

Algorithmus zur Segmentierung der Hohlnadeln bei HDR-Brachytherapie des Prostatakarzinoms

Version 1

- Anwendungsfall: TRUS-Daten sind bereits manuell segmentiert
- Leistung: Automatische Segmentierung der Nadeln, Anzeige der manuell rekonstruierten Nadeln, Berechnung der Abweichungen zwischen beiden Segmentierungen (dabei ist im Array „matchingLabels“ die korrekte Zuordnung der Segmentierungen beider Versionen zu prüfen – eine doppelte Zuordnung einer Zahl ist manuell durch Löschung der falsch zugeordneten Nadel in den Arrays referencePoints, referencePointsVoxels, automaticSegmentationPoints, automaticSegmentationPointsVoxels und anschließende Ausführung des Codes ab Zeile 1782 zu korrigieren).

Version 2

- Anwendungsfall: TRUS-Daten ohne manuelle Segmentierung
- Leistung: Automatische Segmentierung der Nadeln

Nutzerinteraktion in beiden Versionen:

- Laden des TRUS-Datensatzes über Eingabe des Dateipfades in der im Eingangskommentar genannten Zeile
- Einzeichnen einer alle Nadeln enthaltenden ROI im sich automatisch öffnenden interaktiven Fenster durch Ziehen einer Ellipse mit Hilfe des Cursors und Bestätigung per Doppelklick

Auskommentierte Optionen:

- Spline-Interpolation der Segmentierungspunkte aller Schichten der einzelnen Nadeln
- DICOM-Speicherung für Version 1
- Rechenzeitmessung
- Plots von Zwischenergebnissen

Rückfragen:

Juliane Peter

juliane-peter@web.de