

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem  
Villamosmérnöki és Informatikai Kar  
Automatizálási és Alkalmazott Informatikai Tanszék

# Önálló laboratórium dokumentáció

## Deep learning alapú orvosi képfeldolgozás – Balkamrai hypertrófia

Konzulens  
Budai Ádám

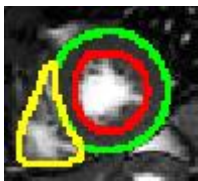
## A feladat ismertetése

A kitűzött feladat a balkamrai hipertrófia detektálása szívről készült MR felvételek alapján. Ehhez egy deep learning modellt kell betanítani. Ennek a problémának az okai közül a HCM (hypertrófiás cardiomyopathia) nevű öröklődő betegség különösen veszélyes, ezért a kutatás középpontjában ennek felismerése áll. Hypertrófia fennállása esetén a kamra fala megvastagszik, ezért annak geometriai tulajdonságai fontos információt hordozhatnak a probléma fennállásáról. Én ebből az irányból közelítettem meg a problémát. Egyes pácienseknek a kamra falának kontúrja meg lett rajzolva, én ezeket az adatokat dolgoztam fel és használtam fel a modell bemeneteként. Maga a modell egyszerű MLP lett, melynek kimenete azt mutatja meg, hogy adott páciensnél a hipertrófia oka HCM e.

## Az adatok feldolgozása

Ez a feladat megoldása során az első akadály. Az adatbázisból 701 olyan pácienszt kaptam, akinek a balkamra kontúrvonalala meg lett rajzolva. A kontúradatok mellett mindegyikükönél el van tárolva a kor, nem, magasság, súly, illetve a pathológia, ami vagy azt árulja el nekünk, hogy egészséges, vagy azt, hogy mi miatt van hipertrófiája.

Így néz ki a kamra kontúrja egy képen:



Az ábrához hasonlóan a kontúrvonalak pontjait egész értékűvé alakítottam át, hogy mindenképp zárt szakaszt kapjak. Későbbi javítás lehet a pontoknak a jobb felbontása, hogy pontosabb területadatokat kaphassunk. A piros szakasz a bal kamra endocardiuma, azaz belső fala, a zöld az epicardiuma, azaz külső fala. A sárga szakasz a jobb kamra epicardiuma, nem minden felvételen rajzolódik ki. Ez csak arra kell, hogy a bal kamra epicardiumát kiegészítse az érintkező szakaszon. Az alábbi paramétereket számoltam ki ezekből:

- kamra területe endocardiumon belül
- kamra területet epicardiumon belül

Az endocardiumon belüli területet könnyen ki lehet számolni, csak összeszámoljuk, hány pont van a piros szakaszon belül. Az epicardiumon belüli terület nehezebb, mert vegyesen kétféle szakasz is határolhatja. Ezt úgy oldottam meg, hogy először kiszámoltam minden területet, amit vagy zöld, vagy piros szakasz határol, és ezután kivontam belőle annyit, amennyi pont csak sárga szakaszokkal van körbevéve.

Egy páciens képei több slice-ra oszthatók. Egy MR felvétel esetén egy slice a szervről az azonos mélységen készített képek halmaza. Az én megoldásomhoz az első, középső és utolsó slice-t használtam fel. Egy slice-hoz tartozó frame-ek az időben gyors egymásutánban készített felvételek. Tipikusan egy slice frame-jei egy szív ciklust tartalmaznak. A frame-ek közül kontúrvonalat 1-nek, 2-nek vagy 3-nak is rajzolnak, általában a 8-10., illetve 20-24.

frame körül. Én úgy döntöttem, hogy a kiválasztott slice-oknak csak az utolsó kontúros frame-jével számolok, mert az utolsó, 23-24. frame mindig rendelkezésre szokott állni.

A kimenetet is át kell alakítani, hogy csak a HCM-es hypertrófia fennállását vizsgáljuk. Erre főleg a kevés adat miatt van szükség, a bináris klasszifikáció jobban működik ilyen esetben. Természetesen ezt a részét nagyon egyszerűen át lehet alakítani, hogy több osztályba klasszifikáljunk, de ez a modell átalakítását is maga után vonja.

Az fenti módon feldolgozott adatokat egy .csv fájlba mentettem, ahol egy sor egy páciens reprezentál. Egy sor például így nézhet ki:

2,31,143,210,24,97,0

Itt az első két adat az első slice-on a belső fal, illetve külső fal által határolt terület, a második kettő a középső slice-on, míg a harmadik kettő az utolsó slice-on ugyanez. A legutolsó adat 0 vagy 1 lehet: 1, ha HCM okozta hypertrófia áll fenn; 0, ha bármi más. A 701 adatból 5 érvénytelen, 190 HCM-pozitív páciens adata, 506 pedig a többi.

## A deep learning modell megvalósítása

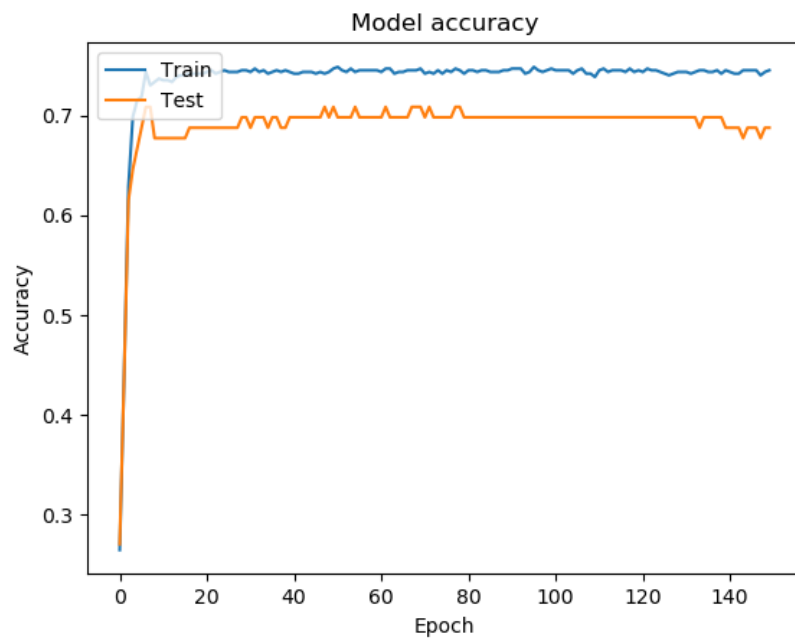
Mint az korábban is kiderült, ez egy bináris klasszifikáció probléma, melyre az MLP modell alkalmazható. A megvalósításhoz a Keras könyvtárat használtam, mely nagyon egyszerű megoldást kínál ilyen modellek készítésére. Ehhez a modellhez a Sequential Keras-modellt alkalmaztam. Az adatokból 600-at tanításra, a maradék 96-ot pedig validációra használtam. A rejtett rétegek neuronjai ReLU aktiválást használnak, míg a kimenet szigmoid függvényt. Loss functionként érdemes a bináris keresztentropiát használni, míg optimalizálónak az Adamet. Továbbá az alábbi hiperparaméterek beállításától függ a modell pontossága:

- rejtett rétegek száma: 2, több már jelentős overfittinget okozott
- neuronok száma rétegenként: bemeneti rétegből a 6 adat 9 neuronba továbbítódik, onnan ismét 6-ba, végül a kimeneti rétegben 1 van
- epochok száma: 150, kicsit sok, hamarabb beáll az állandó értékre a pontosság
- batchméret: 10

Bonyolultabb modellel kezdtem, de a jelentős overfitting miatt egyszerűsítettem rajta. Ezen kívül regularizációt is alkalmaztam a rejtett rétegeken, L1, illetve L2 is lett alkalmazva kísérletképp.

## Az eredmények értékelése

A modell (más, hasonló felépítésű, interneten talált modellhez hasonlóan) 70-75%-os accuracy-t ért el a tanulási adatokon. A tesztadatokon ennél egy kicsivel rosszabb, 65-70%-os pontosságot kaptam. Jobb eredményhez valószínűleg az adathalmazt kéne jobban kiszámolni, esetleg új adattagokat is hozzáadni, az overfitting ellen pedig a modell finomhangolása segíthet.



## Tanulság, személyes vélemények

Úgy választottam ezt a témát, hogy semmilyen előzetes gyakorlati tudásom nem volt deep learning területén. A feladatmegoldás során szerintem mindenképp bővült mind ezen témában, mind az orvosi számítástechnika területén a tudásom. Sokat segített az AUT MI szeminárium, illetve a konzulensem is a deep learning alapok elsajátításában.