



POLSKO-JAPONSKA WYŻSZA SZKOŁA TECHNIK KOMPUTEROWYCH

Warszawa, 19 sierpnia 2008 r.

prof. dr hab. Witold Kosiński
Polsko-Japońska Wyższa Szkoła
Technik Komputerowych, Warszawa
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego
Bydgoszcz

Opinia na temat rozprawy doktorskiej mgra Marcina Bator :

Automatyczna detekcja zmian nowotworowych w obrazach
mammograficznych z wykorzystaniem dopasowania wzorców
i wybranych narzędzi sztucznej inteligencji

Niniejszą recenzję przygotowałem na zlecenie Rady Naukowej Instytutu Podstawowych Problemów Techniki PAN, która prowadzi przewód doktorski mgra Marcina Bator. Promotorem rozprawy jest prof. dr habil. inż. Mariusz Nieniewski.

Uwagi wstępne

Koniec ubiegłego wieku i początek obecnego to czas, kiedy komputery służą człowiekowi już niemal w każdej dziedzinie życia. Dotyczy to również zagadnień związanych z ochroną ludzkiego życia. Powstaje wiele publikacji na ten temat, oraz organizowane są również w Polsce konferencje naukowe tematycznie związane z zastosowaniem informatyki w zagadnieniach medycznych.

Mammograficzne badania przesiewowe, prowadzone w Polsce, jak i innych krajach, mają na celu wykrywanie u kobiet zmian nowotworowych w stanie bezobjawowym, co pozwala na skuteczne ich leczenie. Nowotwory sutka są główną przyczyną zgonów spowodowanych nowotworami wśród kobiet w Polsce. W trakcie tych badań powstaje bardzo duża liczba zdjęć mammograficznych, z których większość przedstawia sutek bez zmian patologicznych.

Przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska odnosi się do zagadnienia wyszukiwania obszarów podejrzanych w obrazach powstających w badaniach przesiewowych i z tego względu dotyczy ważnego zagadnienia nie tylko naukowego ale i społecznego.

Do poszukiwania rozkładu jasności we wzorcu służącym do owej detekcji zostały opracowane algorytmy ewolucyjne.

Algorytmy ewolucyjne należą do podstawowych narzędzi inteligencji obliczeniowej, znanej dotąd pod nazwą sztucznej inteligencji.

Zawartość rozprawy

Rozprawa składa się z 6 rozdziałów, w tym pięć numerowanych, 3 dodatków, bibliografii, która zawiera 107 pozycji. Praca liczy stron 85 stron.

Rozprawa rozpoczyna się rozdziałem nienumerowanym zawierającym tezę, cele szczegółowe i zakres pracy.

Rozdział 1 zawiera wprowadzenie, a w nim informacje o mammografii, jej skali i znaczeniu badań przesiewowych. Autor omawia też obrazy mammo- graficznych, prowadzi opis budowy sutków, zmian patologicznych i sposobu ich obrazowania w mammografii. Zostały tutaj również opisane wykorzystywane w rozprawie dwie bazy danych zawierające obrazy mammo- graficzne i informacje referencyjne. Rozdział kończy przegląd literatury, dotyczącej analizy zdjęć mammo- graficznych.

Rozdział 2 przynosi zdefiniowanie obiektów, które w dalszej części rozprawy są poszukiwane na obrazach mammo- graficznych, przedyskutowanie popularnych miar stosowanych w literaturze przy ocenie detektorów tego typu zmian, oraz przedstawienie cech opisanych w literaturze wykorzystywanych w zagadnieniu detekcji, a także uzyskanych przez autora rozprawy wyników reimplementacji dla wybranych spośród nich.

W rozdziale 3 została przedstawiona autorska metoda dopasowania wzorca w wersji wieloskalowej w wielu rozdzielczościach, metody jej optymalizacji pod względem szybkości obliczeń, doboru jej parametrów przy zagadnieniu detekcji mas nowotworowych, oraz wyniki wykorzystania jej do detekcji do wybranych wzorców i parametrów metody.

Rozdział 4 opisuje poszczególne elementy, stworzonego na cele rozprawy, algorytmów ewolucyjnych zaprojektowane specjalnie z myślą o poszukiwaniu wzorca dla wieloskalowej i wielorozdzielczej metody dopasowania wzorca dla celów detekcji mas nowotworowych w mammogramach. Na końcu rozdziału zostały zamieszczone wyniki detekcji dla wzorca otrzymanego w wyniku przeprowadzonej optymalizacji.

Rozdział 5 zawiera podsumowanie wyników otrzymanych w rozprawie, wraz z krótką dyskusją porównawczą z wynikami prezentowanymi w literaturze.

Do rozprawy została dołączona płytka z bazą omawianych zdjęć mammo- graficznych i stworzonym oprogramowaniem.

Ocena wyników rozprawy

Istnienie metody dopasowania wzorców w wielu skalach i w piramidzie rozdziel- czości poprzez generację obszarów podejrzanych (zwanych też obszarami zain-

teresowania *ROI* (ang. *Region of Interest*), która pozwala efektywnie dokonać detekcji zmian nowotworowych w obrazach mammograficznych. To główna część tezy pracy. Ponadto doktorant stara się wykazać, że jest możliwa efektywna optymalizacja wykorzystywanych w tej metodzie wzorców za pomocą algorytmu ewolucyjnego.

W mammografii poszukuje się mas nowotworowych lub mikrozwapnień. Autor niniejszej rozprawy skupił się na detekcji mas nowotworowych. Drogą do lokalizacji tych mas jest poszukiwanie wspomnianych obszarów podejrzanych. Mikrozwapnienia widoczne są jako małe niemal punktowe obiekty jaśniejsze od tkanki stanowiącej ich tło. Masy nowotworowe są zbudowane z tkanki stosunkowo gęstej, porównywalnej z gęstością tkanki gruczołowej. Stąd nie dają tak jasnego śladu na radiogramie, jak mikrozwapnienia i są rozpoznawalne, gdy ich rozmiar jest wyraźnie większy niż rozmiar mikrozwapnień. Wielkość tych mas jest różny i w tym tkwi jeden z zasadniczych i trudnych problemów efektywnej detekcji. Ponadto wyniki komercyjnych algorytmów do detekcji mikrozwapnień są dobre i lepsze niż algorytmów do detekcji mas nowotworowych. Stąd podjęcie się zadania pracy nad detekcją mas jest większym wyzwaniem.

Budowanie algorytmów lokalizacji obszarów podejrzanych (*ROI*) to pierwszy krok w komputerowym wspomaganiu diagnozy (*CAD*). Na jej bazie powinno się pojawić oprogramowania do automatycznej detekcji zmian nowotworowych w mammogramach. Od niego oczekuje się zwykle odpowiedzi na dwa pytania: czy w sutku znajduje się zmiana nowotworowa i w którym miejscu zdjęcia jest ona widoczna?

Dla wykazania efektywności takiego oprogramowania oraz dokładności wskazania obszaru zmiany nowotworowej potrzebne są obiektywne miary. Autor analizuje kilka takich miar, a wśród nich *współczynnik pokrycia* odnoszący się do stosunku obszaru wspólnego wskazaniu referencyjnego i detektora do obszaru samego detektora. Oprócz niego wprowadza *dokładność*, *czułość*, *swoistość*. Pojawiają się też dwie krzywe: *FROC* (ang. *Free Receiver Operating Characteristic*) oraz *ROC* (ang. *Receiver Operating Characteristic*). W pracy ważną rolę zaś gra pole pod tą ostatnią krzywą, zwany miarą *AUC*, reprezentująca liczbowe podsumowanie wyniku, który został przedstawiony w postaci wykresu *ROC*. Ta miara daje autorowi możliwość określenia zdecydowanie lepszej funkcji ewaluacyjnej (dopasowania) w budowanym algorytmie ewolucyjnym i stanowiącym metodę optymalizacji wzorców dla obszarów *ROC*.

Mianem mas nowotworowych określa się szerokie spektrum zmian nowotworowych. Przykładowo, masy nowotworowe obejmują pięć grup według podziału dokonanego przez autorów bazy MIAS zmiany spikularne, zmiany dobrze ograniczone i źle ograniczone, zaburzenia architektury oraz asyme-

trie. Szczegółowy podział mas nowotworowych jest związany z widocznością i wyrazistością pewnych cech obrazowych. Praktycznie, jako masy nowotworowe w zagadnieniu automatycznej detekcji traktowane są niemal wszystkie zmiany widoczne w mammogramach oprócz wspomnianych powyżej mikrozwapnień.

Jednym z wymienionych zadań, jakie stawia sobie autor, jest różnicowanie pomiędzy zmianami złośliwymi a łagodnymi. Skoro ze względów zdrowotnych szczególnie istotne jest diagnozowanie i leczenie zmian złośliwych, to wyszukiwanie tego typu zmian jest szczególnie ważne. W tej rozprawie zgodzono się z tym zdaniem manifestowanym często w literaturze.

W rozprawie przyjęto założenie, że będą poszukiwane złośliwe masy nowotworowe o rozmiarach od 3 do 50 mm. Zatem zostało przyjęte najtrudniejsze, spośród opisywanych w literaturze, założenie dotyczące rozmiaru. Im większy zakres poszukiwanych mas nowotworowych, tym więcej podobnych obiektów. W szczególności dotyczy to rozszerzenia zakresu średnic w kierunku małych wartości. Kolejnym istotnym założeniem jest poszukiwanie mas nowotworowych w obrębie całego mammogramu, w tym na jego obrzeżu.

Metoda dopasowania wzorców polega na ocenie podobieństwa pomiędzy znanym obiektem – wzorcem – zapisanym w postaci tablicy, a danymi zapisanymi w tablicy o tym samym rozmiarze, które podlegają ocenie.

Z dwóch ogólnie stosowanych metod – pierwszej polegającej na porównywaniu jednego obrazu ze zbiorem wzorców w celu określenia, do którego ze wzorców obraz jest najbardziej podobny i drugiej, polegającej na porównywaniu wielu obrazów z jednym wzorcem w celu określenia, które obrazy są wystarczająco podobne do wzorca – doktorant wybiera tę drugą. Jest ona zrealizowana jako przesuwanie wzorca ponad większym obrazem. To pozwala stwierdzić, czy w obrazie znajduje się podobraz (o rozmiarze wzorca) zawierający obiekt podobny do zawartego we wzorcu. Jednocześnie ze stwierdzeniem, że jest w obrazie obiekt wystarczająco podobny do wzorca, uzyskuje się informację, w którym miejscu obrazu on się znajduje.

Przy budowie algorytmu ewolucyjnego dla optymalizacji kształtu wzorców doktorant wykazał się dużą troską o odpowiedni dobór nie tylko reprezentacji genotypu ale i funkcji dopasowania. Dzięki zastosowaniu genotypu zawierającego różnice drugiego rzędu funkcji jasności autor nie tylko miał możliwość przeniesić znane z algorytmów genetycznych operatory krzyżowania i mutacji, ale zapewnić, że wyniki działania operatora krzyżowania nie wyprowadzają poza dopuszczalne reprezentacje genotypu.

Do głównych wyników osiągnięć rozprawy zaliczam następujące punkty:

1. Zaproponowana przez doktoranta metoda detekcji mas nowotworowych,

wykorzystując dopasowania wzorców w wielu skalach na obrazach w różnych rozdzielczościach i zastosowanej optymalizacji, pozwala przeanalizować mammogram o rozdzielczości piksla $50 \mu\text{m}$ w ciągu kilku minut.

2. Wyniki eksperymentów numerycznych, przeprowadzonych z różnymi parametrami, na różnych wzorcach, na obrazach z baz MIAS i DDSM wskazują, że metoda jest szybka i czuła, spełnia wysokie wymogi efektywności i dobrze konkuruje z innymi znanymi w literaturze przedmiotu. Jej wskaźnik swoistości jest na dobrym, światowym poziomie.
3. Opracowano oryginalny algorytm ewolucyjny do optymalizacji rozkładu funkcji jasności we wzorcu dla zaproponowanej metody detekcji. W rezultacie przeprowadzonych analiz dobrano przybliżoną funkcję dopasowania, bazująca na U_{UC} .
4. Niewątpliwą zaletą metody jest to, że oprócz wskazania centrum potencjalnej zmiany, jako wynik zwracany jest również przybliżony rozmiar masy centralnej. Taki zestaw wyników jest cenny jako dane wejściowe dla algorytmu dokonującego oceny obszaru ROI .
5. W trakcie eksperymentów dało się stwierdzić, że detekcja ze wzorcem kołowo-symetrycznym jest również skuteczna do wykrywania przypadków mas nowotworowych, które są nieznacznie wydłużone.
6. W eksperymentach przeprowadzonych na obrazach z bazy DDSM otrzymane wyniki przy detekcji mas większych od 6 mm są wyraźnie lepsze od opisanych w literaturze.

Rozprawa dowodzi dużej pomysłowości i biegłego opanowania programowania przez doktoranta. Realizacja metod detekcji i optymalizacji rozkładu funkcji jasności we wzorcu i dbałość o niską złożoność tych metod dowodzą dobrego poziomu rozprawy w zakresie inżynierii oprogramowania.

Na zakończenie recenzji stwierdzam, że rozprawa mgr. Marcina Batora zawiera oryginalny dorobek naukowy doktoranta, a wkład, jak i jej wyniki niosą do uprawianej przez Niego dyscypliny naukowej, jest bardzo wartościowy. Należy na zakończenie tego punktu stwierdzić, że teza rozprawy o istnieniu efektywnej metod do automatycznej detekcji mas nowotworowych i wzbogacenie jej o algorytm optymalizacji kształtu wzorca poprzez rozkład funkcji jasności, z wykorzystaniem narzędzi inteligencji obliczeniowej (dawniej zwanej – sztuczną inteligencją), została wykazana.

Uwagi krytyczne i dyskusyjne

1. str. 10 brak opisu oznaczeń przy wprowadzeniu wielkości D_1 i D_2 .
2. str. 26 we wzorze (2.4) brak nawiasów po prawej stronie.
3. W punkcie **3.3** na str. 36 autor odrzuca analizę funkcji jasności o więcej niż 256 poziomach szarości. Argumenty tutaj przytoczone są moim zdaniem za słabe. Może ma ich autor więcej i przedstawi na obronie?
4. W punkcie **3.6** na str. 39 autor argumentuje, że wykonywując sumowania we wzorze (3.5) na współczynnik korelacji metodą sum kroczących można otrzymać redukcję czasu obliczeń. Prosiłbym o przedstawienie na obronie ogólnej definicji takich sum oraz dowód wspomnianej redukcji.
5. Nie jest zrozumiałe zdanie na str. 49, wiersze 13 i 12 od dołu.
6. W punkcie **4.3.1** autor wprowadza nową funkcję dopasowania poprzez średnią wartość współczynników korelacji w obszarze. Nie jest jasne skąd tablica (por. opis do (4.1)) takich współczynników się bierze.
7. Proszę o przedstawienie na obronie argumentów za koniecznością dokonania normalizacji funkcji dopasowania dla każdego pokolenia przed podnoszeniem do potęgi, przy zastosowaniu metody selekcji (proporcjonalnej) w punkcie **4.4** oraz samego operatora selekcji w postaci macierzowej.

Proszę o ustosunkowanie się do tych uwag.

Uwagi końcowe

Przesłana do mnie do recenzji rozprawa doktorska mgr. inż. Marcina BATOR p.t. Automatyczna detekcja zmian nowotworowych w obrazach mamograficznych z wykorzystaniem dopasowania wzorców i wybranych narzędzi sztucznej inteligencji promotorstwa prof. dr. hab. Mariusza Nieniewskiego, spełnia wszystkie wymogi stawiane rozprawom doktorskim (Ustawa o stopniach naukowych i o tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki z dnia 14 marca 2003 roku, Dziennik Ustaw Nr 65, poz. 595) w dziedzinie nauk technicznych w dyscyplinie informatyka. W związku z tym wnioskuje o dopuszczenie doktorant Pana mgr. inż. Marcina Bator do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

W. Kosiński