

SAV4MI Help

Questo programma è stato sviluppato da Illuminato Luca Costantino come progetto di Computer Vision.

É un framework totalmente visuale che consente di eseguire degli algoritmi di segmentazione su immagini di tipo medico e valutarne sia le performance che l'accuratezza.

Richiede Matlab con almeno il pacchetto di gestione delle immagini preinstallato. É stato sviluppato su GNU/Linux ma dovrebbe funzionare perfettamente anche su Microsoft Windows e Mac.

Essendo questo un framework di tipo “generale” usa un sistema di confronto che non può fare a meno dell'occhio clinico umano: confronteremo l'output (o gli output) del nostro algoritmo con immagini segmentate in maniera ottimale. Ovviamente l'immagine di training dovrà essere stata ricavata dalla stessa immagine di partenza!

Sia la funzione di segmentazione che la metrica di similarità sono completamente personalizzabili dall'utente. L'utente può modificare le (basilari) funzioni già incluse col framework, così come la metrica inclusa e può scriverne di nuove.

Le restrinzioni sono solo tre:

1. L'algoritmo di segmentazione deve avere un numero di parametri compreso tra 1 e 9, dove il primo è necessariamente l'immagine da segmentare (che viene presa dall'immagine caricata). Il primo valore restituito dev'essere un'immagine!.
2. La metrica deve avere un numero di parametri compreso tra 2 e 10, dove i primi due sono necessariamente un' immagine che si vuole valutare (presa automaticamente dall'immagine di output) e un' immagine di riferimento (importata con l'opzione apposita). Occhio all'ordine! Il primo valore restituito dev'essere un punteggio numerico. Nel caso di immagini multiple, la funzione verrà eseguita più volte, quindi basta scrivere la funzione per il caso singolo.
3. I parametri devono essere numeri.

Non è vietato usare più parametri del massimo consentito, il programma lo consente, ma avendo meno caselle di input dei parametri desiderati, la funzione potrebbe dare risultati inaspettati (non eseguirsi, dare risultati sballati, ecc.). Un possibile workaround potrebbe essere quello di impostare dei valori di default nel corpo della funzione per ognuno dei parametri eccedenti il massimo. Lo stesso vale per le metriche.

Attenzione! Anche se il programma è stato sviluppato considerando l'uso tipico medico (immagini in bianco e nero, funzioni di segmentazione, metriche di similarità, ecc.) può benissimo essere impiegato anche per altri scopi!

Volendo generalizzare, infatti, possiamo:

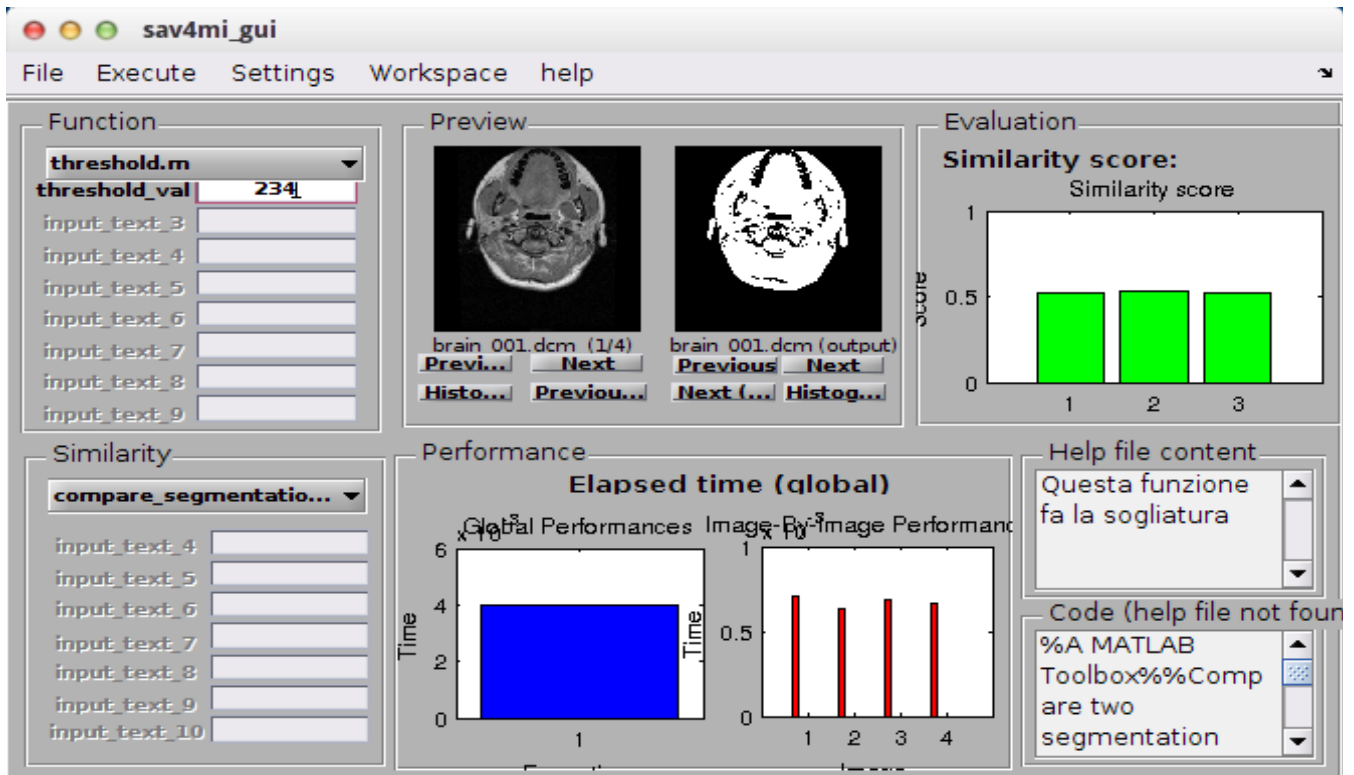
- Importare una o più immagini e visualizzarle.
- Applicare un effetto (con le restrinzioni indicate sotto) e visualizzarne il risultato.
- Se le immagini sono in scala di grigio, visualizzare l'istogramma (già normalizzato), le performance globali e per-immagine.
- Possiamo confrontare immagini tra di loro ottenendo un punteggio.

Licenza e attribuzioni

In linea di massima, il programma è completamente libero in tutto e per tutto. Lo si può usare senza restrinzioni, modificarlo e ripubblicarlo.

Non mi assumo nessuna responsabilità diretta o indiretta per eventuali danni causati dall'uso di questo programma.

L'interfaccia



Come idea generale, con le voci del menu interagiamo con la sequenza di lavoro (apro immagine, segmento, faccio confronto, pulisco il workspace, ecc.) mentre con tutto il resto settiamo dei parametri e visualizziamo dei risultati.

Cartelle del programma

Assumiamo per semplicità che / sia la cartella corrente (in pratica, dove troviamo il file **sav4mi_gui.m**):

- / : contiene gli eseguibili del framework e regolano il suo funzionamento interno. Va da sé che se si vuole semplicemente usare il framework, non bisogna assolutamente modificarne il contenuto, se si vuole invece modificare il programma, lo si può fare a proprio rischio e pericolo (siete liberi di fare quello che volete :)).
- /settings : contiene i file di esclusione sia per la lista delle funzioni che delle metriche. Più tardi spieghiamo come si usano, per adesso basta solo sapere che se dovessero essere cancellati, il programma li ricrea automaticamente, quindi niente paura. Contiene anche questo file di aiuto (che se viene cancellato, si perde per sempre).

- **/functions** : contiene le funzioni di segmentazione, liberamente modificabile.
- **/metrics** : contiene le metriche di valutazione, liberamente modificabile.

Convenzioni sui nomi dei file

- Qualunque file ***.m** dentro la cartella functions viene considerato funzione (e quindi caricato nel menu a tendina apposito) a meno che non sia stata esclusa, con l'apposito metodo.
- Stessa considerazione va fatta per le metriche.
- Ogni file ***.m.txt** viene considerato come file di guida per la rispettiva funzione (vale l'uguaglianza dei nomi) e caricato nell'apposito box.

Esclusione di funzioni dalla ricerca

Dentro la cartella settings, abbiamo i file **exclude_functions.txt** ed **exclude_metrics.txt**. Consideriamo il primo, dato che l'uso dell'altro è perfettamente identico.

Il contenuto del file dovrà essere nel seguente formato:

....

nomefiledaescludere.m
nomefiledaescludere2.m

...

Come usare il programma

Un uso tipico del programma è questo:

1. Importiamo una o più immagini di input con la voce di menu apposita (sotto **File**).
2. Le immagini sono visualizzate nel box centrale di sinistra.
 3. Se sono più di una si abilitano i pulsanti di scorrimento relativi e l'istogramma e la voce di menu relativa all'esecuzione multipla.
 4. Se l'immagine è singola si abilita il pulsante di istogramma e la voce di menu relativa all'esecuzione singola.
5. Scegliamo una funzione di segmentazione dal primo menu a tendina (zona sinistra del programma). Se oltre all'immagine, il programma accetta altri parametri, verranno abilitate le caselle di input corrispondenti. In tal caso, inserisco tali parametri.
6. Dal menu **Execute**, scegliamo la voce di applicazione della funzione (a essere precisi sono due, ma il programma automaticamente disabilita la voce non applicabile correttamente).
7. Nel box centrale di destra, vediamo l'immagine o le immagini di output.

8. Se è una sola, viene abilitata la voce relativa all'istogramma e vedrò solo un grafico (quello di sinistra, con le barre blu) che mi indica le prestazioni delle varie prove. Il campo di testo subito sopra è relativo all'ultima esecuzione.
9. Se sono più immagini, vengono abilitati i pulsanti dell'istogramma, dello scorrimento delle immagini di output e quelli dello scorrimento simultaneo. Compare, oltre al grafico descritto prima, un secondo grafico (con le barre rosse). Il campo di testo subito sopra indica la prestazione complessiva dell'ultima esecuzione dell'algoritmo.
10. Decidiamo di salvare l'immagine di output attualmente visibile con la prima voce di salvataggio presente nel menu **File**. Poi le salviamo tutte con la seconda.
11. Decidiamo ora di confrontare il risultato del nostro algoritmo con delle segmentazioni ottimali. Importiamo questo tipo di dataset con l'apposita voce del menu **File**.
12. A questo punto, la voce di applicazione della funzione di similarità è automaticamente abilitata. Possiamo anche eseguire prima questo step e poi dal 5 all' 11, se preferiamo. Per abilitare la voce, bisogna avere in un dato istante a disposizione sia il dataset di riferimento che il risultato del nostro algoritmo.
13. Scegliamo dal secondo menu a tendina la metrica, in maniera analoga allo step 5.
14. Applichiamo la funzione di similarità con la voce del menu vista nello step 12.
15. In alto a destra, abbiamo ora o un grafico a barre verdi o un testo. Possiamo anche importare meno (o più) immagini di riferimento rispetto al numero di immagini che abbiamo usato per la funzione, ma il numero di immagini confrontate sarà pari al minimo delle due quantità. Vengono confrontate sempre la prima immagine del dataset di output con la prima del dataset di riferimento e così via.
 16. Se il numero di confronti è uno solo (abbiamo lavorato su una sola immagine e/o abbiamo importato una sola immagine di training) vedremo un punteggio numerico e nessun grafico.
 17. Se con le medesime premesse di prima abbiamo fatto più confronti, vedremo il grafico.
 18. Salviamo il report (in formato ***.mat** o in formato ***.txt**) tramite le apposite voci nel menu **File**.
19. Possiamo salvare lo stato attuale del programma tramite la voce di esportazione *con nome* o il salvataggio veloce dal menu **Workspace**. Dallo stesso menu potremo anche caricare *con nome* o velocemente lo stato e cancellare l'attuale area di lavoro.

Scorciatoie da tastiera

CTRL +

- **I** importa le immagini
- **T** import le immagini di riferimento
- **S** salva l'immagine di output attualmente mostrata
- **A** salva tutte le immagini di output

- **R** Salva il report come file Matlab
- **T** Salva il report come file testuale
- **E** esegui la funzione sulle immagini caricate
- **P** calcola la similarità
- **F** apri il file di esclusione delle funzioni
- **M** apri il file di esclusione delle metriche
- **C** pulisci l'area di lavoro
- **1** importa un workspace salvato
- **2** esporta l'attuale workspace
- **3** ripristina workspace dal salvataggio velocemente
- **4** salva l'attuale workspace velocemente
- **H** apre questo file di aiuto