

Bernburg
Dessau
Köthen



Hochschule Anhalt
Anhalt University of Applied Sciences

emw

Fachbereich
Elektrotechnik, Maschinenbau
und Wirtschaftsingenieurwesen

Bachelorarbeit

*zur Erlangung des akademischen Grades
Bachelor of Engineering (B. Eng.)*

Franziska Tittel

Vorname Nachname

Biomedizinische Technik, 2008, 4056048

Studiengang, Matrikel, Matrikelnummer

Thema:

***Entwicklung eines Quellcodes zur
semiautomatisierten Auswertung von
Magnetresonanz-Datensätzen***

Prof. Dr. Dietrich Romberg

Vorsitzende(r) der Bachelorprüfungskommission/1. Prüfer(in)

Prof. Dr. Golam Abu Zakaria

2. Prüfer(in)

04.03.2016

Abgabe am

Eidesstattliche Erklärung

Hiermit versichere ich, Franziska Tittel, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst habe und diese weder in gleicher, noch in ähnlicher Fassung in einem anderen Studiengang als Prüfungsleistung vorgelegt wurde. Es wurden keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet. Gedanklich, inhaltlich oder wörtlich übernommenes habe ich durch Angabe von Herkunft und Text oder Anmerkung belegt bzw. kenntlich gemacht. Dies gilt in gleicher Weise für Bilder, Tabellen, Zeichnungen und Skizzen, die nicht von mir selbst erstellt wurden.

Alle auf der CD beigefügten Programme wurden von mir selbst programmiert.

Leipzig, den 02. März 2016

Unterschrift Franziska Tittel

Danksagung

Hiermit möchte ich mich bei folgenden Personen bedanken, die mir mit Rat und Tat beiseite gestanden haben und mich fachlich sowie emotional unterstützt haben.

Besonderer Dank gilt:

- Meinen Eltern, die immer an mich geglaubt und immer ein offenes Ohr für mich hatten, die viele schlaflose Nächte in stressigen Prüfungsperioden mit mir vor dem Hefter verbrachten und immer eine warme Mahlzeit für mich bereitstellten. Vielen Dank.
- Herrn Professor Romberg, für die tolle Unterstützung und Vorbereitung bei der Haus- und Bachelorarbeit und während meines Praktikums, für die Vergabe meines interessanten Themas und die Hinführung zum Thema in den Vorlesungen. Vielen Dank.
- Herrn Dr. Alexander Kranz, für die vielen Ratschläge, für die allgemeinen Tipps, für den Schub in die richtige Richtung, für die zahlreichen Experimente, Techniken und Verfahren, die ich während meines Berufspraktikums kennenlernen durfte und für die tolle Unterstützung während meiner Haus- und Bachelorarbeit. Vielen Dank.
- Prof. Braumann, für die Tipps, die er mir gab, als mal wieder nichts funktionierte. Vielen Dank.
- Alexander Iliew, der immer dafür sorgte, dass ich einen kühlen Kopf bewahren konnte und ohne dessen Hilfe ich noch längst nicht so weit wäre. Vielen Dank.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
2. Erste Schritte – die Szene	4
2.1 Schlaganfall – Begriff und Zahlen	4
2.2 Photothrombose	5
3. Die Techniken der Bildaufnahme	7
3.1 Physikalische Grundlagen des MRT.....	7
3.2 Kontrastentstehung im MRT.....	9
3.2.1 T1-gewichtete Bilder.....	9
3.2.2 T2-gewichtete Bilder.....	9
3.3 Signal-zu-Rausch Verhältnis.....	10
4. Die Bildspeicherung	13
4.1 Kompression medizinischer Bilder.....	13
4.2 Das Dateiformat DICOM.....	13
4.2.1 Allgemeine Informationen zum Standard	13
4.2.2 Bestandteile des DICOM-Standards	15
4.3 Vor- und Nachteile weiterer Standard-Datenformate	16
4.3.1 Das Dateiformat GIF.....	16
4.3.2 Das Dateiformat TIFF	16
5. Die Bildverarbeitung	18
5.1 Zielstellung	18
5.2 Verwendete Software.....	18
6. Die Bildvorverarbeitung	19
6.1 Zielstellung	19
6.2 Filterung nach Gauß.....	19
7. Die Bildvorverarbeitung	21
7.1 Zielstellung	21
7.2 Pixelbasierte Segmentierung.....	21

7.3 Kantenbasierte Segmentierung	22
7.4 Regionenbasierte Segmentierung	24
8. Klassifizierung und Aussage	32
8.1 Zielstellung	32
8.2 Methoden	32
8.2.1 Interaktive Bearbeitung	32
8.2.2 Programm 1	32
8.2.3 Programm 2	36
8.2.4 Programm 3	37
8.2.5 Programm 4	38
9. Klassifizierung und Aussage	39
9.1 Zielstellung	39
9.2 Volumenberechnung	39
10. Auswertung.....	41
10.1 Verfahren	41
10.2 Volumen und prozentuale Abweichung	41
10.3 Standardabweichung	51
10.4 Häufigkeitsverteilung.....	52
10.5 Zusammenfassung	53
11. Diskussion	54
11.1 Zielstellung der Arbeit	54
11.2 Schlussfolgerung.....	55
11.3 Ausblick	61
12. Quellenangabe	63
12.1 Literaturliste.....	63
12.2 Dissertationen, Diplom-, Bachelor- und Masterarbeiten	63
12.3 Internetadressen	64
13. Abbildungsverzeichnis.....	65

14. Tabellenverzeichnis	67
15. Anhang.....	68
15.1 Quellcode Programm 1	68
15.2 Quellcode Programm 2	70
15.3 Quellcode Programm 3	73
15.4 Quellcode Programm 4	75

1. Einleitung

„Der Weg zur Wirklichkeit geht über Bilder.“ (Elias Canetti)

Was schon Elias Canetti (Schweizer Schriftsteller, 1905-1994) zu seiner Zeit behauptete, gewinnt auch aktuell immer mehr an Bedeutung. Bildgebende Verfahren und die medizinische Bildverarbeitung der dabei erhaltenen Datensätze werden immer existenzieller für Ärzte und Patienten. Krankheiten, Gefäßverschlüsse oder Tumore können durch moderne, bildgebende Verfahren visualisiert und durch digitale Bildverarbeitung analysiert werden. Die Bildverarbeitung hat die Verfügbarmachung der digitalen Bildinformationen für die Medizin zum Ziel. Ein typischer Ablauf (Abb. 1) wird wie folgt beschrieben:

Es existiert eine bestimmte Situation, eine sogenannte Szene, die analysiert und ausgewertet werden soll. In dieser Arbeit handelt es sich bei der Szene um einen künstlich ausgelösten Schlaganfall im Gehirn eines Versuchstieres. Diese Szene muss im nächsten Schritt aufgenommen werden, was mit einer Vielzahl an verschiedenen Techniken der Bilderzeugung realisierbar ist. In dieser Arbeit beschriebenen Experiment wurde die Technik der Magnetresonanztomographie (MRT) genutzt. Die digitalisierten Dateien werden im nachfolgend beschriebenen DICOM Standard gespeichert und im nächsten Schritt vorverarbeitet um eine anschließende Segmentierung gewährleisten zu können. Es werden mehrere Formen der Segmentierung vorgestellt und analysiert um herauszufinden, welche Verfahren für die entwickelten und in dieser Arbeit vorgestellten Algorithmen geeignet sind. In den letzten Schritten werden die extrahierten Bereiche und Merkmale klassifiziert und analysiert.

Aufgrund der eben beschriebenen Schritte kann man die digitale Bildverarbeitung grob in vier Bereiche unterteilen:

- I) Die Bilderzeugung: Hierbei werden alle Schritte, von der Aufnahme bis hin zur digitalen Bildmatrix, zusammengefasst.
- II) Die Bildverarbeitung: Mit Bildverarbeitung werden alle Manipulationen an dieser Matrix bezeichnet, die der optimierten Ausgabe des Bildes dienen. Für die Darstellung von Volumendatensätzen schließt das Verfahren die Oberflächenrekonstruktion, Beleuchtung und Schattierung mit ein.
- III) Die Bildspeicherung: Darunter können alle Techniken subsumiert werden, die der effizienten Übertragung (Kommunikation), Archivierung und dem Zugriff der Daten dienen.
- IV) Die Bildauswertung: Diese ist nicht mehr direkt Bestandteil der Bildverarbeitung im eigentlichen Sinne. Hierbei geht es um eine Analyse der Informationen, die während

der Bildverarbeitung gewonnen werden konnten. Im Falle dieses Projektes handelt es sich hierbei um eine Volumenmessung eines bestimmten Segmentes.

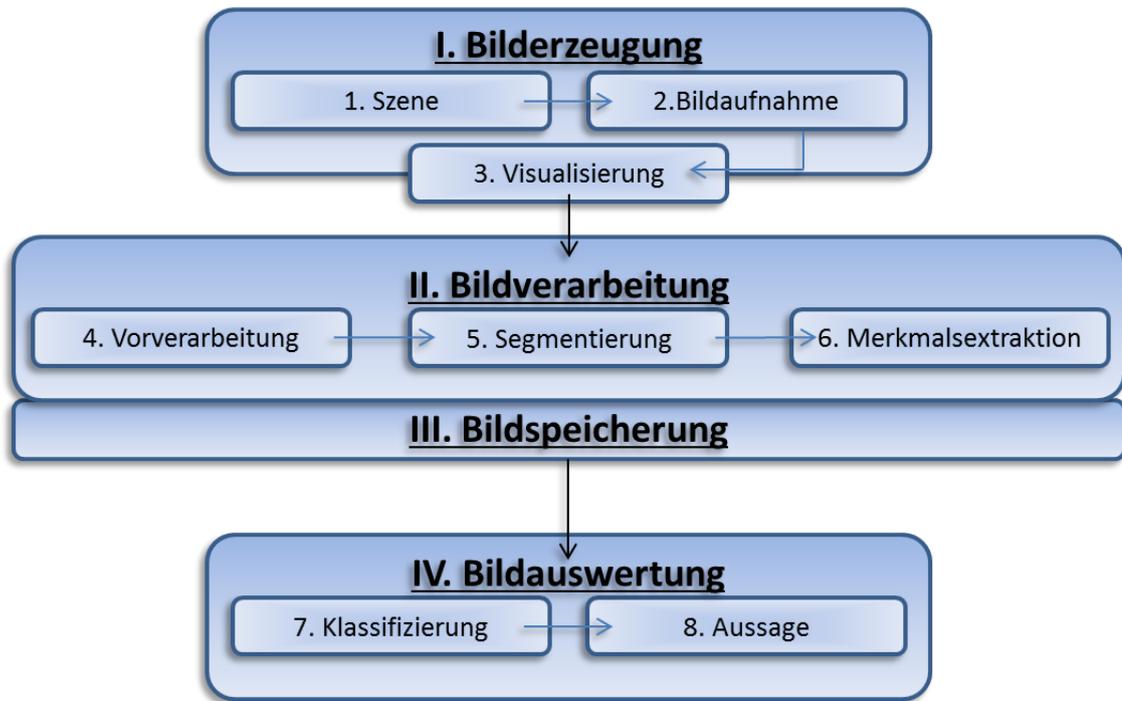


Abbildung 1 Ablauf der digitalen Bildverarbeitung. Hier werden die einzelnen Schritte der Bildverarbeitung schematisch dargestellt und in die oben beschriebenen vier Kategorien Bilderzeugung, Bildverarbeitung, Bildspeicherung und Bildauswertung eingeteilt.

Die Bildgebung des MRT beruht auf physikalischen Grundlagen, die es ermöglicht, einzelne Schnittbilder eines Patienten aufzunehmen und darzustellen. Im Rahmen dieses Versuches wurden Schnittbilder vom Hirn eines Versuchstieres aufgenommen, auf denen ein Schlaganfall zu erkennen ist.

Um qualitativ und quantitativ hochwertige Aussagen über das Volumen und die Veränderung des Schlaganfalles zu erhalten, wurden die Auswertungen bisher interaktiv mittels verschiedener Bildverarbeitungssoftware bearbeitet. Dies bedarf eines hohen Einsatzes von Personal und Zeit. Durch ein stetiges Wachstum der Datenmengen ist dieser zeit- und personalintensive Einsatz kaum durchführbar. Zudem ist eine einheitliche Qualität mit manuell ausgewerteten Daten nicht gegeben. Jeder User interpretiert und bearbeitet anders, wodurch es zu minimalen Abweichungen innerhalb der Auswertung kommen kann. Um diesen Problemen entgegenzuwirken soll ein Quellcode entwickelt werden, welche die Infarkte auf den Schnittbildern erkennt, diese korrekt segmentiert und schließlich das Volumen berechnet. Somit kann gewährleistet werden, dass die Bearbeitung objektivierbar und weniger Störanfällig ist. Allerdings stellt dies eine besondere Schwierigkeit dar, da die Grauwerte

einzelner Gewebe oft ähnlich zu denen anliegender Gewebe sind oder innerhalb einer Gewebart eine große Spannweite an Grauwerten existiert.

2. Erste Schritte – die Szene

2.1 Schlaganfall – Begriff und Zahlen

Der Begriff Schlaganfall wird heute als Oberbegriff für eine Vielzahl an Erkrankungen geführt und wurde zu Zeiten eingeführt, in denen die einzelnen Krankheitsbilder aufgrund mangelnder Technik noch nicht separiert voneinander diagnostiziert werden konnten. Allgemein versteht man darunter eine Erkrankung des Gehirns durch ein plötzlich auftretendes Defizit in den Blutgefäßen des Gehirns. Es kommt also im Rahmen eines Schlaganfalles zu einer Durchblutungsstörung in den Blutgefäßen. Aufgrund der daraus resultierenden regionalen Unterversorgung mit Sauerstoff und Nährstoffen wie Glukose stirbt das dazugehörige Hirngewebe ab.

In Industrieländern ist der Schlaganfall die dritthäufigste Todesursache. Allein in Deutschland ereignen sich jährlich knapp 270.000 Schlaganfälle. Davon sterben rund 20 % innerhalb von vier Wochen, 37 % innerhalb eines Jahres. Medizinische Behandlungen konnten in den letzten Jahren stark verbessert werden, wodurch die Sterberate enorm minimiert werden konnte.

Man unterscheidet drei verschiedene Formen der Erkrankung. Die mit 80 % am häufigsten auftretende Form ist der ischämische Schlaganfall (Abb.2). Durch eine Verlegung der Blutgefäße kommt es zu einer Durchblutungsstörung, woraufhin dieser Bereich im Gehirn nicht mehr ordnungsgemäß versorgt werden kann. Man spricht hierbei auch allgemein von einem Hirninfarkt.

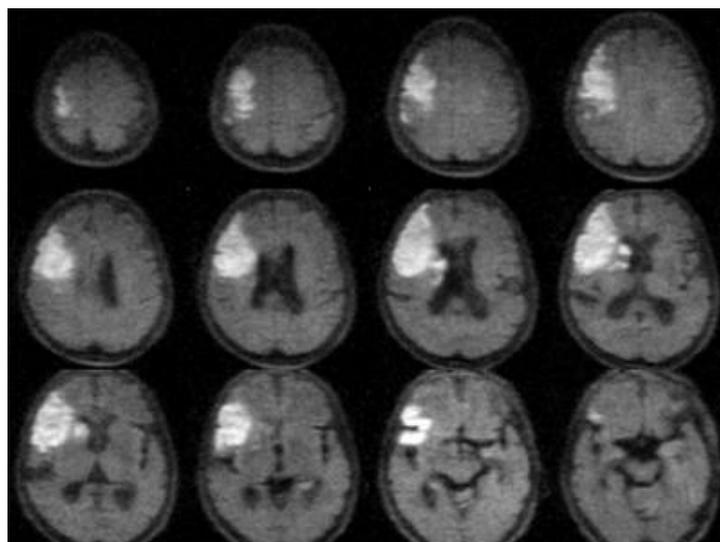


Abbildung 2 MRT Aufnahme eines menschlichen Gehirns. Beim Schlaganfall handelt es sich um den hellen Bereich auf der linken Seite des Gehirns. Quelle: <http://www.kliniken-mtk.de/cache/pica/9/8/1/3/1/244011203927877/dti-schlaganfall.gif>

Die zweithäufigste Form ist die sogenannte intrazerebrale Blutung (ca. 15% aller Schlaganfallerkrankungen). Eine Blutung innerhalb des Gehirns, ausgelöst durch das Platzen eines Blutgefäßes, schädigt angrenzende Hirnareale. Vor allem sind Personen betroffen, bei denen jahrelang erhöhter Blutdruck diagnostiziert wurde. Die Symptome sind ähnlich denen des ischämischen Schlaganfalles. Eine genaue Abgrenzung beider Erkrankungen ist nur mittels Computer- oder Magnetresonanztomographie möglich.

Die dritte Form des Schlaganfalls ist die Subarachnoidalblutung. Hierfür verantwortlich sind meist Aneurysmen innerhalb des Schädels, die zu einer Blutung im Subarachnoidalraum führen.

Ungefähr zwei Prozent der Ausgaben der gesetzlichen Krankenkassen werden für Behandlungen und Pflege aufgrund von Schlaganfällen ausgegeben. Die ist vor allem der Grund dafür, dass ein besonderes Augenmerk auf die Forschung dieser Erkrankungen gelegt wird. Das Krankheitsbild stellt eine der bedeutendsten Herausforderungen für das deutsche Gesundheitssystem dar.

In diesem Projekt wird ausschließlich der ischämische Hirninfarkt untersucht.

2.2 Photothrombose

Das Verfahren der Photothrombose wurde erstmals 1985 entwickelt und eingesetzt. Sie dient dazu, kortikale Läsionen in Versuchstieren durch eine sogenannte Photoaktivierung von lichtsensitiven Farbstoffen zu erzeugen. Das wenig invasive Verfahren genügt, um sehr genau und mit sehr geringer Varianz in Größe und Lage ischämische Läsionen zu setzen, was die Photothrombose zu einer sehr genauen Methode macht.

Im ersten Schritt müssen die Versuchstiere vorbereitet werden. Die Tiere werden mit einer Mischung aus Isofluran und Umgebungsluft narkotisiert. Während der Narkose wird die Körpertemperatur mit einer beheizbaren Unterlage konstant gehalten. Es folgt der Einsatz eines Katheters, womit der photosensitive Farbstoff Bengal Rosa gemischt mit einer Kochsalzlösung injiziert werden kann. Während des Verfahrens wird stetig darauf geachtet, dass die Maus nicht zu Schaden kommen kann. Zudem werden permanent die Vitalparameter überprüft. Nachdem das Tier ausreichend vorbereitet wurde, wird ein optisches Fiberglasbündel, das an eine Kaltlichtquelle angeschlossen ist, auf die intakte Schädeldecke aufgesetzt. Die Dauer der Beleuchtung beträgt 20 min und sorgt dafür, dass sich genau an der Stelle im Gehirn, an dem sich der Lichtkegel befindet eine Läsion bildet. Es kommt zu Endothelschäden und zur Thrombozytenaktivierung die einen ischämischen Hirninfarkt zur Folge haben (Abb. 3).

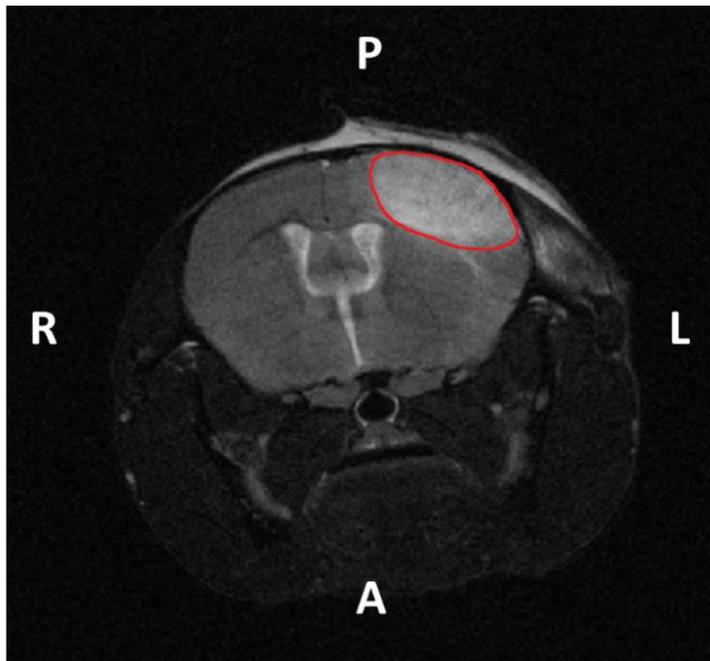


Abbildung 3 Axiale Ansicht des Gehirnes einer Maus: Abkürzungen: A: Anterior (bauchwärts); P: Posterior (rückwärts); R: rechts; L: Links. Der Hirninfarkt ist in der Darstellung rot umrandet. Anterior zum Schlaganfall befindet sich umliegendes Hirngewebe. Median im Gehirn befinden sich Ventrikel, mit ähnlichen Grauwerten wie die des Infarktes. Posterior befindet sich subkutanes Fett des Versuchstieres, ebenfalls mit ähnlichen Grauwerten.

3. Die Techniken der Bildaufnahme

3.1 Physikalische Grundlagen des MRT

Um eine Visualisierung erzeugen zu können, werden beim Verfahren der Magnetresonanztomographie (englisch: magnetic resonance imaging, MRI) die Kerne von Wasserstoffatomen verwendet, die nur ein positiv geladenes Proton enthalten. Eine physikalische Grundeigenschaft von Protonen ist der sogenannte Spin, die Eigenrotation des Protons um eine Achse. Der Spin ist konstant und kann weder abgebremst, noch beschleunigt werden. Diese Bewegung, ähnlich der eines Kreisels, besitzt zwei Eigenschaften:

- Das Proton besitzt auf Grund der Rotation der Masse einen Drehimpuls D .
- Zu der rotierenden Masse besitzt das Proton gleichzeitig eine rotierende elektrische Ladung und somit ein magnetisches Moment B .

Letzteres erzeugt in einer Empfangsspule ein Signal, was die Rotationsachse und somit die Drehbewegung des Proton „sichtbar“ macht.

Wirkt nun ein äußeres Magnetfeld B_0 auf die Spins der Protonen, so richten sich die Rotationsachsen allmählich parallel entlang des Magnetfeldes aus. Dieses Ausrichten wird als Präzessionsbewegung bezeichnet und erfolgt mit der sogenannten Larmorfrequenz, welche wie folgt definiert wird:

$$\omega_0 = \gamma_0 * B_0 \tag{01}$$

ω_0 ... Lamorfrequenz [MHz]

γ_0 ... gyromagnetische Konstante (definiert je nach Element einen typischen Wert, für Protonen: $\gamma_0 = 42,58 \frac{\text{MHz}}{\text{T}}$)

B_0 ... äußeres Magnetfeld [T]

Anhand der Gleichung lässt sich erkennen, dass die Lamorfrequenz proportional abhängig vom äußeren Magnetfeld ist. D.h. je stärker das Magnetfeld ist umso größer ist die Präzessionsfrequenz.

Während sich die Rotationsachsen ausrichten, kommt das System in einen stabilen Zustand und es baut sich eine Längsmagnetisierung in Z-Richtung auf. Hierbei addieren sich die

einzelnen Spins.

Wird nun Energie in Form einer elektromagnetischen Welle in dieses stabile System gebracht, so kippen die sich vorher ausgerichteten Spins aus der Längsmagnetisierung heraus. Das Spinsystem ist somit angeregt. Wird ein Hochfrequenzimpuls mit der richtigen Leistung auf das Untersuchungsobjekt abgestrahlt, so kann es zu einem 90° -Impuls kommen. Die Spins kippen um genau 90° und befinden sich in der XY-Ebene, in der sie rotieren (Abb.4). Die Rotation in der XY-Ebene erzeugt, ähnlich wie ein Generator, eine Wechselspannung, was als MR-Signal bezeichnet wird. Dieses MR-Signal wird mit empfindlichen und leistungsstarken Verstärkern und Computern zu Bilddatensätzen weiterverarbeitet.

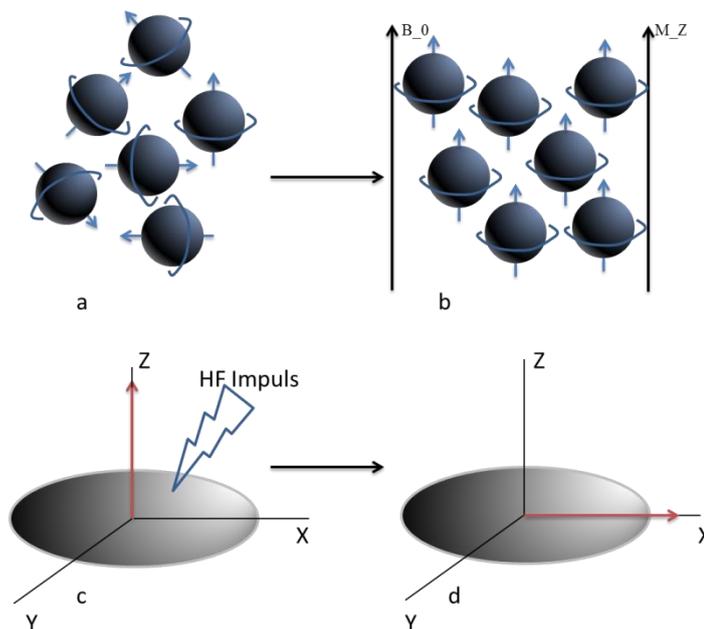


Abbildung 4. a-d Die Protonen rotieren in beliebigen Richtungen, da bisher kein äußeres Magnetfeld auf diese wirkt (a.) Nachdem ein äußeres Magnetfeld angelegt wurde, was bis zu 60.000-mal stärker als das Erdmagnetfeld ist, präzedieren die Protonen und richten sich in Z-Richtung aus (b). Ein HF-Impuls mit geeigneter Leistung wird auf das System abgestrahlt (c). Dieser bewirkt eine 90° Ausrichtung der Rotationsachsen (d).

Nachdem die Spins angeregt wurden, kippen die Protonen langsam wieder in ihren stabilen Ausgangszustand, in die Z-Richtung zurück. Damit dies geschehen kann, passieren zwei voneinander unabhängige Wechselwirkungen:

- Die longitudinale T_1 -Relaxation, auch Spin-Gitter-Wechselwirkung genannt und
- die transversale T_2 -Relaxation, auch Spin-Spin-Wechselwirkung genannt.

Die T_1 -Relaxation ist verbunden mit Abgabe von Energie an die Umgebung („Gitter“). Dadurch wird die Energie, mit der die Protonen in der XY-Ebene gehalten werden, mit voranschreitender Zeit geringer und die Magnetisierung klappt zurück in die Z-Ebene. Somit rotieren auch die Spins nach und nach wieder in Z-Richtung, bis der Ausgangszustand vor

der Anregung wieder vollständig hergestellt ist. Die bei diesem Vorgang definierte Zeitkonstante T_1 ist abhängig von der Stärke des äußeren Magnetfeldes und der inneren Bewegung der Moleküle.

Die T_2 -Relaxation hingegen beschreibt eine Wechselwirkung der Spins untereinander. Die Spins präzedieren durch den HF-Impuls am Anfang der Anregung synchron, d.h. sie sind in Phase, was auch als Phasenkohärenz bezeichnet wird. Eine Abgabe von Energie an die Umgebung erfolgt hier nicht. Die Spins tauschen aber untereinander Energie aus. Dieses Austauschen von Energie bewirkt lokale Magnetfeldänderungen, wodurch manche Spins schneller, andere weniger schnell präzedieren. Somit geraten diese außer Phase. Zusätzlich zu den lokalen Magnetfeldänderungen, die mit der Zeitkonstanten T_2 definiert werden, sorgen auch die Maschine selbst und der Körper des Patienten für Inhomogenitäten im Magnetfeld (definiert durch die Zeitkonstante T_2^*).

Es folgt ein Verlust der transversalen Magnetisierung durch Änderung des Magnetfeldes.

3.2 Kontrastentstehung im MRT

3.2.1 T1-gewichtete Bilder

Um Bilder zu erhalten, müssen die einzelnen Schichten mehrmals hintereinander angeregt werden. Die Zeit, die zwischen zwei Anregungen vergeht, wird als Repititionszeit T_R bezeichnet. Das Zurückklappen der Spins in die Z-Richtung wird mit der Zeitkonstante T_1 beschrieben. Verschiedene Gewebe benötigen auch unterschiedlich viel Zeit um sich vollständig zu relaxieren. Wählt man nun die Repititionszeit kurz, so haben die Spins nicht genug Zeit um vollständig in die Z-Ebene zurückzuklappen. Bei erneuter Anregung ist das abgegebene Signal umso größer, je näher sich die Spins an ihrer Ausgangslage befinden. Das bedeutet: Ist die Repititionszeit kurz, existiert weniger Längsmagnetisierung und das gemessene Signal ist nach erneuter Anregung niedrig.

Je nach Art des Gewebes relaxieren die Spins schneller (und geben nach erneuter Anregungen ein stärkeres Signal ab, erscheinen im Bild also hell) oder langsamer (ein niedrigeres Signal wird abgegeben und erscheint im Bild dunkler). Wählt man T_R nun sehr groß, so haben alle Arten von Gewebe genug Zeit, in die Längsmagnetisierung zurückzukehren. Die Gewebe besitzen auf dem Bild dann ähnliche Grauwerte.

3.2.2 T₂-gewichtete Bilder

Die Zeitkonstante T_2 gibt an, wie lange das vorhandene MR-Signal bei unterschiedlichen Gewebearten benötigt, um abzuklingen. Es können also Aussagen darüber getroffen werden, wie schnell die Spins außer Phase geraten. In der Maschine selbst werden zur Bildentstehung mehrere Gradientenspulen ein- und ausgeschaltet, was zu Inhomogenitäten im Magnetfeld führt. Diese Inhomogenitäten sind dafür verantwortlich, dass sich die T_2 -Effekte der Spins verstärken. Vor jeder Messung muss diese Dephasierung rückgängig gemacht werden, damit die Spins wieder in Phase kommen. Dieser Moment wird als Echo bezeichnet und mit der Zeitkonstanten T_E definiert.

Bei einer kurz gewählten Echozeit sind die Signalintensitätsunterschiede der einzelnen Spins klein. Die Spins sind wenig Außer-Phase und geben nur ein geringes Signal ab, was zur Folge hat, dass die T_2 -Gewichtung sehr gering ist und nur wenig Einfluss auf die entstehenden Bilder hat. Wählt man die Echozeit entsprechend lang, so kann man klare Unterschiede zwischen den einzelnen Gewebearten erkennen. Gewebe mit beispielsweise kurzem T_2 haben während der langen Echozeit die meiste Signalintensität verloren und geben ein entsprechend geringeres Signal zurück. Sie erscheinen, im Gegensatz zu Geweben mit langem T_2 im Bild dunkler.

3.3 Signal-zu-Rausch Verhältnis

Im MRT aufgenommene Bilder können durch ein sogenanntes Bild-Rauschen gestört werden. Das Signal-zu-Rausch Verhältnis (englisch: signal-to-noise ratio, kurz: SNR) beschreibt die Wechselwirkung zwischen dem MR-Signal und der Stärke des Rauschen und wird mit folgender Formel definiert

$$SNR = \frac{A_{Signal}}{\sigma_{Rauschen}} \quad (02)$$

wobei A_{Signal} der Signalintensität (auch Nutzsinalamplitude genannt, entspricht dem größten Wert eines Pixels, der maximal möglich ist) einer interessierenden Fläche (englisch: region of interest, kurz: ROI) und $\sigma_{Rauschen}$ der Standardabweichung des Rauschens entspricht.

Hauptaugenmerk liegt auf einem geringen zeitlichen Umfang der Messungen, wobei das

signal-to-noise Verhältnis möglichst hoch sein soll. Das SNR ist abhängig von verschiedenen Faktoren, die wie folgt zusammenhängen:

→ Patientenspezifische Faktoren (z.B. Körper- oder Atembewegungen):

Gute Aufnahmen erreicht man u.a. dadurch, dass das Tier ruhig im Tomographen liegt, was durch eine geeignete Narkotisierung erfolgt. Mit zunehmender Tiefe der Narkotisierung sinkt die Atemfrequenz. Da die Messimpulse auf den Atemrhythmus der Maus getriggert ist, verzögern sich diese bei erhöhter Narkotisierung. Folglich erhöht sich die Dauer der Messung. Es wird also die Wahrscheinlichkeit reduziert, dass auf den Bildern Bewegungsartefakte zu sehen sind. Andererseits muss darauf geachtet werden, dass die Atemfrequenz nicht zu weit sinkt, da das Tier sonst geschädigt werden kann.

→ Systemimmanente Vorgänge bei der Bildaufnahme (z.B. Bildmatrix, Pixel- und Voxelgröße, Field of View)

Die Größe des FOV (Field of View) und der dazugehörigen Matrix ist ausschlaggebend für Auflösung und Dauer der Messung. Wird das FOV klein und die Bildmatrix groß gewählt, verringert sich die Größe der Pixel. Die Auflösung wird dadurch besser, das SNR sinkt aber und es kann zu verrauschten Bildern kommen, die nur wenig aussagekräftige Bildinformationen liefern. Werden die Pixeldimensionen größer gewählt, erhält man weniger hochauflösende Bilder.

Die Verringerung der Schichtdicke geht mit proportionaler Abnahme des SNR einher. Wählt man eine geringe Schichtdicke, so sind die Bilder hochauflösend, es kann aber zu erheblichen Einschränkungen durch Rauschen kommen. Dieses Artefakt tritt auf, wenn ein Objekt nur teilweise in die Schicht hineinragt oder kleiner als die vorher definierte Schichtdicke ist.

→ Technische Einschränkungen des MR-Systems (z.B. Inhomogenitäten des Magnetfeldes)

Es muss im Vorfeld genau abgewogen werden, welches Verhältnis zwischen der zeitlichen Dauer der Messung und der Bildqualität benötigt wird. Ein geringer zeitlicher Aufwand ist in diesem Falle von größerer Bedeutung. Hohe Messzeiten führen zu Verzögerungen der Bearbeitung und Analyse der Daten und können zudem Schäden an den Versuchstieren hervorrufen.

Das SNR ist abhängig von den oben genannten Parametern. Eine gute Auflösung wird erreicht, indem man die Matrix vergrößert, was heißt, dass die Pixel dieser Matrix verkleinert werden.

Ein weiterer Faktor ist die Wahl der zeitlichen Parameter. Für eine optimale Bildauflösung sind dünne Schichten wünschenswert. Diese sind jedoch meist von einem starken Bildrauschen begleitet. Um dieses Rauschen zu umgehen, kann die Repititionszeit T_R und die Anzahl der Messungen erhöht werden. Dies hat eine längere Messdauer zur Folge, welche entweder zu Gunsten der Auflösung oder zu Gunsten eines hohen SNR eingesetzt werden kann. Es gilt:

$$\text{Auflösung} \sim \text{Zeit} \sim \frac{1}{\text{SNR}} \quad (03)$$

4. Die Bildspeicherung

4.1 Kompression medizinischer Bilder

Medizinische Daten besitzen einen extrem hohen Speicherplatzbedarf. So benötigt eine 16-Bit Röntgenaufnahme mit den Abmessungen 40x40 cm einen Speicherplatz von ca. 10 MB. Um einerseits einen Platzgewinn bei der Archivierung medizinischer Bilder und andererseits einen Zeitgewinn bei der Datenübertragung gewährleisten zu können, müssen die Daten komprimiert werden. Unterschieden wird hierbei zwischen einer verlustfreien Kompression und einer verlustbehafteten Reduktion. Ersteres beschreibt, dass ein Originalbild aus dem komprimierten Datensatz wieder vollständig rekonstruiert werden kann, ohne dass dabei Informationen verloren gehen. Ein Beispiel für ein Kompressionsverfahren ist unter anderem die sogenannte Lauflängencodierung, wobei ein Bild Zeile für Zeile durchlaufen wird. Pixel mit gleichen Grauwerten werden mit der jeweiligen Häufigkeit gespeichert und können so reproduziert werden.

Bei der Reduktion hingegen wird in Kauf genommen, dass die Daten an Informationen verlieren. Dies hat allerdings zur Folge, dass ein Originalbild nicht mehr vollständig rekonstruiert werden kann. Eine Datenreduktion passiert unter anderem bei der Verminderung der Anzahl an Grauwerten, z.B. durch verschiedene Segmentierungsverfahren.

4.2 Das Dateiformat DICOM

4.2.1 Allgemeine Informationen zum Standard

DICOM ist ein medizinischer Standard zur Speicherung und zum Austausch von Daten, die u.a. mittels CT (Computertomographie), MRT, Röntgen oder Sonographie-Geräten aufgenommen werden. Die Abkürzung steht für **D**igital **I**maging and **C**ommunication in **M**edicine und dient als normierte Schnittstelle zwischen verschiedenen Systemen, Kliniken und Forschungsinstituten.

Der DICOM-Standard definiert jedoch wesentlich mehr, als nur ein Format für den Austausch von Daten. Neben den Datenstrukturen (Abb. 5), beschreibt der Standard zudem netzwerkorientierte Dienste, wie z.B. PACS für die Bildarchivabfrage, Formate für den Datenträgeraustausch und Anforderungen an die Konformität der benutzten Geräte.

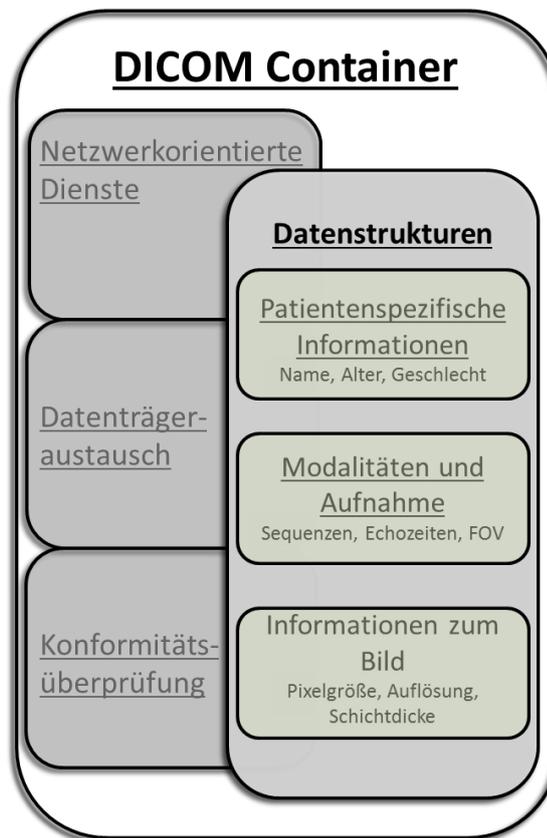


Abbildung 5. Schematische Darstellung eines DICOM Standards. Es enthält neben den aufgenommenen Bilddatensätzen zusätzliche Informationen, die unter dem Begriff *Datenstrukturen* zusammengefasst wurden. Zudem definiert DICOM noch weitere Dienste und Formate, z.B. Netzwerkorientierte Dienste, Formate für den Datenträgeraustausch oder Anweisungen zur Konformitätsüberprüfung der Geräte.

In DICOM werden, ähnlich einer Container Datei, neben 2D Bilddaten viele weitere Informationen gespeichert was als Datenstrukturen bezeichnet wird. Diese untergliedern sich in drei Untereinheiten:

- ➔ **Patientenspezifische Informationen:** Hier werden Informationen über den Patienten gespeichert, beispielsweise sein Geschlecht, das Alter, Name, Identifikationsnummer oder auch Informationen zum behandelnden Arzt.
- ➔ **Informationen zu Modalitäten und Aufnahme:** Hier werden vor allem Gerätespezifische Informationen gespeichert, z.B. die im MRT genutzten Sequenzen oder Echo- und Repititionszeiten.
- ➔ **Informationen zum Bild,** z.B. Größen der Pixel und Dicke der einzelnen Schichten, mit denen aus den 2D Datensätzen dreidimensionale Daten konvertiert werden können.

Es handelt sich beim DICOM Standard also um eine Containerdatei, die eine Vielzahl von Informationen beinhaltet.

4.2.2 Bestandteile des DICOM-Standards

Das Format setzt sich aus 15 einzelnen Teilen zusammen (Abb. 6), von denen die wichtigsten im Folgenden erklärt werden sollen:

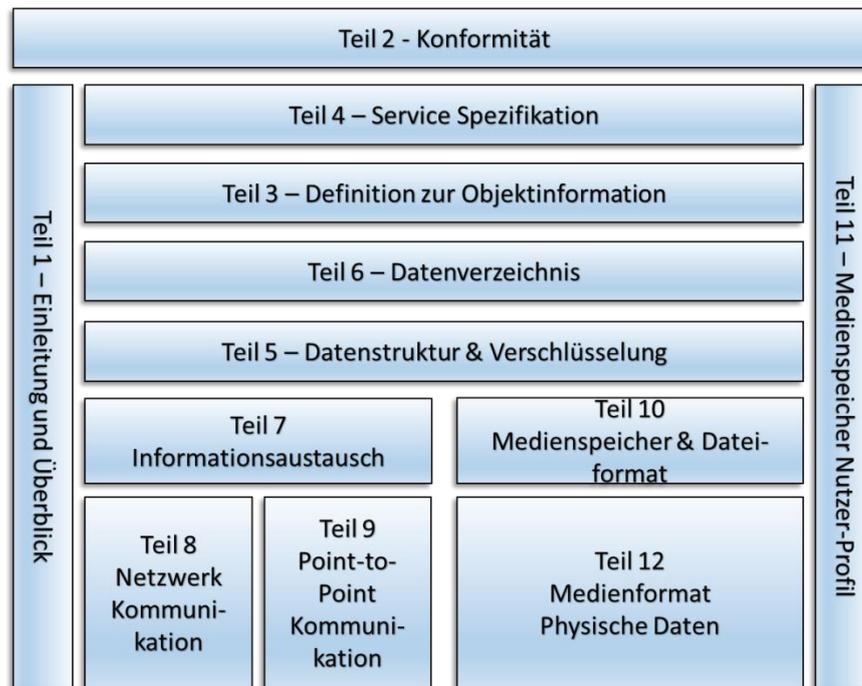


Abbildung 6. Bestandteile und Aufbau eines DICOM Standards, bestehend aus 15 Teilen. Die Teile 13 – 15 sind grafisch nicht dargestellt, da es sich dabei um Standardfunktionen handelt.

Teil 2 – Konformität: Hier befinden sich alle Erklärungen des Herstellers über DICOM-relevante Eigenschaften der Geräte. Diese Erklärungen müssen in einer vorgeschriebenen Form erfolgen. Alle Geräte und Eigenschaften dieser Geräte werden in Klassen zusammengefasst.

Teil 3 – Definition zur Objektinformation: In diesem Teil des Standards werden Informationsobjekte gespeichert, denen bestimmte Attribute zugeordnet werden. Ein Beispiel ist das Informationsobjekt „Patient“, welches verschiedene Eigenschaften aufweisen kann. Hierbei werden zwei Zuordnungsformen unterschieden. Einerseits werden Eigenschaften in *normalized Classes* eingeteilt, wenn diese eindeutig zugeordnet werden können, wie beispielsweise das Geschlecht oder der Name vom Objekt „Patient“. Die zweite Zuordnungsmöglichkeit für Attribute sind die sogenannten *composite classes* und beinhalten Eigenschaften, die auch indirekt mit „Patient“ verbunden werden können. Ein Beispiel wäre „MR-Image“, welches als Attribut zu dem Objekt „Patient“ zugeordnet werden könnte aber auch als eigenständiges Objekt interpretiert werden könnte.

Teil 5 – Datenstruktur und Verschlüsselung: Den in Teil 3 beschriebenen Informationsobjekten werden, um eine Kommunikation zwischen einzelnen Geräten gewährleisten zu können, weitere Werte zugewiesen. Beispielsweise wird dem Attribut „Geschlecht“ (englisch: sex) der Wert „male“ oder „female“ zugeordnet.

Teil 6 – Datenverzeichnis: Der sechste Teil enthält eine Auflistung aller gültigen Datenelemente, wobei verwandte Daten als Klasse zusammengefasst werden. Zudem werden eine übergeordnete Struktur und eine Kennzeichnung der einzelnen Elemente definiert.

Teil 13 – 15: Bei den in der oberen Skizze nicht aufgeführten Bestandteilen handelt es sich um Standardfunktionen. Zum einen wird ein Display definiert, welches dafür sorgt, dass die Bilder auf verschiedenen Ausgabegeräten dennoch gleich dargestellt werden und exakt übereinstimmen. Zudem werden Aspekte der Sicherheit und des Datenschutzes während der Datenübertragung bestimmt.

4.3 Vor- und Nachteile weiterer Standard-Datenformate

4.3.1 Das Dateiformat GIF

GIF steht als Abkürzung für *Graphics Interchange Format*. Hierbei ist es möglich, mehrere Bilder in einer Datei zu speichern. Ende der 80er Jahre etablierte sich dieses Format als Standard zum Austausch von Bilddaten. Ein enormer Nachteil dieses Formates ist jedoch eine geringe Farbanzahl, die auf 256 Farben begrenzt ist. Deshalb können sogenannte LUT (*Look Up Table*) definiert werden, welche für jede Farbe den Rot-, Grün und Blauanteil mit jeweils 8 Bit definiert. Das bedeutet:

$$2^{3 \cdot 8} = 2^{24} = 16\,777\,216 \quad (04)$$

Das Dateiformat GIF codiert also 16.777.216 mögliche Farben.

Heutzutage hat das Format vor allem im Internet eine größere Bedeutung, da die Speicherung mehrerer Bilder in einem Datensatz eine einfache Codierung kleiner Animationen erlaubt.

4.3.2 Das Dateiformat TIFF

Das Format TIFF steht für *Tagged Image File Format* und beschreibt ein plattformunabhängiges Format für digitale Bilder. Auch hier ist es möglich, mehrere Bilder in einer Datei zu speichern. Das Format beinhaltet drei Komponenten, den Vorspann (*header*), verschiedene

Einträge (*tags*) und einem Bildverzeichnis (*image file directory*). Dies erlaubt eine korrekte Rückkompression ohne Datenverlust.

5. Die Bildverarbeitung

5.1 Zielstellung

Die Bildverarbeitung setzt sich aus drei Einzelschritten zusammen, der Vorverarbeitung, der Segmentierung und abschließend aus der Merkmalsextraktion. Die Vorverarbeitung beinhaltet alle Verfahren und Methoden zur Manipulation des Bildes um Bestandteile oder Eigenschaften des Bildes hervorzuheben oder zu verbessern.

5.2 Verwendete Software

Matlab® ist eine Software der Firma Mathworks Inc. und wird v.a. dafür benutzt, numerische Problemstellungen bearbeiten zu können. Besonders geeignet ist Matlab® für die Arbeit mit Matrizen, wovon sich der Name **Matrix Laboratory** ableitet.

Die Arbeit mit Matlab® dient folglich in erster Linie dazu, Algorithmen zu entwickeln, die numerische Probleme lösen. Zur Unterstützung kann man kommerzielle Datenpakete, sogenannte Toolboxen erwerben, wodurch sich technische Fragestellungen schneller lösen lassen, als mit anderen, häufig verwendeten Programmiersprachen wie beispielsweise C oder C++. Weitere Vorteile von Matlab® sind unter anderem eine einfache Syntax und umfassende Funktionsbibliotheken, welche für die jeweiligen Anwendungsgebiete, z.B. für die Bildverarbeitung, entwickelt wurden.

Die für dieses Projekt benötigte Toolbox ist die *Image Processing Toolbox*. Diese unterstützt neben einer Vielzahl an Bildverarbeitungsalgorithmen und -funktionen v.a. auch etliche Dateiformate, wie beispielsweise DICOM.

Die Merkmale dieser Toolbox sind u.a.:

- Funktionen für verschiedene Segmentierungsverfahren, Morphologie und Statistik
- Verbesserung der Bilddateien durch Einsatz verschiedener Filter
- Möglichkeiten der Bildtransformationen durch Fourier-Transformationen
- Ausgabe, Anzeige und Unterstützung von Bildern und Videos, die mit verschiedenen Geräten aufgenommen wurden
- C-Code Generierung

6. Die Bildvorverarbeitung

6.1 Zielstellung

Filter spielen in der medizinischen Bildverarbeitung eine wichtige Rolle. So gelingt es durch geschickten Einsatz von Filtern

- Kanten oder Merkmale hervorzuheben (Hochpassfilter)
- Störungen wie z.B. Rauschen zu unterdrücken (Tiefpassfilter)
- die visuelle Wahrnehmung beim Betrachten der Bilder zu verbessern.

Während der Vorverarbeitung können verschiedene Filter zum Einsatz kommen. Man unterscheidet:

- Tiefpassfilter (z.B. Rechteck- oder Gauß-Filter): Tiefpassfilter schwächen den hochfrequenten Anteil des Bildes. Es handelt sich also um ein Weichzeichnen des Bildes, wodurch v.a. Bildrauschen unterdrückt wird. Grauwertkanten werden aber verwischt.
- Hochpassfilter (z.B. Filterung nach Sobel oder Laplace): Hochpassfilter heben Details in einem Bild hervor und verstärken Grauwertkanten bzw. extrahieren diese. Allerdings wird dadurch auch Bildrauschen verstärkt.
- Nichtlineare Filter (z.B. Medianfilter): Nachbarpixel werden in aufsteigender Reihenfolge angeordnet. Anhand einer definierten Position in dieser Reihe wird ein neuer Grauwert ermittelt.

Im Rahmen des hier vorgestellten Projektes wird der Gauß-Filter verwendet (siehe Kapitel 6.2). Im Bereich des Schlaganfalles treten sehr unterschiedliche Grauwerte auf. Um diese Fläche zu homogenisieren soll der Infarkt weichgezeichnet werden.

6.2 Filterung nach Gauß

Der Gauß-Tiefpassfilter ist ein linearer Filter, der das Bild glätten soll. Allgemein werden Kanten durch solch eine Operation verwischt, dieser Effekt wird jedoch durch die Verwendung einer $(1\ 2\ 1)$ -Binomial-Filtermaske abgeschwächt, die eine diskrete Approximation der Gauß-Funktion darstellt. Feine Strukturen werden im Bild entfernt und so homogenisiert, grobe Strukturen bleiben erhalten. Die Filterung wird anhand der Gauß'schen Glockenkurve (Abb. 7) berechnet. Ein Vorteil dieses Filters ist, dass auch die Fourier-Transformierte

eine Gauß'sche Glockenkurve darstellt. Das bedeutet, dass die Berechnungen eine gleichmäßige Wirkung auf alle Frequenzen im Bild besitzt. Kanten werden dabei nicht so stark verwischt, wie andere Bildbereiche.

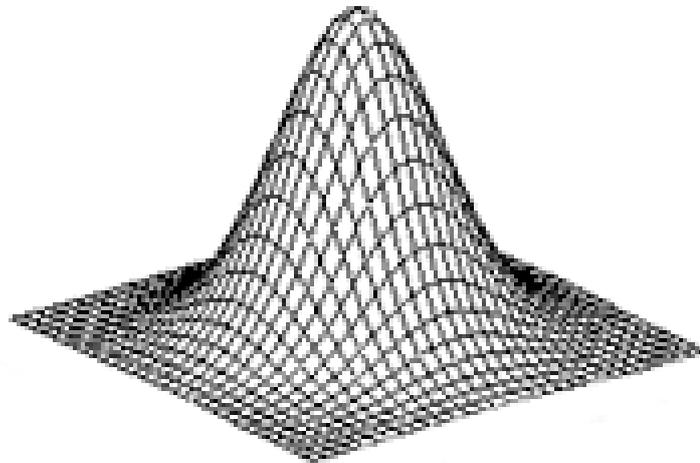


Abbildung 7. Transferfunktion eines Gaußfilters; Quelle: http://www.miszalok.de/Lectures/L07_ImageProcessing/IP_Filters/Images/gauss_bell.gif

7. Segmentierung und Merkmalsextraktion

7.1 Zielstellung

Grundlage der Segmentierung ist ein Homogenitätskriterium. Anhand dieses Kriteriums werden Bildbereiche, die gleiche oder ähnliche Eigenschaften aufweisen, in örtliche zusammenhängende Regionen eingeteilt. In der medizinischen Bildverarbeitung werden diese Regionen nach Bildinhalten, also nach diagnostischer oder therapeutischer Relevanz unterschieden.

Es gibt verschiedene Verfahren der Segmentierung, welche methodisch nach pixel-, kanten-, regionorientierten Methoden differenziert werden.

7.2 Pixelbasierte Segmentierung

Diese Methode berücksichtigt einzelne Pixel ohne dabei angrenzende, benachbarte Pixel zu berücksichtigen bzw. ohne die Umwelt zu analysieren. Da einzelne Pixel separiert und isoliert von der Umgebung betrachtet werden, kann nicht gewährleistet werden, dass zusammenhängende Segmente entstehen. Ein Beispiel für pixelbasierte Methoden ist das dominierende Schwellenwertverfahren. Es beschreibt allgemein einen Überbegriff für eine Reihe von Algorithmen. Bilder werden in Matrizen dargestellt, wobei jede Zelle ein Pixel darstellt. Jedem Pixel ist in dieser Matrix eine Zahl zugeordnet, der sogenannte Grauwert. Dieser gibt eine Aussage über die Helligkeit des jeweiligen Pixels. Ist nun die Rede von einem Schwellwert, so versteht man darunter einen bestimmten Grauwert, der im Vorfeld manuell festgelegt oder automatisch bestimmt werden kann. Dieser dient bei der folgenden Binarisierung als Grenze. Alle Grauwerte, die kleiner als der Schwellwert sind, werden auf null und alle Grauwerte die größer als der Schwellwert sind, auf Eins gesetzt, wodurch das Bild auf zwei Segmente reduziert wurde.

Es gilt:

$$F = \begin{cases} 0 & g < s \\ 1 & g > s \end{cases} \quad (05)$$

g ... Grauwert

s ... Schwellwert

Allgemeine Schwellenwertverfahren benötigen wenig Rechenleistung, da pro Pixel nur eine Vergleichsoperation durchgeführt wird.

Im Bereich der medizinischen Bildverarbeitung ist die Binarisierung digitaler Bilder meist

stark fehlerbehaftet, da die verschiedenen Bildbereiche häufig einen großen Grauwertbereich besitzen. Teile eines einzigen Bildbereiches können somit sowohl unter als auch über die Schwellwertgrenze fallen und somit fehlerhaft binarisiert werden. (Abb. 8)

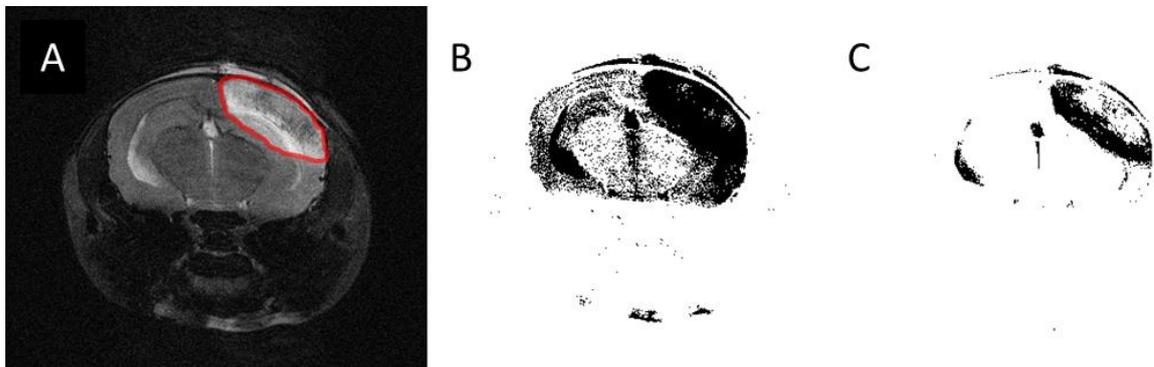


Abbildung 8. Darstellung eines Schwellwertverfahrens anhand einer MRT Aufnahme. A zeigt rot umkreist den zu segmentierenden Schlaganfall im Gehirn einer Maus. B: Binarisiertes Bild mit dem Schwellwert 8200. Der Wert ist zu gering, da zu viel umliegendes Gewebe ebenfalls noch angezeigt wird. C: Binarisiertes Bild mit dem Schwellwert 13100. Der Infarkt wird nicht mehr komplett angezeigt. Zudem ist noch umliegendes Gewebe erkennbar.

Nach mehreren Proben des Schwellwertverfahrens und anhand des gezeigten Beispiels in Abb.8 wird deutlich, dass pixelorientierte Schwellwertverfahren in diesem Projekt nicht genutzt werden können, da keine eindeutige Abgrenzung der Bildsegmente und somit keine einheitliche Segmentierung des Infarktes gewährleistet ist. Aufgrund von Artefakten oder Rauschen können Ergebnisse dieses Verfahrens üblicherweise nicht für die Klassifizierung oder Vermessung medizinischer Daten und Bilder genutzt werden.

7.3 Kantenbasierte Segmentierung

Kanten trennen innerhalb eines Bildes Bereiche voneinander, die sich genügend in ihrem Farbton oder Helligkeitswerten unterscheiden. Bei der kantenbasierten Segmentierung wird also versucht, Objekte aufgrund ihrer Umrandung zu erschließen.

Kanten erkennt man anhand der raschen Änderung in den Grauwerten (Abb. 9). Diese Änderungen werden in einem Diagramm als Sprung erkannt. In der Abb. 11 erkennt man, dass die Linie aus einem dunkleren Bereich über einen sehr hellem, bis zu einem grauen Bereich verläuft. Im Diagramm erkennt man das gleiche. Auf der Y-Achse werden die Helligkeiten der Grauwerte und auf der X-Achse die Anzahl der Grauwerte entlang der Linie abgetragen. Geringe Werte auf der Abszisse bedeuten dunkle Bildbereiche, also eine geringe Farbintensität der Grauwerte. Im Gegensatz dazu beschreiben hohe Werte helle Bildbereiche und somit eine höhere Farbintensität. Jeder Sprung in diesem Diagramm, also die Rasche Änderung von einem hellen zu einem dunkeln Ton, stellt eine Kante dar.

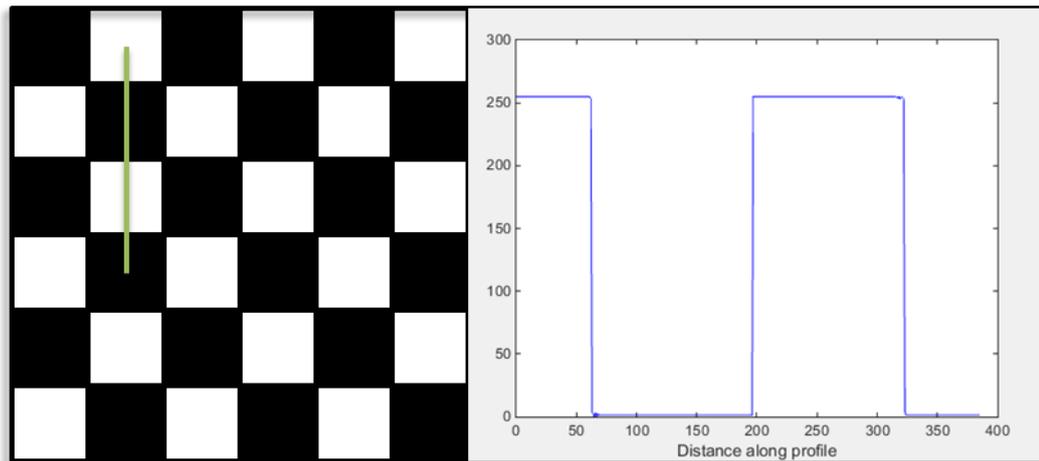


Abbildung 9. Line-Intensity-Profile eines Schachbrettmusters zur grafischen Erläuterungen von Kanten. Die Grauwertintensitäten werden entlang der grünen Linie (linkes Bild) ermittelt und im Histogramm (rechts) dargestellt. Die Abszisse stellt die Anzahl der Pixel dar. Entlang der Linie wurden also knappe 400 Pixel erfasst. Auf der Ordinate wird der Grauwert notiert. Man erkennt klar die Sprünge zwischen hellem und schwarzem Kästchen. Das Maximum im Histogramm definiert gleichzeitig eine Kante bzw. Kontur.

Kanten können mathematisch mit einfachen Differentialgleichungen berechnet werden. Die Ableitung an Kanten ist vergleichsweise sehr hoch, was die Grundlage dieser Berechnungen darstellt. Die Werte in den Funktionen sind also entsprechend hoch, sobald es sich um eine Kante handelt.

Die Ergebnisse der Kantendetektionen (Abb. 10) bzw. der kantenbasierten Segmentierung finden zur Extraktion des Infarkts jedoch keine Anwendung, da keine genauen Ergebnisse erzielt werden können. Lücken in der Kontur, geringe Grauwertunterschiede zwischen Kanten und umliegenden Regionen und Bildrauschen führen zu schlechten Resultaten. Zusätzlich treten Problem bei zu dicken Konturen auf, da diese dann als eigenständige Region berechnet werden.

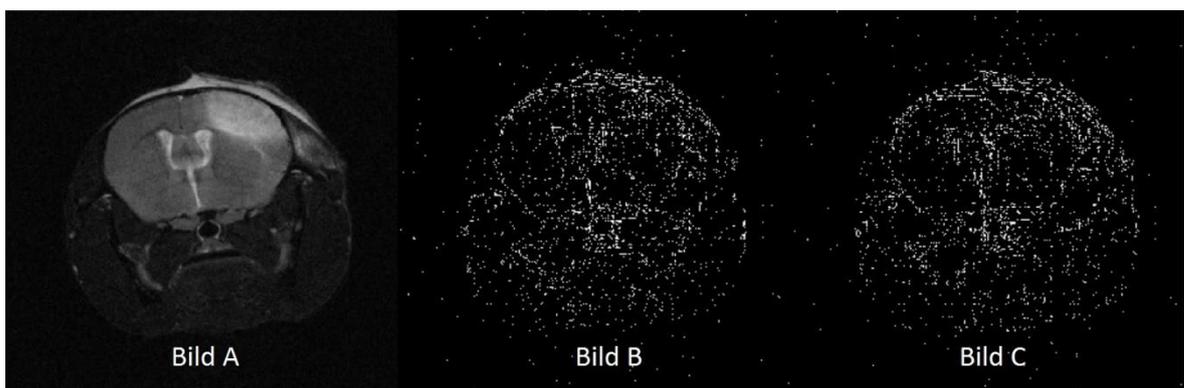


Abbildung 10. Kantendetektion eines Beispielbildes. Die Kanten können im Bild A nicht korrekt berechnet werden, da die Sprünge im Histogramm zu gering sind und die Ableitungen somit keine repräsentativen Werte liefern. In Bild B wurde die Kantendetektion nach Sobel, in Bild C mittels Laplace durchgeführt. Bild A entspricht dem Originalbild.

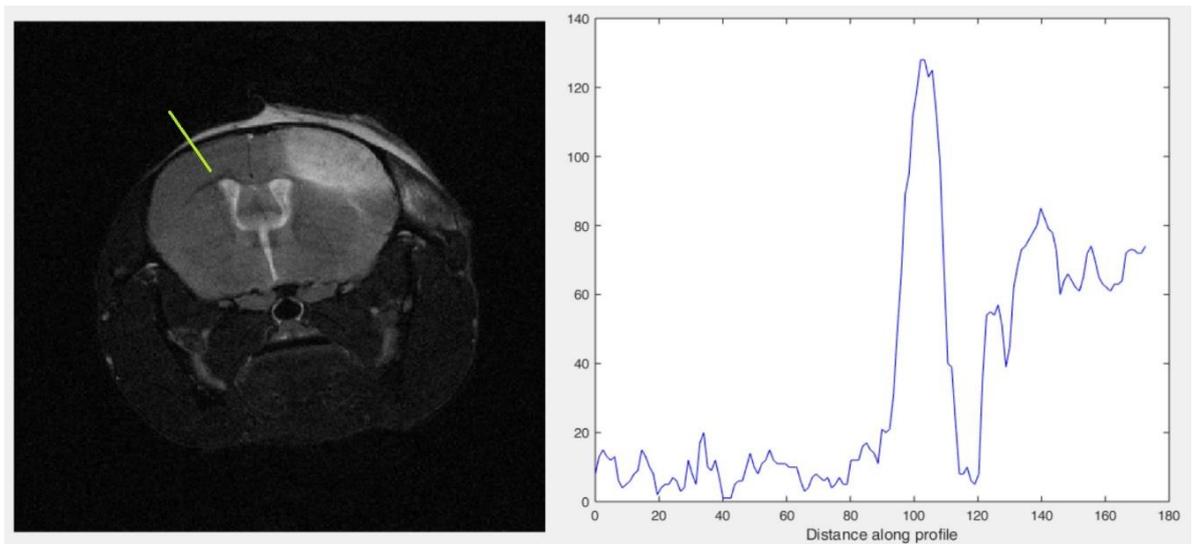


Abbildung 11 Line-Intensity-Profil einer MRT Aufnahme. Es sind keine eindeutigen Sprünge aufgrund von Kanten erkennbar. Das Maximum im Histogramm stellt sich als Zwischenraum zwischen subkutanem Fett und Hirnmasse heraus, kann aber fälschlicherweise als Kante gedeutet werden. Entlang der grünen Linie (links) wurden die Grauwertintensitäten der Pixel gemessen, die im Histogramm (rechts) dargestellt werden.

7.4 Regionenbasierte Segmentierung

Bei der regionenbasierten bzw. ROI-basierten Segmentierung wird ein Bereich von innen heraus bestimmt. Hierbei wird ein ROI (*region of interest*) innerhalb des gewünschten zu segmentierenden Bereiches vom Benutzer definiert. Diese Stichprobe ist ein Maß für die gewünschte Region. Aufgrund der durch einen inneren Teil des Bereiches gewählten Charakterisierung ist die Selektionsgenauigkeit wesentlich höher, als bei vorher beschriebenen Methoden. Jedoch ist ein genaues Setzen des ROI's für eine erfolgreiche Segmentierung unabdingbar. Ein Beispiel für diese Form der Gruppierung in verschiedene Bildbereiche ist das Region Growing Verfahren. Zu Deutsch „Wachsende Regionen“, handelt es sich hierbei um eine Methode zur Einteilung von Pixeln in verschiedene Segmente. Der Ausgangspunkt ist hierbei ein gewählter Pixel, der sogenannte Saatpunkt. Nun werden angrenzende Pixel damit verglichen und je nach Homogenitätskriterium dem Saatpunkt als zusammengehörige Region zugeordnet oder verworfen. Bei letzterem wird ein neuer Saatpunkt generiert, von dem ausgehend erneut Nachbarschaftspixel verglichen werden.

Das Homogenitätskriterium kann unterschiedlich gewählt werden. Es wird differenziert nach

→ der Differenz zum aktuellen Pixel.

Es wird ein Saatpunkt festgelegt und die unmittelbare Nachbarschaft wird mit diesem Pixel verglichen. Liegen ähnliche Grau- oder Farbwerte vor, so wird die Nachbarschaft zur Region zugeordnet. Im nächsten Schritt werden weitere Nachbarschaften verglichen, nun aber nicht

mehr mit dem Saatpunkt, sondern mit den zuvor zur Region zugeordneten Pixeln. Sollte das vorliegende Bild eine langsame Farbverändern, etwa wie bei einem Farbverlauf, aufweisen, so können nach und nach alle Pixel zu einer Region zusammengeführt werden, obwohl diese eigentlich zu einem anderen Bereich gehören. Dieses Problem wird *chaining* genannt und tritt vor allem bei Grauwertbildern auf.

Beispielrechnung (Abb. 12)

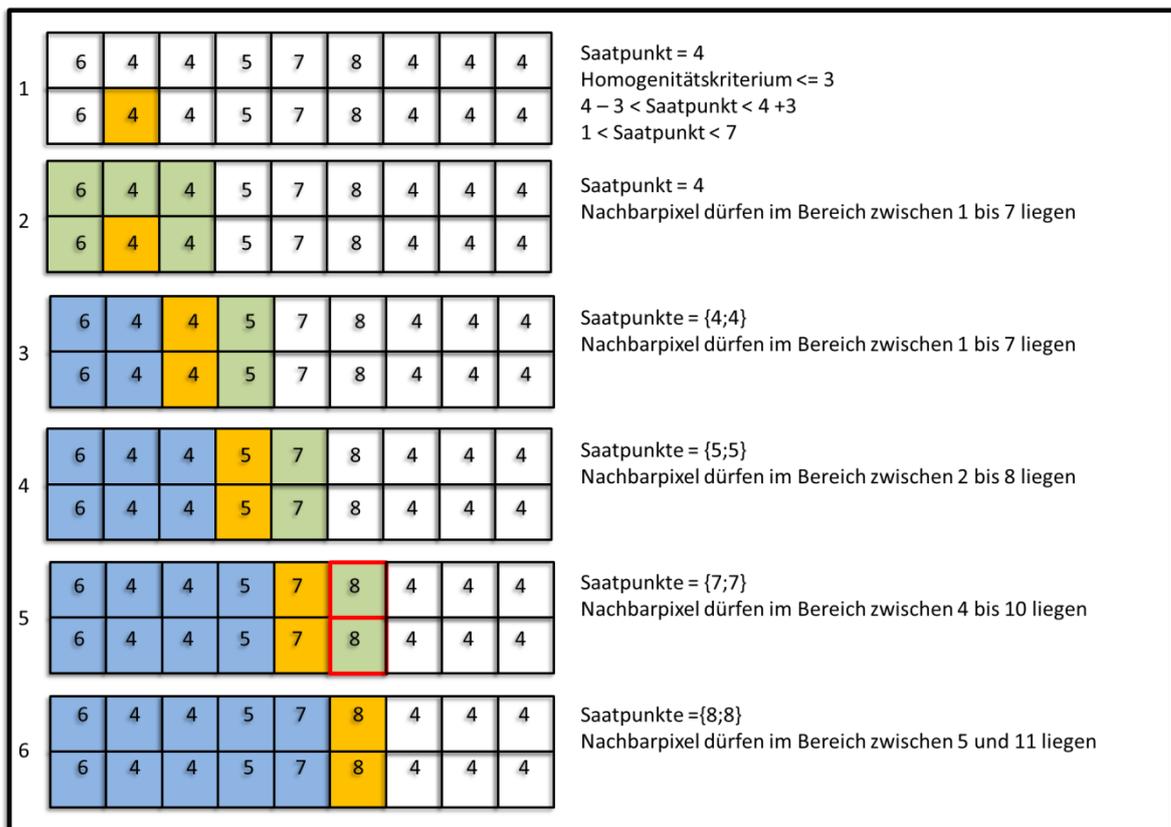


Abbildung 12 Ablauf einer regionenbasierten Segmentierung: Berechnung anhand der Differenz zum aktuellen Pixel. Orange = Saatpunkt; Grün = Nachbarpixel, ausgehend vom Saatpunkt; Blau = Der Region hinzugefügten Pixel. Vom Saatpunkt (SP) ausgehend werden alle Nachbarpixel verglichen, die das Homogenitätskriterium (H) erfüllen, sich also im Bereich von $[(SP - H) < SP < (SP + H)]$ befinden. Werden Pixel neu zur Region hinzugefügt, weil diese das Kriterium erfüllen konnten, fungieren sie im nächsten Schritt als neuer Saatpunkt.

→ der Differenz zum Startpixel.

Auch hier werden die Nachbarschaften verglichen. Der Unterschied ist jedoch, dass alle Pixel ausschließlich mit dem ersten Saatpunkt verglichen werden, was das *chaining* ausschließt. Ein Problem, welches hier auftreten kann, ist die Gefahr des Übersegmentierens. Sollte der Saatpunkt eine Region nicht ausreichend repräsentieren oder ist das Bild qualitativ schlecht aufgenommen, besitzt zum Beispiel eine geringe Schärfe, so können Bereiche zu groß berechnet werden.

Beispielrechnung (Abb. 13)

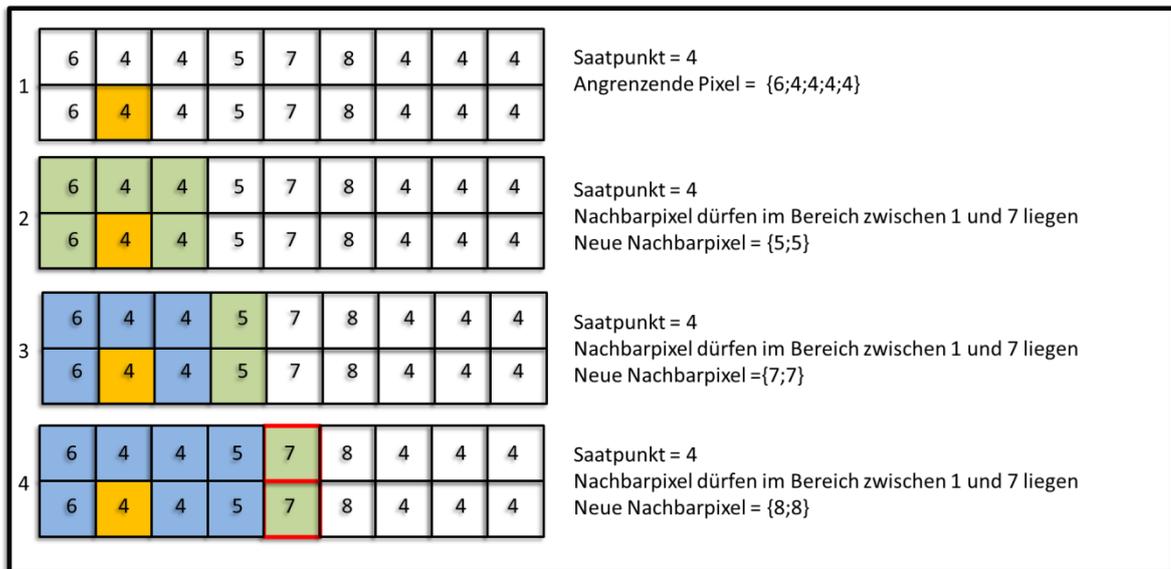


Abbildung 13 Ablauf einer regionenbasierten Segmentierung: Berechnung anhand der Differenz zum Startpixel. Orange = Saatpunkt; Grün = Nachbarpixel, ausgehend vom Saatpunkt; Blau = Der Region hinzugefügten Pixel. Vom Saatpunkt (SP) ausgehend werden alle Nachbarpixel verglichen, die das Homogenitätskriterium (H) erfüllen, sich also im Bereich von $[(SP - H) < SP < (SP + H)]$ befinden. Der Saatpunkt ändert sich hierbei nicht. Alle Pixel, die einem Bereich zugeordnet werden sollen, orientieren sich am Wert des Startpixels.

→ der Differenz zum mittleren Grauwert.

Wie auch bei den ersten beiden Methoden werden im ersten Schritt, ausgehend vom Grauwert des Saatpunktes, die Grauwerte der unmittelbaren Nachbarschaften miteinander verglichen. Bei dieser Methode wird jedoch danach der Mittelwert dieser Werte gebildet und ausgehend von diesem Mittelwert werden erneut Vergleiche gestellt. Ein großer Nachteil für diese Art der Berechnung ist ein erheblicher Rechenaufwand, da, nachdem Pixel zu einer Region hinzugefügt wurden, erneut der Mittelwert gebildet werden muss.

Beispielrechnung (Abb. 14)

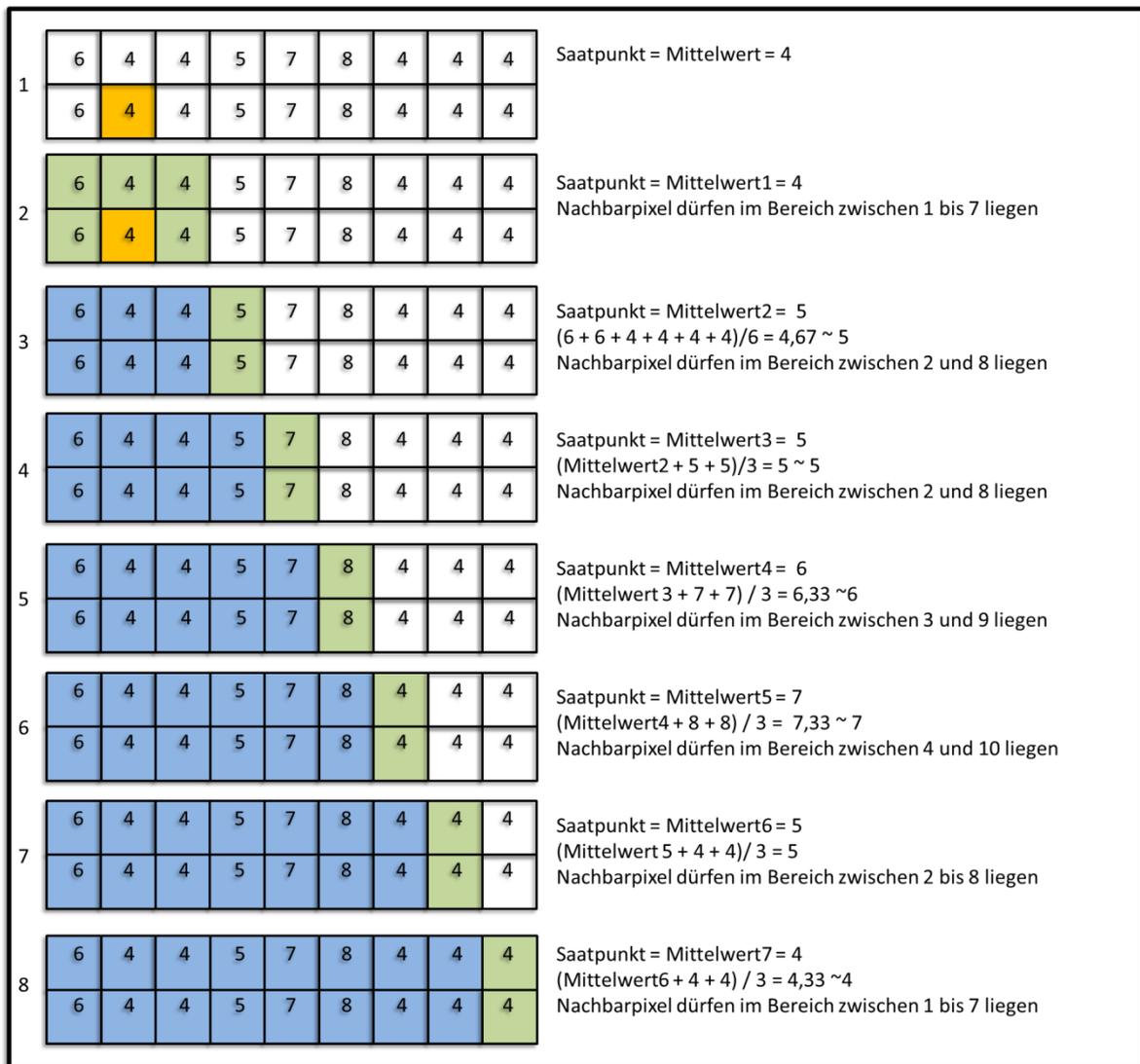


Abbildung 14 Ablauf einer regionenbasierten Segmentierung: Berechnung anhand der Differenz zum Startpixel Orange = Saatpunkt; Grün = Nachbarpixel, ausgehend vom Saatpunkt; Blau = Der Region hinzugefügten Pixel.

Vom Saatpunkt (SP) ausgehend werden alle Nachbarpixel verglichen, die das Homogenitätskriterium (H) erfüllen, sich also im Bereich von $[(SP - H) < SP < (SP + H)]$ befinden. Alle Pixel, die der Region neu hinzugefügt wurden, werden mit dem vorherigen Mittelwert verrechnet. Es wird nach jedem Schritt ein neues Mittelwert gebildet, der als neuer Saatpunkt fungiert.

a) Saatpunkt: Homogenitätskriterium ≤ 3

6	4	4	5	7	8	4	4	4
6	4	4	5	7	8	4	4	4

b) Differenz zum aktuellen Pixel

6	4	4	5	7	8	4	4	4
6	4	4	5	7	8	4	4	4

c) Differenz zum Startpixel

6	4	4	5	7	8	4	4	4
6	4	4	5	7	8	4	4	4

d) Differenz zum mittleren Grauwert

6	4	4	5	7	8	4	4	4
6	4	4	5	7	8	4	4	4

Abbildung 15. Darstellung des Region Growing Verfahrens. Jedes Quadrat beschreibt ein Pixel, die Zahl darin den Grauwert. In a) ist der Saatpunkt blau markiert und das Homogenitätskriterium definiert. Die Darstellungen b), c) und d) zeigen jeweils eine der drei Arbeitsweisen des Region Growing Verfahrens.

Wie bereits beschrieben, treten bei jedem der drei Methoden Probleme auf (Abb. 16).

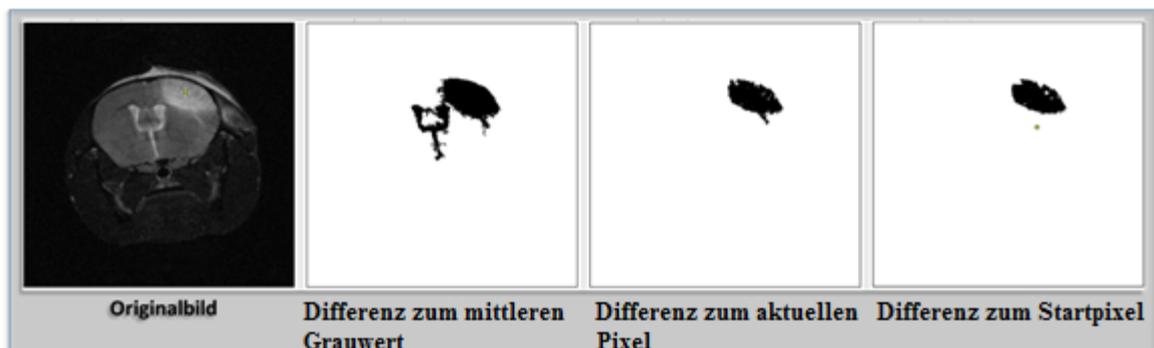


Abbildung 16. Anwendung des Region Growing Verfahren; Homogenitätskriterium = 50. Bild A zeigt die Differenz zum mittleren Startpixel. Es wurden neben dem eigentlichen Schlaganfall anliegendes Gewebe und die mittig gelegenen Ventrikel segmentiert. Bild B beschreibt die Anwendung der Differenz zum aktuellen Pixel. Auch hier wurden Teile des umliegenden Gewebes segmentiert. Im Bild C, was der Methodik der Differenz zum Startpixel entspricht, wurde nicht der ganze Schlaganfall segmentiert, da dieser dunklere Stellen aufweist, die außerhalb des Homogenitätskriteriums liegen.

Man kann erkennen, dass in Abb. 16 entweder zu viele oder zu wenige Pixel zur Region des Schlaganfalles zugeordnet wurden. Dies hat mehrere Ursachen. Zum einen liegen die Ventrikel, dessen Grauwerte denen des Schlaganfalles sehr ähnlich sind, teilweise räumlich sehr dicht bei der eigentlich zu segmentierenden Region. Zudem weichen die Grauwerte von umliegendem Gewebe nicht stark genug von denen des Schlaganfalles ab. Teilweise besitzen die dunkleren Flecken im Schlaganfall selbst ähnliche Farbintensitäten wie das Gewebe. Wird das Homogenitätskriterium also zu hoch gewählt, so werden die dunklen Flecken, aber

auch das umliegende Gewebe segmentiert. Wählt man einen kleineren Wert, so werden die Regionen zu klein berechnet. Diese Fehler sind nicht vernachlässigbar, was dazu führt, dass das Region Growing Verfahren bei denen im Experiment zu analysierenden MRT Aufnahmen nicht genutzt werden kann.

Ein weiteres Beispiel für eine regionenbasierte Segmentierung sind die *Aktiven Konturen*. Zur Veranschaulichung dient folgendes Gedankenexperiment. In dem Mantel einer Röhre befinden sich in unterschiedlichen Abständen Löcher. Pustet man nun einen Ballon in dieser Röhre auf, so wird sich dieser der Form der Röhre immer weiter anpassen, was sinnbildlich die externen Kräfte darstellt. Die interne Energie wird nun durch die Kraft zwischen den Molekülen im Gummi des Ballons dargestellt, die dafür sorgen, dass der Ballon durch keines der Löcher austritt, solange sich der Ballon in der Röhre noch ausbreiten kann. Zur Bestimmung von Objektkonturen werden die aktiven Konturen (auch snakes genannt) durch eine geschlossene parametrische Kurve beschrieben. Diese Kurve wird im Vorfeld initialisiert und dient der weiteren Berechnung als „Vorwissen“ über den zu segmentierenden Bereich.

$$\text{snake } c(s) = \begin{cases} x(s) \\ y(s) \end{cases} \quad (06)$$

Im nächsten Schritt muss diese durch externe und interne Energiefunktionen an das Bildsegment angepasst werden. Es gilt:

$$E_{ges}(K) = E_i(K) + E_a(K) \quad (07)$$

E_{ges} ... zugeordnete Energie in Abhängigkeit der expliziten parametrischen Kurve

E_i ... innere Energie

E_a ... äußere Energie

Die externe Kraft sorgt dafür, dass die parametrische Kurve zur Objektkontur hingezogen wird, die interne dafür, dass diese der Form der Kontur angepasst und nicht zu stark verzerrt wird. Es gilt: Je mehr sich der Snake dem Segment annähert, umso kleiner wird die Energie. Dazu sind das Vorwissen und der Bildinhalt entscheidende Faktoren für eine korrekte Annäherung der Kurve an die Kontur, welche iterativ berechnet werden.

- Innere Energie:

Die erste Ableitung der inneren Energie $\frac{\delta c}{\delta E_i}$ gibt eine Aussage über die Länge der Kontur.

Die zweite Ableitung $\frac{\delta^2 c}{\delta E_i^2}$ gibt eine Aussage über die Glätte / Krümmung der Kontur.

Dabei gilt: Ist das Ergebnis der ersten Ableitung groß, so ist die Kontur des Snakes lang. Die Kurve ist zudem stark gekrümmt, sollte das Ergebnis der zweiten Ableitung ebenfalls groß sein.

Zu den Werten der Ableitungen werden die Gewichte ω_1 und ω_2 definiert und zugeordnet, die sich aus den Vorinformationen berechnen lassen. Es gilt:

$\omega_1 < \omega_2$ Die Kontur des Segments ist sehr glatt.

$\omega_2 < \omega_1$ Die Kontur des Segments ist stark gekrümmt.

Daraus ergibt sich die Formel für die innere Energie:

$$E_i = \frac{1}{2} \int_0^1 \omega_1 \left| \frac{\delta c}{\delta E_i} \right|^2 + \omega_2 \left| \frac{\delta^2 c}{\delta E_i^2} \right|^2 ds \quad (08)$$

- Äußere Energie

Die äußere Energie „orientiert“ sich an den Kanten eines Objektes. Ein Bild ist definiert mit:

$$B(x, y) = \text{Grauwert an der Stelle } (x, y) \quad (09)$$

Kanten in Bildern sind erschließen sich durch rasche Veränderungen der Grauwerte. Dazu ist es wichtig, die Grauwerte der einzelnen Pixel im Vorfeld zu analysieren, wobei davon ausgegangen wird, dass jeder dieser Grauwerte stetig differenzierbar ist. Mathematisch werden rasche Grauwertveränderungen mit der ersten Ableitung berechnet und mit einer weiteren Gewichtung ω_3 versehen.

$$E_a = \omega_3 |\nabla(x, y)| = \int_0^1 E_a(c) ds \quad (10)$$

Die Vorkenntnis über das Bildsegment durch die Initialisierung und dessen Berücksichti-

gung ist ein großer Vorteil bei der Bildsegmentierung. Zudem handelt es sich um ein effizientes Verfahren, welches robust gegenüber Bildrauschen und Lücken in der Bildkontur ist.

8. Klassifizierung und Aussage

8.1 Zielstellung

Im Rahmen dieser Arbeit wurden mittels Matlab® vier Quellcodes entwickelt. Ziel war es, das Volumen des künstlich ausgelösten Schlaganfalles eines Versuchstieres anhand von MR-Aufnahmen zu bestimmen.

8.2 Methoden

8.2.1 Interaktive Bearbeitung

Die interaktive Bearbeitung der Datensätze erfolgt bisher mit der Bildbearbeitungssoftware *Fiji / Image J*. Auf jedem Einzelbild wird das Segment mit dem Werkzeug *wandtool* umrandet und ausgeschnitten. Aus den ausgeschnittenen Segmenten werden Regions of Interests (ROI) erstellt. Sobald aus jedem Einzelbild das Segment ausgeschnitten und ein ROI erstellt wurde, zählt das Programm die Pixel pro Slice und gibt diese in einer Excel Tabelle aus. Nun muss die Summe aller Pixel mittels Excel-Funktionen errechnet werden. Die Informationen über Voxelmaße erhält man über den Befehl *info image* im *Fiji / Image J*. Die in Excel berechnete Gesamtsumme aller Pixel muss nun mit den Maßen multipliziert werden. Durch wechselnde User bei der Bildbearbeitung kann es hier zu mehr oder weniger starken Schwankungen im Segmentieren und somit in der Berechnung des Volumens kommen. Da sich dieses Verfahren allerdings im Rahmen der Projekte als Standardverfahren durchgesetzt hat, gelten die auf diese Weise berechneten Volumenwerte als Sollwerte.

8.2.2 Programm 1

Zeilenanzahl: 111

Im ersten Schritt wird, mittels der Funktion *dicomread* ein Datensatz, bestehend aus 25 Einzelbildern eingelesen. Es entsteht eine dreidimensionale Matrix, in der die einzelnen Slices hintereinanderliegen. Zudem werden Informationen aus den Daten extrahiert und in einer neuen Variable gespeichert:

- Variablenname *classI*: Gibt Aufschluss über die Initialisierung der Bilder. Es handelt sich um einen Integer mit 16 Bit.
- Variablenname *sizeI*: In *sizeI* ist der Anzahl der Pixel entlang der Ordinate und entlang der Abszisse gespeichert. Die Abmessungen betragen 384 x 384.

- Matrixname *info*: In dieser Matrix sind alle Informationen zugänglich, die im Bildformat gespeichert sind.
- In den Variablen *width*, *depth*, *height* sind die Größen eines Voxel gespeichert. Die Maße betragen 0,5 x 0,5 x 0,0521.

Im nächsten Schritt wird eine Montage aller Einzelbilder erstellt. Zudem wird der höchste und der niedrigste Grauwert aus dem Stapel gesucht und mit folgenden Variablen gespeichert:

- $maxMRI = 32766$
- $minMRI = 164$

Nun wird ein Rechteck in der oberen, rechten Bildecke definiert. Alle Grauwerte der Pixel, die sich außerhalb dieses Rechtecks befinden, werden auf Null gesetzt (Abb. 17). Dies dient dazu, dass überflüssige, teilweise ähnliche Grauwerte abgeschnitten werden, um so bei einem Schwellenwertverfahren nicht berücksichtigt zu werden.

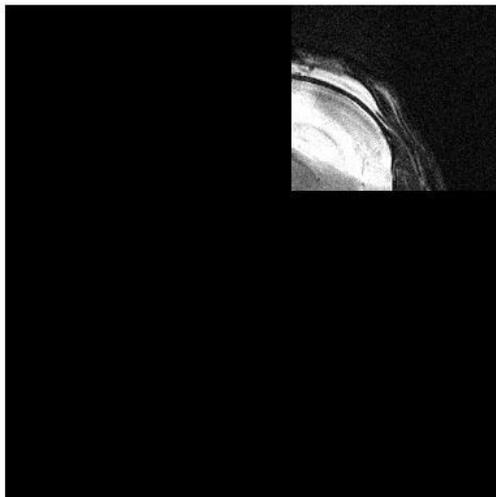


Abbildung 17 In jedem Einzelbild wurde ein Rechteck ausgeschnitten, um so überflüssige Pixel zu beseitigen. Die Koordinaten wurden im Vorfeld festgelegt und definiert, sodass sich das Rechteck immer an exakt der gleichen Stelle im Bild befindet.

Mittels vorher festgelegter Grenzen wird nun ein Schwellenwertverfahren angewandt (Abb. 18). Es handelt sich um einen definierten Bereich der durch eine untere Grenze $lb = 12000$ und eine obere Grenze $ub = 22000$ beschränkt ist. Die Grauwerte, die sich in diesem Bereich befinden, werden während der Binarisierung auf den Wert 1 gesetzt.

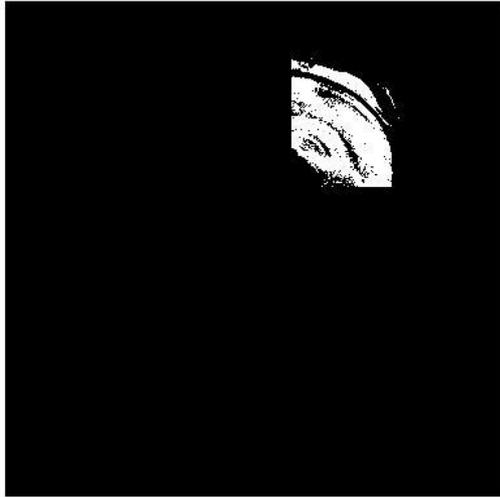


Abbildung 18 Ausgeschnittenes Teilbild nach dem Schwellenwertverfahren. Es wurden bei der Entwicklung des Quellcodes zwei Grenzen festgelegt, die obere Grenze $ub = 22000$ und die untere Grenze $lb = 12000$. Alle Grauwerte, die sich in diesem Bereich befinden, haben im segmentierten Bild den Wert 1.

Da oftmals mehr als nur der Infarkt an sich segmentiert wird kann es schnell passieren, dass sich um den Bereich des Tumors kleinere, binarisierte Bereiche befinden. Um diese rauszufiltern sucht das Programm im nächsten Schritt nach dem größten zusammenhängenden Bereich.

Mit der Funktion *treshtool* erscheint ein GUI. Dort kann man mit Hilfe eines Schiebereglers erneut eine Grenze festlegen mit der dann nochmal ein einfaches Schwellenwertverfahren angewendet wird. Dies dient als Zusatz zum ersten Schwellenwertverfahren. Sollten bis dahin Fehler beim Segmentieren aufgetreten sein, so kann es dadurch ausgebessert werden. Erst danach erfolgt die Binarisierung.

Im nächsten Schritt werden alle Randpixel, also alle Pixel, deren direkte Nachbarn den Wert Null aufweisen mit der Funktion *isosurface* zu einer dreidimensionalen Oberfläche verbunden (Abb. 19).

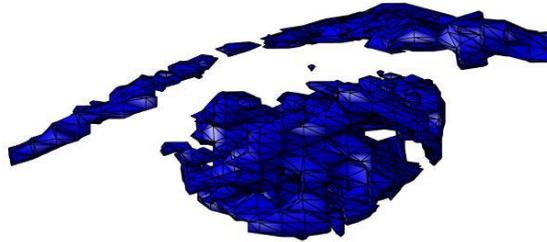


Abbildung 19 Abbildung einer dreidimensionalen Ansicht.

Alle Pixel, die den Wert 1 aufweisen, werden im nächsten Schritt auf jedem Einzelbild gezählt und mit den Voxel Maßen multipliziert. Die Ausgabe erfolgt in einem Fenster, dass sich nach Berechnung öffnet (Abb. 20).



Abbildung 20 Ausgabe des Volumens

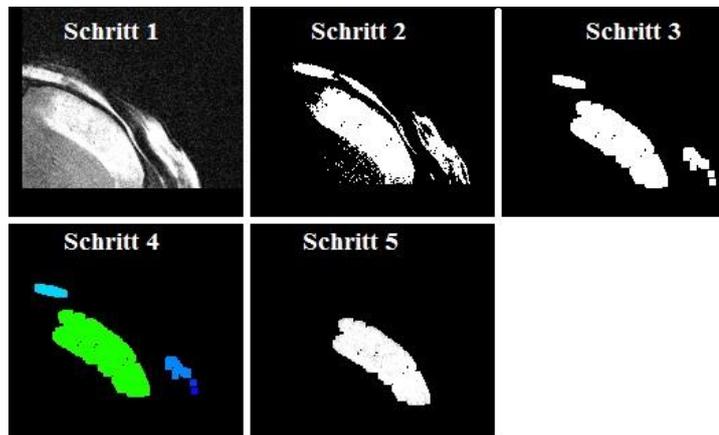


Abbildung 21. Ablauf des automatischen Threshold-Verfahrens. Schritt 1: Ausschneiden der Bildmatrix. Schritt 2: Festlegen einer oberen und unteren Grauwertgrenze. Schritt 3: Segmentierung mit der Funktion *logical*. Schritt 4: Unterschiedliche Bereiche festlegen und Größe berechnen. Die Bereiche werden für den User farblich markiert. Die Farben entsprechen nicht den realen Farbwerten. Es handelt sich weiterhin um ein Grauwertbild. Schritt 5: Erneutes manuelles Threshold-Verfahren, zur Ausbesserung.

8.2.3 Programm 2

Zeilenanzahl: 135

Analog zu Programm 1 werden auch hier im ersten Schritt die Datensätze mittels der Funktion *dicomread* eingelesen und Informationen aus DICOM separiert. Als nächstes erfolgt das Entwickeln von drei Masken. Es handelt sich dabei um Matrizen, in denen sich an vorher festgelegten Koordinaten Bereiche von Einsen befinden. Die Masken dienen als Vorinformationen für das *Active Contour* Verfahren. Mittels der aktiven Konturen wird im ersten Schritt der Infarkt und im nächsten Schritt die Hemisphäre inklusive Infarkt grob umrissen. Dazu wurde einerseits die komplette Hirnmasse A_H des Versuchstieres und andererseits der Infarkt A_I großzügig segmentiert. Dabei gilt:

$$A = \begin{cases} A_H \gg A_I, \text{kein Schlaganfall im Bild vorhanden} \\ A_H > A_I, \text{Schlaganfall ist im Bild vorhanden} \end{cases} \quad (11)$$

Durch mehrfaches Erproben verschiedener Werte ergab sich:

$$A = \begin{cases} \frac{1}{4}A_H < A_I, \text{kein Schlaganfall im Bild vorhanden} \\ \frac{1}{4}A_H > A_I, \text{Schlaganfall ist im Bild vorhanden} \end{cases} \quad (12)$$

Die Größen der beiden Bereiche werden miteinander verglichen. Befindet sich ein Teil des Schlaganfalls im Bild, so ist das Verhältnis zwischen beiden Bereichen kleiner. Wenn kein Infarkt im Bild vorhanden ist, so wird ebenfalls die Hemisphäre segmentiert. Im Idealfall sollte dann ein Verhältnis von 1 entstehen.

Wurde mittels dieser Vergleichsoperation ein Teil des Schlaganfalls detektiert, so wird dieses Einzelbild in einer neuen Matrix mit dem Namen *tumor* gespeichert. Es wird somit gewährleistet, dass weitere Berechnungen nur noch an den Bildern stattfinden, auf denen sich das gesuchte Segment befindet.

Im nächsten Schritt werden nochmals zwei Masken definiert, die wieder als Vorinformationen dienen. Die erste Anwendung des *Active Contour* fand nur grob statt, um ein geeignetes Verhältnis zwischen Hemisphäre und Infarkt gewährleisten zu können. Für die eigentliche Segmentierung wurden die Parameter kleiner gewählt. Die binarisierten Bilder werden danach in einer Matrix *binary* gespeichert.

Analog zu Programm 1 werden die Ergebnisse auch hier zur Veranschaulichung dreidimensional dargestellt, das Volumen berechnet und in einem separaten Fenster ausgegeben.

8.2.4 Programm 3

Zeilenanzahl: 86

Analog zu den bereits vorgestellten Programmen werden die DICOM-Datensätze in Matlab® eingelesen und Informationen herausgezogen. Im nächsten Schritt werden alle Einzelbilder in Form einer Montage ausgegeben. Es öffnet sich ein Fenster mit einer Anweisung für den User (Abb. 22). Es sollen die Nummern der Slices angegeben werden, auf denen der Infarkt das erste und das letzte Mal zu sehen ist. Anhand dieser Zahlen wird eine Matrix erstellt, in der sich die Einzelbilder mit einem Segment des Schlaganfalles befinden.

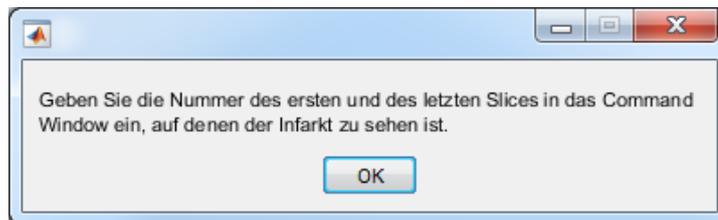


Abbildung 22 Erste Anweisung für den User. Der User soll den ersten und letzten Slice angeben, auf denen ein Segment des Infarktes zu sehen ist. Anhand dieser Informationen kann eine Matrix erstellt werden, in der sich nur die Einzelbilder mit dem entsprechenden Segment befinden.

Im nächsten Schritt wird der User aufgefordert, den Slice mit den maximalsten Abmessung des Infarktes aus der Montage herauszusuchen und diese Nummer in das *Command Window* einzugeben. In dieses vom User angegebene Einzelbild werden die Masken für das *Active Contour* Verfahren durch diesen eingezeichnet (Abb. 23). Dies erfordert Erfahrung im Umgang mit diesem Projekt, da andere Positionen oder Größen der Rechtecke entscheidend für ein gutes oder schlechtes Ergebnis sein kann.

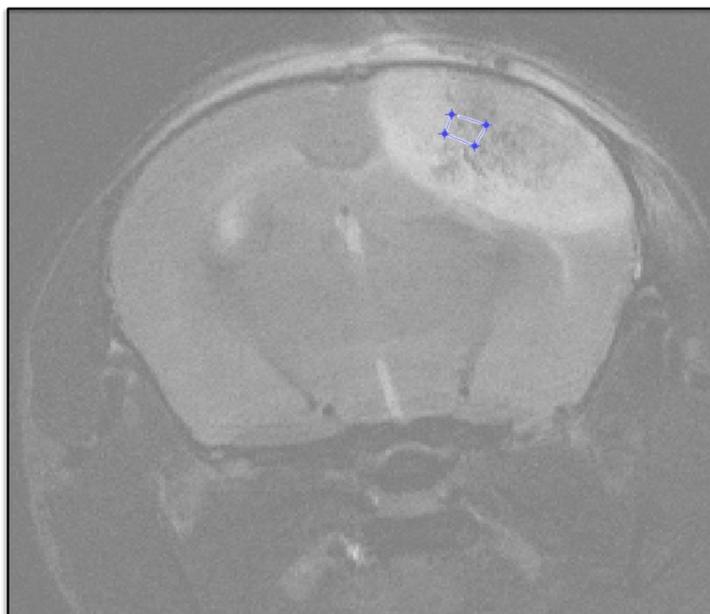


Abbildung 23 Einzeichnen eines Polygons in den Bereich des Infarktes (blaues Rechteck). Das Einzeichnen erfolgt interaktiv durch den User. Dieser kann Koordinaten und Abmessungen der Rechtecke bestimmen.

Aus den binarisierten Einzelbildern wird im nächsten Schritt die Anzahl der Pixel ermittelt und das Volumen daraus errechnet. Dieses wird analog zu den anderen Programmen in einem neuen Fenster ausgegeben.

8.2.5 Programm 4

Zeilenanzahl: 95

Der Quellcode in Programm 4 ist analog zu Programm 3. Nachdem der User die Einzelbilder angegeben hat, auf denen sich der Infarkt befindet, wird ein Gauß-Filter definiert, der das *Active Contour* Verfahren verbessern soll. Nach Anwendung des Filters berechnet das Programm weiterhin analog zu Programm 3.

9. Analyse des Volumens

9.1 Zielstellung

Ziel dieser Arbeit ist es, ein Programm zu entwickeln, durch welches das exakte Volumen eines künstlich ausgelösten Schlaganfalles im Hirn eines Versuchstieres berechnet werden kann. Dies erfolgt im Rahmen einer Medikamententestung einer Firma, die aus Gründen der Geheimhaltung nicht näher erläutert werden kann.

9.2 Volumenberechnung

Binärbilder sind dadurch charakterisiert, dass Pixel nur aus Grauwerten von Null und Eins bestehen. Es gilt:

$$GW = \begin{cases} 0, & \text{Bildinhalt ist schwarz, kein Infarkt} \\ 1, & \text{Bildinhalt ist weiß, Infarkt} \end{cases} \quad (13)$$

GW ... Grauwert

Nun werden die Pixel pro Bild gezählt, die dem Infarkt entsprechen, also den Grauwert Eins besitzen. Die gezählten Pixel aller Bilder werden miteinander addiert. Es gilt:

$$P_{ges} = P_{B_1} + P_{B_2} + \dots + P_{B_n} \quad (14)$$

P_{ges} ... Gesamtanzahl der Pixel für alle Bilder

$P_{B_1}, P_{B_2}, \dots, P_{B_n}$... Pixel im Bild 1 bis Bild n

Im Dicom Standard befinden sich Informationen zu Höhe, Breite und Dicke (Abb. 24). Diese wurden im Vorfeld mit der Funktion `dicominfo` ausgelesen und als Variable gespeichert. Mit den Werten werden aus den zweidimensionalen Pixeln dreidimensionale Voxel.

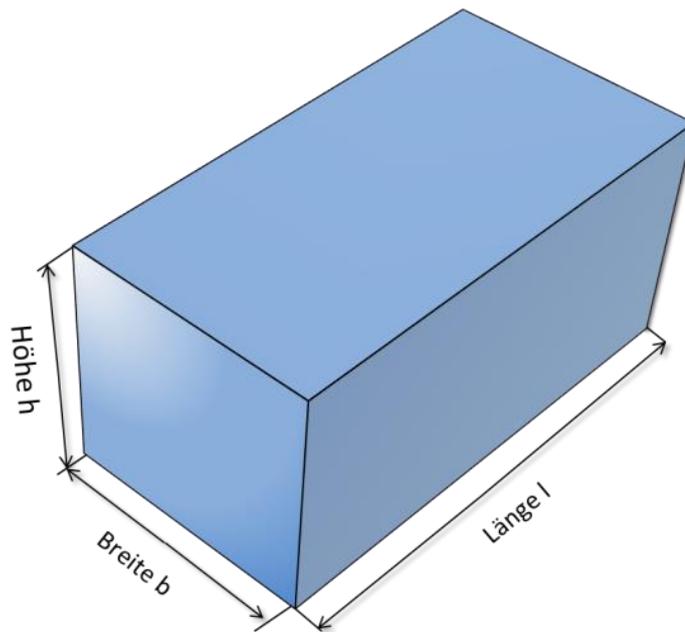


Abbildung 24. Grafische Darstellungen eines Voxels und Zuordnung der Größen Höhe, Breite und Länge.

Um das Volumen zu berechnen, muss die Gesamtanzahl der Pixel mit den Informationen Höhe, Breite, Dicke multipliziert werden.

$$V = P_{ges} * h * b * l \quad (15)$$

V ... Volumen des Infarkts [mm^3]

h ... Höhe eines Pixels [mm]

b ... Breite eines Pixels [mm]

l ... Länge, bzw Dicke eines Pixels [mm]

Nach der Berechnung öffnet sich ein Fenster, in dem die Gesamtanzahl der Pixel und das Volumen des Infarkts ausgegeben werden.

10. Auswertung

10.1 Verfahren

Für die Testung der Verfahren wurden die MRT-Daten von 15 Versuchstieren verwendet.

Folgende Verfahren wurden genutzt:

- Die Sollwerte wurden mit Hilfe der Bildbearbeitungssoftware *Fiji / Image J* berechnet.
- Programm 1 (siehe Kapitel 8.2.2) und Programm 2 (siehe Kapitel 8.2.3): Pro Versuchstier gab es nur jeweils ein Programmdurchlauf, da Werte und Parameter im Quellcode nicht verändert werden. Dadurch wird pro Tier jeweils exakt der gleiche Wert bestimmt. Es gibt auch nach mehrmaligem Programmdurchlauf keine Abweichungen in den Ergebnissen.
- Programm 3 (siehe Kapitel 8.2.4) und Programm 4 (siehe Kapitel 8.2.5): Pro Versuchstier wurden drei Programmdurchläufe vollzogen. Die Erstellung der Masken erfolgte beim ersten Durchlauf auf dem Slice, auf dem der Infarkt „beginnt“ und somit noch einen verhältnismäßig kleinen Flächeninhalt aufweist (in den Tabellen 2 und 3 als M1 bezeichnet). Beim zweiten Durchlauf wurden die Masken auf dem Segment erstellt, dessen Flächeninhalt nach eigenen Abschätzungen maximal ist (in den Tabellen 2 und 3 als M2 bezeichnet). Die Maskenerstellung findet beim dritten Durchlauf auf dem letzten Slice statt, auf dem der Schlaganfall zu sehen ist (in den Tabellen 2 und 3 als M3 bezeichnet). Aus diesen drei Messwerten pro Versuchstier wurde der Mittelwert gebildet. Ziel dessen ist es, herauszufinden, auf welchen Segmentteilen die genaueste Maskenerstellung möglich ist.

10.2 Volumen und prozentuale Abweichung

In der nachfolgenden Tabelle (Tabelle 1) sind die Sollvolumenwerte und die durch die Programme errechneten Volumenwerte eingetragen. Die Werte von Programm 3 und Programm 4 ergaben sich aus den Mittelwerten der drei oben beschriebenen Messungen. Die Abweichungen wurden wie folgt berechnet:

$$\text{Abweichung} = \frac{\text{Messwert} - \text{Sollwert}}{\text{Messwert}} * 100 \quad (16)$$

Je höher die prozentuale Abweichung ist, desto ungenauer arbeitet das Programm.

Tier	Soll- werte [mm ³]	Pro. 1 [mm ³]	Abw. [%]	Pro. 2 [mm ³]	Abw. [%]	Pro. 3 [mm ³]	Abw. [%]	Pro. 4 [mm ³]	Abw. [%]
M01	<u>74,53</u>	55,00	-35,51	7,32	-918,09	56,55	-31,80	62,66	-18,95
M02	<u>30,32</u>	22,90	-32,40	33,92	10,59	25,38	-19,48	30,66	1,09
M03	<u>40,52</u>	13,15	-208,22	15,22	-166,22	34,49	-17,49	38,84	-4,32
M04	<u>42,01</u>	16,85	-149,25	19,63	-113,98	31,62	-32,87	31,68	-32,60
M05	<u>36,02</u>	21,64	-66,42	21,81	-65,15	33,52	-7,44	31,67	-13,73
M06	<u>31,06</u>	9,67	-221,12	22,36	-38,89	28,11	-10,50	33,30	6,73
M07	<u>47,05</u>	13,81	-240,84	34,65	-35,81	42,34	-11,13	52,39	10,19
M08	<u>42,90</u>	16,97	-152,78	29,80	-43,96	33,54	-27,89	36,65	-17,04
M09	<u>32,61</u>	21,47	-51,86	24,81	-31,41	32,51	-0,30	38,99	16,36
M10	<u>61,20</u>	18,19	-236,54	13,85	-341,90	51,03	-19,94	50,13	-22,08
M11	<u>33,85</u>	16,38	-106,61	18,17	-86,27	32,45	-4,32	23,37	-44,87
M12	<u>61,40</u>	32,99	-86,15	14,46	-324,69	50,21	-22,30	52,18	-17,68
M13	<u>51,30</u>	10,47	-389,83	20,04	-155,99	45,34	-13,14	48,69	-5,35
M14	<u>82,08</u>	24,81	-230,89	12,08	-579,47	62,20	-31,98	61,22	-34,09
M15	<u>49,98</u>	15,98	-212,72	23,90	-109,10	43,12	-15,91	39,28	-27,25

Tabelle 1 Volumen und Abweichungen der jeweiligen Methoden. Abkürzungen: Pro. = Programm; Abw. = Abweichung. Die Volumina für Programm 3 und Programm 4 wurden aus den Mittelwerten der Ergebnisse aus drei Programmdurchläufen erstellt. Die Abweichungen wurden nach Gl. 17 berechnet. Je größer die Abweichungen sind, desto ungenauer arbeitet das Programm.

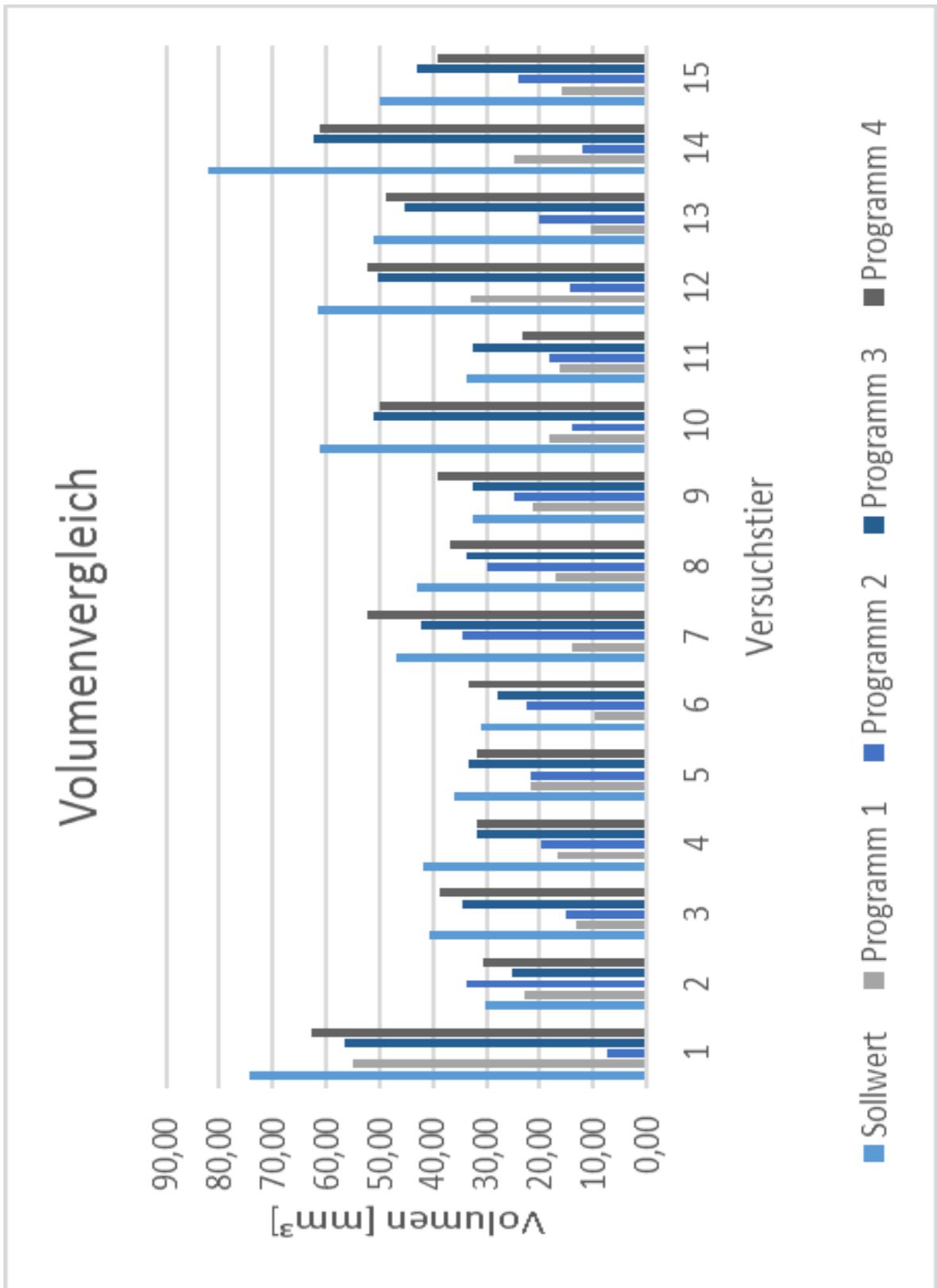


Abbildung 25 Grafische Darstellung der Volumina aller Methoden. Die Volumina weichen mehr oder weniger stark vom Sollwert ab.

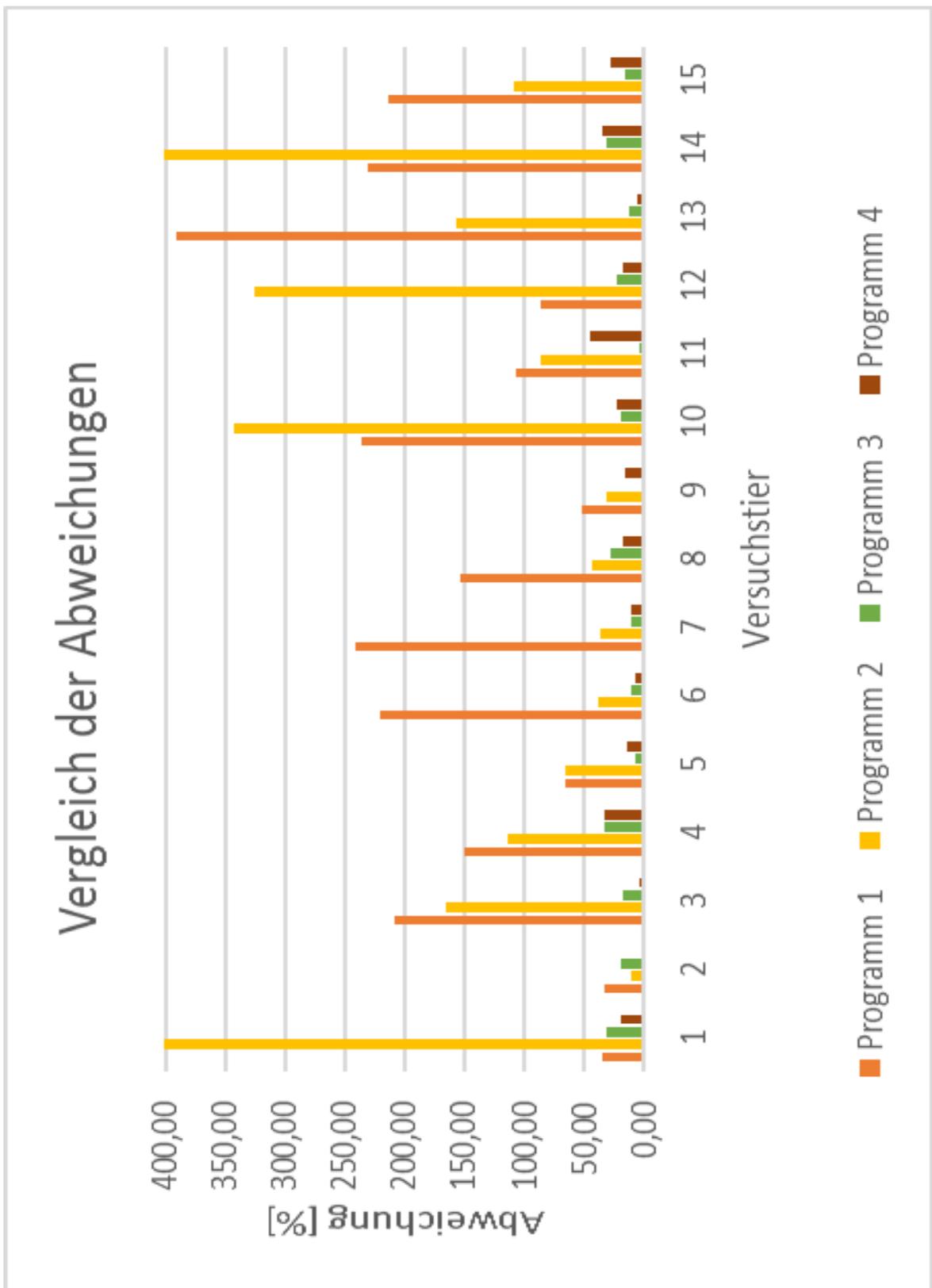


Abbildung 26 Grafische Darstellung der Abweichungen. Bei Versuchstier 1- Programm 2 und bei Versuchstier 14 - Programm 2 sind die Abweichungen so hoch, dass die Ordinate skaliert werden musste

Tier	Sollwert Vol. [mm ³]	Programm 3					
		M1 Vol. [mm ³]	M1 Abwei- chung [%]	M2 Vol. [mm ³]	M2 Abwei- chung [%]	M3 Vol. [mm ³]	M3 Abwei- chung [%]
M001	74,53	52,33	<u>-42,35</u>	63,05	<u>-18,14</u>	54,16	<u>-37,52</u>
M002	30,32	28,14	<u>-7,69</u>	22,7	<u>-33,50</u>	25,25	<u>-20,02</u>
M003	40,52	34,88	<u>-16,08</u>	39,61	<u>-2,23</u>	28,90	<u>-40,11</u>
M004	42,01	29,91	<u>-40,35</u>	36,11	<u>-16,26</u>	28,77	<u>-45,92</u>
M005	36,02	30,76	<u>-17,00</u>	33,49	<u>0,70</u>	36,85	<u>-7,47</u>
M006	31,06	27,72	<u>-11,98</u>	27,67	<u>-7,48</u>	41,39	<u>-12,17</u>
M007	47,05	42,63	<u>-10,31</u>	37,69	<u>-0,87</u>	57,30	<u>-24,75</u>
M008	42,90	29,15	<u>-47,08</u>	32,97	<u>-11,50</u>	40,13	<u>-30,03</u>
M009	32,61	27,94	<u>-16,65</u>	33,19	<u>10,32</u>	44,36	<u>1,83</u>
M010	61,20	52,42	<u>-16,69</u>	45,19	<u>-10,46</u>	59,85	<u>-35,33</u>
M011	33,85	32,58	<u>-3,83</u>	35,46	<u>-4,41</u>	21,33	<u>-4,73</u>
M012	61,40	53,3	<u>-15,13</u>	47,68	<u>-23,87</u>	59,72	<u>-28,69</u>
M013	51,30	46,2	<u>-10,97</u>	45,34	<u>-15,50</u>	54,83	<u>-13,05</u>
M014	82,08	64,18	<u>-27,82</u>	52,95	<u>-18,30</u>	71,07	<u>-54,93</u>
M015	49,98	45,20	<u>-10,50</u>	39,45	<u>-11,92</u>	48,85	<u>-26,62</u>

Tabelle 2 Gegenüberstellung der drei Programmdurchläufe pro Versuchstier. Jede Maske wurde pro Programmdurchlauf auf dem ersten (M1), dem letzten (M3) oder dem maximalsten Teil (M2) des Infarkts erstellt. Zudem gilt: Je größer die Abweichungen sind, desto ungenauer arbeitet das Programm

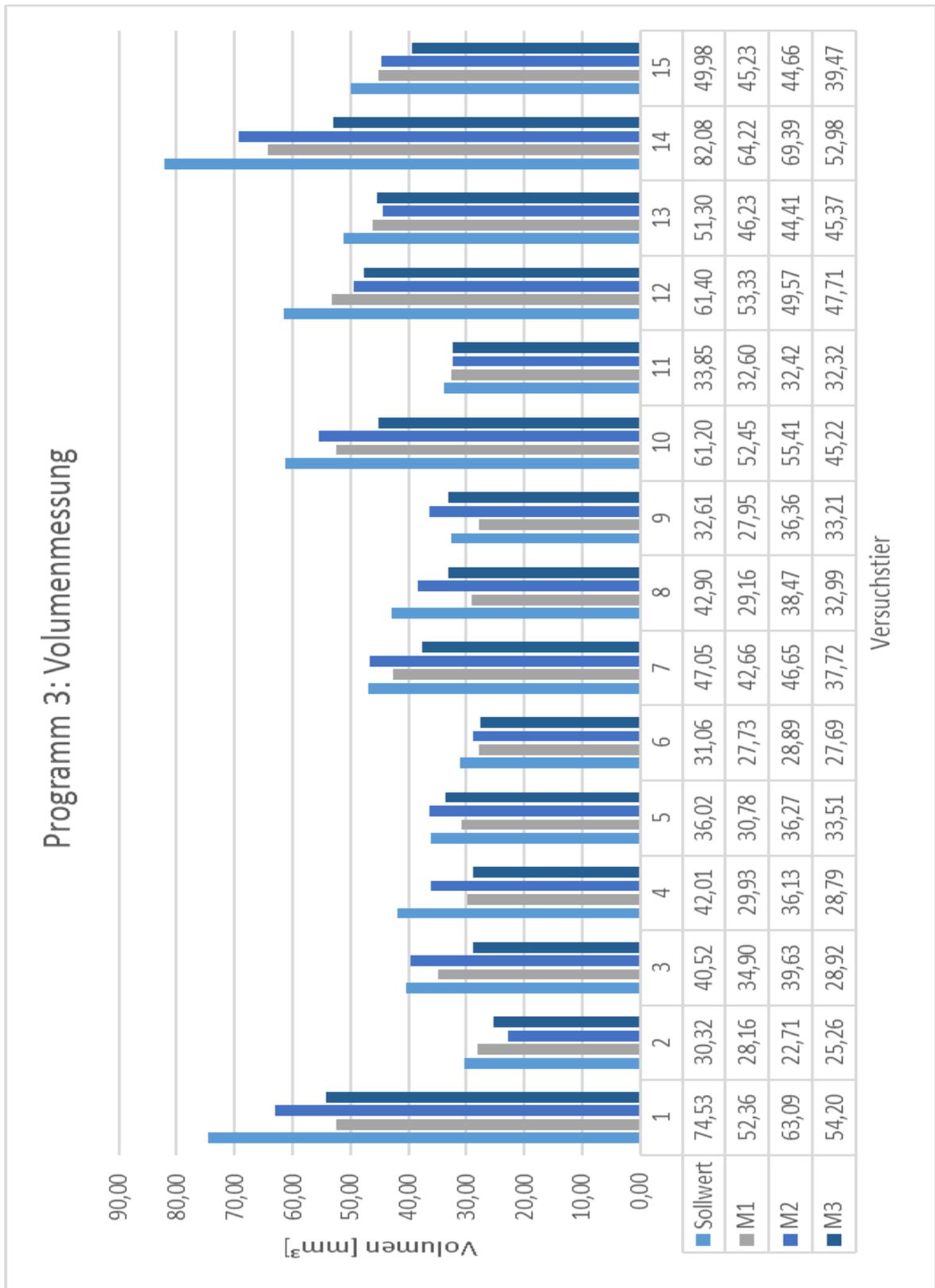


Abbildung 27 Grafische Darstellung der Volumenmessung mit Programm 3. Pro Programmdurchlauf wurde jeweils ein Volumenwert ausgegeben. Die Werte aus den Messungen 1, 2 und 3 (M1, M2, M3) sollten sich im Idealfall an den Sollwert annähern

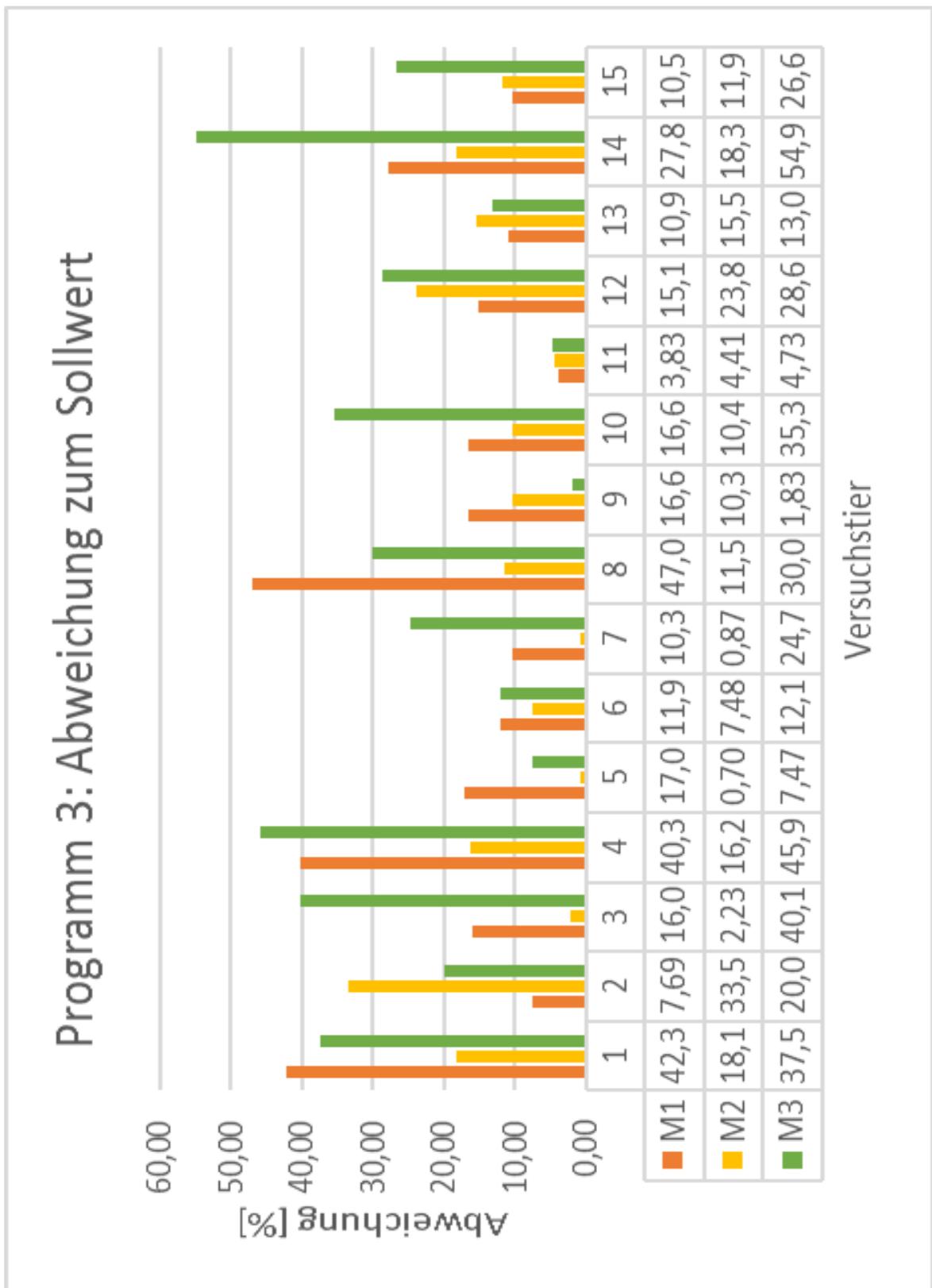


Abbildung 28 Darstellung der Abweichungen im Vergleich zum Sollwert. Die Werte wurden aus jeweils einem der drei Programmdurchläufe ermittelt. Die geringsten Abweichungen bestehen bei Messung 2 (M2). Die Abweichungen bei Messung 1 und Messung 3 (M1 und M3) sind wesentlich höher.

Tier	Sollwert Vol. [mm ³]	Programm 4					
		M1 Vol. [mm ³]	M1 Abwei- chung [%]	M2 Vol. [mm ³]	M2 Abwei- chung [%]	M3 Vol. [mm ³]	M3 Abwei- chung [%]
M001	74,53	58,69	<u>-26,99</u>	70,69	<u>-5,43</u>	58,58	<u>-27,22</u>
M002	30,32	23,07	<u>-31,43</u>	34,03	<u>10,89</u>	34,87	<u>13,05</u>
M003	40,52	31,75	<u>-27,63</u>	46,47	<u>12,81</u>	38,30	<u>-5,78</u>
M004	42,01	37,14	<u>-13,12</u>	29,97	<u>-40,15</u>	27,93	<u>-50,41</u>
M005	36,02	29,49	<u>-22,15</u>	36,85	<u>2,27</u>	28,67	<u>-25,64</u>
M006	31,06	24,43	<u>-27,15</u>	41,39	<u>24,97</u>	34,08	<u>8,86</u>
M007	47,05	46,92	<u>-0,29</u>	57,30	<u>17,88</u>	52,95	<u>11,14</u>
M008	42,90	38,84	<u>-10,45</u>	40,13	<u>-6,89</u>	30,98	<u>-38,45</u>
M009	32,61	33,85	<u>3,67</u>	44,36	<u>26,49</u>	38,75	<u>15,86</u>
M010	61,20	45,32	<u>-35,04</u>	59,85	<u>-2,27</u>	45,23	<u>-35,31</u>
M011	33,85	26,56	<u>-27,47</u>	21,33	<u>-58,73</u>	22,22	<u>-52,36</u>
M012	61,40	42,75	<u>-43,62</u>	59,72	<u>-2,82</u>	54,06	<u>-13,58</u>
M013	51,30	44,34	<u>-15,68</u>	54,83	<u>6,44</u>	46,90	<u>-9,37</u>
M014	82,08	61,47	<u>-33,54</u>	71,07	<u>-15,50</u>	51,12	<u>-60,58</u>
M015	49,98	36,28	<u>-37,76</u>	48,85	<u>-2,31</u>	32,70	<u>-52,84</u>

Tabelle 3 Gegenüberstellung der drei Programmdurchläufe pro Versuchstier. Jede Maske wurde pro Programmdurchlauf auf dem ersten (M1), dem letzten (M2) oder dem maximalsten Teil (M3) des Infarkts erstellt. Zudem gilt: Je größer die Abweichungen sind, desto ungenauer arbeitet das Programm

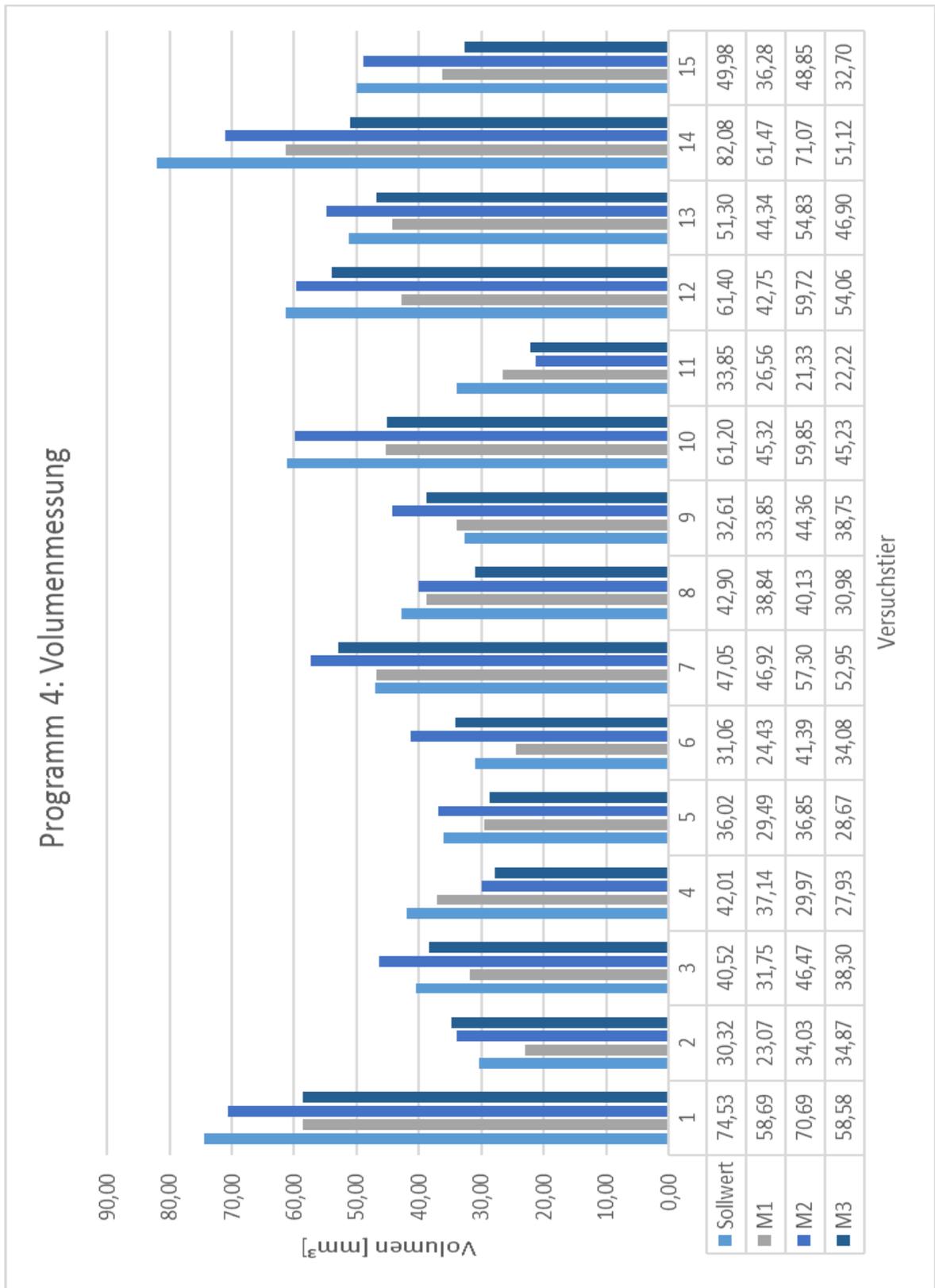


Abbildung 29 Grafische Darstellung der Volumenmessung mit Programm 4. Pro Programmdurchlauf wurde jeweils ein Volumenwert ausgegeben. Die Werte aus den Messungen 1, 2 und 3 (M1, M2, M3) sollten sich im Idealfall an den Sollwert annähern.

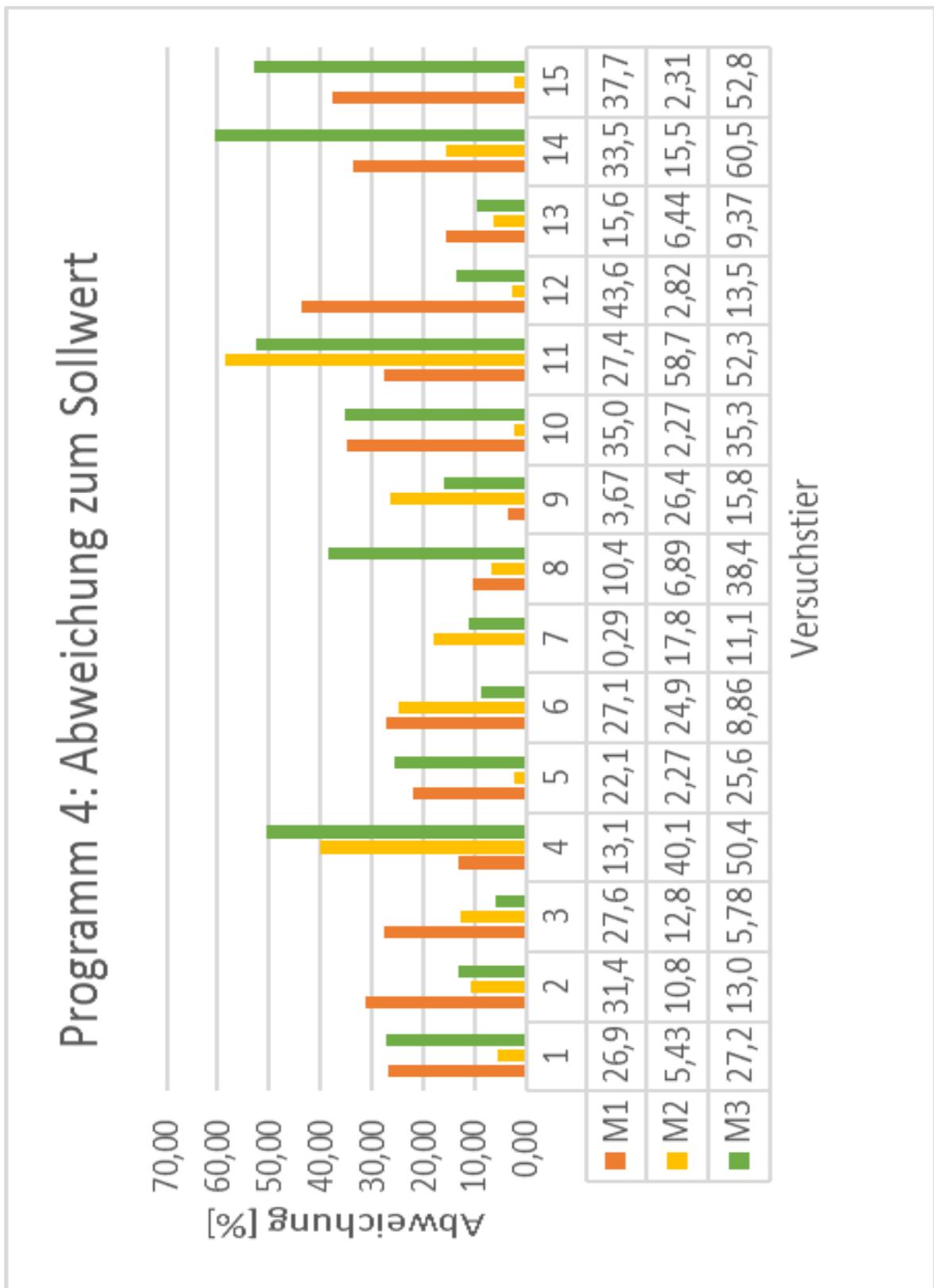


Abbildung 30 Darstellung der Abweichungen im Vergleich zum Sollwert. Die Werte wurden aus jeweils einem der drei Programmdurchläufe ermittelt. Die geringsten Abweichungen bestehen bei Messung 2 (M2). Die Abweichungen bei Messung 1 und Messung 3 (M1 und M3) sind wesentlich höher

Die Volumina weichen stark vom Sollwert ab. Die genauen Abweichungen werden in Tabelle 2, 3 und 4 in Prozent angegeben.

10.3 Standardabweichungen

Um nun auch durchschnittliche Entfernungen vom Sollwert zu analysieren, wurde die Standardabweichung der Ergebnisse berechnet. Je größer die Standardabweichung ist, je höher ist die Streuung, d.h. je ungenauer sind die Volumina.

Tier	Programm 1 SD	Programm 2 SD	Programm 3 SD	Programm 4 SD
M001	19,53	67,21	18,58	13,17
M002	7,42	3,59	5,42	5,39
M003	27,37	25,30	7,46	6,25
M004	25,15	22,38	10,88	11,06
M005	14,37	14,21	3,35	5,70
M006	21,39	8,70	3,00	7,30
M007	33,25	12,41	5,96	6,82
M008	25,93	13,10	10,10	7,44
M009	11,13	7,79	3,47	7,69
M010	43,02	47,35	11,04	13,03
M011	17,47	15,68	1,41	10,73
M012	28,42	46,94	11,44	11,61
M013	40,82	31,26	6,00	5,17
M014	57,28	70,00	21,03	22,40
M015	34,00	26,08	7,33	12,75

Tabelle 4 Gegenüberstellungen der Standardabweichungen im Bezug zum Sollwert. Abkürzung: SD = standard deviation (deutsch: Standardabweichung). Teilweise sind sehr hohe Standardabweichungen zu erkennen, was darauf schließen lässt, dass die Programme sehr ungenau arbeiten, da eine „Streuung“ hier sehr hoch ist

10.4 Häufigkeitsverteilung

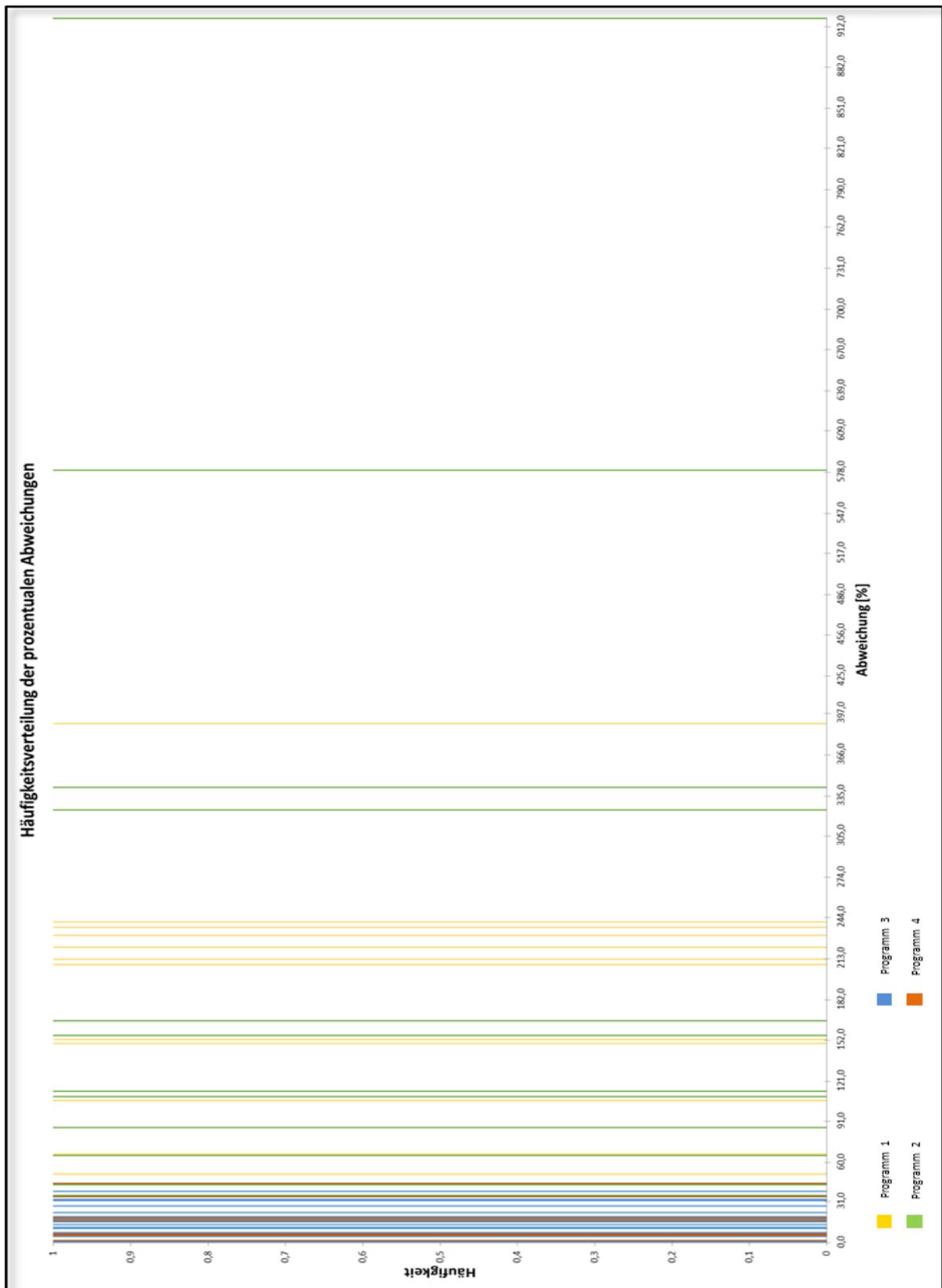


Abbildung 31 Grafische Darstellung der Verteilung aller Abweichungen. Die geringsten Abweichungen weisen eindeutig Programm 3 und Programm 4 auf. Die Programme 1 und 2 haben eine wesentlich höhere Streuung.

10.5 Zusammenfassung

Die Abweichungen zeigen noch deutlicher, dass die gemessenen Werte stark vom Sollwert unterscheiden. Dies liegt daran, dass die Methoden im Programm nicht exakt segmentieren konnten. Das Programm 3 arbeitet genauer als die anderen Programme. Dennoch ist die Abweichung zu groß um quantitative Aussagen über das Volumen des Infarkts machen zu können.

Die Auswertungen zeigen folgendes:

Die automatische bzw. semiautomatische Auswertung von biologischen Daten ist in dem hier bearbeiteten Projekt nur bedingt möglich. Dies hat mehrere Ursachen:

Schwellenwertverfahren können zur Segmentation nicht genutzt werden, da die Grauwerte im Bereich des Infarkts nicht homogen sind. Das Grauwertintervall ist in diesem Bereich sehr groß. Durch Messfehler, Magnetfeldinhomogenitäten oder aufgrund unterschiedlicher biologischer Verteilung des Schlaganfalles kommt es zudem zu dunklen Flecken innerhalb des zu segmentierenden Bereiches. Die Grauwerte dieser dunkleren Areale sind teilweise ähnlich, teilweise sogar geringer als die des umliegenden Gewebes. Bei einem Schwellenwertverfahren werden die dunklen Flecken also entweder ausgespart oder umliegendes Gewebe mitsegmentiert. Programm 1 arbeitet mit vordefinierten Schwellen, die in den meisten Fällen die dunkleren Infarktstellen bei der Segmentierung nicht berücksichtigen. Dies ist der Grund dafür, dass die Istwerte meist kleiner als die Sollwerte sind.

Die Segmentierung mit Active Contour bedarf Vorinformationen. Diese werden für die Berechnung der in Kapitel 7.4 beschriebenen inneren und äußeren Energie benötigt. Die Vorinformationen für die Energie werden mittels kleiner Polygone innerhalb des Infarkts generiert. Die Gewichtung der Energien wird im Vorfeld im Programm definiert. Diese Parameter müssten für jeden Slice neu angepasst werden, um quantitative und qualitative Aussagen treffen zu können. Zudem bedarf es ein hohes Maß an Erfahrung und etliche Zeit des Ausprobierens, bis geeignete Werte gefunden bzw. die Masken an der am besten geeigneten Stelle eingezeichnet werden. Dies entspricht einem hohen Zeitaufwand, weshalb auch ein Active Contour Verfahren in dem hier gezeigten Beispiel für die Auswertung nicht geeignet ist.

Kanten- und Pixelbasierte Segmentierungsverfahren sind ebenfalls nicht anwendbar, da im Bild automatisch keine Kanten erkannt werden können (siehe Kapitel 6.2 und 6.3).

11. Diskussion

11.1 Zielstellung der Arbeit

In der medizinischen Forschung werden täglich mehrere digitale Bildaufnahmen von Versuchstieren gemacht. Diese müssen am Computer mittels Bildbearbeitungssoftware ausgewertet werden, um so qualitative und quantitative Aussagen über das zu untersuchende Objekt treffen zu können. Besonders geeignet und weit verbreitet ist beispielsweise Photoshop. Aber auch OpenSource Software, wie beispielsweise *Fiji* oder *3D Slicer* gewinnt v.a. als kostenlose Variante immer mehr an Bedeutung und wird für Auswertungen der medizinischen Forschung genutzt. Das Bearbeiten der Bilddateien erfolgt mit einer bestimmten Reihenfolge, die der User interaktiv befolgt und anwendet:

Nach der Bilderzeugung ist es sinnvoll, eine Vorverarbeitung auszuführen. Diese erfolgt durch den Einsatz diverser Filter oder der konkreten Manipulation (Dehnen oder Stauchen) des Grauwertistogramms. Das im vorverarbeiteten Bild befindliche Merkmal muss im folgenden Schritt segmentiert und extrahiert werden. Nur so kann das Merkmal klassifiziert und eine Aussage darüber getroffen werden.

Die Bearbeitung digitaler Bilder ist v.a. in der medizinischen Forschung sehr zeitintensiv. Da man neben Kenntnissen der Bildverarbeitung und einer gewissen Routine auch Kenntnisse in der Medizin mitbringen sollte, ist die Analyse und Auswertung neben dem zeitlichen Aspekt auch enorm teuer für die Unternehmen und Institute, da besonders fachkundiges Personal eingesetzt werden muss. Zudem ist die Zuordnung bestimmter Segmente in den hier verwendeten MRT Daten variabel und da auch Konturen nicht exakt erkennbar und definierbar sind, kommt es auch hier zu mehr oder weniger starken Schwankungen in den Segmentierungen. Bisher konnte keine einheitliche Lösung gefunden werden, was zu einem erheblichen Qualitätsverlust führen kann. Um Zeit und Kosten zu sparen und eine Objektivierbarkeit gewährleisten zu können, sollte ein Programm entwickelt werden, das eine aufwändige und zeitintensive interaktive Bearbeitung der Daten ersetzt bzw. diese vereinfacht. Da es viele Möglichkeiten der Vorverarbeitung und Bearbeitung digitaler Bilder gibt, wurden vier Programme in Matlab® entwickelt. Diese unterscheiden sich wie folgt:

- ➔ Programm 1: Dieses Programm läuft komplett automatisch, was bedeutet, dass der User nach dem Starten des Programmes keine weiteren Befehle oder Interaktionen ausführen muss. Nach dem Einlesen der Datensätze schneidet das Programm in der oberen rechten Ecke des Bildes einen Bereich aus, in dem sich der Infarkt befinden

soll. Dies dient dazu, ähnliche oder gleiche Grauwerte zu minimieren. Im Vorfeld wurden vom Entwickler des Programmes Mittelwerte festgelegt, die einer oberen und einer unteren Grauwertgrenze entsprechen. Anhand dieser Grenzen wird mit einem einfachen Schwellenwertverfahren versucht, den Infarkt zu segmentieren.

- ➔ Programm 2: Die Grundlage dieses Programmes ist das *Active Contour* Verfahren. Der Algorithmus segmentiert im ersten Schritt den Infarkt und im zweiten Schritt die Hirnmasse inklusive Infarkt. Mit einer Vergleichsoperation wird die Anzahl der Pixel ermittelt, die zum segmentierten Infarkt oder zur segmentierten Hemisphäre gehören. Da die Anzahl beider Bereiche enorm abweichen wird so entschieden, ob sich auf der aktuellen Schicht des Stapels ein Teil des Infarkts befindet. Die Schichten, auf denen die gewünschten Merkmale zu sehen sind, werden in einer neuen Matrix gespeichert. Nun werden erneut Masken im Bereich des Infarktes zu definieren. Die Berechnungen erfolgen anhand vorher gewählter Parameter automatisch.
- ➔ Programm 3: Auch hier handelt es sich um ein *Active Contour* Verfahren. Zudem muss der User selbst eingeben, auf welchen Schichten sich der Infarkt befindet, um so interaktiv eine Matrix mit den gewünschten Merkmalen zu erstellen. Außerdem kann der User den Slice auswählen, auf dem er die Masken für das Verfahren interaktiv definiert.
- ➔ Programm 4: Bei Programm 4 handelt es sich um eine Erweiterung zu Programm 3. Der Ablauf ist analog zu Programm 3. Lediglich wurde hier ein Gauß-Filter eingesetzt, um die Bedingungen für das Segmentieren zu verbessern.

11.2 Schlussfolgerung

Die Ergebnisse der bisher manuell ausgeführten Bearbeitung digitaler Bilder mittels bereits genannter Bildverarbeitungssoftware entsprechen dem Sollwert. Durch medizinisches Wissen, Vorkenntnissen in der Bildbearbeitung und aufgrund der separaten Bearbeitung jeder einzelnen Schicht entsprechen die Ergebnisse relativ genau dem tatsächlichen Infarkt-Volumen. Ausgehend davon wurden die Ergebnisse mit den entwickelten Programmen ermittelt und damit verglichen. Diese weichen jedoch sehr stark vom Sollwert ab, was auf verschiedene Ursachen zurückzuführen ist.

Biologische Daten sind, besonders im Bereich der Medizin, sehr vielfältig und unterscheiden sich untereinander stark. Zudem treten bereits bei der Messung Unterschiede in der Qualität der Bilder auf. So sind beispielsweise Grauwerte unterschiedlich verteilt, was die Aufnahmen dunkler bzw. heller gegenüber anderen erscheinen lässt (Abb. 32).

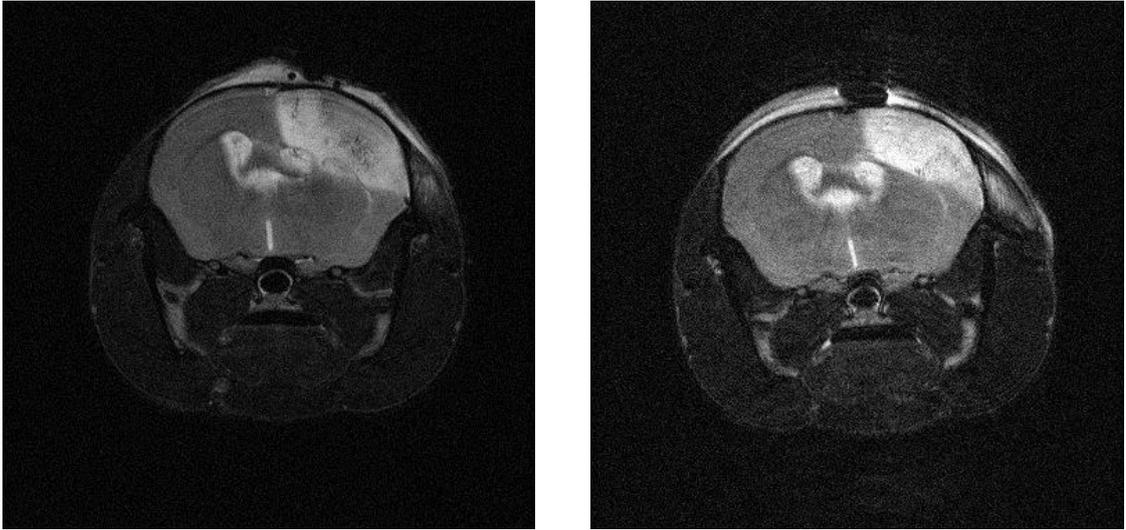


Abbildung 32 Abbildung einer Aufnahme von Versuchstier 1 (links) und Versuchstier 10 (rechts). Die Aufnahme von Versuchstier 1 erscheint wesentlich dunkler, als die des Versuchstieres 10. Es handelt sich hierbei um verschiedene Grauwertbereiche. Links umfasst die Aufnahme Grauwerte im Bereich von 164 bis 25441, rechts im Bereich von 133 bis 31332.

Ein weiterer Fehler, der bereits beim Messen auftreten kann, ist ein Bewegungsartefakt durch das Versuchstier (Abb. 33). Die Tiere werden im Vorfeld narkotisiert. Die Atmung und Körpertemperatur wird dabei permanent überwacht. Ist die Narkotisierung zu schwach, so „schläft“ das Tier nicht fest genug. Die Atmung beschleunigt sich und ist unregelmäßig. Der Messimpuls im MRT wird auf die Atempause der Maus getriggert. Bei unregelmäßigem Atmen kann es passieren, dass sich der Brustkorb durch die Atmung genau während des Messimpulses bewegt. Das Ergebnisbild sieht „verwackelt“ aus und es werden doppelte Konturen abgebildet.

Die Wahl einer „richtigen“, geeigneten Narkotika-Zufuhr ist sehr schwierig. Führt man zu viel des Medikamentes zu, so kann das Tier während der Aufnahme sterben, da sich die Atmung des Tieres so enorm verlangsamt, dass eine ausreichende Sauerstoffzufuhr der Maus nicht mehr gewährleistet ist.

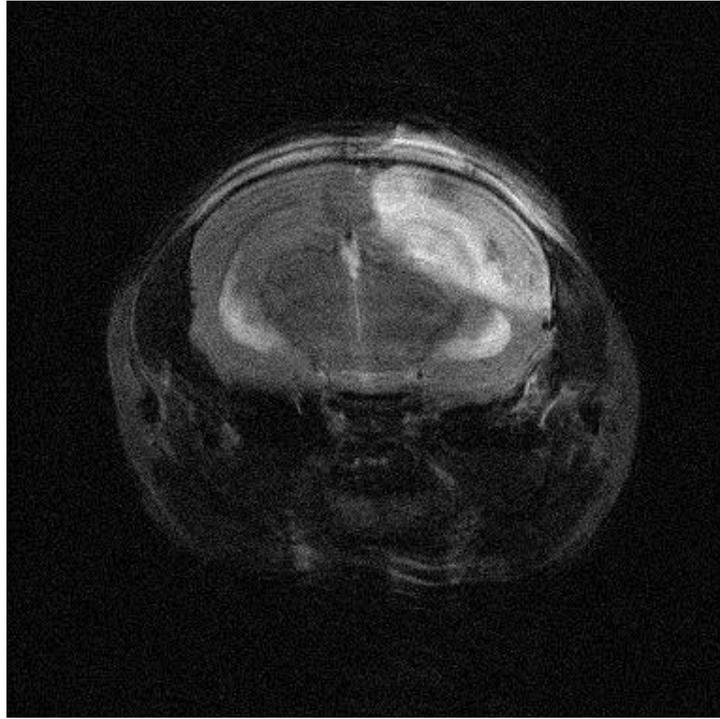


Abbildung 33 Bewegungsartefakt eines Versuchstieres. Es sind doppelte Konturen zu erkennen, v.a. im oberen Bereich des Bildes am subkutanen Fett und am unteren Bereich des Kopfes. Zudem wirkt das Bild „verwaschen“.

Ein Schwellenwertverfahren mit vorher definierten Schwellen zu automatisieren ist zudem nicht möglich, da sich die Grauwertbereiche des Infarktes und die der umliegenden restlichen Bildanteile überlappen (Abb. 34).

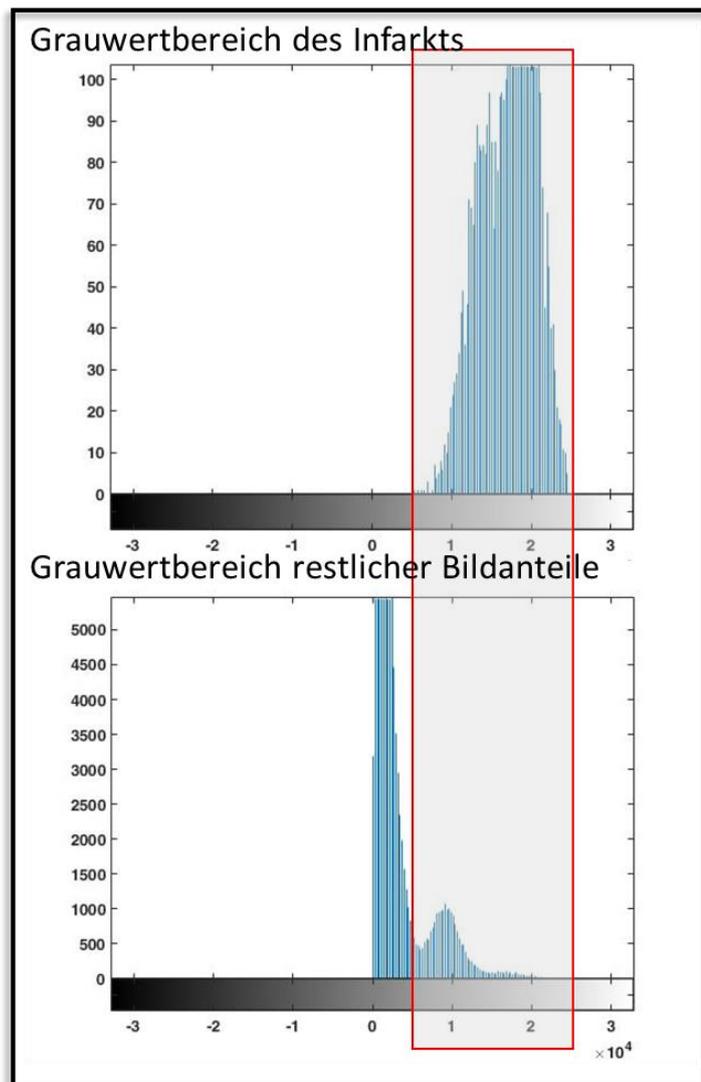


Abbildung 34 Darstellung der Grauwertüberlappung durch Histogramme. Der Infarkt selbst hat einen Grauwertbereich von 5390 bis 25441. Die restlichen Grauwerte des Bildes befinden sich im Bereich von 164 bis 24728. Es gibt also eine starke Überlappung, was ein einfaches Schwellenwertverfahren zur Merkmalsextraktion überflüssig macht

Um die Auswertung der MR-Bilder zu automatisieren ist es zudem hilfreich, wenn gleiche Bedingungen in Bezug auf Lage und Größe des Infarkts gegeben sind. Das bedeutet, dass die Messungen an exakt der gleichen Stelle am Kopf der Maus beginnt und dementsprechend auch an der gleichen Stelle enden, sodass der Schlaganfall immer auf den gleichen Schichten erkennbar ist. Da die Kalibrierung bei den Messungen manuell erfolgt und bei jedem Versuchstier erneut eingestellt werden muss, ändern sich diese Bedingungen bei jeder Maus. Zudem sollte sich der Infarkt an der gleichen Bildposition befinden. Das Tier wird an die gleiche Stelle in den Tomographen gelegt. Jedoch kann es (geringfügig) zu einer Drehung in der Längsachse der Maus kommen, wodurch sich der abgebildete Infarkt nicht mehr an der gleichen Bildposition befinden kann (Abb. 35). Außerdem sind die Größe bzw. die

Länge des Infarktes sehr unterschiedlich. So kann es passieren, dass sich der Infarkt bei einem Versuchstier über zehn Schichten erstreckt und bei einem anderen nur über acht Schichten.

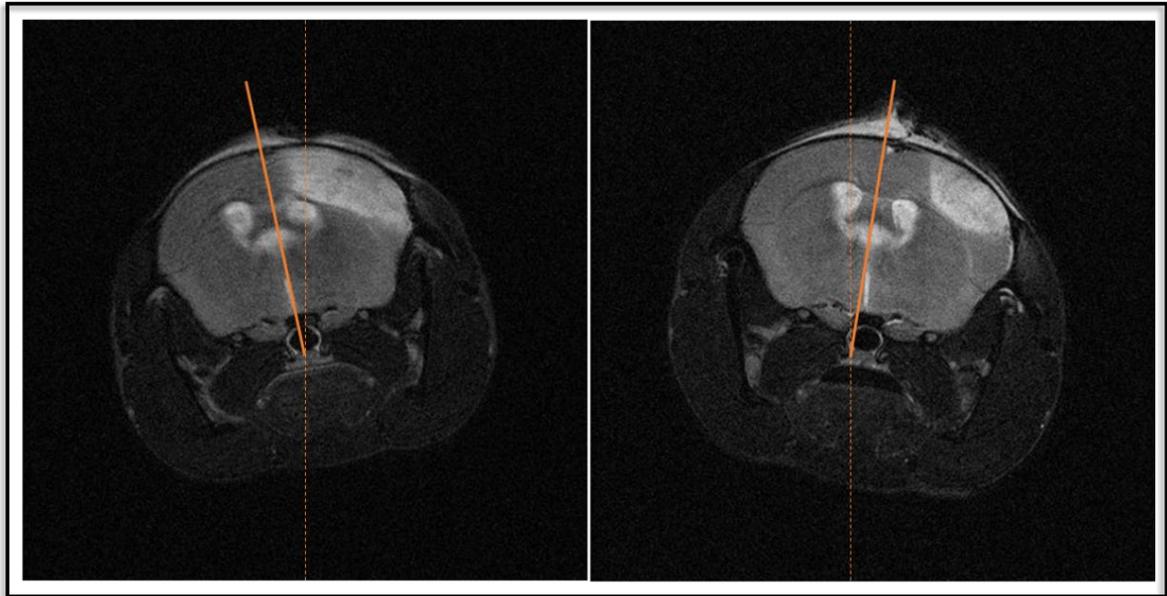


Abbildung 35 Darstellung der unterschiedlichen Bedingungen durch gedrehte Lage des Versuchstieres im Tomographen. Im linken Bild ist eine Drehung der Längsachse der Maus um -12° , ausgehend von der Senkrechten, zu messen. Rechts beträgt die Drehung 9° . Die rote, durchgehende Linie zeigt die Drehung zur senkrechten, gestrichelten Linie.

Diese Unterschiede machen eine automatisierte Auswertung sehr schwierig.

Die durch die Programme 1-4 berechneten Volumina weichen stark vom eigentlichen Infarkt volumen (den Sollwerten) ab.

Während des Programmablaufes treten des Weiteren mehrere Fehler auf, die sich aufsummieren:

→ Programm 1:

Fehler beim Ausschneiden des Bereiches: Im Programm wird ein vorher definierter Bereich ausgeschnitten. Alle Grauwerte, die außerhalb des Bereiches liegen, haben den Wert Null. Dies sorgt dafür, dass möglichst wenige Bereiche im Bild vorhanden sind, die die gleichen oder ähnlichen Grauwerte haben (wie beispielsweise subkutanes Fett, Ventrikel o.a.). Wie aber in Abb. 35 festgestellt wurde, kann ein solcher Bereich nicht im Vorfeld definiert werden, da dieser entweder möglichst groß gewählt werden müsste um etwaige Drehungen berücksichtigen zu können oder für jede Messung separat und gezielt angepasst werden müsste. So passiert es in Programm 1, dass bei manchen Aufnahmen Teile des Infarkts abgeschnitten werden, was zur Verfälschung der Volumenberechnung führt. Zudem wurde eine obere und untere Grenze definiert. Alle Grauwerte, die sich innerhalb dieser Grenzen befinden, sollen

zu dem zu segmentierenden Bereich gehören. Abb. 34 zeigt aber, dass sich Grauwerte unterschiedlich stark überlappen. So werden neben dem eigentlichen Infarkt auch weitere Bildbestandteile mitsegmentiert, was ebenfalls zu einer Verfälschung des Volumens führt.

Das fehlerhaft errechnete Volumen setzt sich also aus den folgenden Punkten zusammen:

- Fehler durch festgelegte Abmessungen beim Ausschneiden eines Bildbereiches
- Fehler durch festgelegte Grenzen beim Schwellenwertverfahren
- Fehler durch Grauwertüberlappungen beim Schwellenwertverfahren

→ Programm 2:

Das Verfahren des *Active Contour* ist ein sehr zuverlässiges Verfahren und findet in der Auswertung medizinischer Datensätze immer öfter Anwendung. Die Parameter, die ausschlaggebend für die Berechnung des Verfahrens sind, werden im Programm 2 im Vorfeld festgelegt. Als Grundlage für das Festlegen der relevanten Parameter dienen eigene Versuche und Erfahrungen. Da die Daten jedoch von sehr unterschiedlicher Qualität sind, lassen sich die Werte nicht pauschalisieren und sind nicht verallgemeinert auf jede Messung anwendbar. Man geht davon aus, dass der Algorithmus wie in Punkt 6.4 beschrieben, wie ein Ballon arbeitet, der sich in einer Röhre ausbreitet. Bei den in dieser Arbeit benutzten Datensätzen handelt es sich damit sinnbildlich um eine sehr löchrige Röhre, die den Infarkt nicht an allen Stellen ganz umschließt, weshalb der Ballon bei Ausbreitung nicht die Form der Röhre annehmen kann, sondern sich an den „Löchern“ verformt. Dies hat v.a. damit zu tun, dass es nur wenig Grauwertunterschiede zwischen dem Infarkt selbst und dem umliegenden Gewebe gibt, was eine Differenzierung der verschiedenen Regionen nicht exakt ermöglicht. Dieses Problem sorgt dafür, dass die Schichten mit dem Infarkt teilweise nicht korrekt in die neue Matrix zugeordnet werden können und dass, je nach Bildqualität, Infarkte zu groß bzw. zu klein segmentiert werden, da die Parameter für die innere Energie nicht pauschalisiert und nicht verallgemeinert auf alle Messungen anwendbar sind.

Das fehlerhaft errechnete Volumen setzt sich also aus den folgenden Punkten zusammen:

- Fehler durch falsche Zuordnung der einzelnen Schichten
- Fehler durch die (verallgemeinert) gewählten Parameter, die innere und äußere Energie beschreiben

→ Programm 3:

Auch hier treten Fehler durch die voreingestellten Parameter des *Active Contour* Verfahrens auf. Da die Zuordnung der Schichten, auf denen sich ein Teil des Infarkts befindet, interaktiv durch den Nutzer festgelegt wird, tritt der Fehler lediglich beim Segmentieren auf, wie es auch bei Programm 2 der Fall ist.

Das fehlerhaft errechnete Volumen setzt sich also aus den folgenden Punkten zusammen:

- Fehler durch die (verallgemeinert) gewählten Parameter, die innere und äußere Energie beschreiben

→ Programm 4:

Um den Fehler des *Active Contour* Verfahrens zu minimieren, wurde bei Programm 4 ein Filter verwendet. Dieser soll dafür sorgen, dass Kanten hervorgehoben werden und im Infarkt bestehende Grauwertsprünge, die fälschlicherweise als Kontur erkannt werden könnten, homogenisiert und minimiert werden, sodass die „Röhre“ also stabilisiert und an offenen Stellen geschlossen wird. Die Werte und Parameter für den Filter sind ebenfalls verallgemeinert und im Vorfeld definiert, sodass die eintretende Verbesserung nur minimal und somit vernachlässigbar ist.

Das fehlerhaft errechnete Volumen setzt sich also aus den folgenden Punkten zusammen:

- Fehler durch die (verallgemeinerten) gewählten Parameter, die innere und äußere Energie beschreiben

11.3 Ausblick

Der Mensch erkennt auf den im Versuch genutzten Datensätzen aufgrund von Erfahrungen einzelne Objekte und Bestandteile und kann diese differenziert voneinander erfassen und beschreiben. Somit kann das menschliche Auge den Schlaganfall als eigenständigen Bildbestandteil wahrnehmen. Diese Erfahrungen werden als a-priori Wissen bezeichnet, die zwingend notwendig sind, um Bereiche separiert wahrnehmen zu können. Berechnungen aus den vorgestellten Methoden schaffen dies leider nicht bzw. nur teilweise. Ohne dieses a-priori Wissen ist es kaum möglich, quantitative Aussagen zu erhalten. Es müsste ein größerer interaktiver Einsatz erfolgen, was wiederum zu einem erheblichen Zeitaufwand führt.

Für die Fertigstellung der Software sind zudem noch Veränderungen und Erweiterungen notwendig, die innerhalb der Bachelorarbeit nicht mehr implementiert werden konnten. Die errechneten Volumina sind selbst durch ein interaktives Mitwirken seitens des Users zu ungenau.

Der manuelle Aufwand bleibt bei der medizinischen Bildver- und Bildbearbeitung bestehen. Durch die Bearbeitung der Programme und das Analysieren des Bildbearbeitungsablaufs erhält man einen tiefen Einblick in die medizinische Forschung und lernt Fragestellungen und Probleme zu analysieren und zu lösen. Man kann erkennen, was ein Bild ist und mit welchen Mitteln man dieses bestmöglich be- und verarbeiten kann. Dennoch benötigt man Vorwissen in der Medizin um bereits für sich selbst einzelne Bildbestandteile visuell separieren zu können.

Das Zusammenspiel von Informatik, Medizin und Physik ist sehr umfangreich und besitzt viele Facetten, die es zu berücksichtigen gilt. Trotz modernster Techniken und einer Vielzahl an Möglichkeiten ist es sehr schwierig, das benötigte Wissen über den Inhalt der Bilder durch automatisierte Berechnungen zu ersetzen. Dieses bereits erwähnte a-priori Wissen ist also unersetzbar und wird weiterhin benötigt um in der Medizin qualitative Aussagen treffen zu können.

Das Fazit dieser Bachelorarbeit ist also, dass die technische Vielfalt, physikalische Grundsätze und computergestützte Berechnungen das Wissen und die Erfahrungen eines Menschen durchaus unterstützen können, diese aber niemals ersetzen werden.

12. Quellenangabe

12.1 Literaturliste

Isaac N. Bankman: „Handbook of Medical Image Processing and Analyses“; Bankman Verlag; 2009; o.O.; 2. Auflage

Prof. Dr.-Ing. Rüdiger Kutzner: „Matlab/Simulink, Eine Einführung“; RRZN Hannover; 2012; Hannover; 4. Auflage

Linsen, Hagen, Hamann: „Visualization in Medicine and Life Science“; Springer Verlag; 2010; Bremen, Kaiserslautern, Davis; 1. Auflage

Weishaupt, Köchli, Marincek: „Wie funktioniert MRI“; Springer Verlag; 2014; Heidelberg; 7. Auflage

Lehmann: „Handbuch der medizinischen Informatik“; Hanser Verlag, 2002; München; 1. Auflage

S. Osher, R. Fedkiw: Level set methods and dynamic implicit surfaces, Springer, 2003

12.2 Dissertationen, Diplom-, Bachelor- und Masterarbeiten

Beyl, Tim: Robotergestützte Ultraschalltomographie; Diplomarbeit; Universität Heidelberg/Hochschule Heilbronn; 2010; 142 Seiten

Bandouch, Jan: Grundlagen: Bildverarbeitung / Objekterkennung; Seminar Thesis; Technische Universität München; 2006; 33 Seiten

Gleu, Nanett: Verbesserung der Auflösung eines Erdfeld-MRT durch Kompensation physikalischer Störeinflüsse und Optimierung implementierter Software; Bachelorarbeit; Hochschule für Angewandte Wissenschaften Hamburg; 2012; 72 Seiten

Nardina, Pascal: Erstellung einer Zilien-Klassifizierungs Applikation; Bachelorarbeit, Ostbayerische technische Hochschule (OTH) Regensburg; 2014, 95 Seiten

Mannweiler, Dirk: „Mathematische Methoden zur Segmentierung von Kardio-MR-Zeitsequenzbildern“, Diplomarbeit; Westfälische Wilhelms-Universität Münster, 99 Seiten

T. F. Chan, L. A. Vese, *Active contours without edges*. IEEE Transactions on Image Processing, Volume 10, Issue 2, pp. 266-277, 2001

12.3 Internetadressen

http://de.wikipedia.org/wiki/Bilaterale_Filterung (Stand: 01.02.16, 18:43 Uhr)

http://de.wikipedia.org/wiki/Bildverarbeitung#Operationen_der_Bildverarbeitung (Stand: 01.02.16, 18:43 Uhr)

<http://www.softpedia.com/get/Science-CAD/Fiji.shtml> (Stand: 12.06.15, 14.01 Uhr)

<http://de.wikipedia.org/wiki/Erythropoese> (Stand: 12.06.15, 14.05 Uhr)

http://de.wikipedia.org/wiki/Segmentierung_%28Bildverarbeitung%29 (Stand: 01.02.16, 18:44 Uhr)

https://en.wikipedia.org/wiki/Statistical_region_merging (Stand: 01.02.16, 18:44 Uhr)

<http://de.mathworks.com/products/matlab/> (Stand: 01.02.16, 18:44 Uhr)

<http://de.wikipedia.org/wiki/Matlab> (Stand: 01.02.16, 18:44 Uhr)

<http://www.softpedia.com/get/Science-CAD/Fiji.shtml> (Stand: 01.02.16, 18:45 Uhr)

https://en.wikipedia.org/wiki/Fiji_%28software%29 (Stand: 01.02.16, 18:45 Uhr)

<http://www.slicer.org/pages/Introduction> (Stand: 01.02.16, 18:46 Uhr)

<http://www.schlaganfall-hilfe.de/home;jsessionid=aaaxQqLIZhevNfFSF53my> (Stand: 02.03.16, 16:16 Uhr)

13. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1	Ablauf der digitalen Bildverarbeitung.....	2
Abbildung 2	MRT Aufnahme eines menschlichen Gehirns.....	4
Abbildung 3	Axiale Ansicht des Gehirnes einer Maus.....	6
Abbildung 4	Protonen im MRT.....	8
Abbildung 5	Schematische Darstellung eines DICOM Standards.....	14
Abbildung 6	Bestandteile und Aufbau eines DICOM Standards.....	15
Abbildung 7	Transferfunktion eines Gaußfilters.....	20
Abbildung 8	Darstellung eines Schwellenwertverfahrens.....	22
Abbildung 9	Line-Intensity-Profile eines Schachbrettmusters.....	23
Abbildung 10	Kantendetektion eines Beispielbildes.....	23
Abbildung 11	Line-Intensity-Profile einer MRT Aufnahme.....	24
Abbildung 12	Ablauf einer regionenbasierten Segmentierung Teil 1.....	25
Abbildung 13	Ablauf einer regionenbasierten Segmentierung Teil 2.....	26
Abbildung 14	Ablauf einer regionenbasierten Segmentierung Teil 3.....	27
Abbildung 15	Darstellung des Region Growing Verfahrens.....	28
Abbildung 16	Anwendung des Region Growing Verfahren.....	28
Abbildung 17	Programm 1, Schritt 1.....	33
Abbildung 18	Programm 1, Schritt 2.....	34
Abbildung 19	Abbildung einer dreidimensionalen Ansicht.....	35
Abbildung 20	Ausgabe des Volumens.....	35
Abbildung 21	Ablauf des automatischen Threshold-Verfahrens.....	35
Abbildung 22	Erste Anweisung für den User.....	37
Abbildung 23	Einzeichnen eines Polygons.....	38
Abbildung 24	Grafische Darstellungen eines Voxels.....	40
Abbildung 25	Grafische Darstellung der Volumina aller Methoden.....	43
Abbildung 26	Grafische Darstellung der Abweichungen.....	44
Abbildung 27	Grafische Darstellung der Volumenmessung mit Programm 3.....	46
Abbildung 28	Darstellung der Abweichungen Programm 3.....	47
Abbildung 29	Grafische Darstellung der Volumenmessung mit Programm 4.....	49
Abbildung 30	Darstellung der Abweichungen Programm 4.....	50
Abbildung 31	Grafische Darstellung der Verteilung.....	52
Abbildung 32	Unterschiedliche Grauwertbereiche.....	56
Abbildung 33	Bewegungsartefakt eines Versuchstieres.....	57

Abbildung 34 Darstellung der Grauwertüberlappung	58
Abbildung 35 Unterschiedlichen Bedingungen durch Lage im MRT.....	59

14. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1 Volumen und Abweichungen der jeweiligen Methoden.	42
Tabelle 2 Gegenüberstellung der drei Programmdurchläufe Programm 3	45
Tabelle 3 Gegenüberstellung der drei Programmdurchläufe Programm 4	48
Tabelle 4 Gegenüberstellungen der Standartabweichungen	51

15. Anhang

15.1 Quellcode Programm 1

```
close all, clear all, clc, imtool close all

fileFolder = fullfile (pwd, 'Bara01');
files = dir(fullfile(fileFolder, '*.dcm'));
fileNames = {files.name};

info = dicominfo(fullfile(fileFolder, fileNames{1}));

pixelArea = info.PixelSpacing;
width = pixelArea(1);
height = pixelArea(2);
depth = info.SliceThickness;
voxel_size = {info.PixelSpacing, info.SliceThickness};

I = dicomread (fullfile(fileFolder, fileNames{1}));
classI = class(I);
sizeI = size(I);
numImages = length(fileNames);

hwaitBar = waitbar (0, 'Reading DICOM files');

mri = zeros (sizeI(1), sizeI(2), numImages, classI);
for i = length(fileNames):-1:1
    fname = fullfile(fileFolder, fileNames{i});
    mri(:, :, i) = uint16(dicomread(fname));
    waitbar((length(fileNames) - i + 1) / length(fileNames));
end

delete(hwaitBar);

mri = flip(mri, 3);
im = mri (:, :, 17);
max_level = double(max(im(:)));
imt = imtool (im, [0, max_level]);

%%
imtool close all;
minMRI = min(mri(:));
maxMRI = max(mri(:));
montage(reshape(uint16(mri), size(mri,1), size(mri,2), 1, size (mri,3)));
%%
set(gca, 'clim', [0,100]);
mriTemp = mri(:, :, 17);
mriTemp(145:end, :) = 0;
mriTemp(:, 1:220) = 0;
imshow(imadjust(mriTemp));

%%
lb = 12000;
ub = 22000;

Threshold = mri;
Threshold(Threshold <= lb) = 0;
Threshold(Threshold >= ub) = 0;
```

```

Threshold (145:end, :, :) = 0;
Threshold (:,1:220, :) = 0;
bw = logical(Threshold);
figure(1);imshow(bw(:,:,17));

%%
nhood = ones([5 5 1]);
bw = imopen(bw,nhood);
figure(2);imshow(bw(:,:,17));

%%
Region = bwlabeln (bw);
stats = regionprops(Region, 'Area', 'Centroid');
RegionI = Region(:,:,17)+1;
map = hsv (length(stats));
map = [0 0 0; map];
RegionI = map (RegionI, :);
RegionI = reshape (RegionI, [sizeI, 3]);
imshow (RegionI);
%%
A = [stats.Area];
biggest = find(A==max(A));
Threshold(Region~=biggest)=0;
PicA = imadjust(Threshold(:,:,17));
imshow(PicA);
drawnow; shg;
%%
level = thresh_tool (uint16(Threshold(:,:,17)), 'gray');
stroke = uint8(zeros(size(Threshold)));
stroke(Threshold<level & Threshold>0)=2;
stroke(Threshold >=level)=3;
imshow(stroke(:,:,17),[0 0 0 ; 0 0 0 ; 0.25 0.25 1;1 1 1]);

%%
tmp = text(128,200,'Rendering 3D: Please wait', 'color', 'r', 'fontsize',
14, 'horizontalalignment', 'center');
strokeParameter = imresize (stroke , 0.25, 'nearest');
strokeParameter = flip (strokeParameter, 1);
strokeParameter = flip (strokeParameter, 2);
strokeParameter = permute(strokeParameter,[3 2 1]);
voxel_size2 = voxel_size ([1 1]);
vol = isosurface(strokeParameter, 2.5);
h = figure('visible', 'off', 'outerposition', [0 0 800 600]);
patch(vol, 'Facecolor', 'b');
view(45,15);
daspect auto;
axis tight;
axis off;
camlight; camlight(-80,-10); lighting phong;
delete(tmp);
movegui(h,'center');
set(h, 'visible','on');

%%
pixel = nnz(stroke);
Volume = pixel * depth * height * width;
h = msgbox(['Volumen in mm3 = ' num2str(Volume)], 'Volume');

```

15.2 Quellcode Programm 2

```
%%
close all, clear all, clc, imtool close all
fileFolder = fullfile(pwd, 'Bara02');
files = dir(fullfile(fileFolder, '*.dcm'));
fileNames = {files.name};

info = dicominfo(fullfile(fileFolder, fileNames{1}));

pixelArea = info.PixelSpacing;
width = pixelArea(1);
height = pixelArea(2);
depth = info.SliceThickness;
voxel_size = {info.PixelSpacing, info.SliceThickness};

I = dicomread (fullfile(fileFolder, fileNames{1}));
classI = class(I);
sizeI = size(I);
numImages = length(fileNames);
hwaitBar = waitbar (0, 'Reading DICOM files');

mri = zeros (sizeI(1), sizeI(2), numImages, classI);
for i = length(fileNames):-1:1
    fname = fullfile(fileFolder, fileNames{i});
    mri(:, :, i) = uint16(dicomread(fname));
    waitbar((length(fileNames) - i + 1) / length(fileNames));
end

delete(hwaitBar);

imshow (mri(:, :, 10));
%%
for i=1:1:25
mask1 = false(size(mri(:, :, i)));
mask1(110:112, 251:256) = true;
mask2 = false(size(mri(:, :, i)));
mask2(112:115, 272:278) = true;
mask = mask1 + mask2;
bw1 = activecontour(mri(:, :, i), mask, 105);

mask3 = false(size(mri(:, :, i)));
mask3(134:156, 197:222) = true;
bw2 = activecontour(mri(:, :, i), mask3, 300);

anz1=length(find(bw1>0));
anz2=length(find(bw2>0));

name = fileNames(:, i);

if anz1 < anz2/4
    tumor(i)= name;
end
```

```

end

for i=length(tumor):-1:1
    if tumor{i}~= 0
        mriTumor(:, :, i) = tumor(:, i);
    else
        tumor(:, i) = [];
    end
end
end
%%
for i = length(tumor):-1:1
    fname = fullfile(fileFolder, tumor{i});
    picTumor(:, :, i)=uint16(dicomread(fname));

end

%%
figure;
imshow(picTumor(:, :, 1));
%%
imtool(picTumor(:, :, 1));
%%

for i=length(tumor):-1:1

mask4 = false(size(picTumor(:, :, i)));
mask4(94:107, 266:285) = true;
mask5 = false(size(picTumor(:, :, i)));
mask5(83:87, 257:259) = true;
mask6 = mask4 + mask5;
bw3 = activecontour(picTumor(:, :, i), mask6, 60);

binary(:, :, i) = bw3;

end
%%
imshow(binary(:, :, 2));
%%
pixel = nnz(binary);
Volume = pixel * depth * height * width;
Box = msgbox(['Pixel = ' num2str(pixel), char(10), 'Volumen = '
num2str(Volume), ' mm3'], 'Volume und Pixelzahl');
%%
nhood = ones([5 5 1]);
bw4 = imopen(binary, nhood);
imshow(bw4(:, :, 1));

%%

Ds = imresize (binary , 0.25, 'nearest');
binary = flip (binary, 1);
binary = flip (binary, 2);
binary = permute(binary, [3 2 1]);
voxel_size2 = voxel_size ([1 1]);
vol = isosurface(binary);
h = figure('visible', 'off', 'outerposition', [0 0 800 600]);
patch(vol, 'Facecolor', 'b');
view(45,15);

```

```
daspect auto;
axis tight;
axis off;
camlight; camlight(-80,-10); lighting phong;

movegui(h, 'center');
set(h, 'visible', 'on');
```

15.3 Quellcode Programm 3

```
close all, clear all, clc, imtool close all
fileFolder = fullfile (pwd, 'Bara15');
files = dir(fullfile(fileFolder, '*.dcm'));
fileNames = {files.name};

info = dicominfo(fullfile(fileFolder, fileNames{1}));

pixelArea = info.PixelSpacing;
width = pixelArea(1);
height = pixelArea(2);
depth = info.SliceThickness;
voxel_size = {info.PixelSpacing, info.SliceThickness};

I = dicomread (fullfile(fileFolder, fileNames{1}));
classI = class(I);
sizeI = size(I);
numImages = length(fileNames);

hwaitBar = waitbar (0, 'Reading DICOM files');

mri = zeros (sizeI(1), sizeI(2), numImages, classI);
for i = length(fileNames):-1:1
    fname = fullfile(fileFolder, fileNames{i});
    mri(:, :, i) = uint16(dicomread(fname));
    waitbar((length(fileNames) -i +1) /length(fileNames));
end

delete(hwaitBar);
%%
minMRI = min(mri(:));
maxMRI = max(mri(:));
montage(reshape(uint16(mri), size(mri,1), size(mri,2), 1, size (mri,3)));
uiwait(msgbox('Geben Sie die Zahl der Slices an, an denen der Tumor das
erste und das letzte Mal zu sehen ist.'));
startStroke=input('\n\nBeginn Stroke = \n');
endStroke=input('\n\nEnde Stroke = \n');

uiwait(msgbox('Geben Sie die Zahl des Slices in das Command Window ein,
auf dem der Infarkt am größten zu Sehen war.'));
sliceNr=input('\n\nZahl = \n');

%%
for i=endStroke:-1:1

    name = fileNames(:,i);
    tumor(i) = name;

end

%%
for i=startStroke:-1:1

    tumor(i) = [];
end
%%
for i = length(tumor):-1:1
```

```

        fname = fullfile(fileFolder, tumor{i});
        picTumor(:,:,i)=uint16(dicomread(fname));

end
%%
uiwait(msgbox('Zeichnen Sie nun erneut ein Polygon möglichst klein und
mittig in den Bereich des Infarktes ein. Beachten Sie, dass gegebenen-
falls auch dunklere Bereiche eingebunden werden.'));
imshow(mri(:,:,sliceNr));title('Erstes Rechteck in Infarkt einzeichnen');
polygon4 = impoly ;
mask4 = createMask(polygon4);

imshow(mri(:,:,sliceNr));title('Zweites Rechteck in Infarkt einzeich-
nen');
polygon5 = impoly ;
mask5 = createMask(polygon5);

for i=length(tumor):-1:1

mask6 = mask4 + mask5;
bw3 = activecontour(picTumor(:,:,i), mask6, 65);

binary(:,:,i) = bw3;

end
%%
imshow(binary(:,:,1));
%%
pixel = nnz(binary);
Volume = pixel * depth * height * width;
Box = msgbox([ 'Pixel = ' num2str(pixel), char(10), 'Volumen = '
num2str(Volume), ' mm³'], 'Volume und Pixelzahl');
%%
nhood = ones([5 5 1]);
bw4 = imopen(binary,nhood);
imshow(bw4(:,:,8));
%%
L = bwlabeln (bw4);
stats = regionprops(L, 'Area', 'Centroid');
LL = L(:,:,8)+1;
cmap = hsv (length(stats));
cmap = [0 0 0; cmap];
LL = cmap (LL, :);
LL = reshape (LL, [sizeI, 3]);
imshow (LL);
%%
A = [stats.Area];
biggest = find(A==max(A));
mriAdjust(L~=biggest)=0;
imA = imadjust(mriAdjust(:,:,7));
imshow(imA);
drawnow; shg;

```

15.4 Quellcode Programm 4

```
close all, clear all, clc, imtool close all
fileFolder = fullfile(pwd, 'Bara15');
files = dir(fullfile(fileFolder, '*.dcm'));
fileNames = {files.name};

info = dicominfo(fullfile(fileFolder, fileNames{1}));

pixelArea = info.PixelSpacing;
width = pixelArea(1);
height = pixelArea(2);
depth = info.SliceThickness;
voxel_size = {info.PixelSpacing, info.SliceThickness};

I = dicomread(fullfile(fileFolder, fileNames{1}));
classI = class(I);
sizeI = size(I);
numImages = length(fileNames);

hwaitBar = waitbar(0, 'Reading DICOM files');

mri = zeros(sizeI(1), sizeI(2), numImages, classI);
for i = length(fileNames):-1:1
    fname = fullfile(fileFolder, fileNames{i});
    mri(:, :, i) = uint16(dicomread(fname));
    waitbar((length(fileNames) - i + 1) / length(fileNames));
end

delete(hwaitBar);
%%
minMRI = min(mri(:));
maxMRI = max(mri(:));
montage(reshape(uint16(mri), size(mri,1), size(mri,2), 1, size(mri,3)));
uiwait(msgbox('Geben Sie die Zahl der Slices an, an denen der Tumor das
erste und das letzte Mal zu sehen ist.'));
startStroke=input('\n\nBeginn Stroke = \n');
endStroke=input('\n\nEnde Stroke = \n');

uiwait(msgbox('Geben Sie die Zahl des Slices in das Command Window ein,
auf dem der Infarkt am größten zu Sehen war.'));
sliceNr=input('\n\nZahl = \n');

%%
for i=endStroke:-1:1

    name = fileNames(:,i);
    tumor(i) = name;

end

%%
for i=startStroke:-1:1

    tumor(i) = [];
end
%%
for i = length(tumor):-1:1
    fname = fullfile(fileFolder, tumor{i});
    picTumor(:, :, i) = uint16(dicomread(fname));
```

```

end

%%

G = fspecial('gaussian',5,5);

%%
for i = length(tumor):-1:1
    mriFilter(:,:,i) = imfilter(mri(:,:,i), G, 'same');
    mriEdge(:,:,i) = edge(mri(:,:,i), 'canny');
end

%%
uiwait(msgbox('Zeichnen Sie nun erneut ein Polygon möglichst klein und
mittig in den Bereich des Infarktes ein. Beachten Sie, dass gegebenen-
falls auch dunklere Bereiche eingebunden werden.'));
imshow(mri(:,:,sliceNr));title('Erstes Rechteck in Infarkt einzeichnen');
polygon4 = impoly ;
mask4 = createMask(polygon4);

imshow(mri(:,:,sliceNr));title('Zweites Rechteck in Infarkt einzeich-
nen');
polygon5 = impoly ;
mask5 = createMask(polygon5);

for i=length(tumor):-1:1

mask6 = mask4 + mask5;
bw3 = activecontour(mriFilter(:,:,i), mask6, 65);

binary(:,:,i) = bw3;

end
%%
imshow(binary(:,:,1));
%%
pixel = nnz(binary);
Volume = pixel * depth * height * width;
Box = msgbox(['Pixel = ' num2str(pixel), char(10), 'Volumen = '
num2str(Volume), ' mm³'], 'Volume und Pixelzahl');
%%
nhood = ones([5 5 1]);
bw4 = imopen(binary,nhood);
imshow(bw4(:,:,8));
%%
L = bwlabeln (bw4);
stats = regionprops(L, 'Area', 'Centroid');
LL = L(:,:,8)+1;
cmap = hsv (length(stats));
cmap = [0 0 0; cmap];
LL = cmap (LL, :);
LL = reshape (LL, [sizeI, 3]);
imshow (LL);
%%
A = [stats.Area];
biggest = find(A==max(A));
mriAdjust(L~=biggest)=0;
imA = imadjust(mriAdjust);
imshow(imA);

```

drawnow; shg;