

Matching von Multiskalengraphen für den inhaltsbasierten Zugriff auf medizinische Bilder

Benedikt Fischer, Christian Thies, Mark O. Güld und Thomas M. Lehmann

Institut für Medizinische Informatik, RWTH Aachen,
Email: bfischer@mi.rwth-aachen.de

Zusammenfassung. Übliche inhaltsbasierte Retrieval-Systeme verwenden lediglich globale Bildmerkmale, um eine kompakte Repräsentation des Bildinhalts zu erhalten. Für eine medizinische Anwendung ist jedoch die Verwendung regionaler Bildinformationen erforderlich. Die Bilder werden dazu zunächst über eine Multiskalenzerlegung zu Regionengraphen transformiert. Über einen Graphmatching-Algorithmus wird dann eine speziell für medizinisches Bildmaterial optimierte inhaltsbasierte Suche zur Verfügung gestellt.

1 Einleitung

Im Gegensatz zu allgemeinen Systemen für die inhaltsbasierte Bildsuche sind globale Bildmerkmale nicht für eine Anwendung in der Medizin geeignet, denn die für die Diagnostik relevanten Informationen sind nur innerhalb kleiner Bildregionen, d.h. lokal, enthalten [1]. In dem dieser Arbeit zugrundeliegenden Projekt Image Retrieval in Medical Applications¹ (IRMA,[2], <http://irma-project.org>), werden primär Röntgenbilder verwendet, so dass das für allgemeines Retrieval wichtigste Merkmal, die Farbe, ebenfalls nicht zur Verfügung steht. Eine weitere Schwierigkeit besteht in der großen Variabilität der relevanten Merkmale, die nicht nur von der Modalität (Röntgen, CT, etc.) sondern auch vom Kontext der Suche abhängen. So wird ein Retrieval in Röntgenbildern im Hinblick auf Frakturen die Kanteninformation benötigen, während sich für Tumoren eher Texturmerkmale eignen.

Im weiteren Text wird deshalb zunächst kurz auf die verwendeten Merkmale eingegangen. Darauf wird der Zusammenhang zwischen Image Retrieval und Graphmatching erläutert, bevor dann eine entsprechende Methode für Graphvergleiche vorgestellt wird.

2 Lokale Merkmale

Die Verwendung regionaler anstelle globaler Merkmale erschwert die Bildsuche, denn ein direktes Vergleichskriterium der Bilder über ein Distanzmaß der globalen Merkmalsvektoren wird hierdurch ausgeschlossen. Einer der bekanntesten Ansätze zur Verwendung regionaler Merkmale ist der Blobworld-Ansatz [3]. Hier

¹ Dieses Projekt wird gefördert von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG), Nr. Le 1108/4.

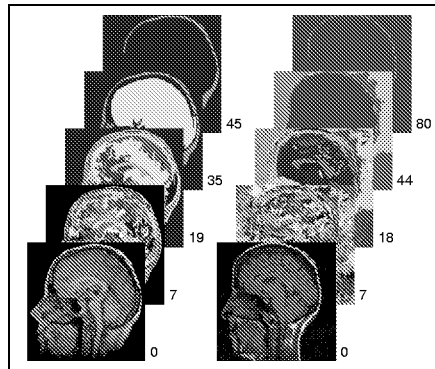


Abb. 1. Exemplarische Skalenauswahl (mit Skalennr.) zweier Multiskalenzerlegungen

Bild	Skalen	Pixel	Abmessung	Blobs
1	66	65536	256x256	135826
2	135	40000	200x200	57585
3	355	40000	200x200	70478
4	384	72150	222x325	137201
5	153	71424	186x384	122344
6	166	66415	185x359	105969

Tabelle 1. Größenangaben für 6 zufällig ausgewählte von über 6500 medizinischen Bildern

werden dominante Bildregionen approximiert durch ihre bestpassenden Ellipsen sowie einen Merkmalsvektor mit Mittelwerten über die gesamte Region. Diese kompakte Repräsentation einer Region wird als Blob bezeichnet. Der größte Nachteil von Blobworld kann darin gesehen werden, dass lediglich eine einzige Partitionierung verwendet wird, wodurch ein für die medizinische Anwendung inakzeptabler Informationsverlust entsteht.

3 Bildsuche als Graphvergleich

Um alle visuell nachvollziehbaren Segmente zu erhalten, verwendet der IRMA-Ansatz deshalb eine hierarchische Multiskalenzerlegung. Nach einer Umwandlung der berechneten Segmente in Blobs lässt sich durch die Zerlegung ein Blob-Graph aufbauen. Jeder Knoten entspricht dabei dem Blob einer Region auf einer bestimmten Skala. Innerhalb einer Skala entsprechen Verbindungen zwischen Graphknoten der Adjazenzrelation der repräsentierten Regionen. Verbindungen zwischen benachbarten Skalen entsprechen der Inklusionsrelation, wenn Regionen einer Skala in der nächsthöheren Skala zu einer größeren Region verschmelzen. Das Problem des Image Retrieval lässt sich somit als Graphmatching-Problem beschreiben, indem statt Bilder nun Graphen verglichen werden. Dabei ist zu beachten, dass nicht nur die Graphstruktur, sondern auch die Knoteninhalte für einen Vergleich der Graphähnlichkeit berücksichtigt werden müssen. Ferner lässt sich die Suche nach ähnlichen Knoten nicht auf die Suche innerhalb einzelner Skalen einschränken. Wie Abbildung 1 verdeutlicht, können korrespondierende Regionen auf ganz unterschiedlichen Skalen vorkommen.

Häufig wird die Anzahl der konsistenten Teilgraphen als Maß für die Ähnlichkeit zwischen Graphen verwendet [4]. Andere Konzepte verwenden eine Edit-Distanz, d.h. die Anzahl der Transformationsschritte (Edits), die benötigt wird, um einen Graph in den zu vergleichenden Graphen umzuwandeln [5].

Ferner gibt es Konzepte, die den größten gemeinsamen Teilbaum als Maß verwenden [6].

Alle Ansätze nutzen lediglich die Graphstruktur für den Vergleich, für Bildvergleiche ist jedoch der Knoteninhalte von wesentlicher Bedeutung. Auch wenn sich die Edit-Distanz zur Einbeziehung der Knoteninhalte modifizieren lässt, kommt sie wegen der exponentiellen Anzahl möglicher Edits nicht für eine effiziente Anwendung in Frage. Tabelle 1 verdeutlicht die zu verarbeitenden Graphdimensionen. Für medizinisches Bildretrieval ist also ein Ansatz nötig, der nicht nur in der Lage ist, mit sehr großen Graphen umzugehen, sondern vor allem auch die Knoteninhalte in den Vergleich einbezieht. Diese Eigenschaften können durch eine Anpassung des „Similarity Flooding Algorithm“ (SFA) [7] erlangt werden, die in den folgenden Abschnitten beschrieben wird.

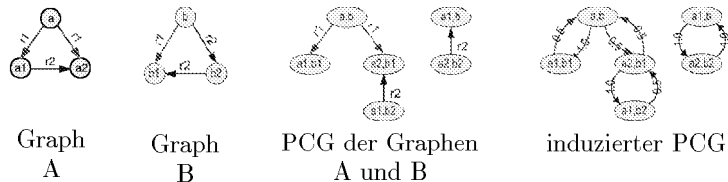
4 Verwendete Methode

Übersicht. Der SFA ist ein generisches Verfahren, mit dem Ähnlichkeiten zwischen Knoten zweier Eingabegraphen über eine Fixpunktiteration von Ähnlichkeitswerten bewertet werden. Zwei Knoten aus unterschiedlichen Graphen werden dabei als ähnlich definiert, wenn sie mit ihren jeweiligen Nachbarn über dieselbe Relation – d.h. entweder Adjazenz oder Inklusion – verbunden sind. Die Wahrscheinlichkeit einer Entsprechung ähnlicher Knoten steigt, wenn die benachbarten Knoten ebenfalls ähnlich sind. Um dies ausdrücken zu können, wird eine als Pairwise Connectivity Graph (PCG) bezeichnete Datenstruktur eingesetzt. Jedes Paar ähnlicher Knoten wird in diesen PCG als ein neuer (Verbund-)knoten aufgenommen und mit einem initialen Ähnlichkeitswert versehen. Um die Ähnlichkeit der Nachbarknoten zu berücksichtigen, werden die Ähnlichkeitswerte der PCG-Knoten im Rahmen einer Fixpunktiteration an die Nachbarn weitergegeben („gefutet“).

PCG-Konstruktion. Da die Bäume der Multiskalenzerlegung sehr groß werden können, ist ein Filter nötig, der die Anzahl der betrachteten Paare möglichst noch vor ihrem Einfügen in den PCG reduziert. Hier lässt sich ausnutzen, dass jeder Knoten einem Blob entspricht. Über die Euklidische Distanz der Merkmalsvektoren und einen geeigneten Schwellwert lassen sich auf diese Weise unwahrscheinliche Knotenzuordnungen herausfiltern. Die PCG-Generierung lässt sich demnach für zwei gegebene Graphen G_1 , G_2 , Knoten u, v, x, y , eine Relation r , die Euklidische Distanz δ und einen Schwellwert θ durch folgenden Formalismus ausdrücken:

$$\begin{aligned} & (u, r, v) \in G_1 \wedge (x, r, y) \in G_2 \\ & \wedge (\delta(u, x) < \theta \vee \delta(v, y) < \theta) \\ \Rightarrow & ((u, x), r, (v, y)) \in \text{PCG}(G_1, G_2) \end{aligned} \quad (1)$$

Da die Ähnlichkeit der Knoten über die Relation zu den Nachbarn definiert ist, werden also aus jedem Graphen beide über die Relation r verbundenen Knoten

Abb. 2. Beispiel zur PCG-Erzeugung

in den PCG eingefügt. Abbildung 2 verdeutlicht die Konstruktion eines PCG anhand von zwei einfachen Graphen aus [7]. Anstelle der Euklidischen Distanz lassen sich in (1) leicht andere Distanzmaße einsetzen, z.B. um die Gewichtung einzelner Merkmale zu verändern.

Zur Berücksichtigung der Ähnlichkeitswerte der benachbarten PCG-Knoten werden die unidirektionalen Kanten (d.h. die Relationen), in bidirektionale Kanten verwandelt und mit Kantengewichten versehen, so dass der in Abbildung 2 rechts dargestellte induzierte PCG entsteht. Im Gegensatz zu der in [7] gewählten Gewichtung werden bei IRMA die Gewichte aller eingehenden statt aller ausgehenden Kanten eines Knotens gleichverteilt. Dadurch wird eine Benachteiligung von Knoten mit mehr ausgehenden Kanten, die folglich als besonders ähnlich gelten müssen, bei gleichzeitiger Gleichbewertung eingehender Kanten ausgeschlossen.

In jedem Iterationsschritt i wird der nächste Ähnlichkeitswert σ^{i+1} eines PCG-Knotens (n_1, n_2) berechnet als Summe des aktuellen Werts σ^i und der gewichteten Summe der Werte der direkten Nachbarn:

$$\sigma^{i+1}(n_1, n_2) = \sigma^i(n_1, n_2) + \sum_{((m_1, m_2), r, (n_1, n_2)) \in \text{PCG}} \omega(n_1, n_2) * \sigma^i(m_1, m_2) \quad (2)$$

Der Iterationsprozess beginnt mit $\sigma^0(n_1, n_2) = \delta(n_1, n_2)$ und wird solange wiederholt, bis die Euklidische Länge des Restvektors $\Delta(\sigma^i, \sigma^{i+1})$ für ein $i > 0$ unter einen zuvor definierten Schwellwert ϵ fällt. Im Fall oszillierender Ähnlichkeitswerte wird die Berechnung nach einer festen Anzahl an Iterationen gestoppt. Nach jedem Iterationsschritt wird zudem eine Normierung auf Werte zwischen 0 und 1 durchgeführt.

Fixpunkt-Analyse und Globales Ähnlichkeitsmaß. Nach der Fixpunktiteration können im PCG Mehrfachzuordnungen auftreten, wenn ein Knoten $u \in G_1$ in mehreren PCG-Knoten enthalten ist. Zum Beispiel bedeuten Vorkommen (u, x) , (u, y) und (u, z) , dass der Knoten u den Knoten x , y und z ähnlich ist. Es existieren mehrere Methoden, um Mehrfachzuordnungen zu eliminieren und eindeutige Zuordnungen zu erhalten. Neben den Filtern aus [7] sind Greedy-Ansätze oder die Einbeziehung mathematischer Logik möglich, um eventuelle Inkonsistenzen zu eliminieren. Im gegebenen Kontext des Bildvergleichs

können Mehrfachzuordnungen jedoch auch sinnvoll sein, wenn ein Bild Objekte enthält, die in dem anderen Bild mehrfach auftreten. Beispiele hierfür sind Fissuren oder Tumorzellen. Aus diesem Grund werden die Mehrfachzuordnungen nicht entfernt.

Als globales Ähnlichkeitsmaß zwischen zwei Bildern wird dann die Summe der initialen Ähnlichkeitswerte aller PCG-Knoten verwendet, deren endgültiger Ähnlichkeitswert oberhalb des Erwartungswerts dieser Ähnlichkeitswerte liegt.

5 Diskussion

Es konnte gezeigt werden, dass sich das Problem der inhaltsbasierte Suche auf medizinischem Bildmaterial als Instanz des Graphmatchingproblems ausdrücken lässt. Dazu wurde eine Anpassung eines generischen Verfahrens an die Besonderheiten des medizinischen Bildmaterials vorgenommen. Insbesondere betrifft die Anpassung die Integration der Knoteninhalte, d.h. der eigentlichen Regionenmerkmale, in das Ähnlichkeitsmaß sowie ein Einführung eines graph-globalen Ähnlichkeitsmaßes. Mehrfachzuordnungen nach der Fixpunktiteration müssen nicht entfernt werden, da sie Indiz für mehrfach vorkommende Bildobjekte sein können. Im Zuge zukünftiger Untersuchungen sind weitere globale Ähnlichkeitswerte wie z.B. der Prozentsatz der Ähnlichkeitswerte über dem Erwartungswert, oder sinnvolle Filtertechniken bei Mehrfachzuordnungen zu eruiieren.

Literaturverzeichnis

1. Tagare HD, Jaffe CC, Dungan J: Medical image databases: A content-based retrieval approach. *JAMIA*, 4: 184-198, 1997.
2. Lehmann TM, Wein BB, Dahmen J, Bredno J, Vogelsang F, Kohnen M: Content-Based Image Retrieval in Medical Applications A Novel Multi-Step Approach. *Proc SPIE*, 3972: 312-320, 2000.
3. Belongie S, Carson C, Greenspan H, Malik J: Color- and texture-based image segmentation using EM and its application to content-based image retrieval. *Proc 6th ICCV*, 675-682, 1998.
4. Shapiro L, Haralick R: A metric for comparing relational descriptions. *IEEE Trans PAMI*, 90-94, 1985.
5. Eshera M, Fu K: An image understanding system using attributed symbolic representation and inexact graph-matching. *Journal of ACM*, 604-618, 1986.
6. Bunke H, Shearer K: A graph distance metric based on the maximal common subgraph. *Pattern Recognition Letters*, 255-259, 1989.
7. Melnik S, Garcia-Molina H, Rahm E: Similarity flooding: A versatile graph matching algorithm and its application to schema matching. *Proc 18th ICDE*, 117-128, 2002.