

# Májsegmentálás orvosi képadatok tartalom alapú elemzésével<sup>1</sup>

Czipczer Vanda †\*, Dr. Manno-Kovács Andrea †\*

† Gépi Érzékelés Kutatólaboratórium, MTA SZTAKI, Budapest

\* Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Információs Technológiai és Bionikai kar, Budapest

**Absztrakt.** A máj szegmentálása fontos szerepet játszik a különböző betegségek számítógép-vezérelt diagnosztizálásában és a kezelés megtervezésében. A sok éves kutatások ellenére is kihívást jelent a feladat automatizálása. Ez a tanulmány a máj automatikus szegmentálásával foglalkozik CT felvételeken főként tradicionális módszereket és neurális hálózatok eredményét felhasználva. Először egy régió alapú szegmentáló algoritmust mutatok be, amely a régiónövesztés mellett aktív kontúrt és valószínűségi sűrűségfüggvény alapú küszöbölést is alkalmaz. Végül a kapott bináris maszkot a 3D-s U-Net neurális hálózat kimenetével kombinálom. A több, különböző publikus és privát adatbázison elért eredmények azt mutatják, hogy a különböző technikák fuzionálása a legígéretesebb, ha a cél a heterogén adatokon egyaránt jó teljesítmény elérése.

**Kulcsszavak:** Szegmentálás, CT, Máj, Régió alapú szegmentálás, Neurális hálózatok

## 1 Bevezetés

A máj az emberi szervezet egyik legnagyobb szerve, amely a hasi régió jobb felső részében helyezkedik el. Alapvető szerepet játszik az anyagcsere folyamatokban, a méregtelenítésben, valamint a különböző vegyületek (például glükóz, glikogén és koleszterin) termelésében és tárolásában. A máj elsődleges funkciója a vér tisztítása és számos létfontosságú fehérje és véralvadási faktor termelése.

A különböző májbetegségek módosíthatják a máj sűrűségét, jelének intenzitását és megváltoztathatják a geometriai formáját. Ilyen betegségek lehetnek a zsírmáj, cirrózis, fibrózis és a májrák. Ezen patológiák pontos és korai diagnosztizálása alapvető a hatékony kezeléshez. A diagnosztizálásban segít a pontos májsegmentálás.

A máj szegmentálása kihívást jelentő feladat, hiszen a szomszédos szövetek (szív, gyomor, vesék és hasfal) intenzitása hasonló, a máj mérete és formája az alanyok között

---

<sup>1</sup> Az itt bemutatott eredmények egy része már publikálásra került: A. Kriston, V. Czipczer, A. Manno-Kovács, L. Kovács, Cs. Benedek and T. Szirányi, „Segmentation of multiple organs in Computed Tomography and Magnetic Resonance Imaging measurements”, 4th International Interdisciplinary 3D Conference, Pécs, Hungary.

nagymértékben különbözhet és a szervek közti határ néha elmosódott. Manapság, a kutatók nagy erőfeszítést tesznek ezen problémák megoldására, hogy növeljék a szegmentálás és végül a diagnosztizálás pontosságát.

Különböző szegmentálási technikák léteznek, amelyekhez különböző mértékben van szükség felhasználó segítségére. Ezeket a technikákat két fő csoportra lehet felbontani: interaktív és automatikus. Az automatikus módszerek felhasználótól és annak tapasztalatlanságától függetlenek (szemben az interaktív eljárásokkal), és teljesen automatizáltak. Továbbá, nem annyira időigényesek, mint az interaktív módszerek. A félautomata módszerek részben interaktívak, mert a felhasználó szükséges a kezdőpont kiválasztásához vagy a bináris maszk finomításához.

Automata és félautomata technikák gyakran régiónövesztésen [1], klaszterezésen [2], aktív kontúron [3], vagy statisztikai alak modelleken [4] [5] alapulnak. A régió növesztés algoritmus és a klaszterezés könnyen és gyorsan implementálható, de hatástalan lehet a máj inhomogenitása miatt. Az aktív kontúr módszert gyakran egy másik módszerrel kombinálva alkalmazzák, kihasználva azt a tulajdonságát, hogy zajos képen is lokalizálni tudja a határokat. A statisztikai alak modellek nagy pontosságú eredményt adhatnak, de ehhez egy elegendő nagyságú tanítóhalmazra van szükség, hogy az előforduló alak varianciát kellően reprezentálja.

1. táblázat: CT felvételeken végzett szegmentálási technikák áttekintése: Auto = automata, Féla = félautomata, RN = régiónövesztés, K = klaszterezés AK = aktív kontúr, SAM = statisztikai alak modell, DSC = Sørensen-Dice koefficiens, RVD = Relatív térfogat differencia, MaxD = maximum felület távolság, VOE = térfogat átfedési hiba, Lokális = helyi kórházakból, SLIVER = MICCAI 2017 adathalmaz [6]

Tanulmány	Év	Módszer	Pontosság	Adathalmaz	Automata
Kumar et al. [1]	2013	RN	DSC=98%	Lokális	Auto
Goryawala et al. [2]	2014	K+RN	DSC=92% RVD=2,8%	Lokális	Féla
Massoptier and Casciaro [3]	2007	AK	DSC=95%	SLIVER	Auto
Zhang et al. [4]	2010	SAM	MaxD=24,8 mm RVD=0.73%	SLIVER	Auto
Li et al. [5]	2015	SAM	VOE=6.24% RVD=1.18% MaxD=18.82 mm	SLIVER	Auto

A munka során a CT felvételeken alkalmazott automatikus májszegmentáló módszert dolgoztunk ki, amely a régiónövesztés és az aktív kontúr kombinációján alapszik, valamint egy CNN alapú modell eredményének használatával javítani tudtuk az eredményeket.

Első lépésként a CT felvételeket előfeldolgozzuk küszöböléssel, valószínűségi sűrűségi függvény analízissel és egy egyszerű, lineáris, iteratív klaszterező (Simple Linear Iterative Clustering – SLIC) algoritmus használatával. Az előfeldolgozás során a kezdeti képből eltávolítjuk azokat a szöveteket és szerveket, amelyeknek az intenzitás értéke különbözik a májától és a máj felszínét simítjuk. A Chan-Vese aktív kontúrral tovább csökkentjük a nem-máj pixeleket, így jobban lokalizálható lesz a máj. A régiónövesztéshez tartozó kiindulópontot automatikusan választjuk ki a külső energia mező alapján. A 2D-s régiónövesztést minden szeleten minden irányban lefuttatjuk. Ezután megkapjuk a 3D-s bináris májmaszkot, amelyet morfológiai nyitás művelettel és a lyukak kitöltésével finomítjuk. Következő lépésként, a bemutatott módszer eredményét mély tanulási metódussal kombináljuk.

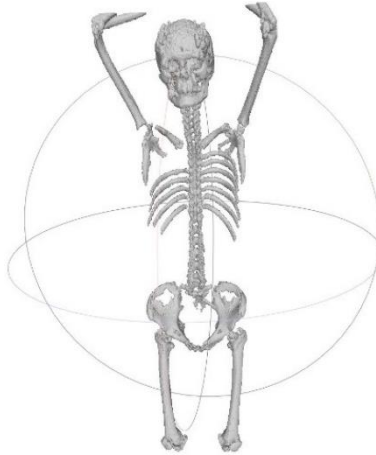
## 2 Kifejlesztett szegmentálási módszerek

### 2.1 Csontváz szegmentálás

A májszegmentáló módszer fejlesztése mellett, létrehoztunk egy egyszerű és robusztus metódust a csontváz szegmentálására. A csontváz kiindulási pontként szolgál a hasi régió kijelöléséhez teljes testes felvételek esetén.

A csontszegmentálás a CT felvétel koronális nézőpontjából vett maximális intenzitás projekcióból (MIP) indul ki. A koronális MIP képet úgy kapjuk, hogy egy 2D-s képre levetítjük a legmagasabb intenzitású voxeleket. A koronális projekciós képből a bináris csontmaszkot Otsu algoritmussal kapjuk. A bináris csontmaszk egy 2D-s kép, amelynek segítségével határozzuk meg, hogy az Otsu algoritmus által meghatározott küszöb megfelelő-e a csontszegmentálásra. A küszöb érték akkor volt megfelelő, ha a csontpixelek száma kevesebb volt, mint az összes pixel két harmada. Nem megfelelő küszöb esetén új küszöb értékeket generáltunk szintén Otsu algoritmussal, viszont ebben az esetben 2 küszöböt. A legnagyobb értékű küszöb lett az új küszöb. A megfelelő küszöb kiválasztása után, a 3D-s képet ezzel a küszöbvel binarizáljuk, hogy megkapjuk a csontvázat. Ezután a csont maszkból eltávolítottuk a 100 pixelnél kisebb foltokat (mivel zajnak tekintjük, hiszen a csont struktúrát nagyobbak várjuk), majd morfológiai dilatálással és zárással finomítottuk a felvételt.

A módszer nem ad tökéletes csontváz szegmentálást CT felvételekre, azonban a hasi régió meghatározásához tökéletesen megfelelő (lásd 1. ábra).



1. ábra: A módszer alapján szegmentált csontváz 3D-s modellje

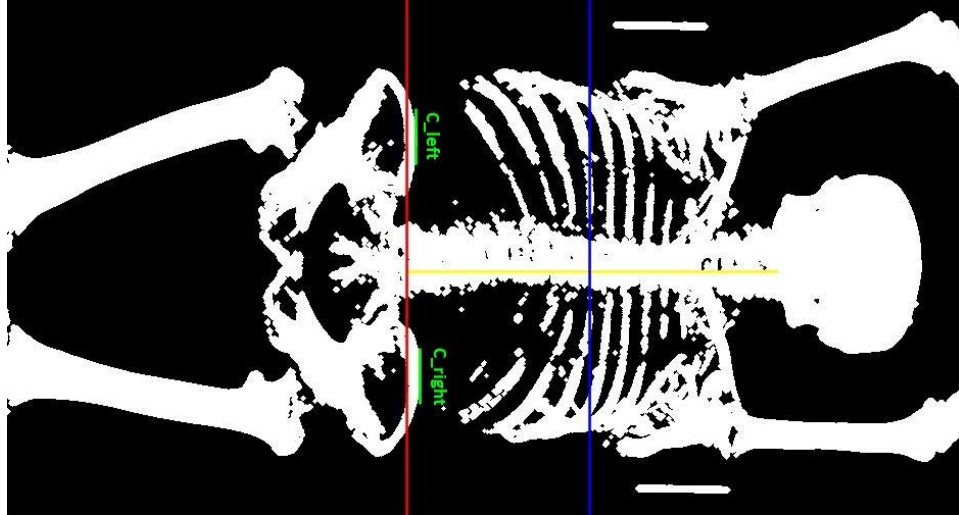
## 2.2 Májsegmentálás tradicionális módszereket használva

### Hasi régió meghatározása

Első lépésként a CT felvételekből eltávolítjuk azokat a szeleteket, amik nem a hasi régióhoz tartoznak. Erre a lépésre azért volt szükség, mert az egyik feltételezésünk az, hogy a felvétel középső szelete mindenképp tartalmazni fogja a májat és ez a feltétel nem minden CT felvétel esetében teljesült. Az alkalmazott módszert [7]-ben mutatták be.

A koronális projekciós képet a maximum intenzitás projekció algoritmussal kapjuk, ami egy 2D-s képre vetíti le a legmagasabb intenzitású voxeleket. A koronális projekciós képből kapott csontmaszkot 2.1 fejezetben leírt algoritmus alapján kapjuk. A csontmaszkot előfeldolgozzuk különböző morfológiai műveletekkel, majd az oszlopok (sorokként mutatva az elforgatott 2. ábraán) mentén összeadjuk a csontpixeleket. A legnagyobb értékű oszloptól balra lévő legnagyobb értékű oszlop jelöli a gerincoszlopot (sárgával jelölve a 2. ábraán). Az ettől balra és jobbra lévő területet vizsgáltuk meg, és ahol a csípő (zölddel jelölve a 2. ábraán) szintje alacsonyabb volt, annál 5 pixellel lejjebbi területet jelöltük meg a hasi régió alsó határának.

A felső határ megállapításához egy bináris tüdő maszkot használunk. Mivel a tüdő levegővel telt és annak alacsony az intenzitása CT felvételeken, ezért egy [-1024, -300] közötti bináris küszöböléssel a levegővel teli területeket kijelöltük. Az axiális szeleteken megszámoltuk a tüdő pixelek számát, majd a legnagyobb értékkel rendelkező szeletet jelöltük meg felső határnak.



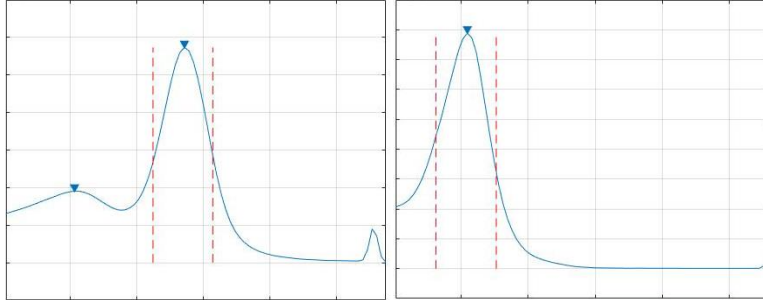
2. ábra: A hasi régió kijelölése (a piros vonal jelöli a hasi régió alsó határát, a kék vonal a felső határt)

### A CT felvétel előfeldolgozása

Mivel a CT felvételeken alacsony a szervek közti intenzitás különbség, előfeldolgozásra van szükség. A felvételt újraskálázzuk a maximális értéke alapján és 16-bit-es képen tároljuk el. A felvételeken lévő zajt simítással csökkentjük, amire azért van szükség, mert a zaj hibás eredményekhez vezethet. A simításhoz medián szűrőt használunk, hiszen ez megőrzi az éleket.

Ezután a felvételt a valószínűségi sűrűségi függvény használatával küszöböljük. Az adat, amit a sűrűség alapú becslés bemenetként kapott, a kép azon negyede volt, amely a legtöbb májvoxelt tartalmazza, kizárva azokat a pontokat, amelyeknek az intenzitás értéke alacsonyabb, mint 500. Így, az egyik csúcs mindenképp reprezentálni fogja a máj intenzitás értékének az intervallumát.

A sűrűségi függvény elemzésével a CT felvételeket két típusba tudjuk sorolni: magas és alacsony kontrasztúakba. A magas kontrasztú felvételek esetében két csúcs jelenik meg a valószínűségi sűrűségi függvényükben, míg az alacsony kontrasztúakéban csak egy. A csúcsot és a küszöb értékeket a sűrűségi esztimáció alapos áttanulmányozásával választottuk ki. Ez a módszer eltávolítja a legtöbb nem máj voxeleket (5. ábra (b)). Ezután a lyukakat feltöltöttük és nyitás műveletet alkalmazunk a felvételeken.



**3. ábra:** A pixel intenzitás értékek valószínűségi sűrűségi függvénye. A szaggatott vonal jelzi a megtartandó intenzitás tartományt.

Ezután a supervoxel túlszegmentálást végzünk a küszöbölt képen. A supervoxel algoritmus a Matlabban implementált Egyszerű Lineáris Iteratív Klaszterező (Simple Linear Iterative Clustering - SLIC) algoritmus módosított verziója alapján működik. A SLIC, amit a [7]-ben mutattak be, egy újszerű k-közép klaszterező módszer, ami gyorsan és eredményesen generál supervoxeleket. A supervoxelek mérete közel azonos, míg a határuk az eredeti kép határaihoz illeszkedik. Esetünkben a pixelek értékeinek a hozzájuk tartozó supervoxel régió medián intenzitását állítjuk be.

### Régiönövesztés és aktív kontúr kombinációja

Ebben a lépésben, először a Chan-Vese aktív kontúr és morfológiai műveletek kombinációját alkalmazzuk, hogy tovább egyszerűsítsük a bemeneti képet. A használt kezdeti maszk egy egyszerű téglalap, amely pozícióját a csontváz orientációja alapján határozzuk meg. Az alkalmazott iteráció szám nagy, mert néhány esetben az aktív kontúr nem érte el a máj tényleges határát. Ezután kiválasztjuk a legnagyobb összefüggő komponens az aktív kontúr eredményéből és ennek a komponensnek a helyén megtartjuk a kép intenzitás értékét, a többi értéket nullára állítjuk. Ez a módosított intenzitás kép lesz az erőter, ami irányítja a régiönövesztés folyamatot.

Ennél a lépésnél a feltételezésünk az, hogy a kép felső részében helyezkedik el a keresett objektum. Azért, hogy minden esetben teljesüljön a feltételünk (néhány esetben a bemeneti adat el van forgatva), a gerincoszlop helyzetét vizsgáljuk a csont maszk axiális MIP képén. Ha a gerincoszlop a kép bal oldalán helyezkedik el, akkor a máj a kép alsó felében helyezkedik el, ebben az esetben  $180^\circ$ -kal forgatjuk el a felvételt.

Hogy a módszer automatikus legyen, minden irányban a középső felvételen energia függvényt számolunk. Mivel a hasi régióban a máj a legnagyobb szerv, az energia kép legnagyobb intenzitású pixele biztosan a májban található. Ebből a pontból indítjuk el a 2D-s régiönövesztést a középső felvételen. A kapott májmaszk alapján a következő külső erő számolunk, majd a legnagyobb intenzitású pixel lesz a régiönövesztés kezdőpontja a következő szeleten és így tovább. Minden tengely esetén egy 3D-s mátrixot kapunk, ami

alapján összeadással kapjuk a májmaszkot. Az összeadás egy olyan maszkot eredményezett, ahol azon voxelek lettek 1-esek, amelyek legalább az egyik mátrix esetén 1 értékűek.

### Utófeldolgozás.

A kapott eredmény lyukakat és szomszédos szöveteket is tartalmazhat. Az objektumban található lyukakat feltöltjük, majd morfológiai nyitás módszerrel simítjuk az objektum kontúrvját és eltávolítjuk a vékony kitüremkedéseket. Végül, a legnagyobb összefüggő területet jelöltük meg máj bináris maszkjának.

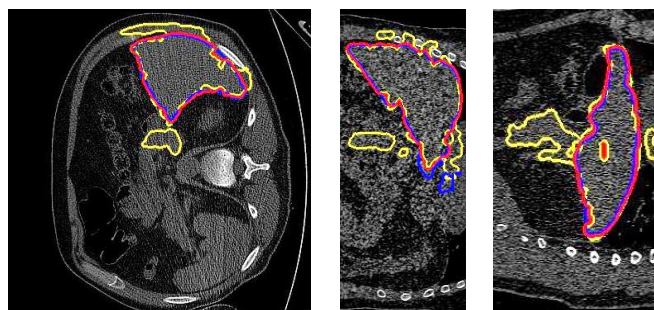
### 2.3 Fúzió a mélytanulási módszerrel

Hogy jobb eredményt érjen el a szegmentálásunk, megkíséreltük az előbbieken leírt algoritmus fuzionálását a konvolúciós neurális hálózatok predikciós maszkjával. Kétféle CNN-nel végeztük el a kísérletet: 3D U-net [8] és a kaszkád anizotróp konvolúciós neurális hálózatot (WT-net) [9].

Mindkét hálózatot CT és MR felvételen tanították és tesztelték. A kapott predikciós maszkok nem voltak nagyon pontosak, mivel nagyszámú fals pozitív pixelek voltak találhatóak a teljes test területén. Ezért kellett javítani a predikciós maszkokat úgy, hogy eltávolítjuk a hasi régió kívül eső hamis pozitív voxeleket, valamint a legnagyobb összefüggő objektumot tartjuk meg. A hasi régió meghatározására a korábban leírt módszert alkalmazzuk.

A javított maszkot a korábban leírt májszegmentáló algoritmus eredményével fuzionáljuk, végül néhány pár morfológiai műveletet végzünk. A fúzió a következő módon zajlott:

$$\text{Májmaszk} = 0,5 * \text{kifejlesztett szegmentáló technika eredménye} + 0,5 * \text{predikciós maszk} \quad (1)$$



(a)

(b)

(c)

**4. ábra:** 2D-s képek a szegmentálás eredményéről axiális (a), koronális (b) és szagittális (c) nézetben. A kifejlesztett módszer eredményét sárgával van jelölve, a predikciós maszk kékkel, és a fuzionált eredmény pirossal.

### 3 Kiértékelés

Az algoritmus eredményeinek kiértékeléséhez 10 különböző metrikát használtunk: precízió (precision), valós pozitív arány (TPR), hamis pozitív arány (FPR), pontosság (accuracy), Sørensen-Dice koefficiens (DSC), térfogat átfedési hiba (VOE)[%], relatív térfogat differencia (RVD)[%], átlagos felület távolság (ASD) [mm], négyzetes közép felület távolság (RMSSD) [mm], maximum felület távolság (MaxD) [mm].

$$VOE = 100 \left( 1 - \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \right) \quad (6)$$

$$RVD = 100 \left( \frac{|A| - |B|}{|B|} \right) \quad (5)$$

$$ASD = \frac{1}{|S(A)| + |S(B)|} \left( \sum_{S_A \in S(A)} d(S_A, S(B)) + \sum_{S_B \in S(B)} d(S_B, S(A)) \right) \quad (4)$$

$$RMSSD = \sqrt{\frac{1}{|S(A)| + |S(B)|} \left( \sum_{S_A \in S(A)} d^2(S_A, S(B)) + \sum_{S_B \in S(B)} d^2(S_B, S(A)) \right)} \quad (3)$$

$$MaxD = \max \left\{ \max_{S_A \in S(A)} d(S_A, S(B)), \max_{S_B \in S(B)} d(S_B, S(A)) \right\} \quad (2)$$

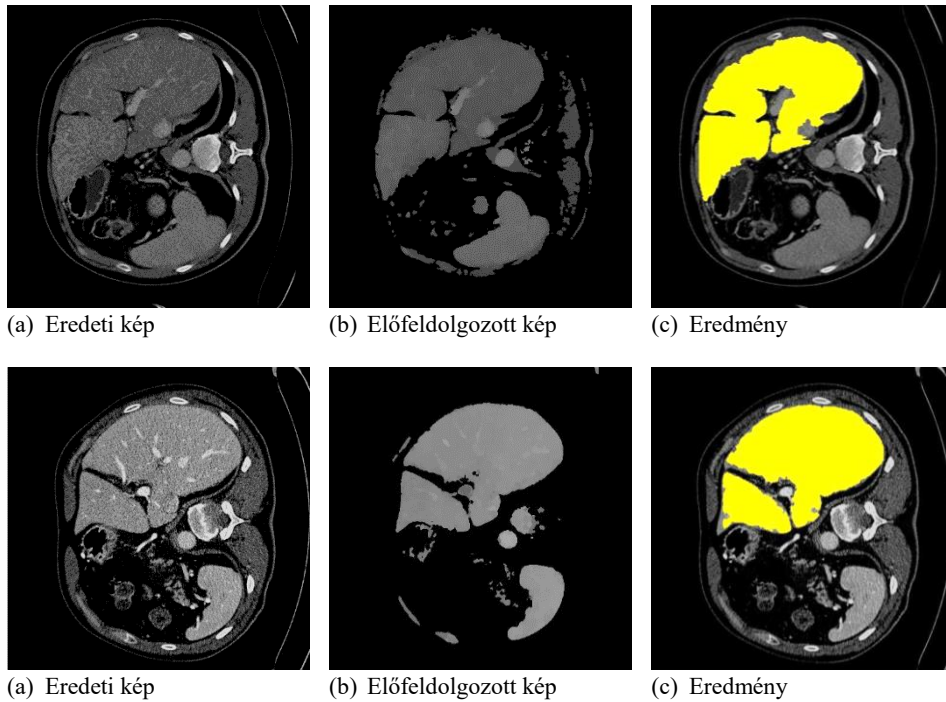
Ahol  $A$  reprezentálja a szegmentált térfogatot, amit az automatikus módszer eredményezett,  $B$  a referencia,  $S(A)$  az  $A$  felületi voxelének a halmaza. A legrövidebb távolság a  $v$  voxel és  $S(A)$  között a  $d(v, S(A)) = \min_{S_A \in S(A)} \|v - S_A\|$  adja meg, ahol a  $\|\cdot\|$  az Euklideszi távolságot reprezentálja. A precízió, a valós pozitív arány, a pontosság és a DSC akkor 1, ha tökéletes a szegmentálás, a többi mértéknek ebben az esetben nullának kell lennie.

#### 3.1 A kifejlesztett módszer eredményének kiértékelése

A hagyományos technikákkal létrehozott módszert a SLIVER [6] adatbázison teszteltük, ami tartalmazza a szakértők által manuálisan szegmentált eredményeket, mint referencia képeket. A szeletek száma, a síkbeli és szeletek közti felbontás 64 és 394; 0,57 és 0,87 mm; és 0,7 és 5 mm között változott. A 5. ábra mutatja májszegmentálás folyamatát a hasi CT



felvételeken két különböző alany esetében. Ahogy az előfeldolgozott kép mutatja, számos struktúra és szövet lett eltávolítva az előfeldolgozás során, valamint a máj felszíne homogénebb lett, ami segíti a régiónövesztést, hogy ne szegmentáljon alul.



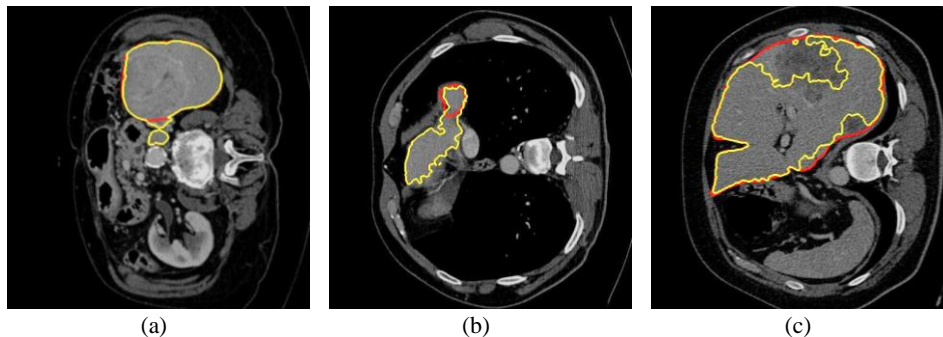
**5. ábra:** Eredmények két különböző alany esetén

**2. táblázat:** Szegmentálás kiértékelése

Mérték	Eredmény	Mérték	Eredmény
Precízió	0,97	VOE [%]	13,39
TPR	0,89	RVD [%]	-8,07
FPR	0,00	ASSD [mm]	2,71
Pontosság	0,99	RMSSD [mm]	5,86
DSC	0,93	MaxD [mm]	45,55

Ahogy a 2. táblázat mutatja, a kifejlesztett módszer egészen jó eredményt ért el, mert átlagosan a DSC nagyobb, mint 90%, az FPR alacsonyabb mint 2% minden esetben és a

FNR = 1-TPR is alacsonyabb, mint 10% a legtöbb esetben (20-ból 15 esetben). Az utóbbi kettőnél az elvárás, májszegmentálás és az ezt követő kezelés figyelembevételkor, hogy minél alacsonyabb legyen. A kiértékelés azonban azt is mutatja, hogy további javításra van szükség. Nagy távolságot mutat az ASSD, RMSSD és MaxD az eredmény és a referencia között. Ez a nagy távolság néha az erek, vénák és a máj kapcsolódásánál jelennek meg (**6. ábra** (a)). Továbbá, túlszegmentálás jelenhet meg a szívnél (**6. ábra** (b)) és alszegmentálás (**6. ábra** (c)), ha egy májlézió a máj határánál helyezkedik el. A relatív térfogati differencia azt mutatja, hogy átlagosan az eredményünk 8%-kal kisebb, mint a referencia. Ennek az oka az lehet, hogy az előfeldolgozási lépésben a kiválasztott küszöb alacsony, vagy a szupervoxel módszer torzíthatja az objektum határát.



**6. ábra:** Tipikusan hibák a szegmentálás eredményeiben. Referencia kontúrja pirossal, a módszeré sárgával jelölve. (a) és (b) túlszegmentálás (a vénánál (a) és szívnél (b)), (c) alszegmentálás a lézió miatt.

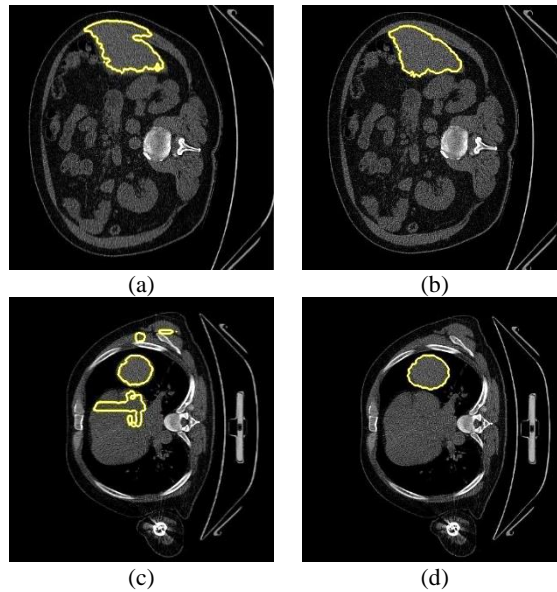
### 3.2 Fuzionált módszer kiértékelése

Hogy az eredeti eljárás teljesítményét növeljük, megpróbáltuk a neurális hálózatokkal való fúziót. Az U-net [8] és a WT-net [9] a VISCERAL [10] adatbázison lett tanítva. A SLIVER adatbázis kevés adatot tartalmazott, így a hálózatok nem tudtak volna általános reprezentatív jellemzőket megtanulni. A tesztalmez teljes testes CT, kontraszt javított CT, teljes testes MR és kontraszt javított MR felvételeket is tartalmazott. A tanítást és tesztelést, Kovács Levente MTA SZTAKI-s kollégám végezte. Úgy javítottam az eredményeken, hogy eltávolítottam a nem-hasi szeletekről a hamis pozitív voxeleket, és csak a legnagyobb összefüggő objektumot tartottam meg. Ahogy a **3. táblázat** mutatja, a fals pozitív voxelek eltávolítása után jelentősen javult az eredmény. Továbbá, észrevettük, hogy a WT-net (eredetileg agyi MRI felvételekre kifejlesztve) nem igazán tudja hatékonyan megtanulni a máj karakterisztikáját, így a továbbiakban az U-net-et használtuk a fúzióhoz.

3. táblázat: CNN eredmények kiértékelése

	U-Net	WT-Net	U - Net - javított	WT - Net - javított
DSC	0,65	0,25	0,84	0,28
TNR = 1 - FPR	0,98	1	1	1
TPR	0,81	0,19	0,81	0,17
Precízió	0,59	0,37	0,90	0,83
FPR	0,02	0	0	0

Az eredeti szegmentálási módszer normális, nem kontraszt javított CT felvételekre lett kifejlesztve, ami lehet hasi és teljes testes felvétel is. A teszt halmaz csak két felvételt tartalmazott, ami teljesítette ezeket a felvételeket. A kifejlesztett tradicionális szegmentálási módszert ezekre a felvételekre alkalmazva, ellentétes eredmények születtek. Az egyik esetben elég jól működött, míg a másikonál hatalmas túlszegmentálást eredményezett. A túlszegmentálás a hasfalon és a szívnél jelent meg (7. ábra (a) és (c)). Kombinálva az kifejlesztett módszer által generált májmaszkot és az U-net által generált predikciós maszkot, az eredmény javult (4. táblázat) és megszüntette a túlszegmentálást (7. ábra (b) és (d)). Összességében elmondható, hogy a fúziós modell teljesítménye meghaladta a csupán neurális hálózat, illetve csupán tradicionális szegmentáló algoritmus teljesítményét.



**7. ábra:** Eredmények javítása U-nettel. (a) és (c) túlszegmentálás különböző helyeken, (b) és (d) túlszegmentálás megszüntetése.

**4. táblázat:** Eredmények összehasonlítása

	Kifejlesztett módszer	Javított U-Net	Kifejlesztett módszer + U-Net
Precízió	0,87	0,90	0,93
TPR	0,91	0,93	0,94
FPR	0,01	0,01	0,00
Pontosság	0,99	0,99	0,99
DSC	0,89	0,91	0,93
VOE	19,95	16,26	12,69
RVD	4,61	3,16	1,07
ASSD	5,05	5,01	2,63
RMSSD	8,8	10,46	4,17
MaxD	51,48	61,13	27,83

4. táblázat biztató eredményeket mutat, ezért a fúzió javítása érdekében egy nagyobb, csak CT felvételeket tartalmazó adathalmazt hoztunk létre az SLIVER és VISCERAL adatbázisokból. Az adathalmazból véletlenszerűen hat CT felvételt (2 SLIVER, 2 VISCERAL és 2 kontraszt javított VISCERAL) kiválasztva teszteltük az új tanítóhalmazon tanított U-netet. Ebben az esetben a javított U-Net predikciós maszk jobb eredményt ért el, mint a fuzionált módszer eredménye (5. táblázat). A 6. táblázat azt mutatja, hogy bár az U-net nagyon jól működött olyan adatokra, amiket látott már, de teljesen új adatbázison nem teljesített ugyanolyan jól, valamint a kifejlesztett tradicionális módszer átlagosan jobb eredményeket ért el a nagy távolságot leszámítva, mint a javított U-net vagy a fúziós módszer.

**5. táblázat:** VISCERAL és SLIVER adatbázisokon tanított és tesztelt eredmények

	Kifejlesztett módszer	Javított U-Net	Kifejlesztett módszer + U-Net
Precízió	0,93	0,95	0,93
TPR	0,90	0,95	0,94
FPR	0,00	0,00	0,00
Pontosság	0,99	0,99	0,99
DSC	0,91	0,95	0,94
VOE	16,49	9,15	11,77
RVD	-3,00	0,27	1,04
ASSD	3,79	1,69	2,36
RMSSD	7,81	2,88	3,52

MaxD	65,57	20,93	21,52
------	-------	-------	-------

**6. táblázat:** VISCERAL és SLIVER adatbázisokon tanított, privát adatbázison tesztelt eredmények

	Kifejlesztett módszer	Javított U-Net	Kifejlesztett módszer + U-Net
Precízió	0,88	0,78	0,89
TPR	0,87	0,80	0,81
FPR	0,01	0,02	0,01
Pontosság	0,98	0,97	0,98
DSC	0,87	0,79	0,84
VOE	22,70	32,62	26,80
RVD	-1,43	1,95	-8,64
ASSD	5,07	7,94	6,46
RMSSD	11,63	12,10	10,14
MaxD	96,14	53,57	51,24

A 7. táblázat összehasonlítja a kifejlesztett fúziós módszer és másik öt teljesen automatikus módszer eredményeit. [6] [11] [12] [13] [14] módszereket az SLIVER adatbázison tesztelték. Ahogy a táblázat mutatja, a módszerünket még javítani kell, vagy ki kell egészíteni további lépésekkel, hogy hasonló eredményeket érjen el, azonban a fúziós módszer a 2 SLIVER-es adat alapján számolt átlagos kiértékelés biztató eredményeket mutat, összehasonlítva a többi módszer átlagos eredményeivel.

**7. táblázat:** State-of-the-art automatikus módszerekkel való összehasonlítás SLIVER adatbázison

Módszerek	VOE [%]	RVD [%]	ASSD [mm]	RMSSD [mm]	MaxD [mm]
Heimann et al. [6]	7,7	1,7	1,4	3,3	30,1
Kinda et al. [11]	8,9	1,2	1,5	3,5	29,3
van Rikxoort et al [12]	12,5	1,8	2,4	4,4	32,4
Lu et al. [13]	5,9	2,7	0,9	1,9	18,9
Furukawa et al. [14]	10,8	7,3	1,9	3,7	31,6
<b>Kifejlesztett módszer</b>	<b>13,4</b>	<b>-8,1</b>	<b>2,7</b>	<b>5,9</b>	<b>45,6</b>
<b>Fúziós módszer</b>	<b>10,4</b>	<b>2,3</b>	<b>2,0</b>	<b>3,3</b>	<b>25,3</b>


## 4 Konklúzió

A munkánk során egy teljesen automatikus módszert akartunk létrehozni máj szegmentálására, ami régiónövesztésen és aktív kontúron alapszik. A módszer 3 lépésből áll: előfeldolgozás, régiónövesztés és aktív kontúr kombináció, illetve utófeldolgozás. Az előfeldolgozási lépésben, nulladik lépésként meghatároztuk a hasi régiót. Az előfeldolgozásban küszöböltük a képet a valószínűségi sűrűségi függvény analízise alapján, hogy minél több nem-máj pixelt távolítsunk el, majd szupervoxel algoritmus alkalmazásával simítottuk a máj felszínét. A következő lépésben az aktív kontúrt a máj jobb lokalizációja miatt használtuk, majd egy 2D-s régiónövesztés módszert alkalmaztunk minden szeleten mindhárom irányban. Így kaptunk egy 3D-s májmaszkot, amit morfológiai nyitás művelettel finomítottunk, hogy eltávolítsuk a kisebb foltokat, majd végül a legnagyobb összefüggő területet tartottuk meg. A módszerünket ezután egy state-of-the-art neurális hálózat, a 3D U-net eredményeivel kombináltuk.

Az U-net-et két különböző tanítóhalmazon tanítottuk, és a módszereket három különböző adatbázison teszteltük. A különböző eredmények azt mutatják, hogy mindhárom módszer egész jól működik a már látott adatbázison, de ismeretlen adatokon rosszabb eredményeket érnek el. Jövőbeli munka célja tehát a módszerek továbbfejlesztése, hogy javítsunk a teljesítményen.

## Köszönetnyilvánítás

A munka a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) támogatásával, az

NKFI Alapból valósult meg a KH-126688 pályázat keretében, illetve  az Emberi Erőforrások Minisztériuma ÚNKP-18-4-PPKE-132 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának támogatásával készült.

Manno-Kovács Andrea munkáját a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatta.

## Referenciák

- [1] S. Kumar, R. Moni és J. Rajeesh, „Automatic segmentation of liver and tumor for CAD of liver,” *Journal of advances in information technology*, %1. kötet2, %1. szám1, 2011.
- [2] M. Goryawala, S. Gulec, R. Bhatt, A. J. McGoron és M. Adjouadi, „A low-interaction automatic 3D liver segmentation method using computed tomography for selective internal radiation therapy,” *BioMed Research International*, 2014.

- [3] L. Massoptier és S. Casciaro, „A new fully automatic and robust algorithm for fast segmentation of liver tissue and tumors from CT scans,” *European radiology*, 2008.
- [4] X. Zhang, J. Tian, K. Deng, W. Yongfang és X. Li, „Automatic liver segmentation using a statistical shape model with optimal surface detection,” *IEEE transaction on biomedical engineering*, %1. kötet57, %1. szám10, pp. 2622-2626, 2010.
- [5] G. Li, X. Chen, F. Shi, W. Zhu, J. Tian és D. Xiang, „Automatic liver segmentation based on shape constraints and deformable graph cut in CT images,” *IEEE Transactions on Image Processing*, %1. kötet24, %1. szám12, pp. 5315-5329, 2015.
- [6] T. Heimann, B. Van Ginneken, M. A. Styner, Y. Arzhaeva, V. Aurich, C. Bauer, A. Beck, C. Becker, R. Beichel, G. Bekes, F. Bello, G. Binnig, H. Bischof, A. Bornik, X. Chi, Y. Chi, A. Cordova, B. M. Dawant, M. Fidrich, J. D. Furst, D. Furukawa, L. Grenacher, J. Hornegger, D. Kainmüller, R. I. Kitney, H. Kobatake, H. Lamecker, T. Lange, J. Lee és B. Lennon, „Comparison and evaluation of methods for liver segmentation from CT datasets.,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, %1. kötet28, %1. szám8, pp. 1251-1265, 2009.
- [7] W. Wu, Z. Zhou, S. Wu és Y. Zhang, „Automatic Liver Segmentation on Volumetric CT Images Using Supervoxel-Based Graph Cuts,” *Computational and mathematical methods in medicine*, 2016.
- [8] Ö. Çiçek, A. Abdulkadir, S. S. Lienkamp, T. Brox és O. Ronneberger, „3D U-Net: learning dense volumetric segmentation from sparse annotation,” *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pp. 424-432., 2016.
- [9] G. Wang, W. Li, S. Ourselin és T. Vercauteren, „Automatic Brain Tumor Segmentation using Cascaded Anisotropic Convolutional Neural Network,” *International MICCAI Brainlesion Workshop*, pp. 178-190., 2017.
- [10] „VISCERAL (Visual Concept Extraction Challenge in Radiology),” [Online]. Available: <http://www.visceral.eu/benchmarks/anatomy3-open/>. [Hozzáférés dátuma: 2018].
- [11] A. S. Kinda, M. Rousson, C. Chef'd'hotel és F. Cheriet, „Global to local shape matching for liver segmentation in,” *Proceedings of MICCAI workshop on 3D segmentation in the clinic: a grand challenge*, pp. 207-214., 2007.
- [12] E. van Rikxoort, Y. Arzhaeva és B. van Ginneken, „Automatic segmentation of the liver in computed tomography scans with voxel classification and atlas matching,” *Proceedings of MICCAI workshop 3-D segmentation. Clinic: a grand challenge*, pp. 101-108, 2007.
- [13] F. Lu, F. Wu, P. Hu, Z. Peng és D. Kong, „Automatic 3D liver location and segmentation via convolutional neural network and graph cut,” *International journal of computer assisted radiology and surgery*, %1. kötet12, %1. szám2, pp. 171-182, 2017.

- [14] D. Furukawa, A. Shimizu és H. Kobatake, „Automatic liver segmentation method based on maximum a posterior probability estimation and level set method.,” *Proceedings of MICCAI workshop 3-D segmentation. Clinic: a grand challenge*, pp. 117-124, 2007.