Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej Polska Akademia Nauk

The MeMoExplorer[™]

An Advanced Membrane Morphology Software wersja 18.11.30.1

Instrukcja użytkownika

O programie (2) Instalacja i start programu (4) Panel konfiguracji – *Settings* (7) Panel roboczy - *Work* (14) Analiza pojedynczego obrazu - *Single Run* (16) Automatyczna analiza serii obrazów - *Batch Run* (25) Generator raportów (Adobe Reader PDF) (27)

O programie

Oprogramowanie *MeMoExplorer* jest przeznaczone do analizy obrazów mikroskopowych różnych typów membran.

Jego głównym zadaniem jest pełna automatyzacja procesu przetwarzania obrazów membran oraz precyzyjne pomiary morfometryczne obecnych w membranach porów w celu obiektywnego oszacowania rozkładu ich wielkości i przygotowania danych do analiz statystycznych, które mogą być przeprowadzane za pomocą dowolnych narzędzi zewnętrznych (np. Excel, Statistica, R i wiele innych). Komputerowa analiza membran - a dokładniej ich obrazów uzyskiwanych z mikroskopu elektronowego - ma na celu ocenę parametrów morfologicznych porowatej mikrostruktury, a co ważniejsze - powtarzalności uzyskiwania tych parametrów w skomplikowanym procesie wytwarzania membran.

Szczególną uwagę przy projektowaniu aplikacji zwracaliśmy na łatwość oraz intuicyjność obsługi programu dla końcowego użytkownika (technika, biochemika).

Program *MeMoExplorer* jest opracowaniem oryginalnym od początku do końca. Wystartował jako efekt współpracy dwóch pracowni naszego Instytutu. Jest przeznaczony dla systemu operacyjnego Microsoft Windows 10. W najniższej warstwie programowej wykorzystuje jedną z najlepszych (i najszybszych) bibliotek niskopoziomowego przetwarzania obrazów *Intel Open Computer Vision Library (OpenCV)*. Został napisany w najbardziej zaawansowanym i efektywnym języku programowania C/C++ z wykorzystaniem dwóch środowisk programistycznych: Microsoft Visual Studio (przetwarzanie obrazów) oraz Embarcadero (dawniej Borland) RAD Studio (interfejs użytkownika – GUI – Graphical User Interface).

2

Powiedzieliśmy wcześniej, że **MeMoExplorer** jest przeznaczony do analizy obrazów mikroskopowych różnych typów membran. Ale, co tak naprawdę widzimy na obrazie? Otóż widzimy powierzchnię przekroju próbki. Owszem, dzięki wiedzy o technologii produkowania membran, wspartej umiejętnościami naszego mózgu, potrafimy wyobrazić sobie, w jakimś ograniczonym zakresie, trójwymiarowość obserwowanego zjawiska. Nie łudźmy się jednak. Poprawność i dokładność naszych wyobrażeń, przy dużej różnorodności struktur membran, jest bardzo wątpliwa. Czy fakt ten dyskwalifikuje metody analizy oparte na obrazie przekroju? Bynajmniej. Ważne jest tylko rozumienie ograniczeń oraz stosowanie poprawnych narzędzi i reguł wnioskowania.



Efekt wydzielania porów

Nie należy nadmiernie koncentrować się w badaniach i prezentacji wyników na opisywaniu faktycznej, bezwzględnej ilości lub wielkości pól powierzchni czy objętości wydzielonych porów, bo nie wiemy np. dokładnie czy mamy do czynienia ze strukturą izotropową w sensie przestrzennym. Czy są to nieregularne bąble, stykające się ze sobą i tworzące w ten sposób jakieś kanały w obszarach styku, a może bardziej rurki? Albo, ściany ograniczające pory bardziej przypominają kłaki waty, obłoki, chmury. Zostawmy te nieprecyzyjne rozważania.

Pewne jest tylko jedno. Podobne do siebie struktury przestrzenne będą dawały podobne do siebie dwuwymiarowe reprezentacje widoczne na obrazach ich przekrojów. Co z tego wynika? To, że istnieje możliwość obiektywnego porównywania produkowanych próbek i oceny ich podobieństwa do siebie na podstawie obrazów ich przekrojów. Oczywiście, u podstaw sensowności takiego działania jest założenie, że podobieństwo obrazu jest silnie skorelowane z podobieństwem realizowanych funkcji biochemicznych, a o to przecież chodzi.

Podsumowując. Badania prowadzone przy pomocy MeMoExplorer'a powinny koncentrować się na porównywaniu obrazów z wzorcami i/lub między sobą oraz ich klasyfikowaniu, a nie na próbach opisu ich rzeczywistej morfologii.

Instalacja i start programu - Welcome

Zanim zaczniesz używać program **MeMoExplorer** wymagana jest jego instalacja na Twoim komputerze. Instalator aplikacji jest dostępny w postaci pliku o nazwie **instMeMoExplorer.exe**, który możesz pobrać ze strony Pracowni Membran Półprzepuszczalnych i Bioreaktorów (na samym dole poniższej strony):

http://ibib.waw.pl/pl/o-instytucie/zaklad-ii/pracownia-membran-polprzepuszczalnych-i-bioreaktorow

Jeśli już posiadasz plik instalacyjny, uruchom go i postępuj zgodnie z instrukcjami na ekranie. W trakcie instalacji akceptuj proponowane (domyślne) ustawienia. Po zakończeniu procedury instalacyjnej poszukaj na ekranie ikony *MeMoExplorer*. To będzie skrót do uruchamiania zainstalowanej aplikacji, teraz i w przyszłości. Zapamiętaj lub zmień położenie ikony zgodnie ze swoimi preferencjami.



Podwójne kliknięcie tej ikony startuje program *MeMoExplorer*.

Jeśli w trakcie uruchamiania programu występują problemy, to są one najczęściej związane z brakiem jakiejś biblioteki Visual C++ Redistributable for Visual Studio 2017 (32 bit), która standardowo powinna być obecna w systemie, ale z różnych powodów jej brak. Trzeba ją doinstalować. W razie potrzeby poproś o wskazówki i pomoc: *dariusz.pietka@gmail.com*

The MeMoExplorerTM An Advanced Membrane Morphology Software

Laboratory of Fundamentals of Computer-Aided Image Diagnostics Laboratory of Semipermeable Membranes and Bioreactors

Institute of Biocybernetics and Biomedical Engineering Polish Academy of Sciences

Click here or go to Help menu for a User Guide

Zwróć uwagę na możliwość wyświetlenia już teraz instrukcji obsługi programu, co może być istotne dla niedoświadczonego operatora, który uruchamia program po raz pierszy. Wiersz *Click here or go to Help menu*

Bardzo istotne przy każdym starcie programu jest sprawdzenie, czy na serwerze w sieci jest dostępna jego aktualizacja. Kliknij w tym celu klawisz **Try update**.



Możliwe są teraz dwie sytuacje. Pierwsza, to brak aktualizacji oprogramowania na serwerze. Zobaczysz wtedy komunikat, jak na poniższym obrazku.



Druga możliwość, aktualizacja jest dostępna. W tym przypadku z serwera zostaną automatycznie pobrane nowsze pliki. Zobaczysz wtedy komunikat *Downloading …* oraz rosnący wskaźnik postępu pobierania na klawiszu *Try update*.



Po zakończeniu pobierania wszystkich nowych elementów pojawi się prośba o ostateczną akceptację na przeprowadzenie aktualizacji . Kliknij klawisz *Finalize* ...



Panel konfiguracji - Settings

| Ine MeMoExplorer™ File Help | Build 18.11.30.0 | Copyright © 2017-2 | 018 IB&BE PAS | All rights reserved | | |
|--------------------------------|------------------|--------------------|---------------|---------------------|--|--|
| Welcome | | Settings (ImgType= | 1) | Work | | |
| | | | | | | |
| | | | | | | |
| Basic | | Advanced | 50 | | | |
| Basic | | Advanced | | | | |

Przejdź na zakładkę Settings.

Ustawienia zostały podzielone na dwie grupy: podstawowe (*Basic*) oraz zaawansowane (*Advanced*). Wybierz teraz zakładkę *Basic*.

I tu ważna uwaga, musisz wiedzieć co robisz i jaki typ obrazów aktualnie chcesz badać. Kluczowe dla poprawnego działania programu jest wybranie na początku właściwego typu obrazu. W przeciwnym razie wyniki przetwarzania i analizy mogą być niepoprawne i niedokładne. Aby wybrać typ obrazu kliknij odpowiednią ikonę.



Wybrany aktualnie typ jest otoczony ramką.

Ponieważ jednym z głównych zadań programu jest analiza rozkładów wielkości porów, a wyniki analizy opisywane są dla wygody użytkownika w μm^2 , konieczna jest odpowiednia kalibracja (*Object size calibration*). Do użytkownika aplikacji należy podanie prawidłowego przelicznika μm na punkty obrazowe (*pixels*).





Kolejne ustawienie w grupie podstawowych decyduje o tym, jak należy postępować z obiektami (porami) znajdującymi się na krawędziach obrazu, a więc nie w pełni widocznymi (**Border objects**).



Obiekty mniejsze od dolnej wartości ostatniego słupka histogramu (domyślnie 300µ²) powinny być usuwane z analizy zawsze, ponieważ nie jest możliwe określenie ich rzeczywistej wielkości (*Remove small*).

Ostatni słupek histogramu zawiera obiekty większe od ustalonej przez użytkownika wartości granicznej (domyślnie 300µ²). Jeśli więc duży obiekt nie jest widoczny w całości ale jego fragment ma powierzchnię większą od wartości granicznej to nie powinien być usuwany, bo trafia w sposób naturany do ostatniego słupka histogramu. *Remove large* nie dotyczy więc tych przypadków i należy to dokładnie zrozumieć. Ale, czy jest jakaś górna granica wielkości obiektu (pora)? Opcja *Remove large* pozwala użytkownikowi na decyzję w tej kwestii. Mowa tu o sytuacji pokazanej na poniższym obrazku.



Wydaje się oczywiste, że ciemny obszar po prawej stronie nie powinien być traktowany jako por. Nie jest porem, tylko efektem niepoprawnego pozycjonowania membrany w mikroskopie. Nie zajmuje ona całej powierzchni obrazu (a powinna, nie należy rejestrować takich obrazów). Ale jeśli już się zdarzy, to zaznaczenie pola *Remove large* eliminuje ze zbioru wydzielonych obiektów te, których wielkość przekracza pewną ustaloną wartość. Wartość ta jest zdefiniowana w μ^2 w pliku *MeMoExplorer.ini*, w katalogu roboczym aplikacji C:\MeMoExplorer, parametr *TooLargeThr* w sekcji *BinThrMicro*.

...

[Work] Report=0

```
[Files]
LastLoad=Sample.tif
```

```
[BinThrMicro]
bthr1=3
bthr2=8
bthr3=20
bthr4=80
bthr5=100
bthr6=150
bthr7=300
TooLargeThr=76953
```

```
[SizeCalib]
MagIndex=2
100um=258
```

```
[Border]
RemoveSmall=1
RemoveLarge=1
```

•••

Trzecim, ostatnim ustawieniem w grupie podstawowych jest konfiguracja procedury klasyfikacji obrazów, czyli sposobu wyliczania podobieństwa do wzorców. Wybierasz tutaj, które słupki histogramu (zakresy wielkości obiektów) mają być brane pod uwagę przy obliczaniu tego podobieństwa.



Wybór całego histogramu do wyliczania podobieństwa do wzorców i klasyfikacji.

Wybór słupków 2, 3, 5 i 8 do wyliczania podobieństwa do wzorców i klasyfikacji.



Wyznaczanie podobieństwa do wzorców i klasyfikacja odbywa się jedynie na podstawie rozkładu pól powierzchni porów (a nie np. ich objętości). Pola powierzchni to jedyne ścisłe, realne dane pomiarowe. Objętości liczone z przekroju 2D będą zawsze jedynie pewnym wirtualnym przybliżeniem zajawiska, uzależnionym od przyjętego modelu. Wyniki analizy i pomiaru parametrów obrazów są zawsze zapisywane do plików danych. Niezależnie od tego, istnieje możliwość wizualizacji wyników w sposób, który odpowiada użytkownikowi programu.



Perspektywę widoku 3D można zmieniać operując myszą przy wciśniętym lewym przycisku. Przy wciśniętym prawym klawiszu myszy możesz zmieniać powiększenie.



Wybierz teraz zakładkę Advanced,

... i nic nie zmieniaj, dopóki nie uzyskasz pewności, co oznaczają te ustawienia.

Optimize for object size pozwala na dopasowanie metod przetwarzania do konkretnego typu membran, a dokładniej – następuje takie skonfigurowanie algorytmów przetwarzania, aby w najlepszy sposób wydzielać pory wskazanej wielkości. Ustawienie *Medium* jest najlepsze dla większości obrazów.



Object appearance pozwala na optymalizację metod obróbki obrazów i wydzielania obiektów w zależności od preferowanego wyglądu porów (jednolicie ciemne lub z fluktuacją poziomów szarości) . Istotę problemu pokazują fragmenty obrazów poniżej.



Wydzielanie obiektów z aktywną opcją Uniform dark gray levels



Wydzielanie obiektów z aktywną opcją *Floating gray leves*

Panel roboczy - Work

Przejdź na zakładkę **Work**.



Jesteś teraz w panelu roboczym aplikacji. Większość pracy z programem odbywa się właśnie tutaj. Po lewej stronie wyświetlane są analizowane obrazy. Po prawej znajduje się konsola sterowania zadaniami.





Funkcje trzech pierwszych klawiszy są dokładnie takie jak ich nazwy i nie wymagają wyjaśnień. *Single Run* (po wcześniejszym załadowaniu obrazu TIFF z pliku za pomocą *Load*) startuje analizę pojedynczego obrazu. Tego, który został załadowany i jest aktualnie wyświetlany. *Batch Run* startuje automatyczną analizę wszystkich obrazów w aktualnym katalogu. Tym, z którego pochodzi załadowany aktualnie obraz. A więc, aby przeprowadzić *Batch Run* załaduj najpierw dowolny plik obrazowy z wybranego katalogu.

Zwróć jeszcze uwagę na panel zawierający obrazy wzorcowe **Predefined Reference Patterns**.



Są to arbitralnie wybrane wzorce różnych typów membran. Jednym z elementów każdej analizy obrazu jest jego klasyfikacja do grupy, reprezentowanej przez wzorzec, którego cechy są najbliższe badanemu przypadkowi. Pod pojęciem "najbliższe" należy rozumieć podobieństwo histogramów opisujących rozkłady wielkości (pól powierzchni) porów.

Analiza pojedynczego obrazu – Single Run

Załaduj obraz. Może to być na początek plik *Sample.tif* z głównego katalogu aplikacji C:\MeMoExplorer (jak na obrazku poniżej). Potem kliknij klawisz *Single Run*.





Następuje automatyczne wydzielenie porów oraz pomiar ich wielkości. Dodatkowo, przeprowadzane jest porównanie aktualnego obrazu ze wszystkimi obrazami wzorcowymi (*Reference Patterns*) i klasyfikacja do najbardziej podobnego typu (zielone podświetlenie).





Wyświetlane mogą być również rozkłady wielkości porów w wybranych zakresach.





O tym, które z pokazanych wyżej histogramów będą wyświetlane decyduje użytkownik wybierając odpowiednie ustawienia w zakładce *Settings/Basic*. Podobnie, użytkownik decyduje o wyświetlaniu (lub nie) trójwymiarowej rekonstrukcji przekroju próbki.





Użytkownik ma możliwość zmiany perspektywy i powiększenia widoku za pomocą operowania myszą z wykorzystaniem jej lewego i prawego przycisku.

Dokładniejsza analiza rekonstrukcji 3D ułatwia zrozumienie algorytmu liczenia objętości porów. Każdy z nich stanowi pewien specyficzny "zbiornik", który możemy wypełnić hipotetyczną cieczą. Objętość tej cieczy jest utożsamiana z objętością pojedynczego zbiornika-pora. Dno zbiornika nie jest płaskie, jest nieregularne, a jego głęokość w określonym punkcie jest odwrotnie proporcjonalna do jasności tego punktu w wejściowym obrazie dwuwymiarowym. Ponieważ typowe wielkości liniowe średnio-dużych porów są na poziomie 200-300 punktów obrazowych, przyjmujemy w naszym uproszczonym modelu 3D, że zmiana jasności o 1 odpowiada zmianie głębokości o 1 piksel, czyli jego liniowej wielkości w płaszczyźnie 2D.

Wyniki pomiarowe po każdym **Run** są **DOPISYWANE!!!** do plików z danymi, które znajdują się w podkatalogu **OutFiles** (nazwy plików z dopisywaniem, zawierających wyniki zbiorcze, zaczynają się podkreśleniem _)

_AreaFreq%.txt – histogram względnej ilości porów w ustalonych 8 zakresach pól powierzchni

- _AreaCum%.txt histogram względnej, sumarycznej powierzchni porów w ustalonych 8 zakresach w odniesieniu do powierzchni całego obrazu (dla typów 1, 2) lub powierzchni próbki widocznej w obrazie (dla typu 3).
- _VolumeFreq%.txt histogram względnej ilości porów w ustalonych 8 zakresach objętości

_VolumeCum%.txt – histogram względnej, sumarycznej objętości porów w ustalonych 8 zakresach w odniesieniu do objętości całego obrazu (dla typów 1, 2) lub objętości próbki widocznej w obrazie (dla typu 3).

Podobne pliki, ale zawierające wartości bezwzględne (bez %), wyrażane liczbą obiektów lub wielkością w pikselach/wokselach, znajdziesz w podkatalogu *OutFiles/_Raw*. I tu kilka ważnych uwag, co do znaczenia oraz interpretacji danych.

- Jedyną, prawdziwą wartością pomiarową po analizie obrazu są pola powierzchni wydzielonych porów (w pikselach). I tylko te wielkości powinny być wykorzystywane w obiektywnych, precyzyjnych analizach statystycznych i klasyfikacji. Wszelkie przybliżenia objętości porów należy traktować jako orientacyjne, pamiętając, że wynikają one z przyjęcia ściśle określonego modelu trójwymiarowości dla dwuwymiarowego obrazu.
- 2) Korzystanie i prezentowanie bezwzględnych wartości danych (pliki w podkatalogu OutFiles/_Raw) nie jest sensowne z wielu powodów. Wystarczającym argumentem przeciw jest fakt, że obszar próbki (z porami) widoczny na obrazie nie zawsze jest tożsamy z całą powierzchnią obrazu. Nie można więc sensownie porównywać bezwzględne ilości porów w obrazach. I pomijamy już w tym momencie dalsze komplikacje takich porównań, wynikające z różnych powiększeń mikroskopowych.

22

3) Podsumowując, rzeczywiście wartościowe dane, oparte na realnych pomiarach znajdują się w plikach _AreaFreq%.txt oraz _AreaCum%.txt i tylko te pliki powinny być podstawą do dalszych analiz statystycznych.

Przykładowa zawartość plików z danymi :

_AreaFreq%.txt

Bin1 Bin2 Bin3 Bin4 Bin5 Bin6 Bin7 Bin8 Image Class

24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 10 12.5 13.75 23.75 2.5 1.25 7.5 28.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 15.65 15.65 20 25.65 1.3 4.78 4.35 12.62 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 04 15.85 21.92 1.34 1.22 3.66 0.61 14.03 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 04 15.65 15.65 20 25.65 1.3 4.78 4.35 12.62 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 04 15.85 21.95 21.34 21.34 1.22 3.66 0.61 14.03 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 01 24.85 21.21 13.94 15.76 1.82 3.64 3.03 15.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 01 5.52 6.62 11.03 29.79 7.86 13.52 17.52 8.14 D:_PRO

_AreaCum%.txt

Bin1 Bin2 Bin3 Bin4 Bin5 Bin6 Bin7 Bin8 Total Image

0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.01 0.03 0.08 0.53 0.09 0.08 0.71 46.26 47.79 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.01 0.03 0.08 0.53 0.09 0.08 0.71 46.26 47.79 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.03 0.1 0.31 1.43 0.15 0.74 1.2 35.79 39.75 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern04.tif 0.02 0.09 0.24 0.86 0.1 0.39 0.09 51.29 53.08 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern10.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.09 0.15 0.58 0.15 0.38 0.58 54.12 56.09 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern01.tif 0.04 0.14 0.58 5.43 2.83 6.72 14.43 19.48 49.65 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern10.tif 0.04 0.14 0.58 5.43 2.83 6.72 14.43 19.48 49.65 D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer\Win32\Release\RefPatterns\Pattern10.tif 0.04 0.14 0.58 5.43 2.83 6.72 14.43 19.48 49.65 Zwróć uwagę na szczegóły. W obydwu plikach są procentowe wartości każdego ze słupków (bin) histogramów. W pliku _AreaFreq%.txt jest dodatkowo kolumna (ostatnia) Class, zawierająca wynik klasyfikacji próbki (najbliższa odległość od jednego z obrazów-wzorców). W pliku _AreaCum%.txt jest dodatkowo kolumna (przedostatnia) o nazwie Total, będąca po prostu sumą wartości z poprzednich kolumn.

Jeśli zamierzasz analizować dane w Excelu, możesz importować powyższe dane tekstowe lub kliknąć w programie klawisz *Generate Excel Files* i istotne pliki tekstowe (txt) zostaną "przetłumaczone" na pliki Excela (xls) oraz umieszczone w podkatalogu *OutFiles/Excel*:

_AreaFreq%.xls – frequency in each range

_AreaCum%..xls – cumulative area in each range

_BatchAreaFreq%..xls - batch run statistics

| K Microsoft Excel - AreaFreg%xls | | | | | | | | | | | |
|----------------------------------|--|-------|-------|-------|-------|--------------|-------|---------------|---------------------------------------|--|--|
| | Eile Edit View Inset Format Tools Data Window Help | | | | | | | | | | |
| | Lue | | | isen | romai | 100 | | a <u>wi</u> m | dow <u>H</u> eip | | |
| D | 🖻 🖥 | 1 🔁 🛛 | 5 🖻 | ABC } | 6 🖻 | a • • | Ø 10 | * Cil : | - 🍓 Σ + Ž↓ Ž↓ 🛍 🚜 100% - 🕐 | | |
| | E34 | - | | fx. | | | | | | | |
| <u>,</u> | Α | В | С | D | Е | F | G | Н | L | | |
| 1 | Bin1 | Bin2 | Bin3 | Bin4 | Bin5 | Bin6 | Bin7 | Bin8 | Image | | |
| 2 | 24,85 | 21,21 | 13,94 | 15,76 | 1,82 | 3,64 | 3,03 | 15,75 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer | | |
| 3 | 10 | 12,5 | 13,75 | 23,75 | 2,5 | 1,25 | 7,5 | 28,75 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer | | |
| 4 | 15,65 | 15,65 | 20 | 25,65 | 1,3 | 4,78 | 4,35 | 12,62 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 5 | 15,85 | 21,95 | 21,34 | 21,34 | 1,22 | 3,66 | 0,61 | 14,03 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 6 | 5,52 | 6,62 | 11,03 | 29,79 | 7,86 | 13,52 | 17,52 | 8,14 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MemoExplorer | | |
| 7 | 24,44 | 26,69 | 19,61 | 16,4 | 0,96 | 0,96 | 0,64 | 10,3 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 8 | 19,66 | 19,23 | 14,53 | 19,23 | 0,85 | 5,98 | 9,4 | 11,12 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 9 | 21,67 | 15,83 | 21,67 | 22,5 | 2,08 | 3,33 | 5,42 | 7,5 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 10 | 20,8 | 24,8 | 16 | 23,2 | 2,4 | 5,07 | 2,13 | 5,6 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 11 | 11,54 | 14,9 | 20,67 | 26,44 | 0,48 | 5,29 | 5,29 | 15,39 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 12 | 11,98 | 16,67 | 21,88 | 25 | 3,13 | 3,13 | 5,21 | 13 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer | | |
| 13 | 16,53 | 19,07 | 15,68 | 21,61 | 5,51 | 3,81 | 5,93 | 11,86 | D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplore | | |

Zapamiętaj !

Wyniki każdej analizy obrazu (obrazów), inicjowanej za pomocą *Single* lub *Batch Run*, są DOPISYWANE!!! do ustalonych plików wynikowych. Kopiuj pliki lub zmieniaj ich nazwy w odpowiednim momencie, jeśli chcesz mieć rozdzielone dane z różnych badań.

Automatyczna analiza serii obrazów – Batch Run

Załaduj dowolny obraz z katalogu, którego cała zawartość ma być przedmiotem analizy. Może to być na początek podkatalog **RefPatterns**, znajdujący się w głównym katalogu aplikacji, C:\MeMoExplorer\RefPatterns (jak na obrazku poniżej). Potem kliknij klawisz **BatchRun**.



Przetwarzanie obrazów i pomiary parametrów przebiegają dokładnie tak samo, jak w przypadku pojedynczego obrazu, tylko kolejne pliki obrazowe z katalogu są ładowane i obrabiane jeden po drugim automatycznie. Przy pracy "batchowej" nie ma również wyświetlania rozkładów wielkości porów dla każdego analizowanego obrazu. Podobnie jak w przypadku badania pojedynczego obrazu, wyniki pomiarów serii obrazów z wybranego katalogu są DOPISYWANE!!! do wynikowych plików danych w katalogu **OutFiles**:

_AreaFreq%.txt – histogram względnej ilości porów w 8 zakresach pól powierzchni

_AreaCum%.txt - histogram względnej sumarycznej powierzchni porów w 8 zakresach

_VolumeFreq%.txt – histogram względnej lości porów w 8 zakresach objętości

_VolumeCum%.txt – histogram względnej sumarycznej objętości porów w 8 zakresach

Dodatkowo, każda operacja "Batch Run" powoduje DOPISANIE!!! do pliku _BatchAreaFreq%.txt w katalogu OutFiles pewnych informacji sumarycznych obrazujących zbiorczą statystykę histogramów dla całej analizowanej grupy obrazów. Dla każdego zakresu wielkości obliczona jest średnia, odchylenie standardowe oraz współczynnik zmienności, będący ilorazem odchylenia standardowego i średniej. Poniżej przykład zawartości tego pliku dla pojedynczej operacji "Batch Run" (ze względu na długość wierszy są one tutaj zawijane):

Ave1 Std1 Std/Ave_1 Ave2 Std2 Std/Ave_2 Ave3 Std3 Std/Ave_3 Ave4 Std4 Std/Ave_4 Ave5 Std5 Std/Ave_5 Ave6 Std6 Std/Ave_6 Ave7 Std7 Std/Ave_7 Ave8 Std8 Std/Ave_8 Folder

16.33 6.07 0.37 18.32 5.20 0.28 18.88 3.14 0.17 24.96 7.71 0.31 3.62 2.97 0.82 4.81 2.86 0.60 3.69 2.60 0.71 9.37 4.99 0.53 D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns

Generator raportów

Jeśli zaznaczysz pole *Generate PDF report after each Run* to po każdej analizie pojedynczego obrazu lub całego katalogu zostanie wytworzony i wyświetlony raport/podsumowanie. Do wyświetlenia zostanie użyta domyślna przeglądarka plików PDF. Zalecane jest zainstalowanie Adobe Acrobat Reader.

Część 1





Raport generowany po analizie serii obrazów będzie miał inną postać, pokazaną

niżej.

| S. 31 63 | | | | | | | | | | | | | | |
|--|---|-------|--|-------|------|------|------|------|--|--|--|--|--|--|
| <start of="" report=""> MeMoExplorer(tm) Report Generator Copyright (C) 2018 IB&BE PAS All rights reserved OutFiles\Reports\BatchRun\BatchReport_2018-11-21_09-20-36.pdf D:_PROJECTS\Embarcadero\MeMoExplorer\Win32\Release\RefPatterns</start> | | | | | | | | | | | | | | |
| The list of all batch processed images from the selected folder | | | | | | | | | | | | | | |
| ······································ | | | | | | | | | | | | | | |
| 6 E 1 | | | | | | | | | | | | | | |
| #) | Image file name | Clas | Classification result (closest reference pattern identifier) | | | | | | | | | | | |
| 1) | Pattern01.tif | 01 | | | | | | | | | | | | |
| 2) | Pattern02.tif 02 | | | | | | | | | | | | | |
| 3) | Pattern03.tif 03 | | | | | | | | | | | | | |
| 4) | Pattern04.tif 04 | | | | | | | | | | | | | |
| 5) | Pattern05.tif 05 | | | | | | | | | | | | | |
| 6) | Pattern06.tif | 06 | | | | | | | | | | | | |
| 7) | Pattern07.tif 07 | | | | | | | | | | | | | |
| 8) | Pattern08.tif 08 | | | | | | | | | | | | | |
| 9) | Pattern09.tif 09 | | | | | | | | | | | | | |
| 10) | Pattern10.tif 10 | | | | | | | | | | | | | |
| 11) | Pattern11.tif 06 | | | | | | | | | | | | | |
| 12) | Pattern12.tif 06 | | | | | | | | | | | | | |
| 13) | b) Pattern13.tif 05 | | | | | | | | | | | | | |
| 14) | Pattern14.tif 05 | | | | | | | | | | | | | |
| 15) | Pattern15.tif 10 | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| 2020 22 | | | | | | | | | | | | | | |
| Overall | Overall group statistics in predefined ranges | | | | | | | | | | | | | |
| Ave: | 16.33 | 18.32 | 18.88 | 24.96 | 3.62 | 4.81 | 3.69 | 9.37 | | | | | | |
| Std: | 6.07 | 5.20 | 3.14 | 7.71 | 2.97 | 2.86 | 2.60 | 4.99 | | | | | | |
| Std/Ave | 0.37 | 0.28 | 0.17 | 0.31 | 0.82 | 0.60 | 0.71 | 0.53 | | | | | | |

W raporcie podawana jest lokalizacja i nazwa wygenerowanego pliku PDF, lokalizacja katalogu, którego zawartość była przedmiotem zbiorczej analizy oraz lista plików (obrazów), które były obecne w wybranym katalogu. Dodatkowo, dla każdego obrazu podawany jest wynik jego klasyfikacji. Jest to identyfikator (numer) wzorca, do którego obraz jest najbardziej podobny (w sensie rozkładów wielkości porów).

Uwaga

W trakcie instalowania programu (począwszy od wersji 18.11.30.0), do katalogu roboczego aplikacji (domyślnie C:\MeMoExplorer) kopiowane są, oprócz wielu innych, pliki *MeMoExplorer.doc* oraz MeMoExplorerPL.doc. Są to pliki źródłowe dokumentacji oprogramowania w wersji angielskiej i polskiej. Aplikacja korzysta z tych plików po przekonwertowaniu ich na postać PDF. A konkretnie, aplikacja poproszona o wyświetlenie pliku pomocy szuka odpowiednio plików o nazwach *MeMoExplorer.pdf* lub *MeMoExplorerPL.pdf*.

Co z tego wynika?

To, że jeśli stwierdzisz, że coś powinno być w dokumentacji (którą czytasz) poprawione, uzupełnione, rozszerzone, możesz to zrobić samodzielnie. Otwórz plik DOC w Wordzie, dokonaj odpowiednich zmian, zapisz zmieniony DOC i dodatkowo wyeksportuj go do pliku PDF. Jeśli zrobisz wszystko poprawnie program poproszony o dokumentację będzie wyświetlał Twój nowy, zmodyfikowany plik pomocy. Ale uwaga, kolejna instalacja/update/upgrade programu może przywrócić oryginalny DOC i PDF. Zachowaj więc swoje pliki gdzieś w bezpiecznym miejscu, żeby ich używać w przyszłości do podmiany plików oryginalnych w razie potrzeby.

Wszelkie problemy, pytania oraz sugestie zmian lub rozszerzeń w oprogramowaniu proszę kierować do osoby odpowiedzialnej za informatyczne aspekty projektu: *dariusz.pietka@gmail.com*