



Informatik aktuell

**T. Tolxdorff T. M. Deserno
H. Handels H.-P. Meinzer
(Hrsg.)**

Bildverarbeitung für die Medizin 2016

**Algorithmen
Systeme
Anwendungen**

**Proceedings des Workshops
13. bis 15. März 2016 in Berlin**



Springer Vieweg

Informatik aktuell

Herausgegeben
im Auftrag der Gesellschaft für Informatik (GI)

Thomas Tolxdorff · Thomas M. Deserno
Heinz Handels · Hans-Peter Meinzer
Herausgeber

Bildverarbeitung für die Medizin 2016

Algorithmen – Systeme – Anwendungen

Proceedings des Workshops
vom 13. bis 15. März 2016 in Berlin



 Springer Vieweg

Herausgeber

Thomas Tolxdorff
Charité – Universitätsmedizin Berlin
Institut für Medizinische Informatik
Hindenburgdamm 30, 12200 Berlin

Heinz Handels
Universität zu Lübeck
Institut für Medizinische Informatik
Ratzeburger Allee 160, 23562 Lübeck

Thomas M. Deserno, geb. Lehmann
Uniklinik RWTH Aachen
Institut für Medizinische Informatik
Pauwelsstr. 30, 52074 Aachen

Hans-Peter Meinzer
Deutsches Krebsforschungszentrum
Abteilung für Medizinische
und Biologische Informatik
Im Neuenheimer Feld 280, 69120 Heidelberg

ISSN 1431-472X

Informatik aktuell

ISBN 978-3-662-49464-6

ISBN 978-3-662-49465-3 (eBook)

DOI 10.1007/978-3-662-49465-3

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

CR Subject Classification (1998): A.0, H.3, I.4, I.5, J.3, H.3.1, I.2.10, I.3.3, I.3.5, I.3.7, I.3.8, I.6.3

Springer Vieweg

© Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2016

Das Werk einschließlich aller seiner Teile ist urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung, die nicht ausdrücklich vom Urheberrechtsgesetz zugelassen ist, bedarf der vorherigen Zustimmung des Verlags. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Bearbeitungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung und Verarbeitung in elektronischen Systemen.

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Handelsnamen, Warenbezeichnungen usw. in diesem Werk berechtigt auch ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, dass solche Namen im Sinne der Warenzeichen- und Markenschutz-Gesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von jedermann benutzt werden dürften.

Der Verlag, die Autoren und die Herausgeber gehen davon aus, dass die Angaben und Informationen in diesem Werk zum Zeitpunkt der Veröffentlichung vollständig und korrekt sind. Weder der Verlag noch die Autoren oder die Herausgeber übernehmen, ausdrücklich oder implizit, Gewähr für den Inhalt des Werkes, etwaige Fehler oder Äußerungen.

Gedruckt auf säurefreiem und chlorfrei gebleichtem Papier

Springer Vieweg ist Teil von Springer Nature

Die eingetragene Gesellschaft ist Springer-Verlag GmbH Berlin Heidelberg

Bildverarbeitung für die Medizin 2016

Veranstalter

IMI Institut für Medizinische Informatik, Charité – Universitätsmedizin Berlin

Unterstützende Fachgesellschaften

BVMI	Berufsverband Medizinischer Informatiker
CURAC	Deutsche Gesellschaft für Computer- und Roboterassistierte Chirurgie
	Fachgruppe Medizinische Informatik der
DGBMT	Deutschen Gesellschaft für Biomedizinische Technik im
VDE	Verband Deutscher Elektrotechniker
IEEE	Joint Chapter Engineering in Medicine and Biology, German Section
GI	Gesellschaft für Informatik
GMDS	Gesellschaft für Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie
AG MBV	AG Medizinische Bild- und Signalverarbeitung

Tagungsvorsitz

Prof. Dr. Thomas Tolxdorff
 Institut für Medizinische Informatik, Charité - Universitätsmedizin Berlin

Tagungssekretariat

Sabine Sassmann
 Institut für Medizinische Informatik, Charité - Universitätsmedizin Berlin
 Postanschrift: 12203 Berlin
 Lieferanschrift: Hindenburgdamm 30
 Telefon: (030) 450 544 502
 Email: medinfo@charite.de
 Web: <http://bvm-workshop.org>

Lokales BVM-Komitee

Prof. Dr. Thomas Tolxdorff
 Dr. Thorsten Schaaf
 Priv.-Doz. Dr. Jürgen Braun

Verteilte BVM-Organisation

Prof. Dr. Thomas M. Deserno, Jan Dovermann
Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen (Tagungsband)

Prof. Dr. Heinz Handels, Dr. Jan-Hinrich Wrage
Universität zu Lübeck (Beitragsbegutachtung)

Prof. Dr. Hans-Peter Meinzer, Dr. Michael Brehler
Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg (Anmeldung)

Prof. Dr. Thomas Tolxdorff, Dr. Thorsten Schaaf
Charité – Universitätsmedizin Berlin (Internetpräsenz)

Programmkomitee

Prof. Dr. Dr. Johannes Bernarding, Universität Magdeburg
Priv.-Doz. Dr. Jürgen Braun, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Prof. Dr. Oliver Burgert, Universität Leipzig
Prof. Dr. Thorsten Buzug, Universität zu Lübeck
Prof. Dr. Thomas Deserno, RWTH Aachen
Prof. Dr. Hartmut Dickhaus, Universität Heidelberg
Dr. Jan Ehrhardt, Universität zu Lübeck
Priv.-Doz. Dr. Thomas Elgeti, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Dr. Nils Forkert, Stanford University, USA
Prof. Dr. Heinz Handels, Universität zu Lübeck
Priv.-Doz. Dr. Peter Hastreiter, Universität Erlangen
Dr. Tobias Heimann, Siemens Corporate Technology Erlangen
Prof. Dr. Joachim Hornegger, Universität Erlangen
Prof. Dr. Alexander Horsch, TU München
Prof. Ron Kikinis, MD, Fraunhofer MEVIS Bremen
Prof. Dr. Frithjof Kruggel, University of California Irvine, USA
Dr. Cristian Lorenz, PHILIPS Hamburg
Dr. Klaus Maier-Hein, DKFZ Heidelberg
Priv.-Doz. Dr. Lena Maier-Hein, DKFZ Heidelberg
Prof. Dr. Hans-Peter Meinzer, DKFZ Heidelberg
Prof. Dr. Dorit Merhof, RWTH Aachen
Prof. Dr. Christoph Palm, OTH Regensburg
Prof. Dr. Dietrich Paulus, Universität Koblenz-Landau
Prof. Dr. Bernhard Preim, Universität Magdeburg
Priv.-Doz. Dr. Karl Rohr, Universität Heidelberg
Prof. Dr. Ingolf Sack, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Priv.-Doz. Dr. Dennis Säring, Universitätsklinikum Hamburg
Prof. Ingrid Scholl, FH Aachen
Dr. Stefanie Speidel, KIT Karlsruhe
Prof. Dr. Thomas Tolxdorff, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Prof. Dr. Klaus Tönnies, Universität Magdeburg
Dr. Gudrun Wagenknecht, Forschungszentrum Jülich

Dr. Stefan Wesarg, Fraunhofer IGD Darmstadt
Prof. Dr. Herbert Witte, Universität Jena
Priv.-Doz. Dr. Thomas Wittenberg, Fraunhofer IIS, Erlangen
Priv.-Doz. Dr. Stefan Wörz, Universität Heidelberg
Prof. Dr. Ivo Wolf, HS Mannheim

Sponsoren des Workshops BVM 2016

Die BVM wäre ohne die finanzielle Unterstützung der Industrie in ihrer so erfolgreichen Konzeption nicht durchführbar. Deshalb freuen wir uns sehr über langjährige kontinuierliche Unterstützung mancher Firmen sowie auch über das neue Engagement anderer.

Sponsoren

Agfa HealthCare GmbH
Konrad-Zuse-Platz 1-3, D-53227 Bonn
<http://www.agfahealthcare.de>

CHILI GmbH
Burgstr. 61, D-69121 Heidelberg
<http://www.chili-radiology.com>

DEKOM Engineering GmbH
Hoheluftchaussee 108, D-20253 Hamburg
<http://www.dekom-medical.de>

ID GmbH & Co.KG&A
Platz vor dem Neuen Tor 2, D-10115 Berlin
<http://www.id-berlin.de>

Cerner Health Services Deutschland GmbH
Karl-Zucker-Str. 18, D-91052 Erlangen
<http://www.cerner.de>

ADR AG, DISCUS Technologies Division
Ludwig-Wagner-Str. 19, D-69168 Wiesloch
<http://www.dicom-disc.de>

Barco GmbH
Greschbachstr. 5a, D-76229 Karlsruhe
<http://www.barco.com>

GE Healthcare Information Technologies GmbH & Co. KG
Lerchenbergstr. 15, D-89160 Dornstadt
<http://www.gehealthcare.de>

Haption GmbH

Technologiezentrum am Europaplatz Dennewartstr. 25, D-52068 Aachen
<http://www.haption.de>

Imprivata

6-9 The Square, Stockley Park Uxbridge, UK UB11 1FW
<http://www.imprivata.com>

INFINITT Europe GmbH

Gaugrafenstraße 34, D-60489 Frankfurt am Main
<http://www.infinit.com>

Marabu EDV Beratung und Service GmbH

Bessemerstr. 82, D-12103 Berlin
<http://www.marabu-edv.de>

NDI Europe GmbH

Fritz-Reichle-Ring 2, D-78315 Radolfzell
<http://www.ndigital.com>

Sectra Medical Systems GmbH

Gustav-Heinemann-Ufer 74 c, D-50968 Köln
<http://www.sectra.com>

TeraRecon GmbH

Walter-von-Cronberg-Platz 16, D-60594 Frankfurt
<http://www.terarecon.com>

Springer Springer Science & Business Media Deutschland GmbH

Heidelberger Platz 3, 14197 Berlin
<http://www.springer.com>

VISUS Technology Transfer GmbH

Universitätsstr. 136, D-44799 Bochum
<http://www.visus.com>

Preisträger des BVM-Workshops 2015 in Lübeck

Auf der BVM 2015 wurde der mit 1.000 € dotierte BVM-Award an eine herausragende Diplom-, Bachelor-, Master- oder Doktorarbeit aus dem Bereich der Medizinischen Bildverarbeitung vergeben. Die mit einem Preisgeld von je 333,33 € dotierten BVM-Preise zeichnen besonders hervorragende Arbeiten aus, die auf dem Workshop präsentiert wurden.

BVM-Preis 2015 für die beste wissenschaftliche Arbeit (1.Platz)

Nick Weiss mit *Johannes Lotz, Jan Modersitzki* (Universität zu Lübeck)
Multimodal Image Registration in Digital Pathology Using Cell Nuclei Densities

BVM-Preis 2015 für die beste wissenschaftliche Arbeit (geteilter 2.Platz)

Jan Hering mit *Ivo Wolf, Tawfik Moher Alsady, Hans-Peter Meinzer, Klaus Maier-Hein* (DKFZ Heidelberg)
A Memetic Search Scheme for Robust Registration of Diffusion-Weighted MR Images

BVM-Preis 2015 für die beste wissenschaftliche Arbeit (geteilter 2.Platz)

Matthias Wilms mit *Dirk Fortmeier, André Mastmeyer, Heinz Handels* (Universität zu Lübeck)
Modellbasierte Simulation der Atembewegung für das Virtual-Reality-Training von Punktionseingriffen

BVM-Preis 2015 für den besten Vortrag

Benjamin Köhler mit *Monique Meuschke, Uta Preim, Katharina Fischbach, Matthias Guterlet, Bernhard Preim* (Otto-von-Guericke Universität Magdeburg)
2D Plot Visualisation of Aortic Vortex Flow in Cardiac 4D PC-MRI Data

BVM-Preis 2015 für die beste Posterpräsentation

Jan Ehrhardt mit *Alexander Schmidt-Richberg, René Werner, Heinz Handels* (Universität zu Lübeck)
Variational Registration - A Flexible Open-Source ITK Toolbox for Nonrigid Image Registration

Vorwort

Die Analyse und Verarbeitung medizinischer Bilddaten hat sich nach vielen Jahren rasanter Entwicklung als zentraler Bestandteil diagnostischer und therapeutischer Verfahren fest etabliert. Von Wissenschaft und Industrie kontinuierlich fortentwickelte Methodik und Gerätetechnik sorgen für eine stetig steigende Datenkomplexität. Diese Informationsvielfalt, gepaart mit ständig wachsender Verarbeitungsgeschwindigkeit von Rechnersystemen, verlangt neue Methoden, um die möglich gewordenen Vorteile zum Wohl von Patienten erschließen zu können. Die computergestützte Bildverarbeitung wird mit dem Ziel eingesetzt, Strukturen automatisch zu erkennen und insbesondere pathologische Abweichungen aufzuspüren und zu quantifizieren, um so beispielsweise zur Qualitätsverbesserung in der Diagnostik beizutragen.

Doch die Anforderungen sind hoch, um die Fähigkeiten eines Experten bei der Begutachtung von medizinischem Bildmaterial sinnvoll zu unterstützen. Dennoch gelingt dies durch zielgerichtete Algorithmen in Kombination mit der Leistungsfähigkeit moderner Computer. So wird es möglich, die Methoden der medizinischen Bildverarbeitung zur Unterstützung der Medizin und zum Nutzen der Patienten einzusetzen. Der Workshop *Bildverarbeitung für die Medizin (BVM)* bietet hier ein Podium zur Präsentation und Diskussion neuer Algorithmen, Systeme und Anwendungen.

Die BVM konnte sich durch erfolgreiche Veranstaltungen in Aachen, Berlin, Erlangen, Freiburg, Hamburg, Heidelberg, Leipzig, Lübeck und München als ein zentrales interdisziplinäres Forum für die Präsentation und Diskussion von Methoden, Systemen und Anwendungen der medizinischen Bildverarbeitung etablieren. Ziel ist die Darstellung aktueller Forschungsergebnisse und die Vertiefung der Gespräche zwischen Wissenschaftlern, Industrie und Anwendern. Die BVM richtet sich dabei erneut ausdrücklich auch an Nachwuchswissenschaftler, die über ihre Bachelor-, Master-, Promotions- und Habilitationsprojekte berichten werden.

Der diesjährige Workshop findet nunmehr zum vierten Mal in Berlin statt und verbindet in diesem Jahr insbesondere wissenschaftlich hochaktuelle Themen mit dem klinischen Alltag. Neben spannenden Beiträgen der Teilnehmer konnten hierzu zwei hochinteressante eingeladene Vorträge gewonnen werden:

- Stefan Bordag, wissenschaftlicher Direktor der ExB Research & Development GmbH in Leipzig wird die Anwendung von Deep Learning in der medizinischen Bildverarbeitung anhand aktueller Beispiele vorstellen sowie zentrale Kriterien wie Ergebnisqualität und Entwicklungsaufwand diskutieren.
- Prof. Dr. Erwin Keeve von der Charité – Universitätsmedizin Berlin thematisiert die Integration neuer Bildgebungstechniken und deren Anwendungsspektren im Operationssaal und diskutiert zukünftige Entwicklungen der intra-operativen Bildgebung.

Die auf Fachkollegen aus Aachen, Berlin, Heidelberg und Lübeck verteilte Organisation hat sich auch diesmal wieder bewährt. Die webbasierte Ein-

reichung und Begutachtung der Tagungsbeiträge wurde von den Kollegen in Lübeck durchgeführt und ergab nach anonymisierter Bewertung durch jeweils drei Gutachter die Annahme von 49 Beiträgen: 26 Vorträge, 22 Poster und eine Softwaredemonstration. Die Qualität der eingereichten Arbeiten war insgesamt wieder sehr hoch. Die besten Arbeiten werden auch in diesem Jahr mit wertvollen BVM-Preisen ausgezeichnet. Die schriftlichen Langfassungen werden im Tagungsband erscheinen, der von den Aachener Kollegen aufbereitet und vom Springer-Verlag herausgegeben wird. Die LaTeXVorlage zur BVM wurde erneut verbessert und der gesamte Erstellungsprozess ausschließlich über das Internet abgewickelt, ebenso wie die von den Heidelberger Kollegen organisierte Tagungsanmeldung. Die Internetpräsentation des Workshops wird in Berlin gepflegt und bietet ausführliche Informationen über das Programm und organisatorische Details rund um die BVM 2016. Sie sind zusammen mit den Inhalten der vergangenen Workshops auch über den Tagungstermin hinaus abrufbar unter der Adresse

<http://www.bvm-workshop.org>

Am Tag vor dem wissenschaftlichen Programm werden zwei Tutorien angeboten:

- Dr. Murat Sariyar von der Charité – Universitätsmedizin Berlin erläutert Anonymisierungs- und Datensicherheitskonzepte für personenbeziehbare biomedizinische Daten.
- Marcus Luther von der Charité – Universitätsmedizin Berlin präsentiert in seinem Tutorial die aktuelle Thematik, wann Software ein Medizinprodukt ist und welche Wege zur Inverkehrbringung zu beschreiten sind.

An dieser Stelle möchten wir allen, die bei den umfangreichen Vorbereitungen zum Gelingen des Workshops beigetragen haben, unseren herzlichen Dank für ihr Engagement bei der Organisation des Workshops aussprechen: den Referenten der Gastvorträge, den Autoren der Beiträge, den Referenten der Tutorien, den Industrierepräsentanten, dem Programmkomitee, den Fachgesellschaften, den Mitgliedern des BVM-Organisationsteams und allen Mitarbeitern des Instituts für Medizinische Informatik der Charité.

Wir wünschen allen Teilnehmerinnen und Teilnehmern des Workshops BVM 2016 lehrreiche Tutorials, interessante Vorträge, nachhaltige Gespräche an den Postern und in der Industrieausstellung sowie spannende neue Kontakte zu Kolleginnen und Kollegen aus dem Bereich der medizinischen Bildverarbeitung.

Januar 2016

Thomas Tolxdorff (Berlin)
Thomas Deserno (Aachen)
Heinz Handels (Lübeck)
Hans-Peter Meinzer (Heidelberg)

Inhaltsverzeichnis

Die fortlaufende Nummer am linken Seitenrand entspricht den Beitragsnummern, wie sie im endgültigen Programm des Workshops zu finden sind. Dabei steht V für Vortrag, P für Poster und S für Softwaredemonstration.

Eingeladene Vorträge

V1	<i>Bordag DS</i> : Significant Advances in Medical Image Analysisorem ..	1
V2	<i>Keeve E</i> : Wie verändert unsere Community die technische Ausstattung im OP	2

Methoden I

V3	<i>Tzschätzsch H, Guo J, Dittmann F, Braun J, Sack I</i> : Tomoelastography by Multifrequency Wave Number Recovery	3
V4	<i>März M, Ruthotto L</i> : Combined Background Field Removal and Reconstruction for Quantitative Susceptibility Mapping	8
V5	<i>Dinse J, Schäfer A, Bazin P-L, Weiskopf N</i> : Identifying Intracortical Partial Voluming Effects Using Cortical Surface Normals in Quantitative MRI T1 Maps Sensitive to Microstructure	14
V6	<i>Hofmann M, Bizon K, Schlaefer A, Knopp T</i> : Subpixelgenaue Positionsbestimmung in Magnetic-Particle-Imaging	20
V7	<i>Zhong X, Hoffmann M, Strobel N, Maier A</i> : Improved Semi-Automatic Basket Catheter Reconstruction from two X-Ray Views	26

Industrievortrag & Methoden

V8	<i>Morariu CA, Huckfeldt SB, Dohle DS, Tsagakis K, Pauli J</i> : A Greedy Completion Algorithm for Retrieving Fuzzy Fine Structures	32
----	---	----

V9	<i>Schebesch F, Unberath M, Andersen I, Maier A</i> : Breast Density Assessment Using Wavelet Features on Mammograms	38
V10	<i>Ehrhardt J, Jacob F, Handels H, Frydrychowicz A</i> : Comparison of Post-Hoc Normalization Approaches for CT-based Lung Emphysema Index Quantification	44
V11	<i>Hoppe H, Seebacher F, Klemm M</i> : Nicht-modellbasierte Kalibrierung von Kameras mit Monitoren	50

Segmentierung I

V12	<i>Norajitra T, Engelhardt S, Held T, Al-Maisary S, de Simone R, Meinzer H-P, Maier-Hein K</i> : Statistische 3D-Formmodelle mit verteilter Erscheinungsmodellierung	56
V13	<i>Götz M, Kolb C, Weber C, Regnery S, Maier-Hein KH</i> : Fallspezifisches Lernen zur automatischen Läsionssegmentierung in multimodalen MR-Bildern	62
V14	<i>Hoffmann M, Strobel N, Maier A</i> : Registration of Atrium Models to C-arm X-ray Images Based on Devices Inside the Coronary Sinus and the Esophagus	68

Registrierung

V15	<i>Wild E, Teber D, Schmid D, Simpfendörfer T, Müller M, Kenngott H, Maier-Hein L</i> : Robuste intraoperative Registrierung mit fluoreszierenden Markern für die computergestützte Laparoskopie	74
V16	<i>Berkels B, Deserno TM, Ehrlich EE, Fritz UB, Sirazitdinova E, Tatano R</i> : Curve-to-Image Based Non-Rigid Registration of Digital Photos and Quantitative Light-Induced Fluorescence Images in Dentistry	80
V17	<i>Hoffmann M, Strobel N, Maier A</i> : Registration of Atrium Models to C-arm X-ray Images Based on Devices Inside the Coronary Sinus and the Esophagus	86

Poster 1

P1	<i>Kuhnert N, Maass N, Barth K, Maier A: Reduction of Metal Artifacts Using a New Segmentation Approach</i>	92
P2	<i>Erpenbeck D, Bergen T, Wittenberg T, Tannich E, Wegner C, Münzenmayer C, Benz M: Basic Statistics of SIFT Features for Texture Analysis</i>	98
P3	<i>Bopp J, Unberath M, Steidl S, Fahrig R, Oliveira I, Kleyer A, Maier A: Automatic Finger Joint Detection for Volumetric Hand Imaging</i>	104
P4	<i>Koppers S, Hebisch C, Merhof D: A Feature Selection Framework for White Matter Fiber Clustering Based on Normalized Cuts</i>	110
P5	<i>Hoffmann R, Bertelshofer F, Siegl C, Janka R, Grosso R, Greiner G: Automated Heart Localization in Cardiac Cine MR Data</i>	116
P6	<i>Wiesmann V, Groß C, Franz D, Thoma-Kreß AK, Wittenberg T: Combining Active Contours and Active Shapes for Segmentation of Fluorescently Stained Cells</i>	122

Poster 2

P7	<i>Werner F, Jung C, Hofmann M, Salamon J, Werner R, Säring D, Kaul MG, Them K, Weber OM, Mummert T, Adam G, Ittrich H, Knopp T: Geometrieplanung und Bildregistrierung mittels bimodaler Fiducial-Marker für Magnetic Particle Imaging</i>	128
P8	<i>Pazekha S, Gerlach D, Mittag U, Herpers R: Partially Rigid 3D Registration of Flexible Tissues in High Resolution Anatomical MRI</i>	134
P9	<i>Schaffert R, Wang J, Borsdorf A, Hornegger J, Maier A: Comparison of Rigid Gradient-Based 2D/3D Registration Using Projection and Back-Projection Strategies</i>	140
P10	<i>Schober M, Axer M, Huysegoms M, Schubert N, Amunts K, Dickscheid T: Morphing Image Masks for Stacked Histological Sections Using Laplace's Equation</i>	146
P11	<i>Elmer P, Häfner M, Tamaki T, Tanaka S, Thaler R, Uhl A, Yoshida S: Compression Impact on LIRE-based CBIR of Colonoscopy Data</i>	152

P12	<i>Hintze C, Junggeburth J, Hill B, Merhof D: Biometrische Messung der Pupillenreaktion</i>	158
-----	---	-----

Datenoptimierung

V18	<i>Stromer D, Kugler P, Bauer S, Lauritsch G, Maier A: Data Completeness Estimation for 3D C-Arm Scans with Rotated Detector to Enlarge the Lateral Field-of-View</i>	164
V19	<i>Haase V, Taubmann O, Huang Y, Krings G, Lauritsch G, Maier A, Mertins A: Make the Most of Time</i>	170

Visualisierung

V20	<i>Schubert N, Grüßel D, Pietrzyk U, Amunts K, Axer M: Visualization of Vector Fields Derived from 3D Polarized Light Imaging</i>	176
V21	<i>Meuschke M, Lawonn K, Köhler B, Preim U, Preim B: Clustering of Aortic Vortex Flow in Cardiac 4D PC-MRI Data</i>	182
V22	<i>Behrendt B, Köhler B, Preim U, Preim B: Enhancing Visibility of Blood Flow in Volume Rendered Cardiac 4D PC-MRI Data</i>	188
V23	<i>Köhler B, Preim U, Grothoff M, Gutberlet M, Preim B: Adaptive Animations of Vortex Flow Extracted from Cardiac 4D PC-MRI Data</i>	194

Methoden II

V24	<i>Bopp N, Franz AM, Cheray D, Delorme S, Korkusuz H, Erbding C, Maier-Hein L: EchoTrack für die navigierte ultraschall-geführte Radiofrequenzablation der Schilddrüse</i>	200
V25	<i>Wu H, Berger M, Maier A, Lohmann D: A Memory Management Library for CT-Reconstruction on GPUs</i>	206

Segmentierung II

V26	<i>Gschwandtner M, Höller Y, Liedlgruber M, Trinkka E, Uhl A:</i> Assessing Out-of-the-box Software for Automated Hippocampus Segmentation	212
V27	<i>Rak M, Alpers J, Schnurr A-K, Tönnies K-D:</i> Aorta Segmentation in Axial Cardiac Cine MRI via Graphical Models	218
V28	<i>Hoffmann M, Koch M, Strobel N, Maier A:</i> Automatic Detection of Ostia in the Left Atrium	224

Poster 3

P13	<i>Carlsohn MF, Kemmling A, Petersen A, Wietzke L:</i> Light Field Particle Image Velocimetry by Plenoptic Image Capturing for 3D-Display of Simulated Blood Flow in Cerebral Aneurysms	230
P14	<i>Glaßer S, Hirsch J, Berg P, Saalfeld P, Bewing O, Janiga G, Preim B:</i> Evaluation of Time-Dependent Wall Shear Stress Visualizations for Cerebral Aneurysms	236
P15	<i>Erdenetsogt U, Vennemann A, Wiemann M, Lipinski H-G:</i> Nanopartikeldetektion in Zellpräparaten mit dem Hyperspektral-Imaging-Verfahren	242
P16	<i>Bertelshofer F, Brehm O, Fitzner P, Lammert J, Paulsen F, Janka R, Greiner G:</i> Skully	248
P17	<i>Haak D, Doma A, Deserno TM:</i> Photographic Documentation by Mobile Devices Integrated into Case Report Forms of Clinical Trials	254

Poster 4

P18	<i>Eschweiler D, Unger J, Chaisaowong K, Sawant M, Windoffer R, Leube RE, Merhof D:</i> Detection and Quantification of Cytoskeletal Granules	260
P19	<i>Dach C, Rau T, Geppert C, Hartmann A, Wittenberg T, Münzenmayer C:</i> Towards Computer-Assisted Diagnosis of Precursor Colorectal Lesions	266

P20 *Krappe S, Leisering R, Haferlach T, Wittenberg T, Münzenmayer C*: Automatic Detection of Relevant Regions for the Morphological Analysis of Bone Marrow Slides 272

P21 *Huang Y, Lauritsch G, Amrehn M, Taubmann O, Haase V, Stromer D, Huang X, Maier A*: Image Quality Analysis of Limited Angle Tomography Using the Shift-Variant Data Loss Model 277

P22 *Hofschen K, Geissler T, Rieke N, zu Berge CS, Navab N, Demirci S*: Image Descriptors in Angiography 283

Software Demo

S1 *Fetzer A, Riecker N, Metzger J, Goch C, Meinzer H-P, Nolden M*: Suggesting Optimal Delineation Planes for Interactive 3D Segmentation 289

Kategorisierung der Beiträge 295

Autorenverzeichnis 297

Stichwortverzeichnis 301

Significant Advances in Medical Image Analysis

Dr. Stefan Bordag

ExB Research & Development GmbH, Leipzig
bordag@exb.de

In the past 4 years Deep Learning (DL) has re-entered the computer vision scene dramatically, by completely shifting the design paradigm compared to the last 20 years. Whereas before the error rates in image analysis were more or less stagnant, since 2012 DL kept halving them each year, in some recent cases even achieving super-human performance! All typical tasks such classification, detection and segmentation benefited across all related applications such as traffic sign recognition, natural image analysis, automatic captioning. These developments move computer vision from a scientific playground to a productizable technology.

The two key winning factors of DL are the complete removing of feature engineering and the stacking of multiple layers of abstraction. The previous approaches relied entirely on the ability of the scientist in designing the most appropriate features to capture characteristic textures, edges, colours, etc. DL-based approaches obsolete the feature engineering process by learning any necessary features automatically. Through their hierarchical organisation the networks also learn to automatically differentiate abstraction levels.

From this follows, that this approach can be generalized to any other image-based analysis problem. We are a high-tech company developing Artificial Intelligence solutions for the analysis of the visual and natural language data in the medical domain. We decided to investigate the largely unexplored medical domain with respect to DL. We demonstrate the disruptive new developments for medical image analysis on two exemplary tasks, mitosis detection and gland segmentation, where we also successfully participated in an image segmentation competition at MICCAI 2015. We show how deep learning dramatically improves the quality of results while also significantly reducing development efforts and time to market. Finally we discuss error analysis and outline further developments.

Wie verändert unsere Community die technische Ausstattung im OP

Erwin Keeve

Fachgebiet Navigation und Robotik, Charité Universitätsmedizin Berlin
keeve@charite.de

An der Charité – Universitätsmedizin Berlin werden seit 2014 insgesamt 26 neue Operationssäle konzipiert, aufgebaut und eingerichtet. Wikipedia zeigt unter dem Begriff “Operationssaal“ einen davon, den “Robotik-OP“. Dieser seit 2014 im klinischen Betrieb befindliche Operationssaal wird multifunktional von unterschiedlichen Ärzteteams genutzt und von einem technischen Fachgebiet betreut. In 2016 ist eine umfassende Erweiterung mit neuen Bildgebungseinheiten geplant. In dieser Keynote werden Ihnen unterschiedliche Realisierungskonzepte für den Aufbau von Operationssälen unter Berücksichtigung verschiedene Nutzungsarten aufgezeigt. Insbesondere wird auf die Integration neuer Bildgebungssystemen eingegangen und zukünftige Entwicklungen in der intra-operativen Bildgebung diskutiert. ORBIT – ein offenes 3D Röntgensystem – das erstmals nicht-planare Bewegungsbahnen zuläßt wird als Prototyp vorgestellt und Vor- und Nachteile dieser Technologie werden besprochen. Der Vortrag vermittelt Ihnen einen umfassenden Überblick über aktuelle Ausstattungen von Operationssälen und zukünftige (Nutzer-) Anforderungen an Bildgebung und Bildbetrachtung.

Tomoelastography by Multifrequency Wave Number Recovery

Heiko Tzschätzsch¹, Jing Guo¹, Florian Dittmann¹, Jürgen Braun²,
Ingolf Sack¹

¹Departments of Radiology, Charité–Universitätsmedizin Berlin

²Institute of Medical Informatics, Charité–Universitätsmedizin Berlin

heiko.tzschaetzsch@charite.de

Abstract. In elastography mechanically excited shear waves are captured by medical ultrasound or MRI to reconstruct the elastic parameters of the underlying tissue. Current inversion algorithm use second-order derivatives for elasticity reconstruction which limits the spatial resolution of the elastic parameter maps. Here we propose a noise stable inversion method, which relies on wave number k reconstruction at different harmonic frequencies followed by their amplitude-weighted averaging prior to inversion. The algorithm is tested on abdominal and pelvic data. The resulting shear wave speed maps provide anatomical details in elastic parameter maps due to its inherent sensitivity to noise at pixel-wise resolution producing superior details to current MRE inversion methods.

1 Introduction

Palpation is one of the oldest investigation methods in medicine. The physician applies shear stress to the body surface and detects the response of the tissue. However, palpation provides only a qualitative measure and is user dependent. In dynamic elastography shear waves are generated inside the tissue and measured by medical imaging. Quantitative and user independent elasticity maps of the tissue are calculated from the acquired motion sensitive image data. In magnetic resonance elastography (MRE) different algorithms are used to calculate elasticity maps: local frequency estimation [1], finite element methods [2] and inversion methods like direct algebraic Helmholtz inversion (AHI) [1] or multifrequency dual elastic visco (MDEV) inversion [3]. From AHI to MDEV the quality of the elasticity maps was significantly improved. However, this inversion methods use the Laplace operator whose second-order derivative amplifies the noise which affects the consistency of elasticity maps. These problems can be overcome by using only first-order derivatives to reconstruct noise-robust and spatially high resolved elasticity maps.

2 Materials and methods

The proposed algorithm[4] reconstructs the shear wave speed c from the acquired shear wave field induced by time-harmonic vibrations. For MRE the measured

complex MRE-data have the structure $S_j(\mathbf{r}, \omega_i, t) = M_j(\mathbf{r}, \omega_i, t) \exp(i\phi_j(\mathbf{r}, \omega_i, t))$ where j refers to the component of the phase field, \mathbf{r} to the position, ω_i refers to the vibration frequencies and t refers to the time. For the algorithm all filters and derivatives are applied in 2D (in-plane). The processing pipeline consists of the following steps: smoothing, unwrapping, radial-directional filtering, phase gradient calculation and the weighted averaging inversion.

In the first step the complex shear wave field for all vibration frequencies is recovered. Therefore the time resolved phase $\phi_j(\mathbf{r}, \omega_i, t)$ is reconstructed from MRE phase images by applying Gaussian smoothing ($\sigma = 2.75$ mm) and Laplacian unwrapping [5]. The order of both operations makes a significant difference. In contrast to other algorithms the smoothing is applied first to stabilize the unwrapping procedure (Fig. 2). After temporal Fourier transform the complex wave field $u_j(\mathbf{r}, \omega_i)$ corresponding to the first harmonics is selected for further processing.

In the second step the shear wave speed c is reconstructed from the complex wave field. Long wave lengths are suppressed by k -space filtering and the remaining shear waves are directional filtered [1], resulting in plane shear waves

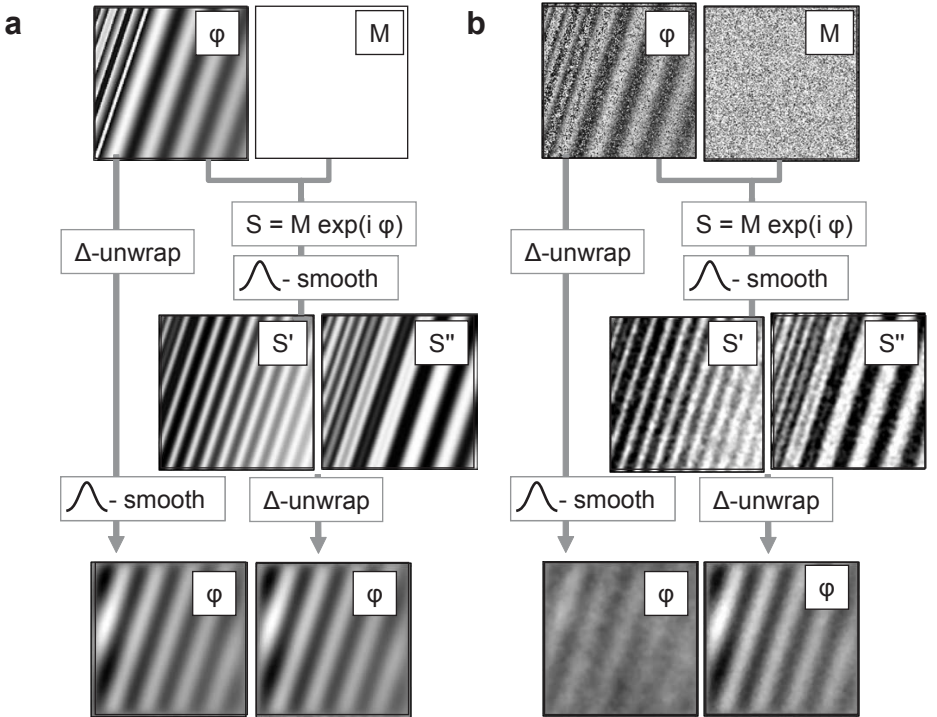


Fig. 1. Influence of the order of Gaussian smoothing and Laplacian unwrapping to the quality of the resulting image for simulated data ($S = M \exp(i\phi) = S' + iS''$): a) without noise, b) with noise.

$u_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n)$. According to Eq. (1) the combined filter ζ (Fig. 2) is written in polar coordinates

$$\zeta(\rho, \theta) = \rho e^{-\frac{1}{2} \left(\frac{\theta - \theta_n}{\sigma_\theta} \right)^2} \quad (1)$$

The high-pass part is linear in ρ and the directional part is a Gaussian shaped ($\sigma_\theta = 2\pi/n$) in the θ -direction. The directional part differentiate in $n = 12$ directions θ_n . After the application of filter ζ the plane shear waves can be written as shown in Eq. (2)

$$u_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) = A(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) e^{i \mathbf{k}_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) \cdot \mathbf{r}} \quad (2)$$

Note that u_j is the j -th component of \mathbf{u} in contrast the subscript in brackets $\mathbf{k}_{(j)}$ referring to the magnitude of the wave vector which corresponds to the component of u_j . The wave number k can be recovered by the phase gradient method[6] as shown in Eq. (3).

$$\begin{aligned} \mathbf{k}_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) &= \left\| \nabla \frac{u_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n)}{|u_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n)|} \right\| \\ &= \left\| \nabla e^{i \mathbf{k}_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) \cdot \mathbf{r}} \right\| \\ &= \left\| i \mathbf{k}_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) e^{i \mathbf{k}_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) \cdot \mathbf{r}} \right\| \\ &= \left\| \mathbf{k}_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) \right\| \\ &= k_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) \end{aligned} \quad (3)$$

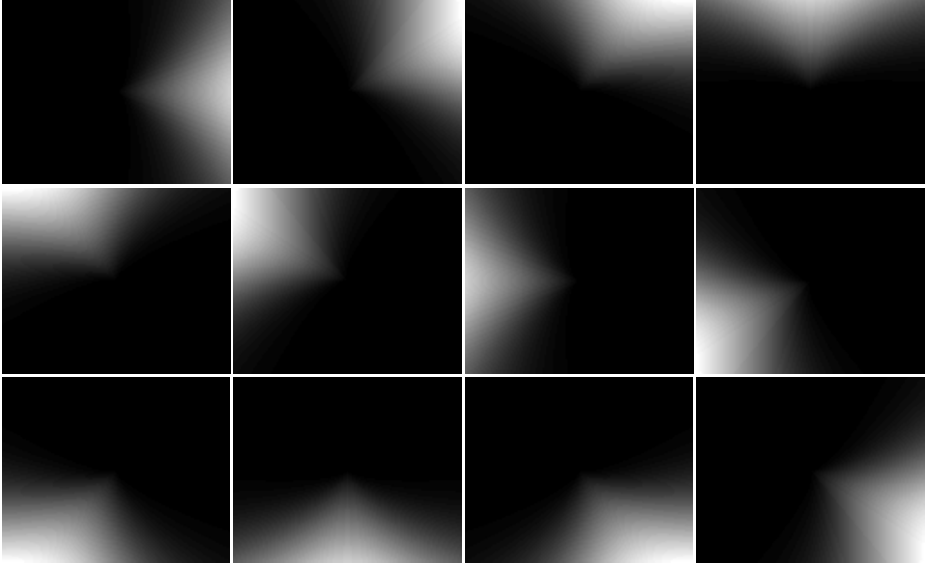


Fig. 2. Directional and high-pass filter ζ for $n = 12$ directions.

The assumption of homogenous tissue leads to the negligibility of the internal derivatives of k ($k(\mathbf{r}) \gg \nabla k(\mathbf{r})$). Since the quality of $k_{(j)}$ -maps depends on the signal to noise ratio of the plane shear waves, a weighted average (Eq. (4)) is used to combine the different frequencies ω_i and directions θ_n to one final wave speed map. As weighting factor the shear wave amplitude with the empirical exponent of 4 is used: $w_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n) = |u_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n)|^4$

$$c(\mathbf{r}) = \left(\frac{\sum_{i,j,n} \frac{k'_{(j)}(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n)}{\omega_i} w_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n)}{\sum_{i,j,n} w_j(\mathbf{r}, \omega_i, \theta_n)} \right)^{-1} \quad (4)$$

3 Results

The new inversion algorithm for multifrequency MRE (k -MDEV) is compared to the existing inversion methods of single-frequency MRE at 60 Hz (AHI) and multifrequency MRE (MDEV) in the frequency range of 30 Hz to 60 Hz. This is shown for an abdominal dataset of a healthy volunteer (Fig. 3). In contrast to the AHI and MDEV-algorithm, k -MDEV shows by visual inspection more homogenous shear wave speeds inside the organs as well as clear contours of the organs. In the presented slice, liver (1,2,3), kidney (4), spleen (5), stomach (6), intervertebral disk (7) and spinal cord (8) can be identified and even the hepatic lobes (left lobe (2), right lobe (1), caudal lobe (3)) can be differentiated. The obtained wave speed values are in good agreement to the values published in the literature for multifrequency MRE (with MDEV inversion) of the liver [3] and the kidney [7]. As shown in Fig. 4 in the uterus even the fine structures like corpus, cervix and endometrium are clearly visible.

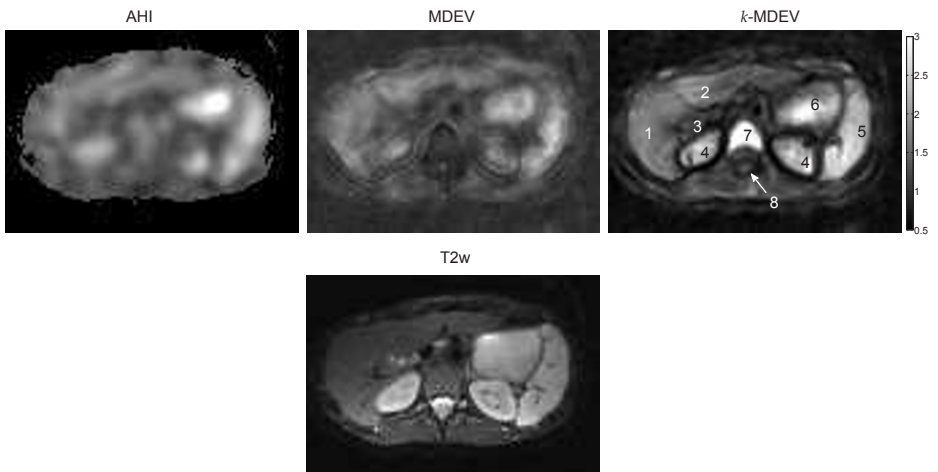
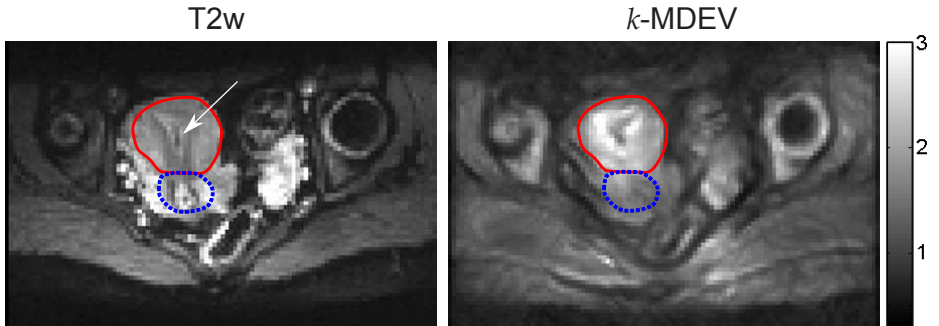


Fig. 3. Shear wave speed-maps (in m/s) obtained by algebraic Helmholtz inversion (AHI), MDEV-inversion, and k -MDEV-inversion compared to an anatomical high-resolution T2-weighted MRI scan of same slice position.

Fig. 4. Shear wave speed-maps (in m/s) of the uterus (red: corpus, blue: cervix, arrow: endometrium) obtained by k -MDEV-inversion compared to an anatomical high-resolution T2-weighted MRI of a healthy volunteer.



4 Discussion

The main approach of the presented work is the combination of the multi-directional filtering and the phase gradient method with an external harmonic excitation which avoids shear wave shading. The new algorithm is less noise sensitive compared to inversion algorithm's based on the Laplace-operator and therefore enables a stable shear wave speed reconstruction even in deeper lying tissue where shear waves are more attenuated. Due to this noise robustness the image resolution of elastic parameter maps is for the first time comparable to the underlying resolution of MR-images. However, the phase gradient method assumes plane waves and therefore an additional directional filter is required. The tomographic shear wave speed maps provide a quantitative and biophysical-based image contrast.

References

1. Manduca A, Lake DS, Kruse SA, et al. Spatio-temporal directional filtering for improved inversion of MR elastography images. *Med Image Anal.* 2003;7(4):465–73.
2. Van Houten EE, Paulsen KD, Miga MI, et al. An overlapping subzone technique for MR-based elastic property reconstruction. *Magn Reson Med.* 1999;42(4):779–86.
3. Hirsch S, Guo J, Reiter R, et al. MR elastography of the liver and the spleen using a piezoelectric driver, single-shot wave-field acquisition, and multifrequency dual parameter reconstruction. *Magn Reson Med.* 2014;71(1):267–77.
4. Tzschätzsch H, Guo J, Dittmann F, et al. Tomoelastography by multifrequency wave number recovery from time-harmonic propagating shear waves. *Med Image Anal.* 2016.
5. Barnhill E, Kennedy P, Johnson CL, et al. Real-time 4D phase unwrapping applied to magnetic resonance elastography. *Magn Reson Med.* 2015;73(6):2321–31.
6. Manduca a, Oliphant TE, Dresner Ma, et al. Magnetic resonance elastography: non-invasive mapping of tissue elasticity. *Med Image Anal.* 2001;5(4):237–54.
7. Streitberger KJ, Guo J, Tzschätzsch H, et al. High-resolution mechanical imaging of the kidney. *J Biomech.* 2014;47(3):639–44.

Combined Background Field Removal and Reconstruction for Quantitative Susceptibility Mapping

Maximilian März¹, Lars Ruthotto²

¹Berlin Mathematical School, Technische Universität Berlin,

²Dept. of Mathematics and Computer Science, Emory University, Atlanta, GA, USA
maerz@math.tu-berlin.de

Abstract. Quantitative Susceptibility Mapping (QSM) is an emerging Magnetic Resonance Imaging (MRI) technique that provides in-vivo measurements of the magnetic susceptibility of, e.g., brain tissue. In practice, QSM requires solving a series of challenging inverse problem. Here, we will address two important steps, the removal of the background field, which is caused by sources outside the Region of Interest (ROI), and secondly, the reconstruction of dipole sources. In the recent past both problems have received attention, however, despite a large interdependence, each of it has been treated separately. We propose a new method that makes use of synergy effects by combining both steps. We demonstrate with numerical experiments that a combined treatment provides a better reconstruction of dipole sources close to the boundary of the ROI.

1 Introduction

Magnetic susceptibility is a material dependent quantity that can be used to infer subtle changes of material properties, e.g., disease related changes in concentration of iron or changes of the blood oxygen level related to brain activity. Due to this potential, QSM is used increasingly as a biomarker, e.g., in the neuroscience to detect brain activity or neurological disorders such as Alzheimer's or Parkinson's disease; see [1].

QSM requires solving an inverse problem, since the magnetic susceptibility of tissue cannot be measured directly using MRI. However, varying magnetic susceptibilities of an object cause measurable inhomogeneities of the magnetic field when the object is placed into the strong and homogeneous magnetic field of the MRI device. The field inhomogeneity can be extracted from measured MRI phase data. It is important to note that the magnetic field inhomogeneity is affected both by sources inside the region of interest, the so-called *local field*, but also by sources outside the region of interest, the *background field*.

Removing the background field is an essential task in practical applications of QSM. Most commonly, QSM is performed to estimate the magnetic susceptibility in a region of interest, e.g., the human brain. Therefore, variations in the magnetic field due to sources outside the brain (mainly air cavities and air-tissue

interfaces [2]) need to be removed from the data. This process, in the following referred to as background field removal is typically performed prior to the field to susceptibility inversion. Clearly, both parts are interrelated, however, to the best of our knowledge they have not been addressed in a combined approach.

Most approaches for background field removal exploit the fact that the background field is harmonic inside the brain, i.e., it satisfies Poisson’s equation. Based on this observation various different methods have been proposed [3, 4, 2]. Our technique is closely related to [2], where the background field is calculated by solving Poisson’s equation inside the brain using Dirichlet boundary conditions extracted from the phase data. While this is a very effective approach (see comparison to other methods in [2]), extracting the boundary conditions may be prone to error in applications in which there is no reliable MRI signal in the background. This is, e.g., an issue at the boundary of the brain, where the local and the background field have significant overlap. Our method aims to overcome this drawback by estimating the boundary conditions directly from the data.

Dipole inversion, which is the process of estimating the magnetic susceptibility from a given field inhomogeneity, is known to be a challenging and ill-posed inverse problem [5]. The forward operator in QSM is rank deficient and therefore no unique solution exists, unless multiple acquisitions are performed with the patient being re-oriented with respect to the scanner [6]. Also, the inversion is highly sensitive to noise in the data and so the inverse problem requires both careful treatment of the rank deficiency and regularization. Our in-house dipole inversion is closely related to [7], in which total variation regularization with a gradient masking obtained from a structural image is proposed.

This paper presents a novel background field removal approach and a numerical method for jointly estimating the background field and reconstructing magnetic susceptibility. Using numerical phantom experiments, we show that our background field removal preserves more signal caused by dipole sources close to the boundary compared to established methods [7]. We also show that the joint approach provides superior reconstruction quality in these cases.

2 Materials and methods

This section provides a mathematical formulation of the proposed background field removal technique and a framework for joint background field removal and dipole inversion. We also briefly discuss the numerical implementation of the method and the experiments performed to show the potential of both methods.

2.1 Estimating the background field

Let $\Omega \subset \mathbb{R}^3$ be the region occupied by the tissue of interest, e.g., the brain. We assume that the main magnetic field is aligned with the x_3 -axis and that the x_3 -component of the total magnetic field, $f_T : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$, is given as the sum of the x_3 -components of the background field, f_B , and the local field f_L . As described,

e.g., in [2] the background field is harmonic inside Ω , i.e., it satisfies

$$\Delta f_B(x) = 0 \quad \text{for } x \in \Omega \quad \text{and} \quad f_B(x) = b(x) \quad \text{for } x \in \partial\Omega \quad (1)$$

where $b : \partial\Omega \rightarrow \mathbb{R}$ denotes boundary values that are in general unknown.

The discretized background field \mathbf{f}_B then satisfies the linear system

$$\mathbf{A}_{\text{in}} \mathbf{f}_B = -\mathbf{A}_{\text{bc}} \mathbf{b} \quad (2)$$

where \mathbf{A}_{in} is a finite difference discretization of Poisson's equation inside Ω and $\mathbf{A}_{\text{bc}} \mathbf{b}$ corresponds to the boundary conditions.

Given discrete measurements of the total field \mathbf{f}_T , our background field removal method estimates the boundary conditions by solving the regularized least-squares problem

$$\min_{\mathbf{b}} \left\{ \frac{1}{2} \left\| -\mathbf{A}_{\text{in}}^{-1} \mathbf{A}_{\text{bc}} \mathbf{b} - \mathbf{f}_T \right\|_{\mathbf{M}}^2 + \frac{\beta}{2} \left\| \mathbf{b} - \mathbf{b}_{\text{ref}} \right\|^2 \right\} \quad (3)$$

where \mathbf{b}_{ref} can be used to encode prior knowledge on the expected solution. Further, the diagonal weighting matrix \mathbf{M} incorporates noise information [7]. The regularization parameter $\beta > 0$ is automatically estimated using a hybrid method based on generalized cross validation (GCV) [8] and the linear system (2) is solved approximately using a conjugate gradient (PCG) method with incomplete Cholesky preconditioner.

2.2 Combined background field removal and dipole inversion

The tasks of background field removal and dipole inversion based on the local field are clearly inter-dependent. Therefore, we suggest a combined treatment

$$\min_{\mathbf{x}, \mathbf{b}} \left\{ \frac{1}{2} \left\| \mathbf{F} \text{diag}(\mathbf{d}) \mathbf{F}^* \mathbf{x} - \mathbf{A}_{\text{in}}^{-1} \mathbf{A}_{\text{bc}} \mathbf{b} - \mathbf{f}_T \right\|_{\mathbf{M}}^2 + \alpha \left\| \mathbf{W} \mathbf{G} \mathbf{x} \right\|_1 + \frac{\beta}{2} \left\| \mathbf{b} - \mathbf{b}_{\text{ref}} \right\|^2 \right\} \quad (4)$$

where \mathbf{F} is the unitary three-dimensional discrete Fourier transform (DFT) and \mathbf{d} the dipole kernel; see [9]. The matrix \mathbf{G} is a discrete image gradient and the diagonal matrix \mathbf{W} has binary entries and is used to introduce edge information from anatomical images; see [7]. The regularization parameter α balances minimizing the misfit and the total variation regularizer and needs to be selected by the user. The parameter β is tuned automatically as before.

The non-smooth optimization problem (4) is approximately solved using the Split-Bregman method [10] with LSQR [8] as a least-squares solver.

2.3 Numerical phantom study

As in [2], we consider a numerical phantom to demonstrate the effectiveness of the proposed background field removal technique and of the joint reconstruction framework. Test data are obtained by varying the position of a unit dipole in

a brain mask on a regularly spaced grid. The matrix size in this experiment is $128 \times 128 \times 56$ and the brain mask is obtained from the MEDI package [7]. For each unit dipole χ in a given position, the caused local field \mathbf{f}_L is calculated using an explicit formula ([2]). In all experiments, 10% Gaussian white noise was then added and the result was used as input for the total field \mathbf{f}_T .

Note that there is no background field in this experiment and thus, the ideal background field removal should return the total field \mathbf{f}_T as an estimation of the local field \mathbf{f}_L . In the first experiment, we vary the location of the dipole for all brain points within an arbitrarily chosen slice and compare LBV and the proposed method described in Section 2.1. A total of around 4,500 experiments is performed. In the second experiment, we vary the dipole sources on a horizontal line within this slice and compare the susceptibility reconstruction of LBV [2] and MEDI [7] with our combined method. As an error measure we use

$$\text{RE}(\hat{\mathbf{f}}_L) = \frac{\|\hat{\mathbf{f}}_L - \mathbf{f}_L\|_2}{\|\mathbf{f}_L\|_2}, \quad \text{and respectively} \quad \text{RE}(\hat{\chi}) = \frac{\|\hat{\chi} - \chi\|_2}{\|\chi\|_2} \quad (5)$$

where $\hat{\mathbf{f}}_L$ is the estimated local field and $\hat{\chi}$ the estimated susceptibility.

Finally, we compare results of our joint inversion to results from MEDI for a dipole source placed close to the boundary. The regularization parameter α in (4) was manually chosen and a comparable value was used for MEDI. All experiments were carried out using MATLAB[®] on a standard workstation with (16 GB RAM, Intel i5 with 4x3.3 Ghz).

3 Results

Relative errors of background field removal techniques applied to the unit dipoles are shown exemplarily for one slice in Fig. 1. Each intensity value corresponds to the relative error of the background field removal for a unit dipole placed in this voxel. The colormap is scaled equally in both plots to simplify comparison between LBV [2] and the proposed method described in Eq. (3). As to be expected, larger errors are observed for dipole sources placed close to the boundary of the mask, however, the error is considerably smaller for the proposed method. Estimating the background field using (3) required at most 30 iterations of LSQR

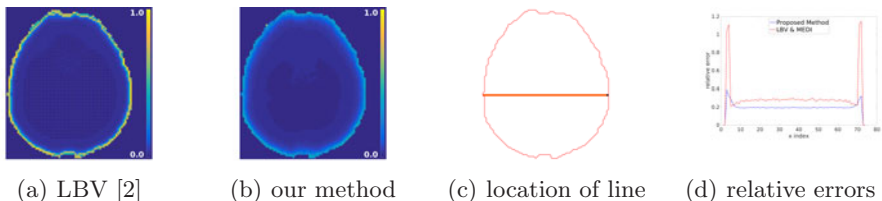


Fig. 1. Left: Relative errors of background field removal algorithms for unit dipoles placed at different locations within the brain. Right: Relative errors of our proposed joint method (blue curve) and for the results of applying LBV [2] and MEDI [7] (red curve) for unit dipoles placed on a horizontal line within the brain.

Table 1. Reconstruction results for a unit dipole placed close to the boundary of the brain mask (represented by red contour lines). Zoomed plots for a small region of interest (depicted as blue rectangle in first plot) are provided. The colormaps are equal for ground truth background field (equal to zero), local field, and unit dipole.

	Ground truth	LBV+MEDI	Proposed method (4)	
			Iteration 1	Final iteration
Background				
Local field				
RE		97.6%	35.4%	32.3%
Reconstruction				
RE		100 %	57.4%	46.0%

and so 60 solutions to the PDE (2) whereas the method in [2] requires only one solution. However, iterative methods can be used and efficient preconditioners for Poisson's equation exist.

In Fig. 1, we furthermore compare reconstruction results of LBV [2] and MEDI [7] with our proposed joined method, for dipole source placed on a horizontal line inside the brain mask. The location of the randomly chosen line and the relative errors of each method are displayed.

Tab. 1 shows reconstruction results for a dipole placed close to the boundary. The second column shows the results obtained by applying LBV [2] and MEDI [7]. It can be seen that a considerably part of the total field is falsely interpreted as background field and therefore ignored in the QSM reconstruction. Therefore, the strength of the dipole is estimated at 0.0357 instead of 1. The third column shows results obtained in the first iteration of the joint method. Note that less signal is estimated as background field and so the signal of the reconstructed dipole is stronger (maximum is around 0.54). After 5 iterations of the combined reconstruction method, the reconstructed susceptibility and background field is visually almost identical to the ground truth (maximum around 0.7). While yielding superior results, the proposed method is computationally more expensive (avg. computation times are 220 sec vs 80 sec for LBV+MEDI).