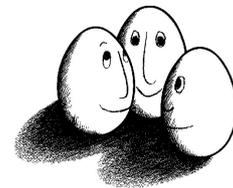


Diplomarbeit

Computerunterstützte Analyse von Mammographie- Aufnahmen

Vanessa Faber



Diplomarbeit
am Fachbereich Informatik
der TU Dortmund

Dortmund, 5. Juni 2009

Betreuer:

Prof. Dr. Katharina Morik
Dipl.-Inform. Christian Bockermann

Danksagung

An dieser Stelle möchte ich mich zuallererst bei Prof. Dr. Katharina Morik und Dipl.-Inf. Christian Bockermann des Lehrstuhls 8 der Fakultät Informatik für die freundliche und ermutigende Betreuung während dieser Arbeit bedanken.

Besonderer Dank gebührt ebenfalls meinem Mann Carlo und meinen Eltern, die mir während des Studiums und der Diplomarbeit immer beiseite standen und mir unerschütterliche Geduld und Verständnis entgegenbrachten.

Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis	vii
Tabellenverzeichnis	ix
1. Einleitung	1
1.1. Motivation	2
1.2. Zielsetzung der Arbeit	3
1.3. Aufbau der Arbeit	3
2. Mammographiebilder und medizinischer Hintergrund	5
2.1. Exkurs in die Brustkrebsdiagnostik	5
2.1.1. Mammographiebilder	5
2.1.2. Gewebearten	6
2.1.3. Gewebeveränderungen	6
2.1.4. Fazit	9
2.2. Statistische Kenngrößen in der Medizin	11
2.3. Mammographische Effizienz	13
2.4. Aktuelle Forschung	14
3. Verfahrensentwurf	15
3.1. Elementare Bereiche der Bildverarbeitung	15
3.1.1. Bildgewinnung	15
3.1.2. Bildbearbeitung	16
3.1.3. Bilderkennung	19
3.2. Maschinelles Lernen	20
3.2.1. Grundsätzliches	20
3.2.2. Klassifikation mittels SVM	21
3.2.3. Maschinelles Lernen mit Bildinformationen	23
3.3. Modellierung des Verfahrens	25
3.3.1. Bestehende Ansätze	25
3.3.2. Vorüberlegungen	25
3.3.3. Allgemeiner Aufbau	27
3.3.4. Datenbankauswahl	27
3.3.5. Experimentierumgebung	29
4. Basistransformationen	30
4.1. Basen und Basiswechsel	30
4.1.1. Orthogonale Basen	30
4.1.2. Funktionen als Basis	32

4.2.	Fouriertransformation	32
4.2.1.	Diskrete Fouriertransformation	33
4.2.2.	Fouriertransformation von Bildern	35
4.2.3.	Die Konvolution zweier Funktionen	38
4.3.	Hauptkomponentenanalyse	38
4.4.	Weitere Transformationsmöglichkeiten	41
5.	Merkmale	42
5.1.	Überblick	42
5.2.	Auswahl geeigneter Merkmale	43
5.3.	Haralick'sche Texturmerkmale	44
5.3.1.	Ko-Okkurrenz-Matrizen	44
5.3.2.	Die Merkmale	46
5.4.	Gabormerkmale	46
5.4.1.	Gaborfilter und Gabortransformation	47
5.4.2.	Die Merkmale	51
5.5.	Merkmalseinsatz	53
5.6.	Merkmalsbilder	54
6.	Lernphase - Erste Experimente	62
6.1.	Vorüberlegungen und Versuchsplanung	62
6.2.	Erste Ergebnisse	65
6.3.	Modifizierte Skalierungen	68
6.4.	Parameteroptimierung der SVMs	74
6.5.	Dimensionsreduktionen	77
6.5.1.	Merkmalsselektion	77
6.5.2.	Merkmalsstransformation mittels PCA	81
7.	Verbesserungsversuche und Analysephase	85
7.1.	Verbesserungsversuche	85
7.1.1.	Bildgebundene Normalisierung	85
7.1.2.	Variation der Filterparameter	88
7.1.3.	Haralickmerkmale nach Größenvariation der ROIs	90
7.1.4.	Histogrammanpassungen	91
7.2.	Analysephase	92
7.2.1.	Aufbau	92
7.2.2.	Modellauswahl	95
7.2.3.	Markierte Mammographiebilder	95
8.	Zusammenfassung und Ausblick	102
8.1.	Zusammenfassung	102
8.2.	Ausblick	103
A.	Implementierung	107
B.	Bilder der Bildanalyse	111

Abbildungsverzeichnis

1.1. Mortalitätsraten in Relation zu UICC-Stadien	1
1.2. Entwicklung der UICC-Stadienverteilung	2
2.1. Zwei-Ebenen-Mammographie	6
2.2. ACR-Gewebetypen 1 und 4 im Vergleich	7
2.3. Gutartige und bösartige Verkalkungen	10
2.4. Gutartiger und bösartiger Tumor	10
2.5. Konfusionsmatrix	12
3.1. Bildverarbeitungspipeline	15
3.2. Intensitätshistogramm	17
3.3. Intensitätshistogramm nach Grauwertspreizung	18
3.4. Intensitätshistogramm nach Histogrammglättung	19
3.5. Vereinfachter Verfahrensaufbau	28
4.1. Fourier-Beispiel 1	37
4.2. Fourier-Beispiel 2	37
5.1. GLCMs	45
5.2. Merkmalsberechnung Gabor	47
5.3. Gabor-Wavelets im Ortsbereich	49
5.4. Gabor-Wavelets im Frequenzbereich	50
5.5. Überlagerte Gabor-Wavelets im Frequenzbereich	50
5.6. Skalierte Gabor-Wavelets	51
5.7. Originalbild	52
5.8. Gefilterte Bilder	52
5.9. Originalbilder der Merkmalsbilder	55
5.10. Entropiebilder	56
5.11. ASM-Bilder	56
5.12. Korrelationsbilder	57
5.13. Kontrastbilder	57
5.14. Originalausschnitt	59
5.15. Fensterung 1	61
5.16. Fensterung 2	61
6.1. Prozessaufbau der Merkmalsextraktion	63
6.2. SE, SP, PPT und NPT als klassenbezogener Recall/Precision.	66
6.3. Periodische Skalierung	70
6.4. Hanning-Filterung <i>vor</i> Rahmenskalierung	71

6.5. Hanning-Filterung <i>nach</i> Rahmenskalierung	71
6.6. RM Prozessaufbau 1: Parameteroptimierung	74
6.7. RM Prozessaufbau 2: Ermittlung Parameterkombinationen	76
6.8. RM Prozessaufbau 3: Merkmalsselektion	79
6.9. Korrelationsmatrix einiger Merkmale	81
7.1. RM Prozessaufbau 4: Bildanalyse	93
7.2. Analyierte und kolorierte Mammographieaufnahme 1	98
7.3. Analyierte und kolorierte Mammographieaufnahme 2	99
B.1. Originalaufnahme aus DDSM-Fall 1108	111
B.2. Vorverarbeitete Aufnahme aus DDSM-Fall 1108	112
B.3. Analyierte Aufnahme aus DDSM-Fall 1108	113
B.4. Originalaufnahme aus DDSM-Fall 1907	114
B.5. Vorverarbeitete Aufnahme aus DDSM-Fall 1907	115
B.6. Analyierte Aufnahme aus DDSM-Fall 1907	116

Tabellenverzeichnis

2.1. ACR-Kriterien zur Gewebedichte	7
2.2. Unterscheidung Läsionen	9
2.3. BI-RADS Kategorien	11
3.1. Kernfunktionen	23
5.1. Haralickmerkmale	46
6.1. Ergebnisse Versuchsreihe 1	67
6.2. Ergebnisse Versuchsreihe 2	72
6.3. Ergebnisse Versuchsreihe 3	72
6.4. Ergebnisse Versuchsreihe 4	73
6.5. Ergebnisse nach Parameteroptimierung 1	73
6.6. Ergebnisse nach Parameteroptimierung 2	73
6.7. Ergebnisse nach Merkmalsselektion	80
6.8. Erste Ergebnisse PCA	82
6.9. Vergleichsergebnisse bei veränderter Varianz	83
6.10. Ergebnisse mit PCA-Daten nach Parameteroptimierung 1	83
6.11. Ergebnisse mit PCA-Daten nach Parameteroptimierung 2	83
7.1. Beispiel: Bildgebundene Normalisierung	100
7.2. Lernergebnisse nach bildgebundener Normalisierung	100
7.3. Ergebnisse nach Parameteroptimierung Gabor 1	100
7.4. Ergebnisse nach Parameteroptimierung Gabor 2	101
7.5. Vergleichsergebnisse Datensatz B	101
7.6. Größenoptimierung der ROIs für Haralickmerkmale 1	101
7.7. Größenoptimierung der ROIs für Haralickmerkmale 2	101
7.8. Ergebnisse nach Histogrammanpassung	101

1. Einleitung

In Europa stellt Brustkrebs die häufigste Krebserkrankung bei Frauen dar. Hierbei sind allein in Deutschland jährlich bis zu 58.000 Neuerkrankungen mit steigender Tendenz zu verzeichnen. Weiterhin sterben über 17.000 Frauen in Deutschland jedes Jahr an Brustkrebs.

Studien zeigen, dass die Sterblichkeitsrate mit fortschreitendem Erkrankungsstadium deutlich zunimmt. So wurden beispielsweise im Rahmen einer saarländischen Studie über verschiedene Zeiträume Daten zur Beschreibung der Überlebensraten anhand eines standardisierten Grading-Schemas, den sog. UICC-Stadien, erhoben [30]. Dieses Einstufungs-Schema wurde von der Internationalen Vereinigung gegen Krebs (UICC) eingeführt und unterteilt die verschiedenen Erkrankungsstufen in fünf Hauptstadien. Hierbei werden kleinste und örtlich begrenzte Tumore Stadium 0 zugeordnet, Erkrankungen des Stadiums 4 umfassen bereits metastasierte Karzinome. In Abbildung 1.1 sind die Ergebnisse der saarländischen Datenerhebung in Abhängigkeit der UICC-Gradingstufen dargestellt. Es wird deutlich, dass eine frühzeitige Erkennung und Behandlung vorhandener Gewebeerkrankungen die Mortalitätsrate signifikant reduzieren kann. Aus diesem Grund gewinnt die Brustkrebsvorsorge immer mehr an Bedeutung. Erste positive Entwicklungen durch verbesserte Vorsorge- und Qualitätssicherungsmaßnahmen sind bereits durch die Zunahme frühzeitig erkannter Brustkrebs-Erkrankungen zu verzeichnen (siehe Abbildung 1.2).

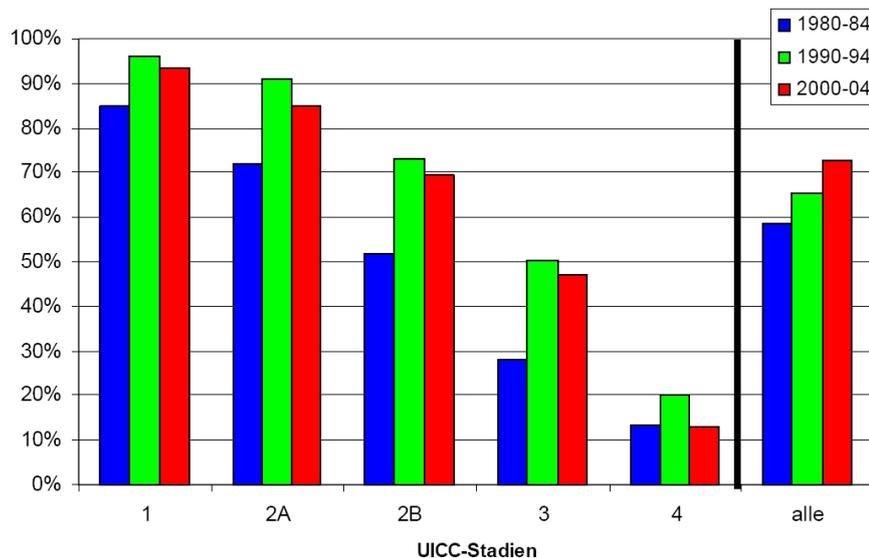


Abbildung 1.1.: Brustkrebs-Überlebensraten nach UICC-Stadien (Saarland) [30].

Die gebräuchlichste Untersuchungsmethode im Rahmen der Krebsvorsorge und Früh-erkennung stellt die Untersuchung des Brustgewebes mithilfe von Röntgenaufnahmen (Mammographiebildern) dar. Bereits in frühen Erkrankungsstadien können anhand von Mammographieaufnahmen Gewebeveränderungen (Läsionen) erkannt werden, so dass ein rechtzeitiges Handeln im Krankheitsfall ermöglicht werden kann.

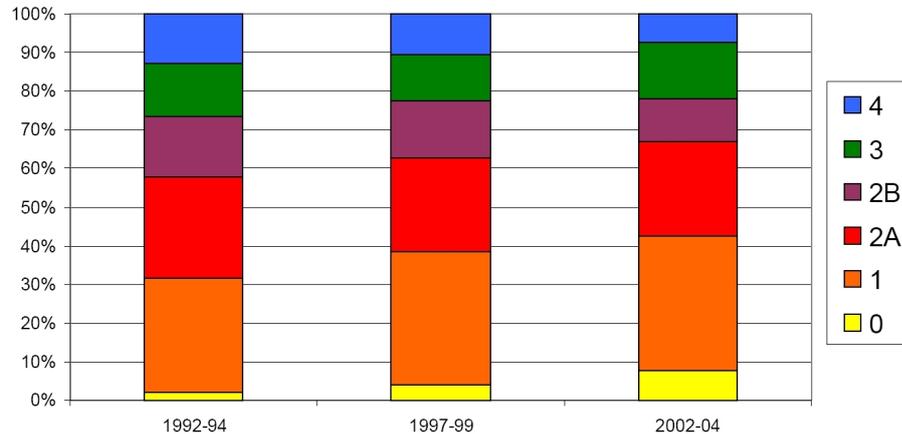


Abbildung 1.2.: Entwicklung der UICC-Stadienverteilung (RB Münster) [30].

1.1. Motivation

Die vorliegende Arbeit beschäftigt sich mit der computergestützten Analyse von Mammographiebildern. Diese Thematik wird motiviert durch den Umstand, dass Mammographieaufnahmen zu den am schwierigsten zu beurteilenden Röntgenaufnahmen zählen und die Interpretation der Bilder an Mediziner hohe Ansprüche stellt. Bei langfristiger Betrachtung könnte ein computergestütztes Diagnose-System (CAD-System) Radiologen eine sinnvolle Unterstützung bieten.

Probleme in der Diagnostik

Häufig bereitet das Erkennen von Läsionen auf Mammographiebildern Schwierigkeiten, da sich Gewebeveränderungen aufgrund geringer Größe, ihrer Lage im gesunden Brustgewebe und in Abhängigkeit der Gewebedichte zum Teil nur schlecht abgrenzen lassen. Als Faustregel gilt, dass bei steigender Gewebedichte die Schwierigkeit der Beurteilung von Mammographiebildern zunimmt, doch auch bei strahlendurchlässigem Gewebe können Schwierigkeiten aufgrund der jeweiligen Lage und Größe der Läsionen entstehen. Es erscheint also besonders sinnvoll, genau die schwierigen Fälle automatisiert zu detektieren, um Medizinern eine nützliche Unterstützung zu bieten. Dies betrifft insbesondere die Krebsfrüherkennung, da gerade Läsionen in Frühstadien häufig nur schwer zu erkennen sind und hierdurch bedingt die Gefahr von Fehleinschätzung relativ hoch ist. Im Rahmen einer Studie mit 108 ausgebildeten Radiologen wurde in [6] die Variabilität der einzelnen Diagnosen der jeweiligen Mediziner überprüft. Hierfür wurden Mammo-

graphieaufnahmen von 79 Patientinnen ausgewertet, hierunter befanden sich insgesamt 45 nachgewiesene Krebsfälle. Die Sensitivität schwankte in Abhängigkeit der jeweiligen Radiologen zwischen 47% und 100%, die Spezifität reichte von 36% bis 99%. Diese Ergebnisse zeigen, dass eine computerunterstützte Analyse des Bildmaterials zu einer Stabilisierung der Qualität der Auswertungen führen könnte, sofern Läsionen zuverlässig von CAD-Systemen erkannt werden.

Automatisierte Drittbefundung

Nach den Programmrichtlinien der Brustkrebsvorsorge besteht seitens der Radiologen die Pflicht, sogenannte Doppelbefundungen durchzuführen. Die Befundungen müssen von zwei unterschiedlichen Medizинern getrennt voneinander durchgeführt werden, bei abweichenden Ergebnissen muss die Meinung eines dritten Arztes eingeholt werden. Eine Möglichkeit für den praktischen Einsatz eines CAD-Systems könnte langfristig im Ersetzen der Drittbefundung bestehen. Wichtig erscheint hierbei eine Orientierung an den bestehenden medizinischen Standards und Vorgehensweisen und eine Beachtung der vorangehend vorgestellten Faktoren bei der Diagnostik, um aus praktischer Perspektive eine gewisse Akzeptanz eines solchen Systems unter Medizинern zu erreichen.

1.2. Zielsetzung der Arbeit

Ein umfassendes CAD-System sollte ermöglichen, verschiedenste Arten von Läsionen automatisch auf Mammographieaufnahmen zu erkennen. Da sich die verschiedenen Läsionen jedoch z.T. grundlegend in ihrer Struktur und somit optischen Darstellung auf Mammographiebildern unterscheiden, werden unterschiedliche Module für die Erkennung verschiedener Gewebeveränderungen benötigt. Im Rahmen dieser Arbeit wird ein Spezialfall, die Erkennung subtiler Mikroverkalkungen, behandelt. Derartige Verkalkungen sind nur äußerst schwierig zu erkennen und unterscheiden sich kaum von gesundem Brustgewebe. Das Hauptziel dieser Arbeit besteht in der Entwicklung eines Verfahrens zur Erkennung subtiler Mikroverkalkungen. Primär geht es darum, subtile Mikroverkalkungen von gesundem Gewebe zu unterscheiden, um die Erkennung subtiler Mikroverkalkungen auf Mammographieaufnahmen zu ermöglichen. Hierzu sollen Methoden aus den Bereichen des maschinellen Lernens und der Bildverarbeitung eingesetzt werden.

1.3. Aufbau der Arbeit

Voranehend wurden bereits einige in der Brustkrebsdiagnostik entstehenden Schwierigkeiten angerissen, ohne genauer auf einzelne Begrifflichkeiten und Zusammenhänge einzugehen. Um ein grundlegendes Verständnis der zugrundeliegenden Problematik zu gewinnen, werden in Kapitel 2 einige für die Arbeit relevanten medizinischen Hintergründe näher erläutert.

Anschließend werden in Kapitel 3 die für die Arbeit benötigten Werkzeuge und Möglichkeiten des maschinellen Lernens und der Bildverarbeitung vorgestellt und basierend hierauf der Aufbau des Verfahrens entwickelt und skizziert.

Kapitel 4 beschäftigt sich mit Basistransformationen, welche benötigt werden, um Bilddaten bzw. aus Bilddaten gewonnene Informationen in einer für die Bildanalyse geeigneteren Form darzustellen. Hieran anknüpfend werden in Kapitel 5 unterschiedliche ausgewählte Bildmerkmale vorgestellt, welche zur Beschreibung der Bildinhalte unter verschiedenen Blickwinkeln dienen.

In Kapitel 6 werden diese Bildmerkmale zum Erlernen verschiedener Klassifikationsmodelle eingesetzt. Im Rahmen verschiedener Experimente werden weiterhin die erlernten Modelle auf ihre Eignung zur Unterscheidung normaler Geweberegionen von verkalktem Gewebe überprüft. Anknüpfend hieran beschäftigt sich Kapitel 7 mit verschiedenen potentiellen Verbesserungsmöglichkeiten und dem praktischen Einsatz der Klassifikationsmodelle auf vollständigen Mammographieaufnahmen.

Schließlich werden in Kapitel 8 der entwickelte Ansatz bewertet, Probleme aufgezeigt und Weiterentwicklungsmöglichkeiten erläutert, bevor ein kurzer Ausblick gegeben wird.

2. Mammographiebilder und medizinischer Hintergrund

In diesem Kapitel werden verschiedene die Brustkrebsdiagnostik betreffende Hintergründe vorgestellt, um einen Einblick in die Thematik zu geben und damit zusammenhängende Probleme aufzuzeigen.

2.1. Exkurs in die Brustkrebsdiagnostik

Wie bereits in der Einleitung erwähnt, beschäftigt sich diese Arbeit mit der Analyse von Mammographiebildern unter der Zielsetzung, subtile Mikroverkalkungen zu erkennen. In diesem Zusammenhang erweist sich ein kleiner Exkurs in die Medizin als unumgänglich, um die mit der Auswertung von Mammographiebildern verbundenen Problemstellungen zu erfassen. Daher werden in diesem Kapitel zunächst die wichtigsten Aspekte der Brustkrebsdiagnostik vorgestellt, bevor im Anschluss daran ein kurzer Überblick über bereits existierende Methoden und Ansätze gegeben wird.

2.1.1. Mammographiebilder

Mammographieaufnahmen stellen die gebräuchlichste Untersuchungsmethode des Brustgewebes im Rahmen der Krebsvorsorge und Früherkennung dar. Hierbei werden von jeder Brust üblicherweise zwei verschiedene Aufnahmen aus unterschiedlichen Winkeln hergestellt, um das gesamte Gewebe so vollständig wie möglich zu durchleuchten. Die beiden typischerweise angewandten Aufnahmeperspektiven in Vorsorgeuntersuchungen werden als cranio-caudale Ansicht (CC) und medio-lateral-oblique Ansicht (MLO) bezeichnet. Während bei CC-Aufnahmen die Röntgenstrahlen senkrecht von der Brustoberseite nach unten verlaufen, erfolgt die Projektion in MLO-Ansicht in einem um 45° verschobenen Winkel (siehe Abbildung 2.1).

Die Genauigkeit einer Diagnose anhand von Mammographieaufnahmen ist abhängig von zahlreichen Faktoren wie beispielsweise der Aufnahmequalität, Gewebedichte, Erkrankungsstadium, Art der Erkrankung und auch der Erfahrung der beurteilenden Mediziner. In der Regel wird die Diagnose jedoch nicht nur basierend auf Mammographieaufnahmen erstellt, sondern es werden weitere Informationen wie Patientenalter, genetische Prädispositionen, Ergebnisse von Blutanalysen und bereits vorliegende Erkrankungen mit einbezogen und bei unklaren Befunden ergänzende Untersuchungen durchgeführt. Exemplarisch seien hier Sonographien, MRT-Aufnahmen, Biopsien und weitere Mammographieaufnahmen in zusätzlichen ergänzenden Aufnahmeperspektiven genannt.

Die Auswertung der Mammographiebilder stellt an Mediziner hohe Ansprüche, da Erkrankungen in Vorstadien optisch häufig nur schwierig zu erkennen und zu differenzieren sind. Zusätzlich erschwert wurde die Diagnostik durch eine lange Zeit nicht vorhandene

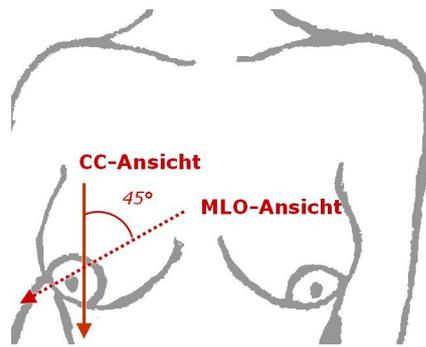


Abbildung 2.1.: Vergleich der Aufnahmewinkel bei CC- bzw. MLO-Ansicht

einheitliche Terminologie. Aus diesem Grund wurde die Nutzung der vom American College of Radiology (ACR) formulierte BI-RADS Katalogisierung (Breast-Imaging-Reporting-and-Data-System) eingeführt [35], mit deren Hilfe Mammographiebilder nach vordefinierten Kriterien beurteilt, beschrieben und in Klassen unterteilt werden können, um ein stabiles Qualitätsniveau der Diagnosen zu gewährleisten. Zusätzlich zu BI-RADS veröffentlichte das ACR die sogenannten ACR-Kriterien zur Vergleichbarkeit der Aussagekraft verschiedener Aufnahmen.

Da die BI-RADS- und ACR-Kriterien einen wichtigen Bestandteil der Brustkrebsdiagnostik darstellen, sollen die relevantesten Aspekte im Folgenden in kurzer Form vorgestellt werden.

2.1.2. Gewebearten

Wie bereits erwähnt, dienen die ACR-Kriterien als Anhaltspunkt zur Einschätzung der Aussagekraft von Mammographieaufnahmen. Diese wird unmittelbar durch die Strahlendurchlässigkeit, also die Gewebedichte der Brüste (Mammæ), beeinflusst. Je höher der Fettanteil im Gewebe ist, desto besser lässt es sich mammographieren. Eine hohe Gewebedichte entsteht durch einen großen Anteil an Drüsenkörpern in der Brust. Dies ist insbesondere bei jungen Frauen zu beobachten, mit steigendem Alter nimmt der Drüsenanteil in der Regel ab und es liegt mehr fettreiches Gewebe vor.

Sehr drüsenhaltiges und somit dichtes Brustgewebe zeichnet sich ebenso wie viele Läsionen durch helle Gebiete in der Aufnahme aus, wodurch bedingt die Unterscheidung zwischen gesundem Gewebe und Veränderungen erschwert wird bzw. nicht mehr möglich ist. Tabelle 2.1 gibt einen Überblick über die vier verschiedenen Gewebetypen, in Abbildung 2.2 werden exemplarisch Aufnahmen der Gewebetypen 1 und 4 gezeigt. Deutlich zu erkennen sind die hellen Regionen im dichten Brustgewebe, durch welche ggf. vorhandene Läsionen überdeckt werden können.

2.1.3. Gewebeveränderungen

Unter Veränderungen des Brustgewebes sind zunächst Bereiche zu verstehen, deren Beschaffenheit von der ursprünglichen Struktur des Brustgewebes abweicht. Da sich jedoch das Brustgewebe naturgemäß von Frau zu Frau bereits in seiner gesunden Struktur unter-

Kategorie	Beschreibung	Sensitivität
Typ 1	Nahezu reines Fettgewebe	sehr hoch
Typ 2	Fibroglanduläres Gewebe mit ca. 25% Drüsenkörper	hoch
Typ 3	Heterogen dichtes Gewebe mit ca. 75% Drüsenkörper	beschränkt
Typ 4	Extrem dichtes Gewebe	sehr beschränkt

Tabelle 2.1.: ACR-Kriterien zur Gewebedichte

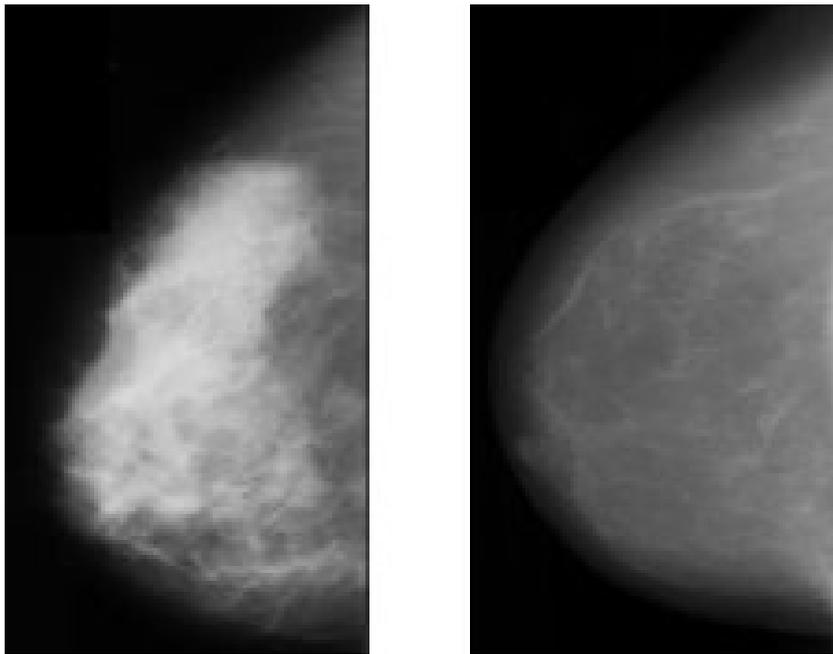


Abbildung 2.2.: Die Brust links im Bild weist ein extrem dichtes Gewebe (ARC-Typ 4) auf, während rechts im Bild eine vorwiegend aus Fettgewebe bestehende Brust (ACR-Typ 1) zu sehen ist (beide Mammae sind gesund).

scheidet, haben auch Gewebeveränderungen zahlreiche Erscheinungsformen. Um solche Veränderungen von gesundem Gewebe unterscheiden zu können, verschaffen sich Mediziner zunächst einen Eindruck über die individuelle Gewebestruktur anhand der Mammographieaufnahmen, bevor gezielt nach Abweichungen gesucht wird.

Aufgrund der vielfältigen Erkrankungsausprägungen und deren Besonderheiten wird im Folgenden nur ein Überblick über diejenigen Aspekte gegeben, welche für die automatisierte Analyse von Mammographie-Aufnahmen von Interesse sind.

Läsionsarten

Die wesentlichen auf Mammographiebildern zu erkennenden Läsionen sind Kalkablagerungen und Tumore (siehe Abbildungen 2.3 und 2.4), also Gewebezubildungen, deren Erscheinung in Form, Größe, Art der Abgrenzung, Erkrankungsstadium und Dichte je nach Typ der Veränderung variieren. Die jeweiligen Eigenschaften der Läsionen lassen Rückschlüsse auf die Art der Erkrankung zu. Hierbei wird im Allgemeinen zwischen gutartigen (benignen) und bösartigen (malignen) Erkrankungen des Brustgewebes unterschieden.

Hinsichtlich der Heilungschancen und Behandlungsmöglichkeiten sollten alle Veränderungen frühstmöglich entdeckt werden, um eine Metastasierung ggf. vorhandener maligner Läsionen zu vermeiden.

In Frühstadien erweist sich das Erkennen von Tumoren aufgrund ihrer geringen Größe selbst bei geringer Gewebedichte der Brust häufig als problematisch. Viele Tumorarten haben jedoch die Eigenschaft, bereits in frühen Stadien Kalkablagerungen zu erzeugen, welche aus abgestorbenen Zellen entstehen. Während die eigentlichen Tumore auf den Mammographiebildern oft (noch) nicht zu erkennen sind, heben sich oftmals kleinste Verkalkungen mit einer Größe unter 0.5mm, sogenannte Mikroverkalkungen, bereits vom umgebenden Gewebe ab und sind somit optisch zu lokalisieren. Mikroverkalkungen können zwar auch gutartiger Natur sein, sind jedoch insbesondere für eine häufig auftretende Form des Brustkrebses in den Milchgängen, sogenannte duktale Karzinome, charakteristisch [1], wodurch ihnen ein besonderes Interesse gilt. Oftmals ebenfalls in den Milchgängen auftretende größere Verkalkungen (Makroverkalkungen) sind in der Regel als gutartig einzustufen.

Schwierigkeiten

Eine der Hauptschwierigkeiten bei der Beurteilung von Mammographiebildern besteht neben dem Auffinden von kaum erkennbaren Veränderungen in der Differenzierung zwischen benignen und malignen Auffälligkeiten. Obwohl diverse Anhaltspunkte zur Unterscheidung zwischen gutartigen und bösartigen Veränderungen existieren, ist es in vielen Fällen auch bei geringer Gewebedichte nicht möglich, eindeutige Aussagen zu treffen. Mammographieaufnahmen stellen lediglich eine Momentaufnahme des aktuellen Gewebeszustandes dar und beinhalten keine Informationen zur weiteren Entwicklung evtl. vorhandener Läsionen. Desweiteren werden eindeutige Diagnosen durch diagnostisch widersprüchliche Eigenschaften der Gewebeveränderungen erschwert. Ein Beispiel hierfür zeigt die linke Mammographieaufnahme aus Abbildung 2.4. Durch die geringe Gewebedichte ist der Tumor zwar klar zu erkennen, doch steht die unregelmäßige Umrandung, welche

ein Indiz für ein malignes Geschehen darstellt, im Widerspruch zu der verhältnismäßig klaren Abgrenzung zu gesundem Gewebe und der relativ geringen Tumordichte.

Diagnosehilfen

Eine Hilfestellung bei der Befundung auch schwieriger Fälle geben der BI-RADS-Atlas und das BI-RADS-Bewertungssystem. Zur präziseren Beschreibung der verschiedenen Ausprägungen und Eigenschaften der Läsionen wird im BI-RADS-Atlas ein Lexikon bereitgestellt, welches einheitliche Formulierungen zur Charakterisierung der Veränderungen beinhaltet. Hierdurch kann sowohl eine konsistente Terminologie zur Kommunikation behandelnder Ärzte untereinander gewährleistet werden als auch die Diagnostik vereinfacht werden. Die vordefinierten Beschreibungen der ggf. vorhandenen Läsionen werden zu einer Gesamtbewertung zusammengefasst, deren Ergebnis Aufschluss über die weitere Behandlung der jeweiligen Patientin gibt (siehe Tabelle 2.3).

So wurde beispielsweise der schwierig zu beurteilende Tumor aus Abbildung 2.4 (linke Aufnahme) Kategorie 4 zugeordnet und die endgültige Diagnose *gutartig* erst nach einer Biopsie gestellt.

Einfacher zu beurteilende Fälle stellen exemplarisch die rechte Mammographieaufnahme aus Abbildung 2.4 (BI-RADS-Kategorie 5) und die Aufnahmen aus Abbildung 2.3 dar. Die dargestellten (Mikro-)Verkalkungen stellen hierbei typische Beispiele für benigne und maligne Verkalkungen dar. Während die gutartigen Verkalkungen recht weit auseinander liegen und eine relativ einheitliche Form und Größe aufweisen, treten die malignen Mikroverkalkungen in deutlich größerer Anzahl auf. Weiterhin liegen sie deutlich dichter beieinander und unterscheiden sich in ihrer Form.

Veränderung	eher gutartig	eher bösartig
Herdbefund	ovale Form runde Form klare Abgrenzung geringe Dichte	irreguläre Form sternförmige Ausläufer unklare Abgrenzung höhere Dichte
Verkalkung	diffuse Anordnung einheitliche Form Größe 0,5 - 4 mm (Makroverk.) wenige Verkalkungen	linienförmige Anordnung unterschiedliche Form Größe $\leq 0,5$ mm (Mikroverk.) viele Verkalkungen dichte Gruppierungen

Tabelle 2.2.: Anhaltspunkte zur Differenzierung zwischen malignen und benignen Veränderungen.

2.1.4. Fazit

In diesem Abschnitt sollten zwei Probleme deutlich geworden sein. Einerseits können trotz negativer Befunde anhand der ausschließlichen Betrachtung von Mammographiebildern dennoch Läsionen vorliegen, welche aus den genannten Gründen nicht oder nur sehr schwer auf dem Bildmaterial zu erkennen sind. Andererseits kann in vielen Fällen eine endgültige Diagnose bei visuell entdeckten Läsionen erst durch eine abschließende

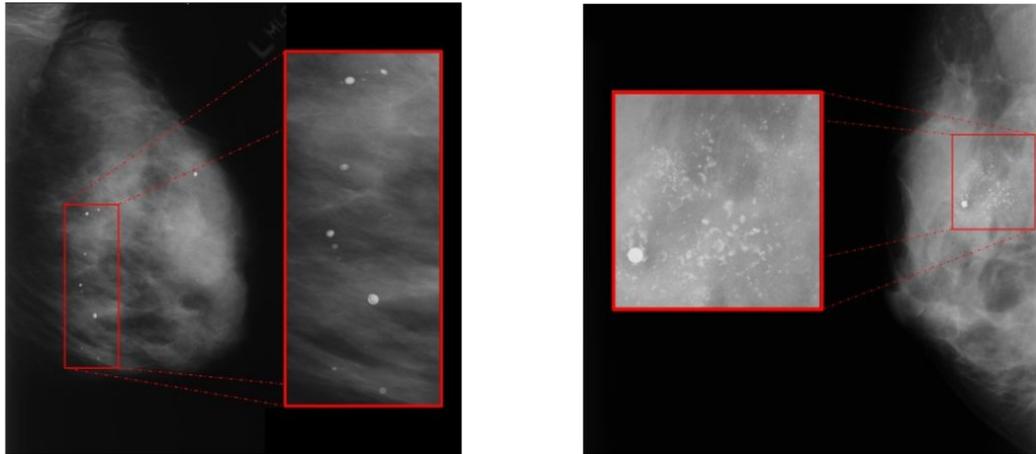


Abbildung 2.3.: Optischer Vergleich zwischen gutartigen (links) und bösartigen (rechts) Verkalkungen der BI-RADS-Kategorien 2 und 5 in sehr dichtem Gewebe (ACR-Typ 4).

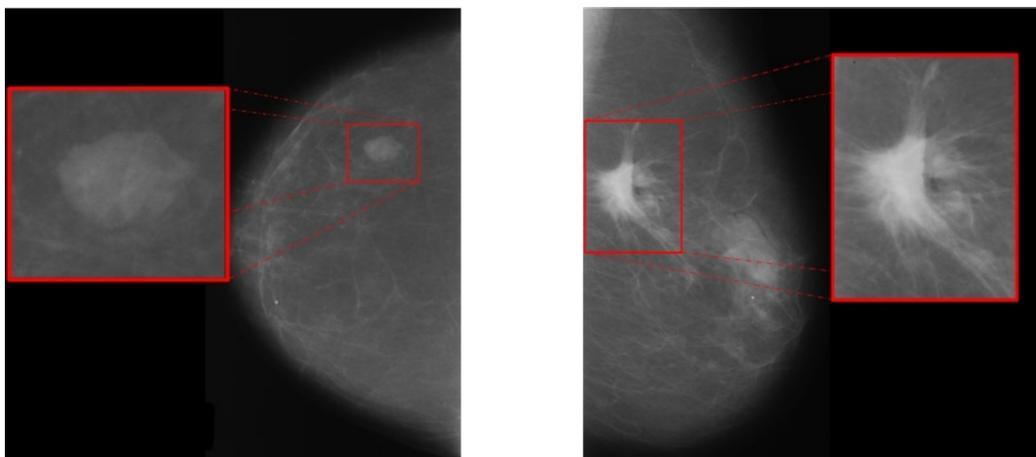


Abbildung 2.4.: Die linke Aufnahme zeigt einen benignen Herd mit unregelmäßiger, jedoch klarer Abgrenzung. Rechts ist ein maligner Tumor mit unregelmäßiger sternförmiger Abgrenzung und hoher Dichte zu erkennen. Die Aufnahmen wurden den BI-RADS-Kategorien 4 (links) und 5 (rechts) zugeordnet.

Kategorie	Befund	weitere Behandlung
0	unklar	weitere bildgebende Diagnostik erforderlich
1	unauffällig, Karzinomrisiko 0%	normaler Vorsorgezyklus
2	sicher gutartig, Karzinomrisiko 0%	normaler Vorsorgezyklus
3	wahrscheinlich gutartig, Karzinomrisiko <3%	Folgeuntersuchung nach 6 Monaten
4	möglicherweise bösartig, Karzinomrisiko <30%	histologische Absicherung nötig (Biopsie)
5	malignomtypisch, Karzinomrisiko ca. 90%	operativer Eingriff nötig

Tabelle 2.3.: BI-RADS Kategorien

Biopsie gestellt werden, da sich benigne Läsionen von malignen Veränderungen oft nicht eindeutig anhand ihres Erscheinungsbildes auf den Mammographiebildern unterscheiden lassen.

Abschließend sei betont, dass die hier vorgestellten Aspekte der Diagnostik lediglich einen groben Überblick über die Vorgehensweise der medizinischen Beurteilung von Mammographiebildern geben sollen und keineswegs Anspruch auf Vollständigkeit erheben.

2.2. Statistische Kenngrößen in der Medizin

Bevor im nächsten Unterabschnitt einige die mammographische Effizienz betreffende Studien vorgestellt werden, sollen hier zunächst statistische Kenngrößen beschrieben werden, welche in den verschiedenen Arbeiten zur Beurteilung genutzt wurden. Ein Überblick über (medizinische) statistische Kennzahlen wird beispielsweise in [55] und [52] gegeben. Zwei gängige Qualitätskriterien, welche auch zur Einschätzung der Zuverlässigkeit medizinischer Verfahren eingesetzt werden, stellen die sogenannte Sensitivität und die Spezifität dar. Um diese beiden Kenngrößen zu berechnen, werden weitere statistische Größen benötigt, welche zunächst anhand eines einfachen Beispiels vorgestellt werden sollen. Vereinfacht betrachtet stellt die (Brustkrebs-)Diagnostik eine Klassifikationsaufgabe dar, bei welcher Patienten einer Patientenmenge X den Klassen $Y_{positiv}$ (positive Diagnose) bzw. $Y_{negativ}$ (negatives Diagnoseergebnis) zugeordnet werden. Diese Zuordnung muss jedoch nicht mit der Realität übereinstimmen und die tatsächliche Klassenzuordnung zu den Mengen $X_{positiv}$ der tatsächlich erkrankten Patientinnen bzw. $X_{negativ}$, den wirklich gesunden Patientinnen, ist vorab unbekannt. Im Idealfall sollten alle Diagnosen korrekt gestellt worden sein und somit gelten, dass $X_{negativ} = Y_{negativ}$ und $X_{positiv} = Y_{positiv}$. Alle negativen Diagnosen entsprechen optimalerweise also den tatsächlich negativen Fällen und werden als True Negatives (TN) bezeichnet, die korrekt diagnostizierten positiven Fälle heißen True Positives (TP). Aufgrund verschiedener Faktoren wie beispielsweise Diagnosefehlern oder Verfahrensungenauigkeiten können jedoch falsche Zuordnungen

		Realität	
		X_{pos}	X_{neg}
Vorhersagewert (Diagnose)	Y_{pos}	True Positive (TP)	False Positive (FP)
	Y_{neg}	False Negative (FN)	True Negative (TN)

Abbildung 2.5.: Konfusionsmatrix zur Darstellung von Vorhersagewerten einer Klassifikation im Vergleich zur Realität.

entstehen. Diese Fehlklassifikationen werden False Positives (FP) genannt, wenn bei gesunden Patienten die gesuchte Krankheit diagnostiziert wird bzw. False Negatives (FN), sofern negative Befunde trotz tatsächlich vorhandener Erkrankung vorliegen. Mithilfe einer Konfusionsmatrix (siehe Abbildung 2.5) können die Ergebnisse der Vorhersagen (Diagnosen) mit der Realität verglichen werden. Die Zuverlässigkeit einer Diagnose bzw. eines Diagnoseverfahrens kann nun durch die Begriffe Sensitivität und Spezifität beschrieben werden.

Definition 2.2.1 (Sensitivität). *Die Sensitivität gibt den Anteil der korrekt gefundenen positiven Fälle gemessen an der Gesamtheit aller tatsächlich positiven Fälle an und wird berechnet durch*

$$SE = \frac{TP}{TP + FN} = \frac{X_{pos} \cap Y_{pos}}{X_{pos}}$$

Definition 2.2.2 (Spezifität). *Die Spezifität gibt den Anteil aller korrekt als negativ befundenen Fälle im Verhältnis zu allen tatsächlich negativen Fällen an und wird berechnet durch*

$$SP = \frac{TN}{TN + FP} = \frac{X_{neg} \cap Y_{neg}}{X_{neg}}$$

In der medizinischen Diagnostik sind zwei weitere Größen, die positive Prädiktivität (PPT) und die negative Prädiktivität (NPT), gebräuchlich. Während die Sensitivität und Spezifität als Wahrscheinlichkeit aufgefasst werden können, die gesuchte Erkrankung tatsächlich zu erkennen, stellen die PPT und NPT ein Maß für die korrekte Zuordnung zu einer Klasse dar.

Definition 2.2.3 (Positive Prädiktivität). *Die positive Prädiktivität gibt den Anteil der korrekt positiv befundenen Fälle im Verhältnis zu allen als positiv klassifizierten Fälle an und wird berechnet durch*

$$PPT = \frac{TP}{TP + FP} = \frac{X_{pos} \cap Y_{pos}}{Y_{pos}}$$

Definition 2.2.4 (Negative Prädiktivität). *Die negative Prädiktivität gibt den Anteil der korrekt negativ befundenen Fälle im Verhältnis zu allen als negativ klassifizierten Fällen an und wird berechnet durch*

$$NPT = \frac{TN}{TN + FN} = \frac{X_{neg} \cap Y_{neg}}{Y_{neg}}.$$

2.3. Mammographische Effizienz

Die Zuverlässigkeit von Diagnoseergebnissen basierend auf Mammographiebildern lässt sich durch die vorangehend vorgestellten Größen beschreiben. Beim Vergleich verschiedener Studien bzgl. der Effizienz mammographischer Untersuchungen wird aber deutlich, dass allgemeine Aussagen über die Aussagekraft der mammographischen Diagnostik nur schwer zu treffen sind. Diverse in Studien untersuchte Faktoren beeinflussen die Ergebnisse zum Teil erheblich. Hierzu gehören beispielsweise das Durchschnittsalter der Testpersonen [22] und die damit verbundenen Gewebedichten, die Motivation der Untersuchung (Vorsorge oder symptomatische Abklärung) und die Länge der Untersuchungsintervalle bei präventiven Screeningprogrammen [21]. Ebenso üben aber auch verschiedene Definitionen eines positiven bzw. unklaren Befundes und die damit verbundenen weiterführenden Untersuchungen Einfluss auf die Ergebnisse aus [39]. Dies lässt sich durch den zu beobachtenden Trade-Off zwischen Sensitivität und Spezifität erklären. Werden auf Mammographiebildern Auffälligkeiten entdeckt und den Patientinnen sicherheitshalber immer Gewebeproben entnommen, wird zwar die Sensitivität der Untersuchungen sehr hoch ausfallen, die Spezifität aufgrund vieler benignen Veränderungen jedoch vergleichsweise niedrig sein. Im umgekehrten Fall könnten unklare Auffälligkeiten ohne weitere Untersuchungen fälschlicherweise als benigne beurteilt und nur die eindeutig malignen Fälle weiter behandelt werden, wodurch sich im Gegensatz zur Sensitivität eine sehr hohe Spezifität ergeben würde. Hinsichtlich Screening-Programmen in Ein- oder Zweijahreszyklen führt letztere Vorgehensweise zu einer erhöhten Entdeckungsrate von Brustkrebskrankungen, den sog. Intervallkarzinomen, zwischen den einzelnen Untersuchungsrunden.

Bezüglich der erstrebten Sensitivität und Spezifität bei Screening-Mammographien bestehen [42] zufolge deutliche Unterschiede zwischen den USA und Europa. Während in den USA gesteigerter Wert auf eine hohe Sensitivität gelegt wird, wird im europäischen Raum der Schwerpunkt eher auf die Spezifität gelegt. In [39] werden eine Reihe interessanter Studien vorgestellt, unter anderem zwei Studien aus den Niederlanden [43] und den USA [28]. Die niederländische Studie zeigt auf, dass, gemessen an der gesamten Screening-Teilnehmerzahl, nur wenige positive Befunde erhoben wurden, wodurch bedingt eine Spezifität von 99% entstand. Die Sensitivität betrug ein Jahr nach der ersten Screening-Runde rund 64% bei Frauen unter 50 Jahren und lag zwischen 80% und 85% bei Frauen über 50 Jahren. Anhand der Studie aus [28] hingegen ergaben sich 13 Monate nach der ersten Screening-Runde eine Spezifität von 93.5% und eine durchschnittliche Sensitivität von 90% bei Frauen mit einem Alter zwischen 30 und 70 Jahren. Bei Trennung in Altersklassen von 30 bis 39 Jahren bzw. 60 bis 69 Jahren kristallisierten sich Sensitivitätsgrößen von 77% für die jüngere Personengruppe gegenüber 94% für die älteren Patientinnen heraus. Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass sich in Bezug auf

Einjahres-Intervalle von Mammographie-Screenings bei allen Altersklassen die üblichen Sensitivitätswerte zwischen 83% und 95% bewegen und die Spezifität zwischen 93% und 99% liegt.

2.4. Aktuelle Forschung

Vielzählige Wissenschaftler haben sich seit Mitte der 80er Jahre der Forschung im Bereich der automatisierten Klassifikation medizinischer Bilder gewidmet. Beispielsweise wurde an der RWTH Aachen das Projekt IRMA (Image Retrieval in Medical Applications) gegründet, an welchem der Lehrstuhl Informatik der RWTH Aachen in Zusammenarbeit mit der Klinik für Radiologische Diagnostik und dem Institut für medizinische Informatik arbeitet. Das Projekt konzentriert sich auf die Klassifikation und Erkennung von Röntgenbildern verschiedener Körperregionen, wodurch das Einfügen und Auffinden der Aufnahmen aus umfangreichen Bildarchiven erleichtert wird [32].

Weiterhin finden in regelmäßigen Abständen zahlreiche Konferenzen statt, welche sich mit medizinischen Themen, hierunter auch bildgebender Diagnostik, und computerunterstützten Diagnosemöglichkeiten beschäftigen. Beispielsweise findet seit 1998 jährlich die MICCAI-Konferenz (Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention) statt, welche aus einer Zusammenlegung der Konferenzen VBC (Visualisation in Biomedical Computing), CVRMed (Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine) und des Zentrums für medizinische Robotik und computerunterstützte Chirurgie (MRCAS) aus Pittsburgh, USA, entstanden ist. Auch die MIUA- (Medical Image Understanding and Analysis) und die IDAMAP (Intelligent Data Analysis in Medicine and Pharmacology)-Konferenz behandeln Themen rund um die Analyse medizinischer Bilder, um nur einige zu nennen.

Auf digitale Mammographiebilder spezialisiert hat sich der *International Workshop on Digital Mammography* (IWDM), welcher 1992 erstmalig stattfand und seither alle zwei Jahre angeboten wird. Bei dieser Konferenz werden aktuelle Forschungsergebnisse aus unterschiedlichsten Perspektiven zur digitalen Mammographie vorgestellt. Hierunter fallen beispielsweise Analysen zu speziellen Aufnahmetechniken wie die Tomosynthese [14], [33], technikbasierte Untersuchungen [56], [49], Studien zum Nutzen der Mammographie und CAD-Systemen in der Praxis [4], [48], aber auch interessante Arbeiten zur Entwicklung und Umsetzung von CAD-Systemen und damit verbundene Problemstellungen wie z.B. in [61], [45] und [31]. Die einzelnen auf den jeweiligen Workshops vorgestellten Arbeiten werden zusammengefasst als Konferenzband angeboten [60].

Die Vielzahl wissenschaftlicher Veröffentlichungen zur computergestützten Analyse bildgebender Diagnostik zeigt deutlich das Interesse und den Forschungsbedarf auf diesem Gebiet.

3. Verfahrensentwurf

Für die Entwicklung eines Verfahrens zur Detektion von Mikroverkalkungen ist es zunächst notwendig, sich einen Einblick über die verschiedenen zur Verfügung stehenden Möglichkeiten und Techniken zu verschaffen. Die automatisierte Untersuchung von Mammographiebildern soll im Rahmen dieser Arbeit durch den Einsatz von Methoden des maschinellen Lernens und der Bildverarbeitung umgesetzt werden, wobei die beiden genannten Fachgebiete aus der Perspektive der Bildverarbeitung eng miteinander verbunden sind. Dies wird bei Betrachtung einer klassischen Bildverarbeitungs-pipeline (siehe Abbildung 3.1) deutlich, anhand derer die typischen Schritte eines Bildverarbeitungsprozesses dargestellt werden können. Während die Bildgewinnung und die Bildbearbeitung zur Datenvorverarbeitung in der Regel mit speziellen Bildverarbeitungstechniken umgesetzt werden, macht die Bildverarbeitung für die Klassifikation und Interpretation von Bildern in der Regel Gebrauch von maschinellen Lernverfahren. In den folgenden Unterkapiteln erfolgt eine Vorstellung der für diese Arbeit relevantesten Aspekte beider Gebiete, anschließend werden die verschiedenen ausgewählten Verfahrensschritte vorgestellt.

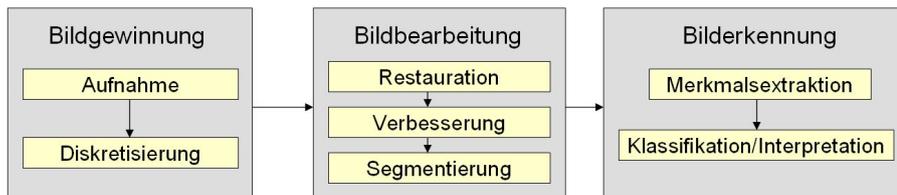


Abbildung 3.1.: Eine praxisbewährte Bildverarbeitungs-pipeline.

3.1. Elementare Bereiche der Bildverarbeitung

In den folgenden Abschnitten werden die verschiedenen Bereiche der Bildverarbeitung erläutert, um einen groben Eindruck über den Raum der Möglichkeiten zu gewinnen, welche für die Analyse von Bildern zur Verfügung stehen.

3.1.1. Bildgewinnung

Die Aufnahme und Diskretisierung von Bildern fallen unter den Oberbegriff der Bildgewinnung. Doch was genau ist ein Bild? Woods und Gonzales [15] definieren ein Bild als eine zweidimensionale Funktion $f(x, y)$ mit den Ortskoordinaten x und y . Der Wert bzw. die Amplitude von f an jedem Koordinatenpaar (x, y) wird als Intensität oder Grauwert an diesem Punkt bezeichnet. Sind x, y und die Amplitude von f diskrete Werte, so spricht man von einem digitalen Bild.

Häufig liegen Bilder nur in Form von belichteten Filmen o.ä. vor, so dass die Bildinformationen zunächst diskretisiert werden müssen, um ein digitales Bild zu erhalten. Es wird unterschieden zwischen der Diskretisierung der Ortskoordinaten (x, y) , dem sogenannten Sampling, und der Diskretisierung der Intensitäten, der Quantisierung. Beim Sampling wird ein kontinuierliches Bild abgetastet, wobei die Abtastfrequenz mindestens doppelt so hoch wie die im Ursprungsbild enthaltene höchste Frequenz sein muss, um sogenannte Alias-Effekte (spezielle Bildfehler) zu vermeiden (Whittaker-Shannon-Abtasttheorem) [53]. Durch das Sampling werden zwar die kontinuierlichen Ortskoordinaten diskretisiert, jedoch nicht die an den Abtastpunkten ausgelesenen Intensitätswerte. Hierzu dient die Quantisierung, mit welcher die abgetasteten Intensitäten in gleichmäßigen Stufen auf eine endliche Anzahl diskreter Intensitätswerte abgebildet werden [47].

Die durch die Diskretisierung ermittelten Werte bilden nun ein digitales Bild. Hierfür ist in der Praxis folgende Auffassung üblich:

Definition 3.1.1 (Digitales Bild). *Gegeben sei eine Menge $C = \{0, \dots, k - 1\}$ für ein festes $k \in \mathbb{N}$. Unter einem digitalen Bild versteht man eine $(N \times M)$ – Matrix*

$$P = \begin{bmatrix} p_{0,0} & \cdots & p_{N-1,0} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ p_{0,M-1} & \cdots & p_{N-1,M-1} \end{bmatrix}$$

mit $p_{i,j} \in C$, $i \in \{0, \dots, N - 1\}$ und $j \in \{0, \dots, M - 1\}$.

Die Größe der Matrix wird bezogen auf digitale Bilder die Auflösung genannt, welche die Anzahl der pro Zeile und Spalte enthaltenen Bildpunkte (Pixel) angibt. Die Menge C beinhaltet alle darstellbaren Farben, wobei in der Praxis k als Zweierpotenz gewählt wird, so dass sich eine Farbtiefe $d = \log_2 k$ ergibt.

3.1.2. Bildbearbeitung

Der Bildbearbeitung sind die Bildrestauration, -verbesserung und -segmentierung zugeordnet. Im Zuge der Bildrestauration wird versucht, aufnahmetechnisch bedingte Störungen oder Abweichungen von der aufgenommenen Szene zu ermitteln und die tatsächlichen Intensitätswerte zu rekonstruieren. Dies geschieht in der Regel unter Zuhilfenahme mathematischer Signalmodelle.

Bildverbesserung

Im Gegensatz zur Bildrestauration dient die Bildverbesserung der Hervorhebung oder Veränderung bestimmter Eigenschaften eines Bildes nach subjektiven Aspekten [53]. Hierzu zählen beispielsweise die Anwendung von Filtern zur Verminderung oder Betonung gewisser Frequenzen/Frequenzbereiche oder die Anpassung der Intensitäten bei schlechter Intensitätsdynamik.

Eine einfache Möglichkeit, die Intensitätsdynamik von Graustufenbildern zu verbessern, besteht in der Modifikation der Intensitätshistogramme von Graustufenbildern. Hierbei gibt ein Intensitätshistogramm für jede mögliche darstellbare Graustufe eines Bildes an, wie viele Pixel im Bild mit der jeweiligen Graustufe enthalten sind:

Definition 3.1.2 (Intensitätshistogramm Grauwertbild). *Ein Intensitätshistogramm eines Grauwertbildes der Größe $N \times M$ stellt die Anteile aller möglichen Intensitätswerte $c = 0, \dots, k - 1$ eines Bildes dar und wird für jedes c berechnet durch*

$$h(c) = \sum_{i=0}^{N-1} \sum_{j=0}^{M-1} \delta(p_{i,j} - c) \quad \text{mit} \quad \delta(p_{i,j} - c) = \begin{cases} 1 & \text{für } (p_{i,j} - c) = 0 \\ 0 & \text{sonst.} \end{cases}$$

Aus dem Intensitätsdiagramm eines Bildes lässt sich also die Verteilung der genutzten Graustufen eines Bildes ablesen. Häufig sind in Bildern die vorhandenen Intensitätswerte nur auf kleine Wertebereiche beschränkt, so dass ein Bild überbelichtet (zu hell) oder unterbelichtet (zu dunkel) erscheint und im Intensitätshistogramm nur für wenige Intensitäten c Werte ungleich 0 vorhanden sind. Abbildung 3.2 zeigt exemplarisch einen Gewebeausschnitt einer Mammographieaufnahme, welcher im gesamten Bildbereich subtile Mikroverkalkungen darstellt. Der Bildausschnitt beinhaltet nur wenige ähnliche Graustufen und somit eine geringe Intensitätsdynamik, was anhand des Intensitätshistogramms, welches mit dem Programm ImageJ visualisiert wurde, einfach zu erkennen ist.

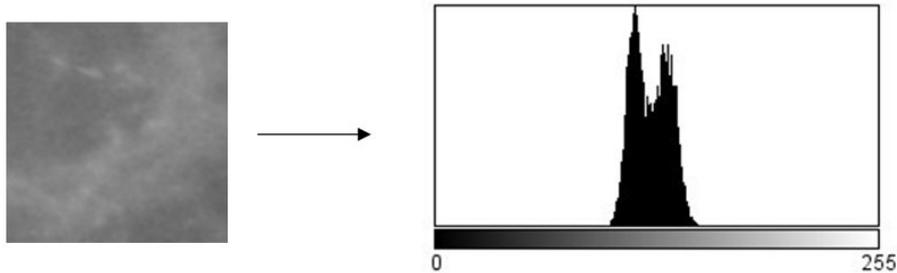


Abbildung 3.2.: Intensitätshistogramm eines Graustufenbildes (Ausschnitt des Brustgewebes mit subtilen Mikroverkalkungen).

Das Ziel der Modifikation der Intensitätshistogramme besteht nun darin, eine optische Verbesserung der Bildarstellung durch sinnvollere Grauwertnutzung zu erzeugen. Zwei gängige Verfahren hierfür stellen die Histogrammspreizung und die Histogrammglättung dar.

Die Histogrammspreizung skaliert die im Bild enthaltenen Intensitätswerte auf den gesamten möglichen Graustufenbereich, sodass sich nach Ersetzung der alten Intensitätswerte durch die neuen Intensitätswerte die im Bild enthaltenen Graustufen über die gesamte Intensitätskala verteilen. Seien zunächst p_{min} und p_{max} die minimale bzw. maximale im Bild enthaltene Intensität und seien weiterhin p'_{min} und p'_{max} die minimale und maximale mögliche darstellbare Graustufe eines Bildes P . Die Histogrammspreizung berechnet nun für jedes Paar (i, j) eine neue Intensität $p'_{i,j} \in \mathbb{N}$ durch

$$p'_{i,j} = \left\lfloor (p_{i,j} - p_{min}) \cdot \left(\frac{p'_{max} - p'_{min}}{p_{max} - p_{min}} \right) \right\rfloor. \quad (3.1)$$

Die im Bild enthaltenen Intensitätswerte werden also linear auf den maximal möglichen Wertebereich skaliert, die vorherige im Bild enthaltene Verteilung über die einzelnen

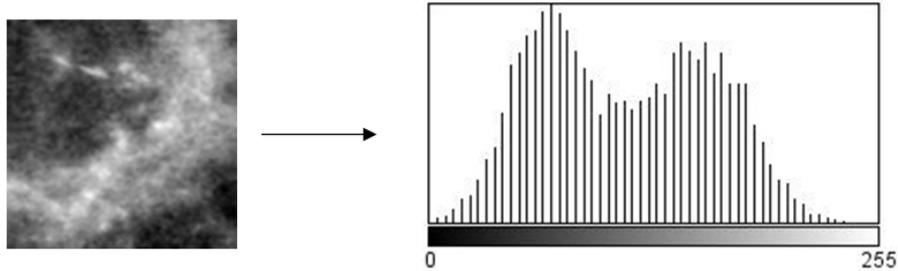


Abbildung 3.3.: Darstellung des mittels Histogrammspreizung modifizierten Originalbildes aus Abbildung 3.2 und dazugehöriges Intensitätshistogramm.

Graustufen wird jedoch nicht mit in die Berechnungen einbezogen. Die Auswirkungen der Histogrammspreizung auf die Darstellung des vorangehend dargestellten Originalausschnittes und das dazugehörige Intensitätshistogramm ist in Abbildung 3.3 illustriert. Durch die erhöhte Intensitätsdynamik sind die im Bild enthaltenen Mikroverkalkungen nun für den Menschen einfacher wahrnehmbar.

Während die Histogrammspreizung lediglich die Intensitätswerte auf den maximal darstellbaren Graustufenbereich skaliert, orientiert sich die Histogrammglättung zusätzlich an der Verteilung der im Ursprungsbild enthaltenen Intensitäten. Die Berechnung der neuen Intensitätswerte erfolgt hierbei unter Zuhilfenahme der kumulativen Verteilungsfunktion $H(c)$, welche angibt, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein Pixel eine Intensität kleiner oder gleich c hat:

$$H(c) = \frac{1}{MN} \sum_{\xi=0}^c h(\xi). \quad (3.2)$$

Für k mögliche Intensitätswerte können anschließend für jeden die neuen Intensitäten $p'_{i,j}$ berechnet werden durch

$$p'_{i,j} = (k - 1) \cdot H(p_{i,j}). \quad (3.3)$$

Die durch die Histogrammglättung entstehenden Veränderungen des Bildes und des dazugehörigen Intensitätshistogramms werden in Abbildung 3.4 dargestellt. Nach optischen Kriterien eignet sich die Histogrammspreizung für das vorliegende Originalbild besser als die Histogrammglättung. Allgemeingültige Aussagen über die Eignung der beiden Modifikationsverfahren für Histogramme lassen sich jedoch nicht treffen und sind abhängig vom zugrundeliegenden Bildmaterial.

Bildsegmentierung

Unter einer Segmentierung von Bildern versteht man eine Einteilung der Bildpixel in zusammenhängende Teilbereiche, welche in verschiedenen Gebieten wie beispielsweise der Merkmalsextraktion oder der gezielten Veränderung einzelner Regionen von Bildern Anwendung findet.

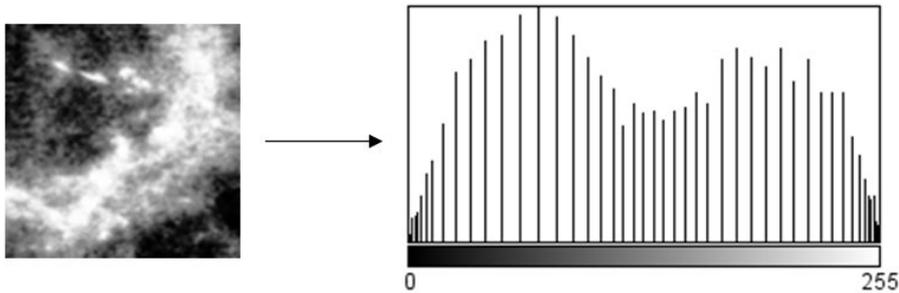


Abbildung 3.4.: Darstellung des mittels Histogrammglättung modifizierten Originalbildes aus Abbildung 3.2 und dazugehöriges Intensitätshistogramm.

Die Schwierigkeit bei der Segmentierung besteht in der Wahl eines sog. Einheitlichkeitskriteriums, anhand dessen ein Bild in verschiedene Regionen unterteilt wird. Als einfaches Kriterium bietet sich der Intensitätsvergleich eines Pixels mit den zu ihm benachbarten Pixeln an. Bei Überschreitung einer vordefinierten Intensitätsdifferenz wird das Einheitlichkeitskriterium nicht erfüllt. Eine andere Möglichkeit besteht in der Festlegung von Schwellwerten oder auch der Integration der im nächsten Unterkapitel vorgestellten Bildmerkmale. Es existieren vielfältige Segmentierungsverfahren, welche sich grob in bereichsorientierte und kantenorientierte Verfahren gliedern lassen. Zu populären bereichsorientierten Verfahren gehören beispielsweise *Split-and-Merge* und Bereichswachstumsverfahren [11], als kantenorientiertes Verfahren sei an dieser Stelle exemplarisch *Edge Linking* [12] genannt. Die *Wasserscheidentransformation* [51] stellt eine hybride Form der beiden Verfahrensarten dar.

3.1.3. Bilderkennung

Die Bilderkennung kann in die Teilgebiete Merkmalsextraktion, Klassifikation und Identifikation unterteilt werden, wobei die Auswahl und Extraktion geeigneter Merkmale von entscheidender Bedeutung für die Resultate von Klassifikationsaufgaben sein kann.

In einer Vielzahl von Anwendungen liefern isoliert betrachtete Pixelinformationen, also die einzelnen Farben bzw. Grauwerte pro Bildpunkt, zu unklare Informationen. Sollen Bilder bezüglich bestimmter Faktoren wie beispielsweise Kontrast oder anteiliger Frequenzen untersucht werden, bietet sich der Einsatz von Merkmalen zur Darstellung dieser Eigenschaften an. Weiterhin wird eine kompakte Beschreibung von Strukturinhalten und der Zusammenhänge zwischen benachbarten Pixeln durch die Extraktion geeigneter Merkmale ermöglicht. Insbesondere bei Bildern mit hoher Auflösung und dementsprechend erheblichem Datenvolumen kann eine komprimierte Darstellung des Bildmaterials durch angemessene Merkmale eine geeignete Lösung darstellen. Die Auswahl der Merkmale wird von verschiedenen Faktoren wie z.B. dem Ziel der Anwendung und dem zugrundeliegenden Bildmaterial beeinflusst.

Die Erkennung von Objekten innerhalb von Bildern oder allgemeiner die Zuordnung von Bildern bzw. Bildelementen zu Klassen wird als Klassifikation bezeichnet. Die Interpretation geht einen Schritt weiter und weist der Zuordnung eine Semantik zu, wie beispielsweise die Interpretation eines runden Objektes als Ball. Das Gebiet der Bilder-

kennung und -interpretation stellt einen Schnittpunkt zwischen der Bildverarbeitung und dem maschinellen Lernen dar, da hierfür in der Regel Techniken des maschinellen Lernens genutzt werden [26], worauf im nun folgenden Unterkapitel näher eingegangen wird.

3.2. Maschinelles Lernen

Nach Morik et al. [38] beschäftigt sich maschinelles Lernen "[...] mit der computergestützten Modellierung und Realisierung von Lernphänomenen". Es wird aufgezeigt, dass sich der Begriff *Lernen* durch intensionale Definitionen nur recht unpräzise formulieren lässt. In diesem Zusammenhang wird eine Alternative betrachtet, *Lernen* extensional über die verschiedenen in der Forschung behandelten Lernaufgaben zu definieren. Hierbei wird veranschaulicht, dass bei diesem Ansatz die Schwierigkeit besteht, alle bisher definierten Lernaufgaben darzustellen, zumal sich die Forschung und auch die Definitionen der einzelnen Lernaufgaben stetig weiterentwickeln und undefinieren. Aus den genannten Gründen soll an dieser Stelle eine Beschreibung einer Lernaufgabe im Allgemeinen genügen, wie sie in [38] wie folgt formuliert wird:

"Eine *Lernaufgabe* wird definiert durch eine Beschreibung der dem lernenden System zur Verfügung stehenden Eingaben (ihrer Art, Verteilung, Eingabezeitpunkte, Darstellung und sonstigen Eigenschaften), der vom lernenden System erwarteten Ausgaben (ihrer Art, Funktion, Ausgabezeitpunkte, Darstellung und sonstigen Eigenschaften) und den Randbedingungen des Lernsystems selbst (z.B. maximale Laufzeiten oder Speicherverbrauch)."

Viele maschinelle Lernverfahren lassen sich auch für die Bilderkennung einsetzen. In den folgenden Abschnitten soll zunächst ein einleitender Überblick über wichtige Aspekte aus diesem Wissenschaftszweig gegeben werden, bevor konkrete Verfahren, welche im Rahmen dieser Arbeit ihren Einsatz finden, erläutert werden.

3.2.1. Grundsätzliches

Es existieren zahlreiche maschinelle Lernverfahren, welche zunächst in unüberwachte und überwachte Verfahren unterteilt werden können. Die Unterscheidung zwischen überwachtem und unüberwachtem Lernen soll im Folgenden beschrieben werden.

Das Ziel des überwachten Lernens besteht darin, anhand einer Eingabemenge und dazugehörigen Ausgaben eine Funktion zu erlernen bzw. abzuschätzen, welche die Eingabewerte auf Ausgabewerte abbildet. Die Eingabemenge, welche üblicherweise als Beispielmenge bezeichnet wird, besteht hierbei zunächst aus n Beispielen x_1, \dots, x_n , wobei ein i -tes Beispiel aufgefasst werden kann als ein Vektor $x_i = (x_{i1}, \dots, x_{ip})$ von Attributausprägungen einer Attributmenge $X = (X_1, \dots, X_p)$. Liegen weiterhin zu den Beispielen x_i Ausgabegrößen y_i vor, können aus den Paaren $(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_n, y_n)$ als Beispielmenge Vorhersagen \hat{y}_z als Ausgabe für neue Beispiele x_z mit unbestimmter Ausgabe getroffen werden [19]. Bei überwachtem Lernen stehen also während des Lernprozesses die vom lernenden System erwarteten Ausgaben (Label) bereits in der Eingabemenge zur Verfügung und können als Kontrollinstanz aufgefasst werden. Das lernende System kann so anhand der in der Eingabemenge vorliegenden Ausgabegrößen die erlernten Größen überprüfen und sich hierdurch innerhalb des Lernprozesses verbessern. Die vorliegenden

erwarteten Ausgabegrößen fungieren also als "Lehrer", weswegen überwachtes Lernen häufig auch als "Lernen mit einem Lehrer" bezeichnet wird. Zunächst wird nur auf einer Teilmenge der gesamten Eingabemenge, der sog. Trainingsmenge, gelernt. Das Ergebnis des Gelernten kann überprüft werden, indem das System die Ausgaben der verbliebenen Beispiele, der sog. Testmenge, bestimmt, ohne die im Voraus bekannten Ausgaben zur Verfügung gestellt zu bekommen. Mittels des Vergleiches der vorhergesagten und tatsächlichen Ausgabegrößen kann so weiterhin die Qualität des Systems ermittelt werden. Typische überwachte Lernaufgaben stellen die Regression und Klassifikation dar. Während man bei qualitativen Ausgaben von einer Klassifikation spricht, stellt die Vorhersage quantitativer Ausgabegrößen eine Regression dar.

Im Gegensatz zum überwachten Lernen sind bei unüberwachtem Lernen die erwarteten Ausgabegrößen unbekannt. Das Ziel des Lernens besteht hierbei darin, Regelmäßigkeiten innerhalb der Eingabemenge zu ermitteln und in geeigneter Form zu repräsentieren. Zu dem Bereich des unüberwachten Lernens gehören beispielsweise die Clusteranalyse oder auch assoziative Regellerner. Da im Rahmen dieser Arbeit jedoch keine unüberwachten Lernverfahren eingesetzt werden, wird an dieser Stelle für weiterführende Informationen zu verschiedenen Lernverfahren auf geeignete Literatur wie z.B. [38],[19], [7] und [2] verwiesen.

3.2.2. Klassifikation mittels SVM

Support Vector Machines (SVMs), üblicherweise im deutschsprachigen Raum als Stützvektormethode bezeichnet, wurden ursprünglich von V. Vapnik als universelles Lernverfahren entwickelt [50] und können sowohl zur Lösung von Regressionproblemen als auch Klassifikationsproblemen eingesetzt werden. Sie basieren zunächst auf der Grundidee, eine linear separierbare Beispielmenge derart durch eine Objektgrenze in zwei Klassen zu teilen, dass der Abstand der zur Grenze nächstgelegenen Objekte beider Klassen maximiert wird. Diese Abstandsmaximierung dient der Generalisierungsfähigkeit, so dass spätere Beispiele, welche zuvor nicht in der Trainingsmenge enthalten waren, möglichst korrekt zugeordnet werden können. Eine solche Grenze, welche das Kriterium des maximalen Abstandes erfüllt, wird als optimale Hyperebene bezeichnet, der Bereich um die Hyperebene, in welchem keine Objekte liegen, als "large margin" bzw. "maximal margin". Die Bezeichnung Stützvektormethode basiert auf dem Zusammenhang, dass für eine mathematisch vollständige Beschreibung der optimalen Hyperebene lediglich diejenigen Beispielvektoren benötigt werden, welche den geringsten Abstand zur Hyperebene haben und somit die Stützvektoren zur Beschreibung der Ebene bilden.

Formeller können die grundlegenden Zusammenhänge wie in [10] beschrieben dargestellt werden. Eine Ebene in Vektorschreibweise kann ausgedrückt werden durch

$$\vec{w} \cdot \vec{x} + b = 0, \tag{3.4}$$

wobei \vec{w} den Normalenvektor der Ebene darstellt, \vec{x} dem Ortsvektor eines auf der Ebene enthaltenen Punktes entspricht und b die Verschiebung zum Ursprung beschreibt.

Seien nun $\{x_i, y_i\}$ mit $i = 1, \dots, l$, $y_i \in \{-1, 1\}$ und $x_i \in \mathbb{R}^d$ gelabelte Beispielvektoren einer Trainingsmenge. Es kann gezeigt werden (siehe [10]), dass eine optimale Hyperebene

genau dann gegeben ist, wenn für alle i die Ungleichung

$$y_i(\vec{x}_i\vec{w} + b) - 1 \geq 0 \quad (3.5)$$

erfüllt ist und die quadrierte Norm $\|\vec{w}\|^2$ von \vec{w} (siehe hierzu auch Kapitel 4, Definition 4.1.4) minimal ist. Die Stützvektoren entsprechen also genau denjenigen Vektoren \vec{x}_i , für welche Ungleichung 3.5 0 ergibt und deren Entfernung das Ergebnis verändern würde.

Weiche Trennung

Eine saubere Separierbarkeit der Eingabedaten ist jedoch häufig nicht gegeben. Eine Lösung zur Trennung nichtseparierbarer Daten stellt die Relaxation des o.g. Optimierungsproblems dar durch Einführung von zusätzlichen Kosten, welche durch Schlupfvariablen (Slack-Variablen) ξ_i ausgedrückt werden. Je größer der Abstand der Slackvariablen zum Rand der Hyperebene ausfällt, desto teurer werden die fehlerhaften Zuordnungen bestraft. Dies führt zu folgender Abschwächung des Optimierungsproblems:

$$\text{Minimiere } \frac{1}{2}\|\vec{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^l \xi_i \quad (3.6)$$

unter den Nebenbedingungen

$$y_i(\vec{x}_i\vec{w} + b) \geq 1 - \xi_i \text{ mit } \xi_i \geq 0. \quad (3.7)$$

Der Parameter C ist hierbei ein Nutzerparameter und dient der Justierung der Strafkosten, wobei mit höherem C Fehler stärker bestraft werden.

Transformation des Eingaberaumes

Nicht immer lassen sich Beispiele linear voneinander separieren. Um lineare Separabilität künstlich zu erzeugen, kann der Eingaberaum in einen höherdimensionalen Raum, den sog. Feature-Space \mathcal{H} , mittels einer Transformationsfunktion

$$\Phi : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathcal{H} \quad (3.8)$$

transformiert werden (für weitere Informationen bzgl. Basistransformationen siehe auch Kapitel 4). Die eigentliche Berechnung des Klassifikators wird im Feature-Space durchgeführt, anschließend erfolgt eine Rücktransformation in den Eingaberaum. Derartige Hin- und Rücktransformationen erfordern in der Praxis jedoch einen z.T. beachtlichen Rechenaufwand. Diese Hürde kann durch den Einsatz von Kernfunktionen umgangen werden, mittels derer Daten des Eingaberaumes in einen hochdimensionalen Raum überführt werden können, ohne die eigentliche Transformation durchführen zu müssen. Die Rücktransformation erfolgt ebenfalls durch den Einsatz der Kernfunktionen. Allgemein können Kernfunktionen beschrieben werden durch

$$K(x_i, x_j) = \Phi(x_i)^T \Phi(x_j). \quad (3.9)$$

Kernfunktionen	
Linear:	$K(x_i, x_j) = x_i^T x_j$
Poly.:	$K(x_i, x_j) = (\gamma x_i^T \cdot x_j + r)^d$ mit $\gamma > 0$
RBF:	$K(x_i, x_j) = \exp(-\gamma \ x_i - x_j\ ^2)$ mit $\gamma > 0$
Sigmoid:	$K(x_i, x_j) = \tanh(\gamma x_i^T x_j + r)$

Tabelle 3.1.: Einige gängige Kernfunktionen.

Hierfür können jedoch nicht beliebige Funktionen eingesetzt werden, da die Eignung der Abbildungen an bestimmte Bedingungen, das sog. Mercer-Theorem, geknüpft ist. Zu gängigen Funktionen, welche das Mercer-Theorem erfüllen, zählen die in Tabelle 3.1 dargestellten Kernfunktionen mit den Kernparametern γ , d und r (aus [23]). Da die hier vorgestellten Zusammenhänge lediglich dem Überblick dienen sollen, wird für weitere Details und Herleitungen an dieser Stelle auf [10] und [50] verwiesen.

3.2.3. Maschinelles Lernen mit Bildinformationen

Bevor digitale Bilder mithilfe maschineller Lernverfahren verarbeitet werden können, müssen einige zentrale Fragen geklärt werden. Hierzu gehören die Auswahl einer geeigneten Datenrepräsentation des Bildmaterials, das Ziel des Lernens und die damit verbundene Verfahrensauswahl. Diese Fragestellungen sollen im Folgenden in Bezug auf die Analyse von Mammographieaufnahmen ergründet werden.

Die Zielsetzung dieser Arbeit, Mikroverkalkungen in Mammographiebildern zu erkennen, kann vereinfacht betrachtet als die Aufgabe aufgefasst werden, für jedes Bild aus einer Menge von Aufnahmen zu bestimmen, ob Mikroverkalkungen vorhanden sind oder nicht. Diese Aufgabe kann als Klassifikationsaufgabe mit den Klassen *mit Befund* und *ohne Befund* erachtet werden. Alternativ wäre denkbar, einzelne Bilder direkt auf das Vorhandensein von Mikroverkalkungen anhand charakteristischer zusammenhängender Regionen zu untersuchen. Hierfür würden sich z.B. Clusteringverfahren anbieten, mit deren Hilfe Bildpunkte anhand ihrer Eigenschaften zu Gruppen, sog. Clustern, zusammengefasst werden können (siehe Abschnitt 3.2.1).

Darstellungsmöglichkeiten

Im Hinblick auf diese Überlegungen bietet sich zunächst an, Bilder oder Bildinhalte direkt als Beispiele aufzufassen. Hierfür sind folgende Darstellungsformen naheliegend:

Ganzes Bild als ein Beispiel: Ein vollständiges Bild kann als einzelnes Beispiel aufgefasst werden, wobei die Attributmenge X die Menge aller Pixel an allen möglichen Bildpositionen umfasst, wobei die Anzahl aller Attribute der Bildgröße von $N \times M$ Pixeln entspricht. Die Attributausprägungen kommen hierbei den

Graustufen der Pixel an den jeweiligen Bildpositionen gleich.

Bildzeilen bzw. -spalten als ein Beispiel: Ein Beispiel repräsentiert eine Bildzeile, die Attributmenge entspricht hierbei den verschiedenen Pixeln in einer Zeile. Eine alternative Darstellung besteht in der Auswahl der Bildspalten als Beispiele. Die Attributausprägungen stellen wiederum die Graustufen der jeweiligen Pixel dar.

Ein Beispiel pro Pixel: Bei dieser Darstellungsform kann die Attributmenge lediglich aus einem Element, also einem Pixel, bestehen. Jedes Beispiel stellt einen Bildpunkt dar und beinhaltet dessen jeweilige Ausprägung. Ergänzend könnte die Attributmenge um die Attribute *x-Position* und *y-Position* erweitert werden.

Die genannten Darstellungsformen haben verschiedene Vor- und Nachteile. Eine direkte Verwendung der Bildzeilen/-spalten als einzelne Beispiele birgt den Vorteil, auf einfache Weise Bilddaten als Eingabedaten zu erhalten. Durch die Übernahme von Bildzeilen als Beispiele kann hierdurch der Aufbau eines digitalen Bildes als Matrix erhalten bleiben. Fraglich erscheint jedoch der Nutzen einer solchen Darstellung für maschinelle Lernverfahren. Zwar können die Eigenschaften einzelner Bildzeilen bzw. -spalten auf Zusammenhänge überprüft werden, doch erscheint dies in Bezug auf die Detektion von Mikroverkalkungen wenig sinnvoll.

Eine geeignetere Darstellung einzelner Bilder stellt die Wahl der Bildpixel inklusive ihrer Positionsangaben als separate Beispiele dar. Hierbei bietet es sich an, beispielsweise mittels einer Clusteranalyse die verschiedenen Pixel auf Zusammenhänge zu untersuchen. Eine solche Vorgehensweise wurde bereits in (hier bib-Eintrag Stolpe) gewählt, wobei darauf verwiesen wurde, dass sogar auf die Ergänzung von Positionsangaben verzichtet werden kann.

Bei Klassifikationsaufgaben gestaltet sich die Darstellung durch eine der genannten Möglichkeiten jedoch problematischer. Es entsteht die Schwierigkeit, u.U. mit sehr großen Datenmengen umgehen zu müssen, wenn verschiedene Bilder als einzelne Beispiele genutzt werden. Bereits Bilder mit einer Auflösung von 1000 x 1000 Pixeln führen für die erstgenannte Darstellungsform zu Beispielvektoren mit je 1 Mio. Elementen und Mammographiebilder haben zumeist noch deutlich höhere Auflösungen. Im Hinblick auf eine Klassifikation muss außerdem die Beispielmenge eine gewisse Größe haben, um ein sinnvolles Lernergebnis zu erhalten. Bei nur 20 Bildern für jede Klasse würden bereits 40 Mio. Elemente entstehen, was zu erheblichem Speicher-, Rechen- und daraus resultierendem Zeitaufwand führen würde.

Als Alternative bietet sich die Darstellung des Bildmaterials durch die in 3.1.3 bereits erwähnten Bildmerkmale an, wodurch je nach Merkmalsauswahl zusätzlich der Vorteil von Beschreibungen von Nachbarschaftsbeziehungen der Pixel untereinander entsteht:

Darstellung durch Merkmale: Ein Beispiel wird dargestellt durch einen Vektor von Ausprägungen von Bildmerkmalen, welche aus dem Bild zuvor extrahiert werden. Die Attributmenge besteht aus der Menge der ausgewählten Merkmale.

Zwar muss bei diesem Darstellungsansatz ein gewisser Zeit- und Rechenaufwand vorab in die Merkmalsextraktion investiert werden, doch wird das Datenvolumen als Eingabe für die eigentliche Lernaufgabe erheblich verringert.

3.3. Modellierung des Verfahrens

Nachdem in den vorangegangenen Abschnitten die Bereiche Bildverarbeitung und maschinelles Lernen und die damit verbundenen Möglichkeiten zusammenfassend vorgestellt wurden, kann nun ein Verfahren zur Erkennung subtiler Mikroverkalkungen unter Einsatz verschiedener Techniken aus beiden Bereichen entworfen werden. Bevor der eigentliche Verfahrensentwurf erläutert wird, werden zunächst zur Abgrenzung verschiedene Arbeiten zum Thema Mikroverkalkungen auf Mammographiebildern vorgestellt.

3.3.1. Bestehende Ansätze

Ein Großteil der in der Literatur zu findenden Ansätze, welche sich mit Mikroverkalkungen beschäftigen, nehmen keine Unterscheidung zwischen verschiedenen Ausprägungen und Arten der Mikroverkalkungen vor. Das Ziel dieser Ansätze besteht vielmehr darin, Mikroverkalkungen im Allgemeinen auf Mammographieaufnahmen zu erkennen. Hierzu sind unterschiedliche Vorgehensweisen zu finden. Beispielsweise wurde in [46] ein Verfahren vorgestellt, welches auf einer rekursiven Partitionierung des Bildmaterials beruht und mittels fraktaler Kodierung das Bildmaterial auf Mikroverkalkungen überprüft. Eine andere mögliche Herangehensweise besteht in verschiedenen Filterungstechniken. So wurden z.B. in [57] und [54] unterschiedliche Filterungsansätze in Kombination mit Thresholds über verschiedene Graustufen der Bilder genutzt mit dem Ziel, nach der Filterung des Bildmaterials lediglich die Mikroverkalkungen im Bild zu erhalten.

Die Gemeinsamkeit der o.g. Detektionsverfahren besteht in der Elimination potentiell uninteressanter Gewebe- bzw. Bildbereiche. Genau dieser Punkt wird im Rahmen dieser Arbeit zur Erkennung subtiler Mikroverkalkungen als kritisch betrachtet, da die Gefahr besteht, im Zuge der Bildfilterung mögliche Mikroverkalkungen zu übersehen. Zwar wurde in [3] bereits ein Ansatz zur Detektion von Mikroverkalkungen in dichtem Brustgewebe vorgestellt, doch soll in dieser Arbeit ein Verfahren zur Erkennung subtiler Mikroverkalkungen entwickelt werden, welches unabhängig von der zugrundeliegenden Gewebestruktur subtile Mikroverkalkungen als solche identifiziert.

Das Hauptziel der vorliegenden Arbeit besteht nicht in der Analyse vollständiger Mammographieaufnahmen zur Detektion aller möglichen Mikroverkalkungen. Vielmehr soll ein Ansatz entwickelt werden, welcher zunächst den Spezialfall "subtile" Mikroverkalkungen behandelt und im Sinne einer Klassifikationsaufgabe Regionen mit subtilen Mikroverkalkungen von gesundem Gewebe unterscheidet. Dementsprechend wird die Hauptaufmerksamkeit dieser Klassifikationsaufgabe gewidmet, welche auf der Unterscheidung von Geweberegionen basiert. Kann diese Aufgabe gelöst werden, können in daran anknüpfenden Schritten vollständige Aufnahmen analysiert werden.

3.3.2. Vorüberlegungen

Unter subtilen Mikroverkalkungen werden, wie in Kapitel 2 beschrieben, Mikroverkalkungen verstanden, welche aufgrund der geringen Größe der befallenen Gewebeareale und den Eigenschaften des umliegenden Gewebes auf Mammographieaufnahmen nur schwierig zu entdecken sind und sich in ihrem Erscheinungsbild nur undeutlich von gesundem Gewebe unterscheiden. Genau diese Unterschiede zwischen gesundem und verkalktem

Brustgewebe sollen im aufzubauenden Verfahren erfasst werden. Vereinfacht betrachtet wird also eine Funktion benötigt, welche unauffälliges Gewebe von verändertem Gewebe mit subtilen Mikroverkalkungen unterscheiden kann. Die vorliegende Problemstellung kann somit als Klassifikationsproblem zur Trennung der Klassen "normal" und "Mikrokalk" aufgefasst werden.

Als Verfahren zur Lösung dieses Klassifikationsproblems bieten sich die bereits vorgestellten SVMs an, da diese aufgrund ihrer Anpassungsfähigkeit an verschiedene Problemstellungen in vielfältigen Bereichen Anwendung finden und somit wegen ihrer Flexibilität für die Bildanalyse geeignet erscheinen.

Repräsentation der Klassen

Zur Repräsentation von normalem Gewebe und Gewebe mit subtilen Mikroverkalkungen sollen manuell Bildausschnitte extrahiert werden, welche die Klassen "normal" und "Mikrokalk" repräsentieren. Diejenigen Bildausschnitte, welche Mikroverkalkungen darstellen, werden im Folgenden als ROIs (Regions of Interest) bezeichnet. Die Nutzung von Bildausschnitten bietet den Vorteil, präzise verschiedene Verkalkungsregionen aus Mammographiebildern zu gewinnen und diese mit normalen Geweberegionen vergleichen zu können. Durch die manuelle Auswahl können die Ausschnitte weiterhin korrekt und auf einfache Weise gelabelt werden. Die genutzte Datenbank (siehe Abschnitt 3.3.4) stellt zwar zu jeder Mammographieaufnahme zusätzliche Dateien zur Verfügung, in welcher Markierungsangaben erkrankter Gewebeareale enthalten sind. Das Problem hierbei besteht jedoch in der unterschiedlichen Genauigkeit, mit welcher verschiedene Radiologen die Aufnahmen markiert haben. Somit ist bei einem automatisierten Ansatz zur Auswahl der Bildausschnitte die Gefahr gegeben, fälschlicherweise gesundes Gewebe als Mikroverkalkungen zu erfassen.

Bildmerkmale als Beispiele

Es stellt sich nun die Frage, welche der in Abschnitt 3.2.3 vorgestellten Repräsentationsmöglichkeiten des Bildmaterials die geeignetste Wahl darstellt. Da für die Klassifikationsaufgabe eine Menge verschiedener Bildausschnitte als Eingabe dienen soll, kommen nur die beiden Darstellungsformen "ganzes Bild als ein Beispiel" und "Darstellung durch Bildmerkmale" in Frage. Erstgenannte Darstellungsform wurde in Abschnitt 3.2.3 als problematisch befunden, da in Abhängigkeit der Bildgrößen u.U. ein erhebliches Datenvolumen entstehen kann. Durch die Beschränkung, lediglich auf Bildausschnitten anstatt auf vollständigen Mammographieaufnahmen zu arbeiten, kann das erforderliche Datenvolumen jedoch deutlich reduziert werden.

Dennoch entsteht bei dieser Darstellungsvariante ein weiteres Problem, der sog. Fluch der hohen Dimensionen. Dieses Problem beschreibt den Umstand, dass bei steigender Dimension der Beispielvektoren die benötigte Größe der Beispielmenge zum Erreichen einer akzeptablen Performanz des Systems exponentiell steigt. Ein gutes Beispiel zur Beschreibung dieses Zusammenhangs ist beispielsweise in [8] zu finden. Da bei der praktischen Umsetzung der Analyse von Mammographieaufnahmen nur eine beschränkte Beispielmenge zur Verfügung steht, sollte also versucht werden, die Dimensionalität der Beispielvektoren zu reduzieren.

Gegen die direkte Nutzung der Pixel als Attribute spricht noch ein weiteres Argument. Durch die verschiedenen Graustufen wird zwar der Bildinhalt vollständig repräsentiert, doch findet keine Charakterisierung der Beziehung benachbarter Pixel statt. Eine solche Charakterisierung erscheint jedoch für das Auffinden von Mikroverkalkungen als unumgänglich, da sich die Verkalkungen nicht anhand ihrer eigentlichen Intensitätswerte erkennen lassen, sondern erst in Relation zum umliegenden Gewebe zu erkennen sind.

Aufgrund dieser Überlegungen soll daher die Darstellung durch Bildmerkmale Anwendung finden. Neben der Reduktion der Dimension der Beispiele können mithilfe von Bildmerkmalen Eigenschaften der Mikroverkalkungen unter Einbezug des umliegenden Gewebes beschrieben werden. Die Auswahl geeigneter Bildmerkmale spielt hierbei jedoch eine entscheidende Rolle. Aus diesem Grund werden in den Kapiteln 4 und 5 Basistransformationen zur Repräsentation von Bildern in anderen Räumen und daran anknüpfend verschiedene Bildmerkmale und deren Gewinnung vorgestellt.

3.3.3. Allgemeiner Aufbau

Nachdem vorangehend einige grundlegende Fragestellungen geklärt wurden, kann nun der allgemeine Aufbau des Verfahrens skizziert werden. Der Ablauf gliedert sich in zwei Phasen, die eigentliche Lernphase und die Analysephase. Im Zuge der Lernphase wird mittels einer SVM auf Beispielen, welche die einzelnen ROIs anhand von Bildmerkmalen charakterisieren, ein Modell zur Trennung der Klassen "normales Gewebe" und "subtile Mikroverkalkungen" erlernt. Im Anschluss daran kann mithilfe des erlernten Modells in der Analysephase eine vollständige Mammographieaufnahme auf subtile Mikroverkalkungen überprüft werden. Dies soll mittels einer Fensterung umgesetzt werden, anhand welcher die Mammographieaufnahme "abgescannt" wird. An jeder Fensterposition werden lediglich diejenigen Pixel betrachtet, welche sich innerhalb des Fensters befinden. Der Bildausschnitt innerhalb eines Fensters kann wiederum als ROI aufgefasst werden, aus welcher anschließend Bildmerkmale extrahiert werden. Diese Bildmerkmale bilden ein neues Beispiel und dienen als Eingabe für das erlernte Klassifikationsmodell. Falls das Klassifikationsmodell das untersuchte Beispiel als Mikroverkalkung klassifiziert, wird im Anschluss der zugehörige Bildausschnitt auf der vollständigen Mammographieaufnahme rot markiert. Abbildung 3.5 illustriert grob den beschriebenen Ablauf.

Den Kern des Verfahrens und Schwerpunkt dieser Arbeit stellt die Lernphase dar, in welcher ein geeignetes Klassifikationsmodell basierend auf den Merkmalsvektoren der Bildausschnitte erlernt und evaluiert wird. Die Analysephase kann als praktische Anwendungsmöglichkeit aufgefasst werden, in welcher das erlernte Modell zur Untersuchung einer vollständigen Mammographieaufnahme eingesetzt wird und abschließend als Mikroverkalkungen klassifizierte Bildregionen in der Mammographie farblich markiert. Da in dieser vereinfachten Beschreibung auf Details verzichtet wurde, wird an dieser Stelle für Einzelheiten auf die Kapitel 6 und 7 verwiesen.

3.3.4. Datenbankauswahl

Für die Untersuchung von Mammographiebildern wird geeignetes Bildmaterial benötigt. Die in der Literatur populärsten Bilddatenbanken stellen die MIAS-Datenbank (Mammographic Image Analysis Society) und die DDSM-Datenbank (Digital Database for

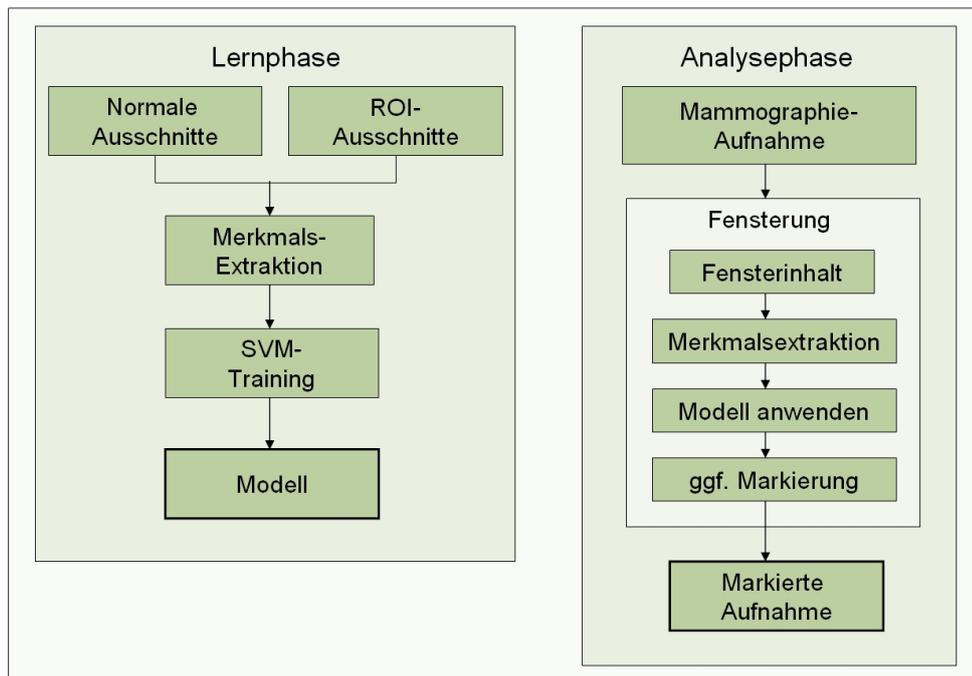


Abbildung 3.5.: Vereinfachter Verfahrensaufbau

Screening Mammography) dar, welche beide zur freien Verfügung stehen. MIAS stellt Bildpaare in MLO-Ansicht von insgesamt 161 Patientinnen bereit. Zu den Bildern mit einer Auflösung von jeweils 1024 x 1024 Pixeln werden Zusatzinformationen bezüglich der Gewebeart, der Diagnose und der Lokalisierung von Veränderungen anhand von Koordinaten angegeben.

Die DDSM-Datenbank ist mit 2620 Fällen und jeweils 4 Aufnahmen pro Patientin durch zusätzliche CC-Aufnahmen deutlich umfangreicher und die Aufnahmen haben eine durchschnittliche Auflösung von etwa 4500 x 4500 Pixeln. Im Gegensatz zur MIAS-Datenbank orientieren sich die Zusatzangaben zur Diagnose und Gewebeart an den gebräuchlichen medizinischen Standards und stufen das Bildmaterial anhand der BIRADS-Stufen und der ACR-Kriterien ein. Da sich die Zusatzinformationen der beiden Datenbanken aufgrund unterschiedlicher Standards nur schwer aufeinander übertragen lassen, wurde aufgrund des Umfangs und der Nutzung der BIRADS-Stufen die DDSM-Datenbank als Quelle für das Bildmaterial ausgewählt. Die verschiedenen Läsionen können hier anhand zusätzlicher Files mit Kettencodes, durch welche die Gewebeveränderungen umzeichnet werden können, lokalisiert werden. Da diese Markierungen von unterschiedlichen Ärzten mit abweichender Genauigkeit gesetzt wurden, sollen sie, um Fehler und Ungenauigkeiten zu vermeiden, jedoch nicht eingesetzt werden. Die DDSM-Datenbank bietet weiterhin als Zusatzinformation sogenannte "Subtlety-Stufen" zur Beschreibung des Schwierigkeitsgrades der Erkennung von Läsionen, welche von Stufe 1 für sehr subtile Veränderung bis zur Stufe 5 für auffällige Läsionen reichen. Da das Hauptziel dieser Arbeit die Detektion unauffälliger Mikroverkalkungen darstellt, können die Subtilitätsstufen für diese Zwecke hervorragend genutzt werden. Es sei noch erwähnt, dass die Bilder der DDSM-

Datenbank in einem speziellen LJPEG-Format vorliegen, welches gängige Bildverarbeitungsprogramme nicht darstellen können. Zum Entpacken der Bilder wurde von Chris Rose [44] ein Programm zum Lesen dieses Formats bereitgestellt, durch welches die Nutzung der DDSM-Datenbank erst ermöglicht wurde.

3.3.5. Experimentierumgebung

Für die praktische Umsetzung der Bildanalyse werden neben vielzähligen Bildverarbeitungsmethoden zahlreiche weitere Funktionen wie beispielsweise die Lernverfahren und statistische Validierungsmethoden benötigt. Eine äußerst mächtige Experimentierumgebung stellt das Data-Mining-Tool RapidMiner (kurz RM) [37] dar. Dieses Programm bietet neben vielzähligen Lernverfahren statistische Validierungsmethoden, Operatoren zur Datenvorverarbeitung, Möglichkeiten der Parameteroptimierung und u.a. genetische Algorithmen zur Merkmalsauswahl, um nur einige Elemente des Programms zu nennen. Weiterhin besteht die Möglichkeit, eigene Implementierungen in RM mit einzubinden. Um unnötigen Implementierungsaufwand einzusparen und weiterhin den Raum der Möglichkeiten durch die bereitgestellte Operatorvielfalt von RM offen zu halten, wurden aus diesem Grund die benötigten Bildverarbeitungsoperatoren in Form eines Plugins für RM implementiert, anstatt ein eigenständiges Analyseprogramm zu entwerfen. Hierfür wurden, anknüpfend an Implementierungen von Felix Jungermann [27], als Datenstruktur für die Bildinhalte Matrixobjekte eingeführt, durch welche eine einfache Handhabung des Datentransfers und der Datenverarbeitung ermöglicht wird (Näheres hierzu siehe Anhang A.)

4. Basistransformationen

Dieses Kapitel beschäftigt sich mit verschiedenen Basistransformationen unter der Zielsetzung, zugrundeliegende Daten in geeigneterer Form zu repräsentieren. So können Bilder nicht nur durch Intensitätswerte an Positionen (x, y) dargestellt werden, sondern auch durch die in ihnen enthaltenen Frequenzen.

Insbesondere für Bildbearbeitungsoperationen und die Extraktion von Merkmalen kann es sich als sinnvoll erweisen, Bilder in Schwingungen zu zerlegen. Hierzu gibt es zahlreiche Transformationsmöglichkeiten wie beispielsweise die Fouriertransformation und die Wavelettransformation.

Weiterhin kann mithilfe spezieller Transformationen der vorliegenden Daten die Dimension des Datenraumes (bzw. Merkmalsraumes) reduziert werden, eine sehr gängige Methode hierfür stellt die sog. Hauptkomponentenanalyse (kurz PCA - Principal Components Analysis) dar. Die für diese Transformationen nötigen mathematischen Hintergründe werden zunächst erläutert, bevor konkrete Transformationen vorgestellt werden.

4.1. Basen und Basiswechsel

Sollen Bilder nicht mehr in gewohnter Form durch Intensitätswerte von Pixeln dargestellt werden, der sogenannten Repräsentation im *Ortsraum*, sondern durch ihre anteiligen Schwingungen, der Repräsentation im *Frequenzraum*, muss eine Basistransformation vom Ortsraum in den Frequenzraum erfolgen. Zunächst sollen diese Zusammenhänge aus vektorieller Perspektive erläutert werden, bevor sie auf Funktionen übertragen werden.

4.1.1. Orthogonale Basen

Für die Beschreibung von Basistransformationen sollte erst einmal der Begriff *Basis* definiert werden:

Definition 4.1.1 (Basis). *Sei V ein Vektorraum der Dimension n . Eine Menge von Vektoren $\{\vec{v}_1, \vec{v}_2, \dots, \vec{v}_n\}$ heißt Basis von V , wenn die Vektoren $\vec{v}_i, i = 1, 2, \dots, n$, voneinander linear unabhängig sind.*

Als *Basisvektoren* werden die einen Raum aufspannenden Vektoren \vec{v}_i bezeichnet. Für einen Raum der Dimension n werden also n linear unabhängige Vektoren als Basis benötigt, wobei es für einen n -dimensionalen Raum unendlich viele Basen gibt.

Die lineare Unabhängigkeit von Vektoren lässt sich wie folgt formalisieren:

Definition 4.1.2 (Lineare Unabhängigkeit). *Vektoren $\vec{v}_1, \vec{v}_2, \dots, \vec{v}_n$ eines Vektorraums V heißen voneinander linear unabhängig, wenn sich der Nullvektor $\vec{0} \in V$ nur dann als Linearkombination in der Form $\vec{0} = \lambda_1 \vec{v}_1 + \lambda_2 \vec{v}_2 + \dots + \lambda_n \vec{v}_n$ mit reellen Zahlen $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ darstellen lässt, wenn alle $\lambda_i = 0$ sind.*

Sind die Vektoren $\vec{v}_1, \vec{v}_2, \dots, \vec{v}_n$ Basisvektoren eines n -dimensionalen Vektorraumes V , lassen sich also beliebige andere Vektoren des Raumes als Linearkombination $\sum_{n=1}^N \lambda_n \vec{v}_n$ darstellen. Bei bekannter Basis kann daher jeder Vektor aus V durch Angabe der *Koeffizienten* $(\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n)$ repräsentiert werden.

Eine besondere Rolle spielen *orthonormale* Basen, welche im Folgenden betrachtet werden. Hierbei ist der zugrundeliegende Vektorraum ein euklidischer Vektorraum, also ein solcher, in welchem ein Skalarprodukt definiert ist. Eine orthonormale Basis besteht aus Basisvektoren, welche sich orthogonal zueinander verhalten, also senkrecht aufeinander stehen, und deren Länge 1 beträgt. Ein Vorteil orthonormaler Basen besteht in der einfachen Überprüfbarkeit auf lineare Unabhängigkeit der Vektoren. Da orthogonale Vektoren voneinander linear unabhängig sind, genügt es für den Test auf lineare Unabhängigkeit, n Vektoren zur Bildung einer Basis eines n -dimensionalen Vektorraumes paarweise auf Orthogonalität hin zu prüfen. Bei dieser informellen Beschreibung orthonormaler Basen wurden viele Begrifflichkeiten vorausgesetzt, die nun für das weitere Verständnis der Reihe nach formalisiert werden sollen.

Definition 4.1.3 (Skalarprodukt). *Seien \vec{v}, \vec{w} Vektoren eines Vektorraumes V . Eine Abbildung $(\vec{v}|\vec{w}) : V \times V \rightarrow \mathbb{R}$ heißt Skalarprodukt, wenn für alle Vektoren $\vec{u}, \vec{v}, \vec{w} \in V$ und alle $\alpha \in \mathbb{R}$ gilt, dass*

1. $(\vec{v}|\vec{w}) = (\vec{w}|\vec{v})$;
2. $(\alpha\vec{v}|\vec{w}) = \alpha(\vec{v}|\vec{w})$;
3. $(\vec{u} + \vec{v}|\vec{w}) = (\vec{u}|\vec{w}) + (\vec{v}|\vec{w})$;
4. $\vec{v} \neq \vec{o} \Rightarrow (\vec{v}|\vec{v}) > 0$;

Beispiel 4.1 (Standardskalarprodukt). *Ein einfaches Skalarprodukt stellt das Standardskalarprodukt dar. Für zwei Vektoren \vec{v} und $\vec{w} \in \mathbb{R}^n$ wird dies berechnet durch*

$$(\vec{v}|\vec{w}) = \sum_{i=1}^n v_i w_i.$$

Mithilfe des Skalarproduktes lässt sich nun die Länge eines Vektors \vec{v} berechnen durch $\|\vec{v}\| = \sqrt{(\vec{v}|\vec{v})}$. Allgemeiner bezeichnet man hierbei mit $\|\cdot\|$ eine Norm auf V .

Definition 4.1.4 (Norm). *Für einen Vektorraum V bezeichnet $\|\cdot\|$ eine Norm auf V , wenn für alle $\vec{v}, \vec{w} \in V$ und alle $\alpha \in \mathbb{R}$ folgende Eigenschaften erfüllt sind:*

1. $\|\vec{v}\| \geq 0$;
2. $\|\vec{v}\| = 0 \Leftrightarrow \vec{v} = \vec{o}$;
3. $\|\alpha\vec{v}\| = |\alpha| \|\vec{v}\|$;
4. $\|\vec{v} + \vec{w}\| \leq \|\vec{v}\| + \|\vec{w}\|$.

Der Winkel zwischen zwei Vektoren \vec{v} und \vec{w} kann nun durch $\frac{(\vec{v}|\vec{w})}{\|\vec{v}\|\|\vec{w}\|} = \cos(\alpha)$ berechnet werden. Hierbei bezeichnet α mit $0^\circ \leq \alpha \leq 180^\circ$ den von \vec{v} und \vec{w} eingeschlossenen Winkel. Stehen nun \vec{v} und \vec{w} senkrecht aufeinander, schließen sie einen 90° -Winkel ein. Da gilt, dass $\cos(90^\circ) = 0$, kann die Orthogonalität wie folgt definiert werden:

Definition 4.1.5 (Orthogonalität). *Sei V ein euklidischer Vektorraum und seien \vec{v}, \vec{w} Vektoren aus V . Man bezeichnet \vec{v} und \vec{w} als orthogonal zueinander, wenn gilt, dass $(\vec{v}|\vec{w}) = 0$.*

Im Rahmen einer Basistransformation werden nun die Vektoren \vec{v}, \vec{w} zu einer Basis B^1 auf alle Basisvektoren einer neuen Basis B^2 projiziert. Für einen Vektor \vec{v} im n -dimensionalen Raum mit den Koeffizienten (v_1, v_2, \dots, v_n) werden also n neue Koeffizienten $(v'_1, v'_2, \dots, v'_n)$ berechnet, welche die Längenteile der neuen Basisvektoren $\vec{b}'_1, \dots, \vec{b}'_n$ beschreiben. Hierbei bleibt die Position der Vektoren im Raum erhalten, lediglich die Darstellung wird verändert. Eine solche Transformation orthogonaler Basen ist umkehrbar, es gehen im Zuge der Transformationen also keine Informationen verloren.

4.1.2. Funktionen als Basis

Bisher wurden nur Basisvektoren mit diskreten Werten zum Aufspannen endlicher Räume erläutert. Es ist jedoch auch möglich, mithilfe reellwertiger oder komplexwertiger Funktionen Räume unendlicher Dimension zu bilden, deren Elemente wiederum Funktionen darstellen.

Definition 4.1.6 (Funktionsraum). *Ein Vektorraum V , dessen Elemente $f \in V$ Funktionen darstellen, heißt Funktionsraum.*

Das Skalarprodukt wird nun nicht mehr über die Summe der einzelnen Produkte von Vektorkomponenten gebildet, sondern über Integrale. Für zwei reellwertige Funktionen f_1 und f_2 kann es also durch

$$(f_1|f_2) = \int_{-\infty}^{\infty} f_1(x) f_2(x) dx$$

ausgedrückt werden. Dies entspricht einer Faltung der Funktionen $f_1(x)$ und $f_1(x)$. Auch hier gilt, dass sich Funktionen genau dann orthogonal zueinander verhalten, wenn ihr Skalarprodukt 0 ergibt.

4.2. Fouriertransformation

Im vorangegangenen Abschnitt wurden die Grundlagen für orthogonale Basistransformationen von Vektorräumen erläutert. Auch die Fouriertransformation stellt eine Basistransformation dar, mit deren Hilfe Bilddaten vom *Ortsraum* in den *Frequenzraum* transformiert werden können. Hierzu formulierte J.B.J. Fourier im Jahr 1807 folgende Behauptung [36]:

"Jedes periodische Signal lässt sich in harmonische Bestandteile zerlegen, deren Komponenten sich in Amplitude, Phase und Frequenz unterscheiden, wobei die Frequenz der

Komponenten immer ein Vielfaches der Grundfrequenz ist."

Da harmonische Schwingungen durch Sinusschwingungen dargestellt werden können, wird also zur Zerlegung eines periodischen Signals eine Basis bestehend aus unendlich vielen Sinusfunktionen unterschiedlicher Frequenz, Phase und Amplitude benötigt. Bisher wurden Basen jedoch nur anhand von Basisvektoren mit diskreten Werten zum Aufspannen endlicher Räume beschrieben. Zum besseren Verständnis wird aus diesem Grund zunächst die *diskrete* Fouriertransformation vorgestellt, welche auf endliche Räume beschränkt ist, bevor als Verallgemeinerung auf die *kontinuierliche* Fouriertransformation in unendlichen Räumen eingegangen wird.

4.2.1. Diskrete Fouriertransformation

Eine Übertragung der Zusammenhänge zwischen Funktionen und Vektoren unter der Einschränkung, dass eindimensionale Funktionen mit endlichem Wertebereich vorliegen müssen, ist einfach nachzuvollziehen. Hierzu sollte man sich die verschiedenen Möglichkeiten, eine Funktion darzustellen, vor Augen halten. Die vermutlich gebräuchlichste Darstellungsvariante besteht in der Repräsentation durch explizite Formeln der Form $f(x) = y$, doch auch grafische Darstellungen durch Kurven oder Aufzählungen von Funktionswerten mithilfe von Wertetabellen sind üblich. Wie in Abschnitt 3.1.1 bereits beschrieben, können auch Bilder als Funktionen aufgefasst werden. Da die Zuordnungsvorschrift der jeweiligen Bildfunktion in der Regel unbekannt ist, werden Bildzeilen meist durch die jeweiligen Intensitätswerte der einzelnen Pixel einer Zeile beschrieben. Dies entspricht der Funktionsdarstellung durch Wertetabellen. Eine solche Bildzeile kann als Vektor aufgefasst werden, wodurch sich die Inhalte des vorangegangenen Abschnittes auf Funktionen am Beispiel Bilder übertragen lassen.

Unklar ist jedoch noch, ob eine Bildzeile ein periodisches Signal darstellt. Da periodische Signale die Eigenschaft haben, sich nach einer Periode zu wiederholen, genügen zur Beschreibung eines solchen Signals die Werte einer einzelnen Periode. Für Zeitpunkte t einer periodischen Funktion mit einer Periodendauer t_0 gilt also, dass $f(t) = f(t + t_0)$. Im eindimensionalen Fall können somit die n Intensitätswerte einer Bildzeile als ein an n Positionen abgetastetes periodisches Signal interpretiert werden, wenn man eine Zeile als eine Periode auffasst. Um nun eine Bildzeile in ihre harmonischen Bestandteile zu zerlegen, erfolgt eine Transformation der Darstellung vom Ortsraum in den Frequenzraum. Bei n diskreten Abtastpunkten einer Periode des zu zerlegenden Signals werden nun n orthogonale Funktionen zum Aufspannen des Frequenzraumes benötigt. Sei hierfür $u_0 = 2\pi/n$ eine Basisfrequenz und seien verschiedene Frequenzen u ganzzahlige Vielfache von u_0 . Die Basisfunktionen $b_u(x)$ mit $x \in \{0, 1, \dots, n-1\}$ können nun gebildet werden durch

$$b_u(x) = \cos(ux) + i \cdot \sin(ux) = e^{iux}.$$

Durch den Einsatz solcher komplexwertiger Funktionen wird es ermöglicht, die Phasenverschiebung in kompakter Form zu beschreiben, ohne explizit die verschiedenen Phasen angeben zu müssen. Geklärt werden sollte noch, warum sich diese Funktionen bei verschiedenen Frequenzen orthogonal zueinander verhalten. Dies lässt sich mithilfe der n -ten Einheitswurzeln erklären:

Definition 4.2.1 (Einheitswurzel). Eine komplexe Zahl w heißt n -te Einheitswurzel, wenn für eine Zahl $n \in \mathbb{N}$ gilt, dass $w^n = 1$.

Die n -ten Einheitswurzeln liegen in der komplexen Zahlenebene daher genau auf dem Einheitskreis. Dementsprechend wird eine Fourierbasis also über n -te Einheitswurzeln $w_n^0, w_n^1, \dots, w_n^{n-1}$ als Potenzen der n -ten Einheitswurzel $w_n = e^{i \cdot 2\pi/n} = e^{i \cdot u_0}$ im Körper der komplexen Zahlen gebildet. Über diese Potenzen werden also die verschiedenen Frequenzen als Vielfache der Basisfrequenz $2\pi/n$ bereitgestellt.

Um zu zeigen, dass sich zwei Funktionen zueinander orthogonal verhalten, muss überprüft werden, ob das Skalarprodukt über diese Funktionen 0 ergibt. Im Raum der komplexen Zahlen stellt

$$(f_1|f_2) = \sum_{i=0}^{n-1} f_1(i) \overline{f_2(i)}$$

ein Skalarprodukt zweier komplexer Funktionen mit Definitionsbereich $(0, 1, \dots, n-1)$ dar. Hierbei ist $\overline{f_2(i)}$ die konjugiert komplexwertige Funktion zu einer Funktion $f_2(i)$. Seien nun u_1 und u_2 zwei verschiedene Frequenzen mit $u_1 = k \cdot u_0$ und $u_2 = l \cdot u_0$, $k, l \in \{0, 1, \dots, n-1\}$. Das Skalarprodukt der Funktionen $e^{i \cdot u_1 x}$ und $e^{i \cdot u_2 x}$ wird gebildet durch

$$\sum_{x=0}^{n-1} e^{i \cdot u_1 x} \cdot \overline{e^{i \cdot u_2 x}} = \sum_{x=0}^{n-1} w_n^{kx} \overline{w_n^{lx}} = \sum_{x=0}^{n-1} w_n^{(k-l)x}.$$

Wären die Frequenzen identisch und dementsprechend $k = l$, würde das Skalarprodukt wegen $w_n^0 = 1$ also n ergeben. Für $k \neq l$ wird die Summe nun gemäß der Bildung von Partialsummen geometrischer Reihen aufgelöst zu

$$\sum_{x=0}^{n-1} w_n^{(k-l)x} = \frac{w_n^{(k-l)n} - 1}{w_n^{k-l} - 1}.$$

Da aufgrund der Periodizität aber gilt, dass $w_n^{(k-l)n} = w_n^n$, ergibt das Skalarprodukt der gegebenen Funktionen für zwei verschiedene Frequenzen u_1 und u_2 also 0 und die gewählten Funktionen verhalten sich orthogonal zueinander.

Eine Funktion $f(x)$ mit $x \in \{0, 1, \dots, n-1\}$ kann nun in den Frequenzraum mit Frequenzen u transformiert werden durch

$$F(u) = \sum_{x=0}^{n-1} f(x) \cdot e^{iux}.$$

Diese Transformation wird als *diskrete Fouriertransformation* bezeichnet, die Funktionen $f(x)$ und $F(u)$ als *Fouriertransformationspaar*. Die Rücktransformation, also die *inverse Fouriertransformation*, erfolgt durch

$$f(x) = \frac{1}{n} \sum_{u=0}^{n-1} F(u) \cdot e^{-iux}.$$

Der Faktor $\frac{1}{n}$ dient hierbei der Normierung der Basisfunktionen, wobei es hierfür in der Literatur verschiedenste Konventionen gibt. Aus diesem Grund wurde hierfür die eine

der gebräuchlichsten Darstellungsweisen verwendet.

Die Fouriertransformation ist nicht nur auf die Transformation von Funktionen mit diskretem Wertebereich beschränkt. Auch Funktionen mit reellem und unbeschränktem Definitionsbereich können transformiert werden, allerdings wird gefordert, dass die Funktionen integrierbar sind. Entsprechend des Skalarproduktes für reellwertige Funktionen wird die *kontinuierliche Fouriertransformation* also nicht mehr über Summen, sondern Integrale gebildet.

4.2.2. Fouriertransformation von Bildern

Bisher wurde nur die Fouriertransformation für eindimensionale Funktionen betrachtet, für Bildinformation wird jedoch eine zweidimensionale Transformation der Form

$$F(u, v) = \sum_{n=0}^{N-1} \sum_{m=0}^{M-1} f(m, n) e^{i(um+vn)}$$

benötigt. Bei Betrachtung der einzelnen Rechenschritte ergäbe sich mit einer naiven Implementierung der Transformation eine Laufzeit von $O(n^2m^2)$ bei einem Bild der Größe $n \times m$. Eine erhebliche Reduktion der Laufzeit kann durch Einsatz der *schnellen Fouriertransformation* (FFT) erzielt werden. Bei diesem Algorithmus wird im zweidimensionalen Fall unter anderem ausgenutzt, dass die Fouriertransformation separierbar ist, d.h., dass mithilfe zweier eindimensionaler Fouriertransformationen eine zweidimensionale Transformation umgesetzt werden kann. Dies geschieht, indem zunächst (bezogen auf ein Bild) die einzelnen Zeilen transformiert werden und in einem zweiten Schritt basierend auf den neu entstandenen Werten die Spalten einer eindimensionalen Transformation unterzogen werden. Da es sich bei der FFT um einen Divide-and-Conquer-Algorithmus handelt, wird als Bedingung an die Bilddaten gestellt, dass die Anzahl der Zeilen und Spalten Zweierpotenzen bilden. Im Zuge der Berechnungen können vielzählige Rechenoperationen eingespart werden, indem die Berechnungen in einer bestimmten Reihenfolge durchgeführt werden, sodass auf bereits existierende Zwischenergebnisse zurückgegriffen werden kann. Die Laufzeit einer zweidimensionalen FFT reduziert sich durch Einsatz dieses Verfahrens auf $O(n \cdot m (\log m + \log n))$. Da die Fouriertransformation aber keinen Schwerpunkt dieser Arbeit darstellt, sondern lediglich für die spätere Extraktion geeigneter Bildmerkmale benötigt wird, soll an dieser Stelle nicht näher auf die genaue Beschreibung des FFT-Algorithmus eingegangen werden und es wird auf [13] verwiesen.

Da sich eine sinusförmige Schwingung neben ihrer zugehörigen Frequenz durch ihre Amplitude und die Phase beschreiben lässt, kann ein Bild im Frequenzraum ebenfalls in diese Bestandteile, die als Spektren bezeichnet werden, zerlegt werden. Im Folgenden wird mit $RF(u, v)$ der Realteil und mit $IF(u, v)$ der Imaginärteil einer Fouriertransformierten $F(u, v)$ bezeichnet.

Phasenspektrum: Das Phasenspektrum beschreibt die Phasenverschiebung an den jeweiligen Frequenzen von $F(u, v)$. Diese wird anhand des Winkels in der komplexen Ebene bestimmt durch $\phi(u, v) = \arctan(IF(u, v)/RF(u, v))$.

Amplitudenspektrum: Das Amplitudenspektrum beschreibt die maximale Auslenkung der jeweiligen Frequenzen einer Fouriertransformierten $F(u, v)$. Es wird

berechnet durch $|F(u, v)| = \sqrt{RF(u, v)^2 + IF(u, v)^2}$.

Bilder im Frequenzraum lassen sich aufgrund ihrer komplexen Werte nicht direkt darstellen, daher bieten die Spektren eine gute Möglichkeit, transformierte Bilder dennoch zu visualisieren. Der Vollständigkeit halber sei erwähnt, dass in der grafischen Darstellung häufig anstatt des Amplitudenspektrums das Leistungsspektrum gewählt wird, welches dem quadrierten Amplitudenspektrum entspricht. In der Regel werden die Spektren in der sogenannten zentrierten Darstellung visualisiert, was bedeutet, dass der Ursprung in den Bildmittelpunkt verschoben wird. Dies dient der leichteren Interpretierbarkeit der Bilder, da sich die Frequenz einer Welle über den Abstand von (u, v) zum Ursprung beschreiben lässt. Aus diesem Grund zeigen sich so niedrige Frequenzen in der Umgebung der Bildmitte, hohe Frequenzen befinden sich wiederum an den Bildrändern.

Die Interpretation der Visualisierung eines fouriertransformierten Bildes soll nun anhand eines Beispielbildes demonstriert werden. Für dieses Beispiel werden die Begriffe Frequenz und Periodendauer benötigt, welche zur Veranschaulichung zunächst auf Bilder im Ortsbereich angewandt werden, denn auch hier lassen sich die im Bild enthaltenen Signale bereits als Schwingungen interpretieren. Da sich diese Begrifflichkeiten in Bezug auf Bilder mit Pixeln als Einheiten von der üblichen physikalischen Auffassung mit zeitbezogenen Einheiten unterscheidet, sollen diese zunächst genauer beschrieben werden, um Missverständnisse zu vermeiden.

Periodenlänge: Die Periodenlänge T einer Schwingungsperiode entspricht der Anzahl der Pixel die benötigt wird, um eine Schwingung vollständig darzustellen und entspricht bei einer Frequenz F dem Kehrwert $\frac{1}{F} = T$.

Frequenz: Die Frequenz F kann aufgefasst werden als Anteil einer Schwingung mit einer Periodenlänge T bezüglich eines Pixels und entspricht daher $\frac{1}{T} = F$, also dem Kehrwert der Periodenlänge der betrachteten Schwingung.

Für die visuelle Darstellung einer Schwingung im Ortsbereich wird, abgesehen von Konstanten, eine Periodenlänge von mindestens zwei Pixeln benötigt, die maximal mögliche Frequenz auf diskreten Bildern beträgt dementsprechend 0.5. Eine Bildzeile mit maximaler Frequenz einer Schwingung lässt sich also konstruieren, indem zwei alternierende Graustufen den Pixeln zugeordnet werden. Bei maximalem Graustufenunterschied, also reinem Weiss und reinem Schwarz, ergibt sich eine maximale Amplitude der Schwingung. Abbildung 4.1 zeigt nun links ein Bild der Größe 32×32 mit schwarzen und weissen Streifen bei einer Streifenbreite von einem Pixel, es ist also anhand der zuvor beschriebenen Bildzeile aufgebaut. Anhand des Amplitudenspektrums des Streifenbildes lassen sich nun die im Bildsignal enthaltenen Frequenzen ablesen. Der Bildmittelpunkt repräsentiert den Ursprung, aufgrund des gewählten Normierungsfaktors stellt dieser den durchschnittlichen Grauwert des Bildes dar. Alle weiteren Positionen repräsentieren die im Bild anteiligen Frequenzen, ihre Ausprägungen stellen die Amplitude der jeweiligen Frequenz dar. Offensichtlich wird das Frequenzspektrum durch nur eine weitere Frequenz dominiert, was in der Visualisierung anhand des rechts im Bild befindlichen hellen Pixels zu erkennen ist. Es wurde bereits erwähnt, dass der Abstand von (u, v) zum Ursprung den Wert der jeweiligen Frequenz beschreibt, in diesem Fall beträgt der Abstand aufgrund

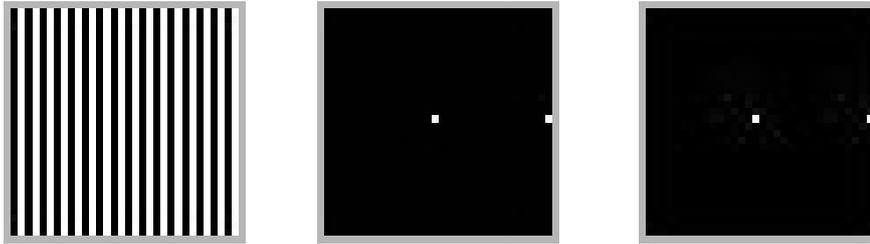


Abbildung 4.1.: Erstes Beispielbild: Amplitudenspektrum in normaler (Mitte) und logarithmischer Darstellung (rechts) eines Ursprungsbildes (links).

der Wahl des Beispielbildes 16. Da die Fouriertransformation eine Bildzeile bzw. -spalte als eine vollständige Periode auffasst, muss dieser Wert noch durch Multiplikation mit dem Kehrwert der Zeilen- bzw. Spaltenlänge normiert werden, um einen Bezug zu einem Bildpixel zu erhalten. Es ergibt sich also gemäß der Konstruktion des Beispiels eine Frequenz von 0.5 pro Pixel. Da als Grauwertausprägungen Schwarz (Farbwert 0) und Weiss (Farbwert 255) gewählt wurden, beträgt die Amplitude der Frequenz 127 in positive und negative Richtung. Ergänzend sei erwähnt, dass sich die Fouriertransformation symmetrisch zum Ursprung verhält. Auf der betrachteten Grafik ist dies nicht zu erkennen, da bei 32×32 Pixeln kein eindeutiger Bildmittelpunkt als ganze Zahl existiert und willkürlich die Position $\frac{32}{2} - 1$ für beide Achsen als Ursprung gewählt wurde. Dementsprechend "läuft" die linksseitige Darstellung der dargestellten Frequenz aus dem Bild heraus. Zum Vergleich dient ein weiteres Beispielbild (siehe Abbildung 4.2), bei welchem die Streifen nun horizontal verlaufen und eine maximale Streifenbreite aufweisen.

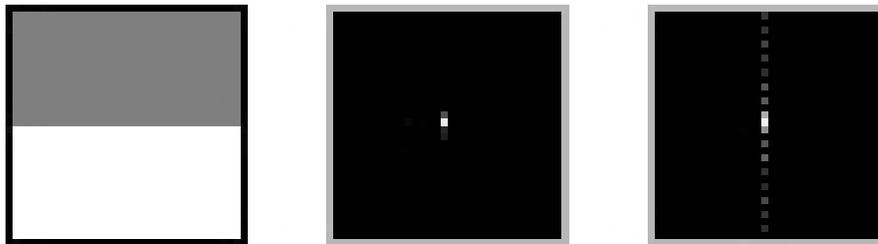


Abbildung 4.2.: Zweites Beispielbild: Amplitudenspektrum in normaler (Mitte) und logarithmischer Darstellung (rechts) eines Ursprungsbildes (links).

Im Amplitudenspektrum ist klar zu erkennen, dass das Bild durch die niedrigste mögliche Frequenz dominiert wird. Weiterhin sind die Amplituden deutlich niedriger aufgrund des geringeren Farbunterschiedes zwischen Grau und Weiß. In der normalen Darstellung des Amplitudenspektrums ist jedoch nicht zu erkennen, dass im Bild noch weitere höhere Frequenzen enthalten sind. Hierauf weist insbesondere der direkte Übergang zwischen den beiden Graustufen hin. Dass hochfrequente Anteile zunächst nicht zu erkennen sind, hängt mit zumeist extrem kleinen Amplituden höherer Frequenzen zusammen, die im

Zuge der Quantisierung auf 0 abgebildet werden. Um dieses Problem zu umgehen, wird häufig zuvor eine Logarithmierung des berechneten Amplitudenspektrums vorgenommen. Die logarithmierten Werte werden in der Abbildung rechts dargestellt, hier sind die weiteren Frequenzanteile nun klar zu erkennen. Das logarithmierte Amplitudenspektrum des ersten Beispielbildes zeigt keine weiteren Frequenzen auf, da dieses Bild aufgrund seiner Konstruktion vollständig durch die höchstmöglich darstellbare Frequenz dominiert wird.

4.2.3. Die Konvolution zweier Funktionen

Bei den vorangegangenen Erläuterungen über die Fouriertransformation wurde bisher eine wichtige Eigenschaft übergangen, welche die Faltung (auch Konvolution genannt) zweier Funktionen betrifft. Die (diskrete) Faltung zweier Funktionen f und g stellt zusammenfassend formuliert die Verknüpfung von f mit einer verschobenen Variante von g dar. Sie ist wie folgt definiert [40]:

Definition 4.2.2 (Diskrete Faltung). *Gegeben seien zwei Funktionen f mit*

$$f : \{(m, n) \mid m = 0, \dots, M_f - 1, n = 0, \dots, N_f - 1\} \rightarrow \mathbb{R}$$

und g mit

$$g : \{(m, n) \mid m = 0, \dots, M_h - 1, n = 0, \dots, N_h - 1\} \rightarrow \mathbb{R}.$$

*Die Faltung $f(m, n) * g(m, n) = h(m, n)$ entspricht nun der Operation*

$$h(m, n) = \sum_{\xi=0}^{M-1} \sum_{\eta=0}^{N-1} f(\xi, \eta) g(m - \xi, n - \eta)$$

mit $M = M_f + M_h - 1, N = N_f + N_h - 1$.

Das Faltungstheorem besagt nun, dass die Konvolution zweier Funktionen im Ortsbereich einer Multiplikation der Fouriertransformierten dieser Funktionen im Frequenzbereich entspricht, also $H(u, v) := F(u, v) G(u, v)$. Umgekehrt entspricht die Faltung zweier Funktionen im Frequenzbereich wiederum der Multiplikation im Ortsbereich. Durch diesen Zusammenhang wird ermöglicht, die Berechnungskosten erheblich zu reduzieren. Während für die Faltung zweier Funktionen $f(m, n)$ und $g(m, n)$ mit $n = 0 \dots N - 1$ und $m = 0 \dots M - 1$ im Ortsbereich jeweils $N^2 M^2$ Multiplikationen und Additionen benötigt werden, genügen nach Transformationen in den Frequenzbereich NM Multiplikationen. Hierbei zahlt sich eine solche Vorgehensweise jedoch nur aus, sofern die FFT mit Kosten von jeweils $O(N \cdot M(\log N + \log M))$ für die Hin- und Rücktransformation eingesetzt wird. Somit können die Gesamtkosten der Konvolution von $O(N^2 M^2)$ durch den Einsatz der FFT reduziert werden auf $O(NM + NM(\log N + \log M))$.

4.3. Hauptkomponentenanalyse

Häufig ist es notwendig, die Dimension von Merkmalsräumen einzuschränken. Die Hauptkomponentenanalyse (PCA) stellt ein Verfahren dar, mit dessen Hilfe die Dimension von Merkmalsräumen ohne signifikanten Informationsverlust reduziert werden kann. Der Hintergrund der PCA besteht in dem Zusammenhang zwischen dem Informationsgehalt und

der Korrelation von Signalen. Hierbei ist "eine Nachricht um so informationsreicher, je unsicherer wir über ihren Inhalt sind" (aus [36]). Anders formuliert bedeutet dies, dass stark korrelierte Signale bzw. Attribute nur einen geringen Informationsgehalt aufweisen und dementsprechend der Nutzen für eine Lernaufgabe geringer ausfällt als jener von Attributen mit geringer Korrelation. Das Ziel der PCA besteht zunächst darin, die Attribute einer Attributmenge X durch eine orthogonale Basistransformation, die Hauptachsentransformation, zu dekorrelieren. Grob formuliert wird hierbei das zugrundeliegende Koordinatensystem in Richtung der Hauptachsen gedreht, welche in Richtung der größten Streuung der Beispiele verlaufen. Nach der Transformation werden die Merkmale bzw. Attribute als Hauptkomponenten bezeichnet. Die eigentliche Dimensionsreduktion wird nach der Transformation durchgeführt, indem im Anschluss nur diejenigen Hauptkomponenten ausgewählt werden, welche einer bestimmten Mindestanforderung an die Varianz genügen.

Im Folgenden sollen nun die zur Umsetzung einer PCA wichtigsten Schritte und Begrifflichkeiten genauer erläutert werden, für weitergehende Informationen wird an dieser Stelle auf [36] und [2] verwiesen, die hier geschilderten Zusammenhänge basieren auf der genannten Literatur.

Definition 4.3.1 (Kovarianz). Sei $x_i = (x_{i1}, \dots, x_{ip})$ das i -te Beispiel einer Beispielmenge Z mit $1 \leq i \leq n$ und seien x_{ik} , $1 \leq k \leq p$, die Merkmalsausprägungen der Merkmale X_1, \dots, X_p einer Merkmalsmenge X . Sei weiterhin $E(X_k)$ der Erwartungswert des k -ten Merkmals. Die Kovarianz zweier Merkmale X_j, X_k , $1 \leq j \leq p$, kann berechnet werden durch

$$\text{kov}(X_j, X_k) = \sum_{i=1}^n (x_{ij} - E(X_j)) \cdot (x_{ik} - E(X_k)).$$

In einem ersten Schritt der Transformation werden alle Kovarianzen der gegebenen Merkmale berechnet und als sog. Kovarianzmatrix

$$K(X) = \begin{bmatrix} \text{kov}(X_1, X_1) & \text{kov}(X_1, X_2) & \cdots & \text{kov}(X_1, X_p) \\ \text{kov}(X_2, X_1) & \text{kov}(X_2, X_2) & \cdots & \cdots \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \text{kov}(X_p, X_1) & \cdots & \cdots & \text{kov}(X_p, X_p) \end{bmatrix}$$

abgespeichert. Hierbei entsprechen die Diagonalelemente $\text{kov}(X_k, X_k)$ der Varianz der Attribute X_k , also gilt für die Standardabweichung σ_{X_k} eines Attributes X_k , dass

$$\sigma_{X_k} = \sqrt{\text{kov}(X_k, X_k)}.$$

Über die Kovarianz lässt sich nun die Korrelation zweier Attribute X_j und X_k bestimmen durch

$$\text{korr}(X_j, X_k) = \frac{\text{cov}(X_j, X_k)}{\sigma_{X_k} \sigma_{X_j}}.$$

Mithilfe der Hauptachsentransformation soll nun erreicht werden, dass die Kovarianzmatrix der transformierten Attribute lediglich auf der Hauptdiagonalen Elemente ungleich

0 beinhaltet, die Kovarianzen also alle 0 ergeben und dementsprechend die Hauptkomponenten unkorreliert sind. Für eine solche Transformation wird eine Transformationsmatrix T gesucht, so dass sich die Kovarianzmatrix $K(X')$ der transformierten Merkmale berechnen lässt durch

$$K(X') = T \cdot K(X) \cdot T^{-1}.$$

Die Forderung, dass sich lediglich die Hauptdiagonalelemente von $K(X')$ von 0 unterscheiden, kann erfüllt werden, wenn die Zeilen von T die Eigenvektoren der Matrix $K(X)$ darstellen, die Hauptdiagonalelemente von $K(X')$ bestehen dann aus den Eigenwerten von $K(X)$ [36].

Berechnung der Eigenwerte und Eigenvektoren

Für die Eigenvektoren e_j der Matrix $K(X)$ gilt, dass $K(X) \cdot e_j = \lambda_j \cdot e_j$, wobei λ_j die Eigenwerte der Eigenvektoren e_j darstellen. Um die Eigenwerte zu berechnen, kann die Gleichung umgestellt werden zu

$$(K(X) - \lambda_i E) \cdot e_i = 0, \tag{4.1}$$

wobei E die Einheitsmatrix darstellt. Zur Lösung dieser Gleichung muss die Bedingung

$$\det(K(X) - \lambda_i \cdot E) = 0$$

erfüllt sein, anhand derer ein lineares Gleichungssystem erstellt werden kann, welches beispielsweise mit dem Gaussverfahren gelöst werden kann. Mithilfe der so bestimmten Eigenwerte λ_j können anschließend die Eigenvektoren durch Einsetzen in Gleichung 4.1 ermittelt werden.

Nach Berechnung der Eigenvektoren e_j erhält man nun die Transformationsmatrix

$$T = \begin{bmatrix} e_1^T \\ e_2^T \\ \vdots \\ e_p^T \end{bmatrix}.$$

Folglich können die einzelnen Ausprägungen der transformierten Attribute berechnet werden durch

$$x'_{ik} = e_k \cdot [x_{i1} \dots x_{ik} \dots x_{ip}]^T.$$

Dimensionsreduktion

Die eigentliche Dimensionsreduktion kann nun durchgeführt werden, indem nicht alle Hauptkomponenten übernommen werden. Da bei korrelierten Attributen die Eigenwerte λ_k mit wachsendem Index abnehmen und somit die Hauptkomponenten mit steigendem Index einen geringeren Einfluss auf die Varianz der Daten haben, werden lediglich r neue Attribute mit $r < p$ übernommen. Angenommen, es sollen nur diejenigen neuen Attribute gewählt werden, welche die Varianz der Daten zu 97% beeinflussen, kann dies bei zu bestimmendem r ausgedrückt werden durch

$$\sum_{k=0}^r \lambda_k > 0.97 \cdot \sum_{k=0}^p \lambda_k.$$

4.4. Weitere Transformationsmöglichkeiten

Die Fouriertransformation zur Zerlegung einer Funktion in ihre anteiligen Schwingungen hat einen entscheidenden Nachteil. Zwar kann eine Funktion vollständig in ihre Schwingungen zerlegt werden, doch ist es im Frequenzraum i.A. nicht mehr möglich, räumliche Zuordnungen der verschiedenen Schwingungen bezüglich der Ortsdarstellung vorzunehmen. Es wird also angenommen, dass sich die Schwingungen im gesamten Bildbereich befinden, was zumeist jedoch nicht der Fall ist. Eine Alternative bietet die *gefensterte Fouriertransformation*, welche auch als Short-Time-Fouriertransformation bezeichnet wird. Hierbei wird eine zu transformierende Funktion f zunächst mit einer *Fensterfunktion* g gefaltet. Eine solche Fensterfunktion übernimmt tatsächlich die Funktion eines Fensters, welches über die Ursprungsfunktion im Zuge der Faltung geschoben wird. Es werden also nur die Funktionswerte, welche innerhalb des Fensters liegen, betrachtet. Erst nach der Faltung mit der Fensterfunktion erfolgt die eigentliche Fouriertransformation, wodurch eine örtliche Zuordnung der Frequenzen auch im Frequenzbereich anhand der Verschiebung der Fensterfunktion getroffen werden kann. Zu typischen Beispielen für Fensterfunktionen zählen der Rechteckimpuls und die Gaussche Glockenfunktion.

Bei der oben dargestellten gefensterten Fouriertransformation haben die Fenster eine konstante Größe, was sich bei einigen Anwendungen als unvorteilhaft erweisen kann. Dies hängt mit der benötigten Auflösung unterschiedlicher Frequenzen zusammen. Transformationen, welche sowohl die Möglichkeit der örtlichen Zuordnung als auch variable Fenstergrößen bieten, können mithilfe von Wavelettransformationen umgesetzt werden. Hierbei lassen sich anhand einer Grundfunktion, dem sogenannten Mutterwavelet, verschiedene Wavelets unterschiedlicher Skalierung erstellen, welche als neue Basis der zu transformierenden Funktion dienen. Zu bekannten Wavelets zählen u.a. Daubechies-Wavelets, Haarwavelets und Gabor-Wavelets. Letztere basieren auf Gaussfunktionen und werden in dieser Arbeit im Rahmen der Merkmalsextraktion ihre Anwendung finden.

5. Merkmale

In diesem Abschnitt sollen zunächst in Form eines Überblicks verschiedene Arten von Bildmerkmalen vorgestellt werden, bevor für die Beschreibung von Brustgewebe geeignete Merkmale ausgewählt und detailliert beschrieben werden. Im Anschluss daran werden auf Basis einiger Merkmale Merkmals**bilder** von Mammographieaufnahmen generiert, um die Eignung dieser Merkmale anhand optischer Kriterien zu beurteilen.

5.1. Überblick

In der Literatur sind zahlreiche Ansätze zur Einteilung verschiedener Bildmerkmale in Kategorien zu finden, welche je nach Blickwinkel der Betrachtung und Abstraktionsgrad variieren. Eine Möglichkeit besteht darin, Bildmerkmale allgemein nach der Art ihres Beschreibungsumfanges in lokale und globale Merkmale zu unterteilen. Während lokale Merkmale einzelne Bildregionen charakterisieren, können mithilfe globaler Merkmale die vollständigen Bilder beschrieben werden. Eine solche Einteilung kann sich jedoch als irreführend erweisen, da viele Merkmale sowohl lokal als auch global eingesetzt werden können.

Ein alternativer Ansatz besteht in der Auffassung, dass sich Bildinhalte sowohl über Formeigenschaften als auch über Beschreibungen von Pixelnachbarschaften innerhalb verschiedener Bildbereiche ausdrücken lassen, weshalb Merkmale in der Praxis häufig in bereichsbasierte und formbasierte Merkmale unterteilt werden [47],[15]. Während formbasierte Merkmale Konturen verschiedener Bildbereiche bzw. Bildsegmente beschreiben, dienen bereichsbasierte Merkmale der Charakterisierung des Segmentinneren. Eine solche Einteilung der Merkmale stellt also eine Art *innere* und *äußere* Sicht auf die zugrundeliegenden Bildbereiche dar.

Für die Gewinnung formbasierter Merkmale wird entweder eine vorangegangene Segmentierung der Bildinhalte benötigt und die Form der Segmente wird durch die Merkmale beschrieben. Alternativ ist eine Kantendetektion und Kantenvorfahrung innerhalb des Bildmaterials möglich, die Anordnung bzw. Form der so entstehenden Bildkanten kann ebenfalls durch Formmerkmale ausgedrückt werden. Für bereichsbasierte Merkmale hingegen ist eine Einteilung der Bildinhalte mittels einer Segmentierung nicht zwingend erforderlich. Bereichsbasierte Merkmale werden häufig auch als Texturmerkmale bezeichnet. Hierbei kann eine Textur in Bezug auf Graustufenbilder als "*eine flächenhafte Verteilung von Grauwerten mit zugehörigen Regelmäßigkeiten und gegenseitigen Abhängigkeiten innerhalb begrenzter Bildbereiche*" [5] beschrieben werden. Mithilfe von Texturmerkmalen gelingt es, Nachbarschaftsbeziehungen von Pixeln innerhalb eines Bildes bzw. Bildregionen zusammenfassend zu beschreiben.

5.2. Auswahl geeigneter Merkmale

Zur Detektion von Mikroverkalkungen erscheinen formbasierte Merkmale weniger geeignet, da sich einzelne Mikroverkalkungen zum einen deutlich in ihrer Form unterscheiden können und sie sich weiterhin in vielen Fällen nur sehr schlecht vom umliegenden Gewebe abheben. Natürliche Gewebestrukturen zeichnen sich zumeist deutlicher auf Mammographieaufnahmen ab als Mikroverkalkungen, wodurch bedingt eine Segmentierung oder Kantendetektion in Bezug auf einzelne Mikroverkalkungen extrem erschwert wird.

Im Gegensatz hierzu bereitet die Gewinnung von Texturmerkmalen keine solche Schwierigkeiten, da eine Segmentierung nicht unbedingt nötig ist. Weiterhin bieten Texturmerkmale den Vorteil, das umgebende Gewebe mit zu erfassen. Da insbesondere maligne Mikroverkalkungen häufig nahe beieinander liegen und selten einzeln auftreten, sollten sich betroffene Gewebeareale gut durch Texturmerkmale beschreiben lassen.

Als einfache Texturmerkmale können bereits typische statistische Größen wie bspw. die statistischen Momente n -ter Ordnung aufgefasst werden. Zur Klassifikation von Mammographiebildern mithilfe eines assoziativen Regellers wurden zum Beispiel in [58] neben dem Durchschnitt und der Varianz die Momente "Schiefe" (statistisches Moment 3. Ordnung) und "Wölbung" (statistisches Moment 4. Ordnung) eingesetzt. Hierbei reichte es für relativ gute Ergebnisse aus, die jeweiligen Bilder in 16 Teilbereiche zu unterteilen und basierend auf den Ausschnitten die einzelnen Merkmale zu extrahieren. Weitere Texturmerkmale, welche auf statistischen Momenten beruhen, stellen die Hu-Momente [24] und die Zernike-Momente [29] dar, um nur einige zu nennen.

Die vermutlich klassischsten Texturmerkmale sind die von Haralick [18] vorgeschlagenen Haralickmerkmale. Sie basieren auf zweidimensionalen Histogrammen, den sogenannten Ko-Okkurrenzmatrizen, welche die verschiedenen anteiligen Graustufen eines Bildes in Abhängigkeit ihrer Nachbarschaft und Richtung beschreiben. Für die Berechnung der Ko-Okkurrenzmatrizen wird ein Distanzparameter $d \in \mathbb{N}, d < 0$ festgelegt, die Distanz zwischen benachbarten Pixeln festlegt. Hierdurch bedingt wird ermöglicht, die Texturmerkmale problemspezifisch anzupassen. Aufgrund der anwendungsbezogenen Anpassungsfähigkeit der Haralickmerkmale sollen diese im Rahmen der Analyse der Mammographiebilder eingesetzt werden.

Zusätzlich zu Texturmerkmalen, welche Bildeigenschaften im Ortsbereich charakterisieren, sollen weiterhin Merkmale genutzt werden, welche Eigenschaften im Frequenzbereich darstellen. Diese Überlegung basiert auf den Ergebnissen einer Arbeit von Thor Ole Gulsrud [17]. Hierbei wurden Haralickmerkmale in Kombination mit Frequenzmerkmalen zur Unterscheidung gutartiger und bösartiger Mikroverkalkungen eingesetzt. Es konnte gezeigt werden, dass die besten Resultate durch Kombination der Haralickmerkmale mit Frequenzmerkmalen erreicht werden können.

Als einfachste Merkmale des Frequenzbereichs kommen bereits Merkmale wie der Durchschnitt und die Frequenzen mit minimaler und maximaler Amplitude infrage. Häufig genutzte Texturmerkmale, welche auf Frequenzinformationen basieren, sind weiterhin die Fourier-Mellin-Deskriptoren und die Gabor-Merkmale. Fourier-Mellin-Merkmalen liegt eine Fouriertransformation zugrunde, mit der Besonderheit, dass die Koordinaten in der logarithmierten Polardarstellung vorliegen. Hierdurch entstehen Merkmale, welche sich gegenüber einer Translation invariant verhalten. Gabor-Merkmale entstehen durch Fil-

terung eines Bildes mit unterschiedlichen Gaborfiltern, welche auf einer Gaussfunktion beruhen.

In [41] wurden unterschiedliche Texturmerkmale auf ihre problemspezifische Eignung bei Nutzung verschiedener Bilddatenbanken überprüft, hierunter auch die Gabor und Fourier-Mellin-Merkmale. Es konnte gezeigt werden, dass sich Fourier-Mellin-Deskriptoren sehr gut für fotografische Inhalte eignen, nicht jedoch für Röntgenaufnahmen. Im Gegensatz hierzu schnitten die Gabor-Merkmale relativ schlecht bei Fotos ab, konnten jedoch erfolgreich für die Klassifikation von radiologischen Aufnahmen eingesetzt werden. Aus diesem Grund sollen im Rahmen dieser Arbeit die Gabormerkmale zur Beschreibung der Frequenzinformationen des Bildmaterials eingesetzt werden.

Im Folgenden werden nun die Berechnungen der Haralickmerkmale zur Beschreibung der Bildinhalte im Ortsbereich und die Gabormerkmale zur Charakterisierung der im Bild enthaltenen Frequenzinformationen genauer beschrieben.

5.3. Haralick'sche Texturmerkmale

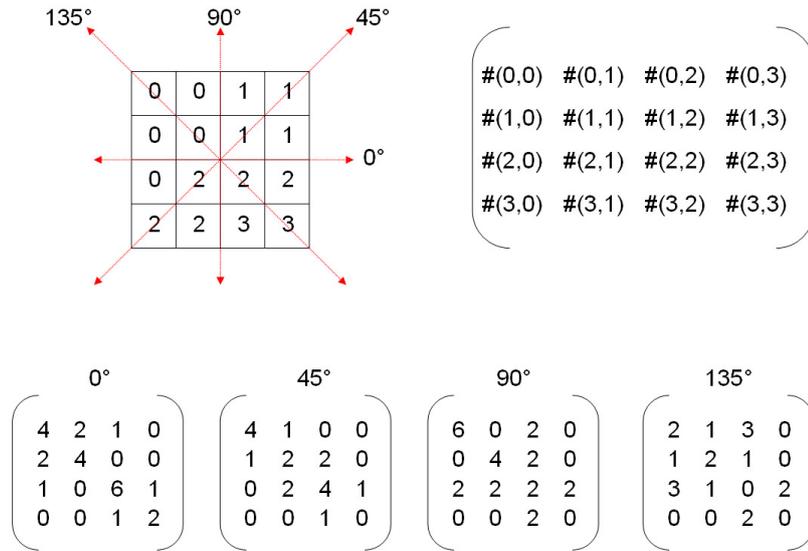
Wie bereits erwähnt, basieren Haralickmerkmale auf Ko-Okkurrenz-Matrizen, kurz GLCMs (Grey Level Co-Occurrence Matrices), welche als zweidimensionale Histogramme aufgefasst werden können. Die Berechnung der Merkmale erfolgt in drei Schritten. Zunächst werden Ko-Okkurrenzmatrizen für vier verschiedene Richtungen pro Bild berechnet und im Anschluss Merkmale für jede der vier GLCMs berechnet. In einem dritten Schritt werden der Durchschnitt und die Spannweite über die zuvor berechneten Merkmale ermittelt, diese Größen stellen die eigentlichen Texturmerkmale dar.

Zuerst wird nun die Erstellung der GLCMs vorgestellt, bevor auf die verschiedenen Merkmale eingegangen wird.

5.3.1. Ko-Okkurrenz-Matrizen

Sei gemäß Definition 3.1.1 P ein Bild der Größe $N \times M$ und sei $C = \{0, 1, \dots, k-1\}$ die Menge aller möglichen im Bild enthaltenen Graustufen. Die Ko-Okkurrenzmatrizen $GLCM_\alpha$ mit $\alpha \in \{0^\circ, 45^\circ, 90^\circ, 135^\circ\}$ der Größe $|C| \times |C|$ repräsentieren nun an jeder Position (k, l) mit $k, l \in C$ die Anzahl derjenigen im Bild enthaltenen Pixelpaare $(p_{i,j}, p_{i',j'})$ mit den zugehörigen Grauwerten $p_{i,j} = k$ und $p_{i',j'} = l$, welche eine bestimmte Distanz $d \in \mathbb{N}$ zueinander haben und in einem Winkel α zueinander liegen. Für die Pixelpaare $(p_{i,j}, p_{i',j'}) \in P$ zur Bildung der Matrixeinträge $GLCM_\alpha(k, l)$ gelten also die folgenden Bedingungen:

1. $p_{i,j} = k$ und $p_{i',j'} = l$,
2. $|i - i'| = d, j - j' = 0$ für $\alpha = 0^\circ$,
3. $(i - i' = d, j - j' = -d) \vee (i - i' = -d, j - j' = d)$ für $\alpha = 45^\circ$,
4. $i - i' = 0, |j - j'| = d$ für $\alpha = 90^\circ$,
5. $(i - i' = d, j - j' = d) \vee (i - i' = -d, j - j' = -d)$ für $\alpha = 135^\circ$.


 Abbildung 5.1.: Ko-Okkurrenz-Matrizen für $d=1$ (siehe [18]).

Es werden also für die vier verschiedenen Richtungen vier unterschiedliche GLCMs berechnet, deren Zeilen- und Spaltenanzahl der Anzahl der möglichen Grauwerte im Originalbild entsprechen. Jede Position (k, l) in den GLCMs repräsentiert die Anzahl der im Bild vorhandenen Pixelpaare mit den zugehörigen Grauwerten k und l , wobei die Paare eine Distanz $d > 0$ mit $d \in \mathbb{N}$ zueinander haben und in einem bestimmten Winkel zueinander liegen müssen.

Zum Verständnis wird dies in Abbildung 5.1 für den Fall $d = 1$ illustriert. Oben links in der Abbildung ist exemplarisch ein Bild der Größe 4×4 mit vier verschiedenen Graustufen in Matrixdarstellung dargestellt, die roten Pfeile geben die jeweiligen Winkel an. Im oberen rechten Bereich wird ein "Grundgerüst" einer GLCM gezeigt, die verschiedenen Positionen repräsentieren die Anzahl der Grauwertpaare. Die konkreten GLCMs zu dem Beispielbild befinden sich im unteren Bereich der Abbildung. Beispielsweise befindet sich in der GLCM für $\alpha = 90^\circ$ an Position $(0, 0)$ die 6, es existieren im Bild also 6 "vertikal" benachbarte Bildpunktpaare mit den Grauwertausprägungen $(0, 0)$, was sich leicht nachzählen lässt.

Nachdem die vier GLCMs für ein Bild erstellt wurden, müssen die Werte zunächst durch Division mit der Anzahl R der möglichen Bildpunktpaare normalisiert werden. Für die verschiedenen Winkel ergibt sich R wie folgt:

$$R = \begin{cases} 2M(N - 1) & \text{für } \alpha = 0^\circ \\ 2N(M - 1) & \text{für } \alpha = 90^\circ \\ 2(N - 1)(M - 1) & \text{für } \alpha = 45^\circ \text{ und } \alpha = 135^\circ. \end{cases}$$

Nach der Normalisierung können die verschiedenen Matrixeinträge als die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten eines bestimmten Grauwertpaares interpretiert werden.

Haralickmerkmale	
Kontrast:	$f_{cont_\alpha} = \sum_{n=0}^{N-1} n^2 \left(\sum_{k=0}^{N-1} \sum_{l=0}^{N-1} GLCM_\alpha(k, l) \right)$ mit $ k - l = n$.
Entropie:	$f_{ent_\alpha} = - \sum_{k=0}^{N-1} \sum_{l=0}^{N-1} GLCM_\alpha(k, l) \log (GLCM_\alpha(k, l))$
ASM:	$f_{asm_\alpha} = \sum_{k=0}^{N-1} \sum_{l=0}^{N-1} GLCM_\alpha(k, l)^2$
Korrelation:	$f_{cor_\alpha} = \left(\sum_{k=0}^{N-1} \sum_{l=0}^{N-1} (kl) GLCM_\alpha(k, l) - \mu_\alpha^2 \right) / \sigma_\alpha^2$
Erwartungswert:	$\mu_\alpha = \sum_{k=0}^{N-1} \sum_{l=0}^{N-1} k \cdot GLCM_\alpha(k, l)$
Varianz:	$\sigma_\alpha^2 = \sum_{k=0}^{N-1} \sum_{l=0}^{N-1} GLCM_\alpha(l, k) \cdot (k - \mu)^2$

Tabelle 5.1.: Die vier gebräuchlichsten Haralickmerkmale und die für das Merkmal Korrelation benötigte Varianz und der Erwartungswert einer $GLCM_\alpha$.

5.3.2. Die Merkmale

Basierend auf den vier verschiedenen normalisierten GLCMs können nun die einzelnen Merkmale berechnet werden. Haralick schlug insgesamt 14 verschiedene Merkmale vor, welche jedoch zum Teil stark miteinander korrelieren. Aus diesem Grund werden im Rahmen dieser Arbeit lediglich die vier gebräuchlichsten Haralick-Merkmale aus dem Bildmaterial extrahiert, hierzu zählen die Korrelation, der Kontrast, die Entropie und das zweite Winkelmoment (kurz ASM für Angular Second Moment). Für GLCMs der Größe $N \times N$ mit den Einträgen $GLCM_\alpha(k, l)$ werden die genannten Merkmale wie in Tabelle 5.1 dargestellt berechnet.

Bei n verschiedenen Merkmalen werden nun Merkmalsvektoren der Dimension $2n$ gebildet, indem jeweils der Durchschnitt und die Spannweite, also die Differenz zwischen maximaler und minimaler Merkmalsausprägung, über die vier verschiedenen Größen eines Merkmalstyps berechnet werden.

5.4. Gabormerkmale

Gabormerkmale werden gewonnen, indem das zugrundeliegende Bild zunächst mit verschiedenen Gaborwavelets unterschiedlicher Richtung und Skalierung gefaltet wird und basierend auf dem Ergebnis der einzelnen Faltungen die Merkmale extrahiert werden. Hierbei dienen die diversen Wavelets als Filter, welche nur Frequenzen in bestimmten

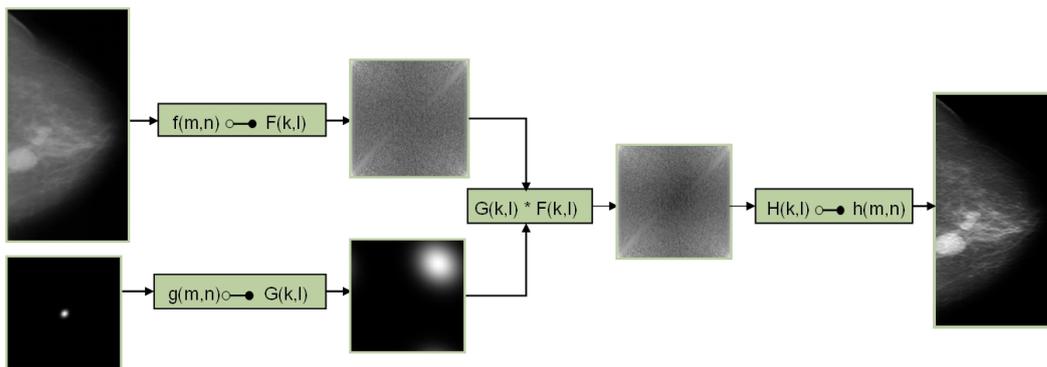


Abbildung 5.2.: Ablauf der Gabor-Merkmalberechnung

Bereichen passieren lassen und den Rest aus dem Ursprungsbild herausfiltern. Der allgemeine Ablauf der Gabor-Merkmalgewinnung wird in Abbildung 5.2 illustriert. Zunächst werden eine Bildfunktion $f(m,n)$ und eine Gaborwavelet-Funktion $g(m,n)$ miteinander gefaltet. Aufgrund des Faltungstheorems entspricht dies einer Multiplikation der Fouriertransformierten $F(k,l)$ und $G(k,l)$ der Bild- und Waveletfunktion im Frequenzbereich. Anschließend wird das Ergebnis der Faltung in den Ortsraum zurücktransformiert. Eine solche Filterung ermöglicht nicht nur die Extraktion von Texturmerkmalen, ebenso können durch geeignete Filterung Bilder auf Kanten untersucht werden.

Im folgenden Abschnitt werden die Details zur Gewinnung der unterschiedlichen Wavelets und der allgemeinen Vorgehensweise vorgestellt. Anschließend erfolgt eine Beschreibung der Möglichkeit der Kantendetektion, bevor die eigentlichen Merkmale dargestellt werden.

5.4.1. Gaborfilter und Gabortransformation

Gaborfilter können auf vielfältige Weise eingesetzt werden, um zugrundeliegendes Bildmaterial zu modifizieren. Zunächst ist zwischen Gaborfiltern und der Gabortransformation zu unterscheiden. Je nach Wahl der Gaborwavelets und der damit verbundenen Parametergestaltung werden die Gaborwavelets als verschiedene Filter oder als Basisfunktionen betrachtet. Wird ein Bild gabortransformiert, entstehen im Zuge der Transformation mit O verschiedenen Orientierungen und S Skalierungen $S \times O$ neue und um Frequenzinformationen erweiterte Bilder. Eine solche Bildzerlegung wird auch als Multiskalen-Dekomposition von Signalen bezeichnet (aus dem engl. Begriff *multiresolution decomposition* übersetzt), bei welcher Signale in verschiedene Frequenzbänder zerlegt werden. Mithilfe einer solchen Zerlegung kann weiterhin ermöglicht werden, Signale zu komprimieren, wie bspw. beim JPEG-2000-Standard durch Einsatz der diskreten Wavelettransformation (DWT).

In der Literatur sind insbesondere für die Berechnung der Filterparameter σ_x und σ_y (s.u.) verschiedene Varianten zu finden, welche Einfluss auf die spätere Gestalt der einzelnen Wavelets haben. Zunächst sollen in diesem Abschnitt die Berechnungen der Gaborwavelets unter Nutzung von Parametern vorgestellt werden, welche für die Berechnung von Wavelets als Basisfunktionen benötigt werden. Die im Folgenden beschriebenen Filter-

parameter wurden in [25] auch zur Merkmalsberechnung vorgeschlagen, da sie aufgrund ihrer Eigenschaften eine optimale Auflösung sowohl im Orts- als auch im Frequenzraum gewährleisten und eine multiskalare Zerlegung der Bildsignale mittels einer Basistransformation ermöglichen.

Zur Gewinnung verschiedener Gabor-Wavelets unterschiedlicher Orientierung und Skalierung als Basis wird eine Grundfunktion benötigt, aus welcher durch Veränderung der Orientierung und Skalierung weitere Wavelets gewonnen werden. Eine solche Grundfunktion wird als Mutterwavelet bezeichnet und ist für die Gabortransformation basierend auf der Gaussfunktion gegeben durch:

$$g(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma_x\sigma_y} \cdot \exp\left(-\frac{1}{2}\left(\frac{x^2}{\sigma_x^2} + \frac{y^2}{\sigma_y^2}\right) + 2\pi i W x\right)$$

Hierbei entsprechen σ_x und σ_y der Ausdehnung der Gausskurve entlang der x- bzw. y-Achse, i stellt die imaginäre Einheit $i = \sqrt{-1}$ dar. Bei der Berechnung der Filter müssen die maximale zu betrachtende Frequenz U_h und die minimale Frequenz U_l festgelegt werden, die Modulationsfrequenz W entspricht U_h .

Sei nun $S \in \mathbb{N}$ die Anzahl der Skalierungen und $O \in \mathbb{N}$ die gewählte Anzahl an Orientierungen. Für $s \in \{0, 1, \dots, S-1\}$, $o \in \{0, 1, \dots, O-1\}$ und $a > 1$ können nun mithilfe der Generierungsfunktion

$$g_{s,o}(x, y) = a^{-s}g(x', y')$$

durch geeignete Wahl der im Folgenden beschriebenen Parameter $S \times O$ verschiedene (nichtorthogonale) Basisfunktionen erstellt werden. Hierbei stellen x' und y' die durch $\theta = \frac{o\pi}{O}$ rotierten und durch a^{-s} skalierten Koordinaten

$$x' = a^{-s}(x \cdot \cos\theta + y \cdot \sin\theta) \text{ und } y' = a^{-s}(-x \cdot \sin\theta + y \cdot \cos\theta)$$

dar. Der Faktor a wird hierbei gebildet durch

$$a = \left(\frac{U_h}{U_l}\right)^{\frac{1}{S-1}}.$$

Schließlich können die Filterparameter $\sigma_{x,s,o}$ und $\sigma_{y,s,o}$ zur Bildung der Basiswavelets beschrieben werden durch

$$\sigma_{x,s,o} = \left(\frac{(a+1)\sqrt{2\ln 2}}{(a-1)U_h 2\pi}\right) \cdot \lambda_x$$

und

$$\sigma_{y,s,o} = \left(2\pi \cdot \tan\left(\frac{\pi}{2O}\right) \frac{U_h - (2\ln 2)\left(\frac{\sigma_x^2}{U_h}\right)}{\sqrt{(2\ln 2) - \frac{(2\ln 2)^2 \sigma_x^2}{U_h^2}}}\right)^{-1} \cdot \lambda_y.$$

Die in [25] vorgeschlagenen Berechnungen für $\sigma_{x,s,o}$ und $\sigma_{y,s,o}$ wurden hierbei um die reellwertigen Faktoren $\lambda_x, \lambda_y > 0$ ergänzt und dienen hierbei der Skalierung der Achsen der Gausskurven. Diese Ergänzungen basieren auf dem während der Implementierung

durchgeführten Vergleich von in der Literatur unterschiedlich vorgestellten Berechnungsvarianten der Wavelets (siehe [59], [34] und [25]). Für die Gabortransformation wird $\lambda_x = \lambda_y = 1$ gewählt, so dass eine optimale Auflösung im Orts- und Frequenzraum gewährleistet wird. Durch Wahl von $\lambda_x \neq \lambda_y$ wird die Elliptizität der Gaborfilter verändert, wodurch unterschiedliche Frequenzbereiche in Abhängigkeit der Form der Wavelets abgedeckt werden können.

Nach Berechnung der verschiedenen Filter als Basisfunktionen kann eine Bildfunktion nun transformiert werden, indem sie mit jedem der erstellten Filter gefaltet wird. Diese Faltung wird im Frequenzbereich mittels einer Multiplikation realisiert und das so entstandene Produkt wird anschließend zurücktransformiert. Es entstehen insgesamt also $S \times O$ um verschiedene Frequenzbereiche ergänzte Bildfunktionen.

Exemplarisch zeigen die Abbildungen 5.3 und 5.4 das Amplitudenspektrum von Gaborwavelets vor und nach der Fouriertransformation mit jeweils vier verschiedenen Skalierungen und Orientierungen, welche mit den oben beschriebenen Parametern berechnet wurden und somit zur Gabortransformation eingesetzt werden können. Hierbei wurde für $U_h = 0.4$ und $U_l = 0.05$ gewählt.

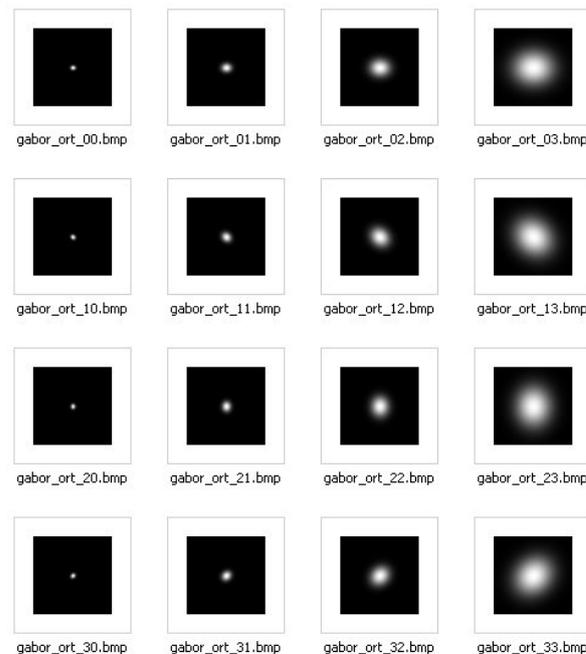


Abbildung 5.3.: Gabor-Wavelets im Ortsbereich

Es handelt sich um zentrierte Darstellungen, der Bildmittelpunkt stellt also jeweils die Koordinate $g(0, 0)$ bzw. $G(0, 0)$ im Falle der Fouriertransformierten dar. Sowohl im Ortsbereich als auch im Frequenzbereich sind die unterschiedlichen Skalierungen und Orientierungen der Wavelets anhand der hellen Bereiche, welche die jeweiligen Amplituden repräsentieren, klar zu erkennen. Bei Betrachtung der fouriertransformierten Wavelets werden weiterhin die Überdeckungen der verschiedenen Frequenzbereiche deutlich. Hierbei berühren sich die jeweils abgedeckten Frequenzbereiche gegenseitig, wodurch das

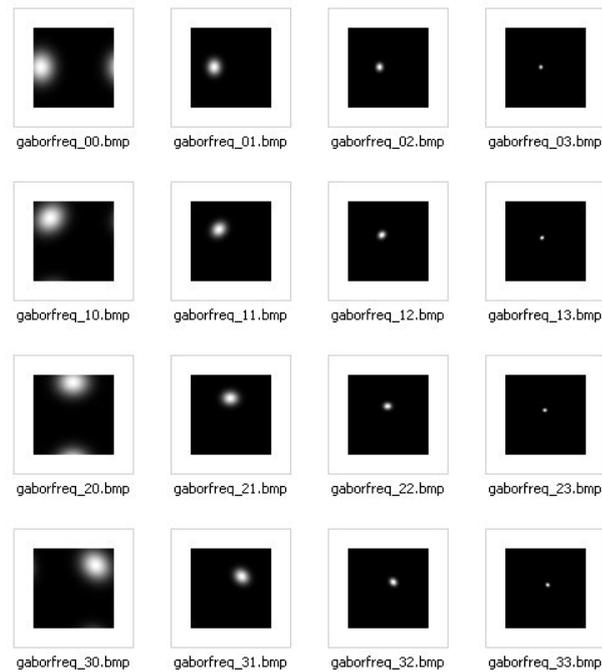


Abbildung 5.4.: Gabor-Wavelets im Frequenzbereich

gesamte Frequenzspektrum über alle berechneten Wavelets abgedeckt wird bzw. alle Frequenzen durch Vorzeichenwechsel dargestellt werden können. Dies verdeutlicht Abbildung 5.5, in welcher die gezeigten Wavelets im Frequenzbereich in überlagerter Form dargestellt werden.

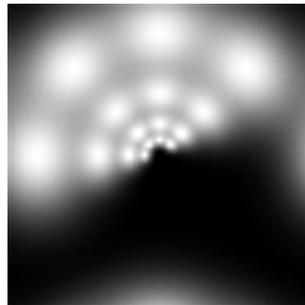


Abbildung 5.5.: Überlagerte Gabor-Wavelets im Frequenzbereich

Auf den vorangehend betrachteten Abbildungen ist zu erkennen, dass sich die Frequenzbereiche relativ kreisförmig abzeichnen. Möchte man nun mithilfe der Filter gezielt bestimmte Frequenzbereiche erfassen, können die Filterbereiche wie bereits beschrieben durch Justierung der Parameter λ_x und λ_y modifiziert werden. Dies hat jedoch zur Folge, dass mithilfe der berechneten Wavelets lediglich eine Filterung des Bildmaterials durchgeführt werden kann und keine vollständige Transformation, da sich Frequenzbereiche zum Teil überlappen und keine lineare Unabhängigkeit der Basiswavelets gewährleistet

werden kann. Die Berechnung aus [59] entspricht beispielsweise der Erstellung von $\sigma_{x,s,o}$ und $\sigma_{y,s,o}$ mit $\lambda_x = \frac{1}{a^s}$ und $\lambda_y = 1$, was eine fließende Streckung der Wavelets unterschiedlicher Skalierungen und Orientierungen zur Folge hat (siehe Abbildung 5.6).

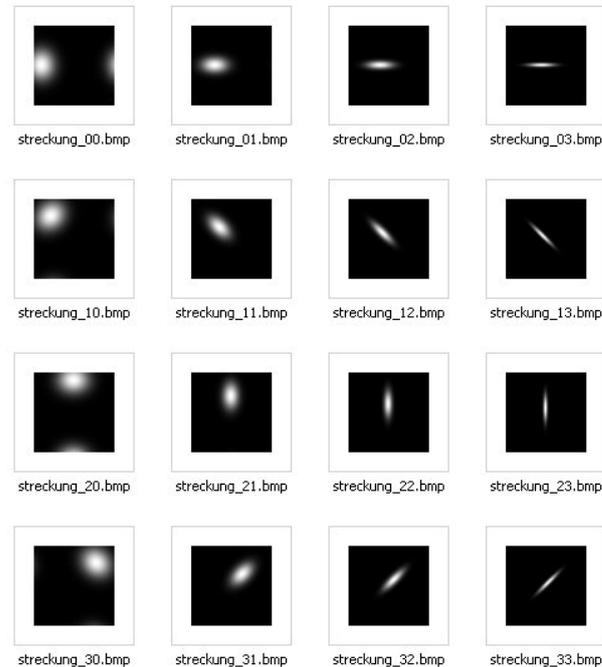


Abbildung 5.6.: Fließende Streckung der Filterbereiche

Gaborwavelets zur Kantendetektion

Die multiskalare Zerlegung von Bildmaterial mithilfe der Gabor-Filter kann sowohl zur Kantendetektion als auch zur Extraktion von Texturmerkmalen eingesetzt werden. Zunächst wird die Möglichkeit, Bildkanten verschiedener Richtungen innerhalb eines Bildes mithilfe der Filter hervorzuheben, anhand eines Beispielbildes durch Faltung mit vier ausgewählten Gabor-Filtern demonstriert, welche für $S = 4$, $O = 4$ und $\lambda_x = \lambda_y = 1$ berechnet wurden. In Abbildung 5.7 ist das Originalbild einer Gebäudefront zu sehen, die Ergebnisse der Filterung mit den verschiedenen Gabor-Wavelets sind in Abbildung 5.8 dargestellt.

In den gefilterten Bildern sind deutlich die Kanten unterschiedlicher Richtungen des Originalbildes zu erkennen, je nach Filter werden verschiedene Kanten und Eckpunkte hervorgehoben.

5.4.2. Die Merkmale

Zur Beschreibung der Bildausschnitte sollen unterschiedliche Gabormerkmale genutzt werden, welche in [25] und [59] vorgestellt wurden. Zunächst sollen die in [25] vorgeschlagenen Texturmerkmale beschrieben werden.

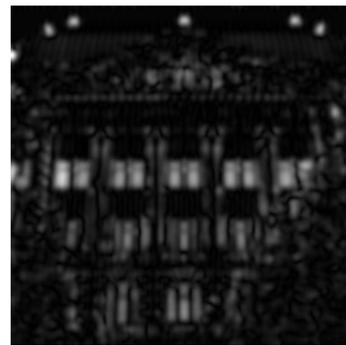
Seien $\hat{f}_{s,o}(x, y)$ die $S \times O$ skalaren Komponenten eines zerlegten Originalbildes $f(x, y)$.



Abbildung 5.7.: Originalbild



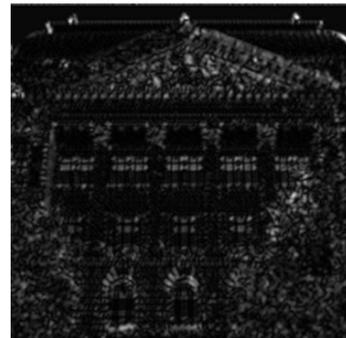
$s=0, o=0$



$s=0, o=1$



$s=2, o=0$



$s=3, o=0$

Abbildung 5.8.: Gefilterte Bilder

Die zu extrahierenden Textur-Merkmale sollen nun die anteilige Energie jedes Bildes $\widehat{f}_{s,o}(x, y)$ gemessen an der im vollständigen Bild enthaltenen Gesamtenergie darstellen. Hierzu wird ein $S \times O$ -dimensionaler Merkmalsvektor $\vec{x} = (x_{00}, x_{01}, \dots, x_{so}, \dots, x_{SO})$ erstellt, die Elemente x_{so} werden wie folgt berechnet:

$$x_{so} = \frac{\sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} (\widehat{f}_{s,o}(x, y))^2}{\sum_{s=0}^{S-1} \sum_{o=0}^{O-1} \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} (\widehat{f}_{s,o}(x, y))^2}.$$

Ein solcher Merkmalsvektor fasst also die unterschiedlichen Energiegehalte einer Textur in den verschiedenen Frequenzbändern zusammen, wodurch Texturen präzise charakterisiert werden können.

Ergänzend werden die in [59] dargestellten Merkmale ausgewählt, welche dem Durchschnitt und der Standardabweichung der Gabor-transformierten Koeffizienten in jeder Zerlegungskomponente entsprechen.

5.5. Merkmalseinsatz

Wie bereits angedeutet, kann zwischen lokalem, regionalem und globalem Merkmalseinsatz unterschieden werden.

Globaler Merkmalseinsatz: Bei einem globalen Einsatz der Merkmale werden diese direkt aus dem vollständigen Bild extrahiert, welches Grundlage der Berechnung der einzelnen Merkmale ist. Hieraus resultieren also nur wenige Werte zur Beschreibung des gesamten Bildes.

Regionaler Merkmalseinsatz: Im Zuge eines regionalen Merkmalseinsatzes wird das betrachtete Bild zunächst in verschiedene Segmente zerlegt. Basierend auf den einzelnen Segmenten werden die ausgewählten Merkmale berechnet und den jeweiligen Bildausschnitten zugeordnet.

Lokaler Merkmalseinsatz: Unter einem lokalen Merkmalseinsatz wird die Zuordnung von Merkmalen zu jedem einzelnen Pixel des Bildes verstanden. Die Merkmale dienen der Beschreibung der Umgebung der jeweiligen Pixel.

Lokale Merkmale können beispielsweise mittels einer Fensterung gewonnen werden, indem ein Fenster der Größe $n \times n$ mit Schrittweite 1 über das gesamte Bild geschoben wird und für den jeweiligen Fensterinhalt die Merkmale berechnet werden. Die entstehenden Merkmale können jeweils dem Pixel, welcher im Mittelpunkt des Fensters liegt, zugeordnet werden. Eine solche Vorgehensweise bietet den Vorteil, präzise die Nachbarschaft eines jeden Pixels untersuchen zu können. Nachteilig hieran erweist sich die mangelnde Reduktion des Datenvolumens, bei mehreren Merkmalen wird dieses (unter Abzug der Randbereiche) sogar vervielfacht.

Im Gegensatz hierzu führt ein globaler Merkmalseinsatz zwar zu einer erheblichen Reduktion des Datenvolumens, insbesondere bei großen Bildern ist jedoch eine geringe Aussagekraft der ermittelten Merkmale zu erwarten. Es ist also je nach Ziel der Bildanalyse abzuwägen zwischen Präzision und entstehendem Datenvolumen.

5.6. Merkmalsbilder

Um einen ersten visuellen Eindruck über die Aussagekraft der berechneten Merkmale erhalten zu können, besteht die Möglichkeit, Merkmalsbilder zu generieren. Anhand der Berechnung der Merkmalsbilder soll überprüft werden, ob bereits auf einfache Weise durch Transformation des Originalbildes in ein Merkmalsbild Läsionen deutlicher hervorgehoben werden können oder sich bestenfalls eindeutig darstellen. Es wird zwar erwartet, dass höchstens eine leichte Darstellungsverbesserung erreicht werden kann, doch sollte eine deutliche Hervorhebung der ROIs bereits durch ein einzelnes Merkmal ermöglicht werden können, würde dies maßgeblich weitere Verfahrensschritte beeinflussen. Jedoch sollte hierbei beachtet werden, welche Merkmale für eine solche Darstellung geeignet erscheinen. Dies wird deutlich anhand eines Vergleiches der Gabor-Merkmale und der Haralick-Merkmale. Werden erstgenannte Merkmale anhand einer Gabor-Transformation gewonnen, basieren die berechneten Gabor-Merkmale auf einer multiskalaren Dekomposition. Pro Wavelet bleiben also nur Frequenzen bestimmter Richtung im Bildmaterial enthalten. Dies bedeutet für die transformierten Bildkomponenten, dass im Ortsbereich nur noch Kanten einzelner Richtungen von Strukturen erhalten bleiben. Dementsprechend können durch einzelne Gabor-Merkmale keine vollständigen Mikroverkalkungen hervorgehoben werden, da hierfür unterschiedliche Kantenrichtungen benötigt werden. Im Gegensatz hierzu erscheinen Haralickmerkmale für eine Darstellung durch Merkmalsbilder besonders geeignet, da sie über die vier verschiedenen Richtungen der Berechnungen der GLCMs gemittelt werden und dementsprechend einen Bildbereich bezogen auf die Richtungen vollständig beschreiben.

Bildmaterial

Für die Generierung der Merkmalsbilder werden als Bildmaterial zwei Aufnahmen einer Patientin in CC-Ansicht gewählt (Fall A – 1530, Volume *cancer* – 08 der DDSM-Datenbank), wobei im Gewebe der rechten Brust ein Tumor der Subtlety-Stufe 5 zu erkennen ist, die linke Aufnahme zeigt offensichtliche Mikroverkalkungen der Subtilitätsstufe 4 (siehe Abbildung 5.9). Zwar wird im Rahmen dieser Arbeit der Fokus auf die Entdeckung von subtilen Mikroverkalkungen gesetzt, doch soll anhand des Vergleichs der Merkmalsbilder der beiden Läsionsarten überprüft werden, inwieweit die gewählten Merkmale universell eingesetzt werden können. Zur Hervorhebung der ROIs wurden die betroffenen Geweberegionen farblich markiert. Es sei angemerkt, dass die den Hintergrund beinhaltenden Randbereiche des Ausgangsmaterials zuvor manuell entfernt wurden, um Rechenoperationen einzusparen und somit den zeitlichen Aufwand zu reduzieren.

Vorgehensweise

Die Merkmale werden nun mittels einer Fensterung mit einer vorläufig frei gewählten Fenstergröße von 50x50 Pixeln und einer Schrittweite von einem Pixel für jedes Fenster berechnet, es handelt sich also um einen lokalen Merkmalseinsatz. Die jeweilige Ausprägung eines aus einem Fenster extrahierten Merkmals wird in eine neue Bildmatrix geschrieben, anhand welcher im Anschluss ein Bild im Bitmap-Format generiert wird. Die Größe der neuen Bildmatrix beträgt hierbei bei einer genutzten Fenstergröße von

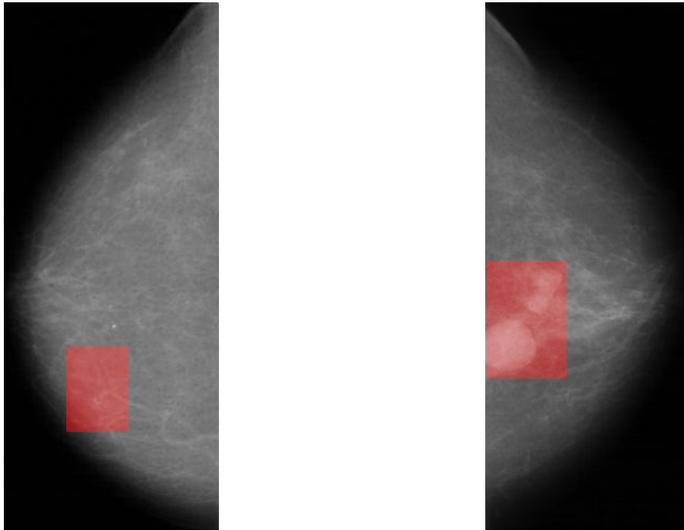


Abbildung 5.9.: Die Aufnahmen in CC-Ansicht einer Patientin mit Mikroverkalkungen im Gewebe der linken Brust und Tumorbildungen in der rechten Brust.

$v \times w$, einer Schrittweite $s \in \mathbb{N}$, $s > 0$ und einer Auflösung des Ursprungsbildes von $n \times m$ genau $\lceil (n - (v - 1))/s \rceil \times \lceil (m - (w - 1))/s \rceil$. In der Merkmalsdarstellung werden also die Randbereiche des Ursprungsbildes "abgeschnitten", da die Merkmale jeweils nur für ein vollständiges Fenster berechnet werden. Für den letzten Schritt der Bilddarstellung wird eine Re-Diskretisierung der berechneten Merkmalsausprägungen auf einen Graustufenbereich von 8 Bit und dementsprechenden Werten von 0 bis 255 benötigt, um gültige Farbangaben für das genannte Format zu erhalten. Die Abbildungen 5.10 bis 5.13 stellen die so generierten Merkmalsbilder der durchschnittlichen Merkmalsausprägungen über die vier verschiedenen GLCMs dar.

Bildfehler

Bei Betrachtung der Merkmalsbilder fällt insbesondere bei den Kontrastbildern das Entstehen von quadratischen Bereichen auf, welche zunächst eine fehlerhafte Berechnung vermuten lassen. Die Größe der entstandenen Quadrate entspricht hierbei exakt der eingesetzten Fenstergröße. Nachdem jedoch die einzelnen berechneten Merkmalswerte auf Korrektheit überprüft wurden, ist ein Berechnungsfehler auszuschließen. Bei genauerer Betrachtung der Merkmalsausprägungen fällt jedoch auf, dass die in den quadratischen Bereichen dargestellten Merkmale bezüglich ihrer Werte relativ nah beieinander liegen. Aufgrund der nur 256 möglichen darstellbaren Graustufen und der Diskretisierung der Merkmalswerte zur graphischen Darstellung entstehen vermutlich die hell hervorgehobenen Quadrate, da bei relativ kleinen Merkmalsunterschieden die einzelnen Merkmale auf identische Grauwerte abgebildet werden. Beim Vergleich der Positionen der klar abgegrenzten Quadrate fällt auf, dass sie genau an denjenigen Positionen vermehrt auftreten, an welchen Fehler des Mammographiematerials in Form kleinster weißer Punkte existieren. Dies erscheint logisch, da das Kontrastmerkmal genau die im Bildbereich enthaltenen Helligkeitsunterschiede charakterisiert. Da diese "Bildeinschüsse" so klein sind, dass sie

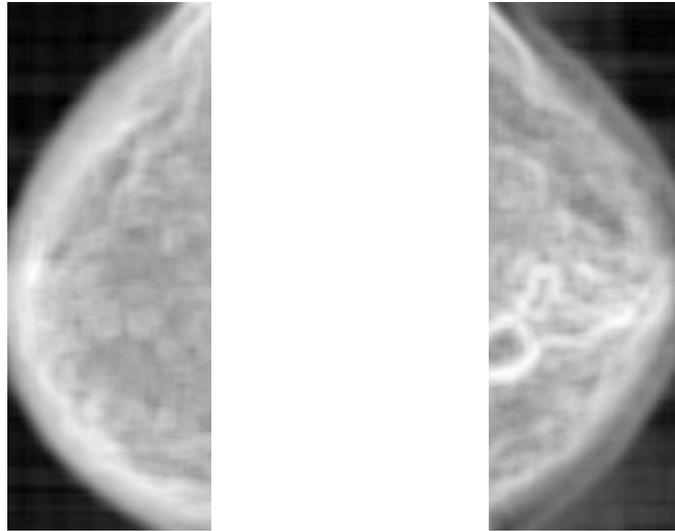


Abbildung 5.10.: Darstellung der Originalaufnahmen als Entropiebilder.

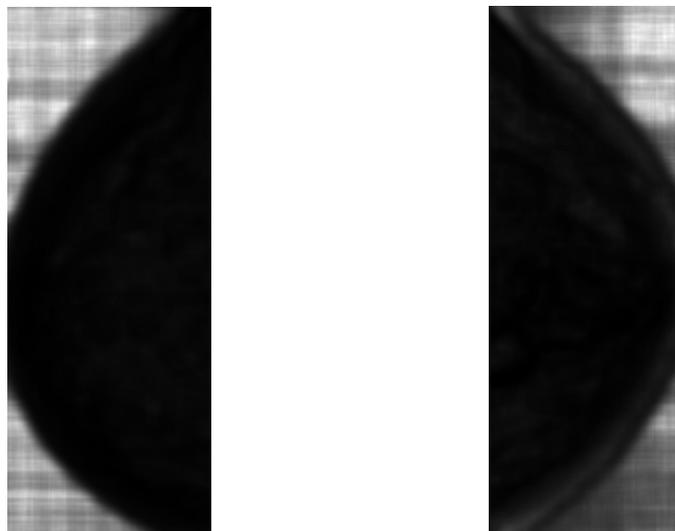


Abbildung 5.11.: Darstellung der Originalaufnahmen als ASM-Merkmalbilder (Angular-Second-Moment)

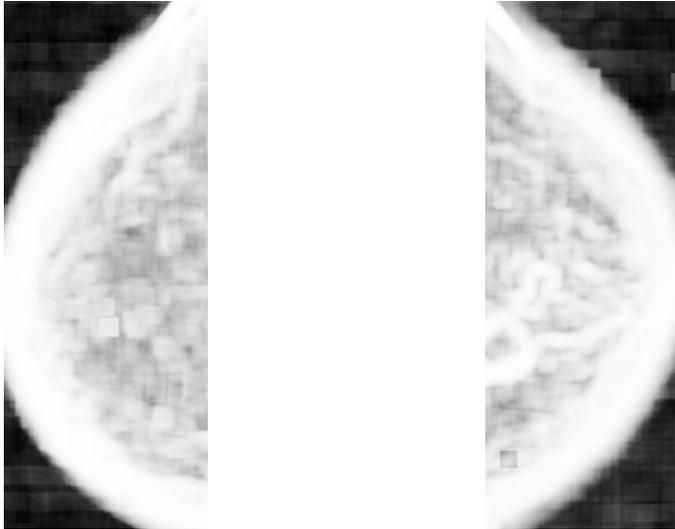


Abbildung 5.12.: Darstellung der Originalaufnahmen als Korrelations-Merkmalbilder.

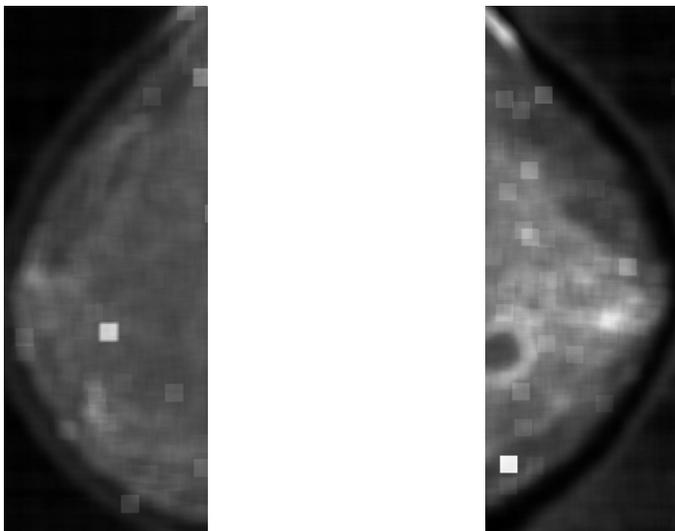


Abbildung 5.13.: Darstellung der Originalaufnahmen als Kontrast-Bilder.

an verschiedenen Fensterpositionen im Fensterbereich enthalten sind, heben sie aufgrund ihrer Helligkeit das Kontrastmerkmal maßgeblich an. Da in der unmittelbaren Umgebung eines solchen Einschusses i.d.R. keine weiteren Bildfehler auftreten, unterstützt dieser Zusammenhang die vorangegangene Erklärung für die Entstehung der abgegrenzten Quadrate. Wären in der unmittelbaren Nachbarschaft der Bildfehler weitere Störungen dieser Art enthalten, würden sich daher keine einzelnen Quadrate abzeichnen können. Dementsprechend weniger offensichtlich reagiert das Kontrastmerkmal auf die vorhandenen Mikroverkalkungen, da diese i.d.R. einen geringeren Kontrast zum umgebenden Gewebe aufweisen und normalerweise in Gruppen auftreten, wobei die einzelnen Verkalkungen dicht beieinander liegen. Vielmehr wird in den betroffenen Regionen der Kontrast gleichmäßig angehoben, was durch die Gruppierungen der Verkalkungen nicht anders zu erwarten wäre.

Konturen

Insbesondere beim Entropiemerkmalsbild und weniger deutlich beim Korrelationsbild fällt auf, dass deutlich die Kontur der tumorösen Veränderungen im Gewebe der rechten Brust anhand der Merkmale abgezeichnet werden. Die Tumor-Region ist bereits im Originalbild aufgrund des ansonsten sehr strahlendurchlässigen Gewebes deutlich zu erkennen, somit findet keine Hervorhebung der Region im eigentlichen Sinne statt. Doch wäre es denkbar, mittels einer Kantenverfolgung der Konturen das veränderte Gewebe exakt zu lokalisieren. Eine solche Vorgehensweise, basierend auf (Haralick)-Merkmalsbildern Kanten zu detektieren, konnte im Rahmen einer hierauf gerichteten Literaturrecherche nicht gefunden werden und wäre evtl. eine Alternative zu den üblichen Kantendetektionsverfahren, welche sehr häufig auf gezielten Filterungen des Bildmaterials beruhen. Dieser Ansatz soll im Rahmen der Arbeit jedoch nicht weiter verfolgt werden, da der Fokus speziell auf die Detektion von Mikroverkalkungen gerichtet ist.

Diskretisierung

Auf den ASM-Bildern wird deutlich, dass eine Diskretisierung auf 256 Graustufen anhand der gesamten berechneten Merkmalsmenge für das Brustgewebe wenig aussagekräftig ist, es entsteht ein ähnliches Problem wie beim bereits angesprochenen Kontrastmerkmal. Das zweite Winkelmoment wird maximal, wenn lediglich eine Grauwertausprägung im gesamten Extraktionsbereich vorhanden ist. Dies zeigt sich deutlich am hervorgehobenen Hintergrundbereich. Dieser besteht in der Originalaufnahme jedoch nicht einheitlich aus nur einer Graustufe, sondern er beinhaltet aufnahmetechnisch bedingtes Rauschen. Dies führt dazu, dass die Spannweite der berechneten Merkmale aus dem Hintergrundbereich deutlich größer ausfällt als jene der Merkmalsausprägungen innerhalb des Brustgewebes. Weiterhin fallen die im Gewebebereich berechneten Größen aufgrund der höheren Varianz der Grauwerte geringer aus, wodurch die Diskretisierung der Merkmale zu den dargestellten Bildern führt.

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass eine Generierung der Merkmalsbilder mittels einer Diskretisierung der Merkmalsausprägungen über den gesamten Wertebereich aller berechneten Merkmale zu Problemen führt. Wie vermutet erscheint es auf diese Weise nicht möglich, anhand eines einzelnen Merkmals Mikroverkalkungen deutlicher hervor-

zuheben. Zwar ist eine stärkere Ausprägung des Kontrastmerkmals in den betroffenen Bereichen festzustellen, doch gilt dies nicht nur für Mikroverkalkungen. Weiterhin wurde für diesen ersten Test eine Mammographieaufnahme gewählt, welche Verkalkungen der Subtilitätsstufe 4 zeigt, somit ist davon auszugehen, dass subtilere Läsionen sich durch einen weitaus geringeren Kontrast auszeichnen.

Eingeschränkter Wertebereich

Es soll nun überprüft werden, inwieweit eine Einschränkung des Wertebereichs der berechneten Merkmale zu Verbesserungen in der grafischen Darstellung führen und ob insbesondere der Kontrast auch bei subtilen Verkalkungen deutlich angehoben wird. Um dies zu erreichen, werden die Merkmalsbilder anhand eines ROI-Ausschnittes mit einer Größe von 328x180 Pixeln extrahiert, welcher Mikroverkalkungen der Subtilitätsstufe 1 beinhaltet (DDSM Fall 1129, Volume cancer-07). Durch die Beschränkung auf einen kleinen Bildausschnitt soll erreicht werden, dass einerseits der Hintergrund ignoriert wird, welcher sich vorangehend insbesondere für das zweite Winkelmoment als kritisch erwiesen hat und weiterhin gesunde Gewebereiche ausgeschlossen werden. Durch diese Vorgehensweise sollen die vorangegangenen Diskretisierungsprobleme abgeschwächt werden. Weiterhin werden die Merkmale sowohl mit einer Fenstergröße von 50x50 Pixeln als auch zum Vergleich mit einer reduzierten Größe von 15x15 Pixeln berechnet, um eine feinere Auflösung zu erzielen. In Abbildung 5.14 ist der Originalausschnitt gezeigt, welcher bewusst zur Veranschaulichung leicht vergrößert wurde.

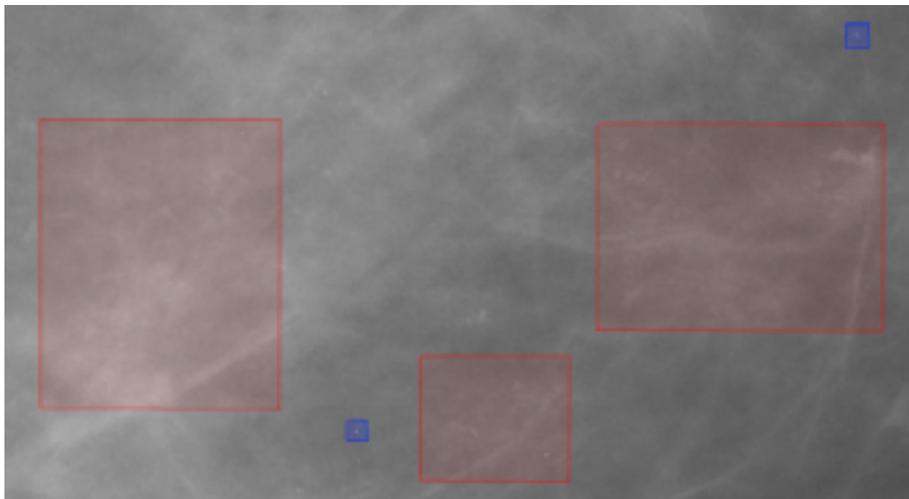


Abbildung 5.14.: Originalausschnitt

Der gesamte Gewebereich ist von subtilen Mikroverkalkungen durchzogen, die drei größten zusammenhängenden Regionen sind rot hervorgehoben, die beiden blauen Markierungen zeigen zwei der auch in den vorangegangenen Bildern vorhandenen Bildfehler auf. Bei Betrachtung der Merkmalsbilder (siehe Abbildungen 5.15 und 5.16) wird deutlich, dass durch den eingeschränkten Extraktionsbereich eine deutlich bessere visuelle

Darstellung der berechneten Merkmale gelingt. Weiterhin entstehen wiederum (insbesondere beim Kontrastbild) abgezeichnete Quadrate in den Regionen der Bildeinschüsse. Bei der lokalen Zuordnung der Regionen zum Originalausschnitt muss hierbei der verkleinerte Darstellungsbereich aufgrund der Fensterungsmethode beachtet werden. Auf dem mittels der 15x15-Fensterung generierten Kontrastbild ist zu erkennen, dass dieser Effekt jedoch nicht nur bei den Bildfehlern auftritt, sondern offensichtlich auch separierbare Mikroverkalkungen existieren, welche auf diese Art und Weise hervorgehoben werden können. Dies bedeutet, dass in weiteren Experimenten im Rahmen des Erlernens eines Klassifikationsmodells der Größenauswahl der Fensterung besondere Beachtung geschenkt werden sollte.

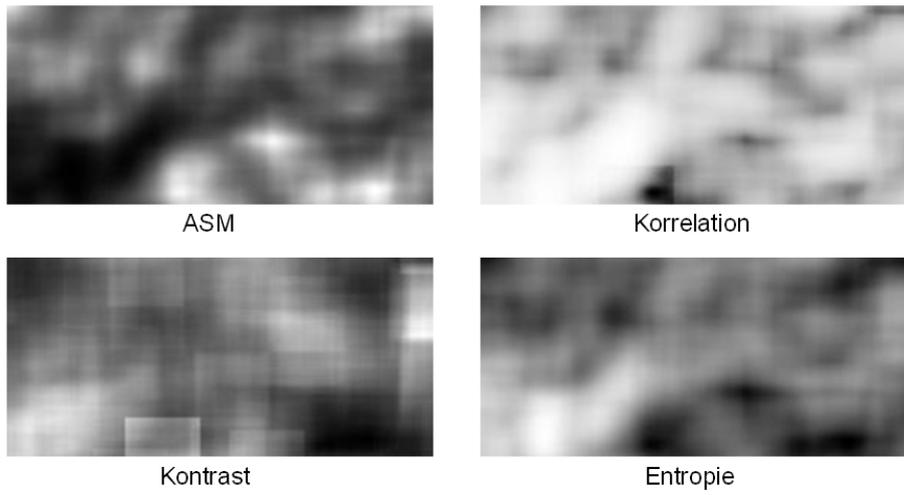


Abbildung 5.15.: Merkmalsbilder nach Fensterung mit Fenstergröße 50x50.

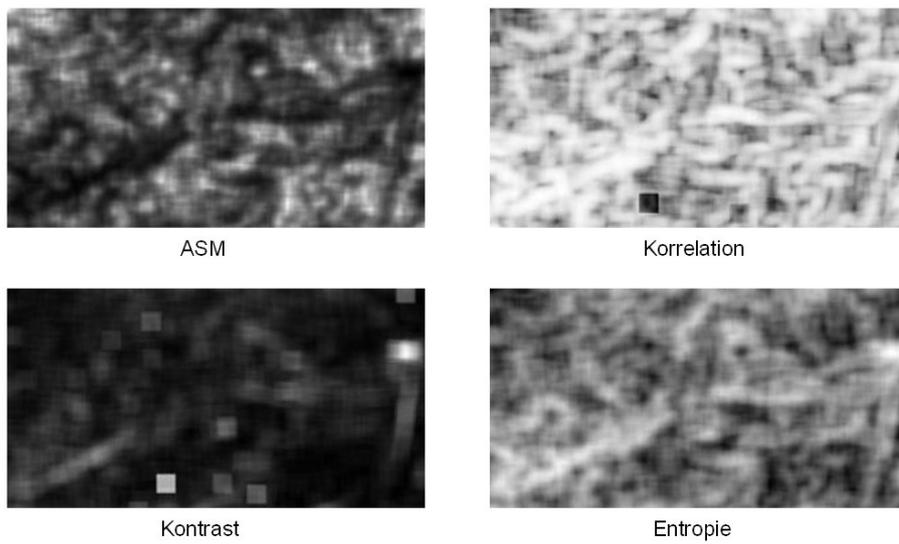


Abbildung 5.16.: Merkmalsbilder nach Fensterung mit Fenstergröße 15x15.

6. Lernphase - Erste Experimente

In diesem Kapitel werden zunächst einige die Versuchsplanung betreffende Vorüberlegungen erläutert, bevor anschließend erste durchgeführte Experimente vorgestellt werden und darauf aufbauende Modifikationen erörtert werden.

6.1. Vorüberlegungen und Versuchsplanung

Dieser Abschnitt beschäftigt sich mit verschiedenen Teilschritten und Vorüberlegungen, welche die Lernphase betreffen. Hierzu zählen die Bereiche der Datengewinnung, Datenvorverarbeitung und schließlich die Kernelauswahl der SVM. Im Folgenden sollen die einzelnen durchgeführten Schritte und Überlegungen näher betrachtet werden.

Gewinnung der Bildausschnitte

In einem ersten Schritt wurden zur Gewinnung relevanter Bildausschnitte aus der DDSM-Datenbank diejenigen Fälle ausgesucht, welche maligne Mikroverkalkungen der Subtilitätsstufen 1 und 2 beinhalten. Da das in der Datenbank vorliegende Bildmaterial durch unterschiedliche Scanner gewonnen wurde, wurde darauf geachtet, Aufnahmen desselben Gerätetyps zu wählen, um Fehler durch abweichende Technikstandards zu vermeiden. Hierbei fiel die Wahl auf digitalisierte Bilder des Howtek Scanners, da der Anteil subtiler Mikroverkalkungen innerhalb dieser Aufnahmegruppe am höchsten ist. Aus den gewählten Aufnahmen wurden zunächst ROIs der Größe 50 x 50 Pixel manuell herausgeschnitten und im Bitmapformat abgespeichert. Die Auflösung von 50 x 50 Pixeln wurde gewählt, da hiermit die Mikroverkalkungen gut erfasst werden konnten, ohne unnötig große Anteile gesunden Gewebes ebenfalls mit darzustellen. Weiterhin wurde versucht, die Ausschnitte derart zu wählen, dass sich die subtilen Mikroverkalkungen vollständig im Zentrum der Ausschnitte befanden, was je nach Anordnung der einzelnen Verkalkungen/Verkalkungsgebiete z.T. nur sehr bedingt gelang. Insgesamt konnten auf diese Art und Weise 68 verschiedene ROIs mit Mikroverkalkungen gewonnen werden. Aus denselben Bildern wurden weiterhin ebenfalls 68 Bildausschnitte identischer Auflösung normalen Gewebes extrahiert. Zu Vergleichszwecken wurden zusätzlich jeweils 68 Bildausschnitte von ebenfalls pathologisch malignen Mikroverkalkungen der Subtilitätsstufen 4 und 5 und entsprechende Ausschnitte normalen Gewebes erstellt. Im Folgenden wird der erstgenannte Datensatz als Datensatz A bezeichnet, der Referenzdatensatz als Datensatz B.

Merkmalsextraktion

Die gewonnenen Bildausschnitte wurden mittels des Grafik-Plugins in RapidMiner eingelesen, anschließend konnten die einzelnen Bildmerkmale extrahiert werden. Der Prozess-

aufbau der Merkmalsextraktion ist in Abbildung 6.1 skizziert. Ergänzend zu den bereits vorgestellten Haralickmerkmalen und Gabor-Merkmalen wurden aus den Frequenzspektren der einzelnen Bildausschnitte jeweils die Spannweite, Minimum, Maximum, Durchschnitt und die Summe aller Werte des Amplitudenspektrums, Leistungsspektrums und Phasenspektrums extrahiert. Im Zuge der Merkmalsextraktion wurden die Beispielvektoren weiterhin automatisch um ihre Label ergänzt (Operator ImagePreProcessing), um hierdurch die Klassenzugehörigkeit darzustellen. Die so entstandene Beispielmenge diente schließlich als Input für den Lerner LibSVM [23], einer in RapidMiner eingebundenen SVM-Implementierung.

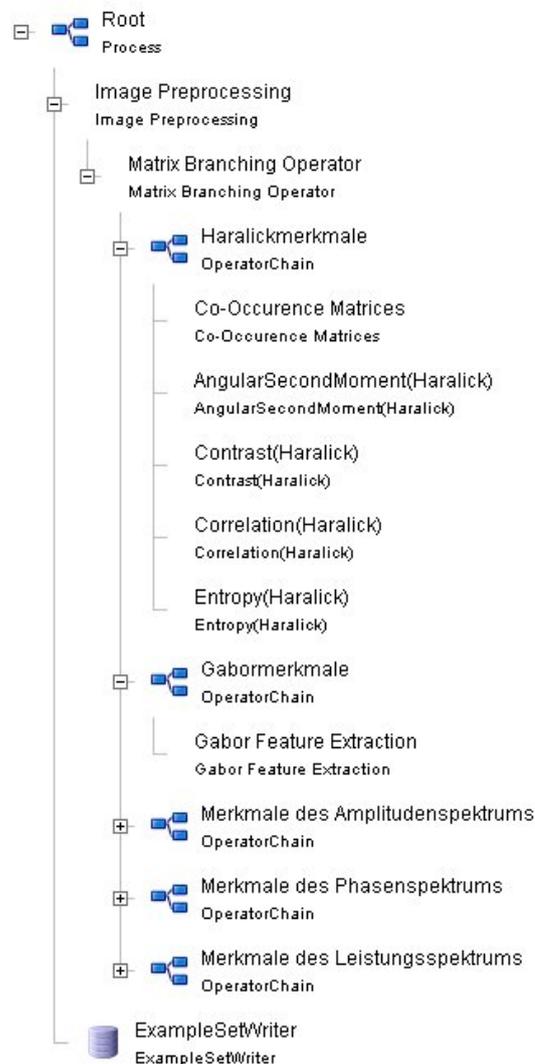


Abbildung 6.1.: Prozessaufbau der Merkmalsextraktion innerhalb von RapidMiner.

Parameter der Merkmalsextraktion

Für die Durchführung der Merkmalsextraktion werden verschiedene Parameter benötigt, deren optimale Einstellung im Voraus z.T. unklar ist. In 5.4.1 wurden die verschiedenen Möglichkeiten der Justierung von Gaborfiltern bereits erläutert. Bezüglich der Charakterisierung von Brustgewebe ist jedoch unklar, durch welche Parametereinstellungen der Filter die anschließend extrahierten Merkmale eine bestmögliche Aussagekraft aufweisen. In der Literatur werden i.d.R. für die minimale Frequenz U_l und die maximale Frequenz U_h Werte von 0.05 bzw. 0.4 empfohlen, weswegen zunächst auf diese Werte zurückgegriffen wurde. Auch für die Anzahl an Orientierungen und Skalierungen wurden für die ersten Versuche gebräuchliche Werte von $O = 4$ und $S = 4$ genutzt. Um bestmögliche Ergebnisse zu erzielen, sollen diese Parameter jedoch in weiteren Experimenten optimiert werden.

Für die Filterkoeffizienten wird $\lambda_y = \lambda_x = 1$ gewählt, da hierdurch eine multiskalare Dekomposition des Bildmaterials gewährleistet werden kann und keine redundanten Informationen durch Überlagerung verschiedener Frequenzbereiche entstehen.

Einen weiteren Parameter, welcher im Rahmen der Merkmalsextraktion benötigt wird, stellt der Distanzparameter d dar, welcher für die Berechnung der GLCMs zur Bestimmung der Haralickmerkmale benötigt wird. Hier liegt allerdings die Vermutung nahe, dass eine Distanz von $d = 1$ bereits die bestmögliche Wahl darstellt. Diese Vermutung begründet sich einerseits auf der gewählten Größe der Bildausschnitte, anhand derer die Merkmale extrahiert werden. Je größer der Wert des Distanzparameters gewählt wird, desto weniger Pixel können mit in die Berechnung der GLCMs eingehen, da weniger Pixelpaare gefunden werden können. Weiterhin stellen die Mikroverkalkungen nur kleinste Bildregionen dar, somit würden bei größerer Distanz keine oder nur wenige benachbarte Pixel einer Verkalkungsregion betrachtet werden können. Basierend auf diesen Überlegungen wird die Optimierung dieses Parameters vernachlässigt und $d = 1$ gewählt.

Normalisierung der Merkmalsausprägungen

Bisher wurde ein wichtiger Aspekt, die Normalisierung der Eingabedaten für die SVM als Datenvorverarbeitungsschritt, noch nicht näher betrachtet. Aus der Literatur (siehe hierzu bspw. [16] und [20]) geht hervor, dass die Skalierung der Eingabedaten in hohem Maße Einfluss auf die Klassifikationsergebnisse ausübt und somit einen wichtigen Bestandteil in der Datenvorverarbeitung darstellt.

In Bezug auf das vorliegende Klassifikationsproblem wurde bei Betrachtung der extrahierten Merkmalsvektoren offensichtlich, dass sich die vorliegenden Wertebereiche verschiedener Merkmale deutlich voneinander unterscheiden. Da Unterschiede zwischen einzelnen Attributsausprägungen eines Merkmals mit großem Wertebereich stärker ins Gewicht fallen als solche eines Merkmals mit geringer Spannweite der Ausprägungen, erscheint eine Normalisierung der Daten als unumgänglich. Zu gebräuchlichen Normalisierungsmethoden gehören die Min-Max-Normalisierung und die z-Score-Normalisierung (statistische z-Transformation), welche auch RM zur Verfügung stellt. Hierbei werden bei der Min-Max-Normalisierung die vorliegenden Attributsausprägungen durch Einschränkung des Wertebereiches auf ein Intervall $[min, max]$ abgebildet. Die z-Transformation normalisiert die vorliegenden Daten durch Berechnung sog. z-Werte, welche folgendermaßen

gebildet werden:

Definition 6.1.1 (z-Transformation). Seien $x_i \in \mathbb{R}$, $i = 1, \dots, n$, Attributsausprägungen eines Attributes X , μ der Durchschnitt und σ die Standardabweichung über alle x_i . Die Normalisierung der Werte x_i durch

$$z_i = \frac{x_i - \mu}{\sigma}$$

wird als statistische z-Transformation bezeichnet.

Unklar ist jedoch, welche Transformation sich für die vorliegenden Daten am besten eignet. Aus diesem Grund wird in ersten Experimenten ein Vergleich der Performanz des erlernten Klassifikators unter Einsatz der Standardnormalisierung durch Einschränkung des Wertebereichs auf ein Intervall $[min, max]$ mit $min = 0$ und $max = 1$, der z-Transformation und als Referenz ohne vorherige Normalisierung durchgeführt.

Kernelwahl

Bevor ein Klassifikationsmodell mittels einer SVM berechnet werden kann, muss zunächst eine geeignete Kernfunktion gewählt werden. Für den LibSVM-Lerner stehen grundsätzlich die vier in 3.2.2 vorgestellten Kernel zur Verfügung, deren Vor- und Nachteile verständlich in [23] erläutert werden. Es wird empfohlen, zunächst unter Einsatz eines RBF-Kernels ein Modell zu erlernen. Im Gegensatz zur linearen Kernfunktion können mit einem RBF-Kern auch Daten, deren Attribut-Label Relation sich nichtlinear verhält, separiert werden. Da sich unter bestimmten Parametereinstellungen ein RBF-Kern wie eine lineare Kernfunktion verhält, wird davon ausgegangen, dass die Performanz eines Modells unter Nutzung des RBF-Kerns, eine Parameteroptimierung von C und γ vorausgesetzt, mit derer eines linearen Kerns vergleichbar ist. Lediglich für hochdimensionale Merkmalsvektoren wird aufgrund des Aufwandes und der zu erwartenden geringen Verbesserungen durch eine nichtlineare Abbildung dazu geraten, einen linearen Kern einzusetzen, insbesondere bei zusätzlich kleiner Beispielmenge. Da pro Klasse nur 68 Beispiele vorliegen, vorab jedoch unklar ist, ob eine lineare Separierbarkeit der Klassen gegeben ist, sollen zu Vergleichszwecken in ersten Experimenten sowohl ein linearer Kern als auch der RBF-Kern eingesetzt werden, um später eine bestmögliche Performanz des Modells erreichen zu können. Ergänzend wird in ersten Versuchen ebenfalls ein polynomieller Kern zu Testzwecken eingesetzt, um einen Überblick über die Eignung der verschiedenen Kernel zu erhalten. Bei letzterem Kern wird in Kauf genommen, eine höhere Anzahl von Parametern zu optimieren. Lediglich auf den Einsatz einer Sigmoid-Kernfunktion wird verzichtet, da sich Sigmoid-Kerne als problematisch erweisen können, weil für sie nicht immer das Mercer-Theorem erfüllt ist.

6.2. Erste Ergebnisse

Im Rahmen erster Experimente soll ein grober Überblick über die Aussagekraft der extrahierten Merkmale unter Nutzung verschiedener Kernel und Normalisierungen gewonnen

werden, um ggf. im Anschluss geeignete Modifikationen der Merkmalsextraktion durchzuführen. Für die ersten Versuche wurden bezüglich der Merkmalsextraktion der Distanzparameter d für die Berechnung der Haralickmerkmale auf 1 gesetzt, die Gaborfeatures wurden mit jeweils 4 Skalierungen und 4 Orientierungen extrahiert bei Wahl von $U_h = 0.4$, $U_l = 0.05$, $\lambda_x = 1$ und $\lambda_y = 1$. Um einen Überblick über den Einfluss der verschiedenen Normalisierungsmethoden zu erhalten, wurden pro Kernelfunktion jeweils drei Durchläufe durchgeführt unter Einsatz der Min-Max-Normalisierung, der z-Transformation und als Referenz ohne Normalisierung der Daten. Weiterhin wurden alle Resultate 10-fach kreuzvalidiert. Für alle eingesetzten Kernfunktionen wurden die Parameter der LibSVM vom Typ C-SVC zunächst nicht justiert und die von RM gegebenen Voreinstellungen genutzt mit einem Strafkostenparameter von $C = 0$ für alle Kernel, $\gamma = 0$ für den RBF-Kern und den polynomiellen Kern mit $r = 0$ für letzteren. Die Ergebnisse dieser ersten Versuchsreihe sind Tabelle 6.1 zu entnehmen. Die bereits in 2.2 vorgestellten Kenngrößen entsprechen hierbei den üblicherweise eingesetzten Größen Genauigkeit (Precision) und Trefferquote (Recall) in Bezug auf die Bildausschnitte, Abbildung 6.2 verdeutlicht diesen Zusammenhang.

Bei Betrachtung der Ergebnisse wird deutlich, dass die Normalisierungsmethoden wie erwartet zu einer deutlichen Verbesserung der Ergebnisse führen. Unklar bleibt jedoch weiterhin die Entscheidung zwischen der z-Transformation und der Min-Max-Normalisierung, da sich die Ergebnisse in Abhängigkeit der Kernelwahl unterscheiden. Während der polynomielle Kern mit durch letztgenannte Normalisierung skalierten Daten die besten Ergebnisse auf beiden Datensätzen erzeugt, scheinen z-Werte für den Einsatz eines RBF-Kerns die bessere Wahl zu sein. Dies ist jedoch zunächst nur eine marginale Beobachtung, da noch keine Parameteroptimierung der verschiedenen Lerner durchgeführt wurde, durch welche sich die Resultate erheblich verändern können.

Insgesamt liefert diese erste Versuchsreihe nur unbefriedigende Ergebnisse, da insbesondere auch auf dem Datensatz B (offensichtliche Läsionen) nur schlechte Resultate erzielt werden. Als mögliche Ursache kommt eine ungünstige Vorgehensweise bei der Gewinnung der Gabor-Merkmale in Frage, welche im folgenden Abschnitt näher erläutert wird, um diese Vermutung anschließend nach Modifikation der Merkmalsextraktion zu verifizieren.

	true cancer	true normal	class precision	
pred. cancer	48	11	81.36%	PPT
pred. normal	19	55	74.32%	NPT
class recall	71.64%	83.33%		

↑ SE ↑ SP

Abbildung 6.2.: SE, SP, PPT und NPT als klassenbezogener Recall/Precision.

Normalisierung	SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kernel	Set
keine	25.37	81.82	58.62	51.92	53.24 (+-6.50)	linear	A
0-1-norm	68.66	68.18	68.66	68.18	68.46 (+-8.0)	linear	A
z-trans	68.66	66.67	67.65	67.69	67.64 (+-8.48)	linear	A
keine	47.76	45.45	47.06	46.15	46.59 (+-1.96)	RBF	A
0-1-norm	86.57	42.42	60.42	75.68	64.73 (+-13.39)	RBF	A
z-trans	70.15	66.67	68.12	68.75	68.46 (+-8.0)	RBF	A
keine	0.0	100.0	0.0	49.62	49.56 (+-3.91)	poly	A
0-1-norm	65.67	72.73	70.97	67.61	69.12 (+-5.57)	poly	A
z-trans	68.66	62.12	64.79	66.13	65.55 (+-9.12)	poly	A
keine	66.39	79.34	75.96	70.59	72.92 (+-7.74)	linear	B
0-1-norm	78.15	71.90	73.23	76.99	75.0 (+-7.68)	linear	B
z-trans	78.15	76.86	76.86	78.15	77.50 (+-9.54)	linear	B
keine	0.0	100.0	0.0	50.42	50.42 (+- 1.25)	RBF	B
0-1-norm	63.03	83.47	78.95	69.66	73.33 (+-8.98)	RBF	B
z-trans	77.31	76.86	76.67	77.50	77.08 (+-10.42)	RBF	B
keine	0.0	100.0	0.0	50.42	50.42 (+-1.25)	poly	B
0-1-norm	73.11	76.03	75.00	74.19	74.58 (+-6.57)	poly	B
z-trans	50.42	73.55	65.22	60.14	62.08 (+-10.45)	poly	B

Tabelle 6.1.: Erste Versuchsreihe ohne Parameteroptimierung.

6.3. Modifizierte Skalierungen

Wie in Abschnitt 5.4 bereits erläutert wurde, werden die Merkmale auf Basis einer Faltung des Bildmaterials mit unterschiedlichen Gaborwavelets erzeugt. Da die Faltung im Ortsbereich einer Multiplikation der einzelnen Matrixelemente im Frequenzbereich entspricht, kann die Merkmalsextraktion durch die Fouriertransformation des Bildmaterials und der Wavelets vereinfacht werden. Aus Effizienzgründen wird hierfür der FFT-Algorithmus angewendet, welcher voraussetzt, dass die Anzahl der Zeilen und Spalten jeweils Zweierpotenzen entsprechen. Da die ausgewählten Bildausschnitte lediglich eine Größe von 50×50 Pixeln aufweisen, wird also eine Vergrößerung der Ausschnitte auf 64×64 Pixel benötigt. Auf eine Skalierung könnte zwar bei entsprechend gewählter Größe der Bildausschnitte verzichtet werden, doch wird eine universell einzusetzende Lösung angestrebt, um eine Beschränkung der Auflösung der Bildausschnitte auf Zweierpotenzen zu vermeiden.

Die einfachste Möglichkeit zur Größenanpassung bestünde in der Skalierung der Ausschnitte durch Interpolation der Bildinhalte, hierdurch bedingt besteht jedoch die Gefahr, das Bildmaterial zu verfälschen und insbesondere Eigenschaften der einzelnen Mikroverkalkungen zu stark zu verändern. Als einfache Alternative können die ROI-Ausschnitte durch Einfügung von mit Nullen aufgefüllten Randbereichen vergrößert werden, so dass um die ursprüngliche ROI bei gewählter Auflösung ein schwarzer "Rahmen" mit einer Breite von 7 Pixeln entsteht. Letztgenannte Vorgehensweise wurde im Rahmen der ersten Versuchsreihe eingesetzt und wird im Folgenden als *Rahmenskalierung* bezeichnet.

Fehlfrequenzen

Bei beiden vorgestellten Skalierungsmöglichkeiten liegt ein weiteres bisher nicht angesprochenes Problem vor. In 4.2.1 wurde bereits erwähnt, dass die Fouriertransformation vorliegende Signale als periodische Signale interpretiert und eine Bildzeile bzw. -spalte als eine Periode angenommen wird. Durch periodisches Fortsetzen der einzelnen Zeilen/Spalten entstehen bei einer Periodendauer von $0 \dots n - 1$ an den Übergängen vom Zeitpunkt $n - 1$ zum Zeitpunkt n mit Werten x_{n-1} und $x_n = x_0$ in Abhängigkeit der vorliegenden Werte z.T. hohe Differenzen, wodurch im Frequenzspektrum fälschlicherweise (zumeist hochfrequente) Anteile erzeugt werden, welche ursprünglich nicht Bestandteil des eigentlichen Signals sind. Bei der Skalierung durch Rahmenbildung wird dieses Problem verschoben. Zwar entstehen an den Periodenübergängen durch identische Werte des Rahmens keine Differenzen, dafür jedoch bereits innerhalb der vergrößerten Bildausschnitte an den Übergängen von den ursprünglichen Bildinformationen zu den Rahmenregionen. Es wird daher vermutet, dass die wenig zufriedenstellenden Ergebnisse der ersten Versuchsreihe mit diesen Umständen in Verbindung zu bringen sind.

Zur Behebung der durch die periodische Fortsetzung entstehenden Fehlinformationen werden in der Bildverarbeitung häufig Fensterfunktionen eingesetzt, welche die Intensitätswerte eines Bildes zu den Bildrändern hin auf 0 abfallen lassen. Zwar können durch diese Vorgehensweise die Diskontinuitäten an den Übergängen vermieden werden, gleichzeitig werden jedoch auch u.U. wichtige Bildinhalte des Ursprungsbildes entfernt. Eine Fensterfunktion, durch welche relativ große Anteile des Bildes erhalten bleiben und welche dennoch das Signal in Richtung der Bildränder reduziert, stellt die Hanning-

Fensterfunktion dar [9]:

Definition 6.3.1 (Hanning-Fensterfunktion). *Ein Hanning-Fenster der Größe $N \times M$ wird berechnet durch*

$$w(x, y) = \begin{cases} 0.5 \cdot (\cos(\pi r_{x,y}) + 1) & \text{für } 0 \leq r_{x,y} \leq 1 \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

mit $r_{x,y} = \sqrt{r_x^2 + r_y^2}$, $r_x = \frac{2x}{M} - 1$ und $r_y = \frac{2y}{N} - 1$.

Hierbei dienen r_x und r_y der Zentrierung der Fensterfunktion, so dass in der Bildmitte gilt, dass $w(M/2, N/2) = 1$. Nach Berechnung eines Hanning-Fensters, dessen Größe des zu filternden Bildes entspricht, erfolgt die eigentliche Filterung durch pixelweise Multiplikation des Hanning-Fensters mit dem Originalbild.

Der Einsatz eines Hanning-Fensters löst zwar die Probleme der harten Übergänge an den Bildrändern, doch ist noch nicht geklärt, auf welche Weise die ROIs skaliert werden sollen. Da die Pixelwerte an den Bildrändern nach Anwendung der Hanning-Fensterung auf 0 hin abfallen, können die Bildausschnitte problemlos durch die Rahmenskalierung vergrößert werden, da hierdurch nun keine Kanten innerhalb des Bildmaterials mehr entstehen.

Vergleich verschiedener Ansätze

Trotz Wahl einer relativ "breiten" Fensterfunktion stellt eine solche Vorgehensweise lediglich einen Kompromiss dar, da bestehende Bildinformationen durch die Filterung verloren gehen. Um diesen Verlust abzuschwächen, sollen die ROIs in einer weiteren Versuchsreihe zunächst mittels der Rahmenskalierung vergrößert werden und erst im Anschluss durch das Hanning-Fenster gefiltert werden (vgl. Abbildungen 6.4 und 6.5). Von einem solchen Ansatz wird erhofft, dass die harten Übergänge der Bildinhalte zu den eingefügten Rahmenregionen abgeschwächt werden, aufgrund des größeren Hanning-Fensters jedoch mehr Bildinformationen erhalten bleiben. Durch insgesamt größere Ausschnitte der ROIs ließe sich das Problem für die Gabor-Merkmale natürlich ebenfalls beheben. Doch werden anhand der Bildausschnitte ebenfalls die Haralick-Merkmale extrahiert, so dass ein größerer Anteil an gesundem Gewebe innerhalb eines ROI-Ausschnittes die Aussagekraft der Haralickmerkmale beeinflussen würde. Aus diesem Grund wird von diesem Ansatz Abstand genommen.

Wie bereits beschrieben, kommen fehlerhafte Frequenzinformationen durch starke Diskontinuitäten der Intensitätswerte der jeweils gegenüberliegenden Bildränder zustande. Da die gewählten ROI-Ausschnitte im Verhältnis zur Gesamtaufnahme mit 50×50 Pixeln sehr klein sind, gestalten sich die Randbereiche der Ausschnitte relativ homogen. Dies führt zu der Fragestellung, inwieweit, eine für die FFT geeignete Skalierung vorausgesetzt, die periodische Fortsetzung der Zeilen/Spalten bzgl. der gewählten Ausschnitte tatsächlich zu Fehlfrequenzbildungen führt. In einer dritten Versuchsreihe soll zur Überprüfung dieser Überlegungen eine weitere Skalierungsmöglichkeit eingesetzt werden. Anstatt die Pixelwerte der Randbereiche der skalierten ROIs durch Werte von 0 aufzufüllen, werden diese durch periodische Fortsetzung der Bildsignale gewonnen (siehe Abbildung 6.3). Es erfolgt bewusst keine zusätzliche Filterung durch Hanning-Fenster, da im Rahmen dieser

Versuche der Einfluss der so entstehenden Fehlfrequenzen auf das Klassifikationsergebnis getestet werden soll.

Resultate

Die Ergebnisse der Versuchsreihen unter Einsatz der drei vorangehend vorgestellten Ansätze nach 10-facher Kreuzvalidierung sind in den Tabellen 6.2, 6.3 und 6.4 aufgelistet. Bereits durch die Skalierung mithilfe periodischer Fortsetzung der Bildsignale können deutlich bessere Ergebnisse erzielt werden als durch die anfänglich genutzte Rahmenskalierung ohne weitere Modifikationen der ROIs. Dies bestätigt die Annahme, dass durch die Rahmenskalierung entstehende Fehlfrequenzen die Gabor-Merkmale zu stark verfälscht werden. Ähnliche Performanzeinbußen entstehen durch den Verzicht einer Filterung des Bildmaterials zur Ausblendung der Randbereiche, was durch den Vergleich der Versuchsreihe 2 mit den Versuchsreihen 3 und 4 deutlich wird. Basierend auf den vorangegangenen Überlegungen zur Motivation der erfolgten Versuchsreihen bestätigt sich, dass auf eine solche Filterung nicht verzichtet werden kann. Die durchschnittlich besten Ergebnisse wurden mithilfe der Hanning-Fensterung, welche erst *nach* der Rahmenskalierung durchgeführt wurde, erzielt. Dies bedeutet, dass die durch die Rahmenskalierung entstehenden Frequenzen im Frequenzspektrum durch die anschließende Hanning-Fensterung weitestgehend eingedämmt werden, so dass die eingesetzte Skalierung nur geringen Einfluss auf die Klassifikationsergebnisse ausübt. Aufgrund der Ergebnisse erscheint der Kompromiss, auf eine vorangehende Hanning-Fensterung mit anschließender Skalierung zu verzichten und abgeschwächt vorhandene Fehlfrequenzen durch die vorangehende Rahmenskalierung und nachträgliche Hanning-Filterung in Kauf zu nehmen, die sinnvollste Möglichkeit, da auf diese Weise weniger Informationen aus den ursprünglichen ROIs herausgefiltert werden. Aus diesem Grund wird in allen folgenden Experimenten zur Optimierung der Modelle die Merkmalsextraktion mittels der Hanning-Fensterung *nach* der Rahmenskalierung eingesetzt werden. Zur Vereinfachung werden die Datensätze weiterhin als Datensatz A für die schwierigen und Datensatz B für die einfachen Fälle bezeichnet.

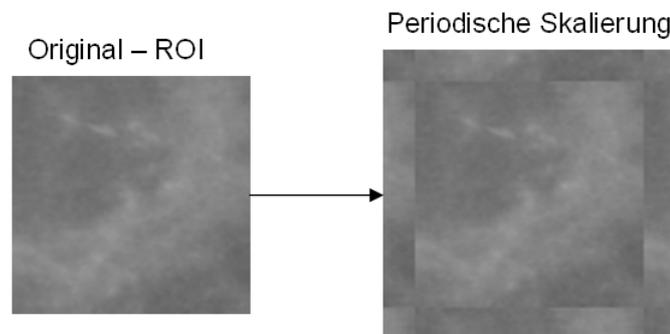


Abbildung 6.3.: Periodische Skalierung

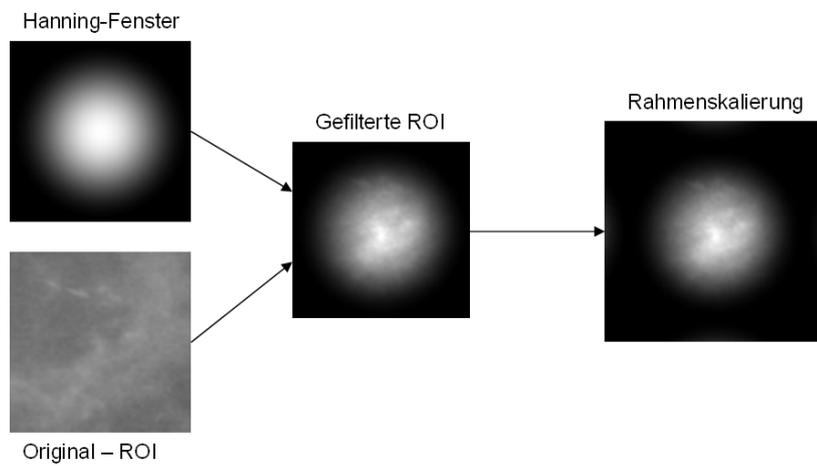


Abbildung 6.4.: Hanning-Filterung *vor* Rahmenskalierung

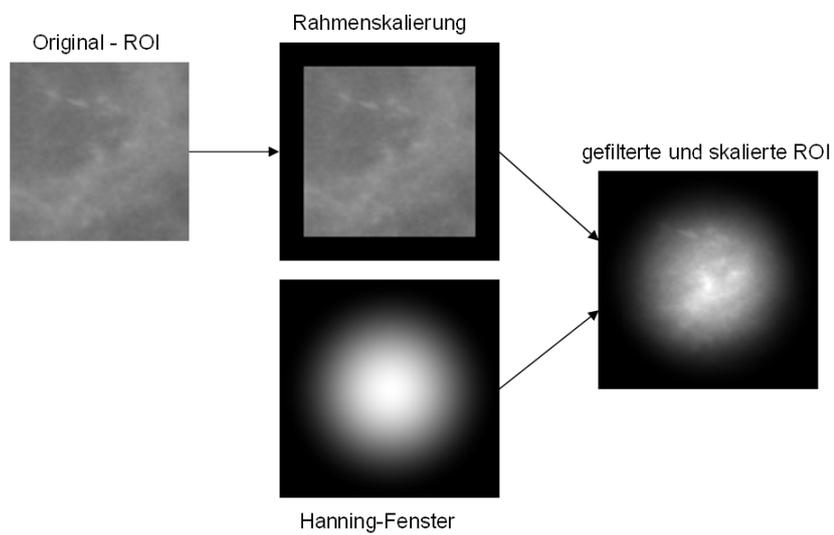


Abbildung 6.5.: Hanning-Filterung *nach* Rahmenskalierung

Normalisierung	SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kernel	Set
0-1-norm	61.19	75.76	71.93	65.79	68.46 (+-7.89)	linear	A
z-trans	64.18	75.76	72.88	67.57	70.05 (+-9.43)	linear	A
0-1-norm	68.66	72.73	71.88	69.57	70.66 (+-8.64)	RBF	A
z-trans	68.66	80.30	77.97	71.62	74.45 (+-9.02)	RBF	A
0-1-norm	55.22	83.33	77.08	64.71	69.07 (+-6.72)	poly	A
z-trans	17.91	86.36	57.14	50.89	51.87 (+-6.65)	poly	A
0-1-norm	89.71	80.88	82.43	88.71	85.22 (+-10.95)	linear	B
z-trans	92.65	85.29	86.30	92.06	88.96 (+-7.39)	linear	B
0-1-norm	70.59	70.59	70.59	70.59	70.49 (+-11.59)	RBF	B
z-trans	92.65	83.82	85.14	91.94	88.24 (+-7.32)	RBF	B
0-1-norm	60.29	91.18	87.23	69.66	75.71 (+-5.80)	poly	B
z-trans	100.0	1.47	50.37	100.0	50.77 (+-3.94)	poly	B

Tabelle 6.2.: Zweite Versuchsreihe ohne Parameteroptimierung mit periodischer Skalierung.

Normalisierung	SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kernel	Set
0-1-norm	71.64	83.33	81.36	74.32	77.31 (+-7.03)	linear	A
z-trans	61.19	89.39	85.42	69.41	75.05 (+-6.22)	linear	A
0-1-norm	56.72	81.82	76.00	65.06	69.07 (+-7.55)	RBF	A
z-trans	70.15	87.88	85.45	74.36	78.79 (+-8.94)	RBF	A
0-1-norm	56.72	92.42	88.37	67.78	74.29 (+-7.16)	poly	A
z-trans	11.94	98.48	88.89	52.42	54.89 (+-5.52)	poly	A
0-1-norm	80.88	89.71	88.71	82.43	85.27 (+-5.70)	linear	B
z-trans	82.35	97.06	96.55	84.62	89.62 (+-9.10)	linear	B
0-1-norm	64.71	85.29	81.48	70.73	75.05 (+-9.24)	RBF	B
z-trans	82.35	94.12	93.33	84.21	88.13 (+-7.79)	RBF	B
0-1-norm	67.65	95.59	93.88	74.71	81.65 (+-5.83)	poly	B
z-trans	25.0	100.0	100.0	57.14	62.53 (+-5.82)	poly	B

Tabelle 6.3.: Dritte Versuchsreihe ohne Parameteroptimierung mit Hanning-Filterung vor der Skalierung.

Normalisierung	SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kernel	Set
0-1-norm	73.13	84.85	83.05	75.68	78.79 (+9.49)	linear	A
z-trans	76.12	89.39	87.93	78.67	82.53 (+8.63)	linear	A
0-1-norm	58.21	81.82	76.47	65.85	69.84 (+7.91)	RBF	A
z-trans	80.60	86.36	85.71	81.43	83.30 (+7.70)	RBF	A
0-1-norm	64.18	92.42	89.58	71.76	78.08 (+7.36)	poly	A
z-trans	11.94	96.97	80.00	52.03	54.12 (+6.12)	poly	A
0-1-norm	83.82	89.71	89.06	84.72	86.65 (+6.80)	linear	B
z-trans	89.71	94.12	93.85	90.14	91.87 (+6.31)	linear	B
0-1-norm	63.24	88.24	84.31	70.59	75.71 (+8.31)	RBF	B
z-trans	91.18	91.18	91.18	91.18	91.21 (+5.44)	RBF	B
0-1-norm	61.76	97.06	95.45	71.74	79.45 (+6.40)	poly	B
z-trans	27.94	98.53	95.0	57.76	63.41 (+7.17)	poly	B

Tabelle 6.4.: Vierte Versuchsreihe ohne Parameteroptimierung mit Hanning-Filterung *nach* der Skalierung.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kern	C	γ	d	Set
73.13	84.85	83.05	75.68	78.79 (+9.49)	linear	0	-	-	A
86.57	86.36	86.57	86.36	86.26 (+8.37)	poly.	155.556	0.03556	1	A
88.06	87.88	88.06	87.88	87.80 (+7.91)	RBF	2488.88	0.0022	-	A
91.18	94.12	93.94	91.43	92.64 (+6.52)	linear	13.889	-	-	B
91.18	94.12	93.94	91.43	92.64 (+6.52)	poly.	622.223	0.0088	1	B
91.18	94.12	93.94	91.43	92.64 (+6.52)	RBF	199.11	0.01755	-	B

Tabelle 6.5.: 10-fach kreuzvalidierte Test-Ergebnisse nach Optimierung der Parameter unter Einsatz der durch 0-1-Normierung skalierten Datensätze bei Nutzung der Hanning-Fensterung *nach* der Skalierung.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kern	C	γ	d	Set
76.12	89.39	87.93	78.67	82.53 (+8.63)	linear	0	-	-	A
79.10	77.27	77.94	78.46	78.13 (+8.12)	poly.	35000	0.32	1	A
86.57	87.88	87.88	86.57	87.09 (+7.05)	RBF	57.599	0.002	-	A
92.65	89.71	90.00	92.42	91.15 (+3.0)	linear	10070.40	-	-	B
92.65	89.71	90.00	92.42	91.15 (+3.0)	poly.	30177.77	0.4284	1	B
89.71	94.12	93.85	90.14	91.87 (+6.31)	RBF	0	0.0	-	B

Tabelle 6.6.: 10-fach kreuzvalidierte Test-Ergebnisse nach Optimierung der Parameter unter Einsatz der durch z-Transformation skalierten Datensätze bei Nutzung der Hanning-Fensterung *nach* der Skalierung.

6.4. Parameteroptimierung der SVMs

Nachdem nun anhand der vorangegangenen ersten Versuche eine für die Anwendung geeignete Vorgehensweise für die Gabor-Merkmalsextraktion bestimmt wurde, soll nun die Optimierung der Modellparameter unter Einsatz der verschiedenen Kernfunktionen durchgeführt werden.

In Abhängigkeit der jeweils eingesetzten Kernelfunktionen sind unterschiedliche Parameter für die SVM zu optimieren. Neben dem Kostenparameter C , welcher als SVM-Parameter für alle eingesetzten Kernel zu optimieren ist, sollte der Parameter γ für den RBF-Kern zur Bestimmung des besten Radius der Gauss-Funktion optimiert werden, beim polynomiellen Kern die Parameter γ und *degree* für den Grad des Polynoms (siehe Abschnitt 3.2.2).

Die Optimierung der Parameter erfolgt mittels einer ineinander geschachtelten Kreuzvalidierung, ein zur Überschaubarkeit vereinfachter Versuchsaufbau ist in Abbildung 6.6 illustriert.

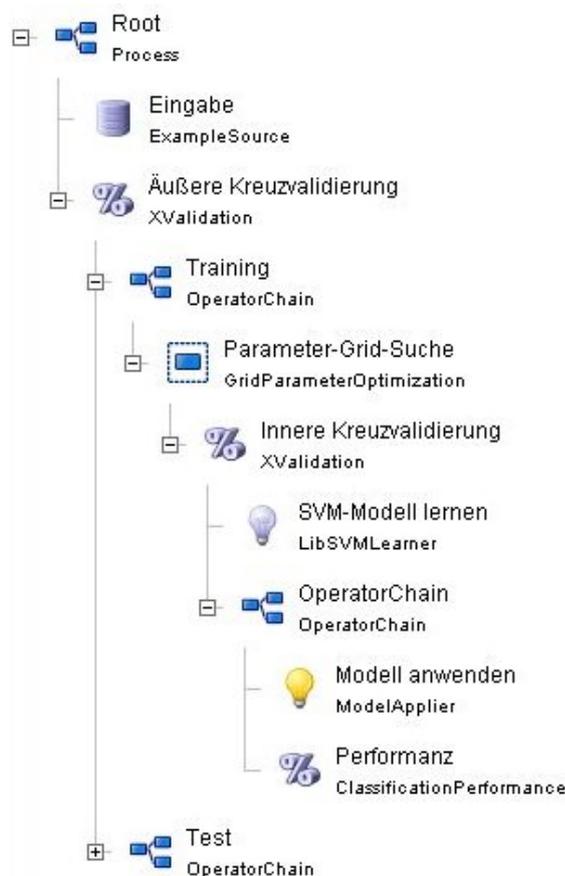


Abbildung 6.6.: Vereinfachter Aufbau der Parameter-Optimierung mittels einer geschachtelten Kreuzvalidierung.

In der inneren Kreuzvalidierung werden jeweils verschiedene Parameterkombinationen getestet und 10-fach kreuzvalidiert. Zur Auswahl der jeweiligen Parameterkombinationen dient der RM-Operator `ParameterGridSearch` (Parameter-Grid-Suche), welcher dem in der inneren Kreuzvalidierung befindlichen SVM-Lerner die unterschiedlichen Parameter(kombinationen) übergibt und anschließend die 10-fach kreuzvalidierten Ergebnisse der genutzten Parameter miteinander vergleicht. Nach Überprüfung aller gewählten Parameterkombinationen gibt die Parameter-Grid-Suche die beste Kombination aus, anhand welcher anschließend erneut ein SVM-Modell auf der Trainingsmenge erlernt und schließlich auf der Testmenge der äußeren Kreuzvalidierung getestet werden kann.

Die Einbettung der Parameteroptimierung in eine äußere Kreuzvalidierung dient der Steigerung der Generalisierungsfähigkeit der zu erlernenden Modelle auf Basis der genutzten Parameter. Ohne die äußere Kreuzvalidierung würde das Risiko bestehen, dass die gewählte Trainings- und Validierungsmenge, auf welcher die Parameteroptimierung durchgeführt und abgeschätzt wird, zufällig "schlecht" oder "zu gut" ausgewählt wurde. Dies wiederum würde zu einer Überanpassung des auf der gesamten Trainingsmenge zu erlernenden Modells führen, da die Parameter anhand der eingesetzten Trainingsmenge optimiert werden, wodurch die Generalisierungsfähigkeit des erlernten Modells eingeschränkt würde.

Parameter-Bestimmung

Da durch die äußere Kreuzvalidierung 10 verschiedene Trainingssätze an die Parameteroptimierung übergeben werden, führt dies zu unterschiedlichen durch die Parameteroptimierung ermittelten SVM-Einstellungen. Aus diesem Grund werden mittels des RM "Logger"-Operators alle Ergebnisse und die dazugehörigen Parameter der in die Parameteroptimierung eingebetteten inneren Kreuzvalidierung aufgezeichnet und anschließend in einem Example-Set abgespeichert. Aus diesem so entstandenen Datensatz werden in einem nächsten Schritt mittels des Prozessaufbaus aus Abbildung 6.7 die für jede eingesetzte Parameterkombination entstandenen Validierungsergebnisse über alle Durchläufe der äußeren Kreuzvalidierung gemittelt und anhand der gemittelten Ergebnisse die beste Parameterkombination ausgewählt. Der Operator `AttributeConstruction` (Parameterkombinationen als Attribute)(siehe Abbildung 6.7) bildet ein zusätzliches Attribut "Parameters", dessen Ausprägungen die jeweils genutzten Parameterkombinationen beinhalten. Mittels des Operators `ValueIterator` wird anschließend über jede mögliche Ausprägung von "Parameters" die innere Operatorkette iteriert, in welcher die durchschnittliche Accuracy über die eingesetzten Parameter ermittelt wird und als neues Attribut gespeichert wird. Nach der Bestimmung der durchschnittlich besten Parameterkombination wird abschließend das jeweilige Modell mit den durchschnittlich besten Parametern trainiert und getestet, hierfür wird wiederum eine 10-fache Kreuzvalidierung genutzt.

Anhand der beschriebenen Vorgehensweise wurden für die einzelnen Modelle die Parameter in mehreren Durchläufen durch Einschränkung der Wertebereiche der Parameter so lange optimiert, bis keine weitere Verbesserung der Performanz erreicht werden konnte. In den Tabellen 6.5 und 6.6 sind die Ergebnisse der durchgeführten Optimierungen jeweils unter Einsatz der z-Transformation und der Min-Max-Normalisierung dargestellt.

Ergebnisse

Bei Betrachtung der Ergebnisse wird der Unterschied zwischen den beiden untersuchten Datensätzen deutlich. Für Datensatz A, welcher die subtilen Mikroverkalkungen repräsentiert, können die durchschnittlich besten Ergebnisse mithilfe des RBF-Kerns erreicht werden. Demgegenüber scheint für Datensatz B ein linearer Kern zu genügen, da insbesondere auf den mittels der Min-Max-Normalisierung skalierten Daten identische Ergebnisse für alle eingesetzten Kernfunktionen erzielt werden. Die Transformation der Beispiele in einen höherdimensionalen Raum mittels des polynomiellen Kerns erscheint für beide Datensätze unnötig, da die Dimension der Polynome im Zuge der Parametereoptimierung jeweils lediglich 1 ergeben hat und die polynomiellen Kerne hierdurch bis auf den Parameter γ einem linearen Kern entsprechen.

Bezüglich der beiden gewählten Normalisierungsmethoden scheint sich die Min-Max-Normalisierung im Durchschnitt besser als die z-Transformation zur Skalierung der vorliegenden Daten zu eignen.

Bevor eine abschließende Entscheidung für die am besten einzusetzende Kernfunktion und Normalisierungsmethode getroffen wird, soll zunächst im Rahmen weiterer Experimente überprüft werden, inwieweit eine Dimensionsreduktion der vorliegenden Beispiele die Lernergebnisse beeinflusst. Die hierfür gewählten Methoden und Versuche werden im folgenden Abschnitt vorgestellt.

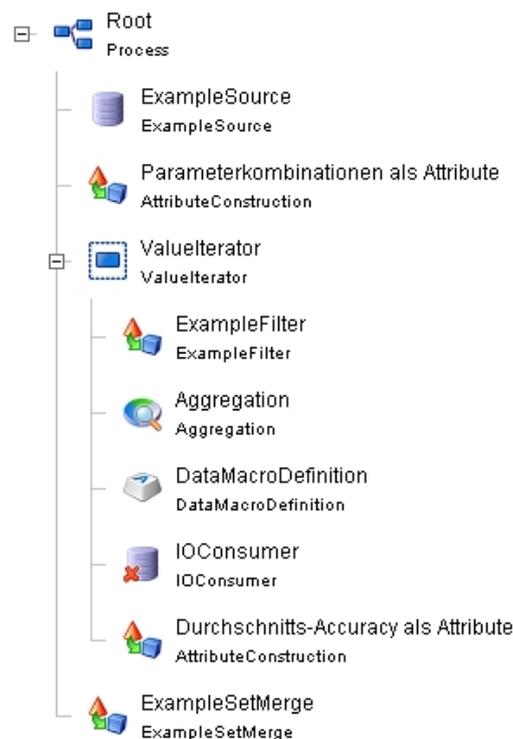


Abbildung 6.7.: Prozessaufbau zur Bestimmung der durchschnittlich besten Parameterkombination.

6.5. Dimensionsreduktionen

In den vorangegangenen Versuchen konnte ein erster Eindruck über die Eignung der verschiedenen eingesetzten Kernel und Normalisierungsfunktionen gewonnen werden, wobei für die Experimente alle extrahierten Merkmale genutzt wurden. In diesem Abschnitt sollen nun zwei mögliche Verfahren zur Dimensionsreduktion der Merkmalsvektoren vorgestellt werden und anschließend weitere Experimente auf den reduzierten Beispielen durchgeführt werden.

Motiviert werden diese Versuche durch verschiedene Überlegungen. Zunächst ist unklar, ob sich überhaupt alle extrahierten Merkmale für die Klassifikation der Daten eignen. Bei Einsatz aller extrahierten Merkmale besteht somit das Risiko, die Beispielvektoren durch ungeeignete und dementsprechend überflüssige Merkmale unnötig "aufzublähen". In 3.3.2 wurde bereits auf den "Fluch der hohen Dimensionen" hingewiesen und den damit verbundenen Umstand, dass zum Erlernen eines Modells mit akzeptabler Performanz bei steigender Dimension der Beispielvektoren die Anzahl der benötigten Beispiele exponentiell steigt. Da durchschnittlich nur 68 Beispiele pro Klasse und 73 verschiedene Attribute pro Beispiel vorliegen, erscheint eine Dimensionsreduktion der Beispielvektoren zur Verbesserung der Performanz der erlernten Modelle sinnvoll.

Weiterhin kann neben den für die vorliegende Klassifikationsaufgabe ungeeigneten Merkmalen auf solche verzichtet werden, welche stark mit anderen Merkmalen korrelieren, da hierdurch (zumindest weitestgehend) redundante Informationen bereitgestellt werden.

Zur Dimensionsreduktion bieten sich grundsätzlich zwei unterschiedliche Vorgehensweisen an. Einerseits besteht die Möglichkeit, aus der Menge der vorliegenden Merkmale nur diejenigen auszuwählen, welche für die Umsetzung der Lernaufgabe die höchste Aussagekraft haben. Hierfür bieten sich verschiedene Merkmalsselektions-Strategien an, wie beispielsweise die Merkmalsselektion mittels genetischer Algorithmen, deterministische Greedy-Algorithmen oder das Austesten aller möglichen Merkmalskombinationen mittels einer "Brute-Force-Vorgehensweise".

Alternativ kann die Dimensionalität der Merkmalsvektoren unter Zuhilfenahme von Basistransformationen reduziert werden, ein gängiges Verfahren hierfür stellt die in 4.3 beschriebene Hauptkomponentenanalyse dar.

Um einschätzen zu können, welche der beiden genannten Vorgehensweisen sich besser zur Dimensionsreduktion der vorliegenden Daten eignet, wird auf den Datensätzen A und B sowohl eine Merkmalsselektion als auch Dimensionsreduktion mittels der PCA durchgeführt. Hierfür stehen in RM bereits Operatoren für die o.g. Möglichkeiten der Dimensionsreduktion zur Verfügung.

6.5.1. Merkmalsselektion

Allgemein werden mithilfe von Merkmalsselektions-Strategien verschiedene Merkmale bzw. Merkmalskombinationen ausgewählt, einem Lerner zur Verfügung gestellt und abschließend bewertet, wodurch ein Vergleich der verschiedenen Merkmalskombinationen ermöglicht wird. Einleitend wurden bereits einige mögliche Strategien genannt, welche sich durch das jeweilige Selektionsschema unterscheiden. Die genaueste Selektionsmethode besteht in einem Brute-Force-Ansatz, welcher sich aus praktischer Sicht jedoch aufgrund seiner Laufzeit mit $2^{73} - 1$ verschiedenen Kombinationsmöglichkeiten bezüglich

der vorliegenden Daten als ungeeignet erweist.

Eine mögliche Alternative stellen genetische Algorithmen zur Merkmalsselektion dar, doch auch hier besteht das Risiko einer sehr hohen Laufzeit bis zum Erreichen einer zufriedenstellenden Merkmalskombination. Daher wird zur Merkmalsselektion ein deterministischer Greedy-Algorithmus ausgewählt, welcher durch Hinzunahme oder Auslassung einzelner Merkmale die Merkmalsauswahl so lange verändert, bis keine Verbesserungen mehr zu verzeichnen sind. Innerhalb von RM wird hierfür der Operator "Feature-Selection" genutzt, welcher zwei verschiedene Vorgehensweisen, die sog. Vorwärtsselektion (Forward-Selection) und die Rückwärts-Elimination (Backward-Elimination), zur Verfügung stellt:

Vorwärts-Selektion:

Sei n die Anzahl der vorliegenden Attribute.

1. Bilde als Anfangspopulation n unterschiedliche Attributmengen set_i .
2. Bewerte jede Attributmenge set_i und wähle die k besten Mengen aus.
3. Für jeden Merkmalsatz set_i : Sei j die Anzahl aller nichtgenutzten Attribute. Erstelle j Kopien von set_i und wähle jeweils ein nichtgenutztes Attribut hinzu.
4. Solange sich innerhalb der letzten p Iterationen eine Verbesserung der Performanz einstellt, gehe zu 2, ansonsten Abbruch.

Während die Vorwärts-Selektion "gierig" neue Attribute hinzufügt, geht die Rückwärts-Elimination den entgegengesetzten Weg und streicht iterativ unbrauchbare Attribute aus der Gesamtmenge zur Verbesserung der Performanz.

Rückwärts-Elimination:

Sei n die Anzahl der vorliegenden Attribute.

1. Wähle als Anfangspopulation alle n Attribute, gehe zu 3.
2. Bewerte jede Attributmenge set_i und wähle die k besten Mengen aus.
3. Für jeden Merkmalsatz set_i : Sei j die Anzahl aller genutzten Attribute. Erstelle j Kopien von set_i und streiche jeweils ein genutztes Attribut.
4. Solange sich innerhalb der letzten p Iterationen eine Verbesserung der Performanz einstellt, gehe zu 2, ansonsten Abbruch.

Die Parameter k und p können in der RM-Umgebung unter "keep-best" bzw. "generations-without-improval" eingestellt werden, wobei im Rahmen der Versuche die von RM vorgeschlagenen Standardeinstellungen beibehalten wurden. Der Versuchsaufbau der einzelnen Experimente ist in Abbildung 6.8 illustriert. Genutzt wurde eine innere Kreuzvali-

dierung (10-fach) zur Bestimmung der jeweils besten Attribute auf einer Trainingsmenge, eine äußere Kreuzvalidierung (ebenfalls 10-fach) diene weiterhin der Steigerung der Generalisierungsfähigkeit des erlernten Modells unter Nutzung der gewählten Attribute. Als äußere Kreuzvalidierung wurde hierfür der Operator *WrapperXValidation* gewählt, da dieser speziell zur Bestimmung von Merkmalsgewichtungen eingesetzt werden kann und neben der durchschnittlichen Performanz zusätzlich anhand der Ergebnisse der inneren Kreuzvalidierung als Ergebnis die durchschnittlichen Merkmalsgewichte ausgibt. Dies ist notwendig, da in jedem Validierungsschritt der äußeren Kreuzvalidierung die Modelle basierend auf möglicherweise unterschiedlichen Ergebnissen der Merkmalsselektion gelernt werden. Würden im ersten Durchlauf der Merkmalsselektion beispielsweise aus einer Attributmenge mit den Attributen a_1, a_2, a_3, a_4 die Attribute a_1 und a_2 ausgewählt werden, in einem zweiten Durchlauf hingegen die Attribute a_1 und a_4 , wäre keine eindeutige Entscheidung für oder gegen die Merkmale a_2 und a_4 möglich. Aus diesem Grund werden die Ergebnisse mithilfe von Gewichten gemittelt, so dass aus diesem Beispiel die Gewichte g_1, \dots, g_4 mit $g = 1, g_2 = 0.5, g_3 = 0$ und $g_4 = 0.5$ resultieren würden. Der Performanz-Vektor der *WrapperXValidation* mittelt jedoch auch die entstehenden

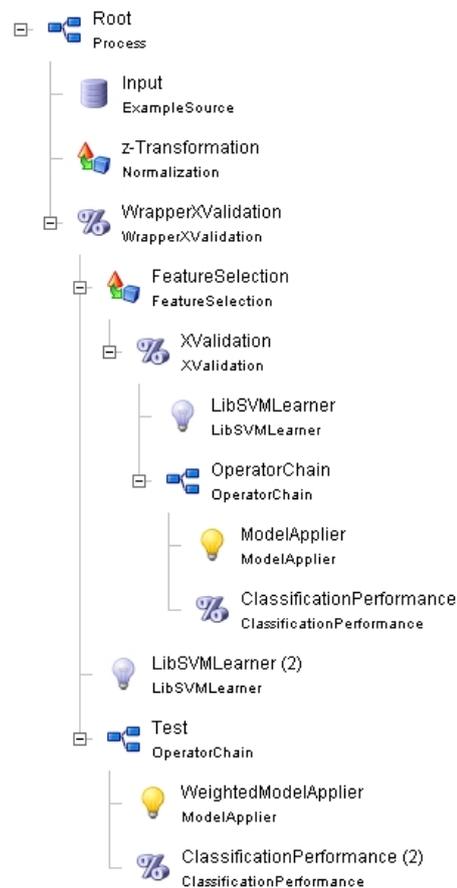


Abbildung 6.8.: Aufbau der Merkmalsselektion in RM durch geschachtelte Kreuzvalidierung

Ergebnisse nach jedem Validierungsdurchlauf basierend auf den unterschiedlichen durch die Merkmalsselektion vorgeschlagenen Attributmengen und gibt nicht die Performanz der durch die nach Ablauf des Experimentes gemittelten Gewichte an. Aus diesem Grund wurde für jeden Datensatz nach Bestimmung der Durchschnittsgewichte ein weiteres Experiment mittels einer 10-fachen Kreuzvalidierung zum Test der entstandenen Gewichte durchgeführt. Die Ergebnisse aller auf diese Weise durchgeführten Versuche sind in Tabelle 6.7 zusammengefasst. Die Spalte \emptyset -Gewichte gibt an, ob die Ergebnisse auf der anschließenden Kreuzvalidierung mit den ermittelten Durchschnitts-Gewichten durchgeführt wurde, oder ob die Ergebnisse auf der WrapperXValidierung basieren.

Die bisher besten Ergebnisse ohne Parameteroptimierung konnten durch das Training einer SVM mit einem RBF-Kern und z-transformierten Daten erreicht werden. Da diese Versuchsreihe lediglich zum Einschätzen der gewählten Selektionsstrategie dient, wird aus diesem Grund auf weitere Kernfunktionen verzichtet und das Training zunächst lediglich auf einer SVM mit RBF-Kern und durch die z-Transformation skalierten Daten durchgeführt.

Strategie	SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	\emptyset -Gewichte	Set
vorw.	74.63	90.91	89.29	77.29	82.64 (+-6.02)	nein	A
vorw.	88.24	95.59	95.24	89.04	91.92 (+-6.18)	nein	B
rückw.	79.10	86.36	85.48	80.28	82.58 (+-7.77)	nein	A
rückw.	91.18	91.18	91.18	91.18	91.21 (+-5.44)	nein	B
vorw.	67.16	56.06	60.81	62.71	61.70 (+-9.03)	ja	A
vorw.	67.65	63.24	64.79	66.15	65.55 (+-13.07)	ja	B
rückw.	82.09	86.36	85.94	82.61	84.07 (+-7.40)	ja	A
rückw.	91.18	91.18	91.18	91.18	91.21 (+-5.44)	ja	B

Tabelle 6.7.: Versuche zur Merkmalsselektion mittels Vorwärts-Selektion und Rückwärts-Elimination.

Die durch die Vorwärtsselektion ermittelten Merkmale über die einzelnen Validierungsdurchläufe variieren stark. Zwar wird insgesamt die Dimension der Merkmalsvektoren von 74 auf 26 bei Datensatz B und 18 bei Datensatz A reduziert, doch fallen hierbei die so entstandenen Durchschnittsgewichte pro Attribut mit 0.1 bis 0.6 recht gering aus. Dies bedeutet, dass in den einzelnen Durchläufen der Wrapper-Kreuzvalidierung jeweils nur ein bis zwei Attribute ausgewählt wurden, welche weiterhin pro Durchlauf variierten. Aus diesem Grund nimmt die Performanz, welche im abschließenden Testdurchlauf unter Einsatz der Durchschnittsgewichte durchgeführt wurde, stark ab.

Insgesamt erweist sich die Merkmalsselektion auf den vorliegenden Daten als relativ problematisch, da auch die Rückwärts-Elimination keine sinnvollen Ergebnisse liefert. Ebenso wie die Hinzunahme einzelner Merkmale bei der Vorwärts-Selektion keine Performanzsteigerung innerhalb der Merkmalsselektion erbringen konnte, gilt dies ebenfalls für die Rückwärts-Elimination bei Auslassung einzelner Attribute. Die berechneten Gewichtsvektoren zeigen, dass in den meisten Fällen alle Attribute ausgewählt wurden. Nur vereinzelte Gewichte haben nach der Durchschnittsbildung einen Wert von 0.9, was bedeutet, dass sie in einem Durchlauf jeweils nicht ausgewählt wurden. Alle anderen Attribute wurden in jedem Durchlauf beibehalten. Die Ergebnisse ähneln daher stark

denjenigen aus den ersten Experimenten ohne Merkmalsgewichte.

Das Ziel, mithilfe der Merkmalsselektion die Dimension der Beispielvektoren zu reduzieren, kann somit mithilfe des eingesetzten Verfahrens nicht oder nur unter starken Performanzeinbußen (Vorwärts-Selektion) umgesetzt werden.

6.5.2. Merkmalstransformation mittels PCA

Während bei Merkmalsselektionsstrategien die besten Merkmale direkt auf den vorliegenden Daten ermittelt werden können, wird im Rahmen der PCA zunächst eine Transformation der Daten mittels der in 4.3 bereits beschriebenen Hauptachsentransformation durchgeführt. Eine solche Transformation verfolgt das Ziel, die vorliegenden Merkmale durch paarweise Dekorrelation in einer für die Merkmalsauswahl geeigneteren Darstellung zu repräsentieren. Anschließend werden auf den transformierten Daten diejenigen Attribute ausgewählt werden, welche eine gewisse Mindestvarianz aufweisen, da implizit angenommen wird, dass bei hoher Varianz der Daten der Informationsgehalt ebenfalls hoch ist.

Zunächst wurde eine Korrelationsmatrix der Originaldaten aufgestellt, um einen Eindruck über die Korrelation der Merkmale zu gewinnen. Hierbei wurde offensichtlich, dass die eingesetzten Bildmerkmale z.T. stark korreliert sind. Abbildung 6.9 illustriert die berechnete Korrelationsmatrix, es werden jedoch nicht alle Merkmale dargestellt, da RM nur eine bestimmte Maximalanzahl verwendeter Attribute in dieser Form visualisieren kann. Dennoch wird hier bereits deutlich, dass insbesondere die Merkmale "Standardabweichung" der verschiedenen Gabor-Filter ($gabor_stddev(x,y)$) stark korreliert sind. Somit erscheint die Dimensionsreduktion mittels einer Hauptkomponentenanalyse auf ersten Blick vielversprechend, da hierfür die verschiedenen Attribute zunächst dekorreliert werden.

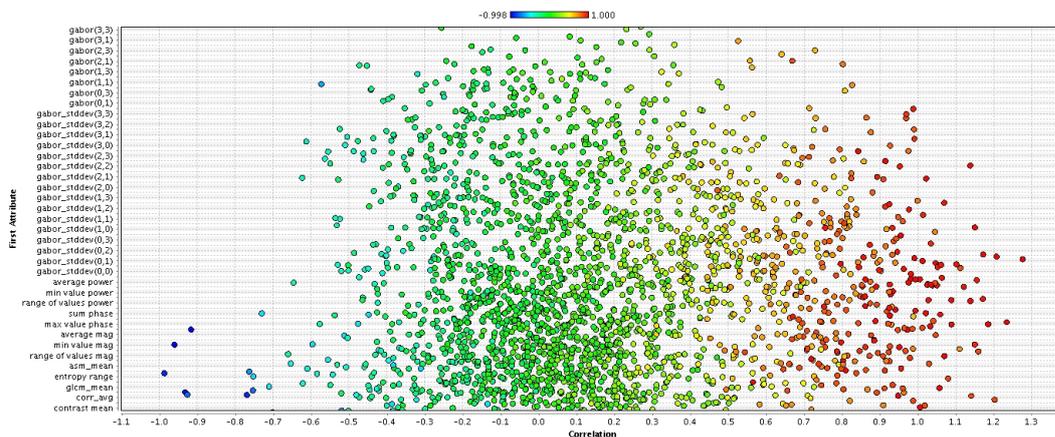


Abbildung 6.9.: Visualisierung der Korrelationsmatrix einiger eingesetzter Merkmale.

Die Transformation der Datensätze A und B führte nach einer vorangegangenen z-Transformation und einem Varianz-Threshold von 0.95 zu Merkmalsvektoren der Dimensionen 16 (Datensatz A) und 19 (Datensatz B) bis hin zu Dimensionen von 27 (Datensatz

A) und 29 (Datensatz B) bei einer Varianz von 0.99. Dies zeigt, dass vielzählige der berechneten Merkmale nur einen äußerst geringen bis keinen Informationsgehalt einbringen und somit den Lernerfolg des zu berechnenden Klassifikationsmodells aufgrund der Dimensionalität der Merkmalsvektoren negativ beeinflussen können.

Anhand der verschiedenen transformierten und reduzierten Beispielmengen wurden anschließend Modelle durch SVMs mit RBF-Kern und Standard-Parametern trainiert und getestet. Die nach 10-facher Kreuzvalidierung entstandenen Ergebnisse sind für den gewählten Varianz-Threshold von 0.95 Tabelle 6.8 zu entnehmen, durch eine Erhöhung der Varianz konnten keine Verbesserungen erreicht werden. Es wird vermutet, dass die Hauptkomponenten mit einer geringeren Varianz als 0.05 bildinternes Rauschen erfassen, sodass durch Hinzunahme dieser Komponenten keine Verbesserungen erzielt werden können.

Die Ergebnisse dieses ersten nicht optimierten Durchlaufs auf den transformierten und reduzierten Beispielsätzen decken sich für Datensatz B mit den Ergebnissen aus der vierten Versuchsreihe, welche im Zuge der Überprüfung der verschiedenen Skalierungsvarianten durchgeführt wurde (siehe Tabelle 6.4). Für Datensatz A ergeben sich bis auf eine leichte Stabilisierung der Accuracy über alle Durchläufe der Kreuzvalidierung (Abweichungen von $+ - 6.37\%$ statt $+ - 7.7\%$) marginal schlechtere Ergebnisse.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Set
79.10	84.85	84.13	80.00	81.81 (+-6.37)	A
91.18	91.18	91.18	91.18	92.21 (+-5.44)	B

Tabelle 6.8.: Erste Ergebnisse nach PCA mit Varianzthreshold von 0.95.

Nach den vorliegenden Ergebnissen der verschiedenen Versuche zur Dimensionsreduktion erscheint der Einsatz der PCA zur Dimensionsreduktion im Gegensatz zur Merkmalsselektion die sinnvollere Lösung darzustellen. Anhand dieser ersten dem Überblick dienenden Experimente kann jedoch keine deutliche Veränderung der Performanz durch die Reduktion der Merkmalsvektoren beobachtet werden. Um umfangreichere Vergleichsmöglichkeiten und einen tieferen Einblick in den Einfluss der durch die PCA gewonnenen Merkmale zu gewinnen, werden dennoch in einer abschließenden Versuchsreihe Experimente mit den Datensätzen A und B unter Einsatz der drei bereits eingesetzten Kernel mit anschließender Parameteroptimierung durchgeführt. Die Resultate dieser Versuche sind in den Tabellen 6.10 und 6.11 aufgelistet. Hierbei sind zur besseren Vergleichbarkeit der Ergebnisse die Resultate der vorangegangenen Experimente zusätzlich notiert (blaue Schriftfarbe), welche auf den vollständigen Merkmalsvektoren durchgeführt wurden (siehe Tabellen 6.5 und 6.6).

Im Vergleich kann durch den Einsatz der transformierten und reduzierten Beispiele eine zum Teil deutliche Verbesserung der Performanz von bis zu 5% (linearer Kern bei Datensatz A) bzgl. der Klassifikationsgenauigkeit erreicht werden. Eine geringfügige Verschlechterung ist lediglich auf Datensatz A unter Nutzung des polynomiellen Kerns zu verzeichnen. Weiterhin kann insbesondere auf dem mittels der Min-Max-Transformation skalierten Datensatz A eine Stabilisierung der gesamten Klassifikationsgenauigkeit in Bezug auf die Einzelergebnisse jedes Durchlaufes der Kreuzvalidierung beobachtet werden.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ	Set
79.10	84.85	84.13	80.00	81.81 (+-6.37)	236.4	0.1102	A
92.65	94.12	94.03	92.75	93.35 (+-5.20)	8936	0.00202	B

Tabelle 6.9.: 10-fach kreuzvalidierte Test-Ergebnisse nach Optimierung der Parameter unter Einsatz der durch 0-1-Normierung skalierten und mittels PCA transformierten und reduzierten Datensätze bei einer Varianz von 0.99.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kern	C	γ	d	Set
82.09	84.85	84.62	82.35	83.52 (+-5.47)	linear	1165.2	-	-	A
73.13	84.85	83.05	75.68	78.79 (+-9.49)		s. Tabelle 6.5			
85.07	86.36	86.36	85.07	85.66 (+-4.22)	poly	187.5	0.147	1	A
86.57	86.36	86.57	86.36	86.26 (+-8.37)		s.o.			
89.55	87.88	88.24	89.23	88.68 (+-5.17)	RBF	133.33	0.033	-	A
88.06	87.88	88.06	87.88	87.80 (+-7.91)		s.o.			
94.12	95.59	95.52	94.20	94.89 (+-4.63)	linear	88.889	-	-	B
91.18	94.12	93.94	91.43	92.64 (+-6.52)		s.o.			
94.12	95.59	95.52	94.20	94.89 (+-4.63)	poly	520	0.176	1	B
91.18	94.12	93.94	91.43	92.64 (+-6.52)		s.o.			
92.65	89.71	90.00	92.42	91.21 (+-4.41)	RBF	22387.755	0.01	-	B
91.18	94.12	93.94	91.43	92.64 (+-6.52)		s.o.			

Tabelle 6.10.: 10-fach kreuzvalidierte Test-Ergebnisse nach Optimierung der Parameter unter Einsatz der durch 0-1-Normierung skalierten und mittels PCA transformierten und reduzierten Datensätze bei einer Varianz von 0.95.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	Kern	C	γ	d	Set
85.07	84.85	85.07	84.85	84.78 (+-8.48)	linear	0.375	-	-	A
76.12	89.39	87.93	78.67	82.53 (+-8.63)		s. Tabelle 6.6			
79.10	86.36	85.48	80.28	82.75 (+-7.45)	poly	2750	0.091	1	A
79.10	77.27	77.94	78.46	78.13 (+-8.12)		s.o.			
86.57	89.39	89.23	86.76	87.86 (+-5.26)	RBF	133.33	0.00133	-	A
86.57	87.88	87.88	86.57	87.09 (+-7.05)		s.o.			
92.65	97.06	96.92	92.96	94.84 (+-4.83)	linear	0.871	-	-	B
92.65	89.71	90.00	92.42	91.15 (+-3.0)		s.o.			
92.65	97.06	96.92	92.96	94.84 (+-4.83)	poly	27	0.03	1	B
92.65	89.71	90.00	92.42	91.15 (+-3.0)		s.o.			
92.65	97.06	96.88	91.97	94.12 (+-5.54)	RBF	30.375	0.003	-	B
89.71	94.12	93.85	90.14	91.87 (+-6.31)		s.o.			

Tabelle 6.11.: 10-fach kreuzvalidierte Test-Ergebnisse nach Optimierung der Parameter unter Einsatz der durch z-Transformation skalierten und mittels PCA transformierten und reduzierten Datensätze bei einer Varianz von 0.95.

Dies erscheint besonders wichtig für die spätere Anwendung im Zuge der Analysephase, da hierbei die verschiedenen Bildregionen direkt klassifiziert werden.

Des Weiteren wird bei Betrachtung der Ergebnisse wiederum der Unterschied zwischen den beiden untersuchten Datensätzen deutlich. Während auf Datensatz A erneut die durchschnittlich besten Ergebnisse unter Einsatz des RBF-Kerns erzielt werden können, genügt auf Datensatz B wiederum ein linearer Kern. Da bei beiden Datensätzen vorangehend identische Merkmale extrahiert wurden, liegt die Vermutung nahe, dass in Abhängigkeit der Subtilitätsstufen der Mikroverkalkungen nicht nur die verschiedenen Ausprägungen der extrahierten Merkmale (wie z.B. ausgeprägtere Kontrastunterschiede zwischen den Klassen bei Datensatz B) die Lernergebnisse beeinflussen. Vielmehr scheinen für die Trennung der Klassen unterschiedliche Merkmale ins Gewicht zu fallen, da bereits im Zuge der PCA je nach Datensatz Merkmalsvektoren variierender Dimension erzeugt wurden.

Beim Vergleich der Ergebnisse unter dem Aspekt der eingesetzten Normalisierungsfunktionen zeigen sich keine deutlichen Unterschiede, tendenziell scheint jedoch die 0-1-Normalisierung für die vorliegenden Daten die bessere Wahl zu sein, da insbesondere auf Datensatz A unter Nutzung des RBF-Kerns die höchste Sensitivität erreicht werden kann. Diese ist im Zuge der Detektion von Mikroverkalkungen von besonderem Interesse, da die falsch-negativen Zuordnungen so gering wie möglich ausfallen sollten (steigende Sensitivität).

Auf Basis aller vorliegenden Ergebnisse kann geschlussfolgert werden, dass sich für Datensatz A eine SVM mit RBF-Kern als geeigneteste Wahl erweist, für Datensatz B genügt ein linearer Kern. Als Normalisierungsmethode soll in weiteren Versuchen die Min-Max-Normalisierung gewählt werden, da hierdurch insbesondere auf Datensatz A geringfügig bessere Ergebnisse erzielt werden konnten.

Im folgenden Kapitel soll nun mithilfe weiterer Experimente überprüft werden, inwiefern die Lernergebnisse durch bildbezogene Normalisierungen der Daten beeinflusst und ggf. verbessert werden können. Weiterhin werden Parameter-Veränderungen bei der Merkmalsextraktion und Modifikationen des Bildmaterials durchgeführt und deren Einfluss auf die Klassifikationsergebnisse überprüft. Abschließend sollen im Rahmen der Analysephase als praktisches Anwendungsbeispiel vollständige Mammographiebilder auf Mikroverkalkungen untersucht werden.

7. Verbesserungsversuche und Analysephase

Im vorangegangenen Kapitel wurden verschiedene grundlegende Verfahrensschritte bzgl. der Merkmalsextraktion, der weiteren Datenbehandlung und der Auswahl eines geeigneten SVM-Kernels experimentell überprüft und die Ergebnisse miteinander verglichen. Hierbei dienten zwei verschiedene Datensätze als Eingabemenge, Datensatz A repräsentierte subtile Mikroverkalkungen, Datensatz B hingegen wurde basierend auf offensichtlichen Mikroverkalkungen gewonnen. Die unterschiedlichen Subtilitätsstufen der Mikroverkalkungen wurden ebenfalls in den Lernergebnissen deutlich. Während auf Datensatz A eine maximale Klassifikationsgenauigkeit von 87.86% erreicht werden konnte, lag die maximale Klassifikationsgenauigkeit auf Datensatz B bereits bei 94.84%.

In diesem Kapitel sollen nun weitere Verfeinerungen des Verfahrens vorgenommen werden mit dem Ziel, speziell auf Datensatz A eine höhere Klassifikationsgenauigkeit zu erreichen. Daher werden in den folgenden Abschnitten zunächst verschiedene mögliche Verbesserungsansätze vorgestellt und mithilfe von Experimenten überprüft, inwieweit die Lernergebnisse positiv beeinflusst werden können. Im Anschluss daran wird basierend auf den ermittelten Ergebnissen die geeignetste Vorgehensweise ausgewählt und abschließend als praktische Anwendungsmöglichkeit im Rahmen der Analysephase auf vollständigen Mammographiebildern umgesetzt.

7.1. Verbesserungsversuche

Bei der bisher vorgestellten Vorgehensweise der Merkmalsextraktion und Datenvorverarbeitung gibt es zahlreiche Modifikationsmöglichkeiten, durch welche die Lernergebnisse beeinflusst werden können. In Kapitel 6 wurde bereits der positive Einfluss der Datennormalisierung deutlich, wobei die Normalisierung auf Basis der vollständigen Datensätze durchgeführt wurde. Im folgenden Abschnitt soll überprüft werden, inwieweit die Lernergebnisse durch bildbezogene Normalisierungen beeinflusst werden können.

Im Anschluss daran werden verschiedene Modifikationen der Merkmalsextraktion durch Anpassung der ROI-Auflösungen und Wahl unterschiedlicher Skalierungen und Richtungen der Gabor-Filter vorgenommen. Abschließend wird überprüft, ob durch Histogrammanpassungen des Bildmaterials die Lernergebnisse verbessert werden können.

7.1.1. Bildgebundene Normalisierung

Ein wichtiger Bestandteil der Klassifikation der Bildausschnitte stellt eine dem Lernen vorangegangene Normalisierung der extrahierten Merkmale dar (siehe Kapitel 6). Bisher wurden hierfür die einzelnen Ausprägungen der verschiedenen Merkmale jeweils über

den gesamten Datensatz normalisiert. Hierbei wurde jedoch die individuelle Brustgewebestruktur einer Patientin außer Acht gelassen.

In Kapitel 2 wurde bereits bei der Erläuterung der medizinischen Hintergründe deutlich, dass sich die Struktureigenschaften des Brustgewebes von Frau zu Frau unterscheiden. Auf Mammographiebildern werden die Gewebestrukturen durch verschiedene Helligkeitsausprägungen visualisiert, wobei sich besonders dichtes Brustgewebe durch helle Bildregionen auszeichnet (geringe Strahlendurchlässigkeit), fettreiches und somit strahlendurchlässigeres Gewebe hingegen weist auf Mammographiebildern eine geringere Helligkeit auf. Hierbei ist die jeweilige Zusammensetzung und Anordnung der Gewebedichten individuell abhängig, wodurch deutliche Unterschiede zwischen verschiedenen Mammographieaufnahmen unterschiedlicher Personen entstehen.

Die personenbezogenen Gewebeeigenschaften beeinflussen somit auch die aus den Bildausschnitten gewonnenen Bildmerkmale. Die Ausprägung einzelner Merkmale ist dementsprechend nicht nur von der Klasse der zugrundeliegenden Ausschnitte (Mikroverkalkung vorhanden/nicht vorhanden) abhängig, sondern ebenfalls von der individuellen Gewebestruktur.

Durch die Normalisierung der Ausprägungen der verschiedenen Merkmale über die gesamte Beispielmenge, welche Bildmerkmale von Mammographie-Ausschnitten vielzähliger Personen beinhaltet, können wertvolle die individuelle Gewebestruktur betreffende Informationen verloren gehen. Dies soll anhand eines einfachen Beispiels mithilfe des Merkmals "Kontrast" verdeutlicht werden.

Beispiel 7.1. *Es liegen drei Mammographieaufnahmen verschiedener an Brustkrebs erkrankter Frauen vor, welche im Folgenden als Fälle A, B und C bezeichnet werden. Das jeweilige Brustgewebe der drei Patientinnen variiert deutlich in der Gewebedichte und zeigt sich weiterhin unterschiedlich homogen auf den Mammographieaufnahmen. Die erkrankten Gewebereale zeichnen sich auf allen Aufnahmen durch Mikroverkalkungen aus. Aus den Aufnahmen werden jeweils vier gleichgroße Bildausschnitte entnommen. Drei der vier Ausschnitte stellen gesundes Gewebe dar, die vierte Region beinhaltet Mikroverkalkungen.*

Basierend auf den einzelnen Bildausschnitten wird jeweils das Bildmerkmal "Kontrast" extrahiert, wobei pro Patientin der Kontrast des Bildausschnittes, welcher die Mikroverkalkungen beinhaltet, am stärksten ausgeprägt ist (siehe Tabelle 7.1).

Zusätzlich zeigen sich die unterschiedlichen Gewebeeigenschaften bereits anhand der extrahierten Merkmale. Insbesondere weist die Mammographieaufnahme in Fall A starke Helligkeitsunterschiede und somit ausgeprägte Dichteunterschiede des Gewebes auf, was sich an den vergleichsweise hohen Kontrastausprägungen erkennen lässt.

Nun werden die Merkmalsausprägungen auf Werte zwischen 0 und 1 in zwei Durchläufen normalisiert. Im ersten Durchlauf werden die Kontrastwerte über alle Bildausschnitte skaliert, im zweiten Durchlauf hingegen lediglich über die Werte der Ausschnitte der jeweiligen Patientinnen.

Nach der zweiten Normalisierung sind nun die Kontrastwerte der Bildausschnitte mit den Mikroverkalkungen der verschiedenen Frauen die höchsten Werte aller Merkmalsausprägungen. Somit können die erkrankten Regionen einfach erkannt werden.

Die erste Normalisierung berücksichtigt nicht die individuellen Gewebeeigenschaften und verändert lediglich den Wertebereich der Kontrastausprägungen. Ohne Berücksichtigung

der einzelnen Aufnahmen können somit nicht auf einfache Weise die erkrankten Regionen erkannt werden.

Anhand dieses stark vereinfachten Beispiels mit frei gewählten Merkmalsausprägungen (in Orientierung an tatsächlich berechnete Haralick-Kontrastmerkmale) sollte der Einfluss natürlicher Gewebeunterschiede auf die extrahierten Merkmale und die damit verbundenen Probleme bei einer Normalisierung über die vollständige Beispielmenge mit Bildmaterial verschiedener Personen deutlich geworden sein.

Bei den geschilderten Überlegungen wird jedoch ein wichtiger Aspekt nicht mit berücksichtigt. Nehmen wir an, dass eine Mammographieaufnahme einer Patientin mit Brustgewebe, welches sich durch starke Dichteschwankungen und somit deutliche Strukturen auf der Mammographie auszeichnet, vorliegt. Die Patientin ist an Brustkrebs erkrankt, welcher sich durch subtile Verkalkungen auf der Aufnahme zeigt. Diese Verkalkungen befinden sich nun in einer Brustregion, welche eine geringe Dichte aufweist. Aufgrund der Subtilität der Verkalkung sind diese auch innerhalb des strahlendurchlässigen Gewebes nur sehr schwer zu erkennen, es liegt also ein geringer Kontrast vor. Würden nun Kontrastausprägungen verschiedener Regionen der Mammographie berechnet, würden aufgrund der Gewebestruktur gesunde Bildregionen einen höheren Kontrast aufweisen als der Bereich, in welchem sich die Verkalkungen befinden. Durch eine personen- bzw. aufnahmebezogene Normalisierung der Merkmalsausprägungen würde dies dazu führen, dass der Kontrast der erkrankten Region in Relation zum restlichen Gewebe weiterhin sehr gering bliebe.

Dies führt zu der Fragestellung, in welchen Brustregionen und Gewebedichten Mikroverkalkungen vermehrt auftreten. Sollten Verkalkungen gehäuft in Regionen fettreichen Gewebes und somit guter Strahlendurchlässigkeit auftreten, könnte sich die bereits genutzte Normalisierung über die gesamte Beispielmenge als sinnvoller erweisen. Durch die Berücksichtigung individueller Gewebestrukturen wäre es denkbar, dass die für Mikroverkalkungen charakteristischen absoluten Merkmalsausprägungen durch den Bezug zum vorliegenden Gewebe zu stark verfälscht werden.

Zwar beziehen sich die vorangehend erläuterten Überlegungen lediglich auf ein Bildmerkmal, doch können sie einfach auf die übrigen extrahierten Merkmale übertragen werden. Anhand von Experimenten soll nun der Einfluss einer bildbezogenen Normalisierung überprüft werden. Die Vorgehensweise der Experimente gliedert sich in verschiedene Schritte:

Schritt 1: Aus 45 Mammographiebildern verschiedener Frauen als Basismaterial werden mittels einer Fensterung bei einer Fenstergröße von 50×50 Pixeln und einer Schrittweite von 40 Pixeln pro Fensterposition alle Bildmerkmale, wie in Kapitel 6 vorgestellt, extrahiert und pro Bild als `ExampleSet` gespeichert. Durch die gewählte Fenstergröße wird gewährleistet, dass das Brustgewebe vollständig erfasst wird. Der schwarze Hintergrund der Mammographieaufnahmen wird durch Überprüfung der Fensterinhalte ignoriert, somit können die Hintergrundbereiche keinen Einfluss auf die spätere Normalisierung haben.

Schritt 2: Die Werte der einzelnen `ExampleSets` werden jeweils mittels der 0-1-Normalisierung und der z-Transformation skaliert, die zugehörigen Transformati-

onsmodelle werden hierbei gespeichert.

Schritt 3: Aus den bereits in Kapitel 6 eingesetzten Bildausschnitten für Datensatz A, welche aus den in Schritt 1 eingesetzten Mammographieaufnahmen stammen, werden ebenfalls die Bildmerkmale extrahiert und jeweils einzeln als ExampleSet gespeichert.

Schritt 4: Die Werte der einzelnen Merkmalsvektoren der Bildausschnitte werden mit den dazugehörigen Transformationsmodellen, welche in Schritt 2 gewonnen wurden, skaliert. Abschließend werden die gelabelten Beispiele zu einem Example-Set vereinigt.

Schritt 5: Die Hauptkomponentenanalyse und das anschließende Training einer SVM mit RBF-Kern werden wie in 6.5.2 beschrieben durchgeführt.

In Tabelle 7.2 sind die Lernergebnisse nach der bildgebundenen Normalisierung zusammengefasst. Bei beiden eingesetzten Normalisierungsfunktionen hat sich durch die bildbezogene Normalisierung der Werte eine deutliche Verschlechterung der Lernergebnisse eingestellt. Alle anderen Verfahrensschritte entsprachen ebenso wie das eingesetzte Bildmaterial den Versuchen aus Kapitel 6. Aus diesem Grund kann basierend auf den vorangegangenen Überlegungen angenommen werden, dass sich (subtile) Mikroverkalkungen zumindest vermehrt in ähnlich strukturiertem Gewebe befinden und die Relation der Graustufen der einzelnen Mikroverkalkungen zum unmittelbar umliegenden Gewebe bei allen eingesetzten Bildausschnitten weitestgehend vergleichbar ist.

Hierbei spielt die einzelne Gewebedichte der erkrankten Regionen und die damit verbundene Intensitätsstufe auf den Mammographiebildern keine bedeutende Rolle. Alle eingesetzten Bildmerkmale erfassen Strukturen des Bildmaterials, also Helligkeitsunterschiede innerhalb der zugrundeliegenden ROIs und beziehen sich nicht auf absolute Intensitätswerte.

Zusammenfassend kann nach den vorliegenden Ergebnissen festgehalten werden, dass sich absolute Merkmalsausprägungen ohne Beachtung der zugrundeliegenden Gewebestruktur der Mammographien als die geeignetere Wahl erweisen. Durch die Relativierung zu Gewebeeigenschaften werden die Merkmale maßgeblich beeinflusst und führen zu deutlich schlechteren Lernergebnissen.

7.1.2. Variation der Filterparameter

Bisher wurde im Rahmen der Gewinnung der Gabor-Merkmale den verschiedenen Parametern wenig Beachtung geschenkt und lediglich auf Standard-Einstellungen aus der Literatur zurückgegriffen. Es erscheint jedoch sinnvoll, insbesondere die Anzahl der verschiedenen Richtungen und Skalierungen der eingesetzten Wavelets zu variieren und die Ergebnisse experimentell zu überprüfen.

Bevor die Lernergebnisse nach Modifikation der genannten Parameter vorgestellt werden, sollen zunächst die Hintergründe dieser Überlegung kurz erläutert werden.

Da die extrahierten Merkmale durch die Wahl der Filterparameter $\sigma_{x,s,o}$ und $\sigma_{y,s,o}$ auf einer multiskalaren Zerlegung des Bildmaterials basieren und durch diese Transformation

unabhängig von der gewählten Anzahl der Skalierungen und Orientierungen keine Bildinformationen verloren gehen, beschreiben die verschiedenen Gabormerkmale bereits das vollständige Bild. Durch die Veränderung der Anzahl der Skalierungen und Orientierungen können somit zwar keine neuen Informationen gewonnen werden, doch sie können in einer u.U. geeigneteren Form repräsentiert werden.

Eine Inkrementierung der Parameter s und o hat zur Folge, dass die Frequenzen des Ursprungsbildes in eine größere Anzahl verschiedener kleinerer Frequenzbereiche voneinander separiert werden. Sollten sich zur Klassifikation geeignete Bildeigenschaften auf kleinste Frequenzbereiche beschränken, könnte es sich als vorteilhaft erweisen, das Bildmaterial mit einer höheren Anzahl von Basiswavelets zu transformieren. Da die Gabormerkmale die einzelnen Zerlegungskomponenten beschreiben, könnte hierdurch ermöglicht werden, genau die relevanten Frequenzbereiche von uninteressanten Frequenzen zu trennen und somit klarere Informationen für die Klassifikation bereitzustellen.

Die Versuche zur Überprüfung verschiedener Skalierungen und Orientierungen erfolgen auf zwei verschiedenen Eingabemengen. Um den Einfluss der veränderten Parameter besser beobachten zu können, werden in einer ersten Versuchsreihe lediglich die Gabormerkmale als Attribute der Beispiele eingesetzt und mittels der z -Transformation skaliert. In einer zweiten Versuchsreihe werden hingegen alle Bildmerkmale als Eingabemenge genutzt, um die Ergebnisse mit vorangegangenen Experimenten vergleichen zu können. Die gesamte Vorgehensweise der zweiten Versuchsreihe entspricht hierbei derer aus Abschnitt 6.5.2, lediglich auf eine zusätzliche 0-1-Normalisierung der Daten wird verzichtet, da nur marginale Unterschiede zwischen beiden Normalisierungsfunktionen in vorangegangenen Experimenten entstanden.

Die Ergebnisse beider Versuchsreihen sind in den Tabellen 7.4 und 7.3 zusammengefasst. Es zeigt sich, dass unter Einbezug aller Merkmale die Ergebnisse durchschnittlich nur geringfügig durch die Parameterveränderungen beeinflusst werden.

Gabor-Merkmale

Der Einfluss der verschiedenen Parameterkombinationen wird hingegen nach den Ergebnissen der ersten Versuchsreihe bei ausschließlicher Nutzung der Gabor-Merkmale deutlicher. Es zeigt sich, dass durch die Zerlegung der Frequenzinformationen des Bildmaterials anhand 5 verschiedener Skalierungen und 6 Orientierungen die Klassifikationsgüte deutlich gesteigert werden kann. Insbesondere werden die subtilen Mikroverkalkungen deutlich besser als in allen vorangegangenen Experimenten mit einer Sensitivität von 92.65% erkannt.

Offensichtlich werden durch die ausschließliche Nutzung einer Merkmalsgruppe, in diesem Fall die der Gabor-Merkmale, die für die Klassifikation geeignetesten Informationen bereitgestellt. Da die Auswahl der Gabor-Merkmale einer manuellen Merkmalsselektion entspricht, stellt sich die Frage, warum durch die in Abschnitt 6.5.1 vorgestellten Merkmalsselektionsverfahren keine vergleichbaren Ergebnisse (bzgl. der erstgewählten Parameter $s = 4$ und $o = 4$) erzielt werden konnten.

Die Erklärung hierfür liegt bei Betrachtung der Vorgehensweise der Vorwärtsselektion und Rückwärtselimination der Merkmale jedoch auf der Hand. Bezüglich der Vorwärtsselektion werden in jedem Iterationsschritt lediglich die k zu diesem Zeitpunkt besten Merkmalsmengen ausgewählt und um ein weiteres Merkmal ergänzt, die anderen Merk-

malsmengen werden nicht weiter verfolgt. Sollten nun einzelne Merkmale, z.B. ein Teil der Haralick-Merkmale, anfänglich die besten Klassifikationsergebnisse erzielen, werden diese mit in die ausgewählten besten Merkmalsmengen übernommen und der Weg für die ausschließliche Nutzung der Gabor-Merkmale wird versperrt. Auf die Rückwärtselimination lassen sich ähnliche Überlegungen übertragen.

Anhand der vorliegenden Ergebnisse kann geschlossen werden, dass durch die multiskalare Zerlegung des Bildmaterials mittels 30 verschiedener Gabor-Wavelets bei Nutzung der Parameter $s = 5$ und $o = 6$ die Frequenzeigenschaften subtiler Mikroverkalkungen für die spätere Klassifikation bestmöglich beschrieben werden können.

7.1.3. Haralickmerkmale nach Größenvariation der ROIs

Nachdem im vorangegangenen Abschnitt die ausschließliche Nutzung der Gabor-Merkmale zu vielversprechenden Ergebnissen führte, sollen in diesem Abschnitt zur Überprüfung der Aussagekraft der Haralickmerkmale bei Mammographiebildern diese ebenfalls separat auf ihre Eignung überprüft werden. Anknüpfend an die visuelle Beurteilung der Merkmalsbilder aus Abschnitt 5.6 sollen weiterhin verschiedene Größen der genutzten Bildausschnitte getestet werden. Insbesondere führte eine verkleinerte Fenstergröße bei der Erstellung der Merkmalsbilder (speziell bei dem Haralickmerkmal Kontrast) zu einer Hervorhebung von im Bildmaterial enthaltenen Mikroverkalkungen. Es stellt sich daher die Frage, inwieweit die Aussagekraft der Haralickmerkmale durch eine Verkleinerung der ROIs beeinflusst wird.

Von einer Verkleinerung der ROI-Größe bei der Extraktion der Gabor-Merkmale wird jedoch abgesehen. In den in Abschnitt 6.3 durchgeführten Experimenten wurden bereits durch die Hanning-Fensterung vor der Rahmenskalierung indirekt verkleinerte ROIs bei den Gabor-Merkmalen eingesetzt, die Klassifikationsergebnisse fielen im Vergleich zur Hanning-Fensterung nach der Skalierung schlechter aus.

Wie in Abschnitt 7.1.2 wurden unter Nutzung verschiedener ROI-Auflösungen ebenfalls zwei Versuchsreihen durchgeführt. Bei Versuchsreihe 1 dienten lediglich die mittels z-Transformation normierten Ausprägungen der Haralickmerkmale als Eingabe für die SVM, Versuchsreihe 2 entsprach wiederum der Vorgehensweise aus Abschnitt 6.5.2. Die Ergebnisse sind in den Tabellen 7.7 und 7.6 zusammengefasst.

Es zeigt sich, dass die Verringerung der ROI-Größen geringe bis keine Auswirkungen auf den Lernerfolg bei Einsatz aller Merkmale hat. Wie in den vorangegangenen Experimenten mit unterschiedlichen Gabor-Merkmalen wird der Einfluss modifizierter Haralickmerkmale erst auf der separaten Nutzung dieser Merkmalsgruppe deutlich. Die Ergebnisse zeigen, dass sich für die vorliegenden Bilddaten eine ROI-Größe von 40×40 Pixeln bzgl. der anderen untersuchten Größen am besten eignet.

Weiterhin wird anhand der Ergebnisse bei ausschließlicher Nutzung der Haralickmerkmale deutlich, dass sich die Gruppe der Gabor-Merkmale im Vergleich zu den Haralickmerkmalen besser zur Beschreibung subtiler Mikroverkalkungen eignet. Folgende Erklärung hierfür ist naheliegend.

Haralickmerkmale basieren lediglich auf Informationen des Ortsbereichs, also Intensitätswerten der Pixel. Hierbei fasst ein einzelnes Haralickmerkmal alle im Bild enthaltenen Pixelinformationen basierend auf den GLCMs komprimiert zusammen, wodurch relevante Informationen verloren gehen können, da bereits in den GLCMs lediglich alle im Bild ent-

haltenen Kombinationen der Intensitätswerte benachbarter Pixel erfasst werden, jedoch keine räumliche Zuordnung erhalten bleibt. Des Weiteren haben subtile Mikroverkalkungen die Eigenschaft, sich nur äußerst geringfügig vom umgebenden Gewebe abzuheben, wodurch bedingt sie sich optisch nur schwer von gesundem Gewebe unterscheiden. Da Haralickmerkmale ähnlich einem menschlichen Betrachter die Bildmerkmale basierend auf Bildinformationen des Ortsbereichs charakterisieren, sind hierdurch ebenfalls entstehende Schwierigkeiten erklärbar.

Ein einzelnes Gabor-Merkmal hingegen beschreibt nur einen Teil aller im Bild enthaltenen Frequenzinformationen mit bestimmten Richtungen und kann somit Bildinformationen deutlich präziser beschreiben. Weiterhin werden auch bei nur geringen Intensitätsunterschieden die hierdurch im Bild enthaltenen Frequenzen erfasst, lediglich die Amplituden dieser Frequenzen fallen im Vergleich zu deutlicheren Helligkeitsunterschieden geringer aus.

Die erläuterten Überlegungen sollen anhand der Klassifikation offensichtlicher Mikroverkalkungen überprüft werden. Zunächst werden jeweils die Haralickmerkmale bei einer ROI-Größe von 40×40 Pixeln und die Gabor-Merkmale mit 5 Skalierungen und 6 Orientierungen extrahiert. Das Training der SVM mit RBF-Kern wurde auf beiden Merkmalsgruppen nach z-Transformation der Daten durchgeführt, die Testergebnisse sind in Tabelle 7.5 dargestellt.

Die Ergebnisse verdeutlichen erneut die unterschiedlichen Eigenschaften der Datensätze A und B. Im Gegensatz zu subtilen Mikroverkalkungen zeigt sich nun kein ausgeprägter Unterschied zwischen der Gruppe der Haralickmerkmale und den Gabor-Merkmalen. Im Vergleich der Ergebnisse unter Nutzung der Gabor-Merkmale fällt die Klassifikationsgenauigkeit auf Datensatz B nur geringfügig besser aus als jene auf Datensatz A, was sich durch die vorangegangenen Überlegungen erklären lässt.

Prinzipiell ähneln sich Mikroverkalkungen in ihrem Aussehen, im vorliegenden Fall variieren lediglich die Subtilitätsstufen. Mikroverkalkungen sind allgemein einfacher zu erkennen, wenn sie sich von ihrem umgebenden Gewebe deutlich abheben, dementsprechend können sie häufig einfacher in fettreichem Brustgewebe erkannt werden, da dieses im Gegensatz zu Mikroverkalkungen eine hohe Strahlendurchlässigkeit aufweist. In einem Bild zeigt sich dies durch höhere Intensitätsdifferenzen der einzelnen Pixel der Mikroverkalkungen im Verhältnis zu den Pixeln aus benachbartem Gewebe. Da im Frequenzspektrum die absoluten Intensitätsdifferenzen jedoch an Bedeutung verlieren, können sowohl subtile als auch offensichtliche Mikroverkalkungen mithilfe der Gabor-Merkmale erkannt werden. Lediglich die Amplituden der jeweiligen Frequenzen unterscheiden sich aufgrund der Intensitätsunterschiede im Ortsbereich.

7.1.4. Histogrammanpassungen

In den vorangegangenen Experimenten wurde deutlich, dass sowohl mittels Gabormerkmalen (Frequenzbereich) als auch durch Haralickmerkmale (Ortsbereich) Mikroverkalkungen charakterisiert werden können. Während auf den Datensätzen A und B weitestgehend vergleichbare Lernergebnisse anhand von Frequenzinformationen erreicht werden konnten, erwiesen sich Haralickmerkmale zur Beschreibung subtiler Mikroverkalkungen als problematisch. Dies galt jedoch nicht für die Beschreibung offensichtlicher Mikrover-

kalkungen aus Datensatz B.

In abschließenden Versuchen wurde daher überprüft, inwieweit das Bildmaterial aus Datensatz A durch Bildverbesserungstechniken derart modifiziert werden kann, so dass ermöglicht wird, mittels Haralickmerkmalen die verkalkten Geweberegionen besser zu beschreiben. Zur Bildverbesserung wurden die beiden in Abschnitt 3.1.2 vorgestellten Verfahren zur Histogrammanpassung genutzt und innerhalb eines RM-Prozesses der Merkmalsextraktion vorgeschaltet. Als ROI-Größe wurde die für das Bildmaterial geeigneteste Größe (in Bezug auf Haralickmerkmale) von 40×40 Pixeln gewählt.

Die Ergebnisse zeigen, dass mit den beiden gewählten Bildverbesserungstechniken keine Verbesserung erzielt werden kann. Mittels der Histogrammglättung konnte zwar die Sensitivität des Modells gesteigert werden, gleichzeitig führte die Modifikation des Bildmaterials jedoch zu einer Verringerung der positiven Prädiktivität und somit zu einer größeren Anzahl an falsch-positiv klassifizierten Beispielen.

7.2. Analysephase

In den vorangegangenen Abschnitten und Kapitel 6 wurden im Rahmen der Lernphase mithilfe verschiedener Ansätze Klassifikationsmodelle erlernt und evaluiert. Abschließend soll nun ein Klassifikationsmodell auf zwei vollständigen Mammographieaufnahmen mit dem Ziel angewandt werden, subtile Mikroverkalkungen zu erkennen und im Bild zu markieren. Im folgenden Abschnitt wird zunächst der Aufbau der Analysephase erläutert, bevor die entstandenen Resultate dargestellt werden.

7.2.1. Aufbau

Das Ziel der Analysephase besteht in der Untersuchung einer vollständigen Mammographieaufnahme auf subtile Mikroverkalkungen und der Markierung erkrankter Gewebeareale. Als Eingabe dient eine vollständige Mammographieaufnahme, die Ausgabe stellt die markierte Mammographieaufnahme dar, in welcher diejenigen Bildregionen, welche vom Klassifikationsmodell als Mikroverkalkung erkannt werden, farblich hervorgehoben werden.

Der Aufbau der Analysephase soll nun anhand des Prozessaufbaus innerhalb von RM erläutert werden, Abbildung 7.1 illustriert die ausgewählte Prozesskette.

Bild laden

Eine vollständige Mammographieaufnahme wird mittels des Operators "ImagePixelsToMatrix" geladen und intern als Matrixobjekt gehalten. Durch den Einsatz eines Matrixobjektes kann hierbei gewährleistet werden, eine einheitliche Datenstruktur für die verschiedenen Bildverarbeitungsoperatoren zur Verfügung zu stellen.

Fensterung

Der Operator "MatrixWindowing" erhält als Eingabe das Bilddaten enthaltende Matrixobjekt und stellt den Kern der Bildanalyse dar.

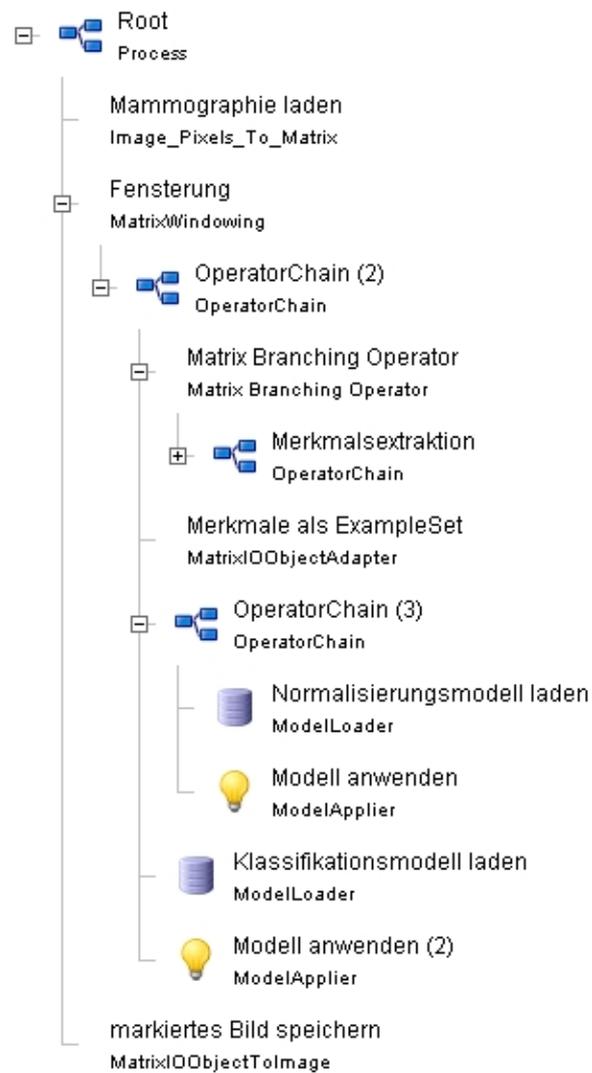


Abbildung 7.1.: RM-Prozessaufbau der Analysephase.

Im Rahmen der Lernphase wurden manuell verschiedene Bildausschnitte aus den Mammographiebildern entnommen, welche anschließend als Eingabe für die Merkmalsextraktion dienen. Dieses Schema wird ebenfalls für die Analyse einer vollständigen Mammographieaufnahme benötigt. Aus diesem Grund ist es notwendig, automatisiert die verschiedenen Bildregionen aus der Originalaufnahme zu gewinnen, um anschließend ebenfalls die während der Lernphase genutzten Bildmerkmale extrahieren zu können.

Hierfür "scannt" die Fensterung das gegebene Matrixobjekt mit einem Fenster ab. An jeder Fensterposition werden diejenigen Matrixelemente, welche innerhalb des Fensters liegen, in ein neues Matrixobjekt kopiert und den folgenden inneren Operatoren bereitgestellt. Hierbei entspricht die Fenstergröße der im Rahmen der Lernphase gewählten Größe der manuell gewonnenen Bildausschnitte, wodurch eine einheitliche Vorgehensweise gewährleistet wird. Sowohl die Schrittweite des Fensters als auch die Fenstergröße können dem Fensterungsoperator als Parameter innerhalb von RM übergeben werden.

In jedem Iterationsschritt, also an jeder Fensterposition, wird der Fensterinhalt als Matrixobjekt an die folgenden inneren Operatoren bzw. Operatorketten übergeben:

Merkmalsextraktion Die Merkmalsextraktion ist bereits aus Kapitel 6 bekannt. Da in Abhängigkeit der verschiedenen ausgewählten Merkmalstypen die Matrixinhalte durch Transformationen verändert werden, wird den eigentlichen Operatoren zur Merkmalsextraktion der Operator "MatrixBranchingOperator" vorgeschaltet, welcher für jeden inneren Operator, also jeden Merkmalstyp, eine Kopie des ursprünglichen Matrixobjektes bereitstellt. Die verschiedenen berechneten Merkmale werden anschließend als Eigenschaft an das Original-Matrixobjekt angehängt, welches nach erfolgter Merkmalsextraktion aller extrahierten Merkmale die Ausgabe darstellt.

MatrixIOObjectAdapter Nachdem die unterschiedlichen Merkmale eines Bildausschnittes extrahiert wurden, werden diese als Eingabe für verschiedene im folgenden vorgestellte Modelle benötigt. Da RM-Modelle als Eingabe Objekte vom Typ "ExampleSet" benötigen, ist es erforderlich, die extrahierten Merkmale ebenfalls als ExampleSet bereitzustellen. Hierzu dient der Operator "MatrixIOObjectAdapter", welcher die Merkmalsausprägungen, um welche das Matrixobjekt ergänzt wurde, ausliest und als einzelnes Beispiel in Form eines ExampleSets übergibt.

Modelle anwenden Im Zuge der Lernphase wurden unterschiedliche Modelle erlernt und eingesetzt, hierzu gehören sowohl die Modelle der Datenvorverarbeitung, also Normalisierungsmodelle und Modelle der PCA, als auch die eigentlichen Klassifikationsmodelle. In Abhängigkeit der gewählten Vorgehensweise während der Lernphase werden diese Modelle geladen und auf das Beispiel des ExampleSets angewandt. Das letzte Modell in dieser "Modellkette" stellt das Klassifikationsmodell dar. Dieses stellt als Ausgabe das Beispiel der Eingabe bereit, welches um den ermittelten Vorhersagewert, also "normales Gewebe" oder "Mikrokalk", ergänzt wurde.

Fensterinhalte markieren

Nach Anwendung des letzten Modells werden die Ergebnisse zurück an die Fensterung übergeben. Basierend auf dem durch das Klassifikationsmodell bereitgestellten Vorhersagewert wird im letzten Schritt innerhalb einer Iteration der Fensterung der ausgewählte Bildbereich des vollständigen Mammographiebildes farblich markiert, sofern ein positiver Vorhersagewert, also "Mikrokalk vorhanden", vorliegt. Anschließend wird das Fenster um die angegebene Schrittweite verschoben und die verschiedenen Schritte werden wiederholt.

7.2.2. Modellauswahl

Im vorangegangenen Abschnitt wurde deutlich, dass die Fensterung inklusive ihrer inneren Operatoren den Kern der Bildanalyse darstellt. Hierbei wird auf Ergebnisse der Lernphase zurückgegriffen. Die Analysephase stellt somit lediglich eine Anwendung der im Rahmen der Lernphase ermittelten Ergebnisse dar.

In den vorangegangenen Abschnitten wurden für die Lernphase verschiedenste Experimente durchgeführt, die vielversprechendsten Resultate konnten hierbei unter ausschließlicher Nutzung der Gabor-Merkmale erzeugt werden. Folglich sollten für eine vollständige Bildanalyse ebenfalls nur die Gabor-Merkmale mit 5 Skalierungen und 6 Orientierungen eingesetzt werden und das während der Lernphase ermittelte Modell eingesetzt werden. Zusätzlich wird das durch die z-Transformation bereitgestellte Modell benötigt, um die extrahierten Merkmale wie in der Lernphase zu skalieren.

7.2.3. Markierte Mammographiebilder

Für die Analysephase werden zwei bis dahin ungenutzte Mammographieaufnahmen mit subtilen Mikroverkalkungen in unterschiedlichen Gewebearten eingesetzt. Die erste Mammographieaufnahme entspricht der linken Aufnahme in CC-Ansicht des DDSM-Falles 1108, wobei das Brustgewebe dem ACR-Typ 1 entspricht, also eine hohe Strahlendurchlässigkeit aufweist. Die zweite Mammographieaufnahme wurde aus dem DDSM-Fall 1907 entnommen (rechte Aufnahme in CC-Ansicht), das Gewebe ist wenig strahlendurchlässig und entspricht ACR-Typ 4. In den Abbildungen B.1 und B.4 (siehe Anhang B) sind die eingesetzten Bilder dargestellt. Die verkalkten Gewebereiche (in den Abbildungen B.2 und B.5 zur Veranschaulichung markiert und vergrößert) stellen in beiden Fällen nur kleinste Regionen dar, wobei sich der Mikrokalk des DDSM-Falles 1108 in strahlendurchlässigem Gewebe befindet, bei DDSM-Fall 1907 hingegen in sehr dichtem Gewebe. Trotz der hohen Strahlendurchlässigkeit des Gewebes im Fall 1108 sind die Verkalkungen aufgrund ihrer Lage nur sehr schwierig zu erkennen, da sie sich unmittelbar neben einem begrenzten Gewebereich sehr hoher Dichte befinden.

Vorverarbeitung

In einem manuellen Vorverarbeitungsschritt wurden bei den genutzten Aufnahmen die enthaltenen Patientendaten per Hand aus den Bildern ausgeschnitten und überflüssige schwarze Randbereiche entfernt, um die Bildgröße zu reduzieren. Weiterhin wurde der gesamte verbleibende Hintergrund unter Nutzung des automatischen Selektionstools des

Bildverarbeitungsprogramms "Gimp" einheitlich auf reines Schwarz reduziert. Hierdurch bedingt kann der Hintergrund per Threshold von der Bildanalyse ausgeschlossen werden, indem für jeden Fensterinhalt die durchschnittlichen Intensitätswerte ermittelt werden. Bei einer Durchschnittsintensität <5 wird die jeweilige Fensterposition übersprungen, wodurch unnötiger Berechnungsaufwand vermieden werden kann.

Resultate

Die Ergebnisse der vollständigen Bildanalysen sind mit den dazugehörigen Originalaufnahmen und den manuell vorverarbeiteten (und zur Veranschaulichung in dieser Arbeit weiss markierten) Bildern in den Abbildungen B.1 bis B.6 in Anhang B dargestellt. Alle rot markierten Regionen wurden vom Klassifikationsmodell als Mikroverkalkungen erkannt, die übrigen Geweberegionen wurden als normales Gewebe klassifiziert.

Da die analysierten Aufnahmen relativ viele falsch-positive Treffer beinhalten, ist anhand der roten Markierungen nicht zu erkennen, welche Regionen tatsächlich Mikroverkalkungen repräsentieren und welche Bereiche falsch-positive Treffer darstellen. Aus diesem Grund wurden zur Vereinfachung die analysierten Bilder nachträglich bearbeitet, indem die Farbe verschiedener durch die Bildanalyse markierter Regionen verändert wurde (siehe Abbildungen 7.2 und 7.3). Weiterhin fielen bei näherer Betrachtung der innerhalb des Brustgewebes fehlklassifizierten Regionen verschiedene Ursachen und Zusammenhänge auf. Aus diesem Grund wurde die Farbe weiterer rot markierter Regionen ebenfalls verändert, um die Überschaubarkeit zu vereinfachen. Im Folgenden sollen die verschiedenen markierten Regionen näher erläutert werden und mögliche Ursachen für die falsch-positiven Treffer dargelegt werden.

Subtile Mikroverkalkungen

Die im Bildmaterial enthaltenen Mikroverkalkungen wurden durch die Bildanalyse rot markiert und somit als Mikroverkalkungen erkannt. In den nachbearbeiteten Bildern ist diesen Regionen nachträglich die Farbe Grün zugeordnet worden, um sie besser von falsch-positiven Treffern unterscheiden zu können.

Probleme

Bei Betrachtung der analysierten Bilder werden zwei Probleme deutlich. Insbesondere die Randbereiche, also die Übergänge vom Brustgewebe zum Hintergrund, werden einheitlich als Mikroverkalkungen erkannt und dementsprechend falsch klassifiziert. Das zweite Problem besteht in den zahlreichen falsch-positiven Treffern, welche auch innerhalb des Brustgewebes zu erkennen sind. Bei genauerer Betrachtung der verschiedenen falsch-positiven Regionen innerhalb des Brustgewebes wird jedoch deutlich, dass sich ihnen verschiedenen Ursachen zuordnen lassen.

Unbekannte Randbereiche: Besonders auffällig erscheinen die fehlklassifizierten Randbereiche. Da diese kein Bestandteil der genutzten Bildausschnitte normalen Gewebes während der Lernphase waren, sind die Bildeigenschaften der Randbereiche dem Lerner unbekannt. Die anteiligen Frequenzen innerhalb der Regionen der Randbereiche weisen offensichtlich ähnlichere Eigenschaften zu Gewebe mit

Mikroverkalkungen auf als gesunde Geweberegionen, so dass diese Bereiche als Mikroverkalkungen interpretiert werden.

Unbekannte Gewebestruktur: Während der Lernphase wurden jeweils 68 Bildausschnitte normalen Gewebes und 68 Ausschnitte verkalkten Gewebes eingesetzt, was einer Gleichverteilung beider Mengen entspricht. In der Realität besteht jedoch nur ein sehr geringer Anteil des gesamten Gewebes aus verkalkten Regionen. Weiterhin bestehen in gesundem Brustgewebe z.T. große Unterschiede, so dass durch die Wahl von nur 68 verschiedenen Ausschnitten normaler Bildregionen zu wenige Gewebeeigenschaften gesunden Gewebes erfasst wurden. Insbesondere wurden linienförmige Strukturen fälschlicherweise als Mikroverkalkungen interpretiert, diese Regionen wurden auf den modifizierten Analysebildern in der Farbe Orange hervorgehoben.

Bildfehler: Zahlreiche der fehlklassifizierten Bildregionen beinhalten Bildfehler in Form kleinster weißer "Punkte", welche eine optische Ähnlichkeit zu Mikroverkalkungen aufweisen. Diese Regionen werden auf den veränderten Analysebildern in der Farbe Blau dargestellt.

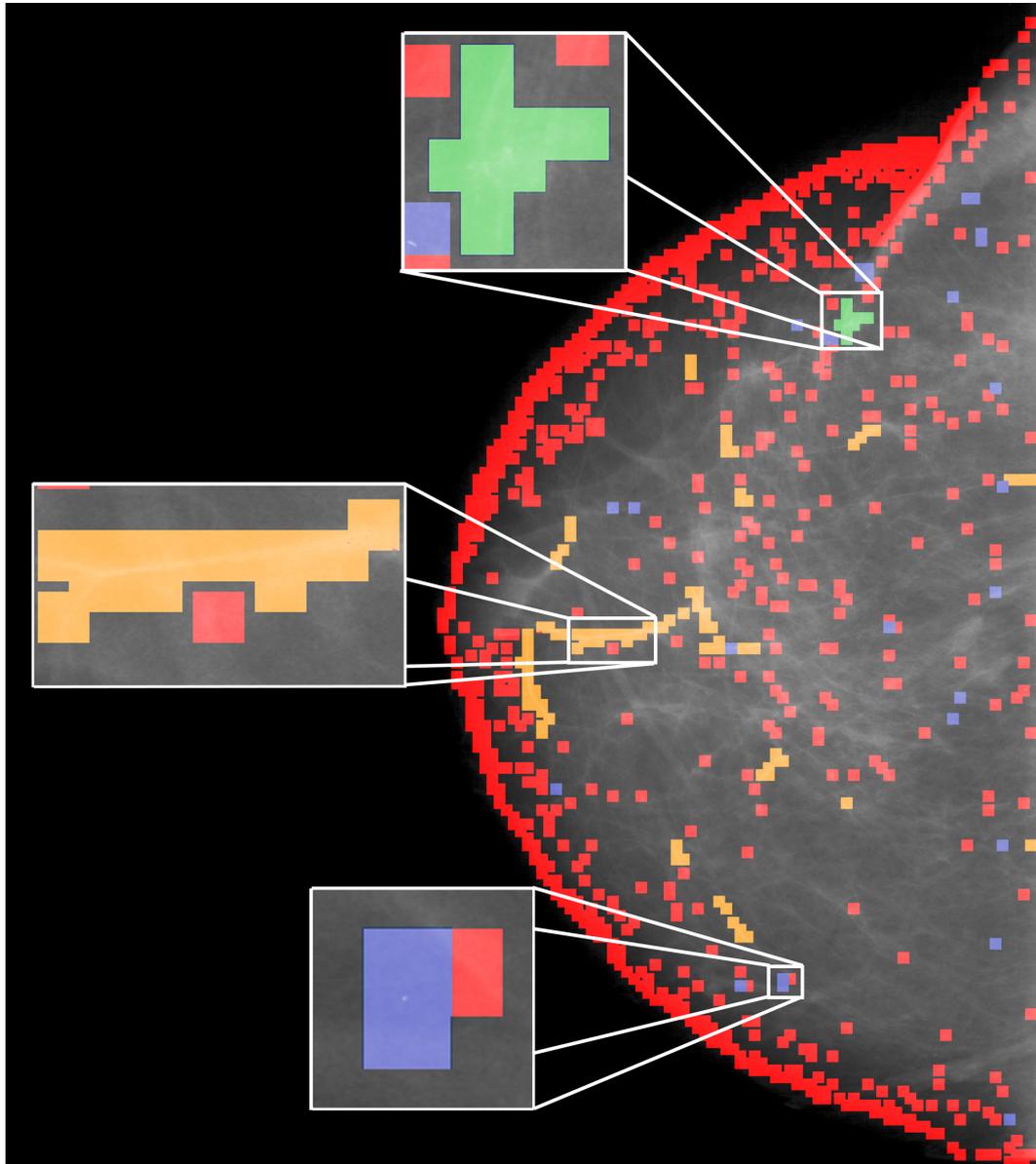


Abbildung 7.2.: Analyierte und nachbearbeitete Mammographief Aufnahme zur farblichen Unterscheidung verschiedener falsch-positiver Regionen. Die grün eingefärbte Region beinhaltet subtile Mikroverkalkungen, blau gefärbte Regionen stellen Bildfehler dar und orangefarbene Regionen beinhalten Gewebe mit linienförmigen Strukturen.

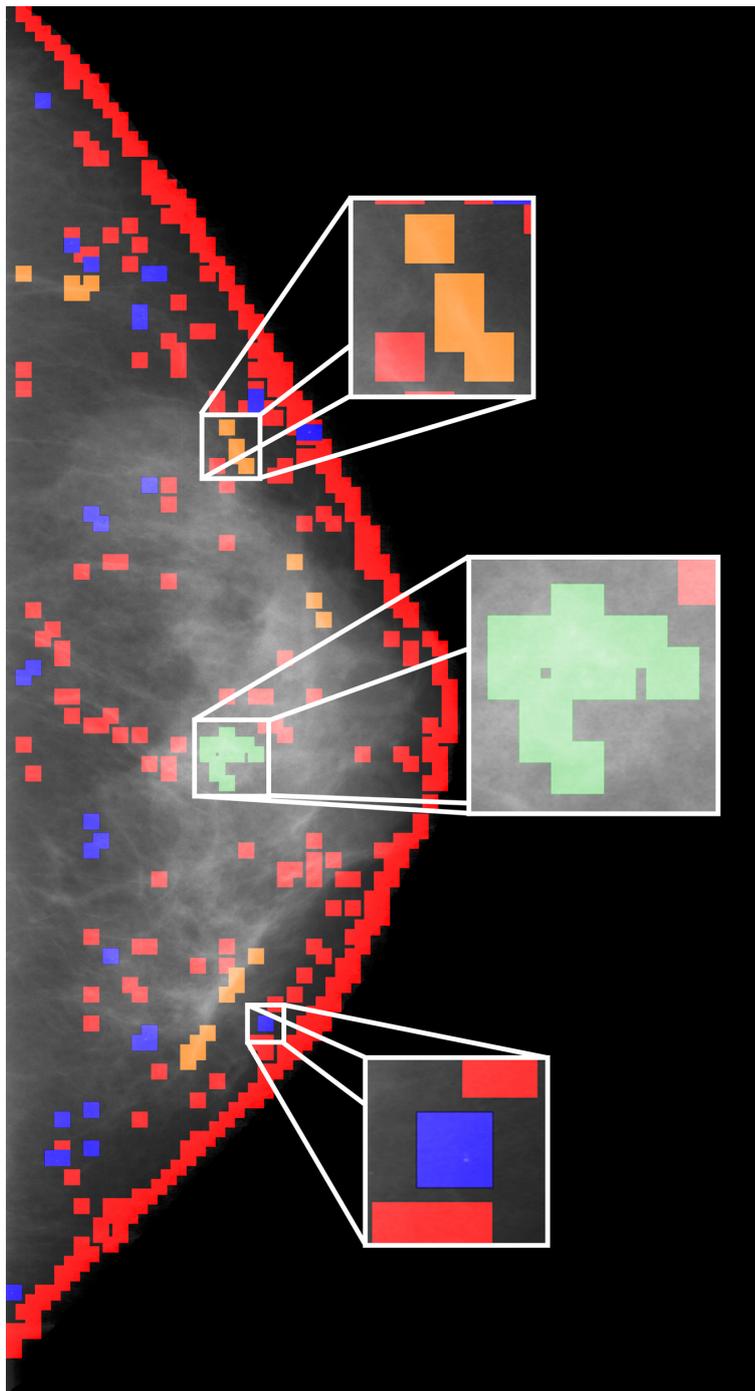


Abbildung 7.3.: Analytierte und nachbearbeitete Mammographieaufnahme zur farblichen Unterscheidung verschiedener falsch-positiver Regionen. Die grün eingefärbte Region beinhaltet subtile Mikroverkalkungen, blau gefärbte Regionen stellen Bildfehler dar und orangefarbene Regionen beinhalten Gewebe mit linienförmigen Strukturen.

		<i>keine Norm.</i>	<i>0-1 Norm. alle</i>	<i>0-1 Norm. je Fall</i>
Fall A	normal 1	17	0.33	0
	normal 2	19	0.41	0.11
	normal 3	20	0.44	0.16
	Mikrokalk	35	1	1
Fall B	normal 1	8	0	0
	normal 2	9	0.4	0.33
	normal 3	8	0	0
	Mikrokalk	11	0.11	1
Fall C	normal 1	13	0.19	0.2
	normal 2	12	0.15	0
	normal 3	14	0.22	0.4
	Mikrokalk	17	0.33	1

Tabelle 7.1.: Vereinfachtes Beispiel zum Vergleich verschiedener Vorgehensweisen bei der Normalisierung der Merkmalsausprägungen anhand des Merkmals Kontrast. Rot markiert sind jeweils die drei höchsten Kontrastwerte über die gesamte Beispielmenge betrachtet.

Norm.	SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ
0-1 norm.	78.95	70.69	72.58	77.36	74.70 (+-13.54)	3484.44	0.00586
z-trans.	67.24	39.66	52.70	54.76	53.33 (+-9.71)	0.889	0.00324

Tabelle 7.2.: Lernergebnisse nach bildgebundener Normalisierung mittels der z-Transformation und der 0-1-Normalisierung unter Einsatz eines RBF-Kerns und vorangegangener Hauptkomponentenanalyse.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ	s × o
82.09	83.33	83.33	82.09	82.69 (+-4.89)	1056	0.002	5 × 5
83.58	89.39	88.89	84.09	86.26 (+-9.05)	140.4	0.0198	6 × 6
80.60	87.88	87.10	81.69	84.12 (+-5.52)	901.33	0.00123	7 × 7
77.61	83.33	82.54	78.57	80.44 (+-6.11)	384.8	0.00838	4 × 5
83.58	86.36	86.15	83.82	84.84 (+-8.44)	1267.5	0.00424	4 × 6
85.07	90.91	90.48	85.71	87.86 (+-6.28)	7600	0.00068	5 × 6

Tabelle 7.3.: Lernergebnisse nach Parameteroptimierung durch Kombination unterschiedlicher Skalierungen s und Orientierungen o der Gabor-Transformation bei der Berechnung der Gabor-Merkmale.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ	$s \times o$
86.57	87.88	87.88	86.57	87.14 (+-6.07)	86.0444	0.001	4×4
83.58	81.82	82.35	83.08	82.58 (+-7.77)	34.8444	0.001	5×5
82.09	92.42	91.67	83.56	87.09 (+-7.09)	11.3778	0.00205	6×6
82.09	87.88	87.30	82.86	84.95 (+-5.84)	71.111	0.0005	4×5
86.57	87.88	87.88	86.57	87.14 (+-6.07)	32.0	0.003125	4×6
82.09	87.88	87.30	82.86	84.84 (+-7.01)	12.5	0.003125	4×7
92.65	91.18	91.30	92.54	91.87 (+-6.13)	2.845	0.00732	5×6
76.12	84.85	83.61	77.78	80.38 (+-5.08)	12.5	0.003125	5×7

Tabelle 7.4.: Lernergebnisse nach Parameteroptimierung unter Nutzung der Gabor-Merkmale basierend auf unterschiedlichen Skalierungen und Orientierungen ohne andere Merkmalsgruppen.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ	Merkmale
94.12	92.65	92.75	94.03	93.35 (+-5.2)	31.11	0.0022	Haralick
92.65	94.12	94.03	92.75	93.24 (+-5.37)	3764.44	0.00712	Gabor

Tabelle 7.5.: Lernergebnisse auf Datensatz B bei separater Nutzung der Haralickmerkmale und Gabor-Merkmale.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ	ROI-Größe
85.07	87.88	87.69	85.29	86.43 (+-6.27)	100	0.0362	30×30
85.07	87.88	87.69	85.29	86.43 (+-6.27)	81	0.00216	35×35
88.06	87.88	88.06	87.88	87.91 (+-7.08)	64.8	0.064	40×40
88.06	87.88	88.06	87.88	87.86 (+-6.28)	99.2	0.05	45×45

Tabelle 7.6.: Lernergebnisse nach Größenanpassung der ROIs (Angaben in Pixeln) bei der Merkmalsextraktion der Haralickmerkmale.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ	ROI-Größe
76.12	81.82	80.95	77.14	78.79 (+-7.50)	1800	0.00178	35×35
79.10	81.82	81.54	79.41	80.49 (+-9.01)	4355.55	0.004	40×40
76.12	77.27	77.27	76.12	76.87 (+-9.16)	2151.11	0.00711	45×45
71.64	77.27	76.19	72.86	74.56 (+-7.78)	3048.889	0.00225	50×50

Tabelle 7.7.: Lernergebnisse nach Größenanpassung der ROIs (Angaben in Pixeln) bei ausschließlichem Einsatz der Haralickmerkmale als Attribute.

SE	SP	PPT	NPT	Accuracy	C	γ	Verfahren
83.58	75.76	77.78	81.97	79.56 (+-8.98)	3111.11	0.0071	Glättung
77.61	74.24	75.36	76.56	76.04 (+-6.02)	7000	0.00154	Spreizung

Tabelle 7.8.: Lernergebnisse nach Histogrammanpassungen der ROIs bei ausschließlichem Einsatz der Haralickmerkmale als Attribute auf Datensatz A.

8. Zusammenfassung und Ausblick

In diesem Kapitel werden zunächst die Ergebnisse dieser Arbeit in kurzer Form zusammengefasst und Stärken und Schwächen des entwickelten Verfahrens aufgezeigt. Anschließend wird ein Ausblick über die vorliegende Thematik gegeben und verschiedene Erweiterungsmöglichkeiten und andere mögliche Anwendungsgebiete erläutert.

8.1. Zusammenfassung

In dieser Arbeit wurde deutlich, dass die Entwicklung eines CAD-Systems zur vollständigen Auswertung von Mammographiebildern eine äußerst vielschichtige Problematik darstellt. Neben der Erkennung zahlreicher Läsionsarten, -typen und -ausprägungen werden weiterhin Lösungen sekundärer Probleme benötigt, hierzu zählen beispielsweise die Integration unterschiedlicher Gerätestandards und die Behandlung gewebeunabhängiger Bildinformationen.

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurde ein Verfahren zur Lösung eines Teilproblems, die Erkennung subtiler Mikroverkalkungen, behandelt. Hierbei wurde im Vergleich zu bestehenden Ansätzen zur allgemeinen Erkennung von Mikroverkalkungen unabhängig von den jeweiligen Subtilitätsstufen bewusst ein alternativer Ansatz gewählt. Anstatt zunächst mittels Bildfilterungstechniken gesundes Brustgewebe und irrelevante Bildbereiche herauszufiltern und lediglich die verbliebenen Bildsignale auf Mikroverkalkungen zu überprüfen, wurde in dieser Arbeit auf eine anfängliche Bildfilterung verzichtet. Diese Vorgehensweise hatte zum Ziel, keine eventuell wichtigen Bildinformationen, also subtile Mikroverkalkungen, bereits in einem ersten Schritt, der Bildfilterung, zu verlieren. Stattdessen wurden Teilbilder zur Repräsentation gesunden Gewebes und Regionen mit subtilen Mikroverkalkungen manuell gewonnen.

Klassifikation durch maschinelles Lernen

Die Unterscheidung von subtilen Mikroverkalkungen und gesundem Gewebe wurde als Klassifikationsaufgabe aufgefasst, deren Lösung mithilfe der Stützvektormethode (SVM), einem Verfahren aus dem Bereich des maschinellen Lernens, umgesetzt wurde. Durch Wahl angemessener Bildmerkmale zur Beschreibung der verschiedenen Bildausschnitte gelang es, mittels SVMs unterschiedliche Klassifikationsmodelle zur Unterscheidung gesunden Gewebes von subtilen Mikroverkalkungen zu trainieren.

Im Zuge zahlreicher Experimente wurden verschiedene Variationen der Eingabemenge auf ihre Eignung überprüft. Speziell die in Abschnitt 7.1.2 durchgeführten Versuche zur Ermittlung geeigneter Filterparameter der Gabor-Merkmale erwiesen sich als besonders aufschlussreich. Es bestätigte sich die Annahme, dass die Erkennung subtiler Mikroverkalkungen als Spezialfall zu behandeln ist. Während durch die ausschließliche Nutzung

von optimierten Gabor-Merkmalen mit einer Sensitivität von 92.65% die besten Ergebnisse zur Erkennung subtiler Mikroverkalkungen erreicht werden konnten, galt dies nicht für den eingesetzten Referenzdatensatz zur Repräsentation einfach zu erkennender Mikroverkalkungen. Auf dem Vergleichsdatensatz eigneten sich vielmehr die in Abschnitt 6.5.2 genutzten Hauptkomponenten. Hieraus ist zu schließen, dass in einem vollständigen CAD-System Mammographieaufnahmen nicht nur auf Mikroverkalkungen im Allgemeinen untersucht werden sollten, sondern zusätzlich mittels eines separaten Ansatzes speziell auf das Vorhandensein subtiler Mikroverkalkungen überprüft werden sollten.

Stärken und Schwächen

Das gewählte Verfahren zeichnet sich durch seinen einfachen modularen Aufbau aus. Hierdurch wird Raum für Verbesserungen und Erweiterungsmöglichkeiten in jedem einzelnen Verfahrensschritt gegeben. So ist beispielsweise aufgrund der ausgewählten Bildmerkmale eine problemspezifische Anpassungsfähigkeit der Merkmale gegeben. Durch zahlreiche Justierungsmöglichkeiten der Parameter im Rahmen der Merkmalsextraktion wird ermöglicht, die Bildmerkmale gezielt in Abhängigkeit der zugrunde liegenden Problemstellung zu optimieren.

Durch die Einteilung des Verfahrens in zwei Phasen wird ermöglicht, gezielt unterschiedlichste Modelle anhand von Bildausschnitten zu erlernen und diese anschließend auf vollständige Mammographiebilder anzuwenden. Somit ist das entwickelte Verfahren nicht auf die Erkennung subtiler Mikroverkalkungen beschränkt, sondern es könnten als Erweiterung ebenfalls Modelle zur Detektion anderer Läsionstypen erlernt werden. Durch die Fensterung während der Bildanalyse wird ermöglicht, die auf Basis von Bildausschnitten erlernten Modelle auf vollständige Mammographieaufnahmen anzuwenden.

Die eingesetzte Fensterung im Zuge der Bildanalyse führt jedoch auch zu Problemen. Anhand der in Abschnitt 7.2 durchgeführten Bildanalysen wurde deutlich, dass für die Behandlung vollständiger Mammographieaufnahmen zusätzliche Lösungen zur Behandlung des Hintergrundes und insbesondere der Randbereiche benötigt werden, um zahlreiche falsch-positive Treffer zu reduzieren. Eine einfache einheitliche Einfärbung des Hintergrundes in reines Schwarz und anschließende Thresholdbestimmung während der Bildanalyse scheinen an dieser Stelle nicht zu genügen, so dass in Weiterentwicklungen des Verfahrens spezifischere Lösungen zur Behandlung der Randbereiche angestrebt werden sollten.

8.2. Ausblick

Im Verlauf dieser Arbeit entstanden zahlreiche Ideen hinsichtlich verschiedener Erweiterungs- und Verbesserungsmöglichkeiten des Verfahrens. Ausblickend werden diese im Folgenden vorgestellt und schließlich alternative Anwendungsmöglichkeiten des Verfahrens aufgezeigt.

Mögliche Weiterentwicklungen

Für das entwickelte Verfahren kommen zahlreiche Erweiterungsmöglichkeiten in Frage unter den Zielsetzungen, die Qualität der Ergebnisse zu verfeinern, den Analyseumfang

zu erweitern und die Vorgehensweise hinsichtlich praktischer Aspekte zu vereinfachen. Einige mögliche Weiterentwicklungen werden im Folgenden in Form einer Ideensammlung vorgestellt.

Hintergrundbehandlung Im Zuge der Bildanalyse sind lediglich diejenigen Bildregionen von Interesse, welche Brustgewebe darstellen. Wie bereits erwähnt, führte die gewählte Methodik zur Erkennung des Hintergrundes insbesondere an den Randbereichen zu Problemen in Form falsch-positiver Treffer. Diese wurden primär durch Rauschen an den Übergängen vom Brustgewebe zu Hintergrundbereichen verursacht, welches aufgrund der gewählten Vorverarbeitung des Bildmaterials entstand (siehe Abschnitt 7.2.3). Zur Umgehung dieses Problems bietet es sich an, auf eine Vorverarbeitung des Hintergrundes mittels eines separaten Bildverarbeitungsprogramms zu verzichten und stattdessen Clusteringverfahren aus dem Bereich des unüberwachten Lernens zur Separation des Hintergrundes einzusetzen. Ein Clustering-Verfahren könnte während der Bildanalyse der eigentlichen Fensterung vorgeschaltet werden, so dass innerhalb der Fensterung die im jeweiligen Fenster enthaltenen Pixel lediglich auf ihre Clusterzugehörigkeit überprüft werden müssen und Hintergrundbereiche über die Cluster erkannt werden können.

Nachbarschaftsbeziehungen Anhand der Bildanalyse wurde deutlich, dass im Rahmen von Weiterentwicklungen des Verfahrens eine Reduktion falsch-positiver Treffer innerhalb des Brustgewebes angestrebt werden sollte. Falsch-positiv markierte Regionen zeichneten sich bei der Analyse im Gegensatz zu tatsächlichen Mikroverkalkungen insbesondere durch vereinzelte Markierungen aus. Aus diesem Grund ist es naheliegend, die positiven Treffer nach der Bildanalyse auf ihre Nachbarschaft zu überprüfen, anhand derer Rückschlüsse auf falsch-positive Treffer gezogen werden können. Beispielsweise könnten die Koordinaten der positiven Treffer während der Fensterung gespeichert werden, um in einem abschließenden Schritt ihre Distanz zueinander zu überprüfen und lediglich diejenigen Treffer auszuwählen, welche in für Mikroverkalkungen charakteristischen Gruppierungen auftreten.

ROI-Gewinnung Einen aus praktischer Perspektive relevanten Aspekt stellt die Auswahl der verschiedenen Bildausschnitte dar. Bisher wurden die einzelnen Ausschnitte mit subtilen Mikroverkalkungen und normales Gewebe manuell aus den Mammographieaufnahmen gewonnen, indem sie innerhalb eines separaten Bildverarbeitungsprogramms mit entsprechender Größe selektiert und abgespeichert wurden. Diese Vorgehensweise könnte vereinfacht werden, indem die Bildausschnitte direkt innerhalb von RapidMiner ausgewählt werden. Dies hätte den Vorteil, auf zusätzlichen Aufwand und Bildverarbeitungsprogramme verzichten zu können und innerhalb eines Programms alle nötigen Verfahrensschritte durchführen zu können.

Die Basis für eine ROI-Selektion innerhalb von RapidMiner ist bereits durch das Grafik-Plugin, welches den Import und die Visualisierung von Matrix-Objekten als Datenstruktur für das Bildmaterial ermöglicht, gegeben. Hierdurch ist es auf einfache Weise möglich, die Bildvisualisierung durch zusätzliche Funktionen zu ergänzen.

Weiterhin könnte durch eine derartige Ergänzung unter Zusammenarbeit mit Radiologen auf vergleichsweise einfache Art und Weise neues Bildmaterial um "Ground-Truth"-

Informationen durch präzise Markierungen erkrankter Gewebeareale erweitert werden bzw. könnten die interessanten Bildausschnitte direkt von Radiologen extrahiert werden. Hierdurch können abweichende Genauigkeiten bei der Markierung von Läsionen vermieden werden.

Tumor-Schablonen Im Rahmen dieser Arbeit wurden auf subtile Mikroverkalkungen spezialisierte Modelle erlernt und zur Bildanalyse eingesetzt. Wie bereits erwähnt, ist es aufgrund der Struktur des Verfahrens möglich, zusätzliche Modelle, welche zuvor anhand von Bildausschnitten bzw. Bildmerkmalen trainiert wurden, ebenfalls mit in die Bildanalyse zur Detektion anderer Läsionsarten einzubeziehen.

Speziell in Bezug auf Tumore ist es alternativ denkbar, die Fensterung um verschiedene zuvor erstellte Schablonen (Templates) zu ergänzen. Dieser in der Bildverarbeitung als *Template-Matching* bezeichnete Ansatz verfolgt das Ziel, durch Schablonen bestimmte Bildobjekte allgemeingültig zu beschreiben und durch den Vergleich der Templates mit unbekanntem Bildern zu überprüfen, ob die durch Schablonen beschriebenen Objekte im Bild enthalten sind. Ein solcher Ansatz bietet sich insbesondere für die Erkennung verschiedener Tumorarten an, welche sich anhand von Formeigenschaften als einzelne Objekte beschreiben lassen. Dementsprechend könnte jede Tumorart in Form eines Templates beschrieben werden, im Zuge der Fensterung könnten diese anschließend mit den Fensterinhalten verglichen werden.

Alternative Anwendungsmöglichkeiten

Das im Rahmen dieser Arbeit entwickelte Verfahren eignet sich nicht nur für die Analyse von Mammographieaufnahmen, sondern kann aufgrund seiner modularen Architektur und anpassungsfähiger Bildmerkmale in vielfältigen alternativen Bereichen Anwendung finden. Durch die Einbindung der verschiedenen für das Verfahren benötigten Operatoren in das Data-Mining-Tool RapidMiner in Form eines Plugins wird der Raum der Möglichkeiten zusätzlich erweitert.

Als alternative Anwendung könnten z.B. Röntgenaufnahmen anderer Körperregionen wie beispielsweise der Lunge nach dem Erlernen eines geeigneten Klassifikationsmodells ebenfalls automatisiert auf Gewebeveränderungen überprüft werden. Unabhängig von medizinischen Bildinhalten erscheint es weiterhin denkbar, das Verfahren z.B. zur Materialüberprüfung von Oberflächen im Rahmen von Qualitätskontrollen einzusetzen.

Fazit

Zur Entwicklung eines vollständigen CAD-Systems zur automatischen Auswertung von Mammographiebildern ist es neben den verfahrensabhängigen Problemlösungen notwendig, zahlreichen diagnostischen Aspekten Aufmerksamkeit zu schenken. Erst durch die Synthese verschiedener spezialisierter Teillösungen kann es gelingen, ein umfangreiches

CAD-System zur Abdeckung aller medizinisch relevanten Erkrankungsformen des Brustgewebes zu entwickeln. Die Notwendigkeit des praktischen Einsatzes eines solchen Systems wird gestützt durch die Einführung flächendeckender Mammographie-Screening-Angebote innerhalb Deutschlands, wodurch das Aufkommen der auszuwertenden Mammographien erheblich gesteigert wird. Neben zeiteinsparenden Faktoren könnte durch die Nutzung eines umfassenden CAD-Systems weiterhin die Qualität der Diagnoseergebnisse stabilisiert werden.

A. Implementierung

Um auf einfache Weise die verschiedenen benötigten Bildverarbeitungsoperatoren in RM einbinden zu können, wurden diese ebenso wie RM selbst in Java implementiert und zu einem RM-Plugin zusammengefasst. Hierdurch wird eine einfache Einbindung in RM ermöglicht, da lediglich das "picplugin.jar"-File in den Plugin-Ordner von RM kopiert werden muss, beim nächsten Neustart des Programms werden alle Operatoren des Plugins eingebunden.

In RM dienen verschiedene Objekttypen wie bspw. ExampleSets oder Modelle als Ausgabe bzw. als Eingabe für nachfolgende Operatoren. Ihnen ist gemeinsam, dass sie das Interface IOObject implementieren, wodurch eine einfache Handhabung und dementsprechend einheitliche Implementierung ermöglicht wird. Da RM bisher jedoch noch keine speziell für die Bildverarbeitung geeigneten Operatoren bereitstellt, wurde eine neue Datenstruktur benötigt, um die Bild- bzw. Merkmalsinformationen verwalten zu können. Aus diesem Grund wurde in Anlehnung an Implementierungen von Felix Jungermann [27] auf das Matrix-Paket des Colt-Projektes, welches aus Forschungsarbeiten der Europäischen Organisation für Kernforschung (kurz CERN) hervorgegangen ist, zurückgegriffen. Das Colt-Projekt stellt neben dem Matrix-Paket zahlreiche weitere Pakete zur Verfügung, hierunter bspw. auch ein auf Matrizen spezialisiertes Lineare-Algebra-Paket. Durch die Einbindung einiger Matrix-Klassen der Colt-Bibliothek wird somit ermöglicht, Raum für Erweiterungsmöglichkeiten zu lassen und auf den Matrizen z.B. durch andere Pakete bereitgestellte Methoden durchzuführen wie z.B. Eigenwertberechnungen oder die Cholesky-Dekomposition, welche im Lineare-Algebra-Paket bereitgestellt werden. Um eine einheitliche Ein- und Ausgabe der Bildverarbeitungsoperatoren zu gewährleisten, wurde der Objekttyp MatrixIOObjects eingeführt, welcher von der abstrakten RM-Klasse ResultObjectAdapter erbt, einer Implementierung des Interface IOObject.

Das Bildverarbeitungs-Plugin gliedert sich in die Operatorgruppen IO, Features, Matrix-Operators, Transformations und Visualizations, die Begrifflichkeiten wurden an die ausschließlich englischsprachige Benutzeroberfläche von RM geknüpft. Im Folgenden sollen nun die einzelnen Operatoren der verschiedenen Gruppen anhand kurzer Beschreibungen vorgestellt werden.

Eingabe-/Ausgabe-Operatoren (Gruppe IO):

- *MatrixExampleSetGenerator (single image)*: Ein einzelnes Bild wird eingelesen und in ein ExampleSet geschrieben, wobei jede Bildzeile einem Beispiel entspricht.
- *MatrixExampleSetGenerator (image folder)*: Die Bilder eines Ordners werden

als einzelne Beispiele in ein ExampleSet geladen, bei unterschiedlicher Bildgröße werden die Bilder auf das kleinste im Ordner enthaltene Bild herunter skaliert, um eine einheitliche Anzahl an Attributen zu gewährleisten.

- *Image Pixels to Example*: Die Pixel eines Bildes werden als einzelne Beispiele in ein ExampleSet geladen, zusätzlich wird jedes Beispiel um die Positionsangaben des jeweiligen Pixels ergänzt.
- *Image Pixels to Matrix*: Die Pixel eines Bildes werden positionsgetreu in ein Matrix-Objekt geladen.
- *ImagePreprocessing*: Dieser Operator kann zur Merkmalsextraktion mit anschließendem Labelling der extrahierten Merkmale eingesetzt werden. Hierzu werden die Pfadangaben zweier Bildordner benötigt und ergänzend die gewünschten Klassenbezeichnungen. Der Operator lädt einzeln die in den beiden Ordnern vorhandenen Bilder in MatrixObjekte, welche an innere Operatoren zur Weiterverarbeitung übergeben werden. Schließlich werden die durch die inneren Operatoren extrahierten Bildmerkmale als Beispiele pro Bild in ein ExampleSet geschrieben und um ihre entsprechenden Label automatisch ergänzt.
- *FeatureImageFromFile*: Mithilfe dieses Operators kann ein einzelnes Merkmalsbild des entsprechend anzugebenden Originalbildes erstellt werden. Hierfür wird ein innerer Operator der Gruppe Features benötigt, nach Abschluss der Berechnungen wird das Merkmalsbild im entsprechend anzugebenden Ordner gespeichert.
- *AllFeatureImages*: Dieser Operator entspricht dem Operator FeatureImageFromFile mit dem Unterschied, dass verschiedene Merkmale ausgewählt und als einzelne Merkmalsbilder abgespeichert werden können. Für jedes zu erstellende Merkmalsbild werden als innere Operatoren die jeweiligen Merkmalsextraktions-Operatoren benötigt.
- *MatrixIOObject2Image*: Matrix-Inhalte werden diskretisiert und können als Bild abgespeichert werden.
- *ImageViewer*: Matrix-Inhalte können innerhalb von RM als Bild angezeigt werden.

Operatoren zur Merkmalsberechnung (Gruppe Features): Alle Operatoren dieser Gruppe benötigen als Eingabe ein Matrix-Objekt mit Bildinformationen basierend auf 8-bit Graustufenbildern.

- *AngularSecondMoment(Haralick)*: Berechnet die Spannweite und den Durchschnitt des Haralickmerkmals *zweites Winkelmoment* über die vier Richtungen der Ko-Okkurrenzmatrizen eines Bildes.

-
- *Correlation (Haralick)*: Berechnet die Spannweite und den Durchschnitt des Haralickmerkmals *Korrelation* über die vier Richtungen der Ko-Okkurrenzmatrizen eines Bildes.
 - *Entropy (Haralick)*: Berechnet die Spannweite und den Durchschnitt des Haralickmerkmals *Entropie* über die vier Richtungen der Ko-Okkurrenzmatrizen eines Bildes.
 - *Contrast (Haralick)*: Berechnet die Spannweite und den Durchschnitt des Haralickmerkmals *Kontrast* über die vier Richtungen der Ko-Okkurrenzmatrizen eines Bildes.
 - *Gabor-Features*: Mithilfe dieses Operators werden Gabor-Merkmale in Abhängigkeit der einzugebenden Parameter λ_x , λ_y , Anzahl der Skalierungen und Orientierungen und der zu analysierenden Frequenzbereiche ermittelt (minimale und maximale Frequenz). Weiterhin kann die gewünschte Skalierungsart und die Filterung der Randbereiche durch ein Hanning-Fenster ausgewählt werden.
 - *Magnitude-Spectrum*: Berechnet werden können der minimale und maximale Wert des Amplitudenspektrums, der Durchschnitt, die Summe und die Spannweite über alle Werte. Vorausgesetzt wird eine vorangehende Fouriertransformation des vorliegenden Bildmaterials mittels des Operators `2DimFastFourierTransform`.
 - *Power-Spectrum*: Berechnet werden können verschiedene Merkmale (siehe Operator *Magnitude-Spectrum*) des Power-Spektrums (Frequenz-Dichte-Spektrum).
 - *Phase-Spectrum*: Berechnet werden können verschiedene Merkmale (siehe Operator *Magnitude-Spectrum*) des Phasen-Spektrums.

Operatoren zur Bild-Transformation (Gruppe Transformations):

- *2DimFastFourierTransform*: Die Inhalte eines Matrix-Objektes werden mittels der schnellen Fouriertransformation in den Frequenzbereich transformiert.
- *Co-Occurrence-Matrices*: Berechnet werden die vier Ko-Okkurrenzmatrizen eines Matrix-Objektes, die Ausgabe entspricht einer neuen Objektmatrix der Größe 2×2 , wobei an jeder Matrixposition eine GLCM zur Weiterverarbeitung abgelegt wird.
- *Histogram Equalization*: Dieser Operator erwartet als Eingabe ein Matrix-Objekt, welches Intensitäts-Informationen eines Graustufenbildes beinhaltet und führt basierend auf den gegebenen Intensitätswerten eine Histogramm-Glättung durch.
- *Histogram Stretching*: Dieser Operator erwartet als Eingabe ein Matrix-Objekt,

welches Intensitäts-Informationen eines Graustufenbildes beinhaltet und führt basierend auf den gegebenen Intensitätswerten eine Histogramm-Spreizung durch.

Allgemeine Matrix-Operatoren (Gruppe Operators):

- *MatrixBranchingOperator*: Dieser Operator wird im Rahmen der Merkmalsextraktion benötigt, um Matrix-Objekte mit identischem Inhalt an verschiedene innere Operatoren zur Merkmalsextraktion übergeben zu können. Es werden für jeden inneren Operator Kopien eines Matrix-Objektes erstellt und übergeben. Hierdurch wird gewährleistet, dass die Inhalte der zu übergebenden Matrizen im korrekten Format vorliegen und innerhalb eines Versuchsaufbaus verschiedene Transformationen der Matrixinhalte durchgeführt werden können, ohne sich gegenseitig zu beeinflussen.
- *MatrixIOObjectAdapter*: Dieser Operator dient als Adapter zu bestehenden RM-Operatoren, indem Inhalte eines Matrix-Objektes (Eingabe) in ein ExampleSet (Ausgabe) geschrieben werden.
- *MatrixWindowing*: Dieser Operator führt nach Angabe einer Fenstergröße und Schrittweite eine Fensterung auf einem Matrix-Objekt durch und kann zur Bildanalyse eingesetzt werden.

B. Bilder der Bildanalyse

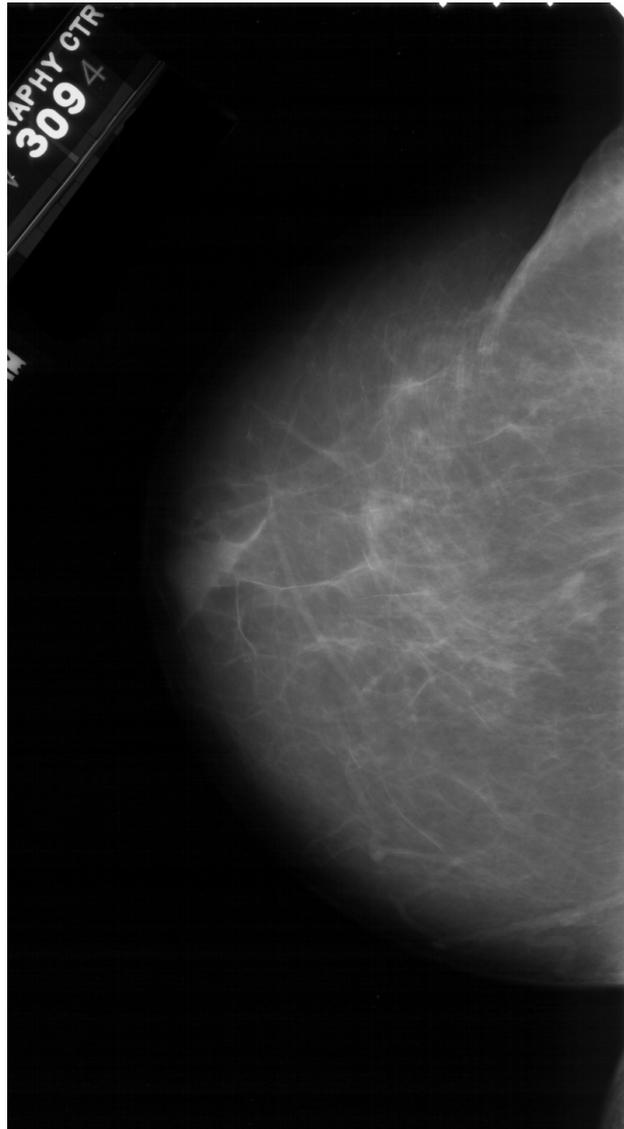


Abbildung B.1.: Originalaufnahme des DDSM-Falles 1108 (Aufnahme der linken Brust in CC-Ansicht) mit Brustgewebe vom ACR-Typ 1 (strahlendurchlässig) und subtilen Mikroverkalkungen der Subtilitätsstufe 2.

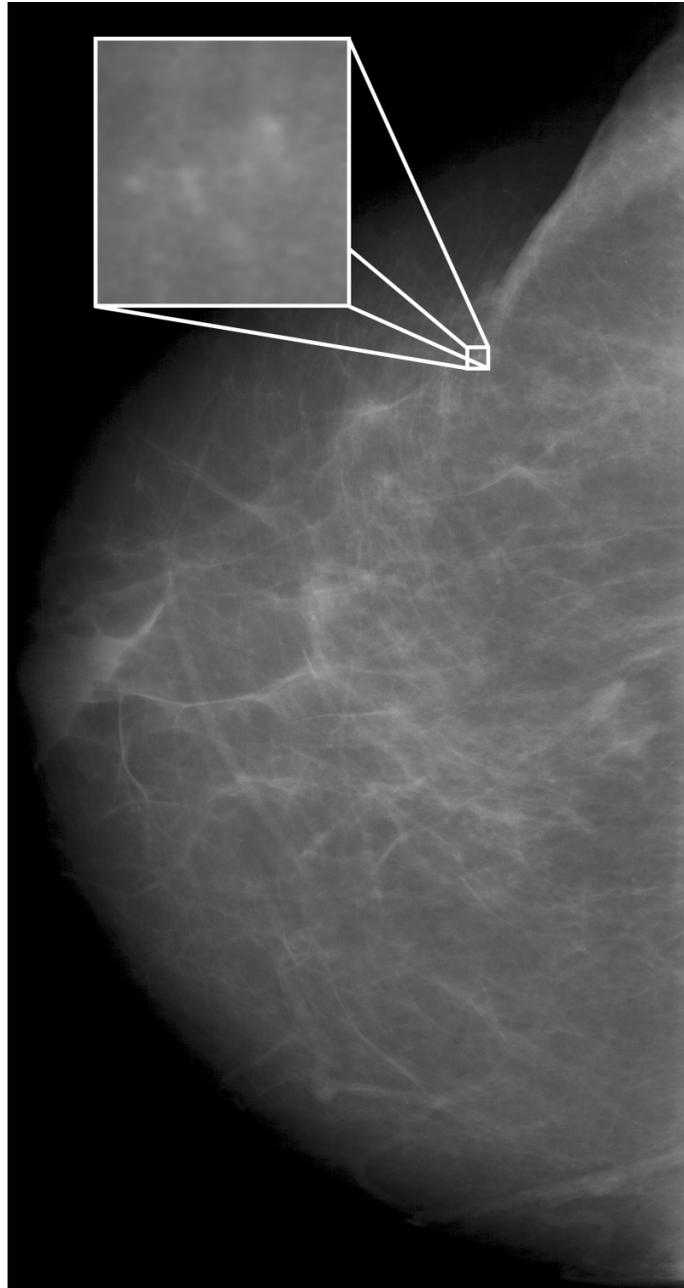


Abbildung B.2.: Vorverarbeitete CC-Aufnahme des Falles 1108 mit ergänzender Markierung der ROI zur Veranschaulichung der Läsion.

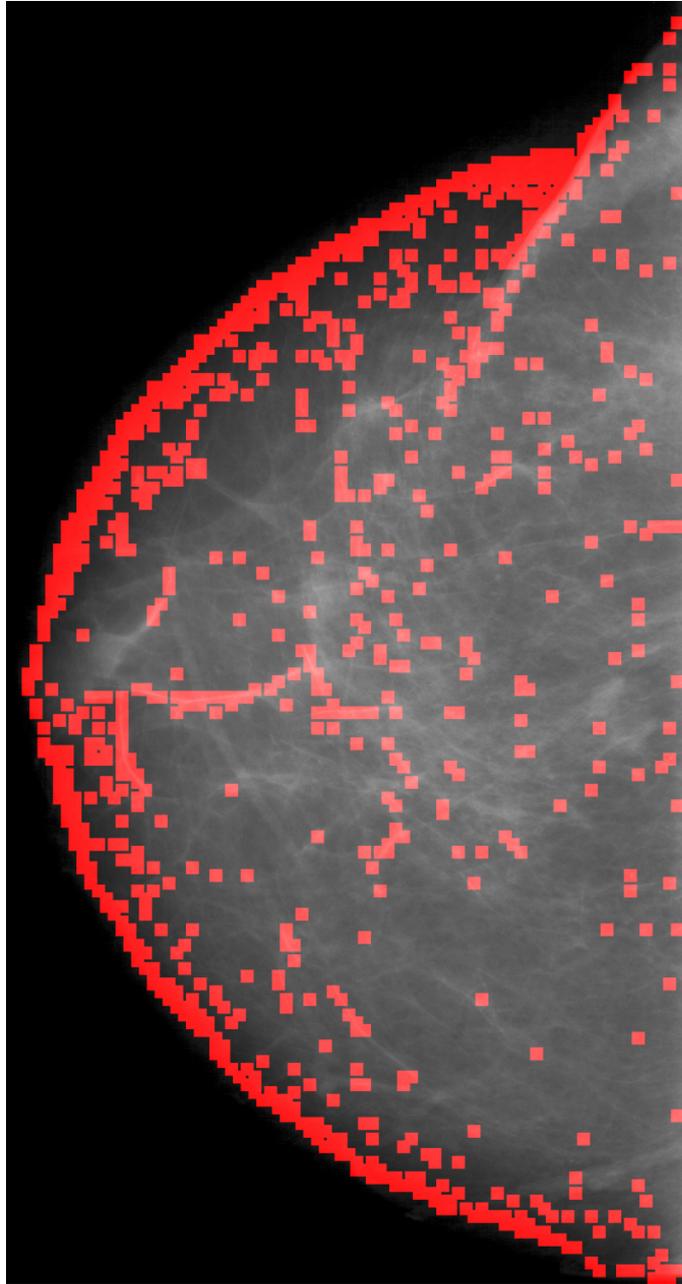


Abbildung B.3.: Aufnahme des Falles 1108 nach Analysephase. Die rot markierten Bereiche wurden als Mikroverkalkungen erkannt und eingefärbt.

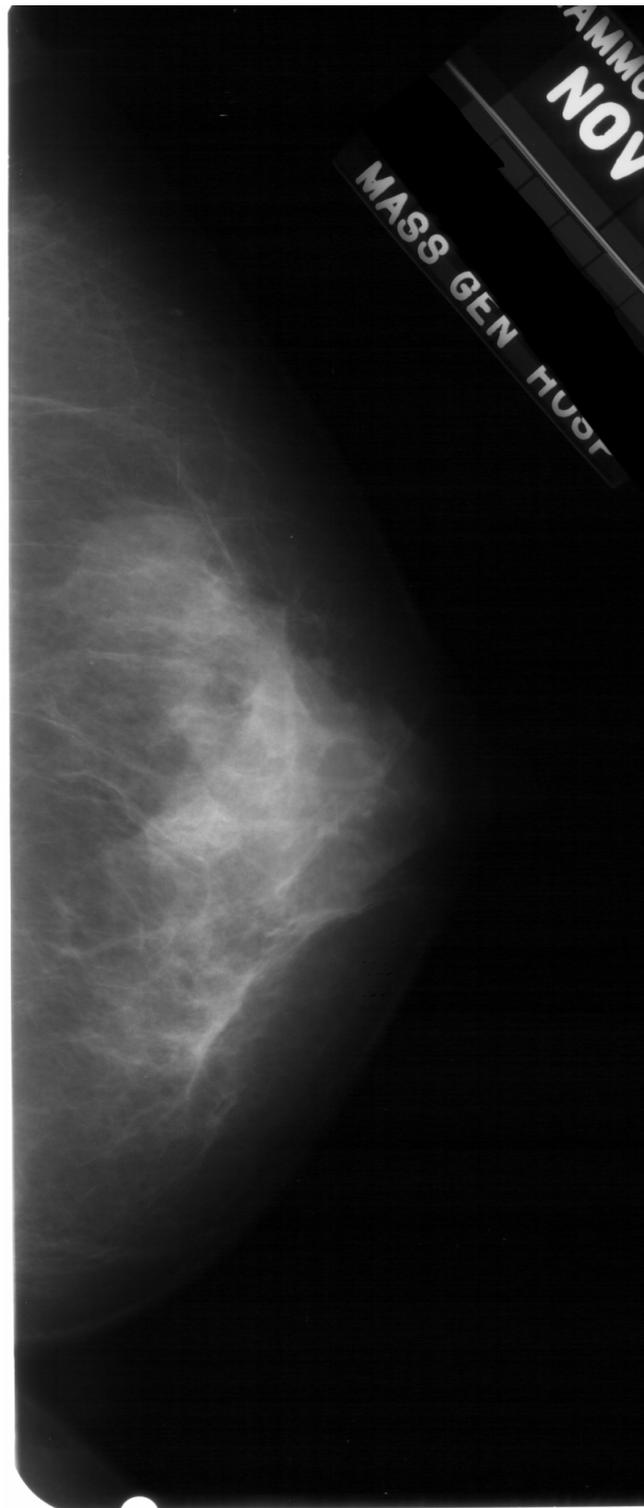


Abbildung B.4.: Originalaufnahme des DDSM-Falles 1907 (Aufnahme der rechten Brust in CC-Ansicht) mit Brustgewebe vom ACR-Typ 4 (sehr dicht) und subtilen Mikroverkalkungen der Subtilitätsstufe 2.

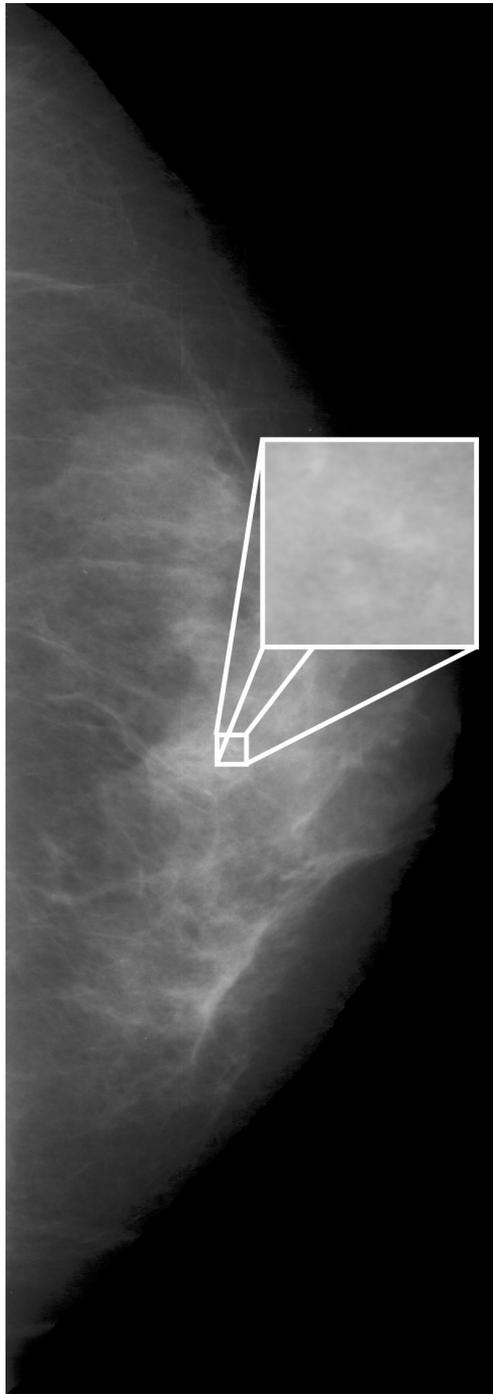


Abbildung B.5.: Vorverarbeitete CC-Aufnahme des Falles 1907 mit ergänzender Markierung der ROI zur Veranschaulichung der Läsion.

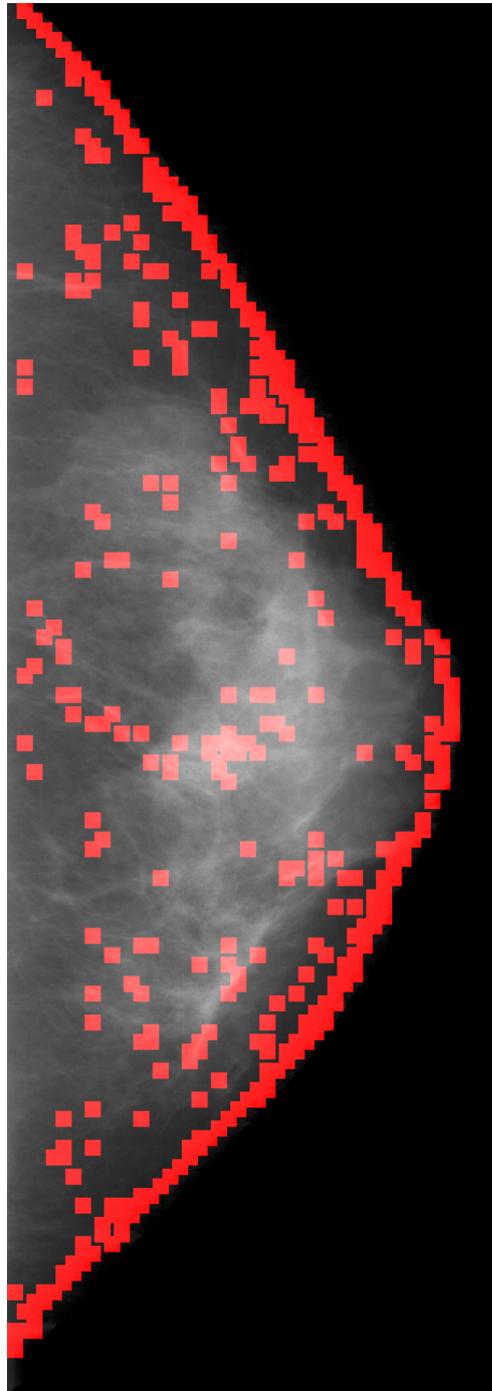


Abbildung B.6.: Aufnahme des Falles 1907 nach Analysephase. Die rot markierten Bereiche wurden als Mikroverkalkungen erkannt und eingefärbt.

Literaturverzeichnis

- [1] N. Abler. *Ultraschallkriterien solider Herdbefunde der Brust unter Berücksichtigung des BI-RADS Ultraschall-Lexikons*. PhD thesis, 2007.
- [2] E. Alpaydin. *Maschinelles Lernen*. Oldenbourg, München, 2008.
- [3] N. Arikidis, S. Skiadopoulis, F. Sakellaropoulos, G. Panayiotakis, and L. Costaridou. Capturing Microcalcification Patterns in Dense Parenchyma with Wavelet-Based Eigenimages. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.
- [4] S. Astley, S. Duffy, C. Boggis, M. Wilson, N. Barr, U. Beetles, M. Griffiths, A. Jain, J. Johnson, R. Roberts, H. Deans, K. Duncan, G. Iyengar, O. Agbaje, P. Griffiths, M. McGee, M. Gillan, and F. Gilbert. Mammography Reading with Computer-Aided Detection (CAD): Performance of Different Readers. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.
- [5] H. Bähr and T. Vögtle. *Digitale Bildverarbeitung. Anwendungen in Photogrammetrie, Kartographie und Fernerkundung*. Herbert Wichmann, 2. überarb. edition, 1991.
- [6] C. Beam, P. Layde, and C. Sullivan. Variability in the interpretation of screening mammograms by US radiologists: findings from a national sample. *Arch. Intern. Med.*, 156:209–213, 1996.
- [7] C. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer-Verlag, Berlin, 2008.
- [8] C. Bishop. *Neural Networks for Pattern Recognition*. Oxford University Press, 1995.
- [9] W. Burger and M. J. Burge. *Digitale Bildverarbeitung*. Springer-Verlag, Berlin-Heidelberg, 2005.
- [10] C. Burges. A tutorial on support vector machines for pattern recognition. *Data Mining and Knowledge Discovery*, 2:121–167, 1998.
- [11] P. J. Burt. The pyramid as a structure for efficient computation. In A. Rosenfeld, editor, *Multiresolution image processing and analysis*, volume 12 of *Springer Series in Information Sciences*, pages 6–35. Springer-Verlag, 1984.
- [12] J. Canny. A computational approach for edge detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 3(6):679–698, 1986.

- [13] J. Cooley and J. Tukey. An Algorithm for the Machine Calculation of Complex Fourier Series. *Mathematics of Computation*, 19:297–301, 1965.
- [14] J. Eberhard, D. Albagli, A. Schmitz, B. Claus, P. Carson, M. Goodsitt, H.-P. Chan, M. Roubidoux, J. Thomas, and J. Osland. Mammography Tomosynthesis System for High Performance 3D Imaging. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.
- [15] R. C. Gonzalez and R. E. Woods. *Digital Image Processing*. Prentice Hall, New Jersey, 2. edition, 2002.
- [16] A. Graf and S. Borer. Normalization in Support Vector Machines. In *in Proc. DAGM 2001 Pattern Recognition*, pages 277–282. SpringerVerlag, 2001.
- [17] T. O. Gulsrud. Analysis of mammographic microcalcifications using a computationally efficient filter bank. In *ICASSP '01: Proceedings of the Acoustics, Speech, and Signal Processing, 2001. on IEEE International Conference*, pages 2001–2004, Washington, DC, USA, 2001. IEEE Computer Society.
- [18] R. Haralick, K. Shanmugam, and I. Dinstein. Textural Features for Image Classification. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 3(6):610–621, 1973.
- [19] T. Hastie, R. Tibshirani, and J. Friedman. *The Elements of Statistical Learning. Data Mining, Inference and Prediction*. Springer-Verlag, New York, 2001.
- [20] R. Herbrich and T. Graepel. A PAC-Bayesian Margin Bound for Linear Classifiers: Why SVMs work. In *In Advances in Neural Information Processing Systems 13*, pages 224–230. MIT Press, 2001.
- [21] S. Heywang-Köbrunner and I. Schreer. *Bildgebende Mammadiagnostik - Untersuchungstechnik, Befundungsmuster, Differenzialdiagnose und Interventionen*. Thieme Georg Verlag, 2008.
- [22] N. Houssami, L. Irwig, J. Simpson, M. McKessar, S. Blome, and J. Noakes. Sydney Breast Imaging Accuracy Study: Comparative Sensitivity and Specificity of Mammography and Sonography in Young Women with Symptoms. *Am. J. Roentgenol.*, 180:935–940, 2003.
- [23] C.-W. Hsu, C.-C. Chang, and C.-J. Lin. *A Practical Guide to Support Vector Classification*, 2000.
- [24] M. Hu. Visual Pattern Recognition by Moment Invariants. In *IRE Transactions on Information Theory*, pages 179–187, 1962.
- [25] Q. Iqbal and J. Aggarwal. Using Structure in Content-based Image Retrieval. In *IASTED International Conference. Proceedings of the Signal and Image Processing Conference*, pages 129–133, 1999.
- [26] B. Jähne. *Digitale Bildverarbeitung*. Springer-Verlag, Berlin-Heidelberg, 5. aktualis. und erw. edition, 2002.

-
- [27] F. Jungermann. Information Extraction with RapidMiner. In *Proceedings of the GSCL Symposium Sprachtechnologie und eHumanities*, pages 50–61. Universität Duisburg Essen, Abteilung für Informatik und angewandte Kognitionswissenschaft, 2009.
- [28] K. Kerlikowske et al. Effect of Age, Breast Density, and Family History on the Sensitivity of First Screening Mammography. *J. Am. Med. Ass.*, 276:33–43, 1996.
- [29] A. Khotanzad and Y. Hong. Invariant Image Recognition by Zernike Moments. In *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 12(5), pages 489–497, 1990.
- [30] K. Kraywinkel. Epidemiologie des Brustkrebses, 2007.
- [31] N. Lee, T. Hara, H. Fujita, E. Takada, T. Endo, T. Morita, D. Fukuoka, and Y. Ikeda. Classifying Masses as Benign or Malignant Based on Co-occurrence Matrix Textures: A Comparison Study of Different Gray Level Quantizations. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.
- [32] T. Lehmann, M. Güld, C. Thies, B. Fischer, K. Spitzer, D. Keysers, H. Ney, M. Kohlen, H. Schubert, and B. Wein. The IRMA project: A state of the art report on content-based image retrieval in medical applications. pages 161–171, 2003.
- [33] A. Maidment, C. Ullberg, T. Francke, L. Lindqvist, S. Sokolov, K. Lindman, L. Adelow, and P. Sunden. Clinical Evaluation of a Photon-Counting Tomosynthesis Mammography System. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.
- [34] B. S. Manjunath and W. Y. Ma. Texture Features for Browsing and Retrieval of Image Data. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 18(8):837–842, 1996.
- [35] R. McLelland, R. E. Hendrick, M. D. Zinninger, and P. A. Wilcox. The American College of Radiology Mammography Accreditation Program. *AJR Am J Roentgenol*, 157(3):473–479, 1991.
- [36] B. Meffert and O. Hochmuth. *Werkzeuge der Signalverarbeitung*. Pearson Studium, München, 2004.
- [37] I. Mierswa, M. Wurst, R. Klinkenberg, M. Scholz, and T. Euler. Rapid Prototyping for Complex Data Mining Tasks. 2006.
- [38] K. Morik, S. Wrobel, and T. Joachims. Maschinelles Lernen und Data Mining. In J. Schneeberger, editor, *Handbuch der künstlichen Intelligenz*, pages 517–597, München, 2000. Oldenbourg.
- [39] I. Mühlhauser and B. Höldke. Mammographie-Screening - Darstellung der Wissenschaftlichen Evidenz-Grundlage zur Kommunikation. *Arznei-Telegramm*, 10/99, 1999.
- [40] H. Müller. Vorlesungsskript Mensch-Maschine-Interaktion, 2004.

- [41] H. Ney, T. Deselaers, and D. keysers. Features for Image Retrieval: A Quantitative Comparison. *DAGM*, 3175:228–236, 2004.
- [42] M. Nothacker, M. Lelgemann, K. Giersiepen, and S. Weinbrenner. *Evidenzbericht 2007 zur S-3-Leitlinie Brustkrebsfrüherkennung in Deutschland*. Ärztliches Zentrum für Qualität in der Medizin (ÄZQ), 2007.
- [43] J. Otten, J. van Dijck, P. Peer, H. Straatman, A. Verbeek, M. Mravunac, J. Hendriks, and R. Holland. Long term breast cancer screening in Nijmegen, The Netherlands: the nine rounds from 1975-92. *J. Epidemiol. Comm. Health*, 50:353–358, 1996.
- [44] C. Rose, D. Turi, A. Williams, K. Wolstencroft, and C. Taylor. Web Services for the DDSM and Digital Mammography Research. pages 376–383. 2006.
- [45] F. Sakellaropoulos, S. Skiadopoulos, A. Karahaliou, L. Costaridou, and G. Panayiotakis. Using Wavelet-Based Features to Identify Masses in Dense Breast Parenchyma. *Digital Mammography.8th InternationalWorkshop*, 2006.
- [46] H. Sari-Sarraf, S. Gleason, and R. Nishikawa. Front-end Data Reduction in Computer-Aided Diagnosis of Mammograms: A Pilot Study. *SPIE's Medical Imaging Conference*, 1999.
- [47] K. D. Tönnies. *Grundlagen der Bildverarbeitung*. Pearson Studium, München, 2005.
- [48] N. Uchiyama, N. Moriyama, T. Yamada, and N. Ohuchi. The Impact of Integration of Computer-Aided Detection and Human Observers. *Digital Mammography.8th InternationalWorkshop*, 2006.
- [49] R. van Engen, M. Swinkels, L. Oostveen, T. Geertse, and R. Visser. Using a Homogeneity Test as Weekly Quality Control on Digital Mammography Units. *Digital Mammography.8th InternationalWorkshop*, 2006.
- [50] V. Vapnik. *The Nature of Statistical Learning Theory (Information Science and Statistics)*. Springer, 1999.
- [51] L. Vincent and P. Soille. Watersheds in digital spaces: an efficient algorithm based on immersion simulations. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(6):583–598, 1991.
- [52] G. Wagner. Entwicklung von Methoden zur Echtzeitanalyse von EKG-Signalen mit Neuro-Fuzzy-Systemen für Anwendungsszenarien der Telemedizin, 2006.
- [53] F. M. Wahl. *Digitale Bildsignalverarbeitung*. Springer-Verlag, Berlin, 1989.
- [54] C.-H. Wei and C.-T. Li. Detection of Microcalcifications in Digital Mammograms Based on Dual-Threshold. *Digital Mammography.8th InternationalWorkshop*, 2006.
- [55] C. Weiß. *Basiswissen Medizinische Statistik*. Springer-Verlag, 3. edition, 2005.

- [56] M. Williams, P. Raghunathan, A. Seibert, A. Kwan, J. Lo, E. Samei, L. Fajardo, A. Maidment, M. Yaffe, and A. Bloomquist. Beam Optimization for Digital Mammography 2. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.
- [57] Z. Wu, J. Jiang, J. Peng, and T. Gulrud. A Filter-Based Approach Towards Automatic Detection of Microcalcifications. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.
- [58] O. Zaiane, M.-L. Antonie, and A. Coman. Application of Data Mining Techniques for Medical Image Classification. In *Proceedings of the Second International Workshop on Multimedia Data Mining (MDM/KDD 2001) in conjunction with ACM SIGKDD conference*, pages 94–101, San Francisco, USA, 2001.
- [59] D. Zhang, A. Wong, M. Indrawan, and G. Lu. Content-based Image Retrieval Using Gabor Texture Features. In *IEEE Transactions PAMI*, pages 13–15, 2000.
- [60] R. Zwiggelaar, S. Astley, M. Brady, and C. Rose, editors. *Digital Mammography, 8th International Workshop, IWDM 2006, Manchester, UK, June 18-21, 2006, Proceedings*, volume 4046 of *Lecture Notes in Computer Science*, 2006. Springer. ISBN 3-540-35625-8.
- [61] R. Zwiggelaar, E. Hadley, and E. Denton. Mammographic Risk Assessment Based on Anatomical Linear Structures. *Digital Mammography. 8th International Workshop*, 2006.

Erklärung

Hiermit erkläre ich, Vanessa Faber, die vorliegende Diplomarbeit mit dem Titel *Computerunterstützte Analyse von Mammographie-Aufnahmen* selbständig verfasst und keine anderen als die hier angegebenen Hilfsmittel verwendet, sowie Zitate kenntlich gemacht zu haben.

Dortmund, 5. Juni 2009