



RESEARCH AND DEVELOPMENT PROJEKT ZWISCHENBERICHT

Inferring Body Weight from CT Scans

durchgeführt am Studiengang
Informationstechnik und System-Management
Fachhochschule Salzburg GmbH

vorgelegt von
Justin Michael Schönberg
Florian Hinterberger
Patrick Hofmann

Studiengangsleiter: FH-Prof. DI Dr. Gerhard Jöchtl
Betreuer: FH-Prof. Dr. Michael Gadermayr

Puch/Salzburg, Juli 2024

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung	1
2 Stand der Technik	3
2.1 CT-Scan	3
2.2 DICOM	5
2.3 Modelle	6
2.3.1 2D CNN	6
2.3.2 3D CNN	6
2.3.3 TotalSegmentator	7
2.4 Related Work	8
3 Proof Of Concept	10
4 Praktische Umsetzung und Implementierung	11
4.1 Data Extraction	11
4.2 Data Understanding	11
4.3 Data Preparation	17
4.4 Data Modelling	19
5 Aktuelles Resümee	25
6 Ausblick	26
7 Dokumentation Projektmanagement	27
7.1 Team-Meetings	27
7.2 Zeitschiene	28
7.3 Kanban-Board	29
7.4 Zeitaufzeichnung	30
Literaturverzeichnis	32

Abkürzungsverzeichnis

Voxel	Volumenelement
HU	Hounsfield-Einheit
CT	Computertomographie
DICOM	Digital Imaging and COmmunications in Medicine
CNN	Convolutional Neural Networks
ResNet	Residual neural network

Abbildungsverzeichnis

1	Projektziel	1
2	CT-Scan Slice	3
3	CT slice	4
4	CT slice thickness	5
5	Faltungsoperation in der 2DCNN-Architektur	6
6	Faltungsoperation in der 3DCNN-Architektur	7
7	Übersicht über alle 104 anatomischen Strukturen, die vom TotalSegmentator segmentiert wurden.	8
8	Häufigkeit von Patientengeschlecht im Datensatz	12
9	Häufigkeit von Patientenalter im Datensatz	13
10	Häufigkeit von Patientengewicht im Datensatz	13
11	Häufigkeit von Patientengröße im Datensatz	14
12	Häufigkeit von CT-Aufnahmebereich im Datensatz	14
13	Häufigkeit von Pixel Abstände im Datensatz	15
14	Häufigkeit von Slice Abstände im Datensatz	15
15	Häufigkeit von Slice Anzahl pro Patient im Datensatz	16
16	Beispiele für Hintergrundartefakte in CT-Scans	17
17	Beispiele für das Entfernen von Hintergrundartefakten in CT-Scans	19
18	Funktionsweise 3D CNN	21
19	Verschiedene Ansichten des Körpers	22
20	Segmentierung mit dem TotalSegmentator	23
21	Momentaner Stand	25
22	Ausblick	26
23	Confluence-Meetings	27
24	Jira-Zeitschienenboard	29
25	Jira-Kanban-Board	30
26	Zeitaufteilung	31
27	Zeitaufwand pro Projektpaket	31

1 Einleitung

Dieses Projekt befasst sich mit der Gewichtsinferenz von Patienten anhand von CT-Aufnahmen mittels Methoden des maschinellen Lernens. Die zentrale Forschungsfrage lautet: *"Ist es möglich, das Patientengewicht anhand eines CT-Scans mithilfe maschinellen Lernens zu ermitteln?"* Verwandte Arbeiten zu diesem Thema, wie das Paper "A deep-learning method using computed tomography scout images for estimating patient body weight" [1], zeigen, dass ähnliche Ansätze bereits vielversprechende Ergebnisse liefern können.

Das Körpergewicht spielt in der Medizin eine entscheidende Rolle, insbesondere bei der Dosierung von Medikamenten und Kontrastmitteln sowie bei der Verwaltung der Strahlendosis. Eine genaue Schätzung des Körpergewichts ist daher unerlässlich, um die Patientensicherheit und die Wirksamkeit der Behandlung zu gewährleisten. Stakeholder dieses Projekts sind die Salzburger Landeskliniken (SALK), insbesondere die Abteilung für Nuklearmedizin, die ein starkes Interesse an präzisen und effizienten Methoden zur Gewichtsschätzung hat.

Es wird angestrebt, das Patientengewicht mit einer Toleranz von $+/- 5 \text{ kg}$ vom tatsächlichen Gewicht zu bestimmen. Der grundlegende Fokus dieser Arbeit liegt auf der Verbesserung bestehender Methoden zur Gewichtsinferenz. Dazu werden verschiedene Herangehensweisen getestet und evaluiert, darunter 3D Convolutional Neural Networks (CNNs), 2D-Projektionen gefolgt von 2D CNNs, Segmentationsmethoden und grundlegende Supervised Learning Methoden. Ziel ist es, entweder die beste Methode auszuwählen oder einen Mittelwert der Vorhersagen verschiedener Methoden zu verwenden, um die Genauigkeit und Zuverlässigkeit der Gewichtsschätzung zu maximieren.

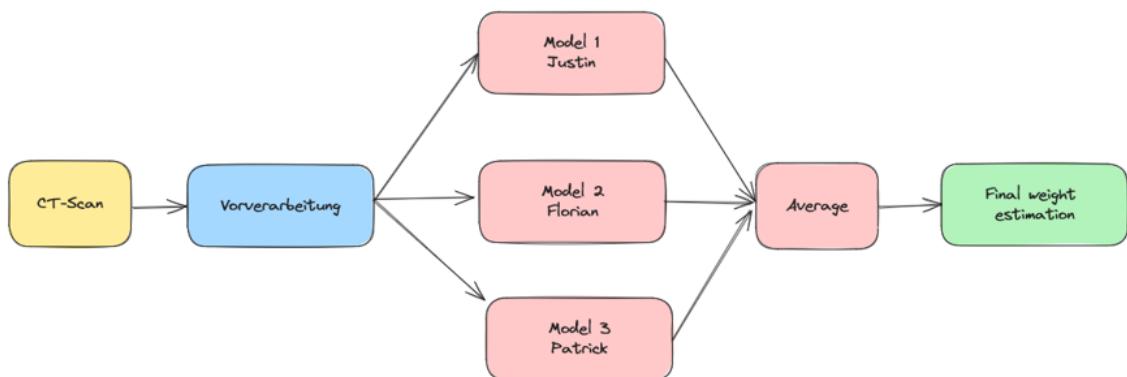


Abbildung 1: Projektziel

Gemäß der Darstellung in Abbildung 1 ist das Ziel dieser Studie, einen CT-Scan einzule-

sen, diesen durch Vorverarbeitungsschritte zu optimieren, mittels verschiedener Modellsätze das Gewicht zu inferieren, den Mittelwert der berechneten Gewichte zu bestimmen und dieses als Ergebnis auszugeben.

Von den Salzburger Landeskliniken (SALK) wurde ein umfangreicher CT-Datensatz zur Verfügung gestellt, der 2 Terabyte an anonymisierten CT-Aufnahmen umfasst. Diese Aufnahmen sind als DICOM-Dateisätze gespeichert und stellen eine Zusammenfassung aller CT-Scans dar, die in einem bestimmten Zeitraum, durchgeführt wurden. Diese Datenbasis ermöglicht es, die verschiedenen Methoden zur Gewichtsinferenz umfassend zu trainieren, testen und evaluieren.

2 Stand der Technik

2.1 CT-Scan

Die Computertomographie (CT) ist eine medizinische Bildgebungsmodalität, die mithilfe von Röntgenstrahlen detaillierte Querschnittsbilder des Körpers erzeugt. Diese Bilder sind unter anderem für die Diagnose von Krankheiten und Verletzungen, da sie detaillierte Informationen über die Gewebestrukturen liefern.

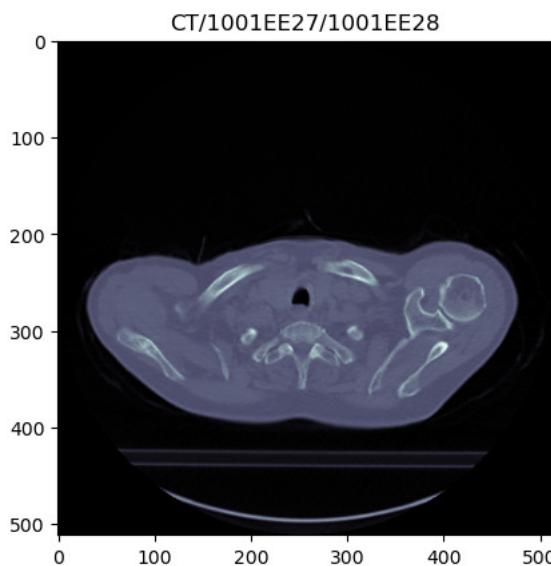


Abbildung 2: CT-Scan Slice

Voxel

Ein Voxel (Volumenelement) ist das dreidimensionale Äquivalent eines Pixels in zweidimensionalen Bildern. Während ein Pixel nur Länge und Breite hat, besitzt ein Voxel zusätzlich eine Tiefe, die der Schichtdicke des CT-Scans entspricht. Ein CT-Bild besteht aus einer Vielzahl Voxels, die gemeinsam das dreidimensionale Bild des gescannten Körperteils formen (Abbildung 3).

Hounsfield-Einheiten (HU)

Die Hounsfield-Einheit ist eine dimensionslose Einheit, die verwendet wird, um die Dichte von Geweben in CT-Bildern zu quantifizieren. Sie basiert auf der Schwächung von Röntgenstrahlen im Gewebe. Jeder Voxel wird durch eine spezifische Hounsfield-Einheit (HU) charakterisiert (Abbildung 3).

In CT-Bildern representiert somit die HU konkrete Werte, die direkt proportional zur

Dichte des Gewebes sind. Im Gegensatz zu den Pixeln in Röntgenbildern, welche lediglich Helligkeitswerte darstellen und keine direkten Rückschlüsse auf die Gewebedichte zulassen, bieten HU eine präzise und messbare Skala für die Dichte verschiedener Gewebearten.

Jede HU-Zahl steht für einen spezifischen Wert, der die Schwächung der Röntgenstrahlen durch das Gewebe quantifiziert. So entspricht beispielsweise eine HU von 0 der Dichte von Wasser, während Luft einen Wert von -1000 HU und Knochenwerte zwischen +700 und +3000 HU aufweisen können. Diese Werte ermöglichen eine exakte Differenzierung und Analyse von Gewebetypen basierend auf ihrer Dichte.

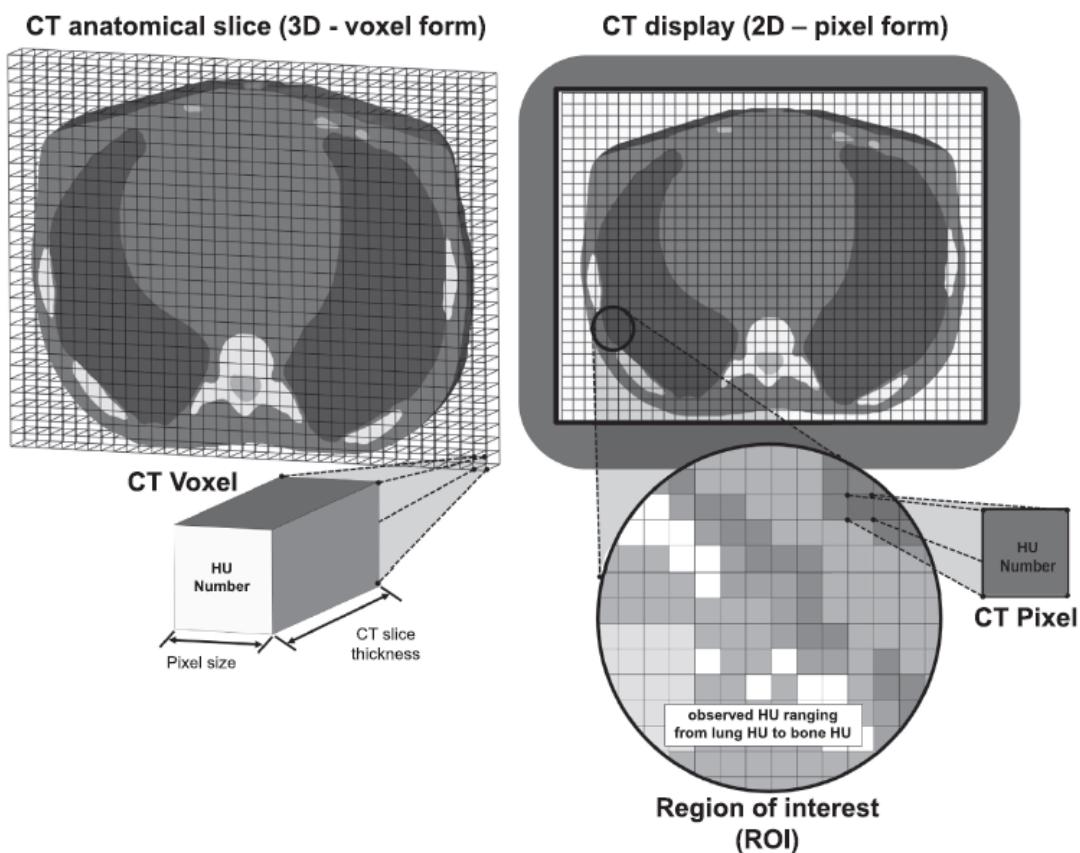


Abbildung 3: CT slice in Voxel- und Pixelform
Quelle:[2]

Schichtdicke eines CT slice

Die Schichtdicke eines CT-Scans bezieht sich auf die Höhe eines Voxels in der dritten Dimension und spielt eine wichtige Rolle für die Bildqualität und die diagnostische Genauigkeit. Dünne Schichten bieten eine höhere räumliche Auflösung und ermöglichen eine detailliertere Darstellung der Anatomie, wie in Abbildung 4 zwischen links und rechts gut erkennbar ist. Dies ist besonders nützlich bei der Untersuchung feiner Strukturen oder

kleiner Läsionen. Allerdings erfordert die Erstellung von dünneren Schichten eine höhere Strahlendosis und längere Scan-Zeiten. Daher muss die Schichtdicke sorgfältig ausgewählt werden, um ein Gleichgewicht zwischen Bildqualität und Strahlenexposition zu gewährleisten.

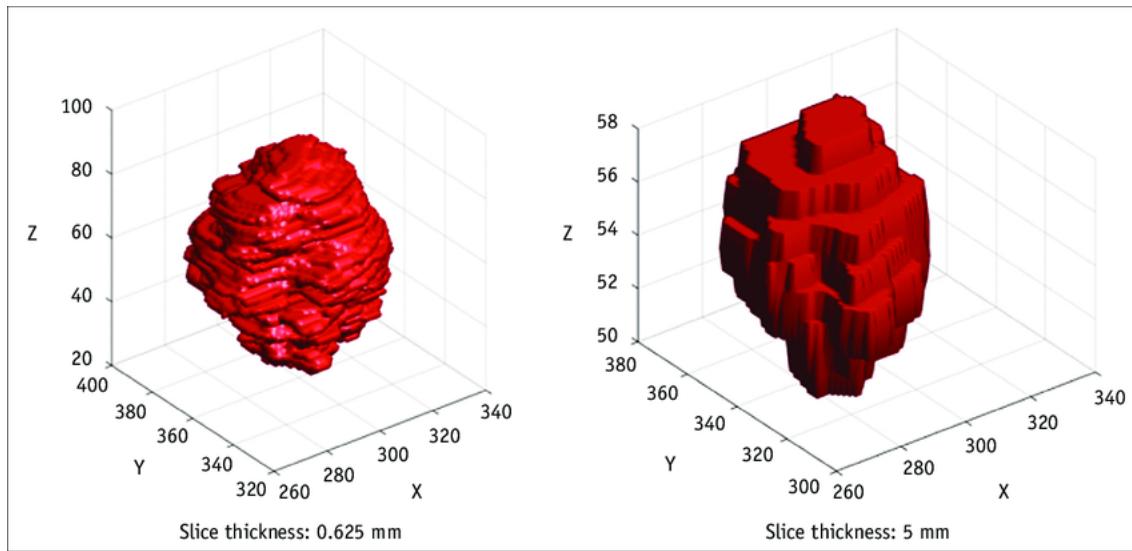


Abbildung 4: CT slice Dicke

Quelle:[3]

2.2 DICOM

DICOM (Digital Imaging and COmmunications in Medicine) ist ein internationaler Standard für die Erfassung, Verarbeitung, Speicherung und Übertragung medizinischer Bilddaten. Es wurde entwickelt, um die Interoperabilität von medizinischen Bildgebungsgeräten und Informationssystemen zu gewährleisten. Der Standard umfasst nicht nur Bildinformationen, sondern auch zugehörige Patientendaten und klinische Berichte. DICOM-Dateien bestehen aus einem Header (Metadaten) und einem Datensatz (Bilddaten). Der Header enthält Informationen wie Patientendaten, Aufnahmeparameter, Geräteinformationen und mehr[4].

Ein typischer CT-Scan kann bis zu etwa 250 Megabyte an Daten umfassen, je nach der Auflösung und anderen Parametern des Scanners. Die Bilddaten in DICOM-Dateien sind in der Regel nicht komprimiert, um die Datenintegrität und die Bildqualität zu erhalten. Zusätzlich zu den Bilddaten enthalten DICOM-Dateien auch redundante Metadaten, die sowohl für die Bildverarbeitung als auch für die klinische Auswertung von großer Bedeutung sind.

Zur Verwaltung und Strukturierung aller DICOM-Dateien wird eine spezielle Verzeichnisdatei verwendet, bekannt als DICOMDIR. Diese Datei ermöglicht eine systematische Organisation und Verwaltung der DICOM-Daten innerhalb eines Datensatzes oder einer Studie.

2.3 Modelle

2.3.1 2D CNN

2D Convolutional Neural Networks (2D-CNNs) sind eine Klasse von tiefen neuronalen Netzwerken, die speziell für die Verarbeitung von zweidimensionalen Daten wie Bildern und Videos entwickelt wurden. Seit ihrer Einführung haben 2D-CNNs die Bildverarbeitung revolutioniert und finden breite Anwendung in verschiedenen Bereichen wie Objekterkennung, Bildklassifikation, Segmentierung und Erkennung von Mustern in visuellen Daten. Die Fähigkeit von 2D-CNNs, wichtige Merkmale aus Bildern zu extrahieren und komplexe Muster zu erkennen, hat sie zu einem Standardwerkzeug im Bereich des maschinellen Lernens und der künstlichen Intelligenz gemacht. 2D-CNNs bestehen aus mehreren Schichten, von denen die wichtigsten die Convolutional Layer, Pooling Layer und Fully Connected Layer sind [5].

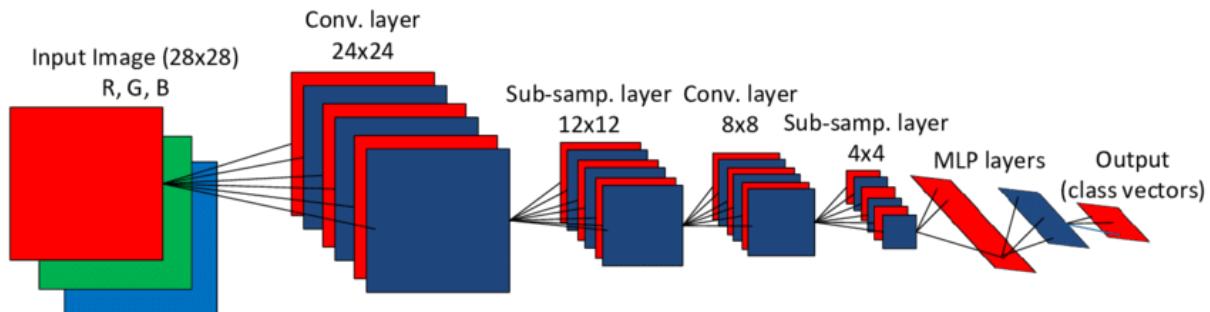


Abbildung 5: Faltungsoperation in der 2DCNN-Architektur

Quelle:[5]

2.3.2 3D CNN

3D Convolutional Neural Networks (3D-CNNs) sind eine Erweiterung der traditionellen 2D-CNNs, die insbesondere in den Bereichen der Bild- und Videoverarbeitung sowie der medizinischen Bildgebung angewendet werden. Im Gegensatz zu 2D-CNNs, die zweidimensionale Filter verwenden, um Merkmale aus Bildern zu extrahieren, nutzen 3D-CNNs

dreidimensionale Filter, die in der Lage sind, räumliche und zeitliche Informationen gleichzeitig zu erfassen. Dies macht sie besonders nützlich für die Analyse von Daten, die neben Höhe und Breite auch eine Tiefendimension besitzen, wie etwa Videos (wo die dritte Dimension die Zeit darstellt) oder medizinische Volumenbilder wie CT- und MRT-Scans. Durch die Integration dieser zusätzlichen Dimension können 3D-CNNs komplexere Muster und Zusammenhänge in den Daten erkennen, was zu verbesserten Ergebnissen bei der Klassifikation, Erkennung und Segmentierung führt [6].

3D-CNNs operieren durch den Einsatz von dreidimensionalen Convolutional Layern, die Volumendaten analysieren. Diese Layer verwenden 3D-Kernel, die durch das gesamte Volumen gleiten und dabei Merkmale aus allen drei Dimensionen extrahieren. Diese Herangehensweise ermöglicht es den Modellen, sowohl räumliche als auch zeitliche Abhängigkeiten zu erfassen, was bei zweidimensionalen Modellen nicht möglich ist [7].

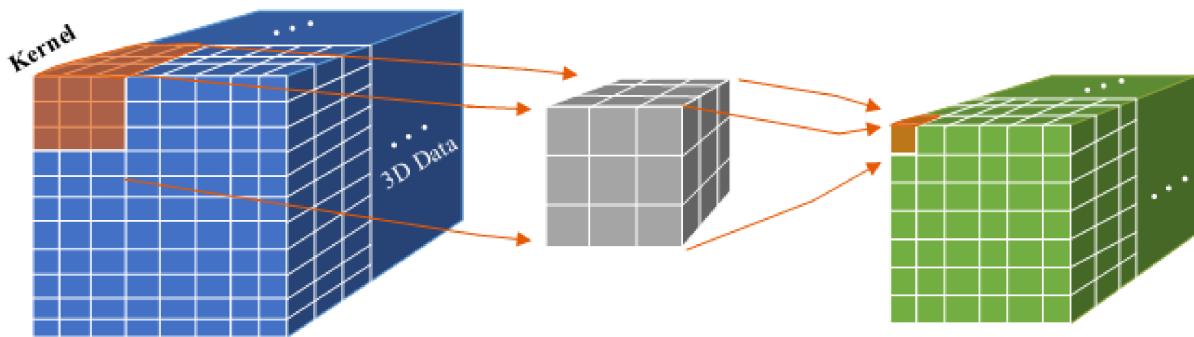


Abbildung 6: Faltungsoperation in der 3DCNN-Architektur

Quelle:[7]

2.3.3 TotalSegmentator

Die automatisierte Segmentierung anatomischer Strukturen in CT-Bildern hat sich als ein wesentliches Werkzeug in der medizinischen Bildanalyse etabliert. In den letzten Jahren haben Fortschritte im Bereich des maschinellen Lernens und der Bildverarbeitung zu erheblichen Verbesserungen in der Genauigkeit und Effizienz dieser Techniken geführt. Ein bemerkenswertes Beispiel ist das Paper *“TotalSegmentator: Robust Segmentation of 104 Anatomic Structures in CT Images”* [8], das die Entwicklung eines fortschrittlichen Segmentierungsmodells beschreibt, das in der Lage ist, 104 anatomische Strukturen robust und präzise zu segmentieren. Dieses Modell nutzt tiefes Lernen und umfangreiche Trainingsdatensätze, um eine hohe Genauigkeit bei der Segmentierung komplexer anatomischer Details zu erreichen, was einen bedeutenden Fortschritt gegenüber früheren Methoden darstellt, die oft auf wenige spezifische Strukturen beschränkt waren oder weni-

ger genaue Ergebnisse lieferten. Der TotalSegmentator repräsentiert somit den aktuellen Stand der Technik in der automatisierten medizinischen Bildanalyse und eröffnet neue Möglichkeiten für die klinische Anwendung und Forschung.

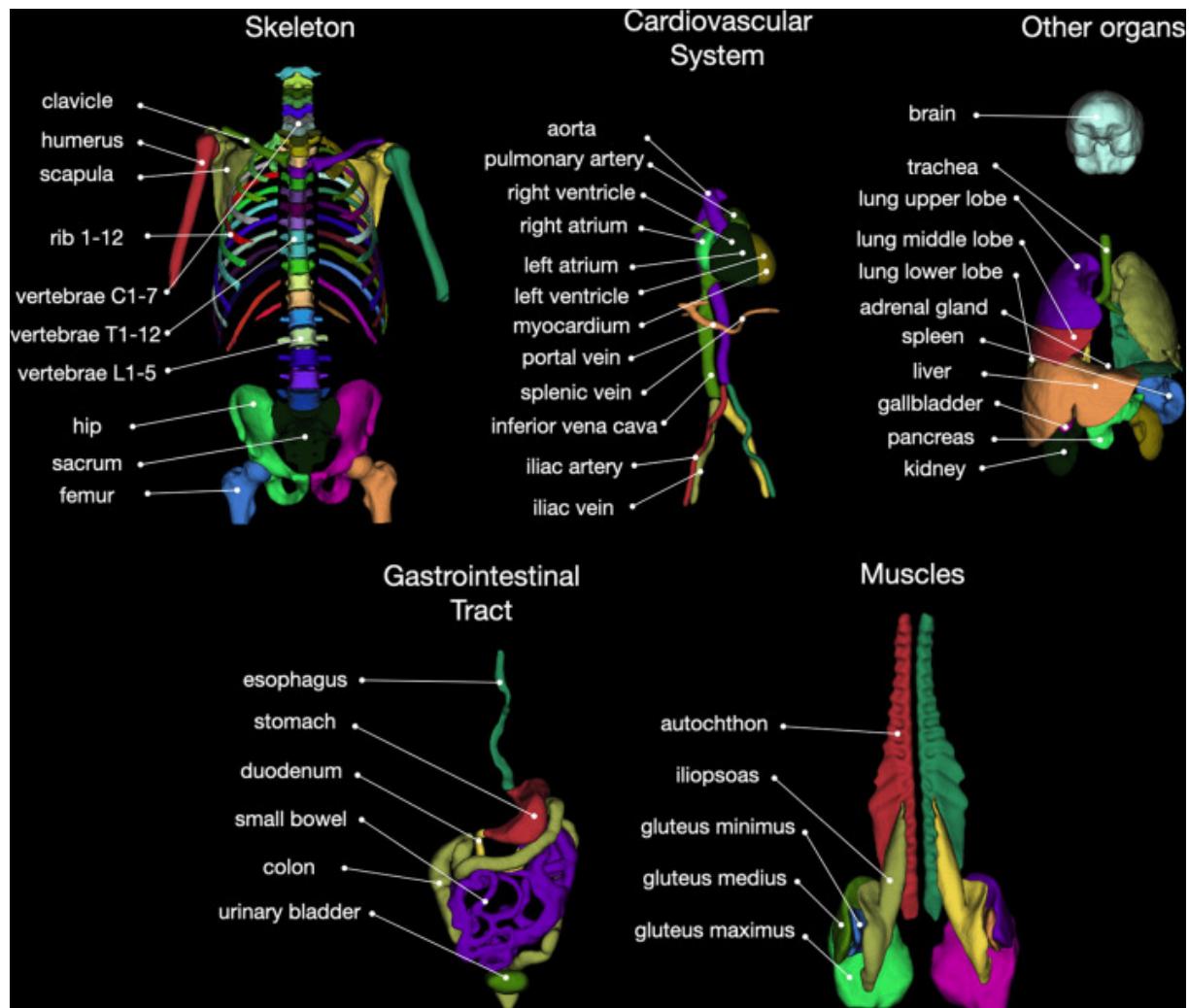


Abbildung 7: Übersicht über alle 104 anatomischen Strukturen, die vom TotalSegmentator segmentiert wurden.

Quelle:[8]

2.4 Related Work

Frühere Forschungen zur Gewichtsermittlung aus CT-Scans haben sich auf erwachsene Populationen konzentriert und dabei verschiedene Bildgebungstechniken und rechnergestützte Methoden verwendet. Das Paper “*Determination of Height, Weight, Body Mass Index, and Body Surface Area with a Single Abdominal CT Image1*” [9] untersuchte die Bestimmung von Körpergröße, Gewicht, Body-Mass-Index (BMI) und Körperoberfläche

anhand eines einzelnen axialen Schnitts von abdominalen CT-Bildern. Dieser Ansatz zeigte eine hohe Korrelation zwischen den geschätzten und den tatsächlichen Messungen und unterstrich das Potenzial der Verwendung von CT-Daten für präzise somatometrische Bewertungen [9].

Eine weitere relevante Arbeit (*“Determining body height and weight from thoracic and abdominal CT localizers in pediatric and young adult patients using deep learning”* [10]) befasste sich mit der Bestimmung der Körpergröße und des Gewichts aus thorakalen und abdominalen CT-Localizern bei pädiatrischen und jungen erwachsenen Patienten mithilfe von Deep Learning. Ein CT-Localizer, auch Scout-View oder Topogramm genannt, ist ein niederenergetisches Übersichtsbild, das vor der eigentlichen CT-Untersuchung erstellt wird, um die genaue Positionierung und Planung der Aufnahmen zu ermöglichen. Diese Studie demonstrierte die Effektivität der Nutzung von CT-Localizern zur präzisen Vorhersage somatometrischer Parameter und hob die Vielseitigkeit und Genauigkeit von Deep-Learning-Modellen in der medizinischen Bildanalyse hervor.

Im Gegensatz zu den auf Erwachsene fokussierten Studien zielt die aktuelle Forschung darauf ab, die Lücke in der pädiatrischen Gewichtsermittlung zu schließen, indem CT-Localizer und Deep-Learning-Modelle genutzt werden. Diese Methodik erweitert nicht nur die Anwendung der CT-basierten Gewichtsermittlung auf eine jüngere Altersgruppe, sondern integriert sich auch nahtlos in bestehende klinische Arbeitsabläufe durch die Nutzung standardisierter Bildgebungsprotokolle. Die Einbindung fortschrittlicher neuronaler Netzwerke, wie EfficientNetV2-S, unterstreicht das Bestreben der Studie, die Genauigkeit und Effizienz in der pädiatrischen Gewichtsermittlung zu verbessern.

Der erste Teil der Arbeit befasst sich mit der Darstellung des relevanten Wissenstandes in einer Form, die die gewählten Vorgangsweisen und Entscheidungen im Projekt verständlich machen. Dieser Abschnitt, beinhaltet - unter Verweis auf genutzte Quellen – Begriffsbestimmungen sowie Beschreibungen zur Methodik und verwendetes Material (Produktbeschreibungen). Die Ausgangssituation bzw. der Ist-Zustand wird kurz und sachlich skizziert.

3 Proof Of Concept

Um die Machbarkeit und Wirksamkeit der Methode zu demonstrieren, wurde eine bereits bestehende Arbeit als Proof of Concept gewählt.

Das vorliegende Paper “*A deep-learning method using computed tomography scout images for estimating patient body weight*” [1] zeigt, dass die Vorhersage des Körpergewichts anhand von Scout-Bildern mit einer bestimmten Toleranz möglich ist. In dieser Arbeit wurden tiefenlernende Modelle entwickelt und evaluiert, die in der Lage sind, das Körpergewicht automatisch aus CT-Scout-Bildern vorherzusagen. Scout-Bilder sind vorläufige Aufnahmen, die vor dem eigentlichen CT-Scan erstellt werden, um die Positionierung des Patienten zu überprüfen und eine Vorschau der anatomischen Strukturen zu bieten. Im Rahmen der Studie wurden 1831 Brust- und 519 Bauch-CT-Scout-Bilder mit den entsprechenden Körpergewichten verwendet.

Die Leistungsbewertung der Modelle ergab eine starke Korrelation zwischen den tatsächlichen und vorhergesagten Körpergewichten in beiden Datensätzen ($\rho = 0.947$, $p < 0.001$ für Brustbilder und $\rho = 0.869$, $p < 0.001$ für Bauchbilder). Die mittleren absoluten Fehler betrugen **2.75 kg** bzw. **4.77 kg** für die Brust- und Bauchdatensätze.

Diese Methode des maschinellen Lernens ist nützlich, um Körpergewichte aus CT-Scout-Bildern mit klinisch akzeptabler Genauigkeit zu schätzen und könnte potenziell zur Bestimmung der Kontrastmittel-Dosis und zur Verwaltung der CT-Dosis bei erwachsenen Patienten mit unbekanntem Körpergewicht verwendet werden.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die vorliegende Arbeit eine vielversprechende Grundlage für die Schätzung des Körpergewichts mittels Scout-Bildern darstellt. Dennoch gibt es Potenzial für Verbesserungen. Durch die Einbeziehung einer größeren Datenmenge und die Verwendung vollständiger CT-Scans anstelle der lediglich vorläufigen Scout-Bilder könnten die Genauigkeit und Zuverlässigkeit der Vorhersagen weiter erhöht werden.

4 Praktische Umsetzung und Implementierung

4.1 Data Extraction

Ganzkörperscans haben aufgrund der unkomprimierten Weise, wie DICOM-Daten gespeichert werden, bereits eine Größe von bis zu 250 MB. Dies führt zu zahlreichen redundanten Metadaten und Latenzen durch die Verwendung von DICOMDIR, was eine effiziente Datenverarbeitung erschwert.

Um die relevanten Informationen aus DICOM-Dateien zu extrahieren und für weitere Analysen zugänglich zu machen, wird folgender Prozess angewendet:

- **Extraktion der relevanten Features**

Extraktion der relevanten Features: Zunächst werden die DICOM-Dateien eingelesen und die benötigten Metadaten und Bilddaten extrahiert. Dieser Schritt wird üblicherweise mit Hilfe von spezialisierten Bibliotheken wie PyDicom in Python durchgeführt, die das Lesen und Analysieren von DICOM-Dateien unterstützen.

- **Strukturierung in Pandas DataFrame**

Die extrahierten Metadaten werden in einem strukturierten Format organisiert, typischerweise in einem Pandas DataFrame in Python. Ein DataFrame bietet eine tabellarische Darstellung der Daten, was die Analyse und Manipulation erleichtert.

- **Speichern als Feather File Format**

Um die extrahierten Daten effizient zu speichern und für spätere Analysen schnell zugänglich zu machen, wird das Feather File Format verwendet. Feather ist ein Dateiformat, das für die effiziente Speicherung von Datenframes entwickelt wurde und in der Data Science Community weit verbreitet ist.

4.2 Data Understanding

Um relevante Informationen aus den zwei Terabyte umfassenden CT-Scans zu extrahieren, wird eine detaillierte Datenanalyse durchgeführt. Dabei werden wesentliche Merkmale des Datensatzes identifiziert und herausgearbeitet, um die diagnostische und therapeutische Nutzung zu optimieren.

Patientengeschlecht

In Abbildung 8 wird die Geschlechtsverteilung der Patienten im Datensatz dargestellt. Die Daten sind in drei Kategorien unterteilt: männlich (M), weiblich (F) und andere (O). Die

Ergebnisse verdeutlichen, dass die Mehrheit der Patienten männlich ist. Diese ungleiche Geschlechterverteilung könnte wichtige Implikationen für die Forschung und Praxis haben.

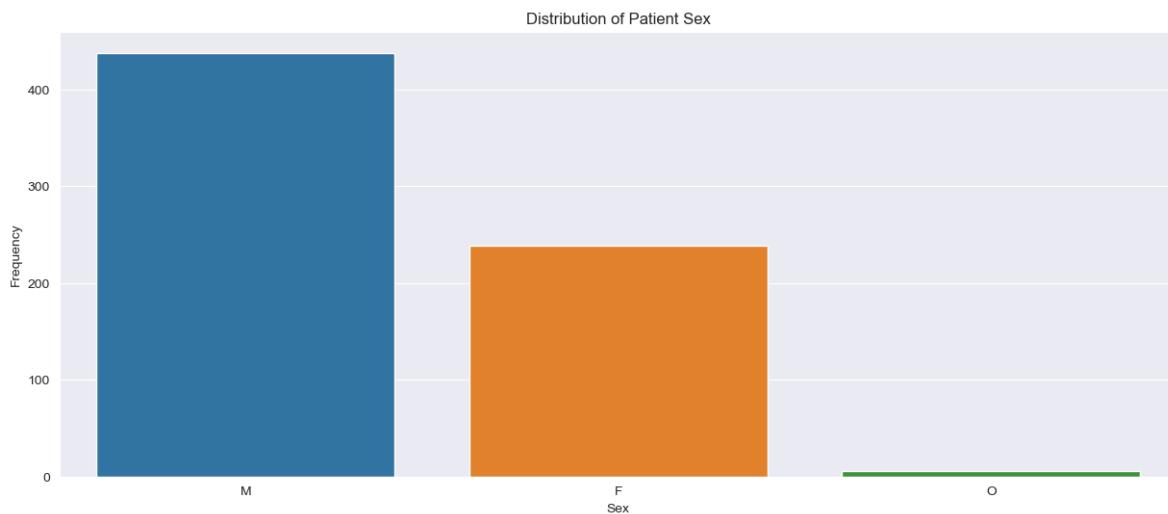


Abbildung 8: Häufigkeit von Patientengeschlecht im Datensatz

Patientenalter

In Abbildung 9 wird die Altersverteilung der Patienten im Datensatz dargestellt. Die Analyse zeigt, dass die Mehrheit der Patienten in höheren Altersgruppen angesiedelt ist, insbesondere zwischen 60 und 80 Jahren, mit einem deutlichen Höhepunkt bei etwa 80 Jahren. Im Gegensatz dazu ist die Anzahl der Kinder und jungen Personen im Datensatz sehr gering. Insbesondere wird es für unser Modell eine Herausforderung darstellen, präzise Vorhersagen für Kinder und junge Personen zu treffen, da diese Gruppen im Datensatz stark unterrepräsentiert sind. Es ist daher notwendig, dies bei der Interpretation der Modellergebnisse und der Generalisierbarkeit der Vorhersagen zu berücksichtigen. Ergänzende Daten oder spezialisierte Modelle könnten erforderlich sein, um die Genauigkeit für diese Altersgruppen zu verbessern.

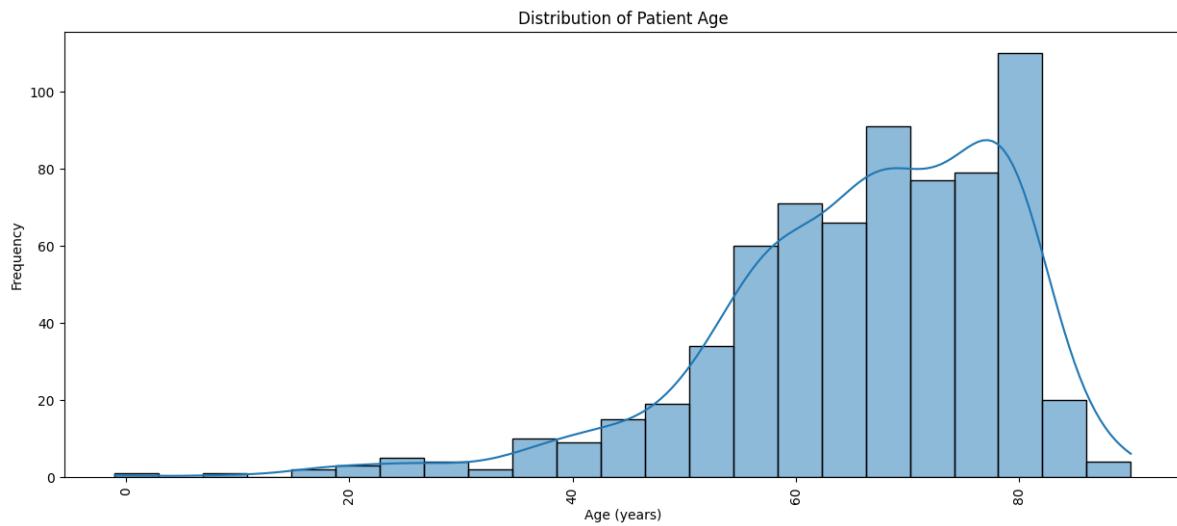


Abbildung 9: Häufigkeit von Patientenalter im Datensatz

Patientengewicht

In Abbildung 10 wird die Gewichtsverteilung der Patienten im Datensatz dargestellt. Die Analyse zeigt, dass die Mehrheit der Patienten ein durchschnittliches Gewicht aufweist, während extrem niedrige und extrem hohe Gewichte unterrepräsentiert sind. Diese ungleiche Verteilung stellt eine Herausforderung für unser Modell dar, da es Schwierigkeiten haben könnte, präzise Vorhersagen für Patienten mit sehr geringem oder sehr hohem Gewicht zu treffen. Da diese Extremwerte im Datensatz selten sind, mangelt es dem Modell an ausreichenden Trainingsdaten für diese Gewichtsbereiche, was die Genauigkeit der Vorhersagen in diesen Fällen beeinträchtigen kann.

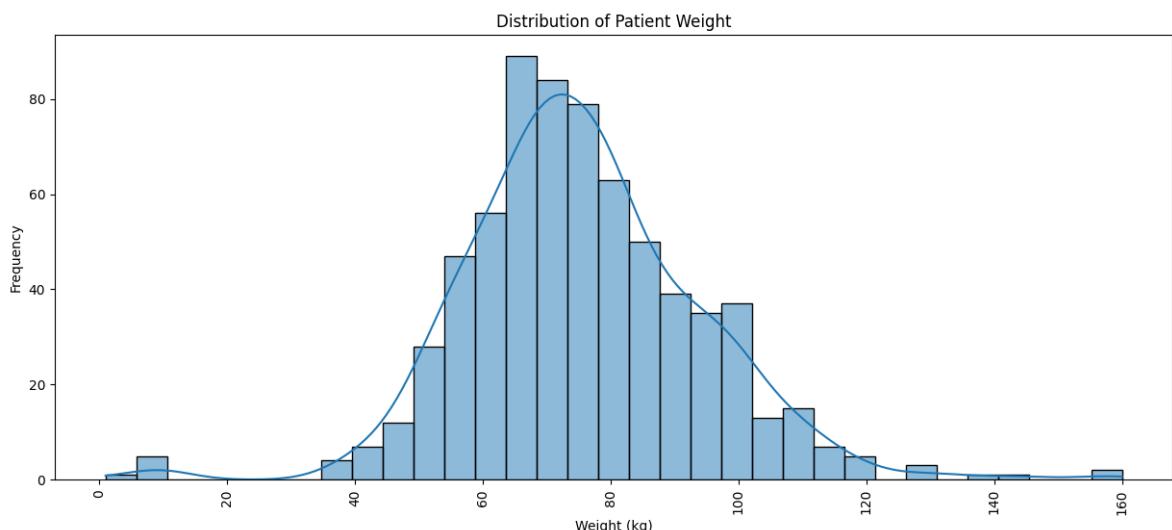


Abbildung 10: Häufigkeit von Patientengewicht im Datensatz

Patientengröße

In Abbildung 11 wird die Größenverteilung der Patienten im Datensatz dargestellt. Die Analyse zeigt, dass kleinere Personen unterrepräsentiert sind, während die meisten Patienten eine durchschnittliche Größe von etwa 1,7 Metern aufweisen. Diese ungleiche Verteilung könnte dazu führen, dass unser Modell Schwierigkeiten hat, präzise Vorhersagen für kleinere Patienten zu treffen.

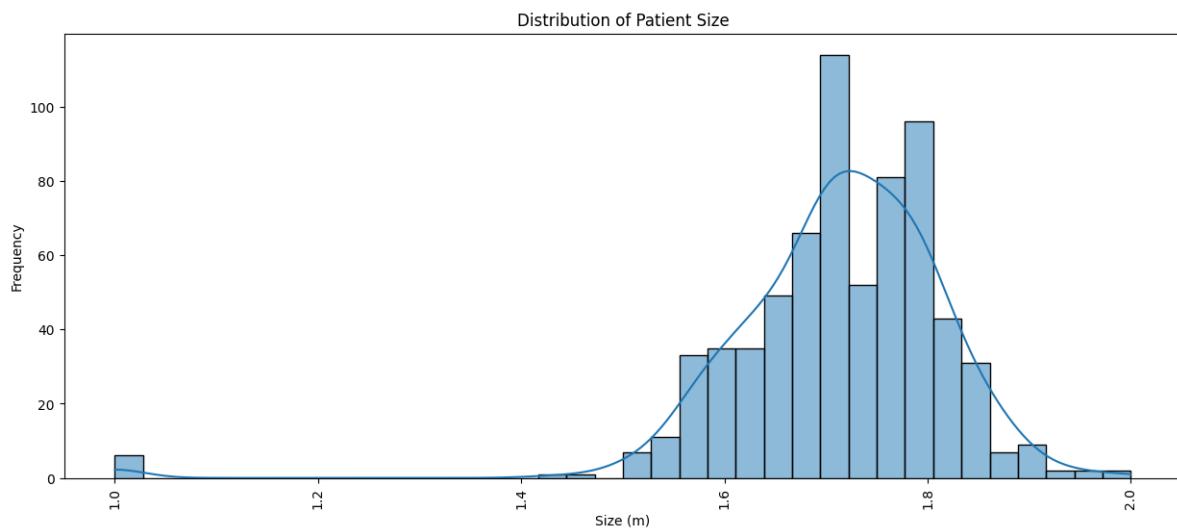


Abbildung 11: Häufigkeit von Patientengröße im Datensatz

CT-Aufnahmebereich

In Abbildung 12 wird die Anzahl der verschiedenen Aufnahmebereiche des Körpers dargestellt. Die Analyse zeigt, dass Stamm, Kopf/Stamm und Ganzkörper die meist vorkommenden CT-Scans im Datensatz sind.

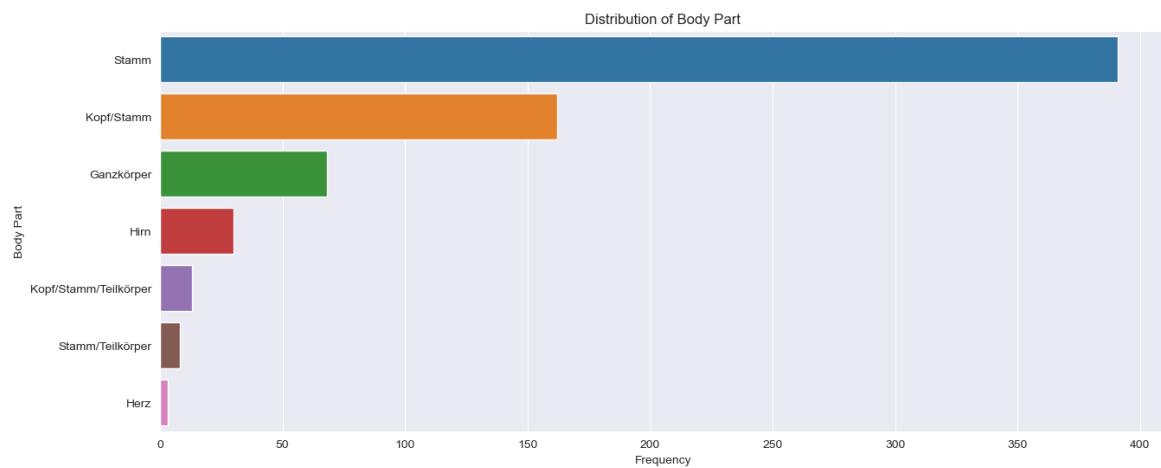


Abbildung 12: Häufigkeit von CT-Aufnahmebereich im Datensatz

Pixel Abstände (Abschnitt 2.1)

In Abbildung 13 wird die Anzahl der verschiedenen Pixelabstände in x/y Richtung pro Slice im Datensatz gezeigt. Die Analyse zeigt, dass aufgrund variabler Einstellungen des Röntgengeräts unterschiedliche Pixelabstände in den x- und y-Richtungen entstehen.

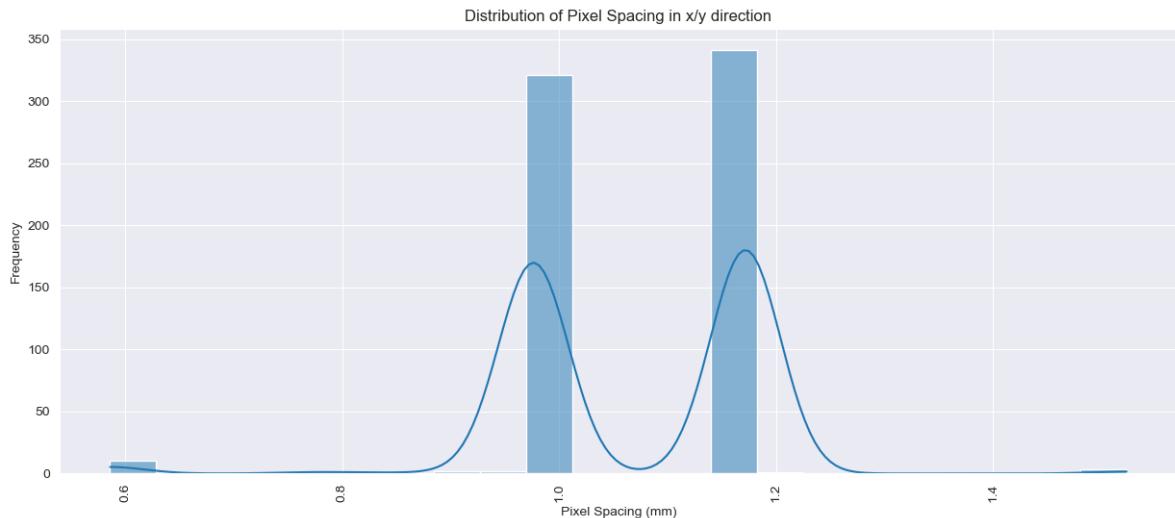


Abbildung 13: Häufigkeit von Pixel Abstände im Datensatz

Slice Abstände (Abschnitt 2.1)

In Abbildung 14 wird die Anzahl der verschiedenen Slice Abstände zueinander im Datensatz gezeigt. Die Analyse zeigt, dass im Datensatz unterschiedliche Schichtabstände vorliegen, die auf die variierenden Anforderungen an die Auflösung bei den einzelnen Patienten zurückzuführen sind.

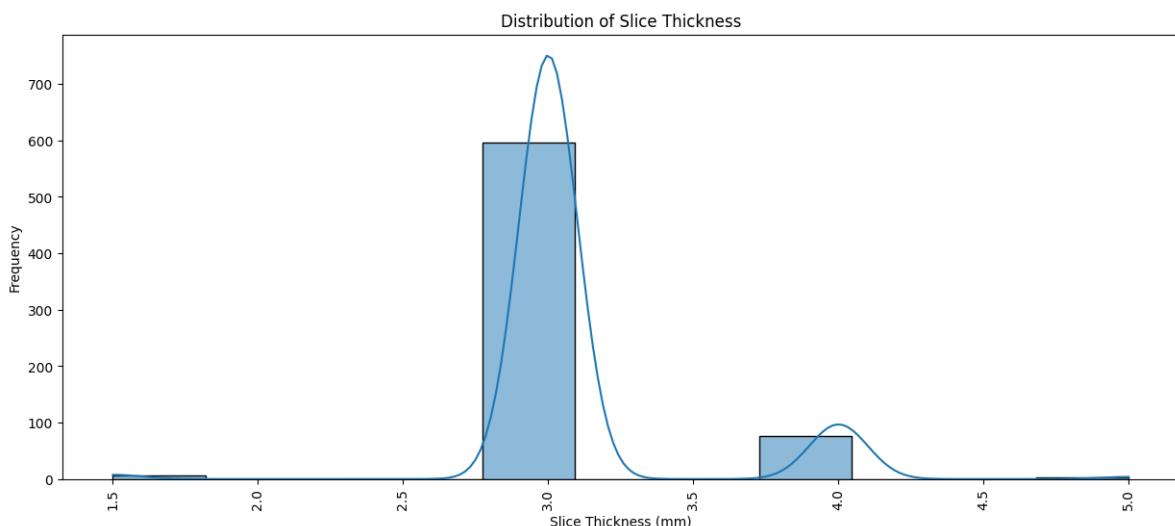


Abbildung 14: Häufigkeit von Slice Abstände im Datensatz

Slice Anzahl pro Patient

Abbildung 15 zeigt die Anzahl der Häufigkeit der CT-Bilder pro Patient. Die Analyse zeigt, dass die CT-Bilder Anzahl unter 250 sehr wahrscheinlich von speziellen Bereichsaufnahmen wie Kopf oder Hirn kommt.

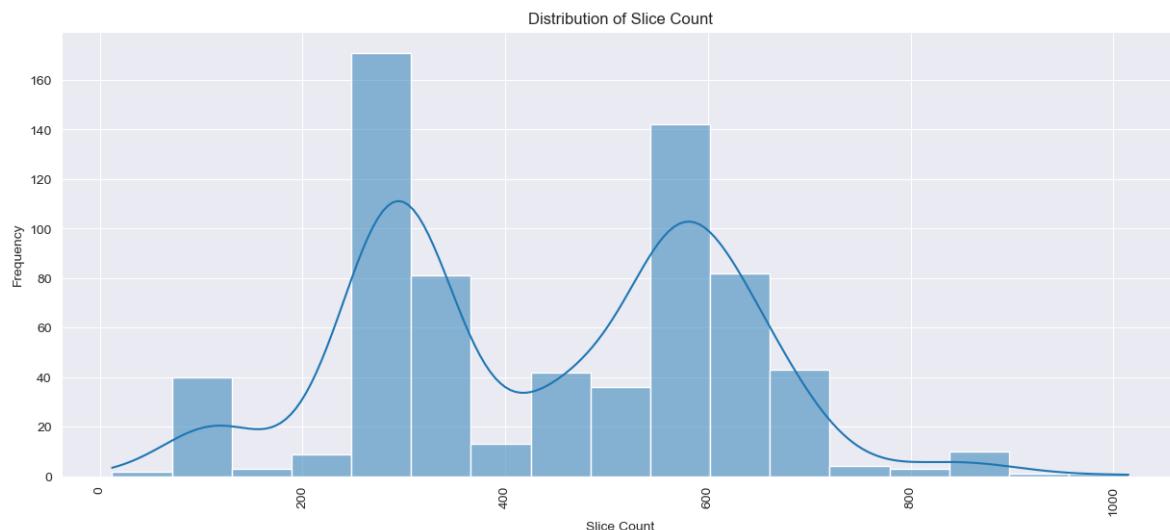


Abbildung 15: Häufigkeit von Slice Anzahl pro Patient im Datensatz

Hintergrund Artefakte

In Abbildung 16 werden Beispiele für Hintergrundartefakte im Datensatz gezeigt. Diese Artefakte können durch eine Vielzahl von physikalischen Eigenschaften entstehen, einschließlich der Verwendung einfacher oder komplexer Stützstrukturen, die den Körper während der Aufnahme in einer stabilen Position halten sollen. Solche Strukturen können ungewollte Schatten oder Reflexionen erzeugen, die in den CT-Scans sichtbar werden. Weiters wurden Unterschiede in den Artefakten festgestellt, die auf die Verwendung unterschiedlicher Röntgengeräte zurückzuführen sind. Verschiedene Geräte und deren spezifische Kalibrierungen und Konfigurationen können zu einer variablen Bildqualität führen.

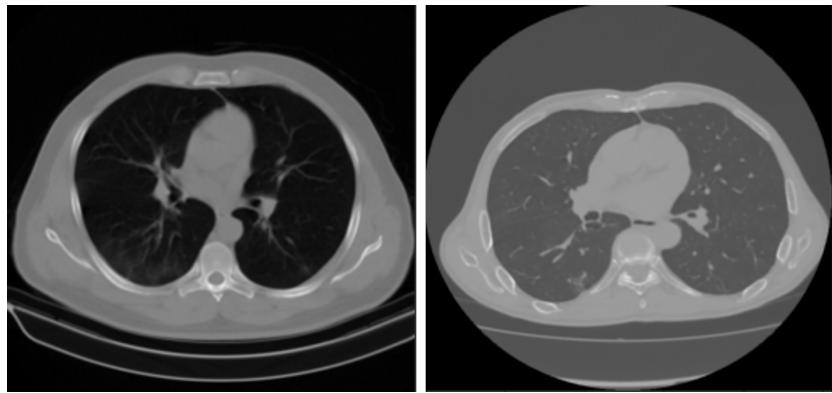


Abbildung 16: Beispiele für Hintergrundartefakte in CT-Scans

4.3 Data Preparation

Aufgrund der durchgeführten EDA-Analyse (Abschnitt 4.2) kommen wir zu folgenden Schlüssen:

Beschränkung auf relevante Körperteile

Der Datensatz umfasst CT-Scans verschiedener Körperteile. Um die Analyse zu fokussieren und die Vergleichbarkeit der Daten zu verbessern, beschränken wir uns auf die ersten drei Kategorien: Stamm, Kopf/Stamm und Ganzkörper. Diese Beschränkung reduziert die Heterogenität im Datensatz und erleichtert die nachfolgende Analyse, indem sie die Anzahl der Variablen verringert, die berücksichtigt werden müssen.

Normalisierung der Auflösungen

Ein weiteres wichtiges Problem ist die unterschiedliche Auflösung der Scans in den Dimensionen x, y und z. Unterschiedliche Auflösungen können die Analyse und Interpretation der Daten erheblich erschweren. Daher ist es notwendig, alle Scans auf eine einheitliche Auflösung zu normalisieren. Dies geschieht durch Resampling der Bilddaten auf eine standardisierte Gittergröße. Eine einheitliche Auflösung stellt sicher, dass Merkmale und Strukturen in den Scans konsistent dargestellt werden und erleichtert den Vergleich zwischen den Scans.

Bei der Normalisierung der Auflösungen ist eine große Herausforderung der sogenannte Partial Volume Effekt. Hierbei tritt beim Resampling der Bilddaten oft der sogenannte Partial Volume Effekt auf. Dieser Effekt entsteht, wenn Voxel (dreidimensionale Bildpunkte) an den Grenzen von verschiedenen Gewebetypen liegen und daher eine Mischung dieser Gewebetypen darstellen. Dieser Effekt kann die Genauigkeit und die Qualität der resampleten Bilder beeinträchtigen, da die Interpolation zwischen zwei oder mehr Gewebetypen zu einer Verwischung der Grenzen und zu ungenauen Darstellungen führen kann [11].

Bei der Wahl der Interpolationsmethode für das Resampling ist es wichtig, eine Methode zu wählen, die den Partial Volume Effekt minimiert. Die am häufigsten verwendeten Methoden sind:

- **Nächster-Nachbar-Interpolation**

Diese Methode weist jedem Voxel den Wert des nächstgelegenen Voxels im Originalbild zu. Sie ist einfach und schnell, kann aber zu treppenartigen Artefakten führen.

- **Bilineare Interpolation**

Diese Methode berücksichtigt die vier nächsten Nachbarn in der 2D-Ebene. Sie ist genauer als die Nächster-Nachbar-Interpolation, aber nicht ausreichend für 3D-Bilddaten.

- **Trilineare Interpolation**

Diese Methode ist eine Erweiterung der bilinearen Interpolation auf drei Dimensionen und berücksichtigt die acht nächsten Nachbarn. Sie ist eine gängige Methode für 3D-Daten, kann aber den Partial Volume Effekt verstärken.

- **Spline-Interpolation**

Diese Methode nutzt kubische Splines und bietet eine glattere Interpolation, die besser geeignet ist, um den Partial Volume Effekt zu reduzieren. Sie ist jedoch rechnerisch aufwendiger.

Anstatt alle Scans auf eine einheitliche Auflösung zu resampeln, könnte es spannend sein, ein Experiment durchzuführen, bei dem die Originalbilder unverändert bleiben und stattdessen die Skalierungsinformationen als zusätzliches Feature in das Netzwerk eingeführt werden. Dies hätte den Vorteil, dass die Originaldaten integrieren bleiben und die mit der Interpolation verbundenen Artefakte vermieden werden. Das Netzwerk könnte lernen, die Auflösungsunterschiede selbst zu berücksichtigen und zu verarbeiten.

Entfernung von Hintergrundartefakten

CT-Scans können verschiedene Artefakte enthalten, die die Qualität und Interpretierbarkeit der Bilder beeinträchtigen. Zu diesen Artefakten gehören Hintergrundrauschen, sichtbare Teile der Liege oder andere störende Elemente. Um diese Artefakte zu entfernen, werden fortschrittliche Bildverarbeitungsmethoden eingesetzt, darunter:

- **Rauschunterdrückung**

Algorithmen zur Filterung und Reduktion des Bildrauschen ohne Verlust wichtiger struktureller Informationen.

- **Segmentierung**

Automatische oder manuelle Segmentierungsmethoden zur Trennung des relevanten anatomischen Bereichs von Hintergrund- und Stützstrukturen.

- **Maskierung**

Anwendung von Masken, um unerwünschte Bereiche in den Scans auszublenden und sich auf die relevanten Regionen zu konzentrieren.

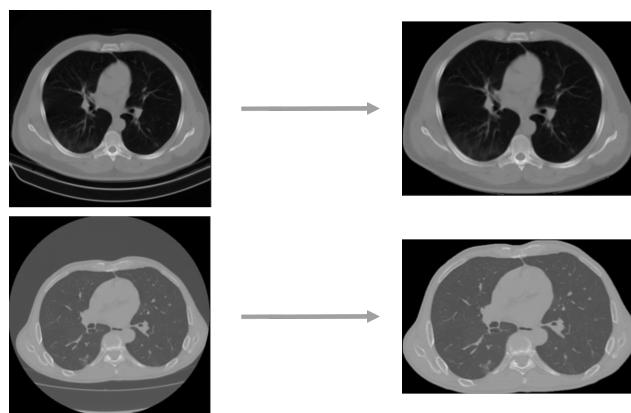


Abbildung 17: Beispiele für das Entfernen von Hintergrundartefakten in CT-Scans

4.4 Data Modelling

Im Rahmen des Data Modelling verfolgen wir den Ansatz, mehrere Methoden zur Gewichtsinferenz zu vergleichen, um die beste Methode zu identifizieren. Dies umfasst die Implementierung und Evaluation von verschiedenen Modellen wie 3D CNNs, 2D CNNs und Segmentierungsmethoden. Unser Ziel ist es, die Methode mit der höchsten Genauigkeit zu bestimmen. Falls keine einzelne Methode signifikant besser abschneidet, plant man, einen Mittelwert der Vorhersagen mehrerer Methoden zu verwenden, um die Zuverlässigkeit und Präzision der Gewichtsinferenz weiter zu erhöhen. Dieser Vergleichsansatz stellt sicher, dass die robusteste und genaueste Lösung für die Gewichtsinferenz aus CT-Aufnahmen entwickeln.

Neben der Implementierung und Evaluation verschiedener Modelle ist die Optimierung der Hyperparameter ein wesentlicher Bestandteil unseres Ansatzes. Ziel ist es, das bestmögliche Setup für jede Vorgehensweise zu finden, um die Genauigkeit der Gewichtsinferenz zu maximieren. Hierbei kommt die Grid Search als systematische Methode zur Hyperparameteroptimierung zum Einsatz. Diese ermöglicht eine umfassende Suche nach der optimalen Kombination von Hyperparametern, indem sie verschiedene Konfigurationen systematisch testet.

Baseline Models

- **Durchschnittsgewicht**

Das Durchschnitts-Modell basiert auf dem mittleren Gewicht von Männern und Frauen in deinem Datensatz. Dieses einfache Modell bietet eine Grundlinie, gegen die komplexere Methoden gemessen werden können. Es hat den Vorteil, dass es sehr einfach zu implementieren ist und keine komplizierte Datenverarbeitung oder Modellierung erfordert. Der Nachteil ist jedoch, dass es keine individuellen Unterschiede zwischen den Personen berücksichtigt und daher eine hohe Varianz aufweist. Es dient vor allem als Referenzpunkt, um die Leistung der fortgeschritteneren Modelle zu bewerten.

- **Höhe und Geschlecht**

Ein Baseline-Modell, das die Höhe und das Geschlecht eines Patienten zur Vorhersage des Körpermengewichts nutzt, stellt eine verbesserte Methode im Vergleich zum einfachen Durchschnittsmodell dar. Durch die Berücksichtigung dieser beiden Variablen kann die Genauigkeit der Gewichtsschätzungen gesteigert werden, da sowohl die Körpergröße als auch das Geschlecht bekannte Determinanten des Gewichts sind. Dieses Modell hat den Vorteil, individuelle Unterschiede besser zu berücksichtigen und dadurch die Varianz in den Vorhersagen zu reduzieren. Es bleibt jedoch ein einfaches Modell, das als Grundlage für die Entwicklung und Bewertung komplexerer prädiktiver Ansätze dient.

3D CNN

Ein 3D-Convolutional Neural Network (CNN) verarbeitet die vollständigen 3D-CT-Scans direkt. Diese Methode nutzt die räumlichen Informationen der Scans vollständig aus, was potenziell genauere Schätzungen ermöglicht. 3D-CNNs sind jedoch rechenintensiv und erfordern eine erhebliche Menge an Speicher und Rechenleistung. Darüber hinaus ist die Menge an benötigten Trainingsdaten für eine gute Generalisierungsfähigkeit sehr hoch. Die Stärke dieses Ansatzes liegt in seiner Fähigkeit, komplexe räumliche Muster und Strukturen im Körper zu erkennen und zu analysieren. In Abbildung 18 wird die Funktionsweise und der Ablauf eines 3D CNN dargestellt.

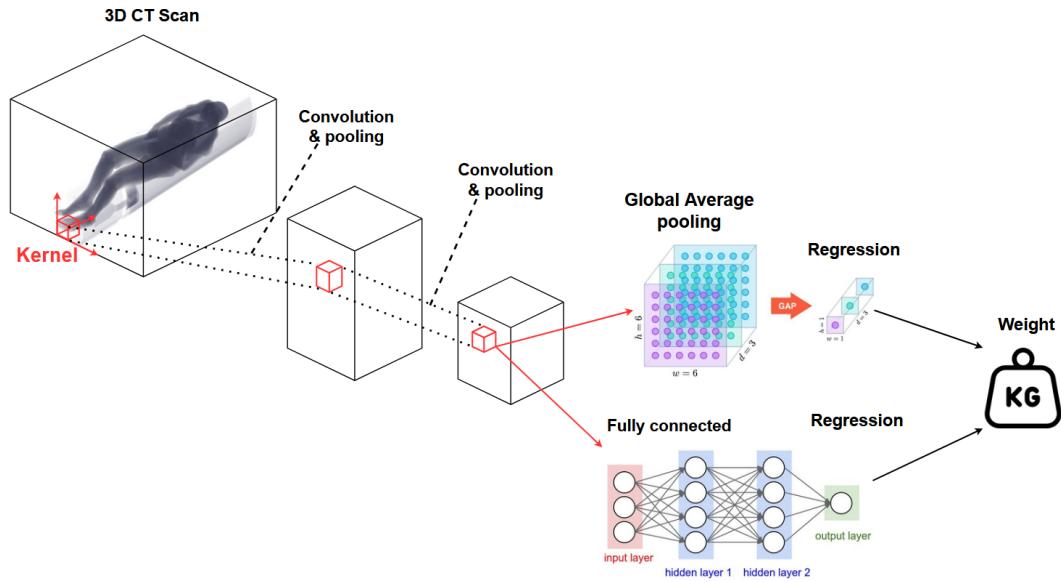


Abbildung 18: Funktionsweise 3D CNN

Um die Leistung des 3D-Convolutional Neural Networks (CNN) weiter zu optimieren, wird in diesem Ansatz ein vortrainiertes 3D-CNN-Modell wie ResNet 3D oder Conv3DNext als Backbone verwendet. Diese vortrainierten Modelle dienen als robuste Grundlage und ermöglichen eine effizientere Anpassung an spezifische Aufgabenstellungen. Aufbauend auf diesen Backbones werden verschiedene Arten von Downstream-Netzen getestet. Zudem wird untersucht, ob Global Average Pooling oder Fully Connected Layers als CNN-Output bessere Ergebnisse liefern. Zusätzlich werden verschiedene Parameter für die 3D-Skalierung in die Konfiguration aufgenommen, beispielsweise der Skalierungswert, der entweder in das Netz integriert oder separat mittels GridSearch optimiert wird. Dieser systematische Ansatz ermöglicht es, durch das Testen aller möglichen Kombinationen der Hyperparameter die präziseste und zuverlässigste Methode zur Gewichtsinferenz aus CT-Scans zu bestimmen.

2D CNN

Es wurde als relevant erachtet, unter anderem einen 3D-Scan auf 2D-Ebenen zu projizieren, wie zum Beispiel die Körperebenen sagittal, koronal und axial. Dies kann durch das Aufsummieren der restlichen Ebenen in einer Achse oder durch Mittelung der Bilddaten in einer Achse oder ähnliches geschehen. Diese Projektionen reduzieren die Komplexität der Daten und ermöglichen die Anwendung von 2D Convolutional Neural Networks (CNNs).

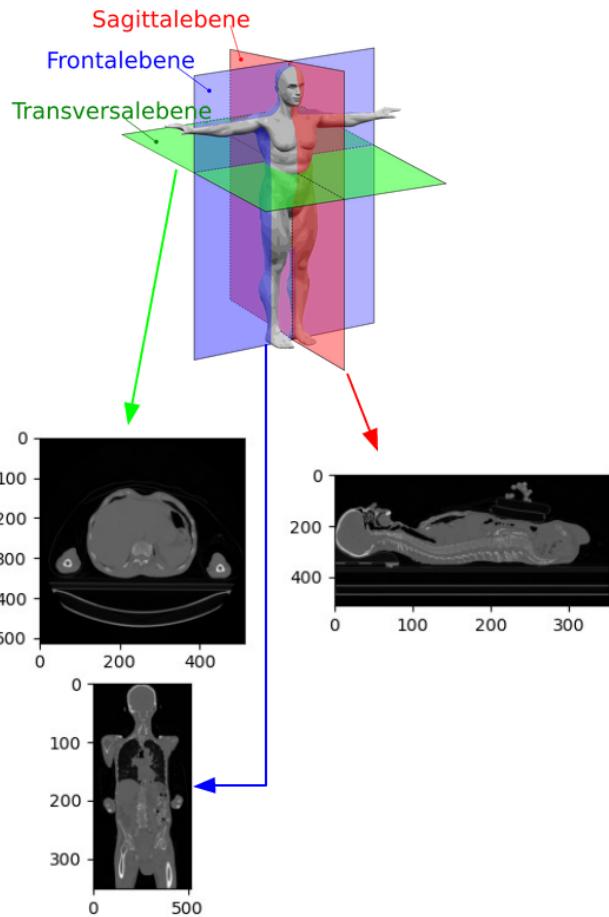


Abbildung 19: Verschiedene Ansichten des Körpers

Die Abbildung Abbildung 19 zeigt die verschiedenen Ansichten des Körpers, die durch Projektionen der 3D-Scans auf die 2D-Ebenen erzeugt werden. Mit diesen 2D-Ansichten kann ein 2D CNN trainiert werden, das in der Lage ist, das Körpergewicht zu inferieren. Durch die Reduzierung der Daten auf 2D-Projektionen wird die Komplexität des Modells verringert und die Trainingszeit reduziert, theoretisch ohne signifikant an Genauigkeit zu verlieren.

Ähnlich wie bei den 3D-CNNs gibt es hier wieder die gleichen potentiellen Optimierungsansätze. Der einzige Unterschied hierbei ist, dass verschiedene vortrainierte 2D CNN Netze als Backbone verwendet werden.

Verwendung von TotalSegmentator [12] zur Voxelzählung und Histogrammerstellung

TotalSegmentator segmentiert die CT-Scans und zählt die Anzahl der Voxels insgesamt sowie für jedes Organ. Die resultierenden Daten werden in ein Histogramm umgewandelt und anschließend mittels Ensemble-Methoden verarbeitet. Diese Methode nutzt die

detaillierten Informationen über die Verteilung und das Volumen der Organe, was potenziell eine präzisere Schätzung des Gewichts ermöglicht. Die Segmentierung kann jedoch fehleranfällig sein und erfordert eine hohe Qualität der Eingabedaten. Zudem ist die Implementierung und Verarbeitung komplexer als bei den anderen Ansätzen, bietet jedoch durch die Nutzung spezifischer organbezogener Informationen einen potenziellen Vorteil in der Vorhersagegenauigkeit. Diese verschiedenen Ansätze bieten unterschiedliche Stärken und Schwächen in Bezug auf Genauigkeit, Rechenaufwand und Implementierungskomplexität. Die Wahl des besten Ansatzes hängt von den spezifischen Anforderungen und verfügbaren Ressourcen deines Projekts ab.

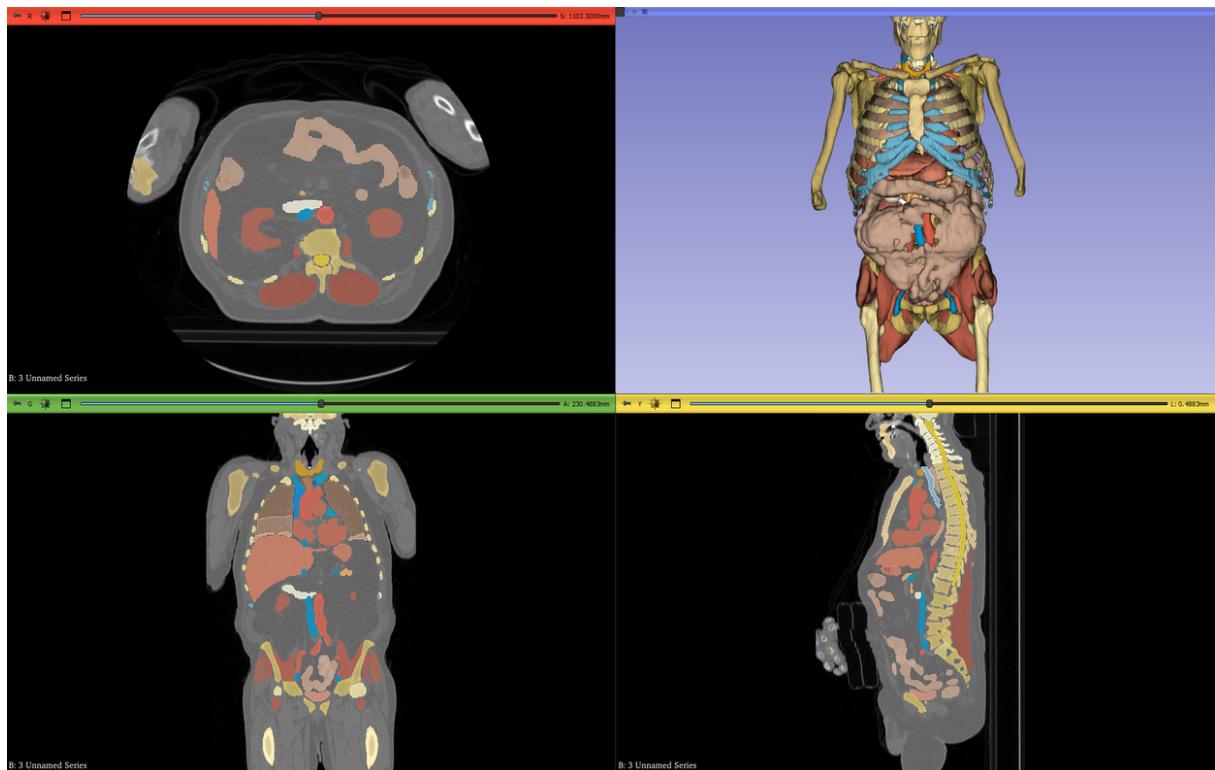


Abbildung 20: Segmentierung mit dem TotalSegmentator

Weitere Methoden

- **Histogramm der auf eine Dimension reduzierten CT-Scans und Ensemble-Methode**

Bei diesem Ansatz werden die CT-Scans auf eine Dimension reduziert und ein Histogramm erstellt. Dieses Histogramm fasst die Intensitätsverteilung der Voxels zusammen und dient als Eingabe für ein Ensemble-Modell. Ensemble-Methoden kombinieren die Vorhersagen mehrerer Modelle, um die Genauigkeit zu erhöhen. Diese

Methode ist effizient in der Datenverarbeitung und kann durch die Kombination verschiedener Modelle robuste Vorhersagen liefern. Ein potenzieller Nachteil ist jedoch, dass die Reduktion auf eine Dimension zu Informationsverlust führen kann, was die Genauigkeit beeinträchtigen könnte.

5 Aktuelles Resümee

Die bisherige Forschungsarbeit hat wesentliche Meilensteine erreicht, die zur Entwicklung und Umsetzung der Lösung für das R&D-Projekt beitragen. In erster Linie wurde intensiv recherchiert und die Rahmenbedingungen für das Projekt abgeklärt.

Weiters wurden drei Hauptmodelle definiert: 3D CNN, 2D CNN und Segmentierung, die als Schlüsselansätze zur Gewichtsinferenz aus CT-Aufnahmen identifiziert wurden.

Ein wichtiger Fortschritt war die Implementierung der Data Extraction, bei der DICOM-Daten mithilfe der pydicom-Bibliothek ausgelesen und in einem effizienten pandas Data-Frame gespeichert wurden. Diese Datenbasis ermöglichte ein tiefes Verständnis der Datenstrukturen und -verteilungen, einschließlich Informationen über Patienten wie Geschlecht, Alter, Größe und Gewicht.

Potenzielle Herausforderungen wie die Normalisierung der Slice Thickness, Skalierung der Tiefe der 3D-Daten, Rauschen und die Liege des Patienten in den Bildern wurden identifiziert und in die Planung für weitere Schritte integriert.

Auch wurde schon teils Data Preparation betrieben insbesondere beim Segmentierungsansatz wurde der DICOM-Datensatz erfolgreich in das NIfTI-Format umgewandelt und die Klassifizierung der Voxel für die Segmentierung durchgeführt.

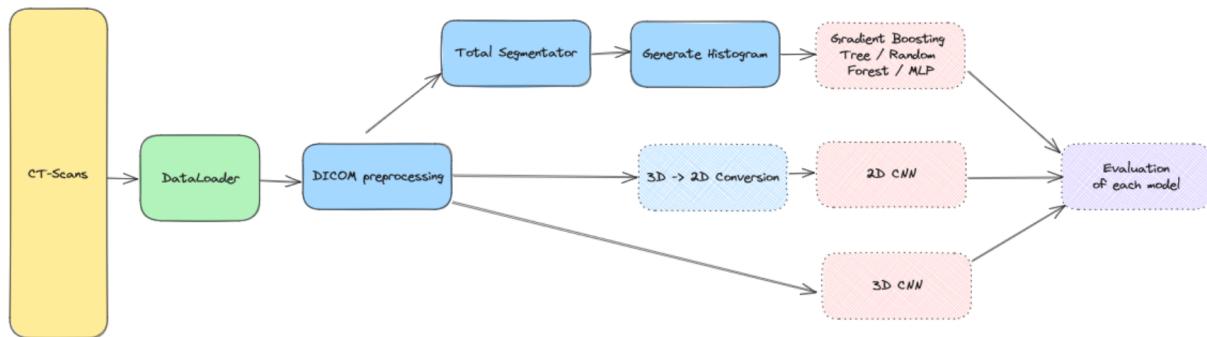


Abbildung 21: Momentaner Stand

Der Flowchart in Abb. Abbildung 21 stellt den iterativen Prozess dar, wie die 3 Hauptmodelle trainiert, validiert und optimiert werden, um das Ziel der präzisen Gewichtsinferenz aus CT-Aufnahmen zu erreichen. Bisher durchgeführte Maßnahmen sind undurchsichtig dargestellt.

6 Ausblick

In den kommenden Phasen des Projekts wird zunächst der Schritt der Data Preparation für alle Methoden abgeschlossen. Dies beinhaltet die Lösung der zuvor identifizierten Herausforderungen wie die Normalisierung der Slice Thickness, das Skalieren der Tiefe der 3D-Daten, das Reduzieren von Rauschen und das Entfernen der Liege aus den Bildern.

Anschließend folgt der Modellierungsschritt, bei dem alle definierten Modelle (3D CNN, 2D CNN und Segmentierung) trainiert und optimiert werden. Hierbei wird besonderer Wert auf die Feinabstimmung der Hyperparameter und die Verbesserung der Modellarchitektur gelegt, um die beste Leistungsfähigkeit zu gewährleisten.

Der abschließende Validierungsschritt umfasst die Evaluierung der Modelle anhand eines separaten Testdatensatzes. Ziel ist es, die Methode mit der höchsten Genauigkeit auszuwählen oder einen Mittelwert der Vorhersagen mehrerer Methoden zu verwenden, um die Zuverlässigkeit und Präzision der Gewichtsinferenz zu maximieren. Dieser iterative Prozess wird sicherstellen, dass die endgültige Lösung robust und für den klinischen Einsatz geeignet ist.

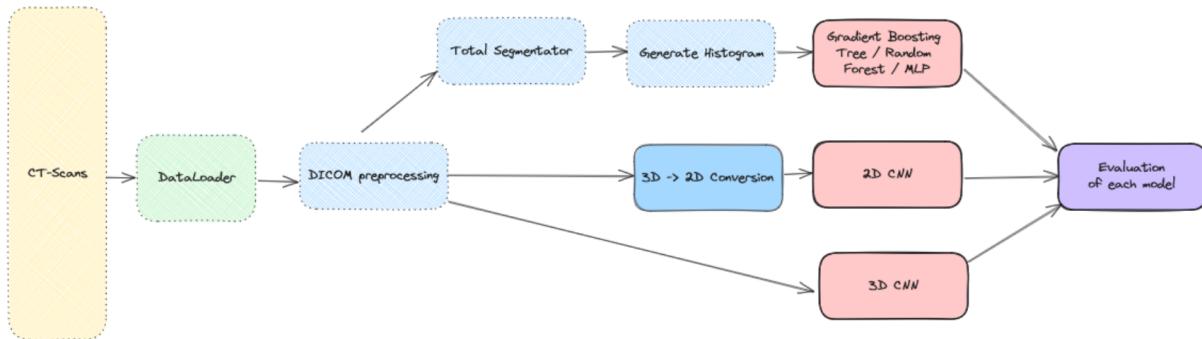


Abbildung 22: Ausblick

Abbildung Abbildung 22 zeigt wieder den iterativen Prozess, wobei die noch offenen Punkte undurchsichtig dargestellt werden.

7 Dokumentation Projektmanagement

In diesem Abschnitt werden die Projektmanagement-Aktivitäten detailliert beschrieben. Dazu gehören regelmäßige Teammeetings, die Zuweisung von Arbeitspaketen sowie die Entscheidungsprozesse im Verlauf des Projekts.

7.1 Team-Meetings

Grundsätzlich wurden die Meetings mit den Projektverantwortlichen über Confluence dokumentiert (siehe Abbildung 23). Die internen wöchentlichen Meetings, die während der Unterrichtszeiten an der Fachhochschule stattfanden, wurden jedoch nicht erfasst. Stattdessen haben wir ein tägliches R&D-Meeting eingeführt, um eine enge Abstimmung zu gewährleisten. In diesen Besprechungen wurde besprochen, woran die einzelnen Teammitglieder gerade arbeiten, welche Fortschritte erzielt wurden und auf welche Probleme sie gestoßen sind.

Meeting notes

Besprechungen:

- [02.07.2024 Gadermayr](#)
- [27.06.2024 Csar](#)
- [18.06.2024 R&D Zwischenpräsentation](#)
- [10.06.2024 Gadermayr](#)
- [05.06.2024 Csar](#)
- [29.05.2024 Gadermayr](#)
- [28.05.2024 Team-Besprechung](#)
- [15.05.2024 Csar](#)
- [14.05.2024 Team-Besprechung](#)
- [17.04.2024 Csar](#)
- [14.03.2024 Team-Besprechung](#)
- [06.03.2024 Csar](#)
- [06.03.2024 Gadermayr](#)
- [30.11.2023 Gadermayr](#)

Abbildung 23: Confluence-Meetings

7.2 Zeitschiene

Wie in Abbildung 24 dargestellt, folgt der zeitliche Ablauf unseres Projekts dem CRISP-DM-Zyklus (Cross-Industry Standard Process for Data Mining). Dies bedeutet, dass die Phasen der Datenaufbereitung, Modellierung und Evaluierung zyklisch wiederholt werden. Die Projektzeitschiene lässt sich in folgende Hauptphasen unterteilen:

- **Research**
- **Data Extraction**
- **Data Understanding**
- **Data Preparation**
- **Modeling**
- **Evaluation**
- **Dokumentation**

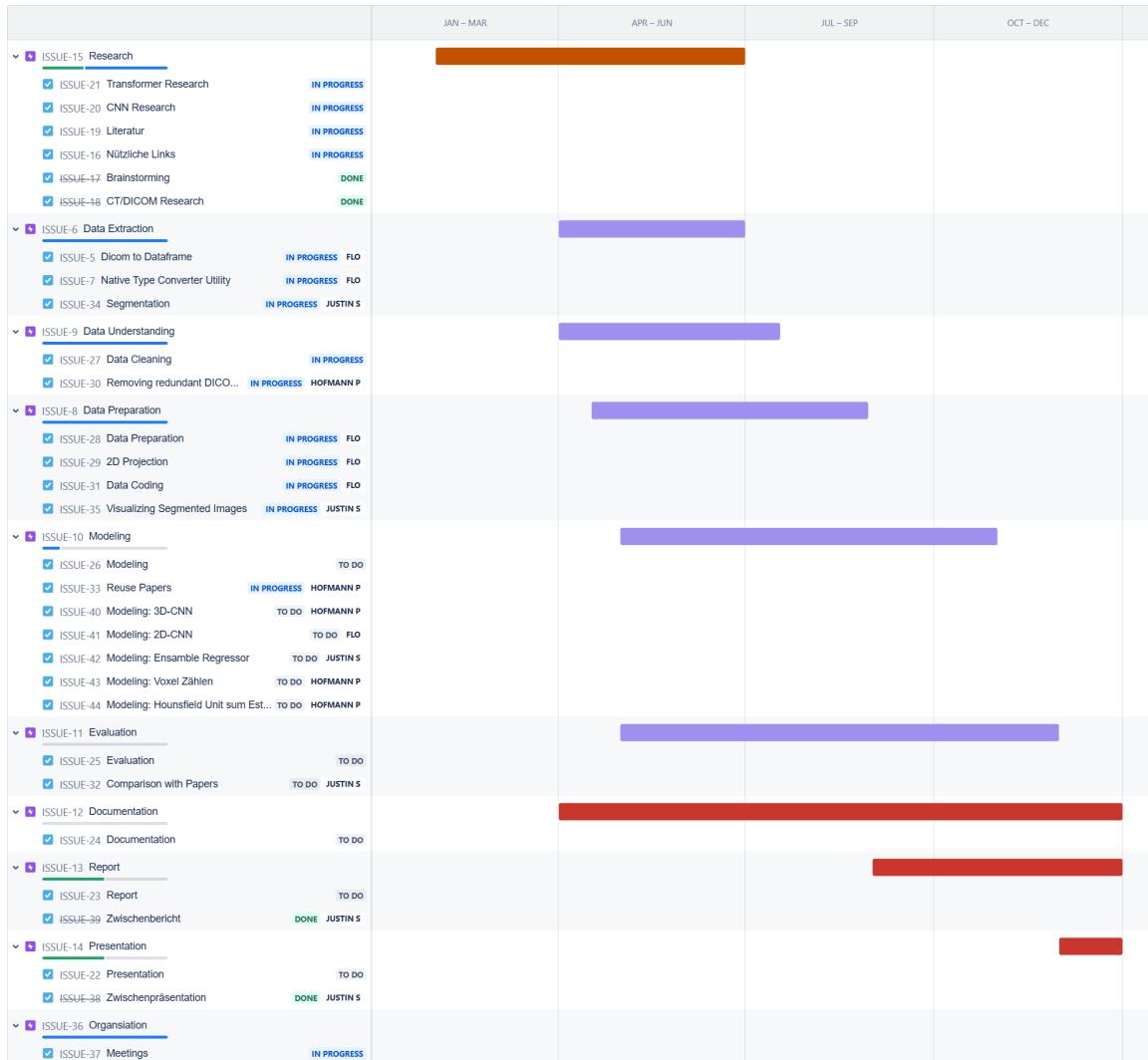


Abbildung 24: Jira-Zeitschienenboard

7.3 Kanban-Board

Wie in Abbildung 25 dargestellt, werden die einzelnen Arbeitspakete gleichmäßig auf die Teammitglieder verteilt. Es ist jedoch nicht möglich, ein Arbeitspaket mehreren Personen gleichzeitig zuzuweisen. Daher gibt es immer einen Hauptverantwortlichen für jedes Paket, der als primärer Ansprechpartner fungiert. Andere Teammitglieder können jedoch gleichzeitig an demselben Paket arbeiten. Da die Arbeitspakete stark voneinander abhängig und teamübergreifend sind, arbeiten wir meistens gemeinsam daran.

Wie in Abbildung 24 und in Abbildung 25 ersichtlich, wird zurzeit Modeling umgesetzt. Diese zieht sich über den gesamten Sommer bis hin zum Herbst.

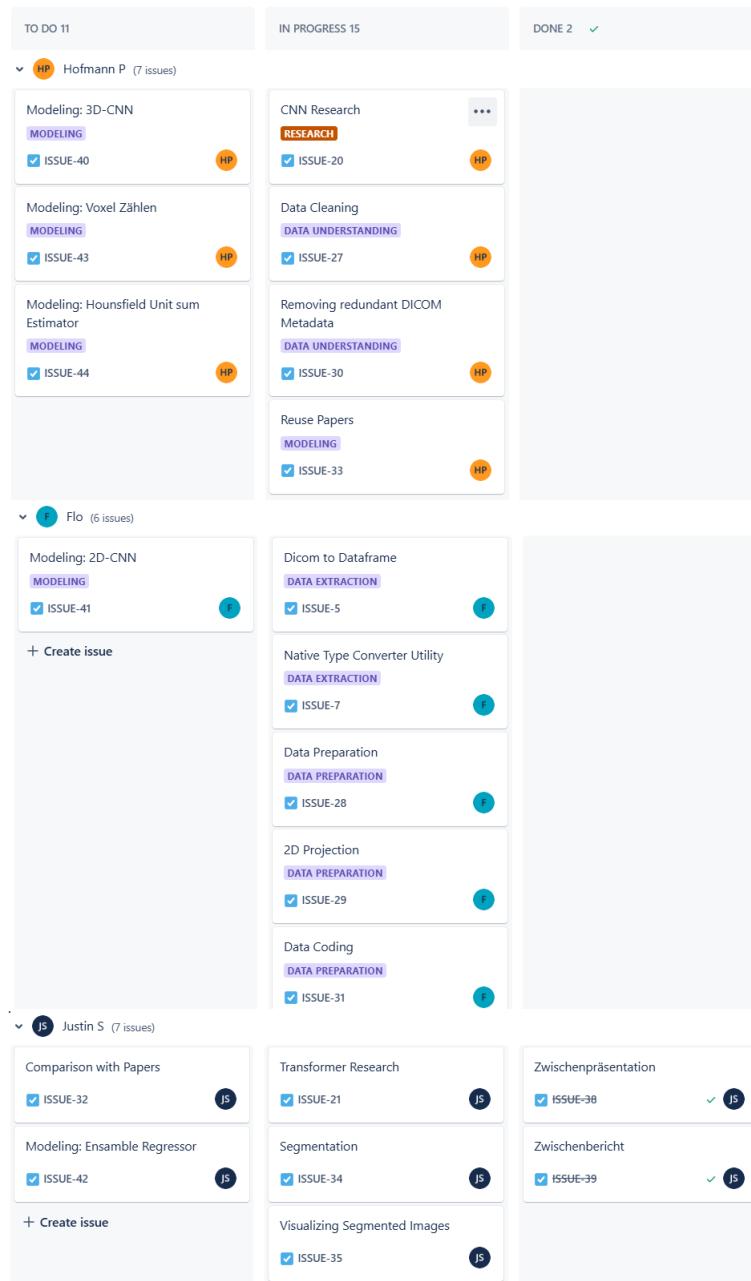


Abbildung 25: Jira-Kanban-Board

7.4 Zeitaufzeichnung

In diesem Abschnitt werden die Zeitaufzeichnungen gezeigt.

In Abbildung 26 ist die Summe der von den einzelnen Teammitgliedern geleisteten Stunden dargestellt. Wie ersichtlich, ist der Arbeitsaufwand gleichmäßig verteilt.

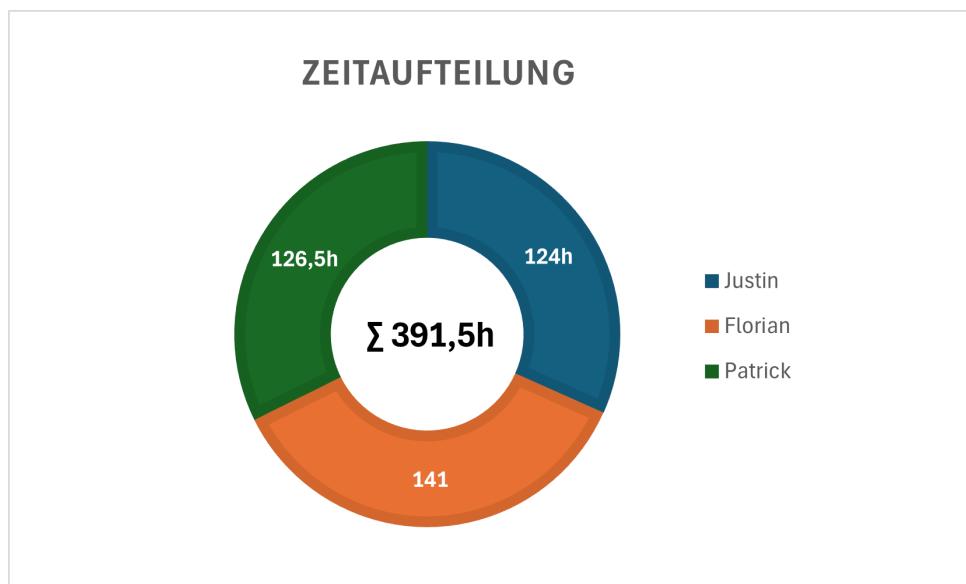


Abbildung 26: Zeitaufteilung

In Abbildung 27 ist der Aufwand für die einzelnen Hauptprojekte dargestellt. Es zeigt sich, dass der größte Teil des Aufwands auf Meetings entfiel. Dies liegt daran, dass zu Beginn ein umfassendes Verständnis der Daten entwickelt werden musste, was am effektivsten durch Meetings erreicht wurde.

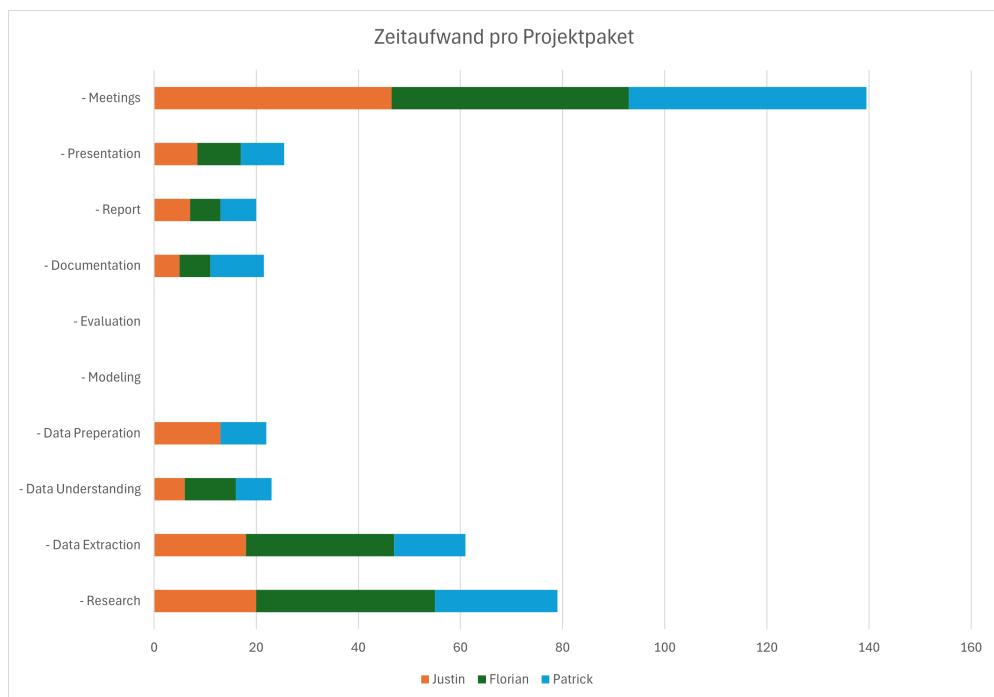


Abbildung 27: Zeitaufwand pro Projektpaket

Literaturverzeichnis

- [1] S. Ichikawa u. a., »A deep-learning method using computed tomography scout images for estimating patient body weight,« *Scientific Reports*, Jg. 11, Nr. 1, S. 15 627, 2021, ISSN: 2045-2322. DOI: 10.1038/s41598-021-95170-9. Adresse: <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95170-9>.
- [2] R. Tino u. a., »The interlace deposition method of bone equivalent material extrusion 3D printing for imaging in radiotherapy,« *Materials & Design*, Jg. 199, S. 23, Feb. 2021. DOI: 10.1016/j.matdes.2020.109439.
- [3] G. Lee u. a., »Radiomics in Lung Cancer from Basic to Advanced: Current Status and Future Directions,« *Korean Journal of Radiology*, Jg. 21, Feb. 2020. DOI: 10.3348/kjr.2019.0630.
- [4] P. Mildenberger u. a., »Introduction to the DICOM standard,« *European Radiology*, Jg. 12, Nr. 4, S. 920–927, Apr. 2002, ISSN: 1432-1084. DOI: 10.1007/s003300101100. Adresse: <https://doi.org/10.1007/s003300101100>.
- [5] O. Avci u. a., »Structural Damage Detection in Real Time: Implementation of 1D Convolutional Neural Networks for SHM Applications,« in März 2017, ISBN: 978-3-319-54108-2. DOI: 10.1007/978-3-319-54109-9_6.
- [6] C. Rao und Y. Liu, »Three-dimensional convolutional neural network (3D-CNN) for heterogeneous material homogenization,« *Computational Materials Science*, Jg. 184, S. 109 850, 2020, ISSN: 0927-0256. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.commatsci.2020.109850>. Adresse: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0927025620303414>.
- [7] R. Vrskova u. a., »Human Activity Classification Using the 3DCNN Architecture,« *Applied Sciences*, Jg. 12, Nr. 2, 2022, ISSN: 2076-3417. Adresse: <https://www.mdpi.com/2076-3417/12/2/931>.
- [8] J. Wasserthal u. a., »TotalSegmentator: Robust segmentation of 104 anatomic structures in CT images,« en, *Radiol. Artif. Intell.*, Jg. 5, Nr. 5, e230024, Sep. 2023.
- [9] E. Geraghty und J. Boone, »Determination of Height, Weight, Body Mass Index, and Body Surface Area with a Single Abdominal CT Image1,« *Radiology*, Jg. 228, S. 857–63, Sep. 2003. DOI: 10.1148/radiol.2283020095.

- [10] A. Demircioğlu u. a., »Determining body height and weight from thoracic and abdominal CT localizers in pediatric and young adult patients using deep learning,« *Scientific Reports*, Jg. 13, Nr. 1, S. 19 010, Nov. 2023, ISSN: 2045-2322. DOI: 10.1038/s41598-023-46080-5. Adresse: <https://doi.org/10.1038/s41598-023-46080-5>.
- [11] M. Á. González Ballester u. a., »Estimation of the partial volume effect in MRI,« *Medical Image Analysis*, Jg. 6, Nr. 4, S. 389–405, 2002, ISSN: 1361-8415. DOI: [https://doi.org/10.1016/S1361-8415\(02\)00061-0](https://doi.org/10.1016/S1361-8415(02)00061-0). Adresse: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1361841502000610>.
- [12] T. A. D'Antonoli u. a., *TotalSegmentator MRI: Sequence-Independent Segmentation of 59 Anatomical Structures in MR images*, 2024. arXiv: 2405.19492 [eess.IV]. Adresse: <https://arxiv.org/abs/2405.19492>.