

Intelligente Industrieroboter

Implementierung eines Clusteringbasierten Verfahrens zur Visualisierung von Volumenmodellen

geschrieben von

Lukas Diewald

An der Fakultät für Informatik
Institut für Anthropomatik und Robotik (IAR) -
Intelligente Prozessautomation and Robotik (IPR)

Erstgutachter: Prof. Dr.-Ing. habil. Björn Hein
Zweitgutachter: Prof. B

18. August 2018

Liste der noch zu erledigenden Punkte

■ genauer Gründe Punction 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
■ cite einfügen	9
■ vllt mehr bei räumlich clustering	10
■ warum nicht hierarchisch	10
■ Formulierung	11
■ christians paper	11
■ unity und steffens zeug genauer erklären	11
■ csharp erwähnen und allgemeine umgebung	11
■ attribute funktionen etc. von volumenklasse in UML	11
■ mergecluster oder clustermerge	11
■ abbildung für interpolation und beschreiben was verloren geht	13
■ letzten schritt genauer	13
■ gradienten zeit und lh zeit getrennt erwähnen	18
■ nutzerstudie variablen etc. erwähnen -> proseminar	19
■ info über teilnehmer	19
■ SATZBAU!!!	21
■ weiterschreiben	24

Zusammenfassung

Deutsche Zusammenfassung

Stichwörter: *Keywords, of, my, Thesis*

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
2. Stand der Wissenschaft und Technik	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. Methoden	8
4. Design	11
5. Implementierung	14
6. Ergebnisse	18
7. Fazit	23
8. Ausblick	24
Literaturverzeichnis	26
Anhang	28
A. First Appendix Section	28

1. Einleitung

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 Gehirnbrutung, einem Schädelhirntrauma oder einem Schlaganfall leidet. Um die Punktion durchzuführen, muss der Chirurg eine Bohrlochtrepation 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
Punkti-
on be-
schrei-
ben

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 und die Farbwahl kann als sekundär betrachtet werden.

Das Ziel dieser Bachelorarbeit ist es, mithilfe einer geeigneten Transferfunktion das Ventrikelsystem in CT-Daten des Kopfes hervorzuheben.

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

labels
verwei-
sen mit
nameref

2. Stand der Wissenschaft und Technik

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 gibts 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. Transferfunktionene 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 Machinelearning 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, Machinelearning, Bildbasierte, Clusteringbasierte Verfahren geteilt.

Dabei ist jedoch zu beachten, dass die Kategorien lediglich der Übersicht diese 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 me-
thoden-
wahl

besser
formu-
lieren

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 SStucture-Size-Enhanced Histogramm vorgestellt.

Dafür muss für jeden Voxel die β 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 Schrittweiterung 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 β 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 Seedsetzen.

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", "SSupport 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 Reitingen: [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
schrei-
ben

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 eine zufälligen Farbwert zugewiesen.

Das Paper von Binh P. Nguyen [19] stellt ein clusteringbasiertes Verfahren um 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, eine modifizierte 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.

altes
paper
auch
einbin-
den

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%

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.

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 Abbildung 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.

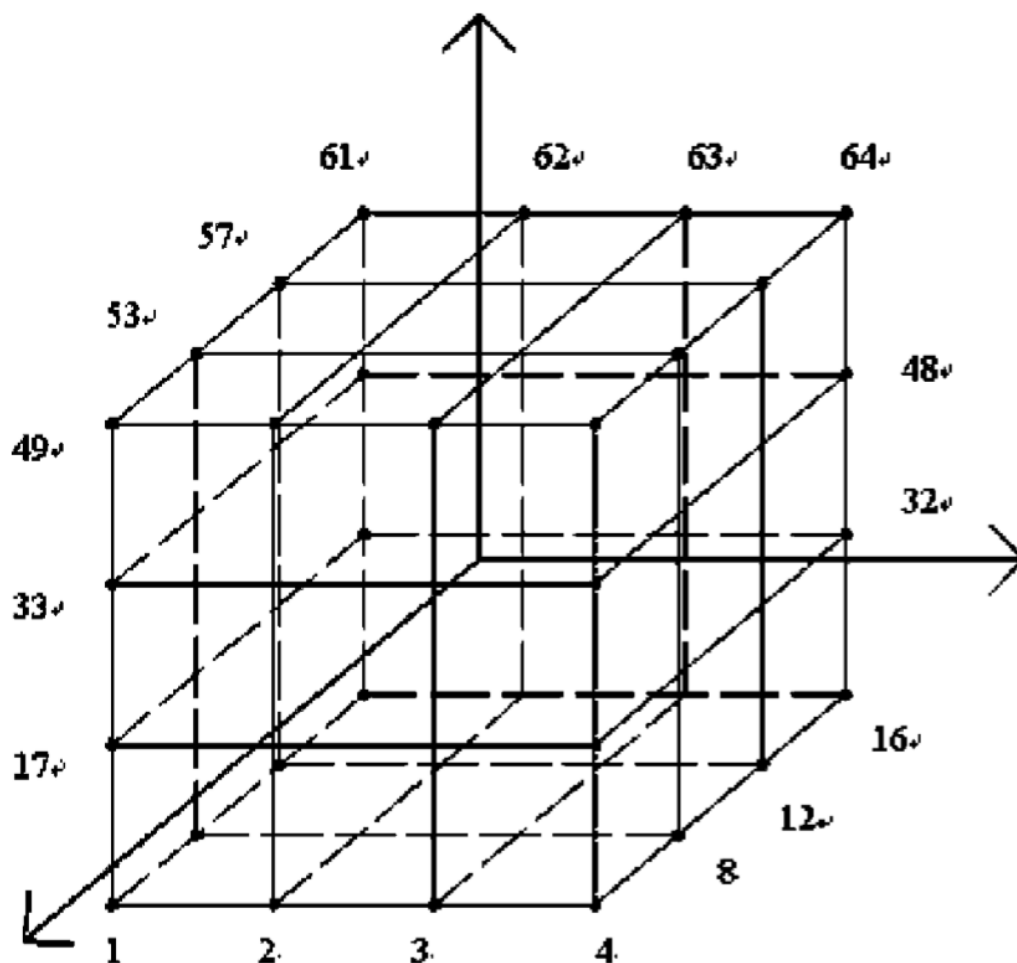


Abbildung 1: Darstellung der lokalen 4x4x4 Nachbarschaft

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.

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:

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

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 Schrittweite, die in dieser Arbeit auf einen Voxel festgelegt wurde. Die Integration stoppt, wenn eine lokale Extremstelle oder ein Wendepunkt erreicht wird. Dies ist daran zu erkennen, dass die Länge des Gradienten an dieser Stelle null ist. Bei MRT-Daten muss ein Grenzwert festgelegt werden, da Gradienten nie null werden. Bei CT-Daten ist dies jedoch kein Problem. Wird ein solcher Punkt erreicht, wird der Intensitätswert dieses Voxels als Ergebnis für den Low- beziehungsweise High-Wert des Startvoxel gespeichert.

Anschließend wird ein LH-Histogramm mit allen berechneten LH-Wertpaaren erstellt. Hierbei sind auf der x-Achse die Low-Werte und auf der y-Achse die High-Werte angesiedelt. Die Werte der Achsen reichen von null bis zum jeweiligen Maximum des Low-beziehungsweise High-Werte.

Als nächstes, wird der erste Clusteringschritt berechnet. Dieser findet im LH-Raum statt, genauer wird er auf dem eben berechneten LH-Histogramm angewendet. Dabei kommt Meanshiftclustering zum Einsatz. Der Ablauf davon geschieht wie folgt. Vor dem Clustering muss eine Bandweite und ein Thresholdwert bestimmt werden, welche die Sensitivität des Clusterings festlegen. Die Bandweite liegt im Paper von Nguyen [] bei 7% - 9% des maximalen LH-Wertes und der Threshold bei 0,01. Anschließend kann das LH-Clustering auf jeden Punkt im Histogramm angewandt werden.

Für einen beliebigen Punkt, werden alle Punkte die innerhalb des Radius der Bandbreite 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 kalkulierte Mittelpunkt zum alten weniger als der Thresholdwert multipliziert mit die Bandweite ist. Nachdem dieses Prozedere für jeden Punkt im Histogramm ausgeführt wird, gibt es viele verschiedene Cluster. In einem nächsten Schritt, werden alle Cluster die sehr nah beieinander liegen verschmolzen. Dies betrifft jene Cluster, deren Mittelpunkte eine Distanz kleiner als die Hälfte der Bandweite zueinander haben.

Als letzten Schritt, wird erneut auf jedem eben entstandenen Cluster Meanshiftclustering angewendet. Dabei wird auf jedem Cluster einzeln und unabhängig von den anderen

methode
der
kleins-
ten
qua-
drate
genauer
be-
schrei-
ben

cite ein-
fügen

Clustern geclustert. Außerdem werden diesmal die räumlichen Informationen der Punkte in Betracht gezogen. Hierzu müssen zunächst erneut die beiden Parameter Bandweite und Threshold definiert werden. Das Clustering läuft wie zuvor im LH-Raum ab, nur wird statt im zweidimensionalen Raum mit einem zweidimensionalen Kreis im dreidimensionalen Raum des Volumens mit einer dreidimensionalen Kugel geclustert. Des Weiteren findet am Ende der Berechnung der Cluster keine Verschmelzung statt, da dies den Sinn der beiden verschiedenen Clusteringsschritte zerstören würde. In den finalen Cluster haben alle Punkte jeweils ähnliche LH-Werte und liegen im Volumen nah beieinander. Würde man diese Cluster anhand ihrer räumlichen Informationen verschmelzen, haben die Punkte keine ähnlichen LH-Werte mehr und der erste Clusteringsschritt wäre umsonst gewesen.

Der vorgestellte dritte hierarchische Clusteringsschritt wurde in dieser Arbeit nicht angewendet. Dies geschah aus dem Grund, dass ...

vllt
mehr
bei
räum-
lich
cluste-
ring

warum
nicht
hierar-
chisch

4. Design

Nachdem im vorherigen Kapitel die Methode der Implementierung vorgestellt wurde, beschäftigt sich dieses mit dem Softwaredesign der Implementierung dieser.

Die Implementierung dieser Bachelorarbeit 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. Zum anderen das Unityprogramm *VolumeRenderer*, welches zur Visualisierung der vom Helper erzeugten Daten dient. Diese beiden Programme existierten bereits vor dieser Arbeit und sind in Vorarbeiten des IPRs entstanden. In dieser Bachelorarbeit wurde der *VolumeRenderHelper* um die vorgestellte Transferfunktion erweitert und der *VolumeRenderer* geringfügig angepasst. Die Beiden Programme werden im folgenden als Helper und Renderer erwähnt. Weiterhin wurde ein Pythonskript *PlotHelper* geschrieben, um LH-Histogramme anzuzeigen.

Anfangs liegen die CT-Daten von den Volumen in mehreren Dateien als Schnittbilder im DICOM Format vor. Diese werden mithilfe der MITK Workbench zu einer einzelnen Datei im .nrrd Format umgewandelt, da nur Volumen in diesem Format vom Helper eingelesen werden können.

Die interne Speicherung des Volumens wird mit der generischen Klasse *Volume* umgesetzt. Diese besitzt ein dreidimensionales Array vom angegebenen generischen Datentyp, sowie Informationen über das Volumen, wie zum Beispiel Größe der Voxel oder Anzahl der Elemente pro Achse. Des Weiteren bietet die Klasse verschiedenen Funktionen um Informationen auszulesen oder zu bearbeiten. Zur Darstellung von dreidimensionalen Koordinaten, werden die Klassen *IVector3* und *FVector3* benutzt. Diese stellen Vektoren dar, die entweder Integer, Ganzzahlen, oder Float, Dezimalzahlen, als x , y und z Werte speichern.

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 am Ende auf, so wird das Volumen vor dem Speichern zum Typ *unsigned int* gecastet. Dies geschieht 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 Darstellung im Renderer wichtig, da dieser nur mit positiven Zahlen funktioniert.

Im Folgenden werden hauptsächlich die Module LHHistogram, ClusterVolume und MergeCluster erläutert, da diese im Laufe dieser Arbeit entstanden sind. LHHistogram berechnet das LH-Histogramm des geladenen Volumens und speichert dieses in einer .csv Datei ab. ClusterVolume kalkuliert ebenfalls die LH-Werte des Volumens, führt jedoch hinterher noch die beiden Clusteringsschritte des Verfahrens aus. Als Ausgabe speichert das Modul eine binäre Datei eines Volumens in dem die verschiedenen IDs der Clustern gespeichert sind. Die Idee dahinter wird im Laufe dieses Kapitels erklärt. Das Modul MergeCluster dient der Verschmelzung der gewünschten IDs, und dem ursprünglichen Volumen. Das Ergebnis davon ist die finale binäre Datei, die im Renderer das Ventrikelsystem

Formulierung

christians
paperunity
und
steff-
fens
zeug
genauer
erklärencsharp
erwäh-
nen und
allge-
meine
umge-
bungattribute
funktio-
nen etc.
von vo-
lumen-
klasse
in UMLmergecluster
oder
cluster-
merge

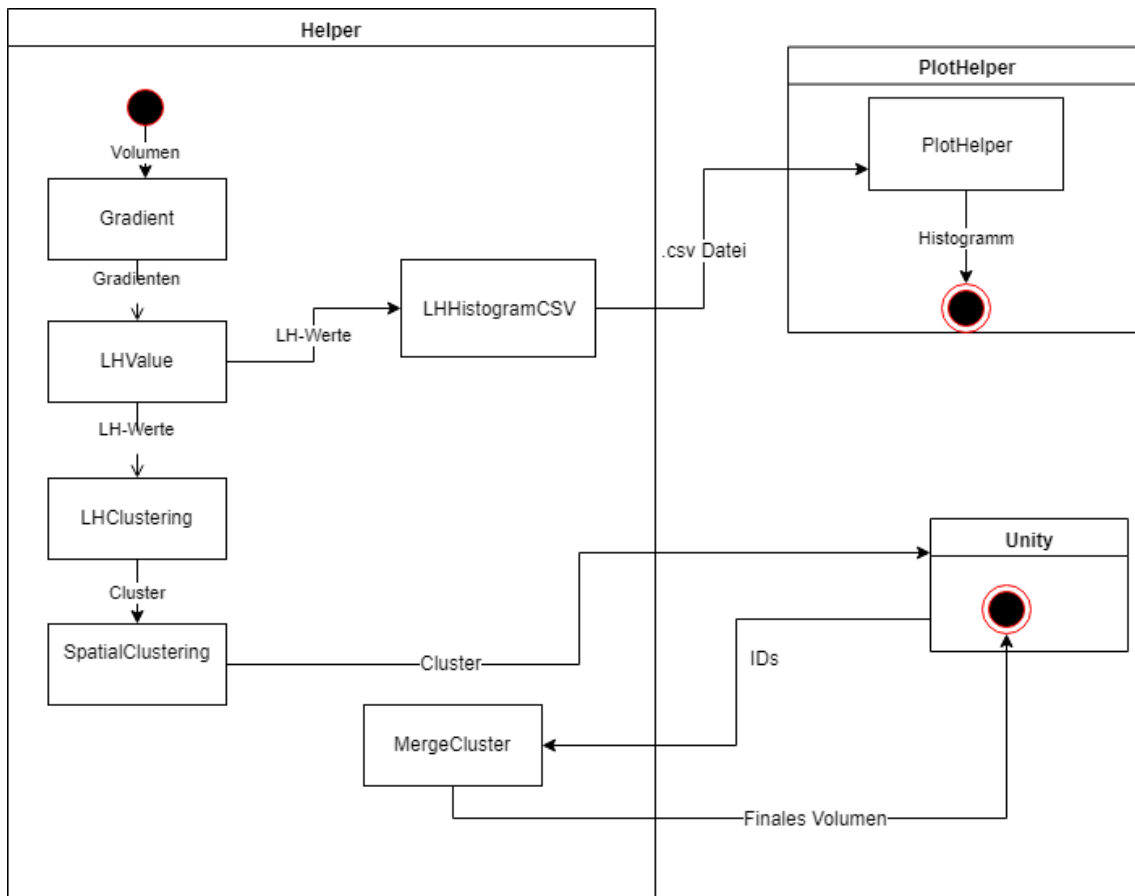


Abbildung 2: Überblick über das Programm

visualisiert. Ein Überblick über den gesamten Aufbau und Ablauf der Implementierung ist in Abbildung 2 zu sehen.

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.

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 Clustering-schritten fortgefahren. Die Berechnung die in der *LHClustering* Klasse geschieht nimmt das Volumen mit den LH-Werten entgegen und rechnet es aus Performancegründen in ein ein Histogramm um. Dieser Schritt könnte gespart werden, wenn die Methode *LH-ValueVolume* 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.

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....

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, dass 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 die 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 normale abhängig von den Grauwerten dargestellt anzeigen lassen, mit dem Ventrikelsystem in rot, oder einer anderen ausgewählten Farbe darin.

abbildung
für
interpo-
lation
und be-
schrei-
ben was
verloren
geht

letzten
schritt
genauer

5. Implementierung

Nachdem im letzten Kapitel das Softwaredesign besprochen wurde, beschäftigt sich das Kommende mit der Implementierung an sich.

Wie im Kapitel Methoden schon erwähnt, wurden bei der Implementierung verschiedene Ausnahmen getroffen, um das Ergebnis und die Rechenzeit zu verbessern. Beispielsweise

Bei der Berechnung der LH-Werte passiert es, bei ungefähr 2%-3% der Fälle, dass ein Iterationsschritt außerhalb des Volumens landen würde. In diesem Fall, wird der letzte besuchte Voxel als Ergebnis für die Integration genommen. Des Weiteren kommt es bei zirka 25% aller Berechnung dazu, dass die LH-Werte vertauscht waren, also der Low- größer als der High-Wert war. Dem wird entgegengewirkt, indem bei einem Vorkommen dieses Problems die beiden Werte vertauscht gespeichert werden. Es war noch nicht möglich den Grund für diese Verwechslung herauszufinden.

Es ergaben sich bei der Implementierung verschiedene Probleme. Beispielsweise wurde anfangs das Verfahren mit MRT-Daten getestet. Dies war von wenig Erfolg, da die Volumendaten große Unterschiede zu den CT-Daten aufweisen und somit das Verfahren nicht funktionierte.

Bei der Kalkulation der Gradienten, wird eine Gewichtung und die Koordinaten aller 64 Punkte in der lokalen Nachbarschaft benötigt. Da das gesamte Volumen die selbe Voxelgröße hat und die Koordinaten in der lokalen Nachbarschaft immer gleich sind, konnten diese beiden Werte für alle 64 Nachbarn einmalig in einem Vorverarbeitungsschritt berechnet werden. Sie werden dabei in einem 64 Elemente großes Array mit der gleichen Nummerierung wie in Abbildung 1 gespeichert. Die Implementierung ist in Abbildung 3 zu sehen. Es muss bei Kalkulation jedes Gradienten lediglich die beiden Arrays durch iteriert werden.

```

FVector3 Length = volume.VoxelSize;
float XLength = Length.X;
float YLength = Length.Y;
float ZLength = Length.Z;

int pos = 0;
for (int z = 0; z < 4; z++)
{
    for (int y = 0; y < 4; y++)
    {
        for (int x = 0; x < 4; x++)
        {
            Weight[pos] = (1 / (new FVector3(((float)(x - 1.5) * XLength),
                ((float)(y - 1.5) * YLength), ((float)(z - 1.5) * ZLength)).Abs().Length()));
            Coordinates[pos] = new Tuple<float, float, float>(((float)(x - 1.5)), ((float)(y - 1.5)), ((float)(z - 1.5)));
            pos++;
        }
    }
}

```

Abbildung 3: Implementierung der Berechnung der Gewichte und Koordinaten

In Abbildung 4 kann man den Code zur Berechnung eines High-Wertes sehen. Der Code liegt innerhalb einer while-Schleife, die so lange aufgerufen wird, bis *HisFinished* und *LisFinished* true sind. Die Berechnung des Low-Wertes ist ebenfalls in der Schleife und sieht bis auf die Richtung der neuen *absVector* und *secondAbsVector* gleich aus.

Am Anfang eines Durchlaufes wird der normalisierte Gradienten des aktuellen Punktes

```

if (!HisFinished)
{
    // the current vector is the gradient of the voxel
    FVector3 absVectorH = volumeVectors[xH, yH, zH];
    FVector3 absVectorHNormalized = absVectorH.Normalize();
    int tempNewXH = (((int)Math.Ceiling(xH + (stepSize * absVectorHNormalized.X))));
    int tempNewYH = (((int)Math.Ceiling(yH + (stepSize * absVectorHNormalized.Y))));
    int tempNewZH = (((int)Math.Ceiling(zH + (stepSize * absVectorHNormalized.Z))));

    if (tempNewXH < volumeVectors.Dimension.X && tempNewYH < volumeVectors.Dimension.Y && tempNewZH < volumeVectors.Dimension.Z
        && !(tempNewXH < 0) && !(tempNewYH < 0) && !(tempNewZH < 0))
    {
        secondAbsVectorH = volumeVectors[tempNewXH, tempNewYH, tempNewZH].Normalize();
        //add the intensity of the current voxel
        highestIntensity.Add(gradientIntensity[xH, yH, zH]);
        //check if the lengths of the current vector ist smaller than the abort criterion
        if (absVectorH.Length() < extremumLength)
        {
            HisFinished = true;
        }
        else
        {
            //stop if it is caught in a loop
            if (highestIntensity[highestIntensity.Count - 1] == highestIntensity[highestIntensity.Count - 2] && highestIntensity.Count > 3)
            {
                HisFinished = true;
            }

            // calculate the new x,y,z values
            int oldXH = xH, oldYH = yH, oldZH = zH;
            xH = (((int)Math.Ceiling(xH + 0.5 * stepSize * (absVectorHNormalized.X + secondAbsVectorH.X))));
            yH = (((int)Math.Ceiling(yH + 0.5 * stepSize * (absVectorHNormalized.Y + secondAbsVectorH.Y))));
            zH = (((int)Math.Ceiling(zH + 0.5 * stepSize * (absVectorHNormalized.Z + secondAbsVectorH.Z))));
            // stop if the new x,y,z values are out of bounce
            if (xH > volumeVectors.Dimension.X-1 || yH > volumeVectors.Dimension.Y-1 || zH > volumeVectors.Dimension.Z-1
                || xH < 0 || yH < 0 || zH < 0)
            {
                HisFinished = true;
            }
        }
    }
}
else
{
    HisFinished = true;
}
}

```

Abbildung 4: Implementierung der Berechnung der High-Werte

in *absVectorNormalized* gespeichert. Anschließend wird der Punkt des zweiten normalisierten Vektors berechnet. Liegt dieser außerhalb des Volumens, so wird die Integration beendet, und der Wert des letzten besuchten Voxels als Ergebnis zurückgegeben, da das Ergebnis immer der letzte Eintrag der Liste *highestIntensity* ist. Liegt er jedoch innerhalb des Volumens, so wird der *secondAbsVector* berechnet und der Intensitätswert des aktuellen Punktes zu der Liste hinzugefügt. Ist der Gradient des aktuellen Punktes kleiner als *extremumLength*, was im Falle von CT-Daten bei null liegt, wird die Integration beendet. Andernfalls wird der neue Punkt mithilfe von *absVectorNormalized* und *secondAbsVecotr* gemäß Hong's Verfahren [20] ermittelt. Erneut endet die Integration, falls dieser Punkt außerhalb des Volumens liegt. Vor der Berechnung des nächsten Punktes, wird jedoch über die *highestIntensity* Liste nach Schleifen gesucht. Bei sehr kleinen Gradienten, die jedoch größer als null sind, kann es vorkommen, dass das Verfahren immer wieder den selben Punkt findet und somit in einer Endlosschleife feststeckt. Diese Kontrolle könnte jedoch über die Koordinaten der iterierten Punkte geschehen, um dem unwahrscheinlichem Fall, dass zwei durch die Integration hintereinander gefundenen Punkte genau den selben Intensitätswert haben.

Dieser Vorgang wiederholt sich für den High- als auch für den Low-Wert solange, bis die Integration aus einem der gegebenen Abbruchkriterien stoppt. Es wurde jedoch, um die Anzahl an Clustern übersichtlich zu halten und unbedeutende kleine Cluster auszusortieren eine Mindestgröße der Cluster von 1000 Elementen eingeführt.

Die Implementierung des LH-Clusterings wurde mit einer parallelen For-Schleife realisiert, die über die L-Werte mit der gegebenen Schrittweite von 5 iteriert. Für jede Spalte i wird dann, die in Algorithmus 1 beschriebene Funktion aufgerufen. Die erste For-Schleife beginnt bei i , aus dem Grund, dass es im LH-Histogramm keine Einträge gibt, bei denen der Low- höher als der High-Wert ist, und wird mit der selben Schrittweite hochgezählt. Das Clustern passiert für jeden Punkt (i, j) . Der Temporäre Cluster, der alle dazugehörigen Punkte speichert, speichert lediglich die Information welcher Punkt im Histogramm zum Cluster gehört, jedoch nicht die räumlichen Informationen der Punkte. Erst am Ende der parallelen Schleife, wenn alle Ergebnisse gesammelt und die Cluster verschmolzen wurden, werden die Daten ausgelesen.

```

input : LH-Histogramm, Spalte  $i$ 
output: LH-Clusters

AlleErgebnisCluster;
NeuerMittelpunkt;
AlterMittelpunkt;
AktuellerCluster;
for  $j \leftarrow i$  to Rand des Histogramms, Schrittweite: 5 do
    Mittelpunkt  $\leftarrow (i, j)$ ;
    while Abstand(NeuerMittelpunkt, AlterMittelpunkt) > Threshold do
        for  $(k, l) \leftarrow$  Alle Punkte im Radius der Bandbreite um den Mittelpunkt
        do
            if IstInReichweiteVomMittelpunkt((k, l)) then
                if NochNichtTeilDesClusters((k, l)) then
                    AktuellerCluster.Hinzufügen((k, l));
                end
            end
            NeuerMittelpunkt  $\leftarrow$ 
                NeuenMittelpunktBerechnen(AktuellerCluster);
        end
    end
    AlleErgebnisCluster.Hinzufügen(AktuellerCluster);
    Leeren(AktuellerCluster);
end
VerschmelzeNaheCluster(AlleErgebnisCluster);
return AlleErgebnisCluster;

```

Algorithmus 1: Pseudocode der Implementierung der LH-Cluster

Das LH-Clustering wurde anfangs wie im Paper von Nguyen [19] über das gesamte Histogramm mit einer Bandweite von 7% des maximalen LH-Wertes für jeden Kasten berechnet. Dies ist aus mehreren Gründen schlecht. Zum einen ist der maximale LH-Wert sehr hoch, über 4000, obwohl in etwa nur 0,3% Voxel einen Wert von über 2400 haben. Zum anderen liegen über 5% der LH-Werte unter 5. Die Kombination aus diesen Gründen, machte das Clustering extrem langsam. Im Bereich von 0 bis 50 wurde in einem sehr

großen Radius geclustert, wodurch mit jeder Iteration sehr viele Cluster gefunden und hinzugefügt werden mussten. Eine erste Maßnahme um das Problem zu beheben, war es alle Low- und High- Werten, die über 2400 waren jeweils auf 2400 zu setzen. Dadurch wurden nur wenige Werte verändert und der Clusteringradius wurde deutlich kleiner. Dies konnte das beschriebene Problem jedoch nicht alleine lösen, da immer noch viele Punkte gefunden und dies für jeden Kasten im Histogramm durchgeführt werden musste. Also wurde als nächste Verbesserung eine Schrittweite beim Clustern eingeführt, dies geschah aus der Beobachtung heraus, dass zwei bis drei oder eventuell sogar mehr direkt nebeneinanderliegende Kästen meist zum selben oder einen so ähnlichen Cluster führen, dass diese im letzten Schritt des Clusteringverfahrens verschmolzen wurden. Diese Änderung verbesserte die Berechnungszeit erneut, jedoch dauert die Berechnung immer noch relativ lange und es entstanden sehr viele Cluster. Diese durchzuschauen benötigte viel Zeit und das Gehirn wurde meist als viele sehr große Cluster erkannt. Daraufhin wurde das Clustering auf einen LH-Wertbereich von 1025 bis 1075 begrenzt und die Bandweite auf 0,1% des maximalen LH-Wertes gesetzt. Diese Änderung führte zum Erfolg und das Ventrikelsystem war innerhalb der paar hundert Cluster mit ein bisschen Aufwand zu erkennen.

Das räumliche Clustern stellte wenig Probleme dar, da die Implementierung des vorigen Schrittes mit der Änderung vom zweidimensionalen Histogramm zum dreidimensionalen Raum übernommen werden konnte.

6. Ergebnisse

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 beim 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 Tabelle 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	-

Tabelle 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 Clusteringsschritte 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 Clusteringsschritte 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.

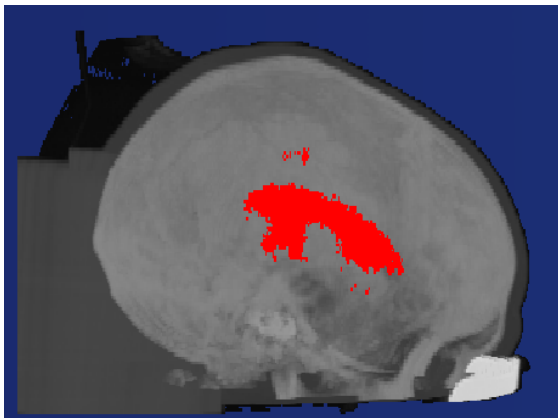


Abbildung 5: Visualisierung des ersten normalen Ventrikelsystems von der Seite

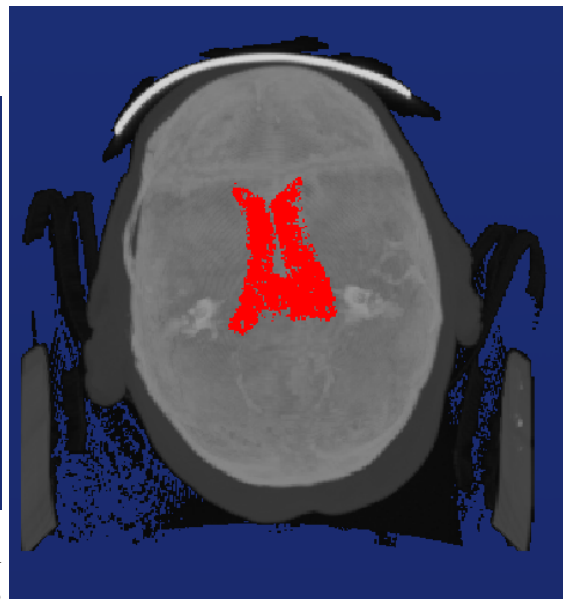


Abbildung 6: Visualisierung des ersten normalen Ventrikelsystems von Unten

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 Tabelle 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 Abbildung 8

nutzerstudie
variablen
etc. erwähnen
-> pro-seminar

info
über
teilnehmer

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

Tabelle 2: Durchschnittlichen Ergebnisse des NASA-TLX Bogens

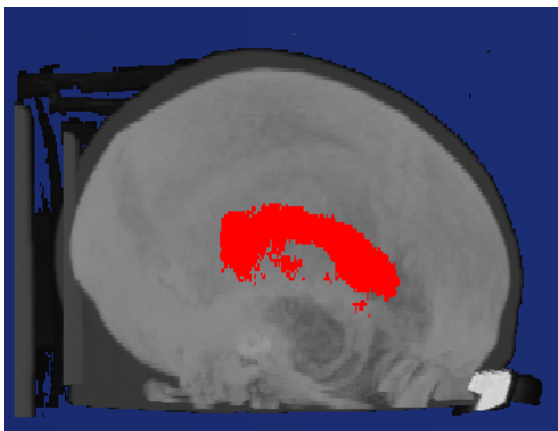


Abbildung 7: Visualisierung des zweiten normalen Ventrikelsystems von der Seite

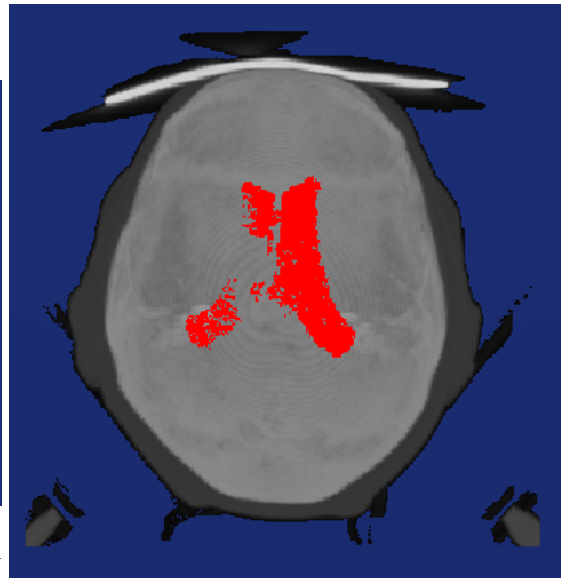


Abbildung 8: Visualisierung des zweiten normalen Ventrikelsystems von Unten

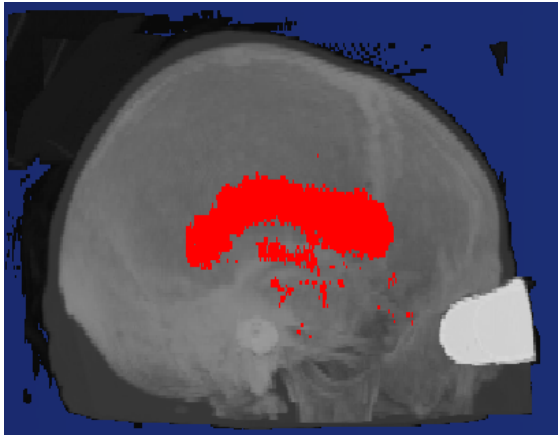


Abbildung 9: Visualisierung des Atrophie Ventrikelsystems von der Seite

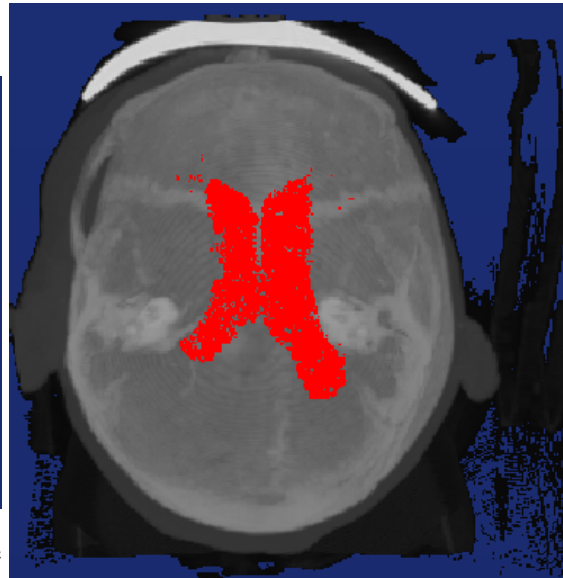


Abbildung 10: Visualisierung des Atrophie Ventrikelsystems von Unten

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.

SATZBAU!!!

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 Tabelle 3 gezeigt.

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

Tabelle 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. Fazit

...

8. Ausblick

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 ...

weilerschreibe

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.

Weiterhin könnte an vermutlich mehreren Stellen des aktuellen Codes kleine Optimierungen vorgenommen werden, wie das Beispiel im Kapitel Implementierung. Diese haben eine kleinen Auswirkung auf das Ergebnis könnte aber nützlich sein, um ein optimales Ergebnis zu erreichen.

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 Weiteren 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.

Literatur

- [1] KNISS, Joe ; KINDLMANN, Gordon ; HANSEN, Charles: Multidimensional transfer functions for interactive volume rendering. In: *IEEE Transactions on visualization and computer graphics* 8 (2002), Nr. 3, S. 270–285
- [2] LAN, Shouren ; WANG, Lisheng ; SONG, Yipeng ; WANG, Yu-ping ; YAO, Liping ; SUN, Kun ; XIA, Bin ; XU, Zongben: Improving separability of structures with similar attributes in 2D transfer function design. In: *IEEE transactions on visualization and computer graphics* 23 (2017), Nr. 5, S. 1546–1560
- [3] WESARG, Stefan ; KIRSCHNER, Matthias: Structure size enhanced histogram. In: *Bildverarbeitung für die Medizin 2009*. Springer, 2009, S. 16–20
- [4] WESARG, Stefan ; KIRSCHNER, Matthias ; KHAN, M F.: 2D histogram based volume visualization: combining intensity and size of anatomical structures. In: *International journal of computer assisted radiology and surgery* 5 (2010), Nr. 6, S. 655–666
- [5] HUANG, Runzhen ; MA, Kwan-Liu: RGVis: Region growing based techniques for volume visualization. In: *null IEEE*, 2003, S. 355
- [6] CORREA, Carlos ; MA, Kwan-Liu: Size-based transfer functions: A new volume exploration technique. In: *IEEE transactions on visualization and computer graphics* 14 (2008), Nr. 6, S. 1380–1387
- [7] CORREA, Carlos ; MA, Kwan-Liu: The occlusion spectrum for volume classification and visualization. In: *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 15 (2009), Nr. 6, S. 1465–1472
- [8] CORREA, Carlos D. ; MA, Kwan-Liu: Visibility-driven transfer functions. In: *Visualization Symposium, 2009. PacificVis' 09. IEEE Pacific IEEE*, 2009, S. 177–184
- [9] WU, Yingcai ; QU, Huamin: Interactive transfer function design based on editing direct volume rendered images. In: *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 13 (2007), Nr. 5, S. 1027–1040
- [10] CORREA, Carlos D. ; MA, Kwan-Liu: Visibility histograms and visibility-driven transfer functions. In: *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 17 (2011), Nr. 2, S. 192–204
- [11] CHEN, Hung-Li J. ; SAMAVATI, Faramarz F. ; SOUSA, Mario C. ; MITCHELL, Joseph R.: Sketch-based Volumetric Seeded Region Growing. In: *SBM*, 2006, S. 123–129
- [12] TZENG, F-Y ; LUM, Eric B. ; MA, K-L: An intelligent system approach to higher-dimensional classification of volume data. In: *IEEE Transactions on visualization and computer graphics* 11 (2005), Nr. 3, S. 273–284
- [13] SOUNDARARAJAN, Krishna P. ; SCHULTZ, Thomas: Learning probabilistic transfer functions: A comparative study of classifiers. In: *Computer Graphics Forum Bd. 34* Wiley Online Library, 2015, S. 111–120
- [14] FANG, Shiao-fen ; BIDDLECOME, Tom ; TUCERYAN, Mihran: Image-based transfer function design for data exploration in volume visualization. In: *Visualization'98. Proceedings IEEE*, 1998, S. 319–326

- [15] REITINGER, Bernhard ; ZACH, Christopher ; BORNIK, Alexander ; BEICHEL, Reinhard: User-centric transfer function specification in augmented reality. (2004)
- [16] SEREDA, Petr ; BARTROLI, Anna V. ; SERLIE, Iwo W. ; GERRITSEN, Frans A.: Visualization of boundaries in volumetric data sets using LH histograms. In: *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 12 (2006), Nr. 2, S. 208–218
- [17] SERLIE, IWO ; TRUYEN, Roel ; FLORIE, Jasper ; POST, Frits ; VLIET, Lucas van ; VOS, Frans: Computed cleansing for virtual colonoscopy using a three-material transition model. In: *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention* Springer, 2003, S. 175–183
- [18] SEREDA, Petr ; VILANOVA, Anna ; GERRITSEN, Frans A.: Automating transfer function design for volume rendering using hierarchical clustering of material boundaries. In: *EuroVis*, 2006, S. 243–250
- [19] NGUYEN, Binh P. ; TAY, Wei-Liang ; CHUI, Chee-Kong ; ONG, Sim-Heng: A clustering-based system to automate transfer function design for medical image visualization. In: *The Visual Computer* 28 (2012), Nr. 2, S. 181–191
- [20] HONG, Di-hui ; NING, Gang-min ; ZHAO, Ting ; ZHANG, Mu ; ZHENG, Xiaoxiang: Method of normal estimation based on approximation for visualization. In: *Journal of Electronic Imaging* 12 (2003), Nr. 3, S. 470–478

Anhang

A. First Appendix Section

ein Bild

Abbildung A.1: A figure

...