

VivaCT80

用户手册

版本 1.1



保修	VII
重要信息	IX
生产商以及维修或支持.....	IX
用户责任.....	IX
软件授权协议.....	IX
安装.....	IX
维护.....	XI
样品支架.....	XI
安全信息	XII
警告符号描述	XIII
产品描述.....	XIII
用户的责任.....	XIII
安全预防措施.....	XIII
仪器的放置.....	XIII
安全检测.....	XIII
设置与操作	XVI
连接.....	XVII
光信号.....	XVII
1 开始操作 VivaCT80	1
打开仪器.....	1
启动主程序 MicroCT.....	2
2 关闭 VivaCT80	3
退出主程序 MicroCT.....	3
关闭计算机.....	3
关闭设备.....	4
3 程序概述	5
4 编辑操作人员数据	6
启动程序.....	6
Possibilities.....	7
查找.....	7
查找下一个.....	8
新建.....	8
保存/更新.....	8
退出操作程序.....	8
5 编辑样品数据	9

开始程序.....	9
可能性.....	10
查找.....	10
查找下一个.....	11
新建.....	11
保存/更新.....	11
退出样品程序.....	11
6 样品检测.....	12
开始检测程序.....	12
选择样品.....	12
控制文件（检测规程）.....	14
控制文件类型.....	14
选择控制文件.....	14
创建新的控制文件.....	14
删除控制文件.....	14
锁定控制文件.....	14
修改控制文件.....	14
卸载.....	15
定位扫描.....	17
概述.....	17
开始和结束位置.....	17
角度.....	18
缺省值.....	18
开始定位扫描.....	18
参考行.....	18
打印定位扫描.....	19
保存定位扫描.....	19
批量检测.....	19
确认.....	19
取消.....	19
检测.....	20
开始检测.....	20
取消.....	20
7 分析.....	21
概述.....	21
启动分析程序.....	21
总结.....	21
选择样品和检测.....	23
选择没有存档的检测.....	23
选择已存档（保存）的检测.....	23
缩放.....	24
密度标度.....	24
设定 ROI 或 VOI.....	25
绘制图标.....	25
修改轮廓.....	25
移动/测量对象.....	26
选择对象.....	26
删除图形对象.....	26
创建容积.....	26
范围选择.....	27
Brakepoints（BP）.....	27
Global scaling.....	28
删除.....	28
Morphing.....	28
扩展为三维的快速指导.....	28
自动轮廓.....	29

2D 分析.....	29
ROI 选择.....	30
分割.....	30
打印.....	31
开始分析.....	31
3D 分析.....	31
定义 VOI.....	32
分割.....	32
开始分析.....	32
更改分析参数.....	32
3D 图像距离.....	32
打印图像.....	33
8 3D 图像显示.....	35
开始 3D 图像显示程序.....	35
3D 场景概要.....	35
操作模式.....	36
选择样品和检测.....	36
开始/停止.....	36
视觉效果.....	37
观察器.....	37
光源.....	37
其它效果.....	38
动画模式显示选项.....	38
3D 图像场景打印.....	39
计算动画 3D 图像的顺序.....	39
9 存档程序.....	40
概述.....	40
开始程序.....	40
存档/删除图像.....	41
选择检测.....	41
选择文件类型.....	41
选择目标设备.....	42
选择拷贝/移动操作.....	42
启动移动/拷贝功能.....	42
备份.....	43
设备信息.....	44
初始化.....	45
安装/取下.....	45
10 基于 DECterm 的程序.....	46
常规指导.....	46
2D 重建.....	46
IPL (图像处理语言).....	47
帮助.....	47
退出.....	47
list.....	48
read.....	48
aim_read.....	48
isq_to_aim.....	48
write.....	48
delete.....	49
Examine.....	49
sup_divide.....	49
Sub_get.....	49
Sub_pick.....	50

gauss_lp	50
threshold	50
gauss_seg and seg_gauss	51
adaptive_threshold	51
Fff_laplace_hamming	51
Norm_max	51
gobj_maskaimpeel_ow	52
cortex_maskoff	52
gobj_to_aim	52
cut2d_shape_ow	53
clow_rank_extract	53
cl_rank_extract	53
cl26_rank_extract	53
Cl_extract	54
cl_nr_extract	54
cl_image	54
db_scanco_activate	54
fri_da_metric_db	54
clt_object_param	55
Dt_background_param	56
dt_mat_param	56
dt_mat_output	56
connectivity	57
conn_nocl	57
conn_bgcl	57
Voxgobj_scanco_param	58
Vox_scanco_param	58
mil_param	58
milv1_param	58
Histo	59
scale_elsize	59
lpscale_elsize	60
noipscale_elsize	60
scale_ow_elsize_noip	60
set_value	60
concat	60
join_uncompress	61
bounding_box_cut	61
flip_aim	61
offset_add	62
offset_set	62
clear_offset	62
fill_offset_mirror	62
convert_to_type	62
xray	63
msq_from_aim	63
from_aim_to_isq	63
UCT_THREEDEE_BATCH	63
Filename	63
PrintFilename	63
Ambient	63
Shading	63
Size	63
Elevation/Rotation	64
Copies	64
UCT_LIST	64
WRITE_INFO	65
11 错误消息	66

有限保修声明

该有限保修规定了适用于您所购买的 SCANCO Medical AG μ CT 产品的限制和保修期。对该有限保修如有任何问题，请与 SCANCO Medical AG 联系。

保修条款

SCANCO Medical AG 承诺，您从 SCANCO Medical AG 或 SCANCO Medical AG 授权的经销商处购买的产品，在保修期内正常使用的情况下，如果出现材料或工艺上的问题将会得到免费维修。保修期自安装之日开始，到安装 12 个月后结束。您的安装协议上注明的产品安装日期将作为安装日期的证明。此保修条款也适用于从您处随后购买此设备的用户。

此有限保修不包括耗材部件。

如果在有限保修期内需要对产品进行维修，或 SCANCO Medical AG 认为使用过的零件符合或超过新零件的性能规格，则 SCANCO Medical AG 将进行维修，并使用新零件更换故障零件。在某些情况下，SCANCO Medical AG 会直接运送给您新的更换零件，或 SCANCO Medical AG 认为符合或超过新零件要求的用过的零件。所有在本保修条款下调换的零件和更换的产品，其所有权都将属于 SCANCO Medical AG。

SCANCO Medical AG 不承担任何处理费用，进口税或关税。本有限保修书仅对从 SCANCO Medical AG 购买的原装产品或从 SCANCO Medical AG 授权的经销商处购买的原装产品负责。

SCANCO Medical AG 对于下列导致设备破损的或经过粉饰的故障不承担责任

- 由于意外，使用不当或滥用所引起
- 没有在产品用户文件中所规定的参数范围内进行操作
- 由于使用非 SCANCO Medical AG 生产或销售的零件所引起
- 由于对产品进行了改造所引起
- 由于由非 SCANCO Medical AG 人员维修或非 SCANCO Medical AG 授权的维修提供商维修所引起

SCANCO Medical AG 对于任何程序、数据或移动储存介质的损坏或丢失不承担任何责任。SCANCO Medical AG 对于任何由于产品或产品故障所引起的任何利润损失，存款丢失，机密文件损坏或由此引起的任何损失不承担任何责任。SCANCO Medical AG 不对由任何第三方对您方或你方对第三方所做出的任何声明承担责任。

赔偿限度

除了前面保修条款中所做的陈述以外，**SCANCO Medical AG** 不做任何其它承诺，表述或暗示，包括任何商业暗示和适用于具体目的的暗示。**SCANCO Medical AG** 对于没有在本保修条款中注明的任何保修不做任何承诺。任何可能由法律强加的暗示保修都受本有限保修书中条款的约束。

该限度适用于想像中的损坏，或做出的声明，在本保修条款下作为民事侵权行为（包括疏忽和严格的产品责任），合同声明，或任何其它声明。该限度不能由任何人放弃或修改。该责任限度即使在 **SCANCO Medical AG** 或 **SCANCO Medical AG** 授权的代理在接到了对可能发生的损失所提供的建议的情况下依然有效。本责任限度不适用于人身伤害声明。

生产商和维修或支持联系

SCANCO Medical AG
Fabrikweg 2
CH-8306 Bruettisellen
瑞士

电话	+41-(0)44-805 98 00
传真	+41-(0)44-805 98 01
URL	www.scanco.ch
总部 e-mail	info@scanco.ch
支持 e-mail	support@scanco.ch
销售 e-mail	sales@scanco.ch

用户责任

用户在操作仪器之前，必须认真阅读以下安全指导。

软件授权协议

本文件中所述软件是 VivaCT80 的一个组成部分，除仪器所附拷贝外，不得向计算机中进行拷贝。

操作系统软件 Open VMS/DECwindows Motif 仅授权用于本计算机，只能出于安全考虑进行拷贝。

安装

设备的安装只能由 SCANCO Medical AG 或其授权人员执行。



警告! 为确保有充足的用于冷却的空气，确认仪器每一侧都与墙面相距至少 20 厘米。

维护

设备的维护，运输以及在不同地点的重新安装必须由 SCANCO Medical AG 或其授权人员执行。绝对不能取下或打开仪器外壳盖或部件。建议每年由 SCANCO Medical AG 或其授权人员进行一次年度维护。

清洁

外部清洁使用软性材料蘸水或酒精来完成。清洁前，应正确关闭仪器并拔下插头。不要将液体溅在仪器上或内部。

样品容器

样品尺寸



警告! 确保样品尺寸适合样品容器大小，且样品完全放置在样品容器内。如果样品尺寸不合适，则会导致仪器损坏和/或样品损坏。

样品容器兼容性

样品容器由两种不同的材料制成。标准样品容器是由 PMMA（聚甲基丙烯酸甲酯，澄清，白色）制成的。如果化学或物理要求较高，则可使用由 PEI（聚醚酰亚胺，微黄色，半透明）制成的样品容器。

热量与化学兼容性

表 1：

抵抗属性	PET
最大温度	-140 - +100°C
高压蒸汽灭菌器：	N ^a
水 (<65°C)	R
无机酸	r ^b
无机碱	r
酮	N
醛（甲醛）	R
酒精	R
天空醚	R
酯（例如乙酸乙酯）	r
含氯氟烃（CFC）	R
脂肪族烃	R
芳香烃	r
氯代烃类	N
R 抵抗 r 有限抵抗 N 不抵抗	

- 不可能
- 138°C/20 分钟/1bar
- 仅在稀释情况下有限抵抗！

PMMA 样品容器的物理抵抗



警告! 在长时间暴露于某些溶剂，物理压力或表面划痕的情况下，PMMA 会出现很细的缝隙。使用溶剂前请检查兼容性表。

这些很细的缝隙可能会导致液体泄漏，这种情况必须杜绝，否则仪器会遭受严重损坏。使用前，请检查样品容器。

处置



警告! 如果处置不当，仪器含有少量可能危害环境的材料。在对仪器或 X 线管处置前，请与 SCANCO Medical AG 联系。

不承担责任声明

SCANCO Medical AG 不接受任何与本仪器和软件相关的损坏赔偿要求。SCANCO Medical AG 对于本文件中的技术或编辑错误或任何疏忽不负任何责任；对于本设备的提供或使用中出现的任何意外损坏或相关损坏都不承担任何责任。

警告符号描述



X 线! *可能存在 X 线*



警告! *本警告符号对有关仪器或操作人员操作的重要警告信息进行了定义。
忽视这些信息会导致仪器损坏或数据丢失。*



触电! *忽视此类规定会导致触电并对健康造成威胁。*

产品描述

用途

本 μ CT 50 仪器用于对小的样品进行检测，可视化以及定量分析。

误用

本仪器不得误用作活体医疗设备或体外诊断设备。

用户责任

用户在操作仪器之前，必须认真阅读以下安全指导。

安全预防措施

仪器上所附的警告标签

以下警告标签附在仪器上：



警告! 所扫描的样品必须完全放置在样品容器内。确保没有液体溅落在扫描仪上。



警告! 不要对打开的门施加垂直压力。防止扫描仪被浸湿!

安全规定



警告! 本仪器配备了多种安全规定。任何情况下都严禁改装，中止或取消这些安全规定!

电离辐射

本 μ CT 50 仪器产生 X 线。出厂时进行了系统辐射泄漏检测，在正常操作情况下符合法规要求。



X 线!

如果仪器出现物理损坏，则不要对其进行操作。如果扫描仪外壳损坏，则可能导致杂散辐射!

在这种情况下，系统必须由 SCANCO Medical AG 授权人员检查合格后才能够再次使用。

样品容器



警告! 只能使用由 **SCANCO Medical AG** 或其它厂商提供的完全符合原来的样品容器尺寸要求的样品容器。如果使用不同外形的样品容器，则可能导致扫描仪损坏!

电气连接部件与损坏的线缆



触电! 触摸仪器内部的电气连接部件或损坏的线缆会导致触电并对健康造成严重的威胁! 万一发生线缆损坏，则关闭仪器开关并联系 **SCANCO Medical AG** 提供维修。

样品尺寸



警告! 确认样品完全放置在样品容器内! 如果样品的尺寸超出了样品容器的尺寸范围，则检测将遭受不利影响，或者损坏仪器!

样品容器的化学兼容性



所提供的样品容器由 **PMMA** (聚甲基丙烯酸甲酯, 澄清, 白色) 或 **PEI** (聚醚酰亚胺, 微黄色, 半透明) 两种材料制成。每种材料的物理和化学抵抗差别很大。

警告!

请根据您的用途考虑具体材料属性。

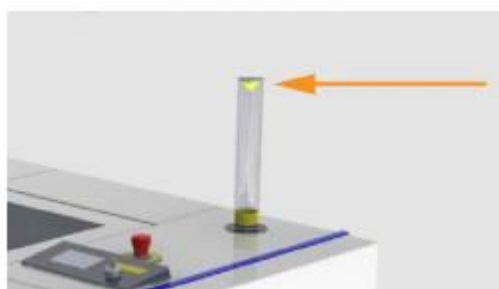
注意: 请根据您的用途, 检查“常规信息”单元中的“样品容器: 热量与化学兼容性”

安全检测

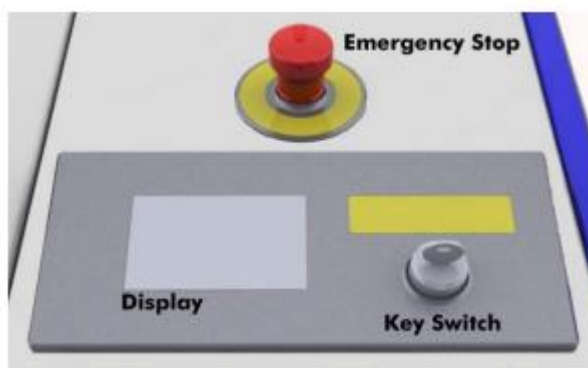
X 射线控制和指示



1. X 射线指示灯



2. 控制面板（持续显示，紧急停止，钥匙开关）



扫描仪只在钥匙插上并且主开关和钥匙同时激活的情况下才能正常工作。

紧急停止按钮



按下此紧急停止按钮将直接中断主电源。

显示屏

显示：
设备状态
门状态
X 射线状态
能量等级
电流等级



门状态



当屏幕显示门已锁，则样品仓门无法被打开。

X 射线状态



当屏幕显示 X 射线打开图标，则可以在显示屏上看到球管的电压级别及电流级别。

1 MicroCT 开启步骤

主电源控制

连接线

主连接仅能使用适用的电源线。使用主电源开关打开或关闭仪器。



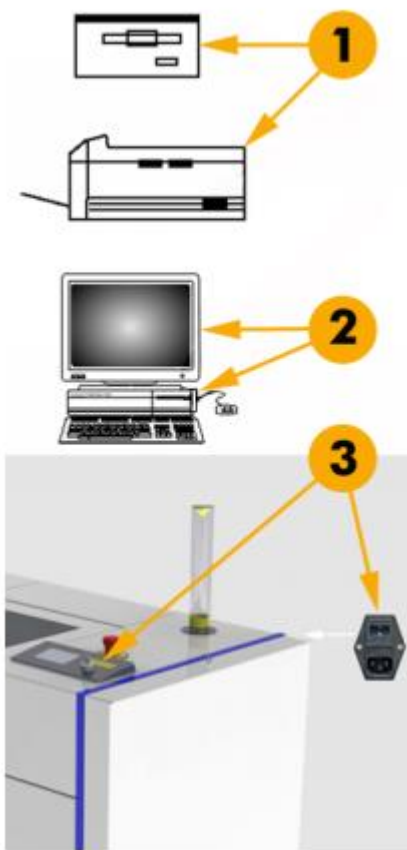
- 1、主接口
- 2、数据接口

电源供应，参照规格
5GB 以太网跳接线网线

数据接口

RJ45 连接器只适用于与电脑的连接。

开启设备



- 1、 开启外部设备，如硬盘塔、磁带机、打印机、PC 等
- 2、 开启电脑和显示器
- 3、 开启上部面板上的钥匙开关，并开启后部的主电源开关，上面版的显示器点亮。操作机器前，请确保钥匙开关以及主开关都已打开。

图 1. 开启设备

电脑开机大概需要 5 分钟



注意

扫描仪的开机（预热 X 射线球管）会花几分钟到几小时不等的时间。预热时间长短取决于系统关机了多长时间。

启动主程序 MicroCT

输入 MICROCT 作为用户名 (USERNAME)，按下 RETURN 键。随后输入所需要的密码并再次按下 RETURN 键或单击 OK 按钮。

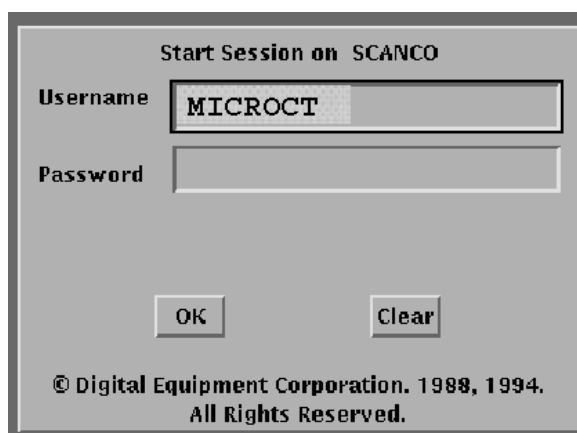


图 2. 登录框

成功登陆后，会出现 3 跟窗口。主程序、终端任务窗口、任务管理器。主程序将在后面的章详细讲解。在终端任务窗口，我们可以执行很多操作例如运行 IPL 程序和手动控制断层图像重建。更多关于基于 DECterm 的程序，可以在第 11 章找到。

任务管理器可以帮助你浏览文件并且控制你的任务。通过任务管理器，你可以访问可用的众多应用软件，如 web 浏览器、计算器、新 DECterm 等。

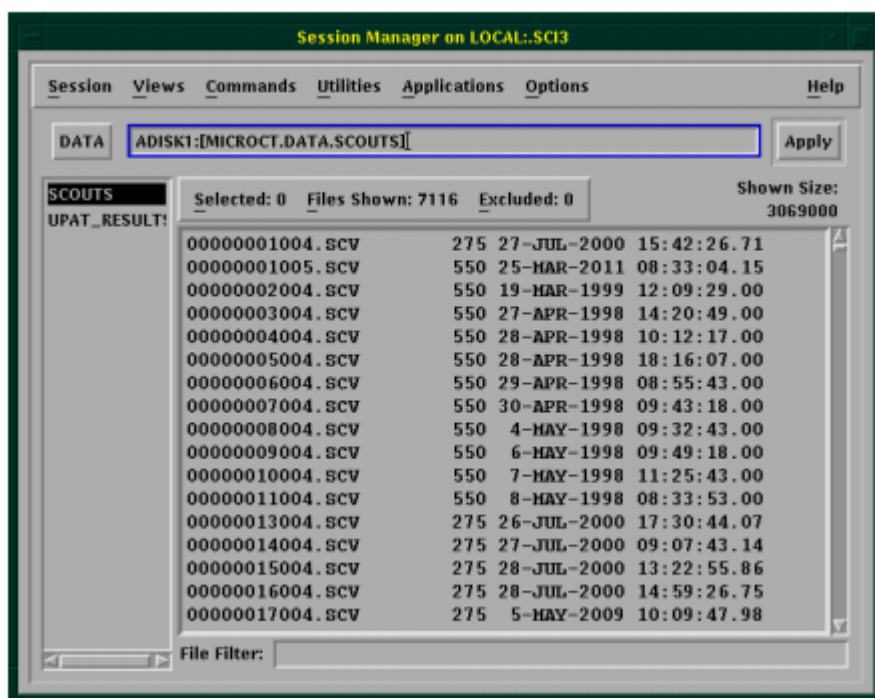
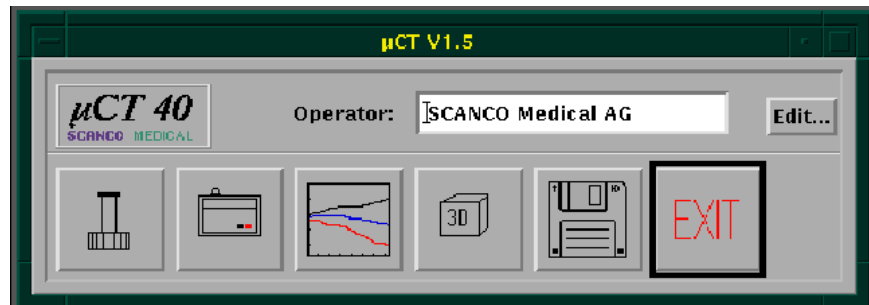


图 3 任务管理器

退出主程序 MicroCT

如欲退出控制框，则用鼠标左键单击 EXIT 按钮：



如欲彻底退出，则使用 Session Manager 的 END SESSION 按钮。

关闭计算机

输入 SHUTDOWN 作为用户名并使用鼠标左键单击 OK。

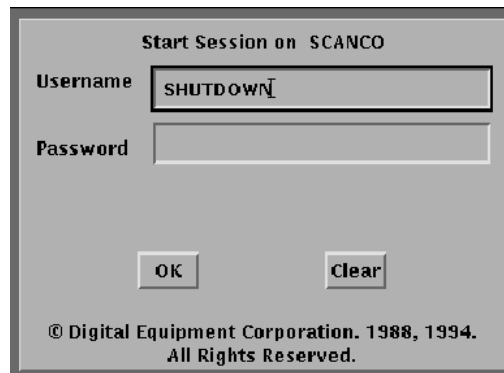


图 3 . 关闭计算机的登录框

计算机关闭所有数据库和程序，使您下次使用所有程序而不会发生问题。



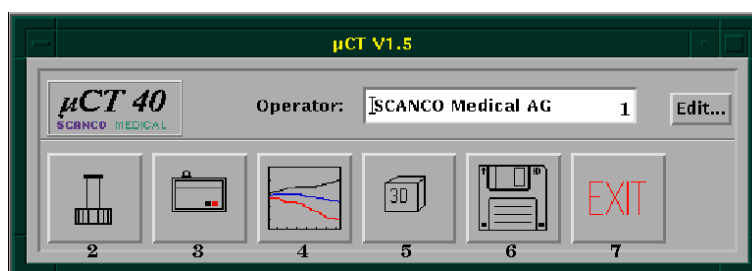
警告！ 在没有正确 **SHUTDOWN** 前，不能关闭计算机开关。只有如此，才能确保所有数据可以再次读取而不发生错误。

待屏幕上出现 SYSTEM SHUTDOWN COMPLETE=USE CONSOLE TO HALT SYSTEM 或出现提示>>> 后，按照如下顺序关闭仪器：

关闭仪器

1. 显示器
2. 计算机
3. 光盘和/或磁带
4. 打印机
5. 扫描仪

3 程序概述

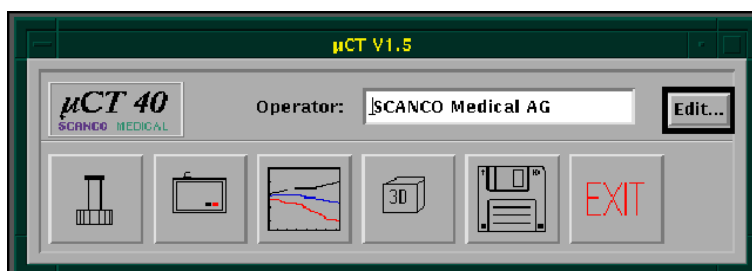


应用程序 MicroCT，可以执行以下操作：

1. 记录或更改操作人员数据（修改）
2. 记录或修改样品数据（修改）
3. 执行检测
4. 分析检测
 - d 断层分析
 - e 2D 组织形态学检测
 - f 3D 组织形态学检测
 - g 图像文件
5. 3D 显示和 3D 文件
6. 数据管理
 - a 将检测数据移动到光盘或磁带/从光盘或磁带恢复
 - b 删除检测数据
 - c 备份硬盘拷贝
 - d 初始化光盘，磁带和磁盘（格式化）
7. 退出 MicroCT 主程序

4 编辑操作人员数据

启动程序



在主菜单上用鼠标左键单击带框的按钮 EDIT...

图 4. 操作人员注册程序

输入操作人员数据。可直接通过鼠标左键选择每个输入字段，单击 RETURN 键进入下一个字段。

操作人员编号由程序自动分配，不能改动。

数据输入完成后，通过鼠标左键单击 **SAVE/UPDATE** 按钮保存数据。

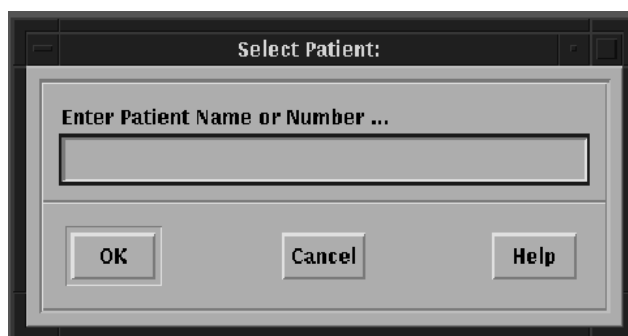


可能性

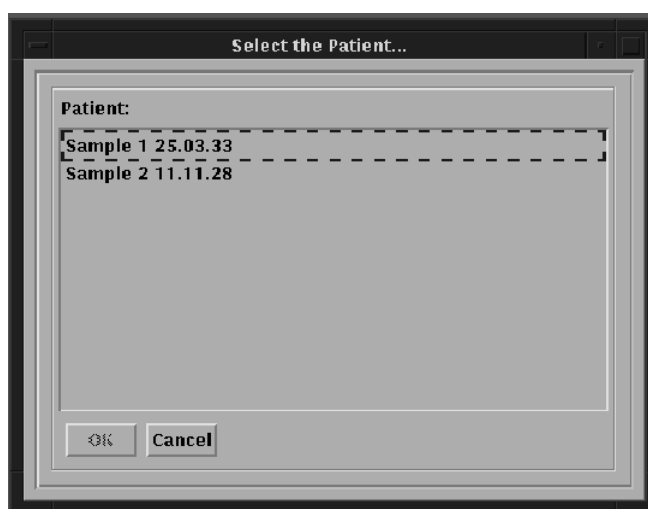
警告! 对于一个检测，程序至少需要一个名称。数据可通过 **FIND...** 随时完成或修改（如地址改变，由结婚引起的名字改变等），改动数据，最后使用 **UPDATE**。

查找

单击 **FIND...** 按钮后，显示以下窗口：



用鼠标左键单击数据输入字段，并按照规定填写。单击 **OK** 确认输入内容。在输入操作人员的编号或完整名字后，输入显示在该字段中。如果仅输入了名字的前几个字母，随后表中会显示出开始字母是这几个字母的所有操作人员的名字。例如，如果输入了“S”，则表中会显示出所有以 S 开头的名字，如 Sample 1，Sample2 等。



使用鼠标左键单击所需要的名字，单击 **OK** 确认。



警告! 每次都要使用相同的拼写，因为程序区分大小写!

此时可以修改或完成数据。注意随时使用相同的拼写!

查找下一个

单击 FIND NEXT 按钮，显示下一条以字母或数字形式的操作人员搜索命令，此结果取决于在使用 FIND...时输入了操作人员名字还是编号。

新建

单击 NEW 按钮，所有字段都为空白，输入新的操作人员的数据。

保存/更新

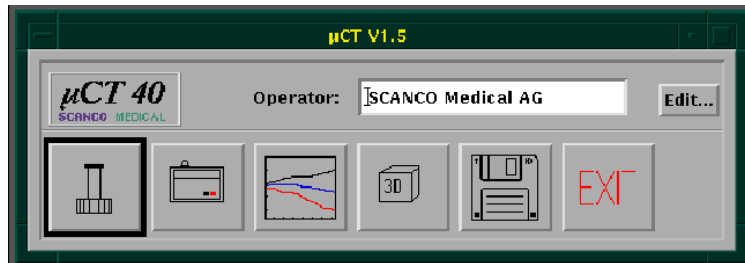
单击 SAVE 按钮（修改模式中标有 UPDATE），保存/更新输入的该操作人员的所有数据。

退出操作人员程序

单击 FILE 按钮，随后单击 QUIT 或 EXIT。程序将返回到主菜单。使用 EXIT，所做的所有改动都会自动保存，使用 QUIT 不保存修改数据。



开始程序



在主菜单上用鼠标左键单击带框的按钮。

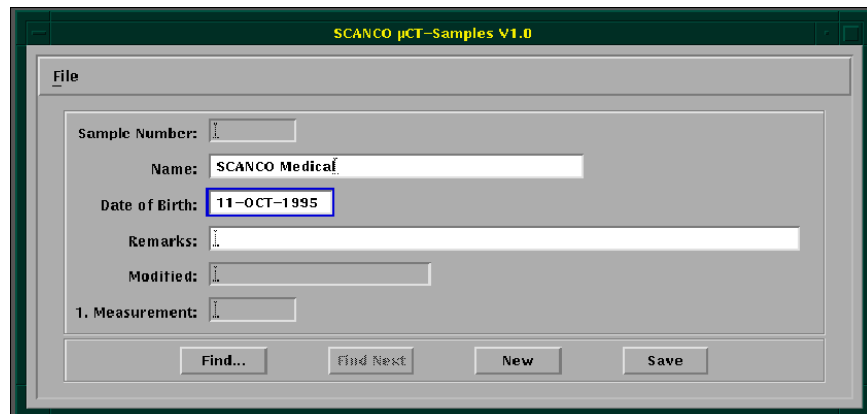


图 5 .样品注册程序

输入样品数据。通过鼠标左键直接选择每个字段，使用 RETURN 键进入下一个字段。

样品编号由程序自动分配，不能改动。

完成数据输入后，通过鼠标左键单击 SAVE 按钮保存数据。

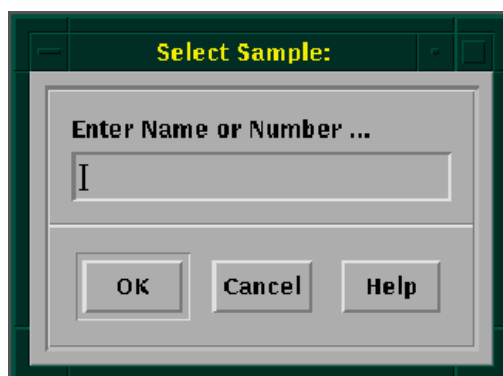


警告! 对于一个检测，程序至少需要一个名称。数据可通过 FIND... 随时完成或修改，改动数据，最后使用 UPDATE。

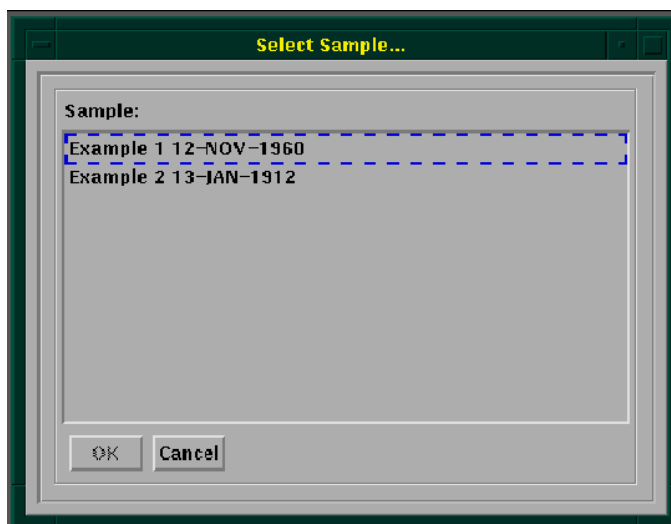
Possibilities

查找

在单击 FIND...按钮后，显示以下窗口：



用鼠标左键单击输入字段，并按照要求填写。单击 OK 确认输入。在输入样品编号或完整的样品名称后，数据会显示在字段中。如果仅输入了名称的前几个字母，随后表中会显示出开始字母是这几个字母的所有样品的名字。例如，如果输入了“E”，则表中会显示出所有以 E 开头的名字，如 Example 1，Example2 等。



使用鼠标左键单击所需要的名称，单击 OK 确认。



警告! 每次都要使用相同的拼写，因为程序区分大小写!

此时可以改动或完成数据。注意随时使用相同的拼写!

查找下一个

单击 **Find Next** 按钮，显示下一条以字母或数字形式的样品搜索命令，此结果取决于在使用 **FIND...** 时输入了样品名称还是编号。

新建

单击 **NEW** 按钮，所有字段都为空白，输入新的样品数据。

保存/更新

单击 **SAVE** 按钮（在修改模式中标有 **UPDATE**），保存/更新输入的该样品的所有数据。

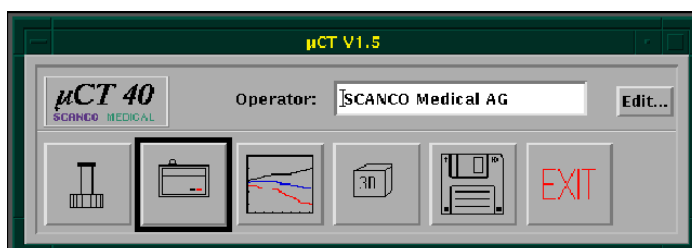
退出样品程序

单击 **FILE** 按钮，随后单击 **QUIT** 或 **EXIT**。程序将返回到主菜单。单击 **EXIT**，所做的所有改动都会自动保存，使用 **QUIT** 不保存修改数据。



开始检测程序

如欲开始检测程序，必须在 OPERATOR 字段中首先输入您的名字。随后在主菜单中，通过鼠标左键单击带有扫描仪符号的图标进行选择。



选择样品

在屏幕中部，显示以下输入窗口：

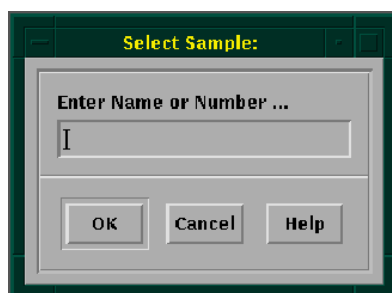


图 6：输入样品名称或编号

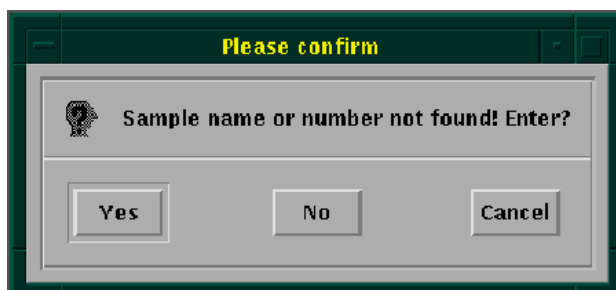
单击输入字段并填写相应内容。通过单击 OK 按钮确认输入内容。



警告！ *程序区分大小写（见第 10 页）*

与样品注册程序相同，会显示出一个与输入相对应的所有样品的列表。在该列表中单击选择需要的样品并单击 OK 确认。

如果数据库中没有所需要的名称，则会显示以下问题：



此时如果需要输入样品，则单击 **YES**。显示样品注册程序的输入窗口，见第 9 页上的“样品注册程序”。输入相应的数据，见第 9 页上的“修改样品数据”。

选定或输入样品名称后，显示主检测窗口。如果该样品不是第一次进行检测，则会显示其前面的检测，包括日期和断层数。

此时可以放置样品容器。打开门，将样品容器放置在检测室中的卡座上，随后将门关闭。

控制文件（检测规程）

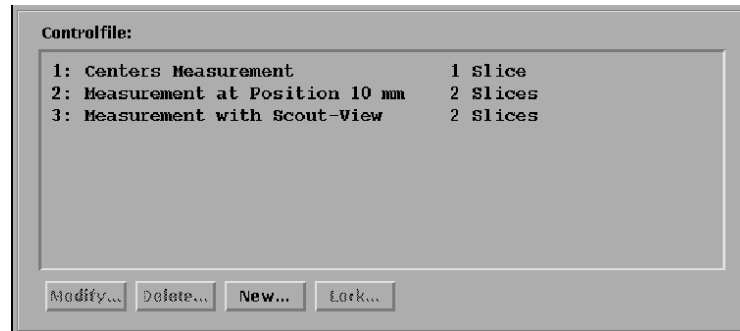
控制文件类型

控制文件分为两种类型：

- 系统定义（包括固定检测规程）
- 用户定义（可以由用户改动）

选择控制文件

用鼠标左键单击列表中的一项来选择正确的检测规程（控制文件）。



控制文件选定后，通过单击 **SCAN** 或 **SCOUT** 执行 **Scout-View**（定位扫描）检测或 **Slice-Measurement**（断层检测）。

创建新的控制文件

定义新的控制文件，单击 **NEW...**，显示控制文件定义框。创建控制文件的详细说明，见第 15 页“修改控制文件”。

删除控制文件

对于用户定义的控制文件，可以通过单击 **DELETE...** 进行删除。需要对控制文件的删除予以确认。

控制文件并没有真正被删除，只是标记为无效且不会再次出现在控制文件的列表中。

锁定控制文件

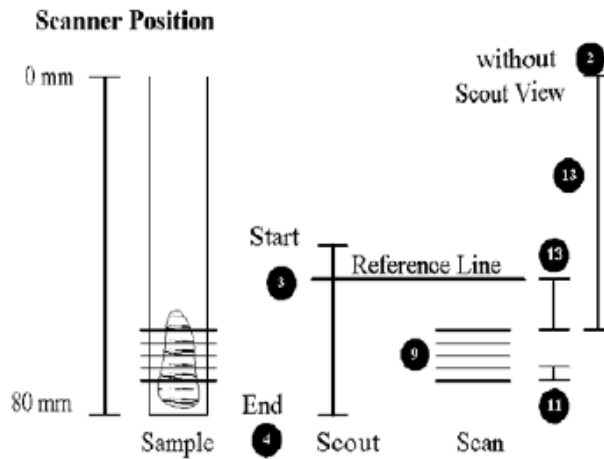
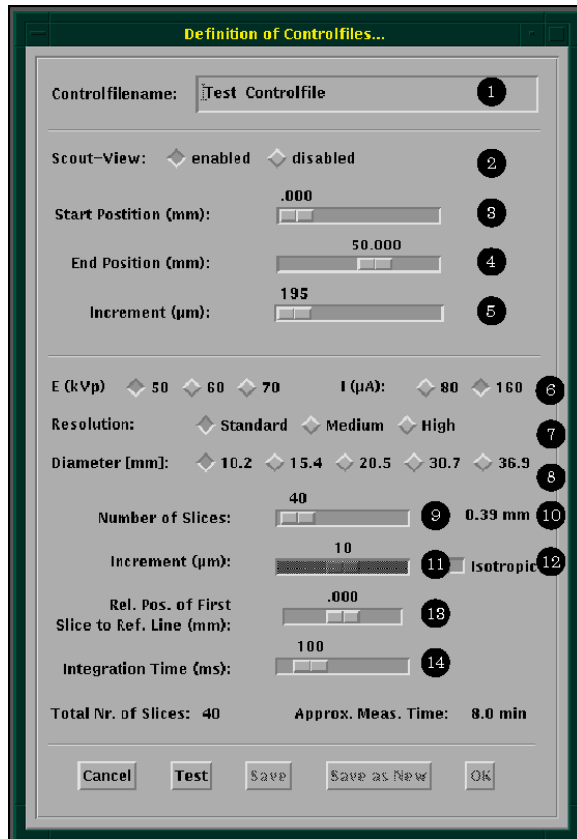
对于用户定义的控制文件，可以将其锁定（将其类型变为系统定义）从而防止对其进行进一步的修改或删除。如欲锁定，则单击 **LOCK...** 并确认此操作。



警告！ 注意：锁定后的控制文件将无法再次通过单击“**Modify**”按钮进行查看。

修改控制文件

对于用户定义类型的控制文件，可以在开始检测前，通过单击 **MODIFY...** 对规程进行修改：



说明：

1. 输入一个能够描述检测规程的有意义的名称。
2. 为定位扫描（Scout-View）检测选择 **enabled**，则第一断层的参考位置与使用鼠标设定的行有关。如果定位扫描选择了 **disable**，则第一个断层的位置将与扫描仪的 0mm 位置相关（样品容器顶部）。
3. 定位扫描的开始位置（Start Position）。定位扫描对话框中显示缺省值，可以根据具体的检测进行修改。

4. 定位扫描的结束位置 (End Position)。定位扫描对话框中显示缺省值，可以根据具体的检测进行修改。
5. 定位扫描增量 (Scout-View Increment)。该值在您修改 Start-或 End-Position 时会自动计算，从而执行定位扫描 256 行的最大化搜索。如果您选定了较小的搜索范围，则可以将该增量选定为较小，这样即可适当改进分辨率。
6. 选择能量和当前设置 (Choose Energy and Current Settings)
7. 共有 3 种分辨率模式可供选择：

分辨率：	采集：	重建：
标准 (Standard)：	对 1024 个样品逐一进行 250 次投射	1024x1024 像素
中度 (Medium)：	对 1024 个样品逐一进行 500 次投射	1024x1024 像素
高度 (High)：	对 2048 个样品逐一进行 1000 次投射	2048x2048 像素
	进行角度为 180°的投射	

8. 选择样品容器的直径 (所指示的数字是略大于样品容器的重建区域的尺寸)
9. 选择所需要的断层数。
10. 该指示器显示从断层数和当前断层增量的数量中得出的覆盖范围 (以毫米为单位)。
11. 断层增量 (Slice Increment)。各向同性体素的规格是专门为 μ CT40 指定的。
12. 使用该按钮设置断层增量以得出各向同性体素。
13. 定位扫描参考行的相对位置 (用鼠标设定，见 2)，或绝对位置 0 毫米 (如果搜索禁用)
14. 整合时间：对于标准检测，选择 100 和 200 毫秒之间的值。如果您需要质量较高的 3D 显示，则选定较长的整合时间。重建时间不会受该值的影响，但检测时间会受到影响。

如果对检测规程进行了设定，则在对其使用或保存前需要通过单击 TEST 对其进行检测。

如果检测成功，则按钮 OK，SAVE AS NEW 以及 SAVE 都变为亮色显示，可以在下次检测时使用修改后的规程 (通过单击 OK) 或首先保存 (单击 SAVE)，单击 OK 返回主屏幕。

使用 SAVE AS NEW，对规程的轻微修改保存为不同的名称和编号。

此时可以执行 SCOUT 或 SCAN 操作。



警告! 如果您随后需要使用控制文件进行批量检测，则需要对其进行保存（或作为新的文件进行保存）（见第 19 页“批量检测”）。

卸载

使用该按钮，将不在装载位置上的样品放置在可供取下的位置。同时，它关闭 X 线球管，随后对门解锁。

定位扫描

概述

定位扫描 (Scout-View)，相当于传统的 X 光片，用于确定检测区域。设定定位扫描 (Scout-View)，需要设定参考线。该参考线用于确定第一个断层的位置，因此必须谨慎选择。

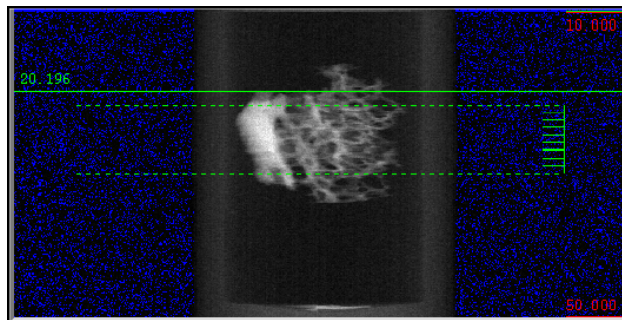
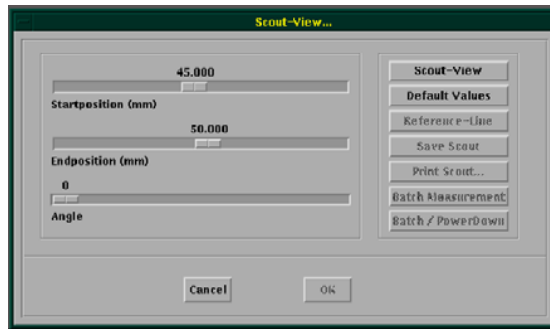


图 7：骨活检定位扫描的参考线

通过鼠标左键选择 SCOUT-VIEW..., 显示以下窗口:



可以进行以下设定:

- 确定定位扫描的起始和结束位置
- 执行定位扫描
- 设置参考线
- 保存定位扫描设置 (程序自动保存样品的首次定位扫描设置) (=参考检测的参考定位扫描)

开始和结束位置

使用两个滑块, 可以设定定位扫描的范围。控制文件给出缺省值, 可以针对具体样品进行改动。该范围越小, 越能更好地观察样品细节。

角度

使用此滑块, 可以对样品进行旋转 (仅在定位扫描设定中!)。此操作可以对从一个角度无法看到但从其它角度可以看到的结构情况进行更好的观察 (例如, 结合部位的基板)

缺省值

将滑块设定在其初始位置。

开始定位扫描

单击 SCOUT-VIEW 按钮。MicroCT 计算机开始检测概览图像。首先显示 X 光片的一半, 随后显示图像的另一半。

可以通过鼠标左键单击 CANCEL 按钮在任意位置上中止定位扫描。此时如果正在扫描前半部分, 则其会立即对后半部分进行扫描; 如果正在扫描后半部分, 则其会停止。

换言之, 可以通过单击两次来彻底中止定位扫描。

参考线

单击 REFERENCE LINE 按钮, 随后将光标移动到右上部的当前定位扫描。此时, 绿色参考线跟随着光标。在按下鼠标左键后, 该参考线即被固定。可以随时修改参考线的位置, 仅需再次单击 REFERENCE LINE 按钮。

移动参考线的时候, 也可同时按住 SHIFT 键调节断层数。移动光标, 随后调节扫描的结束位置 (扫描长度, 扫描区域)。松开 SHIFT 键后, 可以再次移动起始线。使用鼠标左键进行单击, 设置开始和结束位置。

为使某些断层居中, 移动参考线到样品的顶部, 随后按下 ALT 键, 并将光标移动至底部。参考线将在两者之间处于居中位置。使用鼠标左键单击, 对该居中的参考线进行固定。

打印定位扫描

使用该按钮对屏幕右上部的图像进行拷贝。可以在 **PostScript**（包括样品名称和编号等的表单）或 **Encapsulated PostScript** 以及 **TIFF** 格式（仅图像数据，仅文件）之间进行选择。

保存定位扫描

参考定位扫描（首次检测）是自动保存的，并为随后的每次相同样品的检测进行显示。仅在参考定位扫描功能因某种原因无法使用时使用 **SAVE** 功能。

批量检测

单击该按钮把刚才设定参考线的检测加入到检测队列中。可以设定多个检测，随后在退出程序后，这些检测会依次进行。在将检测工作安排到通道后，会有信息提示您检测的工作编号。

可以将多个样品放置在一个样品容器内。请注意，如果有多个样品，且需要对所有这些样品进行批量模式检测，则需要为每个样品设定相应的编号/名称（**Number/Name**），之后，才能够单击 **BATCH MEASUREMENT** 按钮。可以通过单击 **OTHER...**或 **NEW...**对样品进行修改。



警告！ 如果需要针对不同的检测使用不同的控制文件，则需要重新进行定位扫描！

确认

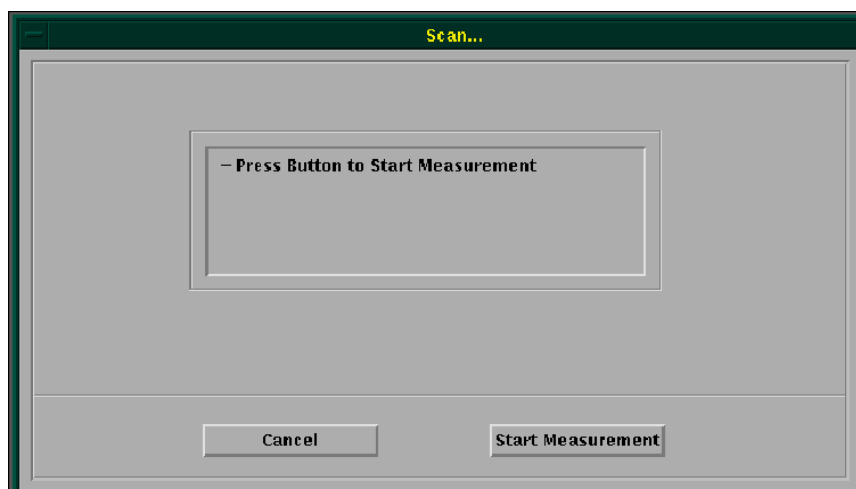
在按照描述（见第 17 页）将参考线定位完成后，单击 **OK** 按钮开始交互式检测（如果已经启动了一个批量检测，则无需执行此操作）。如果这是该样品的首次定位扫描，则该按钮还能够将定位扫描保存到磁盘。

取消

如果在输入中发现错误（例如，检测规程错误，样品错误等），或定位扫描无法使用且需要重新放置样品，则可以使用该功能返回程序主页。纠正错误并重新开始定位扫描。

检测

单击 SCAN...按钮，出现以下窗口：



开始检测

使用鼠标左键单击 **START MEASUREMENT** 按钮。计算机系统首先分配检测所需要的磁盘空间，随后开始检测参考强度（IO）并继续逐一检测。检测的原始数据（窦腔 X 线照相）连续出现，最近一次检测情况总是全面显示在右上角。

取消

见定位扫描的取消（见第 19 页）。

概述

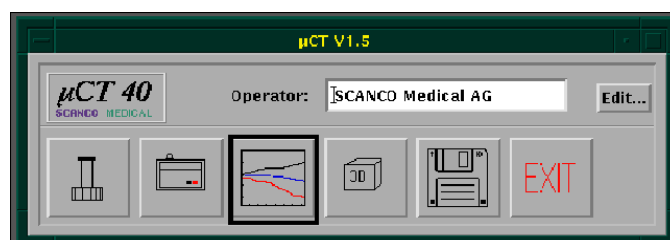
二维和三维组织形态检测既可以分析矩形/立方体等规则感兴趣区，也可以分析任何不规则形状的感兴趣区域/容积。感兴趣区域/容积是由一组图形对象（GOBJs）定义的，它可以是轮廓或几何对象，如矩形或椭圆形。

感兴趣区域/容积需要采用基于断层的方法绘制。三维图形既可以通过在所有连续的断层上绘制对象确定，也可以通过在任意两个断层之间创建一个“外壳”（插入中间断层，渐变）来确定。

定义好的感兴趣区域/容积储存在磁盘，并可以在重新加载检测数据时进行重新加载。稍后即可对完全相同的感兴趣容积进行重新分析。

启动分析程序

在操作人员字段输入操作人员的名字（见第 12 页）并使用鼠标左键单击主程序中带有分析符号的按钮。



概述

使用分析程序，可以执行以下操作：

- 查看图像
 - 查看/放大（缩放）
 - 文件化（打印）
 - 转换（EPS, TIFF）
 - 距离检测
 - 查看轮廓（各条线之间的线性衰减系数）
 - 检查光标处的线性衰减系数
- 分析感兴趣容积（感兴趣区域，二维）
 - 不同形状的感兴趣区域（矩形，椭圆形，轮廓）
 - 分析感兴趣区域（衰减系数，检测区域）
- 组织形态检测分析（二维和三维）
 - 进行二维组织形态检测分析
 - 创建三维显示/动画/三维-Histo 数据



图 8. 分析概览

1. **绘制符号 (图标框):** 通过单击这些符号, 对绘制功能进行选择。这些功能仅在输入区域 2 中输入或单击时有效。
2. **绘制区域:** 在该区域中, 显示正在处理的图像 (当前图像)。当光标移动到该区域时, 在按下并/或按住鼠标左键后, 在区域 1 中选定的绘制功能即可生效。
3. **概览区域:** 在该区域中, 显示特定编号的断层图像: 用鼠标左键单击该区域中的一个图像, 该图像将成为当前图像, 并在区域 2 中放大显示。
4. **黑色&白色/彩色色标:** 在该区域中单击鼠标左键来改变颜色。通过反复单击鼠标左键, 可以返回到最初的黑白显示模式。
5. **图像选择区域:** 移动光标到该区域, 单击鼠标左键, 选定的图像显示在区域 2 中。也可以使用键盘输入一个断层号码, 或通过单击箭头逐个选择其他图像。
6. **二维分析信息:** 信息窗口, 显示光标位置的坐标, ROI 的大小以及距离, 密度和面积计算。
7. **选择分析方法:** 打印, 二维/三维组织形态检测, 三维距离检测。
8. **密度标度:** 在该按钮上单击鼠标左键, 所有图像将重新加载。重新加载后, 所有图像都会以固定的密度标度显示, 从而使您能够对密度值进行目测比较。要返回到原来的显示 (所有图像都以最大可能的亮度显示), 再次单击按钮。



警告! 此操作不影响分析, 仅对屏幕显示产生影响!

选择样品和检测

选择没有存档的检测

开始分析程序后进行检测时，显示如下输入窗口：

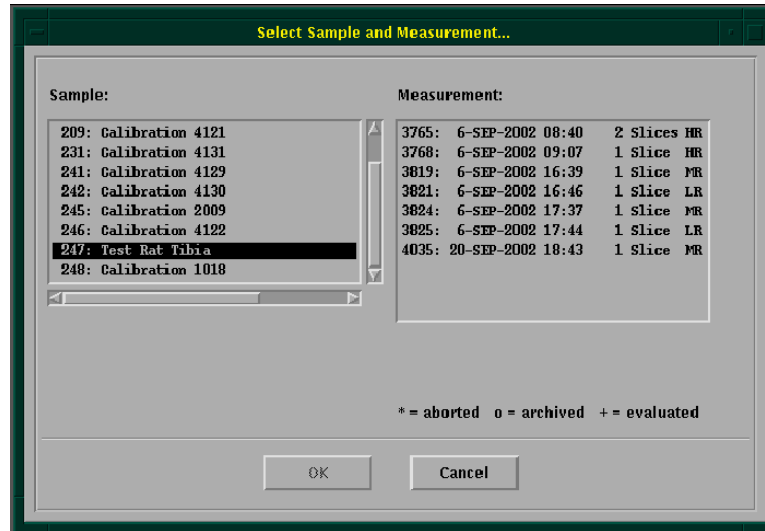


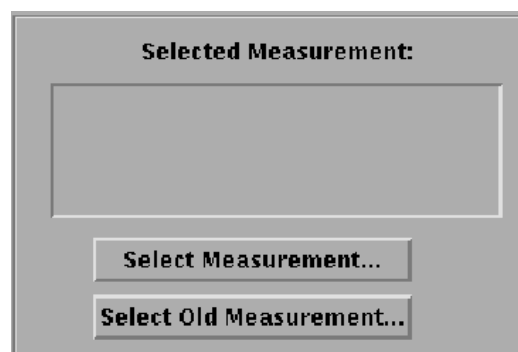
图 9. 分析：选择样品和检测

在左侧，您可以看到所有没有存档的检测。用鼠标左键单击需要的样品，该样品的所有检测都会显示在右侧。在单击一个检测并使用 **OK** 按钮确认后，所有属于该检测的图像都会被加载并显示在该屏幕上。

如果稍后需要选择其它检测，在主窗口单击 **SELECT MEASUREMENT...**按钮。

选择已存档（保存）的检测

如果希望选择一个已经存档的检测，则使用按钮 **CANCEL** 中断以上步骤，并在主窗口选择 **SELECT OLD MEASUREMENT...**按钮：



输入样品名称或编号，见第 12 页的“样品名称或编号的输入”。图 7-2 输入窗口再次出现。单击样品和上述检测。随后要求您在光驱中放入带有存档图像的相应的光盘。



警告! 如果将数据保存到了磁带中，则首先必须将数据恢复到硬盘，之后才能对其重新分析。

缩放

如果需要纠正轮廓 (contour)，或绘制 mask，可以对屏幕进行局部放大。如欲执行此操作，则单击菜单上的 ZOOM 并在子菜单 (ZOOM 2x to ZOOM 20x) 选择放大因数。在当前图像中，会显示出一个绿色框，显示将要放大的屏幕部分，可以通过鼠标移动。用鼠标左键单击，所显示部分将会放大。如果希望使另一部分放大，则再次选择菜单中的 ZOOM 以及其后的选项。通过 ZOOM RESET，可以返回到正常显示屏幕。

使用 SHOW FULL SIZE 打开一个窗口，显示完整的 1024x1024 像素的分辨率。单击 CANCEL 将其关闭。

密度标度

通常，所有图像都以最大亮度显示。这样就妨碍了对骨骼值的目测比对。通过单击色标上部的按钮，图像将以统一的标准进行显示 (固定标度)：

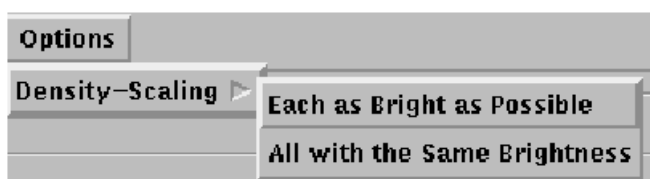


最大

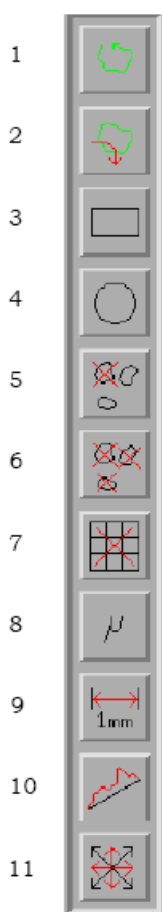


标准

可以使用菜单 OPTIONS 对相同的效果存档：



设定 ROI 或 VOI



绘制图标

通过单击旁边显示的按钮，可以：

1. 绘制轮廓：在 **counter clockwise**（逆时针）方向上绘制轮廓。所有轮廓都是自动闭合的！
2. 修改：要修改的轮廓（与绘制轮廓）必须在两个位置交叉。这两个交叉点之间的部分将由一个新的轮廓替代。（逆时针为轮廓绘制方向！）
3. 绘制矩形/方形。
4. 绘制椭圆形/圆形。
5. 删除对象：删除当前图像的一个轮廓/矩形/椭圆形。
6. 删除所有对象：删除当前图像的所有轮廓/矩形/椭圆形。
7. 删除所有图像的对象：删除所有图像的所有轮廓/矩形/椭圆形。
8. 显示光标位置的衰减系数。
9. 距离测量。
10. 显示侧面剖面。
11. 移动（鼠标左键）/缩放（鼠标中键）对象

图 10. 绘制图标

绘制对象

通过单击相应的区域或输入其编号选择需要绘制轮廓的断层。

随后，单击绘制选项中的一个（**CONTOUR**，**CIRCLE/ELLIPSE**，或 **SQUARE/RECTANGLE** 按钮，按钮 1，3 或 4）。

通过单击按钮 1 并托拽/绘制（按下鼠标左键），显示出对象。



警告！ 可以同时按住 **SHIFT**/鼠标左键绘制圆形/正方形。不使用 **SHIFT** 键，可以绘制椭圆形/矩形。



警告! 绘制轮廓必须按照逆时针顺序执行!

修改轮廓

可以通过单击按钮 2 对轮廓进行修改。随后，绘制所要修改的轮廓。必须保持绘制方向的一致（逆时针）。原来的轮廓（与绘制轮廓）必须至少有两次交叉。第一次和最后一次交叉之间的部分将被新的绘图代替。

移动/缩放对象

通过单击按钮 11 可以选择缩放/移动模式。可以通过将光标移动到八个手柄中的一个上，抓住对象。

通过单击并按住鼠标左键，可以移动对象。

通过单击并按住鼠标中键，可以缩放对象。



警告! 通过同时按住 **SHIFT/MB2**，可以执行条件缩放，即水平和垂直方向上的比例因子相等。

选择对象

单击 Move/Scale 按钮（11）。随后通过反复按下 **SHIFT/鼠标左键** 来选择需要选择的每个对象。

通过使用 **ALT/鼠标左键**，可以选择一个断层的所有对象。

删除图形对象

通过单击按钮 5，可以删除一个单一对象。使用鼠标左键触击需要删除的对象。

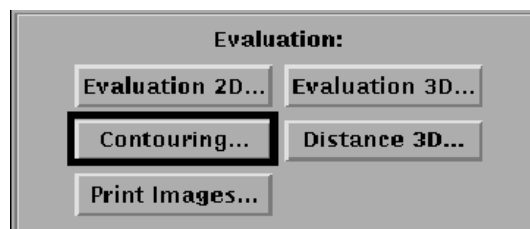
单击按钮 6，可以删除当前激活断层的所有对象。

单击按钮 7，可以删除所有打点（dottiest）的全部图形对象。

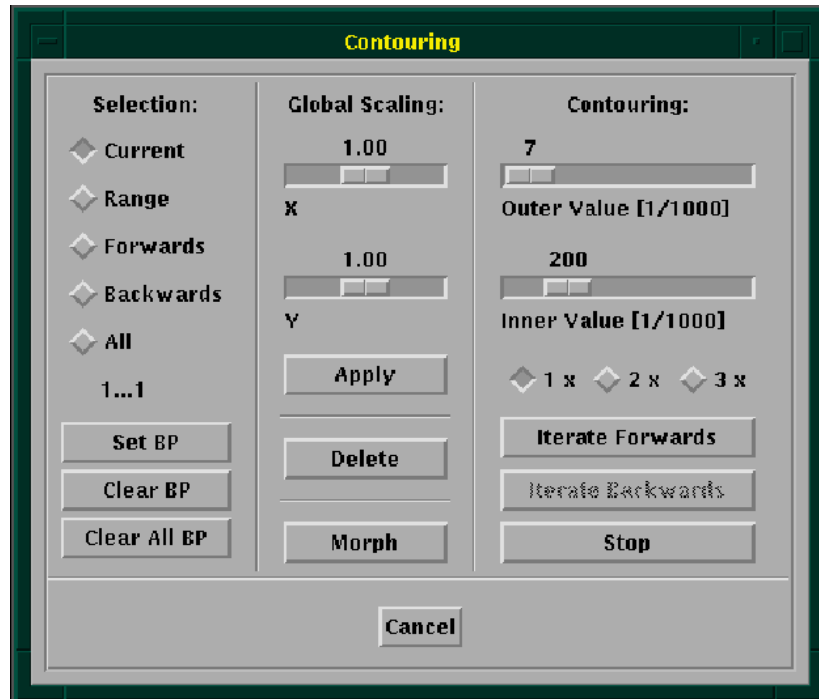
创建容积

在所有断层上绘制对象非常费时。如欲创建容积，可以通过以下方法快速得出结果。

单击按钮 **CONTOURING...**。



显示出以下窗口：



范围选择

在 **RANGE** 上执行以下操作。通过单击以下选项之一可以选择范围：

- 当前：仅主窗口中的图像
- 范围：范围的开始和结束是由 **Reference slices**（参考断层）（绿色的对象）和 **BPs**（**BreakPoints**（断点））设定的。
- 向前：范围从当前断层开始，向前扩展
- 向后：范围从当前断层开始，向后扩展
- 所有：整个容积

受影响的断层数现显示在范围选项的下部（例如，17..34）

Brakepoints (BP)

如果在范围选择中选择了 **RANGE**，则范围由 **brakepoints** 所确定。任何含有手绘对象的断层都为参考断层（或 **BP**）。断层 1 和容积的最后一个断层也视为 **BP**。

可以根据要求获取足够多的 **BP**。随后将全部容积分成不同的范围，每个都从一个 **BP** 扩展到下一个 **BP**。通过单击范围中的任一断层选择范围。

可以通过单击 SET BP 按钮对需要作为参考断层的任一断层进行修改；可以通过单击 CLEAR BP 按钮，将参考断层从 BP 列表中移除；通过单击 CLEAR ALL BP 按钮，对所有 BP 进行重置。



警告！ 范围从前面的 BP (不包括在范围内) 扩展到下一个 BP (包括!)

Global scaling

通过对范围，X-和 Y-比例因子进行设置，随后单击 APPLY 按钮，对选定范围内的对象进行缩放比例设定。

删除

设置范围后，通过单击 DELETE 按钮删除范围内的对象。

Morphing

如欲创建一个 VOI，则可以“morph”或 extrude 两个参考断层间的所缺少的对象。该程序在其中插入断层。如欲创建复杂的形状，则在不同的范围间重复 morphing 步骤。手绘轮廓会自动认做 BP，但需要使用 SET BP，CLEAR BP 以及 RANGE 功能修改目标范围。



警告！ Morphing 仅发生在匹配数目的参考断层之间。如果在第一个断层中有两个轮廓对象，则在您的范围的最后断层中也需要两个轮廓对象。

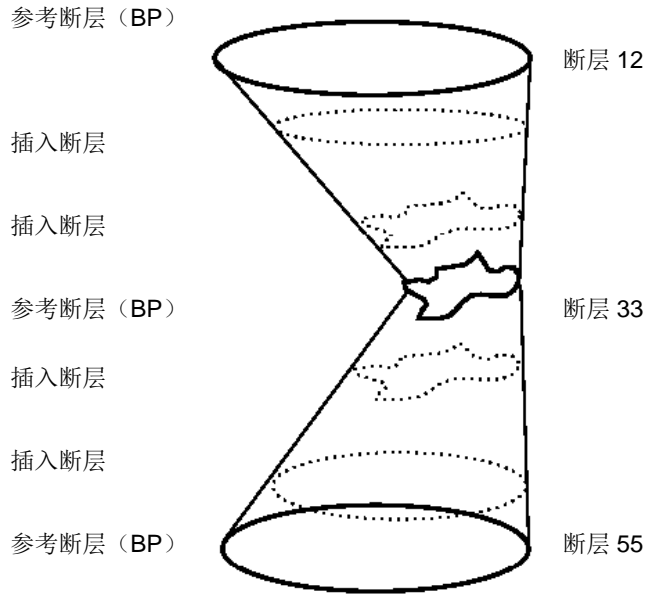
扩展 3D 形状的快速指导

1. 单击包括在 VOI 中的第一个断层
2. 绘制对象（手绘或几何图形）
3. 单击包括在 VOI 中的最后一个断层
4. 在该断层中绘制新的对象
5. 打开 Conrouing 菜单，如上所述（CONTOURING...）
6. 单击 RANGE（选定所选择断层中的 VOI）
7. 单击 MORPH（对所选择断层中的形进行扩展）
8. 单击 CANCEL（关闭轮廓（Conrouing）对话框）
9. 按照前面所述，进行 2D 或 3D 分析

提示：Morphing 过程中向前推动断层，范围/BP-系统会自动选择正确的范围。

以下为如何创建一个复杂 3D 形状的实例：

要创建以下 VOI，则需要对 3 个参考断层进行定义：



自动轮廓

在您绘制了一个对象后，其形状可以自动适配到骨骼表面。开始的对象（手绘的轮廓）应该与骨骼形状大体匹配。

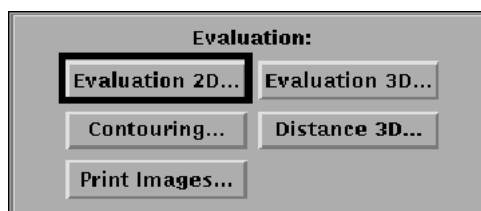
如欲启动自动轮廓，则单击按钮 ITERATE FORWARDS 或 ITERATE BACKWARDS。结果可能受到以下因素的影响：

1. 开始的对象：手绘的对象与实际轮廓越接近，适配效果越好。
2. INNER VALUE 值应该设定为骨骼的近似值（见 2D/3D 分析中的阈值设置）
3. OUTER VALUE 值应该设置为软组织的近似值（见 2D/3D 分析中的阈值设置）
4. 反复的次数：通常 ITERATION 1x 已经足以完成。如果骨骼形状变化过快，则选择 2x 或 3x。

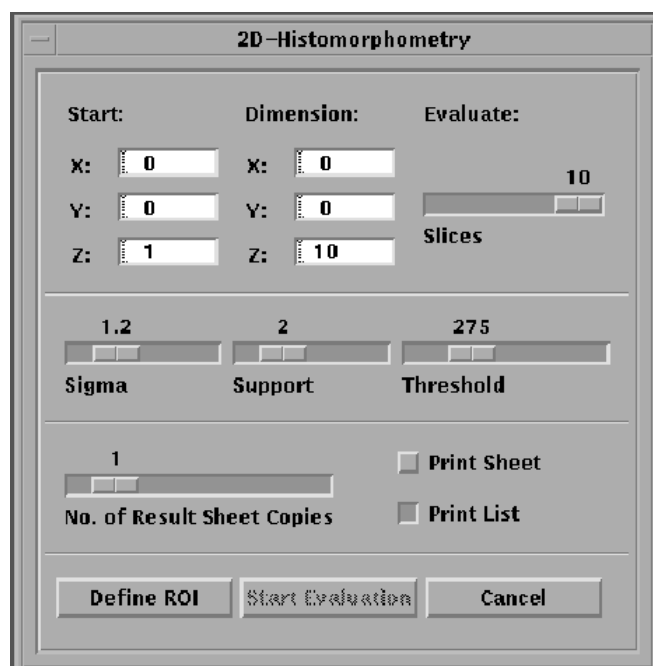
如果选择了 FORWARDS 或 BACKWARDS 范围，程序会在完成当前断层的轮廓后，自动移动到下一个断层。

2D 分析

使用鼠标左键单击 EVALUATION 2D... 按钮。



在右下角显示以下窗口：



ROI 选择

如果此前绘制过对象，则在所有对象周围都会出现一个白色边界框。如果此前没有绘制过任何轮廓，则一个缺省尺寸的框出现在图像的中部。边界框对分析的有效区域进行了限定。

可以通过使用鼠标左键单击（并拖动）其中一个选择点移动 ROI，或者通过使用鼠标中键单击其中一个选择点重新设定大小。

也可以通过使用键盘直接输入坐标和尺寸来设置或调节 ROI 的定位或大小。

另外，可以选择所要进行分析的断层的数量。使用滑块 SLICES，设定分析断层的数量。使用 START Z 和 DIM Z 可以选择分析范围。2D 分析开始于断层 START Z，并继续到断层 START Z+DIM Z，所有分析断层将平均分布。



警告！ 如果设置 SLICES 为 1，则无论您将 DIM Z 设置为多大，都只能对第一个断层进行处理。

分割

使用标度 SIGMA，SUPPORT 和 THRESHOLD，可以改变分割参数。一旦您找到最适合的最优化设置，可持续使用，进行一系列的分析。

打印

设置打印参数。将 NUMBER OF COPIES 设置为每个结果单所要打印的张数。选择按钮 PRINT LIST 或 PRINT SHEET 设置结果单输出格式。PRINT LIST 将为所有的经过处理的断层（包括所有断层的平均值）生成一个摘要报告（摘要报告的文件名称为 HISTO_2D_xxx.DAT，此处 xxx 代表检测编号。文件位于名为 UCT_HISTO_RESULTS 的目录下，见附录）。

PRINT SHEET 为每个断层生成一张单独的表单，显示主图像和 2D 组织形态检测值。记住这些表单占用空间非常大，如果对所有检测断层（200 个或以上）进行处理，它们有可能装满您的硬盘。

开始分析

检查所有设置无误后，则单击 START EVALUATION。



警告!

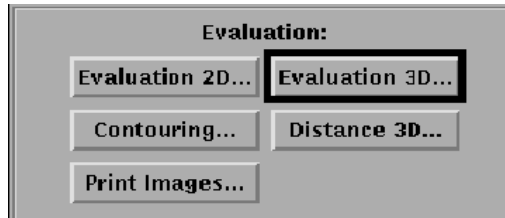
分析仅会在以下两个位置上进行:

- a) 您的对象/轮廓（绿色/红色）
- b) 边界框（白色）

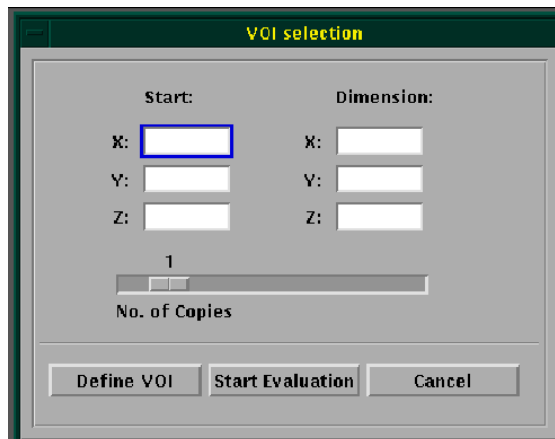
以缺省大小显示的边界框包括了所有对象，不会对 ROI/VOI 进行进一步的限制。

3D 分析

用鼠标左键单击 EVALUATION 3D...按钮:



在右下角显示以下窗口:



定义 VOI

如果此前已经绘制过任何对象，则一个涵盖了所有对象的白色边界框将显示在屏幕上。如果此前没有绘制过任何轮廓，则将在图像中部显示出一个缺省大小的框。边界框对分析的有效区域进行了限定。

可以使用鼠标左键单击（并拖动）其中一个选择点来移动 VOI，或者也可以通过使用鼠标中键单击其中一个选择点重新设定其大小。

也可以通过使用键盘直接输入坐标/尺寸来定义或调节 VOI。

分割

见下文中有有关更改分析参数的说明。

开始分析

绿色/红色对象显示用于 3D 分析的容积，在此，白圈代表用于 3D-MIL-分析（无法继续通过缺省执行分析原件内容）中的 VOI（半球）。

VOI 通过白色边界框进行进一步的限定。白色边界框的内部的容积将被写入磁盘。边界框外的一切容积既不会接受分析，也不会以 3D 显示。

如果已经得到 VOI，则单击 START EVALUATION，分析会立即以批处理方式开始进行（这意味着此时可以退出程序或开始第二个分析）。



分析仅会在以下两个位置上进行：

警告！

a) 对象/轮廓（绿色/红色）

b) 边界框（白色）

以缺省大小显示的边界框包括了所有对象，不会对 ROI/VOI 进行进一步的限制。

更改分析参数

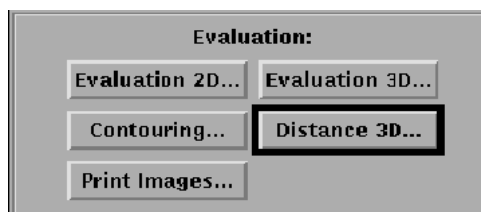
有经验的用户都可以通过修改命令，对 3D 分析程序进行修改（例如，为分割进行阈值水平的更改，或为结果单上的 3D 图像更改查看参数）

(MICROCT. MAIN) UCT_EVALUATION_V4.COM

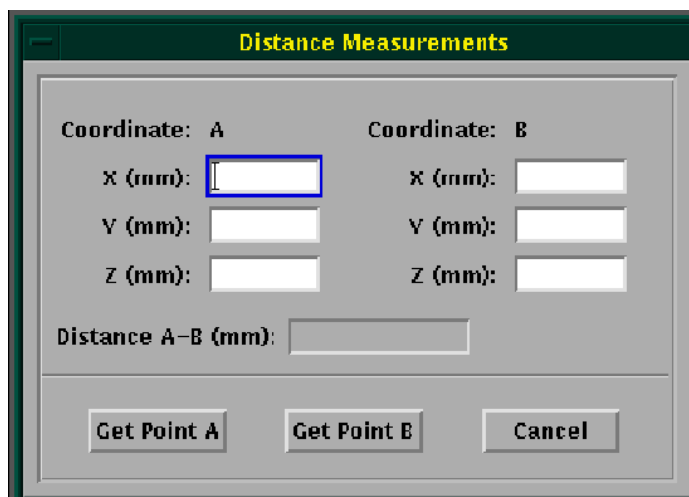
有关此操作，见附录（“Modifying UCT_EVALUATION”，第 77 页）

3D 距离

用鼠标左键单击 DISTANCE 3D...按钮：



显示以下窗口：



选择第一个需要标记的断层 (slice)。随后使用鼠标左键单击 **GET POINT A** 并将光标移动到主窗口。在移动光标时，A 点处显示其坐标值。用鼠标左键单击，确定 A 点位置。

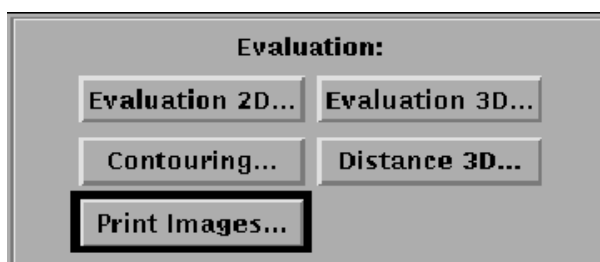
采用相同的方法选择坐标点 B。也可以使用键盘手工输入坐标。

每次在单击主窗口或使用键盘输入坐标时，A 点到 B 点之间的距离都会显示在窗口中。两个绿色标记指示该位置。

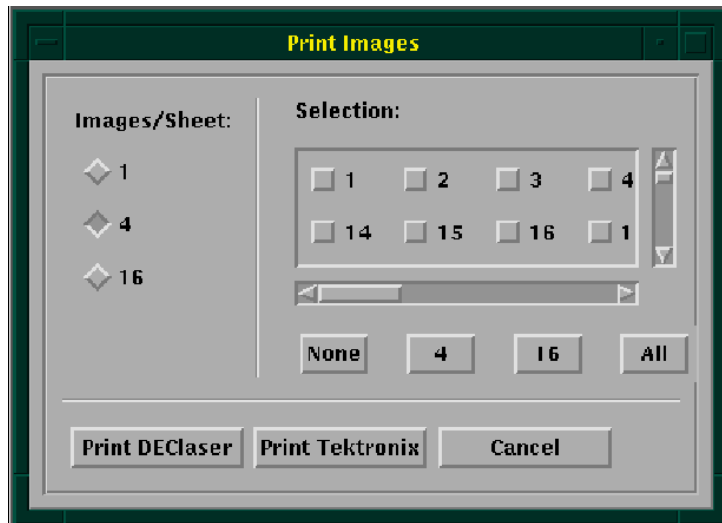
单击 **CANCEL** 按钮停止 3D 距离检测。

打印图像

使用鼠标左键单击 **PRINT IMAGES...** 按钮。



显示以下输入窗口：



使用左侧的触发按钮可以选择在每张结果单上需要打印的图像数量。每张打印出来的图像尺寸取决于该值。

随后，使用鼠标左键单击带有相应编号的按钮选择需要打印的图像。

如果按下按钮 4 或 16，无论选定 4 还是 16，同样都会显示所有断层数。

选择按钮 ALL 将选择所有图像，而按钮 NONE 将清除所有选择。

使用 PRINT DEClaser 确认选择。图像将在几分钟后显示出来。

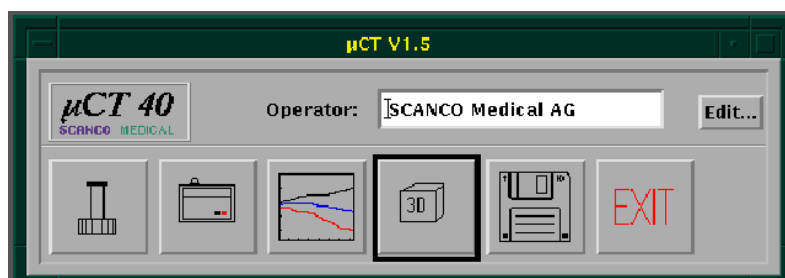
如果设定了彩色打印机，则需要通过单击 PRINT Tektronix 按钮在该打印机上进行打印。



警告! 在所有打印任务接收完毕之前，不要关闭计算机 (SHUTDOWN)!

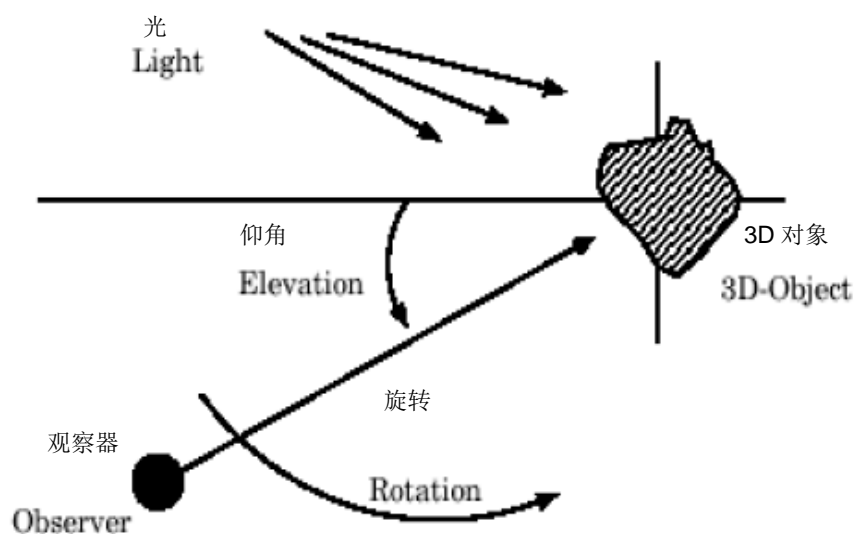
开始 3D 显示程序

在操作人员字段中输入名字（见第 12 页）并用鼠标左键单击带有 3D 符号的按钮。



3D 场景概要

3D 屏幕如下：



在屏幕中，通过移动一个观察器观察位于原来位置的对象。该观察器处于一个特定的仰角（角度）位置，可以从上，下或垂直角度观察对象。它也可围绕对象旋转移动，该参数以旋转角度表示。

光源的位置取决于观察器的位置。如果观察器移动，光源也随之移动。标准值（与观察器角度）为高 20°，右 20°。

如果改动观察值（perspective），则意味着拉近或拉开观察器与对象的距离。

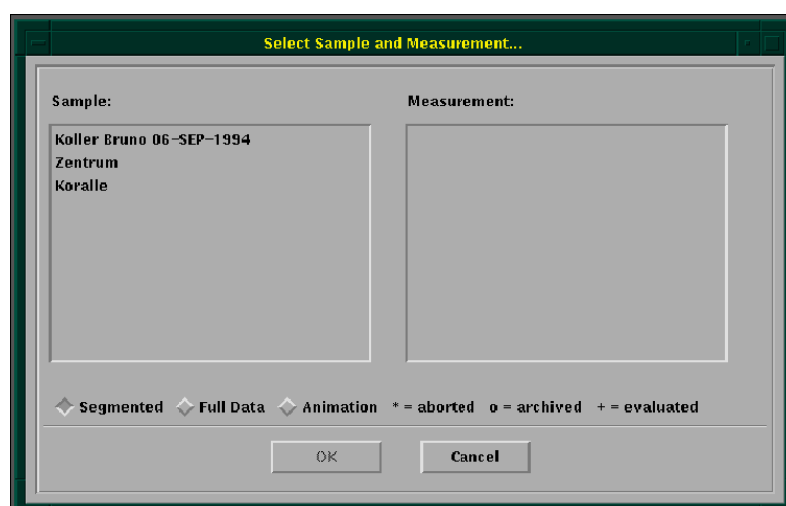
操作模式

通过在样品选择框中选择数据类型来选择操作模式：

- 交互式计算模式（SEGMENTED，FULL DATA）
- 预先计算好的查看的动画模式（ANIMATION）

选择样品和检测

开始程序，选择窗口会自动显示。如果在显示出第一个样品后，需要选择其它样品，则单击菜单 FILE，随后单击 OPEN...。显示以下窗口：



首先，通过单击 SEGMENTED，FULL DATA 或 ANIMATION 选择数据类型。随后单击需要显示的样品。如果有相符的相应类型的数据，则会显示在右侧。单击需要显示的检测。单击 OK 确认加载数据。

如欲显示数据，则在屏幕左下角单击 START 按钮。

开始/停止

单击 START 按钮开始 3D 屏幕的计算。单击 STOP 按钮来中止计算。



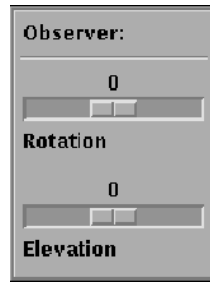
同样，也可以通过单击鼠标左键进入主窗口来开始/停止计算和显示。

在 ANIMATION 模式中，开始/停止动画。

视觉效果

观察器

通过更改观察器的 ROTATION 和 ELEVATION，可以更改观察对象的角度。

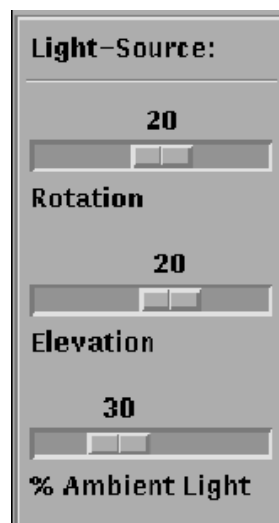


同样，也可以使用鼠标左键单击进入主窗口，上下移动光标，可以更改 ELEVATION 值，左右移动光标，更改 ROTATION 值。放开鼠标左键，计算开始。

如果在迭代观察时单击鼠标左键，迭代中断，此时可通过单击并拖动鼠标左键改变观察器设置。

光源

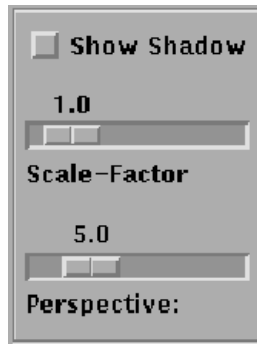
通过改变光源的 ROTATION 和 ELEVATION 值，可以改变对象的阴影效果。这些值相对于观察器的位置设置。



滑块 AMBIENT LIGHT 的值影响对象的阴影，其中 0%代表仅为直接光源，100%代表仅为环境光源。中间值为两种光源类型的混合。

其它效果

通过改变 **SCALE-FACTOR** 值，可以放大或缩小对象。滑块 **PERSPECTIVE** 可以改变视觉效果，使您仿佛象靠近或远离对象。此处比例修改不影响对象大小。

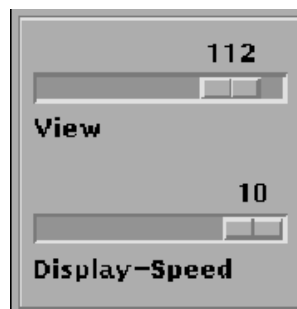


鼠标中键比例调整窗口

触发按钮 **SHOW SHADOWS** 选择与否，可以对是否显示阴影进行设定。

动画模式的显示选项

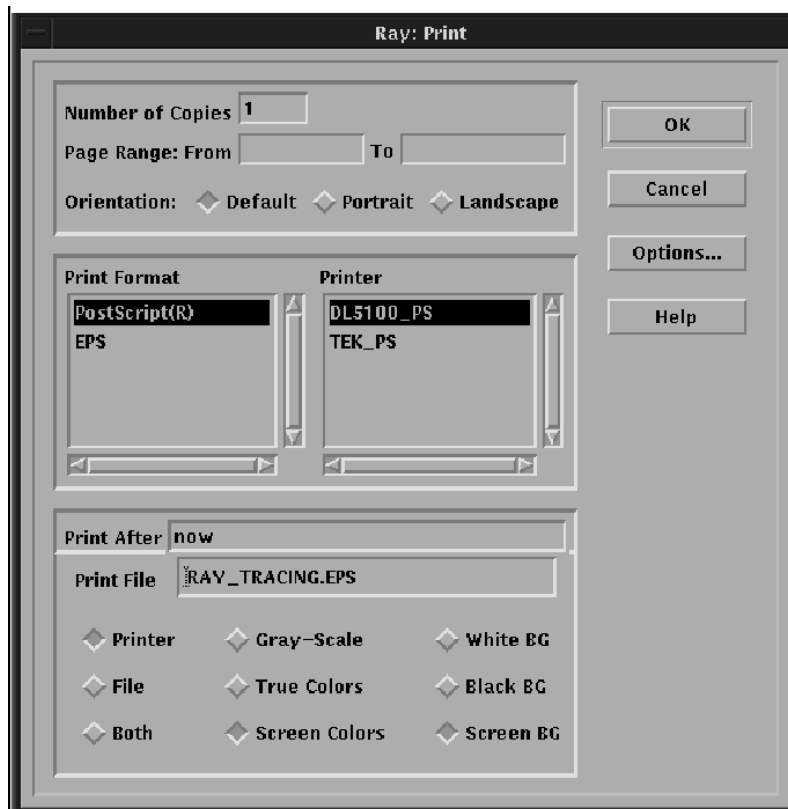
如果选择动画模式，则以上效果无法设置。在该模式中，可以通过单击相应滑块改变动画速度和选择查看。



3D 图像场景打印

在屏幕上显示出 3D 图像后,可以打印包含丰富数据和 3D 显示图像的结果单。选择菜单 FILE 和 PRINT...

显示以下窗口:



首先,通过单击 PRINT FORMAT 中其中一个选项选择打印类型: PostScript, EPS 或 TIFF (如果有)。随后选择所连接的打印机以及相应的按钮 PRINTER (打印机), FILE (文件) 或 BOTH (两者)。

输出颜色可以设置为不同的值。为对象选择 GRAY SCALE (灰色色标), TRUE COLORS (真彩色) 或 SCREEN COLORS (屏幕颜色), 为数据背景选择 WHITE BG, BLACK BG 或 SCREEN BG。

随后,按照需要设置 PRINT FILE (打印文件) 并单击 OK。

计算动画 3D 顺序

在 DECterm 窗口键入

```
$ Animation *
```

或者

```
$ Animation xxx, 这里 xxx 是样品编号
```

随后输入其它需要的信息。输入的文件来源于所列出文件,所有其它参数都以缺省方式给出,可以根据要求进行改动。

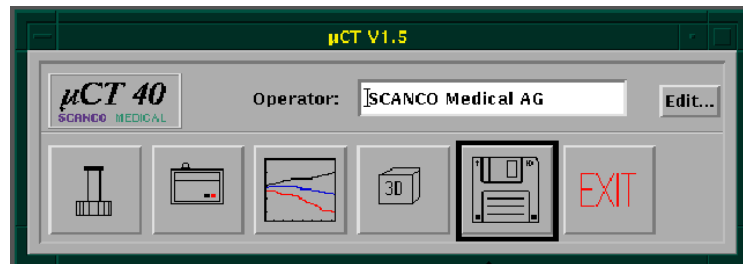
结果得到的动画顺序随后可以使用如上所述的 3D 程序进行显示。

概述

- 将图像存档到光盘或磁带
- 删除检测数据
- 格式化（初始化）
 - 磁盘
 - 光盘
 - 磁带
- 确定磁盘，光盘和磁带的容量（空余空间）
- 将所有数据库和程序备份到光盘或磁带（完全备份）

开始程序

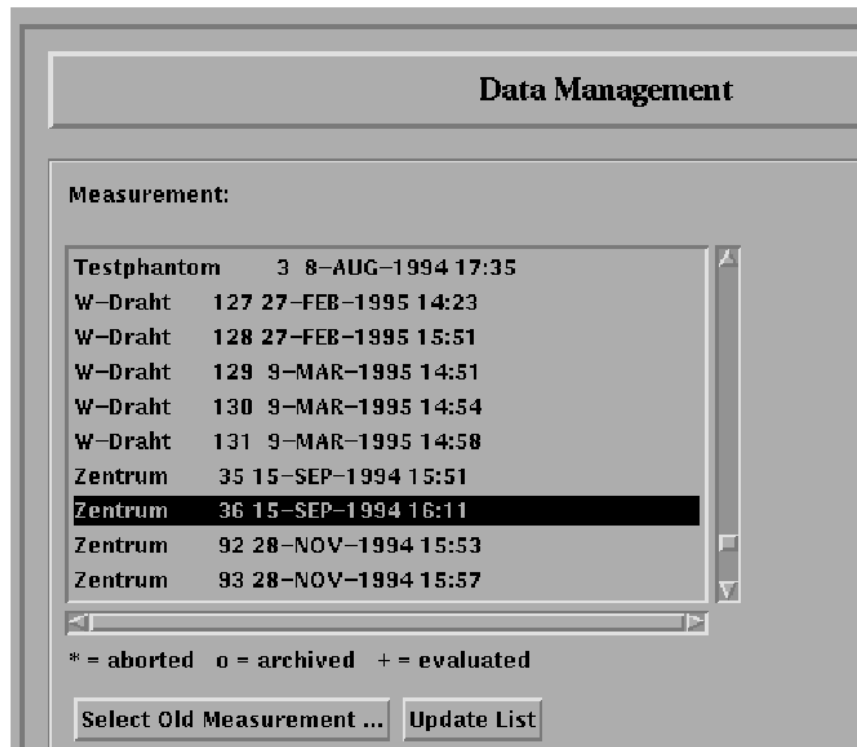
使用鼠标左键单击带磁带符号的按钮：



存档/删除图像

选择检测

窗口的左上角列出了所有样品，包括接受了检测但尚未存档和检测尚未删除的样品：



使用鼠标左键单击选择相应的检测。可以存档或删除检测。

如要将存档的检测还原到本地磁盘中，则单击 **SELECT OLD MEASUREMENT...**，随后将提示输入所需要的样品名称或编号。输入名称或编号，所有该样品的检测都显示出来。通过使用鼠标左键单击选择所需要的检测。

执行拷贝/移动操作后，可以单击 **UPDATE LIST**，由于性能原因，它不会立即执行。

选择文件类型

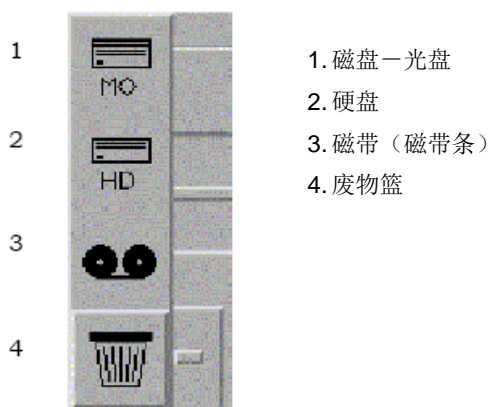
如果选择了检测，则需要选择需要拷贝或移动的文件。单击左侧的按钮 **RAW**（原始数据，*.RSQ）或 **IMA**（图像，*.ISQ, GOBJs, *.=GOBJ 和 VOI, *.AMI）。

根据目标设备不同和选择的 IMA 不同，还需要选择图像，AIM 类型或以下其它操作参数（不包括 RAW，它需要单独处理）进行选择。

选择目标设备

单击 **DEVICE** 按钮，显示所有可供使用的设备列表。

选择相应设备：



由于源文件所处的位置不同，不能对所有设备进行选择，例如，如果文件在硬盘，则不能将硬盘选定为目标设备。

如果需要删除任何检测，则选择废物篮作为目标设备。

如果需要对某些文件存档或拷贝，则选择磁带或 **MO** (磁盘-光盘) 设备。

选择拷贝/移动操作

如果选择 **COPY** 操作，则文件会被拷贝到目标设备，但原文件依然存在，且数据库依然指向该原文件。

如果选择 **MOVE**，则原来的文件会在成功拷贝后被删除，且数据库指向新的位置。

如果需要删除任何检测数据，则选择 **MOVE** 和 **WASTE BASKET**。如果拷贝的数据不在硬盘上（原来的文件依然在磁带或 **MO** 上），则 **COPY** 首先会被删除。如果重新执行这一命令，则数据库所指向的数据（例如 **MO** 磁盘）将被删除，随后数据库会进行更新。

日常操作常规指导

Archiving (存档):	使用 MOVE 到磁带
Restore (恢复):	使用 COPY 到硬盘 (从磁带)

启动移动/拷贝功能

如果您的目标设备是硬盘或光盘，则仅需单击 **START...** 按钮执行所需要的功能。如果目标设备是磁带，则首先需要手工安装相应的磁带，见第 45 页的“安装/取下”。

确认后，所选定检测的图像会被拷贝/移动到目标设备。如果随后需要再次查看这些图像（在分析程序中），则会提示插入相应的光盘。如果将图像储存在磁带上，则需要首先对其拷贝或将其从磁带移动到磁盘而后对其进行分析。

备份

在某些情况下，硬盘可能会损坏，从而导致样品数据、旧的检测结果或进行定位扫描无法再次读取。此类故障非常罕见，但一旦发生会对后面的试验研究带来不可估量的损失，因为前面的检测结果将再也无法读取。

因此，需要经常对数据库进行拷贝（数据安全），最好每周一次。

可以将数据备份到光盘或磁带。

如果使用磁带驱动器，可以向同一磁带中添加很多备份。

需要使用光盘或磁带专门对其进行保留。

使用光盘，一周使用 A 面，下一周使用 B 面，从而确保随时都有两个拷贝！

使用磁带，建议采用两个磁带进行交替使用。



警告！ 为执行此操作使用新的光盘。只能使用不带标签的新磁盘和带有 **BACKUP** 标签的已经初始化的磁盘。

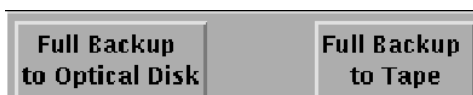
新的磁带需要进行初始化（设置六个字母长度的标签名称）



警告！ 不要在同一个房间里储存备份磁盘或磁带，最好不在同一建筑物内（注意火灾或水灾危险等！）

开始备份程序前，应该中断所有其它程序操作（如检测程序，分析程序等）。否则，有些文件可能会为那些应用程序锁定从而无法保存。

如欲开始备份操作，则插入光盘或磁带并单击 **FULL BACKUP TO OPTICAL DISK** 或 **FULL BACKUP TO TAPE** 按钮：



随后确认是否已经插入相应的磁盘或磁带。至此就完成了数据库和程序的安全拷贝。



警告! 执行此操作, 光盘上之前的所有内容将被覆盖, 即删除。决不能将样品磁盘作为备份磁盘使用!

设备信息

Disk Information

Harddisk:	mounted
Free (MB):	5.09
Free Slices (RAW+IMA):	1

Optical Disk:	mounted as BA001
Free (MB):	8.97
Free Slices (RAW+IMA):	2

Buttons: About, Dismount, Initialize...

Tape:	
-------	--

Buttons: About, Dismount, Initialize...

Floppy-Disk:	
Free (MB):	
Sample:	

Buttons: Mount, Dismount, Initialize...

初始化

第一次使用时，所有存储介质（数据载体）都必须初始化（格式化）。在执行此操作时，每个磁带，磁盘或光盘都要添加一个标签。

光盘在第一次使用时必须初始化。**建议对新的包装，应该立即对所有磁盘的两面都进行初始化**（这样，在随后的操作中，就不至于将已经写入数据的磁盘误初始化了）。向每面添加连续编号的名称（例如 UCT001，UCT002，UCT003...）。该名称不能包含空格或特殊字符，且限定长度为 15 个字符。

对磁带也要执行以上操作，但磁带是只有一面可供使用的介质，标签长度限定为 6 个字符。



警告！ 初始化时，所有储存在于介质上的数据都将丢失！

安装/取下

磁盘，磁带或光盘使用前，必须首先通过系统安装（使用户可以对其访问），使用后，需要将其取下。程序可以对光盘自动执行此操作，但由于性能原因，对于磁带仅能依靠手工进行操作。

如果需要检查光盘上还能容得下多少个检测数量，或磁盘的名称，则需要通过单击 MOUNT 按钮安装磁盘。磁盘名称出现在“mounted”旁边，例如，“Mounted as UCT001”。剩余容量 MB 和相应数量的断层及原始数据显示出来（以高分辨率模式的图像计算的）。最后，必须将光盘再次取下。

- 无法检查磁带上的剩余空间。

10 基于 DECterm 的程序

常规指导

要运行以下程序，需要直接在机器上或通过网络（远程连接，登录远程主机，设置主机等）访问终端窗口。

可以通过键入快捷命令（或符号）启动程序。下表概述了程序的名称，功能以及位置。

符号/命令	程序名称/位置	功能
\$ R UCT_RECONSTRUCTION	UM:FAN_RECONSTRUCTION.EXE	2D-Slice-Reconstruction
\$ ANIMATION	UM:ANIMATION.COM	Create Animation File
\$ IPL	UM:IPL_SCANCO_M.EXE	3D-Segmentation / MIL Calculation
\$ UCT_THREEDEE_BATCH	UM:UCT_RAY_BATCH.EXE	Program to print 3D-Result-sheet
\$ UCT_LIST	UM:UCT_LIST.EXE	DB-Query (3D-Histo)
\$ WRITE_INFO	UM:UCT_WRITE_INFO.EXE	DB-Query (Sample-Info)

2D 重建

如果出于任何原因（例如，磁盘空间不足）断层重建无法完成，或 2D 断层数据已经损坏（*.ISQ），但在某处还有原始数据（*.RSQ），则可以使用此程序重建丢失的断层。该程序没有快捷命令。使用以下命令启动程序：

```
$ RUN UCT_RECONSTRUCTION
Raw-Data-File:
DISK3:[BRUNO.DATA.00000033.00000680]C0000372.RSQ
SliceSelection: N (1 slice) or N:M (from:to) or A (all)
SliceNr. [0...222] (Neg. to stop):17:34
```

首先需要给出输出文件名称，即*.RSQfile。随后，确定哪个或多少断层需要重建。可以给出以下值：

- A 重建所有断层
- N 输入一个值，随后该断层将被重建，将会对您再次询问。如欲结束程序，则输入一个负值。
- N:M 重建一个范围（从断层 n 到 m），例如输入 5:19。



警告！ 在终端的多数程序从位于 0 的断层开始计数，而标准用户程序是从断层 1 开始计数的。因此有时需要调整计数断层位置。

IPL (图像处理语言)

该程序用于执行 3D 分割和不同的形态测量学分析，例如 MIL (平均截距长度)，DT (距离转换)，TRI (三角测量)，SMI (结构模型指数) 等。

该程序的概念为：您在内存中使用多个对象进行工作。一个对象通常是一个步骤的输入，而结果将成为下一个对象。您可以删除对象 (仅在内存内部)。

可以从磁盘读取对象，也可以将对象写入磁盘。每个对象都需要给出一个内部名称，如输入，输出，分割或 a, b, c 等。

一旦启动了一个交互模式，您可以执行以下命令。每个命令都有几个自变量，这些自变量通常都有一个缺省值。按下回车键，该值即可输入。如果需要为所有坐标 (x, y 和 z) 输入值，则可以通过一个空间分别给出全部的三个值，也可以仅输入一个值，该值随后应用于所有坐标。如果已经了解了这些自变量命令，则可以为命令提供正确的顺序，例如'gauss in out'，随后按下回车键，要求输入下一个自变量。

IPL 命令可以缩写。按照您的输入搜索程序名称列表，IPL 将获得符合该缩写的第一个命令 (执行'help'，查看列表并搜索命令)。没有'ambiguous command' (不明确的命令) 的警告。



警告! **IPL 仅接受小写输入!**



警告! *在标准分析中 (开始 3D 分析...), IPL 以批量模式进行操作。随后在批量命令文件的最后 IPL 行中的两个点 (..) 将变得非常重要。不要删除或忘记它们! 在 IPL 以'batch mode'启动时，整个字符串都要读取至两个点的位置，随后按顺序执行位于字符串中的命令。*

另外，在交互模式中，IPL 会立即执行命令。如欲退出交互 IPL，则使用'quit'。

帮助

如果键入了 `ipl>'help xxxx'`，则给出所有可供使用的程序或程序的简短的描述。

退出

退出程序

`ipl> quit (or q)`

list

列出所有当前内存中的对象或列出所有的程序，仅能对以 **beginning_with** 起始的条目。

```
ipl> list
-objects          [true] >
-procedures       [false] >
-beginning_with   [] >
```

read

从磁盘读取对象。文件类型应为*.aim。从磁盘读取对象，需要提供一个内部名称。

```
ipl> read
-name             [in] > a
-filename         [default_file_name] > DISK3:[DATA]C0000372.AIM
-type            [aim] >
-uncompress      [true] >
```

aim_read

从磁盘读取 AIM 的快捷命令。文件类型应为*.aim。从磁盘读取对象，需要提供一个内部名称。与 **read** 的功能相同，但 **type** 和 **uncompress** 被定为 **aim** 和 **true**。

```
ipl> aim
-name             [in]> a
-filename         [default_file_name] > DISK3:[DATA]C0000372.AIM
or on one line only:
ipl> aim in DISK3:[DATA]C0000372.AIM
```

isq_to_aim

从磁盘读取.ISQ，并将所请求的感兴趣容积读入内存中，作为目标对象。感兴趣容积是由 **pos**（左上角）和 **dim**（目标对象的尺寸）给出的。

```
ipl> isq
-aim_name        [in] > a
-isq_filename    [default_file_name]>DISK3:[DATA]C0000372.ISQ
-pos            [0 0 0] >150 240 0
-dim            [-1-1-1] >210 210 210
```

write

向磁盘写入一个对象。文件类型应为*.aim。可以使用 **run_length** 或 **binary** 压缩程序对分割的文件进行压缩。缺省为 **binary**，但对于灰度图像，压缩类型只能为内部交换到 **none**。

```
ipl> write
-name            [default_name] > a
-filename        [default_file_name] > DISK3:[DATA]XYZ.AIM
-compress_type   [bin] > r
```

delete

该命令用于删除一个内部对象，即释放内存。

```
ipl> delete
-name           [] > a
```

Examine

使用此命令检查一个对象的不同之处，并将其显示在屏幕上。可能的值为：**geometry**，**histogram**，**statistics**，**number**，**log** 以及 **z_mean_max**（z 轴上的每个断层的平均值和最大值）

```
ipl> examine
-input          [default_name] > a
-item          [geometry] > .

!> dim         504 122 223
!> off         0 0 0
!> pos         266 308 0
.
```

sup_divide

此命令用于将一个对象划分为多个小的对象。此命令在检查仅有完整对象的一小部分或使用小的子对象分割整个对象以释放内存时非常有用。既可以通过输入子量的数量确定子量（**supdim**，在所有方向上）或其像素（**subdim**）的大小。**Suppos** 是在本地坐标中以像素为单位的对象的偏移量。如果该值为-1，则对象将会居中。**Testoff** 用于对诸如磁通量过滤等步骤中的小子对象进行覆盖。如果 **supdim_numbers** 不是原对象尺寸的约数，则一些体素将被丢弃，在 x, y 或 z 方向上至多 **subdim_number** 个体素。

```
ipl> sup_divide
-input          [in] > a
-supdim_numbers [-1-1-1] > 4
-testoff_pixels [0 0 0] > 2
-suppos_pixels_local [-1-1-1] >
-subdim_pixels  [-1-1-1] >
```



注意： 如果计划随后在对象上使用磁通量过滤，则 **testoff** 必须等于在磁通量过滤中的支持数据。

Sub_get

摘选一个与由 **pos** 和 **dim** 所输入的位置和大小相同的子量。标记 **global_pos_flag** 对在输出对象中的 **pos** 是全球位置（由原来的检测给出）还是本地位置进行控制。

```
ipl> sub_get
-input          [in] > a
-output        [sub] > s
-pos           [0 0 0] >10 30 10
-dim           [0 0 0] >120
-global_pos_flag [false] >
```

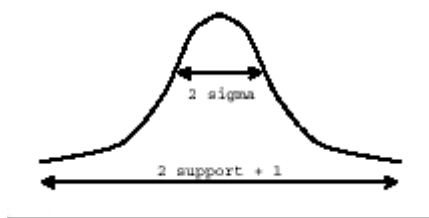
Sub_pick

是 sub_get 的旧的版本，需要前面执行过 sup_divide 才能在坐标方格中输入位置和大小。Subpos_numbers 是在 suppos 坐标方格中的多个位置。

```
ipl> sub_pick
-input          [in] > a
-output         [sub] > s
-subpos_numbers [0 0 0] >
```

gauss_lp

这是对一个对象进行磁通量过滤的命令。可以使用 sigma 和 support 给出过滤的形状。需要为输出对象给出一个内部名称。



```
ipl> gauss
-input          [in] > a
-output         [gauss] > b
-sigma          [1.000000] > 1.2
-support        [2] >
```

threshold

使用此命令，可以对一个对象进行二值化。所有低于 lower_in_perm 和高于 upper_in_range 的体素都将设置为 0 值，其余的（对象）将被给定一个 value_in_range 的值，通常为 127 个。上下限阈值的值给定为 1/1000，包括数据值的整个范围（灰色测量 AIM 为 0 到 32767，对于 char AIM 为 -128 到 127）。

```
ipl> thresh
-input          [gauss] > b
-output         [th] > c
-lower_in_perm  [300] > 220
-upper_in_perm  [1000] >
-value_in_range [127] >
```

gauss_seg and seg_gauss

使用此命令在一个步骤中进行 `gauss` 和 `threshold`。此操作保存了需要存储的内容并减少了计算时间。但您无法访问中介对象。

```
ipl> gauss_seg (or seg)
-input          [in] > a
-output         [seg] > b
-sigma         [1.000000] > 1.2
-support       [2] >
-lower_in_perm [300] > 220
-upper_in_perm [1000] > 1000
-value_in_range [127] >
```

adaptive_threshold

使用此命令，可以找到哪个阈值可以导出最佳的骨骼分节。该程序检查不同阈值上的 `BV/TV` 参数（由 `first_threshold`, `last_threshold` 以及 `nr_steps`）。随后尝试找出发生变化最小的阈值，这被认为是最佳选择。最后，将该值应用于使用 `value_in_range` 作为阈值的输入和写入输出项。

```
ipl> adaptive_thresh
-input          [gauss] > a
-output        [th_adp] > c
-first_threshold [400] > 300
-nr_steps       [30] > 50
-value_in_range [127] >
```

Fff_laplace_hamming

在第二个倒数全部为 0 的情况下，对一个对象进行分割。第二个导数是在傅氏域中通过添加一个 ω^2 滤波器计算出来的，为了清除噪音，同时添加了一个 `Hamming` 滤波器。为了确保高衰减区域作为前台进行分割，向原来的图像添加可变重量 `1 laplace_epsilon`。结果为一个‘漂移’类型的对象，需要再次使用 `norm_max` 规范为“短的”。

可以使用 `Redim_pow2` 同步使用两个复的傅立叶改写将对象改写为一个新的体素大小（`redim_pow2=2->4` 倍于改写）。`Laplace_epsilon` 控制着曲率重量图像，小的正数越高，图像就会表现出更加明显的“轮廓增强”。

`Lp_cut_off_freq` 是低通滤波频率是 `Nyquist` 频率一半的单位中的 `Hamming` 滤波器：0.5 是在 `Nyquist` 临界时可以复制为 0 的滤波器。`Hamming_amp` 是 `Hamming` 滤波器的振幅，最好不要对其缺省值进行改动。

```
ipl> fff_laplace
-input          [in] > in
-output        [1h] > out
-redim_pow2    [0 0 0] >
-laplace_eps   [0.900000] >
-lp_cut_off_freq [0.400000] >
-hamming_amp   [1.000000] >
```

Norm_max

`Norm_max` 需要在 `fft_laplace_hamming` 之后进行添加，以再次转换“漂移”值到“短的”。将输入中的 `max` 设定为所选择输出类型 `type_out`（短的为 32767）的最大可能值，因为所有的值都会超过 `max`。测量从 0 到 `max` 的值是否在适用于输出数据类型的数据范围内。通过 `'examine 1h histo'` 可以对 `fft_laplace` 输出直方图进行查看，同时可以对适用的 `max`

值进行选定，该值通常位于主分布区的上限。**Fft_laplace** 输出的范围对于不同的对象类型可以有很大的不同，这是因为曲率会有很大的不同所造成的。建议对于同一种类型的样品的 **max** 使用相同的值，例如，在一个研究群体中。该值并不是非常重要，因为它高于那些分别被阉化随后用于产生比特图象的值。

```
ipl> norm
-input          [lh] >
-output        [norm] >
-max           [50000.000000] >
-type_out      [short] >
```

gobj_maskaimpeel_ow

使用 **GOBJ**（或 **AIM**-掩模，需要更多的内存和时间）执行一个对象的掩蔽。掩模外的体素设定为 0。**Peel_iter** 给出适用于轮廓的两空间剥离迭代的数量。操作是直接对象上进行的，即将 0 覆盖在其上面。**NB: GOBJ_maskaimpeel_ow** 可以在一个对象上反复使用，但如果使用了较小的 **peel_iter** 数量，则无法对设定为 0 的区域进行恢复，即在尝试不同的 **peel_iters** 时，按照从小到大量数的顺序进行。掩模的相对容量储存在操作记录中，随后可以通过 'examine in log' 进行显示。

```
ipl> gobj_mask
-input_output   [in] >in
-gobj_filename [default_file_name] >U0001977.GOBJ
-peel_iter      [0] >
```

cortex_maskoff

专业功能

将 **GOBJ** 轮廓（例如外部骨骨骼）与皮层分割掩模相混合。得出的 **AIM**-掩模随后成为 **GOBJ** 内部的区域，但不会有皮层，即只有蝶小梁区。输入的是 **GOBJ** 文件和一个能够代表皮层的容量：**input_mask**。**Input_mask** 需要预先与 **seg_gauss** 一起产生（例如，使用高希格玛 10.0 和支持 6，以及一个相应的阈值 150 或 300。）**cortex_peel_iter** 给出一个最小皮层厚度，即外部轮廓的最小边界值，它被排除在掩模之外。为皮层的每个断层进行成份标记（**cl_cortex**，以百分比为单位），随后为内部掩模（**cl_inner**，以百分比为单位）进行成份标记，见以下举例，为仅作为皮层局部的每个断层进行成份标记（超过 50% 即被皮层所排除），随后仅使用超过 60% 的部分用作掩模。

```
ipl> cortex_mask
-input_mask      [in] >
-gobj_filename  [default_file_name] >u0001234.GOBJ
-output         [out] >
-cortex_peel_iter [5] >
-cl_cortex       [10.000000] >50.
-cl_inner       [10.000000] >60.
```

gobj_to_aim

生成一个实体，从 **GOBJ** 文件中装入容量，即 **GOBJ** 的内侧。如果原来容量或分割后容量的元素大小（体素大小）已经改变为 **scale_el_size**，则需要该功能，例如，使体素立方化。产生于原来 **ISQ** 文件上的 **GOBJ** 不再相匹配，但使用 **gobj_to_aim** 产生的 **AIM** 掩模则可以测量到相应的体素大小（使用 **interate false** 进行测量），写入磁盘随后用于 **gobj_maskaimpeel_ow**。同样，其它 **IPL** 命令也适用于 **AIM** 掩模，类似于其他二变量。

```
ipl> gobj_to_aim
```

```
-gobj_filename      [default_file_name] >U0001977.GOBJ
-output             [out] >out
-peel_iter          [0] >
```

cut2d_shape_ow

从一个对象沿 z 轴裁切一个 2 维椭圆，圆形或矩形，并将所有位于其外面的点设置为 0。如果为 `halfaxes_x_y` 选择了 -1，则将 `shape type_of_shape` 调节为位于 x-y 平面的最大尺寸，否则即按给定的尺寸执行(可能覆盖边界)。`Cutborder` 控制着该图形的边界是否设置为 0(真)或不是(假)。该操作被重写，即输入对象被改变！

```
ipl> cut2d_shape
-input_output       [in] >
-type_of_gobj       [circle] >
-halfaxes_x_y       [-1-1] >
-midpos_x_y         [-1-1] >
-cutborder          [false] >
```

clow_rank_extract

分割后图像的组成标签。由于体素需要考虑是否进行连接，因此需要触摸表面，即一个体素可以有 6 个相连接的邻居。按照命令表中所给定的尺寸等级摘选区域。重写输入。通常使用 `rank 1 to 1` 来清除没有与主结构连接的任何小的噪音 `speckel`。`Connect_boundary` 控制着是否整个的框的边界都包括对表面各点起连接作用的对象。

```
ipl> cl
-input_output       [seg] > a
-first_rank         [1] >
-last_rank          [1] >
-connect_boundary   [false] >
-value_in_range     [127] >
```

cl_rank_extract

同上，但没有对输出进行重写。占用更多的内存。

```
ipl> cl_rank
-input              [seg] >
-output             [cl] >
-first_rank         [1] >
-last_rank          [1] >
-connect_boundary   [false] >
-value_in_range     [127] >
```

cl26_rank_extract

同上，但也仅是将接触体素边缘作为可以考虑的连接。

```
ipl> cl26_rank
-input              [seg] >
-output             [cl] >
-first_rank         [1] >
-last_rank          [1] >
-connect_boundary   [false] >
-value_in_range     [127] >
```

Cl_extract

与 `cl_rank_extract` 相同，但是按照组成部分的碎片量进行了筛选。不能使用 `connect_boundary` 标记。

```
ipl> cl_extract
-input                [seg] >
-output               [c1] >
-lo_vol_fract_in_perc [1] >
-up_vol_fract_in_perc [1] >
-value_in_range       [127] >
```

cl_nr_extract

与 `cl_rank_extract` 相同，但是按照组成部分的体素数量进行了筛选。不能使用 `connect_boundary` 标记。

```
ipl> cl_nr_extract
-input                [seg] >
-output               [c1] >
-min_number           [10] >
-max_number            [0] >
-value_in_range       [127] >
..
```

cl_image

给出加了标签的组成部分的图像作为输出，将值 127 作为最大的连接部分，126 作为第二大连接部分等。

```
ipl> cl_image
-input                [seg] >
-output               [c1] >
```

db_scanco_activate

激活（或不激活）数据库以便于向其中写入所有的分析结果。它会一直保持激活状态直到输入 `db_scanco_activate false` 为止。

```
ipl> db_scanco_activate
-write                [true] >
```

fri_da_metric_db

此命令对一个分割后的对象进行三角测量，并对对象的量、表面以及结构模型指数（SMI）进行计算。使用图版模型，小梁编号，厚度，生成间隔。

`Tri_da_metric_db` 如果发现 `GOBJ` 文件名在当前的记录中，则使用 `GOBJ` 或 `AIM` 掩模的轮廓。否则对整个框所在区域进行分析。将结果写入数据库（`db`），如果数据库被激活，见 `db_scanco_activate`。通常不要修改自变量 `ip_sigma`, `ip_support`, `ip_threshold`, `interpolate`, `nrave_iter`, `t_dir_radius`, `epsilon` 的缺省值。输出是带有 `nr_views` 三角检测不同的 3D 查看的一个对象。此输出可以使用 `'msq_from_aim'` 写入磁盘，并使用 3D 显示程序查看。

```
ipl> tri
-input                [th] >seg
-output               [tri] >
-gobj_filename        [gobj_from_log] >
-peel_iter             [-1] >
-ip_sigma              [2.000000] >
-ip_support            [1] >
-ip_threshold         [64] >
-interpolate           [true] >
-nrave_iter            [0] >
-t_dir_radius         [2] >
```

```
-epsilon          [1.200000] >
-size_image      [512 512] >
-scale_image     [0.700000] >
-edges           [false] >
-nr_views        [0] >
```

clt_object_param

使用距离转换（DT）方法通过向对象中填入最大半球并计算其平均直径（容量测重平均值）计算结构的平均厚度。将平均厚度和标准差写入数据库，如果激活。输出对象显示适用于该结构中的半球，其中体素值作为其在体素中的直径。Dt_object_param 如果发现 GOBJ 当前记录中的文件名，则会使用 GOBJ 或 AIM 掩模的轮廓。Roi_radius_factor 控制着仅对一个半球进行分析还是对整个区域（缺省）进行分析。DT 同样使用带有 GOBJ 掩模的对象进行工作。Epsilons 用于抑制由于表面粗糙所造成的人为现象。通常无需对缺省值进行修改。（对于过于超过 100 μ m 的过于粗略的体素尺寸，可以选择 assign_epsilon0.9。） histogram_or_screen 控制着厚度分布直方图是否写入一个文件中，以及/或是否显示在屏幕上。

```
ipl> dt_obj
-input          [in] >
-output         [out] >
-gobj_filename  [gobj_from_log]
-peel_iter      [-1]
-roi_radius_factor [10000.0] >
-ridge_epsilon  [0.900000] >
-assign_epsilon [1.800000] >
-histofile_or_screen [none] >samp012_thickness.tab
```

Dt_background_param

使用距离转换 (DT) 方法通过向对象背景中填入最大半球并计算其平均直径 (容量测重平均值) 计算结构的平均间隔。将平均间隔和标准差写入数据库, 如果激活。输出对象显示适用于该背景中的半球, 其中体素值作为其在体素中的直径。Dt_background_param 如果发现 GOBJ 当前记录中的文件名, 则会使用 GOBJ 或 AIM 掩模的轮廓。Roi_radius_factor 控制着仅对一个半球进行分析还是对整个区域 (缺省) 进行分析。DT 同样使用带有 GOBJ 掩模的对象进行工作。Epsilons 用于抑制由于表面粗糙所造成的人为现象。通常无需对缺省值进行修改。(对于过于超过 100 μm 的过于粗略的体素尺寸, 可以选择 assign_epsilon0.9。) histogram_or_screen 控制着厚度分布直方图是否写入一个文件中, 以及/或是否显示在屏幕上。

```
ipl> dt_back
-input                [in] >
-output              [out] >
-gobj_filename        [gobj_from_log]
-peel_iter            [-1]
-roi_radius_factor    [10000.0] >
-ridge_epsilon        [0.900000] >
-assign_epsilon       [1.800000] >
-histofile_or_screen  [none] >
```

dt_mat_param

使用距离转换 (DT) 方法通过向中轴发生变形的对象 (—>mat) 背景中填入最大半球并计算其平均直径 (容量测重平均值) 计算结构的平均小梁数。将平均数和标准差写入数据库, 如果激活。输出对象显示适用于中轴结构之间的半球, 其中体素值作为其在体素中的直径。Dt_mat_param 如果发现 GOBJ 当前记录中的文件名, 则会使用 GOBJ 或 AIM 掩模的轮廓。Roi_radius_factor 控制着仅对一个半球进行分析还是对整个区域 (缺省) 进行分析。DT 同样使用带有 GOBJ 掩模的对象进行工作。Epsilons 用于抑制由于表面粗糙所造成的人为现象。通常无需对缺省值进行修改。(对于过于超过 100 μm 的过于粗略的体素尺寸, 可以选择 assign_epsilon0.9。) histogram_or_screen 控制着厚度分布直方图是否写入一个文件中, 以及/或是否显示在屏幕上。

```
ipl> dt_mat
-input                [in] >
-output              [out] >
-gobj_filename        [gobj_from_log]
-peel_iter            [-1]
-roi_radius_factor    [10000.0] >
-ridge_epsilon        [0.900000] >
-assign_epsilon       [1.800000] >
-histofile_or_screen  [none] >
```

dt_mat_output

对结果的中轴进行转换并将中轴保存在输出中。

```
ipl> dt_mat_output
-input                [in] >
-output              [out] >
-ridge_epsilon        [0.900000] >
```

连接性

根据 Odgaard 和 Gundersen (骨骼 14: 173182; 1993) 计算一个分割对象的连接密度。确保仅对一个连接对象和一个连接背景进行分析, 对前景和背景进行一个组成部分添加标签和摘选主要组成部分。如果不希望为组成部分添加标签或仅对背景组成部分添加标签/摘选, 则使用 `conn_nocl` 和 `conn_bgcl`, 例如, 如果一个组成部分的标签已经添加到分割中。



警告! *组成成分标签和摘选会使输入量产生变化!*

```
ipl> connectivity
- in_out                    [in] >
```

conn_nocl

计算一个此前组成部分没有添加标签的分割对象的连接密度。如果该对象由一个以上的没有连接部分所组成, 则需要添加组成部分的数量并减去一个用于连接, 随后计算连接密度。同样, 如果背景也是由一个以上的部分所组成, 则也需要需要添加组成部分的数量并减去一个。

```
ipl> conn_nocl
- in_out                    [in] >
```

conn_bgcl

计算仅有一个组成部分加了标签且进行了背景摘选的分割对象的连接密度。如果该对象由一个以上的没有连接部分所组成, 则需要添加组成部分的数量并减去一个用于连接, 随后计算连接密度。



警告! *组成部分标签和摘选使输入量产生变化!*

```
ipl> conn_bgcl
- in_out                    [in] >
```

Voxgobj_scanco_param

为体素设置部分进行分割图像的分析，并将结果写入数据库（如果激活）。对于亮度色标（原始）图像，需要将平均衰减系数写入数据库。使用给定的 GOBJ 或 AIM 掩模再次对对象进行掩蔽。根据缺省设置，GOBJ 文件名从当前的记录（最后一次使用的 GOBJ 文件名）中取出。如果 GOBJ 文件找不到，则使用 vox_scanco_param（见以下内容）。Peel_iter 控制着用于掩模的 2D 剥离迭代的数量。根据缺省设置，peel_iter 从当前的记录中取出。

```
ipl> vox
-input          seg
-gobj_filename  gobj_from_log
-peel_iter      -1
```

Vox_scanco_param

为体素设置部分进行分割图像的分析，并将结果写入数据库（如果激活）。对于亮度色标（原始）图像，需要将平均衰减系数写入数据库。如果当前对象的记录中包含一个 GOBJ 掩模操作，则与掩蔽区域相关的量应整合到计算中。

```
ipl> vox_scanco seg
..
```

mil_param

该命令执行 MIL 计算（平均截距长度，Parfitt）。通常无需对缺省值进行修改。如果数据库被激活则计算结果写入分析数据库中。

```
ipl> mil_param
-input          [default_name] > a
-ray_plane_scale [2.000000] >
-roi_radius_factor [1.000000] >
-t_dir_ortho     [no] >
-t_dir_ortho_nr  [8] >
-t_dir_radius    [2] >
-fabric_tensor   [yes] >
```

milv1_param

该命令执行 MIL 第一个版本的计算（不同的边界处理）。通常无需对缺省值进行修改。如果数据库被激活则计算结果写入分析数据库中。

```
ipl> milv1
-input          [default_name] > a
-ray_plane_scale [2.000000]>
-roi_radius_factor [1.000000]>
-t_dir_ortho     [no] >
-t_dir_ortho_nr  [8] >
-t_dir_radius    [2] >
-fabric_tensor   [yes] >
```

Histo

给出一个对象的直方图。根据缺省的自变量，与'examine in histo'的效果相同。直方图显示为从 `from_val` 到 `to_val`，缺省了在输入量中的最小值到最大值。向一个文件（给出的名称为 `fileout_or_screentab`）或屏幕（`fileout_or_screentab` 屏幕，除直方图表示以外）中打印直方图的表格形式，其中 `bins` 的数量在 `nr_bins_in_tab` 中给出。直方图中的 `bins` 数量不受 `nr_bins_in_tab` 的影响！

```
ipl> histo
-input          [in] > rat
-fileout_or_screentab [none] > my_histo.tab
-from_val       [-1] > 1500
-to_val        [-1] > 3000
-nr_bins_in_tab [-1] >
```

scale_elsize

使用此命令，可以对对象的体素大小进行修改。`Down_scale` 放大体素的大小（降低分辨率），`up_scale` 使体素变得精细。非整数测量可以直接给出，例如使用 `down_scale1.5`；也可以使用 `down_scale3` 和 `up_scale2` 一起给出。效果完全相同，后者可以免去手工分割的麻烦。`Integrate` 标记对向下测量时是否计算体素平均值（以及局部体素的潜在添加）以及在向上测量时是否进行添加进行控制。建议将 `integrate true` 用于亮度色标，将 `integrate false` 用于二进制分割图像，使其保持二进制状态，因为随后进行的阈值操作也需要确保二进制图像。

`Scale_elsize` 自动选择以下所描述的步骤 `isscale_elsize` 和 `noipscale_elsize`，取决于随后是否要添加部分体素（ \Leftrightarrow ip）：整数向下测量选择 `noipscale`，非整数向下测量以及任何向上测量都选择 `ipscale`。而在 `intergrate` 标记放置错误时，二进制对象的非平均值测量则必须选用 `noipscale` 以保持二进制状态。如果在对象分析中使用了一个 `GOBJ` 掩模，则需要使用 `gobj_to_aim` 将 `GOBJ` 掩模转换为 `AIM` 掩模，该 `AIM` 掩模随后即可测量为与原始对象的体素大小相同。使用 `integrate` 假对掩模进行测量以保留掩模的二进制状态（在使用 `integrate` 真进行掩蔽后，执行阈值操作，再次产生一个二进制掩模）。

```
ipl> scale
-input          [in] > a
-output         [sca] > x
-down_scale     [2.000 2.000 2.000] >
-up_scale       [1.000 1.000 1.000] >
-integrate      [true] >
```

ipyscale_elsize

Scale_elsize 的一个要素。如果新的体素栅格不是原始体素栅格的整数倍，则位于旧的体素点之间的新的值需要插入 (ip)，且 integrate 标记也要在体素量上进行平均值计算。Center 标记控制着对象中心是否仍然在所测量对象的中心，或左上角是否也是所测量对象的开始 (center false)。所需要的计算时间和存储时间比用于 noipscale_elsize 的要长。

```
ipl> ipyscale_elsize
-input          [in] >a
-output        [sca] >b
-down_scale    [2.000 2.000 2.000] >1
-up_scale      [1.000 1.000 1.000] >2
-center        [false] >
-integrate     [true] >
```

noipscale_elsize

在不添加位于测量对象中的非整数体素的情况下对对象进行测量，采用最近的邻居方法。计算速度加快且使用的内存少，但选择最近的邻居会导致测量准确度的下降。不考虑用于非整数测量的部分体素，即使 average 标记为真时，例如 down_scale2.6 和 average true，仅对两个体素进行平均值计算 (每个方向)。

```
ipl> noipscale
-input          [in] > a
-output        [sca] x
-down_scale    [2.000 2.000 2.000] >
-up_scale      [1.000 1.000 1.000] >
-average       [true] >
```

scale_ow_elsize_noip

与 noipscale_elsize 相同，但重写输入。节约存储。不能用于提高分辨率，因为输出内存必

```
ipl> noipscale
-input_output   [in] > a
-down_scale    [2.000 2.000 2.000] >
-up_scale      [1.000 1.000 1.000] >
-average       [true] >
```

set_value

使用此命令，可以将分割对象的所有非 0 的体素设置为一个给定值，将所有 0 体素设置为其它。用于对对象的前景和背景进行倒像，以及产生一个负像 (value_object-127)。

```
(value_object -127).
```

```
ipl> set_val
-input          [in] >
-value_object   [127] >
-value_background [0] >
```

concat

连接两个对象。Common_region_only: 如果选择了两个尺寸不等或位置不同的对象，则该标记对该区域是否为两个对象所用进行控制；或者是否为两个对象周围产生框的区域进行控制。Add_not_overlay: 控制第二个对象的体素值是否添加到第一个对象一对溢出值加以注意，即对于 char 图像为 $60+90=127+50=127$ ；或者非 0 值是否位于第一个对象，用于将分割

图像映射到原始亮度色标数据。**Make_edge**: 控制着边缘是否由第二个对象所组成（或者第一个，如果第二个为亮度色标且第一个为 char）。第二个对象可以用 **shift_ofin2** 进行转换，并使用 **turnangle** 进入 x-y 平面。将 **turnpoint_global** 设置到扫描仪的原始旋转中心，即对于 512x512 的图像，设置为 256, 256 等。转换后的图像 2 映射到与图像 2 相同的框中，如果角度较大，在对象周围没有足够的空间来包括转换后的图像 2 时，可以对图像在边界处进行裁切。可以通过混合/set_value of input2 to -127, 随后将其连接到输入 1，标记 add true 减少两个二进位图像。

```
ipl> concat
-input1          [in] > a
-input2          [in1] > b
-output         [out] > c
-common_region_only [true] >
-add_not_overlay [true] >
-make_edge       [false] >
-shift_ofin2     [0 0 0] >
-turnangle       [0.000000] >
-turnpoint_global [-1-1] >
```

join_uncompress

此操作在从磁盘读取和解压时将两个分割的容量融合在一起，因此仅需输出量的存储。如果 **concat** 由于虚拟存储太小无法工作时，可以使用它。压缩文件是从磁盘进行读取的，未压缩的文件则是从位于输出端的正确的存储器中进行读取的。这些量可能会交迭，但随后文件 2 的各个部分会重写（包括 0）到文件 1 中。



注意 *Join_uncompress 仅可用于磁盘上的压缩文件且仅可用于 x 和 y 方向上尺寸相同的容量!*

```
ipl> /join
-file1          [file1] > rat_seg_part1.aim
-file2          [file2] > rat_seg_part2.aim
-shift_ofin2_z  [0] >
```

bounding_box_cut

此操作确定非 0 体素对象周围的最小框。如果仅能对位于 z 方向上的边界框进行确定并使用给定的 **border** 进行裁切，则额外的边界可以使用 **border.z_only** 控制进行选择。

```
ipl> /bounding_box_cut
-input1         [in] >
-output        [out] >
-z_only        [false] >
-border        [0 0 0] >
```

flip_aim

在一个对象的一侧轻击，即按照 **new_xydir** 对 x, y 和 z 方向进行转换（NB: 在 3D 空间中

无需对对象进行正确的旋转!)

新的 x 方向是在 `new_xydir` 中给定的第一个字母，新的 y 的方向是第二个字母，新的 z 的方向是剩下的方向。

```
ipl> flip_aim
-input          [in] > a
-output        [out] > f
-new_xydir     [yz] > xz
```

offset_add

对对象周围的偏移量进行更改。对于一个方向的开始和结束来说，偏移量是相同的（体素从 `+off.x` 运行到 `dim.xoff.x`），但对于不同方向的 x, y, z 则可能会不同。偏移量在随后的图像处理或统计检测中被忽略。

```
ipl> offset_add
-input          [in] > a
-add_offset     [0 0 0]'> 0 0 4
```

offset_set

更改对象周围的偏移量，独立于原来的偏移量。

```
ipl> offset_set
-input          [in] > b
-new_offset     [0 0 0] > 2 2 1
```

clear_offset

将偏移量中的所有体素设置为 0。

```
ipl> offset_set
-input          [in] > b
-new_offset     [-1-1-1] > 2 2 1
```

fill_offset_mirror

将镜像值添加到一个对象的偏移量中，放置于偏移量的内侧。在从图像进行了“steal”操作后可能会用到，例如高斯过滤器。注意体素信息会进行复制，随后计算的值可能会出现偏差。

```
ipl> fill_offset_mirror
-input          [in] > in
```

convert_to_type

此操作将对象从一个输入类型转换到另一个，例如，一个“char”图像转换为一个“short”图像。输出类型是由 `out_type` 给出的。

```
ipl> convert_to_type
-input          [in] >
-output        [out] >
-out_type      [short] >
```

xray

沿 z 轴生成一个对象的虚拟的（线性）X 线图像（使用“flip_aim”将对象首先翻转至所需要的其他方向）。输出的是一个“char”图像。将体素值（对于每个 x 和 y）沿 z 轴从 startslice 为 number_of_slices 进行添加，总数既可以使用最大发生 voxelsum（fixed_norm_char 假）进行标准化，也可以到达一个固定的二进位输入量（fixed_norm_char 真）的标准。

```
ipl> xray
-input          [in] >
-output        [out] >
-startslice    [0] >
-number_of_slices [16] >
-fixed_norm_char [true] >
```

msq_from_aim

将一个位于存储器中的对象写入.MSQ 格式中，例如，使用 3D 显示程序对其进行查看。

```
ipl> msq
-aim_name      [out] >
-msq_filename  [default_file_name] >
```

from_aim_to_isq

将一个位于存储器中的对象写入.ISQ 格式中，了例如再次使用分析程序生成一个 GOBJ。该对象将位于其原来（global）的位置上。

```
ipl> from_aim_to_isq
-aim_name      [out] >
-isq_filename  [default_file_name] >
```

有关所得出的结构指数的广泛性说明，见 p .81 附录中的“结构指数说明”。

UCT_THREEDEE_BATCH

使用此程序重新创建一个 3D 结果单，包括 3D 图像和由 IPL 计算的组织形态学检测值。

文件名称

输入需要的样品 / 检测的正确的文件名称。它必须具有一个“_SEG.AIM”的文件名称。该文件通常都位于以下目录中：DK0:[MICROCT.DATA.ssssssss.mmmmmmm]，这里，s 是 8 位样品数，m 是 8 位检测数。

打印文件名称

可以为结果 PostScript-File 的媒介的储存输入任何有效文件名称。建议文件名称为 SYSSSCRATCH:filename.PS.

周围环境

该值对应于交互式 3D 显示程序中的周围环境亮度中的标度。该值可以从 0 到 100%，在此需要的值应该在 0.0 和 1.0 之间。

底纹

如果值为 1，则会出现底纹，如果为 0，则不会出现。

大小

该值确定 3D 图像的质量，但也会影响计算时间。

升高 / 旋转

这两个数字对与对象在观察程度上相关的观察器的位置进行设定。

页面

输入一个在 0 和 9 之间的值，将会对对应的页数进行打印。打印结束后，结果文件（打印文件名称）将被删除。如果输入了一个值为 0，则文件既不会打印也不会删除，但会留在硬盘上。此选项可以在稍后的另外一台打印机上用于打印。

UCT_LIST

在对很多活检组织断层检测后，您可能希望将所有的结果都制作为表格形式，将其归入电子表程序。

可以限定通过输入检测号列出的样品的范围。

```
$> uct_list
Template-File [UCT_3D_LIST_SHEET]:
Output-File [SYS$SCRATCH:UCT_EVAL.TXT]:
From Meas. # [0]:300
To Meas. # [0]:400
```

将得出的数据写入给定在 **Output-File** 的文件中。模板文件输入一字段可以用于不同类型的报告。可以使用文本修改工具进行文件的修改。如果通过输入一个检测编号作为参数启动程序，则会得到屏幕上特定检测的信息：

```
$ uct_list 43
Processing measurement 43
Measurement-Nr      :43
Measurement-Date    :15AUG1994 09:01
Filename            :C0000007
Sample-Name         :Koller Bruno
Sample-Nr           :1
Date of Birth       :06-SEP-1994
MIL
-----
-BV                  : 1.7211
TV                   : 5.0782
BS                   : 35.4409
BV/TV                : 0.3389
BS/BV                : 20.5926
Tb.Th                : 0.0971
...

```

WRITE_INFO

在对很多活检组织断层检测后，您可能希望掌握所有有关文件名称的信息，将数据（目录，磁带标签等）归入表格中。可以限定通过输入检测号和 / 或样品名称列出的样品的范围。

```
$> write_info
Sample Index from [ 0]: 13
Sample Index to [ 0]: 64
Sample Name from [           ]: S
Sample Name to [           ]: T
```

逻辑 UCT_DB_INFO 通常指向一般存在于 `sys$scratch` 中的结果文本文件。

11 错误消息

最常见的错误消息（由检测的信息不足或不正确信息所造成）都可以自我解读。

无法预料的系统错误消息的解读以字母形式列于下表。所有的错误消息都必须使用鼠标左键予以告知。如果错误仅为“WARNING”，则可以继续工作。如果错误为“FATAL”，则程序将被终止，无法继续（也可以在出现“ERROR”时出现终止）。

斜体字表示您所能针对错误所采取的行动。如果错误消息后没有斜体字，则与 SCANCO Medical 联系。

Creating directory

硬盘上写入错误。

Creating operator logical

操作人员无法注册。尝试重新启动程序。

Decoding Measurement Nr.

检测号无效。

Decoding Sample or Patient Nr.

样品或患者编号无效。

Decoding Site

检测位置无效。

Decoding Slice Number

图像编号无效。

Deleting indexed Record

数据库中的一个条目无法删除。

Disk must have a name

磁盘无法初始化（格式化）。初始化磁盘。

Encoding Slice Number

图像编号无效。

End of file, No more records available

数据库中没有更多的条目，因为已经到达结尾了。

File Read Error

X 线断层照片无法读取。通常仅在一个检测被中断，或属于检测的图像被删除的情况下出现。

Freeing logical unit number...

常规数据库错误。

Getting Binary Time

无法确定时间。

Getting current date/time

无法确定时间。

Getting free logical unit number

常规数据库错误。

Getting number of free blocks

存储设备上空白空间无法确定。

Getting volume name

储存设备的标签无法确定。

Keyword not found

数据库中的条目无法找到，例如，在对没有注册或名称拼写错误的样品或患者进行查找时。

Name contains a wrong character

数据介质仅能使用从 A-Z 的字母和 0—9 的数字，空格键和特殊字符无法使用

No Controlfile selected

还没有选定控制文件（检测点和投影）

No Sample- or Patientname

没有输入样品或患者名称

No Sample- Patientnumber

没有选择样品或患者

No images available

检测用的图片无法读取。是否选择了有效的检测？能否删除其图像？

No logical unit number free

常规数据库错误。

No operator selected

对于检测和分析，字段 OPERATOR 必须填入有效名称。检查样品或患者注册程序是否将操作人员名字错误地输入到患者中或输入为医师（操作人员必须是员工）。

No scout-scans performed

不允许断层数=0

Not enough disk space left

硬盘已满。首先删除或存档其他检测。

Not enough space on disk

光盘已满，使用新的光盘。

Not more than 15 characters

磁盘或光盘的标签不能超过 15 个字符。另外，不能使用特殊字符或空格。

Opening database file

常规数据库错误。

Opening filename

常规数据库错误。

Opening scanner datafile

无法打开扫描仪校准数据

Opening slicename file

无法打开断层名称文件

Reading Slice Number

常规数据库错误。

Reading filename

常规数据库错误。

Reading indexed record

数据库中的一个条目无法找到，例如在查找没有输入或拼写错误的样品或患者时

UM;FULL_BACKUP.COM

每周常规备份错误

Selected operator is not an operator

您试图输入的操作人员名称为无效人员（例如，患者或医生）。如果不是这个原因，则检查样品或患者记录程序，是否按下了员工按钮。

Unable to translate logical

常规程序错误

Unknown error

不明原因的错误

Unlocking indexed record

常规数据库错误

Updating indexed record

常规数据库错误

错误消息 83

Writing Slice Number

常规数据库错误

Writing data

常规数据库错误

Writing filename

常规数据库错误

Writing indexed record

常规数据库错误

Wrong Volume (label)

磁盘或光盘已满

Copying files

常规数据库错误

deleting filename

常规数据库错误

dismounting device

取下磁盘或光盘时错误。结束程序并重新启动。检查存档程序是否储存设备仍然位于“mounted”位置。通常，磁盘和光盘都应该为“dismounted”。

freeing context of lib\$find_file

常规数据库错误

get device information

无法确定存储设备的规格

getting free luno

常规数据库错误

initializing device (label)

磁盘或光盘无法初始化。检查“Write-Protect”开关是否正确设置。磁盘必须为高密度（HD）格式，光盘和磁盘都是高密度（HD）格式的，不能使用 DD 或 ED 磁盘。

mounting device (label)

磁盘或光盘无法“mounted”。检查规定程序。（见“取下”）

opening file

常规数据库错误

reading Scanner data

常规数据库错误

starting init command

初始化/格式化错误

writing scanner data

常规数据库错误