

Projekt w ramach przedmiotu "Techniki obrazowania medycznego"

Zespół 5, skład: Michał Motak, Kamil Hosaja, Maciej Wowra

1. Proponowane algorytmy (wraz z uwzględnieniem bibliotek).

W projekcie zamierza wykorzystać się algorytmy głębokiego uczenia (Deep Learning) implementując konwolucyjną sieć neuronową z wykorzystaniem biblioteki Keras (<https://keras.io/>). Proponowana sieć neuronowa składać będzie się z warstw konwolucyjnych, warstw implementujących Max Pooling oraz technikę Dropout. Jako, że techniki deep learningu wymagają dużych ilości danych koniecznym może okazać się wykonanie tzw. *data augmentation*, tj. sztucznego powiększenia wykorzystywanego zbioru danych, np. poprzez obroty lub przybliżenia. W związku z tym konieczne może być użycie klasy ImageDataGenerator z biblioteki Keras. W celu wczytania danych wykorzystany zostanie kod przygotowany przez twórców challenge'u, wczytane obrazy zostaną przekształcone z typu NiftiImage na numpy array oraz zapisane w formacie *.npy w celu ułatwienia dostępu w trakcie wykonywania projektu.

2. Podział zadań.

Przegląd literaturowy odnośnie segmentacji obrazów medycznych z wykorzystaniem DL: Maciej Wowra, Michał Motak, Kamil Hosaja

Implementacja modułu odpowiadającego za zapisywanie i wczytywanie danych: Maciej Wowra

Implementacja *data augmentation* (jeśli okaże się potrzebna): Michał Motak

Implementacja oraz testowanie architektur sieci neuronowej: Maciej Wowra, Michał Motak, Kamil Hosaja

Walidacja oraz ewaluacja modelu: Kamil Hosaja

Dyskusja i analiza otrzymanych wyników: Maciej Wowra, Michał Motak, Kamil Hosaja

3. Planowane sposoby ewaluacji proponowanego rozwiązania.

Proces ewaluacji będzie polegał na podzieleniu dostępnych danych na dwa zbiory: treningowy i testowy za pomocą metody Train_Test_Split z modułu Model_Selection z biblioteki Scikit-learn (<https://scikit-learn.org/>). Wielkość zbioru testowego będzie stanowić 20-30% z całego zbioru danych, natomiast treningowego pozostałą resztę. Model zostanie wytrenowany na zbiorze treningowym, a następnie przetestowany na zbiorze testowym, co pozwoli na ocenę parametrów modelu takich jak: dokładność, czułość, precyzja, AUC za pomocą możliwości oferowanych przez bibliotekę Keras. Planowane jest przetestowanie metod walidacji prostej i krzyżowej.