## بسم الله الرحمن الرحيم

# تحلیل هوشمند تصاویر زیست پزشکی نیمسال اول ۲۰-۰۴

مدرس: محمدحسین رهبان



دانشگاه صنعتی شریف دانشکدهی مهندسی کامپیوتر

### پروژه

- مهلت ارسال پاسخ تا ساعت ۲۳:۵۹ روز مشخص شده است.
- توجه داشته باشید که نوت بوکهای شما باید قابلیت بازاجرای ۱۰۰ درصد داشته باشند و در صورت نیاز به نصب یک کتابخانه یا دسترسی به یک فایل، مراحل نصب و دانلود (از یک محل عمومی) در نوت بوک وجود داشته باشد.
- <mark>گزارش</mark> خود را در یک <mark>فایل زیپ با نام IABI\_proj\_[First-Name]\_[Last-Name]\_[Student-Id].zip بارگذاری کنید.</mark>
- در صورت وجود هرگونه ابهام یا مشکل، در گروه تلگرام درس مشکل را بیان کنید و از پیغام دادن مستقیم به دستیاران آموزشی خودداری کنید.

## شرح مسئله

در این پروژه، هدف انجام طبقهبندی برای ژن 1p/19q با استفاده از مجموعه داده LGG-1p19qDeletion است. این مجموعه داده بر گلیوماهای ۱ درجه پایین ۲ متمرکز است که معمولا تحت حذف کروموزومی 1p/19q قرار گرفتهاند. بیماران LGG دارای حذف همزمان ۳ 1p/19q با پیش آگهی مطلوب تری در مقایسه با سایر LGG ها همراه است. این مجموعه داده شامل اطلاعات جامع ژنتیکی و بالینی، همراه با اسکنهای MRI بوده و بررسی ارتباط بین حذف همزمان 1p/19q و ویژگیهای تصویر برداری را امکان پذیر میکند.

این مجموعه داده، حاوی اسکنهای ۱۵۹ MRI بیمار است که وضعیت 1p/19q آنها طبق گزارش بافتبرداری <sup>۴</sup> محرز و شامل عدم حذف <sup>۵</sup> یا حذف همزمان است. دادهها شامل ۱۰۲ مورد بدون حذف و ۵۷ مورد با حذف همزمان و دو کانتراست T1CE و T1 است.

برای اینکه بتوان از داده ها برای انجام طبقهبندی استفاده کرد، <mark>لازم است پیشپردازشهایی روی آنها اعمال شود</mark>.

# پیشپردازش

#### مراحل زیر را طی کنید:

- ۱. تبدیل فرمت تصاویر از DICOM به NIFTI
  - ۲. جهتگیری مجدد <sup>۶</sup> به LPS/RAI

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Glioma

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>Low Grade Glioma (LGG)

<sup>&</sup>lt;sup>3</sup>Codeletion

<sup>&</sup>lt;sup>4</sup>Biopsy

<sup>&</sup>lt;sup>5</sup>Intact

<sup>&</sup>lt;sup>6</sup>Re-orientation

- ۳. ثبت ۲ تصاویر به اطلس استاندارد SRI-24 شامل:
- $^{\wedge}N^4$  تصحیح سوگیری  $^{\vee}N^4$  تصاویر T1CE به T2-weighted به affine
  - (ج) ثبت صلب تصاوير T1CE به اطلس SRI-24
- ۴. استخراج بافت مغز ۱۰ (حذف جمجمه ۱۱) استفاده كنيد hd-bet براي استخراج مغز هم براي اينكه تميز دربياد كار ميتونيد از

## طبقهبندي

حال مدل خود را به منظور انجام طبقهبندی آموزش داده و Confusion Matrix بدست آمده را گزارش کنید. دقت کنید که برچسبها intact و codeleted هستند که وضعیت 1p/19q نمایش میدهند و در دادهها به ترتیب با n/n و d/d برچسپگذاری شدهاند.

## نكات مهم

\* برای انجام پیش پردازشهای فوق از کتابخانهی simpleitk استفاده کنید.

\* <mark>هر پیشپردازش دیگر</mark> به جز موارد ذکر شده یا <mark>هر تکنیکی از معلومات خود</mark>، که برای <mark>انجام دقیقتر طبقهبندی لازم</mark> مي دانيد، اعمال كنيد.

<sup>&</sup>lt;sup>7</sup>Register

<sup>&</sup>lt;sup>8</sup>N4 Bias correction

<sup>&</sup>lt;sup>9</sup>Rigid Registration

<sup>&</sup>lt;sup>10</sup>Brain Extraction

<sup>&</sup>lt;sup>11</sup>Skull-Stripping