Automatische Erkennung von Biomarkern in OCT-Aufnahmen und Berechnung eines Riskscores für altersabhängige Makuladegeneration

Artur Moser

Referent: Prof. Dr. Arnim Malcherek
Korreferent: Prof. Dr. Horst Zisgen
Hochschule Darmstadt, Fachbereiche Mathematik und Naturwissenschaften & Informatik

Motivation und Ziele

Die altersbedingte Makuladegeneration (AMD) ist einer der am häufigsten auftretenden Gründe dafür, dass Menschen im fortgeschrittenen Alter Sehschärfe verlieren. Bei dieser Erkrankung ist es kritisch, dass sie im frühen Stadium erkannt wird, da Behandlungen im fortgeschrittenen Stadium nicht erfolgversprechend sind. Für die trockene Form der AMD gibt es in der Spätform überhaupt keine Behandlungsmöglichkeiten. Die Einschätzung des AMD-Fortschritts eines Patienten ist aufwändig und erfordert Fachkenntnisse. Aus diesem Grund ist man an einer automatisierten Unterstützung interessiert. Diese Unterstützung soll zum einen durch das automatische Erkennen von Biomarkern in Optical Coherence Tomography (OCT) Aufnahmen erfolgen, und zum anderen durch die Berechnung eines Riskscores, der das Voranschreiten der AMD einschätzt. OCT-Aufnahmen erlauben die Darstellung von Schnittbildern der Netzhaut im Mikrometerbereich. Dies ermöglicht das Betrachten von Biomarkern, die für das Einschätzen der AMD von Relevanz sind.

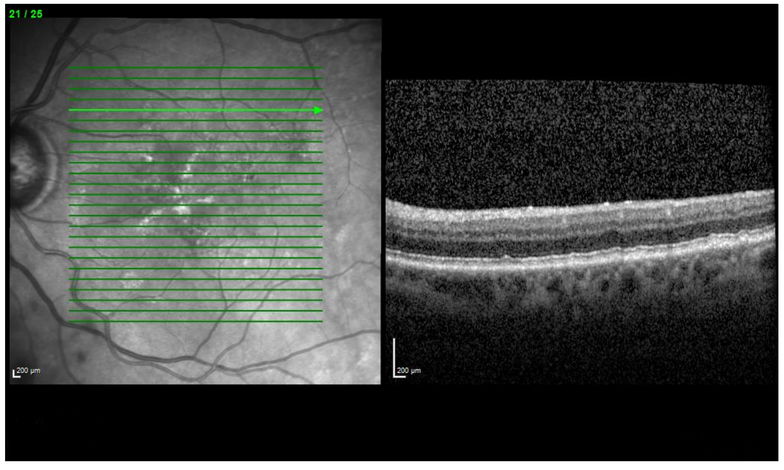

Abbildung 1: OCT-Aufnahme

Vorgehensweise

Die Erkennung der Biomarker erfolgt mittels eines Neuronalen Netzes, das verschiedene Objekte in einem Bild erkennen kann und diese einer Klasse zuordnet, dem Mask R-CNN. Das neuronale Netz wurde anhand von 600 OCT-Aufnahmen von Patienten trainiert, um anschließend für alle Aufnahmen der Patienten die Biomarker zu erkennen und für diese Biomarker die Größe und Anzahl zu bestimmen. Insgesamt wurden OCT-Aufnahmen von 79 Patienten von der Universitätsklinik Münster bereitgestellt. Die Ausgabe des Mask R-CNN wird für das Trainieren eines DeepSurv Modells genutzt, um die Wahrscheinlichkeit zu berechnen, ob in nächster Zeit der Übergang in ein fortgeschrittenes AMD-Stadium erfolgt.

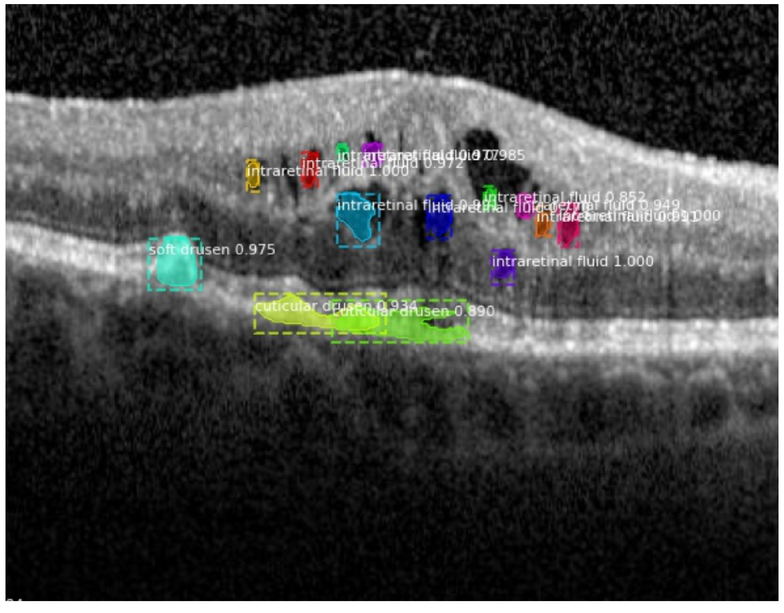

Abbildung 2: Ausgabe des trainierten Mask R-CNN

Ergebnisse

Das Mask R-CNN Modell konnte die meisten Biomarker erkennen, jedoch nicht immer richtig klassifizieren. Zudem markiert das Netz nur sehr selten Stellen, an denen kein Biomarker zu sehen ist. Das DeepSurv Modell konnte mit den gegeben Daten kein Riskscore erstellen, der den tatsächlichen Verlauf der Patienten korrekt widerspiegelt.

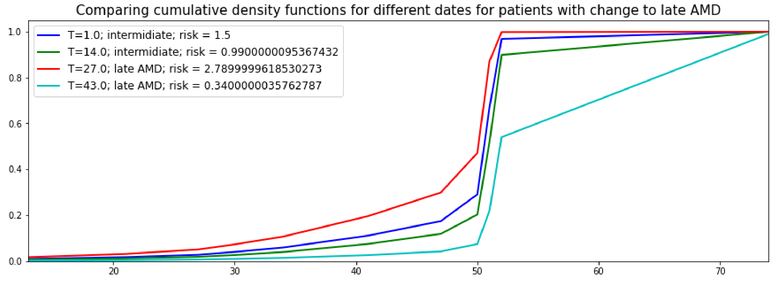

Abbildung 3: Kumulierte Verteilungsfunktionen eines Patienten

Fazit

Die automatische Erkennung der Biomarker konnte gut mit dem Mask R-CNN gelöst werden. Das Modell könnte weiter optimiert werden, indem ein Experte die Markierungen der Trainingsdaten begutachtet. Bei dem DeepSurv Modell gibt es einige Faktoren, die bei einer Folgearbeit in Betracht gezogen werden sollten. Einer dieser Faktoren ist das Verwenden weiterer Metadaten der Patienten, wie Rauchverhalten, Gewicht und vergangene Krankheiten.