

Bachelorarbeit

zur Erlangung des Grades
Bachelor of Science (B. Sc.) in Informatik

Automatische Segmentierung von Mikro-CT-Aufnahmen zur Untersuchung zahnmedizinischer Strukturen

erstellt von Lukas Konietzka

Lukas Konietzka

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

Matrikelnummer:
2122553

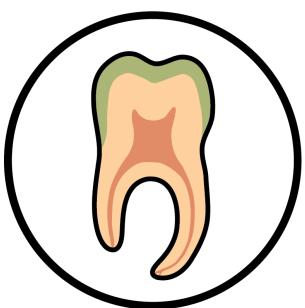
Technische Hochschule
Augsburg

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
Themenvergabe am	14. November, 2024
Eingereicht am	20. März, 2025
Geheimhaltungsvereinbarung	Nein

Kurzfassung

Mikro-CT bildet eine zentrale Forschungsgrundlage der Zahnmedizin und dient als Basis für viele weitere Forschungen. Auch diese vorliegende Arbeit baut auf dieser Technologie auf und widmet sich der Entwicklung einer Erweiterung für 3D Slicer, die die anatomische Segmentierung von Zähnen vereinfacht. Die anatomische Segmentierung ist ein wichtiger Prozess in der zahnmedizinischen Forschung, bei dem Mikro-CT-Bilder in ihre Hauptbestandteile, Dentin und Schmelz, unterteilt werden. Diese Segmentierung bildet die Grundlage für weiterführende Analysen, wie die 3D-Rekonstruktion von Zahnstrukturen oder das Training neuronaler Netze zur Karieserkennung. Der aktuelle Stand der Technik zeigt, dass bereits ein funktionierendes Verfahren zur anatomischen Segmentierung existiert, dessen Nutzung jedoch durch eine komplexe, terminal basierte Ausführung erschwert wird. Dies stellt insbesondere für Anwender in klinischen Praxen eine Hürde dar. Ziel dieser Arbeit ist es daher, eine benutzerfreundliche Lösung zu entwickeln, die die Funktionalität der anatomischen Segmentierung effizient in 3D Slicer integriert und deren Anwendung erleichtert. Im Laufe der Entwicklung entsteht so der Tooth Analyser, der es möglich macht den Algorithmus der anatomischen Segmentierung mit nur wenigen Klicks über eine Benutzerschnittstelle zu starten und so die Benutzerfreundlichkeit erheblich zu steigern. Während der Entwicklung selbst entsteht nicht nur eine Software mit Funktionalität, es wird eine ganze Struktur beschrieben, mit der eine Verarbeitung von Mikro-CT-Bildern effizient, flexible und interaktiv durchgeführt werden kann. Neben dem Mehrwert, den die Anwendung für die praktizierenden Ärzte liefert, konnten auch viele Erfahrungen mit der Entwicklung in 3D Slicer gesammelt werden. So wird beispielsweise erläutert, wie die Plug-in-Infrastruktur der Plattform funktioniert und wie schließlich sichergestellt wird, dass ein erstelltes Modul ein Softwareupdate von Slicer überlebt. Die detaillierte Evaluation des Tooth Analyser wird zeigen, dass die geforderte Integration eines bereits existierenden Verfahrens in die Plattform 3D Slicer durchaus als Erfolg betrachtet werden kann. Jedoch wird auch sichtbar, dass das Modul in mancher Hinsicht noch einschränkend ist und Wünsche offen lässt.



ToothAnalyser

A microCT Research Tool

Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis	vii
Abkürzungsverzeichnis	viii
Quellcodeverzeichnis	ix
Tabellenverzeichnis	x
1. Einleitung	1
1.1. Relevanz der Arbeit	2
1.2. Ziel der Arbeit	2
2. Anatomische Segmentierung	4
2.1. Anatomische Zahnstrukturen in Mikro-CT-Bildern	6
2.2. Erstellung von Mikro-CT-Bildern	7
2.2.1. Computertomografie	8
2.2.2. Datenformate	9
2.3. Bearbeitung von Mikro-CT-Bildern	11
2.3.1. Filterung	11
2.3.2. Segmentierung	13
3. Automatische Segmentierung mittels 3D Slicer	17
3.1. Plug-in-Infrastruktur	18
3.2. Python-Umgebung	20
3.3. MRML-Datenstruktur	20
4. Entwicklungsumgebung	23
5. Methodik	25
5.1. Forschungsdesign	25
5.2. Anforderungsanalyse	26
5.3. Literatur zur Implementierung	28
5.4. Zerlegung in Teilprobleme	29
5.5. Forschungsevaluation	30

6. Ergebnisse	31
6.1. Struktur und Aufbau der Software	31
6.2. Tooth Analyser	33
6.3. Tooth Analyser Bibliothek	38
6.4. Softwarekonzeptionen	40
6.5. Softwarearchitektur	42
7. Evaluierung	49
7.1. Softwaretests	49
7.2. Performance	52
7.3. Benutzertests	54
7.4. Anwendungsszenarien	54
7.5. Limitierungen	56
8. Diskussion	57
9. Ausblick	61
Literaturverzeichnis	62
A. Anhang	64
A.1. Klassendiagramm des Tooth Analyser	64
A.2. Quellcode des Tooth Analyser	65
A.3. Modul Dokumentation	65
A.4. Beispieldaten	65
A.5. Ergebnisse Batch-Prozess	65

Abbildungsverzeichnis

1.1.	CT-Aufnahme einer Zahnkrone nach Heck u. a. (2024)	1
2.1.	Reproduziertes Ergebnis der anatomischen Segmentierung	4
2.2.	Algorithmische Formulierung der anatomischen Segmentierung nach Hofmann (2020) (von links oben nach rechts unten)	5
2.3.	Aufbau eines ganzen Zahnes nach K. M. Lehmann u. a. (2012, S. 15) . .	6
2.4.	Darstellung von Pulpa, Dentin und Schmelz auf einem Zahnkronen-CT nach Heck u. a. (2024)	7
2.5.	Funktionsweise eines Mikro-CT nach Pult (2021, S. 16)	8
2.6.	Maske eines lokalen Operators nach Handels (2000, S. 52)	11
2.7.	Interpretation einer CT-Aufnahme nach T. Lehmann u. a. (2013, S. 360)	13
2.8.	Ergebnis eines einfachen Schwellwertverfahrens nach Heck u. a. (2024) und Hofmann (2020)	14
2.9.	Histogramm einer CT-Aufnahme einer Zahnkrone nach Hofmann (2020, S. 13)	15
3.1.	3D Slicer Ökosystem nach Fedorov u. a. (2012, S. 1326)	17
3.2.	Funktionsweise der Plug-in-Infrastruktur von 3D Slicer nach 3D Slicer Developer Community (2024)	19
3.3.	3D Slicer High Level Architektur nach Fedorov u. a. (2012, S. 1332) . .	19
3.4.	Verkettung der einzelnen Knoten in der MRML-Datenstruktur nach 3D Slicer Community 2024	21
4.1.	Umgebung während der Entwicklung mit 3D Slicer und PyCharm . .	23
5.1.	UML-Domänenmodell des gesamten Softwaresystems	27
6.1.	Struktur der Software, die zusammen mit der Fachseite in der Klinik ausgearbeitet wurde (Pfeil: Mikro-CT-Datenstrom; Assoziation gestrichelt: abhängig)	32
6.2.	Logo der 3D Slicer Erweiterung "Tooth Analyser", welche im Rahmen dieser Arbeit entwickelt wurde. Logodesign: Dr. Elias Walter	33
6.3.	Startansicht der Erweiterung Tooth Analyser bevor ein Verfahren gestartet wurde	34

6.4.	Ergebnisansicht der Erweiterung Tooth Analyser, nachdem die Analysen und die anatomische Segmentierung erstellt wurden	35
6.5.	Ansicht des Moduls Tooth Analyser während der Ausführung eines Verfahrens	37
6.6.	Ansicht des Moduls Tooth Analyser während der Ausführung eines Verfahrens	38
6.7.	Ausschnitt aus dem Klassendiagramm für den Tooth Analyser	40
6.8.	Hinzufügen neuer Funktionen zum Tooth Analyser mittels des Klassendiagrammmausschnitts	41
6.9.	Komponentenansicht der Komponente status im QT-Designer	46
7.1.	Ausschnitt des Moduls SampleData in 3D Slicer mit dem Beispielbild für das Starten eines Verfahrens im Tooth Analyser	50
7.2.	Verteilung der Laufzeit über den gesamten Bearbeitungszeitraum. 100% entsprechen 16:27 Minuten	52
7.3.	Konstruktion des Laufzeitverhaltens bei einer Bearbeitung mehrere Bilder	53
7.4.	Rekonstruktion eines Zahns aus einer CT-Aufnahme	55
7.5.	Dentinsegment eines rekonstruierten Zahns	55
7.6.	Schmelzsegment eines rekonstruierten Zahns	55
7.7.	Klassifizierung von Karies mittels der medialen Flächen	55
7.8.	Fehlerhafte Segmentierung einer CT-Aufnahme im Format 8UInt	56
A.1.	Klassendiagramm des Tooth Analyser	64

Abkürzungsverzeichnis

2D	zweidimensionalen
3D	dreidimensionale
8UInt	8 bit unsigend integer
16Int	16 bit sigend integer
CLI	Kommandozeilenschnittstelle
CT	Computertomografie
GB	Gigabyte
GUI	Grafische Benutzerschnittstelle
ISQ	Industrial Scan Quality
ITK	Insight Toolkit
JSON	JavaScript Object Notation
LMU	Ludwig-Maximilians-Universität München
MB	Megabyte
MRT	Magnetresonanztomografie
MHD	Meta Header Data
MRML	Medical Reality Modeling Language
MVC	Model View Controller
NIfTI	Neuroimaging Informatics Technology Initiative
NRRD	Nearly Raw Raster Data
OCT	optische Kohärenztomografie
PyPi	Python-Paket-Index
SEM	Slicer Erweiterungsmodul
SSH	Secure Shell
UI	Benutzerschnittstelle
UML	Unified Modeling Language
UX	Benutzererfahrung
VTK	Visualization Toolkit
XML	Extensible Markup Language
X-Ray	Röntgenstrahlung

Quellcodeverzeichnis

2.1.	Ausschnitt des Inhaltes einer MHD-Datei	9
3.1.	Auslesen der Informationen aus den verschiedenen Knoten	22
6.1.	Projektstruktur des Moduls Tooth Analyser mit Fokus auf die ToothAnalyserLib	38
6.2.	Importieren von Funktionen aus der Bibliothek des Tooth Analyser . . .	39
6.3.	Modifizierte Methode zum erstellen einer mhd-Datei aus einem ISQ-Format	39
6.4.	Grober Aufbau der Klasse ToothAnalyser nach der Slicer Dokumentation	42
6.5.	Verteilung der Felder in der Klasse Widget-Klasse	43
6.6.	Laden der Benutzerschnittstelle (UI) in das Modul ToothAnalyser . . .	43
6.7.	Methode zum Beobachten von Änderungen in der Benutzerschnittstelle	44
6.8.	Die Logik-Schnittstelle des Tooth Analyser	45
6.9.	Ausschnitt des Parameter Knoten im Quellcode des Tooth Analysers, der mit der UI über den Parameter SlicerParameterName gekoppelt ist .	46
6.10.	Die Parameter des Tooth Analyser, die als Attribut in der Widget-Klasse liegen	47
6.11.	Starten des Algorithmus durch den Aufruf der execut() Methode in der Widget-Klasse. Die Parameter werden mit übergeben	47
6.12.	Ein Ausschnitt der Methode execute(), welche die Pipeline für das Verfahren startet und in der Widget-Klasse durch den Apply-Button aufgerufen wird	48
7.1.	Ausschnitt der Testklasse zum ausführen der Unitests	49
7.2.	Implementierung eines Tests zum überprüfen einer Funktion	51

Tabellenverzeichnis

- | | |
|---|----|
| 6.1. Wichtige Klassen und Methoden im Tooth Analyser, die von Scripted-LoadableModule erben | 42 |
|---|----|

1. Einleitung

Die Computertomografie (CT) hat die Medizintechnik revolutioniert und zählt bis heute zu den wichtigsten Grundlagen der Bildanalyse. Sie stellt eine entscheidende Weiterentwicklung der klassischen Röntgentechnik dar. Für ihre bahnbrechende Entwicklung wurden Godfrey Newbold Hounsfield und Allan McLeod Cormack im Jahr 1979 mit dem Nobelpreis für Medizin ausgezeichnet (vgl. Handels 2000, S. 12). Dank dieser innovativen Technik lassen sich detaillierte Krankheitsanalysen durchführen, die eine gezielte und individuell angepasste Behandlung ermöglichen. Damit trägt die Computertomografie maßgeblich zur Optimierung der medizinischen Versorgung bei und verbessert die Effektivität therapeutischer Maßnahmen (vgl. Crespiigny u. a. 2008, S. 207).

Die Einsatzmöglichkeiten der Computertomografie sind vielfältig und werden im wahrsten Sinne des Wortes von Kopf bis Fuß eingesetzt. So kommt es, dass die Computertomografie auch in der Zahnmedizin eine zentrale Rolle spielt. Die Abbildung 1.1 zeigt eine solche Aufnahme, wie sie zu Forschungszwecken eingesetzt wird.



Abbildung 1.1.: CT-Aufnahme einer Zahnkrone nach Heck u. a. (2024)

Mikro-CT-Aufnahmen von Zähnen liefern hochauflösende Bilder der inneren Zahnstruktur und sind damit eine essenzielle Grundlage für die zahnmedizinische Forschung. Sie ermöglichen nicht nur eine präzisere Diagnostik, sondern auch weiterführende wissenschaftliche Analysen, beispielsweise zur Untersuchung von Kariesverläufen oder zur Entwicklung neuer Behandlungsmethoden. Eine konkrete Anwendung zeigt die Forschung der Poliklinik für Zahnerhaltung und Parodontologie an der Ludwig-Maximilians-Universität München (LMU).

1.1. Relevanz der Arbeit

Damit eine Forschung überhaupt möglich ist, sammelt die Poliklinik für Zahnerhaltung und Parodontologie Bilddaten in großen Mengen. Dabei entstehen Aufnahmen der unterschiedlichsten Art, darunter einfache Bilddateien, Infrarotbilder und insbesondere die für diese Arbeit relevanten dreidimensionalen Mikro-CT-Aufnahmen. Dieser umfangreiche Datenschatz soll künftig genutzt werden, um ein neuronales Netzwerk zu trainieren, das statistische Aussagen über das Verhalten von Karies treffen kann (vgl. Walter u. a. 2025, S. 1). Damit dieses Ziel erreicht werden kann, müssen die Mikro-CT-Bilder jedoch zunächst in eine geeignete Form gebracht werden. Rohdaten allein sind für eine weiterführende Analyse nur bedingt nutzbar, da sie komplexe Strukturen enthalten, die erst durch gezielte Verarbeitung sinnvoll interpretiert werden können. Eine der zentralen Herausforderungen dabei ist die Segmentierung, also die präzise Trennung der verschiedenen Gewebetypen wie Zahnschmelz und Dentin (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, S. 359). Erst durch diesen Schritt lassen sich anatomisch aussagekräftige Modelle erstellen, die als Grundlage für Diagnosen, Rekonstruktionen und weiterführende computergestützte Verfahren dienen. Besonders für das Training neuronaler Netzwerke ist eine saubere Segmentierung essenziell, da sie die Qualität und Aussagekraft der daraus gewonnenen Erkenntnisse maßgeblich beeinflusst. Dadurch lässt sich beispielsweise auch der *Ground Truth* für ein neuronales Netzwerk verbessern, da die Kariesklassifizierung mit segmentierten Daten deutlich einfacher ist.

1.2. Ziel der Arbeit

Das Erzeugen von segmentierter Daten aus einem Mikro-CT ist jedoch nicht trivial und verlangt komplexe Techniken der dreidimensionale (3D)-Bildbearbeitung. Der aktuelle Stand der Kunst zeigt, dass es bereits ein Verfahren gibt, mit dem solche Daten erzeugt werden können. Hierbei unterteilt das Verfahren ein gegebenes Mikro-CT-Bild in die zwei Gewebesubstanzen Dentin und Schmelz. Dieser Vorgang kann als anatomische Segmentierung des Zahns bezeichnet werden. Die Ergebnisse des Verfahrens sind vielversprechend. Jedoch bringt es auch einige Limitierungen mit, was die Benutzung deutlich einschränkt. Eine dieser Limitierungen bezieht sich auf die Art der Ausführung. Zum aktuellen Stand muss das Verfahren aufwendig über ein Terminal gestartet werden. Dies stellt für praktizierende Ärzte, die letzten Endes die Anwendergruppe dieses Verfahrens sind, eine besondere Herausforderung dar.

Die vorliegende Arbeit widmet sich genau dieser aktuellen Herausforderung. Ziel ist es, eine Benutzerschnittstelle zu entwickeln, die den Anwender mit der anatomischen Segmentierung verbindet und so die Verwendung des Verfahrens deutlich vereinfacht.

Darüber hinaus soll eine Struktur geschaffen werden, mit der es möglich ist, Mikro-CT-Bilder effizient und interaktiv über eine Benutzerschnittstelle zu Betreiben, ohne das dabei Einschränkungen in Bezug auf die Qualität gemacht werden müssen. Da Mikro-CT-Bilder weltweit eine zentrale Rolle in der zahnmedizinischen Forschung spielt, bietet sich für eine interaktive Nutzung die Plattform 3D Slicer an. Diese etablierte Software wird in zahlreichen Kliniken und Forschungseinrichtungen weltweit zur Verarbeitung und Analyse medizinischer Bilddaten eingesetzt. Aufbauend auf dieser Grundlage soll nun eine spezielle Benutzerschnittstelle innerhalb 3D Slicer entwickelt werden, die auf der vorhandenen Modul- und Plug-in-Infrastruktur der Plattform basiert. Diese Infrastruktur bietet die Möglichkeit, eigene Module mit individuellen Algorithmen zu befüllen, eine Schnittstelle bereitzustellen und diese nahtlos in das Kernsystem zu integrieren. 3D Slicer sieht hierfür die Implementierung einer Slicer Erweiterungsmodul (SEM) vor. Hierbei handelt es sich um einer Erweiterung oder ein Plug-in für die 3D Slicer Kernanwendung. Durch die Bereitstellung von segmentierten Daten in einer SEM würde so nicht nur die der aktuellen Forschungsumgebung einen Mehrwert erhalten, sondern die gesamte Zahnmedizin.

Bei der Umsetzung dieser Erweiterung stehen nicht nur die funktionalen Anforderungen im Fokus, sondern auch softwaretechnische Qualitätskriterien. Eine möglichst generische Architektur soll gewährleisten, dass das Modul flexibel bleibt und künftig um weitere Funktionalitäten erweitert werden kann.

Mit diesen konkreten Zielsetzungen lässt sich nun eine Forschungsfrage ableiten, die in dieser Arbeit im Fokus stehen soll.

Wie kann eine benutzerfreundliche Schnittstelle innerhalb von 3D Slicer entwickelt werden, die nicht nur das Verfahren der anatomischen Segmentierung effizient integriert und den Zugang für Anwender vereinfacht, sondern auch eine strukturierte und flexible Umgebung zur Verarbeitung von Mikro-CT-Aufnahmen bietet?

Um das in dieser Arbeit zu entwickelnde Modul optimal in den bestehenden Prozess der anatomischen Segmentierung zu integrieren, ist es essenziell, zunächst ein grundlegendes Verständnis dieses Verfahrens zu erlangen. Daher wird im folgenden Kapitel erläutert, wie die anatomische Segmentierung funktioniert, welche Techniken und Algorithmen dabei zum Einsatz kommen und welche Herausforderungen sich daraus ergeben. Dieses theoretische Fundament bildet so die Basis für die darauf aufbauende Entwicklung einer 3D Slicer Erweiterung.

2. Anatomische Segmentierung

Die anatomische Segmentierung ist ein bestehendes Verfahren, das bereits von der Klinik an der LMU eingesetzt wird, um segmentierte Daten aus Mikro-CT-Bildern gezielt zu gewinnen. Einen wichtigen Meilenstein hierfür liefert Hofmann. Im Rahmen einer Bachelorarbeit an der Hochschule für angewandte Wissenschaften in Augsburg unterstützte Herr Hofmann die Kariesklassifizierung auf den Zahnkronen-CT-Aufnahmen. Hierzu entwickelte er ein Verfahren, das auf Basis von Schwellwertverfahren die Zahnsubstanzen Schmelz und Dentin aus dem Originalbild herauslöst. Dabei wird die anatomische Segmentierung als der Prozess verstanden, bei dem diese Gewebetypen gezielt voneinander getrennt und visuell sowie rechnerisch unterscheidbar gemacht werden.

Durch die Segmentbetrachtung der beiden Gewebearten Schmelz und Dentin konnte Hofmann (2020, S. 41) eine gute Hilfe für die Beurteilung kariöse Stellen liefern. Ein Ergebnis aus der Arbeit von Hofmann sei in Abbildung 2.1 gezeigt. Hierfür entwickelte Hofmann ein prototypisches Verfahren innerhalb eines IPython Notebooks, mit dem es gelang ca. 250 Datensätze der Klinik automatisch aufzubereiten.

Neben der Erstellung von segmentierten Daten stellt das Verfahren noch sogenannte mediale Flächen zur Verfügung. Diese sind insbesondere für die Klassifizierung von Karies notwendig. Hofmann (2020, S. 42) erklärt, dass sich bei einer Überlagerung der medialen Flächen auf das Originale Bild auf einem Blick erkennen lässt, ob die vorhandene Karies in diesen Schichten weiter als die Hälfte fortgeschritten ist. Für die Erstellung der medialen Flächen sind die segmentierten Daten eines Zahnes zwingend erforderlich. Die Berechnung der medialen Flächen erfolgte auf den Segmenten mithilfe einer Distanztransformation und anschließender Kantenfindung (vgl. Hofmann 2020, S. 42).

Die anatomische Segmentierung eines Zahnes – einschließlich der medialen Flächen – erfolgt in mehreren algorithmischen Schritten, die in einer klar strukturierten Pipeline



Abbildung 2.1.: Reproduziertes Ergebnis der anatomischen Segmentierung

ablaufen. Abbildung 2.2 veranschaulicht den groben Ablauf des Verfahrens, wobei kleinere Zwischenschritte ausgeklammert sind. Der Prozess beginnt oben links und endet mit der Generierung der medialen Flächen in der unteren rechten Ecke.

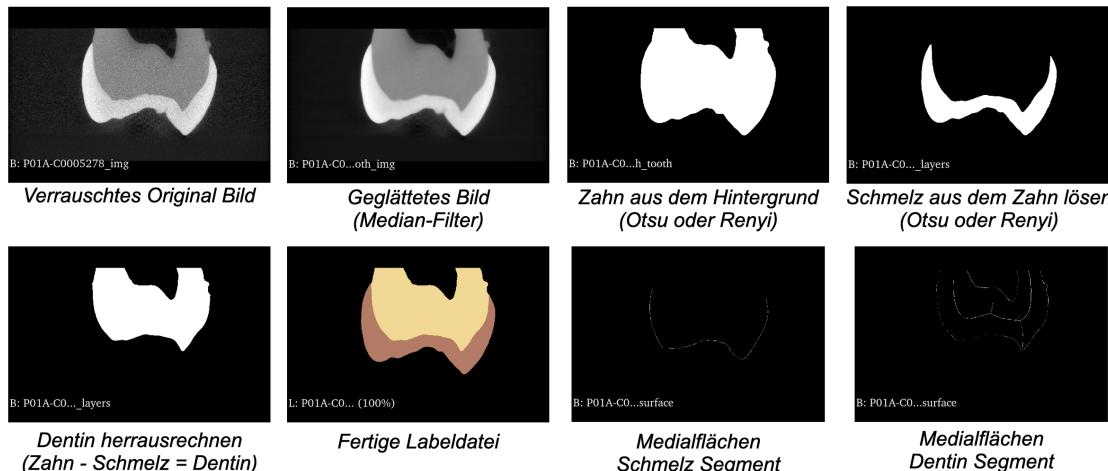


Abbildung 2.2.: Algorithmische Formulierung der anatomischen Segmentierung nach Hofmann (2020) (von links oben nach rechts unten)

Wie Hofmann (2020, S. 55) beschreibt, kann dieses Verfahren bis zu einem gewissen Fortschritt von Karies angewendet werden. Da Karies im Laufe der Zeit zur Zersetzung des Zahns führt, entstehen dunkle Stellen im Schmelzbereich, die die zusammenhängenden Grauwerte im Bild stören und somit die Segmentierung erschweren. Eine weitere Herausforderung liegt in der Art der Bilddaten, für die das Verfahren ursprünglich entwickelt wurde. Es basiert auf Industrial Scan Quality (ISQ)-Bildern, die im 16 bit sigend integer (16Int)-Format vorliegen.

Die einzelnen Schritte in Abbildung 2.2 verdeutlichen, dass die Segmentierung stets einem spezifischen Muster folgt und das Verfahren primär zwischen Dentin und Schmelz unterscheidet. Die Pulpa wird wie bereits beschrieben in diesem Verfahren nicht berücksichtigt. Zudem wird ersichtlich, dass sowohl Filter als auch Segmentierungstechniken essenziell für eine präzise Trennung der Strukturen sind. Um ein besseres Verständnis für diesen Prozess zu gewinnen, führt das folgende Kapitel in die anatomischen Strukturen eines Zahns ein und zeigt, wie diese auf Mikro-CT-Aufnahmen erkennbar sind. Dabei werden die grundlegenden Techniken der Bildgewinnung und -bearbeitung näher erläutert.

2.1. Anatomische Zahnstrukturen in Mikro-CT-Bildern

Um nachvollziehen zu können, wie eine CT-Aufnahme technisch segmentiert und in ihre einzelnen Bestandteile zerlegt werden kann, ist es zunächst essenziell, die anatomische Struktur des Zahns genau zu verstehen. Dazu gehören die unterschiedlichen Gewebeeschichten wie Zahnschmelz, Dentin und die Pulpa, die sich nicht nur in ihrer physikalischen Zusammensetzung, sondern auch in ihrer radiologischen Darstellung innerhalb der CT-Bilder unterscheiden. Erst mit diesem grundlegenden Verständnis lassen sich Methoden zur 3D-Bildbearbeitung ableiten.

Die Abbildung 2.3 zeigt den groben Aufbau eines Zahnes nach K. M. Lehmann u. a. (2012, S. 17). Zu sehen ist, dass das Denit 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, S. 41) das härteste Material im menschlichen Körper. In der Mitte des Zahnes befindet sich Weichgewebe, das als Pulpa bezeichnet wird vgl. (vgl. K. M. Lehmann u. a. 2012, S. 15). Für die anatomische Segmentation von Zahn-CT-Aufnahmen spielen insbesondere die drei Hauptbestandteile des Zahns – Schmelz, Dentin und Pulpa – eine entscheidende Rolle.

Diese Gewebearten weisen unterschiedliche Strukturen auf, die sich in den verschiedenen Graustufen auf einem Mikro-CT-Bild widerspiegeln. Die Pulpa, das innere Weichgewebe des Zahns, unterscheidet sich dabei nur geringfügig vom Hintergrund, da sie als einzige der drei Hauptstrukturen nur sehr wenig Röntgenstrahlen absorbiert. Aufgrund dieser geringen Sichtbarkeit spielt die Pulpa in dieser Arbeit eine untergeordnete Rolle und wird nicht in das Segmentierungsverfahren einbezogen. Geht man von innen nach außen, folgt auf die Pulpa das Dentin, das auch als Zahnbein bezeichnet wird. Laut K. M. Lehmann u. a. (2012, S. 41) handelt es sich dabei um eine Hartsubstanz, die den Zahn im Kieferknochen hält. Aufgrund seiner Dichte ist das Dentin in CT-Aufnahmen bereits deutlich erkennbar. Die äußerste Schicht des Zahns bildet der Zahnschmelz. Dieser stellt die härteste Substanz

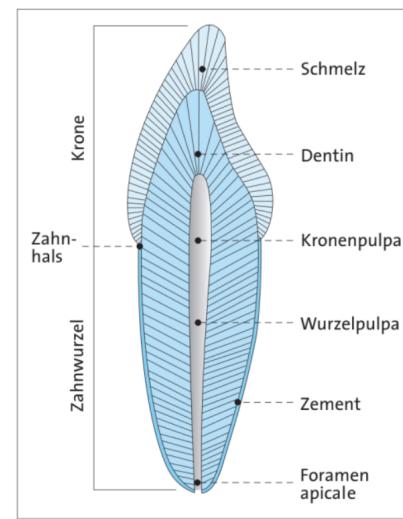


Abbildung 2.3.: Aufbau eines ganzen Zahnes nach K. M. Lehmann u. a. (2012, S. 15)

im menschlichen Körper dar und erscheint auf den CT-Bildern besonders hell. Seine hohe Dichte sorgt für eine klare Abgrenzung zu den darunterliegenden Schichten, was ihn zu einem wichtigen Orientierungspunkt für die Segmentierung macht (vgl. K. M. Lehmann u. a. 2012, S. 41). Mit der folgenden Abbildung 2.4 werden die verschiedenen Gewebearten in einem Zahn den entsprechenden Graustufen zugeordnet.

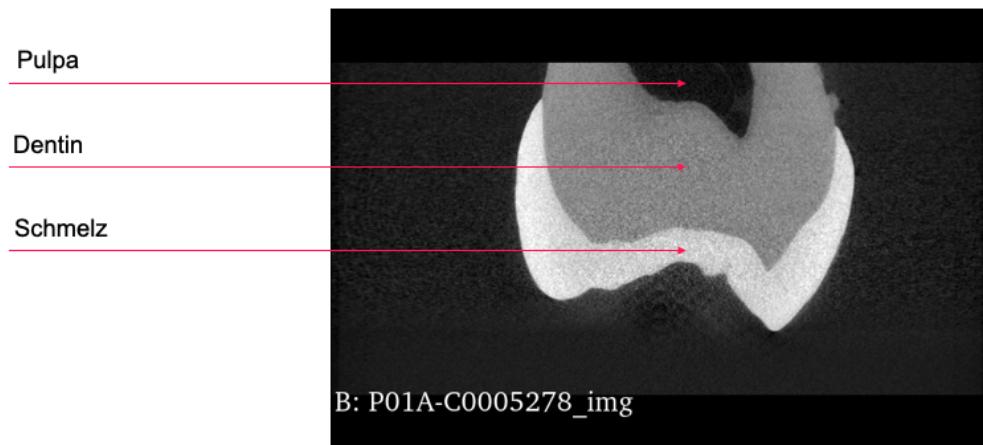


Abbildung 2.4.: Darstellung von *Pulpa*, *Dentin* und *Schmelz* auf einem Zahnkronen-CT nach Heck u. a. (2024)

Zu Beachten ist hier, dass es sich bei der in Abbildung 2.4 gezeigten CT-Aufnahme um eine Zahnkrone handelt und nicht um den ganzen Zahn. Zu sehen ist auch der fast identische Grauwert zwischen dem Hintergrund und der Pulpa.

Mit diesem Wissen über die Anatomie eines Zahnes und die Zusammensetzung auf einem Mikro-CT, kann nun ein Schritt weiter gegangen werden, indem der Fokus auf die CT-Bilder gerichtet wird. Das folgende Kapitel bietet daher einen Überblick über die Erstellung von Röntgenaufnahmen sowie die Berechnung einer Mikro-CT-Aufnahme. Durch die Bildgewinnung wird klar, mit welcher hohen Auflösung gearbeitet wird und warum dies auch zu Hindernissen führt.

2.2. Erstellung von Mikro-CT-Bildern

Die Erzeugung dreidimensionaler Bilddaten ist ein essenzieller Bestandteil der modernen medizinischen Bildgebung und kann auf verschiedene Weise erfolgen. Je nach Anwendungsgebiet kommen unterschiedliche Verfahren zum Einsatz, darunter Magnetresonanztomografie (MRT), optische Kohärenztomografie (OCT) und insbesondere die Computertomografie (vgl. Handels 2000, S. 14). Eine spezielle Variante

der Computertomografie ist das Mikro-CT, das durch seine kleinere Ausführung in der zahnmedizinischen Forschung und Diagnostik eine zentrale Rolle spielt. Auch die Handhabung dieser erstellten Daten ist ein wichtiger Bestandteil der Forschung.

2.2.1. Computertomografie

Die Erfundung der Computertomografie (CT) war ein Quantensprung in der Geschichte der Medizin. Sie ist aus heutigen Diagnosen nicht mehr wegzudenken. Ein Mikro-CT-Bild ist laut Baird und Taylor (2017, S. 1) ein Menge hochauflösender Bilder, die wie ein Stapel zusammengelegt werden. Vereinfacht gesagt, werden so zweidimensionalen (2D) Bilder zu einem 3D-CT zusammengesetzt. Der Aspekt Mikro deutet dabei darauf hin, dass es eine miniaturisierte Ausführung eines üblichen Kegelstrahl-CTs ist, so Buzug (2011, S. 340). Eine andere Definition erläutert T. Lehmann u. a. (2013, S. 49). Er beschreibt die Computertomografie als Projektionen einzelner Ebenen im Untersuchungsobjekt. Die Abbildung 2.5 soll diesen Vorgang genauer beschreiben.

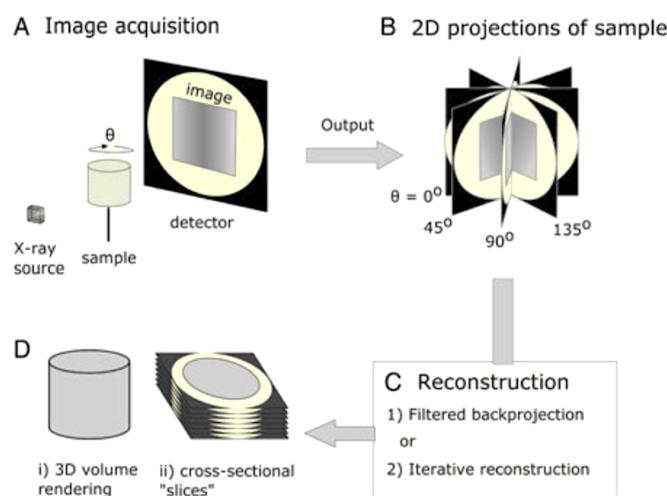


Abbildung 2.5.: Funktionsweise eines Mikro-CT nach Pult (2021, S. 16)

Die Technologie, mit der diese Bilder aufgenommen werden, ist unter der Röntgentechnik oder auch Röntgenstrahlung (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, K. 1). Anders als das Licht haben die Röntgenstrahlen eine viel höhere Energie. Das führt dazu, dass man mit dieser elektromagnetischen Strahlung viele Objekte durchdringen können. So auch Gewebeteile eines Zahnes (vgl. National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB) 2024, K. 1). Mit der Steigerung der Atomzahl in einem Material,

also der Dichte, nimmt auch die Absorption eines Materials zu, sodass es leicht ist, verschiedene Materialien in einer CT-Aufnahme zu unterscheiden (vgl. National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB) 2024, K. 1). Um nun mittels der Röntgenstrahlen und den einzelnen 2D Projektionen ein 3D-Micro-CT zu erstellen, werden 2D-Röntgenaufnahmen eines Objektes aus verschiedenen Winkeln geschossen und in einem weiteren Schritt dann zu einem 3D-Modell rekonstruiert. Das Ergebnis einer solchen Rekonstruktion ist dann eine Art Papierstapel. Dieser besteht aus vielen 2D-Bildern, die aufgrund der Stapelung zu einem 3D-Bild werden.

Für die Erzeugung dieser Bilder bedarf spezieller Geräte, im Falle der Zahnklinik an der LMU handelt es sich um ein Mikro-CT-Gerät 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. Das folgende Kapitel zeigt, dass Mikro-CT-Bilder mit dem Typ ISQ zwar eine hohe Detailgenauigkeit bieten, jedoch auch einen erheblichen Speicherbedarf mit sich bringen.

2.2.2. Datenformate

Die rohen Datensätze, welche direkt aus dem Mikro-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 nur bedingt geeignet. Unter anderem wegen ihrer Größe. Rösch und Kunzelmann (2018, S. 118-119) haben ein Paket entwickelt, mit dem sich gu zeigen lässt, wie sich diese großen Bilder zusammensetzen. Hierfür konvertiert das Paket ein ISQ-Bild in ein Meta Header Data (MHD) Format. Bei einer MHD-Datei handelt es sich um ein Metadatei, dass auf die eigentliche Datei verweist. Wird dieses Paket demnach verwendet, so erstellt das Skript `isq_to_mhd` ein Metadatei, das detaillierte Daten über die Datei enthält. Ein Ausschnitt dieses Metadatei liefer das Listing 2.1. Diese Metadatei kann genutzt werden, um interessante Informationen über das Bild zu erlangen.

```

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, S. 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 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, S. 10-11) beschreiben weiter das 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 $k = 4$. So können nach Burger und Burge (2009, S. 10-11) folgende Gleichungen festgehalten werden, mit der die Größe eines Mikro-CT-Bilds erfasst werden können.

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

Die erste Gleichung bestimmt die Gesamtzahl aller Voxel in einem Bild. Gleichung zwei 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. Damit lässt sich zeigen, dass diese Form des Mikro-CT einen hohen Detailgrad aufweist. Es wird jedoch auch klar, dass diese Größe an Bildern den alltäglichen Einsatz etwas erschweren. Da ein regelmäßiger Umgang mit Ihnen erhebliche Speicherressourcen benötigt.

Nachdem dieses Kapitel erläutert hat, wie Mikro-CT-Bilder erzeugt werden und in welchem Datenformat sie vorliegen, beschäftigt sich das nächste Kapitel mit der konkreten Bearbeitung der Mikro-CT-Aufnahmen. Hierbei werden Konzepte erläutert welche innerhalb der anatomischen Segmentierung zum Einsatz kommen. Dies umfasst unter anderem die Rauschreduktion sowie die Segmentierung der relevanten Strukturen. Daher werden wesentliche Methoden und Algorithmen zur Optimierung und Analyse von Mikro-CT-Aufnahmen vorgestellt, wobei insbesondere die Filterung und die Segmentierung eine zentrale Rolle spielen.

2.3. Bearbeitung von Mikro-CT-Bildern

Nachdem ein CT erzeugt wurde, folgt die Bearbeitung eines Bildes. Hierfür bietet das Pipeline-Modell von Handels (2000, S. 50) eine gute Richtlinie. Er beschreibt mit dieser Visualisierungspipeline Schritte, die bei der Bearbeitung von dreidimensionalen CT-Aufnahmen notwendig sind (vgl. Handels 2000, S. 50). Die ersten Schritte, *Bildvorverarbeitung* und *Segmentierung*, sind von besonderem Interesse. Dieser Abschnitt orientiert sich an dieser Unterteilung und nimmt sie sich als Vorbild. Daraus ergeben sich die Abschnitte 2.3.1 Filter und 2.3.2 Segmentierung, welche die Schritte *Bildvorverarbeitung* und *Segmentierung* widerspiegeln sollen.

2.3.1. Filterung

CT-Aufnahmen rauschen, dies ist ein Fakt und liegt in der Natur einer Röntgenaufnahme. Dies beschreiben auch Diwakar und Kumar (2018, K. 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. Eine gute Einteilung dieser Quellen liefern ebenfalls Diwakar und Kumar (2018, K. 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, S. 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 anatomische Segmentation sind für diese Arbeit vor allem 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. In Abbildung 2.6 ist der aktuellen Pixel der, mit der Position $P = (0/0)$ (vgl. Handels 2000, S. 52).

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

Abbildung 2.6.: Maske eines lokalen Operators nach Handels (2000, S. 52)

Für die konkrete Betrachtung der Nachbarschaft eines Pixels empfiehlt Handels (2000, S. 52) eine Maske (Ausschnitt) heranzuziehen, die mit einer Matrix interpretiert werden kann und die Nachbarschaft eines Pixels abbildet. Abbildung 2.6 zeigt eine solche Maske und soll das Verfahren so verdeutlichen. Der grau hinterlegte Mittelpunkt $P = (0/0)$ 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 infrage kommt. Um einen Mittelpunkt und damit ein aktuelles Pixel betrachten zu können, bedarf es eines ungeraden Grades für M . Diese Eingrenzung lässt sich in Gleichung 2.2 generisch fassen.

$$M_{(2m+1) \times (2m+1)} = \begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & k_{13} \\ k_{21} & x & k_{23} \\ k_{31} & k_{32} & k_{33} \end{bmatrix} \quad m \in \mathbb{N} \quad (2.2)$$

Die Gleichung 2.2 beschreibt die mögliche Ausprägung eines lokalen Operators als Matrix. Dabei sei: $m \in \mathbb{N} \wedge n \in \mathbb{N}$. Die Variable x beschreibt das aktuell betrachtete Pixel, während k_{ij} 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, S. 54 - 55) unterscheidet hier in Glättungsfilter, Mittelwertfilter, Medianfilter, Gaußfilter und Binomialfilter. Alle dieser Filter bedienen sich einer Operatormaske, um auf Basis der Nachbarelemente einen statistischen Wert für den Bildpunkt zu erhalten. Um einen genaueren Einblick in alle Filter zu erlangen, sei an dieser Stelle auf Handels (2000, S. 54 - 55) verwiesen.

Wie zu Anfang dieses Kapitels beschrieben, ist eine Bildvorverarbeitung (Filterung) für eine gute Segmentierung des Bildes unerlässlich. So kommt es das auch in der Visualisierungspipeline nach Handels (2000, S. 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 auch Bildaufteilung genannt, ist ein wichtiges Teilgebiet der Bildverarbeitung und beschäftigt sich mit der Bildanalyse. Ihr Ziel ist es, detaillierte beschreibende Bilder aus dem vorliegenden Originalbild zu berechnen. Dies kann im Falle eines CTs der Zahnklinik an der LMU die hervorgehobene Darstellung der Zahnsubstanzen Schmelz und Dentin sein. (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, S. 359). Konkret teilt ein Segmentierungsverfahren also ein Bild in Teilbereiche auf. Dabei sind die Teilbereiche in sich bemerkenswert homogen. Ramesh u. a. (2021, S. 1) beschreiben, dass der Prozess der Segmentierung zur Gewinnung wichtiger Informationen dient wie zum Beispiel die Zahnekaries Ausbreitung. So kommt es, dass Handels (2000, S. 50) in seiner Visualisierungspipeline die Segmentierung als zweiten Schritt und damit als zentrales Problem darstellt. Handels (2000, S. 95) und T. Lehmann u. a. (2013, S. 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 2.7.

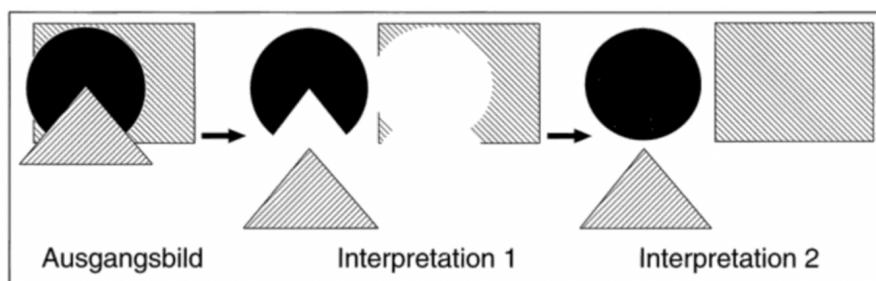


Abbildung 2.7.: Interpretation einer CT-Aufnahme nach T. Lehmann u. a. (2013, S. 360)

Zu erkennen ist das originale Bild (Ausgangslage) und mögliche Interpretationsschritte (Interpretation 1 und Interpretation 2). T. Lehmann u. a. (2013, S. 360) verdeutlichen mit dieser Abbildung 2.7, dass mittels Segmentierung die einzige 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, S. 360). Außerdem ist zu erkennen, dass die Abbildung 2.7 die Definition einer Segmentierung belegt. Die Erzeugung inhaltlich zusammengehöriger Regionen werden hier durch die verschiedenen Formen visualisiert (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, S. 360).

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

Schwellwertverfahren (engl.: thresholding) gehören zu den Standardwerkzeugen einer Segmentierung, sodass diese die Basis vieler weiterer Verfahren legen. Bei einer schwellwertbasierten Segmentierung werden die Pixel eines Bildes anhand von Schwellwerten eingruppiert (vgl. Handels 2000, S. 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 ein 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. Das Ergebnis einer solchen primitiven Schwellwertsegmentierung ist ein binäres Bild, welches in Abbildung 2.8 zu sehen ist.

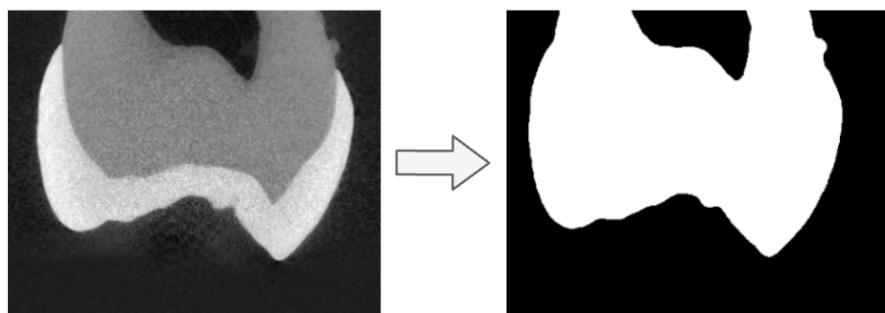


Abbildung 2.8: Ergebnis eines einfachen Schwellwertverfahrens nach Heck u. a. (2024) und Hofmann (2020)

Zu erkennen ist, dass nach einem einfachen Schwellwertverfahren das Bild nur noch aus zwei unterschiedlichen Graustufen besteht. Betrachtet man das Ergebnis in 2.8 genauer, so ist diese einfache Segmentierung durchaus erfolgreich verlaufen. Der Grund dafür ist die gute Wahl des Schwellwerts.

Die interessanteste Frage bei den Schwellwertverfahren ist die Wahl des Schwellwerts t . Dieser entscheidet zwischen einer guten und einer schlechten Segmentierung. Für die Wahl eines Schwellwerts empfiehlt sich der Blick auf das Bildhistogramm. Dieses gibt Aufschluss über die Verteilung der Grauwerte in einem Bild (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, S. 361). Verfahren, welche einen guten Schwellwert gewährleistet, ohne dass zu viele Informationen verloren gehen, sind die Verfahren *Otsu* und *Renyi*.

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

Ein solches Histogramm, welches die Grundlage für das Verfahren nach Otsu liefert, sei in Abbildung 2.9 gezeigt. Dies gibt Aufschluss über die unterschiedlichen Grauwerte und wie oft sie in einem Bild vorkommen (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, S. 264). Für eine genauere Beschreibung eines Histogramms sei an dieser Stelle auf Burger und Burge (2009, S. 42) verwiesen.

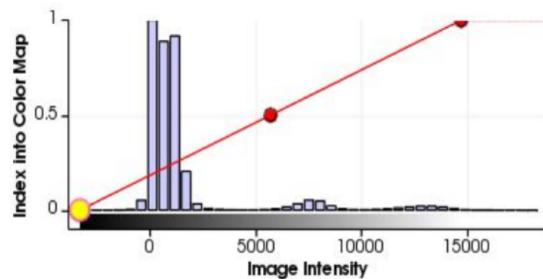


Abbildung 2.9.: Histogramm einer CT-Aufnahme einer Zahnkrone nach Hofmann (2020, S. 13)

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, S. 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 bildet sich aus den 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, S. 264).

Laut T. Lehmann u. a. (2013, S. 264) fällt auf, dass dieses Verfahren vor allem bei bimodalen Bildern zum Einsatz kommt. Ein Bild ist bimodal, wenn es zwei lokale Maxima aufweist. Vereinfacht gesagt, wenn es zwei lokale Peaks enthält (vgl. T. Lehmann u. a. 2013, S. 264).

Eine ähnliche Technik für die Bestimmung des Schwellwerts liefert das Verfahren der Rényi Entropie. Auch hier ist eine Einteilung der Voxel in Klassen vorgesehen.

Das Verfahren nach Rényi ist ein weiteres Verfahren, das im Laufe dieser Arbeit noch eine wichtige Rolle spielt. Wie bereits beschrieben gehört es ebenfalls zu der Gruppe der Schwellwertverfahren und generiert demnach einen Schwellwert t . Wie auch das Verfahren nach Otsu, benötigt Rényi keine Information über die räumliche Anordnung der Bilder, es genügt das Bildhistogramm. Dabei ist der optimal Schwellwert t der, der eine maximale Entropie der Bildverteilung erzeugt. Unter einer Entropie wird ein Konzept verstanden, das eine Unordnung, Unsicherheit oder den Informationsgehalt innerhalb eines Systems beschreibt, so Bein (2006, S. 102). Die Rényi-Entropie ist eine Verallgemeinerung der Shannon-Entropie und hängt von einem Parameter q ab. Die Entropie misst die Unsicherheit oder den Informationsgehalt einer Wahrscheinlichkeitsverteilung, welche sich wie folgt ausdrücken lässt. (vgl. Bromiley u. a. 2004, K. 2).

$$H_q(P) = \frac{1}{1-q} \ln \left(\sum_{i=1}^N p_i^q \right) \quad (2.5)$$

Besonderes Augenmerk verdienen hierbei die Parameter p_i und q , welche die charakteristischen Eigenschaften der Rényi-Entropie beschreiben. Der Parameter p_i ist die Wahrscheinlichkeit eines jeden Grauwertes im Bild. i symbolisiert hierbei jeden Grauwert. Wie viele Grauwerte genau betrachtet werden sollen definiert N . Die Variable q hingegen beeinflusst die Gewichtung der Wahrscheinlichkeit p_i für jeden Grauwert. Setzt man den Parameter q auf $q = 1$ so lässt sich mittels Algebra die Shannon-Entropie zeigen (vgl. Bromiley u. a. 2004, K. 2). Um nun mit der Rényi-Entropie den optimalen Schwellwert für ein Bild zu berechnen, sieht Rényi ähnlich wie Otsu eine Einteilung in Klassen vor. Die Einteilung erfolgt mittels des Parameters N . So kann nun für jede gebildete Klasse die Gleichung 2.5 angewendet werden. Die Gesamtentropie des Systems wird aus den beiden Teilentropien der jeweiligen Klassen bestimmt(vgl. Bromiley u. a. 2004, K. 2).

$$H_q(T) = H_q(P)^{(1)} + H_q(P)^{(2)} \quad (2.6)$$

Um nun den optimalen Schwellwert t bestimmen zu können muss der Wert genommen werden, bei dem die Gesamtentropie des Systems maximal ist. Dieser Sachverhalt lässt sich wie folgt ausdrücken (vgl. Bromiley u. a. 2004, K. 2).

$$t = \max(H_q(T)) \quad (2.7)$$

Gegen Ende des Kapitels konnte ein grundlegendes Verständnis über die anatomische Segmentierung einer Zahn-CT-Aufnahme gewonnen werden. Um dieses Verfahren, wie von der Fragestellung gefordert, für den klinischen Alltag zugänglich zu machen, ist eine benutzerfreundliche Lösung erforderlich. Im folgenden Kapitel wird daher die automatische Segmentierung mit 3D Slicer behandelt, einer etablierten Plattform, die eine effiziente Integration und Nutzung des Verfahrens ermöglicht.

3. Automatische Segmentierung mittels 3D Slicer

3D Slicer ist eine Open-Source-Plattform, die speziell für die Verarbeitung von 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, S. 1325). 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, S. 1331) machen deutlich, dass 3D Slicer ausschließlich für die Forschung gedacht ist. Um einen ersten Überblick über die Komponenten von Slicer zu erlangen, soll die Abbildung 3.1 betrachtet werden.

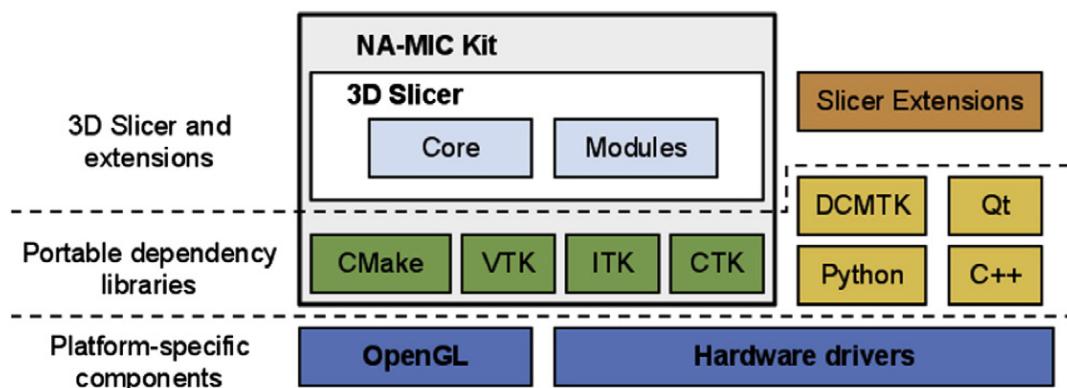


Abbildung 3.1.: 3D Slicer Ökosystem nach Fedorov u. a. (2012, S. 1326)

Fedorov u. a. (2012, S. 1326) teilt mit der Abbildung 3.1 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 Erweiterung 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 auszeichnet, die es besonders attraktiv für die Bearbeitung von medizinischen Bilddaten machen. Zu den wichtigsten Vorteilen

gehört die Tatsache, dass die Software kostenfrei verfügbar ist. Darüber hinaus bietet sie eine umfassende Plug-in-Infrastruktur, die über den sogenannten *Extension-Manager* zugänglich ist. Dies ermöglicht eine einfache Erweiterung der Funktionalitäten nach Bedarf. Ein weiteres herausragendes Merkmal ist die Möglichkeit, Skripte direkt in der integrierten Python-Konsole auszuführen, was eine flexible und effiziente Automatisierung von Prozessen ermöglicht. Schließlich ist 3D Slicer besonders für seine Vielseitigkeit bekannt, da es medizinische Bilddaten aus sämtlichen Bereichen der Medizin verarbeiten kann.

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 diese Lösungen ab und bilden so eine erste Grundlage für die Entwicklung mit 3D Slicer.

3.1. Plug-in-Infrastruktur

Der wohl bedeutendste Punkt ist die Plug-in-Infrastruktur, welche Slicer von sich aus mitbringt. Um dieses Konzept genauer zu beleuchten, teilt man die Plattform am besten in zwei Teile auf, die Kernanwendung und die Module, welcher jeder Anwender personalisiert installieren oder deinstallieren kann. Diese Module werden als *Slicer label module* bezeichnet (vgl. Fedorov u. a. 2012, S. 1332). Slicer realisiert die Struktur durch den *Extension Manager*, welcher durchaus vergleichbar ist mit einer Art App-Store. Über diesen können bequem und mit wenig Klicks die gewünschten Erweiterungen in das Kernsystem installiert werden. Neben der Möglichkeit Module zu installieren bietet Slicer noch die Möglichkeit eigenen Module zu bauen und Sie im *Extension Manager* zu veröffentlichen. Diese werden als SEM bezeichnet. Abbildung 3.2 soll diesen Vorgang verdeutlichen (vgl. 3D Slicer Community 2024).

Slicer realisiert dies, indem die Plattform über ein zusätzliches Repository verfügt, dass sich *ExtensionIndex* nennt. Dieses öffentliche Repository ist eine Auflistung aller SEM. Die Auflistung erfolgt durch eine Reihe an JavaScript Object Notation (JSON) Dateien, die auf die Repositorien der einzelnen Entwickler verweisen. Dieser *ExtensionIndex* ist über die Slicer Factory an den Extention Server und damit auch an den Extention Manager angebunden. Die Slicer Factory ist ein System, das aus einem Slicer Extention Repository ein lauffähiges Build erstellt, welches in den Extention Katalog eingebunden werden kann. Ist eine Erweiterung in dem Erweiterungskatalog gelistet, so sorgt der *Extension Manager* dafür, dass die von der Slicer Factory erstellt Build-Datei installiert werden kann.

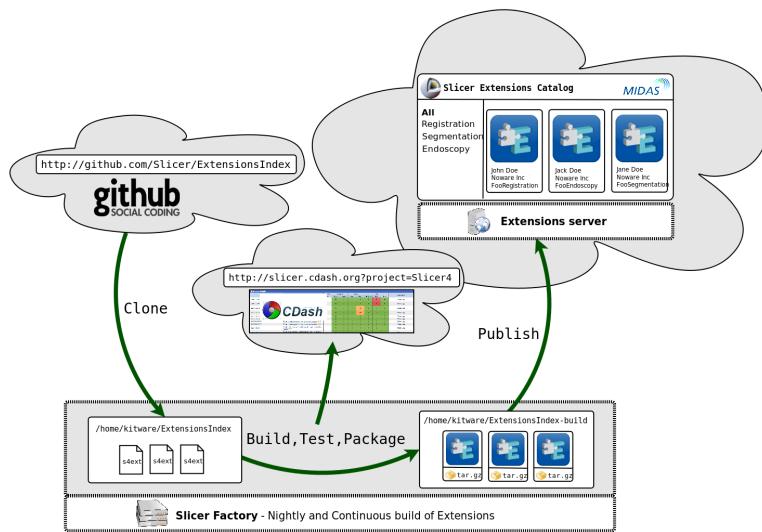


Abbildung 3.2.: Funktionsweise der Plug-in-Infrastruktur von 3D Slicer nach 3D Slicer Developer Community (2024)

Während die Module von Slicer gebaut werden, werden parallel auch immer die Tests für die Kernanwendung ausgeführt. Diese sind über ein Dashboard einsehbar. So wird sichergestellt, dass keines der Module einen Fehler im Kernsystem verursacht. Außerdem ist so für alle Benutzer von Slicer transparent einsehbar, in welchem Zustand sich die Software gerade befindet. Die Kernanwendung von 3D Slicer folgt einem Entwurfsmuster, dass sich Model View Controller (MVC) nennt. Bei der Erstellung einer SEM soll dieser Ansatz ebenfalls gepflegt werden. Eine High Level Betrachtung der Softwarearchitektur von 3D Slicer bietet Fedorov u. a. 2012, S. 1332 mit der Abbildung 3.3.

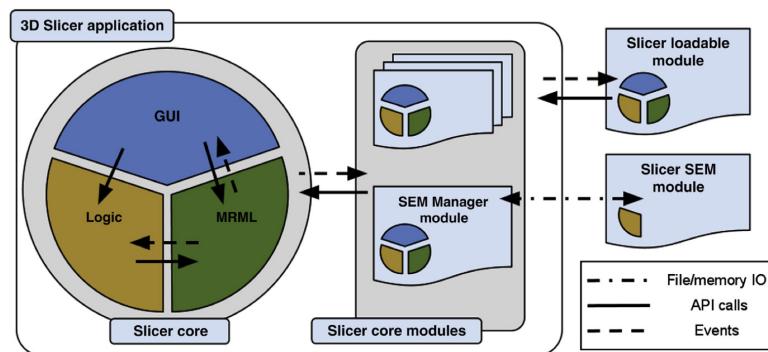


Abbildung 3.3.: 3D Slicer High Level Architektur nach Fedorov u. a. (2012, S. 1332)

Das Zusammenspiel zwischen Medical Reality Modeling Language (MRML), Grafische Benutzerschnittstelle (GUI) und der Logik bilden das MVC-Pattern in der Kernanwendung.

Das identische Pattern spiegelt sich auch in den einzelnen Modulen von Slicer wieder. So wird sichergestellt, dass ein Softwareentwicklungsparadigma eingehalten wird, was sich *separation of concerns* nennt. Die Kapselung von zusammengehöriger Logik. Bei der Erstellung einer eigenen Erweiterung ist die Idee, dass nur die Logik implementiert werden muss und die komplexe Architektur von Slicer erstmal nicht relevant ist.

Jedoch bietet sich in Slicer nicht nur die Möglichkeit eigene Erweiterungen zu erstellen, es lässt sich hierfür auch die integrierte Python-Konsole nutzen.

3.2. 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 eigene 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 das Python-Paket-Index (PyPi) in der integrierten Python-Umgebung zurückgegriffen werden. So kommt es, dass für eine Entwicklung mit Slicer keine eigene Python-Umgebung auf der lokalen Maschine installiert sein muss. Slicer bringt hier alles mit. Für die Anwender, die eine terminal basierte Bearbeitung vorziehen, besteht diese Möglichkeit nach wie vor.

Für den letzten charakteristischen Punkt von Slicer aus Kapitel 3 führt der nächste Abschnitt in die durchaus komplexe Datenstruktur MRML ein, die bei einer Entwicklung mit Slicer unausweichlich zu berücksichtigen ist.

3.3. MRML-Datenstruktur

Die MRML, gesprochen "*Murlm*" 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 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 einzige 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, S. 1331) wird klar, dass MRML mehr ist also nur eine Datenstruktur. Sie beschreiben MRML als Szenenorganisator von Bildern, Annotationen, Layouts und Anwendungsdaten. Fedorov u. a. (2012, S. 1327) beschreiben die MRML-Datenstruktur als Schlüsselkomponenten innerhalb von 3D Slicer. Dies ist auf die Softwarearchitektur von Slicer zurückzuführen, die in Abbildung 3.3 beschrieben wurde. Die Kernanwendung von Slicer arbeitet wie bereits beschrieben nach dem MVC-Pattern. MRML übernimmt hier den Teil des *Models* (*M*) und bildet damit den Grundstein der Anwendung (vgl. Fedorov u. a. 2012, S. 1332). 3D Slicer Community (2024) und der Artikel von Fedorov u. a. (2012, S. 1327) beschreibt MRML als Extensible Markup Language (XML)-Format. Wird also eine MRML-Szene 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 zeichnet sich vor allem dadurch aus, dass es eine Vielzahl an Dateiformaten akzeptiert. Alle Formate, die für einen klinischen Zweck verarbeitet werden, können durch MRML unterstützt werden. Um dies zu gewährleisten, ist die MRML-Szene in sogenannte Knoten (engl.: nodes) aufgeteilt. Die Basistypen für einen Knoten folgen der 3D Slicer Community (2024) und sind in der folgenden Aufzählung zu sehen.

- Data node
- Display node
- Storage node
- View node
- Plot node
- Subject hierarchy node
- Sequence node
- Parameter node

Wird also ein Bild in eine MRML-Szene geladen, so speichert Slicer die unterschiedlichen Eigenschaften eines Bildes in unterschiedlichen Knoten. So werden beispielsweise Basiseigenschaften einer Probe im *Data node* gespeichert, wo hingegen ein *Storage node* beschreibt wie ein Bild auf der Festplatte gespeichert wird. In *Display node* werden die Eigenschaften zur Darstellung eines Bildes hinterlegt. Der Hintergrund für die Speicherung von Probendaten in unterschiedlichen Knoten ist, dass beispielsweise dasselbe Bild in unterschiedlichen Formaten vorliegt oder ein und dasselbe Bild auf zwei unterschiedliche Arten visualisiert werden soll. So kann sich beispielsweise eine Struktur wie in Abbildung 3.4 ergeben.



Abbildung 3.4.: Verkettung der einzelnen Knoten in der MRML-Datenstruktur nach 3D Slicer Community 2024

Die Informationen in einem Bild werden also über diese Typen aufgeteilt und je nach Sinn abgespeichert. Möchte man demnach auf die bestimmte Informationen in einer Probe zugreifen. So kann diese Information über den Aufruf bestimmter Methoden erfolgen

```

1 # data node - vtkMRMLVolumeNode
2 currentVolume.GetImageData()
3 # storage node - vtkMRMLStorableNode
4 currentVolume.GetStorageNode()
5 # display node - vtkMRMLDisplayableNode
6 currentVolume.GetDisplayNode()

```

3.1.Listing.: Auslesen der Informationen aus den verschiedenen Knoten

Wie die Kommentare in Listing 3.1 bereits zeigen, gibt es noch eine Besonderheit von MRML. Damit eine Verwaltung aller Dateiformate möglich ist, bedient sich MRML einiger Tools, die sich bereits etabliert haben. Die Wichtigsten sind hierbei Visualization Toolkit (VTK) und Insight Toolkit (ITK) (vgl. Schroeder u. a. 2006, K. 1.1), (vgl. Johnson u. a. 2015, K. 1.1). Die beiden Tools sind echte Riesen in ihrer Branche. MRML nutzt diese, um einige Dateiformate zu lesen und zu schreiben. Durch das Betrachten der MRML-Szene wird klar, dass Slicer hierdurch viele Möglichkeiten bietet. Speziell für die effiziente Speicherung der Proben in einer Szene durch die unterschiedlichen Knotentypen. Ein besonderer Knoten, der gleichzeitig auch die Brücke zu der interaktiven Benutzerschnittstelle von Slicer baut, ist der *Parameter node*.

Mit dem Ende dieses Kapitels wurden alle wichtigen theoretischen Grundlage besprochen, die notwendig sind um die anatomische Segmentierung über ein 3D Slicer Modul bereitzustellen. Bevor die konkrete Methodik thematisiert wird, die für die Entwicklung des Moduls angewendet wird, sollen im nächsten Kapitel kurz die Rahmenbedingungen gesetzt werden, innerhalb deren entwickelt werden soll.

4. Entwicklungsumgebung

Da bereits ein Framework feststeht, mit dem gearbeitet werden soll, ist keine weitere Forschung nötig, um die richtige Programmiersprache auszuwählen. Jedoch gibt es eine kleine Auswahl zu treffen. 3D Slicer unterscheidet zwischen zwei Arten von Modulen, die Kommandozeilenschnittstelle (CLI)-Module, welche in der Sprache C++ geschrieben werden und die Scripted Moduls, die eine Python Implementierung verlangen. Da die anatomische Segmentierung ohnehin in einem IPython-Notebook bereitliegt, fiel die Wahl hier auf die Scripted Moduls. So kann auch die breite Palette der Python-Pakete genutzt werden. Für eine detaillierte Beschreibung des Frameworks selber sei an dieser Stelle auf das Kapitel 2.3f verwiesen, indem das Framework und alle zugehörigen Eigenheiten noch genauer beschrieben wurden. Um den Entwicklungsprozess etwas zu vereinfachen, wurde während der Entwicklung auf ein Modul von Slicer zurückgegriffen, das speziell für Entwickler entworfen wurde. Die Abbildung 4.1 verdeutlicht dieses Tool.



Abbildung 4.1.: Umgebung während der Entwicklung mit 3D Slicer und PyCharm

Mit dem Debugging Tool lässt sich eine gewohnte Umgebung reproduzieren, in der der Quellcode Schritt für Schritt analysiert werden kann (vgl. SlicerRt Team 2024). Speziell bei der Fehlersuche ist dieses Tool eine sehr gute Unterstützung. Die Abbildung beschreibt weiter, dass als Umgebung für das Erstellen des Programmcodes die Software Pycharm verwendet wird. Pycharm ist eine Lösung der Firma JetBrains, für das Erstellen von Python-Quellcode. Dieses Tool bietet eine breite Palette an Funktionalitäten, die das Erstellen von Software vereinfachen und als *State of the Art* bezeichnet werden kann (vgl. JetBrains 2024).

Für die Interaktion mit der Slicer Kernanwendung stellt der Python-Interpreter das Paket `slicer` zur Verfügung. Hierdurch lassen sich diverse Mechanismen steuern. Wichtig ist hierbei, dass das Paket `slicer` nicht auf PyPi zu finden ist. Es ist nur in der Python-Umgebung vorhanden, die mit der Slicer Installation einhergeht. Neben dem Paket `slicer`

sind noch viele weitere Pakete verfügbar, die sich in der medizinischen Bildbearbeitung durchgesetzt haben. Für eine komplette Auflistung aller Python-Pakete sei an dieser Stelle auf die Dokumentation von Slicer verwiesen (vgl. 3D Slicer Community 2024).

Auch die Versionierung des Quellcodes wurde von Anfang an in den Entwicklungsprozess integriert. Da die Software ohnehin über ein öffentliches GitHub-Repository in Slicer eingebunden wird, diente dieses zugleich als zentrales Werkzeug zur Versionskontrolle. Im Hintergrund kommt dabei selbstverständlich Git zum Einsatz. Der Link zum öffentlichen Repository kann dem Anhang entnommen werden.

Damit während der Entwicklung auch Teilbereiche der Software bereits getestet werden können, werden Testdaten benötigt. Bei diesen Testdaten handelt es sich um originale Mikro-CT-Aufnahmen als ISQ. Diese wurden auf einem Server an der LMU in München bereitgestellt. Der Zugriff auf den Server erfolgt über den *x2goclient*. Heruntergeladen wurden die Daten über eine Secure Shell (SSH) Verbindung. Bei den Mikro-CT-Bildern handelt es sich ausschließlich um Aufnahmen der Zahnkrone. Mit dem Zugriff auf den Server an der LMU konnten auch diverse Pythonumgebungen zum Verarbeiten von Daten genutzt werden. Dies war in erster Linie für ein Nachvollziehen und Verstehen der anatomischen Segmentierung hilfreich.

Neben der eigentlichen Umgebung von Slicer und den Entwicklerwerkzeugen steht zur Entwicklung auch ein Python Paket zur Verfügung, das von Herrn Prof. Rösch speziell für die Klinik an der LMU erstellt wurde. Dieses Tool beinhaltet diverse Funktionalität für das Verarbeiten von medizinischen Bilddaten. Speziell für die Mikro-CT-Aufnahmen der Klinik.

Nachdem die Entwicklungsumgebung definiert und eingerichtet wurde, kann nun auf die konkrete Methodik eingegangen werden, die zur Umsetzung dieser Schnittstelle verwendet wird. Dabei werden sowohl die Anforderungen an die Erweiterung beschrieben, also auch die konzeptionellen Überlegungen detailliert beschrieben.

5. Methodik

Dieses Kapitel beschreibt das methodische Vorgehen, das zur Beantwortung der Forschungsfrage gewählt wurde, um aussagekräftige und reproduzierbare Ergebnisse zu erzielen. Eine nachvollziehbare Methodik ist essenziell, um die Ergebnisse sowohl evaluierbar als auch für zukünftige Arbeiten nutzbar zu machen. Das Hauptziel dieser Arbeit ist die Entwicklung einer Erweiterung für die Software 3D Slicer, die in der Klinik eingesetzt werden kann. Dabei geht es nicht ausschließlich um die Entwicklung einer Software, sondern auch um die Art der Entwicklung und die Ideen hinter der Implementierung. Wie können Mikro-CT-Bilder für die Zahnmedizin effizient und interaktiv aufbereitet werden? Zu Beginn wurde demnach eine umfassende Anforderungsanalyse durchgeführt, um die spezifischen Anforderungen der Domäne zu erfassen und die Ausgangssituation zu klären. Darauf aufbauend folgte eine detaillierte Recherche, um den aktuellen Stand der Technik zu untersuchen und bestehende Lösungen für eine Implementierung zu identifizieren. Da das Ziel dieser Arbeit die Entwicklung einer vollständigen Softwarelösung ist, wurde das Problem anschließend in Teilaufgaben zerlegt. Dies ermöglicht eine gezielte Bearbeitung einzelner Komponenten und erleichtert die iterative Entwicklung.

5.1. Forschungsdesign

Das Forschungsdesign dieser Arbeit folgt einem praktischen Entwicklungsansatz mit einem Fokus auf softwaretechnische Methoden. Zum Erreichen der Ziele stützt sich diese Arbeit so am Entwicklungsprozess ab und dokumentiert diesen. Während des gesamten Entwicklungsprozesses wurde stets die Kommunikation zum Fachpersonal gepflegt. So konnte schnell beurteilt werden, ob die Entwicklung in die richtige Richtung geht. Im Falle dieser Arbeit übernahm diese Position DR. Elias Walter, welcher als praktizierender Arzt an der Klinik tätig ist. Durch das Aufeinandertreffen zweier Fachexperten, kann so der optimale Leistungsumfang bestimmt werden. Des Weiteren lässt sich der gesamte Zeitraum dieser Arbeit in drei Phasen aufteilen, die jeweils einem unterschiedlichen Zweck dienen. Diese drei Phasen sollen auch eine Orientierung bezüglich der Reihenfolge während der Bearbeitung geben.

Analysephase, diese erste Phase ist bei fast allen Softwareprojekten die wichtigste Phase und gleichzeitig die, die meist zu kurz kommt. Innerhalb der Analysephase werden also alle Anforderungen an die Software gesammelt. Diese basieren zum großen Teil auf der Recherche. Außerdem werden bestehende Lösungen analysiert und so die Kernfunktionalität herausgefiltert.

Entwicklungsphase, die Entwicklungsphase bildet den größten Teil. Hier findet die konkrete Umsetzung statt. Hierzu wird das System in mehrere Subsysteme unterteilt. Dies ermöglicht eine isolierte Betrachtung. Während der Entwicklung wird ein prototypischer Ansatz verfolgt.

Evaluationsphase, die letzte Phase dieser Arbeit beschäftigt sich ausschließlich mit der Evaluation der Ergebnisse. Hier soll eine Antwort auf die in Kapitel 1.2 formulierten Fragestellungen gefunden werden.

Durch diese Unterteilung ist eine gutes strukturelles vorgehen möglich um mittels einer praktischen Umsetzungsmethodik zu einem guten Ergebnis zu kommen. Die restlichen Abschnitte in diesem Kapitel bilden die Analysephase.

5.2. Anforderungsanalyse

Nach genauerem Betrachten der Fragestellung aus Kapitel 1.2 können bereits erste Anforderungen abgeleitet werden, die für die Erweiterung gelten sollen. Neben diesen Anforderungen wurden auch die Klinik für Zahnerhaltung mit in diesen Prozess eingebunden, um so mehr relevante Anforderungen zu definieren. Hierzu wurde innerhalb einer Besprechung mit dem verantwortlichen Arzt, Dr. Elias Walter, ein Anforderungskatalog ausgearbeitet (vgl. Walter 2025). Diese Anforderungen waren vor allem zu Beginn der Entwicklung sehr wichtig um einen ersten Anhaltspunkt zu gewinnen. Im Laufe des Entwicklungsprozesses wurden Statusberichte eingeplant, die ein Reagieren auf Anforderungsänderungen ermöglichen.

Um die Anforderungen an die Software besser zu verstehen und zu strukturieren, ist neben der Sammlung technischer Spezifikationen auch ein solides Verständnis für die zugrunde liegende Domäne essenziell. Die Abbildung 5.1 veranschaulicht dies durch ein Domänenmodell, das der Unified Modeling Language (UML) entspricht. Mittels dieser Grafik können die gestellten Anforderungen visuell dargestellt werden (vgl. Walter 2025).

In erster Linie wird klar, dass im Rahme dieser vorliegenden Arbeit eine Erweiterung für die Plattform 3D Slicer entwickelt werden soll. Die Kernfunktionalität soll dabei die anatomische Segmentierung bilden, wie sie in Kapitel 2 beschrieben wurde. Neben dieser Kernfunktionalität soll auch eine Vor- und Nachbereitung der Bilder möglich sein.

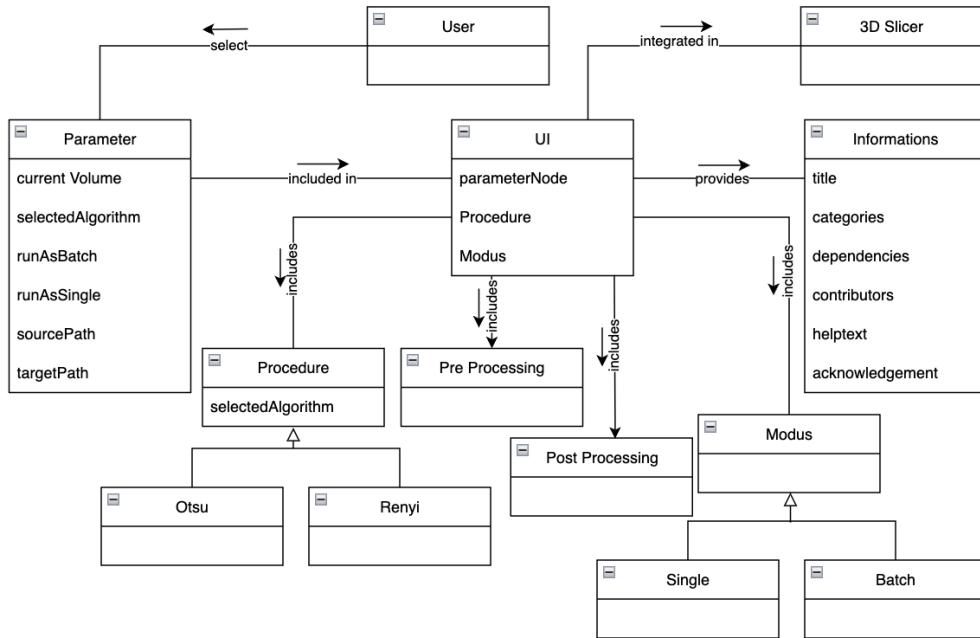


Abbildung 5.1.: UML-Domänenmodell des gesamten Softwaresystems

Dieser Prozess der Vorverarbeitung, Bearbeitung und Nachbearbeitung soll an einem Stück ausgeführt werden können. Die Erweiterung soll gut und einfach über eine UI bedient werden können. Außerdem ist eine stabile Anwendung gefragt, die sich gut in die Kernanwendung von 3D Slicer einfügt. Walter (2025) machte im Interview deutlich, dass die Erweiterung neben einer Einzelbildbearbeitung auch einen Batch-Prozess ermöglichen so. So können beispielsweise Parameter an einem Bild erprobt werden und diese anschließend in einen Batch-Prozess auf viele Bilder überführt werden. Außerdem soll es möglich sein, verschiedenen Schwellwertverfahren, die in der anatomischen Segmentierung vorgesehen sind, auch in der Erweiterung auszuwählen. Neben dem Ergebnis selber wurden auch Anforderungen an die Art der Abspeicherung gesetzt. Es ist wichtig, dass es in der Slicer-Szene nicht zu einer Überfüllung von Daten kommt. So soll nach jeder Einzelausführung die Szene wieder geleert werden, sodass immer nur das aktuell segmentierte Bild in der Anwendung liegt. Neben den segmentierten Daten sollen auch die Medial-Flächen für jedes Segment bereitgestellt werden. Ähnlich wie die Segmentierung selbst sollen diese mit jeder neuen Generierung aktualisiert werden.

Ein wichtiger Softwaretechnischer Anspruch an die Extension ist die Erweiterbarkeit. Es soll ohne große Mühen möglich sein, ein weiteres Verfahren zu integrieren, ohne das große Anpassungen an der UI oder der Erweiterung selbst unternommen werden müssen. Für ein solides Verständnis dieser Software soll es selbstverständlich eine Dokumentation mit Benutzerhandbuch geben. Zudem wird großer Wert auf die Qualitätssicherung gelegt,

weshalb eine Reihe von Unit-Tests (Tests für einzelne Programmeinheiten) vorgesehen ist.

Durch diese breite Palette an Anforderungen ergeben sich verschiedene Aufgaben für die Implementierung. Bevor jedoch mit der konkreten Umsetzung begonnen werden kann, ist ein noch wichtigerer Schritt erforderlich: die Recherche. Sie dient dazu, den aktuellen Stand der Technik zu erfassen und geeignete Lösungsansätze für die Implementierung zu identifizieren.

5.3. Literatur zur Implementierung

Es wäre äußerst ungünstig, erst am Ende eines Projekts festzustellen, dass bereits veröffentlichte Lösungen existieren, in die erhebliche Ressourcen investiert wurden. Um dies zu vermeiden, ist eine umfassende Literaturrecherche essenziell, die den aktuellen Stand der Technik abbildet.

Für diese Arbeit spielt eine Quelle eine besonders wichtige Rolle: die offizielle Dokumentation von 3D Slicer. Sie bietet wertvolle Anhaltspunkte für die Implementierung und hilft dabei, die technischen Gegebenheiten von 3D Slicer zu verstehen. Zudem enthält sie *Best-Practice-Ansätze*, die bei der Entwicklung berücksichtigt wurden. 3D Slicer stellt außerdem einen *Developer Guide* zur Verfügung, der Teil der offiziellen Dokumentation ist und den Einstieg in das Framework erleichtert. Ein weiterer zentraler Referenzpunkt ist der *3D Slicer Extension Index*, in dem bereits entwickelte Erweiterungen einsehbar sind. Ein konkretes Beispiel ist das Modul *Airway Segmentation*, dessen Analyse dazu beiträgt, bewährte Konventionen für die Entwicklung der eigenen Erweiterung abzuleiten. So kommt es, dass beispielsweise für die Gestaltung einer Benutzerschnittstelle bereits Lösungen existieren, die sich bewährten und so übernommen werden können. Da dieses Modul mit der Absicht entwickelt wird, später im *Extension Manager* veröffentlicht zu werden, sind einige dieser Richtlinien im Leitfaden obligatorisch. Welche dies sind, ist der Dokumentation von Slicer zu entnehmen.

Neben einer konkreten Implementierungshilfe dient die Recherche zur Implementierung auch dazu, ein fundiertes Verständnis für die Domäne der medizinischen Bildverarbeitung und deren zugrunde liegende Strukturen zu entwickeln. Mithilfe verschiedener domänenspezifischer Publikationen, kann ein tieferes Wissen über diesen Fachbereich gewonnen werden. Besonders relevant sind hierbei die verschiedenen Verfahren für die Verarbeitung der Mikro-CT-Aufnahmen. Konkret handelt es sich hier um die unterschiedlichen Algorithmen zur Filterung und Segmentierung von Mikro-CT-Bildern in der Zahnmedizin.

Um nun detaillierter auf die Umsetzung einzugehen, nimmt das nächste Kapitel eine Unterteilung der Gesamtheit der Anforderungen in kleinere Teilsysteme vor.

5.4. Zerlegung in Teilprobleme

Durch die Aufteilung des Gesamtsystems in mehrere kleine Teilaufgaben wird die Software für die Entwicklungsphase übersichtlicher. Die einzelnen Domänen können so schneller und besser verstanden werden. Es gibt viele Möglichkeiten ein Softwaresystem in kleine Teile aufzuteilen, sodass es am Ende auf den konkreten Anwendungsfall ankommt. Diese Arbeit sieht folgenden Teilaufgaben für das Gesamtsystem vor:

Architektur- und UI-Design, die Systemarchitektur wird mithilfe von UML-Klassendiagrammen modelliert und schrittweise verfeinert. Anschließend wird ein geeignetes Entwurfsmuster ausgewählt, das die Struktur und Modularität des Systems unterstützt. Durch die Bearbeitung dieses Teilproblems kann die Anforderung an eine flexible Architektur erfüllt werden.

Kapselung der anatomischen Segmentierung, das bereits bestehende Segmentierungsverfahren muss in das Modul integriert werden. Hier soll das Verfahren von einem IPython-Notebook in eine Python-Bibliothek überführt werden, sodass dieses Verfahren in der Erweiterung ausführbar ist.

Parameter Node, der Benutzer steuert das Verfahren über die Parameter in der UI. Für die Speicherung der Parametereinstellungen hat Slicer den Mechanismus des *ParameterNode* entworfen. Dieser Mechanismus ist nicht trivial, erhöht aber die Benutzerfreundlichkeit des Systems erheblich und soll demnach auch in diese Erweiterung Anwendung finden.

Einzelbildbearbeitung, sobald alle notwendigen Vorbereitungen getroffen sind, kann der Algorithmus nun eingebettet werden. Hierzu betrachtet man isoliert die Einzelbildbearbeitung. Auch die UI wird erst nur so weit entwickelt, wie es für den einfachen Prozess nötig ist. Hierbei wird auf das erstellte Paket der anatomischen Segmentierung zurückgegriffen.

Batch-Prozess, ist das einfache Verfahren fertig implementiert und funktioniert, so kann der Batch-Prozess hinzukommen. Hier geht es federführend um das richtige und organisierte Abspeichern der erstellten Bilder im Dateisystem.

Ausführungsmodus, während der Ausführung des Algorithmus soll das Modul in einem Aufführungszustand wechseln. Hierbei ist wichtig, dass die UI in dieser Zeit gesperrt bleibt.

Dokumentation und Test, abschließend ist eine ausführliche Dokumentation der Architektur erwünscht, sodass zukünftige Entwickler wissen, wo sie ansetzen müssen. Hinzu kommt ein Benutzerhandbuch für eine Verwendung der Erweiterung. Das

Benutzerhandbuch und die Architekturdokumentation erfolgen in einer README.md innerhalb der Erweiterung. An letzter Stelle sollen noch Softwaretests implementiert werden, um die Richtigkeit der Erweiterung sicherzustellen. 3D Slicer sieht hier Unitests vor.

Die Ordnung dieser Punkte gibt eine grobe Orientierung bezüglich der Reihenfolge während der Umsetzung an. Bevor es im nächsten Kapitel um die konkreten Ergebnisse diese Arbeit geht, soll hier abschließend noch ein Blick auf die Art der Evaluation geworfen werden. Diese stellt sicher, dass die Ergebnisse bewertbar sind.

5.5. Forschungsevaluation

Die Evaluation kann grob in zwei Teile unterteilt werden. Der erste Teil ist der wohl Wichtigste und beschäftigt sich mit dem Testen der Anwendung durch die Benutzer. Hier kann also die Benutzerfreundlichkeit und die UI der Erweiterung gut analysiert werden. Diese Art von Test involviert mehrere Außenstehende und sorgt damit für eine objektive Bewertungsgrundlage. Verbesserungen, die durch die Tests hervorkommen, werden gesammelt und als möglicher Ausblick zur Verfügung gestellt. Wichtig für die Benutzbarkeit der Software ist auch das Benutzerhandbuch. Dies ist auch Teil der Ergebnisse und muss mittels Benutzertests evaluiert werden. Neben dem konkreten Feedback der Anwender sollen auch verschiedenen Anwendungsszenarien diskutiert werden.

Der zweite Teil der Evaluation soll prüfen ob der softwaretechnische Ansatz erfolgreich umgesetzt wurde. Um dies gewährleisten zu können, müssen zusätzlich zur Funktionalität auch Softwaretests bereitgestellt werden. Wie eine der Teilaufgaben aus Kapitel 5.4 bereits zeigt, handelt es sich hierbei um Unitests. Außerdem ist für diesen Teil auch die technische Dokumentation notwendig. Abschließend soll die Performance des Systems noch gemessen und analysiert werden.

Die in diesem Kapitel beschriebenen methodischen Schritte bildeten die Grundlage für die Entwicklung der Erweiterung. Nachdem die Analysephase abgeschlossen ist, folgen nun die Phasen Entwicklung und Evaluation in Form der Kapitel Ergebnisse und Evaluation. Hierzu wird die erstellte SEM detailliert vorgestellt und die Funktionen näher beschrieben.

6. Ergebnisse

Dieses Kapitel präsentiert alle Ergebnisse, die in dieser Arbeit erzielt wurde. Dabei spielt zunächst das Vorgehen eine Rolle, mit der eine Bildbearbeitung durchgeführt werden kann. Gefolgt von einer Vorstellung der entwickelten Software und deren Kernfunktionen. Anschließend wird auf die Konzeptionen und Umsetzungen der verschiedenen Teile eingegangen. Diese bilden auch gleichzeitig die Lösungen der einzelnen Teilaufgaben aus 5.4.

6.1. Struktur und Aufbau der Software

Bevor die Anwendung selbst mit ihrer Funktionalität vorgestellt wird, ist es essenziell, zunächst die grundlegende Struktur offenzulegen, auf der die Software basiert. Diese Struktur bildet das Fundament für die nachfolgenden Implementierungsergebnisse, in denen sich viele ihrer Prinzipien und Konzepte wiederfinden. Ein entscheidender Faktor für den erfolgreichen Entwicklungsprozess war die enge Zusammenarbeit zwischen der Fachseite und den Softwareentwicklern. Durch das Aufeinandertreffen zweier Experten aus der medizinischen Bildverarbeitung und der technischen Umsetzung, konnte das Domänenwissen beider Seiten optimal genutzt werden. Dies führte dazu, dass sowohl die spezifischen Anforderungen der medizinischen Bildanalyse als auch die technischen Möglichkeiten effizient in die Software einflossen.

Ein Besonders wichtiges Ergebnis dieser Zusammenarbeit ist die daraus entstandene Struktur für die Bearbeitung von Mikro-CT-Aufnahmen. Dieses Vorgehen ist in der Abbildung 6.1 gezeigt und bildet die Grundlage für alle weiteren Ergebnisse dieser Arbeit.

Die Abbildung zeigt die Gesamtstruktur der entwickelten Software, die aus mehreren Teilbereichen besteht. Diese lassen sich in einzelne Submodule unterteilen, um eine klare funktionale Trennung zu gewährleisten. Die Software ist in drei zentrale Verarbeitungsschritte gegliedert: die Vorverarbeitung, das eigentliche Verfahren und die Nachverarbeitung des Mikro-CT. Das dargestellte Verfahren umfasst verschiedene Methoden zur Segmentierung, darunter die Karies-Segmentierung, die anatomische Segmentierung und die morphologische Segmentierung. Diese Auswahl ist jedoch nicht

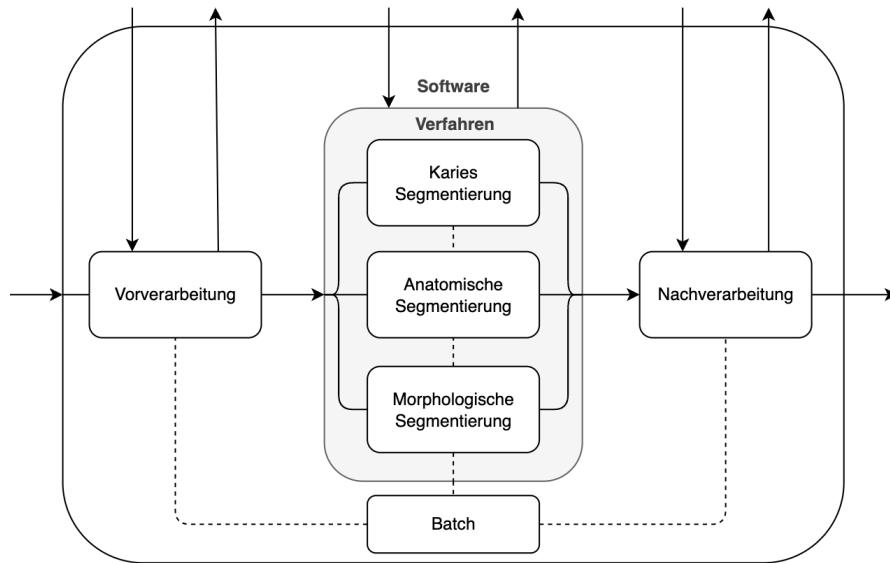


Abbildung 6.1.: Struktur der Software, die zusammen mit der Fachseite in der Klinik ausgearbeitet wurde (Pfeil: Mikro-CT-Datenstrom; Assoziation gestrichelt: abhängig)

abschließend, sondern repräsentiert nur einige der möglichen Verarbeitungsmethoden. Ein Mikro-CT kann innerhalb einer Pipeline alle drei Verarbeitungsschritte in festgelegter Reihenfolge durchlaufen (Vorverarbeitung, Bearbeitung, Nachverarbeitung). Gleichzeitig hat die Forschung gezeigt, dass auch eine isolierte Ausführung einzelner Schritte essenziell ist. Diese Flexibilität wird in der Abbildung durch die verschiedenen Pfeilverbindungen verdeutlicht, die den Datenfluss darstellen, von der Eingabe eines Mikro-CT über die Verarbeitung bis hin zum finalen Ergebnis. Neben der Einzelbildbearbeitung sollen alle diese gezeigten Schritte auch in einem Batch-Prozess ausgeführt werden können. Dies sollen die gestrichelten Assoziationen illustrieren. So kann Beispielsweise eine Vorverarbeitung isoliert in einem Batch-Prozess durchgeführt werden. Unter der Vorverarbeitung eines Bildes wird die Vorbereitung auf eine Verarbeitung verstanden. Dies könnte beispielsweise eine Komprimierung der CT-Aufnahme beinhalten. Das Kapitel 2.2.2 Datensätze wies bereits auf eine enorme Größe der Mikro-CT-Aufnahmen hin und das diese dadurch schwer zu handhaben sind. Mittels Nachbearbeitung könnten dann auf dem erzeugten Ergebnis Analysen durchgeführt werden. Durch Betrachtung der Vor- und Nachverarbeitung anhand eines konkreten Beispiels, wird auch klar, dass es durchaus sinnvoll ist, die geplanten Schritte auch einzeln auszuführen.

Auf dieser Basis wurde eine voll funktionsfähige Anwendung implementiert, die es ermöglicht, Mikro-CT-Bilder effizient zu analysieren und zu segmentieren. Im Folgenden wird die entstandene Software im Detail vorgestellt, von der Benutzeroberfläche über die zentralen Funktionen bis hin zu den technischen Implementierungen.

6.2. Tooth Analyser

Im Rahmen dieser vorliegenden Arbeit ist eine Slicer Erweiterung, entstanden, die den Namen Tooth Analyser trägt und für die Forschung im Dentalbereich eingesetzt wird. In erster Linie können mit diesem Plug-in Mikro-CT-Aufnahmen anatomisch segmentiert werden. Das Modul schmiegt sich wie alle anderen Module gut in die Kernanwendung ein und ist auch für die aktuelle stabile Version von Slicer (v5.8.0) verfügbar. Neben der eigentlichen Implementierung ist auch ein Logo für das Plug-in entstanden, das es nach außen repräsentiert. Die Abbildung 6.2 zeigt dies.



Abbildung 6.2.: Logo der 3D Slicer Erweiterung "Tooth Analyser", welche im Rahmen dieser Arbeit entwickelt wurde. Logodesign: Dr. Elias Walter

Des Emblems des Tooth Analyser bildet einen Zahn ab, dessen Hauptsegmente (Schmelz, Dentin, Pulpa) mit den unterschiedlichen Farben (grün, gelb, orange) visualisiert werden. Dies verdeutlicht die Analogie zur anatomischen Segmentierung und lässt gleich vermuten, dass sich dieses Modul mit einer Segmentierung beschäftigt. Der Untertitel deutet konkret auf Mikro-CT-Aufnahmen hin.

Wurde der Tooth Analyser installiert, so ist er über den Menüpunkt *Module* in Slicer auswählbar. Hier wird er in dem Unterpunkt *Segmentierung* eingruppiert, was ein weiteres Indiz auf die grobe Funktionalität liefert. Wird also der Tooth Analyser gestartet so erhält man die Ansicht der Kernanwendung mit der entsprechenden UI. Die Abbildung 6.3 soll genau diese Ansicht verdeutlichen.

Die Ansicht zeigt die Kernanwendung (rechts die verschiedenen Fenster) und die UI des jeweiligen Moduls. Die Kernanwendung kann auch als Szene beschrieben werden und übernimmt alle generischen Handhabungen der Bilder. Neben den Szenen ist auch immer eine Sidebar zu sehen, welche die UI des jeweiligen Moduls abbildet. Im Falle der Abbildung 6.3 ist es die UI des Tooth Analyser. Das manuelle Laden eines Bildes in die Szene ist Teil der Slicer Kernanwendung und nicht Teil der Modullogik. Das bereits geladene Bild ist demnach unabhängig vom der Tooth Analyser entstanden. Betrachtet man die Benutzerschnittstelle genauer, so fällt sofort auf, dass diese in vier Bereiche

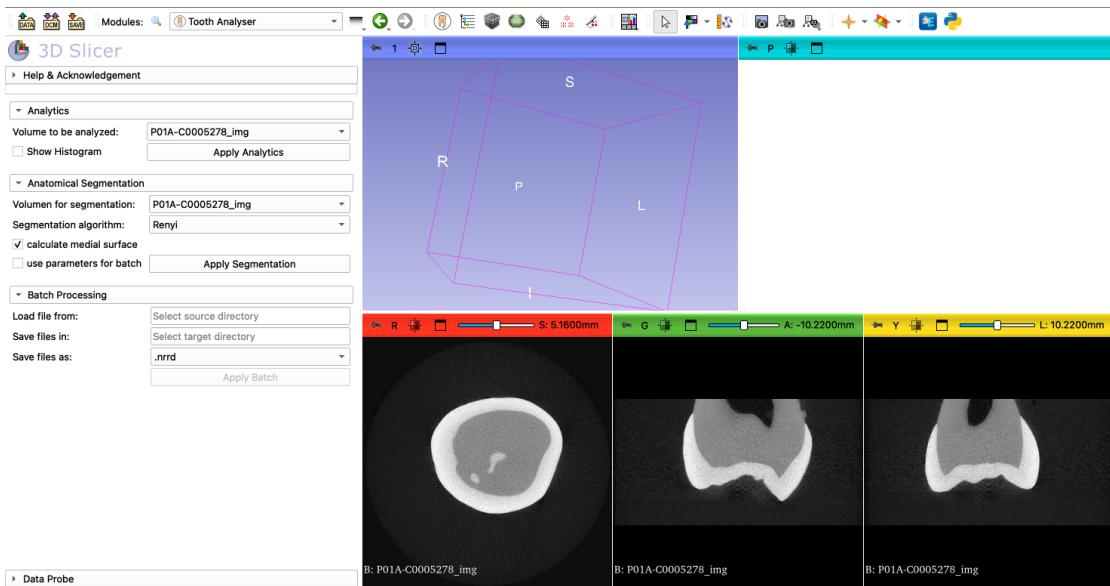


Abbildung 6.3.: Startansicht der Erweiterung *Tooth Analyser* bevor ein Verfahren gestartet wurde

unterteilt ist. Diese Aufteilung in Bereiche ist ein Ergebnis der Recherche und dabei eine gute Konvention in der Welt von 3D Slicer. Der Bereich *Help and Acknowledgement* stellt Hilfen und Informationen über das Modul bereit. Über diesen Abschnitt ist auch die offizielle Dokumentation über dieses Modul erreichbar. Zu beachten ist, dass dieser Bereich nicht eigens für den *Tooth Analyser* entwickelt wurde. Es handelt sich hier um eine Funktionalität, die automatisch allen SEM zur Verfügung steht. Die übrigen Abschnitte sind Funktionen, die spezifisch für den *Tooth Analyser* entwickelt wurden. Hier spiegelt sich auch der strukturelle Aufbau wider, den der *Tooth Analyser* verfolgt und in Kapitel 6.1 beschrieben wurde. Jede Funktionalität kann separat ausgeführt werden. Bevor genauer auf die Funktionalitäten des *Tooth Analyser* eingegangen wird, sei zunächst auf die Abbildung 6.4 verwiesen, welche die Ergebnisanansicht zeigt.

Der Analysebereich des *Tooth Analyser* ermöglicht es das Histogramm eines gegebenen Bildes zu erstellen. Dies ist besonders interessant, wenn ein Algorithmus für die anatomische Segmentierung ausgewählt werden muss. Diese Algorithmen sind Schwellwertverfahren, die das Histogramm eines Bildes betrachten, um es zu segmentieren. Das erstellte Histogramm ist rechts oben in der Abbildung 6.4 zu erkennen. Es wird in einem *Plot node* dargestellt und kann über diesen auch verändert werden. Hierzu ist die Pinnadel im Fenster des Plot-Knotens zu wählen. Durch die Speicherfunktion der Kernanwendung kann der Plot auch problemlos gespeichert werden. Bevor die Analysen erstellt werden können, müssen Parametereinstellungen gewählt werden. Hierbei ist der wichtigste Parameter der, indem das konkrete Bild ausgewählt wird. Bei diesem Parameter handelt

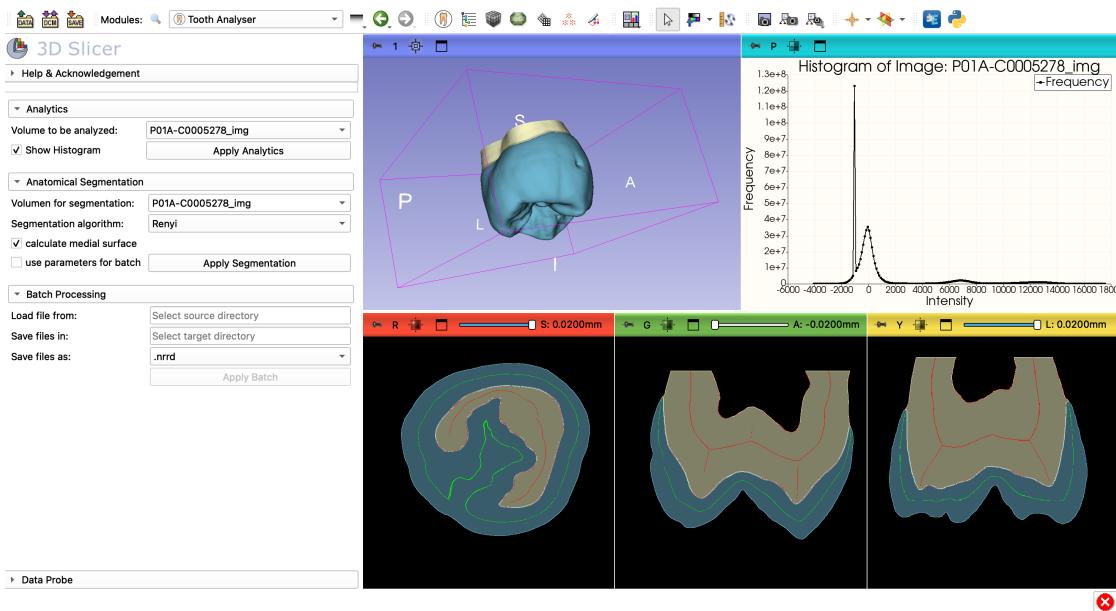


Abbildung 6.4.: Ergebnisansicht der Erweiterung Tooth Analyser, nachdem die Analysen und die anatomische Segmentierung erstellt wurden

es sich um ein Dropdown, indem nur Bilder mit dem Typ `vtkMRMLScalarVolumeNode` ausgewählt werden können. Dies trägt zur Stabilität und Ausfallsicherheit des Systems bei und sorgt dafür, dass nicht jedes beliebige Bild geladen werden kann. Ist keine CT-Aufnahme ausgewählt, so bleibt der Button zum Starten der Analysen deaktiviert. Wird ein Bild in die Szene geladen, während der Parameter für das zu analysierende Bild leer ist, wählt der Tooth Analyser automatisch das Bild aus, dass als Erstes in die Szene geladen wurde. So spart der Benutzer einige Klicks. Durch die Checkbox *Show Histogram* wird der Erweiterung signalisiert das beim Starten der Analysen ein Histogramm des übergebenen Bildes erstellt werden soll.

Die Hauptfunktionalität des Tooth Analyser ist die anatomische Segmentierung welche in Kapitel 2 detailliert erläutert wurde. Die konkreten Ergebnisse dieser Segmentierung sind in der Abbildung 6.4 in den Fenstern (blau, rot, grün, gelb) zu sehen. Neben der eigentlichen Segmentierung sind auch hier die medialen Flächen für die Segmente Dentin (rot) und Schmelz (grün) gut sichtbar. Hinzu kommt ein 3D Modell, das auf Basis der erstellten Segmentierung generiert wurde und nur der Visualisierung dient. Ein Abspeichern dieses 3D-Modells als Netz ist nicht möglich. Um überhaupt eine anatomische Segmentierung eines Zahnes erstellen zu können, sieht der Algorithmus zunächst drei Parameter vor, die eingestellt werden müssen. Um die Komplexität gering zu halten, wurde bewusst auf viele Parameter verzichtet. Ähnlich wie bei den Analysen ist auch hier die Wahl des zu segmentierenden Volumens der entscheidende Parameter.

Dessen Bedeutung gleicht der Analysen, insbesondere in Bezug auf das Verhalten. Damit schnell ein Ergebnis generiert werden kann, wurde für die übrigen zwei Parameter eine Vorauswahl definiert, die zum vollen Ergebnisumfang des Tools führt. So ergibt sich die Situation, dass nach dem Laden eines CTs in die Szene nur auf den Button für das Ausführen gedrückt werden muss, damit eine anatomische Segmentierung erstellt wird. Dies nimmt dem Benutzer viel Arbeit ab und sorgt für eine gute Benutzererfahrung (UX). Sind jedoch Einstellungen in den Parametern gewünscht, so können diese natürlich getätigt werden. Über den Parameter *Segmentation algorithm* kann das entsprechende Schwellwertverfahren gewählt werden, mit dem der Zahn segmentiert werden soll. Dies mag nur geringfügig eine Änderung auf die Ergebnismenge ausmachen, kann aber dennoch wichtig sein. Die Checkbox *calculate medial surface* ermöglicht eine optionale Erstellung der medialen Flächen. Wird diese Funktion ohnehin nicht gebraucht, so kann diese hier ausgelassen werden und damit Laufzeit eingespart werden.

Die letzte Funktionalität, die geboten wird, stellt kein neues Verfahren dar, sondern nur eine andere Art der Ausführung. Die Rede ist hier von einem Batch Modus, der nicht nur ein Bild segmentiert, sondern das Verfahren der anatomischen Segmentierung auf eine ganze Reihe an Bildern anwendet. Um diesen Modus aktiv zu schalten, muss neben den Parametern im Abschnitt *batch* auch die Checkbox *use parameters for batch* aktiviert werden. Der Tooth Analyser überträgt dann die aktuellen Parametereinstellungen der anatomischen Segmentierung an den Batch Modus. Um dann den Batch Modus ausführen zu können, müssen noch zwei Pfade angegeben werden, die jeweils zu einem Ordner führen. Diese beiden Pfade teilen sich auf in *source* und *target* und geben an, wo die Daten liegen, die segmentiert werden soll und wo die segmentierten Daten auf der Festplatte gespeichert werden. Abschließend ist hier noch zu wählen in welchem Typ die erstellten Daten abgespeichert werden sollen. Hierbei kann der Tooth Analyser zwischen den Typen Nearly Raw Raster Data (NRRD), Neuroimaging Informatics Technology Initiative (NIfTI) und MHD unterscheiden. Bei diesem Feature ist zu beachten, dass nach Erfolgreichem ausführen keine Daten in der Slicer Szene geladen werden. Der Prozess läuft im Hintergrund und ist bis auf die Parametereinstellung über die UI komplett getrennt von Slicer. Nach Ende des Batch Modus wird in dem angegebenen Zielordner ein Unterordner erstellt, der alle Dateien der segmentierten Bilder enthält. Hierfür sieht der Tooth Analyser weitere Unterordner für jedes segmentierte Bild vor. Ein automatisches Laden aller segmentierten Bilder nach dem Batch Prozess ist nicht implementiert, sodass der erstellte Ordner mit allen Segmentierungsdaten manuell über den Import geladen werden muss.

Wird nun eines der bereitgestellten Verfahren ausgeführt, so wechselt der Tooth Analyser in einen sogenannten *Processing Mode*. Dieser soll in erster Linie dem Benutzer signalisieren, dass aktuell ein Prozess ausgeführt wird. Hierzu sei auf die Abbildung 6.5 verwiesen.

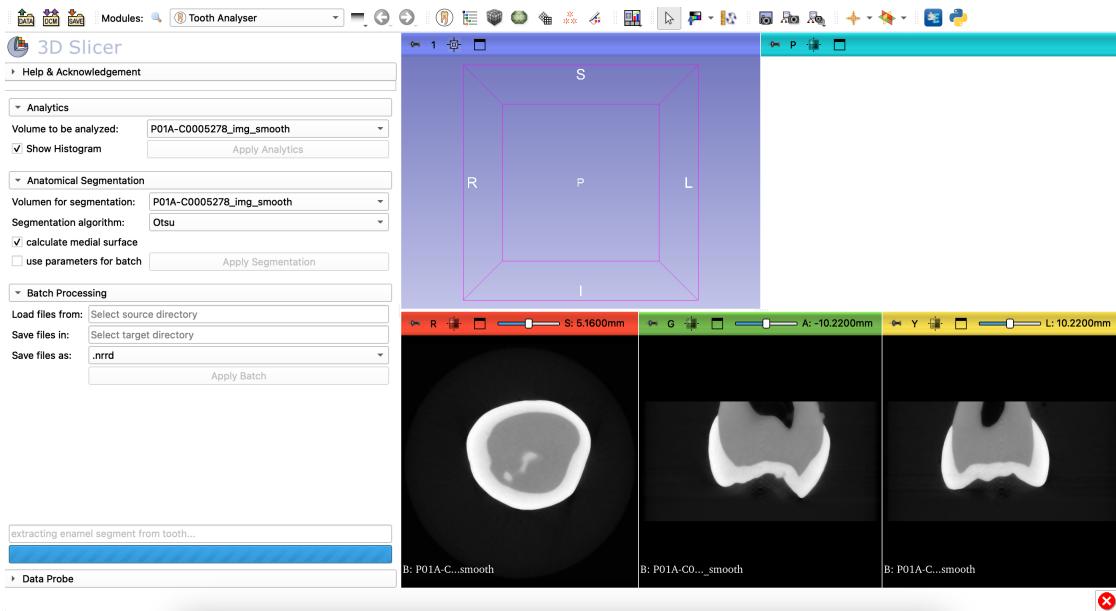


Abbildung 6.5.: Ansicht des Moduls Tooth Analyser während der Ausführung eines Verfahrens

Mit dem Start eines Verfahrens wechselt der Tooth Analyser automatisch in einen Ausführungsmodus. Dieser deaktiviert die Buttons zum Ausführen eines Algorithmus. Des Weiteren wird am unteren Rand des Moduls eine Fortschrittsanzeige mit Statusleiste angezeigt, um dem Benutzer mitzuteilen, in welchem Schritt er sich befindet. Der Cursor ändert innerhalb der Anwendung dann den Modus auf "warten". Hierbei ist zu beachten, dass Slicer selber während der Ausführung nicht bedient werden kann, da die Ressourcen des Prozesses für den laufenden Algorithmus verwendet werden. Die Dokumentation von Slicer empfiehlt hier auch kein parallelisieren der Anwendung, da dies zu GUI Fehlern führen würde. Der Benutzer muss also die Zeit abwarten. Treten während der Bedienung der Software noch weitere Fehler auf, so verfügt der Tooth Analyser auch über eine ausführliche Dokumentation. Diese ist im öffentlichen Repository der Erweiterung einsehbar und in vier kleine Dokumentationen gegliedert (vgl. Procida 2017). Der Link zur Dokumentation ist dem Anhang zu entnehmen.

Die Abspeicherung der segmentierten Daten und der medialen Flächen erfolgt in den Gruppen anatomische_Segmentierung und Medial_Surface. Der Inhalt dieser Gruppen ist das jeweilige Segment. Das originale Bild bleibt unverändert und liegt bei. Diese Struktur ist über das Modul Data einsehbar. Ein Ausschnitt dieser Abspeicherung sei in Abbildung 6.6 gezeigt.

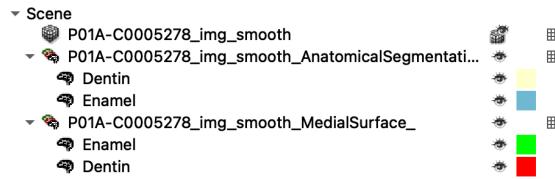


Abbildung 6.6.: Ansicht des Moduls Tooth Analyser während der Ausführung eines Verfahrens

Da neben der reinen Erstellung noch weitere Anforderungen an die Erweiterung gegeben waren, beschäftigt sich die nächsten Kapitel tiefer mit den softwaretechnischen Aspekten des Tooth Analyser. Hierzu sollen auch die einzelnen Teilaufgaben, die zu Beginn definiert wurden, wieder aufgegriffen werden.

6.3. Tooth Analyser Bibliothek

Eine dieser Teilaufgaben beschäftigte sich mit der Integration der anatomischen Segmentierung welches prototypisch als Python-Notebook bereitgestellt wurde. Dieses Notebook funktioniert, war aber nicht gut strukturiert. So viel es schwer den Überblick darin zu bewahren und das Verfahren gut nachzuvollziehen. Die gute Quelltextdokumentation kompensiert dies etwas. Für das von Herrn Hofmann entwickelte Verfahren wurde demnach ein eigenes Python-Modul erstellt. Somit konnte der Algorithmus von Aktivitäten in Slicer gut getrennt werden. Das Verfahren selber wurde gut strukturiert in Funktionen gekapselt, sodass schnell erkannt werden kann, in welchem Kontext gerade gearbeitet wird. Die einfache Quelltextkommentierung wurde als Dokumentationsblock an die jeweilige Funktion gehängt. Um die Einordnung des Moduls für die anatomische Segmentierung besser einordnen zu können, sei die Projektstruktur hier gezeigt.

```

1 | -- ToothAnalyser
2 |   | -- CMakeLists.txt
3 |   | -- Testing
4 |   | -- Resources
5 |   | -- ToothAnalyser.py
6 |   | -- ToothAnalyserLib
7 |   |   | -- NewFunction
8 |   |   | -- AnatomicalSegmentation
9 |   |   |   |-- __init__.py
10 |   |   |   |-- Segmentation.py
11 |   |   |   |-- isq_to_mhd.py

```

6.1.Listing.: Projektstruktur des Moduls Tooth Analyser mit Fokus auf die ToothAnalyserLib

Zu sehen ist der Ordner `ToothAnalyser`, der alle Dateien beinhaltet, die für das Modul relevant sind. Die Datei `ToothAnalyser.py` ist das Hauptskript und stellt die Anbindung an Slicer dar. Außerdem ist der Ordner `ToothAnalyserLib` zu finden, der den ganzen externen Quellcode für das Modul beinhaltet, so auch die anatomische Segmentierung. Kommen in Zukunft weitere Funktionen dazu, kann diese Bibliothek problemlos um neue Funktionen erweitert werden. Dies symbolisiert der Ordner `NewFunction`. Soll eine Funktion aus dieser Bibliothek verwendet werden, so kann dies im Modul `ToothAnalyser.py` einfach über den folgenden Befehl erfolgen.

```
1 from ToothAnalyserLib.AnatomicalSegmentation.Segmentation import
  (loadImage, isSmoothed)
```

6.2.Listing.: Importieren von Funktionen aus der Bibliothek des Tooth Analyser

Betrachtet man das Python-Paket der anatomischen Segmentierung genauer, so fällt auf, dass es sich in zwei Module teilt. Im Modul `Segmentation.py` befinden sich alle Funktionen, die zum Ausführen der Pipeline für die anatomische Segmentierung notwendig sind. Darüber hinaus finden auch einige Hilfsfunktionen Platz. Das Modul `isq_to_mhd.py` liefert das Skript, mit dem Dateien im Format ISQ in eine MHD Datei umgewandelt werden können. Die Verwendung der Methode wurde bereits im Kapitel 2.2.2 Datensätze genauer beschrieben. Für die Anwendung im Tooth Analyser wurde diese Methode leicht modifiziert.

```
1 def isq_to_mhd_as_string(isq_file_name) -> str:
2     mhd_param, offset, grey_range = _read_isq_param(
3         isq_file_name)
4     mhd_param['ElementDataFile'] = isq_file_name
5
6     # Use a StringIO buffer to construct the MHD content
7     mhd_buffer = StringIO()
8     for key, value in mhd_param.items():
9         mhd_buffer.write(f'{key}={value}\n')
10    return mhd_buffer.getvalue()
```

6.3.Listing.: Modifizierte Methode zum erstellen einer mhd-Datei aus einem ISQ-Format

Der Quellcode aus 6.3 zeigt, dass statt einer Abspeicherung auf der Festplatte ein Pufferspeicher genutzt wird (Zeile acht). Anstatt dann auf die abgespeicherte Daten zu verweisen, wird einfach der Pufferspeicher ausgelesen (Zeile neun).

Nachdem zu Beginn ein Gesamtüberblick über die Ergebnisse gewonnen wurde und damit das Modul `Tooth Analyser` eingeführt wurde, folgen nun die Lösungen der restlichen Teilaufgaben in Form von Implementierungsdetails.

6.4. Softwarekonzeptionen

Die ausgearbeiteten Konzeptionen bilden überwiegend die Ergebnisse der in 5.4 beschriebenen Teilaufgaben. Konkret soll das bedeuten, dass hier konzeptionell gezeigt wird, wie die softwaretechnischen Aspekte aus den Anforderungen umgesetzt wurden. Hierzu soll zunächst das Design-Klassendiagramm betrachtet werden, das sich aus dem Domänenmodell in Abbildung 5.1 ableiten lässt. Zu beachten ist hier, dass es sich bei den Diagrammen in Abbildung 6.7 und 6.8 um einen Ausschnitt handelt. Das vollständige Design-Klassendiagramm ist dem Anhang zu entnehmen.

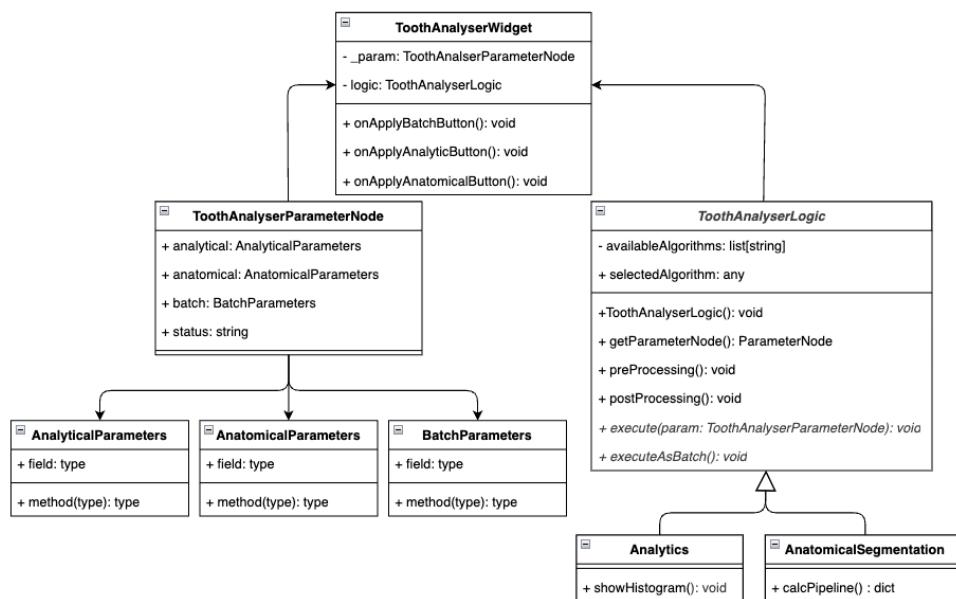


Abbildung 6.7.: Ausschnitt aus dem Klassendiagramm für den Tooth Analyser

Wie der weitere Verlauf des Kapitels zeigen wird, ist die Erweiterung unter anderem über die Klassen `ToothAnalyserWidget` und `ToothAnalyserLogic` in das Kernsystem eingebunden. Den Zentralen Punkt bildet dabei die Widget-Klasse. Sie hält auf der einen Seite alle Parameter der verschiedenen Funktionen und auf der anderen Seite die dazugehörigen Logiken. Des Weiteren bildet diese Klasse die gesamt UI des Tooth Analyser ab, was unter anderem das Laden der UI mit einschließt. Die UI des Tooth Analyser wurde mit der Software QT-Designer erstellt und dann mittels einer Methode in die Anwendung geladen. Wie auch schon im Kapitel 6.2 beschrieben teilt sich die UI auch hier sichtbar in unterschiedliche Teile auf. Betrachtet man nun Abbildung 6.7 so fällt auf, das für jeden Funktionsbereich eine eigene Parameterklasse erstellt wurde, die dann wiederum in der Klasse `ParameterNode` zusammengefasst werden. Dies stellt

eine gute Erweiterbarkeit der UI um zusätzliche Parameter sicher. Es wurde an dieser Stelle bewusst keine Generalisierung verwendet, da Slicer genau diesen konzeptionierten Mechanismus vorsieht. Auf der anderen Seite der Struktur finden sich die Logikklassen. Die verschiedenen Logiken die aktuell und zukünftig den Tooth Analyser ausstatten, verwenden alle dieselbe Schnittstelle, die über die Klasse `ToothAnalyserLogic` bereitgestellt wird. Sollen also in Zukunft weitere Funktionen hinzukommen, so kann hier einfach eine weitere Klasse an die Schnittstelle angehängt werden. So entsteht etwas, das man in der Fachliteratur als *Strategy Pattern* bezeichnetet (vgl. Siebler 2014, S. 99). Der Benutzer der Software wählt also über die verschiedenen Buttons aus, welche Strategie er gerade nutzen will. Der Tooth Analyser sorgt dann dafür, dass auch die richtige Funktion geladen wird. Das Feature für den Batch Modus funktioniert nach einem anderen Schema. Da dieser Modus auch für alle zukünftigen Funktionen gelten soll, wird dieser nicht als eigene Strategie, sondern direkt in der Schnittstelle bereitgestellt. So ist sichergestellt, dass eine Implementierung erfolgen muss, sie jedoch für alle Strategien unterschiedlich sein kann. Um noch etwas genauer zu zeigen, welche Schritte notwendig sind um den Tooth Analyser mit weiteren Funktionen auszustatten sei auf Abbildung 6.8 verwiesen. Hier wird deutlich, welche Klassen und Methoden erstellt werden müssen.

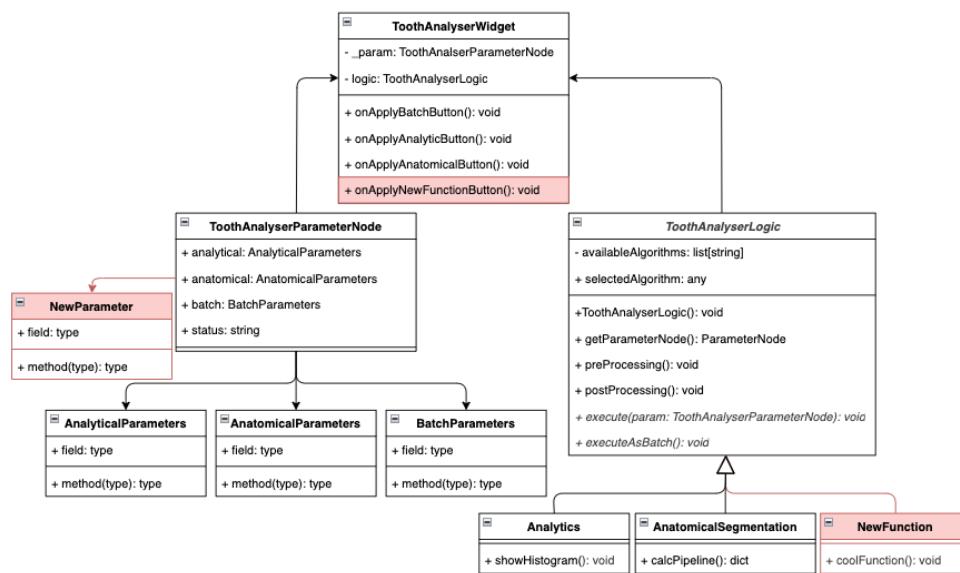


Abbildung 6.8.: Hinzufügen neuer Funktionen zum Tooth Analyser mittels des Klassendiagrammausschnitts

Wie bereits zu erkennen ist, signalisieren die roten Elemente die Punkte, an denen die Funktionalität erweitert werden kann. Um einen noch genaueren Einblick in die Strukturen zu geben, geht das nachfolgende Kapitel noch einen Schritt weiter und geht auf konkrete Implementierungsdetails ein.

6.5. Softwarearchitektur

Zu Beginn sei gesagt, dass dieses Kapitel nicht alle Funktionen detailliert beschreibt, sondern sich auf die wichtigsten Funktionen und Methode des Tooth Analyser beschränkt. Auf Basis des Klassendiagramms aus Abbildung 6.7 lässt sich eine grobe Übersicht über die wichtigsten Klassen gewinnen. Tabelle 6.1 fasst diese Übersicht zusammen. Die Reihenfolge gibt eine grobe Orientierung bezüglich der Wichtigkeit.

Klassen	Beschreibung
ToothAnalyser	Klasse für den Abschnitt Hilfe
ToothAnalyserWidget	Die UI-Klasse mit Anbindung an das Kernsystem
ToothAnalyserLogic	Die Logik-Schnittstelle

Tabelle 6.1.: Wichtige Klassen und Methoden im Tooth Analyser, die von *ScriptedLoadableModule* erben

Die drei Klassen aus der eben gezeigten Tabelle werden von der Slicer Dokumentation grob vorgeschrieben, und bilden somit den Kern der Erweiterung. Alle drei erben von der Klasse *ScriptedLoadableModule* und stellen so die Anbindung an das Kernsystem sicher. Die Klasse *ToothAnalyser* bildet hierbei den Abschnitt *Help and Acknowledgment*, den jedes Modul mitbringen muss. Dort enthalten sind alle wichtigen Metainformationen über das konkrete Modul. Der nachfolgende Ausschnitt eines Quelltextes zeigt grob den Aufbau dieser Klasse.

```

1 class ToothAnalyser(ScriptedLoadableModule):
2     def __init__(self, parent):
3         ScriptedLoadableModule.__init__(self, parent)
4         self.parent.title = _("ExtensionName")
5         self.parent.categories = ["categories"]
6         self.parent.dependencies = ["moduels"]
7         self.parent.contributors = ["author"]
8         self.parent.helpText = _("help")
9         self.parent.acknowledgementText = _("ackn.")
```

6.4.Listing.: Grober Aufbau der Klasse *ToothAnalyser* nach der Slicer Dokumentation

Direkt in Zeile eins ist zu sehen, dass die Klasse eine Generalisierung der Klasse *ScriptedLoadableModule* ist. Über diese Elternklasse wird die Integration in die Slicer Kernanwendung sichergestellt. Innerhalb des Konstruktors der Klasse werden unterschiedliche Felder angelegt, welche die verschiedenen Texte widerspiegeln sollen. Zu Beachten ist noch, dass die Felder die einen einfachen String erwarten, in einer unscheinbaren Methode *_()* gekapselt sind. Diese Methode ist Teil des Slicer Python-Framework und sorgt dafür, dass automatisch der Kontextname gewechselt wird. Über

bekannte Html-Tags können auch Bilder oder Hyperlinks eingebaut werden, welche auf Screenshots oder Dokumentationen verweisen.

Die Klasse `ToothAnalyserWidget` bildet die gesamte Benutzerschnittstelle der Erweiterung ab und kümmert sich gleichzeitig um das Zusammenspiel zwischen Logik und Parameter. Hierfür hat die Widget-Klasse Zugriff auf alle Parameter und auf die Logik-Schnittstelle. Das nachfolgende Listing zeigt einen groben Aufbau der Felder innerhalb der Klasse `ToothAnalyserWidget`.

```

1 class ToothAnalyserWidget(ScriptedLoadableModuleWidget):
2     def __init__(self, parent=None) -> None:
3         ScriptedLoadableModuleWidget.__init__(self, parent)
4         self.logic = None
5         self._param = None

```

6.5.Listing.: Verteilung der Felder in der Klasse Widget-Klasse

Wie auch schon die Klasse `ToothAnalyser` ist auch die Widget-Klasse eine Kindklasse. Der Konstruktor dieser Klasse wird jedes Mal aufgerufen, wenn der Benutzer zum ersten Mal nach dem Start von Slicer das Modul aufruft. Neben dem Konstruktoraufgriff der Elternklasse werden auch die Parameter und die Logik-Schnittstelle initialisiert. So ergibt sich die Situation, dass die UI die aktuellen Parametereinstellungen abfragt und sie an die Logik weiterleitet.

Neben der Steuerungsaufgabe erstellt die Widget-Klasse auch die UI aus der UI-Datei bereit. Da diese unter der Haube ein XML Format aufweist, kann diese einfach in das Modul hineingeladen werden. Der Quellcode aus 6.6 zeigt dies.

```

1 def createUI(self) -> any:
2     uiWidget = slicer.util.loadUI(self.resourcePath("UI/W.ui"))
3     self.layout.addWidget(uiWidget)
4     self.ui = slicer.util.childWidgetVariables(uiWidget)
5     return uiWidget

```

6.6.Listing.: Laden der UI in das Modul `ToothAnalyser`

Mittels der Bibliothek `slicer` lässt sich hier die Datei für die UI laden. Diese Datei liegt im Ordner *Resources* sodass der Pfad zu diesem Ordner mit der Methode `self.resourcePath()` ausgelesen werden kann. Als Argument kann dann der Name der Datei angegeben werden. In diesem Fall existiert noch ein Unterordner mit der entsprechenden Datei (`UI/W.ui`).

Ein weiterer nennenswerter Punkt in der Klasse `ToothAnalyserWidget` sind die eventbasierten Methoden. Diese sorgen dafür, dass auf bestimmte Aktionen in der Anwendung

reagiert werden kann. Der Tooth Analyser hat in der Widget-Klasse mehrere solcher Event-Methoden, die hier genannt werden.

enter(), wird immer ausgeführt, wenn der Benutzer das Modul öffnet
exit(), wird immer ausgeführt, wenn der Benutzer ein anderes Modul öffnet
onSceneStartClose(), wird immer ausgeführt, kurz bevor das Modul geschlossen wird
onSceneEndClose(), wird ausgeführt, nachdem das Modul geschlossen wurde
observeParameter(), wird ausgeführt, wenn der Benutzer Änderungen an der UI macht

Die Methode *observeParameter()* ist hierbei sehr interessant und verdient besondere Betrachtung. Die Methode ist eine Beobachtungsmethode, die an ein Event gekoppelt ist, dass sich *ModifiedEvent* nennt. Dieses Event wird immer ausgelöst, wenn der Benutzer Änderungen in der Slicer UI macht. Dies umschließt nicht nur das Modul. Wird also solch ein Event gefeuert, so wird die Methode *observeParameter()* aufgerufen. Das Listing 6.7 zeigt diese Methode:

```

1 def observeParameters(self, caller=None, event=None) -> None:
2     self.handleApplyBatchButton()
3     self.handleApplyAnalyticsButton()
4     self.handleApplyAnatomicalButton()

```

6.7.Listing.: Methode zum Beobachten von Änderungen in der Benutzerschnittstelle

Die Methode verfügt über die Parameter *caller* und *event*. Mittels diesen Parametern kann der Auslöser des Events und die Art des Events bestimmt werden. So könnte man verschiedenen Aktionen auf verschiedene Events ausführen. Innerhalb des Tooth Analyser wird diese Methode genutzt, um die Klick-Logik der Buttons abzubilden. Die Methoden *handleApply<...>Button()* steuern jeweils die Sichtbarkeiten der einzelnen Buttons. Immer wenn der Benutzer dann Änderungen an der UI durchführt, wird die Logik innerhalb dieser Methode aus Listing 6.7 aktualisiert.

Die letzte der wichtigen Klassen bildet die Logik-Schnittstelle, wie sie in Tabelle 6.1, Zeile drei genannt wurde. Diese Schnittstelle ist der zentrale Punkt aller aktuellen und zukünftigen Logikklassen. Jede Klasse, die einen speziellen Algorithmus implementiert, muss dieses Interface implementieren. So wird sichergestellt, dass alle Algorithmen nach dem gleichen Aufbau eingebaut werden. Dies sorgt für ein einheitliches Vorgehen. Das Listing 6.8 zeigt diese eben beschriebenen Schnittstelle und soll diese so genauere beleuchten.

```

1 class ToothAnalyserLogic(ScriptedLoadableModuleLogic):
2     def __init__(self) -> None:
3         ScriptedLoadableModuleLogic.__init__(self)
4
5     def getParameterNode(self) -> ToothAnalyserParameterNode:
6         return ToothAnalyserParameterNode(super().
7             getParameterNode())
8
9     def preProcessing(self) -> None:
10        """Implement pre processing here"""
11        pass
12
13    def postProcessing(self) -> None:
14        """Implement post processing here"""
15        pass
16
17    def execute(self, param: ToothAnalyserParameterNode) -> None:
18        """Abstract method"""
19        raise NotImplementedError("Please_implement_this")
20
21    def executeAsBatch(self, param: ToothAnalyserParameterNode)
22        -> None:
23        """Abstract method"""
24        raise NotImplementedError("Please_implement_this")

```

6.8.Listing.: Die Logik-Schnittstelle des Tooth Analyser

Auch die dritte der wichtigen Klassen erbt von einer übergeordneten Klasse und verfügt so über deren Funktionen. Die Schnittstelle verfügt über drei Methoden, die eine Standardimplementierung haben und direkt im Interface implementiert werden. Die Methode `getParameterNode()` sorgt dafür, dass alle Parameter des Moduls zur Verfügung stehen und verwendet werden können. `preProcessing()` und `postProcessing()` sind für eine Vor- und Nachverarbeitung des entsprechenden Bildes verantwortlich. Die Vorverarbeitung könnte beispielsweise eine Komprimierung des Bildes beinhalten, wohingegen die Nachbereitung Analysen auf dem Ergebnis anstoßen könnte. Im Rahmen dieser vorliegenden Arbeit wurden für die Methoden `preProcessing()` und `postProcessing()` keine Methodenrümpfe gebaut. Eine mögliche zukünftige Implementierung ist im Kapitel 9 zu finden. Die beiden noch übrigen Methoden `execute()` und `executeAsBatch()` sind abstrakte Methoden, die eine Implementierung in den jeweiligen Unterklassen erfordern. Dabei bilden beide Methoden zentrale Punkte. Innerhalb dieser Methoden soll der entsprechende Algorithmus der Klasse ausgeführt und gestartet werden. Einmal mit nur einem Bild und anschließender Visualisierung in der Slicer Szene und einmal als Batch ohne Visualisierung.

Neben den drei Hauptklassen, die auch die Integration in das Kernsystem von 3D Slicer

sicherstellen, verfügt der Tooth Analyser auch über einen Mechanismus, der die Kommunikation zwischen der Benutzerschnittstelle und dem Quellcode der Erweiterung realisiert. Für das Erstellen einer UI, die für eine Slicer Erweiterung notwendig 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). Diese bietet so die Möglichkeit die benötigten Widgets über eine interaktive Benutzerschnittstelle zu bauen. Für diese UI-Vorrichtung 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-Knoten um Parametereinstellungen zu speichern. Durch das Zusammenspiel zwischen UI und *ParameterNode* wird die UI automatisch aktualisiert, wenn sich das Programm ändert (vgl. 3D Slicer Community 2024).

Das Erstellen der Verknüpfung zwischen UI-Widget und *ParameterNode* erfolgt über die dynamische Eigenschaft *SlicerParameterName*, die direkt in der Komponentenansicht im Qt-Designer einstellbar ist. Die Abbildung 6.9 soll diesen Vorgang verdeutlichen. Dabei ist es wichtig, dass genau diese Eigenschaft auch verwendet wird.

```

1 @parameterNodeWrapper
2 class ToothAnalyserParameterNode:
3     batch: Batch
4     status: str = ""

```

6.9.Listing.: Ausschnitt des Parameter Knoten im Quellcode des Tooth Analysers, der mit der UI über den Parameter *SlicerParameterName* gekoppelt ist

▼ QLine古代	
► inputMask	
► text	
maxLength	32767
frame	✓
echoMode	Normal
cursorPosition	0
► alignment	AlignLeft, AlignVCe...
dragEnabled	■
readOnly	■
► placeholderText	
cursorMoveStyle	LogicalMoveStyle
clearButtonEnabled	■
▼ Dynamic Properties	
► SlicerParameterName	status

Abbildung 6.9.:
Komponentenansicht der Komponente *status* im QT-Designer

Betrachtet man erst das Feld *status* im Quellcode 6.9 und dann den Parameter *SlicerParameterName* in der Abbildung 6.9, so fällt auf, dass diese einheitliche Benennung die UI mit dem Quellcode verbindet. Dabei ist es wichtig, dass genau dieser Parameter Name für die dynamische Eigenschaft verwendet wird.

Nachdem die Implementierung der wichtigsten Komponenten isoliert besprochen wurden, soll der Abschluss des Kapitels noch genauer beleuchten, wie die unterschiedlichen Klassen und Komponenten untereinander interagieren.

Um die Architektur des Tooth Analyser noch genauer nachvollziehen zu können, soll abschließend in diesem Kapitel das Zusammenspiel genauer betrachtet werden. Hierbei

geht es um die Abfolge von Methoden, die zum Starten eines Verfahrens notwendig sind. Dafür sei auf die drei nachfolgenden Quellcodeblöcke verwiesen, die jeweils einen Teilbereich an Funktionalität bereitstellen.

Zu Beginn werden in 6.10 die Parameter angelegt. Diese können sich noch in weitere Klassen aufteilen, sodass die Parameter unterschiedlicher Funktionen in unterschiedlichen Klassen zu finden sind. Siehe auch 6.7 Klassendiagramm.

```

1 @parameterNodeWrapper
2 class ToothAnalyserParameterNode:
3     analytical: AnalyticalParameters
4     anatomical: AnatomicalParameters
5     batch: Batch
6     status: str = ""

```

6.10.Listing.: Die Parameter des Tooth Analyser, die als Attribut in der Widget-Klasse liegen

Die Klasse `ToothAnalyserParameterNode` speichert die Benutzereinstellungen und ist mit der UI-Datei aus dem QT-Designer gekoppelt. Um diese Kopplung herzustellen wird die Klasse mit dem *Decorator* `@parameterNodeWrapper` versehen. Die Klasse `ToothAnalyserWidget` hat vollen Zugriff auf die Parameter Klasse und kann sie verwenden. Diese Verwendung ist in 6.11 zu sehen.

```

1 def onApplyAnatomicalButton(self) -> None:
2     self.activateComputingMode(True)
3     with slicer.util.tryWithErrorDisplay(_("Failed")):
4         try:
5             AnatomicalSegmentationLogic.execute(self._param)
6         except:
7             slicer.util.errorDisplay(_("Error"))
8     self.activateComputingMode(False)

```

6.11.Listing.: Starten des Algorithmus durch den Aufruf der `execut()` Methode in der Widget-Klasse. Die Parameter werden mit übergeben

Mit dem Zugriff auf die Parameter kann die Widget-Klasse den entsprechenden Algorithmus starten und die Parametereinstellungen dafür übergeben. Dies wird in der Methode `onApply()` realisiert, welche in der Klasse `ToothAnalyserWidget` liegt. Die Methode sorgt außerdem dafür, dass der Algorithmus in einer sicheren Umgebung gestartet wird. Sollte es bei der Ausführung zu unerwarteten Fehlern kommen, so bricht der Tooth Analyser den Vorgang mit einer Fehlermeldung ab. Um die Ausführung in der entsprechenden Logikklasse genauer zu betrachten, sei hier auf den nachfolgenden Quellcode verwiesen.

```

1 @classmethod
2 def execute(cls, param: ToothAnalyserParameterNode) -> None:
3     toothDict = cls.calcPipeline(
4         sourcePath=sourcePath,
5         calcMidSurface=param.anatomical.calcMidSurface,
6         param=param,) 
```

6.12.Listing.: Ein Ausschnitt der Methode `execute()`, welche die Pipeline für das Verfahren startet und in der Widget-Klasse durch den Apply-Button aufgerufen wird

Die Methode `execute()` aus 6.12, welche die Schnittstelle vorschreibt, bekommt die Parametereinstellungen des Benutzers über das Argument. Somit ist während der Ausführung ein voller Zugriff auf die Parameter gewährleistet. Ist die Methode `execute()` vollständig durchgelaufen, so kommt das Verfahren zum Ende.

Fasst man dieses Vorgehen kurz zusammen, lässt sich sagen, dass die Parameter, die im Parameter Knoten gespeichert werden wie bereits beschrieben als Attribut in der Klasse `ToothAnalyserWidget` liegen. Wenn ein Button zum Ausführen der entsprechenden Logik gedrückt wird, wird die Methode `execute()` ausgeführt und alle Parameter als Argument mit übergeben.

Nach der konkreten Umsetzung der Erweiterung und der Implementierungsdetails, kann Schritt für Schritt mit der Evaluation der Ergebnisse begonnen werden. Ein wichtiger Teil sind die Testergebnisse.

7. Evaluierung

Neben der Implementierung der Features wurden auch diverse Tests durchgeführt, die eine Bewertung der Ergebnisse möglich machen. Hierzu wurden Softwaretests, Benutzertests und Messungen durchgeführt. Dieses Kapitel beschäftigt sich mit den verschiedenen Tests und deren Auswertung. Begonnen wird mit einer Analyse der Softwaretests, gefolgt von Laufzeitmessungen. Abschließend werden die Anwendungsfälle des Tooth Analyser näher beleuchtet und auf die Limitierungen der Anwendung eingegangen.

7.1. Softwaretests

Betrachtet man die Dokumentation von Slicer genauer, so fällt auf, dass dies eine recht starre Struktur für die Implementierung von Tests vorgibt. Dabei ist jedoch nicht festgelegt, welche Art von Tests verwendet werden soll. Im Rahmen des Tooth Analyser wurden hier ausschließlich Unitest implementiert, welche die einzelnen Einheiten und Funktionen im Tooth Analyser abdecken. Der grobe Testaufbau sei hier gezeigt.

```
1 class ToothAnalyserTest(ScriptedLoadableModuleTest):
2     def setUp(self):
3         slicer.mrmlScene.Clear()
4         self.loadSampleData()
5
6     def runTest(self):
7         self.setUp()
8         self.testIsSmoothed()
9         # add more tests here...
10
11    def testIsSmoothed(self):
12        from ToothAnalyserLib.AnatomicalSegmentation.
13            Segmentation import isSmoothed
14        sampleDate = self.getSampleDataAsITK()
15        result = isSmoothed(sampleDate)
16        self.assertFalse(result)
17        self.delayDisplay("Test_1_passed")
```

7.1.Listing.: Ausschnitt der Testklasse zum ausführen der Unitests

Wie gleich zu erkennen ist, wurden alle Softwaretests in der Klasse `ToothAnalyserTest` gekapselt. Diese ist wie auch bei einigen anderen Klassen eine generalisierte Klasse der `ScriptedLoadableModuleTest`. Der grundsätzliche Aufbau der Testklasse ist simpel gehalten. Es gibt eine Methode `setup()` in der die Testumgebung bereitgestellt wird und eine Methode `runTest()` in der die einzelnen Testfälle ausgeführt werden.

Betrachtet man die konkrete Testmethode `testIsSmoothed()` genauer, so fällt die Methode `getSampleDataAsITK()` auf, die hier kurz thematisiert werden soll. Viele der geschriebenen Methoden und Funktionen benötigen für einen guten Test ein konkretes Bild. Hierfür stellt der Tooth Analyser Beispielbilder zur Verfügung, mit denen die Tests ausgeführt werden können. Da diese Bilder mit ca. 500 Megabyte (MB) eine ausgeprägte Größe haben, wurden diese in einem separaten Repository bereitgestellt. So müssen nicht erst einige GB an Bildern heruntergeladen werden, wenn das Modul installiert werden soll. Die Bilder werden erst dann heruntergeladen, wenn sie benötigt werden. Um dieses Herunterladen zu ermöglichen, werden die Bilder beim Starten des Moduls erstmals in Slicer registriert, sodass sie dann im Modul `sampleData` zur Verfügung stehen. Damit ist nicht nur gewährleistet, dass zukünftige Entwickler Tests ausführen können, es können so auch Benutzern Beispielbilder bereitgestellt werden, um erste Erfahrungen mit dem Tool zu machen. Die Abbildung 7.1 zeigt das Modul `SampleData` mit besonderem Augenmerk auf das Bild `ToothCT`.

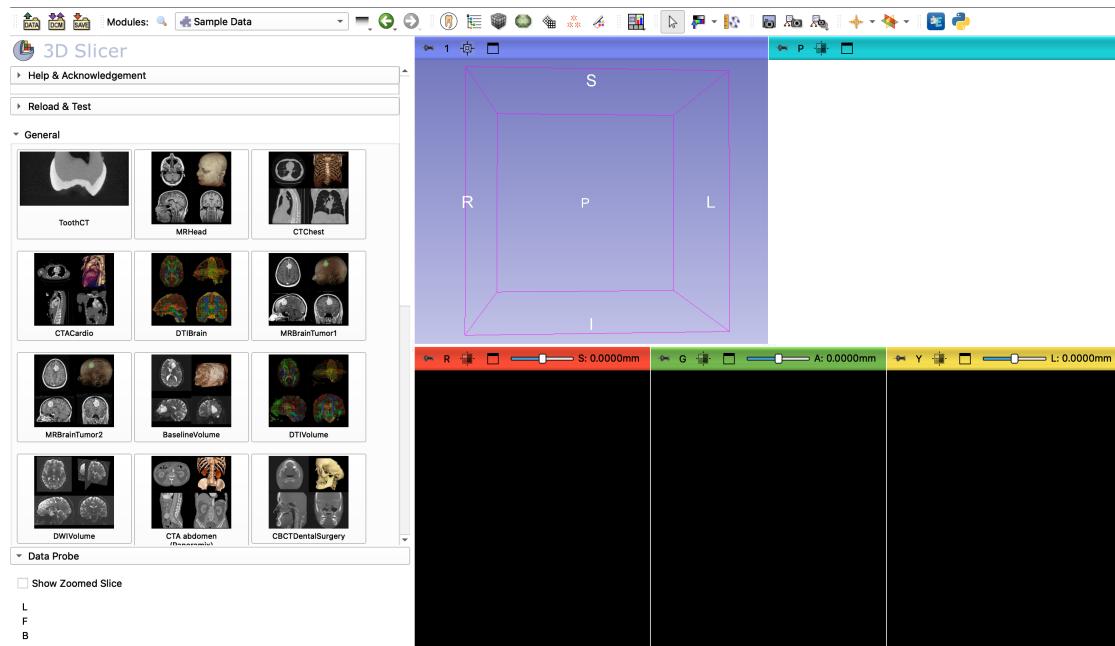


Abbildung 7.1: Ausschnitt des Moduls `SampleData` in 3D Slicer mit dem Beispielbild für das Starten eines Verfahrens im Tooth Analyser

Ein Testfall der vielen soll hier Beispielhaft genauer betrachtet werden. Hierbei geht es um den Test der Funktion `smoothImage()`. Diese nimmt ein Bild und führt eine Glättung durch. Um solch eine Funktion zu testen, bedarf es etwas mehr als ein simplen Unitest, jedoch liefert der fertige Test eine gute Lösung um den gesamten Umfang der Methode zu Testen. Vergleicht man ein verrausches Bild mit einem geglätteten, dann unterscheiden sie sich bis auf die visuelle Darstellung auch in der Streuung der Pixelwerte. So kann mittels der Standardabweichung kontrolliert werden, ob das Bild nach einer Filterung eine kleinere Standardabweichung hat als vor der Filterung. Ist dies der Fall, so kann von einer erfolgreichen Filterung ausgegangen werden. Zu Beachten ist an dieser Stelle, dass eine Filterung unter Umständen einige Zeit in Anspruch nehmen kann. Es sei gesagt, dass diese bei einer Testausführung zu berücksichtigen ist. Eine gute Option dem entgegenzuwirken ist es, das bereits gefilterte Bild mit in den Testdaten zur Verfügung zu stellen. Die konkrete Implementierung eines solchen Tests liefert der Quellcode 7.2.

```

1 def testSmoothImage(self):
2     from ToothAnalyserLib.AnatomicalSegmentation.Segmentation
3         import smoothImage
4
5     data = self.getSampleDataAsITK()
6     dataFiltered = smoothImage(data)
7     dataStdDev = np.std(sitk.GetArrayFromImage(data))
8     dataFilteredStdDev = np.std(sitk.GetArrayFromImage(
9         dataFiltered))
10    self.assertTrue(dataFilteredStdDev < dataStdDev)
11    self.delayDisplay("Test_1_passed")

```

7.2.Listing.: Implementierung eines Tests zum überprüfen einer Funktion

Im ersten Schritt wird ein Beispielbild geladen und in ein ITK Format umgewandelt. Anschließend folgt die Glättung des Bildes. Ist diese Glättung fertig, so können die Streuungen der beiden Bilder verglichen werden.

Abschließend lässt sich über die Softwaretests sagen, dass einige Testfälle abgedeckt wurden. Jedoch wurden nicht alle Methoden und Funktionen getestet. Viele bilden eine sehr konkrete Lösung, die nicht einfach zu testen ist und deshalb einiges an Entwicklungszeit beanspruchen. Gerade die Funktionen der Pipeline. Aus diesem Grund konzentriert sich diese Arbeit nicht auf eine 100 prozentige Testabdeckung, sondern soll noch weitere Metriken bieten. Eine ebenso gute Aussage lässt sich anhand der Laufzeit des Moduls treffen. Hierzu wurde die Performance des Tooth Analyser genauer unter die Lupe genommen und in verschiedenen Szenarien gemessen.

7.2. Performance

Die Performance des Systems war nie ein wichtiges Kriterium und stand deshalb zu keiner Zeit im Fokus dieser Arbeit. Dennoch ergaben sich interessante Ergebnisse, die hier kurz erläutert werden sollen. Unter der Performance versteht dieses Kapitel das konkrete Laufzeitverhalten der Anwendung also jene Zeit die zwischen Start und Ende vergeht. Grundsätzlich lässt sich dazu sagen, dass die Laufzeit bei der Bearbeitung von 3D-Mikro-CT-Aufnahmen sehr stark vom Typ des Bildes abhängt. So kommt es beispielsweise darauf an, wie groß das Bild ist, oder ob es bereits eine Filterung erfahren hat. Bei der Verarbeitung der Mikro-CT-Bilder aus dem Klinikum für Zahnerhaltung wurde eine konkrete Messung durchgeführt, die hier in Abbildung 7.2 gezeigt wird.

Vorbedingungen:

- 16 bit sigend integer
- Type .ISQ
- Mit Filterung
- Mit Berechnung der medial Flächen

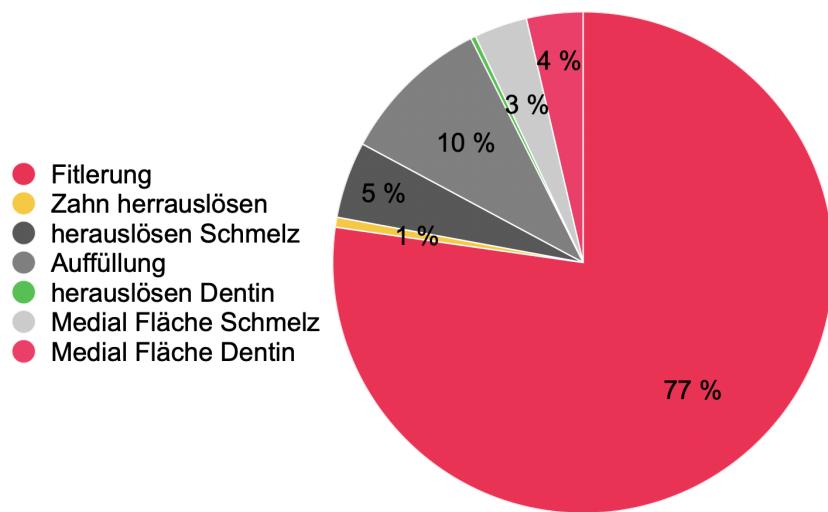


Abbildung 7.2.: Verteilung der Laufzeit über den gesamten Bearbeitungszeitraum. 100% entsprechen 16:27 Minuten

Zu sehen ist, dass unter diesen Bedingungen die Bearbeitung eines einzelnen Bildes ca. 17 Minuten beansprucht. Dabei fallen über dreiviertel der Zeit auf die Filterung zurück. Der Bereich Auffüllung beinhaltet ebenfalls eine Filterung der einzelnen Segmente, weswegen dieser den zweitgrößten Teil ausmacht. Ein weiterer wesentlicher Teil stellen die beiden medialen Flächen dar. Um dieser doch enormen Laufzeit etwas entgegen zu Wirken

wurden zwei Mechanismen implementiert. Das Verfahren kann einerseits erkennen, ob ein Bild bereits gefiltert wurde und andererseits die medialen Flächen optional berechnen. So kommt es, dass sich ein *Best Case* ergibt der grob nur noch ein Viertel der Zeit benötigt. Dieser *Best Case* tritt ein, wenn ein Bild in den Algorithmus gegeben wird, das bereits gefiltert wurde und keine medialen Flächen erfordert. Unter Berücksichtigung von Abbildung 7.2 kann dann die Zeit für die Filterung und die medialen Flächen abgezogen werden. So kommt es, dass das Verfahren nur noch 16 Prozent der ursprünglichen Zeit benötigt.

Überträgt man das Laufzeitverhalten eines einzelnen Bildes auf die Bearbeitung der Bilder in einem Batch-Prozess so lässt sich die Laufzeit mit der Anzahl der zu bearbeitenden Bilder steigend linear ausdrücken. Das Diagramm aus 7.3 zeigt dies.

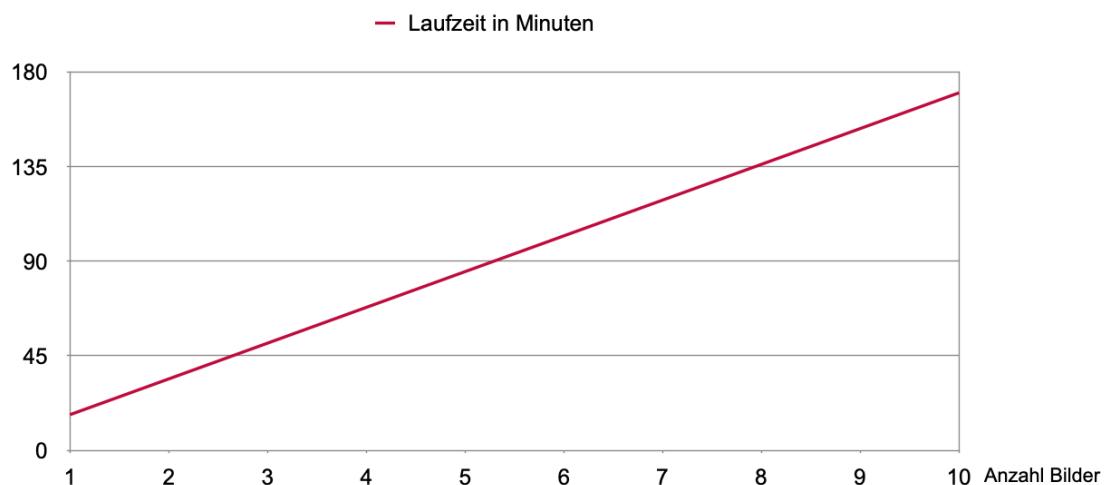


Abbildung 7.3.: Konstruktion des Laufzeitverhaltens bei einer Bearbeitung mehrere Bilder

Wie zu sehen ist, ist die Laufzeit eines Batch Prozesses maßgeblich davon geprägt, wie lange ein einzelnes Bild benötigt. Dies entspricht dem Y-Achsenabschnitt im Diagramm 7.3. Ist die Zeit eines einzelnen Bildes bekannt, so lässt sich gut prognostizieren, wie lange eine Verarbeitung von n vielen Bildern dauert. Wie bereits angedeutet, hängt die Zeit eines einzelnen Bilds von vielen Faktoren ab. Nimmt man den Fall aus Abbildung 7.2, würde die Bearbeitung von zehn Bilder etwa 170 Minuten beanspruchen. Dies entspricht zwei Stunden und 50 Minuten.

7.3. Benutzertests

Um die entwickelte Software objektiv zu bewerten, wurden gezielte Benutzertests mit Anwendern durchgeführt. Dabei nahmen drei Zahnärzte der Poliklinik für Zahnerhaltung und Parodontologie an der Testphase teil, in der sie den Tooth Analyser in ihren Forschungsalltag integrierten. Über einen Zeitraum von drei Wochen konnten sie die Software in realen Anwendungsszenarien erproben.

Zusätzlich wurde ein kleiner Stresstest durchgeführt, bei dem 103 CT-Aufnahmen in einem Batch-Prozess mit dem Tooth Analyser verarbeitet wurden. Die Berechnung erfolgte auf einem leistungsstarken Server der LMU, der über ausreichend Rechenkapazitäten verfügt. Die durchschnittliche Bearbeitungszeit pro Bild lag hier bei etwa neun Minuten. Basierend auf der in Abbildung 7.3 dargestellten Verteilung ergab sich eine prognostizierte Gesamtverarbeitungszeit von 15 Stunden und 27 Minuten. Ein Wert, der in der Praxis gut bestätigt wurde. Besonders erfreulich war, dass sämtliche Bilder bis zu einem gewissen Grad an Karies erfolgreich anatomisch segmentiert werden konnten. Die Ergebnisse dieses Batch-Prozesses sind dem Anhang zu entnehmen. Die Tests in der Klinik zeigten zudem, dass auch die vollständige Segmentierung ganzer Zähne mit komplexen Wurzeln möglich ist.

Die Ergebnisse der Benutzertests aus der Klinik verdeutlichen, dass der Tooth Analyser in der Praxis eine wertvolle Unterstützung bietet, und durch die Segmentierung ganzer Zähnen den Anwendungskreis noch weiter spannt. Um ein besseres Verständnis für die realen Einsatzmöglichkeiten der Software zu gewinnen, werden im folgenden Kapitel verschiedene Anwendungsszenarien vorgestellt.

7.4. Anwendungsszenarien

In erster Linie bietet der Tooth Analyser eine Visualisierungshilfe, die für Ärzte unterstützend wirken soll. Wie auch von Slicer empfohlen wird dieses Modul von den Ärzten rein zur Forschung eingesetzt. Mit dem Tooth Analyser lässt sich mittels einer Mikro-CT-Aufnahme ein 3D-Modell des Zahnes erstellen. Man spricht hier von einer Rekonstruktion des Zahnes. Durch die Segmentierung erlaubt dieser rekonstruierte Zahn auch eine Segmentbetrachtung von Dentin und Schmelz. Die Abbildungen 7.4, 7.5 und 7.6 zeigen diese Rekonstruktion genauer.

Das Betrachten der einzelnen Segmente wie sie in Abbildung 7.5 gezeigt wird, erfolgt nicht in der Erweiterung Tooth Analyser. Hierzu wird auf das Modul *Data* verwiesen,

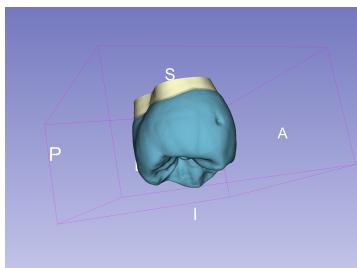


Abbildung 7.4.:
Rekonstruktion eines Zahns
aus einer CT-Aufnahme

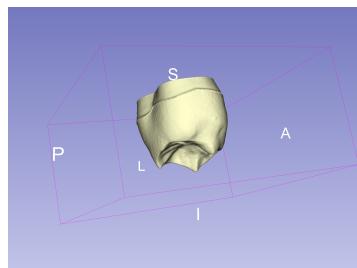


Abbildung 7.5.:
Dentinsegment eines
rekonstruierten Zahns

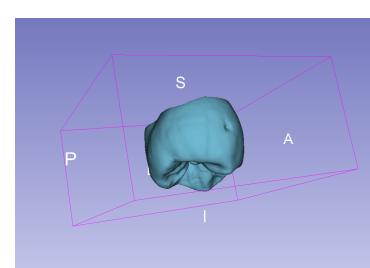


Abbildung 7.6.:
Schmelzsegment eines
rekonstruierten Zahns

das eine hierarchische Darstellung aller Daten in der Szene liefert. Über die Sichtbarkeitseinstellungen der einzelnen Datenelemente können dann die Segmente sichtbar oder unsichtbar geschaltet werden.

Einen weiteren Fall, indem die Anwendung unterstützen kann, ist die Klassifizierung von Karies. Die Abbildung 7.7 zeigt diesen Fall. Hierfür sind die medialen Flächen der einzelnen Segmente nötig. Diese sind im Bild als rote und grüne Linie sichtbar, verteilen sich aber über das ganze 3D-Bild, was daraus eine Fläche macht. Legt man nun diese Flächen über das originale Bild, so lässt sich mittels dieser Linie der Karies auf einem CT gut klassifizieren. Diese besagten Linien bilden dann die Grenzen. Ragt der Karies über diese mediale Fläche hinaus hat er bereits einen sehr ausgeprägten Zustand und wird anders eingeordnet als ein Karies, der die mediale Fläche noch nicht überschritten hat.

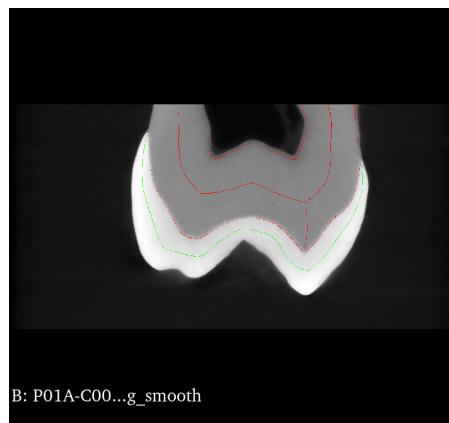


Abbildung 7.7.: Klassifizierung von Karies mittels der medialen Flächen

Die konkreten Anwendungsfälle zeigen, dass der Tooth Analyser durchaus Anwendung im Forschungsalltag der Klinik finden. Dennoch traten während der Nutzung auch einige Einschränkungen auf, die die Einsatzmöglichkeiten des Tooth Analyser begrenzen.

7.5. Limitierungen

Dieses Kapitel soll alle Punkte transparent aufdecken, die im Modul Tooth Analyser noch Probleme machen, oder gar nicht erst umgesetzt wurden. Der limitierende Faktor in der Erweiterung ist das eingeschränkte Format der Bilder. Es können innerhalb dieser Erweiterung nur Bilder verarbeitet werden, die das Format 16Int haben. Führt man dennoch die Segmentierung mit einem anderen Format durch (z.B. 8 bit unsigend integer (8UInt)), so stellt man fest, dass der Algorithmus zwar ein Ergebnis generiert, dieses aber nicht verwendbar ist. Die Abbildung 7.8 zeigt ein solches falsche Ergebnis. Zu sehen ist ein 3D-Modell, das nur aus einem Segment besteht. In diesem Fall wurde der gesamte Zahn mit Pulpa als Dentin markiert.

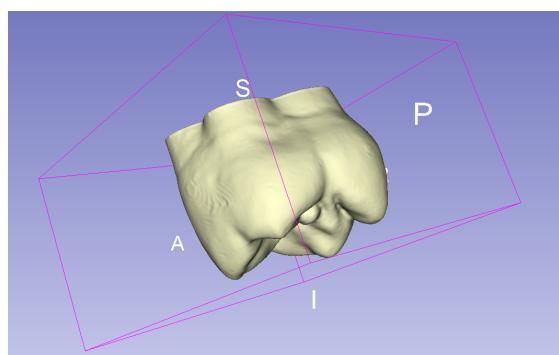


Abbildung 7.8.: Fehlerhafte Segmentierung einer CT-Aufnahme im Format 8UInt

Durch diese Limitierung ergibt sich eine weitere. Zu Beginn in der Analysephase des Projektes, war eine Vorverarbeitung der Bilder vorgesehen, dass die Komprimierung eines Bildes vornimmt und so die Bilder deutlich handlicher macht. Das Verfahren hierzu wurde in Kapitel 2.2.2 erläutert. Da dieses Verfahren allerdings einen Formatwechsel von 16Int nach 8UInt bewirkt und diese Bilder nicht richtig segmentiert werden können, scheidet die Vorverarbeitung von Bildern vorerst aus.

Eine weitere Limitierung liegt im Batch-Modus. Dieser steht laut der Struktur in Kapitel 6.1 nicht nur für die ganze Verarbeitungspipeline zur Verfügung, sondern auch für die einzelnen Schritte dieser Pipeline. Da eine konkret implementierte Vorverarbeitung ohnehin vorerst ausscheidet, wurde der Batch-Prozess nur für die reine anatomische Segmentierung implementiert.

Zuletzt sei noch auf eine Limitierung hingewiesen, die der Erweiterbarkeit des Moduls dient. Soll die Erweiterung um zusätzliche Funktionen erweiter werden, dann sind kleine Änderungen in einer bestehenden Klasse notwendig. Konkret geht es hier um die Klasse `ToothAnalyserWidget`. Hier muss je nach Ausprägung der UI der neuen Funktion, Methoden hinzugefügt werden.

8. Diskussion

Am Ende dieser Arbeit lohnt es sich, erneut einen Blick auf die in Kapitel 1.2 formulierte Forschungsfrage zu werfen und noch einige Aspekte hinzuzufügen:

Wie kann eine benutzerfreundliche Schnittstelle innerhalb von 3D Slicer entwickelt werden, die nicht nur das Verfahren der anatomischen Segmentierung effizient integriert und den Zugang für Anwender vereinfacht, sondern auch eine strukturierte und flexible Umgebung zur Verarbeitung von Mikro-CT-Aufnahmen bietet?

Die Ergebnisse dieser Arbeit zeigen, dass die Integration der anatomischen Segmentierung erfolgreich in das Ökosystem von 3D Slicer eingebunden werden konnte. Das zuvor komplexe und manuell aufwendige Verfahren wurde durch die entwickelte Benutzeroberfläche erheblich vereinfacht. Anstelle einer umständlichen Terminal-Nutzung kann die Segmentierung nun mit wenigen Klicks gestartet werden, was insbesondere die praktische Anwendung in der Zahnmedizin erheblich erleichtert.

Ein zentraler Aspekt der Forschungsfrage betraf die Effizienz der Integration. Hier konnte gezeigt werden, dass das entwickelte Modul zuverlässige Ergebnisse liefert, ohne dabei die Qualität der anatomischen Segmentierung zu beeinträchtigen. Mit dem Tooth Analyser entstand somit eine durchdachte Struktur für die Verarbeitung von Mikro-CT-Aufnahmen, die einen bedeutenden Fortschritt für die zahnmedizinische Forschung darstellt. Der Luxus einer interaktiven Schnittstelle ist dabei nur die Spitze des Eisbergs. Die wohl wichtigste Erkenntnis, die diese vorliegende Arbeit liefert, ist das zugrunde liegende Modell, mit dem eine effiziente und interaktive Bearbeitung von Mikro-CT-Aufnahmen möglich ist. Diese Struktur erwies sich als äußerst effektiv im klinischen Forschungsalltag. Insbesondere konnte beobachtet werden, dass es neben der Ausführung einer ganzen Bearbeitungspipeline auch sinnvoll ist einzelne Schritte in der Pipeline isoliert ausführen zu können. Diese Aspekte betreffen auch den Batch-Prozess, der eine ganze Sammlung an Bildern auf einmal verarbeiten kann.

Neben der verbesserten Flexibilität wurde auch die Effizienz des Workflows gesteigert. Eine manuelle Segmentierung eines einzelnen Zahns nimmt durchschnittlich rund 20 Minuten in Anspruch. Durch den Tooth Analyser kann dieser Prozess vollständig automatisiert im Hintergrund ablaufen, wodurch wertvolle Zeit eingespart wird. Laut

Dr. Elias Walter reduziert sich der aktive Arbeitsaufwand dadurch erheblich, da die Segmentierung nicht mehr manuell durchgeführt werden muss.

Ein Punkt, der zu Beginn der Entwicklung nicht feststand, war die optionale Generierung der medialen Flächen sowie die automatische Erkennung bereits gefilterter Bilder. Beide Funktionen sind das Ergebnis der Laufzeitmessung und tragen zur Effizienzsteigerung der Anwendung bei. Die optionale Generierung medialer Flächen ermöglicht es, die Berechnung gezielt an- oder auszuschalten, je nach den Anforderungen des jeweiligen Anwendungsfalls. Dadurch wird verhindert, dass unnötige Rechenoperationen ausgeführt werden, wenn diese für die Analyse nicht erforderlich sind. Die automatische Erkennung bereits gefilterter Bilder sorgt dafür, dass doppelte Verarbeitungsschritte vermieden werden. Anstatt ein Bild erneut durch die gesamte Pipeline zu schicken, erkennt das System, ob eine vorherige Filterung bereits erfolgt ist, und kann das Bild direkt für die nächste Verarbeitungsstufe nutzen.

Aus den Anforderungen ging auch hervor, dass bei einer mehrfachen Erstellung der segmentierten Daten aus einem Mikro-CT, die Slicer-Szene die alten Daten immer Überschreiben soll. So wird sichergestellt, dass immer nur die aktuelle Segmentierung sichtbar ist. Das Ergebnis hat gezeigt, dass dieses Verhalten durchaus sinnvoll ist. Jedoch ist es hilfreich neben der Segmentierung selbst, auch noch das originale Mikro-CT in der Szene zu halten, sodass der Kontext sichtbar bleibt.

Auch die Erweiterbarkeit des Systems wurde berücksichtigt. Dank der modularen Architektur kann das zugrunde liegende Segmentierungsverfahren ohne größere Anpassungen ausgetauscht oder durch weitere Funktionalitäten ergänzt werden. Dies gewährleistet langfristige Flexibilität und Anpassungsfähigkeit an zukünftige Entwicklungen. Gleichzeitig zeigte sich jedoch auch, dass eine große Anzahl an Funktionen im Modul zu einer Überladung der UI führen kann. Um dies in der Zukunft zu vermeiden, kann die 3D Slicer Erweiterung auf mehrere Module aufgeteilt werden, die einen logischen und inhaltlichen Zusammenhang haben.

Zur objektiven Evaluation wurden Benutzertests mit mehreren Zahnärzten der Klinik durchgeführt. Über einen Zeitraum von drei Wochen integrierten sie den Tooth Analyser in ihren Forschungsalltag. Dabei gelang nicht nur die Segmentierung einzelner Zahnkronen, sondern auch vollständiger Zähne mit komplexen Wurzeln. Besonders bemerkenswert ist, dass die Software während der gesamten Entwicklung ausschließlich mit CT-Aufnahmen von Zahnkronen getestet wurde. Dennoch konnte sie ohne zusätzliche Anpassungen auch diese erweiterte Anwendungsform erfolgreich bewältigen. Dies unterstreicht die Flexibilität des Systems und stellt einen bedeutenden Erfolg dar. Grundsätzlich lässt sich sagen, dass die Benutzertests für diese Arbeit die wichtigste Evaluationsgrundlage bilden.

In einem weiteren Test wurde die Skalierbarkeit der Anwendung überprüft. Hierbei wurden 103 Mikro-CT-Aufnahmen in einem Batch-Prozess über einen leistungsstarken Server der LMU verarbeitet. Die Bearbeitungszeit pro Bild lag bei etwa neun Minuten, sodass eine Gesamtzeit von etwa 15 Stunden und 27 Minuten prognostiziert wurde – ein Wert, der sich in der Praxis bestätigte. Entscheidend war jedoch, dass alle Bilder erfolgreich anatomisch segmentiert werden konnten.

Um den gesamten Entwicklungsprozess unabhängig von dieser Arbeit zu dokumentieren und potenziellen Anwendern den Zugang zu erleichtern, wurde eine separate Dokumentation erstellt. Dabei zeigte sich, dass es vorteilhaft ist, anstelle einer umfassenden Dokumentation mehrere kleinere, zielgerichtete Dokumente zu verfassen, die auf unterschiedliche Anwendungsfälle abgestimmt sind. Nach Procida (2017) lassen sich hierfür vier verschiedene Dokumentationstypen unterscheiden, die jeweils auf eine spezifische Nutzung ausgerichtet sind.

Im Rahmen des Tooth Analyser wurden daher die folgenden Dokumentationen erstellt: *Quick Start Guide, Tutorial, Explanation, Reference Material*. Diese Struktur ermöglicht es Interessierten, schneller die benötigten Informationen zu finden, ohne sich durch übermäßig umfangreiche Dokumente arbeiten zu müssen. Gleichzeitig verhindert sie eine Überladung einzelner Dokumentationen.

Trotz der vielen positiven Ergebnisse zeigen sich auch einige Einschränkungen. Die wesentlichen wurden bereits im Kapitel Limitation erwähnt. So kommt es, dass die anatomische Segmentierung speziell für Mikro-CT-Aufnahmen im ISQ-Format entwickelt wurde, wodurch bestimmte Parameter und Schwellwerte fest im Code hinterlegt wurden. Dies schränkt die Flexibilität bei der Nutzung mit anderen Bildformaten ein. Eine detaillierte Analyse der Segmentierungsergebnisse zeigte, dass das Problem im Bereich der Auffüllung liegt. Zu Beginn der Segmentierung werden die Zahnbestandteile, einschließlich der Pulpa, korrekt erkannt. Während der anschließenden Auffüllung des Schmelzsegments kommt es jedoch zu einer fehlerhaften Überschreibung bereits richtig segmentierter Strukturen. Diese wohl größte Limitierung des Tooth Analyser führt auf eine weitere, welche die Vorverarbeitung von Bildern betrifft.

Die Implementierung einer Vorverarbeitung der Bilder konnte bislang nicht umgesetzt werden. Zwar ist diese Funktionalität bereits konzeptionell vorgesehen, jedoch bedarf es noch weiterer Arbeit, um eine vollumfängliche Implementierung zu ermöglichen. Der Grund hierfür ist, dass innerhalb der Vorverarbeitung eine Komprimierung der Bilder geplant war. Diese Komprimierung zieht jedoch auch einen Formatwechsel von 16Int auf 8UInt nach sich. Da diese Bilder ohnehin nicht bearbeitet werden können, wurde hierfür keine Implementierung bereitgestellt. Zur Vorverarbeitung der Bilder kann grundsätzlich noch eine andere Überlegung angestellt werden. Die anatomische Segmentierung enthält eine umfangreiche Filterung zur Rauschreduktion. Laut der Visualisierungspipeline nach

Handels (2000, S. 50), gehört dieser Schritt auch zu einer Vorverarbeitung. Eine gute Idee ist es also, die Filterung der anatomischen Segmentierung aus dem eigentlichen Verfahren herauszuziehen und im Bereich der Vorverarbeitung bereitzustellen. Dies ermöglicht auch ein Filter der Bilder, unabhängig von einer anschließenden Segmentierung.

Eine Gute Idee zeigt sich auch im Bereich der Analysen. Diese stehen aktuell als eigenes Verfahren bereit. Wie bereits beschrieben, könnten diese auch im Bereich der Nachverarbeitung einen Platz finden. Anstelle der Analysen als Verfahren, könnte dann eine andere Art der Segmentierung implementiert werden.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die in dieser Arbeit entwickelte Lösung die Forschungsfrage in wesentlichen Punkten beantworten konnte: Die Segmentierung wurde effizient in 3D Slicer integriert, die Benutzerfreundlichkeit erheblich verbessert und die Softwarearchitektur flexibel gestaltet. Darüber hinaus wurde ein strukturiertes Modell für die effiziente und interaktive Verarbeitung von Mikro-CT-Aufnahmen entwickelt. Nichtsdestotrotz ist das System noch nicht in seinem finalen Entwicklungsstadium. Insbesondere weitere Benutzertests und Anpassungen der Parameter innerhalb der Segmentierung könnten zu einer noch höheren Präzision und Benutzerfreundlichkeit beitragen. Auch die in Kapitel 1.1 diskutierte Relevanz der Arbeit zeigt, dass der Tooth Analyser zwar bereits einen großen Fortschritt darstellt, jedoch noch Optimierungen erforderlich sind, um eine langfristig etablierte und klinisch einsetzbare Lösung zu erreichen.

9. Ausblick

Der Tooth Analyser bietet mit dem aktuellen Stand bereits einen großen Mehrwert für die Ärzte in der Klinik für Zahnerhaltung. So lässt sich sagen, dass diese vorliegende Arbeit durchaus von Erfolg gekrönt ist. Es wird aber auch klar, dass noch viel Potenzial im Tooth Analyser steckt. Das meiste Potenzial ist hierbei in den Limitierungen zu finden. Eine hervorragende Ergänzung dieser Arbeit würde eine Vorverarbeitung der Bilder bieten. Es soll also in Zukunft möglich sein, die CT-Aufnahmen in einer Vorverarbeitung zu komprimieren und sie dann mittels eines Verfahrens zu bearbeiten. Hierbei muss sich die Vorverarbeitung nicht auf die Komprimierung beschränken, wie die Diskussion gezeigt hat. Dies schließt auch eine Verarbeitung aller Formate ein. Ein schöner Nebeneffekt dieser Ergänzung ist, dass durch eine Komprimierung der Bilder die Laufzeit sinkt. Der verlorene Detailgrad dieser Komprimierung ist dabei nicht störend. Somit lässt sich sagen, dass durch das Akzeptieren unterschiedlicher Formate der größte Mehrwert für den Tooth Analyser gewonnen werden kann. Des Weiteren lässt der Bereich Analysen im Tooth Analyser noch viel Spielraum. Hier gibt es diverse Möglichkeiten, das Modul noch mit weiteren Funktionen zu bestücken. Eine gute Idee lieferte hier die Rückmeldung aus den Benutzertests. Diese ergaben, dass eine Integration des Python-Pakets *radiomics* den Tooth Analyser gut ergänzen würde. Mit diesem Paket lassen sich Radiomics-Merkmale aus Bildern extrahieren und isoliert analysieren. Den letzten Ausblick, der hier gegeben werden soll, bezieht sich wieder auf das Verfahren der anatomischen Segmentierung. In der aktuellen Version nimmt das Verfahren nur eine Aufteilung in Schmelz und Dentin vor. Der Teil der Pulpa wird dem Hintergrund zugeordnet und nicht betrachtet. Die zusätzliche Segmentierung der Pulpa würde die Arbeit ebenfalls hervorragend ergänzen. Jedoch sei auch gesagt, dass dies die wohl herausforderndste Aufgabe ist. Die Pulpa hebt sich nur sehr leicht aus dem Hintergrund hervor und ist demnach schwer zu segmentieren.

Ordnet man die hier genannten Punkte nach ihrer Wichtigkeit ein, so lässt sich sagen, dass durch das Erweitern des Moduls auf mehrere Bildformate der größte Mehrwert für den Tooth Analyser gewonnen werden kann. Dies würde weitere Funktionalität nach sich ziehen. Jedoch sei auch gesagt, dass die übrigen Punkte ebenfalls einen großen Mehrwert für den Tooth Analyser und damit für die praktizierenden Ärzte am Klinikum für Zahnerhaltung in München bietet.

Literaturverzeichnis

- 3D Slicer Community (2024). *3D Slicer: A multi-platform, free and open source software package for visualization and image analysis*. Zugriff am 06. März 2024 (siehe S. 17, 18, 20, 21, 24, 46).
- 3D Slicer Developer Community (2024). *3D Slicer Extensions Index*. GitHub-Repository, Zugriff am 06 März 2025 (siehe S. vi, 19).
- Baird, Emily und Gavin Taylor (2017). „X-ray micro computed-tomography“. In: *Current Biology* 27.8, R289–R291 (siehe S. 8).
- Bein, Berthold (2006). „Entropy“. In: *Best Practice & Research Clinical Anaesthesiology* 20.1, S. 101–109 (siehe S. 16).
- Bromiley, PA, NA Thacker und E Bouhova-Thacker (2004). „Shannon entropy, Renyi entropy, and information“. In: *Statistics and Inf. Series (2004-004)* 9.2004, S. 2–8 (siehe S. 16).
- Burger, Wilhelm und Mark James Burge (2009). *Digitale Bildverarbeitung: Eine Algorithmische Einführung Mit Java*. Springer-Verlag (siehe S. 10, 15).
- Buzug, Thorsten M (2011). „Computed tomography“. In: *Springer handbook of medical technology*. Springer-Verlag, S. 311–342 (siehe S. 8).
- 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. 1).
- 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. 11).
- Fedorov, Andrey, Reinhard Beichel, Jayashree Kalpathy-Cramer, Julien Finet, Jean-Christophe Fillion-Robin, Sonia Pujol, Christian Bauer, Dylan Jennings, Fiona M. Fennelly, 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. vi, 17–19, 21).
- Handels, Heinz (2000). *Medizinische Bildverarbeitung*. Springer-Verlag (siehe S. vi, 1, 7, 11–14, 60).
- Heck, Katrin, Friederike Litzenburger und Karl-Heinz Kunzelmann (Jan. 2024). *In-vitro caries diagnostic study - 375 microtomographic images of the coronal part of extracted human teeth*. Zugriff am 15. November 2024. doi: 10.5282/ubm/data.445 (siehe S. vi, 1, 7, 14).
- Hofmann, Simon (Jan. 2020). „Unterstützung der Karies-Klassifizierung in Mikro-CT-Aufnahmen durch 3D-Bildverarbeitung“. Bachelorarbeit. Technische Hochschule Augsburg (siehe S. vi, 4, 5, 14, 15).
- JetBrains (2024). *PyCharm IDEA*. Version 2024.1. Integrierte Entwicklungsumgebung (IDE) (siehe S. 23).
- Johnson, Hans, Matthew McCormick und Luis Ibanez (2015). *The ITK Software Guide: Introduction and Development Guidelines*. 4th. Kitware Inc. (siehe S. 22).

- Lehmann, Klaus M, Elmar Hellwig und Hans-Jürgen Wenz (2012). *Zahnärztliche Propädeutik: Einführung in die Zahnheilkunde; mit 32 Tabellen*. Deutscher Ärzteverlag (siehe S. vi, 6, 7).
- Lehmann, Thomas, Walter Oberschelp, Erich Pelikan und Rudolf Repges (2013). *Bildverarbeitung für die Medizin: Grundlagen, Modelle, Methoden, Anwendungen*. Springer-Verlag (siehe S. vi, 2, 8, 13–15).
- National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB) (2024). *X-Rays - Science Topic*. Zugriff am 15. November 2024. URL: <https://www.nibib.nih.gov/science-education/science-topics/x-rays> (siehe S. 8, 9).
- Procida, Daniele (2017). *The Four Kinds of Documentation and Why You Need to Understand What They Are*. Konferenzvortrag bei Write the Docs EU 2017, zuletzt abgerufen am 6. März 2025 (siehe S. 37, 59).
- Pult, Jonas Robert Wilhelm (2021). „Präparation gekrümmter Wurzelkanäle mit drei Nickel-Titan-Systemen – eine Mikro-CT-Studie“. Diss. Dissertation, Georg-August Universität, 2021 (siehe S. vi, 8).
- Qt Development Team (2024). *Qt Documentation: Einführung*. <https://doc.qt.io/qt-6/qt-intro.html>. Zugriff am 21. November 2024 (siehe S. 46).
- 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. 13).
- 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. 9).
- SCANCO Medical AG (2024). *MicroCT Systems Overview*. Zugriff am 22. November 2024 (siehe S. 9).
- Schroeder, Will, Ken Martin und Bill Lorensen (2006). *The Visualization Toolkit (4th ed.)*. Kitware (siehe S. 22).
- Siebler, F. (2014). *Design Patterns Lernen M. Java*: Carl Hanser Verlag (siehe S. 41).
- SlicerRt Team (2024). *SlicerDebuggingTools*. GitHub-Repository, Zugriff am 06 März 2025 (siehe S. 23).
- Walter, Elias (Feb. 2025). *Interview zur Anforderungsanalyse für die Slicer Erweiterung*. Persönliches Interview. Geführt von Lukas Konietzka. (siehe S. 26, 27).
- Walter, Elias, Agnes Wolf, Falk Schwendicke und Katrin Heck (2025). *Automatic Detection and Analysis of Carious Lesions in Micro CTs*. Projektbeschreibung. Unveröffentlichtes Dokument (siehe S. 2).

A. Anhang

A.1. Klassendiagramm des Tooth Analyser

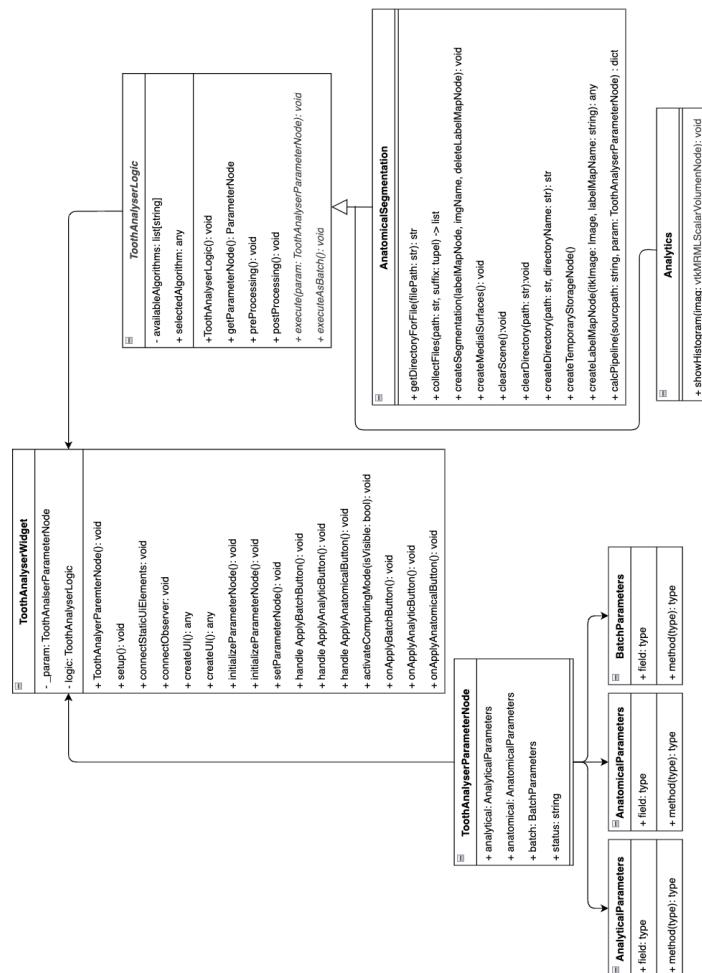


Abbildung A.1.: Klassendiagramm des Tooth Analyser

A.2. Quellcode des Tooth Analyser

Beispieldaten für die Erweiterung Tooth Analyser

A.3. Modul Dokumentation

Dokumentation für die Erweiterung Tooth Analyser

A.4. Beispieldaten

Beispieldaten für die Erweiterung Tooth Analyser

A.5. Ergebnisse Batch-Prozess

Galadrielrechner: /data/konietzka/Ergebnisse_AnatomicalSegmentation_Otsu/

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 15. März 2025

Lukas Konietzka