

Aus dem Zentrum für Anatomie und Hirnforschung
der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf
Institut für Anatomie I

Direktor: Univ.-Prof. Dr. G. Novotny

**Segmentierung von Kopf-Halsmuskelstrukturen im MR-DICOM-Bild und deren
3D-Rekonstruktion**

Dissertation

zur Erlangung des Grades eines Doktors der Zahnmedizin

Der Medizinischen Fakultät der Heinrich-Heine-Universität
Düsseldorf

Vorgelegt von

Jens Schumann

2006

Als Inauguraldissertation gedruckt mit Genehmigung der Medizinischen Fakultät der
Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

gez.: Univ.-Prof. Dr. W. Raab
Dekan

Referent: Prof. Dr. J. K. Mai

Korreferent: Prof. Dr. A. Hugger

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung.....	5
2. Material und Methode.....	8
2.1 Proband.....	8
2.2 Erstellung von Magnetresonanz- (MR-) Datensätzen.....	8
2.3 Hard- und Software.....	11
2.4 Segmentierte muskulärer Strukturen des Kopf-/Halsbereichs...	14
2.5 Segmentierung ausgewählter Strukturen des MR- Bilddatensatzes.....	16
2.6 „Atlas of the Human Brain“ als Segmentierungshilfe.....	21
2.7 Lineare Transformation der Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ und Integration in den MR-Bilddatensatz.....	22
2.8 Generieren der Bounding-Box in Amira.....	26
2.9 Dreidimensionale Rekonstruktion der segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes.....	28
2.10 Morphometrische Untersuchungen an den segmentierten muskulären Strukturen.....	34
3. Resultate.....	36
3.1 Erstellung des MR-Referenzdatensatzes.....	36
3.2 Segmentierung der Muskelstrukturen.....	37
3.3 Anpassung der Atlas-Templates.....	38
3.4 Abmessungen der segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes.....	39
3.5 Dreidimensionale Rekonstruktion der segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes.....	43
3.6 Dreidimensionale Visualisierung der generierten Muskel- strukturen im MR-Bilddatensatz.....	46

4. Diskussion.....	49
4.1 Bewertung des methodischen Ansatzes.....	51
4.2 Bewertung des MR-Bilddatensatzes.....	54
4.3 Relevanz der manuellen Transformation.....	56
4.4 Bewertung der morphometrischen Ergebnisse.....	59
4.5 Einfluß der Iterationen und Glättungsroutinen auf die Oberflächenstruktur der Rekonstruktion.....	62
4.6 Anwendbarkeit des erstellten Datensatzes.....	66
4.7 Wie nutzt der Interessierte diesen Datensatz mit dem Programm Amira.....	67
5. Anhang.....	68
5.1 Tabelle der Einzelblöcke des MR-Bilddatensatzes.....	68
5.2 Angepaßte Atlas- Templates auf den MR-Bilddatensatz.....	69
5.3 Dreidimensionale Rekonstruktionen.....	74
6. Zusammenfassung.....	106
7. Literaturverzeichnis.....	107
Danksagung.....	112
Lebenslauf.....	113

1. Einleitung

Die sichere Lokalisationsdiagnostik anatomischer Strukturen beim Lebenden ist erst durch die Einführung moderner computergestützter bildgebender Verfahren möglich geworden. Auflösung, Detailgenauigkeit und Gewebekontrast sind während der vergangenen Jahre auf ein unerwartet hohes Maß angestiegen (Pelizzari et al., 1989; Smith et al., 1989; Hahn et al., 1997; Passler, 1995). Dank dieser Entwicklung wird die Darstellung anatomischer Strukturen aber auch unübersichtlich, weil der Informationsumfang durch die bessere Bilddarstellung enorm ansteigt. Das heißt, daß neben den Muskelstrukturen z.B. auch Knochen, Weichgewebe und Leitungsbahnen besser zur Geltung kommen; dies führt dazu, daß Schnittbildserien nur sehr schwierig zu interpretieren und stark fehldeutungsanfällig sind. Dies macht es notwendig Interpretationshilfen zu schaffen, die den Umgang mit diesen Schnittbildern sowohl im studentischen als auch im klinischen Bereich erleichtern.

Besonders in der topometrischen Darstellung anatomischer Strukturen, d.h. in der Darstellung der räumlichen Zusammenhänge und Nachbarschaftsbeziehungen dieser Strukturen, muß eine Fehlinterpretation vermieden werden. Es wird daher immer wichtiger, Orientierungs- und Interpretationshilfen zu entwickeln und diese in einfache Softwareanwendungen zu integrieren. Daher steigt der Bedarf, die gewonnenen Bildinformationen den korrelierenden histologisch-morphologischen Strukturen in Form von digitalen Atlanten zuzuordnen (Assheuer et al., 1990; Tasker et al., 1982; Schiemann et al., 1994). Derartige digitale Atlanten können nicht nur zu Lehrzwecken genutzt werden, sondern auch als Grundlage wissenschaftlicher Arbeit dienen. Die Hauptanforderungen an diese Atlanten sind, eine möglichst große Detail- und Strukturgenauigkeit.

Gegenwärtig werden die Ergebnisse der bildgebenden Verfahren hauptsächlich mit Hilfe sogenannter Atlas-Templates interpretiert. Hierzu wurden in der Vergangenheit meist klassische Atlanten mit den Ergebnissen der bildgebenden Verfahren und Diagnostik kombiniert. Diese haben den Nachteil, daß ihre zweidimensionalen Darstellungen der anatomischen Strukturen auf singulären, meist idealisiert / schematisiert dargestellten post – mortem Befunden beruhen. Durch die modernen

computergestützten tomographischen Verfahren ist es möglich, die in-vivo sichtbaren anatomischen Strukturen dreidimensional in ihren korrekten funktionellen und topographischen Zusammenhang zu bringen.

Atlanten, die gezielt die Diagnostik von Computertomographien und Magnetresonanztomographien berücksichtigen, bestehen bereits (Kretschmann HJ, Weinrich W, 2002; Schnitzlein HN and Murtagh RF, 1990). Sie basieren auf dem Prinzip, daß Umzeichnungen von Schichtaufnahmen anatomischen Strukturen in identischer Größe gegenübergestellt werden, so daß die Zuordnung anatomischer Strukturen erleichtert wird. Die Anwendung wird allerdings dadurch eingeschränkt, daß ein zweidimensionales Bild auf eine Schnittebene projiziert wird. Um die Navigation innerhalb der anatomischen Strukturen zu erleichtern, ist eine dreidimensionale Darstellungsweise vorteilhafter. Auch eine freie Schnitfführung und eine freie Schnittwahl sind wünschenswert. Dieser Forderung kommt der softwarebasierende 3D-Anatomiealtas „VOXEL-MAN 3D-Navigator“ nahe (Höhne, et al., 2003), der die dreidimensionale Navigation innerhalb eines computergenerierten Körpers möglich macht. Der Nachteil besteht jedoch darin, daß die Schnitte auf der Grundlage eines gefrorenen Körpers erstellt wurden, wodurch Verschiebungen wegen des Gefrierprozesses auftreten. Jedoch werden die auf bildgebenden Verfahren beruhenden Atlanten der heutzutage erreichbaren Auflösung nicht mehr gerecht. Neu zu entwickelnde Atlanten sollten daher auf der Basis eines hochauflösenden MRT-Datensatzes mit einer Matrix von 512 x 512 Pixel beruhen, wie es dank der modernen bildgebenden Diagnostik heute Standard ist. Außerdem sollten diese Atlanten die oben genannten Nachteile kompensieren und eine dynamische Template-Funktion bieten.

In der vorliegenden Arbeit sollte die dreidimensionale Rekonstruktion von muskulären Strukturen der Kopf- und Halsregion eines Lebenden verwirklicht und als Vergleichsdatensatz bzw. Interpretationshilfe verfügbar gemacht werden. Entsprechend der oben genannten Zielsetzung sollte der in-vivo erstellte Bilddatensatz dank einer hohen Auflösung und damit verbundener Datenfülle konsistent, ausführlich und detailreich sein. Dieser Datensatz sollte dann anatomisch unabhängig von vorgegebenen Schnittebenen interpretiert werden.

Um dieses Ziel zu erreichen, wurde ein dreidimensionaler in-vivo Datensatz erstellt und darin alle relevanten muskulären Strukturen des Kopfes und Halses segmentiert. Der Datensatz wurde im DICOM-Format (Digital Imaging and Communications in Medicine (<http://medical.nema.org/>)) angelegt. Hierbei handelt es sich um ein medizinisch international anerkanntes Format. In jeder einzelnen Schichtaufnahme sind Informationen über gewählte Parameter und Angaben des Patienten gespeichert.

Die Segmentierungen der muskulären Strukturen wurden zusätzlich mit einem detailreichen anatomischen Atlas durch Auflagerung von Templates kombiniert. Dazu war der „Atlas of the Human Brain“ (Mai et al., 1997) gewählt worden. Dieser Atlas bot auf Schnittbildern eine ausführliche und detaillierte Beschreibung muskulärer Strukturen.

An den segmentierten Strukturen wurden dreidimensionale Rekonstruktionen der muskulären Kopf-Halsstrukturen berechnet, die in die korrekte topographische und funktionale Beziehung zu den entsprechenden Schichten des MR-Bilddatensatzes gebracht wurden. Durch die Schichten des MR-Bilddatensatzes konnte mit gleichzeitiger Visualisierung der dreidimensionalen Muskelstrukturen in alle drei Ebenen gefahren werden. Die Möglichkeit der dreidimensionalen computergestützten Visualisierung von anatomischen Strukturen in Bezug auf zweidimensionale kernspintomographische Schichtaufnahmen stellt einen enormen Vorteil in der medizinischen Lehre dar, da hierdurch das Verständnis der anatomischen Beziehungen der Muskelstrukturen im Kopfbereich zueinander und zu anderen Kopf-Halsstrukturen erleichtert wird. Auch in der klinischen Diagnostik können die 3D-Rekonstruktionen eingesetzt werden, wenn es darum geht z.B. pathologische Verdrängungsprozesse beispielsweise in Faszienbereichen, die durch Muskelstrukturen umgeben sind, aufzuklären.

2. Material und Methode

2.1 Proband

Eine 24-jährige gesunde männliche Person mit einer Körpergröße von 1,79 m und einem Gewicht von 75 kg diente als Proband in dieser Studie. Zum Zeitpunkt der Untersuchung gab es keine Hinweise auf pathologische Prozesse.

2.2 Erstellung von Magnetresonanz- (MR-) Datensätzen

Die in dieser Studie durchgeführten tomographischen Untersuchungen wurden mittels eines 1,5 Tesla MR - Tomographen (Magnetom Symphony, Siemens) im Institut für Kernspintomographie von Dr. J. Assheuer in Köln-Mülheim durchgeführt.

Die Orientierung der Schnittbildserien erfolgte in jeweils senkrecht zueinander stehenden Ebenen anhand eines standardisierten Protokolls (Assheuer et al., 1990). Orthogonal zur Mediansagittalebene (Interhemisphärenebene) verlief durch die Zentren der vorderen und hinteren Kommissur die transversale (horizontale) Ebene. Die zur sagittalen und transversalen Ebene korrespondierende orthogonale Ebene war die frontale Ebene.

Für die Arbeit wurden drei verschiedene Aufnahmemodalitäten durchgeführt. Der erste Datensatz, eine T_1 -gewichtete Double-Spin-Echo Sequenz mit einer RepetitionTime (TR) von 2120 ms und einer EchoTime (TE) von 12 ms, wurde für die Segmentierung der muskulären Strukturen im Kopfbereich verwendet. Die Matrix und das „Field of View“ (FoV) betragen jeweils 512 x 512 Pixel. Das „Field of View“ beschreibt das Fenster, in dem der Datensatz dargestellt wurde. Bei einer Matrix von 512 x 512 Pixel und einem ebenso großen „Field of View“ erfolgt die Darstellung 1:1; das bedeutet, daß bei einer Darstellung von 512 x 512 Pixel keine Skalierung (eine Vergrößerung oder Verkleinerung der Darstellung) erfolgt. Die Schichtdicke betrug 2,0 mm bei einer Voxelgröße von näherungsweise 0,47 x 0,47 x 2,0 mm. Der Schichtabstand zwischen zwei aufeinanderfolgenden Schichten lag bei 0,3 mm. Der

Zeitaufwand für die Erstellung des Bilddatensatzes in der frontalen Ebene betrug etwa 4 Stunden.

Der zweite Datensatz war eine frontale FLASH-3D-Sequenz mit einer TR von 31 ms und einer TE von 1,3 ms. Die Matrix und das FoV betragen jeweils 512 x 512 Pixel. Die Schichtdicke betrug 1 mm bei einer Voxelgröße von 0,47 x 0,47 x 1 mm. Ein Schichtabstand zwischen aufeinanderfolgenden Schichtaufnahmen lag nicht vor.

Der dritte Datensatz war eine T₁-gewichtete Sequenz, die in der Frontalebene angefertigt wurde. Die TR lag bei 11,08 ms, die TE bei 4,3 ms. Die Matrix und das FoV betragen jeweils 256 x 256 Pixel. Die Schichtdicke lag bei 1 mm, ein Schichtabstand zwischen zwei aufeinanderfolgenden Schichtaufnahmen lag nicht vor. Die Voxelgröße resultierte in 0,9765 x 0,9765 x 1 mm (Tab. 1).

Für die Segmentierung der muskulären kranialen Strukturen wurden die Bilder der T₁-gewichteten Double-Spin-Echo Sequenz verwendet, da diese am geeignetesten für diese Studie angesehen wurden. Zum besseren Verständnis wird dieser im weiteren Verlauf als MR-Bilddatensatz bezeichnet.

MR-Datensatz	Anzahl Schichten	Matrix in Pixel	FoV in Pixel	TR in ms	TE in ms	Schichtdicke in mm	Schichtabstand in mm	Voxelgröße in mm
Double-Spin-Echo	100	512x512	512x512	2120	12	2,0	0,3	0,47x0,47x2,0
FLASH-3D-Sequenz	184	512x512	512x512	31	1,3	1	0	0,47x0,47x1
T1-Sequenz (256x256)	184	256x256	256x256	11,08	4,3	1	0	0,976x0,976x1

Tab.1: Parameter der verwendeten MR-Datensätze

An der T1-gewichteten Double-Spin-Echo Sequenz wurde die Segmentierung vorgenommen. Bei der FLASH-3D-Sequenz und der T1-Sequenz handelt es sich um frontale MR-Datensätze; Matrix: Auflösung in Pixel, FoV: Field of View, TR: Repetition Time, TE: Echo Time, Schichtdicke: Dicke einer einzelnen Schicht in mm, Schichtabstand: Abstand zwischen zwei aufeinanderfolgenden Schichten, Voxelgröße: Größe eines Voxel; die Größe eines Voxel wird durch die verwendeten Parameter bestimmt.

Die Erfassung des gesamten MR-Bilddatensatzes war aufgrund maschinenspezifischer Parameter in der Frontalebene in einem einzigen Durchgang

nicht möglich. Dadurch war es notwendig, den Scanvorgang in 5 Teilblöcke zu jeweils 28 Einzelbildern zu unterteilen (siehe Anhang 5.1). Die einzelnen Teilblöcke wurden so gewählt, daß sie sich an ihren jeweiligen Enden überlappten, um zu gewährleisten, daß ein lückenloser, kontinuierlicher Bilddatensatz entstand, der den Bereich des gesamten Kopf- und Halsbereichs des Probanden erfaßte. Alle Tomogramme wurden auf der Rechereinheit des MRT im ima-Format (Siemens-eigenes Format) abgelegt und anschließend durch ein Konvertierungsprogramm in das DICOM-Format umgewandelt, wobei jede Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes einer DICOM-Datei entsprach.

Im Institut für Anatomie I an der Heinrich-Heine-Universität in Düsseldorf wurden alle Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes eingelesen; sie konnten dort mit Hilfe des Programms „DicomEye“ (© 1997-2001 Etiam) betrachtet werden (Kap. 2.3). Aus bereits genannten Gründen überlappten sich im MR-Bilddatensatz die einzelnen Blöcke in der Frontalebene. Durch den Vergleich der überlappenden Schichtaufnahmen konnten die überzähligen Schichten erkannt und aus dem Gesamtdatensatz entfernt werden. Es resultierte ein kontinuierlicher MR-Bilddatensatz ohne Verzerrung. Er umfaßte eine kontinuierliche Bildfolge von 100 Bildern.

2.3 Hard- und Software

Im Institut für Anatomie I erfolgte die gesamte Bearbeitung der Bilddaten auf Standard-PCs mit einer Basisausstattung unter Verwendung folgender Programme:

- DataManagementTool (DMT) © Thomas Voß 2001, Institut für Anatomie I der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf
- Amira 3.1.1 © 1995-2003 Konrad-Zuse-Zentrum Berlin (ZIB), © 1999-2003 Indeed - Visual Concepts GmbH, © 1999-2003 TGS Template Graphics Software, Inc.
- Adobe Photoshop CS 8.0.1 © 1990-2003 Adobe Systems Incorporated
- BrainViewer © Thomas Voß 2001, Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf
- DicomEye 2.42 © 1997-2001 Etiam, Rennes, Frankreich
- Adobe Acrobat Reader 7.0 © 1984-2004 Adobe Systems Incorporated

Das Programm DataManagementTool (DMT) diente der Segmentierung, Verwaltung und Darstellung der muskulären Kopf-Halsstrukturen (Kap. 2.5).

Das Programm DicomEye (© 1997-2001 Etiam) ist eine kommerzielle Software, die das Betrachten und Verwalten beliebiger MRT-Datensätze im DICOM Format an einem PC ermöglicht. Über eine Programmroutine war es möglich, die DICOM-Informationen des MR-Bilddatensatzes für jede einzelne Schichtaufnahme in eine Textdatei zu speichern. Dadurch gelang es, die „slice-location“, bei der es sich um eine Positionsangabe der jeweiligen Schicht innerhalb des MR-Bilddatensatzes handelt, für jede beliebige Schichtaufnahme zu bestimmen.

Das Programm Brain Viewer, das ebenfalls im Institut für Anatomie I der Heinrich-Heine-Universität entwickelt wurde (Mai et al., 2000), erleichterte die dreidimensionale Orientierung im kranialen Raum. Diese Software berechnete aus einem lückenlosen MR-Datensatz die orthogonal hierzu gelegenen Schnitte und stellte diese in separaten Fenstern in einem gemeinsamen Koordinatengitter dar. Der Nutzer kann darin mit Hilfe eines Fadenkreuzes navigieren. Der Kreuzungspunkt des Fadenkreuzes konnte mit der Maus auf jeden beliebigen Punkt der drei Abbildungen

(Abb. 1) positioniert werden. Korrespondierende Schichten wurden automatisch eingelesen und in den beiden anderen Fenstern ebenfalls durch ein Fadenkreuz dargestellt. Beim Verfolgen einer muskulären Struktur in einem Fenster wurden die jeweils korrelierenden Schnitte in den anderen Fenstern angezeigt.

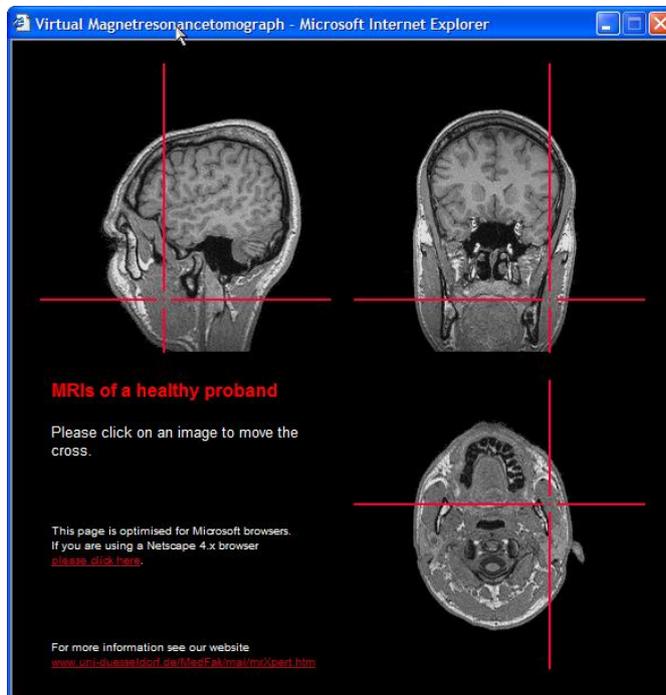


Abb. 1: Darstellung eines Schnittes des MR-Bilddatensatzes im BrainViewer.

Links: Darstellung eines ausgewählten Bildpunktes in der sagittalen Ansicht. Die durch das Zentrum des Fadenkreuzes verlaufenden orthogonalen Ebenen (frontal und horizontal) werden in den anderen Bildansichten automatisch angezeigt (rechter Bildteil). Das Navigieren ist auf allen drei illustrierten Ebenen interaktiv möglich. Hier zeigt das Fadenkreuz in allen drei Abbildungen auf den linken M. masseter.

Das Programm Amira (© 1995-2003 Konrad-Zuse-Zentrum Berlin (ZIB), © 1999-2003 Indeed - Visual Concepts GmbH, © 1999-2003 TGS Template Graphics Software, Inc.) erlaubte die Rekonstruktion und dreidimensionale Darstellung der segmentierten muskulären Strukturen.

Als weitere Software kam das Programm Photoshop CS (© 1990-2003 Adobe Systems Incorporated) zur Anwendung. Dieses Programm wurde zur Bearbeitung der Templates des „Atlas of the Human Brain“ benötigt (s.u.). Die Arbeitsschritte umfaßten die lineare Transformation der Templates und deren Auflagerung im transparenten Modus auf die ausgewählten Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes. Die transparente Auflagerung erfolgte über die Ebenenfunktion von Photoshop. Eine ausführliche Beschreibung dieser Abläufe erfolgt in Kap. 2.7. Durch die Auflagerung der Templates wurden die Segmentierungen muskulärer Strukturen im Kopfbereich kontrolliert und gegebenenfalls später im DataManagementTool korrigiert.

Der Adobe Acrobat Reader wurde zur Darstellung der elektronischen Variante des „Atlas of the Human Brain“ benötigt. Mit Hilfe der Auswahlfunktion war es möglich, die Abbildungen des Atlas in einem konstanten Maß zu exportieren und dann in Photoshop zu importieren.

2.4 Segmentierte muskulärer Strukturen des Kopf-/Halsbereichs

Die im Rahmen dieser Studie segmentierten Muskeln sind in nachfolgender Tabelle aufgelistet (Muskelverzeichnis). Jeder Muskelstruktur wurde eine spezifische Nummer zugewiesen. Die Muskeln wurden zu Muskelgruppen zusammengefaßt. Zusätzlich sind in der rechten Spalte die für diese Arbeit verwendeten Abkürzungen der Muskeln aufgeführt (spezifische Nomenklatur):

Nr.	Muskel	Spez. Nomenklatur
	Kaumuskulatur	
1.	M. masseter pars superficialis	SuMasM
2.	M. masseter pars profunda	DpMasM
3.	(M. buccinator) gehört zur Gruppe M. faciei (nicht berücksichtigt)	(BucM)
4.	M. temporalis	TempM
5.	M. pterygoideus lat. vent. sup.	LPtgS
6.	M. pterygoideus lat. vent. inf.	LPtgl
7.	M. pterygoideus med.	MPtg
	Augenmuskulatur	
8.	M. rectus lateralis	LRec
9.	M. rectus inferior	IRec
10.	M. rectus medialis	MRec
11.	M. obliquus superior	SOb
12.	M. rectus superior	SRec
13.	M. levator palpebrae superior	LPal
	Zungenmuskulatur	
14.	M. genioglossus*	GGM
16.	Intrinsische Zungenmuskulatur	Tong
17.	M. styloglossus	StyGl
18.	M. hyoglossus	HyGl

Halsmuskulatur		
15.	M. geniohyoideus*	GeHy
19.	M. sternocleidomastoideus*	StM
20.	M. rectus capitis post. maj.	PMjRe
21.	M. obliquus capitis inf.	IObCa
22.	M. rectus capitis post. min.	PMiRe
23.	M. digastricus	DiM
26.	M. obliquus capitis sup.	SObCa
35.	M. longus capitis*	LgCa
36.	M. longus colli*	LgCo
Gaumenmuskulatur		
24.	M. levator veli palatini	LeVePa
25.	M. palatopharyngeus	PIPh
34.	M. uvulae	UvM
Rückenmuskulatur		
27.	M. semispinalis cervicis*	SSpCe
28.	M. semispinalis capitis*	SSpCa
29.	M. levator scapulae*	LScM
30.	M. longissimus capitis*	LgsCa
31.	M. splenius cervicis*	SpCe
32.	M. splenius capitis*	SpCa
33.	M. trapezius*	TzM

* Diese Muskelstrukturen konnten nur teilweise erfaßt werden, da diese nicht vollständig innerhalb des vom MR-Tomographen erfaßten Bereichs lagen.

2.5 Segmentierung ausgewählter Strukturen des MR-

Bilddatensatzes

Die Segmentierung der relevanten muskulären kranialen Strukturen erfolgte mit Hilfe des Programms DMT (Kap. 2.3).

Zur Erleichterung der Segmentierung der anatomischen Strukturen bot die Software DMT die Möglichkeit einer stufenlosen Skalierung einzelner Schichten des MR-Bilddatensatzes, ohne die Originaldaten zu verändern. Dadurch konnte jede Schichtaufnahme nach individuellen Bedürfnissen vergrößert bzw. verkleinert werden. Für die Segmentierung in den einzelnen Schichtaufnahmen wurde meist eine Skalierung zwischen 200% und 400% benötigt. Dies vereinfachte die Abgrenzung der muskulären Strukturen, da durch die Vergrößerung der Pixelgröße um das 2- bzw. 4-fache eine feinere und genauere Differenzierung der Strukturen gegenüber der Umgebung erfolgen konnte. Die Helligkeits- und Kontrastwerte (Center/Width) konnten individuell und interaktiv per Maus justiert werden, um eine optimale Hervorhebung einer Struktur zur Umgebung zu ermöglichen. Dabei wurden nicht die Bildwerte an sich verändert, sondern durch den sogenannten Width-Wert ein Bereich vorgegeben, innerhalb dessen Grauwerte unterschieden werden konnten. Der sogenannte Center-Wert gab dabei zum einen den Ausgangswert und gleichzeitig den Mittelpunkt des Width-Bereiches an. Zur Segmentierung wurde hauptsächlich ein Center-Wert von 600 und ein Width-Wert von 1200 verwendet.

Die Segmentierung einer muskulären Struktur erfolgte im DMT durch sequentielles Setzen einer Punkt-zu-Punkt-Verbindung per Mausklick. Durch Verbinden von Anfangs- und Endpunkt wurde die Segmentierung abgeschlossen und in einem vektoriellen Datenformat, dem DA3-Format, gespeichert. Im nächsten Schritt wurde diese Segmentierung einer Kurvengruppe zugeordnet. Eine Kurvengruppe beschrieb eine Struktur, die kennzeichnend für einen speziell definierten Muskel war. So beinhaltete zum Beispiel die Kurvengruppe „Musculus temporalis“ alle Segmentierungen des gleichnamigen Muskels beider Seiten, also die Segmentierungen des linken und des rechten Muskels. Jede Kurvengruppe

beinhaltete somit die Segmentierung eines definierten Muskels in allen betroffenen Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes. Intern wurde allen Muskeln eine alphanumerische Abkürzung zugewiesen, die der Terminologie im „Atlas of the Human Brain“ entsprach. Dem M. temporalis wurde z.B. „TempM“ mit der Nummer 4 zugewiesen.

Auf diese Weise wurden alle übrigen zu segmentierenden muskulären Strukturen des Kopfes definierten Kurvengruppen zugeordnet. Diese Kurvengruppen wurden unabhängig voneinander bearbeitet.

Die Verwaltung aller Kurvengruppen und damit der segmentierten muskulären Strukturen erfolgte in einer Projektdatei. Diese Projektdatei setzte sich aus den Kurvengruppen aller segmentierten muskulären Strukturen und der zugehörigen Bildserien zusammen (Abb. 2). Die Bildserie umfaßte alle 100 Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes; die zugehörige Anzahl der Kurven aller Segmentierungen betrug 1055. Durch das Datenformat DA3 war eine eindeutige Zuordnung jeder Segmentierung zum korrespondierenden Bild der Bildserie und damit zur korrespondierenden Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes gegeben. Zudem waren in der DA3 Datei alle Informationen bezüglich der einzelnen 1055 Kurven gespeichert (Abb. 5).

Auf jedes Bild der Bildserie konnten die jeweils aktuelle vektorielle Kurve oder alle Vektorkurven einer Projektdatei aufgelagert werden (Abb. 6). Eine individuelle Nomenklatur (siehe Muskel-Verzeichnis in Kap. 2.4) der einzelnen Vektorkurven erleichterte die Zuordnung und Identifizierung während der Segmentierung oder Kontrolle am Bildschirm.

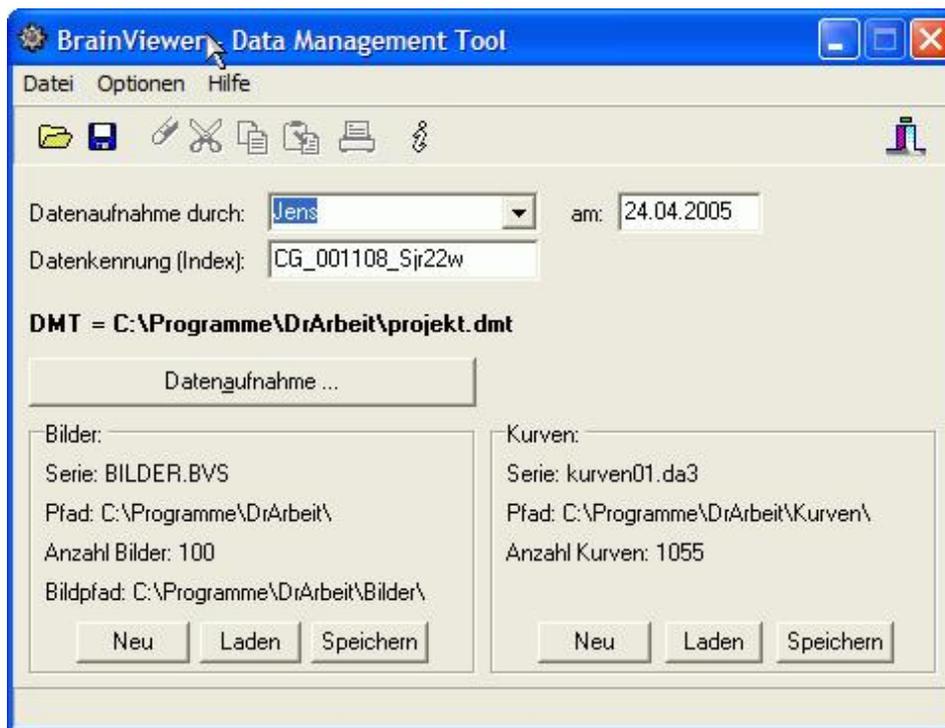


Abb. 2: Hauptbildschirm des Programms DataManagementTool (DMT). Das Feld „Datenaufnahme durch“ gibt den Namen des aufnehmenden Untersuchers an. Das Feld „Datenkennung“ enthält die Kennung für die Projektdaten. In der linken unteren Hälfte ist unter „Bilder“ die Bildserie angegeben. In der rechten unteren Bildhälfte ist unter „Kurven“ die aktuelle Kurvenserie gekennzeichnet. Über „Datenaufnahme“ wird das Fenster zur Bearbeitung der Schichtaufnahmen gestartet.



Abb.3: Durch das Programm DataManagementTool (DMT) exportierte Bitmap. Beispielsweise ist hier eine Einzelbitmap des M. temporalis (beide Seiten) auf schwarzem Hintergrund dargestellt.

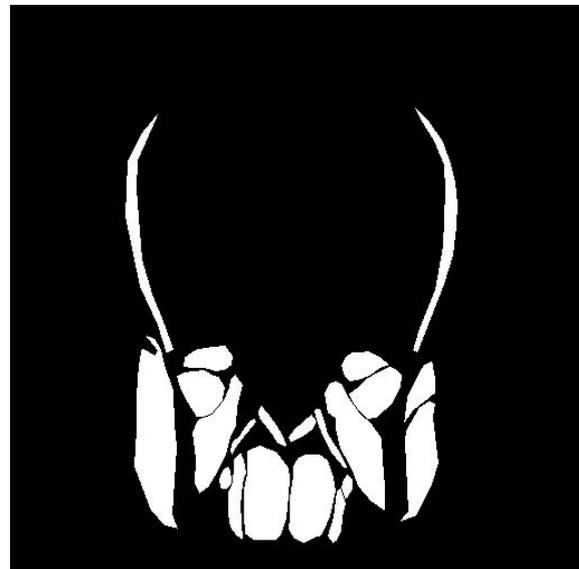


Abb.4: Durch das Programm DataManagementTool (DMT) exportierte Bitmap. Auf diese Einzelbitmap sind alle relevanten Muskelstrukturen einer Schicht zu sehen.

```

<CG_001108_Sjr22w    > < 12> <    > <TempM > <Jens    >
<17.03.2001> <17.04.2005> <
<    0> <DA3> <SJR22WJZ.IMR    > <1 > <    >
X,Y - Koordinaten :
  1240    1030    1210    1140    1150    1350    1110    1950    1070
2370
  1040    2400    1000    2320    1010    2260    1070    1760    1100
1380
  1140    1190    1240    1030

```

Abb. 5: Beispiel der gespeicherten Daten einer Kurve des M. temporalis im DataManagementTool (DMT). Das erste Feld links oben bezeichnet die Kennung der Projektdatei der Kurvenaufnahme. Die Nummer 12 kennzeichnet die Kurvennummer. TempM ist das spezifische Kürzel der Muskelstruktur. Es folgt der Name des Benutzers. Dann folgen die Datumsangaben der erstmalig durchgeführten Segmentierung und das Datum der letzten Änderung bzw. Speicherung. DA3 kennzeichnet das Dateiformat. Dahinter folgt der Dateiname der zugehörigen Schichtdatei des MR-Bilddatensatzes. Die X, Y – Koordinaten geben jeweils die zweidimensionalen X-, Y- Koordinaten jedes einzeln gesetzten Punktes der Kurve an. In dieser Studie waren 1055 dieser Informationen für die Segmentierung notwendig.

Da jede vektorielle Kurve oder Kurvengruppe eindeutig zugeordnet war, konnte sie individuell bearbeitet werden. So war es möglich, jede selektierte Kurve oder auch Kurvengruppe gemeinsam aus einer Projektdatei zu exportieren. Hierbei behalten jede Kurve bzw. Kurvengruppe ihre spezifische Nomenklatur bei. Dadurch konnte jede einzelne Muskelstruktur ohne Schwierigkeiten während der weiteren Verarbeitung identifiziert und anatomisch korrekt zugeordnet werden (Abb. 3 und 4).

Wurden auf diese Weise zum Beispiel die Segmentierungen des Musculus temporalis durch das Programm DMT exportiert, so resultierten 100 Einzelbitmaps, entsprechend der Anzahl der Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes. Die nicht selektierten Bildbereiche auf den Einzelbitmaps wurden dabei als schwarzer Hintergrund repräsentiert. Die Segmentierungen des Muskels traten aber nicht auf allen Einzelbitmaps auf, sondern nur auf denen, die von dem Muskel tangiert wurden. Die übrigen Einzelbitmaps waren für die korrekte räumliche Anordnung der Muskeln wichtig. Durch die zugewiesene Nomenklatur konnten die segmentierten Strukturen eindeutig klassifiziert werden. Alle 100 Einzelbitmaps wurden später in das Programm Amira importiert und dort für die dreidimensionale Rekonstruktion verwendet. Die einzelnen Schritte in Amira werden unten erläutert.

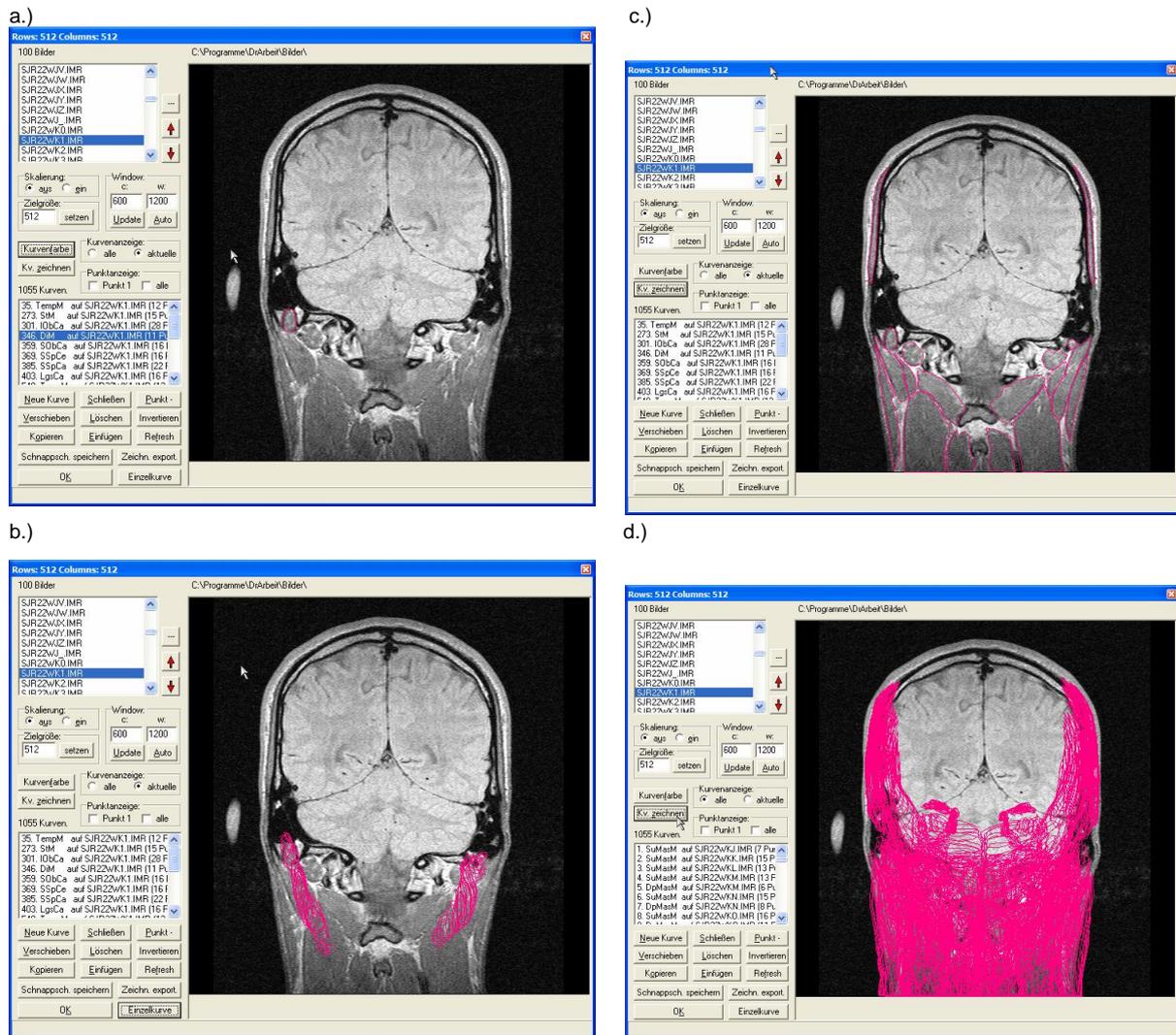


Abb. 6: Darstellung des Segmentierungsbildschirms des Programms DataManagementTool (DMT). In den Einzelabbildungen a-d sind in der linken Bildhälfte jeweils die Steuerungs- und Bearbeitungselemente, in der rechten Bildhälfte die ausgewählte Schichtaufnahme dargestellt. Das Fenster links oben zeigt die einzelnen Schichtaufnahmen, die per Maus ausgewählt und in der rechten Bildhälfte dargestellt werden können. Im Fenster links unten sind die zugehörigen Kurven aufgelistet. Über das Feld „Skalierung“ ist ein Aus- und Einzoomen der ausgewählten Schichtaufnahme möglich. Der Zoomfaktor wird in dem Feld „Zielgröße“ angegeben, wobei 512 = 100% entspricht. Im Feld „Window“ können die Werte für Center und Width gesetzt werden. Über das Feld „Kurvenanzeige“ können entweder nur die der jeweiligen Schichtaufnahme zugehörigen Kurven oder alle Kurven des Projektes angezeigt werden. Das Feld „Kurven zeichnen“ bildet die im unteren linken Kästchen aufgelisteten Kurven ab. Mit „Kurvenfarbe“ ist es möglich Kurven in unterschiedlicher Farbe darzustellen. Die restlichen Schaltflächen dienen zur Segmentierung anatomischer Strukturen, deren Bedeutung aus der jeweiligen Beschriftung hervorgeht. In Abb. (a) ist die Abgrenzung des M. digastricus einer bestimmten Schicht des MR-Bilddatensatzes zu erkennen. In Abb. (b) sind alle Segmentierungen des linken und rechten M. digastricus auf dieselbe Schichtaufnahme projiziert worden. In Abb. (c) wurden alle Segmentierungen der relevanten muskulären Strukturen einer Schicht dargestellt. In Abb. (d) sind alle Segmentierungen aller relevanten Muskelstrukturen aller Schichten des MR-Bilddatensatzes auf eine Schicht projiziert worden.

2.6 “Atlas of the Human Brain” als Segmentierungshilfe

Um die Differenzierung bzw. Abgrenzung der muskulären Strukturen im Kopf- und Halsbereich zu erleichtern bzw. zu überprüfen wurde als Segmentierungshilfe der „Atlas of the Human Brain“ (Mai et al., 1997) genutzt. Der Atlas ist in einen makroskopischen und mikroskopischen Abschnitt unterteilt. Für diese Arbeit wurde die Frontalschnittserie des makroskopischen Atlas zur Hilfe genommen, die Schemazeichnungen und Fotografien enthält (Abb. 7). Die Schnitte wurden post-mortem mit einer 10%-Formalin, -glycerin und -Incidin Lösung (Henkel, Düsseldorf) fixiert (Mai et al., 1997). Die Schemazeichnungen dieses Atlas wurden als Templates verwendet. Die visuelle Abgrenzung einzelner Muskelstrukturen wurde durch die transluzente Auflagerung bestimmter Areale des „Atlas of the Human Brain“ auf die Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes erleichtert (Abb. 8). Deswegen wurden die Strukturen, die schwer zu differenzieren waren, unter Zuhilfenahme des „Atlas of the Human Brain“ unter Berücksichtigung der bereits erarbeiteten Grenzen segmentiert. Die Ausdehnung der Muskulatur des Kopfes, die im Atlas zugrunde gelegt wurde, wich von den räumlichen Dimensionen der Probandenmuskulatur ab. Daher wurde eine interaktive Anpassung der Templates auf die Schichtaufnahmen notwendig.

Diese erfolgte nach folgenden Kriterien:

- Auswahl der entsprechenden Templates nach dem Grad der visuellen Übereinstimmung der muskulären Strukturen
- Ausrichtung des Templates an markanten anatomischen Strukturen der MR-Schichtaufnahme
- Manuelle Transformation des ausgewählten Templates in x- und y- Richtung mit dem Ziel der optimalen Überlagerung („best fit“)

Auf diese Weise wurden einzelnen Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes korrelierende Abbildungen aus dem Atlas zugeordnet (Abb. 8).

2.7 Lineare Transformation der Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ und Integration in den MR-Bilddatensatz

Um die Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ und den MR-Bilddatensatz in Kongruenz zu bringen, war es notwendig, die Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ und die des MR-Bilddatensatzes mit ihren unterschiedlichen Dimensionen und Orientierungen aneinander anzupassen. Die Unterschiede in den räumlichen Dimensionen sind auf die interindividuelle Variabilität beider Individuen zurückzuführen. Auf diesen Sachverhalt ist bereits von Sievert hingewiesen worden (Sievert, 1992).

Für die Anpassung wurde die elektronische Version des „Atlas of the Human Brain“ (PDF-Datei) benutzt (Abb. 7). Mit Hilfe des Adobe Acrobat Readers (© Adobe Systems) wurden die relevanten Abbildungen des Atlas als Grafik exportiert. Die entsprechende Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes wurde über eine Exportroutine im Programm „DataManagementTool“ in einer konstanten Größe von 512 x 512 Pixel bei 72 dpi ebenfalls exportiert, so daß beide Grafiken in Photoshop geöffnet und weiterverarbeitet werden konnten. Da die exportierte Grafik der Atlas-Abbildungen und die exportierte Bitmap-Grafik der Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes dieselbe Auflösung hatten, unterschieden sich beide Grafiken nur in der absoluten Größe.

In Photoshop konnte die Abbildung des Atlas als transparente Ebene mit 50% Deckung (Transparenz) der entsprechenden Bitmap-Grafik der Schichtaufnahme aufgelagert werden. Außerdem wurde diese Abbildung mit einer geänderten Verlaufsumsetzung der Farben versehen, was eine Hervorhebung der transluzenten Grafik des Atlas erzeugte. Die Grafik wurde in der Weise akzentuiert, daß die Muskelgruppen rot und der Hintergrund gelb erschienen. Durch manuelle Änderung der Dimensionen der aufgelagerten Abbildung des Atlas in x- und y-Richtung wurden die Muskelgruppen des Atlas mit denen des MR-Bilddatensatzes in Kongruenz gebracht.

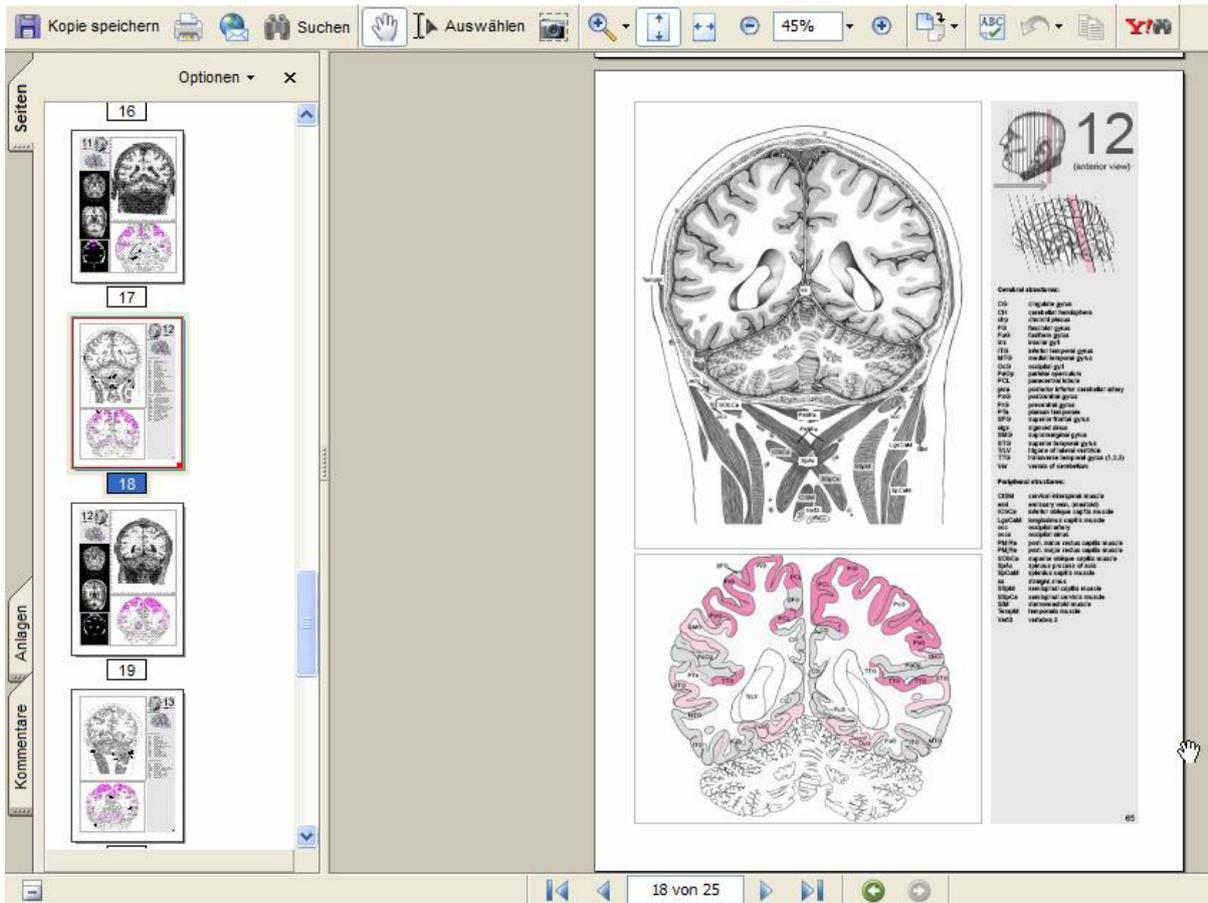


Abb.7: Darstellung der Templates des „Atlas of the Human Brain“ im Adobe Acrobat Reader. Aus der elektronischen Variante des Atlas wurden die Templates herauskopiert und dann in Photoshop transformiert.

Die lineare Anpassung erfolgte über die gesamte Höhe bzw. Breite, also in x- bzw. y-Richtung. Als Ergebnis lag eine transformierte Abbildung des „Atlas of the Human Brain“ vor, die mit der zugehörigen Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes weitestgehend korrelierte. Unter Berücksichtigung der interindividuellen Variabilität war für jede muskuläre Struktur, die segmentiert wurde, dieser Prozeß eine Erleichterung bei der Klassifizierung und Differenzierung der einzelnen anatomischen Strukturen (Abb. 8).

Nach erfolgter Transformation wurden beide Ebenen auf eine Ebene reduziert und im Bitmap-Format in Photoshop gespeichert. Diese Bitmap-Datei hatte die Größe und Auflösung der Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes, nämlich 512 x 512 Pixel bei 72 dpi.

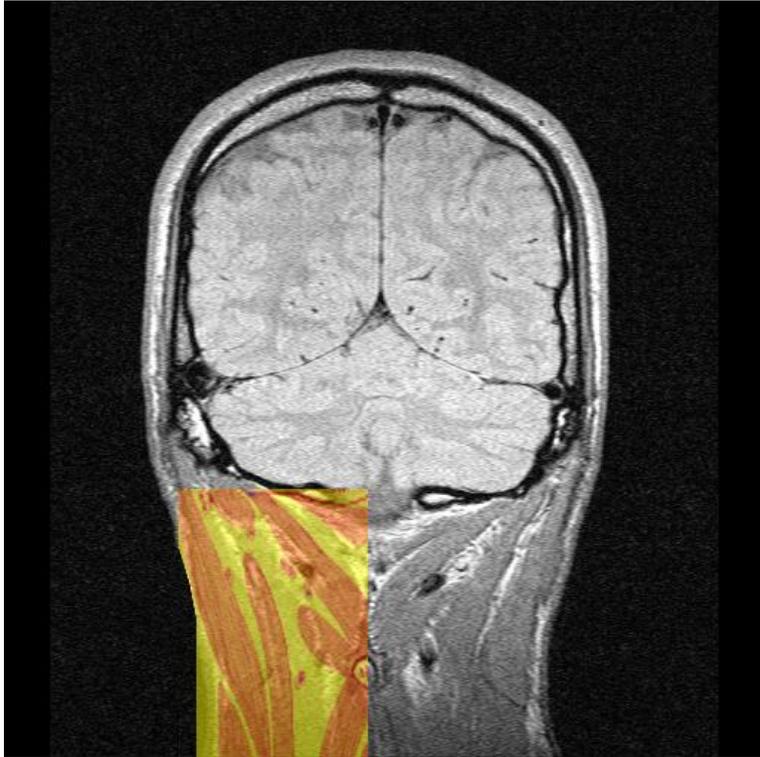


Abb. 8: Lineare Anpassung der Abbildung des Atlas of the Human Brain. Auflagerung der transformierten Abbildung des „Atlas of the Human Brain“ auf die entsprechende Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes. Die Ausrichtung an anatomischen Strukturen, die sowohl auf der Abbildung als auch auf der Schichtaufnahme vorhanden sind, ist deutlich zu erkennen, wie z.B. der Processus spinosus des Axis. Durch einfache Transformation in x- und y-Richtung ließ sich eine hohe Übereinstimmung zwischen Abbildung und Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes erzielen.

Anschließend wurden beide Grafiken, die in Photoshop modifizierte Bitmap Grafik und die entsprechende Schicht im Programm „DataManagementTool“ (DMT), nebeneinander geöffnet (Abb. 9). So konnte durch visuelle Kontrolle der modifizierten Einzelbitmaps die Segmentierung im „DataManagementTool“ (DMT) erfolgen. Durch die visuelle Integration der transformierten Abbildungen des Atlas in die segmentale Bearbeitung der Muskelstrukturen im Programm „DataManagementTool“ war es nun möglich trotz teilweiser geringer Kontrastunterschiede, die relevanten kranialen muskulären Strukturen gut zu differenzieren und zu klassifizieren.

Exemplarisch ist in Abbildung 8 eine Bitmap-Grafik nach erfolgter Transformation zu sehen. Es ist deutlich zu erkennen, daß die Abbildung des Atlas eine sehr gute Deckung zur Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes aufweist. Die Abbildung 9 zeigt die Gegenüberstellung der modifizierten Bitmap Grafik in Photoshop mit der entsprechenden Schicht im Programm „DataManagementTool“ (DMT) mit den dazugehörigen Segmentierungen.

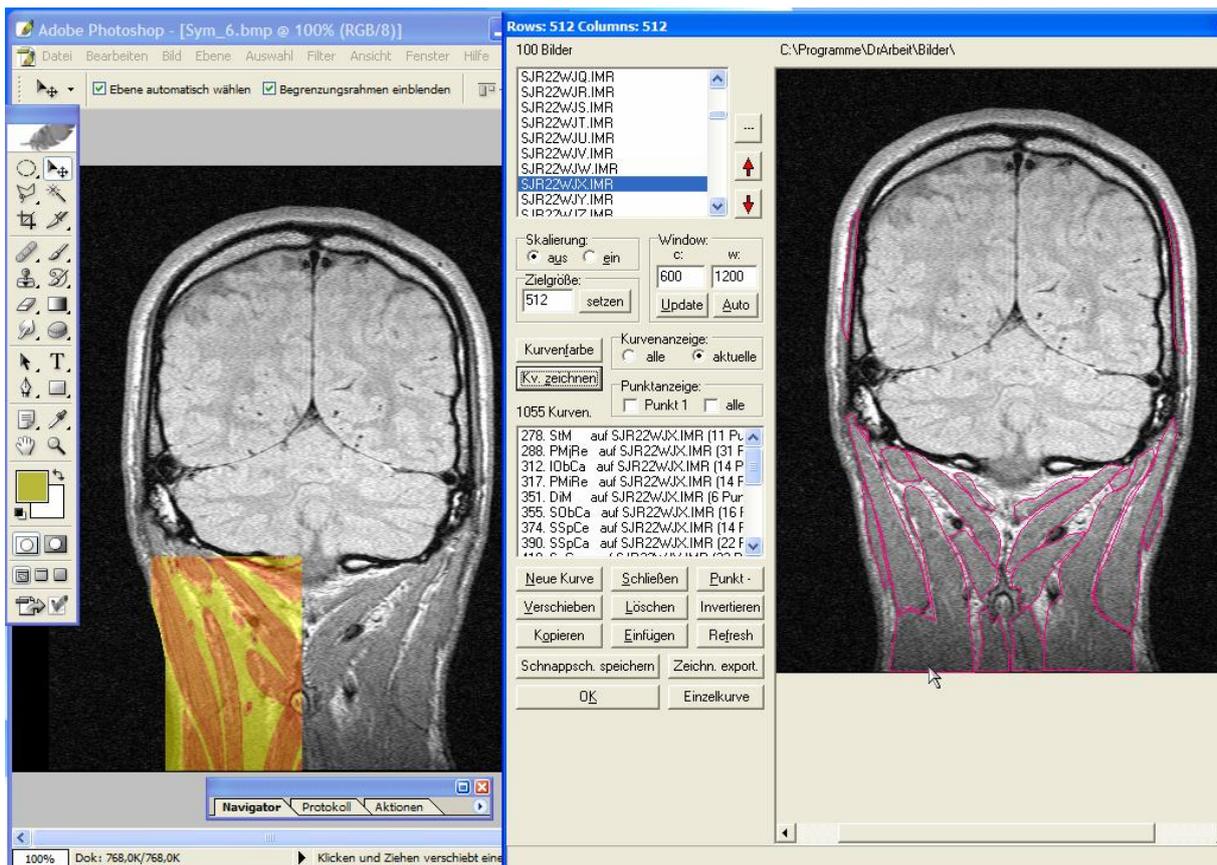


Abb. 9: Gegenüberstellung der modifizierten Bitmap Grafik in Photoshop mit der entsprechenden Schicht im Programm „DataManagementTool“ (DMT) mit den dazugehörigen Segmentierungen.

2.8 Generieren der Bounding-Box in Amira

Die sogenannte Bounding-Box in Amira ist ein dreidimensionales Konstrukt, das den räumlichen Dimensionen bzw. Proportionen des MR-Bilddatensatzes entspricht. Dieses Konstrukt entspricht einem rechteckigen Raum, in der die segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes in die korrekte Dimension und Position im Verhältnis der anatomischen Strukturen des MR-Bilddatensatzes gebracht werden konnten. Die Abmessungen der Box in x- und y- Richtung ergaben sich durch Multiplikation der Matrix des MR-Bilddatensatzes mit der metrischen Ausdehnung eines Voxel in x- bzw. y-Richtung. Die Ausdehnung in z-Richtung konnte anhand der „slice-location“ der ersten und letzten Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes bestimmt werden. Dadurch konnten die rekonstruierten muskulären Strukturen ohne Verzerrung und in anatomisch korrekter Position innerhalb der Bounding-Box platziert werden. Eine Auflistung jeder einzelnen Schichtaufnahme und der zugehörigen „slice-location“ findet sich im Anhang in 5.1.

Es ergab sich für die Bounding-Box eine anterior-posteriore Ausdehnung von $240,00$ mm durch Bestimmung der „slice-location“ der ersten und letzten Schichtaufnahme. Die $2,3$ mm entsprechen der Schichtdicke und dem Schichtabstand der letzten Schicht. Die metrische Ausdehnung in x- und y-Richtung ließ sich über die Multiplikation der Pixelzahl mit der Voxelgröße bestimmen. Durch Multiplikation dieser beiden Größen ergab sich für die horizontale und vertikale Ausdehnung ein Wert von je $240,00$ mm.

Die Bounding-Box in Amira hatte damit die Maße: $240,00$ mm x $240,00$ mm x $230,001$ mm. Dies entspricht $512 \times 512 \times 100$ Voxel, da ein Voxel die Maße von näherungsweise $0,47$ mm x $0,47$ mm x $2,3$ mm innerhalb der Bounding-Box aufwies. In Abbildung 10 ist eine solche Bounding-Box in einer Ansicht von schräg vorne links zu sehen. Jede für die Rekonstruktion vorgesehene muskuläre Struktur lag innerhalb dieser Bounding-Box. Diese Box konnte per Maus interaktiv in alle Richtungen bewegt und gedreht werden. In diese Bounding-Box wurden die Bitmap-Grafiken des MR-Bilddatensatzes importiert, die darin selektiv bewegt und dargestellt werden konnten (Abb. 11).

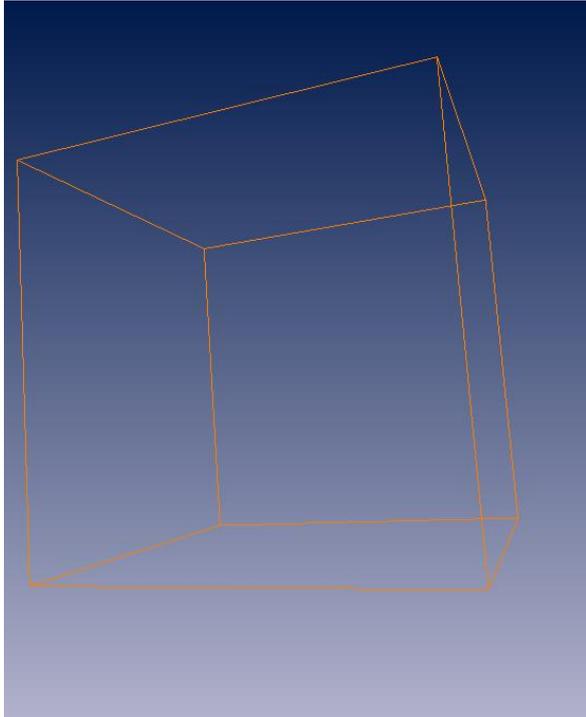


Abb. 10: Ansicht der Bounding-Box im 3D-Viewer in Amira. Dargestellt ist die Bounding-Box von schräg vorne links. Die Höhe und Breite der Bounding-Box entspricht jeweils 240,00 mm bzw. 512 Voxel, die Tiefe 100 Voxel (entsprechend 230 mm).

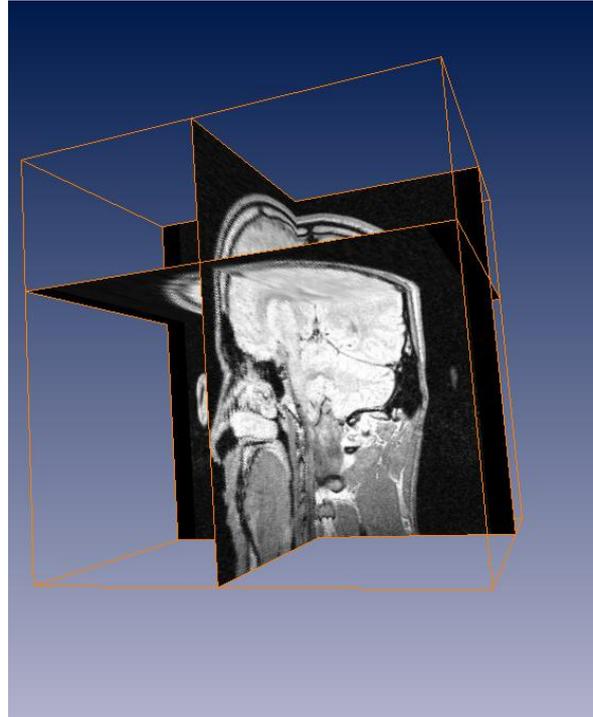


Abb. 11: Darstellung des MR-Bilddatensatzes im 3D-Viewer in Amira. In einer Schrägansicht ist der MR-Bilddatensatz nach Import in Amira als Datenobjekt dargestellt. Durch Hinzufügen des Moduls „Ortho Slice“ für alle drei Ebenen kann jede Ebene individuell und simultan durchfahren und in unterschiedlichen Konstellationen dargestellt werden.

Durch das Hinzufügen des Moduls „Ortho Slice“ konnten die Einzelbitmaps entsprechend der gewählten Ebene selektiv dargestellt werden (Abb. 11 mit drei Modulen „Ortho Slice“ für jede Richtungsebene). In diese Einzelbitmaps konnten später alle dreidimensional rekonstruierten anatomischen Strukturen beliebig visualisiert werden (Kap. 3.6).

2.9 Dreidimensionale Rekonstruktion der segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes

Die Bitmap-Schichtaufnahmen der einzelnen segmentierten muskulären Kopf-Halsstrukturen wurden durch das DataManagementTool (DMT) exportiert. Die exportierten Dateien konnten nach Amira importiert werden und lagen dort als Datenobjekte vor. Jedes Datenobjekt war innerhalb der Bounding-Box angeordnet und repräsentierte einen Muskel der Hals- und Kopfregion beidseits. Diese Datenobjekte, welche jeweils aus den 100 Einzelbitmaps einer bestimmten Kopfmuskelstruktur bestand, wurden mit dem Kürzel aus dem Muskelverzeichnis (Kap. 2.4) versehen. Jede Einzelbitmap konnte innerhalb der Bounding-Box selektiv dargestellt werden (Abb. 12). Die Begrenzungen der muskulären Strukturen auf den Einzelbitmaps konnten in Amira mit Hilfe des „Image Segmentation Editor“ dargestellt werden.

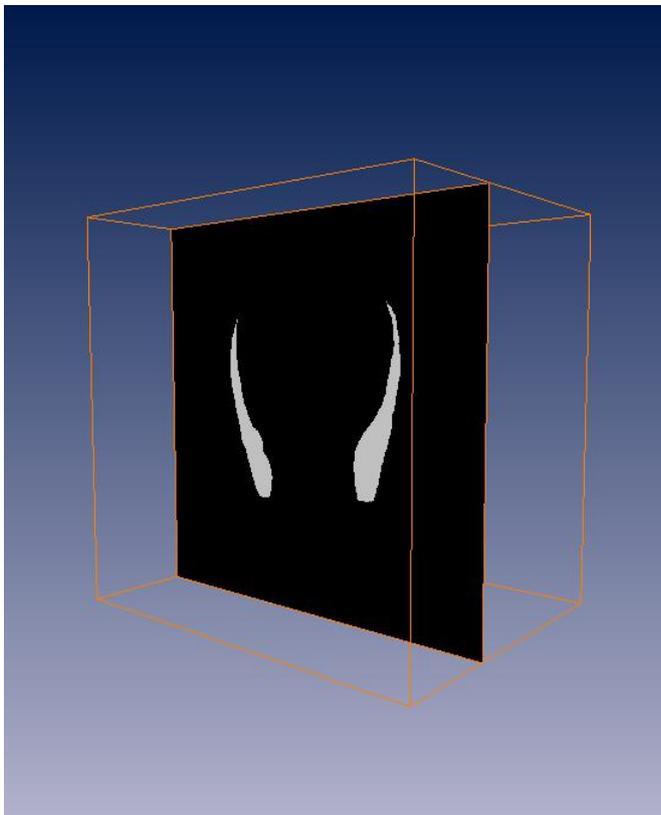


Abb. 12: Einzelbitmap innerhalb der Bounding-Box in Amira. Diese innerhalb der Bounding-Box angeordnete Bitmapstruktur repräsentiert eine Segmentierung des M. temporalis auf einer bestimmten Schicht des MR-Bilddatensatzes. Durch die jeweiligen Schichten konnte mit dem Modul „Ortho Slice“ gefahren werden, wobei die zugehörigen 2D-Segmentierungen der bearbeiteten Struktur in Bezug auf die Schichtebene sichtbar wurden. Pro Muskelstruktur lagen 100 Einzelbitmaps vor.

Die Basiskomponenten in Amira waren Module und Datenobjekte. Diese konnten untereinander verknüpft werden. Die Module stellten Befehle und Rechenoperationen (z.B. Berechnung einer Oberflächenstruktur durch Triangulierung) dar, die auf Datenobjekte angewendet werden konnten. Das Ergebnis einer erfolgten Modulausführung war ein neues Datenobjekt, das entsprechend der Operation des Moduls bearbeitet worden ist. Bei den Datenobjekten (Abb. 13) handelte es sich um 100 Einzelbitmaps einer Kurvengruppe, die aus dem Programm DataManagementTool (DMT) für jede Muskelstruktur exportiert wurden. Diese wurden durch einzelne Rechenoperationen der Module modifiziert bis schließlich als Ergebnis die gewünschte dreidimensionale Rekonstruktion der anatomischen Struktur erreicht worden ist. Ein 3D-Viewer ist Bestandteil des Programmpaketes.

Für jede ausgewählte muskuläre Struktur, die in dieser Studie segmentiert und dreidimensional rekonstruiert wurde, sind folgende Schritte in Amira nacheinander angewendet worden:

- Datenimport von Bitmapgrafiken: Alle 100 Einzelbitmaps einer Kurvengruppe, die durch das DataManagementTool (DMT) exportiert wurden, wurden beim Import in Amira automatisch in der sogenannten Bounding-Box (Kap. 2.8) angeordnet. Dabei handelt es sich um einen virtuellen Datenraum, dessen Abmessung exakt den räumlichen Maßen des MR-Bilddatensatzes entsprach. Durch den Import der Einzelbitmaps, die den Abmessungen des MR-Bilddatensatzes entsprachen, traten also keine Verzerrungen auf. Die einzelnen Bilder der Einzelbitmaps konnten innerhalb dieser Bounding-Box selektiv mit der Option „Ortho Slice“ dargestellt werden.
- Image Filters: Dieses Modul beinhaltete verschiedene Filter zur Bearbeitung der Oberflächen der dreidimensional rekonstruierten Muskelstrukturen. Hauptsächlich wurden zwei Filter für die 3D-Rekonstruktion der anatomischen Strukturen verwendet. Der wichtigste Filter war der sogenannte „Median Filter“. Dieser Filter glich Unebenheiten der rekonstruierten muskulären Oberflächen aus, so daß eine lebensechte und anatomisch korrekte Muskelstruktur resultierte. Dieser Filter arbeitete so, daß er maximale Abweichungen von einem berechneten mittleren Punkt-Wert der Oberfläche

bestimmte und diese Abweichungen an den „Median Wert“, also dem mittleren Punkt-Wert, annäherte. Dieser Filter bot sich für die meisten Muskelstrukturen an. Bei sehr kleinen Muskelstrukturen führte die Anwendung des Median-Filters jedoch wegen Subtraktionseffekte zu Löchern in den Strukturen. Um dies zu verhindern mußte auf einen anderen Filter zugegriffen werden. In diesen Fällen wurde der „Maximum Filter“ angewendet, der Abweichungen nicht an den „Median-Wert“ annäherte, sondern an den „Maximum-Wert“, so daß hier keine Subtraktionseffekte auftraten. Nachteil dieses Filters ist die geringfügige Volumenzunahme der rekonstruierten Struktur.

- Surface Gen (Oberflächen Generator): Dieses Rechenmodul ermöglichte die definitive Erzeugung der Oberfläche der anatomischen Struktur. Die Operation dieses Moduls war dadurch charakterisiert, daß es eine trianguläre Annäherung der Zwischenflächen eines Label Fields, also dem Zwischenraum zweier Schichtaufnahmen, generierte.
- Smooth Surface: Dieses Modul führte eine Glättung der Oberfläche durch, wobei die Ausrichtung der Dreiecke (Flächen) zueinander beeinflusst wurde.
- Surface View: Dieses Modul erlaubte die Betrachtung triangulärer Oberflächen, die durch das Modul „Surface Gen“ erzeugt wurden. Verschiedene Qualitätsanpassungen der Visualisierung waren hier möglich. Der 3D-Viewer ermöglichte die Betrachtung der rekonstruierten Oberflächen muskulärer Strukturen, die in allen Richtungen frei bewegt und gedreht werden konnten (Abb. 13).

Generell wurden meist die gleichen Schritte für die dreidimensionale Rekonstruktion jeder einzelnen Muskelstruktur durchgeführt. Lediglich die Wahl des Image-Filters differierte in einzelnen wenigen Fällen in Abhängigkeit von der Größe der segmentierten Struktur.

Wie oben schon aufgeführt wurde, wurde die Rekonstruktion der Oberfläche einer muskulären Struktur durch das Modul „Surface Gen“ gestartet. Der Algorithmus dieses Moduls erstellte aus den 3D-Volumendaten ein Polygonmodell, welches die Außenhülle des berechneten Volumens, die durch die Begrenzungen der Segmentierungen der muskulären Strukturen vorgegeben war, in kleine Dreiecke unterteilte. Zusätzlich zur dreidimensionalen Oberflächenrekonstruktion wurde eine

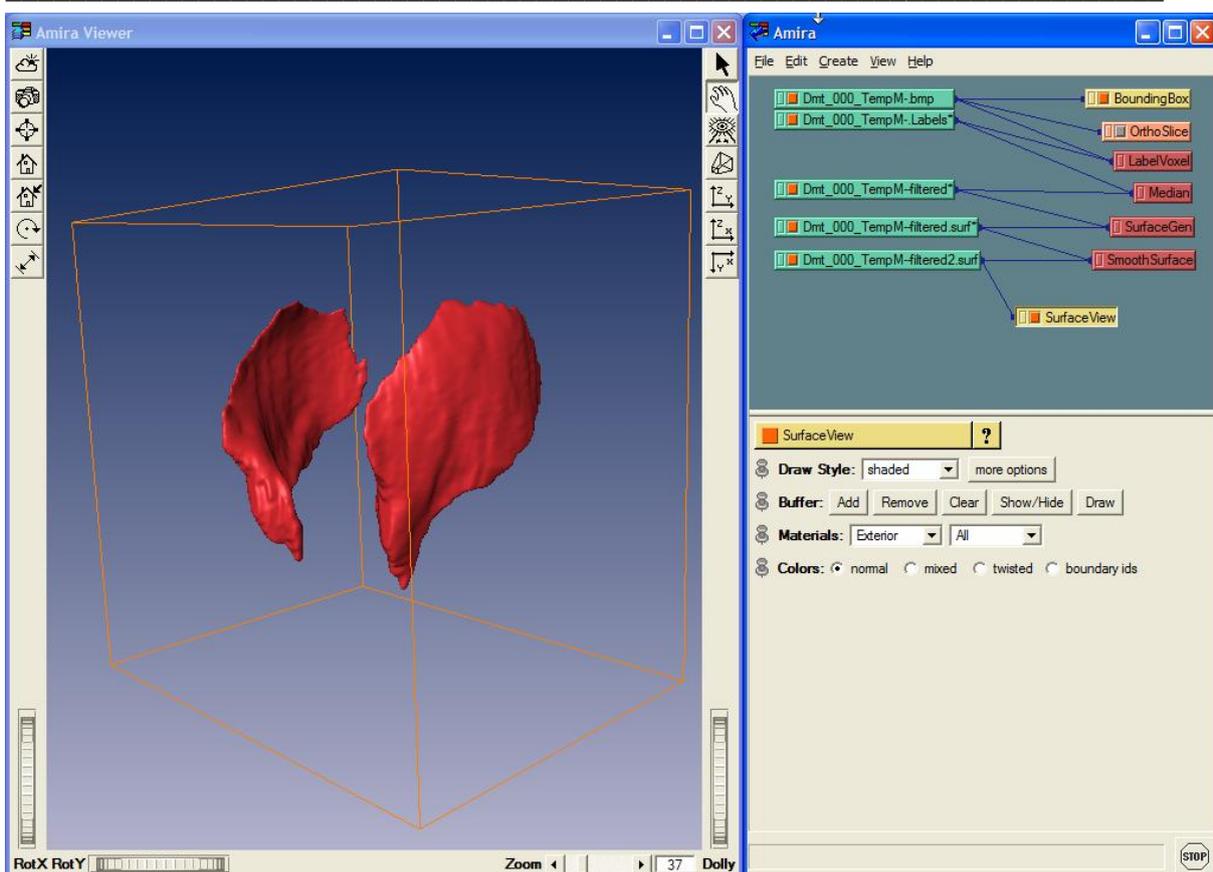


Abb. 13: Hauptbildschirm des Programms Amira. In der linken Bildhälfte ist die dreidimensional rekonstruierte Oberfläche des M. temporalis aus einer Perspektive von schräg links-frontal zu sehen. Die Begrenzungslinien repräsentieren die Bounding-Box in x-, y- und z-Richtung. Mit den Rädern an den Rändern des 3D-Viewers kann der Blickwinkel der Bounding-Box in x- y- und z-Richtung verändert werden. Außerdem ist mit diesen Rädern ein stufenloses Ein- und Auszoomen der Abbildung möglich. Rechts oben in der Abbildung sind alle Bearbeitungsschritte in chronologischer Reihenfolge dargestellt (siehe Text). Die auf der linken Seite der Bearbeitungsschritte stehenden grünen Balken repräsentieren die jeweiligen Datensätze, die Schritt für Schritt durch die auf der rechten Seite stehenden Module modifiziert wurden. Der erste grüne Balken auf der linken Seite repräsentiert die importierten Bitmap-Grafiken. Diesem Datensatz ist das Modul „BoundingBox“ und „Ortho Slice“ zugeordnet. „Ortho Slice“ wurde hier deaktiviert. Das erste Rechenmodul ist das „Label Voxel“, hieraus resultiert ein Datenobjekt, welchem anschließend der „Median-Filter“ zugeordnet wurde. Nach Anwendung der Module „Surface Gen“ und „Smooth Surface“ kann nun durch das Modul „Surface View“ das erzeugte Objekt auf der linken Seite, dem Viewer sichtbar gemacht werden. Das Fenster rechts unten zeigt jeweils untergeordnete Befehle der einzelnen Module bzw. Datensätze an (hier des Moduls „Surface View“). Diese werden sichtbar, wenn die Balken im oberen rechten Fenster durch einen Mausklick aktiviert werden.

Glättung mit dem Modul „Smooth Surface“ mit 10 Wiederholungen (Iterationen) durchgeführt. Auf dem berechneten Polygonmodell konnte die Oberfläche mit der Routine „Surface View“ generiert und dargestellt werden. Diese Darstellung konnte anhand verschiedener Einstellungen beeinflusst werden. In dieser Arbeit sind alle Rekonstruktionen mit der Option „shaded“ dargestellt worden.

Nachdem die einzelnen Module schrittweise auf die jeweils neu berechneten Datenobjekte angewendet worden waren, resultierte das endgültige Datenobjekt der dreidimensionalen anatomischen Struktur. Dieses dreidimensionale Datenobjekt wurde für jeden einzelnen Muskel unter der in Kap. 2.4 genannten Abkürzung abgespeichert, so daß für jede einzelne segmentierte muskuläre Struktur eine Datei

mit der entsprechenden Abkürzung des Muskelverzeichnisses erzeugt wurde. Ein Vergleich zwischen einem Datenobjekt, z.B. dem dreidimensional rekonstruierten M. masseter, welches mit dem Modul „Iso Surface“ ohne jegliche Bearbeitung der Oberfläche generiert worden ist und einem Datenobjekt des gleichen Muskels, welches einer vollständigen Bearbeitung der Oberfläche unterzogen wurde, ist in den Abbildungen 14a und 14b veranschaulicht. Durch die Speicherung der dreidimensional rekonstruierten anatomischen Strukturen entstanden 36 Dateien, die die Informationen der jeweiligen dreidimensional rekonstruierten Muskelstruktur beinhalteten. Diese 3D-Objekte konnten nun zusammen mit den Schichten des MR-Datensatzes selektiv in die Bounding-Box von Amira eingefügt bzw. geladen werden (Kap. 3.6). Um eine bessere Übersicht zu erhalten, wurden in dieser Studie Muskelgruppen angelegt, die aus den 36 segmentierten Muskelstrukturen selektiert und zusammengesetzt worden waren. Folgende Gruppen wurden zusammengestellt:

- Kaumuskulatur
- Augenmuskulatur
- Zungenmuskulatur
- Halsmuskulatur
- Gaumenmuskulatur
- Rückenmuskulatur
- Gruppe aller Muskelstrukturen

Diese Gruppen konnten als eine Projekt-Datei mit dem entsprechenden Dateinamen abgespeichert werden. In der Gruppe, in der alle Muskelstrukturen visualisiert wurden, war es hilfreich, durch das Modul „Surface View“ die gewünschten Muskelstrukturen ein- und auszublenden. Dadurch wurde es möglich, anatomische Strukturen sichtbar zu machen, die durch andere Muskelstrukturen verdeckt worden waren.

Auf diese Weise wurde eine dreidimensionale computergenerierte Darstellung relevanter Kopfmuskelstrukturen erzeugt, die auf der Basis eines in-vivo Verfahrens die muskulären Kopf-Halsstrukturen eines Probanden in korrekter anatomischer Anordnung und Proportion zueinander aber auch im Zusammenhang mit den Schichten des MR-Bilddatensatzes veranschaulichen konnte (Kap. 3.6 und Anhang

5.3). Durch die Ein- und Ausblendfunktion des Moduls „Surface View“ war die Selektion der einzelnen Strukturen möglich, außerdem konnte mit Hilfe des Moduls „Ortho Slice“ in allen drei Ebenen durch die Schichten des MR-Bilddatensatzes gefahren werden.

Bei allen Rekonstruktionen wurde die Anzahl der triangulären Flächen, sowie deren Oberfläche und Volumen bestimmt. Für die Berechnung dieser Parameter wurde das Modul für Messungen „Surface Area“ genutzt, das das Ergebnis der berechneten Oberfläche und des Volumens der betreffenden muskulären Struktur in mm^2 bzw. mm^3 ausgab (Kap. 3.4). Zusätzlich zu diesen Messungen wurden die Maxima der Ausdehnung der segmentierten Strukturen in Bezug auf die Mediansagittallinie und einer willkürlich definierten Orbitabodenlinie (Verbindungsline zwischen dem tiefsten Punkt des Orbitabodens beider Seiten) bestimmt (Kap. 2.10). Diese Bezugslinien boten für die Vermessungen die günstigste Ausgangslage, da sie auf den Bitmaps gut rekonstruierbar waren und eine einfache Messung ermöglichten.

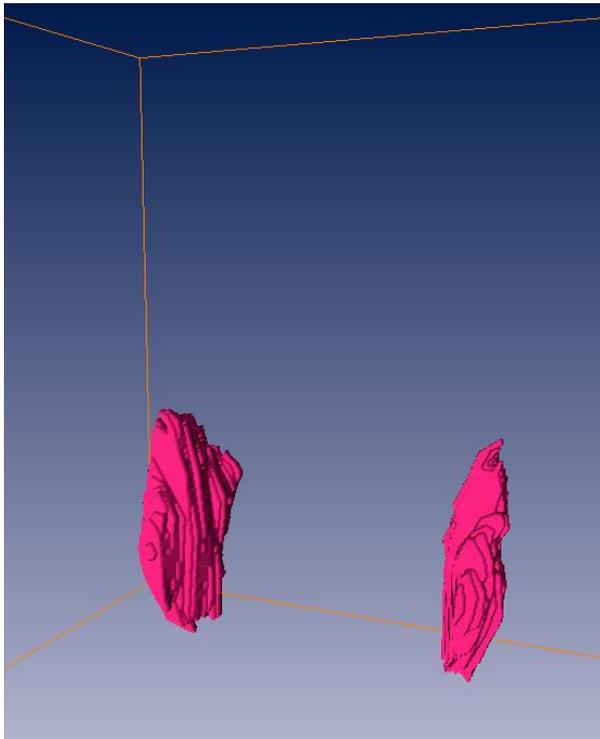


Abb. 14a: Dreidimensionale Ansicht des M. masseter pars superficialis ohne Bearbeitung der Oberfläche. Durch das Modul „Iso Surface“ in Amira konnte die Oberfläche der anatomischen Struktur ohne jegliche Bearbeitung dargestellt werden. Deutlich zu sehen ist die kantige Darstellung der einzelnen Segmentierungsschichten.

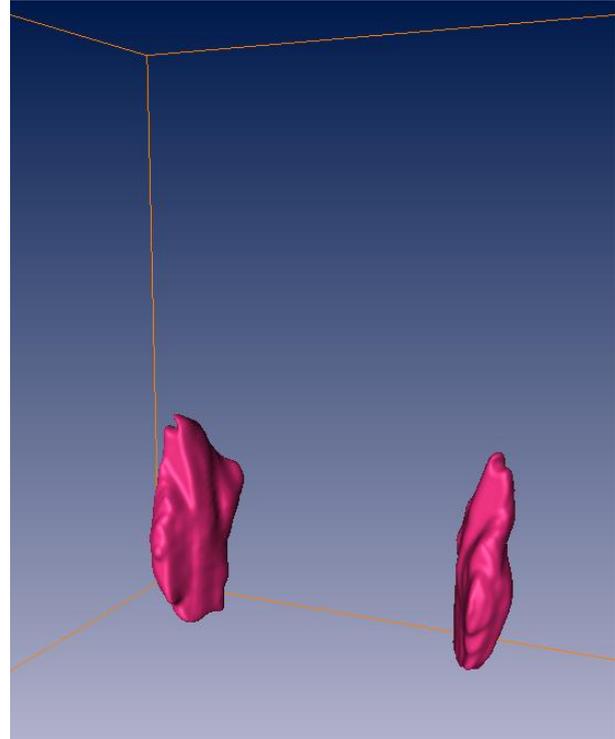


Abb. 14b: Dreidimensionale Ansicht des M. masseter pars superficialis mit Bearbeitung der Oberfläche. Hier wurde der „Median-Filter“ und das Modul „Smooth Surface“ eingesetzt. Deutlich zu sehen ist die harmonischere und glattere Oberfläche als in Abb. 14a.

2.10 Morphometrische Untersuchungen an den segmentierten muskulären Strukturen

Im Rahmen der morphometrischen Untersuchung wurde die maximale Ausdehnung der muskulären Strukturen in Bezug auf die Mediansagittallinie und die Orbitabodenlinie bestimmt. Die sagittale Ausdehnung einer muskulären Struktur wurde durch einfache Bestimmung der Anzahl der tangierenden Schichten des MR-Bilddatensatzes durch diese Struktur berechnet.

Geringe Differenzen im Seitenvergleich konnten erkannt werden. Als Referenzschicht für die morphometrische Untersuchungen diente die Schicht „SJR22WL8“ des MR-Bilddatensatzes, durch die die Referenzlinien klar definiert werden konnten. Im Programm „DataManagementTool“ (DMT) wurde diese Referenzschicht als Bitmapdatei exportiert. Zusätzlich wurden auch die Kurven jeder einzelnen Muskelpaarstruktur auf eine Bitmapdatei projiziert, so daß eine Bitmapdatei für jedes Muskelpaar resultierte. Diese Dateien wurden anschließend ebenfalls exportiert, so daß 36 Dateien der entsprechenden Muskelpaare mit deren Segmentierungen erzeugt wurden. Die Bitmapdatei der ausgewählten Schicht wurde in Photoshop geöffnet. Daraufhin folgte die Einzeichnung der Mediansagittallinie und der Orbitabodenlinie, die als Referenzlinien für diese Messung dienten. Dann wurden einzeln nacheinander alle 36 exportierten Kurvengruppen der segmentierten Muskelpaarstrukturen der Schicht-Bitmapdatei aufgelagert, so daß die Messung in Bezug auf die genannten Referenzlinien stattfinden konnte (Abb. 15). Die Ausdehnung einer muskulären Struktur wurde mit Hilfe des Meßwerkzeuges in Photoshop in der Maßeinheit Pixel bestimmt.

Es wurde jeweils die maximale Ausdehnung einer muskulären Struktur in medio-lateraler und in kaudo-kranialer Ausdehnung getrennt für beide Seiten erfaßt. In der medio-lateralen Ausrichtung wurde die Strecke von der Mediansagittallinie zum medialsten und lateralsten gelegenen Punkt der Struktur erfaßt. In kaudo-kranialer Richtung wurden ebenfalls die am nächsten gelegenen und entferntesten Punkte in Bezug auf die Orbitabodenlinie gemessen.

Um die absoluten Ausdehnungswerte jeder einzelnen anatomischen Struktur für beide Seiten zu erhalten, mußten jeweils die Werte für die weiteste und kürzeste Entfernung von der Referenzlinie voneinander subtrahiert werden. Überschritt eine Muskelstruktur die Bezugslinie, so wurde der von der Linie aus gemessene Wert nicht subtrahiert, sondern addiert, da sich die Struktur in diese Richtung weiter ausdehnte. So erhielt man auch in diesen Fällen ein korrektes Ergebnis bei der Berechnung der Ausdehnung der Strukturen. Die Ergebnisse der morphometrischen Messung sind in Kap. 3.4 aufgelistet.

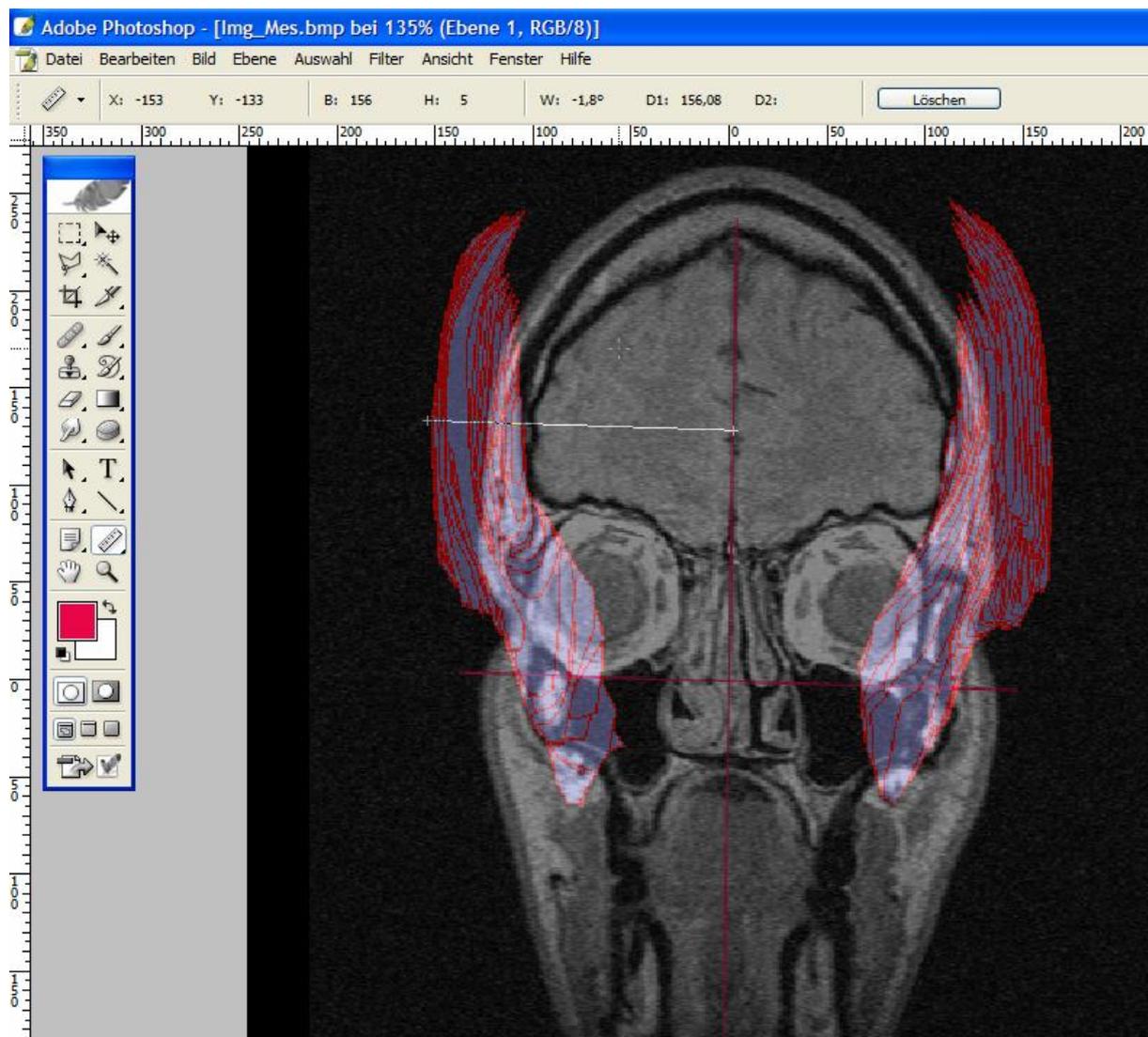


Abb. 15: Morphometrische Messung der Maxima der anatomischen Muskelstrukturen in Photoshop. Hier sieht man die transparente Auflagerung der Segmentierungen des M. temporalis auf eine Schicht des MR-Datensatzes. Die roten Linien repräsentieren die Mediansagittallinie und die Orbitabodenlinie. Diese Linien dienen in allen Messungen als Referenzlinien, sie repräsentieren jeweils den Nullpunkt der Messungen, was man auch gut an dem Lineal von Photoshop an den Rändern oben und links erkennen kann. Die weiße Linie ist die Meßlinie, die mit dem Meßwerkzeug von Photoshop erzeugt wurde. Alle Parameter dieser Linie lassen sich am oberen Rand der Software ablesen. Man kann erkennen, daß die Positionierung des Kopfes nicht exakt senkrecht zur Coronalenebene lag. Berechnet wurde ein Schiefstand der Achse von $1,8^\circ$, was in jeder Messung mit berücksichtigt werden mußte.

3. Resultate

3.1 Erstellung eines MR-Referenzdatensatzes

Voraussetzung für die Erstellung eines Referenzdatensatzes war ein kontinuierlicher, lückenloser und detailreicher MR-Bilddatensatz. Die anatomischen Strukturen des Probanden durften keine pathologischen Prozesse aufweisen. Diese Kriterien wurden von dem verwendeten MR-Bilddatensatz erfüllt. Da die Erfassung des MR-Bilddatensatzes aufgrund maschinenspezifischer Parameter in einem Durchgang nicht möglich gewesen war, war es notwendig, fünf Teilblöcke zu je 28 Bildern zu erstellen (Kap. 2.2). Um sicherzustellen, daß durch Löschung der überzähligen Bilder keine Änderung der sagittalen Ausdehnung resultierte, wurde der MR-Bilddatensatz mit den sagittalen Ausdehnungen zweier anderer MR-Datensätze desselben Probanden, die „in einem Block“ angefertigt werden konnten, verglichen. Der Vergleich der Datensätze ergab eine völlige Übereinstimmung in allen 3 Dimensionen.

Damit konnte das Ziel erfüllt werden, einen Referenzdatensatz mit hoher Auflösung und Detailgenauigkeit als Interpretations- und Orientierungshilfe muskulärer Strukturen im Kopfbereich zu erstellen.

3.2 Segmentierung der Muskelstrukturen

Die Abgrenzung der muskulären Kopf-Halsstrukturen wurde anhand der Kontrastwechsel zwischen benachbarten Arealen auf dem MR-Bilddatensatz interaktiv durch Bewertung der Kontrastübergänge zwischen den anatomischen Strukturen vorgenommen. In den Fällen, wo die Kontrastunterschiede oder Kontraständerungen zwischen benachbarten Strukturen zu gering waren, um eine sichere Differenzierung und Klassifizierung zu erreichen, konnten die Segmentierungen mit Hilfe der entsprechenden transformierten Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“, die auf die jeweiligen Schichten des MR-Bilddatensatzes als Templates projiziert worden waren, durchgeführt werden. Dies setzte die Verwendung von Hilfsreferenzpunkten und die Bestimmung von Nachbarschaftsbeziehungen voraus.

3.3 Anpassung der Atlas-Templates

Die Transformation der Atlas-Templates in die Schichten des MR-Bilddatensatzes diente als Segmentierungshilfe. Die Segmentierung der einzelnen muskulären Strukturen wurde gleichzeitig mit der visuellen Kontrolle der transformierten Atlas Templates durchgeführt. Diese Methode war besonders in den Fällen hilfreich, in denen geringe Kontrastunterschiede vorherrschten. In dieser Weise konnten die einzelnen anatomischen Strukturen mit größerer Genauigkeit hervorgehoben werden. Die Ausrichtung der Templates erfolgte an markanten anatomischen Strukturen. Außerdem wurden die muskulären Strukturen der Templates, soweit diese in den Abbildungen des Atlas berücksichtigt wurden, mit den entsprechenden Arealen der korrespondierenden Schichtaufnahme zur Deckung gebracht. Die Kontrolle hinsichtlich der optimalen Anpassung erfolgte visuell.

Daß die Grenzbestimmung bzw. Segmentierung mit Hilfe der Atlas-Templates korrekt erfolgte, wurde durch die spätere dreidimensionale Rekonstruktion und durch den Seitenvergleich bestätigt.

3.4 Abmessungen der segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes

Die Messung der linearen Ausdehnung der muskulären Strukturen im Kopfbereich in x-, y- und z- Richtung im orthogonalen kranialen Raum erlaubte eine Berechnung der Größe und eine grobe Einschätzung ihrer Position im dreidimensionalen Raum in Bezug auf die Mediansagittallinie und der Orbitabodenlinie. Durch den Vergleich der Werte für die linke und rechte Seitenhälfte konnten Unterschiede in den Seitenverhältnissen erkannt werden. Die Ausdehnung in x- und y- Richtung wurde durch Multiplikation der Pixelzahl in der jeweiligen Richtung mit der Breite eines Voxels bestimmt. Die Anzahl der Pixel in x- und y-Richtung ist zuvor in Photoshop bestimmt worden. Die Abstände und die Ausdehnungen der anatomischen Strukturen im Raum im Verhältnis zu den Bezugslinien sind in Tabelle 2 und 3 niedergelegt (Tab. 2 in Pixel, Tab. 3 in mm).

Zusätzlich zur zweidimensionalen Ausdehnung der Strukturen in x- und y-Richtung wurde auch die Ausdehnung in z-Richtung bestimmt. Dabei mußte die Anzahl der von der jeweiligen Muskelstruktur tangierten Schichtaufnahmen bestimmt werden. Durch Multiplikation der Schichtdicke und des Schichtabstandes mit der Anzahl der tangierten Schichten ließ sich so die Ausdehnung der segmentierten Strukturen in der 3. Dimension bestimmen (Tab. 4).

Für den Nachweis von Seitenunterschieden (Lateralität) zwischen beiden Seiten wurde willkürlich eine Toleranz von zehn Pixel festgesetzt. In z-Richtung wurde die Toleranz willkürlich auf drei Schichten festgelegt. Die meisten Werte befanden sich innerhalb dieser festgelegten Toleranzgrenzen.

Weiterhin wurden in dieser Studie von allen segmentierten Strukturen das Volumen, die Oberfläche und ihre Ausdehnung im dreidimensionalen Raum bestimmt. (Kap. 2.10 und 3.4).

Nr.	Muskeln	rMk	rMI	rOk	rOI	IMk	IMI	IOk	IOI	rAM	rAO	IAM	IAO
1	SuMasM	84	135	-24	151	91	147	-32	148	51	175	56	180
2	DpMasM	99	128	-7	52	106	136	-10	50	29	59	30	60
3	(BucM)	60	94	39	174	58	97	46	150	34	134	39	104
4	TempM	54	156	-237	67	68	164	-251	59	102	304	96	310
5	LPtgS	38	100	-34	9	46	112	32	14	62	43	66	18
6	LPtgI	38	109	-16	49	43	115	-11	49	71	65	72	60
7	MPtg	28	94	6	131	29	103	5	127	66	125	74	122
8	LRec	48	89	-26	-60	50	94	-29	-60	41	34	44	31
9	IRec	33	64	-12	-44	36	65	-9	-44	31	32	29	35
10	MRec	27	46	-30	-60	30	43	-30	-59	19	30	13	29
11	SOb	24	39	-52	-68	28	41	-51	-68	15	16	13	17
12	SRec	38	77	-59	-76	44	78	-61	-74	39	17	34	13
13	LPal	31	66	-63	-77	34	70	-62	-79	35	14	36	17
14	GGM	0	39	95	174	0	40	95	175	39	79	40	80
15	GeHy	0	43	152	187	0	48	152	187	43	35	48	35
16	Tong	0	50	49	167	0	56	52	168	50	118	56	116
17	StyGl	44	71	70	114	51	84	64	119	27	44	33	55
18	HyGl	33	54	76	159	35	63	87	160	21	83	28	73
19	StM	73	147	-8	190	83	159	4	182	74	198	76	178
20	PMjRe	3	90	-10	105	0	100	0	117	87	115	100	117
21	IObCa	0	95	44	129	0	112	45	130	95	85	112	85
22	PMiRe	-10	62	-12	51	10	75	-8	60	72	63	65	68
23	DiM	64	129	-17	138	67	135	0	125	65	155	68	125
24	LeVePa	-5	24	38	73	5	29	43	73	29	35	24	30
25	PIPh	23	52	44	91	22	58	38	97	29	47	36	59
26	SObCa	70	108	-10	49	86	125	0	51	38	59	39	51
27	SSpCe	-5	50	122	186	6	65	123	185	55	64	59	62
28	SSpCa	-8	99	-59	190	10	119	-60	185	107	249	109	245
29	LScM	55	92	112	182	72	92	98	183	37	70	20	85
30	LgsCa	79	121	26	86	94	135	15	85	42	60	41	70
31	SpCe	-10	139	-36	190	10	151	-31	183	149	226	141	214
32	SpCa	-8	76	-25	190	10	81	-22	183	84	215	71	205
33	TzM	62	90	67	158	78	106	30	159	28	91	28	129
34	UvM	0	13	79	108	0	13	79	108	13	29	13	29
35	LgCa	-6	69	-5	190	6	83	0	183	75	195	77	183
36	LgCo	-6	39	51	190	6	51	50	186	45	139	45	136

Tab. 2: Abmessungen der einzelnen Muskelstrukturen in Bezug auf die Mediansagittallinie und Orbitabodenlinie in Pixel. Der Muskelindex ist in Kapitel 2.4 aufgelistet. rMk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie rechte Seite, rMI: längste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie rechte Seite, rOk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie rechte Seite, rOI: längste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie rechte Seite, IMk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie linke Seite, IMI: längste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie linke Seite, IOk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie linke Seite, IOI: längste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie linke Seite, rAM absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Mediansagittallinie rechte Seite, rAO absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Orbitabodenlinie rechte Seite, IAM absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Mediansagittallinie linke Seite, IAO absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Orbitabodenlinie linke Seite. Die roten Werte repräsentieren Strukturen die ausschließlich oberhalb der Orbitabodenlinie lagen (Augenmuskulatur). Bei diesen resultierte durch die Position ein negativer Wert, der aufgehoben wurde, da die absolute Muskelausdehnung immer positiv ist.

Nr.	Muskeln	rMk	rMI	rOk	rOI	IMk	IMI	IOk	IOI	rAM	rAO	IAM	IAO
1	SuMasM	38	61	-11	68	41	66	-14	67	23	79	25	81
2	DpMasM	45	58	-3	23	48	61	-5	23	13	27	14	27
3	(BucM)	27	42	18	78	26	44	21	68	15	61	18	47
4	TempM	24	70	-107	30	31	74	-113	27	46	137	43	140
5	LPtgS	17	45	-15	4	21	50	14	6	28	19	30	8
6	LPtgI	17	49	-7	22	19	52	-5	22	32	29	32	27
7	MPtg	13	42	3	59	13	46	2	57	30	56	33	55
8	LRec	22	40	-12	-27	23	42	-13	-27	18	15	20	14
9	IRec	15	29	-5	-20	16	29	-4	-20	14	14	13	16
10	MRec	12	21	-14	-27	14	19	-14	-27	9	14	6	13
11	SOb	11	18	-23	-31	13	18	-23	-31	7	7	6	8
12	SRec	17	35	-27	-34	20	35	-27	-33	18	8	15	6
13	LPal	14	30	-28	-35	15	32	-28	-36	16	6	16	8
14	GGM	0	18	43	78	0	18	43	79	18	36	18	36
15	GeHy	0	19	68	84	0	22	68	84	19	16	22	16
16	Tong	0	23	22	75	0	25	23	76	23	53	25	52
17	StyGl	20	32	32	51	23	38	29	54	12	20	15	25
18	HyGl	15	24	34	72	16	28	39	72	9	37	13	33
19	StM	33	66	-4	86	37	72	2	82	33	89	34	80
20	PMjRe	1	41	-5	47	0	45	0	53	39	52	45	53
21	IObCa	0	43	20	58	0	50	20	59	43	38	50	38
22	PMiRe	-5	28	-5	23	5	34	-4	27	32	28	29	31
23	DiM	29	58	-8	62	30	61	0	56	29	70	31	56
24	LeVePa	-2	11	17	33	2	13	19	33	13	16	11	14
25	PIPh	10	23	20	41	10	26	17	44	13	21	16	27
26	SObCa	32	49	-5	22	39	56	0	23	17	27	18	23
27	SSpCe	-2	23	55	84	3	29	55	83	25	29	27	28
28	SSpCa	-4	45	-27	86	5	54	-27	83	48	112	49	110
29	LScM	25	41	50	82	32	41	44	82	17	32	9	38
30	LgsCa	36	54	12	39	42	61	7	38	19	27	18	32
31	SpCe	-5	63	-16	86	5	68	-14	82	67	102	63	96
32	SpCa	-4	34	-11	86	5	36	-10	82	38	97	32	92
33	TzM	28	41	30	71	35	48	14	72	13	41	13	58
34	UvM	0	6	36	49	0	6	36	49	6	13	6	13
35	LgCa	-3	31	-2	86	3	37	0	82	34	88	35	82
36	LgCo	-3	18	23	86	3	23	23	84	20	63	20	61

Tab. 3: Abmessungen der einzelnen Muskelstrukturen in Bezug auf die Mediansagittallinie und Orbitabodenlinie in Millimeter. Der Muskelindex ist in Kapitel 2.4 aufgelistet. rMk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie rechte Seite, rMI: längste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie rechte Seite, rOk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie rechte Seite, rOI: längste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie rechte Seite, IMk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie linke Seite, IMI: längste Strecke in Bezug auf die Mediansagittallinie linke Seite, IOk: kürzeste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie linke Seite, IOI: längste Strecke in Bezug auf die Orbitabodenlinie linke Seite, rAM absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Mediansagittallinie rechte Seite, rAO absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Orbitabodenlinie rechte Seite, IAM absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Mediansagittallinie linke Seite, IAO absolute Ausdehnung der Struktur in Bezug auf die Orbitabodenlinie linke Seite. Die roten Werte repräsentieren Strukturen die ausschließlich oberhalb der Orbitabodenlinie lagen (Augenmuskulatur). Bei diesen resultierte durch die Position ein negativer Wert, der aufgehoben wurde, da die absolute Muskelausdehnung immer positiv ist.

Nr.	Muskeln	rS	IS	rAz	IAz
1	SuMasM	25	23	58	53
2	DpMasM	4	4	9	9
3	(BucM)	12	12	28	28
4	TempM	61	59	140	136
5	LPtgS	15	13	35	30
6	LPtgl	17	16	39	37
7	MPtg	12	12	28	28
8	LRec	9	11	21	25
9	IRec	10	10	23	23
10	MRec	17	16	39	37
11	SOB	16	15	37	35
12	SRec	15	15	35	35
13	LPal	13	13	30	30
14	GGM	14	14	32	32
15	GeHy	8	8	18	18
16	Tong	31	31	71	71
17	StyGl	8	8	18	18
18	HyGl	7	7	16	16
19	StM	34	32	78	74
20	PMjRe	11	10	25	23
21	IObCa	17	16	39	37
22	PMiRe	13	12	30	28
23	DiM	28	26	64	60
24	LeVePa	4	4	9	9
25	PIPh	5	6	12	14
26	SOBca	12	12	28	28
27	SSpCe	13	13	30	30
28	SSpCa	32	32	74	74
29	LScM	4	4	9	9
30	LgsCa	7	7	16	16
31	SpCe	24	26	55	60
32	SpCa	10	10	23	23
33	TzM	4	4	9	9
34	UvM	3	3	7	7
35	LgCa	6	6	14	14
36	LgCo	3	3	7	7

Tab. 4: Abmessungen der einzelnen Muskelstrukturen in dorso-ventraler Richtung in Millimeter. Der Muskelindex ist in Kapitel 2.4 aufgelistet. rS: Anzahl Schichten rechte Struktur, IS: Anzahl Schichten linke Struktur, rAz: Ausdehnung rechte Struktur in z-Richtung in mm, IAz: Ausdehnung linke Struktur in z-Richtung in mm

3.5 Dreidimensionale Rekonstruktion der segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes

Die dreidimensionale Rekonstruktion der anatomischen Strukturen soll als Interpretations- und Orientierungshilfe dienen. Dieser Aspekt konnte ebenfalls verwirklicht werden. Das Mittel der dreidimensionalen Darstellung ist von großer Bedeutung, da durch sie die Betrachtung von Schnittbildern in frei wählbaren Ebenen möglich ist. So wurde eine computergenerierte Illustration relevanter Kopfmuskelstrukturen erzeugt, die auf der Basis eines in-vivo Verfahrens die muskulären Kopf-Halsstrukturen eines Probanden in korrekter Beziehung und anatomischer Anordnung und Proportion veranschaulichen konnte. Durch die Ein- und Ausblendfunktion war eine freie Selektion der einzelnen Strukturen möglich.

Die anatomischen Strukturen, die in Amira dreidimensional rekonstruiert worden sind, bestehen aus einem Gittermodell, welches aus Flächen und Punkten aufgebaut ist. In der Tabelle 5 sind unter „Dreiecke“ die Anzahl der Flächen angegeben, die das Gittermodell der betreffenden muskulären Struktur aufweist.

Die Anzahl der Flächen, die Oberflächenwerte und Volumina jeder muskulären Struktur wurden in Amira mit dem Modul „Surface Area“ bestimmt. Die Oberflächenwerte und Volumina sind von der Anzahl der durchgeführten Glättungen (Iterationen), die mit dem Modul „Smooth Surface“ durchgeführt wurden, abhängig. Die Anzahl der Punkte und Flächen verändert sich dabei für eine muskuläre Struktur und einer festen Auflösung von 512 x 512 Pixel nicht. Sie sind unabhängig von einer Glättung. Die Anzahl der dreieckigen Flächen und die Anzahl der Punkte stehen in einem Verhältnis von 2:1 zueinander.

Nr.	Muskeln	Ohne Glättung			10 Iterationen			100 Iterationen		
		Dreiecke	Oberfläche	Volumen	Dreiecke	Oberfläche	Volumen	Dreiecke	Oberfläche	Volumen
1	SuMasM	141412	120414	557116	141412	120479	557708	141412	121886	563602
2	DpMasM	11096	7925	11900	11096	7971	11992	11096	8364	12991
3	(BucM)	52744	43860	131705	52744	43925	131969	52744	44677	134793
4	TempM	396704	407295	981498	396704	406892	982152	396704	409076	989493
5	LPtgS	31956	25902	65083	31956	25972	65272	31956	26639	67304
6	LPtgI	48648	38717	130162	48648	38782	130400	48648	39482	132953
7	MPtg	78208	57883	209458	78208	57970	209839	78208	58925	213691
8	LRec	21648	16421	29574	21648	16481	29702	21648	17078	31165
9	IRec	13264	12230	17654	13264	12274	17763	13264	12865	19064
10	MRec	13064	15987	24057	13064	16028	24153	13064	16543	25400
11	SOb	7784	9900	11834	7784	9937	11905	7784	10425	12872
12	SRec	12456	15032	19355	12456	15097	19487	12456	15802	21018
13	LPal	8880	10015	10852	8880	10075	10947	8880	10726	12117
14	GGM	36096	27531	91081	36096	27554	91253	36096	28119	92871
15	GeHy	20860	15683	39259	20860	15472	39418	20860	15907	40773
16	Tong	26992	77829	439194	26992	77932	440068	26992	79645	448995
17	StyGI	9940	7720	10375	9940	7759	10473	9940	8188	11417
18	HyGI	18056	15779	27516	18056	15840	27685	18056	16462	29494
19	StM	215460	184323	757562	215460	184168	758329	215460	186377	765920
20	PMjRe	74960	56126	152657	74960	56274	153103	74960	57654	157405
21	IObCa	86152	60595	211574	86152	60664	211901	86152	61568	215510
22	PMiRe	67056	47200	132479	67056	47306	132743	67056	48394	135444
23	DiM	56068	43142	83200	56068	43212	83493	56068	44276	86808
24	LeVePa	3932	2872	2506	3932	2880	2528	3932	3016	2804
25	PIPh	4640	3745	2927	4640	3751	2958	4640	3997	3405
26	SObCa	24064	19420	46512	24064	19471	46658	24064	20004	48345
27	SSpCe	57584	44383	152124	57584	43912	152472	57584	44703	155524
28	SSpCa	506420	338449	1959358	506420	337929	1960440	506420	341192	1970142
29	LScM	44356	29961	65123	44356	29990	65405	44356	30938	68095
30	LgsCa	18640	15050	24530	18640	15101	24658	18640	15632	25988
31	SpCe	21884	15503	31114	21884	15408	31318	21884	15975	32981
32	SpCa	423304	267261	1101946	423304	266987	1102861	423304	269554	1110844
33	TzM	150320	88200	329423	150320	88051	329928	150320	89193	333860
34	UvM	3080	2182	3078	3080	2199	3109	3080	2348	3418
35	LgCa	182084	110230	438233	182084	110216	438882	182084	111973	444634
36	LgCo	88916	54430	163437	88916	54484	163869	88916	55757	167627

Tab. 5: Auflistung der berechneten Dreiecke, Oberflächen und Volumina der segmentierten Strukturen in Amira. Für die hier aufgelisteten Muskelstrukturen findet sich in Kap. 2.4 der zugehörige Muskelindex. Die Werte für die Anzahl der Dreiecke, für die Oberfläche und für das Volumen wurde für jede Struktur dreimal gemessen. Einmal ohne Glättung, einmal mit einer Glättung von 10 Iterationen und einmal mit einer Glättung von 100 Iterationen. Dreiecke: Anzahl der Dreiecke des Polygonmodells, entspricht der Anzahl von Flächen. Oberfläche: Oberfläche der Rekonstruktion in mm^2 ; Volumen: Volumen der Rekonstruktion in mm^3 .

In den Berechnungen für die Oberfläche (unabhängig von der Anzahl der Flächen (Dreiecke)) und das Volumen der einzelnen segmentierten muskulären Strukturen traten in den unterschiedlichen Glättungen zum Teil nur geringfügige Unterschiede auf. Die Oberfläche der meisten muskulären Strukturen war bei den Rekonstruktionen, bei denen eine Glättung von 100 Iterationen erfolgte, am größten. Bei wenigen Muskelstrukturen, wie dem M. splenius cervicis (Nr. 31), der nach der 3D-Rekonstruktion noch recht große Unebenheiten in der Oberflächenstruktur aufwies, lagen Schwankungen vor. Hier lag der größte Oberflächenwert bei 100 Iterationen, der geringste bei einer Glättung von 10 Iterationen. Ohne Glättung lag der berechnete Oberflächenwert zwischen den Oberflächenwerten, die mit 10 bzw.

100 Iterationen berechnet wurden. In der Regel ergaben aber die Berechnungen, daß bei den dreidimensional rekonstruierten Strukturen die Oberflächenwerte bei steigender Glättung immer größer werden, wie z.B. beim M. obliquus superior (Nr. 11) (9900 mm², 9937 mm², 10425 mm²).

Die Volumenwerte der muskulären Strukturen verhielten sich in ähnlicher Weise zu den Oberflächenwerten. Auch hier erhöhten sich die Werte bei Steigerung der Iterationszahl, allerdings gab es hier keine Abweichungen. Die Werte nahmen bei den Strukturen vom Ausgangspunkt über 10 Glättungen bis hin zu 100 Glättungen kontinuierlich zu. Als Beispiel beim M. temporalis (Nr. 4) (981498 mm³, 982152 mm³, 989493 mm³).

Generell lagen die Werte der berechneten Oberflächen geglätteter Strukturen (10 oder 100 Iterationen) meist höher als die Werte der entsprechenden ungeglätteten Strukturen. Die größte Zunahme der berechneten Oberflächen- und Volumenwerte der muskulären Strukturen ergab sich zwischen 10 und 100 Glättungen.

3.6 Dreidimensionale Visualisierung der generierten Muskelstrukturen im MR-Bilddatensatz

In dieser Studie wurden alle 36 segmentierten Kopfmuskelstrukturen im Kopf- und Halsbereich als dreidimensionale Objekte in der korrekten topographischen Lage innerhalb der Bounding-Box von Amira abgespeichert. Dieser Sachverhalt machte es möglich, jede beliebige segmentierte anatomische Struktur einzeln oder in Gruppen in die Bounding-Box einzufügen. Hierzu wurden alle segmentierten Muskelstrukturen in Amira geladen. Durch das Modul „Surface View“ ließen sich alle Strukturen einzeln oder in Form von definierten Muskelgruppen ein- bzw. ausblenden (Abb. 16).

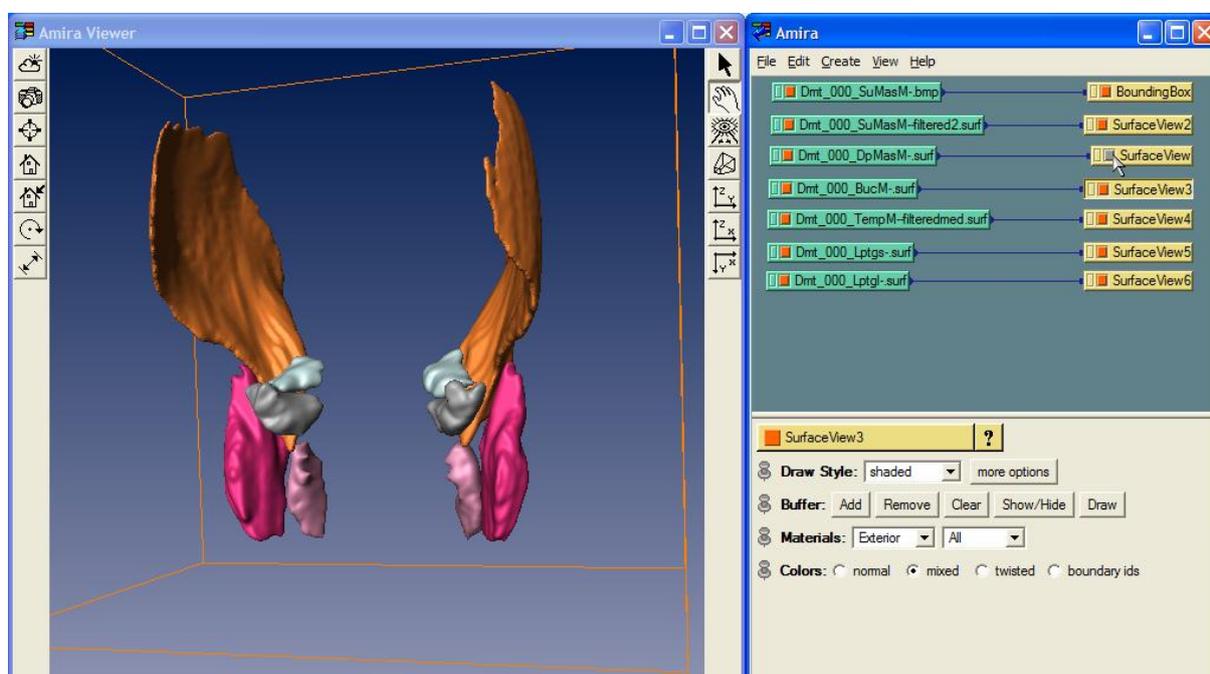


Abb. 16: Visualisierung der Kaumuskulatur (ohne M. pterygoideus medialis) in Amira von dorsaler Ansicht. In dem Fenster rechts oben in Amira repräsentieren die grünen Balken jeweils die Datenobjekte für die jeweiligen Muskelpaare mit dem entsprechenden Kürzel aus dem Muskelverzeichnis. Die gelben Balken repräsentieren die Module für die Visualisierungsoptionen des jeweiligen Muskelpaares. Über das Quadrat des Moduls „Surface View“ kann jede Struktur ein- oder ausgeblendet werden. In diesem Beispiel ist der M. masseter pars profunda ausgeblendet (Mauszeiger); die übrigen Muskeln werden dargestellt.

Zusätzlich zur Visualisierung der Muskelstrukturen, war es möglich, die Sequenz des MR-Bilddatensatzes in die Bounding-Box in alle drei Ebenen einzufügen. So entstand ein Konstrukt, daß alle selektierten Muskelstrukturen in Amira in die topographische korrekte Beziehung in Bezug auf den 3D - MR-Bilddatensatz brachte (Abb. 17).

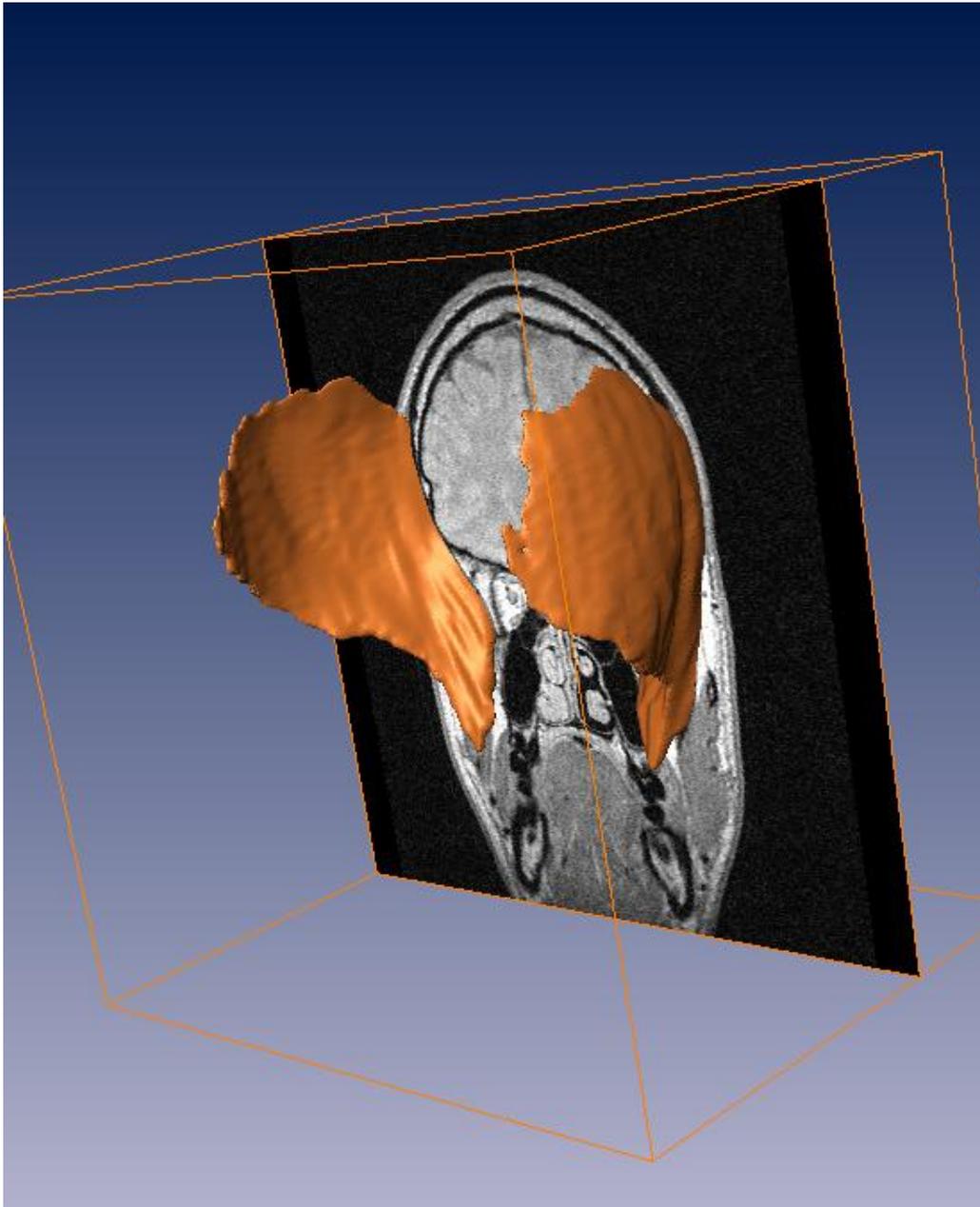


Abb.17: Darstellung des M. temporalis zusammen mit einem einzelnen Frontalschnitt des MR-Bilddatensatzes. Durch die einzelnen Schichten des MR-Bilddatensatzes kann mit dem Modul „Ortho Slice“ durchfahren werden. Der Muskel steht in korrekter topographischer Position zur Schicht des MR-Bilddatensatzes und auch innerhalb der Bounding-Box.

Das Modul „Ortho Slice“ wurde dreimal, jeweils für jede Ebene, angewendet. So war es möglich, in allen drei Ebenen während der Darstellung der Muskelstrukturen durch die einzelnen Schichten des MR-Bilddatensatzes zu „slicen“ (Abb. 18).

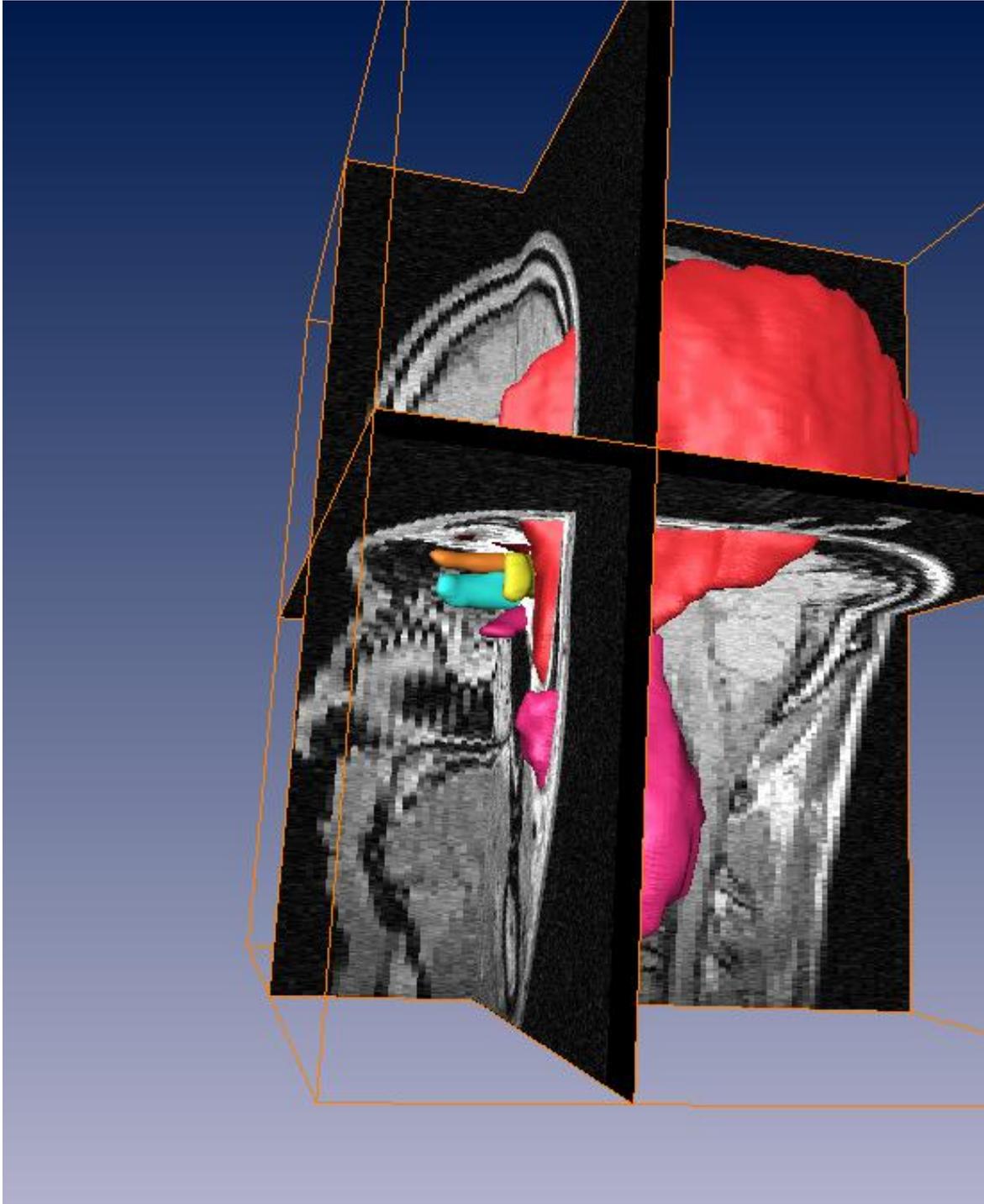


Abb. 18: Darstellung von Muskelstrukturen mit Bezug auf die Schichten des MR-Bilddatensatzes in drei Ebenen. Zu sehen sind hier die Augenmuskeln, der M. masseter und der M. temporalis. Die Bounding-Box kann frei im Raum gedreht werden. Die Schichten (frontal, sagittal, coronal) können mit dem Modul „Ortho Slice“ beliebig durchfahren werden.

4. Diskussion

Zielsetzung dieser Arbeit war es, eine dreidimensionale Rekonstruktion von muskulären Strukturen der Kopf- und Halsregion eines Lebenden zu verwirklichen und als Vergleichsdatensatz bzw. Interpretationshilfe verfügbar zu machen. Entsprechend dieser Zielsetzung sollte ein hochauflösender und detailreicher Bilddatensatz in-vivo erstellt werden, der konsistent, ausführlich und detailreich sein sollte. Dieser Datensatz sollte dann anatomisch unabhängig von vorgegebenen Schnittebenen interpretiert werden.

Zur strukturellen Interpretation von MR-Bilddatensätzen stehen heute zahlreiche Verfahren zur Verfügung. Dabei werden häufig sogenannte Atlas-Templates verwendet. In diesen Fällen handelt es sich um die Kombination allgemeiner Atlanten, z.B. Netter (1991), DeArmond (1989), Duvernoy (1988), Fix (1987) oder Kraus and Bailey (1994), die in möglichst genaue topographische Übereinstimmung mit den Ergebnissen der bildgebenden Diagnostik gebracht werden. Die Vorteile der allgemeinen Atlanten liegen im hohen Informationsgehalt und in der Einfachheit im Umgang bei der praktischen Anwendung, was unter anderem durch die definierte Anzahl von Abbildungen hervorgerufen wird (Petchenik, 1985). Der Nachteil liegt in der nur zweidimensionalen Darstellungsweise, die die Orientierung erschwert und eine gute Fähigkeit voraussetzt, flächenhafte Bilder gedanklich dreidimensional umzusetzen bzw. in einen dreidimensionalen Raum einzuordnen. Ein weiterer Nachteil ist die Festlegung auf eine Schnittebene, was eine Navigation im dreidimensionalen Raum nicht möglich macht (Niemann et al., 2000).

Daher ist es wünschenswert Atlanten zu schaffen, die diese Nachteile kompensieren und die Möglichkeit einer detaillierteren Orientierungs- und Interpretationshilfe geben. Es existieren bereits elektronische Atlanten, die dieser Forderung nachkommen, z.B. Ono et al. (1990), Schaltenbrand and Bailey (1959), Schaltenbrand and Wahren (1977), Szikla et al. (1977). Diese elektronische Atlanten eröffnen neue Möglichkeiten gegenüber den allgemeinen gedruckten Atlanten. Sie bieten neue Features, die bei den gedruckten Atlanten nicht realisierbar sind, z.B. die interaktive Navigation zwischen Schichtaufnahmen, flexible Präsentationen in 2D und 3D, das

freie Aussuchen von Regionen, die von Interesse sind, Suchfunktionen und die Integration von Informationen aus mehreren Quellen (Nowinski, 2002). Diese Atlanten konzentrieren sich aber meist nur auf die Hirnregion. Der digitale Atlas „Homo Sapiens Dissecatus“ (Jastrow, 2003) basiert auf detaillierte Abbildungen von digitalisierten Querschnitten eines Menschen. Dieser Anatomie-Atlas zeigt neben den Schnitten alles verfügbare radiologische Bildmaterial in Form von knochen- und weichteil-gewichteten Computertomographien sowie Kernspintomographien. Durch die Querschnitte kann interaktiv navigiert werden. Der Atlas bietet aber hauptsächlich nur eine zweidimensionale Interpretation der digitalisierten Querschnittsbilder. In diesem Atlas wurden auch dreidimensionale Rekonstruktionen verwirklicht, die aber die Darstellung des Muskelgewebes nicht mit einbeziehen. Es existieren nur wenige elektronische Atlanten, die die Muskelstrukturen der Kopf- und Halsregion berücksichtigen (z.B. Höhne, VOXEL-MAN, 1995). Hier werden aber nur einige Muskelstrukturen der Kopf- und Halsregion dreidimensional umgesetzt.

Mittlerweile haben die bildgebenden Verfahren, vor allem die MRT (Magnetresonanztomographie), eine Auflösungsstufe erreicht, die über die räumliche Auflösung der gegenwärtig verwendeten Atlas-Templates liegt. Der in dieser Studie gewählte Ansatz macht von den Fortschritten in der MRT-Technologie, insbesondere durch Verwendung einer hohen Auflösung (Matrix 512 x 512 Pixel), Gebrauch. Im Gegensatz zu den allgemeinen Atlanten bildet im vorliegenden Ansatz kein histologischer Atlas die Grundlage, sondern der hochauflösende MR-Bilddatensatz, der das gesamte zu segmentierende Muskelgewebe der Kopf- und Halsregion in einem „Datenraum“ umfaßt.

4.1 Bewertung des methodischen Ansatzes

In dieser Studie war es wichtig, Segmentierungen solcher muskulären Strukturen durchzuführen, die in der klinischen Routine-Diagnostik mit bildgebenden Verfahren gut zu klassifizieren waren. Das bedeutet, daß Muskelstrukturen, die unzureichende Kontrastverhältnisse aufwiesen und auch nicht mit der Hilfe des „Atlas of the Human Brain“ zu segmentieren waren, nicht berücksichtigt wurden.

Hier wurde ein Verfahren gewählt, das die erweiterten Möglichkeiten der modernen bildgebenden Diagnostik nutzt, wie die dreidimensionale Rekonstruktion oder die Möglichkeit zwischen frei wählbaren Schnittebenen zu navigieren. Dieser methodische Ansatz stellt eine Innovation zu den gegenwärtig verfügbaren Atlanten dar. Dreidimensional reproduzierte Muskelstrukturen mit Bezug auf frei wählbare Schichten eines MR-Bilddatensatzes führen zu einem besseren Verständnis der räumlich morphologischen Ausdehnung dieser anatomischen Strukturen. Der Nutzwert, also die Anwendbarkeit einer Interpretations- und Orientierungshilfe, ist darin begründet, wie gut individuelle Datensätze, im konkreten Fall also individuelle MRT-Datensätze, mit den Referenzdaten, also den segmentierten muskulären Strukturen des MR-Bilddatensatzes, korrespondieren (Toga et al., 2000). Diese Beurteilung wird die Aufgabe weiterer Studien sein.

In der medizinischen Bildverarbeitung ist es oft notwendig komplexe anatomische Strukturen zu segmentieren. Die Herausforderung dabei ist es, die zu einer anatomischen Struktur zugehörigen Grenzelemente zu extrahieren und in ein vollständiges und konsistentes Modell zu integrieren. Die Segmentierung der muskulären Strukturen, die im Rahmen dieser Studie untersucht wurden, erfolgte manuell. Hierbei diente als Kriterium der Schwellenwertunterschied. In Fällen, in denen eine sichere manuelle Segmentierung muskulärer Strukturen aufgrund der geringen Kontrastunterschiede nicht zweifelsfrei durchgeführt werden konnte, wurden Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ in der oben beschriebenen Weise zur Hilfe genommen (Kap. 2.7).

Die manuelle Segmentierung wurde den automatischen Segmentierungsverfahren vorgezogen, weil diese die bisher ungeschlagenen Fähigkeiten des menschlichen Gehirns in der Bildauswertung nutzt (Schulte, 1999). Ein automatisiertes Verfahren kam auch wegen der geringen Grauwertunterschiede nicht in Frage. Deswegen war auch anzunehmen, daß in dieser Arbeit ein automatisiertes Segmentierungsverfahren keine anwendbaren und genauen Ergebnisse bei der Bearbeitung der muskulären Strukturen erzielen könnte. Bei der manuellen Segmentierung stellt der große Zeitaufwand und die Voraussetzung eines fundierten Wissens um die anatomischen Strukturkomponenten innerhalb des bearbeiteten Bezirkes einen Nachteil dar (Schulte, 1999). Manuelle Segmentierungen sind erforderlich zur Entwicklung weiterer Verfahren wie automatische Segmentierungsverfahren oder Methoden zur Volumenbestimmung anatomischer Strukturen (Magnotta et al., 1999). Diese könnten den zeitlichen Aufwand bei der manuellen Segmentierung erheblich verringern. Sie sind aber bei geringen Schwellenwertunterschieden noch nicht für die tägliche Praxis geeignet, da sie hier noch zu Ungenauigkeiten führen. Wenn sie aber diesen Nachteil überwunden haben, könnten sie eine größtmögliche Präzision gewährleisten (Kelemen et al., 1999; Klein et al., 1995; Höhne et al., 1996).

Eine Voraussetzung für automatische Segmentierungsverfahren sind ausreichende Kontrastverhältnisse, damit sie effizient und automatisch wie nur möglich ablaufen können. Weiterhin kommt hinzu, daß durch Unterbrechungen, Rauschen und andere Irregularitäten in den Strukturgrenzen diese Verfahren stark fehleranfällig sind. Als automatische Segmentierungsverfahren stehen verschiedene Methoden zur Verfügung.

Das „Schwellenwertverfahren“ nutzt die Kontrastunterschiede innerhalb eines vom Benutzer definierten Wertebereichs. Vor allem das Rauschen in den Schichtaufnahmen der bildgebenden Verfahren führt dabei zu falschen Ergebnissen (Schulte 1999).

Das „Region-Growing“, ein weiteres Standardverfahren zur automatischen Segmentierung (Mancas M, 2004), ist wie eine Welle zu verstehen, die sich nach allen Seiten ausbreitet. Das Ende der Ausbreitung ist durch eine Kante definiert, die einer Nachbarschaft von Punkten mit hohem Grauwertunterschied entspricht. Zur

Diskriminierung von Übergängen mit schwachem Kontrastunterschied, in der vorliegenden Studie also die Diskriminierung muskulärer Strukturen, müßte der Schwellenwert erhöht werden, um die Strukturgrenzen definieren zu können. Die Erhöhung des Schwellenwertes hätte aber eine Übersegmentierung zur Folge, wodurch eine zu große Abgrenzung der muskulären Strukturen auftreten würde und damit ungenaue Segmentierungsgrenzen resultieren würden.

„Aktive Konturen“ (Kass M et al., 1988; Blake A, 1998; McInerney T, 2000), als ein weiteres Verfahren, konnte ebenfalls nicht angewendet werden. Der Anwender definiert hierbei grob ein Modell der zu segmentierenden Struktur. Dieses Modell initialisiert der Anwender interaktiv möglichst nahe an der Struktur. Ausgehend davon erfolgt dann die automatische Definition der Kontur. Dabei sollten verschieden initialisierte Konturen zu dem gleichen Segmentierungsergebnis führen. Da für dieses Verfahren freie Oberflächen der zu segmentierender Strukturen vorliegen müssen, ist es für die in dieser Studie relevanten muskulären Strukturen nicht geeignet gewesen.

Der Hauptgrund in dieser Arbeit, auf diese Verfahren zu verzichten, lag in den zum Teil geringen Grauwertunterschieden. Andere Verfahren setzten u.a. die Bearbeitung des MR-Bilddatensatzes mit Filtern zum Entrauschen voraus (Schulte 1999). Da es eine Kern-Forderung dieser Studie gewesen war, den originalen MR-Bilddatensatz unverändert zu belassen, kamen diese ebenfalls nicht zur Anwendung.

4.2 Bewertung des MR-Bilddatensatzes

Damit eine aussagekräftige Interpretation aller relevanten muskulären Strukturen innerhalb des MR-Bilddatensatzes erfolgen konnte, mußte der „ideale“ MRT-Datensatz folgende Kriterien erfüllen:

1. Große Tiefenauflösung (geringe Schichtdicke, möglichst kein Schichtabstand zwischen zwei Schichten)
2. Große Bildmatrix (hohe Flächenauflösung)
3. Hoher Kontrast und ausreichende Bildqualität (möglichst geringe Bildinhomogenitäten aufgrund methodischer und technischer Gegebenheiten)

Die minimale Schichtdicke im verwendeten MR-Bilddatensatz betrug 2,0 mm bei der gewünschten Matrix von 512 x 512 Pixel. Isometrische Voxel, sogenannte Isovoxel, konnten bei dieser Schichtdicke nicht erreicht werden. Der Schichtabstand von 0,3 mm ließ sich bei den gewählten Parametern nicht verringern. Diese Parameter sind aus technischen Gründen so gewählt worden. Wollte man Isovoxel erreichen, hätten die Schichtdicken und Schichtabstände verringert werden müssen. Dadurch wäre die Zeit für die Aufnahme-prozedur auf ein nicht akzeptables Maß ansteigen, was dem Probanden nicht zugemutet werden konnte. Außerdem bestand die Gefahr, daß das Gerät überhitzen würde, da es zwischenzeitlich nicht abgeschaltet werden kann. Es lagen daher keine optimalen Verhältnisse vor. Für die Studie wäre eine lückenlose Schichtdicke von 0,47 mm bei einer Matrix von 512 x 512 Pixel wünschenswert gewesen, hier wäre die Voxelgröße isometrisch. Dennoch ist die Verwendung des MR-Bilddatensatzes mit den beschriebenen Parametern außergewöhnlich im Vergleich zu anderen Studien, in denen eine Matrix von nur 256 x 256 Pixel und deutlich größere Schichtdicken verwendet wurden. So verwendete zum Beispiel Flaum Schichten mit der Dicke von 3 mm und einem Schichtabstand von 1,5 mm (Flaum et al., 1995). Portas verwendete Schichten mit einer Dicke von 1,5 mm ohne Schichtabstand, allerdings bei einer Matrix von nur 256 x 256 Pixel und einer daraus resultierenden Voxelgröße von 0,9375 x 0,9375 x 1,5 mm (Portas et al., 1997). In dieser Studie betrug die Voxelgröße dagegen näherungsweise nur 0,47 x 0,47 x 2,0 mm bei einer Matrix von 512 x 512 Pixel.

Die Wahl der Bildmatrix orientierte sich an der klinischen Routine. Bei den meisten Fragestellungen ist eine Bildmatrix von 256 x 256 Pixel ausreichend, manche Untersuchungen benötigen dagegen eine Bildmatrix von 512 x 512 Pixel. Eine Matrix von 1024 x 1024 Pixel ist bei den meisten modernen MR-Tomographen zwar möglich, hat aber keinen erkennbaren klinischen Nutzen, da hier die Verarbeitung der Bildinformationen ein Vielfaches der Zeit braucht und nach derzeitiger Einschätzung keinen therapeutischen Vorteil erkennen läßt. Aus diesem Grunde wird in der klinischen Routinediagnostik überwiegend eine Matrix von 256 x 256 Pixel verwendet (Bundesärztekammer, 1997). Um für diese Studie auch die Vorteile hochauflösender MRT-Datensätze, wie eine höhere Ortsauflösung, nutzen zu können, wurde eine Matrix von 512 x 512 Pixel gewählt.

Ein ausreichender Kontrast zwischen der zu begrenzenden Struktur und ihrer Umgebung ist Voraussetzung, um eine sichere Segmentierung muskulärer Strukturen erzielen zu können. Gleichzeitig muß auch eine ausreichende Bildqualität vorliegen. Störartefakte und Bewegungsunschärfen dürfen nicht vorhanden sein. Der verwendete MR-Bilddatensatz wies auch hier Einschränkungen auf. Die in manchen Arealen unzureichenden Kontrastunterschiede innerhalb des MR-Bilddatensatzes wurden durch die Auflagerung transformierter Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ (Mai et al., 1997) als Templates in Schichten des MR-Datensatzes kompensiert. Die Bildqualität war dann für die erforderliche Segmentierung der relevanten kranialen Muskelstrukturen ausreichend. Störartefakte und Bewegungsunschärfen lagen nicht vor. Alle Schichtaufnahmen konnten scharf auf dem Bildschirm abgebildet werden. Zur Erstellung einer Interpretations- und Orientierungshilfe erfüllte der verwendete MR-Bilddatensatz nur das zweite Kriterium (große Bildmatrix) optimal. Die übrigen Kriterien konnten nicht optimal erfüllt werden. Hier lagen die oben beschriebenen Einschränkungen vor.

Für die Erstellung einer Interpretations- und Orientierungshilfe waren weitere Aspekte wichtig: Die Erfassung der magnetresonanztomographischen Datensätze erfolgte anhand standardisierter Protokolle (Assheuer et al., 1990). Dadurch ist ein Vergleich zwischen verschiedenen Datensätzen desselben Probanden möglich. Die Gefahr möglicher Bewegungsartefakte wurde durch eine kurze Scanzeit gering gehalten. Dadurch konnte die Bildqualität gesteigert werden.

4.3 Relevanz der manuellen Transformation

Der „Atlas of the Human Brain“ diente in dieser Studie als Referenzatlas. Die Anwendung dieses Atlas erleichterte die Klassifizierung und Differenzierung der Strukturen des MR-Bilddatensatzes bei der Segmentierung besonders in den Fällen, in denen geringe Kontrastunterschiede vorherrschten. Hier wurde die Segmentierung der einzelnen muskulären Strukturen gleichzeitig mit der visuellen Kontrolle der transformierten Atlas Templates durchgeführt. In dieser Weise konnten die einzelnen anatomischen Strukturen mit größerer Genauigkeit hervorgehoben werden.

Der „Atlas of the Human Brain“ basiert auf einer in-vitro bearbeiteten Bildserie. Diese Abbildungen des Atlas wurden dem in dieser Studie benutzten in-vivo erstellten MR-Bilddatensatz als transparente Ebenen in Form von Templates aufgelagert. Die Methode, die in dieser Studie angewendet wurde, repräsentiert zwei unterschiedliche Ansätze. Zum einen stellen magnetresonanztomographische Datensätze allein (Damasio et al., 1995; Kikinis et al., 1996) und zum anderen makroskopische Schnitte von Kopfmuskelstrukturen (Mai et al., 1997) die Grundlage zur Bestimmung kranialer Muskelstrukturen dar.

Alle Segmentierungsverfahren, seien es automatische oder manuelle Verfahren, die zur Transformation von MRT-Datensätzen oder Abbildungen benötigt werden, orientieren sich an bestimmten Randbedingungen (Wedekind, 1995), z.B. in welcher Form die Bilddaten vorliegen (MRT, CT oder histologische Schnitte). Außerdem ist bei der Beurteilung des „Matching“ die Frage wichtig, in welcher Weise die Transformation erfolgen soll (z.B. durch Approximation oder durch Interpolation). In dieser Studie erfolgte die Transformation der Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ manuell. Die Randbedingungen waren zum einen eine vollständige manuelle Transformation und zum anderen eine Approximation der Abbildungen des Atlas auf die entsprechenden Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes durchzuführen. Gegenüber der Approximation von Bildpunkten hat die Interpolation gerade bei medizinischen Bilddaten den Nachteil, daß hier ein Bildpunkt exakt auf den anderen transformiert wird und dadurch oft ein nicht zu vermeidendes Rauschen auftritt. Zudem ist durch die Verwendung einer gering auflösenden Bildmatrix eine exakte

Lokalisation von Bildpunkten nicht möglich und damit eine Interpolation fehlerbehaftet (Wedekind, 1995).

Die Art der Transformation der schematischen Abbildungen des Atlas erfolgte nach den Kriterien, wie sie in Kapitel 2.7 beschrieben worden sind. Für jede Abbildung erfolgte eine manuelle Ausrichtung an anatomischen Orientierungspunkten, sogenannten „Landmarken“. Die Ausrichtung wurde als optimal empfunden, wenn alle relevanten muskulären Strukturen der Schichtaufnahme des MR-Bilddatensatzes und der korrespondierenden Abbildung möglichst vollständig überlagert waren. Dabei erfolgte die Transformation ausschließlich durch lineare Skalierung. Es trat keine Verzerrung auf. Das Ergebnis wurde ausschließlich visuell kontrolliert. Mit dieser Methode konnte für jede Abbildung eine nahezu paßgenaue Überlagerung erzielt werden.

Die Vielzahl von konkurrierenden automatischen Transformationsverfahren (z.B. Pelizzari, 1990; Hamadeh et al., 1995; Lavallee et al., 1995; Mangin et al., 1994; Besl et al., 1992) unterscheiden sich durch die verwendeten Algorithmen. Diese automatischen Transformationsverfahren wurden für diese Studie nicht verwendet, da sie eine Bearbeitung des MR-Bilddatensatzes voraussetzten, was gegen die Forderung, den MR-Bilddatensatz nicht zu verändern, verstoßen würde. Außerdem hätten die geringen Kontrastunterschiede der muskulären Strukturen im MR-Bilddatensatz auch keine Anwendung eines automatischen Algorithmus erlaubt. Für die vorliegende Studie wurde deswegen die einfachere interaktive lineare Transformation verwendet, weil dadurch die interindividuelle Variabilität zwischen den Strukturen des Probanden und die des „Atlas of the Human Brain“ ebenfalls erfolgsversprechend kompensiert werden konnte. Diese Transformationsroutine war auch in Photoshop implementiert, was das Verfahren wesentlich vereinfachte und keine großen technischen Voraussetzungen verlangte. So konnten Transformationen auch dort durchgeführt werden, wo nur sehr geringe Kontrastunterschiede der muskulären Strukturen im MR-Bilddatensatz vorherrschten. Somit waren für die Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes individuelle Transformationen notwendig, die unter visueller Kontrolle zufriedenstellende Ergebnisse brachten.

Es war nicht möglich alle Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ optimal auf die entsprechenden Schichten des MR-Bilddatensatzes zur Deckung zu bringen, da hier die interindividuelle Variabilität wahrscheinlich zu groß war oder die Positionierung der Köpfe nicht exakt übereinstimmten. Die transformierten Abbildungen dienten nur als Orientierungshilfe bei der Segmentierung, so daß bei der Segmentierung durch visuelle Kontrolle oder durch Annäherung der Grenzen der anatomischen Strukturen nicht paßgenaue Areale bei den Transformationen vernachlässigt werden konnten. So war es auch möglich Muskelstrukturen mit geringen Kontrastunterschieden am MR-Bilddatensatz sicher zu differenzieren und zu klassifizieren.

Das Material des MR-Bilddatensatzes erlaubt es, Bestimmungen bzw. Anpassungen unter Verwendung anderer Verfahren zu vergleichen. Die Ergebnisse könnten mit den Resultaten der hier vorgenommenen manuellen Segmentierung verglichen werden.

4.4 Bewertung der morphometrischen Ergebnisse

In dieser Studie wurden Ausdehnung und Position der Kopfmuskelstrukturen auf beiden Seiten des Probanden miteinander verglichen. Für die Messungen wurden als Referenzlinien die Mediansagittallinie für die medio-laterale und die Orbitabodenlinie für die kaudo-kraniale Ausdehnung der anatomischen Strukturen gewählt. Die Punkte der segmentierten Strukturen, die am weitesten von den Referenzlinien entfernt lagen und die Punkte, die am nächsten zu diesen Referenzlinien lagen, wurden bestimmt. Der nächste Punkt zur Referenzlinie, also die kürzeste Strecke von der Struktur zur Referenzlinie, stellte die größte Ausdehnung der Struktur in Richtung Referenzlinie dar. Der weiteste Punkt zur Referenzlinie, also die längste Strecke von der Struktur zur Referenzlinie, repräsentierte die größte Ausdehnung der Struktur von der Referenzlinie weg. Um die absoluten Ausdehnungswerte jeder einzelnen anatomischen Struktur für beide Seiten zu erhalten, mußten jeweils die Werte für die weiteste und kürzeste Entfernung von der Referenzlinie voneinander subtrahiert werden. Überschritt eine Muskelstruktur die Bezugslinie, so wurde der von der Linie aus gemessene Wert nicht subtrahiert, sondern addiert, da sich die Struktur in diese Richtung weiter ausdehnte. So erhielt man auch in diesen Fällen ein korrektes Ergebnis bei der Berechnung der Ausdehnung der Strukturen. Die Ausdehnung in dorso-ventraler Richtung wurde durch die Anzahl der von den anatomischen Gebilden tangierten Schnittebenen berechnet. Generell ist zu sagen, daß keine großen Differenzen zwischen den Werten der linken und rechten Seite auftraten. Der *Musculus masseter, pars superficialis* z.B. hatte rechts eine Ausdehnung von 23 mm x 79 mm x 58 mm (x-, y-, z-Achse), links 25 mm x 81 mm x 53 mm. Der *Musculus temporalis* z.B. hatte rechts eine Ausdehnung von 46 mm x 137 mm x 140 mm, links 43 mm x 140 mm x 136 mm (Tab. 3 und 4). Da es sich um Werte eines gesunden Probanden handelte, sind die geringen Differenzen höchstwahrscheinlich auf Ungenauigkeiten bei der Segmentierung zurückzuführen. Die Bestätigung dieser Annahme hätte wiederholte Bestimmungen durch mehrere Untersucher nötig gemacht. Daher bleibt auch die Frage offen, ab welchen Unterschieden auf Funktionseinbußen des Stomatognathen Systems durch eine einseitige Belastung der Kaumuskulatur (Belastungshypertrophie) geschlossen werden kann. Gleichmaßen ist in Zukunft die Variation der entsprechenden

Meßwerte an einem größeren Kollektiv zu untersuchen um Hypertrophien (z.B. durch Bruxismus) gegenüber Ungenauigkeiten bei der Segmentierung abgrenzen zu können. Würde man diese Ergebnisse mit anderen Probanden vergleichen, die beispielsweise an Bruxismus leiden, würden sicherlich viel höhere Werte, bedingt durch die beidseitige Muskelhypertrophie, resultieren als diejenigen Werte in dieser Studie. Die Größe von Muskelstrukturen hängt von vielen Faktoren ab, die nur schwer auf ein konstantes Maß gebracht werden können. In dieser Studie spielen bezüglich dieser Faktoren pathologische Prozesse aber keine Rolle, da hier von einem gesunden Probanden ausgegangen wurde. Einflußfaktoren, die die Größe der Strukturen verändern könnten, wären z.B. parafunktionelle Prozesse, die große Differenzen in den Oberflächen- und Volumenwerten z.B. der Kaumuskelstrukturen hervorrufen könnten. Parafunktionelle Prozesse in der Kaumuskulatur sind z.B. Fehlfunktionen des Kausystems wie Pressen, Knirschen, Lippen- u. Wangenbeißen, Bleistift- u. Nägelkauen. Diese entwickeln sich meist als Folge psychischer Belastung. Diese auch „Habits“ genannten Prozesse sind den meisten Patienten häufig nicht bewußt. Besonders bei Bruxisten werden während der parafunktionellen Tätigkeit des Knirschens und Pressens der Zahnreihe starke Kräfte über unterschiedlich lange Zeiträume ausgeübt, wobei die Kräfte jene des "normalen" Kauens bei weitem übersteigen (Kluge, 2001). Diese biomechanische Belastung verursacht zahlreiche zahnärztliche Probleme unter anderem Funktionsstörungen des Muskelapparates (Glaros & Lausten, 2003). Dies führt dann zwangsläufig zu einer Muskelhypertrophie, was große Differenzen in den Volumen- und Oberflächenwerten der Rekonstruktionen hervorrufen würde. Des Weiteren spielen auch genetische Einflüsse in der Ausprägung von Größe und Form von Muskelstrukturen eine große Rolle.

Einschränkend soll betont werden, daß die berechneten Werte nur bei solchen Muskelstrukturen eine besondere Relevanz darstellen, die auch vollständig innerhalb der Bounding-Box abgebildet waren. Es sind einige Muskelstrukturen vorhanden, wie die der Hals- und Rückenmuskeln, die nur teilweise innerhalb des relevanten dreidimensionalen Bereichs in Erscheinung traten. Hier haben die Berechnungen nur eine zweitrangige Relevanz, da diese Muskelstrukturen nicht komplett erfaßt wurden. Die Aufgabe weiterer Studien könnte es sein, die Segmentierungen auf eine vom

Kopf weiter kaudal gelegene Ebene auszuweiten, um weitere Muskelstrukturen vollständig zu erfassen.

4.5

die

Oberflächenstruktur der Rekonstruktionen

Die berechneten Oberflächen- und Volumenwerte der segmentierten muskulären Strukturen (Tabelle 5, Kap. 3.5) zeigen nur geringfügige Größenunterschiede vor bzw. nach den Glättungsroutinen. Diese Unterschiede lassen sich auf verschiedene Faktoren zurückführen. Bei der Berechnung der Oberfläche einer Struktur bei einer Matrix von 512 x 512 Pixel ohne Glättung entsprach der Verlauf der Oberfläche genau dem des Polygonmodells. Dieses Polygonmodell entsprach wiederum genau den Begrenzungen, die durch die Segmentierung vorgegeben waren. Die dreidimensionalen Rekonstruktionen bestehen aus einem aus Dreiecken aufgebauten Polygonmodell. Die Dreiecke haben verschiedene Größen und Angulationen und stellen das dreidimensionale Gerüst der zweidimensionalen Segmentierung dar. Die Oberfläche wurden durch das Modul „Surface Gen“ (Programm Amira) auf dem Polygonmodell erstellt. Die Anzahl der Flächen war identisch mit der Anzahl der Dreiecke, wobei die Dreiecke untereinander mindestens an einem Punkt Kontakt hatten. Das Verhältnis von Punkten zu Flächen lag bei 1:2. Die Oberflächenwerte und Volumina einer muskulären Struktur wurden mit dem Modul „Surface Area“ an der durch das Modul „Surface Gen“ erzeugten Oberfläche ermittelt. Die durch das Modul „Surface View“ dargestellte Oberfläche konnte durch das Modul „Smooth Surface“ geglättet werden. Die Beispiele in Abb. 14a und 14b zeigen, daß durch die Glättung der Verlauf der Oberfläche harmonischer wurde. Die Spitzen in den Pixelbegrenzungen wurden eingeebnet. Dies geschah zum einen durch eine Änderung der Angulation der Dreiecke untereinander und zum anderen durch Verlagerung der Schenkelpunkte der Dreiecke in ihrer vertikalen Ausrichtung. Vor allem tiefe, eng aneinanderliegende Flächen konnten dadurch verschmelzen, ohne daß dies optisch sichtbar gewesen wäre. Das Resultat war eine reduzierte Oberfläche ohne eine wesentliche Änderung des Volumens bei einer Glättung von 10 Iterationen.

Beim Ergebnis der dreidimensionalen Rekonstruktionen war visuell kein großer Unterschied im Vergleich der muskulären Strukturen mit 10 gegenüber 100 Iterationen zu erkennen. Die Glättung komplexer Strukturen mit 100 Iterationen hatte

kaum einen positiveren Effekt auf die optische Darstellung der Objekte als bei jenen Strukturen, die mit 10 Iterationen konstruiert wurden. Im Vergleich zur ungeglätteten Struktur konnte das visuelle Ergebnis mit 10 Iterationen erheblich gebessert werden. Daher wurde in dieser Studie für die Rekonstruktion aller Strukturen der Parameter von 10 Iterationen gewählt. Überwiegend resultierten hier bei 512 x 512 Pixel optisch ansprechende Rekonstruktionen ohne eine zu starke Glättung der Konturen zu verwenden, so daß kaum Verzerrungen auftraten.

Der Vergleich der Abbildungen 19a und 19b verdeutlicht, daß die Unterschiede in der Oberflächenstruktur zwischen 10 und 100 Glättungen visuell kaum zu erkennen sind. Betrachtet man aber die Abstände zwischen den Muskelstrukturen, kann man erkennen, daß die Strukturen bei 100 Iterationen an Volumen zugenommen haben (siehe Pfeile in 19b). Daher erschien eine Glättung von 10 Stufen als vollkommen ausreichend. Als Folge resultierte eine veränderte Oberfläche und ein geringfügig verändertes Volumen. Visuell erschien die Oberfläche glatter und homogener.

Unabhängig von der Glättung blieb die Anzahl der Punkte und Flächen einer muskulären Struktur konstant. Lediglich die Oberfläche war nicht mehr identisch mit dem durch das Modul „Surface Gen“ berechneten Polygonmodell. Die Änderung der Angulation der Dreiecke und der Schenkelpunkte führte dazu, daß die Oberfläche und das Volumen mit zunehmender Glättung meist größer wurden (siehe Tab. 5 in Kap. 3.5). Dieser Zunahme-Effekt der Werte war zwischen der Glättung von 10 und 100 Iterationen signifikant größer als zwischen ungeglätteter und einer Struktur, die mit einer Glättung von 10 Iterationen bearbeitet wurde. Die Schwankungen zwischen den einzelnen Glättungen, die bei einigen Berechnungen der Oberflächenwerte auftraten, sind auf deren ungleichmäßige bzw. unebene Oberflächenbeschaffenheiten zurückzuführen. War eine Fläche sehr kantig und eckig, so verringerte sich die Oberflächengröße dieser Struktur durch die Einebnung bei 10 Iterationen. Durch eine Glättung von 100 Iterationen erfolgte sozusagen eine „Überglättung“ was wiederum einen Anstieg der Oberflächenausdehnung zur Folge hatte. Bei homogenen Strukturen traten keine Schwankungen auf, da der Einebnungseffekt nur gering war.

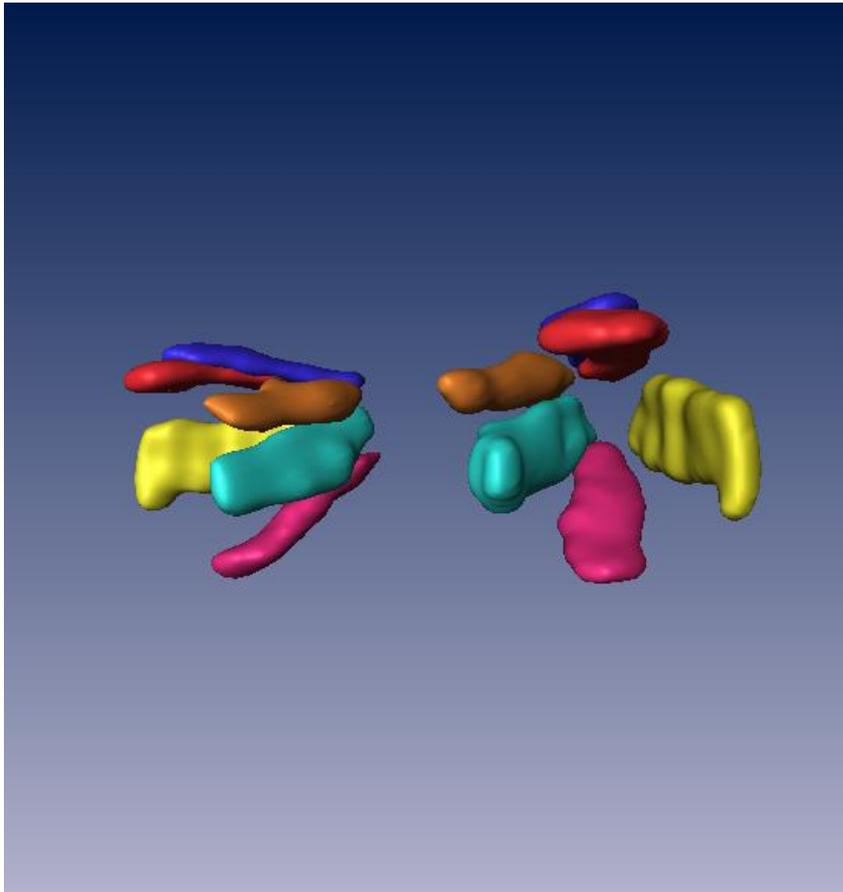


Abb. 19a: Darstellung der äußeren Augenmuskeln, Ansicht von links-frontal mit einer Glättung von 10 Iterationen. Die jeweils gleichen Farben stehen für den identischen rechten bzw. linken Muskel.

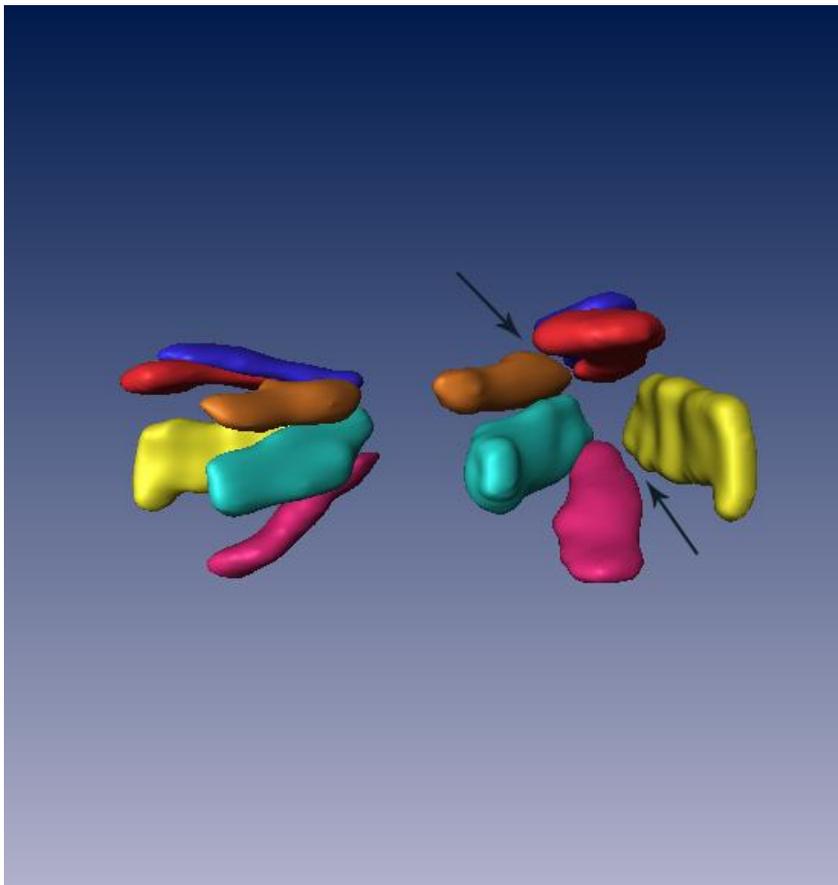


Abb. 19b: Darstellung der äußeren Augenmuskeln, Ansicht von links-frontal mit einer Glättung von 100 Iterationen. Hier wird deutlich, daß bei dieser Glättungsroutine visuell kaum ein Unterschied der Augenmuskeln im Hinblick auf die Glättung mit 10 Iterationen zu erkennen ist. Die Pfeile verdeutlichen aber Areale, wo man den Volumenzuwachs der Strukturen im Vergleich zu Abb. 19a erkennen kann.

Wegen der Verlagerung der Schenkelpunkte und Änderung der Angulation war jede Glättung mit einem Informationsverlust behaftet, der aber vernachlässigt werden konnte. Ungenauigkeiten traten bereits bei der Segmentierung der muskulären Kopf-Halsstrukturen auf, da es weder manuell noch automatisch möglich ist, an einem tomographischen Datensatz die Begrenzungen einer muskulären Struktur exakt zu bestimmen. Zusätzlich limitierte die Auflösung des MR-Bilddatensatzes mit einer Voxelgröße von 0,47 x 0,47 x 2,0 mm das Auflösungsvermögen in allen drei Ebenen, so daß hier zwangsläufig Ungenauigkeiten auftraten.

4.6 Anwendbarkeit des erstellten Datensatzes

Die wichtigste Anregung zur Durchführung dieser Arbeit bestand in der Entwicklung einer Interpretations- und Orientierungshilfe für muskuläre Strukturen im Kopf- und Halsbereich, die besonders in der Aus- und Weiterbildung Anwendung finden sollte. Der dreidimensionale Datensatz soll den Studierenden der Anatomie den Umgang mit den einzelnen Muskelstrukturen der Kopf- und Halsregion erleichtern. Durch Veranschaulichung der 3D-Muskel-Strukturen in Kombination mit Schichten des MR-Bilddatensatzes im dreidimensionalen Raum können die topometrischen Verhältnisse der anatomischen Kopf- und Halsmuskelstrukturen zueinander und zum MRT-Bild sehr eindrucksvoll veranschaulicht werden. In dieser Weise ist es möglich, die Interpretation von MRT-Bildern und das Verständnis der muskulären Verhältnisse des Kopfes und des Halses den Studierenden der Humanmedizin bzw. Zahnmedizin zu vereinfachen.

Bei dem in dieser Studie erstellten Referenzdatensatz handelt es sich um einen Datensatz, der, unter Berücksichtigung der Lizenzbestimmungen, mit der Software Amira in der medizinischen Lehre eingesetzt werden kann. In dieser Software lassen sich alle 36 segmentierten Muskelstrukturen selektiv und interaktiv in einen dreidimensionalen Raum mit Bezug auf die frei durchfahrbaren Schichten des MR-Bilddatensatzes projizieren. Die korrekten topometrischen Verhältnisse der Muskelstrukturen untereinander und zum magnetresonanztomographischen Schichtbild bleiben dabei erhalten.

Da aber die Anwendung der relativ teuren und nicht einfach zu bedienenden Software Amira nicht vorausgesetzt werden kann, wäre es sinnvoll, den Datensatz in leichter zugängliche bzw. verfügbare handelsübliche Systeme oder Softwareanwendungen zu integrieren, um die Nutzung des Referenzdatensatzes zu erleichtern.

4.7 Wie nutzt der Interessierte diesen Datensatz mit dem Programm Amira

Wie oben erwähnt, ist es mit dem Programm Amira möglich, alle 36 rekonstruierten Muskeln innerhalb der „Bounding-Box“ darzustellen. Für die Darstellung und für die Navigation der Rekonstruktionen sind keine gesonderten Kenntnisse über das Programm Amira erforderlich. Um den Überblick und die Übersicht in Amira über die segmentierten Muskeln zu behalten, wurden diese in folgende Gruppen eingeteilt:

- Kaumuskulatur
- Augenmuskulatur
- Zungenmuskulatur
- Halsmuskulatur
- Gaumenmuskulatur
- Rückenmuskulatur
- Gruppe aller Muskelstrukturen

Diese Gruppen wurden jeweils als Projekt geöffnet der Nutzer eines dieser Projekte, erscheinen alle zugehörigen Muskelstrukturen als Datenobjekte im Hauptfenster von Amira (Abb. 16, hier ist die Kaumuskulatur dargestellt). Im Amira – Viewer auf der linken Seite werden die selektierten Muskelpaare in der richtigen topographischen Position innerhalb der „Bounding-Box“ dargestellt. Der Nutzer kann jeden einzelnen Muskel ein- und ausblenden, indem er das Kästchen im Modul „Surface View“ im Hauptfenster deaktiviert bzw. aktiviert. Im Amira - Viewer lässt sich die Abbildung in alle Richtungen frei bewegen, außerdem ist ein Ein- und Auszoomen möglich. Zusätzlich wurde eine Projektdatei erstellt, die die Schichten des MR-Bilddatensatzes beinhaltet. Wird diese Projektdatei geöffnet, ist es möglich, durch alle Schichten des MR-Bilddatensatzes zu navigieren. Dabei können die drei Richtungen frei gewählt werden. Eine Kombination der drei Richtungen ist auch möglich. Öffnet man nun gleichzeitig eine Muskel – Projektdatei und die MR - Bilddatensatz - Projektdatei, werden die Rekonstruktionen in die korrekte topographische Position innerhalb der Schichten des MR-Bilddatensatzes projiziert. Bei der Darstellung der Muskulatur können die Schichten des MR-Bilddatensatzes in alle Richtungen frei bewegt werden (Abb. 17 und 18).

5. Anhang

5.1 Tabelle der Einzelblöcke des MR-Bilddatensatzes

Block 12		Block 13		Block 14		Block 15		Block 16	
Position	Dateiname								
-131,3	SJR22WLV	-52,3	SJR22WJC	-10,3	SJR22WKQ	31,7	SJR22WK3	73,7	SJR22WHJ
-129,0	SJR22WLU	-50,5	SJR22WJB	-8,5	SJR22WKP	33,5	SJR22WK2	75,5	SJR22WJG
-126,7	SJR22WLT	-48,7	SJR22WJA	-6,7	SJR22WKO	35,3	SJR22WK1	77,3	SJR22WJF
-124,4	SJR22WLS	-46,9	SJR22WJ9	-4,9	SJR22WKN	37,1	SJR22WK0	79,1	SJR22WJE
-122,1	SJR22WLR	-45,1	SJR22WJ8	-3,1	SJR22WKM	38,9	SJR22WJ_	80,9	SJR22WJD
-119,8	SJR22WLQ	-43,3	SJR22WJ7	-1,3	SJR22WKL	40,7	SJR22WJZ	82,7	SJR22WJC
-117,5	SJR22WLP	-41,5	SJR22WJ6	0,5	SJR22WKK	42,5	SJR22WJY	84,5	SJR22WJB
-115,2	SJR22WLO	-39,7	SJR22WJ5	2,3	SJR22WKJ	44,3	SJR22WJX	86,3	SJR22WJA
-112,9	SJR22WLN	-37,9	SJR22WJ4	4,1	SJR22WKI	46,1	SJR22WJW	88,1	SJR22WJ9
-110,6	SJR22WLM	-36,1	SJR22WJ3	5,9	SJR22WKH	47,9	SJR22WJV	89,9	SJR22WJ8
-108,3	SJR22WLL	-34,3	SJR22WJ2	7,7	SJR22WKG	49,7	SJR22WJU	91,7	SJR22WJ7
-106,0	SJR22WLK	-32,5	SJR22WK1	9,5	SJR22WKF	51,5	SJR22WJT	93,5	SJR22WJ6
-103,7	SJR22WLJ	-30,7	SJR22WK0	11,3	SJR22WKE	53,3	SJR22WJS		
-101,4	SJR22WLI	-28,9	SJR22WK_	13,1	SJR22WKD	55,1	SJR22WJR		
-99,1	SJR22WLH	-27,1	SJR22WKZ	14,9	SJR22WKC	56,9	SJR22WJQ		
-96,8	SJR22WLG	-25,3	SJR22WKY	16,7	SJR22WKB	58,7	SJR22WJP		
-94,5	SJR22WLF	-23,5	SJR22WKX	18,5	SJR22WKA	60,5	SJR22WJO		
-92,2	SJR22WLE	-21,7	SJR22WKW	20,3	SJR22WK9	62,3	SJR22WJN		
-89,9	SJR22WLD	-19,9	SJR22WKV	22,1	SJR22WK8	64,1	SJR22WJM		
-54,7	SJR22WLV	-18,1	SJR22WKU	23,9	SJR22WK7	65,9	SJR22WJL		
		-16,3	SJR22WKT	25,7	SJR22WK6	67,7	SJR22WJK		
		-14,5	SJR22WKS	27,5	SJR22WK5	69,5	SJR22WJJ		
		-12,7	SJR22WKR	29,3	SJR22WK4	71,3	SJR22WJI		

Tab. 6: Auflistung der fünf Einzelblöcke des MR-Bilddatensatzes. In der Tabelle sind zu jedem Block, der einzeln gescannt wurde, die zugehörigen Schichten mit den entsprechenden Dateinamen aufgelistet. Die überzähligen Bilder sind schon entfernt worden. Die Blocknummer ist eine maschinenspezifische Angabe. Die Angabe „Position“ entspricht der slice-location in mm. Der Dateiname ist der für die Bildbearbeitung verwendete Name.

5.2 Angepaßte Atlas-Templates auf den MR-Bilddatensatz

Dargestellt sind auf den folgenden Seiten die transformierten Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ als transparente Ebene auf den entsprechenden Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes. In den Abbildungen sind alle Abbildungen, die zur Segmentierung der muskulären Strukturen benutzt wurden, illustriert.

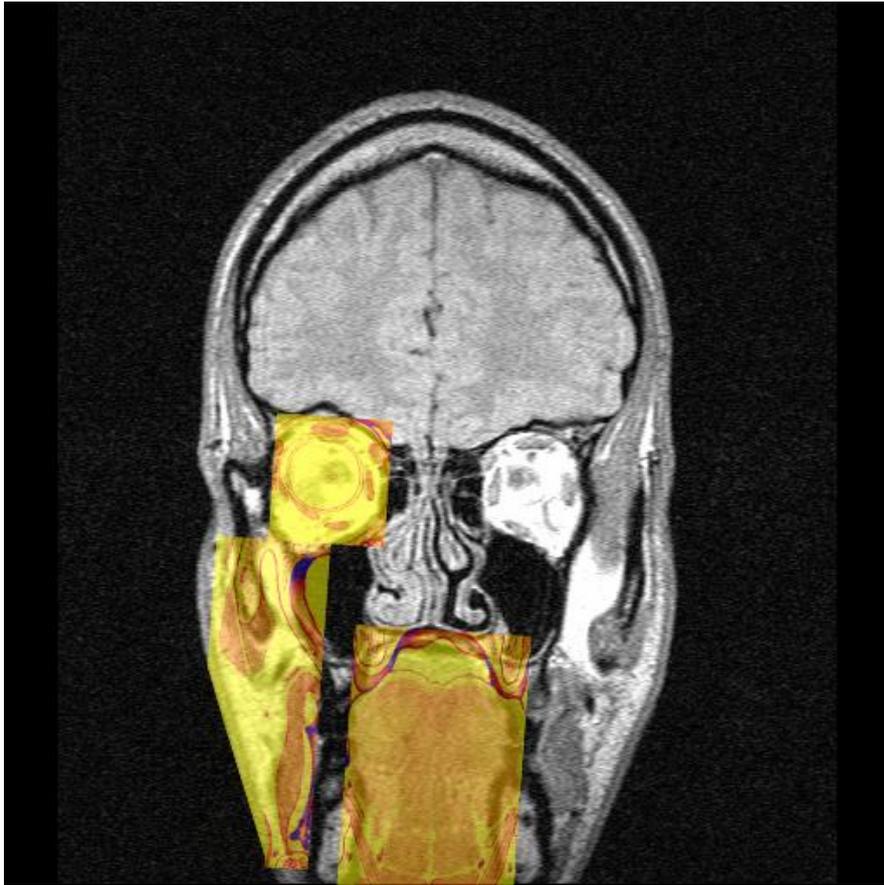


Abb. 20: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben:
Augenmuskulatur,
Kaumuskulatur und die
Zungenmuskulatur, M.
buccinator.

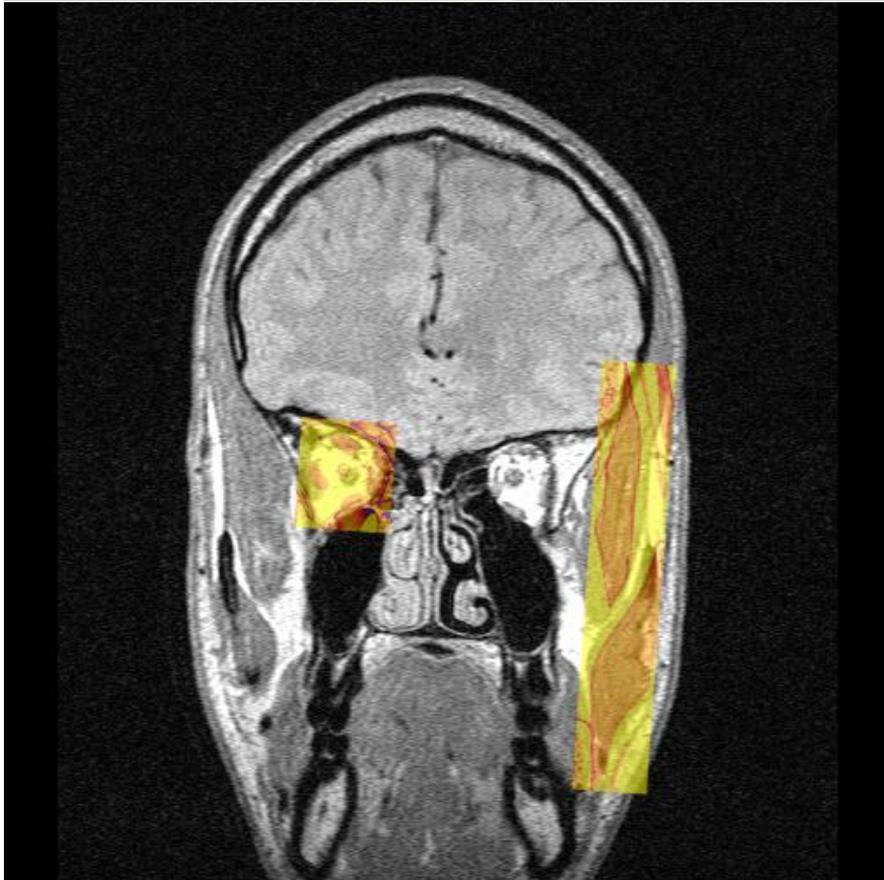


Abb. 21: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben:
Augenmuskulatur, M.
temporalis, M. masseter.



Abb. 22: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben:
 Kaumuskulatur: M. temporalis, M. masseter.
 Zu sehen ist deutlich der aufsteigende Ast des Unterkiefers auf dem Template.

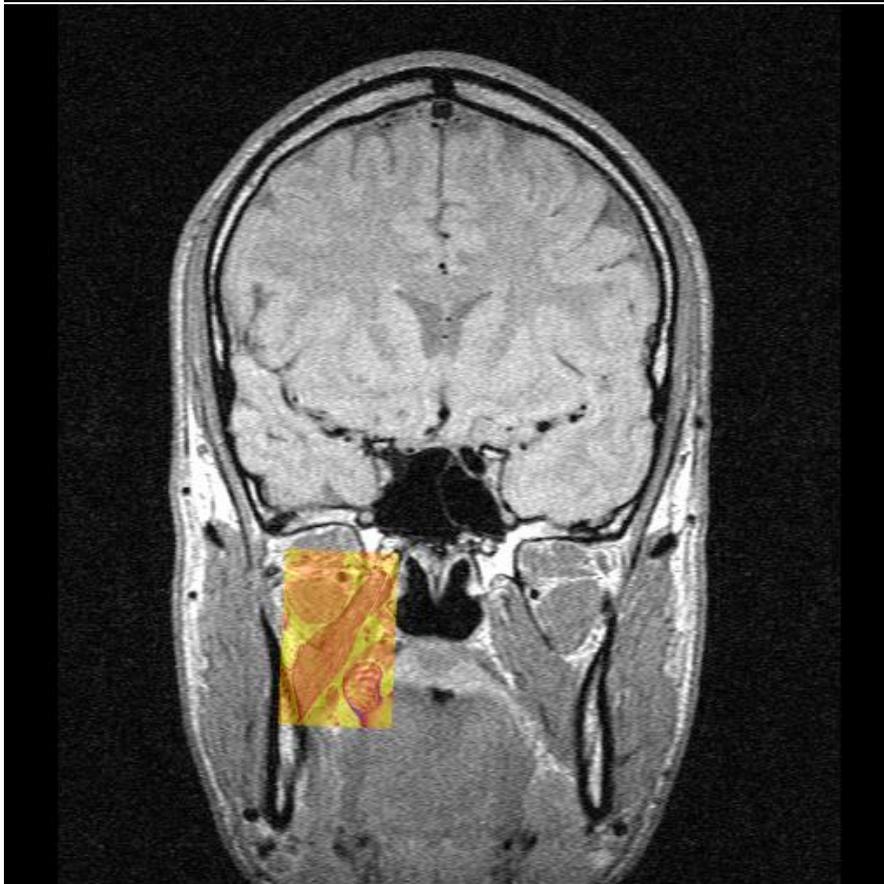


Abb. 23: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben:
 Kaumuskulatur: M. pterygoideus lateralis, M. pterygoideus medialis.

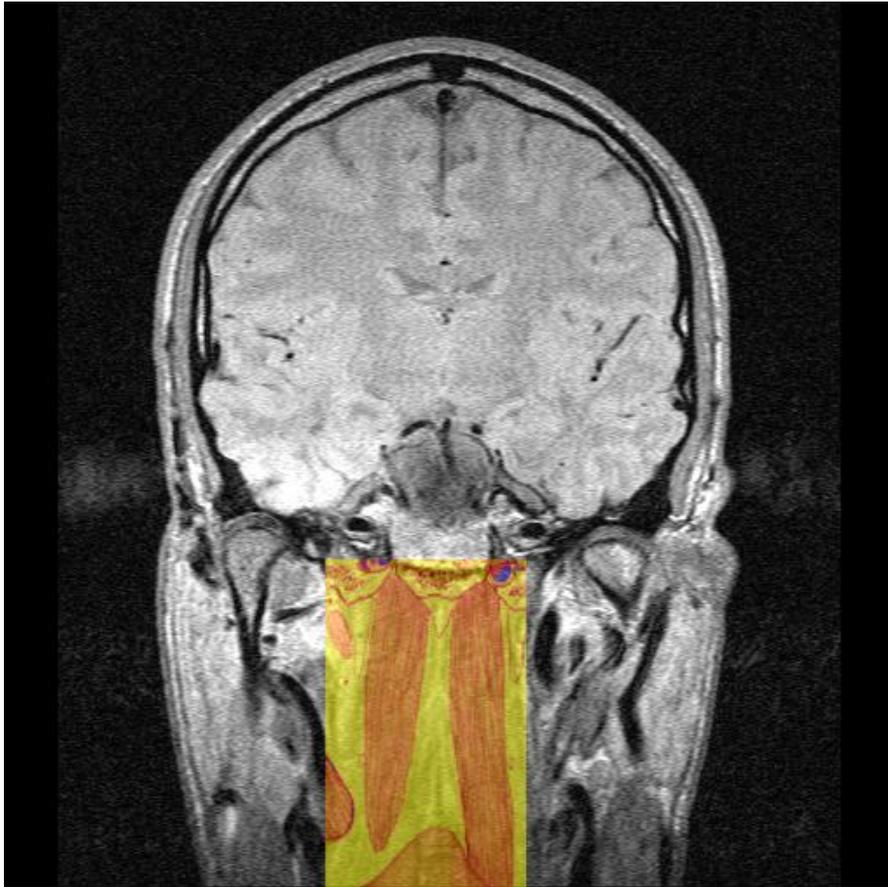


Abb. 24: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben: M. longus capitis. Deutlich zu sehen ist die gute Übereinstimmung am Clivus.

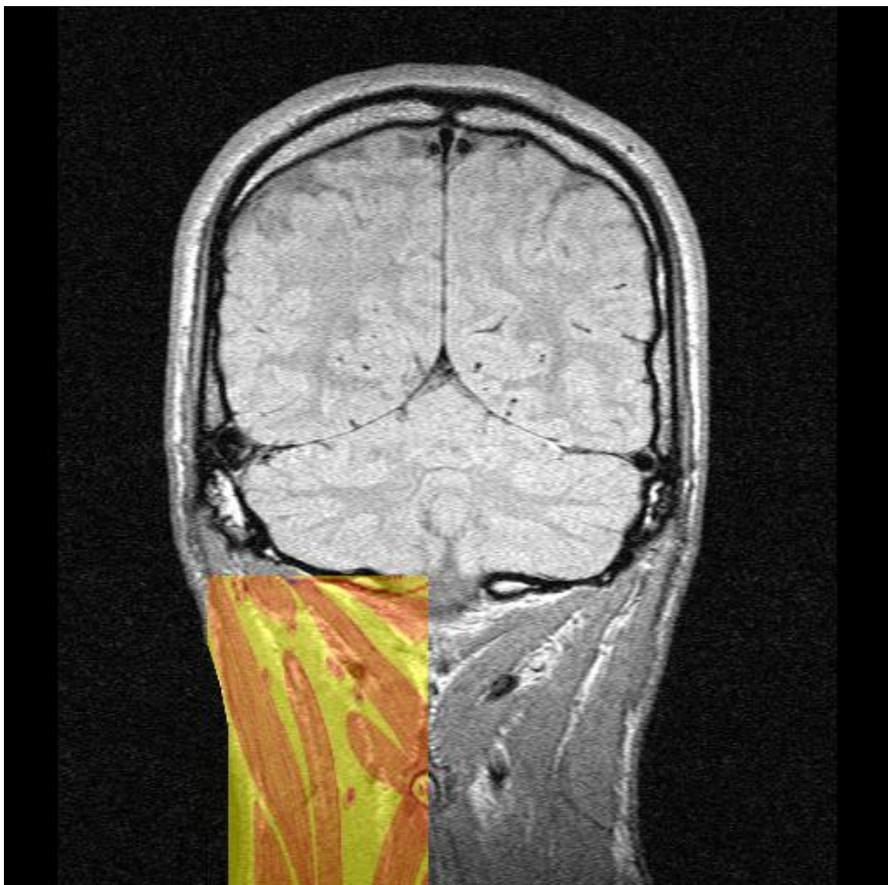


Abb. 25: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben:
Nackemusculatur: M. rectus capitis posterior minor/major, M. obliquus capitis inferior/superior, M. semispinalis cervicis/capitis, M. splenius capitis, M. longissimus capitis.
Deutlich zu sehen ist die gute Übereinstimmung anhand des Processus Spinosus der Achse und der Unterseite des Neurocraniums.

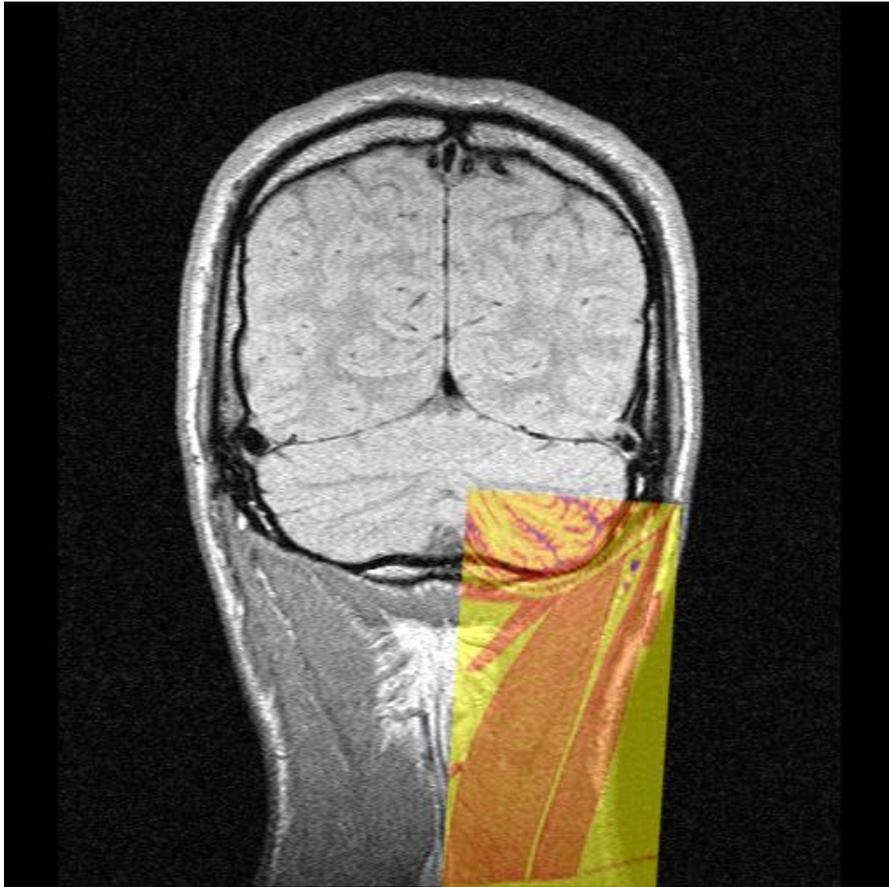


Abb. 26: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben:
 Nackenmuskulatur: M. splenius capitis, M. semispinalis capitis, M. rectus capitis posterior major/minor, M. sternocleidomastoideus.

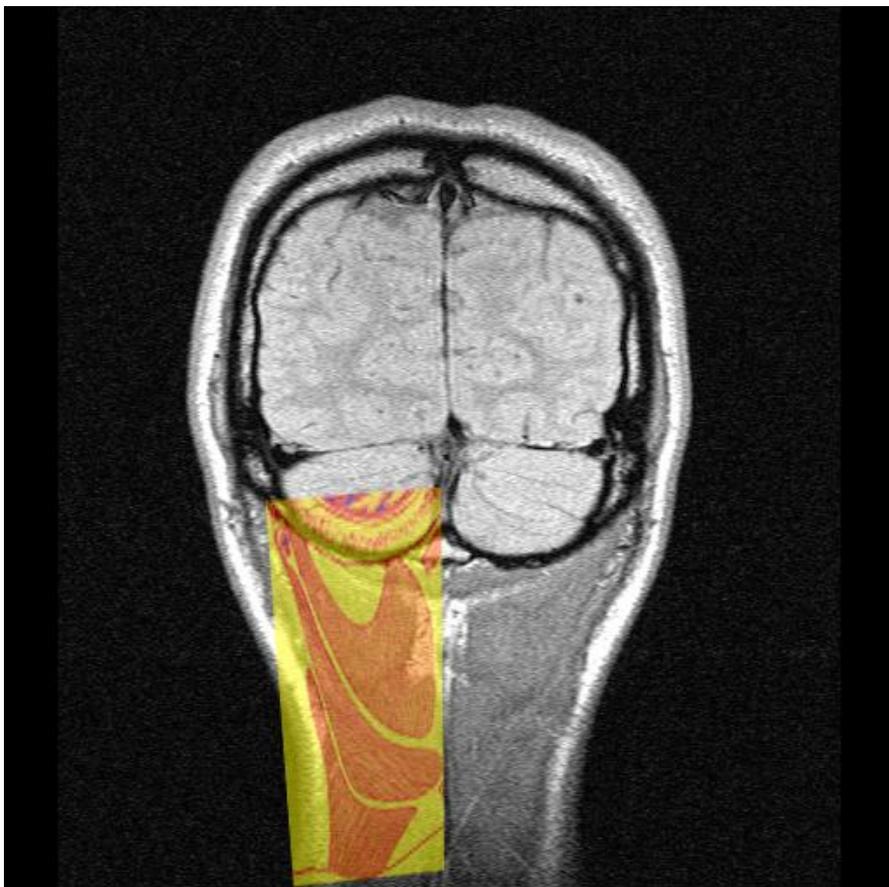


Abb. 27: Aufgelagerte Templates zur Kontrolle der Segmentierung.

Folgende Strukturen sind hervorgehoben:
 Nackenmuskulatur: M. trapezius, M. splenius capitis, M. semispinalis capitis.

5.3 Dreidimensionale Rekonstruktionen

Die folgenden Seiten illustrieren die einzelnen dreidimensionalen Rekonstruktionen der segmentierten kranialen Muskelstrukturen. Des weiteren sind zusammenhängende Muskelgruppen veranschaulicht. Die Strukturen sind jeweils aus verschiedenen Blickwinkeln dargestellt worden. Es sind jeweils die Muskelstrukturen isoliert in der Bounding-Box und im Zusammenhang mit den Schichten des MR-Bilddatensatzes visualisiert worden.

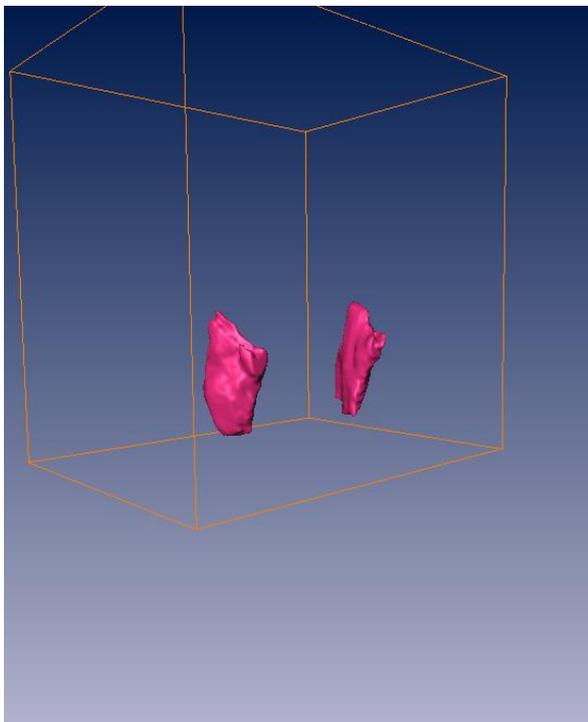


Abb. 28: M. Masseter, pars superficialis (SuMasM) mit Bounding-Box (Ansicht von links-dorsal).

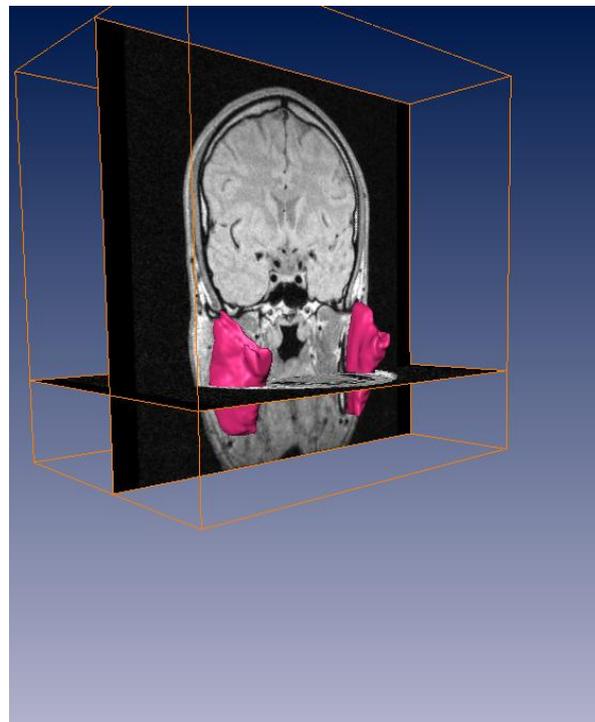


Abb. 29: M. masseter, pars superficialis (SuMasM) (Ansicht von links-dorsal) mit Bounding-Box und MRT-Schicht (frontal und coronal).

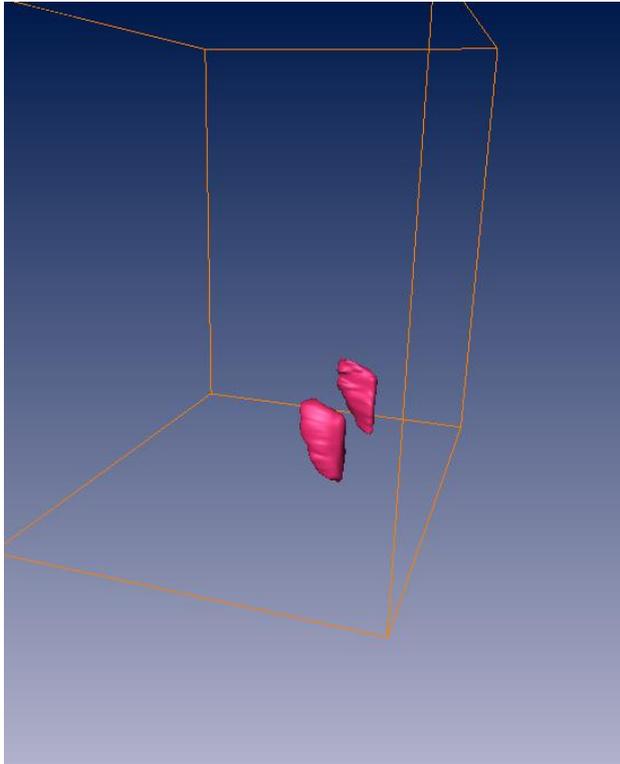


Abb. 30: M. Buccinator (BucM) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

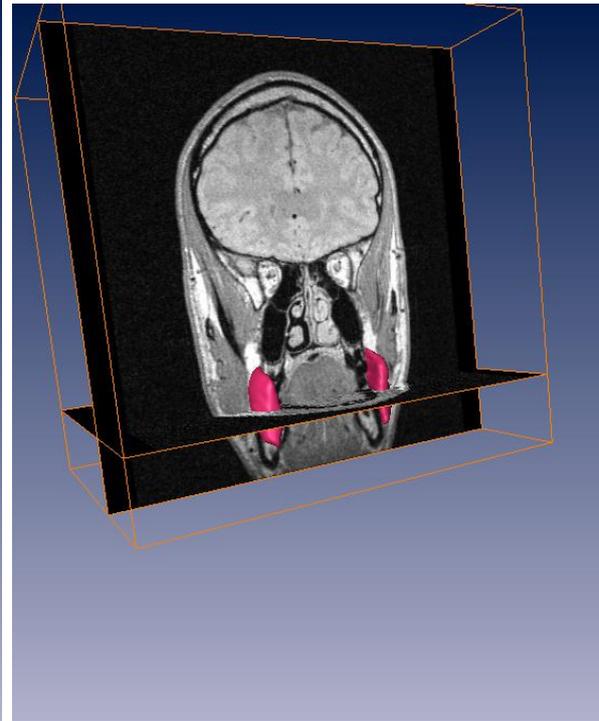


Abb. 31: M. Buccinator (BucM) (Ansicht von rechts-frontal) mit Bounding-Box und MRT-Schicht (frontal und coronal).

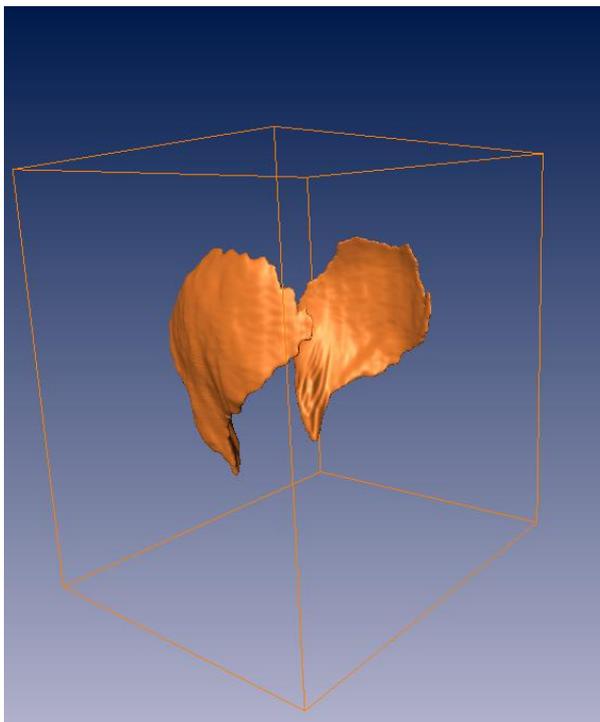


Abb. 32: M. temporalis (TempM) mit Bounding-Box (Ansicht von links-dorsal).

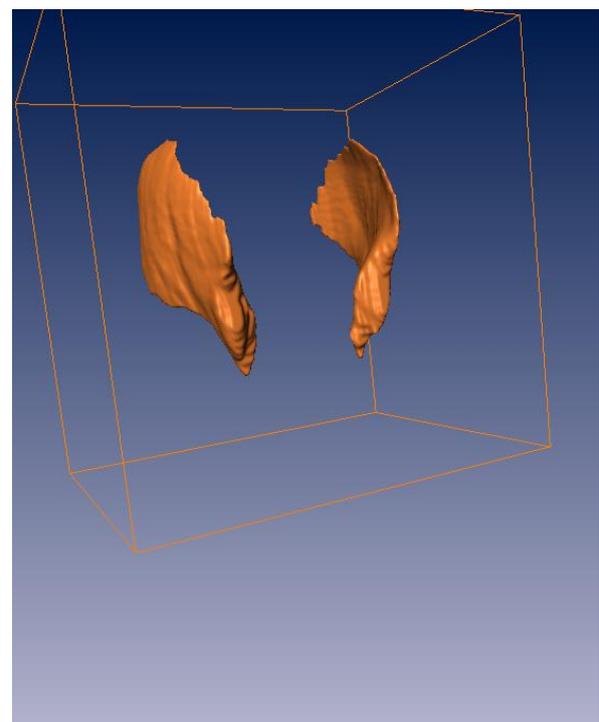


Abb. 33: M. temporalis (TempM) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

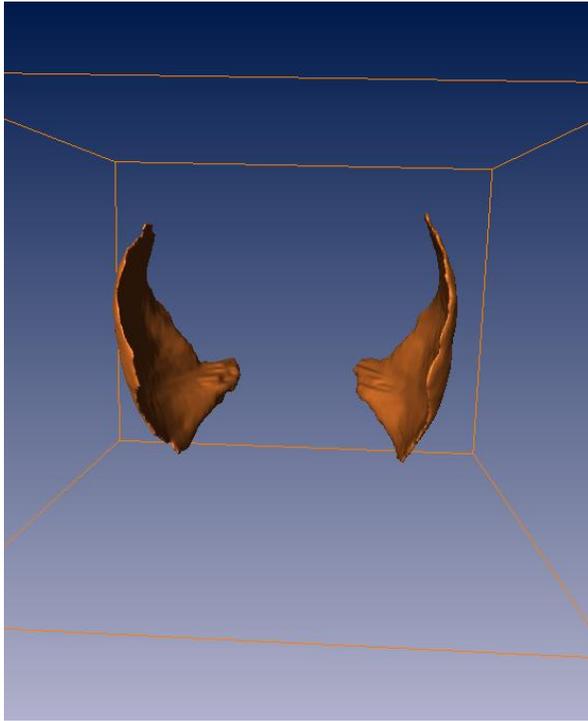


Abb. 34: M. temporalis (TempM) mit Bounding-Box (Ansicht von kranial).

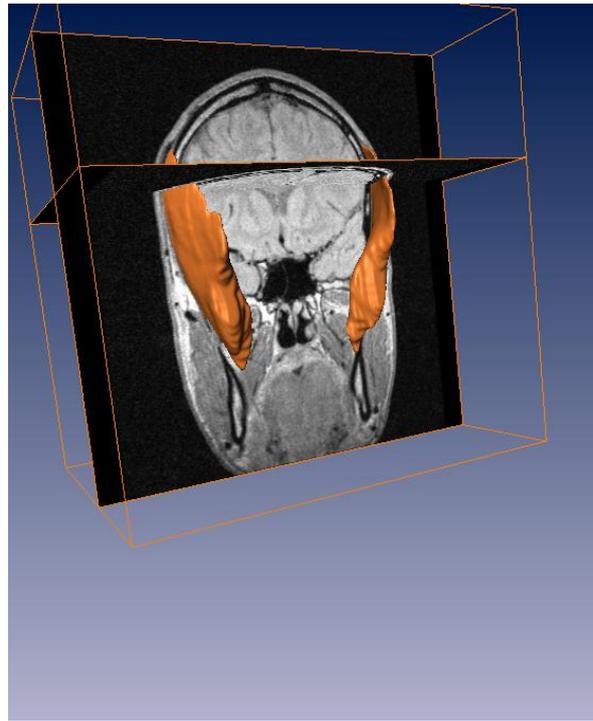


Abb. 35: M. temporalis (TempM) (Ansicht von rechts-frontal) mit Bounding-Box und MRT-Schicht (frontal und coronal).

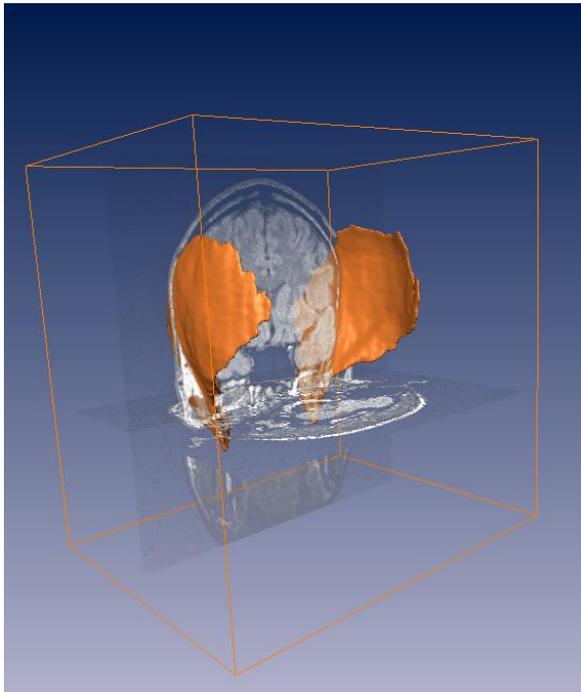


Abb. 36: M. temporalis (TempM), (Ansicht von links-dorsal) mit Bounding-Box und transluzenter MRT-Schicht (frontal und coronal).

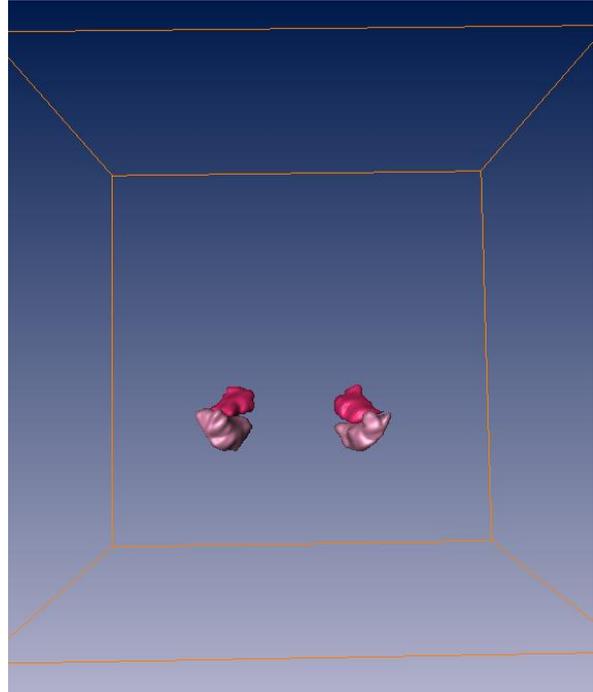


Abb. 37: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior (LPtGS, LPtGI) mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal).

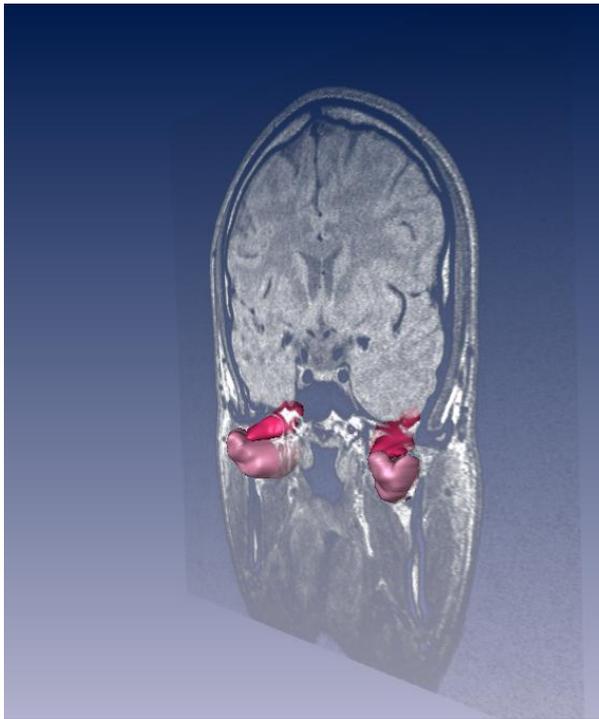


Abb. 38: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior (LPtgS, LPtgl), (Ansicht von rechts-dorsal) mit transluzenter MRT-Schicht (frontal).

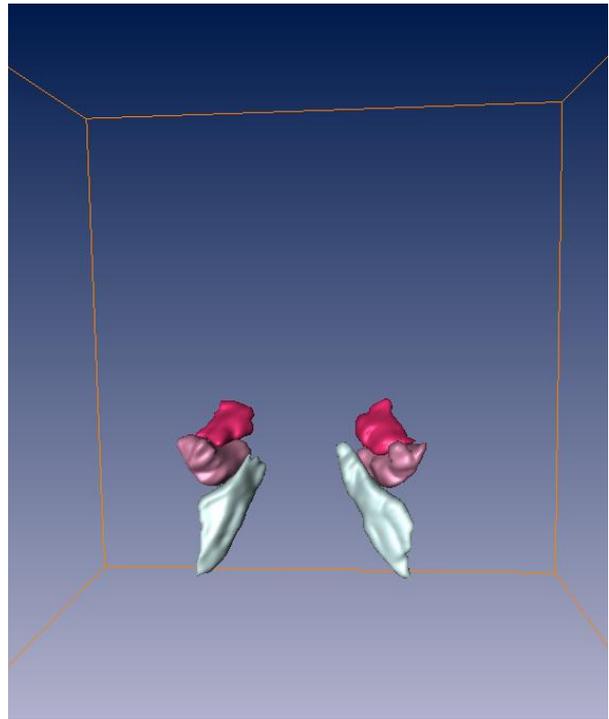


Abb. 39: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior, M. pterygoideus medialis (LPtgS, LPtgl, MPtg) mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal).

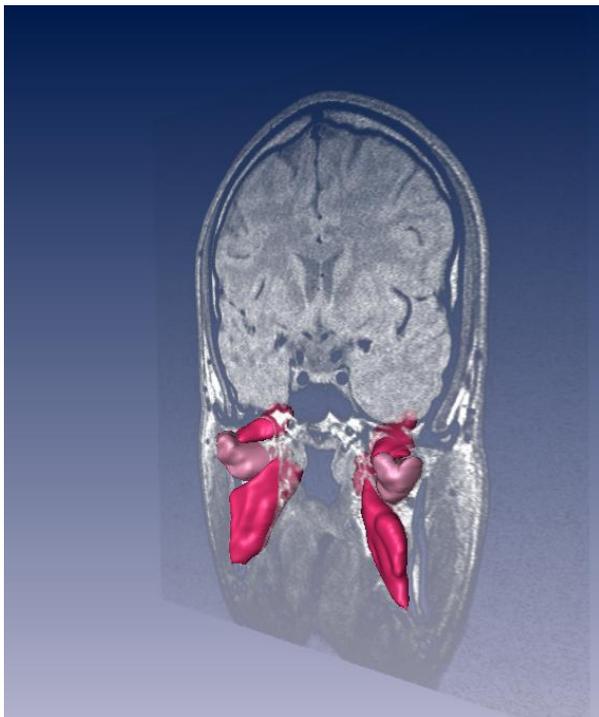


Abb. 40: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior, M. pterygoideus medialis (LPtgS, LPtgl, MPtg), (Ansicht von rechts-dorsal) mit transluzenter MRT-Schicht (frontal).

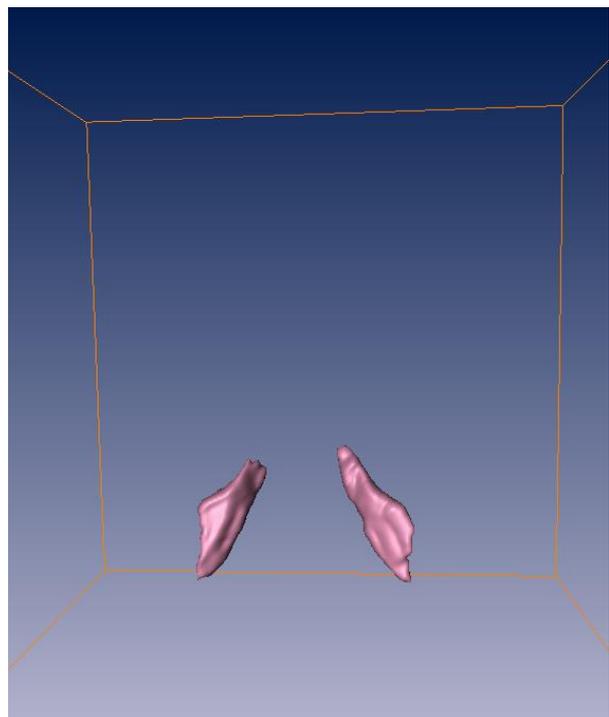


Abb. 41: M. pterygoideus medialis (MPtg) mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal).

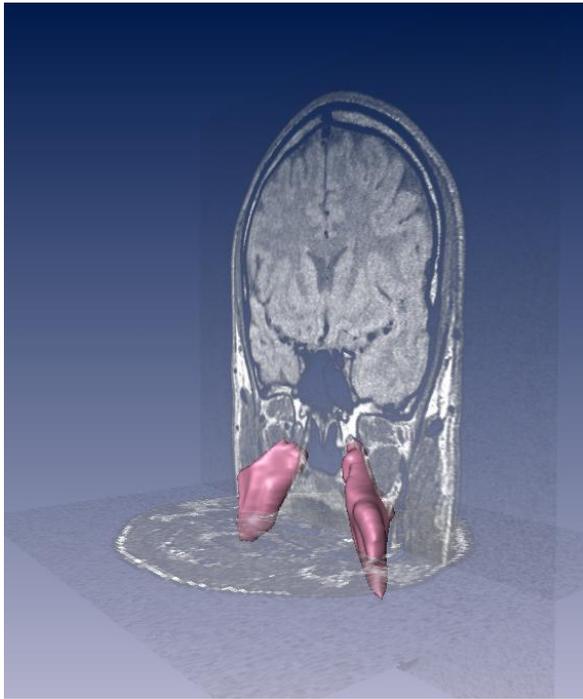


Abb. 42: M. pterygoideus medialis (MPtg), (Ansicht von rechts-dorsal) mit transluzenter MRT-Schicht (frontal und coronal).

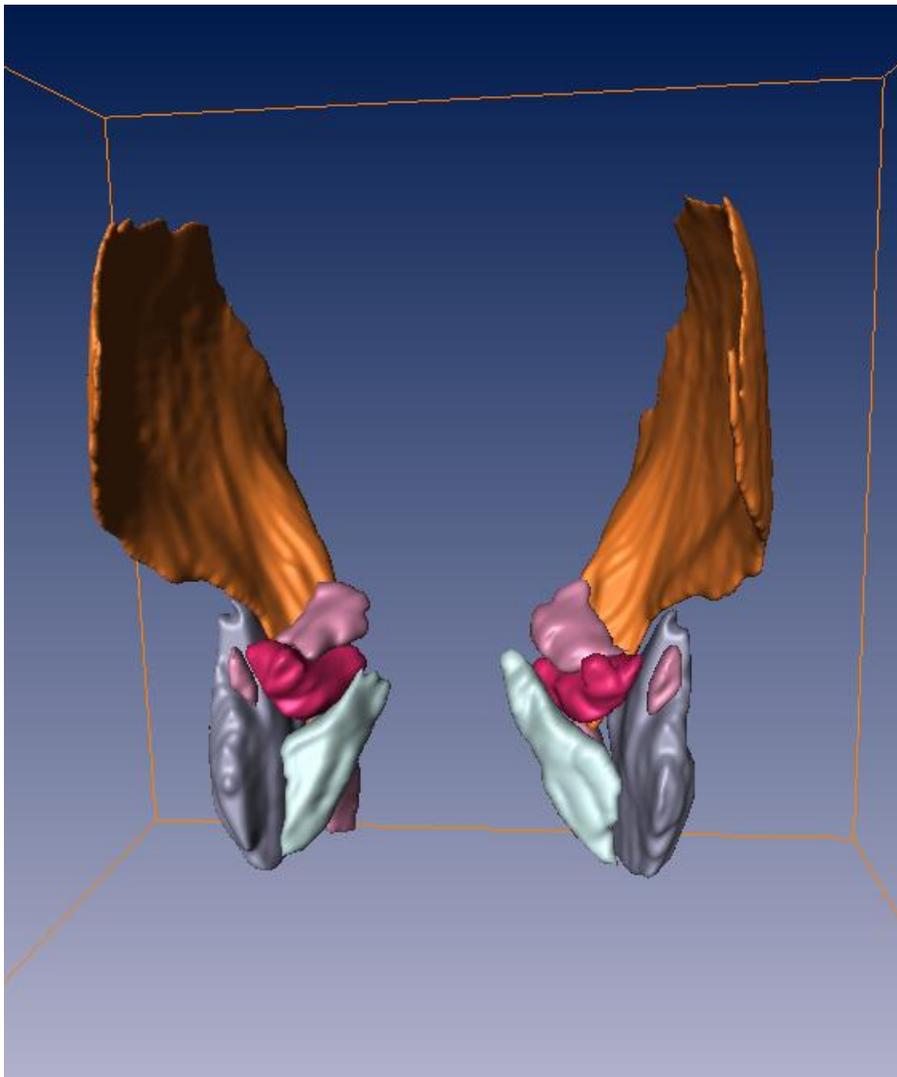


Abb. 43: Kaumuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal). Visualisiert sind: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior, M. pterygoideus medialis (LPtgS, LPtgl, MPtg), M. temporalis (TempM), M. masseter pars profunda et superficialis (DpMasM, SuMasM), M. buccinator (wird nicht zur Kaumuskulatur gezählt).

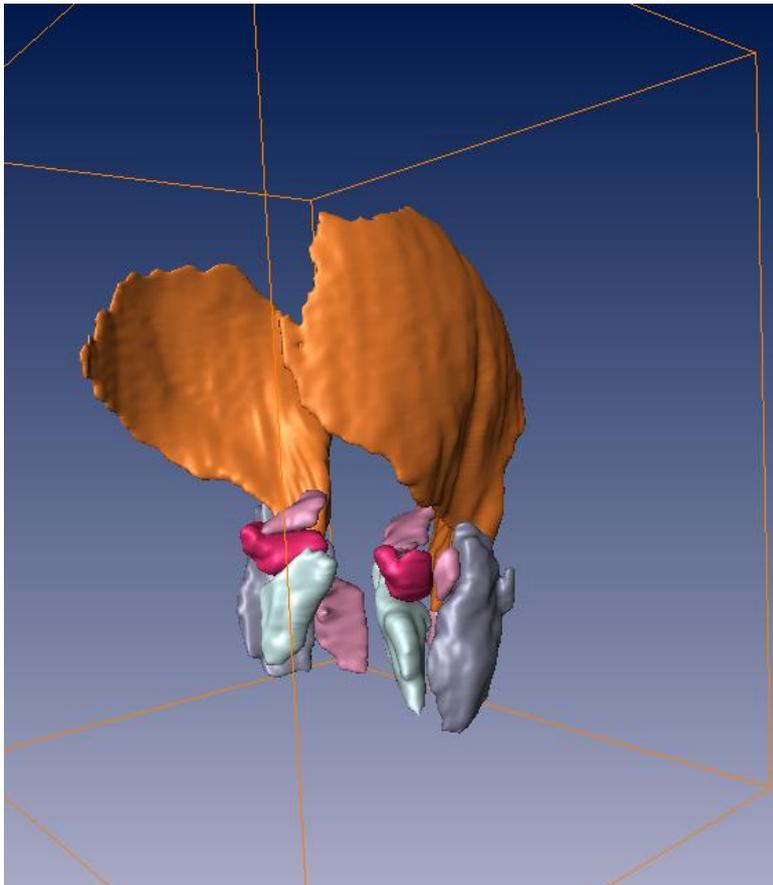


Abb. 44:
Kaumuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).

Visualisiert sind: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior, M. pterygoideus medialis (LPtgS, LPtgl, MPtg), M. temporalis (TempM), M. masseter pars profunda et superficialis (DpMasM, SuMasM), M. buccinator (wird nicht zur Kaumuskulatur gezählt).

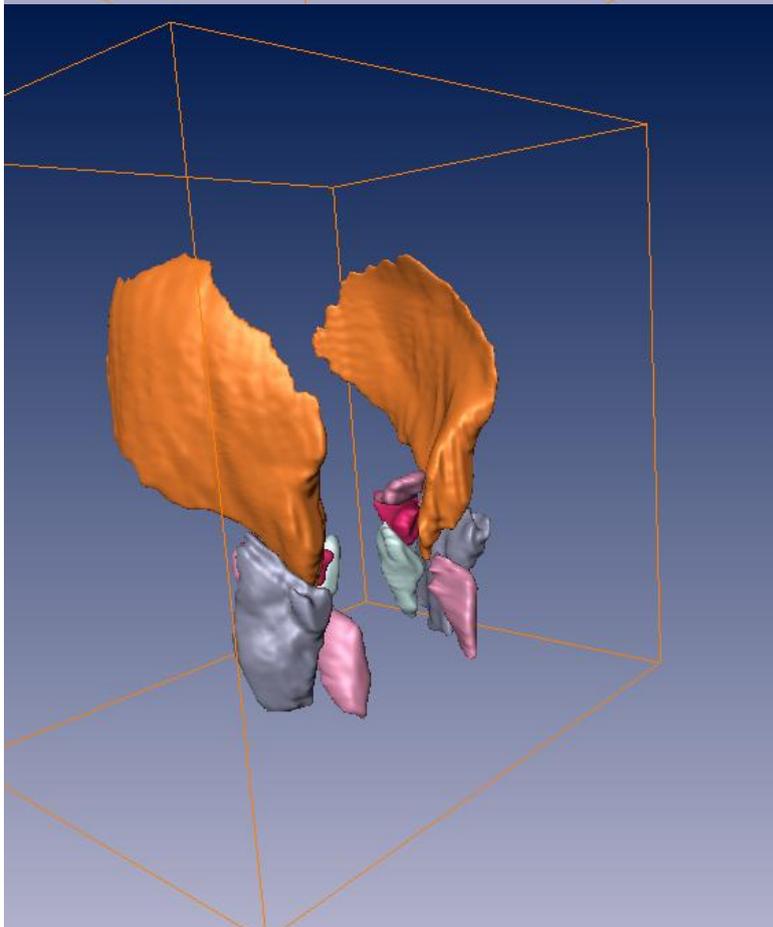


Abb. 45:
Kaumuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

Visualisiert sind: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior, M. pterygoideus medialis (LPtgS, LPtgl, MPtg), M. temporalis (TempM), M. masseter pars profunda et superficialis (DpMasM, SuMasM), M. buccinator (wird nicht zur Kaumuskulatur gezählt).

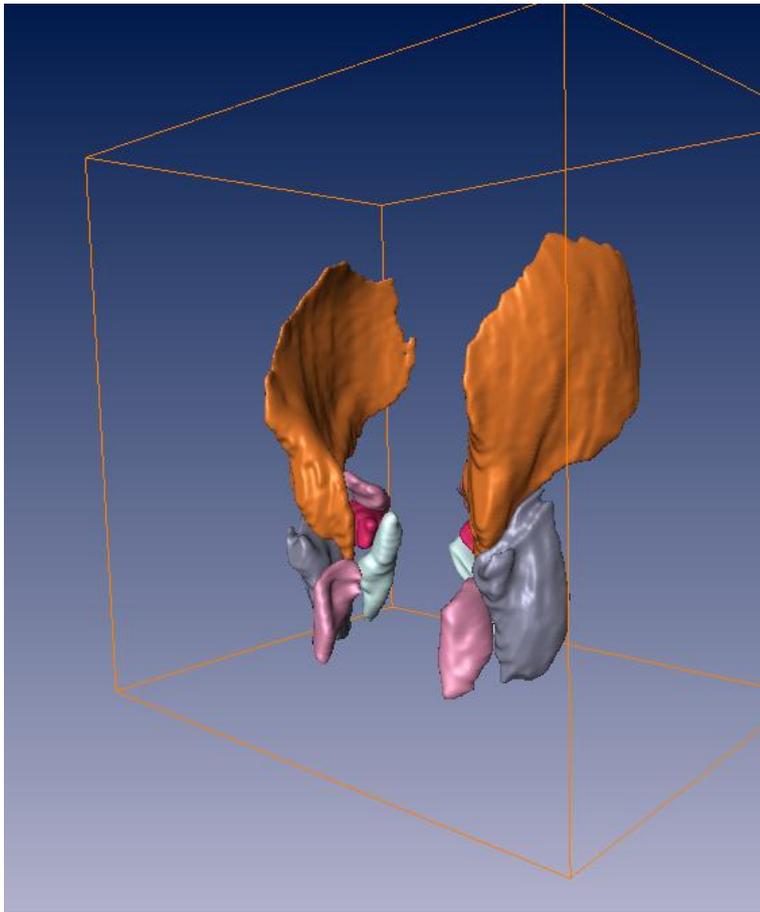


Abb. 46:
Kaumuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von links-frontal).

Visualisiert sind: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior, M. pterygoideus medialis (LPtgS, LPtgl, MPtg), M. temporalis (TempM), M. masseter pars profunda et superficialis (DpMasM, SuMasM), M. buccinator (wird nicht zur Kaumuskulatur gezählt).

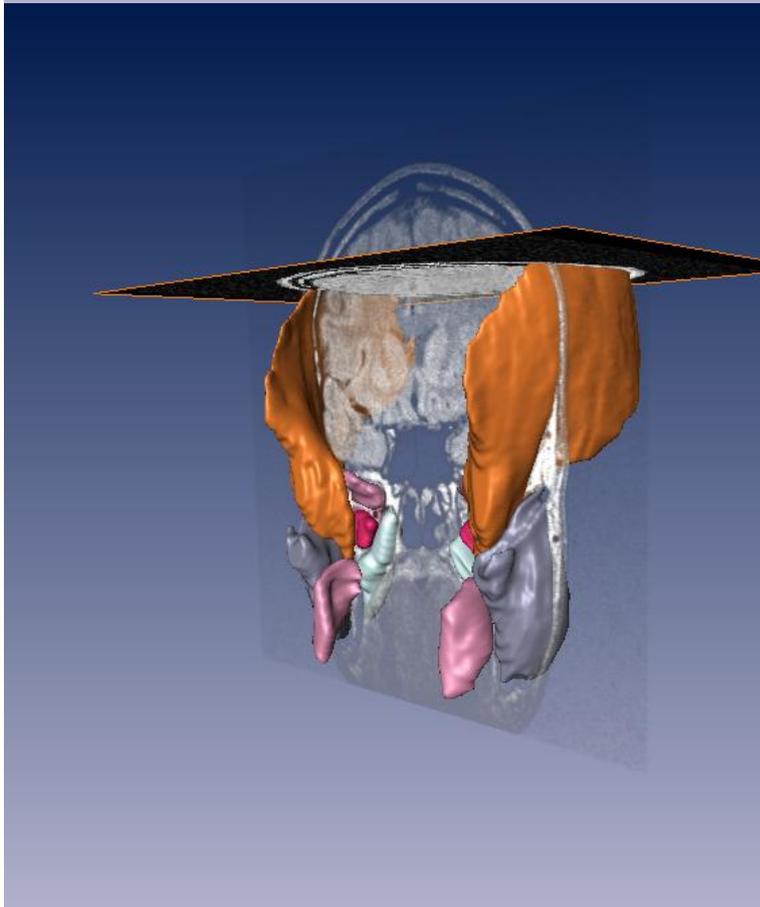


Abb. 47:
Kaumuskulatur mit MRT-Schicht (transluzent-frontal, coronal), (Ansicht von links-frontal).

Visualisiert sind: M. pterygoideus lateralis venter superior et inferior, M. pterygoideus medialis (LPtgS, LPtgl, MPtg), M. temporalis (TempM), M. masseter pars profunda et superficialis (DpMasM, SuMasM), M. buccinator (wird nicht zur Kaumuskulatur gezählt).

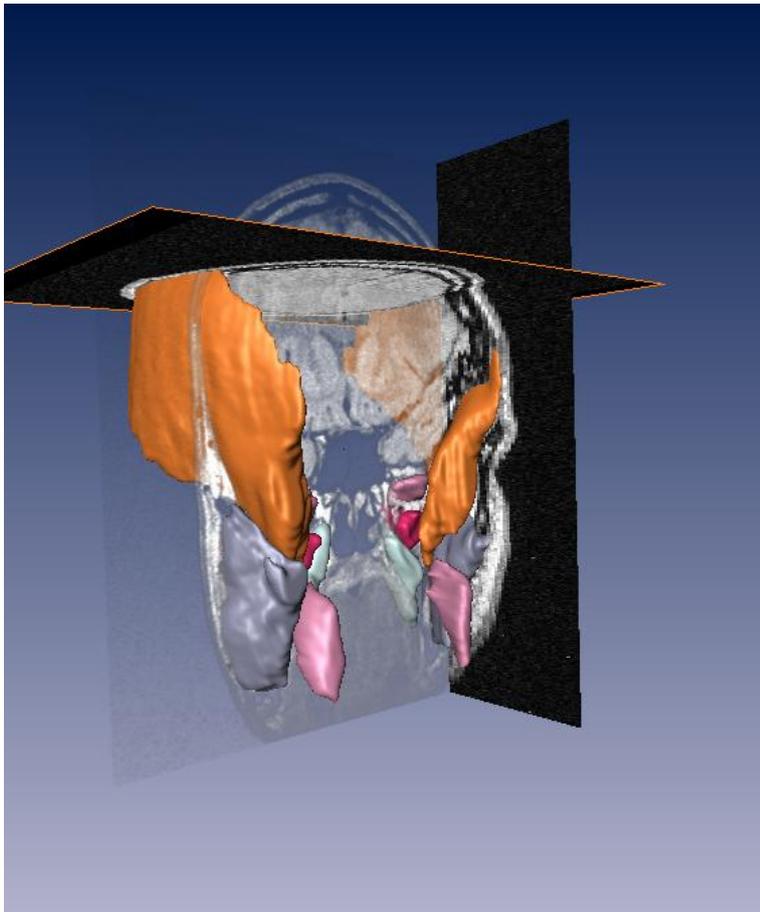


Abb. 48:
Kaumuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-frontal,
coronal, sagittal),
(Ansicht von rechts-
frontal). Visualisiert sind:
 M. pterygoideus lateralis
 venter superior et inferior,
 M. pterygoideus medialis
 (LPtgS, LPtgl, MPtg), M.
 temporalis (TempM), M.
 masseter pars profunda
 et superficialis (DpMasM,
 SuMasM), M. buccinator
 (wird nicht zur
 Kaumuskulatur gezählt).

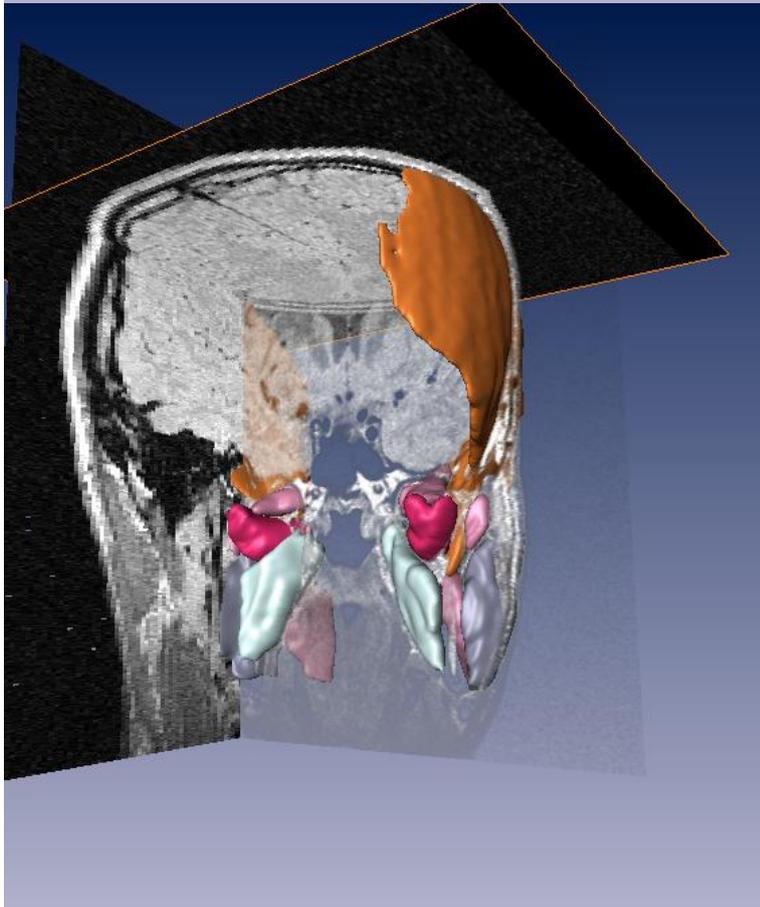


Abb. 49:
Kaumuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-frontal,
coronal, sagittal),
(Ansicht von rechts-
dorsal). Visualisiert sind:
 M. pterygoideus lateralis
 venter superior et inferior,
 M. pterygoideus medialis
 (LPtgS, LPtgl, MPtg), M.
 temporalis (TempM), M.
 masseter pars profunda
 et superficialis (DpMasM,
 SuMasM), M. buccinator
 (wird nicht zur
 Kaumuskulatur gezählt).

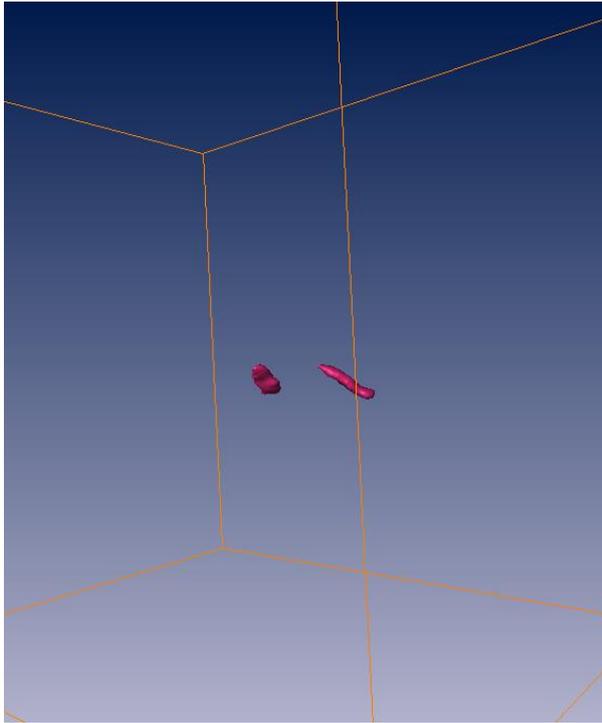


Abb. 50: M. rectus inferior (IRec) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).

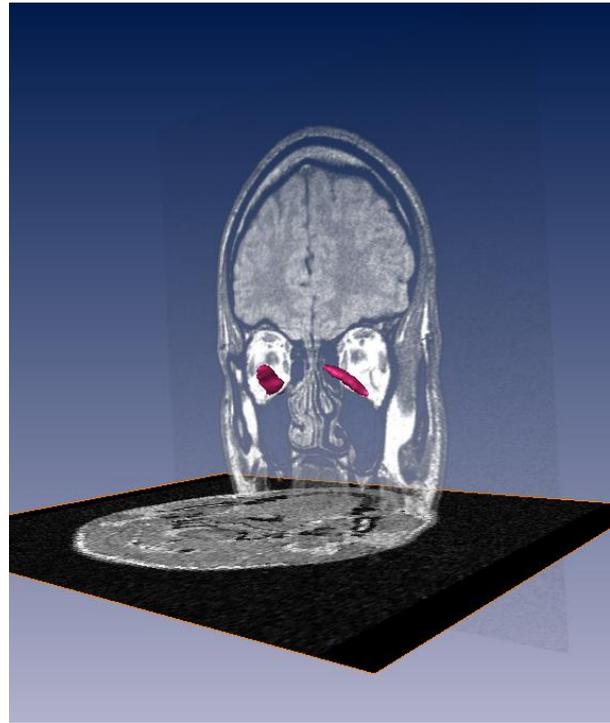


Abb. 51: M. rectus inferior (IRec), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

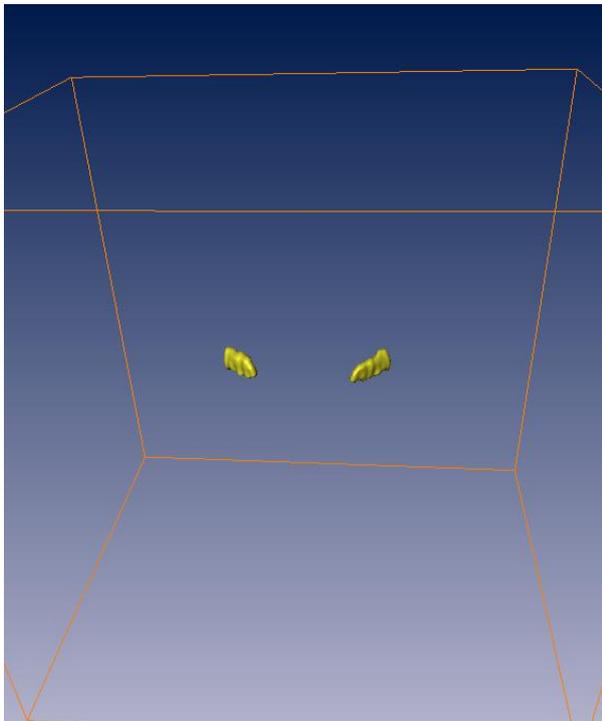


Abb. 52: M. rectus lateralis (LRec) mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal).

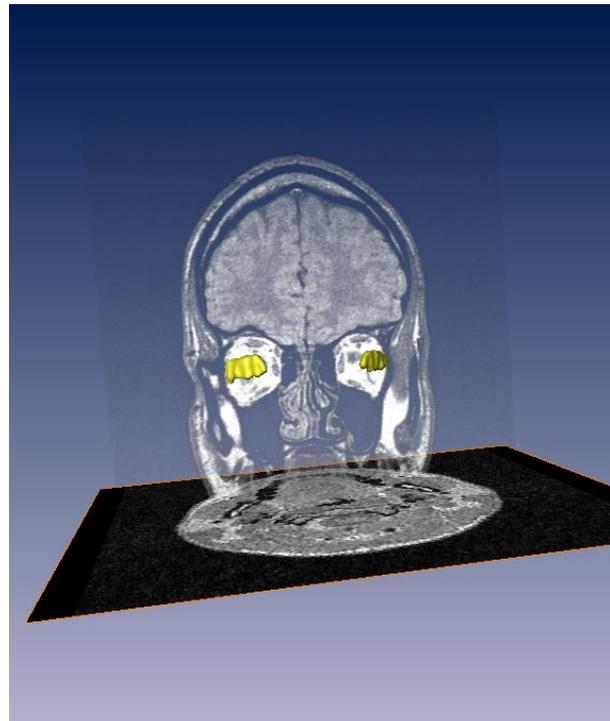


Abb. 53: M. rectus lateralis (LRec), (Ansicht von dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

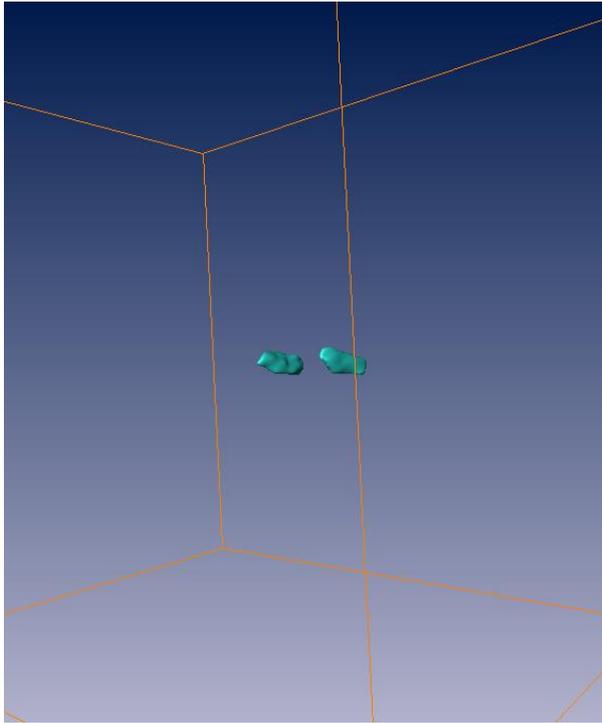


Abb. 54: M. rectus medialis (MRec) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).

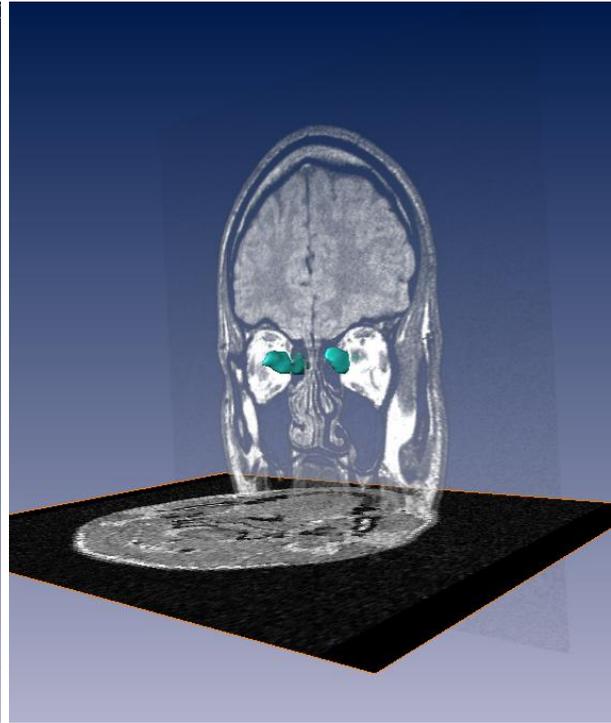


Abb. 55: M. rectus medialis (MRec), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

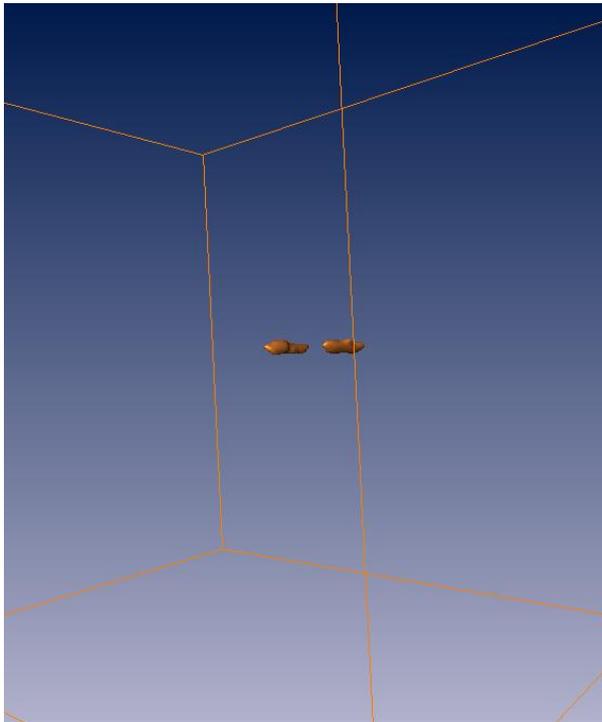


Abb. 56: M. obliquus superior (SOB) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).

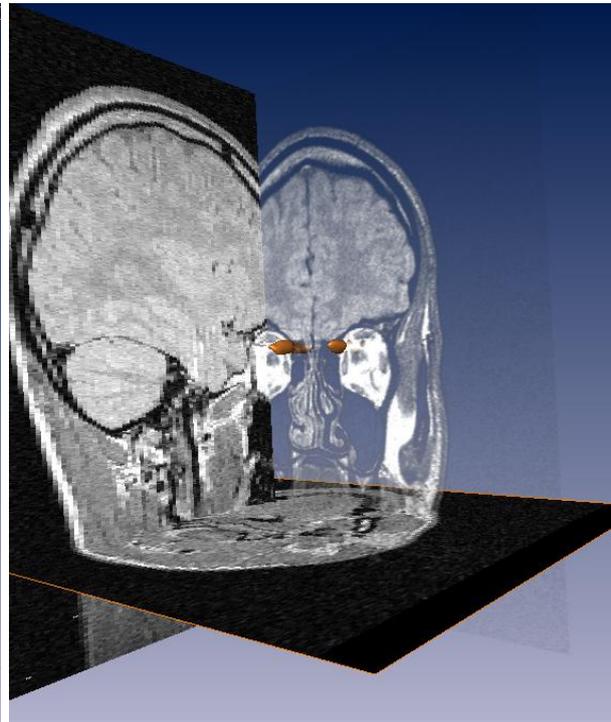


Abb. 57: M. obliquus superior (SOB), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

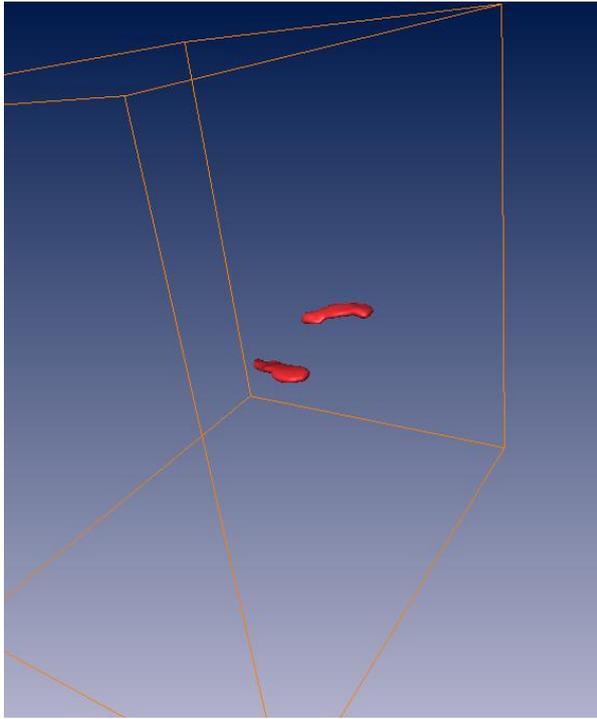


Abb. 58: M. rectus superior (SRec) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

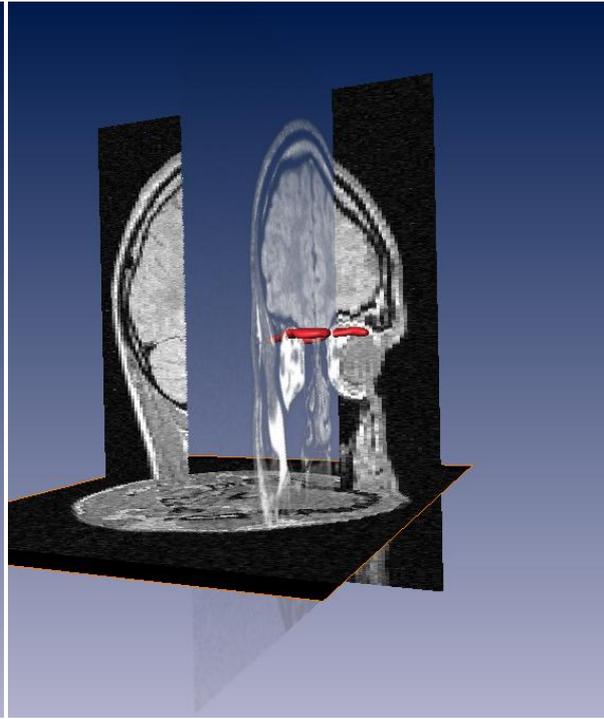


Abb. 59: M. rectus superior (SRec), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

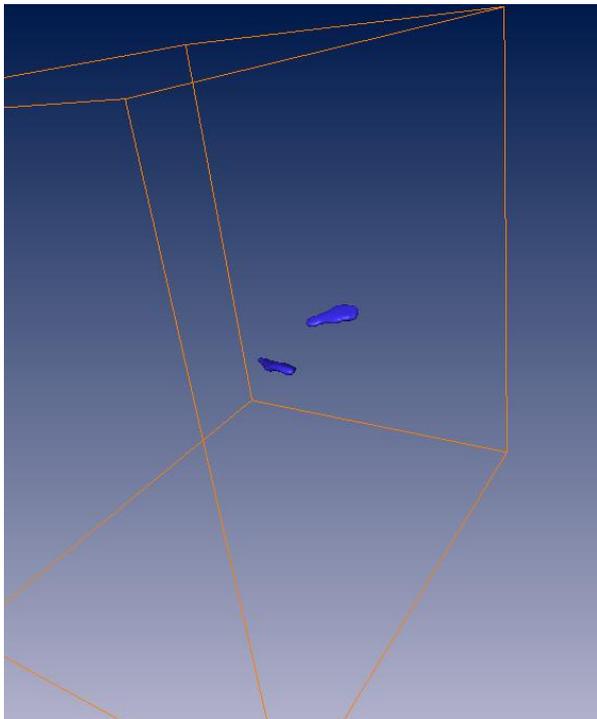


Abb. 60: M. levator palpebrae superior (LPal) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

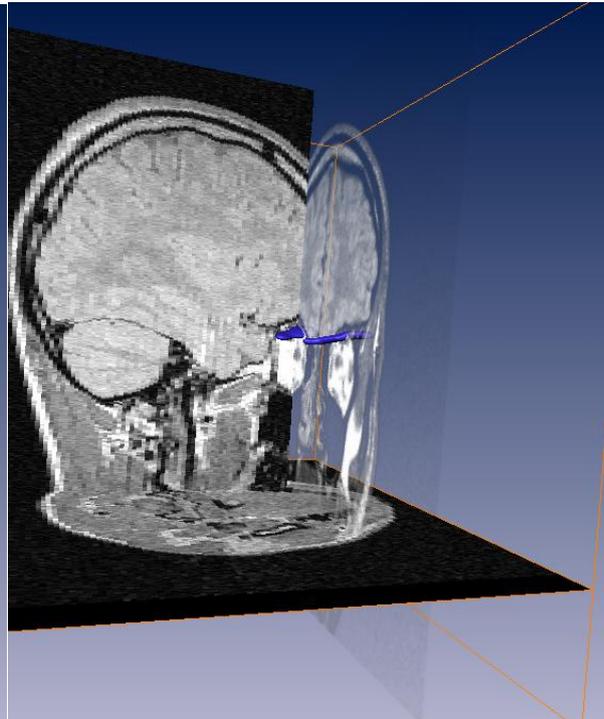


Abb. 61: M. levator palpebrae superior (LPal), (Ansicht von rechts-lateral) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

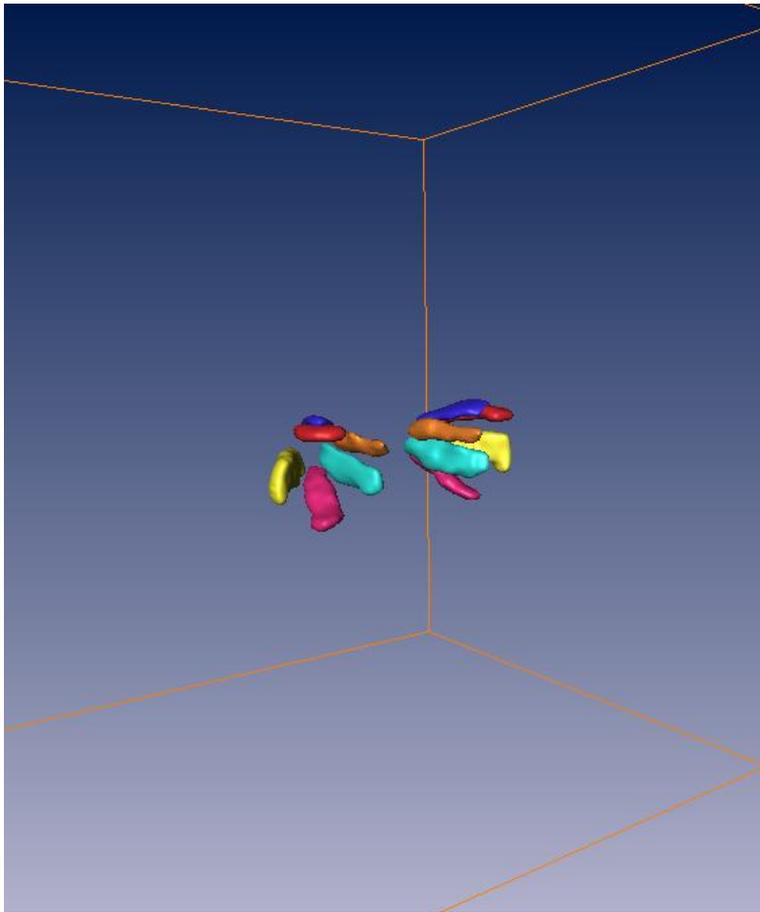


Abb. 62:
Augenmuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).
 Visualisiert sind: M. rectus lateralis, M. rectus inferior, M. rectus medialis, M. rectus superior, M. obliquus superior, M. levator palpebrae superior

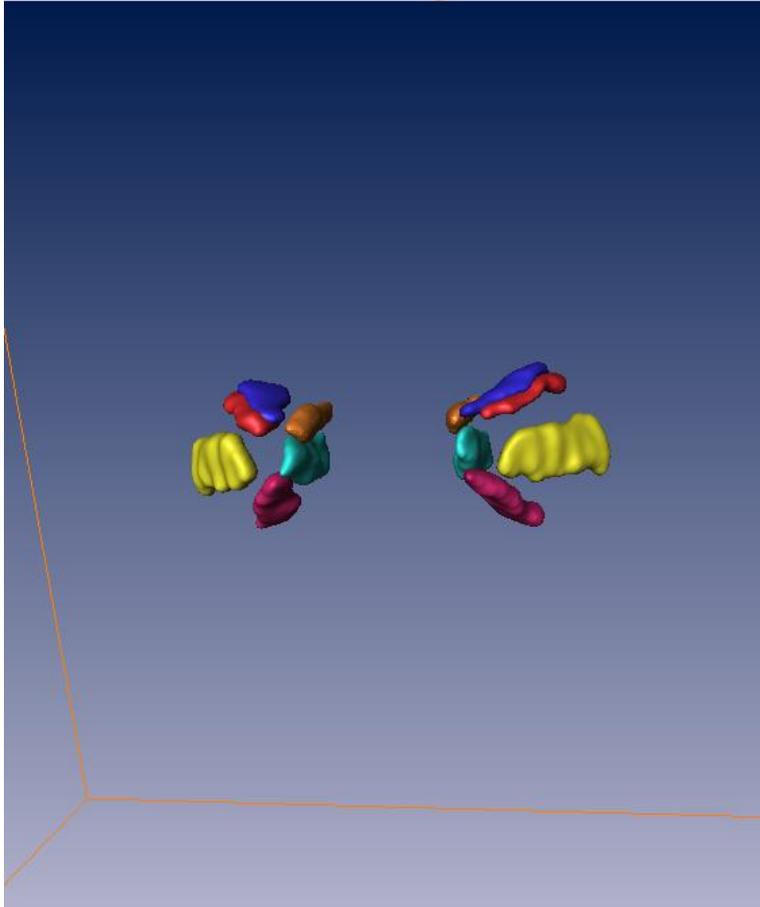


Abb. 63:
Augenmuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal). Visualisiert sind: M. rectus lateralis, M. rectus inferior, M. rectus medialis, M. rectus superior, M. obliquus superior, M. levator palpebrae superior

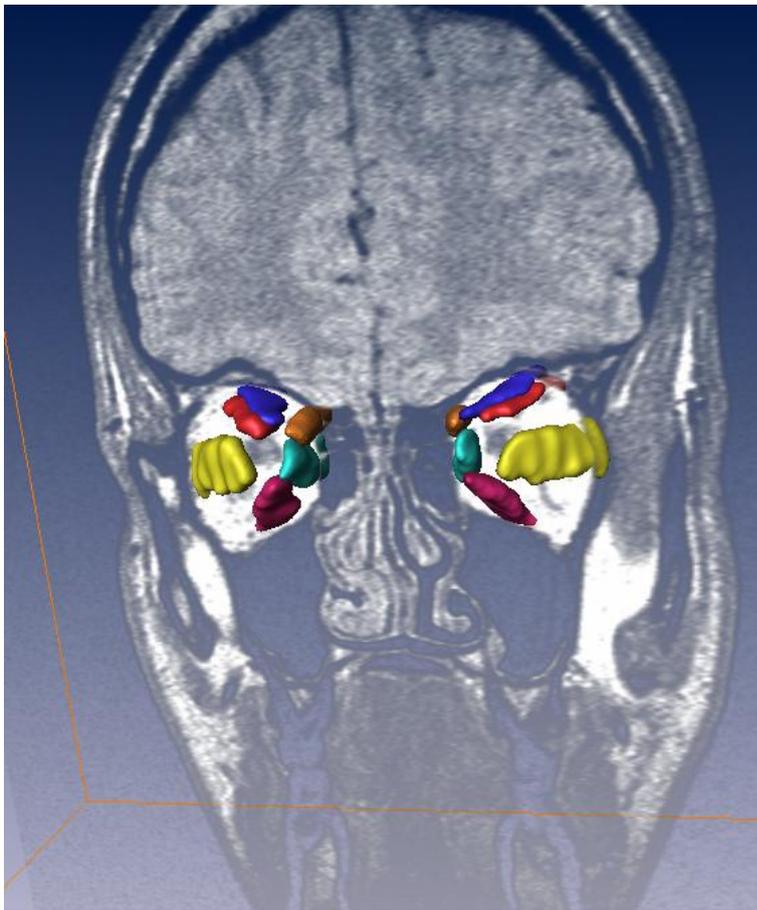


Abb. 64:
Augenmuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-frontal),
(Ansicht von dorsal).

Visualisiert sind: M. rectus lateralis, M. rectus inferior, M. rectus medialis, M. rectus superior, M. obliquus superior, M. levator palpebrae superior

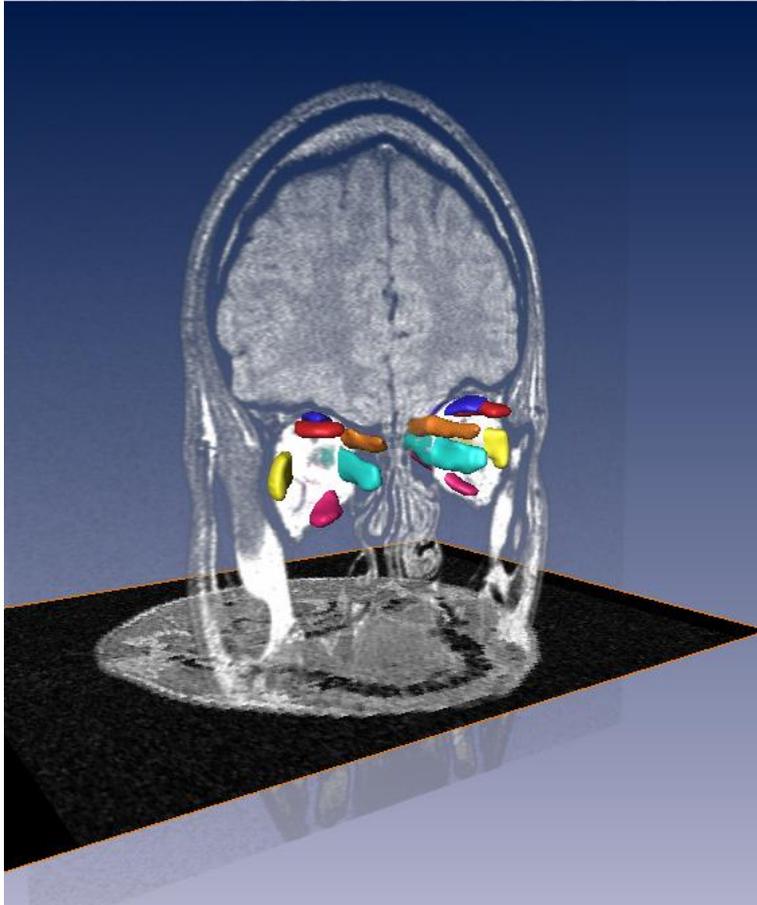


Abb. 65:
Augenmuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-frontal,
coronal), (Ansicht von
rechts-frontal).

Visualisiert sind: M. rectus lateralis, M. rectus inferior, M. rectus medialis, M. rectus superior, M. obliquus superior, M. levator palpebrae superior

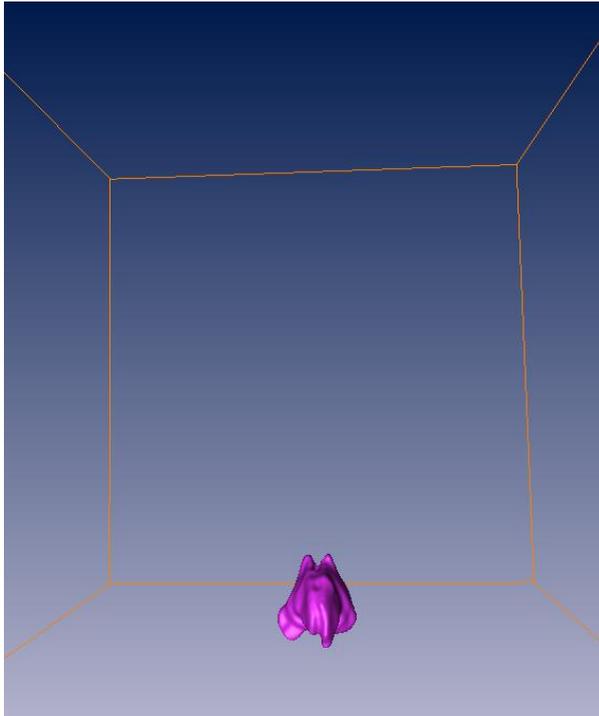


Abb. 66: M. genioglossus (GGM) mit Bounding-Box (Ansicht von frontal).

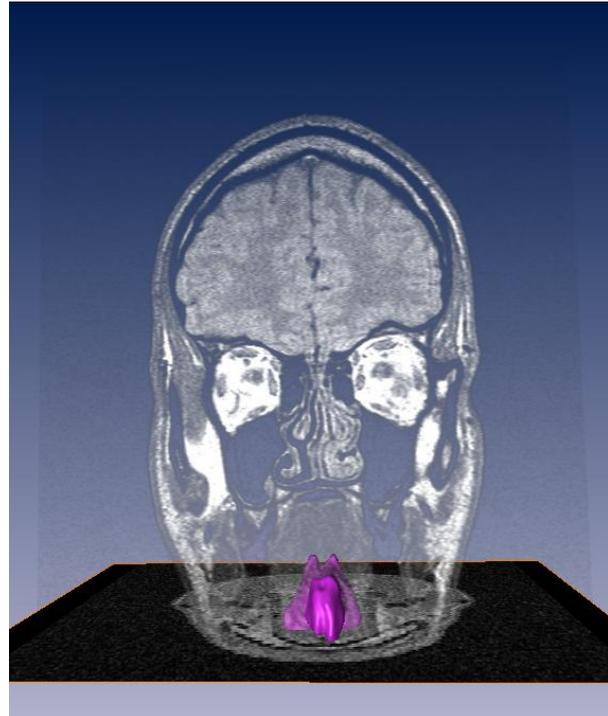


Abb. 67: M. genioglossus (GGM), (Ansicht von frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

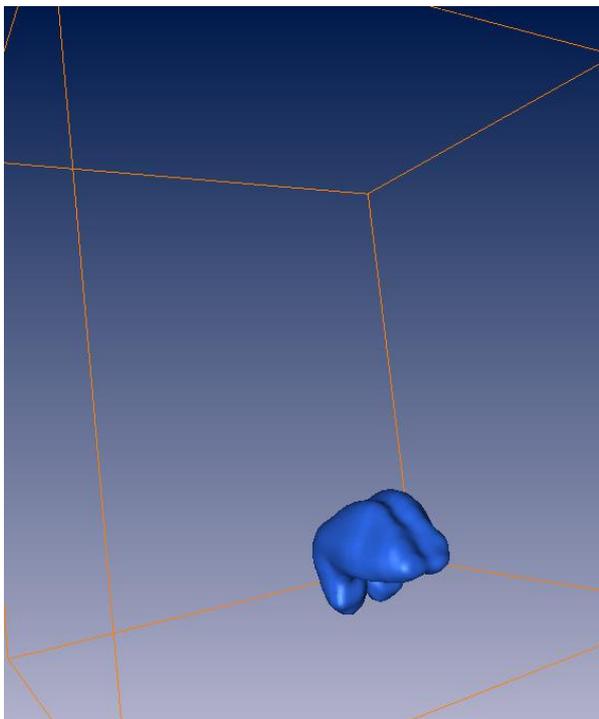


Abb. 68: Intrinsische Zungenmuskulatur (Tong) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

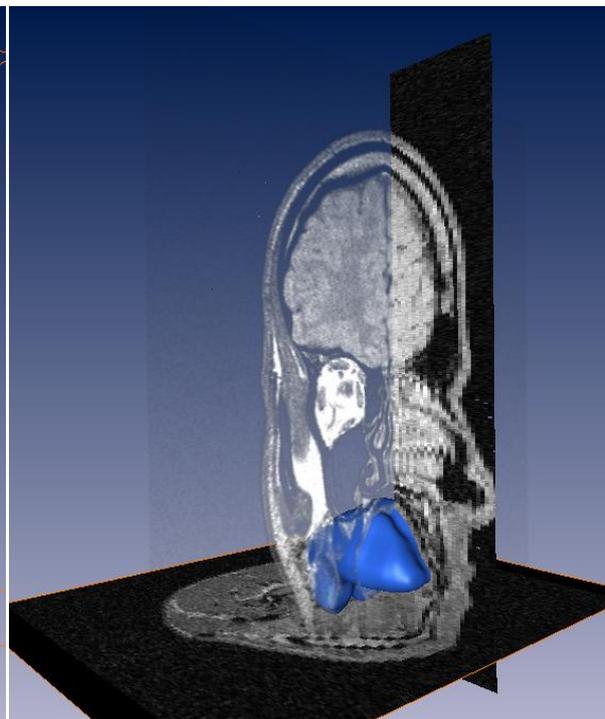


Abb. 69: Intrinsische Zungenmuskulatur (Tong), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

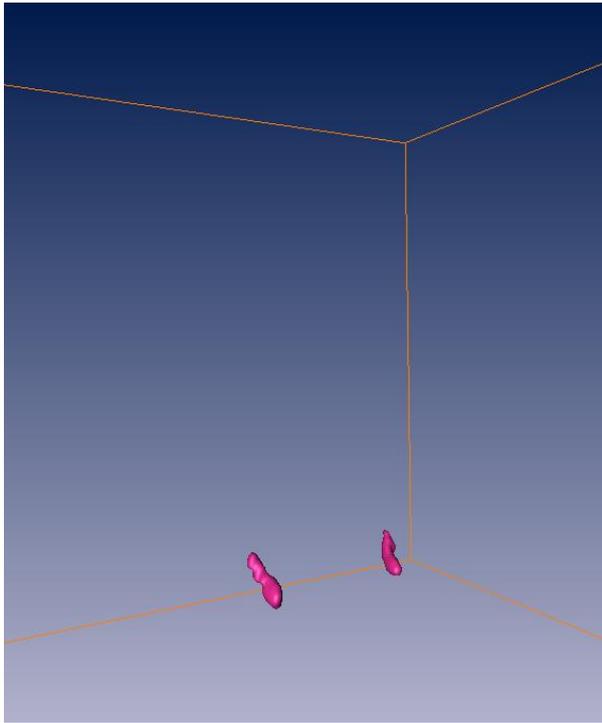


Abb. 70: M. styloglossus (StyGI) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

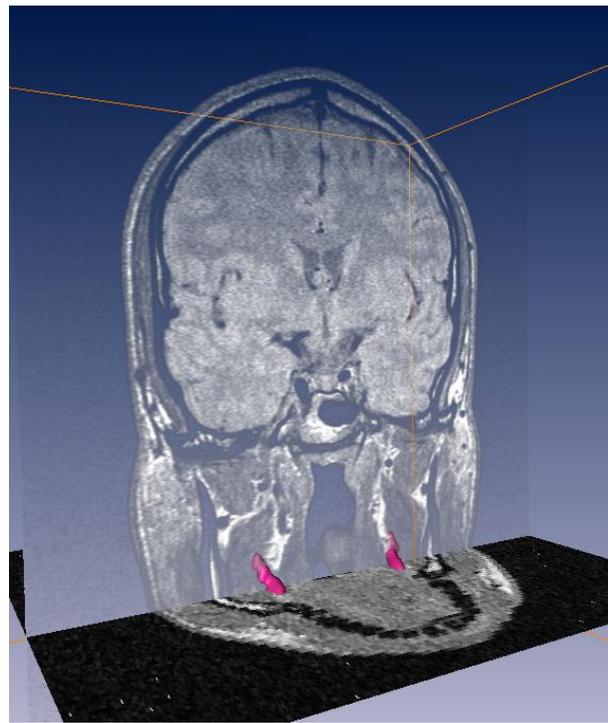


Abb. 71: M. styloglossus (StyGI), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

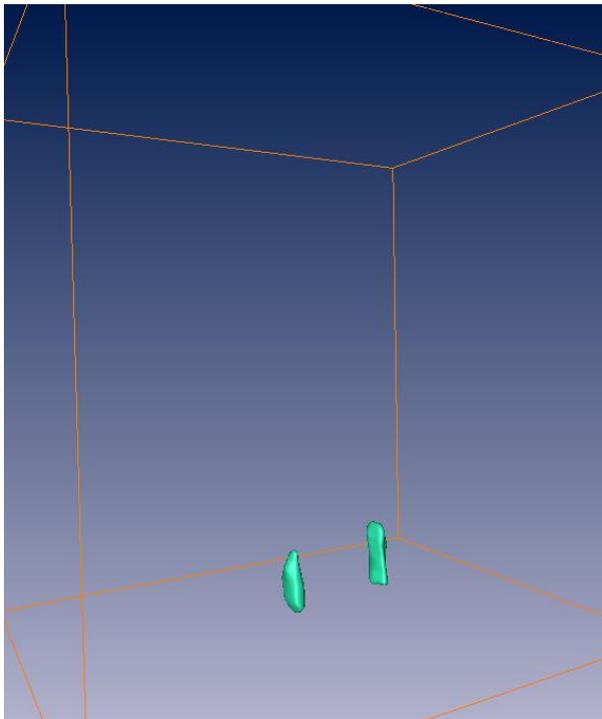


Abb. 72: M. hyoglossus (HyGI) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

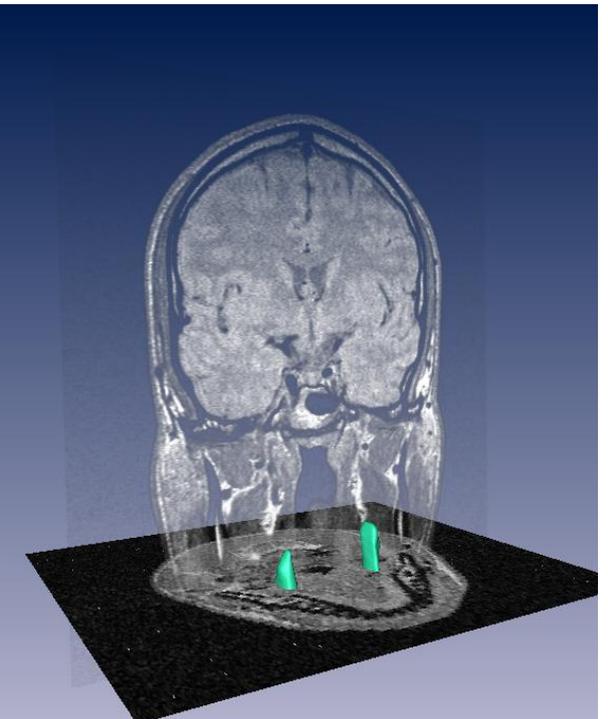


Abb. 73: M. hyoglossus (HyGI), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

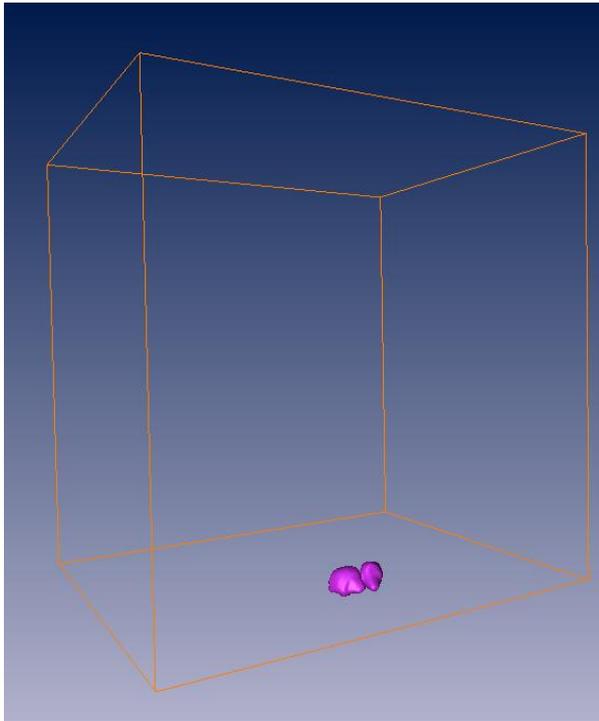


Abb. 74: M. geniohyoideus (GeHy) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

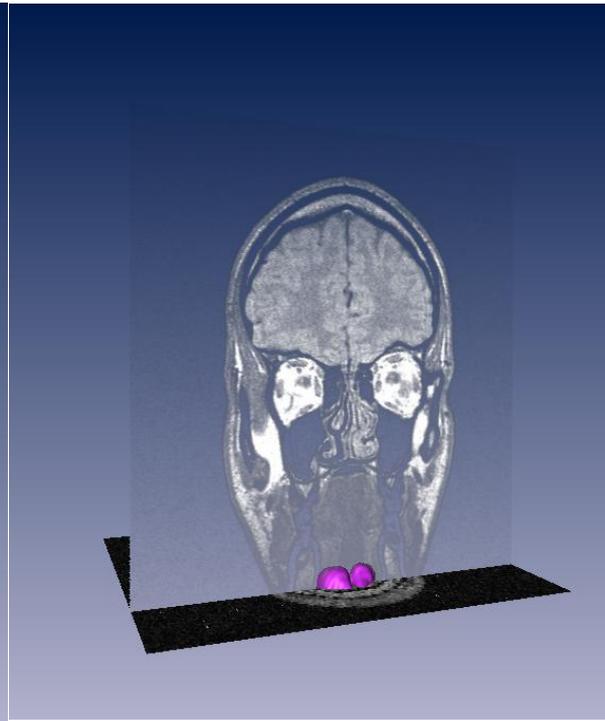


Abb. 75: M. geniohyoideus (GeHy), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

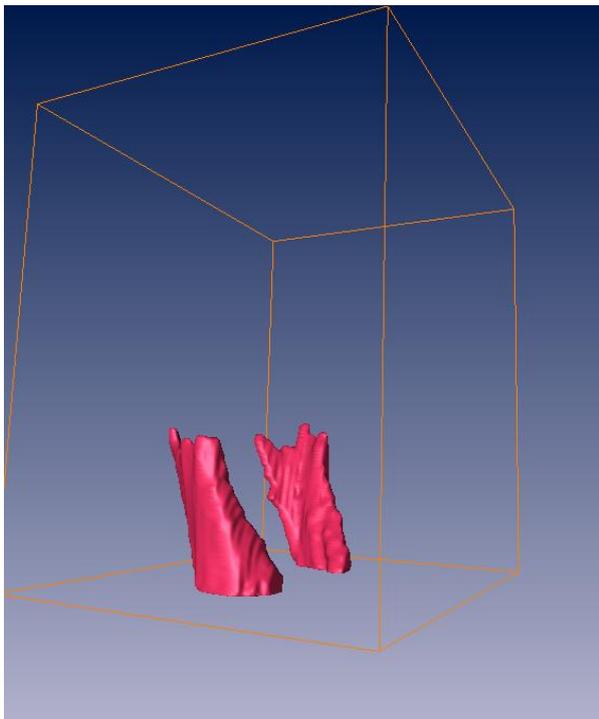


Abb. 76: M. sternocleidomastoideus (StM) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

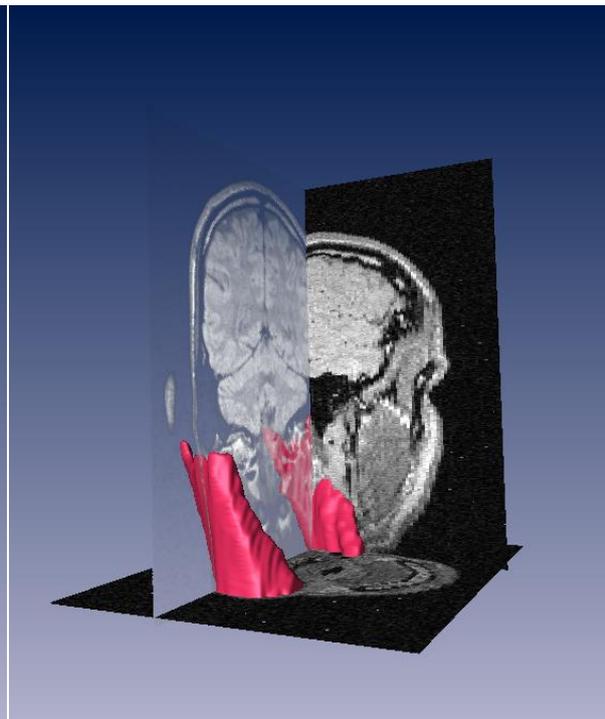


Abb. 77: M. sternocleidomastoideus (StM), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

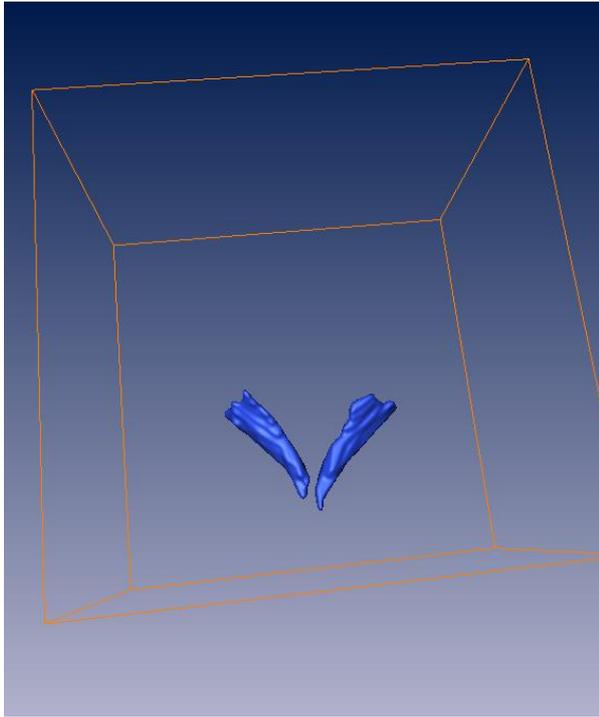


Abb. 78: M. rectus capitis posterior major (PMjRe) mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal).

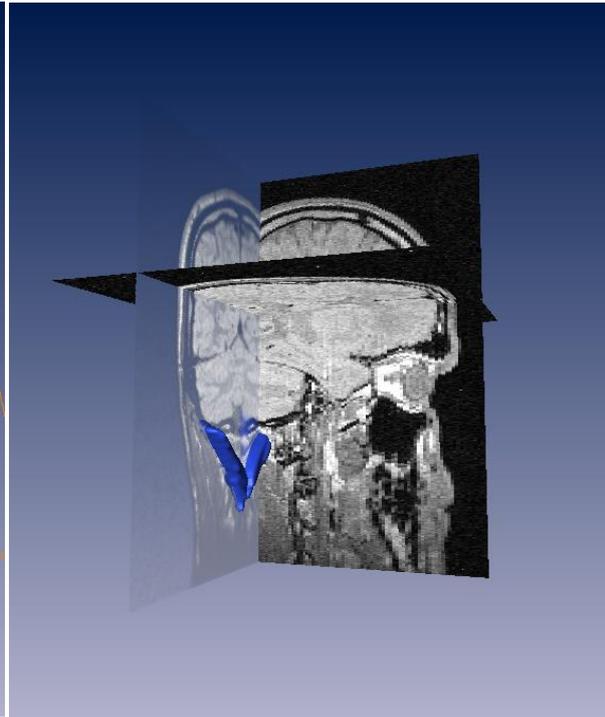


Abb. 79: M. rectus capitis posterior major (PMjRe), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

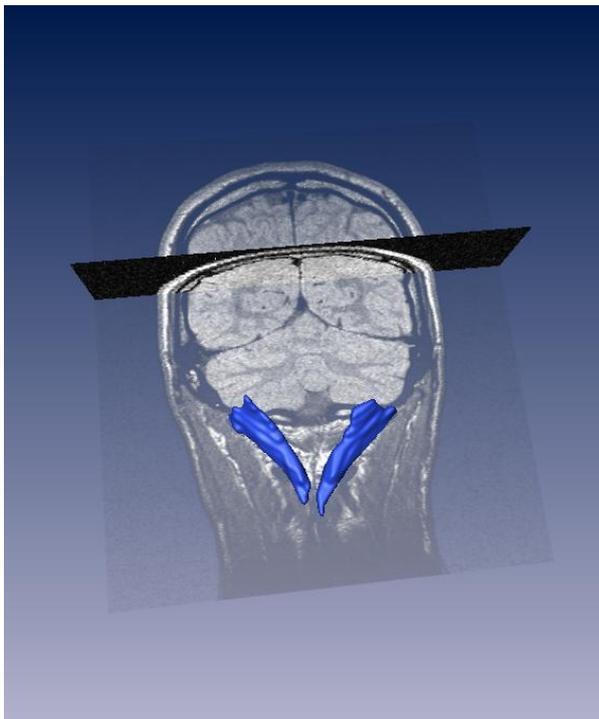


Abb. 80: M. rectus capitis posterior major (PMjRe), (Ansicht von dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

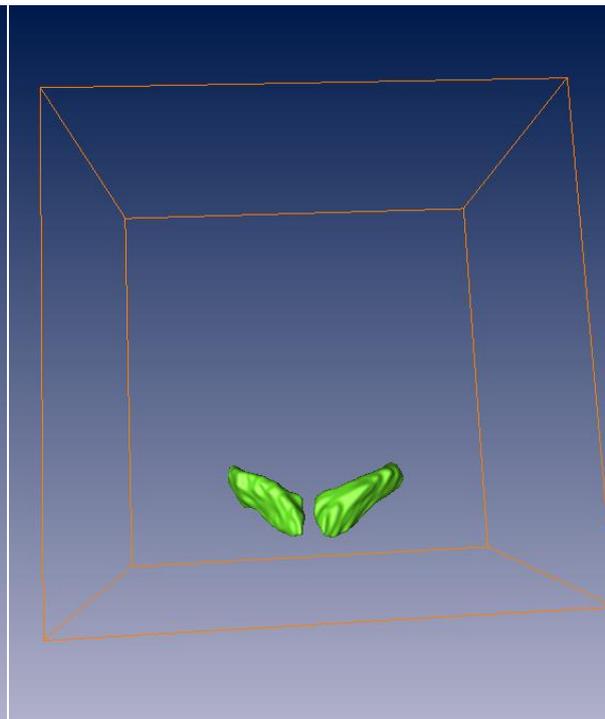


Abb. 81: M. obliquus capitis inferior (IObCa) mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal).

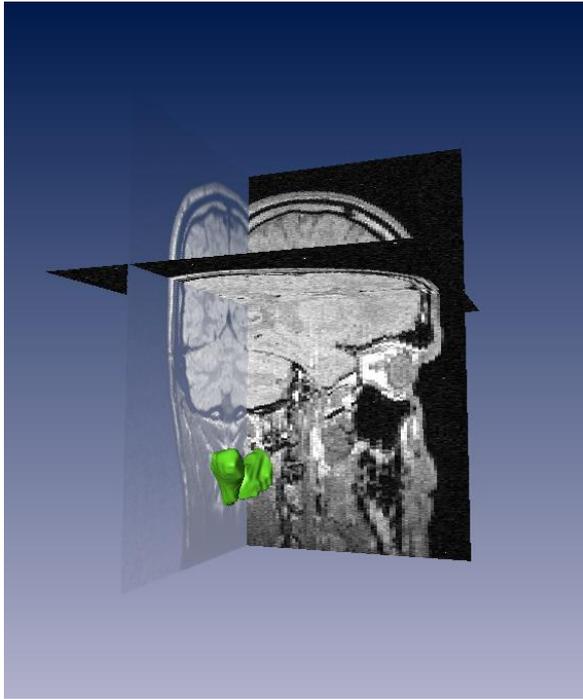


Abb. 82: M. obliquus capitis inferior (IObCa), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

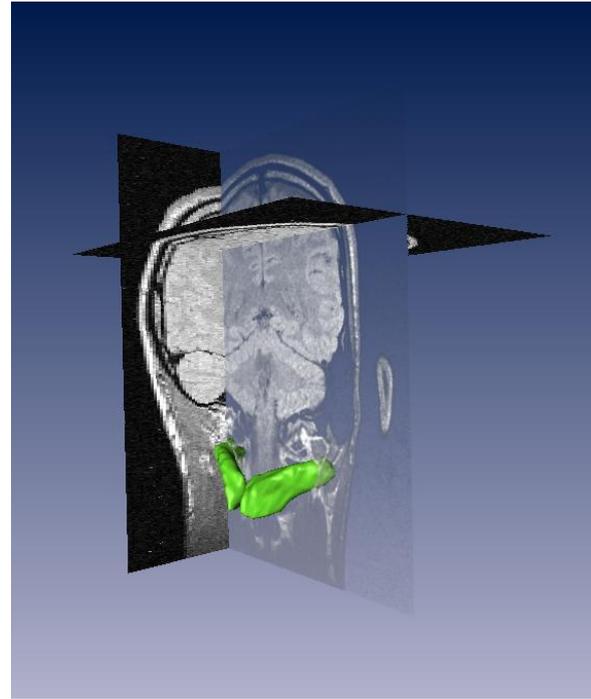


Abb. 83: M. obliquus capitis inferior (IObCa), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

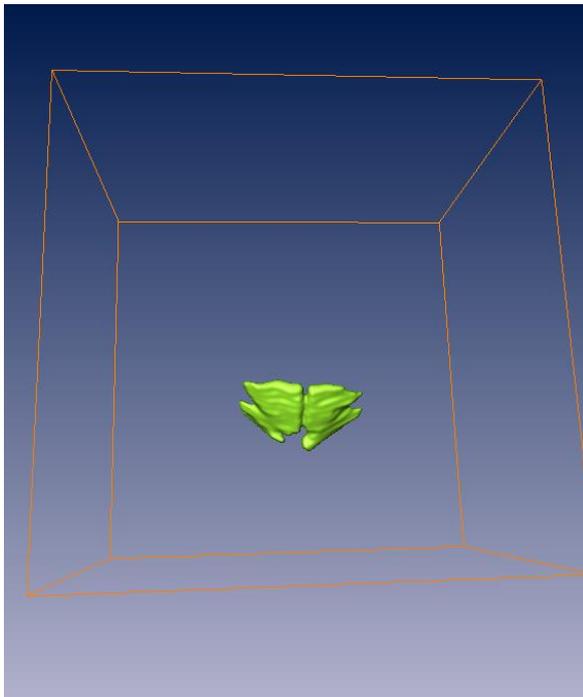


Abb. 84: M. rectus capitis posterior minor (PMiRe) mit Bounding-Box (Ansicht von dorsal).

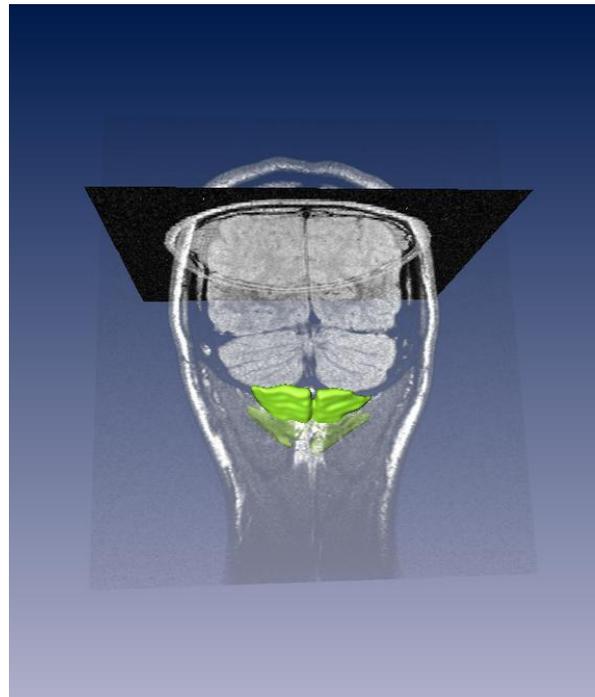


Abb. 85: M. rectus capitis posterior minor (PMiRe), (Ansicht von dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

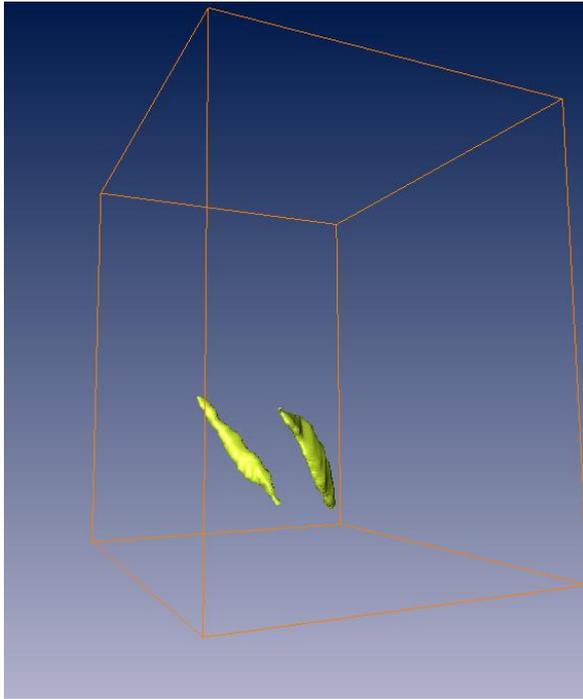


Abb. 86: M. digastricus (DiM) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).

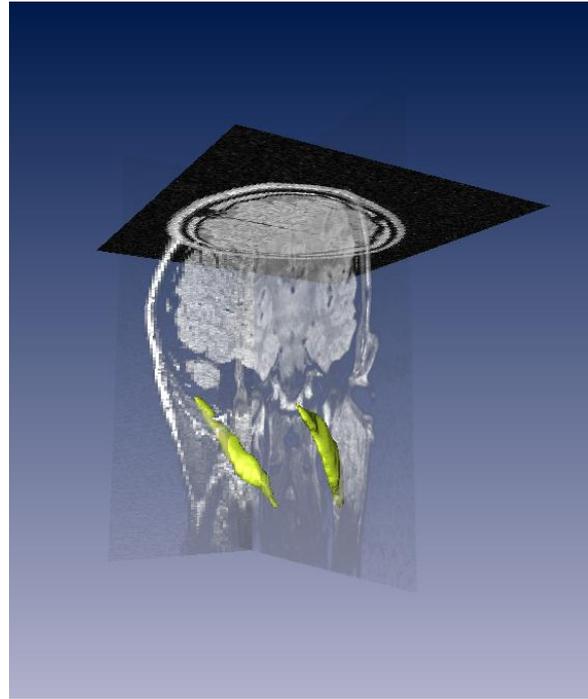


Abb. 87: M. digastricus (DiM), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, transluzent sagittal).

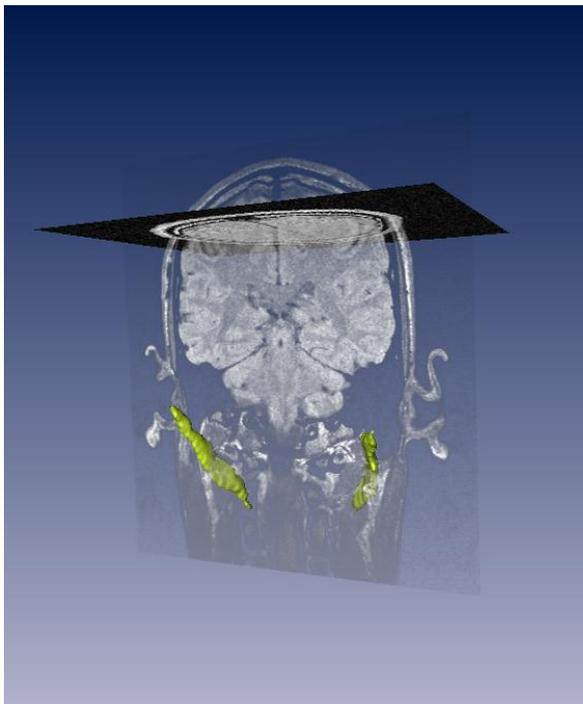


Abb. 88: M. digastricus (DiM), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

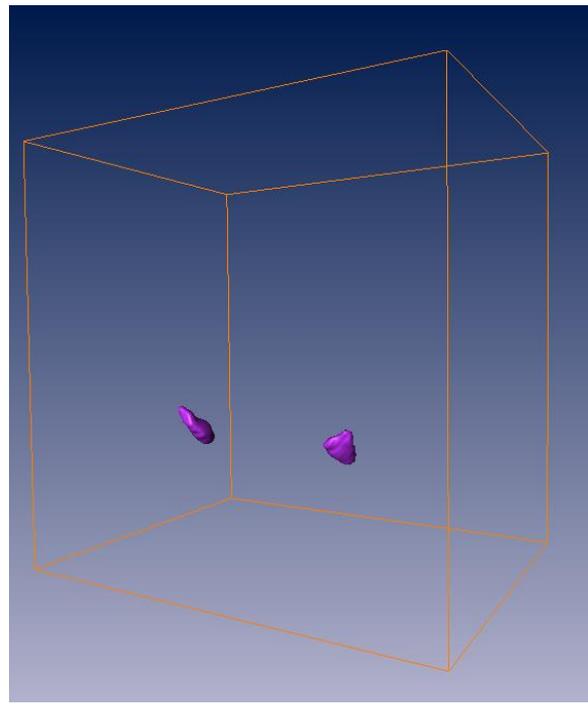


Abb. 89: M. obliquus capitis superior (SOBca) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).

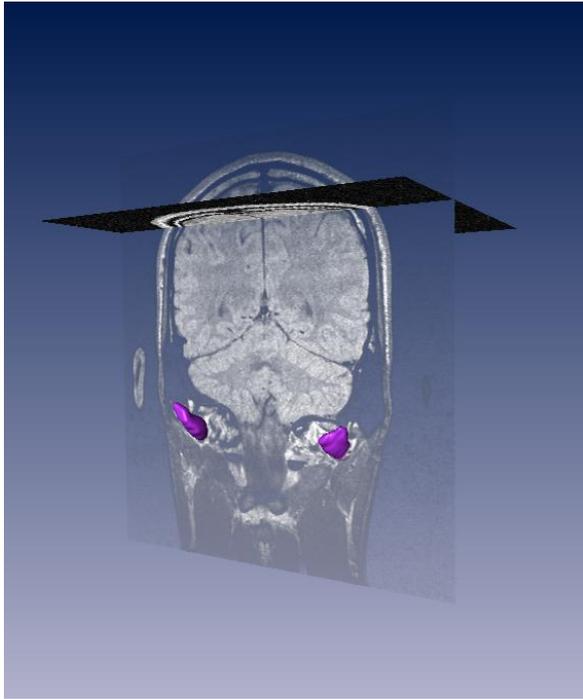


Abb. 90: M. obliquus capitis superior (SObCa), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

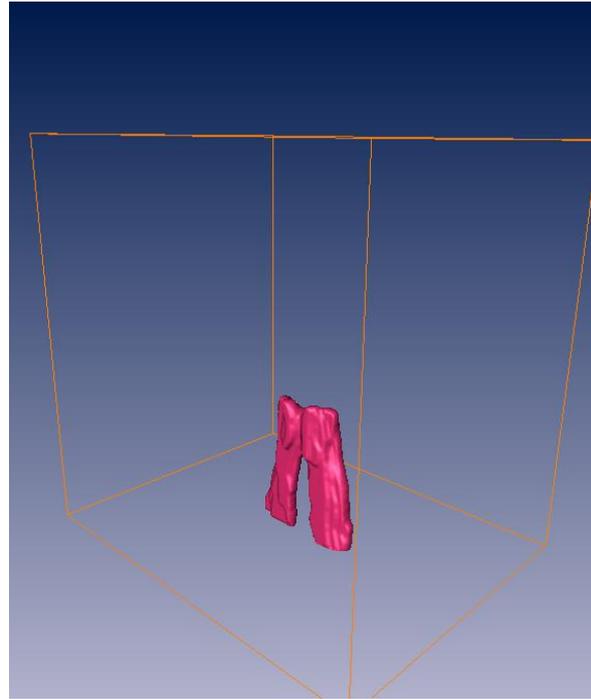


Abb. 91: M. longus capitis (LgCa) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).

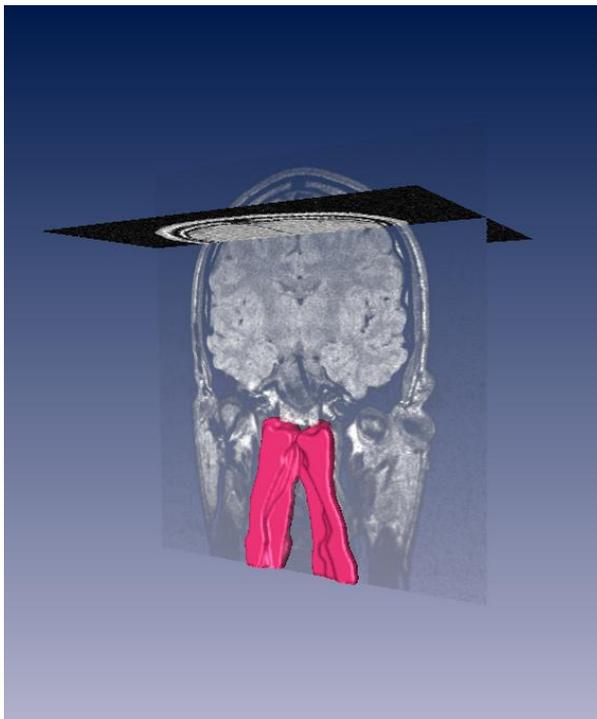


Abb. 92: M. longus capitis (LgCa), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

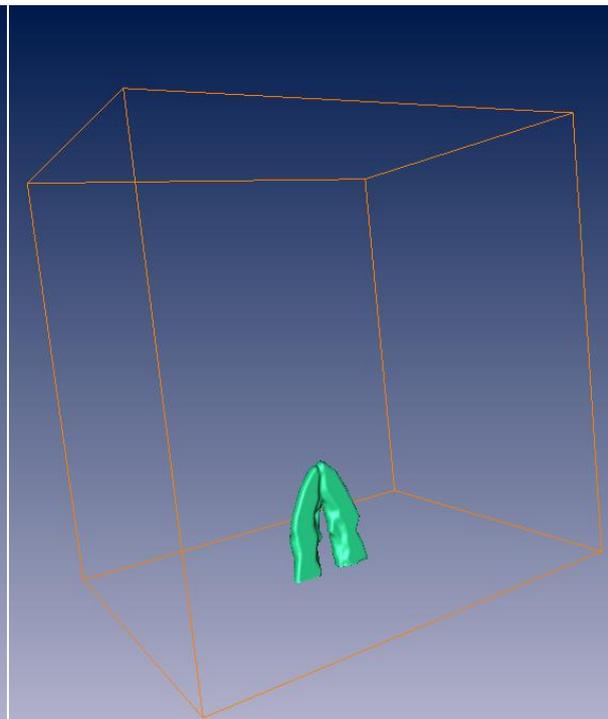


Abb. 93: M. longus colli (LgCo) mit Bounding-Box (Ansicht von links-dorsal).

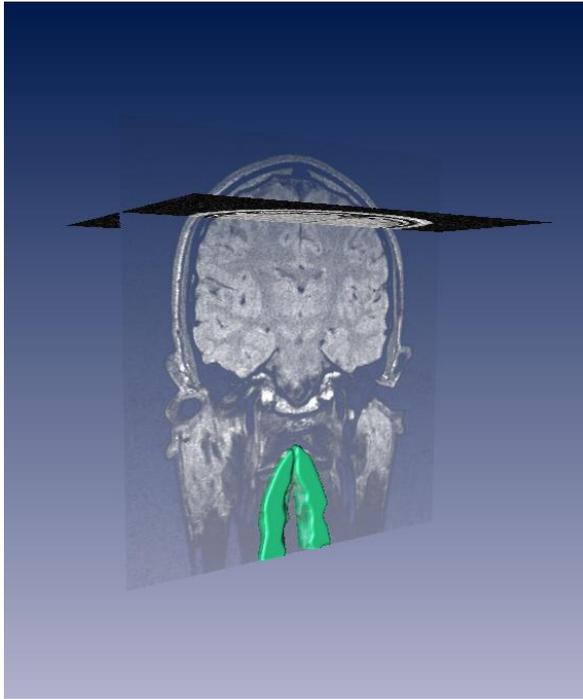


Abb. 94: M. longus colli (LgCo), (Ansicht von links-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

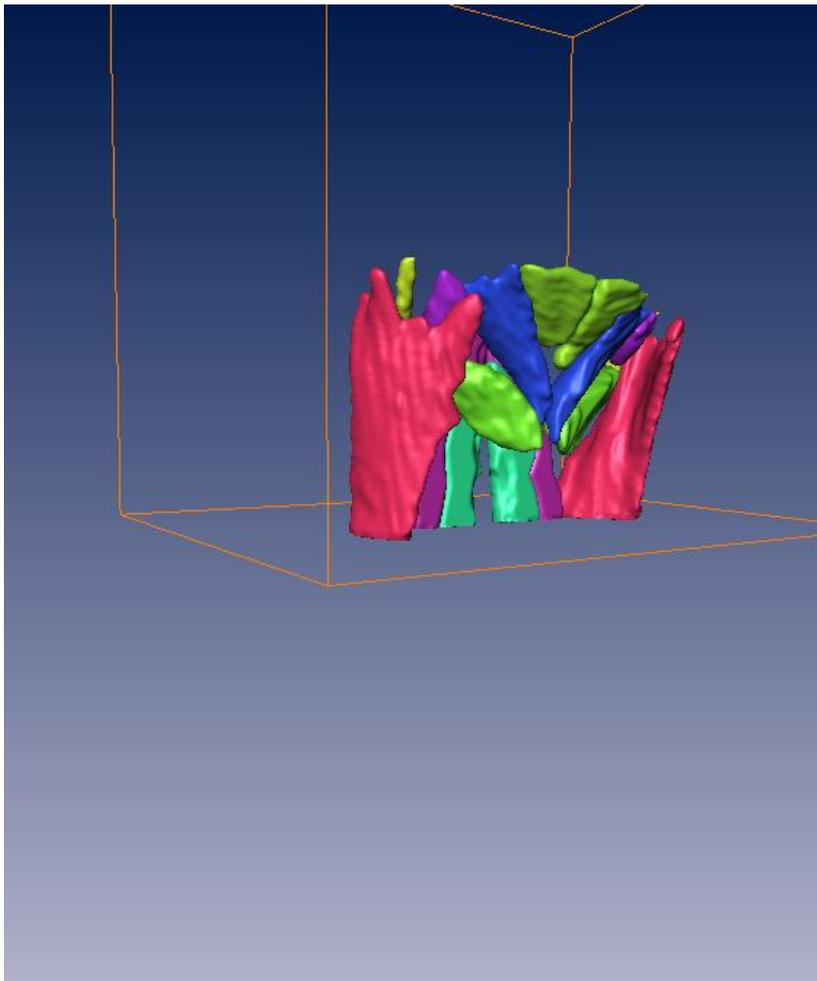


Abb. 95:
Halsmuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von links-dorsal).

Visualisiert sind: M. geniohyoideus, M. sternocleidomastoideus, M. rectus capitis posterior major/minor, M. obliquus capitis inferior/superior, M. digastricus, M. longus capitis, M. longus colli

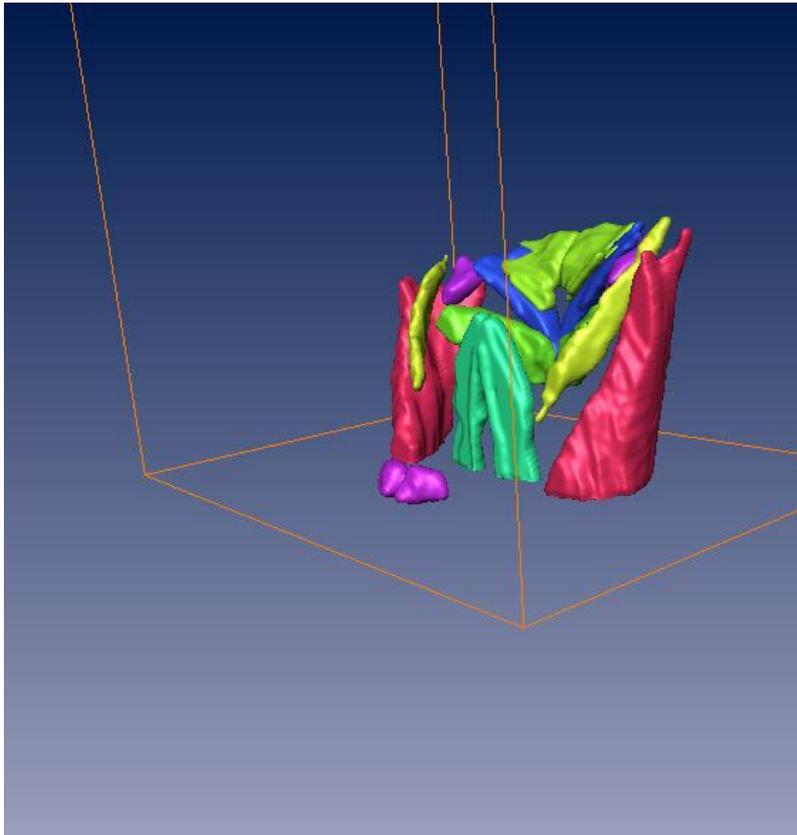


Abb. 96:
Halsmuskulatur mit
Bounding-Box (Ansicht
von links-frontal).

Visualisiert sind: M.
geniohyoideus, M.
sternocleidomastoideus,
M. rectus capitis posterior
major/minor, M. obliquus
capitis inferior/superior,
M. digastricus, M. longus
colli

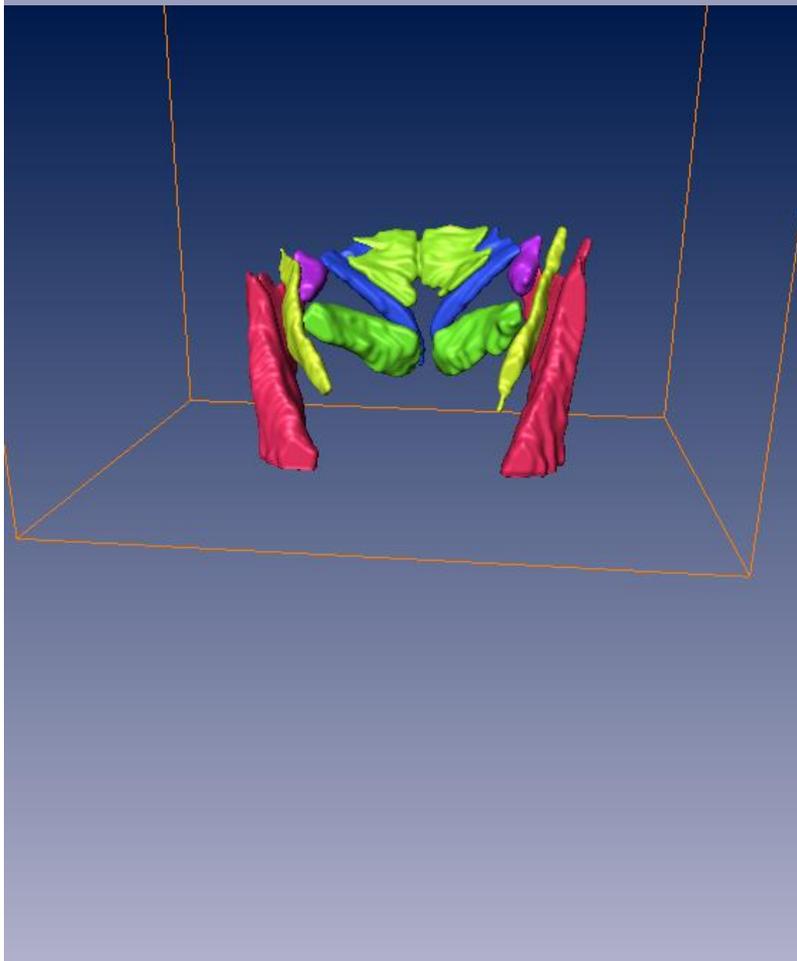


Abb. 97:
Halsmuskulatur mit
Bounding-Box (Ansicht
von frontal). Visualisiert

sind: M.
sternocleidomastoideus,
M. rectus capitis posterior
major/minor, M. obliquus
capitis inferior/superior,
M. digastricus

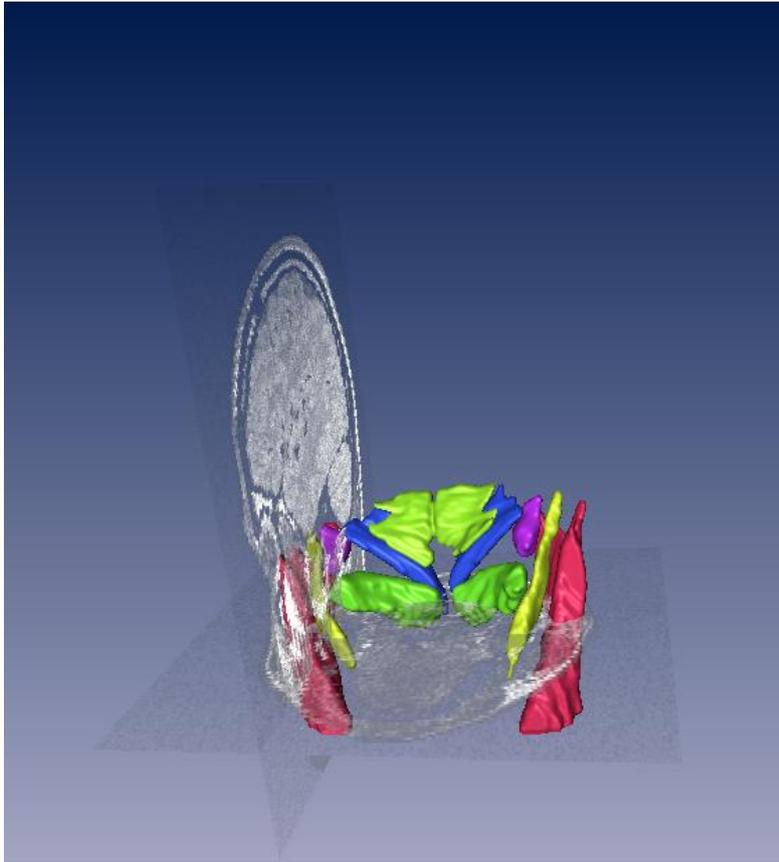


Abb. 98:
Halsmuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-sagittal,
transluzent-coronal),
(Ansicht von links-
frontal). Visualisiert sind:
M.
sternocleidomastoideus,
M. rectus capitis posterior
major/minor, M. obliquus
capitis inferior/superior,
M. digastricus

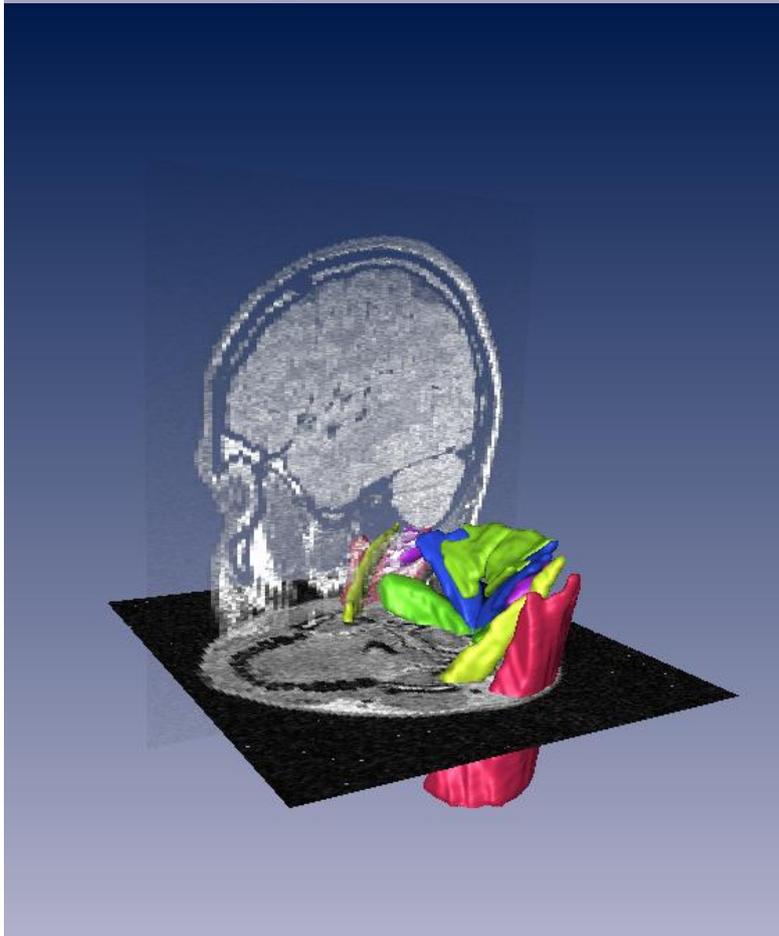


Abb. 99:
Halsmuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-sagittal,
coronal), (Ansicht von
links-lateral). Visualisiert
sind: M.
sternocleidomastoideus,
M. rectus capitis posterior
major/minor, M. obliquus
capitis inferior/superior,
M. digastricus

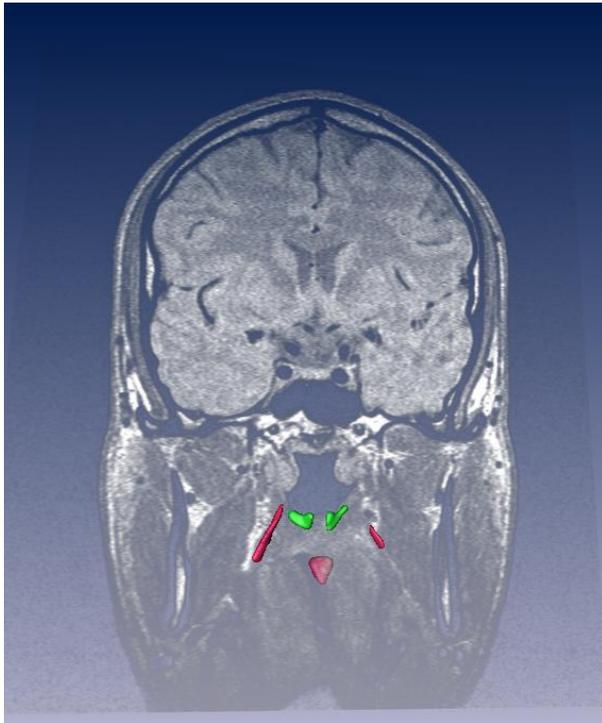


Abb. 100: Gaumenmuskeln: M. levator veli palatini (LeVePa), M. palatopharyngeus (PIPh), M. uvulae (UvM), (Ansicht von frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal).

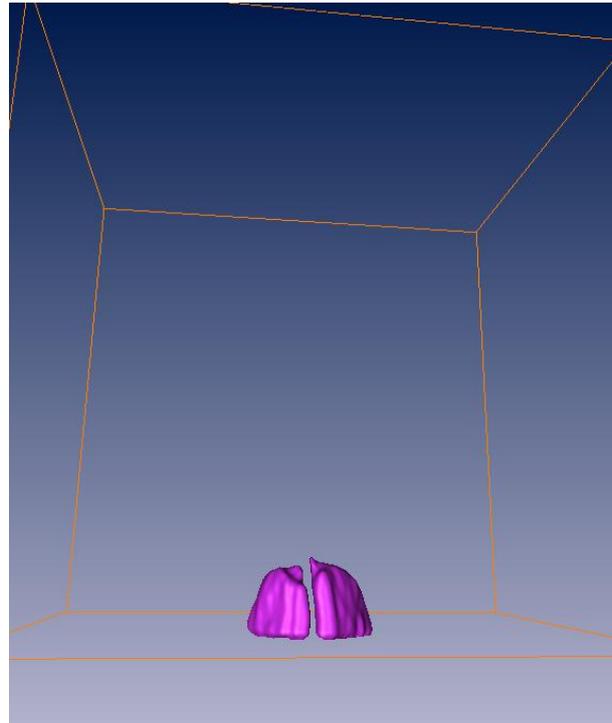


Abb. 101: M. semispinalis cervicis (SSpCe) mit Bounding-Box (Ansicht von frontal).

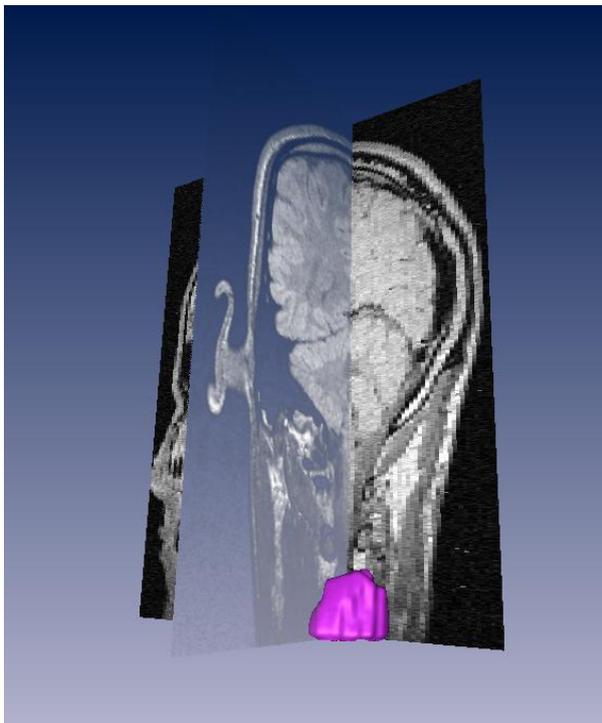


Abb. 102: M. semispinalis cervicis (SSpCe), (Ansicht von links-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, sagittal).

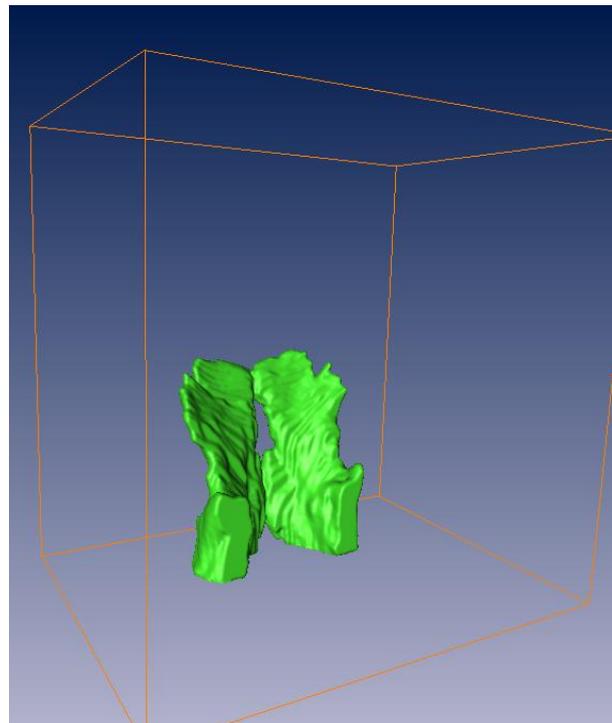


Abb. 103: M. semispinalis capitis (SSpCa) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

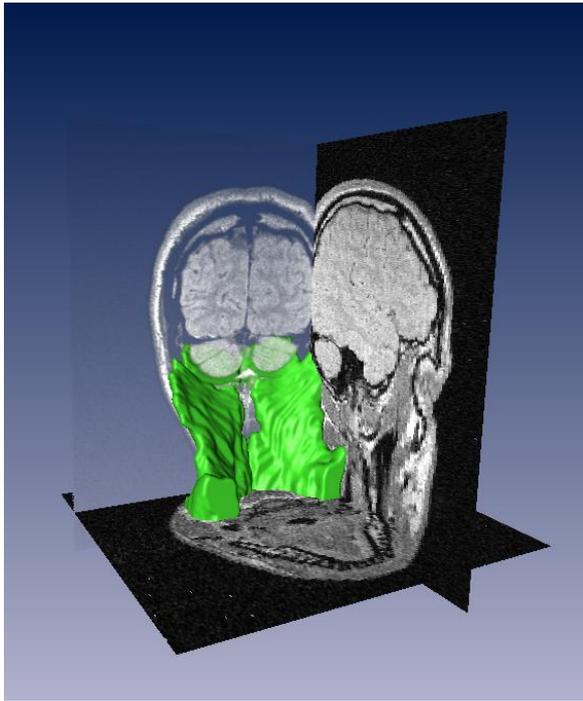


Abb. 104: M. semispinalis capitis(SSpCa), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, sagittal, coronal).

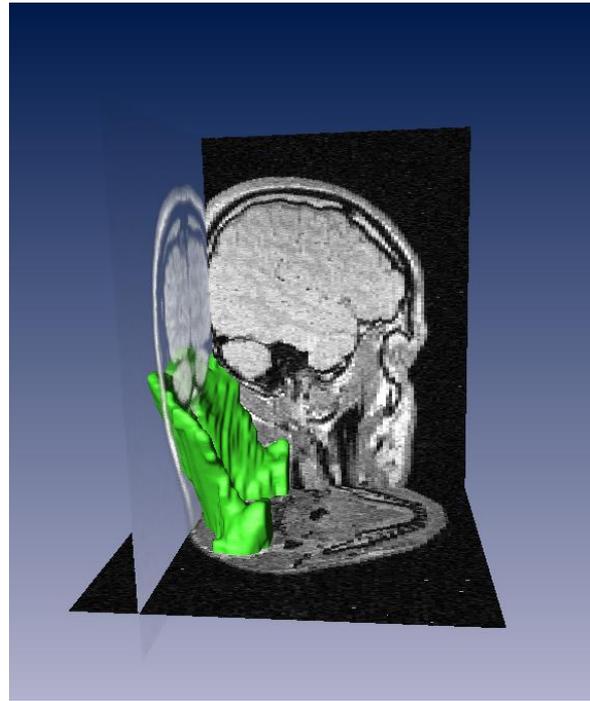


Abb. 105: M. semispinalis capitis(SSpCa), (Ansicht von rechts-lateral) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, sagittal, coronal).

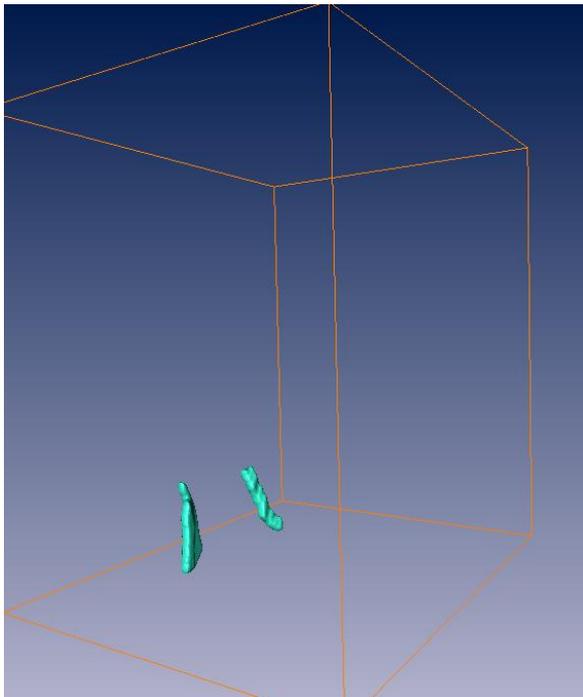


Abb. 106: M. levator scapulae (LScM) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-lateral).

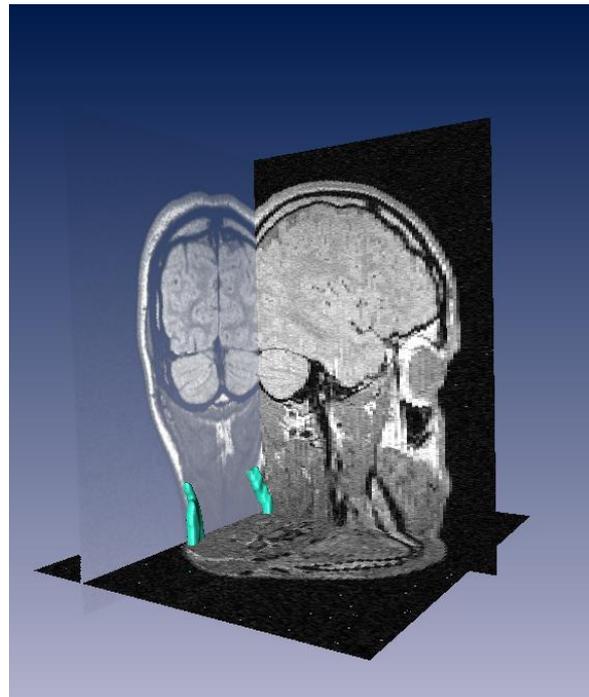


Abb. 107: M. levator scapulae (LScM), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal, sagittal).

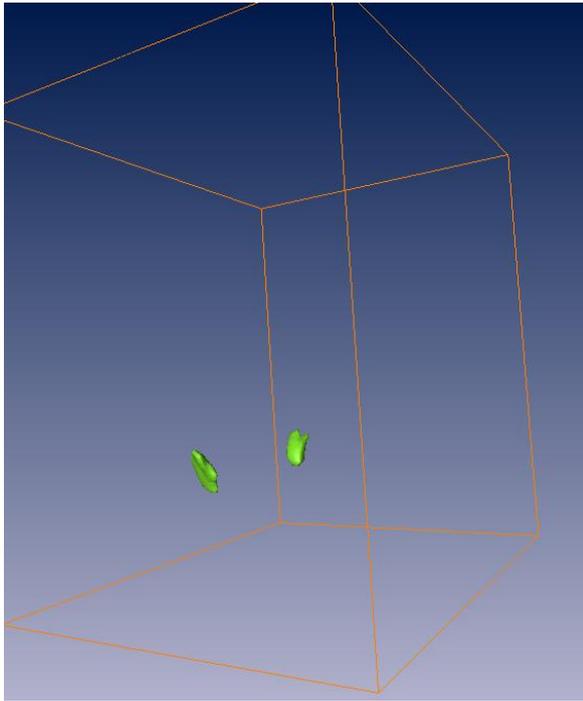


Abb. 108: M. longissimus capitis (LgsCa) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-lateral).

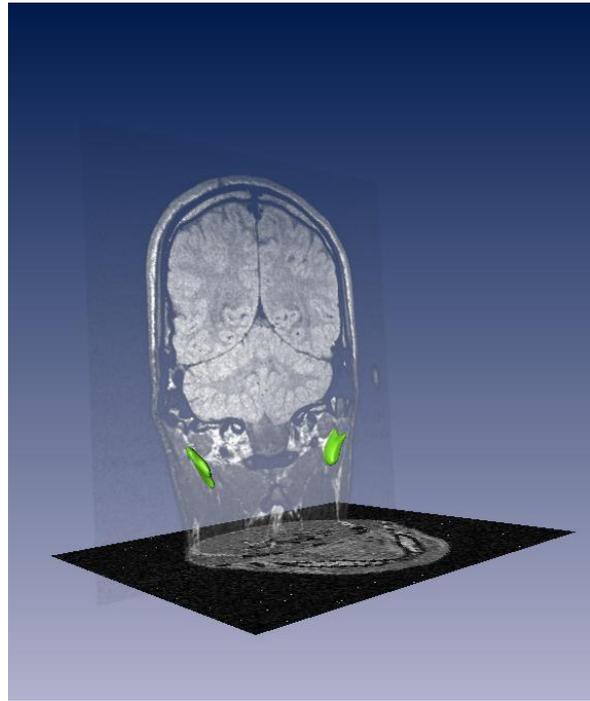


Abb. 109: M. longissimus capitis (LgsCa), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

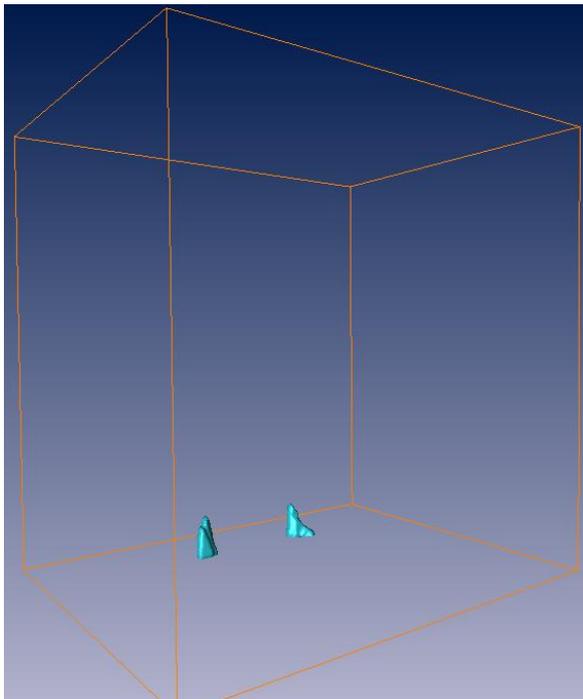


Abb. 110: M. splenius cervicis (SpCe) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

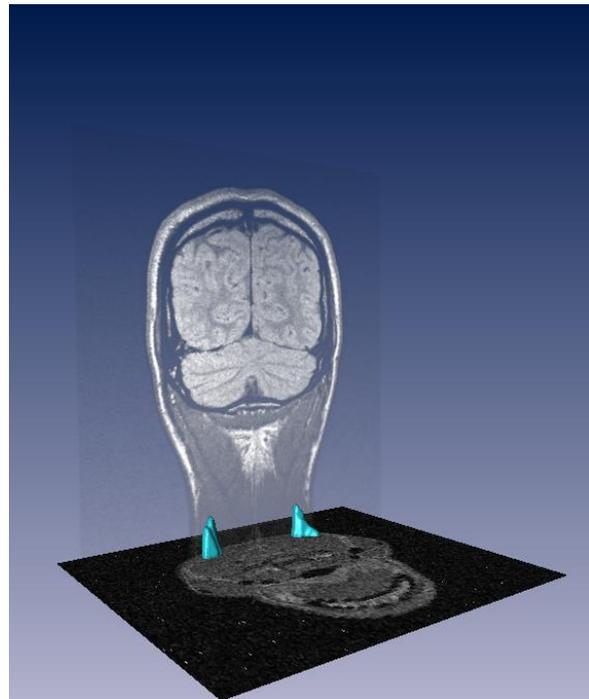


Abb. 111: M. splenius cervicis (SpCe), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

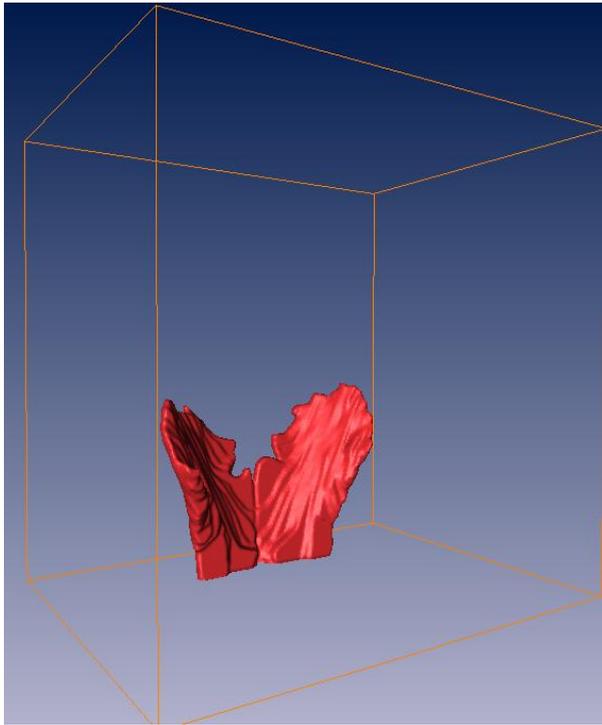


Abb. 112: M. splenius capitis (SpCa) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

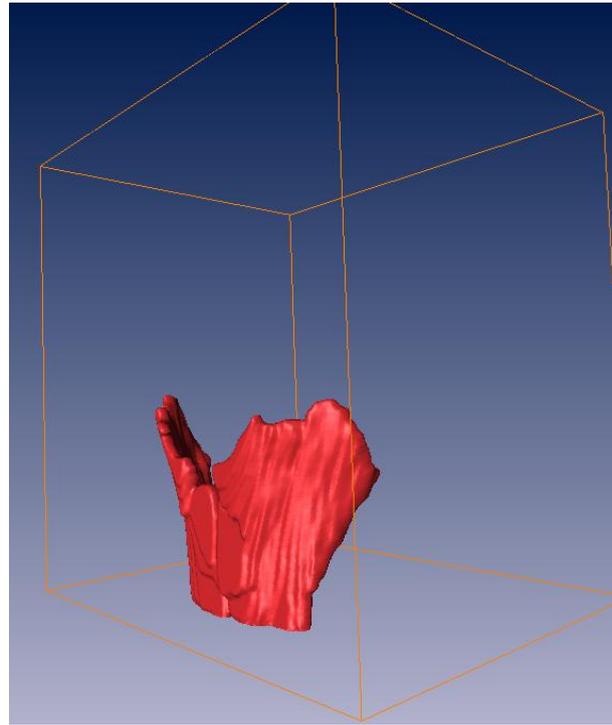


Abb. 113: M. splenius capitis (SpCa) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-dorsal).



Abb. 114: M. splenius capitis (SpCa), (Ansicht von rechts-dorsal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

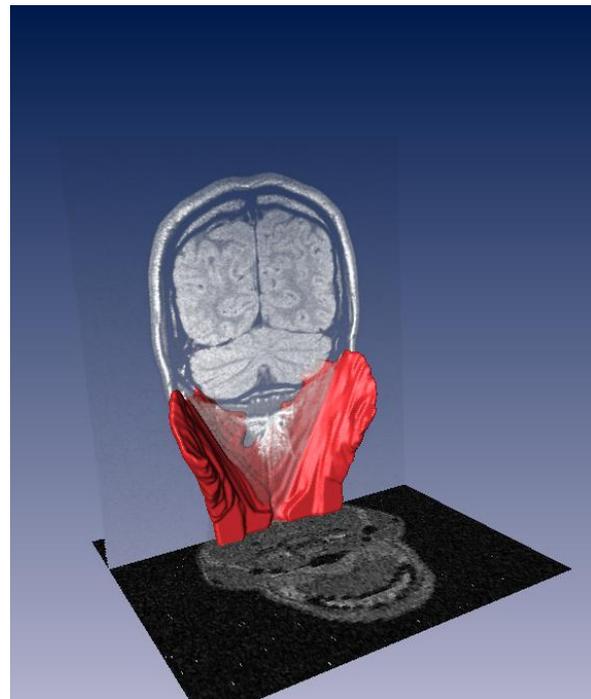


Abb. 115: M. splenius capitis (SpCa), (Ansicht von rechts-frontal) mit MRT-Schicht (transluzent frontal, coronal).

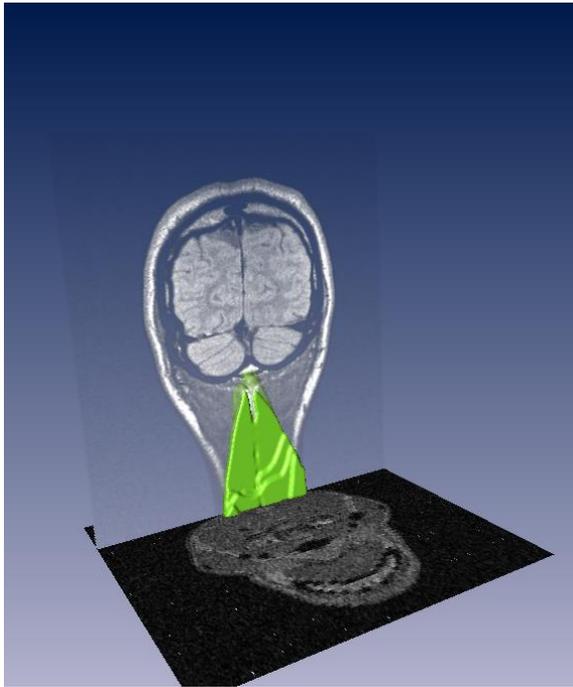


Abb. 116: M. trapezius (TzM) mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

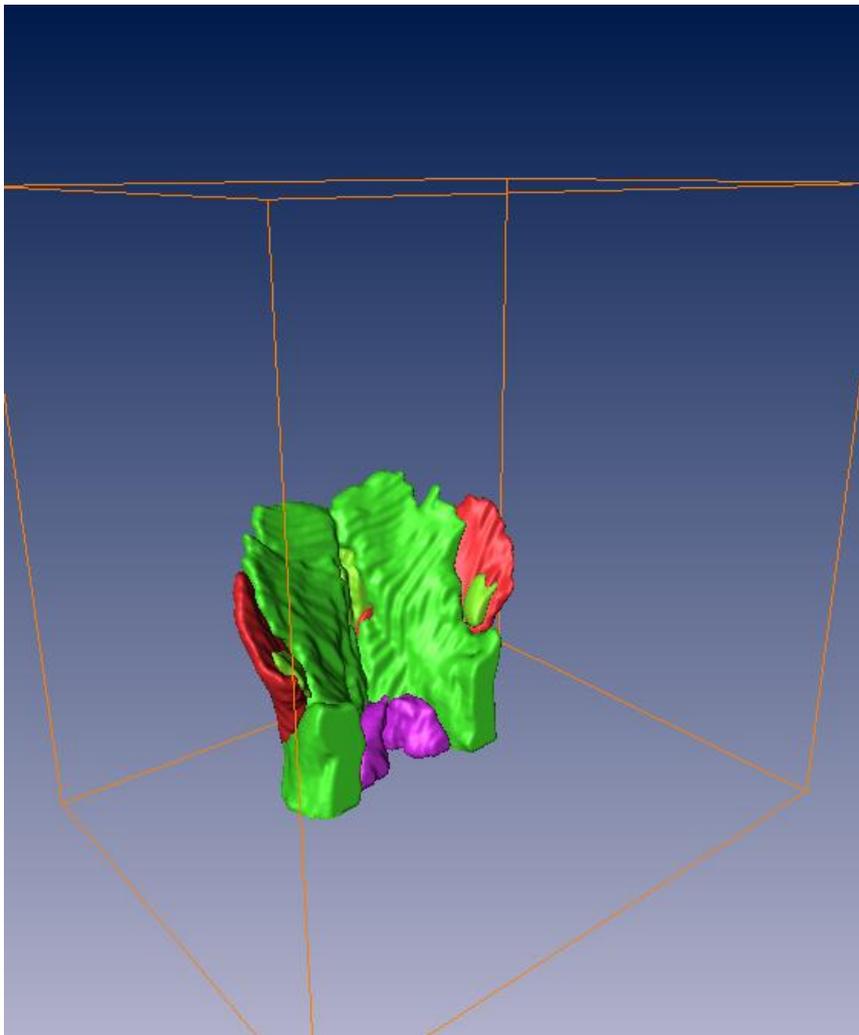


Abb. 117: Rückenmuskulatur mit Bounding-Box (Ansicht von rechts-frontal).

Visualisiert sind: M. semispinalis cervicis/capitis, M. levator scapulae, M. longissimus, M. splenius capitis/cervicis, M. trapezius

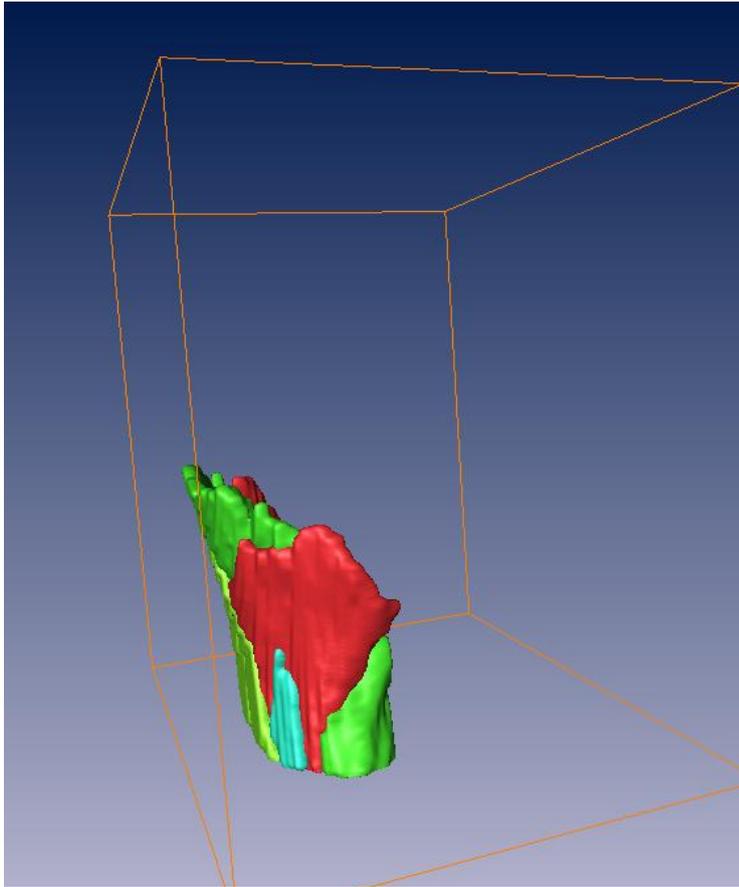


Abb. 118:
Rückenmuskulatur mit
Bounding-Box (Ansicht
von rechts-lateral).

Visualisiert sind: M.
semispinalis
cervicis/capitis, M. levator
scapulae, M.
longissimus, M. splenius
capitis/cervicis, M.
trapezius

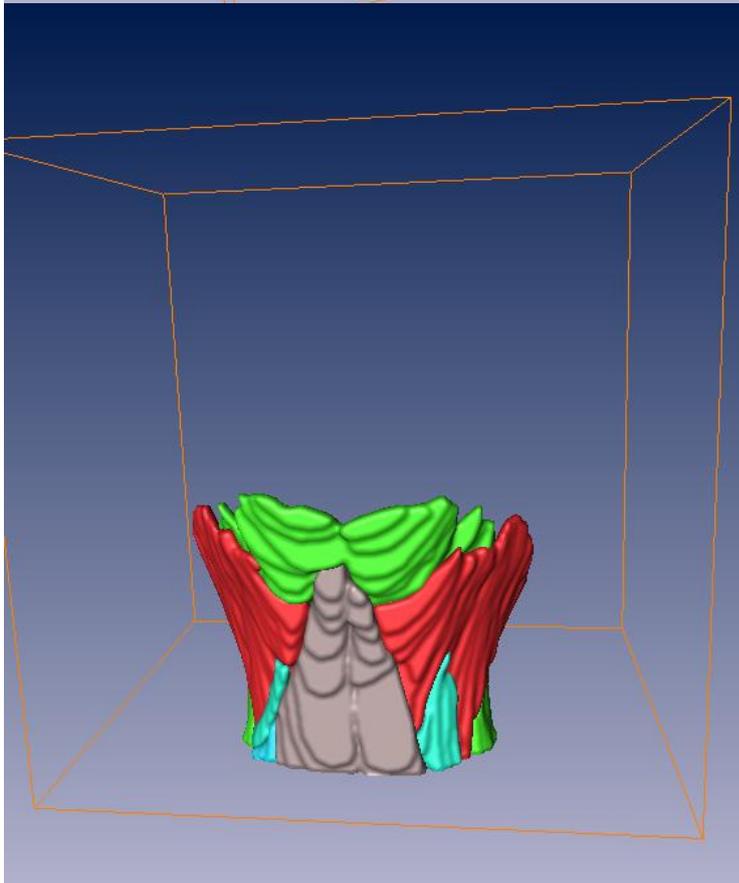


Abb. 119:
Rückenmuskulatur mit
Bounding-Box (Ansicht
von dorsal).

Visualisiert
sind: M. semispinalis
cervicis/capitis, M. levator
scapulae, M.
longissimus, M. splenius
capitis/cervicis, M.
trapezius

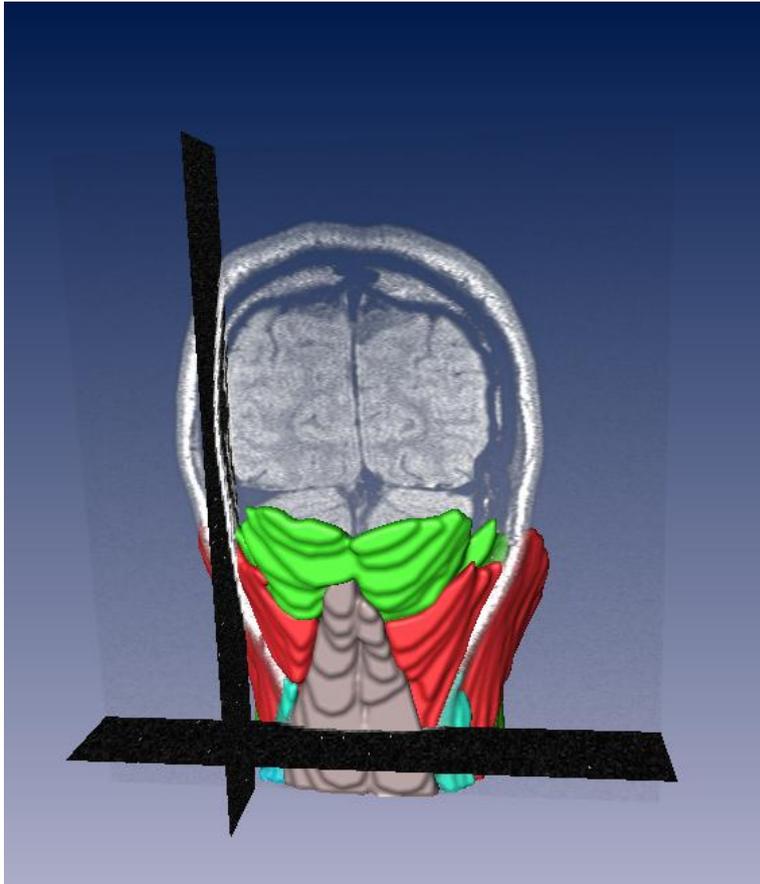


Abb. 120:
Halsmuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-frontal,
coronal, sagittal),
(Ansicht von dorsal).

Visualisiert sind: M.
semispinalis
cervicis/capitis, M. levator
scapulae, M.
longissimus, M. splenius
capitis/cervicis, M.
trapezius

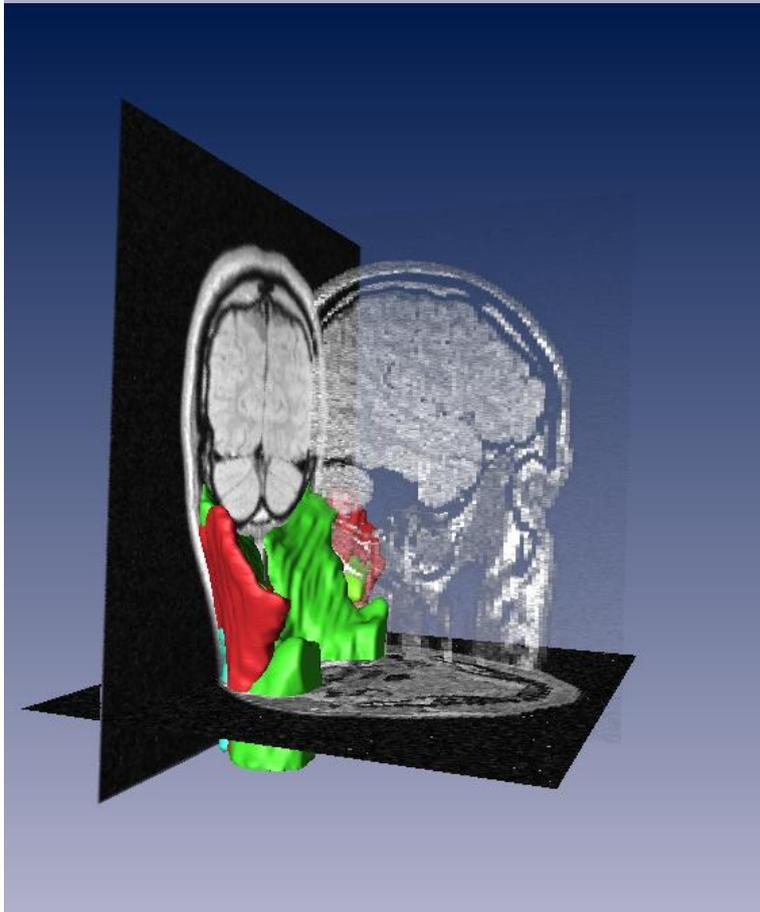


Abb. 121:
Halsmuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-frontal,
coronal, sagittal),
(Ansicht von rechts-
lateral).

Visualisiert sind:
M. semispinalis
cervicis/capitis, M. levator
scapulae, M.
longissimus, M. splenius
capitis/cervicis, M.
trapezius

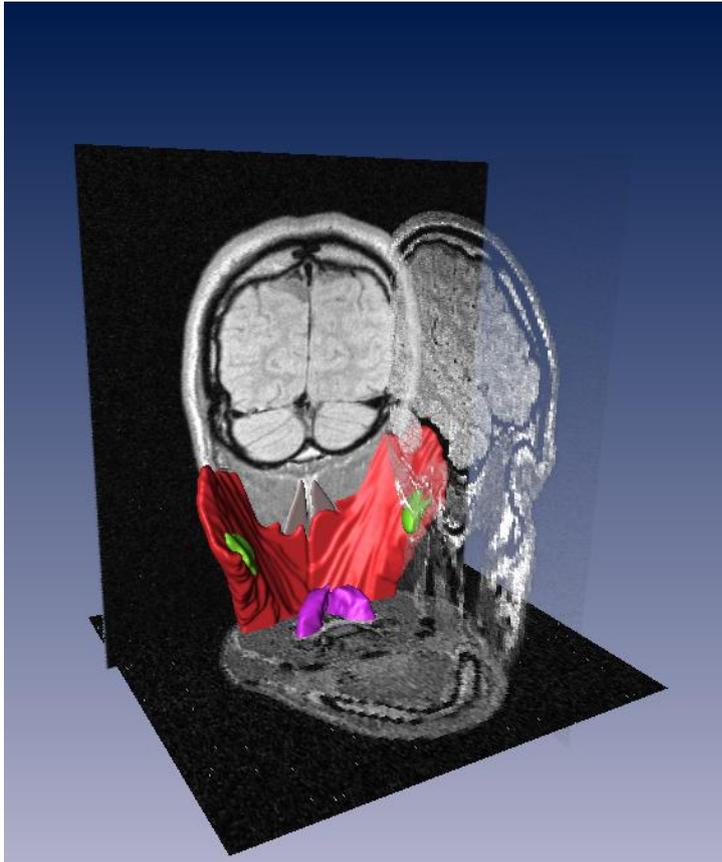


Abb. 122:
Halsmuskulatur mit
MRT-Schicht
(transluzent-sagittal,
coronal, frontal),
(Ansicht von dorsal).

Visualisiert sind: M.
semispinalis cervicis, M.
levator scapulae, M.
longissimus, M. splenius
capitis/cervicis, M.
trapezius

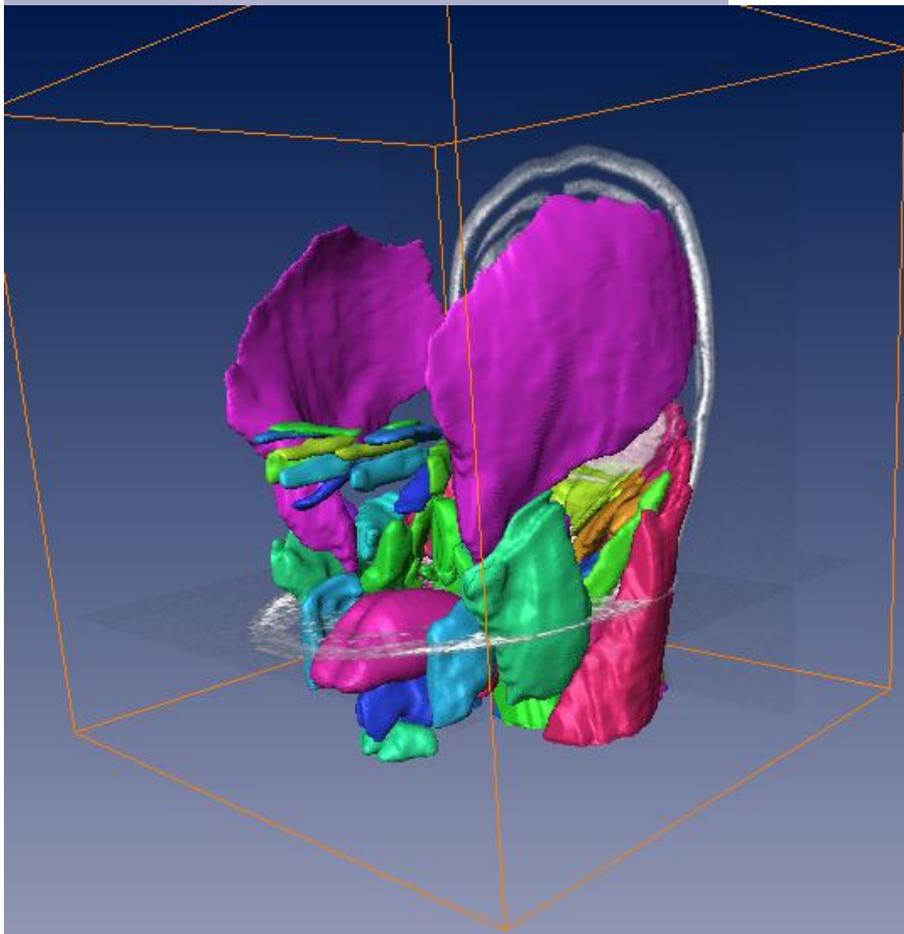


Abb. 123: Alle
segmentierten
Muskelstrukturen mit
MRT-Schicht
(transluzent-coronal,
transluzent-frontal),
(Ansicht von links-
frontal).

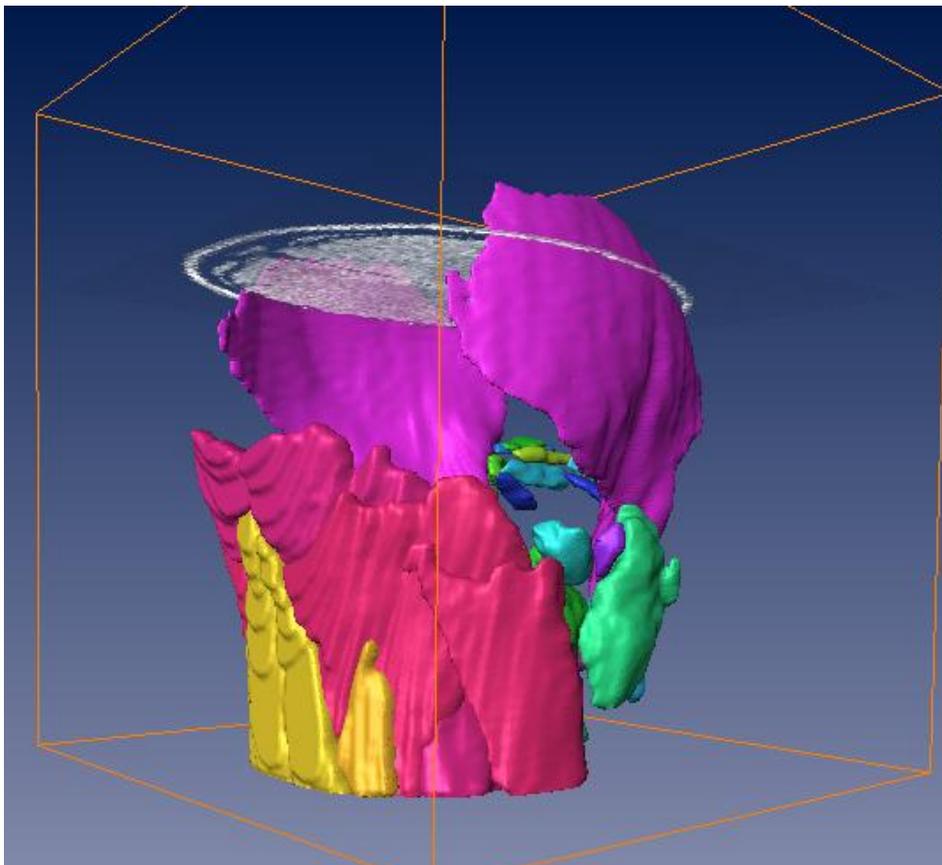


Abb. 124: Alle segmentierten Muskelstrukturen mit MRT-Schicht (transluzent-coronal), (Ansicht von rechts-dorsal).

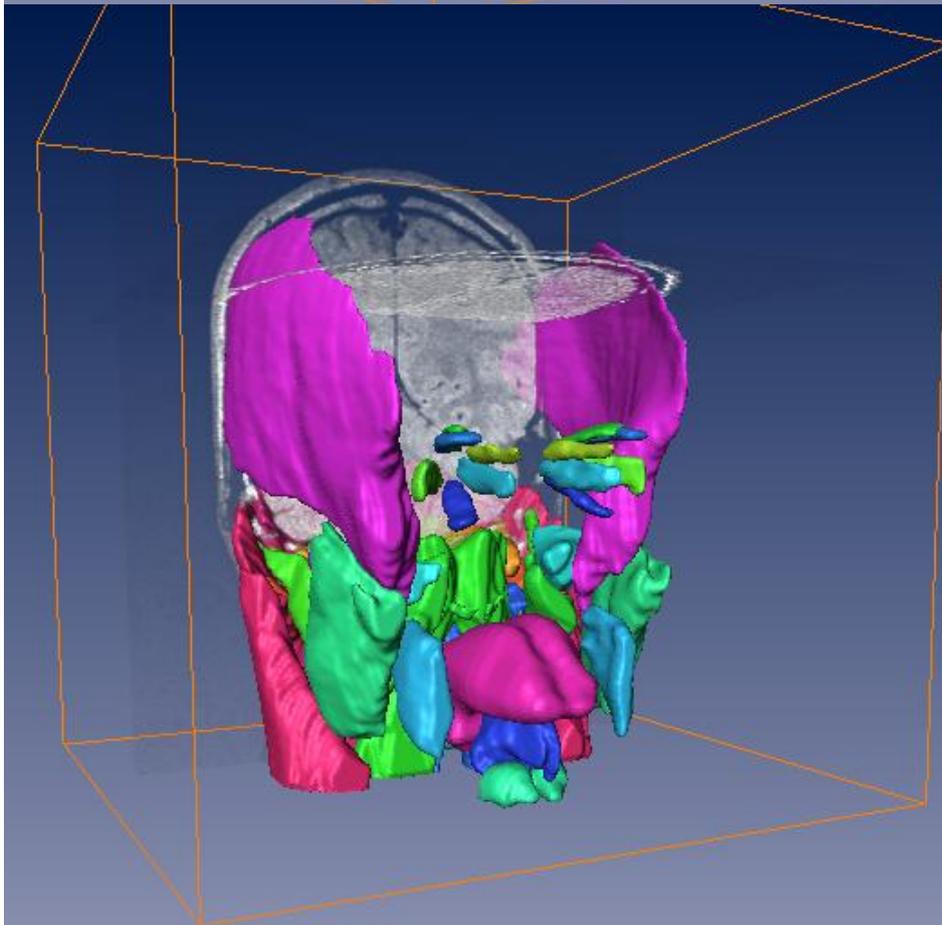


Abb. 125: Alle segmentierten Muskelstrukturen mit MRT-Schicht (transluzent-coronal, transluzent-frontal), (Ansicht von rechts-frontal).

6. Zusammenfassung

Als großer innovativer Fortschritt in der Medizin ermöglichen die bildgebenden computergestützten Verfahren vielfältige diagnostische, therapeutische und wissenschaftliche Anwendungsmöglichkeiten. Sie erreichen eine in der Vergangenheit nicht vorstellbare Auflösung und Detailgenauigkeit. Es ist möglich geworden, anatomische Strukturen in-vivo vom Körper eines Menschen computergestützt zu selektieren, zu differenzieren und diese auf einem Computerbildschirm dreidimensional zu rekonstruieren und zu visualisieren. Hieraus ergeben sich auch in der medizinischen Lehre große Vorteile, die z.B. computergestützte Visualisierung von dreidimensional rekonstruierten anatomischen Strukturen, die anhand von zweidimensionalen MRT-Schichtaufnahmen segmentiert worden sind. Die Visualisierung der dreidimensional rekonstruierten Strukturen kann gleichzeitig mit der Visualisierung der MRT-Schichtaufnahmen erfolgen, so daß in dieser Beziehung die korrekten topographischen Verhältnisse der anatomischen Strukturen verdeutlicht werden können. Es erscheint sinnvoll, derartige Ansätze in neue Atlanten umzusetzen.

Das Ziel dieser Studie war es, einen Bilddatensatz anzufertigen, der den heutigen computertechnischen Möglichkeiten der MR-Tomographen gerecht wird. Dieser Datensatz sollte die modernen Möglichkeiten eines in-vivo Verfahrens umsetzen, d.h. eine hohe Auflösung und eine hohe Detailgenauigkeit aufweisen. Dazu wurden in dieser Studie die relevanten muskulären Strukturen der Kopf- und Halsregion an hochauflösenden kernspintomographischen Schichtaufnahmen in frontaler Schnittführung segmentiert. Durch die Verwendung der Abbildungen des „Atlas of the Human Brain“ (Mai et al., 2004) als transparente Templates auf die Schichtaufnahmen des MR-Bilddatensatzes konnte die Differenzierung und Klassifizierung der muskulären Strukturen in den Bereichen erleichtert werden, die wegen des schlechten Kontrastverhältnisses sonst nur unzureichend genau zu segmentieren gewesen wären. So konnte in der Abgrenzung der anatomischen Strukturen eine erhöhte Genauigkeit erzielt werden.

Die Studie ergab: 1.) Durch die interaktive manuelle Integration von Abbildungen als transparente Templates in den MR-Bilddatensatz, wie sie hier mit Hilfe des „Atlas of the Human Brain“ erfolgte, und durch die manuelle Segmentierung der muskulären Kopf- und Halsstrukturen, ist es gelungen, einen Datensatz zu erstellen, der neben der hohen Auflösung und Detailgenauigkeit eine korrekte topographische Visualisierung von 3D-Kopf- und Halsmuskelstrukturen zu den korrespondierenden MRT-Schichtaufnahmen erlaubt. 2.) Der erstellte Referenzdatensatz ist als Datengrundlage für eine Interpretations- und Orientierungshilfe geeignet sowohl für die Lehre wie für die klinische Anwendung. 3.) Die dreidimensionalen Rekonstruktionen von zweidimensionalen anatomischen Strukturen auf der Grundlage von vektoriellen Daten gestatten durch ihre einfache Austauschbarkeit zwischen verschiedenen Systemen vielfältige weitere Anwendungsmöglichkeiten.

7. Literaturverzeichnis

Assheuer J, Lanta J, Longerich UJJ, Mai JK: Standardisierung der cerebralen Bilddarstellung in der Magnetresonanztomographie, RÖFo, 1990

Besl PL, McKay ND: Method for Registration of 3D-Shapes, IEEE Trans PAMI 14(2): 239-256, 1992

Blake, A., Isard, M. Active contours. Springer-Verlag London Limited, 1998

Bundesärztekammer: Leitlinien der Bundesärztekammer zur Qualitätssicherung der Magnet-Resonanz-Tomographie, Deutsches Ärzteblatt 39: 2557-2568, 1997

Chumbley C C, Hutchings R T, Präparierkurs Anatomie, Berlin, 1993

Damasio H: Human Brain Anatomy in Computerized Images, Oxford Univ. Press, Oxford and New York, 1995

DeArmond SJ, Fusco MM and Dewey MM. Structure of the Human Brain. A Photographic Atlas. 3rd ed. New York: Oxford University Press, 1989

Duvernoy H.M. The Human Hippocampus: an Atlas of Applied Anatomy. Bergman, Munich, 1988

Fix JD. Atlas of the Human Brain and Spinal Cord. Rockville: Aspen, 1987

Flaum M., Swayze VW II, O'Leary DS, et al.: Effects on diagnosis, laterally and synchron brain morphology in schizophrenia, Am J, Psychiatry 152:704-714, 1998

Glaros AG, Lausten L: Temporomandibular Disorders; in Schwartz MS, Andrasik F (Hrsg.): Biofeedback. A practitioner's guide. Third edition. New York, The Guilford Press, 2003

Hahn D., Kenn W.: Nichtinvasive Gefäßdiagnostik, Deutsches Ärzteblatt Jg. 1997 39: A2527-2532, 1997

Hamadeh A, Lavalée S, Szeliński R, Cinquin P, Peria O: Anatomy-based registration for computer-integrated surgery. In Ayache N (Hrsg.): Lecture Notes in Computer Science, Vol 905, Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine: 213-218, 1995

Höhne, KH, Bernhard Pflesser, Andreas Pommert, Kay Priesmeyer, Martin Riemer, Thomas Schiemann, Rainer Schubert, Ulf Tiede, Hans Frederking, Sebastian Gehrman,

Stefan Noster, Udo Schumacher, VOXEL-MAN 3D-Navigator, Regional, Systemic and Radiological Anatomy, Heidelberg, New York, 2003

Höhne, KH, VOXEL-MAN, Part 1:Brain and Skull, Version 1.1 CD-Rom für Unix-Workstations und Linux-PCs, Heidelberg: Springer-Verlag, 1996

Höhne, K.H., Kikinis, R. (Eds.): Segmentation of the visible human for high quality volume based visualization, Visualization in Biomedical Computing, Lecture Notes in Computer Science 1131, Springer-Verlag, 13-22, 1996

Jastrow H.: Homo sapiens dissecatus (Version 2 of the www atlas of visible human sections; <http://www.uni-mainz.de/FB/Medizin/Anatomie/workshop/VH/male/axial/axial.html>, 2003

Jastrow H, Vollrath L: Teaching and learning gross anatomy using modern electronic media based on the visible human project. Clinical Anatomy Volume 16, Issue 1: 44-54, 2003

Kass, M., Witkin, A., Terzopoulos, D. Snakes: Active contour models. Int. J. Comput. Vis. 1 (4), 321-331, 1988

Kelemen A., Szekely G., Gering G.: Three-Dimensional model-based segmentation of brain mri, IEEE-TMI, Oct. 1999, 18(10):828-839, 1999

Kikinis R, Shenton ME, Iosifescu DV, McCarley RW, Saiviroonporn P, Hokama HH, Robatino A, Metcalf D, Wibble CG, Portas CM, Donnino R, Jolesz F: A Digital Brain Atlas for Surgical Planning, Model-Driven Segmentation and Teaching, IEEE Trans. On Visualization and Comp. Graphics, Sept. 1996, 2(3):232-241, 1996

Klein GJ, X Teng, BW Reutter, RH Huesman, WJ Jagust, and TF Budinger: A 3D navigational environment for specifying positron emission tomography volumes-of-interest, In Conference Record of the 1995 IEEE Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference, San Francisco, CA, Volume 3, 1452-1455, 1995

Kluge AM: Orale Parafunktionen. Diagnostik und therapeutische Interventionen; in Flor H, Hahlweg K, Birbaumer N (Hrsg.): Anwendungen der Verhaltensmedizin. Göttingen u.a., Hogrefe, 2001

Kraus GE, Bailey GJ. Microsurgical Anatomy of the Brain. A Stereo Atlas. Baltimore: Williams & Wilkins, 1994

Kretschmann HJ, Weinrich W, Klinische Neuroanatomie und kraniale Bilddiagnostik, Atlas der Computertomographie und Magnetresonanztomographie, 3. Auflage, 2002 Lippert H, Herbold D, Lippert – Barmeister W, Anatomie (Text und Atlas), München, 2002

Lavallee S, Szeliski R: Recovering the position and orientation of free-form object from image contours using 3D distance maps. IEEE Trans PAMI 17(4):378-390, 1995

Lavallee S: Registration for computer integrated surgery: methodology, state of the art. In Taylor RH, Lavallee S, Burdea GC and Mosges RW (Hrsg.): Computer Integrated Surgery, Cambridge, MA, MIT Press, 1995

Lemoine D, Barillot C, Gibaud B, Pasqualini E: An Anatomical Based 3D Registration System of Multimodality and Atlas Data in Neurosurgery, In Colchester, A.C.F., Hawkes DJ (Eds.): Information Processing in Medical Imaging, Proc. IPMI 1991 Lecture Notes in Computing Science 511, Springer-Verlag, Berlin: 154-164, 1991

Magnotta VA, Heckel D, Andreasen NC, Cizadlo T, Westmoreland Corson P, Ehrhardt JC, Yuh WTC: Measurement of brain structures by artificial neural networks; two- and three-dimensional applications, Radiology 211:781-790, 1999

Mai JK, Assheuer J, Paxinos G: Atlas of the Human Brain, Academic Press, 1997

Mai JK, Voß T, Assheuer J, Nohr D, Grönemeyer DHW, Holstein J, Kleber KD, Geisbe T, Jennissen JJ: Multimedia im Präpariersaal, Deutsches Ärzteblatt/Praxis Computer 3:14-18, 2000

Mancas M, Gosselin B and Macq B, Risk Areas Segmentation for Radiotherapy Planning using Distance Maps, Poster. SPIE Optical Imaging at NIH, Washington DC, 2004.

Mangin JF, Frouin V, Bloch I, Bendriem B, Lopez-Krahe J: Fast nonsupervised 3D registration of PET and MR images of the brain. J Cereb Blood Flow and Metab 14(5):749-762, 1994

McInerney, T., Terzopoulos, D., 2000. T-snakes: Topology adaptive snakes. Med. Image Anal. 4, 73-91, 2000

Netter FH. The CIBA Collection of Medical Illustrations. Vol 1: Nervous System. CIBA, 1991

Niemann K, Naujokat C, Pohl G, Wollner C, von Keyserlingk DG: Verification of the Schaltenbrand and Wahren stereotactic atlas, Acta Neurochir. (Wien) 129: 72-81, 1994

Niemann K, Morel A: The Morel Stereotactic atlas of the human thalamus: Atlas-to-MR Registration of internally consistent Canonical Model, NeuroImage 12:601-616, 2000

Nowinski WL: Model-enhanced neuroimaging: clinical, research, and educational applications, Review Paper, Singapore, 2002

Passler, A: Zahnärztliche Radiologie, Thieme-Verlag, 174,176, 1995

Pelizzari CA, Chen GTY, Chen CT, Weichselbaum RR: Accurate three-dimensional registration of CT, PET and/or MR images of the brain, J Comp Ass Tomography 13(1): 20-26, 1989

Pelizzari CA, Evans AC, Neelin P, Chen C, Marrett S: Comparison of two methods for 3D registration of PET and MRI images, In Ann Int Conf IEEE Med Biol Soc, Vol 13, IEEE Comp Soc Press, Los Alamitos, CA: 221-223, 1990

Petchenik BB: "The Natural History of the Atlas/Evolution and Extinction", Cartographica, 22.3:43-59, 1985

Portas CM, Goldstein JM, Shenton ME, Hokama HH, Wible CG, Fischer I, Kikinis R, Donnio R, Jolesz FA, McCarley RW: Volumetric evaluation of the thalamus in schizophrenic male patients using resonance imaging. Biol. Psychiatry. 1998 May 1;43(9):649-59, 1998

Schaltenbrand G, Bailey. Introduction to Stereotaxis with an Atlas of the Human Brain. Stuttgart: Georg Thieme Verlag; 1959

Schaltenbrand G, Wahren W Atlas for Stereotaxy of the Human Brain. Stuttgart: Georg Thieme Verlag, 1977

Schnitzlein H. N. and R. F. Murtagh, editors. Imaging Anatomy of the Head and Spine. Urban & Schwarzenberg, Inc., Baltimore, Maryland, second edition, 1990

Schiemann T.: The Visible Human within the VOXEL-MAN Framework, In Proc. Visible Human Conference, National Library of Medicine, Bethesda, MD, 1996

Schiemann T, Höhne KH, Tiede U: Interpretation of tomographic images using automatic atlas lookup, Visualization in Biomedical Computing 1994 Proc. SPIE 2359, R.A. Robb (Ed.), Rochester, MN, 457-465, 1994

Schulte R: Zielorientierte Segmentierung medizinischer Bilddaten, Diplomarbeit, Universität Karlsruhe, 1999

Sievert, T.: Topometrie des menschlichen Gehirns: Evaluation eines Verfahrens zur Integration morphologisch-funktioneller Daten aus histologischen Schnitten in die klinische Diagnostik, Inauguraldissertation der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, 1992

Smith DK, Berquist TH, An KN: Validation of three-dimensional reconstructions of knee anatomy: CT vs MR imaging, J Comp Ass Tomography 13(2): 294-301, 1989

Szikla G, Bouvier G, Hori T, Petrov V. Angiography of the Human Brain Cortex: Atlas of Vascular Patterns and Stereotactic Localization. Berlin: Springer-Verlag, 1977

Tasker RR, Organ LW: The thalamus and midbrain of man, Charles C. Thomas, Springfield, 1982,
Tiede, U.; Schiemann, T., Bomans, M., Höhne, K.H: Interactive 3D-Segmentation, Robb, R.A. (Ed.):
Visualization in Biomedical Computing II, Proc. SPIE 1808, Chapel Hill, NC, 1992

Toga AW, Thompson P: Brain Atlases And Registration, Handbook of Medical Image Processing,
Isaac Bankman (Ed.), Academic Press, 2000

Wedekind K: Analyse, Implementierung und Evaluation von Matchingverfahren in der medizinischen
Bildverarbeitung, Technical Report 79/1995, Diplom-Arbeit, Universität Heidelberg, 1995

Wright IC, Sham P, Murray RM, Weinberger DR, Bullmore ET: Genetic Contributions to Regional
Variability in Human Brain Structure: Methods and Preliminary Results, NeuroImage 17,256-271, 2002

Zubal GI, Harrel CR, Smith EO, Smith AL, Krischlunas P: High Resolution, MRI-Based, Segmented,
Computerized Head Phantom, Processing Group, Dept. Of Diagnostic Radiology, Yale University,
New Haven, 06510 USA, 2001

Danksagung

Ich bedanke mich besonders bei Herrn Prof. Dr. J. K. Mai, der mir die Möglichkeit gegeben hat, diese Arbeit zu verfassen. Seine vielen Anregungen, Ideen und seine engagierte Betreuung halfen mir immens, des weiteren bedanke ich mich für seine stets konstruktive Kritik.

Ganz besonders bedanke ich mich zudem bei Herrn Thomas Voss, der mir bei der computertechnischen Umsetzung dieser Arbeit weitergeholfen hat und der mir die Segmentierung und Verwaltung der muskulären Strukturen durch seine eigens entwickelte Software erheblich vereinfachen konnte.

Lebenslauf

Persönliche Informationen

§ Name, Vorname:	Schumann, Jens
§ Familienstand:	ledig
§ Nationalität:	deutsch
§ Geburtsdatum:	07.04.1976
§ Geburtsort:	Szentes / Ungarn
§ Eltern:	Erzsébeth Schumann (Selbständig) Dr. med. Ralf Schumann (Unfall- und Handchirurg)
§ Bruder:	Dr. med. René Schumann (Plastische Chirurgie)

Schulbildung

[1982-1983]	Grundschule	Dessau
[1983-1987]	Grundschule	Eger/Ungarn
[1987-1993]	Albert-Einstein-Gymnasium	Kaarst
[1993-1996]	Gymnasium Korschenbroich	Korschenbroich

Sonstige Tätigkeit

[1996-1997]	Zivildienst im Altersheim	Korschenbroich
---------------	---------------------------	----------------

Studium

[1997]	Beginn des Zahnmedizinstudiums an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf
[1998]	Vorphysikum
[2000]	Physikum
[2003]	Staatsexamen der Zahnmedizin

Berufsausübung

[2003 – 2005]	Assistenz Zahnarzt	Wassenberg
[2005]	Niederlassung	Reiskirchen

Jens Schumann