

УДК 004.93.2:004.89

Іванюк А. - ст. гр. СНаз-22

Тернопільський національний технічний університет імені Івана Пулюя

ТОПОЛОГІЧНО-ОРІЄНТОВАНИЙ ПОШУК АРХІТЕКТУР U-NET НА ОСНОВІ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ ДЛЯ ТРИВИМІРНОЇ СЕГМЕНТАЦІЇ

Науковий керівник: д.е.н., професор Матійчук Л.П.

Ivanyuk A.

Ternopil Ivan Puluj National Technical University

TOPOLOGICALLY ORIENTED SEARCH OF U-NET ARCHITECTURES BASED ON GENETIC ALGORITHM FOR THREE- DIMENSIONAL SEGMENTATION

Supervisor: Doctor of Economic Sciences, Professor Matiichuk L.

Технології тривимірного біодруку органів висувають вимогу, яку більшість сегментаційно-орієнтованої літератури не вимірює: реконструйоване судинне дерево має забезпечувати перфузію. Передбачена маска може досягати дуже високого об'ємного перекриття з еталонною анотацією і водночас залишатися непридатною для біодруку, якщо результуюча мережа розірвана на незв'язані фрагменти або якщо втрачено дрібні розгалуження. Метод Hierarchical Phase-Contrast Tomography (HiP-CT), забезпечує субкапілярну роздільну здатність при візуалізації інтактних органів людини [1], і став канонічним методом для цілісного дослідження ниркової судинної мережі. Провідні науковці в даній галузі, а саме колектив авторів на чолі із Yagi [2] нещодавно повідомили про базовий рівень nnU-Net на тривимірних об'ємах людської нирки HiP-CT із коефіцієнтом Dice $\approx 0,95$, тоді як клітковий Dice (clDice) знижувався до 0,82–0,88, а топологічні порушення концентрувалися у судинах діаметром менше 100 мкм. Отже, тільки метрики об'ємного перекриття не можуть засвідчити біодрукованість.

Постає питання під час проведення дослідження – чи є топологічний збій у сегментації судин нирки артефактом одного класу методів, чи це крос-парадигмальне явище, і чи достатньо єдиної топологічної метрики (clDice), щоб його охарактеризувати. Щоб відповісти на питання, ми оцінили чотири підходи до сегментації, що охоплюють три класичні парадигми та один базовий рівень глибокого навчання, на відкладених експертно розмічених зрізах, відібраних з відкритого набору NuVMAP 2023 kidney_1_dense [3]: (i) сегментацію фіксованим порогом після CLAHE-підсилення контрасту [4, 5], відтворюючи налаштування, використані у нашому попередньому конвеєрі тривимірного витягу графа; (ii) адаптивну порогозацію Оцу [6]; (iii) фільтр судинності Frangi [7] – канонічний класичний судинно-специфічний метод, побудований на власному аналізі матриці Гессе зображення; та (iv) двовимірну мережу U-Net на $7,76 \times 10^6$ параметри, навчену з нуля на 400 розмічених зрізах протягом 30 епох з функцією втрат Тверського у поєднанні з ros-зваженою бінарною крос-ентропією та оцінену на 100 відкладених зрізах у повній роздільній здатності. Для кожного передбачення обчислено Dice, clDice та абсолютну похибку β_0 (абсолютну різницю між кількістю зв'язних компонент у передбаченні та в еталоні).

Таблиця 1. Метрики базових рівнів на 100 зрізах HuBMAP kidney_1_dense (еталонна частка судин 0,007, еталонне $\beta_0 \approx 113$). $\beta_0 \text{ err}$ – абсолютна похибка числа компонент, pred frac – середня передбачена частка судин.

Метод	Dice	clDice	$\beta_0 \text{ err}$	Pred frac
Поріг T=100 (Set A)	0,003	0,002	172	0,34
Оцу	0,006	0,004	70	0,44
Frangi vesselness	0,001	0,001	42	0,002
U-Net 2D (наша, 7,76 М парам., 30 еп.)	0,574	0,573	68	0,011
nnU-Net, HiP-CT [2]	~0,95	0,82–0,88	n/a	–

За результатами проведеного експерименту встановлено два різні режими топологічного збою. Три класичні парадигми зазнають катастрофічного падіння в абсолютних значеннях ($\text{Dice} < 0,01$), однак демонструють інформативну тенденцію: відносний дефіцит clDice ($\text{Dice} - \text{clDice}$)/ Dice знижується від +0,39 для фіксованого порогу через +0,26 для Оцу до +0,17 для Frangi, що показує часткове закриття розриву зі зростанням методологічної витонченості. Кожна парадигма, однак, демонструє свій тип збою числа компонент: фіксоване порогозування надмірно фрагментує (247 передбачених компонент проти 113 еталонних), Оцу надмірно об'єднує (47 компонент), Frangi недооцінює за об'ємом, водночас фрагментуючи топологію (150 компонент при передбаченій частці 0,15 %). Двовимірна мережа U-Net практично закриває розрив clDice (Dice 0,574, clDice 0,573, відносний дефіцит 0,004) при суттєво вищій абсолютній точності, проте вносить якісно інший тип топологічного збою – надмірне об'єднання за β_0 (42,6 передбачених компонент проти 110,3 еталонних, $|\beta_0 \text{ err}| = 67,8$). Такого ж характеру розрив зберігається на рівні SOTA глибокого навчання на цілісних нирках у HiP-CT: колектив авторів [2] повідомляють $\text{Dice} \approx 0,95$ проти clDice 0,82–0,88, відносний дефіцит 0,10–0,13. Отже, топологічний збій є крос-парадигмальною властивістю і проявляється щонайменше за двома ортогональними осями – вирівнюванням за центральною лінією (клітковий Dice) та відповідністю числа компонент (похибка β_0), — які жодна окрема метрика одночасно не характеризує.

Література

1. Tafforeau P. et al. Imaging intact human organs with local resolution of cellular structures using hierarchical phase-contrast tomography. *Nature Methods*. 2021.
2. Yagi S. et al. Deep learning for 3D vascular segmentation in hierarchical phase contrast tomography: a case study on kidney. *Scientific Reports*. 2024.
3. HuBMAP Consortium. Hacking the Human Vasculature – kidney blood vessel segmentation benchmark. *Kaggle*. 2023.
4. Pizer S. M. et al. Adaptive histogram equalization and its variations. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*. 1987; 39: 355–368.
5. Zuiderveld K. Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization. *Graphics Gems IV*. 1994: 474–485.
6. Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE Trans. Systems, Man, and Cybernetics*. 1979; 9(1): 62–66.
7. Frangi A. F. et al. Multiscale vessel enhancement filtering. *MICCAI 1998*: 130–137.
8. Khouy M. et al. Medical Image Segmentation Using Automatic Optimized U-Net Architecture Based on Genetic Algorithm. *Journal of Personalized Medicine*. 2023; 13(9): 1298.