


<b>Techniki Obrazowania Medycznego - projekt</b>		Rok: 2020
Tytuł projektu: „Automatyczna segmentacja nerek i zmian w ich obrębie”		
Imię i nazwisko: Nowosińska Natalia, Oleksy Karol, Schneider Zofia, Staniszewski Jacek		Numer zespołu: 2
Data oddania projektu: 22.06.2020		Ocena:

## 1. Cel projektu:

Celem niniejszej pracy jest rozwiązanie problemu zaprezentowanego na konferencji naukowej MICCAI 2019 - napisanie w języku Python algorytmu automatycznej segmentacji nerek i nowotworów nerek na obrazach pochodzących z tomografii komputerowej. Na podstawie dostępnych danych [1] należało zaproponować rozwiązanie, z wykorzystaniem zmodyfikowanych, omawianych na laboratorium metod, a także dokonać ewaluacji uzyskanych wyników.

## 2. Wykorzystane metody:

### a. Rozpakowanie i konwersja obrazów do formatu PNG:

- Modyfikacja funkcji `visualize.py` – usunięcie fragmentów kodu odpowiadających za nałożenie segmentów określających położenie nerki i guza

### b. Automatyczne wczytywanie i przetwarzanie:

- Utworzenie pętli iterującej po wszystkich plikach PNG zawierających cyfrę w nazwie, znajdujących się w folderze z danymi – wykorzystanie funkcji `glob.glob`

### c. Preprocessing:

- Usunięcie z obrazu linii pochodzących od łóżka poprzez progowanie obrazu, zastosowanie filtru Gaussa na powstałej masce, który powoduje rozmycie linii określających łóżko oraz ponowne progowanie – wykorzystanie własnych funkcji `gaussian_smoothing`, `get_binary_image` i `otsu_threshold`
- Automatyczne kadrowanie obrazu za pomocą dwóch zagnieżdżonych pętli – jedna ma na celu określenie prawej i lewej granicy przekroju ciała pacjenta, a druga górnej i dolnej – wykorzystanie własnej funkcji `cut_image`
- Wyrównanie histogramu z wykorzystaniem pakietowych funkcji `skimage.exposure.cumulative_distribution` oraz `numpy.interp`

### d. Znalezienie przekrojów zawierających nerki:

- Utworzenie maski o ręcznie dobranych wymiarach
- Nałożenie maski na obraz pozyskany po preprocessingu poprzez przemnożenie

- Wyznaczenie histogramów osobno dla każdego obszaru potencjalnego występowania nerek za pomocą funkcji *matplotlib.pyplot.hist*
- Symetryczna detekcja pików pochodzących od nerek na histogramach – wykorzystanie wbudowanej funkcji *scipy.signal.find\_peaks\_cwt* oraz własnej funkcji *find\_image\_with\_kidneys* zwracającej pierwszy obraz spełniający założenia, ścieżkę do wskazanego pliku oraz wartość jasności pikseli generujących pik
- Znalezienie punktu początkowego dla algorytmu rozrostu obszarów poprzez wyszukiwanie piksela centralnego z grupy pikseli, których średnia ma wartości zbliżone do wartości w piku histogramu za pomocą funkcji własnej *get\_seed*
- Dokonanie rozrostu obszaru dla znalezionej zdjęcia w wyszukanym punkcie za pomocą funkcji własnej *region\_growing\_local*
- Usunięcie pustych obszarów w obrębie nerki na uzyskanym obrazie binarnym dzięki funkcji *skimage.morphology.remove\_small\_holes*, a następnie wyznaczenie środka masy masek dla obu nerek osobno, w celu wyznaczenia pikseli początkowych dla funkcji rozrostu obszarów na sąsiednich przekrojach – funkcja własna *get\_new\_seeds*
- Zastosowanie rozrostu obszarów dla przekrojów poprzedzających i występujących po wyszukanym obrazie do momentu, aż dla aktualnie analizowanego obrazu poprzedzający go obraz nie zawiera obszarów poddanych rozrostowi
- Przeskalowanie wszystkich otrzymanych masek wyodrębniających nerki, wygenerowanie półprzezroczystych, kolorowych obszarów oraz ich nałożenie na oryginalne obrazy CT, a także zapis otrzymanych obrazów w formacie PNG – funkcja własna *save\_to\_png*

e. Ewaluacja wyników:

- Automatyczne wczytywanie dostarczonych obrazów oraz obrazów własnych (obu z zaznaczonymi obszarami nerek) i ich porównanie za pomocą algorytmu średniej kwadratowej RMS oraz podobieństwa strukturalnego
- Obliczenie średnich wartości parametrów, ich odchyleń standardowych oraz odchyleń względnych procentowych
- Zapis danych w formacie CSV

### 3. Napotkane problemy:

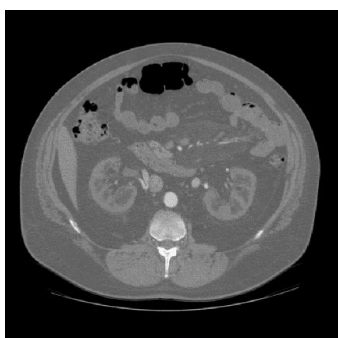
Jednym z napotkanych problemów jest brak automatycznego doboru progów przy przetwarzaniu obrazów – w obecnej wersji algorytmu zostały one zmodyfikowane ręcznie i są stałe. Problem pojawił się także przy wykorzystywaniu funkcji poszukującej punktów początkowych do algorytmu rozrostu – środek masy nie zawsze występował na obszarze nerki, jednak zaimplementowany został warunek, który w takiej sytuacji odpowiednio przesunie wskazany punkt. Trudnością w niektórych przypadkach był również zbyt duży rozrost obszaru spowodowany brakiem wyraźnej granicy pomiędzy tkankami przylegającymi na przekrojach do nerek.

Mimo prób, nie udało się skutecznie wyselekcjonować obszaru guza od nerki. Podjęto próbę wyznaczenia progu i zastosowania progowania, jednak struktura nerki jest na tyle zróżnicowana, iż nie udało się osiągnąć zadowalającego rezultatu.

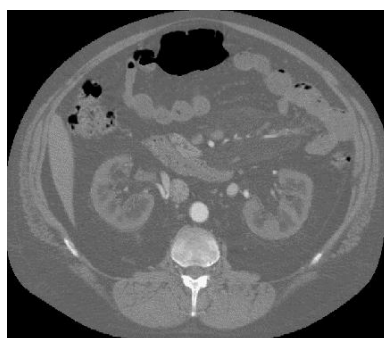
#### 4. Prezentacja wyników:

Algorytm rozpoczyna swoją pracę od rozpakowania plików z rozszerzeniem GZ, w efekcie czego pozyskana jest seria obrazów w formacie PNG z zaprezentowanymi przekrojami CT ciała pacjenta. Algorytm iteruje po wszystkich zdjęciach w obrębie jednej serii, wykonując wszystkie procesy omówione wyżej, czego efektem jest seria zdjęć przekrojów z zaznaczonymi kolorem obszarami nerek.

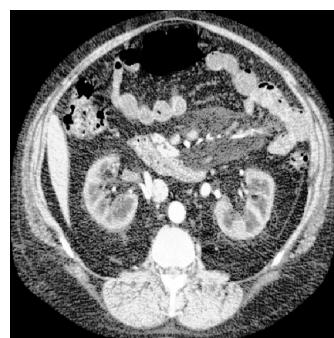
W wyniku preprocessingu, z wyjściowego obrazu wyeliminowane zostały linie pochodzące od łóżka. Obraz został przeskalowany, a jego histogram wyrównany. Zdjęcie przekroju wyjściowego, przekroju wykadrowanego z usuniętymi liniami od łóżka oraz przekroju pozyskanego po preprocessingu przedstawiono na rysunkach 1., 2. oraz 3.



*Rysunek 1. Obraz oryginalny*

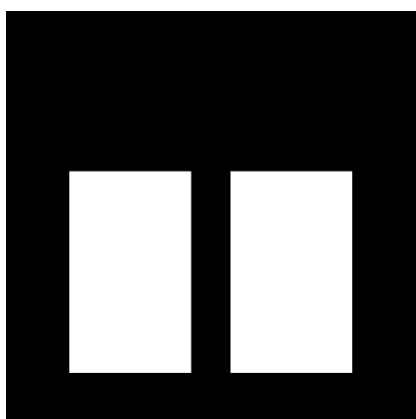


*Rysunek 2. Obraz oryginalny z usuniętymi liniami pochodzącymi od łóżka i wykadrowany*

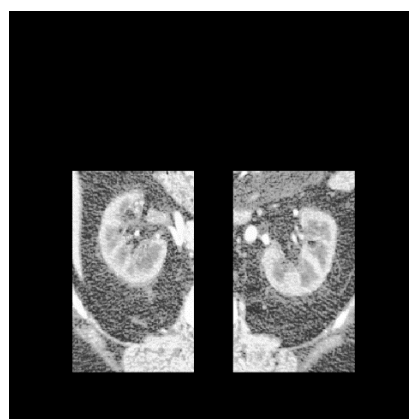


*Rysunek 3. Obraz po preprocessingu*

W kolejnym kroku utworzono maskę, która miała za zadanie wyodrębnić obszary występowania nerek. Dobrana maska i przykładowy obraz po jej zastosowaniu przedstawiono na rysunkach 4. i 5.

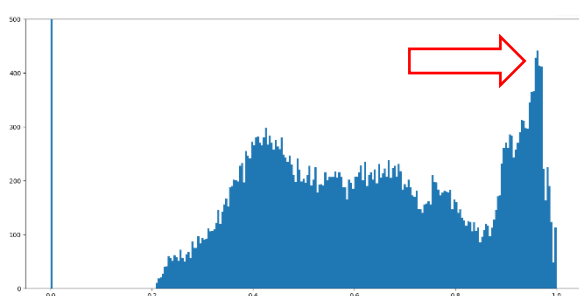


*Rysunek 4. Dobrana maska*

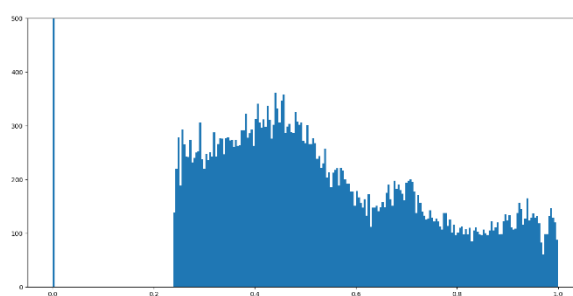


*Rysunek 5. Obraz po zastosowaniu maski*

Dla obu obszarów potencjalnego występowania nerek wyrysowano histogramy, na podstawie których określono wartość piksu odpowiadającego pikselom należącym do nerek. Mając te wartości, możliwe było określenie punktu startowego, od którego pracę rozpoczynał algorytm rozrostu obszarów. Poniżej przedstawiono dwa przykładowe histogramy – jeden dla obszaru zawierającego nerki, drugi dla obszaru, w którym nerki nie występują – rysunki 6. i 7. Na histogramie z rysunku 6. zauważalny jest wyraźny pik, wykorzystany w dalszej części projektu do detekcji nerek.

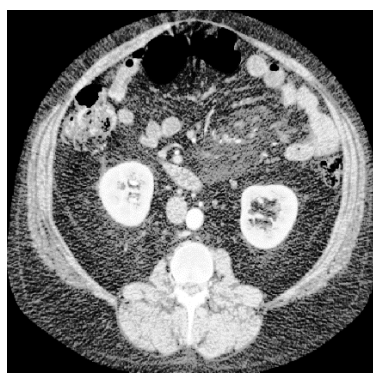


*Rysunek 6. Histogram dla obrazu zawierającego nerki z zaznaczonym pikiem*



*Rysunek 7. Histogram dla obrazu nie zawierającego nerek*

Po znalezieniu pierwszego obrazu, dla którego w obu obszarach zostały wykryte piki pochodzące od nerek, wyszukiwane są punkty startowe dla algorytmu rozrostu obszarów, poprzez analizę grup punktów, których średnia jest najbliższa wartości piksu pozyskanego z histogramu. Dla uzyskanych punktów startowych, algorytm rozpoczyna swoje działanie, w wyniku czego powstaje pierwsza maska pochodząca wyłącznie od obszaru nerek. Rysunek 8. przedstawia obraz, na który zostanie nałożona maska, rysunek 9. – maskę pozyskaną w wyniku opisanego procesu, a rysunek 10. prezentuje zdjęcie z nałożoną maską.



*Rysunek 8. Obraz na który będzie nałożona maska*

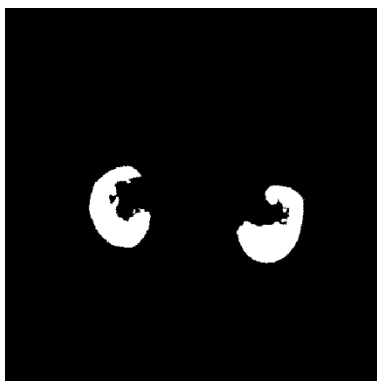


*Rysunek 9. Wygenerowana maska*



*Rysunek 10. Zdjęcie z nałożoną maską*

W kolejnym etapie algorytm, wychodząc od uzyskanego przekroju, rozpoczyna iterację po kolejnych, sąsiadujących zdjęciach. Na każdym z przekrojów wyznacza punkt startowy i ponownie dokonuje rozrostu obszarów, dzięki czemu pozyskiwane są kolejne przekroje nerek. Na rysunkach 11., 12. i 13. przedstawiono kolejno trzy przykładowe maski będące rezultatem działania funkcji.



*Rysunek 11. Pierwsza przykładowa maska*



*Rysunek 12. Druga przykładowa maska*

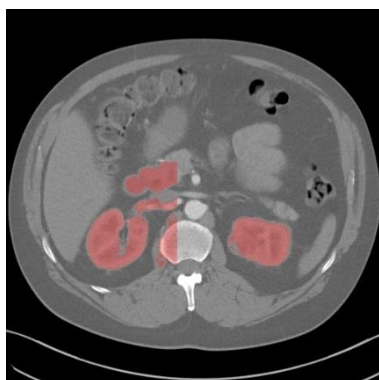


*Rysunek 13. Trzecia przykładowa maska*

Ostatnim etapem jest przeskalowanie otrzymanej maski, nadanie jej koloru i nałożenie w formie półprzezroczystej warstwy na obraz oryginalny. W wyniku tych operacji pozyskane są zdjęcia przedstawione na rysunkach 14., 15. i 16. – najlepszy, pośredni i najgorszy rezultat dla wszystkich przeanalizowanych przypadków.



*Rysunek 14. Najlepszy wynik segmentacji*



*Rysunek 15. Pośredni wynik segmentacji*



*Rysunek 16. Najgorszy wynik segmentacji*

## 5. Ewaluacja wyników

Uzyskane wyniki poddano ewaluacji zgodnie z procedurami opisanymi w punkcie 2. W związku z tym, iż nie udało się skutecznie rozróżnić tkanki zdrowej od chorej, ewaluacja została przeprowadzona tylko dla obszarów z wykrytymi nerkami. Zestawienie obliczonych parametrów, wraz z ich średnimi, odchyleniami standardowymi i względnymi odchyleniami procentowymi zestawiono w tabeli 1.

*Tabela 1. Wartości średnie i odchylenia standardowe parametrów wyliczonych podczas ewaluacji.*

Przyp.	RMS			SSIM		
	Średnia	Odchylenie stand.	Odchylenie stand. względne	Średnia	Odchylenie stand.	Odchylenie stand. względne
4	0,0053	0,0053	100%	0,9988	0,0013	0,13%
9	0,0087	0,0080	92%	0,9987	0,0013	0,13%
12	0,0052	0,0082	158%	0,9984	0,0026	0,26%
13	0,0062	0,0083	134%	0,9974	0,0038	0,39%
15	0,0164	0,0103	63%	0,9952	0,0037	0,37%
18	0,0036	0,0061	166%	0,9991	0,0016	0,16%
21	0,0062	0,0054	87%	0,9979	0,0020	0,20%
28	0,0059	0,0085	145%	0,9988	0,0019	0,19%
37	0,0123	0,0090	73%	0,9972	0,0022	0,22%
38	0,0201	0,0048	24%	0,9926	0,0024	0,24%
41	0,0131	0,0070	54%	0,9969	0,0025	0,25%
44	0,0072	0,0096	132%	0,9981	0,0030	0,30%
45	0,0053	0,0063	120%	0,9978	0,0028	0,28%
50	0,0194	0,0134	69%	0,9927	0,0067	0,68%
51	0,0087	0,0064	74%	0,9968	0,0030	0,31%
57	0,0100	0,0080	80%	0,9960	0,0032	0,32%
61	0,0092	0,0043	46%	0,9947	0,0022	0,22%
64	0,0059	0,0077	131%	0,9987	0,0019	0,19%
74	0,0075	0,0091	122%	0,9964	0,0050	0,50%
76	0,0048	0,0079	163%	0,9987	0,0021	0,21%
83	0,0120	0,0089	74%	0,9949	0,0043	0,44%
89	0,0214	0,0093	43%	0,9912	0,0039	0,40%
90	0,0077	0,0089	116%	0,9985	0,0019	0,19%
97	0,0104	0,0123	117%	0,9964	0,0050	0,50%
104	0,0036	0,0072	203%	0,9991	0,0020	0,20%
106	0,0067	0,0095	141%	0,9977	0,0034	0,34%
107	0,0099	0,0123	123%	0,9965	0,0050	0,50%
108	0,0139	0,0094	67%	0,9959	0,0031	0,31%
110	0,0065	0,0053	81%	0,9973	0,0026	0,26%
119	0,0207	0,0115	56%	0,9951	0,0036	0,36%
127	0,0044	0,0053	122%	0,9983	0,0021	0,21%
129	0,0118	0,0065	55%	0,9956	0,0030	0,30%
130	0,0144	0,0087	60%	0,9948	0,0047	0,47%
134	0,0116	0,0039	33%	0,9971	0,0015	0,15%
138	0,0186	0,0111	59%	0,9928	0,0057	0,57%
143	0,0076	0,0089	117%	0,9974	0,0037	0,37%
147	0,0085	0,0084	98%	0,9974	0,0028	0,29%
152	0,0123	0,0084	68%	0,9947	0,0037	0,37%
168	0,0069	0,0071	103%	0,9973	0,0032	0,32%

## 6. Dyskusja

Parametr RMS jest miarą różnicy między dwoma obrazami. W celu ewaluacji wyników porównano obrazy wygenerowane za pomocą opracowanego algorytmu z dostarczonymi obrazami wzorcowymi. Wartość RMS równa 0 informuje, iż porównane obrazy są identyczne. Analizując dane w tabeli 1. można zauważyć, iż segmentacja żadnego z przeanalizowanych przypadków nie pokrywała się z wzorcowymi rezultatami. Ponadto wartości badanych parametrów pomiędzy poszczególnymi przypadkami wykazują duże wahania.

Wartości RMS w obrębie jednego przypadku są mocno zróżnicowane, co sugeruje, iż algorytm nie realizuje swojego zadania z jednakową skutecznością na każdym obrazie. Analizując pojedyncze przypadki można zauważyć, iż najmniejsze względne odchylenie standardowe wykazały obrazy z przypadku 38, a największe – z przypadku 104.

Parametr podobieństwa strukturalnego SSIM informuje o zmianach w strukturze pomiędzy otrzymanymi obrazami i obrazami dostarczonymi do porównania. Pozwala określić, jak bardzo krawędzie obszarów nerek w wygenerowanych obrazach różnią się od krawędzi obrazów wzorcowych. Im większa wartość tego parametru (bliższa 1), tym mniej różnic między analizowanymi obrazami. Wartości SSIM we wszystkich przypadkach są bardzo duże i zbliżone do siebie. Różnice są zauważalne dopiero w obrębie części tysięcznych i dziesięciotysięcznych. Jest to wynikiem porównania całych obrazów między sobą, różnice natomiast obejmują stosunkowo niewielką liczbę pikseli. Mimo to można porównywać wartości odchylen względnych między poszczególnymi przypadkami – największe odchylenie wykazuje przypadek 50, a najmniejsze – przypadek 4 i 9.

Sama wartość odchylen standardowych względnych dla obu parametrów nie świadczy o poprawności pracy algorytmu. Może wystąpić sytuacja, w której wartość średnia wybranego parametru odbiega od pożądanej i jednocześnie wykazuje bardzo niewielkie odchylenie standardowe – co jest obserwowane w przeanalizowanych przypadkach. Świadczy to o tym, że algorytm działa niepoprawnie w poszczególnych przypadkach, zatem wykazuje błąd systematyczny.

## 7. Podsumowanie

Udało się stworzyć algorytm, który w poprawny, aczkolwiek niedoskonały sposób wykrywa obszary nerek i zaznacza je. Podjęto próbę odróżnienia obszaru guza od nerki – niemniej nie udało się odróżnić tych obszarów. W związku z tym, na obecnym etapie algorytm nie nadaje się do profesjonalnych zastosowań i wymaga dopracowania w wielu aspektach. Jednym z nich jest czas wykonywania całego kodu. Algorytm jest oparty na wielu pętlach, które często w obrębie jednej iteracji operują na całym obrazie. Aby skrócić czas jego realizacji należałoby zmienić strukturę kodu, tak by zredukować liczbę wykonywanych pętli.

Należałoby również znaleźć automatyczny sposób, za pomocą którego można by było ustalać progi i zakresy wartości, które w obecnej wersji algorytmu są dobierane ręcznie. Podobnie, konieczne jest wypracowanie uniwersalnego kryterium, według którego algorytm w odpowiednim momencie zakończy swoje działanie – powinno to nastąpić w momencie, w którym na kolejnych obrazach nie występują przekroje nerek.

Prace nad projektem były wykonywane wspólnie w ramach wideokonferencji. Wszyscy członkowie zespołu w równej mierze uczestniczyli w implementacji algorytmu. Podział pracy uwzględniony w planie projektu został zrealizowany.

## **8. Bibliografia**

- [1] <https://kits19.grand-challenge.org/data/>
- [2] Richard Szeliski: „Computer Vision: Algorithms and Applications”, Springer, 2010
- [3] Rafael C. Gonzalez, Richard E. Woods: „Digital Image Processing”, Prentice Hall, 2001