

Prototyp projektu z przedmiotu Techniki Obrazowania Medycznego

Małgorzata Sosin

Krzysztof Kwaśniak

Piotr Sumara

1. Przygotowanie danych

Dane pobrano do colaba z repozytorium kits19 z githuba.

Zrobiono funkcję `list_files`, która tworzy dwa nowe foldery: `imaging` i `segmentation`, a następnie przenosi pliki `imaging.nii.gz` i `segmentation.nii.gz` z kolejnych case'ów do odpowiednich folderów. Taki zabieg ułatwi dalsze przetwarzanie danych, ponieważ przechodzenie po kolei po case'ach i przetwarzanie jego plików znacznie wydłuża czas.

2. Do wczytania danych posłuży funkcja `load_image`, która przyjmuje obraz wejściowy formatu `.nii.gz` i zwraca go w formie macierzy numpy 3D. Do wizualizacji danych służy funkcja `generate_axis_view`, która wizualizuje skan CT w trzech głównych płaszczyznach dla środkowego przekroju płaszczyzny. Funkcja `get_slices` w zależności od trybu generuje przekroje w zadanej płaszczyźnie. Funkcja `save_slices_all` dla każdego pliku `.nii.gz` w zadanej ścieżce generuje przekroje i zapisuje je w formacie `.png`. Wszystkie funkcje znajdują się w pliku `kits19_utils.py`.
3. Zaimplementowano funkcję `HU_transform()`, która normalizuje otrzymane przy pomocy funkcji `get_slices` obrazy 2d do skali Hounsfielda. Obrazy przy jej pomocy są skalowane do wartości 0-1.
4. Następnym etapem będzie przypisanie do plików odpowiednich labeli w taki sposób, aby te same odpowiadały plikom w folderze `segmentation` i `imaging`.
5. W kolejnym etapie skupimy się na rozpisaniu architektury sieci U-net, która pozwoli na segmentację zmian nowotworowych oraz jej walidacji.

Problemy:

- używając funkcji `list_files` colab nie przechodzi po folderach po kolei, co w dalszym etapie może być utrudnieniem, natomiast odpowiadające sobie pliki `imaging.nii.gz` i `segmentation.nii.gz` w folderach `imaging` i `segmentation` mają takie same numery.