

Fabian Stefan Bauer
Dr. med.

Automatisierte Ganzkörper-Magnetresonanztomographie Radiomics Analyse zur Diagnostik bei Patienten mit monoklonalen Plasmazellerkrankungen

Fach/Einrichtung: Radiologie
Doktorvater: Prof. Dr. med. Stefan Delorme

Fragestellung

Ziel der vorliegenden Promotionsarbeit war die Etablierung einer umfassenden automatischen und objektiven Knochenmarks-Charakterisierung aus der Ganzkörper-Magnetresonanztomographie durch die Kombination von „Deep Learning“ und Radiomics bei Patienten mit monoklonalen Plasmazellerkrankungen. Im ersten Schritt sollte ein Modell zur automatischen Segmentierung des Knochenmarks mit individueller Benennung jedes Knochenmarksraumes trainiert werden. Im zweiten Schritt sollte jeder der zuvor automatisch segmentierten Knochenmarksräume mit Radiomics analysiert werden, um somit eine automatische, umfassende objektive Charakterisierung des Knochenmarks zu erhalten.

Ergebnisse und Diskussion

Die Studie umfasste 106 Ganzkörper-Magnetresonanztomographien von 102 Patienten mit (Smouldering) Multiplen Myelom aus 8 Zentren. Für die Entwicklung der automatischen Segmentierung unter Verwendung des nnU-Net Modells und der Radiomics Algorithmen wurde ein Trainingsdatensatz mit 50 Ganzkörper-Magnetresonanztomographien des Zentrums 1 genutzt. Zur unabhängigen multizentrischen Testung wurden Testdatensätze mit 56 Ganzkörper-Magnetresonanztomographien unterschiedlicher Geräte und Hersteller herangezogen. Hierzu wurden 2700 Knochenmarksräume manuell für Training und Testung segmentiert.

Das multilabel nnU-Net, das 30 individuelle Knochenmarksräume segmentierte und dem jeweiligen Knochen zuordnete, lieferte automatische Segmentierungen mit mittleren Dice-Koeffizienten von $0,88 \pm 0,06$ / $0,87 \pm 0,06$ / $0,83 \pm 0,11$ auf den unabhängigen Testdatensätzen aus Zentrum 1/Zentrum 2/Zentren 3-8 (Interrater-Variabilität zwischen Radiologen: Dice-Koeffizient von $0,88 \pm 0,01$). Die etablierte automatische Segmentierung mit individueller Benennung des Knochenmarks bot damit eine zu Radiologen vergleichbare Präzision sowie eine gute Genauigkeit auf multizentrischen Daten und bei Patienten mit schweren pathologischen Befunden. Der Dice-Koeffizient von $0,87$ für die Subgruppe des

99 multizentrischen Multiplen Myelom Testdatensatzes der Zentren 3-8 mit hoher Bildqualität deutete darauf hin, dass heterogene Bedingungen in der Bildakquisition bei hoher Bildqualität nicht zu einer verschlechterten automatischen Segmentierung führen müssen. Die Präzision der automatischen Segmentierung verschlechterte sich signifikant, wenn in den relevanten Knochen Implantate vorzufinden waren. Schwere Pathologien als auch eine schlechte Bildqualität konnten tendenziell in Zusammenhang mit einer ungenaueren automatischen Segmentierung gebracht werden.

Für alle Patienten wurde eine phänotypische Radiomics Analyse des Knochenmarks durchgeführt, in welcher 8880 Radiomics Merkmale für jeden Patienten berechnet wurden. In Fallbeispielen konnten Myelom-typische Veränderungen des Knochenmarks und korrespondierende radiomische Signaturen in Zusammenhang gebracht werden.

Weiterführende Studien sollten prüfen, ob Radiomics Analysen genutzt werden können, um radiologische Myelom-typische Befunde für jeden Knochen vorherzusagen.

Die durch Radiomics Modelle des kalkulierten radiomischen Phänotyps des Knochenmarks prädizierte Patientengröße und -gewicht korrelierten signifikant mit der realen Patientengröße ($p=0,002$) und Patientengewicht ($p=0,003$). Diese Plausibilitätstests bestätigten, dass die umfassende radiomische Knochenmarks-Charakterisierung Patientencharakteristika erfasst.

Schlussfolgerung

Die trainierten Modelle dieser Studie segmentierten automatisch mit guter Präzision Knochenmark von 30 individuellen Knochen in der Ganzkörper-Magnetresonanztomographie auf multizentrischen Datensätzen. Die Radiomics-gestützte Analyse dieser Knochenmarksräume ermöglichte eine automatische, objektive phänotypische Charakterisierung des Knochenmarks der Patienten mit monoklonaler Plasmazellerkrankung. Diese zwei Schritte des Konzepts führen zu einer umfassenden Quantifizierung der Bildinformationen und der Extraktion großer individueller Datenmengen für automatisierte Bildanalysen und Prädiktionsmodelle. Das klinische Potential dieses Konzepts sollte in zukünftigen Studien eruiert werden sowie der Algorithmus auf weitere Stadien der monoklonalen Plasmazellerkrankung und zusätzliche disseminierte Erkrankungen des Knochenmarks angewendet werden.