



(12) **CERERE DE BREVET DE INVENȚIE**

(21) Nr. cerere: **a 2019 00018**

(22) Data de depozit: **16/01/2019**

(41) Data publicării cererii:  
**30/07/2020** BOPI nr. **7/2020**

(71) Solicitant:  
• **PIXELDATA S.R.L.**,  
STR. ZAHARIA BARSAN NR.7,  
CLUJ-NAPOCA, CJ, RO

(72) Inventatori:  
• **CORDOS ALIN**, STR.PRINCIPALĂ  
NR.537, SAT GILĂU, COMUNA GILĂU, CJ,  
RO;

• **MARIȚA TIBERIU**,  
STR. DIMITRIE CANTEMIR NR.13A, AP.1,  
CLUJ-NAPOCA, CJ, RO;  
• **BREHAR RALUCA-DIDONA**,  
STR.GHEORGHE DIMA NR.7, AP.32,  
CLUJ-NAPOCA, CJ, RO;  
• **ITU RĂZVAN**, STR.PĂLTINIȘ NR.7,  
CLUJ-NAPOCA, CJ, RO;  
• **MITREA DELIA**, STR.AUREL CIUPE  
NR.7B, CLUJ-NAPOCA, CJ, RO

(54) **METODĂ PENTRU SEGMENTAREA AUTOMATĂ  
A ANOMALIILOR DIN IMAGINILE MAMOGRAFICE**

(57) Rezumat:

Invenția se referă la o metodă pentru segmentarea automată a anomaliilor de tip "mase" și "microcalcifieri" din imaginile mamografice, folosind tehnici de învățare automată. Metoda conform invenției constă în antrenarea a două modele de clasificare binară a pixelilor din imaginea mamografică, unul pentru segmentarea "maselor" și unul pentru segmentarea "microcalcifierilor", iar pe baza modelelor antrenate se poate determina o probabilitate, la nivel de pixel, ca acesta să aparțină unei anomalii sau unei zone de țesut normal.

Revendicări: 6  
Figuri: 7

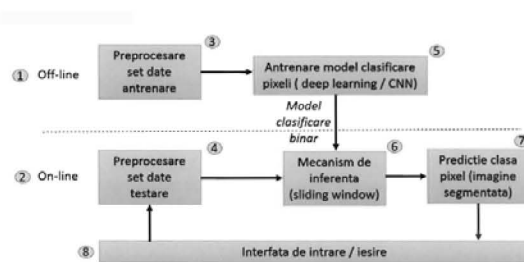
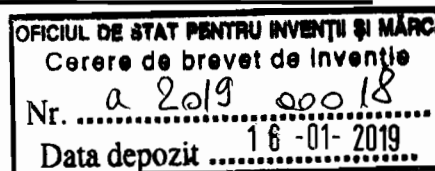


Fig. 1



## DESCRIERE



Invenția se referă la o „**Metoda pentru segmentarea automată a anomaliilor din imaginile mamografice**”.

Prezenta invenție vizează dezvoltare unei metode și a unui set de algoritmi pentru segmentare automată a anomaliilor de tip “*mase*” și “*micro-calcifieri*” [Ike2016] din imaginile mamografice, folosind tehnici de învățare automată (“machine learning”).

Cancerul de sân este una dintre principalele boli care afectează viața femeilor la nivel mondial. Datele statistice publicate de Organizația Mondială a Sănătății (OMS) arată ca 23% din numărul total de cazuri de cancer sunt de sân iar 14% conduc la deces [Jem2008]. Printre cele mai eficiente modalități de reducere a ratei mortalității cauzate de această patologie sunt programele de screening care folosesc mamogramele ca și modalitate imagistică de investigație primară și care permit detectarea bolii încă din faza asimptomatică. Interpretarea dublă (vizualizarea simultană și independentă a mamogramei de către doi radiologi) s-a impus ca și standard în majoritatea programelor de screening cu scopul de a reduce rata detecțiilor fals-negative a cazurilor patologice [Tab2005]. Această tehnică necesită însă alocarea de timp și costuri suplimentare, o imagine mamografică digitizată având în general o dimensiune de ordinul zecilor de MegaPixeli, iar scanarea vizuală manuală a celor 4 vederi (Medio-Lateral-Oblice - MLO și Cranio-Caudale - CC ale sânelui stâng-L, respectiv drept-R) asociate unei investigații durând cca. 20 .. 30 min.

Principala dificultate în detecția acestor anomalii (în special a maselor și microcalcifierilor) [Ike2016] este dată de procesul de achiziție al mamografiilor 2D (pe film sau digitale): o structură 3D este proiectată pe un plan 2D ceea ce conduce la zgomot structural datorat suprapunerii de țesuturi din mamografia, în special a țesuturilor glandulare dense. Din această cauză 10%-15% din cancere sunt invizibile mamografic, țesutul glandular dens putând ascunde până la 30% ... 50% din cancere [Ike2016].

În acest context, invenția de față propune dezvoltarea unor metode de segmentare automată a anomaliilor de tip “*mase*” și “*microcalcifieri*” [Ike2016].

\*NOTĂ – cu simbolul superscript [ ] se face referire la secțiunea Bibliografie de pe ultima pagină (exemplu [1])

\*\* NOTĂ – cu simbolul ( ) se face referire la componente din Figuri din secțiunea Desene

S-au antrenat 2 modele de clasificare binară a pixelilor din imagine (unul pt. segmentarea maselor și unul pentru segmentarea micro-calcifierilor) care vor furniza câte o

## Descrierea invenției

---

probabilitate ca pixelul respectiv sa fie o anomalie sau sa aparțină unei zone de țesut normal. Operațiile de segmentare a celor două tipuri de anomalii se pot rula/aplica în mod independent. Metodele dezvoltate sunt integrate într-o unealta software care va furniza medicului radiolog o predicție a zonelor care corespund anomaliilor, reducând astfel dramatic timpul de examinare a imaginilor mamografice.

**Scopul** prezentei invenții este de a dezvolta o metodă și un set de algoritmi pentru segmentare automata a anomaliilor de tip „mase” și „micro-calcifieri”<sup>[Ike2016]</sup> din imaginile mamografice, folosind tehnici de învățare automata („machine learning”). Operațiile de segmentare a celor două tipuri de anomalii se vor putea rula/aplica în mod independent. Metoda și algoritmi dezvoltati sunt integrați într-o unealtă software care va furniza medicilor radiologi predicții asupra zonelor care corespund anomaliilor, reducând astfel dramatic timpul de examinare a imaginilor mamografice și scăderea ratei (FNR – false negative rate), în condițiile în care realizarea acestui proces de către un operator uman este lentă și meticuloasă (cca. 20 .. 30 minute) din cauza rezoluțiilor foarte mari ale imaginilor (ordinul zecilor de MegaPixeli). Decizia finala asupra patologiei anomaliilor detectate va fi luată de către medicul radiolog. Pe lângă reducerea timpului de examinare, metoda va avea ca și efect reducerea ratelor de detecție fals-negative (FNR) ale anomaliilor de tip mase și micro-calcifieri comparativ cu procesul de scanare vizuală manuală.

**Problema** pe care o rezolvă invenția este o metoda de segmentare automata a anomaliilor de tip „mase” și „microcalcifieri”<sup>[Ike2016]</sup>, folosind doua modele de clasificare binară distincte, generate prin tehnici de învățare automată de tip „deep learning”. Metodele dezvoltate sunt integrate într-o unealtă software care va furniza medicilor radiolog o predicție a zonelor care corespund anomaliilor. Componentele unelei software referite în descriere sunt: rutine de preprocesare a datelor de antrenare (3) respectiv de testare (4), rutine de antrenarea a modelelor de clasificare a pixelilor (5), o rutina care implementează mecanismul de predicție/inferență la nivel de pixel (6), o interfață de intrare/ieșire de tip linie de comandă pentru introducerea și afișarea datelor numerice (8) și afișarea vizuală rezultatului segmentării/predicției (7). O parte dintre aceste componente (1) sunt utilizate în faza de antrenare (off-line) iar cealaltă parte (2) în faza de testare/predicție/inferență (on-line). Cele două faze se aplică distinct pe cele două seturi de date („mase” și „microcalcifieri”, rezultând modele de antrenare și predicții distincte pentru cele 2 patologii.

**Principiul de funcționare:** Segmentarea automată a imaginilor mamografie pentru detecția celor 2 tipuri de anomalii („mase” și „microcalcifieri”) este un proces care se

*Descrierea invenției*

desfășoară în două etape: o etapa de antrenare (1) urmată de o etapa de inferență/predicție (2) – fig. 1.

Procesul de antrenare se executa off-line (1) folosind seturi de date adnotate de medicii radiologi care conține câte 4 imagini pentru fiecare examinare (2 vederi Medio-Lateral-Oblice ale sânelui stâng, respectiv drept și 2 vederi Cranio-Caudale ale sânelui stâng, respectiv drept). Procesul de antrenare se execută distinct pe 2 seturi de date: setul de date conținând anomalii de tip „mase” și setul de date conținând anomalii de tip „microcalcifieri”. În urma procesului de antrenare se obțin două modele distincte de clasificare binară a pixelilor in imagine: un model pentru clasificarea pixelilor in clasele „normal”/”masă” și un model pentru clasificarea pixelilor in clasele „normal;”/”microcalcifieri”.

Procesul de inferență/predicție se executa on-line (2) prin furnizarea unui set de imagini mamografice noi, unele generând la ieșire pentru fiecare imagine o harta de probabilitate pentru detecția anomaliilor de tip „masă” și o hartă de probabilitate pentru detecția anomaliilor de tip „microcalcifieri”. Rezultatul final al segmentării constă în vizualizarea acestor hărți de probabilitate sau a imaginilor binare obținute prin binarizarea hărților de probabilitate cu un prag fix furnizat de utilizator.

Pentru demonstrarea funcționalității metodei propuse s-a folosit un set de date de referință din literatura de specialitate: CBIS-DDSM [Lee2016]. In total setul CBIS-DDSM conține un set de antrenare de 1546 de imagini adnotate cu anomalii de tip *calcifieri* și 1318 de cazuri cu anomalii de tip *masă* și un set de test cu 284 de imagini adnotate cu anomalii de tip *calcifieri* și 348 de imagini cu anomalii de tip *masă*. Pentru fiecare vedere este furnizată imaginea originală („full grayscale”) in format TIFF cu 16 biți/pixel stocate într-un fișier DICOM. Măștile binare (Ground Truth) din setul DDSM corespunzătoare anomaliilor de tip mase și micro-calcifieri au fost revizuite de medici radiologi și apoi conturul lor a fost rafinat prin metoda “level-set” [Lee2017]. Acestea imagini sunt in format TIFF cu 8 biți/pixel, stocat ca și o imagine DICOM. Dacă o vedere (LMLO, RMLO, LCC sau RCC) conține mai multe anomalii, setul măștilor binare va conține câte o imagine/mască binară pentru fiecare anomalie.

Metodele de *preprocesare* (3),(4) aplicate atât în faza off-line (1) cât și in faza on-line (2) sunt:

- *Restructurarea setului de date de antrenare și testare* folosit din formatul și structura originală (DICOM) într-o structură și format adecvat procesului de antrenare prin redenumirea fișierelor care corespund imaginilor full grayscale și a măștilor binare asociate cu numere distincte care indexează identificatorul cazului pacientului (\*F\_XXXXXX\*.dcm,

*Descrierea invenției*

respectiv și \*M\_XXXXXX\*.dcm), structurate în foldere aferente anomaliei (masa/calcifere) și sub-foldere aferente fazei de procesare (antrenare/testare)

- *Eliminarea acelor perechi de fișiere (full grayscale / mască binară) care nu au aceeași rezoluție spațială (înălțime/lățime) și în consecință există șanse ca informația vizuală grayscale și masca binară să nu fie corelate.* Aceasta verificare este necesară deoarece existența unor astfel de cazuri poate genera ambiguități în modelele de clasificare care vor fi antrenate și consecvent în rezultatele inferențelor pe imaginile de test.

- *Detecția orientării reale a imaginii mamografice* deoarece s-a constatat că denumirea orientării imaginilor mamografice (Left sau Right) codificată în numele imaginilor din setul CBIS-DDSM nu corespunde întotdeauna cu orientarea reală. Astfel s-a determinat automat orientarea mamografiei prin examinarea comparativă a mediilor intensităților din două fâșii verticale din imagine cu limitele  $[k_L * Width .. k_H * Width]$ , respectiv  $[(1 - k_H) * Width .. (1 - k_L) * Width]$ , fâșia cu media mai mare dând și orientarea reală a mamogramei (fig. 2).

- *Decuparea centrată pe leziune a patchurilor de antrenare* : scopul generării acestor tipuri de regiuni este să furnizeze procesului de antrenare a clasificatorului cât mai multe exemple pozitive, care să surprindă caracteristicile leziunilor la nivel global (formă / contur). Ca să intre în discuție este nevoie de setul de imagini mamografice full și măștile binare asociate fiecărei anomalii ( $nr\_masti\ binare = nr\_imagini\_full \times nr\_leziune/ imagine\_full$ ). Procedura propusă iterează setul de măști binare, și pentru fiecare anomalie (obiect alb - unic pentru o mască) se găsește punctul median al dreptunghiului care circumscrie leziunea. Se calculează coordonatele pătratului de dimensiune  $dim \times dim$  ( $dim = 2^n$ ) centrat în punctul median, și se decupează din masca binară. Simultan se decupează același pătrat din imaginea full-grayscale. Măștile binare și regiunile pătratice corespondente (ROI) din imaginea grayscale se stochează în foldere cu denumiri sugestive, în fișiere de tip TIFF cu 8biti/pixel pentru măști, respectiv 16 biți/pixel pentru ROI. Întregul proces este ilustrat grafic în fig. 3.

Metode de *preprocesare* (3) specifice doar fazei de antrenare/off-line (1) sunt:

- *Decuparea prin fereastră glisantă a patchurilor de antrenare*: scopul generării acestor tipuri de patchuri este să furnizeze procesului de antrenare a clasificatorului cât mai multe exemple pozitive (translatate față de cele centrate) și cât mai multe exemple negative. Ca să intre în discuție este nevoie de setul de imagini mamografice full-grayscale și măștile binare obținute prin fuziunea tuturor măștilor asociate fiecărei anomalii ( $nr\_masti\ binare = nr\_imagini\_full \times nr\_leziune/ imagine\_full$ ). Această fuziune se realizează printr-o operație de sau logic la nivelul fiecărui pixel din măștile binare care sunt asociate fiecărei anomalii care apare într-o vedere (fig. 4.a). La ieșire se vor obține măști binare pătratice (fișiere de tip TIFF,  $dim = 2^n$ ,

*Descrierea invenției*

8 biți/pixel) și regiuni de interes (ROI) grayscale corespondente (fișiere de tip TIFF,  $dim = 2^n$ , 16 biți/pixel – fig. 4.b). Ca și parametrii ai schemei de glisare se furnizează pasul de glisare („stride”) al ferestrei pe ambele direcții (orizontală și verticală) care poate avea orice valoare cuprinsă în intervalul  $1 .. dim$  și un prag  $Th\_mean$  folosit pentru a ignora zonele din imagine care sunt nerelevante (cvasi-negre, având media intensităților mai mică decât  $Th\_mean$ ).

*Antrenarea modelelor de clasificare a pixelilor din imagine* (5), s-a făcut pentru a genera modele de clasificare a pixelilor pentru cele 2 tipuri de anomalii (mase sau micro-calcifieri), în funcție de setul de antrenare folosit. Antrenarea s-a realizat folosind tehnici de învățare automată de tip “deep learning” implementate prin rețele neuronale convoluționale (CNN). S-au ales 2 abordări: prima este bazată pe arhitectura U-NET, care s-a dovedit utilă pentru generarea de modele binare de clasificare a pixelilor cu aplicații în imagistica medicală (segmentarea imaginilor dermatologice, segmentarea celule canceroase tumorale (CTC) în imagini microscopice ale sângelui [Moc2018]; a doua abordare este bazată pe arhitectura ERFNet, care a fost folosită cu succes în segmentarea semantică multi-clasă a imaginilor, adaptată în cazul de față pentru problema segmentării binare. Ca și imagini de intrare pentru procesul de antrenare s-au folosit regiunile de interes și măștile binare corespondente generate în etapa de preprocesare a setului de date de antrenare (3).

Rețelele de tip U-Net [Ron2015] se bazează pe o arhitectura de tip “encoder-decoder”. Pentru implementarea modelului de clasificare binară a pixelilor s-a folosit o rețea U-NET modificată, ce conține 7 niveluri de codificare (“encoding”) și tot 7 niveluri de decodificare (“decoder”). Un nivel de codificare are următoarea structură: convoluție cu kernel de dimensiune  $3 \times 3$ , normalizare lot și activare neliniară ReLU, convoluție cu kernel de dimensiune  $3 \times 3$ , normalizare lot și activare neliniară ReLU, max pooling cu kernel  $2 \times 2$ . Un nivel de decodificare conține următoarele operații: deconvoluție cu kernel  $2 \times 2$ , concatenare cu stratul corespunzător din codificare, deconvoluție cu kernel de dimensiune  $3 \times 3$ , normalizare lot și activare neliniară ReLU, deconvoluție cu kernel de dimensiune  $3 \times 3$ , normalizare lot și activare neliniară ReLU, deconvoluție cu kernel de dimensiune  $3 \times 3$ , normalizare lot și activare neliniară ReLU. Mecanismul de antrenare și inferență a fost implementat în limbajul de programare Python, folosind bibliotecile software TensorFlow și Keras. De asemenea; pentru a citi și preprocesa informațiile s-a utilizat și biblioteca de proceduri OpenCV [OCV2018].

A doua abordare este bazată pe arhitectura de rețea ERFNet [Rom2018]. Si ERFNet este o rețea de tip codor / decodor. Arhitectura rețelei a fost modificată după cum se observă în

*Descrierea invenției*

figura 5, astfel încât să se potrivească dimensiunii imaginilor de antrenare. Rețeaua constă dintr-un codor care cuprinde nivele convoluționale care micșorează hărțile de trăsături și realizează convoluții cu diferite tipuri de filtre. Codorul („encoder”) cuprinde 16 nivele reziduale și de micșorare dar și convoluții dilatate combinate. Rolul acestora este de a permite nivelurilor rețelei să învețe informații despre context din imagini și totodată convoluțiile dilatate au rolul de a reduce timpul de execuție. Decodorul mărește hărțile de trăsături obținute de codor până ajunge la dimensiunea originală a imaginilor de antrenare. Nivelele decodorului sunt nivele de deconvoluție („deconvolution layers”) cu un factor de deplasare de 2 pixeli.

Pentru implementarea *mecanismului de inferență* (6) s-a optat pentru o schema de tip fereastră glisanta („sliding window”) parcurgerea imaginilor fiind similară cu cea de generare a patchurilor de antrenare (3), (fig. 4). Ca și intrare este nevoie de imaginea full grayscale a mamografiei de test (fig. 6.a și fig. 7.a). Dimensiunea ferestrei glisante trebuie să fie identică cu dimensiunea ferestrei folosită la antrenarea modelului ( $dim = 2^n$ ). Pentru fereastră glisantă curentă se vor aplica aceleași operații de normalizare a intensităților care s-au aplicat în procesul de antrenare și se apelează metoda de predicție pe baza modelului de clasificare antrenat. În final se reassemblează imaginea întreaga din predicțiile obținute pe fiecare patch (fig. 6.d și fig. 7.d) sub forma unei imagini grayscale cu 8 biți/pixel.. Opțional se poate face binarizarea rezultatului pentru a obține o imagine de ieșire binară (fig. 6.c și fig. 7.c) cu un prag de binarizare  $Th_{inf}$ . Pentru evaluarea cantitativă a rezultatului se pot calcula metricile  $IoU^{[IOU2018]}$  sau  $DSC^{[F1s2018]}$  prin raportare la masca binară de referință (Ground Truth/GT - fig. 6.b și fig. 7.b).

**Descriere produs.** Parametrii de funcționare care pot fi controlați sunt:

- Căile absolute către folderurile care conțin seturile de imagini de antrenare originale – se specifică sub forma unui șir de caractere, în mod independent pentru cele două seturi de antrenare: mase și micro-calificiferi (ex: E:\\Data\_Sets\\Mamografie\\CBIS-DDSM\\0MASS\\Train\\FULL4sw)
- Căile absolute către folderurile care conțin seturile de imagini de antrenare preprocesate – se specifică sub forma unui șir de caractere, în mod independent pentru cele două seturi de antrenare: mase și microcalificiferi (ex: E:\\Data\_Sets\\Mamografie\\CBIS-DDSM\\0MASS\\Train\\256\_ROI,E:\\Data\_Sets\\Mamografie\\CBIS-DDSM\\0MASS\\Train\\256\_MASK)

Descrierea invenției

- Cele două constante ( $k_L$ ,  $k_H$ ) folosite pentru decuparea celor două fâșii verticale din imagine cu limitele [ $k_L * Width .. k_H * Width$ ], respectiv [ $(1-k_H) * Width .. (1-k_L) * Width$ ], folosite pentru detecția orientării reale a mamogramei (fig. 2), sunt valori subunitare, ( $k_L < k_H$ ), cu valori tipice:  $k_L = 0 .. 0.1$  și  $k_H = 0.02 ... 0.025$ .
- Dimensiunea ferestrei glisante pentru generarea regiunilor de interes (patch-uri) atât pentru antrenare cât și pentru inferență:  $dim = 2^n$  – poate fi orice număr întreg, putere a lui 2. Este necesar ca dimensiunea ferestrei folosite în procesul de inferență să fie identică cu cea folosită la antrenare.
- Pasul de deplasare a ferestrei glisante (stride) poate fi orice valoare întreagă:  $stride = 1 ... dim$ .
- Pragul  $Th\_mean$  este folosit pentru a ignora în procesul de generare a imaginilor de antrenare (ROI și măști) a zonele din imagine care sunt nerelevante (cvasi-negre – fig. 4.b), și care au media intensităților mai mică decât  $Th\_mean$ . Valori tipice pentru imagini de antrenare grayscale cu 16 biți/pixel pot fi cuprinse între 1000 ... 10000.
- Pragul de binarizare a rezultatului predicției pentru a obține o imagine segmentată binară (Fig. 6.c și fig. 7.c) este o valoare întreagă  $Th\_inf = 1 ... 254$ .

**Utilizarea interfeței cu utilizatorul**

Interacțiune utilizatorului cu interfața de intrare se face prin intermediu liniei de comandă folosind caractere alfanumerice. Principalele intrări sunt:

- Calea absolută către setul de imagini de antrenare (faza off-line) sau calea către imaginea de test (faza on-line).
- Dimensiunea ferestrei glisante:  $dim = 2^n$
- Pasul de deplasare a ferestrei glisante:  $stride$
- Pragul folosit pentru a ignora în procesul de antrenare zonele din imagine care sunt nerelevante:  $Th\_mean$
- Pragul de binarizare a rezultatului predicției:  $Th\_inf$

Interfața de ieșire constă în mesaje afișate la linia de comandă privind starea și rezultatele execuției rutinelor programului și vizualizarea grafică a rezultatului predicției/segmentării (fig. 6 și fig. 7).

**Unelte software de tip „open-source” folosite la implementarea metodelor de procesare**



## Descrierea invenției

---

Pentru scrierea rutinelor s-a folosit limbajul Python 3.5. IDE-ul propus pentru dezvoltarea aplicației a fost PyCharm (JetBrains).

În ceea ce privește uneltele software folosite, sunt necesare următoarele dependențe:

- Anaconda3 (pentru Python 3.7), versiunea de 64-biti. Odată cu instalarea Anaconda3 se va instala automat și Python 3.7. Pentru a nu fi conflicte, este recomandată dezinstalarea oricărei versiuni anterioare de Python; Tensorflow nu funcționează cu Python 3.7, așa ca este nevoie de downgrade. Pentru aceasta, se apeleaza comanda: “conda install python=3.5”;
- CUDA 9 – descărcat de pe site-ul oficial Nvidia. Este necesară pentru instalarea ulterioara a Tensorflow;
- Tensorflow – este o librărie software open source pentru calcule numerice cu performante sporite. Arhitectura flexibila permite folosirea sa pe o gama variata de platforme (CPU, GPU etc.). Tensorflow vine cu suport puternic pentru machine learning si deep learning. În cazul de față s-a folosit varianta GPU a Tensorflow, pe o stație de lucru cu placa video Nvidia (pentru avantajele oferite de platforma de calcul paralel CUDA). Instalarea se face cu comanda: “pip install tensorflow-gpu”;
- Pyhamcrest – recomandat pentru funcționarea fără probleme si evitarea erorilor la instalarea pachetelor. Se instalează folosind comanda: “conda install –c conda-forge pyhamcrest”
- Keras – este un API de nivel înalt pentru rețele neuronale, capabil sa ruleze peste Tensorflow. Focusul sau este axat pe experimentări rapide, de aceea este cel mai des folosit in deep learning. Pentru instalare se folosește următoarea comanda: “conda install –c conda-forge keras”.

Librăriile adiționale pentru mediul Python de care este nevoie sunt următoarele:

- Pydicom - pentru citirea imaginilor medicale DICOM (extensia \*.dcm)
- NumPy – pachet fundamental pentru calcule științifice. Conține vectori N-dimensional, funcții rapide pentru calcule de algebra liniara, transformate, generator de numere aleatoare etc. De asemenea, datele (matricea pixelilor) din imagine se stochează într-un NumPy array.
- OpenCv Python – a fost construit pentru eficienta computaționala sporita cu un focus pentru aplicațiile in timp real. În aplicație este folosit pentru citirea de imagini , altele decât formatul DICOM, și pentru operații pe matricele în care sunt stocate imaginile.
- Alte librarii utilizate vin odată cu instalarea Anaconda3 si pot fi importate direct in script-uri (de ex., os – pentru parsarea fișierelor si organizarea lor).

**Specificații tehnice ale componentelor din sistem**

Formatul datelor de intrare pentru rutinele de preprocesare (3),(4)	Fișare DICOM (*.dcm)
Formatul mamografiilor	Imagini grayscale cu 16 bti/pixel
Formatul măștilor binare (GT)	Imagini grayscale cu 8 bti/pixel
Formatul datelor de intrare pentru rutinele de antrenare (5)	Fișiere imagine de de tip TIFF (*.tiff), compresie de tip LZW (fără pierderi)
Formatul regiunilor de interes (ROI) grayscale	Imagini grayscale cu 16 biți/pixel
Formatul măștilor binare (GT) corespunzatoare	Imagini grayscale cu 8 biți/pixel
Formatul datelor de iesire pentru rutinele de antrenare (5)	
Modelele de clasificare	Fișiere cu extensia *.json si *.h5
Ponderile modelului	Fișiere cu extensia *.model
Formatul datelor de intrare pentru rutina de inferență (6)	
Formatul mamografiilor de test	Fișiere DICOM conținând imagini cu 16 biți/pixel
Modelele de clasificare	Fișiere cu extensia *.json si *.h5
Ponderile modelului	Fișiere cu extensia *.model
Formatul datelor de ieșire ale rutinei de inferență (7)	Fișiere imagine de de tip TIFF (*.tiff), compresie de tip LZW (fără pierderi), 8 biți/pixel

**Bibliografie:**

- [F1s2018] F1 score (Sørensen–Dice coefficient), [https://en.wikipedia.org/wiki/S%C3%B8rensen%E2%80%93Dice\\_coefficient](https://en.wikipedia.org/wiki/S%C3%B8rensen%E2%80%93Dice_coefficient), citat nov. 2018.
- [Ike2016] Ikeda, D, Kanae K. “Breast Imaging: The Requisites”, Elsevier Health Sciences, 2016.
- [IoU2018] Intersection over Union (Jaccard index) [https://en.wikipedia.org/wiki/Jaccard\\_index](https://en.wikipedia.org/wiki/Jaccard_index), citat nov. 2018.
- [Jem2008] Jemal, et al. "Cancer statistics" CA:a cancer journal for clinicians 58.2 (2008): 71-96.
- [Lee2016] R. S. Lee, F. Gimenez, A. Hoogi , D. Rubin (2016). Curated Breast Imaging Subset of DDSM. The Cancer Imaging Archive. <http://dx.doi.org/10.7937/K9/TCIA.2016.7O02S9CY>
- [Lee2017] Lee, R.S., et al. "A curated mammography data set for use in computer-aided detection and diagnosis research." Scientific data 4 (2017): 170177.
- [Moc2018] Mocan, I., Itu, R., Ciurte, A., Danescu, R., & Buiga, R. (2018, September). Automatic Detection of Tumor Cells in Microscopic Images of Unstained Blood using Convolutional Neural Networks. In 2018 IEEE 14th International Conference on Intelligent Computer Communication and Processing (ICCP) (pp. 319-324). IEEE.
- [OCV2018] Open Computer Vision Library, <https://opencv.org/>, citat nov. 2018.
- [Rom2018] E. Romera, J. M. Álvarez, L. M. Bergasa and R. Arroyo, "ERFNet: Efficient Residual Factorized ConvNet for Real-Time Semantic Segmentation," in IEEE Transactions on Intelligent Transportation Systems, vol. 19, no. 1, pp. 263-272, Jan. 2018.
- [Ron2015] Ronneberger, O., Fischer, P., & Brox, T. (2015, October). U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention (pp. 234-241). Springer, Cham, <https://lmb.informatik.uni-freiburg.de/people/ronneber/u-net/>
- [Tab2005] Tabár, L., Tot, T., & Dean, P. B. (2005). Breast cancer: the art and science of early detection with mammography: perception, interpretation, histopathologic correlation (pp. 405-438). Stuttgart: Thieme.

## DESENE

Figura 1. Arhitectura uneltei pentru segmentarea automată a anomaliilor din imaginile mamografice

Figura 2. Ilustrarea detecției automate a orientării reale mamogramei: a.  $\mu_{ROI-L} > \mu_{ROI-R}$ ; b.  $\mu_{ROI-L} < \mu_{ROI-R}$ .

Figura 3. Ilustrarea procesului de decupare centrată a măștilor binare și a regiunilor de interes (ROI) corespondente (grayscale)

Fig. 4. Ilustrarea procedurii de împărțire a imaginii grayscale și a măștii binare fuzionate după o schema de tip fereastră glisanta (“sliding-window”): a. fuzionarea măștilor binare care corespund aceleași vederi; b. decuparea propriu-zisă a regiunilor de interes.

Figura 5. Ilustrare a arhitecturii rețelei ERFNet pentru imagini de intrare (regiuni de interes și măști binare) de cu dimensiunea  $dim=256$ .

Figura 6. Exemplu de segmentare a unei anomalii de tip “masă” folosind tehnica de inferență bazată pe ferestre glisante

Figura 7. Exemplu de segmentare a unei anomalii de tip “microcalcifiere” folosind tehnica de inferență bazată pe ferestre glisante

## REVENDICĂRI

**„Metoda pentru segmentare automată a anomaliilor din imaginile mamografice”** care permite clasificarea / segmentarea automată a pixelilor imaginilor mamografice în una din următoarele 3 categorii: sănătos, masă sau micro-calcifiere.

Metoda de segmentarea automată a anomaliilor din imaginile mamografice **este caracterizată prin următoarele elemente de noutate** introduse în prezenta invenție:

1. *O arhitectură a sistemului software* (figura 1) compusa din :
  - O faza „off-line” denumita de „antrenare” (1) si o faza on-line denumita de inferență/predicție (2)
  - Un set de rutine software de preprocesare a datelor pentru fazele de antrenare (3) si testare (4)
  - Un set de rutine software pentru antrenarea modelelor de clasificare (5)
  - O rutină software pentru realizarea operației de inferență/predicție pentru clasificarea pixelilor din imagine (6)
  - O interfață cu utilizatorul de tip linie de comanda si grafica pentru introducerea datelor si vizualizarea rezultatelor (7);
2. *O rutina software pentru detecția automată a orientării mamogramei (left/right) prin analiza informației vizuale*
3. *O rutina software pentru generarea automată a unui set de Regiuni de interes (ROI) si măști binare (Mask), de rezoluție variabila, centrate in jurul anomaliilor, pentru antrenarea modelelor de clasificare cu exemple pozitive, plecând de la o bază de date cu imagini mamografice adnotate;*
4. *O rutina software pentru generarea automată a unui set de Regiuni de interes (ROI) si măști binare (Mask), de rezoluție variabila, prin tehnica ferestrelor glisante cu pas variabil („stride”), setat de utilizator pentru antrenarea modelelor de clasificare cu exemple pozitive și negative, plecând de la o bază de date cu imagini mamografice adnotate;*
5. *Un set de rutine software pentru antrenarea modelelor de clasificare a pixelilor din imagine, care generează modele de clasificare a pixelilor pentru cele două tipuri de anomalii (mase sau micro-calcifiere), în funcție de setul de antrenare folosit.*
6. *O rutina software pentru predicția clasei de apartenență pentru fiecare pixel din imaginea de test*



Figura 1. Arhitectura sistemului software pentru segmentarea automată a anomaliilor din imaginile mamografice

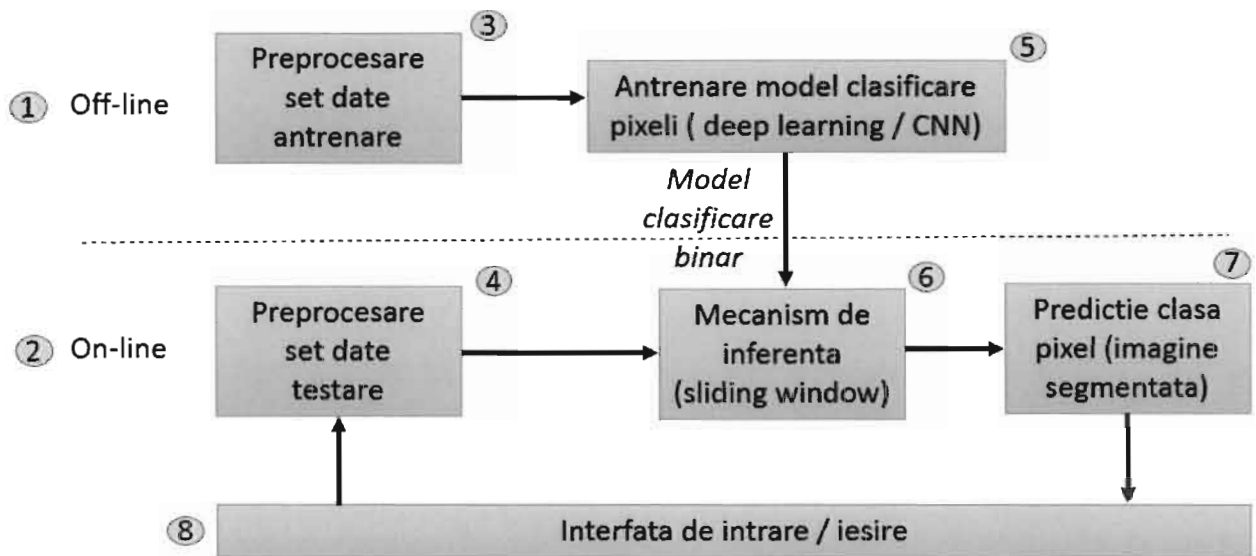


Figura 2. Ilustrarea detecției automate a orientării reale mamogramei: a.  $\mu_{ROI-L} > \mu_{ROI-R}$ ; b.  $\mu_{ROI-L} < \mu_{ROI-R}$ .

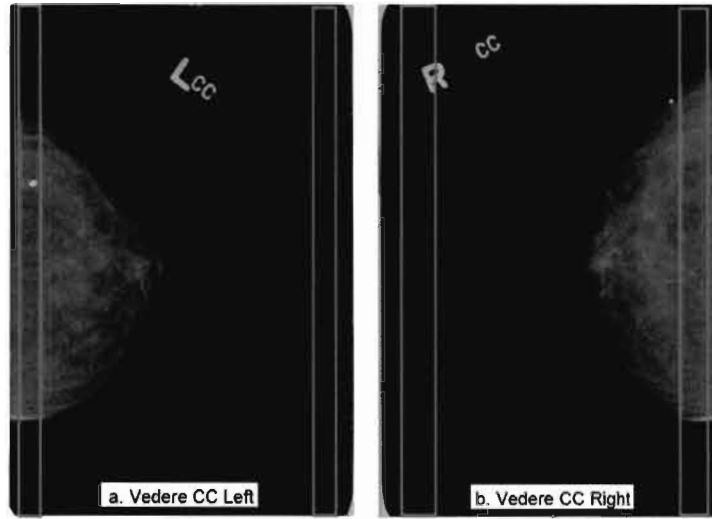


Figura 3. Ilustrarea procesului de decupare centrata a măștilor binare și a regiunilor de interes (ROI) corespondente (grayscale)

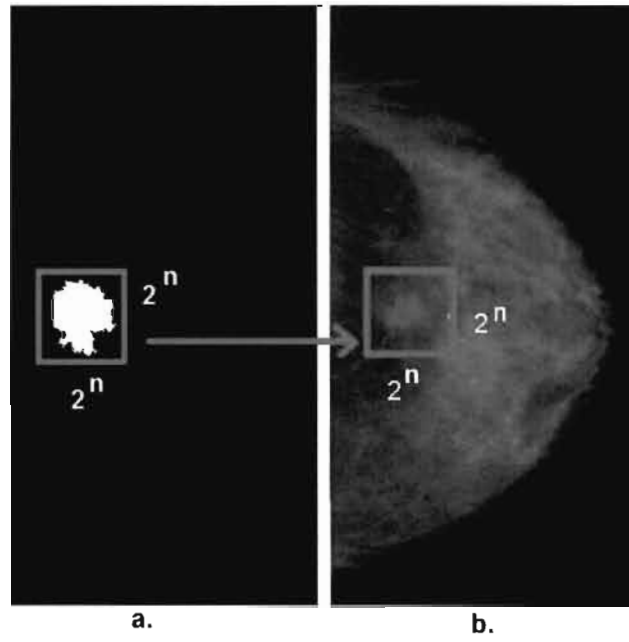




Fig. 4. Ilustrarea procedurii de împărțire a imaginii grasycale si a măștii binare fuzionate după o schema de tip fereastră glisantă (“sliding-window”): a. fuzionarea măștilor binare care corespund aceleași vederi; b. decuparea propriu-zisă a ROI prin schema ferestrei glisante (exemplu cu „stride” =  $dim$ ).

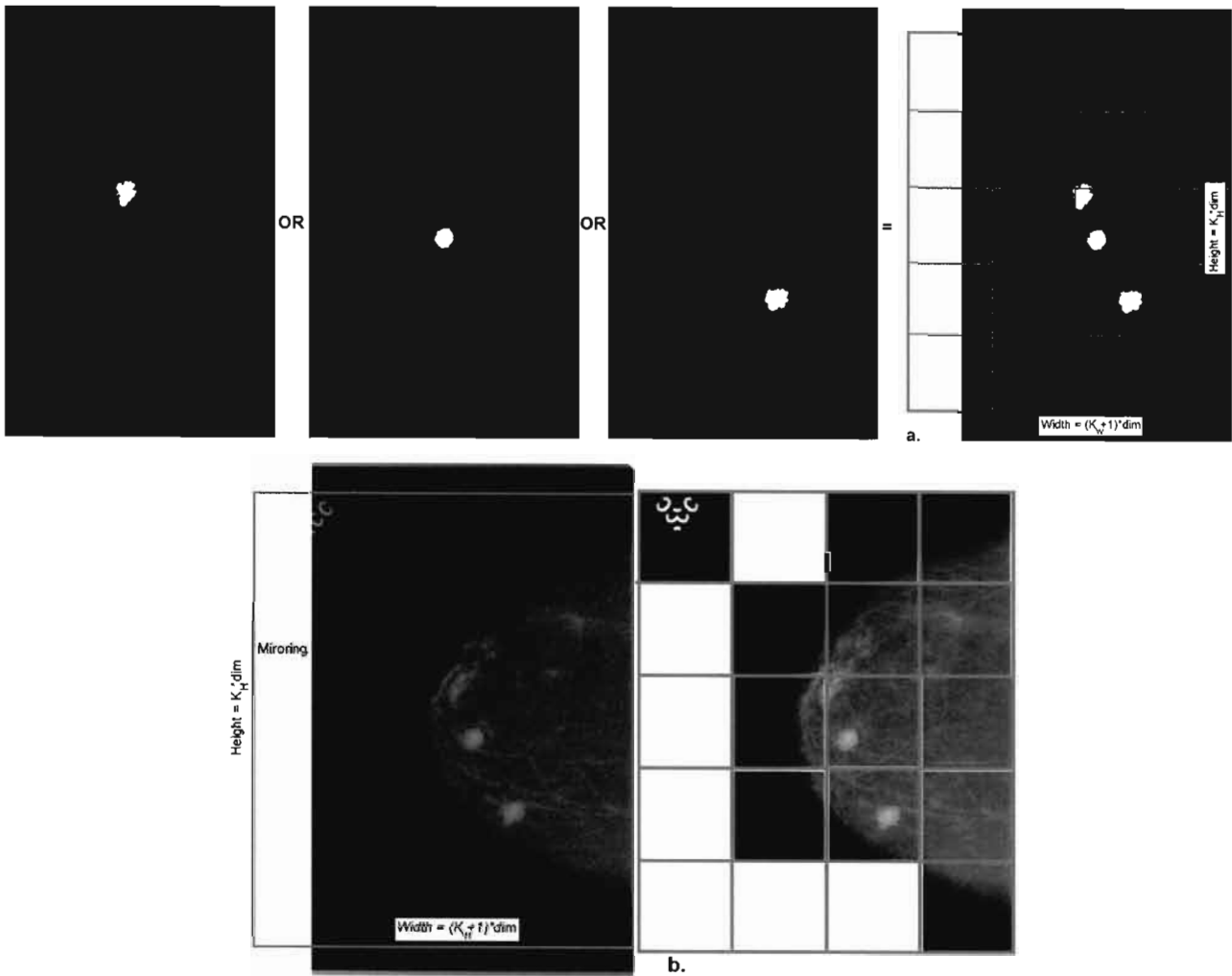


Figura 5. Ilustrare a arhitecturii rețelei ERFNet pentru imagini de intrare (regiuni de interes si măști binare) de cu dimensiunea  $dim=256$ .

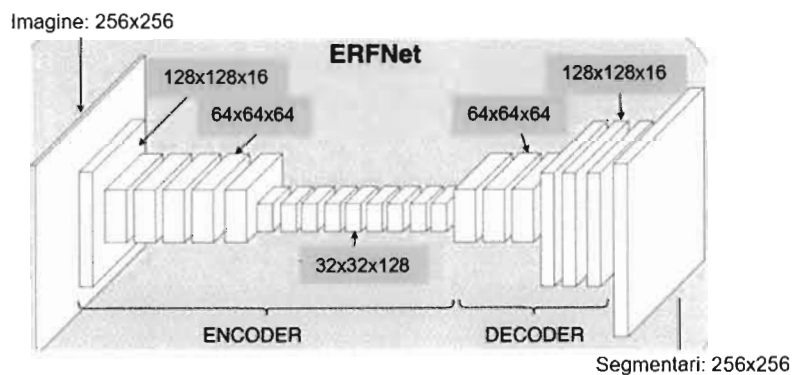


Figura 6. Exemplu de segmentare a unei anomalii de tip “masă” folosind tehnica de inferență bazată pe ferestre glisante

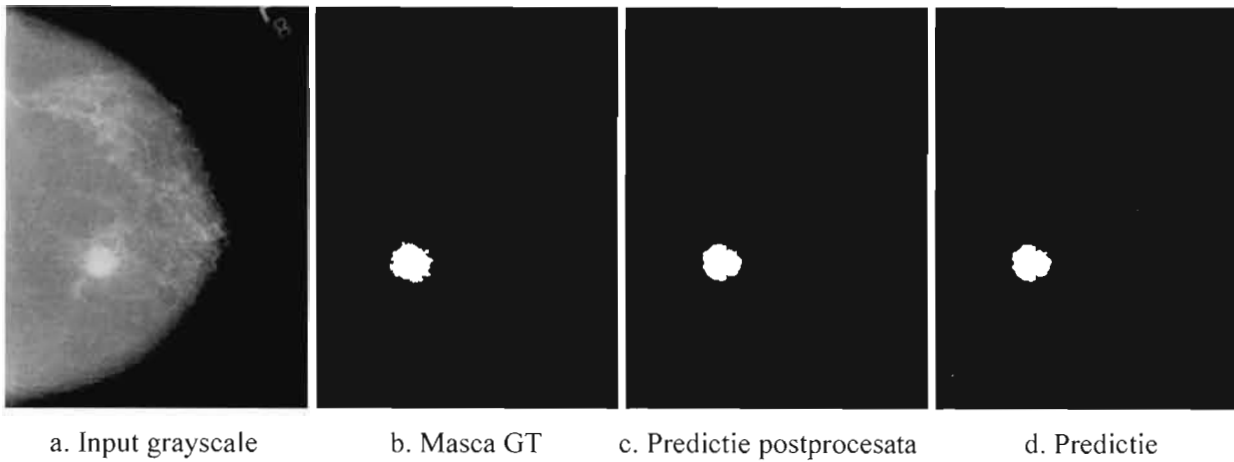


Figura 7. Exemplu de segmentare a unei anomalii de tip “microcalcifiere” folosind tehnica de inferență bazată pe ferestre glisante

