

Segmentierung des Magen-Darm-Trakts anhand von MRT Bildern mithilfe von Deep Learning

Viktor Leonardo Krawutschke

Bachelorarbeit

| | |
|--------------------|--|
| Beginn der Arbeit: | 01. April 2010 |
| Abgabe der Arbeit: | 25. September 2022 |
| Gutachter: | Univ.-Prof. Dr. S. Conrad Univ.-Prof. Dr. M. Kollmann |

Erklärung

Hiermit versichere ich, dass ich diese Bachelorarbeit selbstständig verfasst habe. Ich habe dazu keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet.

Düsseldorf, den 25. September 2022

Viktor Leonardo Krawutschke

Einleitung

Diese Bachelorarbeit beschäftigt sich mit der semantischen Segmentierung von MRT Bildern im medizinischen Bereich. Im Jahr 2015 wurde bei 5 Millionen Menschen Krebs im Gastro-Intestinaltrakt festgestellt, wovon die Hälfte für eine Strahlentherapie in Frage kommen. Diese dauert in der Regel 1 bis 6 Wochen und findet täglich für 15 Minuten statt. Dabei soll den Krebszellen gezielt eine hohe Strahlendosis verabreicht werden, gleichzeitig ist es zu vermeiden nicht betroffene Organe dabei in Mitleidenschaft zu ziehen. Problematisch ist, dass die Position der Organe und somit auch der Tumore von Tag zu Tag unterschiedlich ist. Dank Magnetresonanztomographen (MRT) und Linearbeschleunigern können Onkologen jedoch die genaue Position der Organe feststellen. Dies ist jedoch ein Zeitintensiver Prozess und dauert je nach Patienten zwischen 15 und 60 Minuten. Deep Learning könnte dabei helfen, diesen Prozess erheblich zu beschleunigen, um so Patienten zu entlasten und Ärzten die Chance zu geben mehreren Menschen im selben Zeitraum ihre Hilfe anzubieten.

Das UW-Madison Carbone Cancer Center hat im Rahmen einer Challenge auf Kaggle.com anonymisierte Scans von über 150 Patienten zur Verfügung gestellt, in denen manuell der Dickdarm, Dünndarm und der Magen von Fachleuten segmentiert worden ist. Ziel ist es, ein Modell zu entwerfen welches gegeben den Trainingsdaten dazu in der Lage ist in Bildausschnitten von vorher ungesehenen Patienten die Lokalität der genannten Organe in Form von einer Maske zu bestimmen. Baseline dieser Arbeit bildet ein Convolutional Neural Network, einem UNet Modell, welches auf 2 dimensional Daten antrainiert wurde, da es sich bewiesen hat Segmentierungen im Medizinischen Bereich vorzunehmen. Es besteht aus einem Encoder und einem "Decoder"Part, wobei wir verschiedene vortrainierte Encoder ausprobieren werden.

Auf einer detaillierten Datenanalyse aufbauend werden dann weitere Methoden angewendet, um die Performance zu verbessern. Es werden Trainingsdaten bereinigt und mit verschiedenen Eingabegrößen experimentiert. Ein weiterer Ansatz ist das intelligente beschneiden der Ausschnitte mit dem Ziel, dass sich das Modell besser auf die aussagekräftigen Bereiche konzentrieren kann, sowie die Verwendung von "2.5 dimensional" Daten, auf die ich später genauer eingehe. Ein weiteres Feature ist das intelligente Zuschneiden des Inputs. Zuletzt erfolgt eine Auswertung der Ergebnisse und es werden weitere Ideen genannt, die es nicht in die Arbeit geschafft haben.

Inhaltsverzeichnis

| | |
|--|-----------|
| 1 Verwandte Arbeiten | 1 |
| 1.1 Semantische Segmentierung im medizinischen Bereich | 1 |
| 1.2 Deep Learning-Techniken für die Segmentierung medizinischer Bilder: Errungenschaften und Herausforderungen | 2 |
| 1.3 Intelligentes Zuschneiden des Inputs | 2 |
| 2 Grundlagen | 2 |
| 2.1 Magen-Darmtrakt | 2 |
| 2.2 U-Net | 2 |
| 2.3 Encoder 1 | 3 |
| 2.4 Kaggle | 4 |
| 3 Methodik | 4 |
| 3.1 Datenanalyse | 4 |
| 3.2 Metadatenextraktion | 4 |
| 3.3 Vorarbeit | 5 |
| 3.4 Nacharbeit | 6 |
| 3.5 Algorithmik | 6 |
| 3.6 Modell | 7 |
| 3.7 Experimente | 7 |
| 4 Evaluation | 7 |
| 5 Fazit | 7 |
| 5.1 Ausblick | 7 |
| Abbildungsverzeichnis | 13 |
| Tabellenverzeichnis | 13 |

1 Verwandte Arbeiten

1.1 Semantische Segmentierung im medizinischen Bereich

1.1.1 Semantische Segmentierung

Die semantische Segmentierung erfolgt in drei Schritten:

Klassifizierung: Klassifizierung eines bestimmten Objekts im Bild. Lokalisieren: Auffinden des Objekts und Zeichnen eines Begrenzungsrahmens um das Objekt.

Segmentierung: Gruppierung der Pixel in einem lokalisierten Bild durch Erstellung einer Segmentierungsmaske.

Im Wesentlichen kann man die Aufgabe der semantischen Segmentierung als Klassifizierung einer bestimmten Bildklasse und deren Abgrenzung von den übrigen Bildklassen durch Überlagerung mit einer Segmentierungsmaske bezeichnen.

Allgemein kann man es sich auch als Klassifizierung von Bildern auf Pixelebene vorstellen.

1.1.2 Medizinischer Bereich

Die medizinische Bildgebung umfasst viele Kategorien, von 2- bzw. 3 dimensionalen MRT Scans des Herzens, Gehirns und des Magen-Darm Trakts, 2 dimensionalen Röntgen Bildern sowie Ausschnitte aus der Videoendoskopie.

Bereits in den 90er Jahren wurde sich mit Segmentierungsarchitekturen auseinandergesetzt und baselines geschaffen. Zu dieser Zeit lieferten Methoden im Bereich „Pattern recognition“ die besten Ergebnisse. Die Autoren legten viel Wert auf preprocessing der Daten und werteten die zu jener Zeit besten Modelle aus. Es handelte sich um einen Feature basierten Ansatz, es wurden Algorithmen wie **kNN**, **Maximum Likelihood** und **Characteristic vector** getestet.

Trotz aller Bemühungen wiesen die Modelle nur eine Accuracy von 3% bis 34% auf. (Clarke:Mri1995)

Jedoch waren die Autoren davon überzeugt, dass Segmentierung eine wichtige Rolle im Bereich der Verarbeitung von MRT Daten darstellen wird und mit wachsender Akzeptanz auf klinischer Seite sowie dem technischen Fortschritt der Hochleistungsrechner es in Zukunft möglich sein wird, akkurate Segmentierungen von MRT Scans im Livebetrieb vorzunehmen.

1.2 Deep Learning-Techniken für die Segmentierung medizinischer Bilder: Errungenschaften und Herausforderungen

Dank der immensen Verbesserung der Rechenleistung der Hardwarekomponenten wurde das Thema Deep Learning immer interessanter und gehört heutzutage zur standard Herangehensweise. Architekturen wie das U-Net Modell (**U-Net**) haben sich hierbei besonders bewiesen und wurden mit den Jahren nach der Veröffentlichung in 2015 stetig erweitert, so dass es für viele verschiedene (medizinische) Bereiche Architekturen vorliegen, die auf die jeweiligen Problemstellungen angepasst wurden, jedoch trotzdem Anwendung auf ähnlichen Gebieten finden können (**Hesamian**)

1.3 Intelligentes Zuschneiden des Inputs

Dimitrios G. Zaridis et al. (**SmartCrop**) haben sich ebenfalls mit verschiedenen State of the Art U-Net Architekturen auseinandergesetzt jene als Baseline genutzt. Trotz der beachtlichen Leistung, die die Modelle liefern, sind sie der Meinung dass noch Verbesserungspotential vorhanden ist.

Sie fanden heraus, dass das Vorhandensein eines Klassenungleichgewichts, wo der Anteil der Hintergrundpixel dem Anteil des zu segmentierenden Organs überwiegt zu Problemen führen kann. Mithilfe eines Deep Learning Modells haben die Autoren es geschafft, dieses Klassenungleichgewicht zu reduzieren, in dem das Neuronale Netzwerk die gesuchten Organe lokalisiert, das Originalbild zuschneidet und am Ende das Verhältnis von Vorder- und Hintergrundpixeln normalisiert. Dies führte bei allen gängigen Deep Learning Netzwerken zu erheblichen Verbesserung im Bezug des Dice-Scores. U-Net+ und ResU-Net++ wiesen mithilfe diese Verbesserungen von bis zu 8% auf.

2 Grundlagen

2.1 Magen-Darmtrakt

Um die Daten zu verstehen und Erkenntnisse aus den Ergebnissen zu gewinnen, ist es wichtig ein Grundverständnis für den Bereich des Körpers zu haben, den unsere Daten beschreiben. Wir interessieren uns in unserem Fall für den Dick- bzw. Dünndarm sowie den Magen. Hierbei liegt die Herausforderung, dass je nach Ernährungsverhalten, Schlafposition, anderen Krankheiten und Verdauung die Position der Organe stark (bzw. stärker als andere) variieren kann. Mithilfe der Grafik kann man sich ein Bild vom groben Aufbau machen. Figure 1

2.2 U-Net

U-Net wurde im Jahr 2015 von Olaf Ronneberger et al. (**U-Net**) vorgestellt als Segmentierungsarchitektur für den biomedizinischen Bereich und bildet die Baseline dieser Arbeit. Neu in der Herangehensweise ist der Encoder-Decoder Part, die dem Netzwerk ermöglicht räumliche Merkmale anzutrainieren. Klassisch handelt es sich beim Encoder um ein

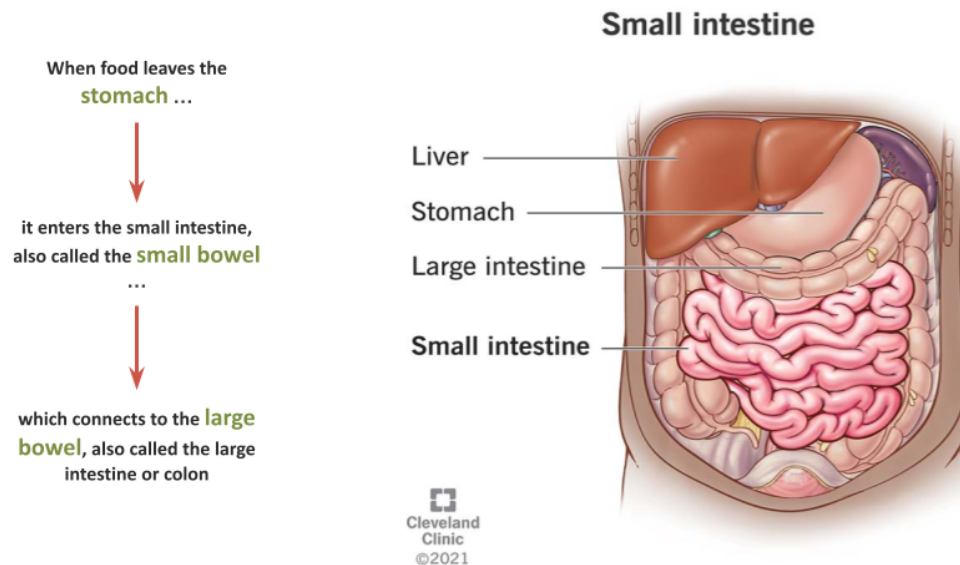


Abbildung 1: Magen-Darm Trakt

Convolutional Neural Network, bestehend es aus 5 bis 6 „downsampling“-Schichten und der gleichen Menge an „upsampling“-Schichten im Decoder-part.

Eine „downsample“-Operation besteht zum einen aus einer „**Convolution Operation**“ sowie einer „**Max Pooling**“ an deren Ende jeweils eine „**ReLU**“ Aktivierungsfunktion zum Einsatz kommt. In diesem Schritt lernt das Modell Eigenschaften auf Pixelebene, wie zum Beispiel Formen, Ecken, Kanten. Hierbei halbieren sich die Eingabedimensionen und die Tiefe des Bildes wird erhöht. Veranschaulicht kann man sagen, dass das Modell das „Was“ lernt, was im Bild zu sehen ist. (Con97) Zur Semantischen Segmentierung fehlt dann nur noch das „Wo“, hierbei wird das Zusammenspiel von En- und Decoder deutlich.

Im Decoder wird das Bild wieder auf seine ursprüngliche Größe mittels „**Transpose Convolution operations**“ gebracht. Hier ersetzt die transponier Operation die Maxpooling Operation (vergleich Grafik). Dieser Part erlaubt dem Modell das lokalisieren der zuvor gelernten Eigenschaften. Output ist eine Maske, bestehend aus Nullen und Einsen, die der Eingabegröße gleicht und bestenfalls den Wert Eins an der Stelle des gesuchten Organs enthält.

2.3 Encoder 1

Eventuell

| Index | ID | Class | Segmentation |
|-------|-------------------------|-------------|------------------------------|
| 1 | case134_day0_slice_0085 | large_bowel | NaN |
| 2 | case134_day0_slice_0085 | small_bowel | 41591 5 41599 7 41949 27 ... |
| 3 | case134_day0_slice_0085 | stomach | NaN |
| 4 | case123_day0_slice_0001 | large_bowel | 35223 6 74352 7 32312 12 ... |
| 5 | case123_day0_slice_0001 | small_bowel | 63432 5 12354 7 41949 12 ... |
| 6 | case123_day0_slice_0001 | stomach | NaN |

Tabelle 1: Beispieldaten für zwei Slices

2.4 Kaggle

Diese Arbeit baut auf der [UW-Madison GI Tract Image Segmentation](#) Challenge auf, die von der „University of Wisconsin Carbone Cancer Center Pancreas Pilot Research Grant“ organisiert wurde und von denen die Daten auch bereitgestellt wurden.

Evaluert wurden die Ergebnisse mit einer Gewichtung von 0.4 des Dice-Koeffizienten (subsubsection 3.5.3) sowie 0.6 der Hausdorff-Metrik (subsubsection 3.5.1) auf unbekannten Testdaten.

3 Methodik

3.1 Datenanalyse

Der Datensatz besteht aus 115 488 Zeilen und enthält drei features: ID, Klasse und einem Run-length codierten String, der die Maske enthält. Table 1. Jeder ID sind drei Zeilen gewidmet, jeweils für die drei Klassen. Zu jeder ID existiert ein Graustufen Bild, welche sich im train Ordner befinden:

```
input\uw-madison-gi-tract-image-segmentation\train\case101\
case101_day20\scans\slice_0001_266_266_1.50_1.50.png
```

Ein Beispiel der Ordnerhierarchie kann man hier sehen [Figure 4](#)

Jedes slice enthält vier Zahlen (z.B. 266_266_1.50_1.50.png), die ersten beiden stehen für die Auflösung des Bildes und die letzten beiden für den physischen Abstand der Pixel. Der Großteil der Aufnahmen stammt von Tag null oder tag eins [Figure 7](#) und die durchschnittliche Anzahl an Bildern pro Fall beträgt X.

Beim betrachten der Verteilung der Segmentierungen fällt auf, dass das Vorkommen für jede Klasse stark variiert, am häufigsten sind gar keine segmentierten Slices. [Figure 5](#).

3.2 Metadatenextraktion

Anhand der ID eines jedes Slices war es möglich verschiedene Metadaten dem originalen Dataframe zu entziehen, zudem wurde die gesamtlänge gedrittelt, dadurch dass die Klassen einer ID zugewiesen worden sind. Table 2

| Idx | ID | large_bowel | small_bowel | stomach | case | day | slice | path | width | height | pixel_x | pixel_y |
|-----|-------------------------|--------------|-------------|---------|------|-----|-------|--------|-------|--------|---------|---------|
| 1 | case134_day0_slice_0085 | NaN | 41591 5 ... | NaN | 134 | 0 | 85 | input\ | 266 | 266 | 1.5 | 1.5 |
| 2 | case134_day0_slice_0086 | 41591 27 ... | NaN | NaN | 134 | 0 | 86 | input\ | 266 | 266 | 1.5 | 1.5 |
| 3 | case134_day0_slice_0086 | NaN | NaN | NaN | 134 | 0 | 87 | input\ | 266 | 266 | 1.5 | 1.5 |

Tabelle 2: Metadaten für drei slices

| ID | Case | Day | RS | RE | CS | CE |
|----|------|-----|----|-------|----|-----|
| 1 | 134 | 21 | 84 | 10000 | 0 | 359 |
| 2 | 113 | 22 | 50 | 10000 | 0 | 332 |

Tabelle 3: Ausschnitt aus der Zuschnitt-Tabelle

3.3 Vorarbeit

3.3.1 2.5 dimensionale Daten

Klassisch haben die Slices die Dimensionen

$$H \times W \times 1 \quad (1)$$

da es sich um Graustufen Bilder handeln. U-Net arbeitet klassisch aber mit RGB Bildern, also einem 3 Channel Input

$$H \times W \times 3 \quad (2)$$

somit ist die Idee, aufeinanderfolgende Slices mit einem bestimmten Stride (Abstand) zu Verketteten und dem Input so mehr Tiefe zu geben.

Diese Methode gegenüber 3 dimensionalen Daten einige Vorteile: es wird weniger Rechenpower benötigt, die Trainingspipeline muss nur minimal angepasst werden, Augmentations lassen sich einfacher implementieren, die Auswertung bleibt ebenfalls gleich und die Daten können jedem Modell übergeben werden, welche darauf ausgelegt sind RGB Bilder zu segmentieren.

3.3.2 Intelligentes Zuschneiden

Die Eingabebilder wurden für jeden Tag pro Case individuell zugeschnitten. Zu Beginn wird Backgroundnoise mit einem Medianfilter beseitigt, um das kleinste Rechteck zu finden, welches den Wertebereich enthält, der nicht null ist. Dieser Prozess wird für jedes Slice aus dem Tag wiederholt, zum Schluss werden die Werte der Zeile angehängen, im Dataloader werden die Slices je nach Konfiguration dann zugeschnitten. Ein Beispiel von Case 134, Tag 21, Slice 70 ist hier zu sehen: Figure 11 Table 3

3.3.3 Bereinigen der Daten

Es fiel auf, dass zwei Cases falsch annotiert worden sind und wurden deshalb aus dem Trainingsdatensatz entfernt: Figure 13

RS, RE, CS und CE stehen in diesem Kontext für RowStart, RowEnd, ColumnStart und ColumnEnd

3.4 Nacharbeit

Beim Erkunden der Masken ist aufgefallen, dass es Slices gibt die für die jeweilige Klasse nie Segmentierungen aufweisen. Dieses Wissen kann man dazu nutzen, um die Predictions zu bereinigen und somit den eigenen Kaggle-Score zu verbessern. Ob dies jedoch good practice im Klinikalltag ist, ist fragwürdig, da diese Beobachtungen auf diesem Datensatz gemacht wurden und es wahrscheinlich ist aufgrund von z.B. einer anderen Statur, Operationen oder ähnlichem dies nicht mehr gegeben ist.

3.5 Algorithmik

3.5.1 Hausdorff-Metrik

Die Hausdorff-Metrik ist eine Methode zur Berechnung des Abstands zwischen den Segmentierungsobjekten X und Y, indem der am weitesten entfernte Punkt auf Objekt X vom nächstgelegenen Punkt auf Objekt Y berechnet wird

$$d_H(X, Y) = \max \left\{ \sup_{x \in X} d(x, Y), \sup_{y \in Y} d(X, y) \right\} \quad (3)$$

3.5.2 Binäre Kreuzentropie

Die Kreuzentropie ist definiert als ein Maß für die Differenz zwischen zwei Wahrscheinlichkeitsverteilungen für eine bestimmte Zufallsvariable oder eine Reihe von Ereignissen. Sie eignet sich besonders gut Klassifizierungen auf Pixelebene, weist jedoch bei einer unausgewogenen Klassenverteilung der Daten ihre schwächen auf. (Jadon_2020)

Sie ist definiert als:

$$\mathcal{L}_{BCE}(X_{il}, Y_{il}) = \sum_{c=1}^C X_{icl} \log(Y_{icl}) \quad (4)$$

3.5.3 Dice-Koeffizient

Der Dice-Koeffizient kann verwendet werden, um die pixelweise Übereinstimmung zwischen einer vorhergesagten Segmentierung und der entsprechenden Groundtruth zu vergleichen. Die Formel ist gegeben durch:

$$DSC = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (5)$$

wobei X die vorhergesagte Menge von Pixeln und Y die Groundtruth ist. Der Dice-Koeffizient ist definiert als 0, wenn sowohl X als auch Y leer sind.

3.6 Modell

Das Projekt wurde gänzlich in Python mithilfe der TensorFlow API sowie dem **Segmentation Models** (Yakubovskiy:2019) Package aufgezogen, welches verschiedene Architekturen inklusive an- und nicht antrainierte Encoder zur Verfügung stellt.

Trainiert wurde mit dem **Adam Optimizer**, und einer initialen Learning Rate von von $5e-4$, die sich um den Faktor $e-1$ verringert, wenn der Validation-loss nach fünf Epochen unverändert schlecht blieb.

Die Loss function ist eine Mischung aus **Binary Crossentropy** und zu einem Faktor von 0.5 der Dice-Koeffizient. Diese Kombination eignet sich laut Jadon (Jadon_2020) besonders gut, um einen höheren Dice Score zu erzielen. Außerdem ermöglicht sie dem Modell, sich auf mehrere Klassen zu konzentrieren, so ist das Modell in der Lage das Klassenungleichgewicht zu berücksichtigen.

$$\mathcal{L}(X_{il}, Y_{il}) = \sum_{c=1}^C X_{icl} \log(Y_{icl}) + 0.5 * \left(1 - \frac{2|X_{il} \cap Y_{il}|}{|X_{il}| + |Y_{il}|}\right) \quad (6)$$

Es wurde mit einer Batchsize von 16 und 32 auf verschiedenen Grafikkarten vom **HPC** des ZIMs Trainiert: RTX 8000, RTX 6000 und GTX 1080ti.

Die Daten wurden mithilfe von der **StratifiedGroupKFold** Methode von Sklearn in 5 Folds aufgeteilt und nach Case gruppiert. Somit wurde das Verhältnis der Klassendistribution im Vergleich zum ganzen Datensatz in jedem Fold beibehalten.

3.7 Experimente

Experimente.

4 Evaluation

5 Fazit

5.1 Ausblick

Ideen, die es nicht in die Arbeit geschafft haben oder nicht schaffen konnten.

quotes:

Ein Beispiel für deutsche Anführungszeichen „quote“.

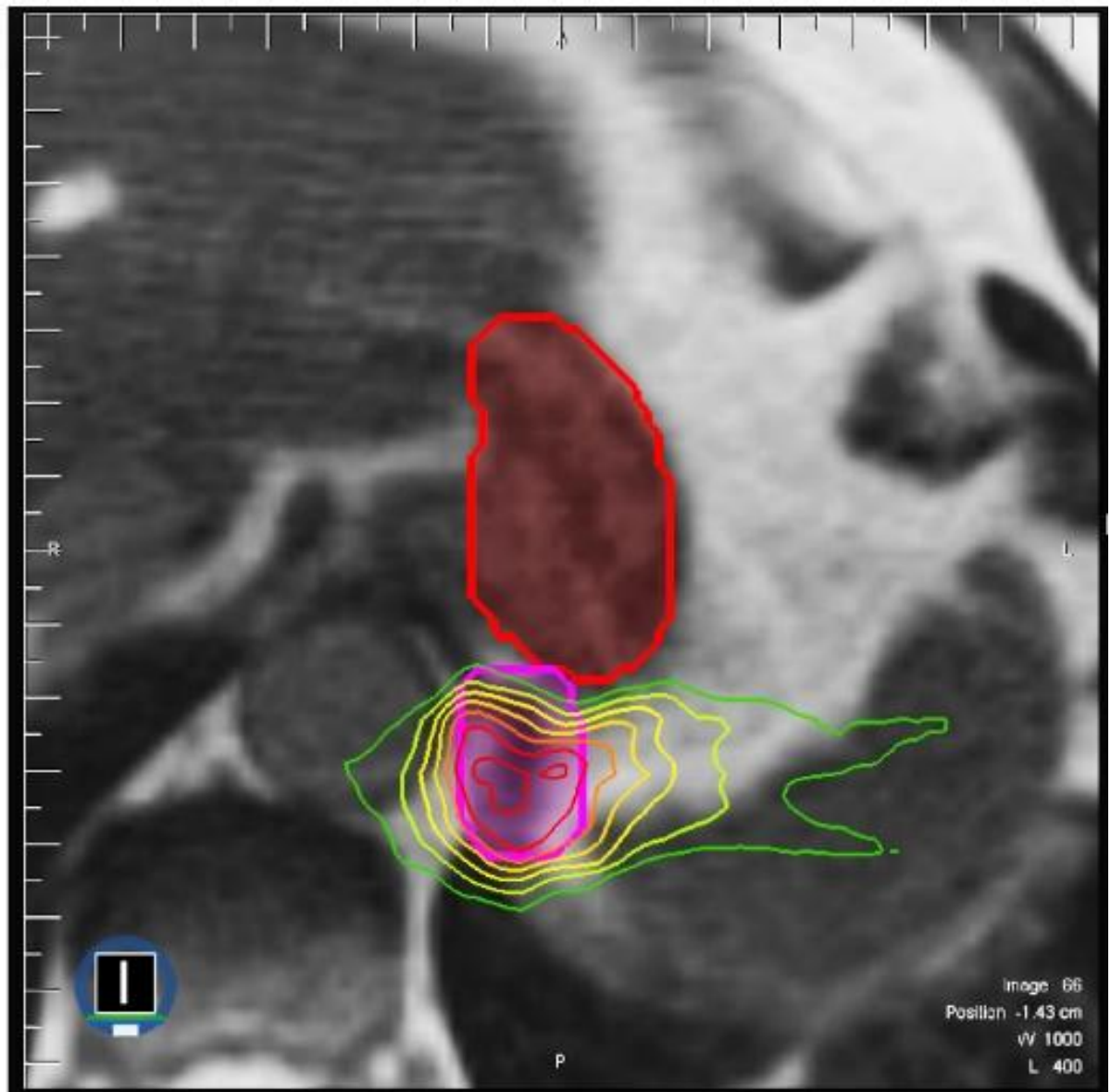


Abbildung 2: Beispiel MRT des Magen-Darm Traks. Zu sehen ist der Magen (rot) und der Tumor (pink) sowie die verabreichte Strahlendosis. Die Strahlenintensivität werden durch den Regenbogen der Umrisse dargestellt, wobei höhere Dosen rot und niedrigere Dosen grün dargestellt werden.

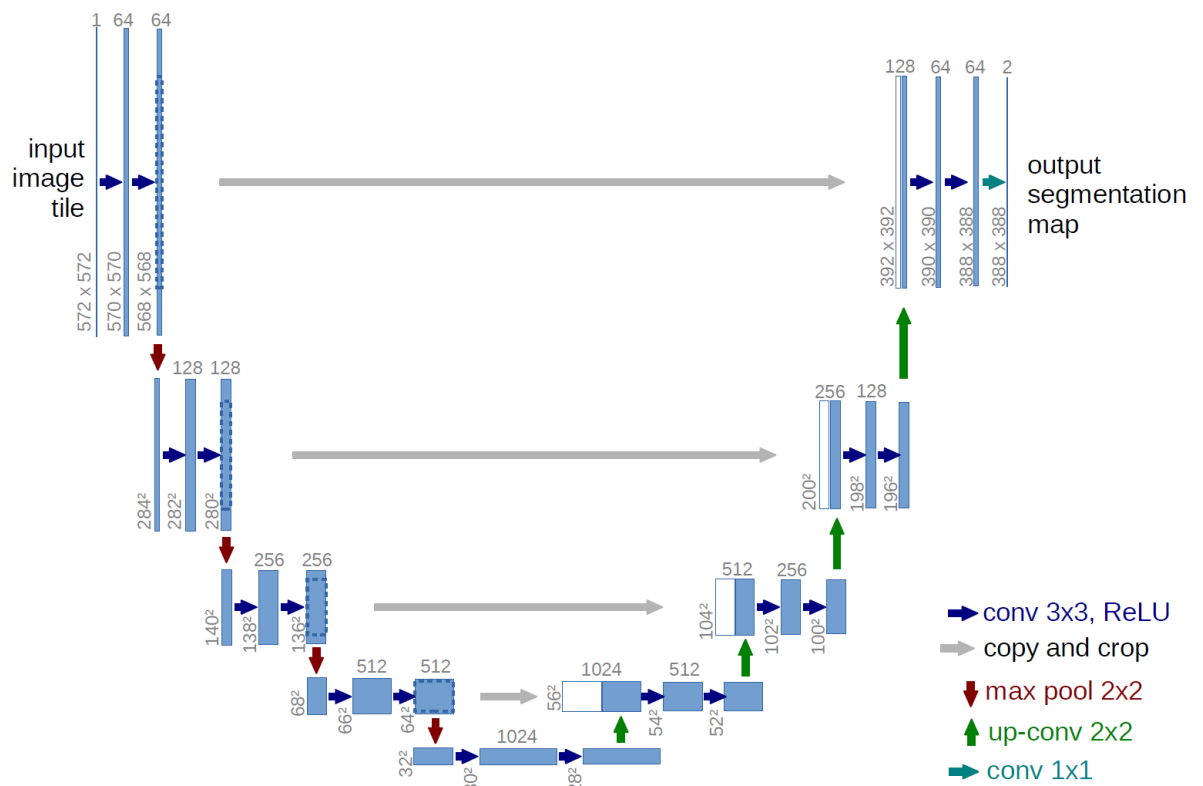


Abbildung 3: U-Net Architektur



Abbildung 4: Trainingsdaten Hierarchie

Segmentation Distribution

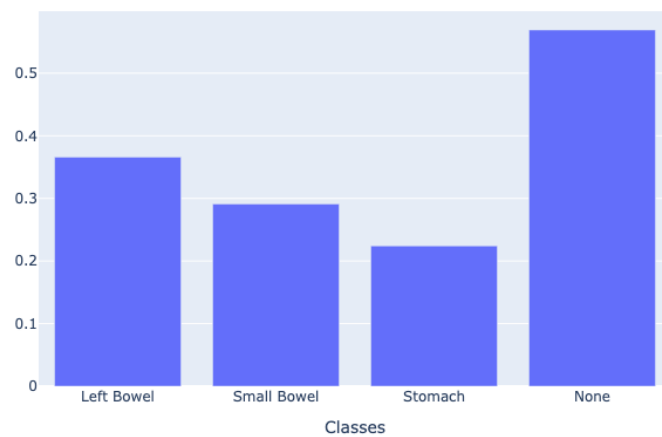


Abbildung 5: Verteilung der Klassen im Testset

How many Slices do specific Cases have?

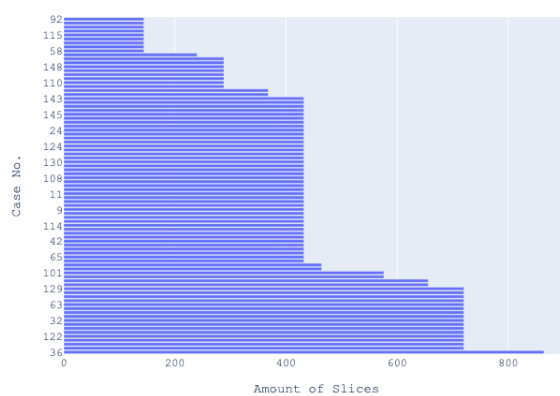


Abbildung 6: Anzahl Bilder pro Fall

How many slices do specific days have?

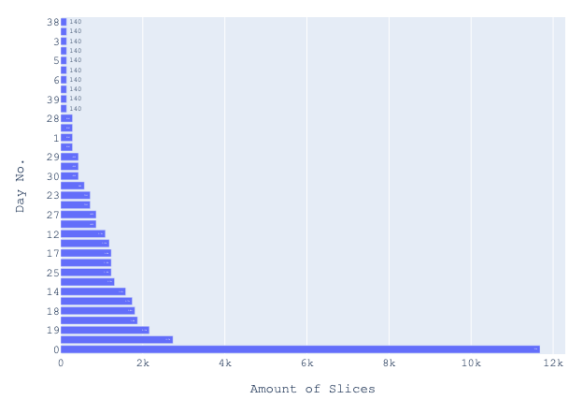


Abbildung 7: Anzahl Bilder pro Tag

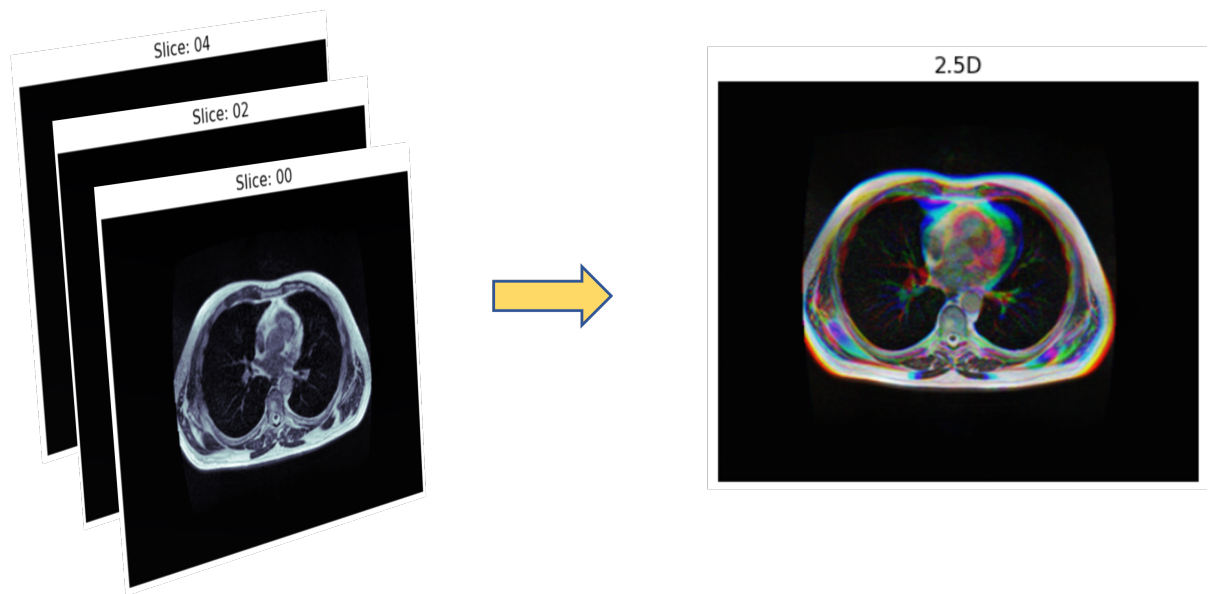


Abbildung 8: Semi-3-dimensionaler Input

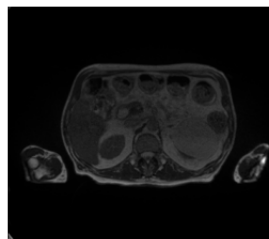


Abbildung 9: Original

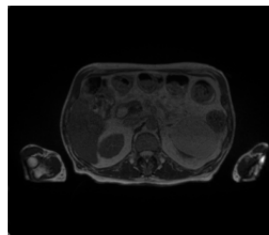


Abbildung 10: Zugeschnitten

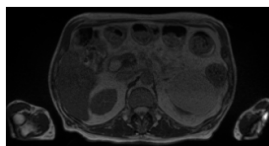


Abbildung 11: Zugeschnitten mit Medianfilter

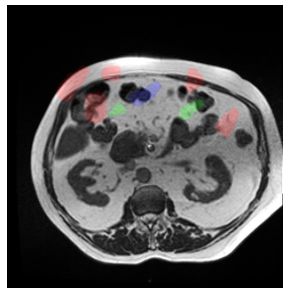


Abbildung 12: Case 7, Tag 0, Slice 96

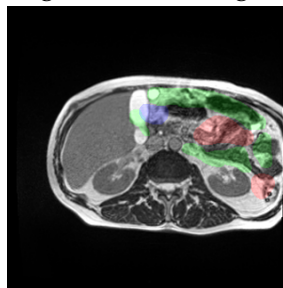


Abbildung 13: Case 81, Tag 30, Slice 96

Abbildungsverzeichnis

| | | |
|----|---|----|
| 1 | Magen-Darm Trakt | 3 |
| 2 | Beispiel MRT des Magen-Darm Traks. Zu sehen ist der Magen (rot) und der Tumor (pink) sowie die verabreichte Strahlendosis. Die Strahlenintensivität werden durch den Regenbogen der Umrisse dargestellt, wobei höhere Dosen rot und niedrigere Dosen grün dargestellt werden. | 8 |
| 3 | U-Net Architektur | 9 |
| 4 | Trainingsdaten Hierarchie | 9 |
| 5 | Verteilung der Klassen im Testset | 10 |
| 6 | Anzahl Bilder pro Fall | 10 |
| 7 | Anzahl Bilder pro Tag | 10 |
| 8 | Semi-3-dimensionaler Input | 11 |
| 9 | Original | 11 |
| 10 | Zugeschnitten | 11 |
| 11 | Zugeschnitten mit Medianfilter | 11 |
| 12 | Case 7, Tag 0, Slice 96 | 12 |
| 13 | Case 81, Tag 30, Slice 96 | 12 |

Tabellenverzeichnis

| | | |
|---|--|---|
| 1 | Beispieldaten für zwei Slices | 4 |
| 2 | Metadaten für drei slices | 5 |
| 3 | Ausschnitt aus der Zuschnitt-Tabelle | 5 |