

Intelligente Industrieroboter

Implementierung eines Clusteringbasierten Verfahrens zur Visualisierung von Volumenmodellen

written by

Lukas Diewald

At the Department of Computer Science
Institute for Anthropomatics and Robotics (IAR) -
Intelligent Process Control and Robotics (IPR)

First reviewer: Prof. Dr.-Ing. habil. Björn Hein
Second reviewer: Prof. B

August 16, 2018

Todo list

■ genauer Gründe Funktion beschreiben	1
■ labels verweisen mit nameref	1
■ visualisierungsarte farbe etc.	2
■ begründung für methodenwahl	2
■ besser formulieren	2
■ übersicht zu oft	2
■ besser schreiben	6
■ altes paper auch einbinden	6
■ richtig bild zitieren u. evtl kleiner	8
■ methode der kleinsten quadrate genauer beschreiben	9
■ abbildung für interpolation und beschreiben was verloren geht	9
■ intensitätswert ventrikel, vllt orginial werte nehmen und in implementierung verschiebung vorstellen	10
■ letzten schritt genauer	11
■ Formulierung	12
■ christians paper	12
■ unity und steffens zeug genauer erklären	12
■ csharp erwähnen und allgemeine umgebung	12
■ attribute funktionen etc. von volumenklasse in UML	12
Figure: Please add some figures	15
■ gradienten zeit und lh zeit getrennt erwähnen	16
■ nutzerstudie variablen etc. erwähnen -> proseminar	17
■ info über teilnehmer	17
■ SATZBAU!!!	19
■ weiterschreiben	22

Executive Summary

English abstract.

Keywords: *Keywords, of, my, Thesis*

Contents

1. Introduction	1
2. State of the art	2
2.1. Eindimensionale Verfahren	2
2.2. Zweidimensionale Verfahren	2
2.3. Räumlichbasierte Verfahren	3
2.4. Machinelearning Verfahren	4
2.5. Bildbasierte Verfahren	5
2.6. Clusteringbasierte Verfahren	6
3. Methods	8
4. Concept	12
5. ImplementationImplementation	15
6. Results	16
7. Discussion	21
8. Conclusion	22
Bibliography	24
Appendix	26
A. First Appendix Section	26

1. Introduction

Computergestützte Verfahren werden in der Medizin immer wichtiger. Sie erleichtern dem Arzt seine Arbeit und senken die Wahrscheinlichkeit, dass bei einer Operation ein Fehler gemacht wird.

Ein Routineprozedur der Neurochirurgie ist die Punktion des Ventrikelsystems zur Drainage von Liquor. Diese wird häufig Nötig, wenn ein Patient beispielsweise unter einer Gehirnblutung, einem Schädelhirntrauma oder einem Schlaganfall leidet. Um die Punktion durchzuführen, muss der Chirurg eine Bohrlochtrepantation am sogenannten Kocherpunkt durchführen. Der Arzt muss anhand äußerer anatomischer Landmarker diesen Punkt auf wenige Zentimeter genau finden und die Stichrichtung der Punktion ausmachen. Dieses Verfahren ist sehr fehleranfällig. So kommt es nur in zwei drittel aller Operationen zu einem optimalen Ergebnis, wofür oftmals mehrfach punktiert werden muss.

genauer
Gründe
Punk-
tion
beschreiben

Im Rahmen des HoloMed Projektes wird daran gearbeitet den Chirurg bei diesem Eingriff zu unterstützen. Der Plan ist es, dass der Arzt mithilfe einer AR-Brille angezeigt bekommt wo sich das Ventrikelsystem befindet und somit mit einer niedrigeren Fehlerwahrscheinlichkeit die Operation durchführen kann.

Dazu muss anhand der CT-Daten des Gehirns das Ventrikelsystem hervorgehoben und visualisiert werden. Um diese Aufgabe zu lösen eignet sich eine Übergangsfunktion, auch Transferfunktion genannt. Allgemein gesprochen ordnet eine Transferfunktion volumetrischen Daten optische Eigenschaften zu. Diese Aufgabe teilt sich in zwei Bereiche auf. Zum einen entscheidet die Funktion welche Daten gezeigt werden und zum anderen wie diese dargestellt werden, beispielsweise welche Farb- und Okklusionswerte diese erhalten. Dabei ist der erste Teil des wesentlich wichtigere.

Der Rest der Arbeit teilt sich in folgendermaßen auf. In Kapitel 2 wird ein Überblick zu dem aktuellen Stand der Wissenschaft und Technik gegeben und Kapitel 3 beschäftigt sich mit der in dieser Arbeit verwendeten Methode. In Kapitel 4 wird das Softwaredesign der Implementierung erklärt und in Kapitel 5 die Implementierung besprochen. Kapitel 6 zeigt die Ergebnisse des Verfahrens und evaluiert diese. In Kapitel 7 wird ein Fazit gezogen und in Kapitel 8 ein Ausblick auf mögliche Verbesserungen gegeben.

labels
ver-
weisen
mit
nameref

2. State of the art

Das Gebiet der Transferfunktionen ist bereits weit erforscht und es existieren viele unterschiedliche Methoden und Herangehensweisen um medizinische Daten abhängig von verschiedenen Problemstellungen passend darzustellen.

Dabei kann man einerseits zwischen dem Level an Automation eines Systems unterscheiden. Hierbei gibt es vollautomatische Verfahren, bei denen keine Interaktion mit den Benutzer von Nöten ist, semiautomatische Verfahren bei denen der Benutzer noch an gewissen Stellschrauben drehen kann um das Ergebnis zu beeinflussen und manuelle Verfahren, bei denen der Anwender mehr oder minder auf sich alleine gestellt ist. Transferfunktionen unterscheiden sich weiterhin in ihrer Dimensionalität. Es gibt ein- zwei- und allgemein-mehrdimensionale Transferfunktionen. Desweiteren sind die Grundlagen auf denen die Berechnungen ruhen teils völlig verschieden. Manche Verfahren basieren auf den Intensitätswerten oder deren Änderung im gegebenen Volumen, andere auf der Größe der Features die für den Nutzer von Interesse sind. Wieder andere sind bildbasiert oder wenden Machine Learning an um zum gewünschten Ziel zu gelangen.

In diesem Abschnitt wird ein Überblick über die unterschiedlichen Vorgehensweisen von Transferfunktionen gegeben. Dabei werden diese im Folgenden für die Übersicht in die Kategorien Eindimensionale, Zweidimensionale, Räumlichbasierte, Machine Learning, Bildbasierte, Clusteringbasierte Verfahren geteilt.

Dabei ist jedoch zu beachten, dass die Kategorien lediglich der Übersicht dieses Abschnitts dienen. Die Kategorien hätten anders gewählt werden können. Desweiteren können manche Verfahren nicht eindeutig in die hier genannte Unterteilung eingeteilt werden, da sie mehrere Klassen auf sie zutreffen.

visualisierung
farbe
etc.

begründung
für
method-
enwahl

besser
for-
mulieren

übersicht
zu oft

2.1. Eindimensionale Verfahren

Die einfachste Form der Transferfunktion, sind die eindimensionalen Transferfunktionen. In diesen, wird nur der Intensitätswert der Voxel in Betracht gezogen. Abgesehen von den niedrigen Berechnungszeiten, sind diese jedoch aus mehreren Gründen suboptimal. Medizinischen Daten werden gemessen und haben deshalb meist ein Rauschen, was die genaue Darstellung erschwert. Weiterhin sind die Intensitätswerte verschiedener Bereiche nah beieinander oder gar gleich und damit sind eindimensionale Transferfunktionen unpraktisch um verschiedene Materialien kenntlich zu machen. Trotzdem sind eindimensionale Transferfunktionen weit verbreitet und werden oft benutzt.

2.2. Zweidimensionale Verfahren

[1] SG-TF

Die Arbeit von Shouren Lan [2] befasst sich mit der Verbesserung von 2D Transferfunktionen die auf Skalarwerten und Gradienten (SG-TF) basieren. Genauer geht es darum das Problem vom Auftauchen von Überlappungen von Bereichen die nicht zusammen gehören zu vermeiden.

Dabei wird im Paper zwischen 3 verschiedenen Arten von Strukturen unterschieden:

- (i) Strukturen die keine andere Struktur berühren
- (ii) Strukturen die keine andere Struktur berühren, jedoch nah an einer andern liegen
- (iii) Strukturen die andere Strukturen berühren

Wenn der Benutzer eine Region ausgewählt hat, werden zunächst alle Strukturen in dem Bereich klassifiziert und kleine Fragmente entfernt. Durch verschiedene Algorithmen werden Strukturen der Klassen (ii) durch Erosion, Dilatation, Aufteilen und neu zusammenfügen von einander getrennt. Strukturen der Klasse (iii) werden durch eine weitere niedrig dimensionale Transferfunktion getrennt. Anschließend werden durch das Aufteilen entstehende Löcher mit Hilfe von Dilatation gestopft. Als letztes wird durch eine Transferfunktion den Strukturen entsprechende Farben und Intensitäten zugewiesen.

2.3. Räumlichbasierte Verfahren

In der Arbeit von Wesarg und Kirschner [3, 4] wird das "Structure-Size-Enhanced Histogram" vorgestellt.

Dafür muss für jeden Voxel die "structure size estimators" berechnet werden. Dies geschieht, indem betrachtet wird, wie viele Schritte in die Richtung der 26 Nachbarn des Voxel gemacht werden kann. Ein Schritt kann gemacht werden, wenn der Intensitätswert des erreichten Voxels nicht mehr als ein gegebener Parameter abweicht. Die Schrittweiter startet mit einem Voxel und verdoppelt sich mit jedem gemachten Schritt bis hin zur Hälfte der Größe des gegebenen Volumens. Für ein besseres Ergebnis wird nur der kleinere Wert von zwei entgegengesetzten Richtungen gespeichert. Die Akkumulation aller Werte ergibt die Größe der Struktur. Aus diesem und dem Intensitätswert wird ein zweidimensionales Histogramm erstellt.

Es gibt diverse Regiongrowingverfahren um Strukturen von Interesse hervorzuheben.

Beispielsweise wird im Paper von Huang [5] ein solches Regiongrowingverfahren vorgestellt.

Der Benutzer kann einen Punkt von Interesse im Volumen wählen, den sogenannten "seed". Es werden alle 26 Nachbarn des "seeds" besucht und anhand einer Kostenfunktion, die den entsprechenden Wert des besuchten Voxels und des Seedvoxels vergleicht, entschieden ob sie zu der Region dazugehören oder nicht. Sind sie Teil der Struktur werden auch ihre Nachbarn besucht und alle passenden Voxel zu der Region hinzugefügt. Dieser Vorgang wiederholt sich so lange bis alle Voxel gefunden wurden, oder ein anderes internes Abbruchkriterium erfüllt wurde. Es stehen dem Anwender 3 verschiedene Kostenfunktionen bereit. Die erste Funktion bezieht sich auf die Intensitätswerte der Voxel, die Zweite auf die Länge der jeweiligen Gradienten und bei der Dritten werden die Gewichte der Voxel verglichen, die vorher vom Benutzer definiert werden müssen. In einem Nachbearbeitungsschritt ist es anschließend noch möglich unpassende Elemente zu entfernen, wenn beispielsweise eine ganze weitere Struktur auch visualisiert wird, da sie über eine kleine Brücke von ein bis zwei Voxeln mit der eigentlich gesuchten Struktur verbunden ist.

Da das Regiongrowing sehr zeitaufwändig ist, kann der Anwender auswählen, dass er zunächst nur einen gewissen Teil der Region sich errechnen lässt.

Correa und Ma zeigen in ihrer Arbeit [6] einen Ansatz, der auf der relativen Größe der zu visualisierenden Features basiert.

Dazu benutzen sie den sogenannten "scale-space", welcher für das Volumen berechnet

wird, um anschließend eine auf Größe basierende Transferfunktion anzuwenden. Diese mappt Farbe und Okklusion zu den entsprechenden Größen der Features des Volumens. In einem weiteren Paper [7] beschreiben die beiden Forscher ein Verfahren, dass auf der Okklusion der Voxel basiert.

Dafür betrachten sie die Umgebung einzelner Voxel und berechnen abhängig davon, die Okklusion. Die Ergebnisse werden in einem zweidimensionalen Histogramm gespeichert in Kombination mit den Intensitätswerten der Voxel. Durch die Umgebungsokklusion der Voxel ist es leicht mit einer auf dem Histogramm basierenden Transferfunktion unterschiedliche Materialien mit gleichen Intensitätswerten zu unterscheiden.

Eine weitere Arbeit [8] von Correa und Ma beschäftigt sich mit Transferfunktionen abhängig von der Sichtbarkeit einzelner Voxel.

Die Sichtbarkeit jedes Voxels wird abhängig vom Sichtpunkt auf das Volumen berechnet, indem die Opazität vom Standpunkt der Kamera bis hin zum Voxel akkumuliert wird. Anschließend wird ein Histogramm über die Sichtbarkeitswerte erstellt. Auf diesem kann der Benutzer eine Transferfunktion erstellen, bei der er ein direktes Feedback über die Darstellung erhält. Um das gewünschte Ergebnis zu erhalten, wäre jedoch ein sehr genaues Einstellen dieser Funktion von Nöten, was der User nur schwer umsetzen kann. Deshalb wird eine Energiefunktion erstellt, die es zu minimieren gilt. Damit wird das Problem wie bei [9] zu einem Optimierungsproblem, welches mithilfe von progressiver Suche gelöst werden kann. Der Anwender muss dafür lediglich eine Opazitätsfunktion angeben, die seine gewünschten Visualisierungsziele beschreibt. Hierbei kann er auch aus vorgefertigten Funktionen wählen.

Diese Histogramme des vorangegangenen Papers wurde von Correa und Ma in einer erweiterten Arbeit [10] nochmals verbessert. Sie führten multidimensionale Sichtbarkeitshistogramme, die beispielsweise auch die Gradientenlänge in Betracht ziehen. Desweiteren stellen sie zwei Methoden vor zur Berechnung von Sichtpunkt unabhängigen Sichtbarkeitshistogrammen. Zum einen ein Omni-direktionales Sichtbarkeitshistogramm, bei dem die Sichtbarkeit von allen möglich Sichtpunkten berechnet wird. Und ein Radales Sichtbarkeitshistogramm, bei dem radiale Strahlen verwendet werden. Dazu wird das kartesische in ein sphärisches Koordinatensystem umgerechnet.

Im Vergleich zu Huan [5] benutzt Chen in seiner Arbeit [11] nicht nur ein seedbasiertes Verfahren, sondern fügt noch ein sketchbasiertes Verfahren davor ein.

Anfangs wählt der Anwender eine Reihe an Intensitätswerten im Histogramm, die für ihn interessant sind. Danach kann er direkt im Volumen eine Region von Interesse einzeichnen und markieren. Das Program schneidet im Anschluss, alle Teile des Volumens außerhalb der gewählten Region weg. Jetzt kann der Nutzer wie im vorrig vorgestellten Verfahren seinen "seed" setzen.

Dies erleichtert dem Benutzer die Anwendung, da er schneller zu seinem Punkt von Interesse gelangt ohne vorher durch diverse Querschnittsbilder iterieren zu müssen. Desweiteren ist es Zeitsparend für den User, falls er sich nicht genau mit dem Datensatz und der zu Visualisierenden Region auskennt.

2.4. Machinelearning Verfahren

Die Arbeit von Tzeng [12] benutzt Machinelearning um interessante Strukturen darzustellen. Hierbei wird ein Neuronales Netz und eine Support Vector Machine benutzt.

Als Input für das Verfahren kann der Benutzer im Volumen mit zwei verschiedenen Farben Regionen anmalen und damit markieren. Mit der einen Farbe markiert der Nutzer

die Stellen von Interesse, die er hervorgehoben haben möchte, mit der anderen Farbe Stellen, die ihn explizit nicht interessieren. Das Programm nimmt im Anschluss die Intensitätswerte, Länge der Gradienten und Intensitätswerte der Nachbarn aller markierter Voxel als Input um eine sinnvolle Segmentierung zu finden. Das Ergebnis wird dem Anwender in Form einer farbigen Darstellung gezeigt, bei der er abhängig von der Farbe der Regionen sieht wie ähnlich sie den angemalten Voxeln sind. Gefällt dem Benutzer das Ergebnis noch nicht, so kann er durch weiteres einfärben von Regionen das Ergebnis verbessern bis das gewünschte Resultat erreicht wird.

Soundararajan stellt ein Verfahren vor [13], bei dem der Anwender auch direkt im Volumen markieren kann, welche Gebiete für ihn von Interesse sind.

Dabei wird überwachtes maschinelles Lernen angewendet, um aus dieser Eingabe eine probabilistische Übertragungsfunktion abzuleiten. Dabei ist es wichtig, dass das ausgewählte Machinelearningverfahren wie gesagt eine probabilistische Klassifikation erlaubt. Desweiteren muss es nicht nur zwischen zwei verschiedenen Klassen unterscheiden können sondern multiple Klassen unterstützen.

In dem Paper wird das Verfahren mit fünf verschiedenen Machinelearningverfahren getestet und erklärt wie weit mit diesen das gegebene Verfahren umsetzbar ist. Es wurden "Gaussian Naive Bayes", "k Nearest Neighbor", "Support Vector Machines", "Random Forests" und "Neural Networks" getestet.

2.5. Bildbasierte Verfahren

Eine weitere Art Transferfunktionen anzuwenden, sind Verfahren, die auf einem Bild basieren. Hier hat der Benutzer die Möglichkeit, mit dem Programm zu interagieren. Dies ist für einen unerfahrenen User intuitiver und er kann durch ausprobieren ein gewünschtes Ergebnis erzielen.

Fang stellt in seinem Paper [14] ein Verfahren vor, bei dem die Transferfunktion eine Abfolge von verschiedenen 3D Bildverarbeitungsverfahren ist, deren Parameter vom Benutzer angepasst werden können.

Es gibt auch Methoden, bei denen ein Hilfswerkzeug zum Einsatz kommt. Zum Beispiel kann der Benutzer im Paper von Reitinger: [15] sich gezielt Bereiche des Volumens hervorheben lassen, indem er sie mit einem Stift auswählt. Hierbei wird die Intensität des ausgewählten Punktes als auch der räumliche Abstand zum Stift in Betracht gezogen.

Wu und Qu stellen in ihrer Arbeit [9] ein intuitives Verfahren zum verändern von Features von Transferfunktionen vor.

Der Benutzer lädt zwei verschiedene direct volume rendered images(DVRIs) in das Programm. Hierbei wird ihm die jeweilige Visualisierung und Transferfunktion angezeigt. Der User kann entscheiden ob er gewisse Features der beiden DVRIs zu einem verschmelzen, aus beiden mischen oder einzelne löschen möchte. Die Zusammenführung geschieht im Anschluss mithilfe einer Energiefunktion, die die Ähnlichkeit zweier Bilder beschreibt. Das Zusammenführen wird somit zu einem Optimierungsproblem und zwar dem minimieren der Energiefunktion. Dieses Problem kann mithilfe eines stochastischen Suchalgorithmus gelöst werden. Der Anwender bekommt am Ende eine Visualisierung mit allen gewünschten Features.

2.6. Clusteringbasierte Verfahren

Sereda baut seine Arbeit [16] auf den von Serlie [17] vorgestellten LH-Histogrammen auf und zeigt wie man mit ihnen Objekte klassifizieren kann.

Die Berechnung eines LH-Histogramms ist eine Methode zur Erkennung von Kanten, unter der Verwendung von Low- und High-Werten. Dabei werden die Voxel in zwei verschiedenen Kategorien eingeteilt. Es gibt Voxel, die innerhalb eines Materials liegen und welche, die an der Grenze zweier Materialien liegen. Ist ein Voxel innerhalb, so sind seine LH-Werte gleich. Grenzvoxel hingegen haben unterschiedliche Low- und High-Werte, wobei diese die Intensitätswerte der beiden Materialien, zwischen denen die Grenze verläuft, beschreiben.

Bei der Berechnung des Histogramms wird als erstes getestet, ob der betrachtete Voxel an einer Grenze liegt. Ein Punkt liegt innerhalb eines Materials, wenn die Länge des Gradienten kleiner als ein gewisses epsilon (bei MRT-Daten) oder gleich null (bei CT-Daten ist). In diesem Fall wären die Low- und High-Werte der Intensitätswert des Voxels. Ist dies jedoch nicht der Fall, wird in Richtung (für die High-Werte) und entgegengesetzter Richtung (für die Low-Werte) des Gradientens schrittweise integriert. Dies stoppt sobald ein Material gefunden wurde. Dies wird für jeden Punkt im Volumen berechnet und danach aus allen LH-Werten ein Histogramm erstellt.

Zur Visualisierung benutzt Sereda eine dreidimensionale Transferfunktion. Diese nimmt die beiden LH-Werte als auch die Gradientenlänge, aus dem Grund, dass vor allem Voxel nah an der Grenze interessant sind und diese dadurch hervorgehoben werden, als Parameter entgegen.

Weiterhin verwenden die Forscher Regiongrowing um Strukturen zu erkennen. Dabei basiert die Kostenfunktion auf dem LH-Histogramm. Dies ist deutlich besser als Kostenfunktionen, die auf dem Intensitätswert und der Gradientenlänge basieren, da Kanten trotz Überlappungen besser erkannt werden können.

besser
schreiben

In einer späteren Arbeit [18] stellt Sereda ein hierarchisches Clusteringverfahren vor. Hierbei werden in einer Menge von Clustern immer die zwei gemerged, die sich bei dem ausgewählten Vergleichsverfahren am ähnlichsten sind. Es wird eine Kombination aus zwei solcher Vergleichsverfahren vorgestellt. Zum einen wird die räumliche Nähe in Betracht gezogen, bei der gezählt wird, wie viele direkte Nachbarn zwei Cluster besitzen. Zum anderen wird die Nähe im LH-Raum untersucht. Als Startcluster dienen hierbei die Kästchen des LH-Histogramms. Die einzelnen Cluster bekommen für die Visualisierung am Ende einen zufälligen Farbwert zugewiesen.

Das Paper von Binh P. Nguyen [19] stellt ein clusteringbasiertes Verfahren vor für den Benutzer interessante Gebiete hervorzuheben.

Zunächst wird in einem Vorverarbeitungsschritt die Gradienten des Volumens berechnet. Hierzu wurde Hong's Methode [20] verwendet. Im Anschluss daran wird anhand der Gradienten die LH-Werte mithilfe von Heuns Methode, einer modifizierten Euler Methode, ermittelt. Hierbei wird desweiteren eine Gewichtung abhängig von der zurückgelegten Strecke bei der Interpolation für den Low- bzw. High-Wert errechnet. Aus den LH-Werten und deren Gewichten wird anschließend ein LH-Histogramm erzeugt.

Dem Benutzer steht dann ein zwei-stufiges und ein drei-stufiges Clusteringverfahren zur Auswahl, wobei die ersten beiden Clusteringsschritte die selben sind. Im ersten Clusteringsschritt wird im LH-Raum mithilfe von "Meanshiftclustering" geclustert. Es wird für jeden LH-Wert alle Werte gefunden, die in einem Kreis mit einem Radius von 7% - 9%

altes
paper
auch
ein-
binden

des maximalen LH-Wertes um den ursprünglichen Punkt liegen. Anschließend wird der neue durchschnittliche Mittelpunkt von allen Punkten im Cluster ermittelt. Der Vorgang wiederholt sich der Mittelpunkt zwischen zwei Iterationen nur minimal ändert. Der komplette Vorgang wird für jeden Punkt im LH-Histogramm wiederholt und in Folge werden Cluster, deren Mittelpunkt nah beieinander liegen zu einem Cluster gemerged.

Der zweite Clusteringschritt wird auf die Cluster des ersten Schittes angewendet. Hierbei wird auch "Meanshiftclustering" verwendet. Diesmal wird jedoch räumlich, also abhängig von der Position im Volumen, geclustert. Desweiteren werden die Parameter für den Suchradius und Distanz zweier Mittelpunkte damit sie gemerged werden angepasst.

Als Ergebnis der ersten zwei Schritte erhält man Cluster mit Voxeln die ähnliche LH-Werte haben, als auch räumlich nah beieinander liegen.

Im optionalen dritten und letzten Clusteringschritt wird hierarchisch geclustert. Hierbei wird für jeden Cluster die paarweise Nähe zu jedem anderen Cluster errechnet. Anschließend werden hierarchisch immer die zwei Cluster, die sich am nächsten sind, zu einem gemerged, solange bis nur noch ein Cluster existiert. Hierbei speichert das Programm jeweils welche Cluster wann miteinander gemerged wurden. Der Benutzer kann im Anschluss entscheiden wie viel Cluster er haben möchte. Abhängig davon, wird das hierarchische Clustern umgekehrt und die Cluster werden wieder getrennt, bis die gewünschte Anzahl an Clustern erreicht ist.

3. Methods

Diese Arbeit orientiert sich an dem zweistufigen Clusteringverfahren aus dem Paper von Nguyen [19].

Zuerst müssen die LH-Werte des Volumen berechnet werden. Hierfür werden zunächst die Gradienten aller Voxel benötigt. Wie im Paper beschrieben wurde auch in dieser Arbeit Hong's Methode [20] dafür gewählt. Diese ist ein approximationsbasiertes Verfahren zur Berechnung von Gradienten eines Volumens.

In Hong's Verfahren wird zur Berechnung der Gradienten die lokale 4x4x4 Nachbarschaft des betrachteten Punktes hinzugezogen. Hierbei ist zu beachten, dass es nicht möglich ist, den Gradienten für einen Voxel direkt zu berechnen. Der Gradient drückt die Veränderung der Intensitätswerte im Raum aus, folglich kann er immer nur zwischen zwei Punkten berechnet werden. Deshalb liegt er im Falle eines dreidimensionalen Volumens im Zentrum eines Würfels, der von 8 benachbarten Voxeln aufgespannt wird. In Figure 1 ist zu erkennen, wie der Gradient im Zentrum der acht Voxel liegt. Desweiteren ist die 4x4x4 Nachbarschaft in Form der durchnummerierten Punkte zu sehen.

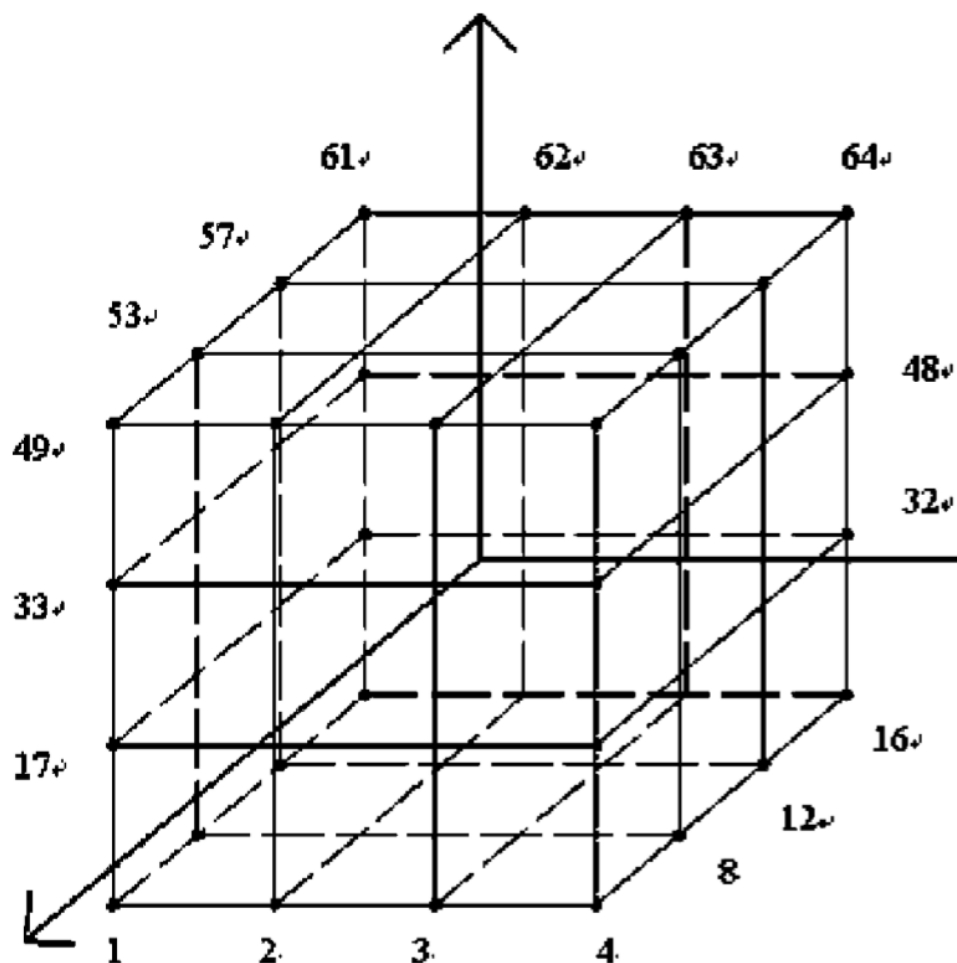


Figure 1: Darstellung der lokalen 4x4x4 Nachbarschaft

Die Funktionen für die Intensitätswerte wird im Paper mit:

$$f(x, y, z) = Ax^2 + By^2 + Cz^2 + 2Fyz + 2Gzx + 2Hxy + 2Ix + 2Jy + 2Kz + D \quad (1)$$

approximiert. Da der Gradient die Ableitung der Intensitätsfunktion ist, erhält man den dreidimensionalen Gradientenvektor n , indem die Funktion ableitetet wird:

$$n = (Ax + Gz + Hy + I, By + Fz + Hx + J, Cz + Fy + Gx + K) \quad (2)$$

Um den Gradienten zu Berechnen müssen die Parameter $A, B, C, E, F, G, H, I, J, K$ berechnet werden. Dies geschieht mithilfe der Methode der kleinsten Quadrate.

Dies wird für jeden Voxel im Volumen berechnet. Als Ergebnis des Verfahrens kommt ein Volumen, in dem alle Gradienten gespeichert sind, heraus. Jedoch sind die Punkte um eine halbe Voxellänge verschoben. Desweiteren ist die Dimension dieses Volumens in jeder Achse um eins kleiner als das vorher gegebene Intensitätsvolumen. Da für die Berechnung der LH-Werte jedoch der Gradient und der Intensitätswert an einer Stelle im Volumen bekannt sein muss, wurden die Intensitätswerte auf das Volumen der Gradienten umgerechnet. Dies geschieht durch eine einfach Interpolation, indem von allen 8 Nachbarn eines Punktes der Intensitätswerte aufaddiert und hinterher durch acht geteilt werden. Hierbei gehen Information verloren....

methode
der kle-
insten
quadrate
genauer
beschreiben

Nachdem die Gradienten berechnet sind und die Intensitätswerte passend umgerechnet wurde, folgt die Berechnung der Low- und High-Werte. Dazu wird in Richtung der Gradienten integriert. Hierfür wurde wie von Nguyen auch Heun's Methode, eine modifizierte Euler Methode verwendet. Die hierzu benutzte Formel lautet:

$$u_{i+1} = u_i + \frac{1}{2}d(\nabla f(u_i) + \nabla f(u_i + d\nabla f(u_i))) \quad (3)$$

abbildung
für interpo-
lation
und
beschreiben
was
verloren
geht

Hierbei sind u_i und u_{i+1} die Positionen des aktuellen, beziehungsweise des nächsten Voxels. $\nabla f(x)$ beschreibt den normalisierten Gradienten für die High-Werte und den normalisierten inversen Gradienten für die Low-Werte an Stelle x . d steht für die Schrittwerte (ein Voxel). Da das Verfahren in dieser Arbeit auf CT-Daten angewendet wird, ist das Abbruchkriterium der Integration, dass ein Gradient mit Länge null gefunden wird. Ist dies der Fall, wird der Intensitätswert dieses Voxels als Ergebnis für den Low-beziehungsweise High-Wert des Startvoxel festgelegt.

Anschließend wird ein LH-Histogramm über alle berechneten Werte erstellt. Die x-Achse sind hierbei die Low- und die y-Achse die High-Werte. Deren Reichweite geht von null bis zu den jeweiligen Maxima der Werte.

Auf diesem Histogramm findet der erste Clusteringschritt statt. Es wird ein Meanshift-clustering verwendet. Dazu wird zuerst eine Bandweite und ein Threshold gewählt, welche die Sensitivität des Clusterings bestimmen. Danach wird das Clustering für jeden Punkt im LH-Histogramm wie folgt durchgeführt.

Es werden alle Punkte die innerhalb des Radius der Bandbreite um den Startpunkt liegen gespeichert. Diese Punkte bilden nun den gefundenen Cluster. Von diesem Cluster wird der neue Mittelpunkt, der jeweilige Mittelwert der beiden Koordinaten, berechnet. Um diesen Punkt wird erneut mit selben Radius alle Punkte die bisher nicht zu dem Cluster gehören gesucht und hinzugefügt. Dies geschieht solange, bis der Abstand des neu kalkulierten Mittelpunkts zum Alten weniger als der Threshold mal die Bandweite ist. Nachdem das Clustering für jeden Punkt im Histogramm beendet ist, werden jene Cluster deren Mittelpunkte eine Distanz kleiner als die Hälfte der Bandweite zueinander haben

miteinander zu einem einzigen Cluster verschmolzen.

Da die Intensitätswerte im Gehirn sehr nah beieinander liegen, wäre es nicht sinnvoll wie von Nguyen beschrieben über das komplette Histogramm mit einer Bandweite von 7% - 9% des maximalen LH-Wertes, das Maximum aller Low- und High-Werte, zu clustern. Das Gehirn würde dabei als ein paar wenige, sehr große Cluster erkannt werden. Diese Herangehensweise mag praktikabel zum Darstellen von Knochen, des kompletten Gehirns oder anderen Bereiche sein, entspricht jedoch nicht dem Ziel dieser Arbeit, das Ventrikelsystem kenntlich zu machen und zu visualisieren. Aus diesem Grund wurde die Bandbreite des Clustering auf 0,1% des maximalen LH-Wertes gesetzt.

Da so eine Bandbreite sehr Rechenaufwendig ist und bekannt ist, dass das Ventrikelsystem einen Intensitätswert um die ... hat, wurde desweiteren nur im Intensitätswertebereich von 1025 bis 1075 geclustert, um die Rechenzeiten gering zu halten. Weiterhin wurde nicht jeder Punkt des Histogramms besucht, sondern eine Schrittweite von fünf Kästen festgelegt. Dies geschah aus der Beobachtung heraus, dass für zwei oder drei direkt nebeneinanderliegende Kästen im LH-Histogramm meist der gleiche Cluster als Ergebnis berechnet wurde. Diese wurden im letzten Schritt dann ohnehin zu einem einzigen Cluster verschmolzen, was die Berechnung jedes einzelnen Kastens unnötig machte. Diese Maßnahmen dienen ausschließlich dem Zweck Strukturen im Gehirn besser unterscheiden zu können, da sie so in verschiedene LH-Cluster eingeteilt werden und damit unterscheidbar sind. Wenn das Verfahren für andere Ziele genutzt werden soll, können die Parameter auf die von Nguyen vorgeschlagenen Werte gesetzt werden.

Als nächstes werden die LH-Cluster erneut mit Meanshiftclustering geclustert. Diesmal jedoch anhand ihrer räumlichen Informationen im Volumen. Im Paper von Nguyen wird hierzu kein Wert für die Bandbreite vorgeschlagen. In dieser Arbeit hat sich eine Bandbreite von 10 und eine minimale Distanz vom alten zum neuen Mittelpunkt von 0,01 als zielführend erwiesen.

Nachdem alle Cluster erzeugt wurden, werden ihnen zufällige IDs von eins bis zur Anzahl an Clustern zugeteilt. Anschließend wird ein Volumen erstellt, mit den Dimensionen des ursprünglichen Intensitätsvolumens, das nur mit nullen als Werte gefüllt ist. Warum es diese Dimension haben muss, wird später erklärt. Danach wird durch alle Cluster iteriert, und jeder Voxel in das neu erstellte Volumen an der jeweiligen Position eingetragen. Dabei ist der eingetragene Wert immer die ID des aktuellen Clusters. Nachdem alle Cluster abgearbeitet wurden, besteht das Volumen aus ausschließlich nullen und den IDs der Cluster an den passenden Stellen.

Dieses Volumen wird als eine binäre Datei abgespeichert und in Unity geladen. Hier kann der Anwender sich entweder die Form von einzelnen IDs anschauen oder eine Reichweite von IDs. Die gewählten IDs werden rot markiert und sich deutlich vom restlichen Volumen zu unterscheiden. Mithilfe der Darstellung muss der Nutzer anhand der Form die Cluster erkennen, die zum Ventrikelsystem gehören, und deren IDs notieren.

Hat er dies getan kann er im ... Programm die binäre Datei mit den IDs, die ursprüngliche Intensitätsvolumendatei laden und eine Liste der passenden IDs als Parameter übergeben.

Die ausgewählten IDs werden zu einem Cluster verschmolzen und in das Intensitätsvolumen übernommen. Dort erhalten sie, da der maximale Wert von CT-Daten bei ... (4400) liegt, den Wert 5000. Dieser Wert erhöht das Maximum für die Darstellung der Daten nur gering, ist dafür aber im Volumen sonst nirgends enthalten. Das Ergebnis dieser Verschmelzung wird wieder als binäre Datei gespeichert.

Als letzten Schritt kann nun der Benutzer die verschmolzene Datei erneut in Unity laden. Hier kann er sich dann das Volumen normal abhängig von den Grauwerten dargestellt anzeigen lassen, mit dem Ventrikelsystem in rot, oder einer anderen ausgewählten Farbe

intensitätswerte
ventrikel,
vllt
original
werte
nehmen
und in
imple-
men-
tierung
ver-
schiebung
vorstellen

darin.



letzten
schritt
genauer

4. Concept

Formulierung

Das hier folgende Kapitel beschäftigt sich mit dem Softwaredesign der Implementierung dieser Arbeit.

Die hier vorgestellte Implementierung teilt sich dabei in zwei verschiedenen Programme auf. Zum einen den sogenannten *VolumeRenderHelper*, der für das Laden, Umwandeln, Verarbeiten und Speichern der Volumendaten zuständig ist. Auf der anderen Seite das Unityprogramm *VolumeRenderer*, welches zur Visualisierung der vom Helper erzeugten Daten dient. Diese beiden Programme existierten bereits vorher und sind in Vorarbeiten des IPRs entstanden. In dieser Arbeit wurde der *VolumeRenderHelper* um die vorgestellte Transferfunktion und der *VolumeRenderer* um eine kleine Darstellungshilfe erweitert. Die Beiden Programme werden im folgenden als Helper und Renderer erwähnt.

Anfangs liegen die CT-Daten von den Volumen als Schnittbilder im DICOM Format vor. Diese werden mithilfe der MITK Workbench zu einer einzelnen Datei im .nrrd Format umgewandelt, welche vom Programm eingelesen werden können. Da CT-Daten Werte im negativen Bereich haben, die für das Verfahren hinderlich sind, werden die Daten um den kleinsten Wert verschoben, sodass das Minimum des Volumens bei null liegt.

Die interne Speicherung des Volumens wurde mit der generischen Klasse *Volume* umgesetzt.

Die Interaktion des Benutzers mit dem Helper findet über eine Kommandozeile statt. Hierbei hat der Anwender die Befehle Load, Dump, Resample, Info, Write, LHHistogram, ClusterVolume und MergeCluster zur Auswahl. Jedes Modul hat dabei seine eigene Syntax die mithilfe eines Help Befehls angezeigt werden kann. Die Funktionen der Module entsprechen deren Namen. So lädt Load beispielsweise eine .nrrd oder binäre Datei, Dump und Write speichern das geladene Volumen als binäre oder .nrrd Datei ab, Info gibt Informationen über das aktuell geladene Volumen zurück und Resample lässt den Anwender die Größe des Volumens verändern. Ruft man den Dump Befehl mit einem "u" auf, so wird das Volumen vor dem Speichern zum Typ "unsigned int" gecastet, indem auf alle Werte der Betrag des minimalen Wertes aufaddiert wird. Dadurch verschieben sich die Werte so, dass das Minimum bei null liegt, also nur noch positive Zahlen im Volumen vorhanden sind. Dies ist für die Implementierung des Verfahrens wichtig, da es nur mit positiven Werten funktioniert.

Im Folgenden werden hauptsächlich die Module LHHistogram, ClusterVolume und MergeCluster erläutert, da diese im Laufe dieser Arbeit entstanden sind. LHHistogram berechnet hierbei lediglich die Gradienten und LH-Werte und erstellt eine .csv Datei, in der das LH-Histogram gespeichert wird. ClusterVolume kalkuliert das Gleiche, führt hinterher jedoch noch die beiden Clusteringschritte aus. Das Modul MergeCluster hingegen dient der Verschmelzung der gewünschten IDs, und dem ursprünglichen Volumen. In Figure 2 sieht man einen Überblick über den Aufbau der Implementierung.

Damit das Verfahren funktioniert, muss das geladene Volumen als "unsigned int" vorliegen. Der Ablauf der Berechnung startet in der statischen *Gradient* Klasse. Diese ist eine Implementierung des Verfahren von Hong [20]. Sie nimmt für ihre Berechnung als Parameter ein Volumen von Integern entgegen und gibt ein Volumen mit dem generischen Datentyp *FVector3* zurück. Diese ist eine Hilfsklasse zur Darstellung von dreidimensionalen Vektoren.

christians
paperunity
und
steff-
fens
zeug
genauer
erklärencsharp
erwäh-
nen und
allge-
meine
umge-
bungattribute
funktio-
nen etc.von
volu-
men-
klasse
in UML

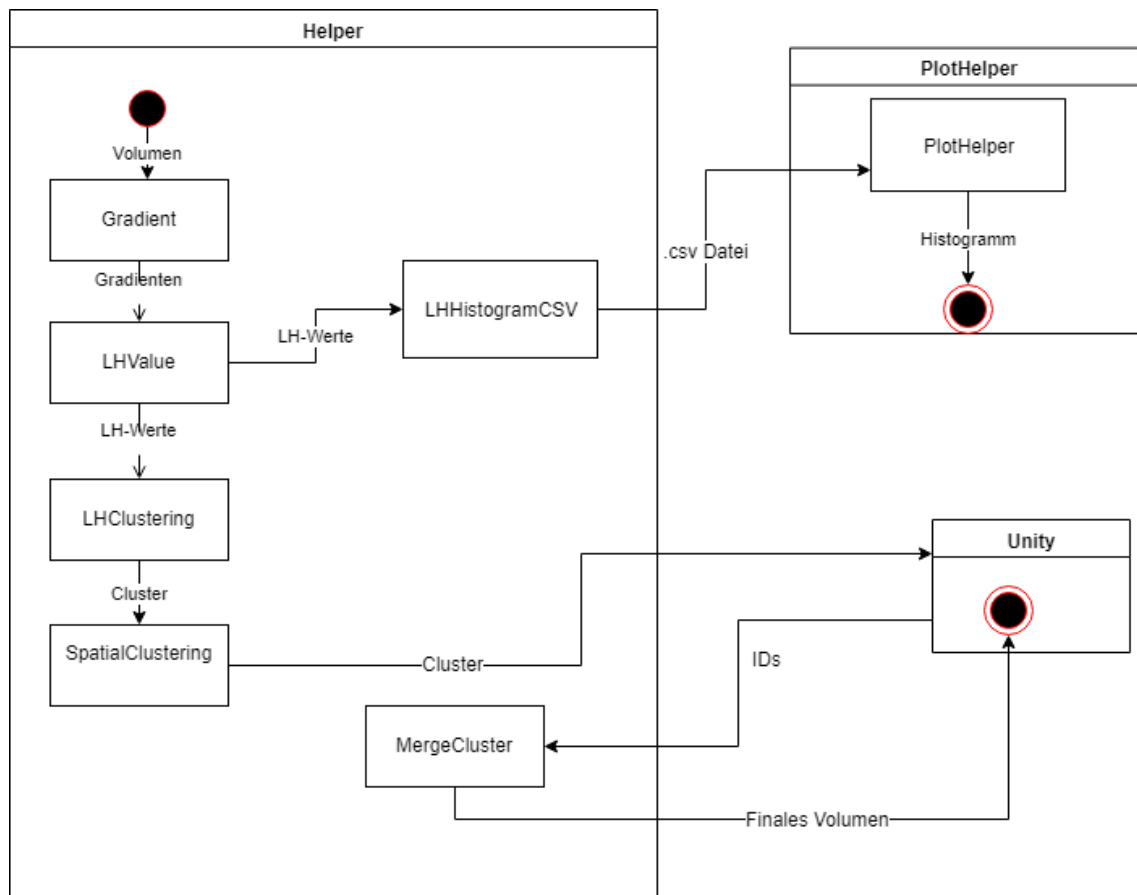


Figure 2: Überblick über das Programm

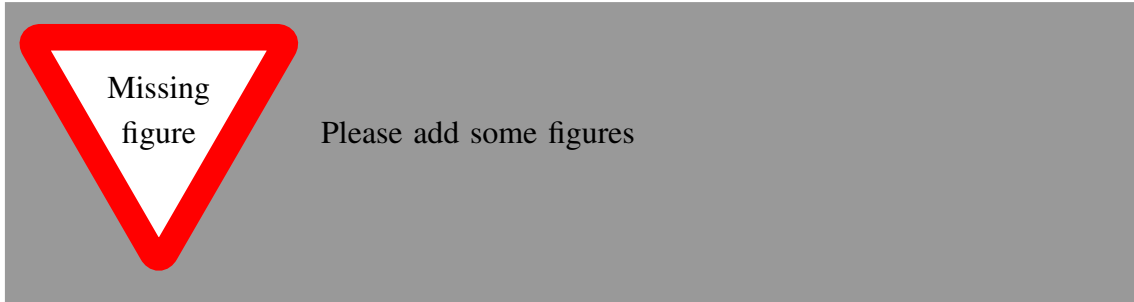
Als nächstes wird die Funktion *LHValueVolume* der statischen Klasse *LHValues* aufgerufen. Diese berechnet für das gegebene *FVector3* Volumen und den dazugehörigen Intensitätswerten die LH-Werte für jeden Voxel. Diese gibt die Methode in Form eines Volumens vom Typen "Tuple<float,float>" zurück.

Hat der Benutzer das Modul *LHHistogram* aufgerufen, entsteht im Anschluss das LH-Histogramm in der Klasse *LHHistogramCSV* und wird von ihr als .csv Datei in einem vom Anwender angegebenen Pfad abgespeichert. Diese kann der Benutzer anschließend in dem Pythonscript *PlotHelper* laden und sich Visualisieren lassen. Hierbei ist zu beachten, dass das Histogramm gebildet wird, indem die Häufigkeit des Vorkommens eines LH-Wertpaares im Volumen im jeweils dazu passenden Kästchen gespeichert wird. Dies ist simpler als das im Paper von Nguyen [19] benutzte Erstellen des Histogramms abhängig von einer für jeden Voxel berechneten Gewichtung. Da die Arbeit an der Implementierung zeitlich beschränkt war, wurde diese Gewichtung, die einzig und allein einer genaueren Darstellung des für das Verfahren irrelevante LH-Histogramm dient, vernachlässigt. Die Gewichtung ist für das Clustering belanglos, da dort ein Histogramm wie oben beschrieben, abhängig von der Häufigkeit der LH-Werte verwendet wird.

Wurde jedoch das *ClusterVolume* Modul aufgerufen, wird mit den beiden Clusteringschritten fortgefahren. Die Berechnung die in der *LHClustering* Klasse geschieht nimmt das Volumen mit den LH-Werten entgegen und rechnet es aus Performancegründen in ein Histogramm um. Dieser Schritt könnte gespart werden, wenn die Methode *LHValueVolume* direkt ein Histogramm als Rückgabewert liefern würde. Als Ergebnis der Clusteringfunktion *ComputeLHClusters* wird eine Liste der Cluster zurückgegeben. Ein Cluster besteht aus einer Liste von *IVector3*. Diese Hilfsklasse beschreibt wie *FVector3* Vektoren, jedoch können die Werte nur ganze Zahlen annehmen, folglich eignen sie sich gut, wie hier verwendet, zum Beschreiben von Positionen im Volumen. Die Cluster werden nur als Liste der räumliche Information der Punkte gespeichert, da für den nächsten Clusteringsschritt lediglich diese Information benötigt wird.

5. ImplementationImplementation

...



6. Results

Die folgenden Zeitmessungen wurde alle auf einem Computer mit einem 3.70GHz Intel Core(TM) i7-8700K CPU mit 32GB RAM ausgeführt.

Um die Berechnungszeit des Systems messen zu können, wurde die Berechnung des gesamten Clusteringverfahrens und die des LH-Histogramms mit drei verschiedenen großen Volumen durchgeführt. Diese stammen alle von den gleichen CT-Daten ab und wurden lediglich mit dem Resamplemodul auf die Hälfte beziehungsweise Dreiviertel der ursprünglichen Größe verkleinert. Es war geplant, dass noch ein viertes Volumen zum Vergleich hinzugezogen wird, jedoch war es aus einem unbekannten Fehler leider nicht möglich die Verfahren mit einem gevierteltes Volumen durchzuführen. Desweiteren funktioniert bem ganzen Volumen lediglich die Berechnung des LH-Histogramms, die komplette Verfahren ist nicht möglich, vermutlich aus dem Grund, dass es zu viele Daten für die aktuelle Implementierung sind.

Die Berechnungszeit hängt stark von der Größe des Eingabevolumens ab. Die ist in Table 1 sehr gut zu erkennen. Diese zeigt einen Überblick über die ungefähren Berechnungszeiten der verschiedenen Volumengrößen.

Volumengröße	LH-Histogramm [s]	Komplettes Verfahren [s]
Halbes Volumen (256x101x256)	30	50
Dreiviertel Volumen (384x151x384)	90	380
Ganzes Volumen (512x201x512)	225	-

Table 1: Überblick über die Berechnungszeiten der verschiedenen Volumengrößen

Dabei ist wichtig zu beachten, dass die Zeit zur Berechnung der LH-Histogramme die gleiche Zeit wie die Berechnung der LH-Werte im gesamten Verfahren benötigt. Die Berechnungsdauer der Gradienten ist hierbei doppelt so lange wie die der LH-Werte. Zieht man die Berechnungszeit des Histogramms von der Kalkulationszeit des gesamten Verfahrens ab, erhält man die Zeit, die die beiden Clusteringschritte benötigen.

Eine interessante Beobachtung hierbei ist, dass die Berechnung der LH-Histogramme abhängig von der Anzahl der Pixel gesehen in etwa gleich schnell abläuft. Das halbe Volumen hat eine Gesamtpixelzahl von ungefähr 6,6 Millionen, das dreiviertel Volumen von zirka 22,2 Millionen und das ganze Volumen von grob 52,6 Millionen Pixeln. Wird die Anzahl an Pixeln die pro Sekunde bei der LH-Wert Berechnung bearbeitet werden für diese drei Volumen berechnet, so ist zu beobachten, dass keine großen Unterschied zwischen den Zeiten existiert. Das Halbe bearbeitet etwa 220 Tausend, das Dreiviertel ungefähr 247 Tausend und das Ganze 234 Tausend Pixel pro Sekunde. Der kleine Unterschied in der Rate lässt sich einerseits durch feste Berechnungen, die unabhängig von der Pixelzahl sind, und andererseits über nicht ganz genauen Messungen erklären. Folglich kann man sagen, dass die Berechnungszeit der LH-Werte bei dieser Implementierung in etwa linear mit der Anzahl an Eingabepixeln wächst.

Auf der anderen Seite ist jedoch auch zu erkennen, dass die beiden Clusteringschritte mit zunehmender Eingabegröße deutlich langsamer werden. Das Clustering des halben Volumens dauerte 20 Sekunden und hat damit eine Verarbeitungsrate von zirka 330 Tausend Pixeln pro Sekunde. Hingegen dauert es beim dreiviertel Volumen 290 Sekunden und erreicht damit gerade einmal einen Rate von 76 Tausend Pixeln pro Sekunde. Es braucht also 14,5 Mal so lange an Zeit für die 3,3 fache Anzahl an Pixeln.

gradienten
zeit und
lh zeit
getrennt
erwäh-
nen

In dieser Arbeit wurden hauptsächlich Volumen mit einer Auflösung von 256x101x256 Pixeln verwendet, da gut erkennbare Ergebnisse damit erzielt wurden.

Beispiel einer Visualisierung kann man in ?? sehen. Diese Bilder sind Screenshots einer einzigen Visualisierung in Unity aus verschiedenen Perspektiven. In ??, der Darstellung von der Seite kann man über dem Ventrikel kleine Ausreißer erkennen, die nicht zum Ventrikelsystem gehören. Auch bei den anderen Figuren sind kleine Punkte zu erkennen, die nicht zum Ventrikel gehören. Diese können bei dem aktuellen Stand der Implementierung nicht entfernt werden und senken die Qualität der Darstellung.

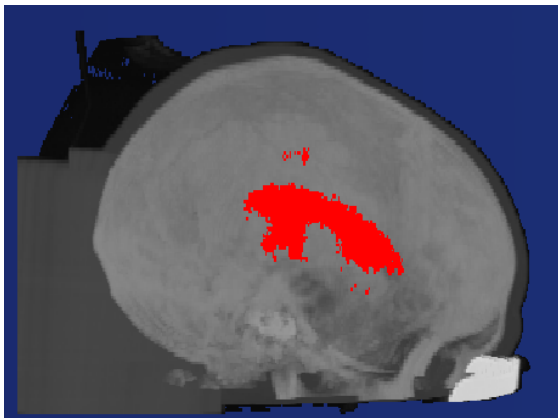


Figure 3: Visualisierung des ersten normalen Ventrikelsystems von der Seite

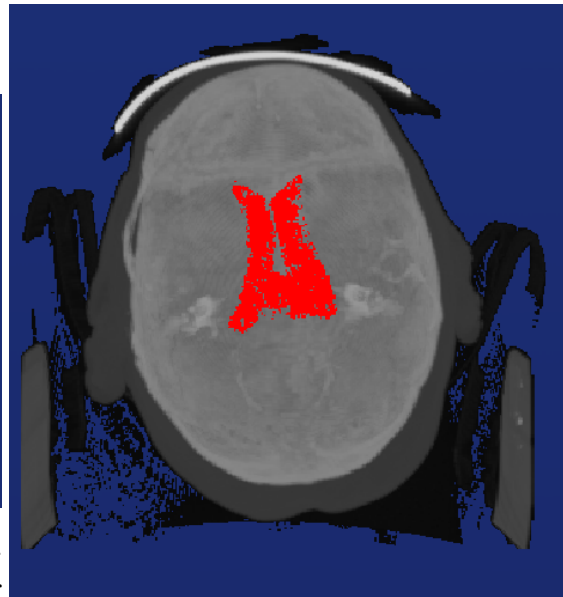


Figure 4: Visualisierung des ersten normalen Ventrikelsystems von Unten

Im Rahmen der Evaluation der Benutzerfreundlichkeit des Verfahrens wurde eine kleine Nutzerstudie mit ... Teilnehmern durchgeführt. Bei dieser wurden den Probanden zunächst der Ablauf und die vom Benutzer erforderlichen Schritte um eine Visualisierung des Ventrikelsystems zu erhalten durch eine Vorführung durch den Interviewer gezeigt. Anschließend mussten die Teilnehmer selbst das eben gelernte anwenden und das Programm selber ausführen. Dabei bekamen sie, wenn sie nicht weiterwussten, Hilfe vom Versuchsleiter. Als Abschluss füllten die Probanden einen NASA-TLX Bogen zu der Aufgabe aus. Die durchschnittlichen Ergebnisse der einzelnen Kategorien wird in Table 2 gezeigt.

Der durchschnittliche Wert für die Gesamtbeanspruchung lag bei ... Personen ohne Programmiererfahrung ...

Trotz der Schwierigkeiten, gaben die Probanden an, dass sie die Aufgabe mit einer guten ausführlichen Dokumentation auch alleine ohne Hilfe hinbekommen würden.

test Figure 6

nutzerstudie
variablen
etc. erwähnen
-> pros-
eminar

info
über
teil-
nehmer

Kategorie	Gewichtung	Klicks	Wichtung
Geistige Anforderung	0	0	0
Körperliche Anforderung	0	0	0
Zeitliche Anforderung	0	0	0
Leistung	0	0	0
Anstrengung	0	0	0
Frustration	0	0	0

Table 2: Durchschnittlichen Ergebnisse des NASA-TLX Bogens

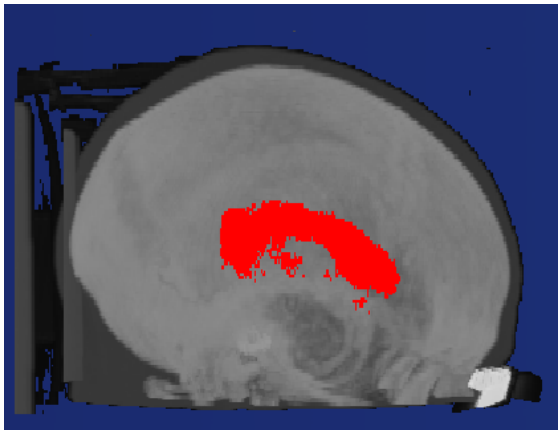


Figure 5: Visualisierung des zweiten normalen Ventrikelsystems von der Seite

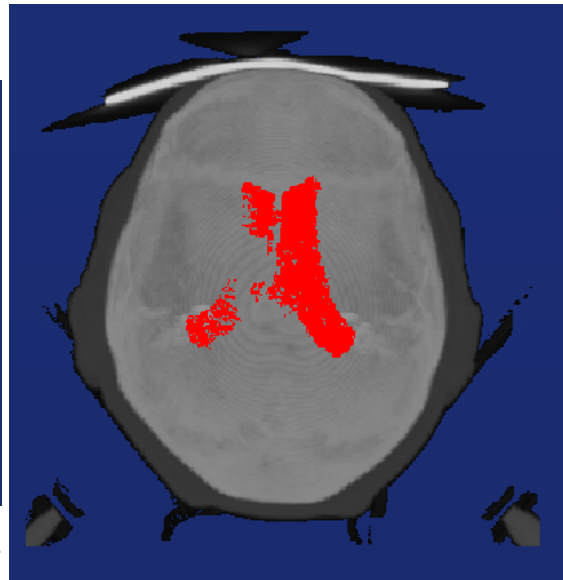


Figure 6: Visualisierung des zweiten normalen Ventrikelsystems von Unten

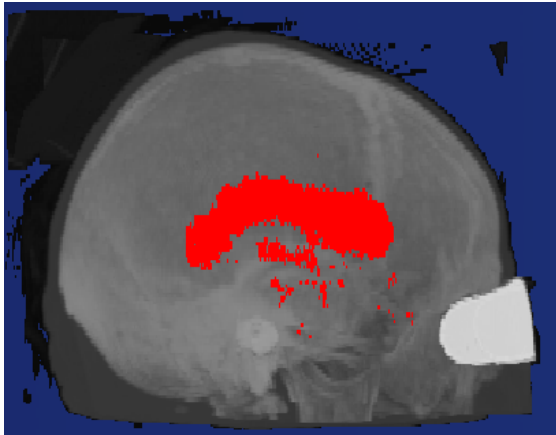


Figure 7: Visualisierung des Atrophie Ventrikelsystems von der Seite

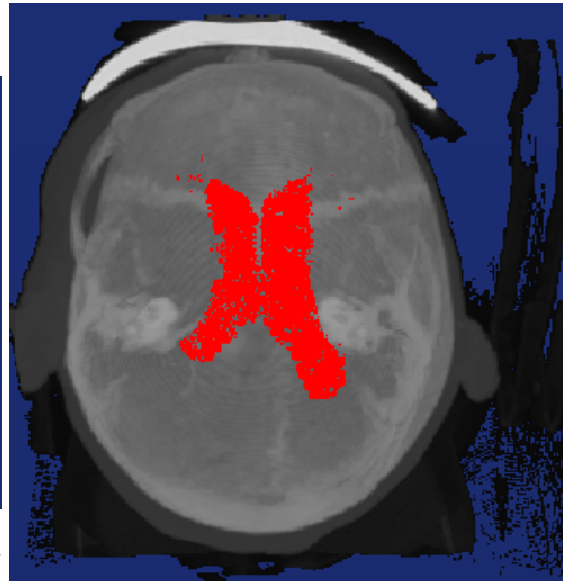


Figure 8: Visualisierung des Atrophie Ventrikelsystems von Unten

Das Verfahren wurde an 15 verschiedenen CT-Daten getestet. Darunter waren Ventrikelsysteme, von denen vier normal, vier schlank, zwei unter Atrophie leidend, zwei mit einem Mittellinienshift, eins deformiert, eins Blutresorbiertes und eins Hydrocephalus waren. Die normalen und die schlanken Ventrikelsysteme benötigen keiner weiteren Erklärung. Bei den Normalen glückte die Visualisierung bei zwei Stück. Die Schlanken, waren leider für das Verfahren nicht zu erfassen, weshalb es davon keine zufriedenstellende Visualisierung gibt. Atrophie bezeichnet den, oft durch das Alter verursachten, Schwund von Hirnmasse. Hierbei war es bei einem der beiden Datensätze möglich das Ventrikelsystem sichtbar zu machen. Bei dem Mittellinienshift, der Verschiebung der Mittellinie des Ventrikelsystems, dem Deformierten, dem Blutresorbierten und dem Hydrocephalus, einer Aufstauung von Nervenwasser im Kopf, war aus jeweils dem Grund der Unterschiede der Daten zum normalen Ventrikelsystem mit dem aktuellen Stand der Implementierung keine erfolgreiche Visualisierung möglich.

Für die erfolgreich visualisierten Daten wurde zur Evaluation ein Arzt von der Uniklinik Ulm befragt. Diesem wurden die Visualisierungen drei verschiedener Ventrikel vorgeführt, zwei normale Ventrikel und ein Ventrikel mit Atrophie. Screenshots der Visualisierung des 2ten normalen und des atrophie Ventrikels sind im Anhang zu sehen. Der erste normale Ventrikel, ist in ?? zu sehen. Während der Vorführung konnte der Mediziner selbst die Kamera durch die Darstellung lenken. Anschließend bewertete er mit der Beantwortung von drei verschiedenen Fragen auf einer Skala von eins bis fünf die Qualität der Ergebnisse.

- 1) Wie gut ist das Ventrikelsystem bei der Visualisierung zu erkennen?
sehr schlecht 1 - 5 sehr gut
- 2) Wird das Ventrikelsystem in der Visualisierung vollständig dargestellt?
überhaupt nicht vollständig 1 - 5 vollständig
- 3) Wie genau ist das Ventrikelsystem segmentiert?
überhaupt nicht segmentiert 1 - 5 ausschließlich das Ventrikelsystem ist segmentiert

Die Ergebnisse zu den verschiedenen Visualisierungen werden in Table 3 gezeigt.

SATZBAU!!!

Ventrikelsystem	1. Frage	2.Frage	3. Frage
Normal 1	4	4	3
Normal 2	4	2	3
Atrophie	4	3	2

Table 3: Ergebnisse des Interviews mit einem Arzt

Der Arzt merkte an, dass bei jeder Visualisierung, die durch das Verfahren erzeugt wurde, nur der linke und rechte Seitenventrikel zu sehen war. Die deutlich schmalere dritte und vierte Ventrikel und die Unterhörner der Seitenventrikel fehlten bei den Darstellungen komplett. Diese sind bei einem gesunden Menschen jedoch klein und deshalb schwer zu segmentieren. Weiterhin sind diese Teile für die Ventrikelpunktion ohnehin uninteressant, da die Punktion im Vorderhorn eines Seitenventrikel stattfindet, also einem Bereich den die Visualisierung abdeckt. Folglich sind die Antworten auf die zweite Frage, nach der Vollständigkeit des Ventrikelsystems, lediglich Vollständigkeit der beiden Seitenventrikel zu sehen.

Die Bewertung des ersten normalen Ventrikelsystems fiel positiv mit 11 von möglichen 15 Punkten aus. Das Ventrikelsystem war als solches klar zu erkennen, jedoch fehlten die Hinterhörner ein wenig. Bis auf diese waren die Seitenventrikel auch vollständig zu sehen. Bei der Segmentierung gab es mehrere kleine Ausreißer.

Der zweite normale Ventrikelsystem, war auch gut zu erkennen. Jedoch wird fast ausschließlich der linke Seitenventrikel visualisiert, weshalb die 4 als Bewertung auf diesen bezogen war. Dieser ist dafür jedoch sehr klar, deutlich und vollständig zu sehen. Der Arzt sagte, dass dieser besser und glatter als die des ersten normalen Ventrikelsystems sein, da man auch das Unterhorn erkennen kann.

Bei einer Atrophie ist im Gehirn deutlich mehr Liquor zu finden als bei einem gesunden. Diese werden vom Verfahren auch erkannt, weshalb die Segmentierung etwas verschwimmt und nicht die kompletten Seitenventrikel erfasst werden. Jedoch ist zu vermuten, dass viele der Ausreißer zum dritten Ventrikel gehören, da dieses, wie alle Ventrikel bei einer Atrophie sich weitet. Trotz der Flüssigkeiten im Gehirn war das Ventrikelsystem in der Darstellung gut zu erkennen.

Im Allgemeinen sagte der Mediziner, dass das Ventrikelsystem als solchen ganz eindeutig zu erkennen sei, allerdings sei die Darstellung nicht glatt genug.

7. Discussion

...

8. Conclusion

Die Implementierung eines Clusteringbasierten Verfahren kam in dieser Arbeit zu einem Erfolg, jedoch gibt es noch sehr viele Verbesserungs- und Erweiterungsmöglichkeiten. Diese werden im folgenden Kapitel vorgestellt.

Die Visualisierung des Ventrikelsystems funktionierte bei nur wenigen Datensätzen. Bei den Restlichen wurde das System aus verschiedenen Gründen nicht erkannt. Es gab Probleme, wenn einerseits das Ventrikelsystem zu klein oder verformt war, oder andererseits die Hirnmasse im Kopf und um den Ventrikel herum andere Intensitätswerte als üblich hatten. Bei normalen Ventrikel funktionierte es teilweise auch nicht. Diese hohe Inkonsistenz gilt es zu beheben. Dazu können verschiedene Veränderungen vorgenommen werden.

Da das Verfahren oft daran scheiterte, die Kanten von Ventrikeln zu erkennen, da sie zu klein oder der Unterschied zur Umgebung zu gering ist, wäre es eine Möglichkeit, ein noch genaueres Clustern über dem LH-Raum zu implementieren. Dadurch würden jedoch noch mehr Cluster entstehen, was die Benutzung noch schwieriger macht. Dies könnte jedoch behoben werden, indem Cluster die am Rande des Volumens liegen weggelassen werden. Da das Ventrikelsystem in der Mitte des Kopfes liegt, ist es klar, dass diese Cluster keine Teile eines Ventrikels enthalten können. Weiterhin könnte ...

weiterrschreibe

Ein weiteres Problem war die Benutzerfreundlichkeit. Ein Anwender muss einen genauen Ablauf befolgen um zu einem Ergebnis zu kommen, indem er erst mithilfe der Konsole Daten laden, falls sie noch im .nrrd Format vorliegen formatieren, die Cluster erstellen lassen, diese in Unity laden, die passenden Cluster manuell herausfinden, und schließlich mit einem weiteren Befehl über die Kommandozeile zu einem Ergebnis verschmelzen lassen. Dieser Ablauf ist wenig intuitiv und kann wie die Nutzerstudie aus Kapitel 6 gezeigt hat für Menschen ohne Programmiererfahrung zu einer Hürde werden.

Dies könnte an vielen Stellen verbessert werden. Die zwei Programme könnten zu einem verschmolzen werden, sodass der Benutzer direkt in Unity das Volumen laden und die IDs berechnen lassen könnte. Des Weiteren wäre es dann möglich, dass die Cluster direkt in Unity angezeigt, ausgewählt und verschmolzen werden könnten. Dadurch bestünde auch die Möglichkeit leicht zwischen der Cluster und der finalen Ansicht hin und her zu wechseln. Der Anwender muss sich dadurch nicht mehr mit Dateipfaden dem Speichern und Einlesen von Dateien im richtigen Format beschäftigen. Weiterhin könnte Nutzung durch das Erstellen einer GUI intuitiver gemacht werden, damit keine Eingabe von Befehlen in eine Kommandozeile mehr nötig ist.

Ein Problem, dass auch vom Arzt erkannt wurde, ist die nicht glatte Darstellung im Ergebnis, sowie die vielen existierenden Ausreißer. Dies macht die Visualisierung ungenau und teilweise missverständlich.

Dies lies sich lösen, indem auf das Endergebnis weiter Algorithmen angewendet werden. Beispielsweise könnten mit Dilatations- und Erosionsfiltern die Oberfläche geschlossen und kleine Ausreißer eliminiert werden. Eine weitere Verbesserung hierbei wäre, einen Regiongrowingalgorithmus am Ende des Verfahrens anzuwenden. Dieser könnte das Ergebnis deutlich verbessern, da dadurch ein vollständigeres Bild des Ventrikelsystems entstehen und eventuell sogar weitere Ventrikel, wie zum Beispiel das Dritte und Vierte, erkannt werden könnten.

Eine andere Stelle an der die Implementierung weiterentwickelt werden könnte, ist die Anwendung des Verfahrens auf große Volumen. Hierzu müsste einerseits, der Fehler behoben werden, dass die Berechnung für zu große Datensätze nicht funktioniert. Des Weit-

eren wäre dafür Nötig und von allgemeinem Vorteil, wenn die Berechnungszeit verbessert werden würde. Aktuell wird die komplette Berechnung parallel auf dem CPU laufen gelassen. Die Kalkulation der Cluster könnte jedoch auf der GPU stattfinden und damit schneller berechnet werden.

References

- [1] J. Kniss, G. Kindlmann, and C. Hansen, "Multidimensional transfer functions for interactive volume rendering," *IEEE Transactions on visualization and computer graphics*, vol. 8, no. 3, pp. 270–285, 2002.
- [2] S. Lan, L. Wang, Y. Song, Y.-p. Wang, L. Yao, K. Sun, B. Xia, and Z. Xu, "Improving separability of structures with similar attributes in 2d transfer function design," *IEEE transactions on visualization and computer graphics*, vol. 23, no. 5, pp. 1546–1560, 2017.
- [3] S. Wesarg and M. Kirschner, "Structure size enhanced histogram," in *Bildverarbeitung für die Medizin 2009*. Springer, 2009, pp. 16–20.
- [4] S. Wesarg, M. Kirschner, and M. F. Khan, "2d histogram based volume visualization: combining intensity and size of anatomical structures," *International journal of computer assisted radiology and surgery*, vol. 5, no. 6, pp. 655–666, 2010.
- [5] R. Huang and K.-L. Ma, "Rgvis: Region growing based techniques for volume visualization," in *null*. IEEE, 2003, p. 355.
- [6] C. Correa and K.-L. Ma, "Size-based transfer functions: A new volume exploration technique," *IEEE transactions on visualization and computer graphics*, vol. 14, no. 6, pp. 1380–1387, 2008.
- [7] —, "The occlusion spectrum for volume classification and visualization," *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 15, no. 6, pp. 1465–1472, 2009.
- [8] C. D. Correa and K.-L. Ma, "Visibility-driven transfer functions," in *Visualization Symposium, 2009. PacificVis' 09. IEEE Pacific*. IEEE, 2009, pp. 177–184.
- [9] Y. Wu and H. Qu, "Interactive transfer function design based on editing direct volume rendered images," *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 13, no. 5, pp. 1027–1040, 2007.
- [10] C. D. Correa and K.-L. Ma, "Visibility histograms and visibility-driven transfer functions," *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 17, no. 2, pp. 192–204, 2011.
- [11] H.-L. J. Chen, F. F. Samavati, M. C. Sousa, and J. R. Mitchell, "Sketch-based volumetric seeded region growing," in *SBM*, 2006, pp. 123–129.
- [12] F.-Y. Tzeng, E. B. Lum, and K.-L. Ma, "An intelligent system approach to higher-dimensional classification of volume data," *IEEE Transactions on visualization and computer graphics*, vol. 11, no. 3, pp. 273–284, 2005.
- [13] K. P. Soundararajan and T. Schultz, "Learning probabilistic transfer functions: A comparative study of classifiers," in *Computer Graphics Forum*, vol. 34, no. 3. Wiley Online Library, 2015, pp. 111–120.
- [14] S. Fang, T. Biddlecome, and M. Tuceryan, "Image-based transfer function design for data exploration in volume visualization," in *Visualization'98. Proceedings*. IEEE, 1998, pp. 319–326.

- [15] B. Reitinger, C. Zach, A. Bornik, and R. Beichel, “User-centric transfer function specification in augmented reality,” 2004.
- [16] P. Sereda, A. V. Bartoli, I. W. Serlie, and F. A. Gerritsen, “Visualization of boundaries in volumetric data sets using lh histograms,” *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 12, no. 2, pp. 208–218, 2006.
- [17] I. Serlie, R. Truyen, J. Florie, F. Post, L. van Vliet, and F. Vos, “Computed cleansing for virtual colonoscopy using a three-material transition model,” in *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Springer, 2003, pp. 175–183.
- [18] P. Sereda, A. Vilanova, and F. A. Gerritsen, “Automating transfer function design for volume rendering using hierarchical clustering of material boundaries.” in *EuroVis*, 2006, pp. 243–250.
- [19] B. P. Nguyen, W.-L. Tay, C.-K. Chui, and S.-H. Ong, “A clustering-based system to automate transfer function design for medical image visualization,” *The Visual Computer*, vol. 28, no. 2, pp. 181–191, 2012.
- [20] D.-h. Hong, G.-m. Ning, T. Zhao, M. Zhang, and X. Zheng, “Method of normal estimation based on approximation for visualization,” *Journal of Electronic Imaging*, vol. 12, no. 3, pp. 470–478, 2003.

Appendix

A. First Appendix Section

ein Bild

Figure A.1: A figure

...