

# PODSTAWY PRZETWARZANIA OBRAZÓW CYFROWYCH

BINARYZACJA / SEGMENTACJA / MORFOMETRIA

WERSJA DOŚĆ WSTĘPNA ;]

© 2021,  
adam.piorkowski@agh.edu.pl

# BINARYZACJA/DETEKCJA/SEGMENTACJA

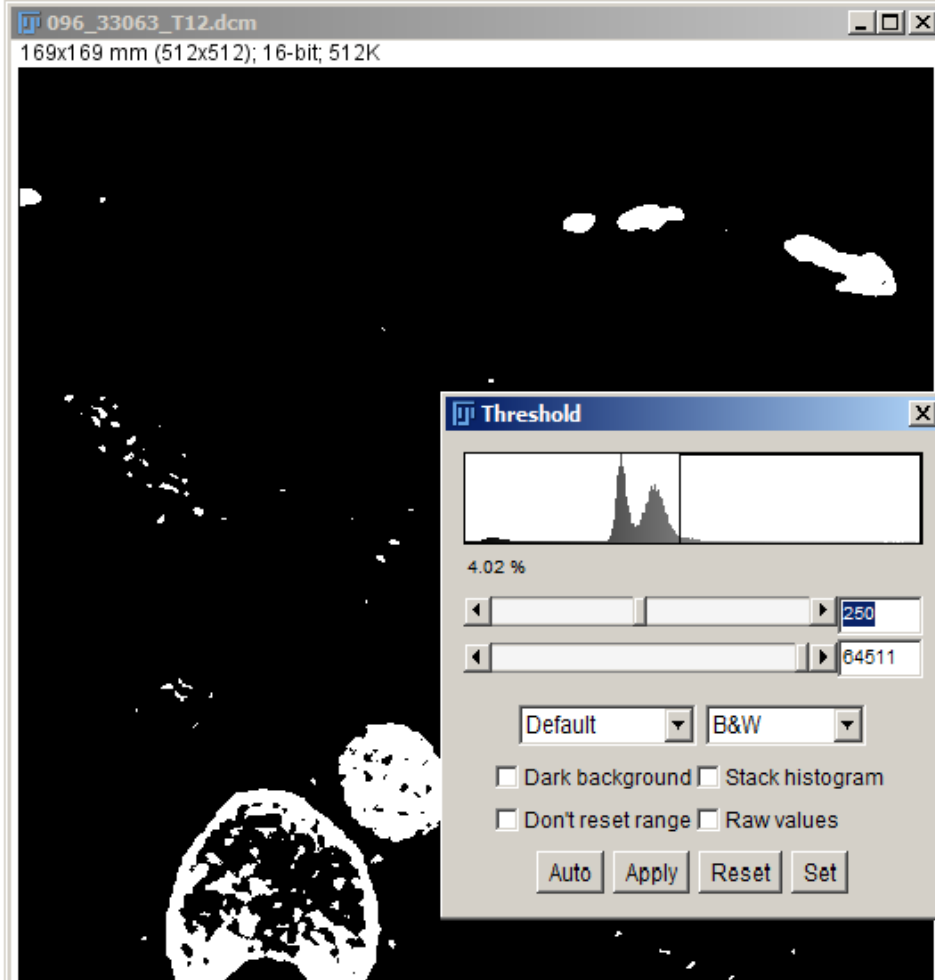
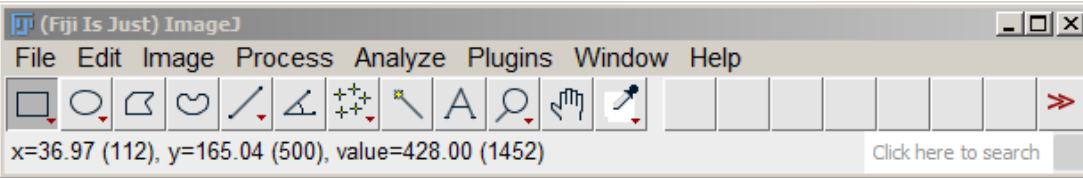
- Binaryzacja: przyporządkowanie danemu obrazowi obrazu binarnego, w którym wartość 1 odpowiada wyróżnionym obiektom, a wartość 0 – tłu.
- Detekcja obiektów: wskazanie spójnych obiektów (lokalizacja, stwierdzenie ich występowania).
- Segmentacja obiektów: wyznaczenie dokładnej powierzchni (dokładnego obrysu) obiektu.

# Zagadnienia

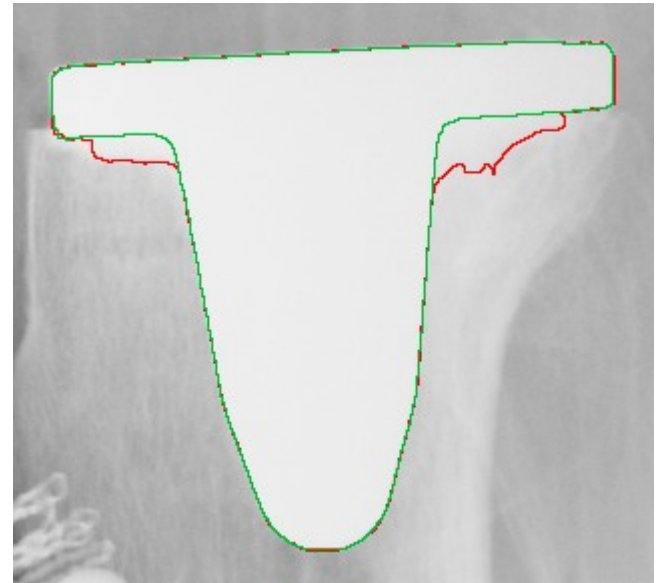
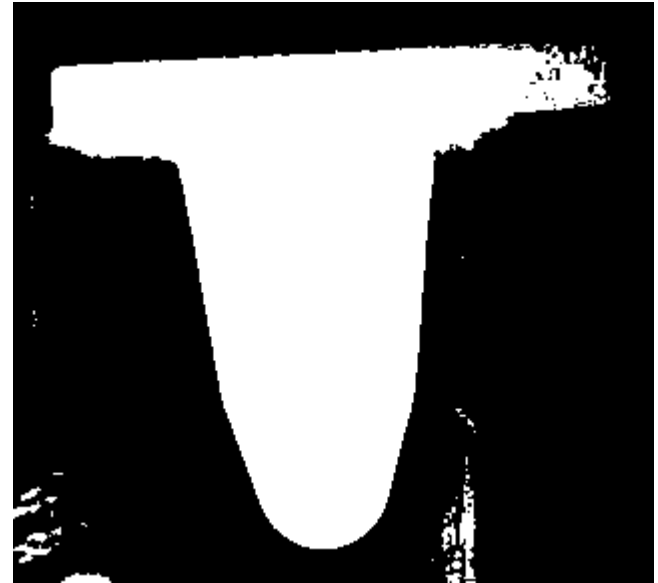
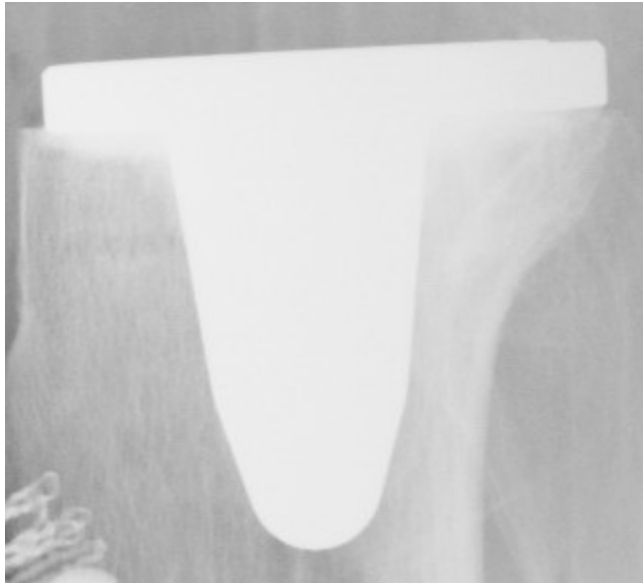
- Progowanie globalne
- Progowanie lokalne
- Progowanie wieloprogrowe
- Progowanie z histerezą
- Inne metody
  - Metoda Canny'ego, H-minima, Extended-H-Minima
  
- Etykietowanie
- Morfometria

# Progowanie globalne

CT ma skalibrowaną skalę, np. kości są od 250 HU (poniżej badanie z podanym kontrastem!)

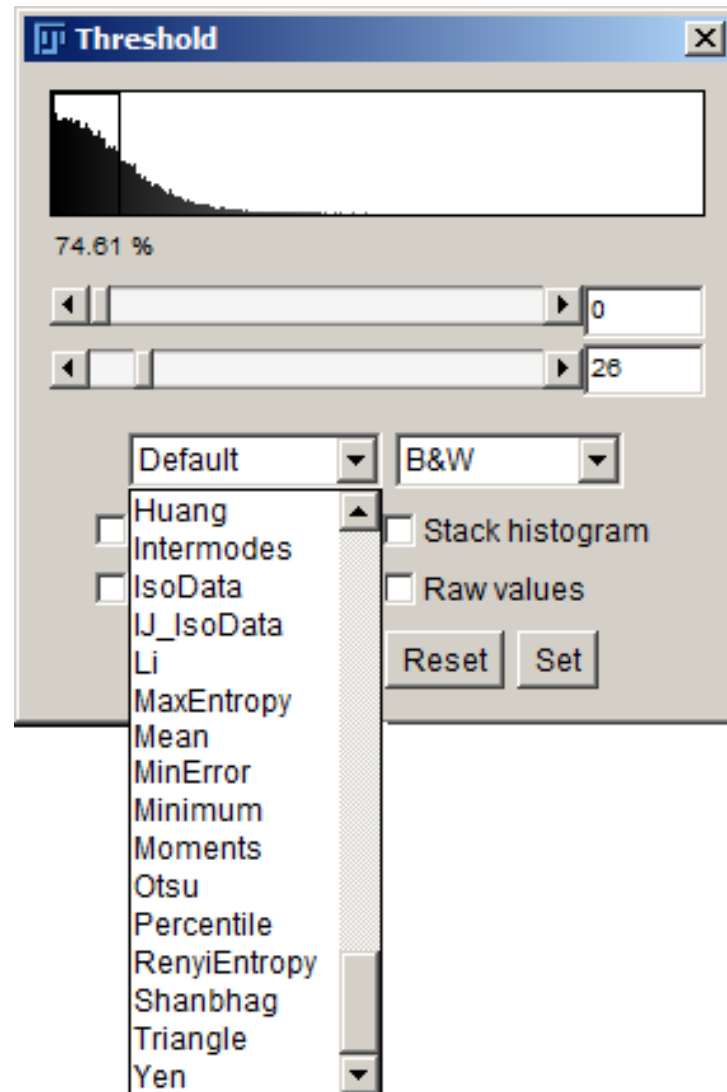


# Progowanie globalne a inne metody ...



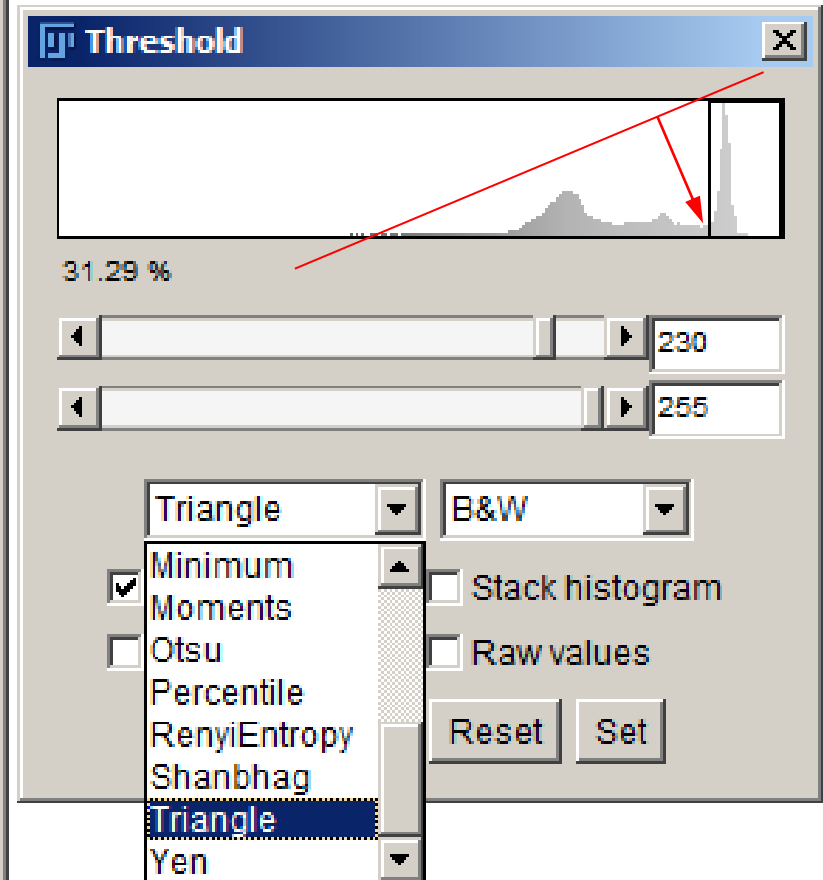
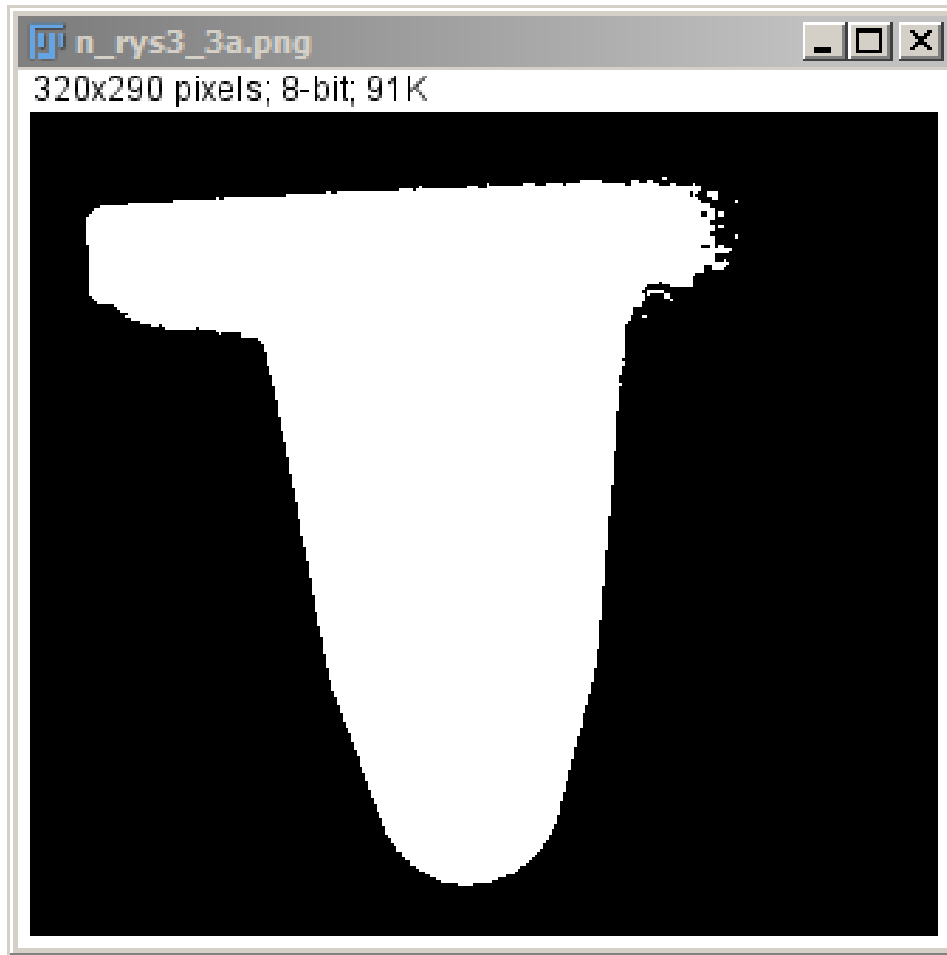
# Metody automatycznego doboru progu

- Otsu
- Triangle
- ....



# Metody automatycznego doboru progu

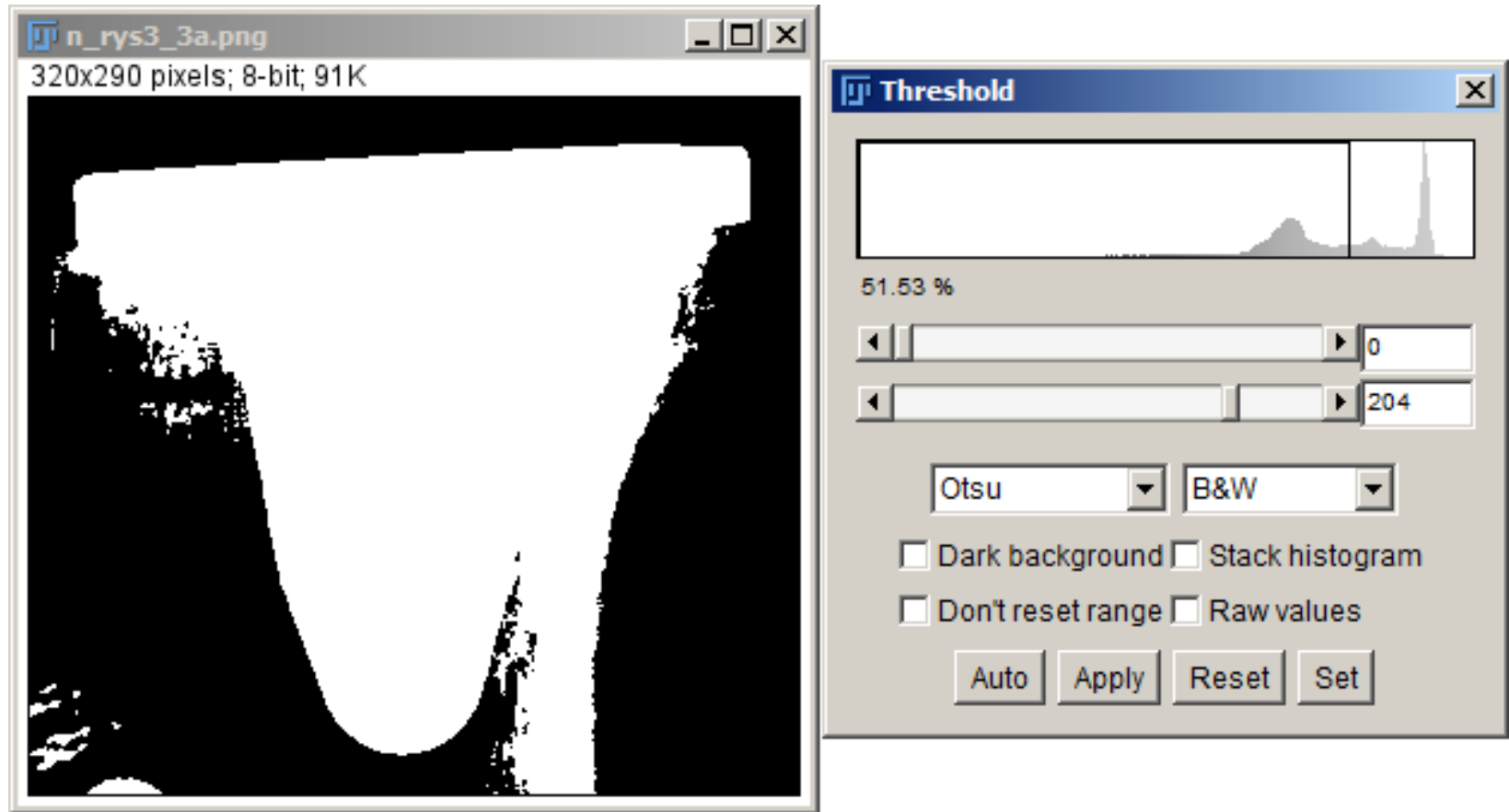
## Triangle



1. wyznaczanie połączenia min-max
2. wyznaczanie najdłuższej odległości tej linii od histogramu
3. wskazane miejsce jest poszukiwanym progiem

# Metody automatycznego doboru progu

## Otsu

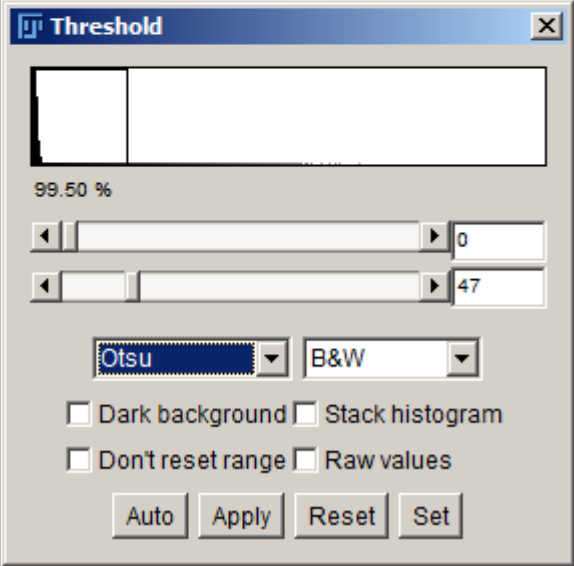
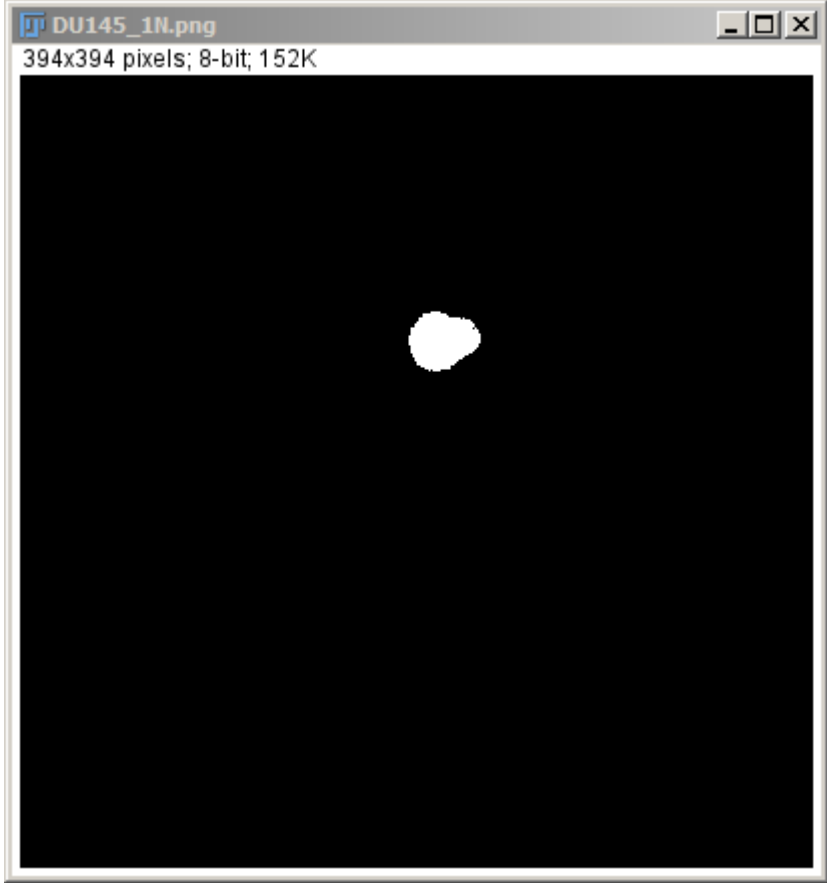


1. Podział pikseli na dwie klasy – obiekt (powyżej zadanego progu) i tło (pozostałe)

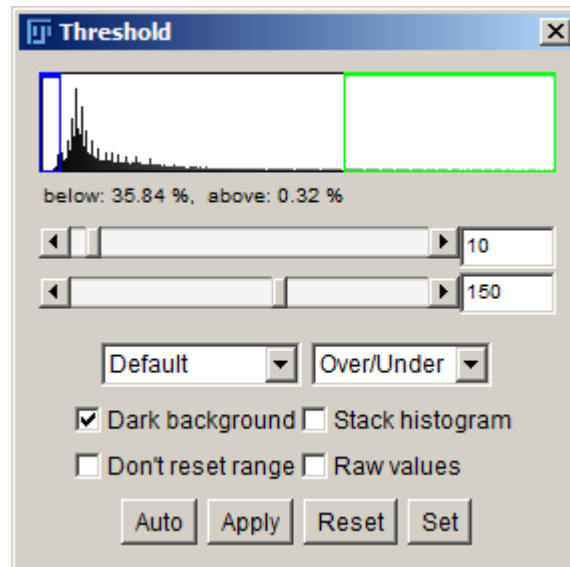
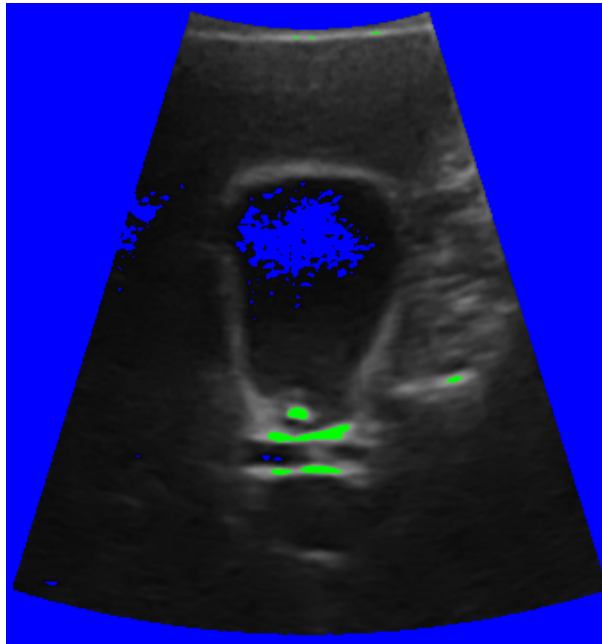
2. Poszukiwanie progu, dla którego wariancja międzyklasowa jest największa

Metoda najlepiej sprawdza się wówczas gdy liczebność obu klas jest porównywalna, ale....

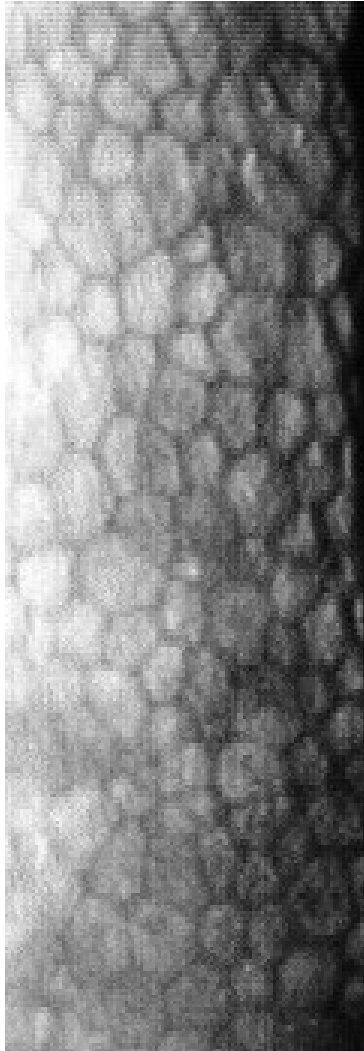




# Binaryzacja dwuprogowa



# 'uneven illumination'



SRC



Bint=128



Bint=98

## I. WSTĘP

Prezentowany artykuł przedstawia wybrane badania naukowe z zakresu przetwarzania obrazów medycznych przeprowadzane w Katedrze Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej AGH w ostatnich dwóch latach. Skupiono się przede wszystkim na stosowaniu analizy teksturalnej w aspektach populacyjnych i klinicznych w medycynie, a także na doskonaleniu metod segmentacji z wykorzystaniem uczenia maszynowego. Otrzymane wyniki w większości były publikowane. Warto też podkreślić rolę studentów kierunku inżynieria biomedyczna, którzy (najczęściej w ramach prac dyplomowych) dokonywali odpowiednich segmentacji, selekcji danych i obliczeń statystycznych. Nie należy również zapominać o współpracy instytucjonalnej – dane pozyskano w ramach umocowanej prawnie umowami ramowymi współpracy z Klinicą Szpitala Specjalistycznym im. Jana Pawła II w Krakowie, Małopolskim Szpitalem Ortopedyczno-Rehabilitacyjnym w Krakowie, Szpitalem Uniwersyteckim w Krakowie oraz Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego.

src

## I. WSTĘP

Prezentowany artykuł przedstawia wybrane badania naukowe z zakresu przetwarzania obrazów medycznych przeprowadzane w Katedrze Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej AGH w ostatnich dwóch latach. Skupiono się przede wszystkim na stosowaniu analizy teksturalnej w aspektach populacyjnych i klinicznych w medycynie, a także na doskonaleniu metod segmentacji z wykorzystaniem uczenia maszynowego. Otrzymane wyniki w większości były publikowane. Warto też podkreślić rolę studentów kierunku inżynieria biomedyczna, którzy (najczęściej w ramach prac dyplomowych) dokonywali odpowiednich segmentacji, selekcji danych i obliczeń statystycznych. Nie należy również zapominać o współpracy instytucjonalnej – dane pozyskano w ramach umocowanej prawnie umowami ramowymi współpracy z Klinicą Szpitala Specjalistycznym im. Jana Pawła II w Krakowie, Małopolskim Szpitalem Ortopedyczno-Rehabilitacyjnym w Krakowie, Szpitalem Uniwersyteckim w Krakowie oraz Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego.

bin t=80

## I. WSTĘP

Prezentowany artykuł przedstawia wybrane badania naukowe z zakresu przetwarzania obrazów medycznych przeprowadzane w Katedrze Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej AGH w ostatnich dwóch latach. Skupiono się przede wszystkim na stosowaniu analizy teksturalnej w aspektach populacyjnych i klinicznych w medycynie, a także na doskonaleniu metod segmentacji z wykorzystaniem uczenia maszynowego. Otrzymane wyniki w większości były publikowane. Warto też podkreślić rolę studentów kierunku inżynieria biomedyczna, którzy (najczęściej w ramach prac dyplomowych) dokonywali odpowiednich segmentacji, selekcji danych i obliczeń statystycznych. Nie należy również zapominać o współpracy instytucjonalnej – dane pozyskano w ramach umocowanej prawnie umowami ramowymi współpracy z Klinicą Szpitala Specjalistycznym im. Jana Pawła II w Krakowie, Małopolskim Szpitalem Ortopedyczno-Rehabilitacyjnym w Krakowie, Szpitalem Uniwersyteckim w Krakowie oraz Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego.

bs r=10

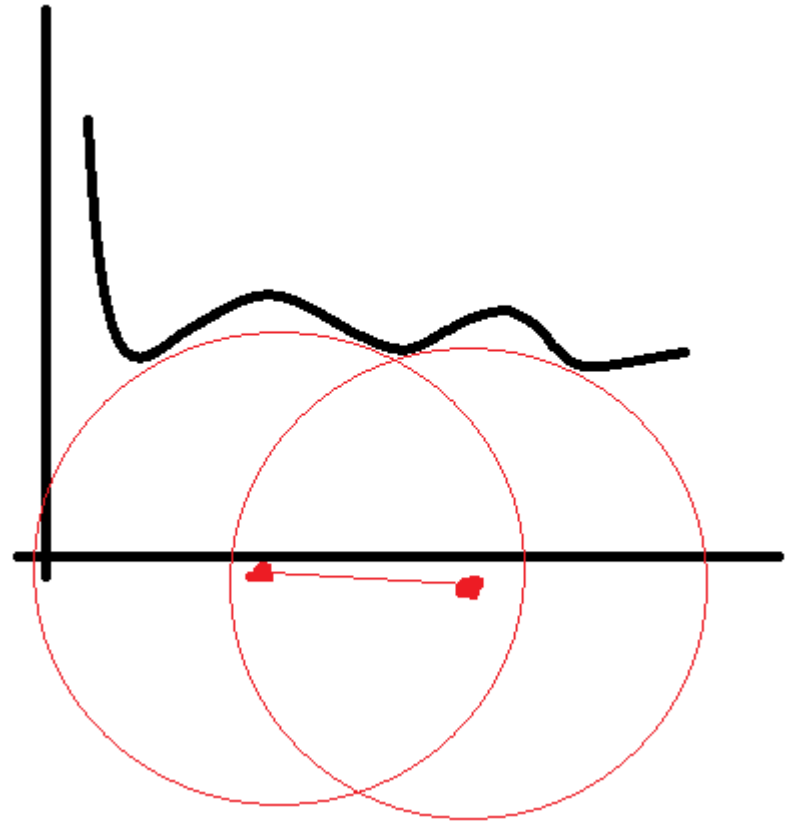
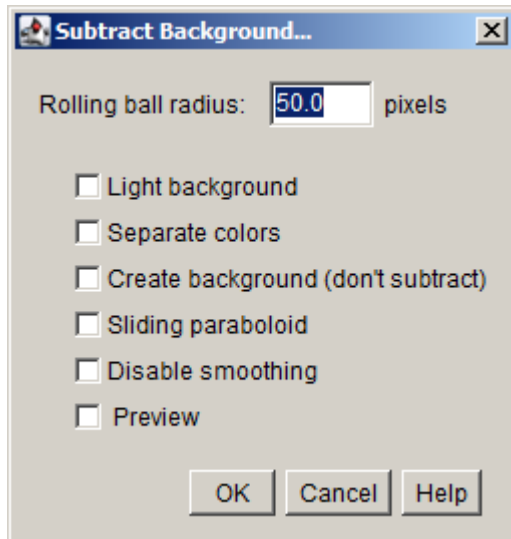
## I. WSTĘP

Prezentowany artykuł przedstawia wybrane badania naukowe z zakresu przetwarzania obrazów medycznych przeprowadzane w Katedrze Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej AGH w ostatnich dwóch latach. Skupiono się przede wszystkim na stosowaniu analizy teksturalnej w aspektach populacyjnych i klinicznych w medycynie, a także na doskonaleniu metod segmentacji z wykorzystaniem uczenia maszynowego. Otrzymane wyniki w większości były publikowane. Warto też podkreślić rolę studentów kierunku inżynieria biomedyczna, którzy (najczęściej w ramach prac dyplomowych) dokonywali odpowiednich segmentacji, selekcji danych i obliczeń statystycznych. Nie należy również zapominać o współpracy instytucjonalnej – dane pozyskano w ramach umocowanej prawnie umowami ramowymi współpracy z Klinicą Szpitala Specjalistycznym im. Jana Pawła II w Krakowie, Małopolskim Szpitalem Ortopedyczno-Rehabilitacyjnym w Krakowie, Szpitalem Uniwersyteckim w Krakowie oraz Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego.

bs r=10, bin t=240

# Wyrównywanie tła

- Background Subtraction (Roll Ball)



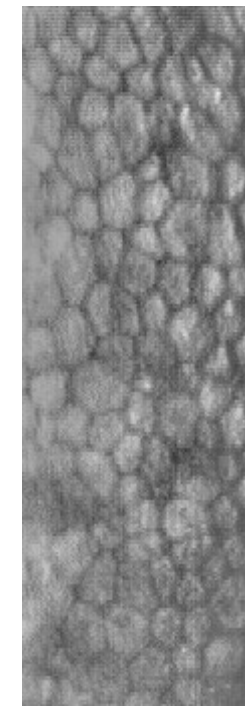
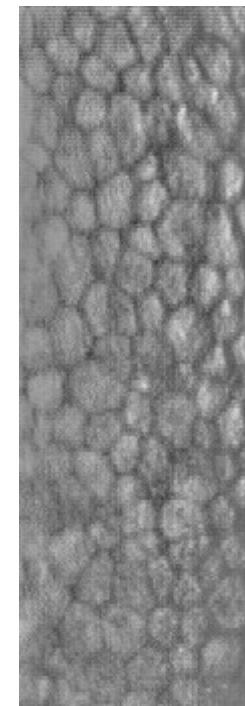
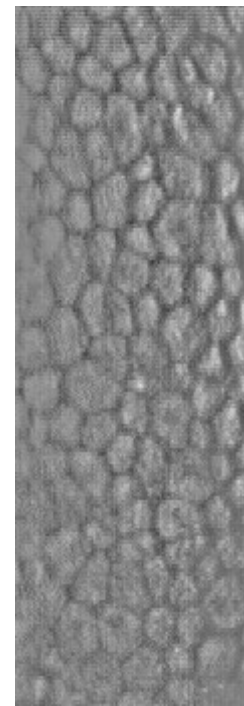
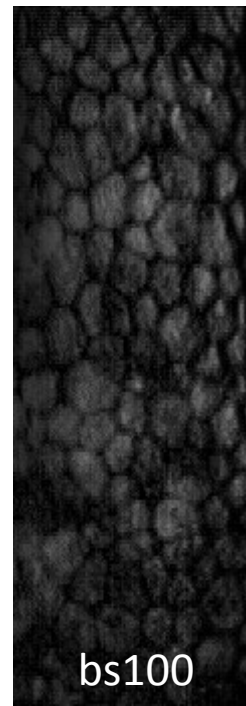
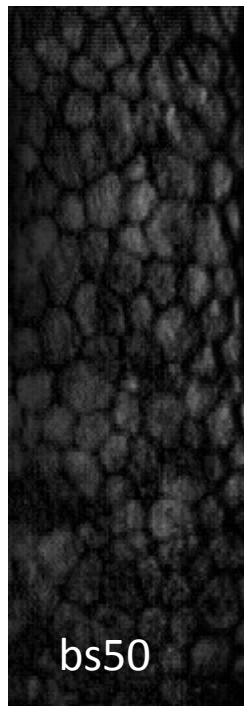
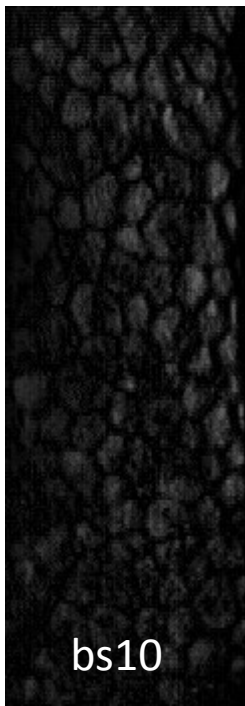
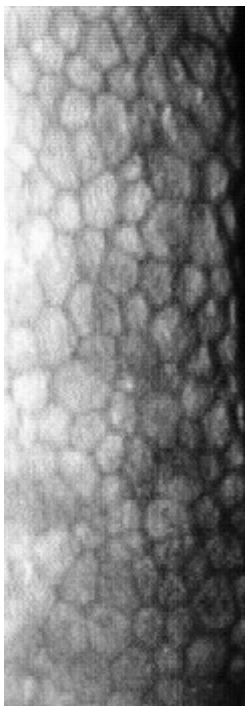
Sternberg, S. R. : Biomedical image processing. Computer, 1983, 16(01), 22-34.

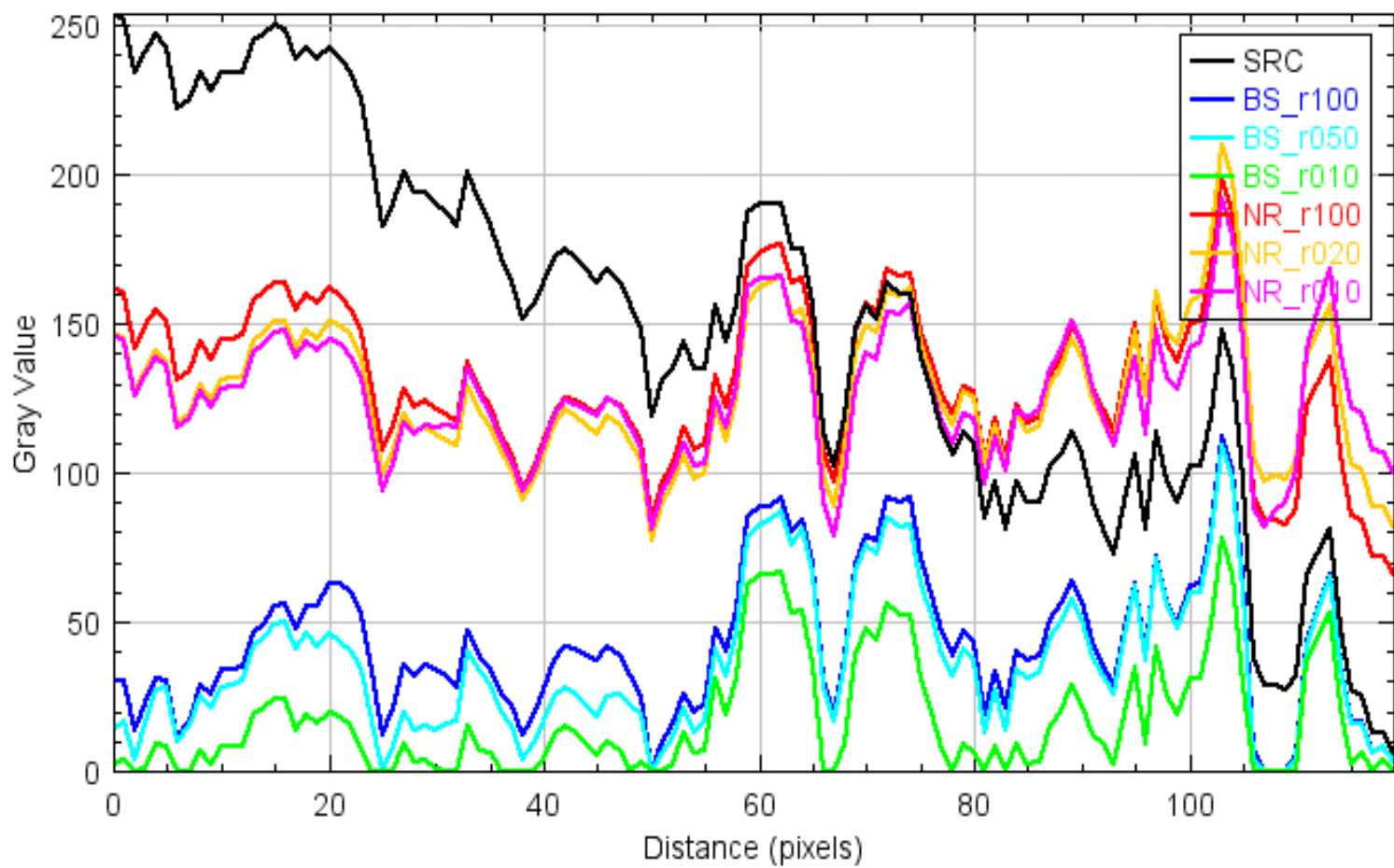
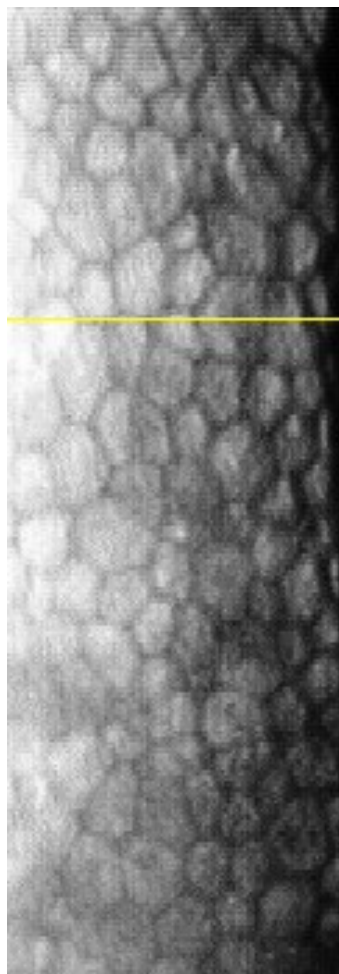
- dodawanie różnicy średniej w otoczeniu i wartości zadanej do punktu centralnego

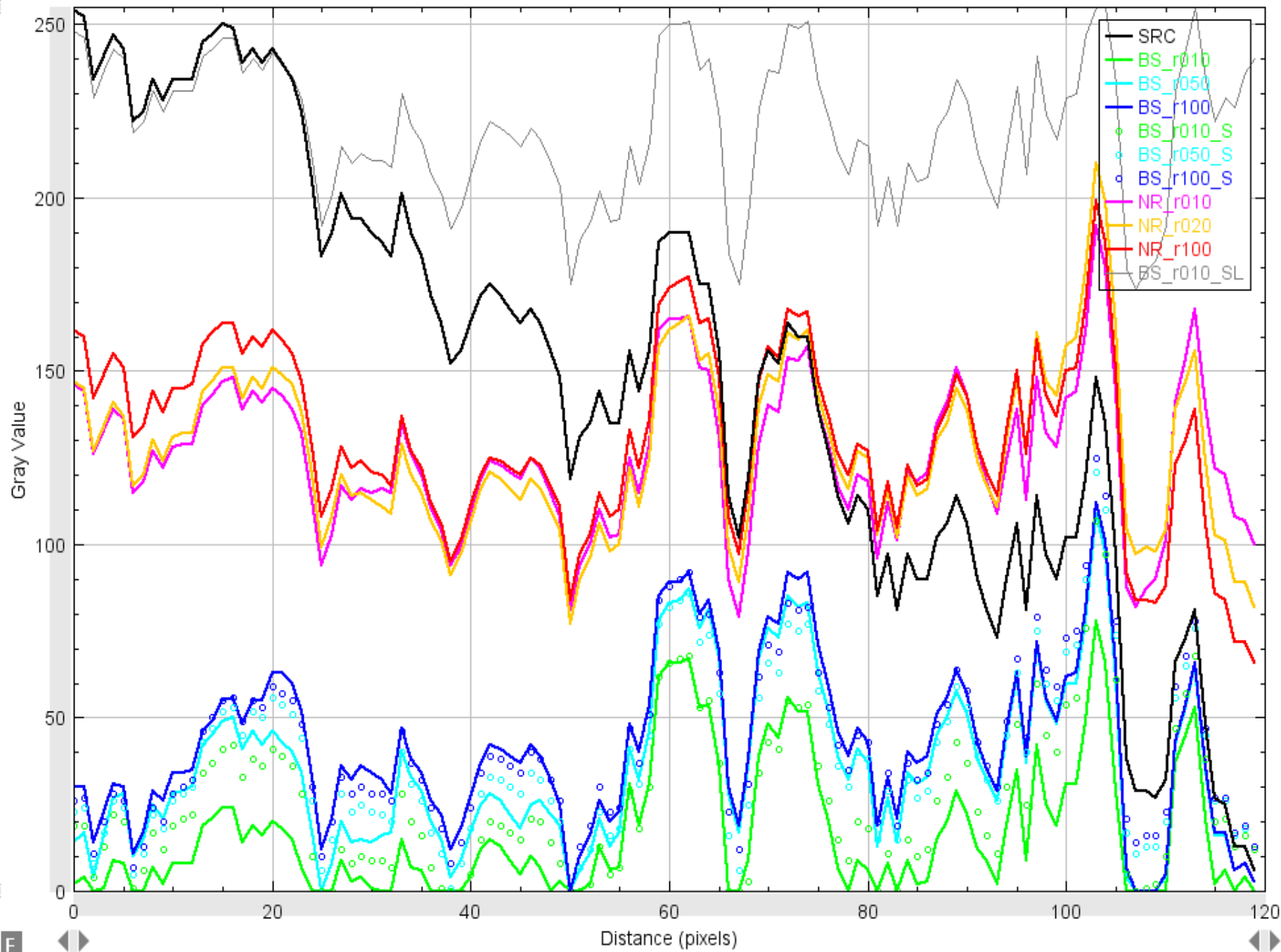
$$P_{out}(x,y) = P_{in}(x,y) + (S - S_r(x,y))$$

$S$  - średnia zadana, np. 128

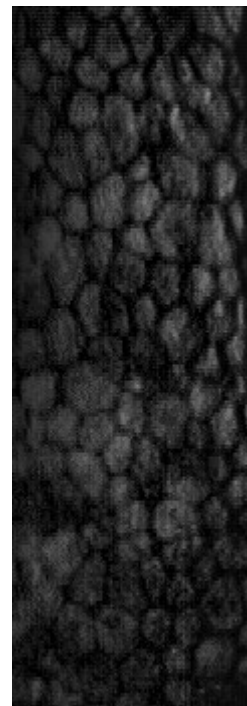
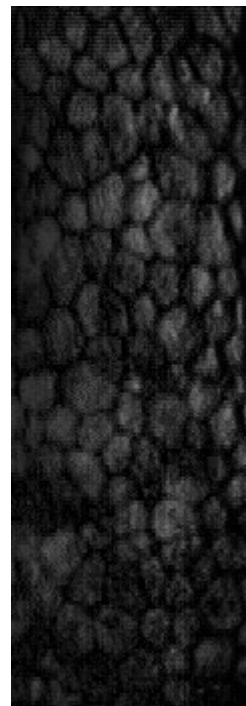
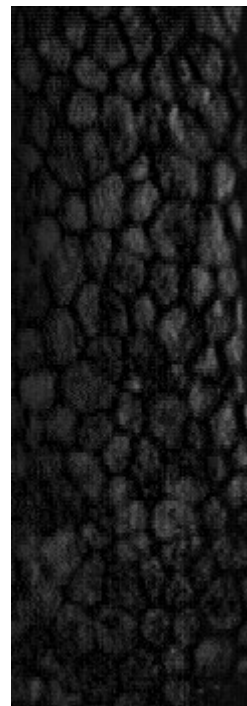
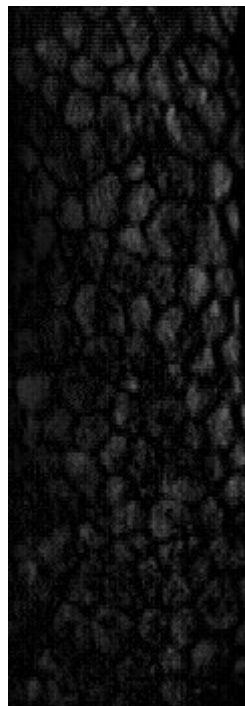
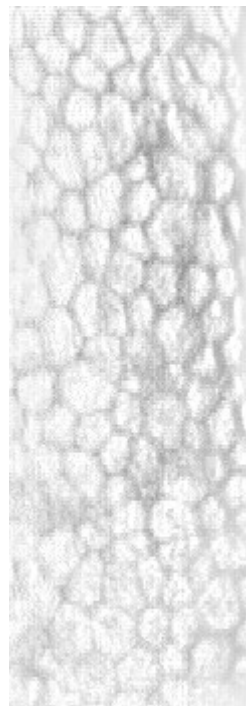
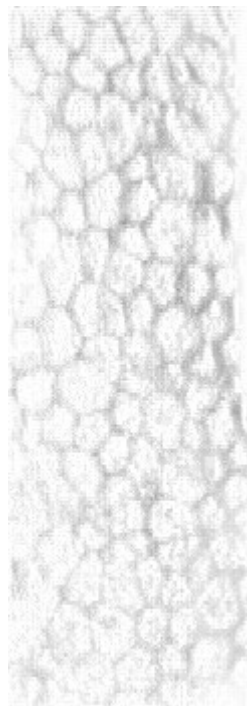
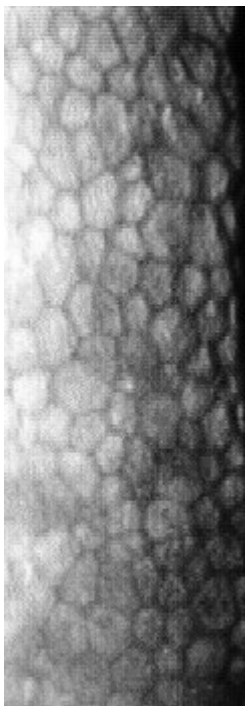
$S_r(x,y)$  - średnia otoczenia punktu  $(x,y)$  w promieniu  $r$











BS,  $r=10$ , L

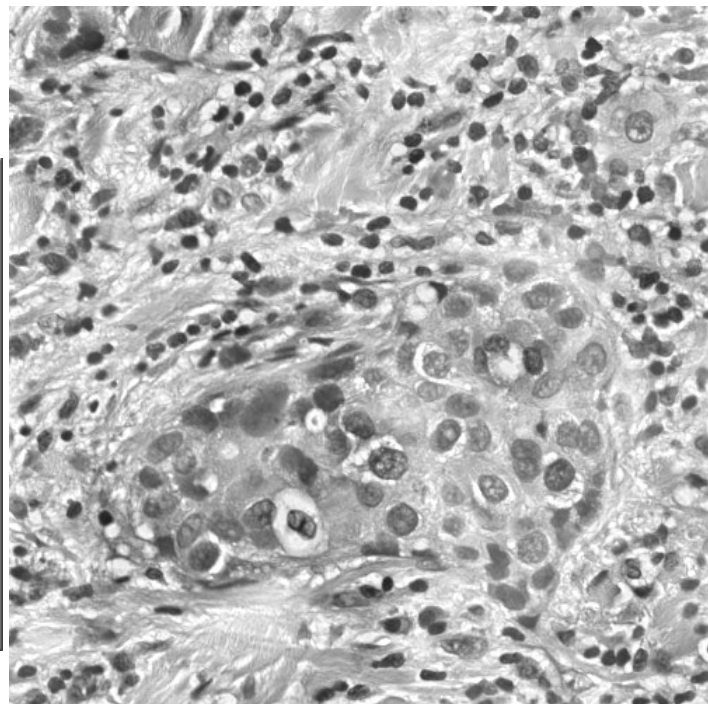
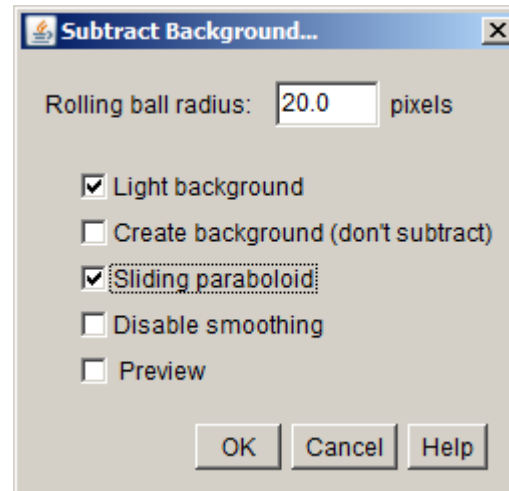
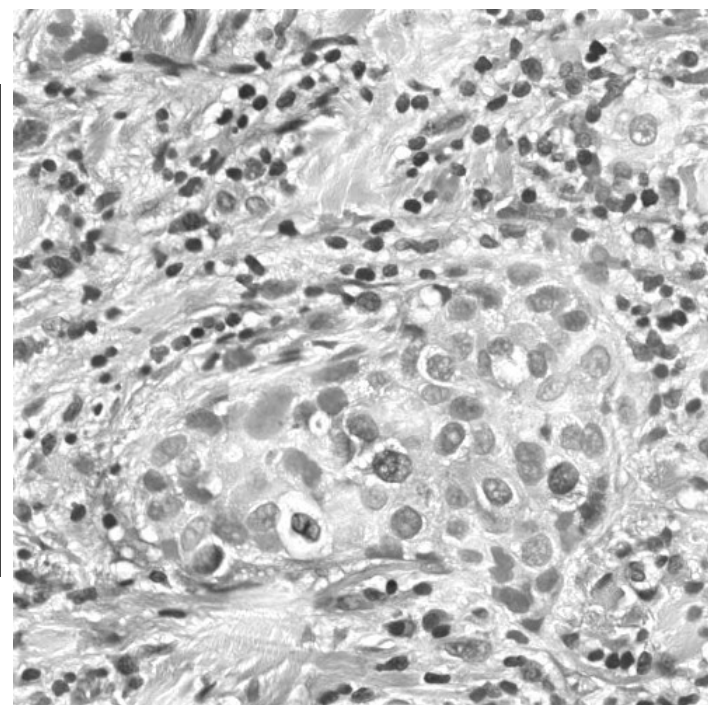
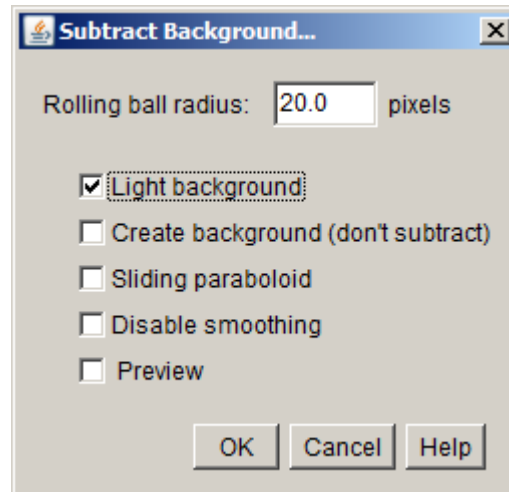
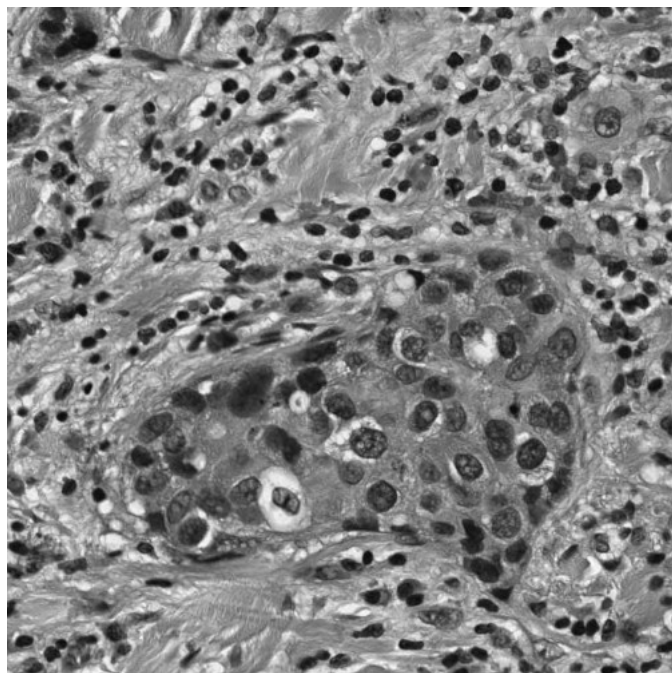
BS,  $r=10$ , L, P

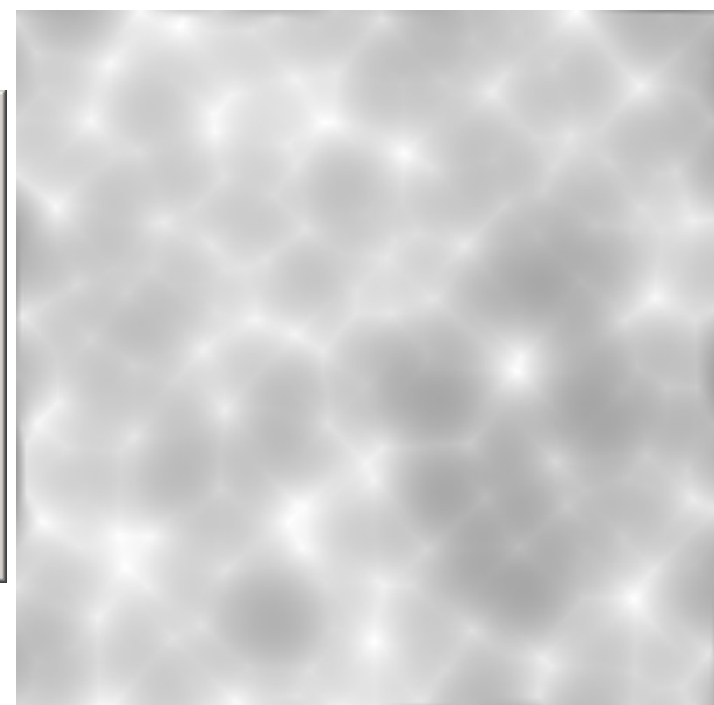
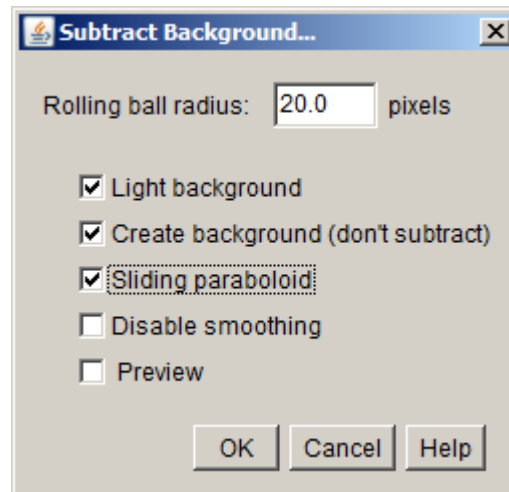
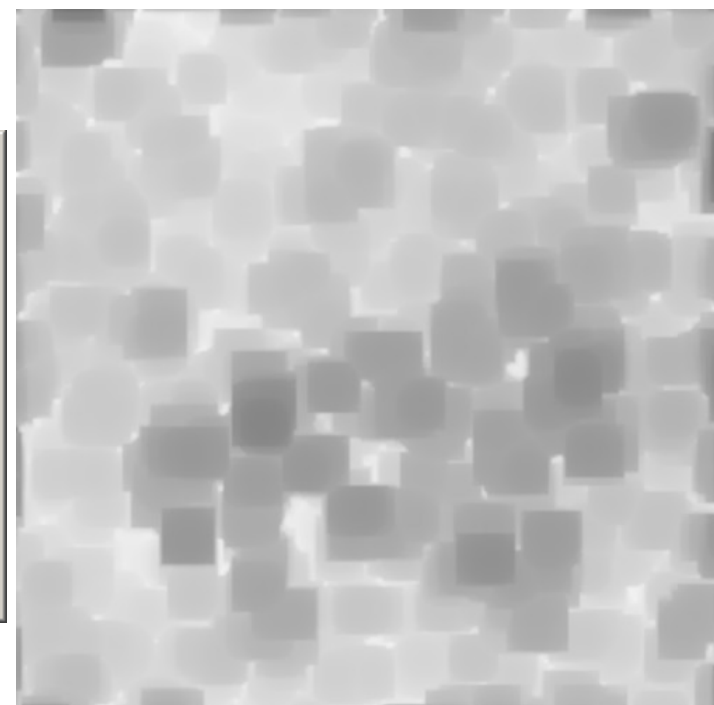
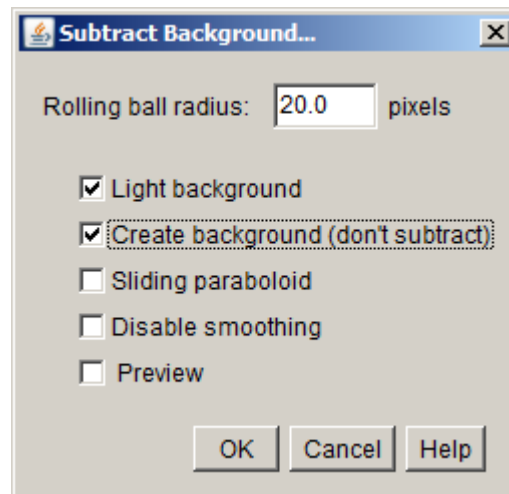
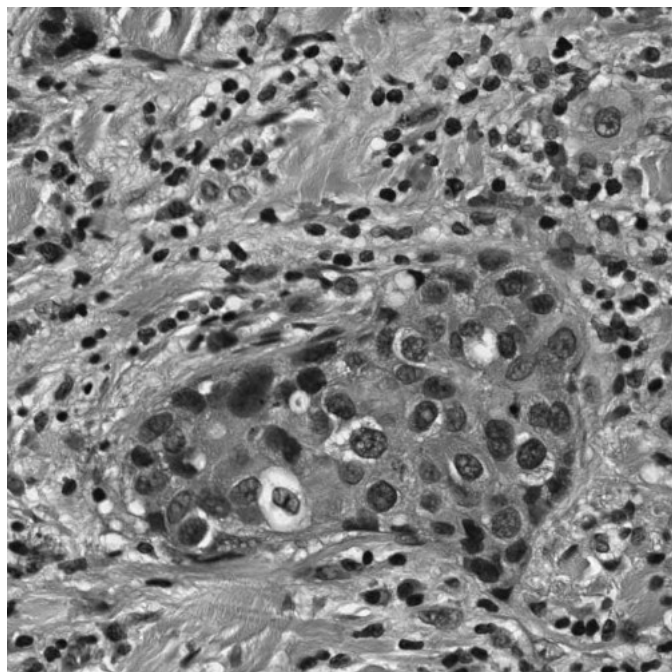
BS,  $r=10$

BS,  $r=10$ , P

BS,  $r=50$

BS,  $r=50$ , P





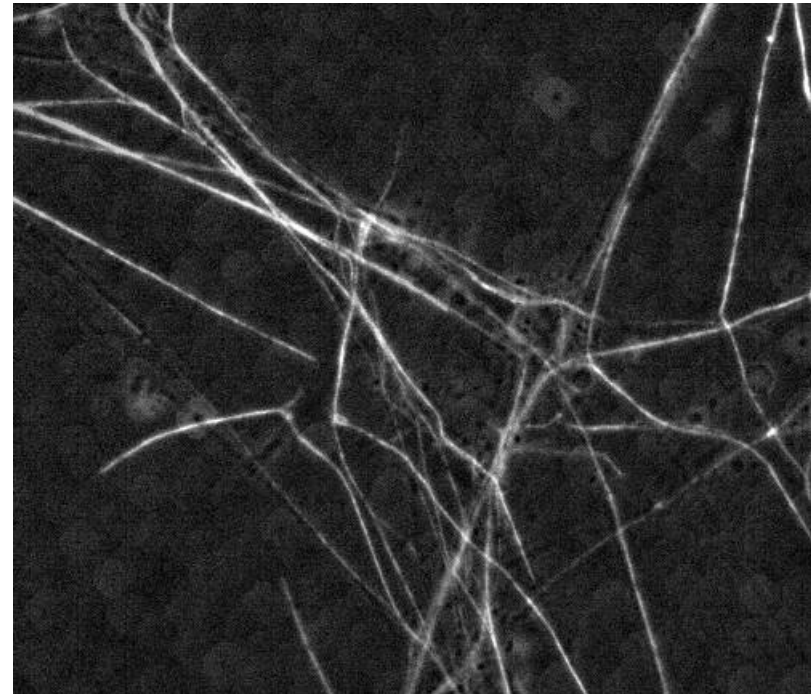
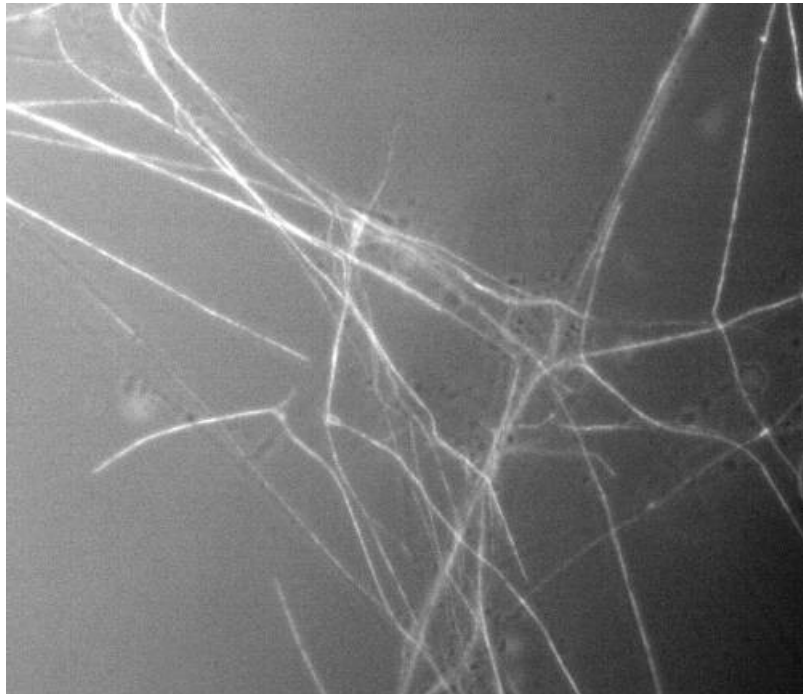
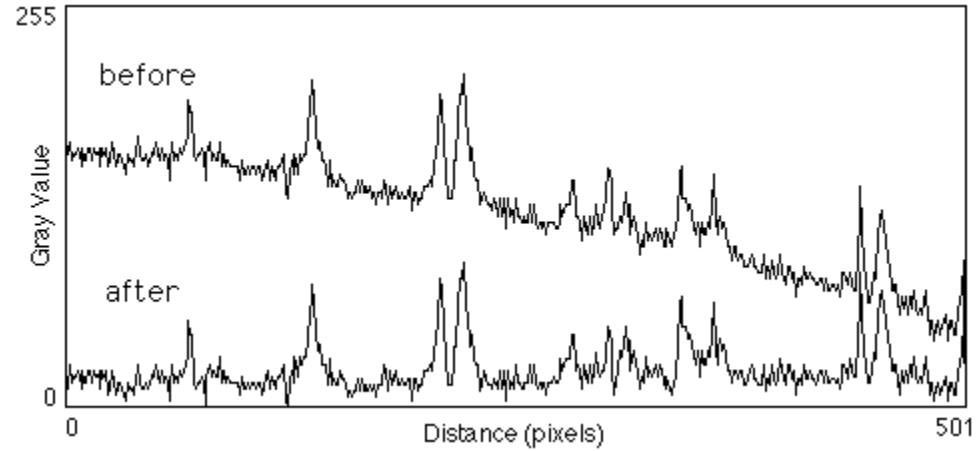


# Background Correction

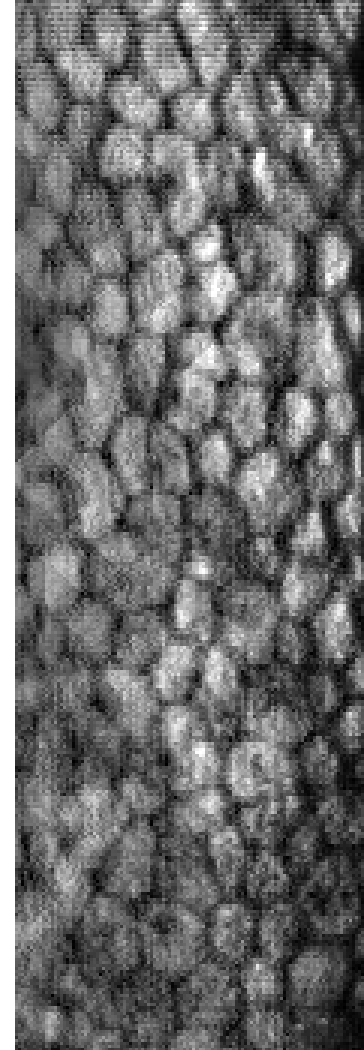
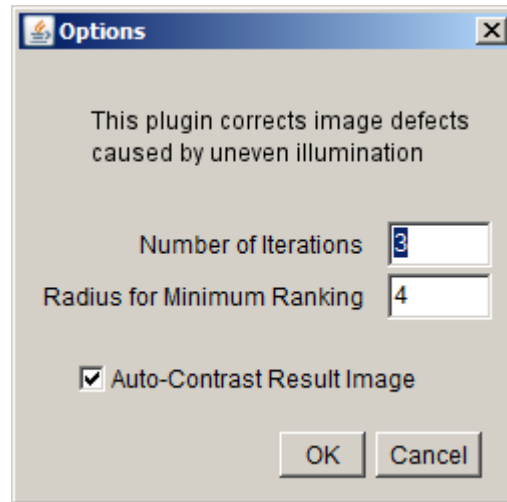
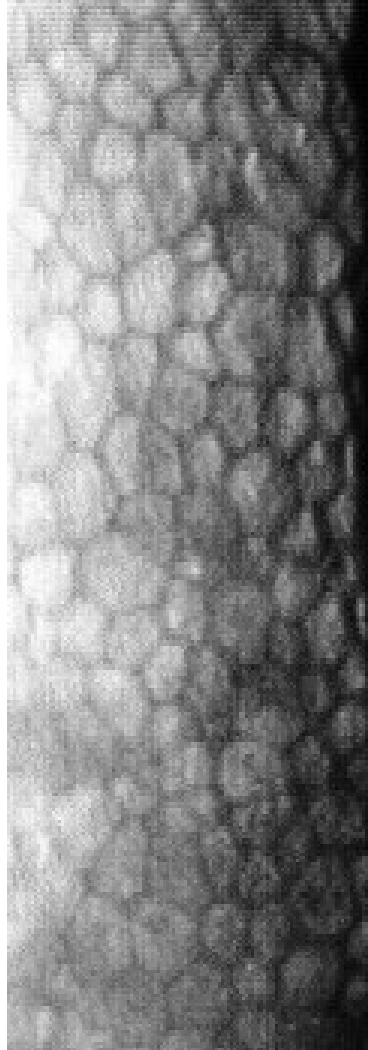
<https://imagej.nih.gov/ij/plugins/background.html>

The plugin performs the following steps:

1. Generates a background image estimated through iterations of the minimum ranking with the number of iterations defined by the user.
2. Subtracts the background image from the original image and generates a result image.
3. Contrast enhances the result image.

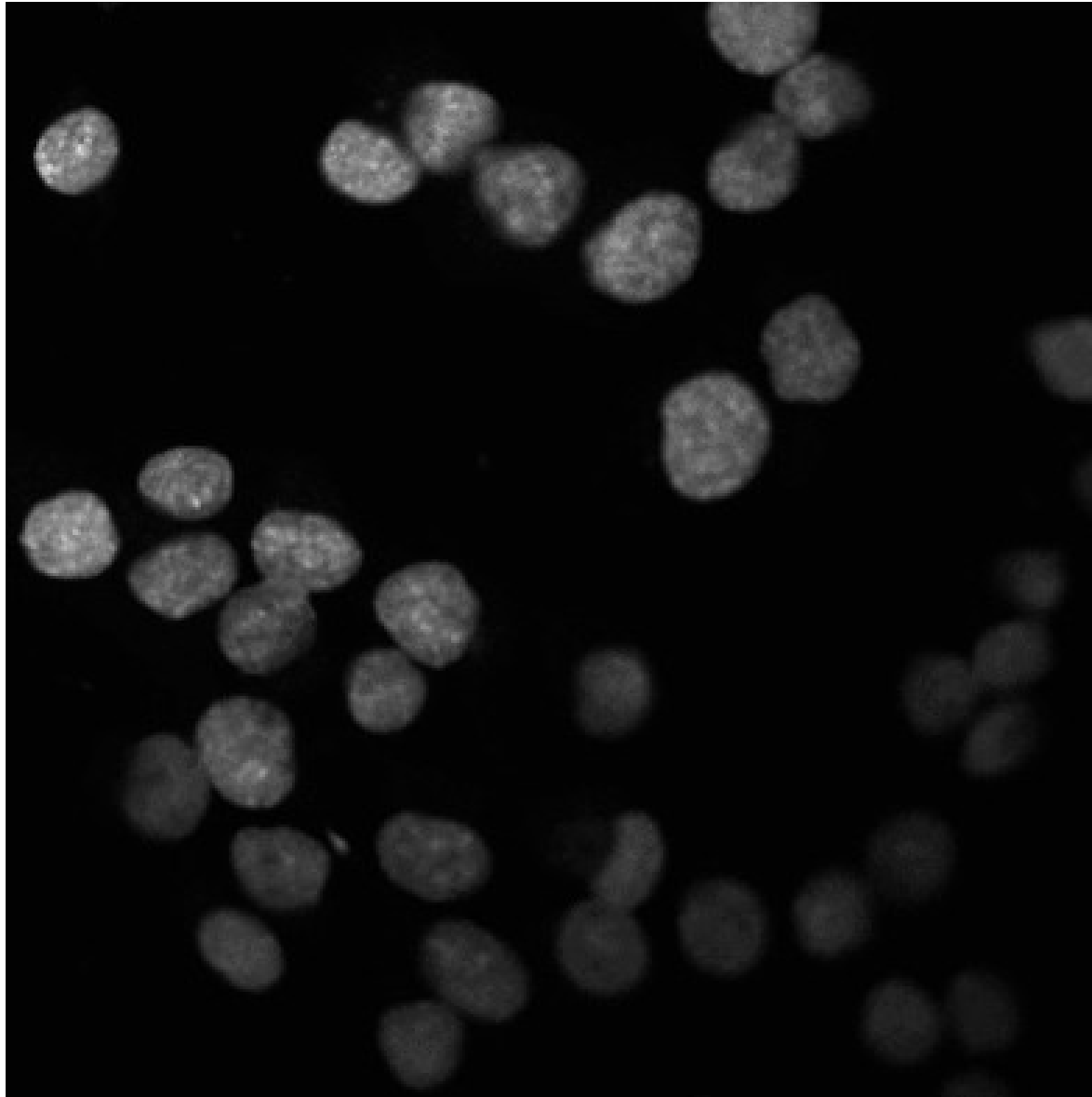


# Background Correction

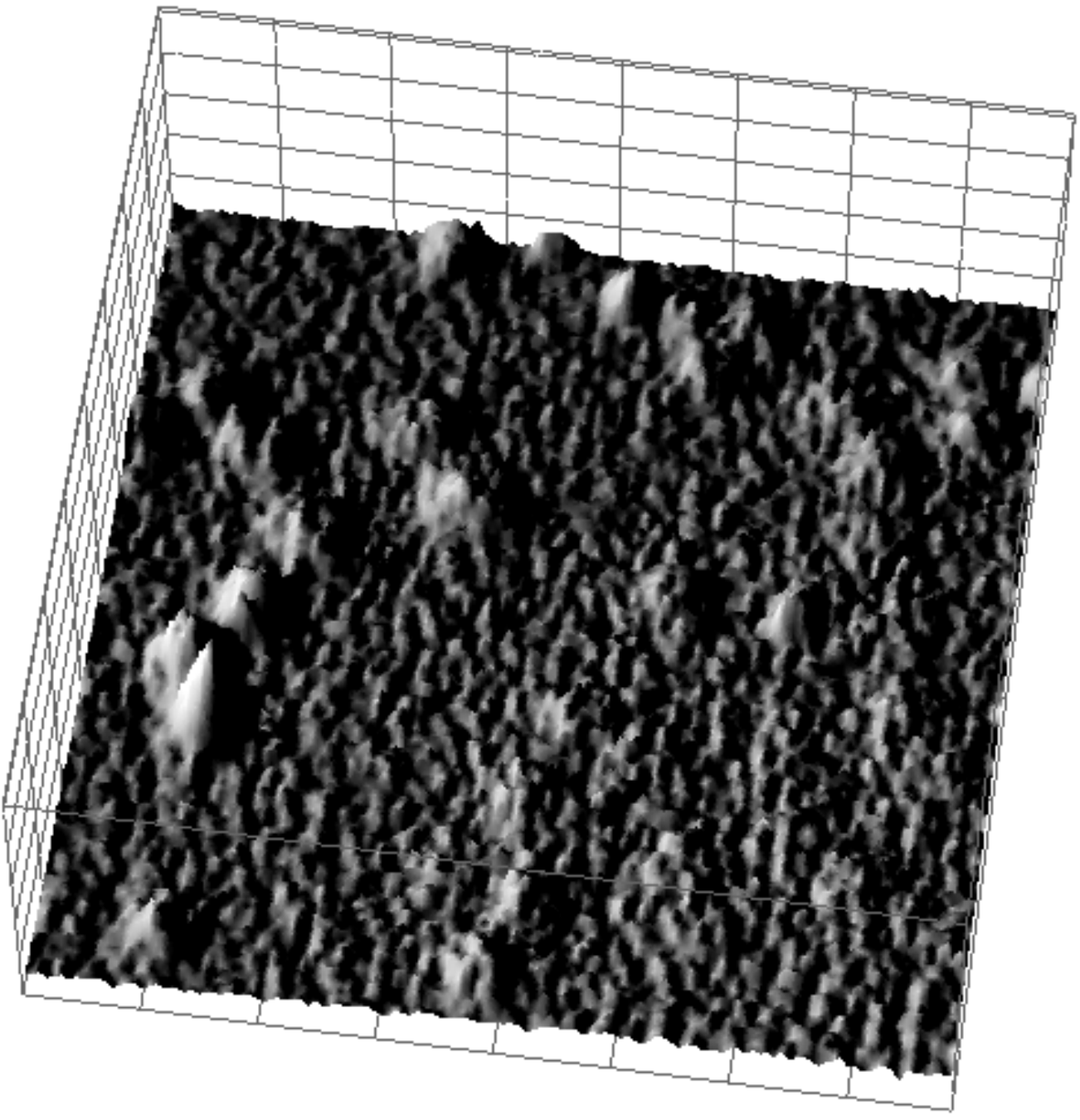


Bin  $t=104$

# Mikroskopia 3D



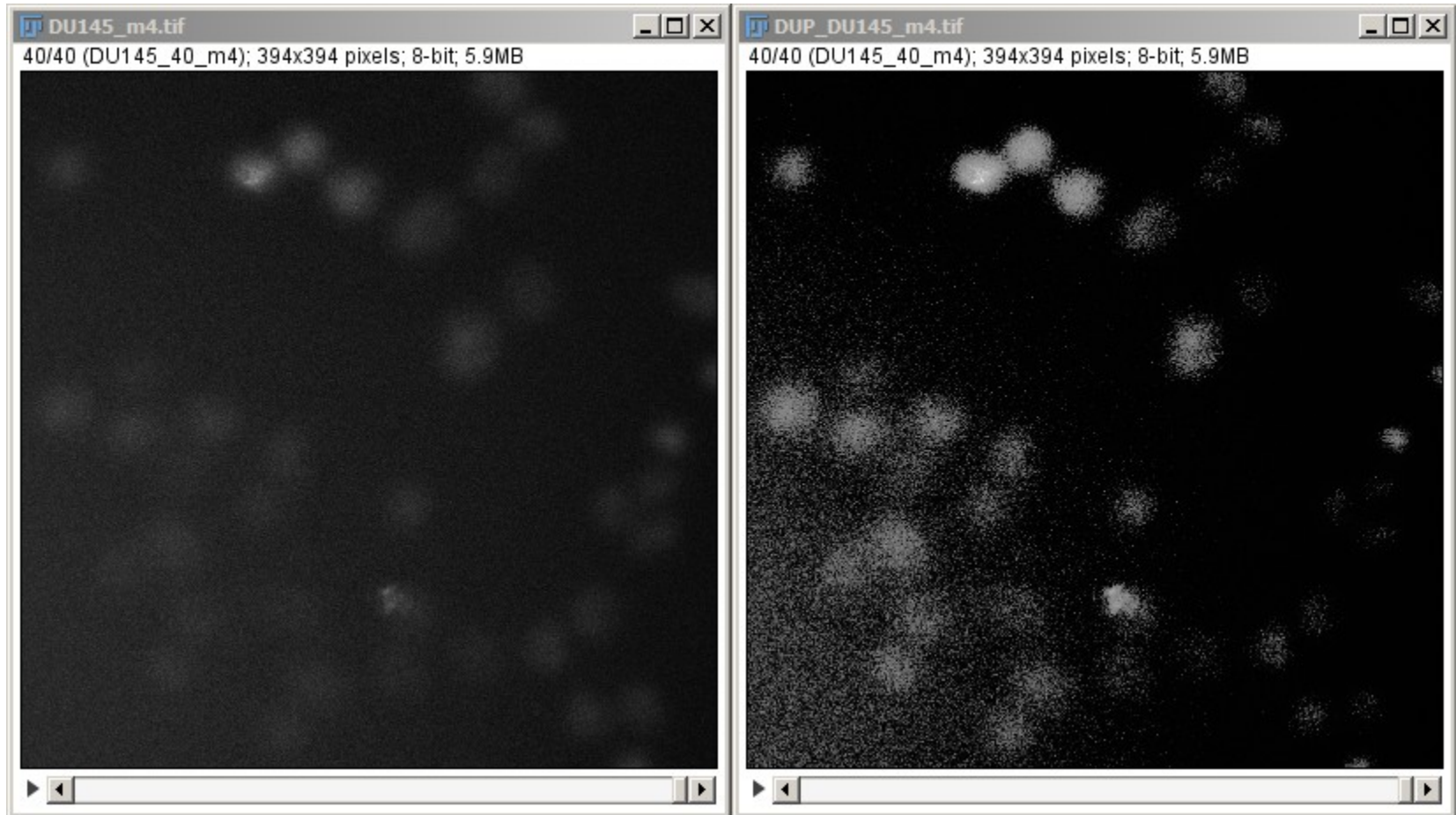
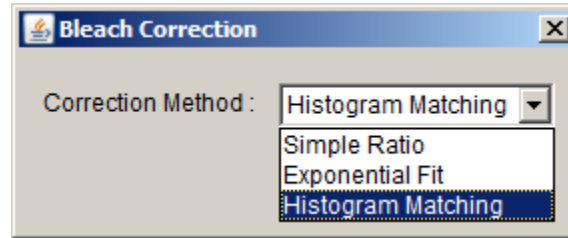
[animacja]



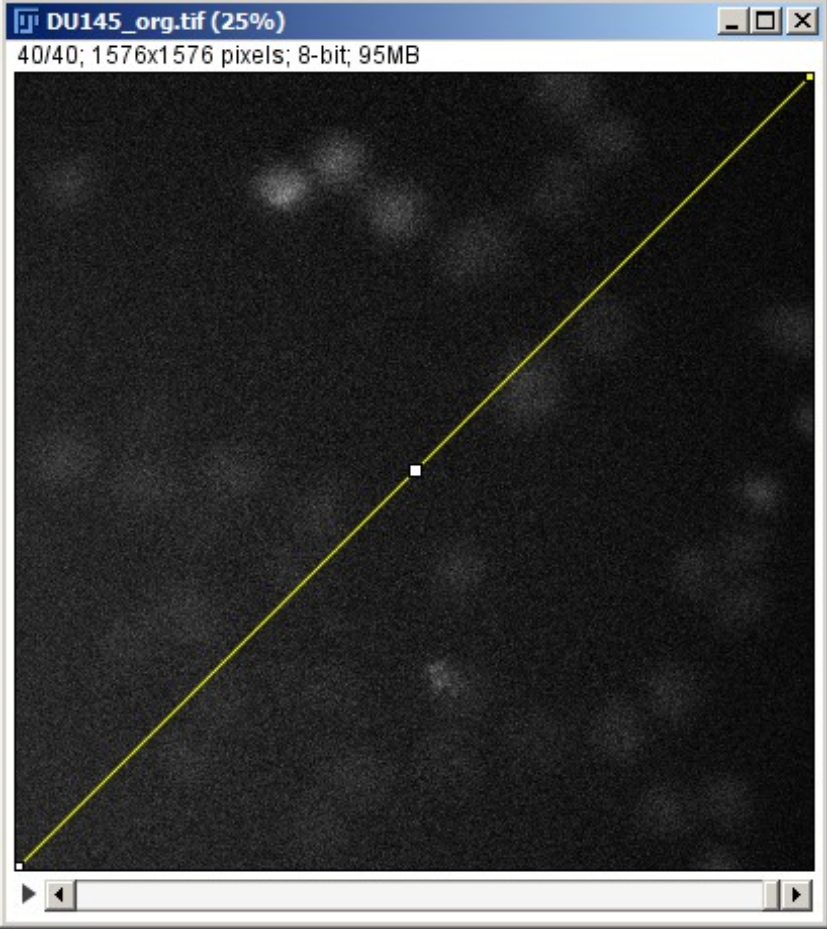
**Progowanie globalne**

# 'wybielanie' stosów obrazów (bleach correction) 3D

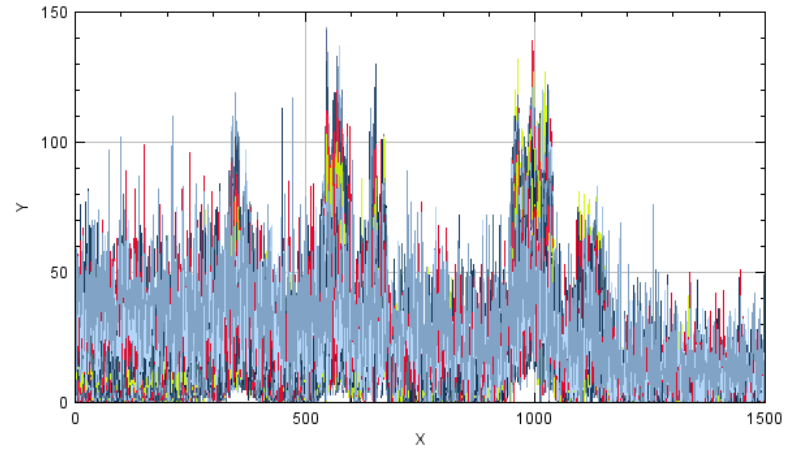
Wyblaknięcie?



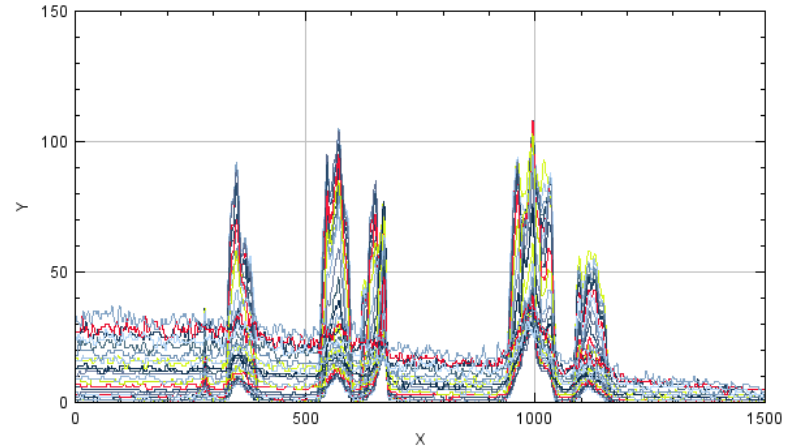




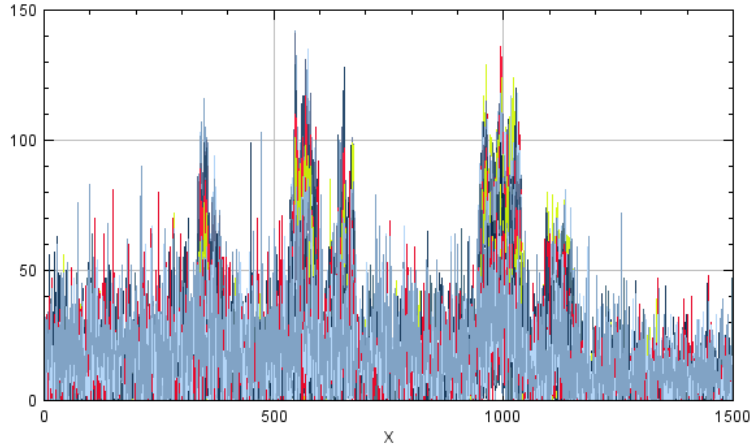
SRC



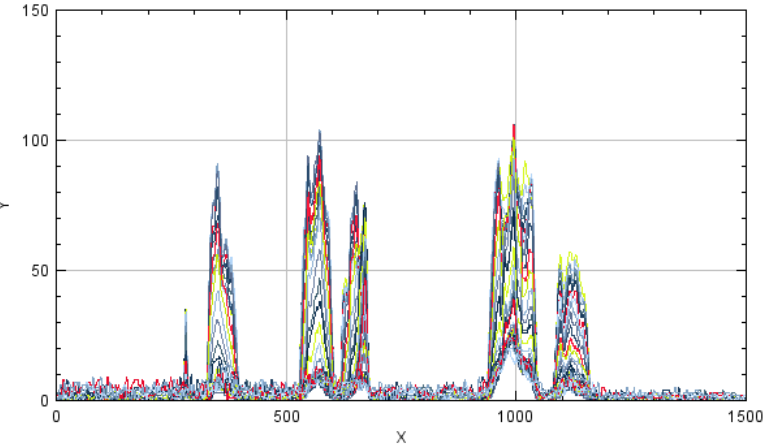
AD



BS



AD, BS



# Algorytmy progowania lokalnego

- Otsu (lokalne)
- Contrast
- Mean
- Median
- Midgray
- Bernsen
- Niblack
- Sauvola
- Phansalkar

# Algorytmy progowania lokalnego

- Otsu - dla każdego piksela wylicza się jego przynależność do klas (0/1) wg Otsu w otoczeniu o zadanym rozmiarze
- Contrast – wartość 1 otrzymują punkty bliższe lokalnemu maksimum w otoczeniu o zadanym rozmiarze
- Mean – wartość 1 otrzymują punkty jaśniejsze niż średnia w zadanym otoczeniu, opcjonalnie dodana jest wartość C
- Median - wartość 1 otrzymują punkty jaśniejsze niż mediana w zadanym otoczeniu, opcjonalnie dodana jest wartość C
- Midgray - wartość 1 otrzymują punkty jaśniejsze niż połowa zakresu min-max w zadanym otoczeniu, opcjonalnie dodana jest wartość C

# Algorytmy progowania lokalnego

- **Bernsen** – sprawdzanie przynależności punktu w odniesieniu do lokalnego kontrastu, dodatkowo może być użyta stała  $C$
- **Niblack**
- **Sauvola**

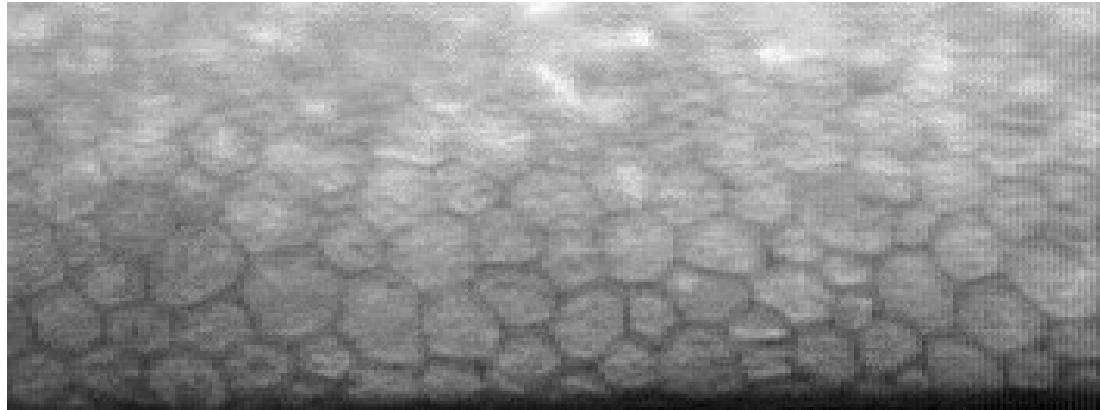
$$T(x, y) = m(x, y) \left[ 1 + p e^{-g \cdot m(x, y)} + k \left( \frac{s(x, y)}{r} - 1 \right) \right]$$

- **Phan:**

$$T(x, y) = m(x, y) \left[ 1 + p e^{-g \cdot m(x, y)} + k \left( \frac{s(x, y)}{r} - 1 \right) \right]$$

# Zastosowanie metod lokalnego progowania ...

## Do zrobienia



Otsu



Phansalkar



Sauvola



Median



MidGrey



Niblack



Beisen

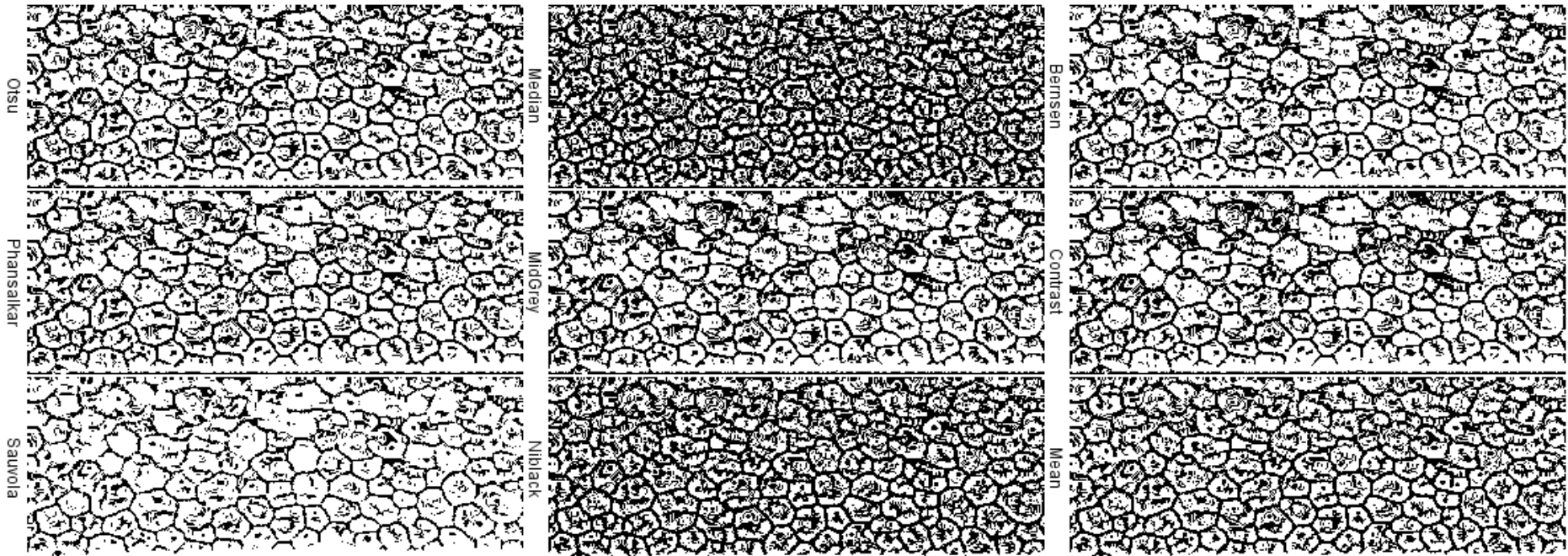
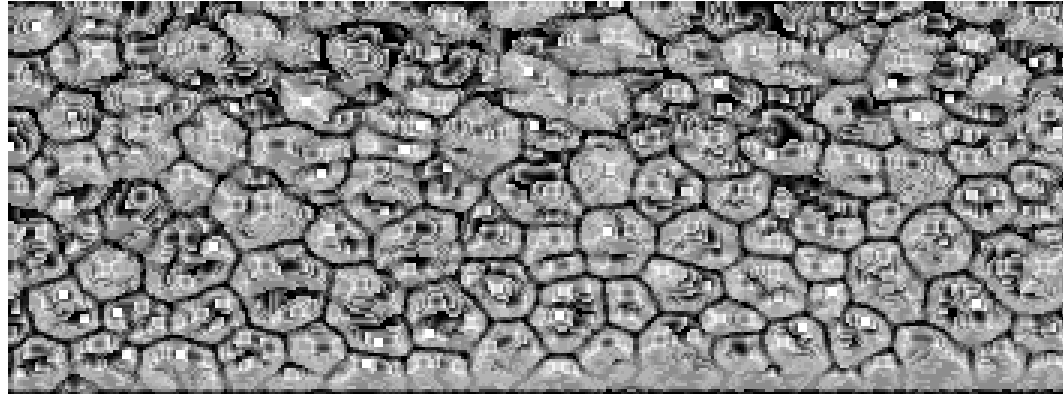


Contrast



Mean

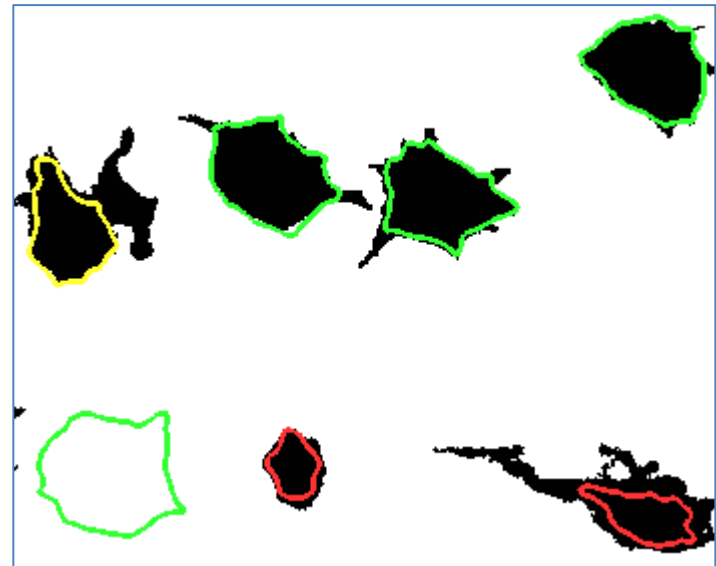
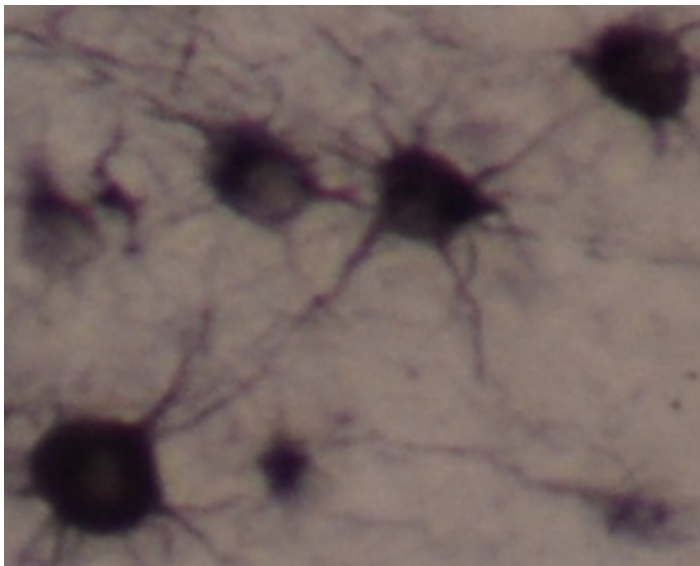
# Zastosowanie metod lokalnego progowania ... Do zrobienia



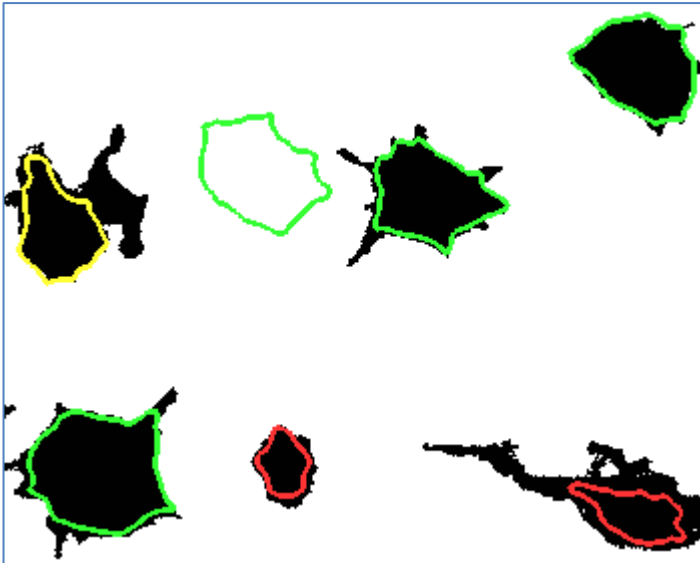
# Extended H-Minima

- Koyuncu, C. F., Akhan, E., Ersahin, T., Cetin-Atalay, R., & Gunduz-Demir, C. (2016). Iterative **h-minima**-based marker-controlled watershed for cell nucleus segmentation. *Cytometry Part A*.
- Ali, K., Jalil, A., Gull, M. U., & Fiaz, M. (2011, December). Medical image segmentation using **h-minima** transform and region merging technique. In *Frontiers of Information Technology (FIT), 2011* (pp. 127-132). IEEE.
- Jung, C., & Kim, C. (2010). Segmenting clustered nuclei using **H-minima** transform-based marker extraction and contour parameterization. *IEEE transactions on biomedical engineering*, 57(10), 2600-2604.
- Wählby, C., SINTORN, I. M., Erlandsson, F., Borgefors, G., & Bengtsson, E. (2004). Combining intensity, edge and shape information for 2D and 3D segmentation of cell nuclei in tissue sections. *Journal of Microscopy*, 215(1), 67-76.
- Plissiti, M. E., Nikou, C., & Charchanti, A. (2011). Automated detection of cell nuclei in Pap smear images using morphological reconstruction and clustering. *IEEE Transactions on information technology in biomedicine*, 15(2), 233-241.
- ....

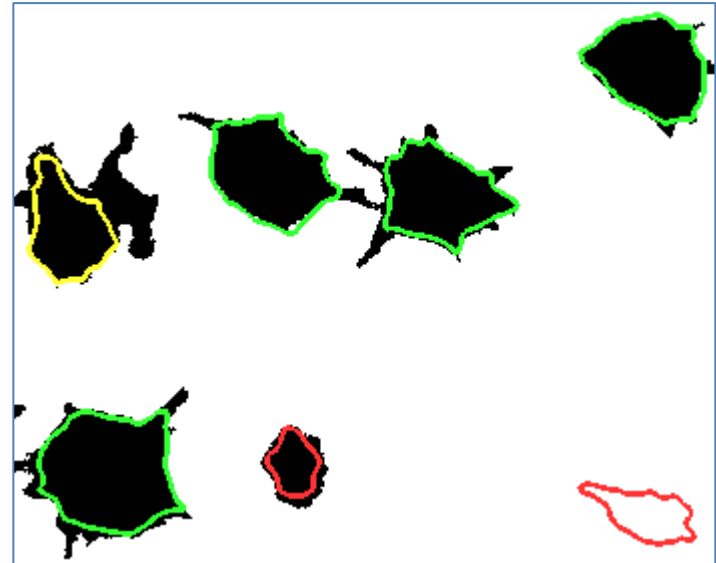
# Extended H-Minima



H=65



H=66



H=67



# Miary jakości binaryzacji

Miara piksel do piksela (pixel-by-pixel)

$$Dice = \frac{2 * TP}{2 * TP + FN + FP}$$

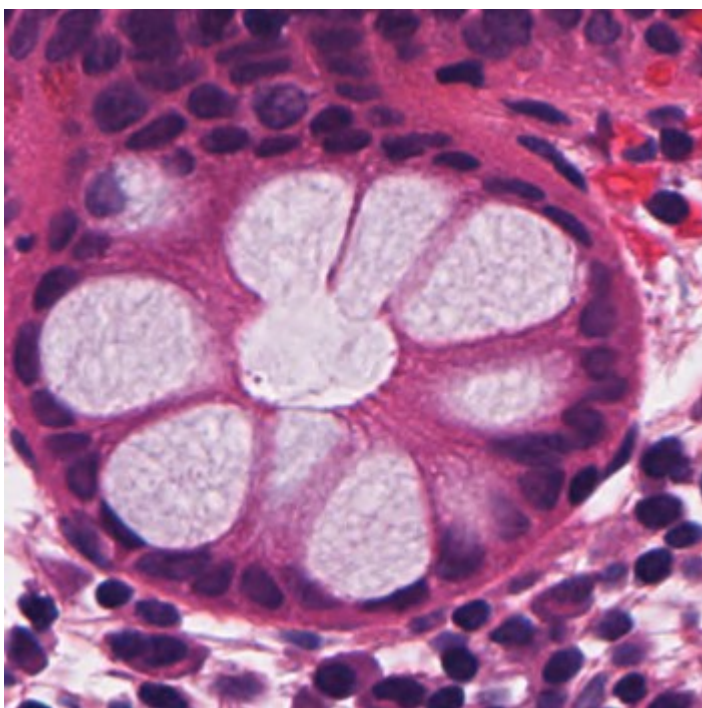
**TP** - TRUE POSITIVE  
**TN** - TRUE NEGATIVE  
**FN** - FALSE NEGATIVE  
**FP** - FALSE POSITIVE

$$Jaccard = \frac{TP}{TP + FN + FP}$$

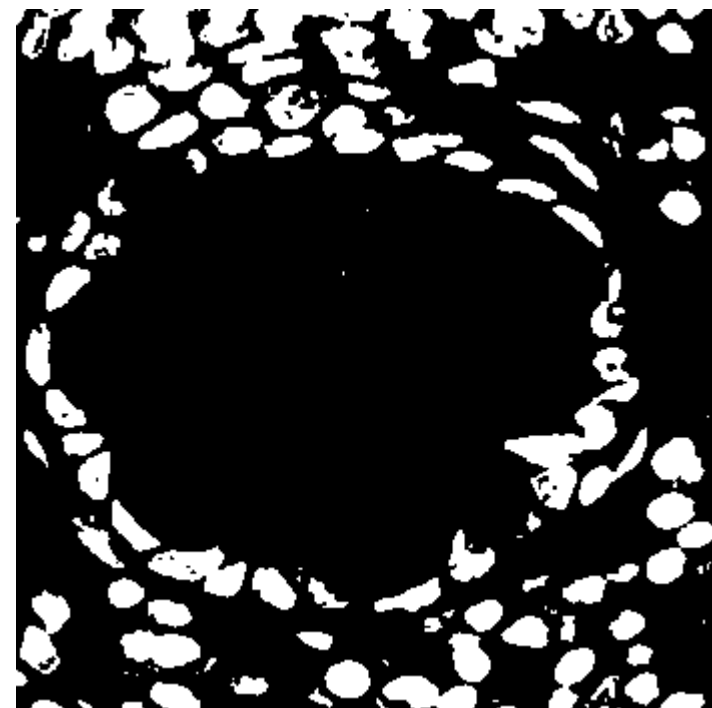
$$Jacc = Dice / ( 2 - Dice )$$

$$Dice = 2 Jacc / ( 1 + Jacc )$$

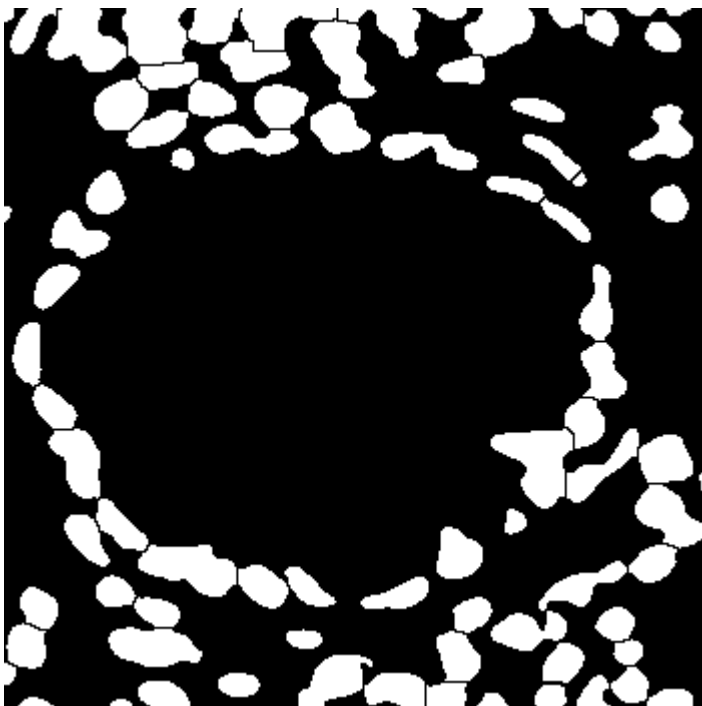
$$ACC = \frac{TP + TN}{TP + TN + FN + FP}$$



src



bin

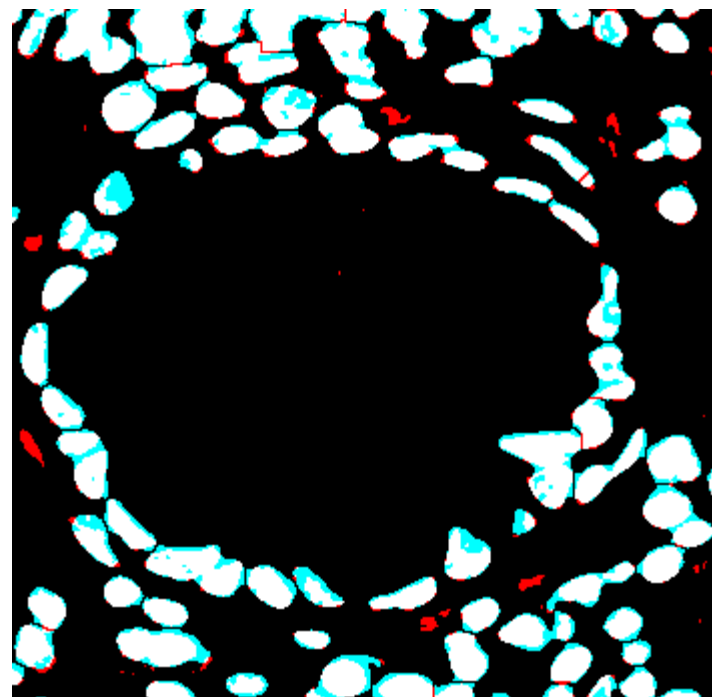


JACC: 0.7549524  
DICE: 0.86036795  
ACC: 0.9416326

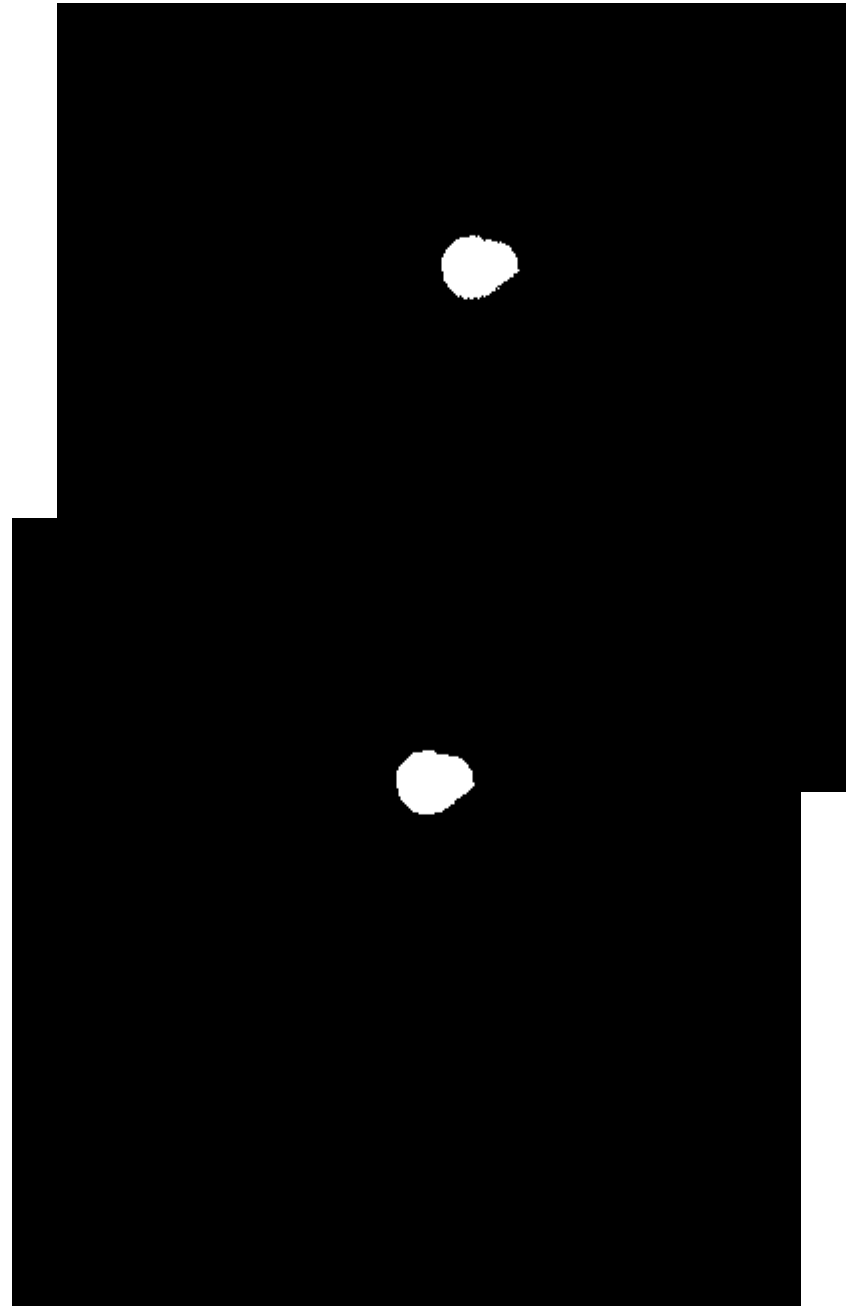
<=  
maska ręczna  
ew.  
półautomatyczna,  
zatwierdzona przez  
eksperta

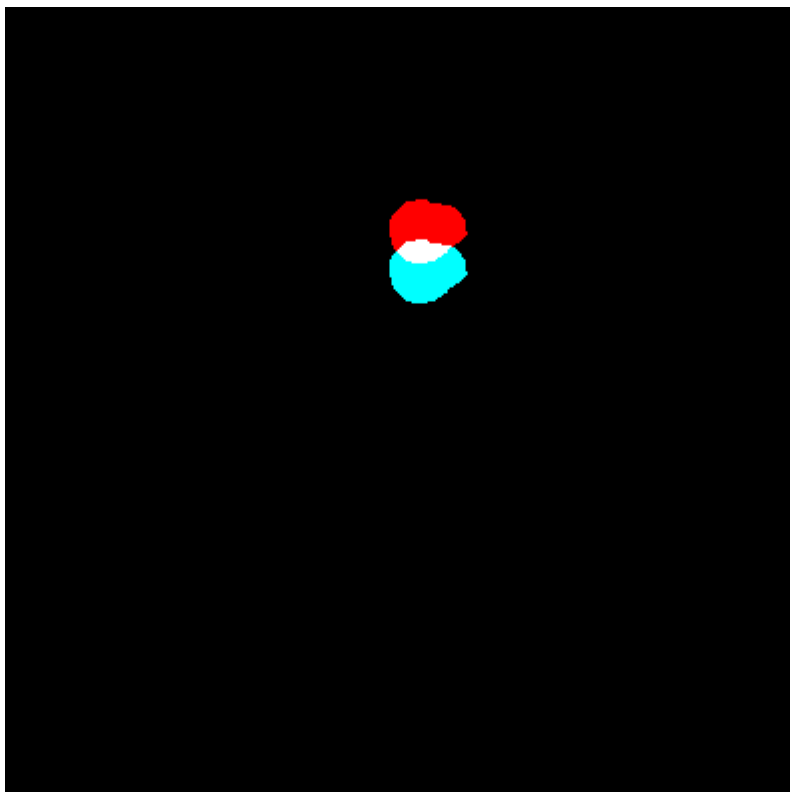
tzw. ground-truth

TP  
TN  
FN  
FP

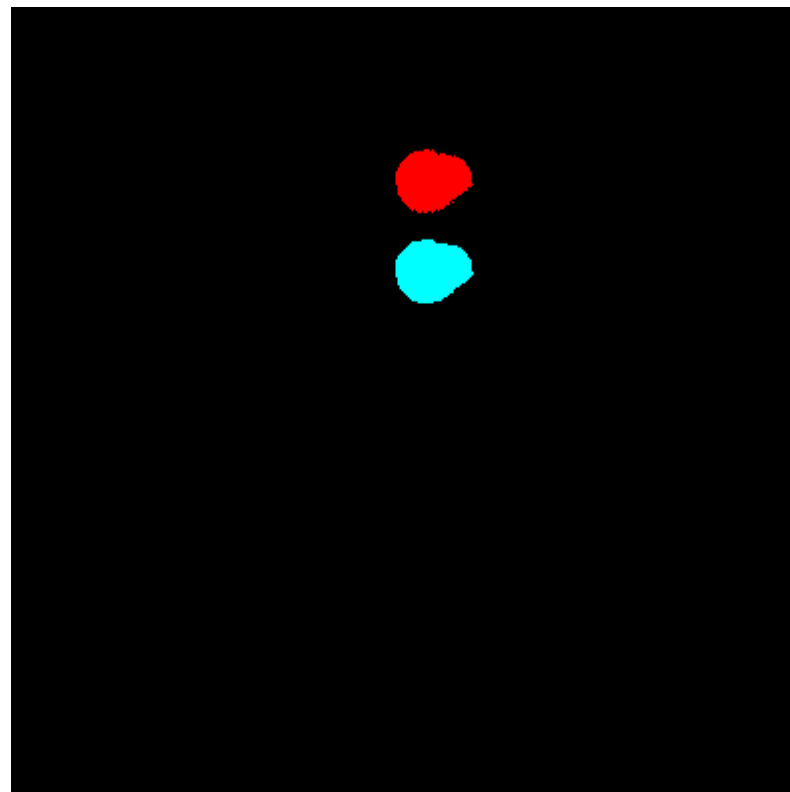


Nieostrożne ;)   
 użycie miar ....





JACC: 0.13361806  
DICE: 0.23573735  
ACC: 0.99085265



JACC: 0.0  
DICE: 0.0  
ACC: 0.9882051



JACC: 0.13361806  
DICE: 0.23573735  
ACC: 0.858



JACC: 0.0  
DICE: 0.0  
ACC: 0.8169



JACC: 0.0  
DICE: 0.0  
ACC: 0.8657











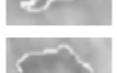





# MORFOMETRIA

**ImageJ****BioVoxel**

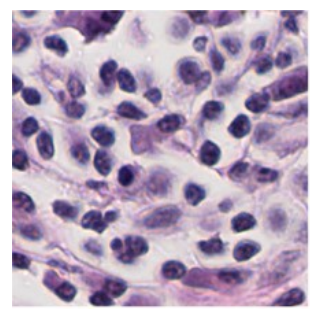
Area  
Perimeter  
Standard deviation  
Min & Max gray value  
Center of mass  
Bounding rectangle (X, Y, Width, Height)  
Skewness  
Area fraction  
Mean gray value  
Modal gray value  
Integrated density  
Centroid (X, Y)  
Fit ellipse (Major, Minor, Angle)  
Feret's diameter  
(XFeret, YFeret, Feret's Diameter,  
MinFeret, Feret Angle)  
Median  
Kurtosis  
Stack position (Slice)  
Circularity  
AR (Aspect Ratio)  
Roundness  
Solidity

**Area**  
**Perimeter**  
Standard deviation  
Min & Max gray value  
Center of mass  
Bounding rectangle (X, Y, Width, Height)  
Skewness  
Area fraction  
Mean gray value  
Modal gray value  
Integrated density  
Centroid (X, Y)  
**Fit ellipse (Major, Minor, Angle)**  
**Feret's diameter**  
**(XFeret, YFeret, Feret's Diameter,**  
**MinFeret, Feret Angle)**  
Median  
Kurtosis  
Stack position (Slice)  
**Circularity**  
**AR (Aspect Ratio)**  
**Roundness**  
**Solidity**  
**Compactness**  
**Feret AR**  
Coefficient of variation  
**Extent**

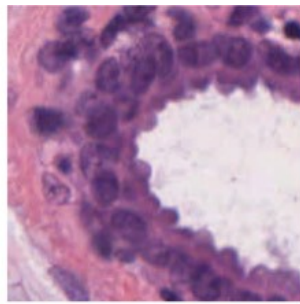
**Table 3** Topological features computed for different cells

Feature	$A [\mu m^2]$	$P [\mu m]$	$C_1$	$C_2$	$C_3$	$C_4$	$C_5$	Malinowska	Roundness	Roughness	Shapeless
	1	4	0.79	16	1.57	1.27	0.5	0.13	0.64	1.13	1.27
	1.57	4.84	0.84	15	2.04	1.54	0.41	0.09	0.50	1.41	1.19
	3.14	8.58	0.54	23	2.30	2.73	0.47	0.37	0.25	2.00	1.87
	3.14	6.28	1.00	13	3.14	2.00	0.32	0.00	1.00	2.00	1.00
	75.12	53.38	0.33	37	22	43	179	0.74	0.42	25	3.02
	83.20	44.49	0.53	23	30	36	501	0.38	0.58	26	1.89
	84.55	61.51	0.28	44	22	50	92	0.89	0.40	26	3.56
	92.93	47.19	0.52	23	31	38	581	0.38	0.42	28	1.91
	94.57	50.68	0.46	27	30	41	1294	0.47	0.73	28	2.16
	139.16	50.68	0.68	18	44	41	490	0.21	0.73	34	1.47
	145.90	61.12	0.49	25	38	50	316	0.43	0.68	35	2.04
	184.06	74.66	0.41	30	40	61	176	0.55	0.37	39	2.41
	237.03	76.59	0.51	24	50	63	1168	0.40	0.58	44	1.97
	257.98	120.30	0.22	56	34	98	423	1.11	0.27	46	4.46

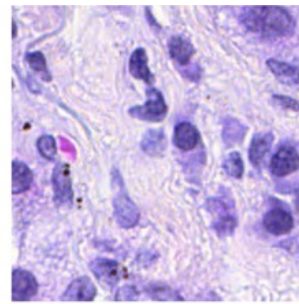




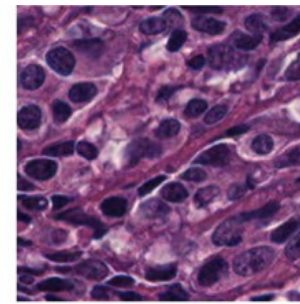
(a)



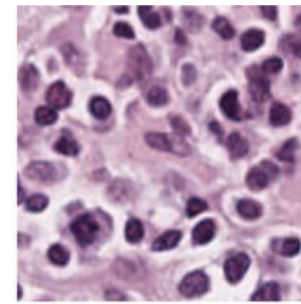
(b)



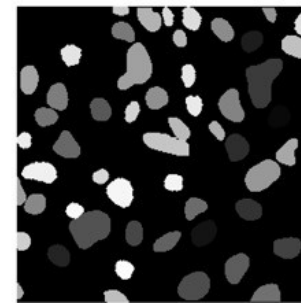
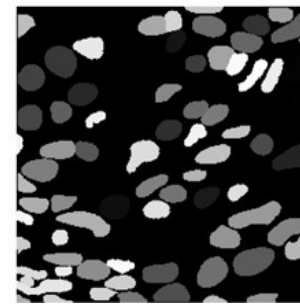
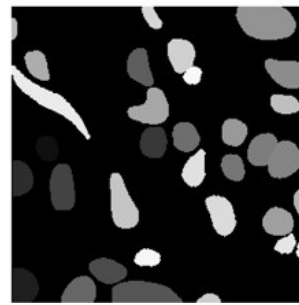
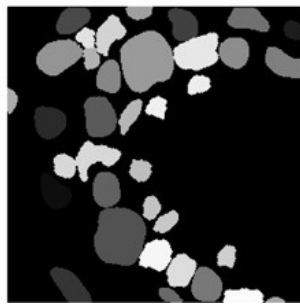
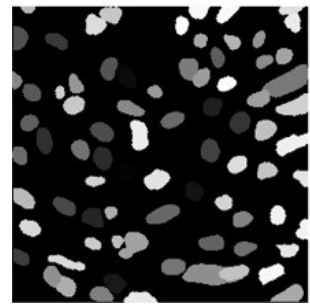
(c)



(d)



(e)



Examples of dataset images. Original images of cancers / the generated masks of the nuclei

(a) bladder cancer BLCA,

(b) breast cancer BRCA,

(c) lung adenocarcinoma LUAD,

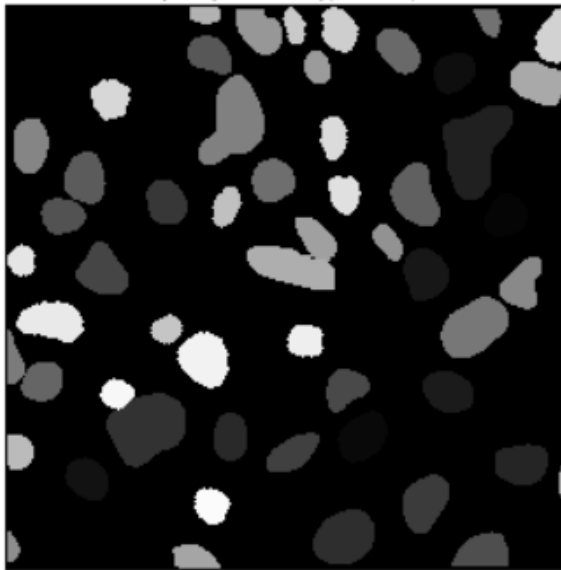
(d) lung squamous cell cancer LUSC,

(e) skin melanoma SKCM.

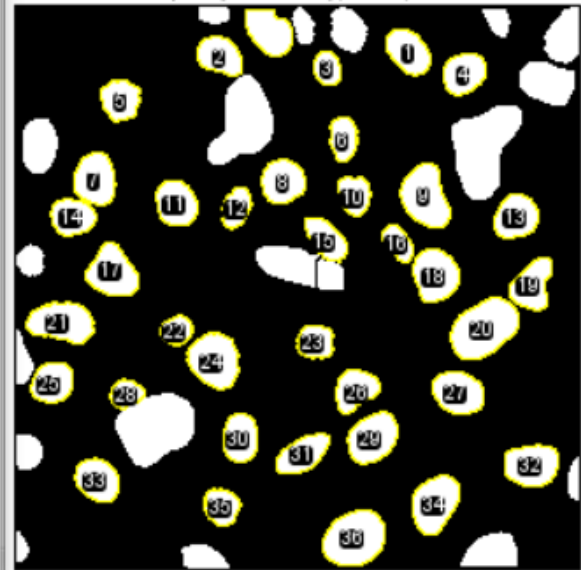
## File Edit Font Results

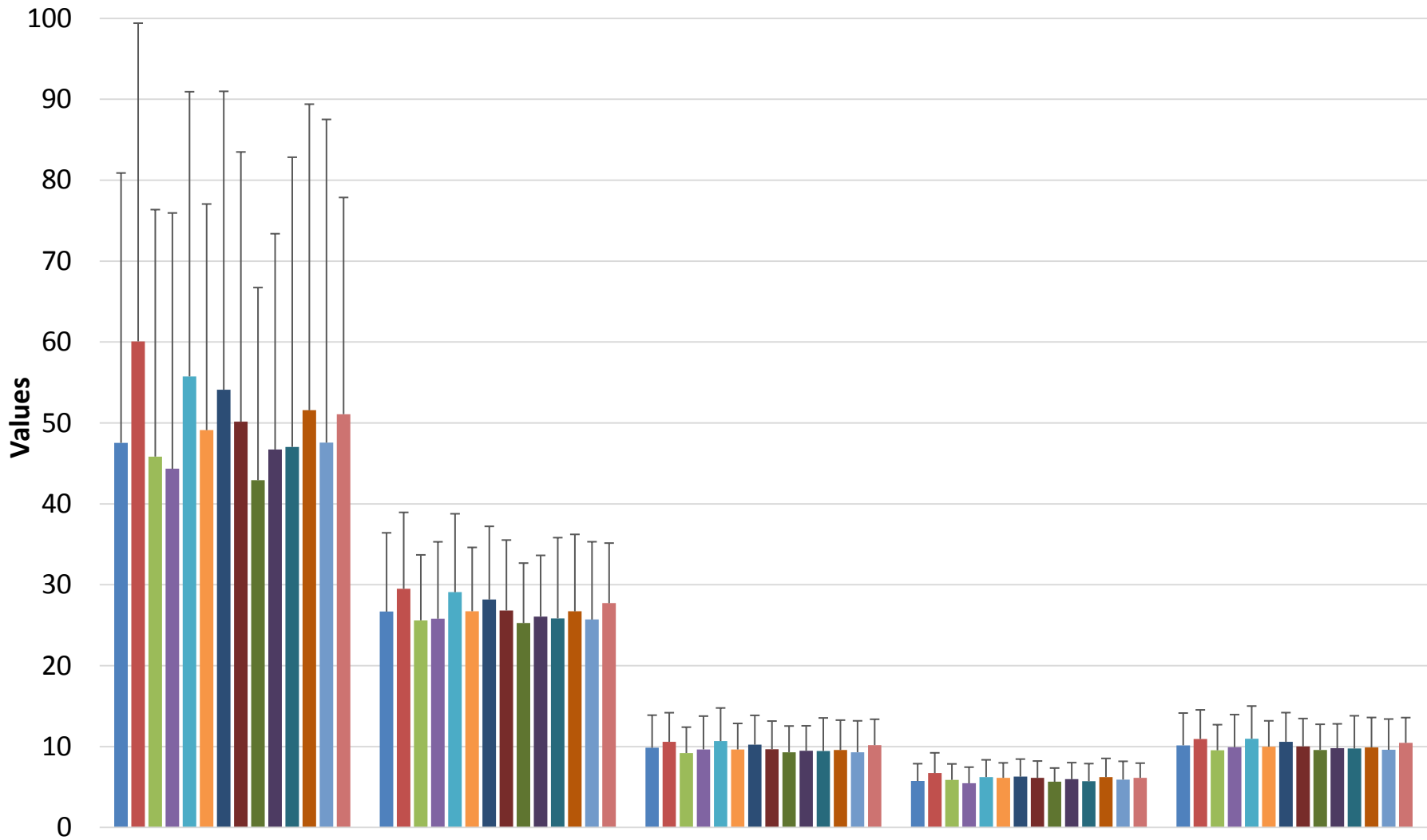
	Area	X	Y	Perim.	Major	Minor	Angle	Circ.	Feret	FeretX	FeretY	FeretAngle	MinFeret	AF
1	36.699	38.239	3.632	23.324	8.388	5.571	135.492	0.848	8.973	104	1	131.987	5.895	1.5
2	12.789	73.083	2.185	14.411	4.872	3.343	123.990	0.774	5.679	212	1	130.236	3.579	1.4
3	32.807	59.353	6.680	21.485	7.992	5.227	132.006	0.893	8.141	171	10	124.992	5.424	1.5
4	30.026	30.744	7.318	20.851	7.375	5.184	150.499	0.868	7.870	83	16	143.616	5.462	1.4
5	16.348	47.051	9.225	14.687	5.248	3.966	106.324	0.952	5.520	138	20	115.017	4.002	1.3
6	31.250	67.793	9.993	20.656	6.995	5.688	39.263	0.920	7.344	195	37	39.472	5.965	1.2
7	43.371	80.588	11.564	25.129	8.899									
8	84.408	34.426	17.575	38.954	13.465									
9	28.247	15.666	13.997	20.542	6.175									
10	98.197	70.925	21.550	42.403	14.642									
11	21.463	49.505	19.865	18.932	6.776									
12	36.699	3.519	21.103	23.048	8.611									
13	38.812	11.834	26.082	23.600	7.979									
14	34.364	40.310	26.411	21.795	6.714									
15	51.045	61.943	28.731	28.040	9.889									
16	22.464	51.155	28.458	17.988	6.042									
17	33.808	24.147	29.741	21.323	7.204									
18	19.573	33.261	30.379	17.793	6.444									
19	34.364	75.681	31.798	21.795	7.122									
20	29.359	8.389	31.801	20.265	6.807									

976\_labeled\_ma... — □ ×

85.37x85.37  $\mu\text{m}$  (256x256); 16-bit; 128K

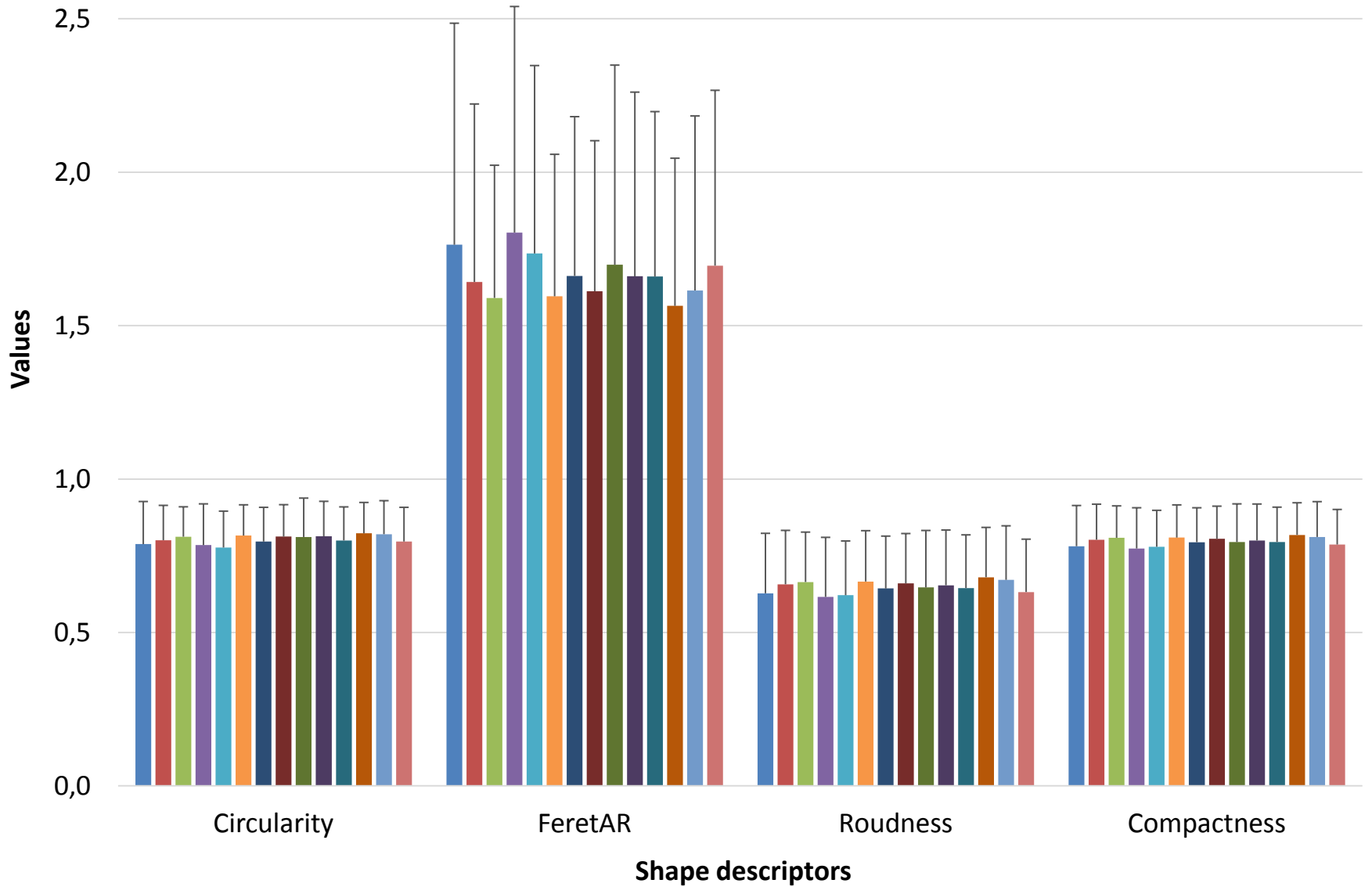
976\_labeled\_ma... — □ ×

85.37x85.37  $\mu\text{m}$  (256x256); 8-bit; 64K



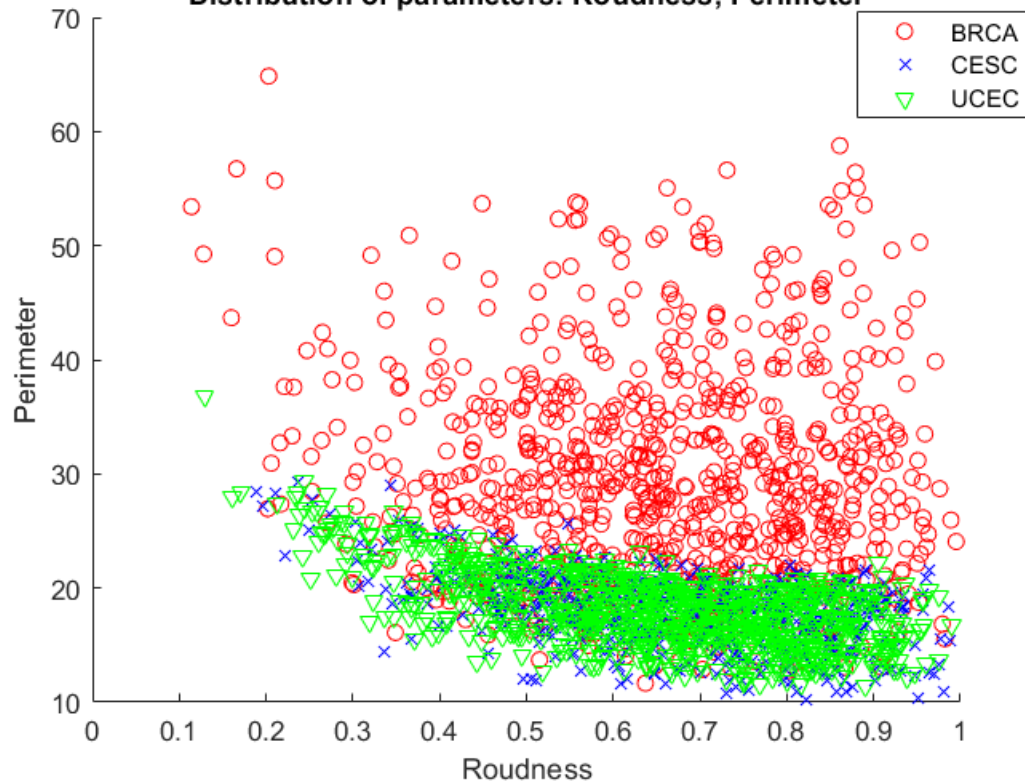
- BLCA
- BRCA
- CESC
- UCEC
- COAD
- GBM
- LUAD
- LUSC
- PAAD
- PRAD

**Morphometric parameters**

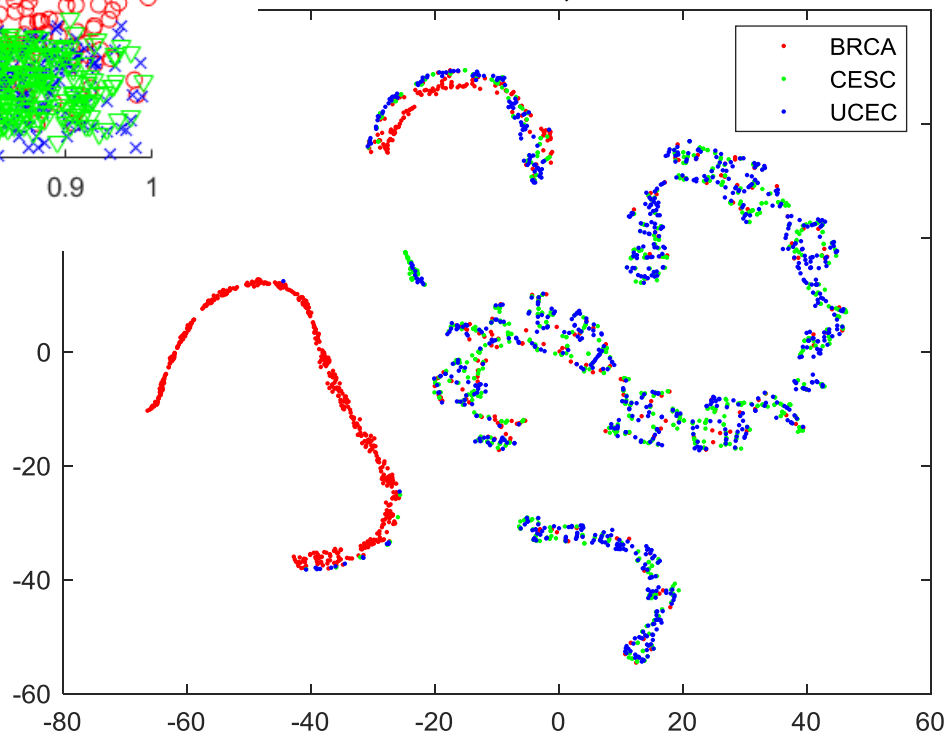


■ BLCA 
 ■ BRCA 
 ■ CESC 
 ■ UCEC 
 ■ COAD 
 ■ GBM 
 ■ LUAD 
 ■ LUSC 
 ■ PAAD 
 ■ PRAD 
 ■ READ 
 ■ SKCM 
 ■ STAD 
 ■ UVM

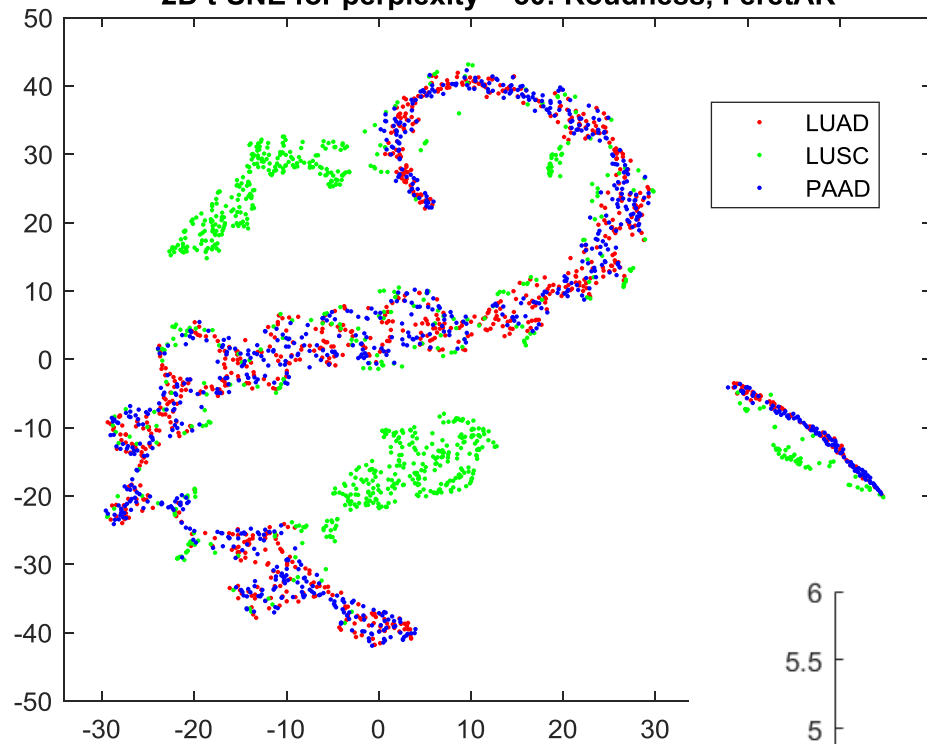
Distribution of parameters: Roudness, Perimeter



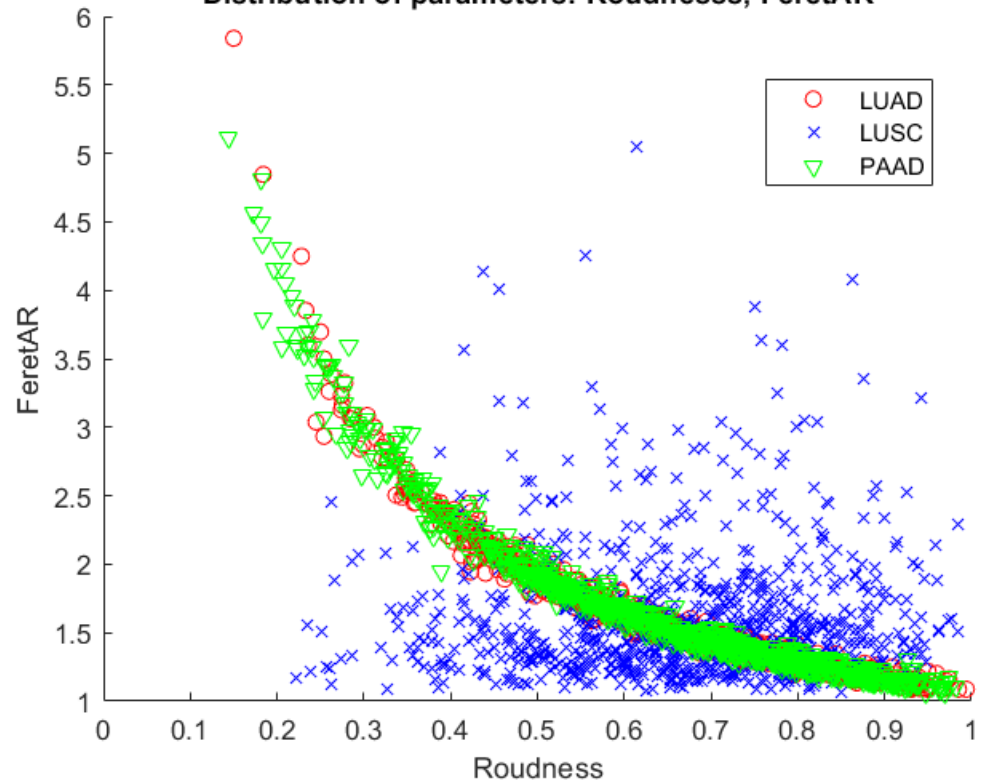
2D t-SNE: Roudness, Perimeter



2D t-SNE for perplexity = 50: Roudness, FeretAR

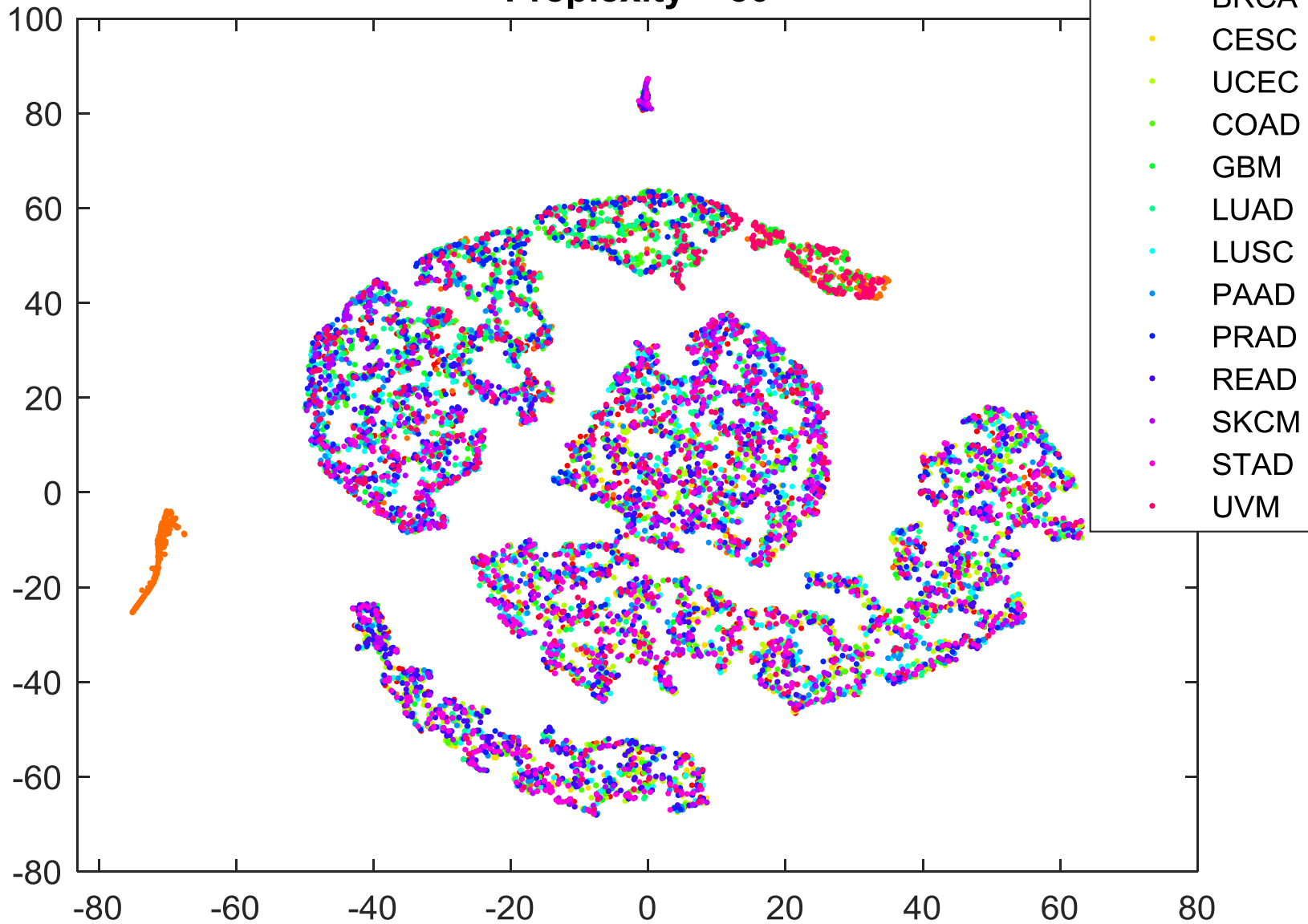


Distribution of parameters: Roudness, FeretAR



# 2D t-SNE: Roudness, Area, FeretAR, Perimeter

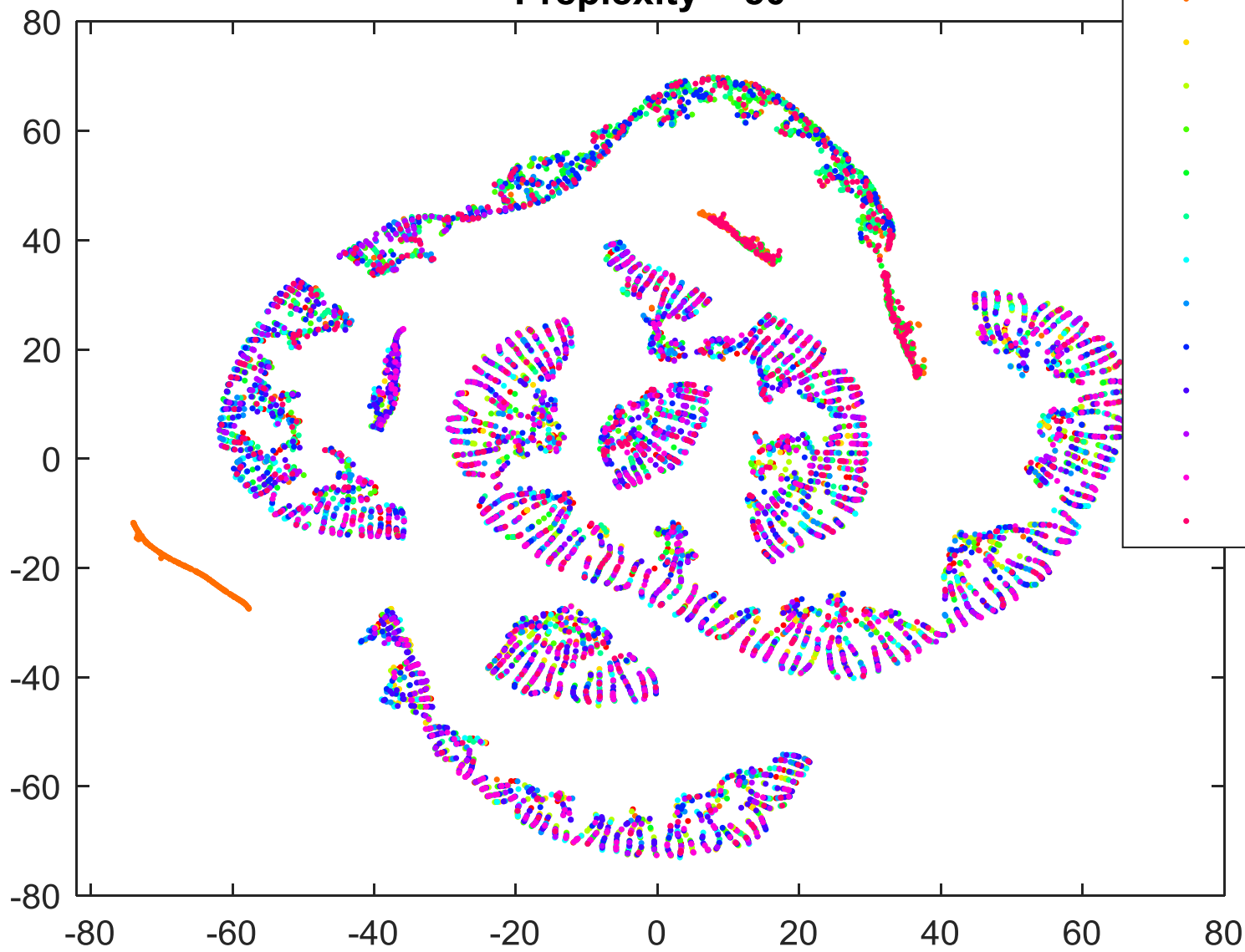
Preplexity = 50





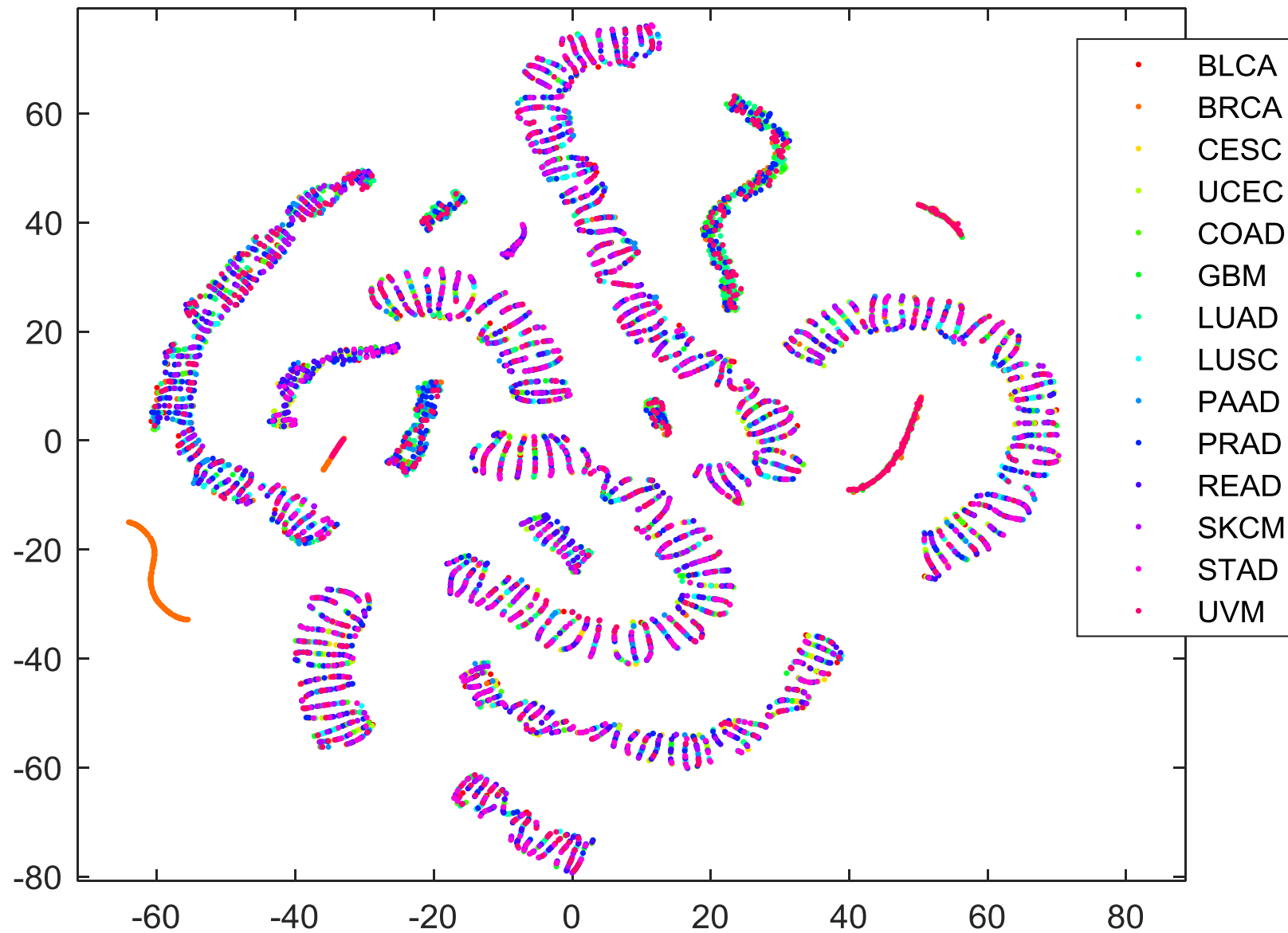
# 2D t-SNE: Roudness, Area, FeretAR

Preplexity = 50





2D t-SNE for perplexity = 50: Roudness, Area



2D t-SNE for perplexity = 50: Roudness, FeretAR

