

VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ

Fakulta elektrotechniky
a komunikačních technologií

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

Brno, 2023

Michael Malík



VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ

BRNO UNIVERSITY OF TECHNOLOGY

FAKULTA ELEKTROTECHNIKY

A KOMUNIKAČNÍCH TECHNOLOGIÍ

FACULTY OF ELECTRICAL ENGINEERING AND COMMUNICATION

ÚSTAV BIOMEDICÍNSKÉHO INŽENÝRSTVÍ

DEPARTMENT OF BIOMEDICAL ENGINEERING

IMPLEMENTACE MODELU HLUBOKÉHO UČENÍ PRO SEGMENTACI PATOLOGICKÝCH TKÁNÍ V OBJEMOVÝCH MRI DATECH MOZKU

DEEP-LEARNING BASED MODEL IMPLEMENTATION FOR PATHOLOGICAL TISSUE CHARACTERIZATION
IN BRAIN MR IMAGES

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

BACHELOR'S THESIS

AUTOR PRÁCE

AUTHOR

Michael Malík

VEDOUCÍ PRÁCE

SUPERVISOR

Ing. Jiří Chmelík, Ph.D.

BRNO 2023

Bakalářská práce

bakalářský studijní program **Biomedicínská technika a bioinformatika**

Ústav biomedicínského inženýrství

Student: Michael Malík

ID: 230398

Ročník: 3

Akademický rok: 2022/23

NÁZEV TÉMATU:

Implementace modelu hlubokého učení pro segmentaci patologických tkání v objemových MRI datech mozku

POKYNY PRO VYPRACOVÁNÍ:

1) Seznamte se se základy vzniku obrazu pomocí zobrazování magnetickou rezonancí (MR), základní anatomii mozku a s příslušnými veřejně dostupnými daty. 2) Proveďte rešerši používaných metod hlubokého učení pro segmentaci patologických tkání mozku v MRI datech se zaměřením na cévní mozkovou příhodu. 3) Na základě rešerše vhodně zvolte dostupný model hlubokého učení a vhodný veřejně dostupný dataset obsahující anotované masky. Navrhněte a v libovolném programovém prostředí realizujte vhodné předzpracování a organizaci dat pro aplikaci vybraného modelu a implementujte jej. 4) Navrhněte a implementujte vhodný automatizovaný postup od načtení až po uložení výsledků z předem určené datové struktury. 5) Implementovaný nástroj otestujte na dostupných datech. 6) Proveďte vyhodnocení úspěšnosti segmentace patologií a výsledky diskutujte.

DOPORUČENÁ LITERATURA:

- [1] LIEW, Sook-Lei, Bethany P. LO, Miranda R. DONNELLY, et al. A large, curated, open-source stroke neuroimaging dataset to improve lesion segmentation algorithms. *Scientific Data*. 2022, 9(1). ISSN 2052-4463. DOI: 10.1038/s41597-022-01401-7
- [2] TOMITA, Naofumi, Steven JIANG, Matthew E. MAEDER a Saeed HASSANPOUR. Automatic post-stroke lesion segmentation on MR images using 3D residual convolutional neural network. *NeuroImage: Clinical*. 2020, 27. ISSN 22131582. DOI: 10.1016/j.nicl.2020.102276

Termín zadání: 6.2.2023

Termín odevzdání: 29.5.2023

Vedoucí práce: Ing. Jiří Chmelík, Ph.D.

doc. Ing. Jana Kolářová, Ph.D.
předseda rady studijního programu

UPOZORNĚNÍ:

Autor bakalářské práce nesmí při vytváření bakalářské práce porušit autorská práva třetích osob, zejména nesmí zasahovat nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a musí si být plně vědom následků porušení ustanovení § 11 a následujících autorského zákona č. 121/2000 Sb., včetně možných trestněprávních důsledků vyplývajících z ustanovení části druhé, hlavy VI. díl 4 Trestního zákoníku č.40/2009 Sb.

ABSTRAKT

Bakalářská práce pojednává o problematice segmentace obrazů s využitím modelu hlubokého učení. V teoretické části seznamuje čtenáře s anatomií a vybranými patologiemi mozku. Dále je zmíněna konstrukce MR přístroje a vznik obrazu pomocí MR. V závěru teoretické části jsou popsány možnosti segmentace obrazu s využitím architektury hlubokého učení a vybraný veřejně dostupný dataset. Cílem praktické části je otestovat zmíněný dataset, předzpracovaná data a získat výsledky segmentace snímků u jednotlivých pacientů z přiloženého modelu neuronové sítě. Závěrem jsou dosažené výsledky vhodně diskutovány.

KLÍČOVÁ SLOVA

Cévní mozková příhoda, hluboké učení, segmentace, magnetická rezonance, neuronové sítě, elastická registrace, evaluační metriky

ABSTRACT

This bachelor thesis focuses on the issue of image segmentation by using a deep learning model. The theoretical part describes the anatomy and selected pathology of brain. The thesis also deals with the construction of MR device and creation of an MR image. In the closing section of theoretical part, the main focus is on describing the possibilities of image segmentation with the use of deep learning architectures and selected publicly available dataset. The aim of the practical part is to put the mentioned dataset and pre-processed data to the test and acquire results of image segmentations of individual patients from attached model of neural network. In conclusion, the achieved results are appropriately discussed.

KEYWORDS

Stroke, deep-learning, segmentation, MRI, neural networks, elastic registration, evaluation metrics

MALÍK, Michael. *Implementace modelu hlubokého učení pro segmentaci patologických tkání v objemových MRI datech mozku*. Brno: Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Ústav biomedicínského inženýrství, 2023, 65 s. Bakalářská práce. Vedoucí práce: Ing. Jiří Chmelík, Ph.D.

Prohlášení autora o původnosti díla

Jméno a příjmení autora: Michael Malík
VUT ID autora: 230398
Typ práce: Bakalářská práce
Akademický rok: 2022/23
Téma závěrečné práce: Implementace modelu hlubokého učení pro segmentaci patologických tkání v objemových MRI datech mozku

Prohlašuji, že svou závěrečnou práci jsem vypracoval samostatně pod vedením vedoucí/ho závěrečné práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou všechny citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce.

Jako autor uvedené závěrečné práce dále prohlašuji, že v souvislosti s vytvořením této závěrečné práce jsem neporušil autorská práva třetích osob, zejména jsem nezasáhl nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a/nebo majetkových a jsem si plně vědom následků porušení ustanovení § 11 a následujících autorského zákona č. 121/2000 Sb., o právu autorském, o právech souvisejících s právem autorským a o změně některých zákonů (autorský zákon), ve znění pozdějších předpisů, včetně možných trestněprávních důsledků vyplývajících z ustanovení části druhé, hlavy VI. díl 4 Trestního zákoníku č. 40/2009 Sb.

Brno

.....

podpis autora*

*Autor podepisuje pouze v tištěné verzi.

PODĚKOVÁNÍ

Rád bych poděkoval vedoucímu bakalářské práce panu Ing. Jiřímu Chmelíkovi, Ph.D. za odborné vedení, konzultace, trpělivost a podnětné návrhy k práci, které přispěly k jejímu dokončení. Dále bych rád poděkoval své rodině, která mě podporovala po celou dobu studia.

Obsah

Úvod	10
1 Anatomie mozku	11
1.1 Fyziologický význam mozku	11
1.2 Vybrané patologie mozku	12
2 Základní specifika magnetické rezonance	16
2.1 Fyzikální princip MR	16
2.2 Relaxační mechanismy jevu MR	17
2.3 Základní měřicí techniky, sekvence MR	19
2.4 Konstrukce MR přístroje	20
2.5 Zisk výsledného MR obrazu	21
3 Segmentace obrazu	23
3.1 Úvod do hlubokého učení	24
3.2 Konvoluční neuronové sítě	24
3.3 Struktura konvolučních sítí	24
3.4 Segmentační algoritmy patologií mozku	27
3.5 Hodnotící metriky segmentace	32
4 Popis datasetu	38
4.1 Schéma datasetu	38
5 Praktická část	39
5.1 Předzpracování dat	39
5.2 Implementace modelu pro segmentaci	41
5.3 Statistická analýza	46
5.4 Diskuze a porovnání dosažených výsledků	56
Závěr	59
Literatura	60
Seznam symbolů a zkratk	65

Seznam obrázků

1.1	Ischemická CMP	13
1.2	Hemoragická CMP	14
2.1	Precese magnetického vektoru	17
2.2	T1 relaxace	18
2.3	T2 relaxace	18
2.4	Konstrukce MR přístroje	21
3.1	Princip konvoluce	25
3.2	Maximální a průměrující sdružování	26
3.3	Architektura U-Net	28
3.4	Architektura X-Net	29
3.5	FSM	29
3.6	Factorizer síť	31
3.7	MUDCap3 síť	32
3.8	Dice skóre vliv šumu	33
3.9	Hausdorffova vzdálenost	35
4.1	Organizace datasetu	38
5.1	Snímky řezů v datasetu	39
5.2	Registrovaný snímek	40
5.3	Registrovaný snímek	41
5.4	Postup vytvoření automatického skriptu vedoucího k provedení predikce	43
5.5	Registrovaný snímek bez predikce	44
5.6	Porovnání predikce s anotovanou maskou u všech řezů	44
5.7	Porovnání predikce s anotovanou maskou (axiální řez)	45
5.8	Porovnání predikce s anotovanou maskou (sagitální řez)	45
5.9	Porovnání predikce s anotovanou maskou (koronární řez)	46
5.10	Krabicový graf Dice skóre	48
5.11	Krabicový graf Jaccard skóre	49
5.12	Krabicový graf Hausdorffovy vzdálenosti	51
5.13	Krabicový graf absolutního objemového rozdílu	52
5.14	Krabicový graf absolutního rozdílu v počtu lézí	54
5.15	Krabicový graf F_1 skóre	55

Seznam tabulek

5.1	Hodnoty Dice skóre uvedené v procentech	47
5.2	Hodnoty Jaccard skóre uvedené v procentech	49
5.3	Hodnoty Hausdorffovy vzdálenosti uvedené v milimetrech	50
5.4	Hodnoty absolutního objemového rozdílu uvedené v mililitrech	52
5.5	Hodnoty absolutního rozdílu v počtu lézí	53
5.6	Hodnoty F_1 skóre uvedené v procentech	55
5.7	Porovnání výsledků Dice skóre s autorem modelu hlubokého učení uvedené v procentech	56
5.8	Porovnání výsledků čtyř evaluačních metrik použitých pro výzvu IS- LES22 na testovacím datasetu, s výsledky získané vlastní implemen- tací na trénovacím datasetu	57

Úvod

Bakalářská práce pojednává o problematice hlubokého učení pro segmentaci vybraných patologických tkání v MRI objemových datech mozku. Svým obsahem spadá do oblasti zpracování medicínských obrazů a jejich analýzy. Hluboké učení má velký význam pro rozvoj současné medicíny a neustále se vylepšují metody segmentace s využitím umělé inteligence, které vedou ke zdokonalování diagnostiky patologií mozku, ale také k detekci dalších patologických tkání v jiných orgánech lidského těla.

Cílem teoretické části je seznámení čtenáře s anatomickou podstatou fungování mozku a jejím fyziologickým významem s důrazem na patologické stavy při cévní mozkové příhodě [1]. Dále je v práci zmíněna podstata vzniku obrazu pomocí magnetické rezonance, její základní sekvence, přístrojové části a jiné parametry. Následující teoretickou část vyplňují metody segmentace obrazu patologických tkání mozku na podkladu využití architektur hlubokého učení a jejich vyhodnocení pomocí hodnotících metrik segmentace. Závěrečnou část teoretické pasáže tvoří popis veřejně dostupného datasetu (ISLES22) a seznámení čtenáře se strukturou dat.

Praktickou částí bakalářské práce, je vhodné předzpracování volně dostupných dat z datasetu ISLES22, kde je využito registračních technik pro zpřesnění segmentace obrazu. Následně je provedena predikce segmentace s využitím modelu hlubokého učení a pomocí evaluačních metrik je spočítána úspěšnost pro jednotlivé pacienty v datasetu. Dosažené výsledky hodnotících metrik jsou zobrazeny pomocí krabicových grafů, vhodně interpretovány a porovnány s výsledky, které uvádí autor natrénované sítě Swin Factorizer. Pro další porovnání úspěšnosti segmentace, jsou využity dosažené výsledky autorů, kteří se zúčastnili výzvy ISLES22.

Struktura práce má 5 kapitol. První seznamuje čtenáře o anatomii, fyziologii a vybraných patologiích mozku. Druhá kapitola má za cíl přiblížit čtenáři fungování a principy magnetické rezonance, vznik obrazu a využití jednotlivých sekvencí v lékařské diagnostice. Třetí teoretická kapitola se zaměřuje na metody segmentace obrazů s důrazem na metody hlubokého učení, zejména pomocí neuronových sítí. Čtvrtá kapitola seznamuje čtenáře s veřejně dostupným datasetem a jeho strukturou. Závěrečná kapitola je kapitolou praktickou a obsahuje metodiku postupu zpracování, vyhodnocení, interpretaci dat a vhodnou diskuzi dosažených výsledků. Dílčí výsledky bakalářské práce byly publikovány a prezentovány v rámci odborné konference EEICT.

1 Anatomie mozku

V lidském těle patří mozek (*cerebrum*) mezi nejdůležitější orgány, spolu s míchou (*medulla spinalis*) tvoří základní pilíře centrální nervové soustavy (CNS).

CNS vzniká na dorzální straně embrya z ektodermu, který se transformuje v neurální rýhu a následně v neurální trubici. Základem CNS je kraniální konec neurální trubice, který se dále vyvíjí jako mozek, a zbývající části se stávají míchou (*medulla spinalis*), jež se uzavírá do páteřního kanálu během vývoje. Mozek se skládá ze tří základních oddílů, tvořených vznikajícími váčky: zadní mozek (*rhombencephalon*), střední mozek (*mesencephalon*) a přední mozek (*prosencephalon*). Zadní mozek se dále diferencuje na prodlouženou míchu (*medulla oblongata*), varolův most (*pons Varoli*) a mozeček (*cerebellum*). Střední mozek zůstává beze změn a přední mozek se dále dělí na mezimozek (*diencephalon*) a koncový mozek (*telencephalon*). Tyto oddíly CNS slouží k zajištění základních fyziologických funkcí lidského organismu. [48]

Bílá a šedá hmota jsou důležitými strukturami v mozku, které mají diagnostický význam v metodách, jako je *magnetic resonance imaging* (MRI). Těla nervových buněk (neuronů) tvoří šedou hmotu, která kryje povrch velkého mozku podobně jako mozková kůra a nachází se v jádrech uvnitř mozku. Na druhé straně bílou hmotu tvoří axony, výběžky nervových buněk, které obsahují mnoho myelinu. Tento typ tkáně je lokalizován pod šedou hmotou a v koncovém mozku. Názvy bílá a šedá hmota jsou odvozeny od barvy těchto struktur. [15, 48]

1.1 Fyziologický význam mozku

Podstatu funkce mozku lze chápat jako přijímání a vyhodnocování různých informací. V porovnání s ostatními orgány v těle má mozek několik zásadních odlišností.

1.1.1 Hematoencefalická bariéra

Hematoencefalická bariéra odděluje mozek od vnějšího prostředí a umožňuje volnou difuzi nízkomolekulárních látek a dýchacích plynů, jako jsou například: kyslík, oxid uhličitý a voda. Ostatní látky jsou přenášeny pomocí transportních mechanismů v membránách, zejména transport glukózy a iontů je pro funkci mozku naprosto nezbytný. Další funkcí hematoencefalické bariéry je udržování optimálního prostředí neuronů v mozku a ochrana jeho jednotlivých součástí před nepříznivými vlivy z vnějšího prostředí. [28, 43]

1.1.2 Mozkomíšní mok

Mozek je odlišný od ostatních orgánů v distribuci extracelulárních tekutin, které zahrnují mozkomíšní mok (likvor), krev v cévách a tekutiny v mezibuněčném prostoru. Mozkomíšní mok, který je vytvářen v *plexus chorioideus* v mozkových komorách a vstřebává se v arachnoideálních granulacích, chrání mozek a míchu při pohybu hlavy a je to čirá a zažloutlá tekutina. Produkce likvoru může dosáhnout až 650 ml denně. [43]

V diagnostice, při subarchnoidálním krvácení, je používána analýza likvoru spektrofotometrem, sloužící k určení stáří vzniku daného krvácení. Další využití spočívá v provádění lumbální punkce, kde se mezi trny L3 a L4 vpíchne jehlice a odebraný mozkomíšní mok se dále analyzuje, například pro vyloučení meningitidy. [48]

1.1.3 Průtok krve mozem

U mozku je více jak u kteréhokoliv jiného orgánu důležitá jeho prokrvenost, a tedy jeho okysličení. Nedostatek kyslíku by omezil funkční komponenty CNS, a pokud by v rámci deficitu kyslíku nastala mozková smrt, tak by byla irelevantní funkčnost a činnost ostatních orgánů (srdce, plíce), protože při mozkové smrti je pacient považován za mrtvého.

Nicméně pro fyziologickou podstatu je důležitá, již zmíněná hematoencefalitická bariéra, kterou se reguluje transport látek z krve do mozku. Cévní zásobení mozku zajišťují mozkové tepny. Jsou to především pravá a levá *a. vertebralis* a pravá a levá *a. carotis interna*, které spolu s dalšími cévami tvoří Willisův okruh. Zajímavostí je, že Willisův okruh není u všech lidí stejný a vyskytují se v rámci celé populace různé varianty a anomálie. Jeho funkční význam spočívá v ochraně mozku před ischemií, kde dokáže dočasně nahradit cévy, při jejich stenóze. [28, 48]

1.2 Vybrané patologie mozku

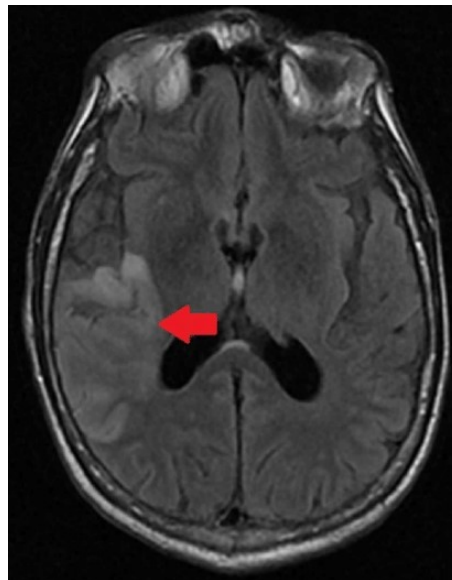
Daná práce pojednává o segmentaci patologií v MRI datech. Bylo by proto považováno za vhodné, seznámení se základními patologiemi mozku. Patologií mozku je hodně, práce se zaměřuje na cévní mozkovou příhodu (CMP), konkrétně na segmentaci ischemické cévní mozkové příhody. V práci je zmíněno tedy jen několik nejzákladnějších patologií a nemocí mozku.

1.2.1 Ischemická a hemoragická cévní mozková příhoda

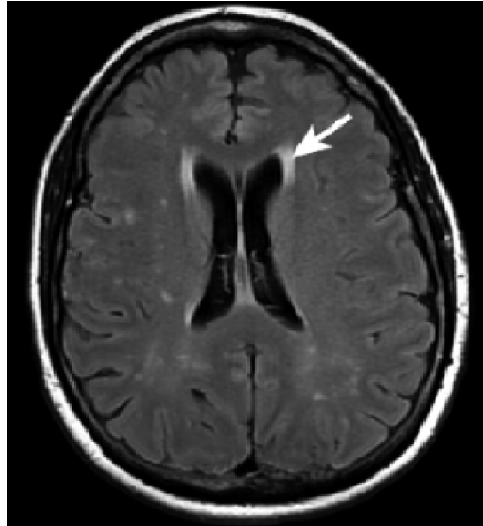
Cévní mozková příhoda (CMP) je akutní stav, při kterém dochází k poruše krevního zásobení určité části mozku a tato poškozená oblast nedostává adekvátní přísun kys-

líku a živin, čímž postupem času odumírá. Z hlediska etiologie, je rozeznávána CMP na ischemickou a hemoragickou formu. Ischemickou formu CMP představuje zhruba 85 procent případů, je způsobená ucpáním krevní cévy, nejčastěji trombem, následkem je nedostatečné množství krve v daném úseku mozku. Na druhou stranu zbylých 15 procent případů, je zapříčiněno prasknutím krevní cévy, což vyvolá krvácení přímo do mozku, či do mozkových obalů, tím opět dojde k nedostatečnému přívodu krve do dané mozkové oblasti a nazývá se hemoragická CMP. Nehledě na formu ischemickou či hemoragickou, cévní mozková příhoda vzniká působením rizikových faktorů, které se mohou rozdělit na ovlivnitelné a neovlivnitelné. Mezi ovlivnitelné by byl zařazen životní styl pacienta, a to kouření, nadměrné užívání alkoholu, vysoká hladina cholesterolu, krevního tlaku a celkový rozvoj metabolického syndromu. Neovlivnitelné rizikové faktory jsou dány jednak vysokým věkem, ale i genetickými predispozicemi. Z pravidla platí, čím více faktorů působí, tím je větší šance na vznik CMP. Nejčastějšími příznaky CMP jsou ochrnutí horní a dolní končetiny na jedné straně těla, ochrnutí poloviny obličeje, pokles ústního koutku, porucha rovnováhy, bolest hlavy a závratě. Pro laickou veřejnost byla vytvořena metodika na rozpoznání příznaků pod pojmem FAST. [1, 6, 23]

Na následujících obrázcích Obr. 1.1 a Obr. 1.2 lze vidět ukázkou ischemické a hemoragické cévní mozkové příhody. Snímky jsou pořízeny pomocí magnetické rezonance, při sekvenci FLAIR.



Obr. 1.1: Ischemická cévní mozková příhoda, sekvence FLAIR, (upraveno z [39])



Obr. 1.2: Hemoragická cévní mozková příhoda, sekvence FLAIR, (upraveno z [14])

1.2.2 Poruchy cévního řečiště mozku

Mezi další patologie mozku na bázi poruchy krevního zásobení, může být zařazeno intrakraniální krvácení. Mozek obalují tři vrstvy: *dura mater*, která těsně přiléhá na lebku, *arachnoidea* jako další vrstva a na ni přiléhá *pia mater*, která je přímo na mozku. Pokud se objeví krvácení mezi tvrdou plenou a lebkou, tento stav se nazývá epidurální krvácení. Tento typ krvácení obvykle vzniká po traumatu, kdy dochází k fraktuře lebeční kosti. Epidurální krvácení může také vést k vývoji epidurálního hematomu, který se může rozvíjet několik dní a utlačovat mozek. Subdurální krvácení je dalším typem nitrolebního krvácení, kdy krvácení probíhá do prostoru mezi *durou mater* a *arachnoideu*. To bývá obvykle způsobeno traumatem s vysokým úhlovým zrychlením hlavy. Akutní subdurální hematom postihuje frontoparietální oblast a je tvořen směsí likvoru a krve. Tento hematom se může buď zcela zhojit nebo přejít do chronické formy. Subarachnoidální krvácení je poslední formou intrakraniálního krvácení, jehož původ může být z ruptury aneurysmatu nebo může vzniknout úrazem hlavy. Krvácení se vyskytuje v subarachnoidálním prostoru mezi *arachnoideu* a *pia mater*. [7, 29, 38]

1.2.3 Patologické hromadění tekutin v mozku

Další patologií mozku, jež je třeba zmínit, je edém mozku, který je charakterizován nahromaděním vody v mozkové tkáni a může být ohraničený nebo difuzní. Lze rozlišit vazogenní edém, cytotoxický edém, intersticiální edém a hydrocefalus. Vazogenní edém je asociován s poruchou hematoencefalitické bariéry a provází jej nádory

a záněty mozku. Cytotoxický edém v mozku vzniká, když buňky nedostávají dostatek kyslíku a dochází k redukci objemu mozkomíšního moku. Intersticiální edém je charakterizován difuzí mozkomíšního moku do bílé hmoty v důsledku zvyšujícího se hydrostatického tlaku v mozkových komorách. Hydrocefalus je pojmenování pro významné zvětšení množství cerebrospinálního moku v mozkových komorách, které souvisí s rozšířením samotných komor. [25, 29]

1.2.4 Infekční a zánětlivá onemocnění mozku

Mezi zánětlivá a infekční onemocnění mozku se řadí: meningitidy, encefalitidy a mozkový absces. [6]

Meningitida je akutně, či chronicky probíhající zánětlivé onemocnění měkkých plen mozkových. Mezi základní typy meningitidy patří: purulentní a lymfocytární meningitida. Purulentní meningitidu způsobují pyogenní bakterie a u novorozenců je původcem *Escherichia coli*. [40]

Encefalitida je zánětlivé onemocnění mozku, které způsobuje především virová infekce, avšak v některých případech také bakterie nebo paraziti. Existují dva základní typy encefalitidy: primární a sekundární. Primární typy jsou obvykle přenášeny na lidi od zvířat a způsobují poškození nervových buněk a změny v glii. Sekundární typy se vyskytují jako komplikace jiného onemocnění a jsou způsobeny virem, jako jsou například herpesviry. Nejznámějším typem encefalitidy, před kterým se lze chránit očkováním, je klíšťová encefalitida, zde dochází k nákaze z infikovaného klíštěte na člověka. [29, 31]

Poslední zmínkou o infekčním onemocnění mozku je mozkový absces. Původcem jsou pyogenní bakterie a do mozku se dostávají embolizací, vlivem jiných zánětlivých procesů v těle. [6]

1.2.5 Nádory mozku

Obecně lze nádory rozdělit na maligní a benigní. Nezhoubné nádory nemají tendenci metastázovat, vytvářejí dceřinná ložiska a jejich růst je omezen jen do okolní tkáně. Naproti tomu zhoubné nádory mají schopnost se rozšiřovat do okolních tkání a ničit je, jsou nebezpečnější formou nádorů pro pacienty, než nádory benigní. [6]

Nádorů mozku je několik, lze se zmínit o několika základních typech. A sice nádory odvozené z histogenické řady glii, gliomy. Sem patří například astrocytom, jedná se o nádor, který ve zralé variantě tvoří zhruba třetinu gliomu. Vyskytuje se u všech věkových skupin, a také ve většině topografických oblastech CNS. [6, 31]

Na druhé straně jsou nádory z histogenické řady neuronů. Spadá sem například meduloblastom a neuroblastom mozku. Meduloblastom je nejčastější mozkový nádor u dětí, naproti tomu neuroblastom je vzácný a rychle rostoucí tumor. [31]

2 Základní specifika magnetické rezonance

Magnetická rezonance se v současné době prezentuje jako jedna z nejlepších zobrazovacích modalit, sloužících k diagnostice. Výhodou pro pacienta je, že na rozdíl od vyšetření pomocí rentgenového přístroje, či počítačové tomografie, nedostává pacient dávku ionizačního záření. Avšak i vyšetření magnetickou rezonancí má svá specifika, u nás zejména vysokou cenu a nízkou dostupnost. Kontraindikací mohou být například stenty koronárních a periferních tepen, pokud jsou vyrobené z feromagnetického materiálu. V současnosti však již, velké množství výrobců bere ohled na možnou kontraindikaci a používá kompatibilní materiály, vhodné pro bezpečné vyšetření pacienta. [9, 12]

Zobrazovací systémy magnetické rezonance dále jen (MR), mohou pracovat v závislosti na volbě snímání ve čtyřech základních primárních parametrech zobrazení. A to, na základě hustoty protonových jader nebo relaxačních časů T1 a T2, či na principu průtoku protonů. [12]

2.1 Fyzikální princip MR

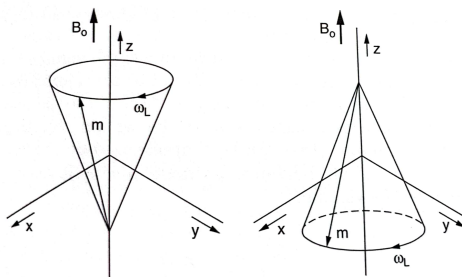
Z fyzikálního hlediska je zobrazování pomocí magnetické rezonance popsáno fenoménem nukleární magnetické rezonance. První magnetická rezonance byla v klinice představena roku 1980. Za účelem MRI se využívají vlastnosti atomů, které se skládají z protonů a neutronů v atomovém jádře. Tyto protony se otáčejí kolem své vlastní osy a mají moment hybnosti označovaný jako spin. Díky rotaci nabitých částic vzniká magnetický moment, který se využívá k vytvoření obrazu. Pro diagnostické účely v lékařství se využívá, a proto je vhodný pro zobrazování. [13, 16]

Pokud se částice nachází ve vnějším magnetickém poli, tak může mít jen dvě hodnoty potenciální energie. První, hodnota paralelní (pozitivní) a druhá hodnota antiparalelní (negativní) orientaci magnetického dipólu, vzhledem k vnějšmu poli (viz Obr. 2.1). [16]

Výsledný magnetický moment je poté určen na základě vektorového součtu všech magnetických momentů, buď do paralelní nebo antiparalelní orientace os. Frekvence precese je označována jako Larmorova frekvence a je lineárně závislá na magnetické indukci vnějšího pole a typu jádra. Někdy je Larmorova frekvence označována jako rezonanční frekvence. [12, 16] Popisuje ji následující vztah:

$$\omega_0 = \gamma B_0, \quad (2.1)$$

kde ω_0 je Larmorova frekvence, γ představuje gyromagnetický poměr a B_0 vyjadřuje magnetickou indukci. Změřit velikost vektoru magnetizace nelze, proto je nutné změnit jeho orientaci. To lze dosáhnout dodáním energie do celého systému,



Obr. 2.1: Dvě možnosti precese, vlevo nízkoenergetický stav, vpravo vysokoenergetický, (převzato z [16])

za pomoci elektromagnetických pulzů, označovaných jako pulzy radiofrekvenční. Je však nutné, aby Larmorova frekvence precedujícího protonu byla shodná s elektromagnetickým pulzem a poté dochází k rezonanci. [13, 16]

2.1.1 Volně indukovaný signál

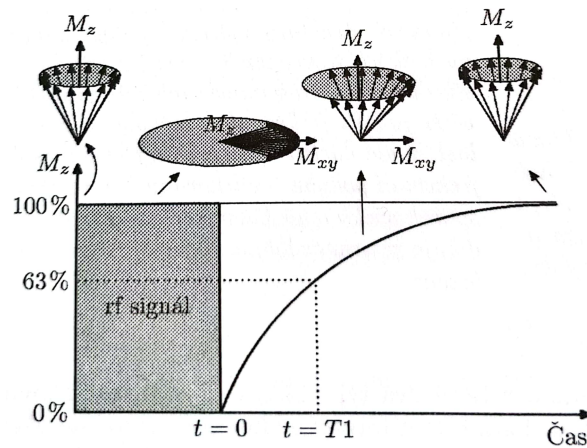
Po aplikaci radiofrekvenčního pulzu, dále jen (RF), na vyšetřovanou tkáň, se překlápí celý vektor magnetizace do roviny (x, y). Bezprostředně po ukončení pulzu, má měřený signál maximální amplitudu, poté se za relativně krátkou dobu rozpadne. Dle principu se nazývá signál volného indukčního rozpadu (FID). Trvá tak dlouho, dokud nedojde k úplné ztrátě fázové koherence v důsledku příčné relaxace. [12, 16]

2.2 Relaxační mechanismy jevu MR

Relaxaci u jevů MR popisuje proces, při kterém se jaderná rotace vrací do termodynamické rovnováhy po aplikaci elektromagnetického pulzu. Existují tak dva typy relaxace, a to spin-spinová a spin-mřížková interakce. [12, 13]

2.2.1 T1 relaxace

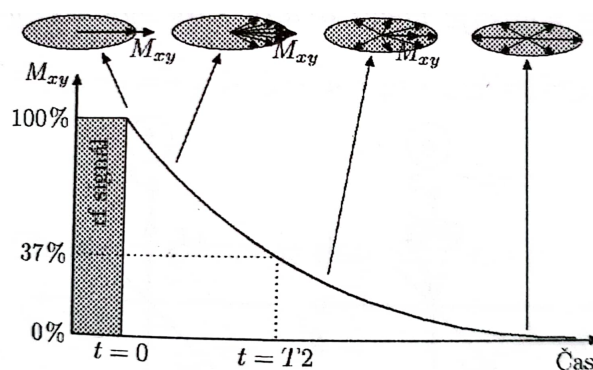
Relaxační čas T1, je označován jako spin-mřížková interakce, při které dochází k podélné relaxaci a energie se rozptýluje do mřížky. Dále je charakterizován dobou, za kterou se daný systém vrátí do 63 % termodynamické rovnováhy po aplikaci vysoko-frekvenčního pulzu. Rychlost relaxace závisí na koncentraci jader, teplotě a viskozitě prostředí. V jednotlivých částech lidského těla je relaxace T1 různě dlouhá. Pro diagnostiku mozku je důležitý likvor, a ten má dlouhou dobu T1 3000-5000 ms, a proto se jeví na snímku jako tmavý. Zatímco tuk má dobu zhruba 260 ms a na snímku je světlý. Na Obr. 2.2, lze vidět průběh T1 relaxace. [13, 16]



Obr. 2.2: Průběh T1 relaxace, (převzato z [12])

2.2.2 T2 relaxace

T2 relaxace, též označovaná jako spin-spinová interakce, je proces, při kterém dochází ke ztrátě fázové koherence vektoru příčné magnetizace po vyslání elektromagnetického RF pulzu, až se vektor vrátí na nulovou hodnotu. Tento jev nastává díky nehomogenitě statického vnějšího magnetického pole \mathbf{B}_0 , které postupně narušuje fázovou koherenci. Relaxační čas T2 určuje rychlost příčné relaxace. Na rozdíl od T1 relaxace nemusí u T2 relaxace vždy docházet k přenosu energie mezi spinujícími protony, ale může se projevit flip-flop interakcí s výměnou energie nebo bez ní. T2 relaxační křivka je obvykle kratší než T1 relaxační čas a lze ji pozorovat na Obr. 2.3. Například relaxační čas T1 pro tuk má hodnotu přibližně třikrát delší než čas T2, který má hodnotu 80 ms. [12, 13]



Obr. 2.3: Průběh T2 relaxace, (převzato z [12])

2.2.3 Celková relaxace

Vzniká využitím obou relaxačních časů T_1 a T_2 , kde pro relaxační mechanismy T_1 existuje tendence k návratu do termodynamické rovnováhy. Pro relaxaci T_2 dochází k charakteristické ztrátě fázové koherence v rovině (x, y) . [12]

2.3 Základní měřicí techniky, sekvence MR

2.3.1 Spinové echo

Spinové echo vzniká použitím 90° RF pulzu, následovaným 180° pulzem, zkráceně nazývaným SE. Tento proces spočívá v tom, že po použití 90° RF pulzu se podélná magnetizace okamžitě překloupí do roviny transverzální (x, y) a vzniká signál FID. Fázová koherence elementárních dipólů je však narušena vlivem přítomné relaxace T_2^* . Po aplikaci 180° pulzu dochází k opětovnému překloupení elementárních dipólů a jejich sfázování, což je dokončeno, když dojde k sfázování jader a vytvoření echo signálu. [12, 16]

2.3.2 Gradientní echo

Použití spinového echa vyžadovalo dlouhé časy akvizice, což vedlo k vývoji nových měřicích technik, využívajících gradientních polí. Gradientní echo techniky nahrazují 180° pulzy gradientním magnetickým polem, které modifikuje Larmorovu frekvenci ve směru gradientu. To vede ke rychlému rozsfázování transverzální magnetizace v FID signálu. Pokud se v přesně definovaném čase aplikuje stejně velký, ale opačně polarizovaný gradient, dojde k rychlému opětovnému sfázování. Maximální velikost gradientního echa se dosáhne v okamžiku, kdy délka trvání prvního gradientu je shodná s inverzním druhým gradientem. [5, 12]

2.3.3 IR sekvence

Technika označovaná jako IR (*inversion recovery*) se používá v MRI k ovlivnění kontrastu obrazu. Tento postup zahrnuje aplikaci 180° pulzu před spinovým echem, což vede k inverzi podélné magnetizace. Sekvence pulzů v IR metodě se skládá z $180^\circ + 90^\circ$ pulzů. Počáteční 180° pulz inverzuje podélnou magnetizaci, po čemž následuje 90° pulz, který překloupí vektor magnetizace do roviny (x, y) . Následně je změřena velikost magnetického pole pomocí přijímací cívky. IR metoda je silně závislá na T_1 relaxaci a může být použita k potlačení signálu z určité tkáně, pokud je znám její T_1 relaxační čas. Jedním z příkladů této techniky je sekvence FLAIR, která umožňuje potlačit signál likvoru. [12, 16]

2.4 Konstrukce MR přístroje

Základní schéma konstrukce MR přístroje lze pozorovat na Obr. 2.4. Nezbytnou součástí každé magnetické rezonance jsou gradientní, radiofrekvenční cívky a hlavní magnet. Níže jsou uvedeny základní specifika konstrukce MR. [12]

2.4.1 Hlavní magnet

Z hlediska konfigurace může být hlavní magnet konstruován jako otevřený (*open-bore*), nebo uzavřený (*closed-bore*) systém. Otevřený má výhodu oproti uzavřenému systému v tom, že je přijatelnější pro pacienty s klaustrofobií, zejména u mladších pacientů.

Hlavní magnet může být v provedení jako permanentní, rezistivní, supravodivý nebo jako elektromagnet. Nejčastěji se v praxi používá hlavní magnet se supravodivou cívkou, jako uzavřený systém. Nevýhodou supravodivé cívky je přítomnost neustálého chlazení v podobě plynu helia, které je však finančně náročné. [5, 12, 13]

Volba velikosti \mathbf{B}_0 , je rozhodující pro dosažení ideálního poměru signálu a šumu. Základním požadavkem na hlavní magnet je homogenita magnetického pole, toho je docíleno pomocí korekčních mechanismů. Rozlišuje se pasivní a aktivní korekce. Pasivní slouží k odstranění větších nehomogenit magnetického pole pomocí kousků oceli, umístěných podél vnitřní stěny magnetu. Aktivní korekce spočívá v umístění nezávisle napojených cívek do vhodných míst magnetu. [12, 13]

2.4.2 Radiofrekvenční cívky

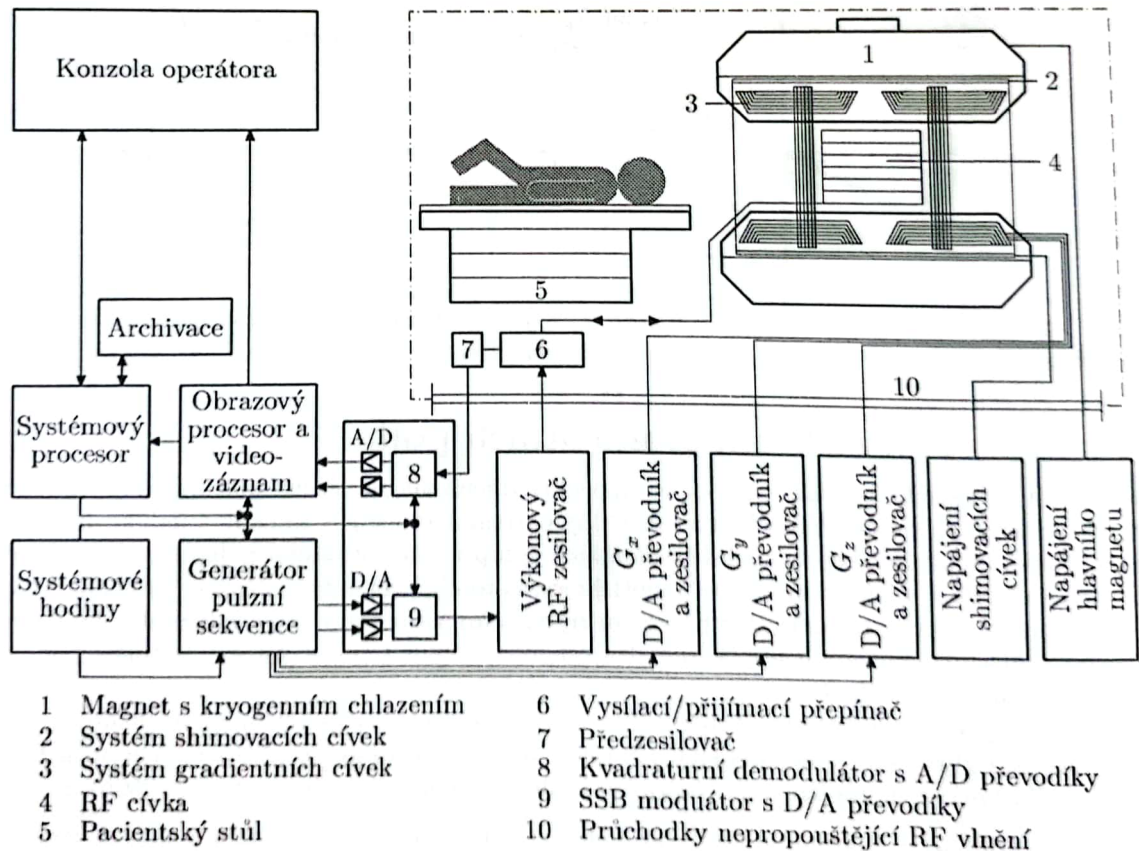
Rozlišují se dva druhy RF cívek, a to vysílací a přijímací. Mohou být buď jako samostatné nebo jednotlivé kusy MR konstrukce, v závislosti na zkoumané oblasti těla. Úkolem vysílací cívky je generování vhodného tvaru, sledu a energie RF pulzů k vybuzení jevu magnetické rezonance. Naproti tomu přijímací cívky, uskutečňují přijetí FID nebo echo signálu z excitované scény. [12, 13, 16]

2.4.3 Gradientní cívky

Gradientní systém cívek se využívá k celé řadě funkcí, zejména k výběru tomografické roviny, či prostorovému kódování. [12]

Tyto cívky jsou umístěny uvnitř hlavního magnetu, to ale vede ke vzniku velkých sil mezi nimi a magnetem. Kvůli tomuto problému jsou cívky fixovány pevně na svém místě. Při jejich přepínání se však mohou vyskytnout mechanické vibrace,

kteřé vytvářejí nepříjemný hluk pro pacienta. Moderní systémy magnetické rezonance se snaží tento hluk minimalizovat pomocí různých tlumících mechanismů, jako je například hydraulický tlumící systém. [12, 13]



Obr. 2.4: Principiální schéma konstrukce MR, (převzato z [12])

2.5 Zisk výsledného MR obrazu

2.5.1 Selektce tomografické roviny

Určení roviny řezu při zobrazování se provádí pomocí superpozice gradientního magnetického pole na základní homogenní magnetické pole \mathbf{B}_0 během excitace jaderného systému RF pulzem. Nejčastěji se používá selektivní excitace, přičemž hlavní magnetické pole \mathbf{B}_0 je orientováno ve směru osy z a ve stejném směru osy je přidáno gradientní pole G_z . To vytváří rovinu určující gradient a intenzita G_z roste ve směru osy pacienta. Přidání magnetických polí G_x a G_y umožňuje prostorové kódování tomografické roviny a lineární změna magnetického pole může být generována buzením příslušných cívek.

Velikost gradientního pole G se spočítá pomocí následujícího vztahu:

$$G = \sqrt{(G_x^2 + G_y^2 + G_z^2)}, \quad (2.2)$$

kde G je velikost gradientního pole, G_x je gradientní pole v ose x , dále pak G_y vyjadřuje gradientní pole v ose y a G_z reprezentuje gradientní pole v ose z . Po přidání gradientních polí G_x a G_y se získá FID signál, reprezentující jednu projekci ve zvoleném směru. [12]

2.5.2 Sběr a rekonstrukce obrazových dat

Pro rekonstrukci obrazu se využívá dvou rekonstrukčních metod: projekčně rekonstrukční a dvojrozměrná Fourierova rekonstrukční metoda. Projekčně rekonstrukční metoda se u MR přístrojů již nepoužívá kvůli časové náročnosti, avšak stále je to používaná metoda u počítačové tomografie. Na druhé straně dvojrozměrná Fourierova rekonstrukční metoda *2DFT* získává obraz převedený na stupně šedi, a to pomocí frekvenčního a fázového kódování. Výhodou této metody je snadná rozšiřitelnost na 3D akvizici obrazových dat a malá citlivost na nehomogenity hlavního pole \mathbf{B}_0 . [5, 12, 13]

2.5.3 Difuzně vážené zobrazování

Metoda difuzně váženého zobrazování je použita v praktické části práce, každý snímek v datasetu obsahuje MR sekvenci získanou pomocí difuzně váženého zobrazování. Proto by bylo vhodné a důležité se o principu uvedené metody zmínit.

Tato metoda využívá ke zobrazení změn signálu, způsobených difuzí molekul vody ve tkáních. Difuzně vážené zobrazování (DWI), se uplatňuje u detekce patologií mozku, což může být například CMP. [5, 13]

3 Segmentace obrazu

Segmentace obrazu je významnou a náročnou fází při analýze obrazových dat. Má za cíl vymezit oblasti obrazu, které jsou homogenní a splňují vstupní podmínky na základě zvolených požadavků segmentace. V medicínských obrazech, získaných pomocí diagnostických zobrazovacích zařízení, jako je například MR, na kterou se práce blíže zaměřuje, to může být například segmentace orgánů, kostí, svalů, tkání a jiných objektů zájmu. V současné době se u lékařského zobrazování využívá zejména počítačových technologií k dosažení segmentace ve 2D nebo 3D zobrazení. [16]

Segmentaci obrazu, lze popsat na základě znalosti teorie množin. Vystupují zde jednotlivé vztahy mezi medicínským obrazem I a množinou omezení podobnosti, definovanou jako $C_i (i = 1, 2, \dots)$, kde se má pomocí segmentace rozdělit vstupní medicínský obraz I dle vztahu níže:

$$\bigcup_N^{x=1} R_x = I, R_x \cap R_y = \emptyset, \forall x \neq y, x, y \in [1, N], \quad (3.1)$$

kde popsané symboly v uvedené rovnici, R_x a R_y splňují podmínku danou množinou omezení podobnosti $C_i (i = 1, 2, \dots)$ pro obě sady pixelů. Dále pak N znázorňuje celé kladné číslo a udává zbylý počet oblastí obrazu po dělení. A závěrem symboly x, y slouží k rozlišení různých oblastí obrazu. [16, 24]

Mezi tradiční segmentační metody obrazu patří například prahová segmentační metoda, metoda segmentace založená na regionech, metoda segmentace založená na detekci hran [26]. Zmíněné metody jsou však již překonané metodami, které využívají umělé inteligence, jako je například využití hlubokého učení. [24]

Prahová segmentační metoda pracuje na principu porovnávání hodnot pixelů či voxelů, na základě znalosti jejich intenzity nebo velikosti gradientu, s předem stanoveným prahem pro segmentaci. Prahovou hodnotu lze vybrat ručně, buď z předchozích zkušeností s používáním segmentačních metod nebo se může vybrat automaticky z aktuální obrazové informace. [26]

Mezi metody segmentace založené na regionech, se může zařadit algoritmus růstu regionu. Obecně lze tvrdit, že zmíněná metoda vychází z předpokladu, že pixely mají v určeném regionu velmi podobnou intenzitu. Nejdříve je nutné určit si prahovou hodnotu a na jejím základu dále postupovat. Vybere se počáteční semínko, od kterého se hledají sousední pixely, jejichž intenzita náleží do intervalu předem definované prahové hodnoty. Na závěr se odpovídající pixely sloučí a regiony se rozšíří. [26]

Metoda segmentace, vycházející z detekce hran, je postavena na principu matematické morfologie. Dříve se používal podobný algoritmus pro rozpoznání hran s využitím gradientu u pixelů, avšak nastal problém se šumem v oblasti okraje medicínského snímku. Proto byl do algoritmu přidán nástroj na eliminaci šumu v obraze. [46]

3.1 Úvod do hlubokého učení

Hluboké učení z anglického spojení (*deep-learning*), spadá do oblasti umělé inteligence a je schopno z velkého rozsahu dat určit jejich hlavní rysy, což mohou být ku příkladu zvuková data, textová data, či různá obrazová a multimediální data. Využívá struktury hluboké neuronové sítě, která je zpravidla složena z několika tisíc až milionů neuronů, jež jsou mezi sebou navzájem propojeny, a kde lze tvrdit, že každý neuron plní úlohu jednotky pro zpracování informace a zmíněné neurony jsou organizované do desítek až stovek vrstev. V podstatě se hluboké učení snaží napodobit proces učení u lidského mozku. [24]

Takto vzniklé neuronové sítě umožňují kvalitní zpracování obrazu a algoritmy na bázi hlubokého učení vychází ze zmíněných neuronových sítí, a sice dopředného nebo rekurzivního typu. Mezi hlavní výhody hlubokého učení je určitě vhodné zařadit, vícevrstvé zpracování dat, nelineární vlastnosti vrstev a závěrem tzv. učení pod dohledem, na základě trénovacích anotovaných dat nebo ve formě nekontrolovatelné, a to s neoznačenými daty. [17] V současné době lze tvrdit, že algoritmy založené na principu hlubokého učení mají vysokou účinnost a lze je použít například pro klasifikaci obrazu, restauraci obrazu, či segmentaci obrazu. [24]

3.2 Konvoluční neuronové sítě

Konvoluční neuronová síť představuje v současnosti jednu z nejpoužívanějších neuronových sítí v rámci technologie hlubokého učení [24]. Zmíněná síť činí velký pokrok v oblasti zpracování a analýzy obrazu. Primární cíl konvoluční neuronové sítě spočívá ve sdílení hodnot vah jednotlivých neuronů, které jsou v každé vrstvě jiné, ale neurony v jedné vrstvě sdílí váhy ve vztahu k pozici. Konvoluční neuronová síť, tak usnadňuje trénování dané sítě pomocí redukce počtu parametrů. [17, 24]

Pro práci s konvoluční neuronovou sítí je důležité vhodným způsobem předzpracovat data, což poté zajistí rychlejší a plynulejší činnost dané sítě. Předzpracovaná data tvoří vstup pro konkrétní konvoluční neuronovou síť, kde předzpracováním se rozumí, že vstupní snímky mají určitým způsobem redukované rozměry. Používá se vstupní obraz se třemi dimenzemi, což jsou výška, šířka a počet kanálů nebo je uvedena intenzita jednotlivých barev. [20]

3.3 Struktura konvolučních sítí

Základ architektury konvolučních sítí tvoří: konvoluční vrstvy (*convolution layers*), sdružovací vrstvy (*pooling layers*) a plně propojené vrstvy (*fully connected layers*).

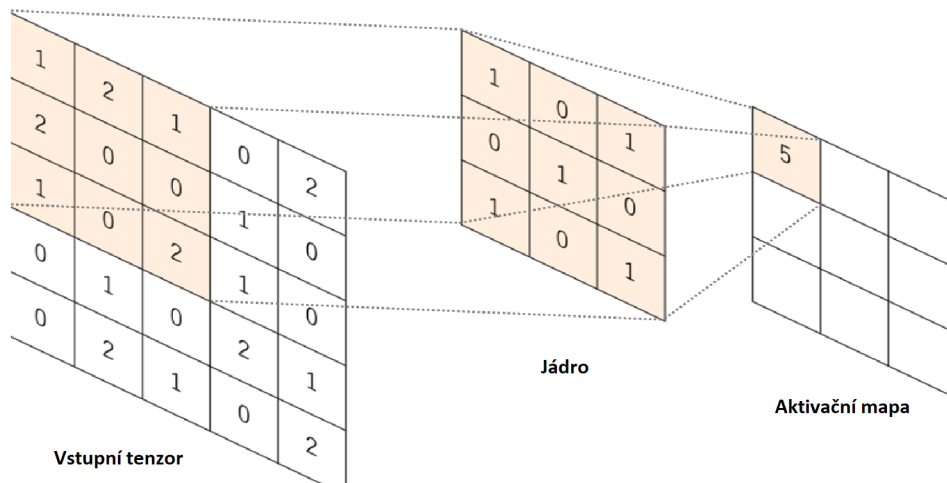
3.3.1 Konvoluční vrstvy

Pro správné fungování konvoluční vrstvy je třeba zmínit princip konvoluce. Jedná se o lineární matematickou operaci, která se skládá ze tří částí: vstupní tenzor, jádro, mapa příznaků. Jádro může být někdy nazýváno jako konvoluční maska nebo filtr, projíždí vstupní data s předem určeným krokem a provádí se suma bodových součinů, která se zapíše do odpovídajícího pole v mapě příznaků. V praxi se většinou využívá více než jedno jádro, a proto každé z nich vytvoří samostatnou mapu příznaků. Po konvoluční vrstvě mohou následovat další konvoluční vrstvy nebo vrstvy sdružující *pooling layers*. [8, 45]

Výstupní mapa prvků se jinak nazývá aktivační mapa, nebo také příznaková mapa a její výpočet je popsán následujícím vztahem [18]:

$$g(i, k) = f(i, k) * h(m, n) = \sum_{m=-\infty}^{\infty} \sum_{n=-\infty}^{\infty} f(i - m, k - n)h(-m, -n), \quad (3.2)$$

kde vstupní obraz je označen jako f a konvoluční maska jako h a výstupní obraz je označen jako g . Na následujícím Obr. 3.1 je vyznačen princip výpočtu aktivační mapy, kde probíhá konvoluce vstupního tenzoru s jádrem o velikosti 3×3 . [8]



Obr. 3.1: Příklad výpočtu konvoluce, (převzato z [45])

3.3.2 Nelineární vrstvy

Po konvoluční vrstvě následuje na jejím výstupu nelineární vrstva v podobě aktivační funkce, kdy jsou v ojedinělých případech vrstvy bodových nelinearit zobrazeny explicitně za každou konvoluční vrstvou, či blokem v dané struktuře konvoluční neuronové sítě. [17, 45]

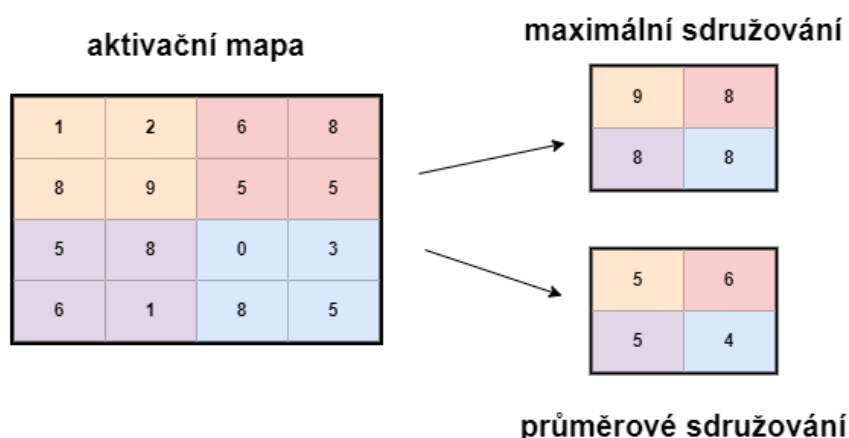
Co se týče typu nelinearity, jedná se o nelineární monotónní a obecně diferencovatelnou funkci aktivace. Dříve byly požívány sigmodiální a hyperbolické nelineární funkce, protože přesně simulovaly chování biologického neuronu, avšak čas ukázal, že použití funkce ReLU, neboli rektifikovaných lineárních jednotek je vhodnější. Zmíněná funkce poskytuje lepší podmínky pro učení sítě. [17]

3.3.3 Sdružovací vrstvy

Sdružovací vrstva, neboli *pooling layer*, navazuje na výstup z konvoluční vrstvy a má za cíl redukovat rozměry snímku z konvoluční vrstvy, tím omezuje počet parametrů a výpočtů v konvoluční neuronové síti [17]. Pracuje tak, že vstupní snímek podvzorkuje pomocí průměrovací, či maximální sdružovací operace, za účelem snížení prostorové velikosti. Obecně lze tvrdit, že sdružovací vrstva usnadňuje a zrychluje proces fungování konvoluční neuronové sítě. [8, 20]

Nejvíce v praxi používanou formou sdružování je maximální sdružování, z anglického slova (*max pooling*), jeho princip spočívá v extrakci jednotlivých shluků (*patches*) z mapy příznaků, jež je výstupem konvoluční vrstvy, poté v každém shluku ponechá maximální hodnotu a všechny ostatní nebere v potaz, protože s nimi nepracuje. Na Obr. 3.2, lze vidět příklad maximálního sdružování. [45]

Další sdružovací operací, která stojí za zmínku, je průměrovací sdružování z anglického spojení (*average pooling*), kde na rozdíl od maximálního sdružování se z daného vybraného shluku (*patch*) spočítá průměr a ten se ponechá jako výsledek. Totéž se provede u každého shluku v mapě příznaků. Typicky se průměrovací sdružovací operace používají jako vstup do plně propojené vrstvy. Na Obr. 3.2, lze vidět příklad průměrujícího sdružování. [45]



Obr. 3.2: Příklad maximálního a průměrujícího sdružování, (upraveno z [8])

3.3.4 Plně propojené vrstvy

Jak již sám název napovídá, jedná se o vrstvu, která je plně propojená, což v praxi znamená, že každý neuron dané vstupní vrstvy je propojen s výstupním neuronem příslušné vrstvy. Je zajímavé, že ReLU aktivační funkce se obvykle používá po konvolučních a sdružovacích vrstvách, ale u plně propojených vrstev se používají jiné typy aktivačních funkcí, které jsou specifické pro daný účel. Plně propojené vrstvy jsou obvykle umístěny na výstupu sdružovací vrstvy v architektuře konvoluční neuronové sítě. [47, 45]

3.4 Segmentační algoritmy patologií mozku

Algoritmů na bázi hlubokého učení pro segmentaci je mnoho, proto jsou zde uvedeny jen ty nejaktuálnější pro segmentaci patologií mozku v MRI objemových datech. Práce je zaměřena konkrétně na segmentaci CMP, neboť i vybraný dataset (ISLES22) obsahuje data o pacientech s prodělanou ischemickou CMP.

Hlavním motivem, proč vyvíjet automatické segmentační algoritmy pro mozkové patologie, je usnadnění práce pro lékaře s rychlejším diagnostikováním CMP, protože v posledních letech dochází k výraznému nárůstu pacientů s CMP. [32]

3.4.1 U-Net

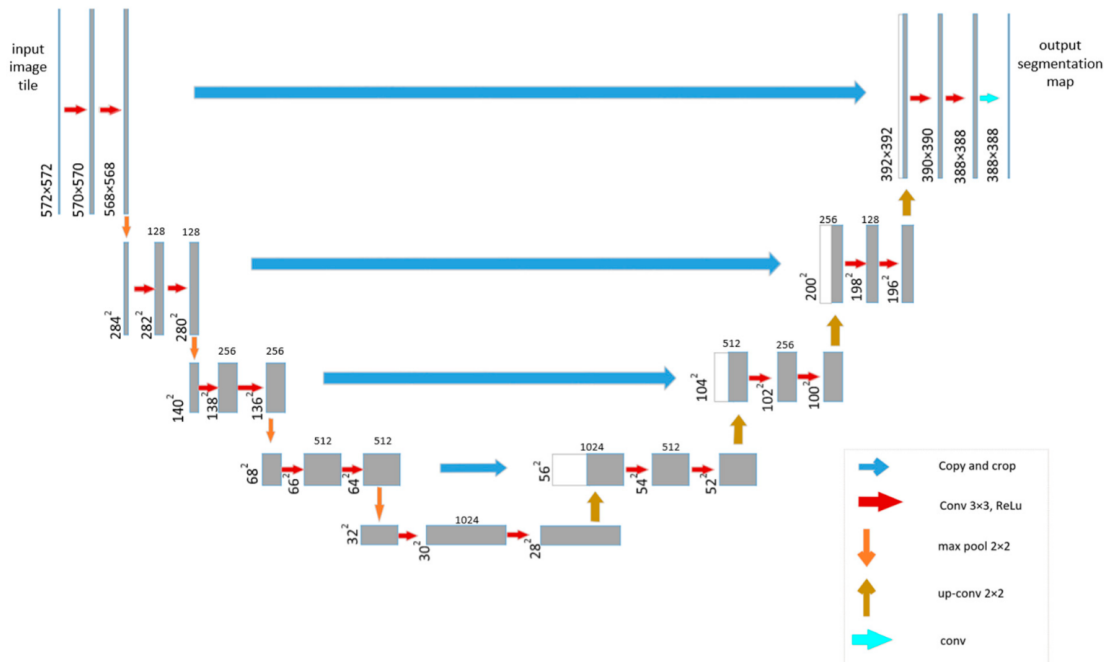
Segmentační síť U-Net patří k nejpoužívanějším algoritmům pro segmentaci obrazu a také z jeho struktury mnoho segmentačních algoritmů vychází. Jedná se o univerzální segmentační nástroj, využitelný k různým aplikacím, a proto lze považovat za vhodné představení U-Net architektury, která je základem pro specifické segmentační algoritmy, konkrétně, v této práci algoritmy zaměřené na segmentaci CMP. [34]

Architektura sítě U-Net se používá pro biomedicínské aplikace, zejména pro segmentaci lékařských obrazů a ve své podstatě vychází z plně propojených konvolučních neuronových sítí. V minulosti byl U-Net představen na mezinárodní konferenci pro analýzu obrazu roku 2015. Od té doby byl mnohokrát citován a jeho základní myšlenka je používána i do současnosti u nových metod s integrací, či vylepšením některých modulů U-Net architektury. [24, 34]

Zde na Obr. 3.3, je prezentována struktura sítě U-Net. Obsahuje bloky kóderu a dekóderu, které jsou propojené pomocí přeskokového spojení. Zmíněný blok kóderu obsahuje čtyři submoduly a v každém z nich jsou dvě konvoluční vrstvy, přičemž za každým submodule je maximální sdružovací vrstva, která zde provádí podvzorkování. [34]

Blok dekóderu obsahuje také čtyři submoduly, kde se nejprve rozlišení v každém submodule zvyšuje pomocí převzorkování o velikosti jádra 2×2 , a závěrem tak

poskytuje predikci pro každý pixel. Výstup je rozměrově menší než vstup, z důvodu potřeby lékařské segmentace, která je poté přesnější. [34]



Obr. 3.3: Architektura sítě U-Net, (převzato z [24])

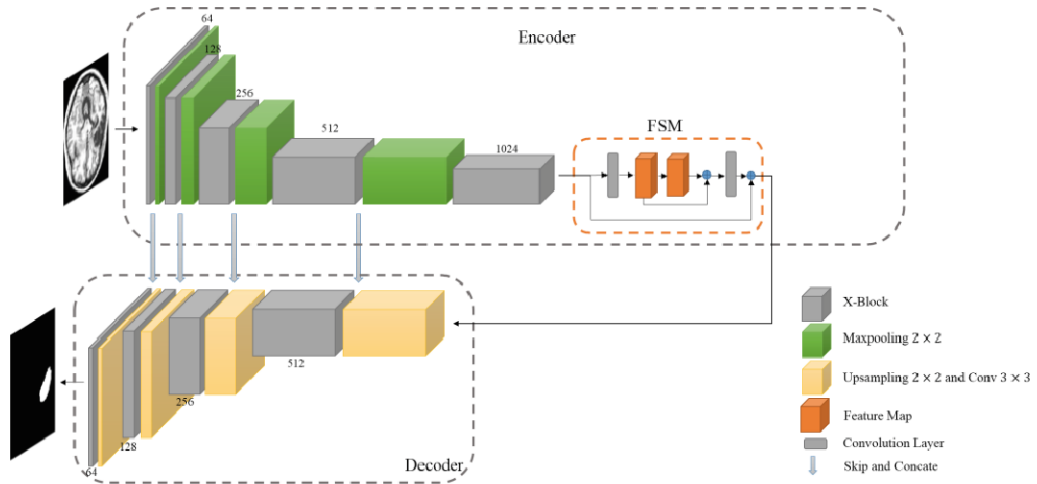
Představený algoritmus U-Net dosahuje segmentační úspěšnosti 46 % *Dice score* a je porovnáván s ostatními algoritmy pro segmentaci CMP.

3.4.2 X-Net

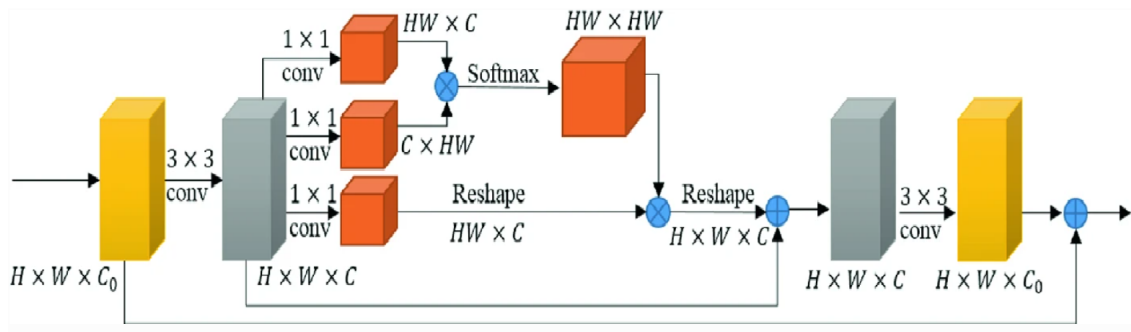
V dnešní době mají současné algoritmy pro automatickou segmentaci patologických lézí v mozku problém hlavně s jejich různými tvary a lokalizací. Druhý problém spočívá ve velkém množství trénovacích parametrů, které zatěžují a zpomalují funkčnost dané neuronové sítě. Z tohoto důvodu byl vyvinut segmentační algoritmus X-Net, na rozdíl od sítí jako je například U-Net, SegNet [24] a dalších, tak architektura X-Net přichází s mnohem menším množstvím trénovacích parametrů a nahrazení klasické konvoluce s hloubkově separovatelnou konvolucí (DSC), která pomáhá snižovat parametry u konvoluční masky. Autoři sítě X-Net dále přidali modul podobnosti prvků (FSM), který má za úkol zpracovávat prostorové informace s takzvaným dlouhým dosahem, což předešlé modely jako U-Net, SegNet neuměly. Výhodou zmíněného modulu podobností prvků je možnost použití u plně konvolučních sítí. [22, 32, 42]

X-Net je end-to-end model, který lze považovat za mnohem úspěšnější, neboť využívá předností hloubkové separovatelné konvoluce s modulem podobností prvků, díky kterým dosahuje lepších výsledků, než architektury v předchozích letech. Na

následujícím Obr. 3.4, lze vidět architekturu navržené sítě X-Net. Je zde vidět blok kóderu a dekóderu, kde v kóderu je modul podobností prvků, který bude níže podrobněji popsán. Čísla na Obr. 3.4 64, 128, 256, 512 a 1024 mají za cíl zdůraznit počet filtrů ve znázorněné síti X-Net. [32]



Obr. 3.4: Struktura sítě X-Net, (převzato z [32])



Obr. 3.5: Detailní struktura modulu FSM, (převzato z [32])

Po Modulu podobnosti prvků FSM následuje blok dekóderu, který zajišťuje zpětné prostorové rozlišení. Jak již bylo zmíněno výše, FSM pracuje s prostorovými informacemi, které mají dlouhý dosah a tyto informace pak extrahuje a zakóduje je do map prvků. Detail vybraného modulu FSM je znázorněn na Obr. 3.5, kde jsou detailně popsány jednotlivé prvky modulu FSM. Dalším prvkem ve struktuře X-Netu

jsou takzvané X bloky, které plní různé funkce na základě hloubkové oddělitelné konvoluce. [32]

Ve srovnání se segmentační sítí U-Net, ze které vychází, dosahuje X-Net úspěšnosti 48 %, zatímco U-Net úspěšnosti 46 % *Dice score*.

3.4.3 Swin Factorizer

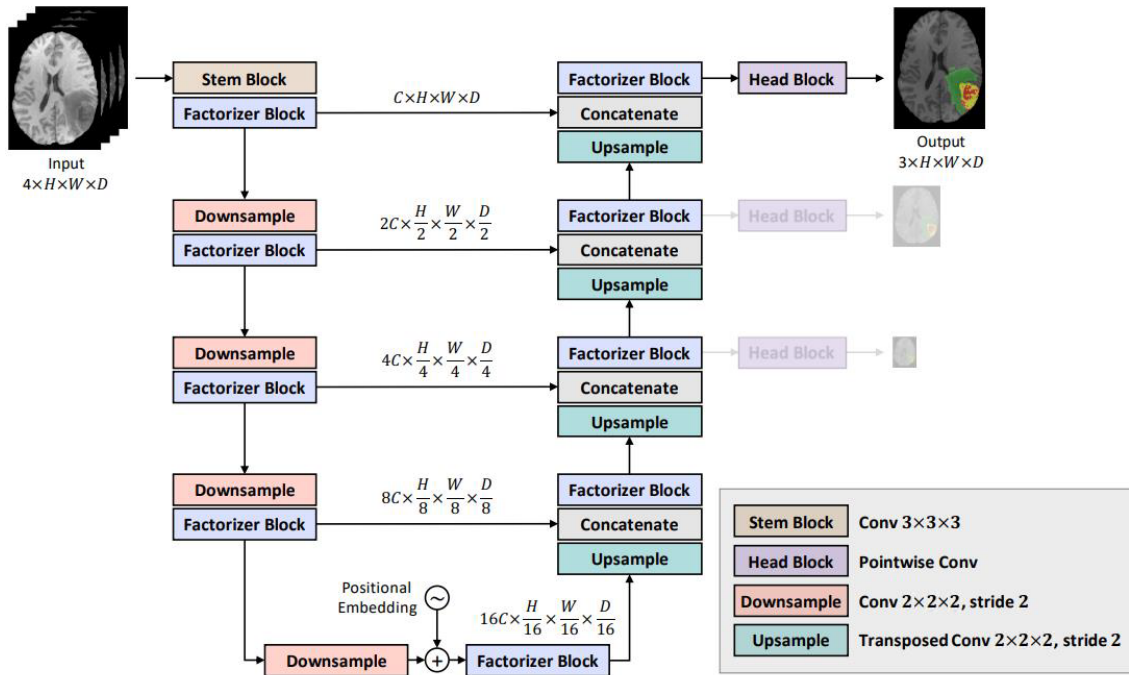
Dataset, který obsahuje data o pacientech s CMP, je v praktické části otestován veřejně dostupným modelem, který vychází ze sítě Factorizer [2]. Je jím algoritmus Swin Factorizer, který byl zvolen z důvodu veřejné dostupnosti a snadnému přístupu k popisům jednotlivých částí kódu a ostatních náležitostí potřebných k řádnému spuštění a implementaci modelu. Od modelu Factorizer se liší pouze tím, že využívá jiné matice, konkrétně *shifted window*, čili matice posunutého okna. [2]

K samotnému navrženému modelu Factorizer by mělo být uvedeno, že využívá faktorizační matice nízké úrovně *matrix factorization* (MF), které vedou ke snížení dimenzionality a ke zlepšení reprezentačního učení. Zejména v tomto konkrétním modelu, autoři sítě používají záporné faktorizační matice (NMF), neboť dokáží spolehlivě komprimovat data a extrahovat další důležité parametry. [2]

Architektura Factorizer je svým způsobem podobná jako architektura sítě U-Net, také obsahuje bloky kóderu a dekóderu, mezi kterými se přepíná v rámci stejného rozlišení, avšak je obohacena o factorizer bloky. Využívá vizuální transformátor, jehož přednost spočívá v tom, že dokáže pracovat s celou svou pamětí. Struktura vizuálního transformátoru obsahuje, jak záporné faktorizační matice, tak i vícevrstvý perceptron *multilayer perceptron* (MLP), jenž dokáže provádět převzorkovací operace, potřebné pro správné fungování sítě. [2, 11]

Na následujícím Obr. 3.6, lze vidět architekturu sítě Factorizer, který je implementován ve formě Swin Factorizer v praktické části a jsou na něm otestována veřejně přístupná data. Architektura sítě Factorizer obsahuje kóder a dekóder, přičemž spojení mezi nimi mají čtyři úrovně a postupně se snižuje až na 1/16, kde v rámci podvzorkování je zde použita konvoluční maska o velikosti $2 \times 2 \times 2$ s krokem 2 a pokud se jedná o nadvzorkování, jsou u něj stejné parametry jako u podvzorkování. Naproti tomu Stem blok používá konvoluční masku o velikosti $3 \times 3 \times 3$ a slouží v architektuře Factorizer k navýšení počtu kanálů. Posledním blokem ve zmíněném algoritmu je head blok, který využívá bodovou konvoluci, tedy s jádrem $1 \times 1 \times 1$ pro získání výstupu u třech nejvyšších úrovní dané sítě.

Hovoří-li se o úspěšnosti, autor architektury Swin Factorizer uvádí úspěšnost 80,6 % *Dice score*, což je v porovnání s úspěšností sítě U-net 46 % *Dice score* až dvojnásobný rozdíl.[2]



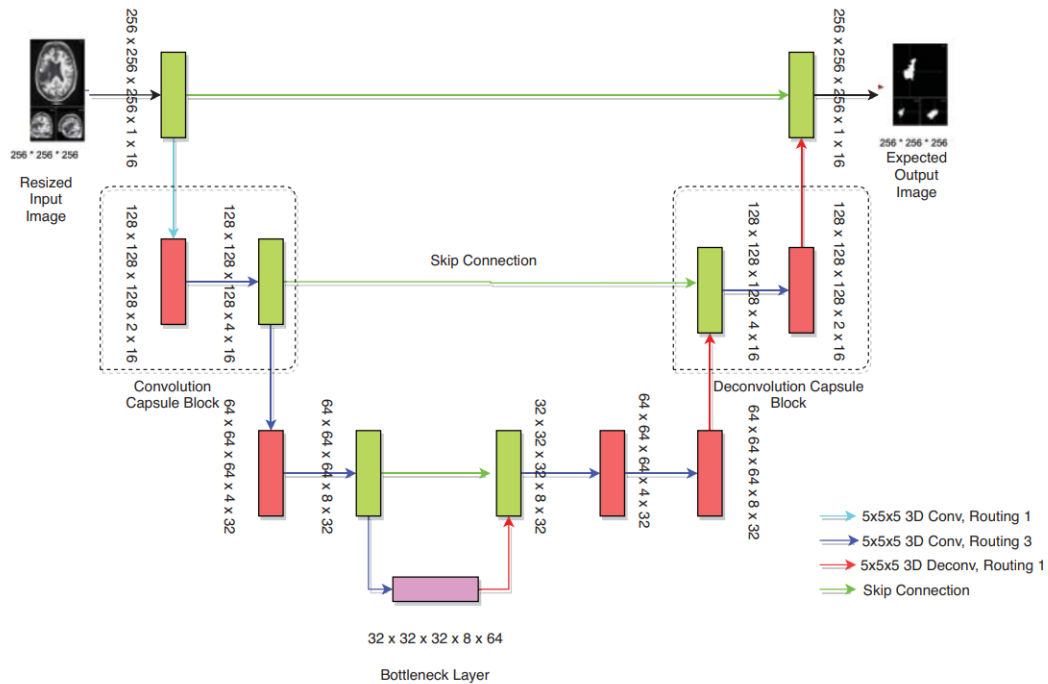
Obr. 3.6: Architektura sítě Factorizer, (upraveno z [2])

3.4.4 MUDCap3

Dalším algoritmem pro segmentaci cévní mozkové příhody je MUDCap3, který byl vybrán jako vhodný a spolehlivý algoritmus z důvodu vysoké úspěšnosti segmentace až 67 % *Dice score*. Segmentace CMP radiologickým specialistou je časově náročná, přičemž zde hraje velkou roli lidský faktor, který je za určitých okolností chybový. Zmíněný fakt vědce vede k neustálému zlepšování automatických segmentačních technik, které jsou časově méně náročné. Potvrzuje to skutečnost, že segmentace odborníkem trvá asi (4,8–9,6) hodin na jednoho pacienta, zatímco automatická segmentace zabere pouze (24,9) minut na jednoho pacienta, což je významný rozdíl, který může zachraňovat životy. [22, 37]

Architektura sítě MUDCap3 na Obr. 3.7 je velice podobná 3D U-Net síti, s tím rozdílem, že místo sdužovacích vrstev a konvolučních vrstev je zde takzvaná konvoluční kapsle (*convolution capsules*).

Představuje skupinu neuronů s určitým vektorem aktivity, popisující objekt nebo část objektu. Pomocí délky zmíněného vektoru aktivity se vyjadřuje pravděpodobnost, zda daný objekt existuje, či neexistuje. Výhodou použití konvolučních kapslí je lepší reprezentace obrazu, neboť na rozdíl od maximálního sdužování se informace o poloze vybraného objektu nenahrazuje, ale pouze zakóduje, a tím se postupně zvyšuje dimenzionalita kapslí. [36]



Obr. 3.7: Architektura sítě MUDCap3, (převzato z [37])

Na Obr. 3.7, lze pozorovat architekturu sítě MUDCap3, která obsahuje podobně jako síť 3D U-Net blok kóderu a dekóderu, avšak oproti tomu je síť MUDCap3 obohacena o konvoluční a dekonvoluční kapslové bloky.

Výhodou architektury je zde to, že lze na vstup posílat přímo obraz ve 3D a není nutné jako vstup posílat sekvenci jednotlivých řezů ve 2D. Pokud jde o popis konvolučních kapslových bloků, tak musí být zmíněno, že jeden konvoluční blok se skládá ze dvou konvolučních kapslových vrstev, kde jedna vrstva provádí zároveň 3D konvoluci a změnu tvaru obrazu. Model sítě obsahuje také blok dekonvolučních bloků, kde jeden dekonvoluční blok je prakticky analogický, jako u sítě 3D U-Net. [37] Zmíněný model byl představen z hlediska velké úspěšnosti segmentace, konkrétně *Dice score*, kterého dosáhl na veřejně dostupném datasetu ATLAS a to 67 %, kde převyšuje architekturu U-Net s úspěšností 46 %.

3.5 Hodnotící metriky segmentace

Vyhodnocení úspěšnosti segmentace je jedním z nejdůležitějších kroků analýzy obrazu. Jednotlivých evaluačních metrik je několik, ovšem v praktické části práce je využito celkem šesti metrik. A sice *Dice score*, *Jaccard score*, *Hausdorff distance*,

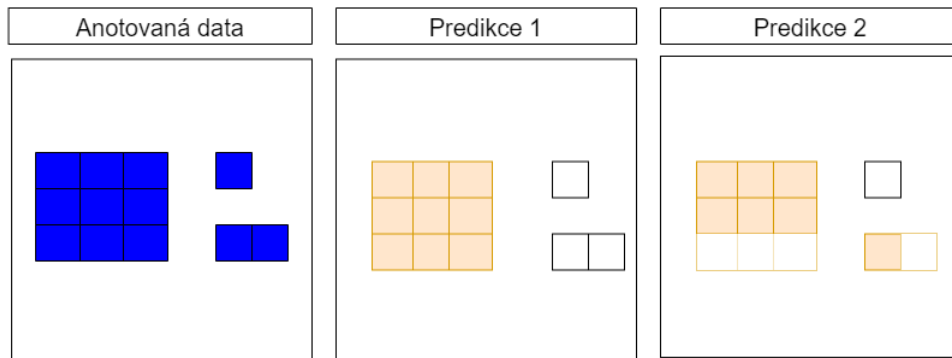
Absolute volume difference, *Absolute lesion count difference* toto jsou segmentační metriky. Dále je v práci využita klasifikační metrika F_1 score. Důležité je zmínit, že každá z metrik má své výhody a nevýhody, proto nelze jednoznačně určit, která z nich je nejpřesnější pro vyhodnocení úspěšnosti segmentace. V praxi se pro analýzu obrazu využívá kombinace většího počtu metrik, které se navzájem doplňují a poskytují tak nejlepší možné řešení konkrétního problému.

3.5.1 Dice skóre

Dice skóre, také nazýváno Diceovo skóre nebo Diceův koeficient, je metrika využívaná pro hodnocení přesnosti segmentace obrazu. Tato metrika se vypočítává jako dvojnásobek překryvu segmentované oblasti a referenční oblasti dělený součtem velikostí těchto oblastí. Výsledné skóre se pohybuje v intervalu 0 až 1, kde hodnota 1 značí dokonalou shodu mezi segmentovanou a referenční oblastí. [27, 33]

$$Dice = \frac{2 \cdot TP}{2 \cdot TP + FP + FN}, \quad (3.3)$$

kde (*true positive* - TP) značí počet pixelů, které jsou správně klasifikovány jako pozitivní, (*false positive* - FP) označuje počet pixelů, které jsou nesprávně klasifikovány jako pozitivní a (*false negative* - FN) představuje počet pixelů, které jsou nesprávně klasifikovány jako negativní. Dice skóre je běžně používáno v oblasti me-



Obr. 3.8: Znárodnění vlivu různé predikce pro hodnotu Dice skóre, (upraveno z [33])

dicínského zobrazování, zejména při segmentaci orgánů a nádorů. Mezi další výhody této metriky patří robustnost proti nevyváženosti tříd a schopnost vyhodnocovat segmentační algoritmy bez ohledu na jejich prahování [27]. Nicméně je důležité poznamenat, že Dice skóre může být citlivé na změny velikosti segmentovaných oblastí a může být ovlivněno šumem v datech. Pokud se například segmentované oblasti změny velikost, může se změnit průnik těchto oblastí a tím i hodnota Dice skóre. To

znamená, že hodnota Dice skóre nemusí nutně odrážet skutečnou kvalitu segmentace, protože může být ovlivněna pouze změnou velikosti segmentovaných oblastí.

Dalším faktorem, který může ovlivnit Dice skóre, je šum v datech. Pokud jsou v obraze nečistoty nebo jiné artefakty, mohou ovlivnit segmentaci a tím i hodnotu Dice skóre. V tomto případě může být hodnota Dice skóre nízká, i když je segmentace relativně přesná. Na Obr. 3.8 je ukázán příklad, který ilustruje tuto citlivost Dice skóre na změny velikosti segmentovaných oblastí. Na levé straně obrázku je zobrazen vzor segmentace, na dalších dvou částech obrázku jsou znázorněny predikce segmentace. V prvním případě byl zachycen pouze jeden ze tří objektů, což vedlo k vyšší hodnotě Dice skóre než v druhém případě, kdy byly zachyceny dva ze tří objektů a hodnota Dice skóre byla nižší.

Z toho vyplývá, že při použití Dice skóre jako metriky pro vyhodnocení kvality segmentace, je třeba dbát opatrnosti a zohlednit citlivost na změny velikosti segmentovaných oblastí a šum v datech. [27]

3.5.2 Jaccard skóre

Jaccard skóre je další metrikou, která se používá k vyhodnocení úspěšnosti segmentace. Tato metrika se často nazývá také jako Jaccardova podobnost. Jaccard skóre je definováno jako poměr velikosti průniku predikované a referenční masky ku velikosti sjednocení těchto masek [41]:

$$Jaccard = \frac{TP}{TP + FP + FN}, \quad (3.4)$$

kde (*true positive* - TP) představuje počet pixelů, které jsou správně klasifikovány jako pozitivní, (*false positive* - FP) označuje počet pixelů, které jsou nesprávně klasifikovány jako pozitivní a (*false negative* - FN) značí počet pixelů, které jsou nesprávně klasifikovány jako negativní.

Podobně jako u Dice skóre, hodnoty Jaccard skóre se pohybují na intervalu [0, 1] a hodnota 1 znamená dokonalé překrytí mezi predikovanou a referenční maskou. Jaccard skóre je výhodné používat zejména v případech, kdy jsou kladně hodnoceny výsledky segmentace, ale negativní případy jsou považovány za zanedbatelné. [4]

3.5.3 Hausdorffova vzdálenost

Hausdorffova vzdálenost je segmentační metrika, která slouží k porovnání dvou množin bodů v euklidovském prostoru. V kontextu se segmentací obrazu se používá k vyhodnocení podobnosti mezi referenční a predikovanou maskou. Tato metrika udává vzdálenost nejvzdálenějšího bodu v jedné množině ke svému nejbližšímu sousedovi v druhé množině. V segmentaci obrazu se Hausdorffova vzdálenost používá ke

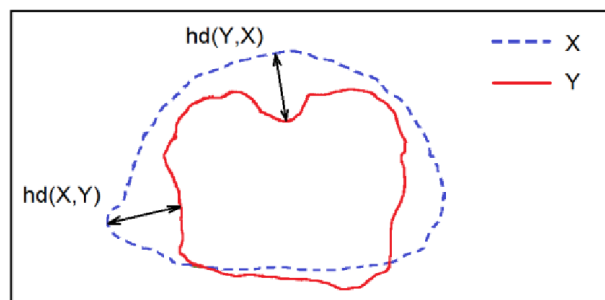
kvantifikaci maximální chyby v určení hranice segmentované oblasti. Hausdorffova vzdálenost mezi dvěma množinami X a Y je definována jako:

$$H(X, Y) = \max\left(\sup_{x \in X} \inf_{y \in Y} |x - y|_2, \sup_{y \in Y} \inf_{x \in X} |x - y|_2\right), \quad (3.5)$$

kde \inf a \sup značí infimum a supremum množiny, tedy nejmenší a největší prvek množiny. Tento vztah umožňuje vypočítat Hausdorffovu vzdálenost pro nerozlišitelné objekty X a Y pomocí infima a suprema vzdáleností mezi body těchto objektů. Výstupem výpočtu Hausdorffovy vzdálenosti je jedno reálné číslo, které udává maximální vzdálenost mezi nejbližšími body v množinách X a Y . Tento výsledek lze interpretovat jako míru odlišnosti mezi dvěma množinami. Čím vyšší hodnota Hausdorffovy vzdálenosti, tím více jsou množiny odlišné. [19]

Nevýhodou Hausdorffovy vzdálenosti je její náchylnost k šumu a neregulárním tvarům objektů. Tuto nevýhodu lze částečně eliminovat použitím tzv. hladkých operací na predikované masce před výpočtem této metriky. Výhodou je, že Hausdorffova vzdálenost poskytuje jednoznačné číslo, které vyjadřuje podobnost mezi dvěma množinami bodů, čímž lze zachytit výskyt i malých rozdílů v podobě mezi referenční a predikovanou maskou. [19, 33]

Obr. 3.9, zobrazuje grafické schéma vzdálenosti dvou množin bodů X a Y pomocí Hausdorffovy vzdálenosti.



Obr. 3.9: Schéma znázorňující Hausdorffovu vzdálenost mezi množinami bodů X a Y , (převzato z [19])

3.5.4 Absolutní objemový rozdíl

Absolutní objemový rozdíl *Absolute Volume Difference* (AVD) je metrika používaná k vyhodnocení přesnosti segmentace v oblasti medicíny. Tato metrika spočívá v porovnání objemu segmentovaného objektu S s objemem referenčního objektu T , pro který je známo, zda patří do třídy objektů nebo ne [41]. Absolutní objemový rozdíl je definován následovně:

$$AVD = |V_S - V_T|, \quad (3.6)$$

kde V_S a V_T jsou objemy segmentovaného objektu S a referenčního objektu T . [10] Hodnota AVD se pohybuje v rozmezí $[0, \infty)$, přičemž nulová hodnota označuje dokonalou shodu mezi segmentovaným a referenčním objektem. Čím je hodnota AVD vyšší, tím horší je kvalita segmentace. AVD je velmi jednoduchá a intuitivní metrika, což ji činí snadno použitelnou a interpretovatelnou. Nicméně v případě, že segmentovaný objekt má výrazně jinou geometrii než referenční objekt, může být hodnota AVD nerealisticky vysoká, což je nevýhoda této metriky. [41]

3.5.5 Absolutní rozdíl v počtu lézí

Absolutní rozdíl v počtu lézí (*Absolute lesion count difference*) mezi dvěma snímky je definován jako součet absolutních hodnot rozdílů počtu lézí v těchto snímcích. Přesněji řečeno, necht L_S a L_T jsou množiny lézí ve vysegmentovaném snímku a referenčním snímku, resp. potom absolutní rozdíl *absolute difference* (AD) v počtu lézí mezi těmito snímky lze definovat jako [35]:

$$AD(L_S, L_T) = ||L_S| - |L_T||, \quad (3.7)$$

kde $|L_S|$ a $|L_T|$ značí počet lézí v množinách L_S a L_T [30]. Tento ukazatel se používá k porovnání dvou snímků a určení, zda se na nich vyskytují stejné léze. Pokud je rozdíl v počtu lézí malý, znamená to, že oba snímky mají podobnou patologii. Pokud je rozdíl v počtu lézí velký, znamená to, že se patologie vyskytuje v různých oblastech nebo v různých stadiích. [35]

Je třeba mít na paměti, že tato metrika bere v úvahu pouze počet lézí a nikoli jejich velikost a umístění. Proto je důležité v kombinaci se zmíněnou metrikou použít i další metody porovnání obrazů, například ty, které byly zmíněny výše.

3.5.6 F_1 skóre

F_1 skóre je klasifikační metrika, což znamená, že se používá pro vyhodnocení kvality klasifikačního modelu, který má za úkol přiřadit vstupním datům (například obrázkům) určitou třídu. Oproti segmentačním metrikám, jako je například absolutní objemový rozdíl nebo Dice skóre, kde se srovnávají dva obrazy a hledá se podobnost mezi nimi, zde jde o porovnání výstupu klasifikátoru s předem definovanými třídami. [27, 41]

F_1 skóre je založeno na počtu správně klasifikovaných vzorků (*true positive* - TP), špatně klasifikovaných vzorků (*false positive* - FP) a na vzorcích, které klasifikátor nesprávně označil jako negativní (*false negative* - FN). F_1 skóre lze poté spočítat jako harmonický průměr přesnosti (*precision*) a nalezené pozitivty (*recall*):

$$F_1 = 2 \cdot \frac{precision \cdot recall}{precision + recall}, \quad (3.8)$$

precision měří, jak často klasifikátor označil výsledek jako pozitivní, když byl skutečně pozitivní, zatímco *recall* měří, jak často klasifikátor správně identifikoval pozitivní příklady. V ideálním případě by měly být obě hodnoty rovny 1, což znamená, že klasifikátor je schopen správně rozpoznat všechny pozitivní příklady a označovat pouze ty příklady, které jsou skutečně pozitivní. Čím větší je F_1 skóre, tím lepší je kvalita klasifikátoru. [27, 33]

4 Popis datasetu

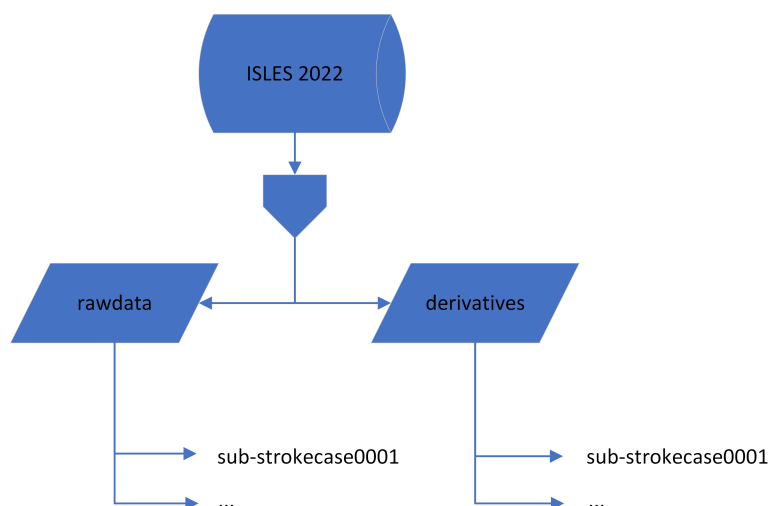
Volně dostupný dataset je převzatý z probíhající výzvy segmentace lézí ischemické cévní mozkové příhody roku 2022 (ISLES22). Obsahuje objemová data mozku pořizené pomocí magnetické rezonance.

Cílem této výzvy je vytvořit referenční metody pro identifikaci lézí akutní a subakutní ischemické cévní mozkové příhody. Dataset je rozdělen na trénovací a testovací sadu. Sada pro trénování obsahuje data od 250 pacientů s ischemickou CMP a sada pro testování data od 150 pacientů rovněž s ischemickou CMP. Nicméně, dle popisu výzvy, testovací data nejsou volně dostupná a slouží pouze pro validaci natrénovaných modelů ve výzvě ISLES22. [30]

Každý pacient je zobrazen pomocí sekvencí MR, a to konkrétně sekvencemi DWI, ADC a FLAIR. Kromě těchto tří sekvencí dataset také obsahuje *ground truth*, tedy vzor segmentace pro každého pacienta. Rozměry jednotlivých sekvencí jsou následující: výška, šířka a hloubka. U DWI a ADC snímků je výška 112 pixelů, šířka 112 pixelů a hloubka 73 řezů. FLAIR snímek má výšku 512 pixelů, šířku 512 pixelů a hloubku 29 řezů. Data jsou k dispozici ve formátu NIfTI pro zobrazování medicínských dat. Je nutné poznamenat, že u snímků v tomto datasetu bylo odstraněno pozadí a lebka pro každého pacienta. [22, 30]

4.1 Schéma datasetu

Organizace dat ve veřejně dostupném datasetu je vysvětlena na následujícím Obr. 4.1, kde se převážně pracuje s nezpracovanými daty.

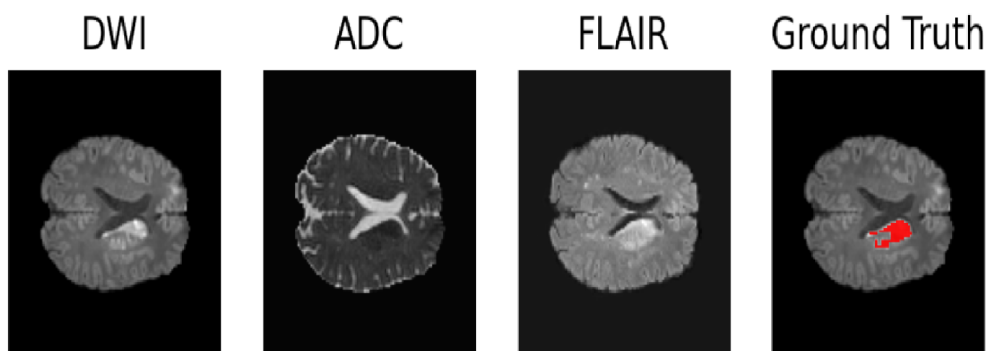


Obr. 4.1: Schéma datasetu a organizace dat

5 Praktická část

5.1 Předzpracování dat

Každý pacient v datasetu ISLES22, je nasnímán pomocí tří modalit. A sice DWI, ADC a FLAIR. Do natrénované sítě hlubokého učení Swin Factorizer vstupují všechny 3 modality, aby bylo zachováno co nejvíce patologických informací pro provedení predikce. Je však nutné provedení předzpracování dat, neboť snímky ADC a DWI jsou zarovnané spolu s anotovanou maskou *ground truth*, ale snímek FLAIR je zarovnán do jedné nativní roviny. Na Obr. 5.1, lze vidět příklad řezu snímků u konkrétního pacienta ve FLAIR, DWI, ADC sekvencích a také *ground truth*, čili anotovanou masku pro konkrétního pacienta.



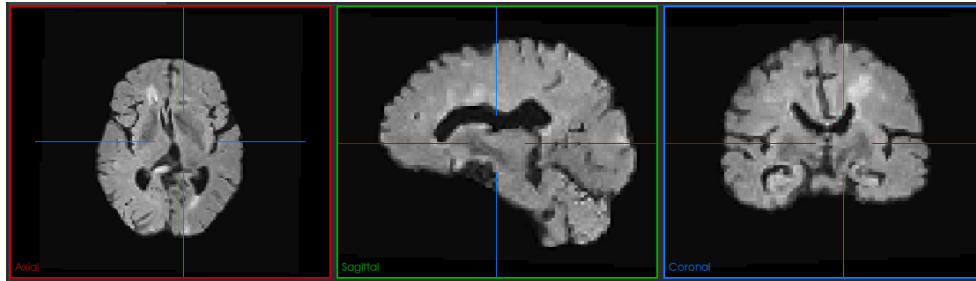
Obr. 5.1: Příklad zobrazení snímků konkrétního řezu pacienta v jednotlivých sekvencích DWI, ADC, FLAIR a anotované masky *ground truth*

5.1.1 Elastická registrace

Pro předzpracování dat byla zvolena elastická registrace, která využívá knihovnu SimpleITK [3], jenž slouží pro medicínské zobrazování a zpracování obrazu. Elastická registrace je proces, kdy se dva nebo více obrázků slícují tak, aby odpovídaly stejné geometrické konfiguraci. K tomu se používají různé transformační parametry, které umožňují úpravu tvaru a polohy obrazů. Elastická registrace byla aplikována na snímek FLAIR. Nejprve se snímek FLAIR nastavil jako *fixed image* a DWI snímek jako *moving image*. Za pomoci nástroje Elastix [21] bylo docíleno slícování *fixed image* a *moving image* za vzniku registrovaného FLAIR snímku. Tento postup byl aplikován na celém datasetu, pomocí automatického skriptu na provádění registrace

u jednotlivých pacientů. Zobrazení bylo realizováno v lékařském obrazovém prostředí *The Medical Imaging Interaction Toolkit* [44].

Na následujícím Obr. 5.2 lze vidět příklad zobrazení axiálního, sagitálního a koronárního řezu u pacienta ve veřejně dostupném datasetu. V tomto konkrétním případě

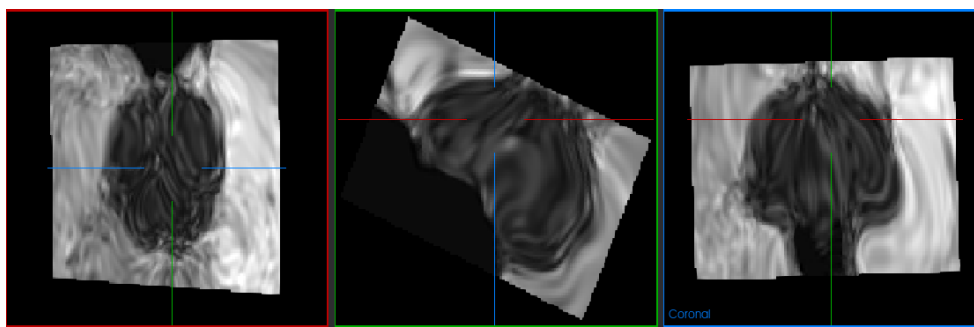


Obr. 5.2: Příklad zobrazení registrovaného FLAIR snímku konkrétního řezu pacienta

předzpracování, je použita kombinace tří typů transformací: Afinní transformace, BSpline transformace a translační transformace. Uvedené transformace umožňují přizpůsobit obrazy tak, aby odpovídaly stejné geometrii, aniž by došlo k deformaci důležitých anatomických struktur. Afinní transformace se používá k provedení základních úprav polohy a orientace obrazů. V afinním transformačním souboru jsou jednotlivé parametry uvedeny v řádcích *TransformParameters*. Tyto parametry specifikují posunutí, natočení, zkosení a změnu velikosti obrazu. BSpline transformační soubor obsahuje informace o počtu parametrů transformace (36504), počátečním nastavení parametrů transformace a také o velikosti, indexu a vlastnostech sítě bodů, které jsou použity k deformaci obrazu. Dále obsahuje informace o interpolaci a převzorkování, včetně typu interpolátoru a řádu BSpline interpolace použité pro převzorkování výsledného obrazu. Poslední transformační soubor, který se týká translační transformace popisuje transformaci, která se skládá z posunu v prostoru ve třech osách, a to x, y, z směru. Tyto hodnoty popisují, jak moc se má pohybovat jeden obraz vzhledem k druhému, aby se dosáhlo maximální shody mezi obrazy. Dále jsou v textu uvedeny další informace o obrazech, jako jsou rozměry, typ interního pixelu, vzorkování, původ a směr. Tyto informace jsou důležité pro další zpracování a porovnání obrazů. Parametry *ResampleInterpolator* a *Resampler* popisují způsob, jakým se mají obrazy zpracovat pro dosažení konečného výsledku. V tomto případě se používá interpolátor *FinalBSplineInterpolator* a resampler *DefaultResampler*. Zmíněné parametry ovlivňují výslednou kvalitu registrace. Jednotlivé transformační soubory parametrů jsou k dispozici v příloze bakalářské práce.

5.1.2 Problematická geometrie afinních matic

Jak bylo zmíněno výše, předzpracování ve formě elastické registrace bylo provedeno na všech 250 pacientech v datasetu. Ovšem u 68 pacientů nastal problém ve formě nedokonalého slícování snímků DWI a FLAIR, což vedlo k nepřesné registraci a změní pacienti poté měli vliv na zhoršení provedení predikce. Na Obr. 5.3, lze vidět ukázkou nepřesné registrace u konkrétního pacienta.



Obr. 5.3: Příklad zobrazení registrovaného FLAIR snímku u konkrétního řezu pacienta, u kterého došlo vlivem nedokonalého slícování snímků DWI a FLAIR k velmi nepřesné registraci

Po další analýze bylo zjištěno, že 68 pacientů z datasetu má u snímku DWI a registrovaného FLAIRu rozdílnou geometrii afinních matic, respektive hodnoty uvnitř afinní matice, které uvádí celkovou geometrii snímku, jsou u těchto pacientů odlišné a nejsou tedy zcela shodné jako u pacientů s přesnou registrací.

Po tomto zjištění byla snaha o přepsání afinních matic, pomocí implementace skriptu *affine rewrite.py*, který je k dispozici spolu se zdrojovými kódy v příloze bakalářské práce. Uvedený skript přepisuje hodnoty registrovaného FLAIR snímku na hodnoty DWI snímku, což umožní provedení následné predikce, ovšem přesnost registrace zlepšena nebyla a sám autor Pooya Ashtari natrénované sítě Swin Factorizer neuvádí, při provedení elastické registrace, problémy se slícováním u určité části pacientů v datasetu.

5.2 Implementace modelu pro segmentaci

K implementaci modelu pro segmentaci byl zvolen segmentační algoritmus Swin factorizer, jehož architektura je důkladně popsána v rešerši segmentačních algoritmů pro patologie mozku. Implementace modelu byla uskutečněna pomocí jazyku Python ve vývojovém prostředí PyCharm, na počítači s procesorem AMD Ryzen 7 5700U, 16 GB RAM a grafickou kartou Radeon Graphics. Veškeré převzaté

a upravené zdrojové kódy jsou volně k dispozici na uvedeném autorově internetovém odkazu: <https://github.com/pashtari/factorizer-isles22>.

Autor zvolené sítě používá k predikci segmentace 2 natrénované modely: Swin Factorizer a Res-U-Net, které natrénoval pomocí křížové validace. Tedy z 250 pacientů v datasetu, vytvořil 5 foldů, kde každý fold obsahoval 50 pacientů a vždy jeden z foldů sloužil jako testovací sada dat a zbývající foldy jako trénovací. Tímto postupem autor získal 10 natrénovaných sítí pro 2 výše uvedené modely.

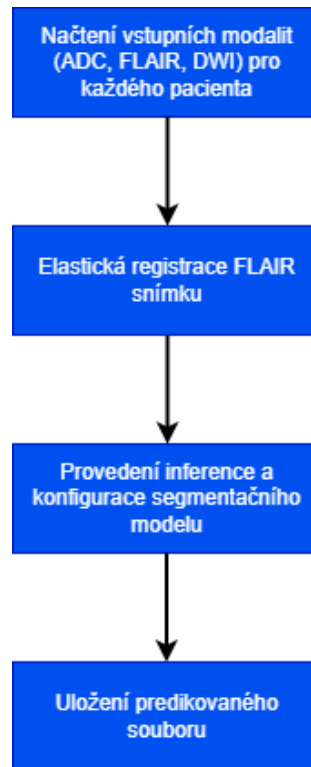
V této práci je, na základě zadání práce a provedené rešerše, zvolen pouze 1 model Swin factorizer, tedy je zde využito celkem 5 natrénovaných sítí.

Pro spuštění vybraného modelu bylo nutné stáhnout *JSON file*, který popisuje informace o každém pacientovi v datasetu, například podává informaci o jeho ID, cestě k vybranému snímku a hlavně uvádí informaci, do kterého z pěti foldů byl zařazen, což je důležité pro provádění predikce u jednotlivých foldů. Dalším nezbytným souborem byly natrénované váhy pro pět sítí Swin Factorizer, umístěné ve složce s názvem logs, které dal autor Pooya Ashtari k dispozici ve svém zdrojovém kódu. Bylo proto nezbytné nastavení adresáře pro správné fungování všech natrénovaných sítí.

5.2.1 Automatizace provedení predikce segmentace

Cílem automatizace provedení predikce je zautomatizování celého procesu segmentace, počínaje načítáním dat, úpravou a modifikací segmentačního modelu a samotné uložení výsledku segmentace. Automatický skript má za úkol provést inferenci modelu pro segmentaci patologických oblastí v MRI snímcích pacientů, které jsou uloženy v adresáři *path*. K tomu používá neuronovou síť vytvořenou pomocí knihovny monai a zpracovává MRI snímky v několika krocích. Následující diagram by měl popsat jednotlivé kroky automatizace, které vedly k provedení predikce a uložení výsledků. Na Obr. 5.4 lze vidět postup k provedení automatické predikce ze vstupních dat. Automatický skript využívá dvě funkce, a sice funkci *main* a *get args*. Funkce *main* je hlavní funkcí celého skriptu, provádí celý proces segmentace. Funkce *get args* zpracovává argumenty z příkazové řádky. Nejprve hlavní funkce provádí registraci slícováním DWI a FLAIR snímků, následně provede inicializaci datového modulu pro testování neuronové sítě a načtení modelu pro segmentaci. Na závěr je spuštěn inferenční proces, respektive provedení segmentace pomocí neuronové sítě a výsledek segmentace je uložen. Finalní úpravou bylo provedení *postprocessingu* ve formě souboru modelů *ensemble*, kde došlo ke kombinaci natrénovaných sítí Swin Factorizer, což poté zapříčinilo přesnější výsledek predikce. K provedení automatické predikce byl využit skript *predict.py*, který obsahuje natrénované neuronové sítě z jednotlivých 5 foldů, jenž byly získané trénováním pomocí křížové validace.

Zmíněný skript *predict.py* byl vylepšen automatizací, takže pomocí knihovny *glob*, byly načteny modalitty (ADC, FLAIR, DWI) pro každého pacienta automaticky a nebylo tak nutné zadávat cestu pro každého pacienta zvlášť. Pro zpracování souboru byla využita knihovna *argparse*.



Obr. 5.4: Schéma popisující postup k dosažení automatické predikce u jednotlivých pacientů

5.2.2 Neúspěšné provedení predikce

Při testování automatického skriptu, došlo k chybě u 68 pacientů. Jde o stejné pacienty, u kterých vlivem špatné geometrie afinních matic došlo k nepřesnému slícování DWI a FLAIR snímku. U těchto pacientů bylo nutné využít skript *affine rewrite.py*, který zprostředkoval přepsání afinní matice u registrovaného FLAIRu, tak aby byly hodnoty uvnitř matice shodné s těmi u ostatních modalit (ADC, DWI), což umožnilo následně provést predikci i u těchto 68 pacientů, ovšem s téměř nulovou úspěšností, což bylo vidět zobrazením anotované masky a výsledné predikce, kde nedošlo k žádnému průniku a celková úspěšnost byla nulová. Jednotlivá ID pacientů jsou uvedena v příloze bakalářské práce v rámci textového souboru.

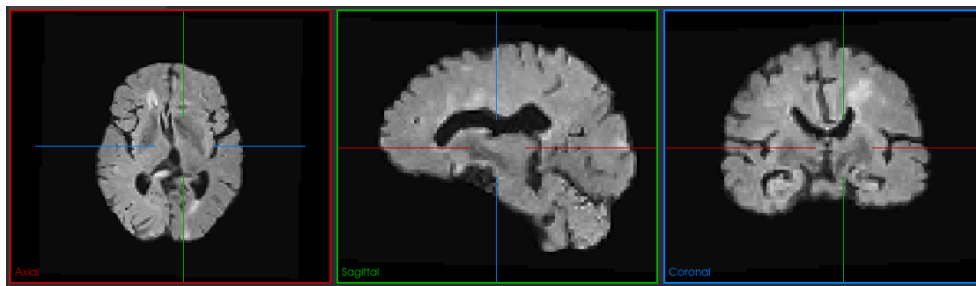
Z důvodu nulové úspěšnosti predikce byla vyzkoušena modifikace sítě za účelem lepších výsledků, kde u pacientů, správně předzpracovaných pomocí elastické

registrace, funguje síť tak, že vstupem je registrovaný FLAIR, DWI a ADC snímek. Modifikace sítě spočívala v úpravě vstupních parametrů, kdy namísto registrovaného FLAIRu, byla nastavena cesta k DWI snímku. Tento postup má nevýhodu, že využívá pouze modality ADC, DWI a informace z registrovaného FLAIRu se nepodílí na výsledné predikci. Tato modifikace sítě však přinesla mírné zlepšení výsledků predikce segmentace, zejména u těch pacientů s původní nulovou úspěšností predikce.

5.2.3 Vizualizace výsledků

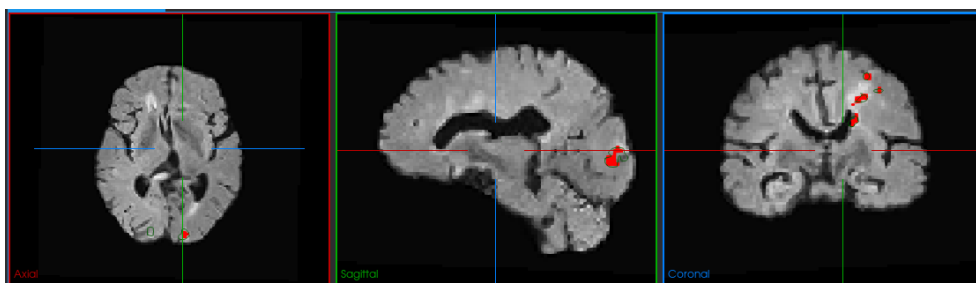
Výsledek segmentace je zde vizuálně porovnán s *ground truth* snímkem, avšak pouze opticky, úspěšnost segmentace je spočítána a popsána pomocí evaluačních metrik v následující podkapitole 5.3.

Na Obr. 5.5, lze vidět registrovaný FLAIR snímek konkrétního pacienta před provedením predikce.



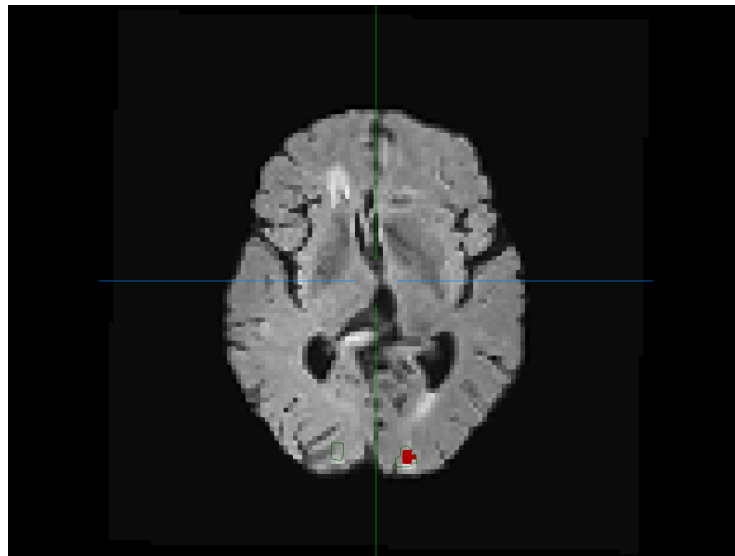
Obr. 5.5: Příklad zobrazení registrovaného snímku v axiálním, sagitálním a koronárním řezu u konkrétního pacienta

Na následujícím Obr. 5.6, lze vidět porovnání predikce s anotovanou maskou u konkrétního pacienta na registrovaném FLAIRu.



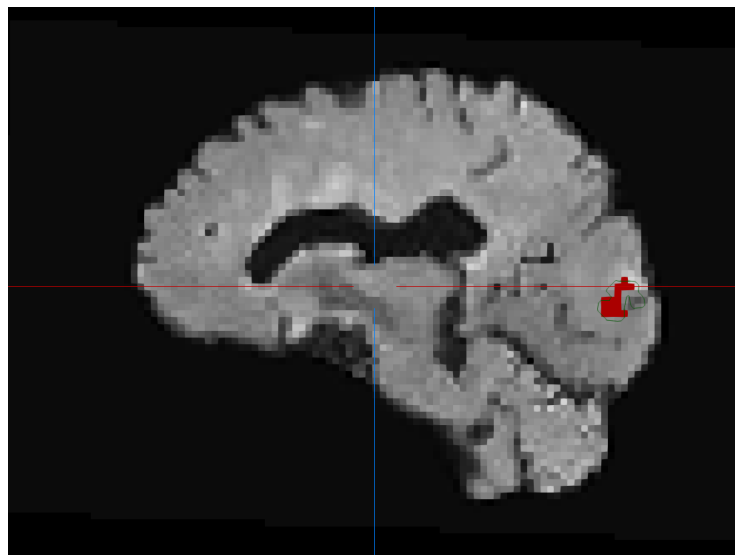
Obr. 5.6: Příklad zobrazení výsledné predikce (červená barva) a anotované masky (zelený obrys) v axiálním, sagitálním a koronárním řezu.

Pro detailnější vizualizaci, jsou zde uvedeny pohledy v axiálním, sagitálním a koronárním řezu. Následně na Obr. 5.7, lze vidět srovnání predikce a anotované masky pro axiální řez.



Obr. 5.7: Příklad zobrazení výsledné predikce (červená barva) a anotované masky (zelený obrys) v axiálním řezu.

Následně na Obr. 5.8, lze pozorovat detailnější srovnání pro predikci a anotovanou masku v sagitálním řezu.



Obr. 5.8: Příklad zobrazení výsledné predikce (červená barva) a anotované masky (zelený obrys) v sagitálním řezu.

A na Obr. 5.9, lze vidět detailnější pohled srovnání predikce s anotovanou maskou v koronárním řezu.



Obr. 5.9: Příklad zobrazení výsledné predikce (červená barva) a anotované masky (zelený obrys) v koronárním řezu.

5.3 Statistická analýza

V rámci statistické analýzy byla provedena evaluace úspěšnosti segmentace na zvoleném datasetu ISLES22 s využitím evaluačních metrik pro jednotlivé foldy (0-4). Dále byl pro každou metriku vyhodnocen soubor modelů (*ensemble*). Je důležité podotknout, že v každém foldu byl použit stejný počet pacientů (50 pacientů), nicméně soubor modelů byl vyhodnocen na celkovém počtu 250 pacientů. Bylo by ovšem vhodnější soubor modelů (*ensemble*) otestovat na nových datech, které nebyly součástí trénovacích dat, aby byla získána reálná představa o výkonosti souboru modelů, stejně jako v případě jednotlivých foldů. Celkově lze tvrdit, že použití souboru modelů na nových datech umožňuje lepší a robustnější predikci, protože kombinuje více přístupů k výpočtu predikcí než jednotlivé natrénované sítě.

Pro každou zvolenou metriku byla provedena analýza popisné statistiky, tj. průměru, mediánu a směrodatné odchylky, v rámci jednotlivých foldů a souboru modelů. Tyto výpočty byly realizovány skriptem *statistics_folds.py*, který využívá implementované hodnotící metriky ve skriptu *eval_utils.py*. Konkrétně byly použity metriky *Dice score*, *Absolute volume difference*, *Absolute lesion count difference* a *F₁ score* z výzvy ISLES22 [30]. Pro *Jaccard score* a *Hausdorff distance* byly implementovány hodnotící metriky na základě provedené rešerše.

Skript *statistics folds.py*, nejprve načítá knihovnu pro zpracování NIFTI snímků, provede výpočty jednotlivých metrik u pacientů a výsledek uloží do textového souboru, který obsahuje popisnou statistiku pro každou metriku u jednotlivých foldů a souboru modelů. Zmíněný textový soubor je k dispozici v příloze bakalářské práce.

V rámci další statistiky byla provedena vizualizace úspěšnosti segmentace pro jednotlivé pacienty pomocí krabicových grafů, které znázorňují úspěšnost pro každou hodnotící metriku a jednotlivé foldy a soubor modelů. Tato analýza byla provedena pomocí skriptu *final results.py*. Tento skript nejprve načte potřebné knihovny, poté vypočítá úspěšnost pro jednotlivé pacienty v datasetu a z těchto informací vykreslí pro každou metriku krabicový graf.

Výsledky evaluace úspěšnosti segmentace, které jsou použity k vykreslení krabicových grafů u jednotlivých pacientů pro každou hodnotící metriku, byly zapsány do textového souboru, jenž je rovněž k dispozici v příloze bakalářské práce.

5.3.1 Vyhodnocení pomocí Dice skóre

Pro vyhodnocení Dice skóre byla použita popisná statistika, zahrnující medián, průměr a směrodatnou odchylku. V další části pak byla provedena analýza pomocí krabicových grafů pro jednotlivé foldy a soubor modelů.

V následující Tab. 5.1 lze vidět, že průměrné Dice skóre pro jednotlivé foldy se pohybuje v rozmezí od 70,470 % do 75,664 %, lze tvrdit, že modely dosahovaly srovnatelných výsledků ve všech částech dat. Zároveň čtenář může pozorovat, že medián výsledků se pohybuje v rozmezí od 81,054 % do 84,932 %, což ukazuje, že výsledky nejsou příliš ovlivněny extrémními hodnotami a jsou relativně stabilní.

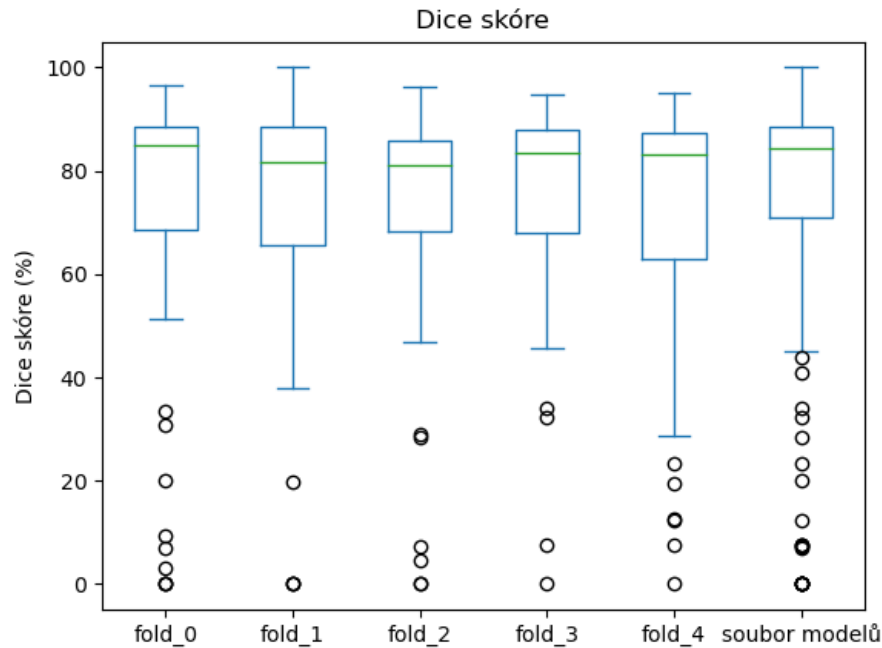
Tab. 5.1: Hodnoty Dice skóre uvedené v procentech

	Medián	Průměr	Směrodatná odchylka
fold_0	84,932	70,470	29,344
fold_1	81,695	72,763	24,378
fold_2	81,054	71,298	24,882
fold_3	83,465	74,295	21,324
fold_4	83,208	70,814	25,909
Soubor modelů	84,221	75,664	21,991

Se zaměřením se na směrodatnou odchylku, lze interpretovat, že v prvním foldu byla zaznamenána největší odlišnost výsledků s hodnotou směrodatné odchylky 29,344%, která signalizuje větší variabilitu výsledků. Naopak ve třetím foldu byla zaznamenána nejmenší odlišnost s hodnotou směrodatné odchylky 21,324%, kde lze

pozorovat větší konzistenci výsledků. Celkově lze tedy říci, že každý z natrénovaných modelů dosahuje uspokojivých výsledků a žádný z nich nemá extrémně malou úspěšnost predikce.

Na následujícím Obr. 5.10, lze vidět srovnání jednotlivých foldů a souboru modelů, pomocí krabicového grafu Dice skóre.



Obr. 5.10: Vizualizace krabicového grafu Dice skóre pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Každý fold obsahuje 50 pacientů a soubor modelů 250 pacientů

V krabicovém grafu se u všech skupin vyskytují odlehlé hodnoty v rozmezí od 0 % do 45 %, které jsou zapříčiněny pacienty, u kterých došlo vlivem nepřesného slícování k nedokonalé registraci FLAIR snímků. Tito pacienti měli vliv na celkové snížení úspěšnosti predikce v rámci jednotlivých foldů a souboru modelů.

Hodnoty mediánů jsou u všech skupin vcelku podobné, avšak nejlepšího výsledku dosahuje soubor modelů, což lze pozorovat z Obr. 5.10. Vousky (*whiskery*) u jednotlivých foldů a souboru modelů jsou v intervalu (35-100) %. Celkově interpretace krabicového grafu pro Dice skóre odpovídá části s popisnou statistikou.

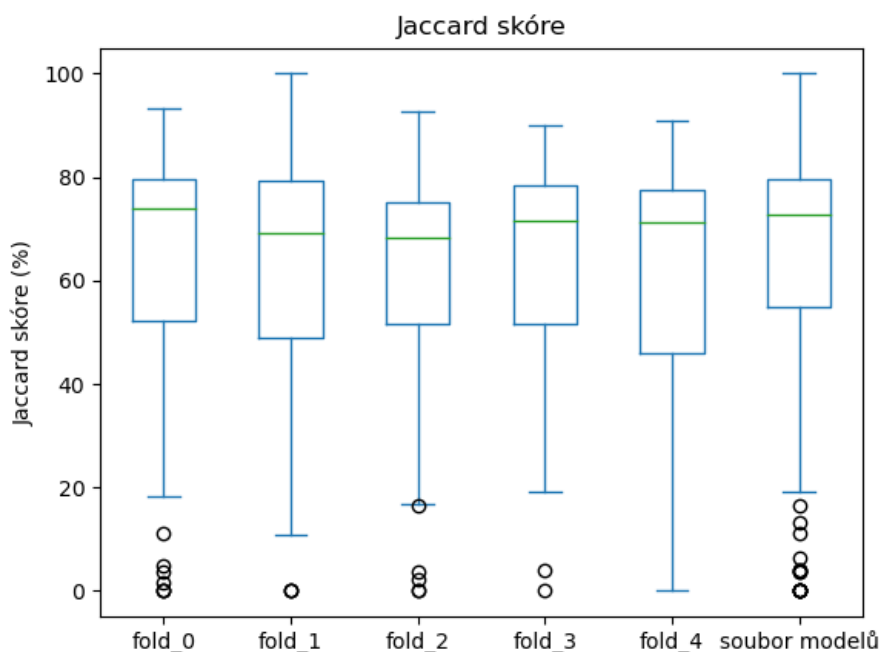
5.3.2 Vyhodnocení pomocí Jaccard skóre

Pro vyhodnocení pomocí Jaccard skóre byla využita také popisná statistika, uvedená v následující Tab. 5.2, která obsahuje hodnoty mediánu, průměru a směrodatné

odchylky a vizualizace pomocí krabicového grafu na Obr. 5.11.

Tab. 5.2: Hodnoty Jaccard skóre uvedené v procentech

	Medián	Průměr	Směrodatná odchylka
fold_0	73,811	60,664	27,935
fold_1	69,064	61,806	24,606
fold_2	68,143	59,982	24,096
fold_3	71,623	62,844	22,441
fold_4	71,245	59,922	25,741
Soubor modelů	72,742	64,755	22,457



Obr. 5.11: Vizualizace krabicového grafu Jaccard skóre pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Každý fold obsahuje 50 pacientů a soubor modelů 250 pacientů

Hodnota mediánu pro fold 0 je 73,811 %, zatímco průměr je 60,664 % a směrodatná odchylka je 27,935 %. Podobné hodnoty jsou zaznamenány pro fold 1, fold 3 a fold 4. Hodnota mediánu pro fold 2 je 68,143 %, což je nižší než u ostatních foldů. Průměrná hodnota pro fold 2 je 59,982 % a směrodatná odchylka je 24,096 %.

Soubor modelů ukazuje vyšší hodnoty pro medián 72,742 % a průměr 64,755 % než pro každý jednotlivý fold, což naznačuje, že kombinace jednotlivých modelů má

obecně lepší výkon než jednotlivé foldy, ale jak už bylo zmíněno v podkapitole 5.3, tato skutečnost může být zkreslená vyhodnocením souboru modelu na části trénovacích dat. Směrodatná odchylka pro soubor modelů je 22,457 %. Celkově lze z uvedené Tab. 5.2 pozorovat, jak dobře se modely přizpůsobují datům v různých rozděleních a jak se liší výkonnost jednotlivých modelů a souboru modelů.

Na uvedeném Obr. 5.11, lze vidět srovnání jednotlivých foldů a souboru modelů, pomocí krabicového grafu Jaccard skóre. Stejně jako v případě Dice skóre lze z grafu pozorovat u jednotlivých skupin odlehle hodnoty, jenž jsou způsobené vlivem pacientů, u kterých se předzpracování ve formě elastické registrace nezdařilo. Nejlepší výsledek lze pozorovat u foldu 0, ale stejně jako v případě u Dice skóre jsou výsledky uspokojivé u všech natrénovaných modelů. Interkvartilové rozpětí se pohybuje u všech foldů a souboru modelů v rozmezí zhruba od 50 % do 80 %.

5.3.3 Vyhodnocení pomocí Hausdorffovy vzdálenosti

Vyhodnocení Hausdorffovy vzdálenosti je provedené pomocí popisné statistiky, kterou lze pozorovat v Tab. 5.3, jenž obsahuje hodnoty mediánu, průměru a směrodatné odchylky pro pět různých rozdělení dat (označených jako fold 0 až fold 4) a pro soubor modelů.

Hodnota mediánu pro fold 0 je 18,130 mm, zatímco průměrná hodnota je 21,858 mm a směrodatná odchylka je 16,862 mm. Hodnoty Hausdorffovy vzdálenosti pro fold 1, fold 2, fold 4 a soubor modelů jsou označeny jako inf (nekonečno) nebo nan (neurčená hodnota). To znamená, že v těchto případech nebylo možné spočítat Hausdorffovu vzdálenost. Nekonečné hodnoty a neurčené hodnoty poukazují na pacienty, u kterých byla provedena neúspěšná predikce.

Hodnota mediánu pro fold 3 je 15,137 mm a průměrná hodnota je 17,956 mm, přičemž směrodatná odchylka je 14,617 mm. Celkově lze z této Tab. 5.3 vidět, že

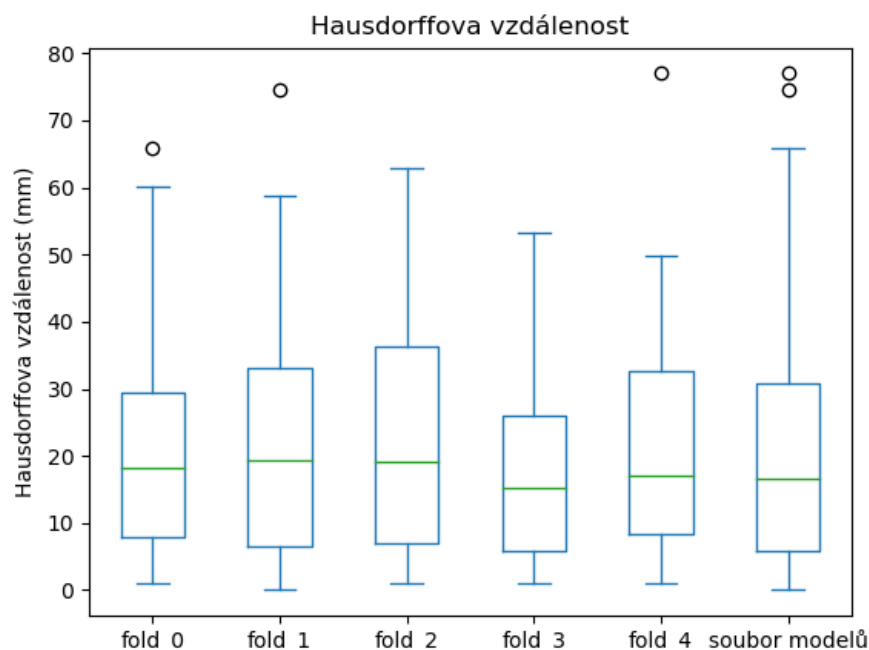
Tab. 5.3: Hodnoty Hausdorffovy vzdálenosti uvedené v milimetrech

	Medián	Průměr	Směrodatná odchylka
fold_0	18,130	21,858	16,862
fold_1	19,415	∞	nan
fold_2	19,069	∞	nan
fold_3	15,137	17,956	14,617
fold_4	17,116	∞	nan
Soubor modelů	16,688	∞	nan

v některých případech nebylo možné spočítat Hausdorffovu vzdálenost, ačkoli se to podařilo v jiných případech. Konkrétně se jednalo o pacienty ID: 13, ID: 150

a ID: 170. Pokud se podařilo vzdálenost spočítat, hodnoty mediánu a průměru se pohybují v rozmezí od 15,137 mm do 21,858 mm, což naznačuje, že modely mají různou schopnost aproximace obrazových dat v závislosti na rozdělení dat.

Další analýza byla provedena pomocí krabicového grafu na Obr. 5.12, který srovnává jednotlivé foldy a soubor modelů. Nutno zmínit, že úspěšnost segmentace vyhodnocena pomocí Hausdorffovy vzdálenosti je tím větší, čím je její hodnota menší. Nejlepší výsledek dosahuje soubor modelů spolu s foldem 3. Z grafu lze také vidět odlehlé hodnoty v intervalu od 60 mm do 80 mm. Interkvartilové rozmezí se pohybuje v rozmezí zhruba od 10 mm do 35 mm a vousky v rozmezí od 0 mm do 65 mm.



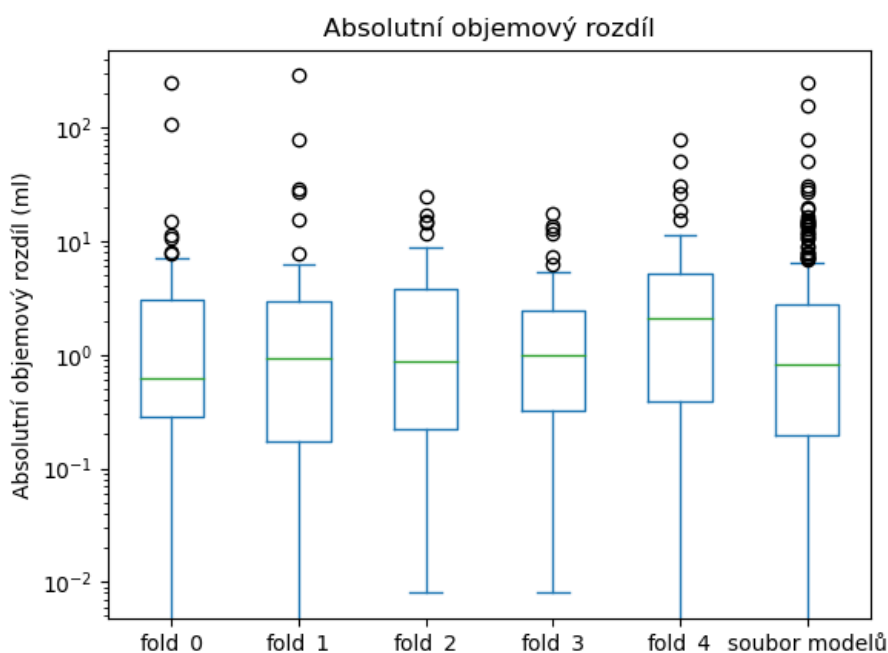
Obr. 5.12: Vizualizace krabicového grafu Hausdorffovy vzdálenosti pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Každý fold obsahuje 50 pacientů a soubor modelů 250 pacientů

5.3.4 Vyhodnocení pomocí absolutního objemového rozdílu

Vyhodnocení pomocí absolutního objemového rozdílu je rovněž provedeno pomocí popisné statistiky, kterou lze vidět v Tab. 5.4. Jsou zde uvedeny výsledky mediánů, průměrů a směrodatných odchylek pro jednotlivé foldy a soubor modelu.

Tab. 5.4: Hodnoty absolutního objemového rozdílu uvedené v mililitrech

	Medián	Průměr	Směrodatná odchylka
fold_0	0,616	9,331	37,311
fold_1	0,928	10,092	41,674
fold_2	0,868	3,413	5,169
fold_3	1,008	2,494	3,841
fold_4	2,104	6,553	13,930
Soubor modelů	0,827	4,793	19,594



Obr. 5.13: Vizualizace krabicového grafu absolutního objemového rozdílu pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Každý fold obsahuje 50 pacientů a soubor modelů 250 pacientů

Tab. 5.4 obsahuje hodnoty absolutního objemového rozdílu pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Cílem této metriky je měřit, jak se liší objem predikovaného objektu od objemu referenčního objektu. Absolutní objemový rozdíl může nabývat hodnot od 0 do nekonečna, kde nižší hodnoty indikují menší rozdíly v objemu. Hodnota mediánu pro fold 0 je 0,616 ml, což znamená, že medián objemového rozdílu pro tuto skupinu pacientů je 0,616 ml a polovina hodnot je menší než 0,616 ml a druhá polovina větší. Pro fold 1, fold 2 a fold 3 jsou mediány v rozmezí 0,868 ml a 0,928 ml,

což znamená, že tyto foldy mají podobně malé rozdíly v objemu jako fold 0. Výrazně vyšší hodnoty mediánu jsou zaznamenány pro fold 4 a soubor modelů s hodnotami 2,104 ml a 0,827 ml, toto značí skutečnost, že objemové rozdíly jsou v těchto případech výrazně větší než v předchozích foldech. Průměrné hodnoty jsou všeobecně vyšší než mediány a směrodatná odchylka je také vysoká, což ukazuje na vysokou variabilitu výsledků a jelikož je absolutní objemový rozdíl uveden v tomto případě v cm^3 , tak velikost chyby roste se třetí mocninou. Cílem je tedy minimalizovat hodnoty absolutního objemového rozdílu, protože nízké hodnoty indikují menší rozdíly v objemu mezi predikovaným a referenčním modelem.

Co se týče krabicového grafu na Obr. 5.13, lze pozorovat odlehlé hodnoty, způsobené pacienty, u kterých se předzpracování ve formě elastické registrace nezdařilo. Nejlepší dosažené výsledky lze pozorovat u foldu 0 a souboru modelů. Vousky jsou v rozmezí od 0,01 do 10. Nejhorší výsledek ukazuje fold 4, což je nejspíš způsobeno přítomností většího počtu pacientů s nepřesně provedenou elastickou registrací.

5.3.5 Vyhodnocení pomocí absolutního rozdílu v počtu lézí

Vyhodnocení pomocí absolutního rozdílu v počtu lézí proběhlo pomocí popisné statistiky konkrétně pomocí mediánu, průměru a směrodatné odchylky. Výsledky pro jednotlivé foldy a soubor modelu jsou v Tab. 5.5, která obsahuje hodnoty absolutního rozdílu v počtu lézí pro jednotlivé foldy a pro celý soubor modelů. Absolutní rozdíl v počtu lézí vyjadřuje rozdíl mezi počtem predikovaných a referenčních lézí bez ohledu na jejich velikost. Medián udává hodnotu, pod níž se nachází polovina

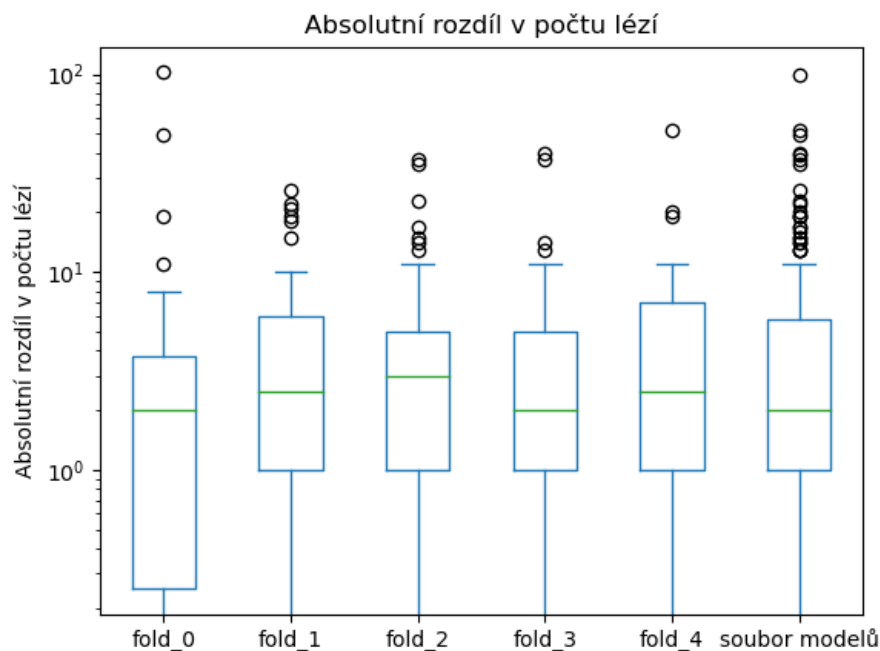
Tab. 5.5: Hodnoty absolutního rozdílu v počtu lézí

	Medián	Průměr	Směrodatná odchylka
fold_0	2,000	5,660	15,621
fold_1	2,500	5,020	6,313
fold_2	3,000	5,440	7,923
fold_3	2,000	4,720	7,743
fold_4	2,500	4,860	7,977
Soubor modelů	2,000	4,952	9,595

hodnot v daném souboru, průměr a směrodatná odchylka udává míru variability dat. Například pro fold 0 je medián 2,000, což znamená, že polovina hodnot absolutního rozdílu v počtu lézí byla rovna nebo menší než 2,000. Průměr pro tento fold je 5,660, což znamená, že průměrný rozdíl mezi počtem predikovaných a referenčních lézí byl 5,660. Směrodatná odchylka je pro tento fold 15,621, což znamená, že hodnoty absolutního rozdílu v počtu lézí pro tento fold se výrazně lišily od průměru.

Celkově je cílem minimalizovat hodnoty absolutního rozdílu v počtu lézí, protože to znamená, že počet predikovaných a referenčních lézí se co nejvíce blíží a tedy, že model správně detekuje léze.

Na následujícím Obr. 5.14, lze vidět vizualizaci krabicového grafu absolutního rozdílu v počtu lézí pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Nejlepšího výsledku dosahuje opět soubor modelů spolu s foldem 0. Interkvartilové rozpětí je u foldu 1 zhruba od 0 do 5 a u zbylých foldů od 1 do 9. Take se zde vyskytují odlehlé hodnoty způsobené vlivem nepřesné predikce u skupiny pacientů, u kterých se předzpracování nezdařilo.



Obr. 5.14: Vizualizace krabicového grafu absolutního rozdílu v počtu lézí pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Každý fold obsahuje 50 pacientů a soubor modelů 250 pacientů

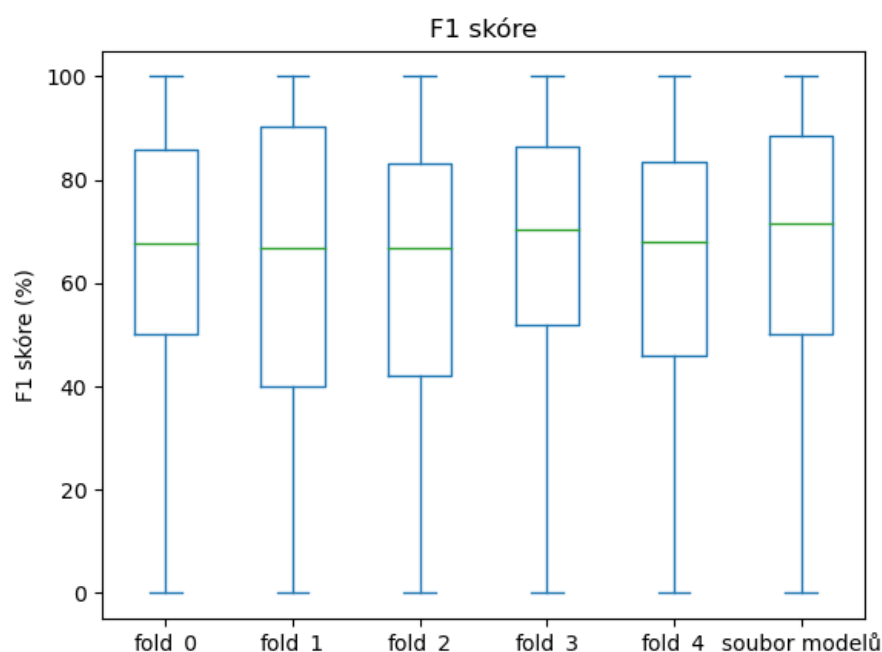
5.3.6 Vyhodnocení pomocí F_1 skóre

Poslední hodnotící metrika je metrika klasifikační a vyhodnocení bylo také za pomoci popisné statistiky. V Tab. 5.6, lze vidět hodnoty F_1 skóre v procentech pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Medián F_1 skóre pro jednotlivé složky se pohybuje mezi 66,667 % a 71,429 %. Průměrné F_1 skóre pro jednotlivé složky se pohybuje mezi 62,545 % a 68,99 %. Směrodatná odchylka F_1 skóre pro jednotlivé složky se pohybuje

Tab. 5.6: Hodnoty F_1 skóre uvedené v procentech

	Medián	Průměr	Směrodatná odchylka
fold_0	67,619	63,476	29,092
fold_1	66,667	64,171	29,086
fold_2	66,667	62,545	27,489
fold_3	70,294	68,99	23,739
fold_4	67,949	64,124	27,399
Soubor modelů	71,429	67,122	26,820

mezi 23,739 % a 29,092 %. Cílem je maximalizovat hodnotu F_1 skóre, takže vyšší hodnoty jsou lepší. Vzhledem k tomu, že medián F_1 skóre se pohybuje v rozmezí od 66,667 % do 71,429 %, lze říci, že každý natrénovaný model dosahuje uspokojivých výsledků, jelikož mezi nimi nejsou extrémní rozdíly. Nicméně, směrodatná odchylka



Obr. 5.15: Vizualizace krabicového grafu F_1 skóre pro jednotlivé foldy a soubor modelů. Každý fold obsahuje 50 pacientů a soubor modelů 250 pacientů

je vysoká, což značí, že výsledky pro jednotlivé foldy v datasetu se mohou výrazně lišit a tedy, že model se v některých případech nedokáže dobře generalizovat.

Na Obr.5.15, lze vidět vizualizaci krabicového grafu pro klasifikační metriku F_1 skóre u jednotlivých foldů a souboru modelů.

Z grafu lze vyčíst, že nejlepšího výsledku dosahuje opět soubor modelů. Vousky zabírají celé rozmezí od 0 % do 100 % a interkvartilové rozpětí je v rozmezí u všech skupin zhruba od 40 % do 90 %. Na rozdíl od ostatních metrik se zde nevyskytují odlehlé hodnoty.

5.4 Diskuze a porovnání dosažených výsledků

Na základě dosažených výsledků u jednotlivých metrik, je provedené porovnání dosažených výsledků v rámci bakalářské práce a výsledků, které uvádí autor natrénovaných sítí Swin Factorizer, Pooya Ashtari na trénovacích datech.

Zmíněný autor uvádí výsledky pouze v rámci průměrů hodnot Dice skóre pro jednotlivé foldy. A dále neuvádí na svém internetovém odkazu: <https://github.com/pashtari/factorizer-isles22> vyhodnocení souboru modelů (*ensemble*), ale je možné, že soubor modelů ověřoval v rámci výzvy ISLES22, neboť se zmíněné soutěže zúčastnil. V Tab. 5.7 lze pozorovat srovnání dosažených výsledků v rámci bakalářské práce s porovnáním výsledků, jenž uvedl autor Pooya Ashtari.

Tab. 5.7: Porovnání výsledků Dice skóre s autorem modelu hlubokého učení uvedené v procentech

	Průměr - Pooya Ashtari	Průměr - vlastní implementace
fold_0	76,200	70,470
fold_1	78,900	72,763
fold_2	78,500	71,298
fold_3	80,600	74,295
fold_4	78,600	70,814
Soubor modelů	nan	75,664

Tab. 5.7 zobrazuje srovnání výsledků Dice skóre mezi autorem Pooyou Ashtarim a vlastních dosažených výsledků. V Tab. 5.7 jsou uvedeny průměrné hodnoty pro každý z pěti modelů označených jako fold 0 až fold 4 a také pro soubor modelů obou autorů.

Dále lze konstatovat, že průměrné hodnoty Dice skóre pro Pooyu Ashtariho jsou v rozmezí 76,2 % až 80,6 %, zatímco průměrné hodnoty pro vlastní implementaci modelu se pohybují od 70,47 % do 75,664 %. Všechny průměrné hodnoty Dice skóre pro Pooyu Ashtariho jsou vyšší než průměrné hodnoty pro vlastní implementaci modelu.

Je třeba poznamenat, že pro soubor modelů nebyla uvedena v případě autora Pooya Ashtariho hodnota Dice skóre, kde je tato hodnota označena jako nan (neurčená hodnota), protože není zřejmé, zda *ensemble* implementoval.

Hodnoty průměrů Dice skóre uvedené autorem Pooya Ashtarim jsou lepší, jelikož autor nikde nepopisuje a neuvádí problém s předzpracováním u části pacientů, kteří měli vliv na snížení celkové úspěšnosti predikce u jednotlivých foldů a souboru modelů. Autor uvedl pouze průměrné výsledky pro jednotlivé foldy, a tudíž nelze například srovnat vyhodnocení úspěšnosti pro jednotlivé pacienty. Toto by umožnilo srovnat detailněji dosažené výsledky v bakalářské práci s výsledky autora natrénované sítě.

Co se týče diskuze dosažených výsledků pomocí zmíněných evaluačních metrik, tak lze celkově konstatovat, že tyto výsledky dosahují řádově srovnatelných hodnot s existujícími algoritmy, od autorů uvedených v následující Tab. 5.8. Jsou zde porovnány dosažené výsledky na testovacím datasetu výzvy ISLES22 s výsledky dosaženými v rámci vlastní implementace na trénovacím datasetu. Nutno poznamenat, že testovací dataset ISLES22 (150 pacientů) je pro veřejnost nedostupný a slouží pouze k vyhodnocení úspěšnosti algoritmů.

Tab. 5.8: Porovnání výsledků čtyř evaluačních metrik použitých pro výzvu ISLES22 na testovacím datasetu, s výsledky získané vlastní implementací na trénovacím datasetu

	Park Kimin	Sangwon Park	Vlastní implementace
Dice skóre [%]	89,770	85,530	75,664
F_1 skóre [%]	89,680	52,340	67,122
Absolutní objemový rozdíl [ml]	0,560	21,666	4,793
Absolutní rozdíl v počtu lézí [-]	6,333	1,322	4,952

Tab. 5.8 srovnává výsledky průměrů pro čtyři evaluační metriky používané v rámci vyhodnocení algoritmů výzvy ISLES22. Autoři Park Kimin a Sangwon Park mají výsledky vyhodnocené na testovacím datasetu ISLES22, ale vlastní implementace je vyhodnocena na trénovacím datasetu. Nicméně pro porovnání výsledků dosažených pomocí jiných algoritmů je tato metoda naprosto adekvátní.

V rámci první metriky Dice skóre dosahuje nejlepšího výsledku Park Kimin s 89,770 %, následovaným Sangwonem Parkem s hodnotou 85,530 % a vlastní implementace s hodnotou 75,664 %.

U druhé metriky F_1 skóre lze pozorovat lepšího výsledku v rámci vlastní implementace s průměrnou hodnotou F_1 skóre 67,122 % než uvádí autor Sangwon Park s hodnotou 52,340 %. Nejlepšího výsledku, stejně jako v případě Dice skóre dosahuje autor Park Kimin.

Třetí metrikou je absolutní objemový rozdíl, u kterého má jednoznačně nejlepší výsledek autor Park Kimin, avšak výsledek vlastní implementace je také v řádech

jednotek mililitrů. Naopak autor Sangwon Park uvádí průměrnou hodnotu absolutního objemového rozdílu v řádech desítek mililitrů.

Poslední metrika je absolutní rozdíl v počtu lézí, kde má naopak nejlepší výsledek Sangwon Park s hodnotou 1,322, ovšem nutno podotknout, že vlastní implementace a autor Park Kimin dosahují výsledků ve srovnatelných řádech jako autor Sangwon Park.

Autor Park Kimin se v rámci výzvy ISLES22 umístil na 56. pozici, autor Sangwon Park na 62. příčce a autor sítě Swin Factorizer, Pooya Ashtari se umístil na 64. pozici v soutěžním žebříčku. Tyto výsledky jsou k dispozici na následujícím odkazu: <https://isles22.grand-challenge.org/evaluation/preliminary-docker-evaluation/leaderboard>

Závěrem lze konstatovat, že implementace sítě Swin Factorizer se zdařila, neboť dosahuje srovnatelných výsledků jako ostatní existující algoritmy od autorů zmíněných v Tab. 5.8.

Závěr

Bakalářská práce byla věnována problematice segmentace patologických tkání v MRI objemových datech mozku, pomocí hlubokého učení. Cílem práce bylo implementovat veřejně dostupný model hlubokého učení pro segmentaci patologických lézí v mozku. Za tímto účelem byla bakalářská práce rozdělena do pěti kapitol.

Teoretická část práce se zaměřuje na anatomickou podstatu fungování mozku, fyziologický význam s důrazem na patologické stavy při cévní mozkové příhodě, principy magnetické rezonance, metody segmentace obrazů s využitím neuronových sítí a jejich možnou evaluaci pomocí metrik na vyhodnocení kvality provedené segmentace.

Praktická část práce se věnuje předzpracování volně dostupných dat z datasetu ISLES22, kde je popsán princip a podstata předzpracování snímků u jednotlivých pacientů pomocí elastické registrace. V další části je blíže popsána implementace modelu Swin Factorizer a vysvětlen postup dosažení predikce pomocí automatizovaného skriptu. Dosažené výsledky ve formě predikovaných vysegmentovaných lézí, jsou poté vyhodnoceny za pomoci 5 segmentačních a 1 klasifikační metriky. Na závěr praktické části je provedena statistická analýza pomocí krabicových grafů pro každou evaluační metriku a je vypočítána popisná statistika ve formě průměru, mediánu a směrodatné odchylky pro jednotlivé foldy a soubor modelů, jenž jsou následně vhodně diskutovány.

Dosažené výsledky jsou srovnány s výsledky ostatních existujících algoritmů hlubokého učení v rámci vyhodnocení výzvy ISLES22, a lze pozorovat, že výsledky dosažené v bakalářské práci jsou vůči zmíněným algoritmům konkurenceschopné, což je patrné z příložené Tab. 5.8.

Tyto výsledky v bakalářské práci ukazují, že použití hlubokého učení a vhodného předzpracování dat mohou vést k vylepšení segmentace obrazů patologických tkání mozku. Zároveň jsou zmíněné výsledky důležité pro další vývoj diagnostických a terapeutických postupů v oblasti lékařského zobrazování.

Celkově lze říci, že tato bakalářská práce poskytuje ucelený pohled na problematiku segmentace patologických tkání v MRI objemových datech s využitím hlubokého učení a přináší nové poznatky do této oblasti.

Literatura

- [1] ABDU, H.; TADESE, F.; SEYOUM, G.; aj.: Comparison of Ischemic and Hemorrhagic Stroke in the Medical Ward of Dessie Referral Hospital, Northeast Ethiopia. *Neurology Research International*, ročník 2021, 2021-6-28: s. 1–9, ISSN 2090-1860, doi:10.1155/2021/9996958.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1155/2021/9996958>
- [2] ASHTARI, P.; SIMA, D.; MAES, F.: Factorizer: A Scalable Interpretable Approach to Context Modeling for Medical Image Segmentation. *arXiv preprint arXiv:2202.12295*, 2022: str. 27, doi:10.48550/arXiv.2202.12295.
Dostupné z: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2202.12295>
- [3] BEARE, R.; LOWEKAMP, B.; YANIV, Z.: Image Segmentation, Registration and Characterization in R with SimpleITK. *Journal of Statistical Software*, ročník 86, č. 8, 2018, ISSN 1548-7660, doi:10.18637/jss.v086.i08.
Dostupné z: <https://doi.org/10.18637/jss.v086.i08>
- [4] BERTELS, J.; EELBODE, T.; BERMAN, M.; aj.: Optimizing the Dice Score and Jaccard Index for Medical Image Segmentation: Theory & Practice. *arXiv preprint arXiv:1911.01685*, 2019, doi:10.48550/arXiv.1911.01685.
Dostupné z: <https://doi.org/10.48550/arXiv.1911.01685>
- [5] BROWN, R. W.; CHENG, Y.-C. N.; HAACKE, E. M.; aj.: *Magnetic resonance imaging: physical principles and sequence design*. John Wiley & Sons, 2014.
- [6] BÁRTOVÁ, J.: *Přehled patologie*. Praha: Univerzita Karlova, nakladatelství Karolinum, univerzita karlova vydání, 2015, ISBN 978-80-246-2745-8.
- [7] CACERES, J. A.; GOLDSTEIN, J. N.: Intracranial Hemorrhage. *Emergency Medicine Clinics of North America*, ročník 30, č. 3, 2012: s. 771–794, ISSN 0733-8627, doi:10.1016/j.emc.2012.06.003, acute Ischemic Stroke.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.emc.2012.06.003>
- [8] CHEN, H.: *Semantic visual localization for visually impaired people*. Master thesis, At the faculty of Computer Science Institute for Anthropomatics and Robotics, 2020, doi:10.13140/RG.2.2.11786.80320.
- [9] DILL, T.: Contraindications to magnetic resonance imaging. *Heart*, ročník 94, č. 7, 2008-07-01: s. 943–948, ISSN 1355-6037, doi:10.1136/hrt.2007.125039.
Dostupné z: <http://dx.doi.org/10.1136/hrt.2007.125039>

- [10] DOLZ, J.; LAPRIE, A.; KEN, S.; aj.: Supervised machine learning-based classification scheme to segment the brainstem on MRI in multicenter brain tumor treatment context. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, ročník 11, č. 1, 2016: s. 43–51, ISSN 1861-6410, doi: 10.1007/s11548-015-1266-2.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1007/s11548-015-1266-2>
- [11] DOSOVITSKYI, A.; BEYER, L.; KOLESNIKOV, A.; aj.: An image is worth 16x16 words: Transformers for image recognition at scale. *arXiv preprint arXiv:2010.11929*, 2020, doi:10.48550/arXiv.2010.11929.
Dostupné z: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2010.11929>
- [12] DRASTICH, A.: *Tomografické zobrazovací systémy*. Brno: Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a informatiky, Ústav biomedicínského inženýrství, 2004, ISBN 80-214-2788-4.
- [13] GROVER, V. P.; TOGNARELLI, J. M.; CROSSEY, M. M.; aj.: Magnetic Resonance Imaging. *Journal of Clinical and Experimental Hepatology*, ročník 5, č. 3, 2015: s. 246–255, ISSN 09736883, doi:10.1016/j.jceh.2015.08.001.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.jceh.2015.08.001>
- [14] HEIT, J. J.; IV, M.; WINTERMARK, M.: Imaging of Intracranial Hemorrhage. *Journal of Stroke*, ročník 19, č. 1, 2017: s. 11–27, ISSN 2287-6391, doi:10.5853/jos.2016.00563.
Dostupné z: <https://doi.org/10.5853/jos.2016.00563>
- [15] HOLIBKOVÁ, A.; LAICHMAN, S.: *Přehled anatomie člověka*. Olomouc: Univerzita Palackého v Olomouci, páté vydání, 2010, ISBN 978-80-244-2615-0.
- [16] JAN, J.: *Medical image processing, reconstruction, and restoration*. Boca Raton: CRC Press, Taylor and Francis Group, 2006, ISBN 08-247-5849-8.
- [17] JAN, J.: *Medical image processing, reconstruction and analysis*. London: CRC Press, second edition vydání, 2020, ISBN 978-1-138-31028-5.
- [18] JAN, J.: Diskrétní operátory, Přednáška BPC-ZSO Zpracování signálů a obrazů. *Ústav biomedicínského inženýrství FEKT, Vysoké Učení Technické v Brně*, 2021, zimní semestr.
- [19] KARIMI, D.; SALCUDEAN, S. E.: Reducing the Hausdorff Distance in Medical Image Segmentation With Convolutional Neural Networks. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, ročník 39, č. 2, 2020: s. 499–513, ISSN 0278-0062, doi: 10.1109/TMI.2019.2930068.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1109/TMI.2019.2930068>

- [20] KAUSHIK, R.; KUMAR, S.: Image Segmentation Using Convolutional Neural Network. *International Journal of Scientific & Technology Research*, ročník 8, 2019: s. 667–675, ISSN 2277-8616.
- [21] KLEIN, S.; STARING, M.; MURPHY, K.; aj.: Elastix. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, ročník 29, č. 1, 2010: s. 196–205, ISSN 0278-0062, doi: 10.1109/TMI.2009.2035616.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1109/TMI.2009.2035616>
- [22] LIEW, S.-L.; LO, B. P.; DONNELLY, M. R.; aj.: A large, curated, open-source stroke neuroimaging dataset to improve lesion segmentation algorithms. *Scientific Data*, ročník 9, č. 1, 2022, ISSN 2052-4463, doi:10.1038/s41597-022-01401-7.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01401-7>
- [23] LINFANTE, I.; LLINAS, R. H.; CAPLAN, L. R.; aj.: MRI Features of Intracerebral Hemorrhage Within 2 Hours From Symptom Onset. *Stroke*, ročník 30, č. 11, 1999: s. 2263–2267, ISSN 0039-2499, doi:10.1161/01.STR.30.11.2263.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1161/01.STR.30.11.2263>
- [24] LIU, X.; SONG, L.; LIU, S.; aj.: A Review of Deep-Learning-Based Medical Image Segmentation Methods. *Sustainability*, ročník 13, č. 3, 2021, ISSN 2071-1050, doi:10.3390/su13031224.
Dostupné z: <https://doi.org/10.3390/su13031224>
- [25] LOBATO, R. D.; LAMAS, E.; PORTILLO, J. M.; aj.: Hydrocephalus in cerebral cysticercosis. *Journal of Neurosurgery*, ročník 55, č. 5, 1981: s. 786–793, ISSN 0022-3085, doi:10.3171/jns.1981.55.5.0786.
Dostupné z: <https://doi.org/10.3171/jns.1981.55.5.0786>
- [26] MA, Z.; TAVARES, J.; NATAL JORGE, R.: *A Review on the Current Segmentation Algorithms for Medical Images*. Faculty of Engineering, University of Porto, Porto, Portugal, 01 2009, 135-140 s.
- [27] MAIER-HEIN, L.; MENZE, B.; aj.: Metrics reloaded: Pitfalls and recommendations for image analysis validation. *arXiv. org*, , č. 2206.01653, 2022, doi: 10.48550/arXiv.2206.01653.
Dostupné z: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2206.01653>
- [28] MTUI, E.; GRUENER, G.; DOCKERY, P.: *Fitzgerald's clinical neuroanatomy and neuroscience*. Amsterdam: Elsevier, 8 vydání, 2021, ISBN 978-070-2079-092.

- [29] NEVŠÍMALOVÁ, S.; TICHÝ, J.; RŮŽIČKA, E.: *Neurologie*. Praha: Galén, c2002, ISBN 80-726-2160-2.
- [30] PETZSCHE, M. R. H.; de la ROSA, E.; HANNING, U.; aj.: ISLES 2022: A multi-center magnetic resonance imaging stroke lesion segmentation dataset. 2022, doi:10.48550/ARXIV.2206.06694.
Dostupné z: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2206.06694>
- [31] POVÝŠIL, C.; ŠTEINER, I.: *Speciální patologie*. Praha: Galén, druhé vydání, c2007, ISBN 978-80-7262-494-2.
- [32] Qi, K.; YANG, H.; LI, C.; aj.: X-Net. *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention – MICCAI 2019*, 2019: s. 247–255, doi:10.1007/978-3-030-32248-9_28.
Dostupné z: https://doi.org/10.1007/978-3-030-32248-9_28
- [33] REINKE, A.; TIZABI, M. D.; SUDRE, C. H.; aj.: Common limitations of image processing metrics: A picture story. *arXiv preprint arXiv:2104.05642*, 2021, doi: 10.48550/arXiv.2104.05642.
Dostupné z: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2104.05642>
- [34] RONNEBERGER, O.; FISCHER, P.; BROX, T.: U-Net. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015*, 2015: s. 234–241, doi:10.1007/978-3-319-24574-4_28.
Dostupné z: https://doi.org/10.1007/978-3-319-24574-4_28
- [35] ROSA, E. D. L.; HANNING, U.; KIRSCHKE, J.; aj.: Ischemic Stroke Lesion Segmentation Challenge 2022: Acute, sub-acute and chronic stroke infarct segmentation. 2022, doi:10.5281/zenodo.6362388.
Dostupné z: <https://doi.org/10.5281/zenodo.6362388>
- [36] SABOUR, S.; FROSST, N.; HINTON, G. E.: Dynamic routing between capsules. *Advances in neural information processing systems*, ročník 30, 2017.
- [37] SAHAYAM, S.; A, A.; JAYARAMAN, U.: A Novel Modified U-shaped 3-D Capsule Network (MUDCap3) for Stroke Lesion Segmentation from Brain MRI. *IEEE*, 2020-12-3: s. 1–6, doi:10.1109/CICT51604.2020.9312072.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1109/CICT51604.2020.9312072>
- [38] SNYDER, H. S.; SALO, D.: Epidural hematoma. *The American Journal of Emergency Medicine*, ročník 8, č. 6, 1990: s. 538–541, ISSN 07356757, doi: 10.1016/0735-6757(90)90159-W.
Dostupné z: [https://doi.org/10.1016/0735-6757\(90\)90159-W](https://doi.org/10.1016/0735-6757(90)90159-W)

- [39] SNYDER, S.; JOSEPH, M.: The Perfect Storm. *Cureus*, 2020, ISSN 2168-8184.
Dostupné z: <https://doi.org/10.7759/cureus.7992>
- [40] SWANSON, D.: Meningitis. *Pediatrics in Review*, ročník 36, č. 12, 2015-12-01: s. 514–526, ISSN 0191-9601, doi:10.1542/pir.36-12-514.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1542/pir.36-12-514>
- [41] Taha, A. A.; Hanbury, A.; Bharatha, A.; aj.: Metrics for evaluating 3D medical image segmentation. *BMC Medical Imaging*, ročník 15, č. 1, 2015: s. 178–189, ISSN 1471-2342, doi:10.1186/s12880-015-0068-x.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1186/s12880-015-0068-x>
- [42] TOMITA, N.; JIANG, S.; MAEDER, M. E.; aj.: Automatic post-stroke lesion segmentation on MR images using 3D residual convolutional neural network. *NeuroImage: Clinical*, ročník 27, 2020, ISSN 22131582, doi:10.1016/j.nicl.2020.102276.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.nicl.2020.102276>
- [43] WILHELM, Z.; LAICHMAN, S.: *Stručný přehled fyziologie člověka pro bakalářské studijní programy*. Brno: Masarykova univerzita, čtvrté vydání, 2010, ISBN 978-80-210-5283-3.
- [44] WOLF, I.; Robert L. GALLOWAY, J.; VETTER, M.; aj.: The medical imaging interaction toolkit (MITK). *Journal of Statistical Software*, ročník 86, č. 8, 2018: s. 16–, ISSN 1548-7660, doi:10.1117/12.535112.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1117/12.535112>
- [45] YAMASHITA, R.; NISHIO, M.; DO, R. K. G.; aj.: Convolutional neural networks. *Insights into Imaging*, ročník 9, č. 4, 2018: s. 611–629, ISSN 1869-4101, doi:10.1007/s13244-018-0639-9.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1007/s13244-018-0639-9>
- [46] YU-QIAN, Z.; WEI-HUA, G.; ZHEN-CHENG, C.; aj.: Medical Images Edge Detection Based on Mathematical Morphology. *2005 IEEE Engineering in Medicine and Biology 27th Annual Conference*, 2005: s. 6492–6495, doi:10.1109/IEMBS.2005.1615986.
Dostupné z: <https://doi.org/10.1109/IEMBS.2005.1615986>
- [47] ZAKKA, K.: CS231n Convolutional Neural Networks for Visual Recognition – CNN. *Stanford Undergrad*, 2022.
Dostupné z: <https://cs231n.github.io/convolutional-networks/>
- [48] ČÍHÁK, R.; DRUGA, R.; GRIM, M.: *Anatomie 3*. Praha: Grada, druhé vydání, 2004, ISBN 978-80-247-1132-4.

Seznam symbolů a zkratek

ADC	Apparent diffusion coefficient
AD	Absolute difference,
AVD	Absolute volume difference
CNS	Centrální nervová soustava
CMP	Cévní mozková příhoda
2DFT	Dvojměrná Fourierova rekonstrukční metoda
DSC	Depthwise separable convolution
DWI	Diffusion-weighted imaging
FAST	Face, Arm, Speech, Time
FCN	Fully convolutional networks
FID	Free induction delay
FLAIR	Fluid attenuated inversion recovery
FN	False negative
FSM	Feature Similarity Module
IR	Inversion recovery
L3	3. bederní obratel
L4	4. bederní obratel
MF	Matrix factorization
MLP	Multilayer perceptron
MRI	Magnetic resonance imaging
MR	Magnetická rezonance
NMF	Nonnegative matrix factorization
RF	Radiofrekvenční echo
SE	Spinové echo
T1	Relaxační čas T1
T2	Relaxační čas T2
TI	Time inversion
TN	True negative
TP	True positive