

Aplikacja do komputerowego wspomagania rozpoznawania COVID-19 w obrazowaniu klatki piersiowej

Instrukcja użytkownika

Alicja Moskal, Maja Krzemińska

29 stycznia 2021

Spis treści

1 Instrukcja użytkownika	2
1.1 Wczytanie obrazu i wybór wyświetlonej warstwy	2
1.2 Wybór warstw do analizy	5
1.3 Zaznaczenie obszarów zainteresowań na obrazie oraz obliczenie procentowej zajętości płuc przez zaznaczone zmiany chorobowe	8
1.4 Uruchomienie segmentacji płuc dla aktualnie wyświetlonej warstwy obrazu .	13
1.5 Uruchomienie klasyfikacji zmian chorobowych dla wybranych przez użytkownika warstw obrazu	16
1.6 Informacja zwrotna	19
1.7 Zapisanie zanonimizowanego obrazu	21
1.8 Uruchomienie klasyfikacji za pomocą sieci neuronowej	22

1 Instrukcja użytkownika

Po uruchomieniu aplikacji, pokazuje się główny widok interfejsu użytkownika przedstawiony na rysunku 1.

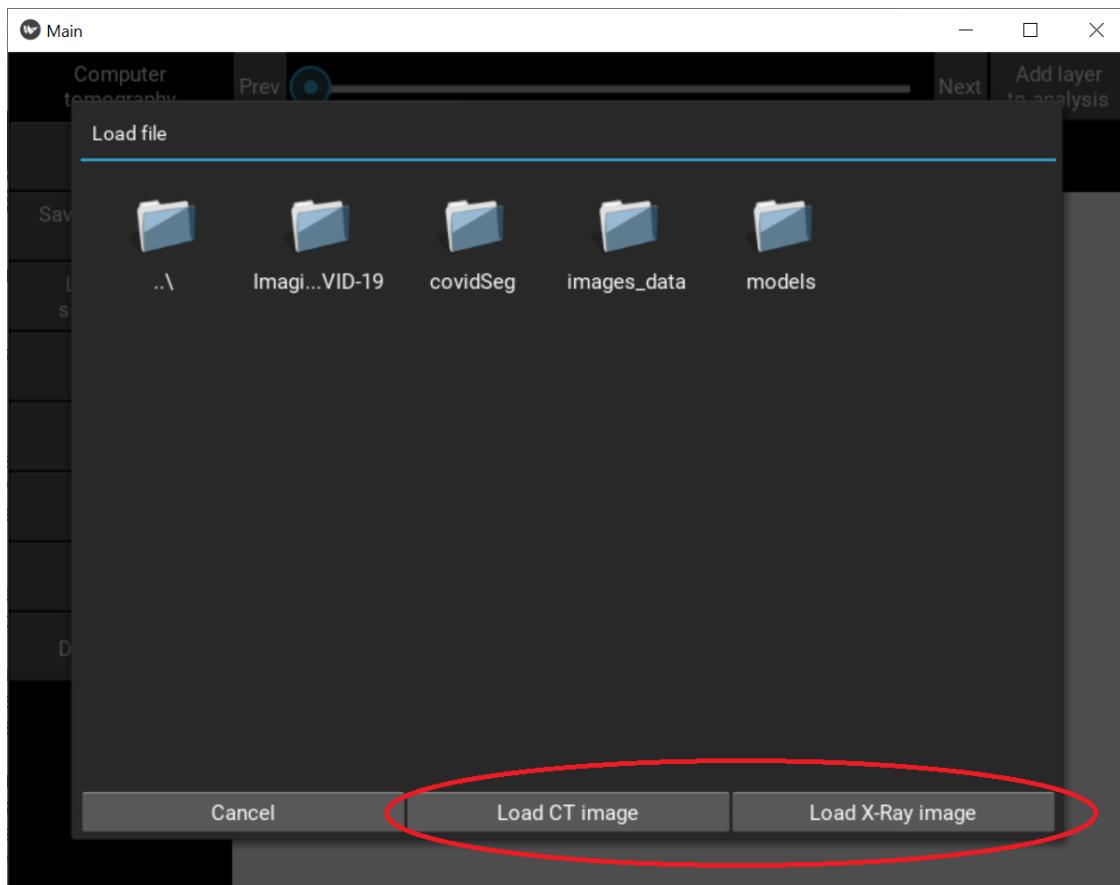


Rysunek 1: Główny widok interfejsu użytkownika w aplikacji

Widok zawiera przykładowy obraz badania tomografii komputerowej płuc.

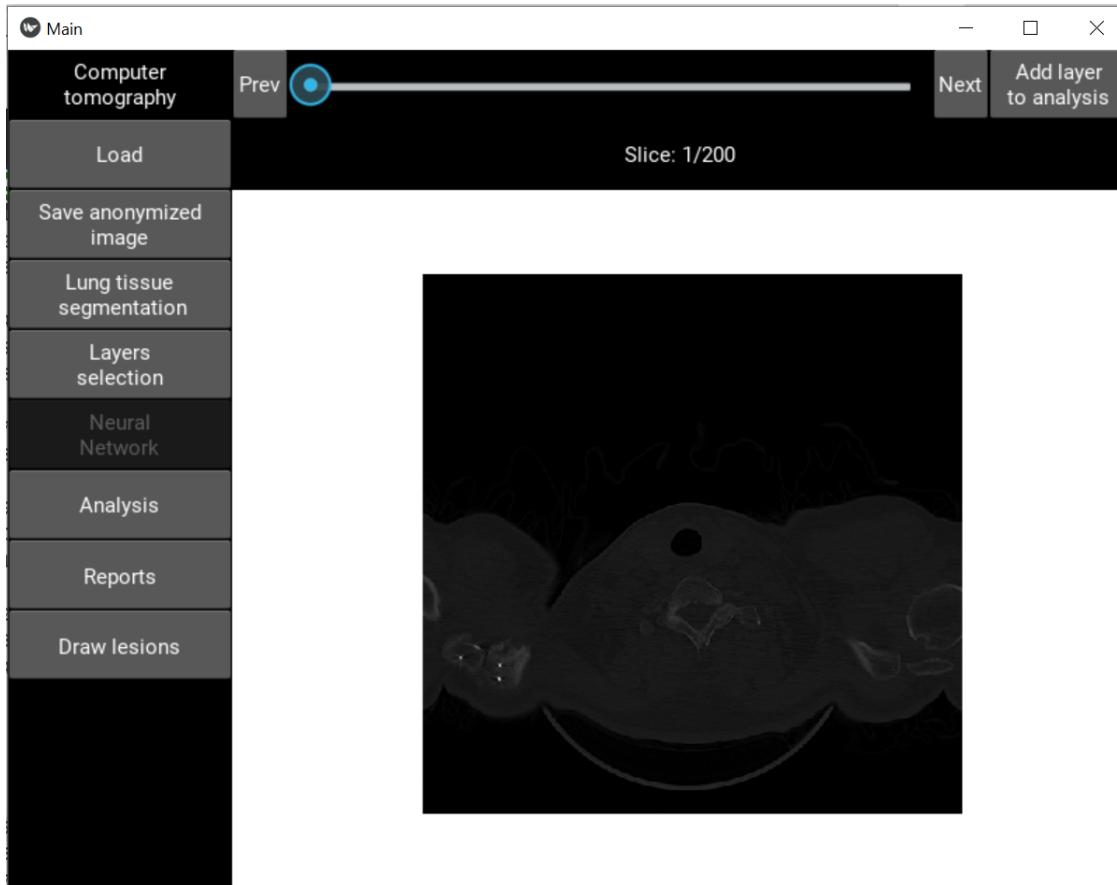
1.1 Wczytanie obrazu i wybór wyświetlanej warstwy

Po kliknięciu przycisku *Load* ukazuje się okno dialogowe, pozwalające na wybór ładowanego obrazu. Widok przedstawiony jest na rysunku 2.



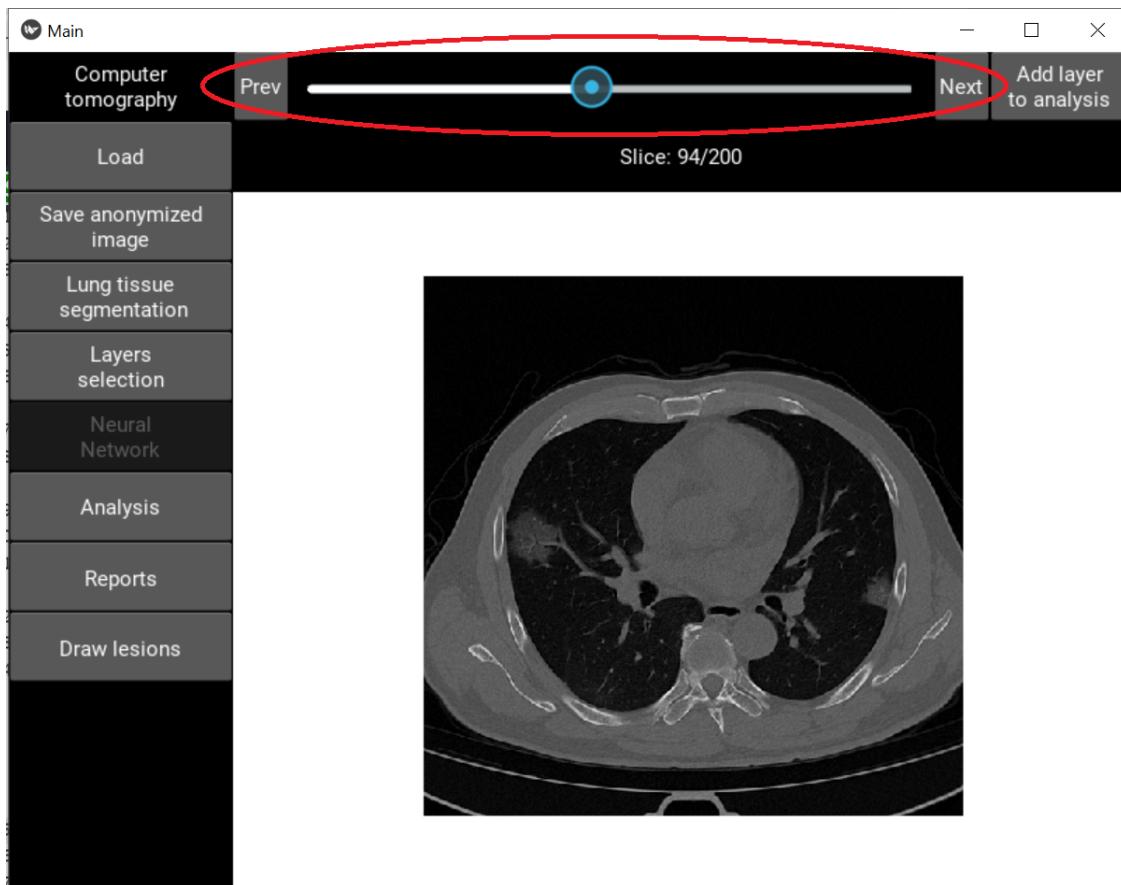
Rysunek 2: Okno dialogowe wyboru plików

Po wybraniu pliku, należy kliknąć odpowiedni przycisk, zależnie od analizowanego badania - *Load CT Image* w przypadku ładowania obrazu tomografii komputerowej lub *Load X-Ray Image* dla badania rentgenowskiego. Po załadowaniu obraz zostaje wyświetlony jak na rysunku 3.



Rysunek 3: Wyświetlenie załadowanego obrazu

Aplikacja obsługuje badania wielowarstwowe i jednowarstwowe. W przypadku badania wielowarstwowego, istnieje możliwość zmiany wyświetlanej warstwy badania za pomocą przesuwania suwaka znajdującego się w górnej części widoku lub odpowiednich przycisków. Lokalizacja elementów jest zaznaczona na rysunku 4. Suwak służy głównie przesunięcia o wiele warstw na raz, natomiast aby zmieniać kolejne warstwy pojedynczo, należy użyć przycisków *Prev* i *Next* znajdujące się po bokach suwaka.

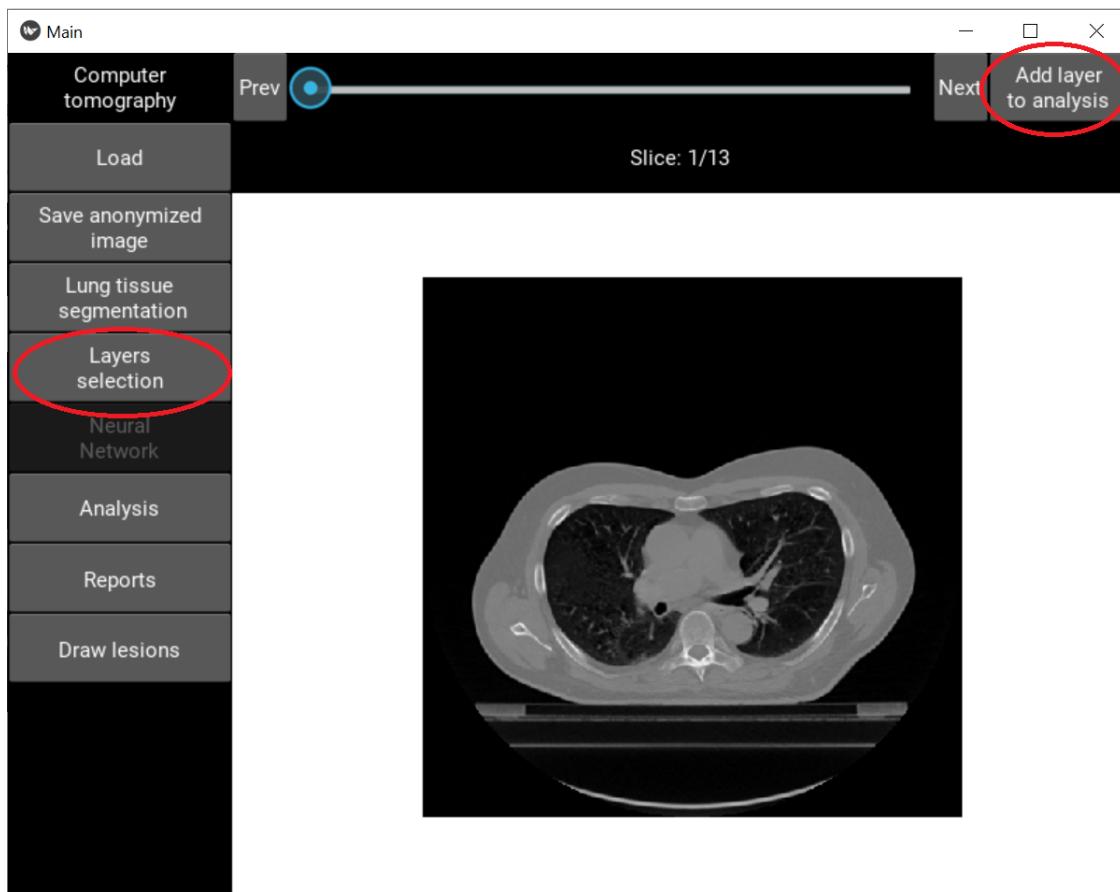


Rysunek 4: Zmiana wyświetlonej warstwy

Tuż pod suwakiem wyświetlana jest informacja, która warstwa jest aktualnie wyświetlona i ile warstw ma całe badanie - *Layer: numer aktualnej warstwy / liczba wszystkich warstw*. Dla badań jednowarstwowych, suwak jest wyłączony, a kliknięcie przycisku *Prev* lub *Next* nie zmienia.

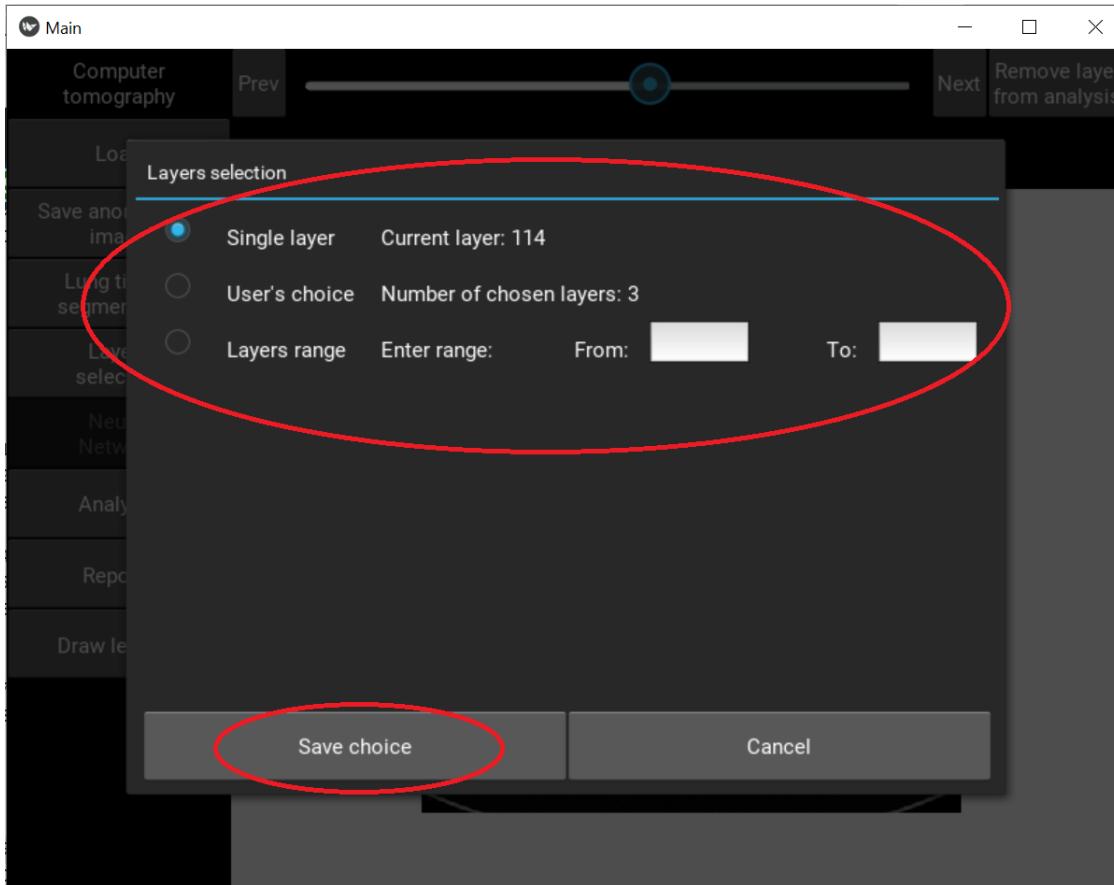
1.2 Wybór warstw do analizy

W prawym górnym rogu panelu, znajduje się przycisk *Add layer to analysis*. Kliknięcie go powoduje dodanie aktualnie wyświetlonej warstwy obrazu do kolekcji analizowanych warstw. Użytkownik może przeglądać kolejne warstwy i dodawać je lub usuwać do analizowanych obrazów.



Rysunek 5: Przyciski do wyboru analizowanych warstw

Wybór warstw do analizy można też modyfikować po kliknięciu kliknięciu przycisku *Layers selection*. Oba przyciski są zaznaczone na rysunku 5.



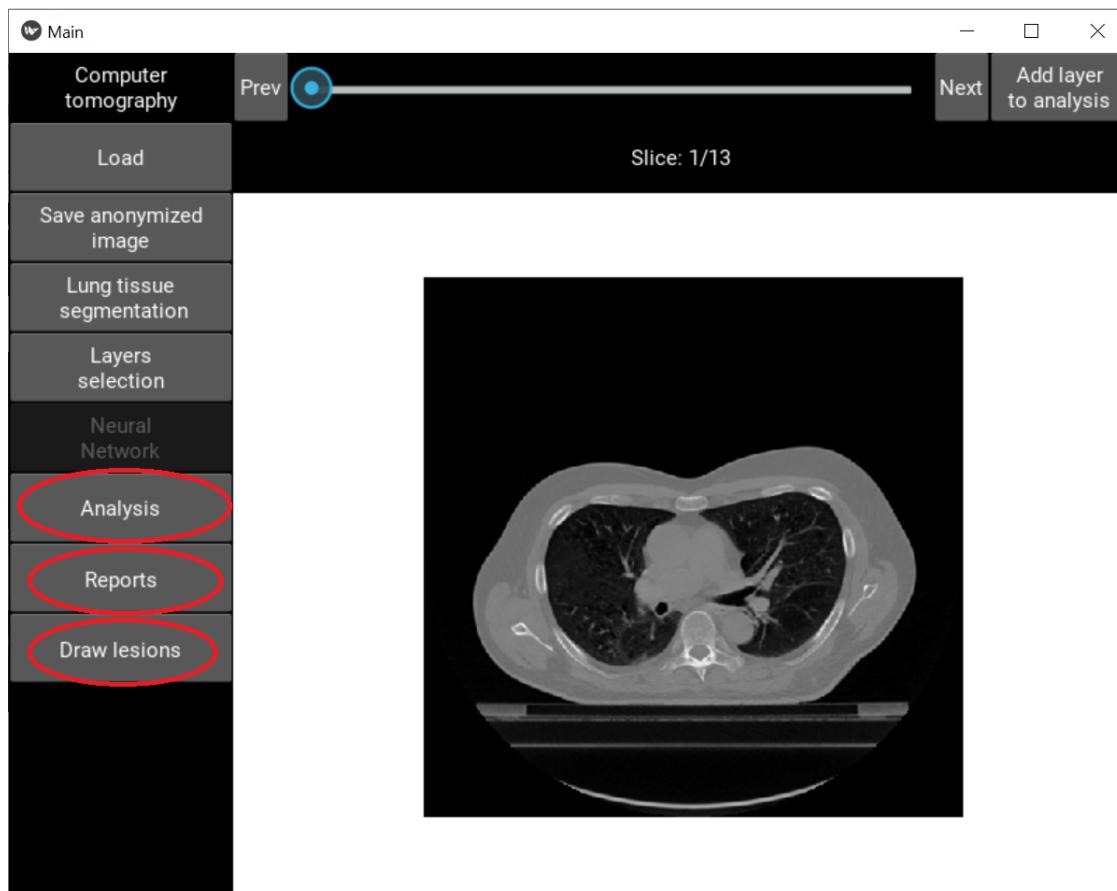
Rysunek 6: Widok modyfikacji kolekcji warstw do analizy

Wyświetlony widok pozwala na ustalenie, w jaki sposób wybrane są warstwy do późniejszej analizy. Jest on pokazany na rysunku 6. Dostępne są trzy możliwości:

- *Single layer* - pojedyncza aktualnie wyświetlona warstwa. Jest to opcja domyślna, dlatego, że aplikacja obsługuje również obrazy o tylko jednej warstwie, jak np. obraz rentgenowski. Wypisany jest również indeks aktualnie wyświetlonej warstwy: *Current layer: indeks aktualnie wyświetlonej warstwy*.
- *User's choice* - warstwy wybrane manualnie przez użytkownika podczas przeglądania badania i klikania przycisku *Add layer to analysis*. Obok przycisku wyboru pokazuje się aktualna liczba wybranych w ten sposób warstw.
- *Layers range* - opcja pozwalająca na podanie przez użytkownika zakresu indeksów analizowanych warstw.

Po wybraniu odpowiedniej opcji, należy kliknąć przycisk *Save choice*, aby wybór został zapamiętany.

1.3 Zaznaczenie obszarów zainteresowań na obrazie oraz obliczenie procentowej zajętości płuc przez zaznaczone zmiany chorobowe



Rysunek 7: Przyciski do obrysowania zmian, klasyfikacji oraz generowania raportów

Na rysunku 5 zaznaczone są przyciski do analizy, generowania raportów oraz zaznaczania zmian. Klikając przycisk *Draw lesions*, pokazuje się widok aktualnie załadowanej warstwy badania.



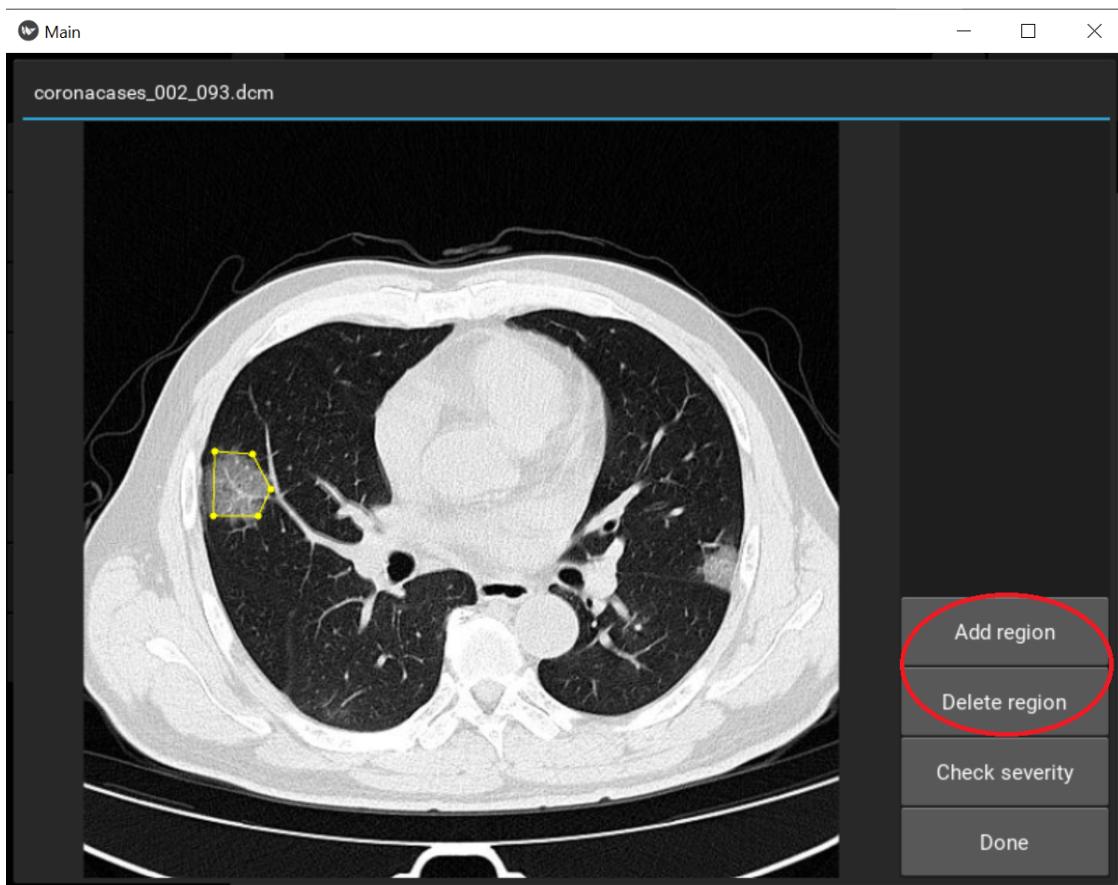
Rysunek 8: Widok zaznaczania zmian na obrazie

Na obrazie można zaznaczyć obrys zmiany chorobowej poprzez pojedyncze klikanie lewym przyciskiem myszy. Każde kliknięcie wygeneruje we wskazanym miejscu czerwony punkt jak na rysunku 9.



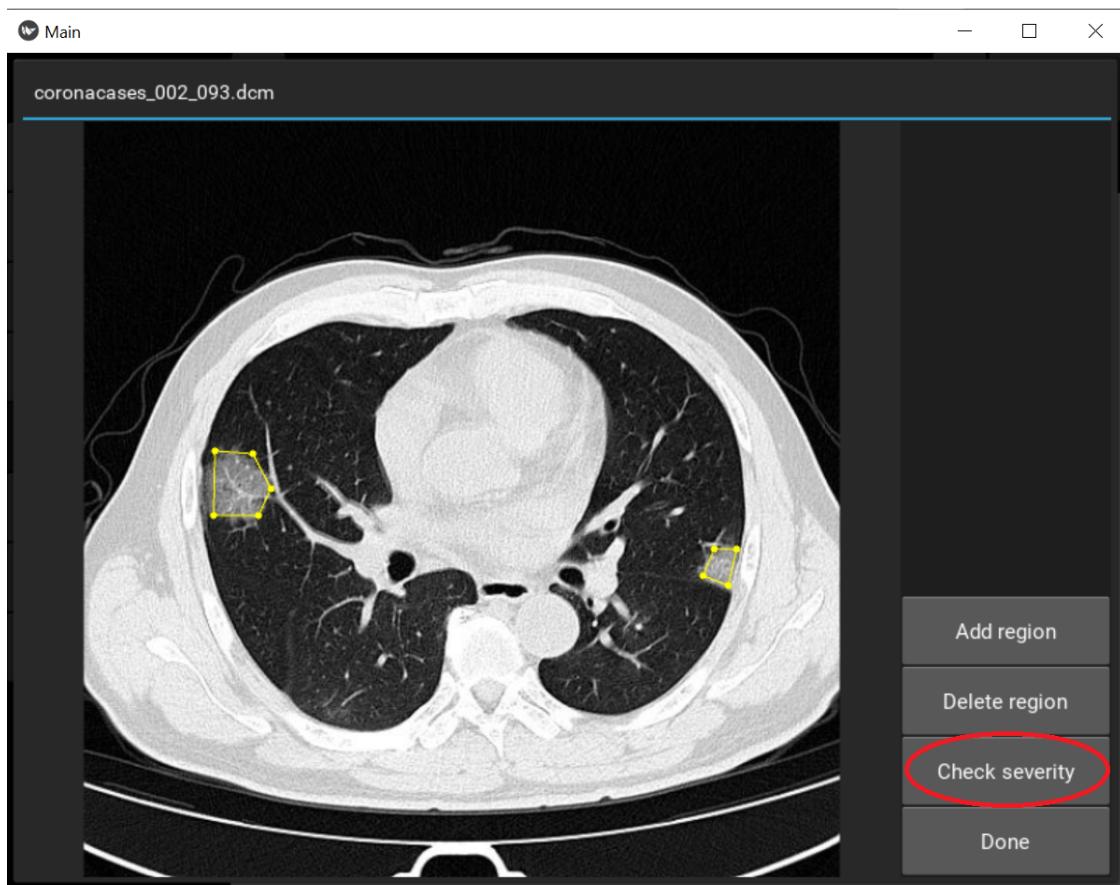
Rysunek 9: Obraz z punktowo zaznaczoną zmianą chorobową

Następnie po kliknięciu przycisku *Add region*, na obrazie pojawia się żółty obrys wygenerowany na podstawie zaznaczonych punktów. Widok jest przedstawiony na rysunku 10.



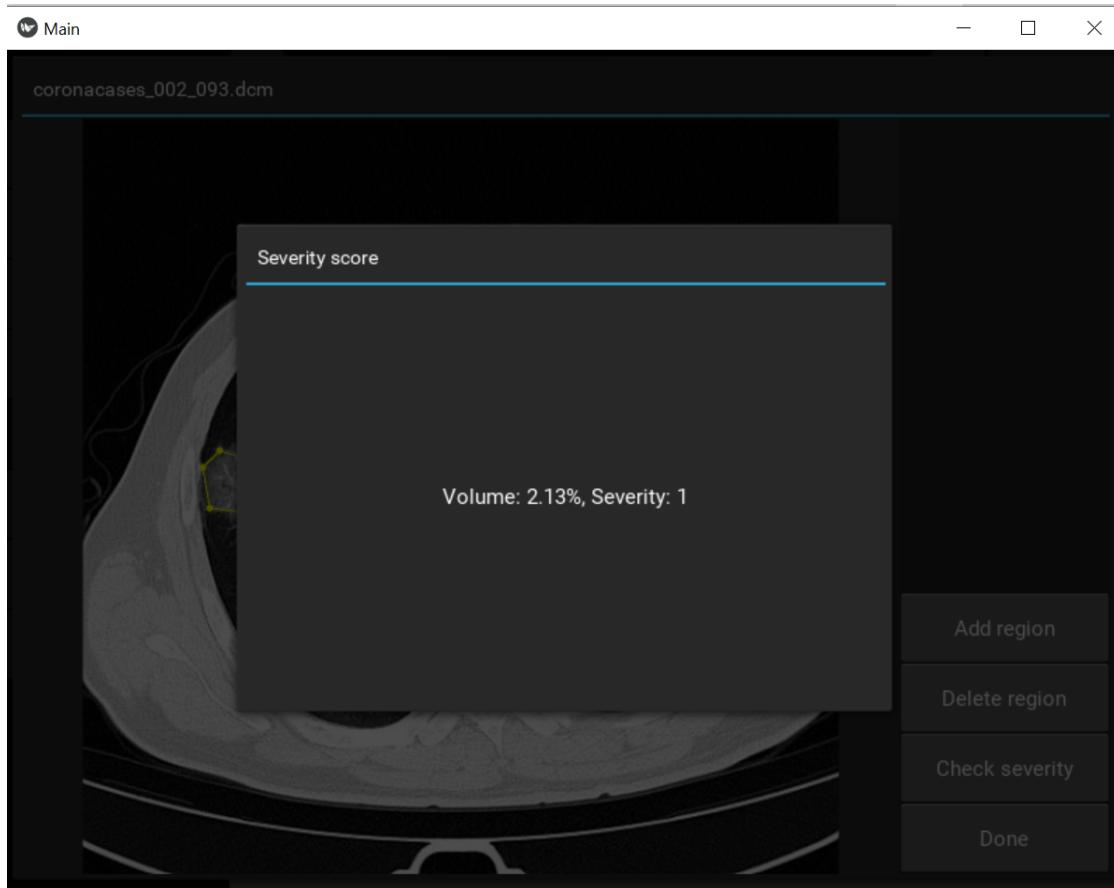
Rysunek 10: Obrys zmiany chorobowej

Można obrysować dowolną liczbę obszarów na obrazie, pojedynczo dodając je przy użyciu przycisku *Add region* zaznaczonego na rysunku 11.



Rysunek 11: Obrysy zmian chorobowych i sprawdzanie zajętości płuc

Przycisk *Delete region* powoduje usunięcie ostatnio dodanego obszaru. Natomiast przycisk *Check severity* zaznaczony na rysunku 11, uruchamia proces obliczenia procentowej zajętości płuc przez zmiany chorobowe. Po skończeniu obliczeń pojawia się okienko z wynikiem oraz analiza jest zapisywana do raportu. Widok prezentacji wyniku jest przedstawiony na rysunku 12.



Rysunek 12: Wynik obliczenia procentowej zajętości płuc przez zmiany chorobowe

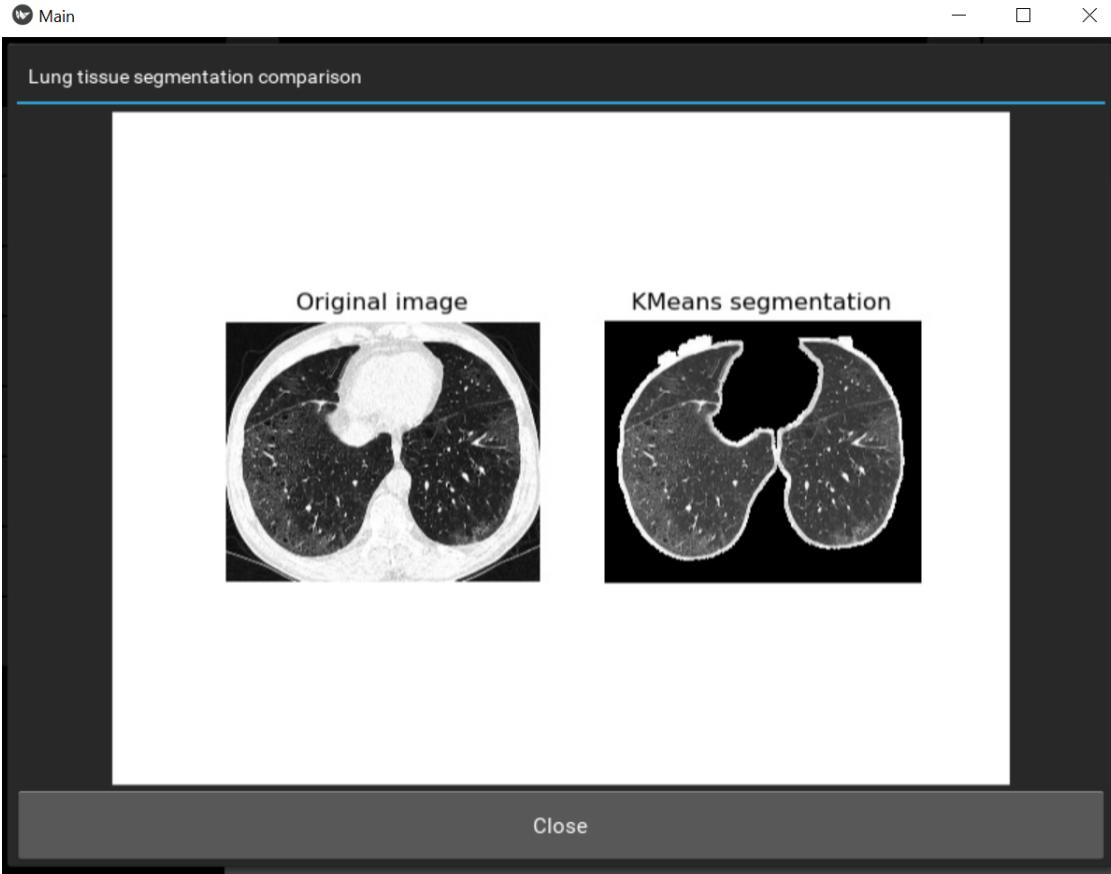
Okienko znika po kliknięciu w dowolnym miejscu aplikacji poza obszarem okienka, wtedy ponownie ukazuje się widok obrysowywania zmian. Można go zamknąć przy użyciu przycisku *Done*, co spowoduje powrót do głównego widoku aplikacji lub zaznaczyć kolejne obszary zainteresowania.

1.4 Uruchomienie segmentacji płuc dla aktualnie wyświetlanej warstwy obrazu

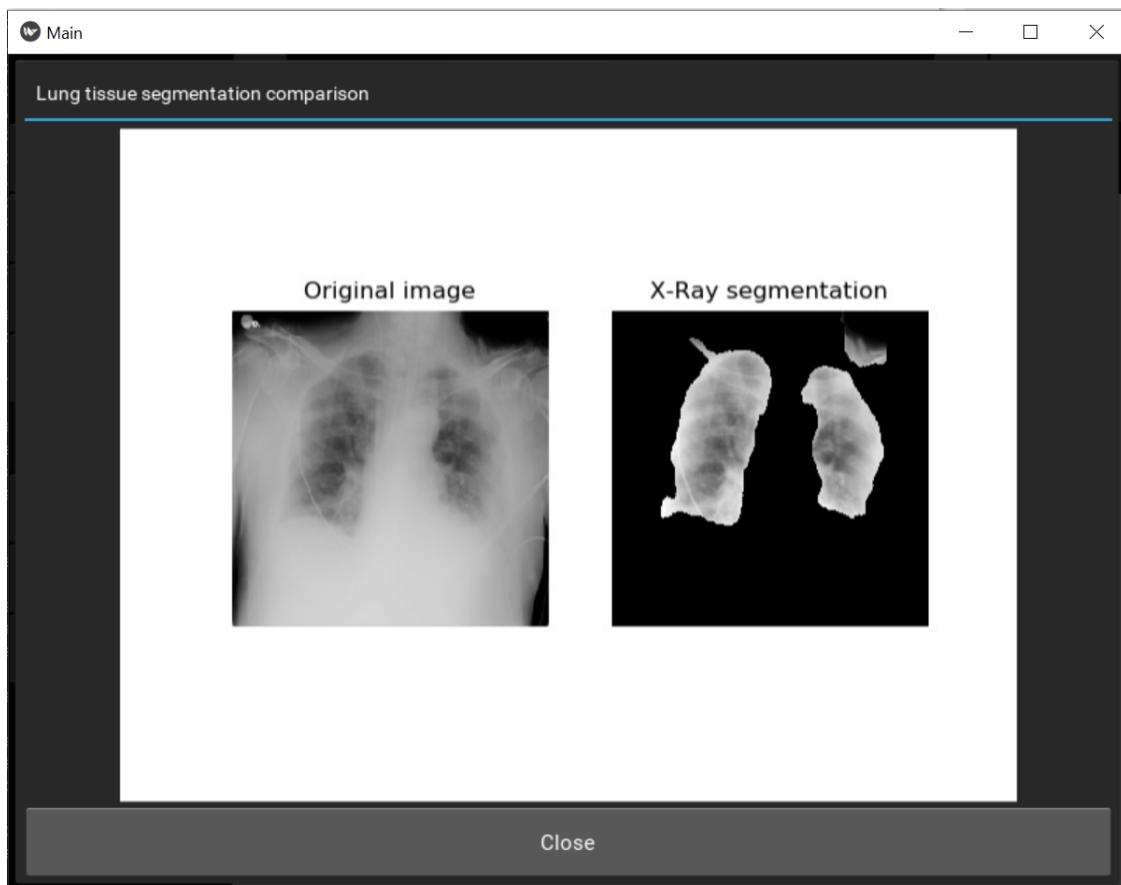
Klikając na przycisk *Lung tissue segmentation* w panelu głównym, wyświetla się widok wysegmentowanej tkanki płucnej dla aktualnie wyświetlanego obrazu. W zależności od załadowanego badania, ukazują się wyniki segmentacji zaimplementowanych metod. Widoki poszczególnych segmentacji są przedstawione na rysunkach 13, 14 i 15.



Rysunek 13: Wynik segmentacji tkanki płucnej dla wielowarstwowych badań TK w formacie dla wartości pikselów w skali Hounsfielda.



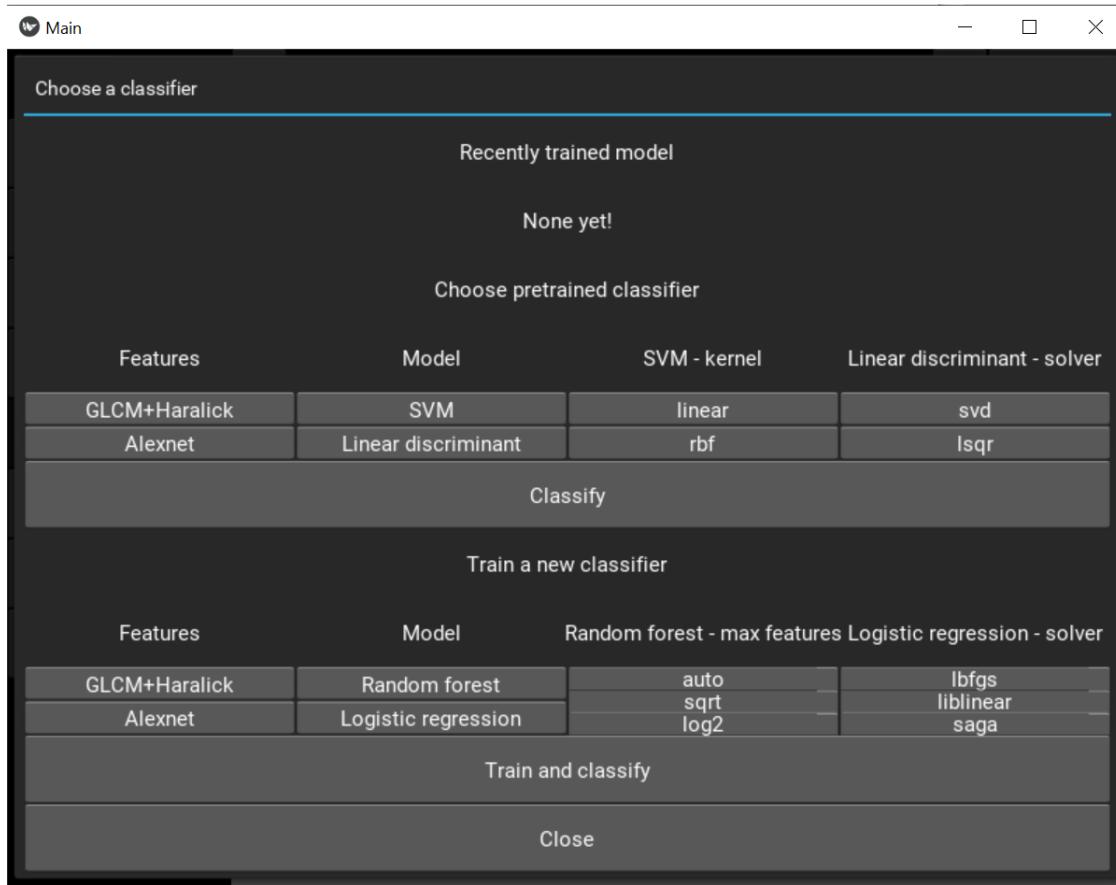
Rysunek 14: Wynik segmentacji tkanki płucnej dla jednowarstwowych badań TK dla pikseli w skali szarości.



Rysunek 15: Wynik segmentacji tkanki płucnej dla jednowarstwowych badań RTG.

1.5 Uruchomienie klasyfikacji zmian chorobowych dla wybranych przez użytkownika warstw obrazu

Aby uruchomić analizę należy kliknąć przycisk *Analysis* w panelu głównym. Zostaje wyświetlony panel z widokiem z wyborem ekstrahowanych cech oraz klasyfikatora, jak na rysunku 16.



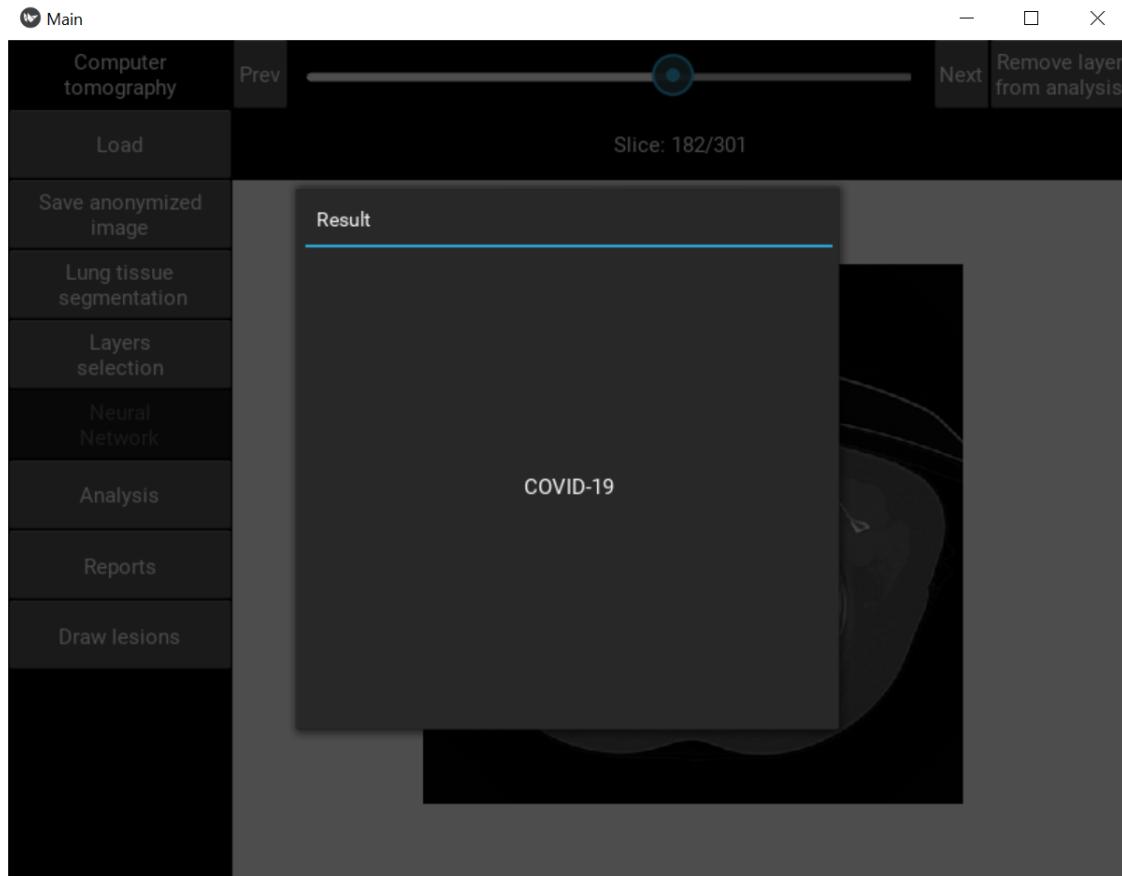
Rysunek 16: Widok wyboru ekstrahowanych cech obrazowych oraz Klasyfikatora

Panel podzielony jest na 3 części:

1. *Recently trained models* - po wytrenowaniu modelu w sekcji *Train a new classifier*, w kolejnych analizach pojawi się on w pierwszej sekcji.
2. *Choose pretrained classifier* - zawiera wytrenowane modele dostępne w aplikacji.
3. *Train a new classifier* - pozwala na wytrenowanie nowego modelu typu *Random forest* lub *Logistic regression* z wybranymi parametrami *max features* i odpowiednio *solver*.

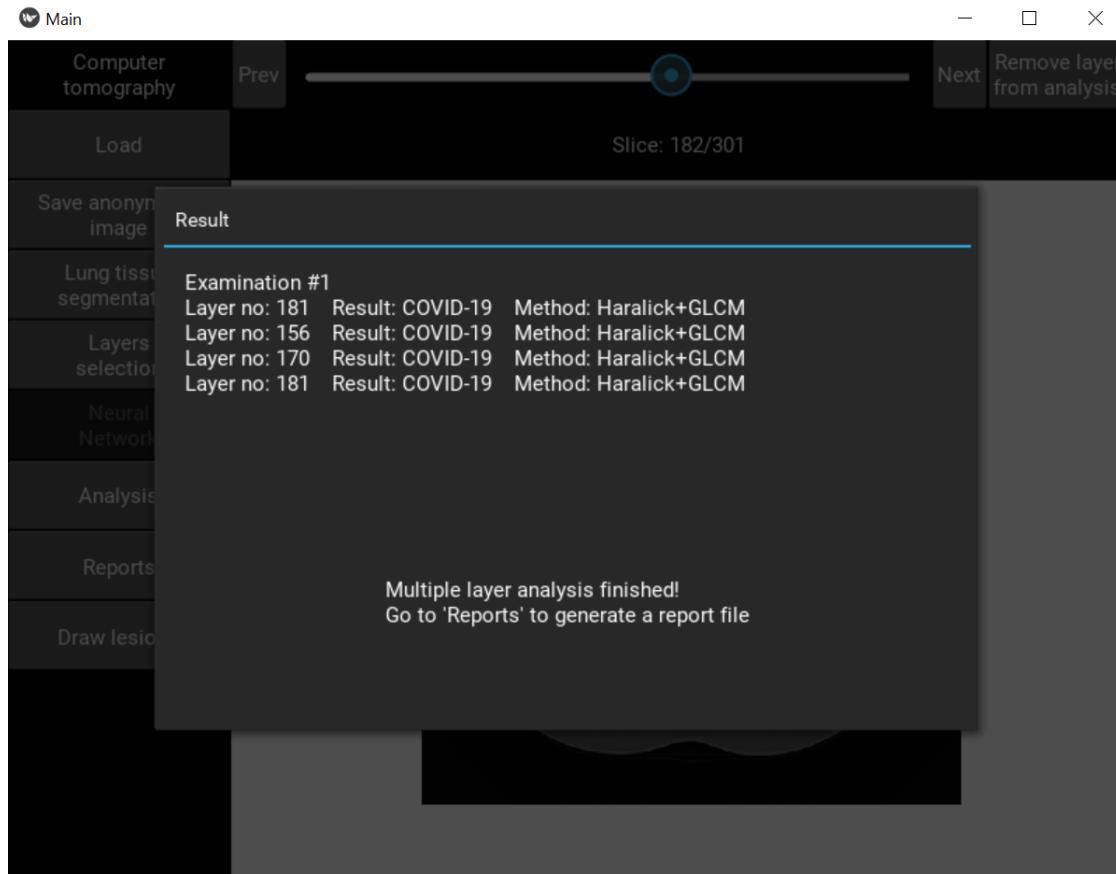
Przykładowo, wybór cech i wytrenowanego klasyfikatora odbywa się w następujący sposób: najpierw wybiera się zestaw cech - *Glcml+Haralick* lub *Alexnet* oraz rodzaj klasyfikatora - *SVM* lub *Linear discriminant*. Następnie w zależności od tego który klasyfikator wybrano, należy zaznaczyć albo *kernel* klasyfikatora *SVM* albo *solver* klasyfikatora *Linear Discriminant*.

Po kliknięciu przycisku *Classify* (lub *Train and classify* jeśli trenowany jest nowy model), odbywa się proces klasyfikacji binarnej wybranych warstw (COVID-19 vs normal). Po jego zakończeniu pokazuje się podsumowanie. Przykładowy widok podsumowania przedstawia rysunek 17.



Rysunek 17: Podsumowanie analizy pojedynczej warstwy

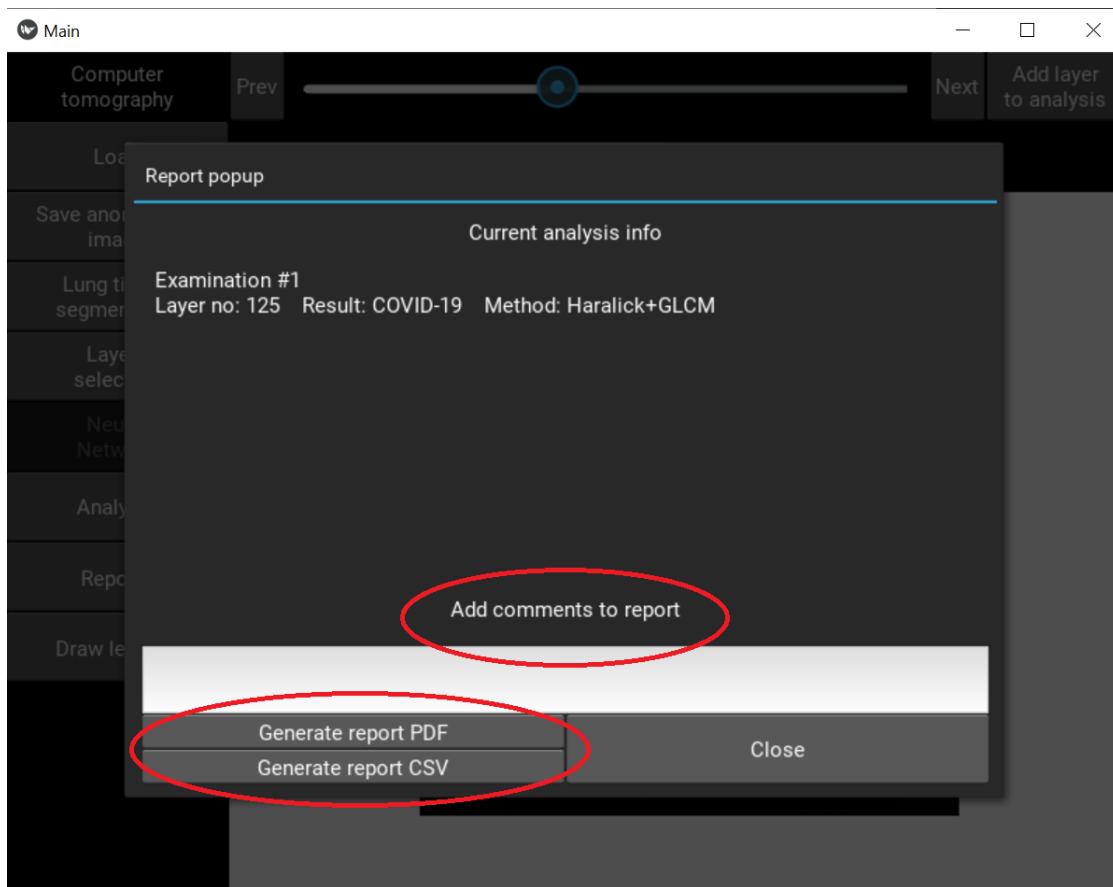
W przypadku klasyfikacji większej ilości warstw (wybranych ręcznie przez użytkownika lub z podanego zakresu), wyświetlane są wyniki dla wszystkich warstw jak na rysunku 18.



Rysunek 18: Podsumowanie analizy wielowarstwowej

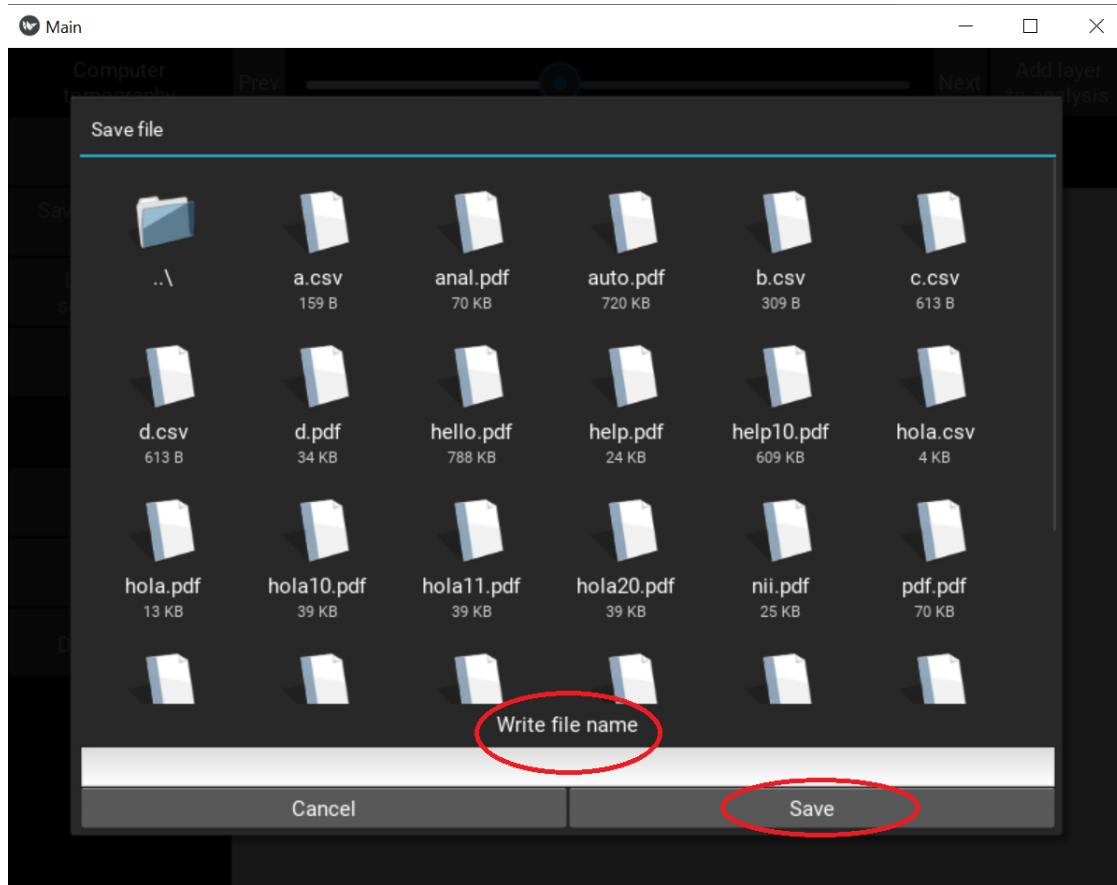
1.6 Informacja zwrotna

Wszystkie wykonane analizy (klasyfikacje i obliczanie zajętości procentowej płuc), są zapamiętywane podczas pracy aplikacji. Kliknięcie przycisku *Reports* w głównym widoku aplikacji powoduje otwarciem okna dotyczącego generacji raportów na podstawie przeprowadzonych analiz.



Rysunek 19: Okno generacji raportów

Wyświetlone zostaje podsumowanie aktualnie wykonanych analiz. Przykładowy widok jest przedstawiony na rysunku 19. Można dodać komentarz w polu *Add comments to report*. Aby wygenerować raport należy kliknąć odpowiedni przycisk, zależnie od wyjściowego formatu, można wybrać *Generate report PDF* lub *Generate report CSV*. Po kliknięciu jednego z tych dwóch przycisków pojawi się okno wyboru docelowego folderu oraz pole na podanie nazwy pliku *Write file name* jak na rysunku 20.

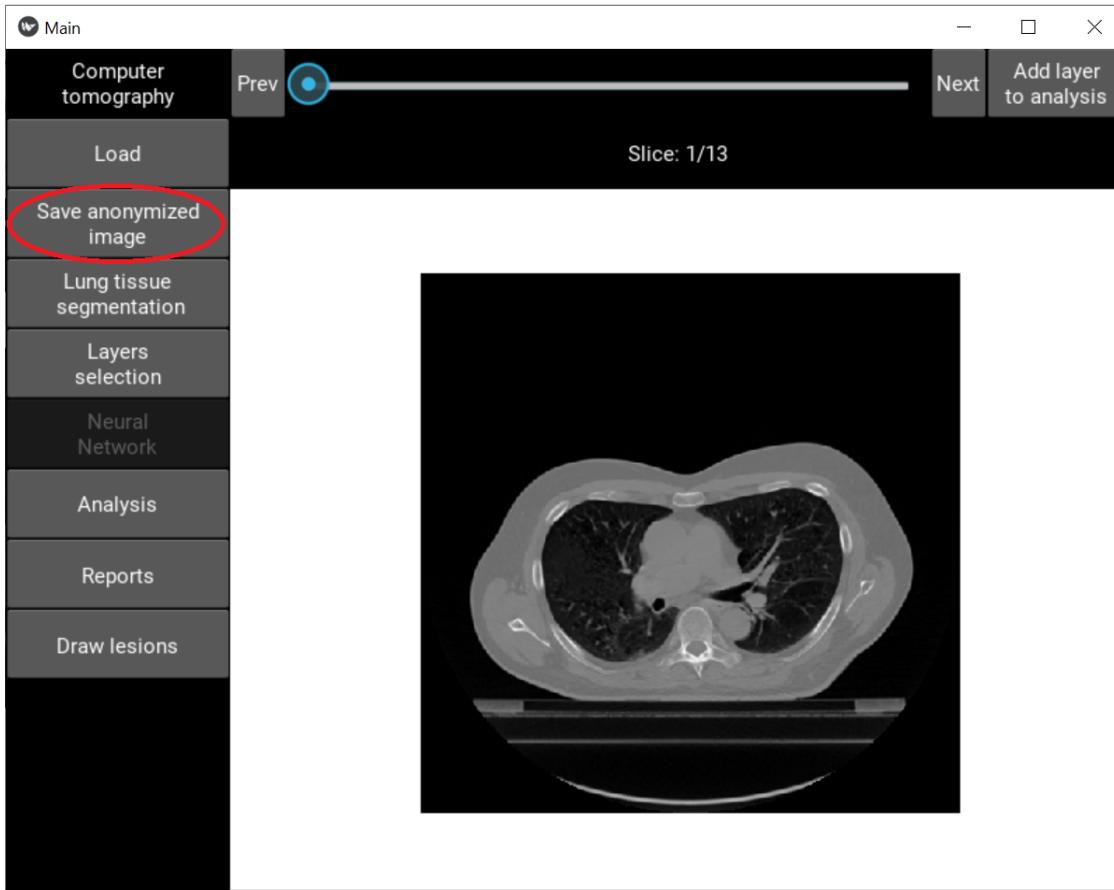


Rysunek 20: Zapisanie pliku z raportem

Następnie należy kliknąć przycisk *Save*, raport zostaje zapisany na urządzeniu, a aplikacja wraca do głównego widoku.

1.7 Zapisanie zanonimizowanego obrazu

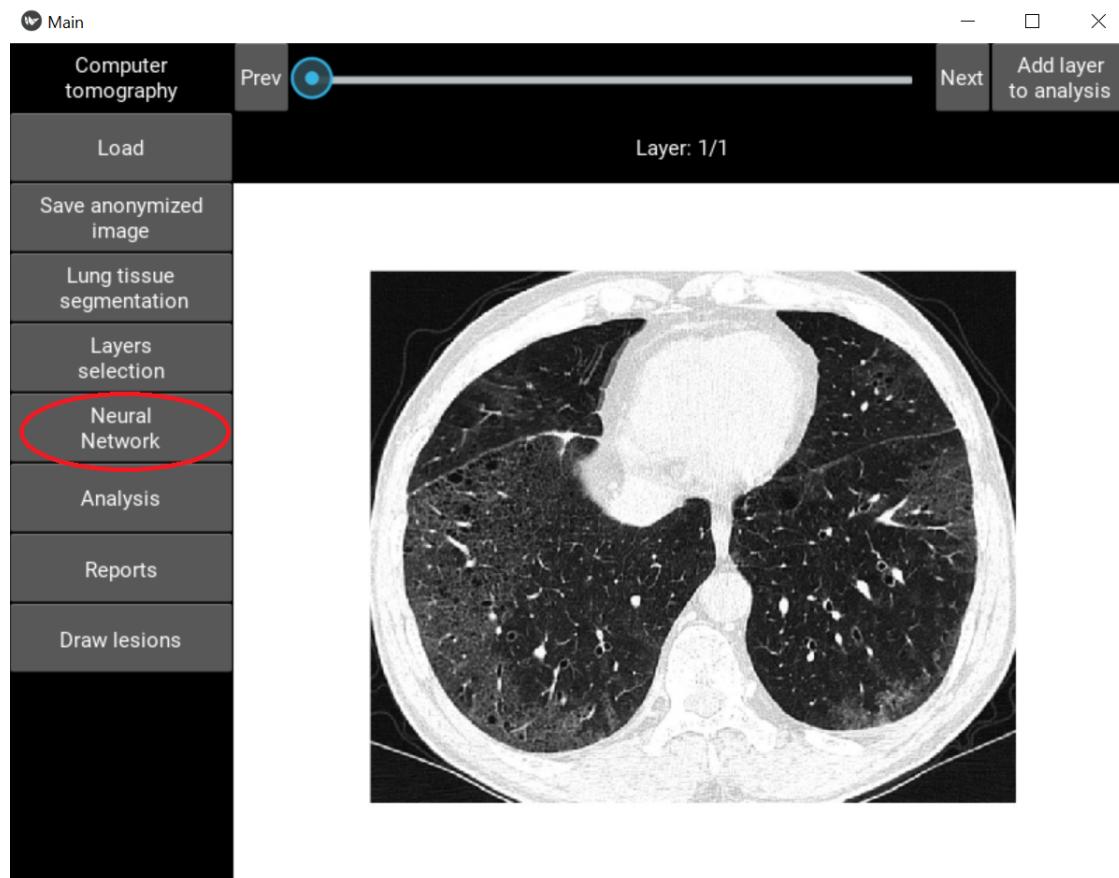
Wszystkie pliki obrazowe wgrywane do aplikacji są w pierwszej kolejności poddane zabezpieczeniu anonimizacji. Zanonimizowany obraz można zapisać. W głównym widoku interfejsu użytkownika należy kliknąć na przycisk *Save anonymized file*. Spowoduje on otwarcie okna dialogowego, w którym można wybrać folder oraz nadać nazwę zapisywanej obrazowi. Widok jest przedstawiony na rysunku 21. Po kliknięciu przycisku *Save*, plik zostaje zapisany w pamięci urządzenia, a aplikacja wraca do głównego widoku.



Rysunek 21: Zapisanie zanonimizowanego obrazu

1.8 Uruchomienie klasyfikacji za pomocą sieci neuronowej

Dla jednowarstwowych obrazów badania tomografii komputerowej w formatach jpg oraz png, możliwa jest klasyfikacja za pomocą wytrenowanej sieci neuronowej. W tym celu należy kliknąć przycisk *Neural Network* zaznaczony na rysunku 22. Przycisk jest aktywny tylko po załadowaniu obrazów, które mogą zostać poddane tej analizie. Po wykonaniu obliczeń, wynik jest wyświetlany w aplikacji oraz zapisywany do raportu.



Rysunek 22: Uruchomienie klasyfikacji za pomocą sieci neuronowej