

עיבוד תמונות רפואיות 67705

'תרגיל 1 חלק א

נושא הדו"ח: סגמנטציה של שלד העצמות בסריקות CT

מגיש: מנאע מועתאז , ת.ז 200750453

בתרגיל הזה התבקשנו לעשות סגמנטציה מבוססת חסמי סף של שלד העצמות בגוף כאשר נתון לנו סריקת CT ומעוניינים להחליט לגבי כל ווקסל אם הוא חלק משלד העצמות או לא. ערכי הווקסלים העצמות בתוך סריקת ה CT נעים בין 150 – 1300 .

היחידות של המספרים האלה הם **Hounsfield scale** [/ˈhaʊnz,fiːld/](#) or **CT number**, כאשר ערכי הווקסלים של העצמות מפולגים לפי הטבלה הזאת:

- +200 in craniofacial bone
- +700 in cancellous bone
- +3000 in cortical bone

אנו מתעניינים בסריקות של שלד העצמות, כמו שהזכרנו הערכים שלהם נעים בין 1300-150, כאשר ערך הסף העליון הוא 1300 בוודאות ולכן המשימה העיקרית שלנו היא לבחור ערך הסף התחתון, כמו שראינו בטבלה למעלה ערכים הגדולים מ- 200 הם ערכים שנותנים עצמים בוודאות ולכן נשאר הבעיה של נערכים בין 150 – 200 שייתכן בין הערכים האלה נמצא עצמות ואולי איברים/חומרים אחרים סגוף, ולכן כדי לבחור את ערך הסף התחתון אנחנו עושים איטרציה על ערכי בין 150 עד 500 בצעד של 5 ובחרים את הסף שנותן לנו מספר הקומננטות המחברות (אובייקטים שלמים בתמונה) הקטן ביותר.

דברים טכניים חשובים:

הסקריפט רץ בפייתון גרסה 2.7, צריך לדאוג שכל הספריות יהיו מותקנות (אני משתמש ב CONDA שהיא סביבת עבודה תומכת הרבה ספריות בפייתון). זכרון RAM של GB8 , למי שמשתמש כמוני ב- VM שמותקן עליה לינוקס צריך לדאוג עבוד עם שני Cross Processors. לדאוג לחומרה הזאת כי היה לסקריפט בעייה של חוסר זכרון כאשר עבדי עם מעט משאבים.

Usage: python ex1a.py

,In function main I recommend to use the function SkeletonTHFinder(lmin,True)

For specific desired value of lmin because of time running script for all the values between maybe so long and then you will get fake graph of one point for this specific single 150-500 .value, you can ignore it, I attached all graphs

if you want to iterate over all values run in the main SkeletonTHFinder(150,True) or .SkeletonTHFinder() (default values)

פירוט פונקציות:

Function Name: SkeletonTHFinder Function iterate above the CT medical images and get the best Imin value threshold, when it chosen to be the second smallest value led to minimum number of components
:Inputs Imin – The lower bound threshold of Hounsfield to start iterate from onlyOneSeg – True if to iterate above only one value Imin . Return: The best Imin value for CT segmentation
Function Name: SegmentationByTH Function get CT medical file image and return boolean segmentation labeled Matrix of True/False if the CT medical image value between Imin and Imax where Imin and Imax the Hounsfield threshold
:Inputs .fileName: The file name of the CT image .Imin – lower bound of Hounsfield threshold .Imax – upper bound of Hounsfield threshold Return: Segmentation Matrix of True/False depend on CT image voxels values and Imin, Imax

Function Name: secondSmallest Function get array/list and return the second smallest element value
:Inputs e: array/list .Return: return the second smallest value in the input

תוצאות:

בתוצאות אני מציג עבור כל סריקת CT את תמונת ה-SKELETON של הסגמנטציה, בנוסף את הגרף של מספר הקומביננטות כפונקציה של ערכי הסף I_{min} . בנוסף אני מציג את התוצאות עבור ערך הסף המינמלי של $I_{min} = 200$ כאשר הוא מציג תוצאות מאוד טובות יחסית ל- I_{min} הנבחר שמשיג מספר קומביננטות נמוך ביותר, בחרתי בערך זה כי הערך הזה מציג בוודאות ערך של עצמות לפי הטבלה למעלה.

נשים לב שלא קבלתי אף ערך I_{min} שהוא בין 150-200 כך שכל הערכים שמייצגים עצמות בטווח הזה לא קבלנו אותם בסגמנטציה. (אם היה בכלל).

נשים לב לעוד דבר מעניין בבחירת גודל הפילטר שזה צריך לקבוע בזהירות רבה, כל אזור שהוא קטן מגודל הפילטר נמחק כלומר אם יש אזור של מסת עצמות מבודדות או קטעים שבורים לגמרי (לא יודע אם יש דבר כזה) אז הסגמנטציה מדלגת עליהם וכאן אנו יכולים להפסיד אנפורמציה.

על תמונת הסגמנטציה מבצעים פעולות מורפולוגיות שהם גם יכולים לשנות את הסגמנטציה שלנו, בד"כ הן עוזרות לנו לראות את התמונה באופן ברור כך שהם מסלקים רעשים, סוגרים חורים ובורים אבל גם יכולים לשנות labels של 1-ים לאפסים כך שערכים שהם שלד עצמות יהפכו לשחור אבל מהרבה בדיקות שעשיתי ובגלל ששלד העצמות הם אובייקטים די גדולים דבר זה לא קורה כאן לפחות עד כמה שבחנתי, וממש עוזר מאוד לסילוק רעשים.

****זמן ריצה:** עבור כל תמונה כדי לעבור על כל ערכי הסף ולעבד את תמונת הסגמנטציה של הערך הקטן ביותר לוקח בממוצע 20 דקות. (לפחות על מחשב שלי), אם שולחים רק ערך אחד של lmin אז זה לוקח דקה לעבד את תמונת הסגמנטציה וה-SKELETON וניתן להזניח את הגרף שיוצא כי הוא רק מכיל ערך אחד ששלחנו.

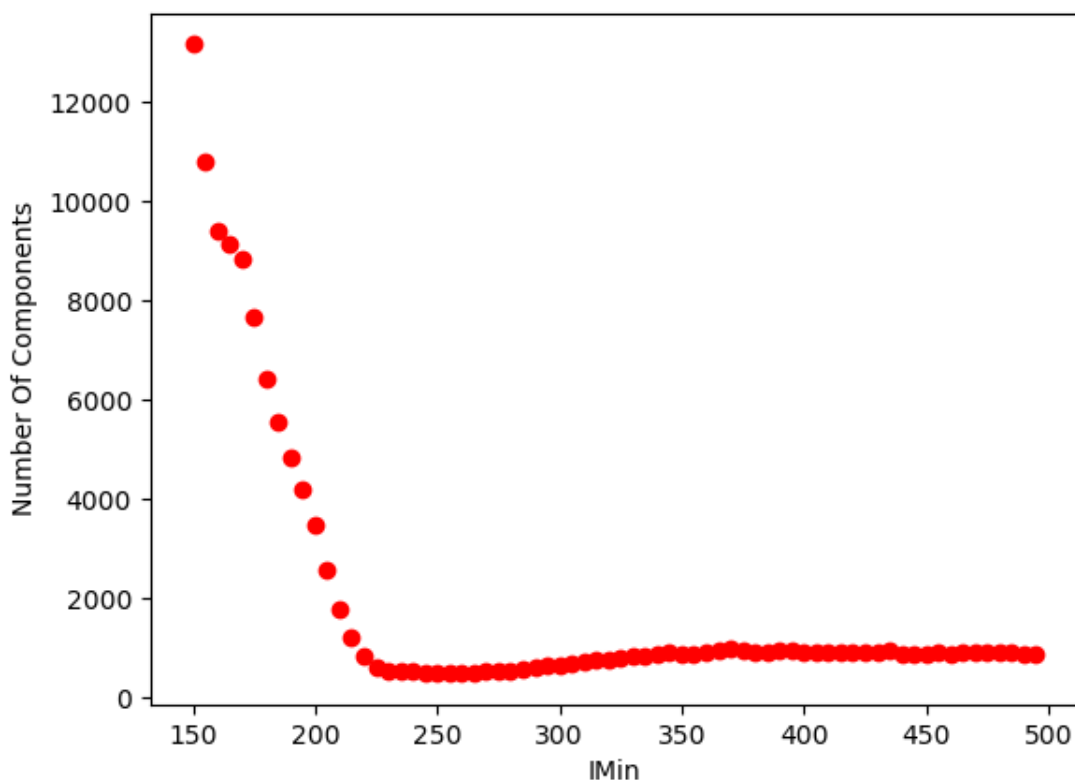
****ניסיתי לראות את הערכים של נקודת המינימום השנייה יחסית לראשונה וכן השתמשתי בפונקציה של**

SecondSmallest שבניתי אבל התוצאות של נקודת המינימום הראשון של lmin הייתה יותר טובה וכללה עצמות יותר ותמונה ברורה יותר.

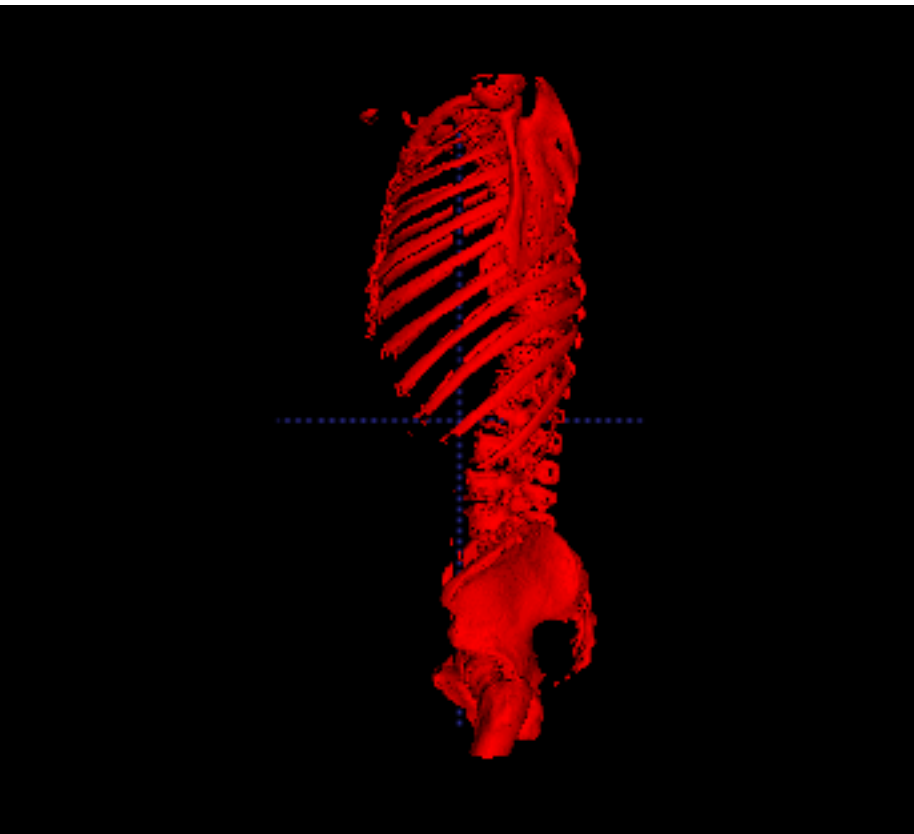
עבור תמונה 1:

ערך הסף הנבחר: 260

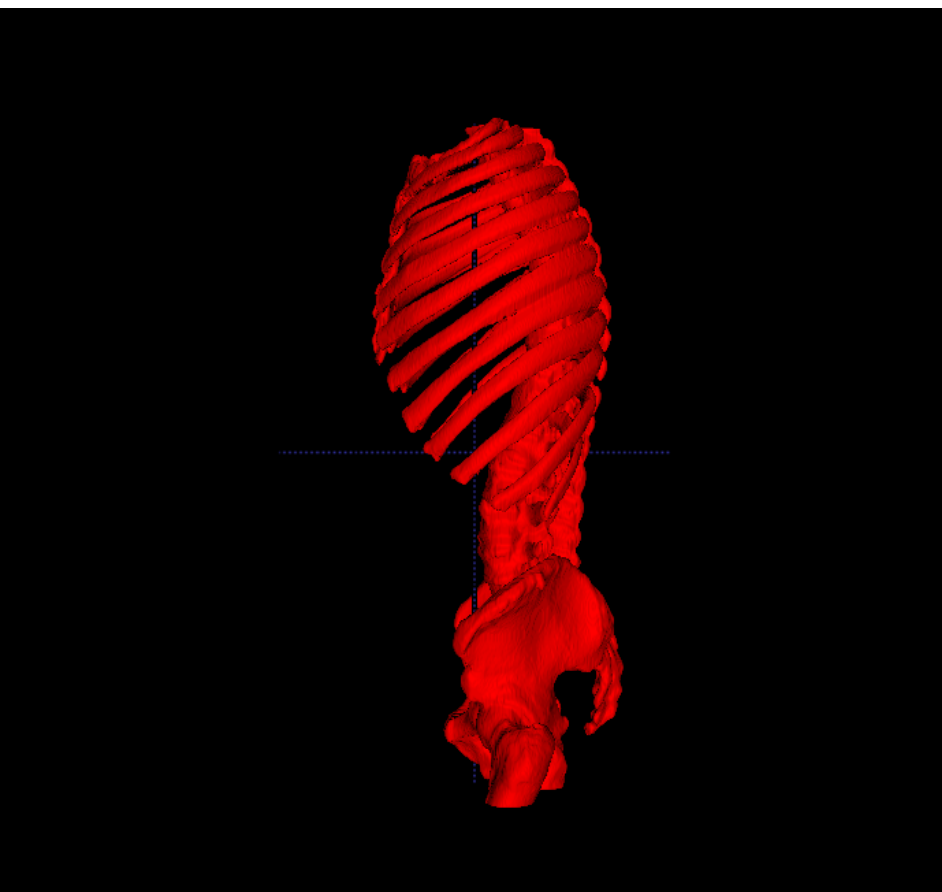
גרף:



עבור ערך 260:



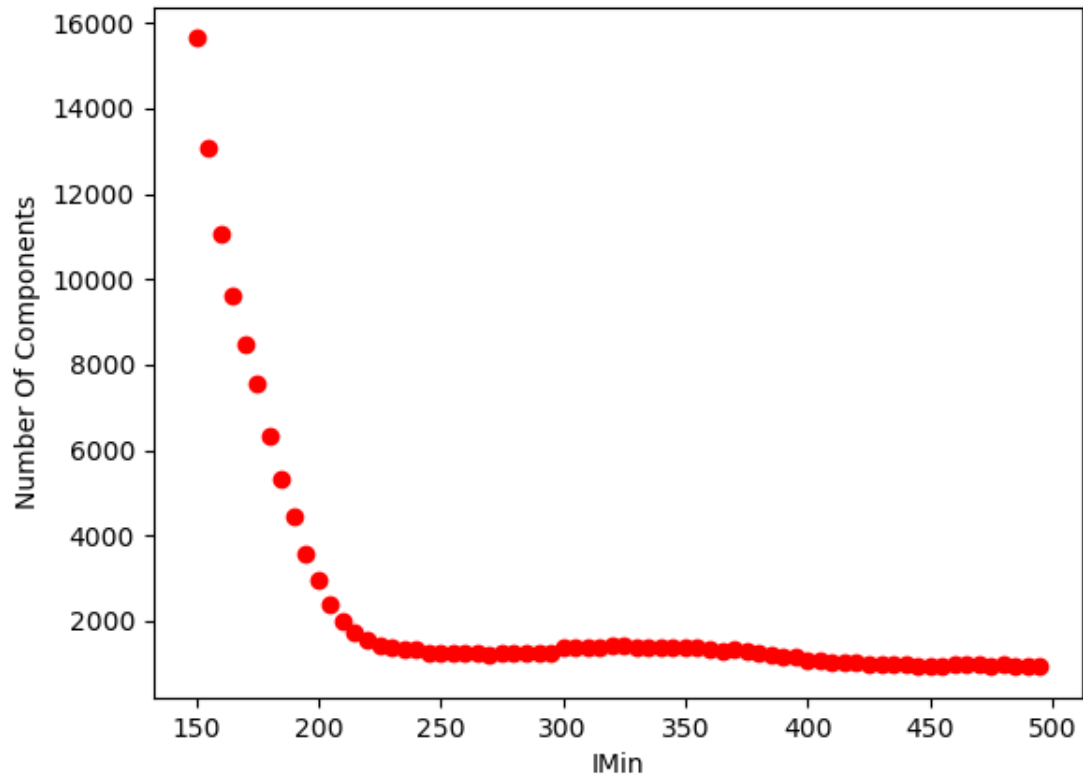
עבור ערך 200:



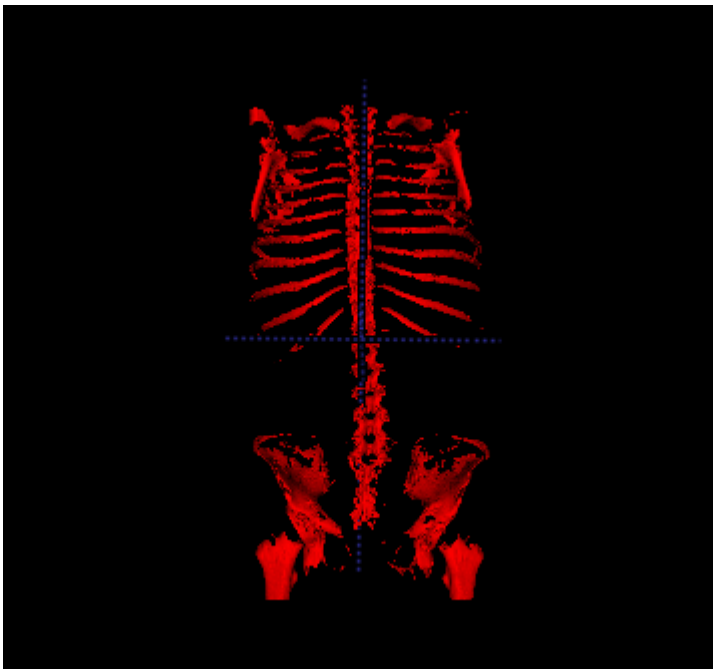
עבור תמונה 2:

ערך הסף הנבחר: 495

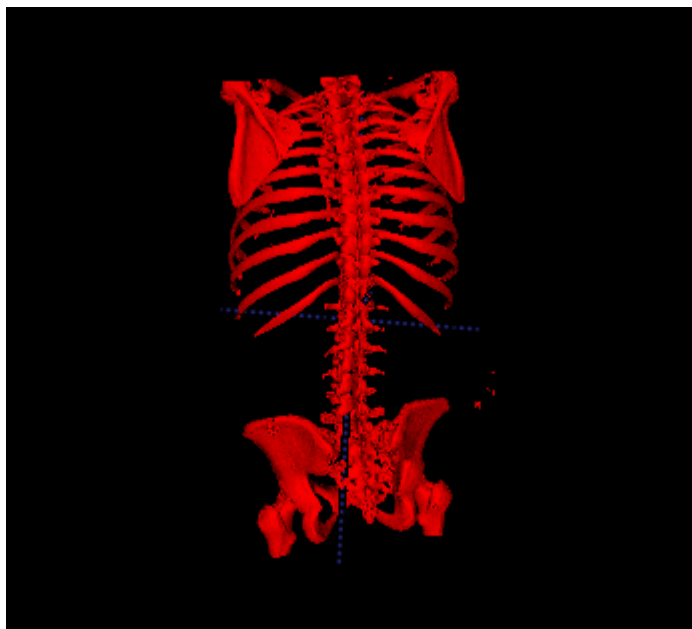
גרף:



עבור ערך 495:



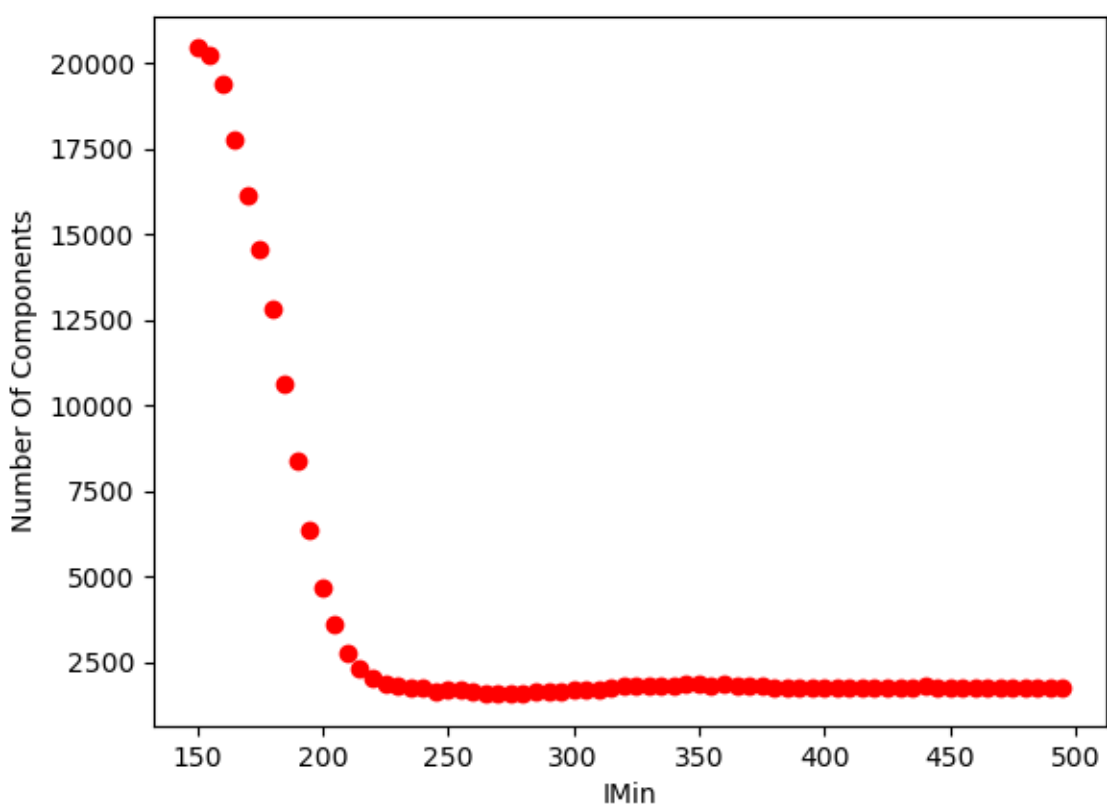
עבור ערך 200:



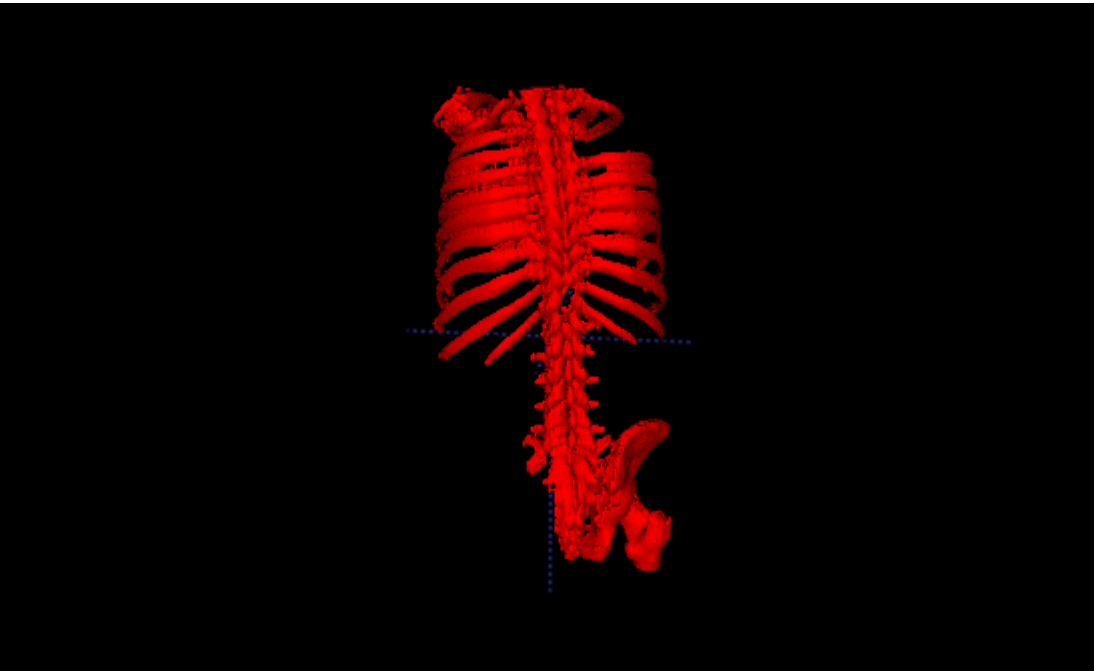
עבור תמונה 3:

ערך הסף הנבחר: 270

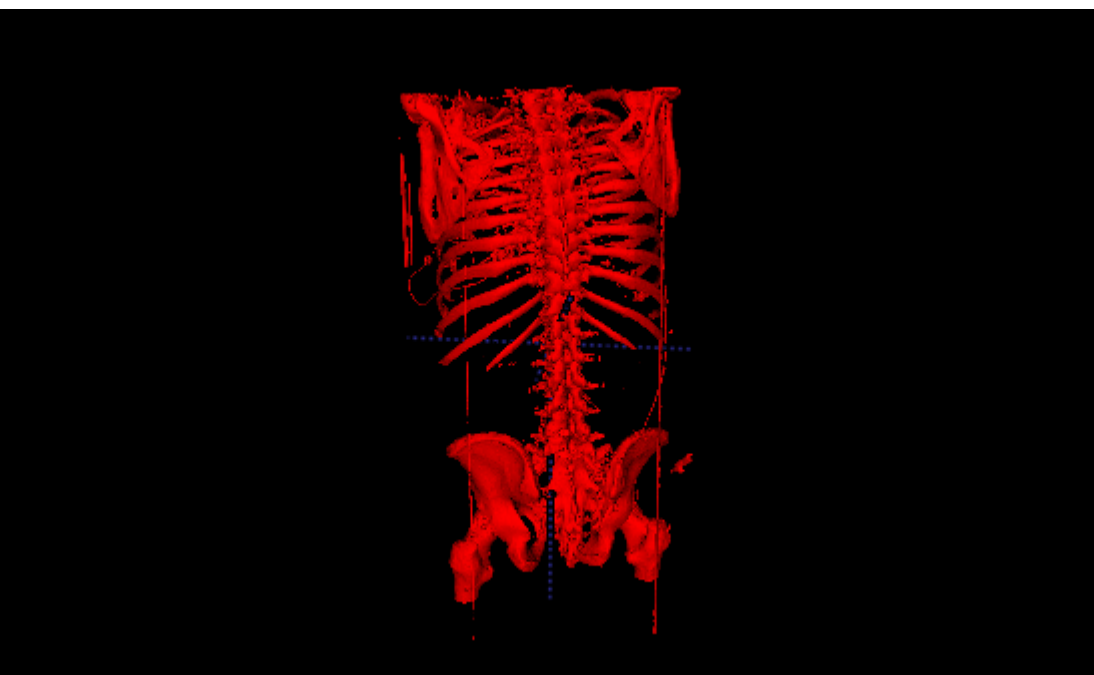
גרף:



עבור ערך 270:



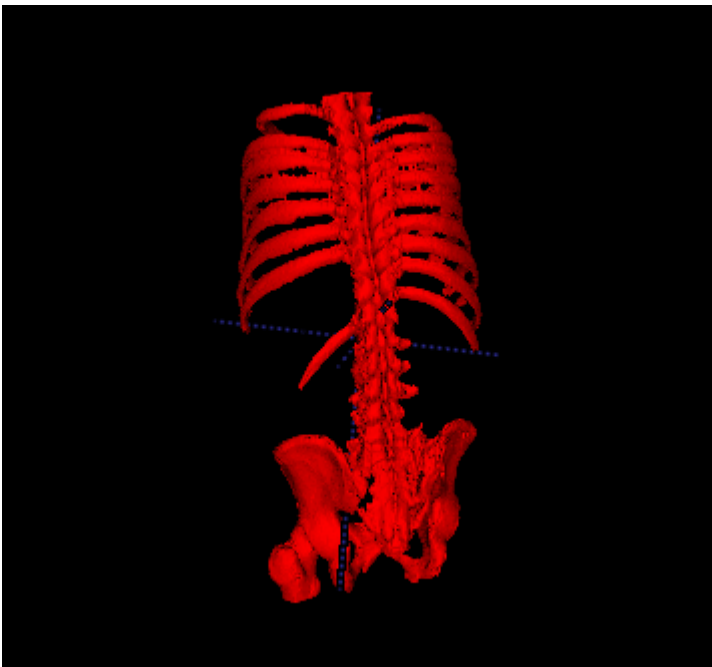
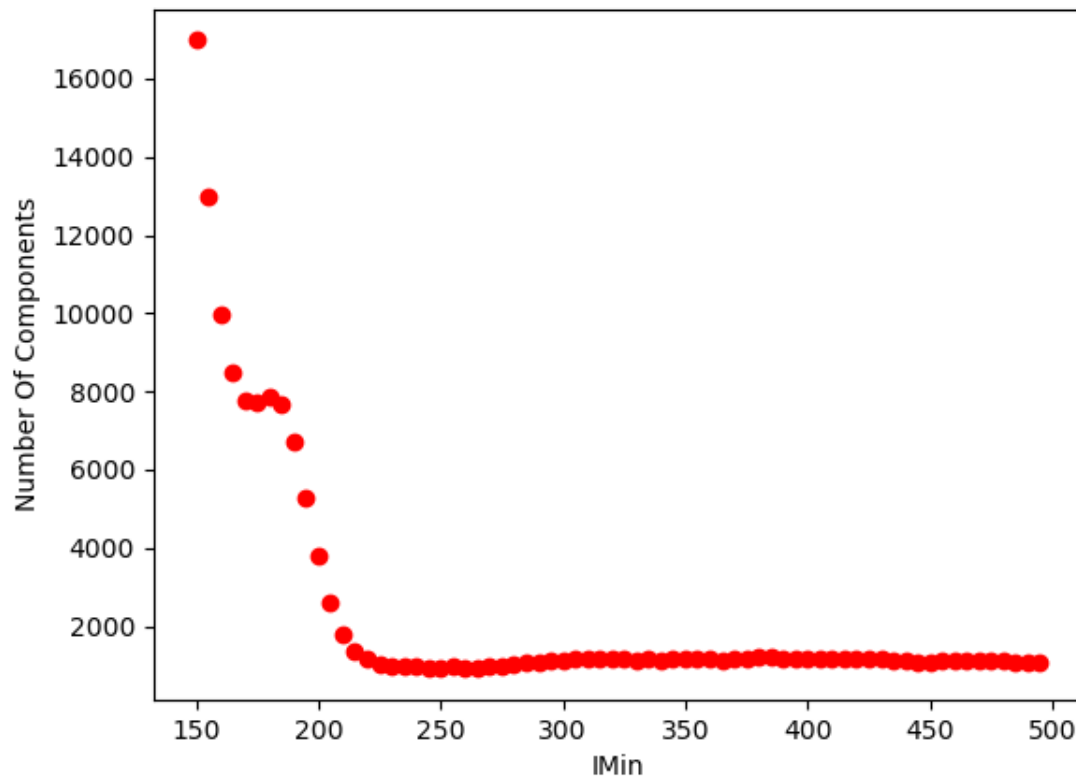
עבור ערך 200:



עבור תמונה 4:

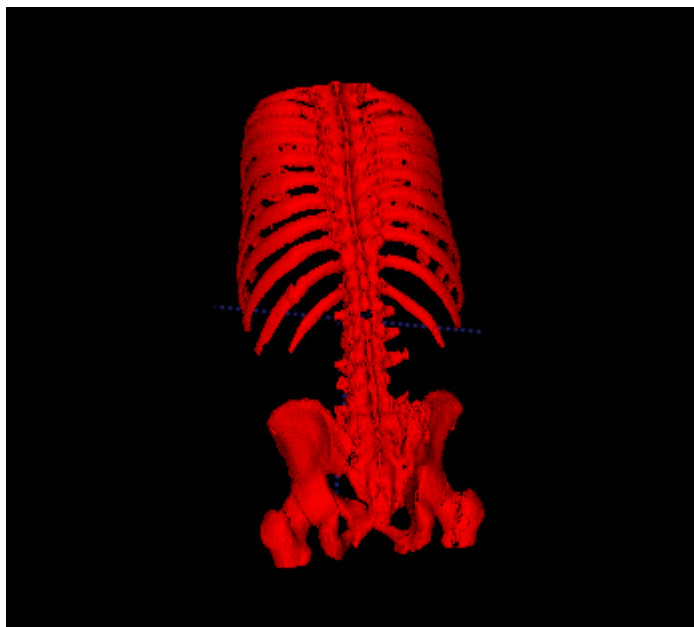
ערך הסף הנבחר: 250

גרף:



עבור ערך 250:

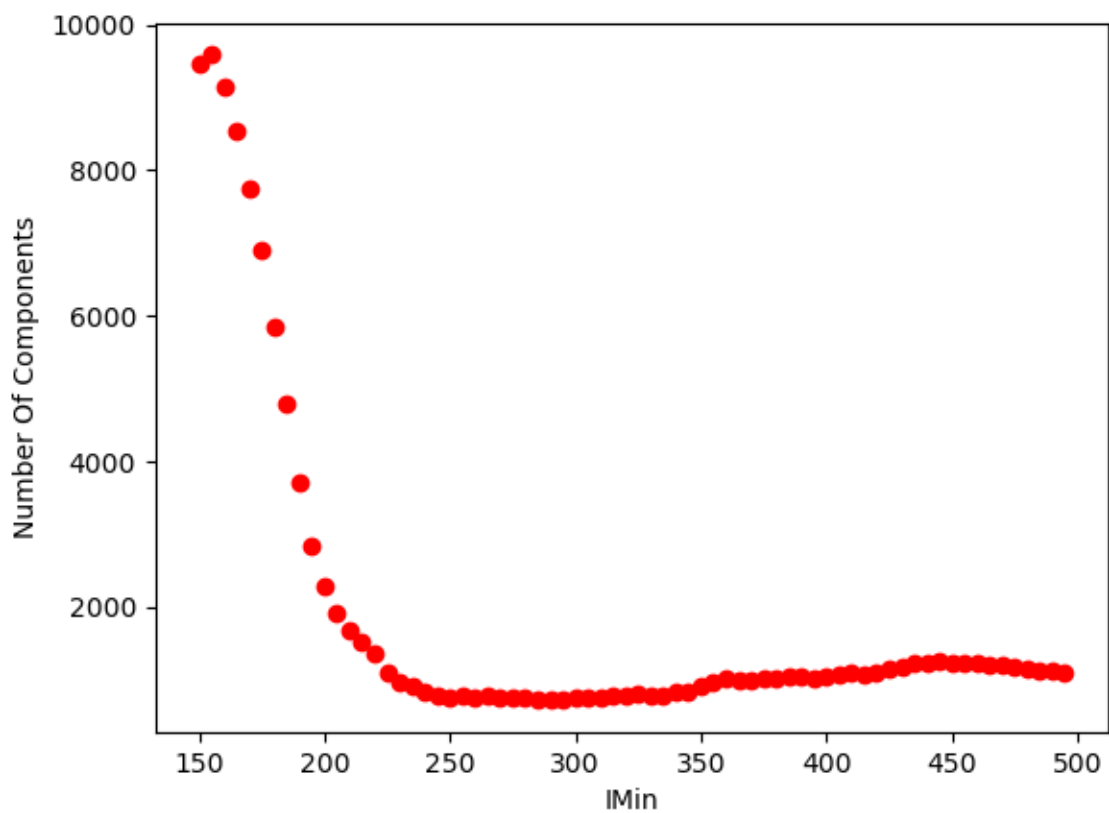
עבור ערך 200:



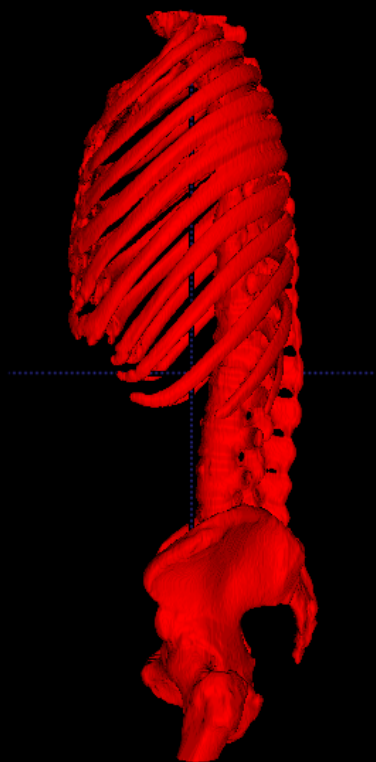
עבור תמונה 5:

ערך הסף הנבחר הוא 260:

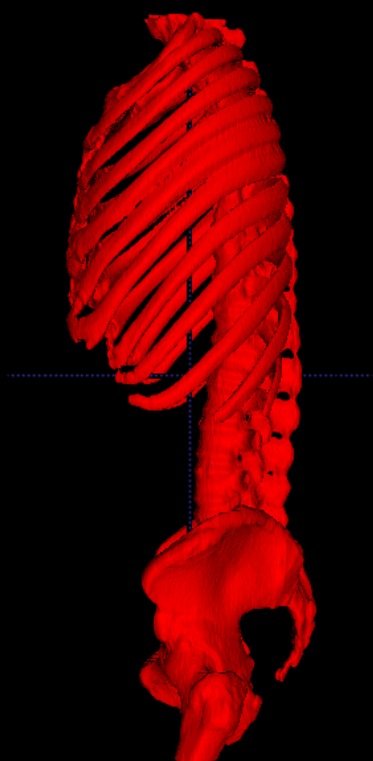
גרף:



עבור 260:



עבור ערך 200:



רואים שרוב ערכי הסף שקבלנו הם בין 200 – 300, חוץ מסריקה 2 והתמונה שקבלנו ממש רעה, וגם רואים שעבור ערך סף של 200 ההדמייה הייתה די ברורה ואפילו יותר מערכי הסף שקבלנו דרך הפונקציה כך שקבלנו קומפננטות של עצם יותר, וזה לא מוזר כי אנחנו בחרנו את הערך שיביא מספר הקומפננטות למינימום.

תוצאות סיגטליות, אקסיאליות וקורנליות ניתן לראות בתיקיות של התוצאות של כל סריקה.