# Übung 6

## Lernziele

* DICOM Dateien einlesen
* Attribute und Methoden anzeigen lassen
* Attribute ausgeben
  + Patienten-Name
  + Patienten-ID
  + Patienten-Geschlecht
  + Pixel Spacing
  + Slice Thickness
  + ImagePositionPatient
    - Ermitteln, wie der Patient lag
  + ImageOrientationPatient
    - Interpretieren, was im Bild in welche Richtung zeigt
  + Patient Position: FFS oder HFS
* Bedeutung von Pixel Spacing verstehen (verzogenes Bild

## Schritte

* Pydicom installieren
* DICOM Datei einlesen (vollständiger Datei-Pfad)
* ds.\_\_dir\_\_()

## Aufgaben

* Extrahieren Sie folgende Informationen aus den DICOM-Metadaten eines beliebigen Slices und geben Sie sie in der Konsole aus:
  + Name des Patienten
  + Geschlecht des Patienten
  + Patienten ID
  + Bildgebungsverfahren
  + Datum der Bild-Aufnahme
  + Uhrzeit der Bildaufnahme
  + Abstand zwischen Pixeln
  + Koordinaten des Scans (Image Position Patient)
  + Ausrichtung des Scans (Image Orientation Patient)
    - Die Ausrichtung besteht aus einer Liste mit 6 Zahlen:

[x\_row, y\_row, z\_row, x\_column, y\_column, z\_column]

Die ersten drei Zahlen geben die **Kosinus-Werte** der **Winkel** zwischen der **ersten Zeile** und den Einheits-Koordinaten an.

Die letzten drei Zahlen geben die **Kosinus-Werte** der **Winkel** zwischen der **ersten Spalte** und den Einheits-Koordinaten an.

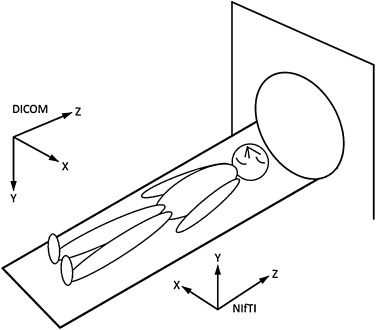
* Ermitteln Sie, wie der Patient beim Scan positioniert wurde. Eine Übersicht der Positionierungs-Arten:

Ein Bild, das Screenshot, Text enthält.

Automatisch generierte Beschreibung

Quelle: https://dicom.innolitics.com/ciods/ct-image/general-series/00185100

* Mit der Ausrichtung des Scans und der Positionierung des Patienten kann man vorhersagen, was auf dem Bild zu sehen ist. Überlegen Sie für diesen Scan, aus welcher Perspektive der Patient betrachtet wird (Seitenansicht, Frontalansicht, oder Draufsicht). Folgende Abbildung hilft Ihnen dabei:



Quelle: https://www.fieldtriptoolbox.org/faq/coordsys/

* Visualisieren Sie das Bild (Attribut pixel\_array). Stimmt es mit der Erwartung überein?
* Was sagt uns das Attribut SliceThickness? Kann man es für eine massstabsgetreue 3D Rekonstruktion benutzen?
* Nachfolgend wird ein Slice aus einer anderen Perspektive gezeigt. Rechts ist die anatomisch korrekte Visualisierung. Links ist eine einfache Visualisierung der Slices aus einer anderen Perspektive. Wo liegt der Fehler links?

|  |  |
| --- | --- |
| **Frontale Visualisierung** | **Korrekte frontale Visualisierung** |
| Ein Bild, das monochrom, Schwarzweiß, Röntgenfilm enthält.  Automatisch generierte Beschreibung | Ein Bild, das Schwarzweiß, Kunst, monochrom, monochrome Fotografie enthält.  Automatisch generierte Beschreibung |

## Bonus

DICOM Dateien werden in der Regel sortiert und mit einer Nummerierung ausgegeben. Jedoch kann es vorkommen, dass die DICOM Dateien in einer falschen Reihenfolge eingelesen werden (aus diversen Gründen). In solchen Fällen ist es wichtig, dass die Slices anhand der Scan-Koordinaten sortiert werden. Um ein solches Problem zu simulieren und zu lösen, gehen Sie wie folgt vor:

### Schritt 1: Dateien falsch einlesen

1. Speichern Sie den Pfad vom Ordner mit den DICOM-Dateien in einer Variable (z.B. *folder\_path*)
2. Importieren Sie das package os (ist schon installiert). Mit dem Befehl

*list\_file\_names* = os.listdir(*folder\_path*)

können Sie alle Datei-Namen des Ordners in einer Liste speichern. Mit

print(*liste\_file\_names*)

können Sie die Liste mit den Datei-Namen ausgeben lassen.

1. Erstellen Sie ein 3D Array mit np.zeros() für die Slices, die Sie einlesen werden. Erstellen Sie ausserdem eine leere Liste, um die Koordinaten der Slices zu speichern.
2. Iterieren Sie mit einer for-Schleife durch die Liste *liste\_file\_names*. Bei jeder Iteration:
   * + Bild aus DICOM Datei einlesen und in dem 3D Array an der i-ten Stelle einspeichern
     + Koordinate entlang der Scan-Achse einlesen und zur Liste hinzufügen

Am Ende sollten Sie das 3D Array mit Slices und eine 1D Liste mit den Koordinaten entlang der Scan-Achse haben.

### Schritt 2: Slices sortieren

Mit dem Befehl

*order* = np.argsort(*liste\_koordinaten*)

bekommt man die Reihenfolge, in der man *liste\_koordinaten* sortieren müsste, um eine aufsteigende Reihenfolge zu haben. Diese Reihenfolge kann man dann benutzen, um die Slices zu sortieren:

*sorted\_slices* = *all\_slices*[:, :, *order*]

wobei *all\_slices* das 3D Array ist. Beachten Sie ausserdem die Dimension, in der Sie sortieren möchten. In diesem Beispiel sind die ersten beiden Dimensionen Höhe und Breite der Slices und die dritte Dimension ist die Slice-Nummer, weshalb *order* in der dritten Dimension eingesetzt wird.