



Západočeská univerzita v Plzni

Fakulta aplikovaných věd

Katedra kybernetiky

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

Navigace ve snímcích břišní dutiny z výpočetní tomografie

Navigation in the abdominal cavity from computed tomography

Autor:

Václav Javorek

Vedoucí práce:

Ing. Miroslav Jiřík, Ph.D.

Plzeň 2021

ZÁPADOČESKÁ UNIVERZITA V PLZNI

Fakulta aplikovaných věd

Akademický rok: 2020/2021

ZADÁNÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE

(projektu, uměleckého díla, uměleckého výkonu)

Jméno a příjmení: **Václav JAVOREK**

Osobní číslo: **A19B0671P**

Studijní program: **B3902 Inženýrská informatika**

Studijní obor: **Inteligentní komunikace člověk – stroj**

Téma práce: **Navigace ve snímcích břišní dutiny z výpočetní tomografie**

Zadávající katedra: **Katedra kybernetiky**

Zásady pro vypracování

1. Seznamte se s metodami segmentace parenchymatálních orgánů ze snímků z výpočetní tomografie. Nastudujte segmentační metody využívající konvoluční neuronové sítě.
2. Navrhněte a naimplementujte metodu popisu polohy v těle z CT snímků využívající konvoluční neuronové sítě. Navrhněte segmentační algoritmus některého z parenchymatálních orgánů, který využívá navržený popis polohy.
3. Ověřte funkci navržené metody srovnáním s ruční segmentací, identifikujte problematické vlastnosti navržené metody a diskutujte možnosti dalšího vývoje.



Rozsah bakalářské práce:

30-40 stránek A

Rozsah grafických prací:

Forma zpracování bakalářské práce: **tištěná**

Seznam doporučené literatury:

- Moghbel, M., Mashohor, S., Mahmud, R., & Bin, M. I. (2018). Review of liver segmentation and computer assisted detection / diagnosis methods in computed tomography. *Artificial Intelligence Review*, 50(4), 497-537. <https://doi.org/10.1007/s10462-017-9550-x>
- Chlebus, G., Schenk, A., Moltz, J. H., Ginneken, B. Van, Hahn, H. K., & Meine, H. (2018). Automatic liver tumor segmentation in CT with fully convolutional neural networks and object-based postprocessing. *Scientific Reports*, (July), 1-7. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-33860-7>
- Mharib, A. M., Ramli, A. R., Mashohor, S., & Mahmood, R. B. (2011). Survey on liver CT image segmentation methods. *Artificial Intelligence Review*, 37(2), 83-95. <https://doi.org/10.1007/s10462-011-9220-3>
- Čihák, R. (2002). Anatomie 2. Praha: Grada Publishing.
- Nekula, J., Heřman, M., Vomáčka, J., & Köcher, M. (2005). Radiologie. Univerzita Palackého.
- Sonka, M., Hlavac, V., & Boyle, R. (2014). Image Processing, Analysis, and Machine Vision Second Edition. Thomson-Engineering.

Vedoucí bakalářské práce:

Ing. Miroslav Jiřík, Ph.D.

Výzkumný program 1

Datum zadání bakalářské práce:

15. října 2020

Termín odevzdání bakalářské práce: **24. května 2021**

Radová

Doc. Dr. Ing. Vlasta Radová
děkanka



J. Psutka
Prof. Ing. Josef Psutka, CSc.
vedoucí katedry

Prohlášení

Překládám tímto k posouzení a obhajobě bakalářskou práci zpracovanou na závěr studia na Fakultě aplikovaných věd Západočeské univerzity v Plzni.

Prohlašuji, že jsem bakalářskou práci vypracoval samostatně a výhradně s použitím odborné literatury a pramenů, jejichž úplný seznam je její součástí.

V Plzni dne 24. 5. 2021



Václav Javorek

Poděkování

Děkuji celé rodině za všemožnou a neutuchající podporu během studia.

Když jsem přemýšlel nad výběrem tématu bakalářské práce, mým cílem bylo vybrat takové, které bude zábavné, zajímavé, hodně se z něho naučím, a zároveň bude nějakým způsobem přínosem i pro univerzitní výzkum. Za nabídku takového tématu, skvělou pomoc, vedení a inspiraci bych chtěl poděkovat panu doktoru Ing. Miroslavu Jiříkovi, Ph.D., který mi byl příkladným vedoucím a vzorem už od projektu 4. Také mu děkuji za všechna vyprávění a rozhovory mimo téma, které dávaly celému procesu neformální atmosféru.

Computational resources were supplied by the project "e-Infrastruktura CZ" (e-INFRA LM2018140) provided within the program Projects of Large Research, Development and Innovations Infrastructures.

Abstrakt

Metody počítačového vidění jsou používány v medicíně a radiologii už řadu let. Pro segmentaci obrazových dat z výpočetní tomografie byly vyvinuty algoritmy, jejichž cílem je zautomatizovat zpracování dat a usnadnit tak práci radiologům a lékařům. Tato práce na předchozí výzkum navazuje a uplatňuje moderní přístup konvolučních neuronových sítí. S využitím kvalitního normalizovaného datasetu byly natrénovány modely, které se snaží vyrovnat nebo vylepšit výsledky klasických metod počítačového vidění, jako je např. segmentace orgánů břišní dutiny. Vytvořené modely mají specifickou architekturu U-Net - plně konvoluční neuronové sítě. Jejich výstupem jsou znaménkované vzdálenostní mapy, udávající pro každý bod CT řezu jeho vzdálenost k segmentované struktuře. Jako základ pro trénování (ground truth) byly použity robustní segmentační metody knihovny *bodynavigation*. V neposlední řadě je cílem této práce segmentaci výrazně urychlit.

Klíčová slova

neuronové sítě, konvoluční neuronové sítě, u-net, segmentace, python, tensorflow, keras, výpočetní tomografie, zpracování obrazu, počítačové vidění, umělá inteligence, anatomie, medicína, játra, ledviny, slezina, břišní dutina

Abstract

Methods of computer vision are being used in medicine and radiology for quite some time. Computed tomography image data segmentation programs have been developed to automate data processing and make the work of radiologists and doctors easier. This thesis builds on previous research and applies a modern convolutional neural network approach. Using a high-quality normalized dataset, models were trained that attempt to match or improve the results of classical computer vision methods such as abdominal organ segmentation. The models developed have a specific U-Net architecture - a fully convolutional neural network. Their output is a signed distance field indicating for each point of the CT slice its distance to the segmented structure. The robust segmentation methods of the bodynavigation library were used as the basis for training (ground truth). Last but not least, the aim of this work is to speed up the segmentation significantly.

Keywords

neural networks, convolutional neural networks, u-net, segmentation, python, tensorflow, keras, computed tomography, image processing, computer vision, artificial intelligence, medical ai, anatomy, medicine, liver, kidney, spleen, abdomen

Obsah

1	Úvod	1
1.1	Výpočetní tomografie	2
1.2	Neuronové sítě	4
1.3	U-Net	8
1.4	Úloha a účel práce	8
2	Určení anatomické polohy	9
2.1	Dataset	10
2.1.1	3Dircadb	10
2.1.2	sliver07	10
2.2	Metody klasického počítačového vidění	11
2.2.1	Sagitální rovina	11
2.2.2	Koronální rovina	12
2.2.3	Povrch těla	13
2.2.4	Povrch těla bez podkožního tuku	14
2.2.5	Segmentace kostí	15
2.2.6	Segmentace jater	15
2.2.7	Segmentace plic	16
2.2.8	Segmentace sleziny	17
3	Nová metoda určení polohy prostřednictvím neuronových sítí	18
3.1	Regresní odhad polohy řezu v CT	18
3.2	Metodika zpracování dat	20
3.3	Výsledky	21
3.3.1	Sagitální rovina	21
3.3.2	Koronální rovina	23
3.3.3	Povrch těla	24
3.3.4	Povrch těla bez podkožního tuku	25
3.3.5	Segmentace kostí	26
3.3.6	Segmentace jater	27
3.3.7	Segmentace plic	28
3.3.8	Segmentace sleziny	29
3.4	Diskuze výsledků	30
3.4.1	Rychlosť segmentace	30
3.4.2	Přesnost segmentace	32

3.4.3 Možnosti budoucího vylepšení a dalšího výzkumu 33

4 Závěr **34**

1 Úvod

Obor klasického počítačového vidění (*computer vision*) nabízí celé spektrum kreativních možností pro zpracování obrazových dat. Medicínské zobrazovací technologie jsou pro ně obzvláště skvělým zdrojem dobře normalizovaných dat. Od počátku používání zobrazovacích přístrojů s nimi bylo spjato mnoho technik zpracování takto získaných dat, zprvu převážně manuálních. Výzkumníci a inženýři se proto, zejména pro usnadnění práce lékařů a radiologů, snaží vytvářet co nejpřesnější metody automatického zpracování dat.

Cílem této práce je využít množství těchto kvalitních dat a aplikovat moderní přístupy konvolučních neuronových sítí. Vylepšit, zrychlit, zlepšit stávající metody a svým skromným dílem tak možná přispět do rychle se rozvíjejícího výzkumného oboru *medical AI* - umělé inteligence v medicíně.

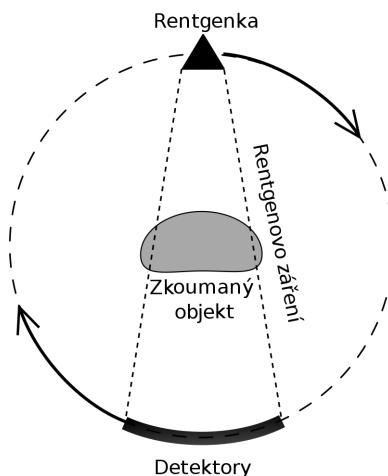
Segmentované anatomické objekty (orgány, kosti, anatomické roviny symetrie atd.) jsou pro některé úlohy ve formě znaménkových vzdálenostních map. Ta každému bodu obrázku udává, jak daleko od hranice segmentované oblasti se nachází. Tato hodnota je kladná, pokud se bod nachází uvnitř segmentované oblasti a záporná, pokud se nachází vně. Na hranici je tudíž nulová [1]. Tato informace je velmi výhodná pro budoucí zpracování např. jako jeden ze vstupů pro složitější model neuronové sítě, který může při trénování navigace v břišní dutině pracovat s několika vzdálenostními údaji pro každý bod obrázku. To výrazně usnadní trénování a vylepší predikce takového modelu.

V této práci navržené plně konvoluční neuronové sítě s topologií U-Net dostávají jako vstup při trénování výsledky segmentace anatomických struktur, které zpracovává knihovna *bodynavigation* [2]. Zpracováno je celkem 8 segmentačních úloh. Hranice výsledných vzdálenostních map tedy ohraničují v dané úloze segmentované objekty. Ty jsou v této práci porovnávány s objekty vytvořenými klasickými metodami počítačového vidění.

Bakalářská práce je rozdělena do čtyř kapitol. Úvodní kapitola vysvětuje účel práce a seznamuje čtenáře s problematikou výpočetní tomografie a neuronových sítí. Ve druhé jsou představena použitá data a metody knihovny *bodynavigation*. Ve třetí kapitole jsou představeny postupy zpracování těchto dat a diskutovány jejich výstupy. Ve čtvrté, poslední kapitole, je shrnuta celá práce.

1.1 Výpočetní tomografie

Výpočetní tomografie (Computed Tomography, dále **CT**) je medicínská snímkovací metoda, založená na principu prozáření tkání rentgenovým zářením [3]. Tkáň je, na rozdíl od starší metody rentgenového snímkování, prozářena ve více úhlech zařízením (*rentgenkou*), které po kruhové trajektorii (obr. 1) obíhá kolem těla pacienta, ležícího v tunelu tomografu (obr. 2) a ozařuje ho zářením, jehož složky, prošlé tkání, zaznamenávají detektory. Doba rotace (expoziční čas) se pohybuje v rozmezí 0,5 - 7 sekund.

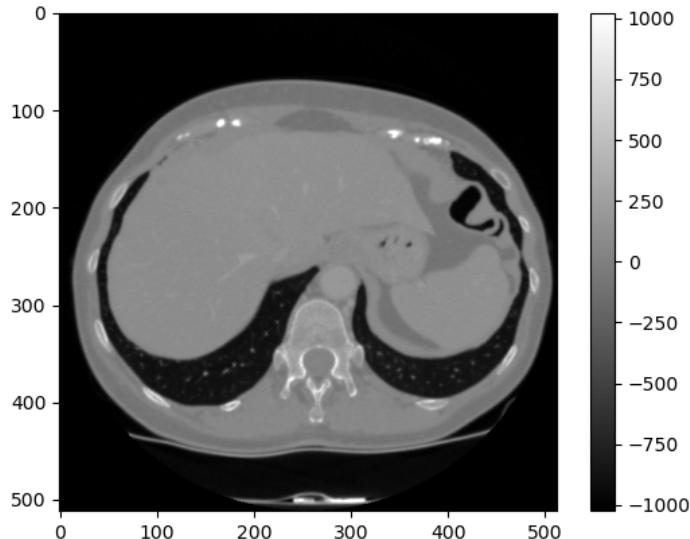


Obrázek 1: Rentgenový zářič a detektory [3]



Obrázek 2: Moderní výpočetní tomograf [4]

Principem snímkování je tedy detekce intenzity záření, které prošlo tělem a dopadlo na plochu detektoru. Díky otáčení rentgenky získáme stovky projekcí. Zde přichází na řadu počítač, který algoritmem Radonovy transformace zrekonstruuje plošný řez (příklad na obr. 3 tělem pacienta [5]).



Obrázek 3: Jeden řez CT skenu, na kterém jsou dobře vidět játra a plíce

Ten je již zobrazen jako čtvercová matice intenzit detekovaného záření. Tato intenzita se v medicíně nazývá **denzita** a je udávána v Hounsfieldových jednotkách (HU - Hounsfield Unit).

Základní stupnice denzit je rozdělena na 2000 stupňů od -1000 do +1000, kde hodnota -1000 HU odpovídá denzitě vzduchu, 0 HU denzitě vody a +1000 HU denzitě kosti. Příklady denzit různých druhů tkáně jsou na obr. 1. Před snímkováním je většinou pacientovi podána tzv. kontrastní látka, která na snímku zvýrazní cévy a prokrvené tkáně, což může např. pomoci odhalit aktivní nádory [3].

Druh tkáně	Denzita
kosti, kalcifikace	> 85 HU
sražená krev (koagulum)	65–85 HU
měkké tkáně	25–70 HU
tekutinové útvary (likvor, moč, obsah cyst...)	0–15 HU
tuk	-40 až -120 HU
vzdušná plíce	-800 až -900 HU

Tabulka 1: Denzity tkání podle [3]

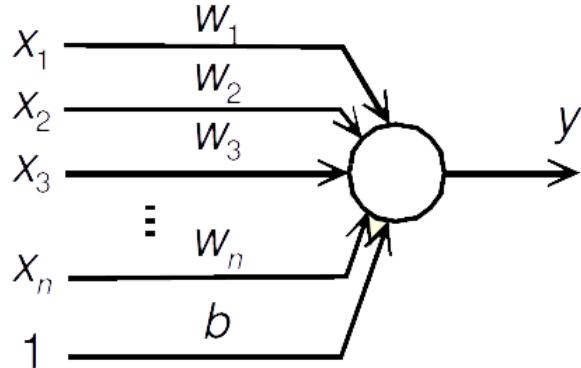
Tato metoda tak neinvazivním způsobem umožňuje lékařům pohlédnout do těla, což je nedorozuměnou výhodou a dnes již u řady diagnóz nutností. Jedinou nevýhodou je vystavení pacienta ionizujícímu záření [6].

Data z CT jsou přirozeně hardwarově normalizovaná a dobře popsatelná. Každý bod obsahuje hodnotu v rozsahu -1000 až 1000. Data proto většinou pro trénování předzpracováváme ještě normalizací na rozsah 0 - 1 (viz sekce 2.1).

1.2 Neuronové sítě

Neuronové sítě jsou rychle se rozvíjející a v posledních letech už převažující část oboru umělé inteligence. Používají se v celém spektru oborů lidské činnosti, hlavními druhy úloh jsou klasifikace a regrese. V posledním desetiletí zaznamenaly velký rozkvět, zejména díky [7].

Jejich základním principem je sestavení výpočetního modelu, který napodobuje biologickou strukturu lidského mozku. Mozek se skládá z miliard základních buněk - neuronů - a spojení mezi nimi, pomocí nichž si neurony předávají informace ve formě vzruchů. Stejně tak spolu komunikují i neurony v umělých neuronových sítích, kde si jednotlivé neurony předávají data a nastavují své parametry, čímž se trénují na řešenou úlohu [8].



Obrázek 4: Perceptron

Pro výstup platí

$$y(k+1) = f \left(\sum_{i=1}^n w_i x_i(k) + b \right) = f (\mathbf{w}^T \mathbf{x}(k) + b)$$

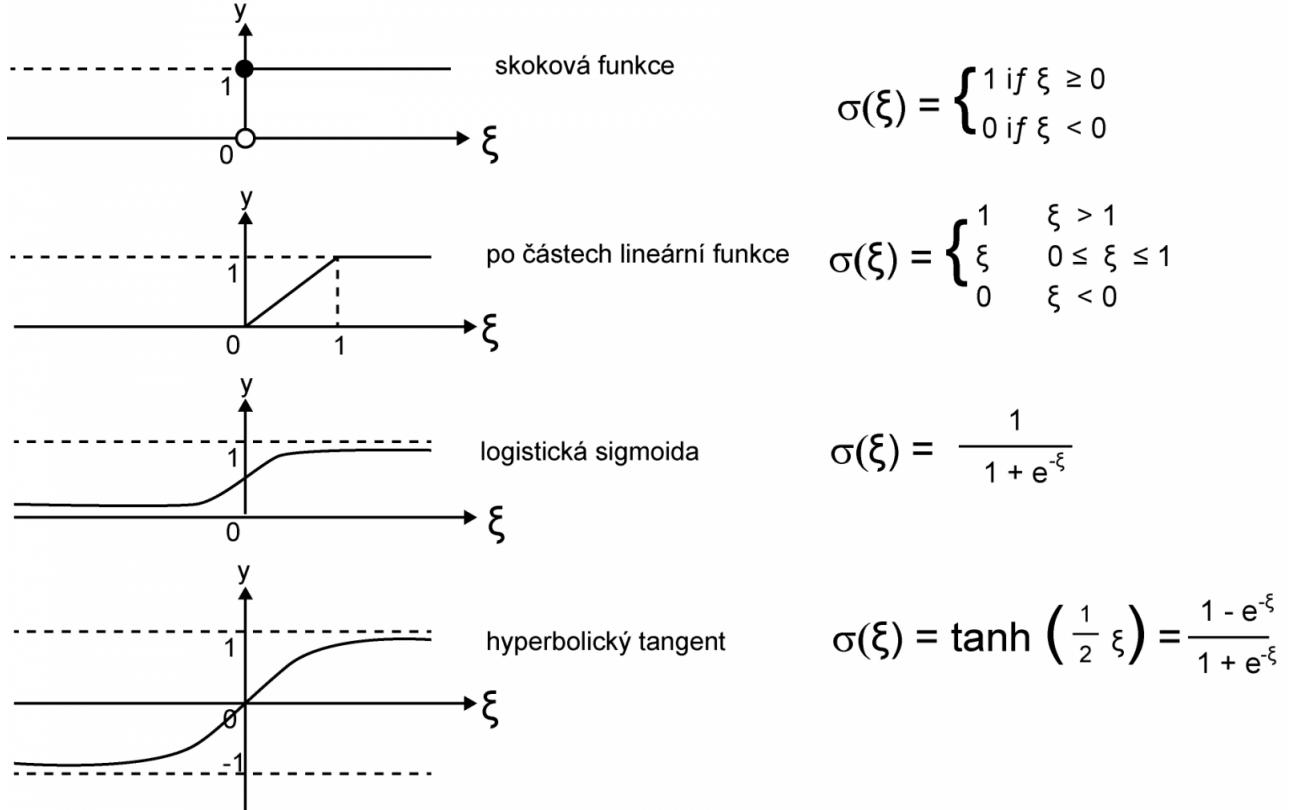
f je aktivační funkce

$\mathbf{w} = [w_1, w_2, \dots, w_n]^T$ je váhový vektor

$\mathbf{x} = [x_1, x_2, \dots, x_n]^T$ je vstupní vektor

b je práh (bias)

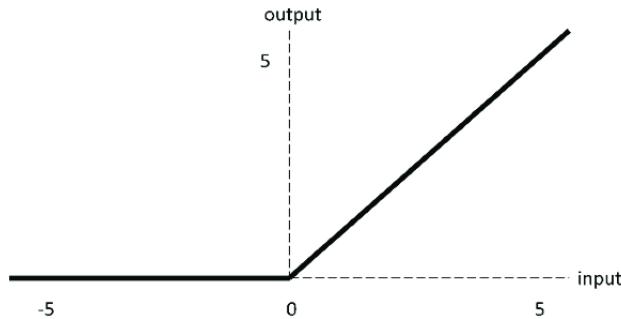
Jednomu umělému neuronu (tak, jak ho uvedl v roce 1958 F. Rosenblatt [9]) se říká perceptron. Jeho vstupem jsou hodnoty výstupů předchozí vrstvy, přenásobené váhami tohoto perceptronu. Důležitou složkou každého perceptronu je aktivační funkce, která udává jeho výstup. [8]



Obrázek 5: Základní typy aktivačních funkcí, převzato z [10]

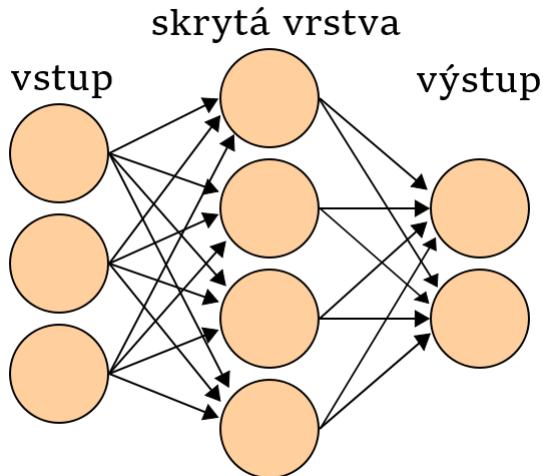
V praxi se pro hluboké neuronové sítě nejčastěji používá jako aktivační funkce **Rectified Linear Unit** (zkráceně ReLU) [11][12] se vzorcem

$$f(x) = \max(0, x)$$



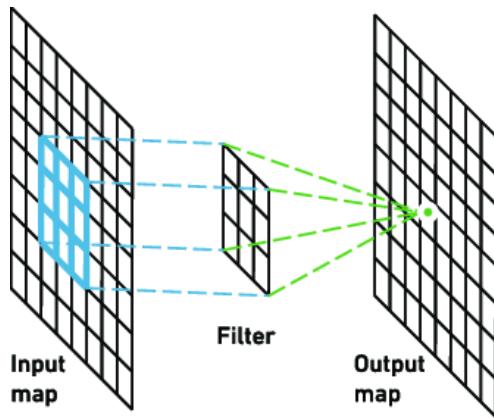
Obrázek 6: Aktivační funkce ReLU, převzato z [13]

Neuronová síť vznikne spojením mnoha těchto umělých neuronů. Výsledná funkce sítě je určena způsobem propojení (tzv. topologií/architekturou sítě), váhami a aktivačními funkcemi. Neurony se typicky strukturují do vrstev, kde každá vrstva bere za svůj vstup výstup vrstvy předchozí. Vrstvy, které se nacházejí mezi vstupní a výstupní, se nazývají **skryté** (obr. 7). Vrstvě, jejíž všechny neurony jsou napojeny na všechny výstupy předchozí vrstvy, se říká *dense*, nebo také *fully-connected* (plně propojená) vrstva.



Obrázek 7: Neuronová síť s jednou skrytou vrstvou

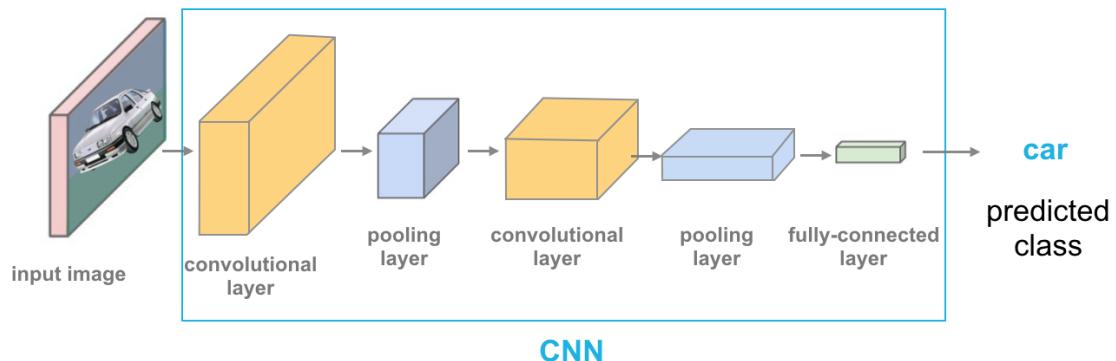
V této práci bylo ale využito především speciálního druhu neuronových sítí, totiž **konvolučních neuronových sítí (convolutional neural networks)**. Ty jsou specifické tím, že obsahují kromě výše popsaných konvenčních dense vrstev také zejména vrstvy konvoluční. Konvoluční vrstva je vlastně vrstvou trénovatelných filtrů, které čtou části obrazových dat (tzv. okénka, kernely - např. 3x3) a na ně aplikují výše vysvětlený součin s vahami [14]. Tato okénka se posouvají po celé ploše obrázku se sdílenými vahami. Tímto způsobem je možné z obrázku získat příznaky. Výstupem konvoluční vrstvy je tedy příznaková mapa.



Obrázek 8: Konvoluční vrstva [15]

Za konvoluční vrstvu se dále typicky řadí vrstva *pooling* (nejčastěji max pooling), která se také aplikuje lokálně na všechny části obrázku a vrátí z nich maximum. Cílem této vrstvy je redukce velikosti vstupu.

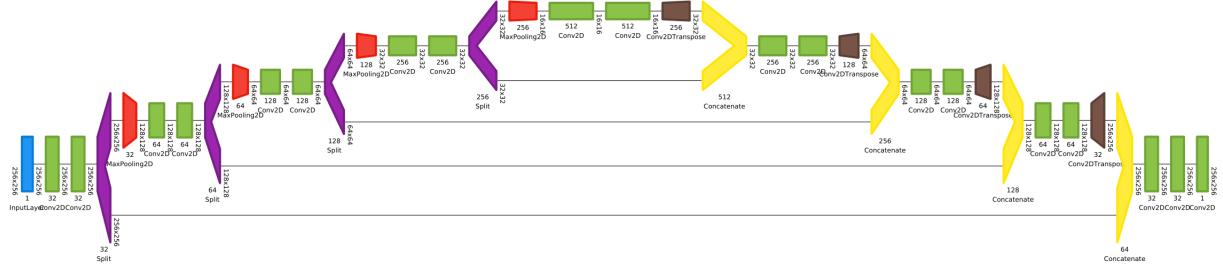
Střídáním konvolučních a pooling vrstev tak dostaneme menší reprezentaci původního vstupu, kterou často dále přivádíme na dense vrstvy [14]. V prvních vrstvách se konvoluce chovají jako detektory hran, v hlubších pak dokáží detektovat složitější objekty.



Obrázek 9: Proces redukce velikosti vstupu [16]

1.3 U-Net

Po vyzkoušení několika běžných architektur se nejlépe osvědčil tzv. **U-Net**. U-Net je plně konvoluční [17] neuronová síť, jejíž architektura se dělí na symetrické kontrakční a expanzivní části, což jí propůjčuje vzhled podobný písmenu U [18].



Obrázek 10: Upravený U-Net, použitý v této práci

Jak je z vizualizace na obr. 10 patrné, je založená na principu mnohanásobné konvoluce, která vytáhne z obrázků příznaky přechodem z rozlišení 256x256 až na 16x16. Každá konvoluční vrstva používá aktivační funkci ReLU a je typicky následována vrstvou max pooling. V expanzivní části jsou získané důležité příznaky propagovány upsamplingovými vrstvami zpět na vyšší rozlišení.

Tato architektura byla vytvořena Olafem Ronnebergerem, Philippem Fischerem a Thomasem Broxem v roce 2015 na Univerzitě ve Freiburgu [18]. Byla vyvíjena specificky se zaměřením na segmentaci biomedicínských obrazových dat a pro použití na menší datasety, které jsou v tomto oboru běžné.

1.4 Úloha a účel práce

Medicínská data, získaná zobrazovacími metodami, popsanými v předchozí části, jsou většinou dále zpracovávána lékaři nebo radiology. Řada úloh a podúloh, které odborníci řeší, je však možné automatizovat. Děje se tak povětšinou s pomocí metod počítačového vidění, ale v posledních letech do této problematiky proniká stále více umělá inteligence, zastoupená algoritmy konvolučních neuronových sítí. Vznikl tak poměrně nový obor s velkým potenciálem - **medical AI**.

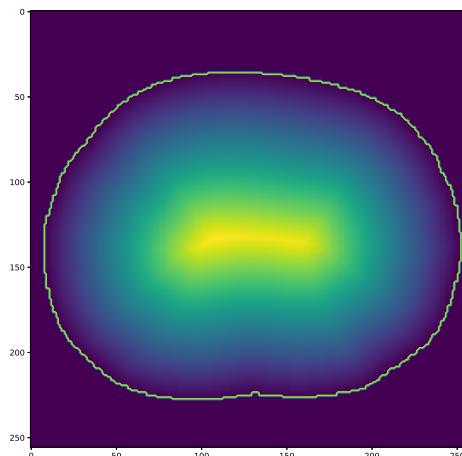
Ve výzkumu na fakultě aplikovaných věd a univerzitním výzkumném centru NTIS bylo ve spolupráci s Biomedicínským centrem LFP UK vyvinuto několik aplikací a projektů, které budou v praxi usnadňovat nebo již usnadňují práci chirurgů, radiologů nebo onkologů.

Tato práce je zaměřena na **vylepšení či zrychlení těchto aplikací** použitím právě konvolučních neuronových sítí. Aplikovány byly na výstupní data několika vybraných metod segmentace z knihovny *bodynavigation* [2], které budou popsány v dalsší části práce. Výsledky segmentace vytvořených modelů jsou v sekci 3.4 porovnány s původními metodami. Modely se dají dále využít jako zdroj dat pro složitější systémy na podporu chirurgie.

Výsledná knihovna *bodyposition* je přístupná v GitHub repozitáři [bodyposition](#).

2 Určení anatomické polohy

Při segmentování anatomických dat je výstupem tzv. znaménkovaná vzdálenostní mapa, *signed distance field*, která každému bodu obrázku udává, jak daleko od hranice segmentované oblasti se nachází. Tato hodnota je kladná, pokud se bod nachází uvnitř segmentované oblasti a záporná, pokud se nachází vně. Na hranici je tudíž nulová [1].



Obrázek 11: Vizualizace znaménkované vzdálenostní mapy

Vzdálenostní mapy s údaji o vzdálenosti daného bodu k jednotlivým anatomickým objektům jsou výhodné pro další trénování složitějšího systému. Ten se pak tyto polohové příznaky nemusí sám učit rozpoznávat.

2.1 Dataset

Jako dataset bylo použito celkem 40 CT skenů o celkovém součtu 6982 jednotlivých řezů. Z těchto 40 skenů posloužilo 36 k trénování, 2 k validaci při trénování a 2 k testování a evaluaci výsledných predikcí.

Každý řez je normalizován přičtením hodnoty 1000 ke všem pixelům a vydelením hodnotou 2000. CT snímky totiž mají běžné hodnoty mezi -1000 a 1000. Řezy jsou také seškálovány na rozlišení 256x256, které je dostatečné pro rozlišení detailů.

Skeny pocházejí z veřejně dostupných datasetů **3Dircadb** [19] a **sliver07** [20]. Bylo také zvažováno použití skenů experimentálních zvířat (prase domácí - *Sus scrofa domesticus*) z Biomedicínského centra LFP UK v Plzni. To může být předmětem dalšího výzkumu (viz sekce 3.4.3) nebo také dalším využitím natrénovaných modelů k přetrénování.

2.1.1 3Dircadb

3D-IRCADb 01 je databáze 20 anonymizovaných CT skenů ve formátu DICOM, originálním rozlišení 512x512. Tento dataset vytvořila francouzská společnost **IRCAD France** se zaměřením na rakovinu jater [19]. Kromě čistých snímků obsahuje také mnoho odborně anotovaných labelů jater, ledvin, portální žíly, horní duté žíly, plic nebo kostí.

2.1.2 sliver07

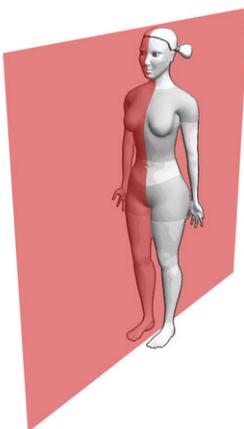
sliver07 je databáze 20 anonymizovaných CT skenů v Meta formátu (.mhd) v originálním rozlišení 512x512. Dataset byl zveřejněn pro stejnojmennou soutěž jaterní segmentace v roce 2007 [20]. Kromě čistých dat také obsahuje segmentace, ne však tak komplexně strukturované jako 3Dircadb.

2.2 Metody klasického počítačového vidění

Počítačové vidění v medicíně často využívá metody založené na prahování, symetrii a filtrování. V této části jsou popsány ty metody, které byly vybrány pro vylepšení s použitím konvolučních neuronových sítí. Jsou ověřeny jako dostatečně spolehlivě přesné pro to, aby jejich výsledky byly použity jako robustní *ground truth* - základ dat pro trénování neuronových sítí.

2.2.1 Sagitální rovina

První metodou je metoda segmentace sagitální roviny (sagittal plane). Sagitální rovina je rovina symetrie těla, která tělo dělí na levou a pravou část. Prochází páteří a její symetrií je také při detekci nejvíce ovlivňována.



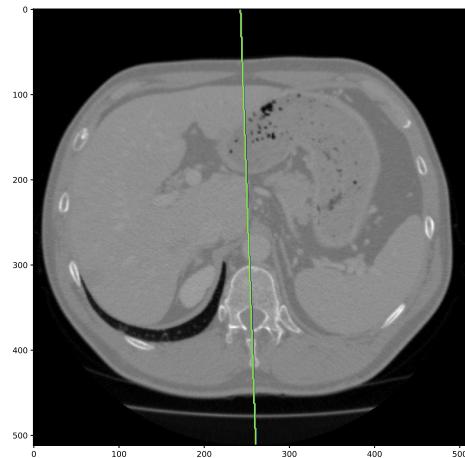
Obrázek 12: Sagitální rovina [21]

Hledání sagitální roviny se dělí na dvě části: detekce polohy páteře a detekce symetrie těla.

Páteř hledá tato metoda tak, že aplikuje Gaussovský filtr se směrodatnou odchylkou 7.5 mm v rovině xy a 30 mm v rovině z. Takto nastavený filtr hledá velké objekty oblého tvaru, které jsou konzistentní. Z CT skenu se tímto způsobem vysegmentuje osa páteře, která prochází všemi řezy. Ta bude použita jako základ pro další segmentaci.

Dalším krokem je detekce symetrie těla. Většina pacientů při snímkování leží na zádech, ojediněle však i na boku. Pracuje se také s informací, že uložení orgánů v břišní dutině je nesymetrické, ale poloha kostí symetrická je. Nejprve je vytvořen souhrnný průměr (projekce) všech řezů. Projekce se zrcadlí a pak se iterativním optimalizačním algoritmem natáčí a posouvá, aby se nalezl minimální rozdíl původní projekce a projekce zrcadené.

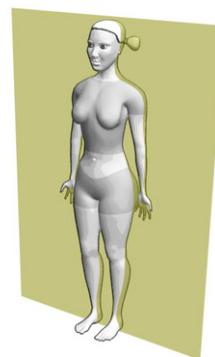
Kombinací získaných poznatků o symetrii těla a poloze páteře lze dát dohromady sagitální rovinu. [22] Snímek lze vykreslit pomocí knihovny *Matplotlib*. [23]



Obrázek 13: Sagitální rovina v CT řezu segmentovaná knihovnou *bodynavigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

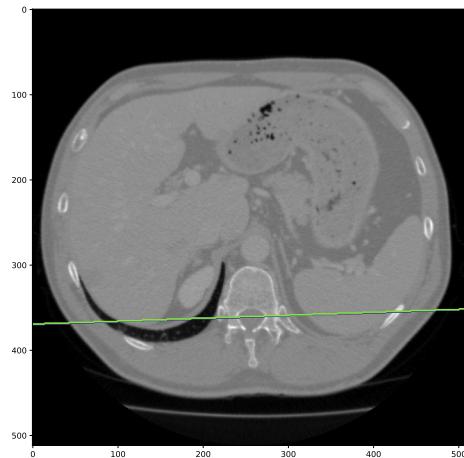
2.2.2 Koronální rovina

Další zpracovanou metodou je metoda segmentace koronální roviny (coronal plane), také nazývané frontální (frontal plane). Ta je zpravidla kolmá na sagitální rovinu, také prochází páteří a dělí tělo na přední a zadní část.



Obrázek 14: Koronální rovina [21]

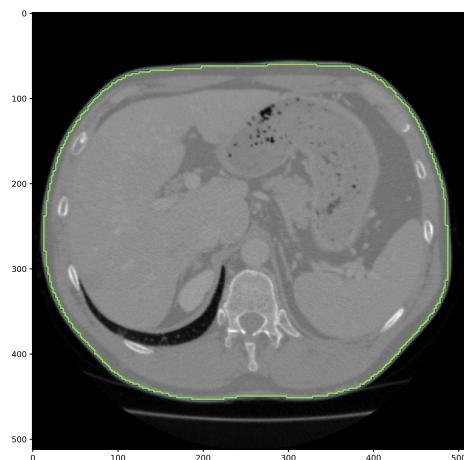
Při hledání koronální roviny se využívá stejných poznatků a algoritmů jako u roviny sagitální [22]. Koronální rovina vždy prochází páteří a je kolmá na rovinu sagitální.



Obrázek 15: Koronální rovina v CT řezu segmentovaná knihovnou *bodynavigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

2.2.3 Povrch těla

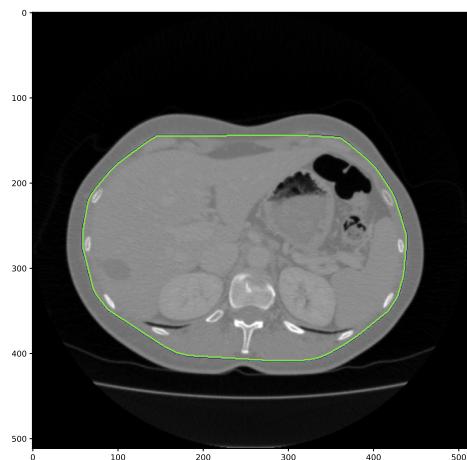
Další metodou je segmentace povrchu těla, což je relativně jednoduchá úloha. Algoritmus okraj nalezne opět Gaussovským filtrem denzity, se směrodatnou odchylkou 3 mm. Následně segmentuje prahováním s prahem -150 HU [22].



Obrázek 16: Nalezený povrch těla v CT řezu, segmentovaný knihovnou *bodynavigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

2.2.4 Povrch těla bez podkožního tuku

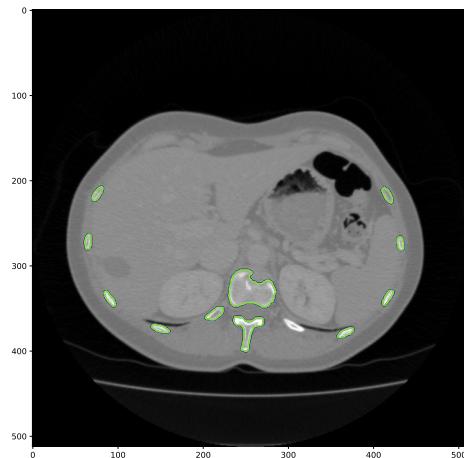
Více než výše zmíněný povrch těla může být pro další zpracování a segmentaci užitečný povrch těla, ze kterého byla odebrána kůže a podkožní vazivo - tzv. *fatless body*. [24] Tato informace je vlastně informací o vzdálenosti k okraji břišní dutiny. Postup segmentace se sestává z prahování s prahem 20 HU, následovaného binární operací otevření s maskou 5x5x5 mm. Pak je použito naprahovaných dat (prahem -300 HU) z předem nasegmentovaného povrchu těla, od kterého se nachází alespoň 10 mm. Výsledek je opět vystaven otevření kvůli odstranění kůže. Na závěr jsou v každém řezu na ose z nahrazeny všechny objekty svými konvexními obaly. [24]



Obrázek 17: Povrch těla bez podkožního tuku v CT řezu, segmentovaný knihovnou *body-navigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

2.2.5 Segmentace kostí

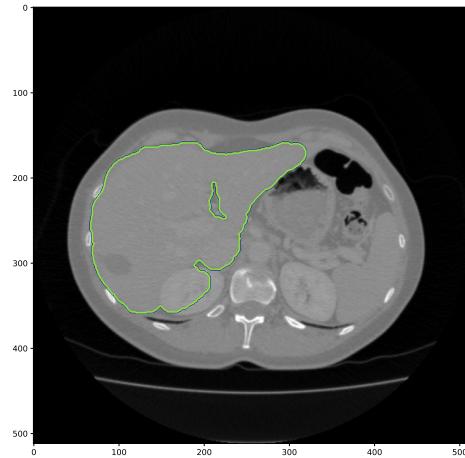
Jednoduchou metodou je také segmentace kostí, která opět prahuje prahem 300 HU. Poté opět využívá informace o povrchu těla pro odstranění objektů menších než 1 cm^3 , které jsou hlouběji než 15 mm pod povrchem těla bez tuku. Dále je použito metody narůstání oblasti a na závěr uzavření s maskou 5x5x5. [24]



Obrázek 18: Vysegmentované kosti v CT řezu, knihovnou *bodynavigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

2.2.6 Segmentace jater

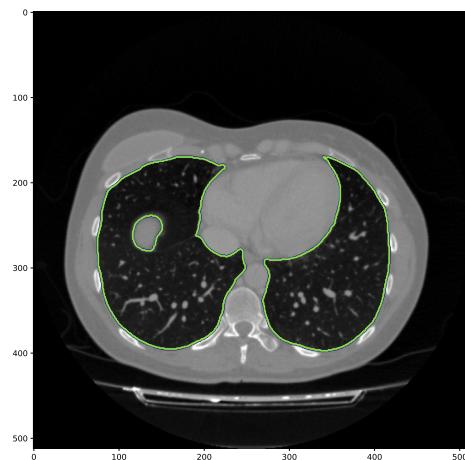
Játra jsou na snímcích detekovány s využitím klasifikátoru na základě pravděpodobnostního atlasu, který obsahuje pro každý bod v datech pravděpodobnost výskytu specifických orgánů [24]. Po této segmentaci je vždy v datech ponechán jen jeden, největší objekt.



Obrázek 19: Játra na CT řezu, segmentované knihovnou *bodynavigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

2.2.7 Segmentace plic

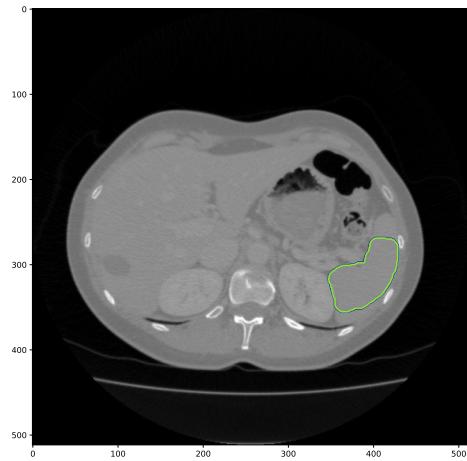
Segmentace plic klasickými metodami je náročná, protože vzduchové bubliny v trávícím ústrojí mají stejnou denzitu jako vzduch v plicích. Využívá prahování s prahem -300 HU a metodu narůstání oblastí Watershed [25]. Pro oddělení dutin a vzduchových bublin na konci ponechává pouze objekty, které procházejí řezem, ve kterém je centroid segmentovaných dat. [24]



Obrázek 20: Plíce na CT řezu, segmentované knihovnou *bodynavigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

2.2.8 Segmentace sleziny

Slezina je, podobně jako játra, segmentována pravděpodobnostním atlasem, s otevřením 10x10x10 mm maskou. Na konci je opět ponechán jen největší objekt. [24]



Obrázek 21: Slezina na CT řezu, segmentovaná knihovnou *bodynavigation* nad daty z datasetu 3Dircadb1

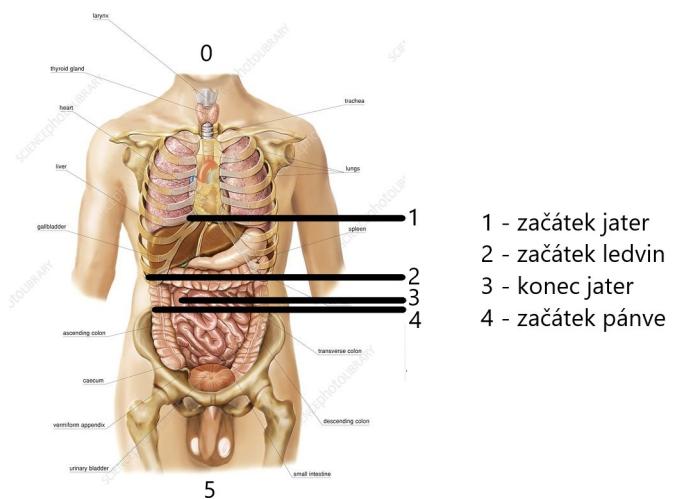
3 Nová metoda určení polohy prostřednictvím neuronových sítí

V předchozí části popsané algoritmy počítačového vidění nejsou dokonalé a často mají velmi vysoké časové nároky. Proto tato práce zkoumá použití konvolučních neuronových sítí. V této části je popsáno, jakou metodikou byly natrénovány modely s architekturou U-Net, a jakých dosahují výsledků.

3.1 Regresní odhad polohy řezu v CT

Má předchozí práce v rámci Projektu 4 [26] se zaměřovala na uplatnění konvoluční neuronové sítě s poměrně jednoduchou architekturou na data z CT skenů. Tato síť měla za cíl regresně určit, v jaké části těla se nachází daný řez, se zaměřením na co nejpřesnější určení, pokud se jedná o oblast jater. Tělo bylo rozděleno následujícími styčnými body:

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**.



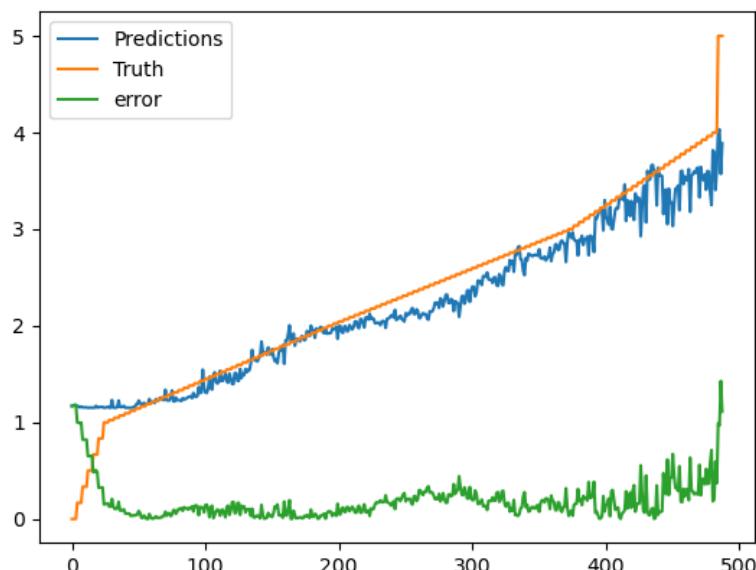
Obrázek 22: Styčné body v lidském těle [26]

Tento projekt také využil stejné datasety (viz sekce 2.1) pro trénování.

Architektura obsahovala pouze dvě konvoluční vrstvy, jednu max pooling vrstvu a jednu dense vrstvu se 128 neurony. Uplatněny byly také vrstvy typu *Dropout* [27], které zabraňují tomu, aby se síť místo trénování parametrů naučila všechny vstupy a jejich požadované výstupy. To je znemožněno náhodným "zapomenutím" části parametrů při každé iteraci trénování. Tyto vrstvy jsou vhodné pro úlohy s menšími datasety.

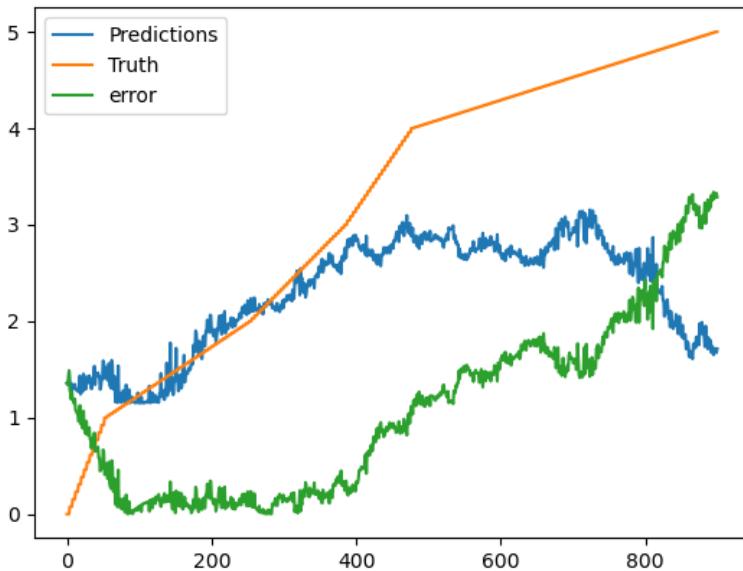
Predikce prvního modelu byly s ohledem na jeho jednoduchost překvapivě dobré. Mějme na vědomí, že predikce v částech těla nad začátkem jater (0-1) a pod jejich koncem (4-5) nebyly pro tento projekt prioritní a ani dataset nebyl v těchto částech tak kvalitně anotován a normalizován.

Na již viděných CT skenech funguje model téměř bezchybně.



Obrázek 23: Predikce na již viděném skenu z trénování [26]

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



Obrázek 24: Predikce na neviděných testovacích datech [26]

Algoritmy, navržené pro projekt 4, tak mohly být využity jako základ pro zpracování dat v této práci.

3.2 Metodika zpracování dat

Posloupnost skriptů, kterými projdou vybraná data z datasetů až do finální segmentované podoby byla vytvořena tak, aby fungovala generalizovaně na jakákoli data z CT snímkování.

Data jsou nejprve načtena z datasetů (formáty DICOM a MHD) pomocí knihovny *io3d* [28]. Potom jsou převzorkována na rozlišení 256x256, které bohatě stačí pro segmentaci, a normalizována (viz sekce 2.1). Následně jsou segmentována danou metodou knihovny *bodynavigation* [2]. Vzniklá segmentace nebo znaménkována vzdálenostní mapa (signed distance field, viz sekce 2) je uložena jako label (vzor) pro trénování. Takto zpracovaná data jsou uložena do formátu .h5 [29], který je ideální pro postupné načítání při podávání dat neuronové sítě.

Jelikož trénování na mé osobním počítači s grafickou kartou nVidia GeForce 1050Ti bylo velmi časově náročné, k trénování bylo použito výpočetní kapacity Metacentra, které

funguje pod záštitou organizace CESNET. Tam probíhalo trénování vždy na dvou GPU nVidia Tesla T4 16GB, jejichž čipy jsou optimalizovány pro deep learning.

Metoda	Čas trénování pro 200 trénovacích cyklů
Sagitální rovina	5 hodin a 49 minut
Koronální rovina	5 hodin a 50 minut
Povrch těla	6 hodin a 18 minut
Povrch těla bez tuku	6 hodin a 19 minut
Segmentace kostí	6 hodin a 25 minut
Segmentace jater	6 hodin a 2 minuty
Segmentace plic	6 hodin a 28 minut
Segmentace sleziny	6 hodin a 18 minut

Tabulka 2: Trénovací časy pro všechny metody

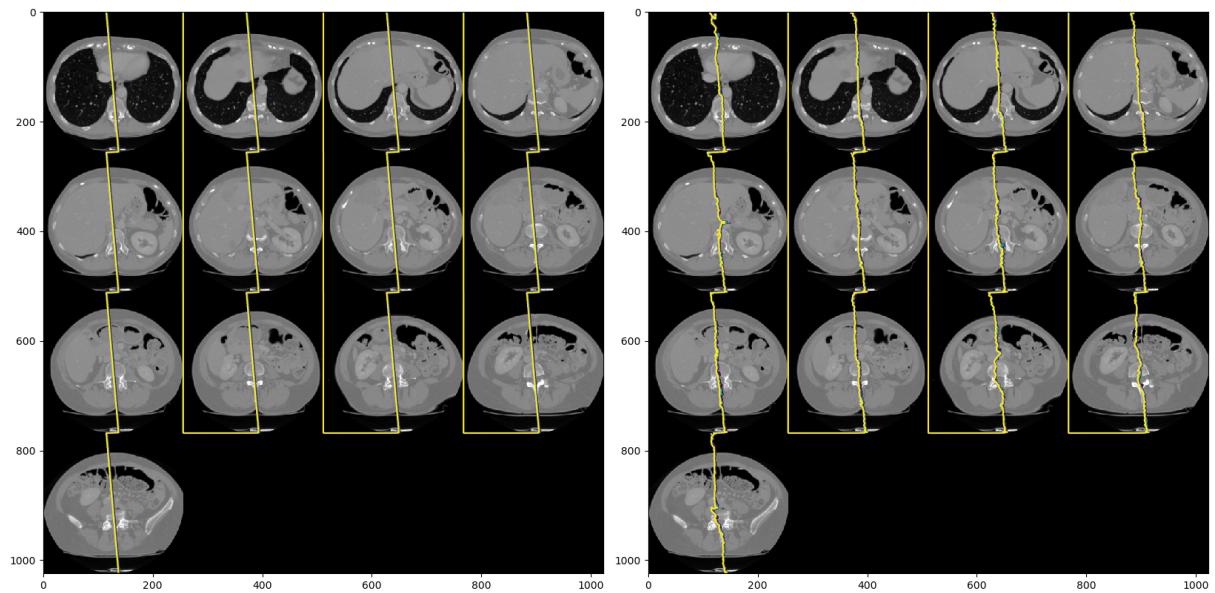
Všechny skripty jsou napsány v jazyce Python 3.7 [30]. Tato verze byla vybrána z důvodu kompatibility pythonu a backendu *tensorflow*, na kterém jsou trénovány neuronové sítě. Verze použité knihovny *tensorflow-gpu* je 2.1. Tato knihovna umožňuje trénovat na grafických čipech [31].

3.3 Výsledky

Zde budou představeny výstupní segmentovaná data, tak, jak je neuronové sítě pro jednotlivé metody vytvořily. Všechny tyto testovací segmentace byly prováděny na datech, které síť při trénování neměla k dispozici. Ke každé metodě je připojen stručný vysvětlující komentář. Vykreslení je provedeno knihovnou *sed3* [32].

3.3.1 Sagitální rovina

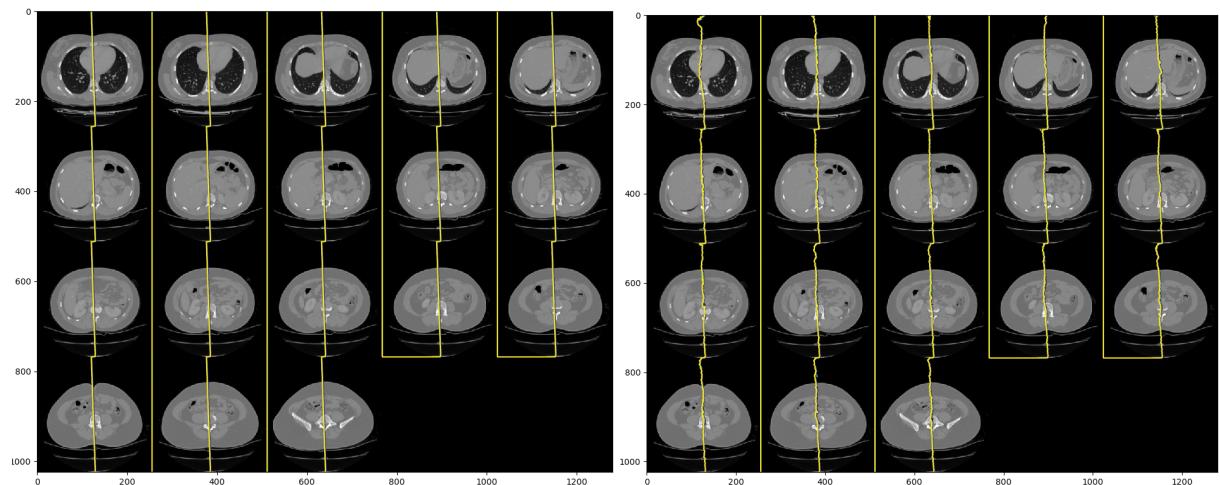
Segmentace sagitální roviny byla natrénována na velmi dobrou úroveň. Jasně patrný je rozdíl mezi rovnou a členitou čarou daných metod segmentací. Lze spekulovat, jestli je lepší segmentace rovnou přímkou či křivkou, která kopíruje anatomické tvary páteře a vnitřku břišní dutiny. To bude záviset na druhu dalšího použití této metody.



(a) Segmentace knihovnou *bodynavigation*

(b) Segmentace konvoluční neuronovou sítí

Obrázek 25: Porovnání segmentací sagitální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1



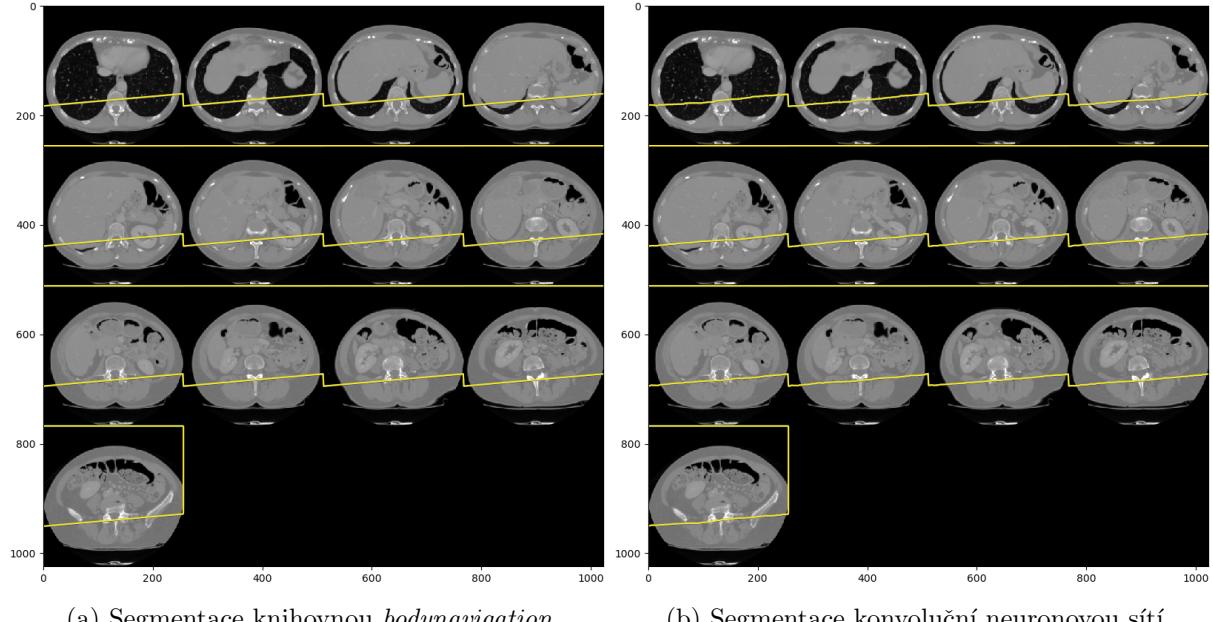
(a) Segmentace knihovnou *bodynavigation*

(b) Segmentace konvoluční neuronovou sítí

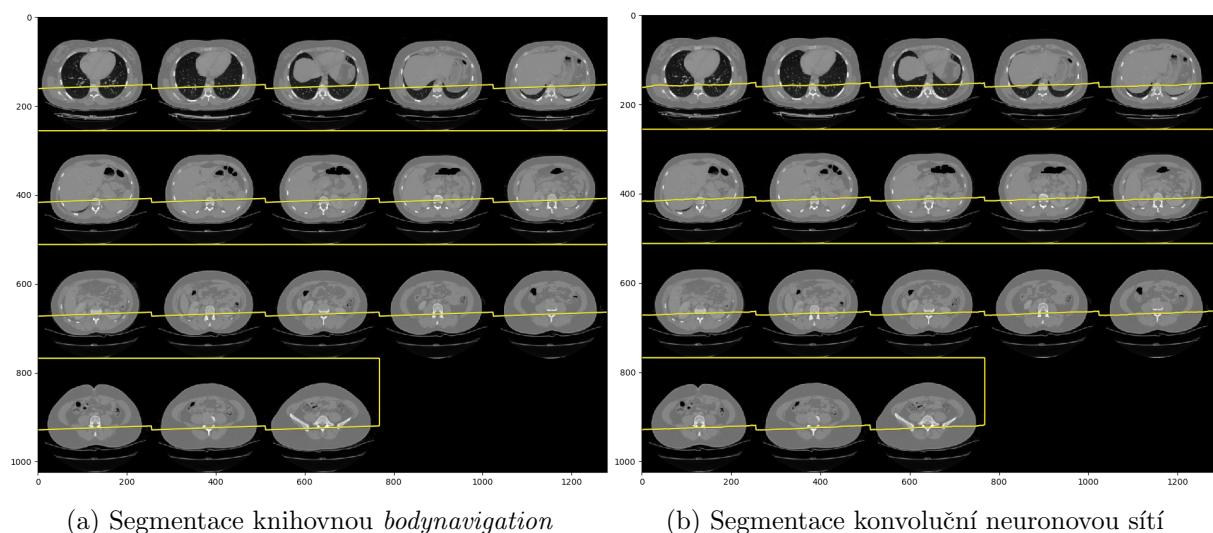
Obrázek 26: Porovnání segmentací sagitální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07

3.3.2 Koronální rovina

I segmentace kolmé koronální roviny funguje velmi dobře, s tím rozdílem, že hranice vzdálenostní mapy je už velmi rovná. Na první pohled je rozdíl nerozeznatelný.



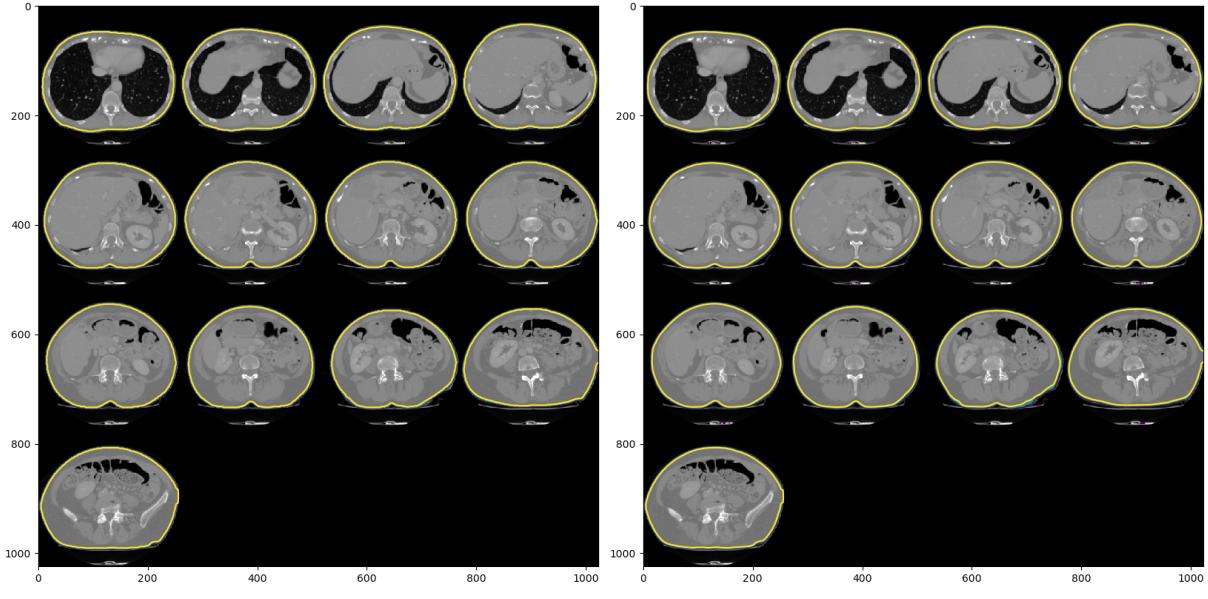
Obrázek 27: Porovnání segmentací koronální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1



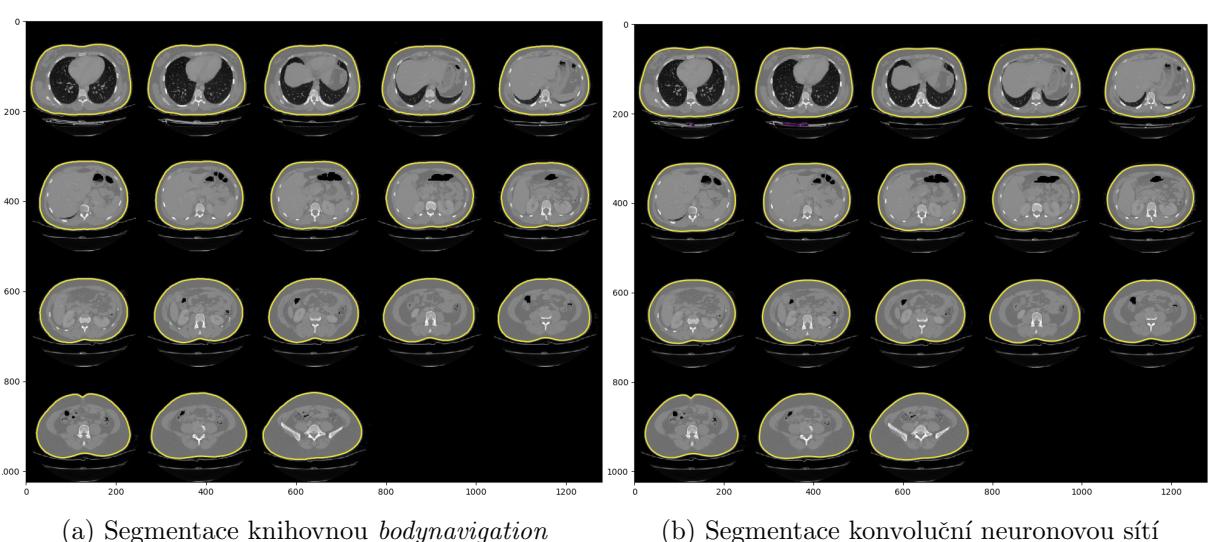
Obrázek 28: Porovnání segmentací koronální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07

3.3.3 Povrch těla

Segmentace okraje těla je takřka dokonalá. Nutno podotknout, že už jen díky velkému rozdílu denzit je tato segmentace nejjednodušší.



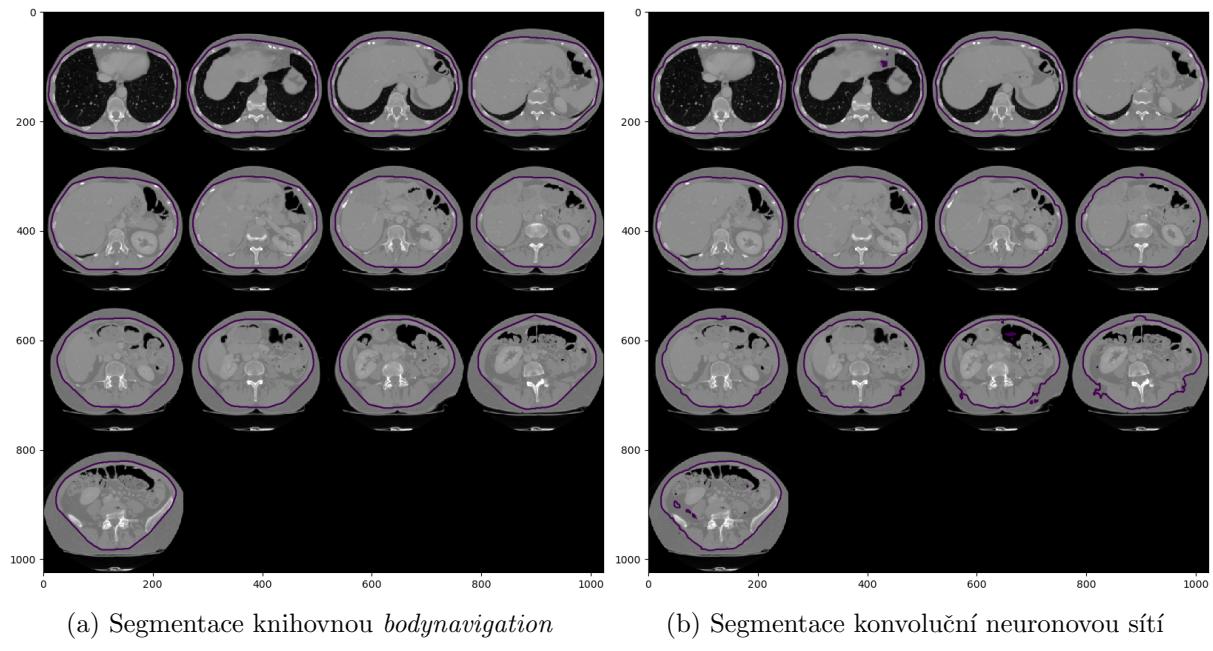
Obrázek 29: Porovnání segmentací povrchu těla přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1



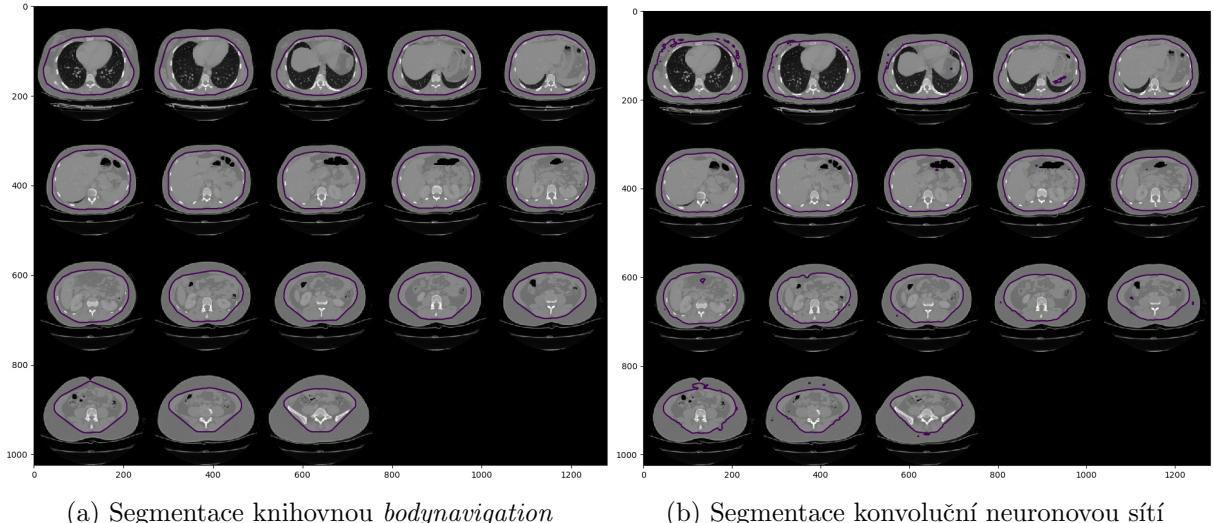
Obrázek 30: Porovnání segmentací povrchu těla přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07

3.3.4 Povrch těla bez podkožního tuku

Tato metoda už není natrénována tak dobře jako předchozí, na řezech jsou patrné artefakty uvnitř i vně segmentované oblasti. Metoda by se dala zdokonalit zvětšením trénovacího datasetu.



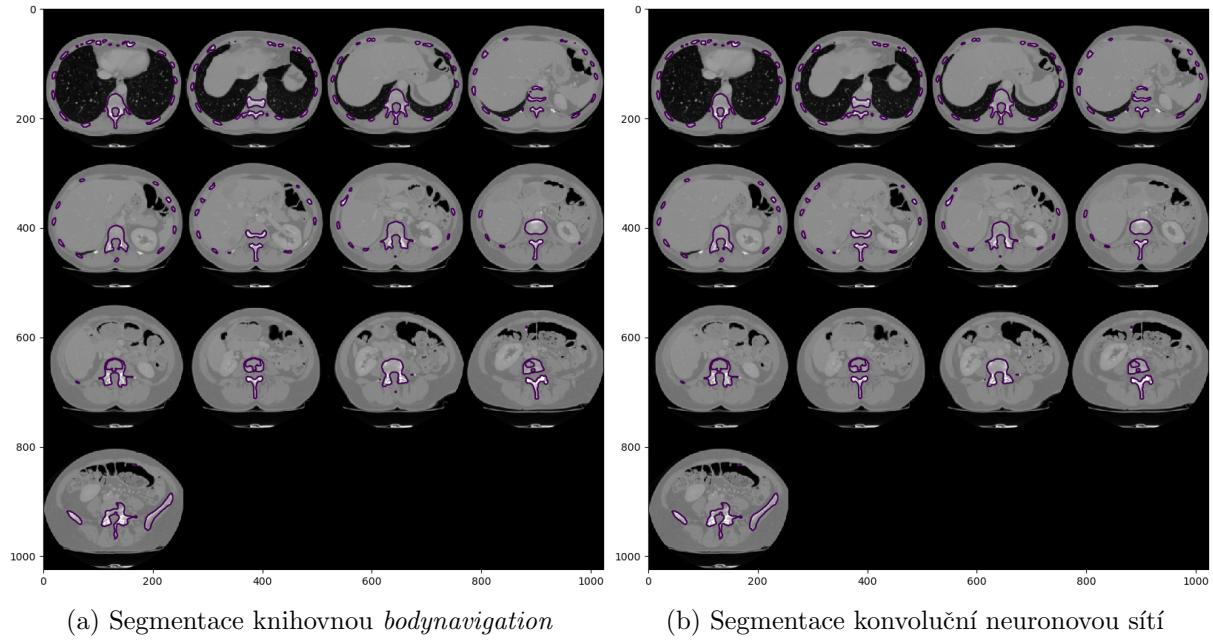
Obrázek 31: Porovnání segmentací povrchu těla bez podkožního tuku přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1



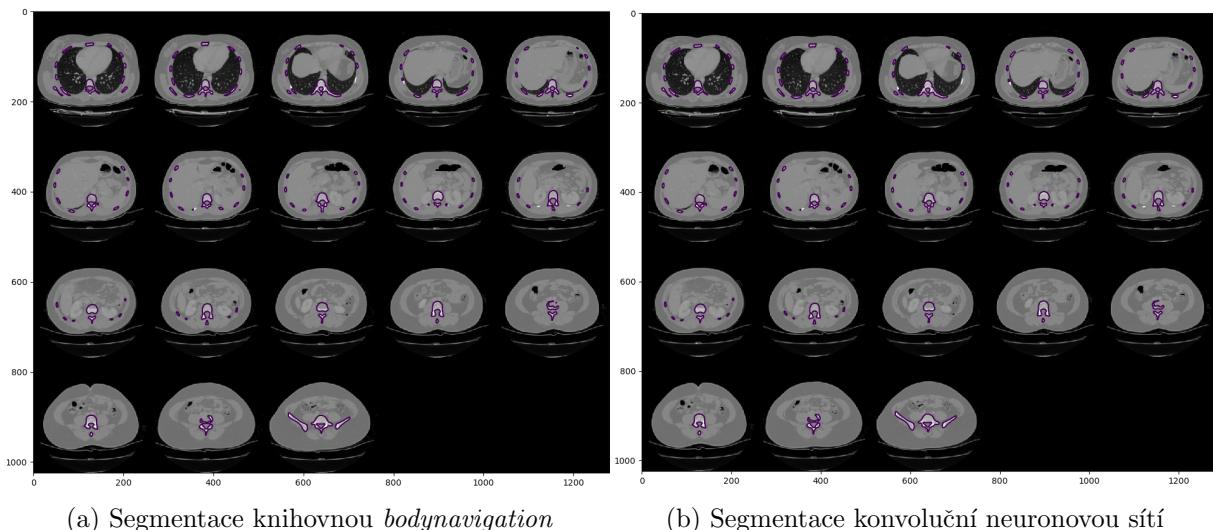
Obrázek 32: Porovnání segmentací povrchu těla bez podkožního tuku přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07

3.3.5 Segmentace kostí

Segmentace kostí se zdá být dokonale zvládnutou, avšak na některých metrikách se ukáže, že se od trénovacích dat liší více, než jiné metody (dále k této problematice viz sekce 3.4.2).



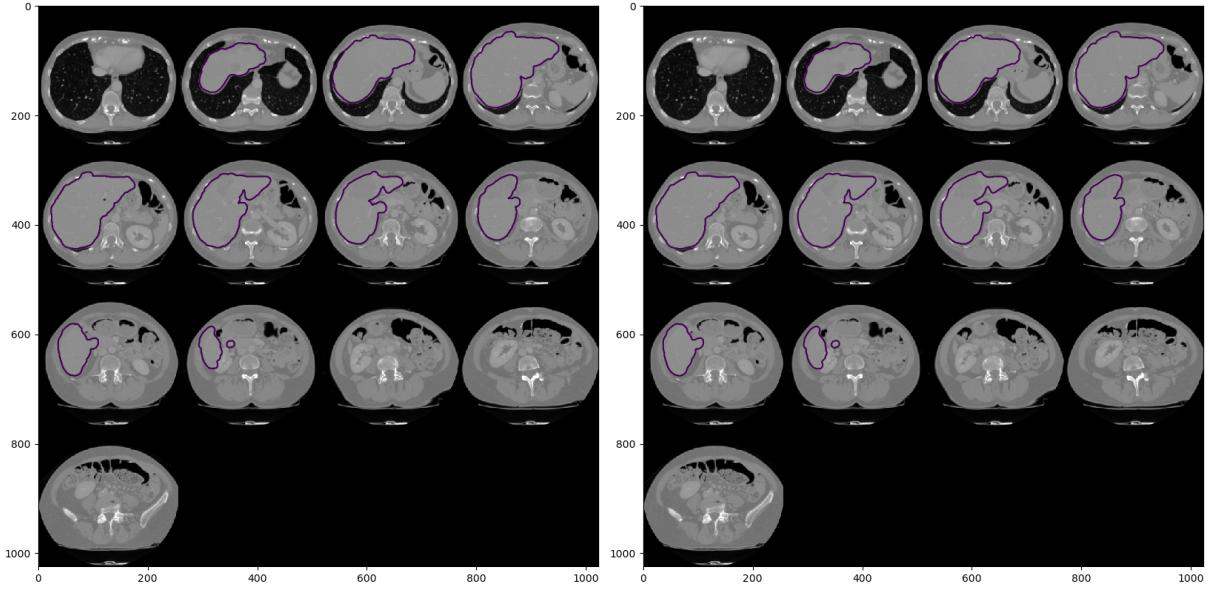
Obrázek 33: Porovnání segmentací kostí přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1



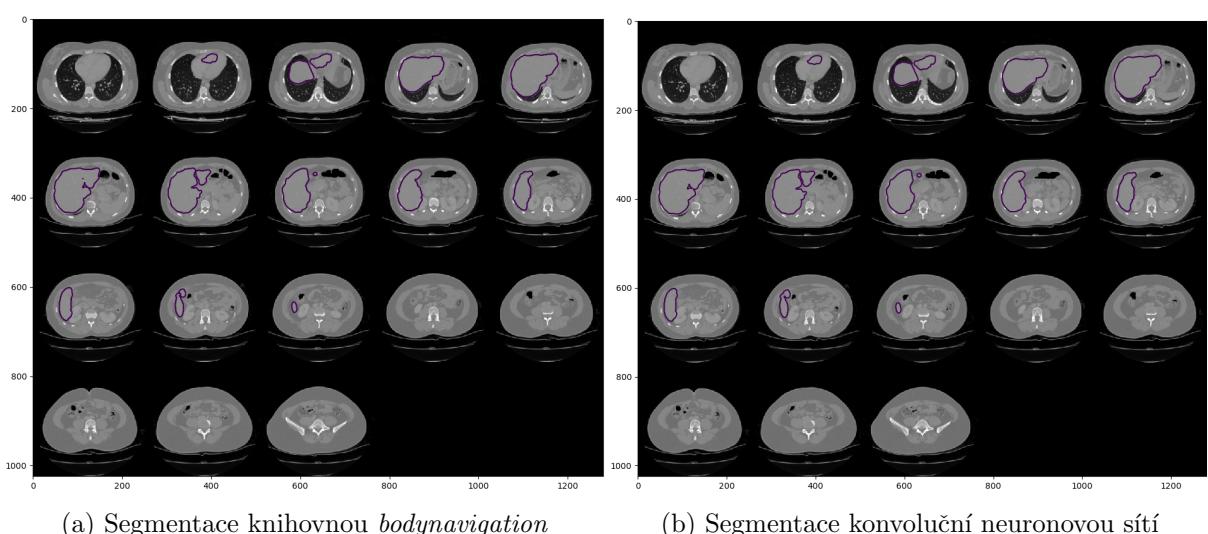
Obrázek 34: Porovnání segmentací kostí přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07

3.3.6 Segmentace jater

Stejně jako v případě segmentování kostí, metoda je velmi pokročilá a segmentuje játra kvalitně, avšak metriky nemá tak vysoké jako např. segmentace povrchu těla.



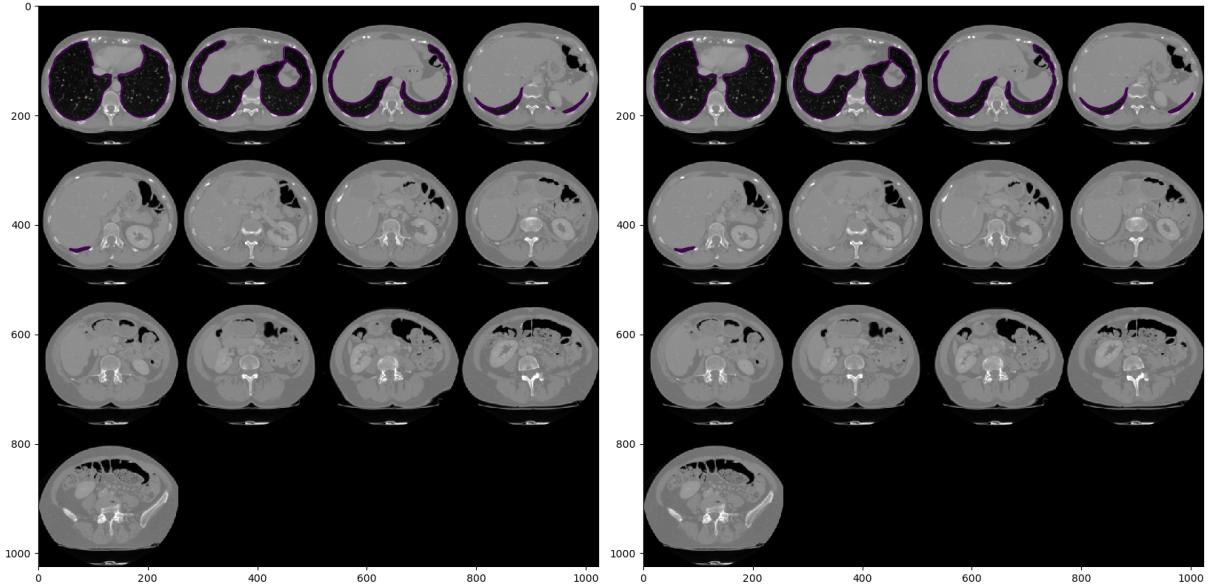
Obrázek 35: Porovnání segmentací jater pěti řezů skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1



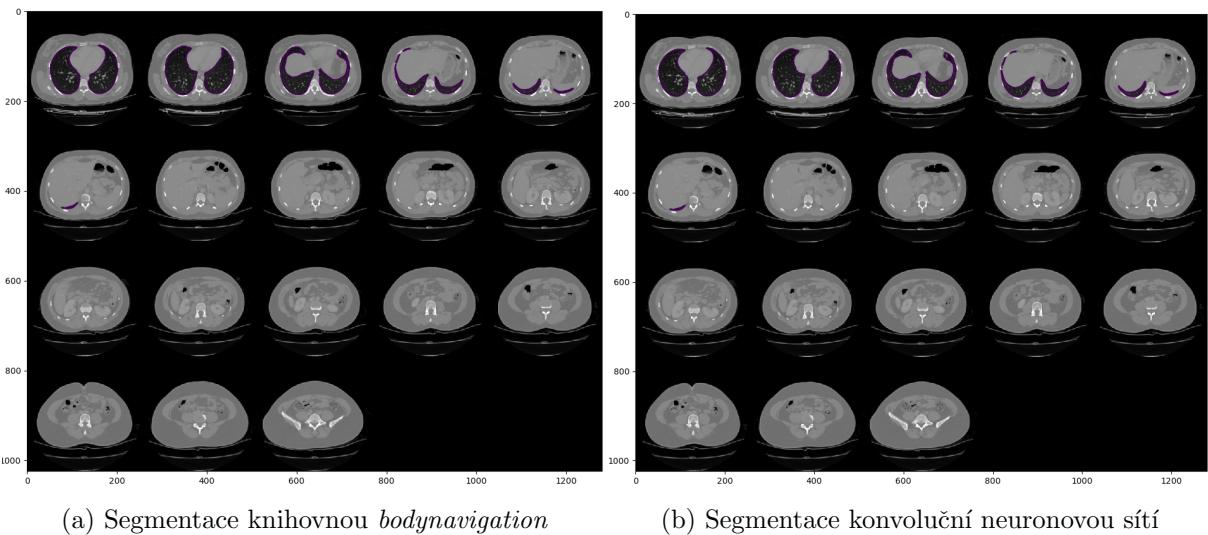
Obrázek 36: Porovnání segmentací jater pěti řezů skenu č. 20 z datasetu sliver07

3.3.7 Segmentace plic

Segmentace plic je, nejvíce díky velkému rozdílu v denzitě plic a zbytku těla, velmi přesná, podobně jako segmentace povrchu těla.



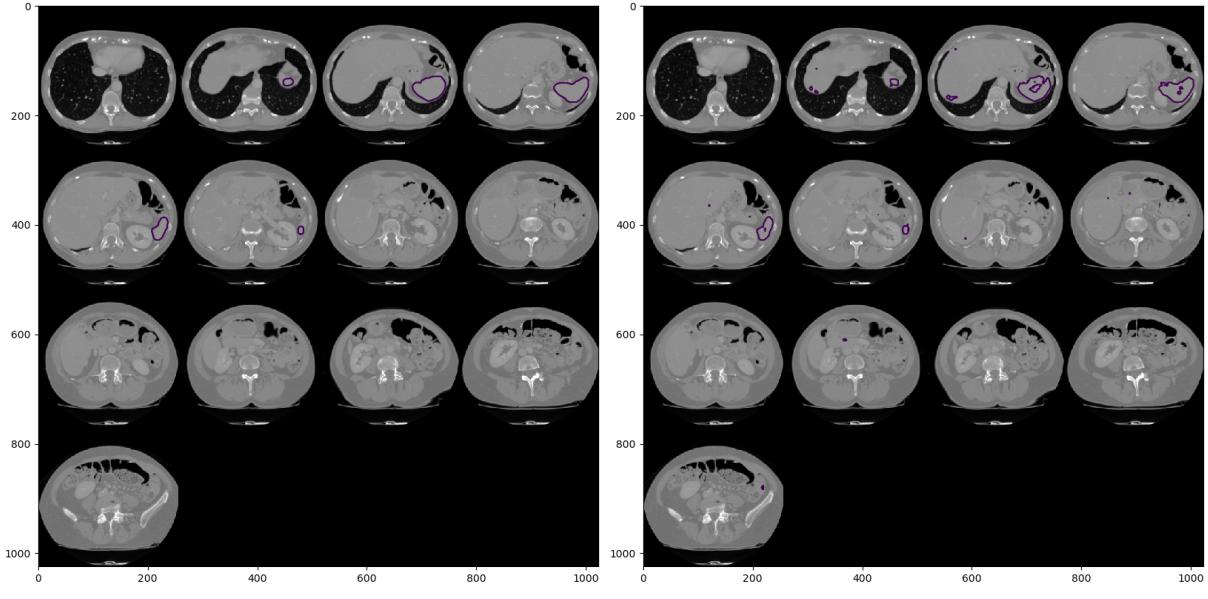
Obrázek 37: Porovnání segmentací plic přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1



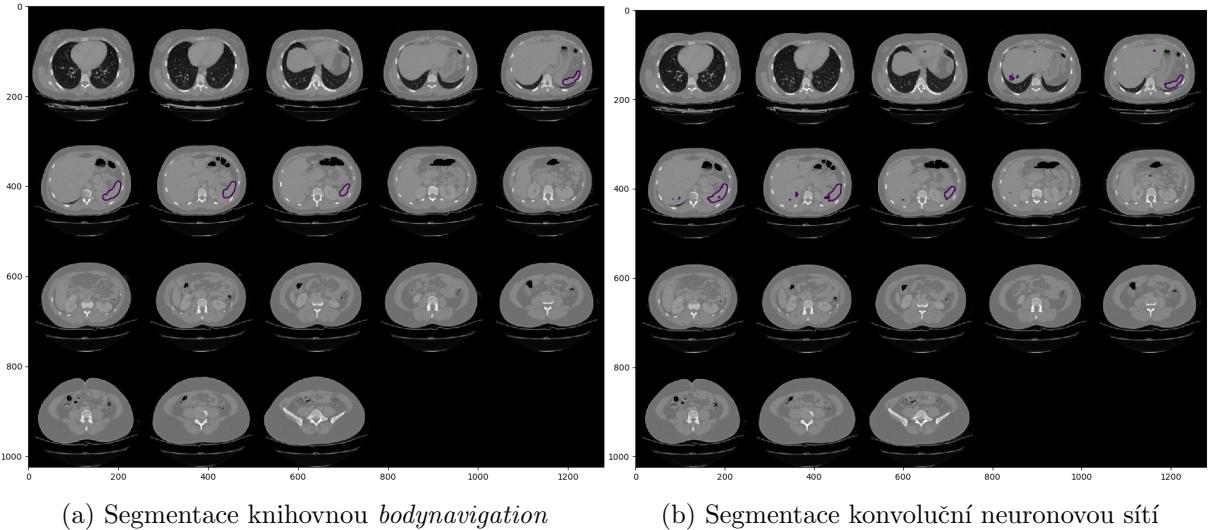
Obrázek 38: Porovnání segmentací plic přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07

3.3.8 Segmentace sleziny

Slezina je detekována z použitých metod nejméně přesně. Ve vzdálenostních mapách se opět objevují artefakty.



Obrázek 39: Porovnání segmentací sleziny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dir-cadb1



Obrázek 40: Porovnání segmentací sleziny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dir-cadb1

3.4 Diskuze výsledků

V této části bude rozebráno, jak si natrénované neuronové sítě vedly při segmentaci v porovnání s ground truth daty. Hodnocena bude především přesnost a čas segmentace.

3.4.1 Rychlosť segmentacie

V tabulkách 3 a 4 jsou časy segmentací metod počítačového vidění knihovny *bodynavigation* [2] srovnány s časy, které ke stejné segmentaci potřebuje natrénovaný model konvoluční neuronové sítě. Segmentace byla provedena na stejných datech jako na vizualizacích v sekci 3.3.

Metoda	Čas - bodynavigation	Čas - konvoluční neuronová síť
Koronální rovina	37,8 s	29,7 s
Sagitální rovina	15,1 s	36,1 s
Povrch těla	23,8 s	39,3 s
Povrch těla bez tuku	1102,6 s	26,6 s
Segmentace kostí	932,7 s	57,3 s
Segmentace jater	1999,4 s	31,4 s
Segmentace sleziny	1956,7 s	29,4 s
Segmentace plic	949,1 s	29,4 s

Tabulka 3: Časy segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu 3Dircadb1 - srovnání původní implementace a neuronových sítí pro různé metody

Metoda	Čas - bodynavigation	Čas - konvoluční neuronová síť
Koronální rovina	37,9 s	29,8 s
Sagitální rovina	13,2 s	31,3 s
Povrch těla	15,5 s	30,5 s
Povrch těla bez tuku	1070,4 s	29,1 s
Segmentace kostí	863,3 s	28,9 s
Segmentace jater	1992,0 s	27,7 s
Segmentace sleziny	2160,8 s	30,4 s
Segmentace plic	896,6 s	33,7 s

Tabulka 4: Časy segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu sliver07 - srovnání současné implementace a výstupů neuronových sítí pro různé metody

Je zřejmé, že pro první tři jednodušší segmentace je srovnatelná či rychlejší původní metoda knihovny *bodynavigation*. Pro další úlohy je však už rozdíl velký, protože segmentace stávající metodou trvají řádově desítky minut, zatímco neuronová síť segmentuje stále stejně dlouho.

Je také nutné uvést, že tyto časy byly opět měřeny při výpočtu na grafické kartě. Tento přístup pro samotnou segmentaci není tak výhodný jako pro trénování, neboť se vždy před segmentováním musí na grafické kartě alokovat paměť a načíst model, který má 91 MB. Alokaci a přístup ke grafické kartě zajišťuje knihovna *cuDNN* a tento proces zabere většinu času, který je uveden v tabulce. Samotná segmentace pak trvá zhruba jednu sekundu.

Pokud by bylo najednou segmentováno větší množství dat, v této práci vytvořená segmentační knihovna *bodyposition* si načtený model uchovává v paměti a proces je znatelně urychlen. Časy, uvedené v tabulkách, tedy odpovídají procesu segmentace pouze jednoho CT skenu (zhruba 100-200 jednotlivých řezů) na grafické kartě.

3.4.2 Přesnost segmentace

Výstupy neuronových sítí v podobě hranic segmentovaných objektů (vzdálenostních map má na těchto hranicích nulové hodnoty) byly srovnány s ground truth daty. Hodnoceny byly průměrným povrchovým rozdílem v milimetrech ($AvgD$ - average surface difference, popsán v [33]) a Jaccardovým koeficientem podobnosti [34], který představuje podíl průniku a sjednocení segmentovaných oblastí. V tabulkách 5 a 6 je dále chyba prvního druhu (undersegmentation) a chyba druhého druhu (oversegmentation) v procentech.

Metoda	AvgD [mm]	Jaccard index	chyba 1. druhu	chyba 2. druhu
Koronální rovina	100,346	0,9615	3,534	0,389
Sagitální rovina	57,243	0,9381	2,244	4,144
Povrch těla	38,561	0,8594	0,028	15,097
Povrch těla bez tuku	29,993	0,8559	11,134	4,399
Segmentace kostí	15,783	0,0225	0,283	190,920
Segmentace jater	73,337	0,0251	0,036	190,162
Segmentace sleziny	221,003	0,0021	0,003	199,173
Segmentace plic	63,742	0,8479	1,863	14,603

Tabulka 5: Přesnost segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu 3Dircadb1 - srovnání současné implementace a výstupů neuronových sítí pro různé metody

Metoda	AvgD [mm]	Jaccard index	Chyba 1. druhu	Chyba 2. druhu
Koronální rovina	73,832	0,9303	2,680	4,543
Sagitální rovina	37,118	0,9145	1,177	7,753
Povrch těla	37,594	0,8385	0,023	17,548
Povrch těla bez tuku	11,317	0,9282	3,455	3,994
Segmentace kostí	25,768	0,0305	0,402	187,771
Segmentace jater	60,839	0,0352	0,039	186,371
Segmentace sleziny	212,689	0,0009	0,003	199,642
Segmentace plic	83,854	0,6428	2,048	41,435

Tabulka 6: Přesnost segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu sliver07 - srovnání původní implementace a neuronových sítí pro různé metody

Z metrik vyplývá, že nejvíce se ground truth datům přiblížil model pro segmentaci povrchu těla bez podkožního vaziva (tuku). Nejhůře naopak dopadl model pro segmentaci sleziny. Vysoká hodnota $AvgD$ je způsobena artefakty a přílišnou členitostí hranice segmentovaného objektu. Ostatní metody mají $AvgD$ v konzistentně nízkých hodnotách.

Zajímavé je, že Jaccardův koeficient vyšel velmi nízký pro segmentace kostí, jater i sleziny, ačkoli jsou tyto metody na lepší úrovni, než by se dle jeho hodnot mohlo zdát. Je to způsobeno vysokými hodnotami chyby 2. druhu, která roste s větším objemem segmentované oblasti. Tento objem velkou mírou zkresluje Jaccardův koeficient O skutečné přesnosti více vypovídající metrikou je tedy $AvgD$.

Toto porovnání s výstupy segmentační knihovny *bodynavigation* nevypovídá dokonale o skutečné přesnosti segmentace. Odborně anotovaná data jsou však bohužel nedostupná.

3.4.3 Možnosti budoucího vylepšení a dalšího výzkumu

Dalšího vylepšení natrénovaných sítí by se dalo jednoduše docílit zvětšením trénovacího datasetu. Další možností je použít výsledná data z jedné segmentační úlohy pro trénování druhé. Tak by se např. pro trénování segmentace jater jako vstup na dalších kanálech přidaly vzdálenostní mapy k povrchu těla a symetrie sagitální a koronální roviny.

Dále by bylo možné sítí předávat najednou informace nejen o aktuálním řezu, ale i o jeho okolí, např. dvou řezech jdoucích před ním a dvou po něm. V kombinaci s informacemi ze vzdálenostních map by to pomohlo ke zpřesnění výsledné segmentace.

Pro další práci v rámci výzkumu ve spolupráci Fakulty Aplikovaných věd a Biomedicínského centra by bylo také zajímavé aplikovat tyto algoritmy na data z CT skenů experimentálních zvířat - prasat domácích (*Sus scrofa domesticus*). Modely by bylo možné buď přetrénovat nebo se stejnou metodikou zpracování dat natrénovat modely nové.

4 Závěr

Zpracování obrazových dat v medicíně vyžaduje pro možnost reálného použití velkou robustnost systému. Segmentace orgánů a směrová navigace v břišní dutině představují důležitou součást diagnostického procesu. Takové systémy s sebou ale bohužel často přináší velké časové náklady. V této práci jsem se věnoval průzkumu možností, které přináší aplikace moderního přístupu konvolučních neuronových sítí do tohoto obooru.

Data z výpočetní tomografie jsou díky jednotnému umístění pacientů v tomografu a konzistentní intenzitě záření přirozeně normalizovaná. Těchto kvalit jsem využil pro natrénování modelů neuronových sítí, které umí anatomické objekty segmentovat na úrovni srovnatelné s metodami počítačového vidění, ale ve velmi krátkém čase. Trénování takových modelů je náročné, ale s využitím inovativních technologií, jako jsou knihovny *keras tensorflow* pro jazyk Python, a hardwarových možností metacentra, se podařilo dosáhnout slibných výsledků.

Po vyzkoušení jednodušších architektur byl zvolen model U-Net, který je určený pro biomedicínskou segmentaci. Jako dataset pro trénování a testování bylo použito 40 skenů - celkem 6982 řezů - z datasetů 3Dircadb1 [19] a sliver07 [20]. Byla vytvořena knihovna *bodysteposition* pro jazyk Python 3, která je po instalaci použitelná jako segmentační nástroj pro libovolná CT data.

Pro 8 vybraných metod počítačového vidění knihovny *bodynavigation* byl natrénován model neuronové sítě, který vždy ekvivalentně úloze segmentoval data z výpočetní tomografie. V práci jsem se věnoval hlavně segmentaci orgánů (slezina, plíce, játra) a dalších objektů (povrch těla bez kůže a podkožního vaziva, kosti, povrch těla, symetrie - anatomické směry).

Po ověření výsledků segmentačními metrikami bylo zjištěno, že nové algoritmy využívající konvoluční neuronové sítě fungují s podobnou přesností jako současné metody. Nejvíce se ground truth datům přiblížil model pro segmentaci těla bez podkožního vaziva, ale rozdíly mezi hodnocením modelů nejsou velké. Co se týče časové stránky segmentace, urychlení procesu zpracování dat z CT a segmentace je razantní. Pro některé metody se jedná o zkrácení doby segmentace jednoho skenu (100-200 jednotlivých řezů) řádově z desítek minut na desítky sekund. Tento čas může být v porovnání ještě lepší, pokud model neuronové sítě zůstane načtený v paměti nebo bude zpracovávat velké množství dat najednou.

Komplexní segmentační metody vyžadují dlouhou dobu trénování a obsáhlé datasety. Pro usnadnění tohoto procesu je možné použít polohové příznaky jako několik dalších

údajů o každém bodu obrázku při trénování segmentačního systému, které tím bude zrychleno. Vytvořené algoritmy generují vzdálenostní mapy a segmentují objekty s dobrou přesností. Jsou navíc rychlejší než původní metody, takže budou vhodnější pro další použití ve složitějších systémech pro podporu diagnostické medicíny. Modely je také možné bez rozsáhlejších úprav přetrenovat a využít ve výzkumu prováděném s experimentálními zvířaty v Biomedicínském centru LFP UK.

Výsledná knihovna *bodyposition* je přístupná v GitHub repozitáři [bodyposition](#).

Seznam obrázků

1	Rentgenový zářič a detektory [3]	2
2	Moderní výpočetní tomograf [4]	2
3	Jeden řez CT skenu, na kterém jsou dobře vidět játra a plíce	3
4	Perceptron	4
5	Základní typy aktivačních funkcí, převzato z [10]	5
6	Aktivační funkce ReLU, převzato z [13]	5
7	Neuronová síť s jednou skrytou vrstvou	6
8	Konvoluční vrstva [15]	7
9	Proces redukce velikosti vstupu [16]	7
10	Upravený U-Net, použitý v této práci	8
11	Vizualizace znaménkovane vzdálenostní mapy	9
12	Sagitální rovina [21]	11
13	Sagitální rovina v CT řezu segmentovaná knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	12
14	Koronální rovina [21]	12
15	Koronální rovina v CT řezu segmentovaná knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	13
16	Nalezený povrch těla v CT řezu, segmentovaný knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	13
17	Povrch těla bez podkožního tuku v CT řezu, segmentovaný knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	14
18	Vysegmentované kosti v CT řezu, knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	15
19	Játra na CT řezu, segmentované knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	16
20	Plíce na CT řezu, segmentované knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	16
21	Slezina na CT řezu, segmentovaná knihovnou <i>bodynavigation</i> nad daty z datasetu 3Dircadb1	17
22	Styčné body v lidském těle [26]	18
23	Predikce na již viděném skenu z trénování [26]	19
24	Predikce na neviděných testovacích datech [26]	20
25	Porovnání segmentací sagitální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	22

26	Porovnání segmentací sagitální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07	22
27	Porovnání segmentací koronální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	23
28	Porovnání segmentací koronální roviny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07	23
29	Porovnání segmentací povrchu těla přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	24
30	Porovnání segmentací povrchu těla přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07	24
31	Porovnání segmentací povrchu těla bez podkožního tuku přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	25
32	Porovnání segmentací povrchu těla bez podkožního tuku přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07	25
33	Porovnání segmentací kostí přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	26
34	Porovnání segmentací kostí přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07	26
35	Porovnání segmentací jater přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	27
36	Porovnání segmentací jater přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07	27
37	Porovnání segmentací plic přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	28
38	Porovnání segmentací plic přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu sliver07	28
39	Porovnání segmentací sleziny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	29
40	Porovnání segmentací sleziny přes všechny řezy skenu č. 20 z datasetu 3Dircadb1	29

Seznam tabulek

1	Denzity tkání podle [3]	3
2	Trénovací časy pro všechny metody	21
3	Časy segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu 3Dircadb1 - srovnání původní implementace a neuronových sítí pro různé metody	30
4	Časy segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu sliver07 - srovnání současné implementace a výstupů neuronových sítí pro různé metody	30

5	Přesnost segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu 3Dircadb1 - srovnání současné implementace a výstupů neuronových sítí pro různé metody	32
6	Přesnost segmentace všech řezů skenu č. 20 datasetu sliver07 - srovnání původní implementace a neuronových sítí pro různé metody	32

Reference

- [1] T. Chan and W. Zhu, “Level set based shape prior segmentation,” in *2005 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR’05)*, vol. 2, 2005, pp. 1164–1170 vol. 2.
- [2] M. Jiřík, “mjirik/bodynavigation: Body navigation in CT images.” [Online]. Available: <https://github.com/mjirik/bodynavigation>
- [3] J. Nekula, M. HERMAN, J. VOMÁČKA, and M. KÖCHER, “Radiologie. 3. vyd. Olomouc: Univerzita Palackého, 2005. 205 s.”
- [4] Callas Jon, “CT and PET Scanner — Jon Callas — Flickr.” [Online]. Available: <https://www.flickr.com/photos/joncallas/2892615027>
- [5] J. Jan, *Medical image processing, reconstruction and restoration: concepts and methods*. Crc press, 2005.
- [6] P. C. Shrimpton, M. C. Hillier, and M. Dunn, “NRPB-W67 Doses from Computed Tomography (CT) Examinations in the UK-2003 Review,” Tech. Rep.
- [7] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, “Imagenet classification with deep convolutional neural networks,” *Advances in neural information processing systems*, vol. 25, pp. 1097–1105, 2012.
- [8] M. Novák, *Umělé neuronové sítě: teorie a aplikace*. CH Beck, 1998.
- [9] F. Rosenblatt, “The perceptron: A probabilistic model for information storage and organization in the brain.” *Psychological Review*, vol. 65, no. 6, pp. 386–408, 1958. [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1037/h0042519>
- [10] “Matematická biologie učebnice: Matematický model a aktivní dynamika neuronu.” [Online]. Available: <https://portal.matematickabiologie.cz/>
- [11] J. Brownlee, “A gentle introduction to the rectified linear unit (ReLU),” *Machine learning mastery*, vol. 6, 2019.
- [12] K. Fukushima, “Visual Feature Extraction by a Multilayered Network of Analog Threshold Elements,” *IEEE Transactions on Systems Science and Cybernetics*, vol. 5, no. 4, pp. 322–333, 1969.
- [13] H. H. Sultan, N. Salem, and W. Al-Atabany, “Multi-Classification of Brain Tumor Images Using Deep Neural Network,” *IEEE Access*, vol. PP, p. 1, 2019.

- [14] M. Pilát, “Přírodou inspirované algoritmy.” [Online]. Available: <https://martinpilat.com/cs/prirodou-inspirovane-algoritmy/neuronove-site-konvolucni-site-zpracovani-obrazu>
- [15] H. Yakura, S. Shinozaki, R. Nishimura, Y. Oyama, and J. Sakuma, “Malware Analysis of Imaged Binary Samples by Convolutional Neural Network with Attention Mechanism,” 2018, pp. 127–134.
- [16] C. Camacho, “Convolutional Neural Networks – Cezanne Camacho – Machine and deep learning educator.” [Online]. Available: <https://cezannec.github.io/Convolutional{-}Neural{-}Networks/>
- [17] J. Long, E. Shelhamer, and T. Darrell, “Fully Convolutional Networks for Semantic Segmentation,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 39, no. 4, pp. 640–651, nov 2014. [Online]. Available: <http://arxiv.org/abs/1411.4038>
- [18] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, “U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation,” in *Lecture Notes in Computer Science (including sub-series Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*, vol. 9351. Springer Verlag, 2015, pp. 234–241.
- [19] L. Soler, “3D-IRCADb-01 (<http://www.ircad.fr/research/3d-ircadb-01/>),” 2016. [Online]. Available: <http://www.ircad.fr/research/3d-ircadb-01/>
- [20] B. Van Ginneken, T. Heimann, and M. Styner, “3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge,” Tech. Rep. [Online]. Available: <http://www.jsrt.or.jp/cdrom{-}nODULES.html>
- [21] Bernaciková Martina, Kalichová Miriam, and Beránková Lenka, “Základy sportovní kineziologie — Fakulta sportovních studií,” 2010. [Online]. Available: <https://is.muni.cz/do/1451/e-learning/kineziologie/elportal/pages/orientace{-}na{-}tele.html>
- [22] M. Jirík and V. Liska, “Body navigation via robust segmentation of basic structures,” *Lecture Notes in Computational Vision and Biomechanics*, vol. 27, pp. 306–314, oct 2018. [Online]. Available: <https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-68195-5{-}33>
- [23] J. D. Hunter, “Matplotlib: A 2D graphics environment,” *Computing in Science & Engineering*, vol. 9, no. 3, pp. 90–95, 2007.

- [24] J. Kuneš, “Modelování orgánů břišní dutiny z CT snímků prostřednictvím navigace dle robustně segmentovatelných tkání,” Tech. Rep., 2018. [Online]. Available: <http://dspace5.zcu.cz/handle/11025/31768>
- [25] A. P. Mangan and R. T. Whitaker, “Partitioning 3D surface meshes using watershed segmentation,” *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 5, no. 4, pp. 308–321, 1999.
- [26] V. Javorek, “Regresní odhad polohy řezu z CT,” p. 5.
- [27] N. Srivastava, G. Hinton, A. Krizhevsky, I. Sutskever, and R. Salakhutdinov, “Dropout: A Simple Way to Prevent Neural Networks from Overfitting,” *Journal of Machine Learning Research*, vol. 15, no. 56, pp. 1929–1958, 2014. [Online]. Available: <http://jmlr.org/papers/v15/srivastava14a.html>
- [28] M. Jiřík, “mjirik/io3d: 3D data read and write.” [Online]. Available: <https://github.com/mjirik/io3d>
- [29] A. Collette, *Python and HDF5*. O’Reilly, 2013.
- [30] G. Van Rossum and F. L. Drake, *Python 3 Reference Manual*. Scotts Valley, CA: CreateSpace, 2009.
- [31] M. Abadi, P. Barham, J. Chen, Z. Chen, A. Davis, J. Dean, M. Devin, S. Ghemawat, G. Irving, M. Isard, and Others, “Tensorflow: A system for large-scale machine learning,” in *12th USENIX Symposium on Operating Systems Design and Implementation (OSDI 16)*, 2016, pp. 265–283.
- [32] Jiřík Miroslav, “mjirik/sed3: 3D viewer and seed editor.” [Online]. Available: <https://github.com/mjirik/sed3>
- [33] 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. Bonnik, P. M. M. Cashman, 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, B. Lennon, R. Li, S. Li, H.-P. Meinzer, G. Nemeth, D. S. Raicu, A.-M. Rau, E. M. van Rikxoort, M. Rousson, L. Rusko, K. A. Saddi, G. Schmidt, D. Seghers, A. Shimizu, P. Slagmolen, E. Sorantin, G. Soza, R. Su-somboon, J. M. Waite, A. Wimmer, and I. Wolf, “Comparison and Evaluation of Methods for Liver Segmentation From CT Datasets,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 28, no. 8, pp. 1251–1265, 2009.

- [34] P. Jaccard, “THE DISTRIBUTION OF THE FLORA IN THE ALPINE ZONE.1,” *New Phytologist*, vol. 11, no. 2, pp. 37–50, 1912. [Online]. Available: <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.1912.tb05611.x>