

**Akademia Górniczo-Hutnicza im Stanisława Staszica
Wydział Automatyki, Elektroniki Informatyki i Inżynierii
Biomedycznej**



Automatyczna segmentacja nerek oraz nowotworu z wykorzystaniem metody lasów losowych

**PROJEKT REALIZOWANY W RAMACH PRZEDMIOTU
TECHNIKI OBRAZOWANIA MEDYCZNEGO**

Grupa 1

**Dominika CIUPEK
Patrycja KWIEK
Aleksandra STAFIEJ
Teodor PSTRUSIŃSKI**

Kraków, 21 czerwiec 2020

Spis treści

Cel projektu:	1
Przedstawienie problemu:	2
Segmentacja nerki oraz nowotworu	2
Zbiór danych	2
Wykorzystane metody:	2
Segmentacja nerki z wykorzystaniem funkcji random walker	3
Segmentacja nowotworu przy użyciu algorytmu watershed	3
Wykorzystanie metody Lasów Losowych	4
Ewaluacja otrzymanych wyników	4
Wyniki:	5
Dyskusja wyników:	7
Podsumowanie:	7
Bibliografia:	8

Cel projektu:

Celem projektu było napisanie algorytmu umożliwiającego automatyczną segmentację nerek oraz nowotworu nerek z obrazów uzyskanych za pomocą tomografii komputerowej.

Przedstawienie problemu:

a) Segmentacja nerki oraz nowotworu

Poprawna segmentacja nerki oraz guzu jest złożonym procesem. Ciężko jest osiągnąć wynik uzyskiwany w wyniku segmentacji ręcznej przy użyciu algorytmów komputerowych. Zazwyczaj wykazują się one pewną niedokładnością. Dużą problematycznością automatyzacji takich algorytmów jest to, iż nerka oraz nowotwór na obrazie CT uzyskują zbliżoną wartość HU. Ponadto, jak przekonano się w trakcie realizacji projektu, umieszczenie nerek zmienia się w zależności od przekroju oraz dla poszczególnych pacjentów. Z racji, iż segmentacja ręczna jest pracochłonna, poszukiwane są metody, które umożliwią szybszą, chociażby wstępną klasyfikację. Wstępna ocena pozwoliłaby w takim przypadku, na lepsze zlokalizowanie zarówno nerki jak i nowotworu. Co przyspieszyłoby oraz usprawniłoby pracę lekarzy.

b) Zbiór danych

Zbiór danych, na podstawie którego opracowano algorytm pochodzi z repozytorium udostępnionego na potrzeby *Kidney Tumor Segmentation Challenge (KiTS19)*. Dane zostały pozyskane od pacjentów, którzy przeszli nefrektomię z powodu guzów nerki w latach 2010-2018 na *University of Minnesota Medical Centre*. Repozytorium zawiera katalog data z podkatalogiem dla każdego pacjenta o nazewnictwie `case_00023`, gdzie 23 to numer przypadku (przypadki od `case_00000` do `case_00299`). Dla każdego takiego podkatalogu istnieje plik z segmentacją (`segmentation.nii.gz`). Obrazy CT (`volume`) oraz przygotowane maski segmentacji (`segmentation`) uzyskano przy pomocy załączonej w repozytorium funkcji `load_case` zawartej w katalogu `starter_code`.

Wykorzystane metody:

a) Segmentacja nerki z wykorzystaniem funkcji random walker

Początkowym planem było wykorzystanie algorytmu random walker do segmentacji nerek - przy ręcznym doborze parametrów funkcja działała bez zarzutów i dokładnie wyznaczała narząd. Problem pojawił się jednak przy próbach zautomatyzowania algorytmu. Random walker wymaga wyznaczenia centrów nerek, aby to zrobić postanowiono za pomocą thresholdu wykryć położenie nerek. Okazało się, iż na zdjęciach znajdują się narządy, które w wyniku obrazowania CT przyjmują te same wartości co nerka. Z tego powodu postanowiono wykorzystać proporcjonalny udział pikseli jasnych (nerka) do ciemnych (reszta obrazu) celem ustalenia ile miejsca zajmują nerki. Jednakże okazało się, iż pomimo ograniczenia obszaru (dolna i środkowa część obrazu) w dalszym ciągu (z powodu zmienności rozmiaru nerki na danym przekroju) algorytm wykrywał inne narządy dla pojedynczych przypadków.

Innym pomysłem na zautomatyzowanie algorytmu random walker było wstępne określenie położenia nerek na obrazach (na podstawie wiedzy anatomicznej, w której części jamy brzusznej powinny się one znajdować) i wykorzystanie tego do segmentacji nerek na obrazie, na którym byłyby widoczne obie. Przypuszczano, że w środkowym obrazie w jednym case'ie będą widoczne obie nerki, co umożliwiłoby dokładne ich wysegmentowanie i użycie otrzymanych masek dla kolejnych przekrojów - znając położenie nerki na środkowym obrazie można by zmodyfikować centrum oraz wielkość okręgów wykorzystywanych w algorytmie random walker. Okazało się jednak, że dla niektórych case'ów środkowy obraz nie zawierał w ogóle nerek, a dodatkowo położenie organów zmieniało się na tyle znacząco, że nie dało się określić jednoznacznie wstępnego położenia nerek, które nie prowadziłyby do segmentacji nerek razem z tłem.

b) Segmentacja nowotworu przy użyciu algorytmu watershed

Do segmentacji nowotworu próbowano wykorzystać algorytm watershed, który, poprzez zastosowanie lokalnych maksimów funkcji odległości, umożliwiłby podział maski nerki na fragmenty, wśród których jeden stanowiłby nowotwór. Problem stanowiło jednak określenie, czy na danym obrazie jest nowotwór, czy go nie ma, aby możliwe było

zastosowanie funkcji watershed. Ponadto nie dało się jednoznacznie określić jaką cyfrą został oznaczony nowotwór na różnych obrazach, dlatego zrezygnowano z tego pomysłu.

c) Wykorzystanie metody Lasów Losowych

Następnie postanowiono wykonać próbę zastosowania lasów losowych w celu nauczania modelu prawidłowego wykrywania nerek. Zrealizowano to w ten sposób, iż model trenowano tak, aby każdy piksel obrazu został przyporządkowany do jednego z trzech klas: tła (wartość równa 0), nerki (piksele równe 1) oraz guza (wartość 2). W zależności od tego, czy w przekroju zlokalizowany został guz, maska charakteryzowała się dwoma bądź trzema kolorami. W przypadku przekroju z brakiem nowotworu do czynienia ma się z kolorem czarnym - tło oraz kolorem białym - nerka. Z kolei w przypadku wykrycia nowotworu kolor biały oznacza nowotwór, kolor szary nerkę, zaś kolor czarny pozostaje tłem.

Parametry lasu losowego były optymalizowane w celu osiągnięcia jak najlepszych wyników modelowania. Okazało się, iż wybór 7 drzew okazał się najlepszą opcją. Dodatkowo, ze względu na problemy z niewystarczającą ilością pamięci do obliczeń, postanowiono użyć parametru `warm_start`. Dzięki temu parametrowi model można uczyć w sposób etapowy, co umożliwia dopasowanie i dodanie większej ilości estymatorów poprzez trenowanie modelu na innych danych.

Najpierw model trenowano używając obrazów z volume'ów, a jako zmiennych zależnych użyto masek segmentacji z danych dostępnych w zbiorze danych. Trenowanie przeprowadzano piksel po pikselu, a więc najpierw trzeba było odpowiednio przygotować dane. Obrazy zostały zwektoryzowane (obrazy zostały "spłaszczone" z wymiaru 2D do wymiaru 1D). Zbiór testowy zawierał dane inne od tych zawartych w zbiorze treningowym.

d) Ewaluacja otrzymanych wyników

W celu wykonania ewaluacji wyników skorzystano ze sposobu przedstawionego na stronie challenge [2]. Na podstawie prezentowanego wzoru wyznaczono wartości średnie, odchylenia standardowe, wartości minimalne oraz maksymalne. Wyniki te przedstawiono osobno dla nerki, osobno dla nowotworu oraz dla obu łącznie. Dodatkowo dla wizualnego porównania skuteczności algorytmu, w sekcji wyniki zamieszczono przykładowe otrzymane

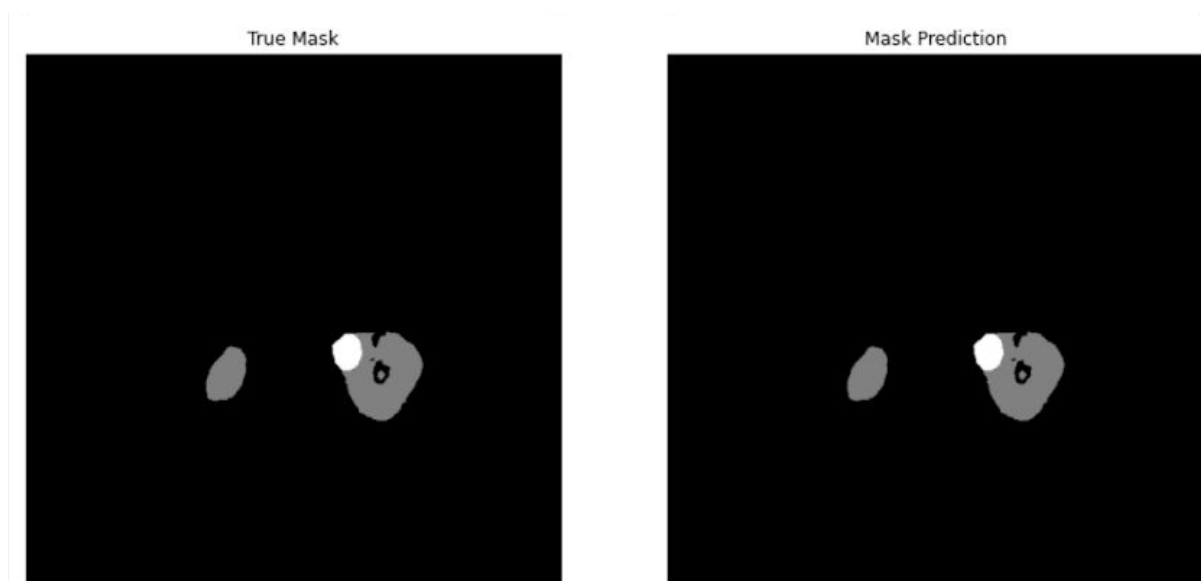
maski. Rysunek 1 przedstawia dobrze dopasowaną maskę, rysunek 2 maskę o średniej dokładności predykcji, zaś rysunek 3 prezentuje słabe dopasowanie.

Wyniki:

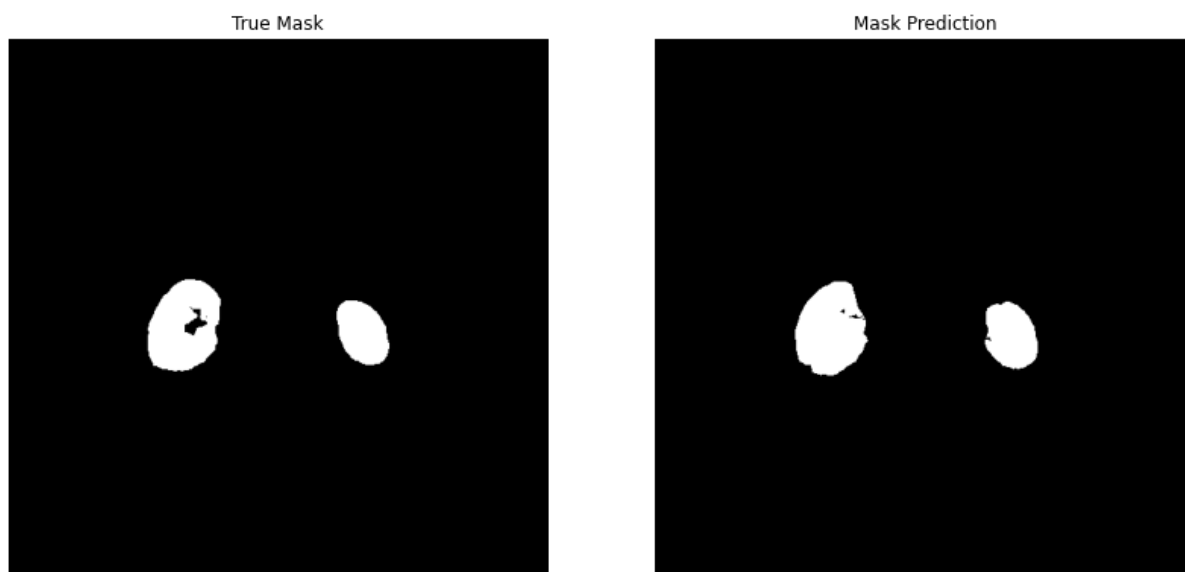
Przykładowe wyniki zebrano w postaci tabeli 1 oraz trzech rysunków. Każdy z nich przedstawia przykład predykcji o innym poziomie dokładności.

Tabela 1: Wyniki uzyskane w wyniku wykorzystania prezentowanego modelu RF

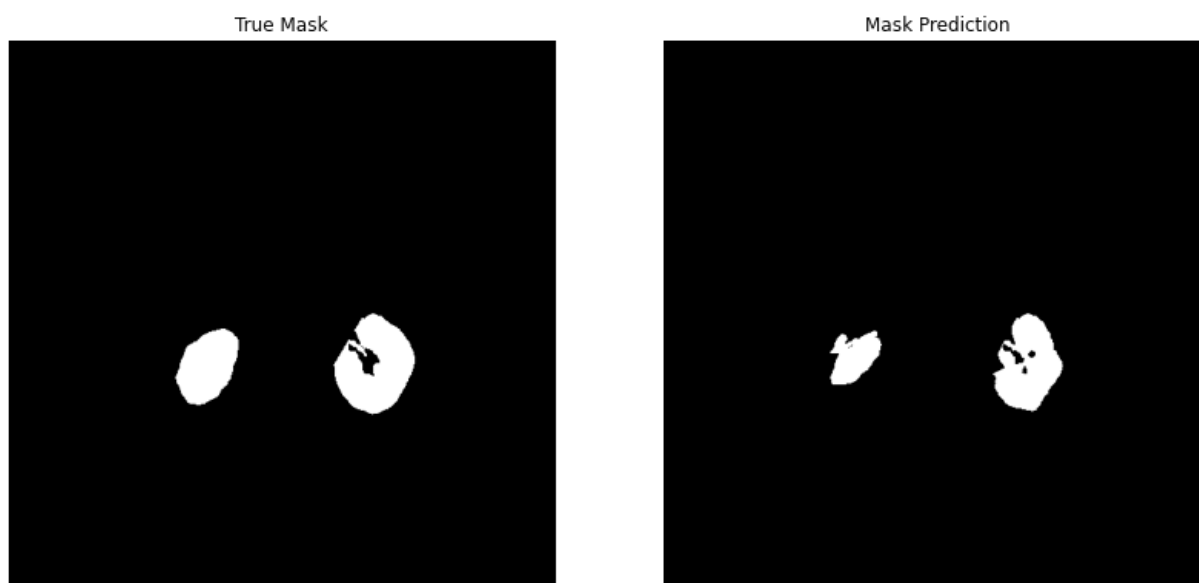
	Nerka	Nowotwór	Całość (S)
Średnia	0.977	0.9984	0.988
Odchylenie standardowe	0.107	0.0078	0.054
Wartość maksymalna	1.000	1.000	1.000
Wartość minimalna	0.260	0.954	0.630



Rysunek 1: Wysokiej jakości segmentacja



Rysunek 2: Segmentacja o średniej dokładności



Rysunek 3: Źle dopasowana maska

Dyskusja wyników:

Tabela 1 pozwala zauważyć, iż otrzymane wartości średnie są wysokie dla każdego z przypadków. Algorytm lepiej sprawdza się w przypadku segmentacji nowotworu, niż nerki. Większe odchylenie standardowe (a więc większą różnorodność w dokładności dopasowania) wykazuje segmentacja nerki. W najgorszym przypadku uzyskano ewaluację równą około 0.260 dla nerki oraz 0.954 dla nowotworu. Średnio najgorszym dopasowaniem całościowym była wartość ewaluacji równa 0.630. Dla każdego z przypadków udało się uzyskać maksymalne dopasowanie dla poszczególnych obrazów. Najwięcej przypadków całkowitego dopasowania (wartość ewaluacji równa 1) wynika z przypadków, gdzie maska zawiera samo tło dla obu zbiorów (rzeczywistego i przewidzianego).

Rysunek 3 pozwala zauważyć, iż nie zawsze predykcja jest poprawna. Widać, iż wyznaczony obszar nerek jest mniejszy i wykazuje się większym zamknięciem. Z kolei rysunek 1 wskazuje na to, iż istnieją przypadki segmentacji, gdzie dane prawie całkowicie się pokrywają.

Wyniki pozwalają stwierdzić, iż model mógłby służyć do wstępnej segmentacji obrazów CT nerek i nowotworów. Dla większej dokładności należałoby zastosować więcej danych do wytrenowania modelu.

Podsumowanie:

Algorytmy umożliwiające automatyczną segmentację nerek oraz nowotworów z obrazów tomografii komputerowej mogą być narzędziem bardzo przydatnym przy wstępnej analizie wielu setek zdjęć przekrojów pacjentów oraz przy ocenie występowania nowotworów. Są to techniki stosunkowo szybkie i dokładne, dlatego poprzez ich zastosowanie możliwe jest częściowe odciążenie lekarzy, którzy w standardowych warunkach musieliby przeglądać każdy obraz i ręcznie dokonywać segmentacji.

Techniki te jednak nie zastępują pracy lekarzy, ponieważ nie są idealne - czasami może zdarzyć się, że nie wykryją występującego nowotworu lub uznają za nowotwór coś, co w rzeczywistości nim nie jest. Decyzję o podjęciu leczenia musi podjąć człowiek, komputer może mu jedynie w tym pomóc.

Bibliografia:

[1] Saiprasad, Ganesh, et al. "Adrenal Gland Abnormality Detection Using Random Forest Classification." *Journal of Digital Imaging*, vol. 26, no. 5, 2013, pp. 891–897., doi:10.1007/s10278-012-9554-7.

[2] <https://kits19.grand-challenge.org/rules/>