

Uczytelnianie i analiza wizualna danych obrazowych

Krzysztof S. Nowiński

Michał Chlebiej

Informacja o charakterze diagnostycznym dostępna w formie trójwymiarowych danych obrazowych (CT, MRI oraz USG 3D) może być prezentowana w znacznie czytelniejszej formie, jeżeli surowe dane zostaną oczyszczone, uczyelnione i w odpowiedni sposób przetworzone na obiekty wizualne. Do podstawowych algorytmów uczyelniających dane obrazowe należą algorytmy selektywnego odszumiania, segmentacji oraz dopasowania (rejestracji) danych wielomodalnych i fuzji obrazów z różnych modalności. W ramach projektu opracowywano i implementowano algorytmy i metody wizualizacji we wszystkich wymienionych zakresach.

1. Anizotropowe odszumianie obrazów trójwymiarowych

1. Standardowe algorytmy odszumiania

Do odszumiania obrazów dwu- i trójwymiarowych stosuje się standardowo rozmywanie gaussowskie, polegające na numerycznym rozwiązaniu równania przewodnictwa cieplnego

$$(1) \quad \frac{\partial u}{\partial t} = k \nabla^2 u$$

Z warunkiem początkowym

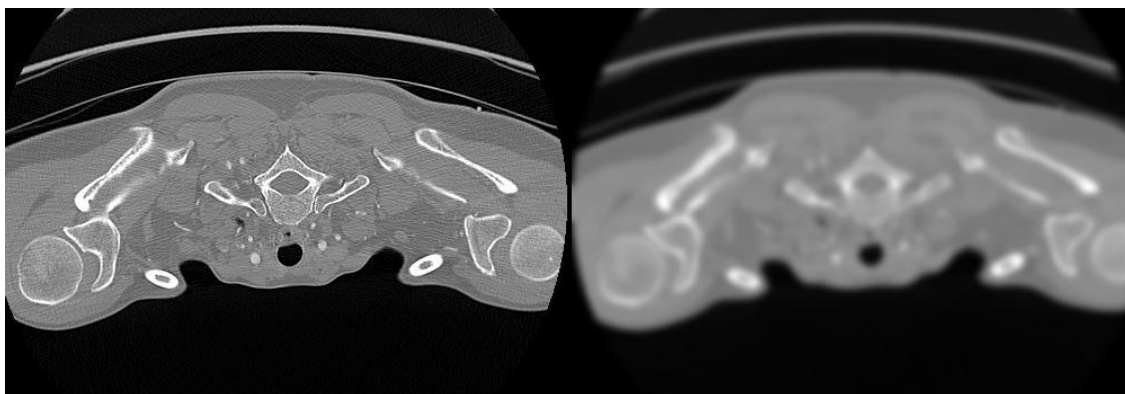
$$(2) \quad u(x, 0) = v(x), \text{ gdzie } v(x) \text{ jest odszumianą funkcją.}$$

Funkcja $u(x, t)$ jest obrazem odszumionym a kt jest parametrem odszumiania. Rozwiązanie można uzyskać w formie całkowej (splotu z funkcją Gaussa)

$$(3) \quad u(x, t) = (v * K_t)(x) = \frac{1}{\sqrt{4\pi kt}} \iiint \exp\left(-\frac{|s|^2}{4kt}\right) v(x + s) ds$$

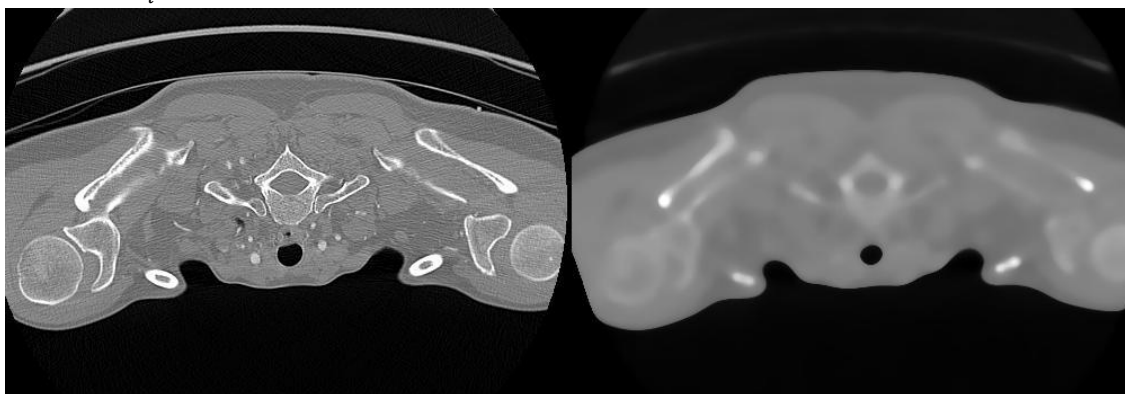
Algorytm ten jest łatwy w implementacji przy ograniczeniu domeny jądra gaussowskiego K – mamy wtedy prosty algorytm typu *stencil* i szybki – można wykorzystać separowalność splotu i wykonać sekwencję operacji jednowymiarowych splotu po x , y , z zmniejszając koszt obliczeń z $O(N_v * N_K)$ do $O(N_v * r_K)$, gdzie r_K jest numerycznym promieniem jądra całkowania K , natomiast N_v, N_K są odpowiednio objętością zbioru danych v i jądra.

Podstawową wadą odszumiania gaussowskiego jest rozmywanie krawędzi proporcjonalne do parametru kt , a więc do efektywności odszumiania:



1. Obraz oryginalny i odszumiony gaussowsko z $kt = 4$ pixele

Alternatywnym rozwiązaniem jest odplamkowanie (*despeckling*), dokonywane przez operacje morfologiczne lub z użyciem filtra medianowego $u_k(p) = \text{median}(v(y))$, gdzie y należy do otoczenia p o promieniu k . Rozwiązanie to, zwłaszcza w przypadku większych k jest stosunkowo czasochłonne ze względu na czasochłonność liczenia mediany. Metodę filtracji medianowej można uogólnić stosując medianę ważoną, w której waga pixela (voxela) odległego o r od x będzie równa $\exp\left(-\frac{r^2}{4k}\right)$. Dla obliczenia mediany ciągu wartości z wagami $((x_1, w_1), (x_2, w_2), \dots, (x_n, w_n))$ uporządkowanego rosnąco według x obliczamy ciąg sum $s_k = \sum_{i=1}^k w_i$ i znajdujemy k takie, że albo $s_k = s_n/2$ -- przyjmujemy wtedy $\text{median}((x_i, w_i))_{i=1\dots n} = x_k$ albo $s_k < \frac{s_n}{2} < s_{k+1}$, kiedy przyjmujemy $\text{median}((x_i, w_i))_{i=1\dots n} = (1-t)x_k + tx_{k+1}$, gdzie $t = (s_n/2 - s_k)/(s_{k+1} - s_k)$. Algorytm ten wymaga sortowania wartości voxelu z otoczenia punktu p o promieniu k . Dla dużych k i dla danych o niewielkim zbiorze wartości (dane typu byte) wygodniejsze może się okazać obliczenie histogramu wag $h(t) = \sum_{i: x_i=t} w_i$ i znalezienia mediany z dystrybuanty tego histogramu.



2. Obraz oryginalny i odszumiony medianowo z $k = 4$ pixele – zachowano kontury dużych obszarów, znikły cienkie kontrastowe linie, załamania konturów uległy zaokrągleniu.

2. Filtracja izotropowa niejednorodna

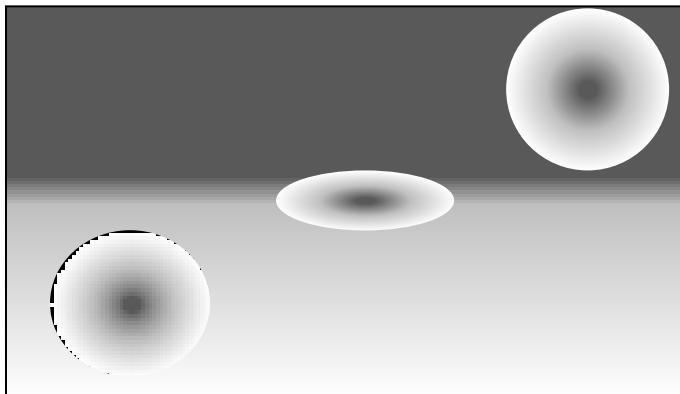
Równanie przewodnictwa ciepła (1) można zmodyfikować dodając niejednorodny współczynnik przewodnictwa $g(x)$ i otrzymując

$$(4) \quad \frac{\partial u}{\partial t} = \nabla g \nabla u \text{ z warunkiem początkowym (2)}$$

Dla celów odsumowania anizotropowego uzależniamy g od v kładąc $g(x) = h((v * K_t)(x)) = h(\frac{1}{\sqrt{4\pi kt}} \iiint \exp(-\frac{|s|^2}{4kt})v(x+s)ds)$ dla pewnej wartości kt większej zwykle od szerokości odsumowania ostatecznego i dla $h(s) = 1/(s + \epsilon)$. Algorytm ten spowalnia właściwe rozmywanie w pobliżu krawędzi obrazu pierwotnego z zachowaniem pierwotnej szybkości rozmywania tam, gdzie (wygładzony wstępnie) obraz jest jednorodny. Osiągamy w ten sposób zachowanie krawędzi obrazu pierwotnego i odsumowanie jego dużych obszarów jednorodnych kosztem zachowania szumów w pobliżu krawędzi i zwiększonego kosztu obliczeń.

3. Filtracja anizotropowa

Równanie (3) możemy zmodyfikować kładąc zamiast skalarnej funkcji g symetryczny tensor przewodności G zdefiniowany tak, by rozmycie było hamowane wyłącznie w kierunku prostopadłym do konturów obrazu (p. rys.)



3. Elipsa i koła są lokalnymi charakterystykami anizotropowej intensywności rozmywania.

Algorytm filtracji anizotropowej można implementować metodą elementu skończonego z wykorzystaniem siatek zmiennych w czasie i metod multigradowych, otrzymując skomplikowany i stosunkowo powolny kod trudny do zrównoleglenia.

4. Pseudosplot z jądrem anizotropowym

Efektywny i prosty, a więc łatwy do zrównoleglenia algorytm można otrzymać modyfikując formułę (3). Oznaczmy wstępne wygładzenie gaussowskie oryginalnego obrazu v przez $w = v * K_t$, gdzie t dobieramy tak, by wygładzić cały szum v . (Zwykle oznacza to dyspersję jądra kt rzędu 5-10 voxelii) Budujemy teraz jądro

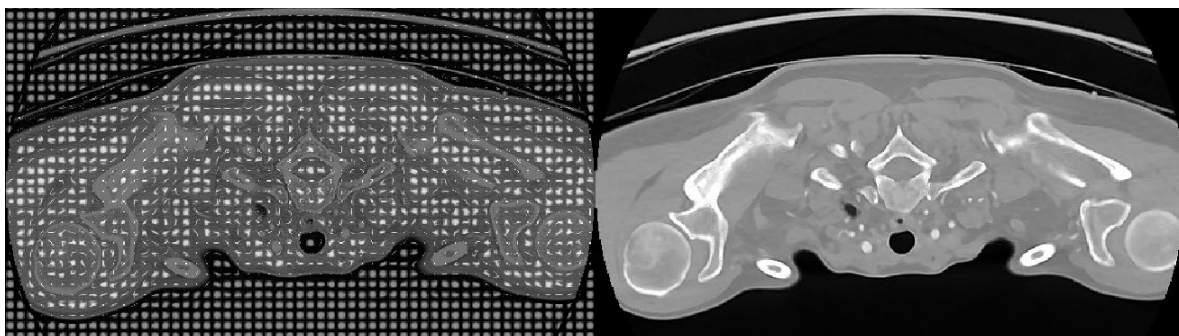
$$(5) \quad K(x, y) = \exp\left(-\left(\frac{|x-y|}{c_1}\right)^2 - \left(\frac{w(x)-w(y)}{c_2}\right)^2\right), \text{ przy czym } c_1 \approx 4, c_2 \approx 5 \text{ stanowią}$$

zadowalające wartości parametrów wygładzania anizotropowego dla typowych danych USG o rozdzielczości 512x512 i danych z przedziału 0-255.

Odszumiony obraz u otrzymujemy teraz ze wzoru

$$(6) \quad u(x) = \iiint K(x, y)v(y)dy,$$

przy czym argument y jądra $K(x, y)$ można zredukować do kostki o krawędzi $2(c_1 + 1)$ wokół punktu x . Ograniczenie wielkości tej kostki ma istotne znaczenie dla przyspieszenia obliczeń, bowiem nie możemy już odsumować po każdej współrzędnej z osobna. Równocześnie prostota algorytmu pozwala na bardzo łatwe i efektywne zrównoleglenie z możliwością wykonania obliczeń na procesorze graficznym.

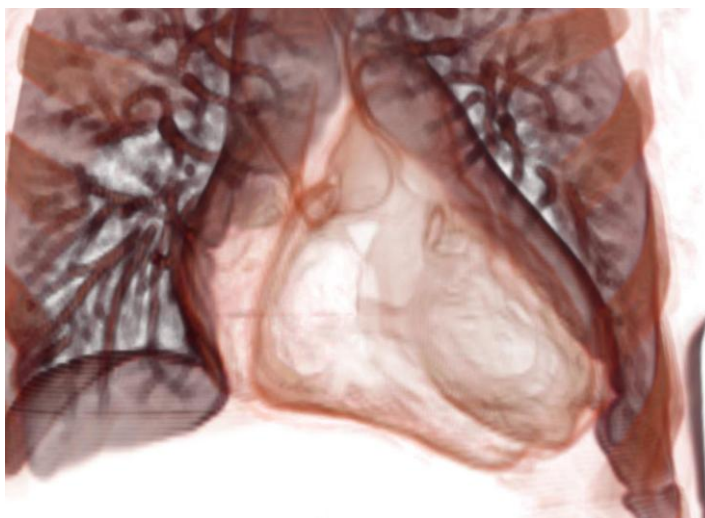


4a. Obraz oryginalny z nałożonymi kształtami lokalnych obszarów uśredniania aproksymującymi lokalnie kontury

4b. Obraz odszumiony – doskonale zachowane kontury oddzielające jednorodne obszary – zachowane cienkie linie i ostre kąty

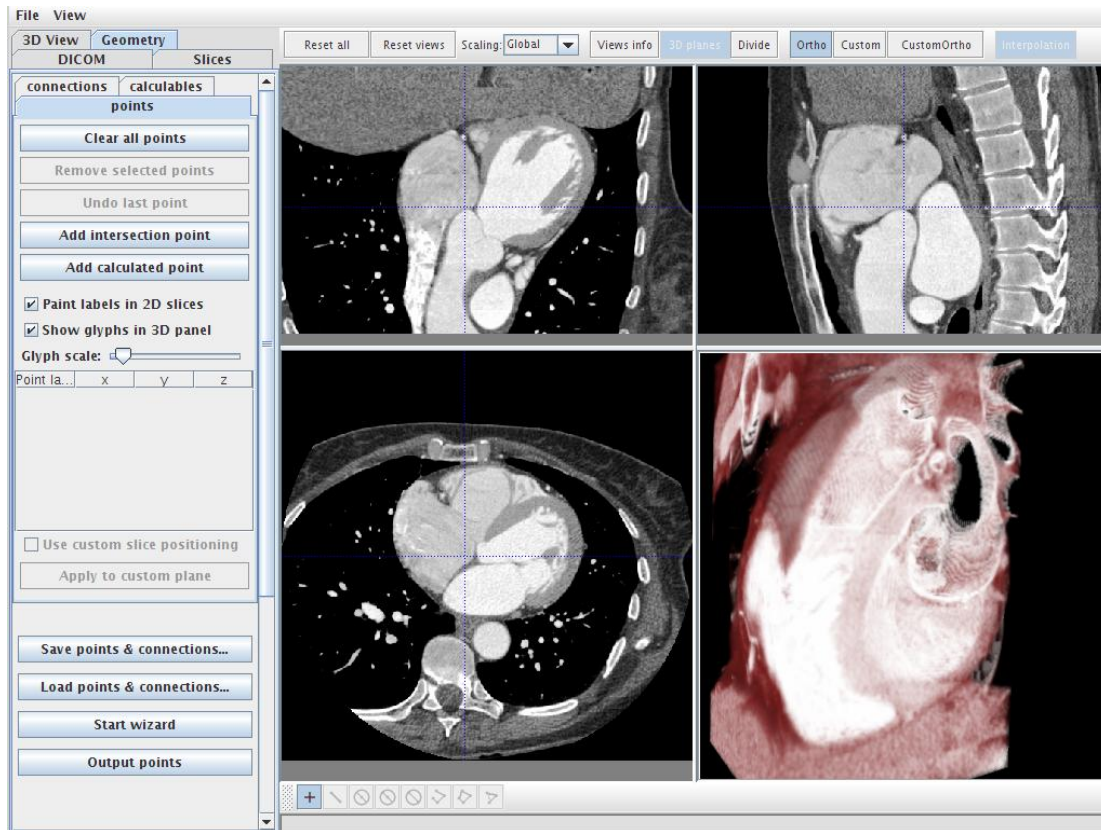
5. Wizualizacja gradientowa danych odszumionych

Obrazy odszumione powyżej opisanym algorytmem charakteryzują się zazwyczaj stosunkowo jednorodnymi obszarami rozdzielonymi ostro zarysowanymi granicami. Umożliwia to zastosowanie wizualizacji objętościowej (*volume rendering*), w której przezroczystość jest zależna od normy gradientu. Podejście takie daje stosunkowo czytelny obraz wszystkich konturów narządów bez obciążania obrazu dużymi nieprzezroczystymi obszarami jednorodnymi.



5. Obraz konturów narządów klatki piersiowej

Zobrazowanie trójwymiarowe wraz z narzędziem do zaznaczania charakterystycznych punktów w przestrzeni oraz wyznaczania na ich podstawie charakterystyk geometrycznych (odległości, kątów etc.) ułatwia i przyspiesza ustalanie charakterystyk anatomicznych i fizjologicznych w porównaniu z pracą na surowych przekrojach tomograficznych.



6. Narzędzie do pomiarów parametrów geometrycznych obrazów trójwymiarowych – punkty kontrolne mogą być ustalane na przekrojach i na widoku wolumetrycznym

2. Uzgadnianie i uśrednianie trójwymiarowych obrazów medycznych

Na podstawie sekwencji obrazów trójwymiarowych można próbować rekonstrukcji kinematyki ośrodka przedstawionego na tych obrazach. Korzystamy w tym celu z algorytmów geometrycznego uzgadniania (*registration*) obrazu wzorcowego (może to być jeden z obrazów sekwencji) c poszczególnymi klatkami. Odwzorowania uzgadniające do poszczególnych klatek dadzą wtedy reprezentację ruchu poszczególnych punktów ośrodka. Po wysegmentowaniu interesującego narządu można w sprzyjających przypadkach zrekonstruować np. ruch poszczególnych punktów na brzegu obszaru a nie tylko składową tego ruchu normalną do brzegu. Zaproponowany przez autorów algorytm rekonstrukcji na podstawie sekwencji n klatek składa się z:

1. Wstępnego odsumowania poszczególnych klatek sekwencji
2. Wyboru klatki referencyjnej T_0 lub znalezienie obrazu uśrednionego T_{avg}
3. Znalezienia odwzorowań dopasowujących $\Phi_i: V_0 \rightarrow V_i$ dla $i=1, \dots, n-1$
4. Uśrednienia $V = \frac{1}{n} \sum_{i=0}^{n-1} v_i \circ \Phi_i$ (przyjmujemy $\Phi_i = Id$)
5. Ewentualnej segmentacji obrazu T
6. Zapisu ruchu punktu p przez ew. interpolację z ciągu $(\Phi_i(p))$.

O jakości rekonstrukcji kinematyki decyduje jakość algorytmu znajdowania dopasowań Φ_i .

6. Uzgadnianie obrazów wolumetrycznych

1. Postawienie zagadnienia

W standardowym sformułowaniu mając dane obrazy (funkcje określonej klasy, np. C^k lub L^2) $v_0: \Omega_0 \rightarrow \mathbb{R}$, $v_1: \mathbb{R}$ szukamy odwzorowania $\Phi: \Omega_0 \rightarrow \Omega_1$ i funkcji monotonicznej $h: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ minimalizujących funkcjonal

$$(7) \quad E(\Phi, h) = \|h \circ v_1 \circ \Phi - v_0\|^2 + \|R(\Phi)\|^2,$$

gdzie R jest regularizatorem Φ zależnym od konkretnego zagadnienia. Dodanie składnika regularyzującego zabezpiecza algorytm przed trafieniem w silne lokalne minimum funkcjonalu E nonsensowne z punktu widzenia geometrii zagadnienia. Regularyzator $\|R(\Phi)\|^2$ można często traktować jako miarę odległości Φ od podprzestrzeni odwzorowań „idealnych geometrycznie”, np. od przestrzeni odwzorowań afinicznych, izometrii lub od odwzorowań konforemnych. Ze względu na elastyczność algorytmu R budujemy zwykle w postaci całkowej.

Przykładowo, $R = \iiint_{\Omega} |D^2\Phi|^2$ mierzy odległość Φ od przestrzeni odwzorowań afinicznych,

$R = \iiint_{\Omega} |(D\Phi)^T \cdot (D\Phi)|^2$ mierzy odległość od zbioru izometrii itp.

Trójkę $(\Phi, h, (h \circ v_1 \circ \Phi - v_0))$ należy rozumieć jako rozkład różnicy pomiędzy v_0 i v_1 na składową geometryczną Φ , składową odchylenia systematycznego h oraz składową residualną. Składową h można często ustalić jako identyczność i pomijać w konstrukcji Φ kładąc

$$(8) \quad E(\Phi) = \|v_1 \circ \Phi - v_0\|^2 + \|R(\Phi)\|^2.$$

W praktyce funkcję h ustala się przed rozpoczęciem właściwego procesu uzgadniania porównując dystrybuanty wartości v_0 i v_1 i minimalizować funkcję (7) tylko ze względu na Φ . Istnieją problemy, w których uzgadnia się funkcje (obrazy) v_0 i v_1 przy braku jednoznacznie określonej funkcji h . W najprostszej takiej sytuacji uzgadniania obrazów o różnych modalnościach, np. obrazu CT i MRI mamy (nieznany *a priori*) zbiór A i odwzorowania $\Omega_i \rightarrow A$ oraz $g_i: A \rightarrow \mathbb{R}$ takie, że $v_i = g_i \circ \alpha_i$ - w przypadku porównywania CT i MRI A będzie zbiorem rodzajów tkanek, α_i anatomią przedstawioną na obrazie v_i a g_i odpowiednio przenikalnością rentgenowską i odpowiedzią MRI tkanki. Nie można w takiej sytuacji zastosować funkcjonalu energii w postaci (7) i trzeba odwołać się do analizy dwuwymiarowego histogramu par wartości $((v_1 \circ \Phi)(p), v_0(p))$. Łatwo zauważyć, że miernikiem niedopasowania $v_1 \circ \Phi$ i v_0 będzie stopień rozmycia (względna entropia) takiego histogramu mierzony np. funkcją informacji wzajemnej

$$(9) \quad NMI(v_1 \circ \Phi, v_0) = \frac{h(v_1 \circ \Phi) + h(v_0)}{h(v_1 \circ \Phi, v_0)}, \text{ gdzie}$$

$$h(v) = -\sum_x p_v(x) \log p_v(x), \quad h(v, w) = -\sum_{x,y} p_{v,w}(x, y) \log p_{v,w}(x, y),$$

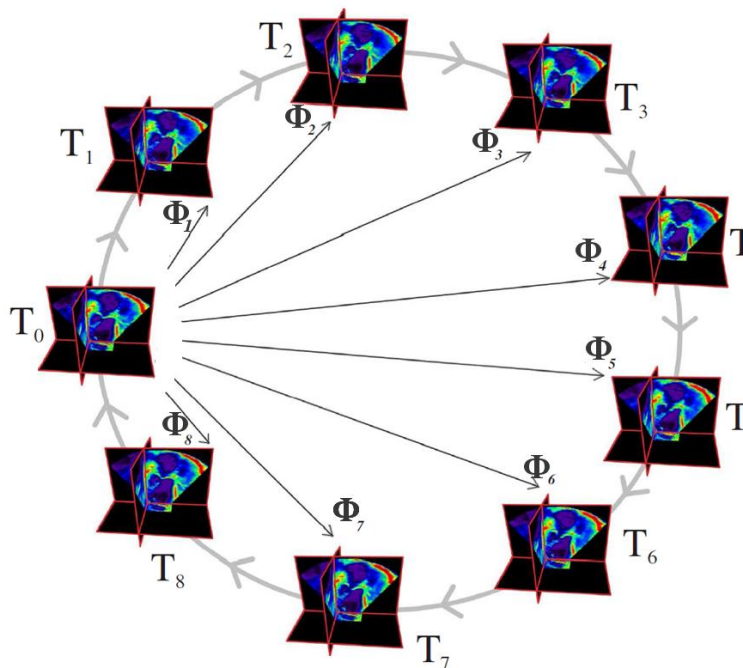
$p_v(x)$ jest prawdopodobieństwem wystąpienia wartości x w obrazie V , natomiast $p_{v,w}(x, y)$ jest prawdopodobieństwem wystąpienia w punkcie q wartości x w obrazie v , a wartości y w obrazie w . Funkcja h jest w tym momencie standardową entropią jedno- lub dwuwymiarowego rozkładu wartości lub par wartości. Funkcja NMI jest znacznie kosztowniejsza w obliczeniach, wobec czego o ile to tylko jest możliwe preferujemy formuły (7) i (8).

2. Dyskretyzacja i minimalizacja funkcjonału energii

W zastosowaniach praktycznych obrazy v_0 i v_1 mamy zapisane w postaci dyskretyzowanych tablic trójwymiarowych $v[i, j, k], 0 \leq i < m, 0 < j < n, 0 < k < p$. Przekształcenie Φ dyskretyzujemy do trójwymiarowej tablicy wartości

$$(10) \quad \Phi[I, J, K], 0 \leq I < m_0/d, 0 \leq J < n_0/d, 0 \leq K < p_0/d$$

dla określonej gęstości interpolacji d i interpolujemy do punktów obrazu np. sklejając funkcjami trikubicznymi. Otrzymujemy w ten sposób położenia $\Phi(v[i, j, k])$ przekształconych punktów obrazu v_0 . Odpowiadające $\Phi(v[i, j, k])$ wartości v_1 otrzymujemy również z interpolacji trikubicznej. Ponieważ interpolacja ta jest C^1 -gładka, mamy dobrze określone i tanie do obliczenia pochodne $\frac{\partial E(\Phi)}{\partial \Phi[I, J, K]}$ (koszt obliczenia funkcji E wraz z pochodnymi nie przekracza $4 \cdot \text{koszt } E$) i możemy swobodnie stosować metody gradientowe minimalizacji. Ze względu na duże wymagania pamięciowe (połówka hesjanu $E(\Phi)$ dla $m=n=p=512, d=4$ wymagałaby ca $10^{14}B$) nie wchodzi w rachubę algorytmy typu Gaussa-Newtona, natomiast metoda gradientów sprzężonych np. w wersji Polak-Ribiere daje szybką, oszczędną i łatwą do zrównoleglenia minimalizację. Oplaca się przy tym wykonać kaskadę 3-4 minimalizacji rozpoczynając np. od poszukiwania przekształcenia trójliniowego wyznaczonego przez swoje wartości na 8 wierzchołkach prostopadłościanu Ω_0 i zagęszczać siatkę punktów kontrolnych biorąc w (10) np. $d_0 = 128, d_1 = 32, d_2 = 8, d_3 = 4$. Przy każdej z minimalizacji (oprócz ostatniej) modyfikujemy obrazy v_0 i v_1 wygładzając je splotem z funkcją Gaussa o odpowiedniej dyspersji rzędu d_i . Uzyskane w każdym kroku zoptymalizowane przekształcenie Φ_i interpolujemy otrzymując punkt startowy następnego stadium optymalizacji. (Podana powyżej strategia minimalizacji funkcjonału energii została wybrana po szeregu testów jako zbliżona do optymalnej dla danych o rozdzielczości rzędu $512 \times 512 \times 512$).

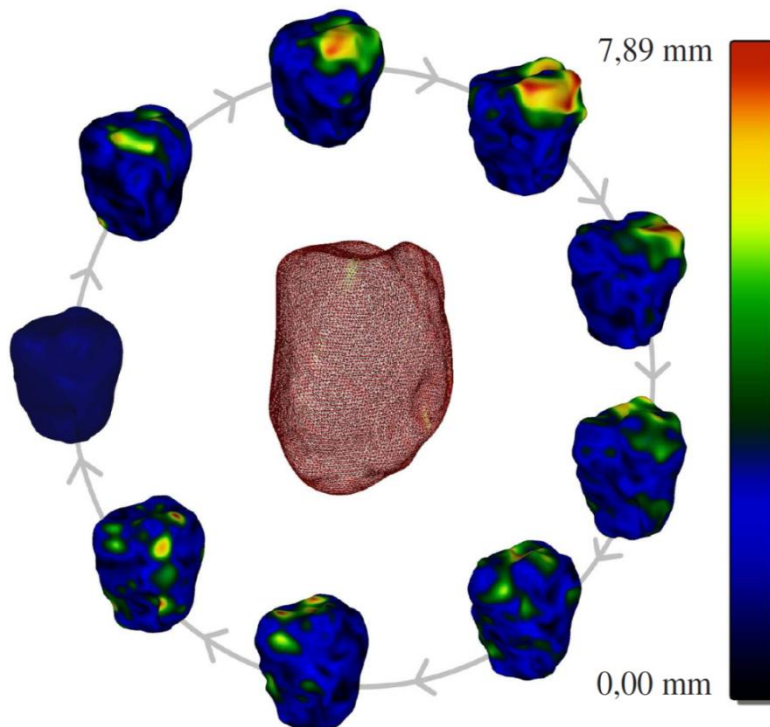


7. Odwzorowania dopasowujące klatkę T_0 do poszczególnych klatek

Opisaną wyżej metodę można stosować do uzgodnienia wybranej klatki referencyjnej T_0 z klatkami T_i i dalszego przetwarzania obrazów $v_i \circ \Phi_i$. Okazuje się jednak, że dostępna moc obliczeniowa daje możliwość głębszej analizy zbioru danych $\{T_0, \dots, T_n\}$ i budowy klatki uśrednionej T_{avg} . Otwiera to drogę zarówno do geometrycznej analizy dynamiki zmian obrazu jak i do algorytmiczno-wizualnej analizy populacyjnej, gdy klatki T_i pochodzą z badań różnych pacjentów.

7. Uśrednienie, segmentacja i budowa siatek obliczeniowych

Uśrednienie wskazane w punkcie 4. redukuje szумы obrazu o czynnik $c \approx \sqrt{n}$, jednak może okazać się przydatne ponowne wygładzenie np. z użyciem algorytmu przedstawionego w rozdz. 1.3. Z uzyskanego w ten sposób obrazu możemy wysegmentować używając jednej ze standardowych metod (*region growing, snake, laplacian*) interesujący nas element X i analizując obrazy $\Phi_i(X)$ badać kinematykę procesu. W najprostszej wersji opisu wysegmentowanego obszaru X otrzymujemy zerojedynkową funkcję charakterystyczną χ ($\chi(x) = 1$ dla voxelu należących do X , $\chi(x) = 0$ dla voxelu spoza X). Artefakty brzegu X spowodowane dyskretną postacią χ można wyeliminować stosując w najprostszym przypadku szybkie rozmycie gaussowskie czyli splot z funkcją Gaussa o dyspersji rzędu 1 voxelu. Izopowierzchnia takiej funkcji odpowiadająca wartości $t=0.5 \chi$ daje stosunkowo dobrą aproksymację brzegu obszaru X wraz ze składającą się z trójkątów siatką obliczeniową. Siatka ta wymaga zwykle relaksacji (odprężenia) dla poprawy jakości trójkątów.



8. Siatka obliczeniowa i przesunięcia względem klatki referencyjnej

Ważną zaletą podejścia wykorzystującego deformację przestrzenną dopasowującą klatkę wzorcową do poszczególnych klatek cyklu ruchu obiektu (na rysunkach powyżej przedstawiono analizę zmienności czasowej obszaru lewej komory serca) jest możliwość budowy siatki obliczeniowej zmiennego w czasie obszaru X charakteryzującej się niezmiennością topologiczną (kombinatoryczną). Wystarczy w tym celu zbudować na X

siatkę obliczeniową M zgodną na brzegu ∂X z opisaną wyżej siatką trójkątów. Transformując wierzchołki siatki M odwzorowaniem Φ_i otrzymamy dobrej jakości siatkę M_i obszaru X w i -tej chwili. Zespół siatek $\{M_i\}$ można teraz wykorzystać np. do budowy modelu przepływu w zmiennym w czasie obszarze X z użyciem standardowego oprogramowania typu Fluent.

8. Budowa uśrednionych obrazów wolumetrycznych

Dla danych obrazów v_0 i v_1 możemy zdefiniować ich odległość (stopień niepodobieństwa) symetryzując formułę (7):

$$(11) \quad d(v_0, v_1)^2 = \frac{1}{2} (\min_{\Phi, h} \|h \circ v_1 \circ \Phi - v_0\|^2 + \|R(\Phi)\|^2 + \min_{\Psi, g} \|g \circ v_0 \circ \Psi - v_1\|^2 + \|R(\Psi)\|^2).$$

Łatwo sprawdzić, że średnia arytmetyczna a liczb a_1, \dots, a_n minimalizuje wartość wyrażenia $\sum (a_i - a)^2$, czyli sumę kwadratów odległości a od a_i . Otwiera to drogę do definicji średniej obrazów (v_1, \dots, v_n) jako układu $(v, \{(\Phi_i, h_i, \Psi_i, g_i)\}_{i=1, \dots, n})$, lub w wersji uproszczonej $(v, \{(\Phi_i, \Psi_i)\}_{i=1, \dots, n})$ realizującego minimum $\sum_{i=1}^n d(v, v_i)$. Można tu od razu zauważyć ogromny wymiar danych, a co za tym idzie złożoność obliczeniowa zagadnienia: przyjmując określanie Φ_i oraz Ψ_i na czterokrotnie uproszczonej siatce punktów kontrolnych o wymiarach rzędu $100 \times 100 \times 100$ otrzymujemy zagadnienie zależne od $6 \cdot 10^6 \cdot n$ zmiennych. Zagadnienie można uprościć przyjmując, że spełniona jest (w przybliżeniu) łączność operacji uśredniania $(\text{avg}(v_1, v_2, v_3, v_4) = \text{avg}(\text{avg}(v_1, v_2), \text{avg}(v_3, v_4)))$. Znika wtedy konieczność rozwiązywania zagadnienia wielkiej wymiarowości a pozostaje wykonanie „drzewa” uśrednień.

Przeprowadzone wstępne eksperymenty wykazują jednak, że zagadnienie w pełnej wersji może być rozwiązywalne dla $n=1000$ w czasie rzędu 1000 godzin pracy maszyny równoległej. Otwiera to możliwość budowy modelu referencyjnego reprezentatywnego naturalny sposób dla populacji, co oznacza istotny wzrost wiarygodności w porównaniu z modelami powstającymi przez analizę danych obrazowych konkretnej osoby.

9. Aspekty implementacyjne przetwarzania obrazów medycznych

1. Złożoność obliczeniowa

Złożoność obliczeniowa problemów odszumiania umożliwia ich rozwiązywanie w trybie zbliżonym do interaktywnego na stacji roboczej z procesorem wielordzeniowym (w implementacji w języku Java czas obliczeń na typowym obrazie wolumetrycznym $512 \times 512 \times 512$ z jądrem o rozmiarach $7 \times 7 \times 7$ wynosi ok. 5 minut na 6 rdzeniach), z możliwością istotnego przyspieszenia kosztem przenośności przez implementację w technologii Java Native Interface C/C++/CUDA.

Algorytm uzgadniania wymaga dla obrazów o takich samych wymiarach ok. 25-30 minut do osiągnięcia zadowalającej zbieżności na obrazach poddanych wstępnemu odszumianiu anizotropowemu (w implementacji zrównoleglonej w języku Java). W przypadku danych silnie zaszumionych (pochodzących np. z USG) zbieżność będzie jeszcze wolniejsza. Również i tutaj można przyspieszyć obliczenia przez implementację w technologii Java Native Interface C/C++. Niestety, nieregularny dostęp do danych obrazu, z którym uzgadniamy obraz wzorcowy, wykorzystanie technologii CUDA/OpenCL nie da w tym przypadku znaczącej poprawy efektywności.

Oba zagadnienia (odszumianie anizotropowe oraz uzgadnianie obrazów) nadają się do zrównoleglenia w architekturze *message passing* przez podział na podobszary obrazu

wzorcowego z zachowaniem stosunkowo oszczędnej wymiany danych w cyklu obliczeniowym. Wynika stąd możliwość realizacji całego procesu rekonstrukcji kinematyki z serii klatek wolumetrycznych w czasie rzędu 30-60 minut w przypadku dostępu do wieloprocessorowego serwera obliczeniowego.

Bezpośrednie uśrednianie obrazów na skalę statystycznie istotnej próbki populacji, jak już zaznaczono wyżej, jest zagadnieniem wieloskalowym zarówno ze względu na potrzeby pamięciowe (w przypadku stosowania metody gradientów sprzężonych będzie to ponad 100xn MB dla n obszarów 512x512x512) jak i złożoność obliczeniową. Podjęcie tego rodzaju obliczeń jest uzasadnione przez możliwość uzyskania bardzo istotnych, niezależnych od jakichkolwiek założeń metodologicznych a priori, danych o statystycznym charakterze zmienności anatomicznej i fizjologicznej w populacji.

2. Implementacja systemowa

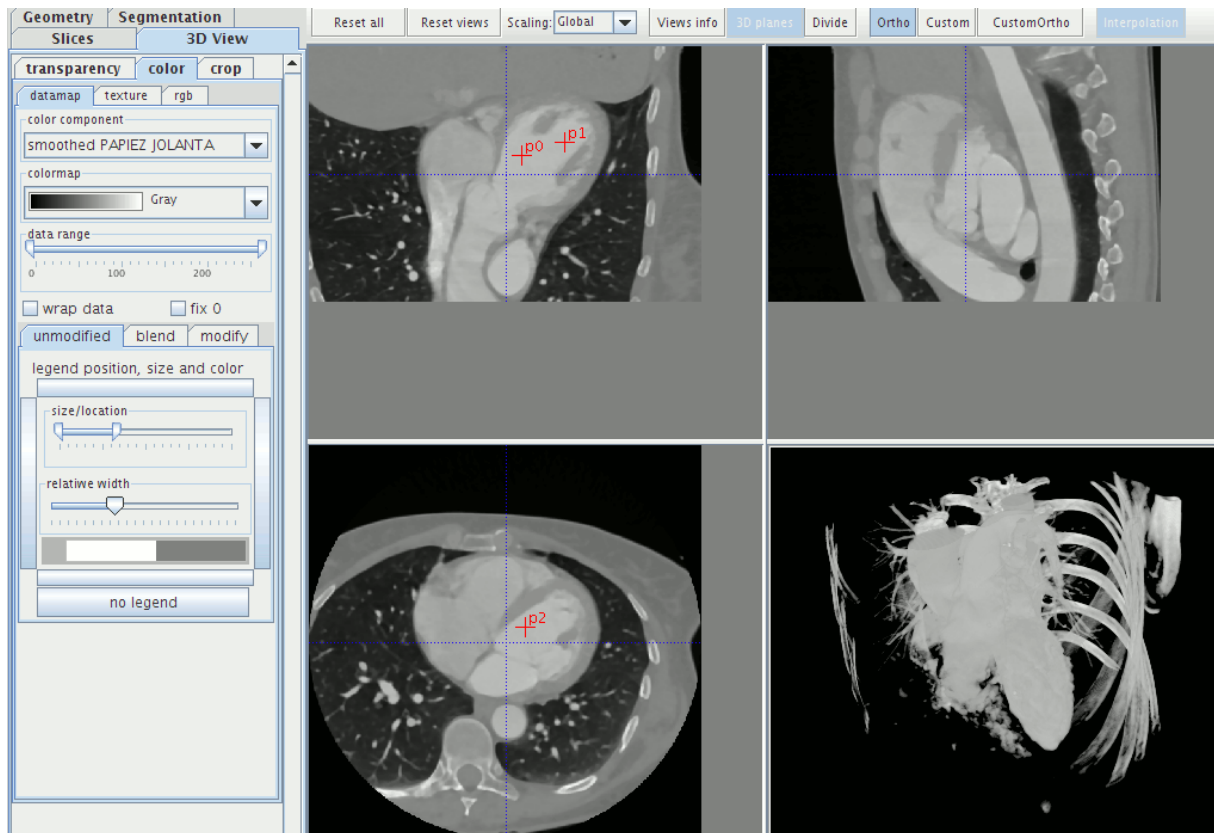
Opisane powyżej algorytmy zostały zaimplementowane w języku Java jako moduły systemu analizy wizualnej VisNow. System umożliwi wizualne tworzenie siatki modułów powiązanych ze sobą przepływem danych.

The screenshot displays the VisNow software interface, which is divided into three main sections:

- Control Panel (Left):** Contains various parameters for image matching and processing. It includes sliders for 'trilinear matching steps' (set to 20), 'deformation penalty' (0.01), 'volume penalty' (0.01), 'volume threshold' (10), and 'smoothing extent' (5). There is also a table for 'nonrigid matching levels' with columns for 'lv', 'dw', 'tmin', 'tmax', 'dp', 'vp', '1', '1', '3', 'avg|∇|', and 'max δ'. Below this are buttons for 'run minimization', 'break', and 'step', along with a 'log' and 'graph' tab.
- Library (Middle):** A tree view of available modules. Categories include 'medical data readers' (DICOM reader, Podoscope ASCII, image reader, volume reader, AVS field reader, Gaussian cube reader, UCD data reader, unknown volume reader, float data array reader, NFD reader, transform reader, GADGET-2 reader), 'test objects' (test regular field, test regular field 2D, test points), 'utilities' (combine field components, field statistics, surface/volume intersection, loop, ellipse colormap editor, vn script engine, accumulate irregular), 'geometry filters', 'data filters' (smoothing and denoising: cubic spline interpolation, Gaussian smoothing, anisotropic denoiser, morphological operations, contrast band equalization, smooth and downsize), '3D field mappers', '2D field mappers', 'special viewers', 'writers' (write volume, write AVS field, write AVS UCD file, WriteTransform), 'experimental', 'medical', 'test', 'chemistry', 'viewer 2D', 'viewer 3D', 'field viewer 3D', and 'field viewer 1D'.
- Workspace (Right):** A visual representation of a data flow graph. It shows a sequence of modules connected by arrows, starting with four 'DICOM reader' nodes (DICOM reader[1] to [4]), followed by 'anisotropic denoiser' nodes (anisotropic denoiser[2] to [5]), 'extended field averaging[9]', 'extract affine approximation from coords[11]', and finally 'combine field components[12]' and 'combine field components[13]'.

9. Przykładowa siatka realizująca odszumianie 4 obrazów wczytanych w formacie DICOM, ich uśrednianie oraz wstępną analizę deformacji dopasowujących obraz uśredniony do obrazów pierwotnych.

Aplikacje prototypowane w systemie VisNow można skompilować do wersji samodzielnej, realizującej zadany z góry proces przetwarzania.



Aplikacja realizująca półautomatyczną segmentację (oryginalnych lub odsumionych) obrazów wolumetrycznych.

J. C. McEachen, A. Nehorai, J. S. Duncan, Multiframe temporal estimation of cardiac nonrigid motion, *IEEE Trans. Med. Imag.*, Vol. 9, No. 4, pp. 651–664, Apr. 2000.

J. Montgant, M. Sermesant, H. Delingette, G. Malandain, N. Ayache: Anisotropic filtering for model-based segmentation of 4D cylindrical echocardiographic images, *Pattern Recognition Letters*, Vol. 24, pp. 815-828, 2003.

D. Rueckert: Nonrigid registration: concepts, algorithms, and applications, *Medical Image Registration*, edited by J. V. Hajnal, D. L. G. Hill and D. J. Hawkes. Boca Raton, FL: CRC Press, 2001.

Numerical Methods for Image Registration (Numerical Mathematics and Scientific Computation) by Jan Modersitzki, Oxford Science Publications 2006

<http://visnow.icm.edu.pl/>