# Informatyka w medycynie – siatkówka oka

#### 1. Język programowania:

-python

# biblioteki:

- matplotlib
- cv2
- tabulate
- numpy
- sklearn
- imblearn
- sklearnex
- skiimage
- 2. Zastosowane metody:

# Przetwarzanie obrazów

## Wczytanie obrazu i konwersja przestrzeni barw

- Obraz jest wczytywany za pomocą cv2.imread i konwertowany z BGR do RGB
- Wyświetlane są poszczególne kanały (R, G, B) oraz obraz w skali szarości
- Wykorzystanie kanału zielonego (G) jako podstawy dalszej analizy, ponieważ naczynia krwionośne są najbardziej widoczne w tym kanale

# Zastosowanie CLAHE – wyrównanie histogramu (Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization),który ma na celu poprawę kontrastu obrazu

- Wybór kanału zielonego i ograniczenie wartości pikseli do zakresu 10-245
- Zastosowanie CLAHE z parametrami clipLimit=2.0(próg ograniczenia kontrastu) i tileGridSize=(8, 8) (8×8=64 kafelki)
- CLAHE poprawia lokalny kontrast obrazu, co jest kluczowe dla uwydatnienia naczyń krwionośnych przy zachowaniu szczegółów

# Zastosowanie filtru Frangiego

- Filtr Frangiego jest stosowany z parametrem sigmas=np.arange(1, 5, 0.5)(od 1 do 5 z korkiem co pół) i black\_ridges=True(wykrywa ciemne grzbiety na białym tle)
- Normalizacja wyniku i progowanie z wartością 0.065(img\_frangi > 0.065, 1, 0)
- Usunięcie obramowania obrazu za pomocą funkcji remove\_border
- Filtr Frangiego jest specjalnie zaprojektowany do wykrywania struktur rurowych (jak naczynia krwionośne) poprzez analizę wartości własnych macierzy Hessego

# Sekwencyjne operacje morfologiczne otwarcia i zamknięcia

- Zastosowanie elementów strukturalnych w kształcie elipsy o różnych rozmiarach (5, 7, 15, 23)
- Operacje otwarcia usuwają małe obiekty i szumy
- Operacje zamknięcia wypełniają małe dziury i łączą bliskie struktury
- Sekwencyjne zwiększanie rozmiaru jądra pozwala na stopniowe usuwanie coraz większych struktur

#### Usuwanie tła

Usunięcie tła z obrazu

- Wykorzystanie ostatniego obrazu z sekwencji operacji morfologicznych jako przybliżenia tła
- Odjęcie tła od oryginalnego obrazu w skali szarości za pomocą cv2.subtract
- Zastosowanie rozmycia Gaussa (5x5) do wygładzenia wyniku
- Aby uczynić naczynia jeszcze bardziej widocznymi, zdecydowaliśmy się zastosować rozmycie Gaussa w celu usunięcia szumów z obrazu oryginalnego

## Normalizacja obrazu po usunięciu tła

- Ograniczenie wartości pikseli do zakresu 0-20
- Normalizacja do pełnego zakresu 0-255
- Zastosowanie CLAHE dla poprawy kontrastu do obrazu po usunięciu tła
- Normalizacja poprawia kontrast i ułatwia segmentację naczyń

## Binaryzacja i porównanie z maską eksperta

Dla celów porównania obrazów, przyjmujemy, że (w skali od 0 do 1), piksele o
wartości powyżej 0,75 otrzymują wartość 1, natomiast piksele o wartościach poniżej
tej granicy są traktowane jako 0. Jest to binarna maska odpowiedzi algorytmu.

## Ewaluacja wyników

Obliczenie metryk oceny jakości segmentacji

- Obliczenie macierzy pomyłek
- Wyliczenie metryk:
  - 1. dokładność (accuracy) oznacza, że X% wszystkich pikseli zostało poprawnie sklasyfikowanych
  - 2. czułość (sensitivity) oznacza, że X% pikseli naczyń zostało poprawnie wykrytych
  - 3. swoistość (specificity) oznacza, że X% pikseli tła zostało poprawnie zidentyfikowanych jako tło
  - 4. zbalansowana dokładność, to średnia arytmetyczna czułości i swoistości
  - 5. średnia geometryczna, to pierwiastek kwadratowy z iloczynu czułości i swoistości
- Metryki te są kluczowe do obiektywnej oceny jakości segmentacji, szczególnie w przypadku niezbalansowanych danych (gdzie piksele naczyń stanowią mniejszość)

# **Uczenie maszynowe**

W procesie przygotowania danych zastosowano metodę wycinków (patch-based approach), gdzie z każdego obrazu siatkówki pobierano fragmenty o wymiarach 5×5 pikseli. Dla każdego wycinka przeprowadzono ekstrakcję następujących cech:

- 1. Podstawowe statystyki:
  - Wariancja pikseli w wycinku
  - Średnia wartość pikseli
  - Odchylenie standardowe
- 2. Wartości ekstremalne:
  - Minimalna wartość piksela
  - Maksymalna wartość piksela
  - Zakres (różnica między wartością maksymalną a minimalną)
- 3. Momenty obrazu:
  - Momenty Hu (7 wartości)
  - Momenty centralne (mu20, mu11, mu02, mu30, mu21, mu12, mu03)
- 1. mu20, mu02: Opisują rozproszenie (wariancję) obiektu wzdłuż osi x i y. Związane są z orientacją obiektu.
- 2. mu11: Moment mieszany, który wskazuje na korelację między wartościami x i y, dostarczając informacji o orientacji obiektu.
- 3. mu30, mu03: Momenty trzeciego rzędu, które opisują skośność (asymetrię) wzdłuż osi x i y.
- 4. mu21, mu12: Mieszane momenty trzeciego rzędu, które dostarczają dodatkowych informacji o złożoności kształtu obiektu.

Ekstrakcja cech została zaimplementowana w funkcji extract\_features(), która przekształca każdy wycinek 5×5 w wektor cech o stałej długości. Etykiety dla każdego wycinka określano na podstawie wartości centralnego piksela w masce eksperta (wartość >128 klasyfikowana jako naczynie krwionośne).

# Wstępne przetwarzanie zbioru uczącego

Przed przystąpieniem do uczenia modelu, przeprowadzono następujące kroki przetwarzania wstępnego:

- 1. Przetwarzanie obrazów wejściowych:
  - Wykorzystanie kanału zielonego jako najbardziej informatywnego dla struktur naczyniowych
  - Ograniczenie wartości pikseli do zakresu 10-245

- Zastosowanie rozmycia Gaussa (5×5) w celu redukcji szumów
- Normalizacja kontrastu za pomocą CLAHE

#### 2. Balansowanie klas:

- Zastosowanie techniki Random Undersampling w celu zrównoważenia liczby próbek naczyń i tła
  - rus = RandomUnderSampler(sampling\_strategy=1, random\_state=42) oznacza, że stosunek będzie wynosił 1:1
- Redukcja zbioru uczącego do maksymalnie 30000 próbek w celu optymalizacji czasu uczenia

# 3. Podział danych:

- Wykorzystano 10 pierwszych obrazów jako zbiór treningowy
- Zastosowano podział train\_test\_split z parametrem test\_size=0.3 do wydzielenia zbioru walidacyjnego

W projekcie zastosowano klasyfikator **Random Forest** z optymalizacją hiperparametrów za pomocą przeszukiwania siatki (Grid Search). Przeszukiwanie przeprowadzono dla następujących parametrów:

- n\_estimators: liczba drzew w lesie
- max\_depth:- maksymalna głębokość drzewa
- min\_samples\_leaf: minimalna liczba próbek wymagana w liściu
- min\_samples\_split: minimalna liczba próbek wymagana do podziału węzła
   Optymalizacja została przeprowadzona z wykorzystaniem 3-krotnej walidacji krzyżowej (cv=3):
- 1. W każdej iteracji, 2 z 3 części danych są używane do trenowania modelu
- 2. Pozostała 1 część służy jako zbiór walidacyjny do oceny wydajności modelu
- 3. Proces jest powtarzany 3 razy, tak aby każda z 3 części danych raz posłużyła jako zbiór walidacyjny

Cały proces uczenia został zaimplementowany w postaci potoku (pipeline) z wykorzystaniem biblioteki imblearn, co pozwoliło na zintegrowanie procesu balansowania klas z procesem uczenia. Wyniki wychodzą podobne przy zastosowaniu scalera StandardScaler(), dlatego zdecydowaliśmy się na pominięcie tego kroku.

Aby przeprowadzić proces dostrajania modelu, tworzymy obiekt GridSearchCV, który będzie przeszukiwać siatkę parametrów w celu znalezienia najlepszego zestawu dla modelu. Parametr n\_jobs=-1 pozwala na wykorzystanie wszystkich dostępnych rdzeni procesora, przyspieszając tym samym proces dostrajania.

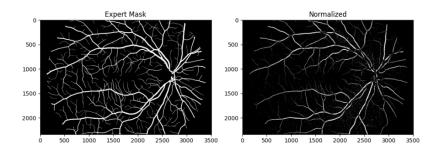
Zastosowane rozwiązanie opiera się na podejściu **patch-based z klasyfikatorem Random Forest**, co jest uzasadnione z następujących powodów:

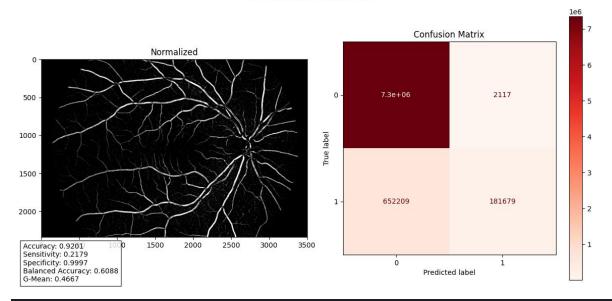
- 1. Efektywność obliczeniowa Random Forest oferuje dobrą wydajność przy relatywnie niskich kosztach obliczeniowych w porównaniu do głębokich sieci neuronowych
- Odporność na przeuczenie Random Forest jest mniej podatny na przeuczenie dzięki agregacji wielu drzew decyzyjnych, co jest istotne przy ograniczonej liczbie obrazów treningowych
- 3. Skuteczność przy danych niezbalansowanych Po zastosowaniu technik balansowania, Random Forest dobrze radzi sobie z problemem niezbalansowanych klas, co jest typowe dla segmentacji naczyń siatkówki (gdzie piksele naczyń stanowią mniejszość).
- 4. Zastosowanie kanału zielonego oraz technik przetwarzania wstępnego (CLAHE, rozmycie Gaussa) jest zgodne z najlepszymi praktykami w przetwarzaniu obrazów siatkówki, gdzie naczynia krwionośne są najlepiej widoczne właśnie w tym kanale.

Wyniki testów hold-out potwierdzają skuteczność zastosowanego podejścia, szczególnie w kontekście wysokiej swoistości, co jest istotne w zastosowaniach medycznych, gdzie fałszywe pozytywne wyniki mogą prowadzić do błędnych diagnoz. Analizując uzyskane wyniki, można stwierdzić, że istnieje potencjał do dalszej poprawy. Jednym z czynników, który mógłby wpłynąć na lepsze rezultaty, jest zwiększenie liczby próbek tła. Chociaż RandomUnderSampler pozwala na zrównoważenie klas, jego parametry ograniczają się do zakresu 0-1, co może wpłynąć na ogólną jakość modelu.

# Obraz 1:



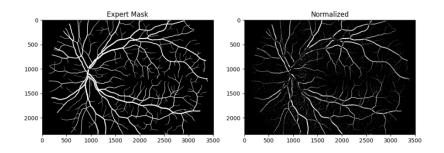


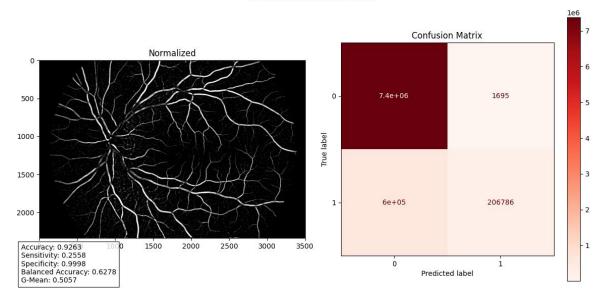


Method		Accuracy	Sensitivity		Specificity		Balanced Accuracy   G-Mean
1:		: -		1-		: -	:[:[
Frangi		0.9048	0.1082		0.9951		0.5517   0.3282
Normalize	d	0.9201	0.2179		0.9997		0.6088   0.4667

# Obraz 2:



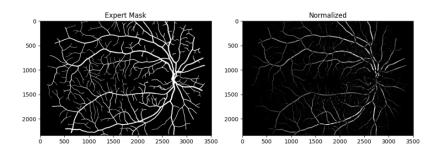


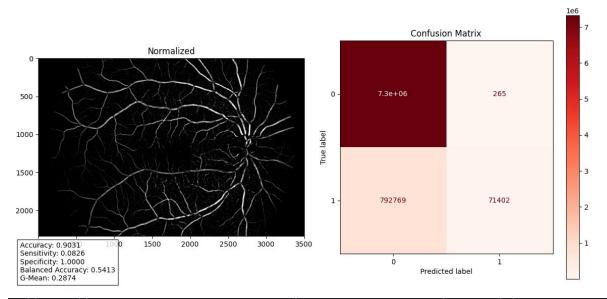


C:\python3\py	thon	.exe "C:\	Users	\Sławek\Desk	(top	\studia\sem_6\	Informatyka	_w_medycyn:	ie\siatkowka	oka∖main.py"
Method		Accuracy	8	ensitivity		Specificity	Balanced	Accuracy	G-Mean	
1:				:		:		: -	:	
Frangi		0.9052		0.0576		0.9981		0.5279	0.2397	
Normalized		0.9263		0.2558		0.9998		0.6278	0.5057	

# Obraz 3:



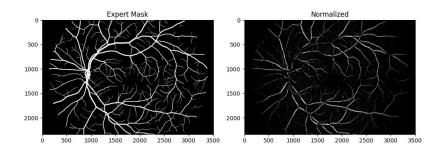


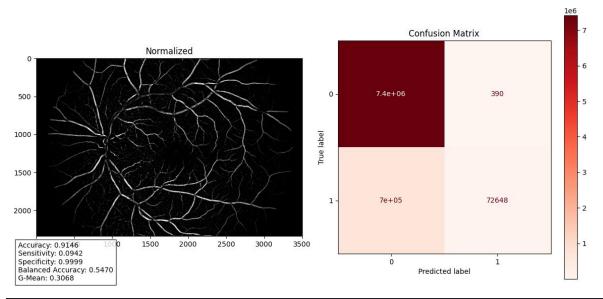


Method	Accuracy	Sensitivity	Specificity	Balanced Accuracy   G-Mean	
:	 : -	:	:	:[:[-	
Frangi	0.8967	0.0732	0.9939	0.5335   0.2697	
Normalized	0.9031	0.0826	1	0.5413   0.2874	

# Obraz 4:



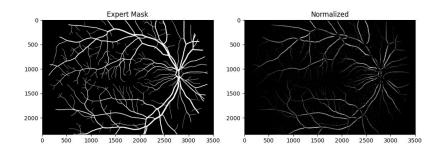


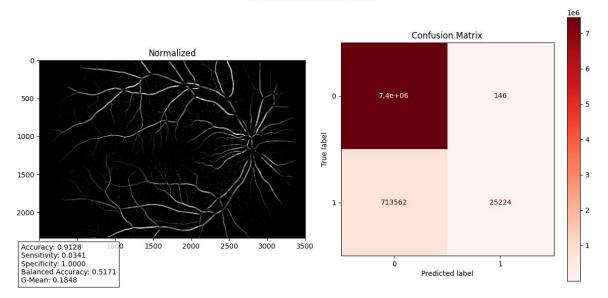


Method	Accuracy	Sensitivity	Specificity   Ba	alanced Accuracy   G-Mean	
:	:	:	:	: :	
Frangi	0.9094	0.0862	0.9951	0.5406   0.2929	
Normalized	0.9146	0.0942	0.9999	0.547   0.3068	

# Obraz 5:







::    Frangi	Method	I	Accuracy	Sensi	itivity	Specificity	Ba	lanced Accuracy	1	G-Mean	
	:				:				:	:	
	Frangi		0.9087	I	0.0415	0.9947		0.5181		0.2031	
Normalized   0.9128   0.0341   1   0.5171   0.1848	Normalized		0.9128	I	0.0341	1		0.5171		0.1848	

### Uczenie maszynowe:

