

POLITECHNIKA ŚLĄSKA
WYDZIAŁ INŻYNIERII BIOMEDYCZNEJ

Segmentacja i trójwymiarowa wizualizacja
zmian patologicznych gruczołu sutkowego
w obrazach USG z wykorzystaniem metod
sztucznej inteligencji

— ROZPRAWA DOKTORSKA —

AUTOR
mgr inż. Marta Biesok

PROMOTOR
dr hab. inż. Paweł Badura, prof. PŚ

PROMOTOR POMOCNICZY
dr Jan Juszczyk

Zabrze 2023

Szczególne wyrazy wdzięczności kieruję do Promotorów:

dra hab. inż. Pawła Badury, prof. PŚ — za opiekę i wsparcie od początku mojej pracy naukowej oraz szczególną rolę w powstaniu niniejszej rozprawy;

dra Jana Juszczyka — za okazaną pomoc, życzliwość i wskazanie kierunku rozwoju.

Dziękuję również prof. dr hab. inż. Ewie Piętce za okazane zaufanie, cenne wskazówki i opiekę naukową.

Rodzinie, szczególnie mojemu Mężowi, pragnę podziękować za nieustające wsparcie, cierpliwość i wyrozumiałość;

Przyjaciołom z Wydziału Inżynierii Biomedycznej — za dzielenie się doświadczeniem, długie dyskusje i poświęcony czas, które wzbogaciły moją pracę.

Spis treści

1.	<i>Wprowadzenie</i>	1
1.1	Rak piersi	2
1.2	Obrazowanie medyczne w diagnostyce nowotworowej	4
1.2.1	Metody diagnostyczne wykorzystujące promieniowanie rentgenowskie	4
1.2.2	Obrazowanie metodą rezonansu magnetycznego	5
1.2.3	Medycyna nuklearna	6
1.2.4	Ultrasonografia	6
1.2.5	Badanie histopatologiczne	9
1.3	Nawigacja obrazowa	9
1.3.1	Systemy nawigacji obrazowej	10
1.3.2	Oprogramowanie wspomagające i narzędzia wizualizacji	14
1.3.3	Kalibracja systemów nawigacji obrazowej	15
1.3.4	Rzeczywistość rozszerzona	16
2.	<i>Cele i metodyka pracy</i>	17
2.1	Tezy i cel pracy	17
2.2	Opis metodyki pracy	18
2.2.1	Narzędzia informatyczne i sprzętowe	20
2.3	Układ rozprawy	20
3.	<i>Segmentacja guzów piersi w obrazach ultrasonograficznych</i>	23
3.1	Przetwarzanie wstępne wykorzystujące obrazy pseudokolorowe i rozmytą spójność	26
3.1.1	Metoda rozmytej spójności	26
3.1.2	Obrazy pseudokolorowe	27
3.1.3	Specyfikacja przetwarzania wstępnego	28
3.2	Segmentacja z wykorzystaniem spłotowych sieci neuronowych	30
3.2.1	Splotowe sieci neuronowe	30
3.2.2	Specyfikacja segmentacji z wykorzystaniem spłotowych sieci neuronowych	34
3.3	Segmentacja końcowa z wykorzystaniem aktywnych konturów	37

3.3.1	Metoda aktywnych konturów	37
3.3.2	Specyfikacja segmentacji z wykorzystaniem aktywnych konturów	39
3.4	Metoda propagowania wyników segmentacji	40
4.	<i>Trójwymiarowa rekonstrukcja zależna od czasu akwizycji obrazu</i>	43
4.1	Kalibracja systemu nawigacji z wykorzystaniem aplikacji fCal	44
4.2	Specyfikacja rekonstrukcji 3D zależnej od czasu akwizycji obrazu	47
4.3	Referencyjna metoda rekonstrukcji niezależna od czasu akwizycji	50
5.	<i>Wizualizacja trójwymiarowa i graficzny interfejs użytkownika</i>	53
5.1	Graficzny interfejs użytkownika	53
5.1.1	Informacje ogólne i ustawienia parametrów	54
5.1.2	Wizualizacja wyników segmentacji dwuwymiarowej	57
5.1.3	Wizualizacja wyników rekonstrukcji trójwymiarowej	57
6.	<i>Eksperymenty, wyniki i dyskusja</i>	61
6.1	Ocena jakości segmentacji z wykorzystaniem danych klinicznych	61
6.1.1	Baza danych	62
6.1.2	Miara oceny jakości segmentacji	62
6.1.3	Schemat walidacji w analizie sieci CNN	63
6.1.4	Badanie wpływu struktury sieci CNN	63
6.1.5	Badanie wpływu rozdzielczości obrazu wejściowego	67
6.1.6	Badanie wpływu liczby epok uczenia sieci CNN	69
6.1.7	Mapowanie aktywacji klasy ważone gradientem	70
6.1.8	Badanie wpływu parametrów aktywnego konturu	72
6.1.9	Porównanie wyników segmentacji z istniejącymi rozwiązaniami	75
6.2	Ocena jakości rekonstrukcji z wykorzystaniem danych laboratoryjnych	78
6.2.1	Stanowisko pomiarowe	78
6.2.2	Przebieg eksperymentu oceny jakości rekonstrukcji	80
6.2.3	Iteracyjny najbliższy punkt	81
6.2.4	Miary oceny jakości rekonstrukcji	82
6.2.5	Wyniki eksperymentu oceny jakości rekonstrukcji	83
6.3	Symulacja badania w warunkach klinicznych z wykorzystaniem fantomu	88
6.3.1	Opis fantomu i przebiegu symulacji	88
6.3.2	Wyniki symulacji	88
7.	<i>Podsumowanie</i>	93

<i>A. Dodatek A</i>	99
A.1 Wyniki cząstkowe oceny jakości segmentacji w badaniu wpływu struktury sieci CNN	99
A.2 Wyniki cząstkowe oceny jakości segmentacji w badaniu wpływu rozdzielczości obrazu wejściowego	100
<i>Bibliografia</i>	103

Spis rysunków

1.1	Budowa anatomiczna gruczołu sutkowego.	1
1.2	Statystyki zachorowalności i śmiertelności kobiet na raka w Polsce w 2020 roku.	2
1.3	Prognozowane liczby zachorowań na raka piersi wśród kobiet w Polsce do 2025 roku.	3
1.4	Przykładowe obrazy mammograficzne.	5
1.5	Fuzja obrazu PET z MRI.	7
1.6	Przykładowe obrazy USG łagodnych guzów piersi.	8
1.7	Przykładowe obrazy USG złośliwych guzów piersi.	8
1.8	Przykładowe obrazy histopatologiczne raka piersi.	9
1.9	Znaczniki optyczne NDI Polaris.	11
1.10	Kamera NDI Polaris.	12
1.11	Generator pola elektromagnetycznego NDI Aurora z czujnikami przewodowymi.	13
1.12	Pole operacyjne kamery NDI Polaris Vicra.	14
1.13	Przykładowy schemat przejść pomiędzy różnymi układami współrzędnych w systemie optycznym.	15
1.14	Okulary AR i rzeczywistość rozszerzona.	16
2.1	Ogólny schemat blokowy zastosowanej metodyki.	19
3.1	Schemat blokowy metodyki segmentacji proponowanego algorytmu.	25
3.2	Znormalizowana mapa odległości od punktu startowego.	29
3.3	Przykładowe hybrydowe obrazy pseudokolorowe.	31
3.4	Schemat proponowanej struktury sieci	35
3.5	Wykres funkcji straty i dokładności uczenia dla zbioru trenującego i walidacyjnego.	37
3.6	Przykładowa maska binarna przed i po zastosowaniu korekcyjnych operacji morfologicznych.	38
3.7	Schemat propagacji punktu startowego w serii obrazów USG.	41
4.1	Ilustracja kalibracji wskaźnika w aplikacji fCal.	45

4.2	Ilustracja kalibracji fantomu w aplikacji fCal.	46
4.3	Ilustracja kalibracji czasowej głowicy USG w aplikacji fCal. . .	47
4.4	Ilustracja kalibracji przestrzennej głowicy USG w aplikacji fCal.	48
4.5	Rezultat kalibracji systemu nawigacji obrazowej w aplikacji fCal.	48
4.6	Schemat blokowy metodyki rekonstrukcji proponowanego al- gotmu.	49
5.1	Schemat blokowy etapu wizualizacji 3D.	54
5.2	Narzędzia wizualizacji danych trójwymiarowych w czasie. . . .	54
5.3	Ekran startowy interfejsu graficznego aplikacji.	55
5.4	Wygląd aplikacji po wczytaniu danych.	56
5.5	Wybór punktu startowego dla metody rozmytej spójności. . . .	56
5.6	Podgląd wyników segmentacji dwuwymiarowej w interfejsie gra- ficznym.	58
5.7	Interaktywne okno do podglądu modelu 3D.	59
6.1	Testowana struktura sieci CNN nr I.	63
6.2	Testowana struktura sieci CNN nr II.	64
6.3	Testowana struktura sieci CNN nr III.	64
6.4	Testowana struktura sieci CNN nr IV.	65
6.5	Wyniki cząstkowe badania wpływu struktury sieci CNN.	66
6.6	Przykładowe wyniki segmentacji przy pomocy sieci CNN o struk- turze II.	67
6.7	Wyniki cząstkowe badania wpływu rozdzielczości obrazów. . . .	68
6.8	Rozkład liczby epok uczenia dla poszczególnych struktur sieci CNN.	70
6.9	Rozkład liczby epok uczenia dla poszczególnych rozmiarów ob- razu wejściowego.	71
6.10	Ilustracja mapowania aktywacji klas ważonej gradientem Grad- CAM.	72
6.11	Przykłady mapowania aktywacji klas ważonej gradientem Grad- CAM dla złośliwej i łagodnej zmiany patologicznej	73
6.12	Rozkład wartości współczynnika DI dla 5, 15 i 50 iteracji ewo- lucji aktywnego konturu w funkcji parametrów CB i SF	76
6.13	Ilustracja fantomu wykorzystywanego w eksperymencie oceny ja- kości metody rekonstrukcji 3D.	78
6.14	Schemat i wymiary fantomu wykorzystywanego w eksperymencie oceny jakości metody rekonstrukcji 3D.	79
6.15	Ilustracja przebiegu eksperymentu oceny jakości rekonstrukcji. .	80
6.16	Wizualizacja wyników rekonstrukcji fantomu przeprowadzonej różnymi metodami	81
6.17	Przykład zastosowania algorytmu ICP	83

6.18	Ilustracja dopasowania modeli do modelu referencyjnego.	85
6.19	Breast Phantom Simulator (S230.52) firmy Gaumard [®]	89
6.20	Obrazy wykorzystane w rekonstrukcji guza w fantomie Breast Phantom Simulator.	90
6.21	Dane wejściowe metody rekonstrukcji, środkowy przekrój.	91
6.22	Przykładowy wynik rekonstrukcji trójwymiarowej litego guza w fantomie Breast Phantom Simulator.	91

Spis tabel

3.1	Specyfikacja ustawień i parametrów uczenia splotowej sieci neuronowej.	35
3.2	Zestawienie zastosowanych ustawień i parametrów metody aktywnych konturów.	40
4.1	Porównanie metody rekonstrukcji biblioteki PLUS i metody autorskiej.	51
6.1	Wyniki badania wpływu struktury sieci CNN.	65
6.2	Wyniki badania wpływu rozdzielczości obrazów.	69
6.3	Zestawienie wartości współczynnika Dice'a DI dla różnych wariantów i zestawów parametrów metody aktywnego konturu. . .	74
6.4	Porównanie wyników segmentacji guzów piersi zaproponowanej metody i rozwiązań literaturowych.	77
6.5	Zestawienie dopasowania modeli otrzymanych różnymi metodami rekonstrukcji. Analiza porównawcza dla odległości Hausdorffa pomiędzy modelami.	84
6.6	Zestawienie dopasowania modeli otrzymanych różnymi metodami rekonstrukcji. Analiza porównawcza dla błędu średniokwadratowego dopasowania pomiędzy modelami.	84
6.7	Zestawienie średniej odległości Hausdorffa dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu.	86
6.8	Zestawienie mediany odległości Hausdorffa dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu.	86
6.9	Zestawienie średniego błędu średniokwadratowego dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu.	87
6.10	Zestawienie mediany błędu średniokwadratowego dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu.	88

A.1	Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr I w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	99
A.2	Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr II w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	99
A.3	Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr III w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	100
A.4	Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr IV w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	100
A.5	Wyniki cząstkowe dla rozdzielczości obrazu wejściowego 32×32 w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	101
A.6	Wyniki cząstkowe dla rozdzielczości obrazu wejściowego 64×64 w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	101
A.7	Wyniki cząstkowe dla rozdzielczości obrazu wejściowego 128×128 w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	101
A.8	Wyniki cząstkowe dla rozdzielczości obrazu wejściowego 256×256 w eksperymencie oceny jakości segmentacji.	102

Spis skrótów i oznaczeń

Skróty

- AC** aktywny kontur (ang. *active contour*)
- AR** rzeczywistość rozszerzona (ang. *augmented reality*)
- BUSI** baza danych obrazowych USG nr 1 [29]
- CNN** splotowa sieć neuronowa (ang. *convolutional neural network*)
- Dataset B** baza danych obrazowych USG nr 2 [127]
- FBM** algorytmy rekonstrukcji bazujące na funkcjach (ang. *function-based methods*)
- FC** rozmyta spójność (ang. *fuzzy connectedness*)
- FID** swobodny zanik relaksacji (ang. *free induction decay*)
- FM** model statyczny (nieruchomy, ang. *fixed model*)
- GAC** geodezyjny aktywny kontur (ang. *geodesic active contour*)
- GradCAM** metoda mapowania aktywacji klasy ważona gradientem (ang. *gradient-weighted class activation mapping*)
- HSV** przestrzeń barw HSV (ang. *hue, saturation, value*)
- ICP** algorytm iteracyjny najbliższy punkt (ang. *iterative closest point*)
- IQR** przedział międzykwartylowy zbioru (ang. *interquartile range*)
- Max** wartość maksymalna zbioru
- Min** wartość minimalna zbioru
- MRI** rezonans magnetyczny
- OASBUD** baza danych obrazowych USG nr 3 [85]

ODE	równanie różniczkowe zwyczajne (ang. <i>ordinary differential equation</i>)
PBM	algorytmy rekonstrukcji bazujące na pikselach (ang. <i>pixel-based methods</i>)
PET	pozytonowa tomografia emisyjna (ang. <i>positron emission tomography</i>)
PLUS	biblioteka PLUS (ang. <i>Public software Library for UltraSound imaging research</i>)
Q1	pierwszy kwartył zbioru
Q3	trzeci kwartył zbioru
RBF	radialna funkcja bazowa (ang. <i>radial basis function</i>)
ReLU	funkcja aktywacji sieci CNN (ang. <i>rectified linear unit</i>)
RF	impuls RF (ang. <i>radio frequency</i>)
RGB	przestrzeń barw RGB (ang. <i>red, green, blue</i>)
RTG	rentgenografia
SGDM	metoda stochastycznego spadku gradientu z momentum (ang. <i>stochastic gradient descent with momentum</i>)
SIU	jednostka przekazująca dane (ang. <i>system interface unit</i>)
SCU	jednostka sterująca (ang. <i>system control unit</i>)
SPECT	tomografia emisyjna pojedynczych fotonów (ang. <i>single-photon emission computed tomography</i>)
TK	tomografia komputerowa
TR	autorska metoda rekonstrukcji zależna od czasu akwizycji (ang. <i>time regarded</i>)
US	model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG (ang. <i>ultrasound model</i>)
USG	obrazowanie ultrasonograficzne
VBM	algorytmy rekonstrukcji bazujące na woksłach (ang. <i>voxel-based methods</i>)
VM	wirtualny model metryczny (ang. <i>virtual metric</i>)

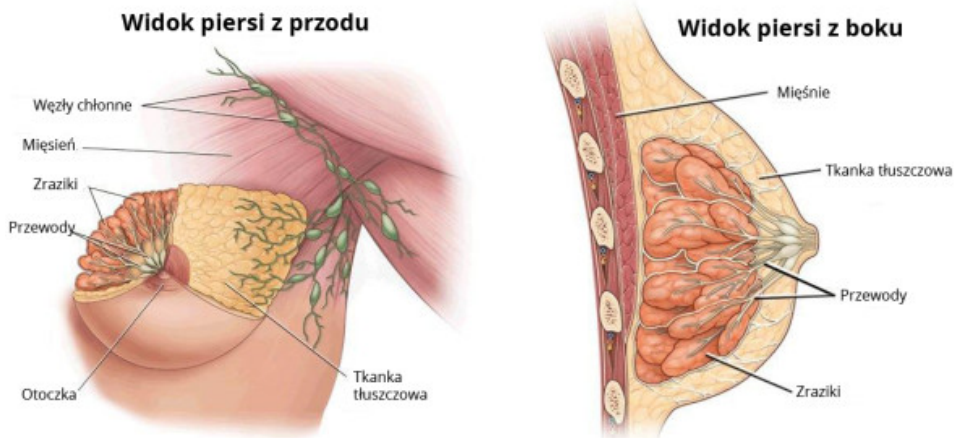
- VR** rzeczywistość wirtualna (ang. *virtual reality*)
- WM** metoda rekonstrukcji biblioteki PLUS, niezależna od czasu rejestracji (ang. *whole time*)
- XAI** interpretowalna sztuczna inteligencja (ang. *explainable artificial intelligence*)

Ważniejsze oznaczenia

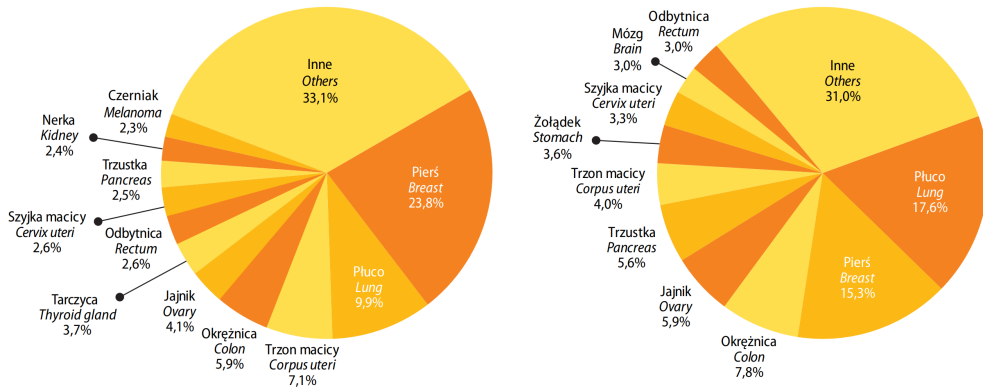
- d_H odległość Hausdorffa
- $dist_n(o, d)$ znormalizowana odległość piksela d od punktu startowego o
- CB współczynnik kurczliwości aktywnego konturu (ang. *contraction bias*)
- DI współczynnik Dice'a
- $\mu(c, d)$ funkcja rozmytego powinowactwa pikseli c, d
- $RMSE$ błąd średniokwadratowy dopasowania (ang. *root-mean-square error*)
- SF współczynnik wygładzania aktywnego konturu (ang. *smooth factor*)
- W_1, W_2 zestawy wag składowych funkcji rozmytego powinowactwa

1. Wprowadzenie

Gruczoł sutkowy występuje u wszystkich ssaków [26]. U samic jest niezbędny do karmienia potomstwa, ale występuje również u samców. Gruczoł sutkowy (zwany też u ludzi piersiowym) dzięki swojej złożonej budowie (rys. 1.1) umożliwia produkcję i wydzielanie pokarmu w procesie laktacji [78]. U ludzi gruczoł sutkowy składa się głównie z tkanki tłuszczowej otaczającej zraziki produkujące pokarm, który jest transportowany przez przewody i wydzielany na zewnątrz. Cały gruczoł sutkowy osadzony jest na tkance mięśnia piersiowego, który oddziela go od klatki piersiowej. Różnice osobnicze znacząco wpływają na wielkość, kształt i morfologię gruczołu sutkowego, która zmienia się także wraz z wiekiem kobiety. Złożoność procesów, które przebiegają w obrębie tego gruczołu powoduje konieczność współpracy specjalistów z wielu nauk o zdrowiu, m. in. anatoma, biologa komórkowego, biochemika, epidemiologa, biologa onkologicznego, dietetyka, konsultanta laktacyjnego i lekarza, w celu zapewnienia właściwej oceny stanu zdrowia [41]. Pierś posiada również gęstą sieć naczyń krwionośnych i połączenie z węzłami chłonnymi, co może mieć znaczenie w potencjalnym procesie nowotworowym, a także w onkoplastyce, czyli stosowaniu chirurgii plastycznej w operacjach onkologicznych [23].



Rys. 1.1: Budowa anatomiczna gruczołu sutkowego [62].



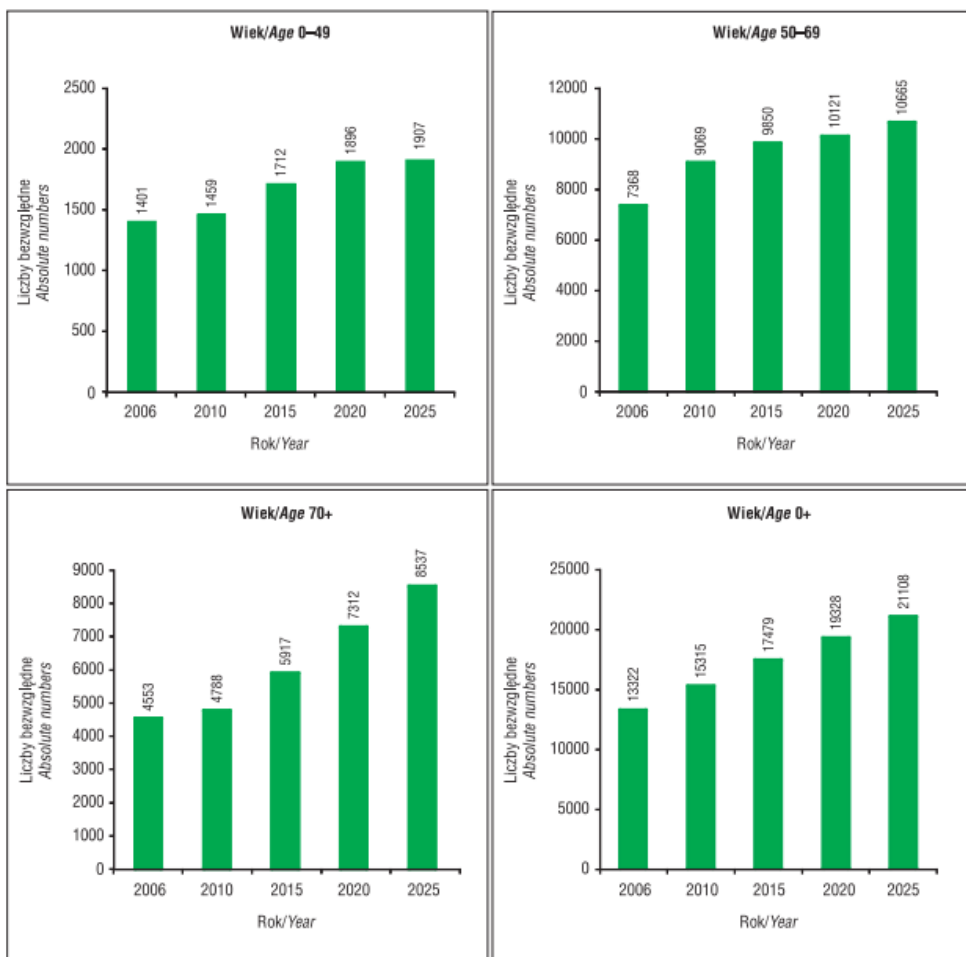
Rys. 1.2: Statystyki zachorowalności (po lewej) i śmiertelności (po prawej) kobiet na raka w Polsce w 2020 roku [125].

1.1 Rak piersi

Najczęstszą przyczyną śmierci w krajach rozwiniętych i drugą najczęstszą w krajach rozwijających się jest rak [55]. Rak gruczołu sutkowego, potocznie zwany rakiem piersi, jest chorobą nowotworową, czyli taką, która polega na niekontrolowanym namnażaniu komórek. W zależności od tego, jakiego rodzaju komórki podlegają temu procesowi, wyróżniamy jego różne rodzaje. Najczęściej występującymi są inwazyjny rak przewodowy (gdy komórki namnażają się w przewodach mlekowych) i inwazyjny rak zrazikowy (w gruczołach produkujących mleko) [17]. Rak piersi może dawać przerzuty do innych części ciała poprzez zajęcie naczyń krwionośnych lub węzłów chłonnych [97].

Według American Cancer Society w samych Stanach Zjednoczonych w 2022 roku zdiagnozowano około 288 tysięcy przypadków inwazyjnego raka piersi wśród kobiet i około 2710 wśród mężczyzn [3]. Szacuje się też, że z powodu raka piersi w 2022 roku w USA zmarło ponad 43 tysiące osób. Statystyki wskazują, że w samych Stanach Zjednoczonych żyje ponad 4 miliony osób, u których zdiagnozowano tę chorobę, a ponad 150 tysięcy z nich ma przerzuty do innych narządów. Liczby te wskazują, że jedna na osiem kobiet zachoruje na raka piersi, przy czym diagnoza ta najczęściej stawiana jest wśród kobiet około 62 roku życia, natomiast ryzyko zachorowania wzrasta wraz z wiekiem. Podobną zależność można zauważyć analizując dane śmiertelności — prawdopodobieństwo śmierci wynosi od poniżej 0,1% dla młodych kobiet (20-30 lat) do około 1% dla kobiet po 80. roku życia. Innym czynnikiem warunkującym ryzyko wystąpienia raka piersi jest rasa [3].

Według Krajowego Rejestru Nowotworów w 2020 roku w Polsce zanotowano 17 511 przypadków nowotworów piersi u kobiet, co stanowi 23,8% wszystkich zarejestrowanych kobiecych nowotworów (rys. 1.2) i tylko 0,2% (113 przypad-



Rys. 1.3: Prognozowane liczby zachorowań na raka piersi wśród kobiet w Polsce do 2025 roku z podziałem na grupy wiekowe [30].

ków) u mężczyzn [125]. Co najmniej do 2025 roku prognozuje się dalszy wzrost zachorowalności kobiet we wszystkich grupach wiekowych, w szczególności powyżej 70. roku życia [30] (rys. 1.3).

Kluczowym dla powodzenia terapii raka piersi jest wczesne wykrycie zmiany patologicznej [54]. Zwiększa ono szansę na całkowite wyleczenie i operację oszczędzającą piersi. W przypadku małych guzów i braku przerzutów w węzłach pachowych współczynnik przeżycia wynosi ponad 90% [121]. Z tego względu bardzo ważna jest profilaktyka w postaci badań przesiewowych pozwalających na wykrycie zmian zanim będą one wyczuwalne palpacyjnie. W Polsce najczęściej stosuje się screening mammograficzny, a w przypadku młodych kobiet posiadających piersi o zbitym utkaniu łącznotkankowym badanie ultrasonogra-

ficzne (USG) [10]. USG piersi stosuje się w celu rozróżnienia pomiędzy guzem litym a torbielą ze względu na najwyższą dokładność diagnostyczną [46]. Nie jest ono jednak stosowane przesiewowo, ponieważ nie umożliwia detekcji mikrozwłanień, które są charakterystyczne dla wczesnego stadium raka piersi [107].

1.2 Obrazowanie medyczne w diagnostyce nowotworowej

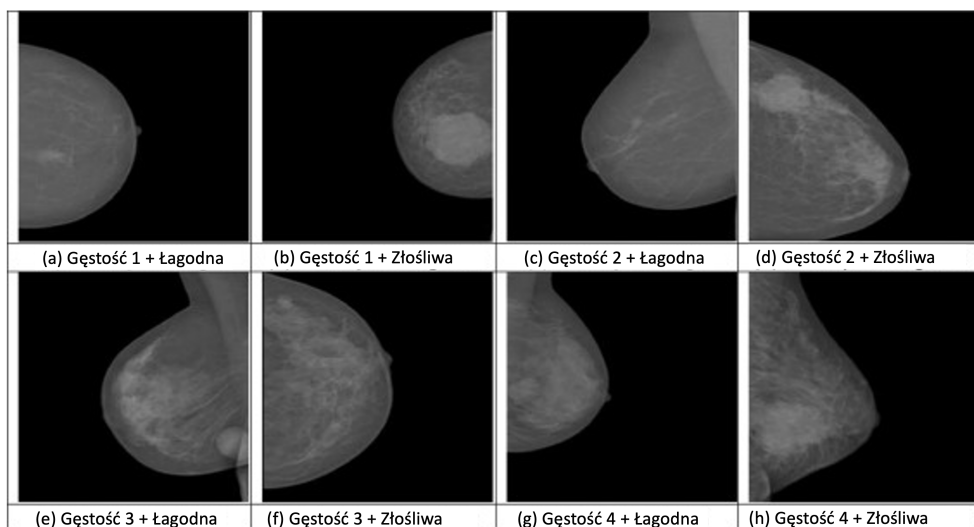
Obrazowanie medyczne stało się jednym z podstawowych źródeł informacji o pacjencie w diagnostyce [31], ze szczególnym uwzględnieniem diagnostyki nowotworowej. Stosowane w medycynie techniki obrazowania można podzielić ze względu na wykorzystywane zjawiska fizyczne oraz typ wykorzystywanego medium na kilka grup [7].

1.2.1 Metody diagnostyczne wykorzystujące promieniowanie rentgenowskie

Klasyyczna rentgenografia (RTG) często jest stosowana w pierwszej kolejności jako tania metoda diagnostyczna w ortopedii oraz stomatologii [6], a także jako metoda przesiewowa w pulmonologii [11] (np. w diagnostyce COVID-19 [36]) i onkologii. Pozwala na uzyskanie obrazu struktur wewnętrznych wybranego obszaru ciała człowieka. Tomografia komputerowa (TK) jest metodą wykorzystującą projekcje (rzuty) z różnych kątów do utworzenia obrazów przekrojowych ciała pacjenta i trójwymiarowej rekonstrukcji ciała [14]. Badanie to jest bardziej kosztowne niż badania RTG. Również dawka promieniowania jaką otrzymuje pacjent jest znacznie wyższa niż w przypadku RTG [57, 67]. Mimo znacząco wyższej dawki promieniowania, TK jest powszechnie stosowane ze względu na dokładność obrazowania i ogromną wartość diagnostyczną [51].

W obrazowaniu gruczołu sutkowego jedną z najczęściej stosowanych metod obrazowania jest mammografia, pozwalająca na wykrycie guza we wczesnym stadium rozwoju, kiedy leczenie daje największe szanse powodzenia [40, 86]. Mammografia polega na wykorzystaniu promieniowania X o niskiej dawce w celu prześwietlenia piersi umieszczonej w mammografie. Budowa mammo grafu umożliwia położenie piersi pomiędzy dwiema płytkami uciskowymi, dzięki czemu tkanka gruczołu piersiowego jest maksymalnie rozłożona. Spłaszczenie piersi pozwala na zwiększenie dokładności obrazowania. Rutynowo wykonuje się po dwa zdjęcia każdej z piersi: projekcję górno-dolną i projekcję skośną. Przykładowe dwuwymiarowe zdjęcia mammograficzne pacjentek z rakiem piersi przedstawiono na rys. 1.4.

European Society of Breast Imaging rekomenduje wykonywanie profilaktycznie mammografii co dwa lata w populacji kobiet w wieku od 50 do 70 lat [96]. Obecnie w USA coraz częściej wyniki klasycznej mammografii uzupełniane są mammografią 3D, czyli tzw. tomosyntezą, która charakteryzuje



Rys. 1.4: Przykładowe obrazy mammograficzne różnych typów zmian patologicznych (łagodne i złośliwe) w piersiach o różnej gęstości tkanki (1-4) [48].

się nawet o 30–40% wyższą czułością w wykrywaniu zmian przy nieznacznym zwiększeniu przyjętej dawki promieniowania. Tomosynteza tworzy obraz trójwymiarowy na podstawie kilku zdjęć piersi pod różnymi kątami, analogicznie jak ma to miejsce w tomografii komputerowej. W Europie metoda ta w dalszym ciągu nie jest metodą przesiewową, chociaż uzyskiwane wyniki badań świadczą o możliwości zmiany tego stanu w niedalekiej przyszłości [96].

Przeciwwskazaniem do wykonania badania mammograficznego, jak i każdego innego badania wykorzystującego promieniowanie rentgenowskie, jest ciąża. Implanty piersi mogą utrudniać wykonanie badania, szczególnie w przypadku, kiedy umieszczone są przed mięśniem. Należy również zaznaczyć, że z powodu ściśnięcia gruczołu w trakcie badania, badanie mammograficzne, mimo iż jest nieinwazyjnym, odbierane jest przez pacjentki jako badanie nieprzyjemne.

1.2.2 Obrazowanie metodą rezonansu magnetycznego

Obrazowanie metodą rezonansu magnetycznego (MRI) polega na sekwencyjnym wzbudzeniu atomów wodoru falą radiową zwaną impulsem RF (ang. *radio frequency*). MRI rejestruje falę radiową związaną z powrotem atomów wodoru do stanu podstawowego, proces ten nazywany jest relaksacją. Fala ta określana jest jako sygnał swobodnego zaniku relaksacji (ang. *free induction decay*, FID). Dzięki zastosowaniu różnych sekwencji impulsów RF możliwie jest uzyskanie obrazów charakteryzujących się różnym kontrastem tkanek; zatem w trakcie jednego badania można uzyskać różne obrazy tego samego obszaru. Znacząco zwiększa to możliwości diagnostyczne tej metody.

W diagnostyce raka piersi MRI jest najbardziej dokładną metodą obrazowania [115], jest ona jednak stosunkowo droga i nie daje możliwości obrazowania śródoperacyjnego (lub jest to problematyczne). Zaletą MRI jest uzyskanie dokładnego obrazu trójwymiarowego zmiany patologicznej i możliwość precyzyjnego obliczenia jej objętości w warunkach statycznych.

Zastosowanie MRI pozwala na obrazowanie ciała bez konieczności narażania pacjenta na promieniowanie rentgenowskie. Przeciwwskazaniem do wykonania badania są wszelkiego rodzaju urządzenia elektryczne i elektroniczne wszczepione pacjentowi (m.in. kardiostymulator) oraz obecność ferromagnetycznych materiałów w ciele pacjenta (np. klipsy lub płytki). Ze względu na trendy w implantologii problem ten jednak z roku na rok jest coraz mniejszy. Przeciwwskazaniem do przeprowadzenia badania może być także klaustrofobia, czyli lęk przed małymi przestrzeniami.

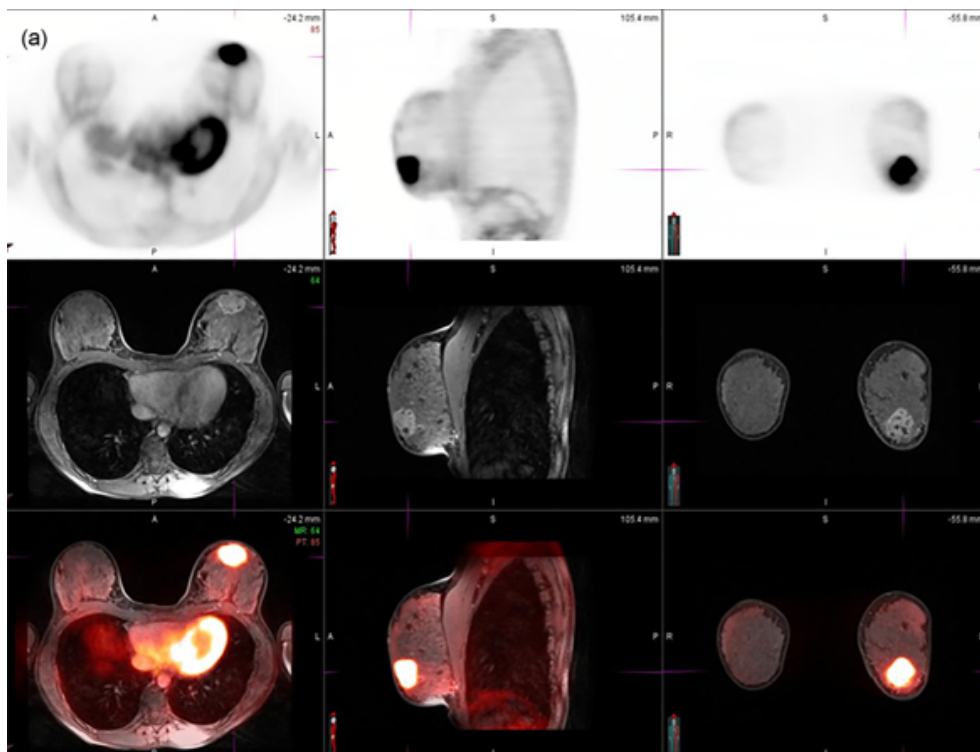
1.2.3 Medycyna nuklearna

Pozytonowa tomografia emisyjna (PET, ang. *positron emission tomography*) polega na rejestrowaniu pozytonów emitowanych przez radioznacznik o krótkim czasie półtrwania [65]. Idea badania polega na założeniu, że zmianom złośliwym towarzyszy zwiększony metabolizm glukozy znakowanej izotopem promieniotwórczym. Metoda ta stosowana jest w przypadku podejrzenia nowotworu złośliwego lub zlokalizowania pierwotnego ogniska choroby. Badanie PET nie jest powszechnie wykorzystywane do diagnostyki nowotworów piersi, chociaż obecnie prowadzone są prace w tym kierunku [91]. Wykorzystuje się fuzję obrazów PET, z widocznymi obszarami patologicznymi, z MRI dającym obraz morfologiczny ciała pacjenta [87]. Przykładowe obrazy przedstawiono na rys. 1.5.

Inną metodą obrazowania jest tomografia emisyjna pojedynczych fotonów (ang. *single-photon emission computed tomography*, SPECT) wymagająca podania radiofarmaceutyków emitujących promieniowanie gamma, które może być rejestrowane przy pomocy tzw. gammakamery. W praktyce klinicznej do diagnostyki gruczołu sutkowego stosowana jest scyntygrafia [66].

1.2.4 Ultrasonografia

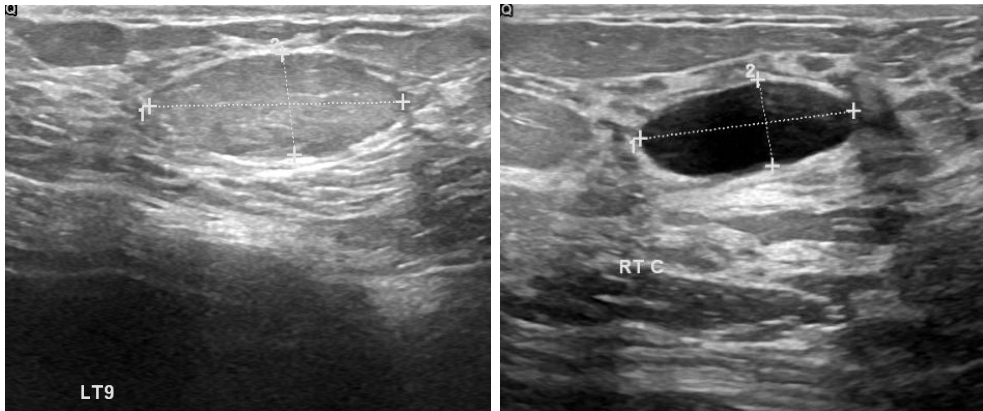
Aparaty ultrasonograficzne są powszechnie stosowane w diagnostyce medycznej. Badanie USG polega na przyłożeniu do ciała pacjenta głowicy emitującej fale ultradźwiękowe. Idea badania bazuje na mierzeniu echa emitowanej fali po odbiciu od struktur wewnętrznych ciała. Na podstawie echa powracającej fali tworzony jest obraz typu B (ang. *brightness*) [19]. Główną zaletą tego badania jest jego powszechna dostępność oraz fakt, iż wynik badania wyświetlany jest na monitorze w czasie rzeczywistym, dzięki czemu możliwe jest wykorzystanie USG śródoperacyjnie [25, 70]. Metoda ta jest również nieinwazyjna i nie



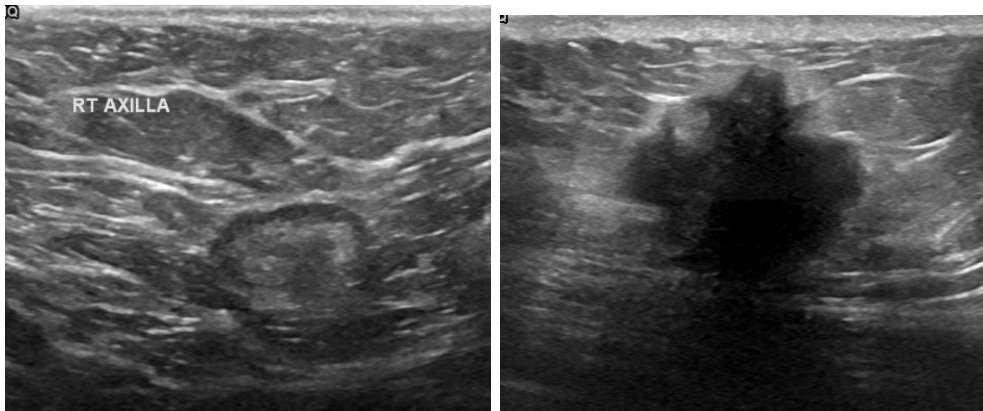
Rys. 1.5: Fuzja obrazu PET z MRI pacjentki z rakiem lewej piersi. W górnym rzędzie przedstawiono projekcje modalności PET, w środkowym rzędzie odpowiadające im projekcje MRI, natomiast w dolnym rzędzie fuzję tych dwóch modalności [87].

ma przeciwwskazań do jej stosowania nawet w przypadku kobiet w ciąży. Ze względu na to, że transmisja fali ultradźwiękowej z głowicy do tkanki przez powietrze jest utrudniona, stosowane są żele ultrasonograficzne zapewniające odpowiednie przenikanie fal z głowicy do tkanek.

Badanie USG gruczołu sutkowego przeprowadza się w celu wykrycia ewentualnych guzów w tkance oraz monitorowania ich kształtu. Często procedurą jest biopsja piersi pod kontrolą USG [44], ponieważ pozycja igły biopsyjnej jest wtedy widoczna w czasie rzeczywistym, co umożliwi pobranie tkanki z określonego miejsca w otoczeniu guza. Ma to szczególne znaczenie w przypadku guzów heterogenicznych, gdzie miejsce pobrania ma wpływ na wyniki histopatologiczne [28, 88]. Obrazy ultrasonograficzne są jednak trudne w interpretacji ze względu na lokalny charakter tkanki. W praktyce klinicznej analizowane są jedynie w czasie rzeczywistym podczas badania, ponieważ w zależności od ustawień aparatu ultrasonograficznego, kąta przyłożenia do skóry i docisku głowicy otrzymuje się różniące się w znacznym stopniu obrazy, a ich analiza bez znajomości tych parametrów jest utrudniona.



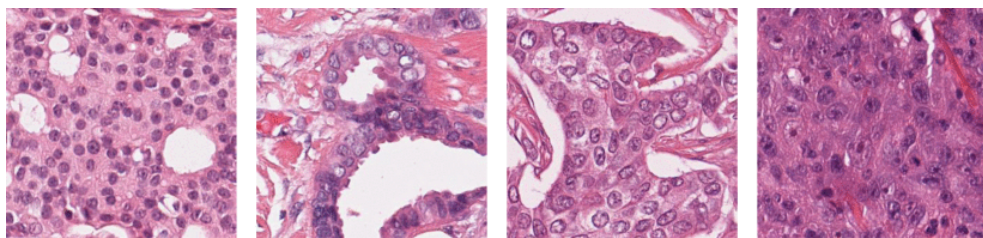
Rys. 1.6: Przykładowe obrazy USG łagodnych guzów piersi. Z lewej strony zmiana hiperechogeniczna, z prawej — zmiana hipoechogeniczna [29].



Rys. 1.7: Przykładowe obrazy USG złośliwych guzów piersi. Z lewej strony zmiana hiperechogeniczna, z prawej — zmiana hipoechogeniczna [29].

Przykładowe obrazy USG guzów piersi zostały przedstawione na rys. 1.6 i 1.7. Warto zauważyć, że różne typy guzów znacząco różnią się pomiędzy sobą. Guzy lite charakteryzują się hiperechogenicznością, czyli wysoką zdolnością do odbijania fal ultradźwiękowych. W obrazach USG widoczne są jako jasne obszary. Torbiele oraz guzy miękkie są z kolei hipoechogeniczne — w USG ciemniejsze od otaczających tkanek. Kolejnym kryterium podziału może być stopień złośliwości zmiany, który może być oceniany przy pomocy USG. Łagodne guzy piersi mają zwykle regularny kształt i łagodne krawędzie, natomiast guzy złośliwe charakteryzują się postrzępionymi krawędziami i różnorodnymi kształtami.

Ocena kształtu guza w obrazie USG często jest utrudniona przez występowanie tzw. cieni akustycznych, czyli obszarów położonych za obiektem silnie od-



Rys. 1.8: Różne typy jąder na obrazach histopatologicznych raka piersi. Od lewej do prawej: małe i okrągłe ze stosunkowo jednorodną chromatyną; zorganizowane w kanałiki; zmarginalizowana chromatyna; widoczne jąderka [117].

bijającym falę ultradźwiękową. Ze względu na zjawisko dyfrakcji, granice cienia akustycznego są rozmyte, co powoduje dodatkowe utrudnienie w ocenie kształtu i wielkości guza. W takich przypadkach dolna granica zmiany estymowana jest na podstawie doświadczenia eksperta, a nie samej różnicy intensywności obrazu USG. Jest to jeden z powodów, dla którego komputerowe wspomaganie diagnostyki obrazowej w przypadku obrazów USG jest dużym wyzwaniem. Z pomocą mogą przyjść metody sztucznej inteligencji, które na wzór człowieka „uczą się” rozpoznawania kształtów nawet tam, gdzie nie widać ich dokładnych krawędzi i na podstawie przeszłych doświadczeń z pewnym prawdopodobieństwem są w stanie określić rzeczywiste granice guza.

1.2.5 Badanie histopatologiczne

W diagnostyce onkologicznej szeroko wykorzystuje się np. obrazy mikroskopowe, znane nie tylko z medycyny, ale i z przemysłu czy nauk przyrodniczych. Badania histopatologiczne tkanek polegają na ich utrwaleniu, a następnie odwodnieniu. Odwodnione tkanki zalewane są parafiną tworząc bloczki parafinowe, które po pocięciu poddawane są analizie histopatologicznej pod mikroskopem. Obrazy histopatologiczne tkanek pobranych na drodze biopsji piersi mają kluczowe znaczenie w rozpoznawaniu rodzaju nowotworu oraz oceny jego złośliwości, a także stanowią potwierdzenie wcześniejszej diagnozy postawionej na podstawie innych metod diagnostycznych [54]. Przykładowe obrazy histopatologiczne przedstawiono na rys. 1.8.

1.3 Nawigacja obrazowa

Nawigacja obrazowa to dyscyplina, która obejmuje integrację obrazowania z medycyną zabiegową stosowaną w chirurgii, radioterapii onkologicznej i radiologii interwencyjnej oraz stomatologii. Nawigację obrazową wykorzystuje się głównie w chirurgii małoinwazyjnej, ale może ona znaleźć swoje zastosowanie również we wszystkich zabiegach, gdzie przydatne jest śledzenie narzędzi

w czasie rzeczywistym lub odtworzenie przebiegu operacji po jej zakończeniu. Zastosowanie nawigacji obrazowej na tym polu jest zarówno skuteczniejsze jak i, w dłuższej perspektywie, tańsze niż konwencjonalne zabiegi chirurgiczne, ze względu na niższe koszty rekonwalescencji pacjenta po zabiegu [109]. Nieocenioną zaletą stosowania metod nawigacji obrazowej jest komfort i bezpieczeństwo pacjenta. Przy Uniwersytecie w Harvardzie powstało The Ferenc Jolesz National Center for Advanced Technologies Image Guided Therapy, gdzie obecnie rozwijane technologie koncentrują się na urządzeniach śródoperacyjnych [33], badaniu heterogeniczności guzów i ich otoczenia, a także metodach uczenia głębokiego wykorzystywanych w leczeniu [13, 120]. Jednymi z najbardziej zaawansowanych systemów nawigacji obrazowej są systemy stosowane w biopsji prostaty i operacjach neurochirurgicznych [4, 129].

1.3.1 Systemy nawigacji obrazowej

Celem nowoczesnej medycyny jest minimalizowanie ryzyka wiążącego się z przeprowadzaniem koniecznych interwencji chirurgicznych. Komfort pacjenta stawiany jest na pierwszym miejscu, dlatego też popularność zyskują zabiegi chirurgii małoinwazyjnej. Termin ten określa procedury wykonywane z wykorzystaniem naturalnych otworów ciała lub przez minimalne nacięcia powłok. Głównymi zaletami tego typu zabiegów są: szybszy powrót pacjenta do pełnej sprawności, mniejsze ryzyko uszkodzenia zdrowych tkanek oraz mniejsze lub całkowicie niewidoczne blizny pozabiegowe. Operacje laparoskopowe wymagają od chirurga poświęcenia wielu lat ćwiczeń, aby sprawnie posługiwać się narzędziami mniej intuicyjnymi niż używanymi w chirurgii klasycznej. Główną trudnością, którą musi pokonać lekarz jest brak możliwości bezpośredniej obserwacji pola operacyjnego. Do wnętrza ciała pacjenta wprowadzana jest ruchoma kamera, z której obraz przekazywany jest operatorowi w czasie rzeczywistym. Obraz z kamery jest jednak dwuwymiarowy. Dla chirurga oznacza to brak głębi, co znacznie utrudnia wykonywanie zabiegu.

Ważnym aspektem zabiegów małoinwazyjnych jest koordynacja wzrokowo-ruchowa. Pozwala ona chirurgowi odbierać bodźce wzrokowe i na ich podstawie modyfikować na bieżąco położenie narzędzi chirurgicznych podczas operacji. Systemy nawigacji obrazowej pozwalają na wyświetlenie na monitorze modeli obiektów rzeczywistych (np. narzędzi chirurgicznych lub narządów wewnętrznych pacjenta) w przestrzeni, w której aktualnie się znajdują. Śledzenie ich wzajemnego położenia ułatwia podejmowanie decyzji podczas zabiegu i przynajmniej częściowo redukuje ograniczenia metod małoinwazyjnych.

Już od lat projektowane są systemy do wirtualizacji pola operacyjnego [100]. Dostępne technologie umożliwiają precyzyjną lokalizację narzędzi oraz trójwymiarową wizualizację wnętrza ciała pacjenta w czasie rzeczywistym. Systemy nawigacji obrazowej służą do zbierania informacji o położeniu poszczególnych



Rys. 1.9: Znaczniki optyczne służące do śledzenia narzędzi w systemie NDI Polaris [79]. Dzięki unikalnemu układowi geometrycznemu markerów sferycznych możliwe jest jednoznaczne zidentyfikowanie znacznika. Na dolnym obrazie przedstawiono wskaźnik niezbędny do przeprowadzenia procedury kalibracji.

narzędzi w polu operacyjnym. Ich wykorzystanie może znacząco zwiększyć precyzję i zminimalizować ryzyko uszkodzenia zdrowych tkanek dzięki przekazywaniu tej informacji chirurgowi [61]. Systemy nawigacji obrazowej dzielą się, ze względu na wykorzystywane zjawiska fizyczne, na optyczne i elektromagnetyczne.

Systemy optyczne

Systemy optyczne wykorzystują promieniowanie elektromagnetyczne o różnej długości fali odbite od znaczników (rys. 1.9). Można wyróżnić systemy pracujące w zakresie światła podczerwonego lub widzialnego. Przykładem systemu optycznego może być szeroko stosowany system NDI Polaris (rys. 1.10). Pracuje on w zakresie światła podczerwonego. Składa się z dwóch kamer, które wykorzystując stereowizję synchronicznie rejestrują obrazy tworząc scenę trójwymiarową. Na podstawie położenia markerów pasywnych pokrytych powłoką odbijającą pasmo podczerwieni, które są widoczne na obydwu obrazach, możliwe jest określenie położenia tych markerów w przestrzeni trójwymiarowej w odniesieniu do wyróżnionego punktu związanego z położeniem kamery. Charakterystyczny dla każdego narzędzia układ markerów definiuje jego orientację



Rys. 1.10: Kamera NDI Polaris emitująca promieniowanie w paśmie podczerwieni i odbierająca sygnał odbity od markerów pasywnych [79].

i pozwala na równoczesne śledzenie wielu markerów. Należy zwrócić uwagę, że podczas wykorzystywania systemu optycznego konieczne jest wcześniejsze zdefiniowanie wzajemnego układu znaczników i śledzonego narzędzia. Ponadto układ ten musi być niezmienny w czasie, ponieważ każde przesunięcie markerów względem narzędzia skutkuje koniecznością ponownej kalibracji.

Systemy elektromagnetyczne

Systemy elektromagnetyczne wykorzystują rejestrację zaburzeń pola elektromagnetycznego do lokalizacji czujnika znajdującego się w tym polu. Przykładem takiego systemu może być system Aurora firmy NDI (rys. 1.11). Do tego systemu dostępne są czujniki o pięciu lub sześciu stopniach swobody. Główną zaletą systemu elektromagnetycznego jest niewielki rozmiar czujników oraz brak konieczności zachowania linii widzenia pomiędzy czujnikiem a generatorem. W praktyce oznacza to, że niewielki marker może zostać przytwierdzony do narzędzia (np. głowicy ultrasonograficznej) nie zakłócając przebiegu procedury medycznej. Generator pola elektromagnetycznego musi być umieszczony w pobliżu pola operacyjnego ze względu na niewielki zasięg pomiarowy urządzenia. Dodatkowym utrudnieniem jest konieczność poprowadzenia przewodu łączącego czujniki z jednostką przekazującą zbierane dane (SIU, ang. *system interface unit*) do jednostki sterującej (SCU, ang. *system control unit*). Przewód ten jest bardzo delikatny i łatwo ulega uszkodzeniom. Istotnym ograniczeniem systemu jest również wrażliwość na zakłócenia pola elektromagnetycznego, pochodzące z obiektów metalicznych w obszarze roboczym generatora (np. metalowe ele-



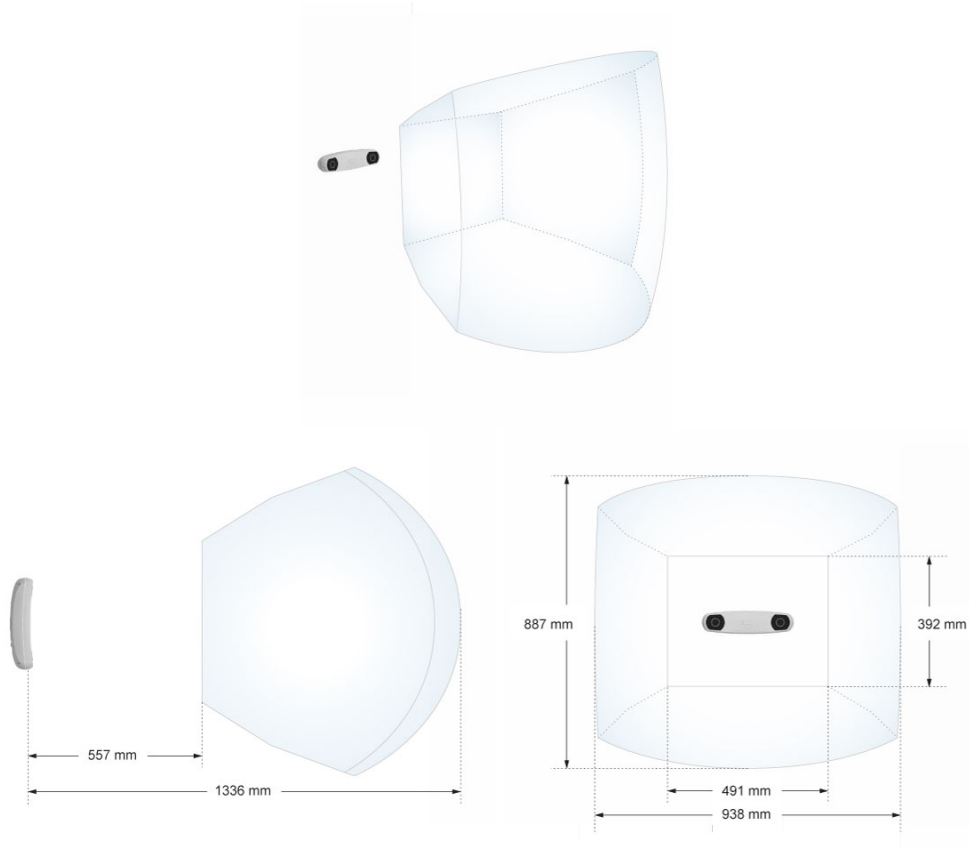
Rys. 1.11: System elektromagnetyczny NDI Aurora. Po lewej stronie zdjęcie generatora pola elektromagnetycznego, po prawej czujniki zaburzające to pole, dzięki czemu możliwa jest ich precyzyjna lokalizacja w przestrzeni [79].

menty stołu operacyjnego). Zakłócenia pochodzące z elementów metalicznych mogą obniżyć dokładność lokalizacji lub w ogóle uniemożliwić śledzenie markerów.

Porównanie systemów nawigacji obrazowej

Poza wspomnianymi wcześniej systemami firmy NDI na rynku dostępne są inne systemy optyczne np. *spryTrack* i *fusionTrack* firmy *Antracsys*, *Claron MicronTracker*, *OptiTrack* do śledzenia ruchu oraz systemy elektromagnetyczne np. *NDI 3D Guidance*, a także kompleksowe systemy zawierające obydwa rodzaje urządzeń śledzących np. *StealthStation* firmy *Medtronic*. Urządzenia te różnią się między sobą przede wszystkim dokładnością, a także wielkością oraz kształtem pola operacyjnego, które dla systemów optycznych przyjmuje kształt zbliżony do przedstawionego na rys. 1.12, natomiast dla systemów elektromagnetycznych kształt kopuły lub prostopadłościanu. Dokładność (błąd średniokwadratowy) systemów elektromagnetycznych firmy NDI dla czujników z sześcioma stopniami swobody wynosi od 1,4 mm i $0,30^\circ$ (*3D Guidance*) do 0,48 mm i $0,30^\circ$ (*Aurora*), gdzie w przypadku systemów optycznych *Polaris* jest to od 0,25 mm (*Polaris Vicra*) do nawet 0,12 mm (*Polaris Vega*).

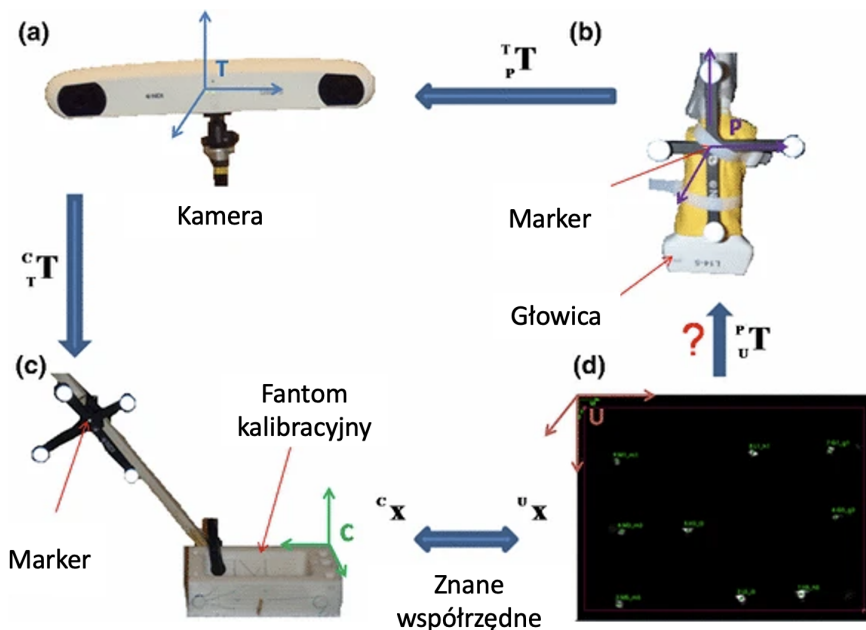
Ze względu na specyfikę przeprowadzanego zabiegu należy dobrać odpowiedni system śledzenia. Jeżeli nie ma możliwości zachowania linii widzenia pomiędzy śledzonymi narzędziami, a kamerą systemu optycznego konieczne jest wykorzystanie systemu elektromagnetycznego, natomiast jeżeli pacjent ma wszczepiony rozrusznik serca lub w polu operacyjnym znajdują się elementy ferromagnetyczne system elektromagnetyczny bezwzględnie nie może być stosowany. W takim przypadku odpowiedni będzie jeden z systemów optycznych.



Rys. 1.12: Pole operacyjne kamery NDI Polaris Vicra [79].

1.3.2 Oprogramowanie wspomagające i narzędzia wizualizacji

Popularnym narzędziem programistycznym, stosowanym w nawigacji obrazowej, jest otwartoźródłowa biblioteka PLUS (ang. *Public software Library for UltraSound imaging research*) [64]. Zawiera ona implementację aplikacji wspomagających akwizycję i rejestrację danych podczas zabiegu, ich wstępne przetwarzanie oraz kalibrację narzędzi. Dzięki wykorzystaniu interfejsu komunikacji sieciowej OpenIGTLink możliwa jest komunikacja w czasie rzeczywistym [110]. Do wizualizacji używany jest m.in. 3D Slicer — darmowa, otwarta, modułowa platforma do przetwarzania danych medycznych [60]. Dzięki integracji 3D Slicera z OpenIGTLink możliwe jest utworzenie wirtualnej sceny zabiegu oraz aktualizacja położenia narzędzi w czasie rzeczywistym. Możliwe jest też zarejestrowanie przebiegu procedury, a następnie odtworzenie jej offline [113]. Wymaga ona jednak statycznych modeli (np. model ciała pacjenta lub model narzędzi chirurgicznych) jako punktów odniesienia, gdyż aplikacja prezentuje

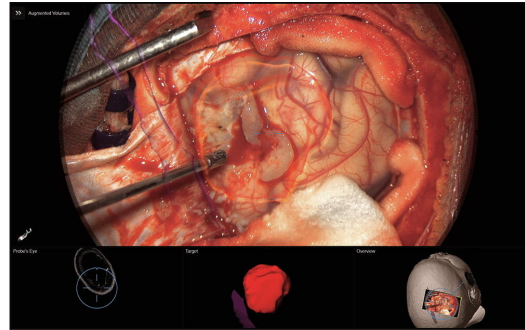


Rys. 1.13: Przykładowy schemat przejść pomiędzy różnymi układami współrzędnych w systemie optycznym [15].

relatywne położenie tychże modeli względem siebie. Rejestrowana scena jest w pełni trójwymiarowa, co umożliwia zmianę kąta prezentacji w każdym momencie.

1.3.3 Kalibracja systemów nawigacji obrazowej

Kalibracja systemu śledzenia polega na wyznaczeniu macierzy transformacji pomiędzy poszczególnymi znacznikami, a śledzonymi narzędziami lub obrazem (rys. 1.13). Dzięki możliwości śledzenia położenia znacznika względem kamery możliwe jest również określenie położenia bryły sztywnej, do której ten marker jest przymocowany. Dzięki temu, że każdy marker ma inną geometrię przestrzenną, jest on identyfikowany jednoznacznie przez kamerę. Dzięki temu możliwe jest śledzenie kilku narzędzi (kilku markerów) w jednym momencie. Klasycznym układem stosowanym przy nawigacji zabiegów z wykorzystaniem USG jest śledzenie markera umieszczonego na głowicy, co umożliwia zorientowanie rejestrowanego obrazu USG w układzie współrzędnych kamery. Algorytmy kalibracyjne dostępne są w bibliotece PLUS. W niniejszej pracy do kalibracji



Rys. 1.14: Model guza nałożony na obraz z kamery podczas zabiegu neurochirurgicznego (po prawej) przy pomocy okularów HoloLens (po lewej) [22].

systemu wykorzystano aplikację fCal. Szczegółowy opis procedury przedstawiony jest w rozdziale 4.1.

1.3.4 Rzeczywistość rozszerzona

Wirtualna rzeczywistość (VR, *ang. virtual reality*) to dziedzina nauki, która zajmuje się tworzeniem cyfrowych modeli i umieszczaniem ich w wirtualnym środowisku. W medycynie może służyć do oceny różnych obszarów anatomicznych w celu diagnozy, planowania zabiegu lub też treningu chirurgicznego [5]. Wraz z rozwojem technologii wirtualnej rzeczywistości powstała możliwość połączenia jej ze światem zewnętrznym przy pomocy tzw. rzeczywistości rozszerzonej (AR, *ang. augmented reality*). Polega ona na nakładaniu cyfrowych treści na obserwowaną przez użytkownika przestrzeń przy pomocy okularów AR (rys. 1.14). Rzeczywistość rozszerzona musi spełniać trzy warunki: łączyć obiekty wirtualne i rzeczywiste w środowisku rzeczywistym, być interaktywna i w czasie rzeczywistym dopasowywać obiekty wirtualne do rzeczywistych [103]. Zastosowanie AR, zarówno w przemyśle jak i w medycynie, staje się coraz bardziej popularne ze względu na szeroki wachlarz możliwych do zaprezentowania informacji, które trudno przedstawić w inny sposób. Zastosowanie AR do treningu lub operacji chirurgicznych pozwala na nałożenie obrazów i informacji pochodzących z różnych badań, np. obrazowych, rozszerzając wiedzę chirurga o aspekty niewidoczne podczas klasycznego zabiegu.

2. Cele i metodyka pracy

2.1 Tezy i cel pracy

Na podstawie przeglądu literatury naukowej oraz zapotrzebowania środowiska medycznego na udoskonalenie procesu diagnostyczno-terapeutycznego raka gruczołu sutkowego sformułowano następującą **tezę główną**:

WYKORZYSTANIE NAWIGACJI OBRAZOWEJ PODCZAS BADAŃIA ULTRASONOGRAFICZNEGO UMOŻLIWIA SEGMENTACJĘ I ORIENTACJĘ PRZESTRZENNĄ TRÓJWYMIAROWEGO MODELU ZMIANY PATOLOGICZNEJ W OPARCIU O DWUWYMIAROWE OBRAZY ULTRASONOGRAFICZNE TYPU B.

Aby zweryfikować powyższą tezę główną konieczne jest potwierdzenie dwóch tez pomocniczych o następującej treści:

MOŻLIWA JEST WIARYGODNA PÓLAUTOMATYCZNA SEGMENTACJA ZMIANY PATOLOGICZNEJ NA DWUWYMIAROWYM OBRAZIE ULTRASONOGRAFICZNYM Z WYKORZYSTANIEM RÓŻNYCH METOD SZTUCZNEJ INTELIGENCJI (teza pomocnicza nr 1).

WYKORZYSTANIE INFORMACJI O CZASIE REJESTRACJI OBRAZU USG POPRAWIA JAKOŚĆ REKONSTRUKCJI WOLUMENU W PRZYPADKU OBIEKTÓW ZMIENIAJĄCYCH SWOJE POŁOŻENIE PODCZAS ŚLEDZENIA (teza pomocnicza nr 2).

Potwierdzenie tezy głównej będzie możliwe dzięki

OPRACOWANIU METODYKI PÓLAUTOMATYCZNEJ TRÓJWYMIAROWEJ SEGMENTACJI I REKONSTRUKCJI GUZÓW PIERSI W OPARCIU O SERIĘ ZORIENTOWANYCH PRZESTRZENNIE OBRAZÓW ULTRASONOGRAFICZNYCH,

co jest **celem niniejszej rozprawy.**

Elementy autorskie proponowanej metodyki przetwarzania obejmują:

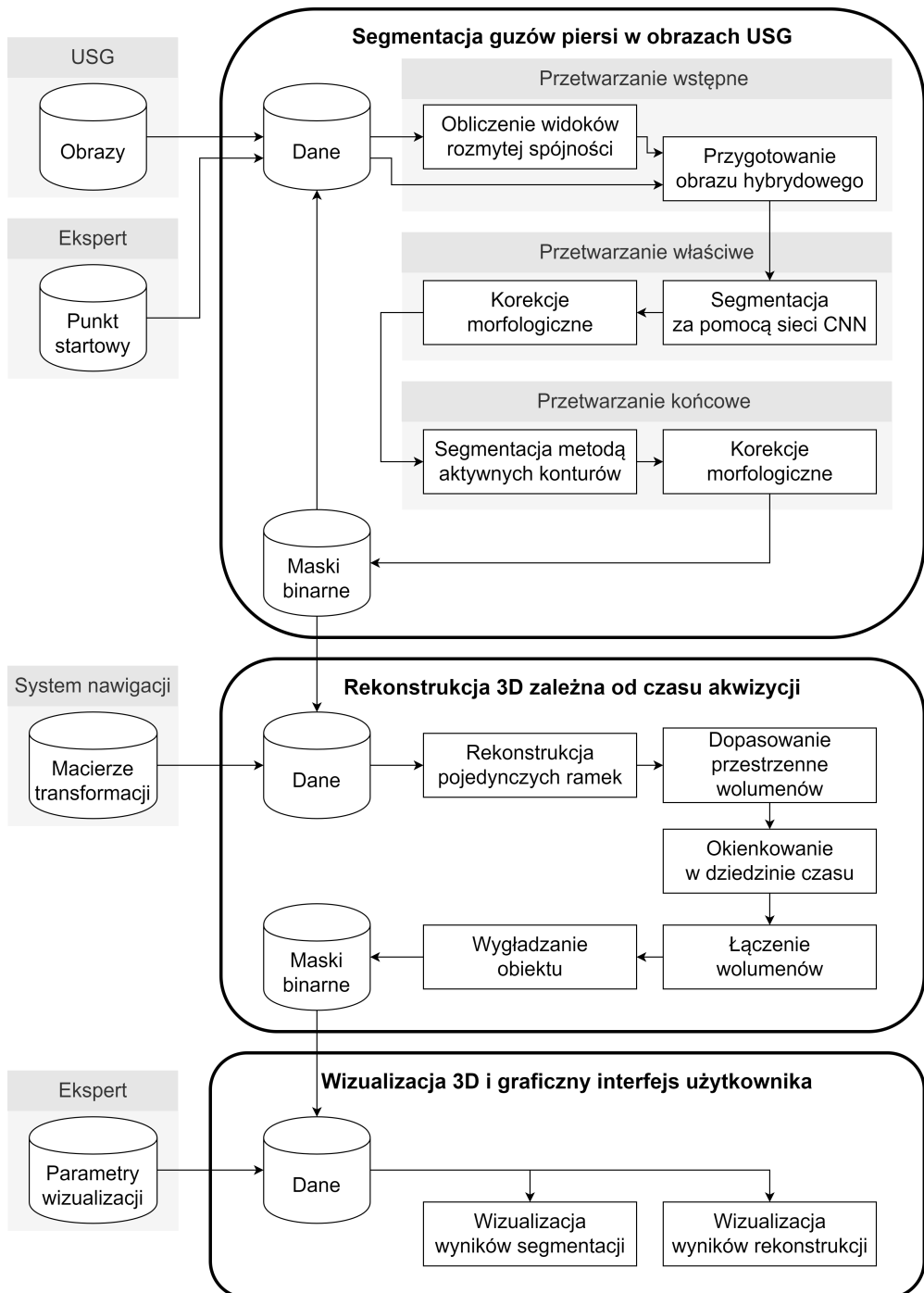
- opracowanie metody segmentacji zmian nowotworowych w oparciu o spłotowe sieci neuronowe, metodę aktywnych konturów i zmodyfikowaną metodę rozmytej spójności, służącą do generacji pseudokolorowych obrazów hybrydowych;
- opracowanie metody rekonstrukcji trójwymiarowej zależnej od czasu akwizycji obrazu (przez zależność od czasu akwizycji należy rozumieć zależność od momentu rejestracji danego obrazu USG);
- zaprojektowanie interaktywnego interfejsu graficznego umożliwiającego wizualizację powstałych trójwymiarowych modeli struktur.

2.2 Opis metodyki pracy

Ogólny schemat blokowy zastosowanej metodyki pracy przedstawiono na rys. 2.1.

Pierwszym etapem jest segmentacja dwuwymiarowa, czyli wyznaczenie obszaru patologicznego na każdym z dostępnych obrazów USG. Do zrealizowania tego kroku niezbędne jest wskazanie przez eksperta punktu startowego, określającego środek zmiany. Na etapie przetwarzania wstępnego obraz wejściowy poddawany jest analizie rozmytej spójności z autorską postacią funkcji rozmytego powinowactwa oraz z różnymi parametrami przetwarzania. Uzyskane widoki rozmytej spójności wraz z obrazem oryginalnym są składane w hybrydowy obraz pseudokolorowy poprzez umieszczenie w odpowiednich kanałach barwnych. Tak przygotowany obraz hybrydowy jest poddany segmentacji przy pomocy spłotowej sieci neuronowej. W pracy przebadano szereg architektur ustawień parametrów uczenia. Uzyskana na wyjściu sieci maska binarna jest poddawana korekcyjnym operacjom morfologii matematycznej w celu wyeliminowania drobnych nieregularności. Kontur powstałej w ten sposób maski stanowi następnie kontur początkowy w segmentacji metodą aktywnych konturów. Skorygowany morfologicznie kontur wynikowy stanowi rezultat dwuwymiarowej segmentacji pojedynczego obrazu USG.

Przedstawioną powyżej metodykę stosuje się dla każdego z przetwarzanych obrazów w ramach iteracyjnej metody segmentacji sekwencji obrazów, nie tylko przekroju zawierającego punkt startowy. Aby ograniczyć konieczność wskazywania ręcznie większej liczby punktów startowych, czyli zminimalizować konieczność interakcji, iteracyjna metoda przetwarzania sekwencji obrazów wykorzystuje metodę propagacji punktów startowych na sąsiednie obrazy za pomocą określania centroidu zmiany na przetworzonym obrazie. W rezultacie, na podstawie pojedynczego punktu startowego uzyskuje się pełną segmentację zmiany nowotworowej w sekwencji obrazów USG.



Rys. 2.1: Ogólny schemat blokowy zastosowanej metodyki. Schemat dzieli się na trzy etapy, opisane w kolejnych rozdziałach rozprawy: segmentację guzów piersi w obrazach USG (rozdział 3), trójwymiarową rekonstrukcję zależną od czasu akwizycji (rozdział 4) i trójwymiarową wizualizację wyników (rozdział 5).

Drugi etap przetwarzania danych obejmuje autorską metodę trójwymiarowej rekonstrukcji zależnej od momentu akwizycji obrazu. Poza danymi obrazowymi niezbędnym elementem są informacje o położeniu tych obrazów w przestrzeni. Macierze transformacji pochodzące z poprawnie skalibrowanego systemu nawigacji obrazowej w połączeniu z maskami binarnymi pozwalają na umieszczenie tych masek w przestrzeni trójwymiarowej. Pierwszym krokiem rekonstrukcji jest dopasowanie ramek (obrazów USG wraz z macierzą transformacji) do jednego układu współrzędnych. Następnie wybierane są maski spełniające zadane kryteria odległości czasowej (maksymalna różnica w czasie rejestracji poszczególnych ramek). Wybrane ramki zorientowane przestrzennie łączone są w jeden wolumen z określoną wagą. Im większa odległość czasowa od środkowej ramki, tym mniejsza waga maski. Powstała w ten sposób rozmyta mapa przedstawia prawdopodobieństwo występowania zmiany patologicznej w danym momencie w przestrzeni 3D. Mapa ta jest następnie wygładzana w celu usunięcia artefaktów na granicach zmiany.

Trzeci etap obejmuje trójwymiarową wizualizację rezultatów analizy z wykorzystaniem opracowanego interfejsu graficznego. Możliwa jest wizualizacja wyników w postaci dwuwymiarowej lub modeli trójwymiarowych, w obydwu przypadkach w zależności od czasu akwizycji. Aplikacja umożliwia użytkownikowi sterowanie parametrami wizualizacji w celu lepszego uwidocznienia wybranych elementów. Należy dodać, że interfejs pozwala również na ingerencję w wybrane ustawienia poszczególnych metod składowych metodyki segmentacji i rekonstrukcji, np. metody aktywnych konturów.

2.2.1 Narzędzia informatyczne i sprzętowe

Segmentacja obrazów USG oraz przygotowanie graficznego interfejsu użytkownika aplikacji do wizualizacji były przeprowadzone w środowisku Matlab (wersja R2021b, pakiety Image Processing Toolbox, Deep Learning Toolbox, Computer Vision Toolbox) na stacji roboczej z 12-rdzeniowym procesorem AMD Ryzen 9, taktowanym z częstotliwością 3.09 GHz, pamięcią RAM 32GB i kartą graficzną NVIDIA TITAN RTX 24GB.

Do rekonstrukcji trójwymiarowej wykorzystano oprogramowanie OpenIGTLink [110] (wersja 2.0), Slicer 3D [60] (wersja 5.0.2) oraz bibliotekę PLUS [64] (wersja 2.4). System nawigacji obrazowej kalibrowano stosując aplikację fCal [84].

2.3 Układ rozprawy

Niniejsza rozprawa w rozdziale 1 zawiera wprowadzenie do zagadnień związanych z rakiem piersi, diagnostyką obrazową oraz systemami nawigacji. W rozdziale 2 wskazano cel i postawiono tezy pracy, a także nakreślono szkic zastosowanej autorskiej metodyki przetwarzania danych. Rozdział 3 zawiera szcze-

gółowy opis metod segmentacji dwuwymiarowej oraz przetwarzania sekwencji obrazów USG. Opis stosowanych rozwiązań jest w każdym przypadku poprzedzony krótkim wprowadzeniem teoretycznym. W rozdziale 4 przedstawiono metodę rekonstrukcji zależną od czasu akwizycji, opisując również proces kalibracji systemu nawigacji obrazowej. Rozdział 5 poświęcono opisowi modułu wizualizacji rezultatów segmentacji i rekonstrukcji zmiany patologicznej gruczołu sutkowego. W rozdziale 6 obszernie opisano trzy przeprowadzone eksperymenty z podziałem na poszczególne testy opisanych wcześniej metod oraz poddano szczegółowej dyskusji uzyskane wyniki. Wnioski z przeprowadzonych badań, wskazanie ograniczeń metody i planów rozwoju oraz podsumowanie rozprawy zawiera rozdział 7. W Dodatku A podano szczegółowe wyniki numeryczne wybranych eksperymentów.

3. Segmentacja guzów piersi w obrazach ultrasonograficznych

Segmentacja jest kluczowym etapem przetwarzania obrazu i rozpoznawania wzorców. Polega na podziale obrazu na obszary homogeniczne pod względem wybranego kryterium w taki sposób, aby były one możliwie różne od siebie [80]. Taki podział przypomina ten, którego podświadomie dokonuje ludzki mózg, przetwarzając sygnały pochodzące z oka. Dzięki niemu możliwe jest rozróżnienie poszczególnych obiektów znajdujących się w polu widzenia.

Najczęściej pierwszym krokiem w budowie systemów wspomagających diagnostykę obrazową lub terapię pod kontrolą obrazową jest możliwie precyzyjne określenie położenia, kształtu i granic obiektu w regionie zainteresowania. Krok ten często definiuje jakość całego systemu, ponieważ błędne założenia początkowe prowadzą do błędnych wyników. Do segmentacji różnego rodzaju obrazów stosowane są odpowiednio dobrane metody. Wśród obrazów medycznych wykorzystuje się algorytmy odpowiednie dla przetwarzanej modalności, np. jasności piksela określonej przez jednostki Hounsfielda w tomografii komputerowej, czy też echogeniczność tkanki w ultrasonografii.

Segmentacja jest jednym z trudniejszych zadań, ponieważ często wymaga kontekstowego przetwarzania obrazu. Z tego względu obecnie popularność zyskały systemy bazujące na sztucznych sieciach neuronowych [32]. Rozwiązanie to inspirowane jest naturalnymi metodami propagacji sygnałów elektrycznych w mózgu. Pierwsze sztuczne sieci neuronowe składały się z niewielkiej liczby jednostek (neuronów) połączonych w warstwy i służyły do rozwiązywania nieskomplikowanych jednowymiarowych problemów klasyfikacyjnych. Rozwój tego typu algorytmów limitowany był ograniczeniami sprzętowymi czy złożonością obliczeniową.

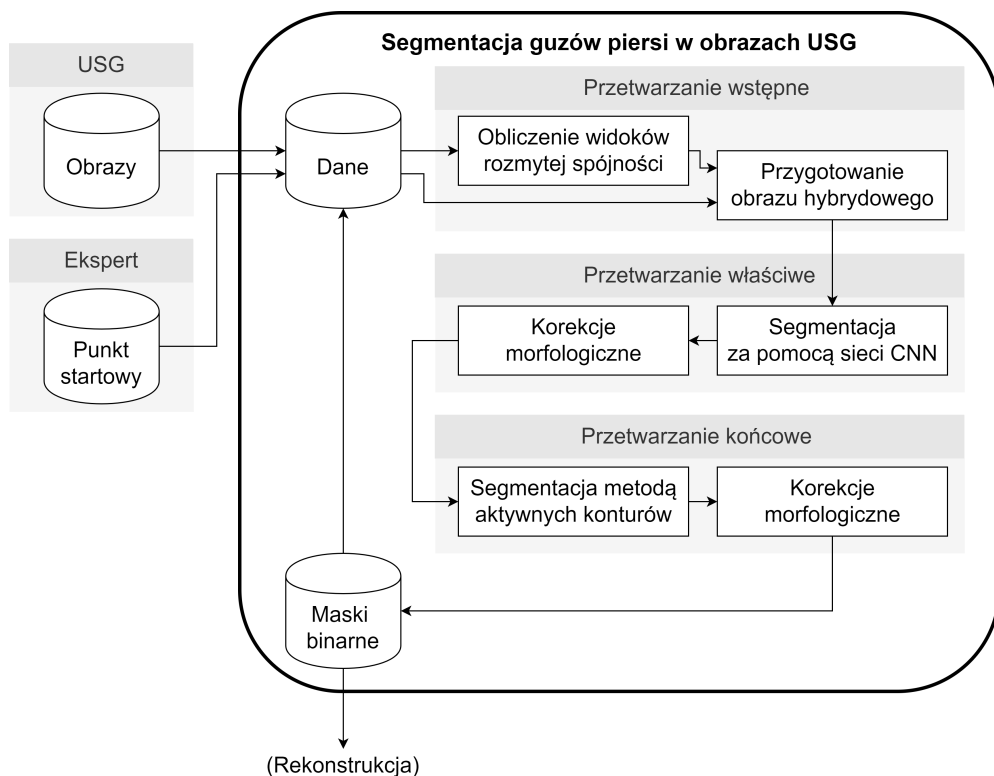
Używane obecnie powszechnie do segmentacji tzw. głębokie sieci neuronowe (ang. *deep neural networks*) obejmują wiele warstw składających się z milionów neuronów [68, 71]. Wykorzystanie kart graficznych do obliczeń równoległych spowodowało gwałtowny wzrost wydajności i umożliwiło uczenie modeli sieci,

które przyjmują na wejściu sygnały wielowymiarowe, na przykład obrazy. W takich modelach każdy z pikseli traktowany jest jako osobne wejście, jednak wielowymiarowe warstwy ukryte pozwalają na zachowanie informacji o ich położeniu względem siebie. Dzięki temu możliwe jest efektywne rozpoznawanie obiektów w obrazie z wykorzystaniem modelu, który został wcześniej odpowiednio przygotowany. Trening modelu opiera się na wielokrotnym wprowadzaniu danych uczących na jego wejście, obliczaniu błędu popełnianego przez sieć na podstawie etykiet dostarczonych przez eksperta oraz modyfikacji wag poszczególnych neuronów w celu zminimalizowania tego błędu.

Trudne w interpretacji przez człowieka obrazy, jakimi z pewnością są obrazy USG, stanowią również wyzwanie dla algorytmów segmentacji. Zgodnie z literaturą naukową obrazy USG guzów piersi segmentowane są za pomocą różnego rodzaju metod bazujących m.in. na progowaniu, algorytmach wododziałowych, grafach, klasteryzacji, aktywnych konturach, analizie regionów, losowych polach Markowa i klasycznych sieciach neuronowych [49, 74]. Wiele z opisanych metod wskazuje na niską jakość segmentacji w przypadku, kiedy analizowane obrazy charakteryzują się wysokim poziomem zaszumienia. Metody, które lepiej radzą sobie z szumem wymagają z kolei interakcji z użytkownikiem lub są bardzo złożone obliczeniowo, co przekłada się na czas uzyskania wyniku. Najnowsze prace skupiają się na wykorzystaniu uczenia głębokiego [1, 20, 53, 72, 101, 128], choć co najmniej równie często jak do segmentacji jest ono wykorzystywane do problemów klasyfikacyjnych. Jednym z nowych podejść jest zastosowanie mechanizmów uwagi (ang. *attention*) [69, 92] czy logiki rozmytej wspomagającej sieć splotową [47]. Ciekawym przykładem naśladowania zachowania człowieka przez algorytmy segmentacji są prace przedstawione przez Vakanskiego [114] oraz Chena [20], którzy z powodzeniem zaprojektowali splotową sieć wykorzystującą mapę istotności (ang. *saliency map*) do segmentacji guzów piersi w obrazach USG. Zwraca uwagę również praca Yanga [126] oparta na sieci głębokiej typu transformer z mechanizmem uwagi, której wyniki segmentacji są najlepsze spośród badań wykorzystujących publiczne referencyjne bazy danych obrazów USG (współczynnik Dice'a nie niższy niż 0,84).

Metody segmentacji obrazu mogą być ze sobą łączone kaskadowo, równoległe lub hybrydowo [122, 123]. Żadna z metod segmentacji nie daje stuprocentowej skuteczności dla wszystkich przypadków. Każda z nich wykorzystuje inne cechy obrazu, co w konsekwencji daje różne wyniki w zależności od rozpatrywanego problemu. Połączenie metod daje możliwość skorygowania wyniku jednej metody (np. skutecznie segmentującej ogólny zarys obiektu) o elementy, które dokładniej przedstawione są za pomocą innej metody segmentacji (np. dokładne wyznaczenie granic obiektu na podstawie przybliżonego kształtu).

W niniejszej pracy wykorzystano metodę splotowych sieci neuronowych (ang. *convolutional neural network*, CNN) wspomaganą metodą rozmytej spójności (ang. *fuzzy connectedness*, FC) i aktywnym konturem (ang. *active contour*,



Rys. 3.1: Schemat blokowy metodyki segmentacji proponowanego algorytmu.

AC). Głębokie sieci neuronowe, jako wiodąca metoda w kontekstowej analizie obrazów, rozpoznają potencjalne obszary patologiczne, a cechy uwypuklone przez widoki rozmytej spójności pozwalają na wybór wskazanej przez eksperta struktury spośród innych podejrzanych obszarów. Zastosowanie metody aktywnych konturów pozwala na skorygowanie granic guza wstępnie wskazanego przez sieć. Rys. 3.1 przedstawia schemat blokowy części metodyki odpowiedzialnej za segmentację pojedynczych dwuwymiarowych obrazów ultrasonograficznych. W ramach przetwarzania wstępnego przygotowany jest hybrydowy obraz pseudokolorowy za pomocą metody FC. Obraz ten stanowi następnie dane wejściowe sieci CNN w głównym etapie segmentacji. Rezultat działania sieci podlega korekcie metodą ewolucji aktywnego konturu. Szczegóły metodyki wraz ze stosownymi wprowadzeniami teoretycznymi są przedmiotem kolejnych podrozdziałów rozprawy.

3.1 Przetwarzanie wstępne wykorzystujące obrazy pseudokolorowe i rozmytą spójność

3.1.1 Metoda rozmytej spójności

Obiekty zawierające się w obrazach, szczególnie ultrasonograficznych, często charakteryzują się rozmytymi lub nieciągłymi granicami. Poza cechami samego obrazu istotna jest również subiektywna ocena radiologa wyznaczającego granice zmiany. Z tego powodu naturalnym wydaje się rozmyty opis przynależności każdego z pikseli do szukanego obiektu lub tła, który określa stopień tej przynależności w przedziale $(0, 1)$. Im większa wartość przynależności tym większe prawdopodobieństwo, że dany piksel należy do obiektu. W przypadku rozważania większej liczby obiektów suma przynależności pikseli do każdego z nich (lub do tła) wynosi 1.

Metodą stosunkowo szeroko stosowaną do określenia stopnia przynależności piksela lub woksela do wybranej klasy jest metoda rozmytej spójności zaproponowana w [111, 112]. Polega ona na wyznaczaniu widoków rozmytej spójności, odzwierciedlających podobieństwo sąsiadujących pikseli pod względem wybranych cech (funkcji powinowactwa). W przypadku obrazów cechami tymi może być np. wartość intensywności lub położenie piksela [94]. Następnie arbitralnie lub adaptacyjnie na podstawie wartości funkcji powinowactwa określany jest próg, powyżej którego piksel uznawany jest za należący do obiektu. Wyznaczanie widoków rozmytej spójności dla punktu startowego uwzględnia możliwe ścieżki pomiędzy tym punktem, a punktem docelowym. W tym celu wykorzystuje się programowanie dynamiczne lub algorytmy przeszukiwania grafów, np. algorytm Dijkstry wyszukujący najkrótszą ścieżkę pomiędzy pikselami, które można traktować jak wierzchołki grafu.

Algorytm ten, zaprojektowany przez holenderskiego naukowca Edsgera Dijkstrę, jest powszechnie stosowany w różnych dziedzinach nauki, m.in. w transporcie [12, 93], geografii [35], informatyce [76], a także w przetwarzaniu obrazów [45]. Pozwala on na znalezienie optymalnej ścieżki pomiędzy dwoma wierzchołkami grafu o nieujemnych wagach krawędzi [89]. Poczynając od wybranego wierzchołka, analizowane są ścieżki pomiędzy nim, a innymi wierzchołkami. Wybierana jest najkrótsza ze ścieżek, a wierzchołek, do którego prowadzi, oznaczany jest jako odwiedzony, natomiast długość wybranej ścieżki zapisywana jest jako najkrótsza. Następnie wybierany jest kolejny wierzchołek analogicznie do wierzchołka początkowego i w przypadku znalezienia krótszej drogi pomiędzy wierzchołkami wartości te są nadpisywane. Działanie algorytmu kończy się, gdy na liście wierzchołków do odwiedzenia nie pozostaje żaden wierzchołek. Analizowanie jedynie najkrótszych połączeń pomiędzy wierzchołkami pozwala na pominięcie dłuższych tras, co w przypadku grafu o wielu wierzchołkach ma duże znaczenie w skróceniu czasu otrzymania optymalnego wyniku.

Algorytm Dijkstry znalazł zastosowanie w przetwarzaniu obrazów dzięki temu, że każdy z pikseli obrazu może być traktowany jako wierzchołek grafu, a różnica pomiędzy intensywnościami kolejnych pikseli ścieżki reprezentuje odległość (lub też „koszt”) przejścia pomiędzy nimi. W połączeniu z metodą rozmytej spójności pozwala on na wyznaczanie widoków rozmytej spójności przedstawiających mapę podobieństwa pikseli w przestrzeni wybranych cech.

3.1.2 Obrazy pseudokolorowe

Obrazy barwne zapisywane są w postaci macierzy trójwymiarowej, gdzie każdy piksel obrazu reprezentowany jest przez zestaw liczb. W najczęściej spotykanej przestrzeni barw RGB (ang. *red, green, blue*) zestaw ten składa się z trzech wartości odpowiadających kolejno kolorowi czerwonemu, zielonemu i niebieskiemu. Takie przedstawienie kolorów naśladuje postrzeganie naturalne dla ludzkiego oka. Przestrzeń RGB może jednak zostać przekształcona do innych przestrzeni kolorów w sposób liniowy lub nieliniowy. Jedną z częściej stosowanych w przetwarzaniu obrazów jest przestrzeń barw HSV (ang. *hue, saturation, value*), gdzie w kolejnych kanałach zapisuje się składowe odcienia i nasycenia barwy i poziomu jasności. Innym systemem zapisu kolorów jest przestrzeń CIE $L^*a^*b^*$. W systemie tym pierwszą składową jest jasność (L^*) występująca w zakresie od 0 (kolor czarny) do 100 (kolor biały), drugą składową (a^*) jest położenie pomiędzy czerwonym (wartości ujemne) i zielonym (wartości dodatnie), natomiast trzecia składowa (b^*) odpowiada położeniu pomiędzy kolorem niebieskim (wartości ujemne) i żółtym (wartości dodatnie) [56].

Obrazy zapisane w wybranej przestrzeni barw mogą być wyświetlane jako tzw. obrazy pseudokolorowe. Każdemu pikselowi przypisywany jest wtedy kolor zgodny przyjętą tablicą kolorów [119]. Wartości w takiej tablicy mogą bazować nie tylko na wartościach z poszczególnych kanałów przestrzeni barw ale także na informacjach pozyskanych z innego źródła. Przykładem takich obrazów mogą być tzw. obrazy dopplerowskie, czyli obrazy USG z nałożonym kolorem odpowiadającym kierunkowi przepływu. W fazie wizualizacji przepływu dane surowe o prędkości przepływu są odpowiednio interpretowane i kodowane, a następnie wyświetlane w standardzie chromatycznym (np. RGB). Z punktu widzenia analizy danych należy uznać, że w trójkanałowym standardzie chromatycznym każdy punkt w przestrzeni (piksel) jest opisany trzema wartościami liczbowymi (cechami), opisującymi jego własności w różnym ujęciu interpretacyjnym: może to być oryginalna intensywność obrazu bądź dowolna mapa cech z nim związana, np. kontekstowe wartości rozmytej spójności.

W niniejszej rozprawie zaproponowano autorską metodę tworzenia hybrydowych obrazów pseudokolorowych, na podstawie widoków rozmytej spójności. Obrazy te, analogicznie do obrazów RGB, składają się z oryginalnego obrazu w skali szarości w pierwszym kanale, oraz dwóch widoków rozmytej spójności

w kanałach drugim i trzecim. Zastosowanie trzech kanałów pozwala na wyświetlanie obrazów pseudokolorowych za pomocą ogólnodostępnych narzędzi i ich wizualną ocenę przez obserwatora.

3.1.3 Specyfikacja przetwarzania wstępnego

Pierwszym krokiem autorskiej metody segmentacji zaproponowanej w niniejszej pracy jest stworzenie obrazu hybrydowego na podstawie widoków rozmytej spójności. W celu uwydatnienia cech obrazu oryginalnego (w skali szarości o rozmiarach $N \times M \times 1$) dodano do niego dwa dodatkowe kanały, tworząc macierz o rozmiarach $N \times M \times 3$. Każdy z widoków powstał w oparciu o punkt startowy wskazany przez eksperta. Jest to punkt leżący w centralnej części zmiany patologicznej.

Do obliczenia widoków rozmytej spójności wykorzystano algorytm Dijkstry i zmodyfikowaną funkcję rozmytego powinowactwa pikseli $\mu(c, d)$. Kanoniczna postać tej funkcji wyrażona jest wzorem [94, 112]:

$$\mu(c, d) = w_1 e^{-\frac{0,5 \left(\frac{I_c + I_d}{2} - m_1 \right)^2}{s_1^2}} + w_2 e^{-\frac{0,5 (|I_c - I_d| - m_2)^2}{s_2^2}}, \quad (3.1)$$

gdzie I_d i I_c oznaczają wartości intensywności obrazu w punktach c i d , m_1 i m_2 to średnie wartości intensywności i średnie różnice intensywności tych punktów, natomiast s_1 i s_2 określają odchylenia standardowe średnich m_1 i m_2 powiększone o ich wartości. Wagi w_1 i w_2 określają wpływ składowych na wartość końcową funkcji μ ($w_1 + w_2 = 1$). Rozmyte powinowactwo μ wiąże ze sobą wyłącznie punkty c i d sąsiadujące ze sobą, jednak obliczenie na podstawie takich elementarnych relacji widoku rozmytej spójności (np. algorytmem Dijkstry) zwraca wartości spójności między każdym punktem d obrazu i punktem startowym o .

Ze względu na charakterystykę segmentowanego obiektu, który w większości przypadków jest obiektem zwartym i zajmuje stosunkowo niewielką część obrazu w porównaniu do tła, zaproponowano modyfikację funkcji rozmytego powinowactwa μ poprzez wprowadzenie dodatkowej zmiennej opisującej relację odległości między rozważanym punktem (pikselem d) a punktem startowym o . Przyjęto odległość euklidesową $dist(o, d)$:

$$dist(o, d) = \sqrt{(x_o - x_d)^2 + (y_o - y_d)^2}, \quad (3.2)$$

gdzie x_o i x_d to numery kolumn pikseli o i d w analizowanym obrazie, a y_o i y_d wskazuje na numery wierszy tych pikseli w obrazie. Odległość $dist$ jest



Rys. 3.2: Znormalizowana mapa odległości od punktu startowego. Kolorem białym zaznaczono punkt startowy o o wartości 1, ciemniejsze odcienie wskazują na rosnącą odległość od o .

następnie normalizowana względem wartości maksymalnej zgodnie ze wzorem:

$$dist_n(o, d) = 1 - \frac{dist(o, d)}{\max_e(dist(o, e))}. \quad (3.3)$$

Rozkład znormalizowanych wartości odległości $dist_n$ dla przykładowego punktu startowego c pokazano na rys. 3.2. Tak przygotowana mapa współczynników może zostać wykorzystana do modyfikacji wartości funkcji rozmytego powinowactwa (opisanej wzorem (3.1)) zgodnie z zależnością (3.4), gdzie w_3 określa wpływ zastosowanej modyfikacji na końcową wartość μ :

$$\mu(c, d) = w_1 e^{\frac{-0,5 \left(\frac{I_c + I_d}{2} - m_1 \right)^2}{s_1^2}} + w_2 e^{\frac{-0,5 (|I_c - I_d| - m_2)^2}{s_2^2}} + w_3 dist_n(o, d). \quad (3.4)$$

Dodanie trzeciej składowej powoduje relatywny wzrost wartości μ dla pikseli leżących w niewielkiej odległości na płaszczyźnie od punktu startowego i obniżenie tej wartości dla bardziej odległych pikseli. Zabieg ten pozwala na premiowanie obiektów w kształcie zbliżonym do koła.

Przedstawiona metodyka zakłada obliczenie widoków rozmytej spójności zgodnie z zależnością (3.4) dla różnych zestawów wag poszczególnych składowych. W szczególności, w celu uwypuklenia różnych cech zaproponowano wykorzystanie następujących zestawów wag $W = [w_1; w_2; w_3]$:

$$W_1 = [0, 8; 0, 1; 0, 1] \quad (3.5)$$

$$W_2 = [0, 1; 0, 8; 0, 1] \quad (3.6)$$

Wektor W_1 charakteryzuje się stosunkowo dużą wagą w_1 , dzięki czemu wypuklone zostają cechy związane ze średnimi wartościami intensywności, natomiast wektor W_2 pozwala na wyeksponowanie różnic intensywności, dzięki czemu obliczone widoki rozmytej spójności uzupełniają się wzajemnie. Dodanie ich do obrazu oryginalnego powoduje uwydatnienie niektórych informacji niewidocznych gołym okiem. Powstały hybrydowy obraz trójkanałowy można przedstawić w formie obrazu pseudokolorowego, w którym obraz oryginalny znajduje się w kanale czerwonym, a widoki rozmytej spójności odpowiednio w kanałach zielonym i niebieskim. Przykłady pseudokolorowych obrazów hybrydowych przedstawiono na rys. 3.3. Tak przygotowane obrazy stanowią bazę do dalszych etapów segmentacji.

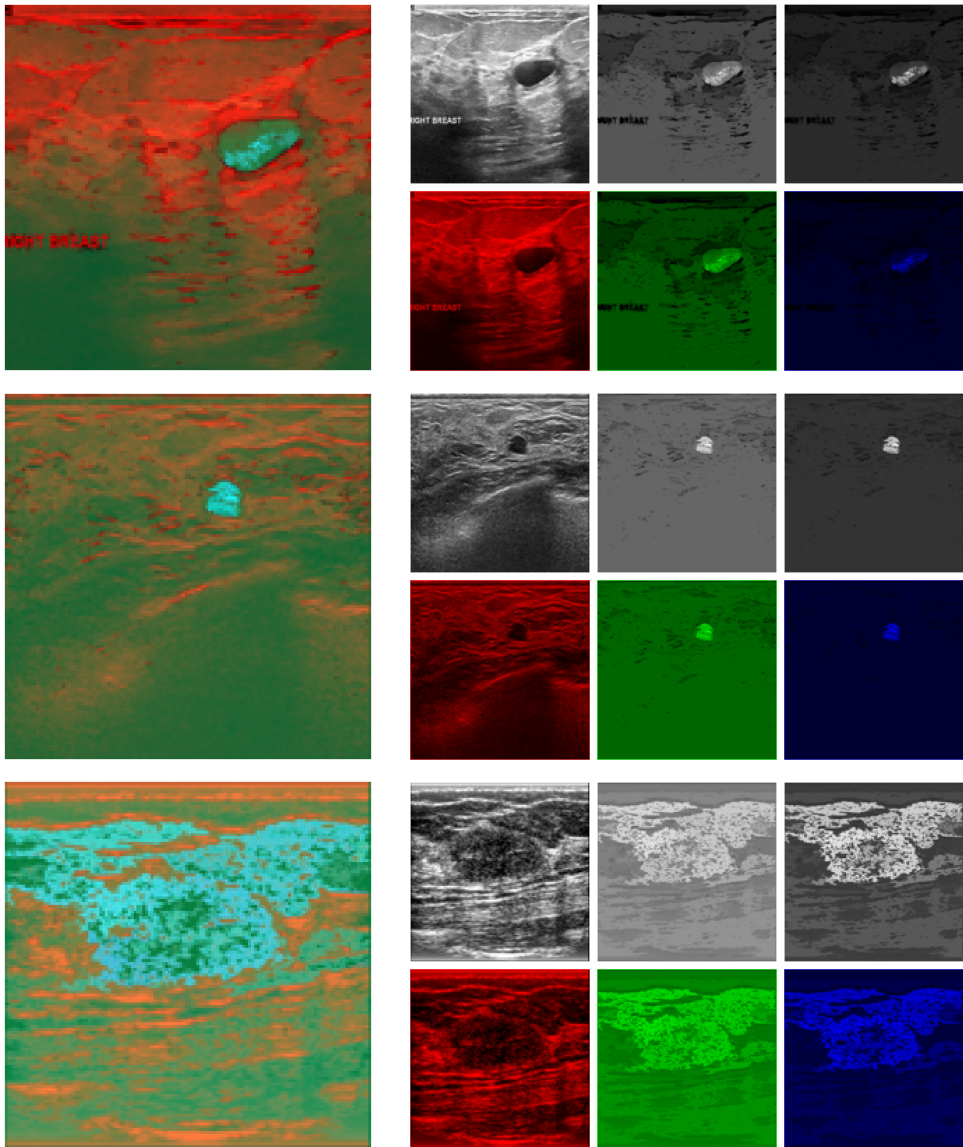
3.2 Segmentacja z wykorzystaniem splotowych sieci neuronowych

3.2.1 Splotowe sieci neuronowe

Splotowe sieci neuronowe obecnie uważane są za najszybciej rozwijającą się metodę segmentacji obrazów, także medycznych [2, 124]. Istnieje wiele sieci, które zostały wstępnie nauczone i udostępnione do dalszych badań (np. GoogLeNet [106], ResNet [42], VGG [99], DenseNet [50], AlexNet [63]). Większość z nich jest jednak przeznaczona do segmentacji lub klasyfikacji dwuwymiarowych obrazów barwnych. Różnią się one znacznie od sieci wykorzystywanych w przetwarzaniu obrazów medycznych, ponieważ obrazy te w większości są monochromatyczne i w zależności od modalności mogą składać się z jednej bądź wielu warstw. Projektowanie sieci polega na odpowiednim doborze warstw, ich parametrów i połączeń między nimi. Poniżej scharakteryzowano podstawowe typy warstw sieci głębokiej.

Warstwa wejściowa

Warstwa wejściowa pozwala na wprowadzenie obrazu (danych) do sieci w celu dalszego przetwarzania [24, 63]. W zależności od rozmiaru obrazu może mieć ona różne wielkości. Każdy neuron odpowiada jednemu pikselowi dla obrazów dwuwymiarowych lub wokselowi w przypadku danych trójwymiarowych. Możliwe jest także znormalizowanie danych wejściowych przed propagowaniem informacji do kolejnych warstw.



Rys. 3.3: Przykładowe hybrydowe obrazy pseudokolorowe. W każdym z trzech przypadków z lewej strony przedstawiono obraz hybrydowy, a z prawej obrazy składowe (od lewej): oryginalny oraz dwa widoki rozmytej spójności w wersji monochromatycznej oraz poniżej zmapowane do właściwego kanału barwnego.

Warstwa splotowa

Odpowiada ona za zasadniczą część przetwarzania. Działanie warstwy splotowej polega na filtrowaniu obrazu za pomocą filtrów liniowych o różnych parametrach. Operacja splotu liniowego (*) opisana jest wzorem (3.7), gdzie X

oznacza dane wejściowe, macierz C jest maską filtru, a B to wartości stałe (ang. *bias*):

$$Y = C * X + B. \quad (3.7)$$

W każdej warstwie splotowej zdefiniowana jest także liczba oraz rozmiar masek filtrów. Ich wagi najczęściej inicjalizowane są automatycznie. Proces uczenia sieci głębokiej polega na modyfikacji wag w warstwach splotowych. W każdej iteracji są one dostosowywane do danych treningowych w taki sposób, aby zminimalizować funkcję straty [39].

Warstwa aktywacji

Odpowiada za wprowadzenie nieliniowości do sieci [77]. Najczęściej jest typu ReLU (ang. *rectified linear unit*). Informacje propagowane przez tę warstwę są poddawana progowaniu w taki sposób, że wartości ujemne są zerowane, zgodnie ze wzorem:

$$f(x) = \begin{cases} x & \text{gdy } x \geq 0 \\ 0 & \text{gdy } x < 0. \end{cases} \quad (3.8)$$

Warstwa normalizacyjna

Normalizuje dane w każdej paczce obrazów dla każdego kanału filtracji osobno [52]. Najczęściej stosuje się je pomiędzy warstwą splotową, a warstwą aktywacji. Warstwa normalizacyjna w pierwszej kolejności normalizuje elementy x_i w każdym kanale poprzez odjęcie średniej wartości mini-paczki μ_B i dzielenie przez odchylenie standardowe σ_B , z uwzględnieniem stałej ϵ , zapewniającej stabilność obliczeń w przypadku kiedy odchylenie standardowe jest bliskie zera:

$$\hat{x}_i = \frac{x_i - \mu_B}{\sqrt{\sigma_B^2 + \epsilon}}, \quad (3.9)$$

gdzie \hat{x}_i jest wartością po pierwszym etapie normalizacji. Następnie \hat{x}_i skaluje się wykorzystując współczynnik skali γ i przesuwają się o składową stałą (ang. *offset*) β zgodnie ze wzorem:

$$y_i = \gamma \hat{x}_i + \beta \quad (3.10)$$

Offset β i współczynnik skali γ są parametrami, które są aktualizowane podczas uczenia sieci, zaś y_i jest wartością wyjściową przekazywaną do kolejnych warstw sieci.

Warstwa redukująca (głosująca)

Warstwa redukująca (ang. *pooling layer*) odpowiada za redukcję objętości sieci. Przetwarzanie polega na podzieleniu obrazu na okna o określonym wy-

miarze większym niż pojedynczy piksel i zamianie każdego z okien w pojedynczą wartość. Do najpopularniejszych warstw redukujących należy *max pooling*, gdzie zwracana jest maksymalna wartość w oknie oraz *average pooling*, gdzie obliczana jest wartość średnia [75]. Przykładowo, zastosowanie okna o rozmiarach 2x2 pozwala na czterokrotne zmniejszenie ilości danych przekazywanych kolejnej warstwie.

Warstwa porzucenia

Warstwa porzucenia (ang. *dropout layer*) pomaga w zapobieganiu przeuczeniu sieci. Jej działanie polega na zerowaniu wag sieci z określonym prawdopodobieństwem w trybie uczenia [104]. Podczas działania sieci w trybie predykcji wartości na wyjściu warstwy są równe wartościom wejściowym.

Warstwa nadpróbkująca

Często bywa mylnie nazywaną dekonwolucyjną. W architekturach typu U (ang. *encoder-decoder*) pozwala ona na powrót do pierwotnego, większego rozmiaru obrazu po zmniejszeniu przy pomocy warstwy konwolucyjnej [39, 43]. Wyjście warstwy Y obliczane jest według wzoru:

$$Y = C^T X + B, \quad (3.11)$$

gdzie C i B oznaczają maskę filtru oraz i wartości stałe (*bias*), a X oznacza dane wejściowe, analogicznie do warstwy splotowej.

Warstwa typu softmax

Znormalizowana funkcja wykładnicza, której celem jest normalizacja wyjścia sieci do rozkładu prawdopodobieństwa zgodnie z aksjomatem wyboru Luce'a [9]. Funkcja *softmax* przyjmuje jako dane wejściowe wektor liczb rzeczywistych i normalizuje go do rozkładu prawdopodobieństwa zgodnie z:

$$y(x)_i = \frac{e^{x_i}}{\sum_{j=1}^K e^{x_j}}, \quad (3.12)$$

gdzie x oznacza wartości wejściowe, y obliczoną wartość wyjściową, a K jest liczbą klas (wyjść warstwy).

Warstwa klasyfikacyjna

Interpretuje wyniki z warstwy *softmax* [9] i dokonuje klasyfikacji danych. Jest to ostatnia warstwa, w której na podstawie wartości prawdopodobieństwa

każdemu z pikseli lub wokseli przypisywana jest etykieta odpowiadająca wybranej klasie. W segmentacji w procesie uczenia wykorzystywana jest funkcja straty, najczęściej w postaci entropii krzyżowej:

$$CEL = -\frac{1}{M} \sum_{m=1}^M \sum_{k=1}^K w_k T_{km} \ln Y_{km} \quad (3.13)$$

lub uogólnionej funkcji bazującej na współczynniku Dice'a [27, 105]:

$$DL = 1 - \frac{2 \sum_{k=1}^K w_k \sum_{m=1}^M Y_{km} T_{km}}{\sum_{k=1}^K w_k \sum_{m=1}^M Y_{km}^2 + T_{km}^2}, \quad (3.14)$$

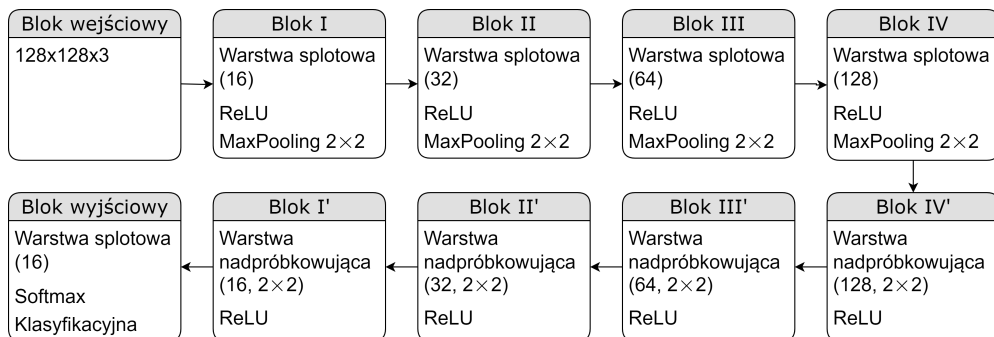
gdzie K jest liczbą klas, M jest liczbą elementów w pierwszych dwóch wymiarach Y (tu liczba pikseli obrazu), Y i T są macierzami przypisania pikseli m do klas k , odpowiednio z wyjścia sieci oraz opisu eksperckiego (ang. *ground truth*), a w_k jest współczynnikiem wagi k -tej klasy wpływającym na wartość funkcji straty (obydwie zależności podano dla pojedynczego obrazu). Współczynnik w_k zwykle jest odwrotnie proporcjonalny do wielkości segmentowanego obiektu, aby zrównoważyć wpływ obiektów różnej wielkości na wartości funkcji straty, np.:

$$w_k = \frac{1}{\left(\sum_{m=1}^M T_{km} \right)^2}. \quad (3.15)$$

3.2.2 Specyfikacja segmentacji z wykorzystaniem splotowych sieci neuronowych

Ze względu na specyfikę obrazów wykorzystanych do uczenia sieci splotowej zaprojektowano architekturę składającą się z kilku bloków zawierających zestaw warstw przetwarzających dane. Rys. 3.4 przedstawia schemat zastosowanej struktury sieci z czterema blokami splotowymi i czterema blokami nadpróbującymi. Szczegółowy opis doboru struktury sieci z uwzględnieniem rozwiązań alternatywnych przedstawiono wraz z wynikami i uzasadnieniem w rozdziale 6.1. Tab. 3.1 zawiera zestawienie ustawień oraz parametrów uczenia wraz z ich wartościami dobranymi eksperymentalnie.

Jako metodę optymalizacji wykorzystano metodę stochastycznego spadku gradientu z momentum (SGDM, ang. *stochastic gradient descent with momentum*). Wartość bezwładności wynosiła 0,95 ze względu na zachowanie stabilności procesu uczenia. Każda z trenowanych sieci została poddana 50 epokom uczenia. Za wartość początkowego współczynnika uczenia przyjęto 0,1. Zasto-



Rys. 3.4: Schemat proponowanej struktury sieci

Tab. 3.1: Specyfikacja ustawień i parametrów uczenia splotowej sieci neuronowej.

	Parametr	Wartość
	Rozmiar obrazu wejściowego	128×128
	Liczba warstw splotowych/nadpróbkowujących	4
	Liczba filtrów w warstwach splotowych/nadpróbkowujących	16/32/64/128
	Liczba wag sieci	531 890
	Metoda optymalizacji	SGDM
	Momentum	0,95
	Maksymalna liczba epok	50
	Początkowy współczynnik uczenia	0,1
	Współczynnik spadku tempa uczenia	0,7
	Krok spadku tempa uczenia	30
	Rozmiar mini-paczki	32
	Funkcja straty	DL

sowano również metodę korekcji współczynnika uczenia, zgodnie z którą co 30 epok następuje redukcja tego współczynnika o 70%. Pozwala to na szybszą zmianę wag neuronów w początkowej fazie uczenia, a następnie dostrojenie sieci w ostatnich epokach. Zastosowana kombinacja parametrów skutkuje szybkością uczenia na poziomie 0,1 w pierwszych 30 epokach oraz 0,07 w kolejnych 20. Wykorzystano również mechanizm podziału zbioru treningowego na mini-paczki (ang. *mini-batch*), składające się z 32 obrazów prezentowanych równolegle sieci podczas uczenia bez zmiany wag neuronów. Zastosowanie tej techniki pozwala na znaczne zminimalizowanie ryzyka oscylacji wag pod wpływem różnorodnych obrazów. Duży rozmiar mini-paczki skutkuje zwiększeniem potrzebnych do treningu zasobów sprzętowych, w szczególności zużycia pamięci RAM. Jako funkcję straty zastosowano uogólnioną funkcję bazującą na współczynniku Dice'a (3.14).

W eksperymentach stosowanych w niniejszej pracy stosowano schemat N -

krotnej walidacji krzyżowej dla $N = 5$ (szczegóły podano w rozdziale 6.1). Oznacza to, że w pojedynczym eksperymencie ok. 20% wszystkich dostępnych obrazów stanowiło zbiór testowy. Z pozostałych 80% danych wydzielano 1/16 obrazów jako zbiór walidacyjny, a resztę stanowił zbiór treningowy.

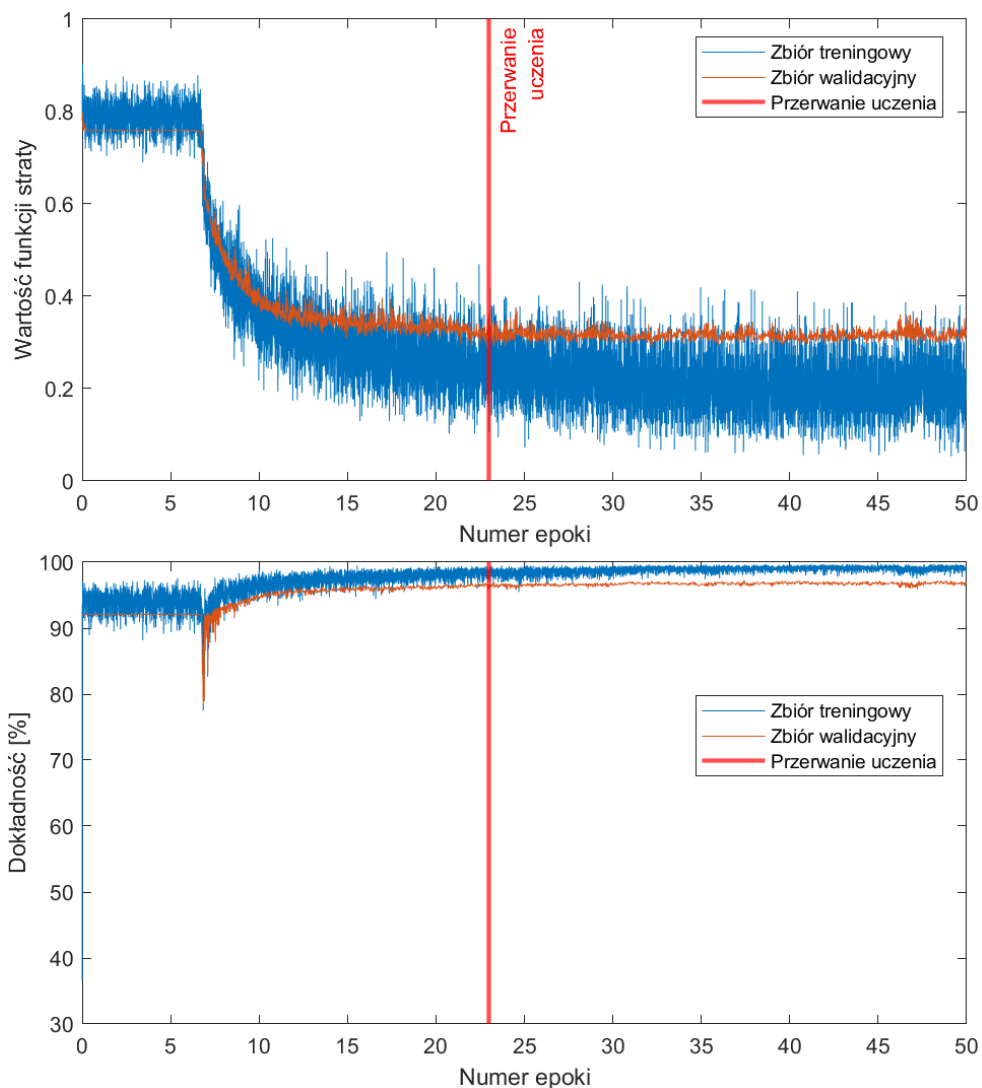
W celu uniknięcia przeuczenia głębokiej sieci neuronowej często stosowana jest tzw. augmentacja, czyli rozszerzenie zbioru danych uczących. W niniejszej pracy została ona zrealizowana poprzez zastosowanie przekształceń afinicznych w przestrzeni dwuwymiarowej. Każdy z obrazów ze zbioru treningowego został poddany następującym przekształceniom dziewięciokrotnie:

- przesunięcie w osi X o losową liczbę pikseli z zakresu $\langle -20, 20 \rangle$,
- przesunięcie w osi Y o losową liczbę pikseli z zakresu $\langle -20, 20 \rangle$,
- rotacja o losowy kąt z zakresu $\langle -5, 5 \rangle$ stopni,
- odbicie względem osi Y z 50-procentowym prawdopodobieństwem.

Ze względu na specyfikę obrazów ultrasonograficznych nie przeprowadzono odbicia względem osi X w celu zachowania orientacji przestrzennej obrazu względem głowicy. Zastosowano także niewielki kąt obrotu dla zachowania charakterystycznych poziomych linii obrazujących włókna tkanki. Zastosowanie augmentacji pozwoliło na uzyskanie dziesięciokrotnie większej bazy obrazów w zbiorze treningowym. Augmentacji nie poddano zbiorów walidacyjnego i testowego w celu zachowania oryginalnych obrazów weryfikujących zastosowaną metodę.

Podczas uczenia każdej z sieci zapisywano pośrednie wagi neuronów, a jako rezultat uczenia przyjęto sieć z najniższą wartością funkcji straty dla zbioru walidacyjnego. Zabieg ten przeciwdziała przeuczeniu sieci, czyli pozwala na przerwanie uczenia zanim wagi dopasują się do konkretnych obrazów w zbiorze treningowym, a sieć straci zdolność do uogólniania informacji. Na rys. 3.5 przedstawiono przykładowe przebiegi wartości funkcji straty oraz odpowiadające im wartości dokładności dla poszczególnych epok uczenia.

Wynik segmentacji zmiany nowotworowej uzyskany na wyjściu sieci CNN jest poddawany szeregowi morfologicznych operacji korygujących. W pierwszym kroku zastosowano rekonstrukcję morfologiczną, wykorzystującą ośmiosąsiedztwo i punkt startowy wskazany wcześniej przez eksperta w celu eliminacji innych struktur, np. naczyń krwionośnych lub cieni akustycznych, które mogłyby zostać błędnie zaklasyfikowane jako obszar patologiczny. Następnie zalewane są dziury w masce binarnej, a krawędzie wygładzane przy pomocy operacji domknięcia morfologicznego (rys. 3.6). Tak przygotowana maska stanowi kontur początkowy dla metody aktywnych konturów.

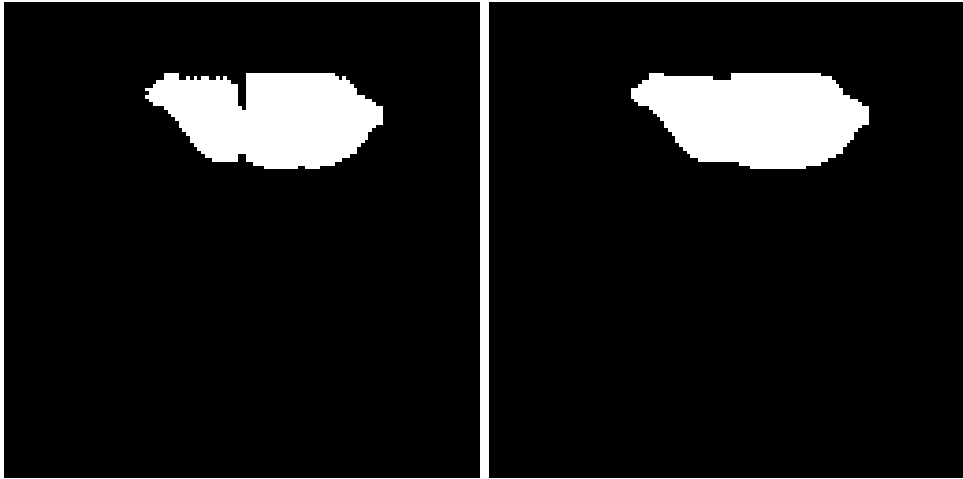


Rys. 3.5: Wykres funkcji straty i dokładności uczenia dla zbioru treningowego i walidacyjnego. Czerwoną linią zaznaczono iterację, w której wartość funkcji straty dla zbioru walidacyjnego była najniższa w całym przebiegu.

3.3 Segmentacja końcowa z wykorzystaniem aktywnych konturów

3.3.1 Metoda aktywnych konturów

Podstawowym założeniem metody aktywnych konturów jest sukcesywna modyfikacja krzywej (konturu) w taki sposób, aby możliwe było wykrycie obiektu



(a) Maska binarna po etapie segmentacji (b) Maska binarna z (a) po korekcji morfolologicznej.

Rys. 3.6: Przykładowa maska binarna przed i po zastosowaniu korekcyjnych operacji morfologicznych.

w obrazie, w którego przestrzeni umieszczona jest krzywa. Jednym z części wykorzystywanych modeli jest tzw. model węża (ang. *snake*) [59]. Jest to kontur o minimalnej energii E obliczanej zgodnie z równaniem:

$$E = E_{wew} + E_{zew}, \quad (3.16)$$

gdzie E_{wew} i E_{zew} to odpowiednio wewnętrzna i zewnętrzna energia konturu.

Energia wewnętrzna wyrażona jest wzorem:

$$E_{wew} = \frac{1}{2} \int_0^1 \left\{ \alpha \left[\left(\frac{dX(s)}{ds} \right)^2 + \left(\frac{dY(s)}{ds} \right)^2 \right] + \beta \left[\left(\frac{d^2X(s)}{ds^2} \right)^2 + \left(\frac{d^2Y(s)}{ds^2} \right)^2 \right] \right\} ds. \quad (3.17)$$

Parametry α i β definiują zachowanie modelu wpływając na jego odporność na rozciąganie i sztywność. Druga składowa energii modelu — energia zewnętrzna — wyrażona jest równaniem:

$$E_{zew} = - \int_0^1 f(X(s), Y(s)) ds, \quad (3.18)$$

gdzie wartość funkcji $f(x, y)$ związana jest z gradientem obrazu I :

$$f(x, y) = |\nabla I(x, y)|^2. \quad (3.19)$$

Geodezyjny aktywny kontur

Istnieje wiele wariantów oryginalnej idei aktywnego konturu. Jednym z nich jest kontur geodezyjny, zwany krawędziowym (ang. *geodesic active contour*, *GAC*) [16]. Caselles i współpracownicy zauważyli, że klasyczny model aktywnego konturu zachowuje topologię konturu początkowego, która niekoniecznie jest właściwa dla konturu wynikowego. Wykorzystując obliczenia odległości w przestrzeni Riemanna (odległości definiowane jako długości najkrótszej krzywej zawartej w rzeczywistej rozmaitości różniczkowej M) możliwe jest znalezienie najkrótszej krzywej w przestrzeni euklidesowej, która bierze pod uwagę charakterystykę obrazu. Inaczej mówiąc, możliwe jest znalezienie krawędzi w obrazie poprzez wprowadzenie odpowiednich wag dla rozważanych krzywych w przestrzeni euklidesowej. Zastosowanie konturu geodezyjnego wymaga użycia detektora krawędzi, którego skuteczność dla badanych obrazów bezpośrednio wpływa na zdolność konturu (węża) do zatrzymania się w pobliżu wykrytej krawędzi. W przypadku zastosowania nieodpowiedniego dla konkretnego typu obrazów detektora istnieje możliwość przekroczenia przez kontur rzeczywistej krawędzi, co w efekcie prowadzi do nadsegmentacji obiektu.

Metoda Chan-Vese

Zauważono, że opisanie wcześniej metody nie dają zadowalających rezultatów w przypadku obrazów zaszumionych. Z tego powodu powstał kolejny wariant aktywnego konturu zaproponowany przez Chan i Vese [18]. Opiera się on na wykorzystaniu metody zbiorów poziomicowych (ang. *level set*) i funkcjonału Mumforda–Shaha zamiast lub oprócz gradientu obrazu. Dzięki temu możliwe jest wykrywanie obiektów o nieciągłych lub rozmytych krawędziach. Dodatkowo, kontur początkowy może znajdować się zarówno wewnątrz jak i na zewnątrz obiektu. Minimalizowana energia zdefiniowana jest jako wagi odpowiadające sumie różnic intensywności od średniej wartości na zewnątrz konturu, sumie różnic intensywności od średniej wartości wewnątrz konturu oraz parametrowi zależnemu od jego długości.

3.3.2 Specyfikacja segmentacji z wykorzystaniem aktywnych konturów

Ze względu na popularność i skuteczność metody aktywnego konturu w przetwarzaniu obrazów ultrasonograficznych wykorzystano ją do poprawy wyników wstępnej segmentacji metodą CNN [37]. W zastosowanym algorytmie eksperymentalnie dobrano parametry modelu (tab. 3.2): typ modelu, liczbę iteracji

Tab. 3.2: Zestawienie zastosowanych ustawień i parametrów metody aktywnych konturów.

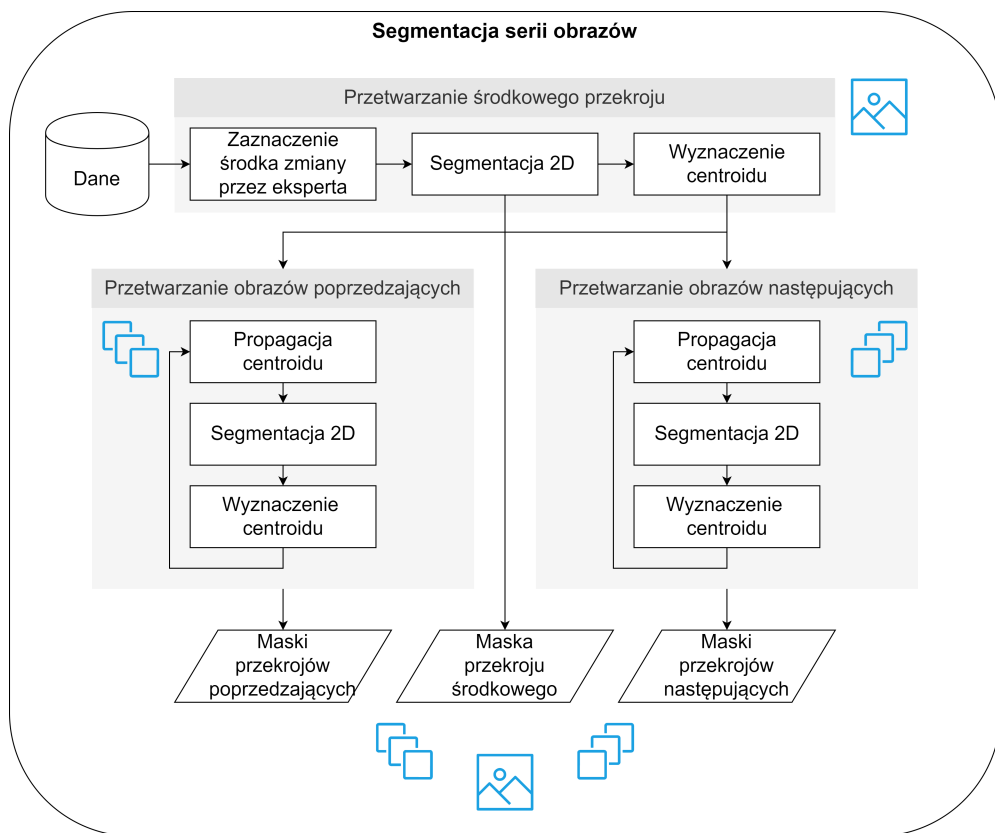
Parametr	Wartość
Model	Chan-Vese
Liczba iteracji	7
Współczynnik kurczliwości CB	-0,6
Współczynnik wygładzania SF	4,0

ewolucji, współczynnik kurczliwości CB (ang. *contraction bias*) i współczynnik wygładzania SF (ang. *smooth factor*). Szegółową analizę zastosowanych parametrów prowadzącą do przyjętych ustawień zamieszczono w rozdziale 6.1.8.

Maska binarna otrzymana w wyniku ewolucji aktywnego konturu podlega sekwencji korekcyjnych operacji morfologicznych analogicznie do przetwarzania maski uzyskanej przy pomocy sieci CNN (rekonstrukcja morfologiczna, zalewanie dziur, domknięcie morfologiczne), dając ostateczny wynik segmentacji zmiany nowotworowej w obrazie USG. W przypadku, kiedy granice guza nie są na tyle wyraźne aby zatrzymać kurczenie się aktywnego konturu, co skutkuje zmniejszeniem segmentowanego obiektu do wielkości jednego piksela, jako wynik segmentacji przyjęto maskę wynikową sieci neuronowej.

3.4 Metoda propagowania wyników segmentacji

Na rys. 3.7 przedstawiono schemat blokowy metody pozwalającej na automatyczną segmentację obiektu widocznego w sekwencji obrazów w czasie. Opiera się ona na wysegmentowaniu zmiany patologicznej na przekroju środkowym (ze wskazanym ręcznie przez eksperta punktem startowym) przy pomocy algorytmu segmentacji dwuwymiarowej opisanego powyżej, a następnie wyznaczeniu centroidu powstałej maski. Współrzędne centroidu propagowane są na kolejny obraz w sekwencji i pełnią rolę punktu startowego (uprzednio wskazywanego ręcznie) do inicjalizacji segmentacji na kolejnym obrazie. Analogicznie, punkty startowe na kolejnych ramkach są wynikiem segmentacji poprzedniej ramki. Informacje mogą być propagowane zarówno w przód, jak i wstecz, co pozwala na ręczny wybór punktu startowego na najbardziej charakterystycznym obrazie zmiany patologicznej, który w większości przypadków znajduje się w środku sekwencji obrazów. Warunkiem koniecznym poprawnego propagowania centroidu pomiędzy kolejnymi obrazami jest to, aby na każdym z obrazów znajdowała się ta sama zmiana patologiczna. Warunek ten jest zapewniony poprzez odpowiedni dobór parametrów rekonstrukcji opisanych w dalszej części rozprawy. Metoda propagowania wyników segmentacji znacząco przyspiesza



Rys. 3.7: Schemat propagacji punktu startowego w serii obrazów USG.

proces rekonstrukcji poprzez ograniczenie wymagań dotyczących liczby punktów startowych, które powinny być wskazane przez eksperta.

4. Trójwymiarowa rekonstrukcja zależna od czasu akwizycji obrazu

Niezbędnym krokiem do wykorzystania informacji o położeniu głowy ultrasonograficznej w przestrzeni podczas rejestracji danych jest trójwymiarowa rekonstrukcja wolumenu. Sama metoda bazuje na iteracyjnym uzupełnianiu (interpolacji) wartości wokseli w oparciu o zorientowane przestrzennie obrazy dwuwymiarowe. Według pracy Solberga i współpracowników [102] wyróżniamy trzy grupy algorytmów rekonstrukcji:

- *Voxel-based methods* (VBM), gdzie każdy woksel siatki wolumenu wyjściowego jest uzupełniany wartościami intensywności odpowiadających mu pikseli z wielu dwuwymiarowych obrazów wejściowych. W zależności od metody interpolacji, wartości te mogą pochodzić od najbliższego sąsiedniego piksela lub być rezultatem stosownych odwzorowań liniowych bądź nieliniowych.
- *Pixel-based methods* (PBM), gdzie intensywność każdego piksela obrazów wejściowych przypisywana jest do jednego lub kilku wokseli wolumenu wyjściowego.
- *Functions-based methods* (FBM), gdzie wybrane funkcje są dopasowywane do pikseli wejściowych poprzez wyznaczanie współczynników tych funkcji. Sparametryzowane funkcje są następnie wykorzystywane do opracowania regularnej macierzy wokseli poprzez estymację ich wartości w regularnych interwałach. Przykładem wykorzystywanej funkcji może być radialna funkcja bazowa (RBF, ang. *radial basis function*) [90]. Według literatury wykorzystuje się także model Rayleigha i Bayesowskie kryterium informacyjne Schwarza do oszacowania funkcji metodami statystycznymi [95].

Autorska metoda trójwymiarowej rekonstrukcji oparta jest na danych pochodzących z systemu śledzenia. Wykorzystuje zarówno obrazy ultrasonograficzne, a właściwie maski obiektu poddawanego rekonstrukcji, jak i informacje

o położeniu tych obrazów w przestrzeni 3D. Niezbędnym elementem proponowanej metody jest segmentacja pozwalająca na uzyskanie maski binarnej. W niniejszej pracy, w poprzednim rozdziale, przedstawiono autorską metodę segmentacji zmian patologicznych gruczołu sutkowego opartą na głębokiej sztucznej sieci neuronowej, jednak krok ten może być zastąpiony dowolną inną metodą segmentacji w zależności od potrzeb. Kluczowymi etapami warunkującymi jakość rekonstrukcji są dokładna trójwymiarowa segmentacja obiektu bazująca na analizie pojedynczych obrazów (rozdział 3) oraz poprawnie przeprowadzona kalibracja, opisana w rozdziale 4.1.

4.1 Kalibracja systemu nawigacji z wykorzystaniem aplikacji fCal

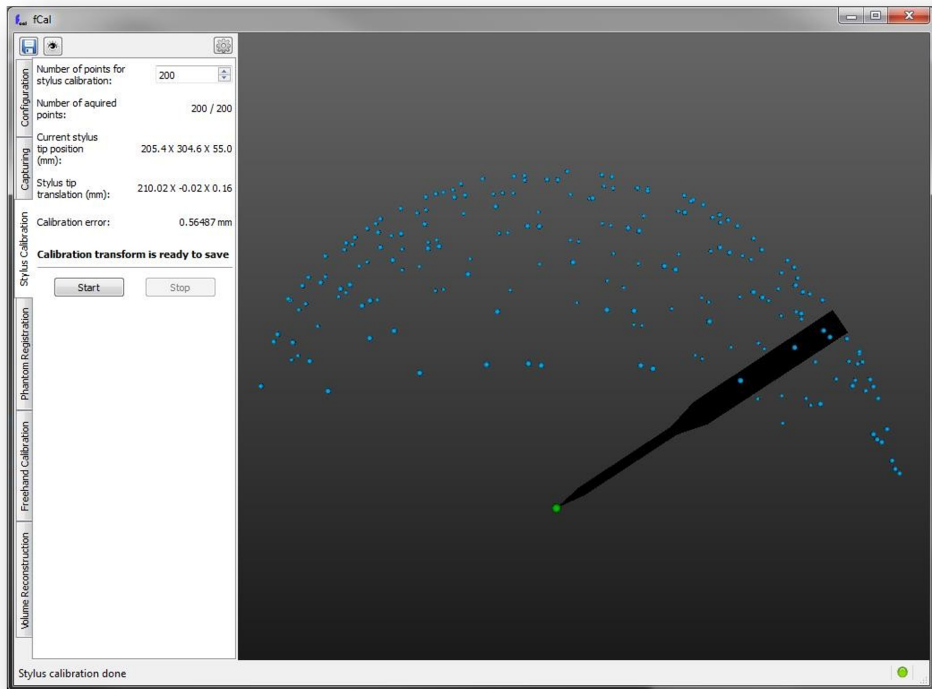
Proces kalibracji systemu przebiega kilkuetapowo. Pierwszym etapem jest kalibracja wskaźnika dostarczonego przez producenta systemu śledzenia ruchu. Po kalibracji wskaźnika realizowana jest kalibracja czasowa, umożliwiająca określenie i kompensację opóźnień czasowego systemu. Następnie, przy wykorzystaniu skalibrowanego wskaźnika, wykonywana jest kalibracja fantomu, a następnie sama kalibracja przestrzenna głowicy ultrasonograficznej.

Kalibracja wskaźnika

Kalibracja wskaźnika polega na wyznaczeniu położenia końcówki wskaźnika względem markerów. Wskaźnik pokazany na dole rys. 1.9 został tak zaprojektowany, aby umożliwić wskazywanie punktów charakterystycznych obiektów w scenie. Ma on stały układ markerów sferycznych względem końcówki wskaźnika, dzięki czemu możliwe jest jednoznaczne określenie jej położenia w przestrzeni 3D. Istnieje możliwość estymacji współrzędnych szukanego punktu poprzez minimalizację błędów położenia markera w różnych pozycjach, z założeniem, że poszukiwany punkt się nie przemieszcza. W tym celu konieczne jest unieruchomienie końcówki wskaźnika, a następnie rejestracja współrzędnych markerów podczas ruchów okrężnych (rys. 4.1). Przyjmuje się, że szukany punkt leży w osi długiej narzędzia. Poprawna kalibracja końcówki wskaźnika jest kluczowa, ponieważ dalsze kroki kalibracji systemu wykorzystują jej położenie, w związku z czym błąd na tym etapie jest propagowany na kolejne.

Kalibracja położenia bryły sztywnej

Kalibracja bryły sztywnej polega na wskazywaniu uprzednio skalibrowanym wskaźnikiem jej punktów charakterystycznych. Określenie położenia co najmniej trzech niewspółliniowych punktów należących do bryły sztywnej w przestrzeni trójwymiarowej pozwala na jednoznaczne wyznaczenie położenia szuka-

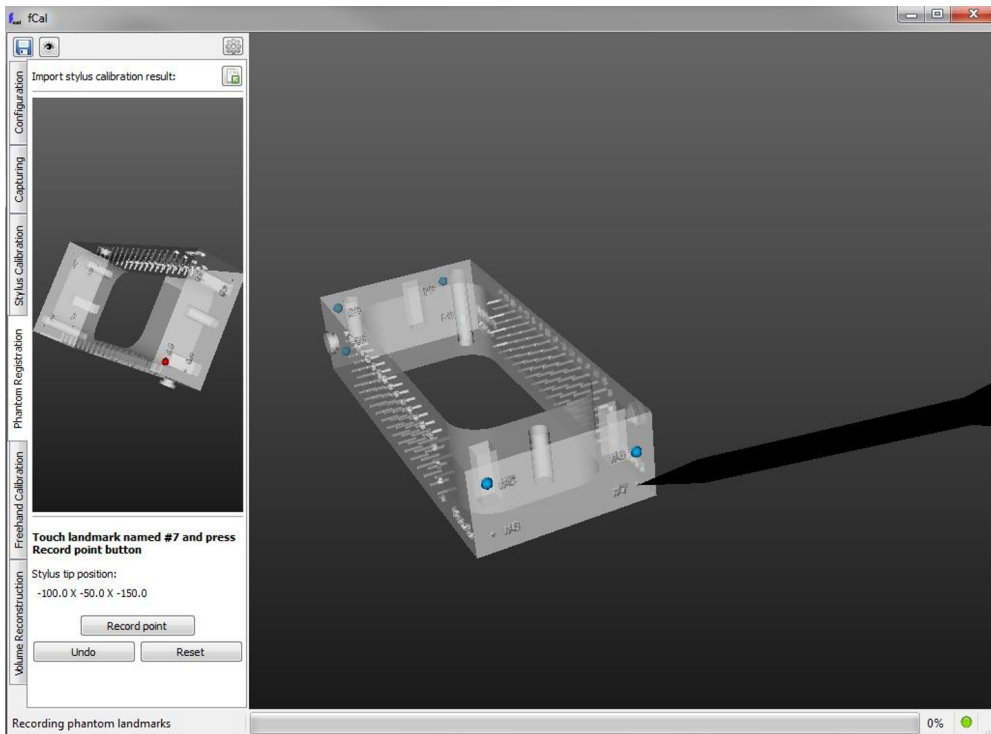


Rys. 4.1: Ilustracja kalibracji w aplikacji fCal [84].

nego obiektu w tej przestrzeni. Jako bryłę sztywną można rozpatrywać fantom przedstawiony na rys. 4.2. Fantom ten składa się z ramki ze zdefiniowanymi punktami pomiarowymi na mniejszych zewnętrznych ściankach oraz szczelinami, przez które przepleciona jest cienka żyłka. Dokładna geometria fantomu jest znana, także zarówno znane jest położenie zewnętrznych punktów pomiarowych jak i przebieg przeplecionej żyłki. Proces kalibracji fantomu zakłada wskazanie aż ośmiu punktów na jego powierzchni w celu zwiększenia dokładności. Zarejestrowane współrzędne pozwalają na wyznaczenie macierzy transformacji afinicznej pomiędzy fantomem, a umieszczonym nieruchomo względem niego znacznikiem. Analogicznie do kalibracji wskaźnika, błąd kalibracji fantomu zwiększa niedokładność późniejszej kalibracji głowicy USG.

Czasowa kalibracja głowicy

Podczas rejestracji danych pochodzących z różnych urządzeń konieczna jest ich synchronizacja czasowa. Opóźnienia wynikające w przesyłu danych mogą wpłynąć na dalsze wyniki kalibracji oraz późniejszą pracę systemu, ponieważ re-

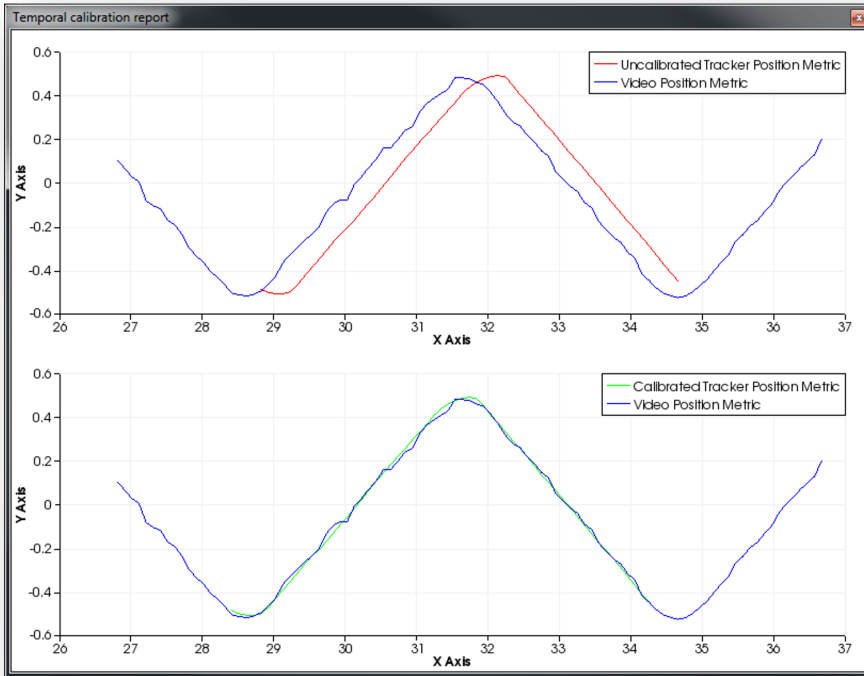


Rys. 4.2: Ilustracja kalibracji fantomu w aplikacji fCal [84].

jestrowana ramka obrazu nie będzie odpowiadała aktualnemu położeniu głowicy w przestrzeni. Wyznaczenie wartości względnego opóźnienia pomiędzy urządzeniami polega na cyklicznym zanurzeniu głowicy USG w naczyniu z wodą z płaskim dnem w taki sposób, aby rejestrowana pozioma granica ośrodków wskazująca dno zbiornika przemieszczała się na obrazie w górę i w dół. Taka procedura pozwala na wyznaczenie skrajnych położenia głowicy z systemu śledzenia i jednocześnie porównanie ich z ekstremami pochodzącymi z obrazów USG (rys. 4.3). Na tej podstawie możliwe jest wyznaczenie względnego opóźnienia pomiędzy obrazem a danymi z systemu śledzenia.

Przestrzenna kalibracja głowicy

Przestrzenna kalibracja głowicy jest najbardziej złożonym etapem kalibracji całego systemu śledzenia. Wymaga ona zrealizowania wszystkich opisanych wyżej kroków, oraz zdefiniowania przebiegu żyłek w fantomie. Na podstawie informacji o rzeczywistych odległościach pomiędzy żyłkami, a także ich detekcji w przestrzeni obrazu USG, możliwe jest obliczenie wielkości piksela w jednostkach metrycznych dzięki analizie zmian wzajemnego położenia żyłek podczas liniowego przesuwania śledzonej głowicy w czasie skanowania (rys. 4.4). Do ob-



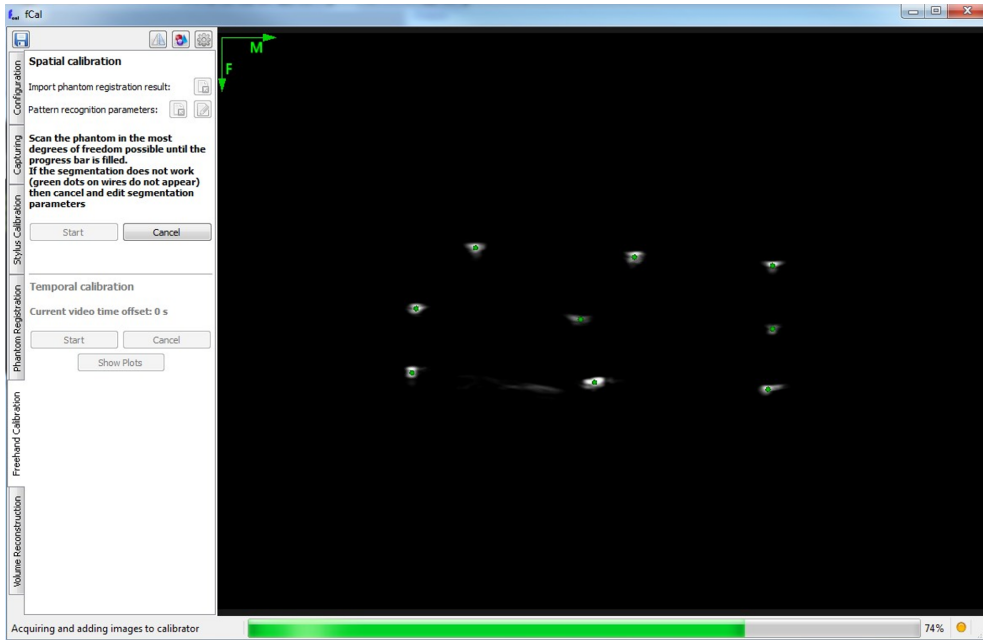
Rys. 4.3: Ilustracja kalibracji czasowej głowicy USG w aplikacji fCal [84].

liczenia macierzy transformacji wykorzystywany jest algorytm minimalizujący funkcję kosztu opisany w [15].

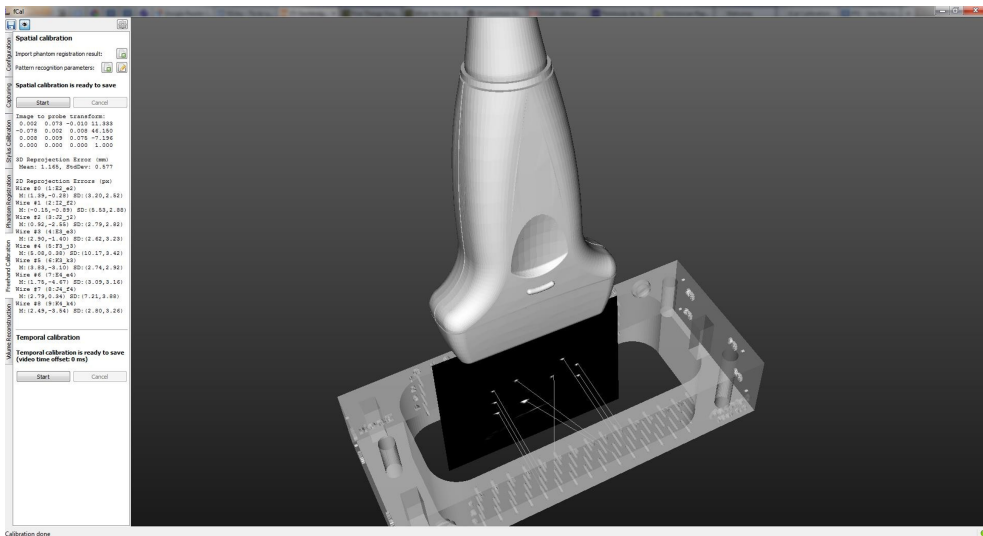
Po wykonaniu powyższych etapów kalibracji systemu nawigacji możliwe jest umieszczenie wszystkich skalibrowanych elementów we wspólnym układzie współrzędnych jak pokazano na rys. 4.5.

4.2 Specyfikacja rekonstrukcji 3D zależnej od czasu akwizycji obrazu

Autorska metoda rekonstrukcji trójwymiarowej pozwala na dostosowanie modelu wynikowego do warunków akwizycji obrazów [58]. W odróżnieniu od obecnie stosowanego algorytmu dostępnego w bibliotece PLUS, w procesie rekonstrukcji brany jest pod uwagę czas rejestracji poszczególnych ramek. Ma to znaczenie, szczególnie w przypadku, kiedy skanowany obiekt ulega przesunięciu lub deformacji, przez co stworzenie modelu na podstawie już nieaktualnych danych powoduje powstawanie artefaktów rekonstrukcji [108]. Artefakty te mogą

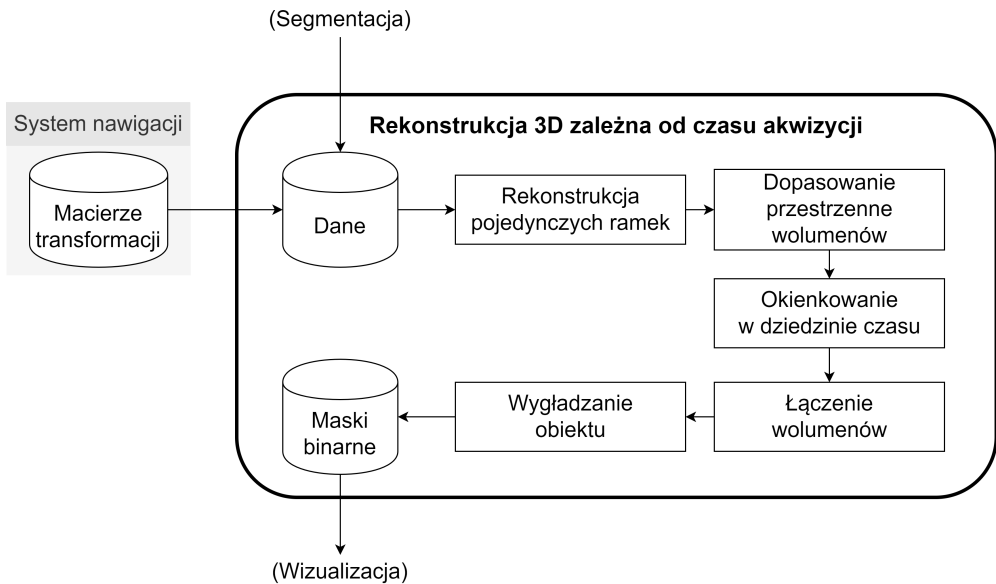


Rys. 4.4: Ilustracja kalibracji przestrzennej głowicy USG w aplikacji fCal [84].



Rys. 4.5: Rezultat kalibracji systemu nawigacji obrazowej w aplikacji fCal [84].

znacząco wpływać nie tylko na kształt obiektu, ale także na szacowanie jego objętości, która ma kluczowe znaczenie podczas monitorowania i planowania terapii. Przesunięcie guza spowodowane naciskiem głowicy podczas skanowania powoduje wydłużenie zrekonstruowanego modelu, co skutkuje zwiększeniem jego



Rys. 4.6: Schemat blokowy metodyki rekonstrukcji proponowanego algorytmu.

objętości. Z kolei odkształcenie guza pod wpływem nacisku głowicy, szczególnie miękkiego lub wypełnionego płynem, może skutkować zmniejszeniem objętości zrekonstruowanego modelu ze względu na zmniejszenie powierzchni guza na obrazie 2D.

Z tego powodu zaprojektowano metodę, która pozwala na stworzenie modeli częściowych z krótkich fragmentów nagrań, dzięki czemu zminimalizowano wpływ artefaktów ruchowych. Opracowana metoda wymaga wcześniejszej segmentacji obiektu na wszystkich obrazach ze zbioru podlegającego rekonstrukcji. W niniejszej pracy segmentacja została przeprowadzona z wykorzystaniem metod opisanych w poprzednim rozdziale, jednak sama rekonstrukcja może być z powodzeniem stosowana w połączeniu z innymi metodami segmentacji.

Na rys. 4.6 przedstawiono schemat blokowy metody rekonstrukcji zależnej od czasu rejestracji ramki. Poniżej opisano kolejne etapy algorytmu.

Rekonstrukcja pojedynczych ramek

Dzięki informacji o przestrzennym położeniu zarejestrowanych ramek obrazu (przechowywanej w macierzy transformacji) możliwe jest umiejscowienie obrazu dwuwymiarowego w przestrzeni trójwymiarowej. Pierwsza ramka zarejestrowanej serii danych jest jednocześnie ramką odniesienia dla pozostałych. Do rekonstrukcji pojedynczych wolumenów wykorzystano interpolację liniową. Rozmiar każdego z nich jest obliczany na podstawie położenia punktów ekstremalnych obrazu 2D. W zależności od kąta obrotu względem punktu referen-

cyjnego uzyskane wolumeny mogą mieć różne wymiary. Do pierwotnie pustego wolumenu o wyznaczonych wymiarach zostają wstawione wartości wokseli pochodzące z interpolacji wartości intensywności pikseli obrazu wejściowego.

Dopasowanie przestrzenne wolumenów

Dzięki informacji o pozycji przestrzennej zrekonstruowanych ramek względem pierwszej ramki można wyznaczyć wymiary prostopadłościanu (ang. *bounding box*), opisanego na przestrzeni zobrazowanej głowicą USG.

Okienkowanie w dziedzinie czasu

Kolejnym krokiem jest wybór ramek zainteresowania. Zakłada się, że szerokość okna czasowego jest dobrana w taki sposób, aby obserwowany obiekt był możliwie statyczny w oknie. Zawężanie okna powoduje zmniejszenie liczby ramek wykorzystanych w pojedynczym procesie rekonstrukcji, co zmniejsza rozmiar rekonstruowanego fragmentu obiektu oraz zwiększa ich liczbę. Rozszerzenie okna czasowego pozwala natomiast na obrazowanie większych fragmentów obiektu oraz zmniejszenie ich liczebności. Szerokość okna powinna być dobrana do szybkości zmian zachodzących w obserwowanym obiekcie oraz liczby rejestrowanych ramek na sekundę: im szybsze zmiany i mniejsza częstotliwość, tym węższe okno.

Łączenie wolumenów

Faza łączenia polega na zastosowaniu operacji maksimum na poszczególnych punktach dopasowanych przestrzennie podwolumenów. Operacja łączenia przebiega oddzielnie dla każdego okna czasowego. Wynikiem jest trójwymiarowa mapa przestrzeni, w której znajdował się obiekt w danym oknie.

Wyglądanie obiektu

W przypadku wysokiej rozdzielczości obrazu lub małej częstotliwości rejestrowanych ramek konieczne jest wygładzenie maski i uzupełnienie brakujących informacji w miejscach, które nie zostały zobrazowane podczas rejestracji danych. Wygładzanie realizowane jest poprzez binarne operacje morfologiczne.

4.3 Referencyjna metoda rekonstrukcji niezależna od czasu akwizycji

Autorska metoda rekonstrukcji zaproponowana w niniejszej rozprawie jest w ramach eksperymentów porównywana z powszechnie stosowaną metodą referencyjną autorstwa Vaughana i współpracowników [116], dostępną w biblio-

Tab. 4.1: Porównanie metody rekonstrukcji biblioteki PLUS i metody autorskiej.

Metoda Vaughana [116]	Proponowana metoda
Jednoczasowa rekonstrukcja całego modelu	Rekonstrukcja uwzględniająca czas rejestracji
Najpierw rekonstrukcja, później segmentacja	Najpierw segmentacja, później rekonstrukcja
Długi czas obliczeń	Krótszy czas obliczeń
Wymagane progowanie	Wynik gotowy do wizualizacji
Cały model jest zrekonstruowany	Tylko część modelu jest widoczna jednocześnie
Wrażliwa na deformacje	Niewrażliwa na deformacje

tece PLUS. Metoda ta jest niezależna od czasu akwizycji ramki i w dalszej części pracy oznaczana jest akronimem WT (ang. *whole time*). Po etapie dystrybucji (umiejscawianiu pikseli ramek USG w przestrzennej macierzy wokseli), następuje etap wypełniania otworów. Jego celem jest podjęcie próby nadania wartości każdemu wokselowi, któremu nie została przypisana żadna wartość intensywności na etapie dystrybucji z powodu zbyt rzadkiego lub nierównomiernego próbkowania przestrzeni. W metodzie tej do interpolacji między parami przeciwstawnych wokseli na pobliskich obrazach używa się tzw. drążków zorientowanych w 13 podstawowych kierunkach przestrzeni 3D (ang. *oriented sticks*).

W tab. 4.1 zamieszczono porównanie kluczowych cech algorytmów rekonstrukcji. Metoda Vaughana z biblioteki PLUS charakteryzuje się jednoczasową rekonstrukcją całego modelu. Metoda autorska uwzględnia czas rejestracji ramki w modelu wynikowym, dzięki czemu ryzyko powstawania artefaktów spowodowanych deformacją lub przesunięciem obiektu podczas skanowania jest zminimalizowane. Te dwa algorytmy różnią się przede wszystkim kolejnością wykonywania poszczególnych etapów rekonstrukcji. W podejściu klasycznym sama rekonstrukcja przeprowadzana jest na obrazie oryginalnym, a następnie w celu wizualizacji modelu przeprowadza się jego segmentację (poprzez progowanie wartości intensywności). W proponowanej metodzie zamieniono tę kolejność. Obiekt segmentowany jest w dwuwymiarowym obrazie oryginalnym, a rekonstrukcji poddawana jest jedynie maska binarna. Podejście to skutkuje skróceniem czasu obliczeń, ponieważ największe nakłady obliczeniowe występują na etapie przekształceń geometrycznych. W proponowanym podejściu operacje te wykonywane są na zmiennych binarnych, których przetwarzanie wymaga znacznie mniejszych zasobów sprzętowych niż przetwarzanie liczb zmiennoprzecinkowych. Dodatkowym kosztem obliczeniowym jest wykonanie segmentacji, gdzie główne obciążenie przypada na tworzenie widoków rozmytej spójności,

w zależności od wielkości segmentowanego obiektu. Sam etap wykorzystania głębokiej sieci neuronowej nie stanowi dużego obciążenia.

Ponadto, po etapie rekonstrukcji model jest gotowy do wizualizacji i nie wymaga progowania. Wadą tego podejścia jest jednak ograniczenie modelu do fragmentu, który traktowany jest jako stacjonarny (nieodkształcony podczas skanowania) i w zależności od sposobu akwizycji i związanych z nim ustawień parametrów rekonstrukcji, model ten może być niewystarczający do pełnej wizualizacji interesującego obszaru. W związku z powyższym obie metody rekonstrukcji powinny być stosowane zamiennie w zależności od stopnia odkształcenia obiektu podczas skanowania. Autorska metoda sprawdza się lepiej w przypadku guzów łatwo ulegających deformacjom, natomiast podejście klasyczne będzie wygodniejsze dla obiektów nie zmieniających się pod wpływem nacisku głowicy.

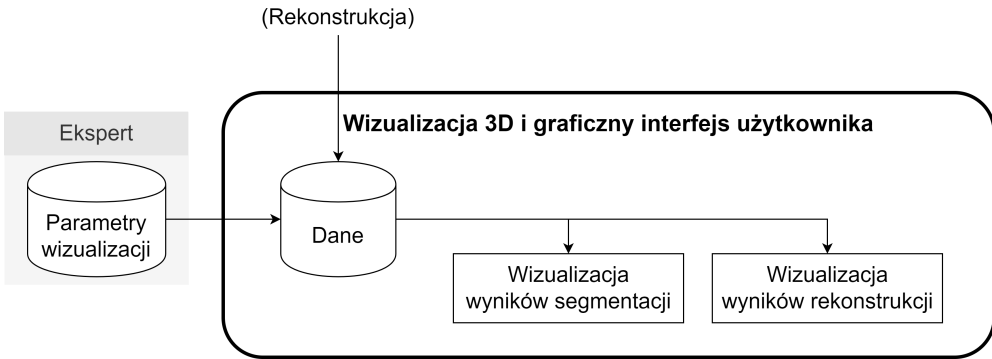
5. Wizualizacja trójwymiarowa i graficzny interfejs użytkownika

Każda ramka zarejestrowana przy pomocy systemu śledzenia zawiera trzy rodzaje informacji: przechwycony obraz dwuwymiarowy, odpowiadającą mu macierz transformacji, oraz marker czasowy, określający moment rejestracji ramki. Ze względu na trudność wizualizacji trójwymiarowych danych w czasie, graficzne interfejsy aplikacji (np. Slicer3D, ImFusion, OsiriX, Simpleware) często umożliwiają ograniczenie prezentacji do wybranych wymiarów, które w danym zastosowaniu mają kluczowe znaczenie. W przypadku rekonstruowanego obiektu jest to wizualizacja obrazów dwuwymiarowych w czasie (analogicznie jak ma to miejsce podczas standardowego badania USG bez użycia systemu śledzenia) z nałożonym obrazem etykiet lub przestrzenna wizualizacja zrekonstruowanego obiektu. Zaletą tego podejścia jest umożliwienie użytkownikowi interakcji z modelem 3D (np. powiększenie, obrót) lub dokładna analiza granic zmiany na klasycznych obrazach diagnostycznych.

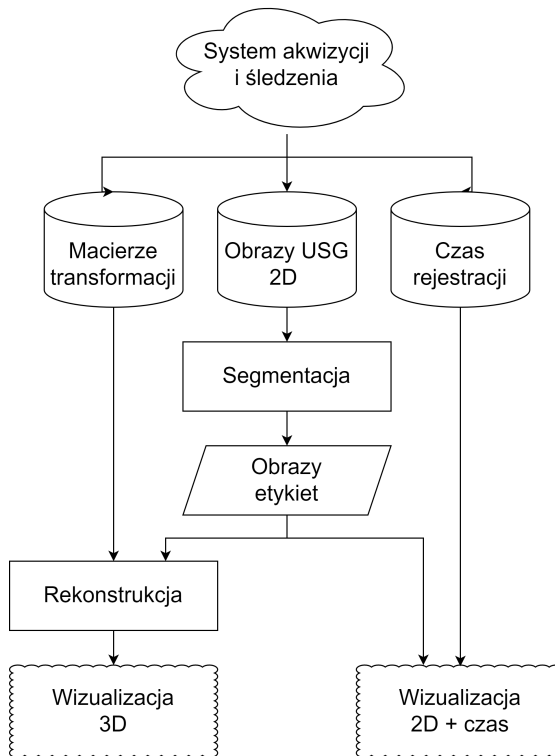
Spójny ze schematem ogólnym metodyki pracy (rys. 2.1) schemat blokowy etapu wizualizacji wyników segmentacji i rekonstrukcji przedstawiony jest na rys. 5.1, natomiast rodzaj danych wykorzystywanych w opracowanych wariantach i ścieżkę ich przetwarzania pokazano na rys. 5.2.

5.1 Graficzny interfejs użytkownika

Po przeprowadzeniu segmentacji i rekonstrukcji trójwymiarowej, model zmiany patologicznej jest gotowy do wizualizacji. W celu umożliwienia interaktywnego i wygodnego dostosowywania parametrów wizualizacji przez użytkownika niezbędne jest stworzenie interfejsu graficznego. Autorską propozycję interfejsu aplikacji przedstawia rys. 5.3.



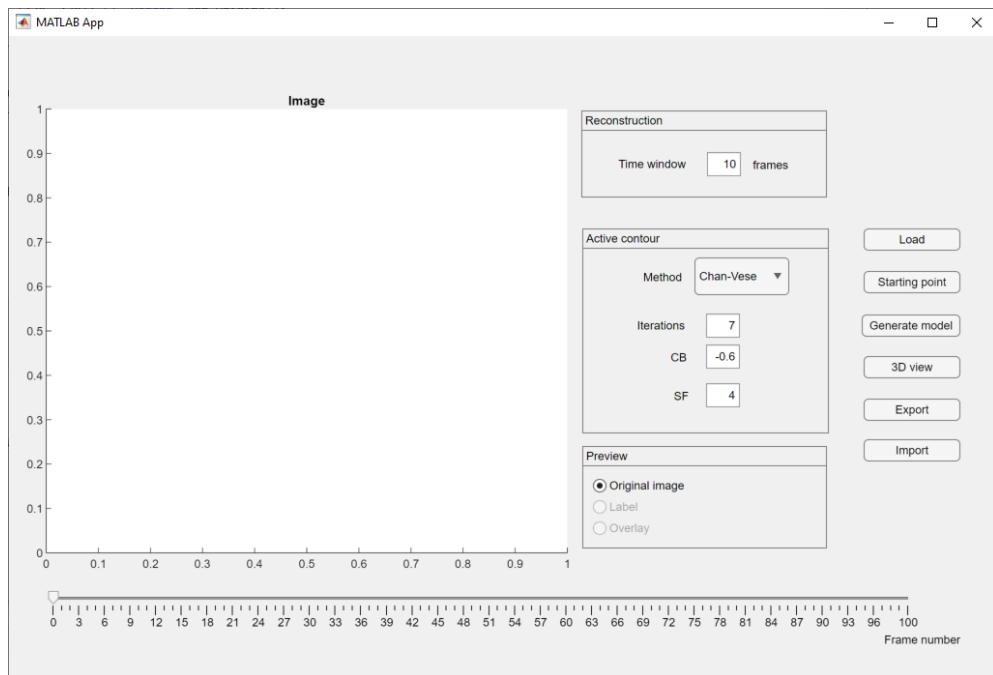
Rys. 5.1: Schemat blokowy etapu wizualizacji 3D.



Rys. 5.2: Narzędzia wizualizacji danych trójwymiarowych w czasie.

5.1.1 Informacje ogólne i ustawienia parametrów

Interfejs obejmuje sześć przycisków, trzy panele umożliwiające dobór parametrów, suwak odpowiadający za wybór analizowanej klatki oraz pole do podglądu aktualnie wybranego obrazu. Po naciśnięciu przycisku „Load” pokazuje się okno dialogowe, umożliwiające użytkownikowi wybór pliku do analizy. Po

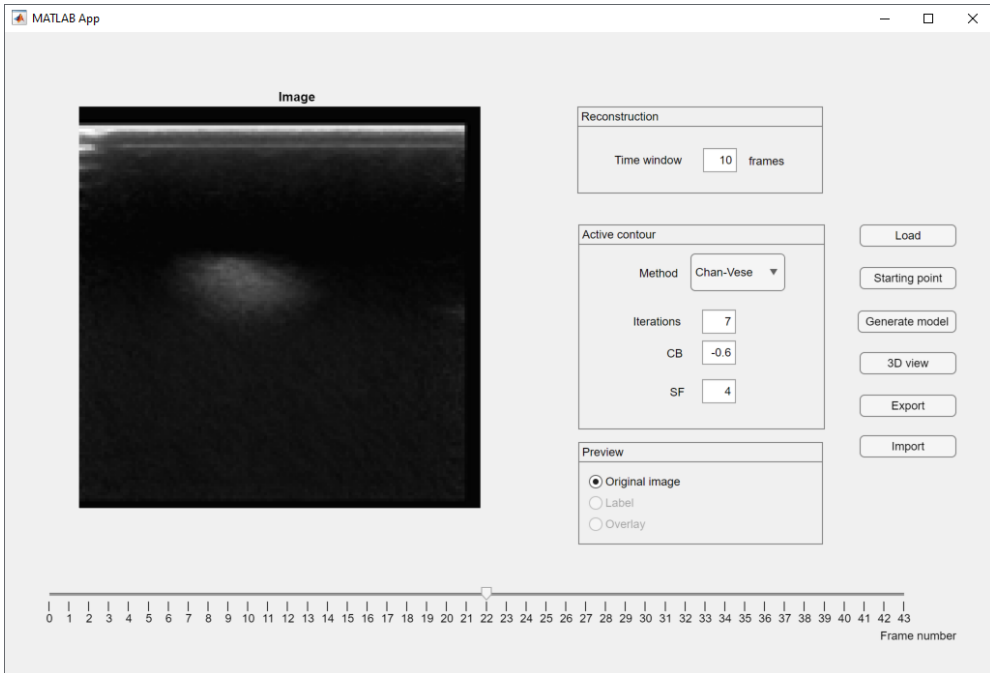


Rys. 5.3: Ekran startowy interfejsu graficznego aplikacji.

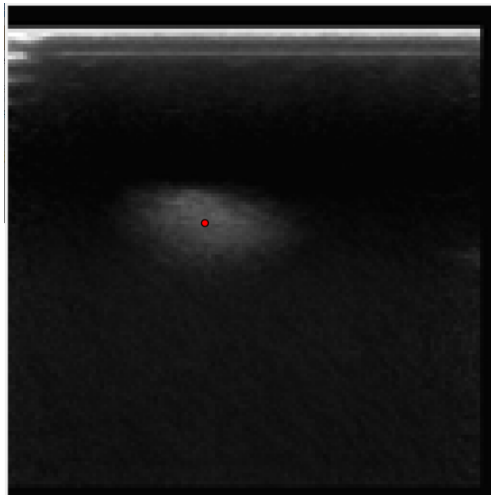
wybraniu pliku, po lewej stronie wyświetla się podgląd obrazu USG, a suwak automatycznie dostosowuje się do długości nagrania, wskazując jednocześnie całkowitą liczbę ramek w badaniu (rys. 5.4). Następnie za pomocą suwaka należy wybrać przekrój, od którego ma rozpocząć się proces rekonstrukcji. W polu „Time window” należy ustawić zakres rekonstrukcji określający liczbę ramek w przód oraz w tył od wybranego obrazu. Wartość tego parametru jest silnie zależna od szybkości skanowania obiektu oraz częstotliwości zapisu obrazów do pliku. Im większa częstotliwość i im wolniejszy ruch głowicy podczas skanowania, tym większy może być zakres przetwarzania.

Naciśnięcie przycisku „Starting point” powoduje pojawienie się na ekranie nowego okna z aktualnie wybranym na suwaku obrazem, na którym należy zaznaczyć punkt startowy, niezbędny dla metody rozmytej spójności. Po wskazaniu za pomocą kliknięcia lewym przyciskiem myszy wybrany punkt zostanie zaznaczony kolorem czerwonym, jak na rys. 5.5. Powinien być to punkt w centralnej części guza. Jakość końcowych wyników segmentacji zależy od poprawności wskazania punktu startowego przez użytkownika.

Po wskazaniu punktu startowego należy wybrać parametry segmentacji w panelu „Active contour”. Użytkownik ma możliwość zastosowania metody „Chan-Vese” (domyślnie) oraz „edge” (GAC), które opisano w rozdziale 3. W polu „Iterations” należy wybrać liczbę iteracji dla algorytmu aktywnych konturów,



Rys. 5.4: Wygląd aplikacji po wczytaniu danych.



Rys. 5.5: Wybór punktu startowego dla metody rozmytej spójności.

a w polach „CB” i „SF” odpowiednio wartości współczynników kurczliwości i wygładzania (w aplikacji ustawiono domyślne wartości, podane w tab. 3.2, a uzasadnione eksperymentalnie w rozdziale 6.1.8: model Chan-Vese, 7 iteracji, $CB = -0,6$, $SF = 4,0$).

5.1.2 Wizualizacja wyników segmentacji dwuwymiarowej

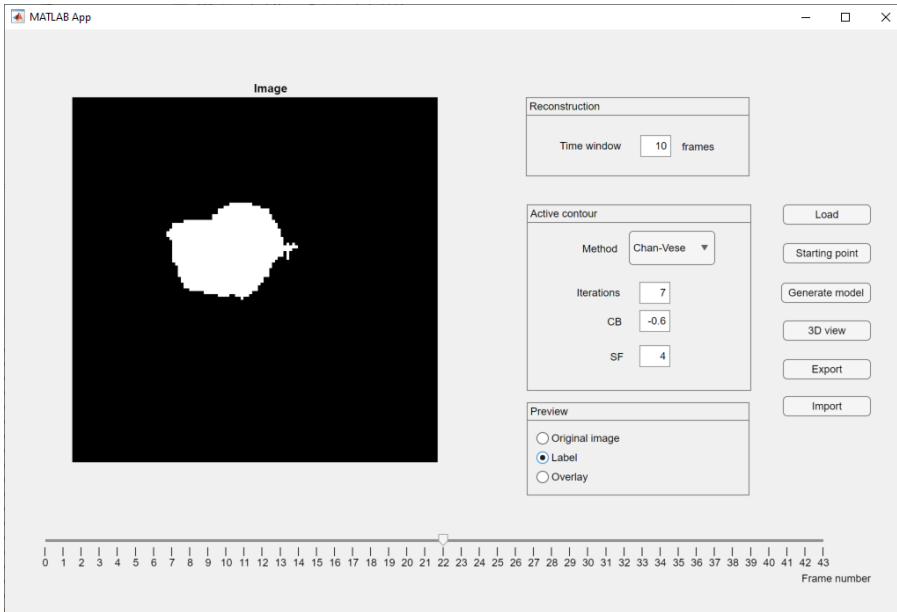
W celu wykonania segmentacji obrazów dwuwymiarowych z wybranego wcześniej zakresu należy nacisnąć przycisk „Generate model”. Czynność ta odblokowuje dodatkowe opcje w panelu „Preview”. Zaznaczenie opcji „Label” powoduje wyświetlenie wyniku segmentacji aktualnego obrazu (wskazywanego przez suwak) w postaci binarnej (rys. 5.6a), natomiast opcja „Overlay” pozwala na podgląd konturów tego wyniku na tle obrazu oryginalnego (rys. 5.6b).

5.1.3 Wizualizacja wyników rekonstrukcji trójwymiarowej

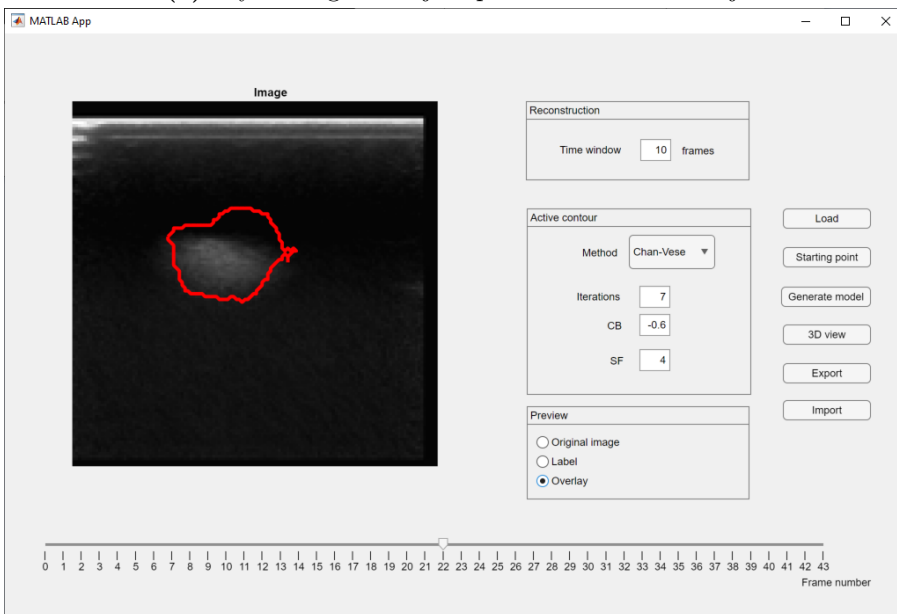
Wykorzystanie parametrów oraz danych obrazowych wraz z odpowiadającymi im macierzami transformacji afinicznych pozwala na przedstawienie użytkownikowi mapy prawdopodobieństwa występowania zmiany patologicznej w zdrowej tkance gruczołu sutkowego. W celu wizualizacji zrekonstruowanego modelu należy nacisnąć przycisk „3D view”, co powoduje wyświetlenie nowego interaktywnego okna (rys. 5.7). W jego lewej części znajduje się podgląd przekrojów modelu w przepróbkowanym wolumenie w każdej z prostopadłych do siebie płaszczyzn. Dzięki pionowym suwakom użytkownik ma możliwość wyświetlenia interesującego przekroju modelu. W prawej części okna 3D znajduje się wyrenderowany model. Dzięki menu w prawym górnym rogu możliwe jest nie tylko obrócenie modelu, ale także przybliżenie lub oddalenie widoku (rys. 5.7a kontra 5.7b). Znajduje się tam też opcja powrotu do ustawień początkowych.

Po powrocie do okna głównego aplikacji i naciśnięciu przycisku „Export” możliwy jest eksport danych do pliku z rozszerzeniem .mat, a także import zapisanych wcześniej modeli poprzez wykorzystanie przycisku „Import”.

Wyświetlony model umożliwia ocenę kształtu i wielkości zmiany z uwzględnieniem nie tylko obrazów dwuwymiarowych, ale także ocenę objętości zmiany. Może być ona pomocna podczas przygotowania pacjentki do zabiegu resekcji guza oraz podczas monitorowania postępów radio- lub chemioterapii, a także terapii farmakologicznej. W przypadku, gdy pomimo podjęcia terapii objętość tkanki patologicznej ulega zwiększeniu, należy rozważyć zmianę sposobu leczenia. Dzięki możliwości pracy z danymi archiwalnymi, aplikacja umożliwia także analizę zmiany kształtu guza w czasie. Informacja taka może być przydatna przy monitorowaniu postępów leczenia, szczególnie w przypadku guzów heterogenicznych, gdzie niektóre ich części mogą reagować lepiej lub gorzej na podjęte leczenie w zależności od lokalnie występującego typu komórek nowotworowych.

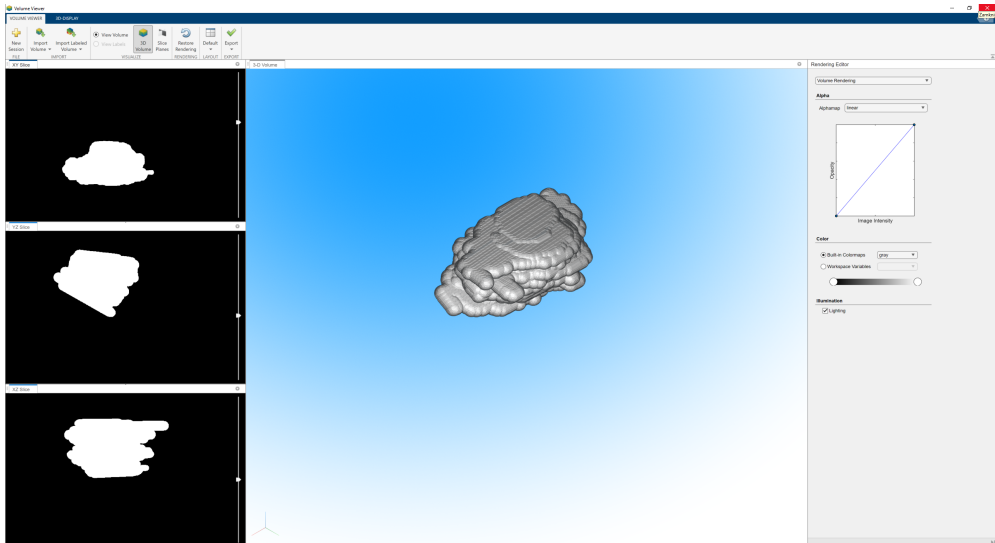


(a) Wyniki segmentacji w postaci maski binarnej.

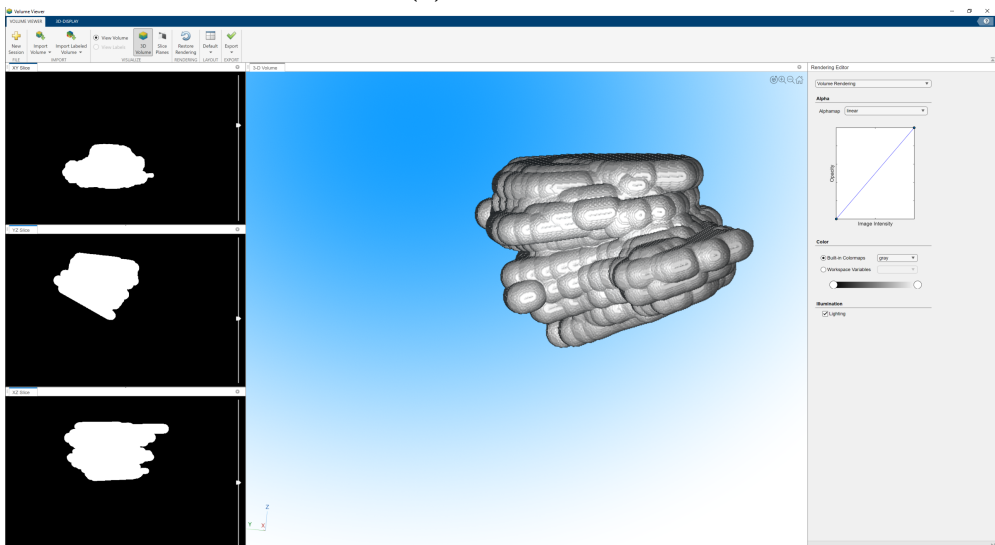


(b) Wyniki segmentacji (kontury) na tle obrazu oryginalnego.

Rys. 5.6: Podgląd wyników segmentacji dwuwymiarowej w interfejsie graficznym.



(a) Widok nr 1.



(b) Widok nr 2.

Rys. 5.7: Interaktywne okno do podglądu modelu 3D.

6. Eksperymenty, wyniki i dyskusja

W celu weryfikacji poprawności działania algorytmu segmentacji przeprowadzono trzy rozłączne eksperymenty:

1. Ocena jakości dwuwymiarowej segmentacji guzów z wykorzystaniem danych klinicznych.
2. Ocena jakości trójwymiarowej rekonstrukcji wolumenu z wykorzystaniem danych laboratoryjnych.
3. Symulacja badania w warunkach klinicznych z wykorzystaniem fantomu.

Eksperymenty, ich poszczególne składowe oraz uzyskane wyniki są na bieżąco poddawane dyskusji. Uznano, że wobec szerokiego zakresu części eksperymentalnej rozwiązanie takie jest bardziej czytelne niż wyodrębnianie osobnego rozdziału na dyskusję.

6.1 Ocena jakości segmentacji z wykorzystaniem danych klinicznych

W ramach omawianego eksperymentu przeprowadzonego z wykorzystaniem danych klinicznych oceniono metodykę segmentacji guzów, opisaną w rozdziale 3 pod kątem ustawień i wartości parametrów podstawowych składowych, w szczególności sieci spłotowej i metody aktywnych konturów. Główne etapy eksperymentu obejmują:

- badanie wpływu struktury sieci CNN,
- badanie wpływu rozdzielczości obrazu wejściowego,
- badanie wpływu liczby epok uczenia sieci CNN,
- mapowanie aktywacji klasy ważone gradientem,
- badanie wpływu parametrów aktywnego konturu.

6.1.1 Baza danych

Dane wykorzystane w eksperymencie pochodzą z trzech źródeł. Pierwsza z nich (BUSI) została opublikowana przez Cairo University w 2019 roku, a dane pochodzą od 600 pacjentek w wieku pomiędzy 25 a 75 lat i zostały zarejestrowane w roku 2018 w Baheya Hospital w Gizie [29]. Do akwizycji wykorzystano aparaty LOGIQ E9 ultrasound system oraz LOGIQ E9 Agile ultrasound system z głowicą liniową ML6-15-D Matrix i częstotliwościami 1–5 MHz. Baza danych zawiera 780 obrazów o wymiarach ok. 500×500 pikseli, podzielonych na trzy klasy: guzy łagodne (487), złośliwe (210) i zdrową tkankę (133). Do każdego z obrazów przypisano maskę binarną wykonaną przez eksperta. Ze względu na specyfikę niniejszej pracy wykorzystano tylko obrazy z pojedynczymi zmianami łagodnymi lub złośliwymi, co ograniczyło liczebność zbioru do 630 obrazów.

Druga baza danych (Dataset B) jest efektem międzynarodowej współpracy naukowców z Wielkiej Brytanii, Sudanu i Hiszpanii i nie jest ogólnodostępna [127]. Baza została udostępniona do badań na wniosek skierowany do autorów. Zawiera 163 obrazy o różnej rozdzielczości (średnio 760×570 pikseli) i przedstawia 110 guzów łagodnych i 53 złośliwe wraz z obrysami eksperckimi. Do pozyskania obrazów użyto aparatu Siemens ACUSON Sequoia C512 z głowicą liniową 17L5 HD (częstotliwość 8,5 MHz).

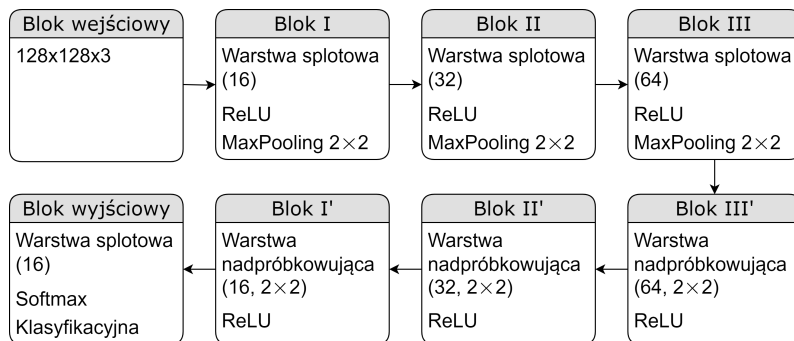
Kolejna baza (OASBUD) wykorzystana w niniejszej pracy została opublikowana przez naukowców z Polskiej Akademii Nauk w 2017 roku [85]. Zawiera 100 przypadków pochodzących od 78 kobiet (z czego 52 przypadki były zmianami złośliwymi, a 48 łagodnymi). Każda ze zmian została zobrazowana przy pomocy dwóch prostopadłych skanów USG za pomocą ultrasonografu Ultrasonix SonixTouch Research z głowicą liniową L14-5/38 (częstotliwość 10 MHz), co daje w sumie bazę 200 obrazów. Każdy z nich został opatrzony obrysem eksperta z 18-letnim doświadczeniem.

Podane bazy stanowią istotny zasób, wykorzystywany intensywnie w ostatnich latach jako dane referencyjne w segmentacji guzów piersi [20, 69, 92]. Ułatwia to porównanie ilościowe opracowanej metodyki do istniejących rozwiązań, co jest treścią rozdziału 6.1.9. W wyniku połączenia powyższych baz obrazów otrzymano zbiór 993 obrazów wykorzystanych w eksperymencie. Ważną zaletą zebranej kolekcji jest znaczny stopień jej zróżnicowania pod względem źródeł, przedmiotu badań, użytego sprzętu i parametrów akwizycji.

6.1.2 Miara oceny jakości segmentacji

Do oceny jakości segmentacji i analizy porównawczej poszczególnych rozwiązań wykorzystano współczynnik (indeks) Dice'a DI :

$$DI = \frac{2 \cdot TP}{2 \cdot TP + FP + FN}, \quad (6.1)$$



Rys. 6.1: Testowana struktura sieci CNN nr I.

gdzie TP , FP i FN oznaczają odpowiednio liczbę pikseli prawdziwie pozytywnych, fałszywie pozytywnych i fałszywie negatywnych w wyniku segmentacji pojedynczego obrazu względem obrysu eksperckiego. Współczynnik Dice'a jest miarą uniwersalną i szeroko stosowaną w walidacji algorytmów segmentacji ze względu na dużą wiarygodność oszacowania zgodności przestrzennego pokrycia obydwu porównywanych obiektów. Jest szczególnie przydatny w przypadku wyodrębniania obiektów o niewielkim rozmiarze w odniesieniu do wymiarów obrazu, gdzie potencjalnie duża liczba pikseli prawdziwie negatywnych obniża poziom użyteczności np. metryki dokładności (ang. *accuracy*).

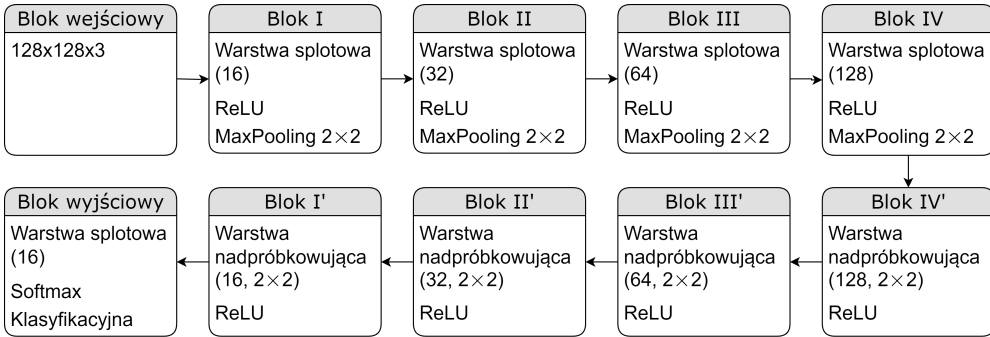
6.1.3 Schemat walidacji w analizie sieci CNN

W eksperymencie wykorzystano schemat N -krotnej walidacji krzyżowej dla $N = 5$. Zbiór wszystkich obrazów podzielono losowo na pięć rozłącznych podzbiorów po ok. 198–199 obrazów w każdym. Każdy eksperyment polegał na pięciokrotnym przeprowadzeniu procesu uczenia za pomocą zbioru treningowego złożonego z czterech podzbiorów i testowaniu za pomocą piątego zbioru. Dzieląc bazę danych zadbano o to, aby w każdym podzbiornie znalazły się obrazy z każdej z trzech dostępnych baz danych.

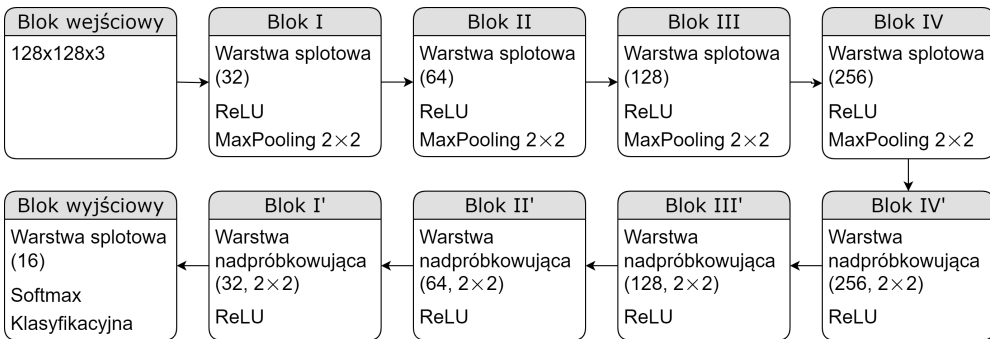
6.1.4 Badanie wpływu struktury sieci CNN

Przetestowano cztery struktury sieci składające się z różnej liczby filtrów w warstwach splotowych. Każda z badanych struktur w warstwie wejściowej przyjmowała obraz o wymiarach 128×128 pikseli. Pozostałe parametry uczenia podane w rozdziale 3.2.2 również były niezmiennie. Każda kolejna sieć posiadała około dwukrotnie więcej wag podlegających uczeniu, co bezpośrednio wpłynęło na czas trwania eksperymentu.

Pierwsza sieć przedstawiona na rys. 6.1 składa się z trzech par bloków splotowych i nadpróbkujących. Każda z warstw splotowych posiada różną liczbę



Rys. 6.2: Testowana struktura sieci CNN nr II.



Rys. 6.3: Testowana struktura sieci CNN nr III.

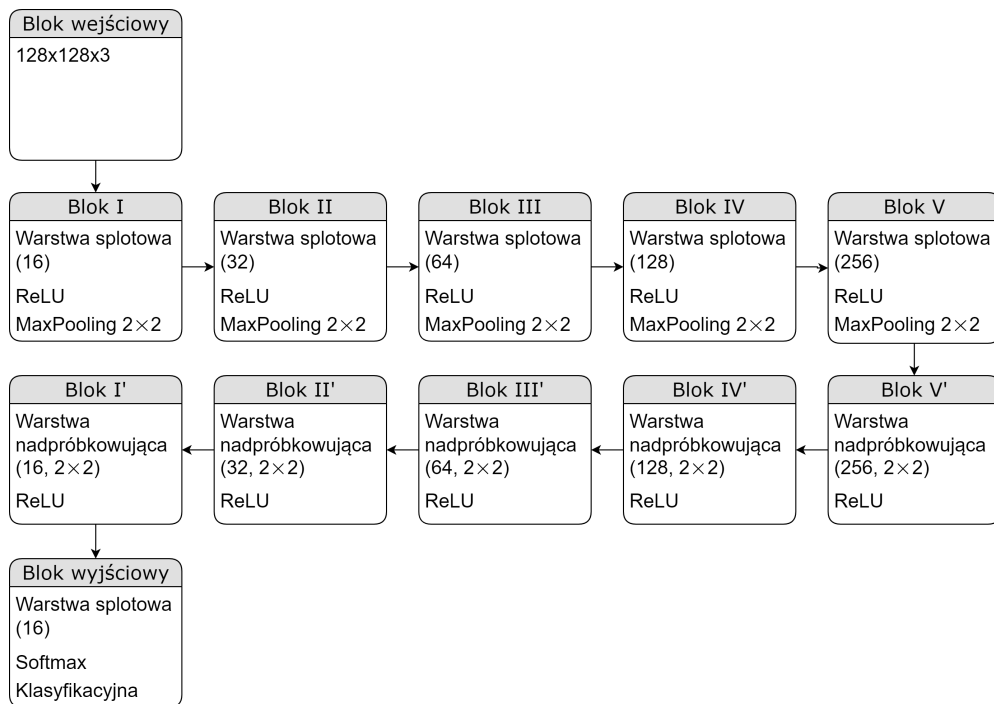
filtrów (kolejno 16, 32 i 64). Sieć o takiej strukturze zawiera 318 786 wag podlegających uczeniu.

Kolejna struktura przedstawiona na rys. 6.2 składa się z czterech bloków. Dodanie czwartego bloku zawierającego 128 filtrów powoduje zwiększenie pojemności sieci do 531 890 wag. Struktura ta jest zgodna z podaną w rozdziale 3.2.2.

Trzecia struktura (rys. 6.3) różni się od poprzedniej liczbą filtrów w warstwach splotowych. Dwukrotne zwiększenie tej wartości powoduje około dwukrotne zwiększenie pojemności sieci (do 1 085 010 wag).

Ostatnia z badanych struktur posiada pięć par bloków splotowych i nadpróbkowujących (rys. 6.4). Zastosowanie 256 filtrów w ostatnim bloku zwiększa liczbę wag podlegających uczeniu do 2 138 034.

Na rys. 6.5 przedstawiono wyniki segmentacji dla wszystkich rozważanych struktur w postaci wykresów pudełkowych współczynnika Dice'a dla poszczególnych podzbiorów testowych oraz w zbiorze powstałym przez agregację wyników uzyskanych dla pięciu podzbiorów testowych w walidacji krzyżowej, a w tab. 6.1 przedstawiono wartości liczbowe mediany, przedziałów międzykwartylowych, wartości minimalne i maksymalne DI w zbiorze zagregowanym. Sieć o naj-

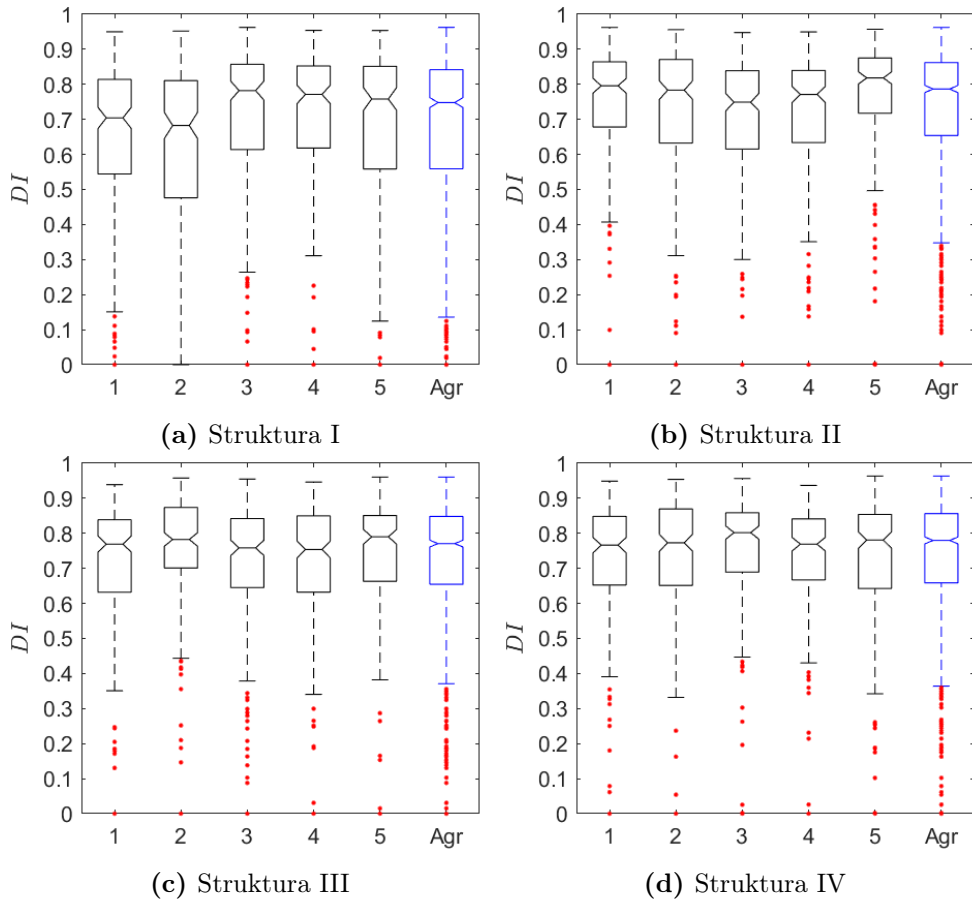


Rys. 6.4: Testowana struktura sieci CNN nr IV.

Tab. 6.1: Wyniki badania wpływu struktury sieci CNN. W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla zagregowanych pięciu podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej dla każdej z rozważanych struktur. Komórki zawierające wartości median zaznaczono kolorowym tłem w skali od najniższej (kolor czerwony) do najwyższej (kolor zielony). Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

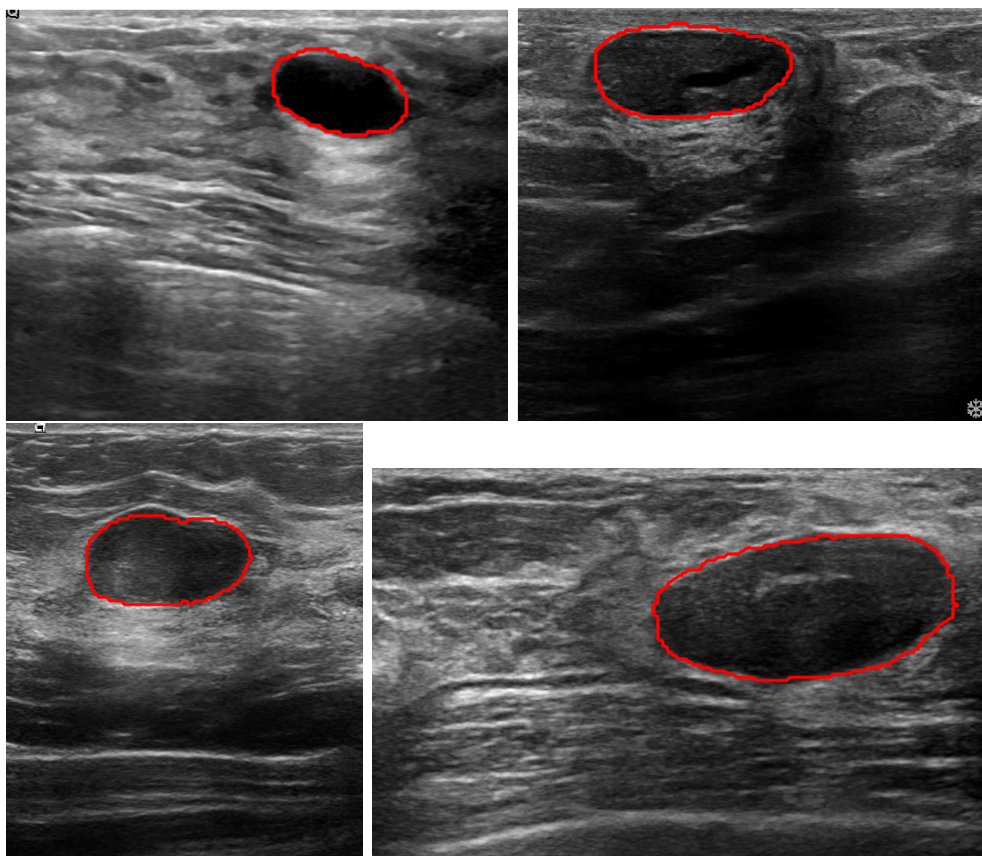
Struktura	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
i	0,0000	0,5589	0,7479	0,8419	0,9625	0,2830
II	0,0000	0,6540	0,7867	0,8622	0,9623	0,2082
III	0,0000	0,6547	0,7708	0,8482	0,9604	0,1935
IV	0,0000	0,6587	0,7798	0,8564	0,9634	0,1977

prostszej strukturze jest wyraźnie mniej skuteczna od pozostałych zarówno pod kątem mediany, jak i stopnia dyspersji wyników. Struktura III oferuje najlepsze wyniki pod względem mediany i trzeciego kwartyła. Pomimo, że różnice w odniesieniu do struktur III i IV nie są duże, istnieje dodatkowy czynnik w postaci głębokości i pojemności sieci oraz związanej z tym złożoności czasowej. W związku z powyższym można wnioskować, że objętość sieci o strukturze



Rys. 6.5: Wyniki cząstkowe badania wpływu struktury sieci CNN. Przedstawiono wykresy pudełkowe wartości DI dla każdej z testowanych struktur i poszczególnych podzbiorów testowych w 5-krotnej walidacji krzyżowej (1–5, czarne pudełka) oraz zbioru zagregowanego (Agr, niebieskie pudełko). Szczegółowe wartości liczbowe dla podzbiorów 1–5 zawarto w dodatku A.1 (tab. A.1–A.4), a dla zbioru zagregowanego — w tab. 6.1.

numer II jest wystarczająca dla przeprowadzenia segmentacji z użyciem proponowanej metody, a dalsze jej zwiększanie powoduje wyłącznie zwiększenie nakładów obliczeniowych, nie powodując poprawy jakości segmentacji. W efekcie uznano, że eksperyment wskazuje na strukturę II jako najlepszą. Na uwagę zasługuje fakt, iż dla każdej ze struktur zaobserwowano maksymalną wartość DI około 0,96. Przykładowe wyniki segmentacji wysokiej jakości przedstawiono za pomocą czerwonych obrysów na rys. 6.6.

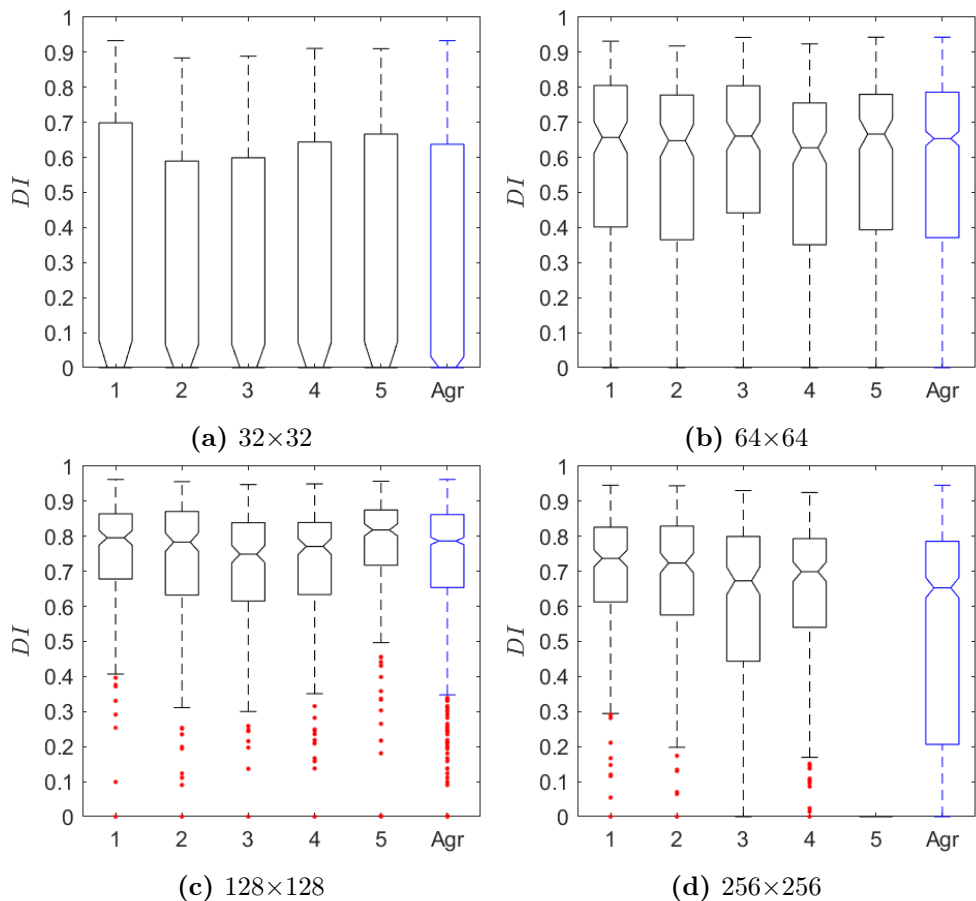


Rys. 6.6: Przykładowe wyniki segmentacji przy pomocy sieci CNN o strukturze II.

6.1.5 Badanie wpływu rozdzielczości obrazu wejściowego

Dla wybranej struktury sieci przetestowano wpływ rozdzielczości obrazu wejściowego na wyniki segmentacji. Przeprowadzono eksperyment dla czterech różnych rozmiarów obrazu: 32×32 , 64×64 , 128×128 i 256×256 pikseli. Pozostałe parametry sieci pozostały niezmienione.

Rys. 6.7 przedstawia wykresy pudełkowe współczynnika DI dla poszczególnych zbiorów testowych i zbioru powstałego przez agregację wyników uzyskanych dla pięciu podzbiorów testowych w walidacji krzyżowej dla każdego z testowanych rozmiarów obrazu wejściowego, a tab. 6.2 zawiera wybrane miary statystyczne DI w zbiorze zagregowanym. Mediana DI na poziomie 0 wyklucza opcję obrazów o wymiarach 32×32 piksele, pomimo że w pojedynczych przypadkach uzyskano wysokie wartości współczynnika nawet dla tak małego obrazu wejściowego. Rozmiar 64×64 pikseli charakteryzuje się medianą DI na poziomie ok. 0,65 we wszystkich pięciu podzbiorach testowych, jednak przy stosunkowo dużym rozstępie międzykwartylnym. Wyniki uzyskane dla rozdzielczości



Rys. 6.7: Wyniki cząstkowe badania wpływu rozdzielczości obrazów. Przedstawiono wykresy pudełkowe wartości DI dla każdego z testowanych rozmiarów obrazu wejściowego i poszczególnych podzbiorów testowych w 5-krotnej walidacji krzyżowej (1–5, czarne pudełka) oraz zbioru zagregowanego (Agr, niebieskie pudełko). Szczegółowe wartości liczbowe dla podzbiorów 1–5 zawarto w dodatku A.2 (tab. A.5–A.8), a dla zbioru zagregowanego — w tab. 6.2.

128×128 pikseli wyraźnie wskazują na ten rozmiar (najwyższa mediana na poziomie około 0,79, podobnie obydwie kwartyły, dodatkowo najmniejszy rozstęp międzykwartyłowy). Wartość pierwszego kwartyła (0,65 DI) jest tu na poziomie mediany dla rozmiarów 64×64 i 256×256 pikseli. Wyniki uzyskane dla największych obrazów wejściowych pokazują niepowodzenie w trenowaniu sieci w przypadku jednego ze zbiorów testowych (rys. 6.7d), prawdopodobnie spowodowane zbyt krótkim czasem uczenia. Pomimo tego, że dla pozostałych czterech zbiorów testowych uzyskano satysfakcjonujące wyniki, są one niższe od modeli sieci z obrazami o rozmiarach 128×128 pikseli. Obserwacja ta prowadzi do wniosku,

Tab. 6.2: Wyniki badania wpływu rozdzielczości obrazów. W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla zagregowanych pięciu podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej dla każdego z rozważanych rozmiarów obrazu wejściowego. Komórki zawierające wartości median zaznaczono kolorowym tłem w skali od najniższej (kolor czerwony) do najwyższej (kolor zielony). Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Struktura	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
32×32	0,0000	0,0000	0,0000	0,6376	0,9333	0,6376
64×64	0,0000	0,3711	0,6538	0,7861	0,9430	0,4150
128×128	0,0000	0,6540	0,7867	0,8622	0,9623	0,2082
256×256	0,0000	0,2064	0,6532	0,7859	0,9459	0,5795

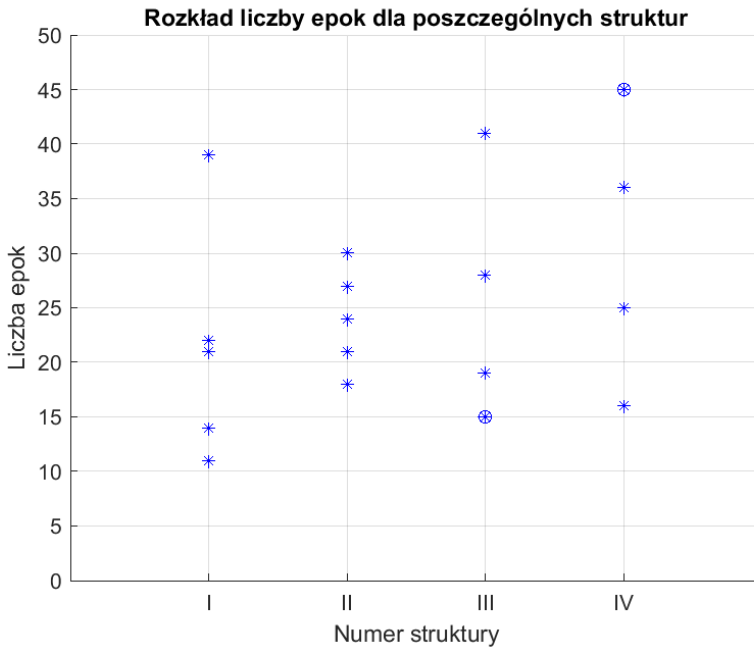
że rozmiar obrazów 128x128 pikseli jest wystarczającym do przeprowadzenia segmentacji, a zwiększanie go wyłącznie zwiększa nakłady mocy obliczeniowej potrzebnej do zastosowania algorytmu, nie powodując poprawy wyników.

6.1.6 Badanie wpływu liczby epok uczenia sieci CNN

Proces uczenia sieci neuronowej w zależności od wylosowanych wag początkowych i rozkładu obrazów w poszczególnych paczkach, a także parametrów augmentacji, może przebiegać w różny sposób. Jedną z najbardziej pożądanых cech w procesie uczenia (poza skutecznością) jest jego powtarzalność. W celu analizy powtarzalności procesu uczenia przeprowadzono eksperyment polegający na porównaniu liczby epok uczenia dla każdej z analizowanych sieci osobno. Jak opisano w rozdziale 3.2.2, liczba epok uczenia określana jest przez moment osiągnięcia minimalnej wartości funkcji straty dla zbioru walidacyjnego po zakończeniu treningu (rys. 3.5).

Na rys. 6.8 przedstawiono rozkład uzyskanych wyników dla każdej z wcześniej opisanych struktur sieci CNN w pięciu uruchomieniach związanych z 5-krotną walidacją krzyżową. Ponieważ każda ze struktur była testowana pięciokrotnie, możliwe jest porównanie powtarzalności długości uczenia pomiędzy strukturami. Na podstawie przedstawionych wyników można wnioskować, iż struktura II wykazuje najmniejszą różnicę pomiędzy minimalną i maksymalną liczbą epok uczenia, a wartości pomiędzy nimi są rozłożone równomiernie i są stosunkowo niewielkie (ok. 24 epok). Pozostałe trzy struktury charakteryzują się bardziej zmienną liczbą epok potrzebnych do nauczenia modelu, w niektórych przypadkach sięgającą nawet 45. Pierwsza struktura charakteryzuje się krótszym niż pozostałe procesem uczenia w czterech z pięciu przypadków. Może to być spowodowane stosunkowo małą liczbą wag podlegających uczeniu oraz faktem, iż są one zgrupowane tylko w trzech warstwach spłotowych.

Rys. 6.9 przedstawia wyniki analogicznego eksperymentu przeprowadzonego

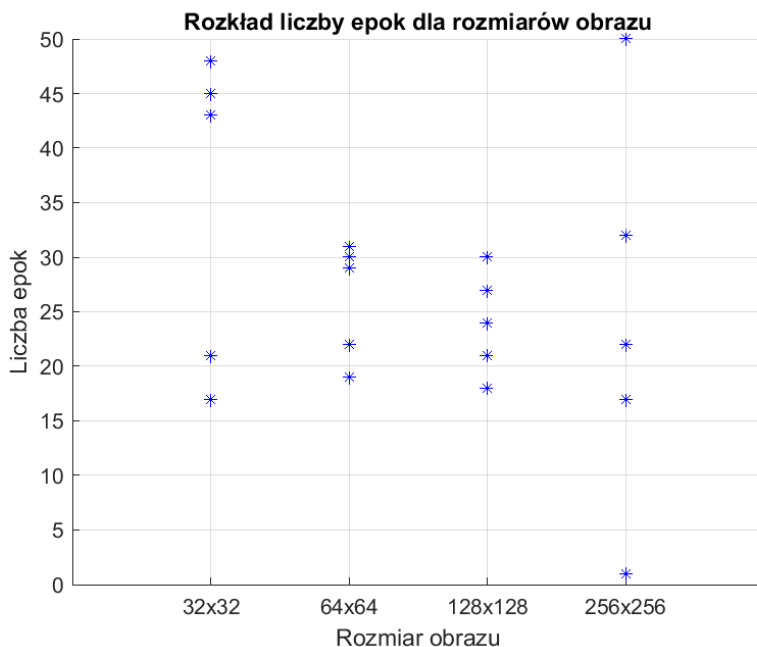


Rys. 6.8: Rozkład liczby epok uczenia dla poszczególnych struktur sieci CNN. Kółkiem oznaczono powtarzające się wartości.

dla różnych rozdzielczości obrazu wejściowego. I tak, najbardziej zbliżone do siebie rezultaty uzyskano dla obrazów 64×64 i 128×128 pikseli. Największa różnica pomiędzy próbami została zaobserwowana dla największego obrazu 256×256 pikseli. Może to wskazywać na fakt, iż w rozpatrywanym zakresie 50 epok nie zaobserwowano znaczącego spadku wartości funkcji straty, a co za tym idzie odpowiedniego dopasowania modelu do danych rzeczywistych. Niska wartość pierwszego kwartyla dla tego rozmiaru obrazu zamieszczona w tab. 6.2 potwierdza, że 50 epok jest prawdopodobnie wartością niewystarczającą dla nauczenia sieci obrazami tej rozdzielczości.

6.1.7 Mapowanie aktywacji klasy ważone gradientem

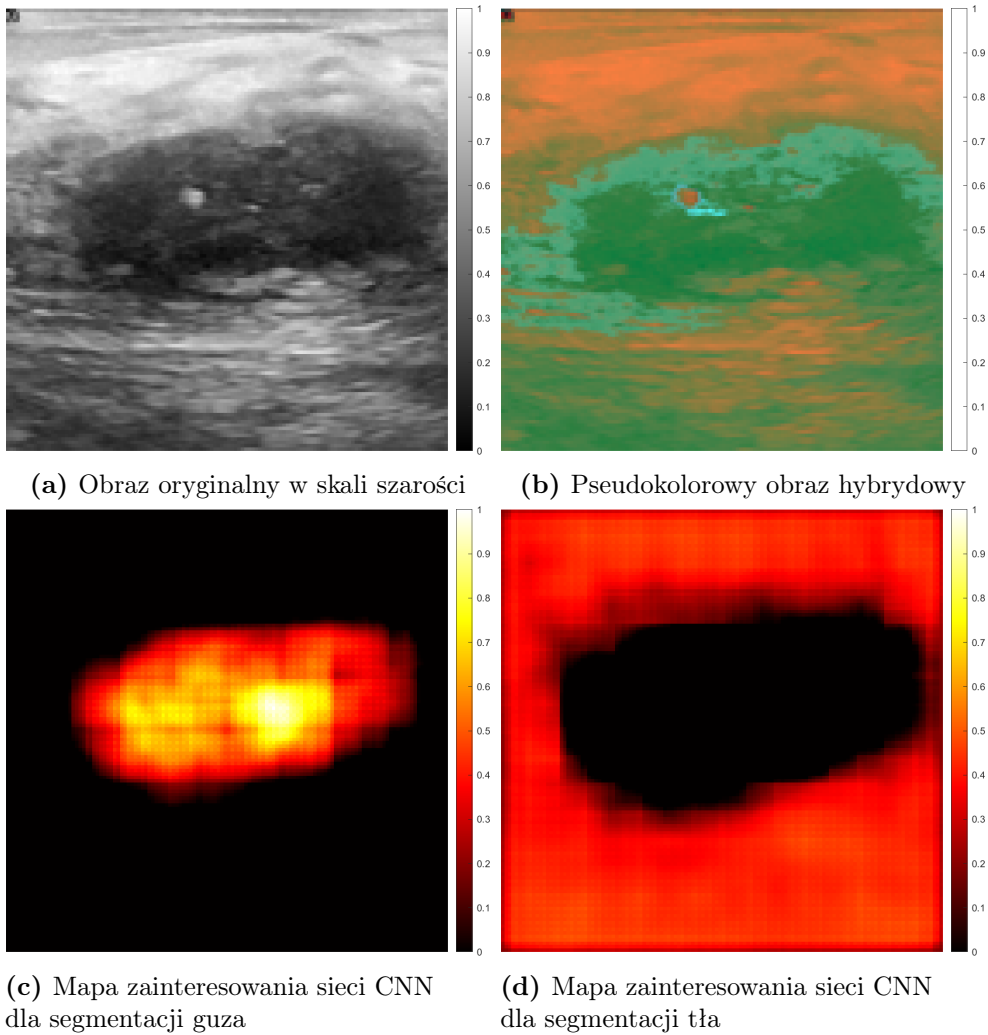
Metoda mapowania aktywacji klasy ważona gradientem (ang. *gradient-weighted class activation mapping*, Grad-CAM) należy do rodziny algorytmów tzw. interpretowalnej sztucznej inteligencji (ang. *explainable artificial intelligence*, XAI). Ma ona na celu wskazanie fragmentów obrazu, które miały największy wpływ na decyzję sieci spłotowej o granicach segmentowanego obiektu [98, 118]. Ze względu na ogromną liczbę neuronów nie jest możliwa bezpośrednia analiza wag sieci przez człowieka. Opracowanie metody Grad-CAM pozwala na wizualizację wpływu konkretnych obszarów obrazu i subiektywną ocenę działania



Rys. 6.9: Rozkład liczby epok uczenia dla poszczególnych rozmiarów obrazu wejściowego.

sieci na etapie jej projektowania. Ze względu na mnogość czynników, które mogą mieć wpływ na decyzję sieci (np. fragmenty tła lub widocznego na obrazie interfejsu), zastosowanie metody wizualizacji pozwala na zweryfikowanie, czy decyzja sieci nie jest spowodowana nieracjonalnymi czynnikami.

Na rys. 6.10 przedstawiono wynik mapowania dla ostatniej warstwy sieci dla przykładowego obrazu ze zbioru danych (rys. 6.10a). Na wejście sieci podano pseudokolorowy obraz hybrydowy przygotowany zgodnie z przedstawioną wcześniej metodyką (rys. 6.10b). Rys. 6.10c i 6.10d przedstawiają kolejno mapy zainteresowania sieci zmianą patologiczną oraz tłem. Ze względu na to, że zaprojektowana sieć dzieli obraz tylko na dwie klasy, mapy te w dużym stopniu dopełniają się wzajemnie — obszary odpowiedzialne za segmentację zmiany nie biorą udziału w wyodrębnieniu tła i odwrotnie. Na zilustrowanym przykładzie można zaobserwować, że największe znaczenie w procesie segmentacji zmiany mają piksele znajdujące się w jej środkowej części (oznaczone kolorem żółtym) natomiast piksele przy jej krawędziach (oznaczone kolorem czerwonym) są mniej istotne. Co ciekawe, w przypadku wyodrębnienia tła nie można wskazać obszaru o maksymalnym poziomie aktywacji, a mapa zainteresowania sieci w tym obszarze charakteryzuje się równomierną aktywacją na średnim poziomie (ok. 0,5). Przedstawiona wizualizacja map aktywacji pozwala na stwierdzenie,



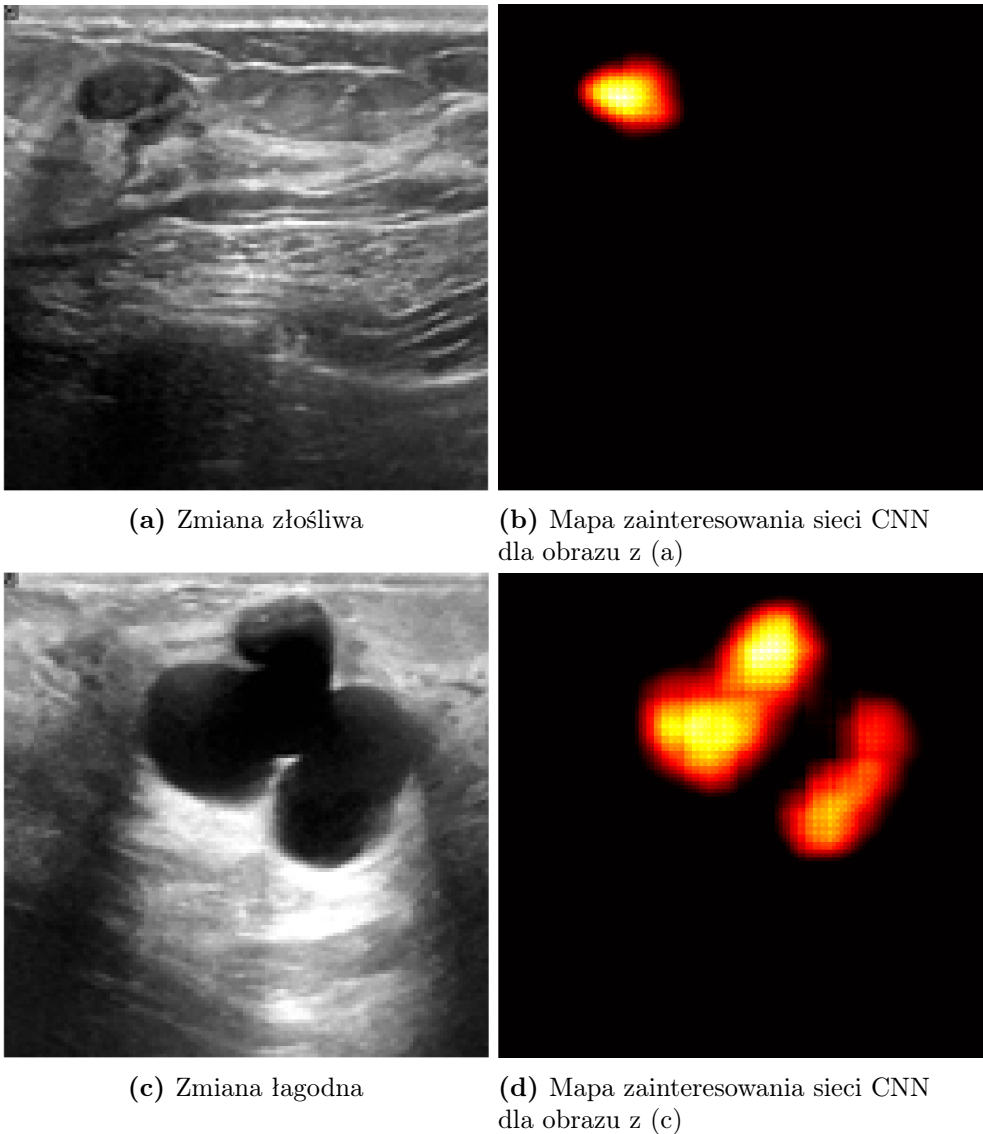
Rys. 6.10: Ilustracja mapowania aktywacji klas ważonej gradientem GradCAM.

że sieć wykorzystuje do segmentacji fragmenty obrazu, które w warunkach klinicznych zostałyby również wykorzystane przez eksperta.

Na rys. 6.11 przedstawiono przykładowe obrazy USG wraz z odpowiadającymi im mapami zainteresowań głębokiej splotowej sieci neuronowej dla klasy odpowiadającej detekcji zmian patologicznych: złośliwej i łagodnej.

6.1.8 Badanie wpływu parametrów aktywnego konturu

Przetestowanie powyższych parametrów głębokiej sieci neuronowej pozwoliło na wybór najbardziej efektywnej konfiguracji, pozwalającej na wyznaczenie



Rys. 6.11: Przykłady mapowania aktywacji klas ważonej gradientem GradCAM dla złośliwej i łagodnej zmiany patologicznej

konturu początkowego dla metody aktywnego konturu. Kolejnym etapem było przetestowanie wpływu wartości parametrów aktywnego konturu na wyniki segmentacji. Przetestowano kombinacje wartości współczynnika kurczliwości CB i współczynnika wygładzania SF dla liczby iteracji ewolucji aktywnego konturu w zakresie od 5 do 50. Analizie poddano wszystkie obrazy z konturem początkowym wyznaczonym przez najlepszą spośród nauczonych splotowych

Tab. 6.3: Zestawienie wartości współczynnika Dice'a DI dla różnych wariantów i zestawów parametrów metody aktywnego konturu. Porównanie wartości średnich i środkowych dla metod Chan-Vese i geodezyjnego aktywnego konturu. Wartości w poszczególnych kolumnach zaznaczono kolorowym tłem w skali od najniższej (kolor czerwony) do najwyższej (kolor zielony).

Liczba iteracji	Chan-Vese		GAC	
	Średnia DI	Mediana DI	Średnia DI	Mediana DI
5	0,7848	0,8549	0,7629	0,8296
6	0,7844	0,8550	0,7658	0,8336
7	0,7853	0,8560	0,7683	0,8359
8	0,7860	0,8545	0,7699	0,8395
9	0,7853	0,8552	0,7706	0,8378
10	0,7846	0,8539	0,7708	0,8402
15	0,7817	0,8525	0,7748	0,8448
20	0,7776	0,8480	0,7766	0,8447
25	0,7738	0,8419	0,7762	0,8435
30	0,7692	0,8379	0,7744	0,8431
35	0,7644	0,8333	0,7748	0,8435
40	0,7600	0,8262	0,7751	0,8443
45	0,7560	0,8241	0,7750	0,8441
50	0,7520	0,8160	0,7750	0,8444

sieci głębokich.

W tab. 6.3 zestawiono średnie i środkowe wartości współczynnika Dice'a dla najlepszego zestawu parametrów aktywnego konturu (CB oraz SF) i poszczególnych iteracji. Zaprezentowane wyniki uwzględniają dwie testowane metody: Chan-Vese i geodezyjny aktywny kontur. Można zauważyć, że dla metody Chan-Vese zarówno średnia jak i mediana osiągają wyższe wartości dla mniejszej liczby iteracji (ośmiu dla średniej i siedmiu dla mediany), a następnie skuteczność algorytmu stopniowo maleje. W przypadku metody krawędziowej można zauważyć znaczący wzrost skuteczności do około dwudziestej iteracji, a następnie niewielki spadek w kolejnych iteracjach, jednak różnice te są niewielkie. Występowanie tego typu maksimum w metodach AC wiąże się z efektami ewolucji konturu w określonym kierunku: rozprężanie lub zacieśnianie. W pierwszym z tych przypadków obiekt obejmowany przez kontur początkowy jest najczęściej zbyt mały, co wiąże się z dużą liczbą pikseli fałszywie negatywnych i niską czułością segmentacji. Wraz z rozprężaniem konturu czułość wzrasta, jednak istnieje zagrożenie spadku swoistości ze wzrostem liczby pikseli fałszywie pozytywnych, jeśli ewolucja konturu nie zatrzyma się po napotkaniu rzeczywistych krawędzi obiektu. Takie zagrożenie z pewnością pojawia się

w przypadku struktur, których krawędzie są nieoczywiste, rozmyte, lub trudno detekowalne, a takimi są zmiany nowotworowe w obrazach USG. Należy podkreślić, że przedstawione wyniki zostały osiągnięte dla różnych wartości CB i SF , co utrudnia ich analizę. Zakładając jednak możliwą optymalizację tych parametrów osiągnięto najlepsze wyniki DI dla metody Chan-Vese na poziomie 0,79 dla wartości średniej i 0,86 dla wartości środkowej. Nieznacznie niższe wyniki uzyskano dla metody krawędziowej: odpowiednio 0,78 dla średniej i 0,84 mediany współczynnika Dice'a.

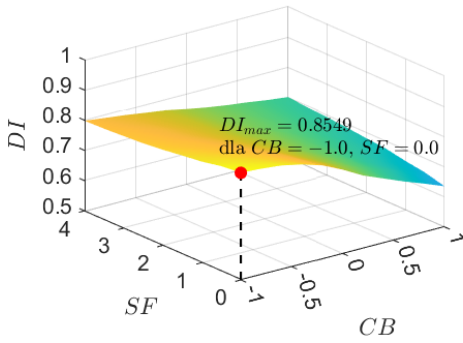
Rys. 6.12 ilustruje skuteczność działania etapu segmentacji zmiany patologicznej z wykorzystaniem dwóch metod aktywnego konturu. Rezultaty przedstawiono w postaci powierzchni pokazujących mediany współczynnika Dice'a w funkcji dwóch parametrów metody: współczynnika kurczliwości CB i współczynnika wygładzania SF . Po lewej stronie zaprezentowano wyniki dla metody Chan-Vese, po prawej dla modelu geodezyjnego GAC. W kolejnych wierszach rys. 6.12 przedstawiono płaszczyzny uzyskane odpowiednio w 5., 15. i 50. iteracji. Na osiach XY poszczególnych wykresów umieszczono CB w zakresie od -1 do 1 oraz SF w zakresie od 0 do 4. Powierzchnia przedstawiona na wykresie w obydwu metodach dla małej liczby iteracji przypomina płaszczyznę, następnie wraz ze wzrostem liczby iteracji wpływ parametrów ewolucji konturu staje się bardziej widoczny. W metodzie Chan-Vese najlepszą skuteczność uzyskano dla stosunkowo wysokiego współczynnika wygładzania SF i ujemnego współczynnika kurczliwości CB , natomiast metoda krawędziowa charakteryzuje się węższym pasmem skutecznych kombinacji przesuwającym się wraz ze wzrostem liczby iteracji w stronę większych wartości zarówno CB jak i SF .

Bazując na przedstawionych eksperymentach ustalono następujący zestaw parametrów segmentacji metodą aktywnego konturu (podany również w rozdziale 3.3.2): model Chan-Vese, 7 iteracji, $CB = -0,6$, $SF = 4,0$.

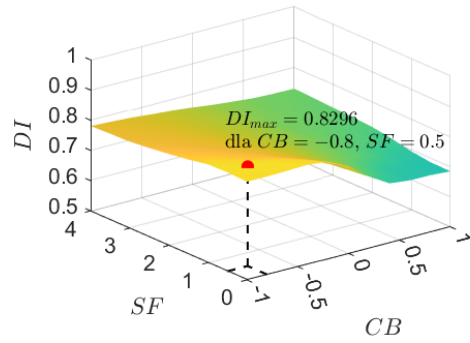
6.1.9 Porównanie wyników segmentacji z istniejącymi rozwiązaniami

Uzyskane wyniki porównano w tab. 6.4 z istniejącymi rozwiązaniami zasygnalizowanymi w rozdziale 3. Do porównania wybrano opisane w ostatnich dwóch latach (2022–2023) w uznanych źródłach metody, które były uczone lub testowane za pomocą przynajmniej dwóch z trzech publicznych baz obrazów USG wykorzystywanych w niniejszej pracy [20, 47, 69, 92, 126] (w pracy Ru i współpracowników [92] użyto kompletu trzech baz). Wszystkie metody bazują na modelach głębokich sieci neuronowych o architekturach przeważnie głębszych i bardziej zaawansowanych niż zaproponowana w niniejszej pracy. We wszystkich przypadkach stosowana jest strategia testowania narzędzi segmentacji w obrębie pojedynczych baz — w tab. 6.4 podano wszystkie raportowane średnie miary współczynnika DI .

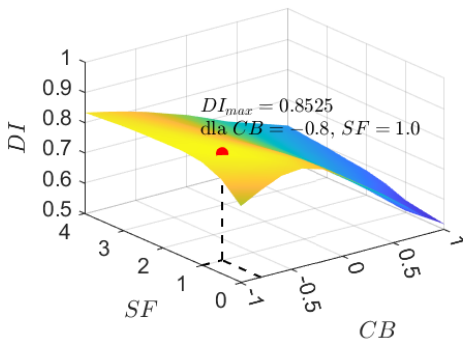
Współczynnik Dice'a dla poszczególnych baz BUSI [29], Dataset B [127]



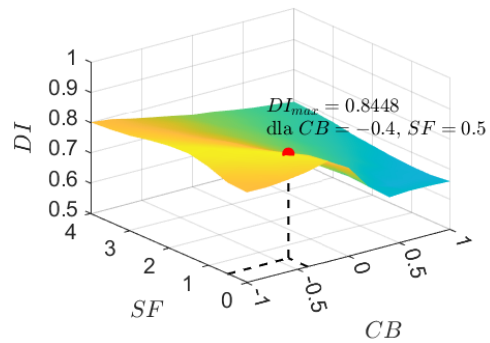
(a) Chan-Vese, 5 iteracji



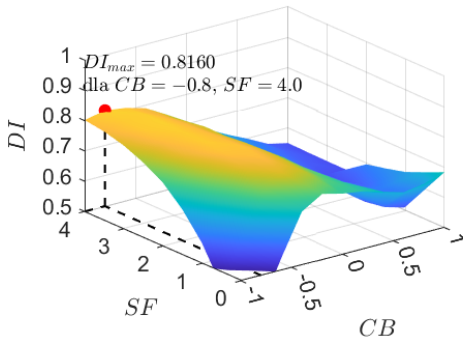
(b) GAC, 5 iteracji



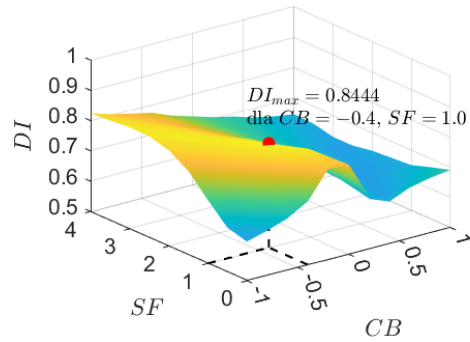
(c) Chan-Vese, 15 iteracji



(d) GAC, 15 iteracji



(e) Chan-Vese, 50 iteracji



(f) GAC, 50 iteracji

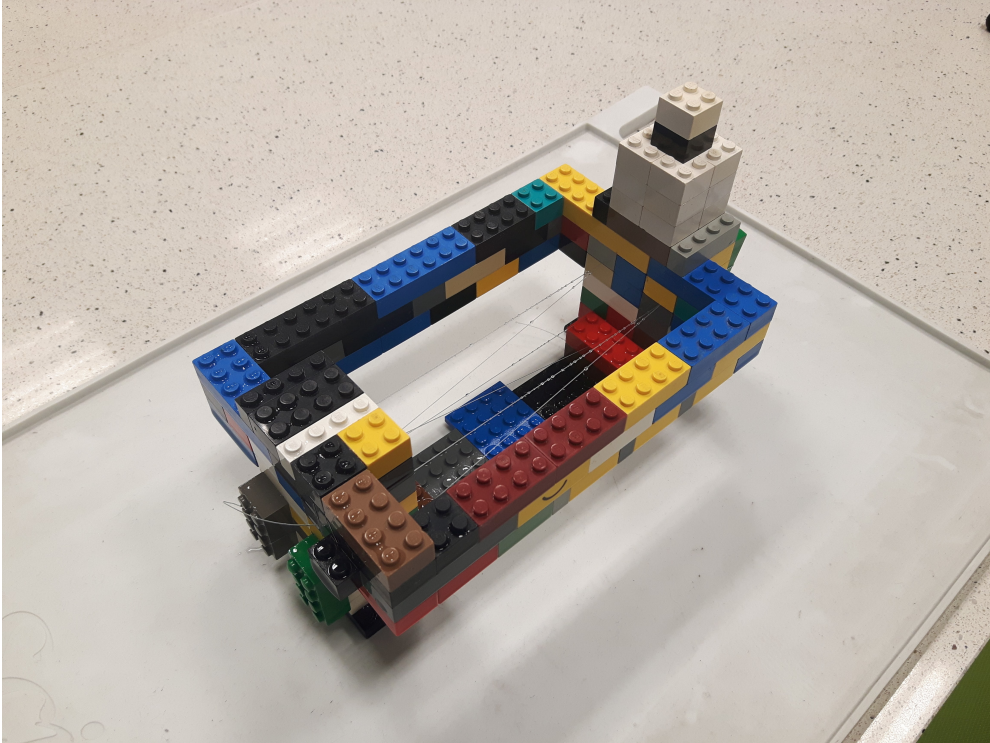
Rys. 6.12: Rozkład wartości współczynnika DI dla 5, 15 i 50 iteracji ewolucji aktywnego konturu w funkcji parametrów CB i SF . Lewa kolumna: model Chan-Vese, prawa kolumna: model GAC. Czerwony znacznik wskazuje maksimum DI na każdym wykresie wraz z podaniem jego wartości wraz z wartościami parametrów CB i SF .

i OASBUD [85] mieści się dla metod referencyjnych w zakresie 0,60–0,87. Wy różnia się spośród nich opublikowany w marcu 2023 roku model Yanga i współ-

Tab. 6.4: Porównanie wyników segmentacji guzów piersi zaproponowanej metody i rozwiązań literaturowych.

Praca	Opis metody	Dane	Średnia DI
Huang, 2022 [47]	Sieć głęboka SCFUR-Net (ang. <i>spatial and channel-wise fuzzy uncertainty reduction network</i>)	1830 obrazów, 4 bazy (3 publiczne), w tym BUSI i Dataset B	0,90 w seg. wieloklasowej na bazie własnej; 0,93 / 0,81 (BUSI) / 0,81 (Dataset B) w seg. binarnej na bazach publicznych
Lu, 2023 [69]	Sieć głęboka HAG-Net (ang. <i>hybrid attention-guided network</i>), wykorzystująca mechanizm uwagi	980 obrazów, 2 bazy publiczne: BUSI i OASBUD	Zależnie od bazy danych: 0,83 (BUSI) / 0,78 (OASBUD)
Ru, 2023 [92]	Sieć głęboka Att-U-Node, wykorzystująca mechanizm uwagi oraz ODE (ang. <i>ordinary differential equations</i>)	1180 obrazów, 5 baz (4 publiczne), w tym BUSI, Dataset B i OASBUD	Zależnie od bazy danych: 0,77 (BUSI) / 0,78 (Dataset B) / 0,60 (OASBUD) / 0,70 / 0,70
Chen, 2023 [20]	Sieć głęboka RRCNet (ang. <i>refinement residual convolutional network</i>), wykorzystująca mapę istotności	943 obrazy, 2 bazy publiczne: BUSI i Dataset B	Zależnie od bazy danych: 0,79 (BUSI) / 0,80 (Dataset B)
Yang, 2023 [126]	Sieć głęboka CSwin-PNet typu transformer	943 obrazy, 2 bazy publiczne: BUSI i Dataset B	Zależnie od bazy danych: 0,87 (Dataset B) / 0,84 (BUSI)
Proponowana metoda	Rozmyta spójność + sieć głęboka + aktywny kontur	993 obrazy, 3 publiczne bazy: BUSI, Dataset B i OASBUD	0,79 na wspólnej bazie

pracowników [126], oparty na sieci głębokiej typu transformer ($DI = 0,84$ i $0,87$). Metoda Yanga nie była jednak testowana za pomocą bazy OASBUD, a analizując przedstawione prace można zauważyć, że wyniki uzyskiwane dla tej bazy są gorsze niż dla pozostałych publicznych baz. Może to świadczyć o tym, że analiza badań w niej zawartych jest trudniejsza niż w pozostałych. W takim wypadku wydaje się uzasadnione szczególnie porównać uzyskane wyniki z wynikami osiągniętymi przez Ru [92] ($DI = 0,6$ dla OASBUD) i Lu [69] ($DI = 0,78$ dla OASBUD). Uzyskany na połączonej bazie wynik autorskiej metody segmentacji na poziomie średniej $DI = 0,79$ (mediana $DI = 0,86$) stanowi konkurencyjny rezultat, co świadczy aktualności narzędzia w dziedzinie.



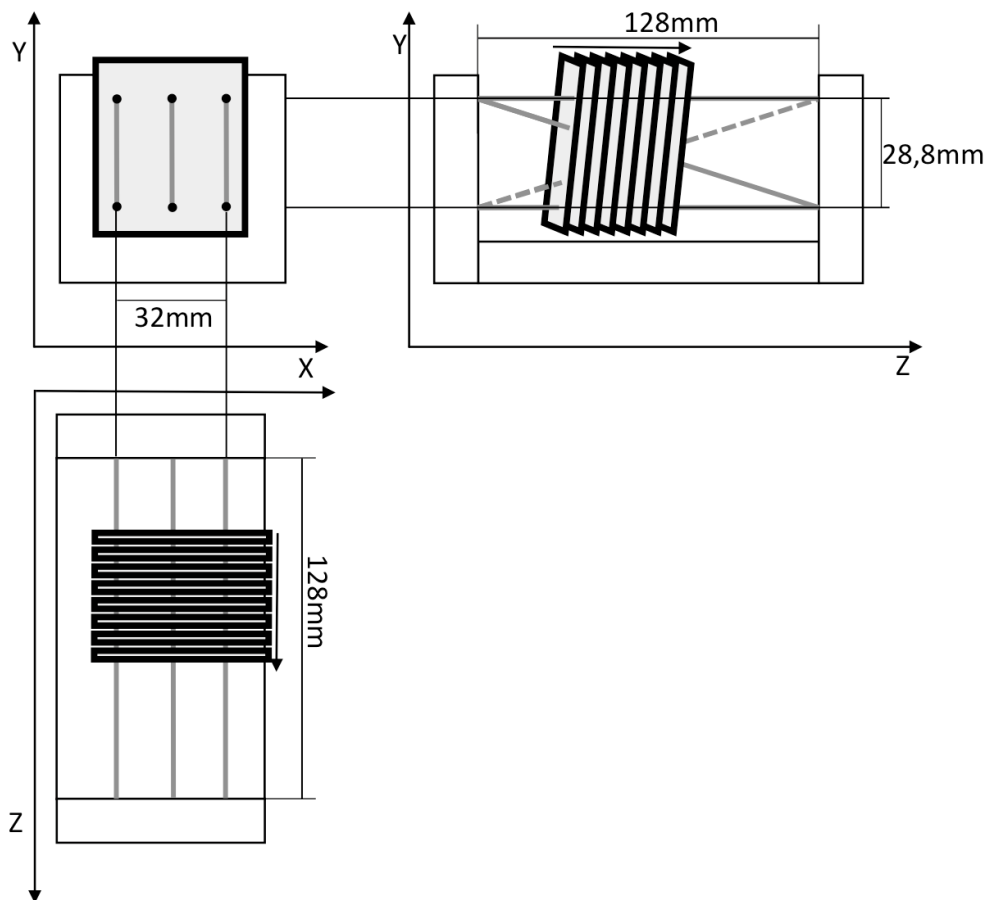
Rys. 6.13: Ilustracja fantomu wykorzystywanego w eksperymencie oceny jakości metody rekonstrukcji 3D [58].

6.2 Ocena jakości rekonstrukcji z wykorzystaniem danych laboratoryjnych

Celem eksperymentu było przeprowadzenie analizy wyników trójwymiarowej rekonstrukcji przemieszczającego się obiektu metodą opisaną w rozdziale 4 i porównanie ich z obecnie stosowaną metodą.

6.2.1 Stanowisko pomiarowe

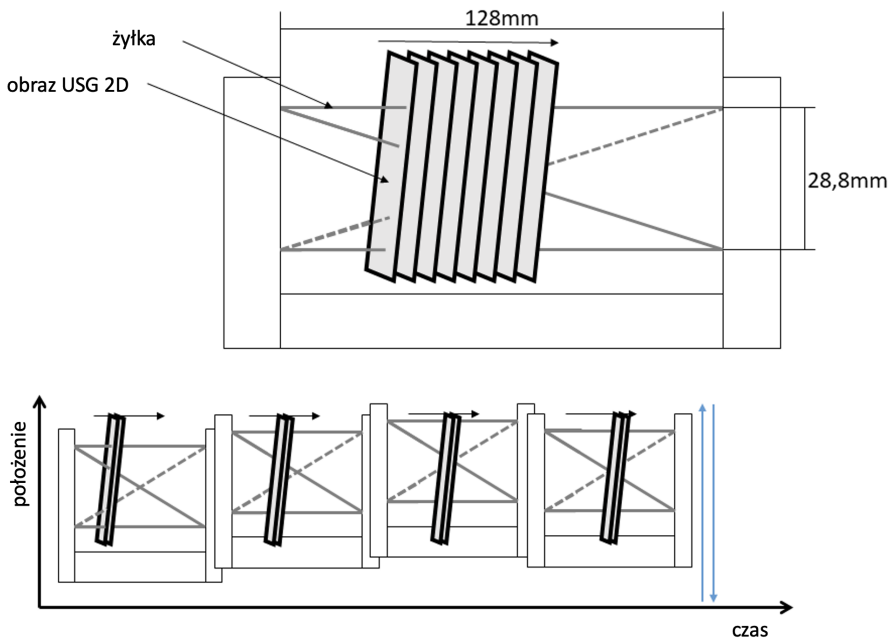
Badanym obiektem był Z-kształtny fantom składający się z ramy zbudowanej z klocków Lego oraz siedmiu żyłek wędkarskich o średnicy 0,3 mm (rys. 6.13). Średnica żyłek została dobrana na podstawie wartości powracającego echa na obrazie, a układ żyłek umożliwiał określenie położenia obrazu USG względem fantomu. Cztery żyłki zostały umieszczone równolegle w przeciwległych narożnikach ramy, dwie kolejne łączyły sąsiednie narożniki pod kątem, równoległe do siebie, natomiast ostatnia żyłka przecinała środek fantomu (rys. 6.14). Układ nierównoległych żyłek umożliwiał określenie położenia gło-



Rys. 6.14: Schemat i wymiary fantomu wykorzystywanego w eksperymencie oceny jakości metody rekonstrukcji 3D [58].

wicy w osi długiej fantomu. Zbudowany na wzór fantomu kalibracyjnego obiekt pozwolił na uproszczoną segmentację dobrze widocznych żyłek, co z kolei zminimalizowało błędy rekonstrukcji spowodowane nieprawidłową segmentacją.

W eksperymencie wykorzystano system śledzenia NDI Polaris Vicra [79] oraz jeden marker optyczny umieszczony na głowicy ultrasonograficznej i jeden na fantomie. Obrazowanie zostało przeprowadzone przy pomocy ultrasonografu Philips iU22 [81] z głowicą liniową L12-5 [82]. Wykorzystano ustawienia wstępne urządzenia: „*Small Parts Breast Advanced*”. System śledzenia został uprzednio skalibrowany zgodnie z procedurą opisaną w rozdziale 4.1 przy użyciu biblioteki PLUS w wersji 2.4 [64]. Do akwizycji obrazów cyfrowych wykorzystano urządzenie przechwytyjące Epiphan DVI2USB3.0 [34], które pozwoliło na rejestrowanie obrazu z częstotliwością 10 Hz.



Rys. 6.15: Ilustracja przebiegu eksperymentu oceny jakości rekonstrukcji. Część statyczną pokazuje górny rysunek, część dynamiczną — dolny [58].

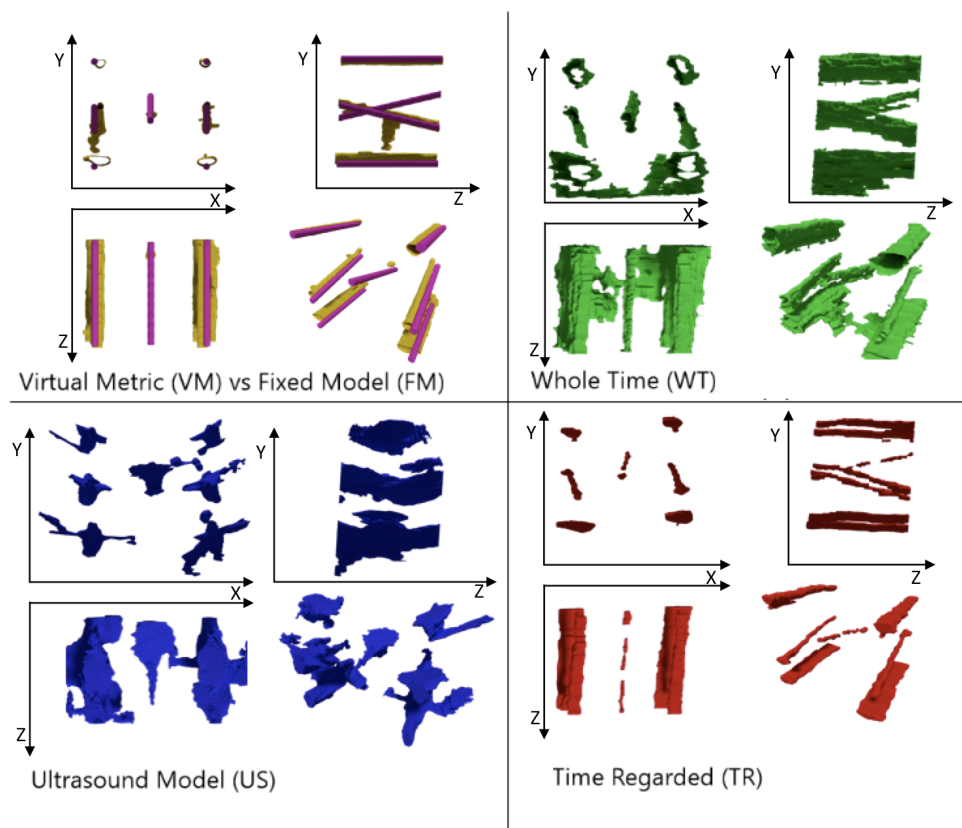
Referencyjne obrazy trójwymiarowe otrzymano dzięki głowicy matrycowej konweksowej Philips X6-1 [83]. Głowica ta umożliwia akwizycję wolumetrycznego obrazu USG 3D w czasie rzeczywistym, dzięki czemu możliwe było zarejestrowanie całego fantomu jednocześnie. W oparciu o rzeczywisty fantom zaprojektowany został również wirtualny model fantomu jako drugi model referencyjny.

6.2.2 Przebieg eksperymentu oceny jakości rekonstrukcji

Z-kształtny fantom został zanurzony w wodzie o temperaturze pokojowej. Eksperyment został podzielony na dwie części: statyczną i dynamiczną. Pierwsza z nich obejmowała liniowe skanowanie nieruchomego fantomu wzdłuż jego osi długiej. W części dynamicznej eksperymentu fantom przemieszczał się w górę i w dół ze średnią prędkością 1 mm/s podczas skanowania (rys. 6.15).

Wszystkie obrazy oraz ich położenia w postaci macierzy translacji i rotacji zostały poddane trójwymiarowej rekonstrukcji, w wyniku której powstały dwa modele: statyczny i dynamiczny.

Dane z drugiej (dynamicznej) części eksperymentu zostały dodatkowo po-



Rys. 6.16: Wizualizacja wyników rekonstrukcji fantomu przeprowadzonej różnymi metodami [58]. Oznaczenia modeli: VM — wirtualny model metryczny, WT — metoda niezależna od czasu, FM — model statyczny, US — model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG, TR — autorska metoda zależna od czasu.

dzielone na 10 rozłącznych podzbiorów. Na każdym z podzbiorów osobno przeprowadzono rekonstrukcję, a każdy z nich zawierał 30 ramek z wyjątkiem ostatniego, zawierającego 23 ramki. Wyniki zostały porównane z trzema modelami: statycznym, wirtualnym i otrzymanym przy pomocy głowicy trójwymiarowej (rys. 6.16).

Wszystkie modele zostały sprowadzone do wspólnego układu współrzędnych przy użyciu algorytmu ICP (rozdział 6.2.3) [73] po uprzedniej ręcznej rejestracji wstępnej.

6.2.3 Iteracyjny najbliższy punkt

Iteracyjny najbliższy punkt (ang. *iterative closest point*, ICP) to algorytm, który jest szeroko wykorzystywany w celu dopasowania do siebie dwóch chmur

punktów [8, 21]. Najczęściej stosuje się go w przypadku konieczności stworzenia modelu z dwóch modeli częściowych zawierających część wspólną lub znalezienia transformacji pozwalającej na określenie przemieszczenia obiektu poddawanego dopasowaniu. Algorytm minimalizuje odległości pomiędzy odpowiadającymi sobie punktami w chmurze punktów. Wyróżnia się dwie wersje ICP: klasyczną, gdzie optymalizatorem jest metoda najmniejszych kwadratów oraz podejście Levenberg-Marquardt'a, wykorzystujące obliczane numerycznie jacobiany.

Przykład zastosowania algorytmu ICP przedstawiono w pracy [73]. Eksperyment zakładał dopasowanie fragmentu chmury punktów po przesunięciu i rotacji do modelu oryginalnego. Zastosowano 30% punktów z chmury oryginalnej. Wyniki dopasowania przedstawiono na rys. 6.17. Na podstawie przeprowadzonego eksperymentu można stwierdzić, że algorytm ICP może być z powodzeniem stosowany do dopasowywania częściowych modeli do odpowiadających im fragmentów większego obiektu.

6.2.4 Miary oceny jakości rekonstrukcji

Weryfikacja zaproponowanej metody rekonstrukcji została przeprowadzona z wykorzystaniem dwóch miar jakości: błędu średniokwadratowego dopasowania $RMSE$ (ang. *root-mean-square error*) i odległości Hausdorffa d_H (ang. *Hausdorff distance*).

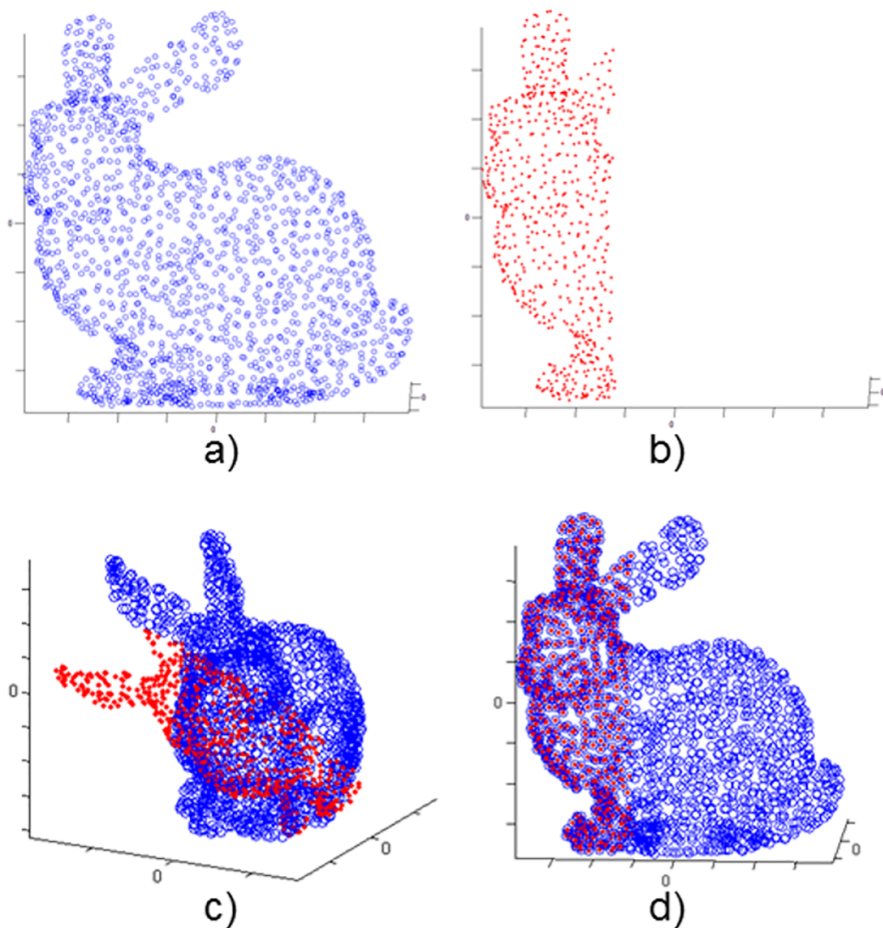
Niech n oznacza liczbę wierzchołków modelu, a e jest błędem dopasowania dwóch odpowiadających sobie wierzchołków, wyrażonym w milimetrach. $RMSE$ jest zdefiniowane zgodnie z:

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{t=1}^n e_t^2}. \quad (6.2)$$

Odległość Hausdorffa d_H jest zdefiniowana jako odległość pomiędzy zwartymi podzbiorem przestrzeni metrycznej zupełnej, zgodnie ze wzorem:

$$d_H(A, B) = \max\left\{\sup_{a \in A} \inf_{b \in B} d_e(a, b), \sup_{b \in B} \inf_{a \in A} d_e(a, b)\right\}, \quad (6.3)$$

gdzie d_e jest odległością euklidesową, A i B dwoma rozpatrywanymi zbiorami niepustymi, a a i b są odpowiednio wierzchołkami należącymi do tych zbiorów. Wzory te są prawdziwe również wówczas, gdy elementem zbioru jest woksel obrazu należący do modelu, jak to ma miejsce w przypadku uzyskanych modeli (rekonstrukcji).



Rys. 6.17: Przykład zastosowania algorytmu ICP: a) chmura punktów A, b) chmura B (30% chmury A), c) obrót i przesunięcie chmury B, d) dopasowanie chmur A i B w jednym układzie współrzędnych przy pomocy algorytmu ICP [73].

6.2.5 Wyniki eksperymentu oceny jakości rekonstrukcji

Tak zdefiniowane miary jakości dopasowania pozwoliły oszacować jakość rekonstrukcji fragmentów uzyskanego modelu w odniesieniu do referencyjnego modelu rzeczywistego [58].

Uzyskane wartości liczbowe średniej i mediany odległości Hausdorffa dla wszystkich podzbiorów i każdej z zastosowanych metod rekonstrukcji zostały przedstawione w tab. 6.5. Najmniejsza zgodność modeli została zarejestrowana dla modelu wykorzystującego głowicę trójwymiarową (US). Te dane zostały zarejestrowane z wykorzystaniem innego zakresu częstotliwości i nie są brane pod uwagę w dalszej analizie. Najmniejsza średnia wartość d_H równa 3,4 mm została zaobserwowana pomiędzy wirtualnym modelem metrycznym (VM) i modelem

Tab. 6.5: Zestawienie dopasowania modeli otrzymanych różnymi metodami rekonstrukcji. Analiza porównawcza dla odległości Hausdorffa pomiędzy modelami. Najwyższe wartości dla każdej miary zaznaczono kolorem czerwonym, a najniższe — zielonym. VM — wirtualny model metryczny, WT — metoda niezależna od czasu, FM — model statyczny, US — model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG, TR — autorska metoda zależna od czasu.

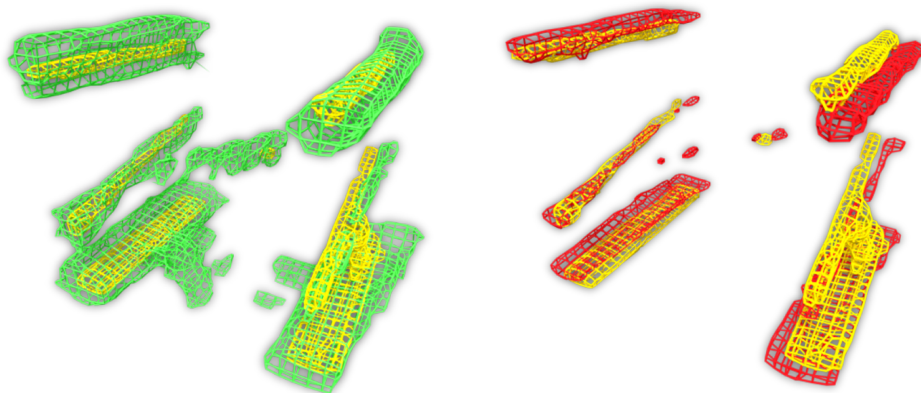
	Średnia d_H [mm]					Mediana d_H [mm]				
	VM	WT	FM	US	TR	VM	WT	FM	US	TR
VM	0.00					0.00				
WT	9.01	0.00				5.43	0.00			
FM	3.41	9.02	0.00			3.09	5.03	0.00		
US	9.55	10.32	8.04	0.00		8.03	9.06	7.87	0.00	
TR	4.04	5.12	4.70	8.01	0.00	2.90	3.59	2.95	7.10	0.00

Tab. 6.6: Zestawienie dopasowania modeli otrzymanych różnymi metodami rekonstrukcji. Analiza porównawcza dla błędu średniokwadratowego dopasowania pomiędzy modelami. Najwyższe wartości dla każdej miary zaznaczono kolorem czerwonym, a najniższe — zielonym. VM — wirtualny model metryczny, WT — metoda niezależna od czasu, FM — model statyczny, US — model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG, TR — autorska metoda zależna od czasu.

	Średnia $RMSE$ [mm]					Mediana $RMSE$ [mm]				
	VM	WT	FM	US	TR	VM	WT	FM	US	TR
VM	0.00					0.00				
WT	0.54	0.00				0.54	0.00			
FM	0.66	0.75	0.00			0.35	0.71	0.00		
US	1.37	1.44	2.38	0.00		1.05	1.45	2.23	0.00	
TR	0.68	1.79	0.75	2.19	0.00	0.46	1.44	0.41	2.37	0.00

nieruchomym (FM). Tak niski wynik wskazuje na to, że trójwymiarowa rekonstrukcja z założeniem nieruchomego obiektu jest zbliżona do obiektu rzeczywistego. Nieznacznie wyższa wartość średnia autorskiej metody (TR) w odniesieniu do modelu metrycznego ($d_H = 4,04$ mm) również wskazuje na wysoki stopień dopasowania. Analiza median pozwala jednak stwierdzić, że proponowana w niniejszej pracy metoda rekonstrukcji daje bardziej stabilne wyniki odległości Hausdorffa na poziomie około 2,9 mm. Wyraźnie gorsze rezultaty otrzymano dla powszechnie stosowanej metody rekonstrukcji niezależnej od czasu rejestracji (WT).

Tab. 6.6 zawiera średnie i środkowe wartości błędu średniokwadratowego dopasowania modeli po zastosowaniu algorytmu ICP każdego z dziesięciu podzbiorów. Relatywnie niskie wartości błędu potwierdzają zasadność wykorzystania tej metody we wzajemnym dopasowaniu modeli. Prawie wszystkie otrzy-



(a) Dopasowanie WT-FM

(b) Dopasowanie TR-FM

Rys. 6.18: Ilustracja dopasowania modeli do modelu referencyjnego. Kolorem zielonym zaznaczono model uzyskany przy pomocy klasycznej metody rekonstrukcji WT biblioteki PLUS (a), kolorem czerwonym model uzyskany metodą autorską TR (b), kolor żółty reprezentuje model referencyjny FM [58].

mane wartości błędu w stosunku do wirtualnego modelu VM (z wyłączeniem danych z głowicy trójwymiarowej US) były niższe niż 0,7 mm. Podobnie jak w przypadku analizy odległości Hausdorffa, mediany wyników $RMSE$ uzyskanych dla metody autorskiej (0,46 mm) i modelu nieruchomego (0,35 mm), porównanych z modelem metrycznym, były najmniejsze. Mediana błędów średniokwadratowych dla metody WT była większa i wynosiła 0,54 mm. Otrzymane wyniki wskazują, że powszechnie stosowana metoda WT w przypadku obiektów nieruchomych wykazuje bardzo dobre dopasowanie do modelu wirtualnego, natomiast dla obiektów przemieszczających się niższe błędy dopasowania występują przy zastosowaniu autorskiej metody rekonstrukcji TR, uwzględniającej czas rejestracji ramki. Kluczowe znaczenie ma tu zakres poruszania się rekonstruowanego obiektu — im większy, tym większe błędy rekonstrukcji metodą klasyczną WT.

Na rys. 6.18 porównano wizualnie dopasowanie zrekonstruowanych modeli do modelu referencyjnego FM. Kolorem zielonym zaznaczono model uzyskany przy pomocy klasycznej metody rekonstrukcji WT biblioteki PLUS (rys. 6.18a), kolorem czerwonym model uzyskany metodą autorską TR (rys. 6.18b), natomiast kolor żółty reprezentuje model referencyjny FM. Można zauważyć, że model WT charakteryzuje się znacznie większą objętością niż model referencyjny. Jest to spowodowane przesunięciem w pionie fantomu podczas skanowania. Uwzględnienie czasu rejestracji ramki w autorskiej metodzie TR powoduje

Tab. 6.7: Zestawienie średniej odległości Hausdorffa dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu. Najwyższe wartości dla każdego podzbioru zaznaczono kolorem czerwonym, a najniższe — zielonym. Żółte tło wskazuje wartości referencyjne. VM — wirtualny model metryczny, WT — metoda niezależna od czasu, FM — model statyczny, US — model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG, TR — autorska metoda zależna od czasu.

Podzbiór	Średnia d_H [mm]				
	VM-FM	VM-WT	FM-WT	VM-TR	FM-TR
1	5.02	11.09	13.25	2.88	6.22
2	2.23	8.22	7.92	3.59	3.27
3	3.55	9.20	8.03	5.23	4.88
4	2.74	3.62	2.86	3.57	3.41
5	3.52	10.38	9.95	3.99	4.21
6	2.19	7.27	7.50	3.34	3.47
7	4.49	11.39	12.66	5.37	7.52
8	2.87	6.54	5.01	4.22	4.28
9	3.76	11.02	11.32	4.01	4.64
10	3.69	11.38	11.11	4.26	5.05

Tab. 6.8: Zestawienie mediany odległości Hausdorffa dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu. Najwyższe wartości dla każdego podzbioru zaznaczono kolorem czerwonym, a najniższe — zielonym. Żółte tło wskazuje wartości referencyjne. VM — wirtualny model metryczny, WT — metoda niezależna od czasu, FM — model statyczny, US — model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG, TR — autorska metoda zależna od czasu.

Podzbiór	Mediana d_H [mm]				
	VM-FM	VM-WT	FM-WT	VM-TR	FM-TR
1	3.63	5.71	6.02	2.36	2.12
2	1.67	5.69	5.98	3.19	2.89
3	3.02	5.41	4.72	3.76	3.06
4	2.74	3.45	2.81	3.30	2.95
5	3.06	5.68	5.54	1.94	2.44
6	1.69	5.53	6.32	1.92	1.81
7	3.84	5.49	6.15	4.29	7.02
8	2.90	5.04	4.07	2.80	2.73
9	3.35	5.45	5.11	2.90	4.49
10	3.45	5.97	5.20	4.50	3.50

lepsze dopasowanie kształtu do modelu referencyjnego.

W tab. 6.7 i 6.8 przedstawiono szczegółowe wartości odległości Hausdorffa dla każdego z analizowanych podzbiorów danych z części dynamicznej ekspe-

Tab. 6.9: Zestawienie średniego błędu średniokwadratowego dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu. Najwyższe wartości dla każdego podzbioru zaznaczono kolorem czerwonym, a najniższe — zielonym. Żółte tło wskazuje wartości referencyjne. VM — wirtualny model metryczny, WT — metoda niezależna od czasu, FM — model statyczny, US — model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG, TR — autorska metoda zależna od czasu.

Podzbiór	Średnia $RMSE$ [mm]				
	VM-FM	VM-WT	FM-WT	VM-TR	FM-TR
1	1.32	0.57	0.83	0.47	0.65
2	0.48	0.46	0.60	0.49	0.43
3	0.36	0.70	0.92	1.42	1.59
4	0.52	0.71	0.75	0.72	0.66
5	0.40	0.53	0.88	0.45	0.74
6	0.53	0.44	0.57	0.45	0.40
7	1.08	0.48	0.79	0.86	0.84
8	0.38	0.57	0.76	0.54	0.59
9	0.77	0.49	0.73	0.52	0.66
10	0.64	0.45	0.74	0.89	1.02

rymentu oceny jakości rekonstrukcji. Pierwsza kolumna wskazuje jakość dopasowania modelu wirtualnego VM i nieruchomego FM, kolejne dwie modelu niezależnego od czasu rejestracji WT z modelami VM i FM, a ostatnie dwie autorskiego modelu TR z modelami VM i FM. W kolejnych wierszach znajdują się uzyskane wartości średnie lub mediany dla każdego z zastosowanych podzbiorów zarejestrowanych danych w rozłącznych oknach czasowych. Średnie wartości dla różnych podzbiorów są zróżnicowane w przypadku każdej z rozpatrywanych metod rekonstrukcji, ponieważ fantom był skanowany ręcznie z nierównomierną prędkością przesuwu głowicy. Z tego powodu bardziej miarodajne jest porównanie wartości środkowych. Mediana odległości Hausdorffa dla autorskiej metody jest znacząco mniejsza niż dla powszechnie stosowanej metody niezależnej od czasu rejestracji WT.

Tabele 6.9 i 6.10 przedstawiają w analogiczny sposób wartości błędu średniokwadratowego dla różnych metod dla każdego z analizowanych podzbiorów danych. Mediany błędu średniokwadratowego dla metody autorskiej TR charakteryzują się niskimi wartościami zarówno przy dopasowaniu do modelu metrycznego VM jak i modelu nieruchomego FM. Obserwuje się również znaczny wzrost błędów dopasowania z wykorzystaniem metody niezależnej od czasu rejestracji WT i nieruchomego modelu FM, co potwierdza słuszność wprowadzenia autorskich modyfikacji uwzględniających czas rejestracji ramki w metodzie rekonstrukcji.

Tab. 6.10: Zestawienie mediany błędu średniokwadratowego dopasowania między modelami dla wszystkich podzbiorów danych z części dynamicznej eksperymentu. Najwyższe wartości dla każdego podzbioru zaznaczono kolorem czerwonym, a najniższe — zielonym. Żółte tło wskazuje wartości referencyjne. VM — wirtualny model metryczny, WT — metoda niezależna od czasu, FM — model statyczny, US — model wykorzystujący trójwymiarową głowicę USG, TR — autorska metoda zależna od czasu.

Podzbiór	Mediana $RMSE$ [mm]				
	VM-FM	VM-WT	FM-WT	VM-TR	FM-TR
1	0.35	0.48	0.71	0.40	0.36
2	0.34	0.45	0.65	0.46	0.40
3	0.35	0.71	0.81	0.45	0.49
4	0.43	0.70	0.65	0.64	0.70
5	0.35	0.53	0.72	0.42	0.38
6	0.32	0.41	0.57	0.46	0.37
7	0.33	0.53	0.73	0.56	0.44
8	0.36	0.58	0.72	0.49	0.48
9	0.33	0.54	0.73	0.50	0.42
10	0.32	0.50	0.68	0.49	0.40

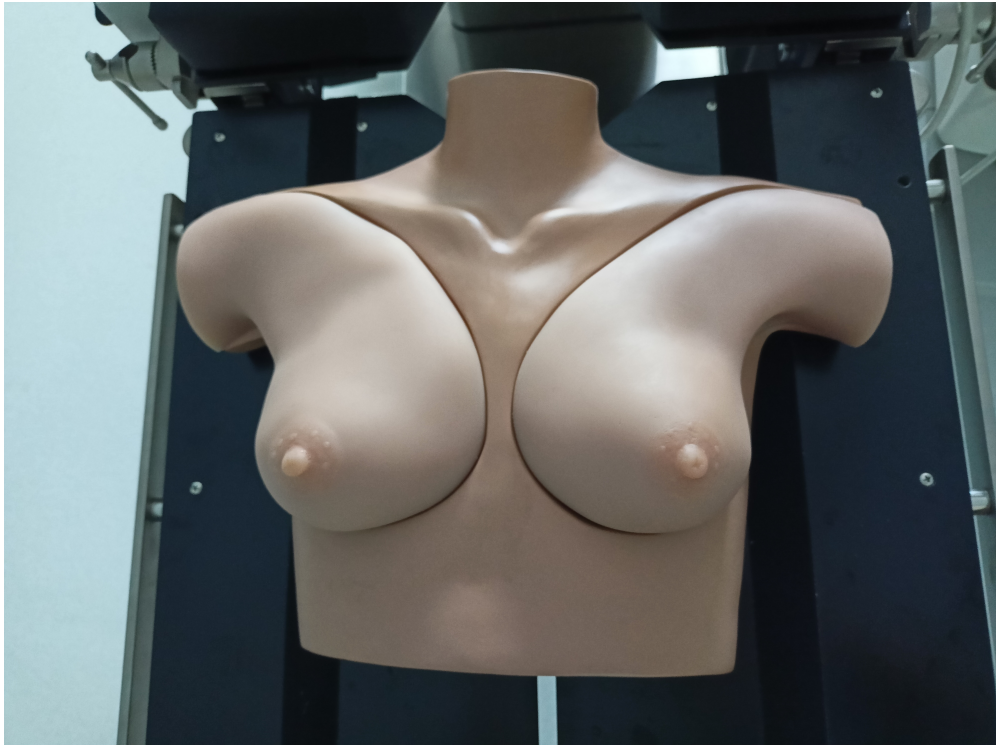
6.3 Symulacja badania w warunkach klinicznych z wykorzystaniem fantomu

6.3.1 Opis fantomu i przebiegu symulacji

Ze względu na brak kompletnych danych klinicznych zawierających zarówno obrazy USG, jak i macierze transformacji afinicznych, przeprowadzono eksperyment mający na celu wizualizację symulowanej zmiany patologicznej wewnątrz fantomu biopsyjnego. Wykorzystano fantom Breast Phantom Simulator (S230.52) firmy Gaumard[®] [38] (rys. 6.19). Fantom zawiera 13 cyst i 6 guzów litych. Dwuwymiarowe obrazy USG zarejestrowane podczas ręcznego skanowania fantomu głowicą ultrasonograficzną i wykorzystane w rekonstrukcji przedstawiono na rys. 6.20. Skanowanie odbywało się ruchem wachlarzowym w celu dokładnego zarejestrowania granic obiektu i obejmowało guz lity nr 2 znajdujący się w kwadrancie przyśrodkowym dolnym lewej piersi. Do rejestracji obrazów wykorzystano aparat ultrasonograficzny Philips iU22 z głowicą liniową L12-5.

6.3.2 Wyniki symulacji

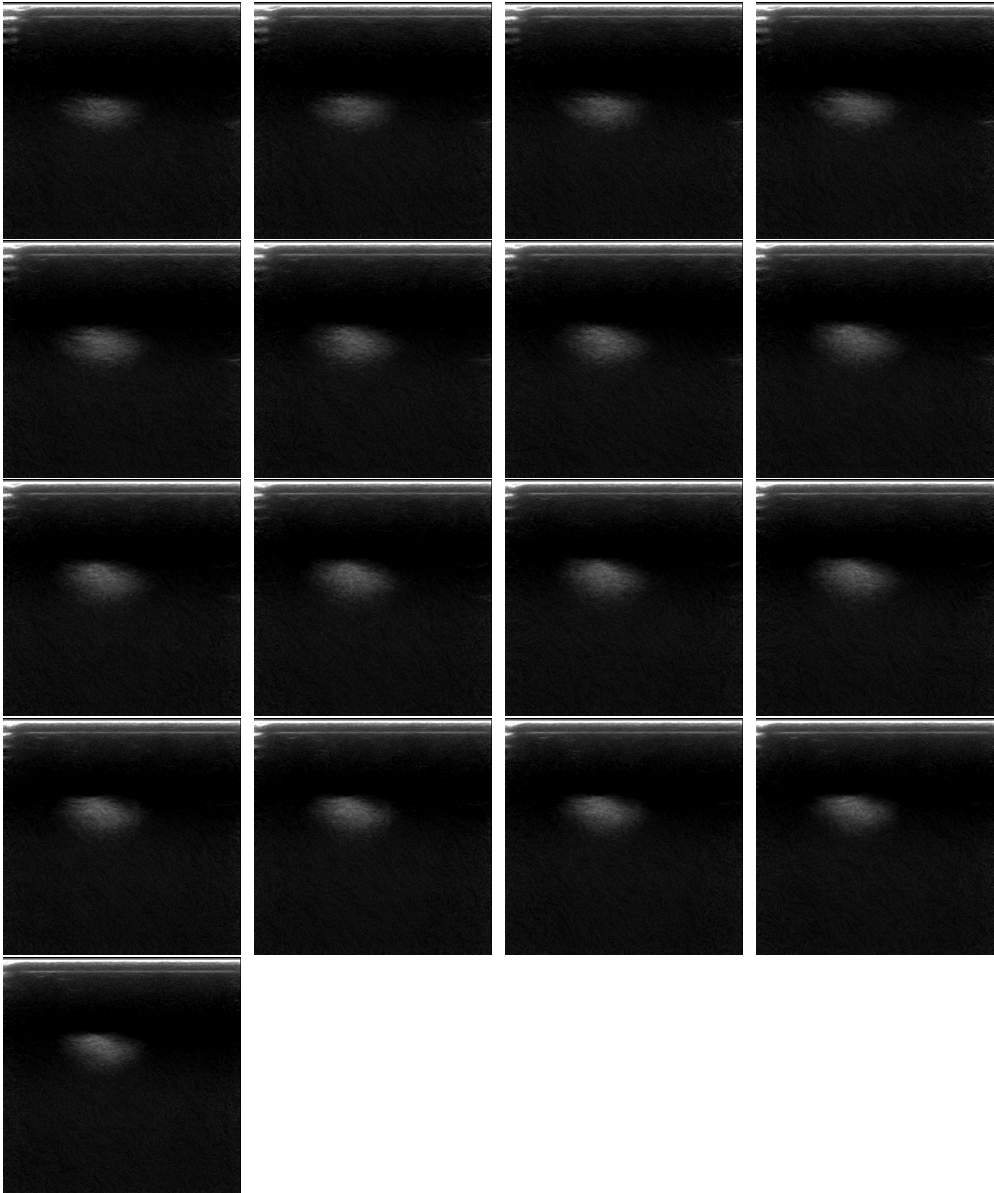
Rys. 6.21 przedstawia środkowy przekrój przepróbkowany do rozmiaru 128x128 pikseli ze względu na wykorzystywaną architekturę głębokiej sieci neuronowej do segmentacji. Na rys. 6.21a czerwonym krzyżem zaznaczono punkt startowy wskazany przez użytkownika, natomiast rys. 6.21b przedstawia obraz hybry-



Rys. 6.19: Zdjęcie przedstawiające wykorzystany do testowania metody fantom Breast Phantom Simulator (S230.52) firmy Gaumard[®].

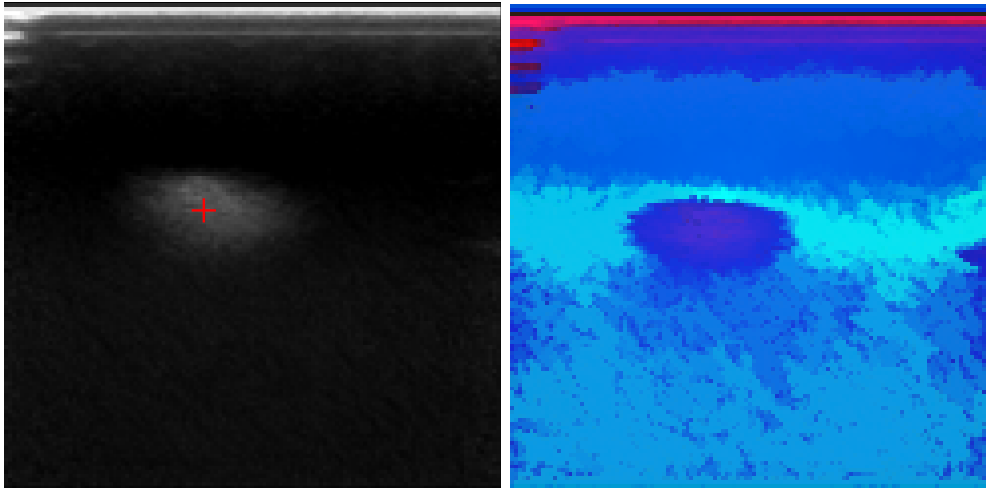
dowy, stanowiący wejście do sztucznej sieci neuronowej. Na rys. 6.22 przedstawiono przykładowy wynik rekonstrukcji obiektu wewnątrz fantomu biopsyjnego na podstawie powyższych danych.

Ze względu na to, iż fantom w odróżnieniu od rzeczywistej tkanki gruczołu sutkowego charakteryzuje się jednorodną echogenicznością w obrębie tła, segmentacja z wykorzystaniem sztucznej sieci neuronowej była utrudniona. Do uczenia sieci wykorzystano rzeczywiste dane kliniczne. Tak zaprojektowana sieć jest w stanie prawidłowo rozpoznać litego guza umiejscowionego w fantomie, jednak próba segmentacji cyst nie powiodła się. Prawdopodobną przyczyną było dostosowanie wag sieci do bardziej zróżnicowanych obrazów tkanki ludzkiej zawierających m. in. poziome włókna o wysokiej intensywności. Obrazy pochodzące z rejestracji fantomu są pozbawione charakterystycznej tekstury tkanki miękkiej otaczającej guza. Jest to dobrze widoczne na obrazie hybrydowym (rys. 6.21b), który w odróżnieniu od prezentowanych wcześniej hybrydowych obrazów klinicznych (rys. 3.3) charakteryzuje się wysoką intensywnością w kanale niebieskim, odpowiadającym za widok rozmytej spójności z wysokim współczynnikiem różnic intensywności w_2 (3.4), (3.6). Pomimo utrudnień na



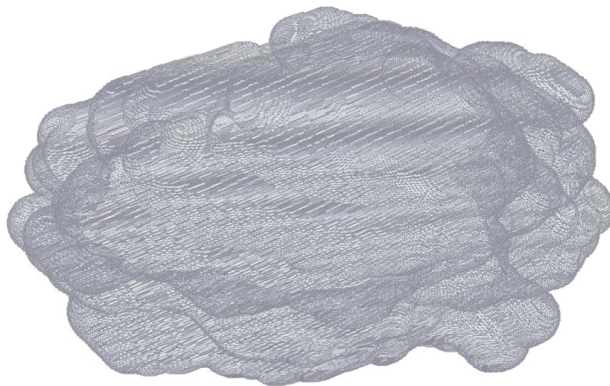
Rys. 6.20: Obrazy wykorzystane w rekonstrukcji guza w fantomie Breast Phantom Simulator. Do każdego z zarejestrowanych obrazów przypisano odpowiadającą mu macierz transformacji afinicznej, umożliwiającą zorientowanie go w przestrzeni trójwymiarowej.

etapie segmentacji dalsza część rekonstrukcji przebiegła pomyślnie, a uzyskany wynik jest zbliżony do kształtu widocznego na dwuwymiarowych przekrojach.



(a) Środkowy przekrój z widocznym gu- (b) Pseudokolorowy obraz hybrydowy, zem litym. Czerwonym krzyżem zazna- zawierający obraz oryginalny i widoki czono wskazany przez użytkownika punkt rozmytej spójności. startowy.

Rys. 6.21: Dane wejściowe metody rekonstrukcji, środkowy przekrój.



Rys. 6.22: Przykładowy wynik rekonstrukcji trójwymiarowej litego guza w fantomie Breast Phantom Simulator.

7. Podsumowanie

Celem niniejszej rozprawy było opracowanie półautomatycznej metody trójwymiarowej segmentacji i rekonstrukcji zmian patologicznych gruczołu sutkowego. Cel ten został zrealizowany dzięki zaprojektowaniu metodyki analizy obrazów USG, pozyskaniu i przygotowaniu baz danych obrazowych z kilku źródeł, przeprowadzeniu eksperymentów i analizie ich wyników. W ramach pracy nad rozprawą doktorską zrealizowano przegląd literatury dotyczącej obrazowania medycznego w diagnostyce nowotworowej, systemów nawigacji obrazowej oraz metod segmentacji obrazów ultrasonograficznych. Na bazie pozyskanej wiedzy zaproponowano autorską, wieloetapową metodę segmentacji, wykorzystującą spłotowe sieci neuronowe, aktywne kontury i rozmytą spójność. Zaproponowano również autorską metodę rekonstrukcji i wizualizacji trójwymiarowych danych ultrasonograficznych uwzględniającą wpływ przesunięcia struktur w czasie.

Zaprojektowano strukturę głębokiej sztucznej sieci neuronowej do segmentacji zmian patologicznych gruczołu sutkowego. Do uczenia sieci wykorzystano 993 obrazów, pochodzących z trzech różnych baz danych. Użycie wielu źródeł danych obrazowych pozwoliło na obiektywizację wyników oraz zminimalizowanie ryzyka przeuczenia sieci głębokiej, które mogłoby wystąpić podczas nauki na jednorodnym zbiorze danych. Wykorzystane obrazy pochodziły z różnych ośrodków medycznych, a obrysy zmian patologicznych zostały wykonane niezależnie przez kilku radiologów. Etap projektowania i uczenia sieci CNN uwzględnił testowanie wielu struktur z różnorodnymi parametrami, z wykorzystaniem walidacji krzyżowej oraz techniki rozszerzania zbioru danych (augmentacji).

Zaproponowano nowatorskie podejście do danych wejściowych sieci CNN w postaci pseudokolorowych obrazów hybrydowych zawierających dodatkowe informacje o cechach obrazu oryginalnego. Przyjęto, że jako dane wejściowe sieci służą pseudokolorowe obrazy hybrydowe, pozyskane m.in. za pomocą metody rozmytej spójności ze zmodyfikowaną funkcją przynależności, z dostosowaniem parametrów do specyfiki obrazów ultrasonograficznych. Wykorzystano autorską modyfikację metody rozmytej spójności, uwzględniającą odległości pomiędzy pikselami.

Eksperyment wykorzystujący dane kliniczne obejmował również analizę wpływu wielkości obrazów wejściowych oraz czasu uczenia na skuteczność segmentacji guzów przez sieć. Mediana współczynnika Dice'a dla testowanych danych dla optymalnych ustawień i parametrów sieci wynosiła 0,79. Wykorzystano rów-

niez gradientową metodę mapowania aktywacji klasy (GradCAM) do weryfikacji obszarów biorących udział w największym stopniu w procesie segmentacji. Analiza tych obszarów potwierdziła, że największe znaczenie w podejmowaniu decyzji o przynależności do poszukiwanej klasy przez sieć głęboką miały elementy obrazu wskazane przez eksperta. Ponadto zauważono, że w przypadku klasy odpowiedzialnej za tło nie można wskazać obszaru o maksymalnym poziomie aktywacji jak ma to miejsce w przypadku guza.

Zgodnie z literaturą naukową jedną z metod wykorzystywanych do segmentacji obrazów USG jest metoda aktywnego konturu. Wymaga ona jednak podania konturu początkowego, który w kolejnych iteracjach jest modyfikowany i automatycznie dopasowywany do krawędzi widocznych w obrazie. W proponowanym przez autorkę algorytmie konturem początkowym jest wynik segmentacji zwracany przez sieć CNN. Dzięki takiemu podejściu zminimalizowano czas poświęcony przez użytkownika na wskazywanie konturu początkowego i ograniczono go do wskazania jednego punktu leżącego w centralnej części segmentowanej zmiany. Co więcej, punkt centralny na kolejnych klatkach wyznaczany jest automatycznie na podstawie wyniku segmentacji poprzedniego obrazu, więc użytkownik wskazuje tylko jeden punkt dla całej serii obrazów. Skrócenie czasu interakcji z użytkownikiem przekłada się na szybkość i wydajność pracy radiologa, co w konsekwencji zmniejsza koszty diagnozy i skraca czas oczekiwania pacjenta na wynik. Przetestowano dwa modele aktywnego konturu i dla każdego z nich wykreślono rozkład wartości współczynnika Dice'a w zależności od liczby iteracji i wartości testowanych parametrów. Pozwoliło to na dobranie najskuteczniejszego zestawu i poprawę wyników segmentacji o około 0,07 wartości mediany współczynnika Dice'a (z 0,79 do 0,86) względem skuteczności samej głębokiej sztucznej sieci neuronowej.

Opracowaną metodę segmentacji porównano z najaktualniejszymi doniesieniami literaturowymi w rozpatrywanej dziedzinie. Tab. 6.4 zawiera analizę porównawczą w zakresie średniej wartości współczynnika Dice'a z pięcioma pracami z lat 2022–2023, wykorzystującymi przynajmniej dwie z trzech publicznych baz obrazów USG użytych w niniejszej pracy [20, 47, 69, 92, 126]. Uzyskana w niniejszej pracy średnia wartość współczynnika Dice'a równa 0,79 wpisuje się w zakres raportowanych w literaturze wyników (0,60–0,87) i jest porównywalna z uzyskanymi w większości omawianych prac.

Dokładność wyznaczania granic zmiany patologicznej ma kluczowe znaczenie dla kolejnego etapu przetwarzania jakim jest rekonstrukcja trójwymiarowa. W niniejszej pracy zaproponowano i zwalidowano autorską metodę rekonstrukcji. Ponieważ główną wadą obecnie stosowanych rozwiązań jest wrażliwość uzyskanego modelu na deformacje lub przesunięcia rekonstruowanego obiektu, opracowano metodę, która pozwala na uzależnienie wyników rekonstrukcji od czasu rejestracji ramki. Wykazano, że metoda ta pozwala na poprawę wyników rekonstrukcji w przypadku obiektów przemieszczających się podczas rejestra-

cji obrazów. Ze względu na możliwość doboru parametrów metody jest ona w pełni adaptowalna do aktualnych potrzeb użytkownika. W celu sprawdzenia dokładności opracowanej metody zaprojektowano i skonstruowano fantom oraz przeprowadzono eksperyment oceny jakości rekonstrukcji, polegający na skanowaniu fantomu przemieszczającego się w sposób wcześniej zdefiniowany. Dla porównania zobrazowano również ten sam fantom w warunkach statycznych oraz stworzono wirtualny model metryczny na podstawie rzeczywistych wymiarów fantomu. Wszystkie modele zostały sprowadzone do wspólnego układu współrzędnych przy pomocy algorytmu ICP. Wyniki rekonstrukcji z wykorzystaniem różnych metod porównano dzięki zastosowaniu dwóch miar jakości. Średniokwadratowy błąd dopasowania $RMSE$ w stosunku do wirtualnego modelu metrycznego był najmniejszy dla nieruchomego fantomu oraz obecnie stosowanej metody biblioteki PLUS, natomiast analiza median odległości Hausdorffa d_H pozwoliła na stwierdzenie, że metoda autorska charakteryzuje się największą stabilnością spośród testowanych metod w przypadku fantomu poruszającego się. Może to mieć kluczowe znaczenie podczas wykonywania badania USG piersi ze względu na to, że podczas skanowania pierś wraz z guzem odkształca się pod wpływem nacisku głowicy, a w przypadku twardszych guzów może nastąpić również przemieszczenie guza wewnątrz tkanki gruczołu. W takich przypadkach stosowanie metody rekonstrukcji skutkuje wydłużeniem kształtu modelu wzdłuż osi przemieszczania się względem rzeczywistego obiektu. Ma to również wpływ na estymację objętości zmiany patologicznej, co jest kluczowym parametrem podczas planowania i monitorowania terapii.

Ponieważ celem użytecznym niniejszej pracy była trójwymiarowa wizualizacja modelu zmiany patologicznej gruczołu sutkowego, przeprowadzono eksperyment łączący etap segmentacji oraz rekonstrukcji. Skonstruowano stanowisko pomiarowe składające się z systemu nawigacji obrazowej, aparatu ultrasonograficznego oraz biopsyjnego fantomu klatki piersiowej. Zarejestrowano obrazy zawierające przekroje guza wraz z ich orientacją przestrzenną, a następnie zrekonstruowano model z wykorzystaniem proponowanej metody autorskiej. Metoda wymagała od użytkownika wskazania punktu startowego znajdującego się w centralnej części guza oraz podania parametrów rekonstrukcji. Efektem jest trójwymiarowy model guza (rys. 6.22).

Na podstawie przeprowadzonych badań można stwierdzić, iż przedstawione w rozdziale 2 tezy zostały potwierdzone. W rozdziale 6.1 wykazano, że

MOŻLIWA JEST WIARYGODNA PÓŁAUTOMATYCZNA SEGMENTACJA
ZMIANY PATOLOGICZNEJ NA DWUWYMIAROWYM OBRAZIE ULTRA-
SONOGRAFICZNYM Z WYKORZYSTANIEM RÓŻNYCH METOD SZTUCZ-
NEJ INTELIGENCJI (**teza pomocnicza nr 1**).

Eksperymenty opisane w rozdziale 6.2 potwierdzają również, iż

WYKORZYSTANIE INFORMACJI O CZASIE REJESTRACJI OBRAZU USG POPRAWIA JAKOŚĆ REKONSTRUKCJI WOLUMENU W PRZYPADKU OBIEKTÓW ZMIENIAJĄCYCH SWOJE POŁOŻENIE PODCZAS ŚLEDZENIA (**teza pomocnicza nr 2**).

Potwierdzenie powyższych tez pomocniczych oraz weryfikacja rekonstrukcji 3D przedstawiona w rozdziale 5 pozwala na potwierdzenie **tezy głównej**:

**WYKORZYSTANIE NAWIGACJI OBRAZOWEJ PODCZAS BADA-
NIA ULTRASONOGRAFICZNEGO UMOŻLIWIA SEGMENTACJĘ
I ORIENTACJĘ PRZESTRZENNĄ TRÓJWYMIAROWEGO MODELU
ZMIANY PATOLOGICZNEJ W OPARCIU O DWUWYMIAROWE
OBRAZY ULTRASONOGRAFICZNE TYPU B.**

Ograniczeniem zastosowanej metody rekonstrukcji jest wrażliwość na niekompletność danych wejściowych. W przypadku zasłonięcia markera wskazującego położenie głowicy podczas rejestracji danych, zrekonstruowanie modelu jest niemożliwe ze względu na brak informacji o położeniu przestrzennym rejestrowanego obrazu. Problem ten można częściowo wyeliminować stosując elektromagnetyczny system śledzenia, wiąże się to jednak z dodatkowymi przewodami, znacząco ograniczającymi wygodę operatora. W takim przypadku konieczne jest również dostosowanie otoczenia generatora pola elektromagnetycznego, w pobliżu którego nie mogą znajdować się elementy zakłócające pole magnetyczne. Ponadto system ten nie może być stosowany w pobliżu osób z rozrusznikiem serca, co może być problematyczne szczególnie w przypadku starszych pacjentek. Biorąc pod uwagę powyższe ograniczenia zdecydowano się na wykorzystanie systemu optycznego. Stosowanie markerów optycznych wymaga odpowiedniego przeszkolenia operatora. Prototyp systemu wymaga także kalibracji po każdorazowej zmianie położenia markera na głowicy. Stanowisko pomiarowe stosowane klinicznie powinno być wyposażone w stabilne uchwyty dopasowane do kształtu głowicy, umożliwiające jednokrotną kalibrację i powtarzalne mocowanie markerów po każdorazowej dezynfekcji głowicy.

Metoda w obecnej formie pozwala na analizę kompletu obrazów zarejestrowanych podczas badania. Rozszerzenie metodyki w taki sposób, aby możliwe było tworzenie modelu online podczas wykonywania zabiegu zdecydowanie poprawiłoby komfort pracy radiologa i umożliwiłoby korygowanie położenia głowicy w czasie rzeczywistym w celu uszczegółowienia modelu w kluczowych obszarach. Metoda ta mogłaby również być zmodyfikowana o wstępną automatyczną detekcję środka guza, co pozwoliłoby na wyeliminowanie konieczności wskazywania go przez radiologa i w pełni zautomatyzowałoby algorytm. Niezbędnym elementem jest zaprojektowanie interfejsu graficznego pozwalającego na intuicyjne tworzenie modelu zmiany oraz dostosowywania parametrów metody. Istnieje również możliwość wykrywania i wizualizacji większej liczby gu-

zów widocznych na pojedynczym obrazie USG, jednak ta funkcjonalność nie została przetestowana w ramach niniejszej pracy.

Podsumowując, zaprojektowane narzędzie do trójwymiarowej wizualizacji zmian patologicznych gruczołu sutkowego jest pomocnym elementem w procesie diagnostycznym guzów piersi oraz monitorowaniu postępów wdrożonej terapii. Proponowana metoda zawiera elementy nowatorskie zarówno w dziedzinie przetwarzania obrazów, jak i nawigacji obrazowej. Głównymi elementami nowatorskimi rozprawy są (1) opracowanie metody segmentacji zmian nowotworowych w oparciu o splotowe sieci neuronowe, metodę aktywnych konturów i zmodyfikowaną metodę rozmytej spójności, służącą do generacji pseudokolorowych obrazów hybrydowych, (2) nowe podejście do procesu rekonstrukcji trójwymiarowej, uwzględniające czas rejestracji poszczególnych ramek oraz (3) przygotowanie interaktywnego interfejsu graficznego umożliwiającego elastyczną wizualizację powstałych trójwymiarowych modeli struktur z uwzględnieniem następstw czasowych.

A. Dodatek A

A.1 Wyniki cząstkowe oceny jakości segmentacji w badaniu wpływu struktury sieci CNN

Tabele A.1–A.4 zawierają szczegółowe dane liczbowe w uzupełnieniu wykresów pudełkowych z rys. 6.5.

Tab. A.1: Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr I w eksperymencie oceny jakości segmentacji (dotyczy rys. 6.5a). W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla poszczególnych podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej. Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Nr zbioru testowego	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
1	0,0000	0,5443	0,7042	0,8142	0,9501	0,2699
2	0,0000	0,4762	0,6827	0,8106	0,9521	0,3345
3	0,0000	0,6140	0,7822	0,8573	0,9625	0,2433
4	0,0000	0,6182	0,7713	0,8526	0,9541	0,2344
5	0,0000	0,5585	0,7582	0,8515	0,9537	0,2930

Tab. A.2: Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr II w eksperymencie oceny jakości segmentacji (dotyczy rys. 6.5b). W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla poszczególnych podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej. Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Nr zbioru testowego	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
1	0,0000	0,6783	0,7959	0,8643	0,9623	0,1861
2	0,0000	0,6323	0,7835	0,8710	0,9562	0,2388
3	0,0000	0,6155	0,7491	0,8388	0,9479	0,2233
4	0,0000	0,6338	0,7712	0,8397	0,9496	0,2059
5	0,0000	0,7176	0,8184	0,8751	0,9572	0,1576

Tab. A.3: Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr III w eksperymencie oceny jakości segmentacji (dotyczy rys. 6.5c). W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla poszczególnych podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej. Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Nr zbioru testowego	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
1	0,0000	0,6321	0,7692	0,8388	0,9390	0,2067
2	0,0000	0,7011	0,7825	0,8740	0,9577	0,1729
3	0,0000	0,6454	0,7584	0,8421	0,9549	0,1967
4	0,0000	0,6322	0,7539	0,8498	0,9463	0,2176
5	0,0000	0,6632	0,7901	0,8508	0,9604	0,1876

Tab. A.4: Wyniki cząstkowe dla struktury sieci CNN nr IV w eksperymencie oceny jakości segmentacji (dotyczy rys. 6.5d). W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla poszczególnych podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej. Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Nr zbioru testowego	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
1	0,0000	0,6524	0,7664	0,8485	0,9489	0,1961
2	0,0000	0,6514	0,7731	0,8697	0,9541	0,2183
3	0,0000	0,6895	0,8021	0,8588	0,9565	0,1693
4	0,0000	0,6671	0,7691	0,8413	0,9367	0,1742
5	0,0000	0,6427	0,7809	0,8539	0,9634	0,2112

A.2 Wyniki cząstkowe oceny jakości segmentacji w badaniu wpływu rozdzielczości obrazu wejściowego

Tabele A.5–A.8 zawierają szczegółowe dane liczbowe w uzupełnieniu wykresów pudełkowych z rys. 6.7.

Tab. A.5: Wyniki cząstkowe dla rozdzielczości obrazu wejściowego 32×32 w eksperymencie oceny jakości segmentacji (dotyczy rys. 6.7a). W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla poszczególnych podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej. Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Nr zbioru testowego	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
1	0,0000	0,0000	0,0000	0,6987	0,9333	0,6987
2	0,0000	0,0000	0,0000	0,5897	0,8837	0,5897
3	0,0000	0,0000	0,0000	0,5990	0,8889	0,5990
4	0,0000	0,0000	0,0000	0,6442	0,9111	0,6442
5	0,0000	0,0000	0,0000	0,6667	0,9104	0,6667

Tab. A.6: Wyniki cząstkowe dla rozdzielczości obrazu wejściowego 64×64 w eksperymencie oceny jakości segmentacji (dotyczy rys. 6.7b). W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla poszczególnych podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej. Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Nr zbioru testowego	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
1	0,0000	0,4016	0,6571	0,8053	0,9319	0,4036
2	0,0000	0,3649	0,6480	0,7781	0,9182	0,4132
3	0,0000	0,4416	0,6609	0,8045	0,9426	0,3629
4	0,0000	0,3509	0,6275	0,7556	0,9241	0,4047
5	0,0000	0,3935	0,6667	0,7801	0,9430	0,3866

Tab. A.7: Wyniki cząstkowe dla rozdzielczości obrazu wejściowego 128×128 w eksperymencie oceny jakości segmentacji (dotyczy rys. 6.7c). W tabeli zawarto wybrane miary statystyczne zbioru wartości współczynnika DI dla poszczególnych podzbiorów testowych 5-krotnej walidacji krzyżowej. Min, Max — wartość minimalna i maksymalna, Q1, Q3 — pierwszy i trzeci kwartył zbioru, IQR — przedział międzykwartyłowy.

Nr zbioru testowego	Min	Q1	Mediana	Q3	Max	IQR
1	0,0000	0,6783	0,7959	0,8643	0,9623	0,1861
2	0,0000	0,6323	0,7835	0,8710	0,9562	0,2388
3	0,0000	0,6155	0,7491	0,8388	0,9479	0,2233
4	0,0000	0,6338	0,7712	0,8397	0,9496	0,2059
5	0,0000	0,7176	0,8184	0,8751	0,9572	0,1576

Bibliografia

- [1] R. Almajalid, J. Shan, Y. Du i M. Zhang. „Development of a Deep-Learning-Based Method for Breast Ultrasound Image Segmentation”. W: *2018 17th IEEE International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA)*. 2018, s. 1103–1108. DOI: 10.1109/ICMLA.2018.00179 (cytowane na stronie 24).
- [2] M. Z. Alom, T. M. Taha, C. Yakopcic, S. Westberg, P. Sidike, M. S. Nasrin, B. C. Van Esesn, A. A. S. Awwal i V. K. Asari. „The History Began from AlexNet: A Comprehensive Survey on Deep Learning Approaches”. W: (2018). DOI: 10.48550/ARXIV.1803.01164 (cytowane na stronie 30).
- [3] American Cancer Society. *Breast Cancer Facts and Figures 2022-2024*. <https://www.cancer.org/research/cancer-facts-statistics/breast-cancer-facts-figures.html>. [Online; dostęp 24.04.2023]. 2022 (cytowane na stronie 2).
- [4] S. A. Angileri, L. Di Meglio, M. Petrillo, A. Arrichiello, M. Pandolfi, G. M. Rodà, G. Granata, A. M. Ierardi, D. Donat, A. Paolucci i in. „Software-assisted US/MRI fusion-targeted biopsy for prostate cancer”. W: *Acta Bio Medica: Atenei Parmensis* vol. 91. no. Suppl 10 (2020). DOI: 10.23750/abm.v91i10-S.10273 (cytowane na stronie 10).
- [5] A. Ayoub i Y. Pulijala. „The application of virtual reality and augmented reality in Oral & Maxillofacial Surgery”. W: *BMC Oral Health* vol. 19. no. 1 (2019), s. 1–8. DOI: 10.1186/s12903-019-0937-8 (cytowane na stronie 16).
- [6] I. Bender i S. Seltzer. „Roentgenographic and direct observation of experimental lesions in bone: II”. W: *Journal of Endodontics* vol. 29. no. 11 (2003), s. 707–712. DOI: 10.1097/00004770-200311000-00006 (cytowane na stronie 4).
- [7] E. Bercovich i M. C. Javitt. „Medical Imaging: from Roentgen to the Digital Revolution, and Beyond”. W: *Rambam Maimonides Medical Journal* vol. 9. no. 4 (2018). DOI: 10.5041/RMMJ.10355 (cytowane na stronie 4).

- [8] P. Besl i N. McKay. „A method for registration of 3-D shapes”. W: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* vol. 14. no. 2 (1992), s. 239–256. DOI: 10.1109/34.121791 (cytowane na stronie 82).
- [9] C. M. Bishop i N. M. Nasrabadi. *Pattern Recognition and Machine Learning*. T. 4. 4. Springer, 2006. DOI: 10.1117/1.2819119 (cytowane na stronie 33).
- [10] K. Bock, V. F. Duda, P. Hadji, A. Ramaswamy, R. Schulz-Wendtland, K.-J. Klose i U. Wagner. „Pathologic breast conditions in childhood and adolescence: evaluation by sonographic diagnosis”. W: *Journal of Ultrasound in Medicine* vol. 24. no. 10 (2005), s. 1347–1354. DOI: 10.7863/jum.2005.24.10.1347 (cytowane na stronie 4).
- [11] M. Boyars. „Chest roentgenography for pulmonary evaluation”. W: *Clinical Methods: The History, Physical, and Laboratory Examinations. 3rd edition* (1990) (cytowane na stronie 4).
- [12] A. Bozyiğit, G. Alankuş i E. Nasiboğlu. „Public transport route planning: Modified Dijkstra’s algorithm”. W: *2017 International Conference on Computer Science and Engineering (UBMK)*. IEEE. 2017, s. 502–505. DOI: 10.1109/UBMK.2017.8093444 (cytowane na stronie 26).
- [13] C. P. Bridge, C. Gorman, S. Pieper, S. W. Doyle, J. K. Lennerz, J. Kalpathy-Cramer, D. A. Clunie, A. Y. Fedorov i M. D. Herrmann. „Higdicom: a Python Library for Standardized Encoding of Image Annotations and Machine Learning Model Outputs in Pathology and Radiology”. W: *Journal of Digital Imaging* vol. 35. no. 6 (2022), s. 1719–1737. ISSN: 1618-727X. DOI: 10.1007/s10278-022-00683-y (cytowane na stronie 10).
- [14] T. M. Buzug. „Computed tomography”. W: *Springer Handbook of Medical Technology*. Springer, 2011, s. 311–342. DOI: 10.1007/978-3-540-74658-4_16 (cytowane na stronie 4).
- [15] G. Carbajal, A. Lasso, Á. Gómez i G. Fichtinger. „Improving N-wire phantom-based freehand ultrasound calibration”. W: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* vol. 8. no. 6 (2013), s. 1063–1072. DOI: 10.1007/s11548-013-0904-9 (cytowane na stronach 15 i 47).
- [16] V. Caselles, R. Kimmel i G. Sapiro. „Geodesic Active Contours”. W: *International Journal of Computer Vision* vol. 22 (1997), s. 61–79. DOI: 10.1023/A:1007979827043 (cytowane na stronie 39).

- [17] Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *What Is Breast Cancer?* https://www.cdc.gov/cancer/breast/basic_info/what-is-breast-cancer.htm. [Online; dostęp 29.08.2022]. 2021 (cytowane na stronie 2).
- [18] T. F. Chan i L. A. Vese. „Active contours without edges”. W: *IEEE Transactions on Image Processing* vol. 10. no. 2 (2001), s. 266–277. DOI: 10.1109/83.902291 (cytowane na stronie 39).
- [19] V. Chan i A. Perlas. „Basics of ultrasound imaging”. W: *Atlas of ultrasound-guided procedures in interventional pain management*. Springer, 2011, s. 13–19. DOI: 10.1007/978-1-4419-1681-5_2 (cytowane na stronie 6).
- [20] G. Chen, Y. Dai i J. Zhang. „RRCNet: Refinement residual convolutional network for breast ultrasound images segmentation”. W: *Engineering Applications of Artificial Intelligence* vol. 117 (2023), s. 105601. ISSN: 0952-1976. DOI: 10.1016/j.engappai.2022.105601 (cytowane na stronach 24, 62, 75, 77 i 94).
- [21] Y. Chen i G. Medioni. „Object Modelling by Registration of Multiple Range Images”. W: *Image Vision Computing* vol. 10. no. 3 (1992), s. 145–155. DOI: 10.1016/0262-8856(92)90066-C (cytowane na stronie 82).
- [22] S. Chidambaram, V. Stifano, M. Demetres, M. Teyssandier, M. C. Palumbo, A. Redaelli, A. Olivi, M. L. Apuzzo i S. C. Pannullo. „Applications of augmented reality in the neurosurgical operating room: A systematic review of the literature”. W: *Journal of Clinical Neuroscience* vol. 91 (2021), s. 43–61. DOI: 10.1016/j.jocn.2021.06.032 (cytowane na stronie 16).
- [23] S. Cieśla, M. Wichtowski, R. Poniak-Balicka i D. Murawa. „Anatomia chirurgiczna gruczołu piersiowego. Unaczynienie, unerwienie, drenaż limfatyczny, budowa dołu pachowego (część 2.)” W: *Biuletyn Polskiego Towarzystwa Onkologicznego Nowotwory* vol. 6. no. 1 (2021), s. 65–72. ISSN: 2543-8077 (cytowane na stronie 1).
- [24] D. Ciregan, U. Meier i J. Schmidhuber. „Multi-column deep neural networks for image classification”. W: *2012 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. IEEE. 2012, s. 3642–3649. DOI: 10.48550/arXiv.1202.2745 (cytowane na stronie 30).
- [25] N. Colakovic, D. Zdravkovic, Z. Skuric, D. Mrda, J. Gacic i N. Ivanovic. „Intraoperative ultrasound in breast cancer surgery from localization of non-palpable tumors to objectively measurable excision”. W: *World Journal of Surgical Oncology* vol. 16. no. 1 (2018), s. 1–7. DOI: 10.1186/s12957-018-1488-1 (cytowane na stronie 6).

- [26] A. Cowie. „Overview of the Mammary Gland”. W: *Journal of Investigative Dermatology* vol. 63. no. 1 (1974), s. 2–9. ISSN: 0022-202X. DOI: <https://doi.org/10.1111/1523-1747.ep12677240> (cytowane na stronie 1).
- [27] W. R. Crum, O. Camara i D. L. Hill. „Generalized overlap measures for evaluation and validation in medical image analysis”. W: *IEEE Transactions on Medical Imaging* vol. 25. no. 11 (2006), s. 1451–1461. DOI: 10.1109/TMI.2006.880587 (cytowane na stronie 34).
- [28] J. Czajkowska, B. Pyciński, J. Juszczak i E. Pietka. „Biopsy needle tracking technique in US images”. W: *Computerized Medical Imaging and Graphics* vol. 65 (2018), s. 93–101. DOI: 10.1016/j.compmedimag.2017.07.001 (cytowane na stronie 7).
- [29] W. Al-Dhabyani, M. Goma, H. Khaled i A. Fahmy. „Dataset of breast ultrasound images”. W: *Data in Brief* vol. 28 (2020). DOI: 10.1016/j.dib.2019.104863 (cytowane na stronach xv, 8, 62 i 75).
- [30] J. Didkowska, W. A. Zatoński, U. Wojciechowska i in. *Prognozy zachorowalności i umieralności na nowotwory złośliwe w Polsce do 2025 roku*. Centrum Onkologii. Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie, 2009 (cytowane na stronie 3).
- [31] K. Doi. „Diagnostic imaging over the last 50 years: research and development in medical imaging science and technology”. W: *Physics in Medicine & Biology* vol. 51. no. 13 (2006), R5. DOI: 10.1088/0031-9155/51/13/R02 (cytowane na stronie 4).
- [32] M. Egmont-Petersen, D. de Ridder i H. Handels. „Image processing with neural networks—a review”. W: *Pattern Recognition* vol. 35. no. 10 (2002), s. 2279–2301. ISSN: 0031-3203. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0031-3203\(01\)00178-9](https://doi.org/10.1016/S0031-3203(01)00178-9) (cytowane na stronie 23).
- [33] B. Ehdaie, C. M. Tempny, F. Holland, D. D. Sjoberg, A. S. Kibel, Q.-D. Trinh, J. C. Durack, O. Akin, A. J. Vickers, P. T. Scardino, D. Sperling, J. Y. C. Wong, B. Yuh, D. A. Woodrum, L. A. Mynderse, S. S. Raman, A. J. Pantuck, M. H. Schiffman, T. D. McClure, G. A. Sonn i P. Ghanouni. „MRI-guided focused ultrasound focal therapy for patients with intermediate-risk prostate cancer: a phase 2b, multicentre study”. W: *The Lancet Oncology* vol. 23. no. 7 (2022), s. 910–918. ISSN: 1470-2045. DOI: [https://doi.org/10.1016/S1470-2045\(22\)00251-0](https://doi.org/10.1016/S1470-2045(22)00251-0) (cytowane na stronie 10).
- [34] Epiphan Video. *DVI2USB 3.0 tech specs*. <https://www.epiphan.com/products/dvi2usb-3-0/tech-specs/>. [Online; dostęp 21.09.2022]. 2022 (cytowane na stronie 79).

- [35] A. Fitro, A. P Sulistio Ilham, O. B Saeful i I. Frenadianata. „Shortest path finding in geographical information systems using node combination and Dijkstra algorithm”. W: *International Journal of Mechanical Engineering and Technology (IJMET)* vol. 9. no. 2 (2018), s. 755–760 (cytowane na stronie 26).
- [36] A. M. Foust, A. J. McAdam, W. C. Chu, P. Garcia-Peña, G. S. Phillips, D. Plut i E. Y. Lee. „Practical guide for pediatric pulmonologists on imaging management of pediatric patients with COVID-19”. W: *Pediatric Pulmonology* vol. 55. no. 9 (2020), s. 2213–2224. DOI: 10.1002/ppul.24870 (cytowane na stronie 4).
- [37] M. Galińska, W. Ogiegło, A. Wijata, J. Juszczak i J. Czajkowska. „Breast cancer segmentation method in ultrasound images”. W: *Conference on Innovations in Biomedical Engineering*. Springer. 2017, s. 23–31. DOI: 10.1007/978-3-319-70063-2_3 (cytowane na stronie 39).
- [38] Gaumard. *Ultrasound Breast Phantom Simulator*. <https://morethansimulators.com/en/simulator/breast-phantom-simulator/?producto-pdf=2063>. [Online; dostęp 21.09.2022]. 2022 (cytowane na stronie 88).
- [39] X. Glorot i Y. Bengio. „Understanding the difficulty of training deep feedforward neural networks”. W: *Proceedings of the Thirteenth International Conference on Artificial Intelligence and Statistics*. Red. Y. W. Teh i M. Titterton. T. 9. Proceedings of Machine Learning Research. PMLR, maj 2010, s. 249–256 (cytowane na stronach 32 i 33).
- [40] P. C. Gøtzsche i K. J. Jørgensen. „Screening for breast cancer with mammography”. W: *Cochrane Database of Systematic Reviews*. no. 6 (2013). DOI: 10.1002/14651858.CD001877.pub5 (cytowane na stronie 4).
- [41] F. Hassiotou i D. Geddes. „Anatomy of the human mammary gland: Current status of knowledge”. W: *Clinical Anatomy* vol. 26. no. 1 (2013), s. 29–48. DOI: 10.1002/ca.22165 (cytowane na stronie 1).
- [42] K. He, X. Zhang, S. Ren i J. Sun. „Deep Residual Learning for Image Recognition”. W: *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. 2016, s. 770–778. DOI: 10.1109/CVPR.2016.90 (cytowane na stronie 30).
- [43] K. He, X. Zhang, S. Ren i J. Sun. „Delving deep into rectifiers: Surpassing human-level performance on ImageNet classification”. W: *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision*. 2015, s. 1026–1034. DOI: 10.48550/arXiv.1502.01852 (cytowane na stronie 33).

- [44] T. Helbich, W. Matzek i M. Fuchsjäger. „Stereotactic and ultrasound-guided breast biopsy”. W: *European Radiology* vol. 14. no. 3 (2004), s. 383–393. DOI: 10.1007/s00330-003-2141-z (cytowane na stronie 7).
- [45] D. Hong. „Medical Image Segmentation Based on Accelerated Dijkstra Algorithm”. W: *Advances in Intelligent Systems. Advances in Intelligent and Soft Computing* vol. 138 (2012), s. 341–348. DOI: 10.1007/978-3-642-27869-3_45 (cytowane na stronie 26).
- [46] N. Houssami, L. Irwig i C. Loy. „Accuracy of combined breast imaging in young women”. W: *The Breast* vol. 11. no. 1 (2002), s. 36–40. DOI: 10.1054/brst.2001.0355 (cytowane na stronie 4).
- [47] K. Huang, Y. Zhang, H.-D. Cheng i P. Xing. „Trustworthy Breast Ultrasound Image Semantic Segmentation Based on Fuzzy Uncertainty Reduction”. W: *Healthcare* vol. 10. no. 12 (2022). ISSN: 2227-9032. DOI: 10.3390/healthcare10122480 (cytowane na stronach 24, 75, 77 i 94).
- [48] M.-L. Huang i T.-Y. Lin. „Dataset of breast mammography images with masses”. W: *Data in Brief* vol. 31 (2020), s. 105928. DOI: 10.1016/j.dib.2020.105928 (cytowane na stronie 5).
- [49] Q. Huang, Y. Luo i Q. Zhang. „Breast ultrasound image segmentation: a survey”. W: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* vol. 12 (2017), s. 493–507. DOI: 10.1007/s11548-016-1513-1 (cytowane na stronie 24).
- [50] F. Iandola, M. Moskewicz, S. Karayev, R. Girshick, T. Darrell i K. Keutzer. „Densenet: Implementing efficient convnet descriptor pyramids”. W: *arXiv preprint arXiv:1404.1869* (2014). DOI: 10.48550/arXiv.1404.1869 (cytowane na stronie 30).
- [51] E. İn, A. A. Geçkil, G. Kavuran, M. Şahin, N. K. Berber i M. Kuluöztürk. „Using artificial intelligence to improve the diagnostic efficiency of pulmonologists in differentiating COVID-19 pneumonia from community-acquired pneumonia”. W: *Journal of Medical Virology* vol. 94. no. 8 (2022), s. 3698–3705. DOI: 10.1002/jmv.27777 (cytowane na stronie 4).
- [52] S. Ioffe i C. Szegedy. „Batch normalization: Accelerating deep network training by reducing internal covariate shift”. W: *International Conference on Machine Learning*. PMLR. 2015, s. 448–456. DOI: 10.48550/arXiv.1502.03167 (cytowane na stronie 32).
- [53] A. Jahwar i A. Abdulazeez. „Segmentation and Classification for Breast Cancer Ultrasound Images Using Deep Learning Techniques: A Review”. W: *2022 IEEE 18th International Colloquium on Signal Processing & Applications (CSPA)*. 2022, s. 225–230. DOI: 10.1109/CSPA55076.2022.9781824 (cytowane na stronie 24).

- [54] J. Jassem i M. Krzakowski. „Rak piersi”. W: *Onkologia w Praktyce Klinicznej-Edukacja* vol. 4. no. 4 (2018), s. 209–256 (cytowane na stronach 3 i 9).
- [55] A. Jemal, F. Bray, M. M. Center, J. Ferlay, E. Ward i D. Forman. „Global cancer statistics”. W: *CA: a Cancer Journal for Clinicians* vol. 61. no. 2 (2011), s. 69–90. DOI: 10.3322/caac.20107 (cytowane na stronie 2).
- [56] S. Jeżewski i P. Duch. „Algorytmy segmentacji obrazów barwnych w rozpoznawaniu obiektów na obrazach satelitarnych i lotniczych”. W: *Automatyka Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie* vol. T. 13, z. 3/1 (2009), s. 891–900 (cytowane na stronie 27).
- [57] J. Juszczuk, P. Badura, J. Czajkowska, A. Wijata, J. Andrzejewski, P. Bozek, M. Smolinski, M. Biesok, A. Sage, M. Rudzki i W. Wieclawek. „Automated size-specific dose estimates using deep learning image processing”. W: *Medical Image Analysis* vol. 68 (2021), s. 101898. DOI: 10.1016/j.media.2020.101898 (cytowane na stronie 4).
- [58] J. Juszczuk, M. Galinska i E. Pietka. „Time Regarded Method of 3D Ultrasound Reconstruction”. W: *International Conference on Information Technologies in Biomedicine*. Springer. 2018, s. 205–216. DOI: 10.1007/978-3-319-91211-0_18 (cytowane na stronach 47, 78, 79, 80, 81, 83 i 85).
- [59] M. Kass, A. Witkin i D. Terzopoulos. „Snakes: Active contour models”. W: *International Journal of Computer Vision* vol. 1 (1988), s. 321–331. DOI: 10.1007/BF00133570 (cytowane na stronie 38).
- [60] R. Kikinis, S. Pieper i K. Vosburgh. „Intraoperative Imaging and Image-Guided Therapy”. W: Springer-Verlag New York, 2014. Rozd. 3D Slicer: A Platform for Subject-Specific Image Analysis, Visualization, and Clinical Support. S. 277–289. DOI: 10.1007/978-1-4614-7657-3_19 (cytowane na stronach 14 i 20).
- [61] T. T. Kim, J. P. Johnson, R. Pashman i D. Drazin. „Minimally invasive spinal surgery with intraoperative image-guided navigation”. W: *BioMed Research International* vol. 2016 (2016). DOI: 10.1155/2016/5716235 (cytowane na stronie 11).
- [62] Krajowy Rejestr Nowotworów. *Piersi u kobiet*. <http://onkologia.org.pl/rak-piersi-kobiet/>. [Online; dostęp 29.08.2022] (cytowane na stronie 1).

- [63] A. Krizhevsky, I. Sutskever i G. E. Hinton. „ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks”. W: *Communications of the ACM* vol. 60. no. 6 (2017), s. 84–90. DOI: 10.1145/3065386 (cytowane na stronie 30).
- [64] A. Lasso, T. Heffter, A. Rankin, C. Pinter, T. Ungi i G. Fichtinger. „PLUS: Open-Source Toolkit for Ultrasound-Guided Intervention Systems”. W: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* vol. 61. no. 10 (2014), s. 2527–2537. DOI: 10.1109/TBME.2014.2322864 (cytowane na stronach 14, 20 i 79).
- [65] D. Le Bars. „Fluorine-18 and medical imaging: Radiopharmaceuticals for positron emission tomography”. W: *Journal of Fluorine Chemistry* vol. 127. no. 11 (2006), s. 1488–1493. DOI: 10.1016/j.jfluchem.2006.09.015 (cytowane na stronie 6).
- [66] H. Liang, M. Jan, W. Lin, S. Yu, J. Su i L. Shen. „Development of an LYSO based gamma camera for positron and scinti-mammography”. W: *Journal of Instrumentation* vol. 4. no. 08 (2009), P08009. DOI: 10.1088/1748-0221/4/08/P08009 (cytowane na stronie 6).
- [67] E. C. Lin. „Radiation risk from medical imaging”. W: *Mayo Clinic Proceedings*. T. 85. 12. Elsevier. 2010, s. 1142–1146. DOI: 10.4065/mcp.2010.0260 (cytowane na stronie 4).
- [68] G. Litjens, T. Kooi, B. E. Bejnordi, A. A. A. Setio, F. Ciompi, M. Ghafoorian, J. A. van der Laak, B. van Ginneken i C. I. Sánchez. „A survey on deep learning in medical image analysis”. W: *Medical Image Analysis* vol. 42 (2017), s. 60–88. ISSN: 1361-8415. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.media.2017.07.005> (cytowane na stronie 23).
- [69] Y. Lu, X. Jiang, M. Zhou, D. Zhi, R. Qiu, Z. Ou i J. Bai. „A hybrid attentional guidance network for tumors segmentation of breast ultrasound images”. W: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* (lut. 2023). DOI: 10.1007/s11548-023-02849-7 (cytowane na stronach 24, 62, 75, 77 i 94).
- [70] M. Makuuchi, G. Torzilli i J. Machi. „History of intraoperative ultrasound”. W: *Ultrasound in Medicine & Biology* vol. 24. no. 9 (1998), s. 1229–1242. DOI: 10.1016/S0301-5629(98)00112-4 (cytowane na stronie 6).
- [71] S. Minaee, Y. Boykov, F. Porikli, A. Plaza, N. Kehtarnavaz i D. Terzopoulos. „Image Segmentation Using Deep Learning: A Survey”. W: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* vol. 44. no. 7 (2022), s. 3523–3542. DOI: 10.1109/TPAMI.2021.3059968 (cytowane na stronie 23).

- [72] W. K. Moon, Y.-W. Lee, H.-H. Ke, S. H. Lee, C.-S. Huang i R.-F. Chang. „Computer-aided diagnosis of breast ultrasound images using ensemble learning from convolutional neural networks”. W: *Computer Methods and Programs in Biomedicine* vol. 190 (2020), s. 105361. ISSN: 0169-2607. DOI: 10.1016/j.cmpb.2020.105361 (cytowane na stronie 24).
- [73] H. Mora, J. M. Mora-Pascual, A. Garcia-Garcia i P. Martinez-Gonzalez. „Computational analysis of distance operators for the iterative closest point algorithm”. W: *PloS One* vol. 11. no. 10 (2016), e0164694. DOI: 10.1371/journal.pone.0164694 (cytowane na stronach 81, 82 i 83).
- [74] M. Muhammad, D. Zeebaree, A. M. A. Brifcani, J. Saeed i D. A. Zebari. „Region of interest segmentation based on clustering techniques for breast cancer ultrasound images: A review”. W: *Journal of Applied Science and Technology Trends* vol. 1. no. 3 (2020), s. 78–91. DOI: 10.38094/jastt20201328 (cytowane na stronie 24).
- [75] J. Nagi, F. Ducatelle, G. A. Di Caro, D. Cireşan, U. Meier, A. Giusti, F. Nagi, J. Schmidhuber i L. M. Gambardella. „Max-pooling convolutional neural networks for vision-based hand gesture recognition”. W: *2011 IEEE International Conference on Signal and Image Processing Applications (ICSIPA)*. IEEE. 2011, s. 342–347. DOI: 10.1109/ICSIPA.2011.6144164 (cytowane na stronie 33).
- [76] G. Nagib i W. G. Ali. „Network routing protocol using genetic algorithms”. W: *International Journal of Electrical & Computer Sciences IJECS-IJENS* vol. 10. no. 02 (2010), s. 40–44 (cytowane na stronie 26).
- [77] V. Nair i G. E. Hinton. „Rectified linear units improve restricted Boltzmann machines”. W: *Proceedings of the 27th International Conference on Machine Learning (ICML-10)*. 2010, s. 807–814 (cytowane na stronie 32).
- [78] M. C. Neville. „Anatomy and physiology of lactation”. W: *Pediatric Clinics of North America* vol. 48. no. 1 (2001), s. 13–34. DOI: 10.1016/S0031-3955(05)70283-2 (cytowane na stronie 1).
- [79] Northern Digital Inc. *NDI Polaris*. <https://www.ndigital.com/>. [Online; dostęp 21.09.2022]. 2022 (cytowane na stronach 11, 12, 13, 14 i 79).
- [80] D. L. Pham, C. Xu i J. L. Prince. „Current Methods in Medical Image Segmentation”. W: *Annual Review of Biomedical Engineering* vol. 2 (2000), s. 315–337. DOI: 10.1146/annurev.bioeng.2.1.315 (cytowane na stronie 23).
- [81] Philips. *iU22 Ultrasound System User Manual*. https://strataimaging.com/wp-content/uploads/2021/04/iU22_User_Manual.pdf. [Online; dostęp 21.09.2022]. 2022 (cytowane na stronie 79).

- [82] Philips. *iU22 xMATRIX L12-5 50 mm Linear Array*. <https://www.philips.com.vn/healthcare/product/HCTDR48/transducer-112-5-50mm-linear-array>. [Online; dostęp 21.09.2022]. 2022 (cytowane na stronie 79).
- [83] Philips. *X6-1 xMATRIX array transducer with PureWave crystal technology*. <https://www.usa.philips.com/healthcare/product/HC989605409281/x6-1>. [Online; dostęp 21.09.2022]. 2022 (cytowane na stronie 80).
- [84] C. Pinter, A. Lasso, T. Heffter, T. Ungi, A. Rankin i G. Fichtinger. *Using fCal for Freehand Ultrasound Calibration*. <https://slideplayer.com/slide/4419316/>. [Online; dostęp 21.09.2022]. 2022 (cytowane na stronach 20, 45, 46, 47 i 48).
- [85] H. Piotrkowska-Wróblewska, K. Dobruch-Sobczak, M. Byra i A. Nowicki. „Open access database of raw ultrasonic signals acquired from malignant and benign breast lesions”. W: *Medical Physics* vol. 44. no. 11 (2017). DOI: 10.1002/mp.12538 (cytowane na stronach xv, 62 i 76).
- [86] E. D. Pisano i M. J. Yaffe. „Digital mammography”. W: *Radiology* vol. 234. no. 2 (2005), s. 353–362. DOI: 10.1148/radiol.2342030897 (cytowane na stronie 4).
- [87] A. C. Pujara, E. Kim, D. Axelrod i A. N. Melsaether. „PET/MRI in breast cancer”. W: *Journal of Magnetic Resonance Imaging* vol. 49. no. 2 (2019), s. 328–342. DOI: 10.1002/jmri.26298 (cytowane na stronach 6 i 7).
- [88] B. Pyciński, J. Juszczak, A. Wijata, M. Galinska, J. Czajkowska i E. Pietka. „Image guided core needle biopsy of the breast”. W: *International Conference on Information Technologies in Biomedicine*. Springer. 2018, s. 160–171. DOI: 10.1007/978-3-319-91211-0_14 (cytowane na stronie 7).
- [89] Risald, A. E. Mirino i Suyoto. „Best routes selection using Dijkstra and Floyd-Warshall algorithm”. W: *2017 11th International Conference on Information Communication Technology and System (ICTS)*. IEEE. 2017, s. 155–158. DOI: 10.1109/ICTS.2017.8265662 (cytowane na stronie 26).
- [90] R. Rohling, A. Gee i L. Berman. „A comparison of freehand three-dimensional ultrasound reconstruction techniques”. W: *Medical Image Analysis* vol. 3. no. 4 (1999), s. 339–359. DOI: 10.1016/S1361-8415(99)80028-0 (cytowane na stronie 43).
- [91] E. L. Rosen, W. B. Eubank i D. A. Mankoff. „FDG PET, PET/CT, and breast cancer imaging”. W: *Radiographics* vol. 27. no. suppl_1 (2007), S215–S229. DOI: 10.1148/rg.27si075517 (cytowane na stronie 6).

- [92] J. Ru, B. Lu, B. Chen, J. Shi, G. Chen, M. Wang, Z. Pan, Y. Lin, Z. Gao, J. Zhou, X. Liu i C. Zhang. „Attention guided neural ODE network for breast tumor segmentation in medical images”. W: *Computers in Biology and Medicine* vol. 159 (2023), s. 106884. ISSN: 0010-4825. DOI: 10.1016/j.compbimed.2023.106884 (cytowane na stronach 24, 62, 75, 77 i 94).
- [93] C. Ruan, J. Luo i Y. Wu. „Map navigation system based on optimal Dijkstra algorithm”. W: *2014 IEEE 3rd International Conference on Cloud Computing and Intelligence Systems*. IEEE. 2014, s. 559–564. DOI: 10.1109/CCIS.2014.7175798 (cytowane na stronie 26).
- [94] P. K. Saha, J. K. Udupa i D. Odhner. „Scale-Based Fuzzy Connected Image Segmentation: Theory, Algorithms, and Validation”. W: *Computer Vision and Image Understanding* vol. 77. no. 9 (2000), s. 145–174. DOI: 10.1006/cviu.1999.0813 (cytowane na stronach 26 i 28).
- [95] J. M. Sanches i J. S. Marques. „A Rayleigh reconstruction/interpolation algorithm for 3D ultrasound”. W: *Pattern Recognition letters* vol. 21. no. 10 (2000), s. 917–926. DOI: 10.1016/S0167-8655(00)00053-2 (cytowane na stronie 43).
- [96] F. Sardanelli, E. M. Fallenberg, P. Clauser, R. M. Trimboli, J. Camps-Herrero, T. H. Helbich i G. Forrai. „Mammography: an update of the EUSOBI recommendations on information for women”. W: *Insights into Imaging* vol. 8. no. 1 (2017), s. 11–18. DOI: 10.1007/s13244-016-0531-4 (cytowane na stronach 4 i 5).
- [97] O. J. Scully, B.-H. Bay, G. Yip i Y. Yu. „Breast cancer metastasis”. W: *Cancer Genomics & Proteomics* vol. 9. no. 5 (2012), s. 311–320 (cytowane na stronie 2).
- [98] R. R. Selvaraju, M. Cogswell, A. Das, R. Vedantam, D. Parikh i D. Batra. „Grad-CAM: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization”. W: *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*. 2017, s. 618–626. DOI: 10.1007/s11263-019-01228-7 (cytowane na stronie 70).
- [99] A. Sengupta, Y. Ye, R. Wang, C. Liu i K. Roy. „Going Deeper in Spiking Neural Networks: VGG and Residual Architectures”. W: *Frontiers in Neuroscience* vol. 13 (2019). ISSN: 1662-453X. DOI: 10.3389/fnins.2019.00095 (cytowane na stronie 30).
- [100] N. E. Seymour. „VR to OR: a review of the evidence that virtual reality simulation improves operating room performance”. W: *World Journal of Surgery* vol. 32. no. 2 (2008), s. 182–188. DOI: 10.1007/s00268-007-9307-9 (cytowane na stronie 10).

- [101] B. Shareef, M. Xian i A. Vakanski. „Stan: Small Tumor-Aware Network for Breast Ultrasound Image Segmentation”. W: *2020 IEEE 17th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*. 2020, s. 1–5. DOI: 10.1109/ISBI45749.2020.9098691 (cytowane na stronie 24).
- [102] O. V. Solberg, F. Lindseth, H. Torp, R. E. Blake i T. A. N. Hernes. „Freehand 3D ultrasound reconstruction algorithms—a review”. W: *Ultrasound in Medicine and Biology* vol. 33. no. 7 (2007), s. 991–1009. DOI: 10.1016/j.ultrasmedbio.2007.02.015 (cytowane na stronie 43).
- [103] L. F. de Souza Cardoso, F. C. M. Q. Mariano i E. R. Zorzal. „A survey of industrial augmented reality”. W: *Computers & Industrial Engineering* vol. 139 (2020), s. 106159. DOI: 10.1016/j.cie.2019.106159 (cytowane na stronie 16).
- [104] N. Srivastava, G. Hinton, A. Krizhevsky, I. Sutskever i R. Salakhutdinov. „Dropout: a simple way to prevent neural networks from overfitting”. W: *The Journal of Machine Learning Research* vol. 15. no. 1 (2014), s. 1929–1958 (cytowane na stronie 33).
- [105] C. H. Sudre, W. Li, T. Vercauteren, S. Ourselin i M. Jorge Cardoso. „Generalised Dice overlap as a deep learning loss function for highly unbalanced segmentations”. W: *Deep learning in medical image analysis and multimodal learning for clinical decision support*. Springer, 2017, s. 240–248. DOI: 10.1007/978-3-319-67558-9_28 (cytowane na stronie 34).
- [106] C. Szegedy, W. Liu, Y. Jia, P. Sermanet, S. Reed, D. Anguelov, D. Erhan, V. Vanhoucke i A. Rabinovich. „Going Deeper With Convolutions”. W: *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Czer. 2015, s. 1–9. DOI: 10.1109/CVPR.2015.7298594 (cytowane na stronie 30).
- [107] T. Ślubowski, M. Ślubowska i A. Wojciechowski. „Diagnostic techniques in breast cancer detection. Part I: Imaging methods and their modifications”. W: *Ginekologia Polska* vol. 78. no. 5 (2007) (cytowane na stronie 4).
- [108] E. Tagliabue, D. Dall Alba, E. Magnabosco, C. Tenga, I. Peterlik i P. Fiorini. „Position-based modeling of lesion displacement in ultrasound-guided breast biopsy”. W: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* vol. 14. no. 8 (2019), s. 1329–1339. DOI: 10.1007/s11548-019-01997-z (cytowane na stronie 47).
- [109] The Ferenc Jolesz National Center for Advanced Technologies Image Guided Therapy Department of Radiology, Brigham and Women’s Hospital, Harvard Medical School. *Image Guided Therapy*. <https://ncigt.org/research>. [Online; dostep 06.09.2022]. 2022 (cytowane na stronie 10).

- [110] J. Tokuda, G. Fischer, X. Papademetris, Z. Yaniv, L. Ibanez, P. Cheng, H. Liu, J. Blevins, J. Arata, A. Golby i T. Kapur. „OpenIGTLink: an open network protocol for image-guided therapy environment”. W: *The International Journal of Medical Robotics and Computer Assisted Surgery* vol. 5. no. 4 (2009), s. 423–434. DOI: 10.1002/rcs.274 (cytowane na stronach 14 i 20).
- [111] J. K. Udupa i P. Saha. „Fuzzy Connectedness and Image Segmentation”. W: *Proceedings of the IEEE*. T. 91. 10. 2003, s. 1649–1669. DOI: 10.1109/JPROC.2003.817883 (cytowane na stronie 26).
- [112] J. K. Udupa i S. Samarasekera. „Fuzzy Connectedness and Object Definition: Theory, Algorithms, and Applications in Image Segmentation”. W: *Graphical Models and Image Processing* vol. 58. no. 3 (1996), s. 246–261. DOI: 10.1006/gmip.1996.0021 (cytowane na stronach 26 i 28).
- [113] T. Ungi, A. Lasso i G. Fichtinger. „Open-source platforms for navigated image-guided interventions”. W: *Medical Image Analysis* vol. 33 (2016), s. 181–186. DOI: 10.1016/j.media.2016.06.011 (cytowane na stronie 14).
- [114] A. Vakanski, M. Xian i P. E. Freer. „Attention-enriched deep learning model for breast tumor segmentation in ultrasound images”. W: *Ultrasound in Medicine & Biology* vol. 46. no. 10 (2020), s. 2819–2833. DOI: 10.1016/j.ultrasmedbio.2020.06.015 (cytowane na stronie 24).
- [115] M. Van Goethem, W. Tjalma, K. Schelfout, I. Verslegers, I. Biltjes i P. Parizel. „Magnetic resonance imaging in breast cancer”. W: *European Journal of Surgical Oncology (EJSO)* vol. 32. no. 9 (2006), s. 901–910. DOI: 10.1016/j.ejso.2006.06.009 (cytowane na stronie 6).
- [116] T. Vaughan, A. Lasso, T. Ungi i G. Fichtinger. „Hole filling with oriented sticks in ultrasound volume reconstruction”. W: *Journal of Medical Imaging* vol. 2. no. 3 (sierp. 2015), s. 034002. DOI: 10.1117/1.jmi.2.3.034002 (cytowane na stronach 50 i 51).
- [117] M. Veta, J. P. Pluim, P. J. Van Diest i M. A. Viergever. „Breast cancer histopathology image analysis: A review”. W: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* vol. 61. no. 5 (2014), s. 1400–1411. DOI: 10.1109/TBME.2014.2303852 (cytowane na stronie 9).
- [118] K. Vinogradova, A. Dibrov i G. Myers. „Towards interpretable semantic segmentation via gradient-weighted class activation mapping (student abstract)”. W: *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*. T. 34. 10. 2020, s. 13943–13944. DOI: 10.1609/aaai.v34i10.7244 (cytowane na stronie 70).

- [119] A. Visvanathan, S. E. Reichenbach i Q. Tao. „Gradient-based value mapping for pseudocolor images”. W: *Journal of Electronic Imaging* vol. 16. no. 3 (2007), s. 1–8. DOI: 10.1117/1.2778426 (cytowane na stronie 27).
- [120] S. Wang, F. Zhang, P. Huang, H. Hong, Y. Jiaerken, X. Yu, R. Zhang, Q. Zeng, Y. Zhang, R. Kikinis, Y. Rathi, N. Makris, M. Lou, O. Pasternak, M. Zhang i L. J. O’Donnell. „Superficial White Matter Microstructure Affects Processing Speed in Cerebral Small Vessel Disease”. W: *Human Brain Mapping* vol. 43. no. 17 (2022), s. 5310–5325. ISSN: 1097-0193. DOI: 10.1002/hbm.26004 (cytowane na stronie 10).
- [121] E. Wesołowska. „Podstawy onkologii klinicznej, Badania przesiewowe w zakresie wczesnego wykrywania raka piersi”. W: Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie, 2011. Rozd. 2, s. 17–20 (cytowane na stronie 3).
- [122] W. Wieclawek, M. Rudzki, A. Wijata i M. Galinska. „Preliminary development of an automatic breast tumour segmentation algorithm from ultrasound volumetric images”. W: *International Conference on Information Technologies in Biomedicine*. Springer. 2018, s. 77–88. DOI: 10.1007/978-3-319-91211-0_7 (cytowane na stronie 24).
- [123] A. Wijata, B. Pyciński, M. Galińska i D. Spinczyk. „Breast Lesion Segmentation Method Using Ultrasound Images”. W: *Conference on Innovations in Biomedical Engineering*. Springer. 2018, s. 20–27. DOI: 10.1007/978-3-030-15472-1_3 (cytowane na stronie 24).
- [124] M. J. Willeminck, W. A. Koszek, C. Hardell, J. Wu, D. Fleischmann, H. Harvey, L. R. Folio, R. M. Summers, D. L. Rubin i M. P. Lungren. „Preparing medical imaging data for machine learning”. W: *Radiology* vol. 295. no. 1 (2020), s. 4–15. DOI: 10.1148/radiol.2020192224 (cytowane na stronie 30).
- [125] U. Wojciechowska, K. Barańska, I. Michałek, P. Olasek, M. Miklewska i J. Didkowska. „Nowotwory złośliwe w Polsce w 2020 roku”. W: *Krajowy Rejestr Nowotworów, Warszawa (2022)* (cytowane na stronach 2 i 3).
- [126] H. Yang i D. Yang. „CSwin-PNet: A CNN-Swin Transformer combined pyramid network for breast lesion segmentation in ultrasound images”. W: *Expert Systems with Applications* vol. 213 (2023), s. 119024. ISSN: 0957-4174. DOI: 10.1016/j.eswa.2022.119024 (cytowane na stronach 24, 75, 77 i 94).
- [127] M. Yap, M. Goyal, F. Osman, R. Martí, E. Denton, A. Juette i R. Zwiggelaar. „Breast ultrasound lesions recognition: end-to-end deep learning approaches”. W: *Journal of Medical Imaging* vol. 6. no. 1 (2018). DOI: 10.1117/1.JMI.6.1.011007 (cytowane na stronach xv, 62 i 75).

-
- [128] M. H. Yap, G. Pons, J. Martí, S. Ganau, M. Sentís, R. Zwigelaar, A. K. Davison i R. Martí. „Automated Breast Ultrasound Lesions Detection Using Convolutional Neural Networks”. W: *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* vol. 22. no. 4 (2018), s. 1218–1226. DOI: 10.1109/JBHI.2017.2731873 (cytowane na stronie 24).
- [129] Q. Zheng, C. Liu, Q. Pan, J. Chang i J. Cui. „Development status and application of neuronavigation system”. W: *Journal of Complexity in Health Sciences* vol. 3. no. 1 (2020), s. 9–25. DOI: 10.21595/chs.2020.21260 (cytowane na stronie 10).

Streszczenie

Poruszana w niniejszej rozprawie doktorskiej tematyka dotyczy wykorzystania metod sztucznej inteligencji do segmentacji guzów piersi w dwuwymiarowych obrazach ultrasonograficznych (USG), a także wizualizacji uzyskanego w procesie rekonstrukcji modelu trójwymiarowego. Analizowane dane pochodzą z systemu nawigacji obrazowej, dzięki któremu możliwa jest przestrzenna orientacja obrazów USG. W pracy wykorzystano zarówno obrazy kliniczne, jak i dane zarejestrowane na potrzeby eksperymentów w laboratorium.

Zakres przeprowadzonych prac obejmował kilka etapów. Pierwszym z nich było zaprojektowanie ścieżki przetwarzania obrazów USG w celu wysegmentowania guzów piersi. Zastosowano autorską modyfikację metody rozmytej spójności, która pozwoliła na stworzenie pseudokolorowych obrazów hybrydowych. Obrazy te zostały poddane segmentacji semantycznej z wykorzystaniem spłotowej sieci neuronowej. Wynik segmentacji stanowił kontur początkowy w metodzie aktywnych konturów. Przeprowadzono szczegółową analizę parametrów zastosowanych metod w celu optymalizacji czasowo-jakościowej. Analiza obejmowała 5-krotną walidację krzyżową zbioru 993 obrazów zawierających guzy różnego typu, pochodzących z trzech niezależnych publicznych baz danych. Jako miarę jakości segmentacji wykorzystano współczynnik Dice'a, uzyskując dla pełnej ścieżki segmentacji medianę na poziomie 0,86.

Drugim etapem było opracowanie metody rekonstrukcji trójwymiarowej na podstawie wysegmentowanych obrazów 2D i odpowiadających im macierzy transformacji pochodzących z systemu nawigacji obrazowej. Autorska metoda rekonstrukcji zależna od czasu akwizycji ramki została przetestowana na danych laboratoryjnych symulujących obiekty poruszające się w czasie skanowania. Niezbędnym elementem eksperymentu było skonstruowanie fantomu umożliwiającego ocenę dokładności rekonstrukcji.

Trzecim etapem było zaprojektowanie interaktywnej aplikacji służącej do wizualizacji modelu powstałego na bazie parametrów dobieranych przez eksperta, zwiększającej potencjalną użyteczność zaproponowanej metodyki w praktyce klinicznej. Wizualizacja możliwa jest w klasycznym układzie trójwymiarowym lub dwuwymiarowym z uwzględnieniem czasu rejestracji obrazu. Aplikację przetestowano na danych pochodzących z symulacji badania w warunkach klinicznych z wykorzystaniem fantomu biopsyjnego.

Przeprowadzone eksperymenty pozwalają stwierdzić, że wykorzystanie nawigacji obrazowej podczas badania ultrasonograficznego umożliwia segmentację i orientację przestrzenną trójwymiarowego modelu zmiany nowotworowej w oparciu o dwuwymiarowe obrazy ultrasonograficzne typu B, co było celem rozprawy.

Słowa kluczowe: komputerowe wspomaganie diagnostyki medycznej, guzy piersi, ultrasonografia, segmentacja, nawigacja obrazowa, rekonstrukcja 3D, sztuczna inteligencja, konwolucyjne sieci neuronowe

Abstract

This Ph.D. thesis addresses the use of artificial intelligence methods for segmenting breast tumors in two-dimensional ultrasound images (US) and the visualization of the three-dimensional model obtained in the volume reconstruction process. The data come from the image navigation system, providing the spatial orientation of ultrasound images. The study uses both clinical images and data recorded for laboratory experiments.

The research covered several stages. The first stage was designing a US image processing path to segment breast tumors. A modification of the fuzzy connectedness method was proposed for creating pseudo-color hybrid images. These images were subjected to semantic segmentation using a convolutional neural network, with its outcome being an initial contour in the active contour evolution. The settings and parameters of the methods were investigated in detail to optimize segmentation quality and processing time. The analysis involved a 5-fold cross-validation over a set of 993 images with different types of tumors from three independent public databases. The Dice coefficient was used to measure the segmentation quality, with a median of 0.86 obtained for the complete segmentation framework.

The second stage was developing a three-dimensional volume reconstruction method based on segmented 2D images and the corresponding transformation matrices from the image navigation system. The proposed approach of frame-acquisition-time-dependent reconstruction was tested using laboratory data simulating objects moving during scanning. The construction of a phantom to assess the accuracy of the reconstruction was the essential element of the experiment.

The third stage was to design an interactive application for visualizing the model based on parameters selected by the user to increase the potential usefulness of the proposed methodology in clinical practice. Visualization was possible in a canonical three-dimensional or registration-time-dependent two-dimensional setup. The application was tested on data from a simulation of a study in a clinical setup using a biopsy phantom.

The experiments and results show that image navigation during the ultrasound examination enables segmentation and spatial orientation of a three-dimensional model of a neoplastic lesion based on two-dimensional B-type ul-

trasound images, which was the goal of the study.

Keywords: computer-aided diagnosis, breast tumor, ultrasound, image segmentation, image navigation, 3D reconstruction, artificial intelligence, convolutional neural networks