

3D-Invarianten zur automatischen Pollenerkennung

Olaf Ronneberger

Lehrstuhl für Mustererkennung und Bildverarbeitung
Institut für Informatik
Albert-Ludwigs-Universität Freiburg
Georges-Koehler-Allee Geb. 052; 79110 Freiburg
ronneber@informatik.uni-freiburg.de

Abstract: In der gleichnamigen Dissertation [Ron07] wird die Entwicklung von 3D Invarianten zur Erkennung von biologischen Strukturen beschrieben. Diese Invarianten wurden mit Hilfe eines Schemas entwickelt, das ursprünglich von H. Schulz-Mirbach [SM95] ausgearbeitet wurde und auf der Haar-Integration beruht. Die benötigten Invarianzeigenschaften werden dabei durch die Integration über die entsprechende Transformationsgruppe wie z.B. Rotation und Translation erreicht. Verschiedene Erweiterungen des Haar-Integrations-Schemas werden beschrieben, die für die Anwendung auf 3D Volumendaten biologischer Strukturen benötigt werden. Die wichtigste Erweiterung ist dabei die Einführung eines Deformationsmodells, so dass die resultierenden Merkmale robust gegenüber elastischen Deformationen der betrachteten Strukturen werden, ohne aber feine relevante Strukturen zu unterdrücken. Ein weiterer wichtiger Aspekt ist die erreichte Robustheit gegenüber nicht-linearen Grauwert-Transformationen, die gewisse Veränderungen der Aufnahmebedingungen zwischen den Aufnahmen der Trainings- und der Test-Objekte erlaubt. Die beschriebenen Verfahren wurden erfolgreich für die Erkennung von Pollen eingesetzt. Dabei wurden sowohl auf reinen Laborproben als auch auf einem „Real-World“-Datensatz von dem ersten Prototypen eines vollautomatischen Pollenmonitors Ergebnisse erzielt, die weit über dem internationalen Stand der Technik liegen.

1 Motivation

In der bio-medizinischen Forschung ist eine klare Tendenz erkennbar, die weg von der klassischen 2D Analyse einzelner flacher Zellen in einer synthetischen zweidimensionalen Umgebung hin zur Untersuchung von Zellen und ganzen Organismen in ihrer natürlichen dreidimensionalen Umgebung geht. Außerdem wächst der Bedarf an Experimenten, die an einer großen Zahl gleicher Systeme durchgeführt werden („High-Throughput“ Experimente), um z.B. Daten für statistische Aussagen zu gewinnen. Die apparative Ausstattung zur Aufnahme großer Mengen dreidimensionaler Volumendaten ist heutzutage in vielen Forschungslaboratorien verfügbar, aber die Auswertung dieser Daten erfolgt immer noch manuell. Diese zeitaufwändige Auswertung ist inzwischen der Haupt-Engpass in vielen derartigen Anwendungen.

Eine sehr anspruchsvolle Anwendung, bei der viele der Anforderungen erfüllt werden müssen, die unter anderem in der bio-medizinischen Forschung auftreten, ist die Erkennung von luftgetragenen Pollen. Für die Pollenflugvorhersagen des Deutschen Wetterdienstes ist eine möglichst genaue und zeitnahe Messung der aktuellen Konzentration von allergenen Pollen in der Luft erforderlich. Zur Zeit werden diese Rohdaten noch durch eine sehr zeit- und personalaufwändige manuelle Auswertung von Luftstaubproben unter dem Mikroskop gewonnen. Darüberhinaus kommen die Daten mit ein bis zwei Tagen Verspätung. Mit einem vollautomatischen Pollenmonitor könnten diese Daten in Echtzeit und mit einer bekannten reproduzierbaren Qualität bereitgestellt werden, wodurch zum einen aktuelle Messwerte im Internet bereitgestellt werden könnten und zum anderen die Präzision der Pollenflugvorhersagen deutlich verbessert werden könnte. Pollen-Allergiker (immerhin ca. 15-20% der Bevölkerung) könnten dann die Medikamente sparsamer und gezielter einsetzen, Gebiete mit hohen Pollenkonzentration meiden, und sich zu den Tageszeiten mit den höchsten Pollenkonzentrationen in geschlossenen Räumen aufhalten.



Abbildung 1: Prototyp des Pollenmonitors im Messfeld des Deutschen Wetterdienstes in Freiburg.

Neben dem direkten praktischen Bedarf an einer solchen Mustererkennungslösung, wird hier auch ein breiter Bereich an aktuellen grundlegenden Fragestellungen abgedeckt. Außer den sechs stark allergenen Pollentaxa (Hasel, Erle, Birke, Gräser, Roggen, Beifuß) befinden sich noch etliche andere Pollenarten in der Luft, die ebenfalls zuverlässig erkannt (oder zumindest zuverlässig zurückgewiesen) werden müssen. Die große Anzahl von verschiedenen Pollen der verschiedenen Pflanzen enthalten sehr unterschiedliche Typen von Strukturen, die identifiziert werden müssen. Für einen Teil dieser Strukturen können klare eins-zu-eins Korrespondenzen gefunden werden, während für einen anderen Teil der Strukturen nur die statistischen Eigenschaften übereinstimmen.

2 Die verwendeten Labor- und „Real-World“-Datensätze

In der Pollen-Erkennung (so wie in vielen anderen Anwendungen) sollte man zwischen solchen Ergebnissen unterscheiden, die in einer sauberen, gut kontrollierbaren Labor-Umgebung erreicht werden können, und solchen Ergebnissen, die in einer realen Routineanwendung erreicht werden. In der Dissertation werden zwei repräsentative Datensätze für diese beiden Szenarien verwendet. Der erste (hier als „Konfokal-Datensatz“ bezeichnet) ist ein typischer Labor-Datensatz: Die Pollen wurden direkt von den entsprechenden Pflanzen gesammelt und sorgfältig auf einem Objektträger pro Taxon präpariert. Von jedem Pollenkorn wurde manuell ein 3D Volumendatensatz mit einem konfokalen Laser-Scannig-Mikroskop aufgenommen (Siehe Abb. 2). Aufgrund der hohen laufenden Kosten eines solchen Systems und der zeitaufwändigen Aufnahme wurde nur ein relativ kleiner Datensatz mit 389 Pollen von 26 verschiedenen Taxa (15 Pollen pro Taxon) erzeugt. Dieses Vorge-

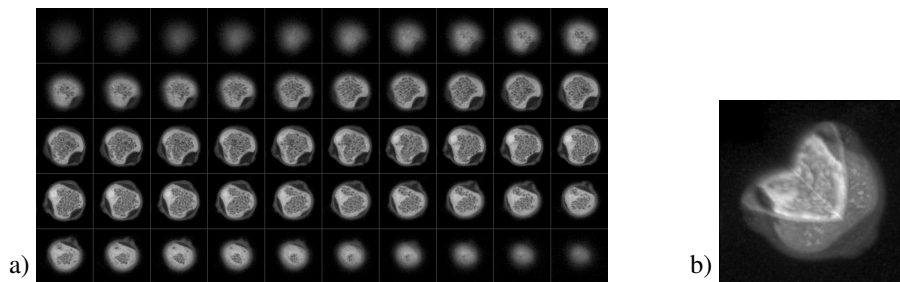


Abbildung 2: Labordatensatz: 3D Volumendatensatz eines Birken-Pollen, aufgenommen mit einem konfokalen Laser-Scanning Mikroskop (Durchmesser des Pollen ca. $20\mu\text{m}$). a) Darstellung der einzelnen Ebenen. b) 3D Volumen-Rendering des Datensatzes. Zur Visualisierung der inneren Strukturen wurde ein Teil herausgeschnitten

hen garantiert ohne Ausnahme die korrekte Zuordnung der Pollen zu der entsprechenden Pflanzenart und die geringst mögliche Verfälschung der Aufnahmen durch optische Effekte. Andererseits werden in diesem Datensatz nicht alle möglichen Variationen innerhalb eines Taxons abgedeckt. Dies betrifft vor allem Variationen aufgrund von verschiedenen Genera, Arten oder Unterarten innerhalb des Taxons, oder aufgrund von verschiedenen Wachstumsbedingungen der Pflanzen. Desweiteren enthält dieser Datensatz keine deformierten, kontaminierten oder agglomerierten Pollen, sowie keine Pollen in verschiedenen Zersetzungs-Zuständen und vor allem nicht die enorme Anzahl anderer Partikel, die in echten Luftstaubproben auftreten.

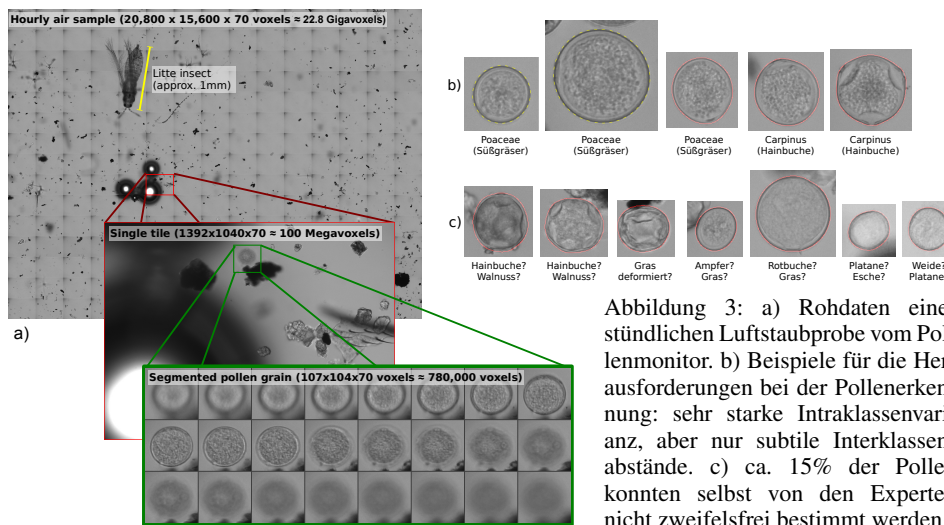


Abbildung 3: a) Rohdaten einer stündlichen Luftstaubprobe vom Pollenmonitor. b) Beispiele für die Herausforderungen bei der Pollenerkennung: sehr starke Intraklassenvarianz, aber nur subtile Interklassenabstände. c) ca. 15% der Pollen konnten selbst von den Experten nicht zweifelsfrei bestimmt werden

Der zweite Datensatz (hier als „Pollenmonitor Datensatz“ bezeichnet) ist ein typischer „Real-World“-Datensatz. Die Proben wurden in der Pollensaison 2006 vollautomatisch mit dem ersten Prototypen des Pollenmonitors (Abb. 1) gesammelt, präpariert und aufgenommen an den Standorten Freiburg und Zürich. Dieser Datensatz enthält insgesamt ca.

22.750 Pollen aus 33 Taxa und etwa 170.000 andere rundliche luftgetragene Partikel. Jede der aufgenommenen Luftstaubproben wurde innerhalb einer Stunde gesammelt. Die ausgewertete Fläche enthält die Partikel von $2,33\text{m}^3$ Luft (Abb. 3a). Um die Pollen zweifelsfrei zu identifizieren, wird eine optische Auflösung im Submikrometerbereich benötigt. Der 3D-Datensatz einer Stundenprobe ist dementsprechend mit ca. 22,8 Gigavoxel sehr groß. Da eine Stundenprobe idealerweise auch innerhalb einer Stunde ausgewertet werden sollte, können hier nur solche Algorithmen eingesetzt werden, die ein entsprechendes Laufzeitverhalten aufweisen.

Die auftretenden Herausforderungen bei der Pollenerkennung sind in Abb. 3b und c dargestellt. Die Intra-Klassenvarianz innerhalb eines Taxons ist extrem groß wobei die Inter-Klassenabstände zum Teil nur sehr subtil ausfallen. In einer einfachen 2D Ansicht können die Pollen zum Teil gar nicht unterschieden werden. Selbst wenn die komplette 3D Information vorliegt (die Experten fokussieren die verschiedenen Ebenen des Pollen, der Computer nimmt einen kompletten Bildstapel auf) konnten ca. 15% der Pollen von den Experten aufgrund von Deformationen und Kontaminationen nicht zweifelsfrei bestimmt werden.

3 Detektion und Segmentierung

Die Detektion der Pollen in den aufgenommenen volumetrischen Datensätzen erfolgt mit vektoriiellen voxelweisen Invarianten (hier als MiSP-Detektor für „Microscopical Spherical Particles“ bezeichnet). Für die nachfolgende Segmentierung der detektierten Partikel werden angepasste Standardverfahren eingesetzt: Eine graphcut basierte Segmentierung für den Konfokal-Datensatz und eine Kombination aus einem modifizierten Canny-Edge-Detektor, einer modellbasierten Gewichtung der gefundenen Kanten und einem Snake-Ansatz für den Pollenmonitor-Datensatz.

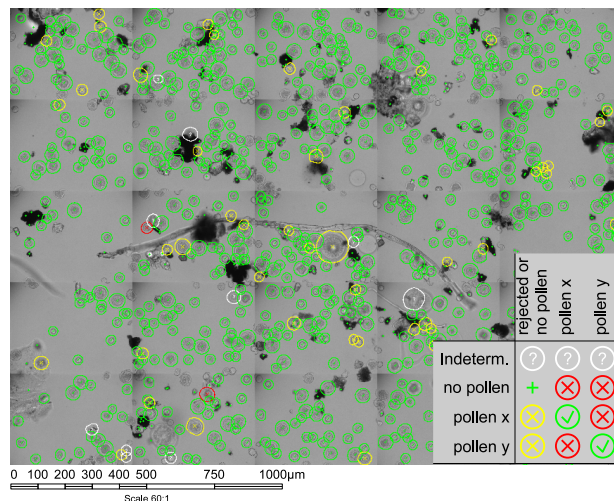


Abbildung 4: Detektion, Segmentierung und Erkennungsergebnisse auf einer Luftstaubprobe mit hoher Belegungsdichte (aufgenommen am 20. April 2006, 20.00 Uhr in Freiburg)

4 3D MiSP-Invarianten

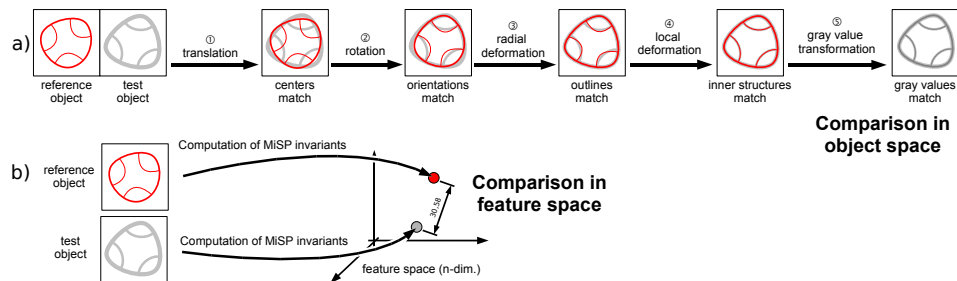


Abbildung 5: a) Hypothetische elastische Registrierung zur Durchführung des Vergleiches im Objektraum. b) Mit den MiSP-Invarianten kann die Ähnlichkeit zweier 3D Objekte unter einer elastischen Registrierung approximativ berechnet werden, ohne dass die aufwändige Registrierung tatsächlich durchgeführt werden muss.

Für einen aussagekräftigen Vergleich von zwei Objekten müssen die korrespondierenden Strukturen miteinander verglichen werden. Ein Ansatz, der vor allem bei medizinischen 3D Daten sehr weit verbreitet ist, ist eine elastische Registrierung. Dabei wird das Referenzobjekt so weit verschoben, gedreht und deformiert, bis es bestmöglich auf das Testobjekt passt (siehe Abb. 5a). Anschließend können die beiden Datensätze im Objektraum verglichen werden. Das Ähnlichkeitsmaß kann dabei aus der benötigten Deformation und den voxelweisen Unterschieden berechnet werden. Solche Registrierungsverfahren sind nicht nur extrem rechenaufwändig sondern typischerweise auch sehr empfindlich gegenüber den Startparametern. Wenn sich die Startparameter nicht bereits in der Nähe der globalen Optimums befinden, kann es leicht passieren, dass das Verfahren zu einem Nebenmaximum konvergiert. Darüberhinaus muss für eine Objekt-Klassifikation mit starken Intra-Klassenvarianzen (wie in der vorliegenden Anwendung) jedes unbekannte Objekt mit einer großen Anzahl von Referenz-Objekten verglichen werden. Bei der Online-Pollenerkennung müssen zudem mehrere tausend Partikel einer Stundenprobe innerhalb einer Stunde klassifiziert werden, so dass pro Objekt nur wenige Sekunden zur Verfügung stehen.

Daher wurde hier dieses Ähnlichkeitsmaß durch einen invariantenbasierten Ansatz approximiert (Abb. 5b). Da diese Invarianten für mikroskopische kugelförmige Partikel entwickelt wurden, werden sie hier als MiSP-Invarianten („Microscopical Spherical Particles“) bezeichnet. Anstelle der elastischen Registrierung werden in geeigneter Weise sowohl von dem Referenzobjekt als auch von dem Testobjekt Invarianten extrahiert, so dass jedes Objekt durch einen einzelnen Punkt in einem sehr hochdimensionalen Merkmalsraum repräsentiert wird. Der Abstand zwischen diesen Punkten approximiert dann das oben genannte Ähnlichkeitsmaß.

Die zentrale Problemstellung ist also, die Berechnungsvorschriften für diese Invarianten so zu entwickeln, dass die resultierenden Punkte im Merkmalsraum die intrinsische Struktur der Objekte beschreiben, ohne jedoch von den unwichtigen Parametern (wie z.B.: der aktuellen Orientierung oder der Deformation des Objektes) beeinflusst zu werden.

Darüberhinaus dürfen kleine Veränderungen in der Struktur des Objekts nur zu kleinen Verschiebungen des Punktes im Merkmalsraum führen.

Ein Schema zur Konstruktion von Invarianten basierend auf der einer Haar-Integration über die entsprechenden Transformationsgruppen wurde bereits 1995 von H. Schulz-Mirbach [SM95] vorgestellt:

$$T[f](X) := \int_G f(gX) dg \quad (1)$$

G : Transformationsgruppe

g : Ein Element der Transformationsgruppe

f : Kernfunktion

X : Bild oder Volumendatensatz

gX : transformiertes Bild oder Volumendatensatz

dg : (normiertes) Haar-Maß

Auf dieser Grundlage wurden in der vorliegenden Dissertation die MiSP-Invarianten entwickelt. Wesentliche neue Beiträge waren dabei die Erweiterung auf neue Transformationsgruppen (wie z.B. Deformationen), die in dem klassischen Ansatz zu unendlichen Integralen führen. Erreicht wurde dies durch eine implizite Begrenzung der Integrale mittels zusätzlicher synthetischer Bildkanäle und speziell angepasster Kernfunktionen, bzw. durch eine wahrscheinlichkeitbasierte Gewichtung der Beiträge im Integral. Zweites erzeugt dann zwar keine Invarianz aber eine Robustheit gegenüber der entsprechenden Transformationsgruppe. Über die synthetischen Bildkanäle kann außerdem sehr elegant Vorwissen über die Objekte, sowie die Ergebnisse der vorherigen Segmentierung in das Framework eingebracht werden. Desweiteren wurden parameterisierte Kernfunktionen eingeführt, die die simultane Berechnung einer sehr großen Anzahl von Invarianten erlauben. Alle erzeugten Invarianten weisen dann dieselben Invarianz- und Robustheits-Eigenschaften auf.

Die einzelnen Schritte zur Konstruktion der MiSP-Invarianten für die Pollenerkennung sind im folgenden kurz zusammengefasst:

- Invarianz/Robustheit gegenüber Grauwerttransformationen durch Extraktion von lokalen Merkmalen (hier die Aufteilung des Signals in Gradientenrichtung und Gradientenbetrag).
- Rekombination dieser lokalen Merkmale zu globalen Invarianten durch eine parameterisierte Kernfunktion
- Invarianz gegenüber Translation durch Normierung mit dem Schwerpunkt der Segmentierungsmaske
- Invarianz gegenüber Rotationen durch Haar-Integration über die Rotationsgruppe
- Invarianz gegenüber globalen (radialen) Deformationen durch die Integration über die Gruppe der radialen Translationen. Implizite Begrenzung des Integrals mittels eines synthetischen Kanals der die Segmentierungsgrenzen enthält
- Robustheit gegenüber lokalen beliebigen Deformationen durch wahrscheinlichkeitbasierte Haar-Integration über die Gruppe aller beliebigen Deformationen.

Die resultierende Kernfunktion sieht folgendermaßen aus:

$$k_1[\mathbf{p}](S, X) = S(\mathbf{a}_1) \cdot \|\nabla X\|(\mathbf{b}_1) \cdot \delta\left(c_1 - \frac{\mathbf{a}_1}{\|\mathbf{a}_1\|} \cdot \frac{\nabla X}{\|\nabla X\|}(\mathbf{b}_1)\right) \cdot S(\mathbf{a}_2) \cdot \|\nabla X\|(\mathbf{b}_2) \cdot \delta\left(c_2 - \frac{\mathbf{a}_2}{\|\mathbf{a}_2\|} \cdot \frac{\nabla X}{\|\nabla X\|}(\mathbf{b}_2)\right) \quad (2)$$

Dabei bezeichnet \mathbf{p} einen niedrigdimensionalen Parametervektor, der die Kernpunktpositionen $\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_2, \mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2$ und die Richtungsparameter c_1 und c_2 bestimmt. X bezeichnet den originalen Bildkanal und S den synthetischen Bildkanal mit den Segmentierungsgrenzen. δ bezeichnet die Dirac'sche Deltafunktion. Integriert man diese Kernfunktion über die oben beschriebenen Transformationsgruppen so erhält man

$$T[\mathbf{p}] = \int_{G_{\mathbf{R}}} \int_{\mathbb{R}^3} \|\nabla_{\mathbf{x}'} X\|(\mathbf{b}'_1(\mathbf{R}, \mathbf{r}_1)) \cdot \delta\left(c_1 - \frac{\mathbf{a}_1}{\|\mathbf{a}_1\|} \cdot \frac{\nabla_{\mathbf{x}'} X}{\|\nabla_{\mathbf{x}'} X\|}(\mathbf{b}'_1(\mathbf{R}, \mathbf{r}_1))\right) p_d(\mathbf{r}_1; \|\mathbf{q}_1\|) d\mathbf{r}_1 \cdot \int_{\mathbb{R}^3} \|\nabla_{\mathbf{x}'} X\|(\mathbf{b}'_2(\mathbf{R}, \mathbf{r}_2)) \cdot \delta\left(c_2 - \frac{\mathbf{a}_2}{\|\mathbf{a}_2\|} \cdot \frac{\nabla_{\mathbf{x}'} X}{\|\nabla_{\mathbf{x}'} X\|}(\mathbf{b}'_2(\mathbf{R}, \mathbf{r}_2))\right) p_d(\mathbf{r}_2; \|\mathbf{q}_2\|) d\mathbf{r}_2 d\mathbf{R} \quad (3)$$

Hier bezeichnet $G_{\mathbf{R}}$ die Transformationsgruppe der Rotationen, \mathbf{R} ein Element dieser Gruppe (eine Rotationsmatrix). $\nabla_{\mathbf{x}'}$ ist der Gradientenoperator in dem transformierten Koordinatensystem. $\mathbf{b}'_i(\mathbf{R}, \mathbf{r}_i)$ sind die transformierten Kernpunktpositionen. $p_d(\mathbf{r}_i; \|\mathbf{q}_i\|)$ beschreibt die Wahrscheinlichkeit für den Versatz des Kernpunktes \mathbf{b}_i um \mathbf{r}_i bei gegebenem Abstand $\|\mathbf{q}_i\|$ zur Segmentierungsgrenze, wobei $\mathbf{q}_i := \mathbf{b}_i - \mathbf{a}_i$.

Ein Beispiel dieser Kernfunktion und der transformierten Kernfunktion ist in Abb. 6 dargestellt.

Eine Interpretation dessen, was die Invarianten von dem Datensatz für gegebene Kernparameter abtasten ist in Abb. 7 dargestellt.

Für die eigentliche Berechnung der Integrale wurden schnelle approximative Verfahren entwickelt, die auf einer Entwicklung der Funktionen in Kugelflächenfunktionen (bzw. Fourierreihen bei 2D Rotationen) basieren.

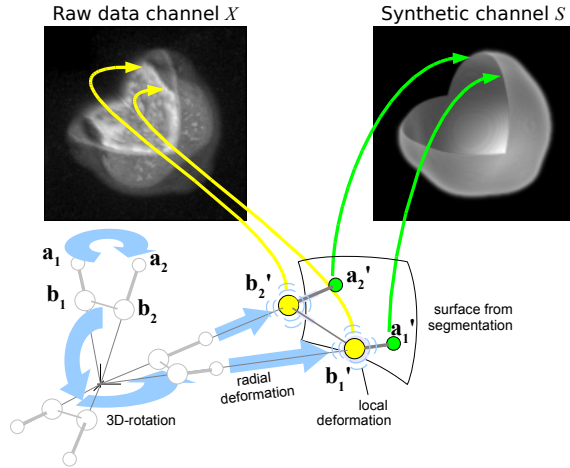


Abbildung 6: Kernfunktion und transformierte Kernfunktion zur Berechnung der MiSP-Invarianten

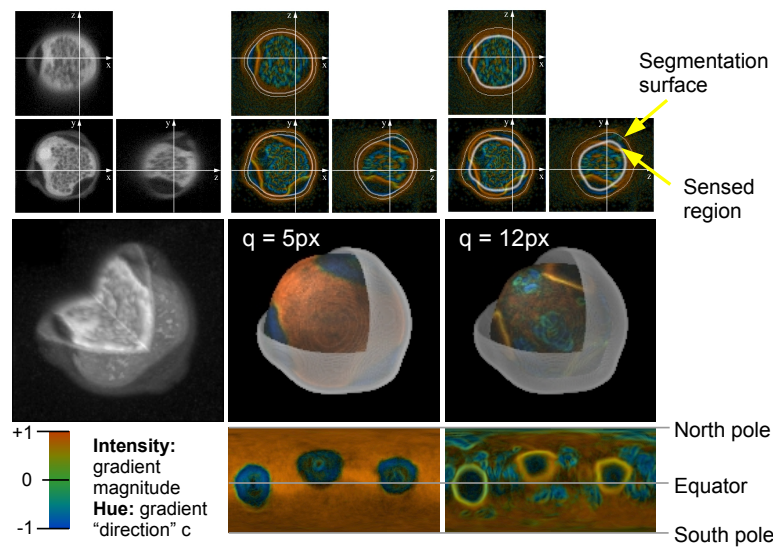


Abbildung 7: Interpretation der MiSP-Invarianten: Abhängig von den gewählten Parametern (hier $q = 5\text{px}$ und $q = 12\text{px}$ tasten die Invarianten die Volumedaten in einem bestimmten Abstand zur Segmentierungsoberfläche ab. Die abgetastete Region ist unten in Kugelkoordinaten dargestellt.

5 Klassifikation

Für die Klassifikation der Objekte werden Support-Vektor-Maschinen eingesetzt. Für die Verarbeitung der sehr hoch-dimensionalen Merkmalsvektoren (z.B. 87.296 Dimensionen beim Pollenmonitor Datensatz) wurde eine eigene hochoptimierte Bibliothek „libsvm“ („support vector machine template library“) entwickelt, die auf der Homepage des Autors¹ als OpenSource zur Verfügung steht. Gegenüber der Original-Bibliothek „libsvm“ [CL01] auf der sie basiert, konnten durch verbesserte Caching-Algorithmen, die Auslagerung von wesentlichen Klassen in C++-templates (was dann die einfache Integration von speziell optimierten Kernfunktionen und Merkmalsvektor-Klassen ermöglichte) und „template-meta-programming“ insbesondere bei Kreuz-Validierungen und „grid-search“-Experimenten (zur Bestimmung der optimalen SVM- und Kernparameter) Beschleunigungen um einen Faktor 100 und mehr erreicht werden.

6 Ergebnisse

Die erreichte Erkennungsrate auf dem Konfokal-Datensatz (389 Pollen aus 26 Taxa) ist sehr hoch. In einer „leave-one-out validation“ mit einem einfachen 1-nächster-Nachbar Klassifikator wurden nur drei Pollenkörner falsch klassifiziert (99.2% Erkennungsrate).

¹<http://lmb.informatik.uni-freiburg.de/people/ronneber>

Beim Einsatz einer Support-Vektor-Maschine sinkt diese Zahl auf 2 falsch klassifizierte Pollenkörner (99.5% Erkennungsrate), wobei diese zwar einem anderen Genus zugewiesen wurden, der aber zur selben Familie gehört. Die besten Erkennungsraten mit anderen Ansätzen auf typischen Labor-Datensätzen liegen bei 89% bei einem Datensatz mit 3.800 Pollen aus 19 Taxa [AHM⁺06] oder 70% bei einem Datensatz mit 16.220 Pollen aus 80 Taxa [Jon00].

Für die Bewertung der Ergebnisse auf dem Pollenmonitor-Datensatz ist ein anderes statisches Maß als die einfache Erkennungsrate sinnvoll. Pollenproben aus der Umgebungsluft enthalten eine sehr hohe Anzahl von anderen luftgetragenen Partikeln die von dem Erkennungssystem korrekt zurückgewiesen werden müssen. In diesem Fall ist die Präzision (Anteil der korrekt klassifizierten Pollen innerhalb aller Objekte, die als Pollen klassifiziert wurden) das wichtigste statistische Maß. Die Validierung des Systems auf dem Pollenmonitor-Datensatz (22.750 Pollen aus 33 Taxa + etwa 170.000 Staubpartikel) wurde durch eine Aufteilung in einen Trainings-Datensatz und einen Test-Datensatz durchgeführt. Der Trainings-Datensatz enthält nur Proben aus Freiburg, während der Test-Datensatz Proben aus Freiburg und aus Zürich enthält. Die erreichte Präzision bei der Betrachtung aller 33 Taxa ist 96.7% bei einer Erkennungsrate von 84.3%. Die Ergebnisse für die 5 hoch-allergenen Pollenarten (die für die Pollenflugvorhersagen relevant sind) liegen noch leicht darüber. Dort konnte eine Präzision von 98.5% bei einer Erkennungsrate von 86.5% erreicht werden.

Die besten Ergebnisse, die mit anderen Ansätzen auf einem „Real-World“-Datensatz (3104 Pollen aus 8 taxa + etwa 30.000 Staubpartikel) erreicht wurden, liegen bei 30% Präzision bei einer Erkennungsrate von 64.9% [RTH⁺07]. Die Ergebnisse sind in Tabelle 1 zusammengefasst.

Tabelle 1: Ergebnisse der Pollenerkennung im internationalen Vergleich auf ähnlichen Datensätzen

Datensatz	MiSP-Invarianten	bestes Ergebnis in der Literatur
Labordatensatz (Erkennungsrate):	99.2%	89% [AHM ⁺ 06]
„Real-World“-Datensatz: (Präzision / Erkennungsrate)	96.7% / 84.3%	30% / 64.9% [RTH ⁺ 07]

7 Zusammenfassung und Ausblick

Die erzielten Ergebnisse mit den vorgeschlagenen MiSP-Invarianten sind signifikant besser als der Stand der Technik. Darüber hinaus konnte demonstriert werden, dass diese Techniken nicht nur auf kleinen Labor-Datensätzen sondern auch auf sehr großen „Real-World“-Datensätzen sehr gute Ergebnisse liefern. Insbesondere die erreichte Robustheit gegenüber elastischen Deformationen und der 3D Ansatz scheinen eine wesentliche Vor-

aussetzung für die verlässliche Erkennung von biologischen Strukturen darzustellen. Wir glauben, dass die neuen Erkenntnisse eine wertvolle Grundlage für viele weitere Entwicklungen im Bereich der Erkennung von biologischen Strukturen in 3D Volumendaten sind.

Literatur

- [AHM⁺06] G. P. Allen, R. M. Hodgson, S. R. Marsland, G. Arnold, R. C. Flemmer, J. Flenley und D. W. Fountain. Automatic Recognition of Light-Microscope Pollen Images. In *Image Vision and Computing New Zealand 2006, IVCNZ 06 proceedings*, Seiten 355–360, november 2006.
- [CL01] Chih-Chung Chang und Chih-Jen Lin. *LIBSVM: a library for support vector machines*, 2001. Software available at <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>.
- [Jon00] A. S. Jones. Image analysis applied for aerobiology. In *2nd European Symposium on Aerobiology*, Seite 2, 2000.
- [Ron07] O. Ronneberger. *3D invariants for automated pollen recognition*. Dissertation, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, 2007.
- [RTH⁺07] M. Ranzato, P. E. Taylor, J. M. House, R. C. Flagan, Y. LeCun und P. Perona. Automatic Recognition of Biological Particles in Microscopic Images. *Pattern Recognition Letters*, 28(1):31–39, January 2007.
- [SM95] H. Schulz-Mirbach. *Anwendung von Invarianzprinzipien zur Merkmalgewinnung in der Mustererkennung*. Dissertation, Technische Universität Hamburg-Harburg, feb 1995. Reihe 10, Nr. 372, VDI-Verlag.



Olaf Ronneberger wurde am 6. Mai 1971 in Göttingen geboren. Er studierte Physik in Göttingen. Während eines Gastaufenthaltes am CalTech unterstützte er die Entwicklung eines neuen Verfahrens zur 3D „particle image velocimetry“, das er dann im Rahmen seiner Diplomarbeit beim Deutschen Zentrum für Luft- und Raumfahrt für den Einsatz in Luftströmungen weiterentwickelte. Ende 1998 wechselte er zum Deutschen Wetterdienst (DWD) in Freiburg, um dort die ersten Machbarkeitsstudien zur automatischen Pollenerkennung durchzuführen. Seit Ende 2001 ist er wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe von Prof. Burkhardt an der Universität Freiburg. Sein Forschungs-Schwerpunkt ist die Mustererkennung in 3D Volumendaten und die Weiterentwicklung der Invarianten-Theorie. Im Rahmen von zahlreichen Kooperations-Projekten mit biologischen und medizinischen Instituten konnten diese Verfahren bereits erfolgreich eingesetzt werden. Von 2003-2006 hat er im Rahmen eines vom BMBF geförderten Projektes den ersten vollautomatischen Pollenmonitor zusammen mit dem DWD und Partnern von Fraunhofer Instituten und aus der Wirtschaft entwickelt. Für seine Arbeiten wurde er 2005 und 2006 mit einem DAGM²-Award ausgezeichnet.

²DAGM: Deutsche Arbeitsgemeinschaft für Mustererkennung