

Twierdzenie 2. Niech $K = \log_2 N$. Jeśli $x > 2Ky$, to $A < B$.

Dowód. Niech $n = 1$. Wtedy łatwo sprawdzić, że $2^x > N^{2y} > N^y$. Rozważmy teraz $n > 1$. Zauważmy, że

Skoro $N > 2$, to

$$y > 1 > \log_N(2 \log_2 N)$$

oraz

$$N^{2y} > N^{y + \log_N(2 \log_2 N)} = 2 \log_2 N \cdot N^y.$$

$$2^x > 2^{2Ky} = N^{2y} > 2 \log_2 N \cdot N^y = 2KN^y.$$

Niech teraz $y' = N^y$ oraz $x' = 2^x > 2KN^y = 2Ky'$. Wtedy

$$[N; N; y] = [N; y'] < [2; x'] = [2; 2; x].$$

Kończy to dowód indukcyjny. □

Przyjrzyjmy się teraz następującemu przykładowi. Wiemy już, że $[9 \times 22] \approx [10 \times 21; 8,568]$. Zgodnie z Twierdzeniem 2. dla $N = 9$ oraz $y = 9$ dowolne $x > 57,1 > 2 \log_2 9 \cdot 9$ gwarantuje to, że niezależnie od doboru b_1, \dots, b_{21} wyrażenie $[b_1; \dots; b_{21}; x]$ będzie większe od $[9 \times 22]$. Tym samym

$$[9 \times 22] < [2 \times 21; 58].$$

Jest to kolejna nieprawdopodobna nierówność! Stosując Twierdzenie 2. dla $N = y = 9!$, możemy się ponadto przekonać, że

$$2 \log_2 9! \cdot 9! = 13\,404\,157,980\dots$$

$$[9! \times 21] < [9 \times 20; 13\,404\,158] < [9 \times 20; 9^9] = [9 \times 22],$$

a więc raz jeszcze otrzymujemy nierówność wcześniej uzyskaną inną metodą. Twierdzenie 2. niesie za sobą jeszcze więcej. Dla *dowolnego* $n > 0$ zachodzą następujące nierówności:

Druga nierówność to konsekwencja relacji

$$13\,404\,158 < [2 \times 5].$$

- $[9! \times n] < [9 \times (n + 1)]$,
- $[9! \times n] < [2 \times (n - 1); [2 \times 5]] = [2 \times (n + 4)]$.

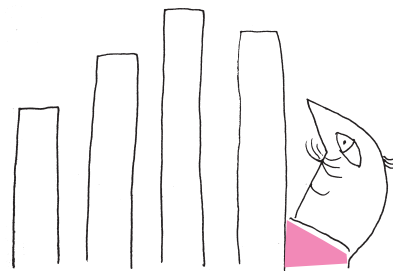
* takimi z pewnością są uczniowie startujący w Konkursie Uczniowskich Prac z Matematyki im. Pawła Domańskiego (do udziału w którym serdecznie zachęcamy).

Więzami okresowymi są wyrażenia

$$[3; 2; 3; 2], [4; 2; 3; 4; 2; 3; 4; 2; 3].$$

Na zakończenie kilka potencjalnych problemów dla Czytelników Dociekliwych i Cierpliwych*.

1. Czy Twierdzenie 1. można uogólnić na przypadek, gdy w wieży wyrazy pojawiają się okresowo?
2. Czy Twierdzenie 2. daje się poprawić tak, aby było stosowne dla wież o *różnych* wysokościach?



Zobaczyć niewidoczne

*Jakub NALEPA**

*Instytut Informatyki Politechniki Śląskiej w Gliwicach

Każdy z nas może z łatwością wymienić zawody, których wykonywanie naraża ludzi na ciągły stres. Często stres jest związany z tym, że decyzje podejmowane w codziennej pracy wpływają na zdrowie (i życie) innych. Strażak, ratownik medyczny, chirurg, pilot, radiolog... Wszyscy muszą działać szybko, a koszt potencjalnych pomyłek może być dramatycznie wysoki. Warto zauważyć, że proces podejmowania decyzji w praktyce polega na analizie różnych danych (w czasie rzeczywistym), np. w przypadku danych medycznych mogą to być różne rodzaje (*modalności*) obrazów, zawierające różne informacje o pacjencie. Zobaczymy, jak sztuczna inteligencja może ułatwić proces podejmowania takich decyzji.

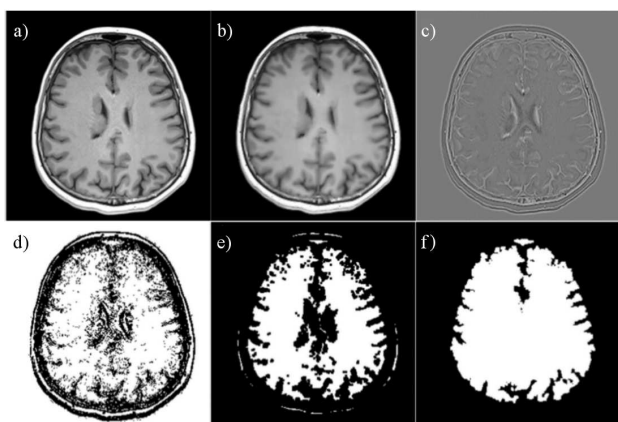
Obraz mówi więcej niż tysiąc słów

Skupmy się na analizie obrazów medycznych wykorzystywanych w onkologii. Celem takiej analizy, która z reguły jest przeprowadzana przez radiologa (lub fizyka medycznego), jest dostrzeżenie pewnych regionów w obrazie, które mogą być wykorzystane do postawienia diagnozy lub oceny tego, jak pacjent reaguje na zastosowany rodzaj leczenia. Bardzo często wykonywany jest *ręczny* opis (obrys) zmiany nowotworowej (w 2D lub w 3D), a następnie wyznaczana jest jej powierzchnia lub objętość. Oczywiście to nie jedyna wielkość liczbowa, która może „opisywać” (*kwantyfikować*) zmianę nowotworową i która może zostać wyekstrahowana z sekwencji obrazów medycznych. Obraz mówi więcej niż tysiąc słów – musimy tylko (i aż) wiedzieć, czego i jak szukać.

Bardzo istotną kwestią w analizie obrazów medycznych jest zapewnienie powtarzalności wyników. Wyobraźmy sobie sytuację, w której ten sam obraz jest ręcznie segmentowany przez dwie doświadczone osoby, z których pierwsza oznacza zmianę nowotworową w sposób bardziej „konserwatywny” (tj. stara się jak najdokładniej oznaczyć granicę nowotworu), a druga z osób oznacza nowotwór mniej dokładnie. Ten sam obraz, ten sam nowotwór, a wyniki liczbowe wyraźnie się różnią. . . Dodajmy do tego jeszcze fakt, że pacjent, gdy przychodzi do szpitala (załóżmy w czasie t_0), jest poddawany badaniu obrazowemu. Następnie jest leczony, a kolejne badania obrazowe są przeprowadzane w czasie t_1 i t_2 . Możemy sobie łatwo wyobrazić, że jeśli poszczególne badania będą opisywane przez różne osoby, a przyjęte strategie segmentacji będą inne, to ocena progresu (lub regresu) choroby w czasie od t_0 do t_2 (np. wspomniana objętość nowotworu) może być niemiarodajna lub nawet myląca.

Na pomoc radiologom

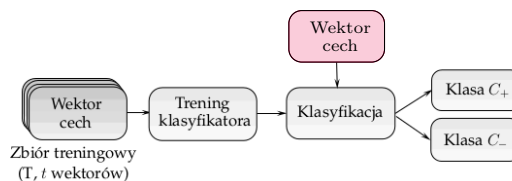
Odpowiedzią na problem opisany powyżej jest automatyzacja wstępnej analizy (segmentacji) obrazów. Oczywiście nie dążymy do zastąpienia pracy radiologa, ale do jej ułatwienia, przyspieszenia i do zapewnienia



Rys. 1. Kolejne kroki przetwarzania obrazu wejściowego rezonansu magnetycznego (a) w przykładowym algorytmie segmentacji mózgu, opartym o techniki przetwarzania i analizy obrazów: (b) wynik dyfuzji anizotropicznej, (c) wynik filtracji obrazu (filtr *Laplacian of Gaussian*), (d) wyekstrahowane „granice” anatomiczne, (e) wynik erozji, (f) wysegmentowany region („maska”) mózgu. Przykład został zaczerpnięty z publikacji [1].

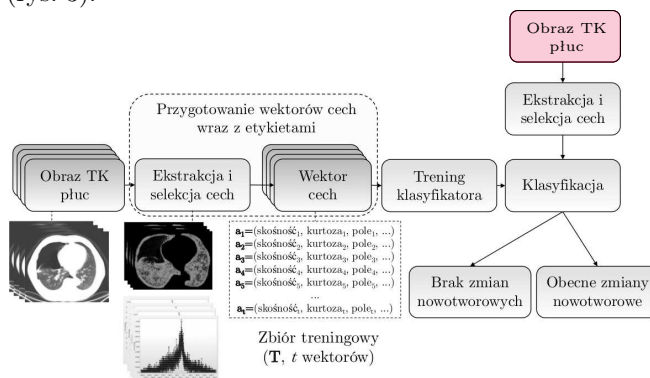
takich warunków, by segmentacja była zawsze wykonywana w ten sam (powtarzalny) sposób. Do segmentacji możemy użyć zarówno tradycyjnych algorytmów opartych o techniki analizy obrazów (przykład kolejnych kroków algorytmu segmentacji mózgu w obrazie rezonansu magnetycznego głowy jest przedstawiony na rysunku 1), jak i metod wykorzystujących uczenie maszynowe (ang. *machine learning*). Drugą grupę algorytmów możemy podzielić na „tradycyjne” techniki uczenia maszynowego (tj. takie, które wykorzystują ręcznie wyekstrahowane cechy) i uczenie głębokie (ang. *deep learning*), w którym cechy ekstrahowane są automatycznie.

Tego rodzaju algorytmy są stosowane do *klasyfikacji* pikseli (lub tzw. wokseli w przypadku trójwymiarowym) do jednej z klas. Jeśli rozważymy problem klasyfikacji dwuklasowej (nazywanej też *binarną*), to pikselowi przypisywana jest etykieta jednej z dwóch klas (np. *zmiana nowotworowa* lub *zdrowa tkanka*). Każdy z pikseli jest opisany przez tzw. *wektor cech*, a przykłady pikseli należących do obu klas tworzą *zbiór treningowy*, który jest użyty w czasie treningu klasyfikatora (w procesie tzw. *treningu nadzorowanego* lub *treningu z nauczycielem* – patrz rysunek 2).

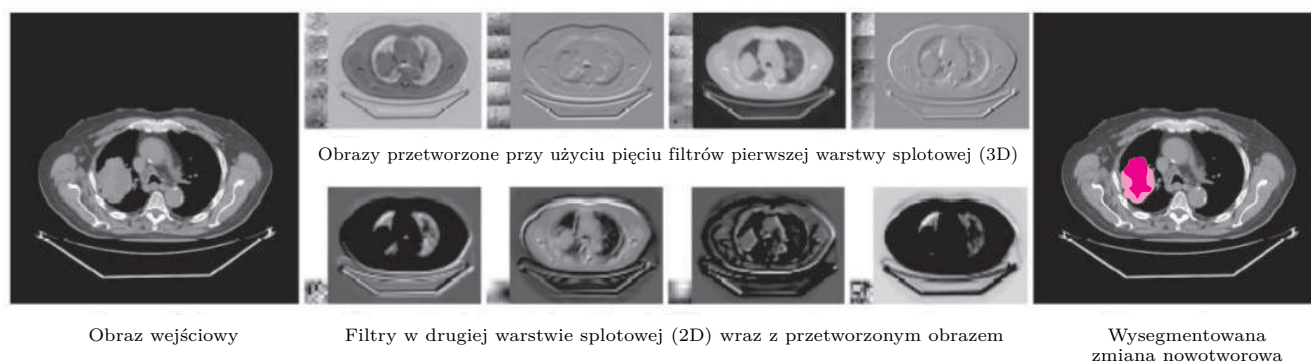


Rys. 2. Klasyfikacja nadzorowana – klasyfikator (przypisujący pikselom etykiety klasy) jest trenowany przy użyciu zbioru treningowego T zawierającego t przykładów i jest wykorzystany do klasyfikacji *nowych danych* (tj. takich, które nie były użyte w czasie treningu) – na rysunku oznaczonych kolorem.

Łatwo zauważyć, że w przypadku cech ręcznie ekstrahowanych musimy je wcześniej zdefiniować. Żeby zdefiniować *dobre* cechy (czyli takie, które pozwolą na wytrenowanie wysokiej jakości klasyfikatora), musimy – ponownie – wiedzieć „czego szukamy”. Intensywność (jasność) pikseli, cechy teksturalne, cechy wyekstrahowane po filtracji obrazu. . . To tylko nieliczne przykłady cech, które mogą opisywać obiekty w obrazie (rys. 3).



Rys. 3. Ręczna ekstrakcja cech opisujących obiekty jest zadaniem *bardzo* trudnym. Jakie cechy? Ile cech? Odpowiedź na te pytania musimy znaleźć przed treningiem naszego klasyfikatora.



Rys. 4. Wytreinowane filtry w warstwach splotowych (2D i 3D) mogą pozwolić na ekstrakcję wcześniej nieznanymi cech z obrazów. Na rysunku widzimy przykłady przetworzonych obrazów. Czy te obrazy przypominają Ci takie, które moglibyśmy otrzymać, stosując standardowe techniki przetwarzania (filtracji) obrazów? Ciemniejszym kolorem zaznaczono część nowotworu, która została poprawnie wysegmentowana przy użyciu sieci głębokiej, a jaśniejszym kolorem zaznaczyliśmy fałszywe negatywy, tj. piksele, które zostały oznaczone przez sieć jako przedstawiające tkankę zdrową, a w rzeczywistości są częścią nowotworu. Ten rysunek został zainspirowany pracą [2].

Liczba cech może być bardzo duża, dlatego często wykonuje się dodatkową *selekcję cech* – wybieramy tylko najważniejsze cechy (tutaj z pomocą mogą przyjść np. algorytmy ewolucyjne).

W ostatnich latach w literaturze pojawia się coraz więcej technik opartych o *automatyczną ekstrakcję cech*. Bardzo dobrym przykładem takich automatycznych ekstraktorów są *głębokie sieci neuronowe* (ang. *deep neural networks*). Zauważmy, że głęboką sieć splotową można podzielić na dwie „części” – ekstraktor cech (zawierający np. warstwy splotowe, ang. *convolutional layers*, czy warstwy tzw. grupowania cech, ang. *pooling*) oraz klasyfikator. Co możemy zyskać, używając takich automatycznych ekstraktorów cech.

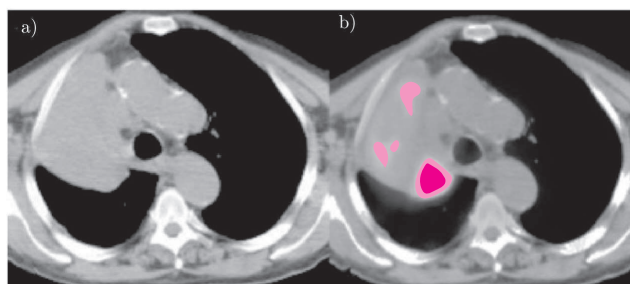
Zobaczyć (i zrozumieć) więcej

Możemy (przynajmniej spróbować) „zobaczyć” to, co niewidoczne gołym okiem. Jeśli mamy wystarczająco duży zbiór (zróżnicowanych) danych treningowych (co w praktyce jest, niestety, rzadkie), to możemy liczyć na to, że po treningu uzyskamy ekstraktor cech, o których moglibyśmy wcześniej nie pomyśleć. Spójrzmy na rysunek 4 – przedstawiamy na nim przykłady filtrów w sieci splotowej (której część ekstrahująca cechy składa się z jednej dwu- i jednej trójwymiarowej warstwy splotowej). Jak widać, część z przetworzonych przez te wytreinowane filtry obrazów przypomina takie obrazy, które moglibyśmy uzyskać, stosując różne (znane) algorytmy filtracji obrazów. Ale nie wszystkie... Konia z rzędem temu, kto wpadłby na zastosowanie właśnie takich filtrów do ekstrakcji cech!

Powyższa sieć (z dołączonymi warstwami klasyfikacyjnymi) została wykorzystana do segmentacji obrazów płuc otrzymanych za pomocą tomografii komputerowej (TK). W obrazach wyszukiwaliśmy zmiany charakteryzujące się tzw. *wysokim wychwytem* znacznika (substancji promieniotwórczej), wprowadzonego do ciała skanowanego pacjenta (ang. *high-uptake lesions*). Co ciekawe, do analizy tego rodzaju zmian wykorzystuje się tzw. *pozytonową tomografię emisyjną* (ang. *positron emission tomography*, PET) – w innym obrazowaniu, na przykład właśnie w TK, takie nowotwory są po prostu... niewidoczne.

Spójrzmy na przykład pokazany na rysunku 5 – charakterystyka nowotworu jest bardzo trudna (lub niemożliwa) do „uchwycenia” w obrazie TK, bez wykorzystania obrazu PET.

Wyniki badań, które zaprezentowaliśmy w pracy [2], okazały się bardzo obiecujące. Głęboka sieć splotowa, wytrenowana przy użyciu obrazów TK, umożliwiła segmentację zmian o wysokim wychwytem w TK (jakość segmentacji zależała od wielkości nowotworu – im większy nowotwór, tym z większą pewnością był segmentowany). Zobaczenie „niewidocznego” (nie tylko w TK, ale też w innych modalnościach) może pomóc w jak najlepszym dostosowaniu rodzaju leczenia (i polepszeniu jakości życia) u pacjentów z chorobami nowotworowymi. Wykorzystajmy to, co widać, i to, co „ukryte” w obrazach medycznych, w efektywnej walce z rakiem.



Rys. 5. Po nałożeniu obrazu PET na obraz TK (b) widać wyraźnie charakterystykę zmian nowotworowych, które nie są widoczne w obrazie TK (a). Przykład został zaczerpnięty z pracy [3].

Literatura

- [1] Walczak, M., Nalepa, J., Kawulok, M., Dudzik, W., and Smolka, B., “Evolutionary cortical surface segmentation,” in [Proc. SPIE RIVP], 1–11 (2018).
- [2] Pawelczyk, K., Kawulok, M., Nalepa, J., Hayball, M. P., McQuaid, S. J., Prakash, V., and Ganeshan, B., “Towards detecting high-uptake lesions from lung CT scans using deep learning,” in [Image Analysis and Processing – ICIAP 2017 – 19th International Conference, Catania, Italy, September 11–15, 2017, Proceedings, Part II], 310–320 (2017).
- [3] Hochhegger, B., Alves, G. R. T., Irion, K. L., Fritscher, C. C., Fritscher, L. G., Concatto, N. H., and Marchiori, E., “PET/CT imaging in lung cancer: indications and findings,” *J Bras Pneumol* 41(3), 264–274 (2015).