

# Selektion von Farbtexturmerkmalen zur Tumorklassifikation dermatoskopischer Fotografien

Benedikt Fischer, Christoph Palm\*, Thomas Lehmann, Klaus Spitzer

Institut für Medizinische Informatik  
Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule (RWTH), 52057 Aachen

\*jetzt bei: Aixplain AG, 52062 Aachen

Email: bfischer@mi.rwth-aachen.de

**Zusammenfassung.** Bei der computerunterstützten Diagnostik melanozytärer Hautveränderungen werden Farbe und Textur der untersuchten Läsionen einbezogen, um objektive und quantitative Maße für eine Klassifikation zu erhalten. Aufgrund der Vielzahl der möglichen Merkmale entstehen hochdimensionale Merkmalsräume mit deutlich mehr als 100 Merkmalen. Um eine möglichst optimale Merkmalskombination durch Auswahl einiger weniger Merkmale zu bestimmen, werden die beiden Heuristiken *Floating Search* und *Genetische Algorithmen* miteinander verglichen.

## 1 Einleitung

In der dermatologischen Praxis erfolgt die Diagnostik melanozytärer Hautveränderungen anhand der semiquantitativen und subjektiven Merkmale der sogenannten ABCD-Regel. Ein dermatoskopischer Experte kann auf diese Weise ca. 90 Prozent der Läsionen korrekt klassifizieren, ein weniger geschulter Arzt erreicht jedoch lediglich eine Korrektheit von ca. 75 Prozent [1]. Die rechnerbasierte Klassifikation kann für den Diagnosesteller deshalb eine wertvolle Unterstützung darstellen, da anhand objektiver quantitativer Farbtexturmerkmale erneute Erkennungsraten von 90 Prozent und mehr erreicht werden.

Bei Verwendung integrativer Cooccurrence-Matrizen, die sowohl die Farb- als auch die Texturinformation der Läsionen beschreiben, können deutlich mehr als 100 solcher quantitativen Merkmale berechnet werden. Durch den als *Peaking Phenomenon* bezeichneten Effekt ist jedoch bekannt, dass sich die Klassifikationsrate nicht monoton mit der Anzahl der Merkmale verändert. Deshalb gilt es, eine möglichst optimale Auswahl an Merkmalen zu bestimmen. Für  $N$  Merkmale existieren  $2^N$  mögliche Kombinationen, so dass für hochdimensionale Merkmalsräume wie im vorliegenden Fall ein Brute-Force-Algorithmus zur Bestimmung der optimalen Zusammensetzung ausscheidet.

Im Rahmen dieser Untersuchung werden deshalb zwei aktuelle Heuristiken zur Merkmalsselektion auf ihre Eignung im medizinischen Kontext untersucht und verglichen. Dabei kommt mit *Floating Search* [2] ein deterministischer und mit *Genetischen Algorithmen* [3] ein stochastischer Ansatz zur Anwendung.

## 2 Verfahren zur Merkmalsselektion

Zur Klassifikation wird bei beiden Methoden eine schnelle Variante des  $k$ -Nächster-Nachbar-Klassifikators (kNN) mit  $k = 5$  verwendet. Die Güte einer Merkmalskombination  $\mathbf{M}$  wird dann über die Gütefunktion  $\mathcal{G}$  bestimmt:

$$\mathcal{G}(\mathbf{M}) = \kappa + \beta \left( \frac{|\mathbf{M}_{\text{all}}| - |\mathbf{M}|}{|\mathbf{M}_{\text{all}}|} \right) \quad \text{mit } \beta \in \mathbb{R} \text{ beliebig} \quad (1)$$

Hierbei bezeichnet  $\kappa$  die Korrektheit der Klassifikation,  $|\mathbf{M}_{\text{all}}|$  die Anzahl aller verfügbaren Merkmale und  $|\mathbf{M}|$  die Anzahl der Merkmale des aktuell betrachteten Merkmalsatzes  $\mathbf{M}$ . Durch den Skalierungsfaktor  $\beta$  wird dem Benutzer eine beliebige Gewichtung zwischen der Korrektheit der Klassifikation und der Größe der Merkmalsätze ermöglicht.

### 2.1 Floating Search

Floating Search verwendet zur Merkmalsselektion einen dynamischen Ansatz, bei dem Merkmale je nach Situation aufgenommen oder entfernt werden. Bei der hier eingesetzten Top-Down-Variante werden zunächst jeweils diejenigen Merkmale entfernt, die die schlechteste Einzelklassifikation aufweisen. Anschließend wird für bereits entfernte Merkmale überprüft, ob sie bei einer Wiederaufnahme die Klassifikationsleistung der Merkmalskombination verbessern. Auf diese Weise können eventuelle Abhängigkeiten zwischen den einzelnen Merkmalen berücksichtigt werden.

Im Unterschied zum Originalverfahren [2] wird bei der hier eingesetzten Variante die Güte der Merkmalskombinationen nicht über die Mahalanobis-Distanz bestimmt, sondern über den kNN und die Gütefunktion  $\mathcal{G}$  (1). Durch Verwendung unterschiedlicher Werte für den Skalierungsfaktor  $\beta$  lässt sich die Suche für Floating Search beliebig gestalten. Bei einem kleinen Wert für  $\beta$  terminiert die Suche u.U. bereits nach Entfernen weniger Merkmale. Mit einem größeren Wert kann dagegen eine weiterführende Suche forciert werden, die unabhängig von der Klassifikationsrate erst bei einem letzten verbleibenden Merkmal terminiert. Da der Verlauf der Klassifikationsrate während der Suche protokolliert wird, kann der Anwender auf diese Weise auch im Nachhinein die für ihn optimale Gewichtung zwischen Klassifikationsrate und Anzahl der Merkmale wählen.

### 2.2 Genetische Algorithmen

Genetische Algorithmen orientieren sich an dem Vererbungsprinzip der Natur, bei dem sich bessere Individuen einer Population gegenüber schlechteren durchsetzen. Bei Anwendung dieses Prinzips auf die Merkmalsselektion besteht eine Population aus mehreren Individuen, die jeweils eine Merkmalskombination repräsentieren. Jedes Gen eines solchen Individuums kodiert dabei die Einbeziehung („1“) bzw. den Ausschluss („0“) aus der aktuellen Kombination. Eine Nachfolgeneration wird aus der aktuellen Population über die drei Operatoren Selektion, Rekombination und Mutation gebildet.

Im Gegensatz zu einer zufälligen Auswahl der Individuen der ersten Population, setzt sich die *Anfangspopulation* bei den hier angewendeten Verfahren aus dem vollen Merkmalsatz, den Einzelmerkmalen sowie zwei zueinander komplementären Individuen zusammen, die jeweils 50% der Merkmale enthalten. Auf diese Weise werden parallel die Startpunkte eines Top-Down- und eines Bottom-Up-Ansatzes sowie zwei Punkte aus der „Mitte“ des Suchraums für den Beginn der Suche nach der optimalen Merkmalskombination verwendet.

Die *Selektion* legt fest, welche Individuen und ggf. wie häufig diese zur Weitervererbung herangezogen werden. Dazu wird das allgemein als „fair“ geltende Verfahren *Remainder Stochastic Universal Sampling* verwendet [3].

Die *Rekombination* bestimmt, wie die Gene zweier zufällig ausgewählter Individuen bei der Weitervererbung ausgetauscht werden. Dazu werden die bekannten Verfahren *Uniform Crossover* sowie *2-Point Crossover on Reduced Surrogates* [3] mit der Eigenentwicklung *Dominant Crossover* verglichen, die eine einfache dominant/rezessive Vererbung ohne den sonst üblichen hohen Protokollierungsaufwand modelliert [4].

Die hier dynamisch gesteuerte *Mutation* dient dazu, zufällige Veränderungen der Gene vorzunehmen. Zunächst ermöglicht eine geringe Mutationsrate eine Konvergenz zu einem (lokalen) Optimum. Anschließend wird durch eine Erhöhung der Rate eine Divergenz erreicht, durch die eine Suche in anderen Bereichen des Suchraums ermöglicht und damit die Wahrscheinlichkeit des Auffindens eines globalen Optimums verbessert wird. Die Anwendung eines *Elitenmodells* gewährleistet, dass das beste Individuum einer Population unverändert in die Nachfolgeneration übernommen wird und somit nicht durch Rekombination oder Mutation verloren geht.

Da durch die variable Mutationsrate keine Konvergenz der Individuen zu erwarten ist, terminieren die Algorithmen nach einer festen Anzahl von 50 Generationen.

### 3 Experimente

Das verwendete Bildmaterial ist Eigentum von Prof. Stolz, Klinik und Poliklinik für Dermatologie, Regensburg, und freundlicherweise für die hier vorgestellten Untersuchungen zur Verfügung gestellt worden. Es umfasst 749 histologisch abgesicherte Aufnahmen der Größe 512×512 Pixel und zeigt 549 Naevi und 189 maligne Melanome. Die untersuchten Merkmale basieren auf Cooccurrence-Matrizen, wobei in getrennten Experimenten 136 RGB- und 120 HSL-Merkmale betrachtet werden [5]. Zur Merkmalsberechnung werden binäre Maskenbilder verwendet. Damit beziehen sich die Merkmale lediglich auf die Läsion und nicht auf Randbereiche mit unveränderter Haut.

Für Floating Search werden die drei Skalierungen  $\beta \in \{\delta, 1, 2\}$  untersucht. Dabei bezeichnet  $\delta$  den minimalen Unterschied der Klassifikationsrate zweier Merkmalskombinationen. Im vorliegenden Fall gilt  $\delta = 1/749$ , da 749 Bilder existieren. Für die Genetischen Algorithmen werden die drei Varianten der Rekombination mit fixem  $\beta = \delta$  betrachtet.

Verfahren	Farbraum	$\beta$	Merkmale	Korrektheit	Genauigkeit	Sensitivität	Spezifität
-	RGB	—	136	0,900	0,713	0,688	0,971
-	HSL	—	120	0,880	0,654	0,640	0,961
FS	RGB	$\delta$	133	0,904	0,726	0,704	0,971
FS	HSL	1	36	0,903	0,731	0,746	0,955
FS	RGB	2	24	0,912	0,754	0,746	0,968
GA <sub>uni</sub>	RGB	$\delta$	15	0,923	0,786	0,783	0,970
GA <sub>2pt</sub>	RGB	$\delta$	9	0,916	0,763	0,746	0,973
GA <sub>dom</sub>	RGB	$\delta$	13	0,927	0,799	0,804	0,968

**Tabelle 1.** Kenndaten der besten Merkmalskombination jedes Verfahrens.

## 4 Ergebnisse und Diskussion

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der besten Merkmalskombination der jeweiligen Verfahren aufgeführt. Zur Klassifikation ist das Leaving-One-Out-Prinzip verwendet worden. Die ersten beiden Zeilen geben dabei die Werte ohne Selektion, d.h. mit allen berechneten Merkmalen an.

Sowohl Floating Search als auch die Genetischen Algorithmen können Korrektheit und Genauigkeit der Klassifikation steigern. Die Genetischen Algorithmen erzielen dabei durchweg bessere Werte als die Floating Search-Varianten, sowohl in Bezug auf Korrektheit und Genauigkeit der Klassifikation als auch in Bezug auf die Anzahl der Merkmale. Vor allem Floating Search mit  $\beta = \delta$  verringert die Merkmalsanzahl lediglich um drei Merkmale und erscheint deswegen als wenig sinnvoll.

Bei allen Verfahren fällt die im Vergleich zur Spezifität geringe Sensitivität auf. Hier liegt die Vermutung nahe, dass noch nicht genügend Bildmaterial zu malignen Melanomen vorliegt. An dieser Stelle besteht deswegen erhöhter Klärungsbedarf. Insgesamt zeigt sich jedoch, dass mit Hilfe der erzeugten Kombinationen von Farbtexturmerkmalen einem dermatoskopischen Experten entsprechende Klassifikationsleistungen zu erzielen sind und einem weniger geschulten Arzt somit eine wertvolle Unterstützung bei der Diagnostik melanozytärer Hautveränderungen geboten werden kann.

## Literatur

1. Stolz W, Pompl R, Burgdorff T, et al.: Computerisierte Verlaufskontrolle und bildanalytische Auswertung pigmentierter Hautveränderungen. Zeitschrift für Dermatologie 184(4): 175-181, 1998.
2. Pudil P, Novovicova J, Kittler J: Floating Search Methods in Feature Selection. Pattern Recognition Letters 15(11): 1119-1125, 1994.
3. Whitley D: A Genetic Algorithm Tutorial. Statistics and Computing 4: 65-85, 1994.
4. Fischer B: Selektion und Bewertung von Farbtexturmerkmalen medizinischer Bilder – ein Methodenvergleich. Diplomarbeit am Institut für Medizinische Informatik, Universitätsklinikum der RWTH Aachen, 2001.
5. Palm C, Lehmann TM, Spitzer K: Color Texture Analysis of Moving Vocal Cords Using Approaches from Statistics and Signal Theory: Procs 4th Int Workshop. Advances in Quantitative Laryngoscopy, Voice and Speech Research. Friedrich-Schiller-University, Jena: 49-56, 2000.