

# Synthese von regionen- und kantenorientierter parameterfreier Erzeugung von Multiskalengraphen mittels Region Growing <sup>★</sup>

Christian Thies<sup>1</sup>, Michael Kohlen<sup>2</sup>, Daniel Keyzers<sup>3</sup>,  
Thomas M. Lehmann<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Medizinische Informatik der RWTH Aachen, 52057 Aachen

<sup>2</sup>Klinik für Radiologische Diagnostik der RWTH Aachen, 52057 Aachen

<sup>3</sup>Lehrstuhl für Informatik VI, RWTH Aachen, 52056 Aachen

**Zusammenfassung.** Der Multiskalenansatz ermöglicht die kontextfreie strukturelle Beschreibung medizinischer Bilder mittels Extraktion aller dargestellten biomedizinischen Objekte. Um für ähnliche Bilder formal vergleichbare Ergebnisse zu erhalten, muss diese Analyse eine effiziente Datenstruktur liefern, die sowohl die Skalen-, als auch die räumlichen Adjazenzen der Bildregionen reflektiert. Klinisch relevant ist eine solche Regionendetektion nur, wenn sie parameterfrei berechnet werden kann, und für verschiedene Bilder ähnlichen Inhalts auch ähnliche Ergebnisse liefert. Herkömmliche Region-Growing-Verfahren basieren auf der Ermittlung von Saatpunkten und bevorzugen im Laufe des Merging-Prozesses bestimmte Nachbarn, wobei Strategien zur Vermeidung dieser Probleme sowohl Vorwissen bei der Auswahl der Saatpunkte erfordern, als auch zu Übersegmentierung bei restriktiven Merge-Regeln führen. Um dem entgegenzuwirken, berechnet das vorgestellte Verfahren eine Regionenhierarchie, in der jeder Bildpunkt als initiale Region betrachtet wird und ein Regionen-Merge nicht nur von der Nachbarschaftshomogenität, sondern auch von hemmenden Bildkanten gesteuert wird. Jede Region bildet dann einen Knoten in einem Graphen, der durch Kanten mit Nachbarregionen und Merge-Vorgängern verbunden ist.

## 1 Monoskalare Bildsegmentierung

Kantenorientierte Verfahren liefern zuverlässig visuell nachvollziehbare Bildinformation, deren räumliche Anordnung nicht vollständig in einen planaren Adjazenzgraphen überführt werden kann [1]. Allerdings markieren gefundene Kanten nicht immer vollständige Regionen, so dass zur Segmentierung weiteres Wissen zum Schließen von Lücken einfließen muss. Regionorientierte Ansätze basieren auf der Zusammenfassung von Bildpunkten mit ähnlichen Eigenschaften, die sich wiederum aus der lokalen Nachbarschaft ergeben. So werden beim Region Growing, ausgehend von ausgewählten Saatpunkten, schrittweise Umgebungspixel verschmolzen, wobei sich durch algorithmische Bevorzugung visuell nicht

---

<sup>★</sup> Diese Arbeit wurde im Rahmen des Projekts Image Retrieval in Medical Applications (IRMA) durchgeführt und von der DFG gefördert. (Le 1108/4)

nachvollziehbare Merge-Pfade ausprägen können. Die resultierenden Regionen partitionieren das Bild und können in Form eines planaren Adjazenzgraphen dargestellt werden. Über- und Untersegmentierung sind typische Probleme. Mit parametrisierten Clusterverfahren, wie z.B. dem EM-Clustering werden ebenfalls monoskalare Partitionierungen erzeugt, die nicht ausreichend Detailinformation enthalten [2]. Das Region Growing ist ein etabliertes Clusterverfahren, dessen Berechnungsvorschrift zwar selber eine trivial kausale hierarchische Multiskalenpartitionierung liefert, das jedoch in der bekannten Formulierung den gravierenden Nachteil der Saatpunktinitialisierung, sowie der Überbewertung von initialen Regionen hat.

## 2 Hierarchische Bildsegmentierung

Ziel des regionenorientierten Ansatzes ist eine Partitionierung des Eingangsbildes, die alle visuell signifikanten Regionen enthält. Als Region wird dabei eine zusammenhängende Pixelmenge bezeichnet, die auf dem Pixelraster eine Zusammenhangskomponente bildet. Da sich biologische Objekte in der Regel aus mehreren Regionen zusammensetzen, die wiederum eine Region bilden, entsteht eine Regionenhierarchie. Formal wird auf einem Verband gerechnet indem topologisch benachbarte Punktmenge zu größeren Mengen verschmolzen werden [3]. Die Auswahl der Verbandelemente stellt die eigentliche Partitionierung dar und kann prinzipiell durch Trennen oder Verschmelzen erreicht werden. Beim Verschmelzen kann der Skalenaufbau direkt von fein nach grob anhand des Zusammenfassens visuell benachbarter Pixel modelliert werden und man erhält ein topologisches Clusterverfahren.

## 3 Das Verfahren

Das Prinzip des Verfahrens ist die topologische Clusterung des Eingangsbildes. Zunächst wird jedem Bildpunkt ein Merkmalsvektor zugeordnet, der sich aus den Texturmerkmalen Polarität, Anisotropie und Kontrast sowie der Intensität zusammensetzt [4]. Initial repräsentiert jeder Punkt eine Region, mit Adjazenzen in der 4-Nachbarschaft, so dass das Bild in einen planaren Graphen transformiert wird, auf dem ein Region Merging initiiert wird. In einem zweistufigen Iterationsverfahren werden alle Regionen als gleichberechtigt betrachtet und somit die, für das Region Growing charakteristische, Bevorzugung der initialen Regionen vermieden (Abb. 1). Damit visuell signifikante Regionen erhalten bleiben, wenn das Ähnlichkeitskriterium zwischen benachbarten Clustern erfüllt ist, wird ein Kantenbild als Maske integriert. Da das Region Merging per Definition Zusammenhangskomponenten erzeugt, braucht dieses Kantenbild keine geschlossenen Konturen zu enthalten; es reicht eine Saliency-Filterung, wie sie vom Canny-Operator geliefert wird [1]. Die Kanten gelten als No-Go-Zonen des Region Mergings (Abb. 2). Als Skalenparameter fungiert ein Schwellwert für das euklidische Ähnlichkeitsmaß, der beim Start mit Null initialisiert und sukzessive erhöht wird (Abb. 3). Für die No-Go-Zonen gilt dabei eine unendliche Distanz, die immer

jenseits des Schwellwerts liegt. Damit lässt sich der dreistufige Algorithmus wie folgt formulieren:

**Initialisierung.** Zuerst wird das Pixelgitter in einen Adjazenzgraphen für die 4-Nachbarschaft umgeformt. Jeder Bildpunkt repräsentiert hierbei einen Knoten bzw. eine Region.

**Verschmelzung.** Das Merging erfolgt in zwei Schritten, die sich zum Aufbau der Datenstruktur eignen.

1. Es werden sukzessive alle Adjazenzen aller Regionen ermittelt, die kleiner als der aktuelle Schwellwert sind und sortiert. Dabei ist man auf einen schnellen Algorithmus wie den Merge Sort angewiesen, da sich schon bei kleinen Bildern mit 256x256 Pixeln ca. 150.000 Adjazenzen ergeben.
2. Die sortierte Liste wird beginnend mit der kleinsten Distanz abgearbeitet indem die aktuellen Adjazenzen verschmolzen und alle Nachbarregionen der beiden beteiligten Regionen in der Liste gesucht und ebenfalls vermerged werden.

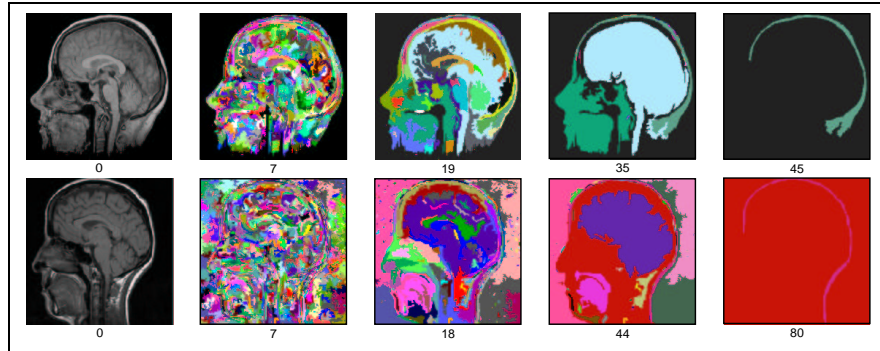
Dieser Schritt wird für jede Region einmal durchgeführt. Dabei kann es durchaus vorkommen, dass eine Region mit keinem Nachbarn verschmilzt.

**Update.** Jeder neu entstandene Cluster ist aus zwei oder mehr Regionen hervorgegangen, und hat exakt die Fläche dieser Vorgänger. Damit entsteht auf natürliche Weise eine kausale Clusterhierarchie, für die lediglich die Adjazenzen, sowie die beschreibenden Merkmalsvektoren in Form der Mittelwerte aller Merkmalskomponenten neu berechnet werden müssen.

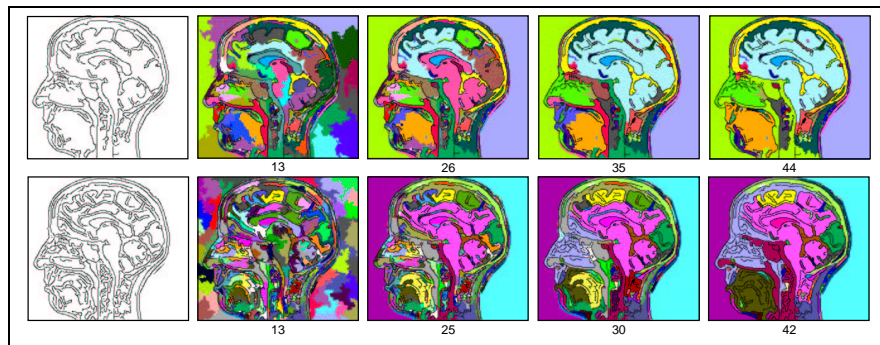
Die Schritte Verschmelzung und Update werden nun solange iteriert, bis keine Regionendistanz mehr die Schwellwertbedingung erfüllt, also kein neuer Knoten mehr entsteht. Dieser Fixpunkt markiert die Skala zum aktuellen Schwellwert. Das Verfahren startet mit dem Schwellwert 0, und dieser Wert wird sukzessive inkrementiert, bis nur noch eine Region, das gesamte Bild, existiert. Ergebnis dieser Berechnung ist eine Graphenstruktur, in der jeder Cluster einen Knoten beschreibt. Die Topologie der Cluster korrespondiert dabei mit den visuell signifikanten Bildregionen und ist über die Knotenadjazenzen beschrieben. Durch die Hierarchie der Verschmelzung wird eine Inklusionsbeziehung aufgebaut, die eine effiziente Auswertung der Datenstruktur ermöglicht.

## 4 Ergebnisse

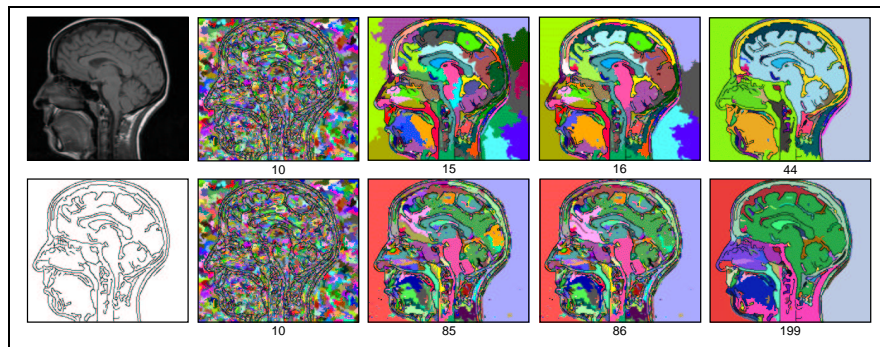
Mit diesem Verfahren wurden 50 zufällig ausgewählte Bilder aus einer radiologischen Datenbank in Regionengraphen zerlegt und ausgewertet. Dabei wurden verschiedene Schwellwertinkrementierungen miteinander verglichen. Zum einen wurde der Schwellwert jeweils um den festen Wert 0.001 inkrementiert, zum anderen wurde ein Wert von 0.05 getestet. Dabei kam es zum Teil zu sichtbaren



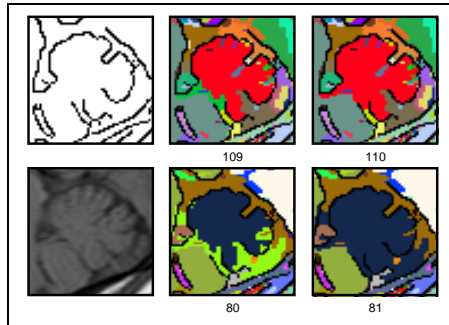
**Abb. 1.** Die Berechnung einer Skalenzerlegung liefert für unterschiedliche Bilder nicht zwingend die gleich Skalenzahl. Je nach Intensitätsverteilung ergeben sich unterschiedliche Fixpunkte. So ist das Gehirn im oberen Skalenraum bereits in Skala 35 zu erkennen, während es unten erst in Skala 44 partitioniert wurde.



**Abb. 2.** Unterschiedlich dichte Masken führen zu unterschiedlichem Mergeverhalten, So bleiben in dichter maskierten Bildern (unten), Strukturen schärfer getrennt, z.B. Sulki und Gyri der Hirnrinde oder der Rachenraum; es werden aber auch Merges durch geschlossene Linienzüge verhindert.



**Abb. 3.** Das Mergeverhalten auf einem Bild (oben links Original, unten links Maske) hängt von der Schrittweite des Mergeprozesses ab. Große Schrittweiten führen zu weniger Iterationen (oben, Schrittweite 0.05, 120 Iterationen), aber auch zu weniger Regionen und nicht nachvollziehbaren Verschmelzungen. Kleine Schrittweiten (oben, Schrittweite 0.001, 306 Iterationen) liefern mehr, aber dafür plausible Regionen.



**Abb. 4.** Durch die Maskierung des Bildes (unten links) mittels eines Canny gefilterten Bildes (oben links) bleiben Details von Objekten beim Skalenübergang erhalten (oben), während im unmaskierten Fall beim Übergang von einer zur anderen Skala mehr Merges stattfinden und Details verlorengehen (unten).

Unterschieden der Verschmelzungsreihenfolge und daher auch für große Schrittweiten zu nicht nachvollziehbaren Regionen. Der Einsatz von Masken ergab für Details eine höhere Genauigkeit in Bezug auf die visuelle Nachvollziehbarkeit (Abb. 4), die sich jedoch nur geringfügig auf die Gesamtqualität der Ergebnisse auswirkte. Die Wirkung unterschiedlich dichter Masken hängt stark von der Zahl geschlossener Kantenzüge ab und wirkt vor allem bei hoher Kantenzahl restriktiv.

## 5 Diskussion und Ausblick

Das vorgestellte Verfahren ist eine Technik zur Multiskalenpartitionierung medizinischer Bilder. Die Bildinformation wird in Form einer Graphenstruktur repräsentiert, die eine vergleichende Analyse mit anderen Bildern unter Berücksichtigung des lokalen Bildinhaltes ermöglicht. Dieser Vergleich kann aufgrund des hierarchischen Adjazenzgraphen mittels Graphmatching durchgeführt werden. Das NP-vollständige Problem des Graphmatchings lässt sich unter der starken Bedingung der Baumstruktur effizient lösen. In einer Erweiterung wird das Maskenbild mit steigender Skalenzahl ebenfalls kausal reduziert, so daß skalenspezifische Kantenzüge das Region Growing beschränken. Dazu sind allerdings auch andere als mit dem Canny-Operator erzeugte Maskenbilder denkbar.

## Literatur

1. Canny J: A computational approach to edge detection, IEEE PAMI 8(6):679-698, 1986.
2. Belongie S, Carson C, Greenspan H, Malik J: Color- and texture-based image segmentation using the expectation-maximization Algorithm and its application to Content-Based Image Retrieval, ICCV, Mumbai, India, pp. 675–82, 1998.
3. Braga Neto U, Goutsias J: Connectivity on complete lattices: New results, Computer Vision and Image Understanding 85:22–53, 2002.
4. Thies C, Malik A, Keysers D, Kohnen M, Fischer B, Lehmann TM: Content-based retrieval in medical image databases by hierarchical feature clustering, Procs SPIE 5032: in press, 2003.