# Guide

## 檔案說明

## 1. preprocessing 資料夾

檔案名稱	說明
data_extracting.ipynb	從原始資料集中擷取所需要使用的資料,生成
	annotation.csv 及 coords.pickle。
data_generator.ipynb	生成 axial、coronal 及 sagittal 的輸入影像
	original images 及 final_annotation.csv(labels)。
multiview_generator.ipynb	將 axial、coronal、sagittal planes 連接起來。
texture_concatenation.ipynb	將紋理特徵跟 original images 連接起來。
data_augmentation.ipynb	執行資料增強(旋轉、翻轉)。
cross_val.ipynb	將資料打亂後分成十等份。
util.py	自製函式庫。
data_generator-plot.ipynb	畫圖用。
data_visualization.ipynb	畫圖用。
data_visualization2.ipynb	畫圖用。

## 2. texture feature generation 資料夾

檔案名稱	說明
generator.m	產生紋理特徵的影像。
other	計算紋理特徵。

### 3. classification 資料夾

檔案名稱	說明
train.ipynb	可對選定的資料做 10-fold 交叉驗證。
train_run_all.ipynb	對每一種紋理特徵做 10-fold 交叉驗證。
MRSKNet.py	train.ipynb 所使用的模型。
MRSKNet2c.py	Train_run_all.ipynb 所使用的模型。
ResNet.py	BasicResNet •
SKNet.py	BasicSKNet 。
XXXNet.py	模型架構。
util.py	自製函式庫。

### 資料處理

- 1. 解壓縮 material 資料夾中的 LIDC.zip。
- 2. 開啟 preprocessing 資料夾,開啟 jupyter notebook,然後執行 data\_extracting.ipynb,依照 list3.2.csv(LIDC 結節大小報告)從 LIDC-IDRI 原始資料中篩選出肺結節,執行完畢會產生 annotation.csv 及 coords.pickle。
  - [1]: lidc folder 為步驟 1 解壓縮的資料夾路徑。
  - [1]: data folder 為輸出的資料夾路徑。
- 3. 執行 data\_generator.ipynb,對資料做預處理,會得到每顆肺結節的 axial、coronal 及 sagittal 平面,以及記錄 label 的 final annotation.csv。
  - [1]: lidc folder 及 data folder 同步驟 2。
  - [1]: images path 為輸出的資料夾路徑。
- 4. 使用 MATLAB 執行 generator.m,生成各種不同的紋理特徵。
  - 第2行: CoreNum 可調整使用 CPU 的數量來平行加速。
  - 第8行: images path 為用來擷取特徵的影像, original images 的路徑。
  - 第 26 行: N=1 為使用 3x3 的 sliding window,N=2 為 5x5。
  - 第 76, 78, ~86, 88 行: 輸出紋理特徵影像的路徑。
- 5. 回到 jupyter notebook 執行 multiview\_generator.ipynb,將 axial、coronal、sagittal 三種平面連接在一個新的維度上。
  - [1]: data folder 為輸入的資料夾路徑。
  - [4]: output path 為輸出的資料夾路徑。
- 6. 執行 texture\_concatenation.ipynb,將 original images 跟每一種紋理特徵在 channel 維度做連接。
  - [1]: data folder 為輸入的資料夾路徑。
  - [3]: output path 為輸出的資料夾路徑。
- 7. 執行 data augmentation.ipynb ,將資料做資料增強。
  - [1]: data folder 為輸入的資料夾路徑。
  - [3]: augimgs folder 為輸出的資料夾路徑。
- 8. 執行 corss\_val.ipynb, 將全部資料隨機分成 10 等份, 生成 tenFold.pickle, 裡面記錄每一等份的肺結節 id。
  - [1]: data folder 為輸入與輸出的資料夾路徑。
  - [4]: df 為讀取 final\_annotation.csv。
  - [4]: imgs\_path 為 multi\_view 底下 original images 的路徑。

#### 訓練

- 1. 打開 classification 資料夾。
- 2. 執行 train.ipynb,訓練時會做 10-fold 交叉驗證,最後生成一個 txt 檔案生成訓練結果,以及畫出 10-fold 交叉驗證的 ROC 曲線。

[1]: data\_folder 為輸入的資料夾路徑。

[4]: dataset 為要使用的資料集,可以使用 original、ENT、HOM、GLN、

RLN · RP · SRE · COA ·

[4]: df 為讀取 final\_annotation.csv。

[4]: tenFold 為讀取 tenFold.pickle。

[4]: 第 59 行選擇 train()裡面的 model,可以使用 MRSKNet、BasicResNet、BasicSKNet。

[5]: 將 10-fold 交叉驗證結果寫入 txt,可以自己填寫檔名。

[6]: 可以看每個 fold 訓練的 loss。

[9]: 畫出 10-fold 的 ROC 曲線並且儲存。

3. 執行 train\_run\_all.ipynb,可以對每一種加入紋理特徵的影像做訓練,並且生成 txt 檔案記錄每一種加入紋理特徵的實驗訓練後的最終結果,以及畫出每一種加入紋理特徵的實驗訓練後的平均 ROC 曲線。

[1]: data\_folder 為輸入的資料夾路徑。

[2]: 第 4 行開啟要寫入訓練結果的 txt 檔案。

[6]: 畫出每一種加入紋理特徵的實驗訓練後的平均 ROC 曲線。