

Beschreibung des Vorhabens - Projektanträge

Antragssteller: Priv.-Doz. Dr. med. Wennmann, Markus, DKFZ Heidelberg

Bildregistrierung verschiedener Ganzkörper-MRT-Sequenzen bei Patient:innen mit Multiplem Myelom

Beschreibung des Vorhabens

1 Ausgangslage

Stand der Forschung und eigene Vorarbeiten

Eigene Vorarbeiten zu KI-basierter Analyse von Ganzkörper-Bildgebungen

Das Multiple Myelom ist eine maligne Erkrankung, die charakteristischerweise über große Teile des Skelettsystems verteilte Tumormanifestationen aufweist. Diese Manifestationen umfassen fokale Läsionen bzw. Osteolysen und diffusen Befall, die sich im Knochen befinden, sowie möglicherweise paramedulläre bzw. extramedulläre Läsionen, die über das Knochenmark hinauswachsen bzw. primär in Weichteilen außerhalb des Knochenmarks angesiedelt sind. Die hohe Anzahl von Läsionen und die räumlich weite Verteilung über große anatomische Strukturen stellen die Bildgebung bei dieser Erkrankung, sowie die Auswertung der resultierenden Bilder, im Vergleich zu anderen Tumorerkrankungen vor besondere Herausforderungen. Moderne Ganzkörper-Bildgebungsverfahren wie das Ganzkörper-MRT (GK-MRT) erlauben es heutzutage, die über den gesamten Körper verteilten Tumormanifestationen detailliert darzustellen. Insbesondere die Auswertung dieser Datensätze stellt Radiolog:innen jedoch vor große Herausforderungen, da der Detailreichtum der Bilder bei einer hohen Anzahl von Läsionen nicht zufriedenstellend in den Befund überführt werden kann: trotz hohen Arbeitsaufwandes geht ein Großteil der wertvollen Bildinformation mittels der aktuellen manuellen Auswertung durch Radiologen verloren.

Um diese Problematik zu überwinden, arbeitet unser interdisziplinäres Team aus Radiologen, Hämatonkologen und Informatikern seit 2019 daran, KI-basierte Bildanalysealgorithmen zu entwickeln und zu testen, die automatisch detaillierte Auswertungen von Ganzkörper-Datensätzen ermöglichen. Ein erster Meilenstein unserer Gruppe auf dem Weg zur automatischen Analyse von Ganzkörper-MRTs war es, KI-Modelle zu etablieren, die auf verschiedenen MRT-Sequenzen automatisch das Knochenmark segmentieren können.¹⁻³ Dies ermöglicht es, aus dem großen Ganzkörperdatensatz die ca. 1% des Bildes zu isolieren, in denen sich die Pathologien befinden. Basierend auf dieser Segmentierung des Knochenmarks lassen sich 2 potenzielle Analysen anschließen. Die erste Option ist eine detaillierte Analyse der Knochenmarksräume als gesamte Struktur, die mittels des Radiomics-Ansatzes durchgeführt werden kann. Hier konnten wir in mehreren Vorarbeiten aufzeigen, dass es möglich ist, non-invasiv die Plasmazellinfiltration des Knochenmarks abzuschätzen,⁴ oder das Therapieansprechen vorherzusagen.⁵ Die zweite Option ist es, innerhalb des segmentierten Knochenmarks nun gezielt nach fokalen Läsionen zu suchen, um automatisch Anzahl und Größe fokaler Läsionen zu bestimmen. Dies ist insbesondere von

Interesse, da die Anzahl und Größe fokaler Läsionen wichtige prognostische Parameter beim Multiplen Myelom sind.⁶⁻⁸ Zur automatischen Detektion von fokalen Läsionen konnte unsere Gruppe im Jahr 2025 eine erste Machbarkeitsstudie publizieren, in der gezeigt werden konnte, dass fokale Läsionen in einem Beckenknochen basierend auf einer MRT-Sequenz mit moderater Genauigkeit automatisch detektiert werden können.⁹ Inzwischen hat unsere Gruppe eine Folgestudie durchgeführt, in der 427 Patienten mit Ganzkörper-MRT aus 10 Zentren mit insgesamt 5499 manuell segmentierten fokalen Läsionen eingeschlossen wurden. In dieser noch nicht veröffentlichten Arbeit konnte gezeigt werden, dass die automatisch ermittelte Anzahl an fokalen Läsionen hoch signifikant mit den manuell ermittelten Scores zur Quantifizierung der fokalen Tumorlast korreliert (unpublizierte Arbeit).

Stand der Forschung der Bildregistrierung

Ein weiterer wichtiger Schritt in der automatischen Analyse von Ganzkörper-Bildgebungsdaten ist die Registrierung. Unter Registrierung versteht man die rechnergestützte räumliche Angleichung zweier oder mehrerer Bilddatensätze, sodass anatomisch identische Strukturen in allen Aufnahmen an derselben Position liegen. Dabei wird ein Bild (das sogenannte „bewegliche“ Bild) so transformiert, dass es möglichst genau mit einem Referenzbild übereinstimmt. Je nach Anwendung und anatomischer Struktur kommen dabei unterschiedliche Transformationsmodelle zum Einsatz: Die einfachste Form ist die rigide Registrierung, bei der das gesamte Bild nur verschoben und gedreht wird. Eine Erweiterung davon stellt die affine Registrierung dar, die zusätzlich Skalierungen und Scherungen erlaubt, also beispielsweise leichte Größenunterschiede zwischen zwei Aufnahmen ausgleichen kann, aber ebenfalls keine lokalen Verformungen berücksichtigt. Deutlich flexibler ist die deformierbare Registrierung, bei der sich jeder Punkt im Bild individuell verschieben kann, sodass auch weiche Gewebe, die sich zwischen zwei Aufnahmen verlagert haben, präzise in Übereinstimmung gebracht werden können. Zwei der bekanntesten klassischen Algorithmen für deformierbare Registrierung sind Demons und SyN (Symmetric Normalization). Eine besondere Herausforderung stellt schließlich die artikulierte Registrierung dar, die speziell für Strukturen entwickelt wurde, die aus mehreren miteinander verbundenen, aber gegeneinander beweglichen Teilen bestehen, wie etwa das menschliche Skelett mit seinen Gelenken.

Während Registrierung für Strukturen wie Schädel / Gehirn, die nahezu keine Deformierbarkeit aufweisen, bereits sehr gut funktionieren, stellt das Skelettsystem mit gegeneinander beweglichen Knochen und aus einzelnen Aufnahmepositionen zusammengesetzten Ganzkörper-Bilddatensätzen eine große Herausforderung für die Registrierung dar. Der Stand der Forschung zeigt, dass es hierfür bislang nur einzelne erste Ansätze gibt, deren Performance noch sehr limitiert ist. In einer Vorarbeit¹⁰ wurde ein artikulierter Registrierungsalgorithmus entwickelt, bei dem das Skelett zunächst in einzelne Knochen unterteilt und diese dann jeweils rigide aufeinander ausgerichtet wurden. Im Vergleich zu einem globalen rigiden und einem deformierbaren Ansatz zeigte sich dieser als überlegen, da er die globale Flexibilität des Körpers, also die Beweglichkeit der Gelenke, berücksichtigt und gleichzeitig die lokale Steifigkeit der Knochen beibehält. Validiert wurde die Methode jedoch lediglich an 16 Patienten mit Prostatakarzinom in PET/CT-Aufnahmen, was die Übertragbarkeit auf andere Krankheitsbilder und Bildmodalitäten einschränkt. In einer

späteren Arbeit¹¹ wurde dieser Ansatz erweitert: Eine stückweise affine Skelettregistrierung, bewusst ohne Scherung, um die Knochengeometrie zu erhalten, wurde mit mehreren deformierbaren Registrierungsschritten für Weichgewebe kombiniert und an über 250 Patienten mit mittleren Fehlern von unter 5 mm validiert.

Auf der Seite lernbasierter Methoden haben Deep Learning-Ansätze in den letzten Jahren die Bildregistrierung grundlegend verändert.¹² Diese Ansätze lassen sich konzeptionell in mehrere Kategorien einteilen: Erstens die Merkmalsextraktion (Feature Extraction), bei der neuronale Netze trainiert werden, um korrespondierende anatomische Landmarken oder Strukturen zu identifizieren. Zweitens Domain Adaptation-Methoden, die insbesondere für multimodale Registrierung relevant sind und lernen, Bilder verschiedener Modalitäten in einen gemeinsamen Merkmalsraum zu überführen oder durch Bildsynthese mono-modale Registrierungsprobleme zu erzeugen. Drittens das direkte Lernen von Transformationen (Transformation Learning), bei dem neuronale Netze end-to-end trainiert werden, um direkt aus Bildpaaren die optimale Transformation vorherzusagen, ohne iterative Optimierung. Viertens die Beschleunigung klassischer Optimierungsverfahren durch lernbasierte Initialisierungen oder die Approximation von Differentialgleichungslösungen.

MultiGradICON¹¹ stellt den aktuellen Stand der Technik in Foundation Models dar: ein universelles Deep-Learning-Modell, das erstmals zuverlässig zwischen verschiedenen Bildmodalitäten wie MRT und CT registrieren kann und klassische Algorithmen wie SyN dabei deutlich übertrifft. Das Modell wurde dabei auch auf Neck-to-Knee MR-Bildern trainiert und evaluiert. Die Evaluation basierte jedoch auf Segmentierungsmasken, die neben Knochen auch Organe und weitere Strukturen umfassen – wie gut das Modell speziell die knöchernen Strukturen registriert, lässt sich daher aus den berichteten Ergebnissen nicht ableiten.

Trotz dieser ersten Ansätze fehlt bislang eine Validierung an Ganzkörper-MRT-Daten sowie an Patienten mit Knochenmarkbefall wie dem Multiplen Myelom. Bei dieser Erkrankung verändert die Tumordinfiltration das MRT-Signal des Knochenmarks und kann damit die Qualität automatischer Knochensegmentierungen beeinträchtigen, auf die alle genannten Registrierungsansätze aufbauen. Ob und wie gut bestehende Methoden unter diesen Bedingungen funktionieren und ob sich diese für Ganzkörper-MRT-Datensätze bei Myelompatienten anpassen oder weiterentwickeln lassen, ist bislang ungeklärt, eine Forschungslücke, die das vorliegende Projekt adressiert.

2 Ziele und Arbeitsprogramm

Eine Limitation unserer bisherigen Arbeiten - sowohl bzgl. der automatischen Radiomics-Analysen als auch bzgl. der automatischen Detektion von fokalen Läsionen - ist es, dass lediglich eine MRT-Sequenz genutzt wird. Im Gegenzug hierzu ist es bei der manuellen Auswertung von Bilddaten durch Radiolog:innen ein essentieller Bestandteil der Auswertung, die Strukturen in mehreren MRT-Sequenzen visuell zu analysieren und die Informationen aus allen Sequenzen kombiniert zu beurteilen, um eine korrekte und vollständige Beurteilung des Bildgebungsdatensatzes vorzunehmen. Folglich streben wir in Zukunft an, mehrere MRT-Sequenzen, oder Verlaufsdaten aus sequenziellen MRT-Untersuchungen, gemeinsam in die KI einzuspeisen. Diese Weiterentwicklung der KI-Algorithmen ist jedoch keinesfalls trivial. Während der Radiologe sich über anatomische Landmarken zwischen verschiedenen MRT-Sequenzen orientieren und ein und

dieselbe Struktur in den verschiedenen Sequenzen eindeutig dieser Struktur räumlich zuordnen kann, ist es für die parallele Verarbeitung von mehreren Sequenzen mittels KI-Algorithmen erforderlich, dass diese Sequenzen zunächst möglichst deckungsgleich übereinander gelegt werden. Erst nach dieser Bildregistrierung kann ein Bildpunkt, eine Pathologie oder eine anatomische Struktur in Sequenz 1 sicher demselben Bildpunkt, derselben Pathologie oder derselben anatomischen Struktur in Sequenz 2 zugeordnet werden. Während solche Bildregistrierungen für manche Untersuchungsarten wie Schädel-MRTs bereits sehr zuverlässig funktionieren, treten bei der Bildregistrierung von Ganzkörperdatensätzen besondere Schwierigkeiten auf: Z.B. entstehen durch Bewegungen in Gelenken oder durch Bewegungen im Rahmen der Atmung zwischen den Sequenzen / Untersuchungen Ganzkörper-Bilder, die nicht an allen Bildpunkten gleichzeitig in Übereinstimmung gebracht werden können. Um dieses Problem zu überwinden, sollen im vorliegenden Projekt verschiedene Registrierungsansätze verglichen bzw. neu entwickelt werden, die die Knochenstrukturen in verschiedenen Sequenzen aus Ganzkörper-MRTs mit hoher Genauigkeit aufeinander registrieren. Die Entwicklung dieser Registrierungsansätze wird ein entscheidender Baustein sein, um in Zukunft mehrere MRT-Sequenzen in KI- und Radiomics-Algorithmen einspeisen zu können, um die Performance der KI- und Radiomics-Algorithmen weiter zu verbessern. Die Herausforderungen bei der Registrierung von Ganzkörper-MRT-Aufnahmen werden in Abbildung 1 illustriert.

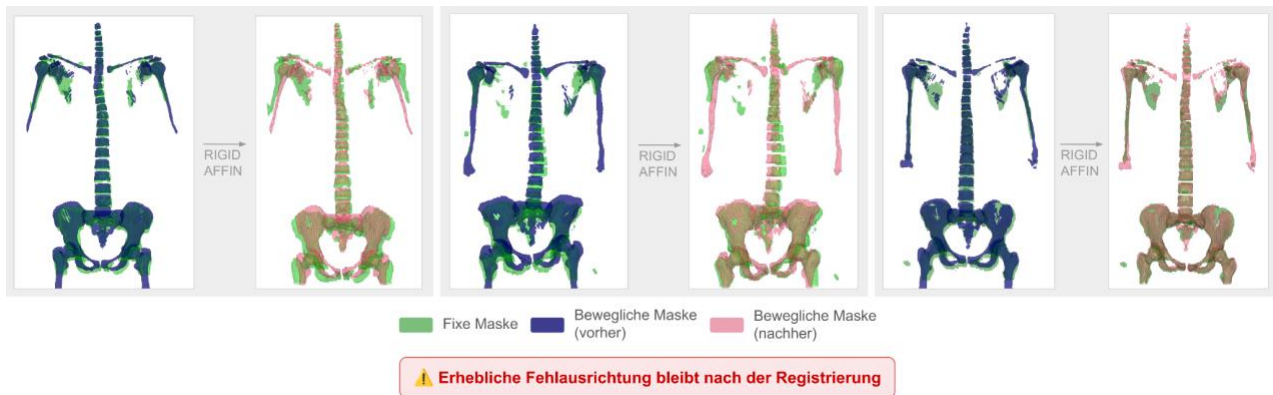


Abbildung 1: Herausforderungen bei der Registrierung von Ganzkörper-MRT-Aufnahmen bei Patient:innen mit Multiplem Myelom. Dargestellt sind drei repräsentative Beispiele von verschiedenen Patient:innen, bei denen jeweils zwei MRT-Sequenzen (T1-gewichtet und DWI) übereinandergelegt wurden. Patient 1 (links): Vor der Registrierung (links) zeigt sich eine gute Übereinstimmung der Oberarme, jedoch eine deutliche Fehlausrichtung im Beckenbereich. Nach Anwendung der Registrierung (rechts) wird die Situation sogar schlechter: Die Arme sind nun weniger gut ausgerichtet, während das Problem im Becken weiterhin besteht. Dies illustriert die Schwierigkeit, bei Ganzkörperaufnahmen eine gleichzeitig optimale Ausrichtung aller Körperregionen zu erreichen. Patient 2 (Mitte): Ein ähnliches Muster zeigt sich bei diesem Patienten: Während die thorakalen Strukturen initial gut ausgerichtet sind, besteht eine erhebliche Diskrepanz im Beckenbereich. Auch hier führt die Registrierung nicht zu einer durchgehenden Verbesserung aller Körperregionen: insbesondere im Bereich der Wirbelsäule kommt es durch die

Registrierung zu einer Verschlechterung der Übereinstimmung. Patient 3 (rechts): In diesem Fall ist die initiale Übereinstimmung im Becken schlecht (links), während die thorakalen Bereiche gut ausgerichtet sind. Nach der Registrierung (rechts) verbessert sich die Übereinstimmung im Becken deutlich. Diese Beispiele zeigen, dass Registrierungsalgorithmen durchaus erfolgreich sein können, jedoch nicht konsistent über alle anatomischen Regionen und alle Patient:innen hinweg.

2.1 Voraussichtliche Gesamtdauer des Projekts

12 Monate

2.2 Ziele

Entwicklung neuer Bildregistrierungsverfahren zur robusten Registrierung skelettaler Strukturen zwischen verschiedenen MRT-Sequenzen und verschiedenen Zeitpunkten und Vergleich mit bestehenden Registrierungsverfahren.

2.3 Arbeitsprogramm inkl. vorgesehener Untersuchungsmethoden

AP1: Datenaufbereitung

Im ersten Arbeitspaket werden die zur Verfügung stehenden Bilddaten standardisiert aufbereitet, um eine solide Grundlage für die nachfolgenden Registrierungsschritte zu schaffen. Die Vorverarbeitung umfasst die Standardisierung der Bildorientierung sowie das Resampling auf ein einheitliches Raster, um die Vergleichbarkeit zwischen verschiedenen Aufnahmen zu gewährleisten. Anschließend werden die relevanten anatomischen Zielregionen definiert, die für die Registrierung von zentraler Bedeutung sind. Hierzu gehören insbesondere die Wirbelsäule (unterteilt in zervikale, thorakale und lumbale Abschnitte), das Becken, die Rippen, das Sternum, der Schultergürtel sowie die langen Röhrenknochen. Um die Bildqualität zu optimieren und die Verarbeitungszeit zu verkürzen, werden irrelevante Bildanteile wie Luft oder der Untersuchungstisch aus den Datensätzen entfernt. Ein essentieller Schritt in der Datenaufbereitung ist die automatische Segmentierung der knöchernen Strukturen, die mittels eigens trainierter neuronaler Netze^{4,9} sowie TotalSegmentator¹³ durchgeführt wird.

AP2: Evaluation existierender Methoden und Baselines

Das zweite Arbeitspaket widmet sich der systematischen Evaluation bestehender Registrierungsverfahren, um deren Eignung für die spezifische Anwendung auf Ganzkörperaufnahmen bei Patient:innen mit Multiplem Myelom zu untersuchen. Als Ausgangspunkt werden globale Baseline-Methoden evaluiert, die den gesamten Bildinhalt einheitlich behandeln. Hierzu zählen die rigide Registrierung, die lediglich Verschiebungen und Rotationen erlaubt, sowie die affine Registrierung, die zusätzlich Skalierungen ermöglicht und sowohl mit als auch ohne Scherung getestet wird. Diese einfachen Ansätze dienen als Referenz für komplexere Methoden. In einem zweiten Schritt werden knochenbasierte Baselines untersucht, die explizit die skelettalen Strukturen berücksichtigen. Dazu gehört die artikulierte Registrierung, bei der einzelne Knochenstrukturen separat registriert werden können, wahlweise rigide, affin oder

deformierbar.¹⁰ Eine weitere knochenbasierte Methode ist die affine Registrierung ohne Scherung der Knochenmasken, bei der zunächst eine globale Knochenmaske verwendet wird, gefolgt von einer knochenweisen Optimierung.¹¹ Ergänzend werden moderne Foundation Model Baselines evaluiert. Im Rahmen dieses Arbeitspakets wird ein vortrainiertes Foundation-Registration-Modell¹⁴ eingesetzt, um dessen Performance auf den vorliegenden Datensätzen zu testen.

Darüber hinaus werden Deep Learning-basierte Registrierungsansätze evaluiert, die auf den von Chen et al. vorgeschriebenen Prinzipien¹² basieren. Vor allem werden unüberwachte Lernansätze getestet, bei denen neuronale Netze end-to-end trainiert werden, um direkt aus Bildpaaren Transformationen vorherzusagen. Für die multimodale Registrierung werden insbesondere Domain Adaptation-Strategien evaluiert, die durch Bildsynthese oder das Lernen modalitätsinvarianter Merkmalsräume die Komplexität der Intermodalitäts-Registrierung reduzieren. Die Ergebnisse dieser Evaluierung bilden eine wichtige Grundlage für die Entwicklung verbesserter Registrierungsansätze in Arbeitspaket 3.

AP3: Mehrstufige Registrierung mit Knochen-Prior

Im dritten Arbeitspaket wird ein neuartiger, mehrstufiger Registrierungsansatz entwickelt und getestet, der explizit anatomisches Vorwissen über die knöchernen Strukturen integriert. Dieser Ansatz gliedert sich in mehrere aufeinander aufbauende Stufen, die von grober zu feiner Ausrichtung fortschreiten. In der ersten Stufe erfolgt eine globale Ausrichtung mittels rigider oder affiner Transformation. Dabei wird die Registrierung über grobe knöcherne Strukturen wie Becken und Wirbelsäule durchgeführt, was den Vorteil bietet, dass der Algorithmus robust gegenüber variablen Armpositionen ist, die zwischen verschiedenen Aufnahmen häufig auftreten. In der zweiten Stufe folgt eine lokale, deformierbare Registrierung, die knochengeführt erfolgt. Bei dieser Registrierung wird die Kostenfunktion so gestaltet, dass die Knochen explizit gewichtet werden. Dies geschieht durch zwei Komponenten: Einerseits wird die generelle Bildähnlichkeit berücksichtigt, andererseits wird speziell die Übereinstimmung der Knochenoberflächen optimiert. Ergänzend werden Deep Learning-basierte Ansätze integriert, bei denen neuronale Netze mit expliziten Knochen-Priors trainiert werden. Hierbei können die in AP2 evaluierten Architekturen als Ausgangspunkt dienen und durch knochenspezifisches Fine-Tuning oder durch Integration der Knochenmasken als zusätzliche Eingangskanäle für die spezifische Anwendung optimiert werden. Eine dritte, optionale Stufe sieht die Anwendung weiterer etablierter Methoden vor, insbesondere die Algorithmen SyN und Demons, die als Feinabstimmung nach den vorangegangenen Registrierungsschritten eingesetzt werden können. Durch diese mehrstufige Architektur wird angestrebt, sowohl die globale anatomische Ausrichtung als auch die lokale Genauigkeit in den knöchernen Strukturen zu optimieren.

AP4: Evaluation und Validierung

Im vierten Arbeitspaket erfolgt eine umfassende Validierung der entwickelten Registrierungsmethoden auf verschiedenen Ebenen. Die Evaluierung wird auf zwei unterschiedlichen Registrierungsszenarien durchgeführt: zunächst die inter-scan Registrierung verschiedener MRT-Sequenzen derselben Aufnahme (T1-gewichtet und DWI), und anschließend

die intra-patient longitudinale Registrierung von Baseline- und Follow-up-Aufnahmen zur Quantifizierung von Krankheitsprogression oder Therapieeffekten.

Zur quantitativen Bewertung der Registrierungsqualität wird ein Set an etablierten Metriken verwendet: Segmentations-basierte Metriken (Dice-Koeffizient, Jaccard-Index, 95% Hausdorff-Distanz) zur Quantifizierung der Überlappung und Randübereinstimmung registrierter Knochenstrukturen, intensitätsbasierte Metriken (Sum of Squared Differences, Cross Correlation, Mutual Information) zur Bewertung der Bildähnlichkeit, sowie die Analyse der Jacobian-Determinante des Verschiebungsfelds zur Identifikation unphysikalischer Deformationen. Optional werden landmark-basierte Metriken (Target Registration Error) eingesetzt, um die räumliche Genauigkeit an anatomisch definierten Punkten zu quantifizieren. Insbesondere Ausreißer und Beispielfälle werden zusätzlich mittels visueller Expertenevaluation durch erfahrene Radiologen untersucht.

3 Projekt- und themenbezogenes Literaturverzeichnis

1. Wennmann, M. et al. **Combining Deep Learning and Radiomics for Automated, Objective, Comprehensive Bone Marrow Characterization From Whole-Body MRI.** *Invest. Radiol.* **57**, 752–763 (2022).
2. Wennmann, M. et al. **Deep Learning for Automatic Bone Marrow Apparent Diffusion Coefficient Measurements From Whole-Body Magnetic Resonance Imaging in Patients With Multiple Myeloma.** *Invest. Radiol.* **58**, 273–282 (2023).
3. Bauer, F. et al. **Advanced Automated Model for Robust Bone Marrow Segmentation in Whole-body MRI.** *Acad. Radiol.* **32**, 2824–2835 (2025).
4. Wennmann, M. et al. **Prediction of Bone Marrow Biopsy Results From MRI in Multiple Myeloma Patients Using Deep Learning and Radiomics.** *Invest. Radiol.* **58**, 754–765 (2023).
5. Bauer, F. et al. **Automated radiomics model for prediction of therapy response and minimal residual disease from baseline MRI in multiple myeloma.** *Sci. Rep.* **15**, 35400 (2025).
6. Walker, R. et al. **Magnetic Resonance Imaging in Multiple Myeloma: Diagnostic and Clinical Implications.** *J. Clin. Oncol.* **25**, 1121–1128 (2007).
7. Mai, E. K. et al. **A magnetic resonance imaging-based prognostic scoring system to predict outcome in transplant-eligible patients with multiple myeloma.** *Haematologica* **100**, 818–825 (2015).
8. Rasche, L. et al. **The presence of large focal lesions is a strong independent prognostic factor in multiple myeloma.** *Blood* **132**, 59–66 (2018).
9. Wennmann, M. et al. **Automated Detection of Focal Bone Marrow Lesions From MRI: A Multi-center Feasibility Study in Patients with Monoclonal Plasma Cell Disorders.** *Acad. Radiol.* **32**, 6012–6026 (2025).
10. Yip, S., Perk, T. & Jeraj, R. **Development and evaluation of an articulated registration algorithm for human skeleton registration.** *Phys. Med. Biol.* **59**, 1485 (2014).
11. Jönsson, H. et al. **An image registration method for voxel-wise analysis of whole-body oncological PET-CT.** *Sci. Rep.* **12**, 18768 (2022).
12. Chen, M., Tustison, N. J., Jena, R. & Gee, J. C. **Image Registration: Fundamentals and Recent Advances Based on Deep Learning BT - Machine Learning for Brain Disorders.** in (ed. Colliot, O.) 435–458 (Springer US, 2023). doi:10.1007/978-1-0716-3195-9_14.
13. Akinci D'Antonoli, T. et al. **TotalSegmentator MRI: Robust Sequence-independent Segmentation of Multiple Anatomic Structures in MRI.** *Radiology* **314**, e241613 (2025).
14. Demir, B. et al. **MultiGradICON: A Foundation Model for Multimodal Medical Image Registration BT - Biomedical Image Registration.** in (eds. Modat, M. et al.) 3–18 (Springer Nature Switzerland, 2024).

4 Begleitinformationen zum Forschungskontext

4.1 Angaben zu ethischen und/oder rechtlichen Aspekten des Vorhabens

4.1.1 Allgemeine ethische Aspekte

Ein Ethikantrag zur Entwicklung und Testung von Radiomics- und KI-Algorithmen liegt seit 2020 vor (Titel: "Retrospektive Auswertung von MRT-Bildgebungen bei Patienten mit monoklonalen Plasmazellerkrankungen: Analyse quantitativer und qualitativer Bildmerkmale sowie Einsatz von Radiomics und künstlicher Intelligenz zur Verbesserung und Automatisierung der Diagnostik", Studienleiter: Prof. Dr. med. Stefan Delorme, Zeichen der Ethikkommission: S-537/2020). Dieser wurde bereits mit 3 Amendments schrittweise für jeweils neue Teilprojekte erweitert. Das hier geplante Projekt wird aktuell in einem weiteren Amendment der Ethikkommission zur Prüfung vorgelegt.

4.1.2 Erläuterungen zu den vorgesehenen Untersuchungen am Menschen, an vom Menschen entnommenem Material oder mit identifizierbaren Daten

Es werden ausschließlich bereits im Rahmen von Studien oder klinischer Routine vorliegende Bilddaten erneut retrospektiv ausgewertet und keine neuen Untersuchungen vorgenommen. Die Datensätze werden im ersten Schritt der Auswertung pseudonymisiert und es wird in der Folge nur mit pseudonymisierten Daten weitergearbeitet.

4.2 Zusammensetzung der Projektarbeitsgruppe

Markus Wennmann, Priv.-Doz. Dr. med., befristete Clinician Scientist Position, Hausstelle.

Peter Neher, Dr. sc. hum., permanente Position als Wissenschaftler, Hausstelle.

Klaus Maier-Hein, Prof. Dr. rer. nat., permanente Position als Abteilungsleiter, Hausstelle.

5 Beantragte Module/Mitte

5.1 Personalmittel

Markus Wennmann beantragt Personalmittel zur Finanzierung von:

Jessica Kächele, 1 Jahr, 60%, E13 TVöD Stufe 2; 49.300 Euro