DERİN ÖĞRENME TABANLI BEYİN TÜMÖRÜ SEGMENTASYONU TESPİT SİSTEMİ

Proje Tematik Alanı

Bilgi ve İletişim Teknolojileri Sağlık

Kastamonu Üniversitesi

Bilgisayar Mühendisliği Bölümü

Sema Nur KAYA

174410027

Bahri ÇÖKMEZ

174410035

Proje Danışmanı

Dr. Öğr. Üyesi Yasemin GÜLTEPE

İçindekiler

1. Ozet	3
2. Problem Tanımı	
2.1. MRI Sekansları.	3
2.2 MRI Sekansları	3
3. Projede Kullanılan Yöntem.	3
3.1. Veri Seti	4
3.2. Kullanılacak Sinir Ağı	4
3.3. Eğitim(Training)	4
3.4. Derin Öğrenmesi Adımları	4
4. Programlama Bilgileri	6
5. Görev Aşamaları	
6. Sonuç	6
7. Maliyet Raporu	7
8. Kaynaklar	7

1. Özet

Yapay sinir ağlarının daha fazla gizli katman içererek büyük veriler üzerinde karmaşık kalıpları kolayca öğrenmesi ile artık günümüzde birçok problem daha hızlı çözülebilir hale geldi. Artık birçok farklı sektörde bile derin öğrenme modelleri kullanılarak daha hızlı çözümler üretebiliyoruz. Özellikle son zamanlarda sağlık alanında bu modellerin uygulamaya alınmasıyla birlikte akıllı sistemler, birçok hastalığı önceden tespit edebilmekte veya uzman bir kişinin göremediği ayrıntıları gözden kaçırmamaktadır. Medikal görüntüleme alanında bir proje geliştirmeye ve MRI ile beyin tümörü tespiti ve segmentasyonu üzerine çalışmaya karar verdik. Bu projeyi seçmemizdeki temel amaç; medikal görüntüleme alanına giriş yapmak ve fikir edinmek, farklı derin öğrenme modellerini uygulayarak anlamak ve geliştirmek, tecrübe kazanmak. Kanser gibi hastalıkların önceden tespiti için bu teknolojilerin kullanılması, birçok insan hayatını kurtarabilir veya farklı çözümler üretebiliriz. Mevcut veri setleri ve kullanılan derin öğrenme algoritmaları ile oluşturulan model, en yüksek performansı vermek üzere kurulmaktadır.

Beyin tümörü, dünya genelinde en çok ölüme neden olan ve hızlı ilerleyen kanser türlerinden biri olarak kabul edilmektedir. Bu durumun en önemli nedeni olarak hastaların ileri evrede doktora gitmesi ve geciken teşhis gösterilmektedir. Günümüz yapay zeka teknolojilerinden derin öğrenme ile kanser teşhisine yönelik objektif ve daha hassas sonuçlar elde edilmiştir. Derin öğrenmesi, karmaşık örüntü algılama ve veriye dayalı karar verebilme özellikleri ile ele alınan problemin çözümünü kendi kendine öğrenebilen bilgisayar algoritmalarının genel adıdır.

Bu çalışmada, beyin tümörü segmentasyonu tespiti için güncel bir veri kümesi üzerinde literatürde bulunan çeşitli derin öğrenmesi sınıflandırma yöntemleri kullanılarak karşılaştırmalı bir analiz yapılacaktır. Analiz sonuçları, gerçekleştirilecek derin öğrenmesi yöntemlerinin kullanılan veri kümesi üzerinde ne kadar başarılı olacağının sonuçlarını gösterecektir. Elde edilen sonuç değerleri literatürdeki benzer çalışmalarla kıyaslanarak beyin tümörü segmantasyonun tespitine çözüm için hangi derin öğrenmesinin daha başarılı olabileceğine dair öngörü sahibi olmayı mümkün kılacaktır.

2. Problem Tanıma

Beyin tümörleri ciddi hastalıklardır. Ancak beyninde tümör taşıyıp hayatına hiçbir şey yokmuş gibi devam eden şanslı insanlar da bulunmaktadır. Bu şanslı insanlar sadece yüzde 1'lik bir orana sahip olsalar da zamanında tespit edildiğinde ameliyatla bu tümörlerden kurtulmak mümkündür. Beyin tümörü grubunda ameliyat edilebilen grup sadece %10'luk dilimdir ve bu çok önemlidir. Çünkü %90'lik kesimi için birincil tedavi aşaması olan cerrahi tedavinin uygulanamadığı anlamına gelmektedir. Beyin tümörü beyindeki hücrelerin veya kitlenin anormal büyümesidir. Her tümör öldürücü olmasa da beyin tümörlerinde, beyin dokusunun istisnai bir durumu vardır. İyi huylu tümörler de beyin kafatası içinde kapalı bir odada yer aldığından öldürücü olabilir. Bu nedenle beyin tümörlerinin tümü öldürücü olmasa da mutlaka kontrol altında tutulmalı ve doğru müdahale edilmelidir. Proje sayesinde beyin tümörüne sahip olup olmadığı bilinmeyen bir hastanın, tümörünün olup olmadığını belirlemek üzere hasta hakkında bir öngörü elde edilecektir. Bu tümör türü ile ilgili mevcut veriseti üzerinde derin öğrenmesi yöntemleri kullanılacaktır. derin öğrenmesi yöntemleriyle ortaya çıkacak modelin erken teşhis başta olmak üzere birçok avantajı da beraberinde getireceği söylenebilir.

2.1.MRI Sekansları

MRI, nöroloji ve beyin cerrahisinde en sık kullanılan görüntüleme tekniklerinden biridir. Canlıların içyapısını görüntüleme amacıyla daha çok tıpta kullanılan bir yöntemdir. Beyin, omurilik ve damar anatomisinin ayrıntılarını sunar ve her üç düzlemde (Sagital düzlem, uzunlamasına düzlem, koronal düzlem) anatomiyi görselleştirme avantajına sahiptir.

Sekans, MRI sinyali oluşturmak için uygulanan radyo frekans pulse, gradient ve sinyal toplama süreçlerini gösteren veridir. MRI'da 3 temel sekans vardır.

En sık kullanılan MRI sekansları T1, T2 ve Flair olarak adlandırılır. Bu her bir sekansın özellikleri birbirinden farklıdır.

T1 — Kısa zamanlamalı radyo frekansları kullanılır. Kontrast madde sonucunda görüntüyü daha parlak ve anatomiyi daha iyi gösterir. Subakut kanamayı (methemoglobilin) iyi gösterir.

T2 — Uzun zamanlamalı radyo frekanslar kullanılır. Kontrast ve parlaklık dokunun özelliğine göre belirlenir.

Flair — Çok uzun zamanlamalı radyo frekanslar kullanılır. T2'ye biraz benzerdir fakat görüntü daha karanlıktır ve anormallikler daha parlaktır.

Biz de eğiteceğimiz veriyi bu özellikleri araştırarak kararlaştırdık ve Flair görüntüleri üzerinden ilerleme kararı aldık. Flair üzerinden gitmemizin ana sebebi tümörün diğer sekanslara oranla daha belirgin gözükmesidir ve bu şekilde modelimizi daha kolay ve başarılı eğitebiliriz diye düşündük.

2.2.Segmentasyon (Görüntü Bölütleme)

Bir görüntüyü farklı özelliklerin tutulduğu anlamlı bölgelere ayırmayı bölütleme olarak tarif edebiliriz. Yani, her piksel için etiketler çıkartılır ve tahminler yapılarak çıkarımlar sağlanır. Görüntü bölütlemenin blackbone (ana yapısını oluşturan) kısmını oluşturan birkaç önemli birkaç model:

- AlexNet
- GoogLeNet
- VGG-16
- ResNet

3. Projede Kullanılan Yöntem

3.1 Veri Seti

Derin öğrenmesi yöntemleri kadar kullanılan veri setindeki öznitelikler de bu yöntemlerin başarısını etkileyen önemli unsurlardan biridir. MRI görüntülerini nereden toplayacağımızı öğrenmek için ilk olarak internette bu alanda yapılan çalışmaları araştırdık ve bunun sonucunda BraTS adlı yarışmanın verilerini kullanmaya karar verdik. BraTS adlı bu

yarışma Pensilvanya Üniversitesi tarafından 2013 yılından beri her yıl düzenlenmektedir. MRI görüntülerini almak için üniversiteye başvurduk ve kendileri verileri paylaşmaya kabul ettiler. Biz de bu çalışmada BraTS 2019 MRI görüntülerini kullandık. BraTS, 259 adet örnek ve 1295 adet öznitelikten oluşmaktadır. Öznitelik listesinde öne çıkan öznitelikler; Baş ağrısı, baş ağrısına eşlik eden bulantı ve kusma, nöbetler, hareket ve denge sorunları gibi faktörlerdir.

3.2.Kullanılacak Sinir Ağı

U-Net: U-Net, Almanya'daki Freiburg Üniversitesi Bilgisayar Bilimleri Bölümü'de, biyomedikal görüntü segmentasyonu için geliştirilen bir evrimsel sinir ağıdır. Ağ tamamen evrişimli sinir ağları üzerine kuruludur ve mimarisi, daha az eğitim görüntüsü ile çalışmak ve daha hassas bölümleme sağlamak için genişletildi.

3.3.Eğitim(Training)

U-Net'in verilen verileri ne kadar iyi modellediğini anlamak için kayıp /yitim (loss) fonksiyonları uyguladık.

Kayıp/Yitim (Loss) hesabı yaklaşımları

Standart ikili çapraz entropi ve Dice:

Dice yöntemi, özellikle biyomedikal görüntülerde sıklıkla kullanılan bir performans kriteridir. Biz de U-Net modelini eğitirken Dice yönteminden yararlandık.

Bölütleme performansını değerlendirmek için kullanılır ve piksel temelli bir ölçüttür. Hedeflenen matris ile tahmin edilen matris arasındaki ötüşen piksel oranıdır. Dice hesabı ile ilişkilidir.

3.4. Derin Öğrenmesi Adımları

görüntüleri NIFTI formatında geliyor formattaki görüntüleri ve bu okumak için <u>SimpleITK</u> kütüphanesini kullandık. Eğer flair haricinde farklı sekans kullanılırsa, normalizasyon algoritması kullanılması gerektiğini de belirtelim. Her bir MRI görüntüsünde görüntüsünde toplam 600 slayt var ve her görüntünün 60–120 arasında olan slaytları eğitim verisi olarak kullandık. Çünkü bu aralıklarda tümör varsa direkt belli olmaktadır. Eğitime hazır hale getirmek ve görüntülerden anlamsal bir şeyler çıkarmak içinse görüntülerin ortalamasını ve standart sapmasını alarak Sıfır Ortalama Normalizasyon / Birim Norm

Normalizasyon (Zero Mean Normalization / Unit Norm Normalization, Boyut indirgeme işlemi

uygulanan verisetinin üzerinde)uygulanacaktır.

Son olarak da verilerimizi **x.npy** ve **y.npy** formatındaki dosyalarda saklıyoruz ve verimiz artık

eğitime hazır.

Derin öğrenmesi için oldukça önemli olan verilerin boyutunu (öznitelik) azaltma (indirgeme)

yöntemi uygulanacaktır. Bu projede boyut azaltma yönteminde Temel Bileşen Analizi

(Principle Components Analysis, PCA) ve Doğrusal Diskriminant Analizi (Linear Discriminant

Analysis, LDA) algoritmaları kullanılacaktır. Seçilen bu algoritmalar LCDS verileri üzerinde

denenecektir. Oluşan yeni BraTS verilerinin etiketli verileri tekrar sınıflandırma algoritmaları

ile eğitilip ardından etiketsiz verileri ile test edilecektir.

Projenin sonucu olarak; derin öğrenmesi tabanlı beyin tümörü tespitinde, bir öngörüye sahip

olabilmek için derin öğrenmesi için en iyi hangi algoritmanın olacağına karar verilecektir.

4.Programlama Bilgileri

Derin öğrenmesi tabanlı beyin tümörü segmentasyonu tespit sistemi, derin öğrenmesi alanında

son zamanlarda artan bir şekilde kullanılan Python programlama dili ile geliştirilecektir.

İşlemler Windows 8 işletim sisteminde, Python'unun 3.7 sürümü kullanılarak

gerçekleştirilecektir. Burada Jupyter ve Colab üzerinden çalışmalarımı yürüttümAyrıca Python

üzerinden veri işleme ve raporlama işlemleri için işe Anaconda Enterprise kullanılacaktır.

5.Görev Aşamaları

Proje başlangıç tarihi: 01.10.2020

Proje bitis tarihi: 02.06.2018

6.Sonuç

Gerçekleştirilecek bu proje sayesinde hızlı ilerleyen kanser türleri arasında beyin tümörünün

erken teşhisi için model çıkararak erken teşhisin yapılabilirliği artacaktır. Böylece erken

müdahale için bir fırsat doğmus olacaktır. Proje sonucunda elde edilecek basarı performans

değerleri, bu konuda derin öğrenme yöntemlerinden en etkin olanlarının bulunması ve

problemin teşhisine yönelik kullanılması planlanmaktadır. Bu nedenle proje sonucunda beyin

tümörü tespiti alanında derin öğrenmesi algoritmaları ile başarılı sonuçlar elde edildiği takdirde

hem doktorlara hem de hastalara fayda sağlayacağı düşünülmektedir. Proje sonucunda; beyin

tümörü teşhisinde, erken tanı ve teşhis imkanı sağlayarak çok daha önemli ve başarılı bir konuma ulaşılması hedeflenmektedir.

7.Maliyet Raporu

ALINAN DONANIM:	FİYAT
Kingston 8GB 1600mhz DDR3 Notebook Sodimm Ram	400
Ram Takım Ücreti	50
Udemy Eğitim Seti	36
Sandisk 1 TB Extream PRO V2 Harici SSD(2000MB okuma /2000MB Yazma)	2.800
SanDisk 64gb ixpand Mini usb 3.0 Flash Bellek	190
TOPLAM	3.476

9.KODLAR VE AÇIKLAMASI

Zipli dosyalara ulaşabilmemiz için şu kod parçacığını yazmamız gerekiyor. Buradaki gibi yazdığımızda zipli dosyalarımıza erişmiş olacağız.



Zipli dosyalarımıza ulaştığımıza da şu şekilde anlayabiliriz;

```
In [3]: files
Out[3]: ['C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519_2013_10_1\\BraT519_2013_10_1_flair.nii.gz',
                         \\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\Bra7519_2013_11_1\\Bra7519_2013_11_1 flair.nii.gz
                   'C:\\Users\\user1\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519_2013_12_1\\BraT519_2013_12_1 flair.nii.gz
                         \\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_2013_13_1\\BraTS19_2013_13_1_flair.nii.gz
                    'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519 2013 14 1\\BraT519 2013 14 1 flair.nii.gz'.
                   'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\Bggbir\\BraT519_2013_17_1\\BraT519_2013_17_1 flair.nii.gz
'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\bggbir\\BraT519_2013_18_1\\BraT519_2013_18_1 flair.nii.gz
                   C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\Aggbir\\BraTS19_2013_19_1\BraTS19_2013_19_1_flair.nii.gz
C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\Aggbir\\BraTS19_2013_20_1\\BraTS19_2013_20_1_flair.nii.gz
                   'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519_2013_21_1\\BraT519_2013_21_1 flair.nii.gz
                         \\Users\\user1\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519_2013_22_1\\BraT519_2013_22_1_flair.nii.gz
                    C:\\Users\\user1\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19 2013 23 1\BraTS19 2013 23 1 flair.nii.gz
                   C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_2013_25_1\\BraTS19_2013_25_1 flair.nii.gz
'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_2013_26_1\\BraTS19_2013_26_1 flair.nii.gz
                   C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19 2013 27 1\\BraTS19 2013 27 1 flair.nii.gz
                         \\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519_2013_2_1\\BraT519_2013_2_1_flair:nii.gz',
                   'C:\\Users\\userI\\Desktop\\denemeI\\hggbir\\BraTS19 2013 3 1\\BraTS19 2013 3 1 flair.nii.gz'.
                    C:\\Users\\user1\\Desktop\\denemel\\hggbir\\BraTS19_2013_4_1\\BraTS19_2013_4_flair.nii.gz
C:\\Users\\user1\\Desktop\\denemel\\hggbir\\BraTS19_2013_5_1\\BraTS19_2013_5_1_flair.nii.gz
                   'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_2013_7_1\\BraTS19_2013_7_1_flair.nii.gz',
'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_AAB_1\\BraTS19_CBICA_AAB_1 flair.nii.gz'
                   C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19 CBICA AAG 1\\BraTS19 CBICA AAG 1 flair.nii.gz
                         \\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519_CB1CA_AAL_1\\BraT519_CB1CA_AAL_1_flair.nii.gz
                    C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519 CBICA AAP 1\\BraT519 CBICA AAP 1 flair.nii.gz'.
                   C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hagbir\\BraTS19_CBICA_ABB_1\\BraTS19_CBICA_ABB_1 flair.nii.gz
C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hagbir\\BraTS19_CBICA_ABE_1\\BraTS19_CBICA_ABE_1 flair.nii.gz
                   C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_ABM_1\\BraTS19_CBICA_ABM_1 flair.nii.gz
                         \\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519_CBICA_ABN_1\\BraT519_CBICA_ABN_1_flair.nii.gz
                    'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraT519 CBICA ABO 1\\BraT519 CBICA ABO 1 flair.nii.gz'.
                   'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hagbir\\BraT519_CBICA_ABY_1\\BraT519_CBICA_ABY_1 flair.nii.gz
'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hagbir\\BraT519_CBICA_ALN_1\\BraT519_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_CBICA_ALN_1\\alpharts19_C
                   'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_ALU_1\\BraTS19_CBICA_ALU_1_flair.nii.gz
'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_ALX_1\\BraTS19_CBICA_ALX_1 flair.nii.gz
                    C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hagbir\\BraTS19 CBICA AME 1\\BraTS19 CBICA AME 1 flair.nii.gz*
                         \Vsers\\user1\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_AMH_1\\BraTS19_CBICA_AMH_1_flair.nii.gz
                         \\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19 CBICA ANG 1\\BraTS19 CBICA ANG 1 flair.nii.gz
                   'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_ANI_1\\BraTS19_CBICA_ANI_1 flair.nii.gz
'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_ANF_1\\BraTS19_CBICA_ANF_1 flair.nii.gz
                   C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_CBICA_ANV_1\\BraTS19_CBICA_ANV_1 flair.nii.gz',
```

Burada kullanacağımız veri setinin yollarına ulaşmış olduk.

```
In [4]: len(files)
Out[4]: 102

In [5]: import skimage io as io

In [6]:

In [7]: files[3]
Out[7]: 'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_2013_11_1\\BraTS19_2013_11_1_flair.nii.gz'

In [8]: pip install SimpleITK
    Requirement already satisfied: SimpleITK in c:\users\user1\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-packages (2.0.2)
Note: you may need to restart the kernel to use updated packages.
In [9]: img= io.imread(örnek,plugin='simpleitk')
```

Dosyalarımıza ulaştıktan sonra dosyamızın uzunluğuna baktık. Sonuç olarak ta bize 102 olarak bir değer döndürdü.

Elimizdeki emar görüntülerini numpy'e çevirmek için skimage kütüphanesini kullanarak numpy hale getirmiş olduk.

Burada numpy olarak oluşturduğumuz dosyanın yoluna ulaşabiliyor muyuz diye kontrolünü sağladık. Bunun içinde örnek nesnesi ile çağırdık.

```
In [9]: img= io.imread(örnek,plugin='simpleitk')

In [10]: img.shape

Out[10]: (155, 240, 240)

In [11]: img.dtype

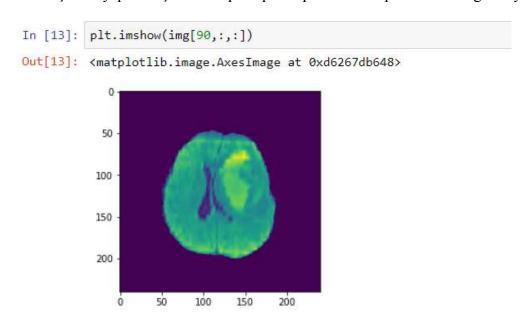
Out[11]: dtype('int16')

In [12]: import matplotlib.pyplot as plt
```

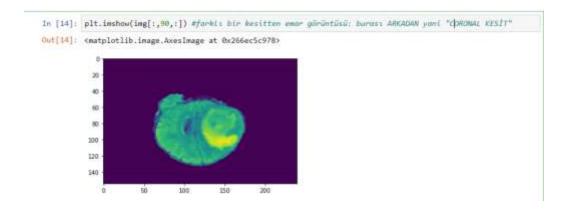
Burada dosyayı hangi plugin ile okumamız gerektiğini belirledik . Biz burada simpleitk ile okumamız gerekiyor çünkü tibbi, emar gibi görüntüleri incelemek için özel olarak hazırlanmış bir plugindir.

Daha sonrasında elimizdeki veri setinin boyutlarını inceledik. Bizim görüntülerimiz burada 3 boyutludur. Burada en, boy ve derinlik olarak düşünmemiz gerekiyor.

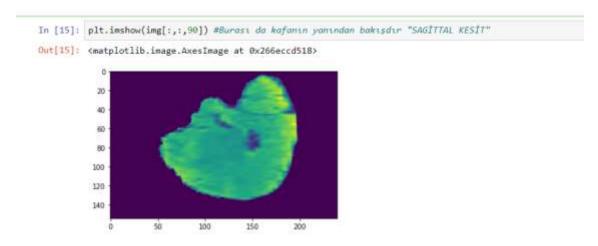
Görselleştirme yapmak için de matplotlip kütüphanesini import etmemiz gerekiyor.



Buradaki sarı olan bölge tümörlü alandır "Yukarıdan Bakış" aslında diğer bir deyişle AXİAL(TRANSVERS) kesittir.



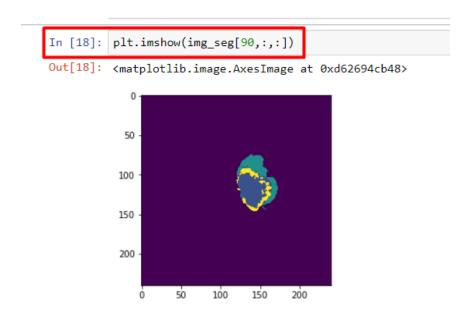
Farklı bir kesitten emar görüntüsü: Burası "arkadan" bakış yani "CORONAL KESİT" olarak adlandırılır.



Burası da kafanın yanından bakışdır "SAGİTTAL KESİT" olarak adlandırılır.

Buradaki görüntüler emar görüntülerinin ham halleridir. Segmente edilmemiş ham halleridir. Segmente edilmiş görüntüler için şu kodlar yazılır:

İlk önce dosyamızın yolunu aldık . daha sonrasında flair uzantılı olan dosyadan segmente edilmiş kısımları incelemek için .flair yazan yere "seg" yazıp imread ile okuduktan sonra artık görüntüleri pyplot ile görselleştirmesini sağlamış oluruz.

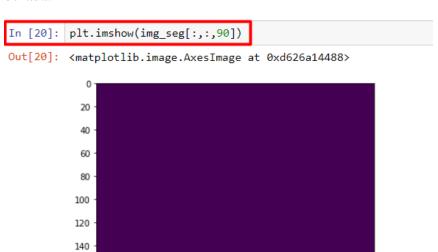


Bu tümörün segmente edilmiş halidir.

```
In [19]: plt.imshow(img_seg[:,90,:])
Out[19]: <matplotlib.image.AxesImage at 0xd6269a9c88>

0
20
40
60
80
100
120
140
```

Yukarıdaki ham olarak elde edilen görüntülerin tek tek segmente hallerini elde ediyoruz burada.

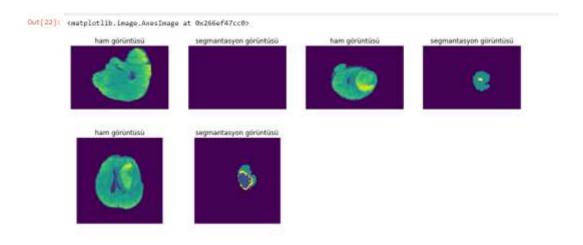


100

150

200

Burada segmente olarak elde ettiğim görüntüler ve ham olarak bulunan görüntülerimi görselleştirmeye çalışacağım. Bu şekilde oluşturduğum grafikler sayesinde modelimizin eğitimi ve tahmin işlemlerindeki başarı oranını daha iyi elde edebiliriz.



Definasyon işlemi:

```
In [25]: import skimage.io as io
         import matplotlib.pyplot as plt
         import numpy as np
          import random as r
          def seg_array(path,end,label):
              files = glob.glob(path+end,recursive=True)
              img_liste = []
              r.seed(9)
              r.shuffle(files)
              for file in files:
                  img = io.imread(file,plugin='simpleitk')
                  if label == 1:
                      ing[ing != 0 ] = 1 # tow tümür
                      ing[ing != 1 ] = 0 # nekroz
                  if label == 3:
                      ing[ing == 2 ] = 0 # ōdemsiz tūmōr
                      ing[ing != 0 ] = 1
                  if label == 4:
                      ing[ing != 4 ] = 0 # genisleyen tümör
                      ing[ing == 4 ] = 1
                  img.astype('float32')
                  for slice in range(60,130):
                      ing_s = img[slice,:,:]
img_s = np.expand_dims(img_s,axis=0)
                      img_liste.append(img_s)
              return np.array(img_liste,np.float32) #///////
```

```
img_s = img[slice,:,:]
           img_s = np.expand_dims(img_s,axis=0)
           img_liste.append(img_s)
   return np.array(img_liste,np.float32) #!!!!!!!
def train_array(path,end):
   files = glob.glob(path+end,recursive=True)
   img_liste = []
   r.seed(9)
   r.shuffle(files)
   for file in files:
       img = io.imread(file,plugin='simpleitk')
       img = (img-img.mean())/ img.std()
       img.astype('float32')
       for slice in range(60,130):
           img_s = img[slice,:,:]
           img_s = np.expand_dims(img_s,axis=0)
           img_liste.append(img_s)
    return np.array(img_liste,np.float32) #!!!!!!!
```

Glob modeli sayesinde emar görüntülerin bulunduğu dosyanın yolunu string bir şekilde files dosyasına atama işlemi gerçekleştirdik. Daha sonrasında da boş liste tanımladık bu boş liste en sonunda elimizdeki bütün arrayleri ekleme imkanı sağlayacak.

r.seed(9) bu komutla dosyaları karıştırma işlemini sağladık.

Karıştırma işlemini yaptıktan sonra dosya konumları için teker teker bütün dosyaların konumlarını bulamamızı sağlayacak.

img = io.imread(file,plugin='simpleitk') teker teker bütün dosyaların konumlarını saykıt image konumlandırarak emar görüntülerini elde edeceğiz.

img = (img-img.mean())/ img.std() #standart hale getirmemize vardımcı olur.

```
In [24]: files[0]

Out[24]: 'C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\hggbir\\BraTS19_2013_10_1\\BraTS19_2013_10_1_flair.nii.gz'

In [25]: img.shape

Out[25]: (155, 240, 240)

In [26]: a= img[61,:,:]

In [27]: a.shape #bah meselaw burada 2 bayutlu çıkar ama şimdi expand ile 3 bayutlu yaparız

Out[27]: (240, 240)

In [28]: örnek_a = np.expand_dims(a,axis=0)

In [29]: örnek_a.shape #ve bu şakilde 240,240 olan a'ya "1" olarak bayut ataması sağladık

Out[29]: (1, 240, 240)
```

U_net modeli 3 boyuttan oluşan görseller beklemektedir. Bu yüzden bizde expand ile boyut eklemesi gerçeklestirdik.

```
In [30]: yol='C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\'
In [31]: train = train_array( yol, '**\\*flair.nii.gz')
```

Burada klasörümüzün içerisine girip verisetine ulaşmamızı sağlar.

```
In [28]: yol='C:\\Users\\userl\\Desktop\\denemel\\"
In [29]: train = train_array( yol, '**\\*flair.nii.gz')

In [30]: train.shape
Out[30]: (7140, 1, 240, 240)

In [31]: train_re= train[0].reshape(240,240)

In [32]: train[0].shape
Out[32]: (1, 240, 240)

In [33]: train_re.shape
Out[33]: (240, 240)
```

Burada 4 boyutlu bunun mantığı model for lopta olduğu gibi bir bir alır ve tekrar üç boyutlu hale gelir.

axise 0 'a eşitleyerek bir model düşürmüş oluruz.

train_re= train[0].reshape(240,240) bu kodla yeniden şeklimizi boyutlandırma işlemi yapıyoruz .

train re.shape burada bir katmanı silip sadece 240 ve 240 kalmış olur.

En sonunda pyplot ile görselleştirme işlemini gerçekleştirdim.

```
In [36]: plt.imshow(train[1000].reshape(240,240))
Out[36]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x266f314f98>

0
50
100
150
200
50 100 150 200
```

Şimdi ise segmantasyon kısımlarını yapmaya çalışacağız.

Ham görüntüler 4 bölümden oluşur segmentasyon kısımlar ise de kendi içerisinde rakamlarla 3 bölümden oluşmaktadır.

1=nekroz

2=ödem

4=genişleyen tümör

```
In [38]: img_seg.shape #segmentasyon kisim

Out[38]: (155, 240, 240)

In [39]: plt.imshow(img_seg[90,:,:])

Out[39]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2600fe13c8>

0
50
100
150
200
```

Ilk önce segmente olarak elde edilen görüntüye ulaşmamız gerekiyor bunun içinde img_seg ile segmente edilmiş görüntüye ulaşmış oluruz. Daha sonrasında bu segmente olarak elde edilmiş görüntüyü görselleştirmek için pyplot ile görselleştirme işlemini yaptık.

Çıkan çıktıdaki sonuçları şu şekilde okuyabiliriz;

turkuaz alan =ödem

sarı renk=genişleyen tümör

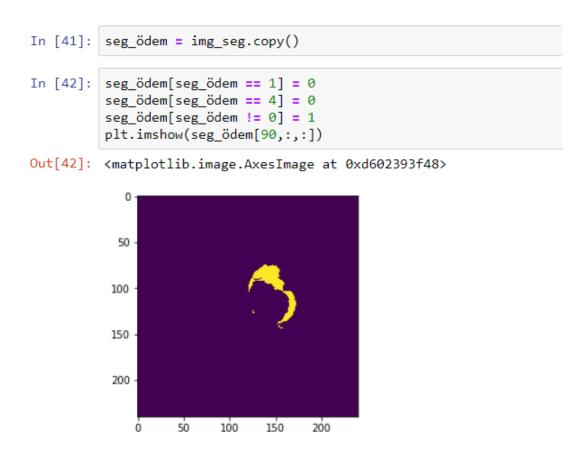
merkezdeki alan ise nekroz kısım

segmantasyonun tam kısmını kopyalama işlemi yaparak yapmamız gerekiyor 0'a eşit olmayan her alanı 1 yap diyoruz kodda En son da tümörlü alanı gösteriyoruz.

```
In [39]: seg_nekroz = img_seg.copy()
In [40]: seg_nekroz[seg_nekroz != 1] = 0
plt.imshow(seg_nekroz[90,:,:])
Out[40]: <matplotlib.image.AxesImage at 0xd602338548>

0
50
100
200
```

ödemle kıyasla çok küçük kalır ve aslında biraz dezavantaj çünkü modelin öğrenmesini zorlaştırıyor.



sadece ödemli kısmı alabilmek için 1 ve 4 numaralı alanı iptal etmemizi gerekiyor

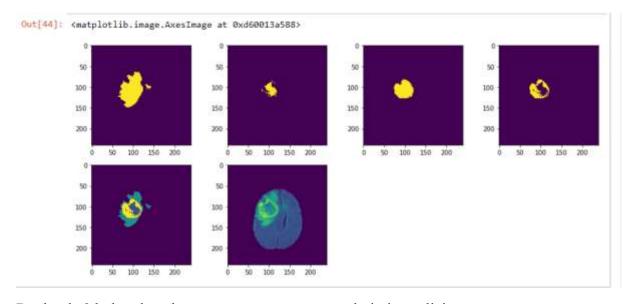
ve ödemli kısmı ayrıştırmış oluyoruz bu şekilde.

```
In [43]: seg_tam =seg_array('C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\', '**\\*seg.nii.gz',1)
    seg_nekroz =seg_array('C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\', '**\\*seg.nii.gz',2)
    seg_ödemsiz =seg_array('C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\', '**\\*seg.nii.gz',3)
    seg_genis =seg_array('C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\', '**\\*seg.nii.gz',4)
    seg_orj =seg_array('C:\\Users\\user1\\Desktop\\deneme1\\', '**\\*seg.nii.gz',0)
```

Burada segmantasyon işlemi yaparken elde ettiğimiz segmantasyon görüntülerin yollarını almamızı gerekiyor çünkü modeli eğitime sokarken ihtiyacımız olacak bu görsellere.

```
In [44]: x= 250 #biz burada rastgele bir sayı verdik burada başka bir değer de verebiliriz
         plt.figure(figsize=(15,10))
         plt.subplot(3,4,1)
                                 #tam tümör
         plt.imshow(seg_tam[x].reshape(240,240))
         plt.subplot(3,4,2)
                               #nekroz
         plt.imshow(seg_nekroz[x].reshape(240,240))
                             #nekrozla genisleyen tümörün hali
         plt.subplot(3,4,3)
         plt.imshow(seg_ödemsiz[x].reshape(240,240))
         plt.subplot(3,4,4) #genisieven tümör
         plt.imshow(seg_genis[x].reshape(240,240))
         plt.subplot(3,4,5) #
         plt.imshow(seg_orj[x].reshape(240,240))
         plt.subplot(3,4,6)
         plt.imshow(train[x].reshape(240,240))
```

segmentasyon görüntülerinden elde ettiğim verileri bir görsel üzerinde görebilmemiz için bu kodları yazdım.



Bunlar da 3 bölümden oluşan segmentasyon görüntülerimin analizi.

Bu kodlarda da verilerimin boyutlarını inceledim. Burada hepsinin aynı olması gerekiyor çünkü aynı segmentasyona sahip bir görsel üzerinden inceledim .

```
In [1]: pip install *-user *-upgrade tensorflow-gpu

Requirement already satisfied: tensorflow-gpu in c:\users\userl\appdata\roaming\python\python37\site-
packages (1.44.0)

Collecting tensorflow-gpu

Using cached tensorflow-gpu

Using cached tensorflow-gpu

Using cached tensorflow-gpu

Using cached tensorflow-gpu (1.11.2)

Requirement already satisfied: wrapt>-1.11.1 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
kages (from tensorflow-gpu) (1.11.2)

Requirement already satisfied: sensorboard(3,>=2.3.0 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
ages (from tensorflow-gpu) (0.3.3)

Requirement already satisfied: sbs1-py>=0.7.0 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
ages (from tensorflow-gpu) (0.11.0)

Requirement already satisfied: sbs1-py>=0.7.0 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
ages (from tensorflow-gpu) (0.11.0)

Requirement already satisfied: sbs1-py>=0.7.0 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
ages (from tensorflow-gpu) (0.13.6)

Requirement already satisfied: tensorflow-gpu-estimator(2.4.0,>=2.3.0 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site
-packages (from tensorflow-gpu) (3.1.0)

Requirement already satisfied: opt-einsum>=2.3.2 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site
-packages (from tensorflow-gpu) (3.1.0)

Requirement already satisfied: tensorflow-gpu) (1.2.2)

Requirement already satisfied: tensorflow-gpu) (1.2.2)

Requirement already satisfied: tensorflow-gpu) (1.2.2)

Requirement already satisfied: tensorflow-gpu) (1.2.2)

Requirement already satisfied: unmpy(1.10.0,>=1.16.0 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
ages (from tensorflow-gpu) (1.10.3)

Requirement already satisfied: stensorflow-gpu) `
In [64]: pip install keras
         Requirement already satisfied: keras in c:\users\user1\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-packages
         (2,4,3)
         Requirement already satisfied: numpy>=1.9.1 in c:\users\user1\anaconda1\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
         ages (from keras) (1.16.5)
         Requirement already satisfied: scipy>=0.14 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-packa
         ges (from keras) (1.4.1)
         Requirement already satisfied: h5py in c:\users\user1\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-packages (fr
         om keras) (2.9.0)
         Requirement already satisfied: pyyaml in c:\users\user1\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-packages
         (from keras) (5.1.2)
         Requirement already satisfied: six in c:\users\userl\anaconda3\anvs\tensor gpu\lib\site-packages (fro
         m h5py->keras) (1.12.0)
         Requirement already satisfied: numpy>=1.9.1 in c:\users\userl\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
         ages (from keras) (1.16.5)
         Requirement already satisfied: numpy>=1,9.1 in c:\users\user1\anaconda3\envs\tensor_gpu\lib\site-pack
         ages (from keras) (1.16.5)
         Note: you may need to restart the kernel to use updated packages.
```

Şimdi sırada makine eğitme kısmına geçiyorum. Makinayı eğitmeden önce tensorflow ve keras kütüphanelerini import etmem gerekiyor.

```
[ ] from keras.models import Model
     from keras.layers import Dense, Dropout, Activation, Flatten
     from keras.layers import concatenate, Conv2D, MaxPooling2D, Conv2DTranspose
    from keras.layers import Input, merge, UpSampling2D,BatchNormalization
    from keras.callbacks import ModelCheckpoint
    from keras.optimizers import Adam
    from keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
    from keras import backend as K
    import tensorflow as tf
    K.set image data format('channels first')
    def dice_coef(y_true, y_pred):
        smooth = 0.005
        y_true_f = K.flatten(y_true)
        y_pred_f = K.flatten(y_pred)
        intersection = K.sum(y_true_f * y_pred_f)
        return (2. * intersection + smooth) / (K.sum(y_true_f) + K.sum(y_pred_f) + smooth)
    def dice_coef_loss(y_true, y_pred):
        return 1-dice_coef(y_true, y_pred)
    def unet_model():
        inputs = Input((2, 240, 240))
        conv1 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (inputs)
```

```
[] conv1 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (inputs)
          batch1 = BatchNormalization(axis=1)(conv1)
          conv1 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch1)
          batch1 = BatchNormalization(axis=1)(conv1)
          pool1 = MaxPooling2D((2, 2)) (batch1)
          conv2 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (pool1)
          batch2 = BatchNormalization(axis=1)(conv2)
          conv2 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch2)
          batch2 = BatchNormalization(axis=1)(conv2)
          pool2 = MaxPooling2D((2, 2)) (batch2)
          conv3 = Conv2D(256, (3, 3), activation='relu', padding='same') (pool2)
          batch3 = BatchNormalization(axis=1)(conv3)
          conv3 = Conv2D(256, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch3)
          batch3 = BatchNormalization(axis=1)(conv3)
          pool3 = MaxPooling2D((2, 2)) (batch3)
          conv4 = Conv2D(512, (3, 3), activation='relu', padding='same') (pool3)
          batch4 = BatchNormalization(axis=1)(conv4)
          conv4 = Conv2D(512, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch4)
          batch4 = BatchNormalization(axis=1)(conv4)
          pool4 = MaxPooling2D(pool_size=(2, 2)) (batch4)
          conv5 = Conv2D(1024, (3, 3), activation='relu', padding='same') (pool4)
          batch5 = BatchNormalization(axis=1)(conv5)
          conv5 = Conv2D(1024, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch5)
          batch5 = BatchNormalization(axis=1)(conv5)
          up6 = Conv2DTranspose(512, (2, 2), strides=(2, 2), padding='same') (batch5)
          up6 = concatenate([up6, conv4], axis=1)
         up8 = concatenate([up8, conv2], axis=1)
[]
         conv8 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (up8)
         batch8 = BatchNormalization(axis=1)(conv8)
         conv8 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch8)
         batch8 = BatchNormalization(axis=1)(conv8)
         up9 = Conv2DTranspose(64, (2, 2), strides=(2, 2), padding='same') (batch8)
         up9 = concatenate([up9, conv1], axis=1)
         conv9 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (up9)
         batch9 = BatchNormalization(axis=1)(conv9)
         conv9 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch9)
         batch9 = BatchNormalization(axis=1)(conv9)
         conv10 = Conv2D(1, (1, 1), activation='sigmoid')(batch9)
        model = Model(inputs=[inputs], outputs=[conv10])
         model.compile(optimizer=Adam(lr=1e-4), loss=dice_coef_loss, metrics=[dice_coef])
         return model
     model = unet_model()
```

Burada flair ve t2 bölgelerinden elde edilen verileri birleştiriyoruz sebebi ise; birbirlerindeki eksikleri tamamlıyor. Mesela flair de ödemler daha iyi gözükebilirken t2' de ise merkezdeki tümörler daha net elde edilebilir. Bu şekilde de birbirlerindeki eksikleri bu şekilde

[] model.fit(x train,seg,validation split=0.05,batch size=1,epochs=3,shuffle=True,verbose=1)

tamamlamış oluruz. Bu nedenle eğitime soktuğumuz takdirde daha iyi sonuçlar elde edebiliriz. Birleştirme işlemini de numpy ile yapacağız.

Unet_model için;

İlk önce "channels first" ile katman sayısını belirledim. 0. İndis olarak belirledik.

Modelimde acurrsy'si yerine dice_coef_loss kullandık. Çünkü eğer accury kullandığımızda gerçekçi değerler vermiyordu. Modelimizi eğitime soktuğumuzda modelimizin eğitilip eğitilmediğini anlayamıyorduk.

Dice coefficient'in accuracy'den farkı şudur:

2 tane görseli üst üste koyduğumuzda arasındaki piksel farkını bize verir. Eğer piksel farkı ne kadar az ise Dice coefficient bir o kadar artar. Bizim inputumuzda outputumuzda da girişler görsel olduğu için ikisinin arasındaki piksel farkını almamız model eğitiminde daha yararlı bilgiler vermektedir.

Burada modelimiz için verilerimizle eğitime soktuk. Batch size ile verilerimizi parça parça bölerek öğrenmesini sağladık. Burada verilerimizin karışık olması her zaman daha iyidir bundan dolayı True yaptık.

```
    x_train.shape

    (1750, 2, 240, 240)

[ ] x_train[460].shape
    (2, 240, 240)

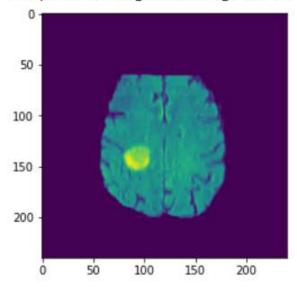
    x_train[460][0].shape

    (240, 240)
```

Bu kodda ise x_train'ni indis şeklinde yazmamın sebebi 4 boyuttan iki boyuta düşürmek istediğim için.

```
[ ] plt.imshow(x_train[460][0])
```

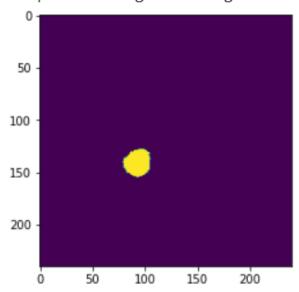
<matplotlib.image.AxesImage at 0x7f933d577358>



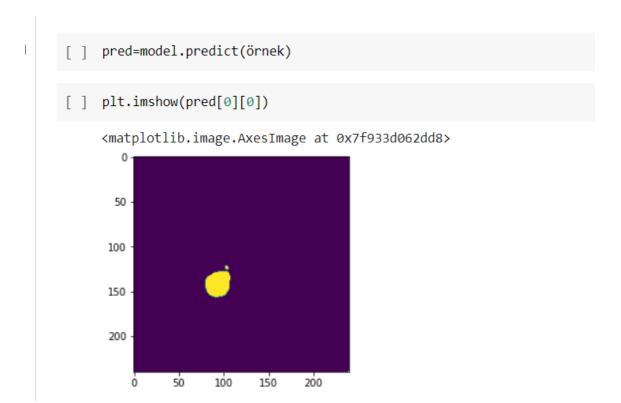
Burada x_train[460][0]) olan ham görüntümü görselleştirdim..

```
[ ] plt.imshow(seg[460][0])
```

<matplotlib.image.AxesImage at 0x7f933d4f9b00>



Burada da x_train[460][0]) olan segmentasyon görüntümü görselleştirdim.

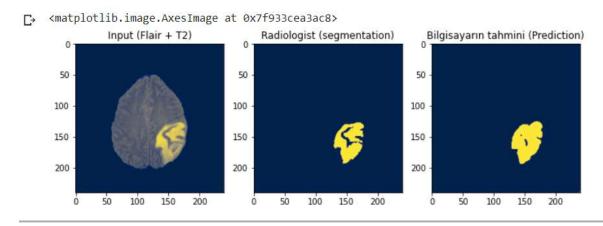


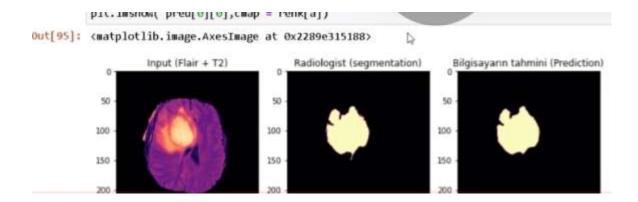
Burada da bilgisayarımızın segmentasyon tahmini görselleştirdim. Şimdi veri gözlemini yapalım bunu grafiğe dökerek yapabilirim.

```
[ ] x
          = 110
     renk = {0: 'magma',
             1: 'viridis',
             2: 'gray',
             3: 'inferno',
             4: 'cividis',
             5: 'hot', }
          = 4
     a
     örnek = np.expand_dims(x_train[x],axis=0)
     pred = model.predict(örnek)
    fig = plt.figure(figsize=(15,10))
     plt.subplot(141)
     plt.title('Input (Flair + T2)')
     plt.imshow(x train[x][0],cmap = renk[a])
     plt.subplot(142)
     plt.title('Radiologist (segmentation)')
     plt.imshow( seg[x][0],cmap = renk[a])
     plt.subplot(143)
     plt.title('Bilgisayarın tahmini (Prediction)')
     plt.imshow( pred[0][0],cmap = renk[a])
```

Elimdeki verilerin indeksini x diye bir değişken tanımladım. İkinci kısımda ise renklendirme işlemi yaptım.

İkinci kısımdaki renklendirme işleminde bir liste biçiminde listelendirme işlemi yaptım. Buradaki a değişkenini hangi grafikte çalışmak isterse o rakamı yazıp istediği gibi renklendirme işlemi ile inceleyebilir.





Renkli bir şekilde incelememizin sebebi verileri daha net bir şekilde görebilmek için kullanırız.

Veri gözlemi yaparken renk haritalarının değiştirebildiğimizi gördük.

Burada bilgisayarımızın tahmini ile radiologist tümörü karşılaştırma işlemi yaptık.

```
[ ] tmp[tmp>0.2] = 1
    tmp[tmp!=1] = 0
[ ] index_xy = np.where(tmp==1)
[ ] index_xy[0]
```

Şimdi sırada tümör kırpma işlemini yapacağız bunu da şu şekilde yapacağız.

Görüntü işleme ile ilgilendiğimiz için thresholding kavramı ile bir dizide (görüntü matrisinde) belirli bir eşik değeri altında olan kısımları 0; üstünde olan kısımları 1 yapmak suretiyle ikili (binary) bir görüntüyü elde etmemiz gerekiyor. Tmp de eğer 0.2 değerinden büyük ise 1 yap küçükse de 0 yap.

Daha sonrasında ise 1 olarak bulduğu değerleri numpy olarak listeleme işleme yaptık. Bunu yapmamızın sebebi ise ekvatordaki x ve y değerlerini öğrenerek merkez konumuna erişmek.

Bu sayede tümörlü alanı adeta bir makas kesiği gibi oradan almak ve buradan aldığımız kesit ile makinayı eğitime sokmak.

```
index_xy[0]
Bu index değerleri bize tümörün hangi alanda olduğunu öğrenmemize yarar.
```

```
merkez_y = (max(index_xy[0]) + (min(index_xy[0]))) / 2
    merkez_x = (max(index_xy[1]) + (min(index_xy[1]))) / 2
[ ] merkez_y,merkez_x
    (147.0, 132.5)
[ ] img x = np.zeros((144,144), np.float32)
[] img_x
    array([[0., 0., 0., ..., 0., 0., 0.],
            [0., 0., 0., ..., 0., 0., 0.],
            [0., 0., 0., ..., 0., 0., 0.],
            [0., 0., 0., ..., 0., 0., 0.],
            [0., 0., 0., ..., 0., 0., 0.],
            [0., 0., 0., ..., 0., 0., 0.]], dtype=float32)
   x = t1ce[110,0,:,:]
     x.shape
```

Biz burada ilk başta merkezdeki y ve x değerlerini öğrendik. Daha sonrasında da elimizdeki bu koordinatları kullanarak kırpma işlemi yapacağız. Bu arada unet_modeli sadece 4'ün katlarını kabul ettiği için tümörümüzün görüntüsünü y eksenine göre yani 147.0 ile yani biz bunu 4'ün katı biçiminde kullanacaksak 144 şeklinde kullanmamız gerekiyor. X ve y eksenine göre yapacak olursak da 72 72 şeklinde yapmamız gerekiyor. Bu oluşturduğumuz ekseni numpy zeros kütüphanesi ile 0 şeklinde göstereceğiz.

```
def tümör_kırpma(mr,seg):
        mr = mr[0]
        liste = []
        tmp = seg[0,:,:]
        tmp[tmp>0.2] = 1
        tmp[tmp! - 1] - 0
        index xy = np.where(tmp--1)
        if index_xy[0] != []:
            merkez_y = (max(index_xy[0]) + (min(index_xy[0]))) / 2
            merkez_x = (max(index_xy[1]) + (min(index_xy[1]))) / 2
            img_x = np.zeros((64,64), np.float32)
            img_x[:,:] = mr[int(merkez_y - 64/2):int(merkez_y + 64/2),int(merkez_x - 64/2):int(merkez_x + 64/2)]
            liste.append(img_x)
        return np.array(liste)
    def tumortoarray(tumor, segmentasyon):
        liste_bos= []
        for i in range(len(segmentasyon)):
            img = tümör_kırpma(tumor[i],segmentasyon[i])
            if len(img.shape) > 2:
                liste_bos.append(img)
                print(f'{i}')
        return np.array(liste_bos)
    ödemsiz = tumortoarray(seg_ödemsiz,seg_ödemsiz)
     genis = tumortoarray(seg genis, seg ödemsiz)
     tice_kirp = tumortoarray(tice,seg_ödemsiz)
```

Burada tümör kırpma işlemi yapmaktayız. Biz buradaki bütün verilerimizdeki tümörlü olan verileri bulacak.

```
def tümör_kırpma(mr,seg):
    mr = mr[0]
    tmp = seg[0,:,:]
    tmp[tmp>0.2] = 1
    tmp[tmp! = 1] = 0
    index_xy = np.where(tmp==1)
    if index_xy[0] != []:
         \begin{array}{l} merkez\_y = (max(index\_xy[\theta]) + (min(index\_xy[\theta]))) / 2 \\ merkez\_x = (max(index\_xy[1]) + (min(index\_xy[1]))) / 2 \\ \end{array} 
        img_x = np.zeros((64,64), np.float32)
        img\_x[:,:] = mr[int(merkez\_y - 64/2):int(merkez\_y + 64/2),int(merkez\_x - 64/2):int(merkez\_x + 64/2)]
        liste.append(img_x)
    return np.array(liste)
def tumortoarray(tumor, segmentasyon):
    liste_bos= []
    for i in range(len(segmentasyon)):
        img = tümör_kırpma(tumor[i],segmentasyon[i])
        if len(img.shape) > 2:
            liste_bos.append(img)
             print(f'{i}')
   return np.array(liste_bos)
ödemsiz = tumortoarray(seg_ödemsiz,seg_ödemsiz)
genis = tumortoarray(seg_genis,seg_ödemsiz)
tice_kirp = tumortoarray(tice, seg_ödemsiz)
```

Burada da verilerimde ilk önce tümörlü olan görselleri bulacağız. Bulduğum tümörlü bölgelerimi şu şekilde listeletme işlemi yaptık.

```
/usr/local/lib/p
0
      # Remove the C
    4
    5
    6
    7
    8
    9
    10
    11
    12
    13
    14
    15
    16
    17
    18
    19
    20
    21
    22
    23
    24
    25
    26
    27
    28
    29
    30
    31
    32
    33
    34
    35
    36
    37
```

```
43
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
```

Aralardaki veri kaybının sebebi ise tümörlü olmayan bölgeleri ayırma işlemi yaptık.

```
[ ] plt.figure(figsize=(15,10))
      plt.subplot(3,4,1)
      plt.title('Tice')
     plt.imshow(t1ce_k1rp[405,0,:,:])
      plt.subplot(3,4,2)
      plt.title('genis')
     plt.imshow(genis[405,0,:,:])
      plt.subplot(3,4,3)
     plt.title('ödemsiz')
     plt.imshow(ödemsiz[405,0,:,:])
     <matplotlib.image.AxesImage at 0x7f3104f62ba8>
                                                                              ödemsiz
                                                 geniş
       0
                                      0
                                                                     ō
      10
                                     10
                                                                    10
      20
                                                                    20
                                     20
      30
                                     30
                                                                    30
      40
                                     40
                                                                    40
      50
                                     50
                                                                    50
                                     60
                                                                    60
      60
                                                                             20
```

Burada direk tümörlü olan yerleri daha net bir şekilde görebilmek için görselleştirme işlemi yaptık.

```
[ ] def unet_model_7():
         inputs = Input((1, 64, 64))
         conv1 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (inputs)
         batch1 = BatchNormalization(axis=1)(conv1)
         conv1 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch1)
         batch1 = BatchNormalization(axis=1)(conv1)
         pool1 = MaxPooling2D((2, 2)) (batch1)
         conv2 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (pool1)
         batch2 = BatchNormalization(axis=1)(conv2)
         conv2 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch2)
         batch2 = BatchNormalization(axis=1)(conv2)
         pool2 = MaxPooling2D((2, 2)) (batch2)
         conv3 = Conv2D(256, (3, 3), activation='relu', padding='same') (pool2)
         batch3 = BatchNormalization(axis=1)(conv3)
         conv3 = Conv2D(256, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch3)
         batch3 = BatchNormalization(axis=1)(conv3)
         pool3 = MaxPooling2D((2, 2)) (batch3)
         conv5 = Conv2D(512, (3, 3), activation='relu', padding='same') (pool3)
         batch5 = BatchNormalization(axis=1)(conv5)
         conv5 = Conv2D(512, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch5)
         batch5 = BatchNormalization(axis=1)(conv5)
         up7 = Conv2DTranspose(256, (2, 2), strides=(2, 2), padding='same') (batch5)
         up7 = concatenate([up7, conv3], axis=1)
         conv7 = Conv2D(256, (3, 3), activation='relu', padding='same') (up7)
         batch7 = BatchNormalization(axis=1)(conv7)
```

```
up8 = Conv2DTranspose(128, (2, 2), strides=(2, 2), padding='same') (batch7)
up8 = concatenate([up8, conv2], axis=1)
conv8 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (up8)
batch8 = BatchNormalization(axis=1)(conv8)
conv8 = Conv2D(128, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch8)
batch8 = BatchNormalization(axis=1)(conv8)
up9 = Conv2DTranspose(64, (2, 2), strides=(2, 2), padding='same') (batch8)
up9 = concatenate([up9, conv1], axis=1)
conv9 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (up9)
batch9 = BatchNormalization(axis=1)(conv9)
conv9 = Conv2D(64, (3, 3), activation='relu', padding='same') (batch9)
batch9 = BatchNormalization(axis=1)(conv9)
conv10 = Conv2D(1, (1, 1), activation='sigmoid')(batch9)
model = Model(inputs=[inputs], outputs=[conv10])
model.compile(optimizer=Adam(lr=1e-4), loss=dice_coef_loss, metrics=[dice_coef])
return model
```

Burada kırpılan verileri modele sokarak eğitimini sağlamış ve tamamlamış olacağız.

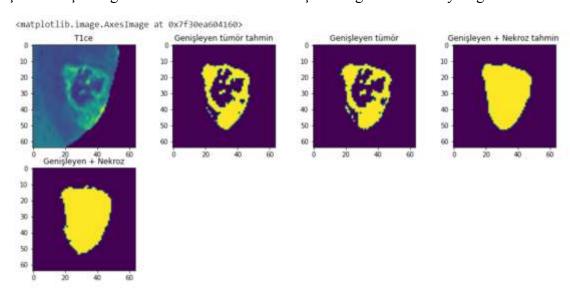
Modelimizin ödemsiz kısmı için eğitimini tamamlamış olduk.

```
[ ] model_genis - unet_model_7()
[ ] history = model_genis.fit(tice_kirp, genis,
                              validation_split- 0.20,
                              batch_size = 10,
                              epochs= 5,
                              shuffle-True,
                              verbose=1)
                                               - 5s 42ms/step - loss: 0.5784 - dice coef: 0.4216 - val loss: 0.7873 - val dice coef: 0.2142
     Epoch 2/5
93/93 [---
Epoch 3/5
                                                 4s 30ms/step - loss: 0.3647 - dice_coef: 0.6353 - val_loss: 0.5035 - val_dice_coef: 0.4225
     93/93 [---
Epoch 4/5
                                                 4s 39ms/step - loss: 0.2960 - dice_coef: 0.7020 - val_loss: 0.4918 - val_dice_coef: 0.5140
     93/93 [---
Epoch 5/5
                                               - 4% 39ms/step - loss: 0.2381 - dice_coef: 0.7619 - val_loss: 0.3551 - val_dice_coef: 0.6451
                                           ==] - 4s 39ms/step - loss: 0.2008 - dice_coef: 0.7912 - val_loss: 0.2000 - val_dice_coef: 0.7002
     93/93 [===
```

Modelimizin genişleyen kısmı için eğitimini tamamlamış olduk.

```
[ ] x = 300
     plt.figure(figsize=(15,10))
     plt.subplot(3,4,1)
     plt.title('T1ce')
     plt.imshow(t1ce_k1rp[x,0,:,:])
     pred genis = model genis.predict(t1ce k1rp[x:x+1,:,:,:])
     plt.subplot(3,4,2)
     plt.title('Genişleyen tümör tahmin')
     plt.imshow(pred genis[0,0,:,:] )
     plt.subplot(3,4,3)
     plt.title('Genişleyen tümör')
     plt.imshow(genis[x,0,:,:])
     pred ödemsiz = model ödemsiz.predict(t1ce k1rp[x:x+1,:,:,:])
     plt.subplot(3,4,4)
     plt.title('Genişleyen + Nekroz tahmin ')
     plt.imshow(pred ödemsiz[0,0,:,:] )
     plt.subplot(3,4,5)
     plt.title('Genişleyen + Nekroz')
     plt.imshow(ödemsiz[x,0,:,:])
```

Şimdi oluşturduğumuz bu modellerin tahmin işlemini grafikte inceleyeceğiz.



Burada radyoloğun manuel olarak yaptığı segmentasyon görüntüsü ve bilgisayarın yaptığı tahminleri görselleştirme işlemi yaptık.

```
1 V 0 C 0 0 1 1
def tümör_kırp(x, pred, size):
     crop x = [
     list xy = []
     p_tmp = pred[0,1,1]
     p_tmp[p_tmp>0.2] - 1
     p_tmp[p_tmp !=1] = 0
     index_xy = np.where(p_tmp==1)
     if index_xy[0].shape[0] -- 0;
         return [].[]
     center_x = (\max(index_xy[\theta]) + \min(index_xy[\theta])) / 2
     center_y = (max(index_xy[1]) + min(index_xy[1])) / 2
    if center_x >= 176:
            center_x = center_x-8
     length = max(index_xy[@]) - min(index_xy[@])
     width = max(index_xy[1]) - min(index_xy[1])
     If width c= 64 and length c= 64: #64x64
         img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
         lmg_x[:,:,:] = x[:,int(center_x - size/2) : int(center_x + size/2),int(center_y - size/2) : int(center_y + size/2)]
         crop_x.append(img_x)
         list_xy.append((int(center_x - size/2),int(center_y - size/2)))
     if width > 64 and length <= 64: #64x128
         img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
         img_x[:,:,:] = x[:,int(center_x - size/2) : int(center_x + size/2),int(center_y - size) : int(center_y)]
```

```
if width <= 64 and length <= 64: #64x64
   img_x = np.zeros((1, size, size), np.float32)
   img_x[:,:,:] = x[:,int(center_x - size/2) : int(center_x + size/2),int(center_y - size/2) : int(center_y + size/2)]
   crop_x.append(img_x)
   list_xy.append((int(center_x - size/2),int(center_y - size/2)))
if width > 64 and length <= 64: #64x128
   img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
   img x[:,:,:] = x[:,int(center x - size/2) : int(center x + size/2),int(center y - size) : int(center y)]
   crop x.append(img x)
   list_xy.append((int(center_x - size/2),int(center_y - size)))
   img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
   img x[:,:,:] = x[:,int(center_x - size/2) : int(center_x + size/2),int(center_y + 1) : int(center_y + size + 1)]
   crop x.append(img x)
   list_xy.append((int(center_x - size/2),int(center_y)))
if width <= 64 and length > 64: #128x64
   img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
   ing x[:,:,:] = x[:,int(center x - size) : int(center x),int(center y - size/2) : int(center y + size/2)]
   crop x.append(img x)
   list_xy.append((int(center_x - size),int(center_y - size/2)))
   img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
   ing x[:,:,:] = x[:,int(center_x + 1) : int(center_x + size + 1),int(center_y - size/2) : int(center_y + size/2)]
   crop x.append(img x)
   list_xy.append((int(center_x),int(center_y - size/2)))
if width > 64 and length > 64: #128x128
   img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
   img_x[:,:,:] = x[:,int(center_x - size) : int(center_x),int(center_y - size) : int(center_y)]
```

```
img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
    img x[:,:,:] = x[:,int(center x - size) : int(center x),int(center y - size) : int(center y)]
    crop_x.append(img_x)
    list_xy.append((int(center_x - size),int(center_y - size)))
    img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
    img_x[:,:,:] = x[:,int(center_x + 1) : int(center_x + size + 1),int(center_y - size) : int(center_y)]
    crop x.append(img x)
    list_xy.append((int(center_x),int(center_y - size)))
    img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
    img x[:,:,:] = x[:,int(center x - size) : int(center x),int(center y + 1) : int(center y + size + 1)]
    crop_x.append(img_x)
    list_xy.append((int(center_x - size),int(center_y)))
    img_x = np.zeros((1,size,size),np.float32)
    img_x[:,:,:] = x[:,int(center_x + 1) : int(center_x + size + 1),int(center_y + 1) : int(center_y + size + 1)]
    crop_x.append(img_x)
    list_xy.append((int(center_x),int(center_y)))
return np.array(crop x) , list xy
```

Biz buradaki kırpma işlemini hem t1ce'ye göre hem de izi modelimizi eğitirken segmantasyon görüntülerimiz için de kullanacağız. Biz burada mesela emar görüntümüzü 4 parçaya bölme işlemi yaparak kırpma işlemini tamamlıyorsak segmentasyon işlemi için de otomatik olarak yapımmaız gerekiyor aksi takdirde boyut hatası verir. 2 parçaya bölme işlemi yapıyor isek aynı şekilde sementasyon işleminin de aynı şekilde parçalanması gerekiyor.

```
def tumor2array(tumor, segmentasyon):
11
         liste = []
         for i in range(len(tumor)):
             crop , kordinat = tūmör kirp(tumor[i,:,:,:],segmentasyon[i,:,:,:],64)
             if crop == []:
                 pass
             elif crop.shape[0] ==1:
                 liste.append(crop[0])
             elif crop.shape[0] ==2:
                liste.append(crop[0])
                liste.append(crop[1])
             elif crop.shape[0] ==4:
                 liste.append(crop[0])
                 liste.append(crop[1])
                 liste.append(crop[2])
                 liste.append(crop[3])
         return np.array(liste)
[ ] tice array = tumor2array(tice, seg)
     genis array = tumor2array(seg genis, seg)
     ödemsiz_array = tumor2array(seg_ödemsiz,seg)
     tice_array.shape, ödemsiz_array.shape, geniş_array.shape
```

Burada tümörlerin koordinatlarına göre ayırma işlemi yapıyor.

```
[ ] plt.figure(figsize=(15,10))
     plt.subplot(3,4,1)
     plt.title('tice')
     plt.imshow(tice_array[70,0,:,:])
     plt.subplot(3,4,2)
     plt.title('genis')
     plt.imshow(genis_array[40,0,:,:])
     plt.subplot(3,4,3)
     plt.title('ödemsiz')
     plt.imshow(ödemsiz array[40,0,:,:])
     <matplotlib.image.AxesImage at 0x7f30d807fcf8>
                                                geniş
                                                                             ödemsiz
       0
                                                                   0
                                     0
      10
                                     10
                                                                   10
                                                                   20
      20
                                    20
                                                                   30
      30
                                    30
                                                                   40
      40
                                    40
      50
                                    50
                                                                   50
      60
                                     60
                                                                   60
```

Burada da t1ce bölgesindeki tümörlü alanları buluyoruz.

```
| | model_odemsiz_2 = unet_model_7()
[ ] history = model_ödemsiz_2.fit(tice_array, ödemsiz_array,
                              validation_split= 0.20,
batch_size = 10,
                              shuffle=True,
                              verbose=1)
     Epoch 1/5
     238/238 [+
Epoch 2/5
                                                 - 11s 41ms/step - loss: 0.6192 - dice_coef: 0.300W - val_loss: 0.901W - val_dice_coef: 0.0974
                                                  9s 36ms/step - loss: 0.3187 - dice_coef: 0.6813 - val_loss: 0.6412 - val_dice_coef: 0.3558
     238/238 [-
     Epoch 3/5
238/238 [1
                                                  - 9s 37m/step - loss: 0.2442 - dice_coef: 0.7558 - val_loss: 0.5324 - val_dice_coef: 0.4637
     Epoch 4/5
     238/238 [
Epoch 5/5
                                                   9s 37ms/step - loss: 0.1712 - dice_coef: 0.8288 - val_loss: 0.5421 - val_dice_coef: 0.4541
                                            ----] - 9s 37ms/step - loss: 0.1272 - dice_coef: 0.8728 - val_loss: 0.5378 - val_dice_coef: 0.4584
     238/238 [+
```

Burada da bulduğumuz bu tümörlü parçaları eğitime sokuyoruz.

Burada şimdi oluşturduğumuz modelleri eğitime soktuktan sonra tahmin ile karşılaştırma işlemi yapacağız bu kodlarla.

9.Kaynaklar

https://ayyucekizrak.medium.com/g%C3%B6r%C3%BCnt%C3%BC-b%C3%B6l%C3%BCtleme-segmentasyon-i%C3%A7in-derin-

%C3%B6%C4%9Frenme-u-net-3340be23096b

https://dergipark.org.tr/en/download/article-file/587409

https://ab.org.tr/ab16/bildiri/83.pdf

https://www.emo.org.tr/ekler/430a7300689d591_ek.pdf

https://medium.com/deep-learning-turkiye/mri-g%C3%B6r%C3%BCnt%C3%BCleri-%C3%BCzerinden-beyin-t%C3%BCm%C3%B6r%C3%BC-tespiti-ec644a2ff0c9