



Západočeská univerzita v Plzni
Fakulta aplikovaných věd

Zpráva o projektu 4 Regresní odhad polohy řezu z CT

Václav Javorek

1. října 2020

1 Cíl projektu

Cílem mého projektu bylo vytvořit pipeline pythonovských skriptů, které automaticky zpracují velký dataset (v oboru neuronových sítí ale spíše menší) snímků z počítačové tomografie (CT), oanoťovat tento dataset a dále navrhnout konvoluční neuronovou síť. Ta se postupem strojového učení naučila odhadovat, ve které části lidského těla se daný CT řez nachází. Pro další výzkum je nejdůležitější správný odhad v oblasti jater.

Jako dataset jsme použili 20 CT skenů z databáze 3DIrcad1 a 20 CT skenů

Všechny skripty a anotační tabulky se nachází na repozitáři [mjirik/bodynavigation](https://github.com/mjirik/bodynavigation) ve složce *devel*.

2 Pipeline zpracování snímků

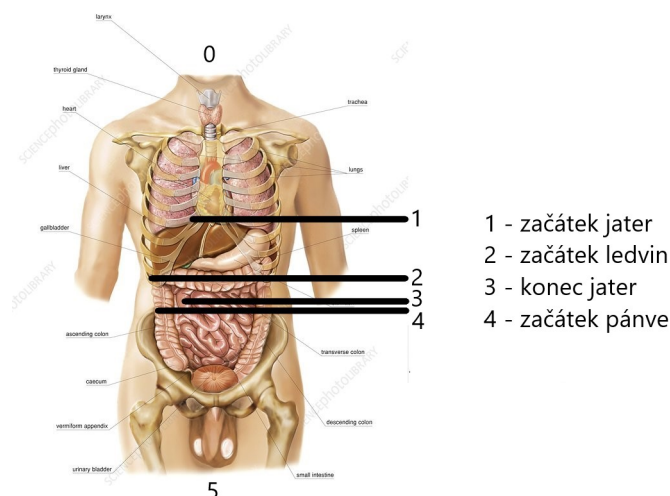
Vytvořená pipeline postupně načte všechny skeny z formátu *DICOM*, normalizuje snímky do rozlišení 64x64 a rozpětí hodnot 0-1, augmentuje data a uloží do formátu h5.

2.1 Anotace

První fází projektu bylo vytvoření nástroje pro anotaci jednotlivých snímků. Na zobrazení snímků jsem použil knihovny **io3d** a **sed3** od pana doktora Jiříka. Anotací labely jsem ukládal do xlsx tabulky pomocí knihovny **pandas**.

Po konzultaci jsme se dohodli na rozdělení těla do několika částí a určení několika styčných bodů, mezi kterými jsou řezy lineárně rozděleny:

1. První řez, na kterém se vyskytují **játra**.
2. První řez, na kterém se vyskytují **ledviny**.
3. Poslední řez, na kterém se vyskytují **játra**.
4. První řez, na kterém se vyskytuje **pánevní kost**.



Obrázek 1: Styčné body v lidském těle

Části 0-1 a 4-5 jsou trošku problematické pro regresi, protože jsou různě obsáhlé (CT sken nepokrývá vždy stejnou část těla).

3 Augmentace

Protože je náš dataset pro poměry konvolučních neuronových sítí spíše malý, musel jsem ho augmentací dat rozšířit (až čtyřnásobně).

Každý řez jsem augmentoval otočením o náhodnou hodnotu (-4° až $+4^\circ$) a přidáním Gaussovského šumu.

3.1 Normalizace

Každý řez je normalizován přičtením hodnoty 1000 ke všem pixelům a vydělením hodnotou 2000. CT snímky totiž mají běžné hodnoty mezi -1000 a 1000. Řezy jsou také seškálovány na rozlišení 64x64.

3.2 Ukládání

Výsledný dataset je uložen do souboru formátu h5. Snímky jsou zpárovány se svými anotačními labely. Celý dataset v tomto formátu dosahuje velikosti 900 MB.

4 Vytvořené modely

Modely jsem tvořil pomocí knihovny **Keras** na backendu *tensorflow*.

4.1 Malý model

Pro vývoj prvního modelu CNN jsme použili jednoduchou, ale funkční architekturu, při které trénování na 10 epoch proběhlo v řádu desítek minut, přesto přineslo zajímavé výsledky.

Tato první architektura obsahuje nejprve 2 2D konvoluční vrstvy o 32 nodech, dále vrstvu max pooling a nakonec dvě dense vrstvy. Využívá Dropout vrstev pro zabránění overfittingu.

```
model = Sequential()

model.add(Convolution2D(32, 3, 3, activation='relu', input_shape=(64,64,1)))
model.add(Convolution2D(32, 3, 3, activation='relu'))
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2,2)))
model.add(Dropout(0.25))

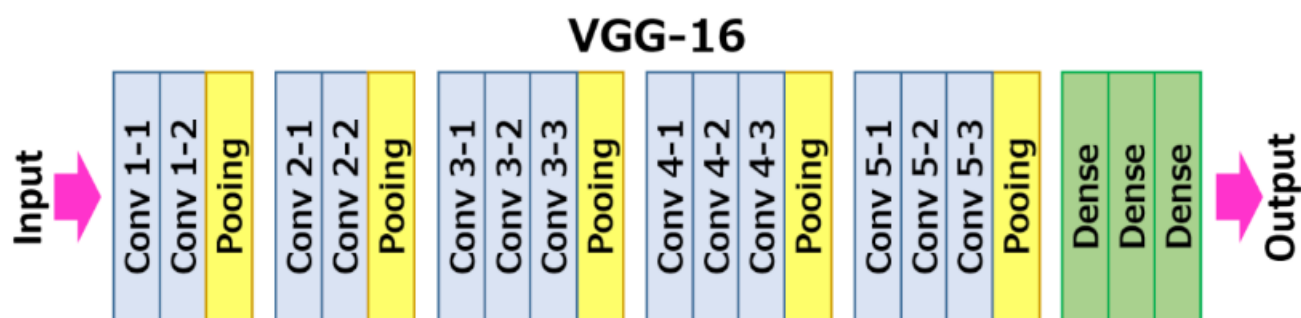
model.add(Flatten())
model.add(Dense(128, activation='relu'))
model.add(Dropout(0.5))
model.add(Dense(1))
model.summary()

model.compile(loss='mean_squared_error', optimizer='adam', metrics=['mse'])
```

Obrázek 2: Architektura prvního modelu

4.2 VGG-16

Pro vylepšení modelu jsme použili upravenou univerzální architekturu VGG-16, jenž je mnohem komplexnější.



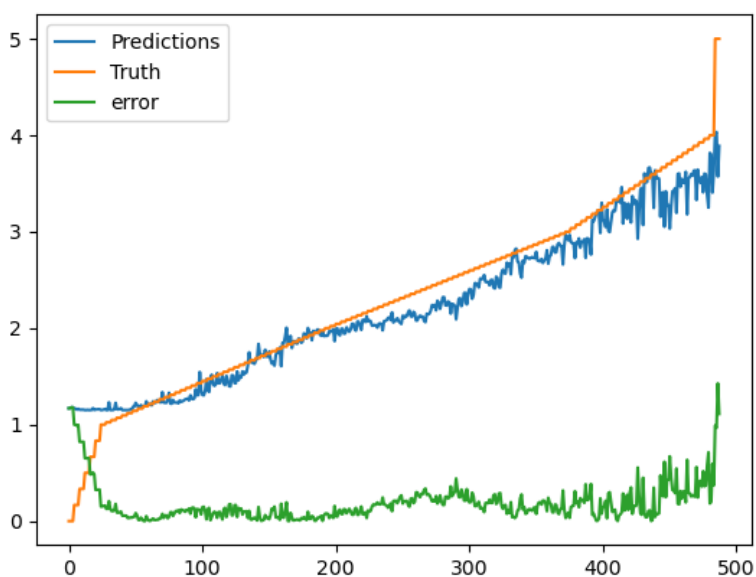
Obrázek 3: Architektura VGG16

5 Výsledky

5.1 Malý model

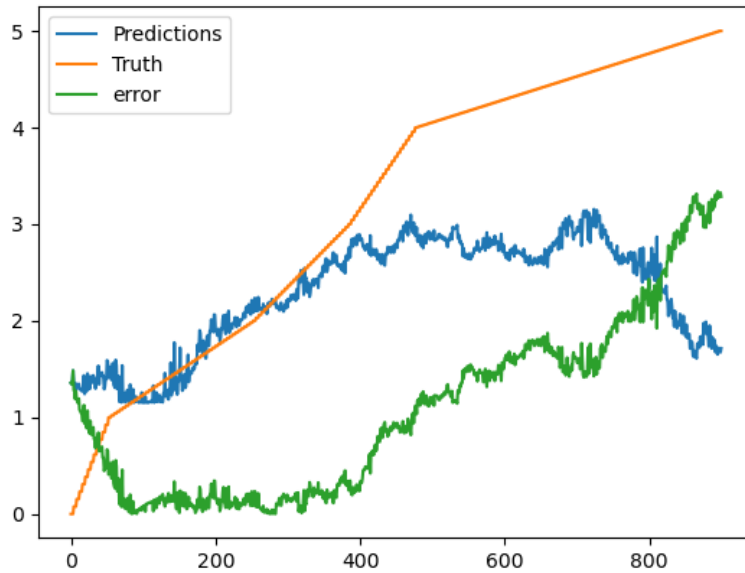
Predikce prvního modelu jsou s ohledem na jeho jednoduchost překvapivě dobré. Mějme na vědomí, že predikce v částech těla nad začátkem jater (0-1) a pod jejich koncem (4-5) nejsou pro tento projekt prioritní a ani dataset nebyl v těchto částech tak kvalitně anotován a normalizován.

Na již viděných CT skenech funguje model téměř bezchybně.



Obrázek 4: predikce na již viděném skenu z trénování

Na neviděném skenu jsou predikce znatelně mimo v částech 0-1 a 4-5, v prioritní oblasti však model funguje relativně dobře.



Obrázek 5: predikce na neviděných testovacích datech

5.2 VGG-16

6 Závěr