

Bachelorarbeit

zur Erlangung des Grades
Bachelor of Science in Informatik

Automatische Segmentierung von Micro-CT Bildern zur Untersuchung zahnmedizinischen Strukturen

erstellt von **Lukas Konietzka**

Lukas Konietzka

Sebastian-Kneipp-Gasse 6A
86152 Augsburg
T +49 172-2728-376
lukas.konietzka@tha.de

Matrikelnummer:
2122553

**Technische Hochschule
Augsburg**

An der Hochschule 1
D-86161 Augsburg
T +49 821 5586-0
F +49 821 5586-3222
www.tha.de
info@tha.de

Erstprüfer	Prof. Dr. Peter Rösch
Zweitprüfer	Prof. Dr. Gundolf Kiefer
Eingereicht am	November 14, 2024
Verteidigung am	März 20, 2025
Geheimhaltungsvereinbarung	Nein

Kurzfassung

bla

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	2
1.1. Ziel der Arbeit	2
1.2. Relevanz der Arbeit	3
1.3. Fokus der Arbeit	4
1.4. Aufbau der Arbeit	4
2. Theoretische Grundlagen	5
2.1. Domänenspezifisch	5
2.2. Bildgebung	7
2.2.1. Computertomografie	7
2.2.2. Datensätze	8
2.3. Bildbearbeitung	10
2.3.1. Filter	10
2.3.2. Segmentierung	12
2.4. Verwandte Arbeit	15
2.5. Interaktive Bildbearbeitung mit 3D Slicer	16
2.5.1. Extension Manager	17
2.5.2. Python Umgebung	18
2.5.3. MRML Datenstruktur	19
2.5.4. Benutzerschnittstelle	20
3. Fragestellung	21
4. Methodik	22
5. Ergebnisse	23
6. Diskussion	24
7. Schlussfolgerung und Ausblick	25
A. Anhang	30
Literaturverzeichnis	31

1. Einleitung

Die Computertomografie (CT) hat die Medizintechnik revolutioniert und ist bis heute eines der wichtigsten Methoden für die Bildanalyse. Sie ist eine der führenden Erweiterungen der klassischen Röntgentechnik. Für die Entwicklung dieser Technologie wurden Godfrey Newbold Hounsfield und Allan McLeod Cormack im Jahre 1979 mit dem Nobelpreis für Medizin ausgezeichnet (Handels 2000, Seite12).

Die Computertomografie wird in den verschiedensten Bereichen und im wahrsten Sinne des Wortes von Kopf bis Fuß eingesetzt. So kommt es, dass auch im Dentalbereich CT aufnahmen von größter Wichtigkeit sind. Abbildung 1.1 zeigt eine solche CT-Aufnahme. Eine konkrete Anwendung in diesem Kontext ist die Zahnkaries Forschung der Poliklinik für Zahnerhaltung und Parodontologie des LMU- Klinikums München.



Abbildung 1.1.: *CT-Aufnahme eines Zahns*
Quelle (Poliklinik 2024)

Die vorliegende Arbeit soll genau diese Forschung unterstützen. In welchem Umfang und zu welchem Grund ist in den folgenden Abschnitten beschrieben.

1.1. Ziel der Arbeit

Diese Arbeit beschreibt eine Technik, mit der dreidimensionale Micro-CT Bilder zur Untersuchung zahnmedizinischen Strukturen automatisch mittels der Software *3D Slicer* segmentiert und analysiert werden können. Die algorithmische Formulierung einer konkreten Segmentierung ist bereits vorhanden und prototypisch implementiert. Dieser Algorithmus muss jedoch umständlich über ein Kommando im Terminal ausgeführt werden, was die Benutzerfreundlichkeit deutlich beeinträchtigt. Ziel dieser Arbeit ist es nun das bereits implementiert Verfahren automatisiert über ein interaktives User

Interface (UI) zur Verfügung zu stellen. Dabei soll auf etablierte und vertraute Lösungen zurückgegriffen werden.

Es stellt sich nun die Frage, zu welchem Zweck eine automatische und interaktive Segmentierung überhaupt notwendig ist. Für die Zahnklinik an der LMU in München gibt es hierfür viele Gründe. Über den wichtigsten gibt das nächste Kapitel Aufschluss.

1.2. Relevanz der Arbeit

Der wohl relevanteste Punkt dieser Arbeit ist, dass Ärzte reine Anwender und keine Entwickler von Software sind. Darüber hinaus verfolgt die Parodontologie der LMU in München einen sehr interessanten Forschungsansatz, welche eine Segmentbetrachtung der CTs unumgänglich macht.

Über viele Jahre hinweg wurden in der Zahnklinik sehr viel Bilddaten von Zähnen gesammelt, die aufgrund von Zahnkaries entfernt wurden. Hierbei wurden Aufnahmen der unterschiedlichsten Arten gemacht. Darunter fallen zum Beispiel einfache Bilddateien, Infrarotbilder und die für diese Arbeit so relevanten dreidimensionalen Micro-CT Aufnahmen. Dieser große Schatz an Bildmaterial soll verwendet werden, um in ferner Zukunft ein neuronales Netzwerk zu trainieren, welches statistische Aussagen über das Verhalten von Karies treffen kann. Jedoch gibt es hier ein Problem, bei dem das Ergebnis dieser Arbeit Unterstützen kann.

Karies auf CT-Bildern zu lokalisieren ist nicht trivial. Er ist ohne weitere Bearbeitung des Bildes nur sehr schwer auf eine Stelle einzugrenzen. So kommt es vor, dass drei verschiedene Ärzte auf dem selben Micro-CT Bild drei unterschiedliche Stellen mit Karies identifizieren. Eine Segmentierung des dreidimensionalen CTs kann hier Wunder wirken lassen. Durch die Aufteilung des Micro-CTs in seine drei Zahnhartsubstanzen kann in das innere der Zähne geblickt werden, was die Lokalisierung kariöser Stellen deutlich vereinfacht.

Mit dieser klaren und eindeutigen Identifizierung von Karies, sind die Ergebnisse, die ein neuronales Netzwerk generieren würde viel genauer und brauchbarer. Konkret wird mit einer automatischen Segmentierung ein *Ground Truth* gewonnen, der eine eindeutige Basiswahrheit liefert.

Hierbei sei gesagt, dass diese Anwendung nur ein von vielen Möglichkeiten ist. Konkrete Daten über die Ausbreitung einer Krankheit im menschlichen Körper zu besitzen kann in den verschiedensten Fällen und Institutionen von größtem Nutzen sein. So zeigen es auch Crespigny u. a. (2008) in ihrem Paper. Dieses Argument stand dehnbar auch für diese

Arbeit bereits zu Beginn im Mittelpunkt und bildet somit den Fokus der Untersuchung, welcher im Nachfolgenden Kapitel näher beleuchtet werden soll.

1.3. Fokus der Arbeit

Für eine automatische Segmentierung von Micro-CT Bildern gibt es einige Softwarelösungen am Markt, die alle eine gute Option sind. Dieser Arbeit setzt den Fokus auf die Open Source Plattform *3D Slicer*. Durch die Modul und Plugin Infrastruktur dieser Plattform kann die Software auch anderen Institutionen bereitgestellt werden. Hierzu muss diese einfach als *3D Slicer Extension* bereitgestellt werden. *3DSlicer* bietet einen Extension Manager, der ähnlich wie ein App Store betrachtet werden kann. So bleibt die vorerst konkret entwickelte Software nicht nur einer Einrichtung vorbehalten.

Diese Arbeit setzt so den Fokus auf die Extension von *3D Slicer* um so eine automatische und interaktive Schnittstelle zu gewähren. Die Optimierung des bereits bestehenden Verfahrens wird nicht thematisiert.

Mit diesem Umfang, der Motivation und dem gesetzten Fokus, ergibt sich für diese Arbeit eine konkrete Struktur die nun kurz erläutert werden soll.

1.4. Aufbau der Arbeit

Die Arbeit ist in sieben Kapitel unterteilt. Nach der Einführung in Kapitel 1, in der die Relevanz und der Fokus beschrieben werden, werden in Kapitel 2 die theoretischen und technischen Grundlagen behandelt, welche zum Verstehen der Ergebnisse essenziell sind. Als Ergebnis der theoretischen Grundlagen bildet das Kapitel 3 eine konkrete Forschungsfrage. Während sich Kapitel 4 darum kümmert mit welchen Methodiken und Lösungsansätzen an die Forschungsfrage herangegangen wird, erläutert das Kapitel 5 was die konkreten Ergebnisse der Arbeit sind. In Kapitel 6 erfolgt eine kritische Diskussion der Resultate einschließlich möglicher Limitationen. Das abschließende Kapitel 7 fasst die wichtigsten Erkenntnisse zusammen und gibt einen Ausblick auf zukünftige Forschungsfragen.

Die theoretischen Grundlagen die wie beschrieben nach der Einleitung folgen, sind zentral für das Verstehen der Fragestellung und der methodischen Ausarbeitung.

2. Theoretische Grundlagen

Dieses Kapitel führt in die theoretischen Grundlagen ein, die in dieser Arbeit benötigt werden. Den ersten Teil bilden die domänenspezifischen Grundlagen 2.1, welche genauer darauf eingehen, welchen Inhalt die zu bearbeitenden Bilder bieten und wie dieser zu verstehen ist. Abschnitt 2.2 geht hierbei auf verschiedenen Technologien ein, die eine wichtige Rolle spielen. Der Abschnitt 2.4 geht auf die Arbeit von Hoffmann (2020) ein und legte damit den Grundstein dieser Arbeit. Die Abschnitte 2.5 und ?? führen in Softwareentwicklungsthemen ein, die zum Erstellen einer *3D Slicer Extension* wichtig sind.

2.1. Domänenspezifisch

Wie bereits aus dem Kapitel 1 Einleitung klar wurde, handelt es sich bei den Micro-CT Bilder um Zahnbilder, die aufgrund von Zahnkaries entfernt wurden. Um zu verstehen, wie eine CT-Aufnahme eines Zahns aufgeteilt werden soll, ist es hilfreich zu verstehen, wie ein Zahn aufgebaut ist.

Die Abbildung 2.1 zeigt den groben Aufbau eines Zahnes nach K. M. Lehmann u. a. (2012, Seite 17). Zu sehen ist, dass das Dentin oder auch Zahnbein genannt, den Großteil eines Zahnes einnimmt. Im Bereich der Zahnkrone wird das Dentin von Zahnschmelz überzogen. Der Zahnschmelz ragt in die Mundhöhle und ist nach K. M. Lehmann u. a. 2012, Seite 41 das härteste Material im menschlichen Körper. In der Mitte des Zahnes befindet sich Weichgewebe, welches als Pulpa bezeichnet wird vgl. (K. M. Lehmann u. a. 2012, Seite).

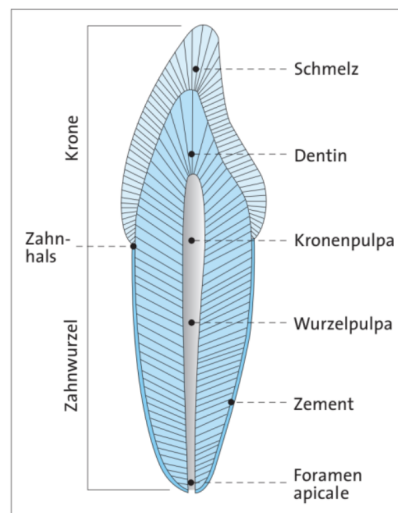


Abbildung 2.1.: Aufbau eines Zahnes nach K. M. Lehmann u. a. (2012)

Für die Bearbeitung von Micro-CT Aufnahmen sind die Bereiche Schmelz, Dentin und Pulpa von besonderer Bedeutung. Betrachtet man eine CT wie es zu Beginn in der Abbildung 1.1 gezeigt wurde, so bilden diese 3 Gewebearten die unterschiedlichen Grauwerte in einem CT-Bild.

Pulpa: Die Pulpa unterscheidet sich hierbei nur wenig vom Hintergrund, da sie als einzige der drei Hauptteile eines Zahnes ein Weichgewebe ist und bei einer Röntgenaufnahme nicht absorbiert. Geht man weiter von innen nach außen, so ist der nächste Zahnteil auf einem CT das Zahnbein.

Dentin: Das Dentin ist laut K. M. Lehmann u. a. (2012, Seite 41) eine Hartsubstanz, die dem Kieferknochen sehr nah steht. So kommt es, dass dieser Teil schon deutlich besser auf einem CT zu erkennen ist. Den äußersten Teil in der Mundhöhle bildet das Zahnschmelz.

Schmelz: Der Schmelz ist wie bereits erwähnt, der härteste Teil im menschlichen Körper und aus diesem Grund auch am hellsten auf dem CT zu erkennen. Die folgende Abbildung 2.2 soll durch Gegenüberstellung den Zusammenhang zwischen einem CT-Bild und einer Zahnzeichnung verdeutlichen.

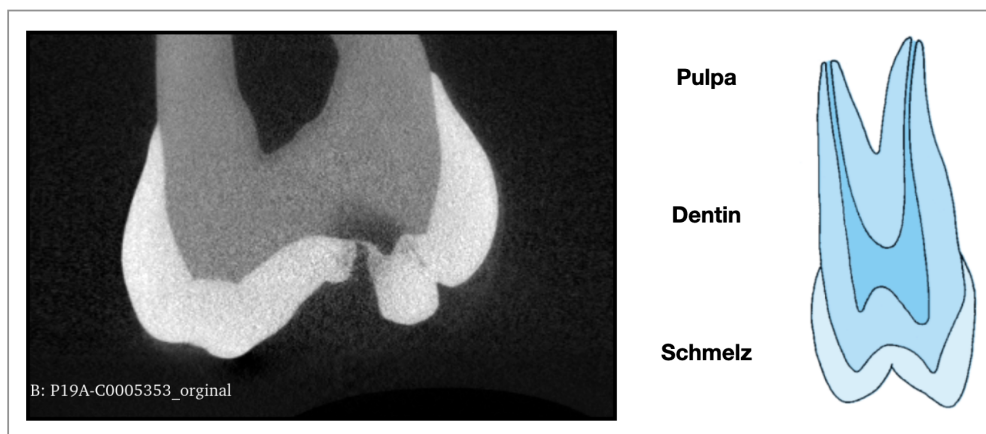


Abbildung 2.2.: Darstellung von Pulpa, Dentin und Schmelz auf einer CT-Aufnahme (links) und einer Zeichnung (rechts) nach K. M. Lehmann u. a. (2012, Seite 29).

Mit diesem Domänenwissen kann ein Schritt weiter gegangen werden, sodass der Fokus nun auf die CT-Bilder gesetzt wird. Das Kapitel 2.2 Technologien führt die Technologie der Computertomografie tiefer ein. Mit diesem Domänenwissen kann ein Schritt weiter gegangen werden, sodass der Fokus nun auf die CT-Bilder gesetzt wird. Das Kapitel 2.2 Technologien führt die Technologie der Computertomografie tiefer ein.

2.2. Bildgebung

Es gibt die unterschiedlichsten Arten zur Erzeugung dreidimensionaler Bilddaten. Dieser Abschnitt erläutert federführend die Technologie der Micro-CT Aufnahmen und deren Erstellung. Diese sind für einen medizinischen Einsatz besonders interessant. Des Weiteren erfolgt eine Einführung in die Speicherung und Komprimierung von CT-Aufnahmen. Dies sorgt dafür, dass die digitalen Bilddaten deutlich handlicher werden.

2.2.1. Computertomografie

Die Erfindung der Computertomografie (CT) war ein Quantensprung in der Geschichte der Medizin. Sie ist aus heutigen Diagnosen nicht mehr wegzudenken. Ein Micro-CT Bild ist laut Baird und Taylor (2017, Abstract) eine Menge hochauflösender Bilder, die wie ein Stapel zusammengelegt werden. Der Aspekt Micro deutet dabei darauf hin, dass es eine miniaturisierte Ausführung eines üblichen Kegelstrahl-CTs ist so Buzug (2011, Seite 340). Eine andere Definition erläutert T. Lehmann u. a. (2013). Er beschreibt die Computertomografie als Projektionen einzelner Ebenen im Untersuchungsobjekt. Die Technologie, mit der diese Bilderstapel aufgenommen werden, ist unter der Röntgentechnik oder auch X-Ray bekannt. Die Röntgenstrahlung ist eine Form der elektromagnetischen Strahlung, ähnlich wie das sichtbare Licht so das National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB) (2024). Anders als das Licht haben die Röntgenstrahlen eine viel höhere Energie. Das führt dazu, dass man mit dieser elektromagnetischen Strahlung viele Objekte durchdringen kann. So auch Gewebeteile eines Zahnes vgl. (National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB) 2024). Die Abbildung 2.3 zeigt dieses elektromagnetische Spektrum.

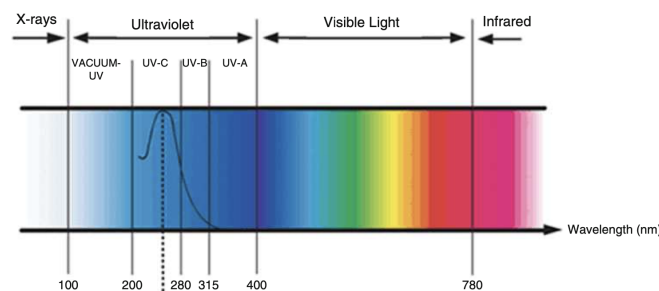


Abbildung 2.3.: Einordnung der Röntgenstrahlung (X-Ray) nach dem Zwinkels (2015)

Durchdringt ein solcher Röntgenstrahl ein Untersuchungsobjekt, werden die Details aufgrund der Wechselwirkung mit Materie auf einer CT-Probe sichtbar. Die bekannteste Wechselwirkung ist die Absorption. Mit der Steigerung der Atomzahl in einem Material

nimmt auch die Absorption eines Materials zu, sodass es leicht ist verschiedenen Materialien in einer CT-Aufnahme zu unterscheiden (vgl. National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB) 2024).

Für eine Micro-CT Aufnahme bedarf es spezieller Technik. Es gibt unterschiedliche Firmen, welche die unterschiedlichsten Modelle anbieten. Im Falle der Zahnklinik an der LMU in München handelt es sich um ein Micro-CT 40 der Firma SCANCO Medical AG (2024). Dieses Gerät erstellt Aufnahmen mittels Röntgenstrahlung und generiert mithilfe der Computertomografie ein dreidimensionales Bild, welches im Format .ISQ abgelegt wird. Wie das nächste Kapitel beschreiben wird, ist der Speicherumfang den solch ein Bild benötigt, deutlich zu groß. Es bedarf einer Technik, mit der die Aufnahmen auf eine handhabbare Größe schrumpfen.

2.2.2. Datensätze

Die rohen Datensätze, welche direkt aus dem Micro-CT Gerät kommen, haben nach SCANCO Medical AG (2024) das Format .ISQ. Dieses Format fällt speziell auf die Geräte der Firma SCANCO zurück. Wie das vorherige Kapitel 2.2.1 bereits eingeführt hat, ist dieser Dateityp für eine weitere Bearbeitung nicht geeignet. Unter anderem wegen ihrer Größe. Rösch und Kunzelmann (2018) haben hierfür ein Paket entwickelt. Dieses konvertiert ein .ISQ Format in ein .mhd Format. Bei einer .mhd Datei handelt es sich um ein Metafile, dass auf die eigentliche Datei verweist. Folgender Ausschnitt zeigt die Verwendung des Pakets.

```
python3 isq_to_mhd.py <quelle> <ziel>
```

Diese Meta-Datei kann genutzt werden, um interessante Informationen über das Bild zu erlangen. Wird dieses Kommando ausgeführt, so erstellt das Skript `isq_to_mhd` ein Metafile, das detailliert Daten über die Datei enthält. Ein Ausschnitt dieses Metafiles liefert das Listing 2.1

```
1 ObjectType = Image
2 NDims = 3
3 CenterOfRotation = 0 0 0
4 ElementSpacing = 0.02 0.02 0.02
5 DimSize = 1024 1024 517
6 ElementType = MET_SHORT
7 ElementDataFile = P01A-C0005278.ISQ
```

2.1.Listing.: Ausschnitt des Inhaltes einer MHD-Datei

In der Datei sind Informationen über die Ausprägung, Art und Größe der Datei zu finden. Besonders interessant sind die Punkte `DimSize` und `ElementType`. Über diese

Parameter lässt sich die Größe eines Bildes berechnen. Burger und Burge (2009, Seite 10-11) erklärt, dass ein Bild in Zellen aufgeteilt ist, welche Informationen enthalten. Diese Zellen sind im zweidimensionalen Raum als Pixel bekannt. Betrachtet man jedoch ein, wie im Falle der Zahnklinik an der LMU dreidimensionales Bild, so spricht man nicht mehr von einem Pixel, sondern von einem Voxel. Ein Voxel ist demnach das dreidimensionale Äquivalent zu einem Pixel. Burger und Burge (2009, Seite 10-11) beschreibt weiter, dass jeder dieser Zellen ein binäres Wort der Länge 2^k ist. Die Basis 2 ergibt sich durch das binäre Wort, wo hingegen für k gilt: $k \in \mathbb{N}$. Um für den konkreten Fall aus Listing 2.1 das entsprechende k zu ermitteln, muss der `ElementType` näher betrachtet werden. `MET_SHORT` steht hierbei für Signed short, was eine Größe von 16 Bit entspricht. Damit ergibt sich für die Länge k ein Wert von 4. So können nach Burger und Burge (2009, Seite 10-11) folgende Gleichungen festgehalten werden.

$$\begin{aligned}
 1024 \cdot 1024 \cdot 517 &= 542,113,792 \text{ Voxel} \\
 542,113,792 \text{ Voxel} \cdot 2 \text{ Byte/Voxel} &= 1,084,227,584 \text{ Byte} \\
 1,084,227,584 / 1,000,000,000 &= 1.0842 \text{ GB}
 \end{aligned} \tag{2.1}$$

Die erste Gleichung bestimmt die Gesamtzahl aller Voxel in einem Bild. Gleichung 2 ermittelt die Größe des Bildes in der Einheit Byte. Die letzte Zeile nimmt eine Umrechnung von Byte nach Gigabyte (GB) vor.

Durch die Gleichungen in 2.1 wird klar, dass eine CT-Aufnahme des Typs `.ISQ` direkt nach seiner Aufnahme über einen GB groß ist. Laut Poliklinik (2024) ist dies ein zu großes Format. Es stellt sich also die spannende Frage, wie solch eine Datei komprimiert werden kann, ohne dass es Verluste in der Qualität gibt. Dr. Elisa Walter hat hierfür eine Lösung entwickelt. QUELLE Betrachtet man den `ElementType` genauer, so fällt auf, dass es noch weitere Typen gibt, die durch eine geringere Länge k deutlich weniger Speicher benötigen. Durch Anwendung simpler Statistik lässt sich herauslesen, dass die 2^4 Byte je Element nicht ausgenutzt werden. Als Werkzeug für die Betrachtung einer solchen Statistik kann das Histogramm eines Bildes genutzt werden. Laut Jähne (2024, Seite 249) ist ein Histogramm die Häufigkeitsverteilung der Grauwerte. Diese zeigt grafisch die unterschiedlichen Grauwerte (X-Achse) zu ihren Häufigkeiten im Bild (Y-Achse). Jähne (2024, Seite 249) macht deutlich, dass das Histogramm jedoch kein Aufschluss über die räumliche Verteilung der Pixel oder Voxel liefert. Werden einige der Argumente nicht verwendet, so kann der `ElementType` verkleinert werden.

2.3. Bildbearbeitung

Nachdem ein CT erzeugt und gegebenenfalls komprimiert wurde, verarbeitet werden. Für eine weitere Verarbeitung der Micro-CT Bilder bietet das Pipeline-Modell von Handels (2000, Seite 50) eine gute Richtlinie. Er beschreibt mit dieser Visualisierungs-Pipeline Schritte, die bei der Bearbeitung und dreidimensionalen Darstellung von CT-Aufnahmen notwendig sind (vgl. Handels 2000, Seite 50). Die ersten Schritte, *Bildvorverarbeitung* und *Segmentierung*, sind von besonderem Interesse. Dieser Abschnitt orientiert sich an dieser Unterteilung und nimmt sie als Vorbild. Daraus ergeben sich die Abschnitte 2.3.1 Filter und 2.3.2 Segmentierung.

2.3.1. Filter

CT-Aufnahmen rauschen, dies ist ein Fakt und liegt in der Natur einer Röntgenaufnahme. Dies beschreiben auch Diwakar und Kumar (2018, Kapitel 3) in ihrem Paper über CT-Bildrauschen und Entrauschen. Dabei liegt die Ursache des Rauschens nicht an einer Stelle sondern ist auf viele Quellen zurückzuführen. Einen gute Einteilung dieser Quellen liefern ebenfalls Diwakar und Kumar (2018, Kapitel 3). Sie teilen die Rauschquellen auf in *Random noise*, *Statistical noise*, *Electronic noise* und *roundoff noise*.

Unter dem Rauschen eines Bildes versteht man die Streuung der Pixelwerte im Bild. Für eine Segmentierung des Bildes ist dieses Verhalten unerwünscht und führt zu schlechten Ergebnissen (vgl. Handels 2000, Seite 51). Die Bildvorverarbeitung oder auch Filter genannt, hat die Aufgabe dieses Rauschen so gut wie möglich zu reduzieren. Hierzu gibt es diverse Möglichkeiten.

Mit Blick auf die folgenden Kapitel sind für diese Arbeit vorallem die lokalen Operatoren relevant. Die lokalen Operatoren sind charakteristisch für die Betrachtung der lokalen Nachbarschaft. Jeder Pixel betrachtet also seine Umgebung und führt auf Basis darauf eine Berechnung des jeweils betrachteten Pixels durch (vgl. Handels 2000, Seite 52).

	-2	-1	0	1	2
-2					
-1					
0					
1					
2					

Abbildung 2.4.: Maske eines lokalen Operators nach Handels (2000, Seite 52)

Für die konkrete Betrachtung der Nachbarschaft eines Pixels empfiehlt Handels (2000, Seite 52) eine konkrete Maske (Ausschnitt) heranzuziehen, die mit einer Matrix interpretiert werden kann und die Nachbarschaft eines Pixels abdeckt. Abbildung 2.4 zeigt eine

sollche Maske und soll das Verfahren so verdeutlichen. Der grau hinterlegte Mittelpunkt ist das aktuell betrachtete Pixel. die Felder um die Mitte herum die Nachbarn. Es fällt jedoch auf, dass durch dieses Schema nicht jede mögliche Ausprägung einer Maske in frage kommt. Um ein Mittelpunkt und damit einen aktuellen Pixel betrachteln zu können, bedarf es einer ungeraden Seitenanzahl. Diese eingrängzung lässt sich wie folgt generisch fassen.

$$M_{(2m+1) \times (2m+1)} = \begin{bmatrix} n & n & n & n & n \\ n & n & n & n & n \\ n & n & x & n & n \\ n & n & n & n & n \\ n & n & n & n & n \end{bmatrix} \quad (2.2)$$

Die Gleichung 2.2 beschreibt die mögliche Ausprägung eines lokalen Operators als Matrix. Dabei sei $m \in \mathbb{N}$. Die Variable x beschreibt das aktuell betrachtete Pixel, während n die Nachbarn illustrieren soll. Durch die Gleichung ist auch zu erkennen, dass die Maske des lokalen Operators beliebig groß werden kann. Eine hohe Ordnung der Operatormatrix ist jedoch nicht immer von Vorteil, sodass es letzten Endes auf den Anwendungsfall ankommt.

Mit der Technik der lokalen Operatoren können nun unterschiedliche Arten angewendet werden. Handels (2000, Seite 54 - 55) unterscheidet hier in Glättungsfiler, Mittelwertfilter, Medianfilter, Gaußfilter und Binomialfilter. Alle dieser Filter bedienen sich einer Operatormaske um auf Basis der Nachbarelementen ein Statistischen Wert für den Bildpunkt zu erhalten. Um einen genaueren Einblick in alle Filter zu erlangen, sei an dieser Stell auf Handels (2000, Seite 54 - 55) verwiesen.

Wie zu Anfang dieses Kapitels beschrieben, ist eine Bildvorverarbeitung (Filterung) für eine gute Segmnetierung des Bildes unerlässlich. So kommt es das auch in der Visualisierungs-Pipelin nach Handels (2000, Seite 50) der zweite Schritt bereits die Segmentierung einführt. Warum dies so ein wichtiger Bestandteil der Bildanalyse ist und welche Methoden sich hier bieten, erläutert das folgende Kapitel.

2.3.2. Segmentierung

Die Bildsegmentierung oder Bildaufteilung ist ein wichtiges Teilgebiet der Bildverarbeitung und beschäftigt sich mit der Bildanalyse. Ihr Ziel ist es, detailliertere beschreibende Bilder aus dem vorliegenden Originalbild zu berechnen. Dies kann im Falle eines CTs in der Zahnklinik an der LMU München die hervorgehobene Darstellung der Zahnhartsubstanzen sein. (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 359). Konkret teilt ein Segmentierungsverfahren also ein Bild in Teilbereiche auf. Dabei sind die Teilbereiche in sich bemerkenswert homogen. Ramesh u. a. (2021, Seite 1) beschreibt, dass der Prozess der Segmentierung zur Gewinnung wichtiger Informationen dient wie zum Beispiel die Zahnkaries Ausbreitung. So kommt es, dass Handels (2000, Seite 50) in seiner Visualisierungs-Pipeline die Segmentierung als zweiten Schritt und damit als zentrales Problem darstellt.

Handels (2000, Seite 95) und T. Lehmann u. a. (2013, Seite 360) beschreiben beide, dass die Bildsegmentierung eines CTs für eine gute und eindeutige Ärztliche Diagnose nicht mehr wegzudenken ist. Warum dem so ist, verdeutlicht die Abbildung 2.5.

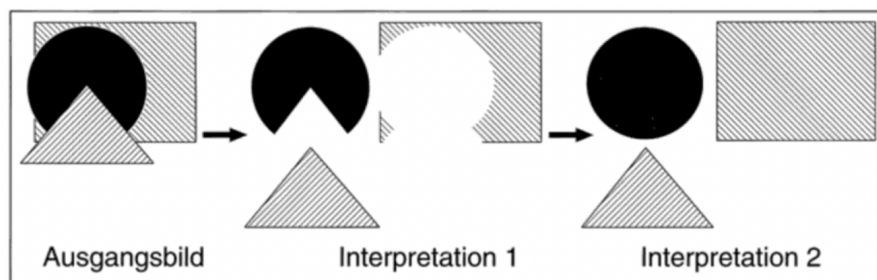


Abbildung 2.5.: Interpretation einer CT-Aufnahme nach T. Lehmann u. a. (2013, Seite 360)

Zu erkennen ist das originale Bild (Ausgangslage) und mögliche Interpretationsschritte. T. Lehmann u. a. (2013, Seite 360) verdeutlicht mit dieser Abbildung 2.5, dass mittels originale Bild die einzig mögliche Interpretation die erste ist. Auch wenn die zweite Interpretation die deutlich logischere ist, kann diese ohne weitere Forschung nicht bewiesen werden, so T. Lehmann u. a. (2013, Seite 360). Für die Schlussfolgerung von Interpretation 1 auf Interpretation 2 ist eine Segmentierung des Bildes notwendig. Erst damit lässt sich zeigen, wie die Strukturen wirklich aussehen. So beweist dieses Bild, dass die Segmentierung ein wesentlicher Teil der Bildanalyse ist.

Um ein Bild zu segmentieren gibt es unzählige Möglichkeiten. Für die Auswahl eines Verfahrens spielt der Anwendungsbereich eine wichtige Rolle. Die Verfahren, die in dieser Arbeit von Wichtigkeit sind, sind die Schwellwertverfahren (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 361).

Schwelldwertverfahren (engl.: thresholding) gehören zu den Standardwerkzeugen einer Segmentierung, sodass sie die Basis vieler weiterer Verfahren legen. Bei einer Schwellwertbasierten Segmentierung werden die Pixel eines Bildes anhand von Schwellwerten eingruppiert (vgl. Handels 2000, Seite 96). Die nachfolgende Gleichung 2.3 soll dies verdeutlichen.

$$B(x, y, z) = \begin{cases} 1, & \text{falls } t_{\text{unten}} \leq f(x, y, z) \leq t_{\text{oben}}, \\ 0, & \text{sonst.} \end{cases} \quad (2.3)$$

$B(x, y, z)$ Beschreibt einen Pixel in einem dreidimensionalen Bild, demnach ein Voxel. Liegen die Werte eines Voxels, also $f(x, y, z)$, innerhalb der beiden Schwellwerte t_{oben} und t_{unten} , dann wird eine 1 zugewiesen. Liegt der aktuell betrachtete Voxel nicht zwischen den Schwellwerten, so wird eine 0 zugewiesen.

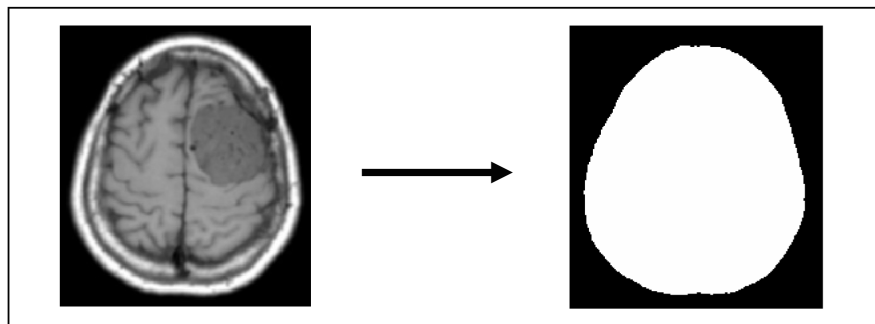


Abbildung 2.6.: *Ergebnis eines einfachen Schwellwertverfahrens nach Handels (2000, Seite 96)*

In der Abbildung 2.6 ist zu erkennen, dass nach einem einfachen Schwellwertverfahren das Bild nur noch aus zwei unterschiedlichen Graustufen besteht. Abgesehen von der Sinnhaftigkeit, ist diese einfache Segmentierung durchaus erfolgreich verlaufen. Der Grund dafür ist die gute Wahl des Schwellwertes.

Die interessanteste Frage bei den Schwellwertverfahren ist die Wahl des Schwellwertes t . Dieses entscheidet zwischen einer guten und einer schlechten Segmentierung. Für die Wahl eines Schwellwertes empfiehlt sich der Blick auf das Bildhistogramm. Dieses gibt Aufschluss über die Grauwertverteilung eines Bildes (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 361). Ein Verfahren, welches eine gute Schwellwertwahl gewährleistet, ohne das zu viele Informationen verloren gehen, ist das Verfahren nach *Otsu*.

Das Verfahren nach Otsu gehört zu den Schwellwertverfahren und bestimmt den Schwellwert t durch ein statistische Gütekriterium. Hierzu bedient sich das Verfahren des Bildhistogrammes. Das tatsächliche Bild, und damit die räumliche Anordnung der Voxel benötigt dieser Algorithmus nicht (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 264).

Ein solches Histogramm, welches die Grundlage für das Verfahren nach Otsu liefert sei in Abbildung 2.7 gezeigt. Dies gibt Aufschluss über die unterschiedlichen Grauwerte und wie oft sie in einem Bild vorkommen (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 264). Für eine genauere Beschreibung eines Histogrammes, sei an dieser Stelle auf Burger und Burge (2009, Seite 42) verwiesen.

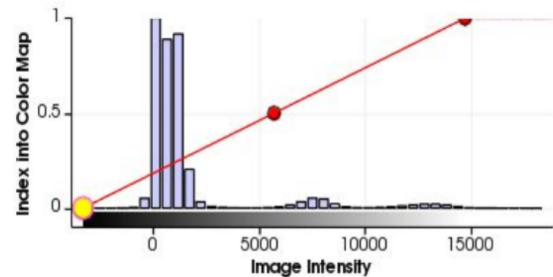


Abbildung 2.7.: Histogramm einer Zahnaufnahme nach Hoffmann

Das Otsu-Verfahren teilt die Grauwerte eines Bildes in verschiedenen Klassen ein, die durch Schwellwerte getrennt werden. Die Klassen können beispielsweise mit K_0 bis K_n bezeichnet werden, wobei sich dieses konkrete Beispiel auf die Klassen K_0 und K_1 beschränkt. Otsu wählt den Schwellwert t , der die Varianz zwischen den Pixelklassen maximiert und gleichzeitig die Varianz innerhalb jeder Klasse minimiert (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 264). Mathematisch lässt sich dies wie folgt ausdrücken.

$$t = \max (\sigma_{zw}^2 / \sigma_{in}^2) \quad (2.4)$$

σ_{zw} bildet die Varianz zwischen den beiden Klassen K_0 und K_1 und wird gebildet aus der Wahrscheinlichkeiten mit denen jeder einzelne Grauwert auftritt. σ_{in} hingegen, ist die Varianz innerhalb einer Klasse und entsteht durch die Addition der Varianzen der einzelnen Klassen. Der Schwellwert t ist nun der, für den das Verhältnis maximal wird (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 264).

laut T. Lehmann u. a. (2013, Seite 264) fällt auf, dass dieses Verfahren vorallem bei bimodalen Bildern zum Einsatz kommt. Ein Bild ist bimodal, wenn es zwei lokale Maxima aufweist. Das Otsu-Verfahren ist jedoch nicht auf eine Bimodalität beschränkt und kann auf beliebig viele Klassen erweitert werden (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, Seite 264).

Neben unzähligen Segmentierungstechniken, ist eine für diese Arbeit von ganz besonderer Bedeutung. Diese Technik wurde speziell zum Segmentieren der Micro-CT Bilder des Zahnklinikums an der LMU in München entwickelt und bildet die Basis dieser Arbeit. Konkret ist damit das Hoffmann-Verfahren gemeint (Hoffmann 2020).

2.4. Verwandte Arbeit

TODO

Für eine interaktive Verarbeitung von 3D Bilddaten bieten sich einige Möglichkeiten. Die wohl größte und auch verbreitetste Lösung liefert 3D Slicer. Warum die Wahl auf diese Plattform viel und welche Vorteile daraus entstehen wird im folgenden Abschnitt 2.5 erläutert.

2.5. Interaktive Bildbearbeitung mit 3D Slicer

3D Slicer ist eine Open Source Plattform, die speziell für die Verarbeitung für Bilddaten im medizinischen Kontext eingesetzt wird. Dabei wird sie von einer aktiven Community regelmäßig gewartet und weiterentwickelt (vgl. 3D Slicer Community 2024), (vgl. Fedorov u. a. 2012). Für Slicer gibt es offiziell keine Nutzungsbeschränkung. Jedoch sei auch gesagt, dass 3D Slicer nicht für die klinische Nutzung zugelassen ist. Fedorov u. a. (2012) macht deutlich, dass 3D Slicer ausschließlich für die Forschung gedacht ist. Um einen ersten Überblick über die Komponenten von Slicer zu erlangen, soll die Abbildung 2.8 betrachtet werden.

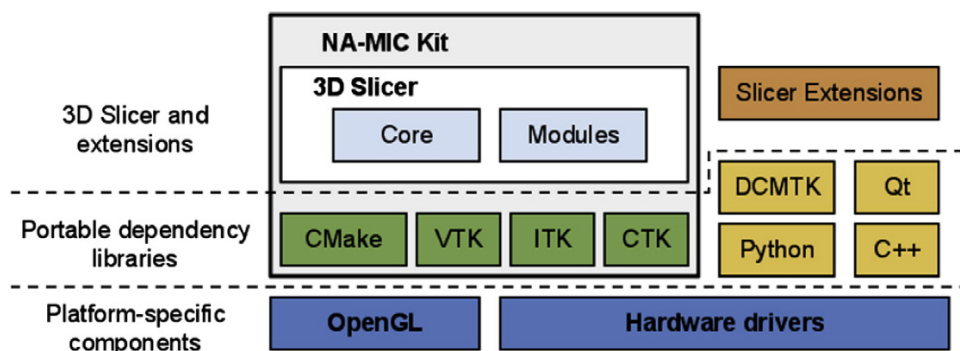


Abbildung 2.8.: 3D Slicer Ökosystem nach Fedorov u. a. (2012, Seite 1326)

Fedorov u. a. (2012, Seite 1326) teilt mit der Abbildung 2.8 die Plattform in drei Schichten auf. Auf der obersten wird klar, dass 3D Slicer aus der Kernanwendung und den installierbaren Modulen besteht. Neben den bereits vorhandenen Modulen können von externen Entwicklern Module über die Slicer Extensions entwickelt und bereitgestellt werden. Um eine Weiterentwicklung möglich zu machen, hat Slicer eine Reihe von Abhängigkeiten, die jedoch portabel gehalten werden. Auf der untersten Schicht sind die plattformspezifischen Anforderungen zu sehen, die Slicer erfüllen soll.

So kommt es, dass das 3D Slicer Ökosystem sich durch einige Kriterien besonders auszeichnet. Die wohl wichtigsten seien hier stichpunktartig genannt (vgl. 3D Slicer Community 2024), (vgl. Fedorov u. a. 2012).

- Kostenfreie Software
- Verarbeitung von medizinischen Bilddaten von Kopf bis Fuß
- Ausführen von Skripten in der integrierten Python Konsole
- Modulare Infrastruktur durch den Extension Manager

3D Slicer hat für alle diese Punkte jeweils eine Lösung entwickelt, wobei der erste Punkt durch die Open Source Philosophie schon gegeben ist. Die folgenden Abschnitte decken

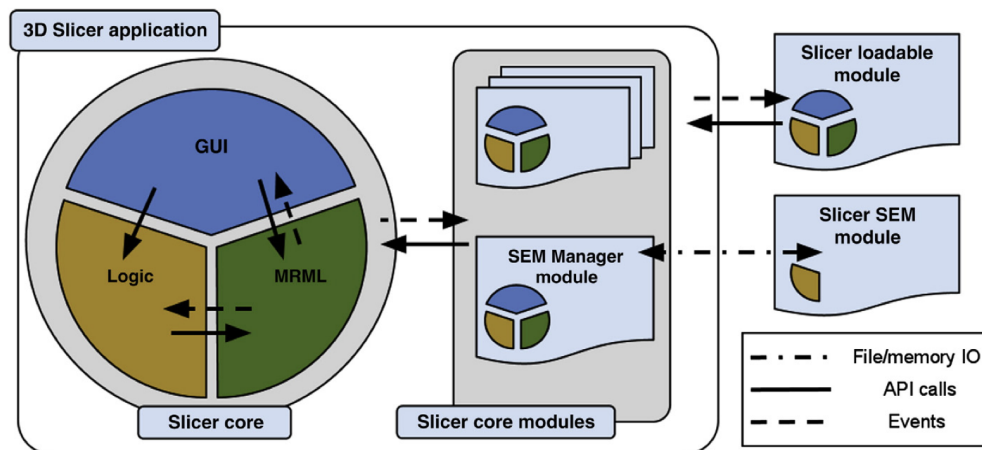


Abbildung 2.10.: 3D Slicer High Level Architektur nach Fedorov u. a. (2012, Seite 1326)

wird, was sich *separation of concerns* nennt. Die Kapselung von zusammengehöriger Logik. Bei der Erstellung einer eigenen Extension ist die Idee, dass nur die Logic implementiert werden muss und die komplexe Architektur von Slicer erstmal nicht relevant ist.

Jedoch bietet sich in Slicer nicht nur die Möglichkeit eigenen Erweiterungen zu erstellen. Es lässt sich hierfür auch die integrierte Python Konsole nutzen.

2.5.2. Python Umgebung

3D Slicer bringt eine integrierte Python Konsole mit, über die mit der Datenstruktur interagiert werden kann. So ist es möglich Python Skripte direkt in der Konsole auszuführen. Um dies zu realisieren bringt Slicer mit der Installation im jeweiligen Betriebssystem eine eigenen Python Umgebung mit. Dieses sieht wie folgt aus.

```
./Slicer/bin/PythonSlicer
```

Diese Python Umgebung verfügt über alle notwendigen Abhängigkeiten und Pakete. Bei der Entwicklung eines SEM kann dann auf die Pip-Pakete in der integrierten Python Umgebung zurückgegriffen werden. So kommt es das für eine Entwicklung mit Slicer keine eigenen Python Umgebung auf der lokalen Maschine installiert sein muss. Slicer bringt hier alles mit.

Für den letzten charakteristischen Punkt von Slicer aus Kapitel 2.5 führt der nächste Abschnitt in die durchaus komplexe Datenstruktur MRML ein, die bei einer Entwicklung mit Slicer unausweichlich zu berücksichtigen ist.

2.5.3. MRML Datenstruktur

Die *Medical Reality Modeling Language* (MRML, gesprochen “MURml”) ist ein Datenmodell das dafür entwickelt wurde alle möglichen Bilddaten zu visualisieren und zu speichern, die für einen klinischen Zweck Einsatz finden (vgl. 3D Slicer Community 2024). Laut der 3D Slicer Community (2024) wurde die MRML-Datenstruktur völlig unabhängig von der Slicer Kernanwendung entwickelt. Dies ermöglicht ein portieren der Datenstruktur auf andere Softwareapplikationen. Da Slicer die einzig große Plattform ist, die diese Datenstruktur nutzt, wird der Quellcode für MRML im Repository von 3D Slicer gewartet und weiterentwickelt, so 3D Slicer Community (2024). Durch den Artikel von Fedorov u. a. (2012, Seite 1327) wird klar, dass MRML mehr ist also nur eine Datenstruktur. Sie beschreiben MRML als Szenenorganisator von Bilder, Anotationen, Layouts und Anwendungsstaten.

Fedorov u. a. (2012, Seite 1331) beschreiben die MRML-Datenstruktur als Schlüsselkomponenten innerhalb von 3D Slicer. Dies ist auf die Softwarearchitektur von Slicer zurückzuführen, die in Abbildung 2.10 beschrieben wurde. Die Kernanwendung von Slicer arbeitet nach dem MVC-Pattern. MRML übernimmt hier den Teil des *Models (M)* und bildet damit den Grundstein der Anwendung (vgl. Fedorov u. a. 2012, Seite 1332).

Die 3D Slicer Community (2024) und der Artikel von Fedorov u. a. (2012, Seite 1327) beschreibt MRML als XML-Format. Wird also eine MRML-Szenen gespeichert, so folgt eine Speicherung als .mrml-Datei und damit unter der Haube als XML-Datei. Dabei wird laut 3D Slicer Community (2024) nur eine Referenz auf das Bild gespeichert. Die zu bearbeitende Aufnahme selbst wird nicht innerhalb einer MRML-Datei abgespeichert.

MRML bietet eine breite Palette an Datentypen zur Speicherung von unterschiedlichen Bildern, die einen unterschiedlichen Bearbeitungsstand aufweisen. Eine grobe Auswahl sei hier gezeigt. Für weitere Typen sei auf die Dokumentation verwiesen (vgl. 3D Slicer Community 2024).

- Volume (*vtkMRMLVolume*)
- Model (*vtkMRMLModelNode*)
- Segmentation (*vtkMRMLSegmentationNode*)

Wie diese grobe Auflistung bereits zeigt, gibt es noch eine Besonderheit von MRML. Damit ein Verwaltung aller Dateiformate möglich ist, bedient sich MRML einiger Tools, die sich bereits etabliert haben. Die wichtigsten sind das VTK Development Team (2024) und das ITK Development Team (2024). Diese beiden Tools sind echte Riesen in ihrer Branche. MRML nutzt diese um einige Dateiformate zu lesen und zu schreiben.

Nachdem die Datenstruktur nun beschrieben wurde und alle charakteristischen aus dem Kapitel 2.5 beschrieben wurden, soll Abschließend eine kurze Einführung in die Benutzerschnittstelle von Slicer folgen. Insbesondere der Schnittstelle für die SEMs.

2.5.4. Benutzerschnittstelle

Für das Erstellen einer Benutzerschnittstelle (engl. *User Interface (UI)*), die für eine Slicer Extension nötig ist, nutzt 3D Slicer den Qt-Designer (vgl. Qt Development Team 2024). Die Integration des Qt-Designers als Applikation in eine andere Applikation funktioniert aufgrund der Plattformintegrität, die der Designer mitbringt (vgl. Qt Development Team 2024). Dieser bietet so die Möglichkeit die benötigten Widgets über ein interaktives User Interface zu bauen. Für dieses UI-Widget gibt es einen Gegenspieler im Quelltext des Programmes, welcher als *ParameterNode* bekannt ist. Der *ParameterNode* ist laut 3D Slicer Community (2024) eine leichte Variante eines MRML-Node um Parametereinstellungen zu speichern. Durch das Zusammenspiel zwischen UI-Widget und *ParameterNode* wird die UI automatisch aktualisiert, wenn sich das Programm ändert und umgekehrt 3D Slicer Community (2024).

Das Erstellen der Verknüpfung zwischen UI-Widget und *ParameterNode* erfolgt über die dynamische Eigenschaft *SlicerParameter*, die direkt in der Komponentenansicht im Qt-Designer einstellbar ist. Die Abbildung 2.11 soll diesen Vorgang verdeutlichen. Diese Verknüpfung lässt sich laut 3D Slicer Community (2024) auch via Programmcode setzen.

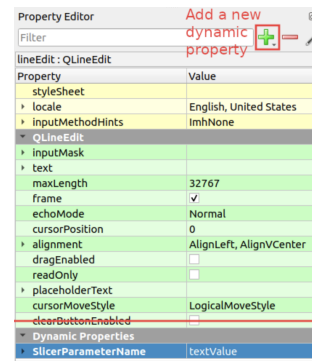


Abbildung 2.11.: Dynamische Eigenschaft einer Komponente im Qt-Designer nach 3D Slicer Community (2024)

```
widget.setProperty('SlicerParameterName', 'parameterName')
```

Über das Objekt *widget* kann die eigenschaft einer Komponente gesetzt werden, ohne dass sie im Designer berührt werden muss.

Mit dem Ende dieses Abschnittes wurden alle wichtigen Bestandteile von 3D Slicer abgedeckt und diskutiert, sowie alle weiteren Domänen eingeführt. So bleibt nun die Frage nach dem Sinn dieser Arbeit. das Kapitel 3 soll hier Klarheit liefern und die konkrete Fragestellung ausarbeiten.

3. Fragestellung

4. Methodik

test

5. Ergebnisse

test

6. Diskussion

test

7. Schlussfolgerung und Ausblick

test

Erklärung zur Abschlussarbeit

Hiermit versichere ich, die eingereichte Abschlussarbeit selbständig verfasst und keine andere als die von mir angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt zu haben. Wörtlich oder inhaltlich verwendete Quellen wurden entsprechend den anerkannten Regeln wissenschaftlichen Arbeitens zitiert. Ich erkläre weiterhin, dass die vorliegende Arbeit noch nicht anderweitig als Abschlussarbeit eingereicht wurde. Das Merkblatt zum Täuschungsverbot im Prüfungsverfahren der Hochschule Augsburg habe ich gelesen und zur Kenntnis genommen. Ich versichere, dass die von mir abgegebene Arbeit keinerlei Plagiate, Texte oder Bilder umfasst, die durch von mir beauftragte Dritte erstellt wurden.

Augsburg, den 29. November 2024

Lukas Konietzka

Abbildungsverzeichnis

1.1. CT-Aufnahme eines Zahns Quelle (Poliklinik 2024)	2
2.1. Aufbau eines Zahnes nach K. M. Lehmann u. a. (2012)	5
2.2. Darstellung von Pulpa, Dentin und Schmelz auf einer CT-Aufnahme (link) und einer Zeichnung (rechts) nach K. M. Lehmann u. a. (2012, Seite 29).	6
2.3. Einordnung der Röntgenstrahlung (X-Ray) nach dem Zwickels (2015) .	7
2.4. Maske eines lokalen Operators nach Handels (2000, Seite 52)	10
2.5. Interpretation einer CT-Aufnahme nach T. Lehmann u. a. (2013, Seite 360)	12
2.6. Ergebnis eines einfachen Schwellwertverfahrens nach Handels (2000, Seite 96)	13
2.7. Histogramm einer Zahnaufnahme nach Hoffmann	14
2.8. 3D Slicer Ökosystem nach Fedorov u. a. (2012, Seite 1326)	16
2.9. 3D Slicer Extension Manager nach 3D Slicer Community (2024)	17
2.10. 3D Slicer High Level Architektur nach Fedorov u. a. (2012, Seite 1326)	18
2.11. Dynamische Eigenschaft einer Komponenten im Qt-Designer nach 3D Slicer Community (2024)	20

Tabellenverzeichnis

Listings

2.1. Ausschnitt des Inhaltes einer MHD-Datei	8
--	---

A. Anhang

test

Literaturverzeichnis

- 3D Slicer Community (2024). *3D Slicer: A multi-platform, free and open source software package for visualization and image analysis*. <https://www.slicer.org>. Zugriff am 21. November 2024 (siehe S. 16, 17, 19, 20, 27).
- Baird, Emily und Gavin Taylor (2017). „X-ray micro computed-tomography“. In: *Current Biology* 27.8, R289–R291 (siehe S. 7).
- Burger, Wilhelm und Mark James Burge (2009). *Digitale Bildverarbeitung: Eine Algorithmische Einführung Mit Java*. Springer-Verlag (siehe S. 9, 14).
- Buzug, Thorsten M (2011). „Computed tomography“. In: *Springer handbook of medical technology*. Springer-Verlag, S. 311–342 (siehe S. 7).
- Crespigny, Alex de, Hani Bou-Reslan, Merry C Nishimura, Heidi Phillips, Richard AD Carano und Helen E D’Arceuil (2008). „3D micro-CT imaging of the postmortem brain“. In: *Journal of neuroscience methods* 171.2, S. 207–213 (siehe S. 3).
- Diwakar, Manoj und Manoj Kumar (2018). „A review on CT image noise and its denoising“. In: *Biomedical Signal Processing and Control* 42, S. 73–88 (siehe S. 10).
- Fedorov, Andrey, Reinhard Beichel, Jayashree Kalpathy-Cramer, Julien Finet, Jean-Christophe Fillion-Robin, Sonia Pujol, Christian Bauer, Dylan Jennings, Fiona M. Fennessy, Milan Sonka, John Buatti, Stephen R. Aylward, James V. Miller, Steve Pieper und Ron Kikinis (Nov. 2012). „3D Slicer as an Image Computing Platform for the Quantitative Imaging Network“. In: *Magnetic Resonance Imaging* 30.9, S. 1323–1341. DOI: 10.1016/j.mri.2012.05.001 (siehe S. 16–19, 27).
- Handels, Heinz (2000). *Medizinische Bildverarbeitung*. Springer-Verlag (siehe S. 2, 10–13, 27).
- Hoffmann, Simon (Jan. 2020). „Unterstützung der Karies-Klassifizierung in Mikro-CT-Aufnahmen durch 3D-Bildverarbeitung“. Bachelorarbeit. Technische Hochschule Augsburg (siehe S. 5, 14).
- ITK Development Team (2024). *ITK: Insight Segmentation and Registration Toolkit*. <https://itk.org>. Entwickelt und gepflegt von Kitware, Zugriff am 21. November 2024 (siehe S. 19).
- Jähne, Bernd (2024). *Digitale bildverarbeitung: und bildgewinnung*. Springer-Verlag (siehe S. 9).
- Lehmann, Klaus M, Elmar Hellwig und Hans-Jürgen Wenz (2012). *Zahnärztliche Propädeutik: Einführung in die Zahnheilkunde; mit 32 Tabellen*. Deutscher Ärzteverlag (siehe S. 5, 6, 27).
- Lehmann, Thomas, Walter Oberschelp, Erich Pelikan und Rudolf Repges (2013). *Bildverarbeitung für die Medizin: Grundlagen, Modelle, Methoden, Anwendungen*. Springer-Verlag (siehe S. 7, 12–14, 27).
- National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB) (2024). *X-Rays - Science Topic*. Zugriff am: 2024-11-15. URL: <https://www.nibib.nih.gov/science-education/science-topics/x-rays> (siehe S. 7, 8).

Poliklinik (2024). *Poliklinik für Zahnerhaltung und Parodontologie des LMU-Klinikums München*. <https://www.klinikum.uni-muenchen.de/Poliklinik-fuer-Zahnerhaltung-und-Parodontologie/>. Zugriff am 22. November 2024 (siehe S. 2, 9, 27).

Qt Development Team (2024). *Qt Documentation: Introduction to Qt*. <https://doc.qt.io/qt-6/qt-intro.html>. Entwickelt und gepflegt von The Qt Company, Zugriff am 21. November 2024 (siehe S. 20).

Ramesh, KKD, G Kiran Kumar, K Swapna, Debabrata Datta und S Suman Rajest (2021). „A review of medical image segmentation algorithms“. In: *EAI Endorsed Transactions on Pervasive Health and Technology* 7.27, e6–e6 (siehe S. 12).

Rösch, Peter und Karl-Heinz Kunzelmann (2018). „Efficient 3D Rigid Registration of Large Micro CT Images“. In: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*; Bd. 13. June 2018, issue 1 (supplement), S. 118–119. doi: 10.1007/s11548-018-1766-y (siehe S. 8).

SCANCO Medical AG (2024). *Brochures and Documentation*. Zugriff am: 22. November 2024 (siehe S. 8).

VTK Development Team (2024). *VTK: The Visualization Toolkit*. <https://vtk.org>. Entwickelt und gepflegt von Kitware, Zugriff am 21. November 2024 (siehe S. 19).

Zwinkels, Joanne (2015). „Light, electromagnetic spectrum“. In: *Encyclopedia of Color Science and Technology* 8071, S. 1–8 (siehe S. 7, 27).