



Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica
w Krakowie
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki
Katedra Metrologii



Rozprawa doktorska

**Segmentacja 3D danych medycznych
pochodzących z tomografii komputerowej oraz
endoskopowych zapisów wideo**

mgr inż. Andrzej Skalski

Promotor: prof. dr hab. inż. Tomasz Zieliński

Kraków, 2009

Spis treści

Spis treści	i
1 Wprowadzenie	3
1.1 Motywacja	3
1.2 Cel i teza pracy	6
1.3 Struktura rozprawy	7
2 Charakterystyka wykorzystywanych danych medycznych	10
2.1 Tomografia komputerowa	10
2.2 Tomografia spiralna z wiązką uformowaną w stożek - CBCT	14
2.3 Laryngologiczne zapisy endoskopowe wibracji strun głosowych	16
3 Segmentacja struktur okołoskrzelowych w komputerowym systemie wspierającym zabieg igłowej biopsji przezoskrzelowej	19
3.1 Wprowadzenie	19
3.2 Algorytm wyodrębniania z danych CT struktur okołoskrzelowych bazujący na metodzie wododziałowej	23
3.3 Dwuetapowa metoda wyodrębniania struktur okołoskrzelowych z danych CT przy użyciu metody rozrostu obszarów oraz deformowalnych modeli	28
3.4 Ilościowa analiza jakości segmentacji przeprowadzanej przy użyciu proponowanych metod	33
3.5 Podsumowanie	36
4 Segmentacja jelita grubego w zastosowaniu do estymacji położenia kapsuły endoskopowej metodą wirtualnej kolonoskopii	38

4.1	Wprowadzenie	38
4.2	Metody czyszczenia danych pochodzących z CT	40
4.2.1	Tłó	40
4.2.2	Algorytm cyfrowego czyszczenia jelita grubego bazujący na nieliniowej funkcji przetwarzania oraz operacjach morfologicznych	41
4.3	Wyodrębnianie jelita grubego z danych tomograficznych 3D	47
4.4	Algorytm generacji ścieżki nawigacyjnej	49
4.5	Zastosowania metody wirtualnej kolonoskopii na przykładzie lokalizacji kapsuły endoskopowej w jelicie grubym	58
4.6	Podsumowanie	60
5	Segmentacja strun głosowych w endoskopowych zapisach wideo	62
5.1	Wprowadzenie	62
5.2	Algorytm wyodrębniania światła krtani z danych HSV przy użyciu metody zbiorów poziomicowych	64
5.2.1	Metoda zbiorów poziomicowych	64
5.2.2	Metoda poziomic - podejście wariacyjne	67
5.2.3	Segmentacja strun głosowych przy wykorzystaniu wariacyjnego sformułowania metody zbiorów poziomicowych	69
5.3	Algorytm wyodrębniania światła krtani z danych HSV bazujący na metodzie wododziałowej	71
5.4	Porównanie metod segmentacji danych HSV	73
5.5	Analiza ruchu strun głosowych w zapisach HSV	78
5.6	Podsumowanie	82
6	Automatyczne śledzenie implantowanych znaczników w projekcjach pochodzących z CBCT	85
6.1	Wprowadzenie	85
6.2	Problemy związane z śledzeniem złotych znaczników w projekcjach CBCT	88
6.3	Algorytm śledzenia złotych znaczników w danych CBCT	89
6.3.1	Zarys proponowanej metody śledzenia markerów	90
6.3.2	Przemieszczenia znaczników w projekcjach CBCT	91
6.3.3	Estymacja położenia markerów na podstawie wiedzy <i>a priori</i>	94

6.3.4	Wyznaczanie położenia znaczników przy użyciu algorytmu <i>mean shift</i>	96
6.3.5	Wyznaczanie ostatecznej lokalizacji znaczników przy wykorzystaniu funkcji kosztów/punktów	100
6.3.6	Ocena skuteczności algorytmu śledzenia znaczników w projekcjach CBCT	102
6.4	Podsumowanie	106
7	Wnioski końcowe	108
7.1	Podsumowanie wyników pracy	108
7.2	Oryginalne elementy pracy	110
	Bibliografia	112
	Spis używanych skrótów	125
	Spis rysunków	126
	Spis tabel	130
	Skorowidz	131

Podziękowania

W tym miejscu chciałbym bardzo serdecznie podziękować mojemu promotorowi Panu prof. Tomaszowi Zielińskiemu, z Katedry Telekomunikacji, AGH w Krakowie za życzliwą i wszechstronną opiekę oraz cenne rady, które otrzymałem.

Dziękuję również Panu dr med. Mariuszowi Dupladze z II Katedry Chorób Wewnętrznych, Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie za udostępnienie zapisów tomograficznych klatki piersiowej i jamy brzusznej, Panu prof. Christopherowi J. Moore'owi z North Western Medical Physics, The Christie NHS Foundation Trust, Manchester, Wielka Brytania za użyczenie zapisów projekcji CBCT, Panu dr Dimitarowi D. Deliyskiemu z Department of Communication Sciences and Disorders, University of South Carolina, USA za udostępnienie bazy laryngologicznych zapisów endoskopowych.

Szczególne podziękowania chciałbym złożyć Panu dr Bogdanowi Matuszewskiemu z Research Centre for Applied Digital Signal and Image Processing, University of Central Lancashire, Preston, Wielka Brytania za wprowadzenie mnie w tajniki przetwarzania obrazów oraz za wszelką pomoc, jaką otrzymałem.

Podziękowania za cierpliwość oraz nieustanne mobilizowanie mnie do działania składam mojej żonie Monice oraz rodzinie.

Acknowledgements

I would like to thank my supervisor prof. Tomasz Zieliński from Department of Telecommunication, AGH University of Science and Technology, Cracow for kind and comprehensive care and helpful advices very much.

I also thank Mariusz Duplaga, MD, PhD from II Chair of Internal Medicine, Jagiellonian University Department of Medicine for facilitating CT data of chest and abdomen. I am grateful to prof. Christopher J. Moore from North Western Medical Physics, The Christie NHS Foundation Trust, Manchester, UK for giving me CBCT projections. I thank Dimitar D. Deliyski, PhD from Department of Communication Sciences and Disorders, University of South Carolina, USA for facilitating laryngeal HSV base.

Special thanks to Bogdan Matuszewski, PhD, from Research Centre for Applied Digital Signal and Image Processing, University of Central Lancashire, Preston, UK for revealing secrets of image processing and analysis as well as for help I have received.

I am grateful to my wife Monika and my family for patience and continuous mobilizing.

Rozdział 1

Wprowadzenie

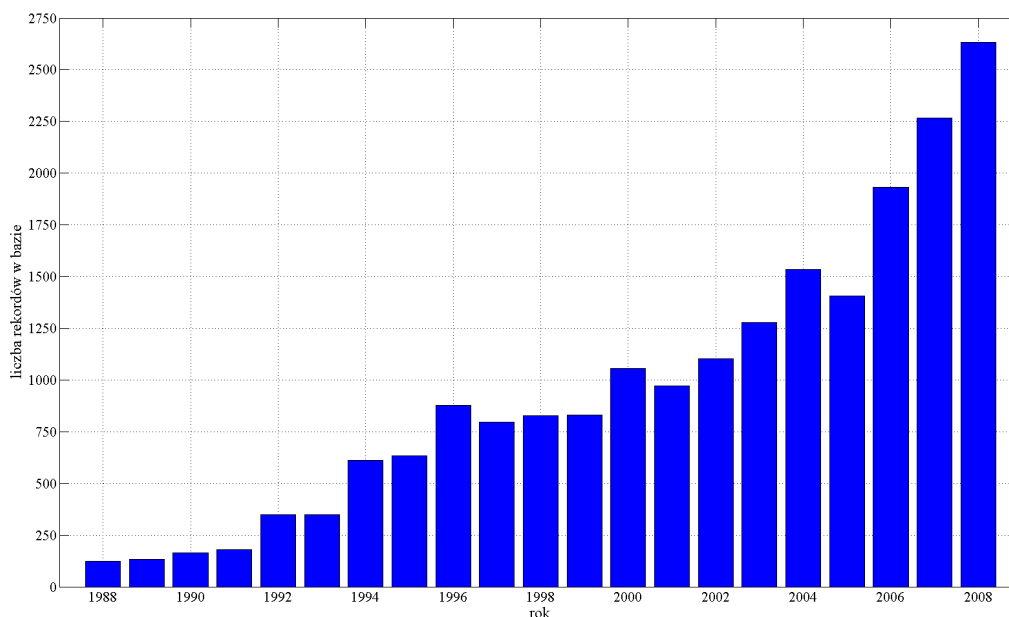
1.1 Motywacja

Wraz ze wzrostem mocy obliczeniowych współczesnych komputerów obserwuje się dynamiczny rozwój różnego rodzaju metod wspierających pracę lekarza. Powstają systemy, które po pierwsze, usprawniają przeprowadzanie zabiegów medycznych a po drugie, podnoszą możliwości diagnostyczne.

Możliwości powszechnie stosowanych obecnie komputerów pozwalają na przetwarzanie, analizę oraz wizualizację ogromnej ilości danych medycznych pochodzących z różnych źródeł. Najczęściej są to dane z tomografii komputerowej, rezonansu magnetycznego, ultrasonografii czy pozytonowej emisyjnej tomografii komputerowej (PET).

Konstrukcja złożonych systemów sprzętowych i programowych, wspierających diagnostykę obrazową, zabiegi oraz procedury medyczne, jest niezmiernie ważna z punktu widzenia lekarza, a w konsekwencji - ma wpływ na życie i zdrowie pacjentów. Systemy takie pozwalają na przedstawienie dwuwymiarowych serii danych pomiarowych w postaci trójwymiarowych przestrzennych rekonstrukcji struktur anatomicznych. Jako przykład takich systemów można podać opisane w pracy: system do wspierania biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej (BAC), system wirtualnej kolonoskopii oraz metody śledzenia znaczników umieszczonych w zmianie nowotworowej, które są wykorzystywane w radioterapii.

Jednym z najważniejszych składników w takich systemach jest moduł odpowiedzialny za segmentację danych. Segmentacja może być rozumiana jako podział danych na rozłączne podzbiory (w przypadku tak zwanej segmentacji „twardej”) w sensie określonego kryterium. W przypadku



Rysunek 1.1: Liczba rekordów w bazie *IEEE Xplore* [46] dotycząca segmentacji obrazów w latach 1988 - 2008

danych medycznych podzbiory powinny reprezentować określone struktury anatomiczne lub ich części. Przeprowadzenie segmentacji nie jest zadaniem prostym. Zależy w dużej mierze od rodzaju danych, stopnia ich złożoności, wyrazistości krawędzi pomiędzy obiektami zobrazowanymi w danych oraz oświetlenia sceny w przypadku obrazów pochodzących z kamer. Najlepszym dowodem na to jest brak uniwersalnych metod segmentacji nadających się do bezpośredniego stosowania w procedurach medycznych. Metody segmentacji ze względu na otrzymywany rezultat można podzielić na dwie grupy. Pierwsza, zawiera algorytmy segmentacji „twardej”, które jako wynik zwracają informację o przynależności poszczególnych pikseli/wokseli do konkretnych podzbiorów. Wynik jest kategoriyczny, dlatego też niemożliwe jest przypisanie piksela/wokseli do dwóch różnych podzbiorów. Druga grupa algorytmów, nosząca zazwyczaj nazwę „miękkich”, określa jedynie prawdopodobieństwo przynależności do poszczególnych podzbiorów reprezentujących obiekty w obrazie. Ze względu na cel i oczekiwane wyniki w rozprawie ograniczono się do pierwszej z wyżej wymienionych grup algorytmów.

Na rysunku 1.1 przedstawiono liczby rekordów w bazie *IEEE Xplore*, dotyczące segmentacji obrazów w latach 1988 - 2008. Wzrost liczby algorytmów jest ściśle powiązany z technicznymi możliwościami implementacji

proponowanych metod. Ogromna liczba algorytmów segmentacji powstałych do tej pory (rys. 1.1), z jednej strony świadczy o ważności problemu wyodrębniania obiektów z obrazów, z drugiej natomiast stwarza problemy w opracowaniu klasyfikacji tychże metod. Jako przykład próby stworzenia podziału metod można podać jedną z najczęściej przedstawianych klasyfikacji [53] obejmującą pięć grup:

1. **Metody bazujące na intensywności pikseli** (ang. *pixel-based segmentation*). Algorytmy należące do tej grupy charakteryzują się dużą prostotą, co jednocześnie przekłada się na ich niewielką złożoność obliczeniową. Idea algorytmów sprowadza się do podziału zbioru pikseli na podzbiory w zależności od wartości intensywności. Najprostszym algorytmem jest progowanie (ang. *thresholding*). Podział obrazu na tło i obiekty następuje na podstawie wartości progu. Piksele posiadające wartości powyżej ustalonego progu są klasyfikowane jako obiekt, pozostałe piksele jako tło lub odwrotnie. Przegląd metod doboru progu można znaleźć w [97, 40]. Metody należące do tej grupy są zwykle używane w sytuacji, gdy w obrazie występuje znacząca różnica w wartościach intensywności pomiędzy pikselami reprezentującymi tło oraz obiekty.
2. **Metody bazujące na wykrywaniu krawędzi** (ang. *edge-based segmentation*). Techniki klasyfikowane do grupy algorytmów wykrywających krawędzie wykorzystują informację gradientową wyznaczaną zwykle przy użyciu masek Sobela, Prewitta lub Robertsa [40]. Na wyznaczonej mapie modułu gradientu przeprowadzane jest progowanie a następnie odtwarzana jest ciągłość krawędzi. Do tej grupy można również zaliczyć metody oparte na transformacji Hougha wykrywającą kształty w obrazie (np. linie, okręgi) [30]. Ze względu na założony model parametryczny poszukiwanych obiektów, metoda ta może zostać również zaklasyfikowana do metod opisanych w punkcie 4.
3. **Metody wykorzystujące informację o sąsiedztwie pikseli** (ang. *region-based segmentation*). Metody globalne, bazujące na wartościach intensywności pikseli, mogą prowadzić do powstania izolowanych, małych grup lub pojedynczych punktów klasyfikowanych błędnie jako obiekt [53]. Algorytmy wykorzystujące informację o sąsiedztwie pikseli dodatkowo biorą pod uwagę fakt, iż zazwyczaj piksele należące do obiektu sąsiadują ze sobą oraz mają podobne właściwości. W rezultacie metody należące do tej grupy w odróżnieniu, od algorytmów

progowania, gwarantują, że w wyniku segmentacji piksele należące do obiektu będą połączone. Typowym przedstawicielem tej grupy jest algorytm rozrostu obszaru (ang. *region growing*). Idea oraz jedna z wersji tej techniki została przedstawiona w rozdziale 3.3.

4. **Metody bazujące na modelach** (ang. *model-based segmentation*). Wymienione dotychczas grupy metod segmentacji wykorzystują lokalną informację na temat podobieństwa wartości intensywności pikseli w ramach obiektu, różnicy w wartościach pomiędzy tłem i obiektem oraz informacji płynących z sąsiedztwa. Algorytmy klasyfikowane grupy 4 wykorzystują również informację na temat kształtu poszukiwanego obiektu (jak już wspomniana transformacja Hougha) lub sposób zachowania konturu/powierzchni podczas procesu segmentacji. Kontur finalnie powinien osiągnąć granice obiektu w obrazie. Sposób zachowania jest najczęściej modelowany na podstawie właściwości lub procesów fizycznych. Jako przykład można wymienić: proces dyfuzji, rozrost lub kurczenie balonu, zachowania elastyczne itd. (np. [16, 17, 20, 53, 117]). Wykorzystanie algorytmów należących do tej grupy zaprezentowano w rozdziale 3.3 oraz 5.2.1.
5. **Metody hybrydowe**. Ostatnią grupę stanowią algorytmy łączące cechy i metody technik wymienionych w poprzednich punktach.

Przedstawiony podział nie jest kategoryczny. Możliwe jest zaklasyfikowanie algorytmu do kilku grup. Inne przykłady podziału metod można znaleźć w [35].

Z powodu rosnącego zapotrzebowania środowiska medycznego na rozwiązania znajdujące zastosowania w codziennej praktyce lekarskiej, autor rozprawy postanowił skupić się w niej na czterech zagadnieniach, których cechą wspólną jest konieczność przeprowadzenia trójwymiarowej segmentacji danych medycznych. Trójwymiarowa segmentacja jest tutaj rozumiana jako proces, w którym wejściem są dane opisane w trójwymiarowej przestrzeni (x, y, z) lub i dwuwymiarowe obrazy zmienne w czasie (x, y, t) .

1.2 Cel i teza pracy

Celem pracy jest opracowanie skutecznych metod segmentacji danych medycznych. Jak już wspomniano autor skupił się na czterech zastosowaniach. Pierwszym z nich jest wyodrębnianie grup węzłów chłonnych, naczyń

krwionośnych oraz drzewa oskrzelowego z danych tomograficznych w zastosowaniu do zabiegu biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej. Drugim jest stworzenie wydajnego algorytmu wirtualnej kolonoskopii, w skład którego wchodzi moduły odpowiedzialne za: 1) „czyszczenie” danych pochodzących z tomografii komputerowej z wokseli, reprezentujących kontrast podany przed badaniem oraz resztki pokarmowe znajdujące się w jelicie, 2) wyodrębnianie jelita grubego oraz 3) generowanie wirtualnej ścieżki nawigacyjnej. Trzecie zagadnienie obejmuje wyodrębnianie światła krtani w laryngologicznych, endoskopowych zapisach wideo, czwarte zaś - śledzenie złotych znaczników (markerów), wszczepionych w zmiany nowotworowe, w projekcjach spiralnej tomografii komputerowej z wiązką uformowaną w stożek (CBCT).

Ze względu na zróżnicowanie danych, zadań oraz problemów nie jest możliwe stworzenie tylko jednego uniwersalnego narzędzia, nadającego się do rozwiązania wyżej wymienionych zagadnień. Biorąc pod uwagę rozmiar danych (np. w przypadku danych CT około 512x512x470 punktów) konieczne jest również uwzględnienie czasu obliczeń projektowanych metod.

W niniejszej rozprawie postawiono i wykazano następującą tezę:

Wykorzystując nowoczesne metody przetwarzania i analizy obrazów możliwe jest stworzenie skutecznych metod segmentacji danych medycznych w zastosowaniach do wyodrębniania struktur anatomicznych i znaczników umieszczonych w zmianach nowotworowych w danych z tomografii komputerowej oraz w laryngologicznych, endoskopowych zapisach wideo.

W rozprawie zaproponowano i przedstawiono metody, których skuteczność została oceniona i potwierdzona. Zdaniem autora uzyskane wyniki pozwalają stwierdzić, iż powyższa teza została udowodniona.

1.3 Struktura rozprawy

W niniejszej rozprawie przedstawiono metody opracowane przez autora, ich analizę oraz porównanie skuteczności.

W rozdziale 2 zaprezentowano krótką charakterystykę wykorzystywanych danych medycznych takich jak: dane pochodzące z tomografii komputerowej, dane z tomografii spiralnej z wiązką uformowaną w stożek oraz laryngologiczne, endoskopowe zapisy wideo.

W rozdziale 3 przedstawiono dwie metody segmentacji danych tomograficznych w zastosowaniu do zabiegu biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej. Metoda pierwsza bazuje na algorytmie wododziałowym, druga natomiast jest połączeniem algorytmu rozrostu obszarów z metodą deformowalnych modeli. Przedstawiono porównanie obydwu metod z ręczną segmentacją przeprowadzoną przez autora. Ze względu na trudności ze wskazaniem pikseli reprezentujących węzły chłonne, w celu porównania skuteczności metod, zaproponowano dla tych struktur anatomicznych model 3D symulujący te struktury.

Rozdział 4 jest poświęcony wirtualnej kolonoskopii i zawiera opis opracowanej przez autora metody „czyszczenia” danych tomograficznych, algorytmu generacji ścieżki nawigacyjnej wirtualnej kamery endoskopowej oraz segmentacji wykorzystującej metodę wododziałową. Przedstawiono w nim także możliwe zastosowania zaprezentowanych algorytmów.

W rozdziale 5 zaprezentowano dwie opracowane metody wyodrębniania strun głosowych w sekwencjach dwuwymiarowych endoskopowych zapisów wideo. Pierwsza wykorzystuje metodę wododziałową, dostosowaną do zadania (dwie wersje), druga zaś - algorytm zbiorów poziomicowych. Zaproponowano metodę analizy ruchu strun głosowych przy wykorzystaniu algorytmu deformowalnego dopasowywania obrazów. Przedstawiono analizę skuteczności metod w oparciu o trzy wskaźniki umożliwiające ocenę algorytmów.

W rozdziale 6 przedstawiono algorytm śledzenia znaczników zobrazowanych w projekcjach tomografii spiralnej z wiązką uformowaną w stożek. Algorytm bazuje na metodzie *mean shift* z adaptacyjnie zmienianymi wymiarami jądra w połączeniu z funkcją kosztów/punktów, określającą prawdopodobieństwo hipotez dotyczących położenia poszczególnych znaczników. W końcowej części rozdziału przedstawiono wyniki oraz analizę dokładności działania zaproponowanej metody.

Ze względu na chęć zachowania ciągłości prezentacji metod, ich analizy oraz ich specyficznych właściwości, wykorzystywanych w konkretnych zastosowaniach, opis używanych algorytmów został umieszczony w rozdziałach dotyczących tych zastosowań.

Opisane w pracy wyniki częściowo powstały w ramach realizacji następujących projektów badawczych:

- projekt Komisji Europejskiej No 3E061105 pt. “**VECTOR**: Versatile Endoscopic Capsule for gastrointestinal TumOr Recognition and therapy” (2006-2010),

- projekt międzynarodowy EPSRC - Wielka Brytania, pt. “Engineering and Computational Science for Oncology Network (**ECSON**)” (2007-2009),
- projekt międzynarodowy - Wielka Brytania/Polska - British-Polish Young Scientist Programme 2007, pt. “Deformable Registration of Volumetric Images with Incomplete or Missing Data”,
- projekt krajowy, nr R13 01103 pt. „**BRONCHOVID** - Zintegrowany system wspomagający diagnostykę badań bronchoskopowych przez cyfrową archiwizację, semantyczne porządkowanie zapisów wizyjnych, wykrywanie i wyszukiwanie treści istotnych diagnostycznie oraz interaktywną wizualizację z użyciem danych tomografii komputerowej” (2007-2010),
- projekt „InnoGrant - program wspierania innowacyjnej działalności doktorantów”, nr Z/2.12/II/2.6/19/06, pt. „Segmentacja danych medycznych pochodzących z tomografii komputerowej oraz endoskopowych zapisów wideo”, projekt finansowany ze środków Unii Europejskiej z Europejskiego Funduszu Społecznego oraz budżetu państwa w ramach Zintegrowanego Programu Operacyjnego Rozwoju Regionalnego, (2008).

oraz w wyniku współpracy z:

- Research Centre for Applied Digital Signal and Image Processing, University of Central Lancashire, Preston, Wielka Brytania,
- Department of Communication Sciences and Disorders, University of South Carolina, USA,
- II Katedrą Chorób Wewnętrznych, Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie

Zagadnienia cząstkowe związane z niniejszą pracą zostały opublikowane w pracach [8, 9, 72, 99], [102]-[110] oraz były prezentowane na wielu wystąpieniach konferencyjnych. Rysunki pochodzące z publikacji autora oznaczono w rozprawie w następujący sposób (aut. [nr]).

Rozdział 2

Charakterystyka wykorzystywanych danych medycznych

W tym rozdziale zawarto podstawowe informacje związane z danymi medycznymi, wykorzystywanymi w niniejszej pracy. Krótko scharakteryzowano dane pochodzące z klasycznej tomografii komputerowej, które użyto w rozdziałach 3 i 4, jak i z tomografii spiralnej z wiązką uformowaną w stożek, które wykorzystano w rozdziale 6. W końcowej części umieszczono opis endoskopowych, laryngologicznych zapisów wideo, dla których opracowano algorytmy segmentacji światła krtani w rozdziale 5.

2.1 Tomografia komputerowa

Obecnie, tomografia komputerowa (CT, ang. *Computed Tomography*) staje się jednym z najczęściej wykorzystywanych narzędzi do diagnostyki obrazowej ludzkiego ciała. Historycy nauki jako ojców tomografii uznają Allana Cormacka oraz Godfrey'a Hounsfielda, którzy w 1979 roku za swoje osiągnięcia otrzymali nagrodę Nobla [15].

Idea działania CT bazuje na założeniu, iż wewnętrzną strukturę obiektu można zrekonstruować na podstawie określonej liczby pomiarów. Podstawy matematyczne bazują na pracach Johanna Radona, który w 1917 roku udowodnił, że obraz obiektu dwu- i trójwymiarowego można odtworzyć w sposób zupełny z nieskończonej liczby rzutów tego przedmiotu [15, 33].



Rysunek 2.1: Przykładowe rozwiązanie sprzętowe CT firmy Siemens [47]

Typowy tomograf składa się z następujących elementów [15]: 1) bramy (ang. *gantry*) z otworem znajdującym się w części centralnej, do którego wsuwany jest pacjent podczas badania, 2) stołu oraz 3) lampy rentgenowskiej, stanowiącej źródło promieniowania. Promieniowanie przechodzące przez ciało pacjenta znajdujące się w bramie, ulega osłabieniu i dociera do detektorów. Poziom osłabienia promieniowania zależy od struktury tkanki, przez którą ono przechodzi, co w konsekwencji pozwala rozróżnić struktury anatomiczne od siebie. Informacja jest otrzymywana w postaci serii rzutów (projekcji). Detektory są zwykle rozmieszczone w postaci tablicy. Umożliwiają one zamianę wartości natężenia promieniowania na sygnał elektryczny. Najczęściej ruch tablicy detektorów jest synchronizowany z ruchem lampy rentgenowskiej wokół badanego obiektu [15, 33]. Przykładowe rozwiązanie sprzętowe przedstawiono na rysunku 2.1.

W tomografii spiralnej wprowadzono dodatkowo połączenie ruchu lampy rentgenowskiej z jednoczesnym płynnym ruchem stołu, na którym znajduje się pacjent podczas badania. W takim przypadku tor ruchu układu projekcyjnego względem pacjenta przyjmuje kształt spiralny [15].

Dane zebrane z projekcji są następnie poddawane procesowi rekonstrukcji, który ma na celu wyznaczenie przekrojów tomograficznych pacjenta. Algorytm rekonstrukcji zależy od rozwiązania sprzętowego tomografu oraz

celu diagnostycznego. Przegląd i opis algorytmów rekonstrukcyjnych oraz różnych rozwiązań sprzętowych można znaleźć w publikacji [15].

Wartości osłabienia promieniowania, otrzymane w wyniku rekonstrukcji i przypisane do konkretnych punktów w przestrzeni obiektu, są normalizowane do skali liczb CT zwanej również skalą Hounsfielda (HU, ang. *Hounsfield Units*). Wartość w skali HU jest wyznaczana z następującej zależności [15, 33]:

$$w = K \frac{\varsigma_t - \varsigma_{H_2O}}{\varsigma_{H_2O}} [\text{HU}] \quad (2.1)$$

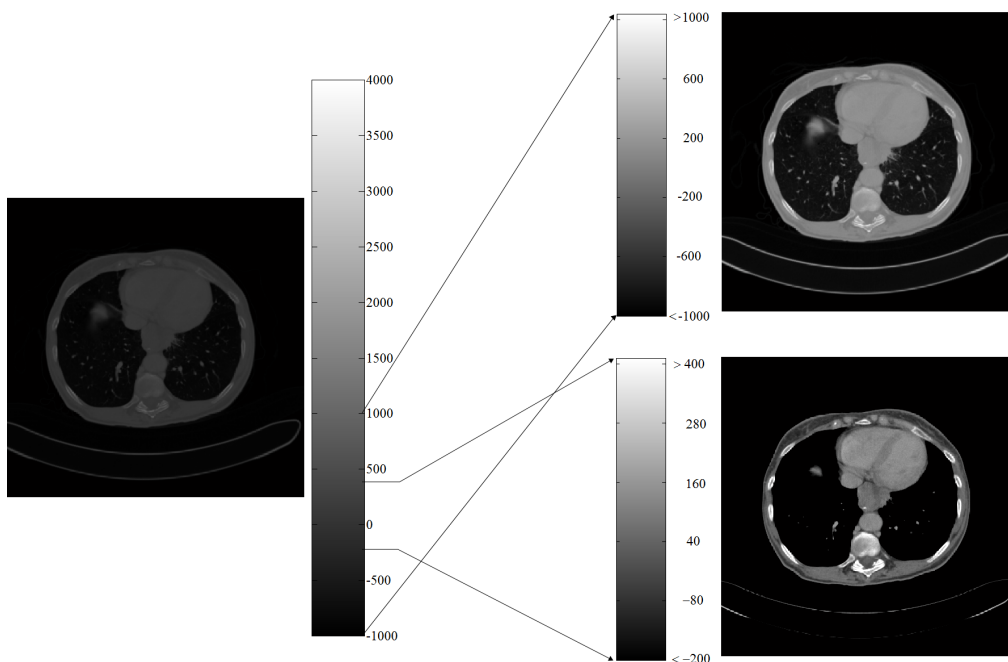
gdzie K jest stałą wzmocnienia obrazu zależną od tomografu, ς_t to wyznaczony współczynnik pochłaniania tkanki, a ς_{H_2O} oznacza współczynnik pochłaniania wody. Współczesne tomografy posiadają stałą K , której wartość jest równa bądź większa niż 1000. Dla takiej wartości stałej K , osłabienie promieniowania wyrażone w HU w tkankach ludzkich mieści się zwykle w zakresie od -1000 do 4000. Przykładowe wartości liczbowe w jednostkach HU przedstawiono w tabeli 2.1 [32].

Tabela 2.1: Wartości HU dla przykładowych tkanek ludzkich [32]

Struktura	Wartość [HU]
Kości	1000 - 2000
Wątroba	50 - 70
Śledziona	40 - 50
Nerka	25 - 45
Mózg - istota biała	20 - 35
Mózg - istota szara	35 - 45
Woda	-5 - 5
Tłuszcz	-100 - -25
Płuca	-1000 - -400

Dla potrzeb wizualizacji poszczególnych przekrojów CT wyznaczone wartości są zamieniane na odcienie szarości. Ponieważ zakres zmian wartości jest najczęściej większy niż 256, nie można wyświetlić wszystkich odcieni szarości jednocześnie. Powstanie obrazu na podstawie wartości HU odbywa się poprzez definicję okna. Zwykle okno to definiuje się na dwa sposoby:

- wartość maksymalna i minimalna zakresu, który chcemy zobrazować,
- środek oraz szerokość okna.



Rysunek 2.2: Wizualizacja tego samego przekroju w zależności od dobranych parametrów okna; Od lewej: [-1000, 4000], od góry: [-1000, 1000], [-200, 400]

Wybór okna odbywa się poprzez dobór odpowiednich wartości parametrów wymienionych powyżej w zależności od tego, jakie struktury anatomiczne lekarz chce zobrazować (tab. 2.1, rys. 2.2). Rozdzielczość typowych obrazów CT wynosi 512 na 512 pikseli.

Obraz uzyskany z tomografii komputerowej jest zapamiętywany w formacie DICOM (ang. *Digital Imaging and Communication in Medicine*) [3]. Standard DICOM został utworzony w celu zapisu oraz wymiany danych medycznych niezależnie od typu i modelu sprzętu medycznego. Swoją specyfikacją obejmuje zarówno obraz medyczny, sposób wymiany, format zapisu, a także jego opis. Wartość poszczególnych pikseli zapisywana jest w formacie 16 bitowym, całkowitoliczbowym bez znaku. Wykorzystywanych jest tylko 12 bitów. W celu uniknięcia konieczności rozróżniania znaku liczby, wartości nieujemne uzyskuje się poprzez dodanie do wartości każdego piksela stałej liczby zwykle 1024.

Nie należy również zapominać o konsekwencjach badania tomograficznego dla organizmu ludzkiego. Dawka promieniowania D , dostarczana podczas skanowania, np. jamy brzusznej, wynosi od 3 do 5 radów. Oczywiście poprawa rozdzielczości lub kontrastu obrazów wymaga znaczącego zwiększenia dostarczanej dawki. Przybliżoną zależność pomiędzy wymaganą rozdzielczo-

ścią a dawką promieniowania, konieczną do jej uzyskania, można przedstawić w postaci [43]:

$$D = a \left(\frac{s^2}{e^3 b} \right) \quad (2.2)$$

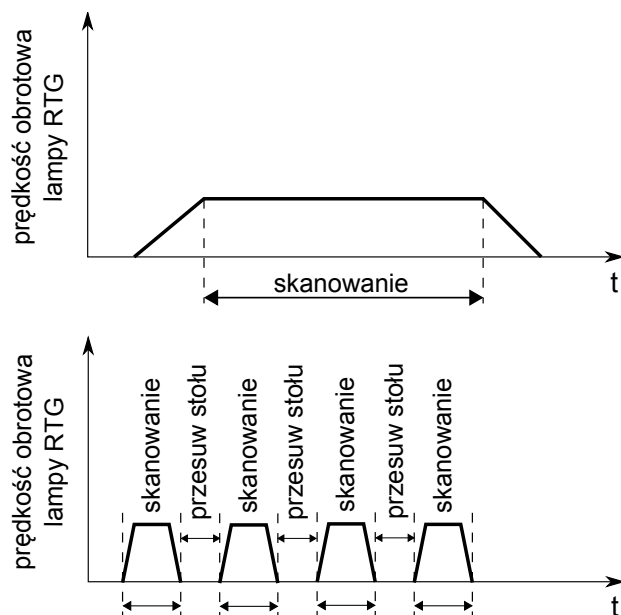
gdzie D jest dawką zaabsorbowanego promieniowania, s - współczynnikiem sygnału do szumu, e - rozdzielczością, b - grubością przekroju, a - stałą. Z równania 2.2 wynika, iż dwukrotny wzrost rozdzielczości powoduje zwiększenie dostarczanej dawki, aż ośmiokrotnie. Ze względu na budowę tomografu dostarczana dawka ma rozkład dość równomierny w skanowanym odcinku ciała pacjenta.

2.2 Tomografia spiralna z wiązką uformowaną w stożek - CBCT

Tomografia spiralna z wiązką uformowaną w stożek (CBCT, ang. *Cone Beam Computed Tomography*) jest tomografią spiralną, w której zastosowano stożkowy kształt wiązki promieniowania rentgenowskiego. Pierwsze konstrukcje pochodzą z lat 2001, 2002. Wcześniejsze rozwiązania konstrukcyjne tomografów spiralnych wykorzystywały wiązkę charakteryzującą się prawie równoległym położeniem promieni w wiązce. Wykorzystanie wiązki stożkowej umożliwiło zastosowanie projekcji trójwymiarowych, co w konsekwencji doprowadziło do opracowania procedur rekonstrukcyjnych w przestrzeni 3D [15]. Przegląd, opis oraz odnośniki literaturowe do algorytmów rekonstrukcyjnych można znaleźć w [15].

Zaletą takiego rozwiązania konstrukcyjnego jest wzrost szybkości skanowania (nawet poniżej 2 min) oraz zmniejszenie wpływu niedokładności kolimacyjnych na jakość obrazu po rekonstrukcji. Na wzrost szybkości wykonania badania wpływa zastosowanie szerokich tablic detektorów, co pozwala również na skanowanie organów będących w ruchu [15]. Procedurę przeprowadzania badania dla tomografii klasycznej oraz CBCT przedstawiono na rysunku 2.3.

Obecnie, tomografy CBCT znajdują zastosowanie głównie w stomatologii (np. [5, 31]) oraz radioterapii (np. [73, 111, 52]). Coraz częstsze wykorzystywanie CBCT w radioterapii wiąże się z możliwością integracji systemu obrazującego z urządzeniem napromieniującym [73] (rys. 2.4). Tomograf CBCT, ze względu na zasadę swojego działania, dostarcza podczas badania w sposób ciągły dawkę promieniowania mieszczącą się w przedziale od 1 do



Rysunek 2.3: Procedura przeprowadzania badania tomograficznego: Od góry: dla tomografów spiralnych, przy użyciu wcześniejszych rozwiązań konstrukcyjnych [15]



Rysunek 2.4: Tomograf CBCT, rozwiązanie zainstalowane w North Western Medical Physics, The Christie NHS Foundation Trust, Manchester, Wielka Brytania

9 cGy* (dla badania głowy i szyi ok. 2 cGy, dla badania jamy brzusznej ok. 3 cGy [143]).

Parametry techniczne tomografu, z którego dane wykorzystywano dane podczas badań w ramach niniejszej pracy doktorskiej, oraz zależności geometryczne w CBCT przedstawiono w rozdziale 6.

2.3 Laryngologiczne zapisy endoskopowe wibracji strun głosowych

Technika obrazowania HSV (ang. *High-Speed Videoendoscopy*) jest coraz częściej stosowaną metodą diagnostyki patologii strun głosowych w laryngologii. Idea metody sprowadza się, podobnie jak w klasycznych metodach endoskopowych, do rejestracji zapisu wideo struktur anatomicznych lub ich wnętrza, interesujących lekarza ze względów diagnostycznych. W przypadku laryngologii, głównym zainteresowaniem cieszą się struny głosowe. Budowę endoskopu można najkrócej scharakteryzować jako giętki przewód na końcu, którego znajduje się źródło światła oraz kamera rejestrująca obraz.

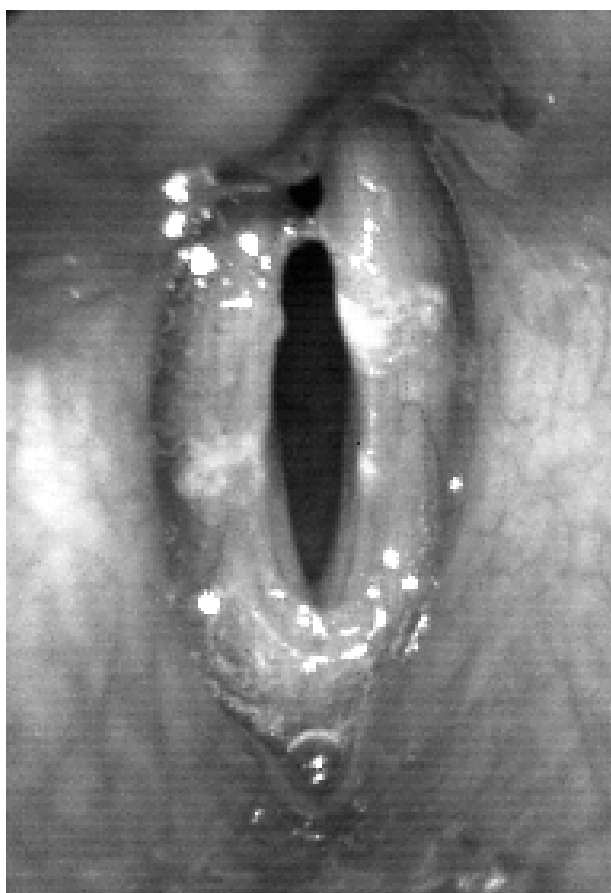
W przeciwieństwie do klasycznych badań endoskopowych, w przypadku diagnozowania stanu strun głosowych wymagana jest bardzo duża prędkość rejestracji w celu umożliwienia obserwacji dynamiki ruchu tych struktur. Częstotliwość otwierania i zamykania strun w zależności od płci oraz cech indywidualnych mieści się w granicach 70-400Hz [25, 24]. Bardzo szybka rejestracja (np. 2000 ramek na sekundę) umożliwia analizę częstotliwości drgań niezależnie od patologii.

W trakcie badania HSV, lekarz trzyma w ręce endoskop, który jest przez niego sterowany. Umożliwia to usunięcie endoskopu w momencie gdyby było to konieczne ze względów bezpieczeństwa. Na rysunku 2.5 przedstawiono przykładowy system HSV. Ze względu na to, iż endoskop nie jest w pozycji stabilnej podczas badania i rejestrowana struktura anatomiczna oraz okoliczne tkanki są w ruchu, otrzymane obrazy HSV charakteryzują się przemieszczeniami strun głosowych pomiędzy obrazami. W celu wyeliminowania tego zjawiska stosuje się metody kompensacji ruchu kamery jednakże nie jest to treścią niniejszej pracy. Przykładowe rozwiązania oraz przegląd stosowanych metod kompensacji można znaleźć w [24, 23]. Typowe kamery HSV stosowane w wideoendoskopii rejestrują obraz z częstotliwością od 900 do 2000 klatek na sekundę, z rozdzielczością przestrzenną 120x140 (np. Kay Elemetrics' High-Speed Video System, Model 9700 ver. 1 wprowadzonym w

*1Gy jest ekwiwalentem 100 radów



Rysunek 2.5: Przykładowe rozwiązanie sprzętowe HSV [48]



Rysunek 2.6: Przykładowy obraz pochodzący z systemu HSV

1998 roku) lub 128x256 pikseli (ver. 2 wprowadzona w 2002 roku). Tradycyjnie obrazy charakteryzują się reprezentacją 8 bitową, monochromatyczną, z niskim kontrastem [22]. W 2006 roku na rynku ukazał się pierwszy komercyjny system z możliwością rejestracji obrazu kolorowego - 4000 ramek na sekundę oraz rozdzielczością 256 na 256 pikseli. Od tego czasu notuje się dynamiczny rozwój systemów HSV, cechujący się poprawą wszystkich parametrów wpływających na jakość oraz liczby obrazów otrzymywanych podczas badania, jednakże przeszkodą w szerokim stosowaniu HSV jest jego cena [22]. Przykładową ramkę HSV z zarejestrowanym obrazem strun głosowych pokazano na rysunku 2.6.

Rozdział 3

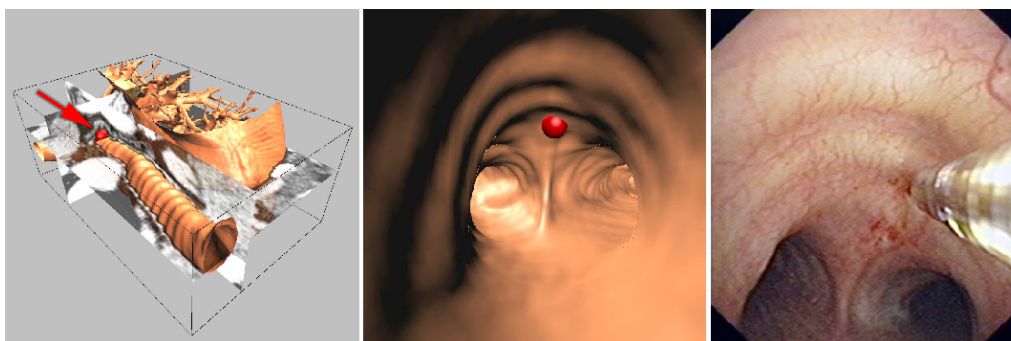
Segmentacja struktur okołoskrzelowych w komputerowym systemie wspierającym zabieg igłowej biopsji przezoskrzelowej

W rozdziale tym zaprezentowano algorytmy segmentacji danych tomograficznych w zastosowaniu do wspierania zabiegu przezoskrzelowej biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej. Ze względu na charakter badania, głównymi strukturami anatomicznymi będącymi w polu zainteresowań lekarza pulmonologa są węzły chłonne, naczynia krwionośne okolicy drzewa oskrzelowego oraz struktury dróg oddechowych.

W rozdziale zaprezentowano krótką charakterystykę i cel badania oraz dwa zaproponowane przez autora algorytmy segmentacji: pierwszy bazujący na metodzie wododziałowej oraz drugi łączący metodę rozrostu obszarów z techniką deformowalnych modeli. W ostatniej części zaprezentowano wyniki segmentacji oraz porównanie proponowanych metod.

3.1 Wprowadzenie

Zabieg biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej (BAC) podczas bronchofibero-skopii polega na pobraniu komórek za pomocą cienkiej igły wprowadzonej



Rysunek 3.1: Od lewej: Przykład wizualizacji drzewa oskrzelowego, czerwona kula: potencjalne miejsce nakłucia do pobrania wycinka; Widok z wirtualnej kamery; Pobranie wycinka - widok z kamery bronchofibroskopu [112]

do tkanki (zwykle węzłów chłonnych). Lekarz wyposażony w bronchofibroskop na podstawie obrazu z kamery umieszczonej w bronchofibroskopie lokalizuje miejsce, z którego nastąpi pobranie materiału do badań. Niestety lekarz podczas zabiegu dysponuje tylko obrazem z kamery. Kamera rejestruje i pokazuje widok z wnętrza drzewa oskrzelowego. Ściany drzewa uniemożliwiają zobaczenie węzłów chłonnych, z których ma zostać pobrany materiał.

Pacjent ma wykonywaną tomografię komputerową klatki piersiowej przed zabiegiem. Na otrzymanych przekrojach lekarz lokalizuje grupy węzłów chłonnych podejrzanych o możliwość występowania w nich zmian chorobowych. Wykorzystanie danych tomograficznych do wiernej trójwymiarowej wizualizacji struktur anatomicznych takich jak drzewo oskrzelowe, węzły chłonne, naczynia krwionośne, pozwala z jednej strony na wybór odpowiednich miejsc do przeprowadzenia biopsji a z drugiej minimalizuje ryzyko pobrania niewłaściwego materiału oraz uszkodzenia naczyń krwionośnych podczas badania. Dodatkowo wspomagający system komputerowy powinien zapewniać synchronizację obrazów otrzymanych z wirtualnej bronchoskopii z aktualnym obrazem z kamery bronchofibroskopu widzianym przez lekarza. Wirtualna bronchoskopia polega na wygenerowaniu ścieżki nawigacyjnej, po której symuluje się ruch wirtualnej kamery wewnątrz wysegmentowanego wcześniej drzewa oskrzelowego [9, 125, 112].

Najważniejszym modułem umożliwiającym w konsekwencji odpowiednie przedstawienie struktur anatomicznych okolicy drzewa oskrzelowego jest segmentacja. Pozwala zwizualizować struktury, eliminując jednocześnie elementy niepożądane, często zaciemniające obraz końcowy. Najważniejszy-

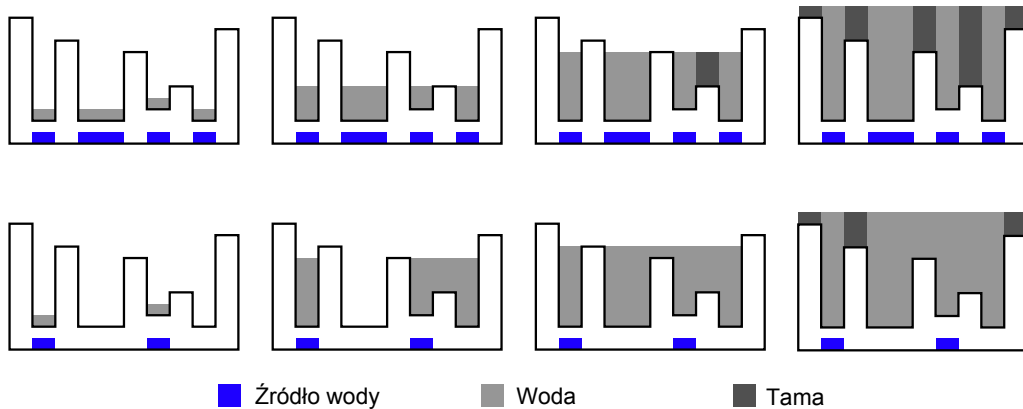


Rysunek 3.2: Przykładowy przekrój CT. 1 - aorta wstępująca; 2 - aorta zstępująca; 3 - tętnica płucna; 4 - żyła główna górna; 5 - oskrzele główne lewe; 6 - oskrzele główne prawe; 7 - węzły chłonne rozwidlenia tchawicy (aut. [102])

mi strukturami anatomicznymi, które powinny być zobrazowane są węzły chłonne, z których ma zostać pobrany materiał do badań.

Proces segmentacji poszczególnych struktur anatomicznych jest zadaniem niezwykle trudnym. Wartości pikseli odpowiadające poszczególnym elementom mają wartość bardzo zbliżoną: aorta, żyła główna górna, tętnica płucna, węzły chłonne posiadają przypisany współczynnik pochłaniania z zakresu od -80 do 100 HU, (rys. 3.2). Nierównomierność rozkładu jasności jest kolejną trudnością występującą podczas analizy poszczególnych obrazów CT. W wyniku tej nierównomierności jasność pikseli, należących do tej samej tkanki, jest różna w różnych miejscach w obrazie. Dodatkowo w poszczególnych elementach mogą występować zmiany chorobowe (np. zwapnienia, guzy), które będą przyjmowały wartości spoza zakresu przypisanego danej strukturze. Z punktu widzenia segmentacji automatycznej, jak i lokalizacji struktur w danych CT, największą trudność stwarzają węzły chłonne. Węzły chłonne mają wielkość od kilku mm do 2 cm (powiększają się w stanach chorobowych), są zazwyczaj kształtu nerkowatego oraz układają się w grupy topograficzne. Jako końcowy efekt segmentacji spodziewana jest trójwymiarowa rekonstrukcja komputerowa poszczególnych struktur anatomicznych.

Najprostszym podejściem do problemu segmentacji jest ręczne wyodrębnianie struktur anatomicznych, polegające na obrysie konturów np. węzłów chłonnych na poszczególnych przekrojach przez lekarza [45]. Oczywiście proces ten jest czasochłonny i znacząco angażuje lekarza w proces segmentacji. Środowisko medyczne oczekuje automatyzacji wyżej wymienionej operacji, skracającej czas poświęcany przez lekarza do minimum. Jednym z proponowanych rozwiązań jest metoda aktywnych konturów (ang. *snakes*, *active contours*) wyodrębniająca węzły chłonne przekrój po przekroju [44]. W metodzie tej konieczne jest zdefiniowanie konturu początkowego, a odległość pomiędzy konturem początkowym a szukanym obiektem musi być niewielka. Dodatkowo metoda ta jest dość czasochłonna. W pracy [44] wyniki działania algorytmu zostały przedstawione głównie na danych symulacyjnych. Inne podejście zaproponowano w [140]. Bazuje ono na metodzie *fast marching*, która jest jedną z wersji metody zbiorów poziomicowych (ang. *level set*), zaproponowaną w [96, 95]. Autorzy dodatkowo zastosowali informację na temat intensywności pikseli w połączeniu z informacją gradientową w równaniu ewolucji oraz kryterium zatrzymania algorytmu, bazujące na wstępnie zaznaczonym okręgu obejmującym poszukiwane węzły chłonne. W sytuacji gdy kontur osiąga okrąg algorytm kończy działanie. Zaproponowany algorytm jest dedykowany do segmentacji dwuwymiarowych przekrojów co powoduje, że z jednej strony, jeżeli chcemy uzyskać strukturę 3D, algorytm musi wykonywać operacje na poszczególnych przekrojach osobno, a z drugiej - nie uwzględnia informacji na temat struktury w trzecim wymiarze. Również w pracy [116] przedstawiono algorytm segmentujący węzły chłonne przekrój po przekroju. Algorytm wykorzystuje technikę *mean shift* opisaną w rozdziale 6.3.4. Inicjacja algorytmu *mean shift* jest przeprowadzana w obszarach o wymiarze 32x32 pikseli wytypowanych przy użyciu metody rozrostu obszaru. W [126], autorzy zaproponowali połączenie metod dopasowywania obrazów oraz algorytmu segmentacji w celu wyodrębnienia węzłów chłonnych z obrazów pochodzących z rezonansu magnetycznego. Należy tutaj podkreślić, iż w proponowanej metodzie wymagany jest dodatkowy zbiór danych obrazowych, oraz fakt lepszego odwzorowania tkanek miękkich w danych MRI w porównaniu do CT.

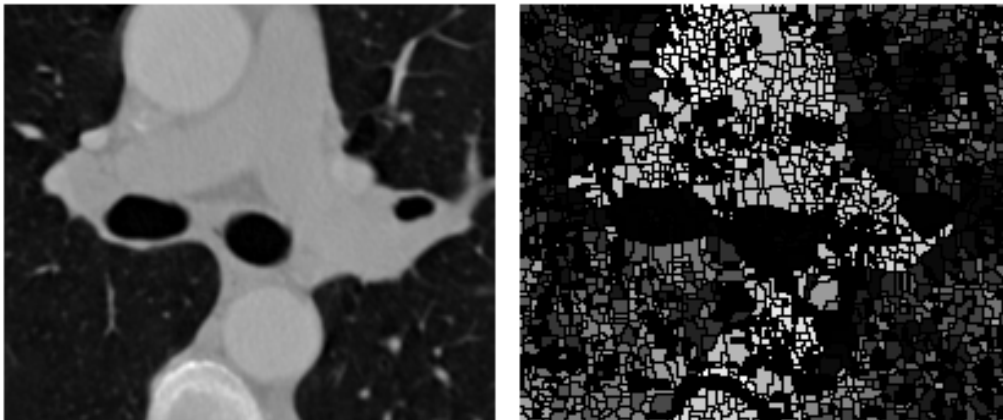


Rysunek 3.3: Idea działania metody wododziałowej, przypadek 1D; Pierwszy wiersz: Zalewanie z minimów w obrazie; Drugi wiersz: Zalewanie z markerów; W kolumnach: kolejne etapy zalewania; Wysokość odpowiada intensywności pikseli w obrazie

3.2 Algorytm wyodrębniania z danych CT struktur okołoskrzelowych bazujący na metodzie wododziałowej

Zaproponowany algorytm segmentacji danych CT bazuje na popularnej metodzie wododziałowej (ang. *Watershed*). Metoda ta dzieli dane na podzbiory reprezentujące obiekty lub tło. W pracy wykorzystano metodę wododziałową bazującą na markerach tła i obiektu (ang. *Marker-Controlled Watershed Segmentation*).

Wartość piksela (przypadek 2D) w obrazie może być interpretowana jako hipotetyczna wysokość ponad pewien poziom odniesienia [78]. Przyjmując taką interpretację, możemy sobie wyobrazić obraz jako mapę topograficzną. Minima obszarowe występujące w obrazie mogą stać się hipotetycznymi źródłami wody. Woda wypływająca ze źródła, wraz z podnoszeniem się poziomu wody zaczyna zalewać baseny źródła od poziomu najniższego, wypełnia je aż w pewnych momentach może nastąpić połączenie wody z dwóch różnych minimów. Aby temu zapobiec buduje się tamę w miejscu gdzie do tego wymieszania może dojść. Oczywiście tamę należy podwyższać wraz ze wzrostem poziomu wody. System tam w obrazie tworzy linie wododziału (rys. 3.3). Jedną z zalet metody wododziałowej jest brak konieczności definiowania jakichkolwiek parametrów. Linie wododziału oddzielają wyodrębnione obiekty. Obiektom są przypisywane etykiety (numery).



Rysunek 3.4: Problem nadsegmentacji; Od lewej: Dane poddane segmentacji; Wynik segmentacji metodą wododziałową, zalewanie z minimów w obrazie (aut. [102])

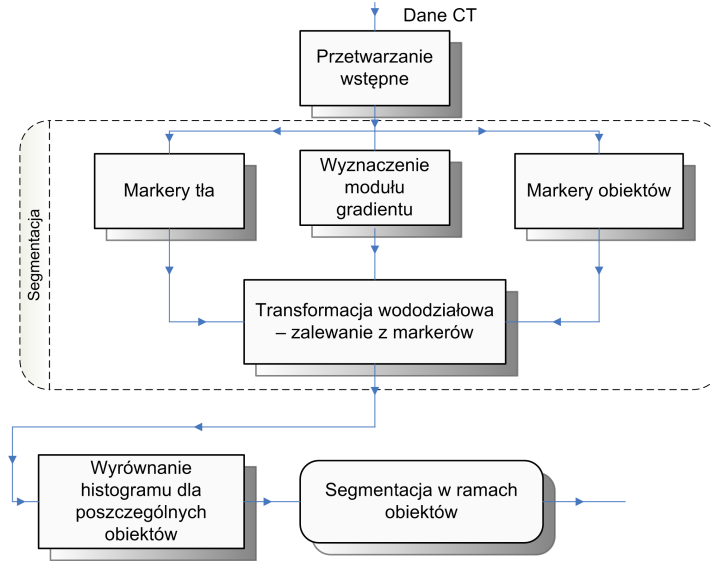
Na rysunku 3.3 przedstawiono ideę segmentacji przy użyciu metody wododziałowej. W pierwszym wierszu przedstawiono kolejne etapy procesu zalewania z minimów występujących w obrazie. W drugim wierszu, proces zalewania jest przeprowadzany ze sztucznych minimów (markerów) w obrazie, wskazanych przez operatora lub wyznaczonych w inny sposób. Zalewanie z minimów występujących w obrazie prowadzi do problemu nad-segmentacji (rys. 3.4). Obiekty są dzielone na wiele małych części. Jest to bardzo widoczne zwłaszcza w przypadku danych CT gdzie liczba lokalnych minimów występujących w strukturach anatomicznych jest bardzo duża. Wynika to z niejednorodności rozkładu intensywności w obrazach CT oraz występujących zakłóceń.

Jednym z rozwiązań stosowanych w celu redukcji problemu nad-segmentacji jest użycie filtracji morfologicznej, bazującej na operacjach otwarcia i zamknięcia morfologicznego [129, 130] w zastosowaniu do obrazów CT klatki piersiowej - szczegóły można znaleźć w [102]. Dodatkowo, ze względu na lokalne minima występujące w wokselałach reprezentujących struktury anatomiczne, proces zalewania prowadzi się na obrazie gradientowym (3.1) a nie na oryginalnych danych.

$$|G| = \sqrt{G_x^2 + G_y^2 + G_z^2} \quad (3.1)$$

Dyskretny charakter obrazów CT uniemożliwia stosowanie klasycznych metod różniczkowania dlatego też poszczególne składowe:

$$G_x = conv(G_{S_x}, I(x, y, z)), \quad G_y = conv(G_{S_y}, I(x, y, z)),$$



Rysunek 3.5: Schemat blokowy przedstawiający metodę segmentacji struktur okołoskrzelowych bazujący na algorytmie wododziałowym; Opis w tekście; Na podstawie (aut. [104])

$G_z = conv(G_{S_z}, I(x, y, z))$, proponuje się wyznaczać jako splot masek kierunkowych Sobela z obrazem $I(x, y, z)$, gdzie G_{S_x} , G_{S_y} , G_{S_z} są trójwymiarowymi maskami o wymiarach 3x3x3:

$$G_{S_x} : \begin{bmatrix} -2 & -4 & -2 \\ 0 & 0 & 0 \\ 2 & 4 & 2 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} -4 & -8 & -4 \\ 0 & 0 & 0 \\ 4 & 8 & 4 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} -2 & -4 & -2 \\ 0 & 0 & 0 \\ 2 & 4 & 2 \end{bmatrix}, \quad (3.2)$$

$$G_{S_y} : \begin{bmatrix} -2 & 0 & 2 \\ -4 & 0 & 4 \\ -2 & 0 & 2 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} -4 & 0 & 2 \\ -8 & 0 & 4 \\ -4 & 0 & 2 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} -2 & 0 & 2 \\ -4 & 0 & 4 \\ -2 & 0 & 2 \end{bmatrix}, \quad (3.3)$$

$$G_{S_z} : \begin{bmatrix} -2 & -4 & -2 \\ -4 & -8 & -4 \\ -2 & -4 & -2 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 2 & 4 & 2 \\ 4 & 8 & 4 \\ 2 & 4 & 2 \end{bmatrix}. \quad (3.4)$$

Proces segmentacji przy wykorzystaniu metody wododziałowej przedstawiono na rys. 3.5, [104]. Pierwszym etapem jest przetwarzanie wstępne. W ramach przetwarzania wstępnego zaleca się przeprowadzenie filtracji medianowej oraz Wienera [64]. Następnie proponuje się wyznaczyć markery tła i obiektu, od których będzie przeprowadzany proces zalewania przy wykorzystaniu metody wododziałowej.

Markery obiektu są wyznaczone jako maksima obszarowe z danych uzyskanych po filtracji morfologicznej. Filtracja ta jest sekwencją operacji morfologicznych zwanych otwarciem przez rekonstrukcje (ang. *opening-by-reconstruction*) (punkt 1-2) oraz zamknięciem przez rekonstrukcje (ang. *closing-by-recostruction*) (punkt 3-4):

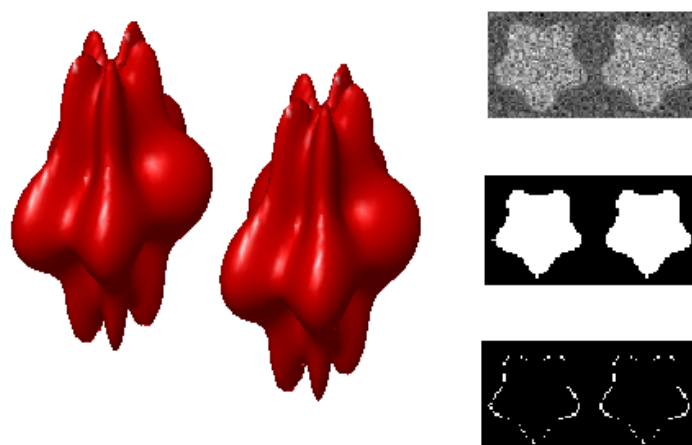
1. erozja danych elementem strukturalnym (sześcián o wymiarach 3x3x3),
2. rekonstrukcja [130] obrazu z punktu 1, danymi wejściowymi,
3. dylatacja obrazu otrzymanego w punkcie 2 elementem strukturalnym, (sześcián o wymiarach 3x3x3),
4. rekonstrukcja [130] dopełnienia obrazu z punktu 3, dopełnieniem obrazu wynikowego z punktu 2.

Ostatecznie z otrzymanych maksimów obszarowych usuwa się elementy mające mały rozmiar.

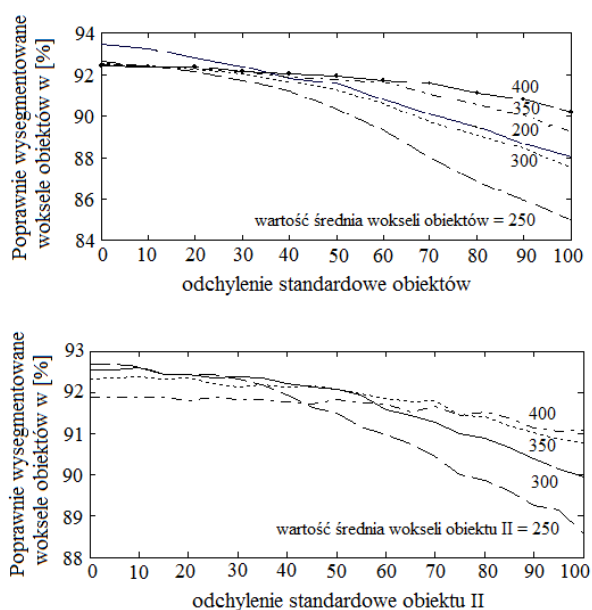
Markery tła są natomiast wyznaczone w procesie adaptacyjnego progowania metodą zaproponowaną przez Otsu [82]. Ze względu na duży rozmiar i charakter markerów otrzymanych w procesie automatycznego progowania, metoda wododziałowa zwraca za duże obiekty zawierające kilka struktur anatomicznych w sobie. Wynika to również z niewielkiej różnicy lub braku różnicy w wartościach intensywności dla tkanek miękkich w obrazach CT. Operator wybiera obszary, w których znajdują się poszukiwane struktury. Dla obszarów tych następuje wyrównanie histogramów wartości intensywności wokseli, które uwypukla struktury w nich występujące. Ostatecznie proces segmentacji z wykorzystaniem metody wododziałowej jest powtarzany dla wybranych obiektów z wyrównanym histogramem.

W celu oceny jakości segmentacji sprawdzono działanie algorytmu na sztucznie wygenerowanej bryle przedstawionej na rysunku 3.6.

Na rysunku 3.7 przedstawiono wyniki segmentacji dla sztucznie wygenerowanych obiektów. W pierwszym wierszu przedstawiono liczbę poprawnie wysegmentowanych wokseli dla obiektów opisanych rozkładem normalnym o takich samych parametrach statystycznych (wartość średnia, odchylenie standardowe) przy 20% rozmyciu krawędzi oraz występującym tle (rozkład normalny, wartość średnia=100, odchylenie standardowe=20). W drugim wierszu przedstawiono wyniki w sytuacji, kiedy parametry rozkładu tła i pierwszego obiektu były stałe: obiekt pierwszy (wartość średnia=250, odchylenie standardowe=20) oraz tło (wartość średnia=100, odchylenie standardowe=20) przy 20% rozmyciu krawędzi. Parametry rozkładu intensywności



Rysunek 3.6: Pierwsza kolumna: Trójwymiarowa bryła wygenerowana w celu oceny jakości segmentacji; Druga kolumna, od góry: przekrój 2D przez dane poddawane segmentacji; przekrój 2D przez wyniki uzyskane przy użyciu zaproponowanej metody; przekrój 2D pokazujący błędnie zaklasyfikowane woksele w procesie segmentacji (aut.[104])



Rysunek 3.7: Wykresy obrazujące skuteczność segmentacji dla obiektów posiadających taki sam rozkład intensywności wokseli (pierwszy wiersz) oraz różne parametry rozkładu (drugi wiersz) dla metody zaproponowanej w rozdziale 3.2, (częściowo - aut. [104])

ności drugiego obiektu były zmieniane. Przedstawione wyniki obrazują dużą skuteczność algorytmu przy rozmyciu krawędzi oraz występujących zakłóceniach.

3.3 Dwuetapowa metoda wyodrębniania struktur okołoskrzelowych z danych CT przy użyciu metody rozrostu obszarów oraz deformowalnych modeli

Ze względu na wymaganą dużą interakcję użytkownika w metodzie opisanej w rozdziale 3.2 zaproponowano przeprowadzenie procesu segmentacji dwuetapowo. Pierwszy etap polega na przeprowadzeniu wstępnej segmentacji przy użyciu szybkiego i dość prostego algorytmu, która będzie traktowana jako wstępna wiedza na temat położenia, wielkości, kształtu oraz liczby struktur, które mają zostać wyodrębnione z danych CT.

Jako algorytm wstępnie segmentujący proponuje się wykorzystanie jednej z wersji metody rozrostu obszarów znanej w literaturze angielskojęzycznej [34] pod nazwą *confidence connected*. Idea algorytmu rozrostu obszarów sprowadza się do klasyfikacji pikseli przy wykorzystaniu zdefiniowanego wcześniej kryterium. W metodzie tej należy wskazać lub wyznaczyć punkty startowe algorytmu zwane ziarnami (ang. *seed*). Następnie następuje rozrost obszarów. Jeżeli dany woxsel znajdujący się w sąsiedztwie już przyłączonego woksela spełnia kryterium przynależności, np. wartość intensywności mieści się w zadanym przedziale następuje przyłączenie tegoż woksela. Następnie proces jest powtarzany dla nowo dołączonych punktów do momentu, gdy żaden woxsel w sąsiedztwie nie może zostać przyłączony.

W metodzie *confidence connected* algorytm wyznacza wartość średnią μ oraz odchylenie standardowe σ wartości wokseli znajdujących się w bieżącym regionie. Region jest rozumiany jako zbiór sąsiadujących ze sobą wokseli spełniających warunek przynależności. Jeżeli sąsiadujące z regionem woksle mieszczą się w przedziale:

$$I(x, y, z) \in [\mu - f \cdot \sigma, \mu + f \cdot \sigma], \quad (3.5)$$

gdzie f jest stałym współczynnikiem, to zostają one dołączone do regionu. Jeżeli nie ma już wokseli spełniających przyjęte kryterium, następuje ponowne wyznaczenie μ i σ dla nowego regionu. Proces ten jest powtarzany

określoną liczbę razy [34]. Cała procedura została przedstawiona na schemacie blokowym na rysunku 3.8

Maski, otrzymane w wyniku działania algorytmu rozrostu obszarów, są wykorzystywane jako informacja wstępna w drugim etapie segmentacji, bazującym na metodzie deformowalnych modeli (DM, ang. *deformable models*). Proponuje się wykorzystanie podejścia zaproponowanego w [12].

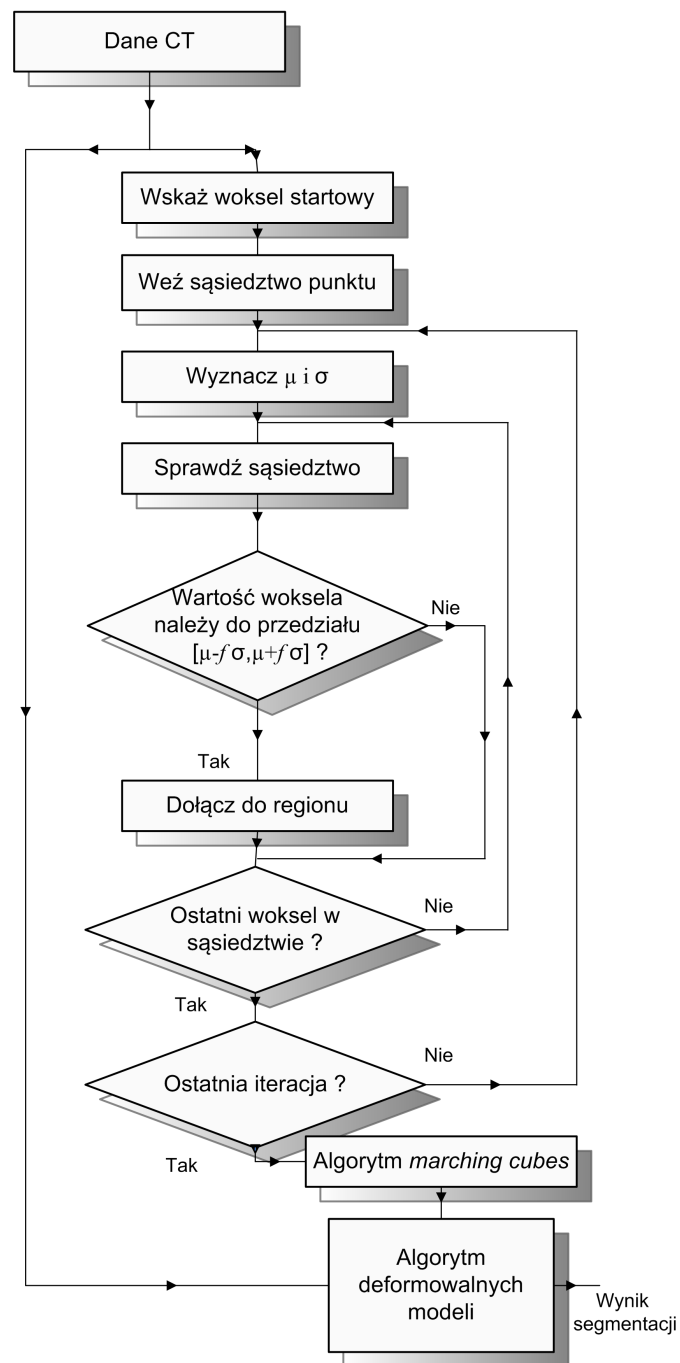
Z 3D masek binarnych otrzymanych z algorytmu rozrostu obszarów dla poszczególnych struktur anatomicznych segmentowanych w danych CT, tworzy się trójwymiarowe deformowalne siatki przy wykorzystaniu algorytmu „maszerujących sześcianów” (ang. *marching cubes*) przedstawionego w [67]. Proponuje się użycie filtracji morfologicznej w celu uniknięcia błędów w topologii oraz eliminacji pojedynczych zakłóceń oraz niewielkich otworów mogących powstać w wyniku działania algorytmów w pierwszym etapie. Zalety takiego podejścia zostały opisane w [12].

Siatki otrzymane z połączenia algorytmu rozrostu obszaru oraz „maszerujących sześcianów” pozwalają stworzyć geometrię deformowalnych modeli wykorzystywanych w dalszej części metody. Trójwymiarowe deformowalne modele (np. [123, 20, 34, 12]) definiuje się jako powierzchnie deformowane pod wpływem dwóch sił: zewnętrznej i wewnętrznej. Siła zewnętrzna może bazować na informacji zawartej w obrazie lub być zdefiniowana jako na przykład proces fizyczny („rozszerzanie balonu”, ang. *ballon force*) [16]. Siła bazująca na obrazie jest zwykle powiązana z informacją gradientową [34]. Siły wewnętrzne pomagają utrzymać ciągłość powierzchni oraz pozwalają wykorzystać wiedzę *a priori* o obiekcie [34]. Ze względów implementacyjnych metody DM dzieli się na dwie grupy: jawnie zdefiniowane (ang. *explicit DM*) np. [55] lub posiadające reprezentacje niejawną (ang. *implicit DM*) np. [68, 96, 80]. Algorytmy wykorzystujące reprezentację niejawną bazują na przedstawieniu danych jako zbiorów poziomicowych (ang. *level set*), przykład wykorzystania algorytmu zbiorów poziomicowych można znaleźć w rozdziale 5.2. Do segmentacji struktur okołoskrzelowych [110] wykorzystano jawnie zdefiniowane deformowalne modele sformułowane jako *dynamic force* [12, 123, 16, 17].

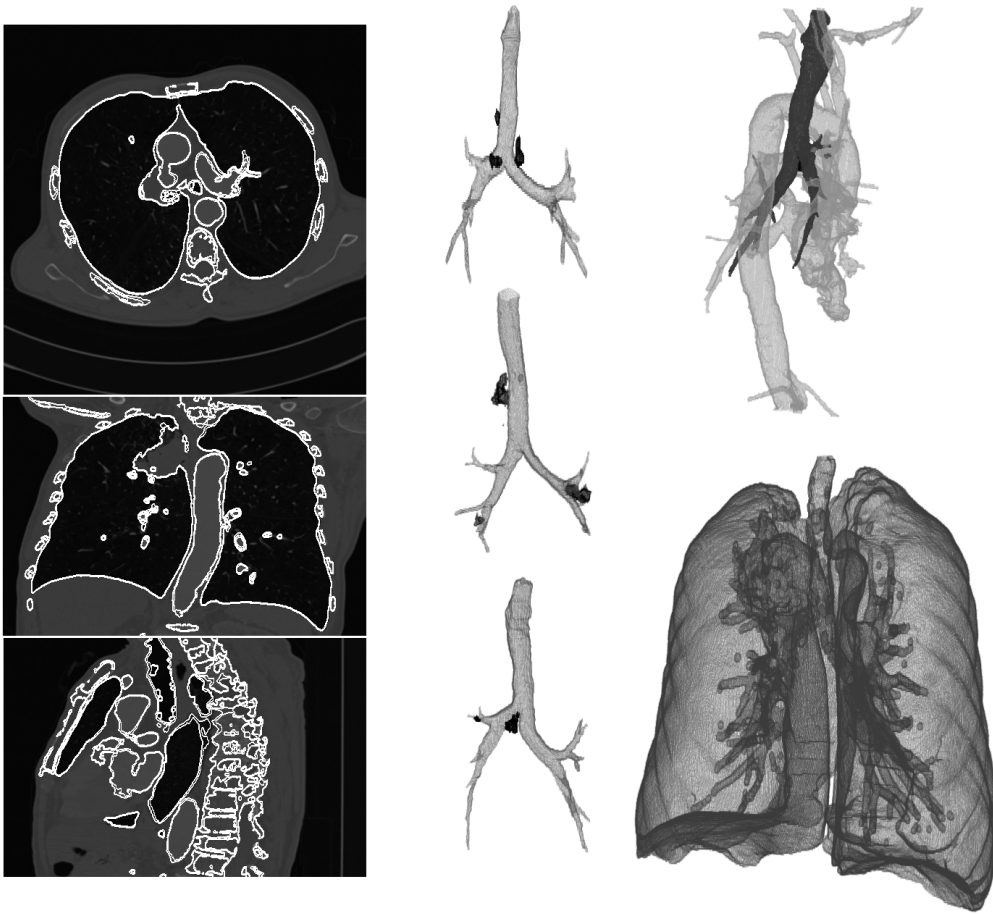
Dynamika modelu może być przedstawiona jako równanie Lagrange’a pierwszego rodzaju [12, 34]:

$$\dot{\mathbf{d}} + \mathbf{K}\mathbf{d} = \mathbf{F}_{\text{ext}}, \quad (3.6)$$

gdzie \mathbf{d} są lokalnymi deformacjami, a \mathbf{K} to macierz reprezentująca sztywność modelu. Szczegóły dotyczące deformacji \mathbf{d} oraz macierzy \mathbf{K} można znaleźć w [124, 12, 34]. W celu usunięcia zakłóceń zastosowano filtrację Gaussa w



Rysunek 3.8: Schemat blokowy metody segmentacji struktur okołoskrzelowych w danych CT przy wykorzystaniu algorytmu rozrostu obszarów oraz deformowalnych modeli, (aut. [110])



Rysunek 3.9: Przykładowe wyniki segmentacji; Pierwsza kolumna: przekroje przez dane CT z naniesionymi wynikami segmentacji w postaci białych konturów; Druga kolumna: Drzewa oskrzelowe oraz węzły chłonne (kolor czarny); Trzecia kolumna: od góry, drzewo oskrzelowe (kolor czarny) oraz okoliczne naczynia krwionośne, drzewo oskrzelowe oraz płuca, (aut. [110])

zewnątrznym polu sił \mathbf{F}_{ext} zdefiniowanym jako [12]:

$$\mathbf{F}_{\text{ext}} = -\nabla(\alpha|\nabla\text{conv}[\mathbf{G}(x, y, z), I(x, y, z)]|^2), \quad (3.7)$$

gdzie α jest dodatnim parametrem ważącym, \mathbf{G} -trójwymiarową funkcją Gaussa, ∇ - operatorem gradientu, conv - operatorem splotu. Aktualizacja deformacji dla każdego węzła siatki w równaniu 3.6 jest przeprowadzana w kolejnych iteracjach zgodnie z równaniem [12]:

$$\mathbf{d}_{\text{new}} = \dot{\mathbf{d}} \cdot \Delta t + \mathbf{d}_{\text{old}}. \quad (3.8)$$

Implementacja została wykonana przy użyciu biblioteki ITK [134]. Opisany algorytm został przetestowany na zbiorze danych tomograficznych po-

chodzących od 5 pacjentów [110]. Dane poddane segmentacji miały rozmiar 512 na 512 na średnio 300 przekrojów. Przykładowe wyniki wizualizacji wysegmentowanych struktur przedstawione na rysunku 3.9, potwierdzają przydatność zaproponowanej metody. Analizę ilościową jakości segmentacji przedstawiono w rozdziale 3.4. Obliczenia zostały wykonane na komputerze klasy PC z procesorem Core i7 oraz 6GB pamięci RAM.

Całkowity, średni czas segmentacji węzłów chłonnych, drzewa oskrzelowego oraz okolicznych naczyń krwionośnych nie przekracza 10 minut. Czas obliczeń algorytmu rozrostu obszaru był mniejszy niż 0.01 sekundy dla każdej z segmentowanych struktur. Czas obliczeń w drugim etapie segmentacji przedstawiono w tabeli 3.1. Możliwa jest dodatkowa redukcja czasu poprzez ograniczenie rozmiaru danych wejściowych na przykład tylko do segmentowanych struktur i okolic.

Tabela 3.1: Średnie czasy potrzebne na segmentację struktur anatomicznych przy wykorzystaniu metody deformowalnych modeli

Struktura anatomiczna	Średni czas obliczeń [s]
Drzewo oskrzelowe	75.95
Naczynia krwionośne	419.12
Węzły chłonne	36.12
Płuca wraz z drzewem oskrzelowym	1079.03

Interakcja użytkownika sprowadza się do wskazania przez operatora punktu należącego do struktury, która ma zostać wysegmentowana. Segmentacja węzłów chłonnych, naczyń krwionośnych oraz drzewa oskrzelowego dla jednego pacjenta wymaga zwykle wskazania od 3 do 6 punktów.

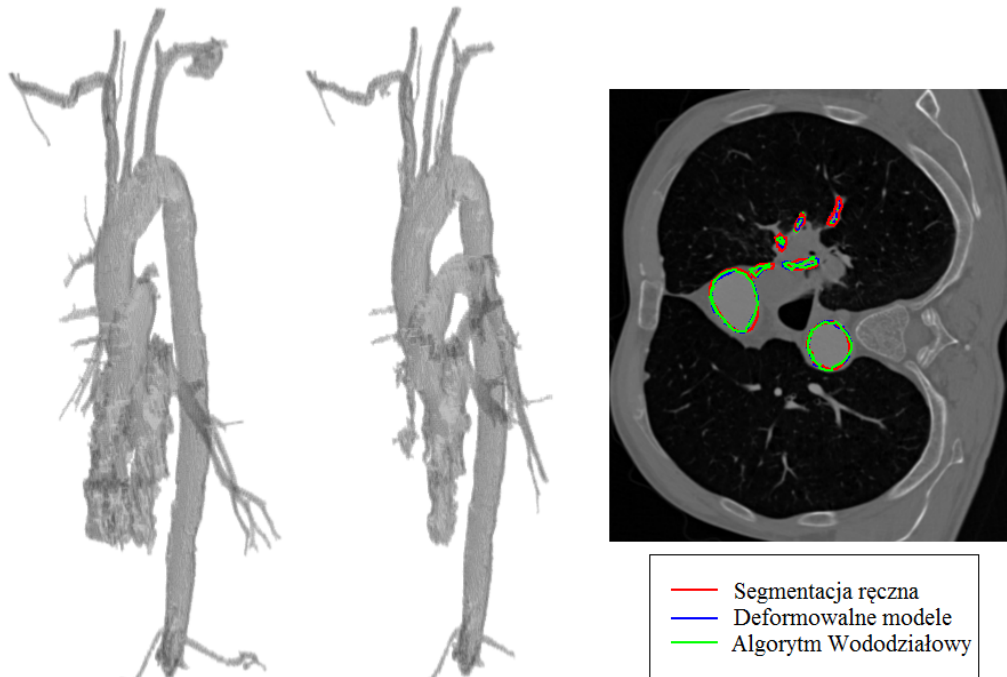
Na podstawie przeprowadzonych eksperymentów zaleca się ustalenie wartości parametru f w metodzie rozrostu obszaru na 2 - 2.2 dla naczyń krwionośnych oraz drzewa oskrzelowego, natomiast dla węzłów chłonnych, na 1.3 - 1.4 ze względu na niewielką różnicę w wartości intensywności pomiędzy węzłami a otaczającym je tkankami.

3.4 Ilościowa analiza jakości segmentacji przeprowadzanej przy użyciu proponowanych metod

Ocena wizualna wyników segmentacji jest zwykle niewystarczająca. Bardzo częstym rozwiązaniem pozwalającym na ocenę liczbową wyników, uzyskiwanych z różnych metod, jest porównanie tych metod z ręczną segmentacją przeprowadzoną przez eksperta. Zwykle, w przypadku danych medycznych ręczny obrys poszukiwanych struktur jest przeprowadzany przez lekarza lub osobę mającą doświadczenie z danym typem danych. Przyjęcie jako odniesienia wyników uzyskanych w ten sposób niesie jednak za sobą pewne ryzyko. Po pierwsze osoba obrysowująca te same dane w różnych odstępach czasu lub przy wykorzystaniu różnych narzędzi za każdym razem obrysuje daną strukturę w trochę inny sposób, po drugie taka procedura praktycznie uniemożliwia porównanie wyników z badaczami niemającymi dostępu do tych samych danych oraz obrysów eksperta. Co więcej, otrzymane obrysy zwłaszcza w przypadku struktur anatomicznych w danych CT, reprezentowanych wartościami intensywności niewiele odbiegającymi od okolicznych tkanek lub o nieregularnym kształcie mogą znacząco obiegać od rzeczywistego kształtu. Dodatkowo ekspert przeprowadzający segmentację obrysowuje struktury przekrój po przekroju. Utrudnia to wyznaczenie granic obiektów trójwymiarowych szczególnie gdy są to struktury bardzo małe (np. węzły chłonne).

Odmiernym podejściem jest testowanie algorytmów na danych testowych, jednakże jest oczywiste, iż wygenerowanie danych zbliżonych do rzeczywistych jest procesem bardzo trudnym, a czasami wręcz niemożliwym.

W celu porównania algorytmów, przedstawionych w rozdziałach 3.2, 3.3, zaproponowano połączenie obydwu tych metod. Skuteczność wyodrębniania naczyń krwionośnych oraz drzewa oskrzelowego sprawdzono porównując wyniki otrzymane z algorytmów z ręczną segmentacją przeprowadzoną przez eksperta. Ze względu na rozległą strukturę naczyń krwionośnych oraz niemożliwość zidentyfikowania w danych CT wszystkich obszarów reprezentujących naczynia, ręczną segmentację przeprowadzono dla fragmentu naczyń krwionośnych ograniczonego do największych z nich pochodzących od jednego pacjenta. Segmentację ręczną przeprowadzono przy użyciu oprogramowania ITK SNAP [144, 135].



Rysunek 3.10: Wysegmentowane naczynia krwionośne. Od lewej: Metoda wododziałowa; Metoda deformowalnych modeli; Przekrój 2D danych z zaznaczonymi wynikami uzyskanymi przez poszczególne algorytmy; W tabeli 3.2 przedstawiono analizę ilościową dokładności segmentacji dla prezentowanych wyników

Jako miarę skuteczności segmentacji przyjęto zależność uwzględniającą względną liczbę błędnie zakwalifikowanych wokseli:

$$\mathbf{FF}_{3D} = \left(1 - \frac{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \sum_{z=1}^L |\mathbf{I}_{GT}(x, y, z) - \mathbf{I}_S(x, y, z)|}{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \sum_{z=1}^L \mathbf{I}_{GT}(x, y, z)} \right) \cdot 100\%, \quad (3.9)$$

gdzie \mathbf{I}_{GT} jest maską otrzymaną z ręcznego wyodrębnienia struktury, natomiast \mathbf{I}_S - maską otrzymaną z algorytmu. Jako błędną kwalifikację uznano sytuację, gdy woxsel należy do struktury anatomicznej (znajduje się w obrysie dokonany przez eksperta), a nie został wyodrębniony przez algorytm oraz sytuację odwrotną, algorytm zakwalifikował dany woxsel, jednakże nie znalazł się on w obrysie dokonany przez eksperta.

W tabeli 3.2 przedstawiono porównanie skuteczności segmentacji przy wykorzystaniu miary (3.9) dla dużych struktur okolicy drzewa oskrzelowego. Algorytm wododziałowy lepiej sobie radzi z wyodrębnianiem drzewa oskrzelowego. Warto tutaj zaznaczyć, iż drzewo oskrzelowe ze względu na wartości

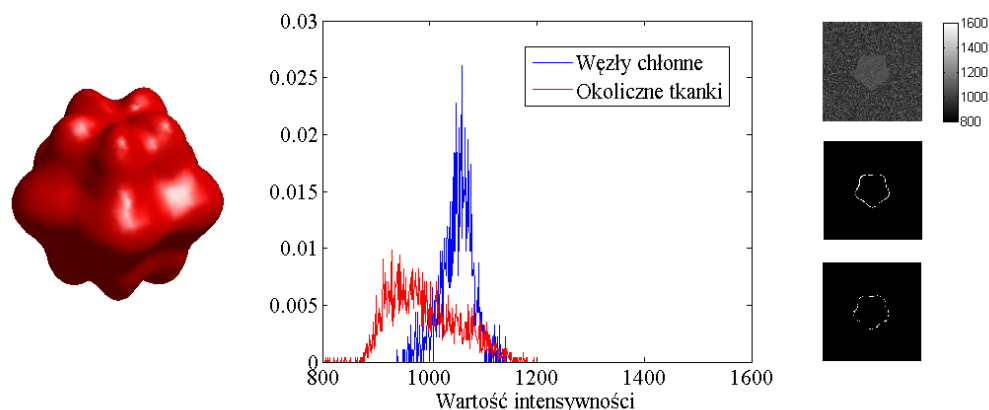
wokseli znacząco różniące się od wartości wokseli odpowiadających tkankom miękkim, jest strukturą anatomiczną nie sprawiającą większych trudności w procesie segmentacji. Jest to konsekwencja dużej wartości modułu gradientu na granicy drzewa oskrzelowego i okolicznych struktur. Biorąc pod uwagę fakt, iż oba algorytmy bazują częściowo na informacji gradientowej, nie dziwi wysoka skuteczność obu algorytmów. W przypadku naczyń krwionośnych różnica w intensywności jest nieznaczna co oczywiście wpływa na proces segmentacji i odpowiednio niższe wskaźniki oceniające dokładność procesu (patrz: tab. 3.2).

Tabela 3.2: Skuteczność segmentacji dla drzewa oskrzelowego, naczyń krwionośnych oraz modelu węzłów chłonnych wyznaczona na podstawie zależności 3.9

Struktura anatomiczna	Algorytm Wododziałowy	Deformowalne Modele
Drzewo oskrzelowe	87.85%	86.33%
Naczynia krwionośne	79.04%	82.07%
Model węzłów chłonnych	87.65%	91.33%

Jak już zostało wspomniane, węzły chłonne są strukturami anatomicznymi, które stwarzają bardzo duże trudności podczas wyodrębniania z danych tomograficznych. Problemy z dokładnym określeniem przekrojów, w których grupa węzłów chłonnych ma swój początek oraz koniec powodują, iż nie jest praktycznie możliwe dokładne obrysowanie całej bryły reprezentującej te struktury. Co więcej, ustalenie granicy pomiędzy węzłami, a okolicznymi tkankami na przekroju 2D nie jest również zadaniem łatwym. Niedokładny obrys struktury przez eksperta uniemożliwia rzetelną ocenę skuteczności segmentacji w przypadku węzłów.

W związku z problemami wymienionymi powyżej stworzono trójwymiarowy model komputerowy służący do oceny jakości segmentacji w przypadku węzłów chłonnych. Zaproponowano w tym celu model posiadający wypukłości, przedstawiony na rysunku 3.11. Rozkład wartości intensywności wokseli należących do modelu i tła powinien jak najbardziej odpowiadać rzeczywistym rozkładom występującym w danych CT. W tym celu obrysowano woksele, co do których była pewność, iż należą do węzłów chłonnych oraz okoliczne tkanki miękkie. Otrzymane obrysy pozwoliły wygenerować rozkład prawdopodobieństwa wystąpienia określonych wartości w przypadku tych struktur. Na rysunku 3.11 przedstawiono otrzymany rozkład, który posłużył do generacji tekstury modelu oraz tła. Dodatkowo zasymulowa-



Rysunek 3.11: Ocena jakości segmentacji dla węzłów chłonnych. Od lewej: model 3D; Wykres przedstawiający prawdopodobieństwo wystąpienia wartości intensywności w przypadku węzłów chłonnych oraz okolicznych tkanek; Przekrój 2D przez model z zasymulowanym rozkładem wartości; Przekrój błędów segmentacji metodą wododziałową; Przekrój błędów segmentacji metodą deformowalnych modeli; Opis w tekście

no 10% rozmycie krawędzi w odniesieniu do promienia kuli opisującej ten model.

Takie podejście pozwala porównać wyniki segmentacji z dokładnym obrysem poszukiwanego obiektu. Podobnie jak w przypadku naczyń krwionośnych oraz drzewa oskrzelowego, jako wskaźnika dokładności segmentacji użyto zależność 3.9. Wysoka skuteczność w przypadku metody deformowalnych modeli (91.33%) oraz algorytmu wododziałowego (87.65%) potwierdza skuteczność proponowanych metod.

Z powyższych wyników można wyciągnąć wniosek, iż algorytm DM lepiej sobie radzi z wyodrębnianiem struktur mających niewielkie różnice w wartościach intensywności w porównaniu z okolicznymi tkankami. Świadczy to o większej przydatności tego algorytmu w komputerowym systemie wspierającym zabieg biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej przezoskrzelowej.

3.5 Podsumowanie

W rozdziale przedstawiono dwie metody wyodrębniania struktur anatomicznych okolicy drzewa oskrzelowego w zastosowaniu do biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej. Pierwsza z nich, wykorzystuje algorytm wododziałowy, gdzie proces zalewania odbywa się z markerów wyznaczanych z sekwencji operacji morfologicznych. Druga, jest połączeniem metody rozrostu obsza-

rów z algorytmem deformowalnych modeli. Wykorzystanie metody rozrostu obszarów umożliwiło skonstruowanie siatki początkowej stosowanej w metodzie deformowalnych modeli. Siatka początkowa zawiera wstępną informację o geometrii, rozmiarach oraz położeniu poszukiwanych struktur. Dodatkowo, w celu uniknięcia błędów w topologii, zastosowano filtrację morfologiczną.

W ostatniej części zaprezentowano porównanie obu algorytmów. Otrzymane wyniki zostały zwizualizowane oraz przedstawione w formie liczbowej wyznaczonej z zależności 3.9. Wyniki segmentacji z poszczególnych metod zostały odniesione do obrysów wykonanych ręcznie przez operatora oraz do zaproponowanego modelu trójwymiarowego węzłów chłonnych.

Rozdział 4

Segmentacja jelita grubego w zastosowaniu do estymacji położenia kapsuły endoskopowej metodą wirtualnej kolonoskopii

W niniejszym rozdziale przedstawiono problem wyodrębniania jelita grubego z danych CT w zastosowaniu do wirtualnej kolonoskopii oraz lokalizacji bezprzewodowej kapsuły endoskopowej w jelicie grubym. Zaprezentowano opracowany przez autora algorytm czyszczenia danych tomograficznych z wokseli reprezentujących kontrast podany przed badaniem oraz resztki pokarmowe. W rozdziale 4.4 zaprezentowano metodę generacji ścieżki nawigacyjnej, umożliwiającą symulację ruchu wirtualnej kamery endoskopowej w wysegmentowanej strukturze.

4.1 Wprowadzenie

W klasycznym badaniu endoskopowym, endoskop wprowadzany jest do wnętrza ciała pacjenta. Sonda zawiera światłowód wykorzystywany do oświetlenia badanego pola, kanał transmisyjny oraz kanał narzędziowy używany do wprowadzania narzędzi służących do pobierania materiału biologicznego oraz wykonywania zabiegów [74].

Przykładem takiego badania jest kolonoskopia mająca na celu wziernikowanie jelita grubego. Kolonoskopia jest inwazyjną procedurą diagnostyczną

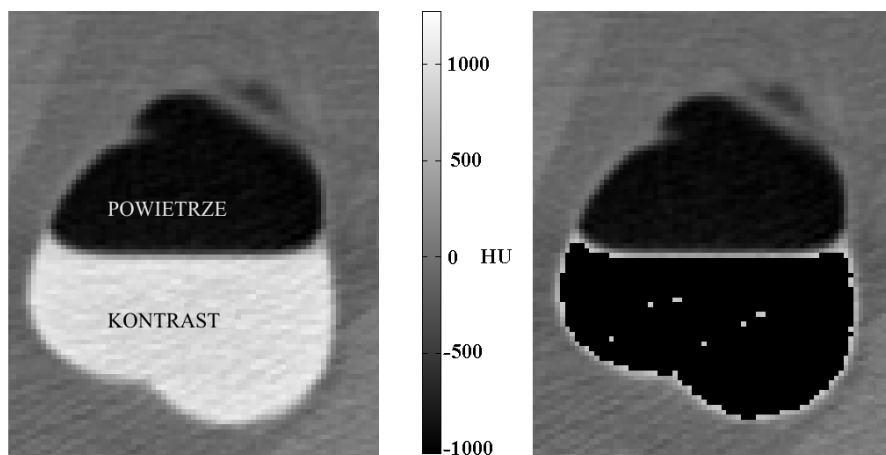
z małym ryzykiem perforacji ściany jelita grubego. Jest podstawowym badaniem umożliwiającym zdiagnozowanie chorób jelita grubego, takich jak np.: wrzodziejące zapalenie jelita grubego, choroba Leśniowskiego-Crohna, nowotwory złośliwe jelita grubego, zespół polipowatości rodzinnej. Przed badaniem jelita pacjenta powinny być opróżnione z resztek pokarmowych. Podczas zabiegu wielu pacjentów odczuwa duży dyskomfort fizyczny i psychiczny.

Alternatywnym podejściem jest wykonanie tak zwanej „wirtualnej kolonoskopii” (VC - ang. *virtual colonoscopy*). VC jest coraz szerzej stosowaną metodą przesiewową oraz diagnostyczną w radiologii [113]. Coraz chętniej jest wykorzystywana do wykrywania polipów oraz nowotworów jelita grubego [115, 122]. Dodatkowo VC ma wysoki poziom akceptacji pacjentów oraz dużą skuteczność diagnostyczną. Co warte podkreślenia wczesne wykrycie raka jelita grubego zwiększa odsetek 5-letnich przeżyć do 90%. W sytuacji, gdy występują odległe przerzuty odsetek ten wynosi 10% [38]. W większości przypadków rozpoznanie nowotworu następuje w późniejszych stadiach, co w konsekwencji prowadzi do obniżenia średniego odsetka 5-letnich przeżyć do około 45%, co zatrważające w Polsce do 25%. Od lat 80 ubiegłego wieku, lekarze dysponują dowodami, iż skuteczność leczenia raka jelita grubego można poprawić dzięki badaniom przesiewowym [119].

Wirtualna kolonoskopia składa się z następujących kroków [106]:

- przygotowanie pacjenta,
- wykonanie tomografii komputerowej jamy brzusznej,
- rekonstrukcja 3D modelu jelita grubego,
 1. „Czyszczenie” skanów CT.
 2. Segmentacja 3D danych CT w celu wyodrębnienia jelita grubego.
 3. Generacja ścieżki nawigacyjnej (linii centralnej).
- symulacja ruchu wirtualnej kamery.

Przed wykonaniem tomografii jelito pacjenta powinno być opróżnione z mas kałowych. Procedura czyszczenia jelita chorego jest wykonywana przez trzy dni przed przeprowadzeniem badania CT. Czasami wykonuje się badanie bez przygotowania pacjenta zwłaszcza w stanach zapalnych przebiegających z biegunką. Trzy do czterech godzin przed wykonaniem tomografii



Rysunek 4.1: Przekrój 2D; Od lewej: danych 3D CT; danych 3D po operacji progowania (aut. [105])

pacjentowi podaje się rozcieńczoną zawiesinę cieniującą (kontrast). Dodatkowo, w celu rozszerzenia jelita, podaje się gaz (powietrze lub dwutlenek węgla) [86].

Po wykonaniu tomografii komputerowej uzyskane dane mogą posłużyć do stworzenia trójwymiarowego modelu jelita grubego.

4.2 Metody czyszczenia danych pochodzących z CT

4.2.1 Tło

Jak już zostało wspomniane, lekarz nie zawsze może przygotować pacjenta do CT. Bardzo często podaje się kontrast w celu polepszenia wizualizacji patologicznych zmian w danych CT. Dla pacjentów procedura przygotowawcza jest bardziej niekomfortowa i nieprzyjemna niż samo badanie tomograficzne. Nawet jeżeli pacjent jest przygotowany, dalej konieczne jest usunięcie wokseli reprezentujących kontrast. Z punktu widzenia komputerowych metod przetwarzania i analizy obrazów jest to bardzo znaczący problem.

Na rysunku 4.1 przedstawiono przekrój danych, na którym można zaobserwować piksele reprezentujące kontrast wypełniający jelito grube. Klasyczna operacja progowania (ang. *thresholding*) nie usuwa wokseli leżących na granicy pomiędzy powietrzem a kontrastem/resztkami pokarmowymi (rys.

4.1). Jest to konsekwencją ograniczonej rozdzielczości detektora oraz właściwości jądra rekonstrukcji danych tomograficznych.

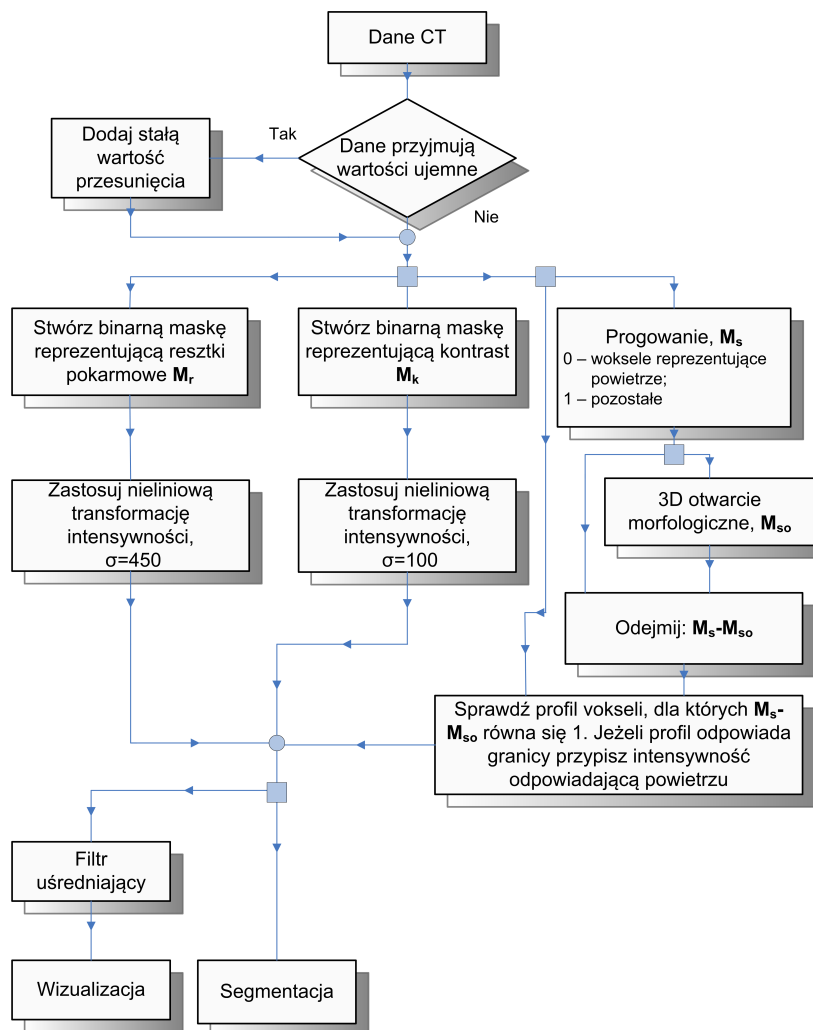
Lakare [58] et al. zaproponowali algorytm promieni segmentacyjnych (ang. *Segmentation Rays*). W założeniach metody znajduje się analiza profilu intensywności oraz detekcja granicy pomiędzy powietrzem i pikselami reprezentującymi kontrast oraz tkanki miękkie. Algorytm wykrywa piksele leżące na granicy a w konsekwencji usuwa niepożądane piksele. Niestety, algorytm sprawdza się w sytuacji, gdy różnica intensywności między regionami jest znaczna. Ten sam autor zaproponował w [59] inny algorytm oparty o kwantowanie wektorowe (ang. *Vector Quantization*), jednakże nie gwarantuje on poprawnego działania dla pikseli leżących blisko ściany jelita grubego. Istnieją poza tym próby wykorzystania metod aktywnych konturów (ang. *active contours*), na przykład w [54], do czyszczenia równocześnie z procesem segmentacji, niestety autorzy nie publikują opisu algorytmu oraz wyników.

4.2.2 Algorytm cyfrowego czyszczenia jelita grubego bazujący na nieliniowej funkcji przetwarzania oraz operacjach morfologicznych

W ramach niniejszej pracy doktorskiej zaproponowano nowy algorytm do cyfrowego „czyszczenia” danych CT reprezentujących jelito grube, wchodzący w skład procedury segmentacji jelita. Schemat blokowy jest przedstawiony na rysunku 4.2. Pierwszym krokiem w tym algorytmie [105] jest dodanie wartości przesunięcia do danych tomograficznych jeżeli, przyjmują one wartości dodatnie i ujemne. Operacja ta pozwala na zapisanie danych w formacie 16 bitowym bez znaku co przyspiesza obliczenia. Wszystkie wartości intensywności przytaczane w tym rozdziale odpowiadają zapisowi w tym formacie np. woksele reprezentujące powietrze mieszczą się w przedziale 0–300.

W sytuacji gdy dane tomograficzne zawierają zakłócenia impulsowe sugeruje się użycie filtracji medianowej przed zastosowaniem algorytmu czyszczenia danych. W kolejnym etapie należy wyznaczyć dwie maski binarne, \mathbf{M}_k i \mathbf{M}_r odpowiadające odpowiednio wokselom, reprezentującym kontrast oraz wokselom reprezentującym resztki pokarmowe w jelicie grubym. Maski są wyznaczone przy użyciu operacji progowania:

$$\mathbf{M}_k(x, y, z) = \begin{cases} 1 & \text{jeżeli } \mathbf{I}(x, y, z) > 1600 \\ 0 & \text{dla pozostałych wartości,} \end{cases} \quad (4.1)$$

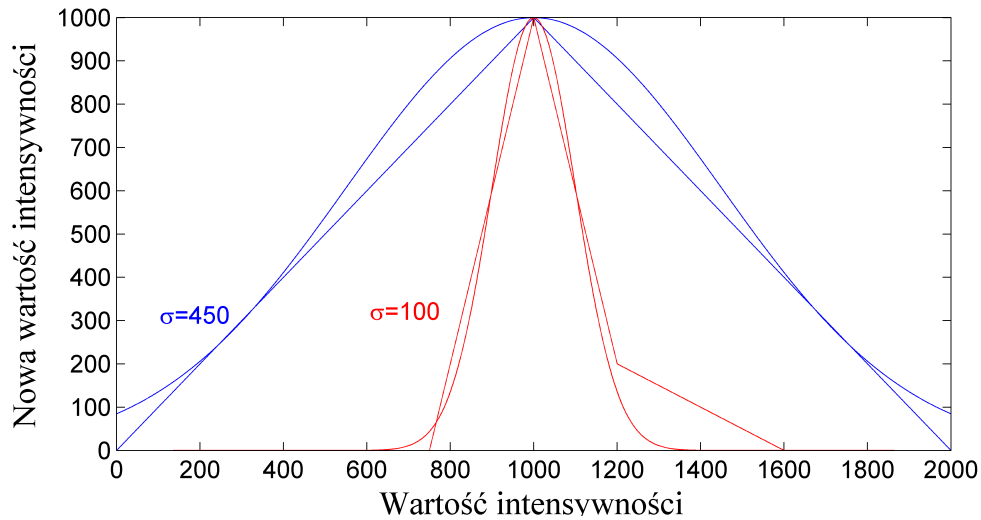


Rysunek 4.2: Schemat blokowy zaproponowanej metody czyszczenia danych tomograficznych

oraz

$$M_r(x, y, z) = \begin{cases} 1 & \text{jeżeli } 1350 < I(x, y, z) \leq 1600 \\ 0 & \text{dla pozostałych wartości.} \end{cases} \quad (4.2)$$

Woksele, które należy usunąć w procesie segmentacji lub wizualizacji mają wartość intensywności z przedziałów podanych w równaniu 4.1 oraz 4.2. Należy tutaj podkreślić, iż progowanie jest zastosowane w celu wstępnej selekcji wokseli, a nie ostatecznego podjęcia decyzji o usunięciu woksela. Obydwie maski są rozszerzane przy użyciu dylatacji morfologicznej sześciennym elementem strukturalnym o rozmiarze 3. Na woksela, dla których maska przyjmuje wartość jeden przeprowadza się transformację intensywności. Przeprowadzono badania dla różnych funkcji (patrz rys. 4.3). Ostatecznie



Rysunek 4.3: Wykres przykładowych funkcji zastosowanych do transformacji intensywności

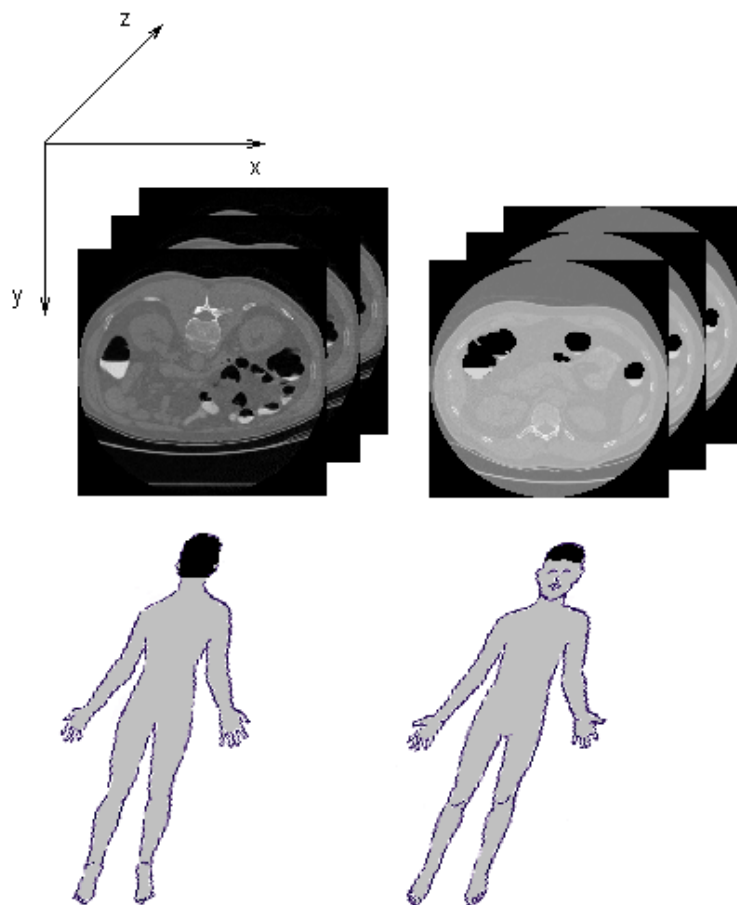
najlepsze efekty po wizualizacji osiągnięto dla funkcji Gaussa:

$$\mathbf{I}_{\text{pt}}(x, y, z) = 1000e^{-\frac{(\mathbf{I}(x,y,z)-1000)^2}{2\sigma^2}} \quad (4.3)$$

gdzie parametr $\sigma = 450$ dla wokseli reprezentujących kontrast i $\sigma = 100$ dla reprezentujących resztki pokarmowe. Zastosowanie funkcji Gaussa zapewnia gładkie zmiany intensywności na granicy pomiędzy jelitem grubym a otaczającymi tkankami. Dalej pozostaje jednak problem granicy pomiędzy woksalami do usunięcia oraz powietrzem. Ograniczona rozdzielczość urządzenia skanującego powoduje, iż nie występuje skokowa zmiana intensywności na granicy tylko praktycznie liniowa. W konsekwencji powoduje to konieczność stworzenia modułu odpowiedzialnego za wykrywanie granicy. Zaproponowano rozwiązanie [105] bazujące na operacjach morfologicznych oraz kontroli profilu intensywności w danych. Należy stworzyć maskę \mathbf{M}_s reprezentującą struktury anatomiczne. Wartość jeden jest przypisana do woksali, których intensywność jest większa niż 300 (wartości poniżej 300 reprezentują powietrze). Na tak otrzymanej masce wykonujemy sekwencyjnie następujące operacje morfologiczne:

- erozję przy użyciu sześciennego trójwymiarowego elementu strukturalnego:

$$\mathbf{M}_{\text{SE}}(x, y, z) = \min_{x_i, y_i, z_i \in \text{SE}(x, y, z)} (\mathbf{M}_s(x_i, y_i, z_i)), \quad (4.4)$$



Rysunek 4.4: Orientacja przestrzenna granicy pomiędzy powietrzem oraz kontrastem (resztkami pokarmowymi) w danych CT, (aut. [105])

- dylatację morfologiczną przy użyciu tego samego elementu strukturalnego*:

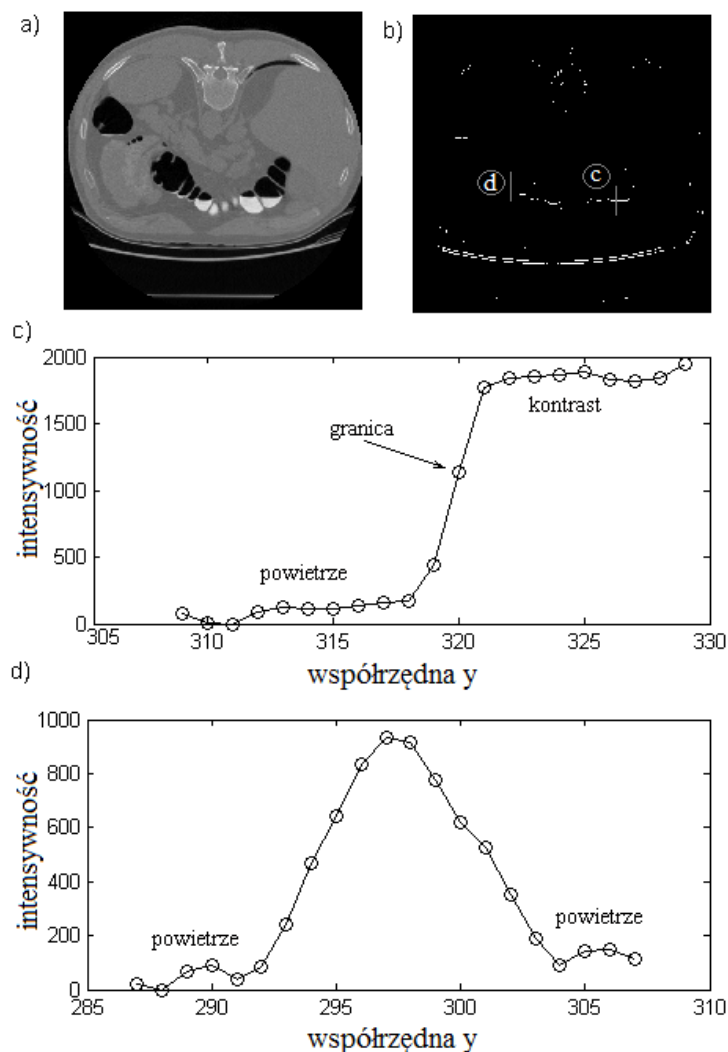
$$\mathbf{M}_{sO}(x, y, z) = \max_{x_i, y_i, z_i \in \mathbf{SE}(x, y, z)} (\mathbf{M}_{sE}(x_i, y_i, z_i)), \quad (4.5)$$

- potem obliczana jest różnica pomiędzy maskami \mathbf{M}_{sO} i \mathbf{M}_s :

$$\mathbf{M}_g(x, y, z) = \mathbf{M}_s(x, y, z) - \mathbf{M}_{sO}(x, y, z). \quad (4.6)$$

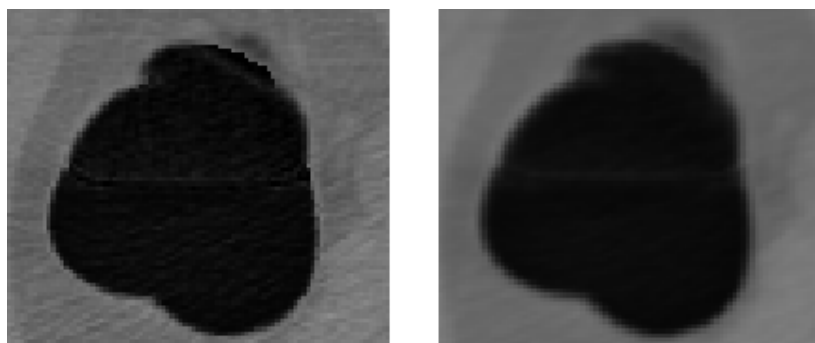
W wyniku odjęcia masek otrzymujemy macierz binarną (rys. 4.5b), w której jedynki oznaczają prawdopodobną lokalizację granicy pomiędzy powietrzem a kontrastem lub resztkami pokarmowymi w jelicie. Dodatkowo

*Operacja erozji a następnie dylatacji tym samym elementem strukturalnym nosi nazwę otwarcia morfologicznego [120, 77]



Rysunek 4.5: Detekcja granicy w danych CT pomiędzy kontrastem (resztkami pokarmowymi) a powietrzem a) przekrój 2D danych CT; b) wynik odejmowania $M_g(x, y, z) = M_s(x, y, z) - M_{sE}(x, y, z)$; c) d) profil wartości intensywności dla woksela, który nie może zostać usunięty (c), powinien zostać usunięty (d)

należy sprawdzić czy dany woksel należy do granicy czy jest detalem ściany jelita, którego nie można usunąć. Do kontroli wokseli można wykorzystać fakt, iż podczas badania tomograficznego pacjent leży w jednej z dwóch pozycji: na brzuchu lub na plecach. W konsekwencji prowadzi to do lokalizacji granicy zawsze wzdłuż osi x (rys. 4.4). W związku z tym, zaproponowano sprawdzanie profilu intensywności w danych CT w kierunku prostopadłym do stołu (wzdłuż osi y), na którym jest wykonywane badanie.



Rysunek 4.6: Przykładowe 2D przekroje wyników zastosowania proponowanej metody czyszczenia danych CT: Od lewej: bez filtracji uśredniającej; z zastosowaniem filtracji uśredniającej, (aut. [105])

Na rysunku 4.5b zaznaczono okręgami dwa przykładowe profile, jeden - dla granicy oraz drugi - dla fragmentu ściany jelita, którego nie można usunąć. Różna charakterystyka profili w obu przypadkach pozwala jednoznacznie podjąć decyzję o usunięciu woksela. Dodatkowo, w celu zwiększenia jakości wizualizowanych danych zaleca się użycie filtracji uśredniającej, jako ostatni etap proponowanej metody. Należy podkreślić, iż z punktu widzenia późniejszej segmentacji, zastosowanie uśredniania nie wpływa znacząco na sam proces.

W tabeli 4.1 przedstawiono czas obliczeń poszczególnych modułów. Wszystkie symulacje były wykonywane w środowisku Matlab [136] na komputerze PC z procesorem Intel Celeron 2GHz i 512MB pamięci RAM.

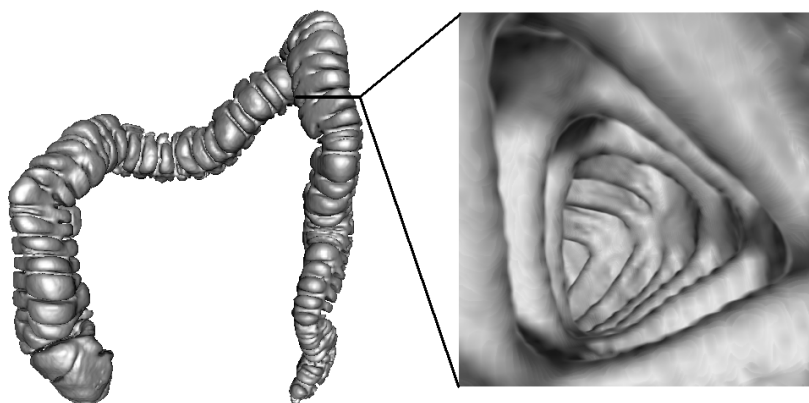
Tabela 4.1: Średni czas obliczeń algorytmu czyszczenia danych CT dla jednego 2D przekroju o wymiarach 512x512 pikseli

Nazwa Modułu	Czas obliczeń [s]	Czas obliczeń [%]
Filtracja medianowa	0.214	7.68
Wyznaczenie maski M_r	0.147	5.28
Nieliniowa transformacja dla M_r	0.078	2.80
Wyznaczenie maski M_k	0.063	2.26
Nieliniowa transformacja dla M_k	0.016	0.57
$M_g = M_s - M_{sE}$	0.360	12.93
Analiza profilu	1.141	40.97
Filtracja uśredniająca	0.766	27.50
Wszystkie operacje	2.785	100

Jak można zauważyć czas wykonywania poszczególnych operacji jest nie-duży. Najbardziej czasochłonne są moduły odpowiedzialne za sprawdzanie profili oraz filtrację uśredniającą. Moduł uśredniający nie jest konieczny, jego celem jest jedynie polepszenie jakości wizualizacji. Dodatkowe przyspieszenie można uzyskać implementując algorytm przy użyciu języka C/C++.

4.3 Wyodrębnianie jelita grubego z danych tomograficznych 3D

Celem procesu segmentacji jest podział wokseli należących do danych CT na grupy reprezentujące poszczególne struktury anatomiczne. W celu wykonania VC konieczne jest wysegmentowanie ściany jelita grubego. Najprostszym algorytmem segmentacji jest progowanie polegające na rozdeleniu danych na podstawie wartości progu. Woksele posiadające wartość mniejszą od zadanego progu są klasyfikowane jako tło, natomiast większą bądź równą jako - obiekt. Poza podstawową zaletą, jaką jest prostota implementacji oraz szybkość działania, taki sposób segmentacji ma istotną wadę: powoduje zaklasyfikowanie wokseli o tych samych wartościach, jednak należących do innych struktur jako ten sam obiekt. Wynikiem progowania przeprowadzonego na danych z tomografii komputerowej jest zazwyczaj zbiór wielu rozdzielnych przestrzennie grup wokseli reprezentujących różne organy lub, co gorsze, części organów. Dodatkowo, zmiany wartości wokseli przy granicach obiektów są znaczne, w związku z tym progowanie prowadzi do błędnej klasyfikacji wokseli leżących blisko takich granic. Istnieje modyfikacja wyżej wymienionego algorytmu wyznaczająca automatycznie wartość progu na podstawie histogramu obrazów, jednakże nie eliminuje ona podstawowych wad tej metody. Typowym algorytmem stosowanym w wirtualnej kolonoskopii jest algorytm rozrostu obszarów (ang. *region growing*) [128, 92, 139]. Metoda ta, poza wartościami poszczególnych wokseli, uwzględnia również ich wzajemne położenie w przestrzeni. Zazwyczaj analizowane jest najbliższe sąsiedztwo wokseli - jeżeli sąsiednie woksele spełniają przyjęte kryterium przynależności, wówczas są dołączane do segmentu. W metodzie tej ograniczono problem niespójnej przestrzennie klasyfikacji wokseli o tych samych wartościach, jednakże pojawiają się trudności z doбором odpowiedniego kryterium przynależności poszczególnych wokseli do konkretnego segmentu. Algorytmy tego rodzaju wymagają najczęściej pewnych warunków początkowych (np. punktu startowego należącego do konkretnej

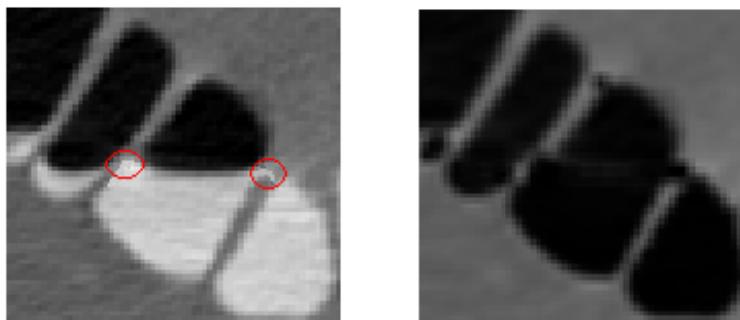


Rysunek 4.7: Przykładowy wynik segmentacji jelita grubego, (aut. [105])

struktury anatomicznej), co skutecznie utrudnia zautomatyzowanie procesu segmentacji.

W niniejszej pracy proponuje się zastosowanie metody trójwymiarowej segmentacji wododziałowej bazującej na [131] (patrz: str. 23). W związku z występującymi zakłóceniami w danych tomograficznych, skutkującymi wariancją intensywności w ramach struktur anatomicznych oraz dużą różnicą intensywności pomiędzy strukturami, zaleca się stosowanie algorytmu wododziałowego na mapie modułów gradientów wyznaczonych przy pomocy masek Sobela (zobacz: str. 25). Typowy problem nadsegmentacji (ang. *over-segmentation*), występujący przy wykorzystaniu tej metody, wyeliminowano używając map gradientów połączonych z zalewaniem obrazu z wcześniej wyznaczonych markerów. Do głównych zalet przedstawionej metody można zaliczyć to, iż nie wymaga ona nadzoru użytkownika, wyniki są powtarzalne dla różnych zestawów danych oraz jest relatywnie szybka.

Jak już zostało wspomniane, proponuje się inicjalizować proces zalewania ze sztucznych źródeł w obrazie. Jako źródła reprezentujące obiekt (jelito grube) przyjmujemy woksele o wartości odpowiadającej powietrzu (< 300), natomiast jako źródła reprezentujące tło - woksele o intensywności tkanek miękkich. Ponieważ „zalewanie” odbywa się na gradiencie danych, krawędzie obiektów są poprawnie segmentowane, co jest dużą zaletą algorytmu. Wynik działania algorytmu został ukazany na rysunku 4.7. Należy również podkreślić, iż czasami podczas wizualizacji 3D modelu mogą pojawić się dziury, które są konsekwencją błędnej rekonstrukcji w tomografie komputerowym (czerwone okręgi na rysunku 4.8). Na rysunkach 4.9, 4.10, 4.11 przedstawiono wizualizację wysegmentowanego jelita dla odpowiednio: danych oryginalnych, po czyszczeniu metodą progowania oraz po czyszczeniu



Rysunek 4.8: Przykładowe miejsca w danych CT, z których po czyszczeniu i rekonstrukcji 3D mogą powstać otwory w modelu, (aut. [105])

metodą zaproponowaną przez autora. Segmentacja została przeprowadzona na danych po czyszczeniu metodą opisaną w rozdziale 4.2.2. Otrzymany wynik segmentacji posłużył do wizualizacji w wyżej wymienionych przypadkach. Jak można zauważyć, brak modułu odpowiedzialnego za usuwanie wokseli reprezentujących kontrast (resztki pokarmowe) lub zastosowanie metody usuwającej woksele na podstawie progu, uniemożliwia skuteczną wizualizację wnętrza wysegmentowanej struktury.

4.4 Algorytm generacji ścieżki nawigacyjnej

Końcowym etapem algorytmów wirtualnej endoskopii jest automatyczna nawigacja wirtualnej kamery w wiernie zwizualizowanej strukturze anatomicznej, na przykład w drzewie oskrzelowym [29, 42, 98] (wirtualna bronchoskopia) lub jelicie grubym [92, 41, 138] (wirtualna kolonoskopia). Pożądane jest, aby wygenerowana ścieżka przebiegała w centrum wizualizowanej struktury. Metody generacji ścieżki nawigacyjnej można podzielić na 3 zasadnicze grupy. Pierwsza metoda polega na ręcznym wskazaniu punktu należącego do ścieżki w każdym przekroju struktury (ang. *manual extraction*). Metoda ta jest bardzo czasochłonna, wymaga dużego zaangażowania operatora oraz nie gwarantuje centralnego położenia punktu w każdym z przekrojów. W przypadku wirtualnej kolonoskopii zadanie jest dodatkowo utrudnione ze względu na skomplikowany kształt oraz różną orientację fragmentów jelita w przestrzeni. Kolejna grupa algorytmów [92, 138] (ang. *topological thinning*) bazuje na wyznaczeniu morfologicznego szkieletu obiektu, a następnie poszukiwaniu ścieżki w ramach wyznaczonego szkieletu. Ostatnia grupa metod, do której zalicza się opracowany przez autora i prezen-



Rysunek 4.9: Wizualizacja fragmentu wysgmentowanego jelita bez operacji czyszczenia oraz przekrój 2D odpowiadających danych CT, (aut. [105])



Rysunek 4.10: Wizualizacja fragmentu wysgmentowanego jelita (czyszczenie przy użyciu progowania) oraz przekrój 2D odpowiadających danych CT, (aut. [105])



Rysunek 4.11: Wizualizacja fragmentu wysgmentowanego jelita (czyszczenie przy użyciu metody opisaney w 4.2.2) oraz przekrój 2D odpowiadających danych CT, (aut. [105])

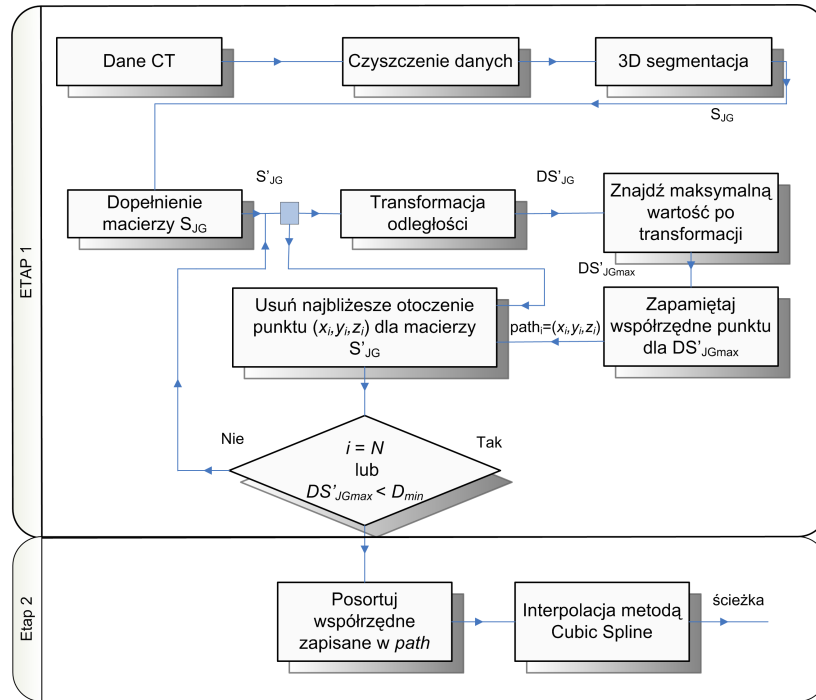
towany w niniejszym rozdziale algorytm [103], wykorzystuje transformację odległości (ang. *distance transformation*) np. [41, 29]. Większość proponowanych metod nie pozwala na wyznaczenie dostatecznie gładkich ścieżek do uzyskania płynnego ruchu kamery [57]. Bardzo często wymagana jest dodatkowa interakcja operatora, co znacząco zwiększa czasochłonność całego algorytmu.

Generacja ścieżki nawigacyjnej jest operacją niezmiernie istotną. Pozwala wyznaczyć tor ruchu wirtualnej kamery endoskopowej w wyznaczonym przestrzennym modelu struktury anatomicznej. Ścieżka powinna biec wewnątrz struktury w taki sposób, aby zapewnić szerokie pole widzenia kamery. Warunek ten można zapewnić, generując ścieżkę przechodzącą przez centralne punkty przekroju osiowego struktury. Dodatkowo, algorytm generacji powinien wymagać minimalnej interakcji ze strony użytkownika.

Zwykle nie jest możliwe stosowanie algorytmów zaproponowanych dla innych struktur anatomicznych. W zależności od struktury pojawiają się lub znikają problemy występujące dla innych. Przykładowo algorytm zaproponowany w [29] dla wirtualnej bronchoskopii wymaga wybrania oraz śledzenia odgałęzień, którymi ścieżka przebiega. Położenie drzewa oskrzelowego umożliwia natomiast śledzenie oraz wyznaczanie punktów, przekrój po przekroju co nie jest możliwe w przypadku wirtualnej kolonoskopii. Ze względu na przestrzenne położenie oraz kształt jelita grubego, które nie jest równoległe do kręgosłupa bardzo ciężko jest wskazać środek na dwuwymiarowym przekroju struktury a czasami jest to wręcz nie możliwe. Generacja przekrojów prostopadłych do osi struktury jest również zadaniem bardzo trudnym, ponieważ przekroje potrzebujemy właśnie po to, aby tą oś wyznaczyć. Wymaga to opracowania algorytmu pracującego w przestrzeni 3D.

Symulacja ruchu kamery pozwala zredukować czas, jaki lekarz poświęca na analizę każdego z przekrojów otrzymanych z tomografii komputerowej. Segmentacja w połączeniu z generacją toru ruchu kamery umożliwia zobrazowanie wnętrza segmentowanych struktur anatomicznych. Trójwymiarowa wizualizacja ułatwia interpretację i poszukiwanie zmian chorobowych w tych strukturach. Na rysunku 4.12 przedstawiono schemat blokowy proponowanej metody wykorzystującej transformację odległości oraz interpolację metodą *cubic spline*.

W pracy zademonstrowano algorytm oparty o transformację odległości, który umożliwia po zastosowaniu dodatkowych reguł, wyznaczenie położenia centralnych punktów w jelicie grubym. Transformacja odległości wylicza odległość do najbliższego woksela o wartości 1. Danymi wejściowymi w algorytmie jest binarna macierz S_{JG} reprezentująca obiekt otrzymany w



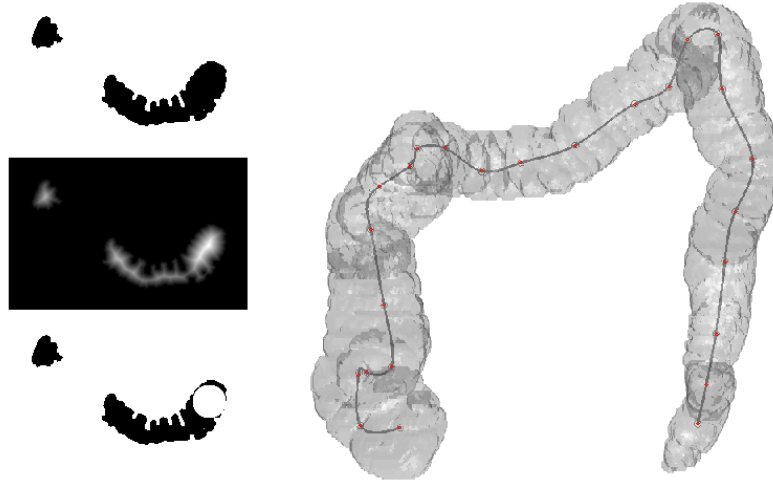
Rysunek 4.12: Schemat blokowy metody generacji ścieżki nawigacyjnej dla ruchu wirtualnej kamery endoskopowej

wyniku segmentacji (1 - obiekt, 0 - tło). Pierwszym etapem jest wyznaczenie dopełnienia \mathbf{S}'_{JG} macierzy \mathbf{S}_{JG} , co pozwoli wyznaczyć odległość wokseli znajdujących się wewnątrz modelu do wokseli reprezentujących ściany jelita. Następnie należy przyjąć liczbę N punktów ścieżki wyznaczanych w pierwszym etapie algorytmu, które mają zostać wygenerowane przez iteracyjny algorytm oraz wartość reprezentującą minimalną odległość D_{min} punktu ścieżki od ścianki obiektu, przy której obliczenia są przerywane. Punkty wyznaczone w pierwszym etapie algorytmu będą stanowić węzły podczas generacji ścieżki przy użyciu metod interpolacyjnych.

W każdej iteracji wyznaczany jest jeden punkt ścieżki według następującej procedury. Dla macierzy \mathbf{S}'_{JG} wyznaczana jest transformata odległości, następnie wyszukiwana jest maksymalna wartość transformaty DS'_{JGmax} , której współrzędne $p_i = (x_i, y_i, z_i)$ są zapamiętywane w macierzy punktów ścieżki $path_i = (x_i, y_i, z_i)$. Następnie w zależności od zastosowanej metryki usuwane jest najbliższe otoczenie punktu $p_i \in \mathbb{R}^3$ spełniające:

- nierówność

$$(x_i - x)^2 + (y_i - y)^2 + (z_i - z)^2 \leq DS'_{JGmax}{}^2 \quad (4.7)$$



Rysunek 4.13: Przykładowe wyniki działania algorytmu generacji ścieżki nawigacyjnej; Pierwsza kolumna, od góry: Przekrój 2D: S'_{JG} , DS'_{JG} , danych po usunięciu otoczenia zgodnie z nierównością 4.7; Druga kolumna: przykładowa ścieżka nawigacyjna

dla metryki Euklidesowej zdefiniowanej

$$d_2(x, y, z) = \sqrt{(x_i - x)^2 + (y_i - y)^2 + (z_i - z)^2}, \quad (4.8)$$

- nierówność

$$|x_i - x| + |y_i - y| + |z_i - z| \leq DS'_{JGmax} \quad (4.9)$$

dla metryki Manhattan (taksówkowa) zdefiniowanej

$$d_1(x, y, z) = |x_i - x| + |y_i - y| + |z_i - z|, \quad (4.10)$$

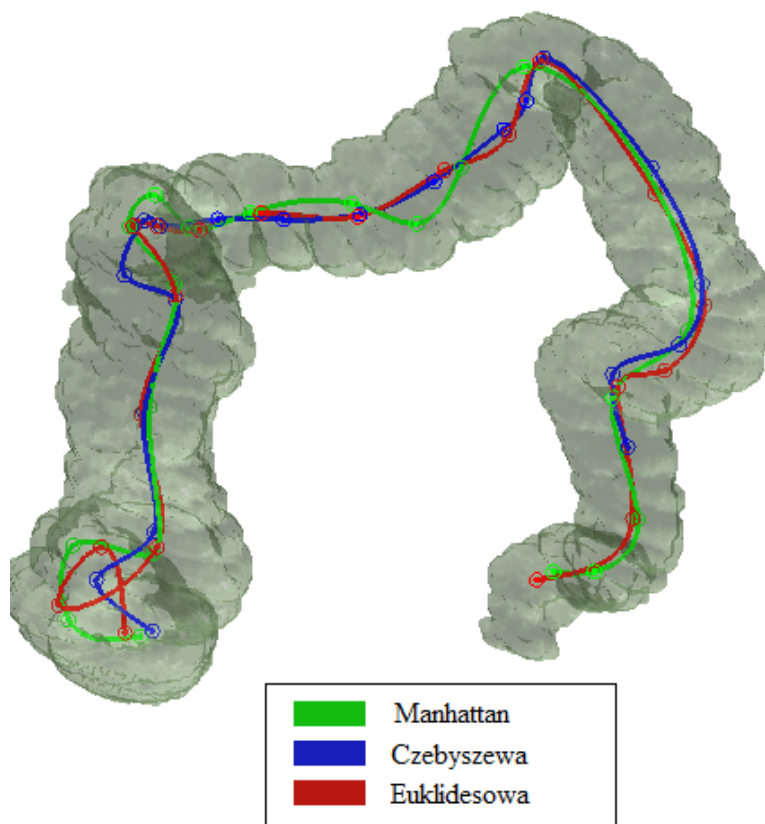
- nierówność

$$\max\{|x_i - x|, |y_i - y|, |z_i - z|\} \leq DS'_{JGmax} \quad (4.11)$$

dla metryki Czebyszewa (maksimum) zdefiniowanej

$$d_\infty(x, y, z) = \max\{|x_i - x|, |y_i - y|, |z_i - z|\}. \quad (4.12)$$

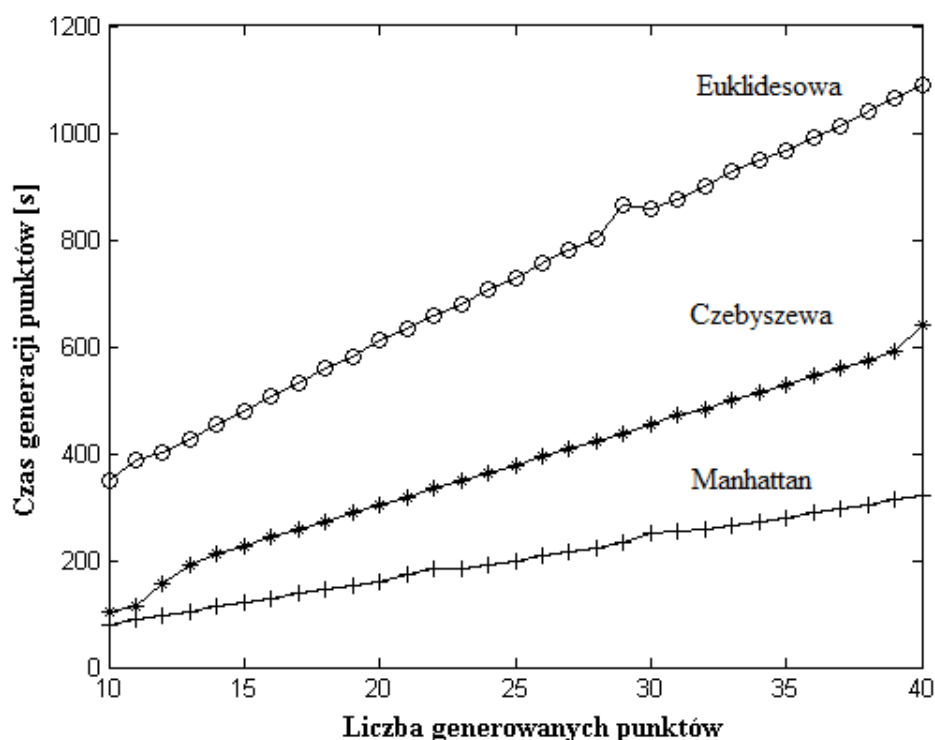
Usunięcie otoczenia gwarantuje (rys. 4.13), iż następny punkt nie zostanie znaleziony blisko poprzedniego. Rozmieszczenie punktów będzie równomierne wzdłuż wysegmentowanej struktury oraz będzie się znajdować na osi



Rysunek 4.14: Przykład wygenerowanych ścieżek nawigacyjnych dla różnych metryk

centralnej modelu. W porównaniu z pracą [29], dotyczącą generacji ścieżki nawigacyjnej w drzewie oskrzelowym, nie jest konieczne podawanie przez operatora rozmiaru sześcianu potrzebnego do wyznaczenia punktów ścieżki, który zależy od wielkości danych oraz kształtu struktury anatomicznej. Wybór normy zastosowanej do wyliczenia transformacji odległości ma wpływ nie tylko na przebieg ścieżki (rys. 4.14), ale także na czas jej wyznaczenia (rys. 4.15).

Najszybciej generowane są punkty przy normie Manhattan. Wynika to z najprostszej formuły na odległość. Cenną zaletą tego rozwiązania jest to, iż obliczenia są przeprowadzane na liczbach całkowitych, co zmniejsza ilość zajmowanej pamięci i dodatkowo przyspiesza działanie algorytmu. Najpoważniejszą wadą normy Manhattan i Czebyszewa jest znaczna anizotropowość w obliczanej transformacji odległości, co może prowadzić do błędnie wyznaczanych punktów ścieżki. Zastosowanie izotropowej normy Euklidesowej powoduje ponad trzykrotne zwiększenie czasu obliczeń.



Rysunek 4.15: Czas wyznaczenia wokseli przy różnych metrykach oraz zmiennej liczbie generowanych punktów ścieżki (aut. [103])

Liczba generowanych punktów ma wpływ na przebieg ścieżki. Za mała ich liczba spowoduje, iż interpolowana krzywa może nie zawierać się całkowicie wewnątrz segmentowanej struktury. Możliwe jest wprowadzenie ograniczeń przy interpolacji, jednakże znacznie zwiększy to czas wykonywania obliczeń algorytmu. Z drugiej strony, zadana zbyt duża liczba punktów prowadzi do powstania błędnych punktów nie wyznaczających linii centralnej.

Możliwy jest wówczas przypadek, w którym punkty szukane są w „resztkach” danych, blisko ściany wyodrębnionej struktury anatomicznej - w każdej iteracji następuje częściowe wykasowanie obiektu, co zazwyczaj prowadzi do powstania mniejszych jego fragmentów. Kasowanie fragmentów obiektu, w kolejnych iteracjach, zapobiega zakwalifikowaniu jako punktu ścieżki woksela leżącego blisko poprzednio wyznaczonych punktów. W przypadku jelita grubego i danych o wymiarach 255x255x236 wokseli zalecana liczba punktów N generowanych w pierwszym etapie algorytmu mieści się w przedziale od 22 do 26 punktów [103]. W zależności od segmentowanej struktury optymalna liczba punktów będzie inna. W zastosowaniu do innych struktur

zaleca się przeprowadzanie wstępnych badań, które umożliwią wyznaczenie optymalnej liczby punktów ścieżki, co zapewni poprawność wyznaczanej krzywej oraz krótki czas obliczeń.

Z pierwszego etapu algorytmu otrzymujemy macierz **path** zawierającą współrzędne określające położenie N punktów ścieżki centralnej. Punkty te muszą zostać posortowane, aby mogły posłużyć do wyznaczenia trajektorii kamery. Pierwszym krokiem sortowania jest wyznaczenie początku (lub końca) ścieżki. Zazwyczaj jest nim punkt o minimalnej współrzędnej z . Punkt ten może również zostać wskazany przez operatora. Następnie wyliczana jest odległość od punktu początkowego do pozostałych punktów. Punkt położony najbliżej klasyfikowany jest jako następny punkt ścieżki. Powtarzając obliczenia dla kolejnych punktów otrzymuje się prawidłową kolejność punktów w przestrzeni, umożliwiającą poprowadzenie przez nie gładkiej krzywej, np. z wykorzystaniem interpolacji *cubic spline*.

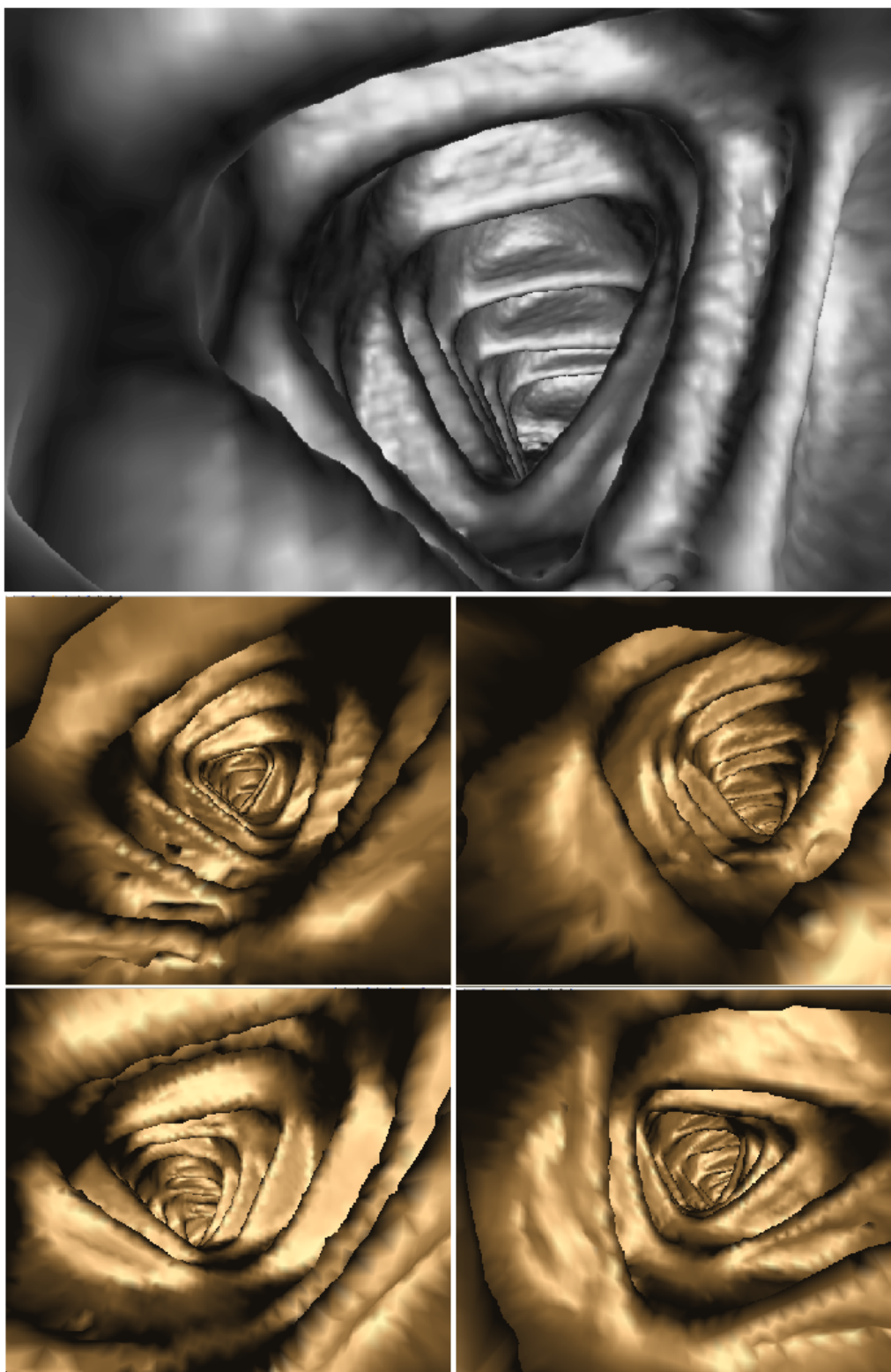
Zastosowanie, jako dodatkowego warunku przerwania (poza liczbą punktów), kontroli odległości otrzymywanych punktów od ścianek struktury gwarantuje, iż otrzymywane punkty będą leżały we fragmentach struktury o największej szerokości. Pozwoli to uniknąć sytuacji, gdy zbyt duża założona liczba punktów mogłaby spowodować generację ścieżki w miejscach niepożądanych.

W tabeli 4.2 przedstawiono czas generacji ścieżki z rozbiciem na moduły opisane w niniejszym rozdziale.

Tabela 4.2: Czas wyznaczenia poszczególnych etapów algorytmu generacji ścieżki nawigacyjnej w środowisku Matlab na komputerze PC Intel Celeron 2 GHz, 512 MB RAM dla danych 256x256x236.

Nazwa Modułu	Czas obliczeń [s]
Dopełnienie obrazu (S'_{JG})	0.47
Generacja punktów path	203.68
Sortowanie punktów	0.07
Interpolacja funkcjami sklejanymi	10.79
Wszystkie operacje	215.01

Na rysunku 4.16 przedstawiono przykładowe obrazy otrzymane z symulacji ruchu kamery endoskopowej wewnątrz wysegmentowanego jelita grubego (zastosowano metrykę Euklidesową do wyznaczenia transformacji odległości)



Rysunek 4.16: Przykładowe obrazy otrzymane z wirtualnej kamery endoskopowej, której ruch przebiegał wzdłuż ścieżki nawigacyjnej zaproponowanej w rozdziale 4.4

4.5 Zastosowania metody wirtualnej kolonoskopii na przykładzie lokalizacji kapsuły endoskopowej w jelicie grubym

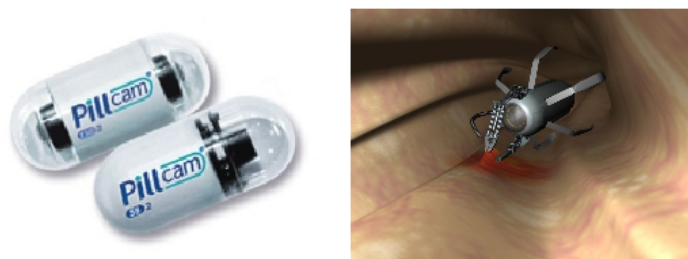
Zaproponowaną metodę wyodrębniania jelita grubego można wykorzystać do przeprowadzania diagnostyki u pacjentów, którzy mieli wykonane wcześniej badanie CT. Dodatkowo, metoda może zostać uzupełniona o moduł odpowiedzialny za automatyczną lokalizację zmian chorobowych takich jak np. polipy (np. [115, 122]).

Co więcej, algorytm może posłużyć do lokalizacji bezprzewodowej kapsułki endoskopowej (estymacji jej położenia w jelicie grubym) [8, 49]. Pierwotnie idea kapsuły została zaproponowana w 1954 roku. Jej zadaniem był pomiar temperatury, pH, ciśnienia wewnątrz ludzkiego ciała. Współczesna kapsułka wyposażona w kamerę została zademonstrowana w 1981 roku przez dr Gavriela Iddana [50]. Typowy system do endoskopii kapsułkowej składa się z trzech modułów:

- jednorazowej, bezprzewodowej pasywnej kapsuły endoskopowej (rys. 4.17) o wymiarach 11x30 mm [50],
- odbiornika danych wraz z rejestratorem,
- stacji komputerowej.

Kapsuła charakteryzująca się małymi wymiarami oraz niewielką wagą (ok. 4g), jest połykana przez pacjenta, a następnie dzięki naturalnym ruchom perystaltycznym przemieszcza się wzdłuż przewodu pokarmowego. Podczas ruchu kamera umieszczona w kapsule wykonuje zdjęcia, które są transmitowane za pomocą fal radiowych [50, 75]. Niestety, pasywny ruch kapsułki powoduje, iż badanie trwa około 8 godzin [1]. Obecnie prowadzone są prace badawcze nad stworzeniem kapsuły, której ruch mógłby być zewnętrznie sterowany oraz, dodatkowo, byłoby możliwe pobieranie wycinków tkanek do diagnostyki histopatologicznej [49].

Głównym wskazaniem do badania wykorzystującego bezprzewodową kapsułę endoskopową jest przewlekłe krwawienie z przewodu pokarmowego [62, 75]. Możliwe jest również rozpoznanie nieswoistego zapalenia jelit [118], choroby trzewnej, polipowatości [94, 75]. Badanie ze względu na małą inwazyjność jest doskonałą metodą diagnozowania wyżej wymienionych schorzeń, nie obniża komfortu podczas badania tak jak klasyczne metody endosko-



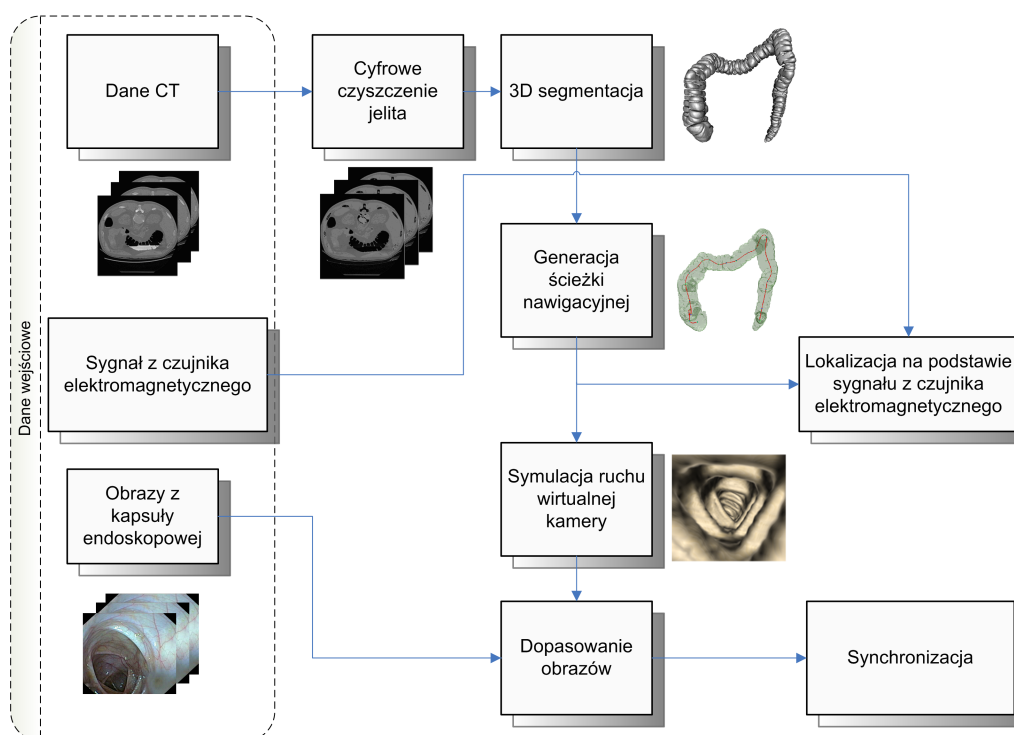
Rysunek 4.17: Bezprzewodowa pasywna kapsuła endoskopowa [137]; po prawej: wizja aktywnej kapsuły endoskopowej z układem ruchu [49]

powe oraz pozwala przeprowadzić diagnostykę jelita cienkiego co nie jest możliwe podczas klasycznej kolonoskopii.

Jednym z problemów endoskopii kapsułkowej jest lokalizacja kapsuły podczas badania. Lekarz otrzymuje serię obrazów, na których może rozpoznać zmiany chorobowe. Z punktu widzenia dalszej procedury terapeutycznej istotne jest nie tylko stwierdzenie występowania zmiany, ale również jej lokalizacji. Na podstawie samych obrazów dostarczanych z kapsuły, lekarz bardzo często nie jest w stanie dokładnie ustalić miejsca występowania zmiany. Biorąc pod uwagę na przykład długość jelita grubego ($\approx 1,5\text{m}$) lub cienkiego (średnio 4 - 5m) sama informacja, iż dana patologia występuje w tej strukturze jest niewystarczająca.

Metodę wirtualnej kolonoskopii można wykorzystać do lokalizacji kapsuły. Proponuje się dwa podejścia. Jedno bazujące na obrazie z kamery oraz drugie na sygnale pochodzącym z czujnika elektromagnetycznego w kapsule. Otrzymany obraz z symulacji ruchu wirtualnej kamery można zsynchronizować z rzeczywistym obrazem z kapsuły endoskopowej. W tym celu należy wykorzystać metody dopasowywania obrazów (ang. *image registration*). Oczywiście, w takim podejściu występuje bardzo dużo problemów związanych między innymi z: 1) brakiem tekstury na obiektach wysegmentowanych w danych CT, 2) doбором parametrów kamery wirtualnej, odpowiadających zamontowanej w kapsule oraz 3) jakością obrazu z kapsuły, która może być chwilami bardzo niska, na przykład z powodu zabrudzenia soczewki kamery.

Drugie podejście zakłada wykorzystanie dodatkowo czujnika elektromagnetycznego w kapsule. Sygnał pochodzący z czujnika dostarcza informacji o położeniu względem jakiegoś punktu odniesienia. Niestety nie niesie żadnej informacji o strukturze, w jakiej się znajduje. Możliwe jest obliczenie odległości czujnika od ścieżki nawigacyjnej wyznaczonej w procedurze wirtualnej kolonoskopii. Można podejrzewać, iż informacja ta pozwoli zidentyfikować strukturę anatomiczną oraz na przykład odległość od początku jelita



Rysunek 4.18: Schemat blokowy przedstawiający propozycję zastosowania wirtualnej kolonoskopii do lokalizacji kapsuły endoskopowej w jelicie grubym, opis w tekście

lub innych wysegmentowanych struktur. Propozycję wykorzystania metody wirtualnej kolonoskopii do określenia położenia kapsułki endoskopowej w jelicie grubym przedstawiono na rysunku 4.18.

4.6 Podsumowanie

W rozdziale przedstawiono, zaproponowaną przez autora, metodę wirtualnej kolonoskopii, w skład której wchodzi algorytmy odpowiedzialne za: 1) „czyszczenie” danych CT z wokseli reprezentujących resztki pokarmowe oraz kontrast, 2) wyodrębnienie jelita grubego oraz 3) generację ścieżki nawigacyjnej w wysegmentowanej strukturze. dzięki detekcji granicy pomiędzy powietrzem a woksalami reprezentującymi resztki pokarmowe lub kontrast, metoda „czyszczenia” danych zachowuje detale struktury jelita grubego, istotne z punktu widzenia wizualizacji oraz diagnostyki. Zaprezentowany algorytm generacji ścieżki nawigacyjnej, wykorzystujący transformację odległości oraz interpolację funkcjami sklejanymi, charakteryzuje się pełną automatyką.

W końcowej części zaprezentowano możliwe, przykładowe wykorzystanie opracowanych algorytmów do estymacji położenia kapsuły endoskopowej w jelicie grubym.

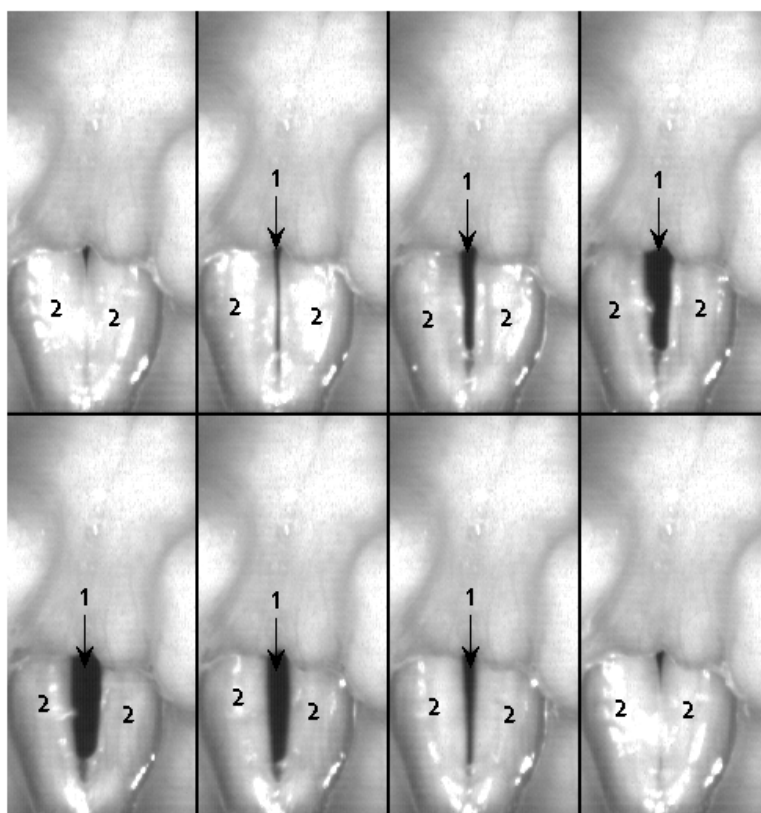
Rozdział 5

Segmentacja strun głosowych w endoskopowych zapisach wideo

W rozdziale tym przedstawiono i porównano opracowane przez autora dwie metody segmentacji strun głosowych w endoskopowych zapisach wideo, bazujące na metodzie zbiorów poziomicowych oraz algorytmie wodziałowym. Zaprezentowano w nim także nowy algorytm analizy ruchu strun głosowych w zapisach HSV, wykorzystujący techniki dopasowywania obrazów.

5.1 Wprowadzenie

Zaburzenia emisji głosu są konsekwencją nieprawidłowej pracy strun głosowych podczas fonacji. Jedną z najszybciej obecnie rozwijających się metod diagnostyki patologii oraz zaburzeń mowy jest analiza endoskopowych sekwencji wideo HSV (ang. *High Speed Videoendoscopy*) strun głosowych [26, 66, 141, 21]. Jak już zostało wspomniane, laryngologiczne zapisy endoskopowe przedstawiają zarejestrowane cykle wibracji strun głosowych podczas generacji sygnału mowy. HSV jako sekwencja monochromatycznych obrazów o niskim poziomie kontrastu, charakteryzuje się 8 bitowym zakresem zmian intensywności, niską rozdzielczością obrazów (zwykle 128 na 256 pikseli) oraz dużą rozdzielczością czasową (ang. *Temporal resolution*) od 900 do 2000 ramek na sekundę. Jedną ramkę HSV można przedstawić jako dwuwymiarową funkcję $I(x, y)$, zwykle x odnosi się do projekcji „lewa-prawa” (ang. *left-to-right axis*), natomiast y do projekcji „tylno-przedniej”



Rysunek 5.1: Przykładowy fragment cyklu wibracji strun głosowych: 1 - światło krtani, 2 - struny głosowe.

(łac. *posterior-anterior*) [22]. Zapis HSV jest zbiorem obrazów, dlatego można go przedstawić jako funkcję trójwymiarową, gdzie trzecim wymiarem jest czas $I(x, y, t)$, $t = 1, 2, \dots, T$, T - liczba ramek w zbiorze. Przykładowy fragment cyklu przedstawiono na rysunku 5.1.

Środowisko medyczne oczekuje stworzenia efektywnego narzędzia wspomagającego diagnostykę funkcjonalną strun głosowych metodą umiejętnej analizy HSV. Jednym z najważniejszych modułów takiego systemu jest segmentacja strun głosowych w zapisach wideo. Segmentacja ta jest zwykle rozumiana jako wyodrębnianie przestrzeni pomiędzy strunami zwanej „światłem krtani”. Taka konwencja została przyjęta w dalszej części rozdziału.

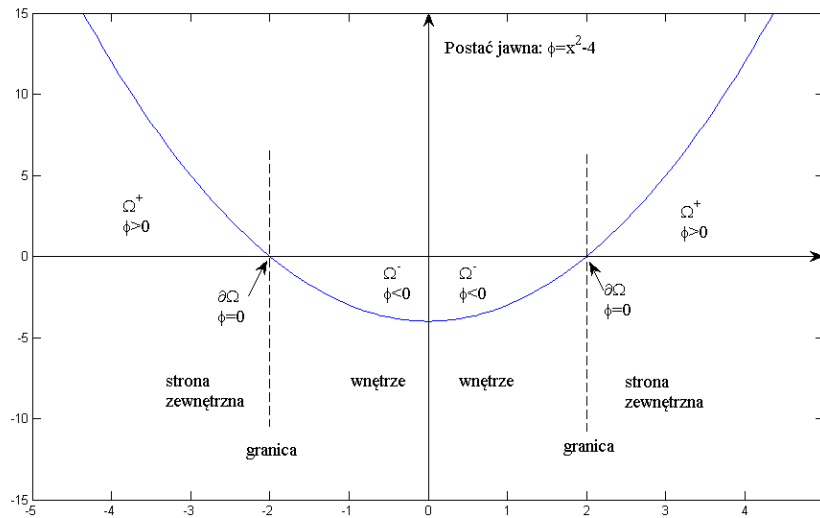
W aspekcie segmentacji strun głosowych wielu badaczy proponuje zastosowanie najprostszych metody segmentacji takich jak: progowanie, metodę rozrostu obszaru (ang. *region growing*) lub jej modyfikacje [133, 13, 142, 66].

Głównym problemem związanym z ich użyciem jest dobór odpowiedniego progu (metoda progowania) lub wybór skutecznego kryterium przyłączania pikseli (metoda rozrostu obszarów). Dodatkowo w przypadku metody rozrostu wymagane jest zdefiniowanie tak zwanych źródeł lub ziaren, od których następuje inicjalizacja algorytmu. Bardzo często, ze względu na kształt i objętość okolicznych struktur, na obrazach powstają cienie o wartościach intensywności takich samych lub zbliżonych do obiektu, który chcemy wysegmentować, co znacząco utrudnia proces segmentacji. Istnieją również prace bazujące na metodach wykrywania krawędzi oraz aktywnych konturów (ang. *active contour*, *snake*) [93, 60]. Marendic et al. [70] zaproponowali zastosowanie metody aktywnych konturów w połączeniu z wiedzą *a priori*, dotyczącą poszukiwanego kształtu. Wiedzę na temat kształtu autorzy wprowadzają, modyfikując klasyczne równanie energii wewnętrznej, bazując na zmodyfikowanej metodzie wykrywania krawędzi, pierwotnie zaproponowanej przez Canny'go w [10]. Niestety, metoda ta jest bardzo czasochłonna zważywszy na rozmiar typowych danych poddawanych analizie. Ciekawą propozycją wydaje się być metoda segmentacji i analizy danych HSV przedstawiona przez grupę z Uniwersytetu Erlangen-Nürnberg z Niemiec [66, 65] nazwana fonowibrografia (ang. *phonovibrography*). Autorzy proponują konstrukcję dwuwymiarowego diagramu obrazującego wibrację strun głosowych, bazującego na wyodrębnieniu dwóch krawędzi strun głosowych oraz wyznaczeniu osi głównej głośni.

5.2 Algorytm wyodrębniania światła krtani z danych HSV przy użyciu metody zbiorów poziomicowych

5.2.1 Metoda zbiorów poziomicowych

Idea metody poziomic (ang. *level set*) sprowadza się do analizy i wyznaczenia ruchu granicy hiperpowierzchni Γ (w krzywych 2D, w powierzchniach 3D) obszaru Ω w polu prędkości $v(u, v, w)$. Prędkość może zależeć od położenia, czasu, geometrii Γ oraz warunków zewnętrznych [80]. W 1987 roku Osher i Sethian [81] zdefiniowali gładką funkcję $\varphi(\mathbf{x}, t)$, nazwaną zbiorem funkcji poziomic (ang. *level set function*). Granica Γ określona jest jako zbiór gdzie funkcja $\varphi(\mathbf{x}, t) = 0$, $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in \mathbb{R}^n$. Funkcja $\varphi(\mathbf{x}, t)$



Rysunek 5.2: Przykład reprezentacji *implicit* i *explicit*. Przypadek jednowymiarowy. $\partial\Omega = \{-2, 2\}$

posiada następujące właściwości:

$$\varphi(\mathbf{x}, t) > 0 \quad \text{dla } \mathbf{x} \in \Omega^+, \quad (5.1)$$

$$\varphi(\mathbf{x}, t) < 0 \quad \text{dla } \mathbf{x} \in \Omega^-, \quad (5.2)$$

$$\varphi(\mathbf{x}, t) = 0 \quad \text{dla } \mathbf{x} \in \partial\Omega = \Gamma(t), \quad (5.3)$$

gdzie $\Omega^+ \cup \Omega^- \cup \partial\Omega = \Omega$. Zbiór funkcji poziomicy posiada reprezentację niejawną (ang. *implicit*) (patrz rys. 5.2), niewymagającą podania funkcji opisującej tak jak w przypadku jawnym (ang. *explicit*). Funkcja jest definiowana poprzez określenie wartości w każdym punkcie. Metody poziomicy mogą być interpretowane jako dodanie dynamiki do hiperpowierzchni reprezentowanych niejawnie.

Różniczkując $\varphi(\mathbf{x}(t), t) = 0$ względem t otrzymujemy równanie:

$$\frac{\partial\varphi(\mathbf{x}(t), t)}{\partial t} + v \cdot \nabla\varphi(\mathbf{x}(t), t) = 0, \quad (5.4)$$

gdzie ∇ jest operatorem gradientu. W przypadku trójwymiarowym możemy zapisać:

$$v \cdot \nabla\varphi(\mathbf{x}(t), t) = u\varphi_x + v\varphi_y + w\varphi_z. \quad (5.5)$$

Rozważając ruch w kierunku normalnym pole prędkości można przedstawić równaniem:

$$v = F \cdot \mathbf{n}, \quad (5.6)$$

gdzie \mathbf{n} zdefiniowane jest jako:

$$\mathbf{n} = \frac{\nabla\varphi}{|\nabla\varphi|}. \quad (5.7)$$

Uwzględniając (5.7) w równaniu (5.6) oraz podstawiając wynik do 5.4 i wykorzystując zależność $\nabla\varphi \cdot \nabla\varphi = |\nabla\varphi|^2$ otrzymujemy ostatecznie podstawowe równanie metod poziomicowych (ang. *Level Set Equation*) [81]:

$$\frac{\partial\varphi(\mathbf{x}(t), t)}{\partial t} + F \cdot |\nabla\varphi(\mathbf{x}(t), t)| = 0, \quad (5.8)$$

gdzie:

$$|\nabla\varphi(\mathbf{x}(t), t)| = \sqrt{\sum_{i=1}^n \varphi(x_i(t), t)} \quad (5.9)$$

W tradycyjnych metodach zbiorów poziomicowych [79, 68], funkcja φ może prowadzić do bardzo ostrych i/lub płaskich kształtów podczas ewolucji, co w konsekwencji generuje niedokładne wyniki obliczeń. W celu uniknięcia tego problemu stosuje się inicjalizację funkcji φ funkcją odległości ze znakiem (ang. *signed distance function*), zdefiniowaną jako [79]:

$$\varphi(\mathbf{x}) = 0 \quad \text{dla } \mathbf{x} \in \partial\Omega, \quad (5.10)$$

$$\varphi(\mathbf{x}) = d(\mathbf{x}) \quad \text{dla } \mathbf{x} \in \Omega^+, \quad (5.11)$$

$$\varphi(\mathbf{x}) = -d(\mathbf{x}) \quad \text{dla } \mathbf{x} \in \Omega^-, \quad (5.12)$$

$$d(\mathbf{x}) = \min(|\mathbf{x} - \mathbf{x}_\Gamma|) \quad \forall \mathbf{x}_\Gamma \in \partial\Omega. \quad (5.13)$$

W czasie ewolucji okresowo dokonuje się reinicjalizacji funkcji φ tak aby była funkcją odległości ze znakiem. Proces reinicjalizacji jest kluczowy i nie można go uniknąć używając klasycznych metod zbiorów poziomicowych [68, 96].

Klasyczne podejście do problemu reinicjalizacji sprowadza się do rozwiązania równania:

$$\frac{\partial\varphi}{\partial t} = \text{sgn}(\varphi_0) \cdot (1 - |\nabla\varphi|) \quad (5.14)$$

gdzie φ_0 jest funkcją, która będzie zreinicjalizowana. Niestety, jeżeli funkcja φ_0 nie jest wystarczająco gładka lub jest bardziej stroma z jednej strony granicy, poszukiwana granica może ewoluować niepoprawnie [96, 79]. Co więcej, jeżeli różnica między funkcją φ a funkcją odległości ze znakiem jest znacząca, to algorytm może nie być w stanie przekształcić funkcji zbiorów poziomic do znakowej funkcji odległości. W praktyce funkcja φ odbiega znacząco od funkcji odległości już po kilku iteracjach, zwłaszcza gdy krok

czasowy nie jest odpowiednio mały [63]. Z punktu widzenia implementacji, proces reinicjalizacji może być skomplikowany oraz czasochłonny obliczeniowo. Dodatkowo, pojawia się problem, jak często i w jaki sposób należy przeprowadzać ten proces [39].

5.2.2 Metoda poziomic - podejście wariacyjne

Jak już zostało wspomniane, kluczową rolą w metodzie zbiorów poziomicowych jest utrzymanie funkcji zbioru poziomic podczas kolejnych iteracji, jako aproksymacja funkcji odległości ze znakiem (5.10-5.13), zwłaszcza w otoczeniu zerowego zbioru poziomicowego (ang. *zero level set*). Każda funkcja φ spełniająca $|\nabla\varphi| = 1$ jest funkcją odległości ze znakiem plus stała. W konsekwencji pozwala to zastosować w przypadku dwuwymiarowym równanie:

$$\mathcal{P}(\varphi) = \int_{\Omega} \frac{1}{2} (|\nabla\varphi| - 1)^2 dx dy, \quad (5.15)$$

jako metrykę charakteryzującą odległość funkcji φ od funkcji odległości [63]. Równanie to odgrywa kluczową rolę w wariacyjnym ujęciu metod poziomicowych.

Bazując na zdefiniowanym funkcjonałe (5.15) można zaproponować przedstawienie problemu używając sformułowania wariacyjnego [63]:

$$\mathcal{E}((\varphi)) = \mu\mathcal{P}(\varphi) + \mathcal{E}_{ex}((\varphi)), \quad (5.16)$$

gdzie $\mu > 0$ jest parametrem odpowiedzialnym za dopuszczalne odchylenie funkcji φ od funkcji (5.10-5.13), zaś $\mathcal{E}_{ex}((\varphi))$ energią kontrolującą ruch zerowego zbioru poziomicowego funkcji φ . Oznaczając $\frac{\partial\mathcal{E}}{\partial\varphi}$ jako pierwszą wariację funkcjonału [36] możemy zapisać równanie:

$$\frac{\partial\varphi}{\partial t} = -\frac{\partial\mathcal{E}}{\partial\varphi}, \quad (5.17)$$

które jest potokiem gradientowym (ang. *gradient flow*) minimalizującym funkcjonał \mathcal{E} [36, 2].

Ze względu na wykorzystanie metody do segmentacji obrazów, energię \mathcal{E}_{ex} definiuje się jako funkcjonał zależny od danych obrazu. Ponieważ $\mathcal{P}(\varphi)$ zależy tylko od funkcji φ , nazywa się tą energię energią wewnętrzną. Celem procesu segmentacji w metodach zbiorów poziomicowych jest osiągnięcie granicy (krawędzi) obiektu w kolejnych iteracjach. W tym celu proponuje się zdefiniowanie energii zewnętrznej w taki sposób, aby ruch poziomicowy zerowej umożliwił osiągnięcie granicy obiektu. Wykorzystuje się zwykle

funkcję krawędzi [55] zdefiniowaną jako:

$$g = \frac{1}{1 + |\nabla G * I|^2}, \quad (5.18)$$

gdzie G jest funkcją Gaussa. Energię zewnętrzną dla funkcji φ można przedstawić [63] jako ważoną sumę funkcjonałów odpowiadających za długość oraz pole powierzchni wewnątrz poziomicy zerowej:

$$\mathcal{E}_{ex}(\varphi) = \lambda \mathcal{L}(\varphi) + \eta \mathcal{A}(\varphi), \quad (5.19)$$

gdzie $\lambda > 0$ oraz η są parametrami o stałej wartości. Funkcjonały \mathcal{L} i \mathcal{A} definiuje się jako [63]:

$$\mathcal{L} = \int_{\Omega} g \delta(\varphi) |\nabla \varphi| dx dy, \quad (5.20)$$

$$\mathcal{A} = \int_{\Omega} g H(\varphi) dx dy, \quad (5.21)$$

$\delta(\varphi)$ jest funkcją Diraca, natomiast $H(\varphi)$ - funkcją Heaviside'a.

Ostatecznie, całkowitą energię można przedstawić w postaci:

$$\mathcal{E}(\varphi) = \mu \int_{\Omega} \frac{1}{2} (|\nabla \varphi| - 1)^2 dx dy + \lambda \int_{\Omega} g \delta(\varphi) |\nabla \varphi| dx dy + \eta \int_{\Omega} g H(\varphi) dx dy. \quad (5.22)$$

Zewnętrzna energia \mathcal{E}_{ex} prowadzi poziomice zerową w kierunku krawędzi obiektu, podczas gdy energia wewnętrzna $\mu \mathcal{P}$ minimalizuje odległość między funkcją φ a funkcją odległości.

Takie przedstawienie funkcjonału (5.22) ogranicza możliwości algorytmu zbiorów poziomicowych, wpływając jednak znacząco na szybkość działania. W klasycznym sformułowaniu metody zbiorów poziomicowych kontur może dowolnie zmieniać swoją powierzchnię poprzez rozrost lub kurczenie zerowej poziomicy. W prezentowanym algorytmie współczynnik η definiuje rodzaj ruchu konturu. W sytuacji, gdy kontur początkowy znajduje się wewnątrz segmentowanego obiektu, parametr η powinien być mniejszy od zera, przyspieszając proces rozszerzania. Analogicznie, gdy kontur początkowy zawiera w sobie poszukiwany obiekt, parametr η powinien być dodatni, przyspieszając tym samym proces kurczenia [63]. Taka wersja metody zbiorów poziomicowych została zaproponowana przez Sethiana i w literaturze angielskojęzycznej nosi nazwę *fast marching method* (patrz np. [96]).

Wyliczając wariację [36] funkcjonału (5.22) otrzymujemy:

$$\frac{\partial \mathcal{E}}{\partial \varphi} = -\mu [\Delta \varphi - \operatorname{div}(\frac{\nabla \varphi}{|\nabla \varphi|})] - \lambda \delta(\varphi) \operatorname{div}(g \frac{\nabla \varphi}{|\nabla \varphi|}) - \eta g \delta(\varphi), \quad (5.23)$$

gdzie Δ jest operatorem Laplace'a. Wyliczenie wariacji prowadzące do zależności (5.23) można znaleźć w [28].

Na podstawie (5.23) oraz (5.17) można ostatecznie zapisać równanie ewolucji funkcji zbiorów poziomicowych, zaproponowane w [63]:

$$\frac{\partial \varphi}{\partial t} = \mu[\Delta \varphi - \operatorname{div}\left(\frac{\nabla \varphi}{|\nabla \varphi|}\right)] + \lambda \delta(\phi) \operatorname{div}\left(g \frac{\nabla \varphi}{|\nabla \varphi|}\right) + \eta g \delta(\varphi). \quad (5.24)$$

5.2.3 Segmentacja strun głosowych przy wykorzystaniu wariacyjnego sformułowania metody zbiorów poziomicowych

Ze względu na rodzaj zadania oraz rozmiar i jakość danych, algorytm zbiorów poziomicowych wymaga przystosowania do segmentacji danych HSV. Autor zaproponował wykorzystanie informacji na temat kształtu segmentowanego obiektu z ramki na ramkę [109].

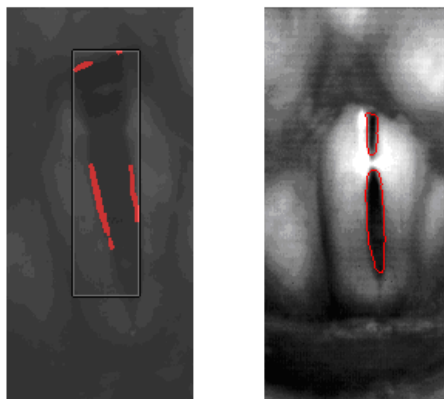
Jakość danych, w szczególności warunki oświetleniowe, ograniczenia techniczne sprzętu oraz występujące rozbłyski wymagają zastosowania wstępnej procedury przetwarzania, „uzdatniania” danych pod kątem procesu segmentacji. Zaproponowano wykorzystanie nieliniowej funkcji transformującej intensywność pikseli w zapisach [109]:

$$I_{out}(x, y) = \begin{cases} 255 & \text{dla } I(x, y) > 128 \\ 255 \cdot \left(\frac{I(x, y)}{128}\right)^\gamma & \text{dla } I(x, y) \leq 128. \end{cases} \quad (5.25)$$

Ze względu na to, iż proces segmentacji odbywa się na obrazie gradientowym, transformacja intensywności przekształca piksele należące do okolicznych struktur oraz rozbłyski światła do jednej wartości, co w obrazie gradientowym uwidacznia się jako płaskie obszary o wartości zero.

Algorytm zbiorów poziomicowych wymaga wskazania konturu początkowego. Proponuje się zaznaczenie tegoż konturu na pierwszej ramce danych przez operatora. Dla następnych ramek zaleca się użycie schematu przedstawionego przez autora [109]. Pierwszym krokiem jest wyznaczenie obszaru, w którym znajduje się poszukiwany obiekt (ang. *ROI - Region of Interest*), zawierający informację na temat bieżącej fazy pracy strun głosowych (otwieranie, zamykanie, stan zamknięcia). Procedurę wyznaczania ROI można przedstawić w następujących punktach:

1. Stwórz macierz binarną o wymiarach analizowanej ramki, w której wartości 1 oznaczają piksele, dla których różnica wartości pomiędzy



Rysunek 5.3: Od lewej: Konstrukcja ROI. Czerwone punkty reprezentują punkty, dla których różnica wartości intensywności pomiędzy bieżącą ramką a ramką poprzednią jest większa niż 20%. Prostokąt reprezentuje wyznaczony ROI; Przykład podziału konturu, linie - wynik segmentacji zaproponowaną metodą, (aut. [109])

bieżącą ramką a ramką poprzednią jest większa niż 20% maksymalnej wartości intensywności pikseli w ramce przed transformacją (5.25) (rys. 5.3).

2. Macierz binarną z punktu 1 uzupełnij jedynkami dla pikseli będących wynikiem segmentacji w poprzedniej ramce.
3. Przeprowadź filtrację medianową maski binarnej w celu usunięcia pojedynczych punktów.
4. Wyznacz prostokąt o minimalnej powierzchni zawierający wszystkie piksele o wartości 1 z punktu 3.
5. Rozszerz otrzymany prostokąt równomiernie w każdym kierunku o 5 pikseli.

Porównanie rozmiaru ROI pozwala ustalić bieżącą fazę cyklu pracy strun głosowych. Otrzymana maska jest wykorzystywana również do wyznaczenia konturu początkowego każdej ramki. W tym celu należy wykonać binarne mnożenie maski ROI z wynikiem progowania danych wejściowych (próg=60). Na otrzymanej masce przeprowadzana jest dylatacja morfologiczna. Wynik stanowi kontur początkowy.

Zaletą proponowanej metody jest możliwość wykrycia fazy pracy strun głosowych. Dodatkowo algorytm automatycznie zachowuje topologię, co można zobaczyć na rysunku 5.3.

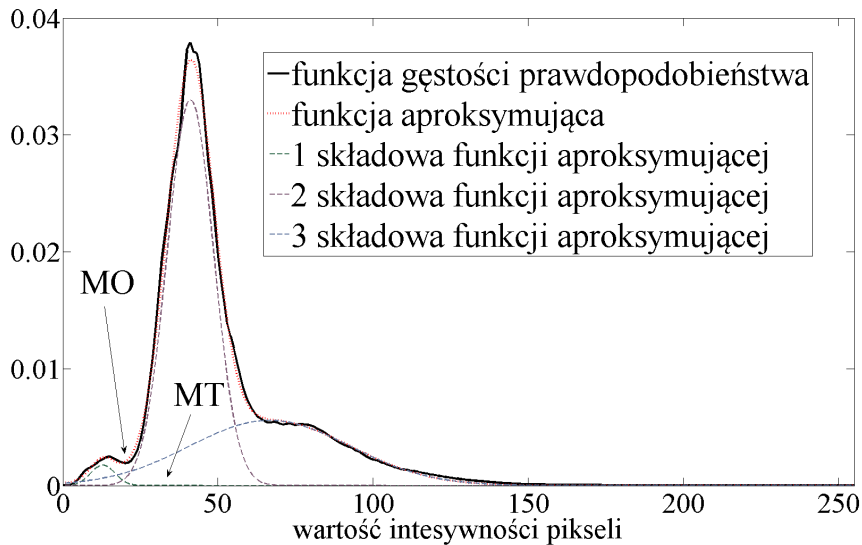
5.3 Algorytm wyodrębniania światła krtani z danych HSV bazujący na metodzie wododziałowej

Czas segmentacji jednej ramki HSV w metodzie zbiorów poziomicowych wynosi około 7 sekund [108]. Biorąc pod uwagę liczbę ramek w zapisie HSV algorytm powinien działać szybciej. Zaproponowano wykorzystanie metody wododziałowej (np. [131]) jako alternatywy dla metody przedstawionej w punkcie 5.2.

Bezpośrednie stosowanie metody wododziałowej (patrz str. 23) prowadzi zwykle do nadsegmentacji. Jednym z możliwych rozwiązań tego problemu jest wskazanie sztucznych minimów w obrazie. Jako sztuczne źródła można przyjąć na przykład minima obszarowe powstałe w wyniku operacji morfologicznych [131, 78, 77]. Takie podejście redukuje problem nadsegmentacji, jednakże nie mamy wpływu na liczbę powstających obiektów. Możliwy jest wciąż podział obiektu na kilka mniejszych. Z punktu widzenia segmentacji strun głosowych pożądane jest wyznaczenie dwóch obszarów, z których będzie następował iteracyjny proces zalewania. Pierwszy powinien reprezentować część lub wszystkie piksele należące do poszukiwanej struktury (marker obiektu), a drugi - piksele należące do tła rozumianego jako wszystko, co nie jest poszukiwanym obiektem (marker tła). Ze względu na to, proponuje się wykorzystać operację progowania do wyznaczenia markerów. Wartość progu jest dobierana poprzez aproksymację funkcji gęstości prawdopodobieństwa (ang. *probability density function*) wyznaczonej z danych zawierających serię obrazów HSV, za pomocą sumy funkcji Gaussa:

$$f_G = \sum_{i=1}^3 A_i \cdot e^{\left(-\frac{(x_{int}-\mu_i)^2}{2\cdot\sigma_i}\right)} \quad (5.26)$$

Parametry funkcji aproksymujących są wyznaczone przy wykorzystaniu nieliniowej metody najmniejszych kwadratów. Na rysunku 5.4 przedstawiono dobór wartości progów wykorzystywanych do wyznaczania markerów tła i obiektu. Wykorzystanie sumy trzech funkcji Gaussa jest wystarczające do poprawnej aproksymacji funkcji gęstości prawdopodobieństwa. Marker obiektu (MO) jest maską binarną, której wartości są przypisywane podczas operacji progowania: dla pikseli posiadających wartość mniejszą od argumentu funkcji gęstości prawdopodobieństwa odpowiadającemu lokalnemu minimum funkcji aproksymującej pomiędzy dwoma pierwszymi maksimami ($PROG_{MO}$) - wartość jeden, dla pozostałych - wartość zero. Ponieważ



Rysunek 5.4: Dobór wartości progów wykorzystywanych do wyznaczania markerów tła i obiektu w metodzie wododziałowej; MO - wartość progu dla markerów obiektu; MT - wartość progu dla markerów tła; Opis w tekście, (aut. [108])

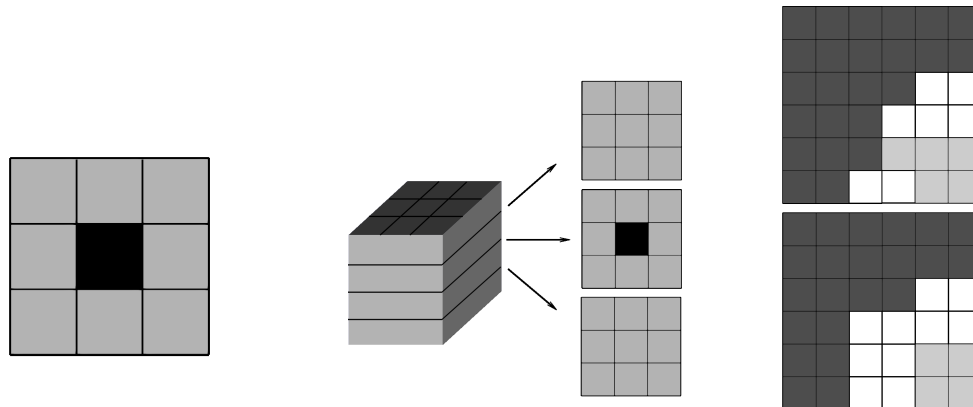
funkcja posiadająca największy parametr A_i odpowiada tkankom miękkim znajdującym się dookoła światła krtani, wartość progu dla markerów tła (MT) proponuje się wyznaczać ze wzoru [108]:

$$PROG_{MT} = \mu_k - \sigma_k \quad (5.27)$$

gdzie k jest indeksem funkcji aproksymującej posiadającej największy współczynnik A_i (rys. 5.4). Wszystkie piksele, które posiadają wartość powyżej $PROG_{MT}$ są klasyfikowane jako tło. Dodatkowo w algorytmie następuje sprawdzenie markerów tła i obiektów pod kątem sąsiedztwa. W sytuacji, gdy w otoczeniu punktu (przypadek 2D: 8-sąsiedztwo; przypadek 3D: 26-sąsiedztwo) zakwalifikowanego jako marker obiektu znajduje się marker tła, następuje usunięcie obydwu punktów z odpowiadających im masek (rys. 5.5). Procedura ta gwarantuje separowalność masek, co jest warunkiem koniecznym poprawności działania algorytmu.

Proponuje się przeprowadzać proces zalewania w algorytmie wododziałowym na obrazie gradientowym, wyznaczonym dla wejściowych danych HSV zgodnie z zależnością:

$$|G| = \sqrt{G_x^2 + G_y^2 + G_t^2}. \quad (5.28)$$



Rysunek 5.5: Od lewej: 8-sąsiedztwo; 26-sąsiedztwo; Przykładowy wynik zastosowania mechanizmu kontroli otoczenia maski obiektu

W wersji dwuwymiarowej algorytmu wododziałowego, segmentacja odbywa się ramka po ramce, dlatego też nie zaleca się stosowania składnika G_t gradientu w równaniu (5.28).

W wyniku działania algorytmu wododziałowego otrzymuje się obiekty, które są etykietowane. Etykietą jest zwykle liczba całkowita odpowiadająca numerowi obiektu. Z uwagi na fakt, iż w zapisach HSV znajdują się ramki, na których struny głosowe są zamknięte, poszukiwane obiekty mają przydzielone inne etykiety. Przykładowo, w wyniku segmentacji poszukiwany obszar pomiędzy strunami głosowymi ma wartość jeden na ramach przedstawiających pierwszy cykl. Kolejne cykle są etykietowane innymi numerami. W celu przydzielenia wspólnej etykiety obiektom z różnych cykli zaleca się przeprowadzenie procesu przeetykietowania [108]. Jednym ze sposobów jest zaznaczenie na pierwszej ramce regionu ROI, w którym znajdują się poszukiwane struny głosowe. W wyniku iloczynu tej maski z etykietami powstałymi drogą segmentacji możliwe jest przydzielenie jednej wspólnej etykiety. Należy sprawdzić, czy cały obiekt znajduje się w ROI. Jeżeli tak, to należy przydzielić nową wspólną etykietę. W przeciwnym wypadku dana etykieta przypisana jest do tła, więc ją odrzucamy.

5.4 Porównanie metod segmentacji danych HSV

W celu oceny oraz wyboru algorytmu segmentacji dokonano porównania metod na zapisach HSV pochodzących od różnych pacjentów. Aby wyznaczyć dokładność segmentacji zaproponowanymi metodami, obrysowano ręcznie poszukiwane obiekty przy użyciu oprogramowania ITK-SNAP [144,

135]. Do ręcznego obrysu wytypowano 264 losowo wybrane ramki reprezentujące tylko fazę otwarcia strun głosowych [108].

Przetestowano trzy algorytmy:

- metodę zbiorów poziomicowych (patrz rozdz. 5.2.3),
- metodę wododziałową, segmentacja 2D ramka po ramce (patrz rozdz. 5.3),
- metodę wododziałową w wersji 3D (patrz rozdz. 5.3).

Do oceny liczbowej jakości segmentacji zastosowano trzy miary [37, 11], podane poniżej, wyznaczone dla każdej ramki. W równaniach (5.29)÷(5.33) $\mathbf{I}_{\mathbf{GT}}(x, y)$ oznacza binarną maską reprezentującą wynik ręcznego obrysu (1 - reprezentuje obiekt; 0 - tło), $\mathbf{I}_{\mathbf{S}}(x, y)$ jest zaś binarną maską otrzymaną w wyniku działania algorytmu.

- Względna liczba „prawdziwe dodatnich” wyników (**TPF** ang. *True Positive Fraction*):

$$\mathbf{M}_{\mathbf{TP}}(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{dla } \mathbf{I}_{\mathbf{S}}(x, y) = \mathbf{I}_{\mathbf{GT}}(x, y) = 1 \\ 0 & \text{w przeciwnym razie,} \end{cases} \quad (5.29)$$

$$\mathbf{TPF} = \frac{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \mathbf{M}_{\mathbf{TP}}(x, y)}{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \mathbf{I}_{\mathbf{S}}(x, y)} \cdot 100\%. \quad (5.30)$$

TPF informuje nas jaki procent pikseli należących do obiektu w ramce został poprawnie zaklasyfikowany.

- Względna liczba „fałszywie ujemnych” wyników (**FNF** ang. *False Negative Fraction*):

$$\mathbf{M}_{\mathbf{FN}}(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{dla } \mathbf{I}_{\mathbf{S}}(x, y) = 0 \wedge \mathbf{I}_{\mathbf{GT}}(x, y) = 1 \\ 0 & \text{w przeciwnym razie,} \end{cases} \quad (5.31)$$

$$\mathbf{FNF} = \frac{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \mathbf{M}_{\mathbf{FN}}(x, y)}{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \mathbf{I}_{\mathbf{S}}(x, y)} \cdot 100\%. \quad (5.32)$$

FNF informuje o procencie pikseli należących do obiektu w ramce nie zaklasyfikowanych jako obiekt przez automatyczny algorytm segmentacji.

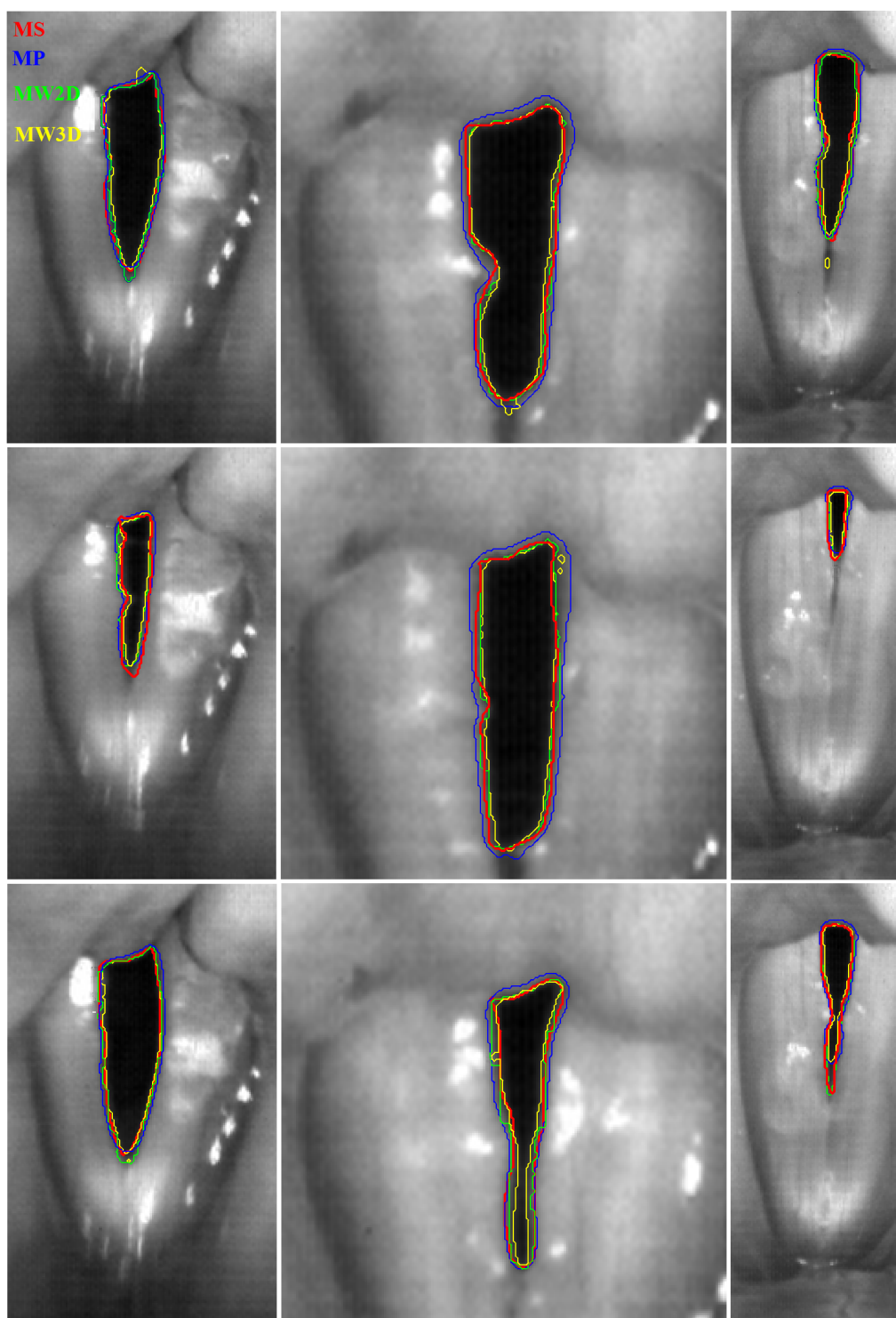
- Skuteczność segmentacji uwzględniająca względną liczbę błędnie zakwalifikowanych pikseli w pojedynczej ramce (**FF**, ang. *False Fraction*):

$$\mathbf{FF} = \left(1 - \frac{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M |\mathbf{I}_{\mathbf{GT}}(x, y) - \mathbf{I}_{\mathbf{S}}(x, y)|}{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \mathbf{I}_{\mathbf{GT}}(x, y)} \right) \cdot 100\%. \quad (5.33)$$

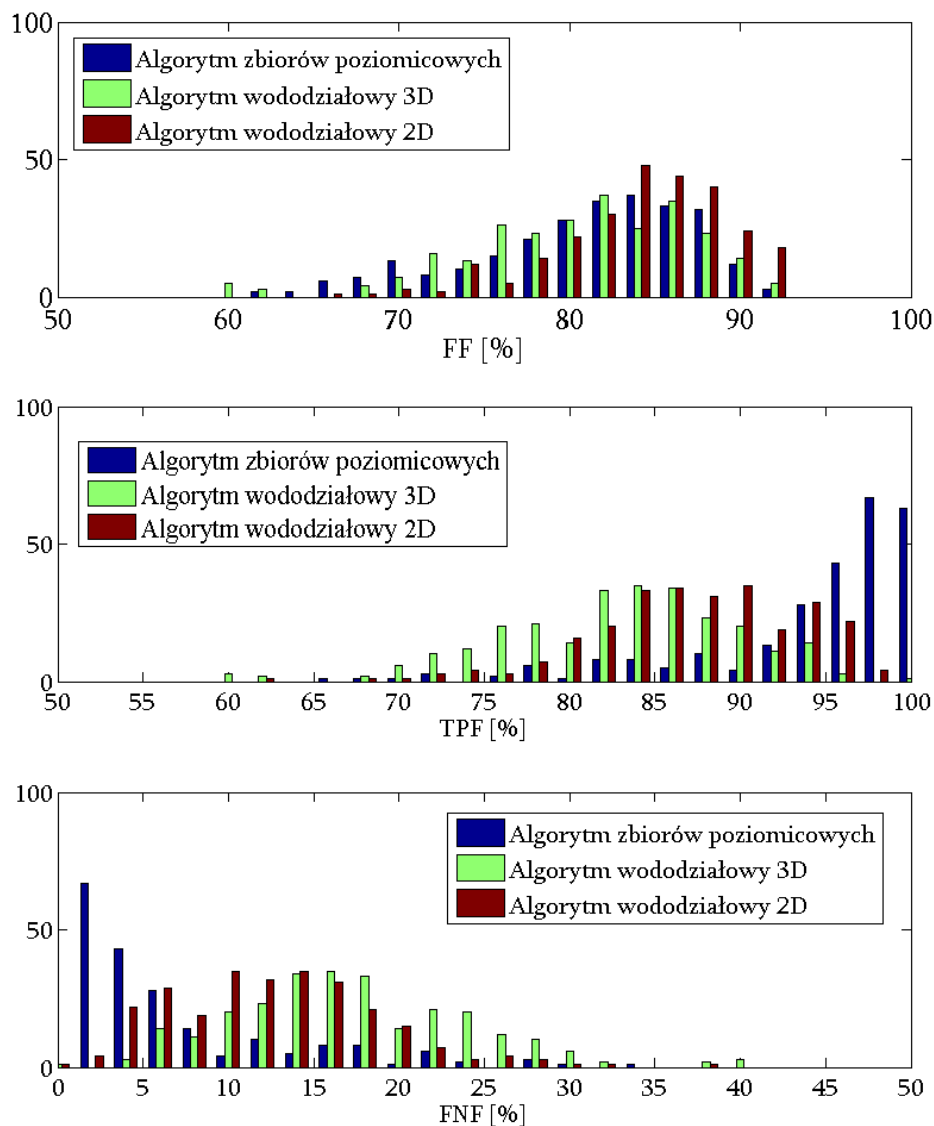
Jako błędną klasyfikację uznano sytuację, gdy w wyniku segmentacji ręcznej piksel został uznany za fragment segmentowanego obiektu, a algorytm automatyczny takiego piksela nie zakwalifikował oraz gdy piksel nie był sklasyfikowany, a algorytm automatyczny ten piksel zaklasyfikował.

Zastosowanie trzech wskaźników jakości pozwala z jednej strony ocenić, jak dobrze algorytmy wyodrębniają obiekty, a z drugiej - ile pikseli nie należących do obiektów jest klasyfikowanych jako obiekt. Wizualnej oceny skuteczności segmentacji można dokonać na rysunku 5.6. Liczbowe wyniki dla wskaźników jakości zaprezentowano w postaci histogramów na rysunku 5.7.

Segmentacja była przeprowadzana na filmach, w którym jeden cały cykl otwarcia-zamknięcia strun głosowych był przedstawiony na 4-6 ramkach. Niewielka liczba ramek przypadająca na cykl spowodowała gorsze wyniki uzyskiwane przez algorytm wododziałowy w wersji 3D. Pozostałe algorytmy segmentujące dane ramka po ramce spisały się lepiej. Na wyniki miał wpływ fakt, iż dla małych obiektów skuteczność segmentacji (5.33) jest stonkowo mniejsza, co jest konsekwencją przyjęcia wskaźników względnych. Dodatkowo należy zwrócić uwagę na to, iż operator wykonujący ręczną segmentację za każdym razem obrysowując ten sam obiekt w różnych odstępach czasu, przy wykorzystaniu różnych narzędzi, nie jest w stanie uzyskać dokładnie tego samego obrysu, co przekłada się na wiarygodność masek odniesienia $\mathbf{I}_{\mathbf{GT}}$, traktowanych jako wynik poprawnej segmentacji. Powyższe stwierdzenie zostanie potwierdzone w rozdziale 6 na przykładzie wskazywania charakterystycznych punktów na obrazie przez różnych operatorów powtarzających tę czynność kilkakrotnie. W tabeli 5.1 przedstawiono średnie wartości wskaźników (5.30), (5.32), (5.33) dla segmentowanych ramek oraz średni czas obliczeń poszczególnych algorytmów dla jednej ramki. Obliczone wskaźniki **TPF** oraz **FF** dla poszczególnych metod przyjmują duże wartości, ponieważ informują one o skuteczności algorytmów, w przeciwień-



Rysunek 5.6: Wyniki segmentacji dla trzech opisanych algorytmów oraz ręcznej segmentacji; MS - Manualna segmentacja; MP - Metoda zbiorów poziomicowych; MW2D - algorytm wododziałowy 2D; MW3D - algorytm wododziałowy 3D



Rysunek 5.7: Histogramy skuteczności segmentacji dla trzech opisanych algorytmów; **FF** - Względna liczba błędnie zakwalifikowanych pikseli w pojedynczej ramce; **TPF** - procent pikseli należących do obiektu poprawnie zaklasyfikowanych; **FNF** - procent pikseli należących do obiektu, a nie zakwalifikowanych przez automatyczny algorytm

stwie do miary **FNF** wskazującej procentową liczbę pikseli należących do obiektu błędnie zaklasyfikowanych przez zaproponowane metody.

Tabela 5.1: Średnie wartości wskaźników **TPF**, **FNF**, **FF** oraz średni czas obliczeń dla jednej ramki zaprezentowanych algorytmów segmentacji danych HSV; MW2D - algorytm wododziałowy 2D ; MW3D - algorytm wododziałowy 3D; MP - Metoda zbiorów poziomicowych

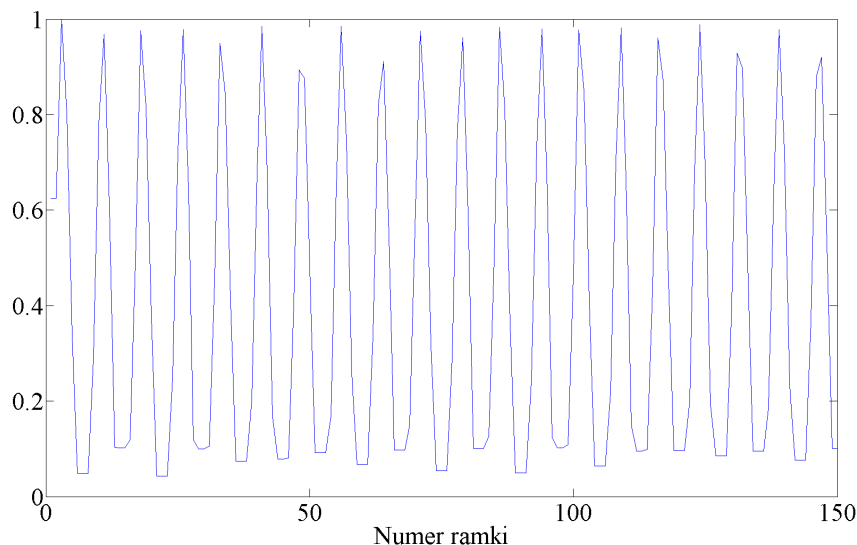
	MW2D	MW3D	MP
TPF	87,36%	82,77%	94,45%
FNF	12,61%	17,23%	5,45%
FF	84,16%	80,52%	80,56%
Czas obliczeń	≈ 0,2 s	≈ 0,6 s	≈ 7 s

Otrzymane wyniki (rys. 5.7, tab. 5.1) potwierdzają przydatność zaproponowanych metod. Uwzględniając czas obliczeń potrzeby do uzyskania wyniku wydają się, iż najbardziej odpowiedni w przypadku wyodrębniania strun głosowych z zapisów HSV jest algorytm wododziałowy. W zależności od liczby ramek reprezentujących cykl otwarcia strun głosowych sugeruje się stosowanie algorytmu w wersji 2D dla małej liczby ramek i 3D dla liczby większej niż 15. Ze względu na bardzo dobre wartości wskaźników **TPF** oraz **FNF** dla algorytmu zbiorów poziomicowych w przypadku braku ograniczeń czasowych lub małej liczby ramek w zapisie, stosowanie tej metody wydaje się być zasadne.

Wszystkie obliczenia zostały wykonane w środowisku Matlab [136] na komputerze klasy PC: Intel Core i7, 2,67MHz, 6GB RAM.

5.5 Analiza ruchu strun głosowych w zapisach HSV

Obecnie istnieje wiele prac opisujących zastosowanie algorytmów segmentacji do wyznaczenia kształtu powierzchni głośni (GAW ang. *glottal area waveform*) [141, 13, 142, 6]. Jest to aktualnie obowiązujący sposób analizy danych HSV. Niestety GAW(rys. 5.8) nie zawiera żadnych informacji na temat ruchu strun głosowych. Przedstawia jedynie zmienność pola powierzchni przestrzeni pomiędzy strunami głosowymi w czasie. Należy tutaj podkreślić, iż zaproponowane metody segmentacji mogą posłużyć bezpośrednio do wyznaczenia charakterystyki GAW. Innym podejściem jest

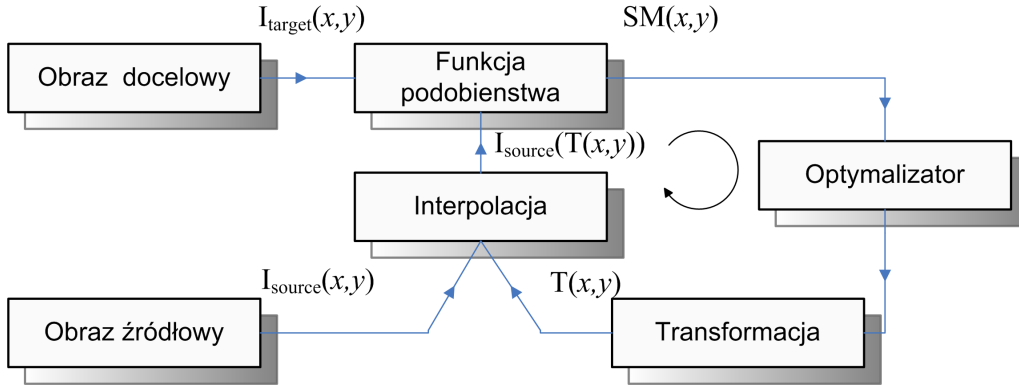


Rysunek 5.8: Przykładowy wykres GAW unormowany do maksymalnej wartości pola powierzchni pomiędzy strunami w wysegmentowanych danych HSV

opisana w [66, 65] metoda nazwana fonowibrografia. Wysegmentowana przestrzeń pomiędzy strunami głosowymi jest dzielona na dwie części przy wykorzystaniu wyliczonej pionowej linii centralnej (patrz rys. 5.12). Następnie w kierunku prostopadłym do tej linii obliczana jest odległość do krawędzi wysegmentowanego obiektu. Otrzymane odległości są kodowane przy wykorzystaniu kolorów. Takie podejście uwzględnia ruch strun głosowych tylko wzdłuż jednej osi [65].

W celu otrzymania pełnej informacji na temat ruchu strun głosowych autor niniejszej rozprawy zaproponował wykorzystanie metod dopasowywania obrazów, pozwalających wyznaczyć deformacje pomiędzy dwoma obrazami [109]. W przypadku danych medycznych metody dopasowywania obrazów są często wykorzystywane zwłaszcza w procesach radioterapii (np. [87, 51, 99, 107, 83]). Stosowanie metod dopasowywania obrazów (rys. 5.9) pozwala skorygować położenie pacjenta (transformacja afiniczna). Jednocześnie trwają intensywne prace badawcze nad wykorzystaniem deformowalnych metod dopasowywania obrazów (ang. *deformable image registration*) do uwzględnienia przemieszczeń organów wewnątrz ciała pacjenta. Przegląd najczęściej stosowanych metod można znaleźć na przykład w [99].

Do analizy ruchu strun głosowych autor rozprawy zaproponował wykorzystanie metody sztywnego dopasowania obrazów w połączeniu z metodą BSFFD (ang. *B-Spline Free Form Deformation*), przedstawioną w pracy



Rysunek 5.9: Schemat blokowy metod dopasowywania obrazów złożony z podstawowych bloków; Na podstawie [34]

Rueckerta et al. [91]. Wstępnie wyliczana jest transformacja afiniczna (5.34) pozwalająca skorygować przemieszczenia powstałe na skutek ruchu kamery endoskopu.

$$I_{affine}(x', y') = \mathbf{G} \cdot \mathbf{S} \cdot \mathbf{R} \cdot I(x, y) + \mathbf{P} \quad (5.34)$$

gdzie \mathbf{P} jest wektorem translacji:

$$\mathbf{P} = [\Delta x, \Delta y]^T \quad (5.35)$$

\mathbf{R} macierzą obrotu (θ - kąt obrotu wokół początku układu współrzędnych):

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} \cos(\theta) & \sin(\theta) \\ -\sin(\theta) & \cos(\theta) \end{bmatrix} \quad (5.36)$$

\mathbf{G} macierzą skręcenia (g_x, g_y - skręcenie wokół zadanej osi x, y):

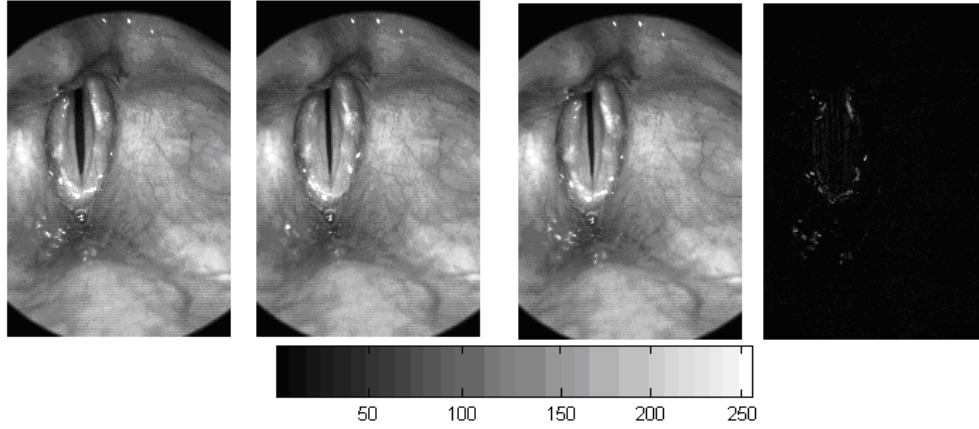
$$\mathbf{G} = \begin{bmatrix} 1 & g_x \\ g_y & 1 \end{bmatrix} \quad (5.37)$$

\mathbf{S} zaś macierzą skalowania (s_x, s_y - skala zadanej osi x,y):

$$\mathbf{S} = \begin{bmatrix} s_x & 0 \\ 0 & s_y \end{bmatrix} \quad (5.38)$$

Lokalne deformacje powstałe w wyniku ruchu strun głosowych z uwzględnieniem transformacji afinicznej są wyznaczone z zależności (5.39) [91]:

$$T(x, y) = T_{affine}(x, y) + \sum_{m=0}^3 \sum_{n=0}^3 B_m(u) B_n(v) \lambda_{i+m, j+n} \quad (5.39)$$



Rysunek 5.10: Przykład dopasowania obrazów HSV; Od lewej: Obraz źródłowy I_{source} ; Obraz docelowy I_{target} ; Obraz po transformacji (wynik dopasowania); Moduł różnicy obrazu docelowego i po transformacji (aut. [109])

gdzie λ jest siatką punktów kontrolnych o wymiarach $n_x \times n_y$, $i = \lfloor x/n_x \rfloor - 1$, $j = \lfloor y/n_y \rfloor - 1$, $u = x/n_x - \lfloor x/n_x \rfloor$ oraz $v = y/n_y - \lfloor y/n_y \rfloor$. B_m reprezentuje m -tą funkcję bazową B - funkcji sklejanej [91, 61]:

$$B_0(u) = \frac{(1-u)^3}{6} \quad (5.40)$$

$$B_1(u) = \frac{3u^3 - 6u^2 + 4}{6} \quad (5.41)$$

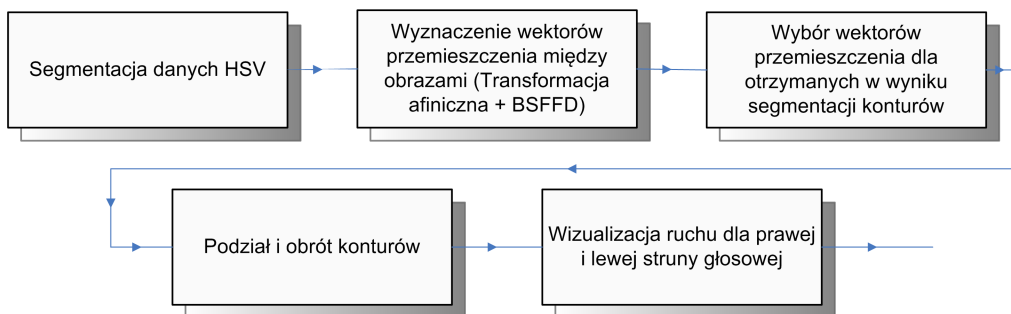
$$B_2(u) = \frac{-3u^3 + 3u^2 + 3u + 1}{6} \quad (5.42)$$

$$B_3(u) = \frac{u^3}{6}. \quad (5.43)$$

Przyjęto liniową interpolację oraz (ze względu na monomodalność obrazów): błąd średniokwadratowy (SSD, ang. *Sum of Squared Differences*) jako miarę podobieństwa:

$$SM(x, y) = \frac{1}{N \cdot M} \sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M [I_{target} - I_{source}(T(x, y))]^2, \quad (5.44)$$

gdzie I_{target} jest obrazem, do którego dopasowujemy obraz I_{source} . Na rysunku 5.10 przedstawiono przykładowy wynik dopasowania obrazów metodą BSFFD. Macierze otrzymane w wyniku dopasowania, zawierające wektory przemieszczenia poszczególnych pikseli, pozwalają wyznaczyć ruch strun



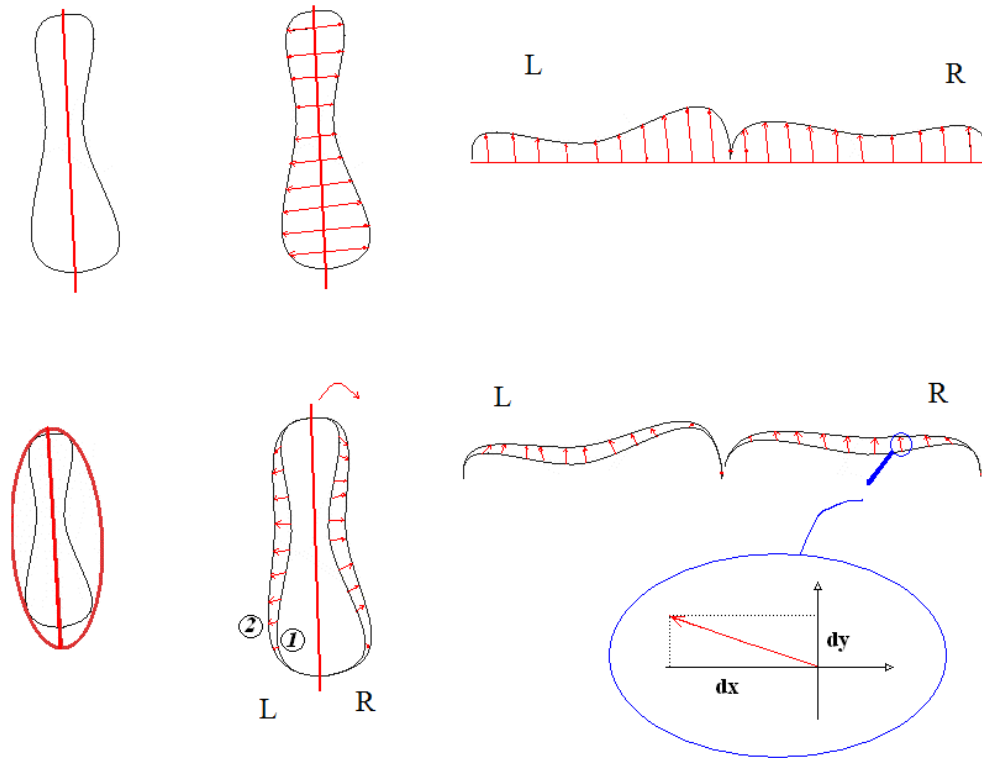
Rysunek 5.11: Schemat blokowy zaproponowanej metody analizy ruchu strun głosowych w zapisach HSV; Opis w tekście

głosowych pomiędzy ramkami. Implementacja algorytmu dopasowania obrazów została wykonana przy wykorzystaniu biblioteki ITK [134].

Na schemacie 5.11 przedstawiono zaproponowaną metodę analizy ruchu strun głosowych. W celu porównania osobno ruchu lewej i prawej struny głosowej, po zakończeniu procesu segmentacji, należy podzielić otrzymane kontury na dwie części. Jedna z nich powinna zawierać punkty konturu należące do lewej struny głosowej, natomiast druga do prawej. Ze względu na możliwe asymetrie w budowie strun głosowych proponuje się wykorzystać do podziału oś główną elipsy, posiadającą wszystkie punkty konturu oraz minimalną powierzchnię (rys. 5.12). Wykorzystując otrzymaną oś główną, można dokonać podziału konturów otrzymanych w wyniku segmentacji oraz przypisanych do nich wektorów przemieszczenia otrzymanych w wyniku dopasowania obrazów. Na rysunku 5.13 przedstawiono wykresy długości wektorów przemieszczenia $\sqrt{dx^2 + dy^2}$ oraz ich składowe. W pierwszym rzędzie pokazano wykresy otrzymane dla strun głosowych bez patologii, natomiast w drugim po terapii laserowej. Można zaobserwować znaczącą różnicę między przedstawionymi wykresami. W przypadku zdrowych strun głosowych widać istotne podobieństwo krzywych dla lewej i prawej struny głosowej. Opisywana metoda umożliwia wizualizację ruchu strun głosowych w czasie. Pozwala również uwidocznić symetrię lub asymetrię w tym ruchu.

5.6 Podsumowanie

W rozdziale przedstawiono dwie opracowane metody segmentacji strun głosowych, wykorzystujące algorytm zbiorów poziomicowych oraz metodę wododziałową. Dla algorytmu zbiorów poziomicowych zaproponowano: 1) wykorzystanie funkcji transformującej intensywność pikseli do minimaliza-



① Kontur orzuty z i -tej ramki

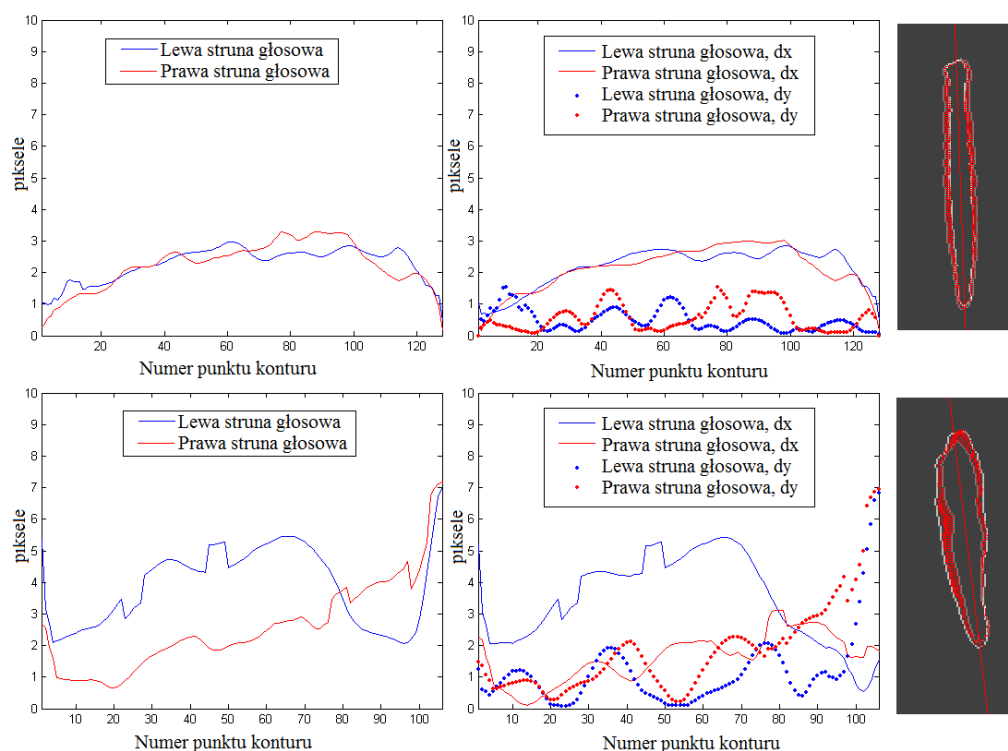
② Kontur orzuty z k -tej ramki

Rysunek 5.12: Metoda podziału konturów otrzymanych w wyniku segmentacji; Pierwszy wiersz: Metoda zaproponowana w [66, 65] ; Drugi wiersz: Metoda opracowana przez autora (aut. [109])

cji wpływu rozbłysków światła w zapisach HSV, 2) iteracyjny sposób inicjalizacji algorytmu dla kolejnej ramki danych HSV, bazujący na wynikach segmentacji z ramki poprzedniej oraz zmianach wartości intensywności w bieżącym obrazie. Dla metody wododziałowej zaproponowano technikę wyznaczania markerów reprezentujących tło oraz obiekt na podstawie aproksymacji funkcji gęstości prawdopodobieństwa sumą funkcji Gaussa.

Przedstawiono wyniki segmentacji, które zostały liczbowo porównane z obrysami poszukiwanych obiektów przy użyciu trzech wskaźników określających skuteczność segmentacji.

W ostatniej części opisano metodę analizy ruchu strun głosowych, umożliwiającą uzyskanie pełnej dwuwymiarowej informacji na temat ruchu każdego z punktów krawędzi strun, która może zostać wykorzystana do budowy systemu diagnostycznego bazującego na danych HSV.



Rysunek 5.13: Wykresy obrazujące ruch strun głosowych; Pierwszy wiersz: struny bez zmian patologicznych; Drugi wiersz; struny po terapii laserowej; W kolumnach: Długość wektorów przemieszczenia; Składowe dx i dy wektorów przemieszczenia; Kontury oraz wektory przemieszczenia otrzymane w wyniku segmentacji i dopasowania obrazów oraz linia główna elipsy (opis w tekście), (aut. [109])

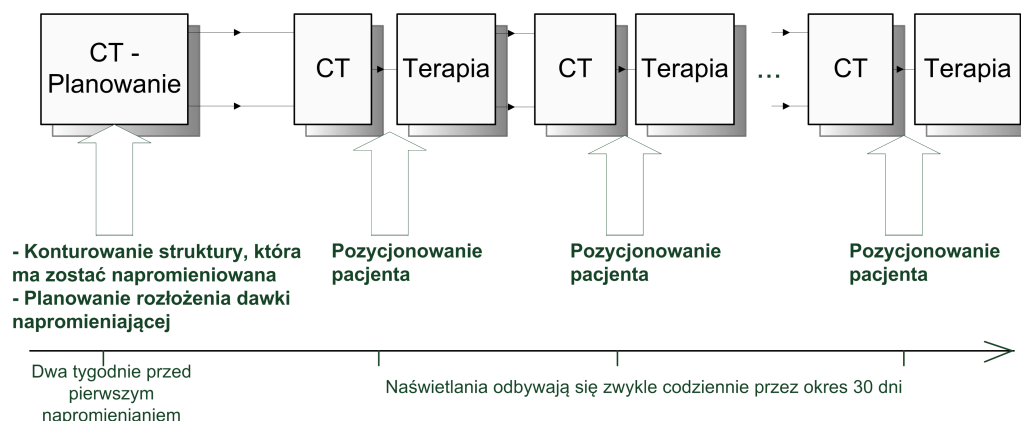
Rozdział 6

Automatyczne śledzenie implantowanych znaczników w projekcjach pochodzących z CBCT

W niniejszym rozdziale przedstawiano opracowany (wspólnie z B. Matuszewskim) przez autora algorytm automatycznego śledzenia implantowanych złotych znaczników w projekcjach pochodzących z CBCT (ang. *Cone-Beam CT*)[72]. Zamieszczono ocenę skuteczności śledzenia zaproponowaną metodą wraz z wynikami działania na projekcjach wykonanych dla fantomu oraz pacjenta z nowotworem trzustki. Proces śledzenia znaczników może być interpretowany jako zadanie segmentacji, polegające na podziale każdej projekcji na punkty reprezentujące środki znaczników oraz tło. Dodatkowo stawiane są wymagania odnośnie przynależności środków do konkretnych znaczników. Innymi słowy, proponowana metoda musi rozróżniać markery między sobą, tak aby możliwe było określenie położenia konkretnego znacznika na każdej projekcji.

6.1 Wprowadzenie

Jedną z metod walki ze zmianami nowotworowymi jest radioterapia. Wykorzystuje ona brak odporności tkanki nowotworowej na promieniowanie. Typową procedurę radioterapeutyczną w przypadku nowotworu gruczołu



Rysunek 6.1: Schmat blokowy przykładowego procesu radioterapeutycznego; Opis w tekście

krokowego przedstawiono na rysunku 6.1. Przed planowanym rozpoczęciem radioterapii, pacjentowi wykonuje się tomografię komputerową, której wyniki wykorzystuje się do zaplanowania procesu leczniczego. Na otrzymanych przekrojach tomograficznych lekarz dokonuje obrysu obszaru tkanek, który powinien otrzymać zalecaną dawkę terapeutyczną napromieniania. Obszar ten nosi nazwę objętości tarczowej. Obejmuje strukturę anatomiczną, w której znajduje się zmiana nowotworowa, regionalne węzły chłonne w przypadku znacznego zaawansowania zmian oraz margines zdrowych tkanek. Konieczność dodania marginesu do tkanek, które powinny otrzymać dawkę terapeutyczną wynika z ruchomości gruczołu krokowego oraz niepewności realizowanego leczenia - napromieniana jest większa objętość, aby tkanki objęte chorobą nowotworową otrzymały odpowiednią dawkę terapeutyczną. Na podstawie danych tomograficznych fizycy medyczni przygotowują plan leczenia oraz obliczają rozkład dawki. Z jednej strony, zespół przygotowujący leczenie dąży do zdefiniowania takiego układu wiązek terapeutycznych, aby wysoka dawka trafiła w zmianę nowotworową, minimalizując jednocześnie ilość dawki dostarczonej do tkanek zdrowych. Z drugiej strony, minimalizacja obszaru wokół zmiany nowotworowej może prowadzić do sytuacji, gdy nie wszystkie komórki nowotworowe zostaną napromienione [83]. Wykorzystuje się tu również fakt, iż tkanki zdrowe po napromienianiu odbudowują się szybciej niż komórki rakowe, jednakże napromienianie zdrowych tkanek dużą dawką terapeutyczną może prowadzić do uszkodzenia narządów, w skład których one wchodzi. Ze względu na to, proces napromieniania przeprowadzany jest sekwencyjnie, w odstępach zwykle jednodniowych przez okres kilku tygodni.

Zmniejszenie marginesu zdrowych tkanek można osiągnąć poprzez monitorowanie położenia zmiany nowotworowej w trakcie leczenia. Należy tutaj podkreślić, iż struktury anatomiczne zmieniają swoją objętość (np. pęcherz moczowy), położenie (np. prostata). Najczęściej stosuje się jedno z dwóch podejść. Pierwsze podejście polega na wykonaniu weryfikacyjnego badania tomograficznego (w celu określenia aktualnego położenia zmiany nowotworowej) na pacjencie ułożonym w pozycji terapeutycznej z wykorzystaniem systemu laserowego. Konieczne jest określenie aktualnej pozycji, względem zewnętrznego układu współrzędnych, struktury anatomicznej, która ma być napromieniana. W tym celu wykonywane jest ręczne lub półautomatyczne dopasowanie weryfikacyjnych obrazów tomograficznych otrzymanych przed naświetlaniem, z obrazami CT z etapu planowania. Otrzymane wyniki umożliwiają zmianę położenia pacjenta, w taki sposób aby odtworzyć przygotowany przed leczeniem plan terapeutyczny [83].

Jak już wspomniano, dopasowanie może być wykonane ręcznie przez fizyka medycznego lub przy wykorzystaniu algorytmów dopasowywania obrazów. Ze względu na ograniczony czas pomiędzy tomografią weryfikacyjną, a terapią zastosowanie algorytmów dopasowania ogranicza się do stosowania transformacji afinicznej lub dopasowania sztywnego [83]. Takie podejście nie uwzględnia deformacji ani przemieszczeń struktur anatomicznych pomiędzy badaniami tomograficznymi. Obecnie trwają intensywne prace nad uwzględnieniem lokalnych deformacji struktur w procesie radioterapeutycznym (np. [127, 71, 107, 99, 84, 76]). Ze względu na czas obliczeń algorytmów wyznaczających deformacje tkanek miękkich konieczna jest zmiana procedury radioterapeutycznej. Algorytm dopasowania powinien uwzględniać rodzaj oraz sposób deformacji lub ich brak (np. kości) poszczególnych struktur anatomicznych tak aby jak najwierniej odwzorować rzeczywiste przemieszczenia.

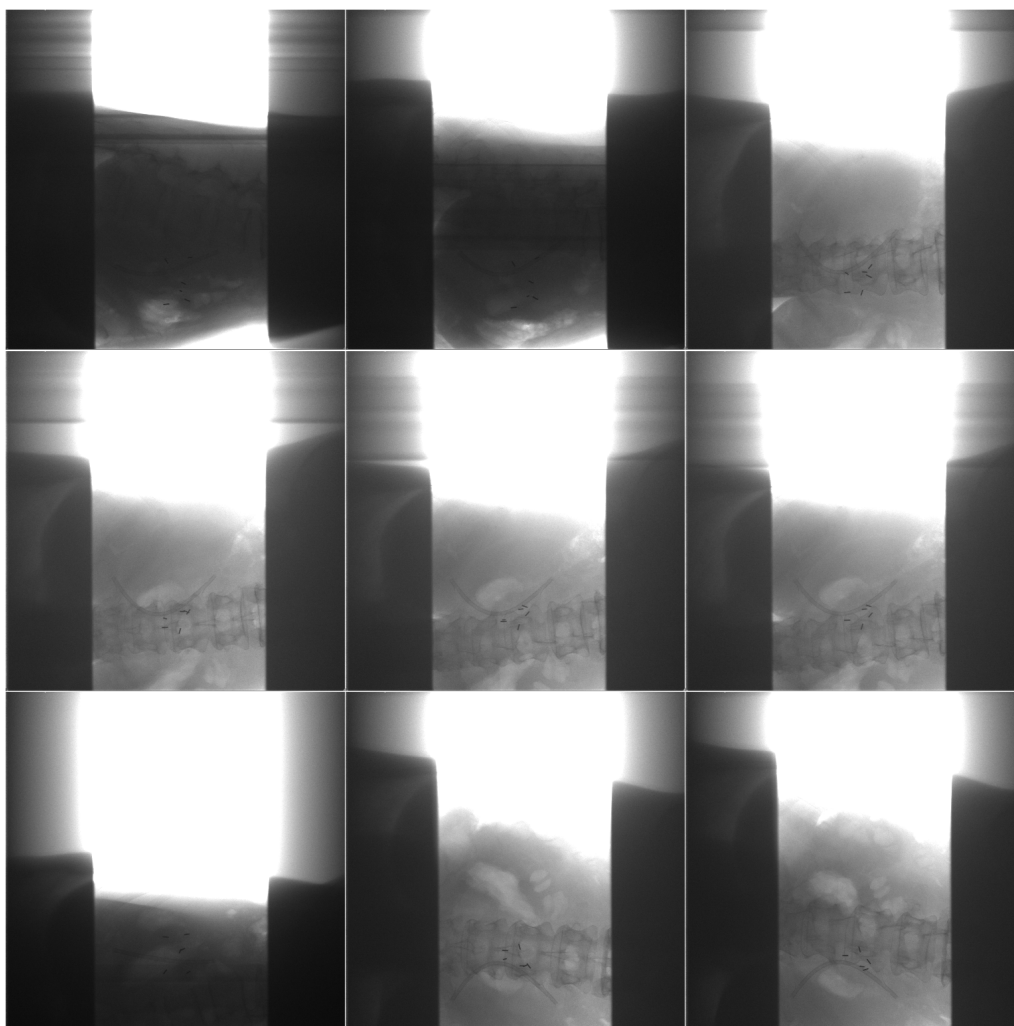
Drugim podejściem jest śledzenie w trakcie napromieniania złotych znaczników (zwykle cylindryczne o wymiarach: 1.5-2 mm na 0.8 mm na 3mm [121]) wszczepionych w guza lub okolice. Śledzenie przeprowadzane jest na obrazach pochodzących z fluoroskopii lub z CBCT, co umożliwia pomiar i uwzględnienie ruchu zmiany nowotworowej [101, 85, 56, 69]. Istnieją również rozwiązania sprzętowe takie jak systemy RTRT (ang. *Real-time Tumor-tracking Radiation Therapy*) [100] i IRIS (ang. *Integrated Radiotherapy Imaging System*) [4]. Do estymacji pozycji markera w przestrzeni 3D systemy te wykorzystują dwa urządzenia obrazujące, oparte na promieniowaniu X. System RTRT śledzi pojedynczy marker przy wykorzystaniu prostego al-

gorytmu bazującego na dopasowywaniu wzorców (ang. *template matching*) [72].

Istnieją również rozwiązania nie wymagające dodatkowego napromieniania, wykorzystujące na przykład markery elektromagnetyczne (np. [132]) lub próbujące integrować MRI z zewnętrznym urządzeniem dostarczającym dawkę terapeutyczną (np. [88]). Jednakże, w praktyce klinicznej dominują rozwiązania wykorzystujące tomografy kV zintegrowane z MV urządzeniem terapeutycznym.

6.2 Problemy związane z śledzeniem złotych znaczników w projekcjach CBCT

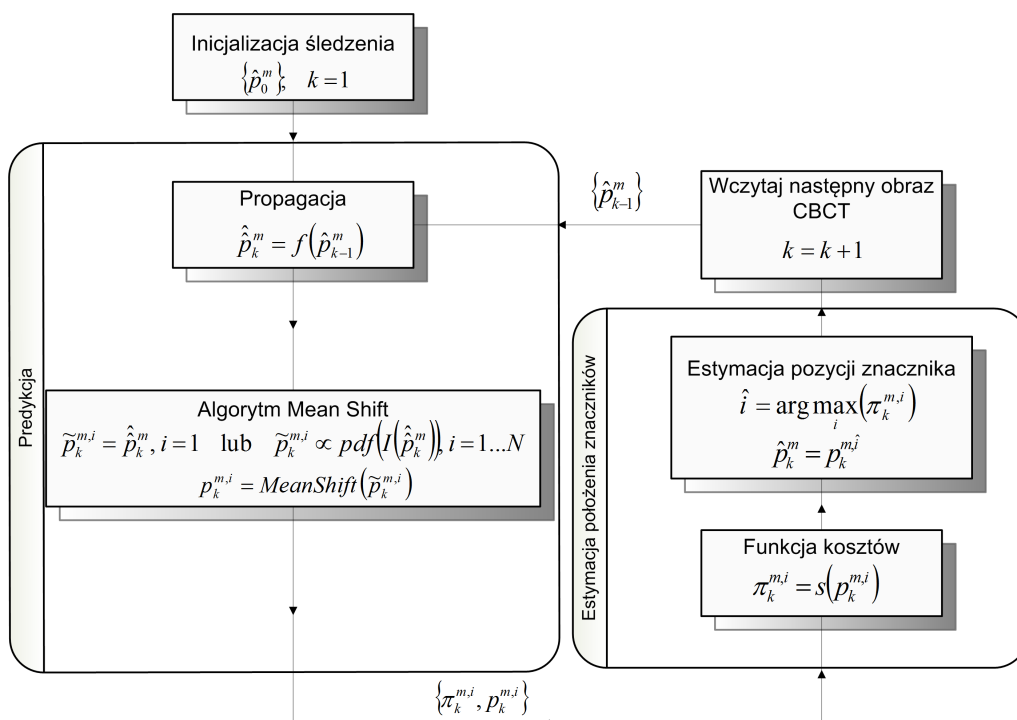
Śledzenie znaczników w projekcjach CBCT (patrz: str. 14) nie jest zadaniem trywialnym. Z jednej strony obrazy CBCT charakteryzują się występowaniem rozmycia oraz artefaktami powstałymi w wyniku ruchu pacjenta podczas badania (np. powstałych w wyniku oddychania). Zważywszy na ograniczoną prędkość obrotu ramienia urządzenia obrazującego, czas akwizycji wynosi 1-2 minuty [73, 111, 15]. Częściową redukcję problemu uzyskuje się na przykład poprzez wstrzymanie przez pacjenta oddechu podczas badania. Z drugiej strony, liczba markerów widoczna na obrazach może się zmieniać. Możliwe jest przemieszczenie markera poza obszar obrazowany. Znacznik może przestać być widoczny w sytuacji, gdy jego pozycja na obrazie pokrywa się ze strukturą posiadającą taką samą lub większą wartość intensywności w obrazie CBCT. Markery mogą zmieniać kształt i rozmiar dla różnych kątów projekcji. Znaczniki mogą nachodzić na siebie lub wręcz się pokrywać. Co więcej, różnica w położeniu pomiędzy dwoma kolejnymi projekcjami zwykle nie jest taka sama ze względu na ewentualny ruch pacjenta, proces oddychania czy ruch czujnika rejestrującego [72]. Przykładowe projekcje z widocznymi znacznikami przedstawiono na rysunku 6.2. Pewne struktury anatomiczne, takie jak kości, znacząco utrudniają proces śledzenia znaczników. Można również zaobserwować różnice w poziomie intensywności oraz kontrastu w zależności od kąta obrotu. W rozdziale 6.3 zaproponowano algorytm śledzenia złotych markerów w danych CBCT. Proponowana metoda bazuje na wykorzystaniu zmodyfikowanego algorytmu *mean shift*, losowym wyborze punktów startowych algorytmu oraz funkcji wagowej, służącej do podejmowania decyzji o położeniu markerów.



Rysunek 6.2: Przykładowe projekcje CBCT zarejestrowane dla różnych kątów projekcji

6.3 Algorytm śledzenia złotych znaczników w danych CBCT

Proponowana metoda śledzenia znaczników w projekcjach pochodzących z CBCT bazuje na połączeniu dwóch znanych algorytmów, wykorzystujących różne podejście do optymalizacji funkcji kosztów zdefiniowanej dla potrzeb śledzenia markerów z wiedzą *a priori* na temat przemieszczeń znaczników [72]. Pierwsza z nich, metoda *mean shift* [14, 18] wykorzystuje deterministyczne podejście do procesu optymalizacji, natomiast druga bazuje



Rysunek 6.3: Schemat blokowy proponowanej metody śledzenia znaczników w danych CBCT, (aut. [72])

na podejściu stochastycznym, wykorzystywanym w metodologii filtrów cząsteczkowych (*sequential Monte Carlo, particle filtering*) (np. [27, 89]).

6.3.1 Zarys proponowanej metody śledzenia markerów

Proponowana metoda została przedstawiona na rysunku 6.3. W pierwszym etapie użytkownik wskazuje na jednej projekcji położenie M znaczników \hat{p}_0^m ; $m = 1 \dots M$, które mają być śledzone. Zwykle wskazania dokonuje się na pierwszym obrazie z serii projekcji. Pozycja z poprzedniej ramki jest wykorzystywana w dwóch następujących po sobie etapach: predykcji oraz estymacji położenia znaczników. W etapie predykcji, prawdopodobne położenia znaczników w następnej ramce $p_{k+1}^{m,i}$ w obrazie są wyznaczone na podstawie estymaty położenia w ramce bieżącej \hat{p}_k^m . Proces predykcji w tej metodzie może być rozumiany jako dynamiczny model przemieszczeń znaczników, składający się z deterministycznego modelu propagacji oraz stochastycznego rozrzutu (związanego z wartościami intensywności w obrazach) z korekcją przeprowadzaną przy pomocy algorytmu *mean shift* [72]. Następnie w etapie estymacji położenia markerów, dla każdego z N potencjalnych

położenia m -tego markera konstruowana jest funkcja kosztów/punków $\pi_k^{m,i}$. Ostatecznie, jako wynik estymacji wybierana jest pozycja, dla której funkcja przyjmuje największą wartość. Proces jest powtarzany dla kolejnych projekcji w danych CBCT [72]. W celu poprawy jakości obrazów w ramach przetwarzania wstępnego zaproponowano następujące kroki:

- logarytmiczną transformację wartości intensywności,
- korekcję intensywności gamma,
- filtrację filtrem Wienera,
- wyznaczenie gradientu, na którym poszukiwane są pozycje znaczników.

Przedstawiona procedura redukuje wpływ elementów niepożądanych oraz uwypukla w obrazach piksele reprezentujące znaczniki.

6.3.2 Przemieszczenia znaczników w projekcjach CBCT

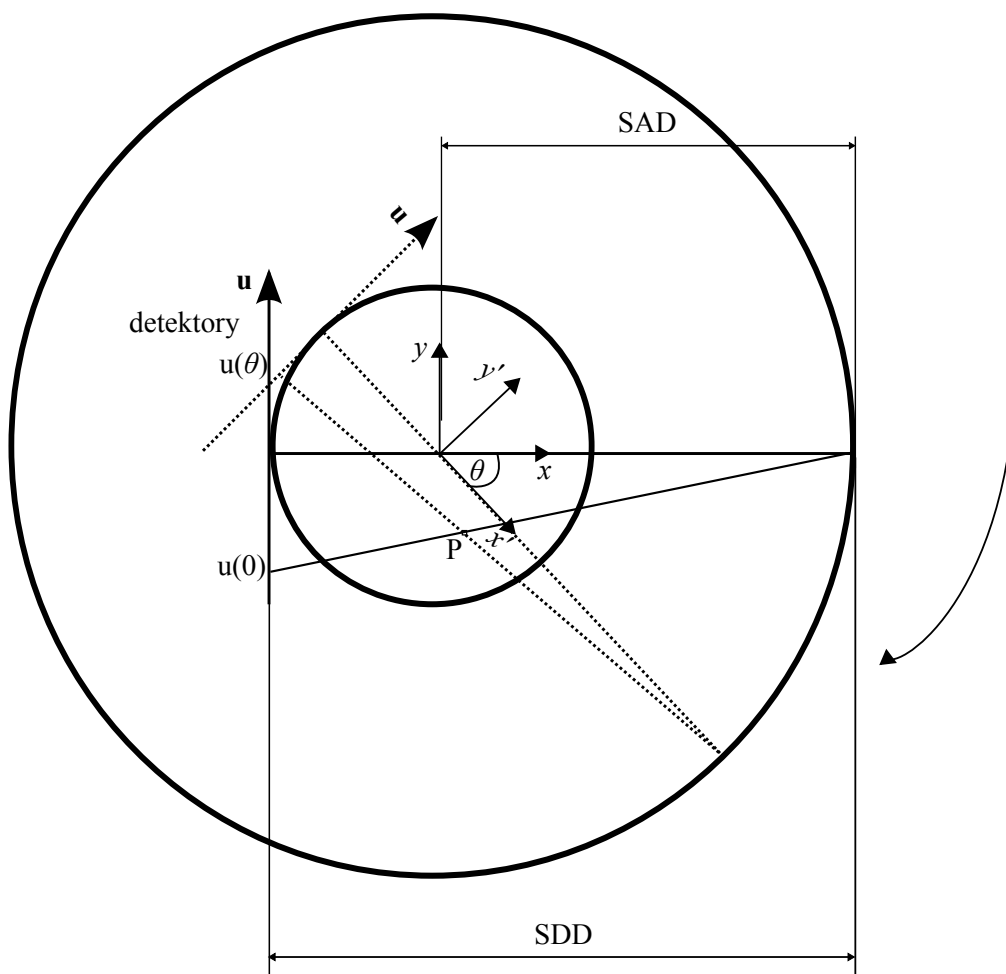
Analizowane projekcje pochodzą z tomografu CB Elektra Synergy (XVI 3.5, Elektra, Crawley, Wielka Brytania). System jest wyposażony w kV źródło obrazowania umocowane na obrotowym ramieniu. Umieszczone jest prostopadle do MV urządzenia terapeutycznego. Akwizycja projekcji dokonywana jest dla 360 stopni obrotu z częstotliwością 5.5 Hz. Pełen obrót dostarcza 640 ramek o rozmiarze 512 na 512 pikseli (rozmiar piksela $s=0.8$ mm).

Pozycja znacznika w projekcjach jest funkcją położenia znacznika w przestrzeni 3D oraz kąta obrotu θ systemu [69] (patrz: rys. 6.4):

$$u(\theta) = \frac{SDD}{s} \cdot \frac{\sin(\theta)x + \cos(\theta)y}{SAD - (\cos(\theta)x - \sin(\theta)y)} + o_u \quad (6.1)$$

$$v(\theta) = \frac{SDD}{s} \cdot \frac{z}{SAD - (\cos(\theta)x - \sin(\theta)y)} + o_v \quad (6.2)$$

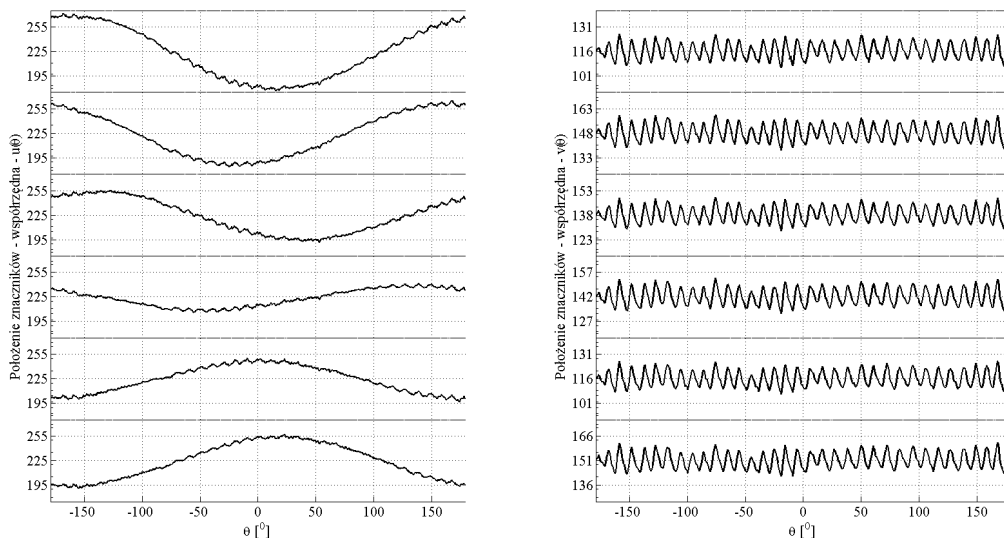
gdzie $u(\theta)$ i $v(\theta)$ są współrzędnymi markera w obrazie zarejestrowanym dla kąta obrotu θ bramy, (x, y, z) - współrzędnymi znaczników w przestrzeni 3D, o_u oraz o_v reprezentują położenie początku układu współrzędnych. SDD oraz SAD są odległościami źródła odpowiednio od detektora i osi obrotu bramy. Oś obrotu pokrywa się z osią z w układzie odniesienia i jest równoległa do osi v detektorów (patrz: rys. 6.4). Analizowane dane zostały zarejestrowane w systemie, w którym $SDD=1536$ mm i $SAD=1000$ mm.



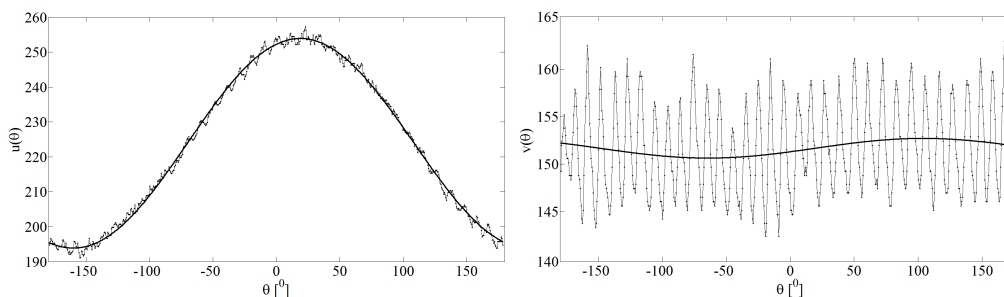
Rysunek 6.4: Geometria systemu CBCT [69]

Przemieszczenia znaczników w obrazach spowodowane są głównie przez obrót bramy oraz proces oddychania pacjenta [72].

Na rysunku 6.5 przedstawiono położenie sześciu znaczników w projekcjach w funkcji kąta obrotu ramienia. Położenie zostało wyznaczone przez 3 ekspertów. Jako położenie markera na obrazie przyjęto współrzędne jego środka. Współrzędne zostały obliczone jako średnia arytmetyczna wskazań. Dwie osoby wskazywały punkty środkowe, natomiast trzecia - punkty początkowe i końcowe każdego znacznika w obrazach. Drugie podejście wykazywało większą stabilność wyników, jednakże kosztem czasu poświęcanego na wyznaczanie punktów. Jedną z przyczyn tego stanu jest fakt, iż łatwiej jest zdefiniować i wskazać punkty początkowe oraz końcowe w porównaniu z punktem środkowym. Wartości średnie wskazań zostały przedstawione na rysunku 6.6. Jak się można było spodziewać, przemieszczenie w zależno-



Rysunek 6.5: Współrzędne u , v , 6 znaczników w funkcji θ - położenie wyznaczone ręcznie; opis w tekście (aut. [72])



Rysunek 6.6: Trajektorie $u_1(\theta)$ oraz $v_1(\theta)$ - linie ciągłe, współrzędne środka znacznika dla różnych kątów θ

ści od osi ma inny charakter. W celu separacji składowych przemieszczeń, spowodowanych zmianą położenia znaczników w obrazach tylko ze względu na obrót ramienia, można wykorzystać aproksymację funkcjami (6.1), (6.2) pozycji znaczników (u_k^m, v_k^m) w projekcjach CBCT, gdzie k jest numerem ramki, a m numerem znacznika.

Do optymalizacji nieliniowego funkcjonału najmniejszych kwadratów zaproponowano dopasowanie funkcji przy wykorzystaniu metody Levenberga - Marquarta. Estymację parametrów przeprowadzono dla wszystkich markerów. Przykładowe wyniki dla jednego znacznika przedstawiono na rysunku 6.6.

Można zauważyć, iż ruch w obu kierunkach jest różny. W przypadku współrzędnej $u(\theta)$ dominuje przemieszczenie spowodowane obrotem ramienia, natomiast w dla $v(\theta)$ główny udział ma proces oddychania, co można wywnioskować na podstawie oscylacji o średnim okresie równym $3s^*$ [72]. Maksymalny błąd dopasowania modelu (6.1) nie przekracza 4 pikseli. Nie wielki udział rotacji ramienia w przemieszczeniach znaczników wzdłuż osi v wynika z geometrycznych zależności w układzie (rys. 6.4), [72].

6.3.3 Estymacja położenia markerów na podstawie wiedzy *a priori*

Estymacja położenia znaczników w proponowanej metodzie przebiega dwuetapowo. W pierwszym etapie wyznaczane są prawdopodobne lokalizacje markerów, natomiast w drugim - następuje korekcja przy wykorzystaniu algorytmu *mean shift*. Zastosowanie algorytmu *mean shift* poprawia dokładność estymacji poprzez poszukiwanie w okolicach estymat wzoru intensywności odpowiadającym przestrzennemu rozkładowi intensywności charakterystycznemu dla poszczególnych znaczników. Najprostszym i prawdopodobnie najczęściej stosowanym podejściem jest przyjęcie pozycji początkowej dla k -tego obrazu finalnej pozycji z obrazu $(k-1)$: $\hat{u}_k = \hat{u}_{k-1}^m$, $\hat{v}_k = \hat{v}_{k-1}^m$. W proponowanej metodzie pozycja początkowa służy do wyznaczenia punktów - kandydatów, które są punktami początkowymi w algorytmie *mean shift*.

Kandydaci są typowani w sposób losowy w oknie, którego środkiem jest pozycja początkowa o współrzędnych $(\hat{u}_k^m, \hat{v}_k^m)$. Prawdopodobieństwo wybrania określonego punktu w oknie zależy od wartości intensywności przypisanej do danego punktu. Takie podejście powoduje, iż częściej losowane są punkty posiadające dużą wartość intensywności, co jest cechą charakterystyczną pikseli reprezentujących znaczniki w obrazie. Gwarantuje to, że duża część wylosowanych pikseli będzie należeć do znaczników lub będzie w bardzo bliskim sąsiedztwie. Oczywiście, negatywnym skutkiem jest zwiększenie czasu potrzebnego na wykonanie obliczeń, ale z drugiej strony zwiększa skuteczność proponowanej metody. Wrasta również szansa uniknięcia sytuacji, w której algorytm zamiast markera wskaże element niepożądany (np. stent[†], kości).

*Fizjologicznie człowiek oddycha z częstotliwością 12-20 oddechów na minutę.

[†]stent - specjalna elastyczna rurka, posiadająca najczęściej strukturę siateczki, stosowana w kardiologii interwencyjnej w celu udrożnienia naczyń krwionośnych; Na obrazie CBCT posiada podobne wartości intensywności jak złote znaczniki

Omówione powyżej aspekty zwiększają skuteczność działania algorytmu pod warunkiem, iż okno, w którym losowane są prawdopodobne lokalizacje znajduje się blisko poszukiwanego znacznika. Z tego też powodu do wyznaczenia współrzędnych (\hat{u}_k, \hat{v}_k) zaproponowano wykorzystanie wiedzy *a priori* na temat ruchu ramienia CBCT (patrz: rozdział 6.3.2). Ruch znaczników wzdłuż osi u jest mocno skorelowany z kątem obrotu ramienia θ . Dzięki temu możliwa jest modyfikacja predykcji położenia markera, czyli środka okna poszukiwań poprzez przyjęcie jako współrzędnej:

$$\hat{u}_k^m = \hat{u}^m(\theta), \quad (6.3)$$

wyniku aproksymacji położenia znacznika m dla kąta θ_k , odpowiadającemu k ramce z ostatecznych wyników $\hat{p}_{1\dots k-1}^m$ estymacji. Ponieważ aproksymacja dokonywana jest na częściowych danych, konieczne jest określenie minimalnej liczby ramek, dla których wyznaczono pozycje markerów aby, dopasowane krzywe odpowiadały rzeczywistym przemieszczeniom markerów. W badaniach eksperymentalnych ustalono, iż estymacja jest akceptowalna pod warunkiem dostępności 15 lub więcej pozycji znacznika w poprzednich ramkach. Symbol $\hat{u}^m(\theta)$ oznacza aproksymację $u^m(\theta)$ (patrz: rozdział 6.3.2) [72].

Niestety, jak można zobaczyć na rysunku 6.6, współrzędna v położenia markerów nie jest znacząco powiązana z ruchem bramy CBCT. Skutkiem to barakiem możliwości zastosowania analogicznego postępowania jak w przypadku współrzędnej u . Z drugiej strony można wykorzystać fakt, iż markery zazwyczaj umieszczane są w zmianie nowotworowej, więc ich ruch będzie związany z przemieszczeniem guza, a w konsekwencji pozostałych markerów. Jak można zaobserwować na rysunku 6.5, przemieszczenie pomiędzy ramkami dla wszystkich markerów jest bardzo zbliżone. Pozwala to wyznaczyć współrzędną v położenia markerów jako:

$$v_k^m = v_{k-1}^m + \Delta v_{k-1}^m \quad (6.4)$$

gdzie $\Delta v_{k-1}^m = v_k^m - v_{k-1}^m$. Poprawność działania proponowanego rozwiązania jest bardzo mocno związana z dokładnością estymacji Δv_{k-1}^m . Przemieszczenie $\Delta v_{k-1}^{\{N\}^m}$ w k obrazie jest wyznaczone jako średnia arytmetyczna przemieszczeń pozostałych zakwalifikowanych znaczników:

$$\Delta v_{k-1}^{\{N\}^m} = \frac{1}{\text{card}\{N\}} \sum_{j \in N, m \notin N} (\hat{v}_k^j - \hat{v}_{k-1}^j) \quad (6.5)$$

gdzie card jest licznością zbioru, $\{N\}$ - zbiorem zakwalifikowanych markerów. Kwalifikacja znaczników wykorzystywanych w danej ramce do estymacji przemieszczenia polega na sprawdzeniu odległości znaczników względem

siebie oraz obecności elementów niepożądanych. Kontrola odległości jest konieczna ze względu na możliwość zbieżności algorytmu *mean shift* do innego markera. Taka sytuacja jest możliwa, jeżeli kąty nachylenia markerów względem układu współrzędnych w obrazie są bardzo zbliżone. Proponowana metoda wyznaczania środka okna poszukiwań przy wykorzystaniu 6.3 i 6.4 nie zawsze jest możliwa do zastosowania lub pożądana. W przypadku zależności 6.3, jak już zostało wspomniane, konieczne jest zgromadzenie odpowiednio licznego zbioru zawierającego współrzędną u dla poprzednich ramek. W przypadku stosowania procedury 6.3, każda nowa pozycja jest dołączana do zbioru i przeprowadzana ponowna estymacja parametrów funkcji $\hat{u}^m(\theta)$ [72]. Podsumowując, proces wyboru środka okna (wstępnej estymaty położenia markera w ramce $\hat{p}_k^m = (\hat{u}_k^m, \hat{v}_k^m)$) można przedstawić w postaci następujących zależności:

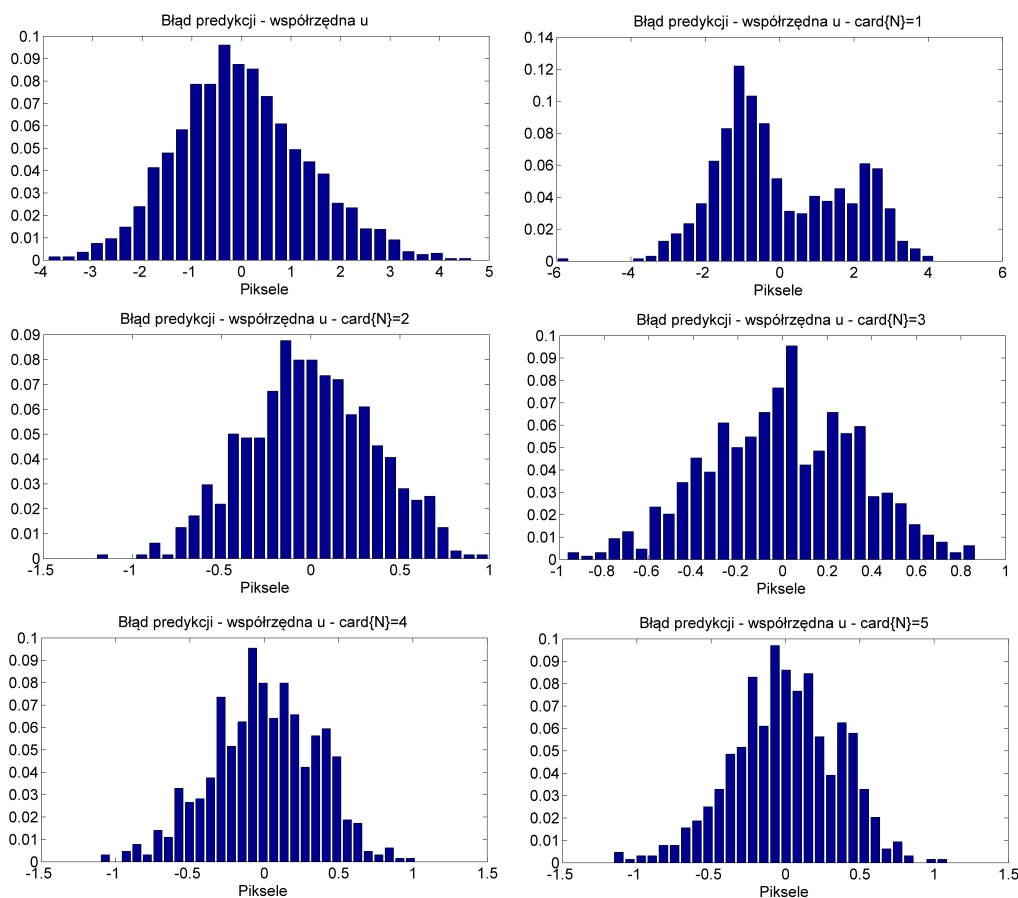
$$\hat{u}_k^m = \begin{cases} \hat{u}_{k-1}^m & \text{jeżeli znacznik znajduje się dostatecznie daleko} \\ & \text{od pozostałych lub } u^m(\theta_k) \text{ nie może być} \\ & \text{wykorzystane.} \\ u^m(\theta_k) & \text{w pozostałych przypadkach.} \end{cases} \quad (6.6)$$

$$\hat{v}_k^m = \begin{cases} \hat{v}_{k-1}^m & \text{jeżeli znacznik znajduje się dostatecznie} \\ & \text{daleko od pozostałych lub } \Delta v_{k-1}^{\{N\} \setminus m} \\ & \text{nie może być wyznaczone.} \\ \hat{v}_{k-1}^m + \Delta v_{k-1}^{\{N\} \setminus m} & \text{w pozostałych przypadkach.} \end{cases} \quad (6.7)$$

Na rysunku 6.7 przedstawiono błąd predykcji położenia znaczników. Można zauważyć, iż proponowana metoda, w przypadku pozycji wskazywanych ręcznie, wskazuje środek okna poszukiwań w odległości nie większej niż 5 pikseli (4 mm) dla składowej u .

6.3.4 Wyznaczanie położenia znaczników przy użyciu algorytmu *mean shift*

Propagacja przy wykorzystaniu wiedzy *a priori* na temat ruchu markerów w obrazie wskazuje tylko położenie początkowe środka okna poszukiwań rozwiązania. Należy tutaj podkreślić, iż w metodzie wyznaczania położenia okna zaprezentowanym w rozdziale 6.3.3 nie wykorzystano żadnej informacji pochodzącej z obrazów np. na temat wartości intensywności pikseli, tekstury itd. Z tego też powodu, zaproponowano wykorzystanie metody *mean shift* [19] pozwalającej wykorzystać tę informację. Ideę działania algorytmu przedstawiono na rysunku 6.8. Metoda w iteracyjnym procesie



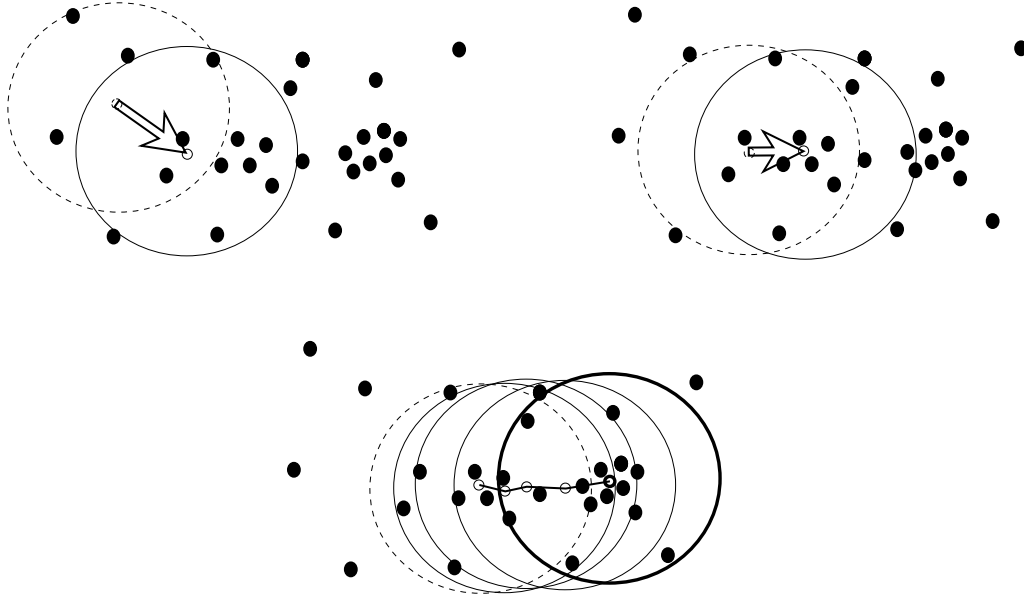
Rysunek 6.7: Błąd predykcji dla znaczników wskazywanych ręcznie; Pierwszy wiersz, pierwsza kolumna: unormowany histogram dla składowej u (odległość środka znacznika od modelu); Pozostałe: unormowane histogramy błędu predykcji $\Delta v_k^m - \Delta v_k^{\{N\} \setminus m}$ dla różnej liczby znaczników używanych do predykcji $card\{N\} = 1 \dots 5$, (aut. [72])

wyznaczają lokalne maksimum. W oknie początkowym wyznaczany jest centroid. Współrzędne centroidu wskazują położenie okna w następnej iteracji. Wektor wskazujący przemieszczenie środka okna pomiędzy iteracjami nosi nazwę *mean shift*. Proces jest powtarzany, aż do osiągnięcia zbieżności (patrz: rys. 6.8).

Nowa pozycja jest wyznaczana z następującego równania:

$$p_{j+1} = p_j + m_j^{C_m} \quad (6.8)$$

gdzie $m_j^{C_m}$ jest wektorem przemieszczenia (*mean shift*) wyznaczonego przy użyciu dwumiarowego jądra Gaussa g_{C_m} z σ_g reprezentującą adaptacyjny współczynnik skalujący oraz $w(p_n)$ będącym wartością intensywności pikse-



Rysunek 6.8: Idea działania metody *mean shift* [114]; linia przerywana - okno początkowe, linia ciągła - wyznaczone okno, strzałka - przemieszczenie środka okna (*mean shift*). Opis w tekście

ła o współrzędnych p_n . Zależność opisującą wektor przemieszczenia można przedstawić w postaci:

$$m_j^{C_m} = \frac{\sum_{n=1}^L p(n)w(p_n)g_{C_m}(p_n - p_j)}{\sum_{n=1}^L w(p_n)g_{C_m}(p_n - p_j)} - p_j, \quad (6.9)$$

$$g_{C_m}(p) = \frac{1}{2\pi\sqrt{|\sigma_g C_m|}} e^{-\frac{1}{2}p^T(\sigma_g C_m)^{-1}p}. \quad (6.10)$$

Rozmiar poszukiwanych znaczników (długość, szerokość) oraz orientacja w przestrzeni jest reprezentowany w macierzy kowariancji C_m . Parametry te są aktualizowane dla każdego markera w projekcji, który jest dostatecznie daleko od pozostałych. Zapobiega to sytuacji, w której długość, szerokość i orientacja znaczników byłaby wyznaczana z dwóch lub większej ilości markerów znajdujących się bardzo blisko siebie. Dodatkowo ze względu na znajomość rzeczywistych rozmiarów znaczników sprawdzane są estymowane wymiary markerów w obrazach. Jeżeli wyznaczone parametry są większe od maksymalnych wymiarów jakie marker może osiągnąć w projekcji, parametry nie są aktualizowane. Wyznaczanie parametrów znaczników w obrazie przeprowadza się przy wykorzystaniu momentów geometrycznych metodą zaproponowaną w [7]:

- orientacja znacznika

$$\alpha^m = \frac{\arctg\left(\frac{b}{a-c}\right)}{2}, \quad (6.11)$$

- długość znacznika

$$l^m = \sqrt{\frac{(a+c) + \sqrt{b^2 + (a-c)^2}}{2}}, \quad (6.12)$$

- szerokość znacznika

$$w^m = \sqrt{\frac{(a+c) - \sqrt{b^2 + (a-c)^2}}{2}} \quad (6.13)$$

gdzie:

$$a = \frac{M_{20}^m}{M_{00}^m} - (u_c^m)^2, \quad (6.14)$$

$$b = 2 \left(\frac{M_{11}^m}{M_{00}^m} - u_c^m v_c^m \right), \quad (6.15)$$

$$c = \frac{M_{02}^m}{M_{00}^m} - (v_c^m)^2. \quad (6.16)$$

$M_{00}^m, M_{10}^m, M_{01}^m, M_{11}^m, M_{20}^m, M_{02}^m$, są momentami obszarowymi rzędu odpowiednio zerowego, pierwszego i drugiego wyznaczonymi dla m – tego markera w k – tej projekcji zdefiniowanymi jako:

$$M_{00}^m = \sum_u \sum_v I(u, v), \quad (6.17)$$

$$M_{10}^m = \sum_u \sum_v u I(u, v), \quad (6.18)$$

$$M_{11}^m = \sum_u \sum_v uv I(u, v), \quad (6.19)$$

$$M_{20}^m = \sum_u \sum_v u^2 I(u, v), \quad (6.20)$$

$$M_{02}^m = \sum_u \sum_v v^2 I(u, v), \quad (6.21)$$

pozwalającymi również wyznaczyć współrzędne centroidu:

$$u_c^m = \frac{M_{10}^m}{M_{00}^m}, \quad (6.22)$$

$$v_c^m = \frac{M_{01}^m}{M_{00}^m}. \quad (6.23)$$

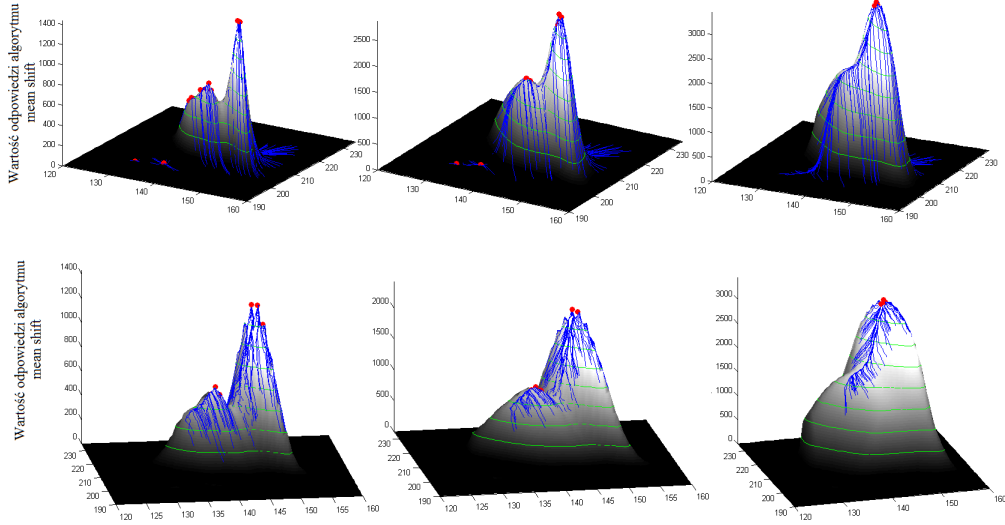
Jak już zostało wspomniane, w sytuacji gdy znaczniki znajdują się blisko siebie uruchamiana jest procedura generowania dodatkowych punktów startowych dla algorytmu *mean shift*. Metoda ta zapewnia jedynie zbieżność do lokalnych maksimów występujących w obrazie. Ze względu na kształt jądra w algorytmie (niesymetryczna funkcja 2D Gaussa), które odpowiada wymiarom i kształtowi znaczników, algorytm jako rozwiązanie powinien wskazywać środek poszukiwanego znacznika. Punkty początkowe są wskazywane z prawdopodobieństwem odpowiadającym wartości intensywności pikseli w obrazie. Z otrzymanych wyników wybierana jest jedna najbardziej prawdopodobna lokalizacja zgodnie z procedurą zaproponowaną w rozdziale 6.3.5. Na rysunku 6.9 przedstawiono wynik działania metody *mean shift* dla fragmentu obrazu, na którym znajdowały się dwa poszukiwane znaczniki częściowo nachodzące na siebie, dla różnych punktów startowych. Punkty startowe były wybierane w sposób losowy z jednakowym prawdopodobieństwem (pierwszy wiersz) oraz prawdopodobieństwem zależnym od wartości intensywności pikseli w obrazie. Przedstawiono również wpływ współczynnika σ_g na otrzymywane rezultaty. Można zaobserwować, iż dla małych wartości parametru algorytm jest zbieżny do kilku maksimów lokalnych z czego 2 reprezentują środki poszukiwanych znaczników. Z tego też powodu, w sytuacji gdy poszukiwane markery znajdują się blisko siebie, zaleca się zmniejszenie wartości σ_g .

6.3.5 Wyznaczanie ostatecznej lokalizacji znaczników przy wykorzystaniu funkcji kosztów/punktów

W wyniku predykcji (patrz: 6.3), opisanej w poprzednich rozdziałach, algorytm dostarcza od jednej do kilkunastu hipotez na temat położenia znacznika w projekcji. Liczba hipotez jest ściśle powiązana z lokalnymi właściwościami analizowanego obrazu takimi jak: bliskość pozostałych znaczników, ich nakładanie lub krzyżowanie, zakłócenia oraz występujące struktury anatomiczne o dużej gęstości. Z tego też powodu zaproponowano zastosowanie funkcji kosztów/punktów $s(p_k^{m,i})$ (6.24), pozwalających wybrać hipotezę najbardziej prawdopodobną. Dodatkowo, dobór składników funkcji pozwala przywrócić śledzenie w sytuacji gdy, algorytm się zgubi.

$$s(p_k^{m,i}) = \lambda_{Ms} s_{Ms}(p_k^{m,i}) + \lambda_{Mu} s_{Mu}(p_k^{m,i}) + \lambda_{Mv} s_{Mv}(p_k^{m,i}) + \lambda_{Ds} s_{Ds}(p_k^{m,i}) \quad (6.24)$$

Dla każdej hipotezy wyliczana jest funkcja 6.24, w skład której wchodzi 4 składowe odpowiedzialne za:



Rysunek 6.9: Przykład działania algorytmu *mean shift* dla różnych punktów początkowych; Wynik działania algorytmu dla punktów początkowych wybieranych: (w pierwszym wierszu) z jednakowym prawdopodobieństwem, (w drugim wierszu) z prawdopodobieństwem zależnym od wartości intensywności pikseli; W kolumnach od lewej wzrastająca wartość parametru σ_g ; Czerwone kropki: wynik działania algorytmu; Niebieskie linie reprezentują $m_j^{C^m}$ w kolejnych iteracjach

- Wartość odpowiedzi bezpośrednio zwracanej przez algorytm *mean shift*

$$s_{Ms} \left(p_k^{m,i} \right) = \frac{\sum_{l=1}^n w(p_l) g_{C^m} \left(p_k^{m,i} - p_l \right)}{\max_j \sum_{l=1}^n w(p_l) g_{C^m} \left(p_k^{m,j} - p_l \right)}. \quad (6.25)$$

Składnik ten wskazuje na wartości intensywności w okolicach punktu. Ze względu na kształt funkcji jądra w algorytmie, $s_{Ms} \left(p_k^{m,i} \right)$ sprawdza, czy w otoczeniu punktu wzór intensywności jest zgodny z orientacją, długością oraz szerokością poszukiwanego znacznika.

- Odległość od funkcji 6.1 reprezentującej ruch ramienia $s_{Mu} \left(p_k^{m,i} \right)$. Składnik ten przydziela małe wartości punktowe dla hipotez, w których odległość od modelu \hat{u}_n^m , wyznaczonego na podstawie wszystkich $n = 1 \dots k - 1$, m - tego markera estymat, jest znaczna.
- Odległość od predykcji w kierunku v (patrz: rozdział 6.3.3), $s_{Mv} \left(p_k^{m,i} \right)$. Ten składnik jest wyliczany i włączany do funkcji kosztów/punktów w sytuacji, gdy możliwe jest wyznaczenie predykcji w kierunku v , $(\Delta v_k^{\{N\}^m})$, czyli $\text{card}\{N\} \geq 1$ (patrz str. 95).

- Odległość od pozostałych markerów $s_{Ds}(p_k^{m,i})$. W sytuacji, gdy na obrazie dwa lub więcej znaczników nachodzi na siebie lub się krzyżują, możliwy jest wybór hipotezy, która wskazuje inny marker. Wiąże się to z sytuacją, gdy markery posiadają np. taką samą orientację a jeden z nich jest reprezentowany przez większe wartości intensywności niż pozostałe. $s_{Ds}(p_k^{m,i})$ ma wpływ jedynie lokalny. Gdy znaczniki znajdują się daleko od siebie, składowa $s_{Mu}(p_k^{m,i})$ dominuje. Dodatkowo $s_{Ds}(p_k^{m,i})$ jest wyznaczany gdy $\min_{n \neq m; i; j} (\|p_k^{m,i} - p_k^{n,j}\|)$ jest mniejsze niż zadana wartość progu.

$$s_{Ds}(p_k^{m,i}) = \frac{\min_{n \neq m; i; j} (\|p_k^{m,i} - p_k^{n,j}\|)}{\max_{n \neq m; i; j} (\|p_k^{m,i} - p_k^{n,j}\|)} \quad (6.26)$$

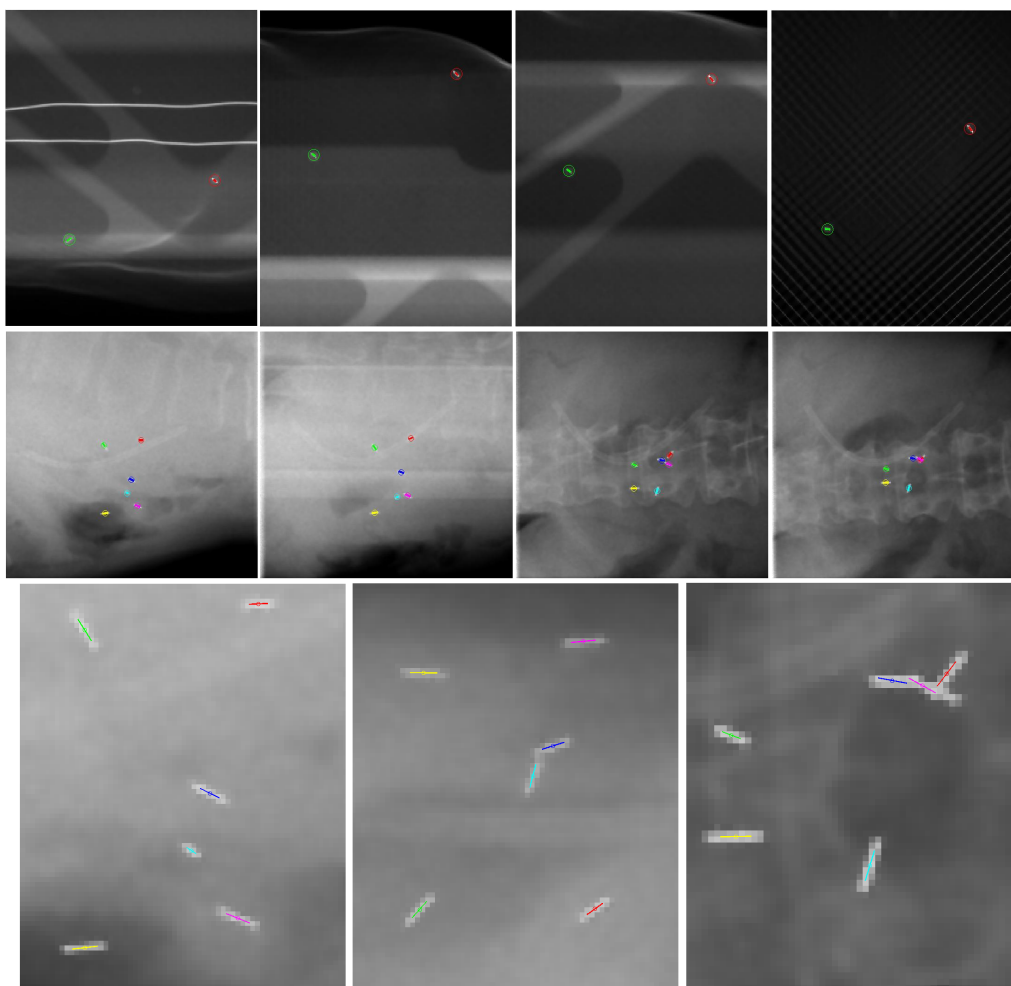
Parametry ważące, λ_{Ms} , λ_{Mu} , λ_{Mv} , λ_{Ds} są dobierane w zależności rodzaju danych w taki sposób, aby była spełniona zależność:

$$\lambda_{Ms} + \lambda_{Mu} + \lambda_{Mv} + \lambda_{Ds} = 1 \quad (6.27)$$

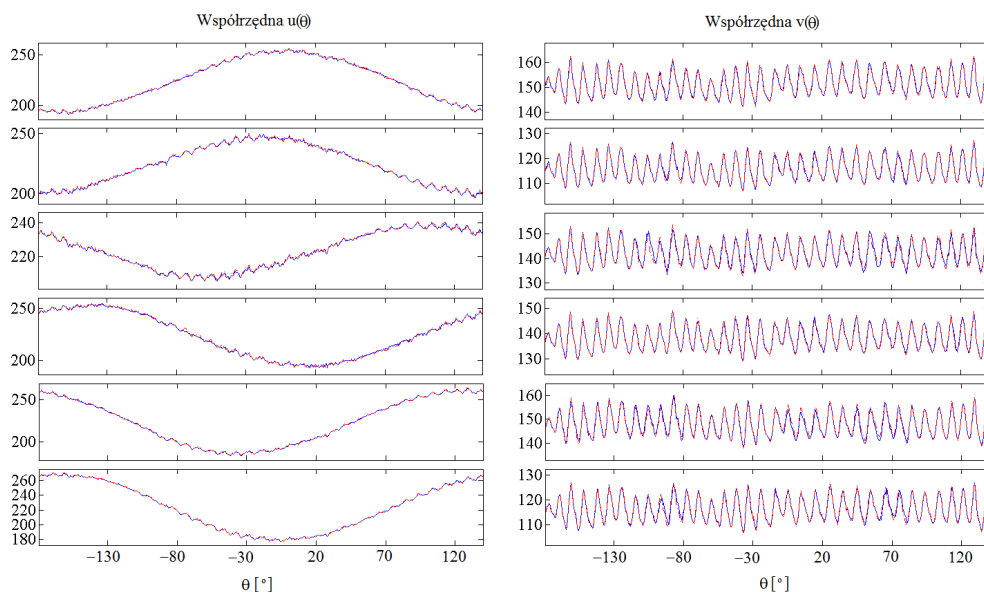
6.3.6 Ocena skuteczności algorytmu śledzenia znaczników w projekcjach CBCT

Zaproponowana metoda śledzenia znaczników w obrazach CBCT została przetestowana dla dwóch rodzajów danych. Pierwszy z nich był rejestracją projekcji dla obiektu testowego, specjalnie przygotowanego fantomu, z dwoma wszczepionymi znacznikami. Drugi był sekwencją 640 projekcji CBCT pacjenta z rakiem trzustki, na których zobrazowano przemieszczenia 6 cylindrycznych znaczników o wymiarach 1mm na 10 mm. Akwizycja w obydwu przypadkach została przeprowadzona w systemie opisanym w rozdziale 6.3.2. Dobór parametrów w algorytmie zależy od danych, w których ma być śledzony ruch markerów. W prezentowanych wynikach rozmiar okna, w którym następował losowy wybór pozycji początkowych algorytmu (rozdział 6.3.3) *mean shift* wynosił 13x13. Jako liczbę losowanych punktów przyjęto 20.

Rozmiar jądra algorytmu *mean shift* był modyfikowany przez współczynnik skalujący σ_g równy 0.6 w sytuacji, gdy markery znajdowały się blisko siebie i 2 w pozostałych przypadkach. Parametry λ_{Ms} , λ_{Mu} , λ_{Mv} , λ_{Ds} w funkcji kosztów/punktów, definiujące wpływ poszczególnych składników, powinny być dobrane na podstawie dostępnych informacji na temat ruchu



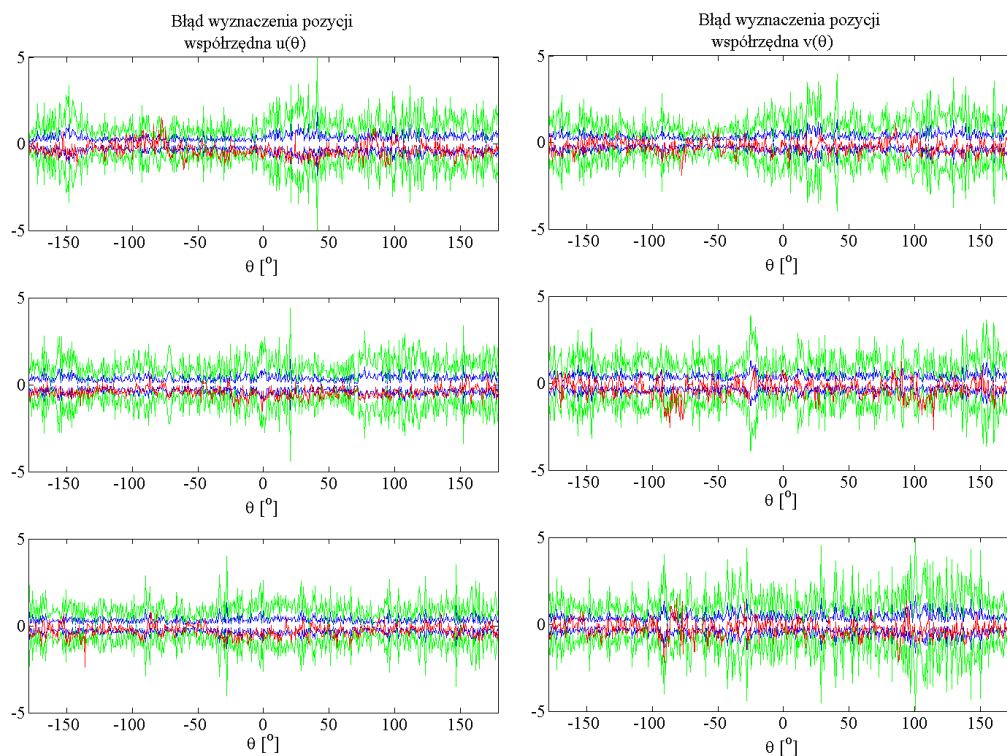
Rysunek 6.10: Wyniki śledzenia markerów na obrazach CBCT - przykładowe ramki; Pierwszy wiersz: dla fantomu; Drugi wiersz: dla pacjenta z rakiem trzustki; Trzeci wiersz: powiększone fragmenty projekcji dla pacjenta z rakiem trzustki; Okręgi reprezentują wyznaczoną pozycję, natomiast linie, orientację w przestrzeni



Rysunek 6.11: Porównanie pozycji znaczników otrzymanych z algorytmu ze wskazaniami ekspertów; Czerwony - wskazania ekspertów; Niebieski - wynik działania algorytmu

znaczników w poszczególnych kierunkach oraz sytuacji mogących wystąpić w projekcjach (np. nakładanie, krzyżowanie znaczników). Na podstawie badań eksperymentalnych przyjęto następujące wartości parametrów: $\lambda_{Ms} = 0.4$, $\lambda_{Mu} = 0.25$, $\lambda_{Mv} = 0.25$, $\lambda_{Ds} = 0.1$. Algorytm został przetestowany dla różnych zestawów wartości parametrów. Na podstawie wyników można stwierdzić niezbyt dużą wrażliwość na zmiany wartości. We wszystkich eksperymentach przyjęto, iż odległość, w której należy podjąć szczególne kroki podczas śledzenia (6.3.4, 6.3.5) wynosi 12 pikseli. Na rysunku 6.10 przedstawiono przykładowe wyniki z zaznaczonymi wynikami estymacji. W ostatnim wierszu przedstawiono powiększone fragmenty, na których można zaobserwować krzyżowanie się markerów.

Otrzymane wyniki porównano z ręcznym zaznaczaniem pozycji markerów przez ekspertów. Jako „prawdziwą” pozycję przyjęto średnią wartość wszystkich wskazań dla danej projekcji. Porównanie zaprezentowano na rysunku 6.12. Dodatkowo, w celu lepszego uwidocznienia dokładności proponowanej metody, pokazano różnice pomiędzy wskazaniami a wynikami algorytmu oraz rozrzut wskazań ekspertów. Należy tutaj zaznaczyć, iż podczas wskazywania położenia znaczników zdarzały się błędy głównie związane z nieprawidłowym przypisaniem markera do jego numeru np. jako marker 3 był wskazywany jako 5. Wymagało to przeprowadzenia dodatkowej analizy



Rysunek 6.12: Błąd estymacji pozycji znaczników (dla znaczników nr 1, 3, 5); Linia czerwona - różnica pomiędzy wskazaniami ekspertów, a wynikami działaniami algorytmu; Linia niebieska - odchylenie standardowe $\pm\sigma$ wskazań ekspertów; Linia zielona $\pm 3\sigma$ wskazań ekspertów

i sprawdzenia wskazań. Proces wskazywania markerów dla 640 ramek i 6 znaczników zajmował od 3 do 5 godzin bez analizy błędów. Wartości liczbowe oceny skuteczności przedstawiono w tabelach 6.1, 6.2. W tabeli 6.1 przedstawiono odchylenie standardowe oraz maksymalną odległość pomiędzy wynikami działania algorytmu a wskazaniami ekspertów dla poszczególnych markerów. Przedstawiono również rozrzut wskazań ekspertów. W tabeli 6.2 zaprezentowano liczbę wskazań, w których odległość była większa od wielokrotności odchylenia standardowego σ_d wskazań ekspertów. Jak można zaobserwować jedynie 2.86% pozycji otrzymanych z algorytmu znajdowała się dalej niż trzy odchylenia standardowe wskazań ekspertów [72]. Parametry statystyczne zostały wyznaczone osobno dla każdego znacznika i obrazu. Dla wskazań ekspertów parametry te zostały wyznaczone po korekcji błędów spowodowanych nieprawidłowym przypisaniem znacznika do jego numeru.

Tabela 6.1: Analiza skuteczności śledzenia znaczników. Różnica pomiędzy wskazaniami algorytmu i ekspertów: odchylenie standardowe błędu dla każdej osi σ_u σ_v oraz błąd maksymalny (metryka Euklidesowa). Dla porównania przedstawiono analogiczne parametry dla wskazań ekspertów (aut. [72])

Nr znacznika	Algorytm - (piksele)			Wskazania - (piksele)		
	σ_u	σ_v	max	σ_u	σ_v	max
1	0.44	0.40	2.51	0.44	0.44	2.51
2	0.49	0.41	5.63	0.43	0.39	1.50
3	0.30	0.58	2.59	0.43	0.46	1.84
4	0.66	0.43	4.32	0.49	0.39	1.85
5	0.36	0.53	2.12	0.37	0.52	2.24
6	0.40	0.58	3.12	0.39	0.49	1.46

Tabela 6.2: Liczba wyników [%], których odległość jest większa niż $t\sigma_d(k)$ dla $t = 3 \dots 6$; $\sigma_d(k)$ - odchylenie standardowe wskazań ekspertów dla wszystkich znaczników i projekcji, (aut. [72])

	[%]
$> 3\sigma_d(k)$	2.86
$> 4\sigma_d(k)$	0.99
$> 5\sigma_d(k)$	0.42
$> 6\sigma_d(k)$	0.23

Prezentowane wyniki potwierdzają skuteczność proponowanej metody oraz możliwość zastąpienia wskazań użytkownika przez automatyczny algorytm opisany w niniejszym rozdziale.

6.4 Podsumowanie

Przedstawiona metoda śledzenia znaczników w projekcjach CBCT może zostać wykorzystana do rekonstrukcji obrazów CBCT z uwzględnieniem ruchu bramy urządzenia obrazującego oraz procesu oddychania pacjenta. Śledzenie znaczników wszczepionych w zmianę nowotworową umożliwia także uwzględnienie przemieszczeń zmiany nowotworowej podczas procesu radioterapeutycznego. Oczywiście, zastosowanie metody w radioterapii wymaga użycia dodatkowych modułów odpowiadających za bezpieczeństwo. Moduł taki powinien wykryć sytuację, kiedy algorytm nie śledzi znaczników prawidłowo. Rozwiązaniem może być interwencja operatora lub kontrola jednego

lub wszystkich składników funkcji kosztów/punktów: $s_{Ms}(p_k^{m,i})$, $s_{Mu}(p_k^{m,i})$, $s_{Mv}(p_k^{m,i})$. W sytuacji, gdy wartość któregoś ze składników jest mniejsza ($s_{Ms}(p_k^{m,i})$) lub większa ($s_{Mu}(p_k^{m,i})$, $s_{Mv}(p_k^{m,i})$) niż założony próg należałoby uruchomić procedurę „odzyskiwania” śledzenia lub poprosić użytkownika o wskazanie prawidłowej pozycji [121].

Metoda opisana w rozdziale 6 została zaprojektowana tak, aby współpracowała z obrazami CBCT, jednakże możliwe jest proste dostosowanie do innych rodzajów obrazów, w których również istnieje konieczność śledzenia znaczników np. we fluoroskopii [121].

Tang i współautorzy [121] zaproponowali algorytm śledzenia markerów w obrazach fluoroskopowych w zastosowaniu do procesu radioterapeutycznego. Podobieństwo obydwu metod sprowadza się do użycia wieloskładnikowej funkcji kosztów/punktów oraz wyboru hipotezy z przypisanym na podstawie funkcji największym prawdopodobieństwem. W opinii autora różnice i jednocześnie zalety w zaproponowanym algorytmie w porównaniu z [121] można podsumować w następujących punktach [72]:

- Zastosowanie algorytmu *mean shift* zamiast techniki dopasowywania wzorców (ang. *template matching*). Algorytm *mean shift* estymuje położenie z dokładnością podpixelową (ang. *sub-pixel*). Dodatkowo aktualizacja orientacji, długości oraz szerokości estymowanych znaczników umożliwi prawidłowe działanie algorytmu w sytuacji, gdy kształt i/lub średnia wartość intensywności ulega zmianie.
- Wykorzystanie metody wyboru punktów startowych z prawdopodobieństwem zależnym od wartości intensywności obrazu zamiast sprawdzania wszystkich możliwych pozycji w oknie poszukiwań umożliwi poszukiwania w znacznie szerszym zakresie, eliminując od razu hipotezy nieprawdopodobne.
- Zaproponowana w [121] metoda została zaprojektowana dla systemu, w którym obrazowanie odbywa się przy stałej wartości kąta obrotu bramy urządzenia obrazującego ($\theta = const.$) w przeciwieństwie do metody opisanej w rozdziale 6.

W zastosowaniach, w których czas nie jest kluczową rolą i śledzenie może być wykonane po zgromadzeniu wszystkich projekcji możliwe jest zwiększenie skuteczności metody poprzez zastosowanie procedur bazujących na całym zbiorze danych oraz wynikach z algorytmu [72].

Rozdział 7

Wnioski końcowe

7.1 Podsumowanie wyników pracy

Metody opracowane w ramach niniejszej pracy zostały zaprojektowane pod kątem konkretnych zastosowań medycznych, jednakże nie ograniczają się one do tych zaprezentowanych przez autora.

Wyniki uzyskane dla poszczególnych metod należy uznać za w pełni zadowalające. Opracowane algorytmy mają bardzo duże znaczenie praktyczne i mogą posłużyć do budowy systemów wspierających pracę lekarzy.

Rozdział 3

Porównanie algorytmu bazującego na metodzie wododziałowej z algorytmem łączącym algorytm rozrostu obszarów z deformowalnymi modelami wykazało wyższą skuteczność metody drugiej w zastosowaniu do wyodrębniania struktur anatomicznych, posiadających wartości intensywności bardzo zbliżone do wartości przypisanych do tkanek sąsiadujących z tą strukturą.

Zastosowanie metody rozrostu obszarów do segmentacji struktur anatomicznych okolicy drzewa oskrzelowego pozwala na umieszczenie informacji na temat położenia, liczby oraz przybliżonego kształtu poszukiwanych struktur. Oczywiście, w sytuacji, gdy algorytm rozrostu obszarów zawiedzie, znajdzie to odzwierciedlenie w końcowych wynikach segmentacji.

Do budowy tak zwanego *atlasu wiedzy a priori* (patrz np.: [90]) można wykorzystać zaproponowane połączenie algorytmu rozrostu obszaru z metodą deformowalnych modeli. Idea sprowadza się do przeprowadzenia segmen-

tacji na odpowiednio dużym zbiorze danych CT, podzielonym na podzbiory w zależności o płci, masy ciała, wzrostu. Otrzymane w wyniku segmentacji maski pozwalają na stworzenie statystycznego modelu anatomicznego ciała. Segmentacje kolejnych danych mogą wzbogacać tak przygotowany atlas w celu podniesienia skuteczności i niezawodności algorytmu. Przedstawiona metodologia może zostać wykorzystana do segmentacji innych struktur anatomicznych.

Rozdział 4

Zaproponowano kompletną metodę wirtualnej kolonoskopii, charakteryzującą się niewielką wymaganą interakcją użytkownika, składającą się z modułu odpowiedzialnego za "czyszczenie" danych tomograficznych, segmentację powierzchni jelita grubego oraz algorytm generacji ścieżki nawigacyjnej. Dodatkowo, opracowana metoda może zostać zaadaptowana do potrzeb estymacji położenia bezprzewodowej kapsuły endoskopowej w jelicie grubym.

Rozdział 5

Przedstawiono dwie metody segmentacji zapisów HSV strun głosowych, pierwsza z nich bazuje na metodzie wododziałowej a druga - na metodzie zbiorów poziomicowych. Porównanie obydwu metod pokazuje wyższość algorytmu bazującego na metodzie wododziałowej, zwłaszcza ze względu na czas obliczeń oraz skuteczność segmentacji (tab. 5.1, rys. 5.6).

Zaproponowano algorytm analizy ruchu strun głosowych, który został porównany z metodami proponowanymi w literaturze. Zdaniem autora wyższość proponowanej metody tkwi w wyznaczeniu dwuwymiarowej informacji na temat przemieszczenia każdego z punktów, należących do krawędzi zobrazowanych w zapisach HSV strun głosowych.

Rozdział 6

Proces śledzenia złotych markerów w danych tomograficznych może być również traktowany jako zadanie segmentacji 3D tych danych z dodatkowymi wymaganiami, dotyczącymi identyfikacji obiektów na poszczególnych ramkach. Zastosowanie algorytmu *mean shift* z adaptacyjnie dobieieranym rozmiarem jądra pozwoliło stworzyć skuteczną metodę śledzenia znaczników okołorakowych w projekcjach CBCT. Przedstawione porównanie z wynikami uzyskanymi przez trzech ekspertów potwierdza możliwość wykorzystania

zaproponowanej metody zamiast ręcznego wskazywania punktów na projekcjach. Co więcej, ze względu na czas i charakterystykę procedury radioterapeutycznej, lokalizowanie znaczników może się odbywać tylko w sposób wspomagany komputerowo z ewentualną interwencją lekarza w przypadku zgubienia śledzenia przez algorytm.

7.2 Oryginalne elementy pracy

Zdaniem autora za oryginalne elementy pracy można uznać:

1. Opracowanie oryginalnej metody wirtualnej kolonoskopii. Zastosowanie nieliniowej funkcji transformującej wartości intensywności w zależności od wstępnej klasyfikacji wokseli na kontrast, resztki pokarmowe, detale jelita grubego i tło. Zastosowanie metody wododziałowej operującej na obrazie gradientowym zamiast algorytmu rozrostu obszarów. Opracowanie algorytmu generacji ścieżki nawigacyjnej, niewymagającego interakcji użytkownika oraz wykorzystującego transformację odległości i interpolację funkcjami sklejanymi.
2. Opracowanie (wspólnie z B. Matuszewskim) algorytmu śledzenia znaczników w projekcjach CBCT. Autor nie znalazł w literaturze innych rozwiązań dotyczących tego zagadnienia w zastosowaniu do projekcji CBCT. Wykorzystanie algorytmu *mean shift* z rozmiarem jądra do bieranym adaptacyjnie w zależności od rozmiaru i orientacji znacznika w przestrzeni wyznaczanym na podstawie momentów geometrycznych. Zaproponowanie wyznaczania początkowych hipotez położenia na podstawie prawdopodobieństwa zależnego od wartości intensywności pikseli. Skonstruowanie funkcji kosztów/punktów w celu ostatecznego wskazania położenia znaczników w obrazie. Przeprowadzanie analizy dokładności śledzenia w porównaniu ze wskazaniami ekspertów.
3. Wykorzystanie, porównanie oraz dostosowanie metody zbiorów poziomicowych oraz algorytmu wododziałowego do wyodrębniania przestrzeni pomiędzy strunami głosowymi w zapisach HSV. Wykorzystanie funkcji gęstości prawdopodobieństwa, obliczanej na podstawie danych, do wyznaczania markerów tła i obiektu wraz z mechanizmem kontroli. Opracowanie algorytmu służącego do inicjalizacji konturu początkowego w metodzie zbiorów poziomicowych.

4. Zastosowanie metody dopasowywania obrazów *B-Spline Free Form Deformation* do analizy ruchu strun głosowych pomiędzy ramkami, dostarczającej pełnej informacji 2D na temat ruchu krawędzi strun głosowych.
5. Użycie algorytmu rozrostu obszaru w celu włączenia wstępnej informacji na temat segmentowanych obiektów do metody deforomowalnych modeli w zastosowaniu do wyodrębniania struktur anatomicznych okolicy drzewa oskrzelowego.
6. Wykorzystanie popularnej metody wododziałowej do segmentacji struktur okołoskrzelowych.
7. Porównanie zaproponowanych metod segmentacji danych tomograficznych klatki piersiowej. Opracowanie i zastosowanie modelu węzłów chłonnych do porównania proponowanych metod.

Bibliografia

- [1] D.G. Adler and Ch.J. Gostout. Wireless capsule endoscopy. *Hospital Physician*, pages 14–22, May 2003.
- [2] L. Ambrosio, N. Gigli, and G. Savaré. *Gradient Flows: In Metric Spaces and in the Space of Probability Measures*. Birkhäuser Basel, 1 edition, 2005.
- [3] National Electrical Manufacturers Association. Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM), 2008.
- [4] R. I. Berbeco, S. B. Jiang, G. C. Sharp, G. T. Y. Chen, H. Mostafavi, and H. Shirato. Integrated radiotherapy imaging system (IRIS): design considerations of tumour tracking with linac gantry-mounted diagnostic x-ray systems with flat-panel detectors. *Physics in Medicine and Biology*, 49:243–255, 2004.
- [5] R. A. Bernardes, I. G. de Moraes, M. A. H. Duarte, B. C. Azevedo, J. R. de Azevedo, and C. M. Bramante. Use of cone-beam volumetric tomography in the diagnosis of root fractures. *Oral Surgery, Oral Medicine, Oral Pathology, Oral Radiology, and Endodontology*, 2009. w druku.
- [6] H.S. Bonilha and D.D. Deliyski. Period and glottal width irregularities in vocally normal speakers. *Journal of Voice*, 22(6):699–708, 2008.
- [7] G. R. Bradski. Computer Vision Face Tracking For Use in a Preceptual User Interface. *Intel Technology Journal Q2*, 1998.
- [8] J. Bułat, K. Duda, M. Duplaga, R. Frączek, A. Skalski, M. Socha, P. Turcza, and T.P. Zieliński. Data processing tasks in wireless GI endoscopy: image-based capsule localization & navigation and video compression. *Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, IEEE EMB*, pages 2815–2818, August 2007. Lyon, France.

- [9] J. Bułat, K. Duda, A. Skalski, M. Socha, T. Twardowski P. Turcza, T. Zieliński, and M. Duplaga. Image and video processing tasks in computer aided medical interventions on the example of transbronchial biopsy. *New trends in audio and video: XI symposium AES*, pages 32–42, 2006.
- [10] J. Canny. A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(6):679–698, November 1986.
- [11] V. Chalana and Y. Kim. A methodology for evaluation of boundry detection algoritms on medical images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16:642–652, 1997.
- [12] T. Chen and D. Metaxas. A hybrid framework for 3d medical image segmentation. *Medical Image Analysis*, 9:547–565, 2005.
- [13] X. Chen, D. Bless, and Y. Yan. A Segmentation Scheme Based on Rayleigh Distribution Model for Extracting Glottal Waveform from High-speed Laryngeal Images. *27th Annual International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005.*, pages 6269–6272, 2005.
- [14] Y. Cheng. Mean shift, mode seeking, and clustering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17:790–799, 1995.
- [15] R. Cierniak. *Tomografia Komputerowa: Budowa urządzeń CT, Algorytmy rekonstrukcyjne*. Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT, 2005.
- [16] L. D. Cohen. On active contour model and balloons. *CVGIP: Image Understanding*, 53(2):211–218, 1991.
- [17] L. D. Cohen and I. Cohen. Finite element methods for active contour models snd ballons for 2d and 3d images. *IEEE Transactions on Patern Analysis and Machine Intelligence*, 15(11):1131–1147, 1991.
- [18] D. Comaniciu and P. Meer. Mean Shift: A robust approach towards feature space analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24:603–619, 2002.
- [19] D. Comaniciu, V. Ramesh, and P. Meer. Kernel-based object tracking. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 25(5):564–577, 2003.
- [20] D. Decarlo and D. Metaxas. Blended deformable models. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(4):443–448, 1996.

- [21] G. Degottex, E. Bianco, and X. Rodet. Usual to particular phonatory situations studied with high-speed videoendoscopy. In *The 6th International Conference on Voice Physiology and Biomechanics*, Tampere, Finland, August 2008.
- [22] D. Deliyski. High-Speed Videoendoscopy: Recent Progress and Clinical Prospects. *7th International Conference of Advances in Quantitative Laryngology Voice and Speech Research AQL*, 7(1):1–16, 2006.
- [23] D. Deliyski, S. Cięciwa, and T. Zieliński. Fast and robust endoscopic motion estimation in high-speed laryngoscopy. *7th international conference AQL 2006: advances in quantitative laryngology, voice and speech research*, 2006.
- [24] D. D. Deliyski. Endoscope motion compensation for laryngeal high-speed videoendoscopy. *Journal of Voice*, 19(3):485–496, 2005.
- [25] D. D. Deliyski and P. Petrushev. Methods for objective assessment of high-speed videoendoscopy. *Advances in Quantitative Laryngology, Voice and Speech Research*, 2003.
- [26] D.D. Deliyski, P.P. Petrushev, H.S. Bonilha, T.T. Gerlach, B. Martin-Harris, and R.E. Hillman. Clinical Implementation of Laryngeal High-Speed Videoendoscopy: Challenges and Evolution. *Folia Phoniatrica et Logopaedica*, 60:33–44, 2008.
- [27] A. Doucet, N. Freitas, and N. Gordon. *Sequential Monte Carlo Methods in Practice*. Springer, 2001.
- [28] X. Duan, Y. Ma, and R. Zhang. Optimal shape control of fluid flow using variational level set method. *Physics Letters A*, 372:1374–1379, 2008.
- [29] K. Duda and M. Duplaga. Automatyczna generacja ścieżki nawigacyjnej w drzewie oskrzelowym. *Pomiary, Automatyka, Kontrola*, (5bis):115–118, Maj 2006.
- [30] R.O. Duda and P.E. Hart. Use of the Hough Transformation to Detect Lines and Curves in Pictures. *Communications of the ACM*, 15(1):11–15, 1972.
- [31] A. Dudic, C. Giannopoulou, M. Leuzinger, and S. Kiliaridis. Detection of apical root resorption after orthodontic treatment by using panoramic radiography and cone-beam computed tomography of super-high resolution. *American Journal of Orthodontics and Dentofacial Orthopedics*, 135(4):434–437, April 2009.

- [32] G. W. Eastman, C. Wald, and J. Crossin. *Getting Started in Clinical Radiology. From Image to Diagnosis*. Thieme, 2006.
- [33] M. Nałęcz (ed.). *Obrazowanie Biomedyczne*, volume 8 of *Biocybernetyka i Inżynieria Biomedyczna 2000*. Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT, 2003.
- [34] T. S. Yoo (ed.). *Insight into Images. Principles and Practice for Segmentation, Registration, and Image Analysis*. A K Peters Wellesley, 2004.
- [35] Y. Zhang (ed.). *Advances in Image and Video Segmentation*. IRM Press, 2006.
- [36] L. C. Evans. *Równania różniczkowe cząstkowe*. PWN, Warszawa, 2 dodruk, 1 edition, 2008.
- [37] A. Fenster and B. Chiu. Evaluation of segmentation algorithms for medical imaging. *Proceedings of the 2005 IEEE Engineering in Medicine and Biology 27th Annual Conference*, pages 7196–7189, 2005.
- [38] S. M. Frenzt and R. M. Summers. Current status of CT Colonography. *Academic Radiology*, 13(12):1517–1531, 2006.
- [39] J. Gomes and O. Faugeras. Reconciling distance functions and level sets, 1999. Technical Report 3666, INRIA, April 1999.
- [40] R. C. Gonzalez and R. E. Woods. *Digital Image Processing*. Prentice Hall, 2 edition, 2002.
- [41] M. S. Hassouna, A. A. Farag, and S. G. Hushek. 3D path planning for virtual endoscopy. *Proceedings of Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS'05)*, pages 115–120, 2005.
- [42] J. P. Helferty, A. J. Sherbondy, A. P. Kiraly, and W. E. Higgins. System for Live Virtual-Endoscopic Guidance of Bronchoscopy. *Proceedings of the 2005 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'05)*, 2005.
- [43] W. R. Hendee and E. R. Ritenour. *Medical Imaging Physics*. Wiley-Liss, 4 edition, 2002.
- [44] D. M. Honea, Y. Ge, W. E. Snyder, P. F. Hemler, and D. J. Vining. Lymph node segmentation using active contours. *Proceedings of SPIE, Medical Imaging*, 3034:265–273, 1997.

- [45] K. D. Hopper, T. A. Lucas, K. Gleeson, J. L. Stauffer, R. Bascom, D. T. Mauger, and R. Mahraj. Transbronchial Biopsy with Virtual CT Bronchoscopy and Nodal Highlighting. *Radiology*, 221(2):531–536, 2001.
- [46] <http://ieeexplore.ieee.org/>. Baza IEEE Xplore.
- [47] http://w1.siemens.com/press/pool/de/pressebilder/imaging_it/300dpi/him200811012_05_300dpi.jpg. Siemens AG.
- [48] [http://www.advancedimagingpro.com/print/Advanced-Imaging-Magazine/Voicing-Concern/1\\$5591](http://www.advancedimagingpro.com/print/Advanced-Imaging-Magazine/Voicing-Concern/1$5591). Advanced Imaging Pro.
- [49] http://www.vector-project.com/image/proj/VECTORcapsule_vision.jpg. Versatile Endoscopic Capsule for gastrointestinal TumOr Recognition and therapy - EU project.
- [50] G. Iddan, G. Meron, A. Glukhovsky, and P. Swain. Wireless capsule endoscopy. *Nature*, 405(6785):417, May 2000.
- [51] R. H. Ireland, K. E. Dyker, D. C. Barber, S. M. Wood, M. B. Hanney, W. B. Tindale, N. Woodhouse, N. Hoggard, J. Conway, and M. H. Robinson. Nonrigid Image Registration for Head and Neck Cancer Radiotherapy Treatment Planning With PET/CT. *International Journal of Radiation Oncology; Biology, Physics*, 68(3):952–957, 2007.
- [52] D. A. Jaffray, J. Siewerdsen, J. W. Wong, and A. A. Martinez. Flat-panel cone-beam computed tomography for image-guided radiation therapy. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 53(5):1337–1349, 2002.
- [53] B. Jähne. *Digital Image Processing*. Springer, 5 edition, 2002.
- [54] R. Jianga, L. Berlinerb, and J. Menga. Computer graphics enhancements in CT Colonography for improved diagnosis and navigation. *International Congress Series*, 1281:109–114, 2005.
- [55] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos. Snakes: Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, pages 321–331, 1988.
- [56] N. Katoha, R. Onimarua, Y. Sakuharaa, D. Aboa, S. Shimizua, H. Taguchia, Y. Watanabea, N. Shinoharab, M. Ishikawac, and H. Shiratoa. Real-time tumor-tracking radiotherapy for adrenal tumors. *Radiotherapy and Oncology*, 87:418–424, 2008.
- [57] A.P. Kiraly, J.P. Helferty, E.A. Hoffman, G. McLennan, and W.E. Higgins. Three-dimensional path planning for virtual bronchoscopy. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 23(11):1365 – 1379, 2004.

- [58] S. Lakare, D. Chen, A. Kaufman L. Li, and Z. Liang. Electronic Colon Cleansing using Segmentation Rays for Virtual Colonoscopy. *Proceedings of SPIE Medical Imaging - Physiology and Function from Multidimensional Images*, 4683:412–418, 2002.
- [59] S. Lakare, D. Chen, L. Li, and A. Kaufman. Robust colon residue detection using vector quantization based classification for virtual colonoscopy. *Proceedings of SPIE, Medical Imaging 2003: Physiology and Function: Methods, Systems, and Applications*, 5031:515–520, May 2003.
- [60] H. Larsson, S. Hertegård, P. Lindestad, and B. Hammarberg. Vocal fold vibrations: high-speed imaging, kymography, and acoustic analysis: a preliminary report. *Laryngoscope*, 110(12):2117–2122, 2000.
- [61] S. Lee, G. Wolberg, K. Y. Chwa, and S. Y. Shin. Image metamorphosis with scattered feature constraints. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 2(4):337–354, December 1996.
- [62] B Lewis. The utility of capsule endoscopy in obscure gastrointestinal bleeding. *Techniques in Gastrointestinal Endoscopy*, 5(3):115–120, 2003.
- [63] Ch. Li, Ch. Xu, Ch. Gui, and M. D. Fox. Level set evolution without re-initialization: a new variational formulation. *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, IEEE CVPR 2005*, pages 430–436, 2005.
- [64] J. S. Lim. *Two-Dimensional Signal and Image Processing*. Prentice Hall, 1990. rozdział 9.2.
- [65] J. Lohscheller, U. Eysholdt, H. Toy, and M. Döllinger. Phonovibrography: Mapping high-speed movies of vocal fold vibrations into 2D-diagrams for visualizing and analyzing the underlying laryngeal dynamics. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 27(3):300–309, 2008.
- [66] J. Lohscheller, H. Toy, F. Rosanowski, U. Eysholdt, and M. Dollonger. Clinically evaluated procedure for the reconstruction of vocal fold vibrations from endoscopic digital high-speed videos. *Medical Image Analysis*, 11:400–413, 2007. Elsevier.
- [67] W. E. Lorensen and H. E. Cline. Marching cubes: a high-resolution 3d surface construction algorithm. *Proceedings of the 14th Annual Conference on Computer Graphics and Interactive Techniques*, pages 163–169, 1987.
- [68] R. Malladi, J. A. Sethian, and B. C. Vemuri. Shape modeling with front propagation; a level set approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(2):158–175, 1995.

- [69] T. E. Marchant, A. M. Amer, and C. J. Moore. Measurement of inter and intra fraction organ motion in radiotherapy using cone beam CT projection images. *Physics in Medicine and Biology*, 53:1–12, 2008.
- [70] B. Marendic, N. Galatsanos, and D. Bless. A new active contour algorithm for tracking vocal folds. *Proceedings of IEEE International Conference on Image Processing*, pages 397–400, 2001.
- [71] B. J. Matuszewski, J. K. Shen, and L. K. Shark. Elastic image matching with embedded rigid structures using spring-mass system. *Proceedings of International Conference on Image Processing IEEE ICIP*, 2:II – 937–940, 2003.
- [72] B. J. Matuszewski, A. Skalski, and T. E. Marchant. Automatic tracking of implanted fiducial markers in cone beam CT projection images. *Physics in Medicine and Biology*, 2009. w recenzji.
- [73] C. A. McBain, A. M. Henry, J. Sykes, A. Amer, T. Marchant, Ch. M. Moore, J. Davies, J. Stratford, C. Mccarthy, B. Porritt, P. Williams, V. S. Khoo, and P. Price. X-ray volumetric imaging in image-guided radiotherapy: the new standard in on-treatment imaging. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 64(2):625–634, 2006.
- [74] I. M. Modlin, M. Kidd, and K. D. Lye. From the Lumen to the Laparoscope. *Archives of Surgery*, 139(10):1110–1126, 2004.
- [75] T. Nakamura and A. Terano. Capsule endoscopy: past, present, and future. *Journal of Gastroenterology*, 43:93–99, 2008.
- [76] I.E. Naqa, D. Yang, A. Apte, D. Khullar, S. Mutic, J. Zheng, J. D. Bradley, P. Grigsby, and J. O. Deasy. Concurrent multimodality image segmentation by active contours for radiotherapy treatment planning. *Medical Physics*, 34(12):4738–4749, December 2007.
- [77] M. Nieniewski. *Morfologia matematyczna w przetwarzaniu obrazów*. Akademicka Oficyna Wydawnicza PLJ, Warszawa, 1998.
- [78] M. Nieniewski. *Segmentacja obrazów cyfrowych. Metody segmentacji wodorzawodowej*. Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT, Warszawa, 2005.
- [79] S. Osher and R. Fedkiw. *Level Set Methods and Dynamic Implicit Surfaces*. Springer-Verlag, New York, 2002.
- [80] S. Osher and N. Paragios, editors. *Geometric Level Set Methods in Imaging, Vision, and Graphics*. Springer, 2006.

- [81] S. Osher and J. Sethian. Fronts propagating with curvature-dependent speed: Algorithms based on the Hamilton-Jacobi formulation. *Journal of Computational Physics*, 79:12–49, 1988.
- [82] N. Otsu. A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, 9(1):62–66, 1979.
- [83] B. Papież, A. Skalski, T. Zieliński, and P. Kukołowicz. Porównanie metod dopasowywania obrazów w zastosowaniu do procedur radioterapii gruczołu krokowego. *IX Sympozjum: Modelowanie i Pomiar w Medycynie*, pages 161–166, 2009.
- [84] D. Pasquier, T. Lacornerie, M. Vermandel, J. Rousseau, E. Lartigau, and N. Betrouni. Automatic segmentation of pelvic structures from magnetic resonance images for prostate cancer radiotherapy. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 68(2):592–600, 2007.
- [85] P. R. Poulsen, B. Cho, and P. J. Keall. A method to estimate mean position, motion magnitude, motion correlation, and trajectory of a tumor from cone-beam ct projection for image-guided radiotherapy. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 72:1587–1596, 2008.
- [86] B. Pruszyński. *Radiologia. Diagnostyka Obrazowa, Rtg, TK, MR i radioizotopy*. Wydawnictwo Lekarskie PZWL, 1 edition, 2002.
- [87] D. A. Jaffray R. Valicenti, A. P. Dicker. *Image-Guided Radiation Therapy of Prostate Cancer*. Healthcare, New York, 2008.
- [88] B. W. Raaymakers, A. J. E. Raaijmakers, A. N. T. J. Kotte, D. Jette, and J. J. W. Lagendijk. Integrating a mri scanner with a 6mv radiotherapy accelerator: dose deposition in a transverse magnetic field. *Physics in Medicine and Biology*, 49:4109–4118, 2004.
- [89] B. Ristic, S. Arulampalam, and N. Gordon. *Beyond the Kalman Filter: Particle Filters for Tracking Applications*. Artech House Publishers, 2004.
- [90] T. Rohlfing, R. Brandt, R. Menzel, D. B. Russakoff, and C. R. Maurer Jr. Quo vadis , atlas-based segmentation? *Handbook of Biomedical Image Analysis, III - Registration Models*:435–486, 2005.
- [91] D. Rueckert, L. I. Sonoda, C. Hayes, D. L. G. Hill, and M. O. Leach D. J. Hawkes. Nonrigid registration using free-form deformations: application to breast MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(8):712–721, 1999.

- [92] R. Sadleir and P. Whelan. Fast colon centreline calculation using optimised 3D topological thinning. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 29(4):251–258, 2005.
- [93] I. Scholl, A. Sovakar, T. Lehmann, and K. Spitzer. Motion analysis of vocal folds using adaptive snakes. *Advances in Quantitative Laryngoscopy*, pages 29–38, 1997.
- [94] K. Schulmann, S. Hollerbach, K. Kraus, J. Willert, T. Vogel, G. Möslein, C. Pox, M. Reiser, A. Reinacher-Schick, and W. Schmiegel. Feasibility and diagnostic utility of video capsule endoscopy for the detection of small bowel polyps in patients with hereditary polyposis syndromes. *American Journal of Gastroenterology*, 100(1):27–37, 2005.
- [95] J. A. Sethian. A fast marching level set method for monotonically advancing fronts. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 93(4):1591–1595, 1996.
- [96] J. A. Sethian. *Level set methods and fast marching methods*. Cambridge University Press, Cambridge, 1999.
- [97] M. Sezgin and B. Sankur. Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation. *Journal of Electronic Imaging*, 13(1):146–165, 2004.
- [98] A. Shahrokni, H. Soltanian-Zadeh, and R. A. Zoroofi. Fast skeletonization algorithm for 3D elongated objects. *Proceedings of SPIE*, 4322:323–330, 2001.
- [99] J. K. Shen, B. J. Matuszewski, L. K. Shark, A. Skalski, T. Zieliński, and C. J. Moore. Deformable image registration – a critical evaluation: Demons, B-spline FFD and spring mass system. *Proceedings of MediVis 2008 : fifth international conference BioMedical Visualization : information visualization in medical and biomedical informatics*, pages 77–82, 2008.
- [100] H. Shirato, S. Shimizu, K. Kitamura, T. Nishioka, K. Kagei, S. Hashimoto, H. Aoyama, T. Kunieda, N. Shinohara, H. Dosaka-Akita, and K. Miyasaka. Four-dimensional treatment planning and fluoroscopic real-time tumor tracking radiotherapy for moving tumor. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 48(2):435–442, 2000.
- [101] H. Shirato, S. Shimizu, T. Shimizu, K. Kitamura, T. Nishioka, K. Kagei, S. Hashimoto, H. Aoyama, T. Kunieda, N. Shinohara, H. Dosaka-Akita, and K. Miyasaka. Four-dimensional treatment planning and fluoroscopic real-time tumor tracking radiotherapy for moving tumor. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 48:435–442, 1999.

- [102] A. Skalski. Wybrane zagadnienia segmentacji węzłów chłonnych okolicy drzewa oskrzelowego w danych z tomografii komputerowej. *Pomiary, Automatyka, Kontrola*, (5bis):133–138, 2006. VIII Sympozjum Modelowanie i Pomiary w Medycynie.
- [103] A. Skalski, M. Socha, and M. Duplaga. Algorytm wyznaczania ścieżki nawigacyjnej do automatycznego ruchu wirtualnej kamery w strukturach anatomicznych. *Pomiary, Automatyka, Kontrola*, 53(9bis):421–424, 2007.
- [104] A. Skalski, M. Socha, and T. Zieliński. The 3D watershed segmentation of CT medical data supported by statistical data analysis. *ICSES'06 : International Conference on Signals and Electronic Systems*, pages 301–304, 2006.
- [105] A. Skalski, M. Socha, T. Zieliński, and M. Duplaga. Colon Cleansing for Virtual Colonoscopy Using Non-linear Transfer Function and Morphological Operations. *Proceedings of IEEE International Workshop on Imaging Systems and Techniques - IST 2007*, pages 1–5, May 2007. Krakow, Poland.
- [106] A. Skalski, M. Socha, T. Zieliński, and M. Duplaga. CT Data Processing and Visualization Aspects of Virtual Colonoscopy. *Proceedings of 15th European Signal Processing Conference - EUSIPCO 2007*, pages 2509–2513, September 2007.
- [107] A. Skalski and T. Zieliński. Segmentacja i dopasowywanie cyfrowych obrazów medycznych: przetwarzanie nagrań wideo-endoskopowych strun głosowych oraz danych tomograficznych zmian rakowych. *Pomiary, Automatyka, Kontrola*, 54(6):330–333, 2008.
- [108] A. Skalski and T. Zieliński. Zastosowanie trójwymiarowego algorytmu wodziałowego do segmentacji strun głosowych w endoskopowych zapisach wideo. *IX Sympozjum: Modelowanie i Pomiary w Medycynie*, pages 149–152, 2009.
- [109] A. Skalski, T. Zieliński, and D. Deliyski. Analysis of vocal folds movement in high speed videoendoscopy based on level set segmentation and image registration. *Proceedings of International Conference on Signal and Electronic Systems ICSES 2008*, pages 223–226, 2008.
- [110] A. Skalski, T. Zieliński, and M. Duplaga. Wyodrębnianie struktur anatomicznych okolicy drzewa oskrzelowego z danych tomograficznych. *IX Sympozjum: Modelowanie i Pomiary w Medycynie*, pages 153–156, 2009.
- [111] M. H. P. Smitsmans, J. Bois, J. J. Sonke, A. Betgen, L. J. Zijp, D. A. Jaffray, J. V. Lebesque, and M. van Herk. Automatic prostate localization on cone-

- beam CT scans for high precision image-guided radiotherapy. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 63(4):975–984, 2005.
- [112] M. Socha, M. Duplaga, P. Turcza, and T. Zieliński. Oprogramowanie wspomagające zabieg transbronchialnej biopsji aspiracyjnej metodą wirtualnej bronchoskopii. *VII Sympozjum Modelowanie i Pomiarzy w Medycynie MPM'2005*, pages 115–122, 2005.
- [113] C. Sohns, M. Heuser, S. Sossalla, H. Wolff, and S. Obenauer. Current role and future potential of computed tomographic colonography for colorectal polyp detection and colon cancer screening—incidental findings. *Clinical Imaging*, 12(4):413–426, August 2008.
- [114] M. Sonka, V. Hlavac, and R. Boyle. *Image Processing, Analysis, and Machine Vision*. Thomson, 3 edition, 2008.
- [115] R. M. Summers, M. T. Miller M. Franaszek, P. J. Pickhardt, J. R. Choi, and W. R. Schindler. Computer-Aided Detection of Polyps on Oral Contrast-Enhanced CT Colonography. *American Journal of Roentgenology*, 184(1):105–108, 2005.
- [116] S.-S. Sun, H. Li, X.-R. Hou, Y. Kang, and H. Zhao. Automatic Segmentation of Pulmonary Nodules in CT Images. *The 1st International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering ICBBE 2007*, pages 790–793, 2007.
- [117] J. S. Suri, D. Wilson, and S. Laxminarayan. *Handbook of Biomedical Image Analysis: Volume 1: Segmentation Models Part A*. Springer, 1 edition, 2005.
- [118] P. Swain. Wireless capsule endoscopy and Crohn’s disease. *International Journal of Gastroenterology and Hepatology*, 54:323–326, 2005.
- [119] A. Szczeklik. *Choroby wewnętrzne*, volume I. Medycyna Praktyczna, 1 edition, 2005.
- [120] R. Tadeusiewicz and P. Korohoda. *Komputerowa analiza i przetwarzanie obrazów*. Wydawnictwo Fundacji Postępu Telekomunikacji, 1997.
- [121] X. Tang, G. C. Sharp, and S. B. Jiang. Fluoroscopic tracking of multiple implanted fiducial markers using multiple object tracking. *Physics in Medicine and Biology*, 52:4081–4098, 2007.
- [122] S. A. Taylor, S. Halligan, A. Slater, D. N. Burling, M. E. Roddie, L. Honeyfield, J. McQuillan, H. Amin, and J. Dehmeshki. Polyp Detection with CT Colonography: Primary 3D Endoluminal Analysis versus Primary 2D Transverse Analysis with Computer-assisted Reader Software. *Radiology*, 239:759–767, 2006.

- [123] D. Terzopoulos. Regularization of inverse visual problems involving discontinuities. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(4):413–424, 1986.
- [124] D. Terzopoulos. Dynamic 3D Models with Local and Global Deformations: Deformable Superquadrics. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(7):703–714, 1991.
- [125] T. Twardowski, T. Zieliński, K. Duda, M. Socha, and M. Duplaga. Fast estimation of broncho-fiberscope egomotion for ct-guided transbronchial biopsy. *IEEE International Conference on Image Processing*, pages 1189–1192, 2006.
- [126] G. Unal, G. Slabaugh, A. Ess, A. Yezzi, T. Fang, J. Tyan, M. Requardt, R. Krieg, R. Seethamraju, M. Harisinghani, and R. Weissleder. Semi-Automatic Lymph Node Segmentation in LN-MRI. *IEEE International Conference on Image Processing*, pages 77–80, 2006.
- [127] R. Valicenti, A. P. Dicker, and D. A. Jaffray. *Image-Guided Radiation Therapy of Prostate Cancer*. Healthcare, New York, 2008.
- [128] A. Vilanova, A. König, and E. Gröller. VirEn: A Virtual Endoscopy System. *Machine Graphics & Vision*, 8(3):469–487, 1999.
- [129] L. Vincent. Morphological area opening and closing for grayscale images. *Proceedings of NATO Shape in Picture Workshop*, pages 197–208, 1992.
- [130] L. Vincent. Morphological grayscale reconstruction in image analysis: Applications and efficient algorithms. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2(2):176–201, 1993.
- [131] L. Vincent and P. Soille. Watersheds in Digital Spaces: An Efficient Algorithm Based on Immersion Simulations. *IEEE Transactions of Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(6):583–598, June 1991.
- [132] T. R. Willoughby, P. A. Kupelian, J. Pouliot, K. Shinohara, M. Aubin, M. Roach, J. M. Balter L. L. Skrumeda, D. W. Litzenberg, S. W. Hadley and J. T. Wei, and H. M. Sandler. Target localization and real-time tracking using the Calypso 4D localization system in patients with localized prostate cancer. *International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics*, 65:528–34, 2006.
- [133] T. Wittenberg, P. Mergell, M. Tigges, and U. Eysholdt. Quantitative Characterization of Functional Voice Disorders Using Motion Analysis of High-Speed Video and Modeling. *In Proceedings IEEE ICASSP of the 1997*, pages 1663–1666, 1997.

- [134] www.itk.org. NLM Insight Segmentation & Registration Toolkit.
- [135] www.itksnap.org. ITK-SNAP Software.
- [136] www.mathworks.com. *Image Processing Toolbox For Use with MATLAB - User's Guide*. Mathworks, 2004.
- [137] www.pillcam.hammer.pl/index/index. Kapsułka endoskopowa PillCam.
- [138] W.Xie, R. P. Thompson, and R. Perucchio. A topology-preserving parallel 3D thinning algorithm for extracting the curve skeleton. *Pattern Recognition*, 36:1529–1544, 2003.
- [139] C. L. Wyatt, Y. Ge, and D. J. Vining. Automatic segmentation of the colon for virtual colonoscopy. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 24:1–9, 2000.
- [140] J. Yan, T. Zhuang, B. Zhao, and L. H. Schwartz. Lymph node segmentation from ct images using fast marching method. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 28(33-38), 2004.
- [141] Y. Yan, D. Bless, and X. Chen. Image Analysis in High-speed Laryngeal Imaging of Voice production. *IEEE EMBS, 27th Annual Conference: Engineering in Medicine and Biology*, pages 7684–7697, 2005.
- [142] Y. Yan, X. Chen, and D. Bless. Automatic Tracing of Vocal-Fold Motion From High-Speed Digital Images. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 53(7):1394–1400, July 2006.
- [143] Y. Yang, E. Schreibmann, T. Li, C. Wang, and L. Xing. Evaluation of on-board kv cone beam ct (cbct)-based dose calculation. *Physics in Medicine and Biology*, 52:685–705, 2007.
- [144] P. A. Yushkevich, J. Piven, H. C. Hazlett, R. G. Smith, S. Ho, J. C. Gee, and G. Gerig. User-Guided 3D Active Contour Segmentation of Anatomical Structures: Significantly Improved Efficiency and Reliability. *Neuroimage*, 31(3):1116–1128, 2006.

Spis używanych skrótów

Skrót	Opis
BAC	Biopsja Aspiracyjna Cienkoigłowa
BSFFD	Metoda doposowywania obrazów bazująca na B-funkcjach sklejanym (ang. <i>B-Spline Free Form Deformation</i>)
CBCT	Tomografia Komputerowa z wiązką uformowaną w stożek (ang. <i>Cone Beam Computed Tomography</i>)
CT	Tomografia Komputerowa (ang. <i>Computed Tomography</i>)
DM	Deformowalne modele (ang. <i>Deformable Models</i>)
GAW	Wykres zmiany powierzchni głośni (ang. <i>Glottal area waveform</i>)
HSV	Laryngologiczne, endoskopowe zapisy wideo (ang. <i>High Speed Video</i>)
HU	Jednostki Hounsfielda (ang. <i>Hounsfield Unit</i>)
MRI	Rezonans magnetyczny (ang. <i>Magnetic Resonance Imaging</i>)
PET	Pozytonowa Emisyjna Tomografia Komputerowa
ROI	Obszar/region zainteresowań (ang. <i>Region of interest</i>)
RTRT	System śledzenia nowotworu podczas radioterapii (ang. <i>Real-time tumor-tracking radiation therapy</i>)
SSD	Błąd średniokwadratowy (ang. <i>Sum of Squared Differences</i>)
VC	Wirtualna kolonoskopia (ang. <i>Virtual Colonoscopy</i>)

Spis rysunków

1.1	Liczba rekordów w bazie <i>IEEE Xplore</i> [46] dotycząca segmentacji obrazów w latach 1988 - 2008	4
2.1	Przykładowe rozwiązanie sprzętowe CT firmy Siemens [47] . . .	11
2.2	Wizualizacja tego samego przekroju w zależności od dobranych parametrów okna; Od lewej: [-1000, 4000], od góry: [-1000, 1000], [-200, 400]	13
2.3	Procedura przeprowadzania badania tomograficznego	15
2.4	Tomograf CBCT, rozwiązanie zainstalowane w North Western Medical Physics, The Christie NHS Foundation Trust, Manchester, Wielka Brytania	15
2.5	Przykładowe rozwiązanie sprzętowe HSV [48]	17
2.6	Przykładowy obraz pochodzący z systemu HSV	17
3.1	Przykład wizualizacji drzewa oskrzelowego oraz widok z kamery endoskopowej podczas BAC	20
3.2	Przykładowy przekrój CT	21
3.3	Idea działania metody wododziałowej	23
3.4	Problem nad-segmentacji	24
3.5	Schemat blokowy przedstawiający metodę segmentacji struktur okołoskrzelowych bazujący na algorytmie wododziałowym . . .	25
3.6	Ocena jakości segmentacji dla metody wododziałowej	27
3.7	Wykresy obrazujące skuteczność segmentacji - metoda wododziałowa	27
3.8	Schemat blokowy metody segmentacji struktur okołoskrzelowych w danych CT przy wykorzystaniu algorytmu rozrostu obszarów oraz deformowalnych modeli	30

3.9	Przykładowe wyniki segmentacji danych CT - struktury okołoskrzelowe	31
3.10	Wysegmentowane naczynia krwionośne - metoda wododziałowa oraz deformowalnych modeli	34
3.11	Ocena jakości segmentacji dla węzłów chłonnych	36
4.1	Przekrój 2D; Od lewej: danych 3D CT; danych 3D po operacji progowania (aut. [105])	40
4.2	Schemat blokowy zaproponowanej metody czyszczenia danych tomograficznych	42
4.3	Wykres przykładowych funkcji zastosowanych do transformacji intensywności	43
4.4	Orientacja przestrzenna granicy pomiędzy powietrzem oraz kontrastem (resztkami pokarmowymi) w danych CT, (aut. [105]) . .	44
4.5	Detekcja granicy w danych CT pomiędzy resztkami pokarmowymi a powietrzem	45
4.6	Przykładowe 2D przekroje wyników zastosowania proponowanej metody czyszczenia danych CT	46
4.7	Przykładowy wynik segmentacji jelita grubego	48
4.8	Przykładowe miejsca w danych CT, z których po czyszczeniu i rekonstrukcji 3D mogą powstać otwory w modelu	49
4.9	Wizualizacja fragmentu wysegmentowanego jelita bez operacji czyszczenia oraz przekrój 2D odpowiadających danych CT . . .	50
4.10	Wizualizacja fragmentu wysegmentowanego jelita (czyszczenie przy użyciu progowania) oraz przekrój 2D odpowiadających danych CT	50
4.11	Wizualizacja fragmentu wysegmentowanego jelita (czyszczenie przy użyciu metody opisanej w 4.2.2) oraz przekrój 2D odpowiadających danych CT	50
4.12	Schemat blokowy metody generacji ścieżki nawigacyjnej dla ruchu wirtualnej kamery endoskopowej	52
4.13	Przykładowe wyniki działania algorytmu generacji ścieżki nawigacyjnej	53
4.14	Przykład wygenerowanych ścieżek nawigacyjnych dla różnych metryk	54
4.15	Czas wyznaczenia wokseli przy różnych metrykach oraz zmiennej liczbie generowanych punktów ścieżki (aut. [103])	55

4.16	Przykładowe obrazy otrzymane z wirtualnej kamery endoskopowej, której ruch przebiegał wzdłuż ścieżki nawigacyjnej zaproponowanej w rozdziale 4.4	57
4.17	Bezprzewodowa kapsuła endoskopowa	59
4.18	Schemat blokowy przedstawiający propozycję zastosowania wirtualnej kolonoskopii do lokalizacji kapsuły endoskopowej w jelicie grubym	60
5.1	Przykładowy fragment cyklu vibracji strun głosowych.	63
5.2	Przykład reprezentacji <i>implicit</i> i <i>explicit</i> . Przypadek jednowymiarowy. $\partial\Omega = \{-2, 2\}$	65
5.3	Konstrukcja ROI w zastosowaniu do inicjalizacji metody zbiorów poziomicowych	70
5.4	Dobór wartości progów wykorzystywanych do wyznaczania markerów tła i obiektu w metodzie wododziałowej	72
5.5	Przykładowy wynik zastosowania mechanizmu kontroli otoczenia maski obiektu	73
5.6	Wyniki segmentacji danych HSV dla trzech opisanych algorytmów oraz ręcznej segmentacji	76
5.7	Histogramy skuteczności segmentacji dla trzech opisanych algorytmów	77
5.8	Przykładowy wykres GAW unormowany do maksymalnej wartości pola powierzchni pomiędzy strunami w wysegmentowanych danych HSV	79
5.9	Schemat blokowy metod dopasowywania obrazów złożony z podstawowych bloków; Na podstawie [34]	80
5.10	Przykład dopasowania obrazów HSV	81
5.11	Schemat blokowy zaproponowanej metody analizy ruchu strun głosowych w zapisach HSV	82
5.12	Metoda podziału konturów otrzymanych w wyniku segmentacji	83
5.13	Wykresy obrazujące ruch strun głosowych	84
6.1	Schemat blokowy przykładowego procesu radioterapeutycznego; Opis w tekście	86
6.2	Przykładowe projekcje CBCT zarejestrowane dla różnych kątów projekcji	89
6.3	Schemat blokowy proponowanej metody śledzenia znaczników w danych CBCT, (aut. [72])	90
6.4	Geometria systemu CBCT [69]	92

6.5	Współrzędne u , v , 6 znaczników w funkcji θ - położenie wyznaczone ręcznie	93
6.6	Trajektorie $u_1(\theta)$ oraz $v_1(\theta)$ - linie ciągłe, współrzędne środka znacznika dla różnych kątów θ	93
6.7	Błąd predykcji dla znaczników wskazywanych ręcznie	97
6.8	Idea działania metody <i>mean shift</i> [114]	98
6.9	Przykład działania algorytmu <i>mean shift</i> dla różnych punktów początkowych	101
6.10	Wyniki śledzenia markerów na obrazach CBCT - przykładowe ramki	103
6.11	Porównanie pozycji znaczników otrzymanych z algorytmu ze wskazaniami ekspertów	104
6.12	Błąd estymacji pozycji znaczników (dla znaczników nr 1, 3, 5) .	105

Spis tabel

2.1	Wartości HU dla przykładowych tkanek ludzkich [32]	12
3.1	Średnie czasy potrzebne na segmentację struktur anatomicznych przy wykorzystaniu metody deformowalnych modeli	32
3.2	Skuteczność segmentacji dla drzewa oskrzelowego, naczyń krwionośnych oraz modelu węzłów chłonnych wyznaczona na podstawie zależności 3.9	35
4.1	Średni czas obliczeń algorytmu czyszczenia danych CT dla jednego 2D przekroju o wymiarach 512x512 pikseli	46
4.2	Czas wyznaczenia poszczególnych etapów algorytmu generacji ścieżki nawigacyjnej	56
5.1	Średnie wartości wskaźników TPF , FNF , FF oraz średni czas obliczeń dla jednej ramki zaprezentowanych algorytmów segmentacji danych HSV	78
6.1	Analiza skuteczności śledzenia znaczników. Różnica pomiędzy wskazaniami algorytmu i ekspertów: odchylenie standardowe błędu dla każdej osi σ_u σ_v oraz błąd maksymalny (metryka Euklidesowa). Dla porównania przedstawiono analogiczne parametry dla wskazań ekspertów (aut. [72])	106
6.2	Liczba wyników [%], których odległość jest większa niż $t\sigma_d(k)$ dla $t = 3 \dots 6$; $\sigma_d(k)$ - odchylenie standardowe wskazań ekspertów dla wszystkich znaczników i projekcji, (aut. [72])	106

Skorowidz

Algorytm

- aktywnych konturów, 22, 41, 64
- deformowalnych modeli, 29
- Mean Shift, 22
- mean shift, 88, 94, 109
- progowania, 5, 26, 40, 41, 47, 63, 71
- rozrostu obszaru, 6, 28, 47, 63
- wododziałowy, 23, 48, 74
- zbiorów poziomicowych, 22, 29, 64, 74

Aproksymacja, 71

BAC, 3, 7, 19

CBCT, 85

- geometria systemu, 91

Dane tomograficzne, 33, 35, 41

- czyszczenie, 40, 41

DICOM, 13

Dopasowywanie obrazów, 79

- metody deformowalne, 79

Dopasowywanie wzorców, 87

Drzewo oskrzelowe, 19, 49

Endoskop, 38

Filtracja

- Gaussa, 29
- medianowa, 41, 70
- morfologiczna, 26, 42, 43
- uśredniająca, 46
- Wienera, 25, 91

Fluoroscopia, 87

Fonowibrografia, 64, 78

Funkcja

Diraca, 68

- gęstości prawdopodobieństwa, 71

Gaussa, 43, 68, 100

Heaviside'a, 68

krawędziowa, 68

- odległości ze znakiem, 66

GAW, 78

Gradient, 24, 29, 35, 48, 91

Histogram, 47

- wyrównanie, 26

HSV, 16, 62

- analiza, 78

- parametry, 16

Interpolacja, 51, 56

Jelito grube, 38, 49

- diagnostyka, 39

Kamera, 58, 59

- wirtualna, 39, 49, 51

Kapsułka endoskopowa, 58

Kolonoskopia, 38

- wirtualna, 3, 7, 39, 49

Maska

- binarna, 41
- Prewitta, 5
- Sobela, 5, 25, 48

Metryka, 52

- Czebyszewa, 53
- Euklidesowa, 52
- Manhattan, 53

Miara, 74

- Momenty geometryczne, 98
- Naczynia krwionośne, 32, 33
- Objętość tarczowa, 86
- Predykcja, 90
- Równanie
 - metod poziomicowych, 66
- Radioterapia, 86
- ROI, 69, 73
- Segmentacja
 - analiza dokładności, 33
 - definicja, 3
 - klasyfikacja metod, 5
 - ręczna, 22, 33
- Skala Hounsfielda, 12
- Struny głosowe, 63, 69
- Ścieżka nawigacyjna, 7, 39, 49
- Tomografia Komputerowa, 3, 10, 39
 - budowa, 11
 - CBCT, 7, 14
 - zasada działania, 11
- Tomografia komputerowa, 40, 87
 - położenie pacjenta, 45
- Transformacja
 - afiniczna, 79
 - Hougha, 5
 - intensywności, 42, 69
 - logarytmiczna, 91
 - odległości, 49, 51, 52
- Węzły chłonne, 21, 32, 33
- Wizualizacja, 37, 42, 46
 - jelita grubego, 48
- Złote znaczniki, 87, 109