



Aktuelle Internet-Browser erlauben es, ähnliche Bilder im Internet aufzuspüren. Lassen sich diese Techniken auch in Medizinprodukten sinnvoll für die Diagnose einsetzen?

# Inhaltsbasiertes Bildmanagement

In der Medizin werden für die Diagnose, in der Therapie und bei der Verlaufskontrolle einer Behandlung zahlreiche Aufnahmen gemacht. Neben 2D-Röntgenbildern entstehen vor allem 3D-Volumendatensätze, wie zum Beispiel bei der Computertomografie (CT), der Magnetresonanztomografie (MRT) und den nuklearmedizinischen Verfahren wie der Single Photon Emission Computed Tomography (SPECT) oder der Positronenemissionstomografie (PET), bei denen radioaktive Substanzen an Stoffwechselprodukte gekoppelt werden, um Funktionen des menschlichen Körpers zu visualisie-

ren. Hinzu kommen Fotografien, Ultraschallfilme und endoskopische oder fluoroskopische Untersuchungssequenzen, die digital erfasst und in Bildarchiven gespeichert werden.

**Mehrere 100 TByte Datenvolumen im Jahr**

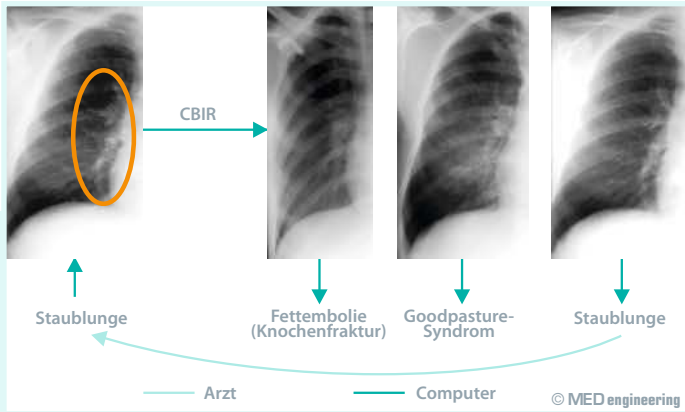
Allein im Universitätsklinikum Aachen fallen jährlich mehr als 70 000 Röntgenthorax-Untersuchungen an. Hinzu kommen – allein in der Klinik für Radiologische Diagnostik am Universitätsklinikum Aachen – über 600 000 CT- und noch einmal so viele MRT-Bilder, denn bei diesen 3D-Modalitäten werden viele Schnittbilder auf einmal gefertigt, die alle vom Radiologen sorgfältig befundet werden müssen. Das in einem ein-

Allein im Universitätsklinikum Aachen fallen jährlich mehr als 70 000 Röntgenthorax-Untersuchungen an

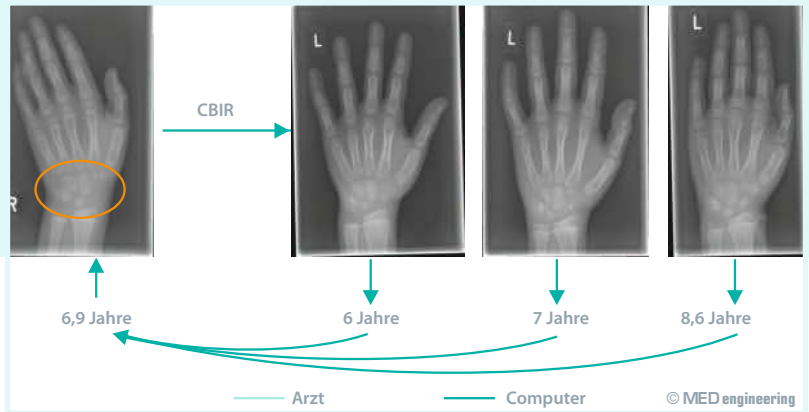


## KONTAKT

RWTH Aachen – Institut für medizinische Informatik  
Tel. +49 (0)241 801  
Fax +49 (0)241 80-92100  
[www.rwth-aachen.de](http://www.rwth-aachen.de)



### 1 CBIR unterstützt den Arzt bei der Diagnose



### 2 Automatische Diagnose mit CBIR, ohne Eingriff des Arztes

zigen Krankenhaus erzeugte Bilddatenvolumen kann mehrere 100 Terabyte (100 000 GB) pro Jahr erreichen. Dennoch bieten die zur Verwaltung der Aufnahmen eingesetzten Picture Archiving and Communication Systems (PACS) keinen direkten Zugriff auf diese Bilder. Bislang werden archivierte Bilder über die mit ihnen gespeicherten Meta-Informationen adressiert. Ein Bildretrieval erfolgt beispielsweise durch die Eingabe des Patientennamens, Untersuchungsdatums oder der Art der Untersuchung beziehungsweise der untersuchten Körperregion. Bestenfalls kann das Bildarchiv nach Diagnosen gefiltert werden, oder die Bildsuche wird auf Patienten (Fälle) mit gewissen Eigenschaften eingeschränkt.

Ähnlich verhält es sich mit den vielen Bildern, die weltweit im Internet auf den verschiedensten Internetseiten hinterlegt sind. Bis vor Kurzem lieferte die Bildsuche in gängigen Browsern lediglich solche Bilder, bei denen die gesuchten Stichworte im Hypertext-Markup-Language-(HTML-) Quellcode nahe der Stelle gefunden wurden, in der das Bild eingebettet ist. Die gefundenen Bilder sind oft bei Weitem nicht das, was der Benutzer tatsächlich sucht. Der inhaltsbasierte Bildzugriff (engl. Content-based Image Retrieval, CBIR) basiert auf der Idee, Bilder aufgrund der intrinsisch enthaltenen Bildmuster wiederzufinden.

#### CBIR für die Differentialdiagnose

Beim CBIR werden Bilder durch charakteristische Maßzahlen repräsentiert, die direkt aus den Pixelwerten der Bildmatrix gewonnen werden. Farbe und Farbverteilungen haben sich schnell als geeignete Merkmale herauskristallisiert. In der Medizin und in medizinischen Anwendungen verzögerte sich die Entwicklung von CBIR-Techniken, denn Farbe ist in medizinischen Bilddaten nicht so prominent. Außerdem sind in der bildgestützten medizinischen Diagnostik meist kleine Bildbereiche von besonderem Interesse, sodass der inhaltsbasierte Bildzugriff nicht auf das gesamte Bild (global), sondern auf einzelne Bildbereiche (lokal) erfolgen muss.

**Bild 1** veranschaulicht die Vorgehensweise bei der CBIR-unterstützten Diagnose: Der Radiologe markiert zunächst den relevanten

Bildausschnitt. Dieses Muster wird automatisch mit den Bildern in der Datenbank verglichen. Dabei können Meta-Informationen über Aufnahmemodalität und Körperregion verwendet werden, um den Suchbereich in den großen PACS-Archiven einzuschränken. Zum Vergleich müssen die Bildmuster in einfache numerische Merkmale oder Merkmalsvektoren umgerechnet werden. Die Merkmalsvektoren aller Bilder in der Bilddatenbank werden beim Ablegen der Bilder im Archiv berechnet und können – auch über zeitsparendes Indizieren – direkt genutzt werden. Eine Ähnlichkeit der Bildmuster liegt dann vor, wenn die Distanz zwischen den Merkmalsvektoren klein ist. Werden diese als Metrik definiert, dann kann über die Distanz bestimmt werden, welche Bildmuster dem gesuchten entsprechen, und entweder die Muster oder die zugehörigen vollständigen Bilder werden dem Radiologen angezeigt.

In den PACS liegen nicht nur Bilder, sondern auch die zugehörigen Meta-Informationen. Ähnliche Bilder können also mit ihren jeweiligen Pathologien annotiert werden (**Bild 1**). Hier wird der Vorteil der CBIR-Zugriffsmethode deutlich: Das Erkennen einer Abnormalität im Röntgenbild ist verhältnismäßig einfach. Doch es ist schwer, verbindlich festzulegen, welche Krankheitsursache mit dem dargestellten Muster kausal verbunden ist. Für diese Differentialdiagnose greift der Radiologe auf sein Wissen zurück. Im Zweifel zieht er die wissenschaftliche Literatur oder diagnostische Standardatlanten zurate. Hierbei kann er aber nur die Hypothesen verfolgen, die er mit dem Bild verbindet. Wird eine Möglichkeit vom Untersucher außer Acht gelassen, schlägt er keine Referenzbilder nach, und die Differentialdiagnose schlägt fehl.

Anders bei CBIR-gestützten Techniken: In **Bild 1** werden drei Bildalternativen angeboten. Die richtige Diagnose (hier: Staublung), die der Radiologe wohlmöglich gar nicht in Betracht gezogen ▶



► hätte, ist – wenn die Merkmals- und Distanzmaße adäquat gewählt wurden – in der CBIR-Systemantwort enthalten und wird auch bei der Diagnosefindung durch den Radiologen berücksichtigt. Die gefundene Diagnose ist korrekt, diagnostische Fehler werden vermieden, und die Qualität der medizinischen Versorgung steigt durch den Einsatz dieser computergestützten Diagnose (engl. Computer-aided Diagnosis, CAD). Über diese CBIR-Schnittstelle stehen direkt medizinische Meta-Informationen von Patienten mit ähnlichen Leiden zur Verfügung, zum Beispiel Therapien, Therapieerfolge oder Komplikationen. Mit diesen Informationen ist eine fallbezogene Evidenz verfügbar (engl. Case-based Reasoning, CBR).

In **Bild 2** ist der Prozess weiter automatisiert worden. Die Farbe der Pfeile kennzeichnet, dass der Radiologe am CBIR-Prozess nicht mehr beteiligt ist, denn die Detektion des relevanten Bildbereichs erfolgt automatisch mit problemspezifischen Segmentierungsverfahren. Die Anfrage mit dem Bildmuster an das Archiv bleibt gleich. Allerdings werden die zu den Antwortbildern verfügbaren Meta-Informationen automatisch ausgewertet. Dies ist immer dann möglich, wenn die Meta-Information in einzelnen wohldefinierten Klassen vorliegt, wie dies beim Tumor Staging der Fall ist. Bei der Knochenaltersbestimmung liegt die Referenzinformation nicht nur qualitativ nominal, sondern quantitativ diskret vor, sodass aus den CBIR-Antworten ein differenzierter Diagnosevorschlag mathematisch berechnet werden kann (zum Beispiel gewichtete Mittelung).

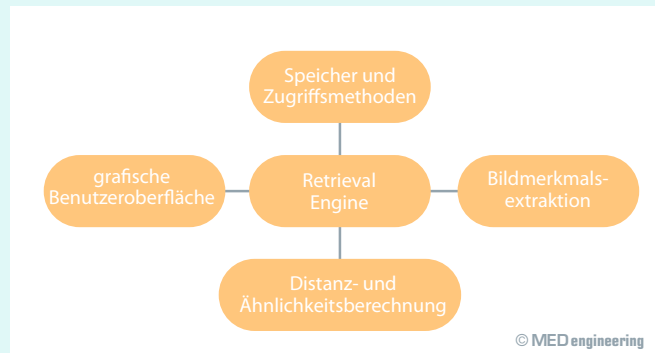
### Farbe, Form und Textur als Unterscheidungsmerkmal

Bei nominalen Klassen lässt sich beispielsweise über Mehrheits-

entscheide ein automatischer Diagnosevorschlag ableiten. Kommen acht der zehn zum Anfragemuster ähnlichsten Bilder aus der gleichen Klasse (siehe Staublung), kann angenommen werden, dass es sich bei der Anfrage um eine Staublung handelt.

CBIR-Techniken in der Diagnostik erfordern weitere Komponenten. Der Kern des Systems (Retrieval Engine) ist von Speicher- und Zugriffsmethoden wie Indizes oder Relevance Feedback, der Bildmerkmalsextraktion, Distanz und Ähnlichkeitsberechnung sowie von einer grafischen Benutzeroberfläche umgeben (**Bild 3**).

Wie bereits erwähnt, hat sich die Farbe prominenter Bildbereiche sowie deren Verteilung für Bilddatenbanken im Internet als Unterscheidungsmerkmal (engl. Feature) etabliert. Farb-Features unterscheiden sich vor allem durch das Farbmodell, auf dem die Features beruhen. Das in der Computerwelt für die Anzeige auf dem Monitor verwendete Rot-Grün-Blau- (RGB-) Modell entspricht nicht der physiologischen Farbwahrnehmung des Menschen und ist daher weniger geeignet, die prominenten Farben zu modellieren. Hierfür werden Farb Räume wie der Hue-Saturation-Value- (HSV-) Raum eingesetzt, der die Farbe mit einem Farbton (engl. Hue), der Sättigung der Farbe (engl. Saturation) und einem Helligkeitsparameter (engl. Value) beschreibt. Dieses Konzept entspricht eher dem menschlichen Empfinden, allerdings ist auch der HSV-Raum ein technisch lineares Farbmodell. Die menschliche Farbwahrnehmung ist jedoch nicht linear und besitzt ein starkes Dif-



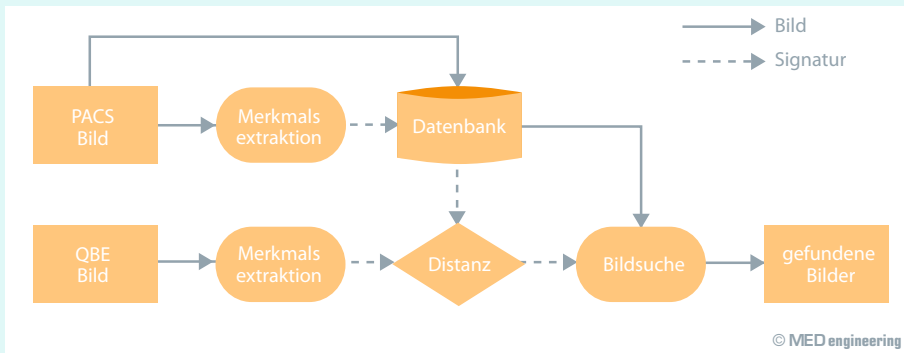
3 CBIR-Architektur für die medizinische Diagnose

ferenzierungspotential im Grün- und Rotbereich, zeigt aber Schwächen bei der Unterscheidung von Blau- und Brauntönen. Daher wurde 1931 von der Commission Internationale de l'Eclairage (CIE) der Lab-Raum definiert. In diesem Farbmodell wird zu den zwei Farbbeiträgen (a) und (b) eine Luminanzkomponente (L) definiert. Nach einer nicht linearen und in der Regel auch nicht reversiblen Transformation von RGB nach Lab können die semantisch relevanten Farbmerkmale durch Clustern des Lab-Farbraums extrahiert werden.

Textur ist ein ebenso unscharf definierter Begriff, der gewisse Regelmäßigkeiten in (Bild-) Mustern beschreibt. Die spongiöse Knochenstruktur in einer Röntgenaufnahme ist ein Beispiel für eine medizinische Textur, wie das Fadenmuster eines handgestrickten Pullovers im nichtmedizinischen Fall. Seit es computerbasierte Bildverarbeitung gibt, wird versucht, Textur mit geeigneten Merkmalen zu beschreiben, um (Textur-)Muster zu unterscheiden. Hier reicht in der Regel ein Parameter nicht aus, sodass Textur mit einem Merkmalsvektor, der sogenannten Signatur (engl. Feature Vector, Signature), also einem Bündel von Maßzahlen beschrieben wird, die im Merkmalsraum (engl. Feature Space) für jede Bildklasse möglichst weit auseinanderliegen. Zur Bildung texturbeschreibender Merkmalsvektoren werden mathematisch-analytische, wahrscheinlichkeits- oder signaltheoretische Ansätze verfolgt, mit denen versucht wird, qualitative Kriterien wie Grobheit, Kontrast, Regelmäßigkeit, Gerichtetheit (Rotations(in)varianz) und Auflösung (Micro- und Macrotextrur) in Zahlenparameter zu fassen.

Sowohl die Farbe als auch die Textur kann für ein ganzes Bild oder für ausgewählte Bildbereiche definiert werden, also global oder lokal. In der Medizin sind lokale Bereiche wichtig. Das Problem besteht darin, den richtigen Bereich im Bild automatisch zu identifizieren, was nur in ganz speziellen Anwendungen oder für dezidierte Fragestellungen möglich ist. Ist die gesuchte Region erst einmal gefunden, lassen sich Farb- oder Texturmaße auch lokal für eine Region extrahieren. Zusätzlich wird die Form der Region mit geeigneten Maßzahlen beschrieben. Relative Größe und Lage, Rundheit, Länglichkeit und andere Kriterien werden verwendet, um die Form nach Möglichkeit unabhängig von Verschiebungen, Drehungen und Skalierungen zu beschreiben.

Ist eine objektbezogene Segmentierung des Bilds nicht möglich, kann das Bild willkürlich eingeteilt werden, um eine lokale Beschreibung zu ermöglichen. Im einfachsten Fall wird das Bild in X- und



#### 4 Datenfluss eines CBIR-Systems

Y-Richtung gekachelt. Solche Kacheln (engl. Patches) werden individuell analysiert und mit eigenen Merkmalsvektoren beschrieben. Anschließend vergleicht man die Vektoren (Signaturen) miteinander. Die Idee dieser Bildanalyse ist der Textanalyse entlehnt. Beschreiben zwei Texte gleiche Situationen oder Inhalte, ist die Wahrscheinlichkeit, dass viele Wörter in beiden Texten häufig vorkommen, groß. Mit visuellen Wörtern, also den lokalen Bildmustern der Patches, wird dieses Prinzip nachgebildet. Der ›Bag of Visual Words‹-Ansatz vergleicht die Ähnlichkeit solcher Kacheln, die hierzu in Klassen (Wörter) eingeteilt werden. Gleiche Worthäufigkeiten ermöglichen den Rückschluss auf ähnliche Bildinhalte.

Ein weiterer erfolgreicher Ansatz der lokalen Bildähnlichkeitsbeschreibung ist die sogenannte Scale Invariant Feature Transform (SIFT), bei der zunächst durch den lokalen Kontrast hervorgehobene Bildpunkte in verschiedenen Auflösungsstufen extrahiert werden. Im Gegensatz zur objektbezogenen Segmentierung ist die Detektion markanter Punkte in jedem Bild – unabhängig von der bildgebenden Modalität oder aufgenommenen Körperregion – mit dem gleichen algorithmischen Verfahren möglich. Wird die gleiche Koordinate in mehreren aufeinanderfolgenden Skalen als markante Stelle detektiert, so wird sie im Bild als relevant betrachtet. Dann wird ein lokaler Patch extrahiert, der, mit zu den bei den vorgenannten Kacheln ähnlichen Methoden, mit einem Merkmalsvektor beschrieben werden kann. Zwei Bilder werden dann miteinander verglichen, indem die skalierungsinvarianten (da auf mehreren Skalen gefundenen) Merkmalspunkte (engl. Feature Points) einander zugeordnet werden. Gibt es viele Übereinstimmungen, sind die Bilder ähnlich.

Diese Betrachtung der verschiedenen Ansätze zur Merkmalsextraktion zeigt, dass die Leistung und Qualität eines inhaltsbasierten Bildzugriffs stark von den verwendeten Verfahren und Algorithmen abhängt. Aber auch die Vergleichsmethodik, mit der die Ähnlichkeit oder Distanz zweier Merkmalsvektoren oder zweier Sätze verschiedener Merkmalsvektoren tatsächlich in eine Metrik gefasst wird, ist ausschlaggebend. Die Verfahren reichen von der einfachen City-Block-Distanz über Mahalanobis-Distanzen bis hin zu komplexeren Methoden, die die in Histogrammen abgebildeten Häufigkeiten (zum Beispiel die der visuellen Wörter) bewerten. Jedenfalls ist es wichtig, eine Metrik einzusetzen, die mathematisch dadurch definiert ist, dass der Abstand:

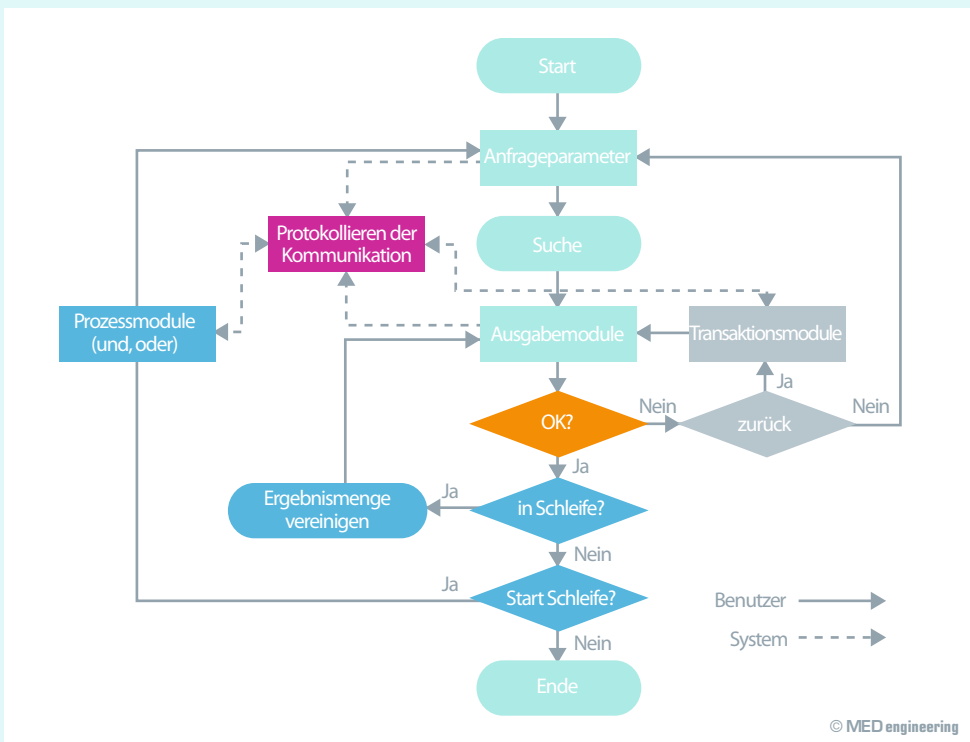
1. zwischen A und B größer null ist, wenn A und B verschieden sind (Definitheit),
  2. zwischen A und B gleich dem Abstand zwischen B und A ist (Symmetrie) und
  3. zwischen A und B und B und C größer oder gleich dem Abstand zwischen A und C ist (Dreiecksungleichung),
- wobei mit A, B und C verschiedene Signaturen bezeichnet werden.

Auch muss wohlüberlegt sein, auf welchen und vor allem auf wie vielen Merkmalen ein solches Distanzmaß definiert wird. Nicht immer gilt: ›Je mehr, desto besser‹, sondern oft ist weniger mehr. Da die einzelnen Merkmale in der Regel miteinander korreliert sind, wird die Klassifikation in hochdimensionalen Merkmalsräumen nicht unbedingt besser. Vielmehr zeigt sich, dass ab einer gewissen Grenze weitere Merkmale (Komponenten der Signatur) das Klassifikationsergebnis verschlechtern. Dieser Effekt ist im Englischen als ›Curse of Dimensionality‹ (Fluch der Dimensionalität) bekannt. Die Merkmalsselektion ist also bei der Komposition medizinischer CBIR-Systeme ebenso wichtig wie die Merkmale selbst und die verwendeten Distanzmaße. Wiederum aus der automatischen Textanalyse stammt das Konzept zur Auswahl geeigneter Bildmerkmale, das die Gesamtheit der Bilder nach zwei Prinzipien analysiert:

#### Bildbereiche fokussieren



www.med-eng.de Nicht zur Verwendung in Intranet- und Internet-Angeboten sowie elektronischen Verteilern. © 2012 Carl Hanser Verlag, München



5 Extended Query Refinement verbessert das Suchergebnis

fordern würde. Natürlich werden in medizinischen Anwendungen auch semantische Meta-Informationen in alphanumerischer (Text-) Form zu Modalität, Körperregion, Aufnahmeorientierung und soweit ausgewertet, um die für das Anfragebild relevante Vergleichsmenge möglichst stark einzugrenzen. Das Vergleichsergebnis selbst kann nach zwei Prinzipien ausgegeben werden:

1. Bei der Range Query werden alle Bilder zurückgegeben, deren Signatur von der Anfragesignatur nicht weiter als ein vorgegebener Maximalabstand (engl. Range) entfernt liegt. Hier ist die Anzahl der Ergebnisbilder

- ▶ 1. Ein Merkmal, das in vielen Patches im Bild vorkommt, beschreibt das einzelne Bild gut.
- 2. Ein Merkmal, das in der Gesamtheit aller Bilder selten vorkommt, ist gut geeignet, um die Bilder voneinander zu unterscheiden.

- offen; unter Umständen wird keine Antwort gefunden. Dies ist vor allem bei manuellen Systemen sinnvoll, in denen der Radiologe das CBIR-Ergebnis bewertet.
- 2. Bei der Nearest Neighbor Query werden die zu den nächsten Nachbarsignaturen gehörenden Bilder ausgegeben, unabhängig davon, wie deren absolute Ähnlichkeit ist. Hier ist die Anzahl der Rückgabebilder von vornherein festgelegt, sodass – bei Berücksichtigung der Ähnlichkeitswerte – diese Methode bei CBIR-basierten CAD-Systemen zur automatischen Differentialdiagnose primär eingesetzt wird.

**Fluch der Dimensionalität**

Der Datenfluss eines CBIR-Systems ist in Bild 4 dargestellt. Werden Bilder in das System aufgenommen, dann werden die entsprechenden Merkmale, Merkmalsvektoren oder Signaturen extrahiert und zu den Bildern im Archiv gespeichert. Zur Anfragezeit wird die entsprechende Signatur des Anfragebilds berechnet. Auf der Basis dieser Merkmalsvektoren wird die Ähnlichkeit bewertet. Damit der Vergleich zwischen den Signaturen schnell erfolgt, ist es sinnvoll, die Signaturen zu indizieren. Dann kann die zum Anfragebild ähnlichste Signatur mit wesentlich weniger Vergleichen ermittelt werden, als die vollständige Suche (Vergleich mit allen Referenzen) er-

Gerade in medizinischen Anwendungen ist die Gestaltung der Benutzerschnittstelle wichtig. Das CBIR-System muss im radiologischen Workflow eingebettet sein, und die Ergebnisse der computergestützten Bildauswertung müssen im Archiv gespeichert werden können, um den Diagnoseprozess vollständig zu dokumentieren. Darüber hinaus muss sich die Schnittstelle einfach und intuitiv bedienen lassen, was bei 3D-Bilddaten in der Medizin per se eine schwierige Aufgabe ist. So einfach die Region of Interest (ROI) in Bild 1 auf ein 2D-Bild mit der Maus gezeichnet werden kann, so schwierig ist die Markierung eines Volume of Interest (VOI) in 3D, das in seiner Geometrie komplexer als die einfache Kugel ist. Neben der Positionierung der Maus im 3D-Raum muss auch das 3D-Volumen selbst in die optimale Perspektive bewegt werden können. Ein weiteres Problem, das bei der Interaktion mit medizinischen CBIR-Systemen auftritt, ist die sogenannte semantische Lücke (engl. Semantic Gap). Hierunter versteht man den Unterschied zwischen den einfachen numerischen Merkmalen, mit denen der

Computer die Bilder vergleicht, und den semantischen Intentionen, die die Bildmuster beim Betrachter assoziieren. Der Radiologe sieht unter den Rippenknochen eine pathologische Vergrößerung des Herzmuskels in der Thoraxradiografie, der Computer bestenfalls eine mehr oder weniger große wolkenähnliche Texturregion. Was vom Radiologen in diesem Kontext als ähnlich angesehen wird, muss noch lange nicht einer kurzen Distanz der Bildsignaturen entsprechen.

Aufgrund dieser semantischen Lücke ist es bei CBIR-Anfragen oft so, dass die erste Antwort des Systems nicht optimal ist. Die Wiederholung der Anfrage liefert meist bessere Ergebnisse, wenn aus der ersten Antwort manuell solche Bilder ausgewählt beziehungsweise

### QR-Zyklen sollen Ergebnis verbessern

markiert wurden, die der gewünschten Semantik entsprechen. Dieser Mechanismus wird im Englischen als Query

Refinement (QR) bezeichnet, bei dem der Anwender dem System ein Relevance Feedback gibt. Andersherum werden vom System die metrischen Abstände der Signaturen in Form der sogenannten Relevance Facts ausgegeben – im einfachsten Fall schlicht durch die Angabe der ermittelten Ähnlichkeit.

**Bild 5** zeigt das Konzept eines erweiterten CBIR-QR-Mechanismus, der die gesamte für ein medizinisches CBIR notwendige Funktionalität in eine einfache Webmaske integriert, die sich mit jedem Browser anzeigen lässt [1]. Im Kern des Schemas ist der einfache CBIR-Zyklus grün dargestellt. Nach dem Starten der Anfrage werden vom Benutzer die Anfrageparameter (Anfragebild oder Anfragebildregion) eingegeben. Das System ermittelt ähnliche Bilder im Archiv, die dann mit den Ausgabemodulen auf dem Bildschirm angezeigt werden. Die einfachste CBIR-Schleife ist hiermit beendet. In der ersten Erweiterung (orange) kann der Benutzer die Anfrage in gleicher Weise wiederholen, nachdem mit den Parametermodulen zum Beispiel in Form von Slidern die Relevanz der ersten Antwortbilder bewertet wurde.

Allerdings müssen diese QR-Zyklen nicht zwangsläufig zu einer Verbesserung führen. In einer zweiten Erweiterung (grau) wird es dem Benutzer ermöglicht, einzelne Schritte rückgängig zu machen (Undo/Redo-Funktionalität). Das vollständige Protokollieren der Kommunikation (engl. Query Logging), wie in **Bild 5** rot dargestellt ist. Dies ermöglicht die dritte Erweiterung, die äußere Schleife (dunkelblau). Mit dieser Schleife können Zwischenergebnisse miteinander kombiniert werden. Oft sind aus medizinischer Sicht gerade solche Bilder von Interesse, die in einem lokalen Bildbereich ein gewisses Muster aufweisen und in einem anderen wohldefinierten lokalen Bildbereich gleichzeitig ein zweites spezifisches Muster haben. Dies wird durch die Prozessmodule, die auch auf dem Query Logging basieren, unterstützt. Ergebnismengen können sequenziell beliebig vereinigt und/oder geschnitten werden, was alles über die wenigen einfachen Symboltasten in der oberen Steuerleiste der Internetschnittstelle erfolgt.

Dieses Extended Query Refinement wurde im Rahmen des Image Retrieval-in-Medical-Applications- (IRMA-) Projekts entwickelt. Das interdisziplinäre IRMA-Projekt wurde 2001 am Institut für Medizinische Informatik der RWTH Aachen in Zusammenarbeit mit Pro-

fessor Günther, Klinik für Radiologische Diagnostik, RWTH Aachen, ins Leben gerufen. Kern dieser Forschungsarbeiten ist es, den Zugriff auf große (medizinische) Bilddatenbanken, wie das PACS des Universitätsklinikums Aachen, mit CBIR effizienter und effektiver zu gestalten. Im Rahmen des IRMA-Projekts wurden viele Fragestellungen untersucht [1]:

- + Lokale, regionale und strukturelle Bildmerkmale, die eine visuelle, durch den Menschen empfundene Ähnlichkeit der Bilder repräsentieren können [2, 3]
- + Systemarchitekturen und Datenstrukturen zum schnellen Zugriff und Vergleich dieser Merkmale [4]
- + Schnittstellen zum medizinischen Benutzer mit einfachen webbasierten Oberflächen, die dem Arzt die intuitive Systembedienung ermöglichen [5]
- + Schnittstellen zu PACS für den Bildzugriff und die Integration von CBIR-Services in den ärztlichen beziehungsweise radiologischen Workflow [6, 7]

Es entstand ein datenbankgestütztes Framework, das auf die speziellen Anforderungen spezifischer medizinischer Probleme adaptiert werden kann. Eine dieser Anwendungen ist die Diagnoseunterstützung im Mammografie-Screening, auf die in Teil 2 in der Ausgabe 9-10 eingegangen wird. ■

#### LITERATUR

- [1] Lehmann T. M., Güld M. O., Thies C., Fischer B., Spitzer K., Keyzers D., Ney H., Kohnen M., Schubert H., Wein B. B.: Content-based image retrieval in medical applications. *Methods Inf Med* 2004; 43(4): 354-61.
- [2] Keyzers D., Dahmen J., Ney H., Wein B. B., Lehmann T. M.: Statistical framework for model-based image retrieval in medical applications. *J Electron Imaging* 2003; 12(1): 59-68.
- [3] Lehmann T. M., Güld M. O., Deselaers T., Keyzers D., Schubert H., Spitzer K., Ney H., Wein B. B.: Automatic categorization of medical images for content-based retrieval and data mining. *Comput Med Imaging Graph* 2005; 29(2): 143-55.
- [4] Güld M. O., Thies C., Fischer B., Lehmann T. M.: A generic concept for the implementation of medical image retrieval systems. *Int J Med Inform* 2007; 76(2-3): 252-9.
- [5] Deserno T. M., Güld M. O., Plodowski B., Spitzer K., Wein B. B., Schubert H., Ney H., Seidl T.: Extended query refinement for medical image retrieval. *J Digit Imaging* 2008; 21(3): 280-9.
- [6] Welter P., Hocken C., Deserno T. M., Grouls C., Günther R. W.: Workflow management of content-based image retrieval for CAD support in PACS environments based on IHE. *Int J Comput Assist Radiol Surg* 2010; 5(4): 393-400.
- [7] Welter P., Riesmeier J., Fischer B., Grouls C., Kuhl C., Deserno T. M.: Bridging the integration gap from imaging to information systems. A uniform data concept for content-based image retrieval in computer-aided diagnosis. *J Am Med Inform Assoc* 2011; 18(4): 506-510.



**PROF. DR. THOMAS M. DESERNO**

ist Head of Division Medical Image Processing am Institut für Medizinische Informatik, RWTH Aachen University.  
[Deserno@ieee.org](mailto:Deserno@ieee.org)