

VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V
BRNĚ

BRNO UNIVERSITY OF TECHNOLOGY



FAKULTA ELEKTROTECHNIKY A
KOMUNIKAČNÍCH TECHNOLOGIÍ
ÚSTAV BIOMEDICÍNSKÉHO INŽENÝRSTVÍ

FACULTY OF ELECTRICAL ENGINEERING AND
COMMUNICATION
DEPARTMENT OF BIOMEDICAL ENGINEERING

Texturní analýza nádorových tkání v CT obrazových datech plic.

Texture analysis of tumor tissue in lung CT data.

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

BACHELOR'S THESIS

AUTOR PRÁCE

AUTHOR

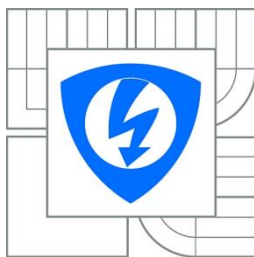
JAKUB ŠALPLACHTA

VEDOUCÍ PRÁCE

SUPERVISOR

Ing. ROMAN JAKUBÍČEK

BRNO 2015



VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ

Fakulta elektrotechniky
a komunikačních technologií

Ústav biomedicínského inženýrství

Bakalářská práce

bakalářský studijní obor
Biomedicínská technika a bioinformatika

Student: Jakub Šalplachta

ID: 155561

Ročník: 3

Akademický rok: 2014/2015

NÁZEV TÉMATU:

Texturní analýza nádorových tkání v CT obrazových datech plic.

POKYNY PRO VYPRACOVÁNÍ:

1) Seznamte se s problematikou nádorových onemocnění plic a zobrazení pomocí rentgenové tomografie. Prostudujte segmentační metody založené na klasifikátorech příznakových vektorů. 2) Zpracujte literární rešerši na danou problematiku. Zejména se zaměřte na přehled příznaků a klasifikačních metod a jejich využití pro rozlišení zdravých a nádorových tkání. 3) Navrhněte vhodné postupy klasifikace s využitím texturních parametrů. 4) Realizujte a ověřte Vámi navrženou metodu analýzy v programovém prostředí Matlab. 5) Proveďte statistické hodnocení odlišnosti zdravých a nádorových tkání v závislosti na texturních příznacích. 6) Diskutujte dosažené výsledky a možné využití pro klasifikaci nádorových tkání.

DOPORUČENÁ LITERATURA:

- [1] JAN, Jiří. Medical image processing, reconstruction and restoration: concepts and methods. Boca Raton: Taylor, 2006, 730 s. ISBN 08-247-5849-8.
[2] BEUTEL, Jacob. Handbook of medical imaging. 2. vyd. Bellingham, Wash.: SPIE Press, 2000, 3 v. ISBN 08194362323

Termín zadání: 9.2.2015

Termín odevzdání: 29.5.2015

Vedoucí práce: Ing. Roman Jakubiček

Konzultanti bakalářské práce:

prof. Ing. Ivo Provazník, Ph.D.

Předseda oborové rady

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

Cílem této práce je odhalení možnosti využití metod texturní analýzy k detekci a segmentaci nádorové tkáně v CT datech plic a klasifikace viabilních oblastí nádorové tkáně. Hlavním předpokladem práce jsou rozdíly texturních vlastností (příznaků) mezi nádorem a okolními tkáněmi a změny těchto příznaků během vývoje a léčby nemoci. Práce obsahuje přehled jednotlivých metod texturní analýzy. Dále se zabývá vytvořením vlastní metody, která je tvořena vybranými metodami texturní analýzy, jejichž výstupy společně vytváří vektor příznaků (pro každý voxel obrazu získáme vektor příznaků). Ten je následně dále zpracováván pomocí metody shlukové analýzy. Obsahem práce je teoretická rešerše dané problematiky, popis návrhu vlastní metody a statistické vyhodnocení výsledků. Návrh metody je zpracován v programovacím prostředí Matlab®.

Klíčová slova:

texturní analýza, mikrotexturní metody, statistické metody, shluková analýza

Abstract

The aim of this work is the revelation of the possibility of the use of texture analysis methods to detection and segmentation tumor tissue in lung CT image data and classification viable areas of tumor tissue. The main assumption of this thesis are differences of textural features between tumor and surrounding tissues and changes of these properties during development and treatment of this disease. The thesis contains overview of texture analysis methods. It deals with the creation of own method which is composed of some methods of texture analysis that create vector of properties (for each voxel in the image we get vector of features). This vector is afterwards processed by methods of cluster analysis. Content of this work is theoretical research of this issue, description of own method and statistical evaluation of the results. The method is processed in programming environment Matlab®.

Key words:

texture analysis, microtexture methods, statistical methods, cluster analysis

Prohlášení

Prohlašuji, že svou bakalářskou práci na téma Texturní analýza nádorových tkání v CT obrazových datech plic jsem vypracoval samostatně pod vedením vedoucího bakalářské 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 bakalářské práce dále prohlašuji, že v souvislosti s vytvořením tohoto projektu jsem neporušil autorská práva třetích osob, zejména jsem nezasáhl nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a jsem si 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. 40/2009Sb.

V Brně dne

Podpis autora

Poděkování

Děkuji vedoucímu bakalářské práce Ing. Romanu Jakubíčkoví za účinnou metodickou, pedagogickou a odbornou pomoc při zpracování mé bakalářské práce.

V Brně dne

Podpis autora

ŠALPLACHTA, J. *Texturní analýza nádorových tkání v CT obrazových datech plic..*
Brno: Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních
technologií, 2015. 62 s. Vedoucí bakalářské práce Ing. Roman Jakubíček.

Obsah

vii

Seznam obrázků.....	ix
Seznam tabulek.....	x
Úvod	12
1. Plicní nádory	14
2. Výpočetní rentgenová tomografie (CT vyšetření)	16
2.1 Konstrukce CT přístroje.....	16
2.2 Detekční systém.....	17
2.3 Akvizice scény a vznik obrazu	18
2.4 Hounsfieldova stupnice.....	18
2.5 Princip ALARA	19
2.6 DICOM	19
3. Texturní analýza.....	20
3.1 Textura.....	20
3.2 Texturní analýza	20
3.2.1 Klasifikace	20
3.2.2 Segmentace.....	21
3.3 Metody texturní analýzy	22
3.3.1 Statistické metody	22
3.3.2 Strukturní metody.....	26
3.3.3 Mikrotexturní analýza	27
3.3.4 Spektrální analýza	27
3.3.5 Ostatní metody.....	28
4. Shluková analýza	30
4.1 K-means	30
5. Statistika.....	32
5.1 Korelační analýza	32

5.2	Analýza hlavních komponent	32
5.3	Diskriminační analýza	33
6.	Návrh vlastní metody	34
6.1	Získání vektoru příznaků	34
6.1.1	Statistické metody prvního řádu	36
6.1.2	Statistické metody druhého řádu – „Co-occurrence matrix“	36
6.1.3	Statistické metody druhého řádu – Run-length matice.....	37
6.1.4	Mikrotexturní analýza	38
6.1.5	Spektrální analýza	38
6.2	Redukce příznaků	39
6.3	Klasifikace	41
7.	Diskuze výsledků	42
	Závěr	50
	Použité zdroje	51
	Seznam zkratk.....	54
A.	Přílohy.....	55

Seznam obrázků

Obrázek 4-1: Princip shlukové analýzy a) Iniciační centroidy; b) Zařazení objektů k iniciačním centroidům; c) Centroidy o nových souřadnicích; d) Zařazení objektů k novým centroidům	31
Obrázek 6-1: Obrazová data použitá pro texturní analýzu	35
Obrázek 6-2: Biplot vyčerpané variability mezi jednotlivými vzdálenostmi u matice současného výskytu	37
Obrázek 6-3: Biplot vyčerpané variability pro 151 příznaků získaných redukcí na základě korelační analýzy	40
Obrázek 7-1: Porovnání výstupů shlukové analýzy	42
Obrázek 7-2: Výsledek shlukové analýzy – dělení do 12 shluků, vstupem byl redukovaný vektor příznaků.	43
Obrázek 7-3: Porovnání výstupů shlukové analýzy a perfuzních dat.....	49

Seznam tabulek

Tabulka 6-1: Parametry modelu pro diskriminaci požadovaných tkání, do výsledného modelu bylo zahrnuto 59 příznaků.....	41
Tabulka 7-1: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a plicní tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	44
Tabulka 7-2: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové a plicní tkáně, vstupem byl redukováný vektor příznaků.....	44
Tabulka 7-3: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	44
Tabulka 7-4: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků, vstupem byl redukováný vektor příznaků.....	44
Tabulka 7-5: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a srdeční tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	45
Tabulka 7-6: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a srdeční tkáně, vstupem byl redukováný vektor příznaků.....	45
Tabulka 7-7: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tukové tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	45
Tabulka 7-8: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tukové tkáně, vstupem byl redukováný vektor příznaků.....	45
Tabulka 7-9: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně mezižeberního svalstva, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	45
Tabulka 7-10: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně mezižeberního svalstva, vstupem byl redukováný vektor příznaků.....	45
Tabulka 7-11: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a srdeční tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	47
Tabulka 7-12: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a tukové tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	47
Tabulka 7-13: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a plicní tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	47
Tabulka 7-14: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a tkáně mezižeberního svalstva, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků.....	47
Tabulka A-1: Seznam vektorů pro vytvoření Lawsových masek [39].....	56
Tabulka A-2: Kombinace vektorů pro vznik Lawsových masek o rozměru 3×3 [39].....	56
Tabulka A-3: Kombinace vektorů pro vznik Lawsových masek o rozměru 5×5 [39].....	56
Tabulka A-4: Kombinace vektorů pro vytvoření Lawsových masek 5×5×5 [39]..	57

Tabulka A-5: Seznam 171 příznaků	58
Tabulka A-6: Korelační koeficienty mezi jednotlivými směry u co-occurečních matic pro zvolený příznak	59
Tabulka A-7: Korelační koeficienty mezi jednotlivými příznaky u statistických metod prvního řádu.....	59
Tabulka A-8: Korelační koeficienty pro příznaky získané na základě co-occurečních matic	60
Tabulka A-9 – Korelační koeficienty pro příznaky získané na základě run-length matic	60
Tabulka A-10 : Korelační koeficienty pro parametrický výkon mezi jednotlivými frekvenčními pásmy.....	61
Tabulka A-11: Korelační koeficienty pro relativní parametrický výkon mezi jednotlivými frekvenčními pásmy	61
Tabulka A-12: Seznam příznaků po redukci s využitím korelační analýzy a analýzy hlavních komponent.....	61
Tabulka A-13 – Seznam příznaků pro odlišení všech požadovaných typů tkání po redukci s využitím diskriminační analýzy	62
Tabulka A-14: Seznam texturních příznaků pro odlišení nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků.....	63

Úvod

Výskyt nádorových onemocnění je v současné době velmi vysoký, přičemž nádory plicní tkáně jsou u mužů jedním z nejčastějších (vyšší procento mužů kouří oproti ženám). Tato diagnóza patří mezi velmi závažné, a pokud dojde k odhalení této nemoci pozdě, tak většinou končí smrtí daného pacienta. Přičemž samotná diagnostika probíhá nejčastěji za pomoci CT vyšetření (z anglického Computed Tomography) či využitím magnetické rezonance. [1] [2]

Na základně těchto vyšetření je získán výstup v podobě obrazových dat dané oblasti, přičemž lékař musí vyhodnotit, zda-li se v dané oblasti nádor vyskytuje či ne, což je v některých případech velmi náročné. Pro terapii je však nutné odhalit, o jaký typ nádorové tkáně se jedná. Z tohoto důvodu dochází k provedení biopsie, kdy je pacientovy odebrán vzorek z daného nádoru, který je následně histologicky vyšetřen. Tento zákrok je však problematický. Pro pacienta přináší určitý diskomfort, čímž je myšlena bolest, zdravotní rizika a různé komplikace. V některých případech lékař není schopen odebrat vzorek z důvodu jeho nevhodné pozice (např. výskyt cév, které brání bezpečnému odebrání vzorku).

Pro detekci viabilních úseků v rámci daného nádoru se nejčastěji využívá perfuzní CT vyšetření, kdy je pacientovi podána kontrastní látka (nejčastěji na bázi jódu) a poté je daná akviziční scéna snímána v časovém vývoji. Na základně tohoto vyšetření je možné vyhodnotit míru prokrvení oblastí vyvíjející se v čase. Tato metoda však přináší určitá rizika. Tělo pacienta absorbuje velké dávky rentgenového záření, které nesou riziko vzniku dalších nádorových tkání. Navíc perfuzní vyšetření je náročné i pro lékařský personál, softwarové zpracování je v některých případech velmi obtížné na nastavení a v některých případech není schopné poskytnout požadované výsledky.

Snížení tohoto rizika by přinesla diagnostika s využitím metod texturní analýzy. O textuře můžeme obecně říci, že její výskyt je v našem životě velmi častý. Texturu je možné odhalit i v rámci našeho těla, přičemž se dá říci, že jednotlivé tkáně se od sebe na základě texturních vlastností odlišují. Analýza texturních vlastností probíhá v rámci obrazových dat, čímž by sice neodpadla nutnost např. CT vyšetření, ale bylo by možné použít jiný protokol akvizičních parametrů. Tím by došlo ke zkrácení doby snímání, a tudíž i ke snížení dávky absorbované pacientem.

V rámci vlastní práce je testován předpoklad využití texturní analýzy pro lékařskou diagnostiku. Kombinací metod texturní analýzy je na reálných patientských datech

získán vektor příznaků, který vstupuje do shlukové analýzy, a výsledky jsou následně statisticky vyhodnoceny. V práci jsou diskutovány výsledky a možnost využití texturní analýzy pro diagnostiku nádorových tkání na obrazových datech z CT vyšetření plic.

Využití texturní analýzy pro lékařskou diagnostiku bylo již předmětem mnoha studií. Její funkčnost byla ověřována v kombinaci s různými diagnostickými technikami používanými pro získání obrazových dat (MRI, UZV, RTG, CT). Předmětem těchto zmíněných studií bylo např.: ověření funkčnosti texturní analýzy pro detekci kožních nemocí [3], dále využití texturní analýzy pro diagnostiku Alzheimerovy choroby [4] či použití texturní analýzy pro rozlišování maligních a benigních nádorů prsu [5].

1. Plicní nádory

Nemalobuněčný karcinom plic je nejčastěji se vyskytující typ nádorů u mužů nad 40 let. Toto onemocnění patří do rozsáhlé skupiny chorob, pro které je charakteristické, že některá skupina buněk se začne nekontrolovaně množit (dělit). Maligní transformace buňky a vývoj nádoru jsou velmi dlouhodobé procesy. Na buněčné úrovni je tento proces úzce spjat s regulací buněčného cyklu. Pokud dojde k mutaci genů, které kódují proteiny podílející se na regulaci buněčného cyklu, tak může dojít ke karcinogenezi dvěma způsoby:

- 1) Mutované geny podporují přímo buněčnou proliferaci tím, že umožní buňce obejít kontrolní body buněčného cyklu.
- 2) Mutované geny způsobují, že buňky ignorují varovné signály upozorňující na vniklé genetické abnormality.

Z těchto důvodů je možné nádorová onemocnění nazývat „Nemocemi buněčného cyklu.“[6]

Podle chování nádorové tkáně k okolním tkáním a orgánům rozlišujeme nádory na benigní a maligní. Tyto dva typy lze od sebe odlišit z hlediska tvorby metastáz, což je proces, při kterém dochází k tvorbě dceřiných nádorů v místech, která jsou vzdálená od primárního ložiska. V průběhu tvorby metastáz dochází k uvolňování buněk z primárního nádoru, které jsou následně transportovány krví nebo lymfou a usazují se na vzdálených místech. Obecně můžeme o benigních nádorech říci, že rostou většinou pomalu, kompaktně a nešíří se (nemetastazují) a svým složením jsou více podobné výchozí tkáni, ve které vnikly. Maligní nádory jsou agresivní, infiltrují okolní tkáň, vzrůstají invazivně skrze bazální membrány a metastazují. Na základě těchto vlastností je spíše možné segmentovat maligní nádory oproti benigním, u kterých je tento proces náročný kvůli jejich podobnosti s výchozí tkání. [6] [7]

Projevy plicních nádorů mohou být zcela různorodé. V počátečních stádiích se toto onemocnění nemusí projevovat vůbec. V pozdějších fázích se již mohou objevovat příznaky jako například: déletrvající až neustupující kašel, dušnost a vykašlávání krvavého hlenu. Diagnostika těchto nádorů probíhá nejčastěji těmito vyšetřovacími metodami: bronchoskopií, magnetickou rezonancí či počítačovou tomografií (CT vyšetření). [1]

Léčba plicního nádoru se odvíjí od histologického typu nádoru a dále od rozsahu nádoru (míní se jeho velikost v prostoru). Velice významným faktorem je, zda-li je nádorem postižena jenom plicní tkáň, nebo jestli došlo k metastázování primárního

nádoru do mízních uzlin či do vzdálených orgánů. Za nejúčinnější metodu z hlediska dlouhodobého uzdravení se dá považovat chirurgické odstranění celého nádoru. Dalšími možnostmi léčby jsou chemoterapie či radioterapie. Tyto metody se využívají pokud, není možné provést chirurgické odstranění nádoru. Výhodou chemoterapie je, že dokáže ničit nádorové buňky po celém těle a ne jenom v omezeném okolí aplikace. [1]

2. Výpočetní rentgenová tomografie (CT vyšetření)

Základy této v současné době jedné z nejvyužívanější diagnostických metod byly položeny v šedesátých letech minulého století, kdy byla zpracována analytická matematická metoda, jejíž aproximace umožňuje rekonstrukci za pomoci výpočtu ze superprojekce matic rotujícího vektorového prostoru skalární matice. Vlastní výsledný obraz vzniká z jednotlivých tzv. tomografických řezů tělem pacienta, které vznikají průchodem rentgenového záření vyšetřovanou oblastí. Tato metoda byla prakticky uskutečněna Geoffrey Hounsfieldem při konstrukci výpočetního tomografu v roce 1971. V současné době je možné i tzv. funkční CT vyšetření, kdy je pacientovi podána kontrastní látka (nejčastěji jodová) a je vyhodnocována perfuze sledovaných tkání v čase. Primárně slouží CT vyšetření k získání anatomické informace a následně je v další fázi možné již zmíněné funkční vyšetření. [8] [9]

2.1 Konstrukce CT přístroje

Výpočetní tomograf se skládá ze zobrazovací soustavy, ta je složená ze zdroje rentgenového záření (rentgenka) a dále z detekčního systému. Celá zobrazovací soustava je uložena v gantry (fyzické tělo přístroje). Dalšími součástmi přístroje jsou vyšetřovací stůl, výpočetní systém (realizovaný výkonným počítačem) a zdroj vysokého napětí. Podle konstrukce můžeme výpočetní tomografy dělit do čtyř generací. Právě konstrukční řešení vycházející z původního Hounsfieldova návrhu patří do první generace, kdy se tomograf skládal z jedno detektorového, rotačně translačního systému. Následující generace (druhá) již oproti první generaci obsahovala více detektorů, které se mohly pohybovat rotačně translačním pohybem. Třetí generace obsahuje plně rotační systém rentgenka-sektor detektorů. Čtvrtá generace se ukázala být slepou vývojovou větví. Konstrukce této generace se skládala z rotující rentgenky a detektorů, které byly uloženy po celém obvodu statické části gantry. V současné době se využívá přístrojů, které vychází ze třetí generace, přičemž v průběhu vyšetření se pacient plynule pohybuje v ose otáčení rotoru za kontinuálního snímání dat detekčním systémem. Tento složený pohyb je nazýván helikálním, a proto jsou někdy přístroje, jej využívající, nazývány helikální výpočetní tomografy. Po hardwarové stránce prodělaly CT přístroje velký vývoj, ale zároveň s konstrukčním řešením prodělal vývoj i výpočetní systém. Tento systém je zodpovědný za ovládání přístroje, záznam hrubých dat, rekonstrukci obrazových dat, archivaci obrazů, vyhodnocení a komunikaci s informačními systémy. Tyto softwarové náležitosti zabezpečuje výrobce daného přístroje a ty jsou většinou kompatibilní pouze s určitým

typem tomografu. Softwary od různých výrobců se ale shodují ve výstupním formátu obrazových dat, čímž je formát DICOM. [8] [9] [10]

2.2 Detekční systém

Detekční systém CT přístroje je tvořen: rotorem, rentgenkou a detektorovou soustavou. Všechny tyto komponenty jsou uloženy v gantry a pro průběh vyšetření jsou naprosto nepostradatelné. [8] [9]

Rotor je otočnou částí gantry a je vybaven technologickým systémem klouzavých prstenců (slip-ring systém). Tento systém již neobsahuje kabeláž a umožňuje kontinuální rotaci detekčního systému za současně nepřetržité komunikace mezi rotorem a statickou částí gantry – touto komunikací je myšlen přenos vysokého napětí (nepostradatelné pro chod rentgenky) a hrubých obrazových dat. Přenášení těchto dat mezi rotorem a statorem je realizován za využití opto-optického či radiofrekvenčního vysílání. [8] [9]

Rentgenka je principiálně vakuová dioda a funguje jako zdroj rentgenového záření, na jehož bázi toto vyšetření funguje. Rentgenka vhodná pro počítačovou tomografii musí být odolná vůči vysoké tepelné zátěži, která je způsobena vysokým příkonem během vyšetření. Kvůli tepelné odolnosti je anoda rentgenky zhotovována z wolfranu a navíc se využívá rotační konstrukční řešení anody, které snižuje její tepelnou námahu. Rentgenové záření vzniká právě na wolframové anodě, kde je po dopadu urychlených elektronů emitováno. Tyto elektrony jsou emitovány z rozžhavené katody a následně jsou přitahovány elektrickým polem anody, na kterou následně dopadají. Tento děj je možný pouze za předpokladu, že mezi katodou a anodou je dostatečně velké a správně orientované napětí, jeho minimální velikost je 10 KV a musí platit, že katoda je záporně orientována a anoda kladně. Rentgenka je výhradně napájena stejnosměrným napětím, přičemž by bylo možné napájet i střídavým napětím, ale rentgenové záření by vznikalo pouze v době kladné periody na anodě. Elektrony po dopadu na anodu předají svou energii, ta se z 98% přeměňuje na teplo a zbylé dvě procenta na rentgenové (RTG) záření. Záření je následně usměrňováno za využití kolimátoru a různých clon. Kolimátor je mechanické zařízení, které slouží k vymezení tvaru a směru svazku RTG záření. [9] [10]

Detektorová soustava je tvořena velkým počtem detektorů umístěných v řadách po obvodu rotoru. Citlivost detektorů výrazně ovlivňuje kvalitu výsledného obrazu a také nároky na napájení a s tím související dávku záření absorbovanou pacientem. Dnes běžné využívané přístroje umožňují snímání šestnácti datových stop za jednu rotaci (Multi-slice CT). V současné době jsou již komerčně dostupné přístroje, které obsahují 320 řad detektorů (umožňují snímání 640 řezů). Prostorové rozlišení závisí hlavně na akviziční

geometrii skeneru a velikosti vlastního detektoru. Pro detekci rentgenového záření je nutné převést toto záření na elektrický signál, který může být následně softwarově zpracováván. Dnes se běžně využívají detektory s polovodičovým detekčním systémem. Tyto systémy se nazývají flat panely a je díky nim umožněn přímý digitální záznam. Další možnosti detekce je za využití detektorů na bázi CCD čipů. [8] [9] [10]

2.3 Akvizice scény a vznik obrazu

Zobrazování při vyšetření CT přístrojem je založeno na denzitometrickém principu, měření na tomto principu určí úbytek záření v prostoru mezi rentgenkou a detektorem. Výsledný 2D obraz vzniká rekonstrukcí z 1D projekcí snímané scény. Numerická rekonstrukce obrazu může probíhat třemi různými přístupy:

1. Fourierova rekonstrukce využívající centrálního řezového teorému,
2. inverzní Radonova transformace (rekonstrukce filtrovanou zpětnou projekcí),
3. iterační rekonstrukce,

přičemž majoritně se v současné praxi využívá filtrovaná zpětná projekce. Tato Radonova transformace je definována jako spojitý soubor projekcí téže scény, které jsou získávány pod spojitě se měnícími úhly snímání. V rámci výsledného obrazu pracujeme s maticí voxelů (Volumetric Picture Element), což je objem v trojrozměrném prostoru (mající rozměry v ose x , y i z), který má kontinuální jasovou hodnotu. Je možné najít analogii mezi voxelem a pixelem, který je definován v 2D prostoru. Zobrazení v jednom řezu je dáno trojrozměrnou maticí, která obsahuje informace o poloze v ose x , y , z a o míře zeslabení záření v daném bodě v prostoru. Tato míra zeslabení je nazývána denzita. [8] [10]

2.4 Hounsfieldova stupnice

Míra zeslabení je v prostoru definována pomocí Hounsfieldovy stupnice. Tato stupnice je pojmenovaná po zakladateli výpočetní tomografie. Zeslabení je vyjadřováno tzv. CT číslly (definováno vztahem (2-1) [10]), kdy jednotkou této veličiny je 1HU (Hounsfield Unit).

$$CT_{\text{číslo}} = K \times \frac{(\mu_{\text{tkáň}} - \mu_{\text{vody}})}{\mu_{\text{vody}}} \quad (2-1)$$

CT číslo je možné pro danou tkáň vypočítat dle vztahu (2-1), kde K je konstanta, která vyjadřuje kontrastní (měřítkový) faktor, který je u současných přístrojů roven 1000, μ je lineární součinitel zeslabení definovaný v rovině x, y . Lineární součinitel zeslabení se udává v jednotkách cm^{-1} a pro vodu tento součinitel nabývá hodnoty $\mu=0,19 \text{ cm}^{-1}$. O Housfieldově stupnici je možné říci, že principiálně se jedná o úsečku, která je rozdělena na 4096 kvantovacích hladin, kdy každá odpovídá nějakému stupni denzity. V rámci stupnice jsou definovány dva základní body: -1000 HU a 0 HU. První hodnota odpovídá denzitě vzduchu a hodnota 0 HU vyjadřuje denzitu vody. Obecně můžeme říci, že denzita tkání lidského těla leží v rozmezí hodnot -1000 až 3096 HU. Stupni šedi je umožněna vizualizace rozdílů v denzitě jednotlivých voxelů.[8] [10]

2.5 Princip ALARA

V průběhu vyšetření za použití počítačové tomografie dostává pacient dávky rentgenového záření, které patří mezi ionizující, proto používání této zobrazovací modality není zcela bez následků. Dávka, kterou pacient absorbuje, je relativně vysoká a může vést k mutacím na buněčné úrovni, které mohou vyústit až ke vzniku nádorů. V současné době je tedy v praxi akceptován princip ALARA. Tento název vznikl jako zkratka z: „As low as reasonably achievable,“ což vyjadřuje snahu o maximální snížení dávek záření, které pacient a obsluhující personál dostane, za současného získání ještě diagnosticky plnohodnotných snímků. [8]

2.6 DICOM

Jak již bylo zmíněno, výstupem počítačové tomografie jsou data ve standardizovaném formátu DICOM. Název tohoto datového standartu vychází z anglického „The Digital imaging and communication in medicine.“ Jednotlivé snímky uložené v tomto formátu obsahují hlavičku s údaji o daném pacientovi a vlastní obrazová data. Data jsou následně uložena v informačním systému daného pracoviště a jsou dostupná pro zdravotnický personál. [11]

3. Texturní analýza

3.1 Textura

Textura patří mezi lokální charakteristiky obrazu. Obecně můžeme říci, že textura je nedílnou součástí všech obrazů včetně těch medicínských, na jejímž základě lze v obraze rozeznávat a klasifikovat určité oblasti. Platí, že textury jsou komplexní vzory, které mají charakteristický jas, barvu, tvar a velikost. S pomocí textury můžeme v obraze rozeznávat hranice, hrany, povrchy či jednotlivé struktury. Na základě textury se může radiolog rozhodovat, zda-li se jedná o zdravou či patologickou tkáň. Texturu můžeme popsat jako vzor v obraze, který souvisí s charakteristickými změnami intenzit pixelů. Jednotlivé textury jsou velice různorodé a jednotná definice textury neexistuje. O textuře je možné říci, že je pro ni klíčová pravidelnost opakování určitého vzoru (tento předpoklad však neplatí ve všech případech např. u slabých textur). Tyto opakující se oblasti nazýváme primitiva (v některých zdrojích texony) a jsou charakteristické pro danou texturu. Podle velikosti primitiv je možné textury dělit na hrubé a jemné, na základě pravidelnosti opakování primitiv existuje rozdělení na slabé a silné textury. Silné textury se vyznačují pravidelným uspořádáním jednotlivých primitiv, zatímco slabé textury jsou uspořádané víceméně náhodně. Dále se dají textury rozdělit podle určité směrovosti, kterou v nich můžeme rozeznat. Podle tohoto dělení rozlišujeme textury izotropní (bez směrovosti) a směrové (patrná směrovost uspořádání primitiv). [11] [12] [13]

3.2 Texturní analýza

Jedná se o postup usilující o získání popisu textury, který bude následně dále zpracováván např. v rámci segmentace či klasifikace. Texturní analýza je využívána v mnoha oblastech i při zpracování biomedicínských obrazů. Je možné ji rozdělit do čtyř kategorií: segmentace obrazu, klasifikace obrazu, syntéza textury a získání tvaru z textury. [12] [14] [15]

3.2.1 Klasifikace

Úlohou klasifikace je přiřazení textury do určité třídy, kam na základě vlastních příznaků náleží. Příznakem je myšlena popisná veličina, kterou je daná textura (objekt) charakterizována. Soubory těchto příznaků jsou uspořádány do příznakových vektorů. Obecně platí, že čím větší oblast textury vyhodnocujeme, tím je klasifikace přesnější (zlepšení správnosti klasifikace). Platí však, že čím menší oblast textury zahrneme do

klasifikace, tím je lepší prostorové rozlišení klasifikace. Tu můžeme rozdělit do dvou skupin, kontrolovaná a nekontrolovaná. Tyto skupiny se od sebe liší podle přístupů přiřazování do tříd. U kontrolované klasifikace je nutné předem znát jednotlivé třídy, ke kterým jsou následně textury zařazovány. Nekontrolovaná klasifikace tuto apriorní znalost nepotřebuje, je schopná automaticky odhadnout počet tříd ze vstupních dat (předložených texturních příznaků). [15]

Většina klasifikačních metod se vyznačuje dvěma kroky zpracování dané textury. V prvním kroku je získán vektor příznaků dané textury, který slouží jako vstup pro další krok, čímž je samotná klasifikace. Pro vlastní klasifikaci je však podstatné, aby byly zvoleny příznaky, které jsou relevantní (poskytují informace podstatné pro zařazení do třídy). Teoreticky by mělo platit, že jestliže jsou si dané dvě textury podobné, jsou si podobné i jejich vektory příznaků. Za samotnou realizaci druhého kroku je zodpovědný řídicí algoritmus, který vyhodnocuje danou texturu a podle předložených příznaků ji zařazuje do odpovídající třídy. Vstupem tohoto algoritmu jsou tedy zvolené příznaky a výstupem třída, ke které daná textura náleží. [15]

3.2.2 Segmentace

Texturní segmentace rozděluje obraz do určitých oblastí na základě texturních vlastností, takže v rámci dané oblasti jsou texturní příznaky s určitou tolerancí stejné. Toto rozdělení je však poměrně náročné, protože předem není známo, jaké textury se v obraze vyskytují, jaký je jejich počet ani jejich oblastní výskyt. Pro úlohu segmentace však není potřeba znát apriorní informace o výskytu textur, i bez těchto znalostí je totiž možné oddělit od sebe oblasti, v rámci kterých je textura podobná (s určitou tolerancí homogenní). Podstatné je však určit, jakým způsobem od sebe odlišovat jednotlivé oblasti. [11] [13] [14] [16]

V rámci segmentace můžeme rozlišit dva přístupy, oblastně-orientovaný a hranově-orientovaný. Výstupem prvního je definování oblastí, ve kterých je textura podobná. Ty jsou vždy uzavřené, tudíž rozdílné textury jsou od sebe vždy spolehlivě odděleny. Tento princip funguje na slučování jednotlivých voxelů do malých oblastí. Ty jsou následně také slučovány ve větší celky, pokud je splněna podmínka, že příznaky vyskytující se textury jsou podobné. Nevýhodou tohoto přístupu je nutná apriorní znalost počtu textur v obraze a také nastavení prahu, který slouží k oddělení podobných oblastí od oblastí rozdílných. Druhý přístup je nazýván hranově-orientovaný. Ten je založen na detekci hranic mezi oblastmi, což jsou místa, kde dochází ke změně texturních vlastností. Následně jsou oblasti mezi hranicemi porovnávány, může nastat případ, kdy jsou dvě oblasti na základě texturních vlastností stejné, ale jsou oddělené nějakou hranicí. Tento

přístup má také své výhody i nevýhody. Výhodou je, že nemusíme předem znát počet textur v obraze. Nevýhodou však je, že výsledné hrany nemusí být souvislé – mohou mít trhliny, tudíž jednotlivé oblasti od sebe nebudou spolehlivě odděleny. [11] [14] [16]

3.3 Metody texturní analýzy

Obecně můžeme rozdělit metody texturní analýzy do těchto kategorií:

1. strukturní metody,
2. statistické metody,
3. metody založené na modelech,
4. transformační metody,

kdy každá kategorie má své výhody i nevýhody i využití v rámci texturní analýzy. [17]

3.3.1 Statistické metody

Statistické přístupy k popisu textury se nesnaží popsat hierarchickou strukturu textury, charakterizují texturu nepřímo v rámci vlastností řídících distribuci a vztahy mezi pixely v šedotónovém obraze. Tyto metody dosahují velmi dobrých výsledků v rámci selektivity. Jednou z hlavních definičních vlastností textury je prostorová distribuce stupňů šedi v obraze. Obraz o rozměrech $M \times N$, s G stupni šedi můžeme popsat vztahem (3-1) [11]:

$$I(x, y), 0 \leq x \leq N - 1, 0 \leq y \leq N - 1 \quad (3-1)$$

kde I vyjadřuje jasovou hodnotu pixelu o prostorových souřadnicích x, y . Statistické metody můžeme rozdělit na statistiky prvního řádu a statistiky druhého řádu. [11] [14] [17] [18]

3.3.1.1 Statistické metody prvního řádu

Tyto metody vychází z histogramu daného obrazu – jednotlivé sloupce histogramu reprezentují četnost voxelů o stejné intenzitě (úrovně šedi v šedotónovém obraze). K danému obrazu je tedy přístupováno jako ke statistickému souboru pixelů a jejich vzájemná poloha je naprosto ignorována. Pracujeme tedy pouze s jedinou hodnotou znaku

pro daný objekt a tou je stupeň šedi (či jasová hodnota). Označme si n -tý centrální moment M_n , který je definován vztahem (3-2) [11]:

$$M_n = \sum_{i=0}^{G-1} (x(i) - \mu)^n p(i), \quad (3-2)$$

kde μ značí střední hodnotu, G označuje počet stupňů šedi a $p(i)$ pravděpodobnost, že daný pixel má hodnotu stupně šedi $x(i)$. Přičemž nultý centrální moment se vždy rovná 1 a první centrální moment je roven 0. Druhý centrální moment je označován jako rozptyl, který souvisí kontrastem dané oblasti. Z rozptylu je možné odvodit další míry jako směrodatnou odchylku, definována vztahem (3-3) [11], či relativní hladkost, definována vztahem (3-4). [11] [17] [18]

$$S = \sqrt{M_2} \quad (3-3)$$

$$R = 1 - \frac{1}{1 + M_2} \quad (3-4)$$

Relativní hladkost nabývá hodnot v rozmezí od 0 do 1. Nulovou hodnotu relativní hladkosti má homogenní plocha (rozptyl je v ní nulový), je patrné že s rostoucím rozptylem roste i hodnota relativní hladkosti, která se postupně blíží jedné. [11]

Dále je možné k popisu textury využít koeficient špičatosti K , definován vztahem (3-5) [11], a koeficient šikmosti SK , definován vztahem (3-6).[11]

$$K = \frac{M_4}{S^4} - 3 \quad (3-5)$$

$$SK = \frac{M_3}{S^3} \quad (3-6)$$

K charakterizaci textury se používají i další příznaky jako informační entropie a uniformita. Informační entropii (entropie či průměrná entropie) značíme H a je definována vztahem (3-7)[11]:

$$H = -\frac{1}{\ln 2} \sum_{i=0}^{G-1} h(i) \ln h(i), \quad (3-7)$$

kde $h(i)$ vyjadřuje pravděpodobnost pro i -tý sloupec normovaného histogramu a G označuje počet stupňů šedi.

Uniformita je definována vztahem (3-8) [11]:

$$U = \sum_{i=0}^{G-1} h^2(i), \quad (3-8)$$

kde $h(i)$ vyjadřuje pravděpodobnost pro i -tý sloupec normovaného histogramu a G označuje počet stupňů šedi.

3.3.1.2 *Statistické metody druhého řádu*

Tyto metody využívají texturní příznaky odvozené od koincidenční matice stupňů šedi (z anglického Gray Level Co-Occurrence Matrix – zkráceně GLCM). Jak již bylo zmíněno v předchozí sekci, statistické metody prvního řádu ignorují informaci o vzájemné pozici dvou pixelů, to již u metod druhého řádu neplatí. Statistické metody druhého řádu jsou založeny na pravděpodobnosti výskytu dvou pixelů o stejné intenzitě, jež mají vůči sobě definovanou vzájemnou polohu. [11] [17] [18]

3.3.1.3 *Matice současného výskytu*

Matice současného výskytu (koincidenční matice, „Co-Occurrence matrix“) obsahuje informaci o vzájemném vztahu jasu dvou definovaných pixelů. Tato matice hodnotí stupně opakovaných kombinací jasových intenzit (f, f') pixelů, které se vyskytují ve vzájemně definované poloze – ve vzdálenosti Δr a ve směru ϕ (v kartézské souřadné soustavě může tato vzájemná poloha být definována diferencemi Δx a Δy). Tato poloha může být definována i relativní pozicí druhého pixelu vůči poloze prvního pixelu např. druhý pixel leží těsně vpravo od prvního (v zápise výpočtů koincidenčních matic má tento druhý pixel souřadnice [1,0]). Koincidenční matice je čtvercového tvaru o rozměrech $n \times n$, kde n je počet stupňů šedi v daném obraze, pro který je tato matice počítána. Výpočet probíhá následujícím způsobem – v prvním kroku je definována dvojice pixelů, pro kterou výpočet probíhá. Hodnoty jasu těchto dvou pixelů představují indexy prvku v matici, když dojde k vyčerpání všech možných dvojic pixelů, hodnota indexu se zvýší o jedničku a je hledán výskyt dvojic pixelů o těchto nových jasových intenzitách. Následně se každý prvek matice vydělí součtem všech prvků. Tímto postupem dostane prvek $a_{i,j}$ význam pravděpodobnosti, s jakou se v daném obraze vyskytuje dvojice pixelů (určená vstupním vektorem) s jasovými hodnotami i a j . V rámci vlastního výpočtu matice současného výskytu pracujeme s parametrem d , přičemž tento parametr vyjadřuje

vzdálenost od prvního definovaného pixelu a také směr (definovaný úhlem), ve kterém se druhý pixel nachází. Tento parametr d je možné vyjádřit čtyřmi způsoby: pro úhel $\phi=0^\circ$ je d rovno $(1,0)$, pro úhel $\phi=45^\circ$ $d=(-1,1)$, pro $\phi=90^\circ$ $d=(0,1)$ a pro $\phi=135^\circ$ $d=(-1,-1)$. [11] [14] [17] [18]

Matematicky lze výpočet koincidenční matice pro směrový vektor $d=(\Delta x, \Delta y)$ a obraz o rozměrech $(M+\Delta x, N+\Delta y)$ zapsat následujícím způsobem, vztah (3-9) [11]:

$$GLCM_d[i, j] = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^m \begin{cases} 1: f(p, q) = i \text{ a současně } f(p + \Delta x, q + \Delta y) = j \\ 0: \text{jinak} \end{cases}, \quad (3-9)$$

kde $f(p, q)$ je hodnota jasové intenzity pixelu o souřadnicích p, q , která je rovna hodnotě i , a $f(p+\Delta x, q+\Delta y)$ je jasová hodnota intenzity pixelu na pozici $[p+\Delta x, q+\Delta y]$ a ta je rovna hodnotě j .

Jak již bylo řečeno, koincidenční matice představuje způsob zohlednění i vzájemné polohy pixelů a ne pouze pravděpodobnostního charakteru množiny pixelů v rámci daného obrazu. Matice současného výskytu nachází hlavní uplatnění v rámci klasifikace a segmentace obrazových dat. [11] [17] [18]

Pro každou koincidenční matici (tedy pro daný vektor d) je možné spočítat 14 příznaků (dle Haralicka), tyto příznaky spolu s vzorcem pro jejich výpočet mohou být nalezeny v tomto zdroji [19].

3.3.1.4 „Run-Length“ matice (Matice délky běhů)

Texturní analýza vycházející z „Run-Length“ matice, přesněji šedotónové „Run-Lenght“ matice (Gray Level Run-Length Matrix zkráceně GLRLM), patří ke statistickým přístupům vyššího řádu, protože v průběhu vlastní analýzy dochází k zohlednění vzájemné polohy většího množství pixelů, přičemž v rámci daného obrazu máme N pixelů. Princip této metody je založen na úvaze, že textura může být charakterizována četností a velikostí oblastí s prostorově invariantní hodnotou jasu (v šedotónovém obraze se jedná o oblasti se stejným odstínem šedi), které jsou odhadovány prokládáním obrazu přímkami se směrem θ . Nejčastěji se používají pouze rovnoběžky se souřadnicovými osami popřípadě s osami jednotlivých kvadrantů. V rámci těchto přímek se počítá délka úseků (běhů) stejné jasové intenzity. Výsledné délky běhů se vynášejí do matice o

rozměrech $i \times j$, kde i je počet stupňů šedi v daném obraze a proměnná j je nejdelší souvislý úsek jedné jasové intenzity. Pro daný směr θ je v prvku $\Pi_{i,j}(\theta)$ matice $\Pi(\theta)$ počet souvislých intervalů jasové intenzity i a délky j , které jsou v analyzovaném obraze zachyceny při jeho úplném pokrytí přímkami o zadaném směru θ . [11] [14] [17][20]

Z důvodu závislosti matice absolutních četností $\Pi(\theta)$ je vhodné využívat matici relativních četností $\pi(\theta)$. Tato matice má rozměry $G \times R$, kde G označuje počet stupňů šedi v obraze a R délku nejdelšího souvislého úseku. Matice relativních četností má charakter pravděpodobnostní funkce diskrétního dvojrozměrného náhodného rozdělení, tudíž lze zavést marginální pravděpodobnostní funkce vyjádřené vztahy (3-10) [20] a (3-11) [20]:

$$r_j(\theta) = \sum_{i=1}^G \pi_{i,j}(\theta) \quad (3-10)$$

$$g_i(\theta) = \sum_{j=1}^R \pi_{i,j}(\theta) \quad (3-11)$$

Zatímco u Co-Occurence matice sloužily marginální pravděpodobnosti jako pomocné proměnné k výpočtu některých texturních příznaků, u „Run-Lenght“ matice je možné všechny texturní míry z této matice počítané vyjádřit výhradně pomocí jedné či druhé marginální pravděpodobnostní funkce. Tento fakt v praxi představuje snížení výpočetní náročnosti výpočtu jednotlivých texturních příznaků (všechny vzorce je možné najít v rámci tohoto zdroje [20]). [20]

3.3.2 Strukturní metody

Strukturní přístupy k reprezentaci textury vychází z výskytu primitiv v dané textuře a jejich prostorového uspořádání. Pokud se zabýváme pouze popisem primitiv a ne jejich prostorovým uspořádáním jedná se o mikrotexturní analýzu, v případě makrotexturní analýzy bereme již v potaz prostorové uspořádání primitiv ve větší celky. U strukturních přístupů k analýze textury je však nejprve nutné nalézt a identifikovat všechny typy primitiv, které se v analyzovaném obraze vyskytují. Následně je nutné obraz analyzovat z hlediska prostorového uspořádání již nalezených primitiv. Je zásadní odhalit všechna možná prostorová uspořádání. Výhodou těchto přístupů k popisu textury je, že poskytují dobrý symbolický popis daného obrazu. U přírodních textur (vyskytujících se přirozeně) je však definování tohoto popisu náročné z důvodu vysoké proměnlivosti obou přístupů – mikrotexturní i makrotexturní analýzy, a nejasných hranic mezi těmito přístupy. V

současné době je možné říci, že tyto přístupy mají dobré výsledky v oblasti medicíny. Strukturní metody analýzy byly použity k analýze kostních tkání – odhalení změn v mikrostruktuře kostí, kde se tyto metody ukázaly být účinné [20]. [17]

3.3.3 Mikrotexturní analýza

V rámci tohoto přístupu existuje předpoklad, že analyzovaná textura obsahuje náhodné či pravidelné přechody jasových intenzit, ty nazýváme mikro-prvky (primitiva). Těmito mikro-prvky jsou myšleny hrany, linie nebo shluky bodů, které mají specifickou prostorovou distribuci jasových intenzit. Informace o těchto lokálních prvcích mohou být získány konvolucí obrazu maskami, které představují model vzorů zmíněných primitiv. Konkrétně se jedná o směrové masky (rotované impulsní charakteristiky) lineárních filtrů aproximujících první a druhé derivace. Těmito maskami jsou myšleny masky odvozené K. I. Lawsem, které jsou definovány pro dvojrozměrný i třírozměrný prostor (v některých zdrojích jsou tyto masky brány jako speciální filtry). Tato metoda s využitím konvoluce Lawsovými maskami je založena na texturních energetických transformacích aplikovaných na obraz k odhadu energie v oblastech, ve kterých dochází ke konvoluci s filtry. Všechny používané masky byly odvozeny od vektorů v jednorozměrném prostoru, přičemž tyto vektory mohou být složeny ze tří nebo pěti prvků. Výsledné masky v dvojrozměrném prostoru vznikají roznásobením všech vektorů (vždy pouze v rámci tří prvkových vektorů nebo pěti prvkových vektorů) z nichž jeden je vždy transponovaný (otočený o 90°). Obdobným způsobem lze vytvořit masky i pro trojrozměrný prostor, přičemž je možné vytvořit 27 popřípadě 125 masek (v závislosti na velikosti vektorů použitých pro jejich vytváření). Seznam všech vektorů a jejich kombinací pro vytvoření masek v 2D i 3D prostoru jsou uvedeny v rámci tabulek: Tabulka A-1, Tabulka A-2, Tabulka A-3 a Tabulka A-4. Jednotlivé vektory slouží k zvýraznění či získání jiných parametrů daného obrazu. Přičemž vektory řady L slouží k určení průměrného stupně šedi, vektory řady E k získání hranových prvků, vektory řady S slouží k získání (zvýraznění) skvrn, vektory řady W slouží k zvýraznění vln v obraze a vektory řady R slouží k zvýraznění vlněk. Z prvků jednotlivých vektorů je patrné, že pouze vektory řady L (L_3 a L_5) mají nenulové sumy hodnot. [11] [17] [18] [20]

3.3.4 Spektrální analýza

Spektrální analýza spočívá ve využití diskrétní Fourierovy transformace (dána vztahem (3-12)[11]), kterou získáme informace o spektrálních vlastnostech dané oblasti

obrazu. Výstupy této transformace jsou komplexního charakteru. Na základě těchto komplexních koeficientů je možné získat informace o fázi (definovaná jako úhel komplexního čísla) a amplitudě (získaná pomocí absolutní hodnoty) dané oblasti textury. Tyto parametry mohou být dále využity k výpočtu výkonu (definován jako amplituda umocněná na druhou) či k získání informací o lokálních vlastnostech spektra v daných frekvenčních pásmech, čímž je možné získat další důležité příznaky pro texturní analýzu. [11] [12]

$$DFT\{f_n\} = F(\omega) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} f_n e^{-j\omega nT}, \quad (3-12)$$

kde ω vyjadřuje frekvenci, n počet vzorků, T periodu vzorků.

3.3.5 Ostatní metody

Metody založené na modelech používají stochastické a fraktální modely k interpretaci struktury obrazu – získání modelu daného obrazu. Takto získané odhady parametrů modelu jsou následně použity k analýze daného obrazu. V praxi je však použití stochastických modelů velice výpočetně náročné, z tohoto důvodu se více používají fraktální modely. Fraktální modely se ukázaly být vhodné k modelování modelů přírodních struktur. Tyto modely však postrádají informace o prostorové selektivitě, z tohoto důvodu jsou tudíž nevhodné pro popis lokálních struktur obrazu.[17]

Transformační metody, kam patří již zmíněná spektrální analýza, využívají k texturní analýze různé tyto transformací, těmito transformacemi jsou Fourierova, Gaborova a vlnková transformace. Tyto operace reprezentují obraz v rozměru, jehož souřadný systém má interpretaci blízkou charakteristice textury (např. frekvence nebo velikost). Tyto přístupy nám tedy poskytují informace o frekvenční a prostorové doméně daného obrazu, přičemž vlastnosti obou domén mohou být použity k filtraci obrazu a získávání podstatných informací. Metody založené na Fourierově transformaci mají v praxi špatné výsledky, protože poskytují málo informací o prostorové lokalizaci. Gaborovy filtry poskytují prostředky pro lepší prostorovou lokalizaci. Jejich použitelnost je však v praxi limitována, protože je potřeba použít více filtrů, abychom získali výsledek, v rámci kterého můžeme lokalizovat prostorové struktury v přírodních texturách. Oproti tomu má vlnková transformace řadu výhod:

- změny prostorového rozlišení umožňují reprezentovat textury na nejhodnějším měřítku,

- je dostupná celá řada možností pro vlnkovou transformaci, proto je možné zvolit takové vlky (nastavení), které se hodí pro texturní analýzu v konkrétním případě,

kvůli nimž je vlnková transformace vhodná pro texturní segmentaci. Tato transformace má však u své nevýhody, je totiž translačně-invariantní. [17] [22]

Do těchto metod spadá i „Multi-channel“ filtrace (multi-kanálová), přičemž tento princip se zdá být velice vhodnou deterministickou metodou pro texturní analýzu. Některé z realizací této metody jsou založené na „Gaussovsko-Markovových“ texturních modelech (modely náhodných polí). Další realizace využívají autoregresní modely (Autoregressive models – AR modely) nebo hybridní přístupy, které kombinují statistické a strukturní techniky. [17] [22]

4. Shluková analýza

Shluková analýza je postup, pomocí něhož objektivně seskupujeme jedince do skupin na základě jejich vzájemných podobností a rozdílností. Obecně můžeme říci, že shlukování je seskupování podobných objektů. Při vlastním seskupování objektů do shluků, se snažíme dosáhnout stavu, aby si členové shluku byly vzájemně podobní a zároveň si nebyly příliš podobní s objekty v jiných shlucích (mimo shluk ke kterému byly zařazeny). Shluková analýza probíhá vždy na množině objektů, přičemž každý objekt je definován pomocí množiny příznaků (charakterizujících znaků), a platí, že počet příznaků je stejný pro každý objekt. [23]

Podle hranic mezi shluky můžeme shlukování dělit na tvrdé a měkké (fuzzy). Tvrdé shlukování je možné dále dělit na nehierarchické a hierarchické, které se dále dělí na divizní a aglomerativní. O hierarchické shlukové analýze je možné říci, že výsledkem je systém skupin a podskupin s tím, že každá skupina může obsahovat několik podskupin nižšího řádu a sama může být součástí skupiny vyššího řádu. Přičemž výsledek se dá graficky znázornit pomocí dendrogramu (vývojového stromu). Mezi metody tohoto typu shlukové analýzy patří například metoda UPGMA (zkratka pro „Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean“). Nehierarchická shluková analýza rozdělí objekty do několika shluků stejného řádu. Tento typ shlukování se využívá v případech, kdy data nevykazují hierarchickou strukturu a navíc jsou objemná. Metodou nehierarchické shlukové analýzy je algoritmus k-průměrů (k-means), přičemž u tohoto postupu je vždy nutné určit počet shluků. Obecný postup shlukové analýzy se dá rozdělit do několika kroků: získání matice dat (změření či určení příznaků), standardizace matice dat, výpočet matice podobností (nebo vzdáleností mezi objekty např. Euklidovská vzdálenost), realizace shlukové metody, přerovnání dat a matice podobností a v posledním kroku výpočet korelačního koeficientu pro hodnoty z matice vzdáleností a matice vzdáleností odvozených z dendrogramu (vyjadřuje zkreslení vzniklé vytvořením dendrogramu). [23] [24]

4.1 K-means

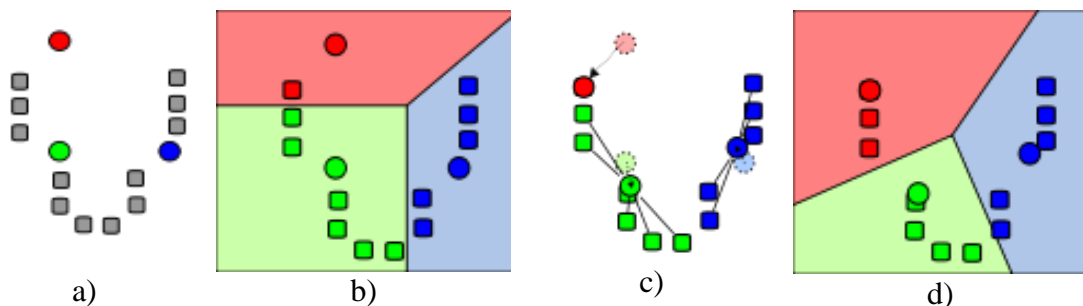
Metoda k-means patří do metod nehierarchické shlukové analýzy a je vhodná pro data, která nevykazují hierarchickou strukturu nebo jsou objemná. Vlastní dělení probíhá do shluků o stejném řádu, přičemž počet shluků je nutné zvolit před zahájením algoritmu shlukování. Tento zvolený počet shluků musí být vždy menší než počet shlukovaných objektů. Hlavním cílem je vytvoření takových skupin v mnohazměrném prostoru, pro

kteří platí, že je mezi nimi největší vnitroskupinová podobnost. Výsledkem by měly být shluky, které jsou od sebe co nejvíce odděleny. [24] [25] [26]

K-means shlukování probíhá tak, že v prvním kroku je mezi vstupními objekty (data) náhodně zvoleno K iniciačních centroidů (K – počet shluků, do kterých má proběhnout dělení), přičemž centroidem je myšlen střed shluku. K těmto iniciačním centroidům jsou postupně přiřazovány objekty na základě jejich Euklidovské vzdálenosti. Objekt je přiřazen k centroidu, ke kterému má nejmenší Euklidovskou vzdálenost. Probíhá tedy výpočet vzdáleností jednotlivých objektů ke všem centroidům a to dle následujícího vzorce [23]:

$$C_E(a, b) = |a - b| = \sqrt{\sum_{i=1}^N (a_i - b_i)^2} \quad (4-1)$$

kde a vyjadřuje souřadnice objektu a b souřadnice centroidu (rozdíl probíhá zvlášť pro jednotlivé souřadnice). Následně je objekt přiřazen k centroidu, ke kterému má Euklidovskou vzdálenost nejmenší. Tímto způsobem jsou všechny objekty přiřazeny k nějakému centroidu a vznikne K shluků. Následně je proveden přepočít souřadnic všech centroidů. Nové souřadnice jsou určeny jako průměrné souřadnice objektů zařazených k danému centroidu (jednotlivé souřadnice jsou sečteny a poděleny počtem objektů zařazených do shluku). V dalším kroku probíhá znovu zařazování objektů k těmto nově vzniklým centroidům a to stejným způsobem jak v kroku předcházejícím, přičemž objekt může zůstat zařazen k vlastnímu centroidu a nebo být zařazen do jiného shluku. Toto zařazování objektů a přepočít souřadnic centroidů probíhá do té doby, dokud se už počet objektů zařazených k jednotlivým centroidům nemění (nemění se tedy ani souřadnice centroidů), celý proces je tedy iterativní. V daný moment je algoritmus ukončen a výsledkem je K shluků, ke kterým jsou zařazeny vstupní objekty. Graficky je celý postup znázorněn na obrázku: Obrázek 4-1. [23] [24] [25] [26] [27]



Obrázek 4-1: Princip shlukové analýzy a) Iniciační centroidy; b) Zařazení objektů k iniciačním centroidům; c) Centroidy o nových souřadnicích; d) Zařazení objektů k novým centroidům

5. Statistika

5.1 Korelační analýza

Korelační analýza je statistickou metodou, která je využívána pro vyhodnocení stupně podobnosti mezi dvěma proměnnými. Tato podobnost je vyjádřena v rámci tzv. korelačních koeficientů, které náleží do intervalu od -1 do 1. Pokud se korelační koeficient blíží 1 popřípadě -1, znamená to, že dané veličiny jsou na sobě silně lineárně závislé. V praxi je možné provést výpočet Pearsonova korelačního koeficientu popřípadě Spearmanova korelačního koeficient, který je neparametrický (pracuje s pořadím hodnot), a proto je odolný vůči odlehlým hodnotám. Tento vztah mezi proměnnými je možné posoudit i graficky např. vyhodnocením závislosti proměnných v bodovém grafu, přičemž posouzení podobnosti tímto způsobem je velmi subjektivní. [28] [29]

5.2 Analýza hlavních komponent

Analýza hlavních komponent nebo také PCA (z anglického „Principal component analysis“) je statistickou metodou, která patří do metod ordinační analýzy (vícerozměrné statistické metody). Cílem PCA je analýza variability a vztahů mezi spojitými (popřípadě diskrétními) proměnnými. Je snaha o snížení počtu znaků (snížení dimenze) bez významné ztráty informací. Metoda je vhodná pro hledání neredundantních proměnných, které mohou následně sloužit jako vstupy pro další analýzy. Konkrétně dochází k rozložení korelovaných proměnných (matice dat) do hlavních komponent (faktorových os), přičemž každé komponentě je přiřazena hodnota, která odpovídá vyčerpané variabilitě touto komponentou. Jedná se o lineární kombinace původních proměnných, které vytváří dané komponenty. První hlavní komponenta vyčerpává nejvíce z celkové vyčerpané variability. Každá komponenta obsahuje všechny vstupní proměnné, ale každá je násobená jiným koeficientem. Tento koeficient udává míru, jakou měrou vstup přispívá do vyčerpané variability dané komponenty. Proměnné, které z tohoto hlediska nejsou relevantní, přispívají malou měrou k celkové vyčerpané variabilitě. [30] [31] [32]

Výpočet PCA je založen na korelačních/kovariančních maticích, přičemž dochází k výpočtu vlastních vektorů a čísel daného typu matice. Volba typu matice vychází ze vstupních dat. Pokud se jedná o data, která nejsou ve stejných jednotkách, je nutné použít korelační matici. Kovarianční matici je možné použít, pokud se jedná o data, která mají stejnou jednotku. Výstupem vlastní analýzy jsou již zmíněné vlastní vektory (eigenvector) a vlastní čísla (eigenvalues), přičemž osa PCA je přímo definována

vlastními vektory, které musí být ortogonální, čímž se PCA odlišuje např. od kanonické analýzy. V dalším kroku je nutné identifikovat optimální počet faktorových os, což je možné na základě těchto kritérií: Kaiser Guttmanovo kritérium, Scree plot či na základě Sheppard diagramu. V případě Kaiser Guttmanova kritéria probíhá výběr komponent, které mají vlastní číslo větší jak jedna, popřípadě větší jak průměrné eigenvalue. V rámci Scree plotu je zobrazena vyčerpaná variabilita jednotlivými faktorovými osami a je hledán zlom mezi vztahem počtu os a právě vyčerpané variability. Na základě těchto kritérií dochází ke snížení počtu dimenzí původních dat, přičemž optimální počet dimenzí jsou dvě popřípadě tři a to kvůli možnému zobrazení, kdy čtvrtou dimenzi již není možné zobrazit. [30][31] [32]

5.3 Diskriminační analýza

Diskriminační analýza patří stejně jako PCA mezi statistické metody náležící do ordinační analýzy. Cílem je nalezení proměnných (příznaků), které dokáží nejlépe diskriminovat mezi předem zvolenými skupinami (kategoriemi – např. tkáně). Je nutné tedy nadefinovat kategorie, které mají příznaky rozlišit. Dalším možným využitím této analýzy je klasifikace objektů do skupin. Podle typu vztahu mezi proměnnými je možné odlišit diskriminační analýzu lineární a kvadratickou. U lineární analýzy platí předpoklad o lineární závislosti mezi proměnnými, je tedy možné jejich oddělení podél přímky ve vícerozměrném prostoru. Podle účelu je možné rozlišit kanonickou diskriminační analýzu a klasifikační diskriminační analýzu. Kanonická analýza se provádí za účelem identifikace proměnných důležitých pro diskriminaci. U klasifikační analýzy je snaha o klasifikaci objektů do skupin. [33] [34]

Vlastní kanonická analýza probíhá tak, že prvním kroku se testují významnosti rozdílů v hodnocených proměnných mezi danými kategoriemi objektů. Následně probíhá vlastní diskriminační funkce, kdy na základě lineární regrese je hledána kombinace proměnných, které nejlépe odlišují mezi jednotlivými kategoriemi. Prakticky dochází k vybírání proměnných na základě jejich diskriminační síly (schopnosti odlišit), proměnné s velkou diskriminační silou jsou zařazovány do modelu. V případě, že se vyskytnou dvě korelované proměnné se stejnou diskriminační silou, je do výsledného modelu zařazena pouze jedna z nich. Tuto eliminaci vstupů je možné provádět dopředně i zpětně (forward /backward stepwise). U dopředné eliminace jsou proměnné do modelu postupně přidávány. V prvním kroku je vybrán vstup s největším významem pro diskriminaci mezi skupinami a postupně jsou k němu přidávány další proměnné, dokud není dosaženo stavu, kdy již nedochází k vylepšení diskriminační schopnosti modelu. U

zpětné eliminace probíhá postup obdobně, akorát jsou postupně ubírány proměnné s nejmenší diskriminační schopností. [33]

6. Návrh vlastní metody

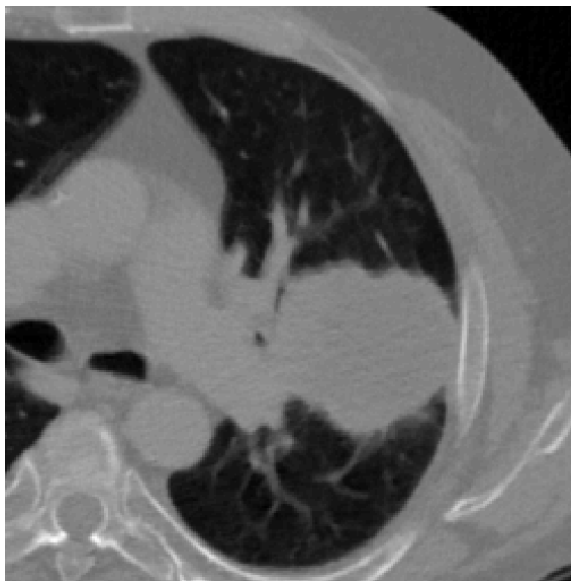
V rámci vlastní realizace je navržená metoda aplikována na reálná patientská data ve formátu DICOM, přičemž tyto data jsou anonymní a jsou označena pouze číslem. U těchto anonymních pacientů jsou patrné nálezy nádorové tkáně v oblasti plic a z tohoto důvodu jsou tyto CT data využívána. Data obsahují větší počet sekvencí, přičemž nejlepší pro vlastní zpracování jsou data postkontrastní. Jedná se o data, která vznikla snímáním akviziční scény po aplikaci kontrastní látky do krevního oběhu daného pacienta. Tato sekvence je zvolena kvůli předpokladu, že u těchto dat bude snazší detekce viabilních úseků. To jsou rostoucí oblasti nádoru, kde je vysoká úroveň metabolismu, z tohoto důvodu potřebují vysoké krevní zásobení (přísun živin pro vlastní růst). Návrh vlastní metody je možné rozdělit na tři dílčí bloky: získání vektoru příznaků, redukce vektoru příznaků a klasifikace, přičemž celé zpracování probíhá v trojrozměrném prostoru. V rámci těchto bloků je získán vektor příznaků, který je následně redukován o nerelevantní příznaky, a výsledné relevantní příznaky jsou vstupem klasifikátoru, kterým je shluková analýza, konkrétně je použita metoda k-means. Celé zpracování navržené vlastní metody bylo provedeno v programovacím prostředí Matlab® s využitím funkcí, které jsou součástí nadstandardních knihoven anebo volně přístupných na internetu.

6.1 Získání vektoru příznaků

Pro vlastní realizaci byla zvolena obrazová data od pacienta, u kterého dosahuje oblast nádoru relativně velkých rozměrů a jsou v ní dobře patrné viabilní úseky. Jak již bylo zmíněno celé zpracování probíhá v trojrozměrném prostoru, kdy z původních dat byl v z rovině zvolen výřez široký 10 řezů, který obsahuje prostřední část oblasti nádoru. Z důvodu snížení výpočetní náročnosti byl získání vektoru příznaků realizován na výřezu z původních obrazových dat, který je patrný na obrázku: Obrázek 6-1. V rámci tohoto výřezu jsou stále patrné všechny typy tkání, u kterých se usilovalo o jejich odlišení na základě texturních příznaků. Těmito tkáněmi jsou: nádorová, srdeční, mezižební, plicní a tkáň viabilních úseků nádoru.

Vlastní vektor příznaků byl získán na základě metod texturní analýzy, které byly popsány v předchozích kapitolách. Konkrétně byly využity statistické metody prvního i druhého řádu, mikrotexturní analýza a spektrální analýza. Na jejich základě bylo pro

každý voxel obrazu získáno 171 příznaků (seznam všech příznaků je uveden v tabulce: Tabulka A-5), přičemž je nutné zmínit, že ne všechny z těchto příznaků byly relevantní pro následnou klasifikaci. Příznak byl vždy počítán pro daný voxel a to z určitého okolí ohraničeného krychle. To bylo zrealizováno posouváním krychle po celém obrazu, kdy v rámci dané pozice této krychle byla vždy vypočítána hodnota příznaku a uložena na prostřední prvek krychle v dané pozici. Konkrétně se jednalo o krychle o hraně délky 5 voxelů (přičemž u spektrální analýzy byla použita krychle o hraně délky 9 voxelů), kdy tato krychle o hraně 5 voxelů ohraničovala vždy oblast obsahující 25 voxelů. Tato krychle představuje 3D lokální operátor o rozměrech $5 \times 5 \times 5$ (pro spektrální analýzu $9 \times 9 \times 9$). Ukládáním příznaku vždy na prostřední prvek krychle, dochází k jistému zkrácení (změně rozsahu) obrazu. To je způsobeno tím, že parametrický obraz, v rámci kterého můžeme rozeznat daný vypočtený příznak, má menší rozměry oproti vstupnímu obrazu (vstupní obraz: $250 \times 250 \times 10$; výstupní parametrický obraz pro použitou masku o hraně 5 voxelů: $246 \times 246 \times 6$). Bylo by možné vstupní obraz doplnit nulami, čímž by výsledný parametrický obraz měl rozměry jako původní obrazová data, ale hodnoty na okrajích by byly zkreslené vlivem doplněných nul. Pro správnost výpočtu příznaků je však nutné zahrnout dostatečně velký počet voxelů, proto byla zvolena krychle o hraně délky pět voxelů (u spektrální analýzy krychle o hraně 9 voxelů). V následujících sekcích bude popsán získání příznaků na základě zvolených metod texturní analýzy.



Obrázek 6-1: Obrazová data použitá pro texturní analýzu

6.1.1 Statistické metody prvního řádu

Na základě statistických metod prvního řádu bylo získáno 7 příznaků (viz. Tabulka A-5). Pro jejich získání byly využity funkce obsažené ve statistickém toolboxu, přičemž výpočet probíhal s využitím lokálních nelineárních 3D filtrů s velikostí masky $5 \times 5 \times 5$.

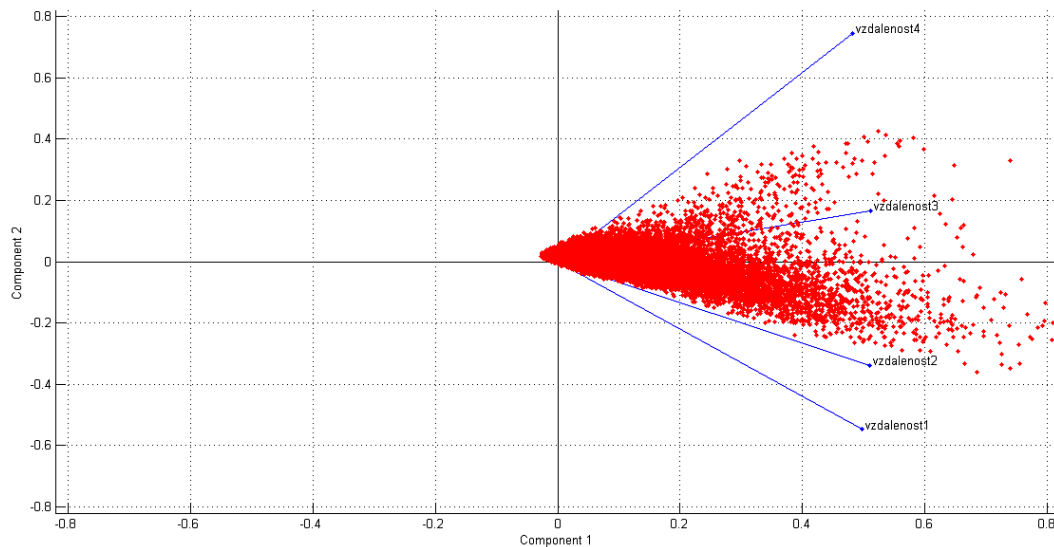
6.1.2 Statistické metody druhého řádu – „Co-occurrence matrix“

Získání příznaků na základě metody koincidenční matice probíhá ve dvou krocích, kdy v prvním kroku je vytvořena daná matice a z ní jsou následně počítány jednotlivé příznaky. Pro vytvoření matice současného výskytu, vždy pro danou oblast z obrazu vymezenou krychlí o hraně pět voxelů, byla využita funkce `cooc3d` [35]. Výstupní „co-occurrence matrix“ sloužila jako vstup pro funkci `GLCM_FEATURES4` [36], jejímž výstupem je 16 texturních příznaků publikovaných Haralickem [19]. Jak z teorie matic současného výskytu vyplývá, jsou pro každou vytvářenou matici možná různá nastavení. Tím je myšleno, v jakém směru se hledá voxel o stejné jasové intenzitě a jakou má mít vzdálenost od výchozího voxelu. Pro využívanou funkci `cooc3d` je možné zvolit libovolnou vzdálenost a pro ni je možné vybrat jeden ze třinácti směrů.

Vhodné nastavení těchto parametrů pro náš případ bylo zjištěno s využitím korelační analýzy a analýzy hlavních komponent. Byly vypočteny příznaky pro vzdálenosti od 1 do 4 a to vždy pro všechny směry. Následně byly tyto příznaky podrobeny analýze. Na základě korelační analýzy bylo zjištěno, že u všech vzdáleností mezi sebou jednotlivé směry velmi silně korelují a to konkrétně s korelačním koeficientem vyšším než 0,95 (korelační matici pro vzdálenost 1 a všechny směry je možné vidět v rámci tabulky: Tabulka A-6). To souvisí se zjištěnou skutečností, že v rámci oblasti nádoru není možné rozeznat nějakou texturní směrovost. Na základě těchto výsledků byl zvolen směr 0° vůči ose x (v zápise koincidenčních matic $[0 \ 1 \ 0]$). Vhodná hodnota parametru vzdálenosti byla určena na základě analýzy hlavních komponent, kdy vstupem do této analýzy byl zvolený příznak, vypočtený pro směr 0° vůči ose x a pro všechny vzdálenosti. Z výstupu PCA konkrétně pro vstupní příznak energie bylo patrné, že první dvě hlavní komponenty vyčerpávaly skoro 99% z vyčerpané variability (z toho první hlavní komponenta vyčerpávala 92,9%). Z následně vytvořeného biplotu (

Obrázek 6-2) vyplývá, že do vyčerpané variability první hlavní komponentou přispívaly jednotlivé vzdálenosti přibližně stejnou měrou (rozdíly v rámci setin). Do vyčerpané variability druhou hlavní komponentou (ta vyčerpávala přibližně 6% vyčerpané variability) přispívala nejvíce vzdálenost 4, což souvisí s tím, že s větší

vzdáleností je vyčerpáno více variability. Na základě této analýzy byla pro výpočet příznaků zvolena vzdálenost 1, protože byl brán hlavně zřetel na vyčerpanou variabilitu první hlavní komponentou, kde mezi vzdálenostmi nebyly větší rozdíly v přispívané variabilitě. Koincidenční matice s takto zvoleným nastavením parametrů sloužily jako vstup pro výpočet již zmíněných 14 příznaků pro každý voxel.



Obrázek 6-2: Biplot vyčerpané variability mezi jednotlivými vzdálenostmi u matice současného výskytu

6.1.3 Statistické metody druhého řádu – Run-length matice

Výpočet texturních příznaků na základě „run-length matrix“ probíhal obdobným způsobem jako při získání příznaků na základě matic současného výskytu. Nejprve bylo nutné pro danou oblast obrazu, ohraničenou 2D maskou o rozměrech 5×5 voxelů, vytvořit matici délky běhů, která následně sloužila jako vstup pro výpočet texturních příznaků. Daná matice byla vždy získána pomocí funkce `grayrlmatrix` [37] a sloužila jako vstup pro funkci `grayrlprops` [38], jejímž výstupem je 11 příznaků (definovaných v rámci tohoto zdroje [20]). Pro vytvoření matice bylo vždy nutné nastavit určité parametry, konkrétně nastavení počtu úrovní šedi v dané oblasti a úhel mezi osou x a přímkou prokládanou obrazem (v rámci této přímky je hledán nejdelší úsek s neměnnou jasovou intenzitou). Počet kvantovacích hladin byl pro danou oblast stanoven experimentálně. Směr přímky mohl být nastaven čtyřmi způsoby a to úhly: 0° , 45° , 90° nebo 135° . Vhodné nastavení bylo zjištěno na základě korelační analýzy, kdy vstupem byly jednotlivé příznaky vypočtené pro všechny volitelné směry. Na základě této analýzy bylo zjištěno, že u 6 z 11 příznaků docházelo k silné korelaci příznaků s korelačním koeficientem vyšším jak 0,85 mezi jednotlivými směry. Z tohoto důvodu bylo zvoleno nastavení pro směr 0° vůči ose x (kvůli výpočetní náročnosti byl zvolen pouze jeden směr). S takto určeným nastavením

byly pro dané oblasti vytvářeny matice délky běhů, ze kterých byly počítány texturní příznaky.

6.1.4 Mikrotexturní analýza

Texturní příznaky na základě mikrotexturní analýzy byly získány konvolucí obrazových dat s Lawsovými maskami. Konkrétně byly využity masky vytvořené z pětiprvkových vektorů (seznam vektorů: Tabulka A-1), přičemž tyto trojrozměrné masky vznikly na základě kombinací těchto vektorů (kombinace vektorů pro vznik masek $5 \times 5 \times 5$ v 3D prostoru: Tabulka A-4). Konvolucí těchto 125 masek s obrazem získáme parametrické obrazy reprezentující např. lokální váhovaný průměr (první maska), aproximace první derivace v horizontálním směru (druhá maska), přičemž všechny tyto příznaky souvisí s texturní směrovostí v daném vstupním obraze. Z důvodu zachování stejných rozměrů texturních příznaků byly výsledné parametrické rozměry oříznuty na rozměry $246 \times 246 \times 6$.

6.1.5 Spektrální analýza

Získání příznaků s využitím spektrální analýzy byl realizován pomocí Fourierovy transformace, přičemž díky Matlabovské funkci `fft` je možné získat spektrální koeficienty rychlou n -dimenzionální Fourierovu transformací. Vstupem pro tuto funkci byla vždy oblast ze vstupních obrazových dat ohraničená krychlí o hraně 9 voxelů (kvůli dosažení korektních výsledků je nutné zahrnout větší počet voxelů pro výpočet zmíněné transformace) a následně získané příznaky (výkon, relativní výkon) byly opět ukládány na centrální prvek lokálního operátoru. Kvůli tomu bylo nutné (z důvodu zachování stejných rozměrů výstupů jako u předchozích analýz), aby vstupní obrazová data byla větších rozměrů než v předcházejících případech (byla načtena větší oblast ze vstupních sekvenčních dat).

Na základě Fourierovy transformace jsou získány koeficienty s komplexním charakterem a to v rámci výstupu o zvolených rozměrech, kdy použitá funkce umožňuje výpočet libovolného počtu spektrálních koeficientů (v našem případě byly zvoleny rozměry výstupu $21 \times 21 \times 21$). Následnými úpravami je získáno z výstupu amplitudové spektrum. To je získáno výpočtem absolutní hodnoty z výstupu, ve kterém jsou nejnižší frekvence soustředěny do středu a nejvyšší frekvence jsou v rozích krychle, čehož bylo dosaženo pomocí funkce `fftshift`. Ze získaného amplitudového spektra je umocněním na druhou získáno výkonové spektrum pro všechny frekvence. Informace o výkonu pro jednotlivá frekvenční pásma je získána roznásobením výkonového spektra binárními

maskami. Bylo vytvořeno šest binárních masek, pro šest frekvenčních pásem, přičemž šířka pásem se zvětšuje od nejnižších frekvencí po nejvyšší, kde je šířka pásma největší. Výkonové spektrum bylo vynásobeno danou binární maskou a následně byla provedena suma výstupu, čímž je získána hodnota výkonu pro zvolené frekvenční pásmo v dané oblasti obrazu. Dalšími získanými příznaky jsou hodnoty relativního výkonu pro zvolená frekvenční pásma, které byly vypočteny jako podíl průměrné amplitudy ve zvoleném pásmu a průměrné amplitudy v ostatních pásmech (realizováno opět s využitím binárních masek). Informace o výkonu (i relativním výkonu) pro vysoké frekvence jsou výrazně ovlivněny obsaženým šumem. Celkově je na základě spektrální analýzy získáno 12 texturních příznaků a to pro 6 frekvenčních pásem.

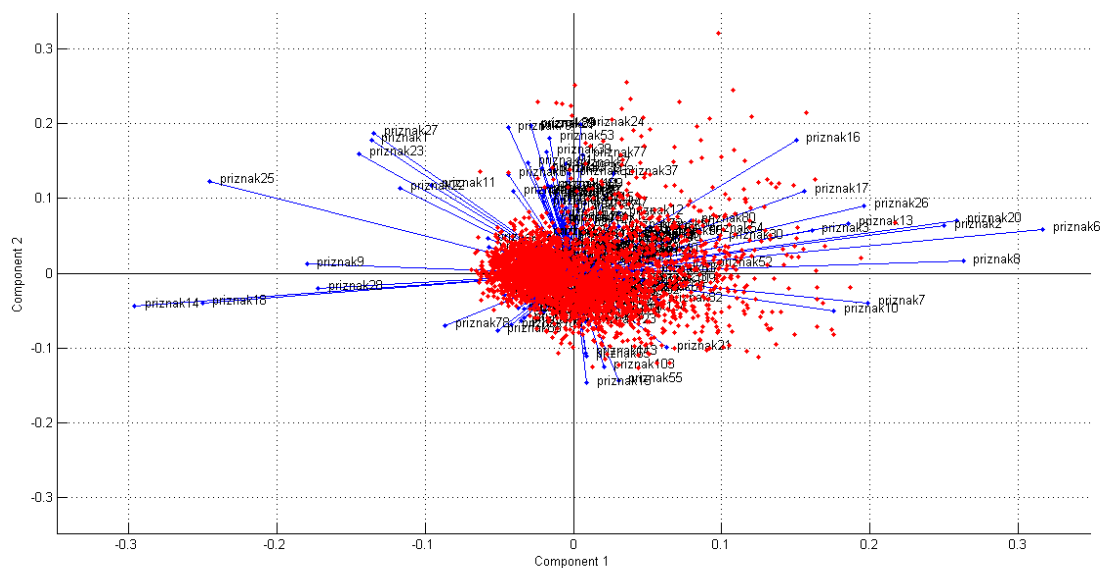
6.2 Redukce příznaků

Jak již bylo zmíněno, celkově bylo pro každý voxel získáno 171 příznaků (viz tabulka: Tabulka A-5), kdy každý příznak je možné rozeznat v rámci svého parametrického obrazu, které společně tvoří parametrický prostor. Z celkového počtu příznaků nejsou však všechny relevantní pro následnou klasifikaci, což bylo zjištěno v následující analýze. Vektor příznaků obsahuje kromě relevantních příznaků i příznaky redundantní, které mohou negativně ovlivňovat klasifikaci příznaků a to falešným zařazením voxelů do skupin. Z tohoto důvodu musel být vektor příznaků zredukován pouze na příznaky, které jsou relevantní pro následnou klasifikaci. Tato redukce příznaků byla provedena dvěma způsoby. Prvním na základě korelační analýzy a následně s využitím analýzy hlavních komponent a druhým bylo využití diskriminační analýzy. Tato redukce proběhla přímo na texturních příznacích pro tkáně, které bylo úkolem odlišit (srdeční, tuková, plicní a nádorová tkáň, viabilní nádorová tkáň a tkáň mezižeberního svalstva). Z původního obrazu (upraveného na velikost parametrických obrazů) byly zjištěny pozice voxelů jednotlivých typů tkání a na jejich základě byly tyto tkáně vyindexovány pro všechny příznaky. Z důvodu korektnosti bylo nutné zahrnout dostatečný počet voxelů pro každou tkáň, konkrétně bylo pro každou tkáň zahrnuto 864 voxelů.

Korelační analýze byly postupně podrobeny příznaky z jednotlivých metod texturní analýzy a následně zbylé příznaky ze všech metod dohromady. Na základě této analýzy byly hledány příznaky, které spolu korelovali a to s korelačním koeficientem vyšším jak 0,85. Hodnota tohoto hraničního koeficientu byla zvolena tak, aby bylo možné najít pouze příznaky, které spolu opravdu silně korelovali (odstraněním příznaků, které spolu korelovali s nižším koeficientem, by mohlo vézt ke ztrátě informace pro následnou klasifikaci). V případě, že spolu příznaky silně korelovaly, byl z dané skupiny ponechán

po následnou klasifikaci pouze jeden příznak. Touto redukcí korelujících příznaků se jejich celkový počet snížil na 151 z původních 171. V rámci mikrotextutní analýzy k žádné redukci příznaků nedošlo. Žádné příznaky spolu silně nekorelovali, což souvisí s tím, že tyto příznaky se vztahují k jiným směrům a vlastnostem ve vstupním obraze. Zredukovaný počet příznaků byl následně znovu podroben korelační analýze tentokrát jako celek. Bylo zjištěno, že k mnoha silným korelacím již mezi příznaky nedochází, proto byl ponechán počet příznaků 151. V sekci přílohy jsou uvedeny tabulky s korelačními koeficienty mezi příznaky pro dílčí metody, ve kterých došlo ke zmíněné redukci (Tabulka A-7, Tabulka A-8, Tabulka A-9, Tabulka A-10, Tabulka A-11).

Zredukovaný vektor příznaků byl následně podroben analýze hlavních komponent. Z výstupu této analýzy bylo patrné, že první dvě hlavní komponenty vyčerpávají přibližně 9,6% z celkové vyčerpané variability. Na základě biplotu vyčerpané variability (Obrázek 6-3) těmito dvěma faktorovými osami se nedalo rozhodnout o další redukci příznaků (všechny příznaky přispívaly omezenou mírou do vyčerpané variability a tyto jejich příspěvky se výrazně nelišily). Seznam zredukovaných příznaků na základě korelační analýzy a analýzy hlavních komponent je možné najít v sekci přílohy v rámci tabulky: Tabulka A-12.



Obrázek 6-3: Biplot vyčerpané variability pro 151 příznaků získaných redukcí na základě korelační analýzy

Další redukce vektoru příznaků byla provedena na základě diskriminační analýzy, konkrétně byla využita lineární diskriminační analýza s dopřednou eliminací vstupů. Relazice proběhla s využitím funkce pro lineární regresi ze statistického toolboxu,

přičemž vstupem této analýzy byl vektor příznaků (171 příznaků) pro jednotlivé tkáně a byly hledány příznaky, na jejichž základě lze tyto tkáně odlišit. Pomocí této analýzy byl vytvořen model, který vysvětloval 39% z celkové variance. Výstup konkrétně obsahoval 53 (seznam těchto vybraných příznaků: Tabulka A-13) z celkových 171 příznaků, které společně vytvořily model s největší diskriminační silou pro odlišení požadovaných tkání. Jako první byl do vzniklého modelu přidán příznak LRE (z anlinglického „Long Run Emphasis“), jedná se tedy o příznak s největší diskriminační silou. Konkrétní parametry tohoto vzniklého modelu jsou uvedeny v tabulce: Tabulka 6-1. Přičemž tento výsledný model vznikl na hladině významnosti 0,05 pro zařazení do modelu a na hladině významnosti 0,1 pro vyřazení příznaku z modelu.

Tabulka 6-1: Parametry modelu pro diskriminaci požadovaných tkání, do výsledného modelu bylo zahrnuto 59 příznaků.

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 53		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
3,5	1,3316	0,3984	0,3922	64,0924	0

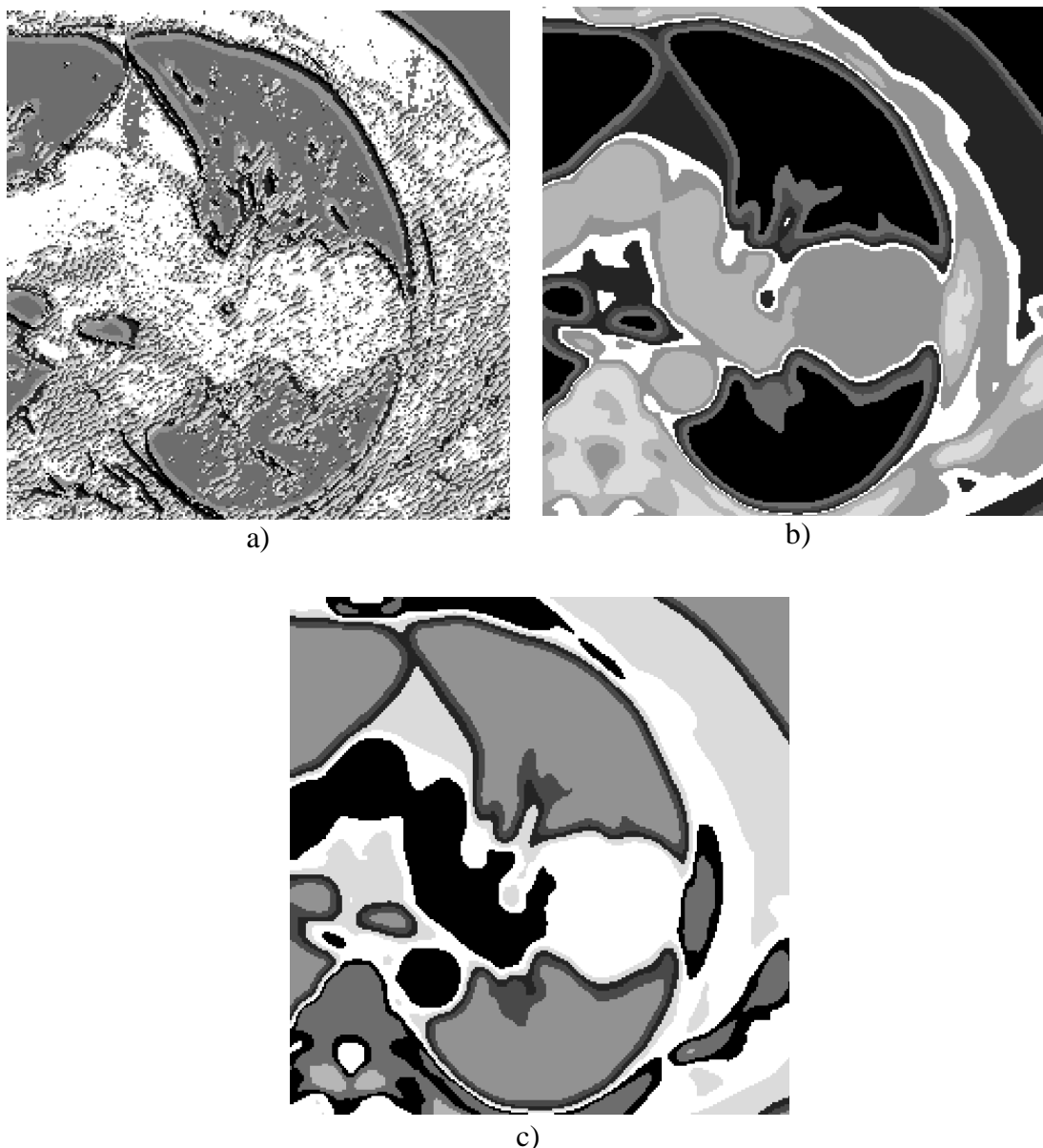
Vysvětlení parametrů: Intercept – průsečík souřadnic, RMSE (z anglického „Root Mean Square Error“) – relativní střední kvadratická chyba, R-square – vysvětlená variance, Adj R-sq – přidaná vysvětlená variance, F – F-statistika, p-value – chyba I. řádu pro zvolenou hladinu významnosti.

6.3 Klasifikace

Klasifikace vektoru příznaků obsahujícího pouze relevantní informace je realizována s využitím shlukové analýzy. Konkrétně byl použit nehierarchický typ a to metoda k-means. U této metody je nutná apriorní informace o počtu shluků, do kterého má být provedeno dělení, ten byl určen experimentálně. Tato metoda byla zvolena, protože je vhodná pro objemná data, která nemusí být hierarchická. Přičemž realizace byla provedena s využitím statistického toolboxu.

7. Diskuze výsledků

Na základě zmíněných redukcí vektoru příznaků, byly získány dva rozdílné jmenovité seznamy relevantních příznaků. Z tohoto důvodu byla provedena klasifikace obou vektorů příznaků pro vstupní obrazová data, na jejímž základě bylo rozhodnuto, který z těchto vektorů dosahuje lepších klasifikačních výsledků. Tím byl vektor příznaků redukován na základě diskriminační analýzy.

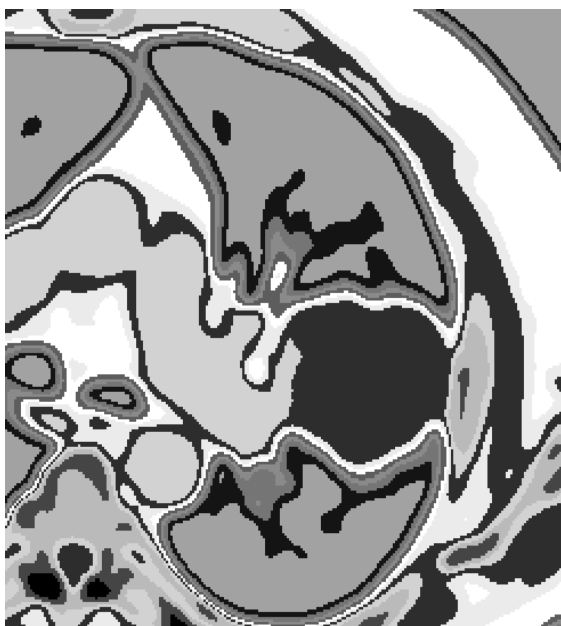


Obrázek 7-1: Porovnání výstupů shlukové analýzy

- a) Výsledek shlukové analýzy – dělení do 8 shluků, vstupem byl vektor příznaků redukováný na základě korelační analýzy a analýzy hlavních komponent;*
- b) Výsledek shlukové analýzy – dělení do 8 shluků, vstupem byl vektor příznaků redukováný na základě diskriminační analýzy;*
- c) Výsledek shlukové analýzy – dělení do 8 shluků, vstupem vektor 171 příznaků;*

Srovnání výstupů klasifikace pro oba redukované vektory a také pro původní vektor příznaků je patrné na obrázku: Obrázek 7-1, kdy ve všech případech proběhlo dělení pro 8 shluků. Tento počet shluků byl zvolen s ohledem na výskyt dalších tkání v dané oblasti kromě těch tkání, které byla snaha majoritně odlišit. Na obrázku: Obrázek 7-1 a), kde vstupem byl vektor příznaků redukovaný na základě korelační analýzy a analýzy hlavních komponent, je vidět, že nedošlo k dobrému oddělení nádorové tkáně od hrudní stěny ani od plicní tkáně. Dále je patrné, že ani další tkáně od sebe nebyly spolehlivě odděleny. Navíc je tento výstup překrytý souvislými zrnitými oblastmi, které zhoršují rozlišovací schopnost. Oproti tomu vektor příznaků redukovaný na základě diskriminační analýzy, Obrázek 7-1 b), dokázal spolehlivě oddělit oblast nádoru od plicní tkáně. Ani v tomto případě však není oblast nádoru spolehlivě oddělená od hrudní stěny. Je v něm patrné tenké napojení nádoru na hrudní stěnu, což může souviset s prorůstáním nádorové tkáně do okolních tkání. Pro porovnání je uveden i výstup z klasifikátoru pro původní vektor příznaků, Obrázek 7-1 c). Je patrné, že oproti výstupu na obrázku: Obrázek 7-1 b) nelze rozeznat dílčí změny v oblasti nádoru. Oproti původním obrazovým datům: Obrázek 6-1 jsou však některé oblasti lépe rozlišitelné.

Následně byla znovu provedena klasifikace zvoleného redukovaného vektoru příznaků (na základě diskriminační analýzy), kdy proběhlo dělení do 12 shluků. Z výstupu tohoto dělení (Obrázek 7-2) je patrné, že došlo k lepšímu oddělení nádorové tkáně od srdeční svaloviny. Ani při tomto dělení však nejsou rozeznatelné viabilní úseky v oblasti nádoru.



Obrázek 7-2: Výsledek shlukové analýzy – dělení do 12 shluků, vstupem byl redukovaný vektor příznaků.

Na základě vytvořeného modelu pro odlišení zmíněných typů tkání (srdeční, tuková, plicní, nádorová, mezižeberní a tkáň viabilních úseků) nedošlo v rámci klasifikace ke spolehlivému odlišení všech tkání (Obrázek 7-1 b), Obrázek 7-2). To bylo očekáváno již po vytvoření tohoto modelu, který nedosahuje statisticky dobrých parametrů (Tabulka 6-1), kdy vysvětloval 39% variance, což ukazuje na to, že nedosahuje vysoké diskriminační síly. Nedostatečná klasifikace může být způsobená tím, že některá z tkání má podobné texturní příznaky jako některý další typ tkáně. Proto byly na základě diskriminační analýzy následně vytvářeny modely pro odlišení vždy dvou dílčích tkání na základě texturních vlastností. Konkrétně byly vytvářeny modely pro odlišení nádorové tkáně a jednotlivých dílčích tkání a také pro tkáň viabilních úseků a ostatních tkání. Tyto dílčí modely byly vždy na hladině významnosti 0,05 pro zařazení do modelu a na hladině významnosti 0,1 pro vyřazení příznaku z modelu.

Tabulka 7-1: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a plicní tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 41		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
188,0562	0,2921	0,6671	0,6590	82,3873	0

Tabulka 7-2: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové a plicní tkáně, vstupem byl redukováný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 53			Počet zahrnutých příznaků: 26		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
124,4973	0,3164	0,6059	0,5999	100,5765	0

Tabulka 7-3: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 49		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
595,3507	0,3535	0,5147	0,5006	36,238	0

Tabulka 7-4: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků, vstupem byl redukováný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 53			Počet zahrnutých příznaků: 35		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
338,4615	0,3798	0,4349	0,4233	37,2111	0

Tabulka 7-5: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a srdeční tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 48		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
135,8126	0,1941	0,8536	0,8494	203,8814	0

Tabulka 7-6: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a srdeční tkáně, vstupem byl redukováný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 53			Počet zahrnutých příznaků: 19		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
170,0721	0,12073	0,8302	0,8283	439,4303	0

Tabulka 7-7: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tukové tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 53		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
122,6404	0,0987	0,9622	0,9610	804,8554	0

Tabulka 7-8: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tukové tkáně, vstupem byl redukováný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 53			Počet zahrnutých příznaků: 32		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
56,5694	0,1141	0,9489	0,9479	983,64	0

Tabulka 7-9: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně mezižebního svalstva, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 45		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
7,8331	0,2888	0,6753	0,6666	77,7255	0

Tabulka 7-10: Parametry modelu pro diskriminaci nádorové tkáně a tkáně mezižebního svalstva, vstupem byl redukováný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 53			Počet zahrnutých příznaků: 29		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
-23,4589	0,3111	0,6197	0,6132	95,3963	0

Z uvedených tabulek parametrů modelů (Tabulka 7-1 až Tabulka 7-10) vytvořených vždy pro oddělení nádorové tkáně a další tkáně je patrné, že modely, kde byl vstupem redukováný vektor příznaků, dosahovali diskriminačně horších výsledků. Zhoršení klasifikace lze však tolerovat, neboť bylo nepatrné a navíc došlo využitím redukováného vektoru ke snížení výpočetní náročnosti. Pro každý výsledný model byl vždy zahrnut jiný počet příznaků, které se navíc mezi jednotlivými modely lišily. Z toho lze usuzovat, že pro odlišení jednotlivých tkání od nádorové tkáně je vždy potřeba jiných texturních příznaků. Nejlepších parametrů dosahoval model pro diskriminaci tukové tkáně a nádorové tkáně (Tabulka 7-7), kde vzniklý model vysvětloval 96% variance. Na základě čehož lze usuzovat, že tuková a nádorové tkáň jsou na základě texturních vlastností velmi odlišné. Srdeční a nádorová tkáň jsou na základě texturních příznaků také velmi odlišné, viz vzniklý model pro jejich diskriminaci (Tabulka 7-5), který vysvětloval variaci z 85%. Pro diskriminaci tkáně mezižeberního svalstva a nádorové tkáně, byl vytvořen model s vysvětlenou variancí přibližně 67% (Tabulka 7-9). Nejhorší parametry má model vytvořený pro odlišení nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků (Tabulka 7-3), kde došlo k vysvětlení variance z 50%. Následně však bylo zjištěno, že i s takovou vysvětlenou variancí je tento model pro klasifikaci viabilních úseků účinný. Model vytvořený pro odlišení nádorové tkáně a plicní tkáně vysvětloval varianci z 66 % (viz Tabulka 7-1), z čehož je patrné, že plicní tkáň je na základě texturních příznaků od nádorové hůře odlišitelná oproti srdeční a přibližně stejně odlišitelná jako mezižeberní tkáň od nádoru. To souvisí s tím, že nádorová tkáň je vždy podobná tkáni, ve které začne tvorba daného nádoru. U tohoto konkrétního nádoru lze vytvořit diskriminační model pro odlišení od plicní tkáně s vysvětlenou variancí z 66% (Tabulka 7-1), dalo by se tedy předpokládat, že by se mohlo jednat o maligní typ nádoru (je možná diskriminace od plicní tkáně). U benigních nádorů je obecně vyšší podobnost s výchozí tkání.

Dále byly vytvořeny diskriminační modely pro odlišení tkáně viabilních úseků a ostatních tkání. Opět lepší výsledků dosahovaly modely získané z neredukovaného vektoru příznaků, což potvrzuje fakt, že pro odlišení dílčích tkání jsou potřeba různé texturní příznaky. Nejlepších parametrů dosahoval model vytvořený pro diskriminaci tkáně viabilních úseků od tukové tkáně (Tabulka 7-12), konkrétně vysvětloval varianci z 89,7%. Oproti modelu pro odlišení nádorové tkáně od tukové tkáně (Tabulka 7-7) dosahoval tento model nižší variance, z čehož lze usuzovat, že tkáň viabilních úseků je na základě texturních příznaků relativně podobnější na tukovou tkáň. Model pro diskriminaci srdeční tkáně (Tabulka 7-11) vysvětloval varianci z 83%, což je nepatrný rozdíl oproti modelu pro odlišení nádorové tkáně od srdeční (Tabulka 7-5). Nejhorší parametry měl opět model pro diskriminaci plicní tkáně (

Tabulka 7-13). Oproti modelu pro odlišení nádorové tkáně a plicní tkáně (Tabulka 7-1) však vysvětloval varianci přibližně o 3% více. Opět došlo k nepatrnému rozdílu mezi vysvětlenou variací u modelů pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a plicní tkáně (Tabulka 7-13) a pro odlišení tkáně viabilních úseků a mezižeberního svalstva (Tabulka 7-14).

Tabulka 7-11: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a srdeční tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 42		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
165,4730	0,2062	0,8342	0,8300	201,8206	0

Tabulka 7-12: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a tukové tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 50		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
119,2528	0,1605	0,9000	0,8970	301,75	0

Tabulka 7-13: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a plicní tkáně, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 51		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
132,1068	0,2810	0,6935	0,6842	74,3553	0

Tabulka 7-14: Parametry modelu pro diskriminaci tkáně viabilních úseků a tkáně mezižeberního svalstva, vstupem byl neredukovaný vektor příznaků

Počet vstupních příznaků: 171			Počet zahrnutých příznaků: 45		
Intercept	RMSE	R-square	Adj R-sq	F	p-value
57,3590	0,2780	0,6990	0,6909	86,7999	0

Dále byla provedena klasifikace viabilních úseků. Pro vlastní detekci byl nejprve použit vektor příznaků získaný pro odlišení 6 typů tkání a následně vektor příznaků získaný na základě diskriminačního modelu pro odlišení nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků (seznam příznaků: Tabulka A-14). Jednotlivé výsledky byly následně porovnány. Detekce byla provedena pouze v rámci oblasti nádorové tkáně, kdy okolní tkáně byly potlačeny. Segmentace oblasti nádoru byla provedena roznásobením výřezu

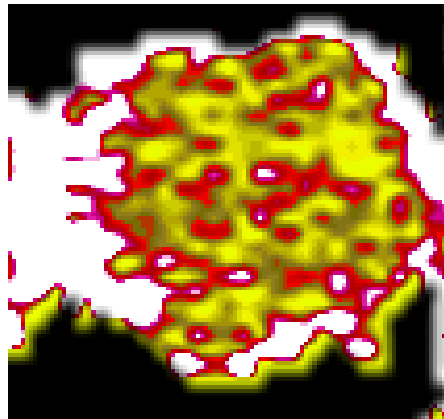
z původních obrazových dat s binární maskou. Ta byla získána na základě výstupu ze shlukové analýzy, kdy vstupem byl výřez z původních obrazových dat obsahující oblast nádoru, a následným ručním výběrem oblastí nádoru. Klasifikací viabilních úseků pouze na vlastní nádorové tkáni nemohlo dojít ke zkreslování výstupů okolními tkáněmi a také nebylo nutné dělení do velkého počtu shluků. Výstupy dílčích klasifikací je možné vidět na obrázku: Obrázek 7-3 a) a b), kdy v obou případech proběhlo dělení do 12 shluků. V rámci obou výstupů lze rozeznat potenciální viabilní oblasti (výstup a): tmavě šedé a černé oblasti, výstup b): tmavě šedé a světle šedé oblasti). Viabilní úseky patrné v těchto výstupech lze porovnat s viabilními oblastmi patrnými v rámci perfuzních dat (Obrázek 7-3 c), bílé úseky). U těchto perfuzních dat se jedná o stejnou scénu jako u používaných obrazových dat ale snímanou v jiném akvizičním čase. Konkrétně tato data vyjadřují časový vývoj krevního objemu. Klasifikované viabilní úseky ve výstupech ze shlukové analýzy (Obrázek 7-3 a) a b)) dosahují určité podobnosti s viabilními úseky v rámci perfuzních dat. Lze tedy říci, že detekce viabilní tkáně na základě texturních příznaků proběhla úspěšně.



a)



b)



c)

Obrázek 7-3: Porovnání výstupů shlukové analýzy a perfuzních dat

- a) Výsledek shlukové analýzy – dělení do 12 shluků, vstupem byl redukovaný vektor příznaků na základě diskriminační analýzy pro odlišení 6 tkání;*
- b) Výsledek shlukové analýzy – dělení do 6 shluků, vstupem byl redukovaný vektor příznaků na základě diskriminační analýzy pro odlišení nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků;*
- c) Data z perfuzního vyšetření*

Závěr

V této práci je ověřována možnost využití texturní analýzy pro klasifikaci nádorové tkáně a detekci viabilních úseků nádoru v rámci CT obrazových dat plic. První část práce obsahuje rešerši dané problematiky, kde je popsána teorie plicních nádorů, výpočetní tomografie, texturní analýzy, shlukové analýzy a použitých statistických metod. V rámci sekce o texturní analýze jsou popsány všechny dílčí metody, které slouží k vytvoření vektoru texturních příznaků.

V další části této práce je popsán návrh a realizace vlastní metody, kdy celé zpracování bylo provedeno v programovacím prostředí Matlab®. Tato vlastní metoda je založena na vytvoření vektoru příznaků a následné klasifikaci pomocí shlukové analýzy, přičemž byla použita metoda k-means. Vektor příznaků byl vytvořen na základě metod texturní analýzy, popsaných v první sekci práce. Konkrétně jsou využity statistické metody prvního a druhého řádu, mikrotexturní analýza a spektrální analýza. Celý proces vzniku a redukce tohoto vektoru jsou detailně popsány. Redukce vektoru příznaků byla provedena s využitím korelační analýzy, analýzy hlavních komponent a diskriminační analýzy. Na základě diskriminační analýzy byl vytvořen model obsahující příznaky pro diskriminaci pěti dílčích tkání, které bylo cílem majoritně odlišit (srdeční, plicní, tuková, nádorová, mezižeberní tkáň a tkáň viabilních úseků). Dále byly vytvořeny diskriminační modely pro odlišení nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků od ostatních tkání.

V závěrečné části práce jsou prezentovány a diskutovány dosažené výsledky. Na základě porovnávání výstupů klasifikace je zvolen vhodný redukovaný vektor příznaků. Konkrétně byl vybrán vektor příznaků redukovaný na základě diskriminační analýzy. Dále jsou v této sekci popsány vytvořené diskriminační modely a diskutovány jejich vlastnosti. Parametry těchto modelů jsou mezi sebou porovnávány. V neposlední řadě je diskutována funkčnost texturní analýzy pro detekci viabilních úseků, kdy klasifikace těchto úseků byla provedena pro zvolený redukovaný vektor a pro diskriminační model obsahující příznaky pro odlišení nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků. Celá vlastní detekce je realizována pouze na oblasti nádoru, kdy okolní tkáň byly potlačeny pomocí vytvořené binární masky. Výstupy klasifikace jsou porovnávány s perfuzními daty získanými z reálných dat za využití komerčně dostupné CT stanice.

Na základě výstupů klasifikace a parametrů diskriminačních modelů je možné rozhodnout o omezené možnosti využití texturní analýzy pro odlišení nádorové tkáně od okolních tkání. Naproti tomu prezentované výsledky potvrzují možnosti využití texturní analýzy pro detekci viabilních úseků.

Použité zdroje

- [1] Masarykův onkologický útvar: Nádory plic. KARÁSEK, P. [online]. [cit. 2014-11-25]. Dostupné z: <http://www.mou.cz/nadory-plic/t2036>
- [2] Masarykův onkologický útvar: Nádory plic. SEDLÁČKOVÁ, H. [online]. [cit. 2015- 22-5]. Dostupné z: <https://www.mou.cz/nadory-plic/t2155>
- [3] BHATTACHARJEE, N. a R. PAREKH. *Skin texture analysis for medical diagnosis*. ICCCS '11 Proceedings of the 2011 International Conference on Communication, Computing & Security, s. 301–306. DOI : 10.1145/1947940.1948004. ISBN: 978-1-4503-0464-1.
- [4] FREEBOROUGH, P. A. *MR image texture analysis applied to the diagnosis and tracking of Alzheimer's disease*. Medical Imaging, IEEE Transactions on. 1998, Volume 17, Issue 3, s. 475 - 478. DOI: 10.1109/42.712137. ISSN 0278-0062.
- [5] HUANG, Y., K.-L. WANG a D.-R. CHEN. *Diagnosis of breast tumors with ultrasonic texture analysis using support vector machines*. Neural Comput & Applic 2006, Volume 15, s. 164–169. DOI :10.1007/s00521-005-0019-5
- [6] KAŇKOVÁ, K. *Patologická fyziologie pro bakalářské studijní programy*. 2. vydání. Brno: Masarykova univerzita, 2009. ISBN 978-80-210-4923-9.
- [7] STRŽÍTESKÝ, J. *Patologie*. 1. vydání. Olomouc: Epava, 2001. 338 s. ISBN 80-86297-06-3.
- [8] FERDA, J., M. NOVÁK a B. KREUZBERG. *Výpočetní tomografie*. Praha: Galén, 2002. 663 s. ISBN 80-246-0567-8.
- [9] ELIÁŠ, P., P. MÁCA, J. NEUWIRTH a V. VÁLEK. *Moderní diagnostické metody. II. díl Výpočetní tomografie*. 1. vyd. Brno: Institut pro další vzdělávání pracovníků ve zdravotnictví, 1998. 84 s. ISBN 80-7013-294-9.
- [10] DRASTICH, A. *Tomografické zobrazovací systémy*. 1. vyd. Brno: VUT, 2004. 208 s. ISBN 80-214-2788-4.
- [11] ŠRÁMEK, J., O. RÁČEK, M. SEDLÁŘ a V. MORNSTEIN. *Získávání a analýza obrazové informace*. LF MU Brno, 2011. [online]. [cit. 2014-11-30]. Dostupné z: <http://www.med.muni.cz/biofyz/Image/ucebnice.pdf>
- [12] JAN, J. *Medical image processing, reconstruction and restoration: concepts and methods*. Boca Raton: Taylor & Francis, 2006. 730 s. ISBN 0-8247-5849-8.
- [13] MALIK, J., S. BELONGIE, T. LEUNG a J. SHI. *Contour and Texture Analysis for Image Segmentation*. International Journal of Computer Vision , Volume 43 Issue 1, June 2001, s. 7-27. ISSN: 0920-5691. DOI: 10.1023/A:1011174803800
- [14] HARALICK, R. M. *Statistical and structural approaches to texture* Proc. IEEE, Volume 67, No. 5, s. 786-804. 1979. ISSN: 0018-9219.

DOI: 10.1109/PROC.1979.11328

- [15] DONGXIAO, Z. *Texture Analysis and Synthesis using a Generic Markov-Gibbs Image Model: Texture analysis and its applications*. 2006 [online]. [cit. 2015-14-5]. Dostupné z: <http://www.cs.auckland.ac.nz/~georgy/research/texture/thesis-html/node7.html>
- [16] TUCERYAN, M., JAIN A. K. *Handbook of Pattern Recognition and Computer Vision: Texture analysis*. USA: World Scientific Publishing Co. 1993. s. 235-276. ISBN:981-02-1136-8.
- [17] AMATERKA, A. a M. STRZELECKI. *Texture Analysis Methods - A Review*. Technical University of Lodz, Institute of Electronics, COST B11 report, Brussels, 1998.
- [18] SRINIVASAN, G. N. a G. SHOBHA. *Statistical Texture Analysis*. Proceedings of world academy of science, engineering and technology. Volume 36, December 2008. ISSN 2070-3740.
- [19] HARALICK, R. M., K. SHANMUGAM a Its'Hak DINSTEIN. *Textural Features for Image Classification, Systems, Man and Cybernetics*. IEEE Transactions on. Volume SMC-3, Issue 6, 1973. s. 610 – 621. ISSN 0018-9472.
- [20] TANG, X. *Texture Information in Run-Length Matrices*. Image Processing, IEEE Transactions on. Volume 7, Issue 11, 1998. 1602-1609. ISSN: 1057-7149. DOI: 10.1109/83.725367.
- [21] RACHIDI, M., MARCHADIER, A., CHAPPARD, C. GADOIS, E. LESPESSAILLES, E. a C. L. BENHAMOU. *Laws' masks descriptors applied to bone texture analysis: an innovative and discriminant tool in osteoporosis*. 2008. DOI: 10.1007/s00256-008-0463-2.
- [22] TAJI, T. S. a D. V. GORE. *Overview of Texture Image Segmentation Techniques*. International Journal of Advanced Research in Computer Science and Software Engineering. 2013, Volume 3, Issue 12, 2013. ISSN: 2277 128X.
- [23] KOZUMPLÍK, J. *Umělá inteligence v medicíně: Shluková analýza*. Ústav biomedicínského inženýrství, Vysoké učené technické v Brně. 2014 [online]. [cit. 2014- 12-23]. Dostupné z: https://www.vutbr.cz/elearning/file.php/148627/prednasky2014/AUIN_03_shlukova_analyza-1.pdf
- [24] AKUME, D. a G.-W. WEBER, *Cluster algorithms: theory and methods*. Journal of Computational Technologies, Volume 7, No 1, s. 15-27, 2002. ISBN: 1560-7534.
- [25] MATTEUCCI, M. *A tutorial on clustering algorithms – k-means clustering*. [online]. [cit. 2015-16-5]. Dostupné z:

[http://home.deib.polimi.it/matteucc/Clustering/tutorial_html/kmeans.html#macqu
een](http://home.deib.polimi.it/matteucc/Clustering/tutorial_html/kmeans.html#macqu
een)

- [26] KOZUMPLÍK, J. *Umělá inteligence v medicíně: Shluková analýza (2)*. Ústav biomedicínského inženýrství, Vysoké učení technické v Brně. 2014[online]. [cit. 2015- 16-5]. Dostupné z: https://www.vutbr.cz/elearning/file.php/148627/prednasky2014/AUIN_03_shlukova_analyza-2.pdf
- [27] VASSILVITSKII, S. a S. VENKATASUBRAMANIAN. *New developments in the theory of clustering*. [online]. [cit. 2015-16-5]. Dostupné z: <http://theory.stanford.edu/~sergei/slides/kdd10-thclust.pdf>
- [28] JARKOVSKÝ, J. *Biostatistika: Statistika ve vědecké praxi*. Institut biostatistiky a analýz, Masarykova univerzita. 2013 [online]. [cit. 2015-15-5]. Dostupné z: <https://is.muni.cz/auth/el/1411/podzim2013/ASTAp/um/?studium=622256>
- [29] POPELKA, J. *Korelační a regresní analýza. 2012* [online]. [cit. 2015-15-5]. Dostupné z: most.ujep.cz/~popelka/Statistika2012_8.pptx
- [30] SHLENS, J. *A tutorial on principal component analysis*. [online]. [cit. 2015-14-5]. Dostupné z: https://www.cs.princeton.edu/picasso/mats/PCA-Tutorial-Intuition_jp.pdf
- [31] MELOUN, M. *Počítačová analýza vícerozměrných dat v oborech přírodních, technických a společenských věd*. [online]. [cit. 2015-14-5]. Dostupné z: http://www.crr.vutbr.cz/system/files/prezentace_05_1106_04a.pdf
- [32] JARKOVSKÝ, J. a S. LITTNEROVÁ, *Pokročilé statistické metody: Ordinační analýzy – princip redukce dimenzionality*. Ústav biomedicínského inženýrství, Vysoké učení technické v Brně. 2011.
- [33] JARKOVSKÝ, J. a S. LITTNEROVÁ. *Pokročilé statistické metody: Diskriminační analýza*. Ústav biomedicínského inženýrství, Vysoké učení technické v Brně. 2011.
- [34] STOCKBURGER, D. W. *Diskriminant function analysis*. [online]. [cit. 2015-15-5]. Dostupné z: <http://www.psychstat.missouristate.edu/multibook/mlt03.htm>
- [35] PHILIPS, C. a D. LI, *cooc3d*. [online]. [cit. 2015- 16-3]. Dostupné z: <http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/19058-cooc3d>
- [36] UPPULURI, A., *GLCM_Features4*. [online]. [cit. 2015- 16-3]. Dostupné z: <http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/22354-glcm-features4-m--vectorized-version-of-glcm-features1-m--with-code-changes->
- [37] WEI, X., *grayrlmatrix*. [online]. [cit. 2015- 20-3]. Dostupné z: http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/17482-gray-level-run-length-matrix-toolbox?s_tid=srchtitle

- [38] WEI, X., *grayrlprops*. [online]. [cit. 2015- 20-3]. Dostupné z:
http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/17482-gray-level-run-length-matrix-toolbox?s_tid=srchtitle
- [39] SUZUKI, M. T. a Y. YAGINUMA. *A solid texture analysis based on three-dimensional convolution kernels*. Multimedia, 2006. ISM'06. Eighth IEEE International Symposium on. s. 837-844, Proc. of SPIE Vol. 6491-32, USA, 01/2007. ISBN: 0-7695-2746-9.

Seznam zkratek

CT	Computed tomography – výpočetní rentgenová tomografie
DICOM	The digital imaging and communication in medicine – medicínský datový standart
CCD	Charge-Couple device – elektronická součástka
ALARA	As low as reasonably achievable – princip respektovaný při plánování CT vyšetření
GLCM	Gray level co-occurrence matrix – matice současného výskytu
GLRLM	Gray level run-length matrix – matice délky běhů
PCA	Principal component analysis – analýza hlavních komponent
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean – metoda využívaná pro hierarchickou shlukovou analýzu – metoda průměrů

A. Přílohy

Tabulka A-1: Seznam vektorů pro vytvoření Lawsovyh masek [39]

L_3	$[1 \ 2 \ 1]$
E_3	$[1 \ 0 \ -1]$
S_3	$[1 \ -2 \ 1]$
L_5	$[1 \ 4 \ 6 \ 4 \ 1]$
E_5	$[-1 \ -2 \ 0 \ 2 \ 1]$
S_5	$[-1 \ 0 \ 2 \ 0 \ -1]$
W_5	$[-1 \ 2 \ 0 \ -2 \ 1]$
R_5	$[1 \ -4 \ 6 \ -4 \ 1]$

Tabulka A-2: Kombinace vektorů pro vznik Lawsovyh masek o rozměru 3×3 [39]

$L_3^T L_3$	$E_3^T E_3$	$S_3^T S_3$
$L_3^T E_3$	$E_3^T T_3$	$S_3^T T_3$
$L_3^T S_3$	$E_3^T S_3$	$S_3^T E_3$

Tabulka A-3: Kombinace vektorů pro vznik Lawsovyh masek o rozměru 5×5 [39]

$L_5^T L_5$	$E_5^T E_5$	$S_5^T S_5$	$W_5^T W_5$	$R_5^T R_5$
$L_5^T E_5$	$E_5^T L_5$	$S_5^T L_5$	$W_5^T L_5$	$R_5^T L_5$
$L_5^T S_5$	$E_5^T S_5$	$S_5^T E_5$	$W_5^T E_5$	$R_5^T E_5$
$L_5^T W_5$	$E_5^T W_5$	$S_5^T W_5$	$W_5^T S_5$	$R_5^T S_5$
$L_5^T R_5$	$E_5^T R_5$	$S_5^T R_5$	$W_5^T R_5$	$R_5^T W_5$

Tabulka A-4: Kombinace vektorů pro vytvoření Lawsovyých masek $5 \times 5 \times 5$ [39]

L5L5L5	L5L5E5	L5L5S5	L5L5R5	L5L5W5
L5E5L5	L5E5E5	L5E5S5	L5E5R5	L5E5W5
L5S5L5	L5S5E5	L5S5S5	L5S5R5	L5S5W5
L5R5L5	L5R5E5	L5R5S5	L5R5R5	L5R5W5
L5W5L5	L5W5E5	L5W5S5	L5W5R5	L5W5W5
E5L5L5	E5L5E5	E5L5S5	E5L5R5	E5L5W5
E5E5L5	E5E5E5	E5E5S5	E5E5R5	E5E5W5
E5S5L5	E5S5E5	E5S5S5	E5S5R5	E5S5W5
E5R5L5	E5R5E5	E5R5S5	E5R5R5	E5R5W5
E5W5L5	E5W5E5	E5W5S5	E5W5R5	E5W5W5
S5L5L5	S5L5E5	S5L5S5	S5L5R5	S5L5W5
S5E5L5	S5E5E5	S5E5S5	S5E5R5	S5E5W5
S5S5L5	S5S5E5	S5S5S5	S5S5R5	S5S5W5
S5R5L5	S5R5E5	S5R5S5	S5R5R5	S5R5W5
S5W5L5	S5W5E5	S5W5S5	S5W5R5	S5W5W5
R5L5L5	R5L5E5	R5L5S5	R5L5R5	R5L5W5
R5E5L5	R5E5E5	R5E5S5	R5E5R5	R5E5W5
R5S5L5	R5S5E5	R5S5S5	R5S5R5	R5S5W5
R5R5L5	R5R5E5	R5R5S5	R5R5R5	R5R5W5
R5W5L5	R5W5E5	R5W5S5	R5W5R5	R5W5W5
W5L5L5	W5L5E5	W5L5S5	W5L5R5	W5L5W5
W5E5L5	W5E5E5	W5E5S5	W5E5R5	W5E5W5
W5S5L5	W5S5E5	W5S5S5	W5S5R5	W5S5W5
W5R5L5	W5R5E5	W5R5S5	W5R5R5	W5R5W5

Tabulka A-5: Seznam 171 příznaků

Stat. m. I. řádu	1.	Lokální průměr	Stat. m. II. řádu: Run-length matice	24.	Short Run Emphasis (SRE)
	2.	Lokální směrodatná odchylka		25.	Long Run Emphasis (LRE)
	3.	Průměrná lokální směrodatná odchylka		26.	Gray-Level Nonuniformity (GLN)
	4.	Lokální rozptyl		27.	Run Length Nonuniformity (RLN)
	5.	Lokální špičatost		28.	Run Percentage (RP)
	6.	Lokální šikmost		29.	Low Gray-Level Run Emphasis (LGRE)
	7.	Lokální entropie		30.	High Gray-Level Run Emphasis (HGRE)
Stat.m. II. řádu: Co-occurrence matice	8.	Energie		31.	Short Run Low Gray-Level Emphasis (SRLGE)
	9.	Entropie		32.	Short Run High Gray-Level Emphasis (SRHGE)
	10.	Korelace		33.	Long Run Low Gray-Level Emphasis (LRLGE)
	11.	Kontrast		34.	Long Run High Gray-Level Emphasis (LRHGE)
	12.	Homogenita		35.	Výkon - st. složka + v. n. kmitočty
	13.	Normalizovaný inverzní diferenční moment		36.	Výkon - velmi nízké kmitočty
	14.	Maximální pravděpodobnost		37.	Výkon - středně nízké kmitočty
	15.	Diferenční entropie	38.	Výkon - nízké kmitočty	
	16.	Průměr součtu	39.	Výkon - střední kmitočty	
	17.	Entropie součtu	40.	Výkon - vysoké kmitočty	
	18.	Rozptyl součtu	41.	Relativní výkon st. složka + v. n. kmitočty	
	19.	Rozptyl	42.	Relativní výkon - velmi nízké kmitočty	
	20.	Rozptyl rozdílu	43.	Relativní výkon - středně nízké kmitočty	
	21.	Entropie rozdílu	44.	Relativní výkon - nízké kmitočty	
	22.	Informační rozsah korelace 1	45.	Relativní výkon - střední kmitočty	
	23.	Informační rozsah korelace 2	46.	Relativní výkon - vysoké kmitočty	
			Mikrotexturní analýza	47.-171.	Příznaky z mikrotexturní analýzy

Tabulka A-6: Korelační koeficienty mezi jednotlivými směry u co-occurečních matic pro zvolený příznak

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.	13.
1.	1	0,9777	0,962	0,9777	0,976	0,9722	0,9797	0,966	0,9679	0,9574	0,9679	0,9665	0,9682
2.	0,9777	1	0,9706	0,9697	0,9728	0,965	0,9654	0,9726	0,9709	0,9772	0,9779	0,9604	0,9668
3.	0,962	0,9706	1	0,9721	0,9648	0,9698	0,9508	0,9793	0,979	0,9578	0,9513	0,9509	0,9663
4.	0,9777	0,9697	0,9721	1	0,9664	0,9692	0,9734	0,9719	0,9746	0,9515	0,965	0,9805	0,9807
5.	0,976	0,9728	0,9648	0,9664	1	0,9759	0,9622	0,9732	0,9688	0,9782	0,9572	0,9547	0,9784
6.	0,9722	0,965	0,9698	0,9692	0,9759	1	0,9744	0,9785	0,9797	0,9548	0,9597	0,9612	0,9679
7.	0,9797	0,9654	0,9508	0,9734	0,9622	0,9744	1	0,9635	0,9672	0,9451	0,9756	0,978	0,9622
8.	0,966	0,9726	0,9793	0,9719	0,9732	0,9785	0,9635	1	0,9772	0,9733	0,9605	0,9704	0,9716
9.	0,9679	0,9709	0,979	0,9746	0,9688	0,9797	0,9672	0,9772	1	0,956	0,9729	0,9631	0,9775
10.	0,9574	0,9772	0,9578	0,9515	0,9782	0,9548	0,9451	0,9733	0,956	1	0,956	0,9475	0,9639
11.	0,9679	0,9779	0,9513	0,965	0,9572	0,9597	0,9756	0,9605	0,9729	0,956	1	0,9677	0,9625
12.	0,9665	0,9604	0,9509	0,9805	0,9547	0,9612	0,978	0,9704	0,9631	0,9475	0,9677	1	0,9673
13.	0,9682	0,9668	0,9663	0,9807	0,9784	0,9679	0,9622	0,9716	0,9775	0,9639	0,9625	0,9673	1

Tabulka A-7: Korelační koeficienty mezi jednotlivými příznaky u statistických metod prvního řádu

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.
1.	1	0,411055	0,405392	0,192996	0,002343	0,009618	0,61158
2.	0,411055	1	0,977709	0,466537	0,008965	0,002051	0,685048
3.	0,405392	0,977709	1	0,476546	0,012115	0,001604	0,678754
4.	0,192996	0,466537	0,476546	1	0,012248	0,006402	0,280236
5.	0,002343	0,008965	0,012115	0,012248	1	0,00415	0,009655
6.	0,009618	0,002051	0,001604	0,006402	0,00415	1	0,006443
7.	0,61158	0,685048	0,678754	0,280236	0,009655	0,006443	1

Tabulka A-8: Korelační koeficienty pro příznaky získané na základě co-occurrence matic

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.	13.	14.	15.	16.
1.	1	0,5791	0,7671	0,3548	0,8131	0,7034	0,9754	0,5909	0,7109	0,637	0,7265	0,5512	0,3548	0,5909	0,7273	0,6965
2.	0,5791	1	0,9013	0,7565	0,8628	0,9849	0,5766	0,9767	0,9014	0,9913	0,7142	0,8364	0,7565	0,9767	0,8698	0,9821
3.	0,7671	0,9013	1	0,5396	0,9451	0,9481	0,7572	0,8509	0,8926	0,9453	0,7776	0,8771	0,5396	0,8509	0,9733	0,9609
4.	0,3548	0,7565	0,5396	1	0,4476	0,7055	0,3601	0,8555	0,6145	0,7217	0,4461	0,6419	1	0,8555	0,5432	0,704
5.	0,8131	0,8628	0,9451	0,4476	1	0,9243	0,8028	0,7976	0,8817	0,8982	0,7835	0,7759	0,4476	0,7976	0,9092	0,9214
6.	0,7034	0,9849	0,9481	0,7055	0,9243	1	0,6943	0,9603	0,9281	0,9922	0,7682	0,8397	0,7055	0,9603	0,9134	0,9967
7.	0,9754	0,5766	0,7572	0,3601	0,8028	0,6943	1	0,5891	0,6998	0,6332	0,7112	0,5673	0,3601	0,5891	0,7226	0,6902
8.	0,5909	0,9767	0,8509	0,8555	0,7976	0,9603	0,5891	1	0,8754	0,9606	0,6933	0,8004	0,8555	1	0,8152	0,9545
9.	0,7109	0,9014	0,8926	0,6145	0,8817	0,9281	0,6998	0,8754	1	0,9129	0,9442	0,7722	0,6145	0,8754	0,8589	0,9248
10.	0,637	0,9913	0,9453	0,7217	0,8982	0,9922	0,6332	0,9606	0,9129	1	0,7407	0,8803	0,7217	0,9606	0,9251	0,9959
11.	0,7265	0,7142	0,7776	0,4461	0,7835	0,7682	0,7112	0,6933	0,9442	0,7407	1	0,6523	0,4461	0,6933	0,748	0,7667
12.	0,5512	0,8364	0,8771	0,6419	0,7759	0,8397	0,5673	0,8004	0,7722	0,8803	0,6523	1	0,6419	0,8004	0,9256	0,8716
13.	0,3548	0,7565	0,5396	1	0,4476	0,7055	0,3601	0,8555	0,6145	0,7217	0,4461	0,6419	1	0,8555	0,5432	0,704
14.	0,5909	0,9767	0,8509	0,8555	0,7976	0,9603	0,5891	1	0,8754	0,9606	0,6933	0,8004	0,8555	1	0,8152	0,9545
15.	0,7273	0,8698	0,9733	0,5432	0,9092	0,9134	0,7226	0,8152	0,8589	0,9251	0,748	0,9256	0,5432	0,8152	1	0,9377
16.	0,6965	0,9821	0,9609	0,704	0,9214	0,9967	0,6902	0,9545	0,9248	0,9959	0,7667	0,8716	0,704	0,9545	0,9377	1

Tabulka A-9 – Korelační koeficienty pro příznaky získané na základě run-length matic

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.
1.	1	0,3121	0,5298	0,3357	0,2123	0,5484	0,1864	0,2808	0,0207	0,0869	0,0688
2.	0,3121	1	0,939	0,4735	0,3008	0,5906	0,2941	0,4799	0,2749	0,2154	0,3545
3.	0,5298	0,939	1	0,4956	0,3114	0,6723	0,321	0,4945	0,2588	0,2071	0,3219
4.	0,3357	0,4735	0,4956	1	0,417	0,9056	0,3632	0,0282	0,2587	0,4093	0,3573
5.	0,2123	0,3008	0,3114	0,417	1	0,042	0,1084	0,5083	0,4149	0,4623	0,3598
6.	0,5484	0,5906	0,6723	0,9056	0,042	1	0,3467	0,1833	0,1113	0,2519	0,2347
7.	0,1864	0,2941	0,321	0,3632	0,1084	0,3467	1	0,3181	0,116	0,1606	0,1376
8.	0,2808	0,4799	0,4945	0,0282	0,5083	0,1833	0,3181	1	0,4211	0,1477	0,0075
9.	0,0207	0,2749	0,2588	0,2587	0,4149	0,1113	0,116	0,4211	1	0,4784	0,1756
10.	0,0869	0,2154	0,2071	0,4093	0,4623	0,2519	0,1606	0,1477	0,4784	1	0,9427
11.	0,0688	0,3545	0,3219	0,3573	0,3598	0,2347	0,1376	0,0075	0,1756	0,9427	1

Tabulka A-10 : Korelační koeficienty pro parametrický výkon mezi jednotlivými frekvenčními pásmy

	1.	2.	3.	4.	5.	6.
1.	1	0,9986	0,6769	0,9814	0,9799	0,9891
2.	0,9986	1	0,7122	0,9759	0,9773	0,9845
3.	0,6769	0,7122	1	0,6497	0,6906	0,6565
4.	0,9814	0,9759	0,6497	1	0,9925	0,9956
5.	0,9799	0,9773	0,6906	0,9925	1	0,9958
6.	0,9891	0,9845	0,6565	0,9956	0,9958	1

Tabulka A-11: Korelační koeficienty pro relativní parametrický výkon mezi jednotlivými frekvenčními pásmy

	1.	2.	3.	4.	5.	6.
1.	1	0,9932	0,2577	0,5463	0,9725	0,2461
2.	0,9932	1	0,1515	0,4859	0,9711	0,3325
3.	0,2577	0,1515	1	0,6039	0,2172	0,7749
4.	0,5463	0,4859	0,6039	1	0,6302	0,1357
5.	0,9725	0,9711	0,2172	0,6302	1	0,2498
6.	0,2461	0,3325	0,7749	0,1357	0,2498	1

Tabulka A-12: Seznam příznaků po redukci s využitím korelační analýzy a analýzy hlavních komponent

Stat. m. I. řádu	1.	Lokální průměr	Stat. m. II. řádu: Run-length matice	15.	Short Run Emphasis (SRE)
	2.	Lokální směrodatná odchylka		16.	Long Run Emphasis (LRE)
	3.	Lokální rozptyl		17.	Gray-Level Nonuniformity (GLN)
	4.	Lokální špičatost		18.	Run Length Nonuniformity (RLN)
	5.	Lokální šikmost		19.	Run Percentage (RP)
	6.	Lokální entropie		20.	Low Gray-Level Run Emphasis (LGRE)
Stat.m. II. řádu: Co-occurrence matice	7.	Energie	Spektrální analýza	21.	Short Run Low Gray-Level Emphasis (SRLGE)
	8.	Korelace		22.	Long Run High Gray-Level Emphasis (LRHGE)
	9.	Kontrast		23.	Výkon - st. složka + v. n. kmitočty
	10.	Homogenita		24.	Výkon - středně nízké kmitočty
	11.	Průměr součtu		25.	Relativní výkon- st. složka + v. n. kmitočty
	12.	Entropie součtu		26.	Relativní výkon - středně nízké kmitočty
	13.	Rozptyl		Mikrotexturní analýza	27.-151.

	14.	Informační rozsah korelace 1
--	-----	------------------------------

Tabulka A-13 – Seznam příznaků pro odlišení všech požadovaných typů tkání po redukci s využitím diskriminační analýzy

Stat. m. I. řádu	1.	Lokální průměr		15.	Short Run Emphasis (SRE)
	2.	Lokální rozptyl		16.	Long Run Emphasis (LRE)
	3.	Lokální entropie		17.	Run Percentage (RP)
Stat.m. II. řádu: Co-occurrence matice	4.	Energie	Stat. m. II. řádu: Run-length matice	18.	Low Gray-Level Run Emphasis (LGRE)
	5.	Entropie		19.	Short Run High Gray-Level Emphasis (SRHGE)
	6.	Korelace		20.	Long Run Low Gray-Level Emphasis (LRLGE)
	7.	Homogenita		21.	Long Run High Gray-Level Emphasis (LRHGE)
	8.	Normalizovaný inverzní diferenční moment	Spektrální analýza	22.	Výkon - st. složka + v. n. kmitočty
	9.	Maximální pravděpodobnost		23.	Výkon - velmi nízké kmitočty
	10.	Diferenční entropie		24.	Výkon - středně nízké kmitočty
	11.	Entropie součtu		25.	Výkon - nízké kmitočty
	12.	Rozptyl rozdílu		26.	Relativní výkon st. složka + v. n. kmitočty
	13.	Informační rozsah korelace 1		27.	Relativní výkon - velmi nízké kmitočty
	14.	Informační rozsah korelace 2		28.	Relativní výkon - středně nízké kmitočty
		29.		Relativní výkon - nízké kmitočty	
		30.		Relativní výkon - střední kmitočty	
		31.		Relativní výkon - vysoké kmitočty	
			Mikrotexturní analýza	32.-53.	L5L5L5, L5E5L5, L5R5L5, L5L5E5, L5S5E5, L5E5S5, L5S5S5, L5S5R5, E5L5L5, E5S5L5, E5L5S5, S5L5L5, S5S5L5, S5R5L5, S5W5L5, S5L5E5, S5L5S5, S5S5S5, S5L5R5, R5L5L5, R5E5L5, R5R5L5

Tabulka A-14: Seznam texturních příznaků pro odlišení nádorové tkáně a tkáně viabilních úseků

Stat. m. I. řádu	1.	Lokální průměr	Stat. m. II. řádu: Run- length matice	14.	Long Run High Gray- Level Emphasis (LRHGE)
	2.	Lokální směrodatná odchylka		15.	Parametrický výkon - st. složka + v. n. kmitočty
Stat.m. II. řádu: Co- occurrence matice	3.	Lokální entropie	Spektrální analýza	16.	Parametrický výkon - středně nízké kmitočty
	4.	Energie		17.	Parametrický výkon relativně- st. složka + v. n. kmitočty
	5.	Entropie		18.	Parametrický výkon relativně - velmi nízké kmitočty
	6.	Korelace		19.	Parametrický výkon relativně - středně nízké kmitočty
	7.	Homogenita		20.	Parametrický výkon relativně - střední kmitočty
	8.	Normalizovaný inverzní diferenční moment		Mikrotexturní analýza	21. - 49.
	9.	Diferenční entropie			
	10.	Průměr součtu			
	11.	Entropie součtu			
	12.	Rozptyl			
	13.	Rozptyl rozdílu			