



Universität Heidelberg



Fachhochschule Heilbronn

Studiengang Medizinische Informatik

Diplomarbeit

Referent:

Priv. Doz. Dr. H.P. Meinzer

Koreferent:

Prof. Dr. C.O. Köhler

Johannes Link

***Entwurf und prototypische
Implementierung eines anatomischen
Modells zur Unterstützung der
medizinischen Bildverarbeitung***

Heidelberg, März 1996

Vorwort

Die vorliegende Arbeit entstand in der Abteilung für Medizinische und Biologische Informatik am Deutschen Krebsforschungszentrum in Heidelberg.

Bedanken möchte ich mich bei Herrn Dr. Hans-Peter Meinzer für die Möglichkeit, meine Diplomarbeit in seiner Arbeitsgruppe durchzuführen. Bei Herrn Prof. Dr. C.O. Köhler bedanke ich mich für seine Bereitschaft, Koreferent der Arbeit zu sein.

Mein besonderer Dank gilt Athanasios Demiris, für die inhaltliche Betreuung der Diplomarbeit, seine Unterstützung sowie die zahlreichen Anregungen und Diskussionen. Kirsten Meetz danke ich für die Zurverfügungstellung der Ergebnisse ihrer Doktorarbeit und dafür, daß sie mir stets hilfsbereit und kritisch zur Seite stand. Harald Evers danke ich dafür, daß ich seine Arbeit als Testfeld für meine Ideen nutzen durfte.

Für die Unterstützung in Layout-Angelegenheiten und TCP/IP-Fragen möchte ich mich bei Ulrike Baur bedanken. Allen Korrekturlesern, insbesondere Ekard Burger, sei für die Mühen und die Geduld mit meinen vielen „nuns“ gedankt. Carlos Cardenas danke ich für die liebevolle Umsetzung einer Oberflächengraphik.

Allen Mitgliedern der Arbeitsgruppe Meinzer danke ich für die freundschaftliche Atmosphäre und die gute Zeit, die ich mit ihnen während der Anfertigung dieser Arbeit verbringen durfte.

Inhaltsverzeichnis

Kapitel 1	Einleitung und Motivation	1
1.1	Probleme der medizinischen Bildverarbeitung	1
1.2	Mögliche Szenarien	2
1.3	Aufbau der Arbeit	3
Kapitel 2	Stand der Forschung	5
2.1	Modelle der Gesamtanatomie	5
2.1.1	Bildbasierte Modelle	5
2.1.2	Semantische Modelle	6
2.1.3	Kombinierte Modelle	10
2.2	Teilmodelle	13
2.2.1	Modellierung des Gefäßsystems	13
2.2.2	Gehirnmodellierung	15
2.2.3	Integration von Anatomie und Physiologie	15
2.3	Zusammenfassung	16
Kapitel 3	Aspekte anatomischer Modellierung	17
3.1	Medizinische Ontologien und Taxonomien	18
3.1.1	Medizinische Ontologien	18
3.1.2	Anatomische Taxonomien	19
3.2	Form	22
3.2.1	Allgemeine Formbeschreibungen	22
3.2.2	Formbeschreibung anatomischer Objekte	23
3.3	Räumliche Beziehungen	27
3.3.1	Domänenübergreifende Repräsentationen	27
3.3.2	Topoanalyse	29
3.4	Teil-Ganzes-Beziehungen	32
3.5	Zusammenfassung	33
Kapitel 4	Grundlagen der Modellierung	35
4.1	Konzepte und Begriffe der Objektorientierung	36
4.1.1	Konzepte	36
4.1.2	Begriffe	36
4.1.3	Entwicklungszyklus eines objektorientierten Systems	37
4.1.4	Notationsformen	37
4.2	Smalltalk	38
Kapitel 5	ARMO - Ein anatomisch-radiologisches Modell	41
5.1	Modellüberblick	41

5.1.1	Ein früher Entwurf.....	41
5.1.2	Domänen-abhängige Aufteilung.....	42
5.2	Anatomischer Teil.....	43
5.2.1	Anatomische Konzepte.....	43
5.2.2	Eigenschaften anatomischer Konzepte.....	44
5.2.3	Relationen zwischen anatomischen Konzepten.....	45
5.3	Bildgebungsteil.....	47
5.3.1	Erscheinungsform.....	47
5.3.2	Bildmodalitäten.....	48
5.4	Verbindung zwischen Anatomie und Bildverarbeitung.....	50
5.5	Zusammenfassung.....	51
Kapitel 6	Implementierung	53
6.1	Modellierungs- und Implementationsumgebung.....	53
6.1.1	Software through Pictures.....	53
6.1.2	VisualWorks.....	56
6.2	Gewählte Subdomäne.....	58
6.2.1	Das weibliche Becken.....	58
6.2.2	Die betrachtete Modalität.....	58
6.2.3	Die Rolle der Anatomiebank.....	60
6.3	Vereinfachungen, Einschränkungen und Anforderungen der Implementation....	61
6.4	Details der Implementation.....	61
6.4.1	Medical View.....	62
6.4.2	Imaging View.....	63
6.4.3	Constraints.....	64
6.5	Schnittstelle.....	64
6.5.1	Query-Klassen.....	65
6.5.2	Anatomie-Server.....	66
6.5.3	Anatomie-Browser.....	70
6.6	Zusammenfassung.....	72
Kapitel 7	Evaluierung des Modells	73
7.1	Formale Kriterien.....	73
7.1.1	Bewertungskriterien für objektorientierte Modelle.....	74
7.1.2	Anwendung der Kriterien auf Armo.....	75
7.2	Adäquatheit und Korrektheit.....	76
7.2.1	Spezifikation des Beispiels.....	76
7.2.2	Instanziierung des Modells.....	77
7.2.3	Bewertung.....	81
7.3	Nutzen.....	81
7.3.1	Generelles Vorgehen bei der Segmentierung.....	82
7.3.2	Konkretes Vorgehen an einem Beispiel.....	82
7.4	Zusammenfassung.....	84
Kapitel 8	Diskussion und Ausblick	85
8.1	Probleme und Schwachstellen.....	85
8.1.1	Semantische Ungereimtheiten.....	85

8.1.2	Abhängigkeiten der Erscheinungsform	86
8.1.3	Einbeziehung von Patientendaten	87
8.1.4	Referenzsysteme und Normierung	88
8.2	Erweiterung der Inferenzmechanismen	88
8.2.1	Räumliches Schließen	88
8.2.2	Klassifikation anhand von Merkmalen	89
8.2.3	Fuzzy Reasoning	89
8.3	Pathologische Strukturen	90
8.4	Wissensakquisition	91
8.4.1	Wissensermittlung	91
8.4.2	Werkzeuge zum Wissenserwerb	92
Kapitel 9	Zusammenfassung	95
Anhang A	Modellansichten	97
Anhang B	Die Notation der Object Modeling Technique	101
Anhang C	Zugriffsmethoden wichtiger Klassen	103
C.1	Basics	103
C.2	Medical View	104
C.2.1	Anatomische Konzepte	104
C.2.2	Sonstiges	106
C.3	Imaging View	109
C.3.1	Bildmodalitäten	109
C.3.2	Sonstiges	110
C.4	Queries	112
Abbildungsverzeichnis		115
Literaturverzeichnis		117

1 Einleitung und Motivation

„Denn bloß allein durch den Begriff, daß in einem organischen Körper alle Teile auf einen Teil hinwirken und jeder auf alle wieder seinen Einfluß ausübe, können wir nach und nach die Lücken der Physiologie auszufüllen hoffen.“

Goethe¹

1.1 Probleme der medizinischen Bildverarbeitung

In der Medizin stützen sich sowohl Diagnosefindung als auch Therapieplanung immer stärker auf die verschiedenen zur Verfügung stehenden bildgebenden Verfahren, angefangen bei der herkömmlichen Röntgentechnik über Computertomographie (CT), Sonographie und Magnetresonanztomographie (MR) bis hin zu exotischeren Untersuchungsmethoden wie z.B. der Positronenemissionstomographie (PET) (vgl. [Demiris 94], [Schäfer 92]).

Schon lange versucht man, die Auswertung dieser sehr unterschiedlichen Abbildungen des menschlichen Körpers mit Hilfe computergestützter Verfahren zu verbessern. Dabei ist das Ziel nicht, den Arzt als die interpretierende und Entscheidungen treffende Instanz zu ersetzen, sondern ihm bei Routinearbeiten zu helfen, um bislang sehr aufwendige Diagnose- und Therapiearten einem größeren Patientenkreis zukommen lassen zu können².

Die zahlreichen Bemühungen auf dem Gebiet der maschinellen medizinischen Bildverarbeitung führten zu einem hohen Niveau im Bereich der Bildvorverarbeitung und Segmentierung, was sich u.a. in der Entwicklung einer Vielzahl verschiedener Filter- und Verarbeitungsverfahren widerspiegelt. Das Streben nach einer automatischen Klassifikation beliebig-modaler Bilder beliebiger Körperregionen, führte jedoch zur Erkenntnis, daß anatomisches bzw. radiologisches Wissen den Bildverarbeitungs-Algorithmen zur Verfügung gestellt werden muß. Ein wichtiger Schritt in Richtung des maschinellen medizinischen Bildverstehens muß daher die Entwicklung *wissensbasierter* Systeme sein, in denen das bei der Interpretation medizinischer Aufnahmen *implizit* verwendete Wissen *explizit* gemacht wird (siehe [Link 95]).

1. [Goethe 88], S. 69

2. Beispielsweise erfordert die 3-dimensionale Planung einer Bestrahlungstherapie für bösartige Tumore zur Zeit noch soviel „Handarbeit“ der Ärzte, technischen Assistenten und Physiker, daß der hierdurch erzielte therapeutische Gewinn aus Kostengründen nur sehr wenigen Patienten zugutekommen kann.

Als entscheidender Schwachpunkt bei der automatischen Bildanalyse hat sich die Segmentierung, d.h. die Abgrenzung der unterschiedlichen biologischen Strukturen voneinander, herausgestellt ([Brinkley 93]). Während dem Arzt bei der (gedanklichen) Segmentierung und Identifikation wichtiger Strukturen seine Kenntnisse der menschlichen Anatomie und der Bildgebungsmodalität zur Verfügung stehen, weiß ein herkömmlicher Segmentierungsalgorithmus nichts über den Aufbau des Menschen, auf dessen Bilder er letztendlich angewandt wird. D. Cabello schreibt dazu (siehe [Cabello 90], S. 278):

„To obtain an interpretation (understanding) of the whole image [...] it is necessary to consider explicitly the knowledge that we have a priori about the properties of the organs and their anatomical relations, as well as the shapes of the pathological structures.“

Ziel dieser Arbeit ist es daher zu untersuchen, ob und wie man das zur Bildverarbeitung nötige anatomische Wissen, sowie dessen Verknüpfung mit den bildgebenden Verfahren in maschinenverwendbarer Form beliebigen Bildverarbeitungssystemen als Informationsquelle zur Verfügung stellen kann.

1.2 Mögliche Szenarien

Eine solche computergestützte Wissensquelle - im weiteren *Anatomiebank* genannt - könnte auf sehr vielfältige Weise Verwendung finden. Beispiele:

- Die Anatomiebank dient als Grundlage zur Initialisierung von Bildverarbeitungsalgorithmen. Eine *Client-Server-Architektur* erlaubt Anfragen etwa nach der wahrscheinlichen Lage eines Organs oder nach dessen Grauwert bei einer bestimmten Modalität.
- Die Anatomiebank wird zum intelligenten „Nachschlagewerk“ für Entwickler von Bildverarbeitungsmethoden, die das aus ihr gewonnene Wissen zur Konstruktion und Verbesserung der Algorithmen verwenden. Es könnte somit teilweise den Blick in herkömmliche Anatomiebücher ersetzen, aus denen man die nötigen Informationen erst aufwendig heraussuchen muß.
- Bei der medizinischen Ausbildung dient die Anatomiebank zur Unterstützung beim Erkennen und Begreifen anatomischer Zusammenhänge (vgl. [Rosse 95]).

Ein weiterer wichtiger Aspekt bei der Betrachtung möglicher Anwendungsgebiete ist die Öffnung dieser anatomischen Wissensbank nach außen. Da zum einen die zu erfassenden anatomischen Gegebenheiten auf der ganzen Welt in etwa übereinstimmen, und da zum anderen das Auffüllen derselben nicht von einem einzigen Team geleistet werden kann, ist ein Zugang für alle interessierten Gruppen mehr als wünschenswert. Vorstellbar wäre beispielsweise der Aufbau eines Internet-Servers als Zugang zu einer zentral verwalteten Anatomiebank.

Möchte man für all die oben genannten Aspekte offen bleiben, so muß das einer Wissensbank zugrundeliegende Modell umfassend genug sein, um alle wünschenswerten Einsatz-

gebiete abzudecken. Und doch soll es flexibel genug sein, um an neu hinzukommende Aufgaben angepaßt werden zu können. So ist es beispielsweise das Ziel der in dieser Arbeit implementierten Anatomiebank, das Wissen zu modellieren, das für die beschreibende Interpretation radiologischer Aufnahmen wichtig ist, und nicht, sämtliche anatomische Details bereitzustellen, die für ein Anatomie-Lehrprogramm durchaus notwendig wären. Das System wird daher nur einen begrenzten Detaillierungsgrad aufweisen, aber trotzdem die Möglichkeiten zu dessen Intensivierung bieten.

1.3 Aufbau der Arbeit

Die vorliegende Arbeit beginnt in Kapitel 2 mit einer Vorstellung der bisher auf dem Gebiet der anatomischen Wissensrepräsentation vorgestellten Ansätze und Modelle. Dabei werden sowohl Modelle der Gesamtanatomie (2.1) als auch Teilmodelle (2.2) betrachtet.

Anschließend (Kap. 3) werden einige Aspekte näher beleuchtet, die bei der Aufarbeitung anatomischen Wissens für eine rechnergestützte Anatomiebank nicht außer Acht gelassen werden dürfen. Dabei handelt es sich um medizinische Ontologien und Taxonomien (3.1), Formbeschreibungsmethoden (3.2), Lagebeschreibungen (3.3) und Teil-Ganzes-Beziehungen (3.4).

Kapitel 4 beschäftigt sich mit dem objektorientierten Paradigma als Grundlage der Modellierung. Während Unterkapitel 4.1 Konzepte und Begriffe der Objektorientierung einführt, geht Abschnitt 4.2 auf Smalltalk als Entwicklungsumgebung zur programmtechnischen Umsetzung eines Modells ein.

Im darauffolgenden Kapitel 5 wird ARMO, ein anatomisch-radiologisches Modell, vorgestellt. Nach einem Überblick (5.1) über die Struktur von ARMO, werden dessen beiden Teile - der anatomische View (5.2) und der Bildgebungs-View (5.3) - sowie die Verbindung beider Subsysteme (5.4) vorgestellt.

Kapitel 6 handelt von der prototypischen Implementierung ARMOS. Zunächst wird in Unterkapitel 6.1 die verwendete Modellierungs- und Implementationsumgebung vorgestellt. Abschnitt 6.2 beschäftigt sich mit einer MR-Studie des weiblichen Beckens, die als Instanziierungstest für die Anatomiebank diente. Davon ausgehend werden die Anforderungen dieser Subdomäne geschildert (6.3) sowie die Details der Modellimplementierung (6.4). In Abschnitt 6.5 werden schließlich die Komponenten von ARMOS Schnittstelle nach außen beschrieben.

Eine Evaluierung des Modells und seiner implementierung findet in Kapitel 7 statt. Unterschieden wird dabei in drei Aspekte: formale Kriterien (7.1), Adäquatheit (7.2) und Nutzen (7.3).

„Diskussion und Ausblick“ nennt sich Kapitel 8. Zunächst (8.1) wird darin auf bekannte Problem und Schwachstellen ARMOS eingegangen. Nachfolgend (8.2) werden mögliche Erweiterungen der Inferenzmechanismen diskutiert, sowie die Einbindung pathologischer Strukturen (8.3) und die Akquisition des anatomisch-radiologischen Wissens (8.4).

Im abschließenden Kapitel 9 wird schließlich der Zweck der Arbeit, die in ihr verwendeten Methoden und das Erreichte noch einmal zusammenfassend dargestellt.

2 Stand der Forschung

„And of course man is the animal with which we are most familiar.“

Aristoteles¹

2.1 Modelle der Gesamtanatomie

Schon in den frühen 80er Jahren (vgl. z.B. [Schlusselberg 83]) wurde erkannt, daß der Aufbau eines Modells der menschlichen Anatomie nötig ist, wenn man die automatische Interpretation - oder auch nur die Segmentierung - medizinischer Aufnahmen anstrebt. Die dabei verwendeten Ansätze sind unterschiedlich: Während manche Forschungsgruppen einzig die Bilddaten betrachten, um daraus prototypische Beschreibungen der möglichen Bilder zu gewinnen (siehe 2.1.1), versuchen andere Gruppen, Modelle der zugrundeliegenden „Anatomie-Semantik“ zu erstellen (siehe 2.1.2) oder gar beides zu kombinieren (siehe 2.1.3).

2.1.1 Bildbasierte Modelle

Die grundlegende Idee *bildbasierter* Ansätze ist es, aus dem zur Verfügung stehenden Bildmaterial ein - meist 3-dimensionales - Modell der betrachteten Körperregion aufzubauen. Dieses Modell kann dann dazu verwendet werden, neue Datensätze auf Übereinstimmungen und Unterschiede hin zu untersuchen, und, falls das Modell segmentierte Strukturen (z.B. Gefäße, bestimmte Organe) enthält, Anhaltspunkte für Segmentierung oder Klassifikation zu erhalten.

Ein frühes Beispiel eines solchen bildbasierten Ansatzes ist das Modell von Schlusselberg ([Schlusselberg 83]). Aus seriellen mikroskopischen Schichtaufnahmen wird eine hierarchische Repräsentation anatomischer Objekte erstellt, deren Oberfläche durch *Triangulation* der Konturen in den einzelnen Schnittebenen rekonstruiert wird. Die so erzeugten Oberflächenmodelle können dann mit Hilfe eines *Raytracers*² 3-dimensional dargestellt („visualisiert“) werden.

Da die Rekonstruktion der Daten eines einzigen Menschen nicht ausreichen kann, um die Vielfalt der menschlichen Anatomie darzustellen, gibt es andere Modelle, die gerade diesen Aspekt, die Erfassung sowohl der wesentlichen Form als auch der Bandbreite mög-

1. Aus „Historia animalium“, zitiert in [Cunningham 75], S. 6.

2. Die Konzepte des *Raytracings* sind z.B. in [Meinzer 91] beschrieben.

licher Variationen dieser Form, Rechnung tragen. Brinkley propagiert z.B. die Verwendung von *Geometric Constraint Networks* (GCN) zur Repräsentation anatomischer Objekte (siehe [Brinkley 88, 91b, 93]) und ihrer räumlichen Beziehungen untereinander. Auf GCNs und andere Möglichkeiten der variablen Formbeschreibung wird in Kap. 3.2 noch näher eingegangen.

Der Nachteil bildbasierter Ansätze ist, daß sie in höchstem Maße von den zugrundeliegenden Aufnahmen abhängen. Zum einen ist es kaum möglich, daß die ganze Bandbreite möglicher Variationen und pathologischer Abweichungen von den zur Verfügung stehenden Aufnahmen vollständig abgedeckt wird. Zum anderen ist die Darstellung bestimmter anatomischer Strukturen stark von der Modalität, der Auflösung und vielen anderen Parametern der Bildgebung abhängig. Dies bedeutet, daß z.B. ein aus einer hochauflösenden CT-Aufnahme gewonnenes Modell nur sehr eingeschränkt für die Segmentierung einer Ultraschallaufnahme verwendet werden kann, da aus physikalischen Gründen andere Strukturen im Bild dargestellt werden. Es fehlt also prinzipienbedingt die Möglichkeit, das Wissen über die Bildgebung für Schlußfolgerungen zu nutzen.

2.1.2 Semantische Modelle

Diese Abhängigkeit von Aufnahmeart und Aufnahmeparametern sowie die fehlende Berücksichtigung anatomischer Variabilität versuchen nun *semantische* Ansätze zu umgehen, indem sie die den Bildern zugrundeliegenden bedeutungstragenden Objekte und ihre Beziehungen untereinander explizit und *deklarativ*³ beschreiben. Der Versuch, die *Semantik* und nicht nur die Erscheinungsform der menschlichen Anatomie sowie der zugehörigen bildgebenden Verfahren zu eruieren und darzustellen, lehnt sich sehr stark an das Forschungsgebiet der *Wissensrepräsentation* - einem wichtigen Teilgebiet der *Künstlichen Intelligenz* (KI) - an.

Geht es, wie bei der Modellierung anatomischer Zusammenhänge, um strukturelles Wissen, das Objekte auf verschiedenen Abstraktionsstufen und Betrachtungsebenen beschreibt, so spricht man auch von *Structural Informatics* (SI) als eigenem Forschungsbereich (vgl. [Brinkley 91a]). Vergleicht man Wissensrepräsentationen der KI⁴ mit den Modellen der SI, so zeigt sich als erkennbarer Unterschied vor allem das Fehlen von Inferenz-Wissen, d.h. eine Antwort auf die Frage: „Wie schließe ich aus dem Gegebenen auf Neues?“ wird in der Regel nicht gegeben. Die Grenze zwischen beiden Forschungsgebieten ist jedoch fließend.

Im folgenden werden drei Ansätze zur semantischen Modellierung anatomischen Wissens vorgestellt. Die Anordnung erfolgte gemäß ihrer Komplexität und Einsicht in die Domäne „Anatomie“.

2-D-Modell von Cabello

In einem wissensbasierten System zur automatischen Interpretation von Röntgenaufnahmen des Thorax, verwendet Cabello eine Wissensbasis, in der sowohl die Standard-Ana-

3. Die Bedeutung *deklarativen Wissens* für die wissensbasierte Bildverarbeitung findet sich z.B. in [Link 95], Kap. 1.2 „Deklarative Wissensdeklaration“ ausführlich beschrieben.

4. In [Davis 93] wird z.B. versucht, die Frage zu beantworten, was eine Wissensrepräsentation ausmacht.

tomie als auch pathologische Strukturen modelliert werden ([Cabello 90]). Dabei wurde ein semantisches Netz der Anatomie des Thorax in einfache Produktionsregeln⁵ umgesetzt, die direkt bei der Klassifikation segmentierter Regionen eingesetzt werden können. So identifizieren z.B. die folgenden Regeln das *Mediastinum* (aus [Cabello 90], S. 285):

```
IF size = large
  AND x-position = central
  AND y-position = central
  AND shape = elongated
  AND orientation = vertical
  AND average gray value = light
THEN region = mediastinum
```

Andere Regeln enthalten relationale Aspekte, wie etwa „to the right of“, „next to“ oder „contained by“.

Cabellos Ansatz zeigt viele Schwächen. Zum einen ist die ausschließliche Verwendung von Produktionsregeln als Wissensrepräsentationsmethode nicht mehr zeitgemäß, da dieser Formalismus einen strukturierten und leicht zu wartenden Aufbau der Wissensbasis erschwert oder gar unmöglich macht. Zum anderen werden viele Aspekte, wie etwa „Unschärfe“ und Unsicherheit anatomischen Wissens, gar nicht beachtet, bzw. nur sehr rudimentär realisiert (z.B. Form, räumliche Beziehungen). Auch die Beschränkung auf eine 2-D-Beschreibung läßt die Übertragung des Modells auf andere (komplexere) Interpretationsaufgaben als schwierig erscheinen.

Wissensbasis des CYCLOPS-Systems

CYCLOPS ist ein System zur automatischen Interpretation medizinischer Tomographien (siehe [Wirz 94]). Die bislang nur prototypische Implementation beschränkt sich auf MR-Aufnahmen des Kopfes. Dabei werden mit Hilfe der *Domänenwissensbasis* (siehe [Gresse 95]) aus dem Pool an vorhandenen Bildverarbeitungsoperatoren passende Interpretationssequenzen ausgewählt und parametrisiert, sowie die Ergebnisse hinsichtlich der aus dem Modell generierten Erwartung verglichen.

Die Wissensbasis entspricht ihrer Struktur nach einem semantischen Netz und gliedert sich in mehrere Abschnitte:

- **Anatomiewissen:** Der strukturelle Aufbau und geometrische Lokalisationsinformationen werden in einer Teil-Ganzes-Hierarchie (vgl. Abb. 2–1) und in assoziierten Attributen (Kubusbeschreibungen in Bezug zu einem normierten „Kopfkubus“) repräsentiert.
- **Wissen über Funktionalität des Hirns:** Welche Symptome werden durch welche Funktionsstörungen hervorgerufen, und in welchen Hirnbereichen liegen diese Funktionen?

5. Produktionsregeln (*production rules*) sind eine weitere wichtige Wissensrepräsentationsmethode und werden z.B. in [Shapiro 90], S. 963ff. näher erläutert.

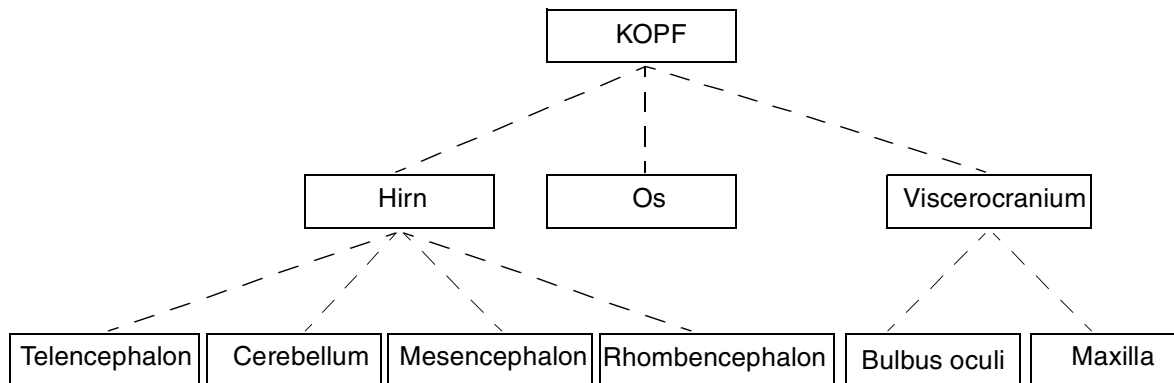


Abbildung 2–1: Ausschnitt aus der Teil-Ganzes-Hierarchie der CYCLOPS-Wissensbasis

- **Wissen über die Pathologie des Hirns:** Eine Spezialisierungs-Hierarchie möglicher Hirnpathologien (Tumor, Infektion, ...) mit Verbindungen zum Alter und Geschlecht eines Patienten, sowie zu den charakteristischen Symptomen.
- **Wissen über die Charakteristika von MR-Tomographien:** Eine einfache Klassierung möglicher MR-Aufnahmearten nach T1- bzw. T2-Wichtung und Kontrastmittelgabe dient als Bedingung für ein „optimales Signalverhalten“ bestimmter Pathologien. Damit wird festgehalten, bei welchen Aufnahmeparametern eine pathologische Veränderung am besten zu sehen ist. Desweiteren wird modelliert, bei welcher Schnittrichtung (*sagittal*, *transversal*, *coronar* oder *obliquus*) ein bestimmtes anatomisches Objekt am besten erkannt werden kann.

Interessant bei dem in CYCLOPS verwendeten Ansatz ist, daß patientenindividuelle Parameter - wie etwa Alter, Geschlecht und beobachtete Symptome - berücksichtigt werden. Desweiteren fällt die Modellrealisierung des semantischen Netzes mittels neuronaler Netze auf (vgl. [Gresse 94]). Die Schwächen des Models liegen zum einen in der mangelnden Beachtung räumlicher Beziehungen zwischen anatomischen Strukturen, sowie in dem Fehlen einer echten Aufarbeitung und Konzeptionalisierung anatomischer Begriffe.

Das Modell von Cawley und Natarajan

In [Cawley 89] wird eine symbolische, *frame-basierte* Methode vorgestellt, mit der eine 3-dimensionale Anatomie so modelliert wird, daß daraus 2-dimensionale Beschreibungen abgeleitet werden können. Dieser schichtbezogene Blickwinkel entspricht sowohl dem Standpunkt des Radiologen bei der Interpretation der Bilder, als auch den meist schichtweise erzeugten Bildern 3-dimensionaler Aufnahmeverfahren.

Cawley unterscheidet vier Wissensarten, die der Arzt bei der Bildinterpretation anwendet und die daher möglichst auch im Modell berücksichtigt werden sollten:

1. Anatomisches Wissen;

2. der Einfluß der Bildgebungsmodalität auf die Anatomie;
3. nicht-visuelle Informationen aus früheren Untersuchungen;
4. die radiologische Expertise in Form von typischen Vorgehensweisen.

Das **anatomische Wissen** ist in einem hierarchischen Teil-Ganzes-Baum enthalten, dessen Einzelstrukturen folgende Eigenschaften zugeordnet werden können:

- Position in Bezug auf ein 3-D-Referenzkoordinatensystem,
- räumliche Relationen (z.B. *inside*, *merges with*, *next to*) zu anderen Strukturen,
- Art der Grenze (*boundary*) zwischen benachbarten Strukturen,
- Form (auf Schichtebene),
- Größe (auf Schichtebene),
- Gewebeart,
- Textur,
- Ähnlichkeit mit anderen Strukturen.

Die konkreten Angaben für das *Ventriculus lateralis* könnten beispielsweise wie folgt aussehen (aus [Cawley 89], S. 307):

```
tissue: cerebral spinal fluid
slices: 1 - 150
  position:
    inside the skull
    merges with central part of lateral ventricle
    next to white matter
    next to caudate nucleus
  size: x% of skull area
  shape: regional iconic description 1
slices: 150 - 160
  position:
    inside the skull
    merges with central part of lateral ventricle
    next to white matter
  size: y% of skull area
  shape: regional iconic description 2
```

Das **modalitäts-abhängige Wissen** beschreibt u.a.

- die Sichtbarkeit anatomischer Strukturen bei einer bestimmten Modalität,
- die Auswirkungen von Kontrastmitteln auf Sichtbarkeit, Größe, Form und Grauwerte,
- die Arten möglicher Artefakte bei einer Modalität,
- die Anwesenheit und Erscheinungsformen nicht-anatomischer Objekte (z.B. Fixiersysteme) und
- die Besonderheiten bestimmter Aufnahmegeräte (*Scanner*).

Während die bislang aufgeführten Wissensaspekte dazu dienten, ein generisches Modell zu beschreiben - d.h. eine Repräsentation der menschlichen „Standard-Anatomie“ -, geben die **nicht-visuellen Informationen** Hinweise darauf, wie die „normale“ Anatomie verändert sein könnte. Den offensichtlichsten Fall stellen bereits diagnostizierte pathologische Prozesse dar. Aber auch Alter, Geschlecht oder die Zugehörigkeit zu einer bestimmten Gruppe können Hinweise auf eine mögliche - eventuell genetisch bedingte - Abweichung von der Durchschnitts-Anatomie geben.

Cawley und Natarajan nehmen in ihren Ansatz die meisten der vorstellbaren Wissensarten auf, die für die Interpretation radiologischer Bilder nötig sind. Nur unzureichend berücksichtigt werden dabei jedoch die räumlichen Relationen, auf deren entscheidende Aufgabe bei der Bildinterpretation durch den Menschen nicht näher eingegangen wird. Die Verwendung von Frames⁶ als Repräsentationsform für das *statische*, deklarative radiologische Wissen hat den Vorteil, daß diese leicht in wissensbasierte Systeme integriert werden können, und daß sie zudem einen Großteil der Funktionalität objekt-orientierter Repräsentationsformen besitzen.

2.1.3 Kombinierte Modelle

Vergleicht man die Stärken und Schwächen bildbasierter Ansätze mit denen semantischer Modelle, so stellt man fest, daß sich diese in etwa ergänzen. Bildbasierte Modelle haben Vorteile bei der Beschreibung von Merkmalen, die direkt dem Bild entnommen werden können, wie z.B. Grauwerte, Texturmerkmale oder bereits segmentierte Konturen. Semantische Modelle hingegen tun sich leicht mit bildunabhängigem Wissen, d.h. den anatomischen Grundlagen und den Unterschieden zwischen Modalitäten.

Daher liegt es nahe, beide Ansätze in einem Modell vereinigen zu wollen. Diesen Versuch machen die in diesem Unterkapitel vorgestellten Arbeiten.

Anatom

ANATOM entstammt einem Projekt, dessen Ziel es ist, die Anatomie des menschlichen Gehirns zu repräsentieren, und dessen anatomische Wissensbasis Inferenzmöglichkeiten zur Verfügung stellt (siehe [Niggemann 90]). Vorgestellt wird folgendes Beispiel-Szenario: Ein Arzt vergleicht die CT-Aufnahmen eines Patienten direkt mit einer Darstellung des Modells, in der er pathologische Strukturen kennzeichnen kann. Das System zeigt ihm nun, welche anderen Regionen durch die Schäden beeinflusst werden, und welche möglichen Symptome auftreten können.

ANATOM kennt drei Arten, das notwendige Wissen zu repräsentieren: propositionale Repräsentation (Frames, Constraints, Logik), 2-dimensionale Depiktionen und ein 3-dimensionales Schichtenmodell.

Der **propositionale Teil** dient dazu, Niggemanns Sicht der Anatomie in einer sog. *Anatomy Description Language* (ADL) darzustellen. Dabei wird von drei Anatomiearten ausge-

6. *Frames* wurden Mitte der siebziger Jahre von Minsky entwickelt (siehe [Minsky 75]), und stellen immer noch einen wichtigen Wissensrepräsentationsformalismus der modernen KI dar.

gangen - systematische, topographische und funktionale Anatomie. Im Zentrum der Beschreibung stehen dabei anatomische und funktionale Einheiten (*units*), die sich wiederum aus den Einzelkomponenten des Gehirns zusammensetzen, den *macroscopic anatomic objects*.

Als Typisierungskonzept verwendet ADL *multiple inheritance*, d.h. eine Klasse kann als Spezialisierung *mehrerer* Oberklassen fungieren⁷. Das Typkonzept ist jedoch starr auf die vorgegebenen Typen festgelegt und nicht erweiterbar. Ein Beispiel in ADL zeigt die Beschreibung des Ventrikelsystems des Gehirns (aus [Niggemann 90]):

```
(defbrainpart ventricle-system
  :sclass symmetrical-structure
  :systematical (
    :propclasses (cavern)
    :parts       ((ventriculus-lateralis    p)
                  (ventriculus-tertius     si)
                  (aquaeductus             si)
                  (ventriculus-quartus     sy) ) ) )
```

Zur Beschreibung von Gefäßstrukturen existiert ein eigener Formalismus, um der dort vorhanden starken Variation gerecht werden zu können (siehe Kap. 2.2.1). Der Inferenzmechanismus auf dem propositionalen Wissen ist in *Prolog* implementiert und ermöglicht es z.B., Attribute von Objekten rekursiv aus deren Teilen zu ermitteln, oder die Relevanz eines Arterienverschlusses für eine funktionelle Störung einzuschätzen.

Mit Hilfe **2-dimensionaler Depiktionen**⁸ werden neuronale Verbindungen modelliert. Dazu werden die in medizinischen Lehrbüchern häufig verwendeten *enhanced block diagrams* (einfache Skizzen von Nervenbahnen und ihren Verbindungen) eingescannt und in eine Matrix übertragen. Aus diesen Matrizen lassen sich zwei Typen von Schlußfolgerungen ziehen:

- Welche Funktion versagt, wenn man eine bestimmte Nervenbahn zertrennt?
- Welche Nervenbahn könnte beschädigt sein, wenn eine bestimmte Funktion aussetzt?

Der Vorteil dieses Repräsentationsmechanismus gegenüber einem propositionalen Ansatz ist die Wissensakquisition, die durch Einlesen der Diagramme mit Hilfe eines Scanners fast automatisch stattfinden kann. Eine Transformation der Depiktionen in die entsprechenden Slots der zugehörigen Objekt-Frames ist ebenfalls denkbar.

ANATOMS **3-dimensionales Modell** ist als *Voxel-Modell* - gewonnen aus MR-Aufnahmen - implementiert. Dabei finden sich die Volumeneinheiten einer zusammengehörenden Struktur in einer gemeinsamen Liste, die wiederum mit einer Datenstruktur assoziiert ist, die den gleichen Namen trägt wie der entsprechende Frame der propositionalen Wissensbasis. Auf diesem Voxel-Modell werden dann einfache Inferenzen ausgeführt, wie etwa die Kennzeichnung benachbarter Regionen, oder die Überprüfung topologischer Relationen, wie

7. Eine Definition und Erläuterung der Begriffe *Klasse* und *Inheritance* findet der Leser in Kap. 4.1.

8. Unter *Depiktionen* versteht man in diesem Zusammenhang skizzenartige Diagramme - meist Matrizen niedriger Auflösung - aus denen Schlußfolgerungen abgeleitet werden können.

z.B. „seitlich von“, „hinter“ oder den entsprechenden anatomischen Begriffen „lateral“, „dorsal“ usw.

Niggemanns Ansatz, die Anatomie des menschlichen Gehirns zu modellieren, zeigt eine tiefgehende Einsicht in die Probleme anatomischer Beschreibungen. So wird eine echte Strukturierung und Typisierung anatomischer Konzepte versucht, die über die einfache hierarchische Teil-Ganzes-Struktur der meisten anderen Modelle hinausgeht. Da das angestrebte Ziel nicht die Interpretation von radiologischen Aufnahmen ist, wird das 3-dimensionale Voxel-Modell jedoch nur sehr eingeschränkt genutzt: ein Versuch, die möglichen Variationen eines solchen Modells zu beschreiben, findet nicht statt.

Der Voxel Man

Ein sehr bekanntes Modell der menschlichen Anatomie ist der in Hamburg entwickelte VOXEL MAN, ein visualisierbarer *Atlas des menschlichen Körpers* (siehe [Pommert 94], [Schubert 93] und [Schubert 94]). Sinn und Zweck dieses interaktiven 3-dimensionalen Atlases ist die Verbesserung der anatomischen Ausbildung. Mittlerweile gibt es zahlreiche anatomische Atlanten dieser Art, die jedoch in der Regel an der Einfachheit ihres zugrundeliegenden Modells krankten.

Grundlage der im VOXEL MAN verwendeten Repräsentation ist eine Datenstruktur, die „*intelligent volume*“ genannt wird. Diese Repräsentationsform besitzt zwei Ebenen (siehe Abb. 2–2, entnommen [Pommert 94], S. 413):

- Die **untere Ebene** - *generalized voxel model* genannt - besteht aus einem oder mehreren diskreten Datenvolumen - in der Regel „handsegmentiert“ -, wie sie bei der Computertomographie oder der MR-Tomographie erzeugt werden. Jedem Voxel werden Attribute zugewiesen, die die Zugehörigkeit zu anatomischen Regionen beschreiben, und in sog. *label volumes* gespeichert werden.
- Die **obere Ebene** ist eine symbolische Repräsentation, nämlich ein semantisches Netz, das weiteres Wissen über anatomische Objekte und ihre Beziehungen zueinander enthält. Also objektbezogene Eigenschaften - wie z.B. Name und Synonyme, Pointer zu anderen medizinischen Informationen (Beschreibungstexte, Bilder, Literaturverweise) sowie auch Visualisierungsinformationen (Farbe, Schattierung und Textur) - und Relationen wie *PartOf*, *IsA*, *PassingThrough*, *PropagatingTo*, *BranchingFrom*, *SuppliedBy* usw.

Die Typisierung und Strukturierung der medizinischen Terminologie geschieht über die oben genannten Relationen *IsA* und *PartOf*, d.h. mittels einer Spezialisierungs- und einer Teil-Ganzes-Hierarchie. Darüberhinaus werden auch funktionale Aspekte, wie z.B. Nervenverbindungen und Abhängigkeiten dargestellt. Dies ist nötig, um den Anforderungen der anatomischen Ausbildung von Medizinstudenten gerecht werden zu können.

Da die anatomische Wissensbasis nicht zur automatischen Bildinterpretation gedacht ist, sind modalitätsabhängige und bildbezogene Attribute nicht modelliert. Auch spiegelt das Voxel-Modell der unteren Ebene nur eine Ausprägung aller möglichen anatomischen Variationen wieder. Die implementierten Inferenzmechanismen sind sehr schwach und beschränken sich im allgemeinen auf die automatische Vererbung von Attributen entlang der *PartOf*- und *IsA*-Verbindungen.

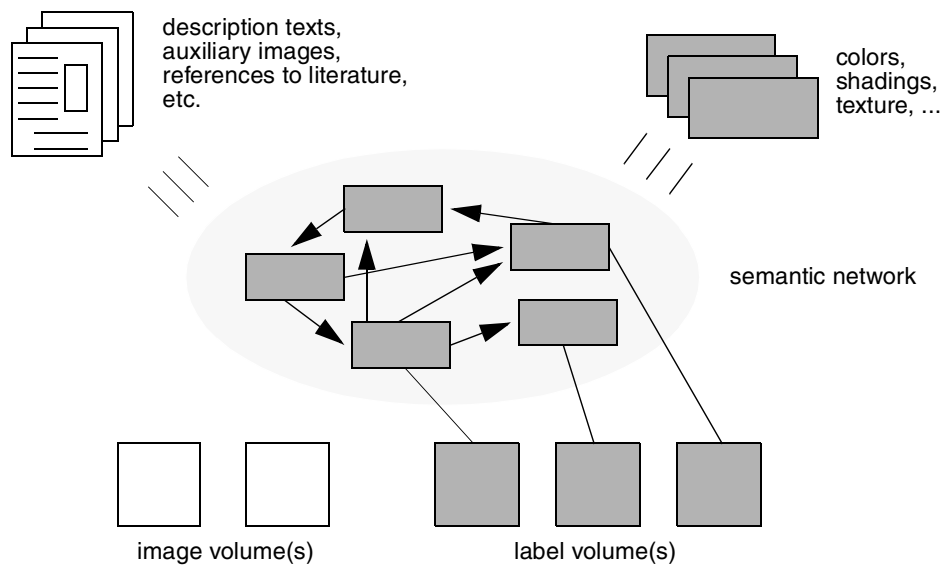


Abbildung 2–2: Intelligent Volume - Basic Ideas

2.2 Teilmodelle

Während die bislang vorgestellten Modelle - zumindest prinzipiell -, auf den gesamten menschlichen Körper anwendbar sind, gibt es auch Anstrengungen, spezifische Aspekte der menschlichen Anatomie, bzw. bestimmte Körperregionen mittels spezialisierter Ansätze zu modellieren. Dies wirft direkt die Frage auf, ob es überhaupt möglich ist, die gesamte menschliche Anatomie mit einem einzigen Ansatz zu beschreiben, oder ob nicht die großen Unterschiede zwischen verschiedenartigen anatomischen Strukturen auch unterschiedliche Repräsentationsformen verlangen⁹.

Im folgenden werden jetzt verschiedene spezialisierte Methoden zur Modellierung der Gefäßstruktur und des Gehirns vorgestellt, sowie ein Ansatz zur Integration von Anatomie und Physiologie.

2.2.1 Modellierung des Gefäßsystems

Das menschliche Gefäßsystem - darunter versteht man Blutgefäße, Lymphgefäße aber auch die Ventrikel des zentralen Nervensystems (ZNS) - hat zwei Eigenschaften, die es für die üblichen Modellierungsmethoden nur schwer greifbar machen:

1. Es hat keine offensichtliche Teil-Ganzes-Struktur, d.h. die Repräsentation der Gefäße mittels einer Part-Of-Hierarchie ist nicht adäquat.

9. Auf dieses Problem wird in Kap. 3 noch näher eingegangen.

2. Die Breite der Variation in Topologie und Geometrie des Gefäßsystems zweier Menschen wird immer größer, je weiter das Netz verzweigt und je feiner dadurch die Struktur desselben wird. Eine Beschreibung dieser Art „normaler“ anatomischer Abweichung können die bislang vorgestellten Ansätze nicht leisten.

Im Rahmen seines Gesamtmodells (vgl. Kap. 2.1.3) stellt Niggemann (siehe [Niggemann 90]) einen Ansatz vor, in dem eine grobe Netztopologie durch Austausch von unterschiedlichen *Netzkomponenten* immer weiter verfeinert werden kann. Dabei können den einzelnen Komponenten statistische Häufigkeitswerte zugewiesen werden. Desweiteren gibt es Attribute für den Durchmesser bestimmter Gefäßabschnitte, sowie *Constraints* über Abhängigkeiten der Durchmesser voneinander und von der Topologie des Systems.

Die 3-dimensionale *Rekonstruktion* - d.h. der Aufbau eines 3-D-Modells - eines Gefäßsystems aus zwei orthogonalen Röntgenprojektionen (*biplanare Angiographie*) ist ein unterbestimmtes Problem, d.h. es kann ohne Vorinformationen nicht gelöst werden. Hall und McGregor (siehe [Hall 93] und [Hall 95]) schlagen daher ein graphen-theoretisches Modell zur Beschreibung der zerebralen Blutversorgung vor. Dabei werden die Variationen von Verzweigungsstruktur, Form, Größe und Lage eines Gefäßsystems berücksichtigt.

Der verwendete Graph hat folgenden Aufbau:

- Als **Knoten** fungieren vaskuläre Punkte (*vascular points*), das sind Verzweigungen und Endpunkte von Gefäßen. Diese Knoten sind mit Attributen versehen, die die relative Richtung der ein- und ausführenden Gefäßstücke beschreiben.
- Die **Kanten** sind Gefäßsegmente und erhalten ihre Form als Attribut zugeordnet.
- Gefäße, wie sie in medizinischen Texten vorkommen, sind als **Pfade** durch den Graphen repräsentiert.
- Ein individueller Graph, d.h. eine konkrete Ausprägung des Gefäßsystems, wird mit anderen individuellen Graphen zu einem **Gesamtgraphen** (*total graph*) kombiniert.
- **Statistische Informationen** über die Häufigkeit individueller Graphen und Modelltoleranzwerte werden als Attribute dem Gesamtgraphen zugeordnet.

Das System kann durch Hinzufügen neuer individueller Graphen „lernen“. Dieses Hinzulernen geschieht anhand realer und bereits rekonstruierter Daten. Die eigentliche Rekonstruktion geschieht dadurch, daß aus den beiden Eingangsbildern eine Menge möglicher Rekonstruktionen gewonnen wird, die dann mit den individuellen Graphen des Modells zu „matchen“ versucht wird. Gelingt dies nicht, so ist eine Rekonstruktion von Hand erforderlich, und das Modell lernt die neue Rekonstruktion hinzu.

Erwähnt werden soll noch das in [Sequeira 93] beschriebene Modell zur Repräsentation baumartiger anatomischer Strukturen. Darin werden die schlauchartigen Abschnitte mittels gekrümmter Zylinder (*generalized cylinders*) beschrieben. An den Kreuzungspunkten werden die einzelnen Abschnitte durch *Spline-Interpolation* miteinander verschmolzen. Diese Art einer mathematischen Modellierung ermöglicht auf effektive Weise die Abbildung einer 3-D-Volumenaufnahme auf das Modell, sofern keine Abweichung von der angenommenen Netztopologie vorliegt.

2.2.2 Gehirnmodellierung

Im Rahmen eines umfangreichen Hypermediasystems zur Darstellung und Verwaltung einer Wissensbank über Gehirnanatomie ([Barillot 94]) stellen Barillot et al. eine Wissensbasis vor, in der die Gehirnstrukturen (z.B. Gyri, Nuclei und Gefäße) innerhalb der verschiedenen betroffenen Domänen (Anatomie, Neurologie, ...) repräsentiert werden.

Pro Domäne existiert eine unabhängige Hierarchie. Welche Hierarchie für Anfrage- und Inferenzzwecke benutzt wird, hängt von den Zielen des Benutzers ab: z.B. MR-Bildinterpretation des Radiologen, Finden von ungefährlichen Zugangswegen für den Neurochirurgen. Die Eigenschaften der einzelnen Objekte, z.B. räumliche Beziehungen und neuronale Verbindungen, sind ebenfalls in einer Hierarchie organisiert. Vom Anatomischen Standpunkt aus werden Strukturen wie Nuclei, Ventrikel, Blutgefäße, Gyri und Sulci in einer Spezialisierungs- / Generalisierungshierarchie angeordnet. Auch funktionale Aspekte (z.B. afferente und efferente Verbindungen) werden berücksichtigt.

Trotz der Spezialisierung auf Gehirnanatomie weicht das verwendete Modell nur in Details von den bereits betrachteten umfassenden Repräsentationsansätzen ab, was nicht überrascht, da viele Ansätze der anatomischen Modellierung am Kopf erprobt wurden. Einzig der Versuch, das Wissen nach Domänen zu untergliedern und damit mögliche Widersprüche verschiedener Blickrichtungen auf die Gehirnanatomie zu entdecken, ist ein neuer Aspekt.

2.2.3 Integration von Anatomie und Physiologie

Um realistische und „animierbare“ Modelle des menschlichen Körpers zu bauen, ist es nötig sowohl Objektgeometrie, Dynamik des verformbaren Körpers als auch das physiologische Verhalten zu repräsentieren, d.h. die *funktionale Anatomie* des Menschen (vgl. [DeCarlo 95]). Die Darstellung „physiologie-treuer“ Verformung ist aber durchaus auch für den Bereich der Bildanalyse wichtig; man denke nur an die Schwierigkeiten, die bei der automatischen Analyse von Mammographien auf Grund der Atembewegung auftreten¹⁰.

In [Kaye 94] wird ein Ansatz vorgestellt, den Atmungsmechanismus - Brustkorb und Lunge - in idealisierter Form zu modellieren. Das Modell besteht aus zwei Abstraktionsstufen:

1. **Anatomische Ebene:** Ein physikalisches Modell beschreibt die 2-dimensionale Form einer Lunge, sowie die möglichen nicht-rigiden Bewegungsfreiheiten. Dies geschieht mittels einer Klasse von dynamisch verformbaren Teilen (*dynamic deformable part model*) und Differentialgleichungen aus der Lagrange-Mechanik.
2. **Physiologische Ebene:** Eine Menge von Differentialgleichungen beschreiben, wie die auf der anatomischen Ebene spezifizierten Verformungen im Zeitverlauf physiologisch richtig stattfinden. Dabei werden u.a. auftretenden Muskelkräfte, Gasdruck, intrapleuraler Druck und die Kraft auf den Brustkorb berücksichtigt.

Das Modell von Kaye ist vor allem im Hinblick auf die „natürliche“ Verformung von Organen interessant. Dies spielt insbesondere bei der Analyse zeitabhängiger Bilder (z.B. Echokar-

10. vgl. [Kaiser 93], Kap. 5.3: „Problems and Sources of Error in MRM“.

diographie, Kontrastmitteldynamik) eine wichtige Rolle. Eine Schwäche des Ansatzes ist die zur Zeit noch fehlende 3-D-Komponente.

2.3 Zusammenfassung

Der Versuch, menschliche Anatomie auf dem Computer zu modellieren, ist nicht neu. Es existieren zwei grundlegende Ansätze:

1. **Bildbasierte** Modelle
2. **Semantische** Modelle

Die Idee bildbasierter Ansätze ist es, das Modell direkt aus Aufnahmen (verschiedener Modalitäten) aufzubauen; meist wird dabei mit Volumenmodellen oder Abstraktionen derselben gearbeitet. Semantische Modelle versuchen hingegen, eine Strukturierung und Typisierung anatomischer Konzepte vorzunehmen. Die verwendeten propositionalen Repräsentationsformen sind dabei in der Regel semantische Netze, Produktionsregeln und Frames.

Um die Stärken beider Ansätze zu vereinigen wurden auch **hybride Ansätze** entwickelt, die einen Teil ihres Wissens bildbasiert, einen anderen Teil propositional modellieren. Keines dieser kombinierten Modelle wurde jedoch bislang speziell zur Unterstützung der automatischen Bildanalyse konzipiert, sondern meist zur Unterstützung der anatomischen Ausbildung.

Da die Unterschiede verschiedener anatomischer Strukturen teilweise sehr groß sind, kann man den Versuch, eine einzige Repräsentationsform für alle Bereiche der Anatomie zu entwerfen, in Frage stellen. Daher gibt es Ansätze für spezialisierte Modelle, z.B. zur Darstellung von Gefäßsystemen oder zur Beschreibung physiologischer Atembewegungen.

3 Aspekte anatomischer Modellierung

„Man wird aber nicht lange mit Bestimmung der äußeren Verhältnisse und Kennzeichen sich beschäftigen, ohne das Bedürfnis zu fühlen, durch Zergliederung mit den organischen Körpern gründlicher bekannt zu werden.“

Goethe¹

Eine fundamentale These der Biologie lautet: Die Struktur bestimmt die Funktion - sowohl im mikroskopischen als auch im makroskopischen Bereich (vgl. [Brinkley 89]). Daher sollte es das Ziel einer Anatomiebank sein, Aussehen und Funktion des Körpers anhand seiner 3-dimensionalen Organisation zu beschreiben. Hat man das strukturelle Wissen auf anatomischer, aber auch histologischer und molekularbiologischer Ebene erst einmal repräsentiert, dann wird es einfacher, Wissen über normale und abnormale Funktionen hinzuzufügen.

Nach [Brinkley 91a] kann man dieses Strukturwissen in zwei Kategorien aufteilen: räumliche und symbolische Informationen. Die räumliche Kategorie umfaßt dabei die Struktur der Objekte im Raum - z.B. Teil-Ganzes-Beziehungen, Form, Lage usw. -, während die symbolische Ebene Aspekte wie Namen, taxonomische Einordnung und Funktion beschreibt. Diese Kategorisierung ist jedoch insofern willkürlich, als räumliche Informationen sowohl symbolisch als auch numerisch beschreibbar sind.

Der Weg hin zu einer adäquaten Abbildung der normalen menschlichen Anatomie und ihrer Variationen, verlangt die besondere Beachtung folgender Punkte (vgl. [Cawley 89]):

- die Komplexität der Domäne,
- die Verfügbarkeit und Qualität anatomischen Wissens,
- die Anzahl unterschiedlicher Konzepte,
- sowie die deskriptiven und relationalen Eigenschaften anatomischer Strukturen.

Eng damit verknüpft sind verschiedene Aspekte und ungelöste Probleme, auf die in diesem Kapitel näher eingegangen werden soll: medizinische Ontologien und Taxonomien,

1. siehe [Goethe 88], 67.

Formbeschreibungen, die Repräsentation räumlicher Beziehungen und die verschiedenen Arten von Teil-Ganzes-Beziehungen.

3.1 Medizinische Ontologien und Taxonomien

Eine der Aufgaben bei der Konstruktion von Wissensbasen ist es, das Wissen „teilbar“ (*sharable*) zu machen, d.h. wiederverwendbar und zugänglich für einen größtmöglichen Kreis von Anwendungsprogrammen (Applikationen) und Anwendungsgruppen (z.B. Mediziner und Bildverarbeiter). Nach [Wielinga 94] gibt es drei Prinzipien, die die Grundlage für die Konstruktion teilbarer Wissensbasen bilden:

1. Trennung von Domänen- und Kontrollwissen,
2. Explizitmachung von Metamodellen (Ontologien),
3. Unterscheidung zwischen verschiedenen Metamodellen.

Das dabei auftretende Problem ist, daß sowohl verschiedene Applikationen unterschiedliche Sichtweisen auf die Domäne haben, als auch Anwender aus unterschiedlichen Bereichen nicht die gleiche Sprache sprechen. Während der erste Aspekt die Schaffung wiederverwendbarer *Ontologien* erfordert, dreht sich der zweite Aspekt um eine einheitliche und übergreifende *Taxonomie* medizinischer Begriffe. Auf beide wird im folgenden näher eingegangen.

3.1.1 Medizinische Ontologien

Unter einer Ontologie versteht man die „explizite Spezifizierung einer Konzeptualisierung [des Wissens], d.h. eine Menge von Definitionen, die einen Begriff [*term*] mit Axiomen assoziieren, die die Verwendung des Begriffs einschränken, und ihn mit anderen Begriffen in Verbindung setzen“ ([Falasconi 94], S. 81)². Daher spricht man auch von einem *Meta-modell* einer Wissensdomäne.

Die Forderung nach einer Bibliothek wiederverwendbarer Ontologien entspringt der Erkenntnis, daß die meisten der verfügbaren Wissensbasen ihre Eigenarten haben, d.h. sie wurden für eine bestimmte Aufgabe konstruiert und erreichen daher nur eine eingeschränkte Allgemeingültigkeit (vgl. [Wielinga 94]). Aufgabe ist es deshalb, diese wachsende Menge an formalisiertem Wissen so zu formulieren, daß es auf breiter Ebene wiederverwendet werden kann, und dennoch die Domäne adäquat abbildet.

Van Heijst unterscheidet nun drei verschiedene Kategorien von Ontologien (siehe [Heijst 95]):

1. **Terminologische Ontologien:** z.B. Lexika, in denen die Begriffe spezifiziert werden, die zur Wissensrepräsentation in der Domäne dienen (vgl. 3.1.2).
2. **Informations-Ontologien**, die die Struktur der Datenbank beschreiben.

2. Diese Definition gilt nur für den Bereich des Knowledge Engineerings, hat aber seinen Ursprung in der philosophischen Tradition, wo Ontologie für „Wissenschaft der Objekte“, bzw. „Doktrin des Seins“ steht (siehe [Falasconi 94], Kap. 1: What is an ontology?).

3. Wissensmodellierungs-Ontologien, die die Konzeptualisierung der Struktur des Wissens spezifizieren.

Ein wissensbasiertes System hat nun die Möglichkeit, aus einer Bibliothek medizinischer Ontologien, wie sie im Rahmen des GAMES-II-Projektes³ entwickelt wird, das passende Konzept auswählen oder die eigene Ontologie einbringen. Auf diese Weise kann bereits formalisiertes und erworbenes Wissen verbreitet und wiederverwendet werden.

Eine Möglichkeit der formalen Definition medizinischer Ontologien ist ONTOLINGUA. Dies ist eine aus dem Knowledge-Sharing-Library-Projekt der Universität Stanford hervorgegangene Sprache zur Beschreibung von *Meta-Modellen*. Einen Ausschnitt aus der Ontolingua-Definition des Begriffs *disease* zeigt der folgende Abschnitt (aus [Falasconi 94], S. 86):

```
(define-class DISEASE (d)
  "A disease is a clinical-process characterized by
  pathological states, situated in some anatomical-locus,
  'caused by' some etiology."
  :def (and (clinical-process d)
    (forall sv (=>(member sv (process.state d))
      (and (or (finding sv)
        (clinical-state-abstraction sv))
        (disease.manifestation d sv))))
    .
    .
    .
```

Der Rahmen dieses Kapitels ist viel zu klein, um auch nur einen Eindruck von der Komplexität der hinter dem Wort *Ontologie* stehenden Ideen, und damit den Konzepten des modernen Knowledge-Engineerings geben zu können. Der interessierte Leser wird zur Vertiefung des Gebietes „Ontologien“ auf die zitierten Artikel verwiesen.

3.1.2 Anatomische Taxonomien

*„So ist durch die Stallmeister, Jäger und
Fleischer eine Diskrepanz in Benennung der
äußeren und inneren Teile [...] gekommen, die
uns noch bis in die ordnende Wissenschaft
verfolgt.“*

Goethe⁴

Um eine anatomische Wissensbasis zu füllen, bedarf es der Mitwirkung medizinischer Experten - im weitesten Sinne fallen darunter auch Fachbücher als schriftlich fixierte Lehrmeinung eines oder mehrerer Experten. Ein Teilbereich dieses Wissensakquisitionsprozeß⁵ ist die Frage nach der Nomenklatur eines anatomischen Konzeptes (z.B. einer bestimmten Krankheit). Meist erhält man als Antwort einen einzelnen Name, dessen Plau-

3. Verschiedene Aspekte des von der EU finanzierten GAMES-II-Projektes findet man in [Falasconi 94], [Heijst 95] und [Schreiber 93] beschrieben.

4. in [Goethe 88], S. 70.

sibilität und Richtigkeit vom wissenserhebenden Nicht-Experten (z.B. ein automatisches Werkzeug) in der Regel kaum entschieden werden kann. Medizinische Terminologie beinhaltet jedoch zahlreiche Variationen, angefangen von der verwendeten Sprache (Latein, Muttersprache), über Wortstellungen und Attribute (z.B. „linke Schale des trochanter major“ entspricht „trochanter major sinister“), bis hin zu den unterschiedlichen Jargons verschiedener medizinischer Fachrichtungen (vgl. [Schreiber 93]).

Um diese „Sprachverwirrung“ als Hindernis bei der Gewinnung und Auswertung medizinischer Informationen zu beenden, und um somit die Wiederverwendung medizinischer Daten- und Wissensbanken zu ermöglichen, wünscht man sich eine einheitliche **Taxonomie** medizinischer - insbesondere anatomischer - Begriffe. BRITANNICA ONLINE⁶ definiert den Begriff *Taxonomy* wie folgt:

„Taxonomy, in a broad sense, [is] the science of classification, but more strictly the classification of living and extinct organisms, i.e., biological classification. The term is derived from the Greek taxis (arrangement) and nomos (law). [...]“

Übertragen auf den Bereich der Wissensrepräsentation bedeutet „Taxonomie“ demnach die Identifizierung, Nomenklatur und Klassifizierung von Konzepten der betrachteten Wissensdomäne.

Im Bereich der medizinischen Terminologie existieren zahlreiche Standardisierungsbemühungen. Am bekanntesten sind sicherlich der ICD⁷ als Klassifikationssystem für Krankheiten, sowie SNOMED⁸ als medizinisches Nomenklatursystem. Daß derartige Klassifikationen und Nomenklaturen als alleinige Standards nicht ausreichen, zeigt u.a. die Existenz zahlreicher fachspezifischer Klassifikationen (z.B. der ICD-O zur Tumordokumentation). Hinzukommt, daß nur ein geringer Teil der zur Verfügung stehenden medizinischen Wissensquellen anhand einer Klassifikation oder Nomenklatur codiert wurden.

In [Tuttle 92] wird der von der *United States National Library of Medicine* entwickelte UMLS METATHESAURUS (*Unified Medical Language System*) vorgestellt. Ziel des Systems ist es, die elektronische Informationssuche und Integration aus zahlreichen medizinischen und biologischen Wissensquellen zu ermöglichen. Dabei soll es keine Rolle spielen, daß die selben Konzepte in unterschiedlichen Quellen verschieden benannt werden.

Tuttle stützt sich auf folgende Definition eines Thesaurus ([Tuttle 92], S. 1508) von I.A. Richards (1893-1979):

“A Thesaurus is the opposite of a dictionary. You turn to it when you have the meaning already but don't yet have the word.”

5. Weiter Fragen an den Experten sind: Charakterisierung der Daten, existierende Theorien, Konzeptstrukturen, Unsicherheiten, Zeitconstraints, ... (vgl. auch [Karbach 90]).

6. BRITANNICA ONLINE ist eine im *World Wide Web* angebotene kommerzielle Enzyklopädie. Probeweisen freien Zugriff erhält man unter: <http://www-pf.eb.com:189/>.

7. International Statistical Classification of Diseases, Injuries and Causes of Death

8. Systematized Nomenclature of Human and Veterinary Medicine

Diese Definition impliziert, daß ein Thesaurus zur Darstellung der *Bedeutung* eines Begriffes dient. In UMLS werden die bekannten Klassifikationen und Nomenklaturen insofern integriert, als die von ihnen verwendeten Bezeichnungen und Schlüssel einen Teil der Beschreibung eines Konzeptes, beispielsweise einer Krankheit, ausmachen.

Abb. 3–1 (entnommen [Tuttle 92], S. 1509) zeigt die interne Repräsentation des Begriffs „celiac disease“ (Zöliakiesyndrom⁹). Man erkennt z.B., daß einem Konzept (*Synonym Class*) mehrere lexikalische Variationen (*Lexical Variant Class*) zugeordnet sind, die wiederum anhand ihrer grammatischen Formen (*String Class*) und ihres Auftretens in Nomenklaturesystemen (*Source Occurrence*) beschrieben werden.

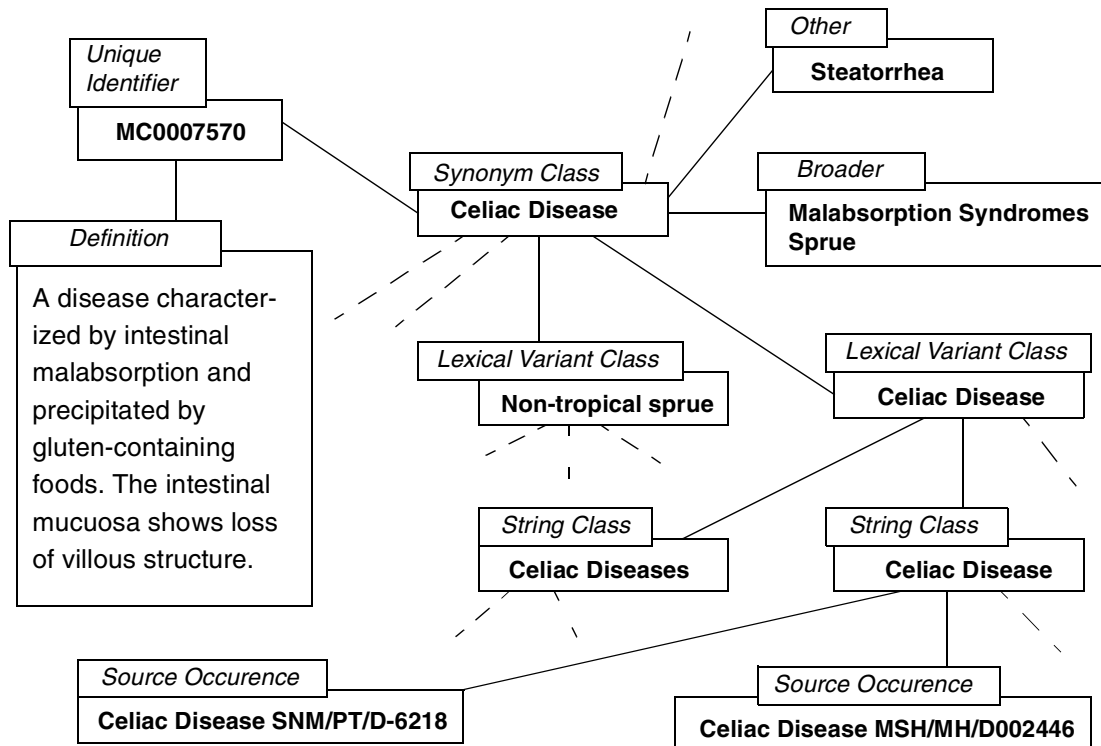


Abbildung 3–1: Logische Repräsentation eines Eintrages des UMLS METATHESAURUS

Der zur Zeit noch frei verfügbare Metathesaurus ermöglicht die Verwendung von medizinischen Wissensquellen, deren Terminologie man sich nicht vollständig zueigen machen muß. Ein System dieser Art kann den Wissenserwerb, ob automatisch oder durch den Menschen, deutlich vereinfachen und ist dann unentbehrlich, wenn man Arbeitsgruppen unterschiedlicher Herkunft und Fachrichtungen beim Aufbau einer umfassenden anatomischen Wissensbasis zusammenführen möchte.

9. *Zöliakiesyndrom*: zusammenfassende Bezeichnung für verschiedene chronische Enteropathien im Kindesalter ([Pschyrembel 95]).

3.2 Form

Für einen menschlichen Betrachter radiologischer Aufnahmen ist die Form eines anatomischen Objektes - bzw. der Schnittebene durch das Objekt - zusammen mit der Lage desselben das wichtigste Kriterium zur Bestimmung der Objektidentität. Entzieht man dem erfahrenen Betrachter alle Zusatzinformation über Art der Bildgebung und eingestellte Aufnahmeparameter, so wird er dennoch die großen Strukturen (z.B. Organe, Knochen) anhand ihrer Umrisse und Lage erkennen können. Daher liegt es nahe, einem System zur automatischen Bildinterpretation oder Segmentierung Informationen über die Form erwarteter Objekte mitzugeben.

In diesem Unterkapitel werden zunächst einige allgemeine Aspekte und Formbeschreibungsmethoden diskutiert, um anschließend die spezifischen Eigenheiten anatomischer Formen und möglicher Repräsentationsmechanismen zu beleuchten.

3.2.1 Allgemeine Formbeschreibungen

In [Stiehl 90] werden fünf Hauptpunkte genannt, die man beim Versuch, das menschliche Konzept der Form für die rechnergestützte Repräsentation aufzubereiten, beachten muß:

1. das Nebeneinander von kontur- und regionenbasierter (2-D-Raum), bzw. von oberflächen- und volumenbasierter Formbeschreibung (in 3-D) als wichtige konzeptionelle Dichotomie;
2. der gewünschte Grad an Übereinstimmung zwischen einer realen Form und ihrer Repräsentation;
3. die räumliche und zeitliche Komplexität eines Objektes (z.B. regelmäßig konvex gegenüber unregelmäßig, strukturiert und dynamisch veränderbar);
4. die Komplexität der ebenen, räumlichen oder zeitlichen Umgebung;
5. die vom System auszuführenden Aufgaben (z.B. Objekterkennung, Szenenbeschreibung, Navigation).

Da jeder der genannten Punkte bestimmte Forderungen an eine Methode zur Formrepräsentation stellt, und da alle Methoden ihre inhärenten Beschränkungen aufweisen, wird bislang kein Ansatz allen denkbaren Ansprüchen gerecht. Bei der Auswahl einer Repräsentationsmethode muß daher die zu lösende Aufgabe im Mittelpunkt stehen.

Ein Großteil der bekannten Formbeschreibungsverfahren beschäftigen sich mit der Repräsentation von Menschen gemachter Gegenstände (*man-made objects*). Die bekanntesten Ansätze hierzu sind (vgl. [Link 95]):

- **Voxel-/pixelorientierte Darstellung:** Da bei der Arbeit mit bildgebenden Verfahren die zu beschreibenden Objekte meist in Pixel- bzw. Voxelform vorhanden sind, liegt es nahe, ein bereits erkanntes Objekt als repräsentatives Modell zu benutzen. Der Formvergleich findet dann als ein „Übereinanderlegen“ (*alignment*) von Modell- und Bildobjekt statt. Erlaubte Formvariationen werden entweder mittels erlaubter Transformationen zwischen Modell und Bild ermöglicht, oder durch Zurverfügungstellung mehrerer Modellobjekte (siehe [Shapira 91]).

- **Mathematische Formbeschreibungen:** Algebraische Methoden - meist eine Menge aus Gleichungen und Ungleichungen - sind die allgemeinste Methode zur Formbeschreibung. Es wurden zahlreiche 2- und 3-dimensionalen Verfahren entwickelt, deren Formerkennungsalgorithmen gewöhnlich durch eine Parameteroptimierung realisiert wird. Hiermit eng verwandt sind andere mathematische Modelle, die eine Form durch einfach zu handhabende Beschreibungen annähern (z.B. *generalized cylinders*). Beiden Ansätzen fehlen effiziente Algorithmen zum *geometrischen Schließen*¹⁰.
- **Building-Block-Modelle** (vgl. [Saund 92]): Ein festes, vordefiniertes Vokabular kompakter Formen dient dazu, komplexe Objekte aus Einzelteilen zusammenzusetzen. Ein solcher Ansatz muß daher zwei grundlegende Mechanismen anbieten:
 1. Eine Methode zur Beschreibung der Form eines Teils (algebraisch oder mit primitiven Propositionen wie Kugel, Quader, ...).
 2. Eine Methode zur Spezifizierung der räumlichen Relationen zwischen den Teilen.

Da jede Domäne ihre eigenen spezifischen Formen besitzt, ist das verwendete Vokabular meist domänen-abhängig.

Von den erwähnten Methoden stellen Building-Block-Modelle den am stärksten vertretenen Ansatz im Bereich der automatischen Bilderkennung dar, da in den meisten Einsatzgebieten (Robotersteuerung in der Industrie, Interpretation von Luftaufnahmen) nach menschen-gemachten - und damit in Einzelteile zerlegbaren - Objekten gesucht wird.

3.2.2 Formbeschreibung anatomischer Objekte

Die Beschreibung der Form anatomischer Strukturen stellt, verglichen mit der Form menschen-gemachter Objekte, ungleich höhere Ansprüche an eine Repräsentationsmethode. Dies hat folgende Gründe (vgl. auch [Link 95]):

- Anatomische Objekte zeigen dreierlei Arten von Formvariation:
 - mögliche Veränderungen desselben Organs bei einer Person (durch Verschiebung, Füllung mit Faeces usw.),
 - die genetische Variation zwischen unterschiedlichen Personen,
 - pathologische Veränderungen (z.B. Leberzirrhose).
- Organe haben in der Regel keine eindeutige Teilestruktur, d.h. der Übergang von einem Objekt zum benachbarten kann räumlich fließend sein, während sie dennoch funktional unabhängig voneinander sind (z.B. Niere/Nebenniere).
- Radiologische Aufnahmen - sowohl wichtigste Wissensquelle zur Formbestimmung als auch Datenlieferant bei der Formerkennung - sind einerseits verrauscht und liefern daher fehlerbehaftete Formen.

10. *Geometrisches Schließen* (geometric reasoning) nennt man die Fähigkeit, aus räumlichem Wissen auf neue Aussagen über eine Objektkonfiguration zu schließen.

Andererseits hat das Bildsignal bei verschiedenen Modalitäten - z.B. CT oder MR - unterschiedliche physikalische Ursachen - z.B. Absorption radioaktiver Strahlen bzw. Protonen- und Fettanteil. Dies bedeutet, daß ein und dasselbe Organ in verschiedenen Modalitäten eine unterschiedliche Form zeigen kann.

Bei all diesen Problemen verwundert es nicht, daß die meisten der wissensbasierten Systeme zur Interpretation radiologischer Aufnahmen nur sehr einfache Formbeschreibungen verwenden. Verbreitet sind u.a. die Einpassung eines Organs in einen Quader (siehe z.B. [Gresse 95]) oder die Spezifizierung einfacher Formattribute, wie etwa „regelmäßig/unregelmäßig geformt“, „groß/klein“ und „länglich/rund“.

Eine adäquate Formbeschreibungsmethode für anatomische Objekte ist daher

1. **generisch**, da es die erwartete Form und deren zulässige Variation repräsentiert,
2. **flexibel**, um dem Modell zu erlauben, sich an eine konkrete Formausprägung anzupassen,
3. und **effizient**, d.h. die Algorithmen zum Vergleichen, Erkennen und Anpassen von Formen müssen in akzeptabler Geschwindigkeit ausgeführt werden können.

Diese Kriterien werden im folgenden an zwei spezifischen Ansätzen zur anatomischen Formbeschreibung - das *Radial Contour Model* und das *Active Shape Model* - überprüft.

Radial Contour Model

In [Brinkley 88] und [Brinkley 92] wird beschrieben, wie *Geometric Constraint Networks* (GCNs) dazu verwendet werden können strukturierte Objekte, und als ein solches betrachtet Brinkley auch den menschlichen Körper, zu beschreiben. Dabei gibt es auf jeder Fokussierungsebene (atomar, molekular, makromolekular, zellbezogen usw.) zwei Möglichkeiten, ein Objekt zu betrachten: als geometrische Form und als eine Aggregation von Einzelteilen, deren Beziehungen zueinander die Form ausmachen.

Ein *Radial Contour Model* (RCM) ist eine Spezialisierung eines GCN, das wiederum eine Spezialisierung eines *constraint network* ist. Solch ein „Bedingungs-Netzwerk“ besteht aus einer Menge von Variablen, den möglichen Werten für jede Variable, und eine Menge an Bedingungen (Constraints), die angeben, welche der erlaubten Werte zueinander passen. In einem GCN repräsentieren die Variablen physikalische Objekte, die möglichen Werte entsprechen möglichen Aufenthaltsorten, und die Constraints repräsentieren geometrische Beziehungen zwischen den Objekten. Im Falle des RCM sind die Variablen Punkte auf der äußeren Kontur eines 2-dimensionalen Objekts, die möglichen Werte entsprechen erlaubten Pixeln und die Constraints sind im wesentlichen Grenzen für die Neigungswinkel zwischen benachbarten Konturen.

In einem System, SCANNER genannt ([Brinkley 91b] und [Brinkley 93]), zur halbautomatischen Bildsegmentierung radiologischer Schichtbilder werden GCNs zur Beschreibung der 2-dimensionalen Form anatomischer Strukturen benutzt. Solch ein RCM erlaubt die flexible Anpassung an eine vorgefundene Instanz eines bestimmten Objekts, und umfaßt alle Beispiele einer bestimmten anatomischen Formklasse. Darüberhinaus lassen sich aus dem Modell bestimmte *search regions* für Segmentierungsalgorithmen ableiten, d.h. Gebiete im Bild, in denen der Segmentierer nach der gesuchten Form suchen soll.

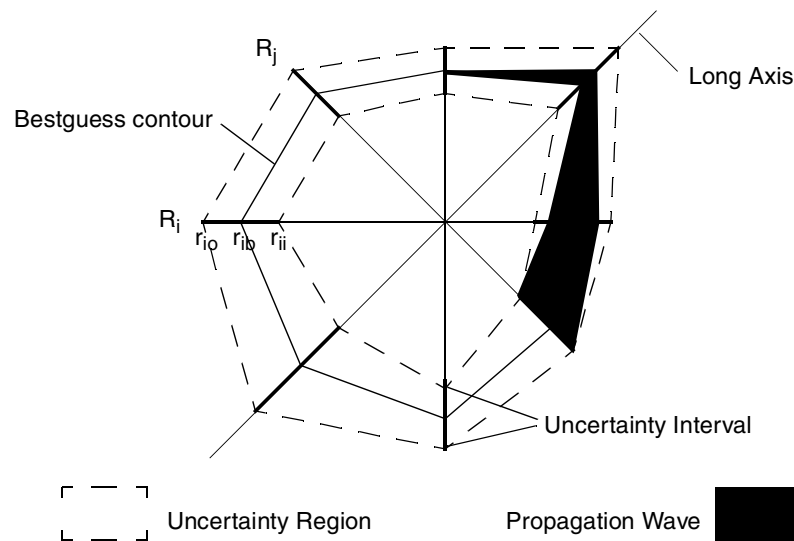


Abbildung 3–2: Struktur des *Radial Contour Model*

Abb. 3–2 (entnommen [Brinkley 93], S. 124) zeigt die Struktur eines RCMs: Auf einer Menge von fixen Strahlen (*radials*) aus dem lokalen Koordinatenursprung, der durch die *long axis* (die längste mögliche Achse durch ein Objekt) festgelegt wird, ist jeweils das Unsicherheitsintervall (*uncertainty interval*) $[r_{ii} \ r_{io}]$ für einen Konturpunkt festgelegt. Der Bereich zwischen äußerster und innerster Konturlinie definiert die *uncertainty region*, innerhalb derer eine Kontur immer liegen sollte. In dem hier dargestellten *lokalen* RCM gibt es nur Constraints zwischen benachbarten Radialen. Ein *maximales* RCM, in dem es Constraints zwischen allen Strahlen gäbe, benötigte exponentiell anwachsende Rechenzeit zur Lösung.

Brinkley erwähnt, daß über 70% aller Konturen in den getesteten CT-Schnitten auf Anhieb korrekt klassifiziert wurden, und daß die interaktive Segmentierung dadurch deutlich beschleunigt werden konnte. Dennoch hat der Ansatz mehrere Schwachstellen. Zum einen muß die *long axis*, die über die Drehung eines Objektes entscheidet, noch von Hand festgelegt werden. Zum anderen sollte für jede Schicht und jede Schnittrichtung ein eigenes Modell definiert werden. Obwohl GCNs generell auch auf 3-dimensionale Modelle erweiterbar sind, scheint der dadurch exponentiell anwachsende Rechenaufwand zur Lösung des *Constraint-Satisfaction-Problems* in absehbarer Zeit unbewältigbar.

Active Shape Model

Cootes und Taylor argumentieren, daß ein flexibles Modell zur Formbeschreibung nur auf die Art und Weise verformbar sein soll, wie es für die Klasse der modellierten Objekte (z.B. anatomische Strukturen) charakteristisch ist (siehe [Cootes 94]). In einem Überblick über die verschiedenen „deformierbaren“ Modelle zeigen sie, daß diese entweder zu starr sind, oder sich in uncharakteristischer Weise verformen lassen.

Außer auf diese *klassenspezifischen* Verformbarkeit legen Cootes und Taylor verstärkten Wert auf *Robustheit*, d.h. verdeckte oder aus einem anderen Grund fehlende Kontur-

stücke dürfen den Erkennungsprozeß nicht verhindern. Um beide Forderungen erfüllen zu können, schlagen sie ein sog. *Active Shape Model* (ASM) vor, das aus einer Menge von „Trainingsobjekten“ die spezifische Form und Formvariation einer Klasse lernt.

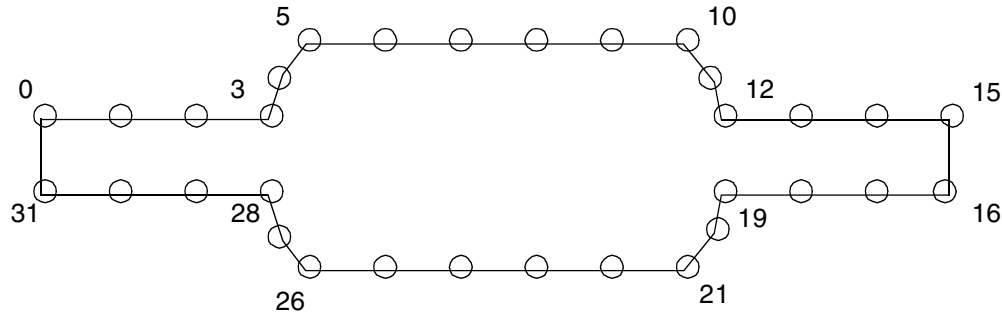


Abbildung 3–3: *Active Shape Model* (32 Punkte) eines elektrischen Widerstandes

Abb. 3–3 zeigt eine 2-dimensionale Kontur, die durch eine feste Anzahl von Punkten (*labeled points*) repräsentiert wird. Jeder Punkt repräsentiert dabei einen bestimmten Teil des Objekts bzw. seines Umrisses. Dies bedeutet, daß die *Label* der Punkte für jede Kontur der Trainingsmenge identisch sein müssen. Das Markieren der Punkte wird während des Lernvorgangs per Hand vorgenommen, und kann bei der Formerkennung automatisch geschehen.

Die richtige Auswahl der *Labeled Points* ist äußerst wichtig für die Robustheit des Erkennungsprozesses. Es werden drei Arten von Punkten genannt, die bei der Modellierung biologischer und medizinischer Strukturen wesentlich sind:

1. Punkte, die für einen bestimmten Anwendungsfall wichtig sind (z.B. der Mittelpunkt eines Auges für die automatische Gesichtserkennung);
2. Punkte, die anwendungsunabhängige wichtige Merkmale des Objektes beschreiben (z.B. ein Scheitelpunkt oder eine scharfe Biegung);
3. andere Punkte, die aus Punkten des Typs 1 oder 2 interpoliert werden können.

In einem *Point Distribution Model* wird nun die Verteilung der einzelnen *labeled points* in der Trainingsmenge festgehalten. Es entstehen also in der Regel „Verteilungswolken“ um die Punkte herum. Bei der Berechnung der Constraints wird berücksichtigt, daß die einzelnen Punktverteilungen nicht unabhängig voneinander sind, sondern teilweise miteinander korrelieren.

Als Test für das ASM dienen u.a. Modelle der Herzventrikel, mit denen in Echokardiogrammen die linke Herzkammer lokalisiert wird. Die Suche nach einer Anfangsposition geschieht dabei mittels genetischer Algorithmen. Die „Anschmiegun“ des Modells an die im Bild vorgefundene Formausprägung wird durch einen iterativen Optimierungsprozeß realisiert.

Cootes „Modell der aktiven Formen“ hat den großen Vorteil, daß es leicht hinzulernen kann, und so die Repräsentation der klassenspezifischen Variation immer besser wird. Weiterhin bemerkenswert ist, daß die ausgewählten Punkte auf den Konturen mehrerer Objekte verteilt sein können, womit man beispielsweise nach typischen Grenzverläufen

zwischen mehreren Strukturen im Bild suchen kann. Die Erweiterung der ASMs in die dritte Dimension ist möglich und wurde bereits realisiert ([Hill 93]); allerdings bereitet die automatische Bestimmung der relevanten Oberflächenpunkte in 3-D große Komplexitätsprobleme.

3.3 Räumliche Beziehungen

Wie bereits erwähnt, sind die Form von Objekten sowie die räumlichen Beziehungen zwischen ihnen die wesentlichen Merkmale, an denen ein menschlicher Bildbetrachter bestimmte Strukturen in radiologischen Aufnahmen erkennt und differenziert. Die Verwendung dieser Merkmale für die computergestützte Bildanalyse ist daher unabdingbar. Zum einen können sie im *Bottom-Up-Prozeß* der *modell-getriebenen* Bildanalyse als Constraints zur Einschränkung der Menge aller möglichen Interpretationen dienen (vgl. [Link 95]), zum anderen spielen sie eine wichtige Rolle bei der *erwartungsgesteuerten* Segmentierung (siehe [Meetz 95], Kap. 3).

3.3.1 Domänenübergreifende Repräsentationen

Die Beschreibung der räumlichen Lage von Objekten kann entweder *absolut* - d.h. in Bezug auf ein festes Referenzsystem - angegeben werden, oder *relativ* bezüglich eines *Referenzobjektes*. Relative Beschreibungen besitzen den Vorteil, *translationsinvariante* Information bereitzustellen. Man benötigt folgende Merkmale:

- Orientierung, bzw. Richtung;
- topologische Merkmale;
- Distanz.

Meetz schreibt hierzu ([Meetz 95], S. 30f):

*„Topologische Merkmale beschreiben die relative Lage zweier Objekte ohne Richtungsinformationen. So zählen die Relationen innerhalb, überlappend, benachbart... zur topologischen Charakterisierung von Objekten. Topologische Relationen werden üblicherweise mit Hilfe von Mengenoperationen hergeleitet. Darin unterscheiden sie sich von der **Distanz** [...]. Die Distanz wird in der Regel durch einen geometrischen Ansatz ermittelt.“*

Außer der Wahl der Merkmale ist auch die Art der Merkmalsausprägung einer Repräsentationsmethode von wichtiger Bedeutung für deren Anwendbarkeit und Ausdrucksfähigkeit. Im allgemeinen unterscheidet man drei Formen der Merkmalsausprägung:

1. **Metrische (quantitative) Ausprägungen** werden immer dann benutzt, wenn exakte Informationen über die Lage von Objekten notwendig sind. Ihr Nachteil besteht darin, daß genaue Angaben über das Bild und die in ihm enthaltenen Objekte vorausgesetzt werden. Bei verrauschten und meist nur unvollständig seg-

mentierten digitalen Bildern läßt sich diese Forderung nur in Ausnahmefällen realisieren.

2. **Qualitative (propositionale) Merkmalsausprägungen** sind die übliche Art des Menschen, eine räumliche Anordnung zu beschreiben. Dieser verwendet Begriffe (Propositionen) wie etwa „schräg rechts über“, „benachbart“, „überlappend“, „enthält“ usw. Man unterteilt qualitative Ansätze nochmals in *logikbasierte*¹¹ und *intrinsische* Methoden. Während in ersteren sämtliche Eigenschaften des Raumes explizit beschrieben werden müssen, enthalten letztere zumindest einen Teil davon implizit im Modell selbst.

Abb. 3–4 zeigt Hernandez' Methode zur kombinierten Repräsentation der „*qualitativen Distanz*“ (Topologie) und der Orientierung im 2-dimensionalen Raum als Beispiel einer propositionalen und intrinsischen Repräsentationsform (siehe [Hernandez 92]).

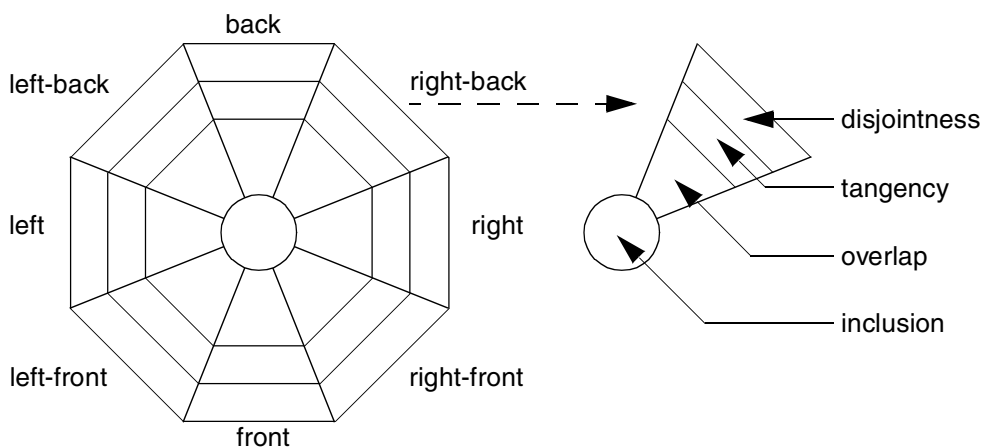


Abbildung 3–4: „Metastruktur des Raumes“ von Hernandez

3. **Piktorielle Ausprägungen** verzichten im Gegensatz zu den beiden anderen Arten auf eine explizite Beschreibung der Raumkonstellation. Allein Skizzen, bzw. Diagramme dienen zur Repräsentation der absoluten und relativen Objektlage. Abb. 3–5 zeigt eine derartige Beschreibung dreier Objekte, die auch von Menschen leicht interpretiert werden kann. Piktorielle Ansätze zeichnen sich durch ihre Konsistenz und Vollständigkeit aus. Ihr Nachteil ist der frühe Zwang zu binären Entscheidungen, was die Verwendung mehrerer alternativer Skizzen zur Beschreibung nicht-dichotomen Wissens erzwingt.

In [Meetz 95] (Kap. 4.4) wird ein ausführlicher Überblick über die wichtigsten Methoden zur Repräsentation von Richtung, Topologie und Distanz gegeben und untersucht, in wie weit diese Ansätze den Anforderungen der medizinischen Bildanalyse gerecht werden. Das Ergebnis sieht folgendermaßen aus:

11. Ein Beispiel, wie komplex die Formalisierung räumlicher Eigenschaften mit Hilfe von Logikkalkülen schon in der ersten Dimension wird, findet sich in [Link 95] (S. 52f).

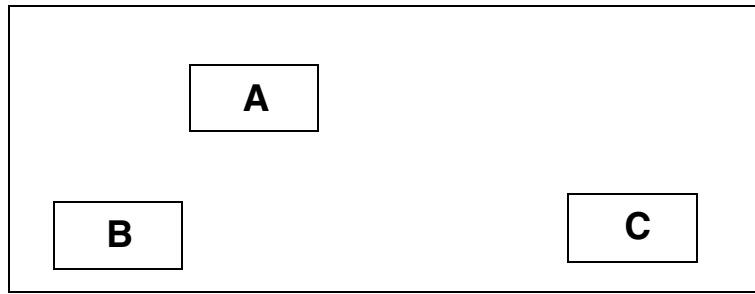


Abbildung 3–5: Piktorielle Repräsentation dreier Objekte

- Bei anatomischen Objekten handelt es sich um ausgedehnte und zum Teil stark unregelmäßig geformte Körper. Daher sollte eine adäquate Beschreibungsmethode Form und Größe berücksichtigen. Die bisherigen Ansätze beziehen sich jedoch entweder auf punktförmige Objekte oder gehen von sehr einfachen Formen (z.B. Rechtecke, Polygone) aus.
- Die 3-dimensionale Ausdehnung ist ein wesentliches Charakteristikum medizinischer Strukturen. Beschränkt man sich auf die Beschreibung 2-dimensionaler Lageinformationen (z.B. auf Schnittebene), so werden bei Änderung des Betrachterstandpunkts (z.B. der Schnittrichtung) aufwendige, wenn nicht gar unmögliche Transformationen nötig. Erprobte 3-dimensionale Verfahren gab es bislang nicht.
- Im medizinischen Anwendungsbereich geht es um die Umsetzung ärztlicher, d.h. menschlicher Raumkonzepte. Darum sollten die Repräsentationsmechanismen *kognitiv plausibel* und von *qualitativer* Natur sein. „Kognitiv plausibel“ heißt u.a., daß keine binären Entscheidungen für oder gegen ein Merkmal erzwungen werden.

Zusammenfassend werden folgende Anforderungen an Repräsentationsmechanismen für räumliche Merkmale gestellt (vgl. [Meetz 95], S. 58):

1. Räumliche Relationen sollen ausgedehnte, 3-dimensionale Objekte beschreiben.
2. Qualitative und kognitive Merkmale sind zu definieren.
3. Robuste und flexible Algorithmen, die in der Lage sind, unsicheres Wissen zu verarbeiten, müssen entwickelt werden.

3.3.2 Topoanalyse

Die obengenannten Kriterien dienen in [Meetz 95] zum Entwurf und zur Implementation eines neuen hybriden (*analogen* und *semi-quantitativen*) Mechanismus‘ zur Repräsentation und Verarbeitung räumlicher Informationen anatomischer Strukturen: die TOPOANALYSE.

Aus der Erkenntnis heraus, daß anatomische Objekte ausgedehnt, 3-dimensional und unregelmäßig geformt sind, ergibt sich für die interne Repräsentation folgende Konsequenz: Objekte werden adäquat durch Punktmengen beschrieben. Nur so wird es möglich,

daß bei der Bestimmung der räumlichen Attribute auch Form und Ausdehnung berücksichtigt werden können.

Richtungsrelationen

Entsprechend der medizinischen Terminologie, die sowohl absolute Richtungsangaben (*anterior-posterior*, *superior-inferior*, *sinister-dexter*) als auch relative Richtungsangaben (*ventralis-dorsalis*, *cranialis-candalis*, *medialis-lateralis*) kennt, werden 6 relative und 9 absolute Richtungsmerkmale definiert. Für jedes Merkmal läßt sich ein Maß berechnen - in der Regel ein *Fuzzywert*¹² zwischen 0 und 1 -, das angibt wie stark eine Richtungsrelation für das *Primär*- und eventuell auch das *Referenzobjekt* zutrifft.

Die **relativen Relationen** sind *rechtsvon*, *linksvon*, *über*, *unter*, *hinter* und *vor*. Sie beziehen sich jeweils auf ein Referenzobjekt, dessen Massenschwerpunkt dazu verwendet wird, für jede Relation eine *Fuzzy-Maske* im Raum zu positionieren, die abhängig von Bildgröße und Lage des Referenzobjekts berechnet wird. Der Wert dieser Maske an einem einzelnen Volumenpunkt gibt an, wie stark die entsprechende Relation für dieses Einzelvolumen ist. Man nennt eine derartige Repräsentation von Merkmalen auch *analoge Repräsentation*.

Abb. 3–6 zeigt die vier Richtungsmasken des 2-dimensionalen Raumes eines Tumorobjekts (aus [Meetz 95], S. 67). Dabei bezeichnen dunkle Punkte einen hohen und helle Punkte einen niedrigen Maskenwert.

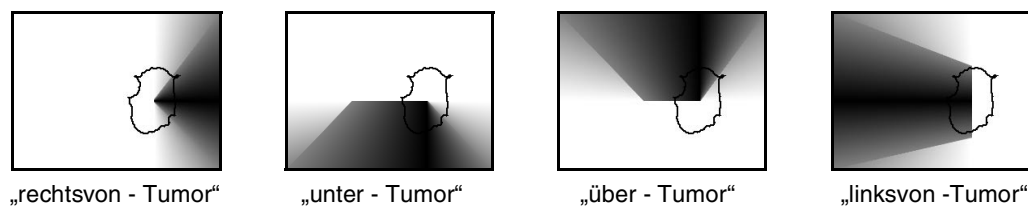


Abbildung 3–6: TOPOANALYSE: Analoge Repräsentation der relativen Richtungsangaben

Möchte man nun das Maß einer Relation für das ganze Primärobjekt bestimmen, so addiert man die einzelnen Werte der Maske an allen Volumenpunkten des Primärobjektes auf und normiert das Ergebnis anhand der Anzahl der Punkte.

Die **absoluten Richtungsrelationen** werden ähnlich wie die relativen Relationen definiert, mit dem Unterschied, daß kein Referenzobjekt existiert. Deshalb werden entlang jeder Raumachse drei Bereiche unterschieden: *rechts* - *mitte_{rl}* - *links*, *oben* - *mitte_{ou}* - *unten*, *vorne* - *mitte_{vh}* - *hinten*. Es ergibt sich also eine Aufteilung des Raumes in 27 Quader. Eine binäre Entscheidung über die Zugehörigkeit eines Objektes zu einem Quader entspräche jedoch bei ausgedehnten Objekten nicht der Forderung nach kognitiver Plausi-

12. Die Idee hinter *Fuzzy-Mengen* und *Fuzzy-Logik* ist, für Mengenzugehörigkeiten und logische Werte mehr als nur das binäre „Ja/Nein“ bzw. „Wahr/Unwahr“ zur Verfügung zu haben. Eine Einführung in die Begriffe der *Fuzzy Set Theory* findet man z.B. in [Zimmermann 91].

bilität. Daher werden wiederum analoge Fuzzy-Masken definiert, die für jeden Raumpunkt und jedes absolute Richtungsmerkmal die Zugehörigkeit des Punktes zum Merkmal festlegen. Abb. 3–7 (aus [Meetz 95], S. 71) zeigt die Berechnung der absoluten Richtungsmerkmale im 2-dimensionalen Raum.

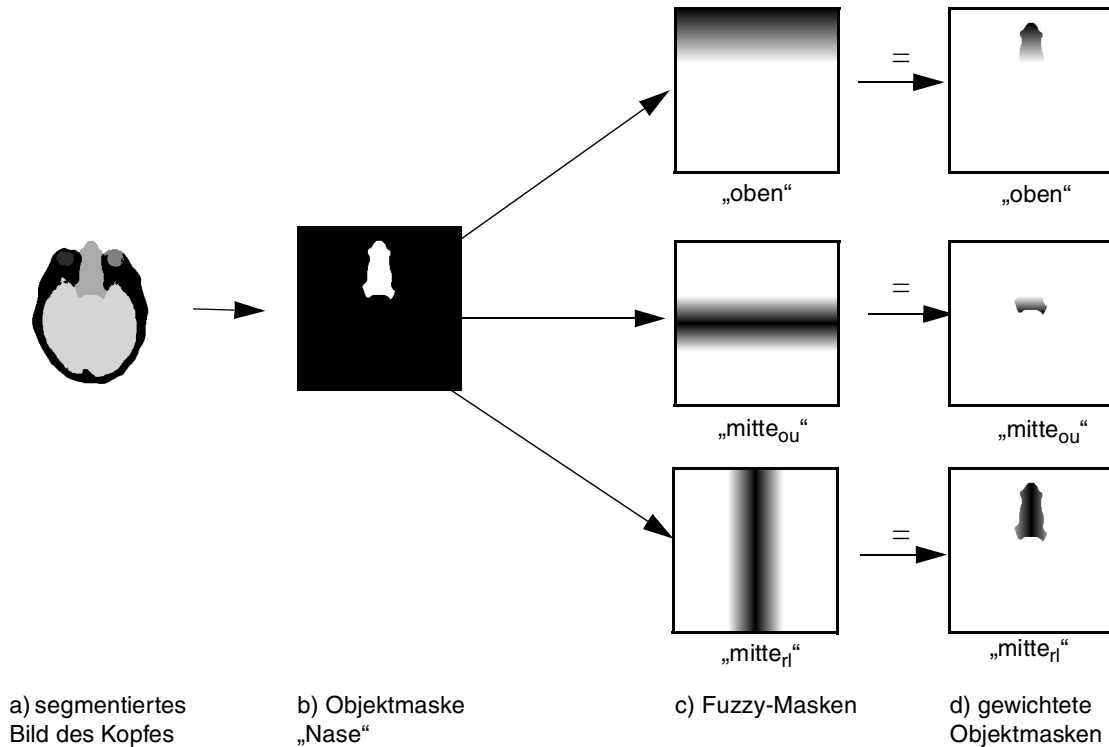


Abbildung 3–7: TOPOANALYSE: Berechnung der absoluten Richtungsangabe

Topologische Relationen

Um auch die medizinischen Termini zur Beschreibung topologischer Relationen (*proximalis - distalis, inter, internus - externus, para*) im Modell umsetzen zu können, werden die folgenden topologischen Merkmale für nicht-projizierte Objekte definiert: **nah**, **innerhalb**, **zwischen** und **benachbart**.

Ähnlich wie bei den Richtungsmerkmalen werden auch für die **topologischen Relationen** Verfahren definiert, um Zugehörigkeitswerte zwischen einzelnen Objekten und den entsprechenden Merkmalen bestimmen zu können. Wichtig ist auch hier die Berücksichtigung von Form und Größe der beteiligten Primär- und Referenzobjekte.

Der Begriff der „Nähe“ beispielsweise als kognitives Maß für die Distanz zwischen Objekten darf dabei keineswegs nur eine geometrische Entfernung beschreiben, da die Größe (und Form) der beteiligten Objekte eine wichtige Rolle spielt. Meetz ([Meetz 95], S. 77) bringt folgendes Beispiel:

„So wird jeder Mensch dem Begriff in der Nähe von

Heidelberg *einen weitaus größeren Entfernungsradius zuordnen als dem Begriff* in der Nähe des Heidelberger Schlosses.“

Eine Sonderbehandlung erfährt das Merkmal *innerhalb*, das im Gegensatz zu allen anderen Relationen nicht über Fuzzy-Masken berechnet wird. Die Schwierigkeit war dabei, ein Maß zu finden, das auch für nicht vollständig geschlossene Objekte sinnvolle Werte liefert.

Einordnung der Topoanalyse

Mit der TOPOANALYSE ist das erste Mal eine Repräsentationsform für räumliche Relationen gefunden, die den Forderungen nach kognitiver Plausibilität und Anwendbarkeit im Bereich der medizinischen Bildanalyse gerecht wird. Hervorzuheben ist die Beachtung von Größe, Form und Ausdehnung, sowie die zweifache Berücksichtigung unsicheren Wissens:

1. Räumliche Merkmale können auch für unvollständig segmentierte Objekte definiert werden.
2. Statt binärer Entscheidungen über die Lage eines Objektes zu treffen, werden Zugehörigkeitswerte pro Raumkonzept ermittelt.

Die vorgestellten Merkmale dienen dabei nur als *Basisrelationen*, aus denen weitere Maße abgeleitet werden können. Dies wird in [Meetz 95] (Kap. 6) ausführlich besprochen, ebenso wie die mögliche Einbindung der TOPOANALYSE in Bildverarbeitung und wissensbasierte Bildanalyse.

Die Evaluation von Plausibilität und Bestimmung der Fuzzy-Masken steht jedoch noch aus. So ist z.B. die Auswirkung der Entfernung zwischen Primär- und Referenzobjekt auf die kognitive Empfindung der relativen Richtungsrelationen noch strittig, und die alleinige Verwendung des Massenschwerpunkts der Referenzobjekte scheint nicht ausreichend. Auch ist die nötige Rechenzeit zur Ermittlung verschiedener Merkmale in größeren 3-dimensionalen Bildern sehr hoch, und verlangt nach optimierten (eventuell nur annähernden) Rechenverfahren.

3.4 Teil-Ganzes-Beziehungen

Für die Modellierung anatomischer Konzepte sind Teil-Ganzes-Beziehungen von entscheidender Bedeutung. Dies wird z.B. dadurch sichtbar, daß beinahe jeder der bisher betrachteten Ansätze zur anatomischen Modellierung eine Möglichkeit anbietet zu beschreiben, daß *Objekt A* ein Teil von *Objekt B* ist, oder daß *Konzept C*, *D*, *E* und *F* als Teilkonzepte umfaßt.

Dieses letzte Beispiel macht eine große Schwäche vieler Ansätze deutlich: Es wird nicht zwischen generischen Relationen (Spezialisierung / Generalisierung, *Is-A*) und *partitiven* Relationen (Teil / Ganzes, *Part-Of*) unterschieden (siehe [Bernauer 94]). Typischerweise existiert eine einzige Hierarchie, in der beide Arten von Relationen vermischt sind.

Bernauer zeigt, wie wichtig es für eine computergestützte Repräsentation medizinischer Konzepte und Begriffe ist, zwischen den Relationen Part-Of und Is-A zu unterschei-

den, und daß es selbst innerhalb dieser beiden Hauptklassen noch semantisch voneinander verschiedene Ausprägungen gibt. So lassen sich die in [Winston 87] aufgeführten sechs verschiedenen *mereologischen* Typen von Teil-Ganzes-Beziehungen auch bei medizinischen Konzepten identifizieren:

- **component / integral object:** Kopf des Femurs / Femur,
- **member / collection:** Wirbel / Wirbelsäule,
- **portion / mass:** Venöse Blutprobe / Venöses Blut,
- **stuff / object:** Hämoglobin / Erythrozyten,
- **feature / activity:** Monitoring / Anästhesie,
- **place / area:** proximales Segment des Femurs / Femur.

In [Bernauer 94] wird versucht, formale Kriterien für die Auswahl und Anwendung der verschiedenen Part-Of- und Is-A-Relationen zu finden, sowie Constraints dafür aufzustellen, unter welchen Bedingungen welche Relationen miteinander kombiniert werden dürfen. Dies ist z.B. dann wichtig, wenn man Aussagen über die Gültigkeit *transitiver Verknüpfungen* machen möchte.

Inwieweit man nun bei der Modellierung der menschlichen Anatomie die verschiedenen Arten von Teil-Ganzes-Beziehungen unterscheiden sollte, hängt davon ab, welche Fragen letztendlich an die anatomische Wissensbasis gestellt werden. Pragmatische Gründe (z.B. einfache Inferenzmechanismen) sprechen für einen einzigen Relationstypus, während ein umfassendes System zur Darstellung aller Arten medizinischen Wissens sicherlich jeden Relationentyp explizit modellieren müßte.

3.5 Zusammenfassung

In diesem Kapitel wurde versucht, wichtige Aspekte näher zu beleuchten, die man nicht außer Acht lassen darf, wenn man anatomisches Wissen für eine rechnergestützte Anatomiebank aufarbeiten und modellieren möchte. Beachtet werden muß dabei vor allem die **Komplexität** der Domäne, die **Verfügbarkeit** des anatomischen Wissens sowie die **Umsetzbarkeit** der meist in Form medizinischer Texte und Bilder vorhandenen Informationen in die gewählte Repräsentationsform.

Genauer betrachtet wurde die Notwendigkeit, einheitliche **medizinische Ontologien** und **Taxonomien** zu schaffen bzw. vorhandene zu nutzen, wenn man eine gruppenübergreifende und interdisziplinäre Zusammenarbeit beim Bau der Anatomiebank anstrebt. Dies ist außerdem nötig, falls man das Wissen möglichst vielen unterschiedlichen Benutzerkreisen zugänglich machen möchte.

Es wurde untersucht, inwieweit allgemeine und spezialisierte **Formbeschreibungsmethoden** zur Repräsentation anatomischer Strukturen geeignet sind. Mit den *Geometric Constraint Networks* und den *Active Shape Models* wurden dabei zwei spezifische Ansätze vorgestellt.

Weiterhin wichtig sind die Mechanismen zur relativen und absoluten **Lagebeschreibung** anatomischer Objekte. Neben der Vorstellung allgemeiner Raumkonzepte wurde eine Einführung in die TOPOANALYSE gegeben, die alle Eigenschaften aufzuweisen scheint,

um einem zukünftigen System als grundlegender Ansatz zur anatomischen Raumbeschreibung zu dienen.

Abschließend wurde noch ein Blick auf die verschiedenen Arten von **Part-Of-** und **Is-A-Relationen** geworfen. Deren Differenzierung voneinander und untereinander findet in den meisten der bisherigen Modelle nicht genügend Beachtung.

4 Grundlagen der Modellierung

Betrachtet man die Modellierung anatomischen Wissens als eine Aufgabe der KI, so bietet es sich an, das Modell auch mit den Methoden und Repräsentationsmechanismen der KI zu formulieren und zu implementieren. Die dort verbreitetsten Arten, Wissen darzustellen sind¹:

- Prädikatenlogik
- Produktions-Regeln
- Semantische Netze
- Frames
- Constraints

Davon ausgehend gibt es zahlreiche Abkömmlinge, Erweiterungen und Kombinationen, wobei sich bereits diese vier Grundtypen teilweise ineinander überführen lassen. Bei der Modellierung medizinischen Wissens werden häufig **semantische Netze** (z.B. in [Gresse 95]), aber auch **Frames** (z.B. in [Cawley 89]) und die Kombination der beiden verwendet.

In [Haimowitz 88] wird der Versuch geschildert, die Wissensbasis eines Expertensystems zur Diagnose bestimmter Stoffwechselkrankheiten in NIKL zu implementieren. NIKL ist eine *frame-basierte* Sprache zur Wissensrepräsentation (WR) und steht als stellvertretender Typus einer ganzen Reihe solcher WR-Sprachen, die vor allem zur Entwicklung von Expertensystemen erdacht wurden. Haimowitz kommt zu dem Ergebnis, daß ein Großteil des medizinischen - und insbesondere des anatomischen - Wissens nicht semantisch korrekt mittels herkömmlicher WR-Sprachen modelliert werden kann. Folgende Merkmale nennt er explizit als nicht adäquat repräsentierbar:

- **Teil-Ganzes-Beziehungen** (ihre verschiedenen Typen und ihre Transitivität),
- **Räumliche Relationen** (*containment, connection, relative position*),
- **Kausalität.**

Als Hauptmanko der meisten WR-Sprachen wird jedoch ihre Unfähigkeit betrachtet, Instanzen eines Konzepts darstellen zu können. So ist es beispielsweise möglich, die Klasse aller Nieren zu beschreiben, nicht jedoch eine bestimmte Niere eines bestimmten Patienten. Und genau an diesem Punkt setzt das in dieser Arbeit als grundlegende Model-

1. Eine kurze Einführung in grundlegende WR-Methoden findet sich z.B. bei [Engelmann 89].

lierungsmethode gewählte **objektorientierte Paradigma** an: Die Unterscheidung zwischen einer *Klasse* - eine Schablone für eine Menge ähnlicher Konzepte - und ihren *Instanzen* - den **Objekten** - ist das Basisprinzip der Objektorientierung (OO).

Im folgenden wird nun zunächst die Konzepte und Begriffe der Objektorientierung als grundlegende Modellierungstechnik eingeführt, um anschließend Smalltalk als die ausgewählte objektorientierte Entwicklungssprache und Implementationsumgebung vorzustellen.

4.1 Konzepte und Begriffe der Objektorientierung

4.1.1 Konzepte

Die OO entstand aus der Notwendigkeit heraus, die Entwicklung immer komplexer werdender Softwaresysteme in den Griff zu bekommen. Aus der Unzulänglichkeit herkömmlicher Methoden des *Software-Engineerings* entsprang der immer noch andauernde Zustand, den man *Software-Krise* nennt². Die Basiskonzepte lauten (vgl. [Coad 91] und [Ruppert 96]):

- **Abstraktion:** Das Prinzip, die Aspekte zu ignorieren, die für den angestrebten Zweck nicht relevant sind, um sich auf das Wesentliche konzentrieren zu können.
- **Kapselung** (*Encapsulation, Information hiding*): Das Prinzip, daß jede Einzelkomponente eines Programmes die zugrundeliegenden Designentscheidungen (z.B. Verwendung bestimmter Datenstrukturen) verbirgt. Die Schnittstelle nach Außen verrät möglichst wenig über das „Innenleben“ der Komponente.
- **Vererbung** (*Inheritance*): Ein Mechanismus, der es ermöglicht, daß eine Klasse als Spezialisierung einer anderen Klasse entsteht und deren Eigenschaften übernimmt („erbt“), erweitert oder modifiziert..
- **Assoziation:** Die Verbindung von Klassen, z.B. zusammengehörender Begriffe. Die Teil-Ganzes-Beziehung (**Aggregation**) ist eine spezielle Form von Assoziation.

4.1.2 Begriffe

Die Verwirklichung der objektorientierten Basiskonzepte spiegelt sich in der Verwendung folgender Begriffe wieder (vgl. [Ruppert 96] und [Lewis 95]):

- **Klasse** (*class*): Die Zusammenfassung gleichartiger Objekte. In einer Klassenbeschreibung werden die internen Details, bestehend aus den Variablen und den Methoden zum Zugriff auf die Variablen, sowie die Schnittstelle

2. Die Gründe für die allgemeine Übernahme der OO als heute wichtigstes Softwareentwicklungsparadigma findet man u.a. bei [Ruppert 96] und [Rumbaugh 91] und sollen hier nicht diskutiert werden.

nach außen, die Nachrichten, festgelegt. Eine Klasse, die die Schnittstelle und Funktionalität einer anderen erbt nennt man **Unterklasse** (*subclass*) der anderen.

- **Instanz:** Ein einzelnes *Objekt* einer Klasse, das konkrete Ausprägungen der internen Variablen besitzt, und auf die in der Klasse definierten Instanz-Nachrichten reagieren kann. Normalerweise kann eine Klasse *instanziiert* werden, und damit können beliebig viele Objekte entstehen.
- **Botschaften** (*messages*) und **Methoden** (*methods*): Objekte kommunizieren untereinander mittels Botschaften, die sie senden. Der Empfang einer Botschaft führt, falls diese verstanden wird, zur Ausführung einer Methode. Die Gesamtzahl aller Nachrichten, auf die ein Objekt reagieren kann, nennt man sein *Methoden-Interface* oder auch *Typ*.
- **Polymorphismus** ("Vielgestaltigkeit"): Es hängt von der Klasse eines Objektes ab, welche Methode beim Empfang einer Nachricht ausgeführt wird. Dies bedeutet, daß die gleiche Nachricht, je nach Empfängerobjekt, unterschiedliche Aktionen auslösen kann.
- **Dynamisches Binden** (*late binding*): Ist der Typ, bzw. die Klasse des Empfängerobjektes, und damit die aufzurufende Methode, erst zur Laufzeit des Programmes bekannt, so kann die Verbindung zwischen aufrufendem und aufgerufenem Objekt erst *dynamisch*, d.h. beim Verschicken der Nachricht geknüpft werden. Diese Fähigkeit haben nicht alle objektorientierten Programmiersprachen.

4.1.3 Entwicklungszyklus eines objektorientierten Systems

In der OO werden Programme und Modelle typischerweise in einem iterativen Prozeß von Analyse, Design, Implementierung und Modifikation entwickelt. Eine bekannte Methode ist z.B. das *Round-Trip-Gestalt-Design* von Booch (siehe [Demiris 94]), sowie die *Spirale von Boehm*, die das **Prototyping** als einen Spiralenabschnitt besitzt.

Prototyping bedeutet, daß die Ergebnisse relativ kurzer Analyse- und Designphasen direkt in ein prototypisches Modell (bzw. Programm) umgesetzt werden. Die Erfahrungen mit dieser Implementierung werden dann in einer neuen Analyse- und Designphase zur Modifikation des Modelles verwendet usw. Prototyping war eine Vorgehensweise bei der Realisierung dieser Arbeit.

4.1.4 Notationsformen

Es gibt zahlreiche Notationssysteme zur Darstellung objektorientierter Modelle. In dieser Arbeit wird die in [Rumbaugh 91] vorgestellte Methode der *Object Modelling Technique* verwendet. Die wichtigsten Bestandteile der Notation - Klassenbeschreibung, Vererbung, Assoziation und Aggregation - zeigt Abb. 4–1. In Anhang B sind die Notationskonzepte vollständig wiedergegeben.

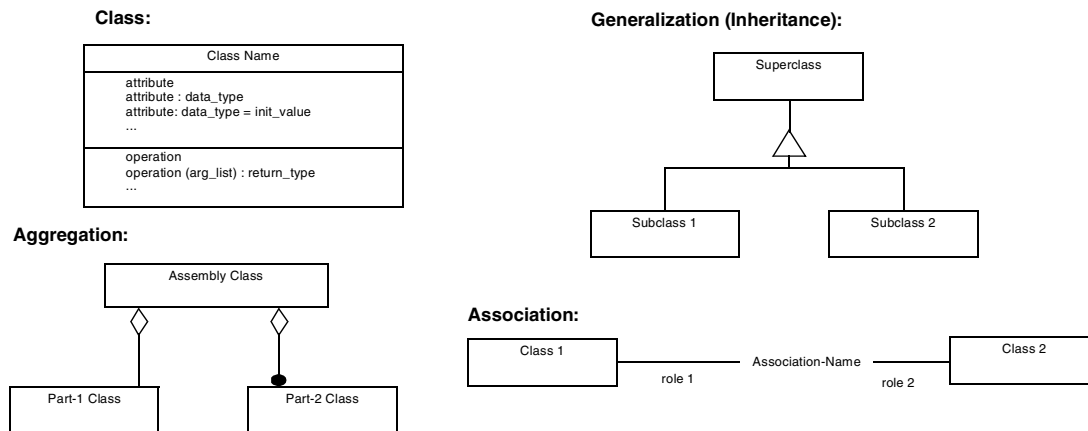


Abbildung 4–1: Wichtige Notationskonzepte der *Object Modelling Technique*

4.2 Smalltalk

Heutzutage gibt es eine große Vielfalt objektorientierter Sprachen (z.B. C++, Objective-C, Eiffel). Für die prototypische Implementierung der radiologisch-anatomischen Wissensbank wurde **Smalltalk** ausgewählt.

Der Ursprung aller heutigen Smalltalk-Implementierungen liegt in SMALLTALK-80 (siehe [Goldberg 89]), das als erstes ein plattformübergreifendes, einheitliches und grafisches Benutzungsschnittstelle zur Verfügung stellte. Die wichtigsten Features von Smalltalk sind:

- Eine einfache Syntax.
- Alles ist ein Objekt, d.h. auch Klassen sind Instanzen sogenannter **Metaklassen**. Dadurch wird es möglich, zur Laufzeit eines Programmes Klassen einzufügen und zu verändern.
- Dynamisches Binden.
- Ein Garbage-Collector sorgt für das Löschen "herrenloser" Objekte.
- Einfache Vererbung (*single inheritance*) statt Mehrfachvererbung (*multiple inheritance*).
- Eine große, weitestgehend einheitliche *Klassenbibliothek* inklusive Sourcecode, die dem Programmierer eine große Funktionalität von Beginn an zur Verfügung stellt. Abb. 4–2 zeigt einen Ausschnitt dieser Bibliothek, nämlich die sehr mächtigen *Collection-Klassen*.
- Kombinierte Interpretation und Compilierung des Codes.
- Der Zugang zu den selbsterstellten und systemeigenen Klassen und Klassendefinitionen geschieht über sogenannte Browser. Das Editieren separater Programmdateien ist nicht nötig.

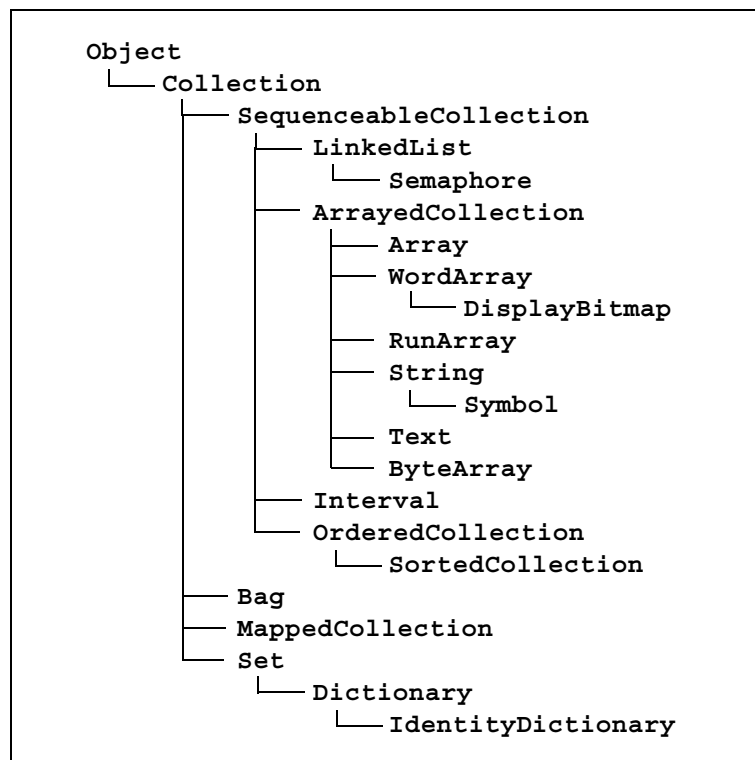


Abbildung 4-2: Ausschnitt aus Smalltalks Klassenhierarchie

Für die Wahl von **Smalltalk** als Implementierungssprache der anatomisch-radiologischen Wissensbank waren viele Kriterien ausschlaggebend: Zum einen ist Smalltalk eine der ältesten objekt-orientierten Programmiersprachen und kann sich daher auf eine weitestgehend standardisierte, umfangreiche Klassenbibliothek stützen. Dies und die Tatsache, daß es sich bei Smalltalk um eine vollständige Entwicklungsumgebung handelt (vgl. auch Kap. 6.1.2), unterstützen die Implementationsphase des Prototyping-Zyklus' sehr.

Zum anderen finden sich die grundlegenden objekt-orientierten Paradigmen (vgl. Kap. 4.1) in ihrer Reinform verwirklicht. Dies ist nicht zuletzt der Grund dafür, daß Smalltalk zunehmend an Beliebtheit - auch im Bereich der kommerziellen Softwareentwicklung - gewinnt. Für diese Arbeit waren vor allem das Vorhandensein eines *Garbage-Collectors* sowie die Möglichkeit, Klassen zur Laufzeit einfügen und manipulieren zu können, von ausschlaggebender Bedeutung.

Ein nicht unwesentlicher **Nachteil** Smalltalks soll hier nicht verschwiegen werden: Smalltalk ist keine Sprache, die speziell zur Wissensrepräsentation und Wissensverarbeitung konzipiert wurde. Dies bedeutet, daß wichtige Repräsentations- und Inferenzmechanismen (z.B. Produktionsregeln, Backtracking) nicht vorhanden sind, und daher gegebenenfalls nachimplementiert, bzw. existierende Klassenbibliotheken (z.B. NeOpus) integriert werden müssen. Dies stellt einen zusätzlichen Aufwand dar, bedeutet jedoch auch, daß alle Schlußfolgerungsmechanismen direkt auf die Problemstellung zugeschnitten werden können.

5 ARMO - Ein anatomisch-radiologisches Modell

„There is little doubt that the process of mapping the ill-structured knowledge of a medical subspecialty into a form suitable for machine encoding is among the most difficult and time-consuming parts of the process of building a knowledge-based system.“

G. Lanzola¹

Neben der Aufarbeitung des derzeitigen „*state of the art*“ auf dem Gebiet der anatomischen Modellierung (siehe Kap. 2+3) ist die Aufgabe der vorliegenden Arbeit der Entwurf eines eigenen **anatomisch-radiologischen Modells**, im weiteren kurz „ARMO“ genannt. „Anatomisch-radiologisch“ deshalb, weil es nicht das Ziel sein soll, sämtliche denkbaren Details der menschlichen Anatomie (oder eines Ausschnittes daraus) abzubilden, sondern die Wissensarten möglichst genau zu modellieren, welche für die Interpretation radiologischer Aufnahmen - sowohl durch den menschlichen Betrachter aber vor allem auch durch den Computer - von Bedeutung sind. Dennoch wurde versucht, das Modell so allgemein wie möglich zu entwerfen. Die Erweiterbarkeit des Modells war daher ein wesentliches Designkriterium.

In diesem Kapitel werden, nach einer Vorstellung des **Gesamtmodells** im Überblick, die Details des Entwurfes näher betrachtet, aufgetrennt in einen **anatomischen** und einen **bildgebenden Teil** sowie die **Verbindung** der beiden.

5.1 Modellüberblick

5.1.1 Ein früher Entwurf

Die Entwicklung von Modellen einer bestimmten Komplexität kann nicht geradlinig verlaufen. Neue Erkenntnisse aus den zu modellierenden Domänen, sowie erkannte Designschwächen führen zu Modelländerungen und Anpassungen, und zwingen manchmal sogar zur Aufgabe des bisherigen Entwurfs und zum Neubeginn der Modellierung. So

1. in [Lanzola 92], S. 351.

zeigt Abb. 5–1 einen frühen Entwurf des radiologisch-anatomischen Modells, der später jedoch verworfen wurde.

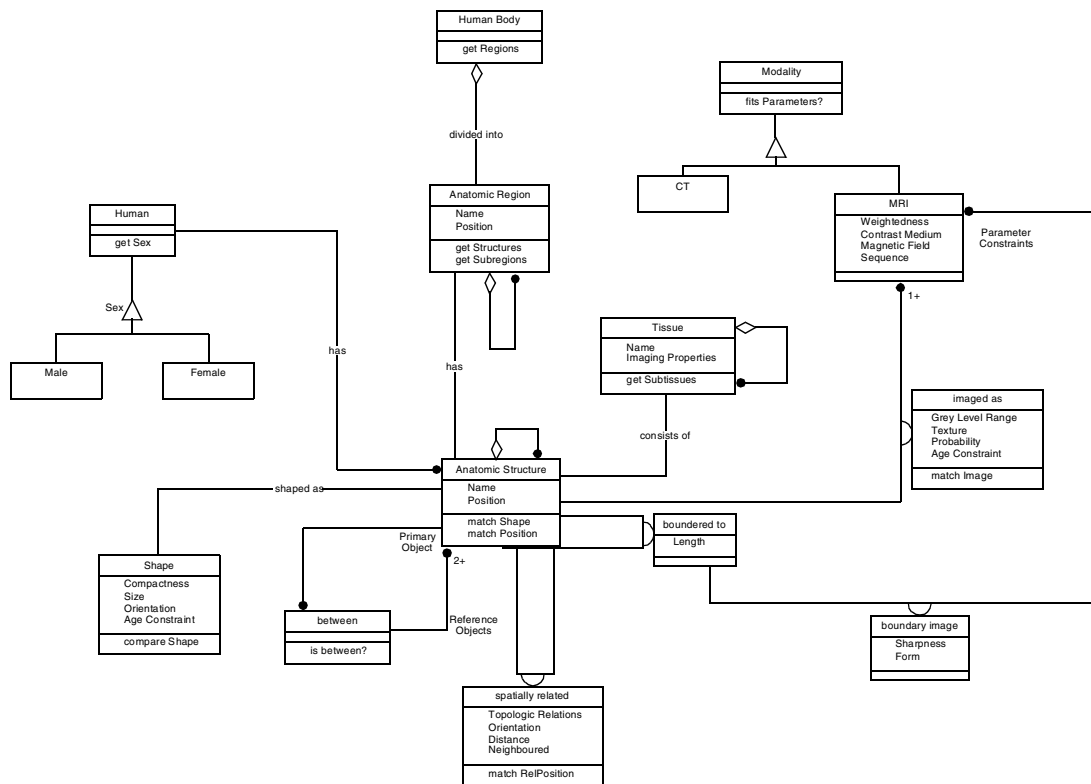


Abbildung 5–1: Früher Entwurf des Modells

Dieses frühe Modell entstand vor allem durch Diskussion mit Bildverarbeitern, d.h. mit Experten nur einer der beiden beteiligten Domänen. Es zeigt zwei typische Modellierungs-Schwächen, die es bei den nachfolgenden Versuchen zu vermeiden galt:

1. Vermischung der Begriffe beider Domänen. So ist z.B. die semantische Bedeutung des Wortes „Grenze“ (*boundary*) zweier Objekte nicht klar. Da eine Grenze im anatomischen Sinne etwas anderes ist als in der Begriffswelt der Bildverarbeiter.
2. Mangelhafte Durchdringung einer der beiden beteiligten Domänen: Die anatomischen Begriffe „Region“ (*Anatomic Region*), „Struktur“ (*Anatomic Structure*) und „Gewebe“ (*Tissue*) stehen einfach nebeneinander im Modell. Die semantischen Beziehungen untereinander wurden nicht beachtet.

5.1.2 Domänen-abhängige Aufteilung

Die obengenannten Modellierungsfehler führten schließlich zu folgenden Konsequenzen:

- Das Modell mußte in *zwei Teilbereiche* gespalten werden, die jeweils die beiden beteiligten Domänen widerspiegeln, d.h. in einen **anatomischen Teil**, den sog. *Medical View* (siehe 5.2), und einen **Bildverarbeitungsteil**, den *Imaging View* (siehe 5.3). Die Verbindung der beiden sollte durch eine möglichst einfache und einsichtige Schnittstelle erfolgen.
- Die Domäne „Anatomie“ mußte mittels vertiefter Literaturrecherche, Fallbeispielen und Diskussion mit Experten (Ärzten) neu strukturiert werden.

5.2 Anatomischer Teil

In Anhang A (Abb. A–2) findet sich die vollständige Darstellung des *Medical View* von ARMO. In diesem Unterkapitel werden vor allem jene Teile des anatomischen Modells näher beschrieben, die auch für die spätere prototypische Implementierung wichtig sind. Als Nachschlagewerke und Vergleichsmöglichkeiten für anatomische Zusammenhänge und Details dienten die Lehrbücher und Atlanten von [Oettinger 92], [Rohen 84], [Staubesand 88], [Töndury 81] und [Waldeyer 87].

5.2.1 Anatomische Konzepte

Sucht man in der medizinischen Literatur nach einer Klassierung und Strukturierung anatomischer Konzepte, so trifft man auf unterschiedliche Sichtweisen. Während z.B. in [Nigge-mann 90] von drei verschiedenen Arten der Anatomie ausgegangen wird, nämlich *systematische*, *funktionale* und *topographische* Anatomie, unterscheiden manche anatomischen Lehrbücher zwischen *makroskopischen* und *mikroskopischen* Konzepten. Die in Abb. 5–2 dargestellte Spezialisierungshierarchie von ARMO versucht den verschiedenen Sichtweisen gerecht zu werden.

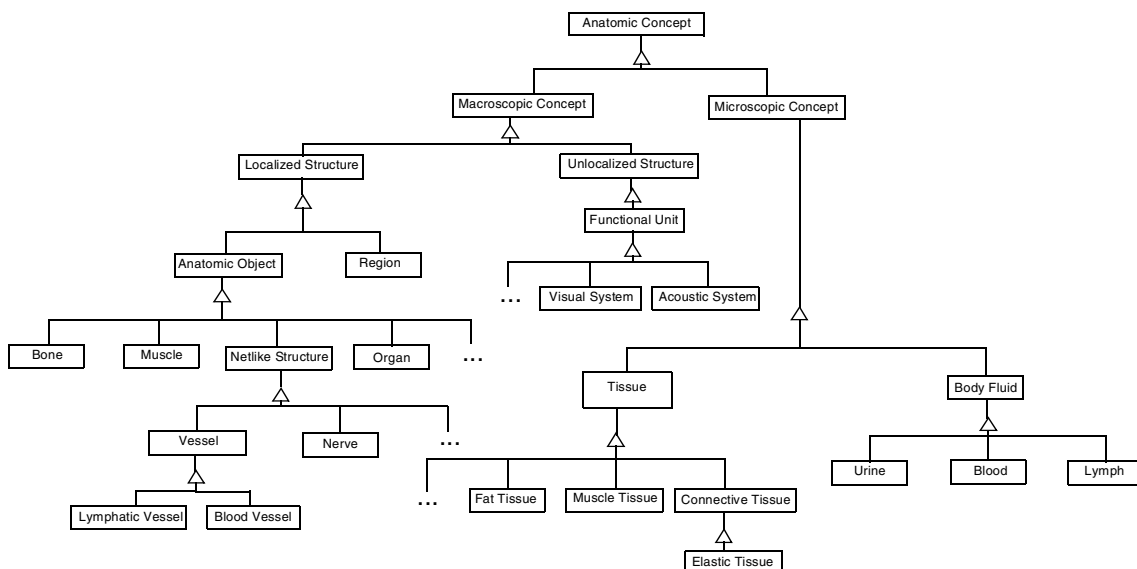


Abbildung 5–2: ARMO: Strukturierung der anatomischen Konzepte

Es ist äußerst wichtig festzustellen, daß es sich um eine **generische** Hierarchie handelt. Das bedeutet, daß Erweiterungen und Veränderungen nicht nur erlaubt, sondern ausdrücklich erwünscht sind, wenn sie dem Modellzweck dienen. So wird beispielsweise das Konzept „Organ“ sicherlich noch Unterklassen (*subclasses*) bekommen (Leber, Niere usw.), falls es sich herausstellt, daß verschiedene Organe unterschiedliche Attribute bzw. Zugriffsmethoden haben². Ein Kriterium dafür, ob ein Konzept noch in weitere Unterkonzepte unterteilt werden sollte, ist u.a. die Frage, ob das Unterkonzept einen eigenen Prototypen benötigt.

Die zentrale Klasse des Modells ist das anatomische Objekt (*Anatomic Object*). Niggemann definiert es folgendermaßen ([Niggemann 90], S. 6):

„Anatomical object is the name of all macroscopical structures which can be distinguished by their outer shape or by various anatomical techniques. They can be subdivided arbitrarily or according to functional aspects.“

Solche anatomischen Objekte sind deshalb so wichtig, weil sie die (nicht-pathologischen) Einheiten darstellen, die vom Radiologen oder von einem automatischen Bildinterpretationssystem erkannt bzw. segmentiert werden können. Beispiele sind bestimmte Organe, Organteile, Knochenstücke oder Gefäßabschnitte.

Den anatomischen Objekten stehen die **anatomischen Regionen** (*Region*) gegenüber. Im Modell stehen sie für bestimmte Bereiche des Körpers, die für sich genommen keine eigenständigen Objekte darstellen, aber dennoch räumlich abgegrenzt und lokalisierbar sind (z.B. der Rumpf oder seine Teilregionen Brust, Abdomen, Becken).

Nicht-lokalisierbare Strukturen (*Unlocalized Structures*) sind vor allem **funktionale Einheiten** (*Functional Units*) - wie etwa das *visuelle System* -, deren einzelne Bestandteile über viele anatomische Objekte und Regionen verteilt sein können. Funktionale Einheiten werden hier nicht näher betrachtet, da sie für die spätere Modellimplementierung keine Rolle spielen.

5.2.2 Eigenschaften anatomischer Konzepte

Die Eigenschaften (Attribute) verschiedener anatomischer Konzepte tauchen im Diagramm des Modells (Abb. A–2) als Assoziationen zu Klassen auf, die diese Eigenschaften beschreiben. Abb. 5–3 zeigt einen Modellausschnitt, der die Klasse *Localized Structure* und ihre assoziierten Attribute darstellt. Folgende Eigenschaften sind im Gesamtmodell explizit modelliert:

- Jedes anatomische Konzept kann entweder zu einem männlichen, zu einem weiblichen Organismus gehören oder zu beiden. Dies wird durch die Verbindung zur Klasse *Human Organism* modelliert. Ein *Human Organism* kann gegebenenfalls eine männliche bzw. weibliche Unterklasse haben.

2. Ein Kriterium für die Unterteilung eines Konzepts in Unterkonzepte ist die Notwendigkeit eines *Prototypen* für dieses Konzept.

- Allen „lokalisierbaren Strukturen“ (*Localized Structure*) ist gemein, daß sie sowohl eine absolute Position innerhalb einer übergeordneten *Localized Structure* haben, als auch relative Positionen zueinander (siehe Abb. 5–3). Die verschiedenen Aspekte der Lage, wie sie in Kap. 3.3 beschrieben sind, werden durch die Komponenten der Klasse *Relative Position* realisiert: *Orientation*, *Topology*, *Distance* und *Vicinity*.

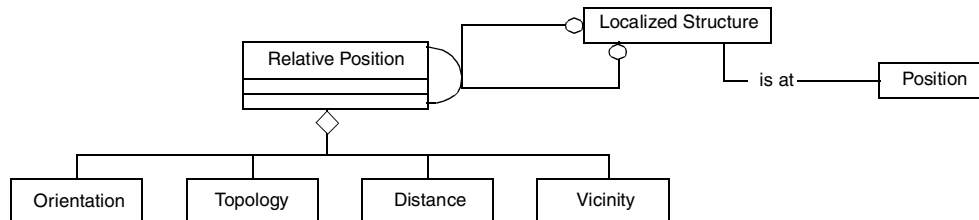


Abbildung 5–3: ARMO: Eigenschaften der Klasse *Localized Structure*

- Anatomische Objekte schließlich haben eine charakteristische Form (*Shape*) anhand derer sie erkannt werden können. Die Klasse *Shape* könnte - je nach ausgewählter Formbeschreibungsmethode, selbst wieder Unterklassen besitzen - z.B. *Regular Shape* / *Irregular Shape* oder *Sphere* / *Ellipsoid* / *Cube*.
- Anatomische Objekte besitzen auch das *optionale* Attribut „Grenze“ (*Boundary*), das verwendet werden kann, falls es für den Einsatzbereich des Modells wichtig ist. Man denke z.B. an die Leber, deren Fetthülle im MR anders erscheint als der Rest des Organs.

Weitere organ- oder objektspezifischen Eigenschaften sind nicht explizit modelliert, können aber mit der jeweilige Unterklasse von *Anatomic Object* assoziiert werden. So wäre beispielsweise für die Klasse *Muscle* ein Attribut sinnvoll, das angibt, ob ein Muskel längs- oder quergestreift ist.

5.2.3 Relationen zwischen anatomischen Konzepten

Außer den oben beschriebenen Attributen und Eigenschaften haben anatomische Konzepte auch noch Beziehungen (Relationen) untereinander. Diese sind - ähnlich wie gewöhnliche Attribute - im Modell mittels Assoziationen dargestellt. Abb. 5–4 zeigt die in ARMO modellierten Relationen.

Wesentliche Modellierungsbestandteile sind die verschiedenen **Teil-Ganzes-Beziehungen**. In ARMO existieren hiervon drei verschiedene Arten:

- Region - Region:** Eine Körperregion ist **Komponente** einer anderen - z.B. ist das *Abdomen* eine Komponente des *Rumpfes*. Dabei kann - je nach Blickpunkt - eine Region durchaus auch auf mehrere Arten unterteilt sein. So kann man den Bauchraum entweder in oberes (*pars supracolica*) und unteres Abdomen (*pars infracolica*) gliedern, oder aber in *Peritoneum* und *Retroperitonealraum*.

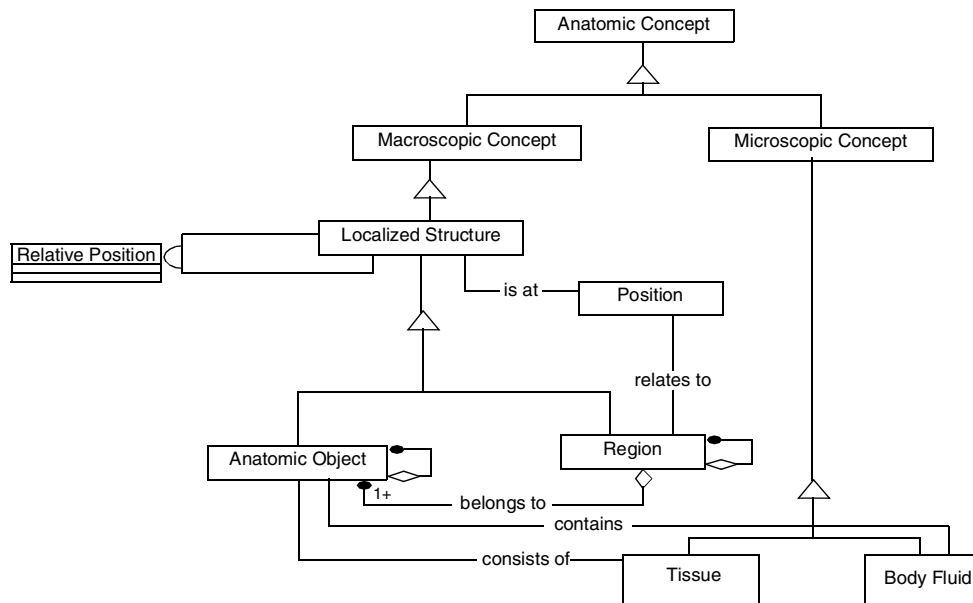


Abbildung 5-4: ARMO: Relationen zwischen anatomischen Konzepten

2. **Region - Objekt:** Ein anatomisches Objekt **gehört** einer bestimmten Region **an**; z.B. gehört die *Leber* dem oberen Abdomen, aber auch dem Peritoneum an.
3. **Objekt - Objekt:** Ein anatomisches Objekt ist **Segment** eines anderen, z.B. ist das *Colon ascendens* ein Segment des Colons.

Man beachte, daß zwar die **Transitivität** zwischen den verschiedenen Teil-Ganzes-Relationen gegeben ist, daß sie aber manchmal nicht die volle Semantik widerspiegelt. So ist beispielsweise das *Colon descendens* - ebenso wie sein übergeordnetes Objekt *Colon* - Teil des Abdomens, d.h. die Region-Objekt- und die Objekt-Objekt-Relation sind transitiv. Aber man kann das C. ascendens noch spezifischer dem Retroperitonealraum zuordnen.

Die relativen und absoluten **Positionen** eines anatomischen Objekts nehmen eine Zwitterstellung zwischen Attribut und Relation ein. Man kann die Lage zwar als Eigenschaft eines Objektes betrachten („Ein Objekt **hat** eine bestimmte Lage“), sie bedarf aber dennoch eines Referenzobjektes bzw. einer Referenzregion („... liegt **oberhalb von** X“, „... liegt **rechts in** Y“). Es besteht also auch eine Beziehung zu einem anderen Konzept.

Zwei weitere modellierte Beziehungen zwischen anatomischen Konzepten, die gerade für die Bildinterpretation wichtig sind, lauten:

1. Ein anatomisches Objekt **besteht aus** (*consists of*) einem Gewebe (*Tissue*). So besteht der *Uterus* beispielsweise aus *Muskelgewebe*. Wichtig ist dabei die Spezialisierungs-Hierarchie des Konzepts *Tissue*, die wiederum aufgabenspezifisch sein sollte. Dies bedeutet, daß man für eine radiologische Wissensbasis auch nur soviele Gewebearten zu differenzieren hat, wie sich in radiologischen Aufnahmen unterscheiden lassen.

2. Ein anatomisches Objekt **enthält** (*contains*) eine bestimmte Körperflüssigkeit (*Body Fluid*). Dies ist für den Aufgabenbereich der Bildanalyse deshalb so wichtig, weil man beispielsweise meist nur den Inhalt der Blase in einer Aufnahme sehen kann, nicht jedoch das Blasengewebe selbst.

Weitere denkbare Relationen wurden nicht in das Modell aufgenommen, z.B. „ein Nerv **innerviert** einen Muskel“ oder „ein Blutgefäß **versorgt** ein Organ“. Falls sich zusätzliche Relationen jedoch als hilfreich für die Erfüllung des Modellzwecks erweisen, können diese ohne größere Probleme in ARMO integriert werden.

5.3 Bildgebungsteil

Eine vollständige Abbildung des Modells der *Imaging View* findet sich in Anhang A (Abb. A–1). Im folgenden wird auf zwei Aspekte und deren Berücksichtigung in ARMO eingegangen, die den Aufbau dieses Teilmodells näher beleuchten:

1. Die Erscheinungsform eines „Stoffes“ im Bild und wie es dazu kommt.
2. Die Auswirkungen der verschiedenen Bildmodalitäten.

5.3.1 Erscheinungsform

Versucht man, von den medizinischen und anatomischen Aspekten radiologischer Aufnahmen zu abstrahieren, dann bleibt folgendes bestehen:

Die Erscheinungsform bestimmter Organe hängt **nicht direkt** davon ab, um welche Gewebeart bzw. welchen Stoff es sich handelt, sondern von bestimmten **physikalisch-chemischen Zuständen oder Vorgängen** in einem Gewebe bzw. Stoff.

Es handelt sich also um die Abbildung einer *physikalischen Eigenschaft* im weitesten Sinne, mit welcher Signalintensität ein bestimmtes Volumenelement in einer Aufnahme erscheint. Diese physikalische Eigenschaft spiegelt sich in ARMO in der Klasse *Physical Property* (siehe Abb. 5–5) wider und hat - je nach Aufnahmeverfahren - unterschiedliche Gesichtspunkte. Hier einige Beispiele:

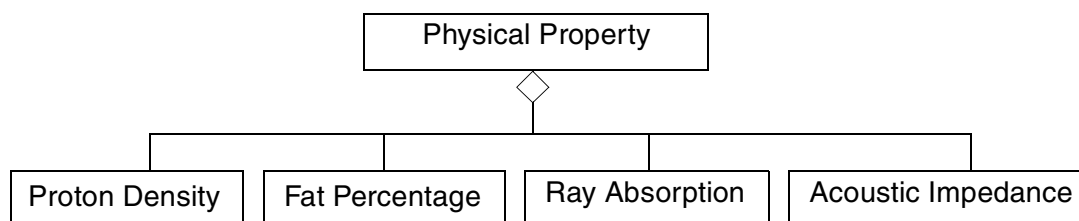


Abbildung 5–5: ARMO: Physical Property

- Bei Röntgenaufnahmen, und auch CTs, werden ionisierende Strahlen durch den Körper geschickt und dort absorbiert. Ein *Sensor* (z.B. eine Bildplatte) mißt nun die *nicht-absorbierte* Strahlung, und trägt damit die Informationen eines Projektionsstrahls zur Bildaufnahme bei. Die wichtige Eigenschaft hierbei ist daher die **Strahlenabsorptionsfähigkeit** (*Ray Absorption*) eines Volumenelements (vgl. [Wegener 92]).

- Für MR-Aufnahmen kann man stark vereinfachend³ sagen, daß die **Protonendichte** (*Proton Density*) und der **Fettanteil** (*Fat Percentage*) die Parameter eines Stoffes darstellen, die das Bildsignal maßgeblich beeinflussen.
- Bei Ultraschallaufnahmen wird Schall mit einer Frequenz von 1 - 10 MHz in den Körper gesandt und die Stärke des reflektierten Signals gemessen. Dabei kann man von der Signallaufzeit auf die Entfernung der *reflektierenden Grenzfläche* zweier Strukturen schließen. Die Echointensität des Signals wird nun vom **akkustischen Widerstand** (*Acoustic Impedance*) zwischen den Medien bestimmt, an deren Grenzfläche das Echo entsteht. Diese Impedanz ist direkt proportional zur **Dichte** und **Schallausbreitungsgeschwindigkeit** eines Stoffes (vgl. [Zoller 94]).

Liegt eine bestimmte *Physical Property* vor, so hat sie - in Abhängigkeit von einer konkreten Modalität (siehe 5.3.2) - eine ganz bestimmte Erscheinungsform im Bild. Dieses „Aussehen“ wird durch die Relation *Imaged As* beschrieben. Unterschiedliche Attribute der *Imaged-As-Beziehung* sind vorstellbar:

- Beschreibung des **Grauwertes** (*grey value*) im Bild - z.B. als Intervall oder Grauwert-Histogramm.
- Beschreibung der **Textur** einer Bildregion (*texture*). Textur wird in [Ravishankar 90] (S. 4) als „the surface markings or 2D appearance of a surface“ definiert. Typische Texturmaße sind Varianz und Gradient (vgl. [Scheppelmann 90]), aber auch die Verwendung einer Texturbeschreibungssprache - wie sie z.B. in [Ravishankar 90] definiert wird - wären als Attribut der Relation denkbar.

5.3.2 Bildmodalitäten

Neben den physikalischen Eigenschaften spielen die verschiedenen Bildmodalitäten und ihre Parameter die zweite wichtige Rolle beim Zustandekommen eines bestimmten Bildes. Dies soll im folgenden anhand von CT und MR erläutert werden. Eine Darstellung der Modalitätenhierarchie von ARMO zeigt Abb. 5–6.

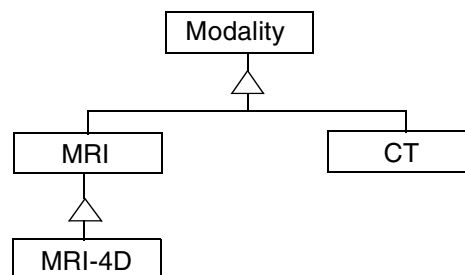


Abbildung 5–6: ARMO: Hierarchie der Bildmodalitäten

3. Die physikalischen Zusammenhänge, die zur „Magnetresonanz“ bestimmter Atome führen, sind sehr komplex und z.B. in [Schäfer 92] und [Uhlenbrock 90] beschrieben.

Computertomographie

In Bezug auf die möglichen Variationen der Erscheinungsform, ist die CT eine sehr einfache Modalität. Für Aufnahmen ohne Kontrastmittel existiert eine Normierung der Schwächungskoeffizienten verschiedener Gewebearten und Stoffe (siehe Abb. 5–7, aus [Krestel 88], S. 94); die Einheiten dieses Diagramms werden *Hounsfield-Units* (HU) genannt.

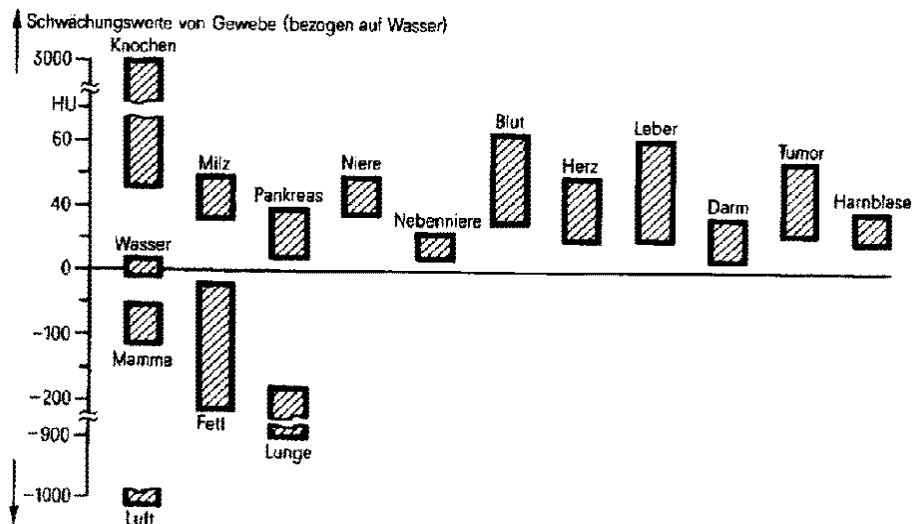


Abbildung 5–7: Schwächungskoeffizienten verschiedener Stoffe nach Hounsfield

Das Vorhandensein einer solchen Normierung ermöglicht es, CT-Bilder unabhängig von den eingestellten Aufnahmeparametern und dem verwendeten Scanner zu interpretieren, da eine Aufnahme auch die Information über den dargestellten Hounsfieldbereich enthält.

Bei Kontrastmittelaufnahmen jedoch wird die Normierung etwas schwieriger, da für jedes mögliche Kontrastmittel und jede Gewebeart zusätzlich noch der Verlauf der Kontrastmittelanreicherung erfaßt werden muß.

Magnetresonanztomographie

Im Gegensatz zum CT existiert für MR-Tomographien keine Normierung der zu erwartenden Signalstärken. Dies ist deshalb der Fall, weil eine MR-Aufnahme durch zahlreiche Parameter beeinflusst werden kann (vgl. [Schäfer 92] und [Uhlenbrock 90]). Die wichtigsten sind:

- **Aufnahmemethode:** z.B. Inversion-Recovery, Spin-Echo, Gradienten-Echo.
- **Aufnahmeparameter:** z.B. Repetitionszeit (TR) und Echozeit (TE) bei der Spin-Echo-Methode. Diese Parameter legen normalerweise die sog. *Wichtung* des Bildes fest; man spricht beispielsweise von *T1*-, *T2*- und *protonengewichteten Aufnahmesequenzen*.
- Die **Magnetfeldstärken** von *Hauptfeldspulen* und *Gradientenspulen*.

- Art und Verabreichung des **Kontrastmittels** (z.B. Gadolinium).

Zusätzlich werden MR-Aufnahmen noch von vielen weiteren kaum quantifizierbaren Faktoren beeinflusst, wie etwa dem Gerätetyp oder der Verwendung und Positionierung von Homogenisierungsspulen (Shimspulen). Desweiteren gibt es kaum standardisierte Aufnahme-Protokolle, da die Techniken, anhand bestimmter Methoden und Parametereinstellungen spezifische Strukturen und Pathologien besser darstellen zu können, ständig verbessert werden. Jeder Radiologe „fährt“ seine individuellen Sequenzen und paßt diese ständig seinen Erfahrungen an.

Die Abbildung aller möglicher MR-Aufnahmen bedürfte also eines **mindestens 4-dimensionalen Merkmalsraumes** (Methode, Parameter, Feldstärke, Kontrastmittel). Diesen riesigen Merkmalsraum mittels vorhandener Daten vollständig abzudecken, ist kaum möglich und wäre auch wenig sinnvoll, da direkte Zusammenhänge zwischen Merkmalsänderungen und Änderungen des Bildsignales existieren. Diese lassen sich durch Regeln bzw. Constraints beschreiben, also nicht allein durch statische Daten, sondern nur mit Hilfe zusätzlicher dynamischer Maße. Beispielsweise gibt es einen formelmäßig erfaßbaren Zusammenhang zwischen Signalintensität auf der einen und TR, TE auf der anderen Seite.

Eine weitere und häufig genutzte Methode, um die Variationsbreite der MR in den Griff zu bekommen, ist die Verwendung eines selbsterstellten Standards, d.h. einer Vereinbarung mit dem Radiologen, nur bestimmte vordefinierte Sequenzen zu fahren. Von dieser Möglichkeit wird auch bei der in Kap. 6 beschriebenen prototypischen Implementierung Gebrauch gemacht. Verloren geht dabei die Übertragbarkeit auf Aufnahmen, die mit anderen als den vereinbarten Protokollen gemacht wurden.

5.4 Verbindung zwischen Anatomie und Bildverarbeitung

Bislang wurden zwei voneinander unabhängige Teilmodelle beschrieben, die versuchen, die anatomischen bzw. bildgebenden Aspekte von ARMO in sich geschlossen abzubilden. Auf die sinnvolle Verbindung beider kommt es an, wenn man - wie in dieser Arbeit - eine *radiologische* Wissensbasis aufbauen möchte. Abb. 5–8 zeigt die Schnittstelle der beiden Teilansichten *Medical View* und *Imaging View* sowie die daran beteiligten Klassen.

Mit drei verbindenden Assoziationen wurde das Interface bewußt einfach gehalten, um eine möglichst geringe Abhängigkeit der beiden Teilmodelle voneinander zu gewährleisten. Zwischen dem *Medical View* und dem *Imaging View* existieren zwei Arten von Relationen:

1. **has property:** Körperflüssigkeiten (*Body Fluids*) und Gewebe (*Tissues*) haben genau eine *Physical Property*. Von dieser gehen die Beschreibungen der diversen Erscheinungsformen der Gewebe bzw. Flüssigkeiten bei konkreten Bildmodalitäten aus, wie sie in 5.3.1 geschildert wurden.
2. **boundary imaged as:** Diese *attributierte* Relation ist ein Zugeständnis an die Tatsache, daß Grenzen zwischen bestimmten anatomischen Objekten häufig ein charakteristisches Erscheinungsbild haben, aber dennoch keiner eigenen Gewebeart zuzuordnen sind. Typische Beschreibungsattribute solch eines Grenzverlaufs sind

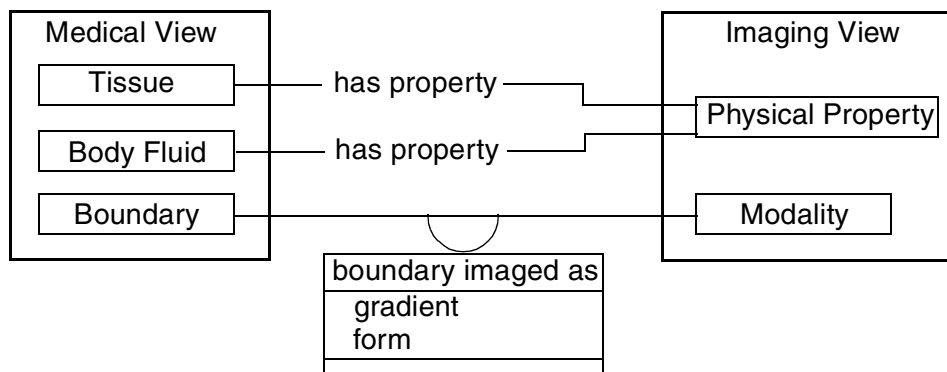


Abbildung 5–8: ARMO: Verbindung zwischen Anatomie und Bildverarbeitung

der *Gradient* („klein“, „zwischen x und y“) und die *Form* („regelmäßig“, „klar abgegrenzt“, „zerfranst“).

Mit Hilfe dieser Relationen lassen sich nun beschreibende radiologische Aussagen modellieren wie z.B.

- „Die Leber erscheint im Bild gefleckt und durch einen hellen Rand klar nach außen abgegrenzt.“
- „Die mit Urin gefüllte Blase erscheint hell. Die Grenze zum Uterus ist verwachsen aber regelmäßig.“

Wie solche und ähnliche Aussagen konkret durch Objekte und Assoziationen zwischen den Objekten dargestellt werden können, wird im Rahmen der Evaluation (Kap. 7.2) ausführlich gezeigt.

5.5 Zusammenfassung

In diesem Kapitel wurde das anatomisch-radiologische Model **ARMO** beschrieben. Aufgabe von **ARMO** ist die **generische** Modellierung der für die Bildanalyse wichtigen Informationen zu Anatomie und Bildgebung.

Nach einem Blick auf einen frühen Modellentwurf wurde die Aufteilung des Modells in **zwei Teilmodelle** begründet (5.1):

- Anatomischer Teil (*Medical View*)
- Bildgebungsteil (*Imaging View*)

Das nächste Unterkapitel (5.2) brachte eine genaue Erläuterung der **medizinischen Teilansicht**. Wichtige Punkte waren die *anatomischen Konzepte* selbst, die *Eigenschaften* der Konzepte und die *Relationen* zwischen ihnen.

Die Darstellung des **Bildgebungsteils** erfolgte anschließend (5.3). Herausgestellt wurden die Begriffe *Physical Property* als Abstraktion aller objekt-eigenen Attribute, die zur Bildgebung beitragen, und *Imaged As* als modalitäts-abhängige Beschreibung der Erschei-

nungsform eines Objektes im Bild. Auch der Einfluß verschiedener *Modalitäten* und ihrer Parameter wurde diskutiert.

Abschließend (5.4) fand die Erläuterung der **Verbindung** beider Teilmodellen statt. Die **Schnittstelle** zwischen ihnen wurde bewußt einfach gehalten; letztendlich genügen drei Verbindungs-Relationen, um die Modellierung radiologischer Bildbeschreibungen zu ermöglichen.

6 Implementierung

„All that Anatomie can doe is only to shew us the gross and sensible parts of the body, or the vapid and dead juices all which, after the most diligent search, will be noe more able to direct a physician how to cure a disease than how to make a man.“

John Locke (1668)¹

Im vorangegangenen Kapitel wurde ARMO als ein Modell zur Repräsentation des anatomisch-radiologischen Wissens vorgestellt. In diesem Kapitel geht es nun um die Umsetzung dieses Modells, d.h. die *prototypische* Implementierung einer Anatomiebank und ihrer Schnittstellen nach außen.

In Abschnitt 6.1 wird zunächst die verwendete Modellierungs- und Implementationsumgebung beschrieben. Darauf folgt (Kap. 6.2) eine Erläuterung der ausgewählten Subdomäne (MR-Aufnahmen des weiblichen Beckens), sowie der daraus resultierenden Vereinfachungen, Einschränkungen und Anforderungen (Kap. 6.3). Nachfolgend (Kap. 6.4) werden einige Details der Implementation beleuchtet, sowie die *Schnittstellen* der Anatomiebank nach außen (6.5).

6.1 Modellierungs- und Implementationsumgebung

Eine Teilaufgabe innerhalb dieser Arbeit war es, zu prüfen, ob das verwendete Modellierungswerkzeug und die Implementationsumgebung den Aufgaben gerecht wurden. Verwendet wurden zwei Programme, auf die im folgenden näher eingegangen wird: SOFTWARE THROUGH PICTURES² und VISUALWORKS³.

6.1.1 Software through Pictures

Software through Pictures / Object Modeling Technique (StP/OMT) ist ein integriertes Tool für die Analyse und das Design objekt-orientierter Modelle unter Verwendung der OMT-

1. zitiert in [Cunningham 75], S. 3.

2. StP ist ein Produkt der *Interactive Development Environment*, Inc. (IDE). Release 2 für SUN/Solaris wurde uns freundlicherweise für drei Monate zu Testzwecken zur Verfügung gestellt.

3. VISUALWORKS stammt von *ParcPlace Systems*, Inc.

Methodologie (vgl. Kap. 4.1). Desweiteren ist es möglich, aus einem Modell Programmcode in mehreren Sprachen zu erzeugen.

STP/OMT wird mit einer umfangreichen Dokumentation ([IDE 94]) geliefert, in der nicht nur die Benutzung der einzelnen Tools, sondern auch die Handhabung und Verwaltung der zugrundeliegenden relationalen Datenbank STP/RDBMS beschrieben wird. Die fehlende *On-Line-Dokumentation* erschwert die Arbeit mit einem so komplexen Programm jedoch sehr.

STP/OMT unterstützt die in Kap. 4.1 eingeführte OMT-Notation (siehe Anhang B) weitestgehend. Besonders interessant für diese Arbeit waren das Tool zur Erzeugung der Objekt-Modelle, der *Object Model Editor* (OME), sowie die Möglichkeit Smalltalk-Code zu generieren.

Object Model Editor

Im OME wird das Objekt-Modell, also eine Ansammlung von Klassen, ihren Methoden,

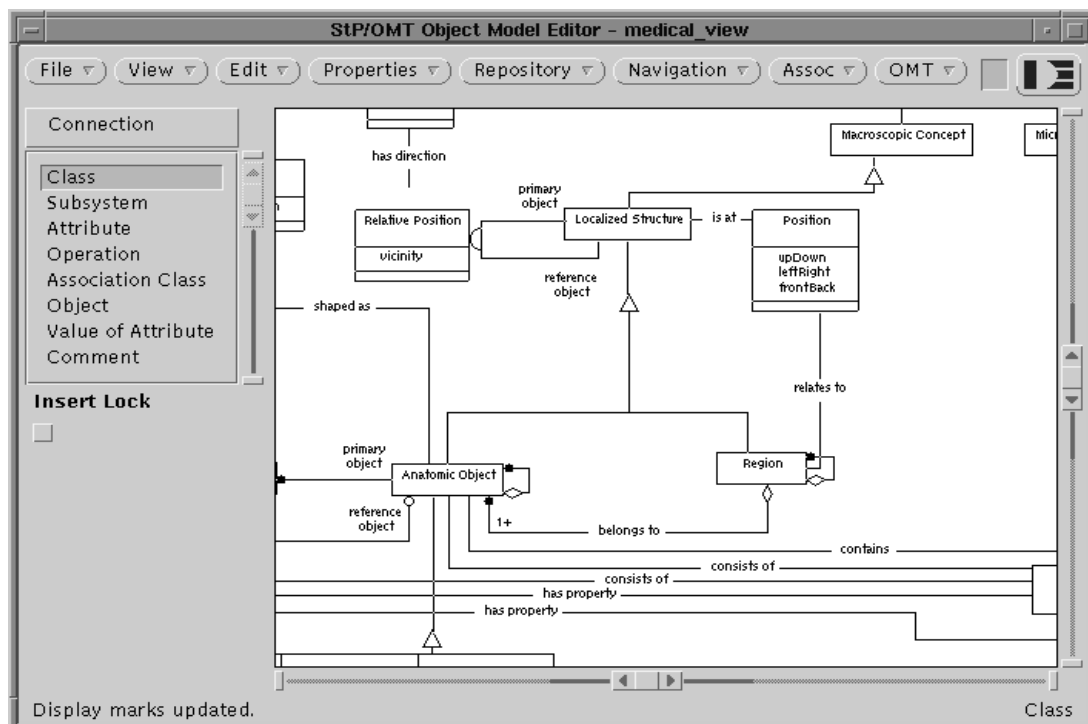


Abbildung 6–1: STP: Object Model Editor

Attributen und gegenseitigen Assoziationen, erstellt. Abb. 6–1 zeigt den Editor, wie er sich am Bildschirm präsentiert. Vom OME aus kann man direkt zu anderen Editoren navigieren, beispielsweise zum *Class Table Editor* (CTE), in dem die Attribute und Methoden einer Klasse mit zusätzlichen Merkmalen (siehe Abb.6–2) versehen werden können.

Der OME ist also vor allem ein spezialisierter Graphikeditor, der aber auch das Diagramm auf inhärente Korrektheit und Konsistenz mit dem übrigen Modell prüft. Diese Dia-

	1	2	
1	Anatomic Object		
2	Attribute	Type	Default Value
3	AllAnatomicObjects		
4	shape		
5	boundaries		
6	parts		
7			
8	upperRegion		

Abbildung 6-2: StP: Class Table Editor

gramm-Validierung testet z.B. auf fehlende Namen, Generalisierungszyklen und mehrfache Superklassen.

Die verschiedenen Editoren machen einen ausgereiften, jedoch schwerfälligen und altmodischen Eindruck, was u.a. an der Verwendung einer OPENLOOK- anstatt der heute üblichen OSF/MOTIF-Oberfläche liegt. Desweiteren sind manche Strukturen, z.B. reflexive Assoziationen mit unterschiedlicher Kardinalität, nicht darstellbar.

Codegenerierung

Neben dem Entwurf des Objektmodells war die Möglichkeit zur Programmcodierung sehr wichtig für die Auswahl gerade dieses Tools. Dadurch soll der Systementwickler von der mühsamen Aufgabe entlastet werden, die Vererbungs- und Instanziierungshierarchie, die dem Objektmodell fast vollständig entnommen werden kann, per Hand programmieren zu müssen.

IDE wirbt damit, daß eine automatische Umsetzung der Objektmodelle und *Class-Tables* in Smalltalkcode möglich ist. Die in StP bislang implementierten Möglichkeiten hierzu sind jedoch sehr gering. Einzig die Vererbungshierarchie wird vollständig durch Erzeugung von *Super-* und *Subklassen* abgebildet. Für Assoziationen im Modell besteht lediglich die Möglichkeit, *Instanzvariablen* erzeugen zu lassen. Methoden mit mehreren Schlüsselwörtern werden nicht syntaxgerecht umgesetzt, und auch auf die in Smalltalk sehr strengen Groß/Kleinschreibungsregeln wird keine Rücksicht genommen.

Die Möglichkeiten der Smalltalk-Codegenerierung sind daher nur rudimentär verwirklicht und weit davon entfernt, dem Systementwickler die Routinearbeit der Modelltransformation

abzunehmen. Wünschenswert wären z.B. die Umsetzung von *Part-Of-Beziehungen* des Modells in entsprechende Instanziierungsabhängigkeiten (*Dependencies*), sowie die Bereitstellung von *Code-Patterns* für häufig gebrauchte Methoden.

Bewertung

Die Erwartungen an ein Software-Modellierungstool der oberen Preisklasse⁴ waren vor Beginn der Testphase sehr hoch, konnten jedoch nicht erfüllt werden. Vor allem die großen Schwächen bei der Codegenerierung lassen die derzeitige Version von STP/OMT für den Gebrauch als Modellierungstool bei Smalltalkprojekten ausscheiden.

6.1.2 VisualWorks

VISUALWORKS ist eine integrierte objekt-orientierte Entwicklungsumgebung basierend auf SMALLTALK-80 (siehe [Goldberg 89]). Die Wahl von Smalltalk als Entwicklungssprache stützt sich auf Aspekte, die in Kap. 4.2 erläutert sind.

VisualWorks wurde zum Smalltalk-System der Wahl, weil es auf allen wichtigen Rechnerplattformen (Unix, Windows, Mac) verfügbar ist, d.h. Programme lassen sich mit minimalem Aufwand übertragen, und weil die nachträgliche Anbindung an eine Datenbank (z.B. GEMSTONE) ohne weiteres möglich ist.

Das System wird mit einer äußerst knappen Dokumentation ausgeliefert ([ParcPlace 94], teilweise auch als Online-Dokumentation verfügbar). Dieser Mangel wird jedoch dadurch z.T. kompensiert, daß sämtliche dokumentierten Sourcen des Systems zugänglich sind.

Benutzerschnittstelle

Zentraler Punkt eines jeden Smalltalk-Systems ist der *Class-Browser*. Mit ihm navigiert man durch sämtliche Klassen des Systems, und kann dort sowohl Klassen- als auch Instanzmethoden anschauen, verändern oder neu erstellen. In Abb. 6–3 sieht man beispielsweise die Instanzmethode `containsFluid:` der Klasse `AnatomicObject`.

Außer dem Class-Browser, der wie die meisten anderen Dialogfenster beliebig oft gestartet werden kann, existieren noch zahlreiche andere Fensterarten, in denen z.B. Dateien, Programmcode, Debug-Informationen und vieles andere dargestellt werden kann. Schön ist auch, daß sich der Entwurf von Benutzerschnittstellen sehr einfach gestaltet, indem man einfach die entsprechenden Darstellungselemente aus der *Palette* in das Entwurfsfenster (*Canvas*) zieht (siehe Abb.6–4) und entsprechend verändert.

Die Benutzungsschnittstelle entspricht in etwa dem, was man von SMALLTALK-80, dem „Urvater“ VISUALWORKS, kennt. Daher vermißt man auch angenehme Details anderer Smalltalk-Systeme (z.B. SMALLTALK-X), wie etwa eine Baumdarstellung der Klassenhierarchie oder einen komfortableren *File-Browser*.

4. Das Angebot für zwei Lizenzen von STP/OMT lag bei fast 30 TDM inkl. eines Rabatts von 50% für Forschungseinrichtungen.

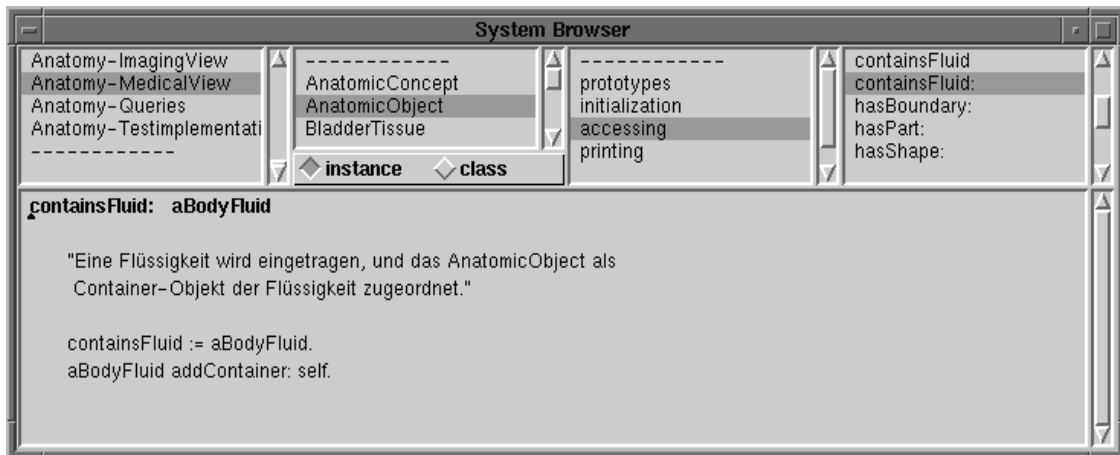


Abbildung 6-3: VISUALWORKS: Class-Browser

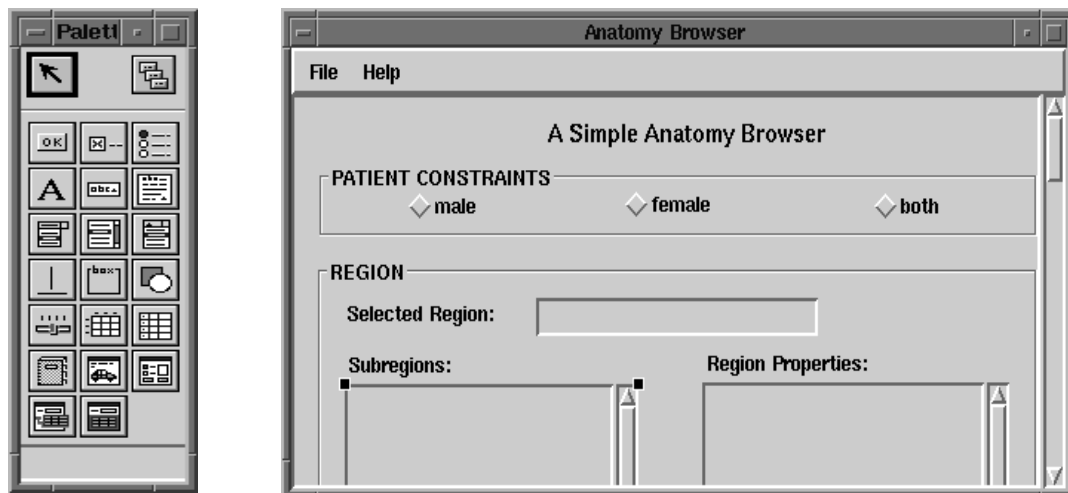


Abbildung 6-4: VISUALWORKS: Palette und Canvas

Bewertung

VISUALWORKS hat sich trotz der genannten Schwächen als Smalltalk-Entwicklungsumgebung bewährt. Besonders positiv fällt die Möglichkeit, ein *Image*⁵ direkt auf unterschiedlichen Plattformen verwenden zu können, ins Gewicht. Wünschenswert wären noch kleinere Korrekturen verschiedener Browser, eine OSF/MOTIF-konforme Bedienung, sowie die Unterstützung größerer Projekte durch eine entwicklerübergreifende Verwaltung gemeinsamer Klassen und Objekte.

5. Als *Image* eines Smalltalksystems bezeichnet man eine Systemdatei, in der alle Objekte, sowie der gesamte Programmcode aller verwendeten Klassen gespeichert werden. Jeder Anwender von Smalltalk benutzt in der Regel sein eigenes Image.

6.2 Gewählte Subdomäne

Als ausgewählter Implementierungsfall diene eine Studie mit MR-Bildern des weiblichen Beckens. Ziel des Projekts ist die Segmentierung und Visualisierung der in diesem Bereich vorkommenden Organe, Gefäße und Knochen. Eine weitere Aufgabe besteht in der Detektion und Verifikation maligner Läsionen, meist Tumore in und um den Uterus.

Bei der Operationsplanung könnte der Chirurg vor allem von 3-D-Ansichten profitieren, bei denen die malignen Bereiche massiv innerhalb transparenter Organe dargestellt werden. Die Visualisierung von Gefäßen und Muskeln würde das Finden der besten Zugangswege bei der operativen Tumorentfernung deutlich erleichtern.

Mit dieser Studie eröffnete sich ein Testfeld für die Instanziierung der anatomischen als auch der bildgebungsspezifischen Objektklassen. Darüberhinaus konnte untersucht werden, ob ein medizinisches Bildanalysesystem von der Verwendung ARMOS profitieren kann und dadurch flexibler wird.

6.2.1 Das weibliche Becken

Abbildung 6–5 (aus [Waldeyer 87], S. 320) zeigt einen Schnitt durch das weibliche Becken. Folgende darauf zu findende Organe sind auch auf den MR-Aufnahmen der Studie (Abb. 6–6 und 6–7) gut zu erkennen:

- Blase (*vesica urinaria*),
- Gebärmutter (*uterus*),
- und Enddarm (*rectum*).

Auf der Abbildung nicht dargestellt, aber in den MR-Schnitten zu erkennen sind Blutgefäße, die oberen Teile des Oberschenkelknochens (*trochanter major dexter / sinister*) und die Schalen des Beckenknochens (*os ilium*).

6.2.2 Die betrachtete Modalität

Da keine einzelne MR-Aufnahme die Erkennung und Differenzierung aller wesentlichen anatomischen Strukturen der Beckenregion erlaubt, wurde für die Studie eine „Multi-Volumen-Strategie“ gewählt. Dies bedeutet, daß eine Reihe von MR-Aufnahmeparametern festgelegt (standardisiert) wurden. Folgende Sequenzen wurden als besonders geeignet für die automatische Bildanalyse ausgewählt:

- **Pre-T1:** T1-gewichtete Aufnahmesequenz ohne Zugabe von Kontrastmittel.
- **Post-T1:** T1-gewichtete Aufnahmesequenz nach Gabe von Kontrastmittel.
- **Pre-T2:** T2-gewichtete Aufnahmesequenz ohne Zugabe von Kontrastmittel.
- **Post-T2:** T2-gewichtete Aufnahmesequenz nach Gabe von Kontrastmittel.
- **Angio-MT:** Spezialisierte Aufnahmesequenz zur Darstellung von Blutgefäßen.

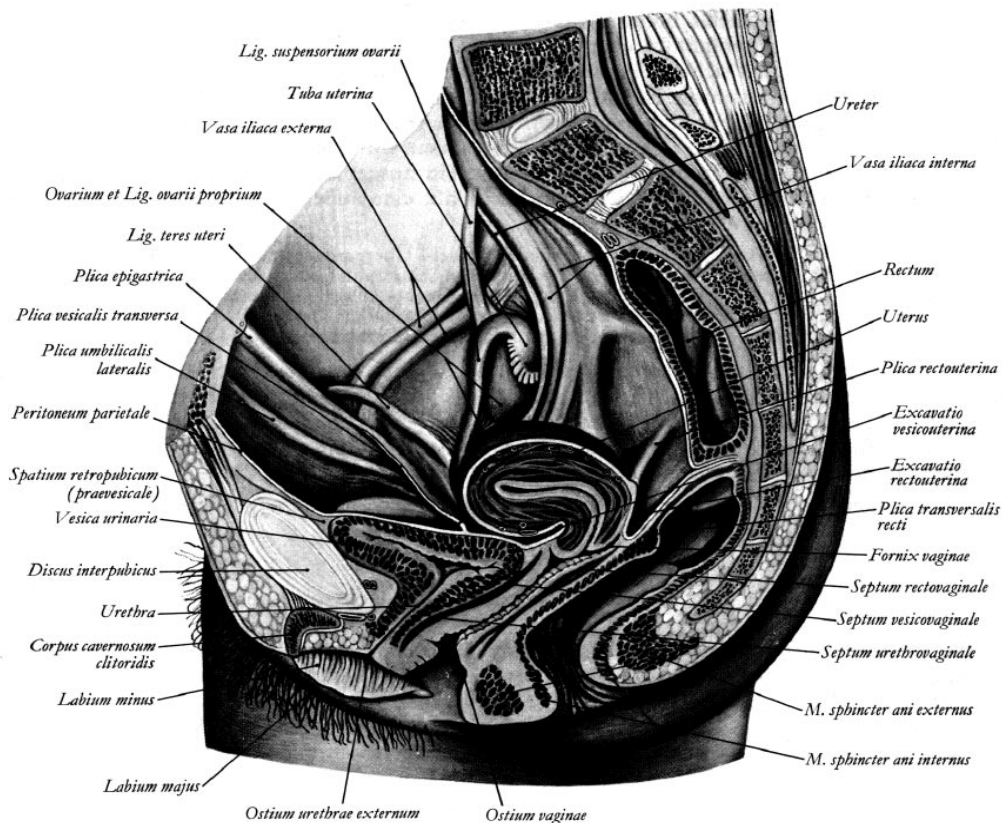


Abbildung 6-5: Mediansagittalschnitt durch ein weibliches Becken

- **Dynamik:** Zeitabhängige Studie nach Gabe von Kontrastmittel; meist 22 Aufnahmen innerhalb von etwa 15 Minuten.

Die T1- / T2-Gewichtung lässt unterschiedliche Gewebearten mit unterschiedlichen Signalintensitäten in der Aufnahme erscheinen. In T2-gewichteten Aufnahmen sind z.B. Nekrosen, Ödeme und ein Großteil der Tumore signalstark. Ein Gewebe mit hohem T2-Signal hat häufig ein niedriges T1-Signal. Fett jedoch ist meist in beiden Gewichtungen signalstark und klar abgegrenzt (vgl. [Higgins 92] und [Uhlenbrock 90]). Die Gabe des Kontrastmittels⁶ erhöht das Signal in bestimmten Gewebearten. Da die Anreicherung des Kontrastmittels in den pathologischen Strukturen schneller stattfindet als in den gesunden Gewebearten, dient vor allem die Dynamik-Studie zur Differenzierung zwischen gesundem und krankem Gewebe.

Die nachfolgenden Abbildungen zeigen einige ausgewählte Schichtaufnahmen der Studie. Abb. 6-6 zeigt eine bestimmte Schicht der *Angio-MT*-Sequenz, links das Original und rechts mit den segmentierten Organen. Abb. 6-7 stellt eine *Pre-T1*-Schicht dar, auf der man besonders gut Knochen und Muskelgewebe unterscheiden kann. Vergleicht man die beiden Aufnahmen, so erkennt man bereits eine Schwierigkeit des Multi-Volumen-Ansatz-

6. Das verwendete Kontrastmittel ist MAGNEVIST.

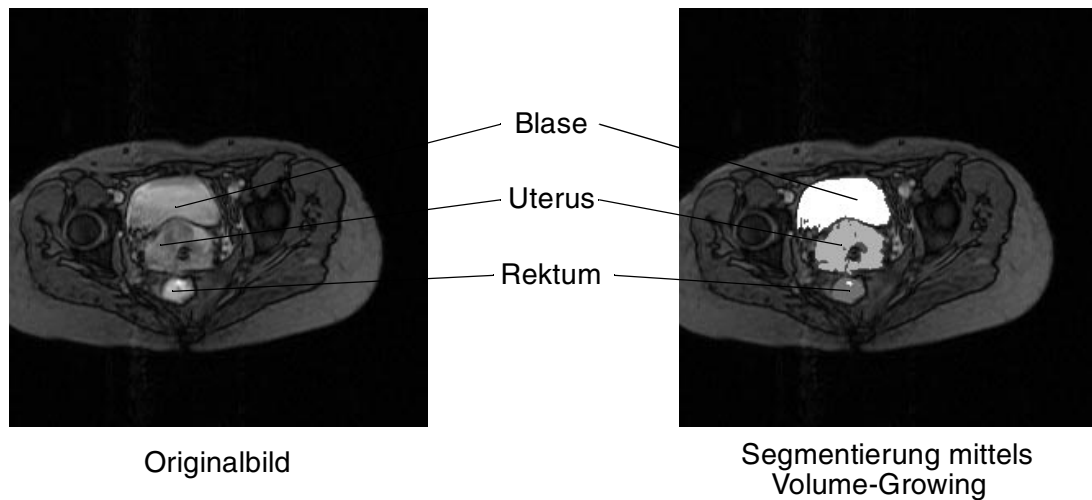


Abbildung 6-6: Angio-MT-Aufnahmen eines weiblichen Beckens

zes: Der unterschiedliche Füllzustand der Blase führt zu einer variierenden Form und Lage der angrenzenden anatomischen Objekte. Daher bedarf es eines Repräsentationsmechanismus für die Objektlage, der diese Variabilität adäquat abbilden kann.

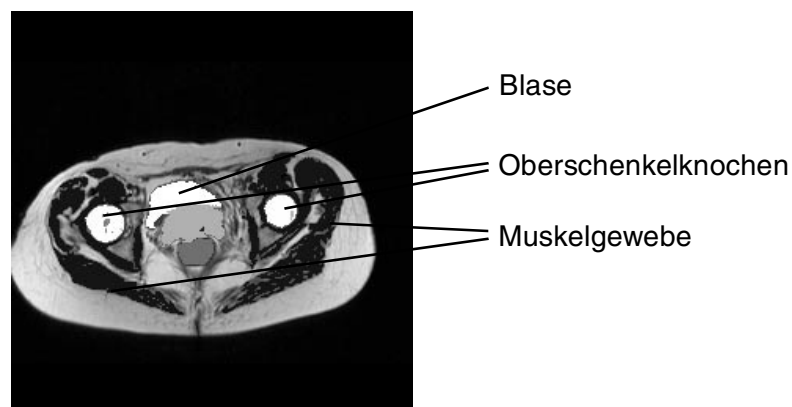


Abbildung 6-7: Pre-T1-Aufnahme eines weiblichen Beckens

6.2.3 Die Rolle der Anatomiebank

Die anatomisch-radiologische Wissensbasis kommt dann ins Spiel, wenn Segmentierungsalgorithmen ihre Anfangsparametrisierung suchen. Möglich sind beispielsweise folgende Verwendungszwecke:

- Die **Lageinformation** (relativ oder absolut) einer anatomischen Struktur dient zur Bestimmung des *Seedpoints* eines *Volume-Growing*-Algorithmus.
- Die Information über den **Grauwert** einer anatomischen Struktur wird zur Festlegung eines Schwellwerts bei Schwellwertoperatoren verwendet.

- Eine **Formbeschreibung** des betrachteten Objekts dient als Initialisierung für eine *aktive Kontur*, die sich dann der vorgefundenen Form anpaßt.

Indem man dieses Wissen nicht fest in die Algorithmen integriert, sondern aus einer Anfrage an die Anatomiebank gewinnt, macht man das Auswertungsprogramm flexibel gegenüber Änderungen der Aufnahmeparameter und leicht anpaßbar an andere anatomische Regionen.

6.3 Vereinfachungen, Einschränkungen und Anforderungen der Implementation

Aus der gewählten Subdomäne und Aufgabenstellung ergeben sich drei wesentliche Vereinfachungen:

1. Es wird nur ein kleiner Unterbereich der menschlichen Anatomie modelliert. Die betrachtete Region ist das **weibliche Becken**. Die wichtigen anatomischen Objekte sind Blase, Uterus, Rektum, Hüftknochen, Beckenknochen und Blutgefäße.
2. Einzige näher betrachtete Modalität ist die **Magnetresonanztomographie**. Diese wird nicht in ihrer gesamten Komplexität dargestellt, sondern eingeschränkt auf die standardisierten Aufnahmesequenzen.
3. Es werden **keine funktionalen Einheiten** betrachtet.

Zusätzlich werden folgende Einschränkungen des Modells vorgenommen:

- Die Formbeschreibung verwendet lediglich einfache Propositionen wie Kugel/Ellipsoid/unregelmäßiges Objekt, da eine adäquate 3-dimensionale und effektive Formbeschreibungsmethode für anatomische Objekte noch nicht bekannt ist.
- Die Beschreibung der Erscheinungsform im Bild beschränkt sich auf einfache Attribute wie Grauwertbereich, Gradient und Varianz.

Folgende Anfragen an die Anatomiebank müssen möglich sein:

1. **Relative Lage**: Wo liegt ein Objekt im Bezug zu einem anderen?
2. **Absolute Lage**: Wo liegt ein Objekt innerhalb der betrachteten Region?
3. **Bildsignal**: Mit welchem Grauwert und welcher Varianz erscheint ein Objekt bei einer bestimmten Modalität in der Aufnahme?
4. **Form**: Welche Form besitzt ein anatomisches Objekt normalerweise?

6.4 Details der Implementation

In diesem Kapitel werden die Details der prototypischen Smalltalk-Implementierung von ARMO vorgestellt. Die Erläuterungen haben erklärenden Charakter; eine Beschreibung der eigentlichen Klassen und ihrer Zugriffsmethoden findet man in Anhang C.

Entsprechend dem reinen Modell ist auch die Implementation in zwei Teile aufgespalten, die in den folgenden Unterkapiteln besprochen werden: der anatomische Teil (*medical*

view) und der Bildverarbeitungsteil (*imaging view*). Anschließend wird das Konzept der *Constraints* erläutert.

6.4.1 Medical View

Das vollständige Diagramm der ARMO-Implementierung des anatomischen Teils in OMT-Notation findet sich in Anhang A, Abb. A-4.

Abbildung 6-8 zeigt die implementierte **Hierarchie anatomischer Konzepte**. Es fällt auf, daß die Klasse `Organ` keine weiteren Unterklassen besitzt. Dies liegt daran, daß die modellierten Organe (Uterus, Blase und Rektum) keine zusätzlichen Attribute und nur eine einzige Instanz - nämlich der Klasse `Organ` - besitzen. Diese Instanz stellt einen Prototypen des entsprechenden Organs dar und nicht das individuelle Organ eines Patienten.

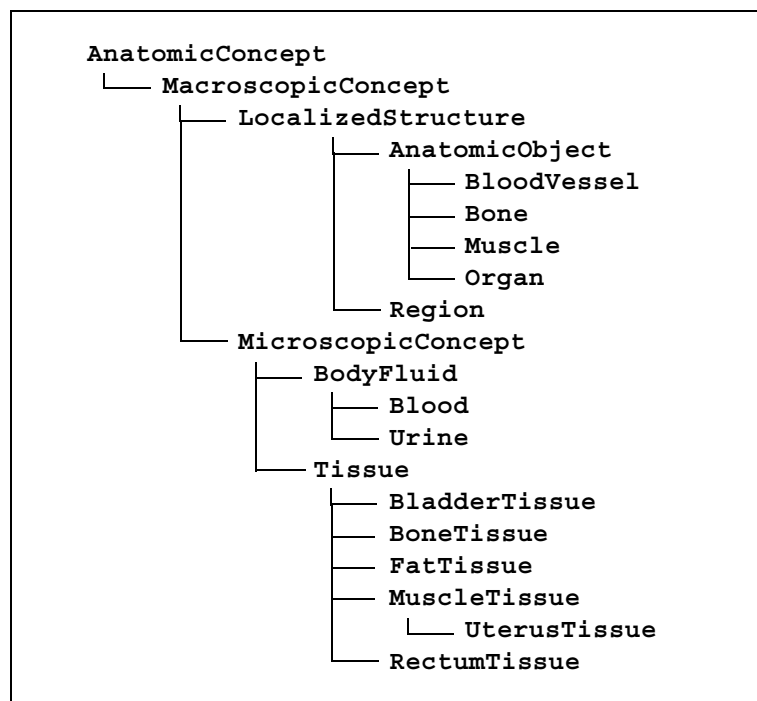


Abbildung 6-8: Smalltalk-Hierarchie der anatomischen Konzepte

Als **Lageinformationen** (Abb. 6-9) wurden die semi-quantitativen Propositionen der TOPOANALYSE (vgl. Kap. 3.3.2) implementiert. Die relative Position (`RelativePosition`) einer Struktur wird durch die mit Fuzzywerten belegbaren Orientierungsattribute `up`, `down`, `left`, `right`, `front` und `back`, das Nachbarschaftsattribut `vicinity` sowie das Referenzobjekt beschrieben. Die absolute Lage (`Position`) enthält die 9 Propositionen `up`,

down, midUpDown, left, right, midLeftRight, front, back und midFrontBack, sowie die dazugehörige Referenzregion.

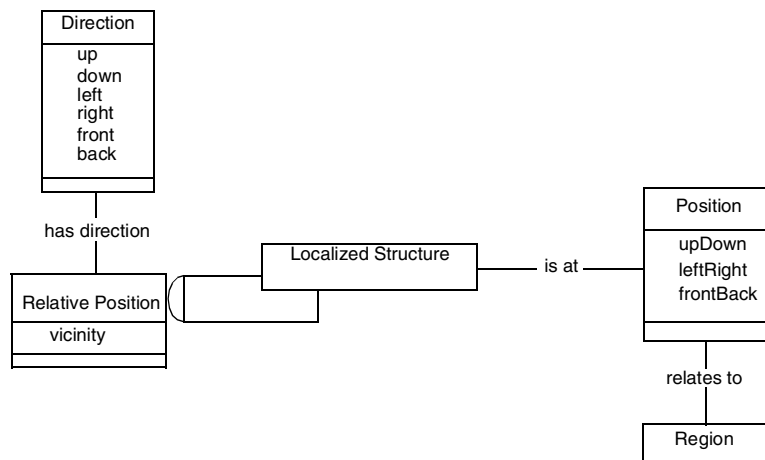


Abbildung 6–9: ARMO-Implementierung der Lageinformationen

Eine **Formbeschreibung** wurde nur in rudimentärer Form realisiert (siehe Abb. 6–10). Das Attribut zur Formbeschreibung (*description*) kann nur einfache Ausprägungen (z.B. *ellipsoid*, *sphere*, *irregular*) annehmen. Zusätzlich gibt es noch die Möglichkeit, die Orientierung der Grundform sowie deren Ausdehnung (*Size*) in den drei Raumachsen anzugeben.

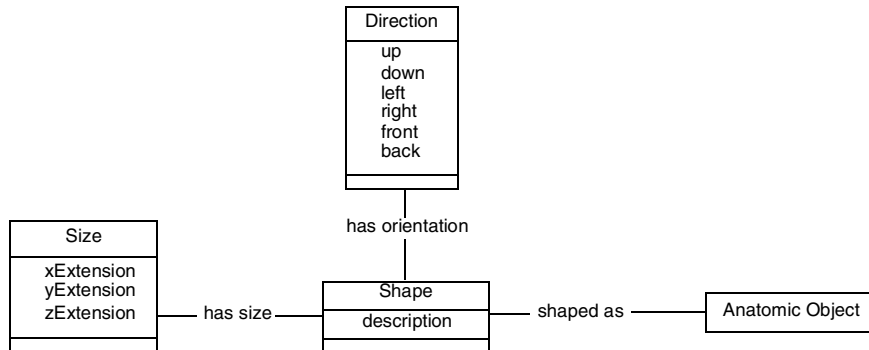


Abbildung 6–10: ARMO-Implementierung der Form

6.4.2 Imaging View

Vergleicht man die Implementation des Bildgebungsteils (Abb. A–3) mit dem ursprünglichen Modell (Abb. A–1), so findet man kaum Veränderungen. Lediglich die Einführung der optionalen Klasse *AccumulationCurve*, mit der der Verlauf der Kontrastmittelanreicherung bei MR-Bildern der *Dynamik*-Sequenz festgehalten wird, ist eine erwähnenswerte Neuerung.

Die Erscheinungsform (*PropertyImagedAs*) einer *PhysicalProperty* wird durch den Grauwert (*greyValue*) und optional durch die Texturmaße *mean*, *variance* und

`gradient` beschrieben. Die Erscheinungsform von Grenzen zwischen anatomischen Objekten (`BoundaryImagedAs`) wurde zwar implementiert, jedoch nicht anhand realer Bilder getestet.

6.4.3 Constraints

Für die Implementierung wurde das Konzept der **Constraints** in Smalltalk implementiert. Da das Modell vor allem dazu dient, prototypische Beschreibungen von anatomischen Objekten und ihrer Darstellung im Bild zu liefern, ist es häufig nicht sinnvoll, die Attribute bestimmter Klassen mit festen Werten zu belegen. Nötig sind dagegen eingrenzende semantische Bedingungen für die möglichen Ausprägungen eines Attributs. Solche Bedingungen nennt man auch *Constraints*. Zwei Beispiele:

1. Die Größe eines bestimmten Organs ist nicht bei allen Menschen gleich, sondern bewegt sich in gewissen Grenzen. Der entsprechende Constraint lautete also: „Die Länge von Organ *X* liegt zwischen *a* und *b*.“
2. Die Position eines Objekts ist häufig von Positionen anderer Objekte abhängig, so verdrängt beispielsweise eine vergrößerte Leber die Niere. Der Constraint wäre dann: „Die Niere liegt normalerweise an Position *X*, bei vergrößerter Leber verschiebt sie sich entsprechend nach unten.“

An den Beispielen erkennt man zwei Arten von Constraints: Solche die nur **lokal** auf ein Attribut wirken (Bsp. 1), und solche die **global** mehrere Attribute oder gar Objekte betreffen (Bsp. 2). Systeme zur Formulierung und Berechnung von Constraint-Systemen stellen ein eigenes Forschungsgebiet dar, und können sehr komplex werden⁷.

Implementiert wurden in ARMO nur lokale Constraints, nämlich die Klassen `IntervalConstraint` (numerische Intervalle) und `SetConstraint` (eine Menge möglicher Werte). So können anstatt einfacher Werte Instanzen dieser Klassen zur Attributbeschreibung verwendet werden; z.B. bedeutet die Smalltalk-Anweisung

```
greyValue := IntervalConstraint from: 10 to: 65.
```

daß der Grauwert zwischen 10 und 65 liegen darf.

Die Erweiterung des Constraint-Konzepts - beispielsweise um Bedingungen und Regeln - stellt eine wichtige Möglichkeit zur Erweiterung von ARMOs Funktionalität und Mächtigkeit dar. Entscheidend ist dabei die richtige Übertragung von anatomischer bzw. radiologischer Aussage in einen entsprechenden Constraint.

6.5 Schnittstelle

Ein wesentliches Kriterium für die Benutzbarkeit und Akzeptanz einer Wissensbank - und damit auch für ARMO - ist die Schnittstelle nach außen. Abbildung 6–11 zeigt den Aufbau der Anatomiebank und ihrer Interface-Komponenten im Überblick. Man erkennt, daß die beiden eigentlichen Schnittstellen - der *Anatomie-Server* und der *Anatomie-Browser* - nicht direkt auf die Anatomiebank zugreifen, sondern über eine vermittelnde Zwischen-

7. Eine einführende Beschreibung des *Constraint-Satisfaction-Problems* sowie weiterführende Literaturhinweise finden sich z.B. bei [Shapiro 90], S. 205ff.

schicht: die *Query-Klassen*. Im folgenden werden zunächst diese Zwischenschicht und anschließend die beiden von außen zugänglichen Schnittstellen näher betrachtet.

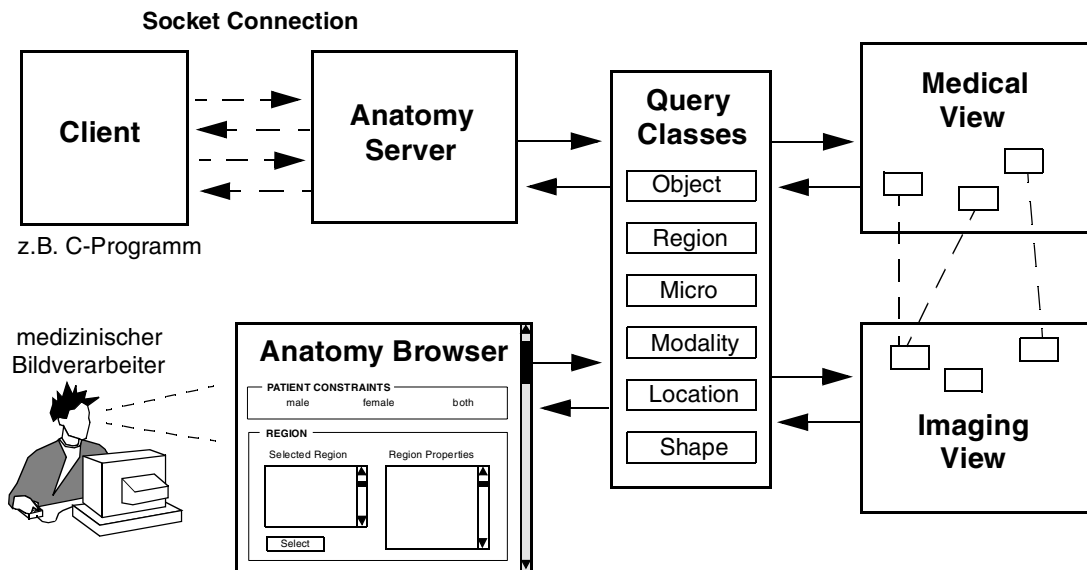


Abbildung 6–11: Interface-Komponenten der Anatomiebank

6.5.1 Query-Klassen

Ermöglichte man Applikationen, die Informationen aus der Anatomiebank benötigen, den direkten Zugriff auf dieselbe, so hätte das zwei entscheidende Nachteile:

1. Der Entwickler einer solchen Applikation (z.B. eines Programms zur Analyse bestimmter tomographischer Aufnahmen) müßte sich in die komplexe Struktur der Wissensbasis einarbeiten, um zu wissen, in welchen Objekten die für ihn relevanten Wissens Elemente gespeichert sind, und welche Relationen zwischen den Objekten bestehen.
2. Die Applikation wäre von den Implementierungsdetails der Wissensbasis abhängig. Eine Änderung der Implementierung - z.B. Anbindung einer Datenbank - würde umfangreiche Änderungen in der Applikation nötig machen.

Um diese Nachteile zu vermeiden, wurden als übergeordnete Abstraktionsstufe sogenannte **Query Classes** („Anfrage-Klassen“) eingeführt (vgl. [Jarke 93]). Diese Klassen verbergen die interne Struktur der Wissensbasis und stellen dem Benutzer ein Anfrageinterface zur Verfügung, dessen Komplexität deutlich geringer ist als die des zugrundeliegenden Modells. Da für jeden Zweck eigene Query-Klassen geschaffen werden können, sind diese genau auf die Bedürfnisse der Benutzerapplikation zugeschnitten.

In der hier vorgestellten Anatomiebank wurden zunächst 6 Query-Klassen implementiert, die speziell für die ausgewählte Subdomäne - nämlich die Segmentierung des weiblichen Abdomens - und den Anatomie-Browser entworfen wurden:

1. **RegionQuery**: Ermöglicht Anfragen an eine anatomischen Region, z.B. über deren Synonyme, Unterregionen und enthaltene anatomische Objekte.

2. **ObjectQuery**: Für Anfragen an ein anatomisches Objekt.
3. **MicroQuery**: Ermöglicht Anfragen an mikroskopische Konzepte, d.h. in ARMO bislang Gewebearten und Körperflüssigkeiten.
4. **ModalityQuery**: Zum Erfragen von Sequenzname und Kontrastmittel.
5. **LocationQuery**: Zum Erfragen von Referenzregion und Werten.
6. **ShapeQuery**: Zum Erfragen der *description*, *size* und *orientation* der Form.

Für andere Applikationen wären möglicherweise zusätzliche Query-Klassen nötig. Man denke beispielsweise an ein System zur Segmentierung und Darstellung von Gefäßbäumen, das detailliertes Wissen über die Struktur und den Aufbau bestimmter Gefäßabschnitte benötigt. Für eine solche Anwendung müßte u.a. die Klasse `VesselQuery` mit spezialisierten Abfrage- und Inferenzmöglichkeiten zu Gefäßbäumen eingeführt werden.

Im Gegensatz zu den in [Jarke 93] vorgestellten Query-Klassen, sind Instanzen der hier implementierten Klassen noch nicht die Antworten auf die Anfragen, sondern stellen spezialisierte Query-Objekte dar, an die man mittels ihrer Methoden Anfragen richten kann. Dazu ein Beispiel:

```
anfrageUterus := ObjectQuery to: 'uterus'.
```

gibt ein auf den Uterus spezialisiertes Query-Objekt zurück. Daher liefert die Zeile

```
anfrageUterus getTissue.  
'uterus tissue'
```

als Antwort. Ein weiteres Beispiel:

```
anfrageBecken := RegionQuery to: 'pelvis'.  
anfrageBecken getAllParts.  
  
SortedCollection ('rectum' 'trochanter major'  
'trochanter major dexter' 'trochanter major sinister'  
'uterus' 'vesica urinaria')
```

Die für die jeweiligen Query-Klassen existierenden Query-Methoden findet man in Anhang C, Unterkapitel C.4 aufgeführt.

6.5.2 Anatomie-Server

Die auf ARMO basierende Anatomiebank wurde in Smalltalk implementiert, obwohl Algorithmen und Programme zur Bildanalyse meist - vor allem aus Gründen der Geschwindigkeit - in C realisiert werden. Für die nötige Verbindung zwischen C-Applikation und Anatomiebank existieren verschiedene Alternativen. Hier zwei Möglichkeiten:

1. **VISUALWORKS** bietet - wie auch die meisten anderen Smalltalk-Implementationen - die Möglichkeit, in C geschriebene Unterprogramme einzubinden. Die eigentliche Applikation müßte daher in Smalltalk programmiert werden, könnte jedoch vorhandene C-Routinen zur Bildverarbeitung benutzen.

2. Man stellt einen **Query-Server** zur Verfügung: Ein in Smalltalk implementiertes Programm wartet auf Anfragen von außen, bearbeitet diese und gibt die Antwort auf gleichem Weg zurück.

Für die Realisierung der Anatomiebank wurde die zweite Alternative gewählt. Da **VISUAL-WORKS** die Verwendung von auf **TCP/IP**⁸ basierenden **Unix-Sockets**⁹ erlaubt, wird ein **Client-Server-Konzept** möglich, das Anfragen von allen am Internet angeschlossenen Rechnern aus ermöglicht. „Client-Server-Konzept“ bedeutet, daß ein *Server* ständig auf Anfragen eines oder mehrerer *Clients* wartet, um diese dann zu bearbeiten und die Antwort zurückzuschicken¹⁰.

Aufbau des Servers

In Abbildung 6–12 ist der Aufbau des Anatomie-Servers dargestellt. Man erkennt, daß das **TCP/IP-Interface** nicht direkt mit den Clients kommuniziert, sondern nur mit einem in C programmierten *Gate*. Dies hat den Vorteil, daß zwischen der TCP/IP-Schnittstelle und dem **C-Gate** nur ein einfaches Protokoll vereinbart werden muß, das die Anfragen des C-Gates nacheinander beantwortet. Man nennt dies eine *iterative* Verbindung.

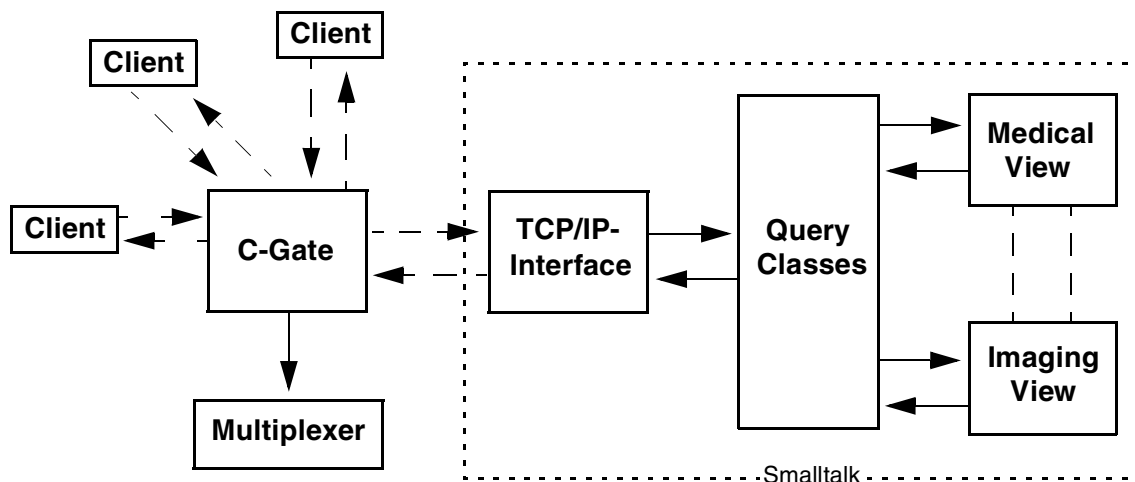


Abbildung 6–12: Aufbau des Anatomie-Servers

Die Kommunikation mit den Clients erledigt das C-Gate. Dieses Gate kann auf eine standardisierte *C-Socket-Library* zurückgreifen, die die Realisierung von mehreren parallelen Socket-Verbindungen und komplexen Protokollen stark vereinfacht. Die Verwendung eines **Multiplexers** ermöglicht schließlich die Installation vieler unterschiedlicher Server für unterschiedliche Zwecke, die ein Client über standardisierte Verfahren anwählen kann.

Jede Kommunikation findet mittels TCP-Verbindungen statt. Diese sind - im Gegensatz zu den *paketorientierten* UDP-Verbindungen¹¹ - *verbindungsorientiert* und sicher, d.h. man

8. *TCP/IP* ist das standardisierte Datenübertragungsprotokoll des Internets.

9. *Unix-Sockets* sind eine Möglichkeit des Unix-Betriebssystems, TCP/IP-Verbindungen zu erstellen und über diese zu kommunizieren. Das Konzept wird z.B. in [Comer 93] ausführlich beschrieben.

10. Eine ausführliche Beschreibung von Client-Server-Architekturen findet man in [Comer 93].

11. *TCP* und *UDP* sind die beiden von TCP/IP zur Verfügung gestellten Datenaustauschverfahren.

muß sich bei der Programmierung weder um die Zuordnung bestimmter Datenpakete zu bestimmten Clients noch um verlorengegangene Pakete kümmern. Dies erleichtert die Implementierung von Kommunikationsprotokollen sehr.

Kommunikationsprotokolle

Für einen geordneten und funktionierenden Kommunikationsablauf ist es nötig, Regeln festzulegen, wie die von Client und Server zu verschickenden Nachrichten auszusehen haben, und welche Antworten auf welche Ursprungsnachrichten erfolgen können. Die Gesamtheit eines solchen Regelwerkes nennt man **Kommunikationsprotokoll**. Die verwendete Server-Architektur macht zwei unterschiedliche Protokolle nötig:

1. Protokoll zwischen Client und C-Gate.
2. Protokoll zwischen C-Gate und TCP/IP-Interface.

Bislang wurde nur das einfachere **Gate-Interface-Protokoll** implementiert. Der Verbindungsaufbau geschieht dabei automatisch durch die Socket-Routinen. Jede Nachricht zwischen Gate und TCP/IP-Interface hat folgenden Aufbau:

Type	Tag	Value(s)
------	-----	----------

Die folgende Tabelle zeigt die zehn möglichen Nachrichtentypen und ihre Attribute:

	Type	Tag	Direction	Value(s)
1	Creation	Object Region Microscopic	C -> S	String <object_name> String <region_name> String <concept_name>
2	Instance	Query ID	S -> C	<query_id>
3	Query	<query_name>	C -> S	<query_id> {<value>}
4	Reply	Text Number Query ID Array of ...	S -> C	<text> <number> <query_id> <simple_type> {<s_t>}
5	Class Query	Object Region Microscopic Modality Location Shape	C -> S	<class_query_name> <class_query_name> <class_query_name> <class_query_name> <class_query_name> <class_query_name>
6	Class Reply	Text Number Array of Text Array of Number	S -> C	<text_value> <number_value> <text> {<text>} <number> {<number>}
7	Test	Exist	C -> S	keine
8	Acknowledge	Exist ClosingDown	S -> C	keine keine

	Type	Tag	Direction	Value(s)
9	CloseDown	keine	C -> S	keine
10	Error	<error_type>	S -> C	String <error_text>

Einige Nachrichtentypen bedürfen einer zusätzlichen Erläuterung. So zeigt die nachfolgende Tabelle die möglichen Werte von <query_name> beim Nachrichtentyp *Query* in Abhängigkeit vom Typ der <query_id> sowie den/die zugehörigen *Value/s*:

Typ	Tag <query_name>	Value(s)
Object	getLocation	<query_id>
	getShape	<query_id>
	getImagingForName	<query_id> <sequence_name>
	getImagingForID	<query_id> <modality_id>
	getRelativePositionTo	<query_id> <object_name>
	getParts	<query_id>
	getAllParts	<query_id>
	getTissue	<query_id>
	getSpatialRelations	<query_id>
	getPropertiesText	<query_id>
Region	getLocation	<query_id>
	getParts	<query_id>
	getRelativePositionTo	<query_id> <region_name>
	getAllParts	<query_id>
	getSubregions	<query_id>
	getAllSubregions	<query_id>
Microscopic	getPropertiesText	<query_id>
	getImagingForName	<query_id> <sequence_name>
	getImagingForID	<query_id> <modality_id>
	getModalities	<query_id>
Modality	getPropertiesText	<query_id>
	getSequenceName	<query_id>
	getContrastMedium	<query_id>
Location	getPropertiesText	<query_id>
	getReferenceRegion	<query_id>
	getLeftRight	<query_id>
	getUpDown	<query_id>
	getFrontBack	<query_id>
Shape	getPropertiesText	<query_id>
	getDescription	<query_id>
	getSize	<query_id>
	getOrientation	<query_id>

Der Nachrichtentyp *Class Query* besitzt für alle Arten von <query_id> den <class_query_name> *getAllQueries*, sowie für Regionen zusätzlich *getTopregion*. Die *Values* der Reply-Nachrichten sind direkt abhängig von Typ und Tag der auslösenden Query. Auf eine entsprechende Tabelle so wie auf weitere Details des implementierten Pro-

tokolls soll an dieser Stelle jedoch verzichtet werden, da sich die Spezifikation und Implementation noch in ständiger Weiterentwicklung befindet.

Man erkennt, daß das Protokoll beinahe eine Eins-zu-Eins-Abbildung der Query-Klassen darstellt. Folglich setzt eine Erweiterung des Protokolls meist auch eine vorherige Erweiterung der Query-Klassen voraus.

Wie nun die Kommunikation zwischen Gate und TCP/IP-Interface abläuft, soll abschließend an einer kleinen Beispielsitzung gezeigt werden¹²:

1. Gate testet das Vorhandensein des Servers:
`test, exist`
2. Antwort des TCP/IP-Interfaces:
`acknowledge, exist`
3. Gate erzeugt eine Query-Instanz zur Region „pelvis“:
`creation, region, 'pelvis'`
4. Antwort des TCP/IP-Interfaces:
`instance, ok, 1001`
5. Gate erfragt die direkten anatomischen Teilobjekte der Region:
`query, getParts, 1001`
6. Antwort des TCP/IP-Interfaces:
`reply, array of text, 'rectum' 'trochanter major' 'uterus' 'vesica urinaria'`
7. Gate erzeugt Query-Instanz zur Blase (*vesica urinaria*):
`creation, object, 'vesica urinaria'`
8. Antwort des TCP/IP-Interfaces:
`instance, ok, 1002`
9. Gate erfragt die relative Position der Blase zum Uterus:
`query, getRelativePositionTo, 1002 'uterus'`
10. Antwort des TCP/IP-Interfaces (der Array gibt jeweils die obere und untere Grenze (Fuzzy-Intervalle) der Attribute up, down, left, right, front, back und vicinity zurück):
`reply, array of number, 0.0 1.0 / 0.0 1.0 / 0.5 0.5 / 0.5 0.5 / 1.0 1.0 / 0.0 0.0 / 1.0 1.0`
Die abgebildete Antwort bedeutet daher in etwa: „Die Blase liegt direkt benachbart und links-rechts-symmetrisch vor dem Uterus.“

6.5.3 Anatomie-Browser

Der Anatomie-Browser ist ein einfaches Werkzeug für den interessierten Bildverarbeiter, um den Inhalt der Anatomiebank zu betrachten und darin „stöbern“ (engl. *to browse*) zu können. Die Benutzerführung ist hierarchisch, d.h. man beginnt in der Regel mit der Auswahl einer Körperregion, wählt dann ein anatomisches Objekt dieser Region, um schließlich die räumlichen Relationen dieses Objektes zu anderen Objekten betrachten zu

12. Die versandten Nachrichten werden im Format `type, tag, value(s)` dargestellt.

können. Die Erscheinungsformen von Gewebearten und Körperflüssigkeiten in den einzelnen Modalitäten können gesondert abgefragt werden.

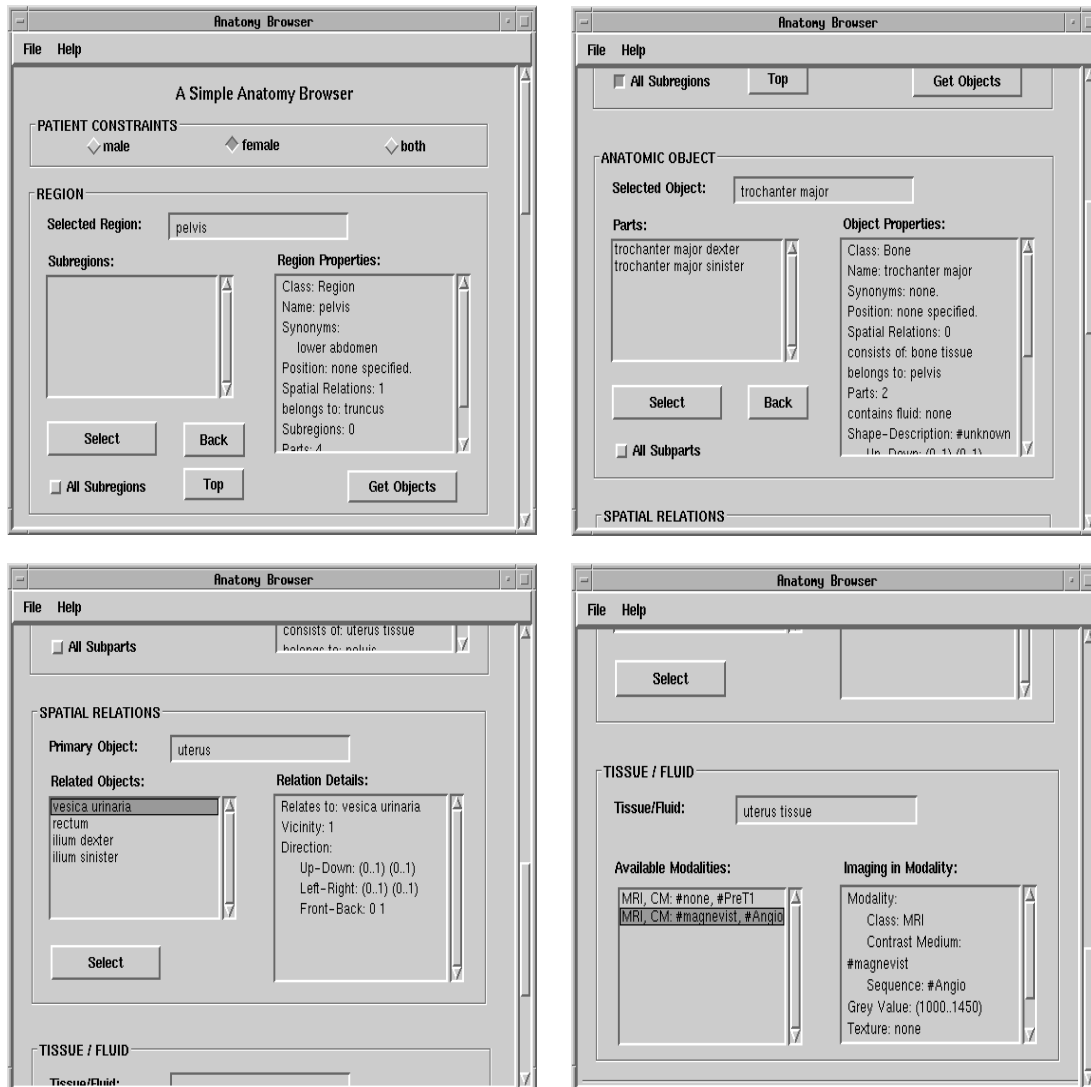


Abbildung 6–13: Verschiedene Ansichten des Anatomie-Browsers

Abbildung 6–13 zeigt die vier möglichen Blickpunkte auf die Anatomiebank. Im ersten Ausschnitt (links oben) erkennt man die Beckenregion (*pelvis*) und *Properties* (z.B. Synonyme, Position, Teilregionen). Rechts oben ist der Kopf des Oberschenkelknochens (*trochanter major*) dargestellt, mit seinen beiden Teilobjekten, dem rechten und linken Oberschenkelkopf. Der nächste Ausschnitt (links unten) zeigt die räumlichen Relation zwischen Gebärmutter (*uterus*) und Blase (*vesica urinaria*). Rechts unten sieht man schließlich, wie das Gebärmuttergewebe (*uterus tissue*) in einer bestimmten MR-Aufnahmesequenz erscheint.

Dieser einfache Browser wurde vor allem zum Testen der Anatomiebank und zur Kontrolle ihres Inhaltes erstellt. Daher ist die Ergonomie der Benutzerführung durchaus noch

verbesserungswürdig. Desweiteren sind nicht alle Informationen des Modells abrufbar; beispielsweise fehlt eine Möglichkeit, Strukturgrenzen und deren Darstellung in konkreten Aufnahmen anzuzeigen.

Implementiert wurde der Anatomie-Browser mit den VISUALWORKS eigenen Werkzeugen zur Interfacegestaltung (vgl. Kap. 6.1.2). Der Anschluß der Oberfläche an die Wissensbank erfolgte nicht direkt, sondern mittels der oben beschriebenen Query-Klassen.

6.6 Zusammenfassung

In diesem Kapitel wurde die **prototypische Implementierung** von ARMO vorgestellt. Zunächst wurden die verwendeten Modellierungs- und Implementierungswerkzeuge vorgestellt (6.1):

- STP, ein Tool zur objektorientierten Systementwicklung
- VISUALWORKS: die zur Zeit verbreitetste Smalltalk-Entwicklungsumgebung

Das nächste Unterkapitel (6.2) beschäftigte sich mit der ausgewählten **Subdomäne**: Erkennung maligner Läsionen des weiblichen Beckens im MR. Dabei wurde näher auf die Anatomie des weiblichen Beckens eingegangen, auf die verwendeten MR-Aufnahmesequenzen, sowie die Rolle der Anatomiebank bei der Analyse. Davon ausgehend wurde erläutert, welche Erleichterungen und Anforderungen sich durch die Subdomäne ergeben, und welche vereinfachenden Annahmen zusätzlich getroffen wurden (6.3).

Im Anschluß daran (6.4) wurden einige **Details der Implementierung** betrachtet. Zum einen wurden die Änderungen erläutert, die sich im Vergleich zum „reinen“ Modell ergeben haben, zum anderen wurde das Konzept der **Constraints** und ihrer Verwendung beschrieben.

Das abschließende Kapitel (6.5) beschrieb schließlich die drei Komponenten der **Schnittstelle** der Anatomiebank nach außen:

1. Die **Query-Klassen** als abstrahierende Schicht zwischen Anatomiebank und den darauf zugreifenden Applikationen.
2. Der **Anatomie-Server** als ein über TCP/IP zugänglicher Service für Bildanalyseprogramme.
3. Der **Anatomie-Browser** als einfaches Werkzeug für Bildverarbeiter zum Betrachten und „Durchstöbern“ der Anatomiebank.

7 Evaluierung des Modells

„... dissection can be performed in two different ways: in one way really or actually, in another way through description, e.g. in writing or lecturing. For also this is to dissect the body.“

Cunningham¹

Die Evaluierung eines Modells kann unter verschiedenen Gesichtspunkten geschehen. Einige wichtige hiervon sind:

- **Formale Kriterien:** Jede Modellierungsmethode besitzt ihre eigenen formalen Evaluationskriterien. Für objektorientierte Modelle existieren entsprechende Design-Kriterien. Diese und deren Anwendung auf ARMO werden in Kap. 7.1 beschrieben.
- **Adäquatheit und Korrektheit:** Ob das Modell den Anforderungen der Domäne gerecht wird und alle nötigen Details adäquat und korrekt darstellen kann, wird in Kap. 7.2 anhand eines ausführlichen Beispiels untersucht.
- **Nutzen:** Wie groß der Nutzen eines Systems, in diesem Falle also der ARMO-Implementierung ist, wird in Kap. 7.3 daran zu bestimmen versucht, wie das Modell das Vorgehen des Analyseprogramms der Subdomäne verändert.

7.1 Formale Kriterien

Entwurfskriterien für objektorientierte Systeme dienen dazu, die Qualitätsattribute jeder Software - Korrektheit, leichte Nutzbarkeit, Wiederverwendbarkeit, Lesbarkeit, Effizienz, Portabilität u.a. (siehe z.B. [Pree 95]) - zu gewährleisten, bzw. deren Verwirklichung zu erleichtern.

In ihrem Standardwerk über objektorientierten Systementwurf ([Coad 91]) halten Coad und Yourdon die Evaluation eines Modells für umso wichtiger, je größer und komplexer die Domäne ist, und je mehr Leute an der Designphase beteiligt sind. Je mehr Details man beachtet, desto deutlicher gerät der Entwurf und die Implementierung eines anatomischen Modells an die Kapazitätsgrenze eines durchschnittlich begabten Entwicklers. Die Anwen-

1. aus [Cunningham 75], S. 5.

ung formaler Design-Kriterien zur Evaluation von ARMO, wie sie im folgenden beschrieben wird, ist daher sinnvoll.

7.1.1 Bewertungskriterien für objektorientierte Modelle

In [Coad 91] (S. 126ff) werden folgende Designkriterien angeführt:

- **Coupling** (Kopplung): Die Stärke der Abhängigkeit zwischen den Teilen eines Modells. Diese ist deshalb so wichtig, weil Änderungen eines Teils möglichst wenig Auswirkungen auf den Rest des Systems haben sollen. Man unterscheidet:
 - Geringes **Interaction Coupling** ist erwünscht, d.h. die Anzahl von Parametern einer Nachricht sollte möglichst klein sein.
 - Hohes **Inheritance Coupling** wird angestrebt, d.h. eine Subklasse sollte möglichst viel von der Funktionalität ihrer Superklasse verwenden und nur wenig davon ersetzen müssen.
- **Cohesion** (Kohäsion, Zusammenhalt): Der Grad mit dem die Elemente eines Teilmodells zur Ausführung eines einzigen, in sich geschlossenen „Service“ beitragen. Auch hier wird unterschieden:
 - **Service Cohesion**: Ein Service, bzw. eine Methode, sollte genau *eine* sinnvolle Funktion erfüllen, nicht mehr und nicht weniger.
 - **Class Cohesion**: Die Attribute und Methoden einer Klasse sollten alle wesentlich für die Beschreibung einer Klasseninstanz sein.
 - **Generalization-Specialization Cohesion**: Ist die Subklasse wirklich eine Spezialisierung der Superklasse?
- **Reuse** (Wiederverwendung): Nur durch Wiederverwendung von Programmcode sowie Design- und Analyseergebnissen ist die Schaffung immer größerer Systeme möglich. Bei kleineren Systemen beschleunigt Wiederverwendung die Entwicklungszeit.
- Zusätzliche Kriterien:
 - **Klarheit** des Designs: Kann ein anderer Entwickler das Design auf Anhieb verstehen? Ist das Modell-Vokabular konsistent mit dessen Verwendung in der Domäne?
 - **Tiefe** der Vererbungshierarchie: Für ein Modell mit bis zu 100 Klassen, nennen Coad und Yourdon sieben (plus/minus zwei) als anstrebenswerte Vererbungstiefe.
 - **Einfachheit** der Objekte und Klassen: Sowohl die Anzahl der Attribute, als auch der nach außen sichtbaren Methoden sollte überschaubar bleiben.
 - **Einfachheit** der Methoden: Der Quellcode für die Durchführung einer einzelnen Methode sollte 5-10 Zeilen nicht überschreiten.

Die genannten Kriterien werden im folgenden auf ARMO und die dazugehörige Implementierung angewandt.

7.1.2 Anwendung der Kriterien auf ARMO

Coupling

Keine Methode der Implementierung besitzt mehr als drei Parameter. Die überwiegende Mehrheit der Methoden hat keinen, bzw. einen Parameter. Damit ist die Forderung nach geringem **Interaction Coupling** erfüllt.

Alle Unterklassen von `AnatomicConcept` übernehmen die ganze Funktionalität ihrer jeweiligen Superklasse. Ein vollständiges Ersetzen von Methoden der Superklasse gibt es nicht, sondern lediglich Erweiterungen, die die entsprechende Methode der Superklasse aufrufen. Das **Inheritance Coupling** ist somit sehr hoch.

Cohesion

Hohe **Service Cohesion** ist gegeben, da der Zweck einzelner Methoden klar abgegrenzt ist, und nur jeweils eine Funktion pro Methode erfüllt wird. Die Attribute und Methoden aller Klassen sind fest mit deren Bedeutung und Funktionalität verknüpft und sorgen somit für eine große **Class Cohesion**. Alle Vererbungsrelationen erfüllen die *Is-A*-Semantik, d.h. für alle Klassen der Hierarchie gilt: „Eine <Instanz-der-Subklasse> ist eine <Instanz-der-Superklasse>.“ Dies entspricht einer ausgeprägten **Generalization-Specialization Cohesion**.

Reuse

Eine Wiederverwendung von früherem Sourcecode fand nicht statt, da ARMO das erste Projekt seiner Art in der Arbeitsgruppe ist. Es wurde jedoch reger Gebrauch von der Klassenhierarchie der Smalltalk-Entwicklungsumgebung gemacht. Die Verwendung der *Prototyping-Methodologie* während der Implementierungsphase führte außerdem zu einem ständigen „Reuse“ von Programmcode des vorangegangenen Designzyklus‘.

Wiederverwendung von Design- und Analyseergebnissen fand insofern statt, als die Ergebnisse vieler anderer veröffentlichter Modelle (vgl. Kap. 2: „Stand der Forschung“) in den Entwurf von ARMO miteingeflossen sind.

Zusätzliche Kriterien

Ob das Modell eine ausreichende **Klarheit** hat, zeigt sich letztendlich bei der Vorstellung des Designs vor anderen Entwicklern. Die ständige gruppeninterne Diskussion während der Entwicklung über den jeweiligen Stand des Entwurfs, war ein Versuch, um die Klarheit des Designs schon frühzeitig sicherzustellen und zu evaluieren.

Die Verwendung bestimmter Begriffe im Modell, z.B. „Region“ und „anatomisches Konzept“, deckt sich nicht immer mit deren Gebrauch in der medizinischen Fachliteratur. Dies liegt an der inhärenten Inkonsistenz des medizinischen und anatomischen Vokabulars (vgl. 3.1.2). Im Gegensatz dazu verlangt ein formales Modell die semantisch eindeutige Abgrenzung der Begriffe.

Die größte derzeitige **Tiefe** der Konzept-Hierarchie beträgt zur Zeit *sieben*: `AnatomicConcept` - `MacroscopicConcept` - `LocalizedStructure` - `AnatomicObject` - `Net-`

`likeStructure - Vessel - BloodVessel`. Eine Erweiterung um zwei Stufen ist durchaus noch denkbar (z.B. `Artery - Arteriole`); damit läge die Tiefe immer noch innerhalb des von Coad als optimal bezeichneten Bereichs.

Die Komplexität der Klassen und Objekte ist relativ klein. Keine Klasse hat mehr als zehn Instanzvariablen und etwa ähnlich viele Methoden, die für die Interaktion mit anderen Objekten bestimmt sind. Durchschnittlich besitzt eine Methode eine Länge von 2-5 Zeilen Programmcode, und nur in Einzelfällen mehr als 10 Zeilen Code.

Bewertung

Die von Coad und Yourdon in [Coad 91] aufgestellten Kriterien für die Qualität eines objektorientierten Entwurfs wurden - soweit objektiv feststellbar - erfüllt. Dies spricht zwar für das ARMO-Design, sagt jedoch noch nichts über dessen Fähigkeit aus, das Domänenwissen adäquat abzubilden. Diese Fragestellung wird im nächsten Unterkapitel angegangen.

7.2 Adäquatheit und Korrektheit

Eine formale Verifikation auf Korrektheit eines Systems bzw. eines Modells kann nur stattfinden, wenn als Ergebnis der Problemanalyse eine formale Spezifikation der zu lösenden Problemstellung herauskommt. Dies konnte bei ARMO nicht geschehen, da das Ziel die Entwicklung eines Modells war, das für viele zum Großteil noch unbekannte Aufgaben geeignet sein sollte.

Die Verifikation kann also nur darin bestehen, zu zeigen, daß das Modell für bekannte Anwendungsfälle eine adäquate Abbildung ermöglicht. An einem ausführlichen Beispiel sollen daher im folgenden die Stärken und auch einige Schwächen von ARMO aufgezeigt werden.

7.2.1 Spezifikation des Beispiels

Das hier dargestellte Beispiel bezieht sich auf die Aufgabe der Leber-Segmentierung. Als Wissensreferenz dienen zum einen Beschreibungen aus anatomischen Lehrbüchern (wie z.B. [Rauber 87] und [Waldeyer 87]), zum anderen CT- und MR-Schnittbilder.

Beschreibung der Leber und ihrer Lage

Die Leber (*Hepar*) nimmt den größten Teil des oberen Abdomens ein und liegt in der rechten *Regio hypochondriaca* direkt unterhalb des Zwerchfells (*Diaphragma*). Die Lage schwankt jedoch stark mit der Körperhaltung und der Atembewegung. Die Leber ist elastisch und paßt sich ihren Nachbarorganen an.

Äußerlich unterscheidet man an der Leber zwei größere Lappen (*Lobus Dexter* und *Lobus sinister*) sowie zwei kleinere (*Lobus quadratus* und *Lobus caudatus*). Die innere Einteilung der Leber entspricht jedoch nicht der äußeren und ist weitestgehend noch ungeklärt (siehe [Waldeyer 87]).

Die Nachbarorgane der Leber sind:

- Die Gallenblase (*Vesica biliaris*) liegt „direkt unterhalb (leicht medial)“ des rechten Leberlappens. In gleicher Richtung befinden sich auch Teile des Colons.
- Der Magen (*Ventriculus*) liegt „links unterhalb“ des linken Leberlappens.
- Die rechte Niere (*ren dexter*) liegt „leicht dorsal unter“ dem rechten Leberlappen.

Erscheinen in MR und CT

Abbildung 7–1 (aus [Staubesand 88], S. 204) zeigt eine MR-Aufnahme, Abbildung 7–1



Abbildung 7–1: Transversaler MR-Schnitt durch die Leber

einen CT-Schnitt durch den Oberbauch in Höhe der Leber. Die Schnittrichtung (transversal) und die Schnitthöhe entsprechen sich in etwa. Es handelt sich jedoch nicht um den selben Patienten.

Im CT und MR erscheint die Leber durch die variable Ausbildung des linken Leberlappens als flächige weichteildichte Zone mit sehr unterschiedlichen Formen. Die eigentliche Grenze zwischen linkem und rechtem Leberlappen ist nicht direkt einsehbar (vgl. [Wege-ner 92]).

In den Aufnahmen sind Gallenblase, Niere und Colon in der Nähe der Leber zu erkennen und daher wichtig für deren Segmentierung. Während im CT die Grenzen zu Niere und Gallenblase gut auszumachen sind, verschwimmen diese in der betrachteten MR-Sequenz.

7.2.2 Instanziierung des Modells

Versucht man nun, die oben aufgeführten Wissensselemente in ARMO abzubilden, so entstehen Klasseninstanzen (Objekte) und Relationen zwischen diesen Objekten. Im folgenden werden nun zunächst die Objekte und ihre Beziehung genannt, um dann die konkrete Attributierung zu erläutern.

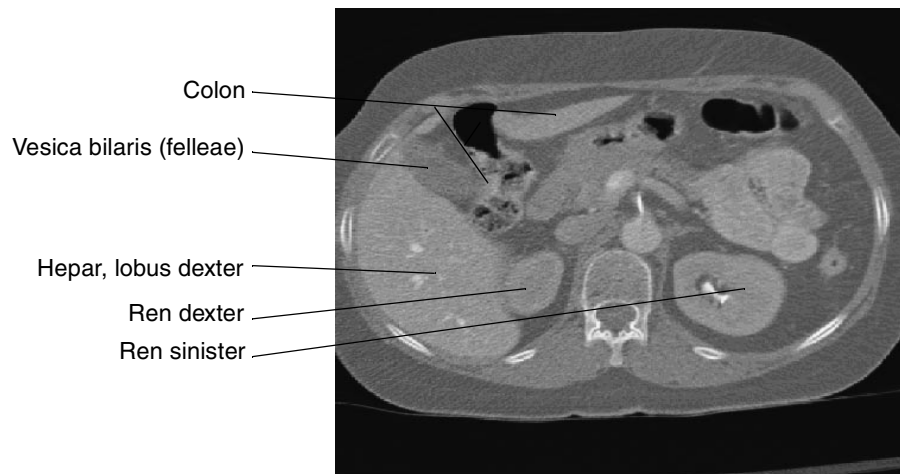


Abbildung 7–2: Transversaler CT-Schnitt durch die Leber

Beteiligte Objekte und Relationen

In Abbildung 7–3 sind die bei einer Modellinstanziierung entstehenden Objekte (abgerundete Vierecke) und die Relationen zwischen ihnen (Linien) abgebildet. Ein reales Modell enthielte jedoch wesentlich mehr Objekte, da für den Großteil aller Segmentierungs- und Analyseprobleme Wissen über mehr als nur ein Objekt notwendig ist.

Es fällt auf, daß eine Aufteilung der Leber in Teilobjekte (*lobus dexter*, *lobus sinister* ...) nicht stattfand, da diese Bereiche in den radiologischen Aufnahmen nicht zu unterscheiden sind. Würden andere Aufnahmemodalitäten, bzw. ein anderer Modellverwendungszweck die Aufnahme der Leberlappen in ARMO nötig machen, so wäre dies ohne Änderung der bisherigen Instanziierung möglich.

Bei der Instanziierung wurde vereinfachend davon ausgegangen, daß nur Aufnahmen zweier Modalitäten verwendet werden:

1. Kontrastmittel- CT,
2. eine spezifische MR-Sequenz, „Pre-T1“ genannt.

Auch die konkreten Parameter (z.B. Form, absolute Lage, Erscheinungsform im Bild) aller anatomischen Objekte außer der Leber wurden weggelassen. Die Relationen *Relative Position* und *Property imaged as* sind als einfache Relationen dargestellt, obwohl sie in Wirklichkeit attributierte Relationen sind.

Attributierung der Objekte und Relationen

Die an mehreren Stellen (absolute und relative Lage, Größe) angegebenen Zahlenwerte wurden nicht mittels der TOPOANALYSE-Operatoren, bzw. echter Messungen ermittelt, sondern es wurden einsichtige Werte zur Veranschaulichung des Konzepts willkürlich gewählt.

Attribute des Objekts *hepar*:

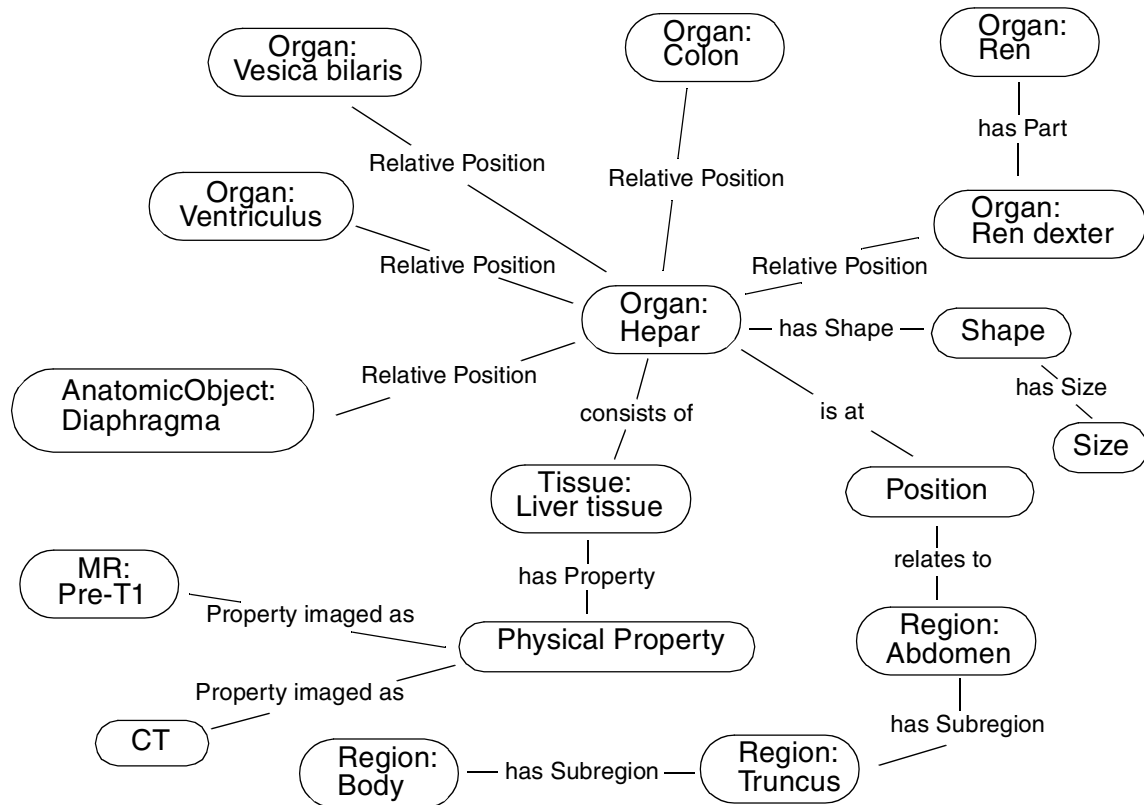


Abbildung 7–3: Instanzen und Relationen des „Leberbeispiels“

name: hepar

class: Organ

synonyms: liver, leber

position: position1

relativePositions: toColon, toRenDexter, toVentriculus, toVesicaBiliaris, toDiaphragma

shape: liverShape

tissue: liverTissue

parts: none

Die absolute Lage wird als Attributierung von position1 repräsentiert:

related Region: abdomen

up: 0.9; **midUpDown:** 0.5; **down:** 0.0

left: 0.1; **midLeftRight:** 0.4; **right:** 0.8

front: 0.8; **midFrontBack:** 0.5; **back:** 0.0

Die dazugehörige Referenzregion `abdomen` hat folgende Attribute:

name: `abdomen`

class: `Region`

synonyms: `oberbauch`

subregions: `none`

parts: `hepar, colon, ventriculus, vesica biliaris, ren, diaphragma`

Als Beispiel für eine relative Position dienen die Attribute von `toRenDexter` und `direction1`:

vicinity: `0.9`

direction: `direction1`

Attribute von `direction1`:

up: `0.0`; **down:** `0.5`

left: `0.2`; **right:** `0.5`

front: `0.0`; **back:** `0.3`

Die Form wird im Objekt `liverShape` beschrieben:

description: `irregular`

orientation: `none`

size: `liverSize`

Attribute von `liverSize`:

xExtension: `Interval from: 15 to: 20`

yExtension: `Interval from: 20 to: 25`

zExtension: `Interval from: 10 to: 15`

Das Lebergewebe stellt das Objekt `liverTissue` dar:

Attribute von `liverTissue`:

name: `liver tissue`

class: `Tissue`

synonyms: `none`

property: `liverTissueProperty`

Als Modalitäten-Instanz wurde beispielhaft `MRPreT1` ausgewählt:

sequence: `PreT1`

contrastMedium: none

Die abschließende Verbindung zwischen *physical Property* und Modalität stellt schließlich das Objekt `liverInPreT1` der Klasse `PropertyImagedAs` mit seinen Attributen dar:

greyValue: Interval from: 100 to: 150

texture: none

7.2.3 Bewertung

Anhand des Beispiels wird deutlich, daß die Abbildung des zur Segmentierung nötigen Wissens in ARMO möglich ist. Allerdings erkennt man auch an der Komplexität eines so kleinen Beispiels, daß die Ermittlung aller nötigen Wissensdetails sowie die Instanziierung der entsprechenden Objekte keine triviale Angelegenheit ist, sondern gut geplant sein muß. Die Verwendung von rechnergestützten Werkzeugen zur Strukturierung und Eingabe des Wissens (siehe Kap. 8.4.2) wird daher bei größeren Projekten unumgänglich.

Das durchgeführte Beispiel läßt auch einige semantische Modellschwachpunkte erahnen. So wurde die rechte Niere (*Ren dexter*) als Teilobjekt eines Organs *Ren* modelliert. Diese Teil-Ganzes-Beziehung hat eine andere semantische Bedeutung als beispielsweise die Relation zwischen der Leber und ihren einzelnen Lappen, ist im Modell jedoch durch die selbe Relation repräsentiert.

Ein weiteres Problem ergäbe sich, wollte man die Zugehörigkeit der Leber zu anatomischen Regionen genauer bestimmen. Da sich die Grenze dieser Regionen häufig nicht nach Organgrenzen richtet, kann ein anatomisches Objekt durchaus teils in der einen teils in einer anderen Region liegen. Die Leber erstreckt sich z.B. von der Regio hypochondriaca bis hin zur Regio epigastrica. Auf den betrachteten Aufgabenbereich (Segmentierung der Leber) haben die genannten Schwächen jedoch keine unmittelbare negative Auswirkung.

7.3 Nutzen

Ein wichtiges Maß für den Nutzen einer Wissensbasis zur Unterstützung der medizinischen Bildanalyse - insbesondere der Segmentierung - ergibt die Beantwortung folgender Fragen:

- Beschleunigt sich die Entwicklung von Programmen zur Analyse bestimmter Körperregionen? Können somit spezialisierte Fragestellungen der medizinischen Bildverarbeitung schneller beantwortet werden?
- Verbessert sich die Qualität der Analyse, d.h. können nun mehr Objekte segmentiert werden als früher, bzw. ist die Übereinstimmung zwischen tatsächlichen Objektgrenzen und der Segmentierung größer als vorher?
- Kommt man der automatischen Bildanalyse näher, d.h. wird die Notwendigkeit für interaktive Steuerung und manuelle Ergebniskorrekturen kleiner?

Die erste Frage wird sich erst beantworten lassen, wenn eine **gut ausgebaute** radiologische Wissensbasis für längere Zeit existiert und genutzt wird. Die zweite und dritte Frage

werden - zumindest in bestimmten Anwendungsbereichen - schon bald anhand größerer Fallzahlen geklärt werden können.

Beim derzeitigen Stand der Entwicklung - prototypische Implementierung der Wissensbasis und rudimentäre Anbindung derselben an einen Anatomie-Server - scheidet diese Art, die Nützlichkeit von ARMO zu bestimmen, aus. Betrachtet man jedoch das durch die Wissensbasis veränderte Vorgehen bei der Lösung eines Segmentierungsproblems, so kann das heute schon als **abschätzendes** Maß dienen.

7.3.1 Generelles Vorgehen bei der Segmentierung

Zur Lösung eines Segmentierungsproblems geht man gewöhnlich folgendermaßen vor:

1. Unter Berücksichtigung der ausgewählten Bildmodalität (z.B. CT, MR) und ihrer Parameter (z.B. Sequenz, Kontrastmittel) werden ein oder mehrere Merkmale (z.B. Grauwert, Texturmaße) bestimmt, die zur Erkennung des zu bestimmenden Organs geeignet sind.
2. Es werden die geeigneten Operatoren (kanten- / regionenorientiert / kombiniert) und Parameter zur Messung der Merkmale ausgewählt.
3. In einem iterativen Testverfahren wird versucht, die Parametrisierung (z.B. Schwellwerte, Anfangspunkte) der Operatoren zu optimieren.

Kann der Entwickler nun auf eine Anatomiebank wie ARMO zugreifen, so bieten sich ihm folgende Verbesserungen und zusätzliche Möglichkeiten:

- Die Bestimmung geeigneter Merkmale erledigt die Wissensbank durch einen Vergleich aller zur Verfügung stehenden Merkmale in den Modalitäten.
- Es existieren zusätzliche Merkmale, wie z.B. die absolute / relative Lage oder Form eines Objekts.
- Die Parametrisierung kann automatisch erfolgen, indem eine aus der Wissensbasis entnommene Anfangsparametrisierung iterativ verbessert wird.

Ein weiterer Punkt, der für die Anatomiebank spricht, ist ihre **Wiederverwendbarkeit** und **Flexibilität**. Während das **implizit** codierte Wissen über geeignete Merkmale und Parametrisierung in der Regel nach Vollendung eines Segmentierungsprogramms verloren geht, steht das **explizite** Wissen in ARMO allen zukünftigen Entwicklern offen. Erweist sich nachträglich ein anderes Merkmal als besser geeignet zur Erkennung einer bestimmten Struktur, so wird ein wissensbasiertes Segmentierungsprogramm die Änderung in der Anatomiebank auch zur Änderung des eigenen Vorwissens nutzen können.

7.3.2 Konkretes Vorgehen an einem Beispiel

Am Beispiel der in Kap. 6.2 beschriebenen Subdomäne soll das Zusammenspiel zwischen ARMO und dem Anwendungsprogramm erläutert werden. Aufgabe ist die Segmentierung des Uterus und seiner umliegenden Organe.

In Abbildung 7–4 ist das Vorgehen bei der wissensbasierten Segmentierung in vier Schritten schematisch dargestellt. Während der einzelnen Schritte geschieht folgendes:

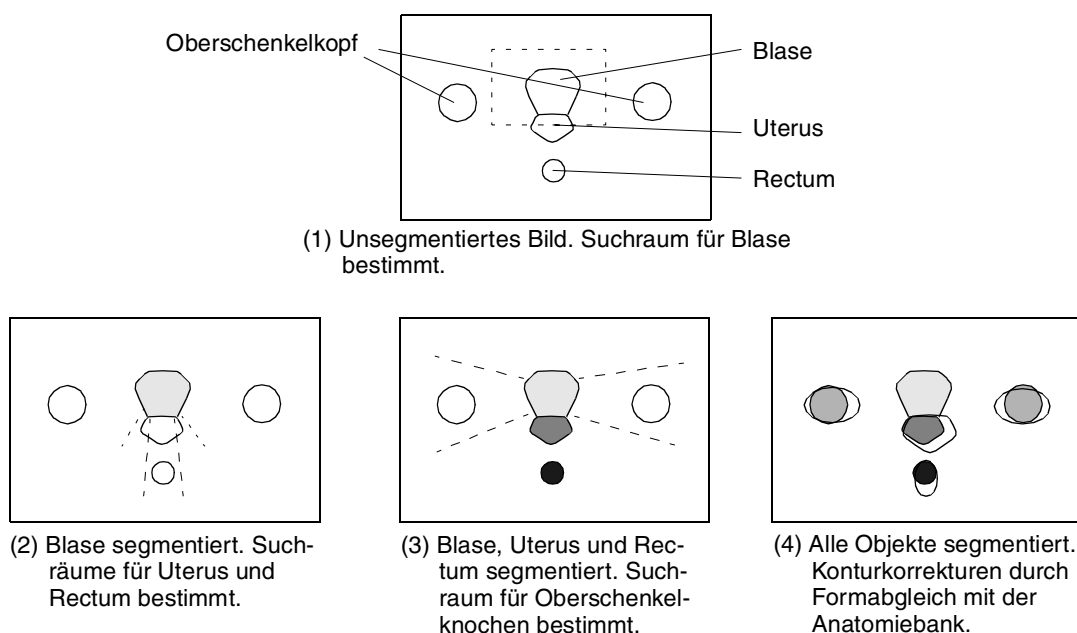


Abbildung 7-4: Vorgehen bei der wissensbasierten Segmentierung des Uterus

1. Eine Anfrage an ARMO ergibt, daß die Blase leicht über den Grauwert segmentierbar ist. Aus einer weiteren Anfrage zur absoluten Lage der Blase ergibt sich der Suchraum für den ersten Segmentierungsschritt.
2. Von der segmentierten Blase aus lassen sich - mittels einer Query an die Wissensbasis zu relativer Lage, Grauwert und Textur - der Suchraum und die Anfangsparametrisierung für die Segmentierung von Uterus und Rectum bestimmen.
3. Durch das gleiche Vorgehen ergibt sich eine räumliche Bedingung für die Lage der beiden Oberschenkelköpfe.
4. Im nun vollständig segmentierten Bild können - anhand einer anatomischen Anfrage zur normalen Form der Objekte - Korrekturen der segmentierten Konturen vorgenommen werden. Die Formbeschreibung ist jedoch bislang nur rudimentär implementiert.

Man beachte, daß dadurch, daß in ARMO die Merkmalsausprägungen (Grauwerte, Texturen) für alle betrachteten Sequenzen (Pre-T1, Post-T1, Pre-T2 usw.) festgehalten werden, die jeweils beste Aufnahme - eine *multimodale* Fragestellung vorausgesetzt - für ein bestimmtes Teilproblem der Segmentierung ausgewählt werden kann. Auch stelle man sich die Suchräume nicht, wie in Abb. 7-4 der Anschaulichkeit wegen so dargestellt, als binäre Zugehörigkeitsmasken vor. Sie sind vielmehr *Fuzzymasken*, mit denen die Merkmalsräume gewichtet werden.

Zusammenfassend kann man feststellen, daß die Verwendung von ARMO folgende Vorteile für die Segmentierung bringen kann:

- Die Ermittlung geeigneter Bildmerkmale kann automatisch erfolgen, falls diese bereits abgelegt wurden.

- Es können Merkmale verwendet werden, die normalerweise nicht zur Verfügung stehen (z.B. Lage und Form).
- Das abgelegte Wissen über Anatomie und Merkmale von Objekten im Bild ist wiederverwendbar und kann flexibel geändert werden.

Unter Umständen könnte die Anfrage an eine externe Wissensbasis Verzögerungen des Segmentierungsprozesses hervorrufen. Die großen Vorteile wiegen diesen Nachteil jedoch auf, da sie zu einer qualitativen Verbesserung der Segmentierung führen (Präzision - Geschwindigkeit). Eine statistische Validierung dieser Aussage in größerem Rahmen steht jedoch noch aus.

7.4 Zusammenfassung

In diesem Kapitel wurde versucht, eine Evaluation des Modells und der Implementierung von ARMO vorzunehmen. Da sich die Verknüpfung von Anatomiebank und Bildanalyseprogrammen noch in der prototypischen Phase befindet, ist eine Evaluation auf statistischer Basis noch nicht möglich. Stattdessen wurden drei andere Ansätze verfolgt:

1. In Kap. 7.1 wurde gezeigt, daß ARMO die **formalen Designkriterien** für objektorientierte Systeme und Modelle wie etwa *Coupling* und *Cohesion* erfüllt, soweit diese objektiv überprüft werden können.
2. Die **Adäquatheit** des Modells wurde in Kap. 7.2 untersucht. Anhand des Problems der Lebersegmentierung wurde demonstriert, daß die nötigen anatomischen und radiologischen Wissensdetails in ARMO dargestellt werden können. Die Ermittlung und Umsetzung der nötigen Informationen ist jedoch keineswegs trivial und führt zu einer komplexen Instanziierung.
3. Anhand des Vorgehens bei der Segmentierung des Uterus und seiner umliegenden Organe wurden in Kap. 7.3 die Vorteile der Verwendung von ARMO und damit dessen potentieller **Nutzen** dargelegt. Eine statistische Validierung des Ergebnisses steht jedoch noch aus.

8 Diskussion und Ausblick

In diesem Kapitel sollen sowohl mögliche Schwachstellen von ARMO diskutiert, als auch ein Ausblick auf zukünftige Erweiterungen und Fortentwicklungen des gewählten Ansatzes gegeben werden.

Zunächst wird in Kap. 8.1 auf bekannte Probleme und Schwachstellen des Modells eingegangen. Mögliche Erweiterungen der Inferenzmechanismen werden in 8.2 behandelt. Anschließend (8.3) wird erläutert, wie eine Einbindung pathologischer Strukturen in ARMO aussehen könnte. Schließlich beschäftigt sich Kap. 8.4 mit der Akquisition des anatomischen und radiologischen Wissens.

8.1 Probleme und Schwachstellen

Im bisherigen Verlauf dieser Arbeit wurden bereits einige Probleme und Schwächen von ARMO explizit genannt, andere waren nur zu ahnen. An dieser Stelle sollen die bekannten Schwierigkeiten und Probleme zusammengefaßt werden. Ein wichtiges Ziel dabei ist, auf bislang von ARMO nicht berücksichtigte Aspekte hinzuweisen, und Anregungen für Modellverbesserungen zu geben.

8.1.1 Semantische Ungereimtheiten

Im Verlauf der Evaluierung des entwickelten Modells anhand verschiedener Beispiele (vgl. Kap. 7.2) wurden verschiedene semantische Inkonsistenzen zwischen Modell und anatomischer Wirklichkeit deutlich. Diese werden im folgenden dargestellt.

Gewebeklassifikation

Die mikroanatomische Gewebeklassifikation (ausgehend von Epithel-, Stütz-, Muskel- und Nervengewebe) entspricht häufig nicht der für die bildgebenden Eigenschaften wichtigen Unterteilung in objektspezifische Gewebearten (z.B. Lebergewebe). Dies liegt daran, daß ein anatomisches Objekt häufig aus mehreren Gewebearten zusammengesetzt ist, aber nur eine dieser Gewebearten, bzw. die vorhandene „Gewebemischung“ für die bildgebenden Eigenschaften des Objektes bestimmend ist. Beispielsweise setzt sich die Wand des Uterus aus drei unterschiedlichen Schichten (Tunica serosa, Tunica muscularis und Tunica mucosa) zusammen, und erscheint dennoch in den MR-Aufnahmen als recht homogene Struktur (vgl. Kap. 6.2).

Zwei Ansätze zur Lösung dieses Problems sind vorstellbar:

1. Man erweitert ARMO um das Konzept verschiedener Modellansichten (z.B. mikroanatomische Sicht, bildgebende Sicht) im Sinne der semantischen Datenmo-

dellierung. Dadurch entsteht ein **mehrschichtiges** Modell, dessen einzelnen Ebenen teilweise ineinander überführbar sind. Der Nachteil dieses Ansatzes sind die deutlich komplexeren Inferenzstrategien und Querymechanismen.

2. Man führt eine neue Klasse *ObjectspecificTissue* ein, deren Instanzen Aggregation anderer mikroanatomischer Gewebearten sind. Dieses Konstrukt könnte zwar die vorliegende semantische Schwierigkeit beheben, die neu entstandene Klasse ließe sich jedoch nicht ohne weiteres in die bestehende Klassenhierarchie einfügen.

Man sieht, daß beide Lösungsideen inhärente Nachteile aufweisen. Die Entscheidung zwischen Beibehaltung der semantischen Ungereimtheit, Aufspaltung des Modells und Verschlechterung des Designs sollte daher anwendungsabhängig erfolgen.

Teil-Ganzes-Semantik

Wie bereits in 7.2.3 erwähnt, reichen die verschiedenen Arten von Part-Of-Relationen nicht zur vollständigen Unterscheidung der Teil-Ganzes-Semantik aus. Dies zeigt sich an zwei Stellen:

1. Die Beziehung zwischen symmetrischen Objekten (z.B. rechte/linke Niere) und ihrem Oberbegriff (Niere) entspricht im Modell der Beziehung zwischen einem Objekt und seinen Komponenten (z.B. Oberschenkelknochen und dessen Kopf), hat semantisch jedoch eine andere Bedeutung. Die Einführung einer Klasse *SymmetricObject* als Unterklasse von *UnlocalizedStructure* wäre ein möglicher Lösungsansatz.
2. Die Aufteilung anatomischer Regionen in Unterregionen ist nach mehreren Gesichtspunkten möglich. So läßt sich das Abdomen beispielsweise rein *räumlich* in oberes / unteres Abdomen gliedern, oder *funktional* in Peritoneum und Retroperitonealraum. Vorstellbar wäre daher die Erweiterung dieser Part-Of-Relation um ein Klassierungsattribut.

8.1.2 Abhängigkeiten der Erscheinungsform

Bildauflösung

ARMOS Modell geht davon aus, daß das Signal, das ein Volumenelement in einer bestimmten Modalität erzeugt, nur von den Parametern des bildgebenden Verfahrens sowie einer abstrakten Eigenschaft, *Physical Property* genannt, abhängt. Diese Annahme ist zwar prinzipiell richtig, vernachlässigt jedoch die Tatsache, daß zwischen Signal und Bild noch eine Transformation des analogen Signals in ein digitales Signal stattfindet. Je nach Auflösung dieser digitalen Abbildung kann die Erscheinungsform (z.B. die Textur) eines Gewebes stark variieren. Ein verbessertes Modell müßte daher Attribute anbieten, die die Erscheinungsform einer *Physical Property* in Abhängigkeit von der Auflösung beschreiben.

Form und Modalität

Ein weiteres Problem stellt die Abhängigkeit von Form und Bildmodalität dar. In unterschiedlichen Modalitäten - bzw. der gleichen Modalität mit unterschiedlichen Parametern

(z.B. mit / ohne Kontrastmittelgabe) - kann die sichtbare Form derselben anatomischen Struktur verschieden sein. Zwei Lösungsmöglichkeiten bieten sich an:

1. Man macht die Form, ähnlich wie die Erscheinungsform, durch eine Relation von der Bildmodalität abhängig. Dies hätte allerdings zur Folge, daß die Trennung zwischen anatomischer und bildgebender Sicht nicht mehr gegeben wäre.
2. Man gibt den Modalitäts-Instanzen Regeln mit, in denen beschrieben ist, wie sich reale Formen im Bild verändern. Dies setzt allerdings voraus, daß solche Regeln existieren, und daß man diese ermitteln kann.

Bildartefakte

Artefakte sind Strukturen innerhalb eines Bildes, die keinen Bezug zum untersuchten Objekt haben, jedoch von diesem hervorgerufen werden können. Darüber hinaus existieren physikalisch bedingte Artefakte, die nicht völlig vermeidbar sind, aber bekannt sein müssen, um Fehlinterpretationen zu vermeiden (siehe [Uhlenbrock 90]).

Ein Beispiel ist der sogenannte *chemical shift* in MR-Aufnahmen: Kleine Unterschiede der Protonenresonanzfrequenz verschiedener Gewebe führt dazu, daß eine geringe räumliche Verschiebung dieser Gewebe zueinander vorgetäuscht wird. Wie groß diese Verschiebung ist, hängt von der Gradientenfeldstärke ab.

In ARMO existiert bislang kein Mechanismus, um Bildartefakte und ihre Auswirkungen auf die Objektdarstellung zu beschreiben. Eine Erweiterung des Modells um solche Methoden wäre wünschenswert, würde jedoch tiefgehende Studien auf dem Gebiet der Bildgebung nötig machen.

8.1.3 Einbeziehung von Patientendaten

Ein Arzt der eine radiologische Aufnahme betrachtet, hat zusätzlich zu seinem Wissen über allgemeine Anatomie in der Regel auch noch spezielles Wissen über den Patienten. Er kennt dessen Alter, Geschlecht, Größe, Gewicht und Anamnese. Dieses Vorwissen beeinflusst die Art, wie er das Bild betrachtet. So weiß er beispielsweise, daß das Knochenmark älterer Menschen einen höheren Fettanteil besitzt und daher ein stärkeres Signal in T1-gewichteten Aufnahmen liefert.

Ähnlich wie das Alter, bestimmen auch Geschlecht, Körpergröße, Gewicht, Körperbau u.a. Faktoren das Aussehen und die Erscheinung von Merkmalen wie Form, Größe und Erscheinungsform anatomischer Objekte. In ARMO jedoch werden - bis auf das Geschlecht - keine patientenbezogenen Information zur Herleitung des anatomisch-radiologischen Wissens herangezogen.

Eine Möglichkeit, zusätzliche Patientenmerkmale einzubauen, bestünde in der Erweiterung des *Constraint*-Prinzips um Constraints für Alter, Geschlecht, Größe usw. So beschreibt das folgende Beispiel eine Abhängigkeit des Grauwerts vom Alter:

```
greyValue := AgeConstraint under: 50
  ifTrue: (Interval from: 500 to: 750 )
  ifFalse: (Interval from: 700 to: 1000)
  default: (Interval from: 500 to: 1000).
```

8.1.4 Referenzsysteme und Normierung

Ein gewichtiges Problem bei der Wiederverwendung von anatomischem und bildgebendem Wissen ist die Festlegung geeigneter Referenzsysteme. Dieses Problem stellt sich u.a. bei folgenden Attributen:

- **Größenangaben:** Benutzt man relative Maße (z.B. im Bezug zur Körpergröße) oder absolute Maße (z.B. cm, mm)?
- **Grauwerte** und **Signalstärken:** Normierung auf einen Maximalwert (z.B. 1000) oder auf die Grauwerte bestimmter Stoffe (z.B. Hounsfield-Units).

Ein denkbarer Lösungsansatz wäre die Verwendung zusätzlicher Attribute, die das Referenzsystem, auf das sich die Angaben beziehen, näher spezifizieren, und die Einführung von Methoden, die die Umrechnung zwischen Größen verschiedener Bezugssysteme automatisch vornehmen.

Ein anderes Normierungsproblem existiert auf der bildgebenden Seite. In der Codierung einer tomographischen Aufnahme wird nicht festgehalten, welcher Körperbereich gescannt wurde. Daher ist es praktisch unmöglich, *automatisch* einen Bezug zwischen den von ARMO gelieferten Lageinformationen und dem Volumen der Tomographie herzustellen.

8.2 Erweiterung der Inferenzmechanismen

Die bislang in ARMO implementierten Inferenzmechanismen stellen nicht mehr als ein Fundament dessen dar, was in dieser Richtung möglich und wünschenswert ist. Realisiert sind:

- Direkte Anfragen an bestimmte anatomische Objekte, Regionen usw., z.B.: „Wo liegt die Leber? Welche Teile besitzt sie?“
- Die Ermittlung der Erscheinungsform eines Objektes in einer bestimmten Modalität, z.B.: „In welchem Grauwertbereich liegt der Uterus bei einer T1-gewichteten MR-Aufnahme nach Gabe des Kontrastmittels MAGNEVIST?“

Vorstellbar für die Nutzung in der wissensbasierten Bildanalyse sind noch viele andere Fragestellungen. Einige davon, die in die Gebiete des *räumlichen Schließens* und der *Klassifikation* fallen, sollen im folgenden erläutert werden. Abschließend wird noch auf die Notwendigkeit eingegangen, Inferenz anhand von „unscharfem“ (*fuzzy*) Wissen durchzuführen.

8.2.1 Räumliches Schließen

Als räumliches Schließen bezeichnen wir im Kontext der medizinischen Bildanalyse das Erkennen der räumlichen Aspekte einer Objektkonfiguration aus räumlichen Details oder Constraints der Situation. Es existieren u.a. folgende Fragestellungen, die sich zu ihrer Beantwortung des räumlichen Schließens bedienen müssen:

- Welche Objekte erfüllen bestimmte räumliche Constraints? Beispiel: Welche Objekte befinden sich zwischen Magen und Leber? Welches Objekt liegt hinter der Blase?
- Welche räumliche Beziehung zwischen Objekt A und Objekt C existiert, wenn die Beziehung von A zu B und von B zu C bekannt ist. Beispiel: Der Tumor ist innerhalb der Leber und diese liegt unter dem Zwerchfell. Kann man daraus folgern, daß sich der Tumor auch unterhalb des Zwerchfells befindet?

Verfahren des *Spatial Reasonings* werden z.B. in [Meetz 95] und [Shapiro 90] (S. 863ff) erörtert. Ihre Verfügbarkeit in einer anatomischen Wissensbank kann deren Nutzen für die automatische Bildanalyse deutlich verstärken. Daher sollte eine Implementierung von Methoden des räumlichen Schließens in ARMO angestrebt werden.

8.2.2 Klassifikation anhand von Merkmalen

Zur Zeit wird bei der Nutzung der anatomisch-radiologischen Wissensbank meist folgender Weg eingeschlagen: Zu einem benannten Objekt werden Informationen abgefragt, um entweder Merkmale für seine Erkennung zu erhalten (z.B. Grauwert, Position), eine Klassifizierung zu validieren bzw. zu korrigieren (z.B. Form) oder um Suchbereiche für benachbarte Objekte zu definieren (relative Lage).

Bei der Objektklassifikation möchte man häufig den umgekehrten Weg gehen: Man hat Informationen über ein segmentiertes Gebiet (z.B. Textur, Lage, Form) und möchte herausfinden, um welches Objekt es sich handelt. Dies ist vor allem bei pathologischen Strukturen wichtig (z.B. Tumoren), da diese nicht an einen bestimmten Ort gebunden sind.

Zur Klassifikation können sowohl statistische Verfahren (z.B. Clusteranalyse), konnektionistische Verfahren (neuronale Netze) als auch das geometrische Schließen herangezogen werden. In wieweit die Intergration solcher Mechanismen in ARMO sinnvoll und erstrebenswert ist, muß noch untersucht werden.

8.2.3 Fuzzy Reasoning

Wissensbasierte Systeme im allgemeinen - und damit auch solche zur medizinischen Bildanalyse - haben immer mit **unsicherem** und **unscharfem** Wissen zu tun. Dies hat mehrere Gründe:

- Die Wissensbasis besteht aus einer Ansammlung menschlichen Wissens, das von Natur aus *vage* ist. Daher sind auch die in ihr enthaltenen Fakten und Regeln zum großen Teil weder sicher noch in sich konsistent.
- Inferenzmechanismen liefern nur in den wenigsten Fällen sichere und eindeutige Ergebnisse. So können auch „scharfe“ Eingaben zu „unscharfen“ Lösungen führen.
- Die Eingabedaten (radiologische Bilder) sind gewöhnlich fehlerhaft und verrauscht.

Unsicherheiten treten also an zwei Punkten auf: beim bereits vorhandenen Wissen, und bei den Methoden zur Ableitung neuen Wissens. Aufgabe ist es daher, Verfahren zu ent-

wickeln, welche diese zweiseitige Unschärfe beim Inferieren einer Lösung berücksichtigen und die Lösung wiederum mit einem *Unsicherheitsfaktor* belegen. Diese Art des Schließens nennt man auch *Fuzzy Reasoning*¹.

Die in ARMO integrierte TOPOANALYSE zur Beschreibung der räumlichen Attribute hat sich das Prinzip der „Fuzziness“ zueigen gemacht. Andere Konzepte der Anatomiebank, z.B. die Intervall-Constraints, arbeiten noch mit scharfen Grenzen. In wiefern die Ausweitung des *Fuzzy Reasonings* auf andere Attribute oder gar auf alle Objekte von ARMO sinnvoll und machbar ist, wird bereits untersucht.

8.3 Pathologische Strukturen

ARMO stellt einen Versuch dar, die „normale“ Anatomie des menschlichen Körpers zu beschreiben. In einem überwiegenden Teil aller radiologischen Aufnahmen geht es jedoch darum, vermutete pathologische Veränderungen des Körpers zu validieren, bzw. das Ausmaß bereits festgestellter krankhafter Veränderungen näher zu bestimmen. Für eine fortgeschrittene automatische Analyse radiologischer Bilder ist es daher nötig, auch die Erscheinungsform pathologischer Strukturen zu berücksichtigen.

Bei der Modellierung von Pathologien muß man einige Aspekte beachten, die diese von der Darstellung „normaler“ Anatomie unterscheiden:

- Die Differenzierung zwischen *pathologisch* und *nicht-pathologisch* ist sehr verschwommen. Als pathologisch wird in der Regel all das betrachtet, was von der „Normalität“ ausreichend stark abweicht, d.h. nicht im Modell abgebildet ist.
- Eine *Taxonomie* aller in radiologischen Bildern erkennbarer Pathologien existiert nicht. Für spezielle Teilbereiche existieren jedoch Anleitungen, wie sich die häufig auftretenden Läsionen in verschiedenen Bildern identifizieren lassen (vgl z.B. [Uhlenbrock 90]).
- Pathologische Strukturen haben deutlich weniger charakteristische Merkmale, anhand derer sie untereinander und von gesunden Strukturen abgegrenzt werden können. Im Gegensatz zu anatomischen Objekten treten sie an praktisch jedem Ort im Körper auf, nehmen alle denkbaren Formen an, und auch ihr Erscheinen im Bild reicht von signalschwach bis äußerst signalstark.
- Pathologische Strukturen zeigen sich in radiologischen Aufnahmen manchmal nur durch Veränderung der Erscheinung betroffener Organe (z.B. Vergrößerung der Leber bei einer Zirrhose) und benachbarter Objekte (z.B. durch räumliche Verdrängung).

Wie schwer diese Probleme bei der Modellierung zu bewältigen sind, zeigt sich auch daran, daß kaum einer der in Kap. 2 erwähnten Ansätze die Repräsentation pathologischer Strukturen überhaupt versucht. Allein das in CYCLOPS eingesetzte Modell (siehe

1. Einige Ansätze zur Realisierung des „unscharfen Schließens“ findet man in [Link 95] beschrieben.

[Gresse 95]) schließt anhand der Symptome des untersuchten Patienten auf mögliche Pathologien und deren Lokalisation.

Vorwissen über den Patienten könnte auch in einem erweiterten ARMO dazu dienen, Hypothesen über pathologische Strukturen, deren Lage und Erscheinungsform zu bilden und deren Auftreten im Bild zu überprüfen. Folgende Zusammenhänge und Eigenschaften ließen sich beispielsweise nutzen:

- Krankheitssymptome lassen häufig mehr oder weniger genaue Vermutungen über Lage, Größe und Art einer Läsion (z.B. eines Tumors) zu.
- Kennt man die Art einer Pathologie (z.B. Ödem, Tumor, Blutung) so kann man meist auch Aussagen darüber machen, welches Signal von ihnen erzeugt wird, bzw. wie das Signal verändert wird. So weiß man z.B., daß Gehirntumore in T2-betonten Aufnahmen in der Regel eine Signalverstärkung hervorrufen.
- In tumorösem Gewebe reichert sich normalerweise Kontrastmittel schneller an als in gesundem Gewebe. Daher kann die Beschreibung des Anreicherungsverhaltens maligner Läsionen für ihre Erkennung in Dynamik-Aufnahmen verwendet werden.
- Form- und Lageanomalien anatomischer Objekte können Hinweise auf die Existenz raumfordernder Tumore geben.

Man erkennt, daß trotz aller Schwierigkeiten auch für pathologische Strukturen Merkmale existieren, anhand derer sie in radiologischen Aufnahmen erkannt oder zumindest vermutet werden können. Eine Erweiterung des anatomisch-radiologischen Modells um Beschreibungen bestimmter pathologischer Strukturen scheint daher nicht nur wünschenswert, sondern auch - zumindest in Teilbereichen - realisierbar.

8.4 Wissensakquisition

Ein wesentlicher Grund dafür, daß viele wissensbasierte Systeme nie über den Stand eines Prototypen hinauskommen, sind die gewichtigen Probleme der **Wissensakquisition** und **Wissenspflege**. Beim Füllen einer existierenden Wissensbank müssen zwei Fragen beantwortet werden:

1. Wie ermittelt man das für eine bestimmte Fragestellung nötige Wissen?
2. Wie fügt man die erhobenen Informationen in die Wissensbasis ein? Welche **Werkzeuge** können dies erleichtern?

Im folgenden wird darauf eingegangen, wie beide Fragestellungen in Bezug auf ARMO beantwortet werden könnten. Eine grundlegende Einführung in die Problematik der Wissensakquisition findet man beispielsweise in [Karbach 90].

8.4.1 Wissensermittlung

In ARMO wird das Wissen mehrerer Quellen zusammengeführt:

- **Buchwissen:**

- Anatomische Grundlagen: Taxonomische Einordnung des relevanten Anatomieausschnitts und seiner Einzelteile sowie wichtige Eigenschaften und Beziehungen der beteiligten Objekte.
- Wissen über die bildgebenden Eigenschaften der beteiligten Objekte.
- **Expertenwissen:**
 - Aktuelles anatomisches Erfahrungswissen, das nicht in Büchern zu finden sind, z.B. über die mögliche anatomische Variation.
 - Radiologische Expertise zu den verwendeten Modalitäten und deren Parametrisierung.
- **Algorithmisch** (aus den radiologischen Aufnahmen) **zu ermittelndes Wissen:**
 - Quantitativ repräsentierte anatomische Eigenschaften: z.B. relative und absolute Lageparameter, Formbeschreibung.
 - Bildgebende Eigenschaften: Signalintensitäten, Texturmaße, Grenzverläufe.

Für alle drei Wissensarten wäre die Anfertigung standardisierter Fragebögen eine Erleichterung. Ganz besonderes Einfühlungsvermögen erfordert jedoch der Umgang mit dem medizinischen Experten. Zum einen spricht dieser meist eine andere Fachsprache als der „Wissensermittler“, zum anderen muß er in besonderer Weise motiviert und angeleitet werden, um auch wirklich alle wesentlichen Wissensdetails mitzuteilen.

In [Karbach 90] sind die Techniken aufgeführt, die üblicherweise bei der Erhebung des Wissens des Domänenexperten angewandt werden. Dazu gehören z.B. verschiedene *Interviewtechniken* (unstrukturiertes, strukturiertes und fokussiertes Interview), die *Beobachtung des Experten* sowie einige *indirekte Erhebungstechniken*. Die Ausarbeitung, Übertragung und Evaluierung dieser Methoden im anatomisch-radiologischen Umfeld ist ein wichtiger Schritt, wenn man ARMO nicht nur für einzelne Aufgaben einsetzen möchte, sondern zu einer grundlegenden Informationsquelle der medizinischen Bildanalyse ausbauen will.

8.4.2 Werkzeuge zum Wissenserwerb

Je größer die zu bearbeitende Subdomäne ist, desto stärker wünscht man sich rechnergestützte Werkzeuge, die einem bei der Wissensakquisition einen Teil der Arbeit abnehmen und den Vorgang des Wissenserwerbs mehr oder weniger automatisieren. Vorstellbar sind viele verschiedenen Stufen der Unterstützung des „Wissensermittlers“ durch Softwaretools: Angefangen von einem einfachen Compiler, der aus einer domänenspezifischen Eingabesprache das instanziierte Modell erzeugt, bis hin zu einem Programm, das viele Wissens-elemente automatisch ermittelt (z.B. aus existierenden Datenbanken), bei Bedarf nachfragt, sowie Inkonsistenzen und Lücken der Wissensbasis aufdeckt.

In [Lanzola 92] findet sich die Beschreibung eines Werkzeugs zur Wissensakquisition für medizinische Diagnosesysteme, KAT (*knowledge acquisition tool*) genannt. Übertragen auf ARMO wäre z.B. folgendes Szenarium vorstellbar:

1. Es wird eine offene Sprache definiert („ARMO-TALK“), mit der alle in ARMO darstellbaren Zusammenhänge und Wissensdetails formuliert werden können. Ein zuge-

höriges Übersetzungsprogramm (Compiler) erzeugt den zur Modellinstanziierung nötigen Smalltalk-Code.

2. Verschiedene Werkzeuge erlauben die strukturierte Eingabe von Wissensausschnitten, und sollen vom jeweiligen Domänenexperten (Radiologe, Bildverarbeiter) direkt eingesetzt werden können.
3. Andere Teilwerkzeuge kümmern sich um die (halb)automatische Ermittlung der quantitativen Größen (z.B. aus den radiologischen Aufnahmen).
4. Ein Analysewerkzeug untersucht die Wissensbasis auf Lücken (z.B. fehlende Attribute und Relationen), Inkonsistenzen (z.B. räumliche Constraints) und ermöglicht *Reports* über zusammengehörige Teile der Anatomiebank.
5. Ein spezialisiertes „Pflegetool“ ermöglicht dem Verwalter der Anatomiebank den Zugriff auf die einzelnen Objekte, Attribute und Relationen.

Die Einführung einer eigenen Modellbeschreibungssprache hat den Vorteil, daß das instanziierte Modell immer wieder von Grund auf erzeugt werden kann und so von der eigentlichen Implementation unabhängig ist. Auf diese Art lassen sich Erweiterungen des Metamodells ebenso leicht durchführen wie der Wechsel auf eine andere Implementationsumgebung (z.B. JAVA). Abbildung 8–1 zeigt noch einmal das vorgestellte Szenarium in einer kleinen Skizze.

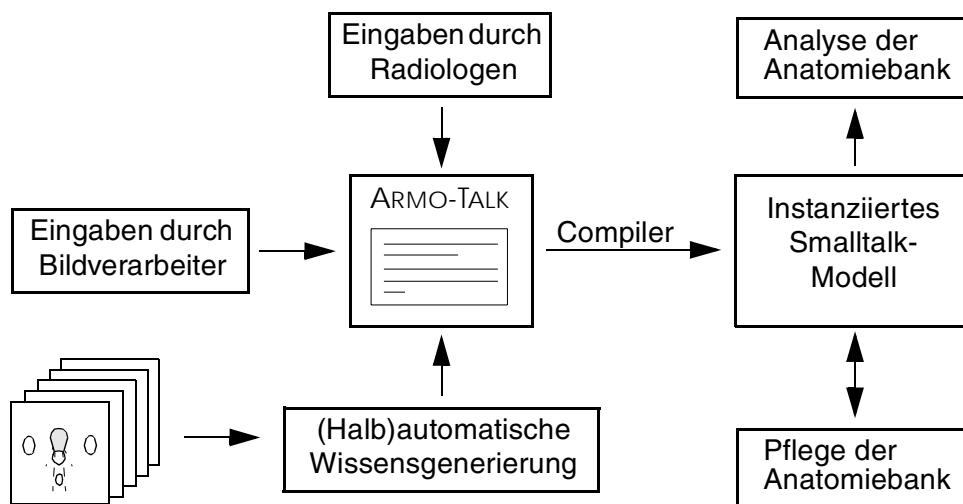


Abbildung 8–1: Szenarium einiger Werkzeuge zur Wissensakquisition

Das für einen sinnvollen Einsatz ARMOS nötige Wissen ist schon für kleine Aufgabenbereiche - wie etwa die Segmentierung des weiblichen Beckens - zu komplex, um immer wieder in mühevoller Kleinarbeit erhoben und eingegeben werden zu können. Die Unterstützung durch rechnerbasierte Werkzeuge ist daher nicht nur wünschenswert, sondern unabdingbar für eine breite Akzeptanz der Anatomiebank.

9 Zusammenfassung

Ziel dieser Arbeit war die Entwicklung eines **anatomisch-radiologischen Modells** - ARMO genannt - zur Unterstützung der medizinischen Bildverarbeitung. Darüberhinaus sollte anhand einer prototypischen Implementierung des Modells dessen Realisierbarkeit und Nutzen demonstriert werden.

Programme zur Segmentierung und Klassifikation medizinischer Bilder benutzen - meist implizit - anatomische bzw. radiologische Informationen über die zu analysierende Körperregion und die in ihr enthaltenen Strukturen. Diese Informationen setzen sich u.a. aus folgenden Elementen zusammen:

- Vorhandene anatomische Objekte (z.B. Organe, Knochen, Gefäße),
- Signalstärke (Grauwertbereich) und Textur einer anatomischen Struktur,
- Abgrenzbarkeit der Strukturen voneinander.

Dem diagnostizierenden Arzt steht zusätzlich noch Wissen über die topologische Anatomie des menschlichen Körpers und meist auch über patientenspezifische Gegebenheiten (z.B. Geschlecht, Alter, Anamnese) zur Verfügung.

ARMO vereinigt nun die für die Bildanalyse notwendigen Wissens Elemente in einem Modell. Als Modellierungsgrundlage diente dabei das **objektorientierte Paradigma**. Dies hat gegenüber den herkömmlichen Sprachen zur Wissensrepräsentation (WR) den Vorteil, Instanzen eines Konzeptes darstellen zu können. Darüberhinaus existiert die Möglichkeit, konventionelle WR-Methoden (z.B. Regeln und Constraints) nachträglich zu integrieren.

In ARMO werden zwei voneinander getrennte Sichten unterschieden:

- Die **medizinische Sicht** beschreibt anatomische Konzepte wie z.B. anatomische Regionen, Organe, Blutgefäße, Knochen, Muskeln und funktionale Einheiten. Es wird dabei Wert gelegt auf eine sinnvolle taxonomische Hierarchie der Konzepte sowie auf semantisch saubere Relationen zwischen denselben. Es werden Teil-Ganzes-Beziehungen, räumliche und funktionale Beziehungen unterschieden.
- Die **bildgebende Sicht** repräsentiert den Zusammenhang zwischen den physikalischen Eigenschaften anatomischer Strukturen, den bildgebenden Modalitäten und ihren Parametern sowie der Erscheinungsform (Grauwert, Textur, Abgrenzbarkeit usw.) bestimmter Strukturen in den Aufnahmen.

Bei der Modellierung wurde besonderer Wert auf die räumlichen Relationen zwischen den anatomischen Objekten gelegt. Dabei wurden die Konzepte und Ergebnisse der TOPO-ANALYSE verwendet: Mittels einer semi-quantitativen Darstellung absoluter und relativer Lagebezeichnungen wird der vage (*fuzzy*) Charakter medizinischer Raumkonzepte kognitiv plausibel abgebildet.

Als Testfeld für die Implementierung der **Anatomiebank** in Smalltalk (VISUALWORKS) diente eine Studie zur Segmentierung des weiblichen Beckens. Verwirklicht wurde eine fast vollständige Umsetzung des entwickelten Modells in eine abfragbare Wissensbank, deren Inhalt mittels eines graphischen **Anatomiebrowsers** betrachtet und „durchstöbert“ werden kann.

Die Schnittstelle nach außen stellt der **Anatomieserver** dar. Dieser ist als ein TCP/IP-Interface verwirklicht und kann daher beliebigen Client-Applikationen (z.B. Segmentierungsprogrammen) über standardisierte Kommunikationsprotokolle das benötigte anatomisch-radiologische Wissen zur Verfügung stellen.

Im Rahmen der **Evaluierung** wurde die Einhaltung formaler Kriterien, aber auch die Adäquatheit, Korrektheit und der Nutzen des Modells untersucht. Es wurde gezeigt, daß ARMO zur Abbildung der nötigen radiologischen und anatomischen Wissensselemente geeignet ist, und darüberhinaus die Qualität medizinischer Bildanalyseprogramme verbessern und deren Entwicklung beschleunigen kann.

In der Diskussion des Modells und seiner Implementierung wurden Schwachpunkte und Probleme genannt, sowie Hinweise zu deren Überwindung gegeben. Darüberhinaus wurden zukünftige Entwicklungsmöglichkeiten ARMOS aufgezeigt, wie etwa die **Repräsentation pathologischer Strukturen** in radiologischen Bildern und die Entwicklung geeigneter Werkzeuge zum Erwerb des benötigten anatomisch-radiologischen Wissens.

Zusammenfassend läßt sich feststellen, daß ARMO einen wesentlichen Beitrag zur Einbindung anatomisch-radiologischer Informationen in die medizinische Bildverarbeitung leisten kann. Dies ist nötig, wenn man die Entwicklung automatischer bzw. qualitativ verbesserter Bildanalyseprogramme vorantreiben möchte, um damit aufwendige Verfahren der Therapieplanung einem größeren Patientenkreis zukommen zu lassen.

Anhang A

Modellansichten

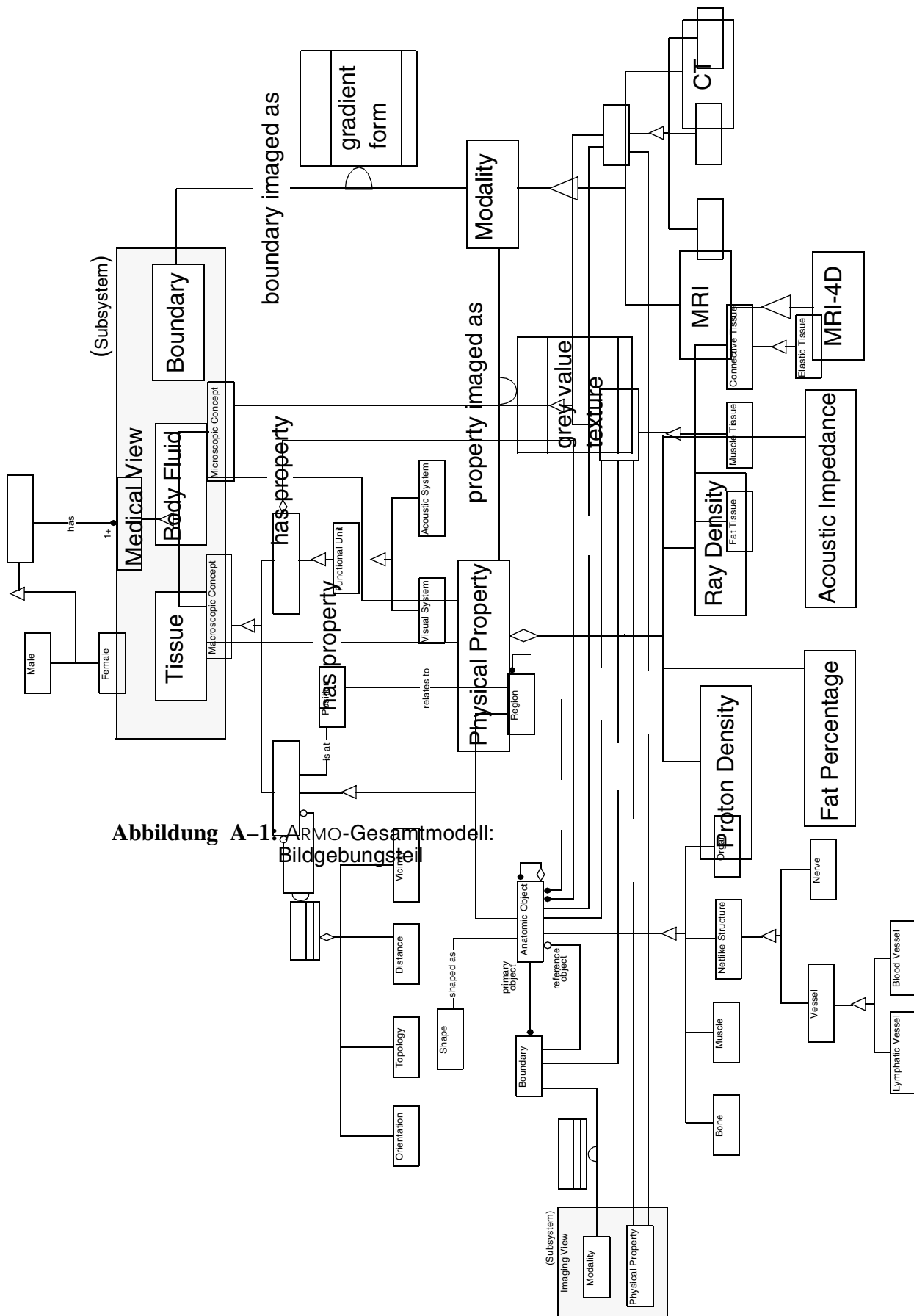


Abbildung A-1: ARMO-Gesamtmodell: Bildgebungsteil

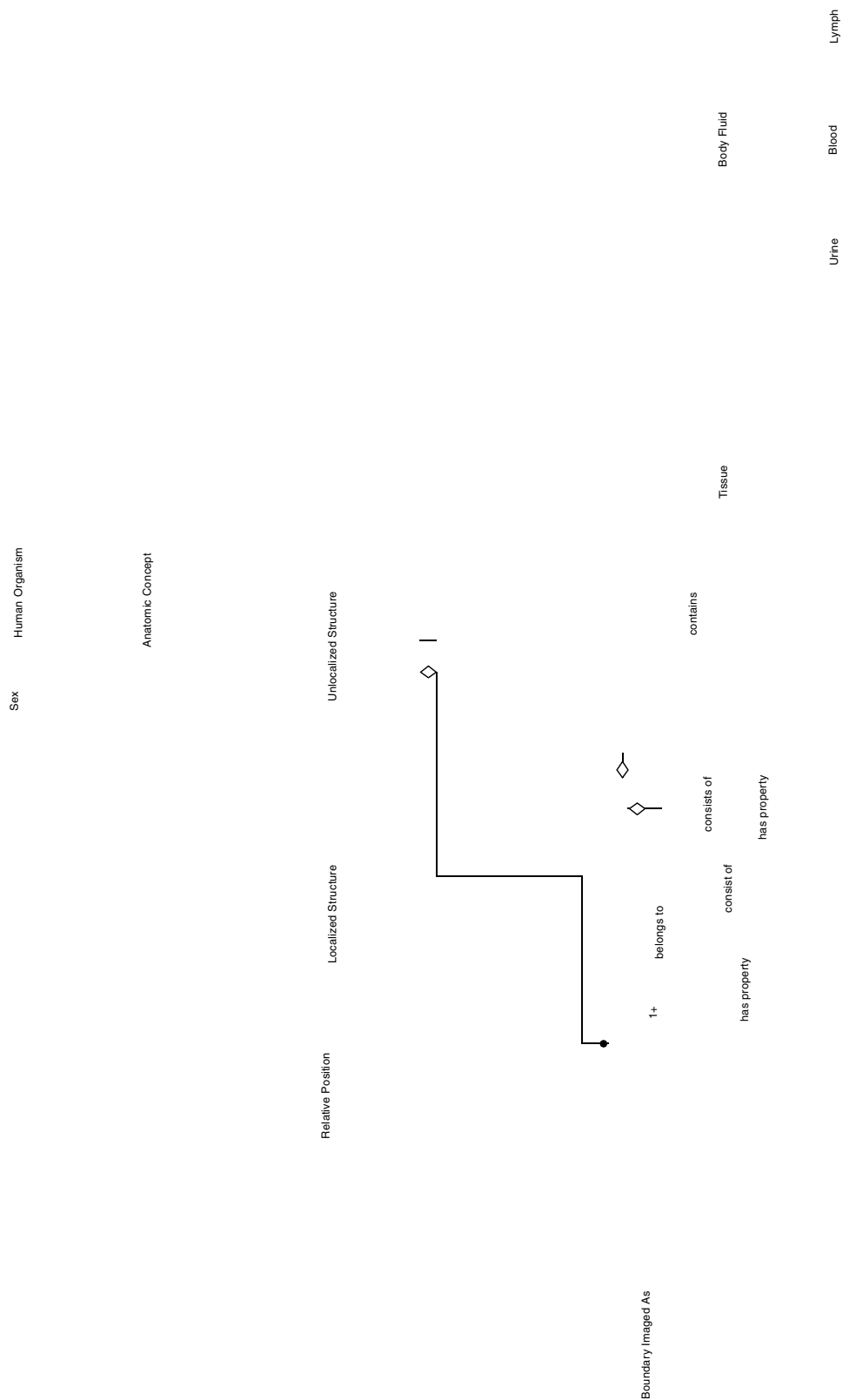


Abbildung A-2: ARMO-Gesamtmodell:
Anatomischer Teil

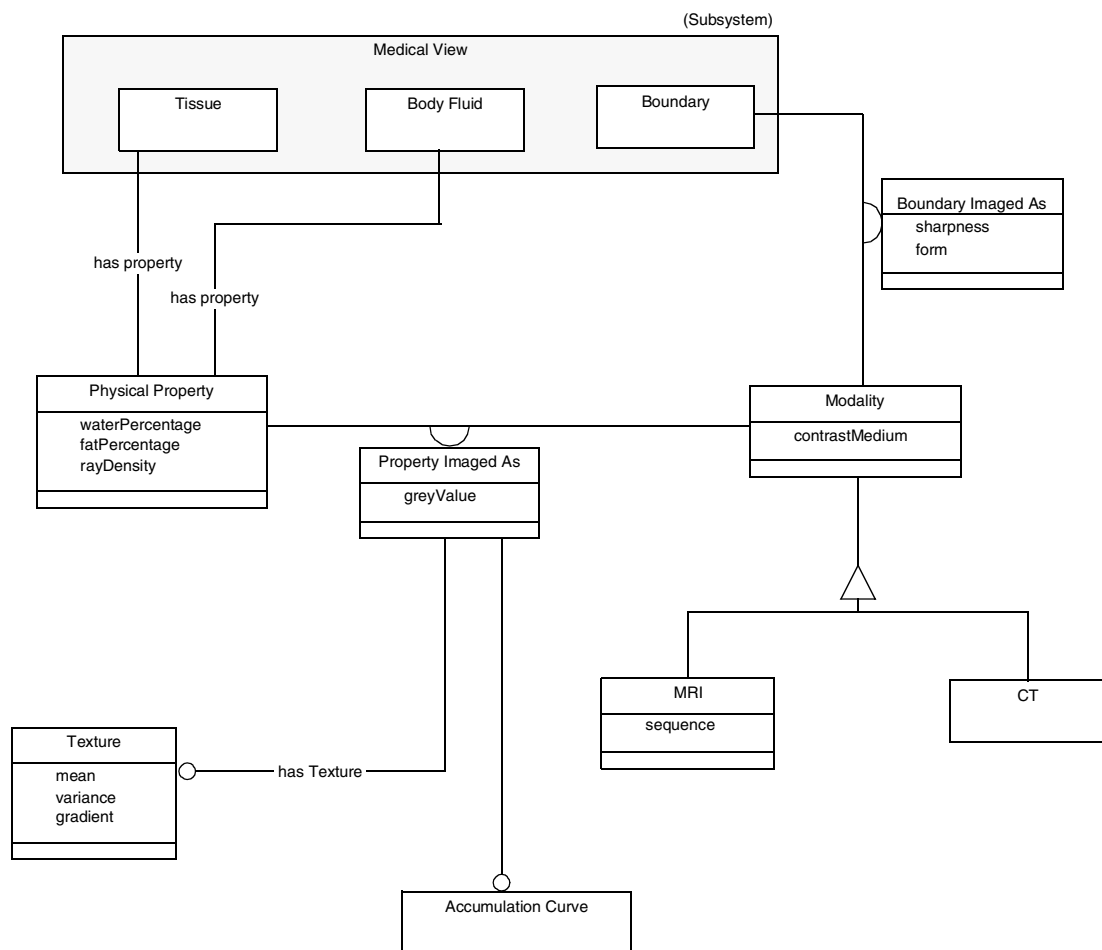


Abbildung A-3: ARMO-Implementation: Bildgebungsteil

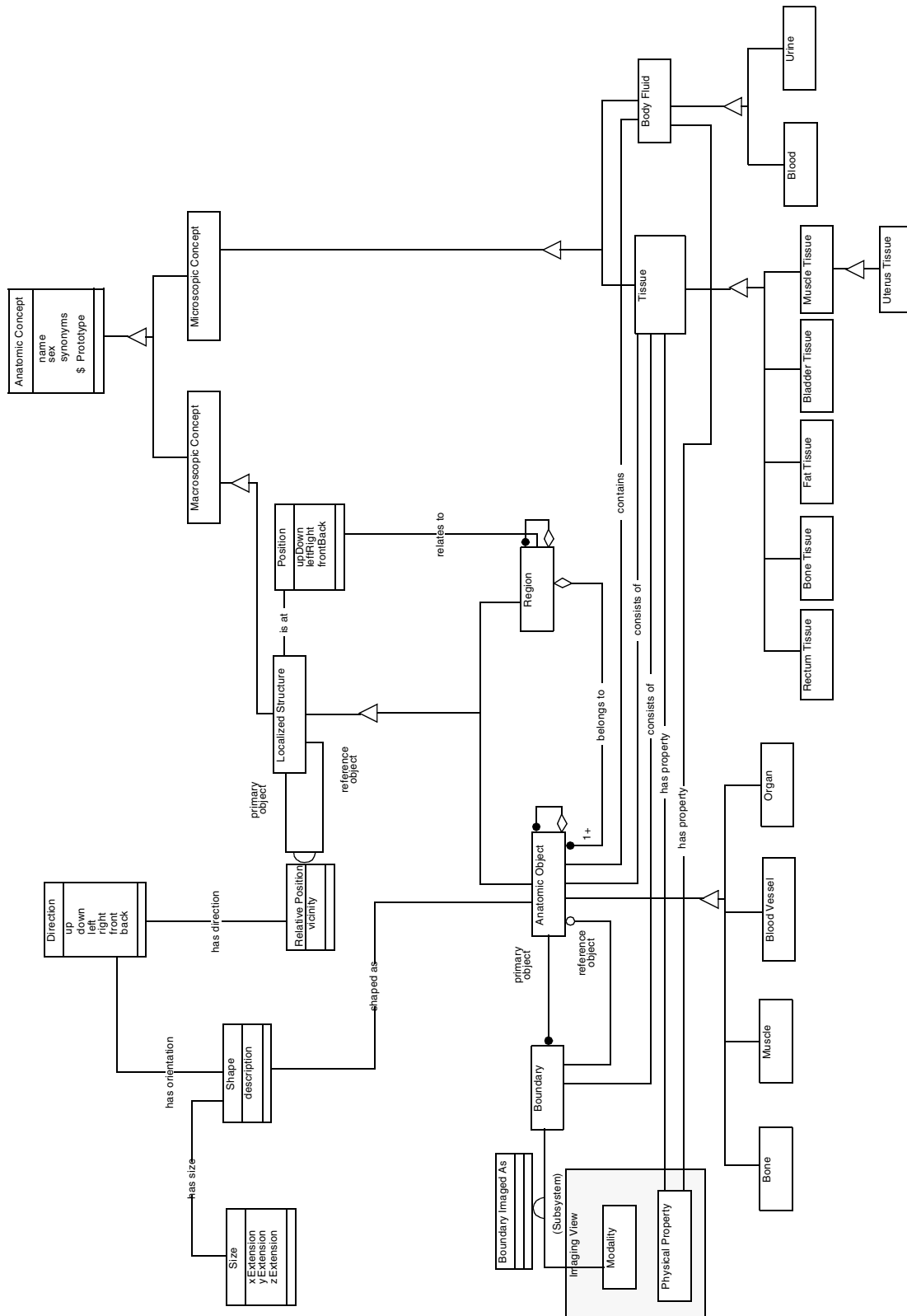


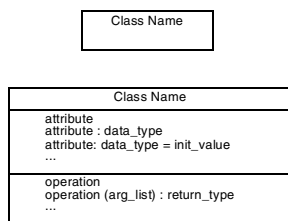
Abbildung A-4: ARMO-Implementation: Anatomischer Teil

Anhang B

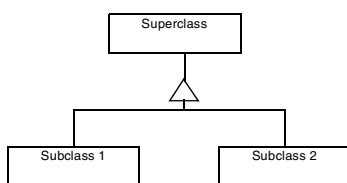
Die Notation der Object Modeling Technique¹

Basic Concepts

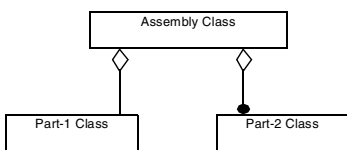
Class:



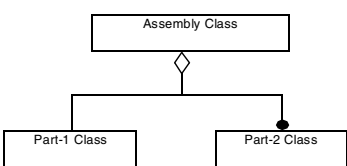
Generalization (Inheritance):



Aggregation:



Aggregation (alternate form):



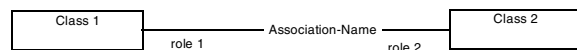
Object Instances:



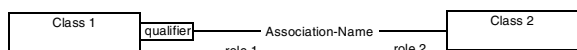
Instantiation Relationship:



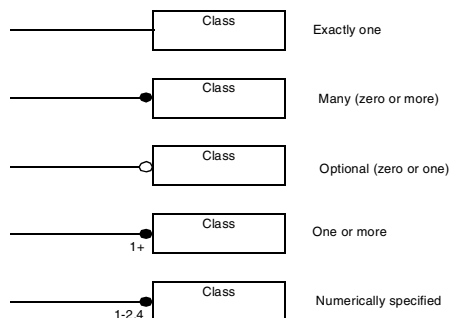
Association:



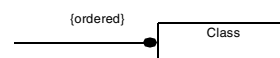
Qualified Association:



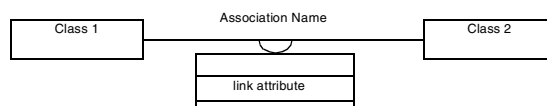
Multiplicity of Associations:



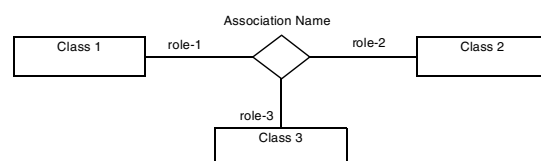
Ordering:



Link Attribute:



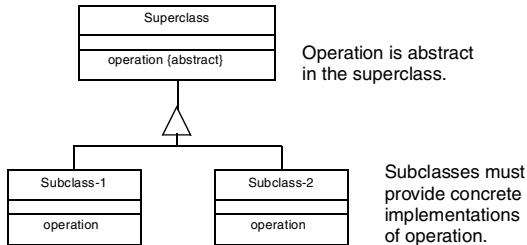
Ternary Association:



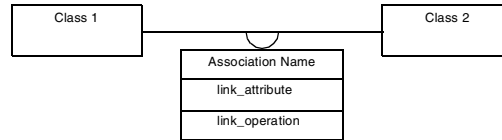
1. beschrieben in [Rumbaugh 91].

Advanced Concepts

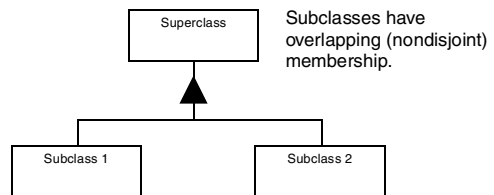
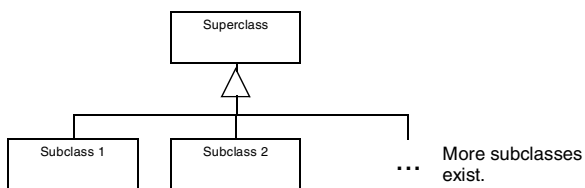
Abstract Operation:



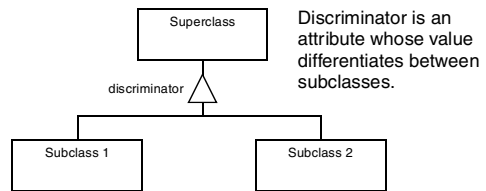
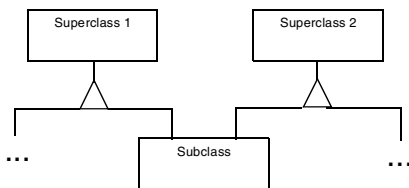
Association as Class:



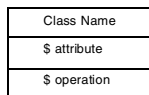
Generalization Properties:



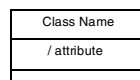
Multiple Inheritance:



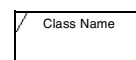
Class Attributes and Class Operations:



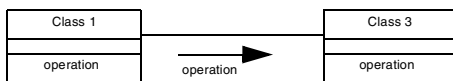
Derived Attribute:



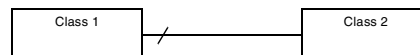
Derived Class:



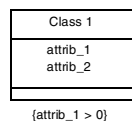
Propagation of Operations:



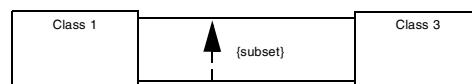
Derived Association:



Constraints on Objects:



Constraint between Associations:



Anhang C

Zugriffsmethoden wichtiger Klassen

In diesem Anhang findet man wichtige Klassen des Modells, geordnet nach ein paar wenigen Kategorien, mit Angabe ihrer Superklasse, sowie den wesentlichen Klassen- und Instanzmethoden. „Wichtig“ und „wesentlich“ heißt in diesem Falle „notwendig für die Erstellung eines Modells“.

C.1 Basics

SetConstraint

Superklasse: `Constraint`

Klassenmethoden

`members: aSet`
`new`

Instanzmethoden

`match: aMember`
`includes: aMember`

IntervalConstraint

Superklasse: `NumericConstraint`

Klassenmethoden

`from: lowerBoundary to: upperBoundary`

Instanzmethoden

`contains: aNumber`
`match: aNumber`

C.2 Medical View

C.2.1 Anatomische Konzepte

AnatomicConcept

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
named: aName withSex: aSex
named: aName
prototype: anAnatomicConcept
prototype
resetClass
all
```

Instanzmethoden

```
name: aName
name
addSynonym: aName
synonyms
sex: aSex
sex
printProperties
```

LocalizedStructure

Superklasse: MacroscopicConcept

Instanzmethoden

```
at: aPosition
position
relatedTo: aLocalizedStructure
spatialRelations: aCollection
spatialRelations
printProperties
```

Region

Superklasse: LocalizedStructure

Klassenmethoden

```
topregion
```

Instanzmethoden

```
hasPart: anAnatomicObject
parts: aCollection
parts
hasSubregion: aRegion
```

```
subregions: aCollection
subregions
upperRegion: aRegion
upperRegion
printProperties
```

AnatomicObject

Superklasse: LocalizedStructure

Instanzmethoden

```
hasShape: aShape
shape
containsFluid: aBodyFluid
containsFluid
hasBoundary: aBoundary
boundaries: aCollection
boundaries
hasPart: anAnatomicObject
parts: aCollection
parts
hasTissue: aTissue
tissue
belongsTo: aRegion
belongsTo
printProperties
```

Muscle

Superklasse: AnatomicObject

Organ

Superklasse: AnatomicObject

Bone

Superklasse: AnatomicObject

BloodVessel

Superklasse: AnatomicObject

Tissue

Superklasse: MicroscopicConcept

Instanzmethoden

```
hasPhysicalProperty: aPhysicalProperty
physicalProperty
```

`printProperties`

BladderTissue

Superklasse: Tissue

MuscleTissue

Superklasse: Tissue

RectumTissue

Superklasse: Tissue

UterusTissue

Superklasse: Tissue

FatTissue

Superklasse: Tissue

BoneTissue

Superklasse: Tissue

BodyFluid

Superklasse: MicroscopicConcept

Instanzmethoden

`addContainer: anAnatomicObject`
`containerObjects: aCollection`
`containerObjects`
`hasPhysicalProperty: aPhysicalProperty`
`physicalProperty`
`printProperties`

Urine

Superklasse: BodyFluid

Blood

Superklasse: BodyFluid

C.2.2 Sonstiges

ConceptCollection

Superklasse: SortedCollection

Instanzmethoden

```
asNameList
findAll:
add:
find:
```

RelativePosition

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
primary: primaryObject reference: referenceObject
all
resetClass
```

Instanzmethoden

```
vicinity: aFuzzyValue
vicinity
direction: aDirection
direction
primaryObject: anAnatomicObject
primaryObject
referenceObject: anAnatomicObject
referenceObject
match: aRelativePosition
printProperties
```

Direction

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
new
```

Instanzmethoden

```
up: aFuzzyValue
up
down: aFuzzyValue
down
front: aFuzzyValue
front
back: aFuzzyValue
back
left: aFuzzyValue
left
right: aFuzzyValue
right
match: aDirection
printProperties
```

Position

Superklasse: Object

Klassenmethoden

in: aRegion

Instanzmethoden

right: aFuzzyValue

right

left: aFuzzyValue

left

midLeftRight: aFuzzyValue

midLeftRight

up: aFuzzyValue

up

down: aFuzzyValue

down

midUpDown: aFuzzyValue

midUpDown

back: aFuzzyValue

back

front: aFuzzyValue

front

midFrontBack

midFrontBack: aFuzzyValue

relatesTo: aRegion

relatesTo

match: aPosition

printProperties

Shape

Superklasse: Object

Klassenmethoden

describe: shapeName

new

Instanzmethoden

orientation: aDirection

orientation

description: shapeName

description

size: aSize

size

match: aShape

printProperties

Size

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
x: xValue y: yValue z: zValue  
new
```

Instanzmethoden

```
xExtension: aValue  
xExtension  
yExtension: aValue  
yExtension  
zExtension: aValue  
zExtension  
match: aSize  
printProperties
```

Boundary

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
to: anAnatomicObject  
new
```

Instanzmethoden

```
imagedAs: aBoundaryImagedAs  
imagedAs  
referenceObject: anAnatomicObject  
referenceObject  
hasTissue: aTissue  
tissue
```

C.3 Imaging View

C.3.1 Bildmodalitäten

Modality

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
new
```

Instanzmethoden

```
withContrastMedium: aMediumName  
contrastMedium  
match: aModality
```

`printProperties`

CT

Superklasse: `Modality`

Instanzmethoden

`match: aModality`

MRI

Superklasse: `Modality`

Klassenmethoden

`sequence: aSequenceName`

Instanzmethoden

`sequence: aSequenceName`

`sequence`

`match: aModality`

`printProperties`

C.3.2 Sonstiges

PhysicalProperty

Superklasse: `Object`

Klassenmethoden

`new`

Instanzmethoden

`imagedAs: aPropertyImagedAs`

`imagedAs`

`getImagingFor: aModality`

`printProperties`

PropertyImagedAs

Superklasse: `Object`

Klassenmethoden

`forModality: aModality`

Instanzmethoden

`modality: aModality`

`modality`

`relatedPhysicalProperty: aPhysicalProperty`

`relatedPhysicalProperty`

`hasAccumulationCurve: anAccumulationCurve`

`accumulationCurve`

`texture`

```
hasTexture: aTexture  
greyValue: aGreyValue  
greyValue  
printProperties
```

Texture

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
mean: meanValue variance: varValue gradient: gradValue
```

Instanzmethoden

```
variance: aValue  
variance  
gradient: aValue  
gradient  
mean: aValue  
mean  
printProperties
```

AccumulationCurve

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
curve: aCurve duration: aTimeInterval
```

Instanzmethoden

```
relatedModality: aModality  
relatedModality  
relatedImagedAs: anImagedAs  
relatedImagedAs  
duration: aTimeInterval  
duration  
curve: aCurve  
curve  
printProperties
```

BoundaryImagedAs

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
forModality: aModality
```

Instanzmethoden

```
modality  
modality: aModality  
relatedBoundary
```



```
relatedBoundary: aBoundary
form: aBoundaryForm
form
sharpness: aValue
sharpness
printProperties
```

C.4 Queries

Query

Superklasse: Object

Klassenmethoden

```
to: aConcept
to: aConcept withSex: aSex
```

Instanzmethoden

```
sex
```

ObjectQuery

Superklasse: Query

Klassenmethoden

```
to: anObjectName
```

Instanzmethoden

```
queriedObject: anAnatomicObject
queriedObject
objectName
getPropertiesText
getParts
getAllParts
getSpatialRelations
getRelativePositionTo: anObjectName
getLocation
getTissue
getImagingFor: aModality
getShape
```

RegionQuery

Superklasse: Query

Klassenmethoden

```
to: aRegionName
getTopregion
```

Instanzmethoden

```

queriedRegion: aRegion
queriedRegion
regionName
getPropertiesText
getLocation
getSubregions
getParts
getAllParts
getAllSubregions
getRelativePositionTo: aRegionName

```

MicroQuery

Superklasse: Query

Klassenmethoden

```
to: aMicroConceptName
```

Instanzmethoden

```

queriedMicroscopicConcept: aMicroConcept
queriedMicroscopicConcept
microName
getPropertiesText
getImagingFor: aModality
getModalities

```

ModalityQuery

Superklasse: Query

Klassenmethoden

```
to: aModality
```

Instanzmethoden

```

queriedModality: aModality
queriedModality
getSequenceName
getContrastMedium
getPropertiesText

```

LocationQuery

Superklasse: Query

Klassenmethoden

```
to: aPosition
```

Instanzmethoden

```

queriedLocation: aPosition
queriedLocation

```

getReferenceRegion
getLeftRight
getUpDown
getFrontBack
getPropertiesText

ShapeQuery

Superklasse: Query

Klassenmethoden

to: aShape

Instanzmethoden

queriedShape: aShape
queriedShape
getDescription
getSize
getOrientation
getPropertiesText

Abbildungsverzeichnis

Abb. 2–1:	Ausschnitt aus der Teil-Ganzes-Hierarchie der CYCLOPS-Wissensbasis	8
Abb. 2–2:	Intelligent Volume - Basic Ideas	13
Abb. 3–1:	Logische Repräsentation eines Eintrages des UMLS METATHESAURUS	21
Abb. 3–2:	Struktur des Radial Contour Model	25
Abb. 3–3:	<i>Active Shape Model</i> (32 Punkte) eines elektrischen Widerstandes	26
Abb. 3–4:	„Metastruktur des Raumes“ von Hernandez	28
Abb. 3–5:	Piktorielle Repräsentation dreier Objekte	29
Abb. 3–6:	TOPOANALYSE: Analoge Repräsentation der relativen Richtungsangaben	30
Abb. 3–7:	TOPOANALYSE: Berechnung der absoluten Richtungsangabe	31
Abb. 4–1:	Wichtige Notationskonzepte der <i>Object Modelling Technique</i>	38
Abb. 4–2:	Ausschnitt aus Smalltalks Klassenhierarchie	39
Abb. 5–1:	Früher Entwurf des Modells	42
Abb. 5–2:	ARMO: Strukturierung der anatomischen Konzepte	43
Abb. 5–3:	ARMO: Eigenschaften der Klasse <i>Localized Structure</i>	45
Abb. 5–4:	ARMO: Relationen zwischen anatomischen Konzepten	46
Abb. 5–5:	ARMO: Physical Property	47
Abb. 5–6:	ARMO: Hierarchie der Bildmodalitäten	48
Abb. 5–7:	Schwächungskoeffizienten verschiedener Stoffe nach Hounsfield	49
Abb. 5–8:	ARMO: Verbindung zwischen Anatomie und Bildverarbeitung	51
Abb. 6–1:	STP: Object Model Editor	54
Abb. 6–2:	STP: Class Table Editor	55
Abb. 6–3:	VISUALWORKS: Class-Browser	57
Abb. 6–4:	VISUALWORKS: Palette und Canvas	57
Abb. 6–5:	Mediansagittalschnitt durch ein weibliches Becken	59
Abb. 6–6:	Angio-MT-Aufnahmen eines weiblichen Beckens	60

Abb. 6–7:	Pre-T1-Aufnahme eines weiblichen Beckens	60
Abb. 6–8:	Smalltalk-Hierarchie der anatomischen Konzepte	62
Abb. 6–9:	ARMO-Implementierung der Lageinformationen.....	63
Abb. 6–10:	ARMO-Implementierung der Form	63
Abb. 6–11:	Interface-Komponenten der Anatomiebank	65
Abb. 6–12:	Aufbau des Anatomie-Servers	67
Abb. 6–13:	Verschiedene Ansichten des Anatomie-Browsers	71
Abb. 7–1:	Transversaler MR-Schnitt durch die Leber	77
Abb. 7–2:	Transversaler CT-Schnitt durch die Leber	78
Abb. 7–3:	Instanzen und Relationen des „Leberbeispiels“	79
Abb. 7–4:	Vorgehen bei der wissensbasierten Segmentierung des Uterus	83
Abb. 8–1:	Szenarium einiger Werkzeuge zur Wissensakquisition	93
Abb. A–1:	ARMO-Gesamtmodell: Bildgebungsteil.....	97
Abb. A–2:	ARMO-Gesamtmodell: Anatomischer Teil	98
Abb. A–3:	ARMO-Implementation: Bildgebungsteil	99
Abb. A–4:	ARMO-Implementation: Anatomischer Teil.....	100

Literaturverzeichnis

- [Barillot 94] **Barillot, C.; Gibaud, B.; Montabord, E. et al.:** An information system to manage anatomical knowledge and image data about brain. *SPIE*, 1994, Vol. 2359, S. 424-434.
- [Bernauer 94] **Bernauer, J.:** Modelling Formal Subsumption and Part-Whole Relation for Medical Concept Descriptions. *ECAI '94 Workshop W2*, 1994.
- [Brinkley 88] **Brinkley, J.F.:** Representing Biologic Objects as Geometric Constraint Networks. *AAAI: Spring Symposium Series*, 1988, S. 7-8.
- [Brinkley 89] **Brinkley, J.F.; Prothero, J.S.; Prothero, J.W. et al.:** A Framework for the Design of Knowledge-Based Systems in Structural Biology. *Symposium on Computer Application in Medical Proceedings*, 1989, S. 61-65.
- [Brinkley 91a] **Brinkley, J.F.:** Structural Informatics and Its Applications in Medicine and Biology. *Academic Medicine*, 1991, Vol. 66, No. 10, S. 589-591.
- [Brinkley 91b] **Brinkley, J.F.:** Spatial Anatomic Knowledge for 2-D Interactive Medical Image Segmentation and Matching. *SCAMC 15*, 1991, S. 460-464.
- [Brinkley 92] **Brinkley, J.F.:** Hierarchical Geometric Constraint Networks as a Representation for Spatial Structural Knowledge. *SCAMC 16*, 1992, S. 140-143.
- [Brinkley 93] **Brinkley, J.F.:** A Flexible, Generic Model for Anatomic Shape. *Computers and Biomedical Research*, 1993, Vol. 26, S. 121-142.
- [Cabello 90] **Cabello, D.; Delgado, A.; Carreira, M.J. et al.:** On knowledge-based medical image understanding. *Cybernetics and Systems*, 1990, Vol.21, No. 2-3, S. 277-289.
- [Cawley 89] **Cawley, M.G.; Natarajan, K.:** Development of a model for use in medical image interpretation. *Proceedings of the Fifth Alvey Vision Conference*, Sheffield, 1989, S. 305-308.
- [Coad 91] **Coad, P.; Yourdon, E.:** Object-Oriented Design. Yourdon Press, 1991.
- [Comer 93] **Comer, D.E.; Stevens, D.L.:** Internetworking with TCP/IP, Volume III, Client-Server Programming and Applications. Englewood Cliffs: Prentice Hall, 1993.

- [Cootes 94] **Cootes, T.F.; Taylor, C.J.; Cooper, D.H. et al.:** Active Shape Models - Their Training and Application. *Computer Vision and Image Understanding*, 1994, Vol. 61, No. 1, S. 38-59.
- [Cunningham 75] **Cunningham, A.:** The Kinds of Anatomy. *Medical History*, 1975, Vol. 19, S. 1-19.
- [Davis 93] **Davis, R.; Shrobe, H.; Szolovits, P.:** What Is a Knowledge Representation? *AI Magazine*, Spring 1993, S. 17-33.
- [DeCarlo 95] **DeCarlo, D.; Kaye, J.; Metaxas, D. et al.:** Integrating Anatomy and Physiology for Behavior Modeling. In „*Medicine Meets Virtual Reality 3*“, San Diego, 1995.
- [Demiris 94] **Demiris, A.M.:** Erstellung eines integrierten Werkzeuges für die 3-dimensionale Segmentierung und Visualisierung von medizinischen Objekten. TR 70/1994, Abt. MBI, Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg, 1994.
- [Engelmann 89] **Engelmann, U.:** Integrierte Wissensbasierte Bildanalyse. Dissertation, Fakultät für theoretische Medizin, Universität Heidelberg, 1989.
- [Falasconi 94] **Falasconi, S.; Stefanelli, M.:** A Library of Medical Ontologies. In Nicolaas J.I. Mars (Hrsg): *ECAI'94 Workshop on „Comparison of Implemented Ontologies“*, Amsterdam, 1994, S. 81-91
- [Gamma 94] **Gamma, E.; Helm, R.; Johnson, R. et al.:** Design Patterns - Elements of Reusable Object-Oriented Software. Addison-Wesley, 1994.
- [Goethe 88] **von Goethe, J.W.:** Vorträge über vergleichende Anatomie. In *Goethes Werke in 12 Bänden*, Band 12, Berlin, 1988, S. 66-84.
- [Goldberg 89] **Goldberg, A.; Robson, D.:** Smalltalk-80, The Language. Addison-Wesley, 1989.
- [Gresse 94] **Gresse, C.:** NeuralTaxon - Die konnektionistische Realisierung eines semantischen Netzes. Projektarbeit, Universität Kaiserslautern, Fachbereich Informatik, 1994.
- [Gresse 95] **Gresse, C.:** Konzeption und Implementierung eines Wissensbasenmodells zur Unterstützung der automatischen Auswertung von NMR-Tomografien. Diplomarbeit, Universität Kaiserslautern, 1995.
- [Haimowitz 88] **Haimowitz, I.J.; Patil, R.S.; Szolovits, P.:** Representing Medical Knowledge in a Terminological Language is Difficult. *Proc. Symposium on Computer Applications in Medical Care*, 1988, S. 101-105.

- [Hall 93] **Hall, P.M.; McGregor, J.J.:** A Graph-Based Model of a Collection of Physical Vasculature. *Proc. Digital Image Computing: Techniques and Applications*, Sydney, 1993, S. 414-421.
- [Hall 95] **Hall, P.M. et al.:** Reconstruction of blood vessel networks from a few perspective projections. *Artificial Neural Networks and Expert Systems*, Dunedin, 1995 (forthcoming).
- [Heijst 95] **van Heijst, G.:** A Case Study in Ontology Library Construction. *Artificial Intelligence in Medicine*, Vol. 7, 1995, S. 227-255.
- [Hernandez 92] **Hernandez, D.:** Qualitative Representation of Spatial Knowledge. Doktorarbeit, Technische Universität München, 1992.
- [Higgins 92] **Higgins, C.B.; Hricak, H.; Helms, C.A.:** Magnetic Resonance Imaging of the Body. New York: Raven Press, 2. Auflage, 1992.
- [Hill 93] **Hill, A.; Thornham, A.; Taylor, C.J.:** Model-based interpretation of 3D medical images. *Proc. British Machine Vision Conference*, 1993, Vol. 1, S. 339-348.
- [IDE 94] **Interactive Development Environments, Inc.:** Dokumentation zu SOFTWARE THROUGH PICTURES. 1994.
- [Jarke 93] **Jarke, M.; Staudt, M.:** An Application Perspective to Deductive Object Bases. *Proc. ACM-SIGMOD Workshop on Combining Declarative and Object-Oriented Databases*, Washington D.C., 1993, S. 17-30.
- [Kaiser 93] **Kaiser, W.A.:** MR Mammography (MRM). Heidelberg: Springer-Verlag, 1993.
- [Karbach 90] **Karbach, W.; Linster, M.:** Wissensakquisition für Expertensysteme. München: Hanser, 1990.
- [Kaye 94] **Kaye, J.; Metaxas, D.; Clarke, J.R. et al.:** Lung Modeling: Integrating Anatomy and Physiology. *First Int. Sym. on Medical Robotics and Computer-Assisted Surgery (MRCAS-94)*, Pittsburgh, 1994.
- [Krestel 88] **Krestel, E. (Hrsg.):** Bildgebende Systeme für die medizinische Diagnostik. Berlin: Siemens, 1988.
- [Lanzola 92] **Lanzola, G.; Stefanelli, M.:** A Specialized framework for Medical Diagnostic Knowledge-Based Systems. *Computers and Biomedical Research*, 1992, Vol. 25, S. 351-365.
- [Lewis 95] **Lewis, S.:** The Art and Science of Smalltalk. New York: Prentice Hall, 1995.

- [Link 95] **Link, J.:** Wissensbasiertes medizinisches Bildverstehen. TR 70/1995, Abt. MBI, Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg, 1995.
- [Meetz 95] **Meetz, K.:** Topoanalyse - Eine objektbasierte Repräsentation medizinischer Bilder anhand räumlicher Merkmale. Dissertation, Fakultät für theoretische Medizin, Universität Heidelberg, 1995.
- [Meinzer 91] **Meinzer, H.P.; Meetz, K.; Scheppelmann, D. et al.:** The Heidelberg Ray Tracing Model. *IEEE Computer Graphics and Applications*, Vol. 11, No. 6, 1991, S. 34-43.
- [Minsky 75] **Minsky, M.:** A Framework for Representing Knowledge. In „The Psychology of Computer Vision“, New York: McGraw-Hill 1975.
- [Niggemann 90] **Niggemann, J.:** Analysis and Representation of Neuroanatomical Knowledge. *Applied Artificial Intelligence*, 1990, Vol. 4, No. 4.
- [Oettinger 92] **Oettinger, B.; Oettinger, T.:** Anatomie. BON-MED Verlag, 9.Auflage, 1992.
- [ParcPlace 94] **ParcPlace Systems:** Dokumentation zu VISUALWORKS. 1994.
- [Pommert 94] **Pommert, A.:** Symbolic Modeling of Human Anatomy for Visualization and Simulation. *Visualization in Biomedical Computing*, Proc. SPIE, Vol. 2359, 1994, S. 412-423.
- [Pree 95] **Pree, W.:** Design Patterns for Object-Oriented Software Development. Wokingham: Addison-Wesley, 1995.
- [Pschyrembel 95] **Pschyrembel, W. (Hrsg.):** Klinisches Wörterbuch. Berlin: Walter-de-Gruyter-Verlag, 257. Auflage, 1994.
- [Rauber 87] **Rauber, A.; Kopsch:** Anatomie des Menschen, Band II: Innere Organe. Stuttgart: Thieme, 1987.
- [Ravishankar 90] **Ravishankar Rao, A.:** A Taxonomy for Texture Description and Identification. New York: Springer-Verlag, 1990.
- [Rohen 84] **Rohen, J.W.:** Topographische Anatomie. Stuttgart: Schattauer-Verlag, 1984.
- [Rosse 95] **Rosse, C.:** The Potential of Computerized Representations of Anatomy in the Training of Health Care Providers. *Academic Medicine*, Vol. 70, No. 6, S. 499-505.
- [Rumbaugh 91] **Rumbaugh, J.; Blaha, M.; Premerlani, W. et al.:** Object-Oriented Modeling and Design. Prentice Hall, 1991.

- [Ruppert 96] **Ruppert, M.:** NeXT Step - Interface Builder. Studienarbeit, Fachhochschule Heilbronn / Universität Heidelberg, Fachbereich Medizinische Informatik, 1996.
- [Saund 92] **Saund, E.:** Putting Knowledge into a Visual Shape Representation. *Artificial Intelligence*, Vol. 54, No. 1-2, 1992.
- [Schäfer 92] **Schäfer, M.:** Was Sie schon immer über Magnetresonanz wissen wollten. TR 42/1992, Abt. MBI, Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg, 1992.
- [Scheppelmann 90] **Scheppelmann, D.:** Analyse von Texturen in digitalen Bildern. Dissertation, Fakultät für theoretische Medizin, Universität Heidelberg, 1990
- [Schlusselberg 83] **Schlusselberg, D.S.; Smith, W.K.; Culter, B.G. et al.:** A three-dimensional database for computer assisted anatomical reconstruction. *Proceedings of the Sixteenth Hawaii International Conference on System Sciences*, Honolulu, 1983, S. 375-386.
- [Schreiber 93] **Schreiber, A.Th.; van Heijst, G.; Lanzola, G. et al.:** Knowledge Organisation in Medical KBS Construction. *Proc. 4th Conf. on Artificial Intelligence in Medicine Europe*, 1993, S. 394-405.
- [Schubert 93] **Schubert, R.; Bomans, M.; Höhne, K.H. et al.:** A New Method for Representing the Human Anatomy. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 1993, Vol. 17, No. 4/5, S. 243-249.
- [Schubert 94] **Schubert, R.; Höhne, K.H.; Pommert, A. et al.:** A New Method for Practicing Exploration, Dissection and Simulation with a Complete computerized 3-Dimensional Model of the Brain and Skull. *Acta Anatomica*, 1994, Vol. 150, S. 69-74.
- [Sequeira 93] **Sequeira, J.; Ebel, R.; Schmitt, F.:** Three-dimensional Modelling of Tree-like Anatomical Structures. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 1993, Vol. 17, S. 333-337.
- [Shapira 91] **Shapira, Y.; Ullman, S.:** A pictorial approach to object classification. *Proc. Int. Conf. on AI*, 1991, S. 1257-1263.
- [Shapiro 90] **Shapiro, S.C. (Hrsg.):** Encyclopedia of Artificial Intelligence. Vol. 1+2, New York: Wiley, 1990.
- [Staubesand 88] **Staubesand, J. (Hrsg.):** Sobotta - Atlas der Anatomie. 2 Bände, München: Urban & Schwarzenberg, 19. Aufl., 1988.
- [Stiehl 90] **Stiehl, H.S.:** Issues of Spatial Representation in Computational Vision. In C. Freksa (Hrsg.): „Repräsentation und Verarbeitung räumlichen Wissens“, Berlin: Springer-Verlag, 1990.

- [Töndury 81] **Töndury, G.:** Angewandte und topographische Anatomie. Stuttgart: Thieme, 1981.
- [Tuttle 92] **Tuttle, M.S.; Nelson, S.J.; Fuller, L.F. et al.:** The Semantic Foundations of the UMLS Metathesaurus. *MEDINFO 92*, 1992, S. 1506-1511.
- [Uhlenbrock 90] **Uhlenbrock, D.:** Kernspintomographie des Kopfes. Stuttgart: Thieme, 1990.
- [Waldeyer 87] **Waldeyer, A.; Mayet, A.:** Anatomie des Menschen 1. Berlin: Walter de Gruyter, 1987.
- [Wegener 92] **Wegener, O.H.:** Ganzkörpercomputertomographie. Berlin: Blackwell-Wiss.-Verlag, 1992.
- [Wielinga 94] **Wielinga, B.J.; Schreiber, A.Th.:** Conceptual Modelling of Large Reusable Knowledge Bases. In K. von Luck, H. Marburger (Hrsg.): „Management and Processing of Complex Data Structures“, Berlin: Springer-Verlag, 1994, S. 181-200.
- [Winston 87] **Winston, M.E.; Chaffin, R.; Herrmann, D.:** A Taxonomy of Part-Whole Relations. *Cognitive Science*, Vol. 11, 1987, S. 417-444.
- [Wirz 94] **Wirz, Th.:** Entwicklung einer bildauswertungsorientierten Inferenzmaschine in CYCLOPS. Diplomarbeit, Universität Kaiserslautern, Fachbereich Informatik, 1994.
- [Zimmermann 91] **Zimmermann, H.-J.:** Fuzzy Set Theory and its Application. Boston: Kluwer Academic Publishers, 1991.
- [Zoller 94] **Zoller, W.G. et al. (Hrsg.):** Einführung in die Ultraschalldiagnostik. Basel: Karger, 1994.