

Beschreibung von Organgrenzen als Äquipotentialverlauf finiter Quellpunkte mit Q/r-Potentialen

Dissertation

der Fakultät für Informatik und Automatisierung
der Technischen Universität Ilmenau
zur Erlangung des akademischen Grades
Doktor-Ingenieur (Dr.-Ing.)
vorgelegt von
Dipl.-Ing. (FH) Janine Becker

Tag der wissenschaftlichen Aussprache: 06.05.2015

1. Gutachter: Prof. Dr.-Ing. habil. Andreas Keller
2. Gutachter: Prof. Dr. phil. nat. Dietrich Harder
3. Gutachter: Prof. Dr. rer. nat. Christoph Hoeschen

Danksagung

Bedanken möchte ich mich bei meiner Familie, die mich sehr unterstützt und motiviert hat, besonders bei Herrn Dr. Mattia Fedrigo für seine Geduld, sein Interesse an meiner Arbeit und seine wertvollen Ratschläge.

Mein besonders herzliches Dankeschön geht an Herrn Prof. Dr. Andreas Keller von der Technischen Universität Ilmenau für die Betreuung meiner Arbeit und die Geduld, insbesondere beim langen Prozess meiner Promotionseignungsfeststellung

Einen herzlichen Gruß, verbunden mit tief empfundenem Dank, richte ich an Herrn Prof. em. Dr. Dietrich Harder von der Georg-August-Universität in Göttingen, dem ich nicht nur die richtige Bezeichnung der Quellpunkte, sondern auch Unterstützung beim Promotionseignungsfeststellungsverfahren und viele wertvolle Anregungen und Diskussionen im Rahmen der Durchführung meiner Arbeit verdanke.

Mein besonderer Dank gilt gleichermaßen Herrn Prof. Dr. Dieter Regulla, dem früheren Leiter der Arbeitsgruppe Medizinphysik am Institut für Strahlenschutz, Helmholtz Zentrum München, der mich zu dieser Arbeit ermutigte und bei der Durchführung jederzeit unterstützte.

An dieser Stelle danke ich sehr herzlich auch Herrn Prof. Dr. Christoph Hoeschen, dem Leiter der Abteilung Medizinische Physik und Diagnostik (AMSD) am Helmholtz Zentrum München und der stellvertretenden Abteilungsleiterin von AMSD, Frau Dipl.-Math. Maria Zank, für viele erfahrene Förderungen und Ermutigungen, Herrn Dr. Oleg Tischenko für die Unterstützung bei der Kantendetektion, Herrn Dr. Helmut Schlattl für Rat und Hilfe sowie allen anderen Mitarbeitern der AMSD für ihr großes Verständnis, das ich bei meiner langjährigen Arbeit erfahren habe.

Dem Helmholtz Zentrum München - Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt danke ich für die Möglichkeit, dass ich mein Promotionsvorhaben durchführen durfte. Weiterhin danke ich der Technischen Universität Ilmenau für die Annahme meines Promotionsgesuchs und die Gewährung eines Stipendiums, mit dessen Hilfe ich die vorliegende Dissertation durchführen konnte.

Nicht zuletzt gilt mein Dank meinem verehrten Lehrer an der Hochschule Mittweida, Herrn Prof. Dr. Wolfgang Schüler, der meine Zulassung zur Promotion an der Technischen Universität Ilmenau unterstützt und betrieben hat.

Inhaltsverzeichnis

Danksagung	3
Abkürzungsverzeichnis	3
Symbolverzeichnis	7
Abbildungsverzeichnis	12
1 Einleitung	16
Analyse des gegenwärtigen Kenntnisstandes	21
2 Anwendungsgebiete virtueller Körpermodelle	21
2.1 Strahlenschutz	21
2.1.1 Strahlenschutzdosen	21
2.1.2 Gesetzlicher Rahmen	25
2.2 Strahlentherapie	25
2.3 Bildsimulation	26
2.4 Resultierende Modellanforderungen	26
3 Organbeschreibung für Körpermodelle	27
3.1 Mathematische Modelle	27
3.2 Voxelmodelle	28
3.3 Landmarken, Netze und Angabe von Kontrollpunkten	31
3.3.1 Phantome mit polygonalen Netzen	32
3.3.2 Non-Uniform-Rational-B-Splines-NURBs	32
3.3.3 Hybride Modelle	34
3.3.4 Deformierbare Modelle	34
3.3.5 Statistische Modelle - Active Shape Models	35
3.3.6 Active Appearance Model	36
3.3.7 Darstellung über Basisfunktionen und Wavelets	37
3.3.8 Level Set Methode	38
3.3.9 Mediale Modelle: M-reps	38
3.3.10 Darstellung über Elementarkugeln	39
4 Organsegmentierung und Anpassung von Organmodellen	40
4.1 Definition und Anwendung	40

4.2	Tomografische Schnittbilder	41
4.3	Algorithmen für Organsegmentierung	42
4.3.1	Algorithmen ohne Modellwissen	42
4.3.2	Algorithmen mit einfachem und erweitertem Modellwissen . . .	43
4.3.3	Algorithmen mit komplexem Modellwissen	44
4.3.4	M-Reps Abgleich mit medizinischen Daten	46
5	Methodische Probleme und Grenzen	47
5.1	Organmodellierung	47
5.2	Anpassung an den medizinischen Datensatz	49
6	Präzisierte Aufgabenstellung	51
6.1	Organmodellierung in Äquipotentialdarstellung, s. Kapitel 7, 8	51
6.2	Organsegmentierung mittels Äquipotentialdarstellung, s. Kapitel 9, 10 .	52
	Methodische Ergebnisse und Bewertung	53
7	Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung	53
7.1	Modelltheoretische Grundlagen	53
7.1.1	Elektrisches Feld und Potential	53
7.1.2	Einheiten im Modellansatz	55
7.2	Erster Test mit manuell platzierten Quellpunkten	55
7.3	Schwerpunkt und Trägheitsachsen der Organvoxelschicht für die Festle- gung eines "Bezugspotentials"	56
7.4	Vergleich der Organschichten in Äquipotential- und Voxeldarstellung . .	58
7.4.1	Diskretisierung der Äquipotentialdarstellung	58
7.4.2	Vergleichsparameter der beiden Modellarten	59
7.5	Iterationsverfahren zur Bestimmung der Quellenverteilungen	61
7.5.1	Übersicht	61
7.5.2	Approximation des Organrandes als gemeinsame Außenkontur einer Menge von Kreisbögen	62
7.5.3	Platzierung der Quellpunkte	63
7.5.4	Bestimmung der Quellstärke	67
7.5.5	Optimierung der Anzahl der Quellpunkte	67
7.6	Ähnlichkeitstransformation einer Äquipotentiallinie und Innen/Außen- Kennzeichnung	68
7.7	Normierung der Potentiale auf dem Organrand für die 3D-Darstellung .	71
8	Ergebnisse der Organmodellierung	71
8.1	Bestimmung der optimalen Quellpunktanzahl am Beispiel der Herz- schicht T256	72
8.2	Schlussfolgerung und sich ergebende Randbedingungen	80
8.3	Ergebnisse und Diskussion für Schichten von Herz, Magen, Niere, Blase	81
8.4	Möglichkeiten für eine 3D-Darstellung und Normierung der Potentiale .	90
8.5	Zusammenfassung Modellierung	91
8.6	Mögliche Zeitersparnisse durch Äquipotentialliniendarstellung	92

8.7	Möglichkeit für Bestrahlungen	93
9	Anpassung des Äquipotentialmodells an den medizinischen Datensatz	95
9.1	Modelltheoretische Grundlagen	98
9.1.1	Segmentierung durch Überlagerung der Äquipotentialkontur mit den Bildkanten des medizinischen Datensatzes	98
9.1.2	Lageoptimierung der Quellpunkte	100
9.1.3	Berechnung des Feldgradienten	101
9.1.4	Kantendetektion im medizinischen Datensatz	101
9.1.5	Experimentelle Lageoptimierung eines manuell platzierten Quellpunktes	102
9.2	Verfeinerung des Platzierungsalgorithmus - Beschränkung auf die Quell- punkte mit Kantengradienten in der Nähe	103
9.3	Größe des Optimierungsgebiets	104
9.4	Globale Skalierungsmöglichkeit	105
10	Ergebnisse und Diskussion der Organsegmentierung	106
10.1	Anpassung der Quellenverteilung der Herzsicht T260 in den Schichten T257-T262	107
10.2	Anpassung der Verteilung M238 Niere an die Schichten T237 und T239	118
10.3	Zusammenfassung Organsegmentierung mittels Äquipotentialdarstellung	124
11	Zusammenfassung	126
12	Ausblick	128
13	Anhang	130
	Literaturverzeichnis	137

Abkürzungsverzeichnis

AMSD	Abteilung Medizinische Strahlenphysik und Diagnostik
OIN	Organ-Identifikations-Nummer
CT	Computertomographie
MRT	Magnetresonanztomografie
ICRP	International Commission on Radiological Protection -Internationale Strahlenschutzkommission
NMS	Non-Maximum-Suppression-Prinzip in der Kantendetektion
RCP-AM	Reference Computational Phantom-Adult Male
RCP-AF	Reference Computational Phantom-Adult Female
NURBS	Non-uniform-rational-B-splines

Symbolverzeichnis

Strahlenschutzgrößen, s. Abs. 2.1.1 S. 21

D	Energiedosis
$\bar{\epsilon}$	mittlere, durch Strahlung übertragene Energie
m	Masse
V	Volumen
T	Gewebe
$D_{T,R}$	mittlere Energiedosis in einem Organ oder Gewebe
H_T	Organ-Äquivalenzdosis
w_T	Gewebewichtungsfaktor
w_R	Strahlenwichtungsfaktor
E	effektive Dosis
$E(\tau)$	effektive Folgedosis
$H_T(\tau)$	Organ- oder Gewebe-Äquivalent-Folgedosis
$\dot{H}_T(t)dt$	Äquivalentdosisleistung im Organ oder Gewebe T zum Zeitpunkt t

Organbeschreibung für Menschmodelle, Abs. 3.3 S. 31, Abs. 3.3.2 S.32, s. Abs. 3.3.4 S.34, Abs. 3.3.5 S. 35, Abs. 3.3.6 S.36, Abs. 3.3.8 S.38, Abs. 3.3.8 S.38

\bar{x}, \bar{x}^T	Vektor mit Koordinaten x, y, z, transponierter Vektor
N	Basisfunktion
i, j	Indizes
n	Grad der Basisfunktion
f, g	Wichtungsfaktoren
u, v	Parameter
k	Kontrollpunkt
C, R, P	NURBskurve
S	NURBfläche
w	Wichtungsfaktor
v(s)	Kurve mit den Koordinaten x(s) und y(s)
s	Parameter
Δ	Gradient
E_{Kontur}	Energie
E_{int}	interne Energie
E_{ext}	externe Energie
E_{img}	Energie des Bildes
E_{snake}	Energie der Snake-Kurve
E_{con}	Energieterm

α, β	Parameter
I	Bildintensität
G	Gaußfunktion
S	Kovarianzenmatrix
ϕ_m	Eigenvektoren
λ_m	Eigenwerte
m	Index
b	Wichtungsfaktor
g	Grauwertvarianz
C	Rand Level Set
\mathbf{v}	Geschwindigkeit
Ω	Einbettung für Level Set Funktion
Φ	Level Set Funktion
t	Zeit
\underline{m}	mediales Atom
\mathbf{x}	Vektor mit Koordinaten der Position
r	Abstand zu Grenzflächen
\vec{p}, \vec{s}	Vektoren zwischen medialem Atom und Grenzflächen
$\underline{\mathbf{F}} = (\vec{n}, \vec{b}, \vec{b}^\perp)$	lokales Bezugssystem mit medialem Atom im Ursprung
\vec{n}, \vec{b}	Vektoren
θ	Winkel

Organdarstellung im Äquipotentialmodell, s. Kapitel 7 S. 53

E	elektrische Feldstärke
Q	Ladung, ab S. 42 Quellpunkt
φ	Potential
r	Abstand
i, z	Indizes
ε	Dielektrizitätskonstante
\vec{e}_r	Einheitsvektor

Berechnung der Trägheitsachsen, s. Abs. 7.3 S. 56

I	Trägheitstensor
E	Einheitsmatrix
d	Distanz zwischen den Flächenschwerpunkten der tatsächlichen Organkontur und der modellierten Äquipotentiallinie, gemessen in Voxeln
a, b	Koordinaten in x oder y Richtung
k	Objektvoxel
m	Masse
μ	Schwerpunkt in Koordinatenrichtung
N	Anzahl der betrachteten Voxel

Vergleichsparameter, s. Abs. 7.4.2 S. 59, s. Abs. 8.4 S. 90

O	Menge der Objektvoxel der manuellen Segmentierung
M	Menge der Objektvoxel der Äquipotentialdarstellung
U	Überlappungsdifferenz
φ_0	Potential für die Anzeige der Äquipotentiallinie
$S_{1..4}$	Schnittpunkte der 4 Trägheitsachsen mit dem Organrand
S_x, S_y	x und y Koordinate des Schwerpunkts
a	Abstand der Schwerpunkte

Iterationsverfahren zur Bestimmung der Quellpunktverteilungen, s. Kap. 7.5 S.61

n	Anzahl der betrachteten Randvoxel pro Quellpunkt
m	Anzahl aller Randvoxel einer Organschicht
z	Anzahl der Quellpunkte
d	Distanz
r	Radius
s	Skalierungsfaktor für die Ähnlichkeitstransformation
Q	Quellstärke
i, j, c	Indizes
x, y	Koordinaten
\mathbf{K}, \mathbf{K}^T	Korrekturmatrix und transponierte Korrekturmatrix
\mathbf{Q}, \mathbf{Q}^T	Quellstärkenmatrix und transponierte Quellstärkenmatrix
φ	Potentialmatrix

Ergebnisse der Organmodellierung, s. Kapitel 8 S.72

Q	Quellstärke
B	Schwerpunkt
U	Überlappungsdifferenz
a	Abstand der Schwerpunkte
x, y	Koordinaten
φ	Potential

Anpassung der Äquipotentialdarstellung an CT-Daten, s. Kapitel 9.1 S.98

$m(x,y)$	Überlappungsmatrix
M	Überlappungsintegral
f	medizinisches Bild, Matrix mit Grauwertinformation
T(f)	Trunkierung von f, Kantendetektion und Unterdrückung von Bildpixeln nach "Non maximum suppression"-Prinzip vom medizinischen Bild f, s. Abs. 9.1.4
φ	Potential
β	Parameter

x,y	Koordinaten
h,p	Parameter
σ	Standardabweichung
ρ	Korrelationskoeffizient

Anpassung der Äquipotentialdarstellung an CT-Daten, s. Kapitel 9.1 S.98

i, j	Indizes
$gx_{i,j}$	Gradient der Gaußfunktion in x-Richtung
$gy_{i,j}$	Gradient der Gaußfunktion in y-Richtung
S	Schnittpunkt der Trägheitsachse und dem Organrand
B	Schwerpunkt
λ	Geradenparameter

Abbildungsverzeichnis

1.1	Rand der Herzschicht T256, stückweise durch Kreisbögen angenähert. . .	18
1.2	Gemeinsame Äquipotentiallinie approximiert Organrand möglichst genau.	18
2.1	Virtuelles Körpermodell im Strahlenfeld	23
2.2	Beispielhafte interne Exposition	24
2.3	Prinzip der Bildsimulation	26
3.1	Weibliches, mathematisches Modell Eva	28
3.2	Querschnitt durch den Thorax. Auf der linken Seite ist die originale CT-Schicht, auf der rechten Seite die entsprechende nach Organen segmentierte Schicht dargestellt.	28
3.3	Beispiel eines kleinen Ausschnitts aus der Voxelmatrix eines nach Organen segmentierten Phantoms. Die Zahlen stellen die Organidentifikationsnummern dar.	29
3.4	Voxelrepräsentation der Leber	29
3.5	Bildsimulation des Thorax am Voxelmodell Klara	30
3.6	Gerenderte Lungendarstellung mittels NURBs [1]	33
3.7	Skizze mediales Atom (links) und Figur mit medialen Atomen (rechts) . .	39
4.1	Verdeutlichung der CT-Datenstruktur. Dargestellt sind Querschnitte durch den Thorax.	42
7.1	Feldlinien und Äquipotentialflächen einer Punktladung (grün)	54
7.2	Gemeinsame Äquipotentiallinie zweier Ladungen	54
7.3	Nachbildung der Organkontur eines Wirbelkörpers mittels Äquipotentiallinie (rot) von manuell platzierten, virtuellen Quellpunkten (grün)	56
7.4	Herzschicht T256 mit einer Trägheitsachse	57
7.5	Abstandsberechnung in der Matrix	58
7.6	Feldstärke E und Potential in einer Voxelzeile. An der Stelle $r = 0$ ist die Feldstärke und das Potential theoretisch unendlich.	59
7.7	Herzschicht T256 von Laura	61
7.8	Detektierter Rand der Herzschicht T256	61
7.9	Prinzip der Organkontur-Approximation durch Kreise	62
7.10	Entstehung der Verteilung von z Quellpunkten (grün) mit ihrer gemeinsamen Äquipotentiallinie (rot) für die Organkontur-Approximation	62
7.11	Kreisbogenapproximation	63

Abbildungsverzeichnis

7.12	Skizze zur Darstellung der Differenzenminimierung zwischen dem Abstand d_i von einem Kreismittelpunkt zum Voxel x_i, y_i und dem Kreisradius . . .	64
7.13	Herzschicht T256 und modellierte Schicht mit 1 Quellpunkt	65
7.14	Skizze zur Krümmung	66
7.15	Approximation gerader Abschnitte	66
7.16	Prinzip der Optimierung der Quellpunktanzahl für $z=2$ und $z=16$ in der Herzschicht T256	68
7.17	Resultierende Äquipotentiallinien der Quellenverteilung für $z=2$ ($U=0,05$, $a=0,44$) und $z=16$ ($U=0,04$, $a=0,96$) in Herzschicht T256	68
7.18	Ähnlichkeitstransformation der Äquipotentiallinie $\varphi_0 = 4, 13$ (rot) in der Herzschicht T256 (braun) durch die Skalierung der Koordinaten der Quellpunkte (grün) und der Quellstärken mit dem Skalierungsfaktor $s = 1,4$	69
7.19	Ausschnitt aus dem Potentialfeld der Quellverteilung zur Modellierung des Magens (s. Tab. 8.15) durch die Äquipotentiallinie (schwarz). An allen Punkten x, y innerhalb und auf der Äquipotentiallinie φ_0 gilt $\varphi \geq \varphi_0$ und an allen Punkten außerhalb gilt $\varphi_a < \varphi_0$	70
7.20	Genormte Äquipotentiale auf dem gesamten Organrand der Niere	71
8.1	$S_1..S_4$ und B der Herzschicht T256	72
8.2	Herzschicht T256 mit 2 Quellpunkten, $U=0,05$, $a=0,44$, $S_2 = (147, 5; 79, 5)$, $Q_1 = 1.5920586$, $Q_2 = 0.02597$, $\varphi_0 = 1.5920586$	74
8.3	Herzschicht T256 mit 9 Quellpunkten	75
8.4	Herzschicht T256 mit 10 Quellpunkten	75
8.5	Herzschicht T256 mit 11 Quellpunkten	76
8.6	Herzschicht T256 mit 16 Quellpunkten für S_1 und S_2	77
8.7	Herzschicht T256 mit 16 Quellpunkten für S_3 und S_4	77
8.8	Herzschicht T256 mit 17 Quellpunkten für S_1 und S_2	79
8.9	Herzschicht T256 mit 17 Quellpunkten für S_3 und S_4	79
8.10	Modellierte Herzschicht T256 mit 29 (links), $\varphi_0=4.5293665$ und 39 (rechts) Quellpunkten, $\varphi_0=4.3601807$, jeweils für $S_1 = (174,5; 63,5)$	79
8.11	Herzschicht T256 mit 9 Quellpunkten $U = 0,02$, $a=0,3$, $S_1=(174,5, 63,5)$.	82
8.12	Herzschicht T256 mit 9 Quellpunkten $U = 0,02$, $a=0,3$, $S_4=(151,5; 44,5)$.	83
8.13	$S_1..S_4$ und B der Aortaschicht T251	83
8.14	Aortaschicht T251 mit einer Quelle $U=0,04$, $a=0,02$, Potential $\varphi_0 = 0,9$.	84
8.15	Aortaschicht T251 mit 2 Quellpunkten, $U=0,04$, $a=0,02$, Potential $\varphi_0=1,9$	85
8.16	$S_1..S_4$ und B der Magenschicht T250	85
8.17	Magenschicht T250 mit 7 Quellpunkten $U = 0,02$, $a=0,21$, S_4 mit $\varphi_0 = 3,1$	86
8.18	$S_1..S_4$ und B der Nierenschicht T238	87
8.19	Nierenschicht T238 mit 9 Quellpunkten (links), $U=0,01$, $a= 0,55$, $S_1=(161;80)$ mit $\varphi_0= 4,3$	87
8.20	$S_1..S_4$ und B der Blasenschicht T185	88
8.21	Blasenschicht T185 mit 4 Quellpunkten und modellierte Schicht, $U=0,02$, $a=0,27$, $S_1=(119,5; 42,5)$, mit Potential $\varphi_0= 2,5$	89
8.22	Äquipotentialfläche (grün) der Quellenverteilung aus Schicht T238, Organrand (rot) der Niere	90

Abbildungsverzeichnis

8.23	Auf Organrand normierte Äquipotentialfläche	90
8.24	Beispiel für eine manuell modellierte Bestrahlungsfläche in der Leberschicht T244 mit 32 Quellpunkte davon 3 negativ	93
9.1	Äquipotentiallinie einer Modell- Quellenverteilung (rot) in einer CT-Schicht mit Bildkanten (schwarz)	95
9.2	An Bildkanten angepasste Modell-Quellenverteilung	95
9.3	Ausschnitt der Schichten T250 Magen und T185 Blase vor dem Hintergrund der CT-Bilder	97
9.4	Ausschnitte der kontrastverstärkten Kantenbilder T250 Magen und T185 Blase berechnet nach Gl. (9.5) und (9.6), NMS	97
9.5	Prinzip des Abgleichs der Äquipotentiallinie (rot) mit den Bildkanten des medizinischen Datensatzes (grau) anhand eines Vergleichs der Richtungsvektoren $T(\nabla f)$ der Bildkanten mit den Feldvektoren $\nabla\varphi$ einer Punktquelle (grün)	99
9.6	Beispiel für das Skalarprodukt der Schicht T260 nach Gl. (9.1)	100
9.7	Beispiel für den Exponentialfaktor nach Gl. (9.1) der Schicht T260	100
9.8	Beispiel für die Werte der Überlappungsmatrix $\mathbf{m}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$ in der Schicht T260	100
9.9	links : Kantenbild des Herzbereich der Schicht T260 gemäß Gl. (9.5) und (9.6), $\sigma = 5$, NMS, rechts: Darstellung der Gradientenvektoren von $T(\nabla f)$	102
9.10	Virtueller Quellpunkt in CT-Schicht T260, Überlappungsintegral $M=4,96$, links: CT-Bild. rechts: Kantenbild gem. Gl. (9.5) und (9.6), $\sigma = 3$, NMS	103
9.11	Kantenbilder von T260 mit Quellpunkt nach Optimierung, Überlappungsintegral $M=10,7$, links: CT-Bild. rechts: Kantenbild gem. Gl. (9.5) und (9.6), $\sigma = 3$, NMS	103
9.12	Bereiche der Äquipotentiallinie für CT 259 Herz, in deren Nähe sich Kanten befinden. Stückweise Kantendetektion $T(\nabla f)$ gem. Gl. (9.5) und (9.6)	104
9.13	Skizze zur Lageoptimierung des Quellpunkts(grün)	104
10.1	Modell-Quellenverteilung für CT 260 Herz (links), $M_{Herz} = 212,7$ bei $\sigma_{T260} = 2$, und CT 238 Niere (rechts), $M_{Niere} = 771,2$ bei $\sigma_{T238} = 2$	106
10.2	vergrößerter Ausschnitt des Herzrandes T260	107
10.3	T260 CT-Schicht (links) und detektierte Kanten (rechts) $T(\nabla f)$, $\sigma = 2$, mit Quellenverteilung M260, Überlappungsintegral $M=212,7$, Potential $\varphi_0=5,36$, Schwerpunkt B (lila)	108
10.4	Globale Skalierung der Quellenverteilung M260 mit den Bildkanten in T260, Überlappungsintegral $M=271$, $\varphi_0=4,86$, Schwerpunkt B (lila)	109
10.5	Abgleich der Quellenverteilung M260 mit den Bildkanten ($T(\nabla f)$ mit $\sigma = 2$) in der Herzsicht T260, Überlappungsintegral $M=276,9$, $\varphi_0=4,86$, Schwerpunkt B (lila)	109
10.6	Abgleich der Quellenverteilung M260 mit den Bildkanten ($T(\nabla f)$ mit $\sigma = 3$) in T260, Überlappungsintegral $M=253,6$, $\varphi_0=5,36$, Schwerpunkt B (lila)	110
10.7	Modell-Quellenverteilung M 260 in Herzsicht T261, $M=220,9$	111
10.8	Optimierte Quellenverteilung in Herzsicht T261, $M=269,2$	111
10.9	Kantenbild Herz T261 mit optimierter Quellenverteilung	111

Abbildungsverzeichnis

10.10 Herz Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung, $U=0,02$, $a=0,47$	111
10.11 Quellenverteilung von T261 in Schicht T262, $M=219,3$	112
10.12 Optimierte Quellenverteilung in Schicht T262, $M=298,97$	112
10.13 Kantenbild T262 mit optimierter Quellenverteilung	113
10.14 T262 Herz Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung, $U=0,03$, $a=0,55$	113
10.15 Modell-Quellenverteilung M260 in CT-Herzschicht T259, $M=203,9$	114
10.16 Optimierte Quellenverteilung in CT-Herzschicht T259, $M=273,7$	114
10.17 Kantenbild T259 mit optimierter Quellenverteilung	114
10.18 Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung für Herz (braun) T259, $U=0,03$, $a=1,54$	114
10.19 Schicht T258 mit Quellenverteilung von T259, $M=231,8$	115
10.20 Optimierte Quellenverteilung in Schicht T258, $M=297,7$	115
10.21 Kantenbild T258 mit optimierter Quellenverteilung	116
10.22 Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung für Herz (braun) T258, $U=0,03$, $a=1,09$	116
10.23 Schicht 257 mit Quellenverteilung von T258, $M=252,9$	117
10.24 Optimierte Quellenverteilung in CT-Herzschicht T257, $M=289,5$	117
10.25 Kantenbild in Herz T257 mit optimierter Quellenverteilung	117
10.26 Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung für Herz (braun) T257, U $= 0,04$, $a= 1,59$	117
10.27 Quellenverteilung M238 vor (links) $M=771,2$ bei $\sigma = 2$ und nach (rechts) dem Abgleich $M=789,8$ mit den Bildkanten in Niere T238	119
10.28 Quellenverteilung M238 in CT-Schicht T237 vor (links) $M=782,9$ und nach 1. Abgleich (rechts), $M_1=788,95$	120
10.29 Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung nach 1. Abgleich für Niere T237, $U=0,04$, $a=1,49$	120
10.30 2. Abgleich in der Nierenschicht M238, $M=292$	121
10.31 Niere T237, Vergleich der Äquipotentiallinie und manuellen Segmentie- rung, $U=0,03$, $a=1,27$	121
10.32 Nierenschicht T239 mit Quellenverteilung M238, $M=792,2$	122
10.33 Nierenschicht T239 mit Quellenverteilung M238 mit einer gelöschten Quel- le (links) und zwei gelöschten Quellen (rechts)	122
10.34 CT-Niere T239 nach Abgleich von Quelle 2, $M=887,6$	123
10.35 Vergleich der Äquipotentiallinie und manuellen Segmentierung für Niere T239, $U=0,04$, $a=0,97$	123

1 Einleitung

Durch langjährige Vorarbeiten in der Abteilung Medizinische Strahlenphysik und Diagnostik am Helmholtz Zentrum München wurden viele Erfahrungen im Bereich der virtuellen, d.h. in Algorithmenform dargestellten numerischen Körpermodelle und der Segmentierung von Organ- und Gewebekonturen gewonnen. Numerische Körpermodelle wurden aus medizinischen Bilddaten erzeugt und weiter verändert, um andere Körpermodelle zu erhalten. Darauf basierend entstand die Idee einer neuen Art der Organmodellierung für diese Dissertation. Die vorliegende Arbeit ist in zwei Teile gegliedert. Der erste Teil befasst sich mit der Modellierung von Organkonturen mittels Äquipotentialverläufen. Dazu werden bereits segmentierte und in einem Voxelmodell dargestellte Organgrenzen in diese neue Form der Repräsentation überführt. Der zweite Teil befasst sich mit der Verbesserung der Segmentierung von Organgrenzen durch den Abgleich von Äquipotentialverläufen an die in CT-Datensätzen durch Gradientenbildung detektierbaren "Kanten". In dieser Arbeit wird in einem ersten Schritt die zweidimensionale Darstellung von Organschichten behandelt, und es werden Möglichkeiten zur dreidimensionalen Darstellung angesprochen.

Im Strahlenschutz dienen virtuelle Modelle der Organe und Gewebe zur rechnerischen Risikoabschätzung von Bestrahlungen mit ionisierender und nicht ionisierender Strahlung, denn die Messung der Organdosen ist sehr aufwändig und nicht in vivo, sondern nur in körperähnlichen Phantomen (z.B. Alderson-Phantom) möglich [2, 3]. Das geeignete Mittel für die Berechnung der Organdosen ist die Strahlungstransport-simulation an virtuellen Organmodellen, z.B. [4–6]. Die so berechneten Organdosen bei bestimmten umweltbedingten oder beruflichen Strahlenexpositionen können dann mit den gesetzlich verbindlichen Grenzwerten der Organdosen im Strahlenschutz verglichen werden.

Aufgrund der Bemühungen der letzten Jahre existiert eine Vielzahl von virtuellen menschlichen Modellen. Am Anfang standen die mathematischen Modelle, in denen die Anatomie mittels geometrischer Figuren nachgebildet wird. Die nächste Generation umfasst die sogenannten Voxelmodelle. Sie basieren auf den dreidimensionalen Daten echter Patienten aus tomografischen Aufnahmen. Die internationale Strahlenschutzkommission (ICRP) hat ab 2009 im Report 110 die Verwendung von Voxelmodellen empfohlen [7], deren Organmassen an die Referenzwerte des Reports ICRP 89 [7] angepasst worden sind [8, 9].

1 Einleitung

Ein anderer Anwendungsbereich ist die personalisierte Therapie, die oft auf bildgebenden Verfahren basiert. Virtuelle Modelle des jeweiligen Patienten können die Simulationen von Operationen erleichtern. Zum Beispiel wird, um neue Erkenntnisse zur Behandlung von Herzerkrankungen zu gewinnen, für Simulierungszwecke eine Modellierung des kardiovaskulären Systems inklusive elektrischer, mechanischer, metabolischer und entzündlicher Erscheinungen gewünscht [10].

Momentan richtet sich die Aufmerksamkeit im Bereich der Ganzkörper-Voxelmodelle eher auf die Anpassung bereits vorhandener Modelle an neue Randbedingungen, z.B. an die von der ICRP [7] vorgegebenen Organmassen, als auf die Erstellung neuer Modelle selber. Das liegt daran, dass der Aufwand für die Segmentierung aller Organe aus dem medizinischen Datensatz (CT-Daten, MR-Daten, Ultraschall-Daten) noch größer ist als der für die Bearbeitung bereits vorhandener Modelle. Die Segmentierung von medizinischen Bildern ist die Zuordnung aller Volumenelemente (Voxel) zu einem Organ oder Gewebe. Ihr Aufwand steigt mit der Anzahl der Voxel, d.h. der Auflösung. Auch der höhere Informationsgehalt im Bild, z.B. in Form von "Kanten", muss berücksichtigt werden. Mit moderner Aufnahmetechnik sind Datensätze mit sehr hoher Auflösung im Mikrometer-Bereich möglich und dadurch mehr Organe, Gewebe und Strukturen zu sehen. Es handelt sich dabei um Aufnahmen von Organen wie Lunge oder Mamma, auch von Präparaten. Diese Datensätze von nur einem Organ umfassen mehrere Tausend Schichten mit $2^{10\sim 12} \times 2^{10\sim 12}$ Voxeln. Eine manuelle Bearbeitung für die Segmentierung ist bei dieser Datenmenge nicht mehr praktikabel. Auch sind die entstehenden Modelle sehr groß und damit speicher- und rechenintensiv.

In der medizinischen Bildbearbeitung gibt es viele etablierte Methoden für die Segmentierung von Organen und Geweben. Man kann diese Methoden in Algorithmen ohne Modellwissen, mit einfachem, erweitertem und komplexem Modellwissen unterteilen [11]. Die Algorithmen ohne Modellwissen verarbeiten die Informationen, genauer die Farb- oder Grauwerte, nur aus dem zu analysierenden Bild. Die Algorithmen mit Modellwissen bringen a-priori-Wissen in die Analyse ein. Das kann z.B. eine Bilanz der zu verbindenden Kanten im Bild entsprechend der Minimierung einer vorgegebenen "Kostenfunktion" sein. In der englischsprachigen Literatur ist von "Low Level" und "High Level"-Algorithmen die Rede. Die Segmentierung eines bestimmten Organs in medizinischen Bildern ist eine besondere Herausforderung, denn leider ist eine visuelle Abgrenzung zwischen benachbarten Geweben oft kaum oder gar nicht detektierbar.

Für die Lösung dieser komplexen Fragestellung, die jeweils von Aufnahmebereich und -art abhängt, wird die geeignete Kombination von verschiedenen Algorithmen herangezogen. So beschäftigt sich eine Vielzahl der Publikationen in diesem Gebiet mit Anpassungen und Kombinationen der Algorithmen an die spezifische medizinische Aufgabenstellung, z.B. die Segmentierung der Leber oder die Analyse des Gehirns in der MRT. Eine vollautomatische, dreidimensionale Extraktion der Organgrenzen ist allerdings momentan nur nach Training der Algorithmen an Trainingsdatensätzen möglich, was manuelle Segmentierarbeit bedeutet. Aufgrund von Rauschen und Bildartefakten liefern diese Algorithmen keine 100%-Fehlerfreiheit und korrekte

1 Einleitung

Abgrenzung des gewünschten Gebiets. Es besteht der Bedarf nach manuellen Interaktionsmöglichkeiten, z.B. manuell mittels Maus und dem Setzen von Stützpunkten, die dann durch Splines verbunden werden.

In dieser Arbeit wird eine robuste und flexible Methode zur quantitativen, zugleich komprimierten Beschreibung von Organkonturen entwickelt, die sowohl zur Darstellung bereits segmentierter Organgrenzflächen als auch zur Verbesserung der Segmentierung von Organgrenzen an Hand individueller, medizinischer Bilddaten verwendet werden kann. Es handelt sich um einen sogenannten physikalisch motivierten Ansatz, bei dem die bekannte mathematische Beschreibung von physikalischen Zuständen oder Vorgängen als Hilfsmittel für eine komprimierte numerische Darstellung von Organoberflächen genutzt wird. Aus der Physik bekannte Algorithmen, z.B. zur Darstellung von elastischen Deformationen (3.3.4 und 4.3.3) oder Oberflächenschwingungen (3.3.7) haben bereits in die Methodik der Modellierung von Körperformen Eingang gefunden. Auch das Modell der “medialen Atome” (3.3.9) hat den vorliegenden Ansatz inspiriert.

Das Grundprinzip der vorliegenden Arbeit ist die Nutzung der mathematischen Beschreibung der Geometrie elektrischer Felder. Diese Möglichkeit beruht darauf, dass viele Organe glatte und geschlossene Konturen haben. Das elektrische Potential einer Gruppe von Punktladungen liefert genau diese Eigenschaft. In Analogie zur Elektrostatik werden Quellpunkte eingeführt, die über eine Quellstärke und ein Potential verfügen und ein Feld erzeugen. Die gemeinsame Äquipotentialfläche dieser Quellpunktverteilung ergibt die Organkontur. Es soll überprüft werden, ob es möglich ist, mithilfe diesen Konzepts die Konturen kompakter Organe des Thorax zu modellieren. Die Organgrenze wird dabei zunächst näherungsweise als gemeinsame Außenkontur sich überlagernder Kreise gesehen, s. Abb.1.1. Die gemeinsame Äquipotentiallinie soll dann möglichst genau den Organrand darstellen, s. Abb.1.2.

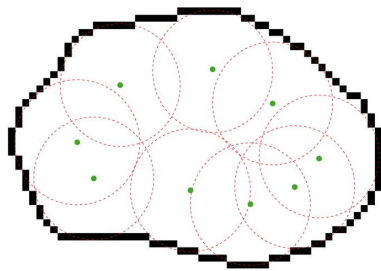


Abb. 1.1: Rand der Herzschicht T256, stückweise durch Kreisbögen angenähert.

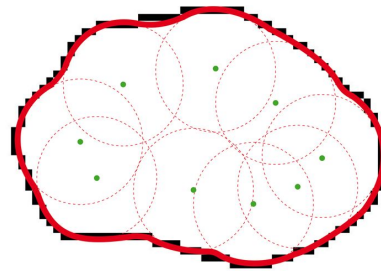


Abb. 1.2: Gemeinsame Äquipotentiallinie approximiert Organrand möglichst genau.

Die Anpassung eines solchen Äquipotentialmodells an eine im Voxelmodell bereits bekannte Organkontur soll schrittweise durch Verbesserung der Positionen der Quellpunkte optimiert werden. Ferner soll das Äquipotentialmodell für die Verbesserung der Segmentierung von Organgrenzen im individuellen, medizinischen Bild-Datensatz

1 Einleitung

herangezogen werden, auch hier durch eine schrittweise Optimierung. Die Äquipotentiallinien bieten dabei ein willkommenes Mittel, die Lücken zwischen den im CT-Datensatz durch Gradientenbildung erkennbaren “Kanten” zu überbrücken.

Es soll weiterhin die Möglichkeit bestehen, manuell zu interagieren. Ein direktes Zugreifen auf die Quellpunkte ist möglich und sinnvoll, da es auch bei trainierten Algorithmen zu Fehlerkennungen in der Analyse der Organe kommt. Es gibt Feinheiten, die bislang nur das menschliche Auge erkennt, das den automatischen Algorithmen zur Mustererkennung bei weitem überlegen ist.

Eine Darstellung der Organe mittels dieser Methode würde folgende Vorteile liefern. Die Konstellation an virtuellen Quellpunkten wäre intuitiv erfassbar, und die Algorithmen würden automatisch generierte Vorschläge zur Organabgrenzung liefern, die direkt manuell bearbeitbar sind. Dies könnte einen Beitrag zur Akzeptanz im eventuellen, späteren klinischen Einsatz leisten [12]. Es wird eine Darstellung mit geringem Speicherplatz erreicht, denn es genügen die Koordinaten der Quellpunkte, ihre Stärke und eine Potentialangabe, ein wesentlicher Vorteil im Bereich hoch aufgelöster Datensätze. Der Einsatz von Standard-Computersystemen wäre damit gegeben, sowie die Übertragbarkeit der Daten über gängige Systeme.

Neben den angesprochenen klinischen Anwendungen sollen auch Anwendungsmöglichkeiten des Äquipotentialmodells im ursprünglichen Aufgabenbereich der Organmodelle, also bei den Dosisberechnungen für den Strahlenschutz, überdacht werden. So könnte der Einsatz des Äquipotentialmodells innerhalb von Monte-Carlo-Simulationen, zum Beispiel bei der Zuteilung der Strahlungs-Interaktionspunkte zu einem bestimmten Organ, Rechenzeit-Vorteile bringen. Aber auch bei der Anpassung von Organkonturen, z.B. an unterschiedliche Lebensalter oder an Unterschiede im Körpergewicht, lohnt es sich, die Anwendbarkeit des Äquipotentialmodells als Mittel zur Zeitersparnis zu prüfen.

Die Form der Äquipotentiallinie lässt sich über die Lage und Anzahl der Quellpunkte verändern, ohne das System mathematisch überzubestimmen. Eine Überführung in ein Voxelmodell ist problemlos möglich. Die Potentialflächen sind kontinuierlich und müssen mit Voxeln gefüllt werden. Eine Generierung verschiedener Modelle mit unterschiedlicher Auflösung ist möglich. Der Ansatz einer Organdarstellung mittels Äquipotentialen einer Quellenverteilung beinhaltet komplexes Modellwissen und kann als “High Level”-Algorithmus angesehen werden.

Nach dem Überblick über die Strahlenschutzgrößen, s. Kapitel 2, aus denen sich die Bedingungen für eine Organmodellierung ableiten, soll ein kurzer Überblick über bestehende Modellierungsarten, s. Kapitel 3, und deren Einsatz in der Segmentierung, s. Kapitel 4, gegeben werden. Eine Zusammenfassung dieser Methoden beinhaltet Kapitel 5. Bei den Kapiteln 3 bis 5 handelt es sich um eine Analyse des gegenwärtigen Kenntnisstandes. Als Quellen für die Erstellung dieser Übersichtskapitel sind die Habilitationsschrift von Pohle 2004 [11] und der Übersichtsartikel von Heimann et al.

1 Einleitung

2009 [13] besonders zu erwähnen. Die präzisierete Aufgabenstellung der eigenen Untersuchungen findet sich in Kapitel 6. Im Kapitel 7 werden die theoretischen Grundlagen für die Äquipotentialdarstellung und die nötigen Schritte für die Wiedergabe der manuell segmentierten Voxeldaten durch Äquipotentiallinien gegeben. Exemplarisch wird dies für eine Schicht des Herzen demonstriert. Die Ergebnisse für weitere Organschichten von Herz, Magen, Niere und Blase werden in Kapitel 8 präsentiert. Eine dreidimensionale Beschreibung der Organe ist mittels einer Normierung über den Organrand möglich. Die Anpassung der gefundenen Äquipotentialmodelle an die ‘‘Kanten’’ eines medizinischen Datensatzes und damit der Einsatz des Äquipotentiallinienmodells für die Verbesserung der Segmentierung wird in Kapitel 9 vorgestellt, und die Ergebnisse werden im Abschnitt 10 präsentiert. Für die Auswertung der generierten Quellpunktverteilungen ist die Tabelle 13.1 im Anhang wichtig. Auf der beiliegenden CD finden sich der Quellcode und die Daten aller im Rahmen der Dissertation erstellten Quellpunktverteilungen.

Analyse des gegenwärtigen Kenntnisstandes

2 Anwendungsgebiete virtueller Körpermodelle

Die Anwendung virtueller Ganzkörper- und Organmodelle erstreckt sich über weite Fachgebiete, wie Simulationen für die Operationsplanung und Expositionen mit ionisierender wie nicht ionisierender Strahlung. Überall wo es nicht möglich, ethisch nicht vertretbar oder zu teuer ist, werden solche Modelle verwendet, um neue Kenntnisse zu gewinnen und Methoden zu überprüfen. An dieser Stelle soll kurz auf den Bereich und die Anforderungen des Strahlenschutzes eingegangen werden. Die Abteilung Medizinische Strahlenphysik und Diagnostik (AMSD) hat in diesem Fachgebiet umfangreiche Erfahrungen gesammelt und wichtige Beiträge und Weiterentwicklungen geleistet. Die vorliegende Arbeit basiert auf den praktischen Erfahrungen in diesem Bereich. Für den Fall der Operationsplanung, z.B. [14], und der nicht ionisierenden Strahlung und sei auf die Literatur verwiesen, z.B.: [15–20].

2.1 Strahlenschutz

2.1.1 Strahlenschutzdosen

In der Richtlinie 96/29/Euratom des Rates zur “Festlegung der grundlegenden Sicherheitsnormen für den Schutz der Gesundheit der Arbeitskräfte und der Bevölkerung gegen die Gefahren durch ionisierende Strahlungen” lassen sich die Definitionen der Dosisgrößen für externe und interne Bestrahlung finden. Im Amtsblatt der Europäischen Union wurde die neue Euratom-Richtlinie vom Dezember 2013 [21] veröffentlicht und muss innerhalb von vier Jahren in nationales Recht umgesetzt werden. Die bestehende Richtlinie 96/29 wird mit vier anderen auf diesem Gebiet Ende der Umsetzungsfrist am 6. Februar 2018 aufgehoben.

Die *Energiedosis* D gibt die pro Masseneinheit absorbierte Energie an:

$$D = \frac{d\bar{\epsilon}}{dm} = \frac{1}{\rho} \frac{d\bar{\epsilon}}{dV}. \quad (2.1)$$

Dabei ist

- $d\bar{\epsilon}$ die mittlere Energie, die durch die ionisierende Strahlung auf die Materie in einem Volumenelement übertragen wird;

2 Anwendungsgebiete virtueller Körpermodelle

- dm die Masse der Materie in dem Volumenelement dV .

In der Richtlinie 96/29 bezeichnet die Energiedosis die über ein Gewebe oder ein Organ gemittelte Dosis. Die Einheit der Energiedosis ist das Gray.

Die *mittlere Energiedosis* D_T in einem Organ oder Gewebe T ist die Summe der durch die einzelnen Strahlenarten R erzeugten mittleren Energiedosen:

$$D_T = \sum_R D_{T,R}. \quad (2.2)$$

Die *Organ-Äquivalentdosis*¹ H_T [21] ist die Summe der mittleren Energiedosen $D_{T,R}$ in einem Organ oder Gewebe T, erzeugt durch die Strahlenart R, multipliziert mit dem jeweiligen Strahlungs-Wichtungsfaktor w_R :

$$H_T = \sum_R w_R D_{T,R} \quad (2.3)$$

Die Strahlungs-Wichtungsfaktoren w_R sind festgelegt durch die Art und Energie der auf den Körper einfallenden Strahlung. Bei der in dieser Arbeit interessierenden Röntgenstrahlung ist $w_r = 1$.

Die *effektive Dosis* E ist die Summe der mit den zugehörigen Gewebe-Wichtungsfaktoren w_T multiplizierten Organdosen H_T in relevanten Organen und Geweben. [22]

$$E = \sum_T w_T H_T = \sum_R \sum_T w_T w_R D_{T,R} \quad (2.4)$$

Die relevanten Organe und Gewebe sind mit ihren Gewebe-Wichtungsfaktoren w_T in Tabelle 2.1 aufgeführt.

¹ Nach der neuen Richtlinie des Rates zur "Festlegung grundlegender Sicherheitsnormen für den Schutz vor den Gefahren einer Exposition gegenüber ionisierender Strahlung und zur Aufhebung der Richtlinien 89/618/Euratom, 90/641/Euratom, 96/29/Euratom, 97/43/Euratom and 2003/122/Euratom" [21] ändert sich die Terminologie für einige Dosisgrößen. Die Richtlinie muss nach ihrer Verabschiedung innerhalb von 4 Jahren in nationales Recht umgesetzt werden.

2 Anwendungsgebiete virtueller Körpermodelle

Organ oder Gewebe	Gewebe-Wichtungsfaktor w_T
rotes Knochenmark, Dickdarm, Lunge, Magen, Brust, andere Organe oder Gewebe*	0.12
Gonaden	0.08
Blase, Speiseröhre, Leber, Schilddrüse	0.04
Knochenoberfläche, Gehirn, Speicheldrüsen, Haut	0.01

Tab. 2.1: Zahlenwerte des Gewebe-Wichtungsfaktors w_T nach ICRP 103 [23].

*Andere Organe und Gewebe: Nebennieren, Extrathorakale (ET) Region, Gallenblase, Herz, Nieren, Lymphknoten, Muskeln, Mundschleimhaut, Pancreas, Prostata (♂), Dünndarm, Milz, Thymusdrüse, Uterus/Cervix (♀).

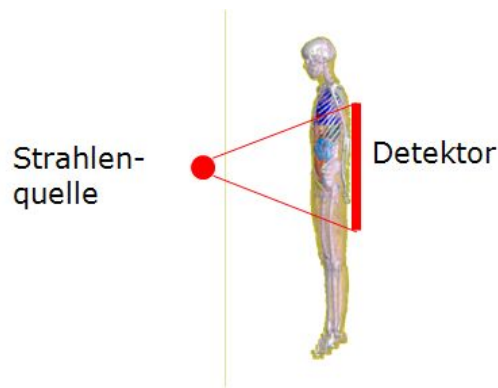


Abb. 2.1: Virtuelles Körpermodell im Strahlenfeld

Für die Dosis-Berechnung bei Exposition des Körpers durch ionisierende Strahlung wird ein virtuelles Körpermodell in ein Strahlenfeld eingebracht. Mittels Strahlungstransportprogrammen erfolgt die Berechnung der simulierten Flugbahnen der Teilchen oder Photonen und auch ihrer Energiedeposition in den einzelnen Organen oder Geweben. Auf diese Weise werden die Konversionskoeffizienten für die Organdosisberechnung abgeleitet, auf deren Basis man aus den primären Expositionsdaten die Organ-Äquivalentdosen und die effektive Dosis bestimmen kann, um damit ein verbundenes Risiko abzuschätzen. Für eine interne Exposition wird die Strahlenquelle innerhalb eines Organs oder Gewebe platziert und folgende Größen sind relevant.

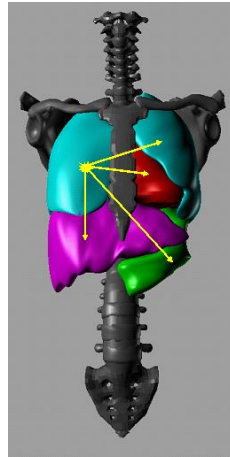


Abb. 2.2: Beispielhafte interne Exposition

Die Effektive Folgedosis $E(\tau)$ ist die Summe der Organ- oder Gewebe-Äquivalent-Folgedosen $H_T(\tau)$ aus einer Inkorporation, jeweils multipliziert mit dem entsprechenden Gewebe-Wichtungsfaktor w_T . Sie wird definiert durch:

$$E(\tau) = \sum_T w_T H_T(\tau). \quad (2.5)$$

Dabei ist τ der Zeitraum in Jahren, über den die Integration erfolgt. Die Einheit ist das Sievert. Die unter dem Summenzeichen stehende Folge-Organ-Äquivalentdosis [21], ist das Zeitintegral der Äquivalentdosisleistung im Gewebe oder Organ T, die eine einzelne Person aufgrund einer Inkorporation radioaktiver Stoffe erhält. Für eine Inkorporation zum Zeitpunkt t_o wird sie wie folgt berechnet:

$$H_T(\tau) = \int_{t_o}^{t_o+\tau} \dot{H}_T(t) dt; \quad (2.6)$$

dabei ist $\dot{H}_T(t)$ die entsprechende Äquivalentdosisleistung im Organ oder Gewebe T zum Zeitpunkt t. Erfolgt keine spezielle Angabe für τ , so wird für Erwachsene ein Zeitraum von 50 Jahren, für Kinder ein Zeitraum bis zum Alter von 70 Jahren angenommen. Die Einheit der Folge-Organ-Äquivalentdosis ist das Sievert. Aus der Definition dieser Strahlendosisgrößen wird deutlich, dass sie nicht unmittelbar messbar sind. Doch ist ihre Bestimmung nötig, um sicherzustellen, dass die von der Strahlenschutzverordnung (StrSchV) festgelegten Dosisgrenzwerte und Richtwerte zur Begrenzung der Strahlenexposition der Bevölkerung im Alltag und bei der Berufsausübung eingehalten werden. Daher werden Konversionsfaktoren benötigt, um die physikalisch messbaren Strahlendosen in die Körperdosen umzurechnen. Aus diesem Grund werden im Strahlenschutz seit ca. 30 Jahren virtuelle Körpermodelle [24–27] zu Simulationen von Bestrahlungen innerer und äußerer Strahlenquellen verwendet. Es handelt sich dabei um Ganzkörpermodelle mit einer Vielzahl von Organen.

2.1.2 Gesetzlicher Rahmen

Die Dosisgrößen für die Abschätzung des mit einer Strahlenexposition verbundenen Risikos unterliegen einem ständigen Prozess der Begutachtung und Diskussion. Der Schutz der Bevölkerung soll gewährleistet und verbessert werden. In einer Veröffentlichung der Strahlenschutzkommission von 2003 [28] wurde u.a. die Verwendung von anthropomorphen Referenzmodellen gefordert. In der ICRP Publikation 89 [7] wurden die Referenzwerte der Organmassen für einen Standardmann und eine Standardfrau veröffentlicht. Die SSK bevorzugte Voxelphantome, da sie die Anatomie besser repräsentieren als die mathematischen Phantome. Es wurden bestehende Modelle an die Referenzwerte angepasst, [8, 9, 29] um die Bevölkerung zu repräsentieren. Im den aktuellen Empfehlungen [23] wird die Verwendung der Phantome Reference Male (RCP-AM) und Reference Female (RCP-AF) [30] für den Strahlenschutz empfohlen.

2.2 Strahlentherapie

Die auf der Basis eines anthropomorphen Phantoms berechneten Konversionsfaktoren für die Körperdosen stellen repräsentative Werte für Erwachsene dar. Sie berücksichtigen keine individuellen Schwankungen bei einzelnen Personen, z.B. infolge unterschiedlichen Gewichts, unterschiedlicher Größe oder Pathologien. Für die Belange des Strahlenschutzes ist die Anwendung dieser Faktoren ausreichend, für die Patienten in der Strahlentherapie nicht. Aufgrund der anatomischen Unterschiede und der unterschiedlichen Pathologie zwischen den einzelnen Menschen kann hier kein Standard- oder Referenzmodell verwendet werden. Hier ist die Auswertung des medizinischen Datensatzes des individuellen Patienten vonnöten. Das Zielgebiet und die gesunden umliegenden Organe müssen für die Dosisberechnung manuell segmentiert werden, da durch das Tumorwachstum die Organformen und -lagen beeinträchtigt sein können. Automatische Erkennungen der Organe sind aufgrund der großen Variabilität bedingt durch die Pathologien nicht fehlerfrei und bedürfen der manuellen Anpassung.

Für die Patienten der Strahlentherapie ist ein Bestrahlungsplan und die Festlegung der Dosis im Zielgebiet nach §81 StrSchV vorgeschrieben. Das Ziel der Behandlung ist es, im Zielgebiet eine möglichst homogene, hohe Dosis zu erreichen bei gleichzeitiger Minimalbelastung der außerhalb des Zielvolumens liegenden Organe. Da in der Strahlentherapie durchaus cytoletale und organ- wie gewebeschädigende Dosen verordnet werden müssen, ist eine genaue Planung der Strahlenanwendung unabdingbar. Es besteht eine persönliche, rechtliche Verantwortung für die korrekte Dimensionierung der Strahlenanwendung auf Seiten der Ärzte. Somit ist für die Durchführung eine Modellierung der betroffenen Organen und des Zielgebietes aus dem Bilddatensatz des jeweiligen Patienten zwingend notwendig.

2.3 Bildsimulation

Ein Aspekt des Schutzes der Bevölkerung vor Expositionen ist die Vermeidung von unnötiger Dosis in der Medizin. Neue, verbesserte Aufnahmemöglichkeiten können dazu dienen, Dosis einzusparen. Um Parameter, Algorithmen und neue Aufnahmegeometrien zu testen, werden virtuelle Organmodelle verwendet. Bevor neue Techniken in den klinischen Gebrauch gehen, sollen diese ihre Vorteile zuerst bei einer Bildsimulation beweisen.

Hierfür sind Modelle als Bildobjekt vonnöten, die wie die realen Objekte die menschliche Anatomie getreu wiedergeben. Gemeint sind im μm -Bereich aufgelöste Organmodelle von z.B.: Lunge und Mamma, bei denen auch winzige anatomische Details erkennbar sein müssen. Die Generierung dieser hochauflösten Modelle für die Bildsimulation ist eine Herausforderung, da die Anzahl der Voxel extrem hoch ist und eine manuelle Segmentierung kaum noch realisierbar ist. Die bislang bestehenden Modelle für den Strahlenschutz liegen mit ihrer Auflösung im mm-Bereich und reichen bei weitem nicht aus, ein realistisches Röntgenbild zu errechnen.

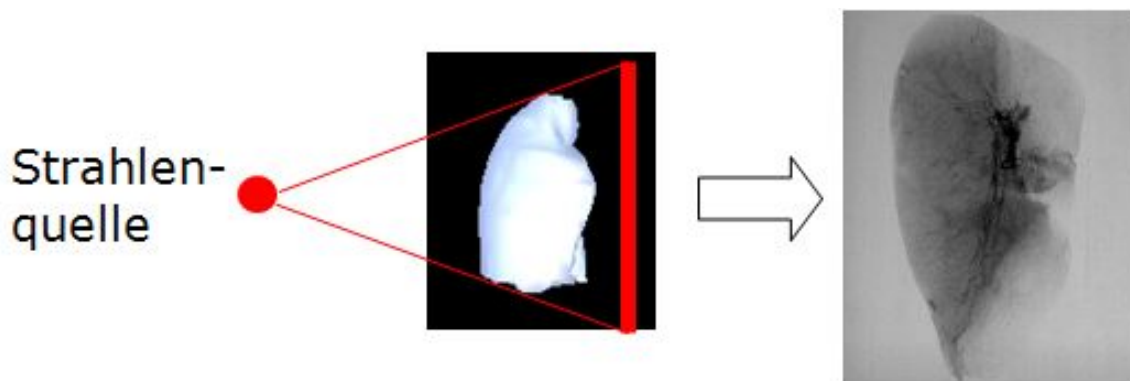


Abb. 2.3: Prinzip der Bildsimulation

Die Bildsimulation geschieht ebenfalls über Monte-Carlo Algorithmen, nur wird statt der Energiedeposition in den Organen hier die Photonenzahl am Detektor registriert (Abb.2.3).

2.4 Resultierende Modellanforderungen

Aus der Definition der Organ-Äquivalentdosis leitet sich eine grundlegende Eigenschaft der nötigen Organmodelle ab. Es müssen Volumendatensätze erzeugt werden, in denen eine Masse für das entsprechende Organ zu bestimmen ist und denen Eigenschaften wie Absorptionskoeffizienten zugeordnet werden können. Aufgrund dieser Eigenschaft können die Modelle in Strahlungstransportrechnungen mittels Monte-Carlo-Algorithmen verwendet werden.

Für die Berechnung der effektiven Dosis wird eine realistische Abbildung der verschiedenen menschlichen Organe und des Körpers benötigt. Für die Berechnung der internen Exposition müssen die Organe in realistischen Abständen zueinander im virtuellen Körper platziert sein. Die SSK betrachtete 2003 auch individuelle Faktoren, wie z.B. die genetisch bedingte Strahlenempfindlichkeit, die Altersabhängigkeit des Strahlenrisikos und mögliche andere geschlechtsspezifische und personenbezogene Faktoren. [28] Personenbezogene Faktoren, wie die individuelle Anatomie und Pathologie, lassen sich aus den medizinischen Datensätzen der Patienten ermitteln und müssen sich in den Körper- und Organmodellen widerspiegeln, um eine individuelle Simulation einer Exposition zu gewährleisten. Die Organmodelle sollten daher über eine ausreichende Flexibilität bezüglich ihrer Oberflächen für eine weitere Anpassung verfügen. Um für die verschiedenen Blickpunkte der Strahlentransportberechnung zur Verfügung zu stehen, ist Flexibilität auch in Bezug auf die Auflösung wünschenswert.

Darüber hinaus ist eine komprimierte Datendarstellung erstrebenswert, um Speicher und Rechenzeit zu sparen, da die Gesamtmodelle immer komplexer werden.

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

Im Laufe der Zeit haben sich unterschiedliche Modellierungsarten ausgeprägt, die an dieser Stelle in einer kurzen Übersicht einander gegenüber gestellt werden sollen.

3.1 Mathematische Modelle

Die mathematischen Modelle wurden 1967 von Fisher und Snyder [31] eingeführt, anfangs geschlechtslos und später in Adam und Eva [24] weiterentwickelt. Es existieren Modelle verschiedener Altersstufen [32]. Die mathematischen Modelle basieren auf einer Organdarstellung durch einfache mathematische Figuren wie Zylinder und Kugeln. Die menschliche Anatomie wird sehr stilisiert dargestellt. Der Vorteil liegt in der geringen Datenmenge und der Flexibilität. Soll die Größe und Lage eines Organs verändert werden, ist dies ohne weiteres möglich.

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

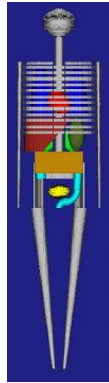


Abb. 3.1: Weibliches, mathematisches Modell Eva

Ein Nachteil neben der sehr stilisierten Anatomie sind die Abstände zwischen den Organen, die nicht repräsentativ für echte Menschen sind. Das wirkt sich auch auf die Dosisberechnung bei einer internen Exposition aus. Aus diesen Gründen sind diese Modelle von den nachfolgenden, sogenannten Voxelmodellen verdrängt worden.

3.2 Voxelmodelle

Die Voxelmodelle der gsf-Phantomfamilie [33] basieren auf dreidimensionalen Bilddaten echter Patienten aufgrund einer medizinischen Diagnose. Sie wurden manuell segmentiert, siehe 4.3.4. Aufgrund dieser Datenquelle repräsentieren sie die menschliche Anatomie besser als es jedem mathematischen Modell möglich wäre (Abb.3.2). Die Bezeichnung “voxel” (volume element) für ein Volumenelement entstand aus der Analogie zu der Bezeichnung “pixel” (picture element) für ein Bildelement. Eine Vielzahl dieser Voxel bildet den Datensatz. Jedem Voxel kann eine Kennziffer zugeordnet werden, z.B. der Grauwert im medizinischen Bilddatensatz oder die Organidentifikationsnummer für ein Organ innerhalb eines Phantoms (Abb.3.3).

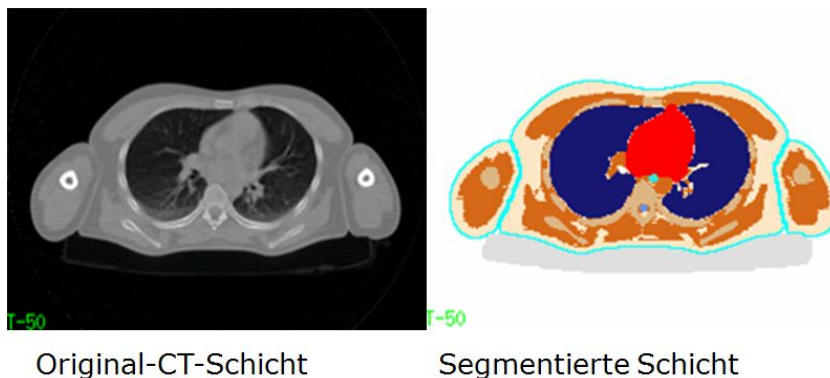


Abb. 3.2: Querschnitt durch den Thorax. Auf der linken Seite ist die originale CT-Schicht, auf der rechten Seite die entsprechende nach Organen segmentierte Schicht dargestellt.

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

13	13	13	13	7	7	7
13	13	13	7	7	7	7
13	13	13	13	7	7	5
7	13	13	7	5	5	5
7	7	7	7	7	5	5
5	5	7	7	5	5	5

Abb. 3.3: Beispiel eines kleinen Ausschnitts aus der Voxelmatrix eines nach Organen segmentierten Phantoms. Die Zahlen stellen die Organidentifikationsnummern dar.

Nachteile

Die momentan existierenden Modelle der gsf-Phantomfamilie verfügen über eine Auflösung im mm-Bereich. Zur Abschätzung der effektiven Dosis aufgrund von Dosisberechnungen für alle relevanten Organe ist diese Auflösung nach dem heutigen Stand der Technik ausreichend. Für neue Fragestellungen im Rahmen der medizinischen Bildgebung ist diese Auflösung jedoch zu grob. Sie genügt nicht, um feine Strukturen darstellen zu können, z.B. kleinste Blutgefäße. Der Nachteil liegt in der Voxelgröße (Abb. 3.4). Betrachtet man die Oberfläche der Organe, so sieht man stufige Übergänge zwischen den Voxeln, besonders an den Schichtübergängen, da (a) die Abmessung der Voxel senkrecht zur Schichtebene am größten ist und (b) die Segmentierung schichtweise erfolgte.



Abb. 3.4: Voxelrepräsentation der Leber

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

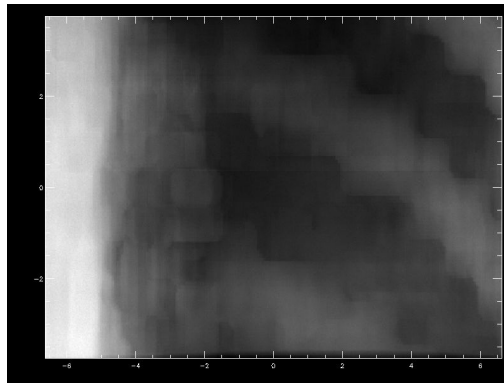


Abb. 3.5: Bildsimulation des Thorax am Voxelmodell Klara

Im Bild 3.5 sind stufige Konturen der Rippen zu erkennen. Die Modellierung der Rippen ist nicht fein genug und macht eine Aussage über dahinter liegende Lungenstrukturen unmöglich. [1] Erst im Mikrometerbereich sind die Stufen der einzelnen Voxel nicht mehr störend. Die Überführung in einer höheren Auflösung ist daher nicht ohne weiteres möglich und erfordert einen hohen Aufwand. Für die Bildsimulation wurde ein “Dual lattice model” entwickelt, das einzelne Organe in einer höheren Auflösung enthält. [1]

Bei der Voxelrepräsentation handelt es sich um eine speicherintensive Datenmenge, sehr abhängig von der Auflösung. Bei hochaufgelösten Datensätzen (z.B.: $\leq 500 \mu\text{m}$) kommt eine dreidimensionale Matrixdarstellung schnell an die Grenzen der Speicherkapazität und bei Systemen mit 32 Bit auch zu Adressierungsproblemen. Die Zeiten für die Strahlungstransportrechnungen liegen in dem Bereich von Tagen. Hier wäre eine Reduktion der Rechenzeit wünschenswert.

Die Ganzkörpermodelle für den Strahlenschutz basieren auf medizinischen Bilddatensätzen realer Menschen, die sich einer computertomographischen Untersuchung des ganzen Körpers unterziehen mussten. Die Patienten waren krank, was sich auch auf die Anatomie auswirkte. Schon bei der Segmentierung musste daher die Anatomie verändert werden, weil die krankheitsbedingten Veränderungen, z.B.: vergrößerte Milz bei Leukämie, in dem resultierenden Voxelmodell nicht gewünscht wurden. Es stellt sich die Frage, wie reproduzierbar die Erstellung eines gesamten Phantoms ist. Jeder manuelle Eingriff ist sehr individuell und meist nicht exakt zu reproduzieren.

Ein weiteres Problem im CT-Bild sind die fast nicht voneinander zu unterscheidenden Gedärme. Hier wurde für drei Phantome der gsf-Phantomfamilie [33] ein Darmtrakt erstellt und in die verschiedenen Modelle eingepasst. Bei der Datenquelle handelte sich um eine Kontrastmitteluntersuchung mit hoher Auflösung, so dass die resultierenden Bilder gut zu analysieren waren. Anhand der Abbildungen in der Publikation lässt sich eine ausgeprägte Schleife zwischen dem transversalen und dem absteigenden Darm erkennen. Es ist fraglich, in wieweit die Form dieses Darmes für andere Menschen repräsentativ ist.

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

Die Internationale Strahlenschutzkommission ICRP verwendet für ihre aktuellen Empfehlungen [23] an die Referenzwerte der Organmassen [7] angepasste Phantome [30]. Es handelt sich dabei um die Daten des kaukasischen Menschentyps, aber es wird keine Aussage über die Organform getroffen. Es gibt Bestrebungen zu überprüfen, ob eine Übertragung auf alle Menschentypen gerechtfertigt ist [18, 34–36]. Patienten weichen oftmals stark von den durchschnittlichen Maßen für Größe (Männer 1,76 cm, Frauen 1,63 cm) und Gewicht (Männer 73 kg, Frauen 63 kg) ab. Übergewicht hat maßgeblichen Einfluss auf eine zu applizierende Dosis. Daher geht der Trend immer mehr zu personalisierten Modellen, die an den jeweiligen Patienten angepasst werden. Hier liegt einer der wesentlichen Nachteile der Voxelmodelle. Sie sind unflexibel. Es ist zwar möglich, direkt die Voxel zu verschieben [9], häufiger wird allerdings der Weg über Oberflächenrepräsentationen gewählt, s. Abs. 3.3.3.

Die Organ-Modellierung während der Schwangerschaft in ihren verschiedenen Stationen ist für den Strahlenschutz von großem Interesse. Das Modell von Shi et al. [37] basiert auf einem der seltenen hierfür verfügbaren CT-Datensätze, da aus Strahlenschutzgründen CT-Aufnahmen vermieden werden. Auch die Anzahl an MRT-Aufnahmen wird so weit wie möglich begrenzt, um die Schwangeren und das ungeborene Kind nicht unnötig zu belasten. Um Ganzkörpermodelle zu erhalten, wurden bereits existierende weibliche Modelle ohne Schwangerschaft durch unterschiedliche Methoden angepasst. [16, 19, 38–40]

Um die Nachteile der Voxelmodelle bezüglich der Datenmenge und Veränderbarkeit zu verbessern, wurden viele Modellierungsansätze entwickelt, die in ihrer Mehrzahl auf vorher segmentierten Voxeldaten basieren und nicht direkt von medizinischen Datensätzen ausgehend erstellt worden sind. Eine Übersicht über gängige Modellierungen mit Schwerpunkt auf “Statistical Shape Models” wurde von Heimann und Meinzer [13] aufgestellt. Es handelt sich dabei um die Beschreibung einzelner Modellierungen, die mit Segmentierungsalgorithmen kombiniert werden können oder auch für die Operationsplanung in Frage kommen.

3.3 Landmarken, Netze und Angabe von Kontrollpunkten

Die wohl einfachste wie auch allgemeinste Methode um eine Form zu beschreiben, ist es, sie mittels über ihrer Oberfläche verteilten Punkten zu repräsentieren. Es handelt sich um einen Vektor \bar{x} der Form

$$\bar{x} = (x_1, y_1, z_1, \dots, x_k, y_k, z_k).$$

In der Literatur zu den statistischen Modellen wird dafür häufig der Begriff “Landmarken” verwendet. Bei den hier angesprochenen Landmarken handelt es sich nicht um die anatomischen Landmarken, sondern um die Punkte auf der Kurve oder Oberfläche des Modells. Es hat sich der Begriff Punktverteilungsmodell (Point Distribution Model, PDM) etabliert [13, 41]. Zusätzlich kann auch weitere Information über die

Verbindungen zwischen den Punkten enthalten sein, um die Oberfläche rekonstruieren und Normalenvektoren bestimmen zu können. In diesem Fall handelt es sich um Netze, z.B. Polygonnetze.

3.3.1 Phantome mit polygonalen Netzen

Ein polygonales Netz ist ein Satz von Eckpunkten, Kanten und Seitenflächen, die die Gestalt eines polyedrischen Objekts in 3D Raum definieren. Die Oberflächen des Phantoms werden durch eine Vielzahl von Polygonen gebildet, meistens durch Dreiecke. Die Netzoberfläche kann direkt von Voxeldaten oder kommerziell erwerbbaaren Anatomiemodellen ausgehend, z.B. wie bei [42], gewonnen werden. Um bestehende Voxelmodelle in ihrer Größe und Form zu verändern, wird häufig der Weg über die Erzeugung von polygonalen Netzen aus den Voxeldaten und deren anschließende Bearbeitung gewählt. Viele kommerzielle Software-Programme wie Rhinoceros, AutoCAD, Visualization Toolkit (VTK) stellen Funktionen zur Bearbeitung polygonaler Netze zur Verfügung. Für die Visualisierung von Organmodellen sind die polygonalen Netze geeignet, es handelt sich dabei allerdings um eine reine Oberflächenrepräsentation ohne Volumeneigenschaften. Für die Belange der Strahlentransportberechnung müssen die Netze mit Voxeln gefüllt werden, was ein nicht immer fehlerfreier Prozess ist.

3.3.2 Non-Uniform-Rational-B-Splines-NURBs

Tsagaan et al. 2002 [43] schlugen "Non-Uniform-Rational-B-Splines" (NURBs) vor, um die Objekte zu modellieren. Eine NURBs-Kurve wird durch ihre Ordnung, eine Anzahl an gewichteten Kontrollpunkten und einen Knotenvektor definiert. Es handelt sich um eine Verallgemeinerung von B-Splines und Bezier-Kurven und -oberflächen. Der Hauptunterschied besteht in den gewichteten Kontrollpunkten, die die Kurve rational machen.

$$N_{i,n} = f_{i,n}N_{i,n-1} + g_{i+1,n}N_{i+1,n-1} \quad (3.1)$$

N bezeichnet üblicherweise die Basisfunktion und i den Index des Kontrollpunktes, n den Grad der Basisfunktion. Bei g und f handelt es sich Wichtungsfunktionen mit dem Parameter u und k_i als i -tem Kontrollpunkt.

$$f_{i,n}(u) = \frac{u - k_i}{k_{i+n} - k_i} \quad (3.2)$$

$$g_{i,n}(u) = \frac{k_{i+n} - u}{k_{i+n} - k_i} \quad (3.3)$$

Eine NURBs-Kurve kann allgemein über

$$C(u) = \frac{\sum_{i=1}^k N_{i,n}w_i\mathbf{P}_i}{\sum_{i=1}^k N_{i,n}w_i} \quad (3.4)$$

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

mit k als Anzahl der Kontrollpunkte \mathbf{P}_i und mit den Gewichten w_i ausgedrückt werden.

Eine NURBs-Fläche S ist das Tensorprodukt von zwei NURBskurven mit den voneinander unabhängigen Parametern u und v und den Indizes i und j .

$$S(u, v) = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^l R_{i,j}(u, v) \mathbf{P}_{i,j} \quad (3.5)$$

mit

$$R_{i,j}(u, v) = \frac{N_{i,n}(u)N_{j,m}(v)w_{i,j}}{\sum_{p=1}^k \sum_{q=1}^l N_{p,n}(u)N_{q,m}(v)w_{p,q}} \quad (3.6)$$

Die Gestalt und das Volumen einer NURBs-Oberfläche variieren mit den Koordinaten der Kontrollpunkte.

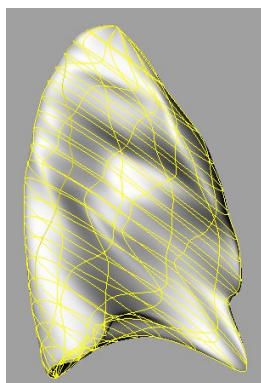


Abb. 3.6: Gerenderte Lungendarstellung mittels NURBs [1]

Viele kommerzielle Software-Programme, wie z.B. Rhinoceros, stellen Funktionen zur Verfügung, um die von Voxeldaten generierten Polygonalen Netze der Organoberflächen einzulesen, Abb. 3.6 zeigt beispielhaft die gerenderte¹ Darstellung der Lunge. Die polygonalen Netze werden in NURBs-Darstellungen transformiert und grafisch vom Benutzer bearbeitet. Eine direkte Erzeugung der NURBs aus Voxeldaten ist nicht möglich. Zu detailreiche Strukturen, wie z.B.: Wirbelsäule und Skelett, können nicht mit NURBs dargestellt werden. Wie bei der Darstellung mittels Polygonnetzen handelt es sich bei den NURBs um eine Oberflächendarstellung.

Im Bereich der Modellierung von Körpermodellen für Strahlentransportberechnung werden hauptsächlich Voxeldaten, Polygone Netze und NURBs verwendet. Das Hauptaugenmerk in diesem Bereich liegt auf der Anwendung und der Anpassung bestehender Modelle. Der Vorteil der Methoden ist ihre Verfügbarkeit in kommerziellen Software-Programmen und ihre grafische Bearbeitbarkeit. Die Anpassung wird in erster Linie über grafische Interaktion vorgenommen. Nach ihrer Bearbeitung müssen

¹Geglättete, schattierte Oberflächendarstellung des polygonalen Netzes für die interaktive Bearbeitung mit dem Programm Rhinoceros im Rahmen des Projektes [1] der AMSD

diese Oberflächendarstellungen für die Verwendung in Strahlungstransportprogrammen allerdings mit Voxeln gefüllt werden. Dies stellt einen zusätzlichen Aufwand dar und kann bei detailreichen Strukturen wie der Wirbelsäule fehlerbehaftet sein.

3.3.3 Hybride Modelle

Basierend auf bereits segmentierten Voxeldaten wurden zahlreiche Modelle erstellt, indem die einzelnen Organe mit geeigneten Methoden angepasst und anschließend zusammengesetzt wurden. Das Resultat waren hybride Modelle. Hybride Modelle sind Phantome, die aus verschiedenen Datenrepräsentationen bestehen [39, 44–47]. Das können z.B. Ganzkörpermodelle sein, deren Abdomen jedoch aus mathematischen Gleichungen modelliert worden ist [16].

Bei der Segmentierung finden die folgenden Modellansätze häufige Anwendung.

3.3.4 Deformierbare Modelle

Ein vielbeachteter Ansatz sind die deformierbaren Modelle². Es handelt sich um einen physikalisch motivierten Ansatz, eingeführt von Kass et al. 1988 [49]. Die deformierbaren Modelle sind Kurven oder Oberflächen, die sich unter dem Einfluss äußerer und innerer Kräfte verändern. Diese Veränderungen werden verwendet, um eine Struktur im Bild zu finden [11]. Es wird davon ausgegangen, dass sich ein Energieminimum³ zwischen den externen und internen Kräften einstellt. Dabei nimmt die Kurve die gesuchte Form im Bild an. Die äußeren Kräfte stammen von dem zu analysierenden Bild, z. B. seinem Gradienten. Es handelt sich um eine Methode mit einem großen Freiheitsgrad an möglichen, zugrundeliegenden Formen, z.B. Splines, Polygonzüge oder finite Elemente, finite Differenzen oder Fourier-Basen. [11, 48]. In der Literatur lassen sich dazu viele unterschiedliche Namen wie Snakes, Ballonmodelle, aktive Konturen finden, die auf diesem Grundprinzip [49] basieren. Sie werden weiter in parametrische und geometrisch deformierbare Modelle unterteilt.

Die parametrisch deformierbaren Modelle basieren auf

- der Darstellung der Kurve oder Oberfläche als energieminimierende parametrisierbare Kurve oder Oberfläche oder
- einem dynamischen System [50].

²Der Begriff “deformierbares Modell” stammt ursprünglich aus der Anwendung der Elastizitätstheorie auf physikalischer Ebene. Die physikalische Interpretation sieht deformierbare Modelle als elastische Körper an, auf die Kräfte und Begrenzungen wirken. [48]

³Der Begriff “Energie” kann in der Bildbearbeitung allgemein als benutzerdefinierte Funktion für das Maß an Information des Bildes in Abhängigkeit vom Kontext gesehen werden. Hier ergibt er sich aus der physikalischen Interpretation der deformierbaren Modelle in Analogie zur Mechanik.

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

Die parametrische Beschreibung der Kurve erfolgt durch $\mathbf{v}(s) = (x(s), y(s))^T$ wobei x und y die Koordinaten entlang der Kurve sind und $s \in [0, 1]$. Das hochgestellte Symbol T bezeichnet die Transponierung des Vektor $\mathbf{v}(s)$. Die ‘‘Energiefunktion’’ ist:

$$E_{Kontur} = \int_0^1 [E_{int}(\mathbf{v}(s)) + E_{ext}(\mathbf{v}(s))] ds. \quad (3.7)$$

Die interne Energie kann über

$$E_{int} = \alpha(s) \left| \frac{d\mathbf{v}}{ds} \right|^2 + \beta(s) \left| \frac{d^2\mathbf{v}}{ds^2} \right|^2 \quad (3.8)$$

ausgedrückt werden, dabei entsprechen die ersten und zweiten Ableitungen der Spannung und Glattheit der Kurve, α und β sind frei wählbare Parameter. Die äußeren Kräfte werden aus dem Bild entnommen, im Lauf der Zeit wurde viele Möglichkeiten für die Bestimmung der externen Kräfte gefunden. Eine Möglichkeit kann sein:

$$E_{image} = w_1 I(x, y) - w_2 |G_\sigma * \nabla^2 I|^2 \quad (3.9)$$

Die Wichtungsfaktoren w_1 und w_2 legen den Einfluss der Bildintensität I und der Bildkanten fest, die über den mit einer Gaußfunktion geglätteten Gradienten ermittelt wurden.

Für eine Energieminimierung im Bild muss die Kurve die Euler-Langrange-Gleichung erfüllen:

$$-\frac{d}{ds} \left(\alpha(s) \frac{d\mathbf{v}}{ds} \right) + \frac{d^2}{ds^2} \left(\beta(s) \frac{d^2\mathbf{v}}{ds^2} \right) + \nabla E_{ext}(\mathbf{v}(s)) = 0 \quad (3.10)$$

Es lassen sich verschiedene Möglichkeiten für die Lösung des Gleichungssystems realisieren. In der Literatur lassen sich dazu zahlreiche Publikationen für unterschiedliche Fragestellungen finden, z.B. [48]. Während des Prozesses der Energieminimierung sind die bestimmenden Faktoren für die Kurve bzw. die Oberfläche die inneren Kräfte. Es gibt keine anderen Restriktionen bezüglich ihrer Form. Die Spannung und Glattheit einer Kurve korrelieren nicht in jedem Fall mit der eigentlich gesuchten Organform, so dass die Energieminimierung anhand der externen Kräfte unerwünschte Resultate erwirken kann, die einer manuellen Korrektur bedürfen. Die deformierbaren Modelle sind mit der hier vorliegenden Arbeit insofern verwandt, als es sich ebenfalls um physikalische motivierte Ansätze handelt.

3.3.5 Statistische Modelle - Active Shape Models

Diese Art der Modellierung erlaubt eine genauere Vorgabe der erwarteten Form. Statistische Modelle basieren auf der Ermittlung einer mittleren Form und einer Anzahl Modi der Variationen von einer Trainingsdatenmenge. Landmarkenbasierte Punktverteilungsmodelle spielen in diesem Bereich eine dominante Rolle [13]. In Trainingsdaten wird die gesuchte Struktur meist manuell markiert, in ein Koordinatensystem überführt und ihre mittlere Gestalt bestimmt, sowie die Abweichung der einzelnen Trainingsdaten zu dieser Durchschnittsform berechnet. Eine verbreitete Methode für die

3 Organbeschreibung für Körpermodelle

Überführung in ein gemeinsames Koordinatensystem ist die “Generalized Procrustes Aligment”-Methode [51, 52]. Die Trainingsdaten werden über den jeweiligen Vektor \mathbf{x}_i der Koordinaten von Oberflächenpunkten beschrieben.

$$\mathbf{x}_i = (x_1, y_1, z_1, \dots, x_k, y_k, z_k)$$

$$\bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{s} \sum_{i=1}^s \mathbf{x}_i \quad (3.11)$$

Die mittlere Gestalt wird als Punkteverteilung wiedergegeben und die Abweichung davon als Kovarianzenmatrix S , von der die Eigenwerte und -vektoren bestimmt werden. Dies ist z.B. durch eine “Principal Component Analyse, PCA” möglich.

$$S = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})^T \quad (3.12)$$

Die signifikantesten Variationen der Form spiegeln sich in den größten Eigenvektoren ϕ_m und den dazu korrespondierenden Eigenwerten wider. Die einzelnen Formen werden als Summe der mittleren Form $\bar{\mathbf{x}}$ und der mit b_m gewichteten Eigenvektoren ϕ_m definiert und als Punktverteilungsmodell ausgegeben.

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \sum_{m=1}^c b_m \phi_m. \quad (3.13)$$

Es gibt verschiedene Möglichkeiten, dieses Modell in den medizinischen Datensatz zu implementieren. Ein Weg ist die Registrierung, bei der versucht wird, das statistische Modell über affine Transformationen an den Datensatz anzupassen. Ein anderer Weg ist die Active Shape Model Search, bei der es sich wie bei den Deformierbaren Modellen um eine Energieminimierung der inneren und externen Kräfte handelt.

Statistische Modelle sind sehr von der Quantität der verfügbaren Trainingsdatensätze abhängig. Für den Fall der dreidimensionalen statistischen Modelle sind das fast immer zu wenig. Sie basieren auf einer manuellen Segmentierung, die sehr aufwändig und zeitintensiv ist. Aufgrund der mathematischen Bedingungen für die Deformationen, die es hinderlich machen, dass sich die Form an neue Daten anpasst, tendieren die statistischen Modelle dazu, überbestimmt zu sein. In der Publikation von Heimann und Meinzer 2009 [13] wird festgestellt, dass es keine Methode gibt, die fehlerfrei Modelle generiert, so dass die Möglichkeit zur manuellen Bearbeitung bestehen sollte.

3.3.6 Active Appearance Model

Es handelt sich hierbei um eine Weiterentwicklung der Active Shape Modelle; sie beinhalten zusätzlich zu der Gestaltinformation die Grauwertvariation von Bilddaten. Analog zu der Formel 3.14 kann die Grauwertvarianz der Objekte über

$$\mathbf{g} = \bar{\mathbf{g}} + \sum_{m=1}^c b_g \phi_m. \quad (3.14)$$

ausgedrückt werden. Die Eigenwerte ϕ_m werden bezüglich der Grauwerte mit der Matrix b_g gewichtet.

3.3.7 Darstellung über Basisfunktionen und Wavelets

Staub und Duncan [53] wandten Fourier-Oberflächen als Erweiterung der klassischen Fouriertransformation an, um topologisch verschiedene Formen zu beschreiben. Dabei handelt es sich um einen Torus, eine offene und geschlossene Oberfläche und einen Tubus. In die Parameter der Modelle gehen statistische Verteilungen als a-priori-Wissen ein, die die Fläche zu einer bestimmten Formenvielfalt hintreiben. Die statistischen Verteilungen basieren auf Beispieldatensätzen, in denen die Objekte manuell eingezeichnet wurden, oder der Annahme einer Gleichverteilung mit manueller Initialisierung. Es muss sich auch bei dem gesuchten Objekt im medizinischen Bild um eine ähnliche Form handeln. Weicht die natürliche Gestalt zu sehr vom Ausgangsmodell ab, so wird die gesuchte Form im Bilddatensatz nicht erkannt.

Die Methode der “Spherical Harmonics” wurde benutzt, um anhand von segmentierten CT-Daten Organe zu modellieren. Die Autoren Tateyama et al. wandten diese Methode auf bereits segmentierte Daten an und modellierten Organe wie Leber und Milz [54]. Mofrad et al. [34] veränderten ein bereits existierendes Phantom [55]. Die Spharms-Darstellung ist eine hierarchische, globale, multiskalierte Randbeschreibung und für Objekte mit einer Kugel-Topologie geeignet. Matheny und Goldgof [56] erweiterten diese Methode auch auf Objekte mit Nicht-Kugeltopologie.

Da die Spharms auf einer Überlagerung von orthogonalen Basisfunktionen basieren, können sie nicht lokal variiert werden. Die ausschließlich numerische Formulierung der resultierenden Oberfläche erlaubt nur eine Angabe von Koeffizienten. Verschiedene Autoren wandten diese Modellierung für die Segmentierung mit Deformierbaren Modellen an. [56–58]

Mit den Spharms verwandt ist die Darstellung über die Vibrationsmodi von sphärischen Netzen, um die Oberfläche zu beschreiben [59]. Davatzikos et al. [60] schlugen die Benutzung von Wavelets vor. Nain et al. [61] und Yu et al. [62] erweiterten diese ursprünglich zweidimensionale Methode auf den dreidimensionalen Raum. Auch hier handelt es sich um physikalische motivierte Modelle.

Die Nachteile dieser Methoden liegen in der aufwändigen Implementierung, die nicht in gängigen Software-Programmen enthalten sind. Die Modellierung erfolgt ausschließlich über die Parameter und nicht über grafische Interaktion. Eine Klassifizierung von verschiedenen Organen ist nicht möglich.

3.3.8 Level Set Methode

Für eine approximative Verfolgung geometrischer Objekte und deren Bewegung eignet sich die Level Set Methode. Ein wesentlicher Vorteil der Methode ist es, dass man nicht die Parametrisierung der Objekte verwenden muss, um Kurven und Oberflächen in einem festen, räumlichen Koordinatensystem zu berechnen. Veränderungen der Topologie werden von der Level-Set-Methode verkraftet und müssen vorher nicht bekannt sein. Das erlaubt eine Verfolgung der Bewegung von Objekten.

Eine n -dimensionale Hilfsfunktion beschreibt im n -dimensionalen Raum einen $(n-1)$ -dimensionalen Rand C . In der impliziten Konturenrepräsentation werden die Konturen als Nullellinie einer in Ω eingebetteten Funktion beschrieben $\varphi : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$.

$$C = \{x \in \Omega | \phi(x) = 0\} \quad (3.15)$$

Es gibt verschiedene Methoden, die implizite Kurvendarstellung zu erhalten. Die verbreitetsten sind die Level Set Methoden, z.B.: [63, 64], in denen eine Kontur vorgeschlagen wird, indem eine zeitabhängige, eingebettete Funktion $\phi(x, t)$ entsprechend einer geeigneten partiellen Differentialgleichung entwickelt wird. [65, 66]

3.3.9 Mediale Modelle: M-reps

Die medialen Modelle wurden 1973 von Blum [67] vorgestellt, um biologische Formen zu beschreiben und später in der Bildbearbeitung eingeführt. Sie repräsentieren Objekte über ein Netz oder eine Kette von medialen, d.h. auf einer Mittellinie liegenden Atomen und ihre korrespondierenden Radien, was eine kompaktere Darstellung erlaubt als die Punktverteilungsmodelle.

Piezer et al. [68] führten den Begriff M-reps 2003 als Erweiterung der bestehenden Methode auf den dreidimensionalen Raum ein. Ein mediales Atom \underline{m} soll zwischen zwei gegenüberliegende Seiten einer Abgrenzung gelegen sein und wird definiert durch $\underline{m} = (\mathbf{x}, r, \mathbf{F}, \theta)$. Der Vektor \mathbf{x} beinhaltet die Koordinaten der Position, r ist der Abstand zu den zwei oder mehr Grenzflächen. Er gibt die Länge für die Vektoren $\vec{n}, \vec{p}, \vec{s}$ zwischen dem medialen Atom und den Grenzflächen vor.

Bei $\mathbf{F} = (\vec{n}, \vec{b}, \vec{b}^\perp)$ handelt es sich um ein lokales Bezugssystem mit dem medialen Atom im Ursprung. Die Vektoren \vec{n}, \vec{b} spannen die Ebene auf, in der die Vektoren \vec{p}, \vec{s} zu den Grenzflächen liegen. Der Winkel θ befindet sich zwischen \vec{b} und den Vektoren zur Grenzfläche (Abb.3.7). Es wird zwischen medialen Atomen innerhalb der Figur und Eckatomen unterschieden. Die im Inneren gelegenen medialen Atome haben zwei Vektoren zur Grenzfläche, die medialen Eckatome drei. Die medialen Atome spannen mit ihren Vektoren die Abgrenzungsflächen auf, die interpoliert werden muss.

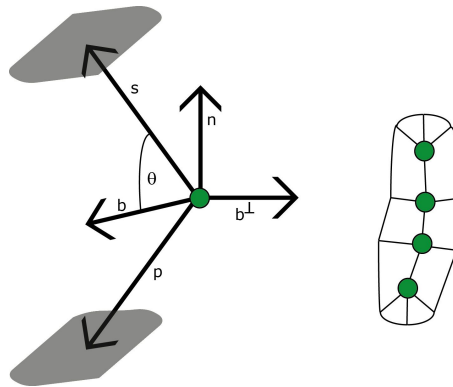


Abb. 3.7: Skizze mediales Atom (links) und Figur mit medialen Atomen (rechts)

Eine Figur wird durch hierarchisch miteinander verbundene m-rep Modelle dargestellt. Yushkevich et al. [69] präsentierten eine kontinuierliche Form. Die Nachteile der Methode liegen auch hier in der aufwändigen Implementierung. Eine Klassifizierung der Organart ist hier nicht möglich, da nur mathematische Angaben zur Formgestalt im Modell enthalten sind.

3.3.10 Darstellung über Elementarkugeln

Suzuki et al. [70] benutzen "Elementarkugeln" für die Organdarstellung in der Operationsplanung, basierend auf einer manuellen Segmentierung. Diese Repräsentation ist der Voxeldarstellung sehr ähnlich, und es können über den Index der Elementarkugel können Volumeneigenschaften zugeordnet werden. Es handelt sich auch hier um eine speicherintensive Darstellung.

4 Organsegmentierung und Anpassung von Organmodellen

Dieses Kapitel soll einen kurzen Einblick in das umfangreiche Themengebiet der Segmentierung von medizinischen Bilddatensätzen geben. Besonderes Augenmerk liegt dabei auf der Anpassung von Modellen an die zu suchenden Strukturen im medizinischen Datensatz.

Zwar basieren die Organmodelle für den Strahlenschutz auf manuellen Segmentierungen, sollen allerdings für die vorliegende Arbeit als a-priori-Wissen wieder in den medizinischen Datensatz eingebracht werden, um den Prozess zu automatisieren und den Aufwand der Organextraktion zu minimieren und zu verkürzen. Um sich diesem Ziel anzunähern, existieren in der Literatur viele Methoden, Organmodelle an medizinische Bilddaten anzugleichen.

4.1 Definition und Anwendung

Der Begriff Segmentierung bezeichnet in der Bildbearbeitung allgemein den Prozess, ein Pixel einem Objekt zuzuordnen, und ist ein nötiger Grundschritt für eine anschließende Bildanalyse [71]. Generell wird also unter einer Segmentierung die Zerlegung des Bildes in Segmente verstanden. Ein Segment wird von einer Menge an Pixeln dargestellt, die durch den Prozess der Segmentierung gefunden werden soll [72].

Die Segmentierung findet in in folgenden Gebieten Anwendung:

- Gesichtserkennung
- Fingerabdruckerkennung
- Verkehrskontrollsysteme
- Bremslichterkennung
- Machine Vision
- Landwirtschaftliche Bildgebung - Krankheitserkennung bei Pflanzen

4 Organsegmentierung und Anpassung von Organmodellen

Die Segmentierung medizinischer Bilder unterscheidet sich allerdings davon. Der Begriff Segmentierung erfährt in Bezug auf medizinische Bilder eine Erweiterung [11]. Während der Zuordnung der Pixel zu Segmenten muss gleichzeitig eine Klassifizierung dieser Segmente geschehen. Es ist auch nicht unbedingt nötig, jedes Pixel im Bild zu verarbeiten, oft genügt die Extraktion einer vorgegeben Menge von Objekten.

Anwendungsbeispiele sind:

- Auffindung von Tumoren und anderen Pathologien
- Messung von Gewebevolumina
- Computerunterstützte Chirurgie
- Diagnose
- Auffindung von Organen für die Bestrahlungsplanung und Dosisberechnung
- Studium anatomischer Strukturen.

Analysiert werden medizinische Bilder, die im Rahmen der Diagnose vom Patienten aufgenommen werden.

4.2 Tomografische Schnittbilder

Ein medizinisches Bild unterscheidet sich von Bildern natürlicher Objekte, die durch Fotoapparate oder Videoaufnahmen gewonnen werden, da die Aufnahmetechnik oft eine andere ist. Es handelt sich bei medizinischen Bildern meist um eine Grauwertdarstellung von Absorptionskoeffizienten in der Röntgendiagnostik, Hounsfield-Einheiten in der Computertomografie, Spinrelaxationsdaten der Atome im Magnetfeld bei der Magnetresonanztomografie oder um Ultraschallsignale.

Hierdurch erklärt sich auch ein Grundproblem der Merkmalsextraktion dieser Bilder. Die dargestellte Information der Pixel, d.h. der Grauwert, hängt leider oft nicht stark genug mit der zu extrahierenden Information über Anatomie und Pathologie zusammen. Abgrenzungen zwischen benachbarten Objekten werden nicht oder nur schwach dargestellt, da deren physikalische Eigenschaften einander fast gleich sind. Ziel einer Segmentierung ist es, die Abgrenzung eines interessierenden Gebiets zu ermitteln und das Gebiet zu extrahieren.

Medizinische Bilder sind fast immer Ausschnittsbilder aus dem Patientenkörper, oft aufnahmetechnisch bedingte Schnittbilder, und nicht in einer natürlichen, gewohnten Perspektive dargestellt (Abb.4.1). In der Röntgendiagnostik handelt es sich um Projektionen. Eine natürliche Herangehensweise an diese Bilder kann hier nicht angewendet werden. Für die Auswertung und Analyse medizinischer Bilder wird

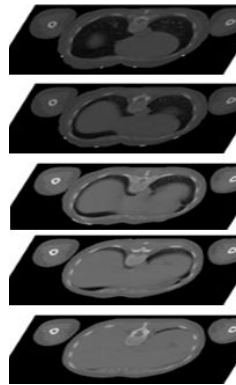


Abb. 4.1: Verdeutlichung der CT-Datenstruktur. Dargestellt sind Querschnitte durch den Thorax.

eine Schulung benötigt. Man muss wissen, was das Bild darstellt und bringt damit a-priori-Wissen ein, nämlich um welchen Teil der Anatomie unter welchem Blickwinkel es sich handelt.

Das automatische Grundwissen eines Menschen wie oben, unten, rechts und links über das betrachtete Objekt kann vielfach nicht auf einfache Weise implementiert werden. Damit geht die Basis für die darauf aufbauende Erkennung der Anatomie verloren, ebenso das Wissen wo sich die Extremitäten befinden, welche Organe benachbart sind, wo sie sind oder überhaupt sein können. Die Menge an Entscheidungen, wo die Organe aufzufinden sind, ist enorm. Dieser Prozess läuft oft unterbewusst ab und ist abhängig von vielen Parametern sowohl des Bildes als auch der betrachtenden Person, mit ihren unmessbaren Qualifikationen wie Erfahrung und Wissen.

4.3 Algorithmen für Organsegmentierung

Es gibt eine Vielzahl von verschiedenen Ansätzen, um das Grundproblem der Bildanalyse zu lösen, e.g. [73–77]. In der Habilitationsschrift von Pohle 2004 [11] kann man eine Einteilung der Methoden in Algorithmen ohne Modellwissen, mit einfachem und erweitertem Modellwissen, sowie Algorithmen mit komplexem Modellwissen finden. In der englischsprachigen Literatur ist die Rede von “Low Level Algorithm” und “High Level Algorithm”. Der Segmentierungsprozess ist meist eine Kombination aus verschiedenen Algorithmen, angepasst an die jeweilige Fragestellung.

4.3.1 Algorithmen ohne Modellwissen

Segmentierungs-Algorithmen ohne Modellwissen nach [11] sind “Volume Rendering”-Verfahren, ferner die Manipulation der Abbildungsfunktion der Grauwerte hinsichtlich Farbe und Transparenz sowie die rein manuelle Segmentierung, bei der mittels Maus Konturen in den Datensatz gezeichnet werden.

“Volume Rendering” und die Manipulation der Transferfunktion dienen in erster Linie der Visualisierung der Datensätze. Die “Volume Rendering” Verfahren sind außerdem sehr rechenintensiv.

Nur bei dem manuellen Einzeichnen von Konturen werden aus dem Datensatz abgegrenzte Organe extrahiert, diese Methode hat aber den Nachteil, dass sie vom jeweiligen Benutzer abhängig und damit schlecht reproduzierbar ist. Die manuelle Interaktion ist außerdem sehr zeitaufwändig.

4.3.2 Algorithmen mit einfachem und erweitertem Modellwissen

Die Segmentierungs-Algorithmen mit einfachem Modellwissen („Low Level“) verarbeiten die Informationen, genauer die Farb- oder Grauwerte, nur aus dem zu analysierenden Bild. Hier wären nach [11] Algorithmen wie Thresholding, Kantendetektion, Region Growing, Split and Merge, Watershed, Sobel-Operator, Diffusionsverfahren, Cluster und Klassifikationsverfahren, Markov Random Fields und morphologische Operationen zu nennen.

Diese Operationen sind gängige Methoden und vielfach in Bildbearbeitungssoftware implementiert. Ihr Vorteil besteht darin, dass sie flexibel und einfach einzusetzen sind. Doch schon die Anwendung eines relativ einfachen „Low Level“ Algorithmus, wie Region Growing, benötigt eine beachtliche Menge von fachkundiger, interaktiver Anleitung. Algorithmen ohne und mit einfachem Modellwissen scheitern auch an der oft komplexen Form und Variabilität der zu findenden Organe und Strukturen zwischen den Individuen. Rauschen und andere Bildartefakte können zusätzlich falsche Regionen oder Grenzünterbrechungen in den Objekten verursachen, die auf diese Art und Weise detektiert wurden. [48]

Erweitertes Modellwissen vereint zum einen Modellwissen über die Grauwerte im Bild als auch Annahmen über die Kurve zur Abgrenzung von Objekten, umfasst aber keine Organmodelle. Es handelt sich um interaktive Methoden zur Berechnung von optimalen Kantenzügen über z.B. Graphensuche und oder dynamische Programmierung. Für die Graphensuche gibt der Benutzer Start- und Endpunkt der Abgrenzung vor, die vom Algorithmus miteinander verbunden werden. Dafür werden die Gradienten im Bild berechnet, Kantenpixelkandidaten gefiltert und in eine Graphendarstellung überführt. Eine Kante verbindet die benachbarten, ähnlich gerichteten Knoten, d.h. Kantenpixel im gewichteten und gerichteten Graphen. Die Verbindung der zwei Punkte erfolgt über die Minimierung der “Kosten”, die den einzelnen Kanten zugewiesen werden. Es gibt viele unterschiedliche Algorithmen zur Bestimmung der kürzesten Pfade in der Graphdarstellung des Bildes, z.B. [78]. Die Bestimmung der Kantenzüge über dynamische Programmierung umfasst Techniken wie Live Wire [79] und Intelligent Scissors [80].

4.3.3 Algorithmen mit komplexem Modellwissen

Da die Extraktion von Formen allein aufgrund von lokalen Informationen im Bild nicht ausreichend ist, wurde nach Methoden geforscht, die gesuchte Struktur über die Anpassung einer globalen Vorgabe der gesuchten Form zu extrahieren. Die Algorithmen mit komplexen Modellwissen, oder „High Level“-Algorithmen, bringen ein komplexes Wissen über die ungefähre Form des zu findenden Objekts und physikalische motivierte Ansätze in die Analyse ein.

Registrierungsalgorithmen

Bei diesen Algorithmen handelt es sich um das Auffinden der bestmöglichen Überlagerung zwischen einem Modell und dem zu analysierenden Bild mittels affiner Transformationen. Es besteht die Möglichkeit, Modelle mit einfachen geometrischen Formen wie Ellipsoiden [81] im Datensatz zu registrieren. Für statistische Modelle und Active-Shape-Modelle müssen anhand von Registrierungsalgorithmen korrespondierende Landmarken aus Trainingsdatensätzen [13] gewonnen werden. Für die Korrespondenzanalyse wurden die Registrierungsmöglichkeiten Mesh-to-Mesh, Mesh-to-Volume, Volume-to-Volume, Parametrization-to-Parametrization, Population-based-optimization, eingeführt. Für einfache Strukturen wie die Knochen ist es dabei möglich, sie gleich aus den Trainingsdatensätzen zu segmentieren.

Snakes-Deformierbare Modelle

Bei den Snakes wurde die Technik des Abgleichs eines deformierbaren Modells mit den Bilddaten über eine Energieminimierung benutzt. Die äußeren Kräfte stammen von dem zu analysierenden Bild, z. B. dem Gradienten der Bilddaten. Es handelt sich um eine Methode mit einem großen Freiheitsgrad an möglichen, zugrundeliegenden Formen, z.B. Splines. [48]. In der Literatur lassen sich dazu viele unterschiedliche Namen wie Snakes, Ballonmodelle, aktive Konturen finden, die auf diesem Grundprinzip nach Kass et al. 1988 [49]¹ basieren.

Eine aktive Kontur kann über $\mathbf{v}_i = (x_i, y_i)$ dargestellt werden, wobei $i = 0 \dots n - 1$. Die Energiefunktion kann über

$$E_{snake}^* = \int_0^1 E_{snake}(\mathbf{v}(s)) ds = \int_0^1 [E_{int}(\mathbf{v}(s)) + E_{image}(\mathbf{v}(s)) + E_{con}(\mathbf{v}(s))] ds \quad (4.1)$$

ausgedrückt werden.

E_{int} beschreibt die inneren Kräfte der Kurve (s. auch Formel 3.8) und lautet wie folgt:

$$E_{int} = \alpha(s) \left| \frac{d\mathbf{v}}{ds} \right|^2 + \beta(s) \left| \frac{d^2\mathbf{v}}{ds^2} \right|^2$$

¹Die mathematischen Symbole an dieser Stelle wurden aus dieser Publikation übernommen.

4 Organsegmentierung und Anpassung von Organmodellen

Die Gesamtenergie E_{image} des Bildes kann allgemein als gewichtete Kombination von drei Energiefunktionalen ausgedrückt werden.

$$E_{image} = w_{line}E_{line} + w_{edge}E_{edge} + w_{term}E_{term}. \quad (4.2)$$

Die Energiefunktionale E_{line} , E_{edge} und E_{term} werden aus dem Bild bestimmt. Sie treiben die Snakekurve zu den ausgesprägten Bildeigenschaften und beschreiben den Einfluss der Intensität (E_{line}), der Kanten (E_{edge}) und der Terminierung (E_{term}) der Liniensegmente und Kanten. Der Term E_{con} bindet externe Bedingungen (“external constraint forces” [49]) ein. Sie sind verantwortlich, die Snake nah zu den gewünschten lokalen Minima zu bringen. Über die Energieminimierung des Ausdrucks 4.1 wird die Snakekurve zu den Konturen eines Objekts im Bildes getrieben.

Ein Nachteil der Snakes ist ihre Abhängigkeit vom Bildgradienten. Snakes können sich in in lokalen Minima verhaften und sind sehr auf eine gute Initialisierung angewiesen [65]. Die Kantenintensität korreliert nicht immer mit einer Organabgrenzung. Daher gibt es die Möglichkeit für User Interaktion, indem die Initialisierung manuell erfolgt [49]. Es besteht weiterhin der Weg, Einfluss über die Energierterme zu nehmen.

Level Set

Die Kernidee ist, die Abgrenzung C einer Initialisierung in eine Richtung des negativen Energiegradienten zu entwickeln [63, 64, 82]:

$$\frac{\partial C}{\partial t} = -\frac{\partial E(C)}{\partial C} = \mathbf{v}\mathbf{n} \quad (4.3)$$

Für die Kontur C , die entlang der Normalen \mathbf{n} mit der Geschwindigkeit \mathbf{v} evolviert, kann eine korrespondierende partielle Differentialgleichung für die eingebettete Funktion ϕ aufgestellt werden. Da für jeden Zeitpunkt $\phi(C(t)) = 0$ ist, muss die totale Ableitung von ϕ nach t an allen Punkten der Kontur verschwinden.

$$\frac{d}{dt}\phi(C(t), t) = \nabla\phi\frac{\partial C}{\partial t} + \frac{\partial\phi}{\partial t} = \nabla\phi\mathbf{v}\mathbf{n} + \frac{\partial\phi}{\partial t} = 0 \quad (4.4)$$

Setzt man für die Normale $\mathbf{n} = \frac{\nabla\phi}{|\nabla\phi|}$ ein, erhält man für ϕ

$$\frac{\partial\phi}{\partial t} = -|\nabla\phi|\mathbf{v}. \quad (4.5)$$

Über die Ableitung erhält man die Evolution von ϕ und die Werte der Geschwindigkeit \mathbf{v} an den Punkten der Kontur C . Alternativ kann man auch ein Variationsprinzip $E(C)$, definiert auf einem Raum von Konturen, durch ein Variationsprinzip $E(\phi)$, definiert über den Raum der Level Set Funktionen, einbetten:

$$E(C) \rightarrow E(\phi) \quad (4.6)$$

Daraus folgt die Euler-Langrange Gleichung:

$$\frac{\partial\phi}{\partial t} = -\frac{\partial E(\phi)}{\partial\phi} \quad (4.7)$$

In beiden Fällen ist die Einbettung nicht eindeutig definiert. In Abhängigkeit von der Einbettungsart erhält man unterschiedliche Evolutionsgleichungen für $\phi(x, t)$. Eine Übersicht über die Level Set Methoden kann in z.B. [65,66] gefunden werden.

4.3.4 M-Reps Abgleich mit medizinischen Daten

Der Abgleich der M-Reps ist ein fünfstufiger Prozess, der vom Benutzer zu starten ist. Dafür ist eine manuelle Translation, Rotation und Skalierung vonnöten. Das aus einzelnen Figuren modellierte Objekt wird segmentiert, indem zuerst affine Transformationen sowie Objekt-Elongationen und dann die Ausrichtung der einzelnen medialen Atome geschieht. Anschließend wird die implizierte Abgrenzung über ein Dichte-Sampling verschoben. Eine darüber hinausgehende, manuelle Bearbeitung der medialen Atome ist möglich. Der Abgleich wurde für die Organe Niere, Hippocampus und den laterale Hirnventrikel durchgeführt. Für ausführliche Details sei auf die Publikation von Piezer et al. 2003 [68] verwiesen.

Manuelle Interaktion

Trotz aller Bemühungen ist es noch nicht gelungen, einen vollautomatischen Prozess zu entwickeln, der der manuellen Überprüfung entbehren könnte. Kein Algorithmus funktioniert zu 100% perfekt. Daher sollte die Möglichkeit zur manuellen Bearbeitung bestehen [13]. Diese Bearbeitung gestaltet sich über die Approximation der Kontur mittels Splines, deren Stützpunkte mit der Maus verschoben werden müssen. Diese Erkenntnisse haben wiederum Auswirkungen auf die Modellentwicklung. Die Autoren Cootes und Taylor [83] führten die “constrained Active Appearance Modells” mit einem wahrscheinlichkeitstheoretischen Rahmen ein. Hier enthält eine Fehlerfunktion Vorwissen über die Parameter und die Punktpositionen. Neumann und Lorenz [84] schlugen einen neuen Fehlerterm bei dem Abgleichprozess mit Active Shape Models vor. Dieser Fehlerterm sollte die Modellpunkte an Kandidatenplatzierungen in jeden Iterationsschritt einpassen. Ginneken et al. [85] schlugen vor, die Active Shape Parameter wiederholt zu aktualisieren. Jedes Mal wurde eine Landmarke wieder an ihre spezifizierte Position zurückgesetzt, wenn sie vom Benutzer korrigiert wurde. Dies geschah so lange, bis das Shape Model gegen diese Positionen konvergierte. Bei zu vielen manuellen Korrekturen tritt allerdings eine Verschlechterung auf, da das Modell überbestimmt wird.

5 Methodische Probleme und Grenzen

5.1 Organmodellierung

Bei Modellierungen wie Punktverteilungsmodellen, parametrischen Beschreibungen, Fourier- und Spharmsrepräsentationen steht die mathematische Beschreibung der Organgrenzflächen im Vordergrund. Gewünscht ist eine mathematische Beschreibung, die eine Formenvielfalt beinhaltet, um so verschiedene natürlich auftretende Variationen zu umfassen. Sie bieten daher keine Information über den Inhalt der umfassten Gebiete. Eine Klassifikation von Organen ist nicht möglich, die Modelle liefern keine Volumeneigenschaften. Methoden wie z.B. deformierbare Modelle und Active Shapes sind in erster Linie für den automatischen Abgleich mit medizinischen Daten gedacht. So liegt das Hauptaugenmerk auf der Modellierung einzelner Organe, getrennt betrachtet von der Körperanatomie. Des Weiteren ist nicht jede Modelldarstellung für jedes Organ geeignet. Es obliegt dem Anwender, die passende Modellart für die jeweilige Fragestellung zu wählen und anzupassen.

Einige dieser Darstellungen, wie Polygone Netze und NURBs, sind mittlerweile weit verbreitet und bieten den Vorteil einer grafischen Interaktivität. Es existieren Standardbearbeitungsmethoden in kommerziellen Software-Programmen. Andere, wie z.B. Spharms- oder Fouriermethoden, sind vom Benutzer zu programmieren und ihre aufwändige und anspruchsvolle Implementierung sowie ihre mangelnde grafische Interaktivität erweisen sich als nachteilig.

Die Modellierung mittels m-Reps wurde speziell für die Darstellung biologischer Formen entwickelt und repräsentiert die Form mithilfe einer hierarchischen Formenanzahl und einer Vielzahl von Parametern. Mediale Atome auf einer Mittellinie bilden das Grundgerüst für die Repräsentation, die Grenzflächen sind zu interpolieren. Eindellungen, zum Beispiel, müssen mittels medialer Atome ebenfalls nachgebildet und von der Gesamtfigur abgezogen werden. Es ist keine Klassifizierung verschiedener Organe möglich. Es handelt sich um eine aufwändig zu generierende Darstellungsform mit vielen Parametern.

5 Methodische Probleme und Grenzen

Für eine Anwendung in Strahlungstransportsimulationen ist die Voxeldarstellung die einzige Volumendarstellung, die die nötige Klassifizierung und damit Differenzierung der Organe und Gewebe erlaubt.

Bei den Voxeln handelt es sich um kubische Elementarbausteine. Der stufige Übergang zwischen den Voxeln einer Schicht und den Schichten untereinander ist deutlich sichtbar. Um diesen Effekt zu minimieren, müssen die Seitenlängen der Voxel im Mikrometerbereich liegen. Es handelt sich um eine sehr speicherintensive Darstellung; mit einer Auflösung im Mikrometerbereich steigt der Rechenzeitbedarf enorm an. Strahlungstransportrechnungen, wie für die Bildbearbeitung, dauern mehrere Tage.

Im Rahmen der personalisierten Medizin rückt das Interesse nach Modellierungen für den jeweiligen Patienten in den Vordergrund. Es gibt Referenzwerte [7] für die Organmassen, allerdings nicht für die Organform. Pathologien haben u.U. starke Auswirkungen darauf. Eine schnellere Generierung von Organmodellen aus medizinischen Daten ist sinnvoll, um für die Überprüfung von Referenzwerten und die Analyse von Unterschieden in den Organmassen und -formen zwischen den Individuen und auch für Anwendungen wie die Operationsplanung und Operationssimulation eine breitere Basis zu erhalten.

Die Erstellung eines individuellen Ganzkörper- oder Teilkörperphantoms für einen speziellen Patienten ist zwar möglich, momentan aber immer noch sehr aufwändig. Es umfasst die Segmentierung der gewünschten Organe, das Anpassen und Zusammensetzen bestehender Organmodelle und deren Voxelisierung. Kann man den enormen Aufwand dafür nicht rechtfertigen, wählt man momentan ein Modell aus einer Bibliothek, das dem Patienten am ehesten entspricht.

Es gibt zur Zeit weltweit eine Anzahl menschlicher Ganzkörpermodelle, die überwiegend bei Strahlungstransportsimulationen Anwendung finden [15, 16, 18, 35, 36, 45, 55, 86–95], 14 davon wurden am Helmholtz Zentrum München erstellt [33, 38, 96], darunter die derzeit weltweit gültigen männlichen und weiblichen ICRP-Referenzmodelle [29]. Bei Ganzkörpermodellen, die an anderen wissenschaftlichen Einrichtungen erstellt wurden, wie z.B. der University of Florida [97, 98] und dem Rensselaer Polytechnic Institute [92], beide USA, sowie der Federal University of Pernambuco, Brasilien [99], handelt sich dabei um Bibliotheken von verschiedenen Körpertypen, Altersstufen und Frauenphantomen in verschiedenen Schwangerschaftswochen.

Die Mehrzahl dieser Phantome wurde aus bestehenden Modellen generiert, nicht direkt von medizinischen Datensätzen. Die Entwicklung auf dem Forschungsgebiet der Körpermodelle hat sich in den letzten Jahren in erster Linie auf die Methodik zur Veränderung bereits vorhandener Modelle konzentriert, da insbesondere hochaufgelöste Ganzkörperdatensätze klinisch nicht einfach zugänglich sind und deren Segmentierung aufwändig ist.

Es ist prinzipiell möglich, die Voxel direkt zu verschieben [100], oft wird aber als Methode der Wahl die Oberfläche des gewünschten Organs erzeugt und anschließend bearbeitet. Auf diese Art und Weise werden Organmodelle verändert und zusammengesetzt. Anzumerken ist, dass die Bearbeitung der Organoberflächen, meist Polygonnetze und NURBs, mithilfe interaktiver Methoden geschieht und wenig reproduzierbar ist. Am Ende schließt sich der Schritt der Voxelisierung der einzelnen Organe an.

Dies stellt einen nicht zu unterschätzenden Aufwand dar. Bei sehr aufwändigen Geometrien, wie z.B. bei der Wirbelsäule, kommt es vermehrt zu Fehlern beim Füllprozess. Die Reparatur und die Bearbeitung von Polygonnetzen ist ein umfangreiches Fachgebiet mit vielen Publikationen, z.B.: [101–105] und publizierter Software, z.B. [106] .

In der Publikation von Heimann und Meinzer [13] stellen die Autoren fest, dass nicht klar ist, was ein gutes Modell auszeichnet und die Möglichkeit einer manuellen Bearbeitung günstig ist, um die Modelle nach einem Abgleich mit medizinischen Daten korrigieren zu können. Denn kein Abgleich liefert immer ein optimale Ergebnis der gewünschten Organabgrenzung. Für die Klärung der Frage nach der Modellqualität müssen neue Kenntnisse aus medizinischen Bildern gewonnen werden.

5.2 Anpassung an den medizinischen Datensatz

Die existierenden Methoden sind sehr vielfältig und können in “Low Level” und “High Level”-Algorithmen eingeteilt werden, oder nach Pohle 2004 [11] in Algorithmen ohne bzw. mit einfachem, erweitertem oder komplexem Modellwissen. Eine Einteilung nach bildpunktbasierten, regionenorientierten und kantenorientierten Methoden berücksichtigt nicht die wichtigen Aspekte der Modellierungen, die in die Algorithmen eingehen und maßgeblich das Ergebnis der Segmentierung beeinflussen. Der Segmentierungsprozess ist oft eine Kombination aus verschiedenen Algorithmen und abhängig von der jeweiligen Fragestellung. Bislang ist es nicht gelungen, eine allgemeine Methode für die Organextraktion von medizinischen Datensätzen zu entwickeln.

Werden für die Segmentierung Algorithmen mit Modellwissen verwendet, so konzentriert sich die Modellierung auf die mathematischen Formulierungen der Abgrenzung und das Vorhaben, diese mit dem medizinischen Datensatz abzugleichen. Die Optimierung und ein eventuell nötiges Training von Algorithmen an die medizinischen Daten sind aufwändig und damit arbeits- und zeitintensiv.

Werden für die Segmentierung Algorithmen mit Modellwissen verwendet, so sind deren mathematische Formulierungen für die spätere Organdarstellung und -bearbeitung nur bedingt brauchbar, insbesondere Monte Carlo Rechnungen. Auch hier besteht der Wunsch nach einer übergreifenderen Darstellungsform.

5 Methodische Probleme und Grenzen

Anhand von Oberflächen ohne Inhaltsangabe ist keine Klassifizierung möglich, eine Segmentierung anhand von anatomischen Landmarken und logischen Ausschlüssen ist damit nicht umsetzbar.

Bei der Bearbeitung von Segmentierungsaufgaben steht in der Praxis oft der Zeitfaktor im Vordergrund. Im klinischen Alltag ist es nicht möglich, an den Segmentierungsalgorithmen zu arbeiten, diese auszuprobieren und zu verbessern. Des Weiteren besteht in der Strahlentherapie eine persönliche und rechtliche Verpflichtung hinsichtlich der Korrektheit des extrahierten Organbereichs, da dies für die Gesundheit des Patienten lebenswichtig ist. Aus diesem Grund wird auf Algorithmen und gängige Software zurückgegriffen, die Erfolg versprechen und eine geringe Einarbeitungszeit benötigen. Auch bei vollautomatischen Algorithmen, die überwiegend gute Resultate für eine bestimmte Fragestellung liefern, besteht die Möglichkeit, dass kein befriedigendes Ergebnis erzielt wird. In diesen Fällen ist eine manuelle Interaktion bislang nicht vermeidbar. Hier wird häufig die Abgrenzung über Splines approximiert, und manuell werden deren Stützpunkte verschoben. Aber „..Warum kann ein Mensch mit elegantem Schwung Grenzlinien ziehen, die objektiv im Datenraum nicht vorhanden sind?“ [107]. Die Person, die die Organmodelle erzeugt und bearbeitet, bestimmt maßgeblich das fertige Phantom. Eine manuelle Arbeit im Bilddatensatz ist immer ein subjektiver Entscheidungsprozess und wenig reproduzierbar. Bislang gestaltet sich die Segmentierung von Organen aus medizinischen Daten als sehr anspruchsvoll und problembehaftet. Das Wissen der segmentierenden Person geht in die Analyse der Bilddaten ein und ist schwierig in Algorithmen zu implementieren. Auf der einen Seite geht beträchtliche menschliche Erfahrung und Wissen nicht in die Entwicklung der Modellierung und der Anpassungsalgorithmen ein, auf der anderen Seite wäre es vorteilhaft, diesen persönlichen Einfluss auf das Resultat zu minimieren.

Der Goldstandard zur Beurteilung einer Segmentierung ist bislang immer der Vergleich mit der manuellen Segmentierung, wie zu finden in [11, 13]. Erfahrungsbasiert sei angemerkt, dass es einen Unterschied in der Bewertung darstellt, wenn man ein Objekt wirklich aus einem Bild extrahiert oder nur einen Vorschlag für eine Abgrenzung überprüft. Es fehlen objektive Parameter für die Qualität einer Segmentierung. Aus diesem Grund bleiben manuelle Techniken aktuell und müssen verbessert werden, um sie vielleicht automatisieren und mit Lernprozessen kombinieren zu können.

Einen Fortschritt auf dem Gebiet der Organmodellierung verspräche eine neuartige Modellierungsform, die eine Klassifizierung erlaubt und eine große Formenvielfalt ermöglicht, ohne überbestimmt zu sein.

6 Präzisierte Aufgabenstellung

Natürliche Formen, wie Organkonturen, tendieren zu einer glatten Form mit Dellen und Beulen, aber ohne starke Spitzen. Ist das Grundkonzept der mathematischen Beschreibung elektrischer Felder für Organkonturen anwendbar? Liefert das elektrische Potential die gewünschten Eigenschaften für die Modellierung glatter, geschlossener Konturen? Die Idee der Quellpunktmethodologie soll geprüft, bewertet und angewendet werden.

6.1 Organmodellierung in Äquipotentialdarstellung

Es stellt sich die Frage, ob es überhaupt möglich ist, eine Organkontur mittels der Äquipotentiallinie einer Quellenverteilung mit $\frac{Q}{r}$ -Potentialen nachzubilden. Dies soll mit manuell gesetzten Quellpunkten überprüft werden. Aus dem manuellen Test ergeben sich die Aufgaben für einen weiteren, automatisierten Ablauf, der auf Benutzerinteraktion weitestgehend verzichten soll.

Die optimale Anzahl und Lage der Quellpunkte für die Approximation einer Organschichtkontur muss bestimmt werden. Es stellt sich die Frage, wie viele Quellpunkte für eine bestimmte Übereinstimmungsqualität nötig sind. Hier soll eine Routine die Quellenverteilung automatisch berechnen. Dieser umfangreiche Schritt wird in Abschnitt 7.5 dargelegt. Für die Anzeige der Äquipotentiallinie einer Quellenverteilung ist ein automatisch berechenbarer Fixpunkt nötig, siehe 7.3. So sind die verschiedenen Quellenverteilungen für dieselbe Organschicht untereinander zu vergleichen. Darüber hinaus sollen die Ergebnisse diskretisiert werden (7.4.1) und Parameter bestimmt werden (7.4.2), um dieses neue Modell mit der Voxelrepräsentation vergleichen zu können.

Für die Überprüfung der Vorgehensweise und der Aussagekraft der Güteparameter sollen verschiedene Quellpunktverteilungen einer Herzschicht generiert und analysiert werden. Liefert die Methode verlässliche Ergebnisse, sollen Quellenverteilungen für weitere Organschichten generiert werden.

Bei den bereits segmentierten Daten handelt es sich um 3D-Volumendatensätze, die Schicht für Schicht ausgewertet wurden. Bei einer dreidimensionalen Betrachtung der Oberfläche sind Versetzungen und Eindellungen zu sehen, unabhängig von den Voxeln selber. Der Grund dafür sind Bewegungs- und Unschärfeartefakte im Bilddatensatz.

Die Übergänge zwischen den z-Schichten sind sehr kantig. Für eine dreidimensionalen Bearbeitung wäre es sinnvoll, die segmentierten Daten in eine höhere Auflösung zu überführen und zu glätten und davon die Quellenverteilung zu generieren. Dies würde eine Polygonnetzerzeugung und Überführung in NURBs sowie anschließende Voxelisierung bedeuten. Daher sollen die Quellenverteilungen in der vorliegenden Untersuchung zweidimensional, d.h. in der original segmentierten Schicht, erzeugt und miteinander verglichen werden. Für die dreidimensionale Darstellung wird der Weg über eine Normierungsmatrix vorgeschlagen.

Für das Potential des einzelnen Quellpunkts wird eine dreidimensionale, kugelförmige Verteilung angenommen, es wird aber nur der Schnitt mit der interessierenden Schicht betrachtet, in der die virtuellen Quellpunkte liegen. Daher werden Einfachheit halber Äquipotentiallinien erwähnt, die Schnittlinien der Schichten mit den Äquipotentialflächen sind.

6.2 Organsegmentierung mittels Äquipotentialdarstellung

Um die Äquipotentialmodelle individualisieren zu können, sollen sie an medizinische Datensätze anzupassen sein. Zu diesem Zweck muss ein Kriterium für den Abgleich zwischen der Quellenverteilung und den Bildkanten gefunden werden. Für die Detektion der Bildkanten ist ein Kantendetektionsalgorithmus zu implementieren. Es wird ein Wert für die Überlappung errechnet, der als Kriterium Verwendung findet, wie gut die Äquipotentiallinie mit Bildkanten übereinstimmt. Für den Abgleich soll ein Testgebiet überprüft werden, in dem der Quellpunkt verschoben wird, um seine optimale Lage zu finden. Um zu überprüfen, ob die Methode funktioniert, soll ebenfalls ein Test mit einem manuell platzierten Quellpunkt durchgeführt werden. Ist der manuelle Test erfolgreich, sollen erstellte Quellenverteilungen ohne Userinteraktion an medizinische Bilddaten angeglichen werden. Auftretende Abweichungen zwischen der Modellierung und den Kanten sollen minimiert werden - dafür benötigt das Organmodell eine flexible Kontur. Diese wird realisiert, indem sich die Quellpunkte in einem gewissen Rahmen bewegen können. Es wird jeweils nur der Anteil einer Quelle an der gesamten Äquipotentiallinie analysiert und testweise in einem Gebiet auf verschiedene Plätze gesetzt und der Wert für das Überlappungsintegral bestimmt. Der maximale Wert des Überlappungsintegrals bestimmt den neuen Quellort.

Wo keine Kanten im Datensatz zu detektieren sind, ist eine Lageoptimierung des Quellpunkts nicht möglich, da keine Aussage anhand der Bildinformation getroffen werden kann. Die Quelle verbleibt an ihren Koordinaten. Um die Anpassung zu demonstrieren, sollen die Äquipotentialmodelle für Herz und Niere in die benachbarten Schichten transferiert werden. Hier sollen auch weitere, manuelle Bearbeitungsmöglichkeiten angeführt werden.

Methodische Ergebnisse und Bewertung

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

7.1 Modelltheoretische Grundlagen

Die Werkzeuge der mathematischen Beschreibung elektrischer Felder (Abs. 7.1.1) seien zunächst kurz angeführt, um die Zusammenhänge darzulegen, auf denen die weitere Arbeit basiert. Da nur die mathematischen Sachverhalte von Interesse sind, wird in dieser Arbeit der Begriff der Quellpunkte, s. Abs. 7.1.2, eingeführt, die über ein $\frac{Q}{r}$ -Potential verfügen.

7.1.1 Elektrisches Feld und Potential

Die elektrische Feldstärke \vec{E} einer Punktladung Q ist:

$$\vec{E} = \frac{Q}{4\pi\epsilon r^2} \vec{e}_r. \quad (7.1)$$

Es gilt:

$$\vec{E} = -\nabla\varphi. \quad (7.2)$$

Das Potential φ einer Ladung Q , bezogen auf einen unendlich fernen Punkt, berechnet sich nach folgender Formel:

$$\varphi = \int_R^\infty \frac{Q}{4\pi\epsilon r^2} \vec{e}_r d\vec{r}. \quad (7.3)$$

Das dazugehörige Potential ist wegen der radialen Richtung von \vec{E} :

$$\varphi = \frac{Q}{4\pi\epsilon r}. \quad (7.4)$$

Verdeutlicht sei dies an der Skizze (Abb.7.1).

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

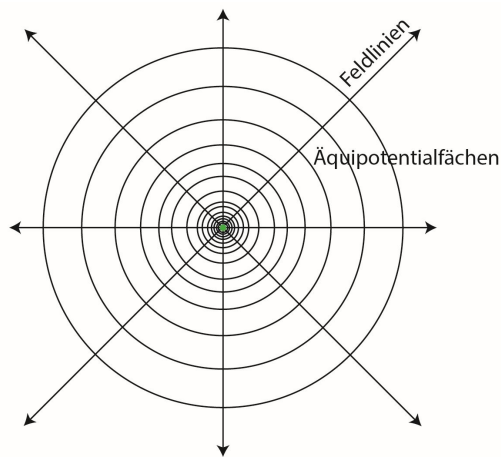


Abb. 7.1: Feldlinien und Äquipotentialflächen einer Punktladung (grün)

Die Berechnung des Potentials und der elektrischen Feldstärke eines elektrischen Feldes von z Ladungen erfolgt nach dem Superpositionsprinzip:

$$\varphi = \sum_{i=0}^z \frac{Q_i}{4\pi\epsilon r_i}, \quad (7.5)$$

wobei

$$\vec{E} = \sum_{i=0}^z \frac{Q_i}{4\pi\epsilon r_i^2} \vec{e}_{r_i}. \quad (7.6)$$

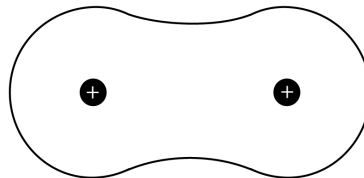


Abb. 7.2: Gemeinsame Äquipotentiallinie zweier Ladungen

Diese Superposition ist in Abb. 7.2 am Beispiel zweier gleich starker Punktladungen illustriert. Die Gültigkeit des Superpositionsprinzips beim elektrischen Feld von Punktladungen ist eine Folge seiner Wirbelfreiheit.

7.1.2 Einheiten im Modellansatz

Für die modelltheoretischen Annahmen bei der Beschreibung von Organkonturen ist nur die mathematische Verteilung des elektrischen Feldes und damit des Potentials von Bedeutung und weniger wichtig sind die physikalischen Konstanten, da kein realer physikalischer Sachverhalt nachgebildet wird. Um Organkonturen nach diesem Ansatz zu modellieren, können die dielektrischen Konstanten $\varepsilon = \varepsilon_r \cdot \varepsilon_0$ sowie 4π unberücksichtigt bleiben.

Werden keine elektrischen Ladungen, sondern generell Quellpunkte mit der Quellstärke Q betrachtet, so ergibt sich deren Potential φ mit der Dimension $[L]^{-1}$ somit zu

$$\varphi = \sum_{i=0}^z \frac{Q_i}{r_i}. \quad (7.7)$$

Die Feldstärke berechnet sich über

$$\vec{E} = \sum_{i=0}^z \frac{Q_i}{r_i^2} \vec{e}_{r_i} \quad (7.8)$$

und hat die Dimension $[L]^{-2}$. Die absoluten Werte für das Potential und die Quellstärken sind beliebig festlegbar, z.B. $\varphi_{Kontur} = 1$.

7.2 Erster Test mit manuell platzierten Quellpunkten

Um einen ersten Test durchführen zu können, wurde ein Wirbelkörper gewählt, da dieser eine kompakte, konvexe und einfache Kontur hat (Abb. 7.3). Es ist grob abzuschätzen, dass diese Kontur durch die gemeinsame Außenkontur von vier einander überlagernden Kreisbögen approximiert werden kann. Intuitiv kann man Quellpunkte im Organ platzieren, um seine Außenkontur durch die gemeinsame Äquipotentiallinie nachzubilden, siehe Bild 7.3.

Im Bild 7.3 wurden 4 Quellpunkte gesetzt. Um die Werte für die Potentialberechnung zur Bestimmung der Äquipotentiallinie zu erhalten, wurde zu diesem Zeitpunkt noch manuell auf den Organrand geklickt.

Abb. 7.3 zeigt, dass die angezeigte Äquipotentiallinie durchaus die Organkontur nachbildet. Es ist also möglich, auf diese Art Konturen zu modellieren. Bei größeren Organen, deren Ränder viele Wendestellen in ihren Krümmungsverlauf aufweisen, ist der Aufwand, die Quellpunkte manuell zu platzieren zu groß. Die optimale Anzahl und Lage der Quellpunkte für die Approximation der Organkontur soll daher automatisch bestimmt werden.

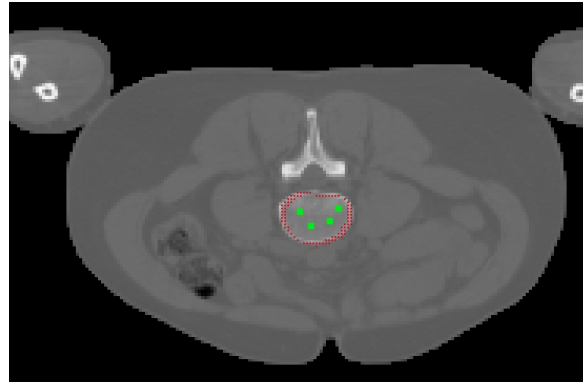


Abb. 7.3: Nachbildung der Organkontur eines Wirbelkörpers mittels Äquipotentiallinie (rot) von manuell platzierten, virtuellen Quellpunkten (grün)

Der manuelle Klick auf den Organrand stellt keinen reproduzierbaren Fixpunkt dar. Für die Anzeige der Äquipotentiallinie einer Quellenverteilung ist ein automatisch berechenbarer Fixpunkt nötig, siehe 7.3. Mit seiner Hilfe sind die verschiedenen Vorschläge für die Quellenverteilungen zur Approximation einer Organkontur in einer Organschicht untereinander zu vergleichen. Darüber hinaus sollen die Ergebnisse diskretisiert werden (7.4.1), und es sollen Parameter bestimmt werden (7.4.2), um dieses neue Modell mit der Voxelrepräsentation vergleichen zu können.

Zuvor soll noch auf die nachfolgenden Punkte eingegangen werden, die für alle errechneten Quellenverteilungen von Belang sind.

7.3 Schwerpunkt und Trägheitsachsen der Organvoxelschicht für die Festlegung eines “Bezugspotentials”

Um die gemeinsame Äquipotentiallinie aller Quellpunkte anzeigen zu lassen, muss an einem definierten Punkt ein Potential bestimmt werden, dessen Wert mit den Potentialen an den übrigen Punkten verglichen wird. Dieses “Bezugspotential” muss selbst auf dem Organrand liegen und auf reproduzierbare Weise ermittelbar sein.

In anatomischen Fragen ist es nicht einfach, einen genauen und reproduzierbaren Bezugspunkt anzugeben. Die Auswahl eines geeigneten Pixels ist intra- und interindividuell nicht leicht reproduzierbar, besonders bei hochaufgelösten Datensätzen mit Pixelgrößen im μm -Bereich. Um dies trotzdem zu gewährleisten, kann hier der Schnittpunkt des Organrandes mit einer Trägheitsachse der Organschicht berechnet werden.

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

Die Trägheitsachsen bilden ein orthogonales Bezugssystem, dessen Ursprung sich im Schwerpunkt eines Objekts befindet. Die Trägheitsachsen sind die Eigenvektoren des Trägheitstensors I der Schicht, der bezüglich des Organschwerpunkts aufgestellt werden muss. [108]

$$I = E(d_{xx} + d_{yy}) - \begin{pmatrix} d_{xx} & d_{xy} \\ d_{xy} & d_{yy} \end{pmatrix} \quad (7.9a)$$

$$\text{mit } d_{ab} = \sum_k (m_k a_k - \mu_a)(m_k b_k - \mu_b) \quad (7.9b)$$

$$\text{und } \mu_a = \frac{1}{N} \sum_k m_k a_k \quad (7.9c)$$

$$\mu_b = \frac{1}{N} \sum_k m_k b_k \quad (7.9d)$$

$$(7.9e)$$

d: Distanz
 E: Einheitsmatrix
 a,b: Koordinaten in x- oder y-Richtung
 k: Objektvoxel
 m: Masse der einzelnen Voxel
 μ : Schwerpunkt in Koordinatenrichtung

Die Masse wird mit $m=1$ pro Voxel angenommen, alle Organvoxel sind gleich schwer. Für die Schnittpunktberechnung mit dem Organrand werden die Eigenvektoren als Trägheitsachsen verwendet. Die folgende Abbildung zeigt beispielhaft die Herzschiicht T256 mit dem ersten Eigenvektor als Trägheitsachse.



Abb. 7.4: Herzschiicht T256 mit einer Trägheitsachse

Es wurde getestet, ob die Wahl der Trägheitsachse und des Schnittpunktes mit dem Organrand das Ergebnis der Modellierung beeinflussen. Die Unterschiede sind numerisch klein, aber bemerkbar. Daher werden für spätere Berechnungen von Quellenverteilungen die Schnittpunkte aller vier Trägheitsachsen mit der Organkontur analysiert.

Diese Berechnung wurde an den bereits segmentierten Voxelrepräsentationen der Organschichten durchgeführt, die in die Äquipotentialdarstellung überführt werden sollen. In Falle des Herzens wurde das Organ als Gesamtheit aus segmentierter Herz wand und Blut betrachtet.

7.4 Vergleich der Organschichten in Äquipotential- und Voxeldarstellung

7.4.1 Diskretisierung der Äquipotentialdarstellung

Medizinische, tomografische Datensätze und die darauf basierenden Voxeldarstellungen sind diskrete Systeme. Der Verlauf der elektrischen Feldstärke und des Potentials ist dagegen kontinuierlich. Um die beiden Darstellungen direkt miteinander vergleichen zu können, liegt es nahe, die Äquipotentialdarstellung in eine Voxeldarstellung zu überführen, d.h. zu diskretisieren.

Um die elektrische Feldstärke und das Potential φ in einem Voxel zu erhalten, wurde der Abstand vom *Mittelpunkt* des entsprechenden Voxels x_i, y_i zum Quellpunkt an der Stelle x_Q, y_Q berechnet. Dabei gilt der Wert des Potentials in der Mitte des Voxels für das gesamte Voxel (Abb. 7.5, 7.6). Für die vorliegende Arbeit wurden die segmentierten Daten in Originalauflösung in die Äquipotentialdarstellung überführt. Die resultierenden Organschichten im Äquipotentialmodell wurden mit der Voxelrepräsentation in der ursprünglichen Voxelgröße verglichen.

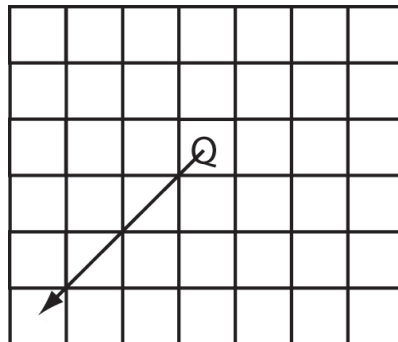


Abb. 7.5: Abstandsberechnung in der Matrix

Für das Ermitteln der Äquipotentiallinie in einem Raster wird das Potential φ am interessierenden Punkt (Schnittpunkt mit einer Trägheitsachse) festgestellt und die Differenz zwischen diesem Potential und den restlichen Potentialen in allen anderen Voxeln gebildet. Das Ziel ist eine geschlossene Äquipotentiallinie. Dies wird durch die Festlegung erreicht, dass die Potentialdifferenz der restlichen Voxel zu dem Wert am Fixpunkt kleiner als 2-5 % sein sollte. Der genaue Wert ist dabei von den Abständen der Konturabschnitte zu den Quellpunkten und damit auch von der Organgröße

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

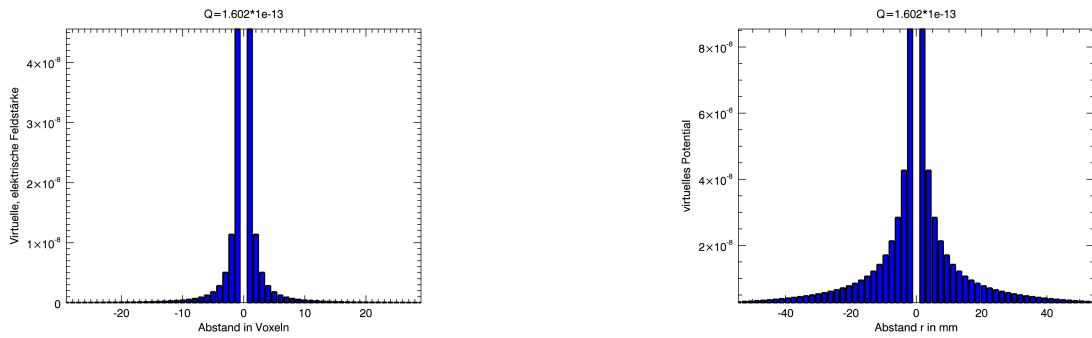


Abb. 7.6: Feldstärke E und Potential in einer Voxelzeile. An der Stelle $r = 0$ ist die Feldstärke und das Potential theoretisch unendlich.

abhängig. Dabei gilt das Voxel mit einem in Betracht kommenden Potential als zum Organ gehörig, ebenso alle Voxel mit einem Potential, dessen Betrag über dem des Fixpunkts liegt.

7.4.2 Vergleichsparameter der beiden Modellarten

Um die Güte der Repräsentation einer vorgegebenen Randkontur durch ein Voxelmodell mit derjenigen durch ein Äquipotentiallinien-Modell miteinander vergleichen zu können, wird ein quantitatives Übereinstimmungs-Kriterium benötigt. Die Fläche ist eine gute Ausgangsbasis, aber allein die Bestimmung des Flächeninhalts ist nicht aussagekräftig. Es ist möglich, dass keine geschlossene Organfläche entsteht, sondern Quellpunkte so weit auseinander platziert werden, dass sich nicht verbundene Teilflächen ergeben, die aufsummiert zufällig der original segmentierten Organschichtfläche gleichen. Deshalb soll die *Überlappungsdifferenz* der Schichten berechnet werden. Die Überlappungsdifferenz U berechnet sich nach

$$U = \frac{O \cup M \setminus O \cap M}{O} \quad (7.10)$$

In Worten ausgedrückt, von der Vereinigungsmenge beider entstehenden Gebiete O (Original) und M (Äquipotentialmodell) wird die Schnittmenge von Original und Modell subtrahiert. Die Restmenge wird dann auf das Originalgebiet bezogen. Der Wert von U geht gegen 0, je besser die Modellierung M der Organschicht O entspricht. Die Maßeinheit ist der in Voxeln gemessene Flächeninhalt.

In der Analyse für die Bestimmung der optimalen Quellenverteilung für eine Herzschicht, s. 8.1 S.72, wurde jedoch festgestellt, dass die Überlappungsdifferenz U als alleiniger Parameter nicht ausreicht. Es wird keine Aussage getroffen, ob die Flächen übereinander liegen oder ob mehrere, nicht zusammenhängende Teilgebiete durch

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

Quellpunkte modelliert wurden. Dafür soll ein weiteres Kriterium bestimmt werden. Der Abstand a der Schwerpunkte beider Repräsentationen scheint ein geeignetes Mittel zu sein. Der Abstand a der Schwerpunkte (Sx_O, Sy_O) und (Sx_M, Sy_M) ist der Betrag des Differenzvektors

$$a = \sqrt{(Sx_O - Sx_M)^2 + (Sy_O - Sy_M)^2}. \quad (7.11)$$

Allein anhand der Lage des Schwerpunktes kann die Form eines Gebietes nicht abgeschätzt werden. Es passiert durchaus, dass bei gleicher Schwerpunktlage die Form der Fläche verschieden ist. So ist es nötig, immer beide Parameter zu betrachten. Liegen beide Schwerpunkte in demselben oder in benachbarten Voxeln und geht die Überlappungsdifferenz gegen Null, so ist anzunehmen, dass die Quellenverteilung die Organkontur modellieren kann.

Die Tabelle 13.1 auf Seite 131 gewährt einen Überblick über die errechneten Parameter zur Beurteilung, wie gut die Quellenverteilungen eine Schicht des Herzens modellieren. Für jede Anzahl z einer Menge von Quellpunkten wurde die Äquipotentiallinie bestimmt und mit der Randkontur des Organs verglichen. Das geschieht für die vier Schnittpunkte der Trägheitsachsen mit dem Organrand als Bezugspunkte. Für eine Anzahl z ergeben sich daher vier Parameterpaare von U und a . Nur in einer optimalen Quellenverteilung sind die Werte des Potentials an diesen vier Punkten gleich und die resultierende Äquipotentiallinie nimmt die Kontur der Organschicht an. Für die zu überprüfenden Quellenverteilungen einer Anzahl z ergeben sich z. T. unterschiedliche Werte für die Bezugspotentiale an den Schnittpunkten der Trägheitsachsen, in diesen Fällen unterscheiden sich auch die Parameterpaare U und a numerisch von einander.

7.5 Iterationsverfahren zur Bestimmung der Quellenverteilungen

7.5.1 Übersicht

Als Basis für die Organmodellierung kann jedes Voxelmodell der gsf-Voxelmodell-Familie [33] verwendet werden. Das gewünschte Organ wird festgelegt und sein Rand detektiert. Zuerst werden alle Voxel mit gleicher Organidentifikationsnummer (OIN) gefunden und damit das gesamte Organ. Über einen einfachen Vergleich der OIN mit Werten der umliegenden Vierer-Nachbarschaft wird der Rand in der Schicht bestimmt. Die Kanten im segmentierten Datensatz sind eindeutig und grenzen sich vom umliegenden Gewebe ab. Die Bilder 7.7 und 7.8 zeigen beispielhaft einen Ausschnitt mit einer Herzschrift aus dem segmentierten Datensatz Laura sowie den detektierten Organrand.



Abb. 7.7: Herzschrift T256 von Laura

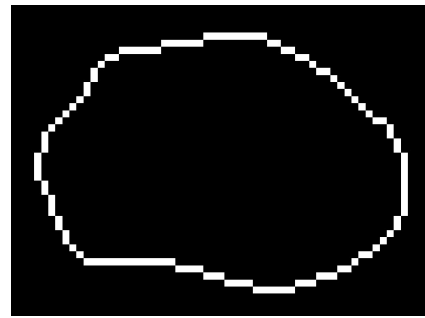


Abb. 7.8: Detektierter Rand der Herzschrift T256

Man kann schlecht abschätzen, wie viele Quellpunkte für ein jeweiliges Organ benötigt werden, um eine optimale Modellierung zu gewährleisten. Daher wird in einem Test von 1 bis z Quellpunkten die resultierende Form anhand der Güteparameter nach 7.4.2 beurteilt. Die Vorgabe des Maximalwertes für z geht aus der Überlegung hervor, dass mindestens drei Voxel für jede Kreismittelpunktberechnung zur Verfügung stehen sollen, um ein eindeutiges Ergebnis für die Mittelpunktberechnung zu erzielen (7.5.3). Die maximale Anzahl von z ist daher abhängig von der Anzahl m aller Organrandvoxel. Für eine Menge von Quellpunkten wird nachfolgend

- ihre Lage, s. 7.5.3, und
- ihre Quellstärke, s. 7.5.4, berechnet.

Danach erfolgt die Berechnung des Potentialfelds. Für die Anzeige der gemeinsamen Äquipotentiallinie dienen als Fixpunkte die Schnittpunkte der Trägheitsachsen mit dem Organrand, s. 7.3. Um zu analysieren, ob eine Modellierung gut mit ihrer originären Voxelrepräsentation übereinstimmt, wird nach 7.4.2 ihre Überlappungsdifferenz U und der Abstand a ihrer Schwerpunkte berechnet.

Zuerst soll an dieser Stelle die allgemeine Vorgehensweise zur Generierung einer Quellenverteilung erläutert werden, ehe dies am Beispiel der Herzschrift T256 des Datensatzes Lauras demonstriert wird, s. Abs. 8.1.

7.5.2 Approximation des Organrandes als gemeinsame Außenkontur einer Menge von Kreisbögen

Für einen Quellpunkt in einer Schicht des Datensatzes hat die Äquipotentiallinie in der Entfernung r die Form eines Kreises. Jetzt muss der Quellpunkt nur so platziert werden, dass dieser Kreis möglichst viele Randvoxel eines Organs überstreicht (Abb. 7.9 und 7.10).

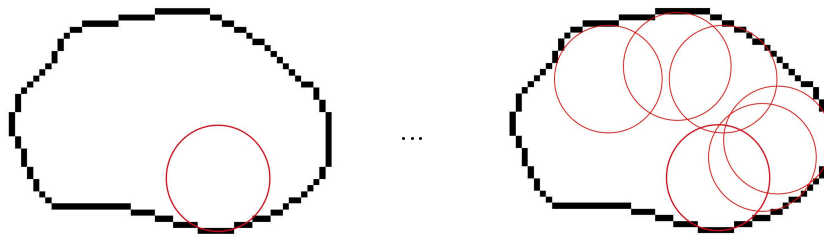


Abb. 7.9: Prinzip der Organkontur-Approximation durch Kreise

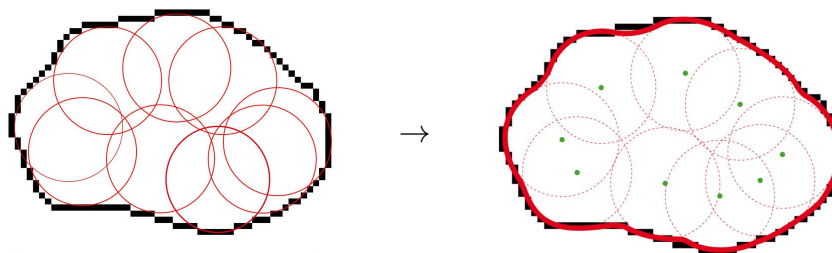


Abb. 7.10: Entstehung der Verteilung von z Quellpunkten (grün) mit ihrer gemeinsamen Äquipotentiallinie (rot) für die Organkontur-Approximation

Die Tatsache, dass ein Voxel über eine Breite und Länge verfügt, macht es möglich, dass man sich den Organrand als Menge von Kreisbogenabschnitten vorstellen kann, deren Mittelpunkte zu finden sind. Ist der Mittelpunkt gefunden, wird ein Quellpunkt an diese Stelle gesetzt (Abb. 7.11). Man erkennt, dass die stückweise Repräsentation einer gegebenen Außenkontur durch jeweils einen einzigen Kreisbogenabschnitt dadurch ermöglicht wird, dass die Potential-Quellpunkte nicht zu dicht beieinander liegen.

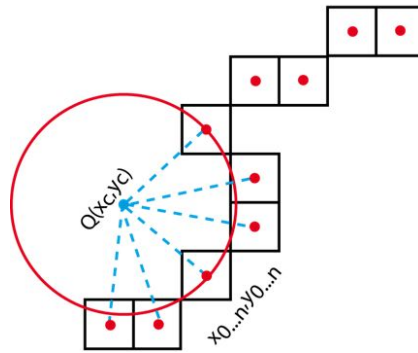


Abb. 7.11: Kreisbogenapproximation

7.5.3 Platzierung der Quellpunkte

Die vorgegebene Menge z der Quellpunkte legt fest, wie viele Randvoxel n zur Approximation herangezogen werden. Die Anzahl m aller Randvoxel wird durch die der Quellpunkte geteilt.

$$n = \frac{m}{z} \quad (7.12)$$

Falls bei der Division ein Rest auftritt, werden diese Voxel auf die anderen Kantenabschnitte verteilt. Die Betrachtung des Rests ist nötig, da sichergestellt werden soll, dass mindestens 3 Voxel für die Approximation zur Verfügung stehen. Soll der Organrand mit bspw. 151 Randvoxeln durch 9 Quellpunkte modelliert werden, ergeben sich bei einer einfachen Division 9 Abschnitte zu je 16 Voxeln und ein Reststück zu 7 Voxeln. Um möglichst gleich große Kantenstücke für die Approximation zu haben, wird jeweils ein Restvoxel auf jeden der ersten 7 Kantenabschnitte verteilt. Es ergeben sich nun 7 Randteile zu 17 Voxeln und 2 zu 16 Voxeln, durch die jeweils ein Kreisbogen gehen soll (Abb.7.9).

In einem Kreis hat jeder Punkt des Kreisbogens die gleiche Distanz d zum Mittelpunkt. Optimal wäre es also, wenn jedes Randvoxel den gleichen Abstand vom resultierenden Kreismittelpunkt hätte. Das stellt aber die Ausnahme dar. Je mehr Voxel approximiert werden sollen, desto unwahrscheinlicher ist dies. Da die Voxel über eine Länge und Breite verfügen, kann der gedachte Kreisbogen "irgendwie" durch das Voxel laufen. Es gibt keinen konkreten Austritts- und Eintrittspunkt an den Kanten der Voxel. Für eine Approximation werden aber vorgegebene Koordinaten des Voxels benötigt, hierzu wird der Mittelpunkt der Voxel angegeben. Es soll ein Kreismittelpunkt gefunden werden, der möglichst zu allen betrachteten Voxelmitten des Kantenabschnitts einen ungefähr gleichen Abstand d hat. Die Differenz zwischen Abständen d_i und dem Kreisradius r wird minimiert. Auf diese Weise soll der Fehler in der Approximation verringert werden. Mathematisch lässt sich dies zum Beispiel über Formel 7.13 ausdrücken.

$$\operatorname{argmin}_{x_c, y_c, r} \sum_{i=1}^n (d_i^2 - r^2)^2 \quad (7.13)$$

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

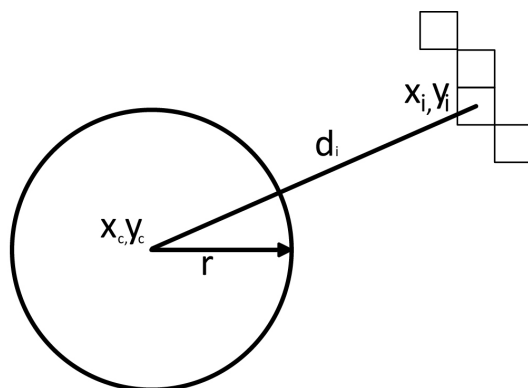


Abb. 7.12: Skizze zur Darstellung der Differenzenminimierung zwischen dem Abstand d_i von einem Kreismittelpunkt zum Voxel x_i, y_i und dem Kreisradius

$$\text{mit } d_i^2 = (x_c - x_i)^2 + (y_c - y_i)^2 \quad (7.14)$$

Das Gleichungssystem wird folgendermaßen aufgestellt, wobei in Gl.7.15a, 7.15b und 7.15c die Minimierungsbedingung durch das Nullsetzen der ersten Ableitung zum Ausdruck kommt.

$$I. \sum_i (d_i^2 - r^2)(x_c - x_i) = 0 \quad (7.15a)$$

$$II. \sum_i (d_i^2 - r^2)(y_c - y_i) = 0 \quad (7.15b)$$

$$III. \sum_i (d_i^2 - r^2)r = 0 \rightarrow nr^2 = \sum_i d_i^2 \quad (7.15c)$$

$$I + III : \sum_i (d_i^2 - r^2)x_j = 0 \rightarrow \sum_i d_i^2 x_i - \frac{1}{n} \sum_j x_j \sum_j d_j^2 = 0 \quad (7.16)$$

$$II + III : \sum_i (d_i^2 - r^2)y_j = 0 \rightarrow \sum_i d_i^2 y_i - \frac{1}{n} \sum_j y_j \sum_j d_j^2 = 0$$

Setzt man den Ausdruck 7.14 in I+III 7.16 erhält man:

$$I/III : \sum_i (x_c - x_i)^2 x_i + \sum_i (y_c - y_i)^2 x_i - \frac{1}{n} \sum_i x_i \sum_j (x_c - x_j)^2 - \frac{1}{n} \sum_i x_i \sum_j (y_c - y_j)^2 = 0. \quad (7.17)$$

Durch Umformung und Streichen der gleichwertigen Terme

$$\begin{aligned} & \sum x_c^2 x_i + \sum x_i^2 x_i - 2 \cdot \sum (x_c x_i x_i) - \frac{1}{n} \sum x_i \sum x_c^2 - \frac{1}{n} \sum x_i \sum x_i^2 + \frac{2}{n} \sum x_i \sum x_c x_i \\ & + y_c^2 \sum x_i + \sum y_i^2 x_i - 2 \sum y_c y_i x_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_c^2 - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i^2 + \frac{2}{n} \sum x_i \sum y_c y_i = 0 \end{aligned}$$

erhält man den Ausdruck:

$$\begin{aligned} & \sum x_i^3 - \frac{1}{n} \sum x_i \sum x_i^2 - 2x_c \left[\sum x_i^2 - \frac{1}{n} (\sum x_i)^2 \right] \\ & + \sum y_i^2 x_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i^2 - 2y_c \left[\sum x_i y_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i \right] = 0 \end{aligned} \quad (7.18a)$$

Analog folgt dies auch für Gleichung II 7.15b in III 7.15c und man erhält:

$$\begin{aligned} II/III : & \sum x_i^2 y_i - \frac{1}{n} \sum y_i \sum x_i^2 - 2x_c \left[\sum x_i y_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i \right] \\ & + \sum y_i^3 - \frac{1}{n} \sum y_i \sum y_i^2 - 2y_c \left[\sum y_i^2 - \frac{1}{n} \sum y_i^2 \right] = 0 \end{aligned} \quad (7.19a)$$

Mit den Ausdrücken lässt sich folgende Matrix aufstellen. An deren Symmetrie ist zu erkennen, dass sich der Mittelpunkt auf einer Geraden bewegt.

$$\begin{aligned} & \begin{pmatrix} \sum x_i^2 - \frac{1}{n} (\sum x_i)^2 & \sum x_i y_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i \\ \sum x_i y_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i & \sum y_i^2 - \frac{1}{n} (\sum y_i)^2 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_c \\ y_c \end{pmatrix} \\ & = \frac{1}{2} \begin{pmatrix} \sum x_i [x_i^2 + y_i^2 - \frac{1}{n} \sum_j (x_j^2 + y_j^2)] \\ \sum y_i [x_i^2 + y_i^2 - \frac{1}{n} \sum_j (x_j^2 + y_j^2)] \end{pmatrix} \end{aligned} \quad (7.20)$$

Dieser Ausdruck wurde im Programm realisiert. Er errechnet über die Cramersche Regel für eine gegebene Anzahl $\sum_{j=0}^n x_j, y_j$ von Voxeln einen Kreismittelpunkt x_c, y_c .

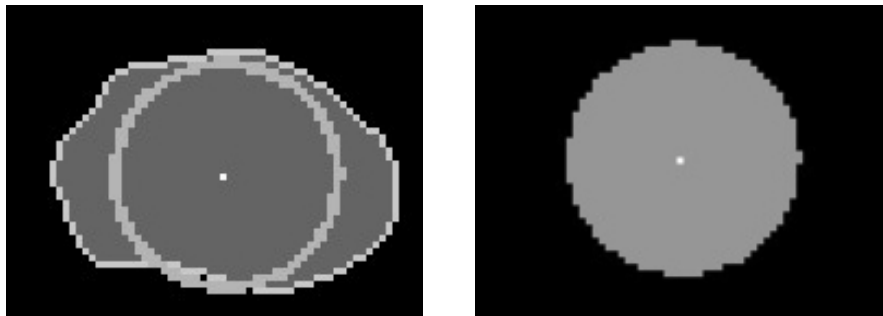


Abb. 7.13: Herzschicht T256 und modellierte Schicht mit 1 Quellpunkt

Gerade Kantenabschnitte

In der diskreten Randdarstellung tauchen geradlinige Abschnitte auf, wo die Voxel auf einer Geraden nebeneinander liegen, wie auf Bild 7.13 ersichtlich. Es kommt vor, dass so ein Bereich durch den Algorithmus mit einem Kreisbogen approximiert werden soll. Würde man die Voxelmitten dieser Bereiche in Gleichung 7.20 einsetzen, wäre sie

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

nicht lösbar, da die Mittelpunktskoordinaten auf einer Gerade liegen, deren Krümmung $\kappa = 0$ ist und damit der Radius $r = \frac{1}{\kappa}$ unendlich. Es ist aber nicht korrekt, diese geraden Abschnitte tatsächlich als Gerade zu sehen. Es handelt sich dabei um die nur angenäherte Abbildung der wirklichen, anatomischen Form, bedingt durch die grobe Auflösung der Voxel im Millimeterbereich (Abb.7.14).



Abb. 7.14: Skizze zur Krümmung

Daher darf eine Approximation durch einen Kreisbogen angenommen werden. Um ein Ergebnis für diesen Fall zu erwirken, werden nicht die Mittelpunkte der Voxel zu Berechnung verwendet, sondern Koordinaten von deren Rand (Abb.7.15). Dabei wird der angenommene Kreis als im Organ liegend angenommen, so dass der zu berechnende Mittelpunkt im Organinneren und nicht außerhalb zu erwarten ist.

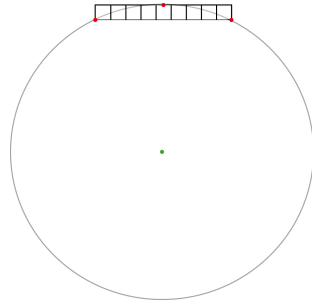


Abb. 7.15: Approximation gerader Abschnitte

7.5.4 Bestimmung der Quellstärke

Sobald die Koordinaten für die Quellpunkte vorliegen, müssen ihre Quellstärken berechnet werden, da die Quellpunkte nicht immer den gleichen Abstand zum Organrand haben. Versähe man alle Quellpunkte mit derselben Quellstärke, ergäbe sich nicht die gewünschte Organkontur. Daher muss die Quellstärke angepasst werden. Auf dem Organrand wird das Potential $\varphi_R = 1$ festgelegt. Um das System numerisch stabil zu halten, wurde entschieden, nur positive Quellstärken anzusetzen. Der Abstand r zwischen dem zu approximierenden Organrand mit dem Potential $\varphi_R = 1$ und dem Quellpunkt bestimmt nun dessen Stärke Q nach der Formel:

$$Q = r \cdot \varphi_R. \quad (7.21)$$

Diese Berechnung wird für alle zu betrachtenden Quellpunkte durchgeführt.

Es handelt sich im Endergebnis jedoch um ein globales System, in dem jeder Quellpunkt auf alle Randpunkte wirkt, also um eine inverse Fragestellung. Jede angepasste Quellstärke wirkt auf das gesamte Feld, nach dem Prinzip der Superposition, s. Gl. 7.7 S.55. *Das resultierende, gemeinsame Äquipotential aller Quellpunkte ist daher nicht gleich demjenigen auf den lokal approximierten Randstücken mit $\varphi_R = 1$, sondern höher, liegt aber bei den betrachteten Organschichten in derselben Größenordnung.* Die einfache Festlegung der Quellstärken über diesen Zusammenhang liefert jedoch unter allen getesteten Ansätzen die besten Resultate. Als Äquipotentialwert φ_0 bei gegebener Quellpunkt- und Quellstärkeverteilung wird derjenige angegeben, der für den ausgewählten Schnittpunkt einer Schwerpunktsachse mit der gegebenen Voxelkontur gilt.

7.5.5 Optimierung der Anzahl der Quellpunkte

Zur Optimierung der Anzahl z der Quellpunkte wird z in ansteigender Folge durchvariiert. Auf der Abb.7.16 ist die Unterteilung des Randes für die Beispiele $z=2$ und $z=16$ zu sehen. Die roten und blauen Abschnitten der Voxelkontur markieren die jeweiligen Randstücke für die die Quellpunktlage berechnet wird.

Die Zahlenwerte der Kriterien U und d (s. z.B. Tabelle 13.1) zeigen dann, bei welchem z -Wert sich die beste Anpassung der gemeinsamen Äquipotentiallinie an die voxelisierte Organkontur ergibt (Abb. 7.17).

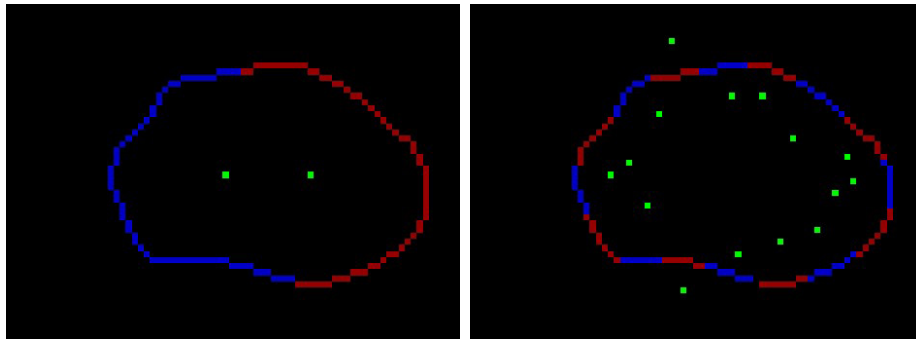


Abb. 7.16: Prinzip der Optimierung der Quellpunktanzahl für $z=2$ und $z=16$ in der Herzschicht T256

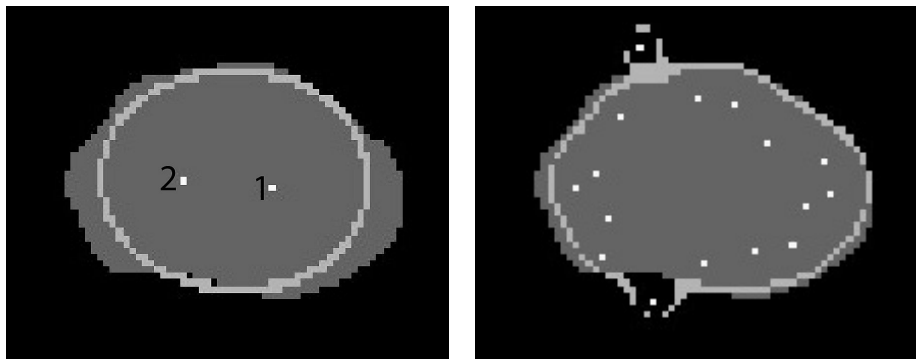


Abb. 7.17: Resultierende Äquipotentiallinien der Quellenverteilung für $z=2$ ($U=0,05$, $a=0,44$) und $z=16$ ($U=0,04$, $a=0,96$) in Herzschicht T256

Abb.7.17 zeigt die resultierende Äquipotentiallinie für die Verteilungen mit $z=2$ und $z=16$ in der Herzschicht T256. Für die Verteilung für $z=16$ fallen außerhalb des Organs liegende Quellpunkte auf. Sie entstehen, weil das approximierte Randstück eine Krümmung nach außen aufweist. Aus diesem Grund befindet sich der ermittelte Kreismittelpunkt außerhalb der Organkontur.

7.6 Ähnlichkeitstransformation einer Äquipotentiallinie und Innen/Außen-Kennzeichnung

An dieser Stelle sei auf die Möglichkeit einer Ähnlichkeitstransformation hingewiesen. Mit ihrer Hilfe ist es möglich, geometrisch ähnliche vergrößerte oder verkleinerte Formen der Äquipotentiallinien zu erzeugen (Abb. 7.18), wodurch Ausgangsnäherungen für Nachbarschichten, für Personen mit größerem oder kleinerem Organgewicht oder für die Individualisierung der Organkontur-Beschreibung erhalten werden können. Bei dieser Transformation wird der Koordinatenursprung der Quellenpositionen

beibehalten. Eine einfache Skalierung ist dann über die Multiplikation der Quellpunkt-Koordinaten mit einem Skalierungsfaktor s möglich. Die Quellstärke wird mit dem gleichen Skalierungsfaktor s multipliziert. Bei dieser Ähnlichkeitstransformation bleibt der Zahlenwert des Randpotentials φ_0 erhalten:

$$\varphi_0 = \sum_{i=0}^z \frac{sQ_i}{sr_i} = \sum_{i=0}^z \frac{Q_i}{r_i} \quad (7.22)$$

Die linke Seite der Abbildung 7.18 zeigt die Ausgangsquellenverteilung (s. Abs. 8.3 Herzschrift T256); die rechte Seite zeigt die resultierende Quellenverteilung, wobei als Beispiel ein Skalierungsfaktor $s=1,4$ gewählt wurde.

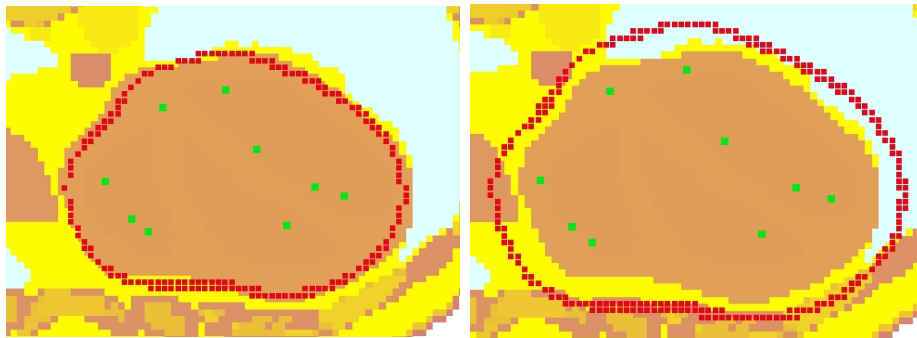


Abb. 7.18: Ähnlichkeitstransformation der Äquipotentiallinie $\varphi_0 = 4,13$ (rot) in der Herzschrift T256 (braun) durch die Skalierung der Koordinaten der Quellpunkte (grün) und der Quellstärken mit dem Skalierungsfaktor $s = 1,4$.

Eine Kombination der Ähnlichkeitstransformation mit einer Verschiebung der dargestellten Organkontur kann durch Verschiebung des Koordinatenursprungs *nach* der Transformation vorgenommen werden.

Solange alle zum Modellieren verwendeten Punktladungen innerhalb der Äquipotentiallinie φ_0 positives Vorzeichen haben, gilt außerdem das Theorem, dass an allen Punkten P_i des *Innenraums einschließlich der Punkte der Äquipotentiallinie* ein Potential $\varphi_i \geq \varphi_0$ herrscht, während für das Potential an allen Punkten P_a des *Außenraums* $\varphi_a < \varphi_0$ gilt. In Abb. 7.19 wird diese Aussage zunächst an einem typischen Beispiel, der Magenschicht T250, illustriert, bei der die geschlossene Organgrenzlinie teilweise konkav verläuft. Die Äquipotentiallinie φ_0 trennt einen Innenraum, für den $\varphi_i \geq \varphi_0$ gilt, von einem Außenraum mit $\varphi_a < \varphi_0$. Wegen der Gültigkeit dieses “Ungleichungspaares” kann der Vergleich des lokalen Potentials φ mit dem Potential φ_0 der auf dem Organrand verlaufenden Äquipotentiallinie als Innerhalb/Außerhalb-Kriterium für einen Raumpunkt verwendet werden. Dieses lässt sich als Substitut für die Innerhalb/Außerhalb-Kennzeichnung mit Hilfe der voxelweise abgespeicherten Organidentifikationsnummer (Abb. 3.3) verwenden. Wegen des Q/r-Verlaufes müssen die Potentialwerte bei einer solchen Rechnung für Punkte nahe den Quellpunkten entsprechend trunziert werden, wie Fig. 7.19 andeutet.

7 Organvoxelschichten in Äquipotentialdarstellung

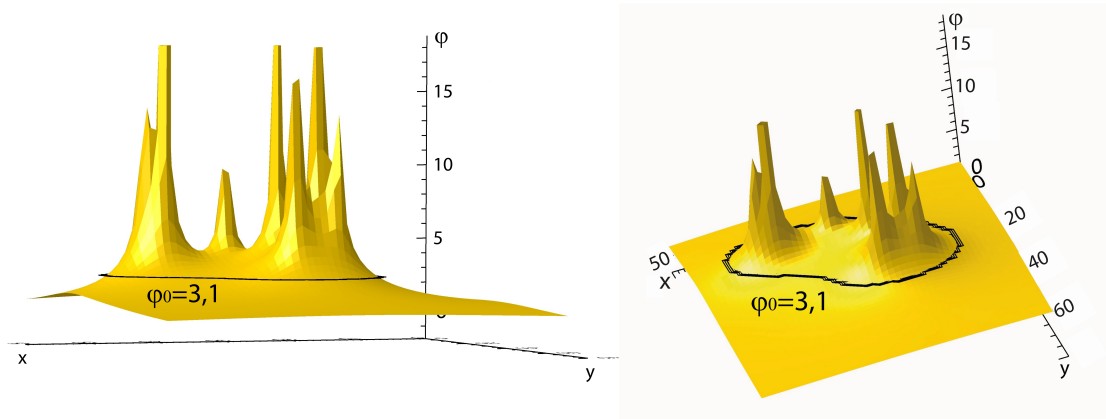


Abb. 7.19: Ausschnitt aus dem Potentialfeld der Quellverteilung zur Modellierung des Magens (s. Tab. 8.15) durch die Äquipotentiallinie (schwarz). An allen Punkten x,y innerhalb und auf der Äquipotentiallinie φ_0 gilt $\varphi \geq \varphi_0$ und an allen Punkten außerhalb gilt $\varphi_a < \varphi_0$.

Zum anschaulichen Beweis des Theorems geht man von einer positiven Punktladung an einem Punkt P_1 aus, die von einer Äquipotentiallinie φ_0 kreisförmig umgeben ist. Da es sich um ein Potential vom Typ Q/r handelt, gilt das „Ungleichungspaar“ $\varphi_i \geq \varphi_0, \varphi_a < \varphi_0$. Nun fügt man eine zweite positive Punktladung an einem Punkt P_2 hinzu, wodurch sich das Potential an jedem Raumpunkt je nach Abstand von P_2 mehr oder weniger erhöht. Dadurch wird die um den Punkt P_1 verlaufende geschlossene Äquipotentiallinie φ_0 ortsabhängig mehr oder weniger verformt, kann aber an keiner Stelle in den Innenraum ihres bisherigen Verlaufs rücken, weil für diesen das genannte „Ungleichungspaar“ gilt und weil sich das Gesamt-Potential an jedem Punkt um den Beitrag Q/r der zweiten positiven Punktladung erhöht. Der neue Verlauf der Äquipotentiallinie φ_0 kann bereits den Punkt P_2 mit einschließen, möglich ist aber auch ein vorerst noch aus zwei Ringen bestehender Verlauf. Von P_1 und P_2 her gesehen gilt für Innen- und Außenraum der neuen Äquipotentiallinie φ_0 wegen des Q/r -Verlaufs beider Einzelpotentiale weiterhin das „Ungleichungspaar“ $\varphi_i \geq \varphi_0, \varphi_a < \varphi_0$.

Durch schrittweises Hinzunehmen weiterer positiver Punktladungen an den Punkten P_n mit $n = 2, 3, 4 \dots N$ wird die Äquipotentiallinie φ_0 weiter verformt und rückt in jedem Schritt von $P_1 \dots P_n$ her gesehen weiter nach außen, weil für ihren Verlauf vor diesem Schritt das „Ungleichungspaar“ gilt und weil bei diesem Schritt ein neues positives Einzelpotential vom Typ Q/r hinzukommt. Nach dem Hinzunehmen der positiven Punktladung am Punkte P_N ist schließlich der bei der Organ-Modellierung angestrebte Verlauf der Äquipotentiallinie φ_0 erreicht, welcher alle Punkte $P_1 \dots P_N$ umschließt. Auch in diesem Endstadium gilt im Innenraum und auf der Äquipotentiallinie die Beziehung $\varphi_i \geq \varphi_0$, dagegen im Außenraum $\varphi_a < \varphi_0$. Der Beweis wird also iterativ geführt, indem bei jedem Schritt von n nach $n+1$ aufgrund des Verlaufs Q/r jedes positiven Einzelpotentials gezeigt wird, dass auch für den neuen Verlauf der Äquipotentiallinie das „Ungleichungspaar“ $\varphi_i \geq \varphi_0, \varphi_a < \varphi_0$ erhalten bleibt.

7.7 Normierung der Potentiale auf dem Organrand für die 3D-Darstellung

Die Quellpunktplatzierung geschieht zweidimensional in den Organschichten. Das Potentialfeld einer Quellenverteilung geht bei einer dreidimensionalen Betrachtung über mehrere Schichten, approximiert allerdings nur den Organrand der Schicht, in der sich die Quellpunkte befinden. Für eine dreidimensionale Darstellung des gesamten Organrandes soll hier eine Normierung des Potentialfeldes der Quellenverteilung in einer Schicht vorgeschlagen werden. Die Kreismittelpunktberechnung nach Gl. 7.20 wurde zwar auf den dreidimensionalen Fall verallgemeinert, s. Gl. 13.1 S.136, konnte aber aus Zeitgründen nicht implementiert werden. Die Möglichkeiten einer Normierung der Potentiale φ auf dem gesamten Organrand über

$$\nabla_P \|\mathbf{K}\mathbf{Q} - \varphi\|^2 = \nabla_P (\mathbf{Q}^T \mathbf{K}^T \mathbf{K} \mathbf{Q} + \varphi \varphi^T - \varphi^T \mathbf{K} \mathbf{Q} - \mathbf{Q}^T \mathbf{K}^T \varphi) = 2\mathbf{K}^T \mathbf{K} \mathbf{Q} - 2\mathbf{K}^T \varphi \quad (7.23)$$

$$\text{mit } \mathbf{Q} = (\mathbf{K}^T \mathbf{K})^{-1} \mathbf{K}^T \cdot \varphi \quad (7.24)$$

mit \mathbf{K} als Korrekturmatrix für die Abstände der Quellen zum Organrand wird für die dreidimensionale Organdarstellung vorgeschlagen. \mathbf{K}^T , \mathbf{Q}^T sind die transponierten Matrizen zu \mathbf{K} und \mathbf{Q} , T kennzeichnet die Transponierung der Matrizen.

Die Korrekturmatrix hat die Dimensionen $z \times m$, weil es sich um z Quellen \mathbf{Q} handelt, die m Potentiale φ auf dem Organrand erzeugen. Da $m > z$ ist, handelt es sich bei \mathbf{K}^{-1} um die Pseudoinverse von \mathbf{K} nach Moore-Penrose [109].



Abb. 7.20: Genormte Äquipotentiale auf dem gesamten Organrand der Niere

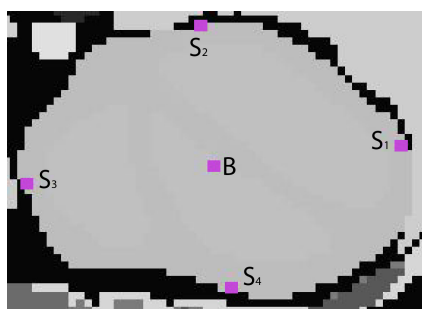
Für die nachfolgenden Ergebnisse der zweidimensionalen Approximation des Organrandes einer Schicht wurde keine 3D-Normierung durchgeführt.

8 Ergebnisse der Organmodellierung

8.1 Bestimmung der optimalen Quellpunktanzahl am Beispiel der Herzschicht T256

Am Beispiel der transversalen Schicht T256 des Voxelmodells Laura soll für das Herz analysiert werden, mithilfe wie vieler Quellpunkte diese Organschicht modelliert werden kann. Das Herz soll dabei als Ganzes, nämlich Herzwand und Blut gemeinsam, betrachtet werden. Das Herz verfügt in dieser Schicht über 127 Randvoxel, daraus ergeben sich, unter der Annahme dass mindestens drei Voxel zur Kreismittelpunktbe-rechnung zur Verfügung stehen sollen, maximal 42 Quellpunkte.

Abb. 8.1 zeigt den Ausschnitt mit der Herzschicht aus der gesamten Voxelschicht mit anderen Organen von T256. Die gesamte Schicht T256 des Voxelmodells Laura hat 256×256 Voxel, und der Ursprung befindet sich an der Stelle $(0,0)$. Abb. 8.1 zeigt auch den Schwerpunkt B dieser Herzschicht sowie die Schnittpunkte S_1 bis S_4 der Trägheitsachsen mit dem Organrand. Die x- und y- Koordinaten der Schnittpunkte $S_1 \dots S_4$ lassen sich in Tabelle 8.1 finden. An diesen Stellen wird bei festgelegter Quellort- und Quellstärkeverteilung das Potential festgestellt und mit den restlichen Potentialwerten für jedes Voxel der Schicht verglichen. Bei diesem Vergleich nach Abs. 7.4.1 darf der Unterschied zwischen den Potentialwerten der restlichen Voxel und dem Wert für S_x, S_y nicht größer als 3,2 % sein. Die vier Potentialwerte an den Stellen S_1 bis S_4 können für eine Quellverteilung unterschiedlich ausfallen, resultierend in vier unterschiedlichen Äquipotentiallinien.



S	(S_x, S_y)
S_1	(174,5; 63,5)
S_2	(147,5; 79,5)
S_3	(124,5; 58,5)
S_4	(151,5; 44,5)

Abb. 8.1: $S_1 \dots S_4$ und B der Herzschicht T256 Tab. 8.1: Koordinaten von S_i

Die vollständige Tabelle für alle berechneten Quellpunkt- und Quellstärke-Verteilungen mit den zugehörigen Parametern kann im Anhang 13.1 gefunden werden, hier seien nur die besten Verteilungen hervorgehoben (Tab. 8.1, grüne Markierung). Der Abstand a der Schwerpunkte in Voxelabständen und die Überlappungsdifferenz U der

8 Ergebnisse der Organmodellierung

Modellierungen sind in Tab.8.2 angegeben. Die modellierten Schichten mit 29 und 39 Quellpunkten (Abb.8.10) werden das Ergebnis zeigen, wenn die optimale Anzahl an Quellpunkten überschritten wird. Die Verteilungen mit den besten Parameterpaaren d und U sollen nun analysiert werden, um erste Schlussfolgerungen zu treffen (Abb. 8.2-8.10).

Tab. 8.2: Parameter ausgewählter Quellverteilungen für die Herzschicht T256 mit den Schnittpunkten S der Trägheitsachsen mit dem Organrand, die grün gekennzeichneten Bereiche geben die besten Parameterkombinationen an

Anzahl z der Quellpunkte	(S_x, S_y)	Überlappungs- differenz U	Abstand a der Schwerpunkte
2	(174,5 63,5)	0,08	0,46
2	(147,5 79,5)	0,05	0,44
2	(124,5 58,5)	0,09	0,44
2	(151,5 44,5)	0,06	0,43
9	(174,5 63,5)	0,05	1,47
9	(147,5 79,5)	0,05	1,65
9	(124,5 58,5)	0,07	1,31
9	(151,5 44,5)	0,07	2,25
10	(174,5 63,5)	0,05	1,97
10	(147,5 79,5)	0,05	1,99
10	(124,5 58,5)	0,05	2,14
10	(151,5 44,5)	0,1	2,36
11	(174,5 63,5)	0,06	1,19
11	(147,5 79,5)	0,04	1,13
11	(124,5 58,5)	0,05	1,18
11	(151,5 44,5)	0,09	1,09
16	(174,5 63,5)	0,04	1,3
16	(147,5 79,5)	0,04	0,96
16	(124,5 58,5)	0,05	0,24
16	(151,5 44,5)	0,04	0,71
17	(174,5 63,5)	0,04	4,21
17	(147,5 79,5)	0,04	4,73
17	(124,5 58,5)	0,05	4,54
17	(151,5 44,5)	0,05	5,02

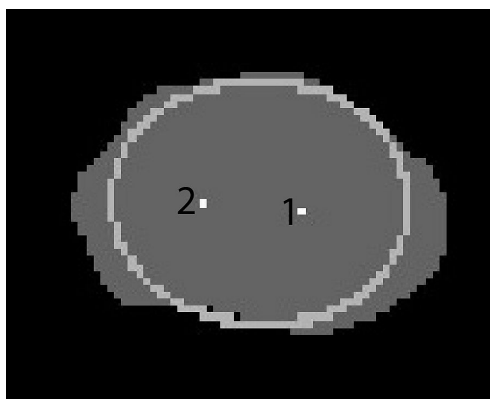
Verteilung mit 2 Quellpunkten

Abb. 8.2: Herzschicht T256 mit 2 Quellpunkten, $U=0,05$, $a=0,44$,
 $S_2 = (147, 5; 79, 5)$, $Q_1 = 1.5920586$, $Q_2 = 0.02597$, $\varphi_0 = 1.5920586$

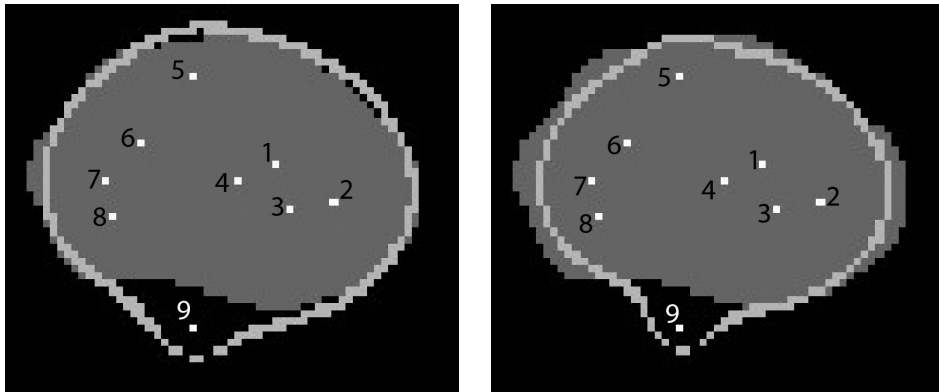
Da das Herz eine ungefähr ellipsenähnliche Form aufweist, ist die Modellierung mit zwei Quellpunkten (Abb. 8.2) bereits nicht schlecht, aber bei weitem nicht ausreichend. Die kleinste Überlappungsdifferenz ist $U=0,05$ und wird als obere Grenze für die Beurteilung weiterer Quellverteilung übernommen.

Quellenverteilung mit 9, 10 und 11 Quellpunkten

In Abb.8.3 wird die 9er Quellenverteilung für die Schnittpunkte S_1 und S_2 dargestellt. Die Modellierung nähert sich der tatsächlichen Form an. In Abhängigkeit des Potentials an der ausgewählten Stelle S_i wird die Organkontur nachgebildet. Für $S_1=(174,5; 63,5)$ befindet sich die Äquipotentiallinie zu einem großen Teil auf der Organkontur. Ein Quellpunkt liegt außerhalb, da der lokal betrachte Randabschnitt konkav ist, so dass das implementierte Auffinden der Krümmungsmittelpunkte auf solche außerhalb des Organrandes führt. Die angezeigte Äquipotentiallinie für den Schnittpunkt S_2 befindet sich eher wenige Voxel im Inneren der Organschicht. Das spiegelt sich auch in dem größeren Abstand a der Schwerpunkte wieder. Der Schnittpunkt S_4 wäre zu sehr von der Quelle 9 beeinflusst. Der Wert für das Potential $\varphi_{S_4}=5.92$ ist höher als für S_1 und S_2 , die Äquipotentiallinie würde noch mehr im Organinneren verlaufen. S_3 weist einen Potentialwert $\varphi_{S_4}=4.63$ auf. Hier würde die resultierende Äquipotentiallinie außerhalb des Organs verlaufen. Aus diesen Gründen werden die Parameter U und d für diese Stellen schlechter.

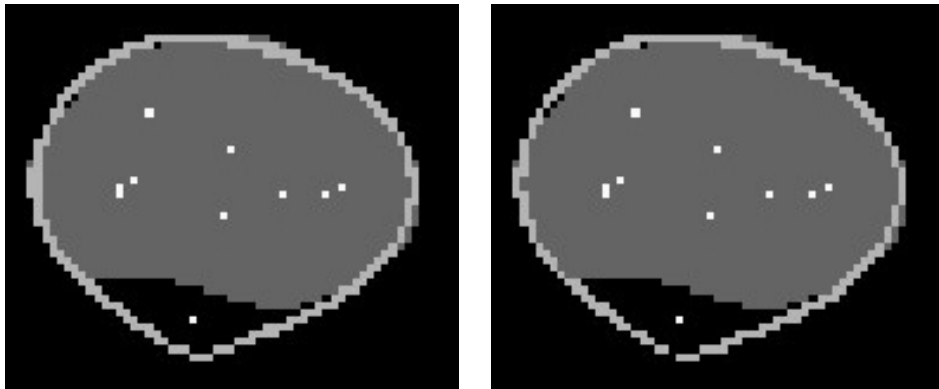
Die Organkontur für die Verteilung mit 10 Quellpunkten wird in Abb.8.4 im oberen Teil sehr gut nachgebildet. Aufgrund der außenliegenden Quelle wird zuviel Fläche modelliert und die Schwerpunkte der beiden Flächen liegen weiter auseinander.

8 Ergebnisse der Organmodellierung



$$U=0,05, a=1,47, S_1=(174,5;63,5), \quad U=0,05, a=1,65, S_2=(147,5;79,5), \\ \varphi_0=4.8669349 \qquad \qquad \qquad \varphi_0=5.3405015$$

Abb. 8.3: Herzsicht T256 mit 9 Quellpunkten



$$U=0,05, a=1,97, S_1=(174,5;63,5), \quad U=0,05, a=1,99, S_2=(147,5;79,5), \\ \varphi_0 = 5.7262669 \qquad \qquad \qquad \varphi_0 = 5.7005636$$

Abb. 8.4: Herzsicht T256 mit 10 Quellpunkten

Die Quellstärken für die Quellverteilung mit 9 (Abb.8.3) und 10 Quellpunkten (Abb.8.4) können in Tabelle 8.3 und 8.4 gefunden werden.

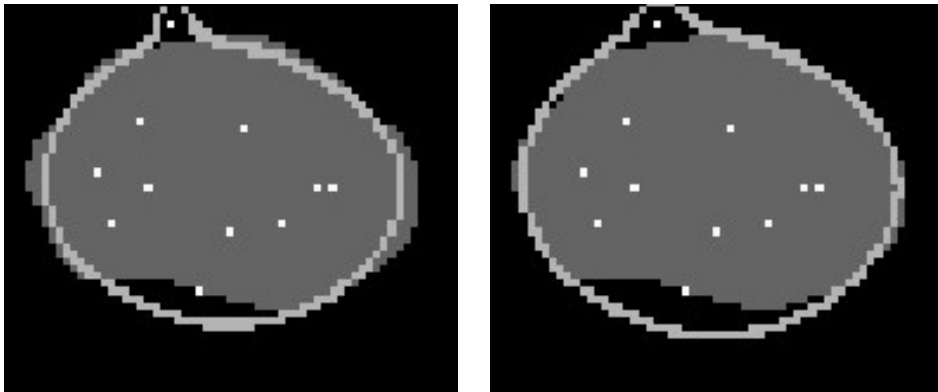
8 Ergebnisse der Organmodellierung

	Q_x	Q_y	Quellstärke Q		Q_x	Q_y	Quellstärke Q
1	156.57	62.47	0.03437	1	157.10	58.29	0.02664
2	164.91	57.88	0.01957	2	163.81	58.36	0.02134
3	158.34	56.39	0.03217	3	165.10	59.76	0.01884
4	151.10	60.73	0.03437	4	149.25	55.00	0.04528
5	145.16	74.49	0.007547	5	150.98	64.02	0.02843
6	138.96	65.42	0.01953	6	139.11	69.53	0.01496
7	133.53	60.60	0.01690	7	137.29	60.21	0.02397
8	134.84	55.92	0.01581	8	135.34	59.52	0.01930
9	145.09	40.61	0.01023	9	135.44	58.41	0.02046
				10	145.15	41.23	0.009142

Tab. 8.3: Angaben zu Abb.8.3,
Verteilung mit 9Q

Tab. 8.4: Angaben zu Abb.8.4,
Verteilung mit 10Q

Für die 11 Quellpunkte (Abb. 8.5, Tab.8.5) ergibt sich aufgrund des lokal konkaven Bereichs wieder eine außerhalb liegende Quelle. Dadurch wird zu viel Fläche von außerhalb der Organschicht in das Innere der Äquipotentiallinie einbezogen. Eine weitere Quelle liegt im unteren Teil direkt auf dem Organrand, was die resultierende Äquipotentiallinie nach außen verschiebt und sich in dem Schwerpunktabstand a spiegelt, der größer ist als für die Verteilung mit 10 Quellen.



$U=0,04$, $a=1,13$, $S_2=(147,5;79,5)$, $U=0,05$, $a=1,18$, $S_3=(124,5;58,5)$,
 $\varphi_0 = 5.7667849$ $\varphi_0 = 5.3500817$

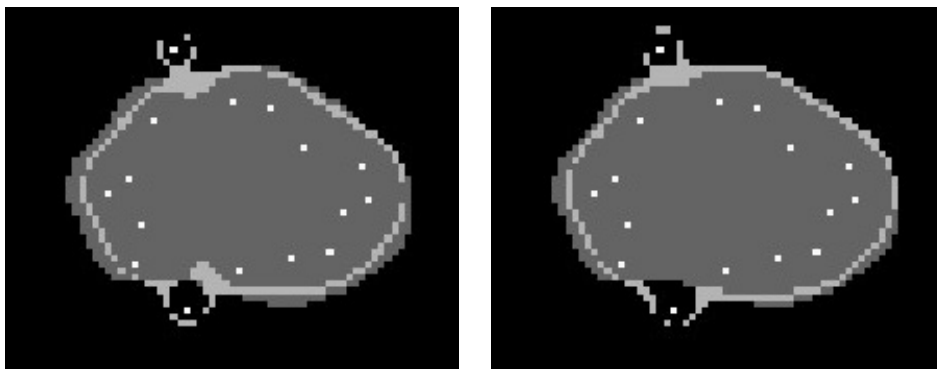
Abb. 8.5: Herzschnitt T256 mit 11 Quellpunkten

8 Ergebnisse der Organmodellierung

	Q_x	Q_y	Quellstärke Q		Q_x	Q_y	Quellstärke Q
1	157.70	54.84	0.02010	7	138.14	68.73	0.01525
2	162.74	59.49	0.02419	8	132.11	61.43	0.01478
3	164.26	59.43	0.02065	9	139.28	59.27	0.02629
4	150.08	53.57	0.04662	10	135.00	54.48	0.01523
5	152.06	67.92	0.02152	11	146.84	45.37	0.001263
6	142.41	81.61	0.005840				

Tab. 8.5: Angaben zu Abb.8.5, Verteilung mit 11Q

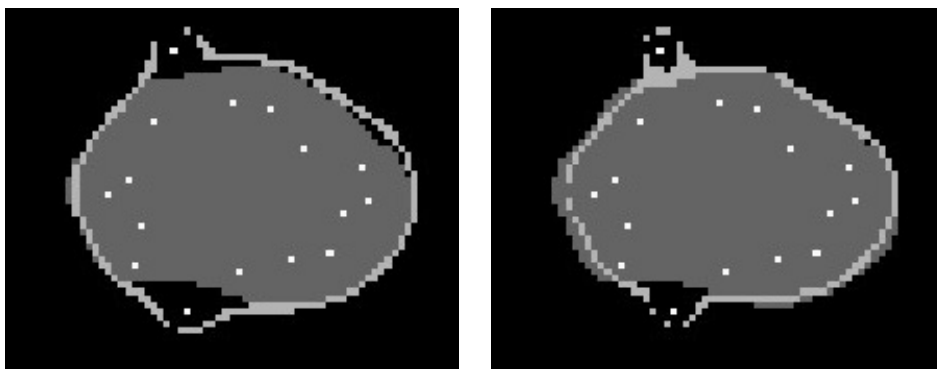
Quellenverteilung mit 16 und 17 Quellpunkten



$$U = 0,04, a = 1,3, S_1 = (174,5; 63,5), \quad U = 0,04, a = 0,96, S_2 = (147,5; 79,5),$$

$$\varphi_0 = 5.5710848 \qquad \qquad \qquad \varphi_0 = 5.3964661$$

Abb. 8.6: Herzschrift T256 mit 16 Quellpunkten für S_1 und S_2



$$U = 0,05, a = 0,24, S_3 = (124,5; 58,5), \quad U = 0,04, a = 0,71, S_4 = (151,5; 44,5),$$

$$\varphi_0 = 4.8933535 \qquad \qquad \qquad \varphi_0 = 5.3197953$$

Abb. 8.7: Herzschrift T256 mit 16 Quellpunkten für S_3 und S_4

8 Ergebnisse der Organmodellierung

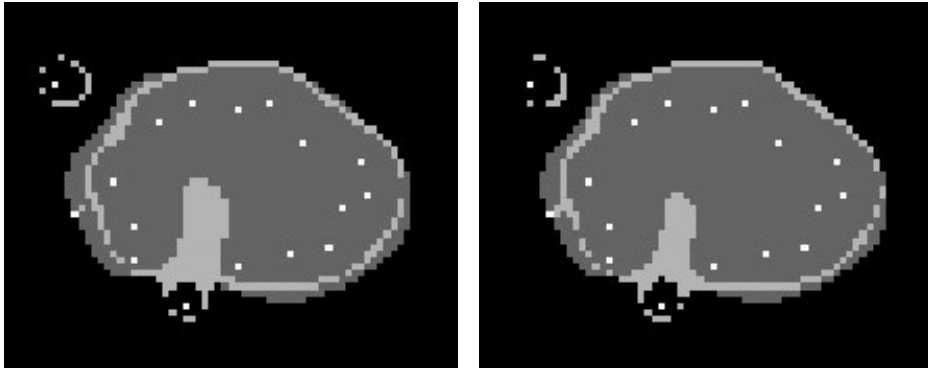
	Q_x	Q_y	Quellstärke Q		Q_x	Q_y	Quellstärke Q
1	157.11	50.22	0.01247	1	157.11	50.22	0.01247
2	163.48	51.50	0.01096	2	163.48	51.50	0.01096
3	165.70	57.55	0.01816	3	165.70	57.55	0.01816
4	169.00	59.50	0.01219	4	169.00	59.50	0.01219
5	168.39	64.23	0.008467	5	168.39	64.23	0.008467
6	159.00	67.33	0.01588	6	159.00	67.33	0.01588
7	154.34	73.60	0.01004	7	154.34	73.60	0.01004
8	148.83	74.33	0.008954	8	149.89	72.78	0.01247
9	139.17	82.67	0.008954	9	142.83	73.33	0.008954
10	136.78	71.13	0.01086	10	137.21	70.95	0.01159
11	132.21	62.73	0.01394	11	121.70	76.55	0.01816
12	129.40	60.66	0.01004	12	130.02	61.87	0.01079
13	134.90	55.64	0.01589	13	124.00	56.64	0.001861
14	133.99	49.98	0.007110	14	133.43	54.01	0.01208
15	141.17	42.33	0.008954	15	133.99	49.98	0.007110
16	149.95	48.40	0.005503	16	141.17	42.33	0.008954
				17	149.95	48.40	0.005503

Tab. 8.6: Angaben zu Abb.8.6 u. 8.7, Tab. 8.7: Angaben zu Abb.8.8 u. 8.9,
 Verteilung mit 16Q Verteilung mit 17Q

Die 16er-Verteilung (Abb.8.6 und 8.7) weist das beste Parameterpaar U, d auf. Die Abstände der Schwerpunkte sind bei dieser Verteilung am kleinsten. Die außerhalb liegenden Quellpunkte könnten sich als redundant erweisen und durch andere Platzierung der innen liegenden Quellpunkte ersetzt werden. Hier ergeben sich für den Organrand sehr ähnliche Potentiale, so dass die Äquipotentiallinie für alle vier Schnittpunkte gute Approximationen vorweist.

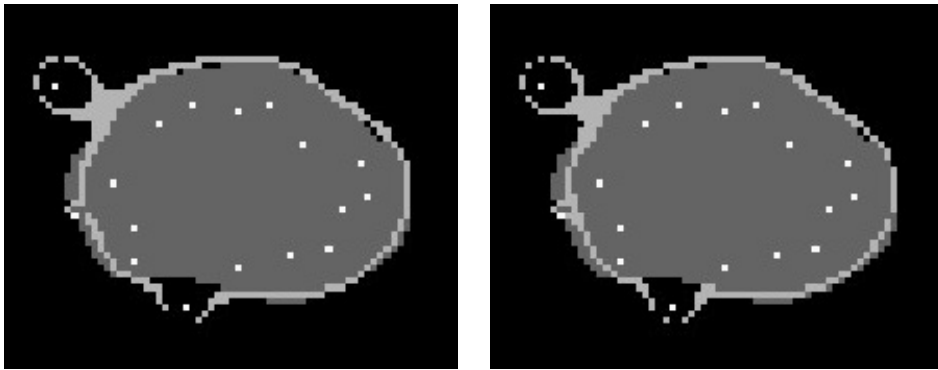
Für die Verteilungen mit 17 Quellpunkten (Abb. 8.8 und 8.9) liegen die Schwerpunkte weiter auseinander als bei der 16-Quellenverteilung, es befinden sich Flächen außerhalb der Organform. Der linke Rand ist nicht so gut modelliert wie bei der vorherigen Verteilung. Ein Quellpunkt liegt fast auf dem Organrand, die Äquipotentiallinie wird dadurch in Richtung der Organmitte verschoben.

8 Ergebnisse der Organmodellierung



$$U = 0,04, a = 4,21, S_1 = (174,5; 63,5), \quad U = 0,04, a = 4,73, S_2 = (147,5; 79,5), \\ \varphi_0 = 5.6659243 \quad \varphi_0 = 5.5852855$$

Abb. 8.8: Herzschnitt T256 mit 17 Quellpunkten für S_1 und S_2



$$U = 0,05, a = 4,54, S_3 = (124,5; 58,5), \quad U = 0,05, a = 5,02, S_4 = (151,5; 44,5), \\ \varphi_0 = 5.2534273 \quad \varphi_0 = 5.3261382$$

Abb. 8.9: Herzschnitt T256 mit 17 Quellpunkten für S_3 und S_4

Modellierte Schichten mit 29 und 39 Quellpunkten

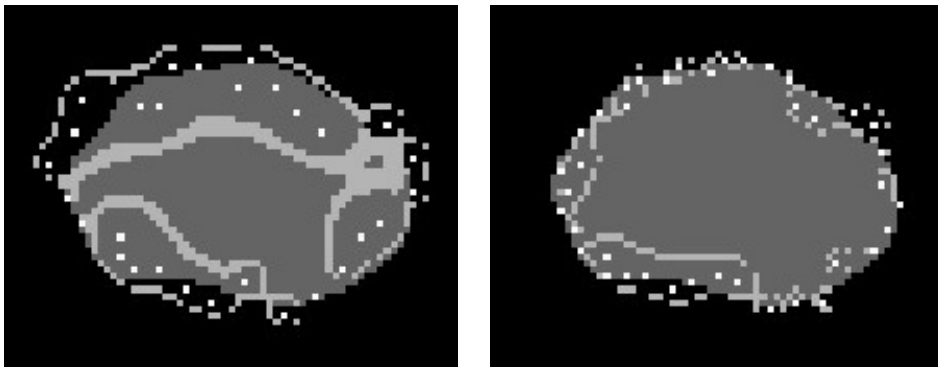


Abb. 8.10: Modellierte Herzschnitt T256 mit 29 (links), $\varphi_0 = 4.5293665$ und 39 (rechts) Quellpunkten, $\varphi_0 = 4.3601807$, jeweils für $S_1 = (174,5; 63,5)$

Bei einer hohen Anzahl an Quellpunkten (Abb.8.10) rücken diese sehr nah an den approximierten Organrand. Es kommt zu einer ringförmig modellierten Fläche, die nicht mehr die gewünschte Organform beschreibt. Die Daten mit den Angaben zu den Quellstärken und Koordinaten können im Anhang s.Tab. 13.2, S.135, und Tab. 13.3, S.135 gefunden werden. Bereits ab 20 Quellpunkten gibt es keine Überlappungsdifferenz $U < 0,1$ mehr und damit keine adäquate Überdeckung.

8.2 Schlussfolgerung und sich ergebende Randbedingungen

Zusammenfassend kann man sagen, dass es möglich ist, eine Organkontur mit Quellpunkten zu beschreiben, die über ein $\frac{Q}{r}$ -Potential verfügen. Die Verwendung nur positiver Quellpunkte ist für global konvexe Organe ausreichend. Die Parameter Überlappungsdifferenz und Schwerpunktsabstand sind geeignet, die Quellpunktanzahl für eine Organkontur zu beurteilen.

- Der Algorithmus zur Berechnung der Anzahl, Lage und Stärke der Quellpunkte ist nicht umkehrbar eindeutig, d.h. zu einer gegebenen Organkontur lassen sich mehrere Quellpunktanordnungen und Quellpunktanzahlen mit gleicher Anpassungsgüte der Äquipotentiallinie an die Organkontur finden.
- Die Quellpunkte müssen im Inneren des Organs zu liegen kommen, um außenliegend generierte Flächen zu vermeiden.
- Je mehr sich die Organkontur aus Bereichen unterschiedlicher Krümmung zusammensetzt, desto mehr Quellpunkte werden benötigt.
- Quellpunkte in unmittelbarer Nähe und auf dem Organrandes führen zu numerischer Instabilität.

Für die weitere Durchführung wurden die Restriktionen aufgenommen: Es wird kein Quellpunkt gesetzt, wenn der Quellpunkt außerhalb des Organs oder innerhalb der Nachbarvoxel und auf dem Organrand selbst liegt. Dies ist möglich, da es einen Bereich für die optimale Anzahl der Quellpunkte gibt.

8.3 Ergebnisse und Diskussion für Schichten von Herz, Magen, Niere, Blase

Für jedes Organ wurde zuerst ein Durchlauf mit unterschiedlich vielen Quellen gestartet. Die Quellpunkte wurden unter den Gesichtspunkten aus 8.2 platziert. Fiel die errechnete Position der Quelle außerhalb des Organbereichs, in unmittelbare Nähe oder sogar auf den Organrand, wurde die Quelle nicht gesetzt. So wurden nun verschiedene Organschichten automatisch modelliert. Anhand von Schichten des Herzens, der Blase, der Niere und des Magens wird gezeigt, dass eine Modellierung mittels Quellpunkten möglich ist.

Die folgenden Abbildungen 8.11-8.21 zu den Organschichten zeigen jeweils auf der linken Seite die der Modellierung zu Grunde liegende Voxelschicht des Organs, die ermittelte Quellverteilung und deren Äquipotentiallinie. Die rechte Seite der Abbildung zeigt die durch die Äquipotentiallinie ermittelte, modellierte Fläche.

Die Abbildungen 8.13, 8.16 und 8.20 zeigen die Schnittpunkte $S_1..S_4$ für die Organschichten. Die farbigen Bereiche wurden vergrößert eingetragen, damit die Schnittpunkte besser erkennbar sind.

Die automatischen Schritte zur Quellpunktplatzierung und Quellstärkeberechnung werden als Vorschläge angesehen. Für eine weitere Verbesserung, ausgehend von den automatischen Vorschlägen, könnte sich eine weitere manuelle Bearbeitung anschließen, indem man einen Quellpunkt mit der Maus markiert, seine Quellstärke mit einem anderen Wert belegt oder den Quellpunkt verschiebt. Bei den die nachfolgend vorgestellten Ergebnissen wurde auf diese Schritte verzichtet.

Herzschicht T256

Anhand der Parameter Überlappungsdifferenz U und Abstand a der Schwerpunkte zeichnete sich eine Verteilung von 9 Quellpunkten als beste aller getesteten Verteilungen ab, s. Tab. 8.9. Dafür wurden 12 Quellpunkte als Startanzahl initiiert, wovon drei aufgrund der Randbedingungen nicht gesetzt worden sind. Trotz dieser nicht nicht gesetzten Quellpunkte, wird der kompakte Bereich gut modelliert. Der Organrand weist viele unterschiedlich gekrümmte Bereiche auf. Die Tabelle 8.8 zeigt die Koordinaten der Verteilung und ihre Quellstärken, für die an den Stellen S_1 bis S_4 die Äquipotentiallinien untersucht wurden.

8 Ergebnisse der Organmodellierung

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
157,29	54,47	0,01964
161,47	60,14	0,02651
165,83	58,75	0,01814
152,72	65,81	0,02445
148,09	74,58	0,007940
138,71	71,98	0,01036
130,15	61,03	0,01156
134,08	55,43	0,01438
136,49	53,50	0,01324

Tab. 8.8: Koordinaten x_Q, y_Q der Quellverteilung für T256 Herz

Für das Herz ergeben sich für zwei Trägheitsachsen-Schnittpunkte (s. Abb. 8.1 und Tab. 8.1) die gleichen Parameter U und a. An diesen Punkten sind die Potentiale wie gewünscht fast gleich und es ergibt sich eine sehr ähnliche Form für die modellierte Fläche (Abb.8.11, 8.12).

Anzahl Q	S_i	Überlappungs- differenz U	Abstand a der Schwerpunkte	Potential φ_0
9	(174,5; 63,5)	0,02	0,30	4,1
9	(147,5; 79,5)	0,04	0,22	4,5
9	(124,5; 58,5)	0,03	0,29	3,9
9	(151,5; 44,5)	0,02	0,30	4

Tab. 8.9: Parameter der Verteilung mit 9 Quellen für die Herzschrift T256 an den Schnittpunkten S_i mit dem Organrand

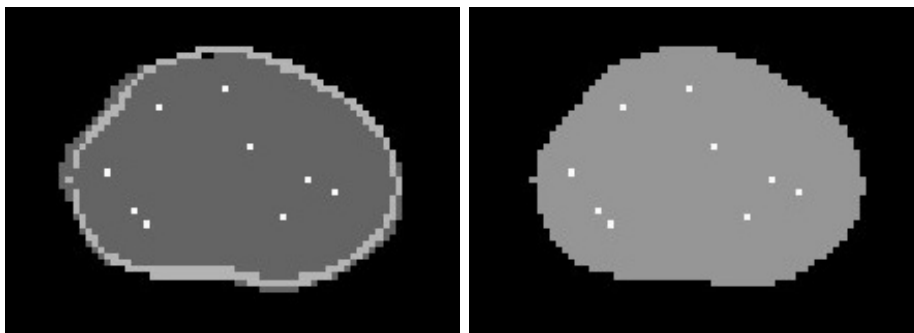


Abb. 8.11: Herzschrift T256 mit 9 Quellpunkten
 $U = 0,02, a = 0,3, S_1 = (174,5, 63,5)$

Für den Schnittpunkt S_1 (Abb.8.11) befindet sich die Äquipotentiallinie auf und im Inneren neben dem Organrand. Nur im oberen Bereich überstreicht sie wenige Voxel, die nicht zum Organ gehören. Für S_4 (Abb.8.12) befindet sich die Äquipotentiallinie in drei Bereichen zwei Voxel neben dem Organrand. Die Ausbuchtung im linken Bereich wird für diesen Trägheitsachsen-Schnittpunkt besser nachgeformt. Die Äquipotentiallinie liegt in großen Teilen auf dem Organrand.

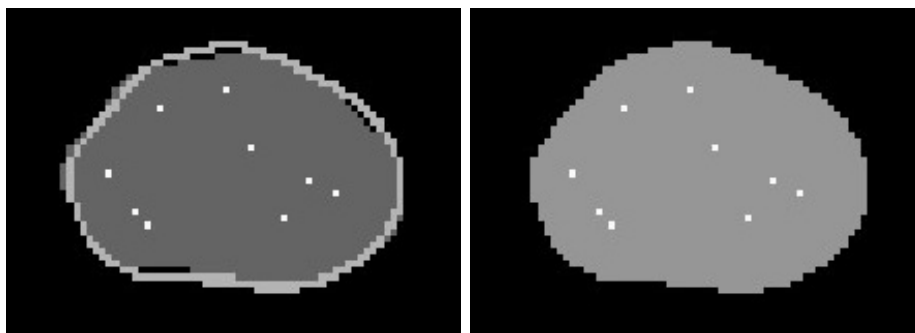


Abb. 8.12: Herzschnitt T256 mit 9 Quellpunkten
 $U = 0,02$, $a = 0,3$, $S_4 = (151,5; 44,5)$

Das Herz hat in dieser Schicht 1477 Voxel mit den Organidentifikationsnummer 60 und 61 für die Herzwand und das Blut, kann aber mit neun Quellpunkten modelliert werden.

Aorta T251

In Abb. 8.13 sind die Schnittpunkte der Trägheitsachsen mit dem Organrand zu sehen. Tab.8.10 gibt die Koordinaten dieser Punkte an.

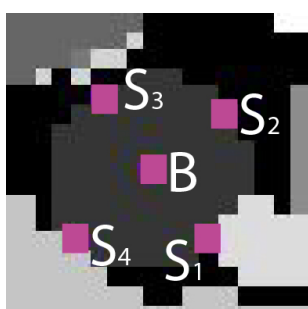


Abb. 8.13: $S_1..S_4$ und B der Aortaschnitt T251

S	(S_x, S_y)
S_1	(131; 72)
S_2	(132; 79)
S_3	(125; 80)
S_4	(124; 72)

Tab. 8.10: Koordinaten von S_i

Die Aorta ist in der betrachteten Schicht von fast kreisrunder Form. Die Approximation durch 1-2 Quellpunkten ist daher eine gute Annäherung. Für Verteilungen mit 1-4 Quellpunkten ergeben sich Positionen in der Mitte des Organbereichs, sehr nah beieinander. Die Voxel, die von der Kreisform abweichen, werden allerdings nicht

8 Ergebnisse der Organmodellierung

erfasst. Für mehr als 5 Quellpunkte greifen die Randbedingungen, und es werden nicht mehr als drei Quellen gesetzt.

Anzahl Q	S_i	Überlappungs- differenz U	Abstand a der Schwerpunkte	Potential φ_0
1	(125,5; 80,5)	0,04	0,02	0,9
2	(125,5; 80,5)	0,04	0,02	2

Tab. 8.11: Parameter der Verteilungen mit einer und zwei Quellen für die Aortaschicht T251 an den Schnittpunkten S_i mit dem Organrand

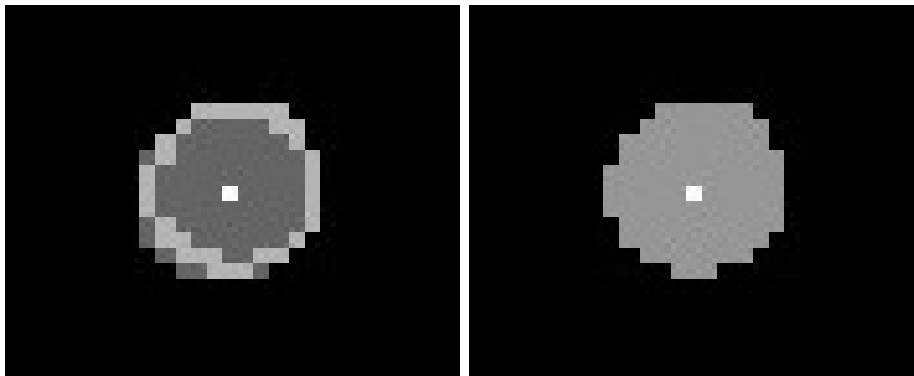


Abb. 8.14: Aortaschicht T251 mit einer Quelle
 $U=0,04$, $a=0,02$, Potential $\varphi_0=0,9$

Hier wird die einzige Quelle zentral in die Mitte des Organbereichs gelegt. Die resultierende Potentialfläche überstreicht bis auf wenige Voxel die Organschicht mit 95 Voxel.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
128,24	76,31	0,008073

Tab. 8.12: Koordinaten x_Q, y_Q der Quellverteilung für die Aortaschicht T251

In diesem Fall wird von zwei unterschiedlichen Verteilungen fast dieselbe Fläche modelliert. Unterschiede sind am oberen und unteren Rand zu sehen. Aufgrund der fast kreisrunden Form werden die gefundenen Quellen (Abb.8.14 , Tab.8.13) fast auf denselben Platz positioniert. In der Tabelle 8.13 seien die Koordinaten aufgeführt.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
127,96	76,58	0,008792
128,47	76,07	0,009089

Tab. 8.13: Koordinaten x_Q, y_Q der Quellverteilung mit 2 Quellen für die Aortaschicht T251

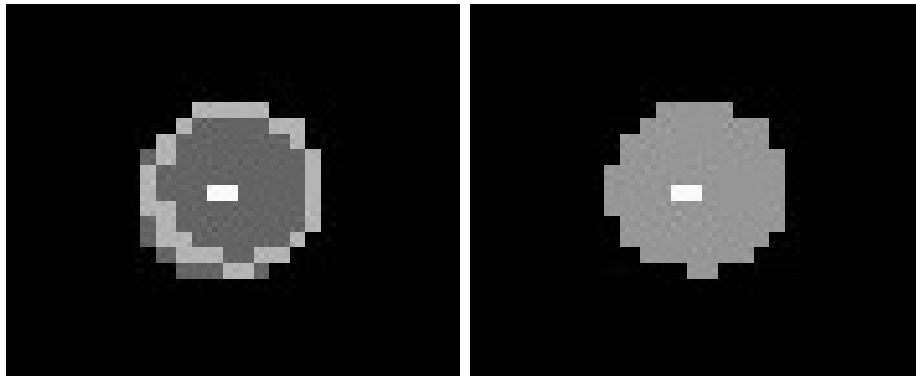


Abb. 8.15: Aortaschicht T251 mit 2 Quellpunkten, $U=0,04$, $a=0,02$, Potential $\varphi_0=1,9$

Magen T250

Der segmentierte Magen im Voxelmodell besteht aus Mageninhalt und Magenwand. Diese Unterteilung wurde nicht den medizinischen Bilddaten entnommen, sondern nachträglich eingeführt. Für die Generierung der Quellverteilungen wurde hier der Mageninhalt zu Grunde gelegt. Deswegen befinden sich die Schnittpunkte $S_1..S_4$ der Trägheitsachsen mit dem Organrand scheinbar im Organinneren (Abb. 8.16). Es handelt sich dabei aber um den Schnittpunkt mit dem Rand des als Mageninneren deklarierten Bereichs.

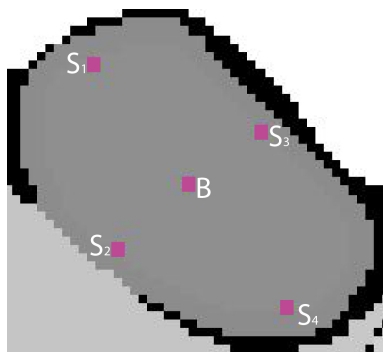


Abb. 8.16: $S_1..S_4$ und B der Magenschicht T250

S	(S_x, S_y)
S_1	(144,5; 83,5)
S_2	(147,5; 61,5)
S_3	(164,5; 75,5)
S_4	(167,5; 54,5)

Tab. 8.14: Koordinaten von S_i

Für den Magen erweist sich eine Verteilung mit 7 Quellpunkten von ursprünglich 11 initiierten als vorteilhaft um die Magenschicht mit 776 Voxeln nachzubilden (Abb.8.17).

Die beste Übereinstimmung ergibt sich für den Schnittpunkt $S_4=(167,5; 54,5)$.

8 Ergebnisse der Organmodellierung

Anzahl Q	S_i	Überlappungs- differenz U	Abstand a der Schwerpunkte	Potential φ_0
7	(144,5; 83,5)	0,11	0,14	4
7	(147,5; 61,5)	0,02	0,43	3,1
7	(164,5; 75,5)	0,05	0,35	3
7	(167,5; 54,5)	0,02	0,21	3,1

Tab. 8.15: Parameter der Verteilung mit 7 Quellen für die Magenschicht T250 an den Schnittpunkten S_i mit dem Organrand

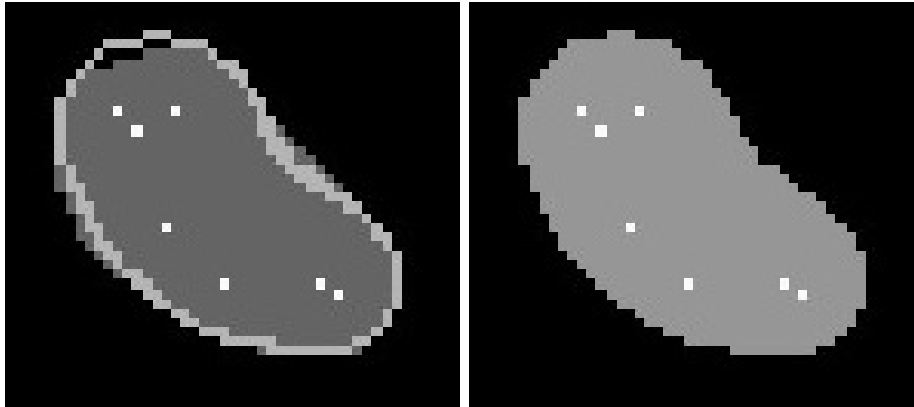


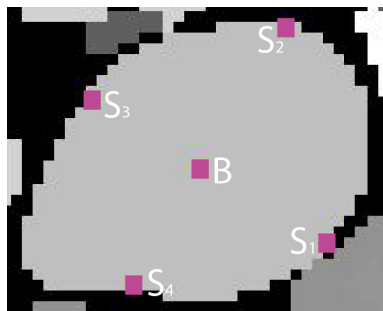
Abb. 8.17: Magenschicht T250 mit 7 Quellpunkten
 $U = 0,02$, $a = 0,21$, S_4 mit $\varphi_0 = 3,1$

Im oberen Bereich von Abb.8.17 befinden sich drei Quellpunkte, und die Fläche innerhalb der Äquipotentiallinie überstreicht den Bereich außerhalb des Organ maximal um zwei Voxel. In den seitlichen, mittleren Bereichen ist die Äquipotentiallinie dagegen um ein bis zwei Voxel im Inneren des Organbereich zu finden. An dieser Stelle wird die Organfläche nicht nachgebildet.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
168,36	60,41	0,01029
166,07	61,97	0,01543
151,50	79,09	0,01202
145,28	79,34	0,007931
147,52	77,00	0,01507
150,79	67,86	0,01286
156,51	61,35	0,008148

Tab. 8.16: Koordinaten x_Q, y_Q der Quellverteilung mit 7 Quellen für die Magenschicht T250

Niere T238



S	(S_x, S_y)
S_1	(161; 80)
S_2	(157; 100)
S_3	(139; 93)
S_4	(143; 76)

Abb. 8.18: $S_1..S_4$ und B der Nierenschicht T238

Tab. 8.17: Koordinaten von S_i

Für die Niere wurde mit der Überlappungsdifferenz $U = 0,01$ für S_1, S_2 und S_3 (Abb.8.18, Tab. 8.17) der beste Wert für alle betrachteten Organschichten erzielt.

Anzahl Q	S_i	Überlappungs- differenz U	Abstand a der Schwerpunkte	Potential φ_0
9	(161; 80)	0,01	0,55	4,3
9	(157; 100)	0,01	0,63	4,2
9	(139; 93)	0,01	0,57	4,3
9	(143; 76)	0,02	0,58	4,5

Tab. 8.18: Parameter der besten Quellverteilung für die Nierenschicht T238

Bis auf wenige Voxel überlagert sich die Äquipotentiallinie mit dem Organrand (Abb. 8.19). 648 Voxel bilden hier die Nierenschicht, die mit 9 Quellen von 12 initiierten modelliert werden kann.

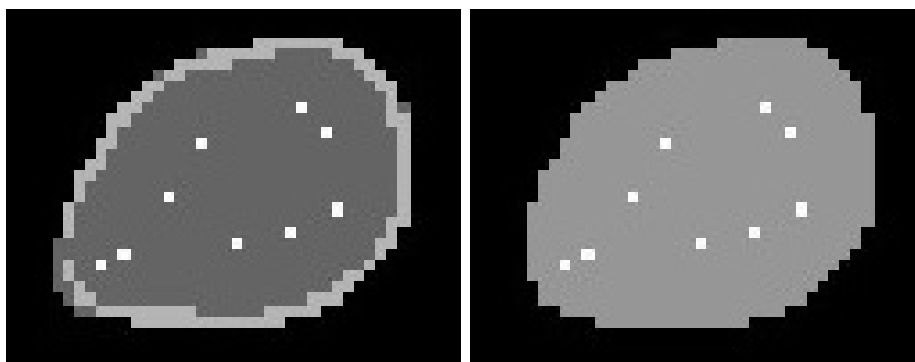


Abb. 8.19: Nierenschicht T238 mit 9 Quellpunkten (links), $U=0,01$, $a= 0,55$, $S_1=(161;80)$ mit $\varphi_0= 4,3$

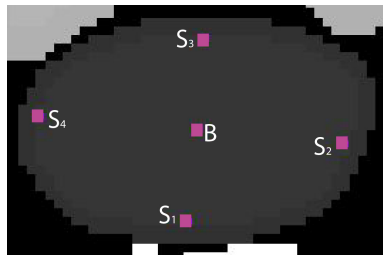
8 Ergebnisse der Organmodellierung

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
149,50	82,00	0,01219
154,62	83,18	0,01122
158,65	85,38	0,009014
157,57	92,99	0,01208
155,50	94,00	0,01219
146,01	91,57	0,01208
143,66	86,44	0,01382
139,39	81,61	0,009838
137,41	80,38	0,007276

Tab. 8.19: Koordinaten x_Q, y_Q der Quellverteilung mit 9 Quellen für die Nierenschicht T238

Blase T185

Auch hier liegen die Schnittpunkte $S_1..S_4$ nur scheinbar im Organinneren, da es ebenfalls eine Unterteilung in Blaseninhalt und Blasenwand gibt (Abb.8.20, Tab. 8.20). Die Angaben beziehen sich auf den Blaseninhalt.



S	(S_x, S_y)
S_1	(119,5; 42,5)
S_2	(137,5; 51,5)
S_3	(121,5; 63,5)
S_4	(102,5; 54,5)

Abb. 8.20: $S_1..S_4$ und B der Blaseschicht T185

Tab. 8.20: Koordinaten von S_i

Anzahl Q	S_i	Überlappungs- differenz U	Abstand a der Schwerpunkte	Potential φ_0
4	(119,5; 42,5)	0,02	0,27	2,5
4	(137,5; 51,5)	0,03	0,46	2,7
4	(121,5; 63,5)	0,02	0,43	2,5
4	(102,5; 54,5)	0,05	0,27	2,4

Tab. 8.21: Parameter der besten Quellverteilungen für die Blaseschicht T185

Die Blase verfügt über 680 Voxel in dieser Schicht und kann mittels dieser Quellpunktverteilung beschrieben werden (Abb.8.21). Es ist zu sehen, dass die Äquipotentiallinie im oberen Bereich geringfügig neben dem Organbereich liegt, ansonsten den Organrand überstreicht.

8 Ergebnisse der Organmodellierung

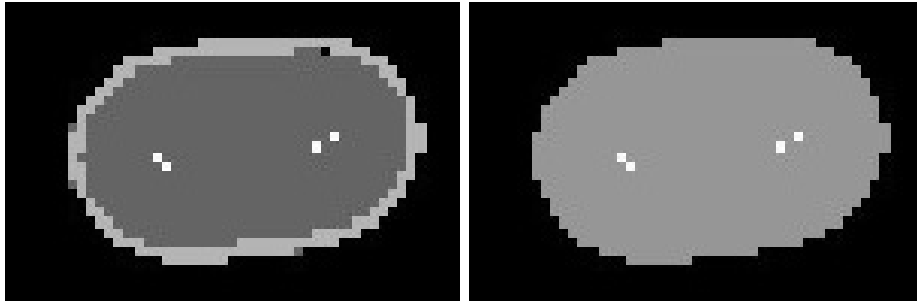


Abb. 8.21: Blasenschicht T185 mit 4 Quellpunkten und modellierte Schicht, $U=0,02$, $a=0,27$, $S_1=(119,5; 42,5)$, mit Potential $\varphi_0= 2,5$

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
128,41	53,15	0,01664
130,73	54,82	0,01356
112,57	51,91	0,01840
111,09	52,05	0,01501

Tab. 8.22: Koordinaten x_Q, y_Q der Quellverteilung mit 4 Quellen für die Blasenschicht T185

8.4 Möglichkeiten für eine 3D-Darstellung und Normierung der Potentiale

Die bisher vorgestellten Äquipotentiallinien sind die Schnitte der Organschichten mit der eigentlichen dreidimensionalen Äquipotentialfläche einer Quellenverteilung. Betrachtet man die gesamte Äquipotentialfläche (Abb. 8.22) einer Quellenverteilung (s.Tab. 8.19, Abb. 8.19), so ist sie das Resultat der Superposition der einzelnen Quellen. Nur in der Schicht, nach deren Organabgrenzung die Quellen platziert wurden, nimmt die resultierende Äquipotentiallinie die Form der Organkontur an.

Für die Niere wurde die Schicht T238 modelliert. Die Äquipotentialwerte dieser Verteilung sollen nun auf dem gesamten, dreidimensionalen Organrand auf den Wert 1 normiert werden. Nach Formel 7.24, s. Abschnitt 7.7,

$$\mathbf{Q} = (\mathbf{K}^T \mathbf{K})^{-1} \mathbf{K}^T \cdot \mathbf{V}$$

ist es möglich, die Potentiale auf einem dreidimensionalen Organrand (Abb. 8.22) auf einen Wert zu normieren.

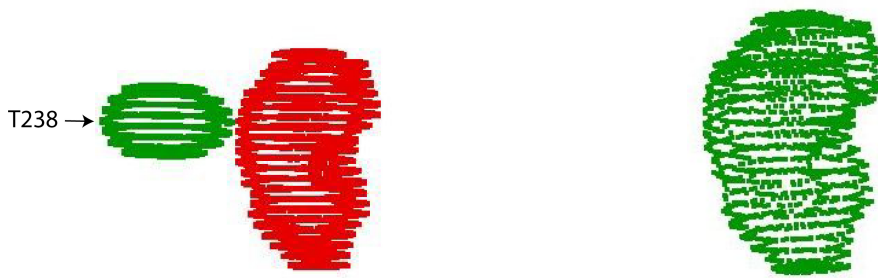


Abb. 8.22: Äquipotentialfläche (grün) der Quellenverteilung aus Schicht T238, Organrand (rot) der Niere
Abb. 8.23: Auf Organrand normierte Äquipotentialfläche

Abb. 8.23 zeigt die normierten Äquipotentiale, die nun den dreidimensionalen Organrand überdecken.

Es ist möglich, für alle Organe diese Normierung durchzuführen. Allerdings geht der Zusammenhang zwischen Quellverteilung und approximierten Randstück verloren. Es handelt sich auch nicht um eine kontinuierliche Darstellung.

8.5 Zusammenfassung Modellierung

Es lässt sich feststellen, dass es gelungen ist, konvexe Organschichten mittels Quellpunkten mit einem $\frac{Q}{r}$ -Potential zwei- und dreidimensional zu modellieren. Für die dreidimensionale Modellierung wird eine Normierung der Potentiale auf den gesamten Organrand vorgeschlagen. Für eine zweidimensionale Darstellung ist dieser Schritt nicht nötig.

Eine Modellierung der Organe mittels dieser Methode liefert folgende Vorteile. Das Einbringen der mathematischen Beschreibung physikalischer Gesetzmäßigkeiten, hier der Äquipotentialflächen einer Gruppe von Punktquellen mit $\frac{Q}{r}$ -Potentialen, bietet eine flexible Grundstruktur, die Raum für eine breite Klassifizierung und Formenvielfalt lässt, bei gleichzeitig akzeptablem Rechenaufwand und einfachen mathematischen Methoden. Die Konstellation an virtuellen Quellpunkten ist intuitiv erfassbar und manuell bearbeitbar. Das könnte einen Beitrag zur Akzeptanz im eventuellen, späteren klinischen Einsatz leisten. Der Einsatz von Standard-Computersystemen wäre damit gegeben, sowie die Übertragbarkeit der Daten über gängige Systeme wie z.B. Standard-Internetprotokolle [110, 111].

Alle beschriebenen Organschichten konnten mit weniger als zehn Quellen modelliert werden. Die Form lässt sich über die Lage und Anzahl der Quellpunkte verändern. Es handelt sich dabei um eine kontinuierliche Darstellung, die sich leicht diskretisieren lässt. Die Quellverteilung stellt eine wesentliche Komprimierung gegenüber der Voxelrepräsentation dar. Um die modellierten Organe als Voxelschicht abzuspeichern, benötigt man eine Matrix mit $x_{max} \times y_{max}$ Voxeln einer Datentiefe von mindestens 1 Byte meist aber 2 Byte. In diese wird an der entsprechenden Stelle die Organidentifizierungsnummer eingetragen. Für eine Speicherung der zweidimensionalen Modellierung mittels Quellpunkten genügt es, die angegebenen Koordinaten, die Quellstärke und ein Potential im geeigneten Dateiformat festzuhalten. Um die Schicht des Herzens bspw. zu modellieren werden 9 Quellpunkte benötigt, abgespeichert als Ascii-datei mit einer Größe von 440 Bytes. Besonders in Hinblick auf viel größere Datensätze mit viel Auflösungen bis in den μm -Bereich ist dies ein nicht zu unterschätzender Vorteil.

Im Vergleich zu der Modellierung mittels M-reps, s. 3.3.9, der Präsentation von medialen Atomen auf einer Mittellinie, stellt die Äquipotentialdarstellung ebenfalls eine Komprimierung dar. Es entfällt die Angabe, ob sich ein Quellpunkt an einer Ecke oder im Inneren der Form befindet und die Angabe der Vektoren zur Abgrenzungsfläche. Außerdem muss die Abgrenzungsfläche nicht zusätzlich interpoliert werden. Für die Äquipotentialdarstellung lässt sich eine zu individuellen Anpassungen nutzbare Ähnlichkeitstransformation angeben, und die Potentialwerte an Punkten innerhalb und außerhalb einer Äquipotentiallinie lassen sich als Innerhalb/Außerhalb-Kriterium verwenden.

Für die dreidimensionale Darstellung wurden die Potentiale auf dem Organrand auf dem Faktor 1 normiert. Es ist hier vonnöten, zusätzlich zu den Angaben der Quellverteilung einer Schicht, die Normierungsmatrix für den gesamten Organrand festzuhalten.

Die Quellpunktverteilung kann mit den medizinischen Daten überlagert und abgeglichen werden um die Modellierung an die individuelle Anatomie anzupassen, s. Kapitel 9. Eine Überführung in eine andere Modellart entfällt.

Manuelle Bearbeitungsmöglichkeiten

Die automatischen Schritte zur Quellpunktplatzierung und Quellstärkeberechnung geben nur einen Vorschlag für die vorgestellten Organschichten von Herz, Blase, Niere und Magen.

Ein Vorteil der Modellierung mittels Quellpunkten ist es, dass eine manuelle Bearbeitung sich unmittelbar anschließen könnte. Hierfür können die zu bearbeitenden Quellen direkt mit der Maus markiert werden. Sollte eine Quellposition nach der Einschätzung des Benutzers an einem anderen Platz optimaler sein, kann dies über Anklicken der Quelle und Verschieben mit der Maus geschehen. Eine Parametrisierung der Abgrenzungslinie mittels z.B. Splines, ist nicht nötig. Der entsprechende Bereich der Äquipotentiallinie wird mit der Quellenverschiebung bearbeitet.

Es wäre weiterhin möglich, in dem Bereich, wo zu starke Quellen die Äquipotentiallinie in den Bereich außerhalb der Organschicht verlagern, die Quellstärke zu schwächen und andernorts die Quellstärke zu erhöhen. Dies würde einer Verkleinerung oder Vergrößerung des Radius des jeweiligen Kreissegments entsprechen. Bei der Veränderung dieser Parameter handelt es sich um intuitiv erfassbare Prozesse, die der Akzeptanz dieser Methode im Hinblick auf eine spätere klinische Anwendung dienlich sein könnten. Solche Modellierungen können auch als Ausgangsbasis für eine Segmentierung im medizinischen Datensatz dienen.

8.6 Mögliche Zeitersparnisse durch Äquipotentialliniendarstellung

Durch das Konzept der Äquipotentialdarstellung sind folgende Möglichkeiten zur Zeitersparnis denkbar.

- a) Eine Zeitersparnis wird zum einen dadurch erzielt, dass man die auf ein bestimmtes Organ bezogene Innerhalb/Außerhalb-Entscheidung für einen vorgegebenen Koordinatenpunkt durch die Ermittlung des bei gegebener Quellenverteilung schnell berechenbaren Potentials an diesem Punkt treffen

kann, denn für den betreffenden Organbereich ist es stets größer oder gleich dem Potential auf der Randlinie. Auf diese Weise lässt sich die Zuerteilung der Organ-Kennziffer zu den Voxels eines Organbereichs automatisieren, die bisher von Hand interaktiv, wenn auch unter Nutzung der EDV-Möglichkeiten, veranlasst wurde. Hier entfällt auch der sonst nötige und in Abhängigkeit von der Organform aufwändige Schritt, die Organabgrenzungen zu füllen.

- b) Des weiteren fällt auf, dass sich auch innerhalb einer Monte-Carlo-Rechnung zur Dosisberechnung bei einer gegebenen, z.B. beruflichen Strahlenexposition des Körpers eine Möglichkeit zur Zeitersparnis bietet. Wenn bei der Simulation eines Teilchenschicksals festgestellt werden soll, ob eine stochastisch an einem Punkt stattfindende Wechselwirkung, z.B. die Compton-Streuung eines Photons, innerhalb oder außerhalb des Organvolumens stattfindet, kann die Ermittlung des zu diesem Punkt zugehörigen Voxels und das Aufsuchen seiner Voxel-Kennziffer in einer look-up-table wegfallen und wird durch die schnell vollziehbare Berechnung des Potentials an diesem Punkt ersetzt. Die mit der Wechselwirkung verbundene Energiedeposition muss dann auch nicht dem betreffenden Voxel, sondern kann gleich dem betreffenden Organ zugeordnet werden, da es im Strahlenschutz um die Berechnung der durchschnittlichen Organdosen geht.
- c) Und schließlich besteht eine Möglichkeit zur Ersparnis von Speicherkapazität und damit von Sendezeit bei der Übermittlung einer Organkontur, da diese Kontur nicht als umfangreiche Tabelle von Voxelkoordinaten mit der zugehörigen Organidentifikationsnummer dargestellt werden muss, sondern als kurze Liste der Quellenverteilung, also der Quellpositionen und Quellstärken, sowie mittels einer Angabe über das Potential der Äquipotentiallinie dargestellt werden kann.

8.7 Möglichkeit für Bestrahlungen

Die Modellierung mittels Quellpunkten eröffnet auch die Möglichkeit für Modellierungen von Geometrien über die Anatomie hinaus. Bestrahlungsformen in Form von Brezeln oder eines Kreisrings seien hier aufgeführt.



Abb. 8.24: Beispiel für eine manuell modellierte Bestrahlungsfläche in der Leberschicht T244 mit 32 Quellpunkte davon 3 negativ

8 Ergebnisse der Organmodellierung

Bei der Verwendung vieler, sehr kleiner Quellpunkte wird der innere Bereich nicht klar abgegrenzt, hier empfiehlt sich ein negativer Quellpunkt, um scharfe Abgrenzungen zu erzeugen. Die Fläche in Abb.8.24 wurde manuell erstellt, indem abgeschätzt wurde, wo ein Quellpunkt zu platzieren wäre. Die Quellstärke wurde danach manuell eingestellt. Diese Quellenverteilung¹soll als Beispiel für die Bearbeitungsmöglichkeiten für einen eventuellen klinischen Einsatz dienen.

¹Die Verteilung kann auf der beiliegenden CD gefunden werden unter:
Quellverteilungen\T244_Leber_BspBestrahlung\T244_Leber_Bsp.txt.

9 Anpassung des Äquipotentialmodells an den medizinischen Datensatz

Um individuelle Patientendaten, z.B. Computertomographie-Daten, durch ein Äquipotentialmodell darstellen zu können, ist es nötig, dieses an die jeweilige Anatomie anzupassen. Man geht hier also nicht von individuell bereits bekannten Organgrenzflächen aus, sondern das Organmodell soll in Form einer für diesen Organtyp bereits bekannten Quellenverteilung direkt in den individuellen medizinischen Datensatz eingebracht werden. Organgrenzflächen deuten sich im CT-Datensatz nur stückweise durch erkennbare “Kanten”, d.h. Gradienten der Grauwerte, an (Abb. 9.1 und 9.2). Durch die Anpassung einer zusammenhängenden Äquipotentiallinie an diese Kantenstücke wird die individuelle Segmentierung der Organkontur bewirkt. An Hand ausgewählter Schichten des medizinischen Datensatzes soll überprüft werden, ob es möglich ist, durch eine derartige Anpassung der Äquipotentiallinien an Grauwertkanten die Organgrenzen dieser Schichten zu segmentieren. Das wäre eine wichtige Ergänzung zu bestehenden Segmentierungsalgorithmen und verbreiteten manuellen Techniken, wie z.B. Thresholding oder Region Growing, implementiert in Programmen wie Analyze [112] oder ImageJ [113].

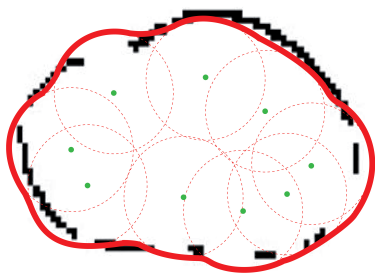


Abb. 9.1: Äquipotentiallinie einer Modell-Quellenverteilung (rot) in einer CT-Schicht mit Bildkanten (schwarz)

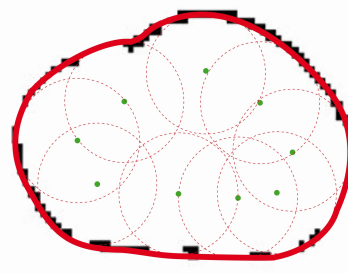


Abb. 9.2: An Bildkanten angepasste Modell-Quellenverteilung

9 Anpassung des Äquipotentialmodells an den medizinischen Datensatz

Der bisherige Ansatz der Darstellung von Organoberflächen mittels Quellenverteilungen wird als a-priori-Wissen und Ausgangsnäherung in die medizinischen Daten eingebracht und erweitert. Die Verwendung einer Modell-Quellenverteilung als Ausgangsnäherung ist eine notwendige Komponente der Methodik, denn sie sichert den Zusammenhang der Äquipotentiallinie während der Anpassung an die nur lückenhaft vorhandenen Bildkanten. Diese Eigenschaft kennzeichnet das Verfahren als *zweiten Schritt* bei der Individualisierung einer Organkonturlinie.

Für die weitere Vorgehensweise wird wieder der CT-Datensatz des Modells Laura verwendet, um dieselben Anforderungen wie bei der Segmentierung einer Voxeldarstellung zu haben. Bei dem vorliegenden CT-Datensatz handelt es sich um Grauwerte in einem Bereich von 0-4095 und nicht um Hounsfield-Einheiten. Unter Verwendung eines Anatomieatlanten wurde das Voxelmodell Laura mit der Software Analyze [112] manuell segmentiert. Hierfür wurden die gewünschten Organe nach Grauwertschwellen (Thresholding) gefenstert, um den gewünschten Bereich besser hervortreten zu lassen. Für eine grobe Filterung des gewünschten Bereichs wurden Verfahren wie seeded-region-growing bemüht. Dabei wird mit der Maus ein Pixel markiert und ausgehend von dessen Grauwert wird eine Region umrandet, die ähnliche Grauwerte aufweist. Allerdings liefern diese Methoden keine Abgrenzungslinien zwischen den Organflächen in diesem Gebiet. Aufgrund der ähnlichen Absorptionseigenschaften der inneren Organe, weisen sie ähnliche, teilweise schwer zu trennende Grauwerte im resultierenden Bild auf. Für die Abgrenzung wurden zusätzlich Splines unter Konsultation eines Anatomieatlanten als Abgrenzung platziert, deren Stützpunkte manuell durch Markieren und Verschieben angepasst werden konnten. Bei der Übernahme der Splines in die jeweils nächste Schicht mussten die Stützpunkte erneut an die Bildkanten angepasst werden. Nur durch die geschickte Kombination dieser Techniken konnten die Organe extrahiert werden.

Für eine Segmentierung der Organe soll also eine Anpassung der Äquipotentialmodelle an die CT-Bilddaten vorgenommen werden. Um die Machbarkeit der Methode zu überprüfen, sollen Bildschichten gewählt werden, wo ein überwiegender Teil der Organgrenzen als Bildkante zu detektieren ist.

In Abb. 9.3 sind die aus den Voxeldaten mittels Quellenverteilungen modellierten Organgrenzen von Magen und Harnblase (s. Abschnitte 8.3, S. 85 Magen T250 und 8.3 Blase T185, S. 88). Die Quellpunkte sind in grün und die Äquipotentiallinien in rot dargestellt. Bei dem lilafarbenen Punkt in der Mitte der Organschicht handelt es sich um den Schwerpunkt. Der lilafarbene Punkt auf der roten Äquipotentiallinie stellt den Trägheitsachsen-Schnittpunkt für die Anzeige der Äquipotentiallinie dar. Wie man sieht, sind Magen und Harnblase in dieser Hinsicht keine geeigneten Organe, da es im Falle des Magens kaum möglich ist, Organgrenzen im Datensatz (Abb. 9.3) zu erkennen. Auch anhand der kontrastverstärkten Kantenbilder (Abb. 9.4) ist eine Identifikation der Organgrenzen nicht möglich. Die Harnblase ist im medizinischen Datensatz zwar in Angrenzung an das Fettgewebe zu unterscheiden, zeichnet sich

9 Anpassung des Äquipotentialmodells an den medizinischen Datensatz

aber von der Gebärmutter und den Gedärmen gar nicht ab. Aus diesem Grund ist die manuelle Segmentierung dieser Schichten sehr am Anatomieatlas orientiert und nicht exakt reproduzierbar.

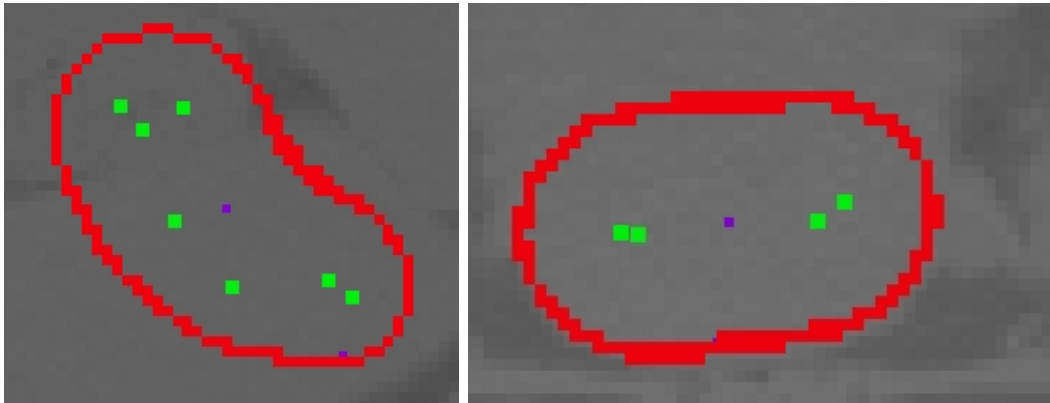


Abb. 9.3: Ausschnitt der Schichten T250 Magen und T185 Blase vor dem Hintergrund der CT-Bilder

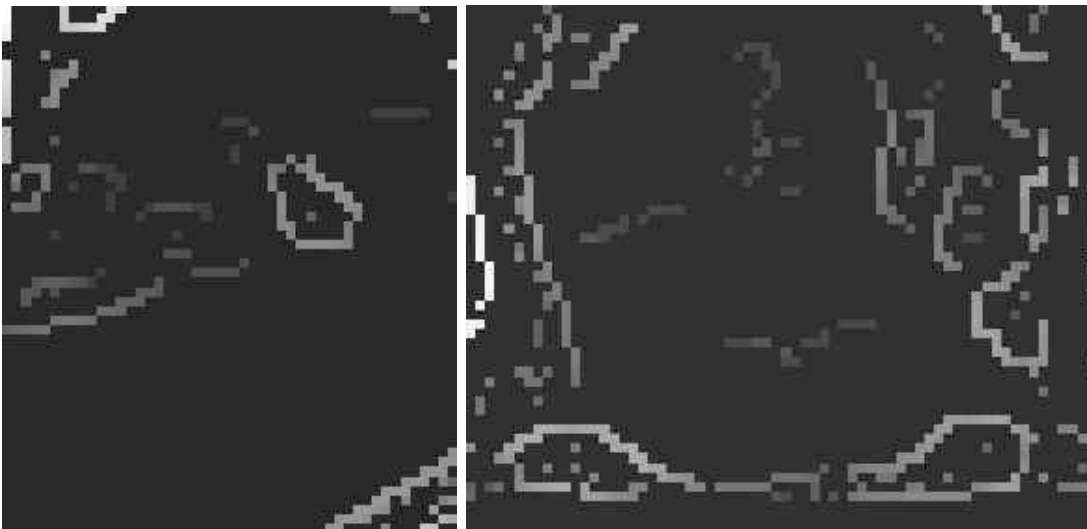


Abb. 9.4: Ausschnitte der kontrastverstärkten Kantenbilder T250 Magen und T185 Blase berechnet nach Gl. (9.5) und (9.6), NMS

Um die Anpassung an den medizinischen Datensatz zu demonstrieren, sollen vielmehr die Bereiche T258-T262 des Herzens und die Schichten 238-236 der Niere bearbeitet werden. Hier sind die Schichten einander ähnlich und weisen keine großen Sprünge und Veränderungen auf. So ist abzuschätzen, dass die Anzahl der Quellen bei der Übernahme der Verteilung in die nächste Schicht nicht verändert werden muss.

Das Herz weist eine Organgrenze zu den Lungen auf, die gut von einem Kantendetektionsalgorithmus detektiert wird. Die Abgrenzung zu den Blutgefäßen und der Muskulatur des Thorax muss dagegen interpoliert werden, hier gibt es keine erkennbaren Bildkanten. Die Quellenverteilung aus der Herzsicht T260 soll daher in die entsprechende CT-Schicht geladen und mit den medizinischen Daten verglichen werden. Auf diese Art ist eine gute Initialisierung des Abgleichs ohne manuelle Interaktion gewährleistet. Danach wird ein Abgleich der Feldlinien anhand der Bildkanten durchgeführt. Es ist interessant zu sehen, ob es eine Optimierung der Verteilung gibt, und in wieweit eine automatische Anpassung des Äquipotentialmodells mit der manuell erstellten Voxelrepräsentation übereinstimmt. Anschließend sollen die darüber und darunter liegenden Schichten analysiert werden, um zu überprüfen, ob es möglich ist, die Quellverteilung der Herzsicht T260 an die Organgrenzen der Schichten T259, T258 und T261, T262 automatisch anzupassen.

Die Niere ist umgeben von Weichteilgewebe und weist als Abgrenzung schwache Kanten auf, die unterbrochen sind. Die Modellierung aus der Schicht T238 soll an die Schichten T237 und T236 angepasst werden. Abschließend werden diese Schichten mit der ursprünglich manuell erstellten Voxelrepräsentation verglichen und die Abweichungen diskutiert.

9.1 Modelltheoretische Grundlagen

9.1.1 Segmentierung durch Überlagerung der Äquipotentialkontur mit den Bildkanten des medizinischen Datensatzes

Zunächst soll auf die modelltheoretischen Grundlagen eingegangen werden, die für einen Abgleich der Feldlinien des Äquipotentialmodells mit den Bildkanten nötig sind. Der Abgleich setzt sich zum Ziel, dass der Anteil eines Quellpunkts an der gemeinsamen Äquipotentiallinie einen möglichst großen Anteil der gegebenen Bildkanten überdeckt, s. Abb. 9.1 und Abb.9.2.

Betrachtet man das Feld der Quellpunkte, wird ersichtlich, dass die Feldlinien radial von einem Quellpunkt wegstreben. Diese Richtung wird durch den Gradienten $\nabla\varphi$ beschrieben. Auch die Kanten im Bild f haben eine Richtung, die der trunkierte Gradient $T(\nabla f)$ des medizinischen Bilddatensatzes beschreibt. Bei den trunkierten Gradienten handelt es sich um das detektierte und nach dem Non-Maximum-Suppression-Prinzip (NMS) ausgegebene Kantenbild, s. 9.1.4. Das Skalarprodukt dieser beiden Gradienten kann daher als Kenngröße dafür verwendet werden, wie gut die Feldlinien der Quellpunkte mit den Normalen der Bildkanten übereinstimmen. Der Abgleich beruht darauf, dass das Skalarprodukt dieser Vektoren maximal wird, wenn sie in die gleiche Richtung zeigen.

9 Anpassung des Äquipotentialmodells an den medizinischen Datensatz

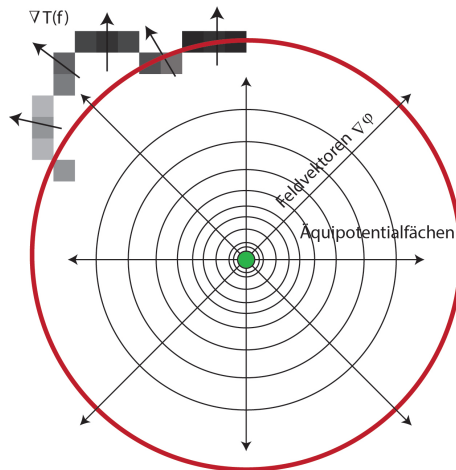


Abb. 9.5: Prinzip des Abgleichs der Äquipotentiallinie (rot) mit den Bildkanten des medizinischen Datensatzes (grau) anhand eines Vergleichs der Richtungsvektoren $T(\nabla f)$ der Bildkanten mit den Feldvektoren $\nabla\varphi$ einer Punktquelle (grün)

Abb. 9.5 verdeutlicht das Prinzip anhand der Richtungsvektoren der Bildkanten und einer Punktquelle mit eingezeichneten Feldvektoren vor und nach dem Abgleich. Zur Aufstellung eines Optimierungskriteriums für alle Punkte x, y eines gegebenen Raumes, hier der ausgewählten CT-Schicht, wird die “Überlappungsmatrix”

$$\mathbf{m}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \frac{|T(\nabla f) \cdot \nabla\varphi|}{|T(\nabla f)| |\nabla\varphi|} \cdot \exp(-\beta(\varphi - \varphi_0)^2). \quad (9.1)$$

eingeführt, die für alle Punkte x, y den Cosinuswert des Winkels zwischen den Gradientenvektoren $T(\nabla f)$ des medizinischen Bilddatensatzes und dem Gradienten $\nabla\varphi$ der gegebenen Quellenverteilung (Abb. 9.6), gewichtet mit dem Faktor $\exp(-\beta(\varphi - \varphi_0)^2)$, beschreibt. Diese Wichtung führt dazu, dass nur die Werte der Überlappungsmatrix an der Stelle der Äquipotentiallinie hervortreten (Abb. 9.7). Die Werte von \mathbf{m} werden im Folgenden als “Überlappungsmatrix” bezeichnet. Dabei ist

$$\begin{array}{ll} f: \text{Bild} & \varphi: \text{Potentialfeld der Schicht} \\ \beta: \text{Parameter} & \varphi_0: \text{Potentiale der Äquipotentiallinie.} \end{array}$$

Im Exponenten stehen der Parameter β , die Potentialmatrix $\varphi(x, y)$ der betrachteten Schicht und der vorgegebene Potentialwert φ_0 der Äquipotentiallinie. An der Stelle der Äquipotentiallinie ergibt sich der Wert 1 für den Exponentialteil des Ausdrucks. Der Parameter β verschiebt die Werte der Überlappungsmatrix auf den Bereich zwischen 0 und 1 und richtet sich in seiner Größenordnung nach der der Potentiale. Die Abbildungen 9.6 und 9.7 zeigen beispielhaft die bildliche Darstellung der einzelnen Terme der “Überlappungsmatrix” nach Gl. (9.1) für eine Quellverteilung des Herzens. Abb. 9.8 stellt die resultierenden Werte der “Überlappungsmatrix” dar. Es handelt sich um die transversale Schicht T260 aus dem CT-Datensatz Laura.



Abb. 9.6: Beispiel für das Skalarprodukt der Schicht T260 nach Gl. (9.1)

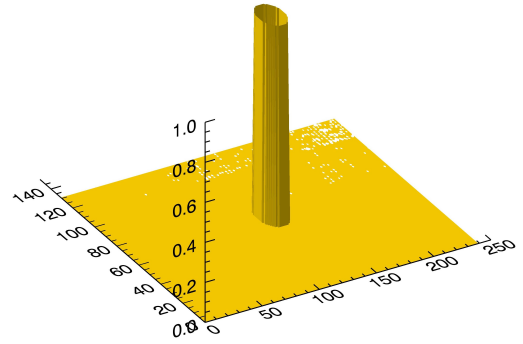


Abb. 9.7: Beispiel für den Exponentialfaktor nach Gl. (9.1) der Schicht T260

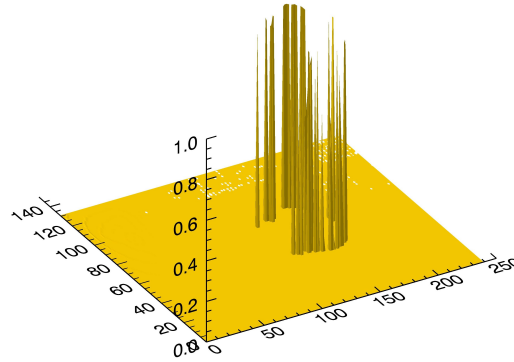


Abb. 9.8: Beispiel für die Werte der Überlappungsmatrix $\mathbf{m}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$ in der Schicht T260

9.1.2 Lageoptimierung der Quellpunkte

Soll sich nun die Organkontur des Modells an die Bildkanten des Datensatzes anpassen, so müssen die Quellpunkte bewegt werden. Dies geschieht, indem der Quellpunkt auf verschiedene Plätze innerhalb eines vorgegebenen Gebiets (Testbereich) gesetzt wird, um zu überprüfen, ob sein Anteil der gemeinsamen Äquipotentiallinie einen größeren Bereich der Bildkanten überdeckt. Als Hilfsmittel für die Formulierung eines Überlappungskriterium dient das “Überlappungsintegral”

$$M = \int \frac{|T(\nabla f) \cdot \nabla \varphi|}{|T(\nabla f)| |\nabla \varphi|} \cdot \exp[-\beta(\varphi - \varphi_0)^2] dvol. \quad (9.2a)$$

und die Vorschrift

$$M = \operatorname{argmax} \int \frac{|T(\nabla f) \cdot \nabla \varphi|}{|T(\nabla f)| |\nabla \varphi|} \cdot \exp[-\beta(\varphi - \varphi_0)^2] dvol. \quad (9.2b)$$

ist das Überlappungskriterium. Das Integrationsvolumen stellt die Voxel der Schichten des CT-Datensatzes dar, die über Länge, Breite und Höhe verfügen. Die Lage der Quellen, die den maximalen Wert für das Überlappungsintegral M ergibt, wird als optimale Quellpunktlage ausgegeben. Quellpunkte, die keine detektierbare Kante

in der Nachbarschaft haben, werden durch diese Methode nicht verschoben. Ihr Anteil der gemeinsamen Äquipotentiallinie stellt eine Überbrückung der fehlenden Abgrenzung des Organs dar.

9.1.3 Berechnung des Feldgradienten

Der Gradient des diskreten Potentialfelds wird über den Differentialquotienten

$$|\nabla\varphi| = \left| \frac{\varphi(x-h) - \varphi(x+h)}{2 \cdot h} \right| \quad (9.3)$$

bestimmt, wobei h das Doppelte der Voxelbreite darstellt.

9.1.4 Kantendetektion im medizinischen Datensatz

Die Kantendetektion basiert auf der Glättung und Gradientenbestimmung des Bildes mit Hilfe einer zweidimensionalen Normalverteilungsdichte:

$$g(i, j) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left(-\left[\frac{i^2 + j^2}{2\sigma^2}\right]\right). \quad (9.4)$$

Dabei ist i der vom jeweiligen Aufpunkt der Glättung aus gerechnete Abstand in x -Richtung, j der Abstand in y -Richtung und σ die eindimensionale Standardabweichung. Der Gradient dieser Funktion hat die Komponenten

$$\frac{\partial g(i, j)}{\partial i} = \frac{i}{2\pi\sigma^4} \exp\left(-\frac{p^2}{2\sigma^2}\right) \quad (9.5)$$

und

$$\frac{\partial g(i, j)}{\partial j} = \frac{j}{2\pi\sigma^4} \exp\left(-\frac{p^2}{2\sigma^2}\right) \quad (9.6)$$

mit

$$p = \sqrt{i^2 + j^2}. \quad (9.7)$$

Durch 2D-Faltung des Bilddatensatzes mit den Funktionen 9.5 und 9.6 in einem quadratischen Gebiet der Größe $2\sigma \cdot 2\sigma$ wird der gleichzeitig geglättete und in Gradienten zerlegte Bilddatensatz erhalten.

Um zu gewährleisten, dass eine Kante nicht mehr als ein Pixel breit ist, werden nur die Maxima entlang einer Kante erhalten, analog dem Canny-Algorithmus [114]. Man geht dabei von dem Bild mit den absoluten Kantenstärken aus, und für jedes Pixel werden die Werte des mit Gl. (9.5) und (9.6) gefilterten Bilddatensatzes mit denjenigen seiner 8 Nachbarn verglichen. Nur entlang der berechneten Kantenrichtung darf sich ein höherer Wert ergeben, ansonsten werden die anderen Werte auf Null gesetzt (non maximum suppression (NMS)). Dies stellt eine "Trunkierung" $T(\nabla f)$ des Kantenbildes ∇f dar.

Der Algorithmus nach Gl. (9.5) - (9.6) wurde in der Arbeitsgruppe AMSD - Abteilung für Strahlenphysik und Diagnostik bereits angewendet [115] und ist für die vorliegende Arbeit in das Projekt implementiert und angepasst worden. Abb. 9.9 links zeigt beispielhaft das Ergebnis dieser Kantenermittlung für $\sigma = 5$. In Abb.9.9 rechts sind die Richtungen der zugehörigen Gradienten $T(\nabla f)$ dargestellt.

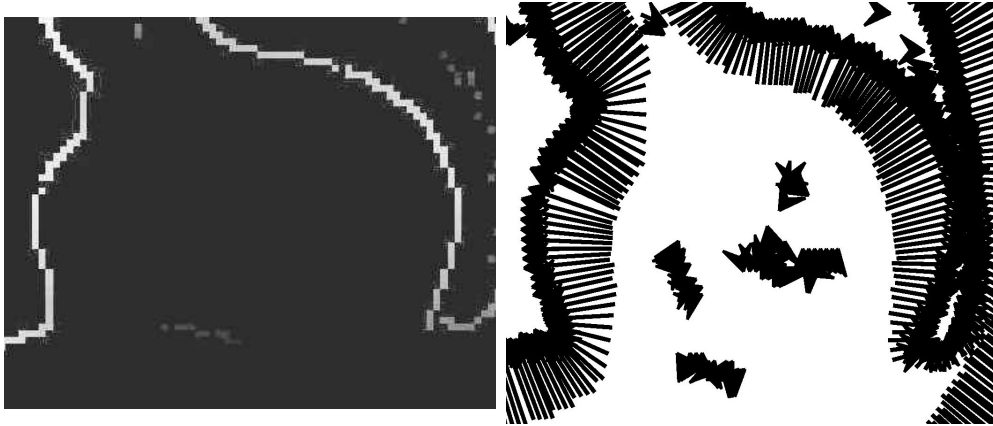


Abb. 9.9: links : Kantenbild des Herzbereich der Schicht T260 gemäß Gl. (9.5) und (9.6), $\sigma = 5$, NMS, rechts: Darstellung der Gradientenvektoren von $T(\nabla f)$

9.1.5 Experimentelle Lageoptimierung eines manuell platzierten Quellpunktes

Ein grundsätzliches Problem der Kantendetektion in medizinischen Datensätzen ist die Entscheidung, welche Kanten für die Fragestellung relevant sind. In einer Schicht werden sehr viele, u.U. mehrere Tausend, Kanten detektiert, deren Informationsgehalt für die spezielle Fragestellung oft nicht mit der Stärke ihrer Grauwerte korreliert. Im Falle der medizinischen Bildgebung besteht auch die Frage, zu welchem Organ die Kante gehört. Für einzelne Organe ist diese Frage sicher unterschiedlich zu beantworten. Für die Knochen sind die gut detektierbaren Kanten im CT zu der Struktur Knochen zu zählen. Für die Abgrenzung der Lunge sind diese Kanten relevant, gehören aber nicht zum Lungengewebe. Um die Wahrscheinlichkeit zu minimieren, nicht zum Organ gehörige Kanten zu betrachten, wurde der Bewegungsrahmen der einzelnen Quellen auf ein bestimmtes Gebiet beschränkt

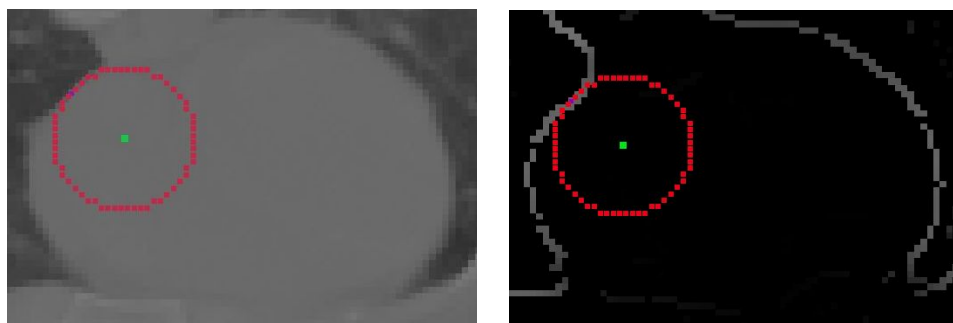


Abb. 9.10: Virtueller Quellpunkt in CT-Schicht T260, Überlappungsintegral $M=4,96$, links: CT-Bild. rechts: Kantenbild gem. Gl. (9.5) und (9.6), $\sigma = 3$, NMS

Um einen ersten Test durchführen zu können, wird ein einzelner Quellpunkt in einer Herzschicht betrachtet. Im oberen Teil des Bildes (Abb.9.10) grenzt sich das Herz deutlich von der Lunge ab. Per Mausclick wurde ein Punkt auf dem Organrand markiert und die Äquipotentiallinie berechnet. Man sieht allerdings, dass sich nur ein relativ geringer Teil des Potentials mit dem Organrand überlappt.

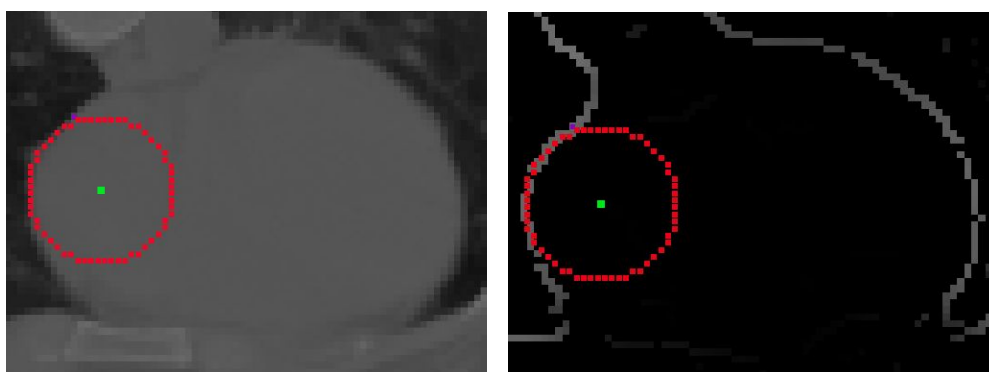


Abb. 9.11: Kantenbilder von T260 mit Quellpunkt nach Optimierung, Überlappungsintegral $M=10,7$, links: CT-Bild. rechts: Kantenbild gem. Gl. (9.5) und (9.6), $\sigma = 3$, NMS

Nach dem Abgleich und der Anzeige der Äquipotentiallinie an derselben Stelle wird deutlich, dass die Äquipotentiallinie einen größeren Bereich des Organrandes überdeckt.

9.2 Verfeinerung des Platzierungsalgorithmus - Beschränkung auf die Quellpunkte mit Kantengradienten in der Nähe

Zuerst sollen die Quellpunkte bestimmen werden, deren Lagenveränderung eine Optimierung des Überlappungsintegrals von Äquipotentiallinie und Bildkanten (Gl. (9.2b)) zur Folge hätte. Es handelt sich hier zwangsläufig um die Quellen, deren Anteil an der Äquipotentiallinie nicht auf einer Bildkante liegt, sondern in deren näheren Um-

gebung. Nähere Umgebung ist dabei der Bereich von ± 3 bis 5 Voxeln zu je 1.875 mm und stellt einen Erfahrungswert dar, der bei Bedarf angepasst werden kann. Die Größe des Gebiets, auf dem der Quellpunkt verschoben wird, richtet sich nach diesem Kriterium und damit auch der Rechenaufwand. Für die betrachteten Organe wurden diese Bereiche als ausreichend eingestuft. Ein zu großer Bereich ist nicht empfehlenswert, da u. U. sehr viele Kanten detektiert werden und die Quellpunkte an ihren nahegelegenen Kanten ausgerichtet werden sollen. Es ist wahrscheinlicher, dass diese noch zu dem gewünschten Organ gehören. Für das angegebene Beispiel sind fast alle Quellpunkte zu verschieben.

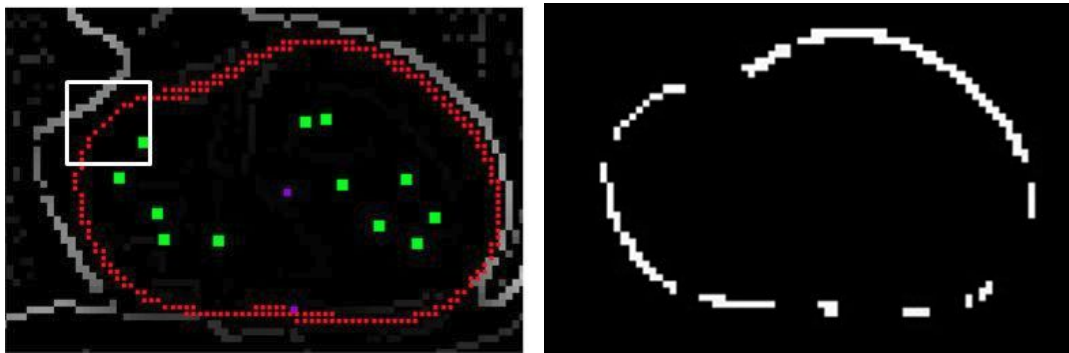


Abb. 9.12: Bereiche der Äquipotentiallinie für CT 259 Herz, in deren Nähe sich Kanten befinden. Stückweise Kantendetektion $T(\nabla f)$ gem. Gl. (9.5) und (9.6)

9.3 Größe des Optimierungsgebiets

Die ermittelten Quellpunkte werden nun innerhalb des Gebiets nacheinander auf jeden Platz gesetzt und die resultierende Äquipotentiallinie wird auf ein verbessertes Überlappungsintegral nach Formel (9.2b) getestet. Gibt es keine Bildkanten in der Nähe des Äquipotentialanteils, so wird der Quellpunkt auf dem ursprünglichen Platz belassen. Dieses Gebiet umfasst den rechteckigen Bereich von ± 3 oder 5 Voxelschrittwerten in x und y Richtung der Ausgangskordinaten. In der Skizze 9.13 wird beispielhaft ein Quellpunkt (grün) auf zwei Stellen innerhalb diesen Gebiets gesetzt, an denen jeweils der Wert des Überlappungsintegrals berechnet werden würde. Die Auswahl der Nachbarschaftsgröße wird momentan manuell festgelegt.

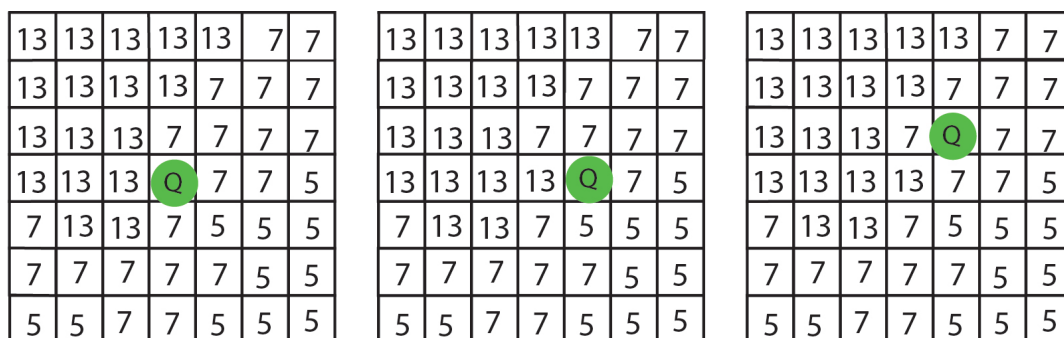


Abb. 9.13: Skizze zur Lageoptimierung des Quellpunkts(grün)

Eine automatisch funktionierende Logik-Prozedur, die eine Vorauswahl von relevanten Kanten vorschlägt, führte bislang nicht zu einem sinnvollen Ergebnis. Bei einer entsprechenden Fragestellung, d.h. häufige Auffindung eines Zielorgans, wäre der Aufwand gerechtfertigt, dies näher zu bestimmen.

9.4 Globale Skalierungsmöglichkeit

Für eine Vergrößerung oder Verkleinerung der gesamten Äquipotentiallinie muss ein Variationsbereich für den Wert φ_0 der Äquipotentiallinie durchgespielt werden. Für die entsprechende Modellierung wurde das Potential an dem Schnittpunkt zwischen Trägheitsachse und Organrand berechnet und mit dem Rest des Potentialfelds verglichen. Um eine globale Skalierung zu ermöglichen, wird auf der Trägheitsachse derjenige Punkt bestimmt, für den es eine maximale Überlappung der Äquipotentiallinie mit dem Bildkanten gibt. Es ist davon auszugehen, dass der neue Punkt nicht sehr weit vom Schnittpunkt der Trägheitsachse mit dem Organrand der Modellierung entfernt ist. Wird der Bereich zu groß gewählt, werden Kanten für den Abgleich herangezogen, die nicht mehr zu dem betrachteten Organ gehören.

Der Punkt (P_x, P_y) wird im Bereich von ± 3 Voxeln um den bisherigen Bestimmungspunkt (S_x, S_y) auf der Geraden der Trägheitsachse bestimmt.

$$\begin{pmatrix} P_x \\ P_y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} S_x \\ S_y \end{pmatrix} + \frac{\lambda}{\sqrt{(B_x - S_x)^2 + (B_y - S_y)^2}} \begin{pmatrix} B_x - S_x \\ B_y - S_y \end{pmatrix} \quad (9.8)$$

(B_x, B_y) : Schwerpunkt, λ : Geradenparameter
 (S_x, S_y) : Schnittpunkt der Trägheitsachse mit dem Organrand

Der Einsatz dieser Möglichkeit ist nur bedingt sinnvoll, da bei der Übernahme einer Quellenverteilung in angrenzende Schichten oft nur ein Teil der Quellen anzupassen ist, also nur ein Teil der Äquipotentiale, nicht die komplette Äquipotentiallinie.

10 Ergebnisse und Diskussion der Organsegmentierung

Bei dem vorliegenden CT-Datensatz handelt es sich um Grauwerte in einem Bereich von 0-4095 und nicht um Hounsfield-Einheiten. Unter Verwendung eines Anatomieatlanten wurde das Voxelmodell “Laura” mit der Software Analyze [112] manuell segmentiert, da nicht alle gewünschten Organe im CT-Bild erkennbar waren. Diese manuelle Segmentierung lieferte die Initialisierungsdaten für die individuelle Anpassung der Äquipotentiallinie an die “Bildkanten”.

Zur Initialisierung wurde die bereits bestimmten Modell-Quellenverteilungen der Herzschicht T260 und der Niere T2378 in die entsprechenden Schichten des CT-Datensatzes eingelesen. Damit entfiel die manuelle Initialisierung der Startposition der Modell-Quellenverteilungen für den Abgleich.

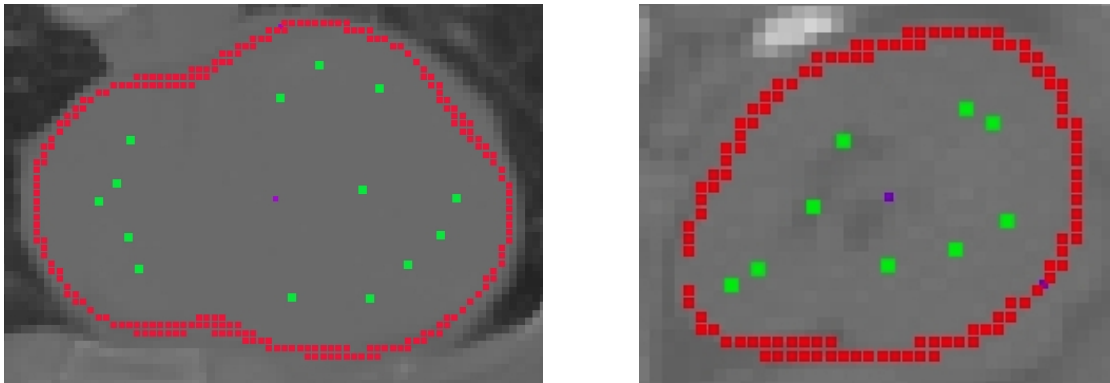


Abb. 10.1: Modell-Quellenverteilung für CT 260 Herz (links), $M_{Herz} = 212,7$ bei $\sigma_{T260} = 2$, und CT 238 Niere (rechts), $M_{Niere} = 771,2$ bei $\sigma_{T238} = 2$

Eine manuelle Segmentierung umfasst immer individuelle Komponenten, die auch die Interpretation der Bildkanten betreffen. Wie Abb. 10.1 links zeigt, ist die modellierte Kontur etwas kleiner als der sichtbare Grauwertbereich des Organs. Für den unteren, rechten Bereich der Niere ist unklar, ob dieses Gebiet noch zur Niere gehört oder nicht (Abb. 10.1 rechts). Bei einer manuellen Segmentierung wird die Organgrenze in Anlehnung an den Anatomieatlas eingezeichnet. Besonders in diesen Bereichen sind Unterschiede zum automatischen Segmentierungsvorschlag zu erwarten.

Abschließend soll der durch die Äquipotentiallinie automatisch abgegrenzte, also segmentierte Organbereich mit der ursprünglichen manuellen Segmentierung verglichen werden. Dafür sollen vergleichsweise wieder die Parameter s. Abs. 7.4.2 Überlappungsdifferenz U und Abstand a der Schwerpunkte herangezogen werden.

Alle Bilder in diesem Kapitel sind kontrastverstärkt dargestellt.

10.1 Anpassung der Quellenverteilung der Herzsicht T260 in den Schichten T257-T262

Obwohl sich das Herz im CT-Bild klar von den Lungen abhebt, ist die Bildkante nicht scharf, sondern erstreckt sich über einen Bereich von mehreren Voxeln mit unterschiedlichen Grauwerten. Hier stellt sich die Frage, wo die Abgrenzung zwischen den Organen liegt, und es ergibt sich ein Unterschied zwischen der menschlichen Interpretation und den vom Kantendetektionsalgorithmus gefundenen Bildkanten.



Abb. 10.2: vergrößerter Ausschnitt des Herzrandes T260

Abb. 10.2 zeigt einen vergrößerten Ausschnitt des Herzrands, und es wird ersichtlich, dass es einen Übergangsbereich an Grauwerten zwischen dem Organinneren und dem ganz schwarzen Lungenbereich gibt. Für die manuelle Segmentierung wurde der zum Organinneren hin gelegene Beginn des verwaschenen Bereichs interpretiert. Demgegenüber werden im Kantendetektionsalgorithmus nach Gl. (9.5), Gl. (9.6) und Non Maximum Suppression (NMS), die Kanten in dem äußeren Bereich detektiert (Abb.10.3 - 10.25).

Zwischen der Aorta und dem Herz sowie der Brustmuskulatur und dem Herz ist kaum eine Bildkante zu erkennen (Abb 10.3 und 10.5). Wie gut sich diese bei einer manuellen Segmentierung berücksichtigen lässt, ist auch abhängig von dem zur Verfügung stehenden Kantendetektionsalgorithmus. Der Datensatz "Laura" wurde mit der Software "Analyse" manuell segmentiert und nicht mit den hier vorgestellten Methoden bearbeitet. Es ist also interessant zu sehen, wie der Abgleichalgorithmus nach Gl. (9.2b)

die korrespondierende Organabgrenzung im CT anhand der Bildkanten und der erstellten Modell-Quellenverteilung vorschlägt. Die erstellte Modell-Quellenverteilung M260 (Tab. 10.1) des Herzens soll dafür als erste Näherung in die entsprechende CT-Schicht eingelesen und abgeglichen werden.

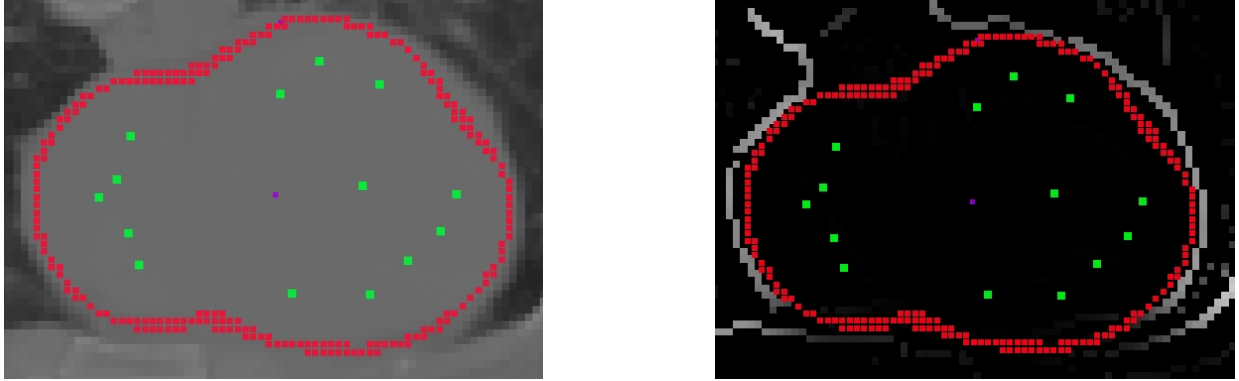


Abb. 10.3: T260 CT-Schicht (links) und detektierte Kanten (rechts) $T(\nabla f), \sigma = 2$, mit Quellenverteilung M260, Überlappungsintegral $M=212,7$, Potential $\varphi_0=5,36$, Schwerpunkt B (lila)

Das Überlappungsintegral für diese Quellenverteilung beträgt zunächst $M=212,7$ (Abb.10.3).

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
145.00	51.54	0.01133
155.00	51.51	0.01129
159.95	55.76	0.01516
164.20	59.68	0.01609
166.21	64.41	0.01243
154.12	65.48	0.03287
156.23	78.58	0.01135
148.50	81.50	0.01010
143.42	77.34	0.01531
124.09	71.89	0.01359
122.44	66.34	0.01869
120.00	64.01	0.01553
123.93	59.34	0.01986
125.29	55.24	0.01542

Tab. 10.1: Koordinaten der Quellenverteilung M260

Da die äußere Form des Modells und des erkennbaren Grauwertbereichs sehr ähnlich sind, soll anhand der globalen Skalierung nach Abs. 9.4 ein Abgleich der Feldlinien mit den Bildkanten erfolgen. Die Potentiale auf der Trägheitsachse werden auf Maximierung des Überlappungsintegrals getestet. Die gesamte Äquipotentiallinie

bewegt sich dabei vom Schwerpunkt weg hin zu einem niedrigeren Wert von $\varphi_0=4,86$. Die Koordinaten der Quellen werden nicht verändert und sind der Tabelle 10.1 zu entnehmen. Der Wert für das Überlappungsintegral nach dieser Skalierung ist nunmehr $M=271$.

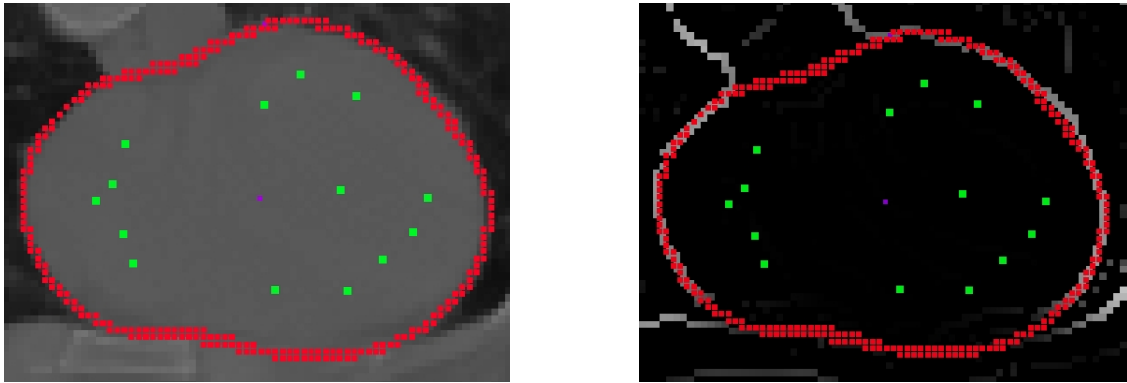


Abb. 10.4: Globale Skalierung der Quellenverteilung M260 mit den Bildkanten in T260, Überlappungsintegral $M=271$, $\varphi_0=4,86$, Schwerpunkt B (lila)

Führt man eine Optimierung anhand des Überlappungsintegrals zwischen Äquipotentiallinie und Bildkanten durch, muss sich zwangsläufig eine andere Verteilung ergeben (Abb. 10.5). Hier beträgt das Überlappungsintegral $M=276,9$. Hier kommen die feinen Kanten zwischen dem Blut (der Aorta und in den Herzkammern) und dem Herzmuskelbereich zur Geltung, die bei einer globalen Skalierung (Abs. 9.4) nicht derartig Beachtung finden. Allerdings wird die Äquipotentiallinie im unteren linken Bildbereich eher von den Kanten zwischen Blut und Herzwand statt denen zur Lunge angezogen.

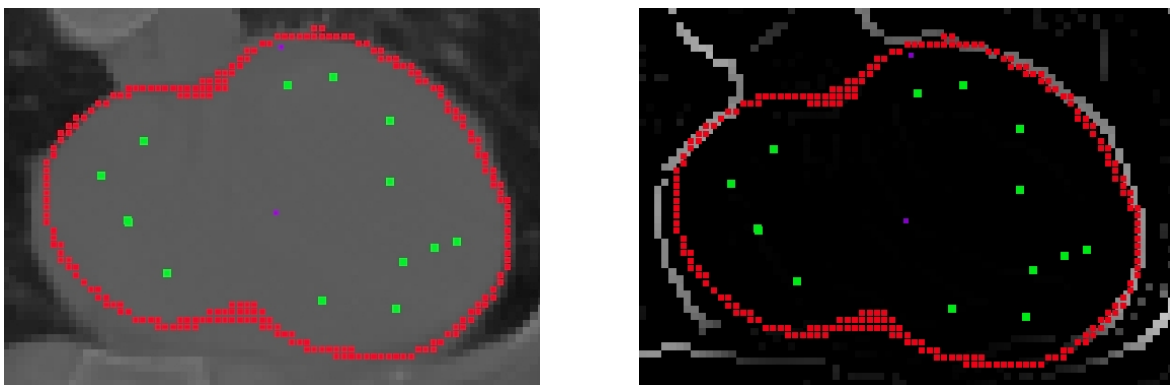


Abb. 10.5: Abgleich der Quellenverteilung M260 mit den Bildkanten ($T(\nabla f)$ mit $\sigma = 2$) in der Herzschrift T260, Überlappungsintegral $M=276,9$, $\varphi_0=4,86$, Schwerpunkt B (lila)

Wählt man den Parameter $\sigma = 3$ für die Kantendetektion $T(\nabla f)$ nach Gl.(9.5) und (9.6), ergibt sich ein Wert des Überlappungsintegral für die Ausgangs-Quellenverteilung von nur $M=158,86$. Der Wert des Überlappungsintegrals ist abhängig von den detektierten Kanten, was durch den Parameter σ in Gl.(9.5) und (9.6)

beeinflusst wird. Je größer σ gewählt wird, desto weniger Kantenpixel werden ausgegeben. Nach einem Abgleich beträgt der Wert für das Überlappungsintegral $M=253,6$. Im Bereich nahe der Aorta wird die Äquipotentiallinie eher von der Grenze zwischen dem Herzblut des Vorhofes und Herzwand angezogen. Die Außenkontur wird allerdings zur Lunge hin besser nachgebildet. Hier ergeben sich neue Ansätze für die Zukunft, s. Ausblick 12, um den Unterschied des automatischen Segmentierungsvorschlages zur manuellen Segmentierung zu minimieren. Aus zeitlichen Gründen konnte diesem nicht mehr nachgegangen werden.

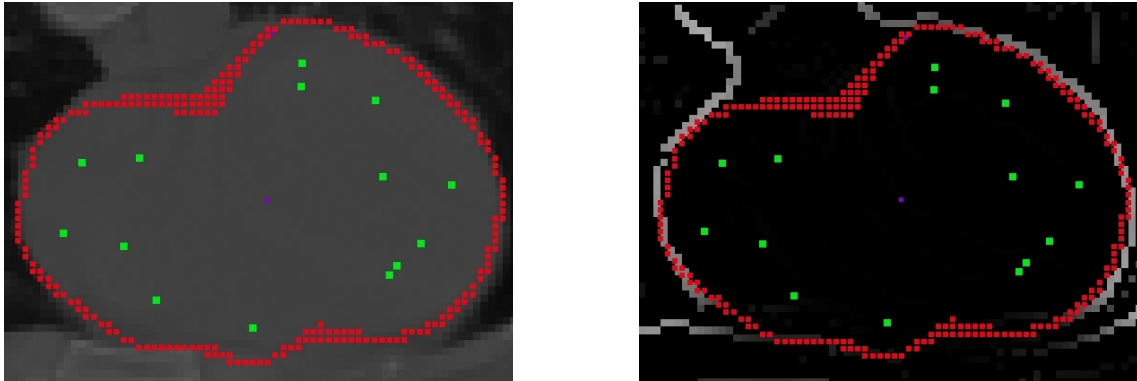


Abb. 10.6: Abgleich der Quellenverteilung M260 mit den Bildkanten ($T(\nabla f)$ mit $\sigma = 3$) in T260, Überlappungsintegral $M=253,6$, $\varphi_0=5,36$, Schwerpunkt B (lila)

Für das weitere Vorgehen für die Segmentierung der Organgrenzen aus den in z-Richtung benachbarten Schichten sollen die automatisch ermittelten Kanten $T(\nabla f)$ $\sigma = 2$ ermittelt werden, damit bei der Bestimmung des Überlappungsintegrals mit der Äquipotentiallinie auch die schwachen Kanten erfasst werden können, die anderenfalls von der Kantendetektion unterdrückt werden würden. Der Bereich der Äquipotentiallinie soll als zum Organ zugehörig gelten. Für die Herzschnitte wurde ein Testbereich von 5×5 Voxel und der Parameter $\beta = 1$ für Gl.(9.2b) verwendet.

Herz T261

In die Schicht T261 wurde die Modell-Quellenverteilung M260 eingelesen und der Abgleich der Feldlinien mit den Bildkanten bei allen Quellen durchgeführt. Die Modellverteilung M260 führte zu einem besserem Ergebnis, als die angepasste Quellenverteilung. Das Herz ist in dieser Schicht etwas kleiner als in T260. Die Ursache hierfür ist, dass es sich um eine Kantenanpassung und nicht um eine Anpassung an die im CT-Bild sichtbaren äußeren Grenzen des hellen Grauwertbereiches handelt.

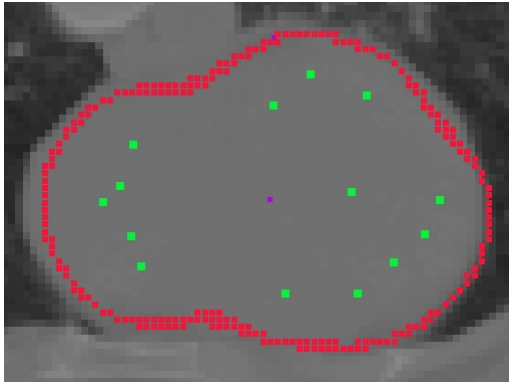


Abb. 10.7: Modell-Quellenverteilung
M 260 in Herzschnitt T261,
M=220,9

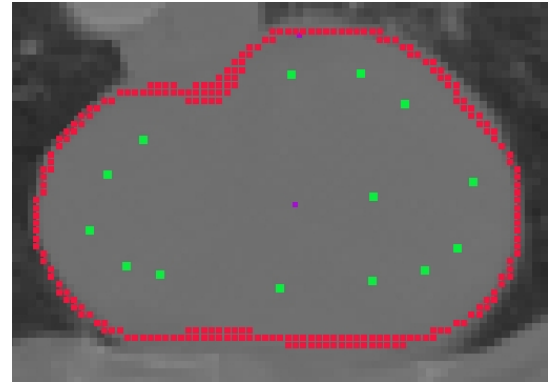


Abb. 10.8: Optimierte Quellenverteilung
in Herzschnitt T261,
M=269,2

Auf der linken Seite ist die Schicht T261 mit der Modell-Quellenverteilung M260 dargestellt (Abb.10.7), auf der rechten die optimierte Version (Abb.10.8). Die Äquipotentiallinie überdeckt sich mit dem sichtbaren Organbereichsrand, ohne in die Aorta einzuschneiden. Im unteren Bereich werden die Quellen im Vergleich zur Modellverteilung nach oben verschoben. Die sehr schwachen, aber vom Algorithmus detektierbaren Kanten (Abb. 10.9) werden bei dem Abgleich berücksichtigt.

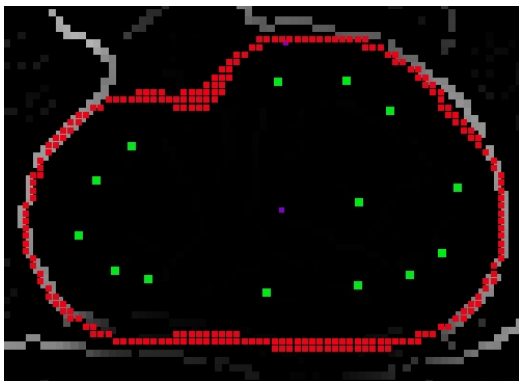


Abb. 10.9: Kantenbild Herz T261 mit
optimierter Quellenverteilung

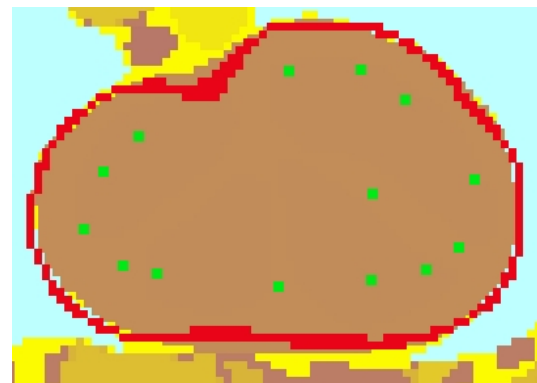


Abb. 10.10: T261 Herz Äquipotentiallinie
und manuelle Segmentierung, $U=0,02$, $a=0,47$

Bei der globalen Skalierung (s. Abschnitt 9.4) werden diese schwachen Kanten übergangen und müssten anschließend lokal korrigiert werden. Aus diesem Grund wurde nur eine Korrektur der Quellen anhand der Feldlinien vorgenommen.

Für den Vergleich der durch die angepasste Quellenverteilung modellierten Organfläche mit der manuellen Segmentierung wurde auch der Wert der Überlappungsdifferenz U nach Abs. 7.4.2 bestimmt. Die Überlappungsdifferenz mit der manuell segmentierten Organfläche beträgt $U=0,02$ und der Abstand der Schwerpunkte $a=0,47$.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
141.00	53.54	0.01133
153.00	54.51	0.01129
159.95	55.76	0.01516
164.20	58.68	0.01609
166.21	67.41	0.01243
153.12	65.48	0.03287
157.23	77.58	0.01135
151.50	81.50	0.01010
142.42	81.34	0.01531
123.09	72.89	0.01359
118.44	68.34	0.01869
116.00	61.01	0.01553
120.93	56.34	0.01986
125.29	55.24	0.01542

Tab. 10.2: Koordinaten der Quellenverteilung nach dem Abgleich in T261, Potential $\varphi_0 = 5,36$, $M = 269,2$

Herz T262

Für den Vergleich mit der manuellen Segmentierung wurde auch hier der Wert der Überlappungsdifferenz U nach Abs. 7.4.2 bestimmt. Der Wert für die Überlappungsdifferenz der durch die angepasste Modell-Quellenverteilung modellierten Organfläche mit der manuell erstellten Schicht beträgt $U = 0,03$, und der Abstand der Schwerpunkte ist $a = 0,55$.

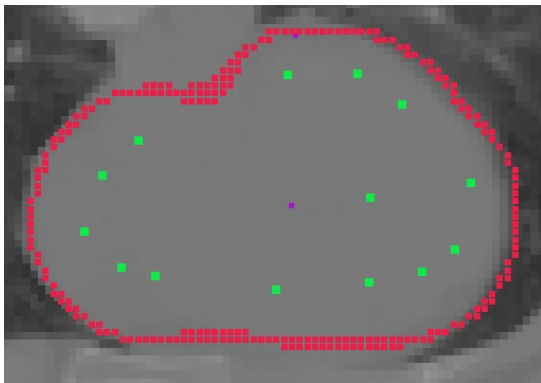


Abb. 10.11: Quellenverteilung von T261 in Schicht T262, $M = 219,3$

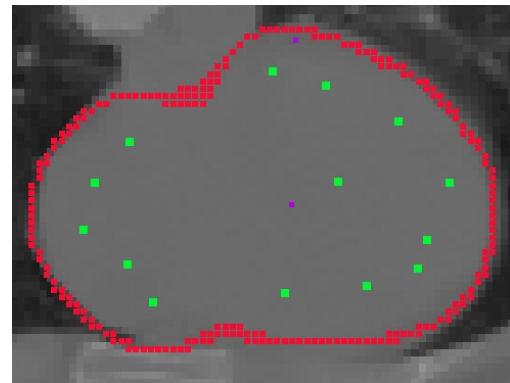


Abb. 10.12: Optimierte Quellenverteilung in Schicht T262, $M = 298,97$

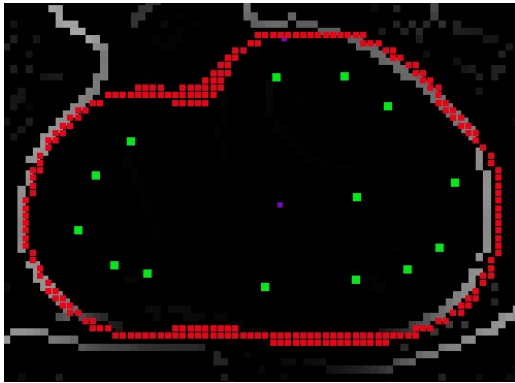


Abb. 10.13: Kantenbild T262 mit optimierter Quellenverteilung

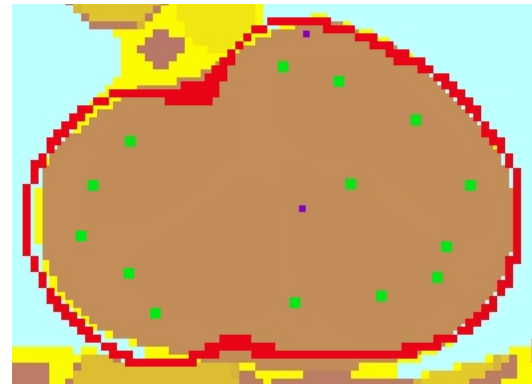


Abb. 10.14: T262 Herz Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung, $U=0,03$, $a=0,55$

Da eine Quelle nach unten verschoben wird, liegt die Äquipotentiallinie sehr nah am Sternum. In diesem Bereich liefert die Überlappungsdifferenz einen höheren Wert für diese Bildkante.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
142.00	52.54	0.01133
153.00	53.51	0.01129
159.95	55.76	0.01516
161.20	59.68	0.01609
164.21	67.41	0.01243
149.12	67.48	0.03287
157.23	75.58	0.01135
147.50	80.50	0.01010
140.42	82.34	0.01531
121.09	72.89	0.01359
116.44	67.34	0.01869
115.00	61.01	0.01553
120.93	56.34	0.01986
124.29	51.24	0.01542

Tab. 10.3: Koordinaten der Quellenverteilung nach dem Abgleich in T262, Potential $\varphi_0= 5,36$, $M=298,97$

Herz T259

Um die Schichten T259 und T258 analysieren zu können, wurde die Modellverteilung M260 in die Schicht T259 eingelesen (Abb.10.15) und an den Feldlinien ausgerichtet (Abb.10.16). Besonders im rechten Bereich des Herzens ist die Neuausrichtung der Quellen vonnöten. Der Wert für das Überlappungsintegral beträgt vor dem Abgleich $M=151,8$ und danach $M=273,7$.

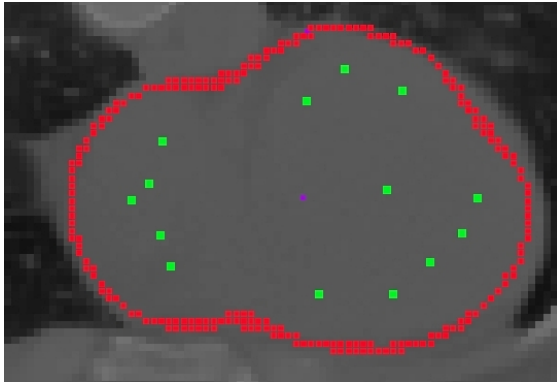


Abb. 10.15: Modell-Quellenverteilung
M260 in CT-Herzschicht
T259, $M=203,9$

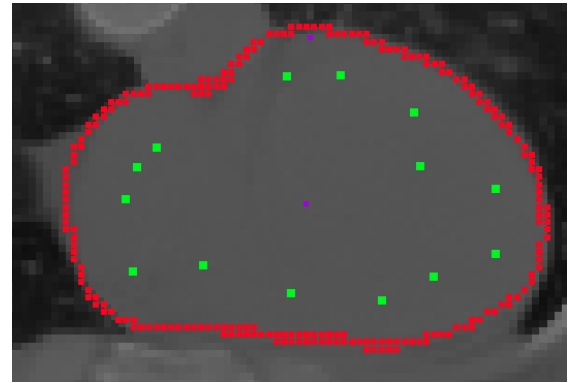


Abb. 10.16: Optimierte Quellenverteilung
in CT-Herzschicht
T259, $M=273,7$

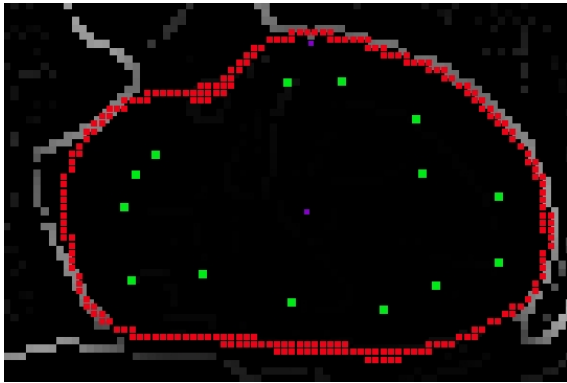


Abb. 10.17: Kantenbild T259 mit optimierter
Quellenverteilung

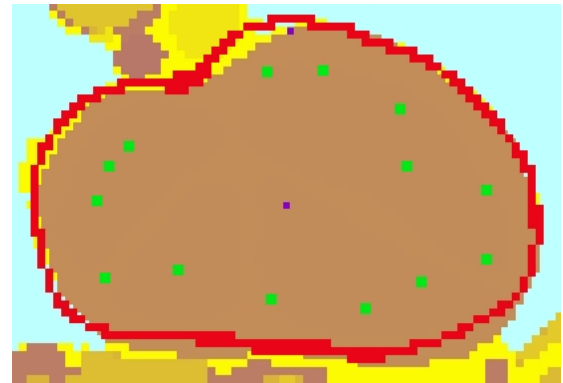


Abb. 10.18: Äquipotentiallinie und
manuelle Segmentierung
für Herz (braun) T259,
 $U=0,03$, $a=1,54$

Auf der linken Seite von Abb.10.17 befindet sich eine Struktur, die bei der manuellen Segmentierung als nicht zum Herzen gehörig angesehen wurde. Es kann sich z.B. um einen Bewegungsartefakt handeln. Hier fließt das Wissen der bearbeitenden Person über die Organform und mögliche Fehlerquellen in der Bildgebung ein. Da die Struktur außerhalb des Testgebiets für die naheliegenden Quellen liegt, wurde sie auch in der automatischen Anpassung nicht nachgebildet. Auf der rechten Seite wurden die Organ Grenzen zur Lunge gut mit der Äquipotentiallinie abgedeckt. Im unteren Bereich, in dem es keine starken Kanten gibt, besteht die größte Abweichung. Die Parameter zur manuellen Segmentierung betragen Überlappungsdifferenz $U=0,03$ und Abstand $a=1,54$.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
141.00	52.54	0.01133
153.00	51.51	0.01129
159.95	54.76	0.01516
168.20	57.68	0.01609
168.21	66.41	0.01243
158.12	69.48	0.03287
157.23	76.58	0.01135
147.50	81.50	0.01010
140.42	81.34	0.01531
123.09	71.89	0.01359
120.44	69.34	0.01869
119.00	65.01	0.01553
119.93	55.34	0.01986
129.29	56.24	0.01542

Tab. 10.4: Koordinaten der Quellenverteilung nach dem Abgleich in T259, Potential $\varphi_0=5,36$, $M=273,7$

Herz T258

Die optimierte Quellenverteilung aus T259 wurde in die Schicht T258 übernommen (Abb.10.19). Die Äquipotentiallinie überstreicht die Lunge im oberen Bereich neben dem Grauwertbereich des Herzens.

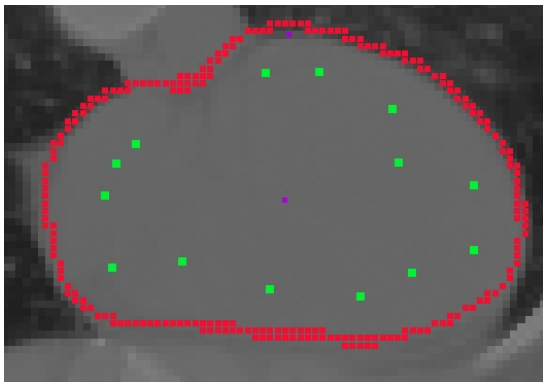


Abb. 10.19: Schicht T258 mit Quellenverteilung von T259, $M=231,8$

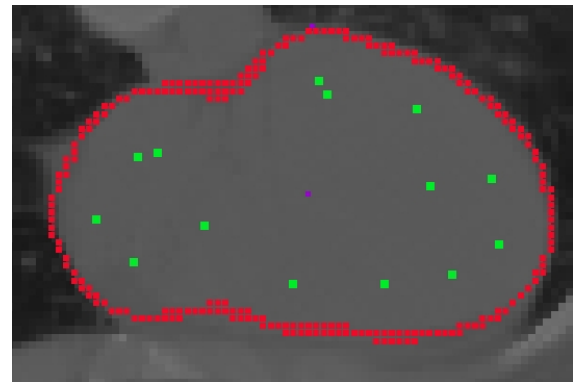


Abb. 10.20: Optimierte Quellenverteilung in Schicht T258, $M=297,7$

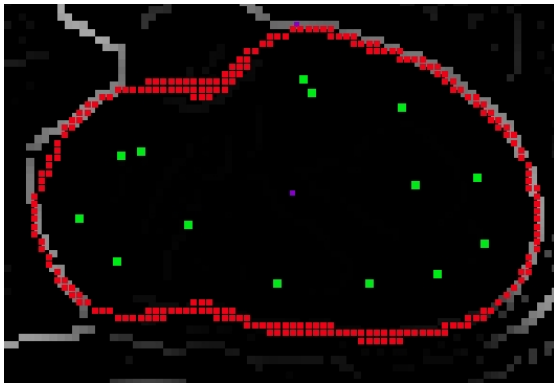


Abb. 10.21: Kantenbild T258 mit optimierter Quellenverteilung



Abb. 10.22: Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung für Herz (braun) T258, $U=0,03$, $a=1,09$

Nach der Ausrichtung (Abb.10.20) wird der Bereich der Blutgefäße nicht mehr so stark überstrichen, und die Äquipotentiallinie befindet sich auf dem sichtbaren Organbereich des Herzens. Auch hier befindet sich auf der rechten Seite noch ein Ausläufer der Struktur, die als nicht zum Herzen zugehörig klassifiziert wurde. Die Anpassung übergeht die Struktur und schlägt eine glatte Organgrenze vor. Im unteren Bereich wurden der Herzbereich bei der manuellen Analyse größer aufgefasst. In diesem Bereich werden sehr schwache Kanten vom Algorithmus detektiert, die für das menschliche Auge nur bei geeigneter Filterung offensichtlich werden. Die Parameter zum Vergleich der hier modellierten Organschicht zur manuellen Segmentierung betragen Überlappungsdifferenz $U=0,03$ und Abstand a der Schwerpunkte $a=1,09$.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
141.00	52.54	0.01133
153.00	52.51	0.01129
161.95	53.76	0.01516
168.20	57.68	0.01609
167.21	66.41	0.01243
159.12	65.48	0.03287
157.23	75.58	0.01135
145.50	77.50	0.01010
144.42	79.34	0.01531
123.09	69.89	0.01359
120.44	69.34	0.01869
115.00	61.01	0.01553
119.93	55.34	0.01986
129.29	60.24	0.01542

Tab. 10.5: Koordinaten der Quellenverteilung nach dem Abgleich in Herzschicht T258, Potential $\varphi_0= 5.36$

Herz T257

Die optimierte Quellenverteilung aus T258 wurde in T257 übernommen (Abb. 10.23). Wieder wird im oberen Teil die Lunge überstrichen. In dieser Schicht beginnt im Patienten bereits das Abdomen und auf der linken Seite schließen sich das Diaphragma und die Leber an. Das Diaphragma wurde für "Laura" nicht segmentiert, da es im CT nicht erkennbar ist. Der linke Bereich wurde als Leber klassifiziert. Hier wäre eine Nichtabgrenzung im Organmodell falsch, obwohl sich die Grauwerte der unterschiedlichen Organe kaum unterscheiden.

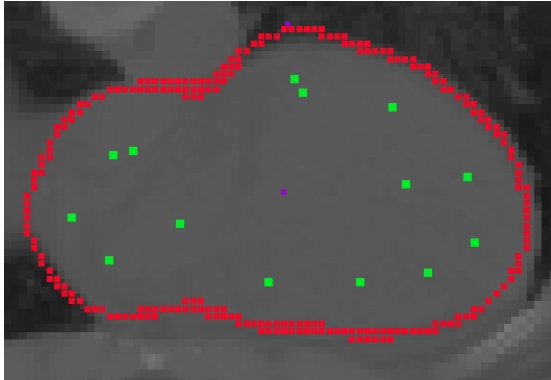


Abb. 10.23: Schicht 257 mit Quellenverteilung von T258, $M=252,9$

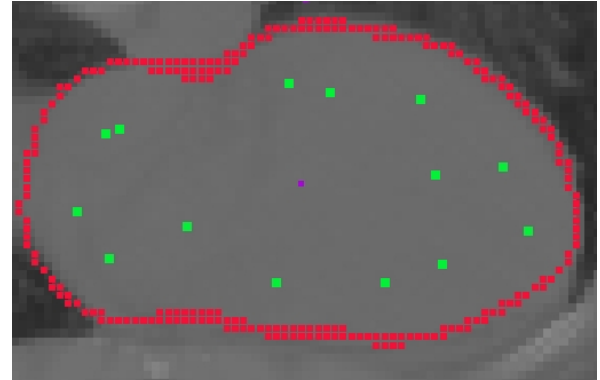


Abb. 10.24: Optimierte Quellenverteilung in CT-Herzschicht T257, $M=289,5$

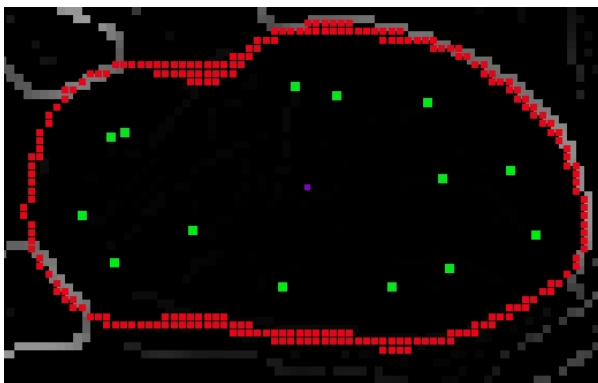


Abb. 10.25: Kantenbild in Herz T257 mit optimierter Quellenverteilung



Abb. 10.26: Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung für Herz (braun) T257, $U = 0,04$, $a = 1,59$

Nach dem Abgleich bleibt die Organabgrenzung bestehen, und die großen Blutgefäße werden nicht eingeschnitten. Die Abgrenzung der Lunge ist ebenfalls vorhanden. Im unteren Bereich ist fraglich, ob die Quellen von den Kanten der Herzwand, wie gewünscht, oder denen des Herzinhalts, also des Blutes, angezogen worden sind. Die manuelle Segmentierung verläuft in diesem Bereich tiefer. Die Vergleichsparameter zur manuellen Segmentierung betragen $U = 0,04$ und $a = 1,59$.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
140.00	52.54	0.01133
153.00	52.51	0.01129
159.95	54.76	0.01516
170.20	58.68	0.01609
167.21	66.41	0.01243
159.12	65.48	0.03287
157.23	74.58	0.01135
141.50	76.50	0.01010
146.42	75.34	0.01531
121.09	70.89	0.01359
119.44	70.34	0.01869
116.00	61.01	0.01553
119.93	55.34	0.01986
129.29	59.24	0.01542

Tab. 10.6: Koordinaten der Quellenverteilung nach dem Abgleich in T257, Potential $\varphi_0 = 5,36$, $M=289,5$

Vergleicht man diese Verteilung mit der Modellverteilung M260, so stellt man wesentliche Unterschiede in der Quelllage fest.

10.2 Anpassung der Verteilung M238 Niere an die Schichten T237 und T239

Für die Niere sind die auftretenden Unterschiede in der Kantenerkennung zwischen menschlicher Interpretation und automatischer Erkennung nicht so groß. Hier liegt die Besonderheit in den sehr schwachen Kanten, die unterbrochen sind, und eine Abgrenzung zu Nachbarorganen nicht erkennen lassen (Abb. 10.27 links). Im unteren Bereich ist es fraglich, ob der Bereich noch zur Niere gehört oder nicht. Bei einer manuellen Segmentierung fließen die Entscheidungen der vorher bearbeiteten Schicht und das Wissen in Bezug auf die Organform ein, wie bereits bei der Struktur am Herzen in den Schichten T258 und T257. Starke Sprünge werden vermieden, die Organgrenze wird in z-Richtung interpoliert und Bildkanten nicht zwangsläufig als Organgrenze verwendet.

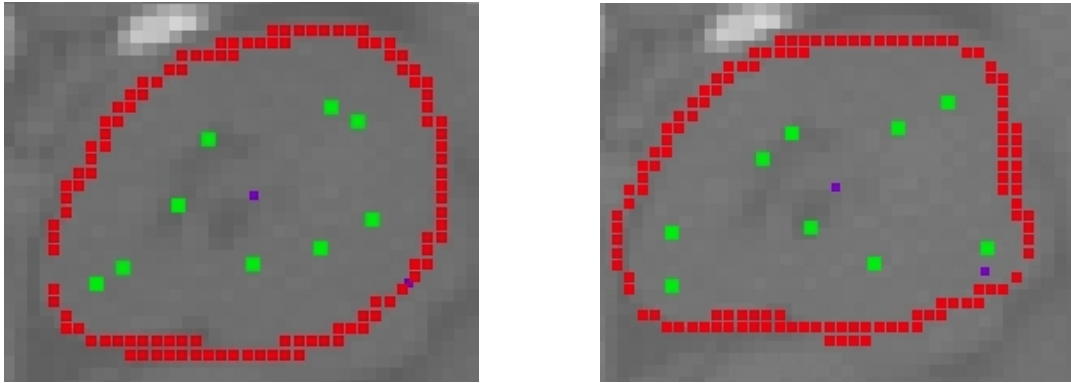


Abb. 10.27: Quellenverteilung M238 vor (links) $M=771,2$ bei $\sigma = 2$ und nach (rechts) dem Abgleich $M=789,8$ mit den Bildkanten in Niere T238

Der automatische Abgleich Abb.(10.27 rechts) liefert in erster Linie wesentliche Unterschiede im unteren rechten Bereich, wo die manuelle Segmentierung durch einen Bereich gleicher Grauwerte läuft. Es wurde ein Testbereich von 3×3 Voxel, $\beta = 1$ und $\sigma = 2$ für die Kantendetektion verwendet.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q	x_Q	y_Q	Quellstärke Q
149.50	82.00	0.01219	147.50	84.00	0.01219
154.62	83.18	0.01122	152.62	81.18	0.01122
158.65	85.38	0.009014	161.65	82.38	0.009014
157.57	92.99	0.01208	158.57	93.99	0.01208
155.50	94.00	0.01219	154.50	92.00	0.01219
146.01	91.57	0.01208	146.01	91.57	0.01208
143.66	86.44	0.01382	143.66	89.44	0.01382
139.39	81.61	0.009838	136.39	83.61	0.009838
137.41	80.38	0.007276	136.41	79.38	0.007276

Tab. 10.7: Koordinaten M238, Potential $\varphi_0 = 4,3$

Tab. 10.8: Koordinaten M238 nach Abgleich, Potential $\varphi_0 = 4,3$

Dem automatischen Abgleich steht diese dreidimensionale Abschätzung anhand des anatomischen Wissens über die Organform nicht zur Verfügung. Der Algorithmus kann nur die Bildkanten der Schicht analysieren. Im Gegensatz zum Herzen grenzt sich die Niere nur durch schwache Kanten vom umliegenden Gewebe ab. In der Nähe befinden sich ein Wirbelkörper und Rippenschichten, die sich im CT sehr stark abheben. Hier wäre es anatomisch falsch, wenn die Äquipotentiallinie von den Kanten des Wirbelkörpers angezogen werden würde. Da der Algorithmus nicht die Stärke, sondern die Richtung der Kantennormalen beachtet, werden diese schwachen Kanten berücksichtigt. Eine Herausforderung ist es hier, die Kanten richtig zu interpretieren, welche die Niere vom Umfeld abgrenzen.

Niere T237

Für die Schicht T237 wurde der Abgleich durchgeführt und liefert folgendes Ergebnis (Abb. 10.28).

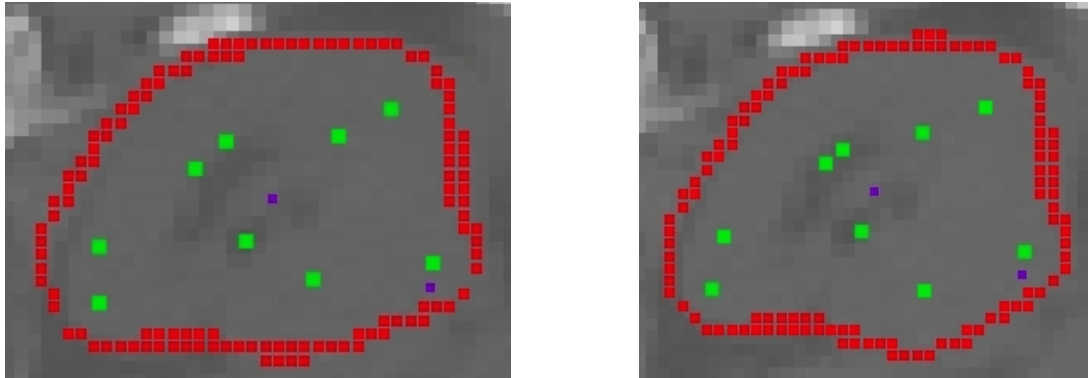


Abb. 10.28: Quellenverteilung M238 in CT-Schicht T237 vor (links) $M=782,9$ und nach 1. Abgleich (rechts), $M_1=788,95$

Der Abgleich wurde mit dem Testgebiet von 3×3 Voxel durchgeführt, um die Wahrscheinlichkeit zu verringern, die falschen Kanten als Organabgrenzung zu deuten. Bei der Betrachtung der Äquipotentiallinie kann man sehen, dass diese etwas zu weit hin zum Wirbelkörper gezogen wurde und auf der rechten Seite eine Beule entsteht. Die Parameter der modellierten Organfläche im Vergleich zur manuellen Segmentierung nach dem ersten Abgleich betragen $U=0,04$ und $a=1,49$.

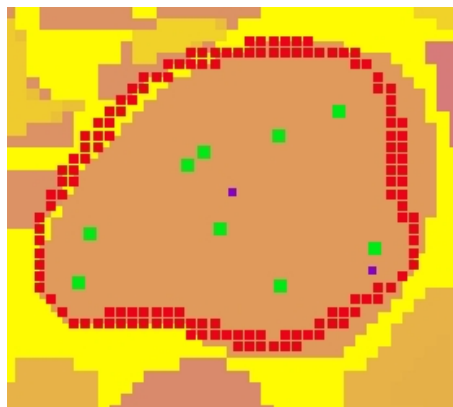


Abb. 10.29: Äquipotentiallinie und manuelle Segmentierung nach 1. Abgleich für Niere T237, $U=0,04$, $a=1,49$

Ein zweiter Abgleich (Abb. 10.30) über alle Quellpunkte wurde durchgeführt und die Organgrenze weist eine glattere Form auf und stimmt auch besser mit der manuellen Segmentierung überein (Abb. 10.31, $U=0,03$, $a=1,27$). Auf der rechten Seite begründet sich der Unterschied in der Kantendetektion.

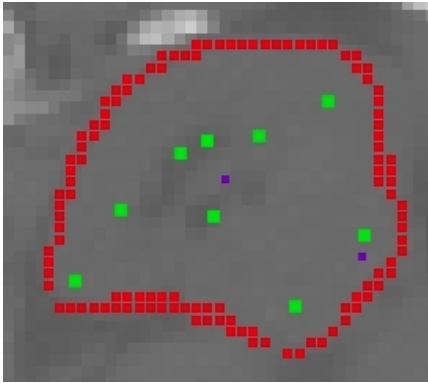


Abb. 10.30: 2. Abgleich in der Nierenschicht M238, $M=292$

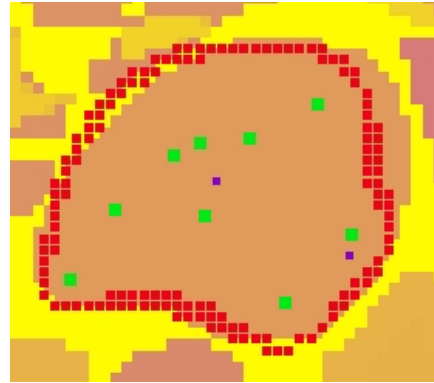


Abb. 10.31: Niere T237, Vergleich der Äquipotentiallinie und manuellen Segmentierung, $U=0,03$, $a=1,27$

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
148.50	84.00	0.01219
153.62	79.18	0.01122
161.65	82.38	0.009014
158.57	93.99	0.01208
153.50	92.00	0.01219
147.01	90.57	0.01208
145.66	89.44	0.01382
137.39	83.61	0.009838
136.41	79.38	0.007276

Tab. 10.9: Koordinaten M238 nach 1. Abgleich, $\varphi_0=4,3$, $M_1=788,95$

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
148.50	84.00	0.01219
155.62	76.18	0.01122
161.65	82.38	0.009014
158.57	93.99	0.01208
152.50	91.00	0.01219
148.01	90.57	0.01208
145.66	89.44	0.01382
140.39	84.61	0.009838
136.41	78.38	0.007276

Tab. 10.10: Koordinaten M238 nach 2. Abgleich, $\varphi_0=4,3$, $M_2=292$

Niere T239

Für die Schicht T239 wurde die optimierte Quellenverteilung aus T238 übernommen (Abb. 10.32). Der untere Bereich wurde als nicht mehr zur Niere zugehörig klassifiziert. Die Organgrenze soll hier durch ein Gebiet mit sehr ähnlichen Grauwerten gehen. Der Großteil der Nierenabgrenzung wird allerdings gut modelliert und soll so erhalten werden. Dieses Beispiel führt auf, dass das Modell sehr leicht vom Benutzer variiert werden kann und Kombination von Benutzerentscheidungen mit dem automatischen Abgleich ohne Probleme möglich sind.

10 Ergebnisse und Diskussion der Organsegmentierung

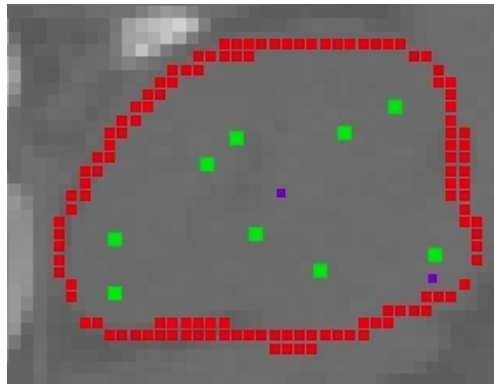


Abb. 10.32: Nierenschicht T239 mit Quellenverteilung M238, $M=792,2$

Die Quelle mit den Koordinaten $P(163,65;81,38)$ befindet sich bereits außerhalb des Organbereichs. Die Quelle wurde gelöscht.

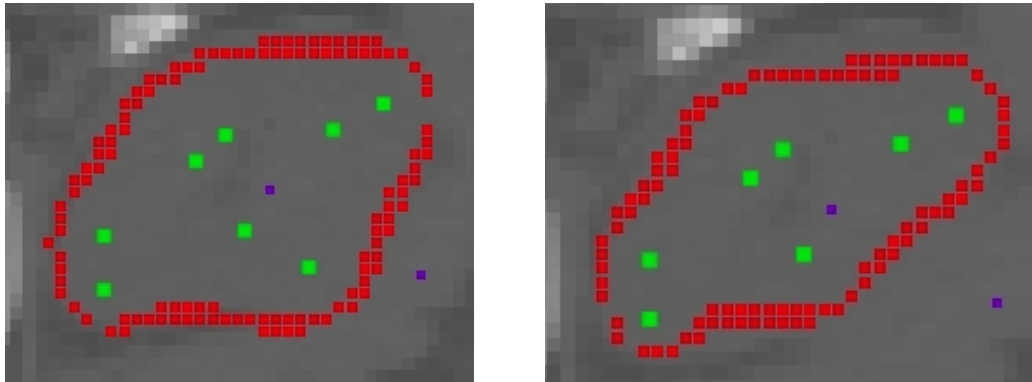


Abb. 10.33: Nierenschicht T239 mit Quellenverteilung M238 mit einer gelöschten Quelle (links) und zwei gelöschten Quellen (rechts)

Aus der resultierenden Äquipotentiallinie wird deutlich, dass die Quelle mit den Koordinaten $P(153,62;76,18)$ sehr nah an der Stelle der gedachten Organabgrenzung liegt. Wird die Quelle gelöscht, dann ist abzuschätzen, dass die Äquipotentiallinie zu stark ins Organinnere verschoben wird, da das gesamte Feld geschwächt wird, siehe Abbildung 10.33. Da der Rest der Verteilung hier das Organ gut abgrenzt, soll nur diese eine Quelle verschoben werden. Es ist möglich, die gewünschte Quelle zu markieren und einzeln mit den Bildkanten abzugleichen.

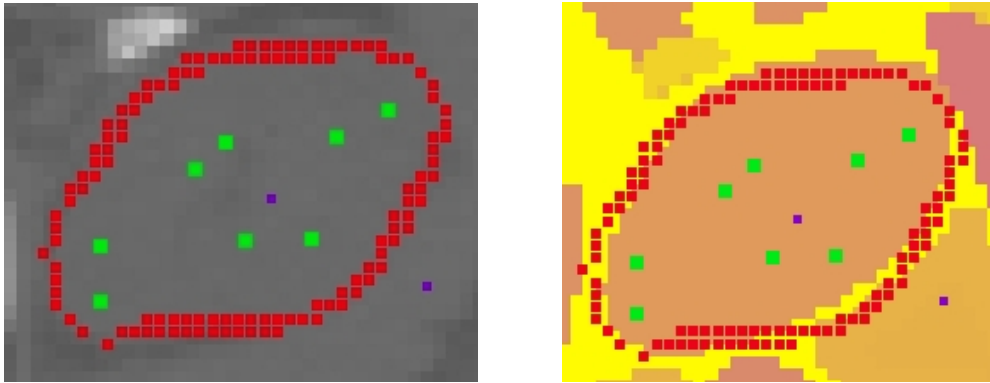


Abb. 10.34: CT-Niere T239 nach Abb. 10.35: Vergleich der Äquipotentiallinie und manuellen Segmentierung für Niere T239, $U=0,04$, $a=0,97$
 Abgleich von Quelle 2, $M=887,6$

Abb. 10.34 zeigt den Abgleich mit der Verschiebung von Quellpunkt 2 nach oben. Die Vergleichsparameter der modellierten Organschicht zur manuellen Segmentierung sind $U=0,04$ und Abstand a der Schwerpunkte $a=0,97$. Die größten Unterschiede bestehen in dem unteren rechten Bereich, in dem die Organgrenze bei der manuellen Segmentierung nach Anatomieatlas eingezeichnet wurde.

x_Q	y_Q	Quellstärke Q
147.50	84.00	0.01219
152.62	84.18	0.01122
158.57	93.99	0.01208
154.50	92.00	0.01219
146.01	91.57	0.01208
143.66	89.44	0.01382
136.39	83.61	0.009838
136.41	79.38	0.007276

Tab. 10.11: Koordinaten der Quellenverteilung nach dem Abgleich von Quellpunkt 2 in T239, Potential $\varphi_0=4,3$, $M=887,6$

10.3 Zusammenfassung Organsegmentierung mittels Äquipotentialdarstellung

Die Quellenverteilungen für eine Herz- und eine Nierenschicht wurden in ihre korrespondierenden Schichten des CT-Datensatzes “Laura” eingebracht. Dies führte zu einer optimalen Initialisierung, und eine manuelle Interaktion wurde vermieden. Anhand von benachbarten Schichten für Herz und Niere wurde gezeigt, dass ein Abgleich der Feldlinien mit den Normalen der Bildkanten erfolgreich durchgeführt werden kann.

Der Algorithmus liefert bei erfolgreicher Kantendetektion eine optimierte Platzierung für die jeweilige Quellen. Die Äquipotentiallinie liefert einen individualisierten Segmentierungsvorschlag für die betreffende Organschicht.

Für die Herzschnitten wurde der Abgleich vollautomatisch durchgeführt. Es besteht die Möglichkeit, den Abgleich mehrmals hintereinander auszuführen, wie für Nierenschicht T237 demonstriert. Für die Niere wurde eine Quelle gelöscht und eine andere für den Abgleich markiert, um eine Anpassung in der Schicht T239 zu erhalten.

Die durch diese Segmentierungsmethode erhaltenen Organ Grenzen wurden mit der original manuell segmentierten Voxelschicht anhand der Parameter Überlappungsdifferenz U und Abstand der Schwerpunkte a nach Abs. 7.4.2 miteinander verglichen. Die ursprüngliche manuelle Segmentierung und der Abgleich mit den Bildkanten wurden nicht von ein und derselben Person durchgeführt. Da das Vorwissen der bearbeitenden Person in die Segmentierung mit eingeht, wurden die betreffenden Schichten nicht neu erarbeitet, um nicht die Resultate übermäßig zu beeinflussen. Die vorgestellte Methode liefert trotz dessen aussagekräftige Resultate. Die erhaltenen Werte der Parameter der Überlappungsdifferenz U und Schwerpunktabstand a sind in der Regel sogar etwas kleiner als bei der manuellen Segmentierung.

In Heimann und Meinzer 2009 [13] stellten die Autoren fest, dass kein Suchalgorithmus immer ein fehlerloses Ergebnis für die gewünschte Struktur bringt. Die Ursachen dafür sind vielfältig. Da der Abgleich der Feldlinien mit den Kantennormalen im Falle von fehlenden Bildinformationen keine Lageveränderung ausführt, müssen in der Modellierung keine zusätzlichen Bedingungen (z.B. Fehlerfunktionen, statistische Verteilungen) bezüglich der gewünschten Form eingebracht werden. Die Quellpunkte sind nach dem Abgleich direkt vom Benutzer platzierbar, s. Abs. 8.5. Hier ergibt sich eine Zeitersparnis, da das Modell direkt bearbeitbar ist und nicht erst zur manuellen Bearbeitung in eine geeignete Darstellung überführt werden muss. Im Vergleich zu einer Kombination von manuellen Techniken, wie Thresholding oder Region Growing, etc. und einer anschließenden Bearbeitung mit Hilfe von Splines, ist die Methode zur Quellenanpassung ebenfalls schneller, da sofort ein gesamter Teilbereich der gemeinsamen Äquipotentiallinie durch die direkte Verschiebung der Quellen optimiert wird, und nicht einzelne Stützpunkte von Splines in kurzen Abständen auf der Organabgrenzung platziert wer-

10 Ergebnisse und Diskussion der Organsegmentierung

den müssen. Hier kann dem Benutzer auch der Wert des Überlappungsintegrals als Anhaltspunkt dienen, was bei Splines nicht der Fall ist. Eine Extra-Filterung über die Grauwerte, resp. Hounsfield-Einheiten, zur besseren Visualisierung kann geschehen, ist aber für den Abgleich nicht nötig.

11 Zusammenfassung

In dieser Arbeit wurde ein neues Verfahren zur komprimierten Beschreibung bereits bekannter Konturlinien kompakter menschlicher Organe und zu deren verbesserter Anpassung an die in individuellen medizinischen Bild-Datensätzen erkennbaren Kantenlinien entwickelt. Dazu wurden physikalisch motivierte mathematische Beschreibungen, hier die durch Äquipotentiallinien und -flächen elektrischer Felder, mit der Bildverarbeitung verknüpft. Die Potentialtheorie liefert die flexible Basis, um kompakte, geschlossene Organe zu modellieren. Zu diesem Zweck wird eine Verteilung von virtuellen Quellpunkten generiert, die über ein $\frac{Q}{r}$ -Potential verfügen. Die betrachtete Schicht schneidet die gemeinsame Äquipotentialfläche und liefert eine Äquipotentiallinie, die den Organrand nachbildet. Die Überführung in eine Äquipotentialdarstellung geschieht mit bereits manuell segmentierten Organen. Die segmentierten Daten stammen von dem Voxelmodell "Laura", das als Grundlage für das ICRP-Referenzphantom RCP-AF verwendet wurde, und hat eine Auflösung von 1,875 x 1,875 x 5mm.

Alle Programmierarbeiten wurden in der Interactive Data Language (IDL) 8.2 durchgeführt. Es werden Schichten von Herz, Magen, Blase und Niere mittels Quellenverteilungen modelliert. Eine Darstellung der Organe mittels dieser Methode liefert folgende Vorteile. Die Konstellation an virtuellen Quellpunkten ist intuitiv erfassbar. Das könnte einen Beitrag zur Akzeptanz im eventuellen, späteren klinischen Einsatz leisten [110, 111]. Die Modellierung mit virtuellen Quellpunkten stellt eine sehr komprimierte Art der Datenspeicherung dar und ist auflösungsunabhängig. Im Bereich hochaufgelöster Datensätze ist dies ein wesentlicher Vorteil. Es genügen die Koordinaten der Quellpunkte, ihre Stärken und eine Potentialangabe. Die Form lässt sich über die Lage und Anzahl der Quellpunkte verändern. Eine Ähnlichkeitstransformation und eine Innerhalb/Außerhalb-Entscheidung sind möglich. Der Einsatz von Standard-Computersystemen sowie die Übertragbarkeit der Daten über gängige Systeme, z.B. derzeitige Internetprotokolle, wäre damit gegeben [110, 111]. Eine Überführung in ein Voxelmodell ist problemlos möglich. Die Potentialflächen sind kontinuierlich und müssen mit Voxeln gefüllt werden. Eine Generierung verschiedener Modelle mit unterschiedlicher Auflösung ist möglich.

Gegenüber der Voxeldarstellung von Organgrenzen verspricht das Konzept der Äquipotentialdarstellung eine Zeitersparnis a) bei der interaktiven Anpassung, b) beim Datentransfer und c) bei der Innerhalb/Außerhalb-Entscheidung für Interaktionspunkte im Laufe von Monte-Carlo-Simulationen der Berechnung von Organdosens.

Die ermittelten Quellenverteilungen der modellierten Organe werden anschließend in den individuellen CT-Datensatz eingebracht, um die bereits vorhandene Segmentierung der Organgrenzen ausgewählter Schichten nochmals zu verbessern. Dazu werden die Quellpunkte anhand der vorhandenen, detektierten Kanten neu justiert, um eine optimale Platzierung zu generieren. Wo es keine erkennbaren Kanten im Schichtbild gibt, verbleiben die Quellen an ihrem Platz. Das Modell wird nicht verzerrt und kann bei Bedarf manuell ausgerichtet werden. Die gemeinsame Äquipotentiallinie bildet den segmentierten Rand und überbrückt die Gebiete, in denen keine Kanten im medizinischen Bild zu sehen sind, aber ein Organ an ein anderes grenzt. Die Güte der Anpassung der so ermittelten Äquipotentiallinien an die wirklichen Organgrenzen übertrifft nicht selten diejenige, die man durch die Anpassung der Äquipotentiallinien an die bereits voxelisierten Organgrenzlinien erhält. Die Anpassung der durch das Potentialmodell bereits beschriebenen Organkonturlinien an die in individuellen medizinischen Bilddaten erkennbaren Kanten kann man als zweite Näherung im Rahmen der Segmentierung bezeichnen; ihr Anwendungsgebiet ist die Individualisierung der Darstellung von Organkonturen.

Obwohl dieser Algorithmus ein komplexes Wissen in die Bearbeitung einbringt, besteht weiterhin die Möglichkeit, manuell zu interagieren. Ein direktes Zugreifen auf die Quellpunkte ist möglich und sinnvoll, da es auch bei trainierten Algorithmen zu Fehlerkennungen in der Analyse der Organe kommt. Da nur der Quellpunkt selber verschoben werden muss, nicht z.B. die Interpolationspunkte von Splines auf dem Organrand, stellt dies einen akzeptablen manuellen Aufwand dar, der geringer ist als die Kombination von grauwertbasierten Techniken mit Splines. Es ist auch möglich, die Quellstärke anzupassen und auf diese Weise die Äquipotentiallinie zu verschieben. Dafür muss keine Umwandlung in eine andere Modellform vorgenommen werden oder die Organabgrenzung neu approximiert werden. Für die Strahlentherapie, in der die persönliche Verantwortung über die Segmentierungsarbeit bei den Ärzten liegt, ist eine manuelle Überprüfung und Bearbeitungsmöglichkeit unabdingbar.

Die vorgestellte Methode liefert somit gute Resultate für die automatische Modellierung und die verbesserte Segmentierung kompakter konvexer Organe. Damit ist eine flexible Basis für weitere Anpassungen an verschiedene Aufgabenstellungen geschaffen. Die Möglichkeit zu einer einfachen Ähnlichkeitstransformation der im Äquipotentialmodell dargestellten Organkonturen lässt sich auch bei der Anpassung von Organkonturen, z.B. an unterschiedliche Lebensalter oder an Unterschiede im Körpergewicht, als Mittel zur Zeitersparnis verwenden. Somit dient die in dieser Arbeit vorgestellte Äquipotentialdarstellung der Organkonturen gleichermaßen dem herkömmlichen Zweck der Organdosisberechnungen im Strahlenschutz als auch der immer aktueller werdenden Aufgabe der komprimierten digitalen Übermittlung von Organkonturen zu medizinischen Zwecken.

Die vorliegende Betrachtung beschränkt sich auf die zweidimensionale Beschreibung der Organgrenzen und schlägt die dreidimensionale Darstellung mittels einer Normierungsmatrix für die Potentiale auf dem Organrand vor. Der Algorithmus beinhaltet ein komplexes Modellwissen und kann als “High Level”-Algorithmus angesehen werden.

12 Ausblick

Die vorgestellte Modellierung und Methodik bietet viel Raum für weitere Entwicklungen. Die dreidimensionale Implementierung der Berechnung von Quellenverteilungen wäre wünschenswert, ohne auf die Normierung über den Organrand zurückzugreifen. Empfehlenswert dafür wäre die Glättung der Organe, da ihre Oberflächen aufgrund der schichtweisen Auswertung der Bilddaten, Eindellungen oder Ausbeulungen aufweisen, die auf Artefakten beruhen. Dazu müssen von der Voxelrepräsentation der Organe Polygonoberflächen erzeugt und bearbeitet werden. Die Bearbeitung erfordert spezielle Software.

Eine Erweiterung auf die Darstellung komplex geformter Organe wie z.B. Wirbelsäule und Leber ist anzustreben. Dafür müssen andere Strategien für die Berechnung von Quellenverteilungen entwickelt und getestet werden. Es käme auch die Verwendung von Quellpunkten mit negativer Quellstärke in Frage. Es wäre auch zu überprüfen, ob eine andere mathematische Verteilung, beispielsweise eine Gaußverteilung des Potentials, mathematische Vorteile bringt.

Die in dieser Arbeit präsentierte Methode liefert eine Vielzahl an Möglichkeiten, die in Abhängigkeit von der Fragestellung angepasst werden können. Bislang geschieht die Angabe über die Qualität immer im Vergleich zur manuellen Segmentierung und Begutachtung. Das beinhaltet immer eine individuelle Komponente des Begutachters. Denn jede manuelle Segmentierung erfordert eine individuelle Fülle an Entscheidungen und ist nicht exakt reproduzierbar. Für die Zukunft wäre es ideal, Parameter zu erstellen, die als Maßgabe für die Qualität von Anatomiemodellen und deren Anpassung dienen könnten, um den Betrachter zu unterstützen. Wünschenswert wäre es auch, das Wissen des Bearbeiters noch gezielter in die Modellierung und Anpassung der Modelle zu integrieren und später zur Verfügung zu stellen. Auf diese Weise wird die Reproduzierbarkeit erhöht und die Zeit für die Anpassungen verringert. Die sich andeutenden Möglichkeiten zur Zeitersparnis sollten durch Erfahrungswerte quantifiziert werden.

Darüber hinaus wäre zu testen, ob eine Segmentierung anhand von anatomischen Landmarken und logischen Schlüssen zu realisieren ist. Da die Methode eine Klassifizierung möglich macht, könnte man dies auch in den Segmentierungsprozess und die Initialisierung eines Modellabgleichs einbringen. Es wäre auch zu überprüfen, ob

eine Kombination des Potentialmodells mit den zu erwartenden Grauwerten des CTs möglich und in welcher Form optimal wäre. Auch wäre es eine interessante Frage, ob es sinnvoll ist, den Quellpunkten Informationen über die zu erwartenden Kanten in ihrer Nähe zuzuweisen. Dies könnte eine Vorgabe für den Parameter σ , s.Abs. 9.1.4, sein. Da die modellierten Organe über eine schlanke Datenmenge verfügen, ist ihr Einsatz auch bei Verfahren der Operationsplanung und dem Tumor Tracking in der Strahlentherapie denkbar. Da die Modelle flexibel und leicht zu erweitern sind, ist eine computerassistierte Diagnose ebenfalls denkbar.

Für die Strahlentherapie deuten sich neue Erkenntnisse zur Tumornekrose an. Es wird überlegt, biologische Informationen in die Therapieplanung aufzunehmen [116]. In vitro-Studien haben gezeigt, dass die zur Vernichtung eines Tumors notwendige Dosis unter anderem von der Tumorgröße abhängt. Die individuelle Reaktion eines Patienten kann aber trotz gleichem Bestrahlungsvolumen und gleicher applizierter Dosis sehr unterschiedlich ausfallen. Insofern sind Daten, welche die Lage, Größe und eventuelle Dichteverteilung von Krebsstammzellen eines Tumors beschreiben, nicht nur als Voraussetzung für die Wahl der optimalen räumlichen Dosisverteilung wichtig, sondern auch für die Wahl der optimalen zu applizierenden Dosis.

Eine schnellere Segmentierung eröffnet auch neue Möglichkeiten für die riesigen Datenmengen an medizinischen Bildern, die in den Kliniken anfallen und nach deren diagnostischer Auswertung nicht weiter genutzt werden. Die bestehenden Referenzdaten für den Menschen beruhen gegenwärtig auf der Anpassung an die Daten eines Individuums. Es wäre sehr interessant, einen Durchschnitt aus mehreren Individuen zu erstellen, sowie auf der Basis größerer Datenmengen neue Erkenntnisse über Organformen und individuelle Ausprägungen zu gewinnen.

13 Anhang

Die Daten zu den Quellenverteilungen in Tabelle 13.1 können auf der beiliegenden CD im Ordner

Quellverteilungen\Kap8\T256_ Herz_ALL

gefunden werden.

13 Anhang

Tab. 13.1: Parameter für die Optimierung der Quellenanzahl z für die Herzschicht T256. Angegeben sind die Schnittpunkte B der vier Trägheitsachsen mit dem Organrand. Die grün gekennzeichneten Bereiche geben die besten Parameterkombinationen der sich dann ergebenden Werte für U und d an.

Anzahl z der Quellpunkte	B	Überlappungs- differenz U	Abstand d der Schwerpunkte
1	(174,5; 60,5)	0,11	0,42
1	(147,5; 79,5)	0,08	0,46
1	(124,5; 58,5)	0,15	0,23
1	(151,5; 44,5)	0,1	0,47
2	(174,5; 63,5)	0,08	0,46
2	(147,5; 79,5)	0,05	0,44
2	(124,5; 58,5)	0,09	0,44
2	(151,5; 44,5)	0,06	0,43
3	(174,5; 63,5)	0,08	2,71
3	(147,5; 79,5)	0,07	2,63
3	(124,5; 58,5)	0,13	2,62
3	(151,5; 44,5)	0,15	2,47
4	(174,5; 63,5)	0,12	2,79
4	(147,5; 79,5)	0,07	2,76
4	(124,5; 58,5)	0,1	2,77
4	(151,5; 44,5)	0,16	2,44
5	(174,5; 63,5)	0,21	9,18
5	(147,5; 79,5)	0,2	9,07
5	(124,5; 58,5)	0,19	9,22
5	(151,5; 44,5)	0,28	9,3
6	(174,5; 63,5)	0,22	15,82
6	(147,5; 79,5)	0,12	14,97
6	(124,5; 58,5)	0,28	15,34
6	(151,5; 44,5)	0,12	14,72
7	(174,5; 63,5)	0,24	11,37
7	(147,5; 79,5)	0,17	11,78
7	(124,5; 58,5)	0,21	11,53
7	(151,5; 44,5)	0,18	9,31
8	(174,5; 63,5)	0,16	8,13
8	(147,5; 79,5)	0,12	8,11
8	(124,5; 58,5)	0,13	8,09
8	(151,5; 44,5)	0,14	8,05
9	(174,5; 63,5)	0,05	1,47
9	(147,5; 79,5)	0,05	1,65
9	(124,5; 58,5)	0,07	1,31
9	(151,5; 44,5)	0,07	2,25

13 Anhang

Anzahl z der Quellpunkte	B	Überlappungs- differenz U	Abstand d der Schwerpunkte
10	(174,5; 63,5)	0,05	1,97
10	(147,5; 79,5)	0,05	1,99
10	(124,5; 58,5)	0,05	2,14
10	(151,5; 44,5)	0,1	2,36
11	(174,5; 63,5)	0,06	1,19
11	(147,5; 79,5)	0,04	1,13
11	(124,5; 58,5)	0,05	1,18
11	(151,5; 44,5)	0,09	1,09
12	(174,5; 63,5)	0,08	8,27
12	(147,5; 79,5)	0,08	7,32
12	(124,5; 58,5)	0,1	9,02
12	(151,5; 44,5)	0,13	8,76
13	(174,5; 63,5)	0,07	3,59
13	(147,5; 79,5)	0,08	3,34
13	(124,5; 58,5)	0,1	3,13
13	(151,5; 44,5)	0,08	3,81
14	(174,5; 63,5)	0,07	2,07
14	(147,5; 79,5)	0,07	2,26
14	(124,5; 58,5)	0,1	2,3
14	(151,5; 44,5)	0,09	3,23
15	(174,5; 63,5)	0,07	8,35
15	(147,5; 79,5)	0,06	7,92
15	(124,5; 58,5)	0,07	8,22
15	(151,5; 44,5)	0,06	7,33
16	(174,5; 63,5)	0,04	1,3
16	(147,5; 79,5)	0,04	0,96
16	(124,5; 58,5)	0,05	0,24
16	(151,5; 44,5)	0,04	0,71
17	(174,5; 63,5)	0,04	4,21
17	(147,5; 79,5)	0,04	4,73
17	(124,5; 58,5)	0,05	4,54
17	(151,5; 44,5)	0,05	5,02
18	(174,5; 63,5)	0,13	4,28
18	(147,5; 79,5)	0,07	4,99
18	(124,5; 58,5)	0,08	4,95
18	(151,5; 44,5)	0,09	5,44
19	(174,5; 63,5)	0,12	3,33
19	(147,5; 79,5)	0,08	4,73
19	(124,5; 58,5)	0,08	3,89
19	(151,5; 44,5)	0,07	3,92
20	(174,5; 63,5)	0,18	5,21
20	(147,5; 79,5)	0,2	5,33
20	(124,5; 58,5)	0,12	5
20	(151,5; 44,5)	0,11	5,16

13 Anhang

Anzahl z der Quellpunkte	B	Überlappungs- differenz U	Abstand d der Schwerpunkte
21	(174,5; 63,5)	0,24	4,97
21	(147,5; 79,5)	0,25	5,23
21	(124,5; 58,5)	0,17	4,92
21	(151,5; 44,5)	0,14	4,64
22	(174,5; 63,5)	0,27	4,07
22	(147,5; 79,5)	0,27	4,35
22	(124,5; 58,5)	0,28	4,32
22	(151,5; 44,5)	0,25	3,15
23	(174,5; 63,5)	0,25	3,26
23	(147,5; 79,5)	0,26	3,69
23	(124,5; 58,5)	0,27	4,01
23	(151,5; 44,5)	0,22	1,98
24	(174,5; 63,5)	0,23	4,3
24	(147,5; 79,5)	0,25	6,31
24	(124,5; 58,5)	0,23	4,76
24	(151,5; 44,5)	0,2	1,72
25	(174,5; 63,5)	0,23	5,24
25	(147,5; 79,5)	0,22	5,18
25	(124,5; 58,5)	0,21	3,11
25	(151,5; 44,5)	0,18	1,5
26	(174,5; 63,5)	0,19	0,85
26	(147,5; 79,5)	0,23	1,77
26	(124,5; 58,5)	0,17	1,04
26	(151,5; 44,5)	0,19	0,8
27	(174,5; 63,5)	0,21	1,07
27	(147,5; 79,5)	0,24	1,83
27	(124,5; 58,5)	0,14	0,42
27	(151,5; 44,5)	0,21	0,98
28	(174,5; 63,5)	0,2	0,93
28	(147,5; 79,5)	0,25	2,83
28	(124,5; 58,5)	0,16	1,05
28	(151,5; 44,5)	0,2	0,96
29	(174,5; 63,5)	0,18	1,02
29	(147,5; 79,5)	0,24	3,14
29	(124,5; 58,5)	0,15	0,88
29	(151,5; 44,5)	0,18	1,02
30	(174,5; 63,5)	0,22	2,65
30	(147,5; 79,5)	0,22	2,67
30	(124,5; 58,5)	0,14	0,83
30	(151,5; 44,5)	0,18	2,74
31	(174,5; 63,5)	0,23	1,46
31	(147,5; 79,5)	0,24	2,13
31	(124,5; 58,5)	0,16	0,23
31	(151,5; 44,5)	0,19	1,38

13 Anhang

Anzahl z der Quellpunkte	B	Überlappungs- differenz U	Abstand d der Schwerpunkte
32	(174,5; 63,5)	0,26	1,16
32	(147,5; 79,5)	0,26	1,57
32	(124,5; 58,5)	0,23	0,12
32	(151,5; 44,5)	0,26	1,35
33	(174,5; 63,)	0,26	1,03
33	(147,5; 79,)	0,26	1,81
33	(124,5; 58,)	0,23	0,31
33	(151,5; 44,)	0,26	1,56
34	(174,5; 63,)	0,25	0,77
34	(147,5; 79,)	0,26	1,32
34	(124,5; 58,)	0,22	0,76
34	(151,5; 44,)	0,26	1,37
35	(174,5; 63,)	0,24	0,77
35	(147,5; 79,)	0,25	1,38
35	(124,5; 58,)	0,24	1,09
35	(151,5; 44,)	0,25	1,22
36	(174,5; 63,)	0,23	0,99
36	(147,5; 79,)	0,25	2,37
36	(124,5; 58,)	0,23	0,32
36	(151,5; 44,)	0,24	1,85
37	(174,5; 63,)	0,23	0,97
37	(147,5; 79,)	0,28	9,05
37	(124,5; 58,)	0,23	0,46
37	(151,5; 44,)	0,24	2,02
38	(174,5; 63,)	0,23	1,21
38	(147,5; 79,)	0,28	9,24
38	(124,5; 58,)	0,23	0,87
38	(151,5; 44,)	0,24	2,25
39	(174,5; 63,)	0,24	0,75
39	(147,5; 79,)	0,28	10,75
39	(124,5; 58,)	0,23	0,74
39	(151,5; 44,)	0,24	0,36
40	(174,5; 63,)	0,23	0,48
40	(147,5; 79,)	0,28	10,75
40	(124,5; 58,)	0,23	0,83
40	(151,5; 44,)	0,24	0,11
41	(174,5; 63,)	0,23	0,67
41	(147,5; 79,)	0,28	10,75
41	(124,5; 58,)	0,23	0,95
41	(151,5; 44,)	0,24	0,63
42	(174,5; 63,)	0,24	1,22
42	(147,5; 79,)	0,26	2,27
42	(124,5; 58,)	0,25	1,13
42	(151,5; 44,)	0,28	4

13 Anhang

Tab. 13.2: Quellenverteilung mit 29
Quellen zu Abb.8.10 links,
S.79

Q_x	Q_y	Quellstärken Q
156.50	41.25	0.006089
161.47	44.54	0.0001047
165.52	48.36	0.003952
168.42	53.66	0.009675
171.55	55.54	0.006726
176.88	60.38	0.003591
176.83	65.70	0.004917
172.05	70.86	0.005298
162.89	69.86	0.008380
158.63	72.95	0.007515
155.43	76.47	0.004303
151.53	80.21	0.003687
149.04	76.23	0.006187
143.46	79.18	0.003704
139.96	79.76	0.003733
137.06	73.99	0.006641
134.77	73.29	0.005947
125.83	74.41	0.009463
124.95	69.03	0.005469
120.40	64.57	0.006988
123.00	59.18	0.001102
125.14	55.35	0.0007320
131.20	53.40	0.007799
131.65	50.70	0.005768
133.45	48.23	0.003692
137.47	48.25	0.003718
141.89	45.01	0.004117
145.68	43.42	0.005172
150.99	46.64	0.003515

Tab. 13.3: Quellenverteilung mit 39
Quellen zu Abb.8.10 rechts,
S. 79

Q_x	Q_y	Quellstärken Q
156.03	42.03	0.004709
160.00	44.00	0.001326
164.50	43.33	0.004063
166.67	49.33	0.004861
172.39	51.66	0.004058
175.00	54.00	0.001326
176.27	58.94	0.002729
173.33	61.50	0.004063
173.50	66.00	0.0009375
172.33	70.33	0.004861
169.00	72.00	0.003977
163.67	71.67	0.004861
160.67	73.67	0.004861
159.00	77.50	0.0009375
156.00	79.00	0.001326
152.13	80.13	0.002672
149.12	80.12	0.002677
147.00	79.00	0.001326
142.96	79.05	0.002864
141.00	78.00	0.001326
136.88	77.90	0.002822
135.00	77.00	0.001326
134.33	73.67	0.004861
130.50	72.00	0.0009375
127.26	69.70	0.003986
127.33	64.67	0.004861
124.00	63.00	0.001326
125.67	60.50	0.004063
125.00	57.00	0.001326
126.00	54.00	0.001326
127.50	51.00	0.0009375
131.33	50.33	0.004861
131.93	47.41	0.003364
134.93	47.41	0.003363
137.93	47.41	0.003363
141.50	45.33	0.004063
144.00	46.50	0.003374
148.50	47.67	0.004063
151.50	46.67	0.004063

**Mittelpunktberechnung für die dreidimensionale
Lageberechnung eines Quellpunkts x_c, y_c, z_c**

$$\begin{aligned}
 & \begin{pmatrix} \sum x_i^2 - \frac{1}{n}(\sum x_i)^2 & \sum x_i y_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i & \sum x_i z_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum z_i \\ \sum x_i y_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum y_i & \sum y_i^2 - \frac{1}{n}(\sum y_i)^2 & \sum y_i z_i - \frac{1}{n} \sum y_i \sum z_i \\ \sum x_i z_i - \frac{1}{n} \sum x_i \sum z_i & \sum z_i y_i - \frac{1}{n} \sum z_i \sum y_i & \sum z_i^2 - \frac{1}{n}(\sum z_i)^2 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_c \\ y_c \\ z_c \end{pmatrix} \\
 & = \frac{1}{2} \begin{pmatrix} \sum x_i \left[x_i^2 + y_i^2 + z_i^2 - \frac{1}{n} \sum_j (x_j^2 + y_j^2 + z_j^2) \right] \\ \sum y_i \left[x_i^2 + y_i^2 + z_i^2 - \frac{1}{n} \sum_j (x_j^2 + y_j^2 + z_j^2) \right] \\ \sum z_i \left[x_i^2 + y_i^2 + z_i^2 - \frac{1}{n} \sum_j (x_j^2 + y_j^2 + z_j^2) \right] \end{pmatrix}
 \end{aligned} \tag{13.1}$$

Literaturverzeichnis

- [1] M. Zankl, H. Schlattl, M. Greiter, N. Petoussi-Henß, B. Müller und J. Becker. Abschlussbericht Vorhaben 3609S40002 des Bundesamtes für Strahlenschutz: Erstellung von hybriden Voxelmodellen zur Optimierung von Bildqualität und Dosis in der Radiographie. BfS-Bericht, 2012.
- [2] H. D. Nagel, M. Galanski, N. Hidajat, W. Maier und T. Schmidt. Strahlenexposition in der Computertomographie-Grundlagen, Einflußfaktoren, Dosisermittlung, Optimierung, Zahlenwerte, Begriffe. *Frankfurt: ZVEI Fachverband Elektromedizinische Technik*, 1999.
- [3] G. Drexler, W. Panzer, L. Widenmann, G. Williams, und M. Zankl. *Die Bestimmung von Organdosen in der Roentgendiagnostik*. H. Hoffmann Verlag, Berlin, 1985.
- [4] Nuclear Energy Agency and OECD. Evolution of the ICRP recommendations 1977, 1990 und 2007. NEA No. 6920:ISBN 978-92-64-99153-8, 2011.
- [5] EU. Richtlinie 96/29/EURATOM des Rates vom 13. Mai 1996 zur Festlegung der grundlegenden Sicherheitsnormen für den Schutz der Gesundheit der Arbeitskräfte und der Bevölkerung gegen die Gefahren ionisierender Strahlungen. Amtsblatt der Europäischen Gemeinschaften L159 vom 29.Juni 1996:159/1-159/114, 1996.
- [6] BMU. Strahlenschutz in der Medizin - Richtlinie zur Verordnung über den Schutz vor Schäden durch ionisierende Strahlen (Strahlenschutzverordnung - StrlSchV), 2001.
- [7] ICRP. Basic Anatomical and Physiological Data for Use in Radiological Protection Reference Values. *ICRP Publication 89 Ann. ICRP 32*, 3-4, 2002.
- [8] M. Zankl, K. F. Eckerman, and W. E. Bolch. Voxel-based models representing the male and female ICRP reference adult - the skeleton. *Radiation Protection Dosimetry*, 127(1-4):174-186, 2007.
- [9] J. Becker, M. Zankl, and N. Petoussi. A software tool for modification of human voxel models used for application in radiation protection. *Physics in Medicine and Biology*, 52:195-205, 2007.
- [10] B. He, R. Baird, R. Butera, A. Datta, S. George, B. Hecht, A. Hero, G. Lazzi, R. C. Lee, J. Liang, M. Neuman, G. C. Y. Peng, M. Eric J. Perreault, M. Ramasubramanian, M. D. Wang, J. Wikswo, G.Z. Yang, and Y.T. Zhang. Grand challenges in interfacing engineering with life sciences and medicine. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 60(3), 2013.
- [11] R. Pohle. *Computerunterstützte Bildanalyse zur Auswertung medizinischer Bilddaten*. Habilitation, 2004.

Literaturverzeichnis

- [12] E. Meyer zu Bexten et al. Bedeutung und Perspektiven der medizinischen Bildverarbeitung. 3. Anwendersymposium “Aktuelle Entwicklungen und Realisierungen der Bildverarbeitung”, S.89-96, Aachen, 11.-12. September 1997.
- [13] T. Heimann and H.-P. Meinzer. Statistical shape models for 3D medical image segmentation: A review. *Medical Image Analysis*, 13(4):543–563, 2009.
- [14] M. Bro-Nielsen. Finite element modeling in surgery simulation. *Proceedings of the IEEE*, 86(3):490–503, 1998.
- [15] P. Dimbylow. Development of the female voxel phantom, NAOMI, and its application to calculations of induced current densities and electric fields from applied low frequency magnetic and electric fields. *Physics in Medicine and Biology*, 50(6):1047–1070, 2005.
- [16] P. Dimbylow. Development of pregnant female, hybrid voxel-mathematical models and their application to the dosimetry of applied magnetic and electric fields at 50 Hz. *Physics Medicine Biology*, 51:2383–2394, 2006.
- [17] P. Dimbylow. SAR in the mother and foetus for RF plane wave irradiation. *Physics in Medicine and Biology*, 52:3791–3802, 2007.
- [18] T. Nagaoka, S. Watanabe, K. Sakurai, E. Kunieda, S. Watanabe, M. Taki, and Y. Yamanaka. Development of realistic high-resolution whole-body voxel models of Japanese adult males and females of average height and weight, and application of models to radio-frequency electromagnetic-field dosimetry. *Physics in Medicine and Biologie*, 49:1, 2004.
- [19] T. Nagaoka, T. Togashi, K. Saito, M. Takahashi, K. Ito, and S. Watanabe. An anatomically realistic whole-body pregnant-woman model and specific absorption rates for pregnant-woman exposure to electromagnetic plane waves from 10 MHz to 2 GHz. *Physics in Medicine and Biology*, 52(22):6731–6745, 2007.
- [20] M. Clemens, S. Schenke, F. Sutter, J. Becker, C. Hoeschen, M. Zankl, and T. Weiland. Bioelectromagnetic field simulations using high resolution human anatomy models with the finite integration technique. *Journal of RF-Engineering and Telecommunications*, 63(7-9):163–167, 2009.
- [21] Rat der Europäischen Union. Richtlinie 2013/59/EURATOM des Rates vom 5. Dezember 2013 zur Festlegung grundlegender Sicherheitsnormen für den Schutz vor den Gefahren einer Exposition gegenüber ionisierender Strahlung und zur Aufhebung der Richtlinien 89/618/Euratom, 90/641/Euratom, 96/29/Euratom, 97/43/Euratom und 2003/122/Euratom, 5. Dezember 2013.
- [22] SSK. *Veröffentlichung der Strahlenschutzkommission Band 43, 2. Auflage*. Berechnungsgrundlage für die Ermittlung von Körperdosen bei äußerer Strahlenexposition. Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit, München, 2006.

Literaturverzeichnis

- [23] ICRP. The 2007 recommendations of the International Commission on Radiological Protection. ICRP Publication 103, Elsevier, 2007.
- [24] R. Kramer, M. Zankl, G. Williams, and G. Drexler. The calculation of dose from external photon exposures using reference human phantoms and Monte Carlo methods, part I: The male (Adam) and female (Eva) adult mathematical phantoms. GSF-Report S-885, GSF - National Research Center for Environment and Health, 1982.
- [25] M. Zankl, H. Eckerl und G. Drexler. Organdosen in der Röntgendiagnostik. *Medizinische Physik*, 84:603–606, 1984.
- [26] M. Zankl und G. Drexler. Organdosen in der Strahlentherapie. *Medizinische Physik*, 85:170–175, 1985.
- [27] G. Williams, M. Zankl, W. Abmayr, R. Veit, and G. Drexler. The calculation of dose from external photon exposures using reference and realistic human phantoms and Monte Carlo methods. *Physics in Medicine and Biology*, 31:449–452, 1986.
- [28] SSK. Beiträge zur Weiterentwicklung der Konzepte im Strahlenschutz. *Empfehlung der Strahlenschutzkommission*, BAnz Nr. 218, 2003.
- [29] M. Zankl, J. Becker, U. Fill, N. Petoussi-Henß, and K. F. Eckerman. GSF male and female adult voxel models representing ICRP reference man - the present status. In *The Monte Carlo Method: Versatility Unbounded in a Dynamic Computing World, Chattanooga, Tennessee on CD-ROM*. USA: American Nuclear Society, La Grange Park, IL, April 17–21, 2005.
- [30] ICRP. Adult Reference Computational Phantoms. ICRP Publication 110. Ann. ICRP 39 (2), 2009.
- [31] H. L. Fisher and W. S. Snyder. Distribution of dose in the body from a source of gamma rays distributed uniformly in an organ. ORNL Report 4168, Oak Ridge National Laboratory, 1967.
- [32] M. Cristy and K. F. Eckerman. Specific absorbed fractions of energy at various ages from internal photon sources. ORNL Report TM-8381, Oak Ridge National Laboratory, 1987.
- [33] N. Petoussi-Henss, M. Zankl, U. Fill, and D. Regulla. The GSF family of voxel phantoms. *Physics in Medicine and Biology*, 47:89–106, 2002.
- [34] F. Mofrad, R. Zoroofi, A. Tehrani-Fard, S. Akhlaghpour, M. Hori, Y. Chen, and Y. Sato. Statistical construction of a Japanese male liver phantom for internal radionuclide dosimetry. *Radiation Protection Dosimetry*, 141(2):140–8, 2010.
- [35] K. Sato, H. Noguchi, Y. Emoto, S. Koga, and K. Saito. Japanese adult male voxel phantom constructed on the basis of CT images. *Radiation Protection Dosimetry*, 123:337–344, 2007.

- [36] B. Zhang, J. Ma, L. Liu, and J. Cheng. CNMAN: a Chinese adult male voxel phantom constructed from color photographs of a visible anatomical data set. *Radiation Protection Dosimetry*, 124(2):130–136, 2007.
- [37] C. Y. Shi and X. G. Xu. Development of a 30-week-pregnant female tomographic model from computed tomography (CT) images for Monte Carlo organ dose calculations. *Medical Physics*, 31(9):2491–2497, 2004.
- [38] J. Becker, M. Zankl, U. Fill, and C. Hoeschen. Katja - the 24th week of virtual pregnancy for dosimetric calculations. *Polish Journal of Medical Physics and Engineering*, 14(1):13–19, 2008.
- [39] X. G. Xu, V. Taranenko, J. Zhang, and C. Shi. A boundary-representation method for designing whole-body radiation dosimetry models: pregnant females at the ends of three gestational periods - RPI-P3, -P6 and -P9. *Physics in Medicine and Biology*, 52:7023–7044, 2007.
- [40] L. Bibin, J. Anquez, J. P. de la Plata Alcalde, T. Boubekeur, and E. D. Angelini. Whole-body pregnant woman modeling by digital geometry processing with detailed uterofetal unit based on medical images. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 57(10), 2010.
- [41] T. F. Cootes, C. J. Taylor, D. H. Cooper, and J. Graham. *Training Models of Shape from Sets of Examples*, book section 2:9-18. Springer London, 1992.
- [42] A. Ding, D. Zhang, and X. G. Xu. Training software using virtual-reality technology and pre-calculated effective dose data. *Health Physics*, 96(5):594–601, 2009.
- [43] B. Tsagaan, A. Shimizu, H. Kobatake, and K. Miyakawa. *An Automated Segmentation Method of Kidney Using Statistical Information*, volume 2488 of *Lecture Notes in Computer Science*, book section 69, pages 556–563. Springer Berlin Heidelberg, 2002.
- [44] C. Lee, D. Lodwick, D. Hasenauer, J. L. Williams, C. Lee, and W. E. Bolch. Hybrid computational phantoms of the male and female newborn patient: NURBs-based whole-body models. *Physics in Medicine and Biology*, 52(12):3309–33, 2007.
- [45] C. Lee, D. Lodwick, J. Hurtado, D. Pafundi, J. Lwilliams, and W. E. Bolch. The UF family of reference hybrid phantoms for computational radiation dosimetry. *Physics in Medicine and Biology*, 55(2):339–363, 2010.
- [46] Y. H. Na, B. Zhang, J. Zhang, P. F. Caracappa, and G. Xu. Deformable adult human phantoms for radiation protection dosimetry: anthropometric data representing size distributions of adult worker populations and software algorithms. *Physics in Medicine and Biology*, 55:3789–3811, 2010.

- [47] J. Bond, J. Frush, S. Hon, C. Eckersley, C. H. Williams, J. Feng, D. J. Tward, T. J. T. Ratnanather, M. I. Miller, D. Frush, E. Samei, and W. P. Segars. Series of 4D adult XCAT phantoms for imaging research and dosimetry. *Proceedings SPIE 8313*, Medical Imaging 2012: Physics of Medical Imaging, 83130P.
- [48] T. McInerney and D. Terzopoulos. Deformable models in medical images analysis: a survey. *Medical Image Analysis*, 1(2):91–108, 1996.
- [49] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos. Snakes: Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, pages 321–331, 1988.
- [50] T. McInerney and D. Terzopoulos. A dynamic finite element surface model for segmentation and tracking in multidimensional medical images with application to cardiac 4d image analysis. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 19(1):69–83, 1995.
- [51] J. C. Gower. Generalized Procrustes analysis. *Psychometrika*, 40:33–51, 1975.
- [52] C. Goodall. Procrustes methods in the statistical analysis of shape. *Journal of the Royal Statistical Society*, 53(2):285–339, 1991.
- [53] L. H. Staib and J. S. Duncan. Deformable Fourier models for surface finding in 3-D images. *Visualization in Biomedical Computing*, 1808:90–104, 1992.
- [54] T. Tateyama, M. Okegawa, S. Kohara, H. Xianhua, S. Kanasaki, A. Furukawa, J. Huiyan, K. Murata, and C. Yen-Wei. *Shape representation of human anatomy using spherical harmonic basis function*. 6th International Conference on Computer Sciences and Convergence Information Technology (ICCIT), pages 866-869. 2011.
- [55] I. G. Zubal, C. R. Harrell, E. O. Smith, Z. Rattner, G. Gindi, and P. B. Hoffer. Computerized three-dimensional segmented human anatomy. *Medical Physics*, 21(2):299–302, 1994.
- [56] A. Matheny and D. B. Goldgof. The use of three- and four-dimensional surface harmonics for rigid and nonrigid shape recovery and representation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(10):967–981, 1995.
- [57] G. Székely, A. Kelemen, C. Brechbühler, and G. Gerig. Segmentation of 2-D and 3- D objects from MRI volume data using constrained elastic deformations of flexible fourier contour and surface models. *Medical Image Analysis*, 1(1):19–34, 1996.
- [58] A. Kelemen, G. Székely, and G. Gerig. Elastic model-based segmentation of 3-D neuroradiological data sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):828–839, 1999.
- [59] C. Nikou, S. G. Bueno, F. Heitz, and J. P. Armspach. A joint physics-based statistical deformable model for multimodal brain image analysis. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(10):1026–1037, 2001.

- [60] C. Davatzikos, T. Xiaodong, and S. Dinggang. Hierarchical active shape models, using the wavelet transform. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(3):414–423, 2003.
- [61] D. Nain, S. Haker, A. Bobick, and A. Tannenbaum. Multiscale 3-D shape representation and segmentation using spherical wavelets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 26(4):598–618, 2007.
- [62] Y. Peng, P. E. Grant, Y. Qi, H. Xiao, F. Segonne, R. Pienaar, E. Busa, J. Pacheco, N. Makris, R. L. Buckner, P. Golland, and B. Fischl. Cortical surface shape analysis based on spherical wavelets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 26(4):582–597, 2007.
- [63] A. Dervieux and F. Thomasset. *A finite element method for the simulation of a Rayleigh-Taylor instability. Approximation methods for Navier-Stokes problems*. Springer Berlin Heidelberg, 1980.
- [64] S. Osher and J. A. Sethian. Fronts propagating with curvature-dependent speed: Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations. *Journal of Computational Physics*, 79(1):12–49, 1988.
- [65] D. Cremers, M. Rousson, and R. Deriche. A review of statistical approaches to Level Set segmentation: Integrating color, texture, motion and shape. *International Journal of Computer Vision*, 72(2):195–215, 2007.
- [66] S. Osher and N. Paragios. *Geometric Level Set Methods in Imaging Vision and Graphics*. Springer, 2003.
- [67] H. Blum. Biological shape and visual science (part I). *Journal of Theoretical Biology*, 38(2):205–287, 1973.
- [68] S. Pizer, P. T. Fletcher, S. Joshi, A. Thall, J. Chen, Y. Fridman, D. Fritsch, A. G. Gash, J. Glotzer, M. Jiroutek, C. Lu, K. Muller, G. Tracton, P. Yushkevich, and E. Chaney. Deformable m-reps for 3D medical image segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 55(2-3):85–106, 2003.
- [69] P. A. Yushkevich, Z. Hui, and J. C. Gee. Continuous medial representation for anatomical structures. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 25(12):1547–1564, 2006.
- [70] S. Suzuki, N. Suzuki, A. Hattori, A. Uchiyama, and S. Kobayashi. Sphere-filled organ model for virtual surgery system. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 23(6):714–722, 2004.
- [71] L. G. Shapiro and G. C. Stockman. *Computer Vision*, pages 279–325. New Jersey, Prentice-Hall, 2001.
- [72] B. Jähne. *Digitale Bildverarbeitung, 6. Auflage*. Springer Berlin Heidelberg, 2005.

Literaturverzeichnis

- [73] M. Sonka and J. M. Fitzpatrick. *Handbook of Medical Imaging*, volume 2 of *Medical Image Processing and Analysis*. SPIE Press, 2000.
- [74] *Handbook of Medical Imaging*. Processing and Analyzing. Academic Press, 2000.
- [75] J. C. Russ. *The image processing handbook*. CRC Press, Inc., 2. edition, 1995.
- [76] T.S. You, editor. *Insight into Imagines*. Principles and Practice for Segmentation, Registration and Image Analysis. A K Peters, Ltd., 2004.
- [77] G. N. Srinivasan and G. Shobha. Segmentation techniques for target recognition. *WSEAS Transactions on Computers*, 7(10), 2008.
- [78] T. H. Cormen, C. E. Leiserson, and C. Rivest, R. L. und Stein. *Algorithmen - Eine Einführung, 2. Auflage*. ISBN 978-3-486-58262-8, 2007.
- [79] A. X. Falcão, J. K. Udupa, S. Samarasekera, S. Sharma, B. E. Hirsch, and R. d. A. Lotufo. User-steered image segmentation paradigms: Live wire and live lane. *Graphical Models and Image Processing*, 60(4):233–260, 1998.
- [80] E. N. Mortensen and W. A. Barrett. Intelligent scissors for image composition. *Computer Graphics Proceedings of SIGGRAPH*, pages 191–198, 1995.
- [81] D. L. Collins, C. J. Holmes, T. M. Peters, and A. C. Evans. Automatic 3-D model-based neuroanatomical segmentation. *Human Brain Mapping*, 3(3):190–208, 1995.
- [82] S. Osher and R. P. Fedkiw. Level Set methods: an overview and some recent results. *Journal of Computational physics*, 169(2):463–502, 2001.
- [83] T. F. Cootes, G. J. Edwards, and C. J. Taylor. Active appearance models. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23(6):681–685, 2001.
- [84] A. Neumann and C. Lorenz. Statistical shape model based segmentation of medical images. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 22(2):133–143, 1998.
- [85] B. van Ginneken, M. de Bruijne, M. Loog, and M. A. Viergever. Interactive shape models. In *in Medical Imaging: Image Processing*, pages 1206–1216. Press, 2003.
- [86] M. Caon, G. Bibbo, and J. Pattison. An EGS4-ready tomographic computational model of a fourteen year-old female torso for calculating organ doses from CT examinations. *Physics in Medicine and Biology*, 44(9):2213–2225, 1999.
- [87] M. Caon. Voxel-based computational models of real human anatomy: a review. *Radiation and Environmental Biophysics*, 42:229–235, 2004.
- [88] R. Kramer, J. W. Vieira, H. J. Khoury, F. R. A. Lima, and D. Fuelle. All about MAX: a male adult voxel phantom for Monte Carlo calculations in radiation protection dosimetry. *Physics in Medicine and Biology*, 48:1239–1262, 2003.

Literaturverzeichnis

- [89] R. Kramer, H. J. Khoury, J. W. Vieira, E. C. M. Loureiro, V. J. M. Lima, F. R. A. Lima, and G. Hoff. All about FAX: a female adult voxel phantom for Monte Carlo calculations in radiation protection dosimetry. *Physics in Medicine and Biology*, 49:5203–5216, 2004.
- [90] C. T. Lee and J. Lee. The Korean adult male voxel model “Korman“ segmented form magnetic resonance images. *Medical Physics*, 31(5):1017–1022, 2004.
- [91] C. Lee, C. Lee, S.-H. Park, and J.-K. Lee. Development of the two Korean adult tomographic computational phantoms for organ dosimetry. *Medical Physics*, 33(2):380–390, 2006.
- [92] H. Zaidi and G. X. Xu. Computational anthropomorphic models of the human anatomy: The path to realistic Monte Carlo modeling in radiological sciences. *The Annual Review of Biomedical Engineering*, 9:471–500, 2007.
- [93] G. Gualdrini and P. Ferrari. A review of voxel model development and radiation protection applications at ENEA. *Radiation Protection Dosimetry*, 140(4):383–390, 2010.
- [94] D. Broggio, J. Beurrier, M. Bremaud, A. Desbrée, J. Farah, C. Huet, and D. Franck. Construction of an extended library of adult male 3D models: rationale and results. *Physics in Medicine and Biology*, 56(23):7659–7692, 2011.
- [95] W.P. Segars, J. Bond, J. Frush, S. Hon, C. Eckersley, C.H. Williams, J. Feng, D.J. Tward, J.T. Ratnanather, M.I. Miller, D. Frush, and E. Samei. Population of anatomically variable 4D XCAT adult phantoms for imaging research and optimization. *Medical Physics*, 40(4):11, 2013.
- [96] M. Zankl, K. F. Eckerman, and W. E. Bolch. *The ICRP reference computational phantoms*, pages 377–388. Series in Medical Physics and Biomedical Engineering. Taylor & Francis, Boca Raton, London, New York, 2010.
- [97] W. Bolch, C. Lee, M. Wayson, and P. Johnson. Hybrid computational phantoms for medical dose reconstruction. *Radiation and Environmental Biophysics*, 49(2):155–168, 2010.
- [98] M. R. Maynard, J. W. Geyer, J. P. Aris, R. Y. Shifrin, and W. Bolch. The UF family of hybrid phantoms of the developing human fetus for computational radiation dosimetry. *Physics in Medicine and Biology*, 56(15):4839, 2011.
- [99] V. F. Cassola, V. J. d. M. Lima, R. Kramer, and H. J. Khoury. FASH and MASH: female and male adult human phantoms based on polygon mesh surfaces: I. development of the anatomy. *Physics in Medicine and Biology*, 55:133–162, 2010.
- [100] J. Becker, M. Zankl, U. Fill, and C. Hoeschen. About Katja, a virtual human phantom of a 24-week pregnant woman. In L. Otto and H. Exner, editors, *7th International Scientific Conference SATERRA “Human and Environment“*, volume 3, pages 5–7. Hochschule Mittweida (FH).

Literaturverzeichnis

- [101] E.A. Karabassi, G. Papaioannou, and T. Theoharis. A fast depth-buffer-based voxelization algorithm. *Journal of Graphics Tools*, 4(4), 1999.
- [102] S. Fang and H. Chen. Hardware accelerated voxelization. *Computers and Graphics*, 24(3):433–442, 2000.
- [103] A. Kolb and L. John. Volumetric model repair for virtual reality applications. *Eurographics*, 2001.
- [104] D. Haumont and N. Warzée. Complete polygonal scene voxelization. *Journal of Graphics Tools*, 7(3):27–41, 2002.
- [105] F. Nooruddin and G. Turk. Simplification and repair of polygonal models using volumetric techniques. *IEEE Transaction on Visualization and Computer Graphics*, 9(2), 2003.
- [106] P. Min. Binvox-3d mesh voxelizer. <http://www.google.com/search?q=binvox>.
- [107] H. P. Meinzer. *20 Jahre Medizinische Bildverarbeitung. Bildverarbeitung für die Medizin 2000, Algorithmen - Systeme - Anwendungen*, Alexander Horsch, Thomas Lehmann, Editoren. Springer Berlin Heidelberg, ISBN: 978-3-540-67123-7 (Print) 978-3-642-59757-2 (Online), 2000.
- [108] A. Schroeder, M. Makabe, G.P. Glombitza, M. Heiland, J. Albers, C.F. Vahl, J. Gaa, S. Hagl, M. Georgi und H. P. Meinzer. *Automatische Orientierung in dreidimensionalen Bilddaten des Herzens*. Springer, Seiten 594-601, 1997.
- [109] J. C. A. Barata and M. S. Hussein. The Moore-Penrose Pseudoinverse: A tutorial review of the theory. *Brazilian Journal of Physics*, 42(1-2):146–165, 04/2012.
- [110] E. Meyer zu Bexten und J. Hiltner. Medizinische Bildverarbeitung: Aktueller Stand und Zukunftsperspektiven. In *Bildverarbeitung für die Medizin*, 1998.
- [111] Thomas Martin Lehmann, Volker Metzler, Klaus Spitzer, and Thomas Tolxdorff, editors. *Bildverarbeitung für die Medizin: Algorithmen, Systeme, Anwendungen, Proceedings des Aachener Workshops, Aachen, Germany, March 26-27, 1998*, volume 12 of *CEUR Workshop Proceedings*. Springer, 1998.
- [112] AnalyzeDirect Inc. Analyze. <http://www.analyzedirect.com/Analyze>, 2014.
- [113] ImageJ. <http://imagej.nih.gov/ij/>, 2014.
- [114] J. Canny. A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1986.
- [115] O. Tischenko. Edge detection algorithm, personal communication, 2013.
- [116] T. Freeman. Biological data personalize radiotherapy. <http://medicalphysicsweb.org/cws/article/research/56565>, 2014.