

Brain Tumor Segmentation with Deep Neural Networks

Mohammad Havaei, Axel Davy , David Warde-Farley , Antoine Biard, Aaron Courville , Yoshua Bengio, Chris Pal , Pierre-Marc Jodoin , Hugo Larochelle.

Introduction

- La segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM peut avoir un impact important sur l'amélioration des diagnostics, la prédiction du taux de croissance et la planification du traitement.

Problématique

- Les glioblastomes sont des tumeurs malignes du cerveau qui peuvent apparaître n'importe où dans le cerveau et avoir presque n'importe quel type de forme, de taille et de contraste.
- l'échelle des valeurs de voxel dans les images IRM n'est pas normalisée. Selon le type d'appareil IRM utilisé et le protocole d'acquisition, les mêmes cellules tumorales peuvent finir par avoir des niveaux de gris radicalement différents valeurs lorsqu'elles sont représentées dans différents hôpitaux.

Objectif

- Une solution d'apprentissage automatique qui exploite un DNN flexible et de grande capacité tout en étant extrêmement efficace.

Approche de réseau neuronal convolutif

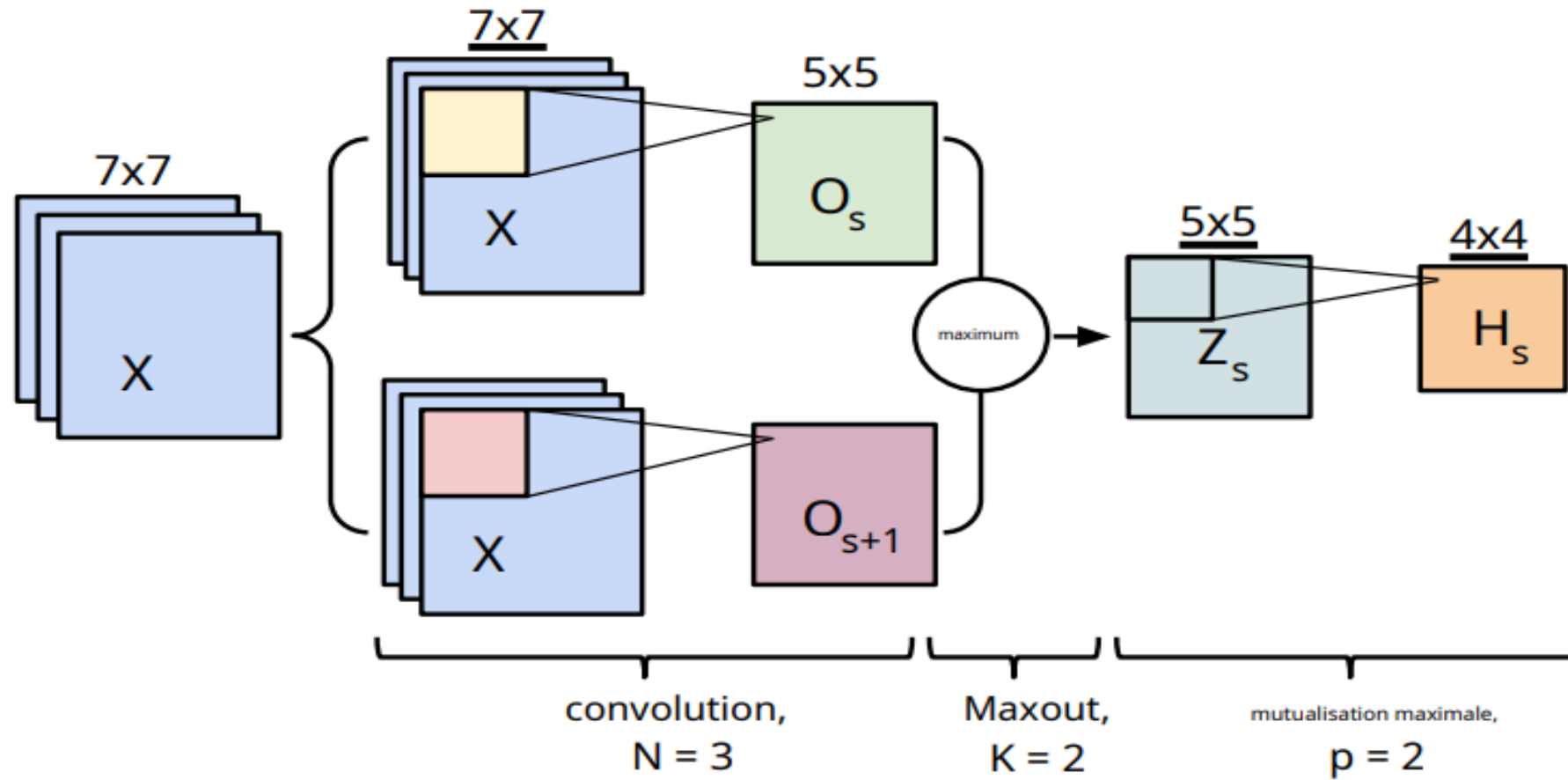


Figure 1 : Un seul bloc de couche de convolution montrant des calculs pour une seule carte de caractéristiques.

Approche de réseau neuronal convolutif

- Approche de réseau neuronal convolutif

$$\mathbf{O}_s = b_s + \sum_r \mathbf{W}_{sr} * \mathbf{X}_r$$

- Non-linear activation function:

$$Z_{s,i,j} = \max \left\{ O_{s,i,j}, O_{s+1,i,j}, \dots, O_{s+K-1,i,j} \right\}$$

- Max pooling:

$$H_{s,i,j} = \max_p Z_{s,i+p,j+p},$$

. Architecture à deux voies (TnonPathCNN):

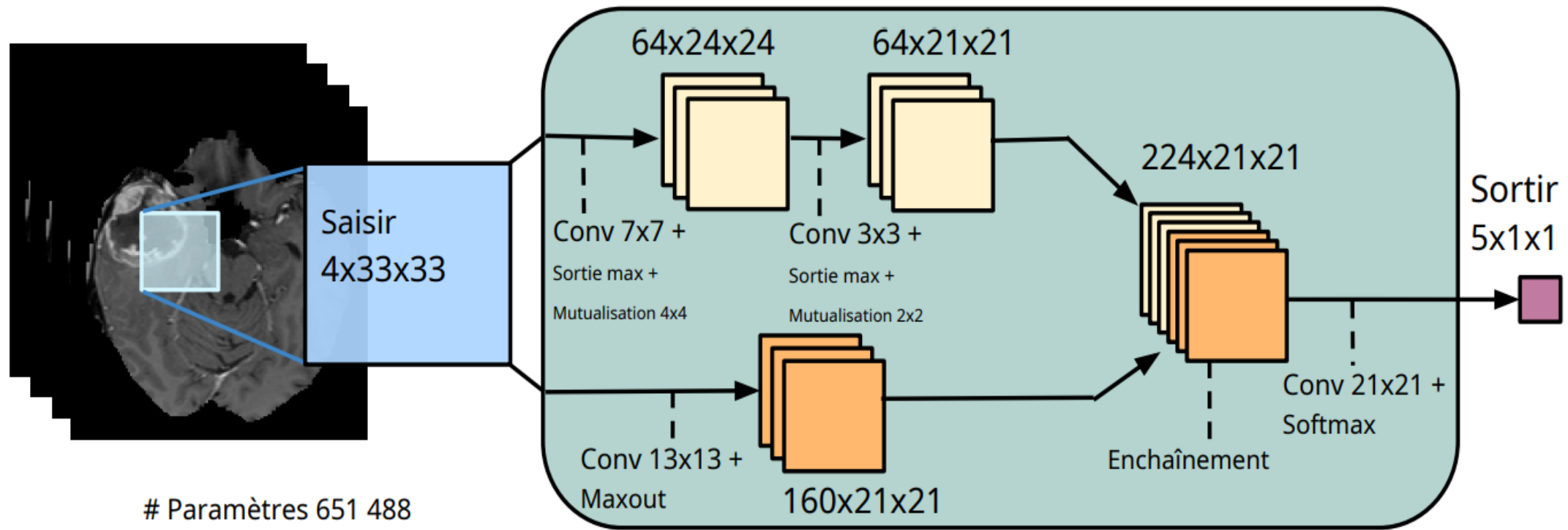


Figure 2 : Architecture CNN à deux voies (TnonPathCNN).

Architectures en cascade

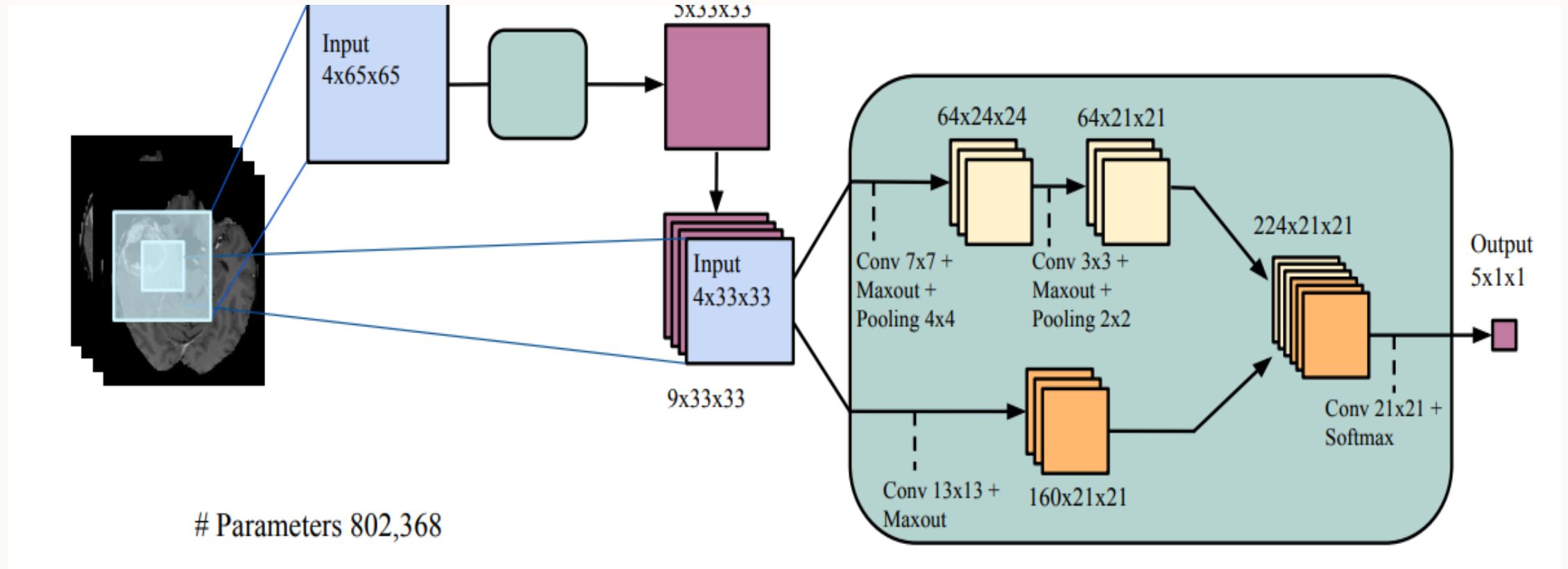


Figure 3 Input concatenation

Architectures en cascade

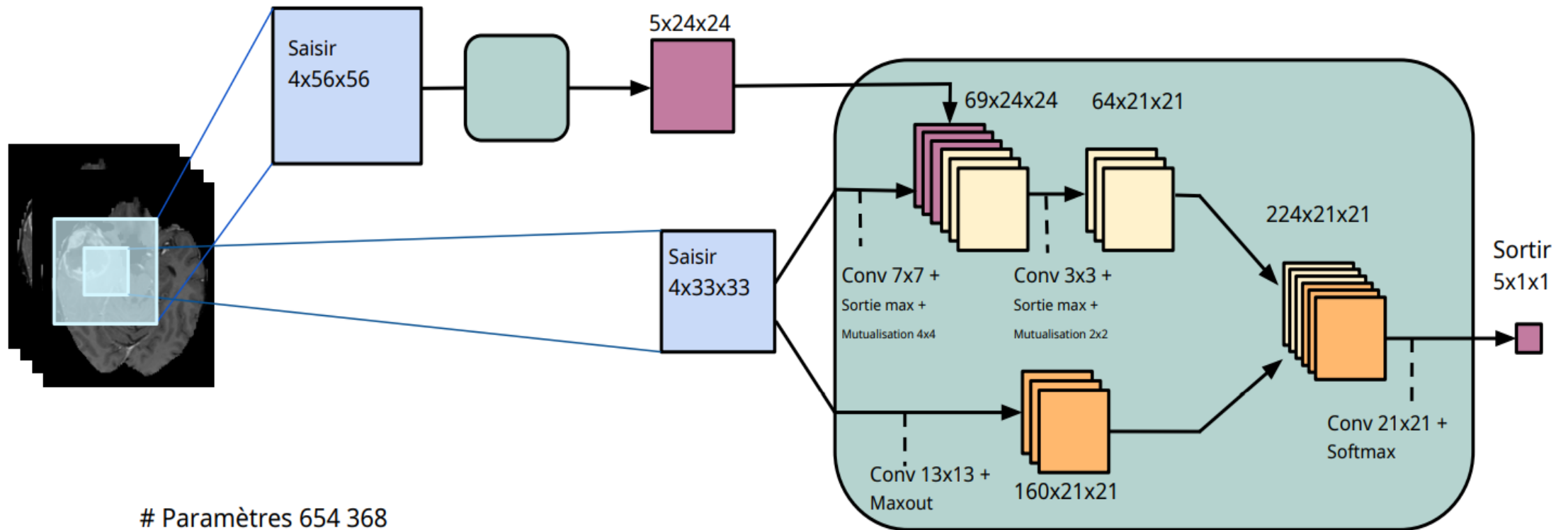


Figure 4 Local pathway concatenation:

Architectures en cascade

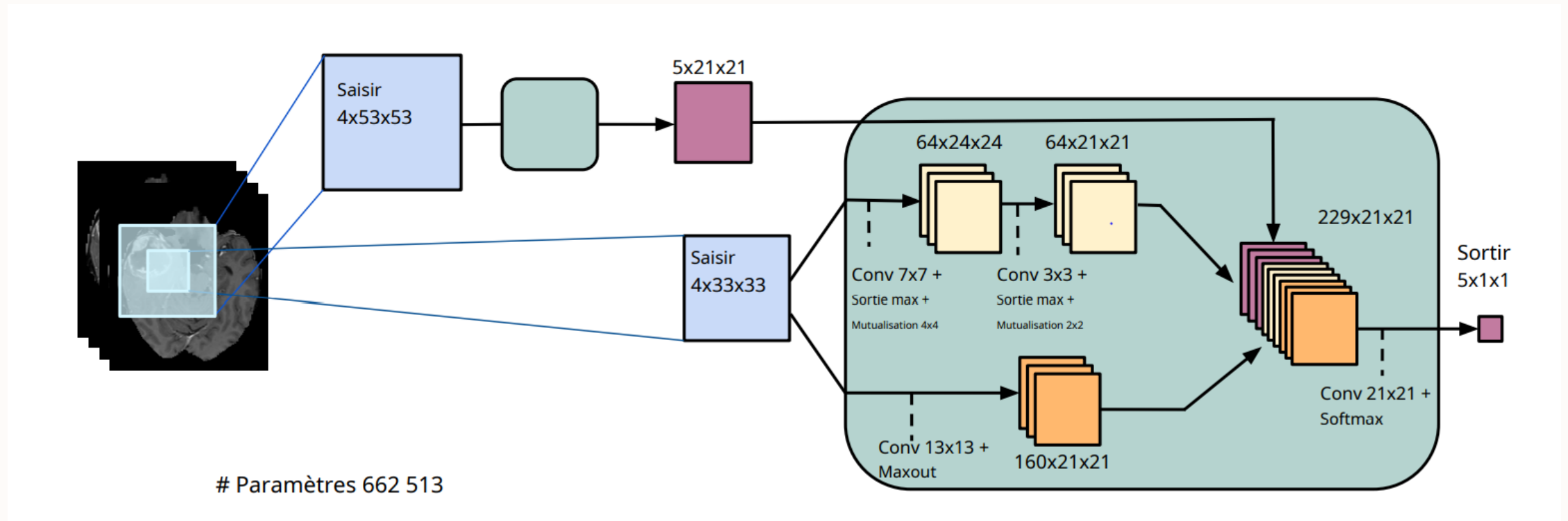
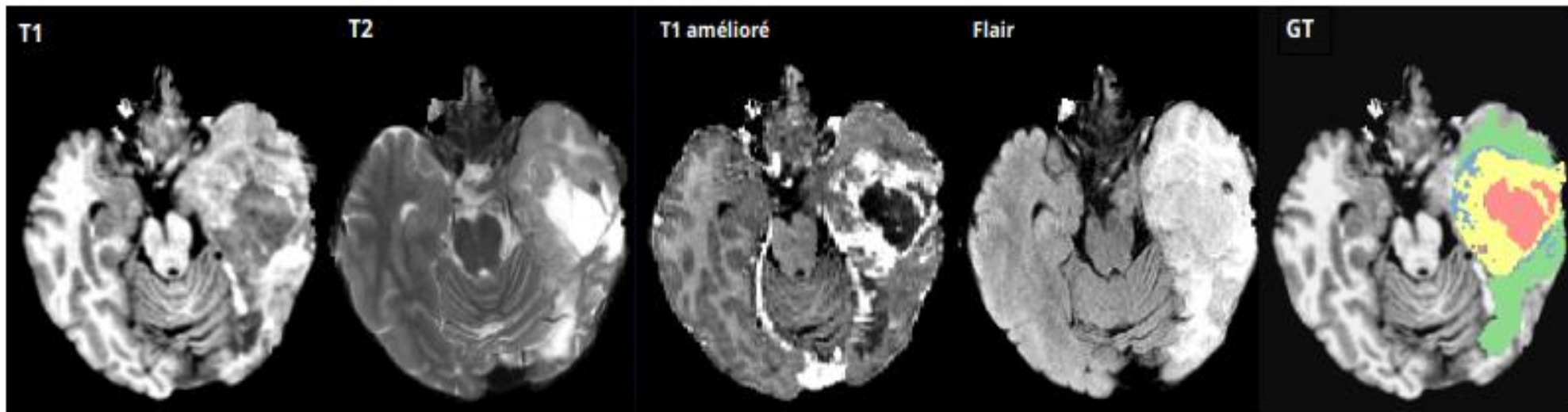


Figure 5 Pre-output concatenation:

Détails d'implémentation

- **la bibliothèque Pylearn2** : une bibliothèque d'apprentissage automatique open source spécialisée dans les algorithmes d'apprentissage en profondeur.
- **Prétraitement** :
 - 1) les 1% d'intensités les plus élevées et les plus basses sont supprimées,
 - 2) Application d'une correction de biais N4ITK aux modalités T1 et T1C.
 - 3) Les données sont ensuite normalisées dans chaque canal d'entrée en soustrayant la moyenne du canal et en divisant par l'écart type du canal.
- **post-traitement**:
 - une méthode simple basée sur des composants connectés a été mise en place pour supprimer les blobs plats qui pourraient apparaître dans les prédictions en raison des coins lumineux du cerveau proches du crâne.

Expériences et résultats



Les quatre premières images de gauche à droite montrent les modalités d'IRM utilisées comme canaux d'entrée pour divers modèles CNN et la cinquième image montre les étiquettes de vérité terrain où l'œdème, ■ enhanced tumor, ■ necrosis, ■ non-enhanced tumor.

Expériences et résultats

- Évaluation quantitative des performances des modèles
 - 1) Région tumorale complète (y compris les quatre tumeurs structures).
 - 2) La région tumorale centrale (y compris toutes les structures tumorales sauf "œdème").
 - 3) La région d'amélioration (y compris la zone "améliorée".) structure tumorale »).

Expériences et résultats

Pour chaque région tumorale, Dice (identiques à la mesure F), la Sensibilité et la Spécificité sont calculés

$$\begin{aligned} Dice(P, T) &= \frac{|P_1 \wedge T_1|}{(|P_1| + |T_1|)/2}, \\ Sensitivity(P, T) &= \frac{|P_1 \wedge T_1|}{|T_1|}, \\ Specificity(P, T) &= \frac{|P_0 \wedge T_0|}{|T_0|}, \end{aligned}$$

Performances

Rank	Method	Dice			Specificity			Sensitivity		
		Complete	Core	Enhancing	Complete	Core	Enhancing	Complete	Core	Enhancing
4	TwoPATHCNN*	0.85	0.78	0.73	0.93	0.80	0.72	0.80	0.76	0.75
9	LOCALPATHCNN*	0.85	0.74	0.71	0.91	0.75	0.71	0.80	0.77	0.73
10	AVERAGECNN*	0.84	0.75	0.70	0.95	0.83	0.73	0.77	0.74	0.73
14	GLOBALPATHCNN*	0.82	0.73	0.68	0.93	0.81	0.70	0.75	0.65	0.70
14	TwoPATHCNN	0.78	0.63	0.68	0.67	0.50	0.59	0.96	0.89	0.82
15	LOCALPATHCNN	0.77	0.64	0.68	0.65	0.52	0.60	0.96	0.87	0.80

Conclusion

- Cet article présente une méthode de segmentation automatique des tumeurs cérébrales basée sur des réseaux de neurones à convolution profonde.
- Cette méthode prend entre 25 secondes et 3 minutes, ce qui est un ordre de grandeur plus rapide que la plupart des méthodes de pointe.
- La haute performance est obtenue à l'aide d'une nouvelle architecture à deux voies (qui peut modéliser à la fois les détails locaux et le contexte global) ainsi que la modélisation des dépendances d'étiquettes locales en empilant deux CNN.
- La formation est basée sur une procédure en deux phases, ce qui permet de former efficacement les CNN lorsque la distribution des étiquettes est déséquilibrée.