

AUTOREFERAT

1. Imię i nazwisko. Marcin Ciecholewski

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/artystyczne z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

2008 doktor nauk technicznych w dyscyplinie Informatyka, Akademia Górniczo Hutnicza w Krakowie, wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki Akademii Górniczo-Hutniczej im. St. Staszica w Krakowie, tytuł rozprawy: *Komputerowa analiza tomograficznych zobrażeń wątroby w rozpoznawaniu wybranych zmian chorobowych i ich interpretacji znaczeniowej*

2000 magister matematyki (specjalizacja informatyka i metody numeryczne), Uniwersytet Gdański, wydział Matematyki i Fizyki, tytuł pracy: *Zastosowanie algorytmów genetycznych w szeregowaniu zadań*

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych.

Październik 2017 – do chwili obecnej, praca na stanowisku Adiunkta w Instytucie Informatyki, wydziału Matematyki, Fizyki i Informatyki Uniwersytetu Gdańskiego, w zakładzie Sztucznej Inteligencji.

Maj 2012 – Październik 2017, praca na stanowisku Adiunkta na wydziale Matematyki i Informatyki Uniwersytetu Jagiellońskiego, w katedrze Teorii Optymalizacji i Sterowania.

Październik 2009 – maj 2012, praca na stanowisku Adiunkta w Instytucie Informatyki, wydziału Matematyki i Informatyki Uniwersytetu Jagiellońskiego, w katedrze Informatyki Stosowanej.

Październik 2008 – Październik 2009, praca na stanowisku Asystenta z doktoratem w Instytucie Informatyki, wydziału Matematyki i Informatyki Uniwersytetu Jagiellońskiego, w katedrze Informatyki Stosowanej.

4. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. 2016 r. poz. 882 ze zm. w Dz. U. z 2016 r. poz. 1311.):

4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego

Segmentacja z wykorzystaniem modeli konturowych i morfologii matematycznej - metody i zastosowania w wybranych klasach obrazów cyfrowych.

4.2 Spis publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego

[A1] Ciecholewski M.: *Gallbladder Boundary Segmentation from Ultrasound Images Using Active Contour Model*, **Lecture Notes in Computer Science**, 2010, vol. 6283, pp. 63-69, Springer-Verlag, Berlin-Heidelberg 2010. (MNISW: 13 pkt)

[A2] Ciecholewski M.: *Gallbladder Segmentation in 2-D Ultrasound Images Using Deformable Contour Methods*, **Lecture Notes in Artificial Intelligence**, 2010, vol. 6408, pp. 163-174, Springer-Verlag, Berlin-Heidelberg 2010. (MNISW: 13 pkt)

- [A3] Ciecholewski M.: *Gallbladder Segmentation from 2-D Ultrasound Images Using Active Contour Models and Gradient Vector Flow*. **Lecture Notes in Computer Science**, 2011, vol. 6930, pp. 86-97, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg 2011. (MNISW: 13 pkt)
- [A4] Ciecholewski M., Chochołowicz J.: *Gallbladder shape extraction from ultrasound images using active contour models*, **Computers in Biology and Medicine**, 2013, vol. 43(12), pp. 2238-2255, Elsevier. (MNISW: 20 pkt, Impact Factor: 1,162)
- [A5] Ciecholewski M.: *Automated coronal hole segmentation from Solar EUV Images using the watershed transform*, **Journal of Visual Communication and Image Representation**, 2015, vol. 33, pp. 203-218, Elsevier. (MNISW: 30 pkt, Impact Factor: 1,218)
- [A6] Ciecholewski M.: *An edge-based active contour model using an inflation/deflation force with a damping coefficient*, **Expert Systems with Applications**, 2016, vol. 44, pp. 22-36, Elsevier. (MNISW: 35 pkt, Impact Factor: 2,981)
- [A7] Ciecholewski M.: *River channel segmentation in polarimetric SAR images: Watershed transform combined with average contrast maximisation*. **Expert Systems with Applications**, 2017, vol. 82, 196-215, Elsevier. (MNISW: 35 pkt, Impact Factor: 3,982)
- [A8] Ciecholewski M.: *Microcalcification Segmentation from Mammograms: A Morphological Approach*. **Journal of Digital Imaging**, 2017, vol. 30(2), pp. 172-184, Springer. (MNISW: 20 pkt, Impact Factor: 1,406)
- [A9] Ciecholewski M.: *Malignant and Benign Mass Segmentation in Mammograms Using Active Contour Methods*. **Symmetry**, 2017, vol. 9(11), Article Number: 277, MDPI. (MNISW: 30 pkt, Impact Factor: 1,457)
- [A10] Ciecholewski M., Spodnik J.: *Semi-Automatic Corpus Callosum Segmentation and 3D Visualization Using Active Contour Methods*. **Symmetry**, 2018, vol. 10(11), Article Number: 589, MDPI. (MNISW: 30 pkt, Impact Factor: 1,256)

4.3 Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania

Przedmiotem badań, których wyniki przedstawiono w cyklu powiązanych ze sobą tematycznie publikacji jest zaproponowanie nowych algorytmów, metod, a także przekształcenie istniejących rozwiązań, umożliwiających segmentację w obrazach cyfrowych.

Segmentacja ma na celu wyodrębnienie granic obiektów w analizowanym obrazie cyfrowym lub ma podzielić obraz na różne, nie pokrywające się regiony. Segmentacja jest jednym z najważniejszych kroków w systemach przetwarzania obrazów cyfrowych, ponieważ jej wynik ma bezpośredni wpływ na rezultaty kolejnych metod przetwarzania np. na trójwymiarową rekonstrukcję i wizualizację, ekstrakcję cech czy klasyfikację.

W praktyce okazuje się, że niezwykle trudno uzyskać metodę uniwersalną, która umożliwi otrzymanie wysokich rezultatów, dla różnych, rozwiązywanych zagadnień segmentacji. Dlatego w niniejszej rozprawie zaprezentowano wyniki badań uzyskanych za pomocą metod konturowych, a dokładnie – metod aktywnego konturu [A1, A2, A3, A4, A6, A9, A10] oraz metod morfologii matematycznej, z wykorzystaniem segmentacji wododziałowej [A5, A7, A8].

Metody aktywnego konturu (ang. active contour models, w skrócie ACM) posiadają zdolność uzyskiwania zamkniętych konturów dla wyznaczanych obiektów (czy przybliżonych kształtów) w obrazie, co jest bardzo przydatne np. w segmentacji obrazów medycznych. W analizie obrazów medycznych segmentacja jest zdefiniowana jako metoda, która umożliwia wyznaczenie dokładnych zarysów potencjalnych zmian chorobowych lub pozwala wyznaczyć kształt organu.

Modele aktywnego konturu umożliwiają dopasowanie się do analizowanego kształtu bądź kształtów w tym często bardzo złożonych, dla serii obrazów, na podstawie wcześniej ustalonego konturu początkowego jak i ustalonego zestawu parametrów i to często w sposób automatyczny, co jest bardzo wygodne w praktyce. Jednak w przypadku części opracowanych metod, na podstawie literatury,

występują pewne ograniczenia jak: duża wrażliwość na sposób inicjalizacji, słabe rezultaty segmentacji w obrazach z zakłóceniami, trudności z uzyskaniem powtarzalnych rezultatów segmentacji, czy wysoki koszt obliczeniowy oraz jeszcze inne problemy, przedstawione dalej w rozprawie habilitacyjnej. Mając na uwadze ograniczenia istniejących podejść, został opracowany aktywny kontur wykrywający krawędzie i wykorzystujący siłę rozciągającą/ściąającą, ze współczynnikiem tłumienia (ang. an edge-based active contour model using an inflation/deflation force with a damping coefficient, w skrócie EM), którego działanie zostało szczegółowo przedstawione w pracach [A4, A6].

Segmentacja wododziałowa (ang. watershed segmentation) pozwala podzielić obraz na różne, nie pokrywające się regiony. Częstym problemem występującym w segmentacji wododziałowej jest zjawisko bardzo dużego rozdrobnienia regionów, zwane nadsegmentacją. W niniejszej rozprawie, przedstawiono metody, które umożliwiają niwelowanie zjawiska nadsegmentacji i pozwalają również scalać regiony uzyskane po segmentacji wododziałowej w wynikowy kształt lub kształty [A5, A7, A8]. Jak wykazały przeprowadzone badania, rozwiązania te mają zastosowania w różnych klasach obrazów cyfrowych, czyli w astronomicznych obrazach solarnych [A5] czy w obrazach uzyskanych techniką radaru z syntetyczną aperturą (ang. synthetic aperture radar, w skrócie SAR), w tym również z wykorzystaniem technik polaryzacyjnych [A7].

Prowadzone badania, których rezultaty są zaprezentowane w pracach [A1-A10] dotyczą następujących zagadnień i klas obrazów cyfrowych:

1. Segmentacji pęcherzyka żółciowego w obrazach ultrasonograficznych (USG) z wykorzystaniem metod aktywnego konturu (prace [A1, A2, A3])
2. Opracowania modelu aktywnego konturu wykrywającego krawędzie i wykorzystującego siłę rozciągającą/ściąającą, ze współczynnikiem tłumienia. Zastosowanie tego modelu do segmentacji obiektów w różnych klasach obrazów cyfrowych z zakłóceniami i bez zakłóceń, w tym: dla obrazów sztucznych, medycznych (pęcherzyka żółciowego w obrazach USG, komory serca w obrazach USG, ciała modzelowatego na podstawie obrazów rezonansu magnetycznego (MR) mózgu) (prace [A4, A6]).
3. Segmentacji łagodnych i złośliwych zmian nowotworowych w obrazach mammograficznych z zastosowaniem metod aktywnego konturu (praca [A9]).
4. Segmentacji i trójwymiarowej wizualizacji ciała modzelowatego na podstawie obrazów MR mózgu z wykorzystaniem metod aktywnego konturu (praca [A10]).
5. Opracowania algorytmu wykorzystującego maksymalizację średniego kontrastu w celu scalania regionów po segmentacji wododziałowej w wynikowy kształt. Zastosowanie tego algorytmu i innych metod morfologii matematycznej do: segmentacji dziur koronalnych występujących na słońcu, na podstawie astronomicznych obrazów solarnych [praca A5]; segmentacji koryt rzek, na podstawie obrazów uzyskanych techniką radaru z syntetyczną aperturą (ang. synthetic aperture radar, w skrócie SAR) (praca [A7]).
6. Segmentacji mikrozwapnień w obrazach mammograficznych z wykorzystaniem metod morfologii matematycznej (praca [A8]).

W kolejnych podrozdziałach zostaną zaprezentowane zaproponowane rozwiązania wraz z omówieniem celu prowadzonych badań oraz będą przedstawione osiągnięte rezultaty i ich możliwe zastosowania dla przedstawionych wyżej zagadnień, wymienionych w punktach od 1 do 6, na podstawie prac [A1-A10].

4.3.1 Segmentacja pęcherzyka żółciowego w obrazach USG z wykorzystaniem metod aktywnego konturu - (prace [A1, A2, A3])

Prace [A1, A2, A3] były realizowane w ramach projektu badawczego własnego w latach 2009-2012, Nr N N519 406837 finansowanego przez MNISW/NCN, pt. *Komputerowa analiza wybranych chorób pęcherzyka żółciowego na podstawie obrazów USG*, którego habilitant był kierownikiem. Opis uzyskanych wyników w trakcie realizowanego projektu badawczego, znajduje się na stronie internetowej 'Nauka Polska' pod adresem [1].

Ultrasonografia (USG) jest podstawowym badaniem pęcherzyka żółciowego. Jednak obrazy USG są znacznie trudniejsze w analizie od tych, uzyskiwanych za pomocą tomografii komputerowej (TK) czy rezonansu magnetycznego. Przykładowy, typowy obraz USG pęcherzyka żółciowego znajduje się na Rysunku 1, na str. 64, w pracy [A1]. Obraz ten ma niejednolite tło i często charakteryzuje się słabym kontrastem co utrudnia wyodrębnienie kształtu pęcherzyka. Wyznaczanie poprzerywanego, niewyraźnego brzegu w obrazach USG jest problematyczne. Poza tym, obrazy USG mogą zawierać różne jednostki chorobowe co dodatkowo jeszcze komplikuje wyodrębnienie konturu pęcherzyka. Na Rysunku 3, na str. 68, w pracy [A1] przedstawiono przykłady obrazów USG prezentujące trzy typowe zmiany chorobowe pęcherzyka żółciowego (polipy, kamica, zagięcie pęcherzyka). Na podstawie przykładów umieszczonych na Rysunku 3 widać też, że występuje duże zróżnicowanie kształtów pęcherzyka, spowodowane między innymi cechami osobniczymi pacjentów.

Celem badań w pracach [A1, A2, A3] było utworzenie narzędzia umożliwiającego wydzielenie kształtu pęcherzyka na podstawie obrazów USG.

W wyniku przeprowadzonych prac [A1, A2, A3] uzyskano następujące rezultaty:

- Zaimplementowano modele aktywnego konturu jak model wykorzystujący równanie ruchu [2], model z punktem środkowym [3, 4] i model ciśnieniowy [5] w celu wydzielenia kształtu pęcherzyka żółciowego. W wyniku przeprowadzonych testów, średni błąd wyznaczania obszaru pęcherzyka żółciowego w obrazach USG wyniósł 18.15%. Szczegółowe rezultaty badań zostały przedstawione w pracach [A1, A2].
- Opracowano i zrealizowano operację dodawania obszarów ograniczonych wyznaczonymi konturami w celu dokładniejszego przybliżenia kształtu pęcherzyka żółciowego w obrazach USG. W trakcie przeprowadzonych testów metody, średni błąd wyznaczania obszaru pęcherzyka żółciowego w obrazach USG wyniósł 16.4%. Szczegółowy opis metody wraz z przeprowadzonymi eksperymentami został przedstawiony w pracy [A2].
- W trakcie konsultacji naukowych w Zakładzie Diagnostyki Obrazowej w Wojewódzkim Szpitalu Specjalistycznym w Gdańsku, z ówczesnym kierownikiem tej jednostki, Panem dr n med. Januszem Dębskim, opracowano kolejną metodę do wydzielenia kształtu pęcherzyka z obrazów USG - z wykorzystaniem pola wektorowego gradientu (ang. gradient vector flow, w skrócie GVF)[6]. Metodę GVF [6] zrealizowano i przetestowano dla zwiększonej liczby obrazów USG, czyli dla 600 obrazów USG (ze zmianami chorobowymi i bez zmian chorobowych łącznie). Poprzednie metody, opublikowane w pracach [A1] i [A2] były testowane dla 220 obrazów USG (ze zmianami chorobowymi i bez zmian chorobowych łącznie). W pracach [A1-A3] użyto również udostępniony zbiór obrazów USG, zastosowany w pracy [7]. W wyniku przeprowadzonych testów współczynnik podobieństwa Dice'a dla bazy 600 obrazów USG i metody GVF, wyniósł 82.7% i były to rezultaty nieznacznie lepsze od metody [2], czy modelu z równaniem różniczkowym membrany, przedstawionego w pracach [4, 8]. Rezultaty przeprowadzonych eksperymentów wraz z opisem metod są opublikowane w pracy [A3].
- Wszystkie opracowane i zastosowane metody umożliwiają wydzielenie kształtu pęcherzyka żółciowego z obrazów USG, zarówno dla przypadków pozbawionych zmian chorobowych, jak również tych, które zawierają określone jednostki chorobowe, czyli: kamice, stany zapalne, polipy (w tym pochodzenia nowotworowego), zmiany anatomiczne jak zagięcia czy skręcenia pęcherzyka.

Wszystkie opracowane i zastosowane metody wchodzi w skład prototypu programu komputerowego wykonanego podczas realizowanych badań (w ramach grantu Nr NN 519 406837), służącego do analizy i przetwarzania obrazów USG pęcherzyka żółciowego w celu ułatwienia diagnostyki radiologicznej. Prototyp programu powstawał etapami i był na bieżąco konsultowany i testowany w Zakładzie Diagnostyki Obrazowej z Wojewódzkiego Szpitala Specjalistycznego w Gdańsku, z którym habilitant współpracuje. Oprogramowanie zostało zrealizowane w języku programowania C#, z wykorzystaniem specjalistycznej biblioteki Aforge.NET[9] i działa w systemie Windows.

Opracowane metody segmentacji, oprócz wydzielenia kształtu pęcherzyka żółciowego, umożliwiły wyeliminowanie obszaru tła o niejednorodnym kontraście, w celu ułatwienia klasyfikacji zmian chorobowych jak kamice i polipy, z wykorzystaniem metod uczenia maszynowego (AdaBoost, SVM), co zostało przedstawione w pracach [P1, P2], a wyniki tych prac zostały omówione w rozdziale 5 rozprawy habilitacyjnej.

4.3.2. Model aktywnego konturu wykrywający krawędzie i wykorzystujący siłę rozciągającą/ściąającą, ze współczynnikiem tłumienia (EM) - (prace [A4, A6])

A. Przegląd metod aktywnego konturu na podstawie literatury i cel opracowania modelu EM

Modele aktywnego konturu wykrywające krawędzie (ang. edge-based active contours, w skrócie EBAC), wykorzystują lokalne dane dotyczące krawędzi w celu dopasowania konturu do brzegu/granic przybliżonego kształtu [2-6], [8]. W wyniku przeprowadzonych implementacji i eksperymentów przedstawionych w Rozdziale 4.3.1, w celu segmentacji pęcherzyka żółciowego w obrazach USG, okazało się, że metody przedstawione w pracach [2-6], [8] wykazywały dużą wrażliwość na sposób inicjalizacji konturu początkowego. W rezultacie, zdarzało się, że dla kilku różnych inicjalizacji wewnątrz przybliżonego kształtu pęcherzyka, wyniki segmentacji były inne, np. mógł występować niedomiar i/lub wyznaczany był obszar nadmiarowy, znajdujący się poza analizowanym kształtem. Dlatego, w celu uzyskania poprawnej segmentacji trzeba było powtarzać eksperymenty kilka razy. Innymi ograniczeniami metod przedstawionych w pracach [2, 3, 5, 6, 8] to możliwość destabilizacji ACM w trakcie wykonywanych iteracji i formowanie się samoprzecięć i zapętleń konturu. Z kolei model GVF [6] daje słabe rezultaty w obrazie z silnymi zakłóceniami oraz przy wyznaczaniu wklęsłych i przewężonych kształtów. Co więcej, wydajność metody [6] bardzo ogranicza wysoki koszt obliczeń. Inne rozwiązania, np. przedstawione w pracach [10, 11], tylko częściowo niwelują ograniczenia modelu GVF.

Wśród popularnych modeli EBAC należy także wymienić geodezyjne (lub geometryczne) modele aktywnego konturu (ang. geodesic (geometric) active contours, w skrócie GAC) [12, 13], które posługują się zdefiniowaną funkcją, w celu zatrzymania konturu na brzegu obiektu, co jest możliwe tylko blisko krawędzi, ze względu na to, że funkcja ta jest obliczana na podstawie gradientu obrazu. Modele te są stosowane w specjalistycznym oprogramowaniu służącym do segmentacji, np. w popularnych środowiskach opartych na otwartym kodzie jak Slicer 3D [14] czy ITK-SNAP [15]. Wydajnym obliczeniowo modelem GAC jest model morfologiczny (w skrócie MO), przedstawiony w pracach [16,17]. W modelu tym nie ma operacji zmienno-przecinkowych i przemieszczanie się konturu, jest zrealizowane za pomocą operatorów morfologii matematycznej (dylatacji do rozszerzania się konturu oraz erozji w celu ściągnięcia się konturu). Dzięki zastosowaniu operatorów morfologii matematycznej, w modelu MO nie występuje zjawisko samo-przecięć i zapętleń konturu.

W niektórych modelach aktywnego konturu, wprowadzono siłę ciśnienia (zwaną też siłą balonu czy siłą rozciągającą) [18-21], w celu ściągnięcia lub rozciągania konturu w trakcie wszystkich wykonywanych iteracji. Pozwala to na inicjalizację konturu daleko od poszukiwanego brzegu. Jednak czasem trudno jest odpowiednio ustalić stałą siłę ciśnienia, zwłaszcza gdy w analizowanym kształcie występują wklęsłości, przewężenia i dodatkowo silne zakłócenia. Ograniczenia te ilustrują Rysunki 1(a) oraz 1(b), na str. 23 w pracy [A6]. Zbyt mała wartość siły ciśnienia może spowodować, że aktywny kontur nie przybliży w całości obszarów, w których występują przewężenia i w efekcie dalsze przemieszczanie aktywnego konturu będzie zatrzymane. A z drugiej strony, zbyt duża wartość siły ciśnienia, może spowodować „wypłynięcie” aktywnego konturu poza analizowany brzeg, w obszarze występowania słabych krawędzi i/lub silnych zakłóceń. Poza tym, w przypadku złożonych kształtów, wewnętrzny opór poszczególnych części aktywnego konturu może być nierówny, co potrafi doprowadzić do samo-zapętleń konturu. Ilustrację zapętleń przedstawiają Rysunki 1(c) i 1(d), na str. 23 w pracy [A6]. Również, klasyczna dyskretyzacja gradientu w modelu GAC, może prowadzić do powstawania zapętleń aktywnego konturu, co z kolei wykazano w pracy [22].

Rozwiązaniem może być zdefiniowanie pewnych ograniczeń topologicznych w modelu GAC i ich egzekwowanie w trakcie ewolucji aktywnego konturu [22]. Prace [18, 19, 23] także przedstawiają rozwiązania umożliwiające wyeliminowanie formowania się samo-przecięć i zapętleń aktywnego konturu. W pracy [18] potencjalne zapętlementa konturu są eliminowane dzięki zastosowaniu siatki w obrazie, a także triangularyzacji, w trakcie ewolucji konturu. Następnie, badane są zależności w jaki sposób modele trójkątów są przecinane przez kontur, który może rozwijać się lub ściągać podczas wszystkich iteracji. Praca [19] przedstawia model EBAC, w którym wykorzystuje się siłę ciśnienia i gradient obrazu. Wykorzystano w niej gradient obrazu do zatrzymania konturu, kierowanego przez siłę ciśnienia i osiągnięto dobre rezultaty. Jednak w pracy [19] analizowany był tylko kontur rozszerzający się, czyli zwiększający swoją powierzchnię, w celu segmentacji naczyń krwionośnych w obrazach MR. Odwrotna sytuacja polegająca na tym, że kontur po zainicjowaniu zmniejsza swoją powierzchnię w trakcie kolejnych iteracji niestety nie była rozważana. Z kolei w pracy [23] zaproponowano usunięcie samo-przecięć na podstawie obliczanych wartości kątowych między sąsiednimi punktami aktywnego konturu (zwanymi dalej punktami węzłowymi), a także znajdujące się nachylenia oraz wyznaczane są liniowe interpolacje dla kolejnych, sąsiednich punktów węzłowych. W pracy [23] ustalono stałą liczbę punktów węzłowych, a usuwane punkty są ponownie umieszczane, ale w obszarach gdzie występuje ich najmniej. Wykorzystując aktywny kontur do przybliżania złożonych kształtów, np. takich jak przedstawiony na Rysunku 1, na str. 23, w pracy [A6], trudno jest założyć stałą liczbę punktów węzłowych. Jeśli w implementacji komputerowej używa się punktów węzłowych to, po zainicjowaniu, kontur początkowy może składać się zaledwie z kilku punktów węzłowych, a w trakcie kolejnych iteracji powinien stopniowo zwiększać ich liczbę. W związku z tym najwygodniejsze jest dla użytkownika podejście, które w sposób automatyczny kontroluje liczbę punktów węzłowych dla kolejnych iteracji, dodając kolejne punkty i usuwając punkty nadmiarowe w celu dokładnego przybliżenia kształtu, zarówno w przypadku konturu rozszerzającego się jak i ściągającego, oczywiście przy jednoczesnym zabezpieczeniu przed formowaniem się samo przecięć i zapętleń.

Metody aktywnego konturu wykrywające określone obszary w obrazach cyfrowych (ang. region-based active contour methods, w skrócie RBAC) znajdują optymalną energię dla której model najlepiej pasuje do obrazu na podstawie obliczonych danych statystycznych, wyznaczanych z regionów w analizowanym obrazie. Podejście przedstawione w pracy [24] umożliwia aproksymację obrazu z wykorzystaniem funkcji wygładzającej wewnątrz każdego analizowanego obszaru. Zaś praca [25] prezentuje rozwiązanie, w którym każdy region w obrazie jest aproksymowany za pomocą pewnej stałej funkcji. W modelach RBAC nie występuje problem z samo-przecięciami i zapętlementami [26-28]. Część z bardziej znanych metod [24, 28] wykorzystuje założenie, że w obrazie występują obszary jednorodne. Niestety w przypadku niektórych klas obrazów medycznych, np. USG, zazwyczaj występują obszary statystycznie niejednorodne.

Na podstawie literatury można znaleźć jeszcze inne klasyfikacje dotyczące różnych grup metod aktywnego konturu [30-32]. Jednak niniejsza rozprawa koncentruje się na modelach EBAC i RBAC.

B. Opracowany model EM

W pracach [A4, A6] habilitant zaproponował model aktywnego konturu wykrywający krawędzie, w którym zrealizowane są następujące oryginalne rozwiązania:

B1) Zdefiniowano równanie iteracyjne (równanie (3) w pracy [A6], na str. 24), umożliwiające przemieszczanie się punktów węzłowych, w którym zaproponowano współczynnik tłumienia siły rozciągającej/ściągającej (ang. inflation/deflation force), osobno dla każdego punktu węzłowego. Równanie (3) zostało opracowane na podstawie równania (1)¹, zastosowanego w pracy [18]. Definicje i opis sił wykorzystanych w równaniu (3) znajdują się na str. 24, w pracy [A6].

B2) Przedstawiono mechanizm zawracania ruchu punktów węzłowych, a następnie tłumienia ich przemieszczania, po przekroczeniu dopuszczalnej (ustalonej parametrem) liczby zawróceń. Umożliwia

¹ Podana numeracja równań jest zgodna z pracą [A6].

to ograniczenie nie pożądanego zjawiska wyciekania konturu poza przybliżane krawędzie, w przypadku gdy są one słabo wyeksponowane.

B3) Można łatwiej zainicjować aktywny kontur w porównaniu do modeli GAC [12, 13], MO [16, 17], czy również w porównaniu do prac [18-21], ze względu na zastosowanie siły rozciągającej/ściąającej wraz ze zdefiniowaną własnością zawracania ruchu punktów węzłowych, co pozwala na jednoczesne ściąaganie i rozciąganie konturu w trakcie kolejnych iteracji. Podczas gdy modele przedstawione w pracach [12,13] oraz [16-21] umożliwiają tylko rozciąganie lub ściąaganie konturu dla wszystkich wykonywanych iteracji.

B4) Po zainicjowaniu konturu początkowego możliwe jest utrzymywanie dużej wartości siły rozciągającej/ściąającej dla każdego punktu węzłowego, do chwili gdy dotrą one do brzegu analizowanego kształtu. Po dotarciu do poszukiwanego brzegu siła ta jest selektywnie tłumiona dla punktów znajdujących się w sąsiedztwie brzegu. Poza tym, możliwe jest również zachowanie dużej wartości siły rozciągającej/ściąającej dla punktów węzłowych w obszarach wyznaczanego kształtu, w których występują przewężenia, dzięki temu przewężone obszary analizowanego kształtu zostaną przybliżone. Ma to duże znaczenie w segmentacji w obrazach cyfrowych dla skomplikowanych kształtów i to z występującymi niewyraźnymi krawędziami (np. w obrazach USG pęcherzyka, takich jak na Rysunku 7(h), str. 2248, w pracy [A4]).

B5) Po zainicjowaniu przez użytkownika konturu początkowego (np. składającego się z kilku punktów), dodawane są automatycznie nowe punkty węzłowe, a także usuwane są nadmiarowe punkty węzłowe, w celu dokładnej aproksymacji poszukiwanego brzegu. Jednocześnie, również w sposób automatyczny, zapobiega się zjawisku formowania się samo-przecięć i zapętleń przemieszczającego się konturu, w trakcie kolejnych iteracji algorytmu, umożliwiającego działanie modelu EM. Rozwiązania dla obu podejść automatycznych, są realizowane na podstawie obliczanych w każdej iteracji odległości i wartości kątowych pomiędzy sąsiednimi punktami węzłowymi, które są następnie porównywane z pewnymi wartościami dopuszczalnymi jak minimalna i maksymalna odległość między punktami węzłowymi oraz minimalna i maksymalna wartość kąta pomiędzy dwoma sąsiednimi parami punktów węzłowych. W rozwiązaniach przyjęto pewne stałe oszacowania odległości dla kolejnych, nowych punktów węzłowych i zostały one dopasowane do przeprowadzanych eksperymentów w segmentacji różnych klas obrazów cyfrowych.

Rozwiązania przedstawione w punktach B1) – B5) zostały zrealizowane w pracy [A4], w postaci Algorytmu 1, na str. 2242-2243 oraz w pracy [A6] w formie Algorytmu 1, na str. 25. Z tymże, praca [A4] dotyczy segmentacji pęcherzyka żółciowego w obrazach USG, w których po inicjalizacji konturu wewnątrz kształtu pęcherzyka, kontur tylko rozszerza się w celu przybliżenia jego poszukiwanych krawędzi. Algorytm 1 w pracy [A4] umożliwia również przybliżenie poszukiwanego kształtu (docelowo pęcherzyka żółciowego w obrazach USG) z niekompletnym brzegiem, na podstawie ręcznej aproksymacji wykonanej przez użytkownika (np. lekarza). Z kolei w pracy [A6] analizowano różne, możliwe warianty segmentacji, ale bez ręcznych aproksymacji brzegu, których nie uwzględniono w przedstawionym w tej pracy algorytmie realizującym model EM.

C. Zastosowania modelu EM w segmentacji w różnych klasach obrazów cyfrowych

Segmentacja w obrazach USG pęcherzyka żółciowego (praca [A4])

W pracy [A4] wykorzystano poszerzony zbiór 800 obrazów USG pęcherzyka żółciowego, w porównaniu do poprzednich badań, przedstawionych w pracach [A1-A3]. W tym, użyto również udostępniony zbiór obrazów USG, zastosowany w pracy [7]. Analizowany zbiór obrazów USG składał się z 420 obrazów bez zmian chorobowych, 150 kamic, 120 polipów oraz 130 przypadków, w których występują anomalie w kształcie organu jak zagięcia, zakrzywienia pęcherzyka. Wymienione jednostki chorobowe pęcherzyka są najczęściej diagnozowane. Oceny segmentacji metod komputerowych zostały zrealizowane przez dwóch ekspertów – lekarzy radiologów z Zakładu Diagnostyki Obrazowej w Wojewódzkim Szpitalu Specjalistycznym w Gdańsku.

W pracy [A4] zaprezentowano następujące oryginalne rozwiązania i rezultaty:

- Zaproponowano metodę wydzielenia kształtu pęcherzyka żółciowego z obrazów USG z zastosowaniem modelu EM i zaadoptowanych technik przetwarzania wstępnego wraz z możliwością korekty konturu w ostatniej iteracji, za pomocą algorytmu otoczki wypukłej. Schemat działania metody został przedstawiony na Rysunku 3, na str. 2241.
- Zaproponowano model EM, którego implementację komputerową realizuje Algorytm 1 ze str. 2242-2243, umożliwiający ręczną aproksymację fragmentu brzegu bądź brzegów pęcherzyka żółciowego w obszarach w których one nie występują (np. brzegi zlewają się z ciemnym tłem obrazu USG). Przykłady takich obrazów przedstawiono na Rysunkach 5(a) i 5(b), na str. 2244 oraz na Rysunkach 8(e) i 8(f), na str. 2249.
- Oceniono wyniki segmentacji otrzymane za pomocą modelu EM w porównaniu z jego uproszczoną wersją (bez rozwiązań przedstawionych w punktach B1-B5 w poprzednim podrozdziale i z zastosowanym równaniem iteracyjnym (2) ze str. 2241, ze stałą siłą rozciągającą, na podstawie prac [18, 33]) oraz z zaimplementowanym modelem MO [16, 17]. Przy czym model MO zaimplementowano również z możliwością ręcznej aproksymacji brzegu (przedstawiony jako Algorytm 2, na str. 2245). Model MO mimo, że ma lepszą wydajność obliczeniową, powodował trochę większy niedomiar obszaru pęcherzyka żółciowego we wszystkich analizowanych zbiorach obrazów USG, również model ten uzyskiwał mniejsze wartości maksymalne w trakcie przybliżania kształtów pęcherzyka żółciowego. Z kolei model EM powodował trochę większy błąd wynikający z wyznaczania obszarów nadmiarowych w obrazach USG pęcherzyka w porównaniu z modelem MO. Wyniki przeprowadzonych eksperymentów zostały przedstawione szczegółowo w Rozdziale 3, str. 2245-2252.
- Oprócz wydzielenia kształtu pęcherzyka żółciowego, zaproponowane rozwiązania umożliwiają także wydzielenie zmian chorobowych jak kamice i polipy z obrazów USG. Co zostało przedstawione w Rozdziale 4, na str. 2252.

W rezultacie, dla potrzeb realizowanych badań, utworzono oprogramowanie w systemie Windows, wykonane w języku C# z zastosowaniem technik programowania wielowątkowego oraz z wykorzystaniem specjalistycznej biblioteki Aforge.NET [9]. Jedną z funkcji opracowanego oprogramowania jest między innymi przetwarzanie filmów zapisanych podczas badania aparatem USG, do sekwencji obrazów, po czym możliwa jest analiza kształtu pęcherzyka dla pojedynczych obrazów, zgodnie z diagramem przedstawionym na Rysunku 3, ze str. 2241. Przykładowe rezultaty działania programu można zobaczyć pod adresem internetowym, umieszczonym w [34], w tym również dla innych zastosowań, przedstawionych w pracach [A6, A9] i omówionych w kolejnych rozdziałach rozprawy.

Segmentacja w obrazach syntetycznych bez zakłóceń i z zakłóceniami, w obrazach USG komory serca i w obrazach MR ciała modelowego (praca [A6])

W pracy [A6] przedstawiono model EM za pomocą Algorytmu 1 (na str. 25), w którym nie uwzględniono zastosowania ręcznych aproksymacji brzegu przez użytkownika, w porównaniu z pracą [A4]. Dodatkowo, w komputerowej implementacji modelu EM, przedstawionej w pracy [A6], wprowadzono parametr, który definiuje liczbę iteracji brana pod uwagę przy zliczaniu "zawróceń" punktów węzłowych w celu tłumienia siły rozciągającej/ściąającej. Rezultaty segmentacji uzyskane dla modelu EM, zastosowane i otrzymane dla różnych klas obrazów, zostały porównane z zaimplementowanym modelem MO [16,17].

W pracy [A6] otrzymano następujące wyniki na podstawie Algorytmu 1, realizującego model EM:

- W eksperymentach ze sztucznymi obrazami bez zakłóceń i z zakłóceniami, sposób inicjalizacji modelu EM, w celu lokalnej segmentacji pojedynczych obiektów w obrazie (w tym również obiektów z występującymi wklęsłościami), nie ma praktycznie wpływu na wynik segmentacji, a jedynie na liczbę iteracji i czas wykonania. W przypadku metody MO, inicjalizacja konturu ma duży wpływ na wynik segmentacji, ze względu na to, że model ten

umożliwia tylko rozciąganie lub ściąganie konturu w trakcie wszystkich iteracji. Rezultaty przeprowadzonych eksperymentów zostały zaprezentowane w Rozdziale 4.1 pracy [A6], na str. 25-30 oraz na Rysunkach 3, 4 i 6, a także w postaci krótkich demonstracji filmowych, umieszczonych pod adresem internetowym [34].

- W eksperymentach ze sztucznymi obrazami bez zakłóceń i z zakłóceniami, czas wykonania segmentacji jest krótszy w metodzie MO niż w metodzie EM, co jest wyraźnie widoczne przy inicjalizacji konturu początkowego, oddalonego od brzegu analizowanego kształtu i składającego się z niewielkiej liczby punktów węzłowych. W modelu EM całkowity czas segmentacji znacząco się wydłuża jeśli w obrazie występują silne zakłócenia i jest to spowodowane częstymi „zawróceniami” punktów węzłowych, w trakcie kolejnych iteracji. Dla porównania w modelu MO różnice w czasach segmentacji dla obrazów z zakłóceniami i bez zakłóceń są znacznie mniejsze. W eksperymentach ze sztucznymi obrazami, przy dużej liczbie punktów węzłowych w konturze początkowym, a także przy umiejscowieniu konturu początkowego blisko analizowanego kształtu, znacząco skraca się całkowity czas segmentacji w modelu EM i jest on niewiele dłuższy w porównaniu z modelem MO. Pomiary czasów dla przeprowadzonych eksperymentów znajdują się w Tabelach 3 i 4, na str. 31-32.
- W eksperymentach dotyczących segmentacji w przykładowych obrazach medycznych MR i USG, wyniki segmentacji uzyskane metodami EM i MO są generalnie zbliżone. Czas wykonania segmentacji jest krótszy w metodzie MO niż w metodzie EM. W przypadku obrazów medycznych, kontur po inicjalizacji rozszerzał się w celu przybliżenia analizowanych kształtów. Przykładowe rezultaty segmentacji dla obu modeli są przedstawione w Rozdziale 4.2 na str. 30-35 oraz na Rysunkach 8 i 9, na str. 34-35.

4.3.2. Segmentacja łagodnych i złośliwych mas w obrazach mammograficznych z wykorzystaniem metod aktywnego konturu (praca [A9])

Mammograficzne systemy komputerowego wspomaganie wykrywania (ang. computer-aided detection, w skrócie CAD) mas nowotworowych obejmują kroki jak przetwarzanie wstępne, segmentację, ekstrakcję cech i klasyfikację. Jednak sukces przyjęcia się systemu CAD w praktyce klinicznej zależy głównie od zastosowanego algorytmu/lub zastosowanych algorytmów segmentacji. Segmentacja ma umożliwić wyznaczenie dokładnego zarysu potencjalnej zmiany chorobowej.

Guz to patologia, która pokrywa pewien obszar, od średnio szarych odcieni do białych w mammogramie. Najmniejsze guzy widoczne na mammogramach mają średnice ok. 0.5 cm. Najistotniejsze cechy, które mogą wskazywać na łagodność lub złośliwość guza są jego kształt oraz charakter zarysów. Kształt guza można określić jako: okrągły, owalny, policykliczny, nieregularny. Z kolei zarysy mogą być opisane następująco: dobrze odgraniczone, mikropolicykliczne (ząbkowane), częściowo przesłonięte, źle określone, spikularne. Guzy łagodne posiadają zazwyczaj regularny kształt (kolisty lub owalny), gładkie zarysy oraz jednolitą teksturę. Są one dobrze odgraniczone od tkanki otaczającej. Zaś guzy posiadające nieregularny kształt, do tego z nieostrymi zarysami lub spikulami, które wrastają w otaczającą tkankę, mogą w dużym stopniu wskazywać złośliwość.

Celem pracy [A9] było opracowanie komputerowej metody segmentacji podejrzanych mas w obrazach mammograficznych do monitorowania zmian chorobowych.

Poprawna segmentacja guzów metodami komputerowymi może ułatwić przeprowadzenie hipotezy diagnostycznej, zwłaszcza dla przypadków o nieregularnym kształcie oraz z nieostrymi zarysami lub spikulami, wrastającymi w otaczającą tkankę, gdyż mają one większe prawdopodobieństwo złośliwości. Jest to główne zastosowanie pracy [A9]. W pracy [A9], do segmentacji mas wykorzystano trzy zaimplementowane metody aktywnego konturu: EM [A6], MO² [16,17] oraz ACWE [25].

² W pracy [A9] dla morfologicznej wersji modelu geodezyjnego aktywnego konturu, występuje skrót GAC.

W trakcie eksperymentów wykorzystano zbiór testowy, składający się ze 100 schorzeń, na podstawie dwóch ogólnodostępnych baz danych: Digital Database for Screening Mammography (DDSM) i bazy danych, udostępnionej przez Mammographic Image Analysis Society (MIAS). W trakcie badań, dwóch radiologów uczestniczyło w przeprowadzeniu oceny jakościowej i ilościowej dla zrealizowanych segmentacji. Radiolodzy oceniali każdą wykonaną segmentację względem możliwości sformułowania odpowiedniej lub nieodpowiedniej hipotezy dla przeprowadzanej diagnozy. Z kolei ocena ilościowa polegała na pomiarze dwóch indeksów: wartości pokrywającej (ang. overlap value, w skrócie OV, zwanej też współczynnikiem Jaccard'a) oraz części nadmiarowej (ang. extra fraction, w skrócie EF). Indeksy te zostały zdefiniowane w pracy [A9], na str. 9-10. Ocena ilościowa i jakościowa dla wykonanych segmentacji metodami komputerowymi, została umożliwiona dzięki uprzejmości i wsparciu Pani dr hab. n med. Oldze Kruszelnickiej z Krakowskiego Szpitala Specjalistycznego im. Jana Pawła II w Krakowie.

W pracy [A9] przedstawiono następujące oryginalne rozwiązania i wyniki:

- Zaproponowano metodę segmentacji podejrzanych mas w obrazach mammograficznych. Została ona zilustrowana na Rysunku 1, na str. 4, w pracy [A9]. Wykorzystane metody przetwarzania wstępnego jak: odwrócenie obrazu wejściowego, wyrównanie histogramu, anizotropowa filtracja dyfuzyjna, filtracja Gaussa, miały na celu zredukować zakłócenia, wzmocnić jednorodne obszary w przetwarzanym obrazie i tym samym ułatwić działanie modeli aktywnego konturu: EM i MO. W przypadku ACWE wystarczy zastosować tylko filtrację morfologiczną: otwarcia-zamknięcia, umożliwiającą redukcję zakłóceń. Z kolei próbkowanie obrazu – z zastosowaniem interpolacji dwusześcienniej, redukując rozdzielczość obrazu o połowę, umożliwia skrócenie czasu ewolucji aktywnego konturu, dla zadanej liczby iteracji, w przypadku trzech wykorzystanych modeli: ACWE, EM i MO. W sytuacji gdy obraz był próbkowany, wówczas należy przywrócić jego rozmiar i tu również wykorzystano interpolację dwusześcienną, która jest także stosowana dla punktów aktywnego konturu z ostatniej iteracji. W ostatnim kroku, punkty aktywnego konturu są umieszczane na obrazie wejściowym.
- Ocena jakościowa dla poszczególnych metod (razem dla przypadków złośliwych i łagodnych) wyniosła co najmniej: 81% (EM), 76% (MO), 69% (ACWE). Średnia wartość indeksu OV segmentacji dla przypadków złośliwych i łagodnych, ma następujące wartości: 0.81 ± 0.10 (EM), 0.79 ± 0.09 (MO), 0.76 ± 0.18 (ACWE). Z kolei, średnie wartości indeksu EF, wynoszą: 0.07 ± 0.06 (EM), 0.07 ± 0.05 (MO) 0.34 ± 0.32 (ACWE). Uzyskane wyniki jakościowe i ilościowe są najlepsze dla metody EM i porównywalne lub lepsze od innych metod przedstawionych w literaturze. Wyniki i dyskusja dotyczące przeprowadzonych eksperymentów znajdują się w Rozdziale 3 pracy [A9], str. 11-19. Zaś w Tabeli 7 na str. 14, przedstawiono porównanie wyników na podstawie literatury. Modele aktywnego konturu: ACWE, EM, MO zostały zaimplementowane w środowisku Matlab R2015a, w systemie Windows 8/10. A pomiar czasu był realizowany na komputerze z procesorem Intel Core i7 2GHz i 16 GB RAM.
- Porównując rezultaty uzyskane z zastosowaniem próbkowania obrazu otrzymane za pomocą metody interpolacji dwusześcienniej i przedstawione w Tabelach 6 i 8 w pracy [A9], można zauważyć, że o ile próbkowanie obrazu powoduje niewielki spadek indeksu OV i jednocześnie wzrost indeksu EF, to nie wpływa na ocenę jakościową przeprowadzoną przez obu radiologów. Do tego, próbkowanie obrazu pozwala znacząco skrócić czas przetwarzania obrazu, dlatego warto zaproponować wydajniejsze obliczeniowo podejścia. Tabela 9 ze str. 15 podsumowuje te rezultaty. W przypadku modelu ACWE, zastosowanie próbkowania skraca sześciokrotnie całkowity średni czas przetwarzania obrazu, a dla modelu EM: ponad trzy krotnie a dla MO: 2,6 razy.

4.3.3. Segmentacja i trójwymiarowa wizualizacja ciała modzelowatego na podstawie obrazów MR mózgu (praca [A10])

Ciało modzelowate (CM) jest największą strukturą istoty białej w mózgu człowieka i składa się z włókien aksonalnych, przecinających lewą i prawą półkulę. Badania neuropatologiczne wykazały, że różne choroby neurologiczne często powodują zmiany w strukturze i wielkości ciała modzelowatego. W szczególności dotyczy to choroby Alzheimera czy stwardnienia rozsianego. W związku z tym dokładne przeprowadzenie segmentacji CM, a następnie trójwymiarowej rekonstrukcji i wizualizacji ma bardzo duże znaczenie w diagnozie i dalszym leczeniu pacjenta. W tym celu istotne jest opracowywanie nowych komputerowych metod, a także rozwój istniejących podejść, umożliwiających uzyskanie lepszych, precyzyjniejszych rezultatów.

Obrazowanie rezonansu magnetycznego zapewnia wysoki kontrast między różnymi tkankami miękkimi, dlatego jest preferowanym badaniem mózgu, w tym CM. W obrazach T1 zależnych rezonansu magnetycznego mózgu, uzyskanych w płaszczyźnie strzałkowej, CM ma łukowaty, podłużny kształt odwróconej litery 'C', o wysokiej intensywności pikseli. Przykładowy obraz CM w płaszczyźnie strzałkowej został przedstawiony na Rysunku 1, na str. 2 w pracy [A10].

Ręczne wyznaczenie CM z obrazów MR jest czasochłonne i trudne, wymaga również specjalistycznego przeszkolenia. Dlatego komputerowe metody segmentacji mają bardzo duże znaczenie praktyczne, gdyż wspierają pracę lekarzy i mogą ułatwić podjęcie właściwej diagnozy.

Metoda aktywnego konturu jest cennym narzędziem w segmentacji obszarów zastosowania (ang. region of interest, w skrócie ROI) w obrazach medycznych. Dlatego w niniejszej pracy wykorzystano trzy metody aktywnego konturu do segmentacji CM w obrazach rezonansu magnetycznego mózgu, czyli:

- Model EM [A6].

- Dwa spośród popularnych modeli ACM, na podstawie literatury [35, 36], czyli: Selective Binary and Gaussian Filtering Regularized Level Set method (SBGFRLS) [35], Distance Regularized Level Set Evolution Method (DRLSE) [36]. Autorzy prac [35, 36] przedstawili wysokie rezultaty segmentacji CM dla pojedynczych przekrojów rezonansu magnetycznego mózgu.

Wykorzystane w pracy [A10] obrazy pochodzą z publicznie dostępnej bazy danych: Minimal Interval Resonance Imaging in Alzheimer's Disease (MIRIAD). W pracy [A10] wykorzystano obrazy MR od pacjentów, u których rozpoznano chorobę Alzheimera. Podczas przeprowadzanych badań, uczestniczył Pan dr n. med Jan Spodnik, z zakładu Anatomii i Neurobiologii, Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, w celu przeprowadzenia oceny ilościowej dla wykonanych segmentacji. Ocena ilościowa polegała na pomiarach indeksu OV, współczynnika Dice'a oraz indeksu EF.

Celem pracy [A10] było opracowanie metody segmentacji i trójwymiarowej wizualizacja CM na podstawie obrazów MR mózgu, pochodzących od pacjentów z chorobą Alzheimera.

W pracy [A10] przedstawiono następujące oryginalne rozwiązania i rezultaty:

- Zaproponowano metodę segmentacji oraz trójwymiarowej rekonstrukcji i wizualizacji CM, na podstawie obrazów MR mózgu. Przetwarzanie wstępne realizuje metoda normalizacji histogramu w celu wzmocnienia kontrastu obrazów wejściowych, a potem filtracja Gaussa, która ma zniwelować zakłócenia. Następnie stosowane są modele aktywnego konturu do segmentacji CM, po czym realizowana jest trójwymiarowa rekonstrukcja i wizualizacja. Rekonstrukcja 3D jest przeprowadzana z zastosowaniem metody maszerujących sześcianów (ang. marching cubes), na podstawie segmentacji CM, uzyskanych dla określonej liczby przekrojów z każdego badania pacjenta. Trójwymiarową rekonstrukcję a potem wizualizację CM, wykonano z wykorzystaniem następujących środowisk: Insight Segmentation and Registration Toolkit (ITK) [37], Visualization Toolkit (VTK) [38] oraz ITK-SNAP [39]. Schemat zaproponowanej metody został przedstawiony na Rysunku 2, na str. 5, w pracy [A10].

- Zaproponowano metodę z zastosowaniem modelu EM, która umożliwiła uzyskanie lepszych rezultatów segmentacji, a następnie trójwymiarowej wizualizacji CM w stosunku do modeli DRLSE oraz SBFRLS, oraz zbliżonych lub lepszych wyników segmentacji do innych metod, na podstawie przeglądu literatury. Przeprowadzenie segmentacji dla kompletnych zbiorów obrazów, zawierających przekroje CM, umożliwiające przeprowadzenie trójwymiarowych rekonstrukcji, pozwala w pełni ocenić przydatność zastosowanych metod. Zrealizowanie segmentacji tylko dla pojedynczych przekrojów [A6, 35, 36] lub wybranych przekrojów z dobrze wyeksponowanymi krawędziami powoduje, że uzyskane rezultaty mogą być bardzo wysokie, np. w poprzednich badaniach [A6] uzyskano współczynnik podobieństwa Dice'a o wartości 94% dla 30 wybranych przekrojów CM, wziętych z różnych zbiorów obrazów. Wyniki eksperymentów wraz z omówieniem uzyskanych rezultatów zostały przedstawione w Rozdziale 4, na str. 13-23.
- Przedstawiono algorytm dla modelu EM, w którym zaproponowano inne równanie iteracyjne ruchu punktów węzłowych, czyli równanie (13) na str. 7, w którym nie trzeba wyznaczać sił sprężystości i zginania, przedstawionych za pomocą równań (11) i (12). W rezultacie, zmniejsza się znacząco liczba obliczeń w każdej iteracji, gdyż zamiast obliczać cztery składniki równania (8), stosowanego w pracy [A6], należy wyznaczyć tylko dwa, czyli: siłę zewnętrzną (9) oraz siłę rociągającą/ściągającą. Poza tym, zaproponowano inny sposób ustalania nowych punktów węzłowych (linie 16-18 Algorytmu 1, na str. 8), polegający na tym, że w przypadku gdy kontur rozszerza się (czyli zwiększają się odległości między sąsiednimi punktami węzłowymi) to automatycznie dodawane są nowe punkty węzłowe w taki sposób, że odległości między kolejnymi punktami węzłowymi zmniejszają się dwukrotnie, a punkty nadmiarowe są usuwane. Oszacowanie to zostało dopasowane do postaci równania (13), w którym nie ma sił sprężystości i zginania. W rezultacie, zastosowane rozwiązania umożliwiły uzyskanie gładszego i dokładniejszego przybliżonego brzegu CM, w porównaniu do podejścia z poprzednich badań [A6]. Zastosowanie sił napięcia i sprężystości ma bardzo duże znaczenie w poprawie segmentacji nieregularnego kształtu, często ze słabo wyeksponowanymi krawędziami, a także z występującymi intensywnymi zakłóceniami w analizowanym obrazie, które bardzo trudno wyeliminować za pomocą metod przetwarzania wstępnego, np. w obrazach USG, czy w obrazach mammograficznych. Było to przedmiotem wcześniejszych badań w pracach [A4, A6, A9]. Obrazowanie MR zaś umożliwia uzyskanie wysokiego kontrastu między tkankami miękkimi mózgu i łatwiej można dopasować metodę przetwarzania wstępnego do przeprowadzanej segmentacji. W poprzednich badaniach [A6, A9] uzyskane kontury nie musiały być gładkie dla przeprowadzanych segmentacji, na podstawie obrazów USG i mammograficznych. A w pracy [A10] otrzymanie gładkich i dokładnych konturów miało bardzo duże znaczenie, gdyż wpływało to na dokładność modelu 3D. Zwłaszcza, że trójwymiarowa rekonstrukcja i wizualizacja była przeprowadzana na podstawie określonej liczby przekrojów CM.

W rezultacie, w trakcie badań powstało narzędzie, które można zastosować do segmentacji przekrojów CM, a następnie do ich trójwymiarowej rekonstrukcji i wizualizacji, działające w systemach Windows 10 i Linux (Ubuntu 18.04.1 LTS). Metody przetwarzania wstępnego jak również modele aktywnego konturu, czyli: EM, DRLSE, SBFRLS zostały zaimplementowane w językach programowania C++ oraz Python. Trójwymiarowa rekonstrukcja i wizualizacja CM została zrealizowana z zastosowaniem oprogramowania, opartego na otwartym kodzie, czyli: Insight Segmentation and Registration Toolkit (ITK) [37], Visualization Toolkit (VTK) [38] oraz ITK-SNAP [39]. Opis zastosowanych metod i środowisk programistycznych został przedstawiony w Rozdziale 3, na str. 4-13. Na Rysunkach 12 i 13 ze str. 20 i 22, pokazano porównanie otrzymanych, przykładowych trójwymiarowych modeli CM.

4.3.3 Transformacja wododziałowa połączona z maksymalizacją średniego kontrastu (prace [A5, A7])

Do przeprowadzenia badań, przedstawionych w artykułach [A5, A7] zachęciła lektura prac Pana Profesora M. Nieniewskiego [40, 41], w których autor zaproponował metodę scalania regionów w wynikowy kształt za pomocą maksymalizacji średniego kontrastu, po segmentacji wododziałowej przez zanurzanie [42]. Złożoność obliczeniowa algorytmu segmentacji wododziałowej przez zanurzanie jest liniowa względem rozmiaru wejścia, tj. liczby pikseli obrazu [42]. Skuteczność segmentacji wododziałowej zawdzięcza się głównie pomocniczym przekształceniom przetwarzanych obrazów przed i po wykonaniu właściwej segmentacji. Najczęściej te dodatkowe operacje stosuje się, aby wyeliminować zbyt silne rozdrobnienie regionów, będące najczęstszym problemem segmentacji wododziałowej. Takimi operacjami mogą być na przykład wstępna filtracja obrazu czy zastosowanie markerów [42], a także scalanie regionów metodą maksymalizacji średniego kontrastu [40, 41].

Celem badań pracy [A5] są obrazy przedstawiające dziury koronalne na słońcu, udostępnione dzięki uprzejmości Narodowej Agencji Aeronautyki i Przestrzeni Kosmicznej (ang. National Aeronautics and Space Administration, w skrócie NASA) i Europejskiej Agencji Kosmicznej (ang. European Space Agency, w skrócie ESA) [43]. Dziury koronalne są przedmiotem badań w fizyce solarnej i widoczne są w obrazach solarnych jako nieregularne ciemniejsze obszary w obrębie tarczy słonecznej. Związane są z polem magnetycznym Słońca i charakteryzują się dużą zmiennością w czasie i przestrzeni. W ogólności ich temperatura jest niższa niż temperatura otoczenia, co można zauważyć w obrazach, na których chłodniejsze rejony odznaczają się mniejszą jasnością. Rysunek 1 ze str. 204 w pracy [A5] przedstawia przykładową dziurę koronalną pośrodku tarczy słonecznej oraz model pola magnetycznego Słońca. Często dochodzi do tego, że naładowane cząstki z pola magnetycznego Słońca docierają do Ziemi wywołując burzę magnetyczną co skutkuje np. pojawieniem się zórz polarnych.

Segmentacja dziur koronalnych w obrazach solarnych jest trudnym zadaniem ze względu na to, że dziury koronalne charakteryzują się bardzo dużą zmiennością kształtu w różnych okresach czasu i nie mają dobrze wyeksponowanych krawędzi. Przykładowo, Rysunek 2 ze str. 205 prezentuje obrazy solarne z dwóch kolejnych miesięcy.

Podsumowując prace na podstawie przeglądu literatury można stwierdzić, że niestety trudno jest jednoznacznie wybrać spośród zaproponowanych metod segmentacji obszarów zastosowania (ROI) w obrazach solarnych takie, które jednocześnie spełniają trzy następujące warunki:

- Umożliwiają automatyzację działania procesu segmentacji
- Pozwalają uzyskiwać wysoką, powtarzalną dokładność rezultatów segmentacji i to dla obszarów o często zmiennym, nieregularnym kształcie, zwłaszcza w obrazach przedstawiających różną aktywność słoneczną, np. dla różnych miesięcy, lat.
- Charakteryzują się dużą szybkością działania.

Możliwość spełnienia powyższych warunków w proponowanej metodzie segmentacji stanowiło również cel badań pracy [A5].

W pracy [A5] przedstawiono oryginalne rozwiązania i rezultaty, które są następujące:

- Zaprezentowano metodę segmentacji dziur koronalnych z obrazów solarnych (metoda ta jest oznaczona skrótem M), przedstawioną na Rysunku 3, na str. 206. Pierwszym krokiem proponowanej metody jest przetworzenie wstępne obrazu przed wykonaniem segmentacji w celu ułatwienia jej realizacji. Następnie wykonywana jest właściwa segmentacja wododziałowa, a ostatnia część dotyczy scalania regionów otrzymanych z segmentacji w wynikowy obszar dziury koronalnej. Segmentacja, po wyznaczeniu punktu początkowego wewnątrz dziury koronalnej przebiega automatycznie. W porównaniu z pracami [40, 41], w artykule [A5] zostały wprowadzone następujące nowe rozwiązania, czyli: (a) Zaproponowano nowy algorytmu scalania regionów w wynikowy obszar dziury koronalnej o liniowo-logarytmicznej złożoności czasowej względem liczby regionów. Algorytm ten został przedstawiony w Rozdziale 2.3, na str. 209; (b) Po nałożeniu pierścienia otaczającego tarczę słoneczną, przetwarzanie obrazów solarnych, odbywa się tylko wewnątrz jego obszaru.

Przykład ilustrujący przedstawiono na Rysunku 4, na str. 207; (c) Etykietowanie regionów z segmentacji wododziałowej obrazów solarnych jest elementem algorytmu segmentacji wododziałowej przez zanurzenie o liniowej złożoności czasowej, zgodnie ze schematem z Rysunku 3, ze str. 206, a nie osobnym krokiem metody segmentacji jak w pracach [40, 41].

- Zaproponowane i zastosowane rozwiązania umożliwiły uzyskanie znacznie lepszych rezultatów analizowanych indeksów: Dice'a (w skrócie DSI), OV, części pokrywającej (ang. Overlap Fraction, w skrócie OF) w porównaniu z wynikami uzyskanymi metodą MO [16, 17], jak również metoda M uzyskała dużą zbieżność z ręcznymi pomiarami ekspertów dla badanego zbioru 180 dziur koronalnych, na podstawie 100 obrazów solarnych. Średnie wartości obliczonych indeksów uzyskanych metodą M w porównaniu do obu ręcznych pomiarów wynoszą: 89% (DSI), 87% (OF), 81% (OV). Wartości tych indeksów są wysokie zważywszy na specyfikę dziur koronalnych i związane z nią trudności w ocenie segmentacji. W przypadku zastosowania metody MO średnie wartości uzyskanych indeksów są znacznie niższe i wynoszą: 64% (DSI), 56% (OF), 51% (OV). Niestety, mimo dobrych wyników w wydzieleniu kształtu pęcherzyka żółciowego czy komory serca z obrazów USG [A4, A6], w przypadku segmentacji dziur koronalnych zastosowanie metody MO nie przyniosło zadowalających rezultatów. Opis przeprowadzonych eksperymentów został przedstawiony w Rozdziale 3, na str. 210-217.
- Zaproponowane i zastosowane rozwiązania umożliwiają uzyskanie szybkiego działania wszystkich użytych metod, razem z przetwarzaniem wstępnym i przetwarzaniem obrazów solarnych po segmentacji wododziałowej. Eksperymenty były przeprowadzane na komputerze z procesorem Intel Core i7 2GHz i 4 GB RAM w środowisku Windows 7/8. Implementację metod M i MO zrealizowano w języku C++ z wykorzystaniem biblioteki OpenCV 2.4.1 [44]. W wyniku przeprowadzonych eksperymentów średnia wartość czasu wykonania całego procesu segmentacji w obrazach solarnych, wynosi dla pojedynczej dziury koronalnej 342 milisekund i to bez użycia implementacji równoległej zastosowanych metod. Dla porównania średni czas działania zastosowanego w tej pracy również modelu morfologicznego aktywnego konturu wynosi 3.72 sekundy. Z kolei w pracy [40] podano pomiar czasu tylko jednego kroku algorytmu segmentacji, który wyniósł 80 sekund. Co więcej eksperymenty przeprowadzane w tej pracy były dla obrazów o rozdzielczości 1024×1024 pikseli, czyli dwa razy większej niż w pracy [40], gdzie analizowano obrazy o wymiarach 512×512 pikseli. Szczegółowe dane dotyczące pomiarów czasu dla przeprowadzanych segmentacji znajdują się w Tabeli 5, na str. 216.

Rozwiązania przedstawione w pracy [A5] mogą mieć zastosowania nie tylko w analizie aktywności słońca, na podstawie segmentacji dziur koronalnych. Rozwiązania te mogą również być zastosowane do analizy plam słonecznych, aktywnych regionów, obszarów nitkowatych (ang. filaments), które są badane w fizyce solarnej, a także do segmentacji w innych klasach obrazów cyfrowych, co z kolei wykazano w pracy [A7].

Celem pracy [A7] było przedstawienie komputerowej metody umożliwiającej segmentację koryt rzek na podstawie obrazów SAR z zastosowaniem technik polaryzacyjnych (ang. polarimetric SAR, w skrócie polSAR). Wykorzystane w badaniach obrazy polSAR pochodziły z satelity ALOS PALSAR i zostały udostępnione dzięki uprzejmości Japońskiej Agencji Kosmicznej (ang. Japan Aerospace Exploration Agency, w skrócie JAXA)[45]. W trakcie badań analizowano obrazy o rozdzielczości 2522 × 2122 pikseli.

Radar syntetycznej apertury (SAR) umożliwia uzyskiwanie obrazów o wysokiej rozdzielczości przez cały czas funkcjonowania i to niezależnie od warunków pogodowych. I ze względu na te zalety, technologia SAR jest szeroko stosowana w aplikacjach do teledetekcji w celu obserwacji Ziemi.

Segmentacja obrazu i klasyfikacja terenu mają istotne znaczenie w analizie obrazów SAR i polSAR. Otrzymywane dane mogą być wykorzystane do różnych zastosowań, umożliwiając monitorowanie, między innymi: suszy lub powodzi, wylesiania, rozrostu obszarów miejskich, obszarów upraw rolnych, linii brzegowych mórz, jezior, koryt rzek, wycieków ropy.

W pracy [A7] uzyskano następujące oryginalne rozwiązania i rezultaty:

- Zaprezentowano komputerową metodę umożliwiającą segmentację koryt rzek na podstawie obrazów polSAR (metoda ta jest oznaczona skrótem WSH). Schemat działania metody został przedstawiony na Rysunku 1, na str. 199. Na początku obraz jest poddawany operacjom przetwarzania wstępnego, które mają na celu usunięcie zakłóceń. Następnie, realizowana jest segmentacja wododziałowa i dalej po wyborze punktu początkowego, następuje scalanie uzyskanych w segmentacji regionów w wynikowy, analizowany obszar koryta rzeki. Powodem scalania regionów jest to, że segmentacja wododziałowa może powodować liczne rozdrobnienie fragmentów obrazu, tzw. nadsegmentację i w rezultacie występują niekompletne fragmenty obrazu. Przetwarzanie wstępne obrazu, pozwala tylko częściowo zredukować liczbę regionów, ale całkowicie nie wyeliminuje problemu nadsegmentacji. Zastosowany w tej pracy wybór scalanych regionów polega na maksymalizacji średniego kontrastu (na podstawie algorytmu z pracy [A5]) między aktualnie rozpatrywanym regionem - zwanym maską (zaczynając od regionu, do którego należy wybrany punkt początkowy) i jego otoczeniem, czyli zbiorem regionów sąsiadujących z aktualnie rozpatrywaną maską. W przypadku uzyskania pożądaných rezultatów proces segmentacji może zostać zakończony. W sytuacji gdy rezultaty przedstawiają tylko fragment analizowanego koryta rzeki, to możliwy jest wybór kolejnego punktu początkowego dla brakującego odcinka i następnie otrzymany wynik segmentacji może zostać dodany do wynikowej maski. Takie podejście umożliwia uzyskanie kompletnego odcinka koryta rzeki w wyniku dodania do siebie kolejnych wyznaczanych masek, oczywiście jeśli jest to konieczne. Należy zaznaczyć, że w przypadku segmentacji koryt rzek np. w obszarach zurbanizowanych, mogą występować przeszkody wodne jak mosty, płynące lub zakotwiczone statki, barki, które są również uwidaczniane w obrazach polSAR, co może powodować konieczność łączenia uzyskiwanych rezultatów.
- Metody przetwarzania obrazu zostały tak opracowane i dobrane, żeby ich koszt obliczeniowy był możliwie najmniejszy, ma to szczególne znaczenie w analizie obrazów SAR/polSAR o wysokiej rozdzielczości, gdyż wymiennie przekłada się na całkowity czas segmentacji. Co więcej, w porównaniu do istniejących rozwiązań na podstawie literatury: (1) w zaproponowanym podejściu nie trzeba wykonywać dodatkowych kroków, koniecznych do eliminacji obiektów w obrazie (czyli elementów tła), które znajdują się poza korytem rzeki, w rezultacie przeprowadzonej segmentacji, (2) nie ma konieczności próbkowania całego obrazu i klasyfikacji pikseli w celu przygotowania procesu segmentacji. Jeśli rozwiązania, wymienione w punktach (1) - (2) są wykonywane to niestety mogą wydłużać czas segmentacji. Porównanie różnych metod na podstawie literatury, umożliwiających segmentację koryt rzek, zostało przedstawione w Tabeli 1 na str. 198.
- Wyniki eksperymentalne, na podstawie obrazów z satelity ALOS PALSAR dla odcinków rzek o różnej długości wykazują, że zaproponowane podejście uzyskuje dobre rezultaty segmentacji i charakteryzuje się niskim kosztem obliczeniowym w porównaniu do innych rozwiązań w literaturze. Zestawienie metod segmentacji, na podstawie literatury znajduje się w Tabeli 1 na str. 198. W trakcie badań i przeprowadzanych eksperymentów metoda WSH została porównana z następującymi metodami, które zostały zaimplementowane: ACWE [25], Otsu [46] oraz metodą błędzenia przypadkowego (ang. Fast Random Walker, w skrócie FRW)[47]. Metoda WSH uzyskała najlepsze rezultaty segmentacji, uzyskując średnią wartość indeksu OV wynoszącą 90%. Jednocześnie metoda WSH wyznaczała najmniejszy obszar nadmiarowy EF o średniej wartości 2% i otrzymywane koryta rzek są ciągłe, bez przerw. Wyniki segmentacji dla pozostałych metod, w oparciu o mierzone indeksy OV i EF, wynoszą kolejno: 87%, 6% (ACWE), 82%, 10% (FRW), 62%, 45% (Otsu). Implementację metod: Otsu, FRW, ACWE zrealizowano w środowisku Matlab R2016a w systemie Windows 10, zaś metodę M zrealizowano w C++ z wykorzystaniem biblioteki OpenCV 3.0 [44]. Z kolei pomiar czasu był zrealizowany na komputerze z procesorem Intel Core i7 2GHz i 16 GB RAM w środowisku Windows 10. Dla metody WSH średni czas segmentacji wyniósł 1.73 sekund i jest on nieznacznie dłuższy od metody Otsu, dla której średni czas segmentacji to 1.57 sekundy. W metodzie WSH pomiar czasu nieznacznie się wydłuża jeśli konieczne jest dodawanie i łączenie kolejnych masek. Dla dwóch pozostałych modeli FRW i ACWE średni czas segmentacji wynosi, odpowiednio: 21,98 sekund i 808.54 sekund. W modelu ACWE

segmentacja przebiega bardzo wolno i to mimo zastosowania od 4 do 8 konturów początkowych, co niestety bardzo ogranicza użycie go w praktyce. Wydłużony czas segmentacji wynika z konieczności okresowej reinicjalizacji modelu ACWE w celu naprawy funkcji poziomicowej, zdegradowanej podczas ewolucji konturu w trakcie kolejnych iteracji. Wyniki przeprowadzonych eksperymentów zostały szczegółowo przedstawione w Rozdziale 4, str. 201-212.

Biorąc pod uwagę uzyskane wyniki eksperymentalne metoda WSH może być zastosowana jako pożyteczne narzędzie w monitorowaniu zmian przebiegu rzek i zaadoptowana w systemach, stosowanych do analizy danych teledetekcyjnych. Zwłaszcza, że uzyskano również bardzo obiecujące rezultaty segmentacji koryt rzek i zbiorników wodnych (w tym jezior) dla obrazów uzyskiwanych aparaturą optyczną, co zostało przedstawione w Rozdziale 4.5.2 na str. 210-211.

4.3.4 Segmentacja mikrozwapnień w obrazach mammograficznych z wykorzystaniem metod morfologii matematycznej (praca [A8])

W obrazowaniu mammograficznym, obecność mikrozwapnień, czyli małych osadów wapnia w piersi, jest podstawowym wskaźnikiem raka piersi. Jednak nie wszystkie mikrozwapnienia świadczą o nowotworze i ich rozmieszczenie w piersi może być wykorzystane w celu wskazania czy klastry zawierają zmiany łagodne, czy stanowią zagrożenie świadczące o chorobie nowotworowej. Mikrozwapnienia przedstawione na Rysunkach 1(b), 2(a), 2(d) na str. 173 w pracy [A8] są małymi osadami wapnia w piersi, które pojawiają się jako małe jasne kropki w mammogramach. Niestety, poprawna detekcja mikrozwapnień z mammogramów może być często bardzo utrudniona. Piersi zawierają zmienną ilość tkanek gruczołowych, tłuszczowych oraz łącznych i w przypadku dużej ilości tkanek gruczołowych mammogramy są bardzo jasne, co bardzo osłabia widoczność drobnych mikrozwapnień. A w sytuacji badania licznych serii mammogramów, wydajność wzrokowej oceny lekarza bardzo się obniża. Dlatego technologia komputerowej diagnostyki jest rozwijana, aby ułatwić radiologom proces diagnostyczny.

W pracy [A8] wykorzystano 220 obszarów zastosowania (ROI) o stałych rozmiarach 512×512 pikseli, w formacie 8 bitowym, na podstawie mammogramów, w oryginalnej, wysokiej rozdzielczości, pochodzących z ogólnie dostępnej bazy danych: Digital Database for Screening Mammography (DDSM). Przy czym 110 obszarów zastosowania zawiera zmiany łagodne, a pozostałe 110 obszarów to przypadki złośliwe. Dwadzieścia obszarów zastosowania, a dokładnie po 10 przypadków łagodnych i 10 przypadków złośliwych wykorzystano w celu ustalenia niezbędnych parametrów umożliwiających sterowanie procesem segmentacji. Pozostałe 200 obszarów użyto w celu przetestowania przedstawionej metody segmentacji. W bazie DDSM dla każdego przypadku dostępna jest diagnoza radiologiczna. Ponadto dla obrazów z mikrozwapnieniami, udostępniony jest zakodowany kontur wyznaczający obszar występowania mikrozwapnień.

Celem pracy [A8] było zaproponowanie i zastosowanie rozwiązań, które umożliwiają:

- Uzyskanie możliwie wysokich rezultatów segmentacji mikrozwapnień.
- Uzyskanie szybkiego działania wszystkich zastosowanych metod.

W pracy [A8] zmodyfikowano metodę segmentacji mikrozwapnień z wykorzystaniem metod morfologii matematycznej, zaproponowaną przez Pana Profesora M. Nieniewskiego [41, 48]. W pracy [A8] wprowadzono następujące zmiany i rozwiązania:

- Proces segmentacji został zautomatyzowany i to bez konieczności skalania regionów poprzez maksymalizację średniego kontrastu, co zrealizowano w pracach [41, 48]. W pracach [41, 48] konieczna jest interakcja z użytkownikiem, w celu wskazania punktu początkowego w segmentacji wododziałowej. W pracy [A8] zastosowano morfologiczną operację nakładania minimów (ang. minima imposition)[42] dla obrazu gradientu. Na tak zmodyfikowanym gradiencie przeprowadzana jest następnie segmentacja wododziałowa. Wynikiem są linie wododziałowe, które układają się zgodnie z konturem mikrozwapnień, bez efektu

nadsegmentacji. Operacja ta została szczegółowo przedstawiona w punkcie 6, na str. 177 w pracy [A8].

- Po zastosowaniu operacji nakładania minimów, dalsze operacje morfologiczne przedstawione w pracach [41, 48] zostały pominięte, czyli: (1) rekonstrukcja przez dyatację obszarów w których mogą występować mikrozwapnienia, (2) przecięcie logiczne zrekonstruowanych obszarów i odwróconego markera wewnętrznego, (3) przecięcie logiczne markera wynikowego z obrazem gradientu, (4) przecięcie odwróconego obrazu linii wododziałowych i obszarów, w których mogą znajdować się mikrozwapnienia oraz (5) scalanie regionów poprzez maksymalizację średniego kontrastu, przeprowadzane oddzielnie dla każdego mikrozwapnienia.

W rezultacie wprowadzonych zmian, w pracy [A8] jest mniej kroków pośrednich przy realizacji metody wydzielenia kształtu mikrozwapnień z zastosowaniem segmentacji wododziałowej, w porównaniu do prac [41, 48].

Osiągnięte rezultaty:

W trakcie przeprowadzonych eksperymentów dla 200 ROIs na podstawie mammogramów z bazy DDSM wartości mierzonych indeksów SI, OF, OV, EF wynoszą odpowiednio: 80.5%, 75.7%, 70.8%, 19.8%. Przy czym wyższe wartości indeksów SI, OF, OV i niższą wartość indeksu EF, uzyskano dla zmian łagodnych w porównaniu ze zmianami złośliwymi. Na podstawie przeprowadzonych eksperymentów, przedstawionych w Tabeli 4 na str. 180, średni czas działania całego procesu przetwarzania dla pojedynczego ROI o wymiarach 512x512 wyniósł 0.83 sec. Przedstawione w pracy [A8] metody zostały zaimplementowane w środowisku Matlab R2015a. A pomiar czasu był realizowany na komputerze z procesorem Intel Core i7 2GHz i 16 GB RAM, w systemie Windows 10. Podsumowując, zaproponowane i zastosowane w pracy [A8] rozwiązania, do innych, porównywanych prac na podstawie literatury, w których stosowano metody aktywnego konturu (w tym model GAC), można stwierdzić, że są one bardziej praktyczne, gdyż nie wymagają każdorazowej inicjalizacji, pozwalają zautomatyzować proces segmentacji, nie dla pojedynczych mikrozwapnień, tylko dla wielu jednocześnie i to w obszarach zastosowania o większym rozmiarze i w krótszym czasie. Porównanie wyników z innymi metodami na podstawie literatury znajduje się w Tabeli 5 na str. 182.

Otrzymane rezultaty są obiecujące i wykazują pewien potencjał przedstawionych w pracy [A8] metod w zastosowaniu do detekcji i segmentacji mikrozwapnień w obrazach mammograficznych.

5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych

- [P1] Ciecholewski M.: *SVM Approach to Classifying Lesions in USG Images with the Use of the Gabor Decomposition*. **Lecture Notes in Computer Science**, 2011, vol. 6936, pp. 66-75, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg 2011. (MNISW: 13 pkt)
- [P2] Ciecholewski M.: *AdaBoost-Based Approach for Detecting Lithiasis and Polyps in USG Images of the Gallbladder*. **Lecture Notes in Computer Science**, 2011, vol. 7066, pp. 206-215, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg 2011. (MNISW: 13 pkt)
- [P3] Ciecholewski M.: *Support Vector Machine Approach to Cardiac SPECT Diagnosis*. **Lecture Notes in Computer Science**, 2011, vol. 6636, 2011, pp. 432-443, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg 2011. (MNISW: 13 pkt)
- [P4] Ciecholewski M.: *Ischemic Heart disease detection using selected machine learning methods*. **International Journal of Computer Mathematics**, 2013, vol. 90(8), pp. 1734-1759, Taylor and Francis. (MNISW: 15 pkt, Impact Factor: 0,542)
- [P5] Ciecholewski M.: *Automatic Liver Segmentation from 2D CT Images Using an Approximate Contour Model*, **Journal of Signal Processing Systems for Signal, Image and Video Technology**, 2014, vol. 74(2), pp. 151-174, Springer. (MNISW: 20 pkt, Impact Factor: 0,564)
- [P6] Ciecholewski M.: *Object Tracking Using the Parametric Active Contour Model in Video Streams*. **In Proceedings of the 9th International Conference on Computer Recognition**

Systems CORES 2015 (pp. 421-429). Springer International Publishing 2016. (MNISW: 15 pkt)

Prace [P1, P2] powstały podczas realizacji projektu badawczego własnego w latach 2009-2012, Nr N N 519 406837 finansowanego przez MNISW/NCN, pt. *Komputerowa analiza wybranych chorób pęcherzyka żółciowego na podstawie obrazów USG* [1]. Zastosowane metody segmentacji, przedstawione w pracach [A1-A4] umożliwiły usunięcie niejednorodnego tła z obrazów USG i tym samym ułatwiły klasyfikację zmian chorobowych jak kamice i polipy, co zostało zrealizowane w pracach [P1, P2].

W trakcie prac nad wykrywaniem zmian chorobowych w obrazach USG pęcherzyka żółciowego [P1, P2] uzyskano następujące oryginalne rozwiązania i rezultaty:

- W celu wydzielenia cech z obrazów przeznaczonych do rozpoznawania zmian chorobowych USG pęcherzyka żółciowego jak: kamice, stany zapalne i polipy (w tym pochodzenia nowotworowego), wykorzystano zmodyfikowane filtry Gabora w logarytmiczno-biegunowym układzie współrzędnych. Zastosowany algorytm wektorów wspierających (SVM) w najlepszym przypadku uzyskał dokładność 82% dla wszystkich zmian chorobowych i 85.7% dla kamic oraz 74.3% dla polipów. Opracowane i zastosowane metody wraz z opisem części doświadczalnej są przedstawione w pracy [P1].
- Opracowano zbiór cech, które są obliczane jako różnice sum jasności pikseli wewnątrz dwóch, trzech lub czterech przylegających prostokątów. Prostokąty te są różnych rozmiarów i różnych położeń wewnątrz okna obrazu, tak długo jak ich przyległość jest zachowana. Klasyfikator działa na prostokątnych obszarach wejściowych obrazu o ustalonej długości. W przypadku gdy wydzielone obszary mają średnicę znacznie większą niż średnica spodziewana na wejściu to zastosowana została aproksymacja falkowa obrazów wejściowych. W celu klasyfikacji zmian chorobowych jak: kamice, stany zapalne i polipy (w tym pochodzenia nowotworowego) zastosowano metodę wzmocnienia adaptacyjnego (AdaBoost). Algorytm AdaBoost w najlepszym przypadku uzyskał dokładność 78.9% dla wszystkich zmian chorobowych i 91% dla kamic oraz 80% dla polipów. Opracowane i zastosowane metody wraz z opisem części doświadczalnej zostały zaprezentowane w pracy [P2].
- Podsumowując wyniki eksperymentalne można stwierdzić, że zaproponowana metoda z wykorzystaniem klasyfikatora AdaBoost daje bardziej dokładne rezultaty niż w przypadku zastosowanej metody z użyciem klasyfikatora SVM, w trakcie klasyfikacji poszczególnych jednostek chorobowych i oba podejścia uzyskują lepsze rezultaty w przypadku rozpoznawania kamic niż polipów.

Powyższe metody z wykorzystaniem wzmocnienia adaptacyjnego i wektorów wspierających zostały zaadoptowane do postaci filtrów i stały się częścią prototypu programu komputerowego zrealizowanego podczas badań [1].

W pracy [P3] przedstawiono zastosowanie metody SVM w diagnostyce choroby niedokrwiennej serca, na podstawie obrazów serca uzyskanych za pomocą tomografii emisyjnej pojedynczego fotonu (SPECT), z wykorzystaniem ogólnie dostępnej bazy danych, przeznaczonej dla testowania metod uczenia maszynowego [49, 50]. Praca [P4] jest rozszerzoną wersją artykułu konferencyjnego [P3]. W pracy [P4] zaprezentowano zastosowanie czterech metod uczenia maszynowego: SVM, AdaBoost, sieci neuronowych z jedną warstwą ukrytą i analizy głównych składowych (ang. principal component analysis, w skrócie PCA) w diagnostyce choroby niedokrwiennej serca, na podstawie obrazów SPECT serca. Zbiór danych [49, 50], który został wykorzystany w pracach [P3, P4], pochodził od 267 różnych pacjentów i był podzielony na kilka podzbiorów zawierających dane uczące i testowe.

W pracy [P4] otrzymano następujące oryginalne rozwiązania i rezultaty:

- Zaprezentowano algorytm wykorzystujący metodę PCA. Zastosowany w niniejszej pracy algorytm PCA najpierw oblicza kierunki główne danych, a następnie rzutuje zbiór uczący na pierwsze k z tych kierunków. Do tak zrzutowanych danych dopasowywany jest

wielowymiarowy rozkład normalny. Przykłady są klasyfikowane jako pozytywne (oznacza to normalną perfuzję mięśnia sercowego), jeśli gęstość rozkładu prawdopodobieństwa dla danego przykładu jest powyżej ustalonego progu. Kryterium wyboru optymalnego progu jest np. maksymalizacją trafności czy też średniej wartości czułości i swoistości. W przedstawionej metodzie zakłada się, że przykłady pozytywne są położone blisko siebie w przestrzeni atrybutów, natomiast przykłady negatywne są "anomaliami" od nich oddalonymi - dlatego rozkład prawdopodobieństwa dla przykładów negatywnych powinien być mały. Użycie algorytmu PCA i rzutowanie na podprzestrzeń kierunków głównych pozwala zminimalizować wpływ drobnych przekłamań w przykładach (spowodowanych np. błędną cząstkową diagnozą). Dodatkowo upraszcza się wyznaczanie odwrotności macierzy kowariancji, ponieważ macierz ta w bazie zadanej przez kierunki główne jest macierzą diagonalną. Algorytm został przedstawiony w Rozdziale 4 na str. 14-16, w pracy [P4].

- W części eksperymentalnej sprawdzono zdolność metod uczenia maszynowego do generalizacji zdobytej wiedzy i zostały obliczone swoistość (ang. specificity), czułość (ang. sensitivity) oraz trafność (ang. accuracy). Algorytm wykorzystujący metodę PCA uzyskał najwyższą czułość w klasyfikowaniu niewielkiej liczby pozytywnych wzorców, zaś swoistość i trafność były generalnie najlepsze dla SVM. Niestety, zbyt mała liczba pozytywnych wzorców ogranicza możliwości SVM czy AdaBoost w uzyskaniu wyższej wartości czułości. Szczegółowy opis przeprowadzonych eksperymentów znajduje się w Rozdziale 5, na str. 16-25.
- Dla metody SVM najlepsze rezultaty uczenia uzyskano z funkcją jądrową Gaussa. Przy doborze parametrów metody SVM okazało się, że lepszym kryterium jest średnia z czułości i swoistości niż trafność.

Praca [P5] prezentuje metody przedstawione w doktoracie. Zaproponowano w niej model matematyczny konturu wątroby, umożliwiający przybliżenie brzegu wątroby w obrazach TK dla przekroju osiowego i sprawdzono przydatność tego modelu w oprogramowaniu wspomagającym diagnostykę medyczną zarówno dla przypadków pozbawionych zmian chorobowych, jak również tych, które zawierają określone jednostki chorobowe, czyli zmiany ogniskowe takie jak naczyńki i torbiele.

W pracy [P6] przedstawiono uproszczoną wersję modelu EM [A6], służącą do śledzenia przemieszczających się obiektów w kolejnych sekwencjach wideo. W celu poprawy wydajności obliczeniowej algorytmu ustalono, że w kolejnych sekwencjach wideo nie potrzebne jest tłumienie siły rozciągającej/ściągniętej. W związku z tym nie będą wykorzystywane parametry, realizujące tłumienie poszczególnych punktów węzłowych, gdy punkty te znajdują się na poszukiwanym brzegu. Poza tym, przyjmuje się pewną stałą liczbę punktów węzłowych, a ich położenie jest aktualizowane za pomocą algorytmu realizującego implementację komputerową, a następnie z bieżącej klatki punkty węzłowe umieszczane są w kolejnej. Oczywiście, algorytm ten zapobiega powstawaniu samo-przecięć i zapętleń identycznie jak Algorytm 1 w pracy [A6]. Różnica polega na tym, że w przypadku przekroczenia przez dany punkt węzłowy ustalonych dopuszczalnych wartości odległości i wartości kątowych, to jest on umieszczany pomiędzy sąsiednimi punktami węzłowymi, dla których odległość jest największa w całym konturze przybliżającym analizowany kształt. W pracy [P6], algorytm realizujący implementację komputerową ACM nie usuwa nadmiarowych punktów węzłowych i nie dodaje nowych, tak jak zostało to zrealizowane w Algorytmie 1 [A6], gdyż zakłada się, że pewna stała liczba punktów węzłowych wystarczy żeby przybliżyć kontur przemieszczającego się obiektu w kolejnych sekwencjach wideo. Implementację algorytmu przedstawionego w pracy [P6] zrealizowano w języku C++, z zastosowaniem biblioteki OpenCV 2.4.1 [44]. W sytuacji, gdy w sekwencjach wideo występują zakłócenia i krawędzie poruszających się obiektów są słabo wyeksponowane, to może łatwo dojść do destabilizacji konturu, jak w przypadku samo-przecięć. Dlatego, przed zastosowaniem aktywnego konturu, należy wykonać filtrację np. Gaussa z ustaloną wartością sigma, dobieraną eksperymentalnie do analizowanego przypadku, w celu usunięcia występujących zakłóceń w sekwencjach wideo.

Literatura

1. Ciecholewski, M. Komputerowa analiza wybranych chorób pęcherzyka żółciowego na podstawie obrazów USG, projekt badawczy własny Nr NN 519 406837
<https://nauka-polska.pl/#/profile/research?id=265760&k=w0hvce>
2. Leymarie, F., Levine, M.D.: Simulating the Grassfire Transform using an Active Contour Model. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1992, vol. 14(1), pp. 56–75.
3. Szczypiński, P., Strumiłło, P.: Application of an Active Contour Model for Extraction of Fuzzy and Broken Image Edges. *Machine Graphics & Vision*, 1996, vol. 5(4), pp. 579–594.
4. Szczypiński, P.: Modele deformowalne do ilościowej analizy i rozpoznawania obiektów w obrazach cyfrowych. Rozprawa doktorska, Wydział Elektrotechniki i Elektroniki Politechniki Łódzkiej, Łódź. (2000).
5. Cohen, L.D., Cohen, I.: Finite-Element Methods for Active Contour Models and Balloons for 2-D and 3-D Images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1993, vol. 15(11), pp. 1131–1147.
6. Xu, C., Prince, J.L.: Snakes, Shapes, and Gradient Vector Flow. *IEEE Transactions on Image Processing*, 1988, vol. 7(3), pp. 359–369.
7. Bodzioch, S., Ogiela, M. R. New approach to gallbladder ultrasonic images analysis and lesions recognition. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2009, 33(2), pp. 154-170.
8. Kass, M., Witkin, A., Terzopoulos, D.: Snakes: Active Contour Models. *International Journal of Computer Vision*, 1998, vol. 1(4), pp. 321–331.
9. Surhone, L. M., M. T. Tennoe, and S. F. Henssonow. AForge .NET: artificial intelligence, computer vision .NET framework. (2010). <http://www.aforgenet.com/framework/>
10. Li, B.; Acton, S. T.: Active contour external force using vector field convolution for image segmentation. *IEEE transactions on image processing*, 2007, vol. 16(8), pp. 2096-2106.
11. Kumar, A., et al. Multi-scale tensor vector field active contour. In: *Image Processing (ICIP), 2012 19th IEEE International Conference on*. IEEE. pp. 557-2560 (2012).
12. Cassellas, V., Kimmel, R.; Sapiro, G.: Geodesic active contours. *International journal of computer vision*, 1997, vol. 22(1), pp. 61-79.
13. Paragios, N., Deriche, R.: Geodesic active regions and level set methods for motion estimation and tracking. *Computer Vision and Image Understanding*, 2005, vol. 97(3), pp. 259-282.
14. Fedorov, A., et al.: 3D Slicer as an image computing platform for the Quantitative Imaging Network. *Magnetic resonance imaging*, 2012, vol. 30(9), pp. 1323-1341.
15. Yushkevich, P.A.; Piven, J.; Hazlett, H.C.; Smith, R.G.; Ho, S.; Gee, J.C.; Gerig, G.: User-guided 3D active contour segmentation of anatomical structures: significantly improved efficiency and reliability. *Neuroimage* 2006, vol. 31, pp. 1116–1128.
16. Álvarez, L., Baumela, L., Henríquez, P., Márquez-Neila, P.: Morphological snakes. In *Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2010 IEEE Conference on*. IEEE. pp. 2197-2202 (2010).
17. Marquez-Neila, P., Baumela, L., Alvarez, L.: A morphological approach to curvature-based evolution of curves and surfaces. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2014, vol. 36(1), 2-17.
18. McNerney, T., Terzopoulos, D.: T-snakes: Topology adaptive snakes. *Medical image analysis*, 2000, vol. 4(2), 73-91.
19. Makowski, P., Sørensen, T. S., Therkildsen, S. V., Materka, A., Stødkilde-Jørgensen, H., Pedersen, E. M. et al.: Two-phase active contour method for semiautomatic segmentation of the heart and blood vessels from MRI images for 3D visualization. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2002, vol. 26(1), pp. 9-17.
20. Dagher, I., El Tom, K.: WaterBalloons: A hybrid watershed Balloon Snake segmentation. *Image and Vision Computing*, 2008, vol. 26(7), pp. 905-912.
21. Rebouças, F., Cortez, P. P., et. al.: Novel Adaptive Balloon Active Contour Method based on internal force for image segmentation—A systematic evaluation on synthetic and real images. *Expert Systems with Applications*, 2014, vol. 41(17), pp. 7707-7721.
22. Le Guyader, C., Vese, L. A.: Self-repelling snakes for topology-preserving segmentation models. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2008, vol. 17(5), pp. 767-779.

23. Nakhmani, A., Tannenbaum, A.: Self-crossing detection and location for parametric active contours. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2012, vol. 21(7), pp. 3150-3156.
24. Mumford, D., Shah, J.: Optimal approximations by piecewise smooth functions and associated variational problems. *Communications on pure and applied mathematics*, 1989, vol. 42(5), pp. 577-685.
25. Chan, T., Vese, L.: Active contours without edges. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2001, vol. 10(2), pp. 266-277.
26. Cheung, Y. M., Liu, X., You, X.: A local region-based approach to lip tracking. *Pattern Recognition*, 2012, vol. 45(9), pp. 3336-3347.
27. Liu, S., Peng, Y.: A local region-based Chan-Vese model for image segmentation. *Pattern Recognition*, 2012, vol. 45(7), pp. 2769-2779.
28. Talu, M. F.: ORACM: Online region-based active contour model. *Expert Systems with Applications*, 2013, vol. 40(16), pp. 6233-6240.
29. Yezzi Jr, A., Tsai, A., Willsky, A.: A fully global approach to image segmentation via coupled curve evolution equations. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 2002, vol. 13(1-2), pp. 195-216.
30. Osher, S., Paragios, N. (Eds.): *Geometric level set methods in imaging, vision, and graphics*. Springer Science & Business Media (2003).
31. van Dijk, N. P., Maute, K., Langelaar, M., Van Keulen, F.: Level-set methods for structural topology optimization: a review. *Structural and Multidisciplinary Optimization*, 2013, vol. 48(3), pp. 437-472.
32. Abdelsamea, M. M., Gnecco, G., Gaber, M. M., Elyan, E.: On the relationship between variational level set-based and som-based active contours. *Computational intelligence and neuroscience*, 34, (2015).
33. Hamarneh, G., Gustavsson, T. Combining snakes and active shape models for segmenting the human left ventricle in echocardiographic images. *Computers in Cardiology*, 2000, pp. 115-118.
34. Ciecholewski, M. (2016) An edge-based active contour model using an inflation/deflation force with a damping coefficient. Available online: https://www.youtube.com/playlist?list=PLrw00xQ2T_8SAvs8yXZnvkNIMjulGsgUF
35. Zhang, K., Zhang, L., Song, H., Zhou, W.: Active contours with selective local or global segmentation: a new formulation and level set method. *Image and Vision computing*, 2010, vol. 28(4), pp. 668-676.
36. Li, C., Xu, C., Gui, C., Fox, M. D.: Distance regularized level set evolution and its application to image segmentation. *IEEE transactions on image processing*, 2010, vol. 19(12), 3243-3254.
37. Consortium, I.S. Itk: Insight Segmentation and Registration Toolkit. 2011. Available online: <http://www.itk.org/>
38. Schroeder, W.J.; Lorensen, B.; Martin, K. Vtk—the visualization toolkit. Kitware. 2011. Available online: <http://www.vtk.org>
39. Yushkevich, P.A.; Piven, J.; Hazlett, H.C.; Smith, R.G.; Ho, S.; Gee, J.C.; Gerig, G. User-guided 3D active contour segmentation of anatomical structures: significantly improved efficiency and reliability. *Neuroimage*, 2006, vol. 31, pp. 1116-1128.
40. Nieniewski, M.: Extraction of diffuse objects from images by means of watershed and region merging: example of solar images. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B (Cybernetics)*, 2004, vol. 34(1), pp. 796-801.
41. Nieniewski, M.: Segmentacja obrazów cyfrowych: Metody segmentacji wododziałowej. Akademska Oficyna Wydawnicza EXIT (2005).
42. Soille, P.: *Morphological image analysis: principles and applications*. Second ed., Springer (2004).
43. SOHO data-real time images, 1995. <<http://sohowww.nascom.nasa.gov/data/data.html>>.
44. Bradsky, G.: The OpenCV library, Dr. Dobb's J. Softw. Tools, 2000, vol. 25, pp. 120-123.
45. Ito, N., Hamazaki, T., Tomioka, K.: ALOS/PALSAR characteristics and status. In *CEOS SAR Workshop Proc.*, Tokyo, pp. 191-194 (2001).
46. Otsu, N.: A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE transactions on systems, man, and cybernetics*, 1979, vol. 9(1), pp. 62-66.

47. Grady, L.: Random walks for image segmentation. IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence, 2006, vol. 28(11), pp. 1768-1783.
48. Nieniewski, M.: Watershed extraction of the exact shape of microcalcifications in mammograms. In Computer Recognition Systems, pp. 635-643. Springer, Berlin, Heidelberg (2005).
49. Frank, A., Asuncion, A.: UCI Machine Learning Repository, School of Information and Computer Science, University of California, Irvine, CA, 2010. Available at <http://archive.ics.uci.edu/ml>.
50. Kurgan, L.A., Cios, K.J., Tadeusiewicz, R., Ogiela, M.R., Goodenday, L.S., Knowledge discovery approach to automated cardiac SPECT diagnosis, Artif. Intell. Med. 2001, vol. 23(2), pp. 149-169.

Gdańsk, 12.02.2019

Maxim Ciechowski
.....