb}}$  schließlich berechnet sich aus den Anfangs- bzw. Endpunkten der



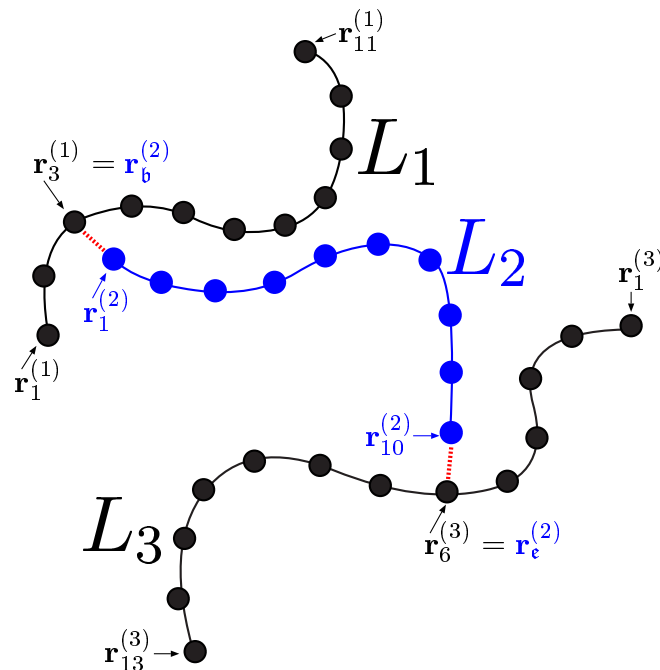


Abbildung 3.36: Modellierung von Verzweigungen. Die Abbildung zeigt die Polygonzüge zweier Kurven  $L_1$  und  $L_3$ , die durch eine dritte Kurve  $L_2$  miteinander verbunden sind. Die Verbindung manifestiert sich durch eine Verankerung der Anfangspunkte  $\mathbf{r}_1^{(2)}$  von  $L_2$  mit dem Punkt  $\mathbf{r}_3^{(1)}$  von  $L_1$  sowie in der Verankerung des Endpunkte  $\mathbf{r}_{10}^{(2)}$  von  $L_2$  mit dem Punkt  $\mathbf{r}_6^{(3)}$  von  $L_3$ . In der Datenstruktur von  $L_2$  sind die Verankerungspunkte jeweils durch  $\mathbf{r}_6^{(2)}$  und  $\mathbf{r}_e^{(2)}$  sowie durch die hier nicht eingezeichneten korrespondierenden Voxelkoordinaten  $\mathbf{r}_6^{(2)}$  und  $\mathbf{r}_e^{(2)}$  referenziert. Die Kurven  $L_1$  und  $L_3$  gehen hier keine Verbindungen zu anderen Kurven ein. Die entsprechenden Einträge in ihren Datenrepräsentationen sind daher leer.

Verbindung aufnehmenden Linien sowie aus den zugehörigen Verbindungspunkten. Im Gegensatz zu  $f_{\text{ext}}(\mathbf{r}_j^{(i)}(t))$  und  $f_{\text{int}}(\mathbf{r}_j^{(i)}(t))$ , die tatsächlich zum Zeitpunkt der Verarbeitung von  $\mathbf{r}_j^{(i)}(t)$  vollständig berechnet werden, wird  $f_{\text{verb}}(\mathbf{r}_j^{(i)}(t))$  zum Zeitpunkt der Behandlung der Anfangs- und Endpunkte der angebotenen Linien bestimmt. Ist also  $\mathbf{r}_j^{(i)}$  ein Anfangs- bzw. Endpunkt und existiert ein zugehöriger Verbindungspunkt  $\mathbf{r}_z^{(i)}(t)$ ,  $z \in \{\mathbf{b}, \mathbf{e}\}$ , so wird zum Zeitpunkt der Behandlung von  $\mathbf{r}_j^{(i)}$  der Anteil der Kräfte  $f_{\text{verb}}(\mathbf{r}_j^{(i)}(t))$  und  $f_{\text{verb}}(\mathbf{r}_z^{(i)}(t))$  festgelegt, der der Verbindung zwischen  $\mathbf{r}_j^{(i)}$  und  $\mathbf{r}_z^{(i)}(t)$  entspricht. Der endgültige Wert sowohl von  $f_{\text{verb}}(\mathbf{r}_j^{(i)}(t))$  als auch von  $f_{\text{verb}}(\mathbf{r}_z^{(i)}(t))$  steht erst nach der Behandlung aller Anfangs- und Endpunkte fest.

Sei nun  $L = \langle \mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2, \dots, \mathbf{r}_n \rangle$ ,  $n \in \mathbb{N}$ , die zu verarbeitende Linie und sei  $\mathbf{m}$  das MRI bzgl. dem  $L$  optimiert werden soll. Die interne Kraft für einen Knotenpunkt  $\mathbf{r}_i$ ,  $i = 1, \dots, n$  ergibt sich dann zu

$$f_{\text{int}}(\mathbf{r}_i) = \begin{cases} 0 & \text{für } n = 1, \\ \beta_{\text{int}} \tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{r}_{i+1} - \mathbf{r}_i) & \text{für } i = 1 \text{ aber } n > 1, \\ \beta_{\text{int}} \tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{r}_{i-1} - \mathbf{r}_i) & \text{für } i = n \text{ aber } n > 1, \\ \tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{r}_{i-1} - \mathbf{r}_i) + \tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{r}_{i+1} - \mathbf{r}_i) & \text{sonst.} \end{cases}$$

$\beta_{\text{int}} > 0$  ist dabei eine Konstante, die den einseitigen Zug bei Anfangs- und Endpunkten abmildern soll (ein typischer Wert ist  $\beta_{\text{int}} = 0.25$ ), und die Hilfsfunktion  $\tilde{f}_{\text{int}}$  ist gemäß

$$\tilde{f}_{\text{int}}(\Delta \mathbf{r}) = \begin{cases} 0 & \text{für } \Delta \mathbf{r} = 0, \\ c_{\text{int}}^{\text{abst}} \delta t (|\Delta \mathbf{r}| - \mu_{\text{int}}) \widehat{\Delta \mathbf{r}} & \text{für } 0 < |\Delta \mathbf{r}| \leq \mu_{\text{int}}, \\ c_{\text{int}}^{\text{anz}} \delta t (|\Delta \mathbf{r}| - \mu_{\text{int}}) \widehat{\Delta \mathbf{r}} & \text{für } |\Delta \mathbf{r}| > \mu_{\text{int}} \end{cases}$$

festgelegt<sup>15</sup>. Die Konstanten  $c_{\text{int}}^{\text{abst}}$ ,  $c_{\text{int}}^{\text{anz}}$  und  $\mu_{\text{int}}$  bilden die Hauptparameter der internen Kraft.  $\mu_{\text{int}} \geq 0$  legt dabei den gewünschten Abstand zwischen den Knotenpunkten fest. Ist der wirkliche Abstand geringer, so liefert  $\tilde{f}_{\text{int}}$  eine abstoßende Kraft, dessen Kraftkonstante durch  $c_{\text{int}}^{\text{abst}} > 0$  festgelegt ist. Ist der Abstand zwischen den Knotenpunkten zu groß, so ergibt  $\tilde{f}_{\text{int}}$  eine anziehende Kraft. Diese Kraft wird über  $c_{\text{int}}^{\text{anz}} > 0$  parametrisiert. In den meisten Fällen wird man hier  $c_{\text{int}}^{\text{abst}} = c_{\text{int}}^{\text{anz}}$  wählen.

Damit das Verfahren stabil bleibt, ist es notwendig, je Iterationsschritt nur eine geringe Verschiebung der Knotenpunkte durchzuführen. Dies wird durch die Konstante  $0 < \delta t \ll 1$  sichergestellt. Im Prinzip ist diese Konstante unnötig, da sie in  $c_{\text{int}}^{\text{abst}}$  bzw.  $c_{\text{int}}^{\text{anz}}$  mit aufgenommen werden könnte. Aus praktischen Gründen wird hier aber eine Trennung vorgenommen:  $\delta t$  verringert die Einzelschrittweite und  $c_{\text{int}}^{\text{abst}}$ ,  $c_{\text{int}}^{\text{anz}}$  und die im Folgenden noch einzuführenden Konstanten bestimmen die relativen Stärken der einzelnen Kräfte untereinander. Ein typischer Wert für  $\delta t$  ist 0.05.

<sup>15</sup>Das Zeichen  $\widehat{\cdot}$  symbolisiere den Übergang zum normierten Vektor, also für  $\mathbf{v} \neq 0$ :  $\widehat{\mathbf{v}} = \mathbf{v}/|\mathbf{v}|$ .

Die Verbindungskraft wird analog zur inneren Kraft bestimmt: Sei  $(\mathbf{r}, \mathbf{r}_3) = (\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_6)$  oder  $(\mathbf{r}_n, \mathbf{r}_\epsilon)$ . Dann verändert sich damit die auf  $\mathbf{r}$  wirkende Verbindungskraft um

$$\Delta f_{\text{verb}}(\mathbf{r}) = \tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{r}_3 - \mathbf{r}),$$

während die Verbindungskraft für  $\mathbf{r}_3$ , dem Prinzip *actio gleich reactio* folgend, sich um

$$\Delta f_{\text{verb}}(\mathbf{r}_3) = -\tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{r}_3 - \mathbf{r}),$$

verändert.

Sei nun  $\hat{\mathbf{t}}$  eine Tangente an den Kurvenpunkt  $\mathbf{r}_i$ ,  $i = 1, \dots, n$ . Dann bestimmt sich über  $\hat{\mathbf{n}} = (\hat{\mathbf{t}}_y, -\hat{\mathbf{t}}_x)^t$  eine Kurvennormale. Für die Berechnung der auf  $\mathbf{r}_i$  wirkenden externen Kraft werden nun die Graustufen der ersten  $2n_{\text{ext}}$  normal zur Kurve gelegenen Voxel herangezogen:

$$\begin{aligned} \mathbf{s}_1 &= \mathbf{r}_i + \hat{\mathbf{n}}, \quad \rho_1 = m(\text{round}(\mathbf{s}_1)), \\ \mathbf{s}_2 &= \mathbf{r}_i + 2\hat{\mathbf{n}}, \quad \rho_2 = m(\text{round}(\mathbf{s}_2)), \\ &\dots \\ \mathbf{s}_{n_{\text{ext}}} &= \mathbf{r}_i + n_{\text{ext}}\hat{\mathbf{n}}, \quad \rho_{n_{\text{ext}}} = m(\text{round}(\mathbf{s}_{n_{\text{ext}}}), \\ \mathbf{s}_{n_{\text{ext}}+1} &= \mathbf{r}_i - \hat{\mathbf{n}}, \quad \rho_{n_{\text{ext}}+1} = m(\text{round}(\mathbf{s}_{n_{\text{ext}}+1}), \\ \mathbf{s}_{n_{\text{ext}}+2} &= \mathbf{r}_i - 2\hat{\mathbf{n}}, \quad \rho_{n_{\text{ext}}+2} = m(\text{round}(\mathbf{s}_{n_{\text{ext}}+2}), \\ &\dots \\ \mathbf{s}_{2n_{\text{ext}}} &= \mathbf{r}_i - n_{\text{ext}}\hat{\mathbf{n}}, \quad \rho_{2n_{\text{ext}}} = m(\text{round}(\mathbf{s}_{2n_{\text{ext}}}). \end{aligned}$$

Mit  $\rho_0 = m(\text{round}(\mathbf{r}_i))$  ergibt sich nun für die externe Kraft an der Stelle  $\mathbf{r}_i$ :

$$f_{\text{ext}}(\mathbf{r}_i) = \frac{1}{2n_{\text{ext}}} \sum_{k=1}^{2n_{\text{ext}}} \tilde{f}_{\text{ext}}(\rho_k - \rho_0, \mathbf{s}_k - \mathbf{r}_i).$$

Dabei ist die Hilfsfunktion  $\tilde{f}_{\text{ext}}$  gemäß

$$\tilde{f}_{\text{ext}}(\Delta\rho, \Delta\mathbf{r}) = \begin{cases} -c_{\text{ext}}^{\text{anz}} \delta t \Delta\rho \widehat{\Delta\mathbf{r}} & \text{für } \Delta\rho \leq 0, \\ -c_{\text{ext}}^{\text{abst}} \delta t \Delta\rho \widehat{\Delta\mathbf{r}} & \text{für } \Delta\rho > 0. \end{cases}$$

definiert. Ist  $\Delta\rho < 0$ , so ist der betrachtete Voxel besser, d. h. minimaler als der aktuell eingenommene Voxel. Die Kraft wirkt dann anziehend und wird von  $c_{\text{ext}}^{\text{anz}} > 0$  parametrisiert. Im Falle  $\Delta\rho > 0$  ist der betrachtete Voxel ungünstiger. Der Beitrag zu  $f_{\text{ext}}$  ist dann abstoßend und als Kraftkonstante fungiert  $c_{\text{ext}}^{\text{abst}} > 0$ . Wie auch schon bei der inneren Kraft wird man die Kraftkonstanten für den anziehenden und den abstoßenden Fall i. Allg. gleich wählen:  $c_{\text{ext}}^{\text{anz}} = c_{\text{ext}}^{\text{abst}}$ .

Die externe Kraft wirkt stets senkrecht zur Kurventangente. Diese Festlegung trägt wesentlich dazu bei, dass der Optimierungsprozess Form und Orientierung der Ausgangskurve zumindest in ihren Grundzügen beibehält.

Der Optimierungsprozess wird nach  $n_{\text{iter}}$  Iterationen beendet.  $n_{\text{iter}}$  ist hierbei ein von außen vorgegebener Parameter des Verfahrens.

Die Abbildung 3.37 zeigt das Ergebnis einer Optimierung mit  $n_{\text{iter}} = 150$  Iterationen, angewandt auf das in Abbildung 3.35 gezeigte Zwischenergebnis. Als idealer Knotenabstand wurde  $\mu_{\text{int}} = 1.0$  festgelegt und für die Kraftkonstanten der internen Kraft wurde  $c_{\text{int}}^{\text{abst}} = c_{\text{int}}^{\text{anz}} = 2.0$  gewählt. Die externe Kraft wurde über  $c_{\text{ext}}^{\text{anz}} = c_{\text{ext}}^{\text{abst}} = 0.5$  und  $n_{\text{ext}} = 1$  parametrisiert. Die übrigen Parameter wurden auf den Werten belassen, die bei ihrer Vorstellung als „typisch“ angegeben waren:  $\delta t = 0.05$ ,  $\beta_{\text{int}} = 0.25$ . Das Optimierungsergebnis hängt nicht sehr kritisch von den gewählten Parametern ab; zumindest für alle MRIs der gleichen Aufnahmesequenz können erfolgreiche Parameterwahlen zumeist unverändert belassen werden.

Wie schon im Abschnitt 3.6.1 wird auch hier das Verfahren durch Anwendung des in Abschnitt 2.7.4 beschriebenen 2D-Thinningverfahrens abgeschlossen, um eine Linienbreite von einem Pixel sicherzustellen. Der Ergebnis zeigt die Abbildung 3.38.

## 3.7 Dreidimensionale Rekonstruktion

Die durch die Methoden des Abschnitts 3.6 berechneten zweidimensionalen Karten des Sulci-Verlaufs werden nun über die in diesem Abschnitt beschriebenen Verfahren zu einer dreidimensionalen Rekonstruktion der Furchenstruktur vereinigt (Abschnitt 3.7.1) und hinsichtlich Geometrie (Abschnitt 3.7.2) und Topologie (Abschnitt 3.7.3) optimiert.

### 3.7.1 Rekonstruktion des dreidimensionalen Furchenverlaufs

Die Methoden des Abschnitts 3.6 resultieren in drei binären 3D-Bildern,  $\mathbf{m}_{\text{sag}}$ ,  $\mathbf{m}_{\text{cor}}$  und  $\mathbf{m}_{\text{ax}}$ , die formal die gleiche dreidimensionale Struktur und Orientierung wie das Ausgangs-MRI aufweisen. Für einen beliebigen Voxel  $\mathbf{r}$  des zu segmentierenden MRIs liefert daher  $m_{\text{sag}}(\mathbf{r}) \in \{0, 1\}$  die Information, ob hinsichtlich des durch  $\mathbf{r}$  verlaufenden sagittalen Schnittes das Voxel  $\mathbf{r}$  als trennendes Liquorraumvoxel aufgefasst wurde ( $m_{\text{sag}}(\mathbf{r}) = 1$ ). In analoger Weise liefern  $m_{\text{cor}}(\mathbf{r})$  und  $m_{\text{ax}}(\mathbf{r})$  die Bewertung des Voxels  $\mathbf{r}$  im Kontext des durch  $\mathbf{r}$  verlaufenden coronalen und axialen Schnittes.

Im Idealfall müssten  $\mathbf{m}_{\text{sag}}$ ,  $\mathbf{m}_{\text{cor}}$  und  $\mathbf{m}_{\text{ax}}$  für jeden Voxel  $\mathbf{r}$  die gleiche Bewertung liefern. Die Beschränkung der Analyse auf zweidimensionale Schnittbilder führt aber in der Regel zu Abweichungen und Fehlern, die die Auswertung des Datensatzes ( $\mathbf{m}_{\text{sag}}, \mathbf{m}_{\text{cor}}, \mathbf{m}_{\text{ax}}$ ) mehrdeutig machen und insbesondere die Interpretation eines der Resultat-MRIs als dreidimensionale Furchenrekonstruktion ver-

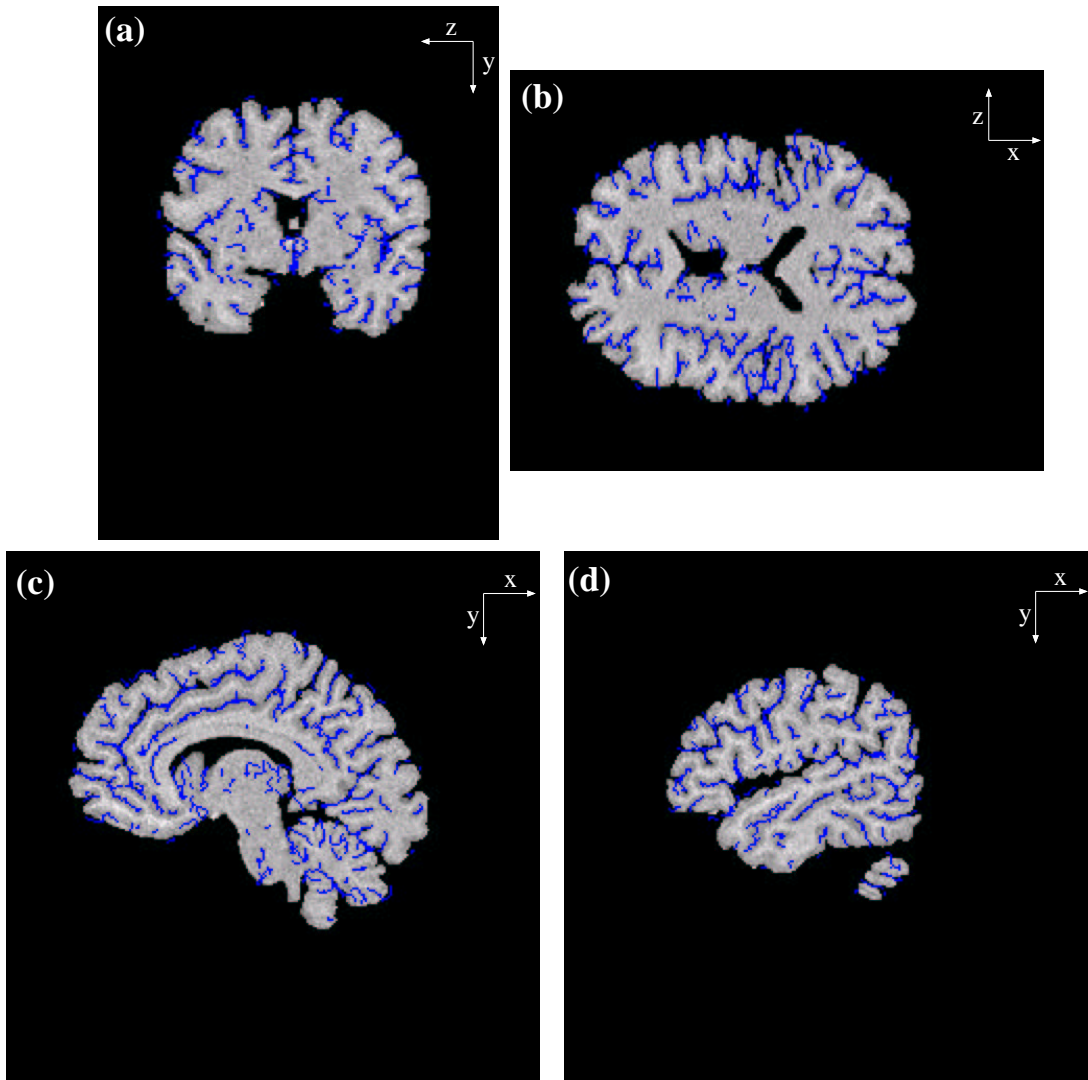


Abbildung 3.37: Resultat der Optimierung der Kurven aus Abbildung 3.35. Für den Optimierungsprozess wurde das MRI aus Abbildung 3.23 zugrunde gelegt.  $n_{\text{iter}} = 150$ ,  $\delta t = 0.05$ ,  $\beta_{\text{int}} = 0.25$ ,  $\mu_{\text{int}} = 1.0$ ,  $c_{\text{int}}^{\text{abst}} = c_{\text{int}}^{\text{anz}} = 2.0$ ,  $n_{\text{ext}} = 1$ ,  $c_{\text{ext}}^{\text{anz}} = c_{\text{ext}}^{\text{abst}} = 0.5$ .

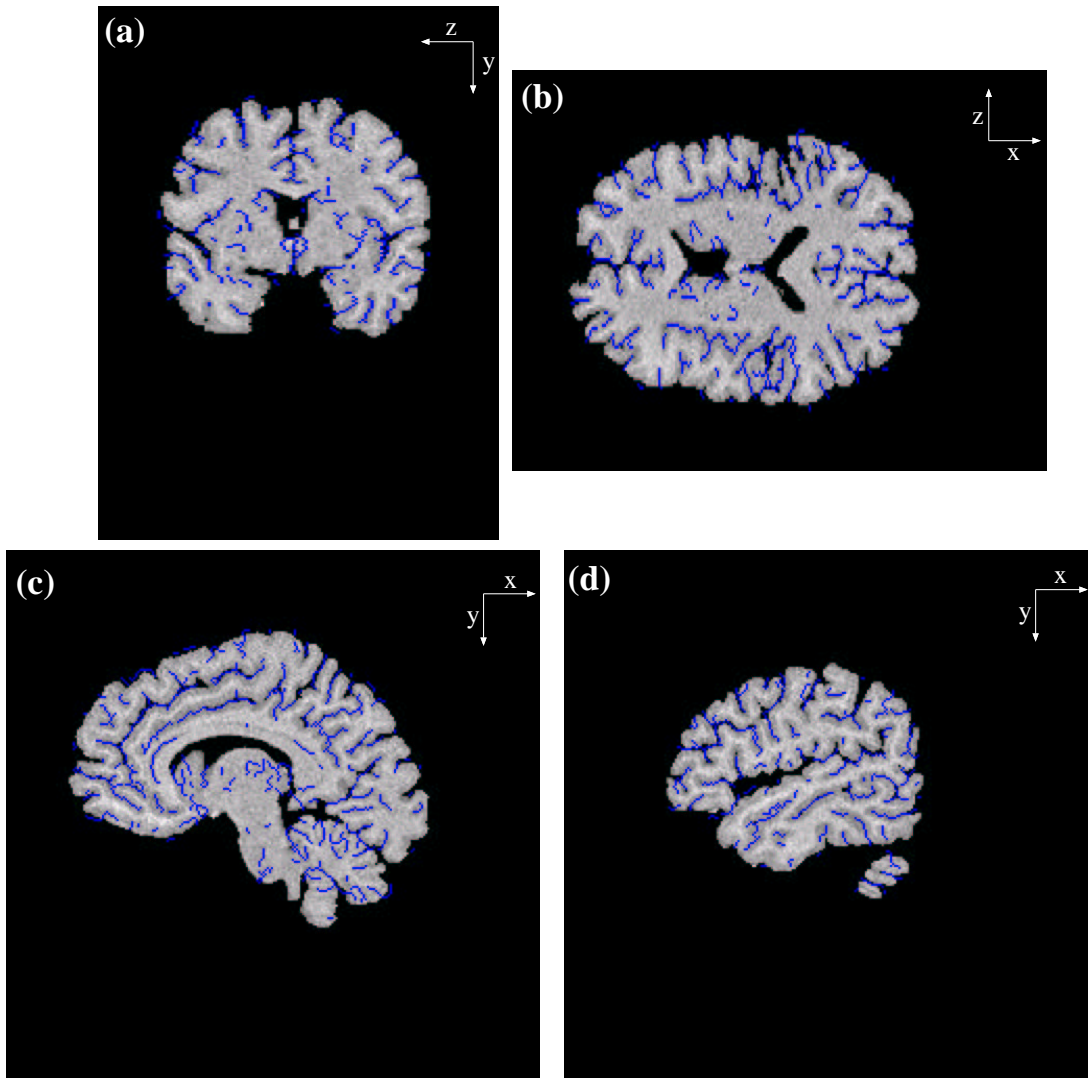


Abbildung 3.38: Anwendung einer Thinningoperation auf das Resultat aus Abbildung 3.37.



hindern<sup>16</sup>. Die drei 2D-Analysen müssen daher geeignet kombiniert werden, um zu einer befriedigenden 3D-Rekonstruktion zu gelangen.

Eine einfache Möglichkeit,  $m_{\text{sag}}$ ,  $m_{\text{cor}}$  und  $m_{\text{ax}}$  zu einer dreidimensionalen Furchenkarte  $m_{\text{sulci}}$  zu vereinen, besteht in der Vorgabe einer minimalen Anzahl von Schnittrichtungen  $n \in \{1, 2, 3\}$ , in der ein Voxel  $\mathbf{r}$  als Liquorraumvoxel klassifiziert sein muss:

$$m_{\text{sulci}}(\mathbf{r}) = \begin{cases} 1 & \text{wenn } m_{\text{sag}}(\mathbf{r}) + m_{\text{cor}}(\mathbf{r}) + m_{\text{ax}}(\mathbf{r}) \geq n \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}.$$

Auf der Hand liegt hier die Wahl  $n = 2$ , bei der ein Voxel genau dann als Liquorraumvoxel angesehen wird, wenn es in mindestens zwei Schnittrichtungen als solches klassifiziert wurde. Unglücklicherweise ist bereits diese Vorgabe, und erst recht die Wahl  $n = 3$ , i. Allg. zu restriktiv; zu viele gültige Klassifikationen würden auf diese Weise herausgefiltert werden. Der Ansatz ist aber prinzipiell sinnvoll: Die Wahrscheinlichkeit, dass eine markierte Struktur tatsächlich eine Furche darstellt, steigt mit der Anzahl der 2D-Analysen, die zum gleichen Ergebnis kommen. Eine voxelbasierte Auswertung dieses Sachverhalts ist allerdings nicht sinnvoll: Strukturen, die in mehr als einer Schnittrichtung erkannt wurden, führen dennoch nicht zwangsläufig zur Markierung der gleichen Voxel. Die Rekonstruktionen in den einzelnen Schnittbildern wird unabhängig voneinander durchgeführt, daher kann i. Allg. nur erwartet werden, dass die markierten Voxelstrukturen benachbart liegen, nicht aber, dass sie identisch sind.

Die Kombination der 2D-Resultate zu einer dreidimensionalen Furchenrekonstruktion darf sich also nicht auf den Vergleich einzelner Voxelklassifizierungen beschränken, sondern muss die rekonstruierten Strukturen als Ganzes analysieren. Um dies zu realisieren, werden die Schnittbildresultate hier ohne Vorfilterung in ein gemeinsames 3D-Bild projiziert, d. h. es wird  $n = 1$  für die Vereinigung gewählt, und erst in dieser Form nachbearbeitenden Filter- und Optimierungsoperationen unterworfen.

Abbildung 3.39 zeigt die Vereinigung der 2D-Rekonstruktion aus Abbildung 3.38. Neben dem erhöhten Rauschniveau fällt hier sofort die Verbreiterung der Furchenmarkierungen auf: Gleiche Sulci-Strukturen wurden in den einzelnen Schnittrichtungen jeweils mit leicht abweichenden Lagekoordinaten rekonstruiert. Neben diesen negativen Aspekten bemerkt man aber auch das Auftauchen bisher fehlender Trennlinien, insbesondere wurden einige fehlerhafte Unterbrechungen in den Markierungen geschlossen.

---

<sup>16</sup>In anisotropen MRIs, in denen eine Schnittrichtung (durch den Scanprozess) dadurch ausgezeichnet ist, dass die Auflösung innerhalb dieser Schnitte erheblich höher ist als in der hierzu senkrechten Richtung, ist das Analyseresultat bzgl. dieser ausgezeichneten Schnittrichtung naturgemäß von signifikant besserer Qualität als die Resultate für die beiden orthogonalen Schnittrichtungen. Das resultierende Binärbild ist allerdings auch in diesen Fällen in aller Regel zu sehr zweidimensional geprägt, als dass es eine befriedigende 3D-Rekonstruktion darstellen könnte.

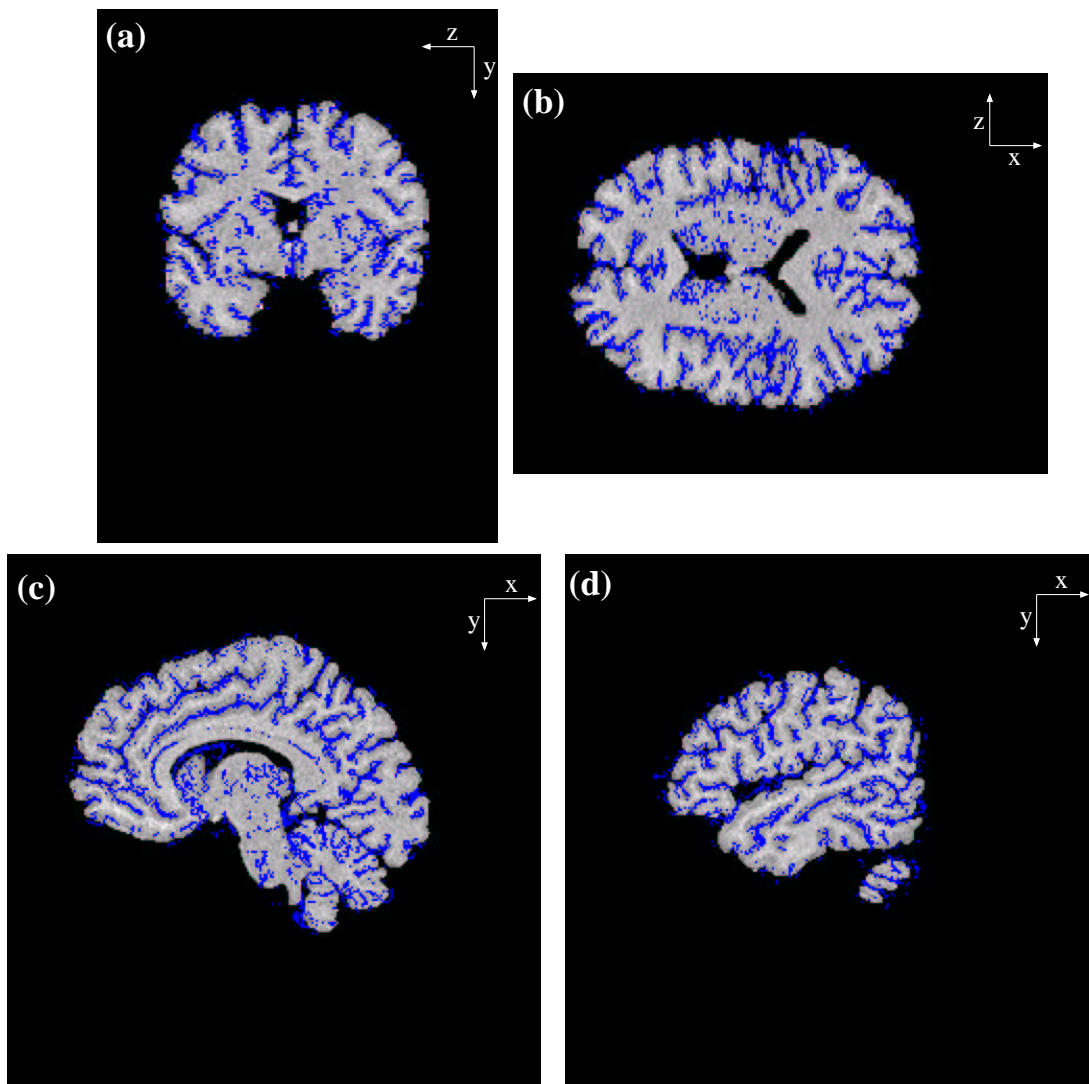


Abbildung 3.39: Projektion der drei 2D-Sulci-Rekonstruktionen aus Abbildung 3.37 in ein gemeinsames 3D-Bild.

Eine erste Reduzierung der Fehlklassifikationen gelingt über die Entfernung von Markierungen, die in den einzelnen 2D-Schnitten von  $\mathbf{m}_{\text{sulci}}$  nur Strukturen geringer Ausdehnung bilden. Diese Filteroperation greift die oben beschriebene Idee wieder auf, dass Markierungen nur dann zu Recht bestehen, wenn sie in hinreichend vielen 2D-Analysen auftauchen. Der Positionierungsunsicherheit der einzelnen 2D-Bewertungen wird hier aber insbesondere dadurch Rechnung getragen, dass der Filter nicht direkt auf den 2D-Resultaten operiert, sondern auf der Zusammenführung  $\mathbf{m}_{\text{sulci}}$ :

Sei  $\mathfrak{s} \in \{x, y, z\}$  eine Schnittrichtung und bezeichne  $\mathcal{K}_{\mathbf{m}_{\text{sulci}}}^{(\mathfrak{s})}(\mathbf{r}) \subseteq \mathbb{Z}^3$  diejenige 8-Zusammenhangskomponente des 2D-Schnittes  $\{\mathbf{u} \in \mathcal{B}_{\mathbf{m}_{\text{sulci}}} : \mathbf{u}_{\mathfrak{s}} = \mathbf{r}_{\mathfrak{s}}\}$  durch die Vordergrundmenge von  $\mathbf{m}_{\text{sulci}}$ , die  $\mathbf{r}$  enthält. Parametrisiert durch eine „Minimalausdehnung“  $l$  lässt sich dann ein Operator  $\mathcal{C}_{(\mathfrak{s}, l)}$  angeben, der aus  $\mathbf{m}_{\text{sulci}}$  ein neues Bild  $\tilde{\mathbf{m}}_{\text{sulci}}$  berechnet, aus dem alle Strukturen entfernt sind, die in irgendeinem  $\mathfrak{s}$ -Schnitt von  $\mathbf{m}_{\text{sulci}}$  weniger als  $l$  Voxel umfassen:

$$\tilde{\mathbf{m}}_{\text{sulci}}(\mathbf{r}) = \begin{cases} 1 & \text{wenn } \left| \mathcal{K}_{\mathbf{m}_{\text{sulci}}}^{(\mathfrak{s})}(\mathbf{r}) \right| \geq l. \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

Durch Vorgabe einer Sequenz von Filterparametern  $S = \langle (\mathfrak{s}_1, l_1), \dots, (\mathfrak{s}_k, l_k) \rangle$  lässt sich der Operator  $\mathcal{C}_{(\mathfrak{s}, l)}$  zum Operator

$$\mathcal{C}_S(\mathbf{m}_{\text{sulci}}) \stackrel{\text{def}}{=} (\mathcal{C}_{(\mathfrak{s}_k, l_k)} \circ \mathcal{C}_{(\mathfrak{s}_{k-1}, l_{k-1})} \circ \dots \circ \mathcal{C}_{(\mathfrak{s}_1, l_1)})(\mathbf{m}_{\text{sulci}})$$

erweitern. Die  $n$ -fache Anwendung dieses Operators sei mit  $\mathcal{C}_S^n$  abgekürzt.

Es ist nun offensichtlich, dass jede Folge von Binärbildern  $((\mathcal{C}_S^n(\mathbf{m}_{\text{sulci}})))_{n \in \mathbb{N}}$  nach endlich vielen Schritten konvergiert<sup>17</sup>; d. h. es gibt stets ein  $n_0 \in \mathbb{N}$  mit der Eigenschaft

$$\mathcal{C}_S^{n_0}(\mathbf{m}_{\text{sulci}}) = \mathcal{C}_S^{n_0+1}(\mathbf{m}_{\text{sulci}}).$$

Daher kann über

$$\mathcal{C}_S^\infty(\mathbf{m}_{\text{sulci}}) \stackrel{\text{def}}{=} \lim_{n \rightarrow \infty} \mathcal{C}_S^n(\mathbf{m}_{\text{sulci}})$$

ein weiterer Löschoperator definiert werden. Es ist hierbei beachtenswert, dass dieser Operator, im Unterschied zu  $\mathcal{C}_S$ , nicht von der Reihenfolge der Parameter in  $S$  abhängt. Benötigt man keine komplexen Löschsequenzen mit unterschiedlichen  $l_i$ -Werten, so folgt hieraus, dass, unter der Voraussetzung, dass jede Schnittrichtung mindestens einmal vorkommen sollte,  $S$  schon bis auf einen einzelnen Parameter, die geforderte Minimalausdehnung  $l$ , festgelegt ist:

$$S = \langle (x, l), (y, l), (z, l) \rangle.$$

Abbildung 3.40 zeigt die Anwendung dieses Operators auf das in Abbildung 3.39 dargestellte Zwischenergebnis. Als Minimalausdehnung wurde hier, analog zur Festsetzung der minimalen Kurvenlänge in Abbildung 3.35,  $l = 3$  gewählt.

<sup>17</sup>Es wird hier stillschweigend vorausgesetzt, dass  $|\mathcal{B}_{\mathbf{m}_{\text{sulci}}}|$  endlich ist.

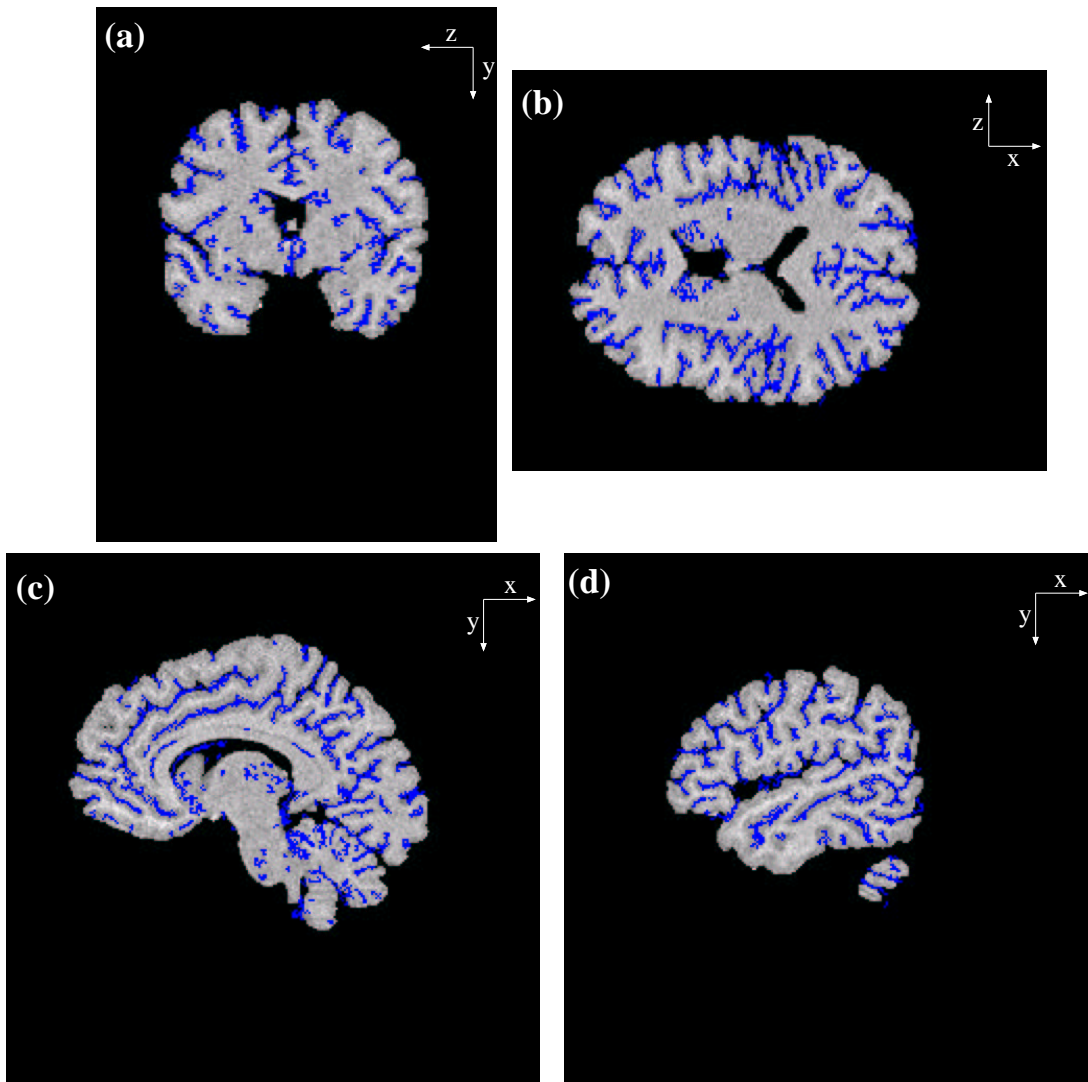


Abbildung 3.40: Artefaktlöschung über  $C_{((x,3),(y,3),(z,3))}^\infty$ , angewandt auf die in 3.39 gezeigte Sulci-Rekonstruktionen. Die Konvergenz wurde nach 7 Iterationen erreicht.

Ein Großteil der noch verbleibenden Fehlklassifikationen liegt im Bereich der weißen Hirnsubstanz. Durch die Maskierung des bisherigen Ergebnisses mit einer Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz lässt sich die Anzahl der fehlerhaft klassifizierten Voxel daher beträchtlich reduzieren. Abbildung 3.41 zeigt das Resultat einer solchen Maskierungsoperation. Es wurde dabei die in Abbildung 3.25 vorgestellte Rekonstruktion zugrunde gelegt.

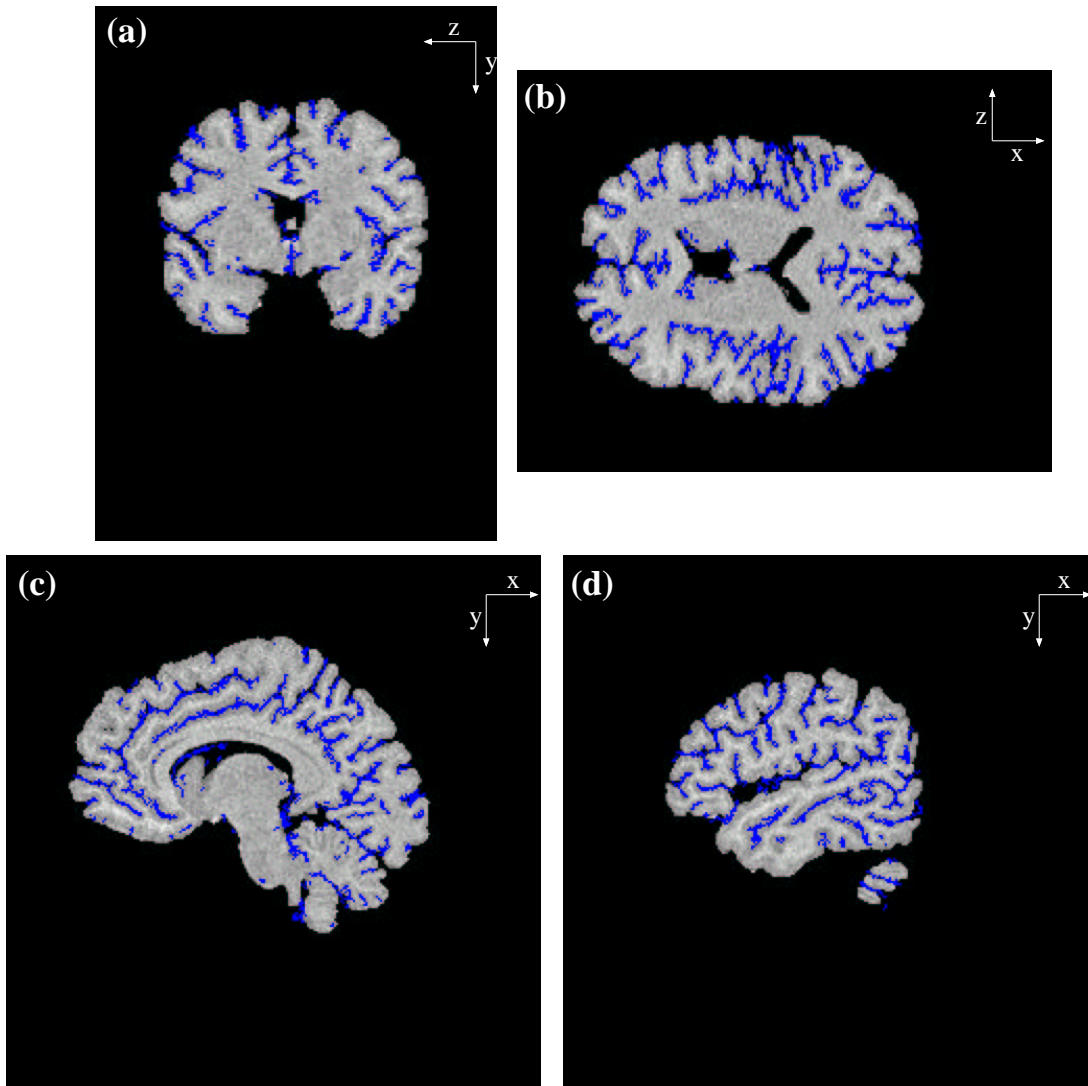


Abbildung 3.41: Entfernung weiterer Fehlklassifikationen aus Abbildung 3.40 durch Vergleich mit einer Segmentierung der weißen Hirnsubstanz (Abbildung 3.25).

Zur Vorbereitung auf die im nächsten Abschnitt beschriebene Lageoptimierung wird die Sulci-Rekonstruktion abschließend einem 3D-Thinning unterworfen,

um für die Gyri-Trennflächen eine Dicke von einem Voxel zu erzwingen. Die Anwendung dieser Operation auf das in Abbildung 3.41 dargestellte Ergebnis zeigt Abbildung 3.42.

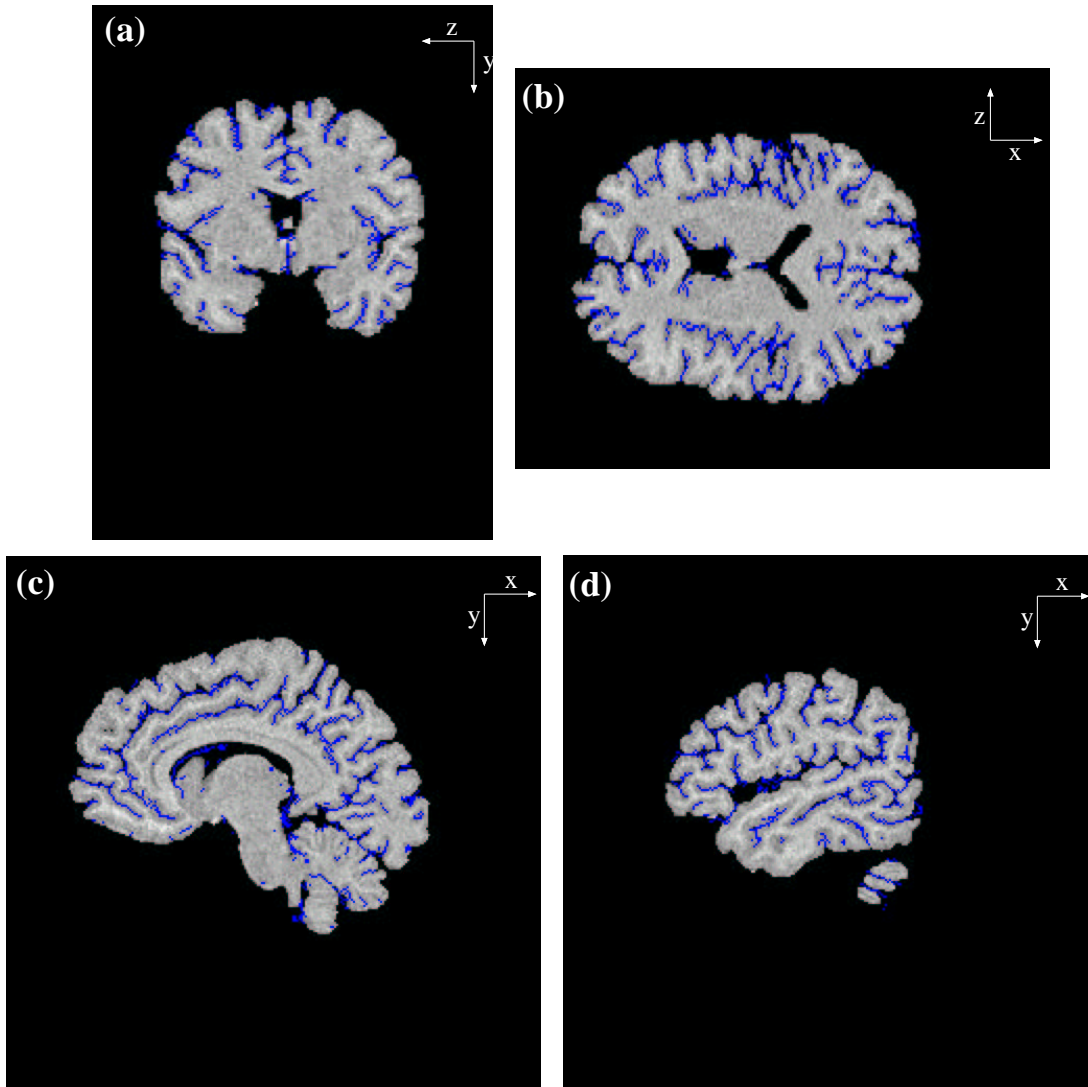


Abbildung 3.42: Anwendung der in Abschnitt 2.7.4 beschriebenen 3D-Thinningoperation nach [162] auf das Resultat aus Abbildung 3.41.

### 3.7.2 Geometrische Optimierung

Analog zum Vorgehen in Abschnitt 3.6 werden die gefundenen Gyri-Trennflächen nun hinsichtlich ihrer Lagekoordinaten optimiert. Das Vorgehen entspricht dabei



in weiten Teilen dem in Abschnitt 3.6.2 diskutierten zweidimensionalen Optimierungsverfahren; nur ist nun eine Bewegung in alle drei Raumrichtungen erlaubt.

Wie schon in Abschnitt 3.6.2 müssen in einem vorbereitenden Schritt die zunächst nur als markierte Voxel vorliegenden Eingangsdaten in eine für die Optimierung geeignetere Repräsentation überführt werden. Musste dazu in Abschnitt 3.6.2 aus dem übergebenen Binärbild eine Liste digitalisierter Kurven abgeleitet werden, so müssten die Eingangsdaten hier im Prinzip in ein System digitaler Flächen zerlegt werden. Die Zerlegungsoperation war aber schon für Kurven nicht trivial; eine sinnvolle Aufteilung der übergebenen Daten in Flächenstrukturen ist aber aufgrund des zusätzlichen Freiheitsgrades noch ungleich komplizierter. Da aber das Optimierungsergebnis von einer fehlerfreien Zerlegung abhängt, wurde hier versucht, die explizite Aufteilung in eindeutige zweidimensionale Mannigfaltigkeiten zu vermeiden und das Optimierungsverfahren stattdessen auf eine Liste miteinander verketteter Kurven abzustützen.

Die grundlegende Datenstruktur ist hier also wiederum die in Abschnitt 3.6.2 eingeführte digitale Linie  $L = (L, \mathfrak{L})$ . Tatsächlich wird der Eingangsdatensatz hier auch zunächst als Sammlung sagittaler, coronaler und axialer Schnitte aufgefasst und über das in Abschnitt 3.6.2 beschriebene Zerlegungsverfahren in entsprechend viele Kurvenlisten transformiert. Im Gegensatz zum Vorgehen in Abschnitt 3.6.2 werden die Listen hier aber nicht getrennt verarbeitet, sondern zu einer Gesamtliste verschmolzen, indem Knotenpunkte, die aus verschiedenen Listen stammen, aber aus dem gleichen markierten Voxel abgeleitet wurden, als identisch betrachtet werden. In Abbildung 3.43 ist die Umgebung eines solchen Knotenpunktes veranschaulicht. Der in der Abbildung goldfarben markierte Knotenpunkt ist gleichzeitig Mitglied in drei verschiedenen Linien. Ist die Voxelcoordinate des betrachteten Knotenpunktes  $\mathbf{r} = (x, y, z)$ , so stammt die erste Linie,  $L_x$ , aus der Analyse des Schnittes  $\{\mathbf{u} \in \mathbb{Z}^3 : u_x = x\}$ , die zweite Linie,  $L_y$ , aus der Analyse von  $\{\mathbf{u} \in \mathbb{Z}^3 : u_y = y\}$  und die dritte Linie,  $L_z$ , aus der Analyse von  $\{\mathbf{u} \in \mathbb{Z}^3 : u_z = z\}$ . Der in Abbildung 3.43 gezeigte Fall ist eine Ausnahme. Im Allgemeinen werden Knotenpunkte zu genau zwei verschiedenen Linien gehören und auf diese Weise ein zweidimensionales Netzwerk bilden. Die Möglichkeit, in Ausnahmefällen auch drei oder sogar nur eine einzelne Verbindung zu knüpfen, enthebt das Aufteilungsverfahren aber von dem Zwang, kompliziertere Umgebungsstrukturen in allen Einzelheiten analysieren zu müssen.

Der Optimierungsalgorithmus stellt ebenfalls eine direkte Fortentwicklung des Verfahrens aus Abschnitt 3.6.2 dar. Wie dort wird jeder Knotenpunkt  $\mathbf{r}$  über einem iterativen Prozess in seine Optimalposition geschoben. Der Übergang vom Iterationsschritt  $t$  zum Schritt  $t+1$  beschreibt sich dabei durch Einwirkung dreier Kräfte; einer inneren Kraft  $f_{\text{int}}^{(3D)}$ , die dem Zusammenhalt der Struktur dient, einer Verbindungskraft  $f_{\text{verb}}^{(3D)}$ , die der Auflösung von Verzweigungen entgegenwirkt (siehe Abschnitt 3.6.2), und einer externen Kraft  $f_{\text{ext}}^{(3D)}$ , die die Bewegung des

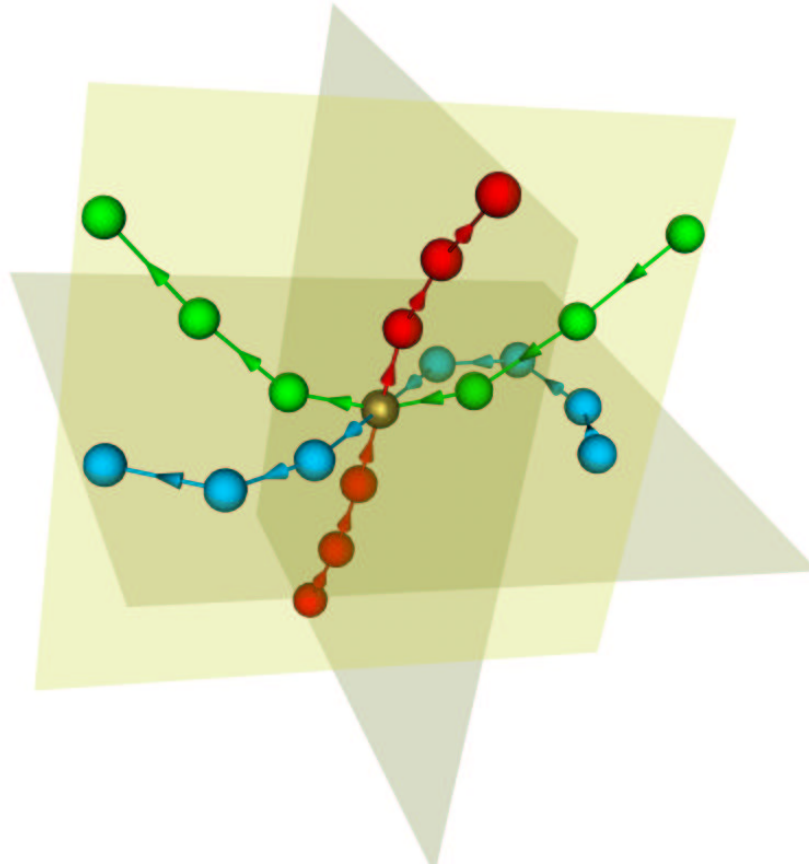


Abbildung 3.43: Verknüpfungsstruktur für die Knotenpunkte des dreidimensionalen Optimierungsverfahrens. Der in der Abbildung goldfarbene Knotenpunkt ist gleichzeitig Mitglied in drei unterschiedlichen digitalen Kurven, die in der Abbildung durch verschiedene Farben kenntlich gemacht sind. Die sagittale, axiale und coronale Schnittrichtung an der Stelle des Knotenpunktes ist durch drei transparente Ebenen verdeutlicht. Jede Kurve entstammt der Analyse genau einer dieser Ebenen. Die Abbildung zeigt die Situation direkt nach der Aufteilung der Eingangsdaten in Kurven. Zu diesem Zeitpunkt liegen alle Kurven vollständig innerhalb ihrer Analyseebenen. Im Zuge der Optimierung werden sich die Kurven i. Allg. aus diesen Ebenen herausbewegen.

Knotenpunktes hin zu seiner Optimalposition erzwingt:

$$\begin{aligned}\mathbf{r}(t+1) &= f_{\text{int}}^{(3D)}(\mathbf{r}(t)) \\ &\quad + f_{\text{verb}}^{(3D)}(\mathbf{r}(t)) \\ &\quad + f_{\text{ext}}^{(3D)}(\mathbf{r}(t)).\end{aligned}$$

Sei nun  $\mathbf{r} = \mathbf{r}_{i_x}^{(x)} = \mathbf{r}_{i_y}^{(y)} = \mathbf{r}_{i_z}^{(z)}$  ein Knotenpunkt, welcher in den drei Linien

$$\begin{aligned}L_x &= \langle \mathbf{r}_1^{(x)}, \mathbf{r}_2^{(x)}, \dots, \mathbf{r}_{n_x}^{(x)} \rangle \\ L_y &= \langle \mathbf{r}_1^{(y)}, \mathbf{r}_2^{(y)}, \dots, \mathbf{r}_{n_y}^{(y)} \rangle \\ L_z &= \langle \mathbf{r}_1^{(z)}, \mathbf{r}_2^{(z)}, \dots, \mathbf{r}_{n_z}^{(z)} \rangle\end{aligned}$$

eingebettet ist. Die Kraft  $f_{\text{int}}^{(3D)}$  auf  $\mathbf{r}$  berechnet sich dann zu

$$f_{\text{int}}^{(3D)}(\mathbf{r}) = f_{\text{int}}^{(x)}(\mathbf{r}) + f_{\text{int}}^{(y)}(\mathbf{r}) + f_{\text{int}}^{(z)}(\mathbf{r}),$$

wobei sich  $f_{\text{int}}^{(\mathfrak{z})}(\mathbf{r})$ ,  $\mathfrak{z} \in \{x, y, z\}$ , auf die Kurve  $L_{\mathfrak{z}}$  bezieht und dabei jeweils identisch mit der in Abschnitt 3.6.2 eingeführten Funktion  $f_{\text{int}}$  ist.

Für einen Knotenpunkte  $\mathbf{r}$  muss nicht jede der drei Linien  $L_x$ ,  $L_y$  und  $L_z$  existieren. Existiert die Kurve der Analyserichtung  $\mathfrak{z} \in \{x, y, z\}$  für  $\mathbf{r}$  nicht, so ist in obiger Gleichung sowie in den im Folgenden diskutierten Ausdrücken stets jeweils der entsprechende Kraftterm  $f^{(\mathfrak{z})}$  auf 0 zu setzen.

Analog zu  $f_{\text{int}}^{(3D)}$  wird auch  $f_{\text{verb}}^{(3D)}$  auf die Berechnungsvorschriften von Abschnitt 3.6.2 zurückgeführt. Die Verbindungskraft wird also wiederum für jede der drei Kurven einzeln berechnet: Sei  $\mathbf{r}$  ein Anfangs- oder Endpunkt der Kurve  $L_{\mathfrak{z}}$ ,  $\mathfrak{z} \in \{x, y, z\}$ , und sei  $\mathbf{u}^{(\mathfrak{z})}$  der zugehörige Ankerpunkt in der mit  $L_{\mathfrak{z}}$  verbundenen Kurve, d. h.  $\mathbf{u}^{(\mathfrak{z})} \in \{\mathbf{r}_b^{(\mathfrak{z})}, \mathbf{r}_e^{(\mathfrak{z})}\}$ , dann verändert die Beziehung zwischen  $\mathbf{r}$  und  $\mathbf{u}^{(\mathfrak{z})}$  die Verbindungskraft für  $\mathbf{r}$  um

$$\Delta f_{\text{verb}}^{(3D)}(\mathbf{r}) = \tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{u}^{(\mathfrak{z})} - \mathbf{r}),$$

und für  $\mathbf{u}^{(\mathfrak{z})}$  um

$$\Delta f_{\text{verb}}^{(3D)}(\mathbf{u}^{(\mathfrak{z})}) = -\tilde{f}_{\text{int}}(\mathbf{u}^{(\mathfrak{z})} - \mathbf{r}).$$

$\tilde{f}_{\text{int}}$  ist hier wiederum identisch zur gleichnamigen Funktion aus Abschnitt 3.6.2.

$f_{\text{ext}}^{(3D)}$  berechnet sich ebenfalls als Summe der externen Kräfte der Einzelkurven:

$$f_{\text{ext}}^{(3D)}(\mathbf{r}) = f_{\text{ext}}^{(x)}(\mathbf{r}) + f_{\text{ext}}^{(y)}(\mathbf{r}) + f_{\text{ext}}^{(z)}(\mathbf{r}),$$

Auch hier ist  $f_{\text{ext}}^{(\mathfrak{z})}(\mathbf{r})$ ,  $\mathfrak{z} \in \{x, y, z\}$ , im Wesentlichen identisch zur Funktion  $f_{\text{ext}}$  aus Abschnitt 3.6.2. Allerdings wird hier zur Bestimmung der für  $f_{\text{ext}}^{(\mathfrak{z})}$  relevanten

MRI-Intensitäten nicht direkt die Tangente  $\widehat{\mathbf{t}}^{(\mathfrak{z})}$  an  $\mathbf{r}$  bzgl. der Kurve  $L_3$  verwendet, sondern die Projektion dieser Tangente in die Schnitttrichtung  $\mathfrak{z}$ :

$$\frac{\widehat{\mathbf{t}}^{(\mathfrak{z})} - (\widehat{\mathbf{t}}^{(\mathfrak{z})} \cdot \mathbf{e}_3)\mathbf{e}_3}{|\widehat{\mathbf{t}}^{(\mathfrak{z})} - (\widehat{\mathbf{t}}^{(\mathfrak{z})} \cdot \mathbf{e}_3)\mathbf{e}_3|}.$$

$\mathbf{e}_3$  bezeichnet hierbei den Einheitsvektor in Richtung  $\mathfrak{z}$ :  $\mathbf{e}_x = (1, 0, 0)^t$ ,  $\mathbf{e}_y = (0, 1, 0)^t$  und  $\mathbf{e}_z = (0, 0, 1)^t$ .

Die Anwendung dieser Optimierung auf das in Abbildung 3.42 gezeigte Resultat ist in Abbildung 3.44 dargestellt. Aufgrund der Nähe des Verfahrens zu seinem zweidimensionalen Gegenstück wird die Optimierung durch die gleichen Parameter kontrolliert wie sie auch schon in Abschnitt 3.6.2 diskutiert wurden. Im Allgemeinen ist auch die Parameterwahl sehr ähnlich. Für das in Abbildung 3.44 gezeigte Resultat wurde z. B. der folgende Parametersatz gewählt:  $n_{\text{iter}} = 400$ ,  $\delta t = 0.003$ ,  $\beta_{\text{int}} = 0.25$ ,  $\mu_{\text{int}} = 1.0$ ,  $c_{\text{int}}^{\text{abst}} = c_{\text{int}}^{\text{anz}} = 2.0$ ,  $n_{\text{ext}} = 1$ ,  $c_{\text{ext}}^{\text{anz}} = c_{\text{ext}}^{\text{abst}} = 0.5$ . Im Gegensatz zu dem in Abschnitt 3.6.2 diskutierten Beispiel wurde hier aber die Optimierung auf der Grundlage eines gaußgefilterten MRIs (Abbildung 3.24) berechnet, um die Bildung glatter Gyri-Trennflächen zu unterstützen. Ein solches Vorgehen kann aber auch im Rahmen der 2D-Optimierung sinnvoll sein.

### 3.7.3 Topologische Optimierung

Mit dem Abschluss der Konstruktion der Gyri-Trennmarkierung im vorangegangenen Abschnitt liegen die nicht zum Gehirn zu zählenden Voxel nun in der Form von zwei Binärbildern vor: Zum einen sind dies die besagten Gyri-Trennmarkierung  $m_{\text{sulci}}$  und zum anderen die mit den Methoden des Abschnitts 3.3 gewonnenen Hintergrundmarkierungen  $m_{\text{Hintergr}}$ . Die Vereinigung dieser beiden Mengen führt nun zu einer Segmentierung des Gehirns<sup>18</sup>:

$$m_{\text{Gehirn}}(\mathbf{r}) = \neg(m_{\text{sulci}}(\mathbf{r}) \vee m_{\text{Hintergr}}(\mathbf{r})).$$

Die Abbildung 3.45 zeigt als Beispiel die Segmentierung des in Abbildung 3.1 eingeführten Gehirns. Alle Nicht-Gehirnvoxel wurden in dieser Abbildung gelb markiert. Diese Voxel stellen also eine Vereinigung der blau markierten Voxel aus Abbildung 3.44 mit den gelb markierten Voxel aus Abbildung 3.20 dar. Die verbleibenden Gehirn-Voxel wurden zur Verdeutlichung in ihren Originalgraustufen (Abbildung 3.1) belassen.

Obwohl die aktuelle Segmentierung bereits von relativ hoher Qualität ist, kann das Resultat in diesem Stadium der Rekonstruktion, abhängig von der Qualität der vorgelegten MRI-Rohdaten, noch Überläufe zwischen anatomisch getrennten Hirnstrukturen enthalten. Einige solcher Problemstellen sind in der Abbildung

<sup>18</sup>Die möglichen „Graustufen“ der Binärbilder, d. h. 0 oder 1, werden hier als Wahrheitswerte aufgefasst und erlauben so die Verwendung der Booleschen Operatoren  $\vee$  und  $\neg$ .

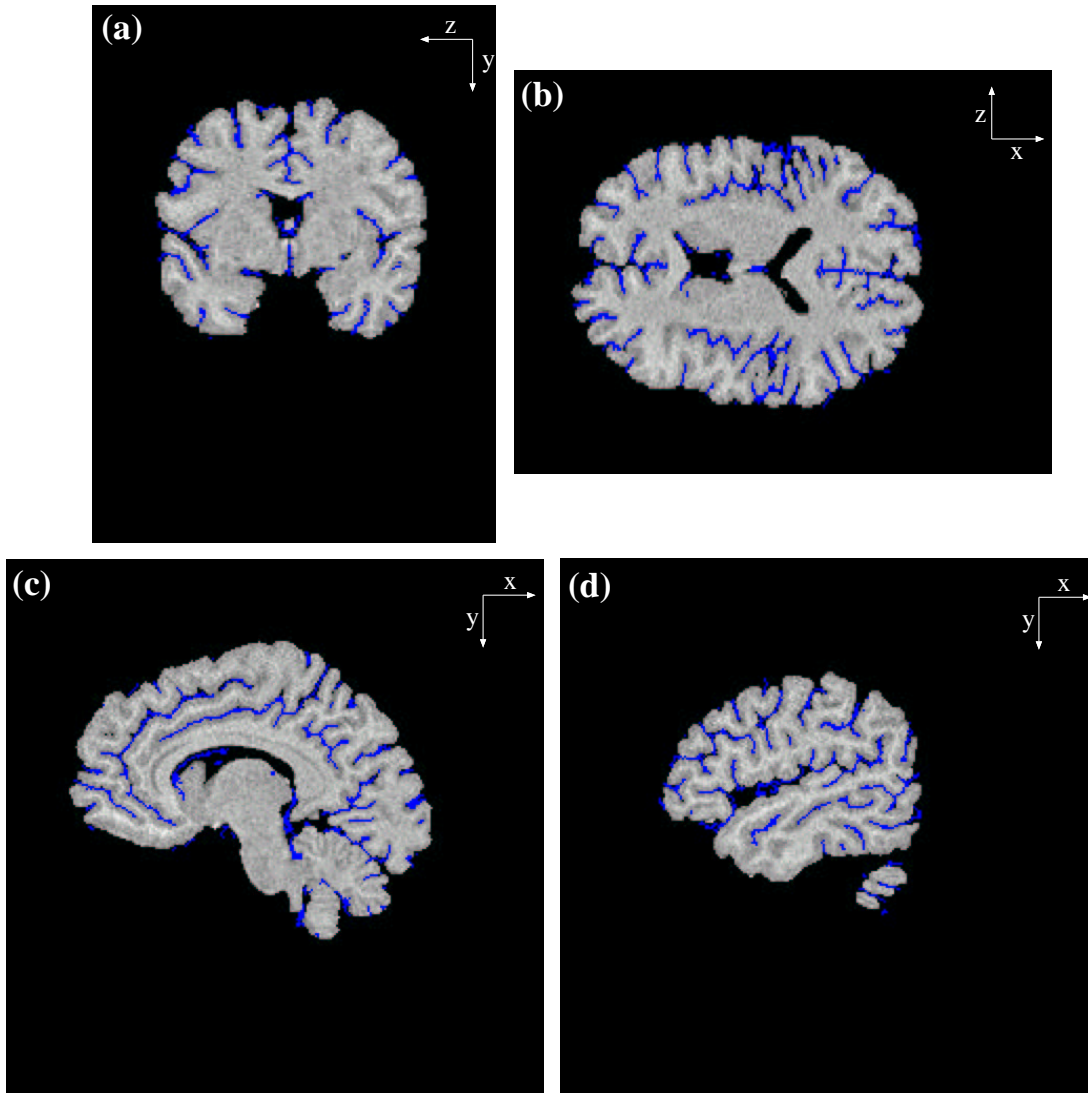


Abbildung 3.44: 3D-Optimierung der Sulci-Markierungen aus Abbildung 3.42. Dem Optimierungsprozess lag das in Abbildung 3.24 vorgestellte geglättete MRI zugrunde.

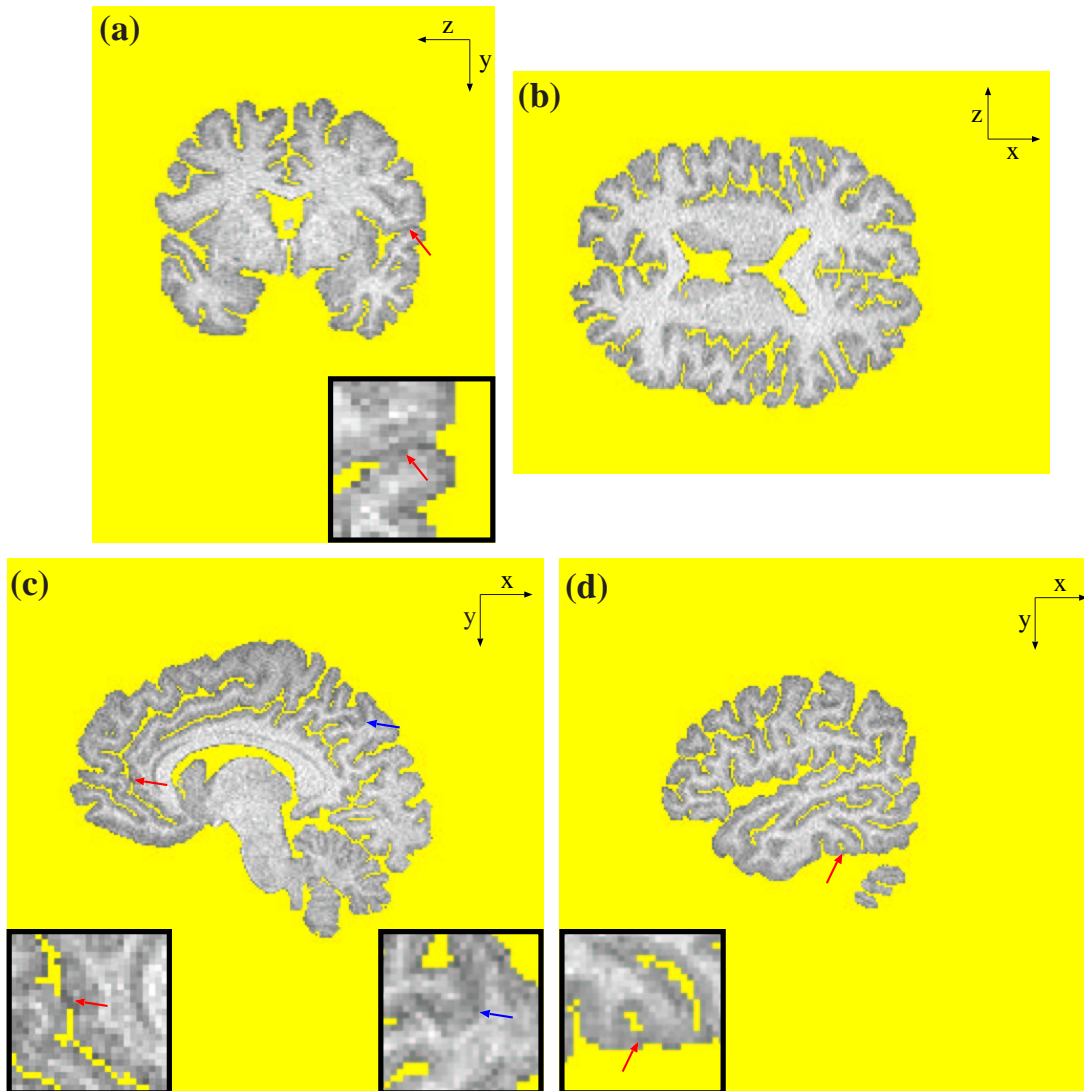


Abbildung 3.45: Segmentierung des Gehirns aus Abbildung 3.1. Alle Voxel, die als nicht zum Gehirn gehörig erkannt wurden, sind gelb eingefärbt. Die Segmentierung konnte noch nicht alle Gyri erfolgreich trennen. Exemplarisch sind einige Segmentierfehler durch farbige Pfeile gekennzeichnet sowie in Detailansichten vergrößert dargestellt. Der blaue Pfeil in (c) verweist auf eine Problemstelle, die bereits in Abbildung 3.28(d) diskutiert wurde.



3.45 durch farbige Pfeile markiert. Es ist hierbei aber zu beachten, dass nicht jeder Übergang von weißer zu grauer und wieder zurück zur weißen Hirnsubstanz in einem MR-Schnitt durch Liquorraum getrennt sein muss. Streift ein MR-Schnitt eine Furchenstruktur nur, so enthält der Schnitt an der fraglichen Stelle ggf. keinen Liquorraum, ohne dass diese spezielle Schnittführung im resultierenden Schnittbild leicht erkennbar wäre (vgl. Abbildung 3.46). Zur schlüssigen Identifizierung von Überläufen genügt also die Betrachtung einer einzelnen Schnittebene nicht, sondern es bedarf in der Regel des Studiums mehrere Schnitte — eventuell sogar verschiedener Orientierung — aus der Umgebung der Problemstelle. Alternativ kann aber auch, bei entsprechenden anatomischen Vorkenntnissen, ein Studium der 3D-Darstellung des Segmentierungsergebnisses hilfreich sein: In Abbildung 3.47 ist das Ergebnis aus Abbildung 3.45 dreidimensional dargestellt (die hierbei verwendete Methodik wird in Abschnitt 3.8 vorgestellt). Der mit dem Pfeil gekennzeichnete Übergang ist ganz offensichtlich ein Rekonstruktionsfehler. Fehler dieser Art entstehen im Verlauf der Furchenextraktion insbesondere bei dem Bemühen, Fehlklassifikationen aus den initialen Furchentrennlinien zu entfernen.

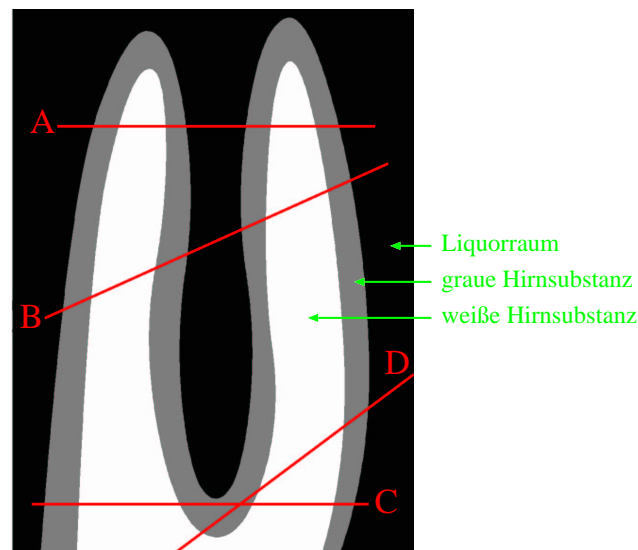


Abbildung 3.46: Die Abbildung zeigt schematisch einen Längsschnitt durch zwei benachbarte Hirnwindungen. Die eingezeichneten roten Linien deuten vier weitere, senkrecht zur dargestellten Schnittrichtung liegende Schnittebenen an. Während die Schnitte A und B die Hirnwindung jeweils einschließlich trennenden Liquorraums darstellen würden, erschiene in den Schnittbildern C und D die Struktur nur als Abfolge von weißer und grauer Hirnsubstanz. Unter ausschließlicher Betrachtung von C bzw. D wäre es i. Allg. nicht möglich zu entscheiden, ob der fehlende Liquorraum Folge einer ungünstigen Schnittführung ist oder einfach nur auf die mangelhafte Qualität des MR-Bildes zurückgeführt werden muss.

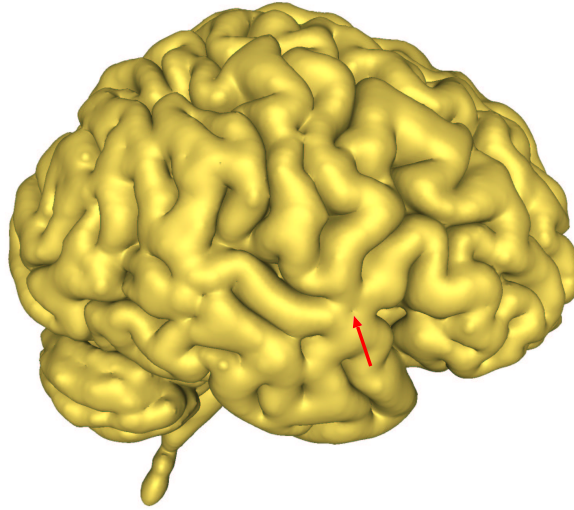


Abbildung 3.47: 3D-Darstellung der Segmentierung aus Abbildung 3.45. Der Pfeil verweist auf eine Problemstelle.

Es ist eine inhärente Schwäche der in den vorangegangenen Abschnitten dargestellten Verfahren zur Manipulation von Linien und Liniennetzwerken, dass sie Lücken in der Sulci-Beschreibung nur schwer erkennen können. Bereichswachstumsverfahren sind hierzu sehr viel besser geeignet und die nun beschriebene auf dem in Abschnitt 2.6.3 eingeführten Verfahren basierende Nachbearbeitungsmethode zeigt sogar, dass die fehlende Information in großen Teilen bereits in der Struktur der aktuellen Segmentierung enthalten ist.

Für die Entfernung der Überläufe wird das in Abschnitt 2.6.3 vorgeschlagene konturorientierte Bereichswachstumsverfahren verwendet. In erster Linie kommt es dabei auf die Möglichkeit eines topologieinvarianten Wachstums an (siehe auch Abschnitt 2.7.4), von der Möglichkeit, Hintergrund- und Gehirnmenge parallel wachsen zu lassen, wird an dieser Stelle keinen Gebrauch gemacht. Ausgehend von einer Segmentierung der weißen Hirnsubstanz vergrößert das Verfahren also die Menge der zum Gehirn gehörigen Voxel<sup>19</sup>  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$  schrittweise in Richtung auf das obige Segmentierungsergebnis  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}$ , welches der Prozess aufgrund der Initialisierung der Konkurrenzmenge  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}}$  mit  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}^{\text{c}}$  nicht überschreiten kann.  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Hintergr}}$  selbst wächst nicht, eine einfache Reproduktion des Ergebnisses  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}$  wird daher nur durch die Forderung der topologischen Invarianz von  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$  verhindert. Wie in Abschnitt 2.6.3 beschrieben, wird jeder Voxel, der im Zuge der Iteration  $i$  zur Wachstumsmenge hinzugenommen werden soll, daraufhin geprüft, ob er die Topologie von  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$  verändern würde. Ist dies der Fall, wird der Voxel aussortiert, d. h. permanent der Hintergrundmenge zugeordnet. Das Endresultat

<sup>19</sup>Zur Notation siehe Abschnitt 2.6.3.

$\mathcal{K}_{\omega^{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  entspricht daher im Wesentlichen<sup>20</sup> dem bisherigen Segmentiererergebnis  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}$  unter Ausschluss der gefundenen nicht-topologieinvarianten Voxel. Dies konkretisiert den Gedanken, dass die fehlenden Informationen schon im Wesentlichen in  $\text{mGehirn}$  enthalten sind: Die zu entfernenden Überläufe stellen sich einfach als Topologiefehler in  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}$  dar.

Welche Voxel sich konkret als nicht-topologieinvariant darstellen, hängt von der Wahl der Wachstumsgeschwindigkeitsfunktion  $v$  ab. Sie muss gewährleisten, dass Einschnürungen in der Wachstumsmenge  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$  und damit die Topologieüberprüfungen an den richtigen Stellen erfolgen. In diesem Zusammenhang haben sich extrem einfache Geschwindigkeitsfunktionen als am erfolgreichsten erwiesen:  $f_c \equiv 1$ ,  $f_g \equiv 0$ . Eine Kantensensitivität, wie sie über  $f_g$  kontrolliert würde, ist hier i. Allg. nicht notwendig, und da das Endresultat zum überwiegenden Teil schon über die Initialmenge  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}^{\text{G}}$  festgelegt ist, ist auch die Wahl von  $f_c$  wenig kritisch. Für  $f_c$  würde damit ein linearer Zusammenhang auf der Hand liegen, der für Voxel niedrigerer Graustufe eine stärkere Verzögerung vorsähe als für Voxel mit Graustufen im Bereich der grauen Hirnsubstanz. Eine solche Wahl wäre durchaus erfolgreich und im Falle einer schlechten Initialmenge  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}^{\text{G}}$  vielleicht auch notwendig; allerdings führt dieser Ansatz auch zu einer weniger glatten Randzone der Wachstumsmenge  $\mathcal{K}_{\omega_i}^{\text{Gehirn}}$ , was im Bereich der Endposition zu artifiziellen, d. h. nicht durch  $\mathcal{B}_{\text{mGehirn}}$  verursachten Einschnürungen führen kann, die wiederum fehlerhafte Topologiebewertungen nach sich ziehen können. Es hat sich daher gezeigt, dass die Wahl von  $f_c \equiv 1$  zu einem weniger zerklüfteten Rand für  $\mathcal{K}_{\omega^{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  führt, als dies bei einem komplexeren  $f_c$  in der Regel der Fall wäre.

Abbildung 3.48 zeigt das Ergebnis dieser topologischen Optimierung, angewandt auf das Segmentiererresultat aus Abbildung 3.45.

### 3.8 Oberflächendarstellung

Die Segmentierung des Gehirns und damit implizit die Rekonstruktion der Kortexoberfläche wurde im letzten Abschnitt abgeschlossen. Allerdings ist die Repräsentation als dreidimensionales Binärbild für viele weiterverarbeitende Methoden ungeeignet; vielfach wird das Rekonstruktionsergebnis statt dessen als Polygonnetz, vorzugsweise als Dreiecksnetz, gewünscht.

Für die Triangularisierung von Volumendaten existieren eine Vielzahl mehr oder weniger komplexer Verfahren [101, 111, 65, 66]. Zumindest innerhalb des Rahmens, in dem das hier vorgestellte Rekonstruktionsverfahren entwickelt wurde, d. h. insbesondere für die Unterstützung von Quellenlokalisationsverfahren innerhalb der Analyse von MEG-Daten sowie der Visualisierung des Kortex über einen Surface-Renderer<sup>21</sup> hat sich aber der folgende relativ simple Triangularisie-

<sup>20</sup>Es wird vorausgesetzt, dass  $i_{\max}$  wie üblich so gewählt wird, dass das Ergebnis nicht wesentlich vom stationären Zustand entfernt ist:  $\mathcal{K}_{\omega^{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}} \approx \mathcal{K}_{\omega_{\infty}}^{\text{Gehirn}}$ .

<sup>21</sup>Im Gegensatz zu den im Abschnitt 3.4 eingeführten Volume-Renderern dienen Surface-

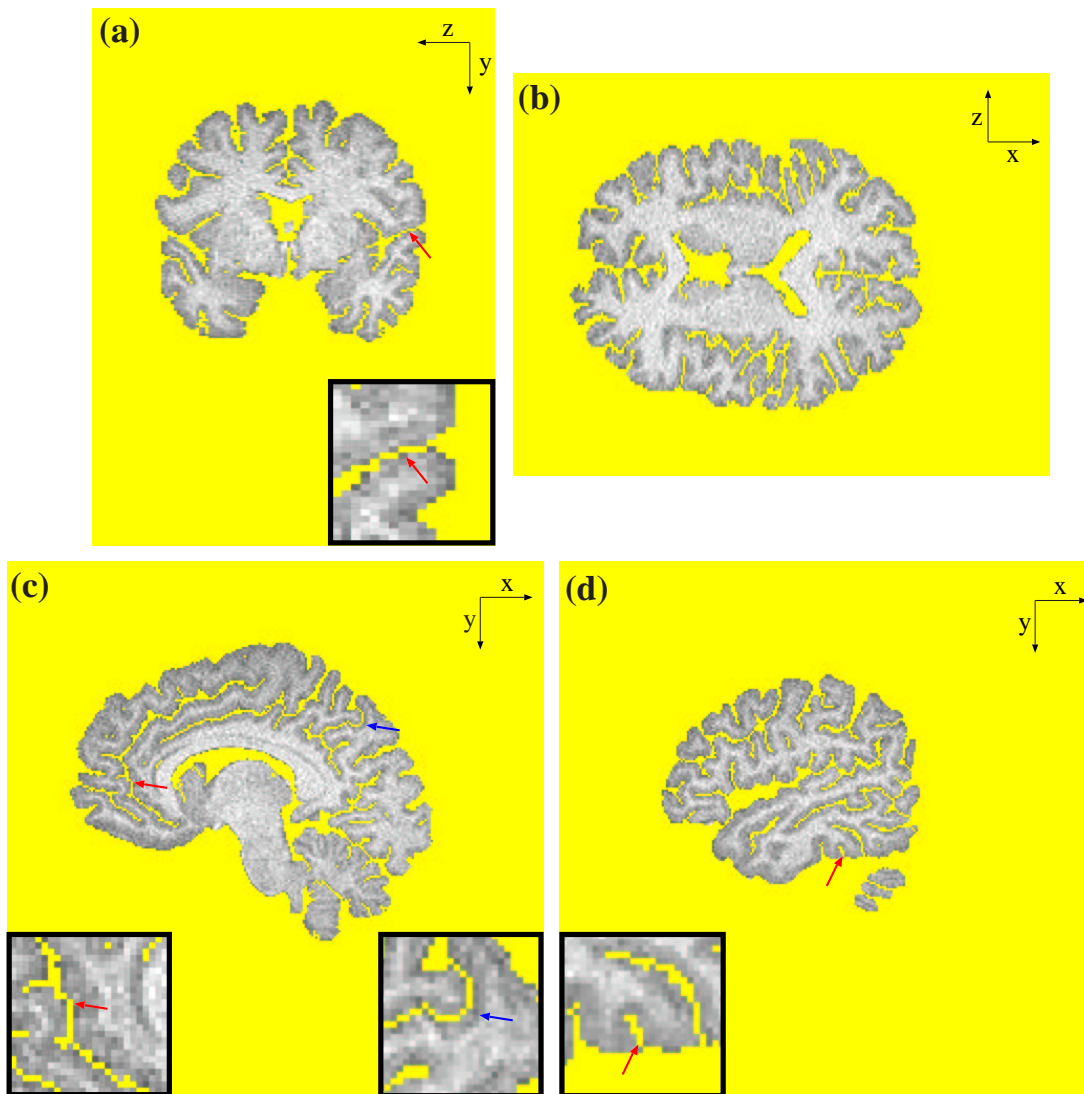


Abbildung 3.48: Topologiekorrektur der Segmentierung aus Abbildung 3.45. Als Initialmenge  $\mathcal{K}_{\omega_0}^{\text{Gehirn}}$  wurde die in Abbildung 3.25 gezeigte Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz verwendet. Die Segmentierung aus Abbildung 3.45 floss in diesen Prozess als Initialisierung  $\mathcal{K}_{\omega_0}^{\text{Hintergr}}$  der Hintergrundmenge ein. Die Anzahl der Iterationen betrug  $i_{\max} = 20$ . Die über die Pfeile markierten Segmentierfehler (vgl. Abbildung 3.45) konnten offensichtlich beseitigt werden. Es ist hier zu beachten, dass die Zusammenhangsstruktur für die Hintergrundmenge (gelb) die 26-Nachbarschaft, für das segmentierte Gehirn aber die 6-Nachbarschaft ist. Zum Gehirn gehörige Voxel, die sich nur in einem Punkt oder nur entlang einer Kante berühren, gelten daher als nicht verbunden.

rungsansatz als ausreichend erwiesen, zumal das erzeugte Polygonnetz in einem nachbearbeitenden Schritt explizit geglättet wird:

Fasst man die Voxel  $\mathbf{r} \in \mathbb{Z}^3$  als achsenparallele Quader der Dimension  $\Delta x \times \Delta y \times \Delta z$  mit Schwerpunkt in  $\mathbf{r}$  auf, so lassen sich für jedes  $\mathbf{r}$  acht Vertices,  $v_1^{(\mathbf{r})}, \dots, v_8^{(\mathbf{r})}$ , angeben, die acht Ecken des betrachteten Quaders. Je zwei dieser Ecken sind über eine Kante  $f_j^{(\mathbf{r})} = \{v_{i_1(j)}^{(\mathbf{r})}, v_{i_2(j)}^{(\mathbf{r})}\}$ ,  $j = 1, \dots, 12$ , miteinander verbunden und je vier dieser Ecken bilden eine Fläche  $F_k^{(\mathbf{r})} = \{f_{j_1(k)}^{(\mathbf{r})}, f_{j_2(k)}^{(\mathbf{r})}, f_{j_3(k)}^{(\mathbf{r})}, f_{j_4(k)}^{(\mathbf{r})}\}$ ,  $k = 1, \dots, 6$ . Eine auf diese Weise definierte Fläche  $F$  gehört stets zu genau zwei Voxel  $\mathbf{r}_1$  und  $\mathbf{r}_2$ , eine Eigenschaft, die gleichbedeutend mit der 6-Nachbarschaft dieser Voxel ist. Eine Fläche  $F$  heißt nun *frei*, wenn genau einer dieser Voxel aus dem Segmentierresultat  $\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  stammt:  $|\{\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2\} \cap \mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}| = 1$ .

Sei nun  $\mathcal{F}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}})$  die Menge aller bezüglich  $\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  freien Flächen, so lässt sich hieraus die Menge der zugehörigen Kanten  $\mathcal{K}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}})$  und daraus wiederum die Menge der zugehörigen Vertices  $\mathcal{V}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}})$  ableiten. Insgesamt ergibt sich dann über  $\mathcal{P}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}) = \langle \mathcal{F}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}), \mathcal{K}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}), \mathcal{V}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}) \rangle$  dann eine Zerlegung der Oberfläche von  $\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  in Polygone. Ist eine Triangularisierung  $\mathcal{T}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}})$  erwünscht<sup>22</sup>, so kann diese aus  $\mathcal{P}(\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}})$  leicht durch die Zerlegung der Rechtecke in jeweils zwei Dreiecksflächen bestimmt werden.

Das auf diese Weise erhaltene Polygonnetz ist zwar fehlerfrei, zunächst aber nur schwer auszuwerten, da sich die extrahierte Oberfläche im Prinzip weiterhin als eine Sammlung von Voxeln darstellt und nicht als glatte Fläche. Insbesondere liegen alle Oberflächennormalen parallel zu den drei Koordinatenachsen, beschreiben also den lokalen Verlauf der Gehirnoberfläche nur äußerst unzureichend. Ein Surface-Renderer, der 3D-Objekte im Wesentlichen dadurch darstellt, dass er Normalenverläufe in Oberflächenschattierungen umwandelt, würde dieses

---

Renderer der Darstellung von explizit als Polygonflächen vorliegenden Oberflächendaten. Es existieren verschiedene Ansätze für Surface-Renderer [14, 16], die sich i. Allg. durch das zugrunde liegende Beleuchtungsmodell unterscheiden. Im einfachsten Fall wird die Darstellung der Polygonflächen ausschließlich über ihre relative Orientierung zu den in der Szene platzierten Lichtquellen unter Einbeziehung eines geeigneten Interpolationsverfahrens (Gouraud- oder Phong-Schattierung) bestimmt. Alle in dieser Arbeit gezeigten 3D-Szenen wurden unter Verwendung der Grafikbibliothek OpenGL im Rahmen dieses Beleuchtungsmodells berechnet. Surface-Renderer, die auf diesem Beleuchtungsmodell beruhen, sind relativ schnell, was das Verfahren insbesondere für die interaktive Darstellung von 3D-Szenen geeignet macht. Komplexere Details, wie z. B. Schatten, sind in diesem Modell aber nicht möglich, hierzu sind rechenaufwändigere Verfahren wie z. B. die Ray-Tracing-Technik oder das Radiosity-Verfahren nötig.

<sup>22</sup>Dreiecke sind aufgrund ihrer einfachen Geometrie für vielen Anwendungen von besonderem Interesse. So sind Dreiecke beispielsweise immer konvex und immer eben (alle Eckpunkte liegen in einer Ebene). Schon bei Hinzunahme eines weiteren Eckpunktes ist dies nicht mehr der Fall und muss dann gesondert kontrolliert bzw. erzwungen werden. Insbesondere arbeiten alle Surface-Renderer auf der Basis von Dreiecksflächen. Erlauben sie auch die Angabe von (flachen und konvexen) Polygonen höherer Eckpunktzahl, so zerlegt der Renderer diese Polygone vor der Verarbeitung intern in Dreiecke.

Polygonnetz daher als größtenteils detaillosen Fleck darstellen, aus dem praktisch nichts weiter als die Silhouette des Gehirn entnommen werden könnte. Aus diesem Grund wird das Polygonnetz über ein weiter unten beschriebenes iteratives Verfahren geglättet. Als Vorbereitung hierzu wird das Polygonnetz nicht direkt aus der Menge  $\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  abgeleitet, sondern aus einer Voxelmenge  $\mathcal{B}_2^{\text{Gehirn}}$ , die sich in zwei Schritten aus  $\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  ableitet:

Sind die zugrunde liegenden Voxel nicht isotrop, so treten im zugehörigen Polygonnetz Kanten unterschiedlicher Länge auf. Da das Glättungsverfahren später aber Verzerrungen über die Länge von Polygonkanten zu erkennen versucht, muss hier eine identische initiale Kantenlänge gefordert werden. Sind daher die Voxel nicht von vornherein isotrop, so wird aus  $\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  eine äquivalente Menge  $\mathcal{B}_1^{\text{Gehirn}}$  abgeleitet, die auf isotropen Voxeln mit der gemeinsamen Ausdehnung  $\Delta = \min(\Delta x, \Delta y, \Delta z)$  basiert. Wenn  $\mathbf{m}$  das zu  $\mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$  gehörige dreidimensionale Binärbild bezeichnet,  $m(\mathbf{r}) = 1 \iff \mathbf{r} \in \mathcal{K}_{\omega_{i_{\max}}}^{\text{Gehirn}}$ , so wird hierzu ein äquivalentes, auf der isotropen Voxelausdehnung  $\Delta$  basierendes digitales Bild  $\tilde{\mathbf{m}}$  durch trilineare Interpolation [120] bestimmt, aus dem sich  $\mathcal{B}_1^{\text{Gehirn}}$  dann über

$$\mathbf{r} \in \mathcal{B}_1^{\text{Gehirn}} \iff \tilde{m}(\mathbf{r}) > 0.5$$

berechnet.

Für eine Oberfläche  $\mathcal{O} \subset \mathbb{R}^3$  ist i. Allg. zu fordern, dass die lokale Umgebung jeden Punktes der Menge  $\mathcal{O}$  zweidimensional ist, dass also für jeden Punkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{O}$  eine  $\epsilon$ -Umgebung  $\mathcal{U}_\epsilon(\mathbf{r}) = \{\mathbf{u} \in \mathbb{R}^3 : |\mathbf{u} - \mathbf{r}| < \epsilon\}$ ,  $\epsilon > 0$ , existiert, für welche  $\mathcal{U}_\epsilon(\mathbf{r}) \cap \mathcal{O}$  homöomorph zu einer offenen Kreisscheibe ist. Für zwei Voxel, die sich nur entlang einer Kante berühren, ist dies aber offensichtlich nicht der Fall. Im resultierenden Polygonnetz würde jeder Punkt entlang der verbindenden Kante zu vier verschiedenen Flächen benachbart liegen und wäre sicherlich nicht als Punkt einer zweidimensionalen Mannigfaltigkeit interpretierbar. Ganz ähnliche Probleme ergeben sich bei Voxeln, die nur einen einzelnen gemeinsamen Eckpunkt haben. Auch dieser Eckpunkt kann nicht als Teil einer zweidimensionalen Oberfläche aufgefasst werden. Die Eigenschaft der Kortexoberfläche, eine zweidimensionale Mannigfaltigkeit darzustellen, ist aber sowohl für das Glättungsverfahren als auch für verschiedene weiterverarbeitende Methoden wichtig. Um einen zweidimensionalen Charakter für das zu konstruierende Polygonnetz sicherzustellen, werden aus  $\mathcal{B}_1^{\text{Gehirn}}$  daher alle Voxel entfernt, die derartige Kanten- oder Einpunkt-Verbindungen aufweisen:

Sei hierzu  $(\mathcal{Q}_i)_{i \in \mathbb{N}_0}$  eine Folge von Voxelmengen und sei für jedes  $\mathcal{Q}_i$  eine Teilmenge  $\mathcal{D}_i$  konstruiert, die alle Voxel aus  $\mathcal{Q}_i$  enthält, die mit mindestens einem weiteren Voxel in unzulässiger Weise über nur eine einzige Kante oder über nur einen einzelnen Eckpunkt verbunden sind (Abbildung 3.49).  $\mathcal{Q}_0$  wird mit  $\mathcal{B}_1^{\text{Gehirn}}$  initialisiert und für jedes  $i \in \mathbb{N}$  wird nun aus  $\mathcal{D}_i$  ein beliebiges Voxel  $\mathbf{r}$  entnommen, für das

$$|\mathcal{U}_6(\mathbf{r}) \cap \mathcal{Q}_i| \leq |\mathcal{U}_6(\mathbf{u}) \cap \mathcal{Q}_i| \quad \forall \mathbf{u} \in \mathcal{Q}_i$$



gilt.  $\mathcal{Q}_{i+1}$  entsteht nun aus  $\mathcal{Q}_i$  durch Löschen dieses Voxels,

$$\mathcal{Q}_{i+1} \stackrel{\text{def}}{=} \mathcal{Q}_i \setminus \{\mathbf{r}\},$$

und  $\mathcal{D}_{i+1}$  wird gemäß obiger Vorschrift aus  $\mathcal{Q}_{i+1}$  abgeleitet. Offensichtlich existiert ein  $n \in \mathbb{N}_0$  mit  $\mathcal{D}_n = \emptyset$ .  $\mathcal{B}_2^{\text{Gehirn}}$  ist dann gerade die größte 6-Zusammenhangskomponente aus  $\mathcal{Q}_n$ .

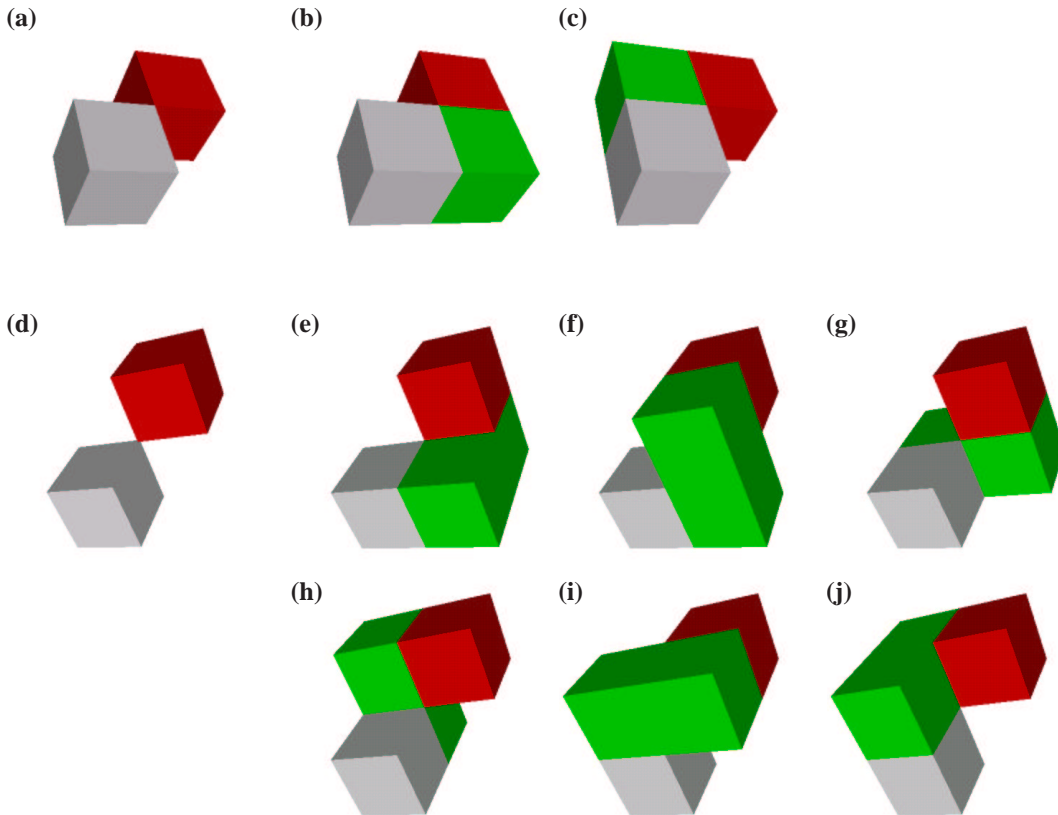


Abbildung 3.49: Kanten- und Einpunktverbindungen. In (a) bis (c) sind alle relevanten Konfigurationen gezeigt, bei denen zwei Voxel nur über eine einzige Kante miteinander verbunden sind. Nur die Konfiguration (a) ist unzulässig. Analog hierzu zeigen (d) bis (j) alle relevanten Konfigurationen, bei denen zwei Voxel nur einen einzelnen Eckpunkt gemeinsam haben. Von diesen Konfigurationen ist nur die Konfiguration (d) unzulässig.

Das resultierende Polygonnetz  $\mathcal{P}(\mathcal{B}_2^{\text{Gehirn}})$  wird nun in einem iterativen Prozess geglättet, bei dem die Topologie des Netzes, also  $\mathcal{F}(\mathcal{B}_2^{\text{Gehirn}})$  und  $\mathcal{K}(\mathcal{B}_2^{\text{Gehirn}})$  unverändert bleibt, jeder Vertexpunkt  $\mathbf{r} \in \mathcal{V}(\mathcal{B}_2^{\text{Gehirn}})$  sich aber unter dem Einfluss

seiner unmittelbaren Nachbarn  $\mathbf{r}_1, \dots, \mathbf{r}_s$ ,  $s \in \mathbb{N}$ , gemäß

$$\mathbf{r} \mapsto \mathbf{r} + \frac{dt}{s} \sum_{i=1}^s (\mathbf{r}_i - \mathbf{r})$$

verschiebt. Ein unmittelbarer Nachbar eines Vertex  $\mathbf{r}$  ist dabei jeder andere Vertex  $\mathbf{q}$ , der mit  $\mathbf{r}$  über eine Polygonkante verbunden ist. Die Konstante  $0 < dt \ll 1$ , ein typischer Wert ist  $dt = 0.01$ , dient der Stabilität des Verfahrens, indem sie gewährleistet, dass die Verrückung von  $\mathbf{r}$  in jedem Iterationsschritt klein bleibt. Das Glättungsverfahren endet nach einer vorgegebenen Anzahl von Iterationsschritten.

Der Glättungsalgorithmus ist [36] entnommen. Das Verfahren wird dort durch Hinzufügung weiterer MRI-abhängiger Kräfte zu einem Segmentierverfahren ausgebaut.

Offensichtlich tendiert das Glättungsverfahren dazu, die Gesamtgröße des dargestellten Objekts, hier also des Gehirns, zu reduzieren. Der Algorithmus darf daher, abhängig von der Wahl von  $dt$ , nur eine begrenzte Anzahl von Iterationsschritten durchlaufen, da die mittlere Abweichung der alten Vertexpositionen von den Positionen nach der Glättung die Auflösung des zugrunde liegenden MRIs nicht übersteigen sollte. Zusätzlich kann der Größenabnahme durch einen einmaligen Zusatzschritt entgegengewirkt werden:

Sei wiederum  $\mathbf{r}$  ein Vertexpunkt und  $\mathbf{r}_1, \dots, \mathbf{r}_s$ ,  $s \in \mathbb{N}$ , seine unmittelbaren Nachbarpunkte. Die Nachbarvertices seien hier so um  $\mathbf{r}$  herum angeordnet, dass ihre obige Aufzählung gerade eine Bewegung um  $\mathbf{r}$  gegen den Uhrzeigersinn beschreibt. Dann ergibt sich über

$$\begin{aligned} \mathbf{n} &= \sum_{i=1}^{s-1} (\mathbf{r}_i \times \mathbf{r}_{i+1}) + (\mathbf{r}_s \times \mathbf{r}_1), \\ \hat{\mathbf{n}} &= \frac{\mathbf{n}}{|\mathbf{n}|} \end{aligned}$$

ein Schätzwert für die lokale Oberflächennormale an der Stelle  $\mathbf{r}$ . Der Verkleinerung des Polygonnetzes kann nun durch die Transformation

$$\mathbf{r} \mapsto \mathbf{r} + \lambda \hat{\mathbf{n}}$$

entgegengewirkt werden.  $\lambda$  ist dabei gemäß der mittleren Abweichung zu wählen, die die Vertices durch den Glättungsprozess erfahren haben.

Die Abbildung 3.50 zeigt verschiedene 3D-Ansichten der in Abbildung 3.48 vorgestellten Segmentierung. Das Polygonnetz wurde aus dieser Rekonstruktion gemäß dem eben dargestellten Verfahren abgeleitet.

Ein Vergleich von 3.50(c) mit 3.47 zeigt, dass die topologische Optimierung aus Abschnitt 3.7.3 tatsächlich in der Lage war, die kritisierten Überläufe zu unterbinden. Interessant ist auch ein Vergleich der hier dargestellten Resultate mit den in Abbildung 3.21 gezeigten Volume-Rendering-Ergebnissen.

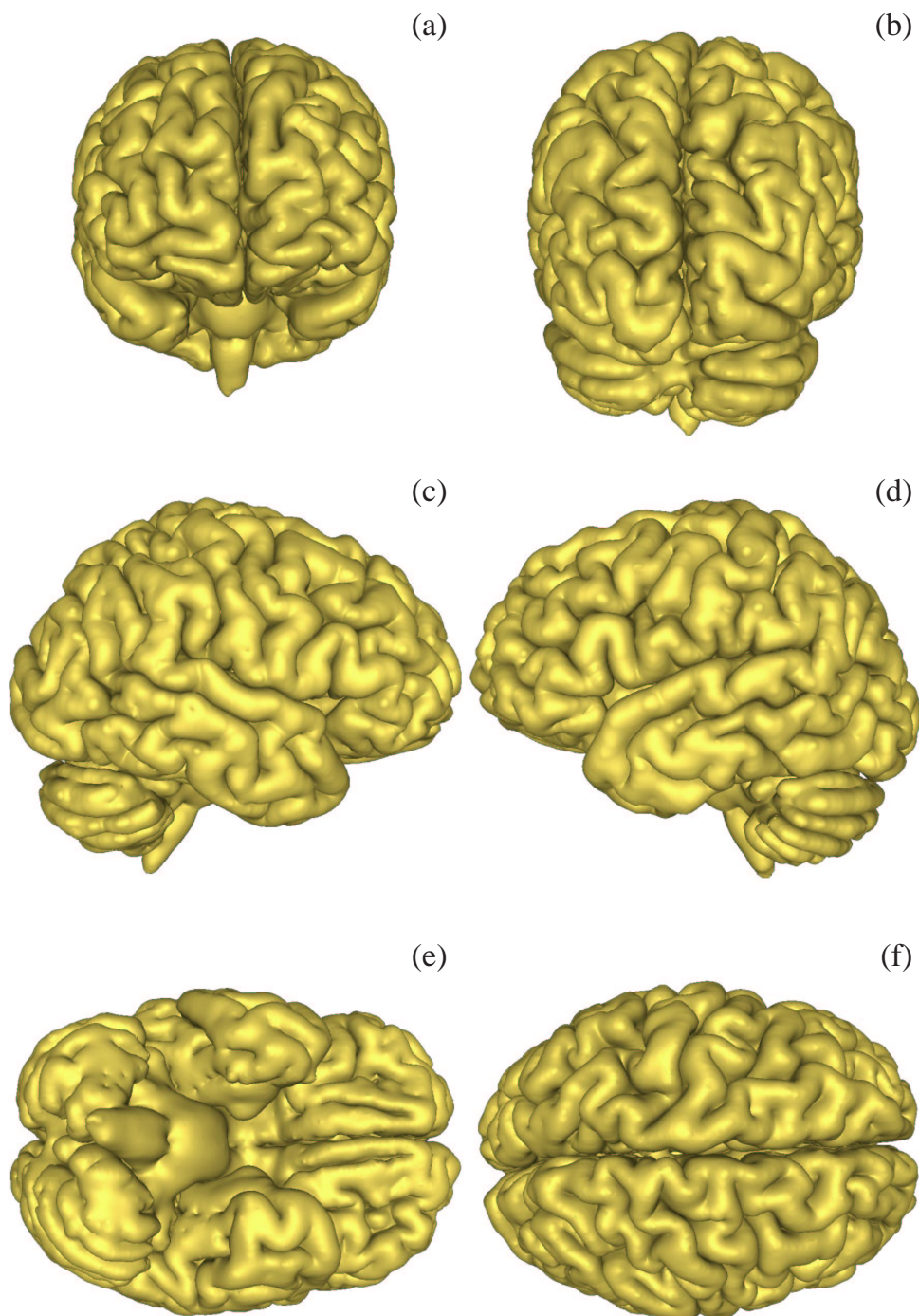


Abbildung 3.50: 3D-Darstellung des Segmentierergebnisses aus Abbildung 3.48. In (a) ist die Vorderseite, in (b) die Hinterseite, in (c) die rechte Seite, in (d) die linke Seite, in (e) die Unterseite und in (f) die Oberseite (Vorderseite rechts) des Gehirns gezeigt.

### 3.9 Vergleich mit SPM99 und FSL

Zur Einordnung der in den beiden vorangegangenen Abschnitten erzielten Resultate (Abbildungen 3.48 und 3.50) wird das MRI aus Abbildung 3.1 hier zum Vergleich nochmals über zwei weit verbreitete Bildanalyse-Tools segmentiert: SPM99 und FSL.

SPM99 (Statistical Parametric Mapping) ist ein Softwarepaket zur statistischen Auswertung von SPECT-, PET- und fMRI-Studien und wird kostenfrei<sup>23</sup> unter der Web-Adresse <http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/> zur Verfügung gestellt. Das Programmpaket hat im Bereich der Auswertung von fMRI-Studien beinahe den Charakter eines Standards und wurde hier insbesondere aufgrund seiner weiten Verbreitung als Vergleichsmaßstab ausgewählt. Die Grundzüge des in diesem Programmpaket implementierten Segmentierverfahrens wurden im Abschnitt 1.2.3 erläutert.

FSL (FMRIB Software Library) ist eine Bibliothek von Softwarewerkzeugen zur funktionellen und strukturellen Analyse von Gehirn-Bildern und wurde hauptsächlich von den Mitgliedern der Image Analysis Group, FMRIB, Oxford, UK (<http://www.fmrib.ox.ac.uk/analysis/>) entwickelt. Für nicht-kommerzielle Zwecke ist die Verwendung des Programmpakets kostenfrei (<http://www.fmrib.ox.ac.uk/fsl>). FSL enthält insbesondere eine Implementierung des im Abschnitt 1.2.3 ausführlich diskutierten Segmentierverfahrens von Zhang *et al.* [187]. Das Verfahren trägt im Rahmen dieser Programmsammlung die Bezeichnung FAST (FMRIB's Automated Segmentation Tool) und ist hier von besonderem Interesse, weil es ein führendes statistisches Segmentierverfahren auf der Basis von *Markov Random Fields* darstellt, einer Verfahrensgruppe, die gegenwärtig wohl die Hauptströmung im Bereich der Verfahren zur Segmentierung des Gehirns aus MR-Daten darstellt. Um gute Ergebnisse liefern zu können erwartet FAST aber — analog zu den weiterführenden Verfahren der Abschnitte 3.5 bis 3.7 — eine vorangehende Freistellung des Gehirns (vgl. auch Abschnitt 3.3). Im Rahmen der Programmbibliothek FSL ist hierfür das Programm BET (Brain Extraction Tool) vorgesehen. Die Details dieses Verfahrens findet man in [149].

Die von BET gelieferte Freistellung des Gehirns aus Abbildung 3.1 ist in Abbildung 3.51 gezeigt. BET benötigt praktisch keinerlei manuelle Parametrisierung, erzeugt bei diesem zugegebenermaßen etwas schwierigen Datensatz leider aber auch kein völlig überzeugendes Ergebnis. Abbildung 3.51 ist genau so kodiert wie das Freistellungsergebnis aus Abbildung 3.20, d. h. Bildteile, die vom Verfahren als nicht zum Gehirn gehörig erkannt wurden, sind in Gelb dargestellt. Offensichtlich wurden hier größere Teile hirnfremden Gewebes fälschlich zum Gehirn hinzugerechnet.

Der eigentliche Untersuchungsgegenstand ist hier aber die Segmentierleistung des FAST-Algorithmus. Es wurde daher versucht, die Freistellung durch das BET-

---

<sup>23</sup>Allerdings wird zum Betreiben das kommerzielle Programmpaket MATLAB benötigt.

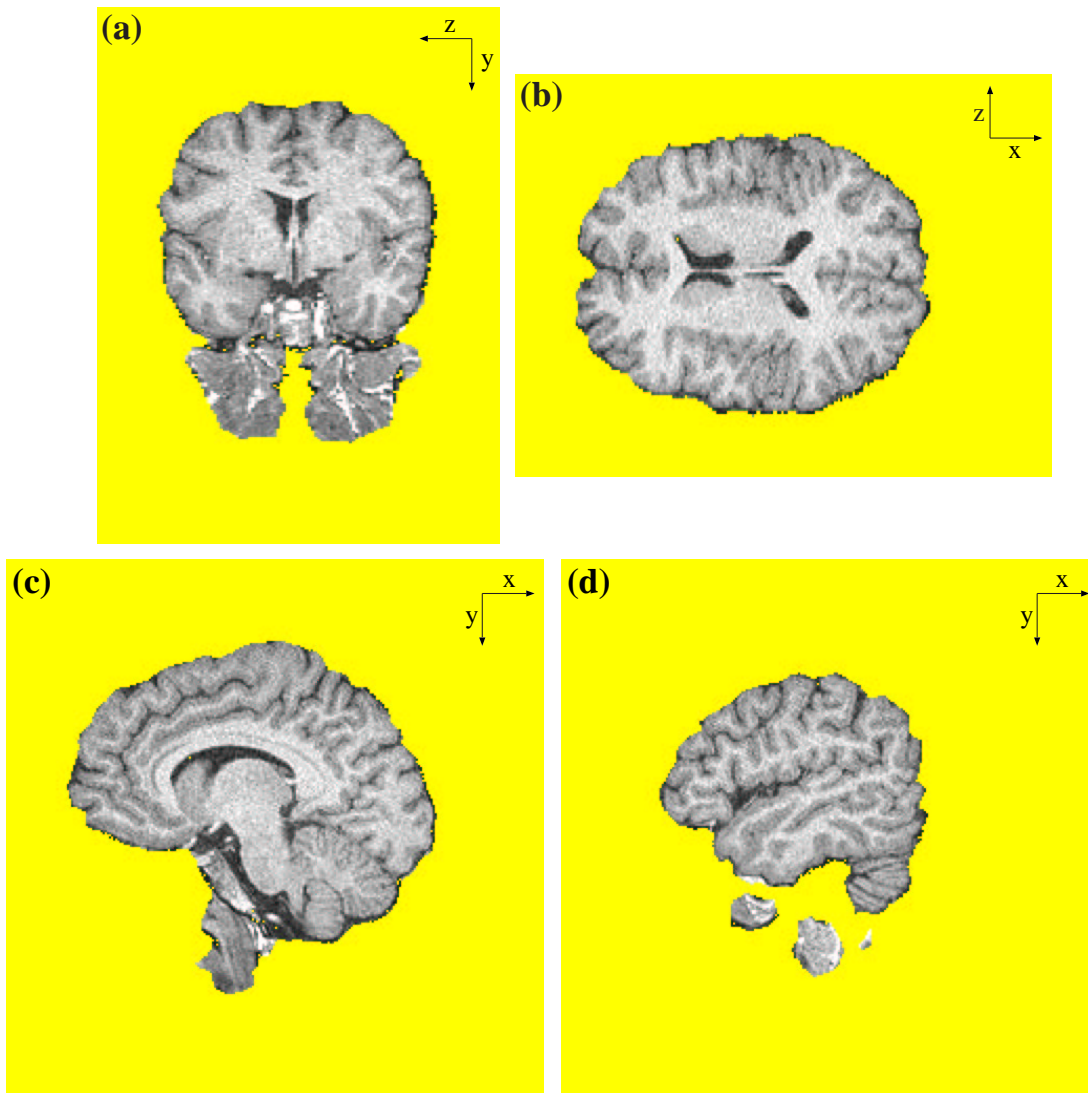


Abbildung 3.51: Freistellung des Gehirns aus Abbildung 3.1 nach dem BET-Algorithmus der Programmbibliothek FSL.



Verfahren durch das Resultat aus Abbildung 3.20 zu ersetzen. Diese Daten waren von FAST aber praktisch nicht segmentierbar. Das Resultat zeigte eine größtenteils willkürlich anmutende Aufteilung des Graustufenbereichs zwischen Liquorraum, weißer und grauer Hirnsubstanz. Tatsächlich ist das Resultat aus Abbildung 3.20 zu „gut“, um mit einem statistischen Klassifizierer weiterverarbeitet werden zu können: Ein Vergleich zwischen den Abbildungen 3.20 und 3.51 zeigt neben den Klassifizierungsfehlern in Abbildung 3.51 auch eine wesentlich andere Behandlung des Liquorraums. Während in Abbildung 3.51 keinerlei Furchentrennung versucht wurde, wurde die Freistellung in Abbildung 3.20 so weit in Richtung Segmentierung des Gehirns vorangetrieben, dass offensichtlich nicht mehr genügend Liquorraum für eine statistische Analyse durch FAST zur Verfügung stand.

Eine manuelle Korrektur des in Abbildung 3.51 gezeigten Resultats ist aber aufgrund der dreidimensionalen Struktur des Fehlers extrem aufwändig. Da eine solche Korrektur für den hier beabsichtigten Vergleich nicht zwingend notwendig ist<sup>24</sup>, wurde das BET-Resultat für die Untersuchung des FAST-Algorithmus unverändert beibehalten.

Die Anwendung des FAST-Algorithmus auf die Freistellung aus Abbildung 3.51 zeigt Abbildung 3.52. Analog zur Abbildung 3.48 wurden hier alle als nicht zum Gehirn gehörig klassifizierten Voxel gelb eingefärbt, während die Voxel des segmentierten Gehirns in ihren Originalgraustufen (Abbildung 3.1) dargestellt sind. Ein Vergleich mit dem Resultat aus Abbildung 3.48 zeigt die besondere Leistungsfähigkeit des in dieser Arbeit vorgeschlagenen Verfahrens in der Separierung enger Furchenstrukturen. Während in Abbildung 3.48 im Wesentlichen alle anatomisch unzusammenhängenden Gyri getrennt wurden, ist dies in Abbildung 3.52 nur für hinreichend breite Furchen sicher gelungen. Aufgrund der stärker geometrischen Ausrichtung des hier entwickelten Verfahrens konnten auch Hirnwindungen getrennt werden, für die von FAST keine statistisch relevante Grauwertabsenkung in Richtung Liquorraum mehr erkannt werden konnte.

Das Segmentierungsergebnis des in SPM99 implementierten Verfahrens zeigt Abbildung 3.53. Dieses Verfahren benötigt keine explizite Freistellung des Gehirns, operiert daher direkt auf dem in Abbildung 3.1 gezeigten MRI. Das hier erzielte Resultat ist offensichtlich mit dem in Abbildung 3.52 gezeigten Resultat vergleichbar, wobei das Ergebnis des FAST-Verfahrens insgesamt etwas besser ist (unter Vernachlässigung der durch Abbildung 3.51 eingebrachten Fehler). Allerdings benötigt SPM99 keine explizite Vorverarbeitung und hatte offensichtlich auch keine größeren Schwierigkeiten, das Gehirn freizustellen.

Die Abbildung 3.54 zeigt das Rekonstruktionsergebnis aus Abbildung 3.52 als

---

<sup>24</sup>Tatsächlich könnten hirn fremde Gewebeanteile den FAST-Algorithmus negativ beeinflussen, da dieser nur drei verschiedene Gewebeklassen erwartet. Durch eine schnelle manuelle Entfernung der überschüssigen Gewebeanteile, bei der im Unterschied zu einer sorgfältigen Korrektur keine Rücksicht auf benachbart liegendes Hirngewebe genommen wurde, konnte aber überprüft werden, dass der FAST-Algorithmus durch die in Abbildung 3.51 gezeigten Fehler nicht entscheidend gestört wird.



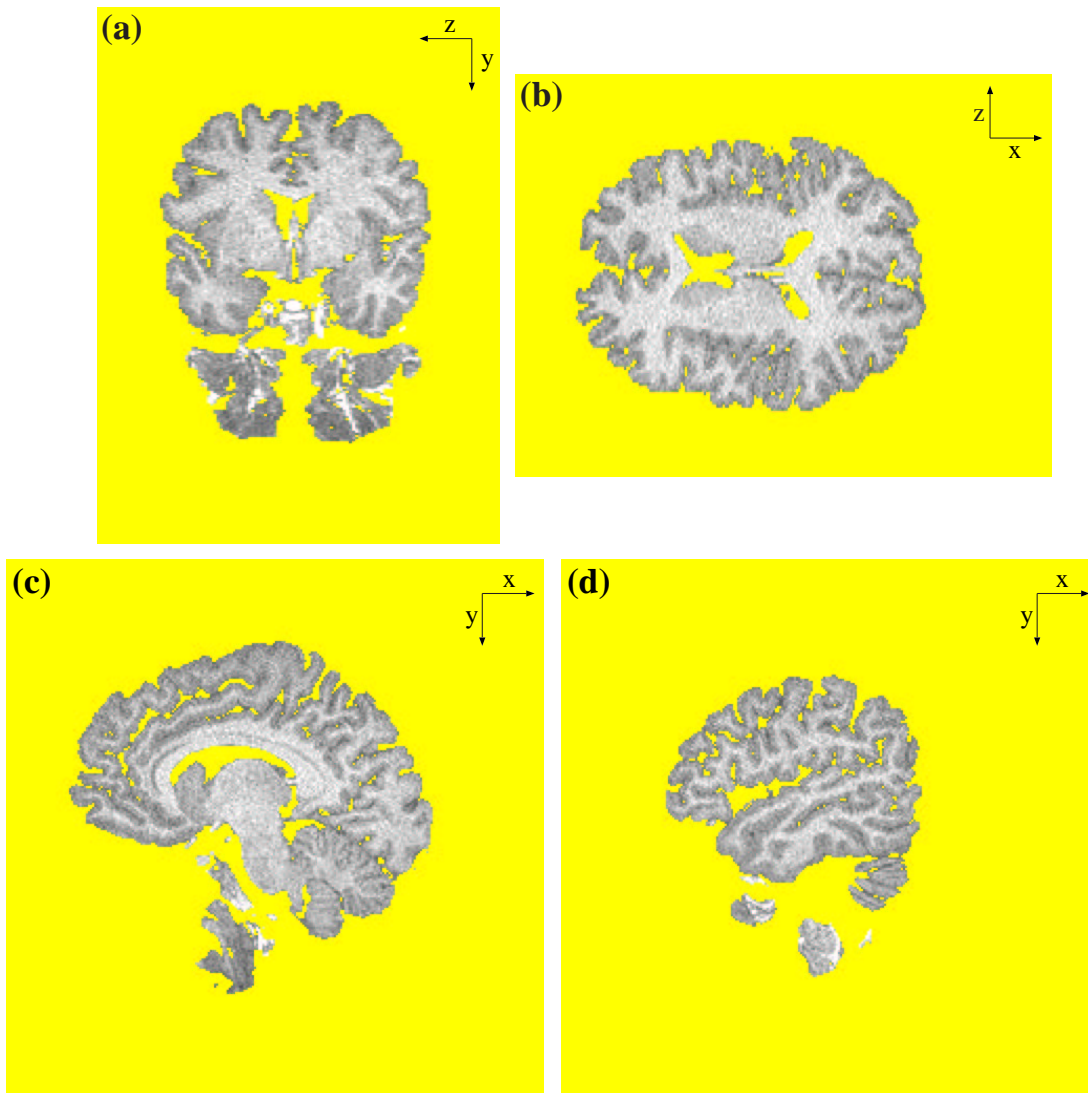


Abbildung 3.52: Anwendung des FAST-Algorithmus der Programmbibliothek FSL auf das in Abbildung 3.51 gezeigte Freistellungsresultat.

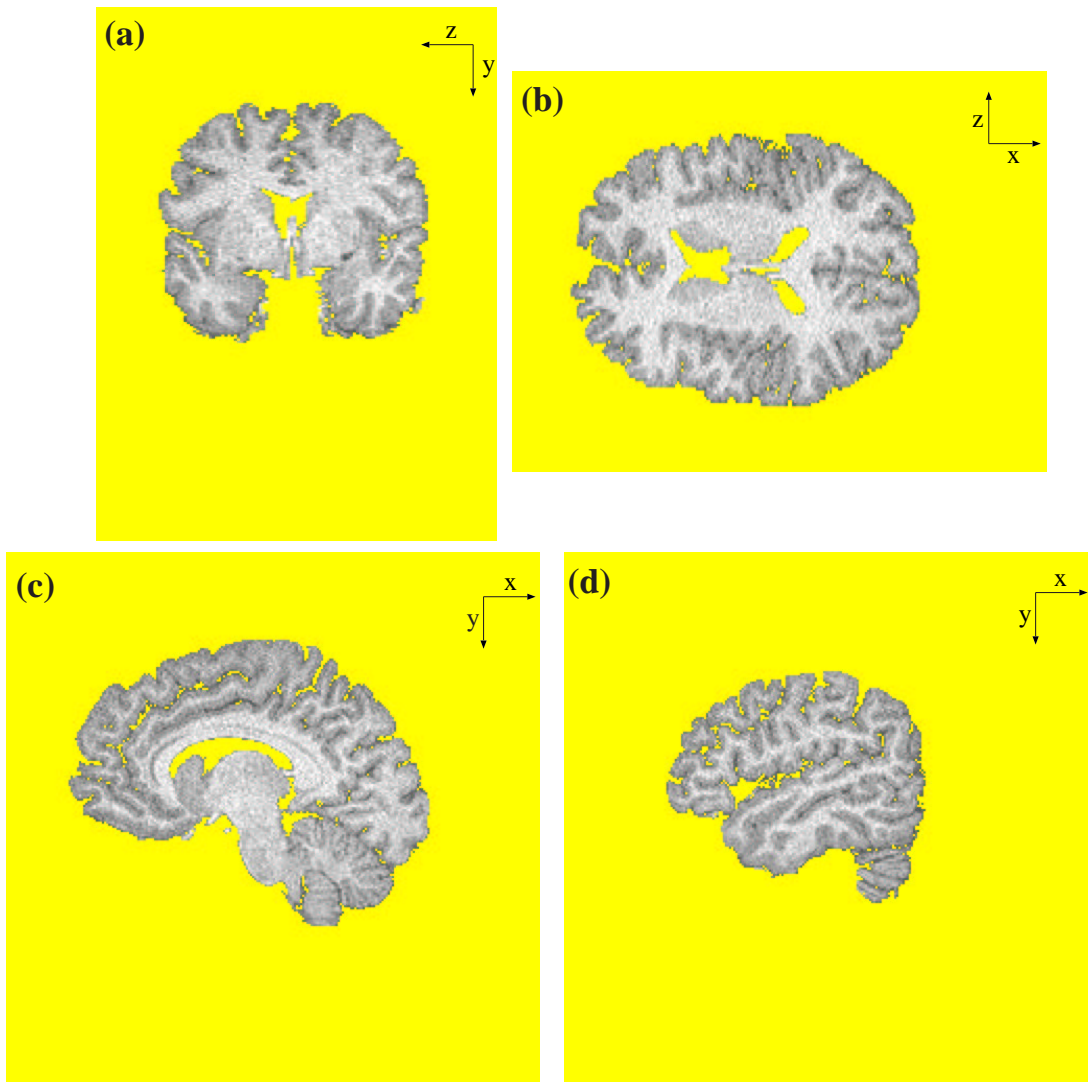


Abbildung 3.53: Anwendung des Programmpakets SPM99 zur Segmentierung des Gehirns in Abbildung 3.1.

3D-Darstellung. Es wurden hier die gleichen Verfahrensschritte angewandt, die auch zur Erzeugung der Abbildung 3.50 aus der Abbildung 3.48 eingesetzt wurden (siehe Abschnitt 3.8). Da die aus Abbildung 3.51 ererbten Fehler in dieser Abbildung sehr störend gewesen wären, wurden die entsprechenden Fehlklassifizierungen hier manuell entfernt. Aufgrund der Detektierung des Liquorraum durch den FAST-Algorithmus war dies weitaus weniger mühsam als eine manuelle Korrektur der Ausgangsdaten (Abbildung 3.51) gewesen wäre.

Der Vergleich zwischen den Abbildungen 3.54 und 3.50 bestätigt den Eindruck, der durch den Vergleich der Abbildungen 3.52 und 3.48 gewonnen wurde: Die besondere Stärke des hier entwickelten Verfahrens liegt in der Separierung enger Gyri. Während beide Verfahren bei der Rekonstruktion größerer Furchen vergleichbare Ergebnisse erzielen (siehe insbesondere die Teilbilder (a) und (f) in beiden Abbildungen), ist die Rekonstruktion feinerer Strukturen in Abbildung 3.50 wesentlich detaillierter.

Eine dreidimensionale Darstellung des Resultats aus Abbildung 3.53 zeigt Abbildung 3.55. Im Unterschied zu Abbildung 3.54 wird hier aber die Technik des Volume-Rendering eingesetzt, um das Segmentierungsergebnis zu visualisieren (siehe auch Abschnitt 3.4). Diese von SPM99 selbst erzeugte Abbildung ist daher hinsichtlich einer Bewertung des Rekonstruktionsergebnisses nicht vollständig mit den in Abbildung 3.50 und 3.54 gezeigten Darstellungen vergleichbar, kann aber beim Vergleich der Abbildungen 3.50 und 3.54 als „dritte Meinung“ nützlich sein.

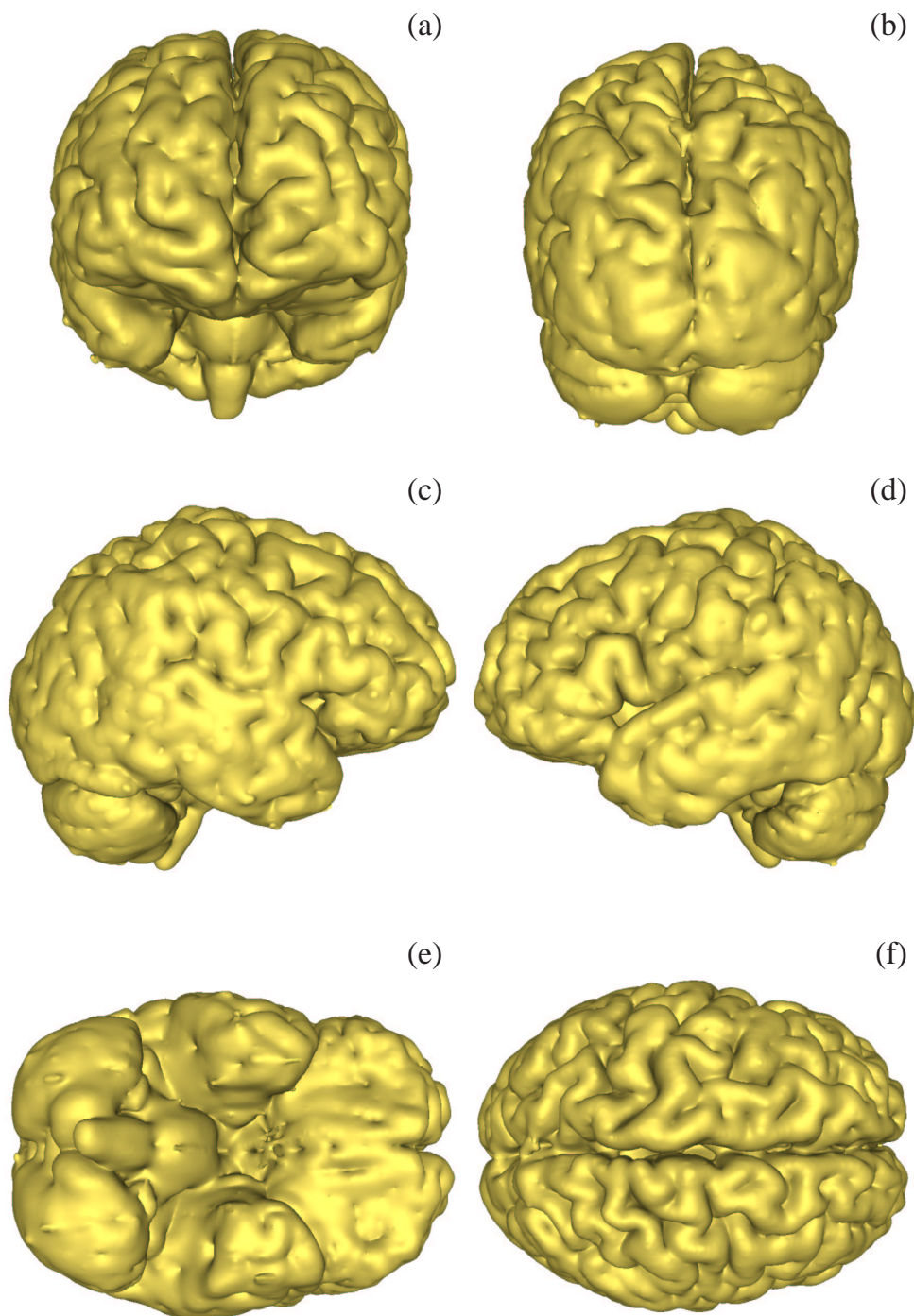


Abbildung 3.54: 3D-Darstellung des Resultats aus Abbildung 3.52, wobei aber die aus Abbildung 3.51 ererbten „Überläufe“ manuell entfernt wurden. Die Abbildung zeigt das Gehirn in den gleichen sechs verschiedenen Ansichten, die auch in Abbildung 3.50 gewählt wurden. Allerdings konnten die exakten Darstellungsparemeter nicht reproduziert werden, sondern mussten interaktiv nach „Augenmaß“ abgeglichen werden. Zwischen den Einzelabbildungen hier und in Abbildung 3.50 bestehen also leichte Unterschiede bzgl. des gewählten Blickwinkels.



Abbildung 3.55: 3D-Darstellung (Volume-Rendering) des in Abbildung 3.53 gezeigten Resultats. Die Orientierungen der 3D-Darstellungen sind mit denen der Abbildungen 3.50 und 3.54 vergleichbar.

# Kapitel 4

## Diskussion und Ausblick

Das in den Kapiteln 2 und 3 entwickelte Kortexrekonstruktionsverfahren ist relativ komplex und durch eine Vielzahl eng miteinander verzahnter Einzelschritte gekennzeichnet. Manche dieser Einzelverfahren wurden komplett neu entwickelt, andere leiten sich von Standardverfahren ab, die im Hinblick auf die Rekonstruktion dreidimensionaler MRI-Daten modifiziert, erweitert und verbessert wurden. Der überwiegende Teil der Verfahren erwies sich dabei als eigenständig genug, um sie aus der Beschreibung des Rekonstruktionsablaufs (Kapitel 3) herauszunehmen und in einem eigenständigen Theoriekapitel 2 zusammenzufassen. Diese Auslagerung diente nicht nur der Vereinfachung der Darstellung im Kapitel 3, sondern berücksichtigte auch, dass es sich hierbei um Methoden handelt, die auch außerhalb des hier dargestellten Rekonstruktionsproblems mit Gewinn eingesetzt werden können. Es erwies sich überdies als zweckmäßig, die Einzelverfahren bereits im Kapitel 2 zu diskutieren. Nur so war es möglich, die Verzahnung der Einzelkomponenten zu dem in Kapitel 3 dargestellten Rekonstruktionsablauf angemessen darzustellen, da hierzu ein hinreichendes Verständnis für die spezifischen Stärken und Schwächen der Einzelverfahren nötig ist. Dieses abschließende Kapitel beschränkt sich daher auf die Diskussion grundsätzlicherer Aspekte des Verfahrens sowie die Einordnung in den Kontext der in der Literatur zu findenden Hauptströmungen im Bereich der Kortexrekonstruktionsverfahren.

Das Kapitel besteht aus drei Teilen. Der Abschnitt 4.1 unterteilt den Rekonstruktionsablauf in eine Abfolge logischer Teilschritte und diskutiert diese. Hierauf aufbauend wird in Abschnitt 1.2 eine Bewertung des Verfahrens sowie ein Vergleich mit anderen in der Literatur beschriebenen Ansätzen (insbesondere mit den in Abschnitt 1.2 diskutierten Verfahren) versucht. Im Abschnitt 4.3 werden schließlich einige Ansätze zur Verbesserung und Erweiterung des Rekonstruktionsverfahrens erörtert.



## 4.1 Die Hauptschritte des Rekonstruktionsprozesses

In diesem Abschnitt wird der in Kapitel 3 dargestellte Rekonstruktionsablauf in eine Abfolge logischer Hauptschritte unterteilt. Ferner werden die mit dieser Unterteilung verbundenen Aspekte des Verfahrens erörtert. Dieser Abschnitt diskutiert das Verfahren somit auf einem mittleren Abstraktionsniveau, eingeordnet zwischen der Diskussion der Einzeloperationen in den Kapiteln 2 und 3 und der Diskussion des Verfahrens als Ganzes im nachfolgenden Abschnitt.

Durch die Einteilung des Kapitels 3 in Abschnitte wurde bereits eine Aufteilung des Rekonstruktionsablaufs in Einzelschritte impliziert. Diese Unterteilung folgte aber weitgehend technischen Erwägungen und soll hier nicht wiederholt werden. Statt dessen wird jetzt einer mehr inhaltlichen Klassifizierung der Vorzug gegeben, insbesondere auch im Hinblick auf die nachfolgende Diskussion des Verfahrens. Der technisch bedeutsamen Unterteilung in zweidimensional und dreidimensional arbeitende Verfahren wird daher an dieser Stelle kein großer Raum mehr eingeräumt, sondern es wird statt dessen eine Unterteilung in Initialisierungs- und Optimierungsschritt bevorzugt. Insgesamt ergibt sich eine Unterteilung in sechs Hauptschritte:

1. **Bildverbesserung.** Dieser vorbereitende Schritt gilt der Verbesserung des Ausgangs-MRIs im Hinblick auf die nachfolgende Grobsegmentierung (Freistellung) des Gehirns. An relevanten Bildfehlern tritt hier insbesondere das an verschiedenen Stellen dieser Arbeit (vgl. insbesondere die Abschnitte 1.1 und 3.2) diskutierte Bias-Feld auf, dessen Korrektur die zentrale Aufgabe dieses Verfahrensschrittes darstellt. Zu diesem Zweck wurde die in Abschnitt 3.2 beschriebene Bias-Korrekturmethode entwickelt, welche in der Regel in der Lage ist, die Bias-Störung hinsichtlich der für die nachfolgenden Schritte problematischsten Richtung, der Superior-Inferior-Richtung, zu beseitigen. Im Falle besonders ungünstiger Ausgangsdaten kann diese Korrektur noch um die in Abschnitt 3.3.2 beschriebene Aufhellungstechnik ergänzt werden, die eine lineare Grauwerttransformation entlang vorgegebener Achsen erlaubt. Diese Zusatzoperation ist daher von besonderem Interesse, wenn eine Korrektur der Superior-Inferior-Richtung als nicht ausreichend erscheint. Im Gegensatz zur Bias-Korrekturmethode, die auf der Basis statistischer Daten eine komplexe Korrekturfunktion berechnet, ist dies ein relativ grobes Verfahren. Allerdings geht es hier nicht primär um eine allgemeine Bildkorrektur, sondern um eine zweckgerichtete Bildveränderung, die speziell den nachfolgenden Segmentierschritt erleichtern soll. Es ist daher häufig sogar möglich, den Einsatz der Bias-Korrekturmethode vollständig durch eine lineare Aufhellung in Richtung der Superior-Inferior-Achse zu ersetzen. Allerdings erreicht die Bias-Korrekturmethode einen relativ hohen Automatisierungsgrad, während die Aufhellungstechnik, obwohl

die Korrekturachsen durch die in Abbildung 3.19 eingezeichneten Pfeile bereits weitgehend festgelegt sind, häufig einer manuellen Feinkorrektur ihrer Parameter bedarf.

2. **Grobsegmentierung des Gehirns.** Dieser Schritt, der die Isolierung des Gehirns von umgebendem Fremdgewebe zum Ziel hat, der detaillierten Trennung zwischen Gehirn und Liquorraum aber noch keine große Beachtung schenkt, wird im Kapitel 3 technisch exakter als Freistellung des Gehirns bezeichnet. In diese mehr inhaltlich motivierte Einteilung soll das Verfahren aber als Grobsegmentierung eingruppiert werden, da sich zum einen die weiteren Verfahrensschritte als Verfeinerung des hier erzielten Resultats auffassen lassen, zum anderen aber das Resultat selbst schon als eine eigenständige Segmentierung des Gehirns betrachtet werden kann<sup>1</sup>, die für Anwendungen, die hinsichtlich der Auflösung weniger anspruchsvoll sind, durchaus ausreichend ist<sup>2</sup>. Die Details des Verfahrens sind in Abschnitt 3.3 beschrieben und sollen hier nicht wiederholt werden. Für die Endbewertung ist aber von Interesse, dass dort zwei verschiedene Verfahren vorgeschlagen wurden: Das *schablonenorientierte Freistellungsverfahren* in Abschnitt 3.3.1 (Beispiel in Abbildung 3.13) und das *morphologische Freistellungsverfahren* in Abschnitt 3.3.2 (Beispiel in Abbildung 3.17 bzw. 3.20). Das letztere Verfahren wurde entwickelt, um auch mit MRIs geringer Qualität zufriedenstellende Ergebnisse erzielen zu können. Seine Anwendung ist aber aufwändiger als die Durchführung des auf einem einfachen anatomischen Konzept (Auffassung des Kortex als dünne Schicht konstanter Dicke über der weißen Hirnsubstanz) beruhenden schablonenorientierten Verfahrens, was sich nicht zuletzt auch in der größeren Abhängigkeit dieses Verfahrens von optimalen Parametern widerspiegelt.
3. **Bias-Korrektur.** Dieser Schritt führt eine Bias-Korrektur auf der Grundlage der Grobsegmentierung durch. Das Verfahren, das in Abschnitt 3.5 eingeführt wurde, beschränkt sich nicht wie das im Schritt 1 eingesetzte Verfahren auf die Korrektur einer einzelnen Achsenrichtung, sondern arbeitet dreidimensional. Alle weiteren Verfahrensschritte beruhen auf dem so korrigierten MRI.
4. **Segmentierung der weißen Hirnsubstanz und der Sulcistruktur.** Dies ist der zentrale Verfahrensschritt. Auf der Grundlage der Grobsegmentierung werden in zwei unabhängigen Unterschritten die weiße Hirnsubstanz

---

<sup>1</sup>Ein Vergleich der Abbildung 3.20 (bzw. 3.17) mit den Abbildungen 3.52 und 3.53 zeigt, dass das in Abschnitt 3.3.2 entwickelte Freistellungsverfahren schon Ergebnisse liefert, die mit den Endresultaten der Segmentierungen durch SPM99 und FSL vergleichbar sind.

<sup>2</sup>Volumenleitermodelle könnten z. B. eine zu detaillierte Rekonstruktion der Furchenstruktur als eine unnötige Belastung des numerischen Modells betrachten.

und die Sulcistruktur (d.h. der Liquorraum mit besonderer Betonung enger und tiefer Hirnfurchen) segmentiert.

- 4.1. **Segmentierung der weißen Hirnsubstanz.** Nach Grobsegmentierung und Bias-Korrektur kann die weiße Hirnsubstanz relativ einfach durch ein Bereichswachstumsverfahren segmentiert werden. Das in Abschnitt 3.5 beschriebene Verfahren (ein Beispiel zeigt Abbildung 3.25) tendiert allerdings dazu die weiße Hirnsubstanz etwas zu überschätzen. Dieser Fehler ist aber für den weiteren Verlauf des Rekonstruktionsverfahrens in aller Regel ohne nachteiligen Effekt, sondern wirkt sich gewöhnlich sogar positiv auf die Stabilität des Gesamtverfahrens aus. Eine anatomisch korrektere Segmentierung der weißen Hirnsubstanz kann durch Modifikation der Verfahrensparameter erreicht werden (siehe Abschnitt 3.5).
- 4.2. **Segmentierung der Sulcistruktur.** Dies ist einer der anspruchsvollsten Schritte des Gesamtverfahrens, da hier die Grundlage für die Detailgenauigkeit des Endergebnisses gelegt wird. Das an verschiedenen Stellen dieser Arbeit (z.B. Abschnitt 1.1, vgl. aber auch Abbildung 3.28) diskutierte Problem des Partialvolumeneffekts sowie seine Verschärfung durch Rauschen und Artefakte ist die zentrale Herausforderung dieses Segmentierschrittes. Der Schritt kann logisch in zwei Teilschritte untergliedert werden:
  - 4.2.1 **Initialisierung.** Die zur Segmentierung des Sulciverlaufs eingesetzte Technik hat eine Reihe von Gemeinsamkeiten mit den in Abschnitt 1.2.2 eingeführten *aktiven Konturen*. Die Segmentierleistung beruht hier wie dort auf der schrittweisen Deformation vorgegebener geometrischer Strukturen — hier Linien — in Richtung auf das zu rekonstruierende Ziel — hier die Mittellinien der Gehirnfurchen<sup>3</sup>. Der Initialisierung kommt hierbei eine entscheidende Bedeutung zu. Der Deformationsprozess ist in der Lage, die Kontur einer Struktur herauszuarbeiten; eine Struktur selbständig erkennen kann dieses Verfahren aber nicht. Die Initialisierung muss diese Objekterkennung übernehmen und für jede Furchenstruktur eine geeignete initiale Linie konstruieren. Die Form und Lage dieser Linien muss noch nicht perfekt sein; eine Furche, in deren Nähe keine Initiaallinie platziert wurde, wird allerdings auch vom nachfolgenden Optimierungsschritt nicht mehr erkannt. Die Umkehrung gilt in dieser Schärfe nicht. Rauschinduzierte Strukturen oder Artefakte, die fälschlich als Furchen identifiziert wurden, können durch die Optimierung wieder entfernt werden. Grob gesprochen werden diese Fälle durch das Versagen

---

<sup>3</sup>Im Dreidimensionalen schließen sich diese Linien zu Flächen zusammen.

des Optimierungsprozesses erkannt. Der für die Initialisierung entwickelte Algorithmus (Abschnitt 3.6.1, Beispiel in Abbildung 3.31) arbeitet zweidimensional und fahndet nach dünnen, linienartigen Strukturen in einzelnen MR-Schnittbildern. Zur Vorbereitung einer dreidimensionalen Segmentierung wird der Algorithmus redundant auf alle aus dem 3D-Datensatz ableitbare sagittale, coronale und axiale Schnitte angewandt.

- 4.2.2 **Optimierung.** Dieser Schritt optimiert die im Rahmen der Initialisierung konstruierten Linien bzgl. ihrer Lage und filtert Linien, die fälschlicherweise keinen Furchen entsprechen, heraus. Die eingesetzten Verfahren stehen teilweise in großer Nähe zu den in Abschnitt 1.2.2 diskutierten aktiven Konturen, unterscheiden sich von diesen aber durch ihre voxelbasierte Ausrichtung, sowie hinsichtlich der Topologie der hier eingesetzten deformierbaren Strukturen. Während aktive Konturen geschlossene Linien und Flächen einsetzen, um Objektgrenzen zu detektieren, werden hier nichtgeschlossene Linien eingesetzt, um den Verlauf der Furchen herauszuarbeiten. Die offenen Enden der Linien machen besondere Optimierungstechniken notwendig.

Das Verfahren arbeitet zunächst zweidimensional, geht dann aber durch Aggregation der Linien zu flächenartigen Strukturen zu dreidimensionalen Optimierungstechniken über. Das zweidimensionale Optimierungsverfahren ist in Abschnitt 3.6.2 (Beispiel in Abbildung 3.38), das dreidimensionale in Abschnitt 3.7.2 (Beispiel in Abbildung 3.44) beschrieben. Mit dem Übergang von der zweidimensionalen zur dreidimensionalen Repräsentation beschäftigt sich der Abschnitt 3.7.1.

5. **Segmentierung des Gehirns.** Da durch die Grobsegmentierung im Schritt 2 bereits alles Nicht-Gehirngewebe als solches gekennzeichnet wurde, kann aus einer Segmentierung des Liquorraums eindeutig auf die gesuchte Hirnoberfläche geschlossen werden. Nach dem Schritt 4.2, der eine solche Segmentierung liefert, könnte die Rekonstruktion daher bereits als im Wesentlichen abgeschlossen betrachtet werden. Allerdings nutzen die Verfahren dieses Schrittes noch nicht alle zur Verfügung stehenden Informationsquellen, was sich mitunter in fehlerhaften Übergängen zwischen anatomisch getrennten Strukturen äußert (vgl. Abbildung 3.45). Im Rahmen des im Schritt 4.2 verfolgten konturorientierten Ansatzes sind insbesondere Eigenschaften wie Topologie und Zusammenhang nur schwer zu modellieren. Die Segmentierung des Gehirns wird hier daher durch ein topologieerhaltendes Bereichswachstumsverfahren (siehe auch die Abschnitte 2.6.3 und 2.7.4) abgeschlossen, welches über die Ergebnisse der Schritte 4.1 und 4.2 initialisiert wird. Die dem Gehirn zugeordnete Wachstumsmenge wird über die segmen-

tierte weiße Hirnsubstanz, die Wachstumsmenge der Hintergrundvoxel über die Segmentierung der Sulcistruktur initialisiert. Die Qualität dieser Initialmengen ist in aller Regel so gut, dass die Hintergrundmenge gar nicht mehr explizit wachsen muss und die Optimierung der Segmentierung daher im Wesentlichen auf der Topologieinvarianz der aus der weißen Hirnsubstanz herauswachsenden Menge der Gehirnvoxel beruht. Dies macht die Parametrisierung einfach und insbesondere weitgehend unabhängig vom konkret zu segmentierenden MRI. Das Verfahren ist in Abschnitt 3.7.3 (Beispiel in Abbildung 3.48) dargestellt.

6. **Rekonstruktion der Kortexoberfläche.** Mit Schritt 5 ist die Segmentierung des Gehirns abgeschlossen. Interessiert man sich aber speziell für die geometrischen Eigenschaften der Kortexoberfläche, ist das aus diesem Schritt direkt hervorgehende binäre MRI (Grauwert 1 für das Gehirn, Grauwert 0 für den Hintergrund) wenig geeignet. Im Allgemeinen wird dann eine Oberflächenrepräsentation durch ein glattes Polygonnetz gefordert. Die zu diesem Zweck entwickelten Konvertierungs- und Glättungsverfahren sind in Abschnitt 3.8 (Beispiel in Abbildung 3.50) näher beschrieben und sollen hier unter dem Begriff „Rekonstruktion der Kortexoberfläche“ zusammengefasst werden.

## 4.2 Bewertung und Einordnung

Im Abschnitt 1.2 der Einleitung wurden drei verschiedene Klassifikationsansätze für Kortexrekonstruktionsverfahren erläutert. Das in dieser Arbeit vorgeschlagene Rekonstruktionsverfahren soll nun im Lichte jedes dieser drei Ansätze diskutiert werden.

Die erste Unterteilung [73] gruppierte die Rekonstruktionsverfahren nach dem Grad der Benutzerinteraktion in *manuelle*, *semi-automatische* und *automatische* Verfahren. Dass es sich bei der hier vorgestellten Rekonstruktionsmethode nicht um ein manuelles Verfahren handelt, ist offensichtlich. Die Unterscheidung zwischen den Begriffen automatisch und semi-automatisch ist aber stärker interpretationsabhängig. In Abschnitt 1.2 wurde die in der Literatur gewöhnlich vertretene Ansicht erläutert, nach der ein semi-automatisches Rekonstruktionsverfahren den Charakter eines interaktiven Mal- und Zeichenprogramms hat und den überwiegenden Teil der Rekonstruktion im ständigen Dialog mit dem Benutzer durchführt. Das hier vorgestellte Verfahren ist daher unzweideutig ein *automatisches Rekonstruktionsverfahren*. Über den Grad der tatsächlichen Benutzerinteraktion macht diese Klassifikation aber nur eine tendenzielle Aussage: Automatische Rekonstruktionsverfahren bemühen sich weitestgehend ohne Nutzerinteraktion auszukommen. Inwieweit dies gelingt, ist eine andere und häufig gar nicht eindeutig beantwortbare Frage.

Die hier vorgeschlagene Rekonstruktionsmethode besteht aus einer Vielzahl von Einzeloperationen, von denen jede einen spezifischen Parametersatz mitbringt. Die Gesamtzahl möglicher einzustellender Parameter ist daher zunächst sehr hoch, reduziert sich aber beträchtlich durch die Abhängigkeit der einzelnen Operationen voneinander. So wird das Intervall der die graue Hirnsubstanz charakterisierenden Graustufen von vielen Einzeloperationen angefordert, bezüglich des Gesamtverfahrens stellt dies aber nur einen einzelnen Parameter dar. Konstruktionsbedingt verbleiben dennoch eine Vielzahl von Einstellungsmöglichkeiten, was aber auf unterschiedliche Weise bewertet werden kann. Die Parameteranzahl monolithischer Verfahren (also Verfahren mit einem einzelnen Verfahrensschritt), wie sie z. B. statistische Segmentierer darstellen, ist i. Allg. sehr viel geringer<sup>4</sup>. Dies ist benutzerfreundlich, solange das Resultat die gewünschten Qualitätsanforderungen erfüllt. Im Falle von Segmentierfehlern wird dieser Mangel an Einstellungsmöglichkeiten aber zu einem Problem. Wie in der Einleitung dargelegt wurde, ist das in dieser Arbeit vorgestellte Rekonstruktionsverfahren besonders im Hinblick auf die exakte Rekonstruktion tiefer und enger Furchen entwickelt worden. Gleichzeitig wurde aber seine Anwendbarkeit im Rahmen routinemäßig aufgenommenen MR-Bilder, die von sehr unterschiedlicher Qualität sein können, gefordert. Das Verfahren sollte also im normalen Einsatz mit möglichst wenig Benutzerinteraktion auskommen, in Sonderfällen dem Benutzer aber die Möglichkeit der Feinsteuerung aller Aspekte des Rekonstruktionsprozesses erlauben. Auch der Aufbau des Gesamtverfahrens über kleine, in sich geschlossene Operationen ist Teil dieses Konzepts, da dies im Extremfall den unkomplizierten Austausch eines ganzen Teilschritts ermöglicht. Ein Vergleich des Kapitels 2, in dem der größte Teil der Einzeloperationen beschrieben wurde, und des Kapitels 3, welches das Gesamtverfahren darstellt, zeigt, dass der Rekonstruktionsprozess das Potential vieler Methoden nur zum Teil ausschöpft. Gerade das neu entwickelte Bereichswachstumsverfahren, das im Schritt 5 der Rekonstruktion eingesetzt wurde, ist in der Lage, wesentlich schwierigere Segmentierprobleme zu lösen als sie im normalen Ablauf der Kortexrekonstruktion auftreten. Ein Beispiel für ein schwierigeres Segmentierproblem ist z. B. die Anwesenheit eines Tumors im zu segmentierenden Gebiet. Da insbesondere die im Schritt 4 eingesetzten Verfahren lokal arbeiten, beeinflusst ein Tumor nicht die gesamte Rekonstruktion. Die exakte Rekonstruktion des Gehirns in der Nähe des Tumors wird aber erschwert. Ein solcher Sonderfall konnte mit den hier beschriebenen Segmentieroperationen tatsächlich zufriedenstellend bearbeitet werden<sup>5</sup>. Allerdings war dies eine Ausnahme, sodass für solche Fälle noch kein Routineverfahren in der Art des in Kapitel 3 beschriebenen Ablaufs entwickelt wurde.

Alternativ zu der Möglichkeit, direkt in den Segmentierprozess eingreifen zu

---

<sup>4</sup>Es sei denn, der Ansatz erfordert die manuelle Auswahl von Trainingsdaten.

<sup>5</sup>Tatsächlich wurde der Tumor selbst mit Hilfe der hier beschriebenen Methoden rekonstruiert.



können, kann man auch eine Nachbearbeitung in der Art eines semi-automatischen Segmentierverfahrens vorsehen. Für kleinere Segmentierprobleme ist ein solches Vorgehen effizient. Da heutige Segmentierer praktisch niemals völlig fehlerfrei arbeiten, ist eine Kontrolle des Segmentiererergebnisses durch den Benutzer, besonders im Rahmen kritischer Anwendungen<sup>6</sup>, auf jeden Fall angeraten. Einzelne Fehler, z. B. Reste nicht vollständig abgetrennter Hirnhaut oder nicht vollständig separierter Hirnwindungen, können während dieser Überprüfung leicht und ohne wesentlichen zusätzlichen Zeitaufwand manuell beseitigt werden. Im Falle von MRIs, dessen Qualität dem Segmentierverfahren aber grundsätzliche Probleme bereitet, treten i. Allg. Fehler an vielen verschiedenen Stellen auf und eine manuelle Korrektur kann sehr zeitaufwändig werden. Hier ist es effizienter, die Parameter des Verfahrens den Gegebenheiten des MRIs anzupassen und den Rekonstruktionsprozess mit den neuen Parametern zu wiederholen. Tatsächlich erlaubt das hier vorgestellte Verfahren sogar einen hybriden Ansatz. Der zentrale Verfahrensschritt, 4.2 in der obigen Übersicht, besteht darin, Linien zwischen die zu trennenden Hirnwindungen zu legen. Solche Linien können auch manuell in den Segmentierungsprozess eingebracht werden. Auf diese Weise ist es u. a. möglich, anatomisches Wissen mit in die Segmentierung einfließen zu lassen, das aus dem MRI selbst nicht abgeleitet werden kann. Im Unterschied zu einer Nachbearbeitung wird ein Eingriff an dieser Stelle allen nachfolgenden Optimierungsschritten unterworfen (einschließlich der Topologiekorrektur im Schritt 5) und kann daher Verbesserungen weit über den Eingriff hinaus nach sich ziehen.

Neben der Möglichkeit, den Segmentierprozess im Bedarfsfall sehr fein den Gegebenheiten des zu segmentierenden Datenmaterials anpassen zu können, wurde in dieser Arbeit gleichzeitig auch Wert darauf gelegt, Nutzereingriffe im Routineeinsatz so weit wie möglich unnötig zu machen. Der tatsächliche Automatisierungsgrad des Verfahrens hängt aber stark von der Qualität des Datenmaterials ab. Je höher die Qualität der zu segmentierenden MRIs ist, desto höher ist die Wahrscheinlichkeit, dass keine manuellen Eingriffe notwendig sind. In dieser Beziehung sind die verschiedenen Teilschritte des Verfahrens aber unterschiedlich erfolgreich. Während die Schritte 4 und 5, die den eigentlichen Entwicklungsschwerpunkt dieser Arbeit bilden, sehr stabil sind und in der Regel höchstens im Falle geänderter Aufnahmesequenzen einer Anpassung bedürfen, ist der Schritt 2, die Grobsegmentierung, weit mehr auf Nutzereingriffe angewiesen. Dies gilt insbesondere dann, wenn das morphologische Freistellungsverfahren zum Einsatz kommen muss. Probleme liegen hier besonders in der eindeutigen Trennung zwischen grauer Hirnsubstanz und Hirnhaut; ein Bereich, der den meisten Segmentierverfahren Schwierigkeiten bereitet. Die Probleme dieses Verfahrensschrittes werden im nachfolgenden Abschnitt, der sich mit Verbesserungsmöglichkeiten beschäftigt, nochmals aufgegriffen.

---

<sup>6</sup>Man denke hier an Operationsplanungen oder andere klinisch relevanten Aufgabenstellungen.

Die zweite in Abschnitt 1.2 diskutierte Klassifizierung [123] unterteilt Verfahren zur Kortextrekonstruktion in *klassische Verfahren*, *statistische Verfahren*, *Fuzzy-Verfahren* sowie in Verfahren auf der Basis von *neuronalen Netzwerken*. In dieser Aufzählung ist das hier vorgestellte Verfahren eindeutig als *klassisches Verfahren* einzuordnen. Die in [123] getroffene Einschätzung, dass klassische Verfahren das Kortextrekonstruktionsproblem nicht adäquat zu lösen vermögen, kann in Anbetracht der Ergebnisse dieser Arbeit wohl als widerlegt betrachtet werden. Es ist allerdings relativ schwierig, ein objektives Kriterium für die Leistungsfähigkeit eines Verfahrens anzugeben. Tatsächlich müsste eine Untersuchungsmethode, welche die Qualität eines Kortextrekonstruktionsverfahrens hinsichtlich eines vorgegebenen MRIs beurteilen soll, selbst alle Eigenschaften eines solchen Rekonstruktionsverfahrens haben. Es gibt aber gegenwärtig kein Rekonstruktionsverfahren, das den Charakter eines Standards hätte.

Alternativ kann man ein Verfahren anhand standardisierter oder simulierter MR-Datensätze testen [74, 143, 62, 187], aber auch diese Evaluierungsmethode ist nicht unproblematisch. Die zentrale Herausforderung an ein Segmentierverfahren besteht im adäquaten Umgang mit den verschiedenen in MRIs zu findenden Qualitätseinschränkungen (hier sind insbesondere das relativ hohe Rauschniveau, das Bias-Feld und die verschiedenen möglichen Artefakte zu nennen). Ein Verfahren, das eine ideale MRI-Aufnahme simuliert, würde Resultate liefern, die i. Allg. wesentlich leichter — vor allem aber anders — zu segmentieren sind als reale MR-Datensätze. Im Umfeld solcher künstlicher Datensätze wären Partialvolumeneffekt und begrenzte Auflösung die zentralen Problemfelder. Da aber keine aufnahmebedingten Störungen zu berücksichtigen sind, könnten entsprechende Segmentiermethoden diese Probleme wesentlich „aggressiver“ angehen und es stünde zu erwarten, dass solche Methoden schon von ihrem Ansatz her nicht mit Verfahren vergleichbar sind, die für die Segmentierung realer MRIs entworfen wurden. Im Umkehrschluss bedeutet dies, dass ein Verfahren, welches im Umfeld stark gestörter MRIs sehr gute Leistungen erbringt, hinsichtlich künstlicher Datensätze durchaus versagen könnte. Eine Bewertung auf der Grundlage simulierter Datensätze ist daher sehr problematisch. Dies gilt insbesondere für den Versuch, Verfahren miteinander zu vergleichen, die Ansätze völlig unterschiedlichen Typs realisieren. Statistische Verfahren basieren beispielsweise auf der Grundannahme eines idealisierten MRIs, zu dem statistisch modellierbare Störungen hinzutreten. Es kann daher erwartet werden, dass statistische Segmentieransätze mit künstlichen Datensätzen besser zurechtkommen als z. B. klassische Verfahren, die nicht explizit auf einem solchen Modell beruhen<sup>7</sup>. Tatsächlich ist der Einsatz simulierter Datensätze im Bereich der statistischen Verfahren von besonderem Nutzen. Obwohl ein Nachweis der Alltagstauglichkeit auch hier nur schwer gelingen kann,

---

<sup>7</sup>Das gilt insbesondere für kompliziertere klassische Verfahren. Auf idealisierten MRIs können mit einfachsten klassischen Ansätzen Segmentierergebnisse hoher Qualität erzielt werden. Diese können von statistischen Segmentieren zwar i. Allg. noch übertroffen werden, allerdings nur mit ungleich höherem Aufwand.

erlauben diese Datensätze doch zumindest eine Überprüfung, inwieweit ein Verfahren das ihm zugrunde liegende Modell umsetzt.

Eine offensichtliche Erweiterung künstlicher MR-Datensätze besteht in der zusätzlichen Simulation relevanter Aufnahmestörungen. Eine exakte Simulation solcher Störungen ist aber relativ schwierig, und noch schwerer ist der Nachweis, dass die Ergebnisse der Simulation mit denen der Realität vergleichbar sind. Tatsächlich könnten etablierte Segmentierverfahren gerade für diesen Nachweis eingesetzt werden, indem ihr Verhalten hinsichtlich der künstlichen Datensätze mit dem Ergebnis verglichen wird, das diese Verfahren bei realen MRIs erzielen. Diese Dualität zwischen Simulator und Segmentierer stellt ein erhebliches konzeptionelles Problem für den Einsatz dieses Werkzeugs zur Evaluierung von Segmentierleistungen dar. Statistische Segmentierer stehen hier wiederum in besonderer Nähe zu den Simulationsverfahren. Das Modell, das ein statistisches Segmentierverfahren zur Darstellung einer Aufnahmestörung einsetzt, eignet sich in der Regel auch für die Simulierung dieser Störung. Der Einsatz eines derartigen Simulators für die Bewertung unterschiedlicher Segmentierverfahren hat natürlich einen entsprechend subjektiven Charakter.

Die Verwendung standardisierter, aber realer MR-Datensätze ist konzeptionell weniger problematisch, zumindest wenn eine genügende Anzahl unterschiedlicher Datensätze für eine statistische Auswertung zur Verfügung steht. Der große Vorteil der simulierten Datensätze, die exakte Kenntnis des korrekten Segmentiererergebnisses, fällt hier aber weg. Solange sich kein Standard unter den Segmentierverfahren etabliert hat, müssen die ausgewählten Datensätze daher von Hand segmentiert werden, um zu entsprechenden Vergleichsdaten zu kommen. Manuelle Segmentierungen der hier zu fordernden Qualität sind aber extrem zeitaufwändig. Die dreidimensionale Struktur des Gehirns, die sich aus zweidimensionalen Schnittbildern auch unter gleichzeitiger Einbeziehung verschiedener Schnittführungen nur unter großen Mühen erschließt, stellt hier ein erhebliches Problem dar. Die Bewertung menschlicher Segmentierer ist, ab einer bestimmten Qualitätsstufe, auch keineswegs mehr eindeutig. Tatsächlich wird von einigen Autoren (z. B. [97]) die mangelnde Reproduzierbarkeit manuell bzw. semi-automatisch gewonnener Segmentiererresultate sogar als wesentlicher Grund für die Forderung nach automatischen Segmentierverfahren angeführt. Zur Erlangung objektiver Resultate ist es daher notwendig, jedes MRI mehrmals von unterschiedlichen Personen segmentieren zu lassen, was den Gesamtaufwand nochmals dramatisch erhöht. Aber erst wenn eine genügende Anzahl solcher kompetent segmentierter Datensätze zur Verfügung steht, kann ein derartiger Ansatz zu einer objektiven Evaluierungsmethode werden<sup>8</sup>.

Gegenwärtig verbleibt nur die Methode, das Segmentiererergebnis manuell an-

---

<sup>8</sup>Im Hinblick auf den konkreten Einsatz verbleiben allerdings noch eine Reihe weiterer Schwierigkeiten. Die automatische Bewertung geringfügiger Segmentierabweichung ist z. B. nicht trivial, da die Einschätzung von Segmentierfehlern immer im Kontext der lokalen MR-Qualität zu erfolgen hat.

hand von Schnittbildern (Abbildungen 3.48, 3.52, 3.53) oder über eine dreidimensionale Rekonstruktion (Abbildungen 3.50, 3.54, 3.55) zu überprüfen. Einen umfassenden Vergleich verschiedener Segmentiermethoden auf diese Weise durchzuführen, ist aber außerordentlich mühsam. Dies gilt um so mehr, als es relativ viele verschiedene Ansätze gibt. Eine Identifizierung der „wichtigsten“ Verfahren ist allein schon eine beachtenswerte Leistung. Diese große Anzahl von Verfahren erklärt sich nicht zuletzt aus einer jeweils unterschiedlichen Schwerpunktsetzung. So wurden viele Verfahren — z. B. das hier vorgestellte — im Kontext einer bestimmten Anwendung entwickelt und minimieren mögliche Segmentierfehler daher im Wertesystem dieser Anwendung. Für einen fairen Vergleich müssten die ausgewählten Verfahren daher auf eine große Zahl mit unterschiedlichsten Fehlern behafteter MRIs angewandt werden. Die statistische Auswertung wäre nicht einfach und der Zeitaufwand zur Herstellung des Datenmaterials immens. Ein solcher Versuch wurde hier daher nicht unternommen.

Die dritte in Abschnitt 1.2 erläuterte Klassifizierung [73] gruppiert die verschiedenen Segmentiermethoden nach ihrem grundsätzlichen Operationsprinzip in *gebietsorientierte*, *randorientierte* und *statistische Verfahren*. Das in dieser Arbeit vorgestellte Verfahren hat sicherlich nur vernachlässigbare statistisch orientierte Anteile<sup>9</sup>, eine eindeutige Zuordnung zu einer der beiden anderen Gruppen ist aber nicht möglich.

Der Prototyp des Verfahrens war zunächst noch eindeutig gebietsorientiert. Es stellte sich aber bald heraus, dass klassische Bereichswachstumsverfahren zwar in der Lage sind, die weiße Hirnsubstanz recht erfolgreich zu segmentieren, über dieses Resultat aber nur mit größter Mühe hinauskommen. Angeregt durch das in [36] beschriebene Verfahren (ein Vorläufer des in Abschnitt 1.2.2 diskutierten und in [35] veröffentlichten Konturverfahrens) wurden dann nach und nach konturorientierte Komponenten in das Verfahren mit aufgenommen und dieses schließlich zu einem neuartigen Typ von Bereichswachstumsverfahren ausgebaut, das sich in weiten Teilen wie ein Konturverfahren verhält (siehe Abschnitt 2.6.3). Es ähnelt dabei etwas dem in Abschnitt 1.2.2 vorgestellten Niveaumengen-Ansatz der aktiven Konturen [183], bei dem umgekehrt zu einem weitgehend randorientierten Ansatz bereichsorientierte Elemente hinzutreten. Allerdings ist das hier entwickelte Verfahren weit stärker im Bereich der Bereichswachstumsverfahren verankert als dieser Ansatz. Diese prinzipiell bereichsorientierte Ausrichtung wurde nicht zuletzt aufgrund der bemerkenswerten Robustheit dieser Verfahrensklasse beibehalten, die ihre Anwendung auch im dreidimensionalen Raum relativ leicht beherrschbar macht. So gibt es z. B. zu Problemen wie der Selbstdurchdringung, mit dem sich alle Konturverfahren konfrontiert sehen, keine Entsprechung. Diese Robustheit macht Bereichswachstumsverfahren auch äußerst schnell. Im Gegensatz zu den Bewegungsgleichungen der Konturverfahren, die mit relativ klei-

---

<sup>9</sup>Methoden wie die Analyse von Grauerthistogrammen sind natürlich statistischer Art, verleihen dem Gesamtverfahren aber natürlich noch keinen wesentlich statistischen Charakter.

nen Schrittweiten integriert werden müssen, um nicht instabil zu werden, sind Bereichswachstumsverfahren in ihrer Wachstumsgeschwindigkeit nicht begrenzt. Das Segmentierungsergebnis eines Bereichswachstumsverfahrens mag nicht den Erwartungen entsprechen, die resultierende Menge ist aber in sich stets konsistent.

Ein Problem des neu entwickelten Bereichswachstumsverfahrens stellte die Parametrisierung dar, d. h. konkret die Wahl der stoppenden Kraft, die das Wachstum bei Erreichen der Grenze zwischen grauer Hirnsubstanz und Liquorraum beendet. Zur Lösung des Problems wurde das Verfahren um eine zweite, gegenläufig wachsende Menge erweitert. Diese Verbesserung initiiert also gleichzeitig zwei konkurrierende Wachstumsprozesse, dessen jeweilige Mengen sich nicht durchdringen können und sich daher gegenseitig am Einfließen in den jeweils anderen Segmentierbereich — das Gehirn auf der einen und den Hintergrund, d. h. die Menge aller nicht zum Gehirn gehörigen Voxel (insbesondere des Liquorraums), auf der anderen Seite — hindern (in [103] als Teil einer Arbeit zur Quellenlokalisierung veröffentlicht).

Mit diesem Verfahren lassen sich sehr gute Resultate bei gleichzeitig erleichteter Parametrisierung erzielen; die automatische Parametrisierung bleibt aber schwierig. Dies liegt nicht zuletzt in einem aus dem Bereich der Konturverfahren ererbten Problem: das Eindringen in tiefe Furchen. Zwar haben Bereichswachstumsverfahren im Prinzip keine Probleme, auch engen Strukturen zu folgen — ein weiterer Grund, sie nicht gegen einen reinen konturorientierten Ansatz einzutauschen — das über bildanhängige Kräfte gesteuerte Eindringen in enge Furchen von Seiten des Hintergrundes ist aber, vom Blickwinkel der wachsenden Mengen aus gesehen, weit mühsamer als der Weg von der anderen Seite, der sich schon auf die vorsegmentierte weiße Hinsubstanz stützen kann. Das Verfahren lebt aber davon, dass beide Wachstumsprozesse die Kortexoberfläche etwa zur gleichen Zeit erreichen. Dies ist durch geeignete Parameterwahl durchaus möglich, allerdings sind diese Parameter nur schwer automatisch zu bestimmen. Die Fortentwicklung des Segmentierverfahrens konzentrierte sich daher darauf, die Ungleichbehandlung der beiden Wachstumsmengen aufzulösen, d. h. auch dem Wachstumsprozess, der den Hintergrund (also insbesondere den Liquorraum) segmentiert, eine initiale Vorsegmentierung zur Verfügung zu stellen. Als Gegenstück zur weißen Hirnsubstanz dient hier ein dreidimensionales Skelett der Furchenstruktur<sup>10</sup>.

Die Berechnung des Furchenskeletts wird in der oben (Abschnitt 4.1) skizzierten Segmentiersequenz im Verfahrensschritt 4.2 durchgeführt und besteht aus einem Initialisierungsschritt 4.2.1 und einem weitaus aufwändigeren Optimierungsschritt 4.2.2. Die Initialisierung kann über morphologische Operatoren formuliert werden (Abschnitt 3.6.1), ist aber bzgl. ihrer Implementierung in die Gruppe der Bereichswachstumsverfahren einzuordnen. Der Optimierungsschritt hingegen ist eindeutig konturorientiert. Im Gegensatz zu aktiven Konturen sind die de-

<sup>10</sup>Die Voxel dieser Menge sollen den Verlauf jeder Hirnfurche nachzeichnen. Sie müssen die Furchen aber noch nicht in ihrer vollen Breite füllen.

formierbaren Strukturen — Linien und Flächen — hier aber nicht geschlossen, was ein anderes Design (insbesondere im Hinblick auf die deformierbaren Kräfte) notwendig macht.

Der ursprüngliche Kern des Segmentierverfahrens, das konkurrierende Bereichswachstumsverfahren, taucht in der aktuellen Fassung des Gesamtverfahrens als Schritt 5 auf. Zunächst waren hier beide Mengen — Gehirn und Hintergrund — gleichberechtigte Wachstumsprozesse [153]. Die Resultate aus Schritt 4 sind aber i. Allg. so gut, dass, nachdem das Verfahren um eine Topologiekontrolle erweitert wurde, ein explizites Wachstum der Hintergrundmenge nicht mehr notwendig ist. Die Parametrisierung wird hierdurch trivial und vom zu segmentierenden MRI unabhängig (siehe Abschnitt 3.7.3). Das Ziel der Vereinfachung der Parametrisierung wurde daher durch die Vorsegmentierungen des Verfahrensschrittes 4 erreicht. Tatsächlich hat sich das Segmentierverfahren damit von einem reinen gebietsorientierten Ansatz zu einem Verfahren gewandelt, das fast zu gleichen Teilen (der Schritt 2 ist wesentlich gebietsorientiert) gebiets- wie konturorientierte Methoden umfasst.

### 4.3 Verbesserungsmöglichkeiten

Das hier entwickelte Segmentierverfahren wurde an einer Vielzahl von MR-Bildern unterschiedlicher Qualität und Auflösung getestet und ist in der Lage, auch bei sehr verrauschten MR-Daten Rekonstruktionen höchster Qualität zu liefern. Dennoch existiert natürlich noch genügend Raum für Verbesserungen.

Ein schon im vorangegangenen Abschnitt diskutiertes Problem ist der im Vergleich zu den nachfolgenden Verfahrensschritten geringere Automatisierungsgrad des Schrittes 2 (Grobsegmentierung). Ausdruck dieser Problematik ist dabei insbesondere die Existenz von zwei unterschiedlichen Lösungsansätzen<sup>11</sup>: das in Abschnitt 3.3.1 beschriebene *schablonenorientierte Freistellungsverfahren* und das in Abschnitt 3.3.2 beschriebene *morphologische Freistellungsverfahren*. Die Kombination aus morphologischem Ansatz — sowohl Grauwert-Morphologie als auch binäre Morphologie — und Bereichswachstumsverfahren erlaubt es dem morphologischen Freistellungsverfahren, auch MRIs relativ geringer Qualität erfolgreich freizustellen, und dies in einer Qualität, die einer Segmentierung des Gehirns nahe kommt (vgl. hierzu das Ergebnis in Abbildung 3.20 (bzw. 3.17) mit den Segmentierergebnissen von SPM99 (Abbildung 3.53) und FSL (Abbildung 3.52) aus Abschnitt 3.9); allerdings kann die Parametrisierung aufwändig sein. Demgegenüber beruht das schablonenorientierte Freistellungsverfahren auf der Überlegung, dass der Kortex eine dünne Schicht relativ konstanter Dicke über der weißen Hirnsubstanz darstellt. Die Parametrisierung dieses Verfahrens ist trivial, es wird aber im Gegenzug erwartet, dass die Qualität des MRIs ausreichend ist,

<sup>11</sup>In den Abschnitten 2.6.2 und 2.6.3 sind noch weitere Lösungsansätze diskutiert. Diese gehören aber nicht zum Kern des in Abschnitt 4.1 skizzierten Verfahrens.



um durch ein einfaches Bereichswachstumsverfahren eine hinreichend gute Rekonstruktion der weißen Hirnsubstanz zu erzielen. Ist dies der Fall, so können auch mit diesem Verfahren hochwertige Freistellungen bzw. Grobsegmentierungen erreicht werden, wie die Abbildung 3.13 zeigt. Obwohl die Parametrisierung dieses Verfahrens sehr einfach und intuitiv ist, ist es allerdings dennoch prinzipiell parameterabhängig und daher nicht vollständig automatisch. Da die Qualität der resultierenden Segmentierungsergebnisse in der Regel sehr hoch ist, bietet dieser Mangel an „Automatismus“ den fruchtbarsten Ansatzpunkt für eine Verbesserung des Verfahrens. Jedoch ist eine vollständige Automatisierung ohne Qualitätseinbußen nicht einfach zu erreichen, weswegen sich diese Arbeit zunächst auf das wichtigere Problem der Qualitätssicherung konzentrierte.

Es existieren eine Reihe von Verfahren, die sich speziell mit der Freistellung des Gehirns beschäftigen [35, 8, 40, 143, 149]<sup>12</sup>, eine Ersetzung des in Abschnitt 3.3.2 beschriebenen Verfahrens ist aber nicht leicht, da hier hohe Anforderungen an die Qualität gestellt werden und insbesondere eine im Wesentlichen vollständige Abtrennung der Hirnhaut auch für MR-Datensätze geringer Qualität gefordert wird. Darüber hinaus ist gerade die Erhöhung des Automatisierungsgrades schwierig, da zu diesem frühen Zeitpunkt naturgemäß noch kaum Vorabinformationen vorliegen<sup>13</sup>. Da zudem an dieser Stelle das Bias-Feld die größten Probleme bereitet (die übrigen Verfahrensschritte arbeiten weitgehend lokal), zielen gegenwärtige Überlegungen darauf ab, die Schritte 1 und 2 zusammenzulegen und durch statistische Methoden aufzuwerten. Statistische Methoden haben von ihrer Anlage her grundsätzlich das Potential zu einem weitgehend automatischen Segmentierablauf<sup>14</sup>, tendieren andererseits aber auch dazu, relativ aufwändig zu sein, was für einen Vorverarbeitungsschritt, den der Schritt 2 ja im Wesentlichen darstellt, durchaus beachtenswert ist. Die stetige Fortentwicklung dieser Verfahrensgruppe (und der Computerleistung) macht die Erweiterung der Schritte 1 und 2 durch statistische Methoden zur Bias-Schätzung und Grobsegmentierung<sup>15</sup> mittlerweile aber interessant. Der modulare Charakter des hier vorgestellten Verfahrens macht eine Integration auch relativ einfach. Je besser die Grundsegmentierung ist, desto besser können die nachfolgenden Verfahren ihre besondere Stärke in der detaillierten Rekonstruktion enger und tiefer Furchenstrukturen ausspielen.

Erschwert wird der Einsatz statistischer Verfahren allerdings dadurch, dass aktuelle Segmentierer (wie z. B. der in Abschnitt 3.9 angewandte FAST-Algorithmus) häufig selbst eine Freistellung des Gehirns als Voroperation erfordern. Tatsächlich dürfte ein solcher Vorverarbeitungsschritt in dieser Verfahrensklasse grundsätz-

---

<sup>12</sup>Ein Anwendungsbeispiel für das in [149] beschriebene Verfahren zeigt die Abbildung 3.51.

<sup>13</sup>In die nachfolgenden Verfahrensschritte geht beispielsweise die in Schritt 2 erzielte Grobsegmentierung als wesentliche Vorabinformation ein.

<sup>14</sup>Obwohl dies, wie oben diskutiert wurde, im Falle von auftretenden Segmentierfehlern auch ein Nachteil sein kann.

<sup>15</sup>Wie in Abschnitt 1.2.3 aufgezeigt wurde, ist die gleichzeitige Behandlung beider Probleme gerade ein besonderer Vorzug statistischer Methoden.

lich höchst wünschenswert sein. Es liegt auf der Hand, dass die Stabilität statistischer Segmentierer wächst, wenn nur noch drei Gewebeklassen (weiße Hirnsubstanz, graue Hirnsubstanz und Liquorraum) modelliert werden müssen.

Ein praktischer Gesichtspunkt sollte ebenfalls nicht außer Acht gelassen werden: Es ist kaum zu erwarten, dass ein vollautomatisches Verfahren in jedem Fall eine akzeptable Lösung erzielt (vgl. hierzu auch die in Abschnitt 3.9 beschriebenen Schwierigkeit im Zusammenhang mit der sub-optimalen Lösung des BET-Verfahrens in Abbildung 3.51). Besteht dann nur noch die Möglichkeit einer extrem zeitaufwändigen manuellen Korrektur, so kann dies, im Rahmen entsprechender MRI-Datensätze, die Anwendbarkeit des ganzen Verfahrens gefährden. Im idealen Fall sollte ein Freistellungsverfahren daher stets die Möglichkeit bieten, durch manuelle Parameteroptimierung den Erfolg des Verfahrens sicherzustellen, um eine weitaus aufwändigere manuelle Entfernung von Segmentierfehlern weitestgehend zu vermeiden.

Speziell im Hinblick auf das in Abschnitt 3.3.1 beschriebene schablonenorientierte Freistellungsverfahren ist ein weiterer Verbesserungsansatz interessant. Im Rahmen von MRIs, deren Qualität den Einsatz dieses Verfahrens erlauben (die Fortschritte im Bereich der MRI-Technologie lassen erwarten, dass diese Voraussetzung mehr und mehr standardmäßig erfüllt ist), kann die Parametrisierung durch ein Atlas-basiertes Verfahren [7, 165], also über eine Koregistrierung des zu segmentierenden MRIs mit Standarddatensätzen (siehe Abschnitt 1.2.3), erfolgen. Allerdings ist dieses Verfahren hinsichtlich seiner Parametrisierung auch so nicht sehr aufwändig, weswegen eine solche Erweiterung bisher noch nicht erprobt wurde.

Ein weiterer Ansatzpunkt für Verbesserungen besteht in der verfahrensbedingten Maximalauflösung von einem Voxel. Dies ist natürlich zunächst einmal sinnvoll, da dies auch die Auflösung der Eingangsdaten ist; allerdings bedeutet dies auch, dass jede Gehirnfurche in der Rekonstruktion eine Minimalbreite von einem Voxel, bei einer Auflösung von  $1 \times 1 \times 1.5 \text{ mm}^3$  also bis zu 1.5 mm, hat. Darüber hinaus bewirkt diese Minimalauflösung, dass auch leichte Unsicherheiten in der Segmentierung stets zu Abweichung von mindestens einem Voxel führen, was sich hinsichtlich einer Furche, deren Breite unterhalb eines Voxel liegt, durchaus zu einem Gesamtfehler von 2 Voxeln addieren kann. Für viele Anwendungen ist dies bedeutungslos, bzw. ist eine Auflösung in der Größenordnung der Eingangsdaten gerade angemessen. Allerdings ist es hier auf der anderen Seite durchaus möglich, Verbesserung zu erzielen.

Eine relativ einfache Verbesserungsmöglichkeit wäre die künstliche Erhöhung der MRI Auflösung durch Interpolation. Der Nachteil dieses Vorgehens besteht aber im extremen Anwachsen von Speicherbedarf und Rechenzeit. Schon eine Verdopplung der Auflösung ergibt MR-Daten, die einen um den Faktor 8 größeren Speicherbedarf haben. Der Zeitaufwand für die Segmentierung steigt entsprechend. Ein solches Vorgehen scheint daher nur in Ausnahmefällen angebracht.

Die Begrenzung auf die Auflösung der Eingangsdaten liegt in der gewählten

Segmentiertechnik begründet. Alle hier eingesetzten Verfahren sind voxelorientiert. Für die auf Bereichswachstumsverfahren basierenden Methoden ist dies das übliche Vorgehen; aber auch für die konturorientierten Verfahrensteile wurde — aus Stabilitäts- und Geschwindigkeitsgründen — voxelorientierten Implementierungsansätzen den Vorzug gegeben. Verbesserungen im Hinblick auf die Überwindung der Auflösungsgrenze sollten daher vorzugsweise außerhalb des Hauptverfahrens ansetzen. Ein guter Platz hierfür ist der Verfahrensschritt 5. In diesem Schritt geht es um eine Umwandlung des Segmentierungsergebnisses in ein Polygonnetz und um eine Glättung dieses Netzes. Diese Glättungsoperation ist aber schon ein einfaches Verfahren aus der Gruppe der *aktiven Konturen*<sup>16</sup> (siehe Abschnitt 1.2.2), deren resultierende Auflösung im Falle einer Implementierung über Polygonnetze<sup>17</sup> in der Regel<sup>18</sup> nicht von der Auflösung der Ausgangsdaten abhängt. Es ist daher relativ leicht, den Verfahrensschritt 5 bei Bedarf um ein leistungsfähiges Verfahren auf der Basis aktiver Konturen zu erweitern und auf diese Weise eine Kortex-Rekonstruktion mit Sub-Voxel-Auflösung zu erreichen.

---

<sup>16</sup>Tatsächlich ist die MRI-abhängige Kraft hier auf 0 gesetzt.

<sup>17</sup>Eine Implementierung auf der Basis von Niveaumengen [183] ist normalerweise voxelorientiert.

<sup>18</sup>Eine Ausnahme stellen hier z. B. *T-Surfaces* dar [109], die in ihrer Implementierung eine zusätzliche voxelorientierte Komponente enthalten.

# Literaturverzeichnis

- [1] Rolf-Jürgen Ahlers und Hans Jürgen Warnecke. *Industrielle Bildverarbeitung*. Addison-Wesley, Bonn; München; Reading, Mass., 1989.
- [2] Leendert Ammeraal. *Programming Principles in Computer Graphics*. Wiley, Chichester, New York, Brisbane, Rexdale, Singapore, 2. Auflage, 1992.
- [3] C. Arcelli, L. Cordella und S. Levialdi. More about a thinning algorithm. *Electronic Letters*, 16(2):51–53, 1980.
- [4] C. Arcelli und G. Sanniti di Baja. Ridge points in euclidean distance maps. *Pattern Recognition Letters*, 13:237–243, 1992.
- [5] C. Arcelli und G. Sanniti di Baja. Euclidean skeleton via centre-of-maximal-disc extraction. *Image and Vision Computing*, 11(3):163–173, 1993.
- [6] J. B. Arnold, J-S. Liow, K. A. Schaper, J. J. Stern, J. G. Sled, D. W. Shattuck, A. J. Worth, M. S. Cohen, R. M. Leahy, J. C. Mazziotta und D. A. Rottenberg. Qualitative and quantitative evaluation of six algorithms for correcting intensity nonuniformity effects. *NeuroImage*, 13:931–943, 2001.
- [7] J. Ashburner und K. J. Friston. Multimodal image coregistration and partitioning — A unified framework. *NeuroImage*, 6:209–217, 1997.
- [8] M. S. Atkins und B. T. Mackiewich. Automated segmentation of the brain in MRI. In *Proc. 4th International Conference on Visualization in Biomedical Computing, Hamburg, Germany*, Seite 241–246, 1996.
- [9] S. Baillet, J. C. Mosher und R. M. Leahy. Electromagnetic brain mapping. *IEEE Signal Processing Magazine*, 18(6):14–30, 2001.
- [10] R. Bajcsy und S. Kovacic. Multi-resolution elastic matching. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 46:1–21, 1989.
- [11] R. Bajcsy, R. Lieberman und M. Reivich. A computerized system for elastic matching of deformed radiographic images to idealized atlas images. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 7:618–625, 1983.

- [12] D. H. Ballard und C. M. Brown. *Computer Vision*. Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1982.
- [13] H. G. Barrow, J. M. Tenenbaum, R. C. Bolles und H. C. Wolf. Parametric correspondence and chamfer matching: Two new techniques for image matching. In *Proc. 5th International Joint Conference on Artificial Intelligence*, Seite 659–663, 1977.
- [14] Rainer Barth, Ekkehard Beier und Bettina Pahnke. *Grafikprogrammierung mit OpenGL*. Addison-Wesley, Bonn; München; Reading, Mass., 1996.
- [15] A. L. D. Beckers und A. W. M. Smeulders. Optimization of length measurements for isotropic distance transformations in three dimensions. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, 55(3):296–306, 1992.
- [16] Ekkehard Beier. *Objektorientierte 3D-Grafik*. International Thomson Publishing, Bonn; Albany; Attenkirchen, 1994.
- [17] J. Belliveau, D. Kennedy, R. McKinstry, B. Buchbinder, Weisskopf R., M. Cohen, J. Vevea, T. Brady und B. Rosen. Functional mapping of the human visual cortex by magnetic resonance imaging. *Science*, 254(5032):716–719, 1991.
- [18] J. Besag. Spatial interaction and the statistical analysis of lattice systems (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society B*, 36(2):192–326, 1974.
- [19] Gert Böhme. *Fuzzy-Logik*. Springer, Berlin; Heidelberg; New York, 1993.
- [20] S. S. Biswas und A. K. Ray. Region merging in 3-D images using morphological operators. *Pattern Recognition Letters*, 14:23–30, 1993.
- [21] H. Blum. A transformation for extracting new descriptors of shape. In W. Wathen-Dunn, Hrsg., *Models for the Perception of Speech and Visual Form*, Seite 362–380. MIT Press, Cambridge, MA, 1967.
- [22] M. Bomans, K.-H. Höhne, U. Tiede und M. Riemer. 3-D segmentation of MR images of the head for 3-D display. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 9(2):177–183, 1990.
- [23] G. Borgefors. Distance transformations in arbitrary dimensions. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 27:321–345, 1984.
- [24] G. Borgefors. A new distance transformation approximating the Euclidean distance. In *Proc. 8th Intern. Joint Conf. on Pattern Recognition, ICPR '86, Paris*, Seite 336–338, 1986.

- [25] G. Borgefors. On digital distance transformations in three dimensions. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, 64(3):368–376, 1996.
- [26] Jonathan W. Brandt und V. Ralph Algazi. Continuous skeleton computation by voronoi diagram. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, 55(3):329–338, 1992.
- [27] Benjamin H. Brinkmann, Armando Manduca und Richard A. Robb. Optimized homomorphic unsharp masking for MR grayscale inhomogeneity correction. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(2):161–171, 1998.
- [28] M. E. Brummer, R. M. Mersereau, R. L. Eisner und R. J. Lewine. Automatic detection of brain contours in MRI data sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2):153–166, 1993.
- [29] J. Canny. A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(6):679–698, 1986.
- [30] Manfredo P. do Carmo. *Differentialgeometrie von Kurven und Flächen*. Vieweg, Braunschweig; Wiesbaden, 1983.
- [31] G. Cerri, R. De Leo, F. Moglie und A. Schiavoni. An accurate 3-D model for magnetic stimulation of the brain cortex. *Journal of Medical Engineering & Technology*, 19(1):7–16, 1995.
- [32] G. E. Christensen, R. D. Rabbitt und M. I. Miller. Deformable templates using large deformation kinematics. *IEEE Transactions on Image Processing*, 5(10):1435–1447, 1996.
- [33] I. Cohen, L. D. Cohen und N. Ayache. Using deformable surfaces to segment 3D images and infer differential structures. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, 56(2):242–263, 1992.
- [34] D. L. Collins, P. Neeling, T. M. Peters und A. C. Evans. Automatic 3D intersubject registration of MR volumetric data in standardized talairach space. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 18(2):192–205, 1994.
- [35] A. M. Dale, B. Fischl und M. I. Sereno. Cortical surface-based analysis: I. segmentation and surface reconstruction. *NeuroImage*, 9:179–194, 1999.
- [36] Anders M. Dale und Martin I. Sereno. Improved localization of cortical activity by combining EEG and MEG with MRI cortical surface reconstruction: A linear approach. *Journal of Cognitive Neuroscience*, 5(2):162–176, 1993.
- [37] Per-Erik Danielsson. Euclidean distance mapping. *Computer Graphics and Image Processing*, 14:227–248, 1980.



- [38] C. Davatzikos. Spatial transformation and registration of brain images using elastically deformable models. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, 66:207–222, 1997.
- [39] C. Davatzikos und R. N. Bryan. Using a deformable surface model to obtain a shape representation of the cortex. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(6):785–795, 1996.
- [40] C. A. Davatzikos und J. L. Prince. An active contour model for mapping the cortex. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(1):65–80, 1995.
- [41] B. M. Dawant, A. P. Zijdenbos und R. A. Margolin. Correction of intensity variations in MR images for computer-aided tissue classification. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(4):770–781, 1993.
- [42] A. P. Dempster, N. M. Laird und D. B. Rubin. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society B*, 39:1–38, 1977.
- [43] R. Deriche. Using canny’s criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector. *International Journal of Computer Vision*, 1(2):167–187, 1987.
- [44] R. Deriche. Fast algorithms for low level vision. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(1):78–87, 1990.
- [45] R. O. Duda, P. E. Hart und J. H. Munson. Graphical data processing research study and experimental investigation. *Stanford Research Institute, Menlo Park, CA*, AD-650 926, Seite 28–30, 1967.
- [46] N. Duta und M. Sonka. Segmentation and interpretation of MR brain images: An improved active shape model. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(6):1049–1062, 1998.
- [47] H.-H. Ehrlicke und G. Laub. Integrated 3D display of brain anatomy and intracranial vasculature in MR imaging. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 14(5):846–852, 1990.
- [48] A. C. Evans, D. L. Collins, S. R. Mills, E. D. Brown, R. L. Kelly und T. M. Peters. 3D statistical neuroanatomical models from 305 MRI volumes. In *Proc. IEEE-nuclear science symposium and medical imaging conference*, Seite 1813–1817, 1993.
- [49] A. C. Evans, D. L. Collins und B. Milner. An MRI-based stereotactic atlas from 250 young normal subjects. *Abstracts - Society for Neuroscience*, 18:408, 1992.

- [50] A. C. Evans, M. Kamber, D. L. Collins und D. Macdonald. An MRI-based probabilistic atlas of neuroanatomy. In S. Shorvon, D. Fish, F. Andermann, G. M. Bydder und H. Stefan, Hrsg., *Magnetic resonance scanning and epilepsy*, Seite 263–274. NATO ASI Series A, Life Sciences, vol. 264. Plenum Press, 1994.
- [51] A. X. Falcão, J. K. Udupa und F. K. Miyazawa. An ultra-fast user-steered image segmentation paradigm: Live wire on the fly. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19(1):55–62, 2000.
- [52] James D. Foley, Andries van Dam, Steven K. Feiner und John F. Hughes. *Computer Graphics: Principles and Practice*. Addison-Wesley, Bonn; München; Reading, Mass., 2. Auflage, 1992.
- [53] N. C. Fox, P. A. Freeborough und M. N. Rossor. Visualisation and quantification of rates of atrophy in Alzheimer’s disease. *The Lancet*, 348:94–97, 1996.
- [54] K. J. Friston, J. Ashburner, J.-B. Poline, C. D. Frith, J.-D. Heather und R. S. J. Frackowiak. Spatial registration and normalization of images. *Human Brain Mapping*, 2:165–189, 1995.
- [55] Yaorong Ge, J. Michael Fitzpatrick, Benoit M. Dawant, Jun Bao, Robert M. Kessler und Richard A. Margolin. Accurate localization of cortical convolutions in MR brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(4):418–428, 1996.
- [56] G. Gerig, O. Kübler, R. Kikinis und F. Jolesz. Nonlinear anisotropic filtering of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 11(2):221–232, 1992.
- [57] M. Gerke, H. Vogt, W. Fiebert und H. Kretschmann. 3D reconstruction of neurofunctional structures for neuroimaging. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 20(1):1–13, 1996.
- [58] C. R. Giardina und E. R. Dougherty. *Morphological Methods in Image and Signal Processing*. Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1988.
- [59] Seung-Cheol Goh und Chung-Nim Lee. Counting minimal paths in 3D digital geometry. *Pattern Recognition Letters*, 13(11):765–771, 1992.
- [60] J. A. Goldak, X. Yu, A. Knight und L. Dong. Constructing discrete medial axis of 3-D objects. *International Journal of Computational Geometry and Applications*, 1(3):327–339, 1991.

- [61] Georges Le Goualher, Emmanuel Procyk, D. Louis Collins, Raghu Venugopal, Christian Barillot und Alan C. Evans. Automated extraction and variability analysis of sulcal neuroanatomy. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(3):206–217, 1999.
- [62] T. J. Grabowski, R. J. Frank, N. R. Szumski, C. K. Brown und H. Damasio. Validation of partial tissue segmentation of single-channel magnetic resonance images of the brain. *NeuroImage*, 12:640–656, 2000.
- [63] Ralf Hartmut Güting. *Datenstrukturen und Algorithmen*. Teubner, Stuttgart, 1992.
- [64] R. Guillemaud und M. Brady. Estimating the bias field of MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(3):238–251, 1997.
- [65] André Guézic und David Dean. The wrapper: A surface optimization algorithm that preserves highly curved areas. In *Proc. Visualization in Biomedical Computing VBC'94, SPI vol 2359*, Seite 631–642, 1994.
- [66] André Guézic und Robert Hummel. Exploiting triangulated surface extraction using tetrahedral decomposition. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 1(4):328–342, 1995.
- [67] J. V. Hajnal, N. Saeed, A. Oatridge, E. J. Williams, I. R. Young und G. M. Bydder. Detection of subtle brain changes using sub-voxel registration and subtraction of brain images. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 19:677–691, 1995.
- [68] R. M. Haralick, S. R. Sternberg und X. Zhuang. Image analysis using mathematical morphology. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9:532–550, 1987.
- [69] S. L. Hartmann, M. H. Parks, P. R. Martin und B. M. Dawant. Automatic 3-D segmentation of internal structures of the head in MR images using a combination of similarity and free-form transformations: Part II, validation on severely atrophied brains. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):917–926, 1999.
- [70] T. Heinonen, P. Dastidar, H. Eskola, H. Frey, P. Ryymin und E. Laasonen. Applicability of semi-automatic segmentation for volumetric analysis of brain lesions. *Journal of Medical Engineering & Technology*, 22(4):173–178, 1998.
- [71] T. Heinonen, P. Dastidar, P. Kauppinen, J. Malmivuo und H. Eskola. Semi-automatic tool for segmentation and volumetric analysis of medical images. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 36:291–296, 1998.

- [72] T. Heinonen, K. Visala, M. Blomqvist, H. Eskola und H. Frey. 3D visualization library for multimodal medical images. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 22:267–273, 1998.
- [73] Tomi Heinonen, Prasun Dastidar, Harry Frey und Hannu Eskola. Applications of MR image segmentation. *International Journal of Bioelectromagnetism*, 1(1):35–46, 1999.
- [74] Karsten Held, Elena Rota Kops, Bernd J. Krause, William M. Wells, III, Ron Kikinis und Hans-Wilhelm Müller-Gärtner. Markov random field segmentation of brain MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6):878–886, 1997.
- [75] H. Helmholtz. Ueber einige Gesetze der Vertheilung elektrischer Ströme in körperlichen Leitern mit Anwendungen auf die thierisch-elektrischen Versuche. *Annalen der Physik und Chemie*, 89:211–233,353–377, 1853.
- [76] C. T. Huang und O. R. Mitchell. Rapid Euclidean distance transformation using grey scale morphology decomposition. In *IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, CVPR'91*, Seite 695–697, 1991.
- [77] R. J. Illmoniemi, J. Ruohonen und J. Karhu. Transcranial magnetic stimulation — A new tool for functional imaging of the brain. *Critical Reviews in Biomedical Engineering*, 27(3–5):241–284, 1999.
- [78] L. Janos und A. Rosenfeld. Digital connectedness: An algebraic approach. *Pattern Recognition Letters*, 1:135–139, 1983.
- [79] Bernd Jähne. *Digitale Bildverarbeitung*. Springer, Berlin; Heidelberg; New York, 4. Auflage, 1997.
- [80] B. Johnston, S. Atkins, B. Mackiewich und M. Anderson. Segmentation of multiple sclerosis lesions in intensity corrected multispectral MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(2):154–169, 1996.
- [81] M. Joliot und B. M. Mazoyer. Three-dimensional segmentation and interpolation of magnetic resonance brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2):269–277, 1993.
- [82] M. Kaas, A. Witkin und D. Terzopoulos. Snakes: Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1(4):321–331, 1988.
- [83] M. Kamber, R. Shinghal, D. Collins, G. Francis und A. Evans. Model-based 3-D segmentation of multiple sclerosis lesions in magnetic resonance brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(3):442–453, 1995.

- [84] N. B. Karayiannis und P-I. Pai. Segmentation of magnetic resonance images using fuzzy algorithms for learning vector quantization. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(2):172–180, 1999.
- [85] A. Kelemen, G. Székely und G. Gerig. Elastic model-based segmentation of 3-D neuroradiological data sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):828–839, 1999.
- [86] R. Kikinis, D. Altobelli, W. Lorensen, W. Wells und G. Ettinger. Pre- and intra-operative tumor localization using 3-D renderings of MRI's. In *Abstracts of the 12th Annual Scientific Meeting of the Society of Magnetic Resonance in Medicine*, 1993.
- [87] R. Kikinis, F. A. Jolesz, W. E. Lorensen, H. E. Cline, P. E. Stieg und P. McL. Black. 3-D reconstruction of skull base tumors from MRI data for neurosurgical planning. In *Proc. Society of Magnetic Resonance in Medicine Conference*, 1991.
- [88] N. Kiryati und G. Szekely. Estimating shortest paths and minimal distances on digitized three-dimensional surfaces. *Pattern Recognition*, 26(11):1623–1637, 1993.
- [89] George H. Klem, Hans Otto Lüders, H. H. Jasper und C. Elger. The twenty electrode system of the international federation. In G. Deutschl und A. Eisen, Hrsg., *Recommendations for the Practice of Clinical Neurophysiology: Guidelines of the International Federation of Clinical Physiology (EEG Suppl. 52)*, Kapitel 1.1, Seite 3–6. Elsevier Science B. V., 1999.
- [90] T. Y. Kong und A. Rosenfeld. Digital topology: Introduction and survey. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 48:357–393, 1989.
- [91] E. L. Kramer und J. J. Sanger, Hrsg. *Clinical SPECT Imaging*. Raven Press, New York, 1995.
- [92] F. Kruggel und G. Lohmann. Automatical adaption of the stereotactical coordinate system in brain MRI datasets. In *Proc. 15th Intern. Conf. on Information Processing in Medical Imaging, Poultney, VT*, 1997.
- [93] C.-N. Lee, T. Poston und A. Rosenfeld. Holes and genus of 2D and 3D digital images. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Graphical Models and Image Processing*, 55(1):20–47, 1993.
- [94] J. W. Lee, F. Andermann, F. Dubeau, A. Bernasconi, D. MacDonald, A. C. Evans und D. C. Reutens. Morphometric analysis of the temporal lobe in temporal lobe epilepsy. *Epilepsia*, 39:727–736, 1998.

- [95] Ta-Chih Lee, Rangasami L. Kashyap und Chong-Nam Chu. Building skeleton models via 3-D medial surface/axis thinning algorithms. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Graphical Models and Image Processing*, 56(6):462–478, 1994.
- [96] L. Lemieux, U. C. Wiesmann, N. F. Moran, D. R. Fish und S. D. Shorvon. The detection and significance of subtle changes in mixed-signal brain lesions by serial MRI scan matching and spatial normalization. *Medical Image Analysis*, 2:227–242, 1998.
- [97] Louis Lemieux, Georg Hagemann, Karsten Krakow und Friedrich G. Woermann. Fast, accurate, and reproducible automatic segmentation of the brain in T1-weighted volume MRI data. *Magnetic Resonance in Medicine*, 42:127–135, 1999.
- [98] D. N. Levin, X. Hu, K. K. Tan, S. Galhotra, C. A. Pelizzari, G. T. Y. Chen, R. N. Beck, C. T. Chen, M. D. Copper, J. F. Mullan, J. Hekmatpanah und J. P. Spire. The brain: Integrated three-dimensional display of MR and PET images. *Radiology*, 172:783–789, 1989.
- [99] M. Levoy. Display of surfaces from volume data. *IEEE Computer Graphics and Applications*, 8(3):29–37, 1988.
- [100] Gabriele Lohmann. *Volumetric Image Analysis*. Wiley-Teubner, Chichester; New York; Brisbane; Toronto; Singapore; Stuttgart; Leipzig, 1998.
- [101] W. E. Lorensen und H. E. Cline. Marching cubes: A high resolution 3D surface construction algorithm. *Computer Graphics*, 21(3):163–169, 1987.
- [102] N. Losseff, L. Wang, H. Lai, D. Yoo, M. Gawne-Cain, W. McDonald, D. Miller und A. Thompson. Progressive cerebral atrophy in multiple sclerosis, a serial MRI study. *Brain*, 119:2009–2019, 1996.
- [103] B. Lütkenhöner, E. Menninghaus, O. Steinsträter, C. Wienbruch, H. M. Gißler und Th. Elbert. Neuromagnetic source analysis using magnetic resonance images for the construction of source and volume conductor model. *Brain Topography*, 7(4):291–299, 1995.
- [104] D. MacDonald, N. Kabani, D. Avis und A. C. Evans. Automated 3-D extraction of inner and outer surfaces of cerebral cortex from MRI. *NeuroImage*, 12:340–356, 2000.
- [105] V. Mathews, P. Barker und R. Bryan. Magnetic resonance evaluation of stroke. *Magnetic Resonance*, 8(4):245–263, 1992.



- [106] D. D. Maudgil, S. L. Free, S. M. Sisodiya, L. Lemieux, F. G. Woerman, D. R. Fish und S. D. Shorvon. Identifying homologous anatomical landmarks on reconstructed magnetic resonance images of the human cerebral cortical surface. *Journal of Anatomy*, 193:559–571, 1998.
- [107] Karl Heinz Mayer. *Algebraische Topologie*. Birkhäuser, Basel, Boston, Berlin, 1989.
- [108] Alasdair McAndrew und Charles Osborne. A survey of algebraic methods in digital topology. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 6:139–159, 1996.
- [109] Tim McInerney und Demetri Terzopoulos. Topology adaptive deformable surfaces for medical image volume segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):840–850, 1999.
- [110] Cherng Min Ma. On topology preservation in 3D thinning. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, 59(3):328–339, 1994.
- [111] Heinrich Müller und Michael Stark. Adaptive generation of surfaces in volume data. *The Visual Computer*, 9:128–199, 1993.
- [112] U. Montanari. A method for obtaining skeletons using a quasi-euclidean distance. *Journal of Association of Computing Machinery*, 15(4):600–624, 1968.
- [113] D. G. Morgenthaler und A. Rosenfeld. Surfaces in three-dimensional digital images. *Information and Control*, 51:227–247, 1981.
- [114] V. Märgner und P. Zamperoni. Einige Experimente zur datenreduzierten Darstellung von digitisierten Mustern durch die Mittelachsen-Transformation. In H.-H. Nagel, Hrsg., *Digitale Bildverarbeitung. Informatik-Fachberichte N.8*, Seite 212–222. Springer, Berlin; Heidelberg; New York, 1977.
- [115] C. W. Niblack, P. B. Gibbons und D. W. Capson. Generating skeletons and centerlines from the distance transformation. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 54(5):420–437, 1992.
- [116] Joseph O’Rourke. *Computational Geometry in C*. Cambridge University Press, Cambridge, New York, Melbourne, 1994.
- [117] T. Pavlidis. A thinning algorithmus for discrete binary images. *Computer Graphics and Image Processing*, 13:142–157, 1980.

- [118] D. Peck, J. Windham, L. Emery, H. Soltanian-Zedeh, D. Hearshen und T. Mikkelsen. Cerebral tumor volume calculations using planimetric and eigenimage analysis. *Medical Physics*, 23:2035–2042, 1996.
- [119] P. Perona und J. Malik. Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(7):629–639, 1990.
- [120] William H. Press, Brian P. Flannery, Saul A. Teukolsky und William T. Vetterling. *Numerical Recipes in C*. Cambridge University Press, Cambridge, New York, Melbourne, 1990.
- [121] K. Preston. Three-dimensional mathematical morphology. *Image and Vision Computing*, 9:285–295, 1991.
- [122] I. Ragnemalm. The Euclidean distance transformation in arbitrary dimensions. *Pattern Recognition Letters*, 14:883–888, 1993.
- [123] Jagath C. Rajapakse, Jay N. Giedd und Judith L. Rapoport. Statistical approach to segmentation of single-channel cerebral MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(2):176–186, 1997.
- [124] W. E. Reddick, J. O. Glass, E. N. Cook, T. D. Elkin und R. J. Deaton. Automated segmentation and classification of multispectral magnetic resonance images of brain using artificial neural networks. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6):911–918, 1997.
- [125] C. Ronse. A topological characterization of thinning. *Theoretical Computer Science*, 43:31–41, 1986.
- [126] A. Rosenfeld. Connectivity in digital pictures. *Journal of Association of Computing Machinery*, 17(1):146–160, 1970.
- [127] A. Rosenfeld. Fuzzy digital topology. *Information and Control*, 40:76–87, 1979.
- [128] A. Rosenfeld. Three-dimensional digital topology. Technical report, Tr-936, Computer Vision Laboratory, Computer Science Center, Univ. of Maryland, College Park, 1980.
- [129] A. Rosenfeld. On connectivity properties of grayscale pictures. *Pattern Recognition*, 16(1):47–50, 1983.
- [130] A. Rosenfeld. The fuzzy geometry of image subsets. *Pattern Recognition Letters*, 2:311–317, 1984.

- [131] A. Rosenfeld und A. C. Kak. *Digital picture processing*. Academic Press, New York, NY, 2. Auflage, 1982.
- [132] A. Rosenfeld und J. Pfaltz. Sequential operations in digital picture processing. *Journal of Association of Computing Machinery*, 13(4):471–494, 1966.
- [133] A. Rosenfeld und J. Pfaltz. Distance functions on digital pictures. *Pattern Recognition*, 1:33–61, 1968.
- [134] Toyofumi Saito und Jun-Ichiro Toriwaki. New algorithms for Euclidean distance transformation of an n-dimensional digitized picture with applications. *Pattern Recognition*, 27(11):1551–1565, 1994.
- [135] S. Samarasekera, J. Udupa, Y. Miki, L. Wei und R. Grossman. A new computer-assisted method for the quantification of enhancing lesions in multiple sclerosis. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 21(1):145–151, 1997.
- [136] S. Sandor und R. Leahy. Surface-based labeling of cortical anatomy using a deformable atlas. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(1):41–54, 1997.
- [137] M. Santarelli, V. Positano und L. Landini. Real-time multimodal medical image processing: A dynamic volume rendering application. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 1(3):171–178, 1997.
- [138] N. Schmitz. *Vorlesungen über Wahrscheinlichkeitstheorie*. Teubner, Stuttgart, 1996.
- [139] Uwe Schöning. *Logik für Informatiker*. BI-Wissenschaftsverlag, Mannheim; Wien; Zürich, 1989.
- [140] D. Schwartz, E. Poiseau, D. Lemoine und C. Barillot. Registration of MEG/EEG data with MRI: Methodology and precision issues. *Brain Topography*, 9(2):101–116, 1996.
- [141] J. Serra. *Image Analysis and Mathematical Morphology*. Academic Press, New York, NY, 1982.
- [142] N. Shareef, D. L. Wang und R. Yagel. Segmentation of medical images using LEGION. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(1):74–91, 1999.
- [143] D. W. Shattuck, S. R. Sandor-Leahy, K. A. Schaper, D. A. Rottenberg und R. M. Leahy. Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model. *NeuroImage*, 13:856–876, 2001.

- [144] D. Shen, E. H. Herskovits und C. Davatzikos. An adaptive-focus statistical shape model for segmentation and shape modeling of 3-D brain structures. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(4):257–270, 2001.
- [145] A. Simmons, P. S. Tofts, G. J. Barker und S. R. Arridge. Sources of intensity nonuniformity in spin echo images at 1.5 T. *Magnetic Resonance in Medicine*, 32:121–128, 1994.
- [146] J. G. Sled und G. B. Pike. Standing-wave and RF penetration artifacts caused by elliptic geometry: An electrodynamic analysis of MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(4):653–662, 1998.
- [147] J. G. Sled und G. B. Pike. Understanding intensity non-uniformity in MRI. In *1st Intern. Conf. on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention — MICCAI '98*, Seite 614–622, 1998.
- [148] R. C. Smith und R. C. Lange. *Understanding Magnetic Resonance Imaging*. CRC Press, Boca Raton, New York, 1997.
- [149] S. Smith. Fast robust automated brain extraction. *Human Brain Mapping*, 17(3):143–155, 2002.
- [150] M. Sonka, S. K. Tadikonda und S. M. Collins. Knowledge-based interpretation of MR brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(4):443–452, 1996.
- [151] N. Srihari, J. K. Udupa und M. M. Yau. Understanding the bin of parts. In *Proc. IEEE Conference on Decision and Control*, Seite 44–49, 1979.
- [152] R. Stefanelli und A. Rosenfeld. Some parallel thinning algorithms for digital pictures. *Journal of Association of Computing Machinery*, 18(2):255–264, 1971.
- [153] Olaf Steinsträter und Bernd Lütkenhöner. Three-dimensional reconstruction of the auditory cortical areas from magnetic resonance images. *Audiology & Neuro-Otology*, 3:265–278, 1998.
- [154] S. R. Sternberg. Grayscale morphology. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 35:333–355, 1986.
- [155] L. N. Stout. Two discrete forms of the Jordan curve theorem. *American Mathematical Monthly*, 95(4):332–336, 1988.
- [156] S. Suzuki und K. Abe. New fusion operations for digitized binary images and their applications. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 7(6):638–652, 1985.

- [157] J. Talairach und P. Tournoux. *Co-Planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain*. Thieme Medical Publishers, New York, 1988.
- [158] D. Terzopoulos und K. Fleischer. Deformable models. *The Visual Computer*, 4(6):306–331, 1988.
- [159] D. Terzopoulos, A. Witkin und M. Kass. Constraints on deformable models: Recovering 3D shape and nonrigid motion. *Artificial Intelligence*, 36(1):91–123, 1988.
- [160] U. Tiede, K.-H. Höhne, M. Bomans, A. Pommert, M. Riemer und G. Wiebecke. Investigation of medical 3D-rendering algorithms. *IEEE Computer Graphics and Applications*, 10(2):41–53, 1990.
- [161] M. Tincher, C. R. Meyer, R. Gupta und D. M. Williams. Polynomial modelling and reduction of RF body coil spatial inhomogeneity in MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2):361–365, 1993.
- [162] Y. F. Tsao und K. S. Fu. A parallel thinning algorithm for 3-D pictures. *Computer Graphics and Image Processing*, 17(4):315–331, 1981.
- [163] Y. F. Tsao und K. S. Fu. A 3D parallel skeletonwise thinning algorithm. In *Proc. IEEE Computer Society Conference on Pattern Recognition and Image Processing, PRIP '82*, Seite 678–683, 1982.
- [164] K. van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen und P. Suetens. Automated model-based bias field correction of MR images of the brain. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):885–896, 1999.
- [165] K. van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen und P. Suetens. Automated model-based tissue classification of MR images of the brain. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):897–908, 1999.
- [166] M. W. Vannier, B. S. Brunsten, C. F. Hildebolt, D. Falk, J. M. Cheverud, G. S. Figiel, W. H. Perman, L. A. Kohn, R. A. Robb, R. L. Yoffie und S. Bresina. Brain surface cortical sulcal lengths: quantification with three-dimensional MR imaging. *Radiology*, 180:479–484, 1991.
- [167] J. T. Vaughan, H. P. Hetherington, J. O. Otu, J. W. Pan und G. M. Pohost. High frequency volume coils for clinical NMR imaging and spectroscopy. *Magnetic Resonance in Medicine*, 32:206–218, 1994.
- [168] R. Velthuizen, L. Clarke, S. Phuphanics, O. Hall, A. Bensaid, J. Arrington, H. M. Greenberg und M. Silbiger. Unsupervised measurement of brain tumor volume on MR images. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 5:594–605, 1995.

- [169] B. J. H. Verwer. Local distances for distance transformations in two and three dimensions. *Pattern Recognition Letters*, 12(11):671–682, 1991.
- [170] Michael Wagner. *Rekonstruktion neuronaler Ströme aus bioelektrischen und biomagnetischen Messungen auf der aus MR-Bildern segmentierten Hirnrinde*. Berichte aus der Medizinische Informatik und Bioinformatik. Shaker, Aachen, 1998.
- [171] D. Weishaupt, V. D. Köchli und B. Marincek. *Wie funktioniert MRI?* Springer, Berlin; Heidelberg; New York, 3. Auflage, 2001.
- [172] Terry A. Welch. A technique for high performance data compression. *IEEE Computer*, 17(6):8–19, 1984.
- [173] W. M. Wells, III, W. E. L. Grimson, R. Kikinis und F. A. Jolesz. Adaptive segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(4):429–442, 1996.
- [174] Niklaus Wirth. *Algorithmen und Datenstrukturen*. Teubner, Stuttgart, 3. Auflage, 1983.
- [175] F. G. Woermann, S. L. Free, M. J. Koepp, J. Ashburner und J. S. Duncan. Voxel-by-voxel comparison of automatically segmented cerebral gray matter — A rater-independent comparison of structural MRI in patients with epilepsy. *NeuroImage*, 10:373–384, 1999.
- [176] F. G. Woermann, S. L. Free, M. J. Koepp, S. M. Sisodiya und J. S. Duncan. Abnormal cerebral structure in juvenile myoclonic epilepsy demonstrated with voxel-based analysis of MRI. *Brain*, 122:2101–2108, 1999.
- [177] F. G. Woermann, S. M. Siosodiya, S. L. Free und J. S. Duncan. Quantitative MRI in patients with idiopathic generalized epilepsy. *Brain*, 121:1661–1667, 1998.
- [178] F. G. Woermann, L. Tebartz van Elst, M. J. Koepp, S. L. Free, P. J. Thompson, M. R. Trimble und J. S. Duncan. Reduction of frontal neocortical grey matter associated with affective aggression in patients with temporal lobe epilepsy: an objective voxel by voxel analysis of automatically segmented MRI. *Journal of Neurology, Neurosurgery, and Psychiatry.*, 68:162–169, 2000.
- [179] R. P. Woods, S. R. Cherry und J. C. Mazziotta. Rapid automated algorithm for aligning and reslicing PET images. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 16:620–633, 1992.



- [180] C. Xu, D. L. Pham, M. E. Rettmann, D. N. Yu und J. L. Prince. Reconstruction of the human cerebral cortex from magnetic resonance images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(6):467–480, 1999.
- [181] C. Xu und J. L. Prince. Generalized gradient vector flow external forces for active contours. *Signal Processing*, 71(2):131–139, 1998.
- [182] H. Yamada. Complete Euclidean distance transformation by parallel operation. In *Proc. 7th Int. Conf. on Pattern Recognition, Montreal, Canada*, Seite 69–71, 1984.
- [183] A. Yezzi, S. Kichenassamy, A. Kumar, P. Olver und A. Tannenbaum. A geometric snake model for segmentation of medical imagery. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(2):199–209, 1997.
- [184] L. Zamora, Z. Jiang und A. Kadi. Computer-assisted neurosurgery system: Wayne State University hardware and software configuration. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 18(4):257–271, 1994.
- [185] Piero Zamperoni. *Methoden der digitalen Bildsignalverarbeitung*. Vieweg, Braunschweig; Wiesbaden, 2. Auflage, 1991.
- [186] X. Zeng, L. H. Staib, R. T. Schultz und J. S. Duncan. Segmentation and measurement of the cortex from 3-D MR images using coupled-surfaces propagation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):927–937, 1999.
- [187] Y. Zhang, M. Brady und S. Smith. Segmentation of brain MR images through a hidden markov random field model and the expectation-maximization algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(1):45–57, 2001.
- [188] P. G. Zimbardo. *Psychologie*. Springer, Berlin; Heidelberg; New York, 5. Auflage, 1992.
- [189] Steven W. Zucker und Robert A. Hummel. A three-dimensional edge operator. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 3(3):324–331, 1981.

# Danksagung

Diese Arbeit wurde an der Westfälischen Wilhelms-Universität im Institut für Experimentelle Audiologie angefertigt. An dieser Stelle möchte ich allen Kollegen, Freunden und Bekannten danken, die zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen haben.

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. B. Lütkenhöner, der mich während der Erstellung dieser Dissertation betreut hat, sowie den Mitarbeitern des Instituts für Experimentelle Audiologie.

Ebenso danke ich Herrn Prof. Dr. S. Knecht und den Mitarbeitern seiner Arbeitsgruppe für ihre Anregungen während des Abfassens dieser Arbeit.

# Lebenslauf

24. 3. 1965 geboren in Neuenkirchen, Kreis Steinfurt  
Eltern: Rudolf und Ingeborg Steinsträter,  
geb. Schütte
16. 8. 1971 – 15. 7. 1975 Grundschulbesuch, Ludgerus-Grundschule  
in Elte
1. 9. 1975 – 14. 6. 1986 Besuch des Arnold-Janssen-Gymnasiums  
in Neuenkirchen
14. 6. 1986 Abitur
16. 9. 1986 – 4. 7. 1988 Studium der Informatik, Universität Karlsruhe
27. 9. 1988 – 23. 12. 1994 Studium der Physik und Mathematik,  
Universität Münster
10. 4. 1991 Vordiplom Mathematik, Vordiplom Physik
23. 12. 1994 Diplom Physik
1. 2. 1995 – 31. 7. 2000 Beschäftigung als wissenschaftlicher Mitarbeiter  
im Institut für experimentelle Audiologie,  
Universitätsklinikum Münster
- seit 1. 9. 2000 Beschäftigung als wissenschaftlicher Mitarbeiter  
der Klinik und Poliklinik für Neurologie,  
Universitätsklinikum Münster

Steinfurt, 28. Mai 2003

(Olaf Steinsträter)