



Segmentace MR obrazu

Diplomová práce

Studijní program: N3963 – Biomedicínské inženýrství

Studijní obor: 3901T009 – Biomedicínské inženýrství

Autor práce: **Bc. Tomáš Souček**

Vedoucí práce: doc. Ing. Daniel Jirák, Ph.D.





Segmentation of MR images

Master thesis

Study programme: N3963 – Biomedical engineering

Study branch: 3901T009 – Biomedical engineering

Author: **Bc. Tomáš Souček**

Supervisor: doc. Ing. Daniel Jirák, Ph.D.





Zadání diplomové práce

Segmentace MR obrazu

Jméno a příjmení: **Bc. Tomáš Souček**
Osobní číslo: D17000011
Studijní program: N3963 Biomedicínské inženýrství
Studijní obor: Biomedicínské inženýrství
Zadávající katedra: Fakulta zdravotnických studií
Akademický rok: **2018/2019**

Zásady pro vypracování:

Cíle práce:

1. Popsat a seznámit se s principem MR a vlastnostmi různých typů MR obrazů
2. Zpracovat rešerši na existující algoritmy a programy pro segmentaci obrazu
3. Testování a optimalizace algoritmů segmentace, jež jsou používány na oddělení klinické a experimentální MR spektroskopie IKEM; otestování nových segmentačních algoritmů a programů
4. Porovnání výsledků jednotlivých segmentací

Teoretická východiska:

Pro kvantitativní vyhodnocení MR obrazu je potřeba vybrat oblasti zájmu, které budou použity pro další zpracování. Výběr oblastí se provádí tzv. segmentací, jež lze provádět zcela manuálně, nebo částečně automaticky. Manuální segmentace bývá nejpřesnější technikou, ale je velmi časově náročná a vnáší do vyhodnocení subjektivní faktor. Automatická či poloautomatická segmentace šetří čas, ale je náročná na nalezení optimálního a spolehlivého algoritmu pro konkrétní orgán či anatomickou strukturu při daném typu obrazu a jeho vážení. Cílem práce je prozkoumání existujících algoritmů a softwaru pro segmentaci MR obrazu a jejich implementace do stávajícího protokolu vyhodnocení MR snímků, pokud se ukáží, jako efektivnější než stávající postup segmentace.

Výzkumné předpoklady:

Pro úspěšné vypracování diplomové práce se předpokládá nastudování principu fungování magnetické rezonance, principů zpracování snímků MR a současných možností jejich segmentace. Poté budou tyto techniky porovnány.

Metoda:

Analýza současného stavu problematiky a implementace vybraných nových segmentačních technik, nebo optimalizace stávajících.

Technika práce:

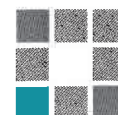
Bude provedena segmentace anonymizovaných klinických MR dat. Jedna část dat se bude týkat segmentace parenchymu jater pro přesnou kvantifikaci jaterní steatózy a druhá část MR dat bude sloužit k výpočtu objemu viscerálního a subkutánního tuku v abdominální oblasti. Student bude zaškolen v současně používaných programech a algoritmech na pracovišti MR-ZRIR IKEM pro segmentaci jater a abdominálního tuku. Segmentace bude provedena standardním postupem a poté student provede optimalizaci stávajících metod, nebo na základě rešerše vybere zcela jinou, více perspektivnější metodu, pomocí které vyhodnotí data znovu. Výsledky obou či více provedených metod následně srovná co do kvality segmentace, tak i praktického použití. Výsledky segmentace ze standardního postupu budou sloužit k dalšímu vědeckému hodnocení vyšetřených subjektů v navazujících klinických studiích.

Místo a čas realizace výzkumu:

Výzkum bude probíhat od července roku 2018 do dubna 2019 na Oddělení experimentální MR spektroskopie a MR zobrazování IKEM.

Vzorek:

Nepředpokládá se využití respondentů.

**Seznam odborné literatury:**

- [1] BROWN, Robert W., Yu-Chung N. CHENG, E. Mark. HAACKE, Michael R. THOMPSON a Ramesh. VENKATESAN. Magnetic resonance imaging: physical principles and sequence design. Second edition. Hoboken, New Jersey, 2014. ISBN 978-0-471-72085-0
- [2] CONSTANTINIDES, Christakis. Magnetic resonance imaging: the basics. New York: Boca Raton, 2014. ISBN 978-1-4822-1731-5
- [3] EL-BAZ, Ayman S., Xiaoyi JIANG a Jasjit S. SURI. Biomedical image segmentation: advances and trends. New York: Boca Raton, 2017. ISBN 978-1-4822-5855-4
- [4] ZHOU, S. Kevin. Medical image recognition, segmentation and parsing: Machine Learning and Multiple Object Approaches. Amsterdam: Elsevier, 2016. ISBN 978-0-12-802581-9
- [5] ATAM P. DHAWAN. Medical image analysis. 2nd ed. Oxford: Wiley-Blackwell, 2011. ISBN 978-047-0622-056
- [6] WALEK, Petr, Martin LAMOŠ a Jiří JAN. Analýza biomedicínských obrazů: Počítačová cvičení. Brno: Vysoké učení technické v Brně, 2013. ISBN 978-80-214-4792-9
- [7] GONZALEZ, Rafael C. a Richard E. WOODS. Digital image processing. 3rd ed. Upper Saddle River, N.J.: Prentice Hall, c2008. ISBN 978-0-13-168728-8
- [8] HU, Houchun Harry, Jun CHEN a Wei SHEN. Segmentation and quantification of adipose tissue by magnetic resonance imaging. Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine. 2016, 29(2), 259-276. DOI: 10.1007/s10334-015-0498-z. Dostupné z: <http://link.springer.com/10.1007/s10334-015-0498-z>
- [9] GOTRA, Akshat, Lojan SIVAKUMARAN, Gabriel CHARTRAND, et al. Liver segmentation: indications, techniques and future directions. Insights into Imaging. 2017, 8(4), 377-392. DOI: 10.1007/s13244-017-0558-1. Dostupné z: <http://link.springer.com/10.1007/s13244-017-0558-1>
- [10] BANKMAN, ISSAC N. Handbook of medical imaging: process and analysis. 2nd ed, London: Academic, 2008. ISBN 978-012-3739-049
- [11] SPASOJEVIC, Aleksandar, Oliver STOJANOV, Tatjana Loncar TURUKALO a Olivera SVELJO. Estimation of subcutaneous and visceral fat tissue volume on abdominal MR images. 12th Symposium on Neural Network Applications in Electrical Engineering (NEUREL). IEEE, 2014, 217-220. DOI: 10.1109/NEUREL.2014.7011511. Dostupné z: <http://ieeexplore.ieee.org/document/7011511/>

Vedoucí práce:

doc. Ing. Daniel Jiráč, Ph.D.
Fakulta zdravotnických studií

Datum zadání práce:

1. září 2018

Předpokládaný termín odevzdání:

30. června 2019

L, S,

prof. MUDr. Karel Cvachovec, CSc., MBA
děkanprof. MUDr. Karel Cvachovec, CSc., MBA
děkan

V Liberci 30. listopadu 2018

Prohlášení

Byl jsem seznámen s tím, že na mou diplomovou práci se plně vztahuje zákon č. 121/2000 Sb., o právu autorském, zejména § 60 – školní dílo.

Beru na vědomí, že Technická univerzita v Liberci (TUL) nezasahuje do mých autorských práv užitím mé diplomové práce pro vnitřní potřebu TUL.

Užiji-li diplomovou práci nebo poskytnu-li licenci k jejímu využití, jsem si vědom povinnosti informovat o této skutečnosti TUL; v tomto případě má TUL právo ode mne požadovat úhradu nákladů, které vynaložila na vytvoření díla, až do jejich skutečné výše.

Diplomovou práci jsem vypracoval samostatně s použitím uvedené literatury a na základě konzultací s vedoucím mé diplomové práce a konzultantem.

Současně čestně prohlašuji, že tištěná verze práce se shoduje s elektronickou verzí, vloženou do IS STAG.

Datum:

Podpis:

Poděkování

Chtěl bych poděkovat svému konzultantovi Mgr. Petru Šedivému, Ph.D. za odborné rady a připomínky při zpracování této práce, a za poskytnutí prostředků na výzkumném oddělení ZRIR IKEM. Dále bych rád poděkoval doc. Ing. Danielu Jirákoví, Ph.D. za vedení diplomové práce.

Abstrakt

Autor: Bc. Tomáš Souček

Instituce: FZS – Biomedicínské inženýrství

Název práce: Segmentace MR obrazu

Vedoucí práce: doc. Ing. Daniel Jiráček, Ph.D.

Počet stran: 97

Počet příloh: 2

Rok obhajoby: 2019

Anotace: Tato diplomová práce se zaměřuje na segmentaci tukové tkáně a jater v MR snímcích. Teoretická část seznamuje čtenáře s biologií tukové tkáně a jater, principem MR zobrazování a poskytuje široký přehled používaných segmentačních metod. Experimentální část se věnuje testování vybraných metod na reálných datech a jejich porovnání.

Klíčová slova: magnetická rezonance, MR zobrazování, segmentace medicínských snímků

Abstract

Author: Bc. Tomáš Souček

Institution: FZS – Biomedical engineering

Title: Segmentation of MR images

Supervisor: doc. Ing. Daniel Jiráček, Ph.D.

Pages: 97

Appendix: 2

Year: 2019

Annotation: This diploma thesis is focused on segmentation of adipose tissue and liver in MR images. The theoretical part introduces the biology of adipose tissue and liver, principle of MR imaging to readers and provides a wide overview of used segmentation methods. The experimental part of the thesis deals with testing of chosen methods on real data and their comparison.

Keywords: magnetic resonance, MR imaging, medical image segmentation

Obsah

Seznam zkratek	12
1 Úvod	13
2 Teoretická část	15
2.1 Biologie tukové tkáně a jaterní steatózy	15
2.1.1 Tuková tkáň	15
2.1.2 Steatóza jater	17
2.2 Zobrazování magnetickou rezonancí	18
2.2.1 Základní princip	19
2.2.2 Konstrukce přístroje	23
2.2.3 Vznik obrazu	24
2.2.4 MR obraz	26
2.2.5 Typy MR obrazu	28
2.2.6 Základní zobrazovací sekvence	31
2.3 Segmentace obrazu	33
2.3.1 Statistické metody	35
2.3.2 Metody založené na detekci hran	39
2.3.3 Metody založené na regionech	42
2.3.4 Deformovatelné modely	44
2.3.5 Hybridní metody	51
2.3.6 Metody založené na atlasech	54

3	Experimentální část	55
3.1	Průběh vyšetření	55
3.2	Přehled použitých segmentačních softwarů	56
3.2.1	ITK SNAP	56
3.2.2	ImageJ	57
3.2.3	3D Slicer	58
3.2.4	Matlab	59
3.3	Segmentace dat	59
3.3.1	Segmentace tukové tkáně	59
3.3.2	Segmentace jater	65
3.4	Výsledky	70
3.4.1	Segmentace tukové tkáně	70
3.4.2	Segmentace jater	75
3.4.3	Shrnutí	78
4	Diskuse	84
5	Závěr	88
	Literatura	89
6	Seznam příloh	97
A	Tabulky s výsledky segmentací	98

Seznam zkratek

2D	dvourozměrný
3D	trojrozměrný
ANN	Umělé neuronové sítě (Artificial Neural Networks)
BMI	Index tělesné hmotnosti (Body Mass Index)
BW	Šířka frekvenčního pásma (BandWith)
CT	Výpočetní tomografie (Computed Tomography)
DWI	Difuzně vážené MR zobrazení (Difusion-Weighed Imaging)
EKG	Elektrokardiografie (Electrocardiography)
FEG	Gradient frekvenčního kódování (Frequency Encoding Gradient)
FF	Podíl tuku (Fat Fraction)
FID	Signál volné precese (Free Induction Decay)
FOV	Zorné pole (Field Of View)
FT	Fourierova Transformace
GE	Gradietní echo (Gradient Echo)
IR	Inversion Recovery
ITK	Knihovna pro segmentaci obrazu (Insight ToolKit)
MRI	Zobrazování magnetickou rezonancí (Magnetic Resonance Imaging)
MRF	Markovská náhodná pole (Markov Random Fields)
NAFL	Nealkoholové ztučnění jater (Non-Alcoholic Fatty Liver)

NAFLD Nealkoholové jaterní choroby (Non-Alcoholic Fatty Liver Disease)

NEX Počet průměrování (Number of EXcitations)

NMR Nukleární magnetická rezonance (Nuclear Magnetic Resonance)

PDW Proton-denzitně vážený obraz (Proton-Density-Weighted)

PEG Gradient fázového kódování (Phase Encoding Gradient)

PET Pozitronová emisní tomografie (Pozitron-Emission Tomography)

RF Radiofrekvenční

RTG Rentgenový přístroj

SAR Měrný absorbovaný výkon (Specific Absorption Rate)

SD Směrodatná odchylka (Standard Deviation)

SE Spinové echo (Spin Echo)

SNR Poměr signálu a šumu (Signal to Noise Ratio)

SSG Rovinu řezu určující gradient (Slice Selecting Gradient)

T1W T1 časem vážený obraz (T1-Weighted)

T2W T2 časem vážený obraz (T2-Weighted)

TE Echo čas (Time Echo)

TI Inverzní čas (Inversion Time)

TR Repetiční čas (Time Repetition)

TSE Rychlé spinové echo (Turbo Spin Echo)

VTK Knihovna pro vizualizaci 3D grafiky (Visualization ToolKit)

1 Úvod

Obezita je v současnosti nejčastější metabolickou chorobou na světě. Její prevalence se navíc neustále zvyšuje, a roste i mortalita na onemocnění s obezitou spojených. Díky tomu je ve vyspělých zemích toto onemocnění stále velké téma a zabývá se jím mnoho klinických i výzkumných center. Přesná kvantifikace a stanovení distribuce tukové tkáně jsou klíčové úlohy souvisejících epidemiologických studií, ať už jde o studie průřezové (zjišťování prevalence nemoci), korelační (výzkum závislosti výskytu nemoci a rizikového faktoru), nebo longitudinální (časová měření, např. stanovení účinnosti terapie). Tato diplomová práce vznikla ve spolupráci s výzkumným oddělením pracoviště radiodiagnostiky a intervenční radiologie (ZRIR) IKEM, kde je v rámci obdobných probíhajících studií často nutné sledovat u dobrovolníků množství a distribuci tukové tkáně, a stupeň steatózy, tedy podíl triacylglycerolů v játrech.

Pro kvantifikaci tuku i stanovení steatózy jater lze použít několik postupů. V této práci bylo použito zobrazování magnetickou rezonancí, jež má na poli výzkumu v obou případech své místo a je často využíváno. Mezi jeho hlavní výhody patří získání prostorové informace o vnitřních strukturách, absence nebezpečného ionizujícího záření, a vysoká citlivost.

Nejdůležitějším krokem jak při kvantifikaci tukové tkáně, tak při stanovení steatózy z MR snímků je tzv. segmentace. Jde o metodu zpracování obrazu, jež má za úkol oddělit ve snímcích požadované objekty, nebo jejich části, od pozadí. Segmentace medicínských dat je kvůli jejich charakteru velmi specifickou oblastí. Snímky zobrazovacích metod trpí často nízkým kontrastem, nehomogenitami jasu, nebo různými druhy artefaktů. Přesto by segmentace zájmových struktur měla co nejvíce odpovídat skutečnosti. K tomu slouží segmentační algoritmy, kterých je dnes dostupná celá řada. Jsou založeny na různých me-

točách, a každý algoritmus má své výhody a nevýhody a je vhodný pro určitý typ úlohy. Výběr vhodného algoritmu pro daný problém je tak stěžejním bodem celého procesu.

Cílem této diplomové práce je zmapovat existující segmentační algoritmy a zhodnotit jejich výhody a nevýhody. Dále vybrat několik metod vhodných pro segmentaci tukové tkáně a jater a ty pomocí dostupných segmentačních nástrojů otestovat na reálných datech. Závěrem práce je srovnání testovaných metod a podání doporučení pro optimalizaci segmentačního procesu na ZRIR IKEM.

2 Teoretická část

2.1 Biologie tukové tkáně a jaterní steatózy

2.1.1 Tuková tkáň

Tuková tkáň se z histologického hlediska řadí mezi pojivové tkáně. Tvoří ji tukové buňky, tzv. *adipocyty*, které jsou spojeny neuspořádaným kolagenním vazivem. Dále se může tuk usazovat ve formě tukových kapének v buňkách mnoha orgánů. Jde o metabolicky aktivní buňky, které reagují na nervové i hormonální podněty a jsou zdrojem řady hormonů, zá-
nětlivých mediátorů, nebo růstových faktorů. Proto se tuková tkáň považuje za endokrinní orgán, který hraje významnou roli v regulaci metabolismu. Dále slouží pro uskladnění energetických zásob (ve formě triglycerolů), zajištění tepelné izolace těla a mechanickou ochranu orgánů [1].

Fyziologicky představuje tuková tkáň přibližně 20 % hmotnosti u mužů, a kolem 30 % u žen. Při vyšším podílu tuku se mluví o nadváze až obezitě. Obezita vzniká pozitivní energetickou bilancí u lidí s genetickou predispozicí. Světová zdravotnická organizace ji definuje jako nadměrné ukládání tuku v těle, kdy body mass index (BMI) přesáhne hodnotu 30 kg/m². Nicméně je dokázáno, že riziko metabolických a kardiovaskulárních komplikací závisí spíše než na distribuci tukové tkáně, než na relativní hmotnosti pacienta [2, 3]. Hromadění tuku uvnitř břišní dutiny, které je spojené s vyšším rizikem následných komplikací, se nazývá tzv. *viscerální* (androidní) obezita a vyskytuje se typicky u mužů. Pro svůj specifický vzhled bývá tento typ označován jako „obezita tvaru jablka“. Naopak zbytnění tzv. *subkutánního* (podkožního) tuku je projevem gynoidní obezity, kterou trpí častěji ženy. V tomto případě se tuk usazuje častěji na bocích, hýždích a stehnech, díky

Obvod pasu	muži – nad 102 cm
	ženy – nad 88 cm
HDL-cholesterol	muži – pod 1,0 mmol/l
	ženy – pod 1,3 mmol/l
Triglyceridy	nad 1,7 mmol/l
	nebo farmakoterapie
Krevní tlak	130/85 mm Hg
	nebo farmakoterapie
Glykemie	nad 5,6 mmol/l
	nebo farmakoterapie

Tabulka 2.1: Kritéria metabolického syndromu [4]

čemuž připomíná postava tvar hrušky. Tento typ obezity s vyšším rizikem doprovodných onemocnění spojován není.

Komplikace doprovázející abdominální obezitu jsou nejčastěji diabetes mellitus 2. typu (inzulinová rezistence, porucha glukóзовé tolerance), hypertenze, snížená hladina HDL cholesterolu a hypertriglyceridemie. Tato onemocnění se často vyskytují současně a společně tvoří tzv. *metabolický syndrom*, jehož diagnóza pomáhá identifikovat nejvíce ohrožené jedince. V tabulce 2.1 jsou kritéria stanovení metabolického syndromu. Ačkoliv podle poslední definice (z roku 2009) není abdominální obezita nutnou podmínkou výskytu metabolického syndromu, stále jde o nejčastější symptom. Její ověření podle definice se provádí měřením obvodu pasu. Pro přesnější stanovení množství abdominálního tuku se v klinické praxi používají různá antropometrická měření, elektrická impedanční tomografie, nebo duální rentgenová absorpciometrie. Ve výzkumných studiích je však nutná mnohem větší přesnost kvantifikace i rozlišení distribuce tukové tkáně. Z toho důvodu se používá výhradně výpočetní tomografie (CT) a zobrazování magnetickou rezonancí (MRI) [2, 3, 4, 5].

2.1.2 Steatóza jater

S množstvím tukové tkáně souvisí také jaterní steatóza. To je onemocnění vznikající při nadměrné akumulaci tuku v játrech, přičemž jsou tukové kapénky přítomny ve více než 5 % hepatocytů (klasifikace steatózy viz tabulka 2.2). Už dlouhou dobu je známo, že je steatóza prvním známkou poškození jater při nadměrné konzumaci alkoholu. V posledních desítkách let však významně přibývá lidí (některé studie uvádí až 20 % populace), kteří trpí steatózou a alkohol nepožívají vůbec, nebo jen velmi málo. Pro toto onemocnění se ustálil název *nealkoholové ztučnění jater* (NAFL – nonalcoholic fatty liver), a je prvním stupněm řady onemocnění označovaných souhrnně *nealkoholové jaterní choroby* (NAFLD – nonalcoholic fatty liver disease). Mezi tyto choroby patří prostá jaterní steatóza, steatohepatitida, fibróza, cirhóza a hepatocelulární karcinom [6].

Podíl postižených hepatocytů	Stupeň steatózy
<5 %	0
5–33 %	1
33–66 %	2
>66 %	3

Tabulka 2.2: Klasifikace steatózy podle Kleinera et al [6]

Steatóza byla dříve vnímána jako benigní onemocnění, v některých případech však progreduje od asymptomatické formy v jaterní cirhózu s nutností transplantace jater. Vyskytuje se často u lidí s abdominální obezitou, diabetem 2. typu, arteriální hypertenzí a hypertriglyceridemií, tedy u lidí trpících metabolickým syndromem. Steatóza proto bývá označována za jeho jaterní projev. Je tedy zároveň spojena s rizikem kardiovaskulárních onemocnění, které mohou pacienta ohrozit více než samotné jaterní poškození.

Základním předpokladem pro diagnostiku NAFLD je vyloučení jiných možných příčin poškození jater např. alkoholový původ (vyloučení konzumace alkoholu nad 20 g/den), chronickou hepatitidu C, hemochromatózu, Wilsonovu chorobu, nebo polékové jaterní poškození. Diagnostické metody jsou pak invazivní, kam spadá biopsie, nebo neinvazivní.

Mezi ty patří zobrazovací metody jako ultrasonografie, CT, MRI, nebo MR spektroskopie. Ultrazvuk má senzitivitu a specifitu v rozmezí 80–94 %, ale není kvantitativní. CT má citlivost 70–80 % u steatózy s větším podílem než 33 %, při menším podílu citlivost klesá, a přístroj navíc využívá nebezpečné ionizující záření. Magnetická rezonance používá dvě metody, obě spojuje vysoká přesnost, ale také vyšší cena, nebo horší dostupnost vyšetření. MR spektroskopie je nejpřesnější metodou kvantifikace steatózy, její nevýhody však spočívají v délce vyšetření, a hlavně ve skutečnosti, že kvantifikace pochází z malé části jater a nelze reflektovat nehomogenity v distribuci steatózy. MR zobrazování má citlivost 90–97 %. Kvantifikace steatózy se provádí z tzv. *tukových map* (fat maps). Výhodou této metody je, že při vhodném zpracování dává možnost hodnocení celého objemu jater [3, 7].

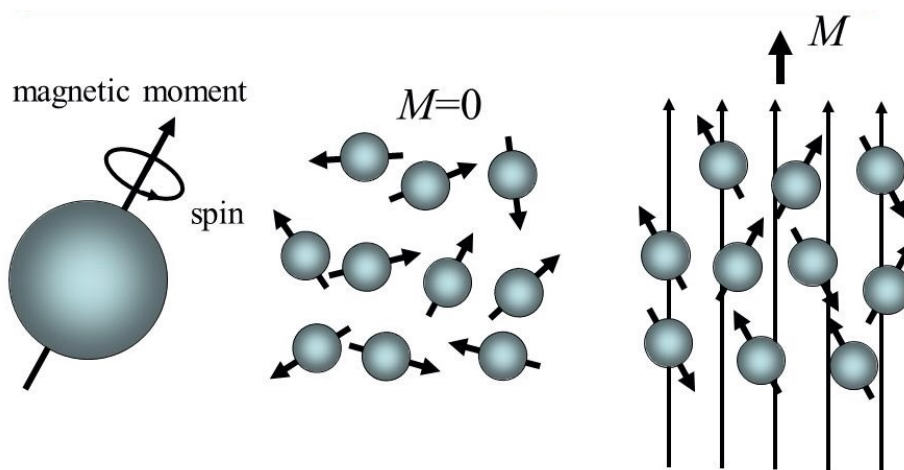
2.2 Zobrazování magnetickou rezonancí

Magnetická rezonance (MRI – z angl. Magnetic Resonance Imaging) je jedna z nejmodernějších zobrazovacích metod používaných ve zdravotnictví. Pro medicínské účely se začala využívat během 80. let 20. století, od té doby se neustále zdokonaluje a její význam v medicíně roste. Tato neinvazivní metoda se používá nejen k zobrazování vnitřních struktur (převážně měkkých tkání), ale poskytuje i informace o probíhajících biochemických procesech. Je tedy unikátní v tom, že kromě konvenčního zobrazování nabízí další modalit jako MR spektroskopii, angiografii, funkční zobrazení, difuzní zobrazení, nebo perfuzní zobrazení. Druhou velkou výhodou oproti dalším používaným metodám (RTG, CT, PET) je absence škodlivého ionizujícího záření. Je založená na detekci distribuce a chování atomových jader v silném magnetickém poli, a využívá při tom jevu Nukleární magnetické rezonance (NMR). Pro zjednodušení bude základní princip popsán z makroskopického hlediska. Detailněji, s využitím kvantové mechaniky se problematice věnuje [8, 9].

2.2.1 Základní princip

Chování atomových jader v magnetickém poli

Mezi základní vlastnosti každé elementární částice patří tzv. *spin* (S), který vyjadřuje vnitřní moment hybnosti částice. V případě nenulového spinu vzniká v okolí částice slabé magnetické pole charakterizované magnetickým momentem μ . Velikost magnetického momentu je úměrná spinu jádra, přičemž konstantou úměrnosti je gyromagnetická konstanta γ . Ta je charakteristická pro každé jádro izotopu. Vlastnosti a chování atomových jader v magnetickém poli pak závisí na jejich složení, nejlépe měřitelná jsou jádra s lichým nukleonovým číslem např. 1H , ^{13}C , ^{15}N , ^{19}F a ^{31}P . Nejvíce se pro zobrazování magnetickou rezonancí používají jádra izotopu vodíku 1H (proto se někdy mluví o protonové 1H MR), vzhledem k četnosti jeho zastoupení v lidském organismu a vysoké senzitivitě charakterizované jeho velkým gyromagnetickým poměrem γ .



Obrázek 2.1: Změna orientace magnetických momentů po vložení do magnetického pole [19]

Provede-li se součet všech magnetických momentů molekul ve vzorku, obdrží se výsledný vektor *magnetizace* M . Orientace jednotlivých polí jader ve vzorku se v čase zcela náhodně mění a celkový vektor magnetizace je roven nule. Pokud jsou atomová jádra vystavena vnějšímu magnetickému poli B_0 , magnetické momenty se orientují paralelně (rovnoběžně), nebo antiparalelně (v protisměru) s vnějším magnetickým polem. Obě ori-

entace jsou téměř stejně pravděpodobné, nicméně stav v paralelním směru je energeticky méně náročnější a jader v tomto stavu tedy bude víc. Přesněji jde o sedm protonů na každých milion protonů při pokojové teplotě a vnějším magnetickém poli o síle 1 T. Tento rozdíl pak způsobí nenulovou velikost vektoru magnetizace s orientací ve směru pole B_0 , jak je znázorněno na obr. 2.1.

Atomová jádra také vykonávají tzv. precesní pohyb (vektor magnetického momentu opisuje plášť kužele) kolem osy ve směru vnějšího pole. Frekvence s níž jádra konají tento pohyb se nazývá *Larmorova frekvence*, a pro její velikost platí:

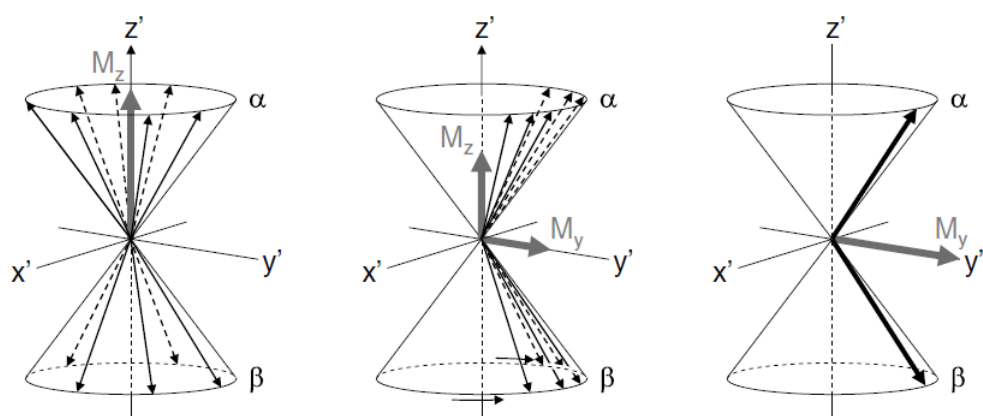
$$f_0 = \frac{\gamma B_0}{2\pi} ; \omega_0 = \gamma B_0 , \quad (2.1)$$

kde f_0 je Larmorova frekvence, γ gyromagnetická konstanta, B_0 velikost vnějšího magnetického pole a ω_0 někdy častěji používaná úhlová Larmorova frekvence. Každé jádro má jinou fázi precesního pohybu a tudíž se příčné složky magnetizace odečtou a celkový vektor magnetizace zůstane rovnoběžný s polem B_0 [10, 12].

Jev nukleární magnetické rezonance

Základní princip fungování MRI je založen na jevu magnetické rezonance. Předpokladem jeho vzniku je, že sledovaná atomová jádra jsou umístěna v magnetickém poli a vykonávají precesní pohyb o známé frekvenci. K rezonanci dojde, pokud se poté vyšle elektromagnetický pulz právě s Larmorovou frekvencí kolmo k vnějšímu magnetickému poli. Následkem toho dojde ke dvěma procesům. Při jejich popisu bude přiblížen i kvantově mechanický pohled. První reakcí je, že některá jádra část energie pohltní, a dojde k jejich excitaci na vyšší energetickou hladinu (přechod z paralelní orientace do antiparalelní přesně odpovídá energii elektromagnetického záření s Larmorovou frekvencí). Tím se částečně, nebo úplně vyrovnají populace momentů obou orientací a výsledná *longitudinální* (podélná) *magnetizace* bude nulová. Druhým procesem je sfázování všech magnetických momentů, což způsobí nárůst magnetizace v příčném směru - *transverzální magnetizace*. V souhrnu tedy dojde ke sklopení celkové magnetizace M , jak je vidět na obr. 2.2. Míra sklopení závisí na amplitudě a délce trvání aplikovaného pulzu. Rezonanční frekvence a tudíž i frekvence pulzu obvykle spadá do frekvenčního rozsahu radiových vln (např. 1H

má při síle magnetického pole 1 T rezonanční frekvenci 42,6 MHz), excitační pulzy se proto často označují jako radio frekvenční (RF) pulzy [10, 12].

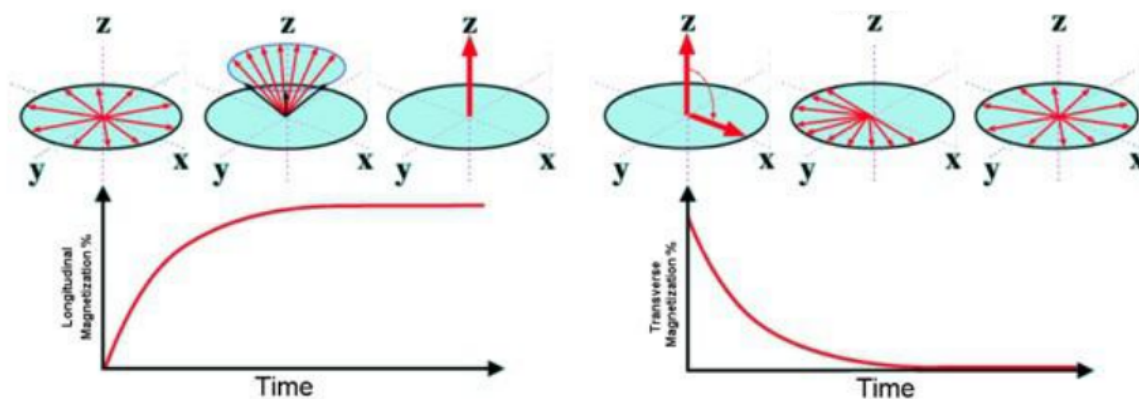


Obrázek 2.2: Průběh excitace - M_z - podélná magnetizace, M_y - příčná magnetizace [20]

Relaxace

Okamžitě po odeznění RF pulzu se vektor magnetizace vrací do původního stavu. Tento proces se nazývá relaxace. Dochází při ní k emisi energie ve formě elektromagnetického záření, jež je následně snímán jako užitečný signál. Na celkové relaxaci se podílejí dva na sobě nezávislé relaxační mechanismy, a to T_1 (spin-mřížková, longitudinální) relaxace a T_2 (spin-spinová, transverzální) relaxace.

T_1 relaxace Vybuzená jádra se vrací zpět na nižší energetickou hladinu a jejich magnetické momenty zaujmají opět paralelní orientaci s vnějším polem B_0 . Při přechodu se jádra zbavují přebytečné energie prostřednictvím tzv. spin-mřížkové interakce (odtud spin-mřížková relaxace), kdy dochází k přenosu energie do okolí - atomové mřížky. Makroskopicky se přechod projeví exponenciálním nárůstem podélné magnetizace, jak je znázorněno v obr. 2.3. Rychlost relaxace je popsána časovou konstantou T_1 , která udává dobu od skončení působení RF pulzu potřebnou k dosažení 63 % původní velikosti podélné magnetizace. Velikost této konstanty se pohybuje v rozmezí 150–3000 ms a závisí např. na pohyblivosti jader, chemických vazbách, ale i na velikosti vnějšího magnetického pole B_0 .



Obrázek 2.3: Průběh T_1 relaxace (vlevo) a T_2 relaxace (vpravo) [21]

T_2 relaxace Druhý relaxační mechanismus je způsobený spin-spinovou interakcí, při níž na sebe vzájemně působí magnetické momenty jednotlivých excitovaných jader. Důsledkem toho dochází ke ztrátě fázové kohorence magnetických momentů a exponenciálnímu poklesu transverzální magnetizace. Schématické naznačení T_2 relaxace je na obr. 2.3. Relaxační doba T_2 je v porovnání s časem T_1 kratší, obvykle dosahuje 30–200 ms. Vyjadřuje dobu, za kterou, vlivem spin-spinových interakcí, klesne příčná magnetizace z maxima na 37 % své původní hodnoty. Reálně však příčná magnetizace klesá rychleji, což je způsobeno nehomogenitami vnějšího pole B_0 . Pro vyjádření této doby se zavedl kratší T_2^* relaxační čas.

Detekce signálu Aplikací RF pulzu se docílí stavu, kdy je vektor magnetizace sklopen do roviny xy (kolmé k hlavní ose z), a není tak maskován mnohem větším vnějším magnetickým polem. Umístíme-li poté v době relaxace do roviny xy přijímací cívku, bude docházet vlivem precesního pohybu transverzální magnetizace k indukci střídavého proudu. Získaný signál je označován zkratkou *FID* z anglického Free Induction Decay. Je složen harmonických funkcí o Larmorově frekvenci excitovaných jader a exponenciálně klesající funkce reprezentující relaxaci jader. Pomocí Fourierovy transformace je následně možné získat jednotlivé frekvence a fáze zastoupené v signálu, a podle nich lokalizovat místo jeho původu viz kapitola 2.2.3.

2.2.2 Konstrukce přístroje

Mezi základní části MR patří hlavní magnet, gradientní a korekční systém, radiofrekvenční systém, chladicí systém, výpočetní systém a konzole MR přístroje.

Hlavní magnet je zdrojem statického magnetického pole B_0 . Toto pole je možné vytvořit permanentním magnetem, rezistivním elektromagnetem, nebo dnes nejvíce používaným supravodivým elektromagnetem. Permanentní magnety a rezistivní elektromagnety se kvůli svým nevýhodám (jejichž význam se zvyšuje se silou magnetického pole) používají prakticky jen pro systémy s nízkým magnetickým polem (do 0.3 T). Pro vytvoření magnetických polí nad 0.3 T se využívají primárně supravodivé magnety. Ty jsou tvořeny cívkou ze speciálního materiálu (často Nb-Ti), která je chlazená tekutým heliem o absolutní teplotě přibližně 4 K. Nejčastější velikosti používaných polí v klinické praxi jsou 1.5 T a 3 T, ač existují i vyšší – 7 T a 9,4 T používané ve vědeckých centrech.

Gradientní systém tvoří soustava gradientních cívek a slouží k pozičnímu kódování, které je popsáno v kapitole 2.2.3. Mezi nejdůležitější parametry systému patří amplituda gradientu magnetického pole (dnes až 80 mT/m), která charakterizuje maximální rozlišení a tzv. *slew rate*, který udává rychlost náběhu gradientu. Tento parametr dosahuje hodnot až 200 mT/m/ms a přímo ovlivňuje maximální rychlost měření.

Smyslem korekčního systému je korekce nehomogenit magnetického pole B_0 pomocí tzv. *shimování*. Systém tvoří shimovací cívky, které vyrovnávají nehomogenity vznikající během samotného vyšetření. Po umístění pacienta do magnetického pole totiž dochází k malému narušení homogenity, nejvíce na rozhraních materiálů a tkání (tkáň/vzduch) vlivem jejich rozdílné susceptibility. Tyto odchylky pak vedou ke ztrátě části signálu v důsledku odchylek od Larmorovy frekvence, a ke zkracování T_2^* času (rychlejšímu útlumu FID signálu).

Radiofrekvenční systém zahrnuje vysílací a přijímací cívku. Vysílací cívka generuje excitační elektromagnetické pole B_1 (RF pulzy) o zvolené frekvenci, amplitudě a délce. Přijímací cívka během následující relaxace (popsané v kapitole 2.2.1) detekuje emitovaný signál. Cívky dnes už často pomocí rychlého přepínání dokáží pracovat v obou režimech, typické to je u celotělových cívek. Čistě přijímací pak bývají cívky povrchové.

vé, které se umísťují co nejbližší vyšetřované oblasti a jsou často tvarově optimalizované pro danou anatomickou strukturu (cívky hlavové, končetinové, ramenní, atd.). Ty také následně vykazují ve snímaném signálu o poznání lepší poměr signál/šum (SNR). Důležitým parametrem je počet snímacích kanálů, jelikož s ním také roste odstup signálu od šumu. Standardem bývá 16, nebo 32 kanálů, nicméně některé cívky disponují až 256 kanály.

Důležitou částí je také stínění, které chrání MR přístroj před elektromagnetickým rušením z okolí a zároveň okolí vyšetřovny před RF pulzy a silným magnetickým polem MR přístroje. Je provedeno pasivně pomocí stínících krytů a plátů, nebo aktivně prostřednictvím cívky generující vnější inverzní magnetické pole. Dalšími komponentami jsou posuvné lůžko pohybující s pacientem a výkoný počítač pro zpracování získaných signálů [11].

2.2.3 Vznik obrazu

Detekovaný signál je nutné pro získání výsledného MR snímku dále zpracovat. Následující kapitola představuje shrnutí těchto procesů vedoucích ke vzniku obrazu.

Poziční kódování

Pro zjištění odkud z prostoru zachycený signál pochází, slouží poziční kódování. Je zajištěno 3 systémy gradientních cívek, jež vytváří v osách x, y a z tzv. *gradientní pole* označovaná G_x, G_y a G_z . Tato pole se superponují na hlavní pole B_0 a lineárně mění jeho indukci (řádově jde o desítky mT/m) a jak vyplývá z rovnice 2.1, tak také rezonanční frekvenci jader v tomto poli. Tímto mechanismem lze kódovat pozici každého voxelu ve sledovaném prostoru.

První bývá spínaný gradient G_z jinak označovaný jako Slice Selecting Gradient (SSG). Pokud tento gradient sepne v okamžiku vyslání RF pulzu, bude zajištěna excitace pouze zvolené vrstvy atomových jader, jejichž rezonanční frekvence bude odpovídat frekvenci pulzu. Volbou této frekvence tudíž lze vybírat zobrazovaná rovina. Při kombinaci všech tří gradientních systémů pak lze zobrazit libovolnou rovinu ve snímaném prostoru. Tloušťka vybraného řezu se pak dá regulovat strmostí gradientního pole, nebo šířkou frekvenčního pásma RF pulzu.

Pro úplnou informaci je dále potřeba kódovat řádky a sloupce v jednotlivých řezech. K tomu slouží tzv. *fázové kódování* (PEG – Phase Encoding Gradient) a *frekvenční kódování* (FEG – Frequency Encoding Gradient). PEG je gradient v ose y , který se zapíná na krátkou chvíli před snímáním signálu. Díky lineárně rostoucímu magnetickému poli konají atomová jádra v každém řádku precesní pohyb s jinou frekvencí. Po vypnutí tohoto pole se frekvence opět sjednotí, ovšem fáze precese se budou lišit v závislosti na umístění. Kódování v ose x pak zajišťuje FEG. Působením gradientního pole se znovu změní Larmorova frekvence, která tentokrát ve snímaném signálu označuje jednotlivé sloupce v řezu. Každý voxel v řezu je poté jednoznačně určen kombinací frekvencí a fází precesního pohybu jím obsažených částic. Zachycený FID signál je tedy složen ze sinusovek jejichž frekvence a fáze kódují místo vzniku, a jejich amplituda pak odpovídá četnosti výskytu částic v tomto místě [11, 12].

Rekonstrukce obrazu

Doba trvání gradientu G_x charakterizuje dobu snímání analogového signálu. Tento signál je poté diskretizován se vzorkovací periodou ΔT_s a uložen do 2D matice, tzv. k-prostoru. Uložením signálu je získán jeden pohled „scénu“, další jsou získány opakováním celé excitační sekvence, pouze s aplikací rozdílného gradientu G_y (změna amplitudy, nebo aplikačního času). Opakování je potřeba provést tolikrát, kolik je požadováno řádků matice. Tento počet je dán požadovaným rozlišením v ose y , rozlišení v ose x určuje počet vzorků snímaného signálu. Po naplnění k-prostoru se k získání MR snímku musí provést inverzní Fourierova transformace. V případě 2D měření se provádí $2D FT^{-1}$, v případě 3D měření pak $3D FT^{-1}$.

Na vlastnostech samotného k-prostoru dále závisí formování výsledného MR obrazu. K-prostor je symetrický kolem svého středu, čehož lze využít omezením měření na polovinu dat (zpravidla více než polovinu) a zbytek dat dopočítat s částečným poklesem kvality obrazu. Této technice se říká tzv. *Half* (poloviční) *Fourier* a slouží tedy pro zkrácení času měření. K-prostor dále obsahuje nízké frekvence (informace o kontrastu a hlavních rysech obrazu) kolem svého středu, a vysoké frekvence (rozlišení obrazu, ostré hrany) na okrajích. Ztráta dat kolem středu tak způsobí skoro úplnou ztrátu obrazu, zatímco ztráta z kraje

jen jeho rozmazání. V neposlední řadě hraje roli jakým způsobem (trajektorií) je k-prostor plněn [12].

2.2.4 MR obraz

MR obraz je zobrazením fyzikálních a chemických vlastností vnitřních struktur pacienta. Tyto vlastnosti jsou váženy základními čtyřmi parametry – hustotou protonových jader, T_1 relaxačním časem, T_2 (T_2^*) relaxačním časem a difuzí protonů. Zobrazení těchto vlastností (jejich kombinace) je kódováno do stupně šedi. Samotný obraz je tvořen 2D maticí bodů, kde je každému bodu přiřazena intenzita šedi podle vlastností jemu odpovídajícího objemu tkáně. Rozlišení obrazu bývá menší v porovnání s CT, typicky 256×256 bodů, i méně. Bitová hloubka je pak nejčastěji 16bitová, což odpovídá 65 536 stupňům šedi.

Pro archivaci obrazu se většinou používá formát *DICOM* (Digital Imaging and Communications in Medicine) s příponou *.dcm, nebo *.dc3. Narozdíl od dalších formátů (Analyze, Interfile) používá pouze jeden soubor pro ukládání obrazových dat (číselné hodnoty jednotlivých pixelů) i metadat. Metadata jsou v hlavičce umístěné doplňující informace, např. údaje pacienta, rozlišení a bitová hloubka obrazu, tloušťka řezu, použitá sekvence a její parametry, informace o zařízení atd. DICOM nepředstavuje pouze ukládací formát, nýbrž i definuje standard pro ukládání a přenos medicínských obrazů (např. protokoly používané při síťových komunikacích), což by mělo vést k zajištění kompatibility všech zařízení. Mezi další používané formáty patří již zmíněné Analyze a Interfile, nebo Nifty [13].

Parametry ovlivňující kvalitu obrazu

Mezi základní charakteristiky zobrazování MR patří kromě časového rozlišení (doba skenování) a prostorového rozlišení (velikost voxelu) také rozlišení kontrastní, které je důležité při objektivním hodnocení kvality obrazu. Když je podle požadovaného kontrastu zvolena vhodná sekvence a její parametry (repetiční čas TR, echo čas TE, sklápěcí úhel), jako hlavní měřítko kvality obrazu se používá poměr signálu a šumu (SNR). Tento poměr můžeme řídit několika parametry. Prvním a v praxi nejčastěji modifikovaným je velikost voxelu, která je dána tloušťkou řezu a velikostí zobrazovaného pixelu. Čím větší je voxel,

tím více obsahuje spinů a tím bude větší podíl signálu v SNR. Jednou cestou zvýšení SNR je tak větší tloušťka řezu, přičemž závislost je lineární. Druhá cesta představuje zvětšení velikosti pixelu, která je určena podílem velikosti zorného pole *FOV* (z angl. Field Of View) a rozměrem akviziční matice. Rozměry matice jsou dány počtem vzorků frekvenčního kódování N_x a počtem kroků fázového kódování N_y . Při změně FOV, nebo rozměrů akviziční matice se pak SNR mění kvadraticky. Zvětšení voxelu však zároveň zmenšuje prostorové rozlišení. Dalším parametrem je šířka pásma přijímače *BW* (Bandwidth). Poměr SNR je nepřímo úměrný odmocnině BW. Úzkopásmový režim však vyžaduje delší čas vzorkování signálu, čímž se zvětšuje minimální hodnota TE a roste tak časové rozlišení. Posledním parametrem, který zde bude zmíněn, je parametr průměrování dat *NEX* (Number of Excitations). Ten vyjadřuje počet opakování sekvencí se stejným gradientem G_y . Opakované části sekvence se průměrují, což vede ke zlepšení SNR. Při zvýšení počtu opakování však úměrně roste doba akvizice, zatímco SNR jen s koeficientem $\sqrt{2}$ [12, 14].

Artefakty

Během celého procesu MR zobrazování může dojít k tvorbě řady artefaktů, které snižují diagnostickou informaci obrazu. Jejich identifikace je důležitá pro případnou kompenzaci, či alespoň minimalizaci vlivu.

Mezi nejčastější patří artefakty pohybové. Vznikají změnou scény při akvizici dat (pohyb pacienta, respirace, polykání), která vede bez ohledu na směr pohybu ke zkreslení signálu ve směru fázového kódování. V samotném obraze se chyby projeví tzv. *ghost artefakty*, což jsou zduplikované obrysy pohybující se části. Řešením mohou být hlasové instrukce pacientovi, omezení oblasti zájmu povrchovými cívkami, použití rychlých sekvencí, nebo měření na základě detekce EKG, nebo dechu. Další častý artefakt vzniká vlivem tzv. *chemického posunu* (chemical shift). Chemický posun vyjadřuje změnu Larmorovy frekvence v důsledku působení lokálních magnetických polí vytvořených okolními částicemi. Jádra různých molekul tedy budou mít různé frekvence precese. Při měření na tkáňovém rozhraní (typicky tuk-voda) pak dochází k posuvu zobrazení anatomie, což se může projevit jako světlé (tmavé) pásy v šířce několika pixelů. Nejběžnějším řešením je použití techniky pro potlačení signálu tuku. Významnost artefaktu dále klesá s menším

vnějším magnetickým polem B_0 a s větší šířkou pásma přijímače BW.

Artefakt označovaný jako tzv. *phase wrapping* je způsoben chybným prostorovým zařazením objektů, které leží mimo oblast FOV, v důsledku periodicity FT. K tomu může dojít jak ve frekvenčním tak ve fázovém kódování, nicméně ve frekvenčním kódování se lze chyb zbavit pomocí antialiasingového filtru, nebo oversamplingu při digitalizaci signálu. Části měřených objektů, které leží mimo FOV, jsou kódovány fází mimo interval $\langle 0;360 \rangle$ stupňů. Dojde tak k překlopení fáze do toho intervalu a následně její nesprávné interpretace a chybně přiřazené poloze. Typicky se tento artefakt projevuje zobrazením části objektu (umístěného mimo FOV) na opačné straně MR obrazu. Nejjednodušším řešením je zvětšení FOV tak, aby se do něj vešel celý objekt. Dále lze artefakty eliminovat použitím povrchové cívky, nebo speciálními technikami frekvenčního převzorkování.

Dále mohou být artefakty způsobeny nevhodně zvolenou tloušťkou řezů, nebo jejich rozestupy. U příliš velké tloušťky vzniká tzv. *partial volume* artefakt. Pokud je tloušťka řezu příliš velká, některé menší struktury mohou být kompletně obsaženy v jednom řezu. V tom případě se jejich kontrast zprůměruje s kontrastem okolí v tomto voxelu a struktura tak může v obraze zaniknout. Naopak u příliš tenkých řezů dochází ke snížení kvality obrazu. Jelikož je ve vyšetřovaném řezu obsaženo méně měřených spinů, snižuje se úměrně tomu SNR. Dále může při malých rozestupech snímaných řezů docházet k vzájemnému ovlivňování na sebe navazujících vrstev. Řešením je větší separační oblast mezi řezy, nebo vhodná prokládaná akvizice, kdy se měří nejprve liché řezy a poté sudé. Další artefakty mohou být způsobeny RF šumem, kovovými implantáty, nebo výřivými proudy [12].

2.2.5 Typy MR obrazu

Pro získání výsledného MR obrazu se prakticky nepoužívá jeden samotný RF pulz, ale řada opakujících se RF pulzů tvořící tzv. *pulzní sekvenci*. Těchto sekvencí existuje velké množství a navzájem se liší např. počtem RF pulzů, jejich načasováním, sklápěcím úhlem a použitím magnetických gradientů, díky čemuž je každá sekvence specifická a tomu odpovídá její použití. Mezi základní parametry sekvencí patří repetiční čas TR (z angl. time repetition) a echo čas TE (z angl. time echo). Čas TR je definován jako čas mezi dvěma RF pulzy a čas TE jako doba mezi excitačním RF pulzem a náběrem dat. Volbou těchto časů

lze velmi výrazně ovlivňovat kontrast výsledných MR obrazů. Jinými slovy lze výsledný kontrast vážit, a to podle T_1 a T_2 (T_2^*) času, podle protonové hustoty jader, difuze, perfuze, nebo susceptibility [11, 12].

T1W obraz

T_1 vážený (T1W - z angl. T1-Weighted) obraz maximalizuje vliv času T_1 na výsledný kontrast. To je prakticky provedeno sekvencí s krátkým časem TR (do 600 ms) a krátkým časem TE (do 30 ms). Jak už bylo zmíněno v kapitole 2.2.1, snímání signálu reprezentuje jen transversální relaxaci. Pomocí dalšího RF pulzu v ní ale můžeme relaxaci T_1 zachytit. Pokud bude pulz vyslán v době, kdy se ještě longitudinální magnetizace neobnovila celá, po sklopení do kolmé osy začne relaxace T_2 probíhat s nižší počáteční hodnotou M_y . Díky této různé počáteční hodnotě můžeme po nasnímání signálu rozeznat diferenci (znatelnější při nižším TE) mezi jednotlivými tkáněmi.

Čas T_1 vyjadřuje schopnost atomových jader předávat energii na okolní mřížku. Tato schopnost roste s tím, jak se tepelný pohyb částic v mřížce blíží Larmorově frekvenci ω_0 . Frekvenčně nejbližší termální pohyb mají protony v tukové tkáni (předají tedy energii nejrychleji) a tuk tedy bude pro T_1 vážený obraz hypersignální. Nižší intenzitou v obraze se pak projeví postupně voda vázaná na hydrofilní molekuly, tkáňový parenchym a nejméně volná voda. Obecně se T_1 vážený obraz používá k přesnému anatomickému zobrazení [12].

T2W obraz

T_2 (T_2^*) vážený obraz maximalizuje vliv času T_2 . Toho se docílí, bude-li TR čas sekvence delší než relaxace T_1 (obecně nad 1800 ms), a zároveň echo čas TE dlouhý (nad 50 ms), tak aby se signál snímal v době vyšší difference mezi tkáněmi. Na takto váženém obraze pak mají vysokou intenzitu tkáně s dlouhým T_2 časem. Čas T_2 charakterizuje rychlost ztráty fázové koherence magnetických momentů jader v důsledku spin-spinových interakcí. U tekutin mají tyto interakce vzhledem k větším vzájemným vzdálenostem jader menší vliv. Jejich čas T_2 tedy bude delší a intenzita v obraze větší. Přesně naopak to bude u tuku, resp. tkáňového parenchymu, kde je interakcí podstatně více. T_2 vážené obrazy obecně

lépe zachycují tkáňová rozhraní a mají tedy lepší výpovědní hodnotu při hodnocení patologických procesů.

PDW obraz

Při PD vážení (z angl. Proton Density) se narušil od předchozích příkladů nevychází z časové charakteristiky relaxace, ale z protonové hustoty. Sekvence má dlouhý TR čas pro eliminaci vlivu T_1 relaxace a krátký TE čas pro snížení vlivu T_2 relaxace. Výsledkem je, že nejjasněji se v obraze zobrazí tkáň s vysokou hustotou protonů. Tento typ vážení se používá často při zobrazování muskuloskeletálního systému.

DWI obraz

Difuzně vážený obraz (DWI - Diffusion-Weighted Imaging) umožňuje zobrazení difuze vody ve tkáni. Díky přidanému gradientu se symetrickým časovým průběhem se fáze stacionárních jader rozfázují a poté opět sfázují, takže u nich nedojde k úbytku emitovaného signálu. U jader s vyšší difuzí však nedojde k úplnému sfázování, což se už na intenzitě signálu projeví. Ve výsledném obraze se pak oblasti s vyšší difuzí jeví jako hypointenzní. Tento typ obrazu poskytuje nejlepší kontrast obecně v případech, kdy dochází k omezené prostupnosti vody, například při akutní ischemii, nebo hematomu [11, 15].

Tukové mapy

Pro určení obsahu tuku pomocí MRI se používají tzv. *tukové mapy* (fat maps), které lze získat oddělením signálu tuku a signálu vody. Toho je dosaženo užitím Dixonovy techniky (dual echo, two-point Dixon) poprvé popsané v [16], kdy jsou během jedné akvizice za pomoci dvou echo časů získány dva obrazy, které zachycují chemický posun vody a tuku. Metoda vychází z předpokladu, že jeden obraz je tvořen jejich signály ve fázi (in-phase, IP), tedy součtem jejich amplitud a druhý signály v protifázi (out-of-phase, OP), kde se amplitudy odečítají. Z tohoto předpokladu lze jednoduchým způsobem odvodit vzorce pro rekonstrukci map tuku (F) a vody (W):

$$F = \frac{IP - OP}{2}, \quad W = \frac{IP + OP}{2}. \quad (2.2)$$

Tato metoda však umožňuje hodnocení podílu tuku pouze v rozsahu 0–50 %. Mnohem více se tak využívá technika multiecho Dixon a další echniky, které z ní vychází. Tato metoda využívá vícečetných ech a kromě amplitudy i informaci o fázi, díky čemuž dokáže lépe oddělit signál tuku a vody. Dynamický rozsah je pak 0–100 %. Výpočet podílu tuku FF (Fat Fraction) je pak podle vzorce:

$$FF = \frac{Sf}{Sw + Sf} , \quad (2.3)$$

kde Sf je intenzita signálu tuku a Sw je intenzita signálu vody. Od původní Dixonovy techniky bylo odvozeno mnoho modifikací, o kterých více pojednávají například [17, 18].

2.2.6 Základní zobrazovací sekvence

Zobrazovací sekvence dělíme do dvou skupin podle základních sekvencí, od kterých se odvíjejí: spinechové a gradientechové.

Spin echo (SE)

SE sekvence se skládá z 90° excitačního pulzu, po kterém následuje v čase $\frac{TE}{2}$ druhý, 180° pulz. První pulz způsobí sklopení vektoru magnetizace do roviny xy , poté začne rozfázování jednotlivých magnetických momentů a pokles příčné magnetizace. Refokusační pulz však otočí momenty o 180° , díky čemuž se opět začnou sbíhat a příčná magnetizace zpět narůstá. V čase TE pak dojde opět ke sfázování a snímaný tzv. *echo* signál dosahuje maxima. Díky refokusačnímu pulzu je kompenzováno rozfázování magnetických momentů vlivem nehomogenity magnetického pole B_0 , což znamená že SE sekvence jsou T_2 vážené (neuplatňuje se T_2^* vážení). Nicméně dnes se tato sekvence využívá převážně k vytvoření T1W obrazů.

Rychlou variantou SE je *turbo SE* (TSE, fast SE, FSE). Tato sekvence používá vícečetná echa, díky čemuž je možné naplnit více řádků k-prostoru během jednoho TR intervalu. Počet naplněných řádků udává parametr ETL (echo train length). Při n naplněných řádcích se zkrátí čas měření n -krát. Toho se využívá především u T2W a PDW obrazů, kde je potřebný dlouhý čas TR. Další rychlé sekvence vznikají spojením dalších urychlovacích mechanismů. Například kombinací TSE s neúplným náběrem k-prostoru pomocí jednoho

excitačního pulzu vzniká sekvence *HASTE* (half-fourier single-shot turbo spin echo). 3D akvizniční TSE je pak sekvence *SPACE*.

Inversion recovery (IR)

Jednou ze základních sekvencí je IR, která je rovněž odvozena od SE. Pro její vznik stačí přidat před konvenční SE, nebo TSE, inverzní (180°) RF pulz sloužící k přípravě magnetizace. Doba od inverzního pulzu ke sklápěcímu se nazývá inverzní čas *TI*. Regulací tohoto času lze do obrazu vnášet vliv T_1 relaxace, nebo potlačit signál zvolené tkáně. Po aplikaci inverzního pulzu se vektor magnetizace *M* překlopí o 180° , a poté se začne pomalu vracet do původní polohy. Pokud 90° pulz přijde ve chvíli, kdy bude vektor magnetizace v tzv. *nulovém bodě* ($M=0$), z této tkáně nebude měřen žádný signál. Zvolením dlouhého TI vznikne sekvence FLAIR (Fluid attenuated IR) potlačující signál mozkomíšního moku, naopak krátké TI tvoří sekvenci STIR (Short tau IR), která potlačuje signál tuku.

Gradient echo (GE)

Sekvence GE využívají pro tvorbu echo signálu jeden excitační RF pulz následovaný dvojicí navzájem inverzních gradientních pulzů. Gradientní pulzy způsobí rychlé rozfázování a opětovné sfázování magnetických momentů jader a tvorbu gradientního echa. Oproti SE má menší měrný absorbovaný výkon (SAR), navíc absence refokusačního pulzu a nižší sklápěcí úhel (zpravidla $10\text{--}70^\circ$) RF pulzu umožňuje zkrácení TR a tím i celkové doby měření. Na druhou stranu je při GE zdůrazněn vliv nehomogenity vnějšího pole B_0 , chemického posuvu a tkáňové susceptibility a s nimi spojených artefaktů. Z toho vyplývá i skutečnost, že vzniklý obraz je T_2^* vážený.

GE sekvence se dále dělí podle velikosti příčné magnetizace M_y před následujícím pulzem na *koherentní*, které příčnou magnetizaci zachovávají, a *nekoherentní*, které ji nulují. Nekoherentní sekvence lze regulací TR, TE a sklápěcího úhlu použít pro T_1 a T_2^* vážené obrazy. U koherentních sekvencí závisí výsledný kontrast na poměru T_2^*/T_1 . Tento poměr však bývá často podobný a kontrast je tudíž nízký. Tyto sekvence se tedy využívají hlavně pro zobrazení proudění – např. u angiografického zobrazení [11, 12, 14].

2.3 Segmentace obrazu

Získané MR snímky je pro přesnou kvantifikaci tkání nutné dále zpracovat. Jednou z nejčastěji využívaných metod post-processingu je segmentace. Ta bývá definována jako proces rozdělování snímku na více nepřekrývajících se částí, které mají podobné vlastnosti – jas, nebo texturu. Jinými slovy je každému pixelu ve snímku přiřazena hodnota tak, aby každý pixel měl stejnou hodnotu jako ostatní pixely se stejnými vlastnostmi. V ideálním případě by se tak v medicínských snímcích měly oddělit oblasti reprezentující jednotlivé tkáně. V dnešní době má tato post-processingová metoda nezastupitelnou roli v mnoha medicínských aplikacích např. kvantifikaci objemu tkání, lokalizaci patologií, plánování operací, nebo v realizaci chirurgické navigace [22, 23, 24].

V oboru segmentace představuje segmentace medicínských snímků velmi specifickou část. Vstupuje do ní mnoho faktorů např. nízký kontrast mezi odlišnými tkáněmi, nehomogenity jasu jedné struktury napříč snímkem, nebo mnoho dalších artefaktů popsaných v kapitole 2.2.4. Tyto faktory pak mohou přesnou segmentaci velmi ztížit, nebo dokonce zcela znemožnit. V takových situacích je nutné provést předzpracování snímků, nebo vybrat dostatečně robustní segmentační algoritmus.

Segmentačních metod je v současné době k dispozici velké množství. Fungují na různých principech a různě tedy přistupují k datům. Z toho důvodu nelze jednoznačně určit, který algoritmus je obecně nejlepší. Přestože některé algoritmy jsou robustnější proti šumu, nebo některým artefaktům, vždy bude ideální volba záviset na konkrétní situaci – kromě zmíněného šumu a artefaktů i typu segmentované tkáně a konkrétní anatomii.

Segmentaci, jako proces, můžeme dělit podle míry interakce s uživatelem na:

- Manuální – Při manuální segmentaci označuje cílovou strukturu ručně sám uživatel a to pomocí štětce, nebo bodovým označováním hranic struktury. Tento přístup je časově velmi náročný a u složitějších struktur vyžaduje hlubší znalosti anatomie. V současnosti se využívá spíše pro optimalizaci po polo-automatické a automatické segmentaci.
- Automatickou – Jde o proces, kdy je segmentační algoritmus schopen provést ozna-

čení cílové struktury sám, bez zásahu uživatele. Kvalita segmentace ale závisí na několika parametrech. Ty sice může algoritmus stanovit sám, zpravidla je však efektivnější určení parametrů uživatelem.

- Polo-automatickou – Zde se spojují výhody manuálního a automatického přístupu. Segmentaci provádí algoritmus, je ale korigován ze strany uživatele, který obrazu více rozumí. Cílem je zvětšení přesnosti segmentace při zachování časově nenáročné interakce s uživatelem.

Dále můžeme samotné segmentační metody dělit podle charakteru zpracovávaných dat na:

- 2D segmentační algoritmy – Vstupní data tvoří 2D snímky.
- 3D segmentační algoritmy – Pracují s 3D daty.

Dimenzionální charakter metody je důležitý, protože metody, které pracují i s jinými parametry než pouze s intenzitou obrazových elementů, dosahují v závislosti na rozměru vstupních dat různých výsledků. Nicméně v některých případech se dá aplikovat 2D algoritmus postupně na jednotlivé řezy objemu, např. kvůli jednodušší implementaci, snížení výpočetní náročnosti, nebo lepší definovatelnosti struktury [23, 25, 5].

Nakonec metody můžeme rozdělit podle samotného způsobu realizace segmentace na následující skupiny:

- Statistické metody – Jsou založeny na statistické analýze jasu jednotlivých obrazových elementů, informace o struktuře většinou nejsou využívány.
- Metody založené na detekci hran – Tyto algoritmy hledají v obraze hrany, které oddělují jednotlivé struktury.
- Metody založené na regionech – Pracují základě homogenity – sdružování sousedních elementů s podobnými vlastnostmi, kterými bývají hodnoty jasu.
- Metody založené na deformovatelných modelech – Zobrazují hranice struktury pomocí vložení a následné deformace uzavřené parametrické křivky.

- Hybridní metody – Postupy těchto metod jsou kombinací některých předchozích.
- Metody založené na atlasech – Jsou využívány již dříve získané znalosti o objektech v obraze. Metody pracují s atlasy modelů a šablon, ve kterých se hledá shoda se segmentovaným snímkem.

Jak už bylo zmíněno výše, neexistuje nejlepší a nejvhodnější univerzální metoda segmentace. Je potřeba ji vybrat s ohledem na konkrétní použití. Pro dosažení optimálního výsledku se jednotlivé metody velmi často kombinují. Kromě hledání nových metod tak bývá předmětem výzkumů i hledání optimální kombinace známých metod pro daný problém. V následujícím textu jsou popsány metody, které se dnes v různých kombinacích využívají nejvíce [23, 25, 27, 30].

2.3.1 Statistické metody

Prahování

Základní a nejjednodušší metodou segmentace je prahování (thresholding). Jde o metodu, která vytváří binární obraz jednoduše pomocí prahové hodnoty. Pixely s hodnotou vyšší, nebo rovnou (popř. menší, nebo rovnou) jako je stanovený práh jsou označeny jako objekt zájmu a je jim přidělena hodnota 1. Všechny ostatní pixely pak tvoří pozadí s přidělenou hodnotou 0. První zmíněný případ lze popsat vztahem:

$$g(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{pro } f(x, y) \geq T \\ 0 & \text{pro } f(x, y) < T \end{cases}, \quad (2.4)$$

kde $f(x, y)$ je vstupní obraz, $g(x, y)$ výstupní obraz, a T je zvolený práh. V tomto případě je druhá hranice rozsahu intenzity stanovená krajními hodnotami jasu v obraze. Kromě toho je samozřejmě možné stanovit rozsah přímo předpisem:

$$g(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{pro } f(x, y) \in \langle T_1; T_2 \rangle \\ 0 & \text{jinak} \end{cases}, \quad (2.5)$$

kde T_1 a T_2 jsou hodnoty prahů. Další variantou je vícenásobné prahování, kdy je opět prahů stanoveno více a obraz je rozdělen podle jasů do více tříd. To je potřeba v případě,

kdy je objektem zájmu více než jedna tkáň. Obecně je pak pro N prahů $N + 1$ různých tříd.

U této metody je důležitý způsob volby prahu. V polo-automatickém režimu je výběr ponechán na uživateli, který ho stanovuje s pomocí on-line promítání rozdělení do obrazu. V automatickém režimu je práh stanoven na základě tzv. histogramu, což je graf referující o četnosti zastoupení jednotlivých intenzit jasu v obraze. První a nejjednodušší možností je zvolit práh v sedle histogramu, neboť tam je často mez oddělující různé tkáně. Pokročilejší metodou hledání prahu je metoda *Otsu*, která využívá statistické analýzy histogramu. Pro všechny hodnoty prahu je počítán mezitřídový rozptyl hodnot jasů a práh je stanoven v místě, kde je hodnota tohoto rozptylu největší (popř. nejmenší hodnota součtu rozptylů uvnitř třídy). Další méně často užívané metody automatického hledání prahu jsou např. Chow, nebo Bayesova.

Další variantou je tzv. *adaptivní prahování*. Tato metoda umožňuje stanovit odlišný práh pro různé části obrazu, což se hodí například u snímků, které jsou zatíženy nehomogenitami jasu. Hojně používanou je v této oblasti metoda Niblack, která pro získání optimálního lokálního prahu počítá ve stanoveném okně lokální průměr a směrodatnou odchylku jasů.

Prahovací algoritmy jsou obecně velmi citlivé na šum a další artefakty, a často při jejich přítomnosti selhávají. Přesto jsou tyto algoritmy poměrně často používané, a to především při segmentaci kostí, kde je vyšší kontrast. Jejich velkou výhodou je značná jednoduchost a rychlosti provádění segmentace [25, 26].

Shlukování

Shlukování (clustering) je statistická metoda, která se používá v mnoha oborech lidské činnosti. Obecně funguje na principu třídění objektů do skupin na základě jejich podobnosti. V oblasti segmentace obrazu to znamená, že jsou jednotlivé pixely roztříděny na objekty podle předem zvolených znaků (zde typicky jas pixelu). Tato metoda se řadí mezi metody učení bez učitele, tedy bez tréninkových dat. Zaměřuje se většinou na dva problémy. Stanovení optimálního počtu shluků a poté nejvhodnějšího rozdělení obrazových elementů. Vstupní data mohou být obrazová i objemová. Shlukovacích algoritmů bylo

v různých modifikacích navrženo velké množství, a v praxi se často kombinují s jinými druhy metod. V následujícím textu bude popsáno několik nejvíce rozšířených.

K-means Základní metodou shlukování je K-means (metoda nejbližších středů). Jde o iterační metodu, která sdružuje jednotlivé pixely podle rozdílu od průměru intenzit jednotlivých shluků. Pro svou funkci potřebuje na počátku znát požadovaný počet shluků k , do kterých se bude n pixelů třídit. Nejprve jsou náhodně (nebo pomocí analýzy) zvoleny centroidy $\mu_i; i = 1, 2, \dots, k$. Vůči nim se porovnává intenzita každého pixelu $x_j; j=1, 2, \dots, n$ a odchylka je vyjádřena Euklidovskou vzdáleností:

$$d = \| x_j - \mu_i \| . \quad (2.6)$$

Pixely se poté přiřazují do shluků, k jehož centroidu mají nejmenší vzdálenost. Následuje přepočítání hodnot centroidů. Pokud je matice $U = [u_{ij}]$ maticí příslušnosti prvků k jednotlivým shlukům, kde $u_{ij} \in \{0,1\}$ a zároveň $\sum_{i=1}^k u_{ij} = 1$ a $0 < \sum_{j=1}^n u_{ij} < n$, pak pro výpočet centroidů platí vztah:

$$\mu_i = \frac{\sum_{j=1}^n u_{ij} \cdot x_j}{\sum_{j=1}^n u_{ij}} , \quad (2.7)$$

Po vypočtení nových hodnot centroidů se pro rozřídění prvků hledá minimum funkce:

$$J_w(U, v) = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^n \| x_j - \mu_i \|^2 . \quad (2.8)$$

Poslední dva kroky se opakují dokud dochází k přesunům prvků mezi shluky. Tato metoda má jednoduchou implementaci, ale je poměrně citlivá na umístění výchozích bodů, šum a nehomogenity v obraze. Dalším problémem bývá určení optimálního počtu shluků [24, 25].

Fuzzy C-means Tato metoda je založena na teorii fuzzy množin. Vychází z metody K-means, narozdíl od ní však připouští příslušnost jednoho pixelu k více shlukům. Prvky u_{ij} v maticí příslušnosti už tedy nenabývají pouze hodnot 0 a 1, ale jsou z intervalu $\langle 0; 1 \rangle$, přičemž se zvyšující se hodnotou roste příslušnost k danému shluku. Opět musí platit podmínka, že suma hodnot příslušností u jednoho elementu je rovna jedné a každý shluk

obsahuje maximálně n elementů. Optimální rozdělení je pak realizováno minimalizací funkce:

$$J_w(U, v) = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^n u_{ij}^m \|x_j - \mu_i\|^2, \quad (2.9)$$

kde m je váhový exponent, který určuje míru překrývání jednotlivých shluků. Ačkoliv je metoda také citlivá na šum a nehomogenity v obraze, bylo u ní dosaženo lepších výsledků segmentace, než u metody k-means [24, 28, 30].

Další méně používané shlukovací metody jsou např. ISODATA, nebo Mean-shift.

Markovská náhodná pole

Metoda Markovských náhodných polí (Markov Random Fields) je založena na statistickém modelu prostorových vazeb sousedních a blízkých pixelů. Vychází z Bayesovské teorie podmíněné pravděpodobnosti, která je hojně využívána v oblasti rozhodování a odhadu. V rámci rozhodování je neurčitost reprezentována pomocí pravděpodobnosti, a parametry, jejichž hodnoty nejsou známy, jsou považovány za náhodné veličiny.

Cílem je najít pro každý voxel obrazu y mezi K třídami tu správnou třídu, nebo-li najít v obraze konfiguraci x s největší věrohodností. Pro tento úkol lze využít odhad maximální aposteriorní pravděpodobnosti. Ta se stanoví pomocí statistického modelu rozdělení náhodné veličiny, která je podle Bayesovské teorie reprezentována podmíněnou pravděpodobností $P(y|x)$, a pomocí apriorní pravděpodobnosti $P(x)$ udávající již známé informace o parametru. Stanovení podle Bayesova pravidla má tvar:

$$P(x|y) = \frac{P(y|x)P(x)}{P(y)}, \quad (2.10)$$

kde $P(y)$ hustota pravděpodobnosti definující rozložení obrazů a pro daný obraz je tedy konstantní. Pro určení optimální konfigurace x^* se pak hledá konfigurace s nejvyšší aposteriorní pravděpodobností:

$$x^* = \arg \max_{x \in \Lambda} P(x|y), \quad (2.11)$$

kde $\Lambda \in \{1, 2, \dots, K\}$, přičemž označuje hodnoty všech tříd. Aby se však dal tento postup aplikovat, je nutné nejdříve stanovit podmíněnou pravděpodobnost $P(y|x)$ a apriorní

pravděpodobnost $P(x)$. Na základě Hammersley-Cliffordova teorému je specifikováno Markovo náhodné pole (náhodné pole splňující podmínky positivity a markovianity), která převádí úlohu na optimalizaci minimální energie. Podrobněji se problematice věnují [22, 25, 29].

MRF bývá často kombinovaná s metodou K-means. Je méně citlivá na šum v obraze a poskytuje hladší segmentaci – výsledek neobsahuje tolik malých, oddělených regionů. Je však důležité hlídat parametr regulující hladkost segmentace. Pokud je příliš vysoký, v segmentaci se ztrácejí jemné struktury. Nevýhodou tohoto algoritmu je vyšší výpočetní náročnost. I přesto je ale hojně využíván, a to jak pro segmentaci, tak v předzpracování, pro odstranění nehomogenit jasu. Další metodou využívající Bayesovské teorie je například metoda EM (Expectation-Maximization).

2.3.2 Metody založené na detekci hran

Metody v této skupině provádí segmentaci hledáním hran v obraze. Hrany jsou definovány jako náhlé změny jasu a jsou popsány velikostí a směrem. Pro jejich hledání se využívá gradientu, který udává velikost a směr největšího růstu. Všechny techniky detekce hran jsou citlivé na přítomnost šumu v obraze, a to i přesto, že některé dostupné techniky tuto citlivost zčásti snižují. Dále je nutno podotknout, že tyto metody musí být pro kompletní segmentaci kombinovány s regionově založenými metodami.

Detekce pomocí první derivace

V praxi se používají hranové detektory, které určují první a druhou derivaci v jednotlivých elementech. Pro první případ platí vztah:

$$\nabla f(x, y) = \left(\frac{\partial f(x, y)}{\partial x}, \frac{\partial f(x, y)}{\partial y} \right). \quad (2.12)$$

Hodnota první derivace funkce je pak porovnávána se stanoveným prahem, a tím se určí významnost hrany. Nejjednodušší aplikací první derivace je vypočítat derivaci pro řádky a sloupce obrazu zvlášť a poté určit modul a orientaci gradientu:

$$G(x, y) = \sqrt{G_x^2 + G_y^2}, \quad (2.13)$$

$$\alpha(x, y) = \arctan\left(\frac{G_y}{G_x}\right), \quad (2.14)$$

kde G_x a G_y jsou derivace pro řádky a pro sloupce. Operátor derivace se však častěji kóduje do konvolučního jádra, a hledání hran probíhá konvolucí tohoto jádra se zpracovávaným obrazem. Jednotlivé hranové detektory se pak liší právě v podobě jádra. Mezi nejpoužívanější konvoluční jádra patří:

$$h_1 = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -1 & -1 \end{pmatrix} \quad h_2 = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -1 \end{pmatrix} \quad h_3 = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & -2 & 1 \\ -1 & -1 & -1 \end{pmatrix}, \quad (2.15)$$

kde h_1 je operátor Prewitt, h_2 je Sobel a h_3 Robinson. Zobrazené masky jsou určené pro detekci v severním směru. Pokud se budou v maskách točit krajní váhové hodnoty kolem prostřední, získají se masky detekující hrany v dalších 7 směrech vždy otočených o 45° . Tyto detektory jsou však citlivé na šum, dnes už se tedy příliš nepoužívají.

Speciálním případem je *Cannyho detektor*, který bývá označován za optimální hranový detektor. Jedná se o sekvenci kroků, které jsou navrženy pro optimální výsledek detekce hran. Prvním krokem je filtrace obrazu Gaussovým filtrem pro eliminaci šumu. Dále je provedena standardní detekce hran pomocí hledání gradientu, a poté jsou potlačeny pixely hran, které nejsou v lokálním maximu. Nakonec je provedeno vytřídění hran adaptivním prahováním s dvěma prahy T_1 a T_2 ($T_1 > T_2$). Hrany s větším gradientem než je práh T_1 jsou rovnou označeny jako finální hrany. Další pixely, jejichž gradient G je $T_1 > G > T_2$ jsou označeny jako hrany pouze pokud s hranou sousedí. Cannyho detektor není tolik citlivý na šum v obraze, dobře tedy detekuje i slabé hrany [24, 31].

Detekce pomocí druhé derivace

Druhou možností je využít druhé derivace, v tom případě se hledá průchod nulou, což zpravidla vede při detekci hran k lepšímu výsledku. Operátorem druhé derivace je Laplaceův operátor:

$$\nabla^2 f(x, y) = \left(\frac{\partial^2 f(x, y)}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 f(x, y)}{\partial y^2} \right). \quad (2.16)$$

Konvoluční masky pro aproximaci Laplaciánu pak mají tvar:

$$h = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & -4 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad h = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & -8 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}, \quad (2.17)$$

kde první maska využívá 4-okolí a druhá 8-okolí, díky čemuž je pak invariantní vůči natočení. Laplacián je však ještě citlivější na šum, než samotný gradient, byl proto navržen operátor kombinující detekci hran s předcházejícím vyhlazením obrazu pomocí Gaussova filtru. Je označován jako Laplacián Gausiánu (LoG) a pro výsledný obraz platí:

$$h(x, y) = \nabla^2[g(x, y)] * f(x, y), \quad (2.18)$$

kde $f(x, y)$ vstupní obraz $\nabla^2[g(x, y)]$ je funkce LoG, která lze dále vyjádřit jako:

$$\nabla^2[g(x, y)] = \left(\frac{x^2 + y^2 - 2\sigma^2}{\sigma^4} \right) e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}} \quad (2.19)$$

kde σ^2 je rozptyl Gaussovy funkce. Konvoluční maska pro $\sigma = 2$ pak má mít podobu:

$$h = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & -2 & -1 & 0 \\ -1 & -2 & 16 & -2 & -1 \\ 0 & -1 & -2 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad (2.20)$$

Touto úpravou se dosáhne menší citlivosti na šum. Citlivost pak lze i regulovat velikostí jádra, přičemž s větším jádrem klesá citlivost na šum, na druhou stranu však přirozeně roste výpočetní náročnost.

Houghova transformace

Tato metoda slouží pro vyhledávání hranic, nebo nalezení objektů v obraze. Nejsnadněji lze detekovat jednoduché objekty jako přímky, kružnice či elipsy, u nichž známe analytický popis tvaru. K řešení případů, kde jednoduchý analytický popis není možný, slouží zobecněná Houghova transformace. Většinou se využívá transformace z kartézského souřadného systému do polárního. Identifikace přímky v obraze probíhá následovně. Parametrické vyjádření přímky má tvar:

$$\rho = x \cos \Theta + y \sin \Theta, \quad (2.21)$$

kde ρ je normalizovaná vzdálenost přímky od počátku a Θ úhel s osou x . Pokud se jednotlivé body obrazu zobrazí v parametrickém prostoru (Θ, ρ) , tak se dostane pro každý z nich sinusový tvar. Pokud pak tyto body budou pocházet z jedné přímky, sinusovky v parametrickém prostoru se protnou právě v bodě (Θ_i, ρ_i) , který jednoznačně charakterizuje tuto přímku. V akumulacním prostoru, kde se sčítají body přímek, se dané přímce pokaždé zvětší četnost o jedničku, a nakonec se hledá maximum (nebo více maxim) četností. Obdobně lze detekovat i další tvary.

Houghova transformace je při detekci objektů robustní vůči šumu i přerušení hrany, nicméně nejlepší výsledky vykazuje při aplikaci na binární obraz, např. v kombinaci s detektory hran [24, 31, 32].

2.3.3 Metody založené na regionech

Regionově založené metody patří základní přístupy segmentace. V minulosti byly hojně využívány hlavně kvůli své jednoduchosti. Pracují na základě podobnosti v oblasti, kdy jsou sousední pixely v homogenních oblastech sdružovány do jednotlivých tříd. Kritériem homogenity bývá nejčastěji úroveň jasu. Dále může být využita mapa hran získaná aplikací hranových detektorů. Principiálně se tyto metody podobají thresholdingu. Existují čtyři základní algoritmy – rozrůstání oblastí, spojování oblastí, a rozdělení a slučování, a flood filling.

Rozrůstání oblastí

Metoda rozrůstání oblastí (region growing) spojuje pixely postupně po krocích. Na počátku je potřeba, aby uživatel vybral tzv. *seed* – počáteční (jádrový) pixel. Poté se v každém kroku zvětší vyšetřovaná oblast o jeden pixel ve všech směrech. Z toho plyne, že první je vyšetřováno 8-okolí jádrového pixelu (matice 3×3), v druhém kroku dalších 16 nových krajních pixelů (matice 5×5) atd. Pro úplnost metody je nutné definovat také kritérium homogenity a podmínku ukončení. Vyšetřovaný pixel se označí jako objekt, pokud vyhovuje kritériu homogenity:

$$|x - N(p)| \leq \delta_1, \quad (2.22)$$

kde x je intenzita jádrového pixelu, $N(p)$ je intenzita zkoumaného pixelu a δ_1 je maximální přípustná odchylka intenzity. Podmínka ukončení definuje stav, při kterém je rozrůstání oblasti zastaveno, a může být stanoveno například počtem iterací resp. maximální velikostí vyšetřovací masky, nebo minimálním procentuálním přírůstkem pixelů označených jako objekt v posledním kroce. Tento přístup je možné upravit do podoby, kdy se jas nového pixelu neporovnává s jasnem jádrového pixelu, ale s hodnotou jasu nejbližšího pixelu označeného jako objekt. Tím se dosáhne větší citlivosti při segmentaci struktur s pomalu se měnícím jasnem.

Nevýhodami této metody je nutnost na počátku definovat jádrový pixel, mimo jiné i proto, že výsledek segmentace je ovlivněn jeho výběrem. U této metody také může dojít ke vzniku malých ostrůvků odlehlých od hlavního objektu, což je nutné následně řešit například pomocí binární morfologie. V praxi je více využívána další metoda nazývaná spojování oblastí [24, 33].

Spojování oblastí

Metoda spojování oblastí (region merging) je novější a častěji používanou regionově orientovanou metodou. Není zde vyžadován výběr jádrového pixelu, ale vstupní obraz je rozdělen na předem daný počet stejných malých oblastí, typicky 4×4 , nebo 8×8 pixelů. U těchto oblastí jsou určeny statistické ukazatele, např. střední hodnota a rozptyl hodnot jasů, na kterých je následně testována homogenita oblastí. Pokud jsou dvě sousední oblasti homogenní, a splňují předem definované kritérium podobnosti, mohou být tyto oblasti spojeny. Kritérium podobnosti bývá definováno jako procentuální hranice dynamického rozsahu a rozptylu jasu obrazu, která musí být vyšší než rozdíl středních hodnot a rozptylů jasů obou oblastí. Spojování oblastí trvá tak dlouho, dokud je splněno u některých sousedních oblastí splněno současně kritérium homogenity a kritérium podobnosti.

Úpravou kritéria homogenity se sníží citlivost na šum v obraze, ale může docházet k nepřesným segmentacím u obrazů, kde je postupná změna jasu. Algoritmus jde také částečně ovlivnit zadáním přibližného počtu očekávaných objektů [24].

Rozdělení a slučování

Třetím algoritmem regionově založených metod je metoda rozdělování a slučování (split and merge). V celém obraze je zkoumána homogenita pomocí několika ukazatelů (průměr, rozptyl, minimální a maximální hodnoty). Pokud celý obraz nesplňuje podmínku homogenity, je rozdělen na daný počet (nejčastěji čtyři) části. Poté je znovu v těchto částech zkoumáno splnění podmínky homogenity a případně se oblast znovu rozdělí na menší části. Takto se oblasti dělí dokud nejsou všechny oblasti homogenní. Nakonec se spojí všechny homogenní oblasti, které mají dostatečně podobné parametry. Tato podobnost je opět definována prahovými hodnotami. Tento algoritmus patří mezi starší a jednodušší a běžně už se nevyužívá [23, 24, 25, 30].

Flood filling

Metoda flood filling (někdy označována jako zaplnění) je dnes už velmi málo využívanou regionově založenou metodou. V obraze je vybrán jeden jádrový pixel a všichni jeho sousedé v definovaném rozmezí jasů jsou označeny taktéž jako jádra. Stejný krok proběhne znovu pro každé z jader, dokud k nim už žádné pixely přidat nelze. Tento algoritmus je velmi podobný metodě rozrůstání oblastí, a v mnoha bývají tyto metody spojovány do jedné. Nicméně flood filling narozdíl od rozrůstání oblastí tvoří pouze spojitou oblast, což bývá v praxi užitečnější [35].

2.3.4 Deformovatelné modely

Segmentace pomocí deformovatelných modelů je založena deformací inicializované křivky, nebo povrchu tak, aby byla minimalizována jejich „energie“. Tento přístup je v současnosti velmi rychle rozvíjen, a hojně a úspěšně využíván pro segmentaci různých orgánů. Mezi jeho hlavní výhody patří spojitost objektu, hlavní nevýhodou je vyšší výpočetní náročnost. Modely, které využívá se dělí na parametrické a geometrické. V následující kapitole budou obě skupiny přiblíženy a budou popsány nejčastěji používané modely [22, 30, 34].

Parametrické modely

Parametrické deformovatelné modely mají explicitní parametrickou reprezentaci. Uzavřená kontura, kterou tvoří množina bodů spojených pomocí lineární interpolace, nebo spline křivkou, je deformována působením vnitřních a vnějších sil. Kontura se zpravidla umísťuje kolem segmentovaného objektu, a vlivem sil se zmenšuje, dokud nedosáhne hran objektu. V této konfiguraci má křivka minimální energii a odpovídá ideální segmentaci.

Parametrické modely obecně jsou oproti předchozím metodám výpočetně náročnější. Výpočetní náročnost se dá omezit snížením počtu bodů křivky, zároveň však klesá přesnost. Výsledek také velmi závisí na inicializaci počáteční křivky, v některých případech i malý rozdíl v počáteční poloze vede k odlišnému výsledku. Dalším problémem je přesné určení váhových koeficientů, jelikož optimální hodnoty se pro každou aplikaci liší a často je lze určit pouze empiricky. Následující modely jsou popsány pro segmentaci ve 2D, nicméně analogicky, s více parametry (a s tím související vyšší výpočetní náročností), pracují i ve 3D prostoru.

Aktivní kontury Jako vůbec první deformovatelný model byl vytvořen algoritmus *aktivní kontury*, někdy také nazýván *hadi* (snakes) [36]. Uživatelem inicializovaná křivka je upravována pro minimalizaci energie:

$$E = E_{ext} + E_{int}, \quad (2.23)$$

kde E_{ext} je tzv. vnější energie, a E_{int} energie vnitřní. Vnější energie vyjadřuje vliv vnějších sil (někdy nazývaných jako síly obrazu), na kterých závisí jak přesně bude křivka vystihovat důležité prvky v obraze. Pro obraz I a parametricky definovanou křivku $X(s) = [x(s)y(s)]$ je vnější energie definována:

$$E_{ext} = -\lambda \int_0^1 \nabla(G_\delta(x, y) * I(x, y)) ds, \quad (2.24)$$

kde λ je magnituda externí síly, a G je Gaussův vyhlazovací filtr o šířce δ . Gaussián je aplikován konvolucí na obraz I kvůli snížení šumu. Vnější síly tlačí křivku směrem k bodům s vysokou velikostí gradientu tak, aby co nejvíce kopírovala hranu. Proti nim působí

vnitřní síly reprezentující vnitřní energii:

$$E_{int} = \frac{1}{2} \int_0^1 \gamma X'(s)^2 + \sigma X''(s)^2 ds, \quad (2.25)$$

kde γ a σ jsou nezáporné koeficienty vážící délku křivky a její hladkost a tuhost. Výrazy $X'(s)$ a $X''(s)$ jsou první a druhá derivace v daných bodech křivky. Velikost vnitřních sil prakticky udává jestli se křivka bude tlačit k hranám, nebo spíše zachová plynulý a hladký tvar, což může mít velký vliv v ostrých záhybech.

Myšlenka algoritmu je převedena na diferenciální rovnice. Dále je provedena diskretizace a optimalizace, které jsou blíže popsány v [22].

Aktivní kontury jsou nejjednodušším z deformovatelných modelů. Nejrychleji konverguje k řešení, ale nezvládá dobře segmentovat složitější např. ostře konkávní tvary. U některých složitých struktur může dojít i k tomu, že se rozvíjející kontury začnou křížit a překrývat, což je nutné dále ošetřit. V základní konfiguraci aktivní kontury zaručují spojitost objektu. Existují i rozšířené algoritmy, které umožňují dělení oblastí, což může být prospěšné, pokud se cílový objekt skládá z více oddělených částí, nebo pokud jeho přesný počet není znám. Pokud je však známo, že jde o jeden spojitý objekt, může modifikace způsobit vznik nechtěných odlehlých ostrůvků [22, 26, 37, 38].

Další model je tzv. Balónkový model (Balloons). Navazuje na aktivní kontury a je jedním z jeho vylepšení. Vychází ze zjištění, že pro některé struktury je vhodnější detekce směrem zevnitř ven, což odpovídá rozpínání plochy. Odtud se také bere analogie s nafukujícím se balónkem. V tomto případě nelze využít aktivní kontury, protože po umístění křivky dovnitř homogenního objektu jsou externí síly nulové a křivka se tak smrští do bodu. Balónkový model tuto situaci řeší tak, že zavádí novou sílu F , která působí opět proti vnitřním silám. Podle [39] pro sílu F platí:

$$\vec{F} = k_1 \vec{n}(s) - k \frac{\nabla P}{\|\nabla P\|}, \quad (2.26)$$

kde vektor \vec{n} je kolmicí ke kontuře v daném bodě, a ∇P je vektor pohybu kontury podle původního algoritmu. Konstanta k_1 je amplituda nové síly. V případě její záporné hodnoty se bude kontura opět více smršťovat. Konstanta k pak váží normalizovanou sílu původního pohybu. Tyto konstanty spolu regulují směr a rychlost pohybu kontury.

Model využívá znalosti, že se vyskytuje uvnitř objektu. Při segmentaci jednoduchých souvislých objektů je tak mnohem účinnější než aktivní kontury. Opět je ale velmi závislý na vhodném zvolení konstant a hůře zvládá ostřejší a složitější tvary [39].

Geometrické modely

Geometrické modely (také nazývány neparametrické, implicitní) jsou na rozdíl od modelů parametrických definovány implicitně, a byly zkonstruovány pro eliminaci nedostatků klasické parametrické reprezentace – např. řešení změn topologie, reparametrizace, nebo riziko překrývání a vzniku smyček. Jsou založeny na numerické výpočetní metodě *Level sets*, která je v mnoha oborech využívána pro analýzu ploch a tvarů, nebo provádění simulací [22, 34, 40].

Level sets Metoda level sets využívá k reprezentaci tvaru množinu hladin (řezů v rovině xy) vícerozměrné funkce. Hlavní výhodou tohoto přístupu je, že umožňuje provádění výpočtů křivek a ploch v kartézských souřadnicích bez nutnosti jejich parametrického popisu. Myšlenka je pro jednoduchost opět vysvětlena na dvourozměrném obraze, nicméně obecně není počet dimenzí omezen. Metoda lze tudíž použít i pro segmentaci objemových dat, nebo videa, ovšem za předpokladu vyšší výpočetní náročnosti.

Také zde je nutná ruční inicializace počáteční křivky. S tou se poté nepracuje přímo, ale prostřednictvím pomocné funkce φ (level set function). Pro N rozměrná vstupní data má pomocná funkce $N + 1$ rozměrů. Křivka C je pak definována jako její nulová hladina:

$$C = \{(x, y) | \varphi(x, y) = 0\} . \quad (2.27)$$

Povrch funkce φ se deformuje působením sil analogicky s aktivními konturami. Místo dalšího počítání deformace křivky je tak počítána funkce φ . Pro její určení je nutné vyřešit parciální diferenciální rovnici, tzv. *level set rovnici*:

$$\frac{\partial \varphi}{\partial t} = F |\nabla \varphi| . \quad (2.28)$$

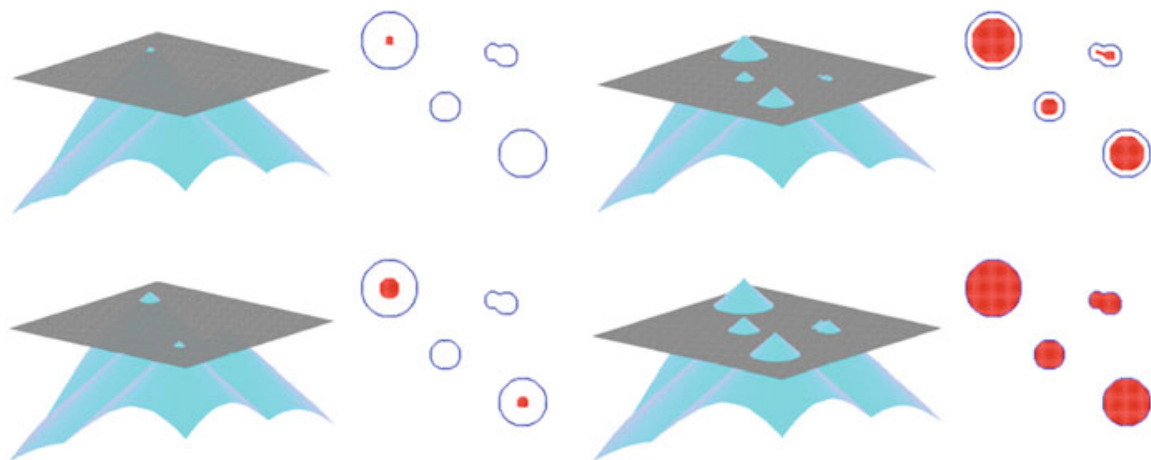
kde F je rychlost vývoje křivky ve směru normály. Řešení rovnice vyžaduje zavedení speciálních metod. Její odvození a řešení podrobněji popisují [22, 40]. Funkce φ každé-

mu bodu v obrazové mřížce Ω přiřadí hodnotu jeho nejmenší euklidovské vzdálenosti od křivky se znaménkem vyjadřujícím polohu vůči nulové hladině, přičemž platí:

$$\Phi(X) = \begin{cases} 0, & X \in C \\ +\min_{X_C} \|X - X_C\|, & X \in R_C \\ -\min_{X_C} \|X - X_C\|, & X \in \Omega \setminus R_C \end{cases}, \quad (2.29)$$

kde $X = (x, y)$ je pixel obrazu, $\Phi(X)$ výstupní obraz, $X_C \in C$, R_C je segmentovaný region obklopený křivkou C a výraz $\Omega \setminus R_C$ označuje pozadí. Vztahy 2.29 popisují důležitou vlastnost křivky, kdy body s hodnotou nula náleží křivce C , a jsou na hraně objektu. Dále pokud je hodnota minimální euklidovské vzdálenosti pixelu X od křivky C kladná, je pixel součástí objektu, a pokud je záporná (bod leží pod nulovou hladinou), pixel patří do pozadí. Je nutné zmínit, že některé publikace uvádí logiku přiřazování obrácenou, tzn. kladné hodnoty pro pozadí a záporné pro objekt.

Na obrázku 2.4 je znázorněn postup algoritmu. Modrá trojrozměrná křivka představuje funkci φ , šedá plocha je nulová hladina, modré kontury představují ideální hranice objektu a červené plochy odpovídají pixelům s kladnou hodnotou vzdálenosti.



Obrázek 2.4: Postup metody level-sets [40]

Tato metoda má oproti předchozím významné výhody. Výsledek není závislý na počáteční poloze a tvaru vložené křivky. Také zvládne velmi složité tvary, které obsahují díry, nebo umožňuje segmentovat více objektů najednou. Naopak nevýhodou je větší výpočetní náročnost [22, 34, 40].

Narrow band Tato metoda je modifikací Level sets, která redukuje její dlouhý výpočetní čas. Metoda level sets v každém kroku hledá pro každý bod v mřížce Ω nejbližší bod křivky C , což dobu segmentace velmi protahuje. První vylepšení přinesla idea, že hlavním zájmem je pohyb křivky a nikoliv okolní body. Kolem nulové hladiny byl definován úzký pás tzv. *narrow band*, a výpočet probíhá ve většině kroků pouze v něm. Okolním bodům jsou přiřazovány vysoké kladné, nebo záporné hodnoty, a nebo jsou dopočítávány jednou za několik iterací.

Fast Marching I algoritmus narrow band je stále docela pomalý. O poznání větší zrychlení přináší metoda *Fast Marching Level Sets*. Předpokladem této metody je, že síla F má vždy stejné znaménko, tzn. kontura se může ve všech bodech pouze smršťovat, nebo pouze rozrůstat. Díky tomu lze zmenšit narrow band pouze na šířku jednoho pixelu. Dále je zavedena nová funkce $T = (x, y)$ definující čas, za který kontura dosáhne bodu (x, y) . Pro tuto funkci platí:

$$|\nabla T(x, y)|F(x, y) = 1 . \quad (2.30)$$

Vyřešením této rovnice se získá reprezentace šíření kontury podle síly F . Oblast uzavřená konturou má hodnotu $T = 0$, a je obklopena pixely v narrow bandu. Další body jsou označeny jako vzdálené a mají apriorně nastavenou vysokou hodnotu. O přidání bodů z narrow band je rozhodováno na základě nejmenší hodnoty funkce $T(x, y)$. Pokud je pixel zaplaven konturou, jsou do narrow bandu přidány sousední pixely. Tímto způsobem se funkce $T(x, y)$ dopočítá ve všech nových bodech pásu narrow band, dokud není splněno ukončovací kritérium. Tento algoritmus tak zavádí efektivnější přístup, kdy je ke každému pixelu přístupováno maximálně jednou. To vede k dalšímu zkrácování výpočetního času. Jak už ale bylo zmíněno, tato metoda předpokládá pouze smršťování, nebo pouze rozrůstání kontury, což je problém, pokud vstupní kontura kříží hranici objektu [22, 41].

Graph Cut Metoda Graph cut (řez grafem) vychází z teorie grafů a je založena na hledání minimálního řezu grafu. Jinými slovy jde o rozdělení grafu na podgrafy odpovídající objektu a pozadí pomocí optimalizace energie. Metoda je opět pro zjednodušení popsána pro 2D obraz, nicméně je aplikovatelná pro obecně N dimenzí.

V počátku jsou do obrazu vloženy jádra, která označují objekt a pozadí. Obraz je pak převeden na graf G , který je definován jako uspořádaná dvojice množin $G = (V, E)$, kde V je množina vrcholů (uzlů), jež spojují hrany množiny E . Vrcholy jsou dvojího druhu, jednak to jsou jednotlivé pixely a jednak je tvoří dva terminální uzly – s (source, neboli zdroj) a t (sink, neboli stok), jež reprezentují objekt a pozadí. Jejich názvy jsou odvozeny od analogie s plněním vodovodního potrubí, jelikož hledání minimálního řezu je ekvivalentní s hledáním maximálního toku. Vrcholy jsou spojeny hranami, kterým jsou přiřazeny nezáporné váhy. Jednotlivé pixely jsou spojeny vzájemně mezi sebou pomocí n -spojů a zároveň s terminálními uzly tzv. t -spoji, přičemž u jádrových pixelů je spojení neměnné.

Základním algoritmem je tzv. s - t řez. Cílem této metody je provést v takto definovaném grafu řez, jež rozdělí obraz na objekt a pozadí podle toho, k jakému terminálnímu uzlu zůstanou připojeny.

Pro segmentaci je zaveden vektor $L = \{l_1, l_2, l_3, \dots, l_p\}$, který ukládá pro každý pixel p v obraze P hodnotu nula, nebo jedna podle příslušnosti k objektu, nebo pozadí. Cílem segmentace je najít takový vektor, pro něhož bude minimální energie:

$$E(L) = \alpha R(L) + B(L) , \quad (2.31)$$

kde $R(L)$ je složka popisující vlastnosti oblastí (Region) a $B(L)$ složka vlastností hran (Boundary). Faktor α udává důležitost $R(L)$ vůči $B(L)$. Pro regionální složku platí:

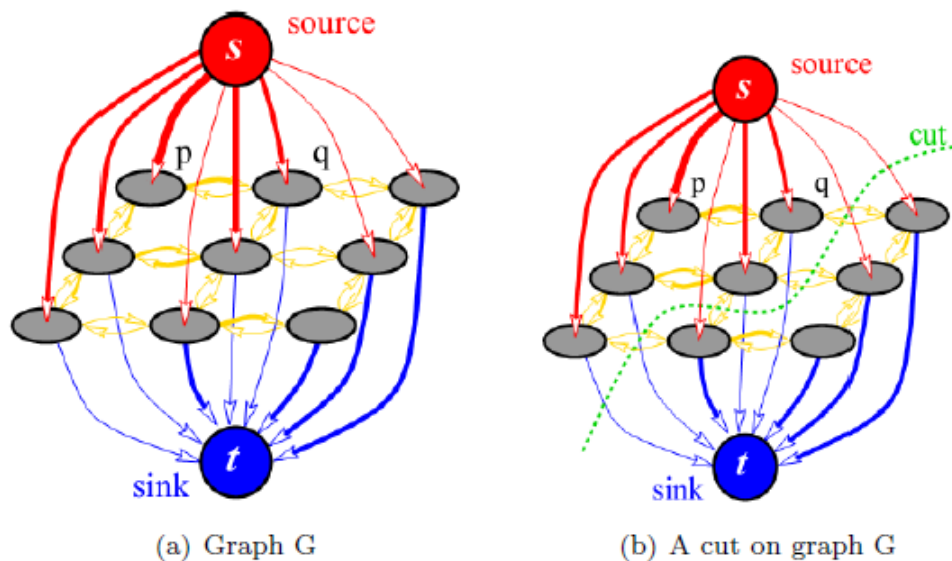
$$R(L) = \sum_{p \in P} R_P(l_P) , \quad (2.32)$$

kde $R_P(l_P)$ je penalizace za připojení pixelu k objektu. Tento výraz je menší pro pixely, které jsou definovanému objektu podobné, zařazení takovýchto pixelů do objektu je proto energeticky výhodnější. Hranová podmínka je definována:

$$B(L) = \sum_{p, q \in N} B_{\langle p, q \rangle} \cdot \delta(l_p, l_q) , \quad (2.33)$$

Zde penalizace roste pokud mají sousední pixely p a q velmi podobné intenzity. Když tedy zjistíme minimální hodnotu tohoto výrazu, bude se pravděpodobně vztahovat k hraně objektu. Minimální celková energie $E(L)$ pak odpovídá ideální segmentaci. Princip s - t řezu

je schematicky naznačen na obr. 2.5. Další algoritmy a jejich modifikace jsou popsány v [34, 42, 43, 44].



Obrázek 2.5: Princip s-t řezu [43]

Oproti předchozím metodám je provádí Graph cut globální optimalizaci a nedochází tak k chybnému ukončení segmentace v lokálním minimu. Mezi další výhody patří kombinace hranového a regionového přístupu, robustnost a možné rozšíření do více dimenzí. Na druhou stranu je metoda výpočetně náročnější.

2.3.5 Hybridní metody

Tyto metody nelze s určitostí zařadit do žádné s předchozích skupin, jelikož kombinují více zmíněných přístupů.

Watershed

Watershed (rozvodí) je morfologická metoda segmentace. Patří mezi základní metody, a oproti předchozím metodám se liší celkovým přístupem k obrazu. Využívá analogii zachycování padající vody a tvorbu jezer v reliéfu krajiny, který je vytvořen obrazovou funkcí. Je podrobně popsána a rozvinuta v [45].

Základní myšlenkou je, že hodnota každého pixelu představuje nadmořskou výšku povrchu v daném místě a na tento reliéf se začne napouštět voda. Ta se začne kumulovat v lokálních minimech (nížínách), což jsou zárodky jednotlivých segmentů, a jak bude dále stoupat, k segmentům se budou připojovat další pixely, které se dotýkají hladiny. Jestliže se v daném kroku žádný pixel nedotýká, vytvoří se nový segment, a pokud dojde ke slítí vody ze dvou minim, utvoří se hráz. Tento postup končí dosažením nejvyšší nadmořské výšky, kdy jsou už označeny všechny pixely [26].

Velkou nevýhodou této metody je, že díky své orientaci na lokální minima je velmi citlivá na šum. Často dochází k přesegmentaci, kdy je obraz rozdělen na nesmyslně velký počet segmentů. K řešení této situace existují modifikace algoritmu, častěji se však tato metoda kombinuje s dalšími segmentačními metodami, typicky se spojováním regionů, nebo klasifikací.

Neuronové sítě

Většina předchozích segmentačních metod má postup segmentace určen na základě zkušeností a znalostí jejich obecných principů. Neuronové sítě (ANN - Artificial Neural Networks) se liší tím, že provádějí segmentaci pouze na základě učení z dat. Z velkého množství učicích dat se známým řešením je tak generalizován postup pro nový, zatím nenastalý případ.

Umělá neuronová síť je výpočetní model inspirovaný nervovým systémem živých organismů. Skládá se z dílčích výpočetních jednotek tzv. perceptronů představujících umělé neurony. Každý perceptron tvoří několik vážených vstupů, aktivační funkce, práh a jeden výstup. Učením neuronu se pak nazývá proces, kdy je hledána taková konfigurace vah vstupů, aby klasifikace (např. objektu v obraze) proběhla s nejmenší možnou chybou.

Existují dvě základní metody učení – tzv. *učení bez učitele* a *učení s učitelem*. Učení bez učitele představuje hledání charakteristických znaků (příznakové vektory) bez další jejich interpretace a patří sem například metoda shlukování (viz. kapitola 2.3.1). Učení s učitelem pak vyžaduje kromě segmentovaných dat i data trénovací, která obsahují také funkce přiřazující každému příznakovému vektoru nějaký segment.

Použití neuronové sítě je rozhodující při volbě její topologie. Samotný neuron aproxi-

muje logické funkce (AND, OR, NOT), pro složitější funkce je už zapotřebí vícevrstvá síť, kdy v první vrstvě jsou neurony označovány jako vstupní, v poslední vrstvě jako výstupní a mezi nimi se nachází vrstvy skryté. V této konfiguraci jsou vždy všechny neurony dané vrstvy propojeny se všemi neurony na další vrstvě, a jejich spojení jsou opět přiřazeny váhy. Složitější topologie tak vyžadují i sofistikovanější matematické nástroje pro určení jednotlivých vah. Síť se dále dělí podle směru šíření signálu sítí na dopředné (jednosměrné) a rekurentní (se zpětnou vazbou) a obě kategorie obsahují mnoho typů sítí. Pro segmentaci obrazu se používají tzv. *konvoluční neuronové sítě*, které pomocí konvolučních masek extrahují užitečné informace a postupně je sdružují do menších map. Podrobněji o nich píší [46, 47, 48].

Největšími výhodami neuronových sítí bývají uváděny jejich přesnost a rychlost. Velkou nevýhodou je však nutnost obrovského množství trénovacích dat s přesnými řešeními.

Grow cut

Jedná se o jednu z novějších metod, která byla poprvé popsána v [49]. Je založena na buněčném (celulárním) automatu, což je časově i prostorově diskrétní matematický model. Právě kvůli svému diskrétnímu charakteru se používají buněčné automaty pro modelování zjednodušených dynamických procesů. Skládají se z jednotlivých buněk, které mohou nabývat několika stavů a jsou uspořádané nejčastěji do pravidelné mřížky. Hlavními vlastnostmi celulárních automatů je schopnost paralelních výpočtů, lokalita (stav buňky závisí na předchozím stavu a stavu okolních buněk) a homogenita (všechny buňky mají stejnou přechodovou funkci).

V tomto případě je buněčný automat definován trojicí $A = (S, N, \delta)$, kde S je množina stavů, N je zkoumané sousedství a δ je přechodová funkce. Stav S každé buňky je dán trojicí parametrů (l, Φ, I) , kde l je příslušnost k dané třídě, $\Phi = (0, 1)$ je síla buňky a I je intenzita zpracovávaného pixelu. Tyto parametry jsou nastaveny zpočátku po umístění semen do obrazu a v průběhu algoritmu jsou upravovány evolučním algoritmem, o kterém více najít v [50, 51].

Grow cut patří mezi pokročilé metody segmentace, mezi její hlavní výhody patří rychlost, možnost víceúrovňové segmentace i rozšíření do více rozměrů, a odolnost vůči šumu.

2.3.6 Metody založené na atlasech

Atlasové metody využívají k segmentaci dříve získané znalosti o segmentovaných objektech. Těmito znalostmi mohou být například tvar a velikost objektu, intenzita, prostorové umístění apod. Pomocí poloautomatické, nebo manuální segmentace je na vzorových obrazech vytvořena šablona a vložena do prostorové mapy, neboli atlasu (v oblasti medicínského zobrazování např. atlasu struktur, nebo tkání). Samotná segmentace pak znamená procházení atlasu a porovnávání šablon se segmentovanou strukturou. Tomuto procesu se říká tzv. *atlas-warping*. Je zřejmé, že žádné dvě struktury nebudou zobrazeny zcela identicky. Před samotným výběrem šablony je prováděna tzv. *registrace*, což je proces hledání nejvhodnější transformace šablony, aby co nejlépe odpovídala segmentované struktuře. Podrobněji problematiku popisují [52, 53].

Pomocí atlasů se dobře segmentují obrazy bez výrazných hran, nebo obrazy se silným šumem. Nevýhodou je obtížnost vytvoření atlasu, neboť pro dostatečně kvalitní segmentaci je nutný obrovský počet šablon. V opačném případě metoda nedokáže vystihnout různé variace, nebo složitější tvary struktur. Atlasy jsou nejvíce využívány při segmentaci mozku, kde tvoří právě díky širokým atlasům a nižší variaci struktur jeden z nejsilnějších nástrojů.

3 Experimentální část

Hlavním cílem této práce bylo porovnat kvalitu segmentace jater a abdominálního tuku v MR obrazu dostupných segmentačních nástrojů se standardně používaným postupem ve výzkumném oddělení ZRIR IKEM. Tento postup zahrnuje dvě Matlabovské aplikace, které zde byly vytvořeny speciálně pro segmentaci tukové tkáně i jater. Pro ověření a porovnání kvality segmentace byly na základě rešerše vybrány tři softwary, z nichž bylo použito pět postupů. Záměrně je zde použito slovo postupy, jelikož samotné algoritmy se v praxi téměř vždy rozšiřují o některé kroky, nebo kombinují. Všechny postupy byly aplikovány na reálná data, a výsledek jejich segmentace byl porovnán s referenční manuální segmentací. Část testovacích dat byla naměřena na dobrovolnících, kteří se účastnili probíhajících studií na ZRIR IKEM. Toto měření probíhalo pod dozorem pracovníků výzkumného centra a bylo prováděno na zdejší přístroji Siemens Magnetom Trio o magnetické indukci 3T. Zbytek dat byl poskytnut pracovníky centra z dřívější měření na téže přístroji. Vzorek dobrovolníků se skládal ze dvou nezávislých skupin (zvláště pro segmentaci jater a tuku) s různým zastoupením tuku.

3.1 Průběh vyšetření

Nejprve bylo nutné, aby personál ZRIR IKEM provedl poučení dobrovolníka o průběhu vyšetření a kontraindikacích. Dále byl dobrovolník umístěn na stůl magnetické rezonance v poloze v leže na zádech, hlavou napřed tak, aby se játra a břišní dutina po zasunutí dostali do středu tomografu, kde je magnetické pole nejvíce homogenní. Pro snímání byla použita povrchová cívka s 8 snímacími kanály, upnutá přes abdominální část trupu. Pro měření viscerálního tuku byla vybrána sekvence T1W TSE s následujícími parametry:

TE = 10 ms, TR = 450 ms, velikost voxelu $1,75 \times 1,75 \times 10$ mm, BW = 195 Hz/pixel, NEX = 1, sklápěcí úhel 180° . Pro měření jaterní steatózy byla použita sekvence MESGRE (3D Multi-Echo Spoiled Gradient Echo) s parametry: $TE_1 = 1,13$ ms, $\Delta TE = 0,92$ ms, TR = 16 ms, velikost voxelu $2,5 \times 2,5 \times 4,4$ mm, BW = 1360 Hz/pixel, NEX = 1, sklápěcí úhel 4° .

Samotné měření začalo provedením tzv. *lokalyzeru* – lokalizačního skenu, což je sada snímků v transversální, koronální a sagitální rovině. Tyto snímky se provádí s volným dýcháním a mají nízké rozlišení. Slouží pro přehledné zobrazení, aby nastavení dalších parametrů měření mohlo být optimalizováno pro konkrétní anatomii. Mezi tyto parametry patří například přesné stanovení FOV, nebo nastavení směru frekvenčního a fázového kódování. Další krokem bylo provedení tzv. *prescanu*, což je proces, který zahrnuje automatické a popř. i manuální shimování (výpočet proudů pro shimovací cívky), nastavení zesílení vysílací a přijímací cívky a nastavení střední frekvence. Poté byla spuštěna vybraná zobrazovací sekvence. Sekvence na zobrazení jater proběhla jednorázově a trvala 20 vteřin. Naproti tomu sekvence pro zobrazení tuku v břišní dutině byla aplikována v několika fázích, jelikož bylo potřeba, aby měl dobrovolník zadržovaný dech. Po exportu do archivačního systému byla data anonymizována v programu Matlab.

3.2 Přehled použitých segmentačních softwarů

Na základě teoretických poznatků byla provedena rešerše dostupných segmentačních nástrojů. Patří mezi ně např. Amira, Analyze, 3D Doctor, 3D Slicer, Icy, ImageJ, Materialise Mimics, ITK-SNAP, MITK, MeVisLab, NiftiSeg a TurtleSeg. Z nich byly vybrány čtyři, které byly podrobeny bližší analýze a následně testovány na anonymizovaných MRI snímcích. Mezi kritéria výběru byla zahrnuta volná dostupnost, rozšířenost softwaru, poskytované možnosti pro zpracování obrazu, nebo přívětivost uživatelského prostředí.

3.2.1 ITK SNAP

Prvním testovaným nástrojem je poměrně rozšířený ITK-SNAP. Je to software založený na open-source knihovnách napsaných v jazyce C++ a to *ITK* (Insight ToolKit), která se

zaměřuje na filtraci, segmentaci a registraci obrazu a *VTK* (Visualization ToolKit) pro následnou vizualizaci, např. v podobě 3D modelu. Je chráněn licencí General Public License, která poskytuje práva svobodného softwaru pod podmínkou, že jeho modifikace a další produkty budou pod stejnou licencí. Lze jej zdarma stáhnout z webových stránek vydavatele [54] na Windows, Linux a MacOS. V současnosti je nejnovější verze 3.8.0, zatím jde však pouze o beta verzi. Testována byla poslední stabilní verze – 3.6.0.

Jde o velmi jednoduchý a uživatelsky přívětivý software, který na druhou stranu obsahuje velmi omezenou nabídku nástrojů pro zpracování obrazu. Jedinou možností úpravy snímků před segmentací je tak pouze úprava jasu a převzorkování snímků. V další fázi je k dispozici manuální segmentace (štětec, polygon; 2D i 3D), nebo poloautomatické segmentace (3D). Ta je prováděna ve třech krocích. V prvním vybrán výběr oblasti zájmu. Druhým je tzv. *předsegmentační fáze*, kdy je hrubě oddělen objekt a pozadí a to pomocí jedné ze čtyř metod: prahování, klasifikace, shlukování a detekce hran. Ve třetím kroku je k segmentaci využito algoritmu level sets. Případným čtvrtým krokem je manuální korekce segmentace. Po dokončení segmentace je možné měřit objem cílové struktury, nebo vytvořit její 3D model.

3.2.2 ImageJ

ImageJ je open-source software, který vyvinula agentura National Institutes of Health v USA. Je psaný v jazyce Java, lze ho tedy spustit na počítačích s Javou, nebo jako on-line aplikaci. Je volně dostupný pro Windows, Linux a MacOS na webových stránkách [55]. Díky otevřenému kódu a široké uživatelské komunitě je přístupno velké množství nejen pluginů, ale i dalších distribucí a balíčků z nichž největším je *FIJI* (Fiji Is Just ImageJ) [56], zaměřující se na registraci a segmentaci obrazu. Nová verze softwaru je chráněna licencí Berkeley Software Distribution, která umožňuje další šíření (včetně komerčního) za předpokladu uvedení informací o autorovi. Balík FIJI je pak kryt licencí General Public License.

Oproti předchozímu softwaru má výhodu, že kromě medicínských obrazových dat umí pracovat i s běžnými obrazovými formáty např. JPEG, GIFF, PNG, BMP, TIFF. Základní verze nenabízí tolik možností, obsahuje různé druhy filtrů, morfologické a matematické

operace a základní segmentační algoritmy – prahování a rozvodí. Balíček FIJI pak obsahuje kromě pluginů pro analýzu a úpravu obrazu i segmentační editor pro manuální segmentaci, a další segmentační algoritmy např. prahování (i plně automatické), shlukování, statistické spojování oblastí, morfologická segmentace, level sets, fast marching, graph cut, nebo některé metody založené na strojovém učení. Většina těchto algoritmů pracuje ve 3D.

3.2.3 3D Slicer

3D Slicer je dalším open-source segmentačním nástrojem. Je vyvíjen společností Kitware Inc. za podpory jeho uživatelské komunity v jazyce Python. Je opět volně dostupný na webových stránkách [57] pro Windows, Linux a MacOS. Pracuje stejně jako ITK-SNAP s knihovnami ITK a VTK, ale jeho šíření je omezeno licencí Berkeley Software Distribution. Oproti předchozím softwarům se liší především tím, že má výrazně bohatší uživatelské prostředí. To se projevuje také na jeho požadavcích na vybavení počítače, zejména pak na paměť RAM, u níž je vývojáři stanovili doporučené minimum 8GB. Použita byla poslední dostupná verze 4.10.0.

Jednotlivé funkce tohoto segmentačního nástroje jsou členěny v modulech, kterých je v poslední verzi přibližně sto. Mají nejrůznější funkce od tvorby vnitřní databáze pacientů, provádění transformací, filtrace a registrace snímků, různých měření, tvorbu 3D modelů až po managera pro snadnou instalaci nových modulů. Dále jsou obsaženy dokonce specializované moduly pro úpravu snímků z konkrétních zobrazovacích metod, a samozřejmě i pro provádění segmentace. K dispozici jsou pokročilé nástroje pro manuální segmentaci, což její provádění v porovnání s ostatními softwary velmi usnadňuje a několik poloautomatických a automatických algoritmů např. prahování, rozrůstání oblastí, watershed, statistická segmentace, grow cut, fast marching, flood filling, nebo segmentace podle atlasu.

3.2.4 Matlab

MATLAB (MATrix LABoratory) je široce rozšířené interaktivní prostředí od firmy MathWorks. Svými grafickými a výpočetními nástroji umožňuje provádět maticové výpočty, analýzu a vizualizaci dat, vytvářet simulace, modely, nebo i aplikace. Má vlastní skriptovací programovací jazyk a velké množství specializovaných knihoven, tzv. *toolboxů*, které se zaměřují na nejrůznější vědecké obory.

Hlavní knihovnou vybavenou pro segmentaci obrazu je *Image Processing toolbox*. Obsahuje velké množství funkcí pro čtení a vizualizaci medicínských snímků, čtení metadat, konverzi datových typů, geometrických transformací, registraci obrazu, dále pro filtraci, změnu jasu, nebo morfologické operace, analýzu obrazu, a samozřejmě i segmentaci. Pro tu jsou implementovány např. algoritmy prahování, slučování oblastí, shlukování, watershed, aktivní kontury, fast marching, nebo graph cut. Je vybaven i kompletní segmentační aplikací – *Image Segmenter*, ta ale není přizpůsobená pro práci se snímkovou sadou.

3.3 Segmentace dat

Samotná segmentace byla rozdělena na dvě části – segmentace tukové tkáně, a jater. Tyto části se lišily jednak daty, a jednak vybranými postupy, které byly vybírány s ohledem na specifičnost daných struktur. Pro segmentaci tuku bylo vybráno 15 dobrovolníků, u nichž bylo segmentováno zvláště 8 dobrých snímků a u subkutánního tuku dále také 6 snímků s výrazně sníženou kvalitou (postižené zejména nehomogenitami jasu). Tím byla zkoumána robustnost vybraných algoritmů v případech, kdy nekvalitní snímky nelze opravit ani předzpracováním. Pro segmentaci jater bylo vybráno 20 dobrovolníků, a bylo segmentováno 14 snímků.

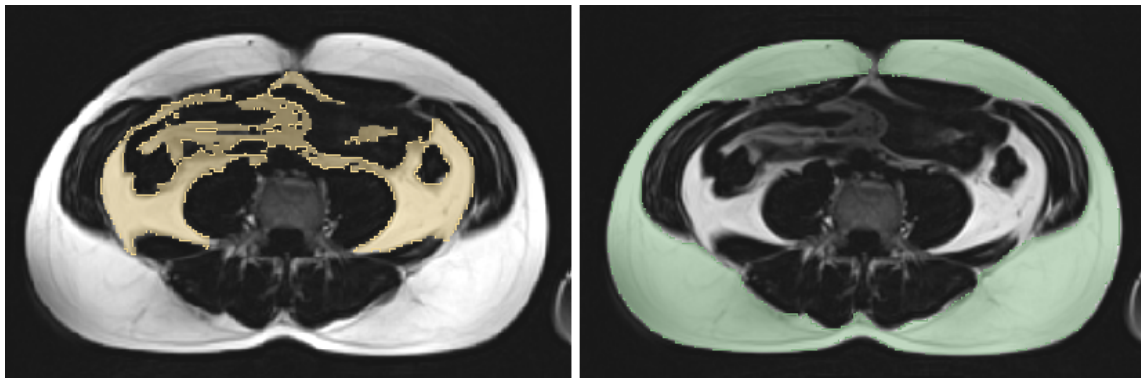
3.3.1 Segmentace tukové tkáně

Pro segmentaci tuku byly vybrány postupy, kde dominantní roli hráli algoritmy: prahování, shlukování, spojování oblastí, level sets a grow cut. Vzhledem k často neostrým hranicím viscerálního tuku byly vynechány hranově založené metody, a kvůli potřebě mnoha

tréninkových dat i neuronové sítě a atlasové metody. U některých globálně orientovaných metod bylo nutné využít manuálně vytvořené masky požadované oblasti. Jde totiž o segmentaci jedné tkáně, z níž nás ale zajímá pouze její určitá část.

Referenční segmentace

Na úvod bylo nutné provést referenční segmentaci, ke které bude možné jednotlivé metody vztahovat. Tento úkol bylo zamýšleno provést plně manuálně, což se ale záhy ukázalo jako extrémně časově náročné. Byl tedy použit algoritmus prahování s následnou manuální korekcí. Díky tomu se průměrný čas na jednoho pacienta snížil přibližně na třetinu, i tak však dosahoval u viscerálního tuku téměř 16 minut. Právě segmentace viscerálního tuku byla kvůli jeho členitosti a nepravidelnosti obtížnější a časově náročnější. Segmentace byla prováděna v programu 3D Slicer (modul Segment editor), který měl pro tento úkol nejhodněji uzpůsobené prostředí. Výsledek je vidět na obrázku 3.1. U každého pacienta byla provedena tato segmentace dvakrát a referenční objem byl získán jejich zprůměrováním.

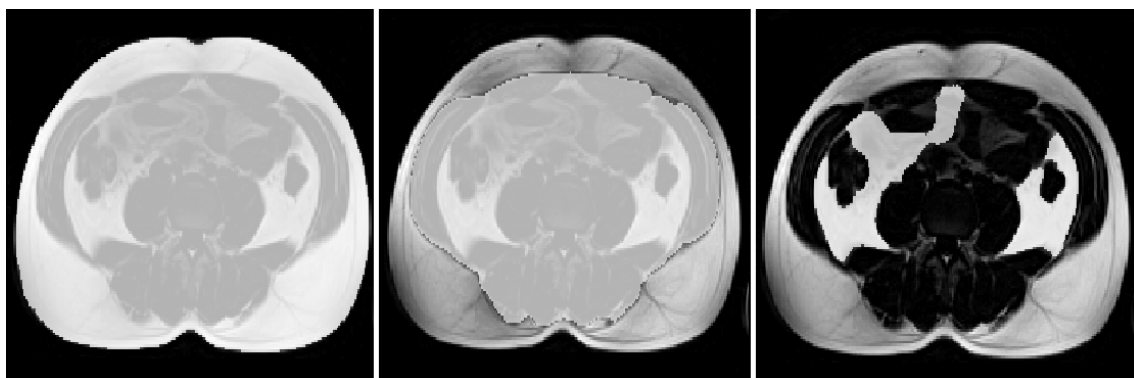


Obrázek 3.1: Výsledek manuální segmentace viscerálního tuku (vlevo) a subkutánního tuku (vpravo)

Postup ZRIR IKEM

Druhý byl aplikován postup používaný na ZRIR IKEM. Zde se standardně používá v Matlabu vytvořená aplikace. Ta vypočítává objem tuku ze dvou masek získaných hranovými detektory. První maska obsahuje celý objem břicha a je získána pomocí detekce

vnějšího obvodu trupu. Z ní je pak zmenšením (binární erozí) a hranovou detekcí vytvořena druhá maska, která odpovídá objemu břišní dutiny. Jejich odečtením je pak získán objem subkutánního tuku. Pro získání viscerálního tuku je v objemu vnitřní masky aplikováno prahování s automatickým nastavení prahu podle histogramu. Je však nutné po odečtení subkutánního tuku z této masky manuálně odstranit páteř, případně i žebra, jelikož v některých částech mají podobný jas jako tuk. Postup je znázorněn na obrázku 3.2.

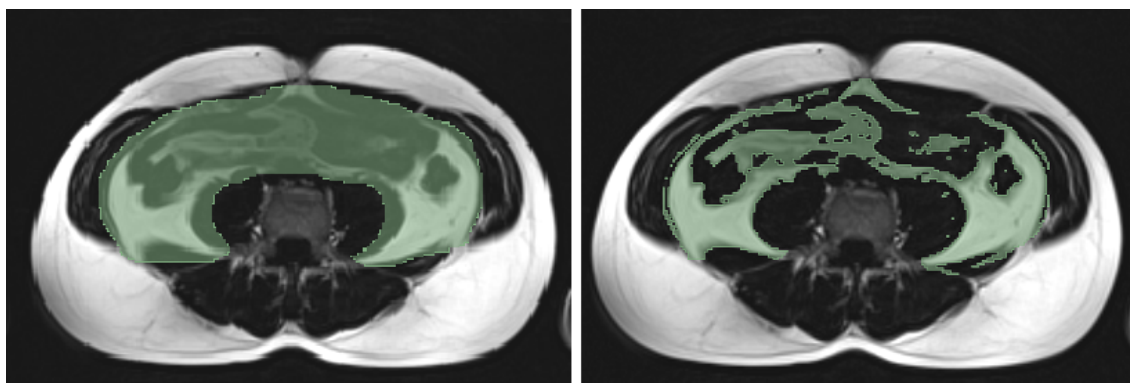


Obrázek 3.2: Postup ZRIR IKEM – vnější maska břicha (vlevo), vnitřní maska břišní dutiny (uprostřed), segmentovaný viscerální tuk (vpravo)

Prahování

Dalším vybraným algoritmem bylo prahování, které bylo provedeno v modulu *Segment editor* softwaru 3D Slicer. Jedná se sice o nejzákladnější metodu segmentace, nicméně byl zde předpoklad, že při MR sekvenci zvýrazňující tuk by mohlo jít o vcelku přesné a rychlé řešení. Bylo také zajímavé porovnat prahování bez vyhlazovací funkce z předchozí metody.

Před samotným prahováním byly opět použity masky, jejichž tvorba v postupu zabrala nejvíce času. Délka segmentace tak byla například ovlivněna vzdáleností mezi viscerálním a subkutánním tukem, což určovalo potřebnou pečlivost manuální tvorby masky. Práh byl zvolen na základě analýzy histogramu podle Otsuovy metody (viz. kapitola 2.3.1). Výsledná segmentace pro viscerální tuk je na obrázku 3.3. Segmentace subkutánního tuku byla provedena obdobným způsobem.



Obrázek 3.3: Výsledky segmentace prahováním – vytvořená maska (vlevo), výsledný viscerální tuk (vpravo)

Shlukování

Metoda shlukování (viz. kapitola 2.3.1) byla prováděna v ImageJ balíčku FIJI, pomocí pluginu *K-means Clustering*. Nejprve byla manuálně, kreslící elipsou vytvořena maska pro oddělení viscerálního (ev. subkutánního) tuku, a poté byl aplikován samotný algoritmus. Při jeho spuštění bylo nutné zadat počet předpokládaných tříd (objektů) v obraze. Poté byl obraz rozdělen na části podle zadaných tříd, jak je vidět na obrázku 3.4. Výsledný segment byl získán prahováním, kdy byly spojeny všechny třídy náležící objektu. Prahování bylo provedeno pluginem *Threshold*, a objem výsledného segmentu byl měřen pomocí pluginu *Voxel Counter*.

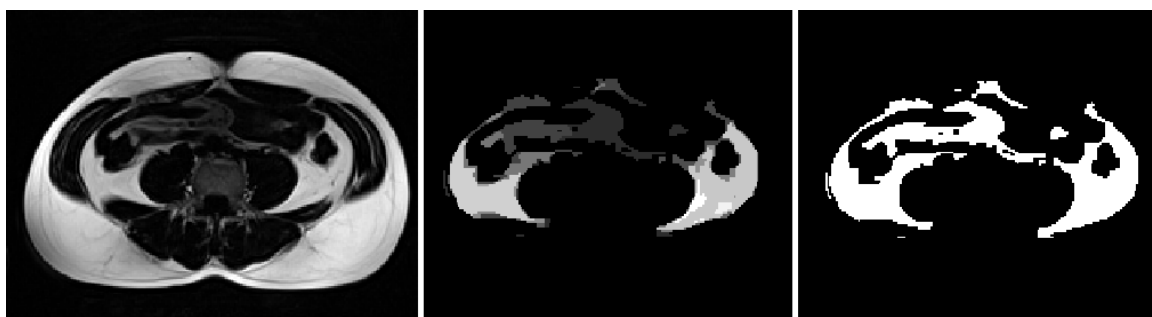


Obrázek 3.4: Výsledky segmentace shlukováním – vstupní snímek (vlevo), rozdělení do tří tříd (uprostřed), výsledný objem (vpravo)

Spojování oblastí

Dalším algoritmem bylo spojování oblastí. To bylo prováděno rovněž ve FIJI, a byl použit plugin *Statistical Region Merging*. Princip metody je popsán v kapitole 2.3.3. Použitý algoritmus se od popisu v teoretické části liší základním nastavením, kdy je každý pixel nastaven jako samostatná počáteční oblast. Spojování oblastí je pak prováděno na základě testu podobnosti ve vzestupném pořadí rozdílů jasů (a později středních hodnot). Metoda používá také optimalizaci podle nastaveného předpokládaného počtu objektů.

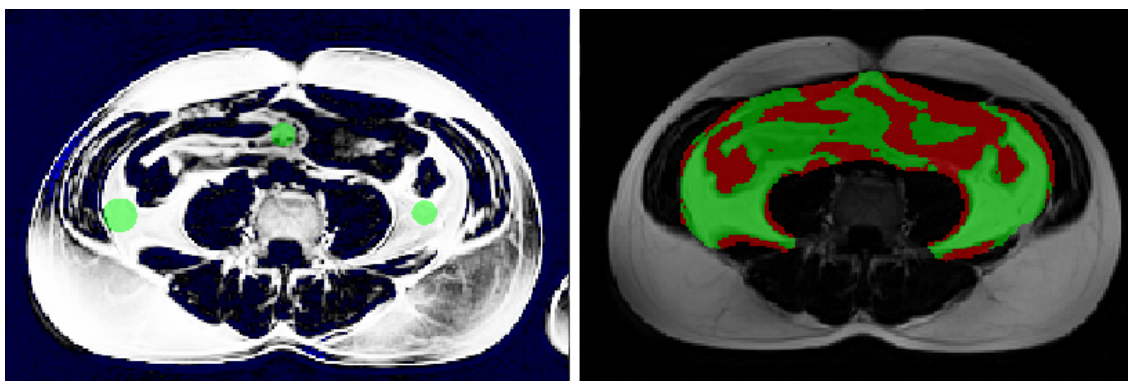
Před aplikováním metody byla opět vytvořena maska. Jak je vidět na obrázku 3.5, algoritmus navzdory doporučenému počtu objektů sloučil pixely do 5 až 7 tříd. Nakonec byly podobně jako u předchozí metody třídy sloučeny použitím prahování.



Obrázek 3.5: Výsledky segmentace spojováním oblastí – vstupní snímek (vlevo), rozdělení do tříd (uprostřed), výsledný objem (vpravo)

Level sets

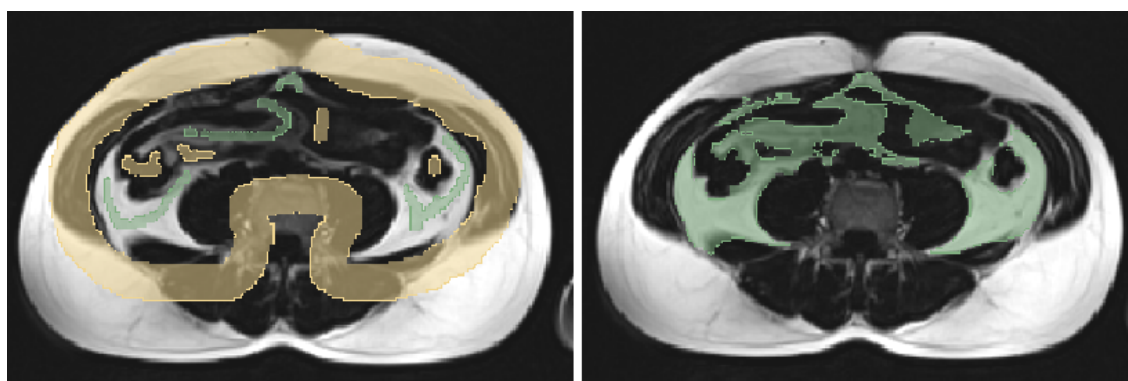
Metoda level sets (popsána v kapitole 2.3.4) byla použita v softwaru ITK-SNAP. Prvním krokem bylo opět vytvoření masky pro oddělení obou částí tukové tkáně. Dále byla provedena předsegmentace, v níž byla zvolena metoda prahování. Ta pro následnou segmentaci mírně zvýšila kontrast, jak je vidět na obrázku 3.6. Poté byly vkládány počáteční jádra. Jejich množství a umístění bylo dáno složitostí a kontrastem zájmových struktur. Totéž platilo i pro počet iterací segmentačního algoritmu, který se projevoval (ač minoritně oproti tvorbě masek a vkládání jader) na celkovém segmentačním čase.



Obrázek 3.6: Výsledky segmentace metodou level sets – předsegmentace prahováním a vložení jader (vlevo), výsledný objem překrývající masku (vpravo)

Grow cut

Posledním algoritmem vybraným pro segmentaci tuku byl grow cut, jehož princip byl popsán v kapitole 2.3.5. Tato metoda byla provedena v softwaru 3D Slicer pomocí modulu Segment editor. Zde se nachází nástroj *Grow from seeds*, do kterého byl integrován ve starších verzích přístupný modul Fast GrowCut.



Obrázek 3.7: Výsledky segmentace metodou grow cut – označení objektu a pozadí (vlevo), výsledný objem (vpravo)

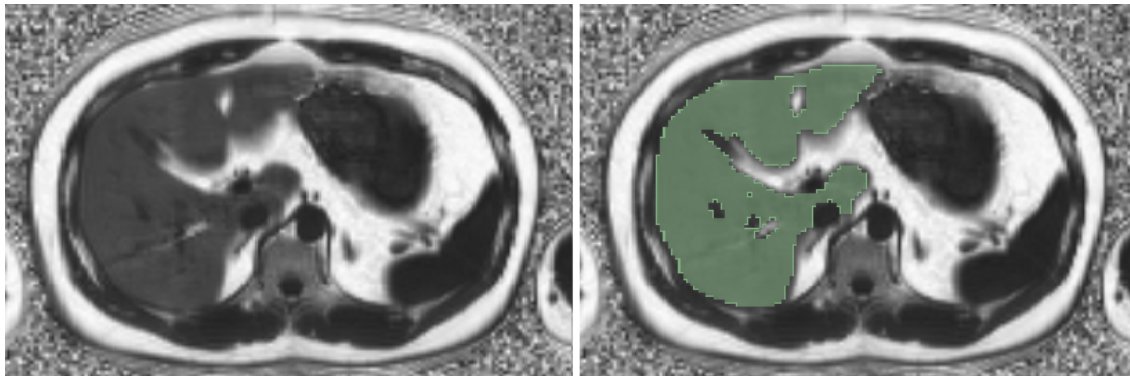
Před samotným použitím metody je potřeba pouze označit objekt a pozadí. Nástroj s tímto provedením metody neumožňuje nastavení žádných parametrů segmentace. Výhodou je, že při změně označení oblastí není přepočítáván celý objem, díky čemuž je usnadněna kontrola a urychlen výpočet nového segmentu při případných změnách v označení oblastí.

3.3.2 Segmentace jater

Pro porovnání segmentace jater byly vybrány postupy založené na algoritmech: shlukování, flood filling, level sets, grow cut a watershed. Oproti segmentaci tuku byl tedy zvolen algoritmus flood filling místo spojování oblastí, který při nižším kontrastu jater nedokázal rozeznat jejich hranice a do objektu zahrnul téměř celou břišní dutinu. Dále algoritmus watershed nahradil metodu prahování, jelikož jde o elementární metodu, a pro tento typ problému od ní nelze očekávat validní výsledky. Při segmentaci jater nebyl vyšetřován pouze objem výsledného segmentu, ale i průměrná intenzita zahrnutých pixelů, která se využívá při stanovení steatózy.

Referenční segmentace

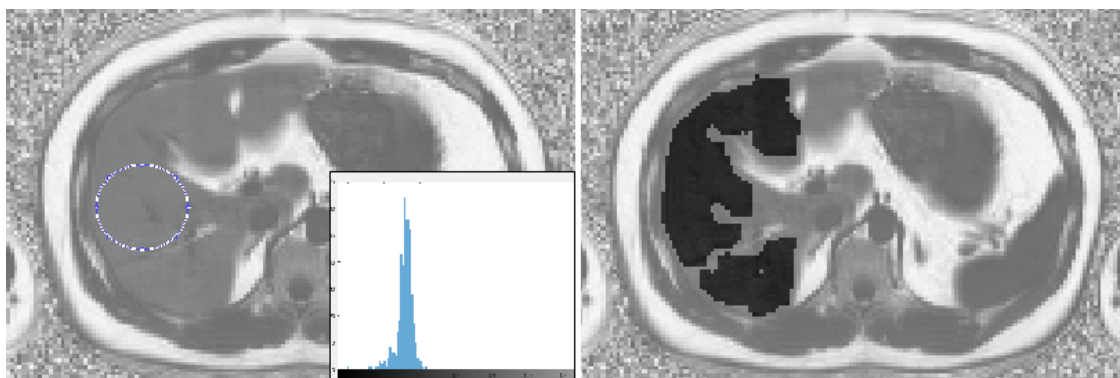
Nejprve bylo nutné pro porovnání metod opět vytvořit referenční objem. Ten byl tentokrát vytvořen pomocí plně manuální segmentace, jelikož játra mají poměrně pravidelný a ve většině případů konvexní tvar. Jeho plně manuální segmentace tudíž nebyla tak časově náročná jako v případě viscerálního tuku. Byl použit rovněž modul Segment editor v segmentačním softwaru 3D Slicer. Opět byly provedeny dvě vyhotovení, jejichž zprůměrováním se získal referenční objem.



Obrázek 3.8: Výsledek manuální segmentace jater – vstupní snímek (vlevo) a výsledek segmentace (vpravo)

Postup ZRIR IKEM

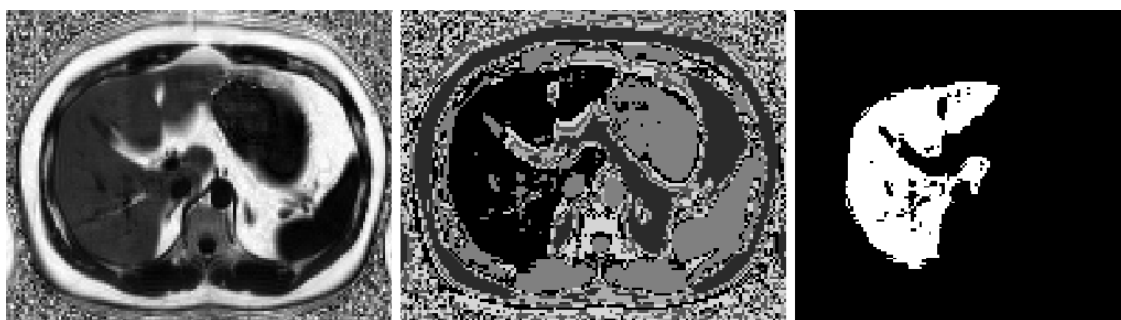
Postup, který je standardně používán na ZRIR IKEM využívá i v tomto případě na míru vytvořenou aplikaci v Matlabu. Jako vstupní formát aplikace využívá tzv. *MAT file*, což je datový kontejner, který je při práci s Matlabem běžně využíváný. Je však nutný další skript pro převod ze standardních medicínských datových formátů. Samotný segmentační algoritmus začíná výběrem kruhového objemu z homogenní části jater. Z tohoto objemu je vytvořen histogram, ve kterém jsou vybrány hodnoty horního a spodního prahu intenzity. Dále je vytvořena mapa hran snímku, ve které jsou jako objekt označeny pixely ve stanoveném rozmezí intenzit. Tím jsou získány objekty s požadovaným rozsahem intenzit, odděleny hranami. Nakonec jsou všechny objekty seřazeny podle velikosti, jelikož se předpokládá, že největší z nich tvoří játra. Výsledný objem je možné manuálně upravit pomocí náhledu překrytí vytvořené masky přes snímky pořízené pomocí sekvence HASTE, kde lze vidět hranice jater mnohem lépe. Tyto snímky musí být samozřejmě předem k dispozici a přiloženy v MAT file. Výstupem je procentuální zastoupení tuku vypočítané z průměrné intenzity pixelů. Aplikace neumožňuje výpočet objemu výsledného segmentu, výsledné masky tak byly exportovány a jejich měření bylo provedeno pomocí softwaru ImageJ.



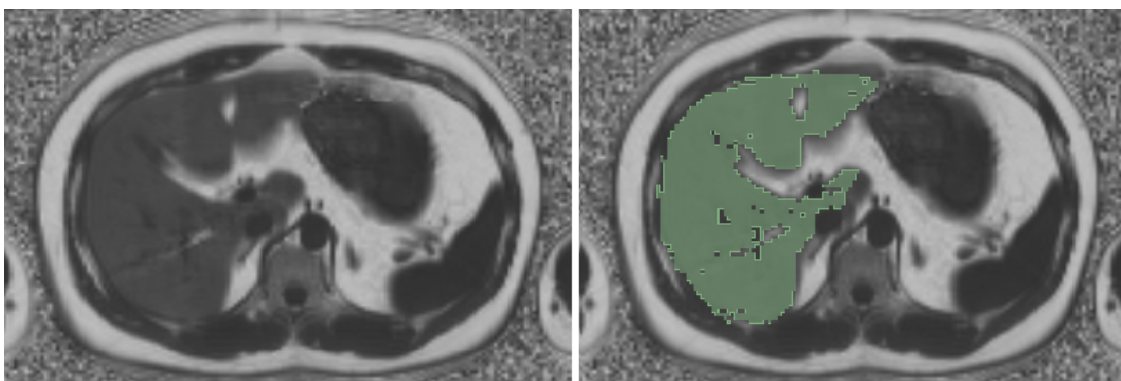
Obrázek 3.9: Výsledek segmentace jater postupem ZRIR IKEM – výběr oblasti pro tvorbu histogramu (vlevo) a výsledek segmentace (vpravo)

Shlukování

Druhým algoritmem bylo shlukování. Stejně jako u segmentace tuku zde byl použit plugin K-means Clustering ze softwaru FIJI. Při spuštění algoritmu byl zadán počet předpokládaných tříd, do nichž algoritmus rozdělil pixely obrazu. Třídy obsažené v objektu byly poté sloučeny prahovacím pluginem Threshold. Nevýhodou metody shlukování je, že je citlivá na šum, což je vidět na obrázku 3.10. Bylo tedy nutné následně manuálně odstranit malé ostrůvky zapříčiněné šumem, což mnohdy díky pravidelnosti tvaru jater a dostupným nástrojům nezabralo mnoho času. Vytvořené masky byly následně pomocí pluginu *Image calculator* odečteny od původních snímků. Z výsledných segmentů byla funkcí *Measure* a pluginem *Voxel Counter* určena průměrná intenzita a objem.



Obrázek 3.10: Výsledky segmentace shlukováním – vstupní snímek (vlevo), rozdělení do tříd (uprostřed), výsledný objem (vpravo)



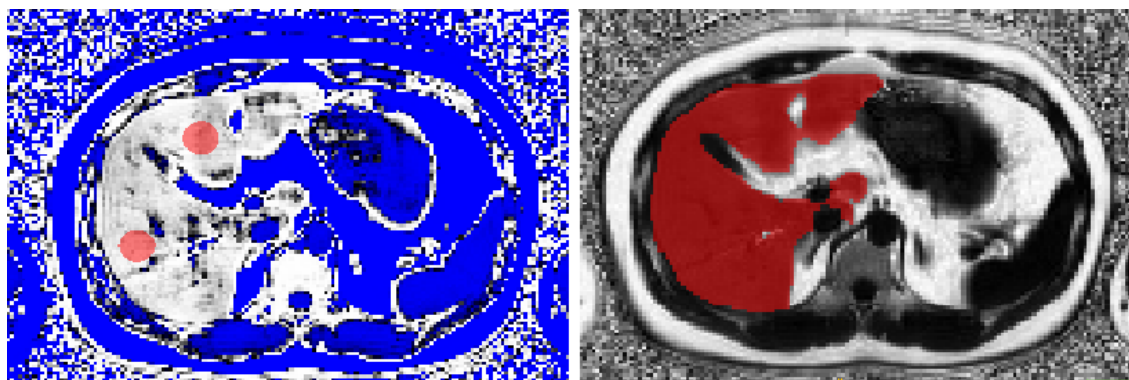
Obrázek 3.11: Výsledky segmentace metodou flood filling – vstupní snímek (vlevo), výsledný objem (vpravo)

Flood filling

Metoda flood filling byla popsána v kapitole 2.3.3. Byla aplikována v modulu Segment editor softwaru 3D Slicer. Její použití je velmi jednoduché, stačí vybrat jádrový pixel v cílové struktuře a popř. nastavit maximální povolenou jasovou diferenci a parametr omezující přetékání do okolních struktur. Výsledek použití této metody je na obrázku 3.11.

Level sets

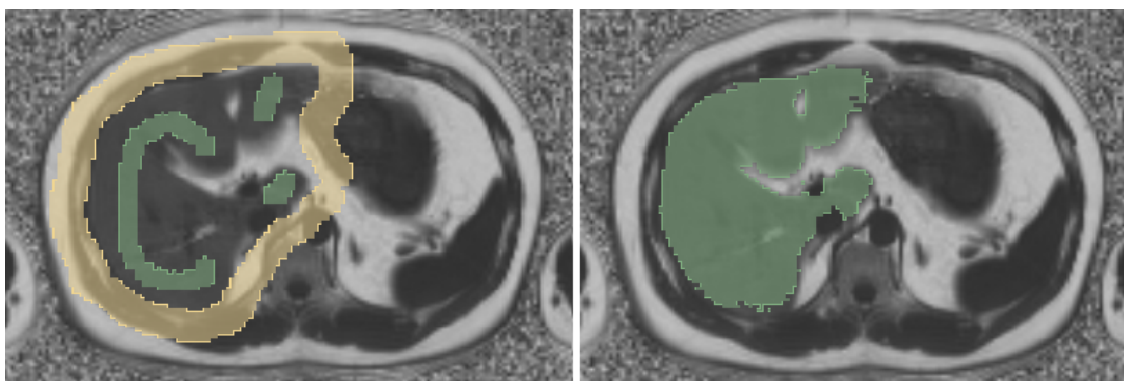
Algoritmus level sets byl aplikován v softwaru ITK-SNAP. V první fázi byla provedena předsegmentace metodou prahování, které umožnilo játra oddělit od okolních struktur. Následně byly do prostoru jater vkládána počáteční jádra. Kvůli tvarové pravidelnosti a velikosti jater bylo potřeba vždy maximálně 10 jader, v závislosti na kontrastu, nebo míře překryvu jinými strukturami. Kroky postupu jsou vidět na obrázku 3.12.



Obrázek 3.12: Výsledky segmentace metodou level sets – předsegmentace prahováním a vložení jader (vlevo), výsledný objem (vpravo)

Grow cut

Metoda grow cut byla opět provedena v softwaru 3D Slicer. Byl použit stejný postup jako při segmentaci tuku, s tím rozdílem, že většinou nebylo potřeba tak pečlivé označování objektu a pozadí, jelikož játra nemají tak složitý tvar. Jeden ze složitějších tvarů s důkladnějším označením je na obrázku 3.13. Označení bylo vkládáno každý třetí až čtvrtý snímek v závislosti na kontrastu jater.

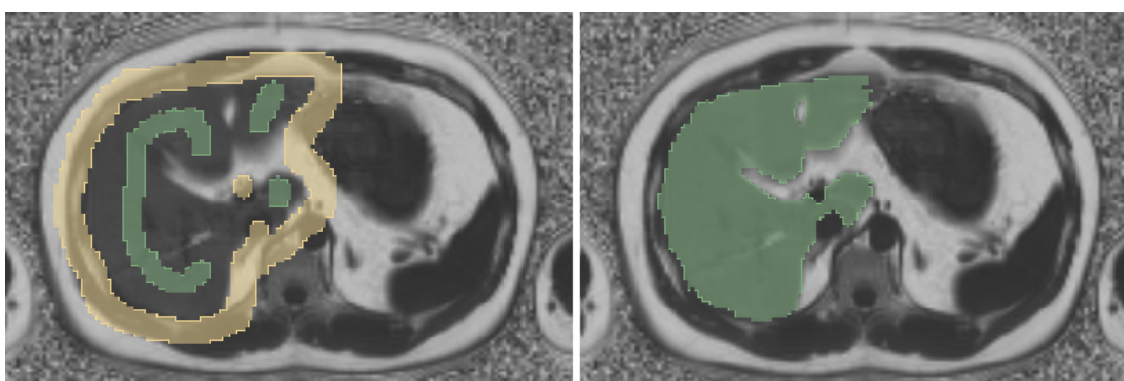


Obrázek 3.13: Postup segmentace metodou grow cut – označení objektu a pozadí (vlevo), výsledek segmentace (vpravo)

Watershed

Pro aplikaci algoritmu watershed byl použit software 3D Slicer, konkrétně modul Segment editor. Nástroj watershed v tomto provedení je modifikací základního algoritmu popsaného v kapitole 2.3.5. Modifikovaná verze využívá možnost označení objektu a pozadí a na základě těchto informací jsou z algoritmu watershed vynechány některá lokální minima, což řeší problémy s přesegmentací obrazu.

Na snímku je tedy potřeba označit objekt a pozadí. Dále lze regulovat už jen hladkost okrajů. Narozdíl od předchozí metody má toto provedení nevýhodu, že při prováděných změnách se přepočítává celý objem, takže změny jsou více časově náročné. Postup je znázorněn na obrázku 3.14.



Obrázek 3.14: Postup segmentace metodou watershed – označení objektu a pozadí (vlevo), výsledek segmentace (vpravo)

3.4 Výsledky

3.4.1 Segmentace tukové tkáně

Referenční segmentace

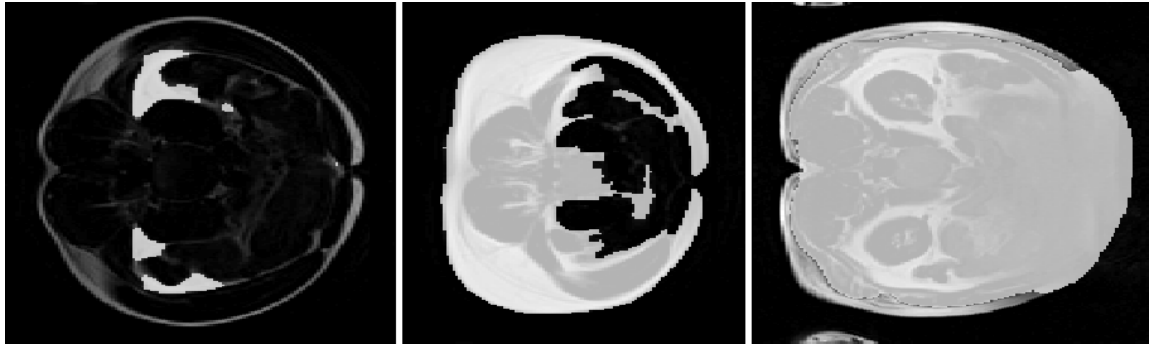
Jako první byla provedena manuální segmentace pro získání referenčního objemu viscerálního i subkutánního tuku. Jelikož byly v některých částech hranice tuku obtížně rozeznatelné, ani manuální segmentace není dokonale přesná, jak je vidět z tabulky A.1 pro viscerální tuk, resp. A.2 pro subkutánní tuk. Průměrný poměrný rozdíl obou provedení je 3,01 %, resp. 1,61 %. Můžeme čekat, že při vhodném porovnání s ostatními metodami by manuální segmentace co do přesnosti dopadla nejlépe. Tato přesnost je ale vyvážena největší časovou náročností – u viscerálního tuku téměř 16 minut, kvůli které se manuální přístup v praxi nevyužívá. Segmentace subkutánního tuku byla o něco méně časově náročná, kvůli jeho pravidelnějšímu tvaru a méně hladkým hranám, i tak ale průměrný čas přesáhl 12 minut.

Výsledky manuální segmentace snímků postižených artefakty jsou v tabulce A.3. Snímky trpěly nehomogenitami jasu v rámci jedné tkáně. Přestože hranice subkutánního tuku byly ještě zrakem rozeznatelné, vliv artefaktů se mírně projevil na výsledné přesnosti, i na časové náročnosti segmentace.

Postup ZRIR IKEM

Prvním testovaným postupem byl postup používaný na ZRIR IKEM. Z tabulky A.4 je patrné, že pro segmentaci viscerálního tuku nedosahoval příliš dobrých výsledků, a to především u hubených jedinců. Po aplikaci prahování byl totiž výsledný segment násoben vyhlazovací funkcí (pro odstranění malých ostrůvků), čímž se ale potlačily i tenčí souvislé části tuku, jak je vidět na obrázku 3.15. Při používání tohoto postupu na ZRIR IKEM se v těchto případech počítá s manuální korekcí.

Vyhlazení také způsobilo zaplnění malý děr v tukové tkáni, což na druhou stranu vede k navýšení objemu a drobnému falešnému zvýšení přesnosti. U jedinců s vyšším podílem tuku byly zpravidla tvary viscerálního tuku hladší a k těmto chybám téměř nedocházelo.



Obrázek 3.15: Chyby postupu ZRIR IKEM – vyhlazení segmentu (vlevo), chybná detekce vnější hranice (uprostřed), chybná detekce vnitřního obvodu subkutánního tuku (vpravo)

Segmentace subkutánního tuku byla úspěšnější, jak uvádí tabulka A.5. Přesto docházelo k občasným chybám. Pokud subkutánní tuk nebyl spojitý po obvodu trupu, docházelo k chybné detekci vnějšího objemu břicha (viz obrázek 3.15). Masky se tak často musely pro větší přesnost v průběhu postupu manuálně upravit, jinak by v některých případech docházelo k velmi chybným výsledkům. Manuální úpravy pak prodlužovaly čas segmentace. Úprava segmentu pomocí detekce hran v poslední fázi postupu však probíhala přesněji a relativní rozdíl objemu je tak v průměru jen 4,54 %. Nad očekávání dobře také reagovaly hranové detektory na tzv. ghost artefakty (viz. kapitola 2.2.4) v obrazech, které nebyly zahrnuty do vnější hranice subkutánního tuku.

Úskalím byla také segmentace nekvalitních snímků. V místech nehomogenity jasu se výrazně snižuje kontrast, na což jsou náchylné především zde použité hranové detektory. Docházelo tak k chybné detekci vnějších i vnitřních hranic subkutánního tuku, a výsledky by bez manuální úpravy v průběhu postupu byly zcela nesmyslné. I tak však, jak je patrné z tabulky A.6, závěrečné přilnutí okraje masky k vnitřním hranám subkutánního tuku probíhalo se značnou chybou.

Prahování

Z výsledků segmentace v tabulce A.7 je vidět, že metoda má dobré výsledky především u osob s vyšším podílem tuku. V těchto případech má totiž tuk zpravidla lepší kontrast. V extrémních případech, u osob s hodně malým podílem tuku metoda na relativní přesnosti velmi ztrácí.

Nedostatkem algoritmu je citlivost na šum, což se projevilo ve výsledcích v podobně drobných odlehlých ostrůvků. To by však nemusel být takový problém, jelikož v porovnání s celkovým objemem tuku byl objem těchto ostrůvků zanedbatelný. Větší vliv tak určitě spočíval v nepřesnosti algoritmu na nevýrazných hranicích tukové tkáně.

Z tabulky A.8 je patrné, že prahování podle očekávání poměrně dobře zvládlo segmentovat subkutánní tuk, kde jsou větší rozdíly v kontrastu. Průměrná poměrná chyba byla pouze 5,01 %. Zároveň se tolik neprojevuje závislost výsledku na celkovém podílu tuku.

Horší výsledky byly u nekvalitních snímků, kde prahování při nehomogenitě jasu selhává, což je ostatně základní nevýhodou tohoto algoritmu. Podle tabulky A.9 relativní chyba činila v průměru 33 %.

Shlukování

Metoda shlukování podle tabulky A.10 opět dosahovala poměrně dobrých výsledků u jedinců s vyšším podílem tuku. Kvalita segmentace se do jisté míry dala řídit zadaným počtem předpokládaných tříd při spuštění algoritmu. Pro viscerální tuk byly voleny zpravidla tři třídy. Při zvolení dvou tříd (pro tuk a pozadí) byl totiž tuk s nižší intenzitou zahrnut do pozadí. Jako vhodnější se tedy jeví zvolit tři třídy, a tuk rozdělený do více tříd následně prahováním sloučit. V některých případech, kdy měly hranice tuku nízký kontrast, byly voleny dokonce čtyři třídy. Tento algoritmus je velmi rychlý, a provedení segmentace pro větší počet tříd se významně neprojevilo na výsledném čase.

U subkutánního tuku, díky vyššímu kontrastu stačilo deklarovat třídy dvě, při třech, nebo více třídách už byly do objektu zahrnovány i okolní struktury, nebo drobné zbytky viscerálního tuku, které nezachytila oddělovací maska. Z tabulky A.11 lze vidět, že u subkutánního tuku bylo dosaženo velmi dobrých výsledků v porovnání s referenční segmentací. Poměrný rozdíl byl v průměru pouze 3,66 %, přičemž na něj měla vliv i jedna odlehlá hodnota ze segmentace extrémně malého množství tuku.

Pro segmentaci subkutánního tuku na nekvalitních snímcích byly voleny rovněž dvě třídy. Při zvětšení počtu tříd byly sice lépe zařazované části postižené nehomogenitami jasu, zároveň však byly chybně přiřazovány k tuku ostatní struktury. Postižené oblasti

tak nebyly do objektu zahrnuty, což se projevilo velkými rozdíly ve výsledném objemu. Poměrný rozdíl tak byl v průměru 35 % (viz tabulka A.12), což bylo nejvíce ze všech použitých metod.

Spojování oblastí

U této metody bylo pozorováno podobné chování jako u shlukování, nicméně byly tu drobné rozdíly. I zde šla podoba výsledného objemu do jisté míry regulovat počtem předpokládaných objektů v obraze, jelikož se změnou předpokládaných objektů se měnil více objem segmentů, než počet tříd. Byla zde ponechána přednastavená hodnota 25, protože při menším počtu byly potlačovány menší části tukové tkáně s nižším jasem. Na rozdíl od shlukování se projevila menší citlivost, jelikož jak pro velký, tak pro malý počet předpokládaných objektů v obraze, metoda nebyla schopna odlišit v objektu malé díry. To vedlo k drobnému falešnému zvýšení přesnosti segmentace u viscerálního tuku. Menší citlivost vedla také k výrazně horším výsledkům u osob s nízkým podílem tuku, což je patrné z tabulky A.13.

Při segmentaci subkutánního tuku takové problémy pozorovány nebyly. Díky jeho charakteru zde bylo dosaženo velmi dobrých výsledků, kde průměrná relativní chyba dosáhla hodnoty 3,21 % (viz tabulka A.14), přičemž byla opět negativně ovlivněna jedním extrémním případem.

Při segmentaci nekvalitních snímků byla provedena změna v počtu předpokládaných tříd v objektu. Artefakty totiž vedly k nejasným hranicím subkutánního tuku. Při vyšším počtu tříd tak sice rostla schopnost správného zařazení tuku s malým jasem, daleko častěji však docházelo k chybnému přiřazení okolních struktur. To by způsobovalo domněle vyšší přesnost algoritmu. Při zvolení dvou tříd nebyly přiřazeny části postižené nehomogenitami jasu, což se projevilo na velkých chybách, jak lze pozorovat v tabulce A.15.

Level sets

Podle výsledků segmentace viscerálního tuku z tabulky A.16 není metoda level sets při segmentaci viscerálního tuku příliš přesná. Velké nepřesnosti v segmentaci jsou patrné u osob s nízkým podílem tuku. Tato metoda je totiž nevhodná pro segmentaci drobných,

nebo úzkých oblastí, jak je popsáno v kapitole 2.3.4. Také je možné si všimnout delšího operačního času. Časově nejnáročnějším krokem po kladení jader byla tvorba masky. Tento krok by u některých sad nebyl nutný, ale v případech, kdy byla část viscerálního tuku spojena s tukem subkutánním, se rozšiřoval segment subkutánním tukem rychleji, než v menších a méně jasných částech viscerálního tuku. Zde by docházelo k velkým chybám ve výsledných objemech a bylo nutné tedy ty části oddělit.

K omezení tohoto jevu slouží také přenastavení parametrů, podle kterých se tvoří kontury, nicméně pro viscerální tuk tato možnost nelze využít, protože větší efekt než na průchodnost mezi subkutánním a viscerálním tukem by byl na průchodnost tenkými částmi viscerálního tuku. Další eventualitou by mohlo být vhodnější a čtenější vkládání počátečních jader, což by ale bylo ještě více časově náročné. Lepších výsledků metoda dosahuje u většího podílu tuku – kolem 2 dm^3 (ve vybraném vzorku 8 snímků, nikoliv celkového viscerálního tuku).

Segmentace subkutánního tuku dopadla lépe, jak je vidět z tabulky A.17, průměrná poměrná chyba byla jen 5,93 %. Můžeme si zde také všimnout, že téměř všechny objemy výsledných segmentací jsou větší než referenční objemy. To nebylo způsobeno špatnou lokální klasifikací okolních struktur, dá se tedy předpokládat, že šlo o přílišné přiléhání přes hrany v rámci celého obvodu subkutánního tuku, zvláště pak v částech s nižším kontrastem. Tyto jevy byla snaha omezit nastavením parametrů formování kontury, což však podobně jako u viscerálního tuku hodně ovlivňovalo průchod algoritmu tenčími místy. Navíc vliv parametrů se odvíjí od parametrů obrazu, takže bylo nutné zkoušet jejich kombinace pro každou sadu zvlášť, což bylo časově náročné.

Pro segmentaci nekvalitních snímků je opět nevhodný charakter této metody. Kontury jsou totiž odvozovány od síly hran, což u snímků postižených artefakty působí značné problémy, jak je vidět výsledků v tabulce A.18. Dokonce došlo k tomu, že u jedné sady snímků s extrémně nízkým zastoupením tuku byly kontury vlivem vnějších formujících sil úplně potlačeny a výsledný objem segmentu byl téměř nulový.

Grow cut

Poslední byla metoda grow cut. Jak už bylo zmíněno, u této metody chyběla možnost nastavení jakýchkoliv parametrů. Výsledek segmentace bylo ale možno ovlivnit pečlivostí v označování objektu a pozadí a počtem takto označených snímků. Inicializace jader opět zabrala většinu času, samotný algoritmus poté pracoval několik sekund. Pro dobré výsledky i u složitých struktur byl ve všech sadách takto označen přibližně každý třetí až čtvrtý snímek v závislosti na kontrastu tukové tkáně. Pokud byly na snímcích části tukové tkáně se sníženou intenzitou, bylo potřeba některé označení provést pečlivěji, jak je vidět na obrázku 3.7. Přesto lze vyčíst z tabulky A.19, že algoritmus nepracoval optimálně, a to konkrétně v tenkých částech tukové tkáně, které i při větší množství pomocných označení nepřiznával správně. U osob s větším podílem tuku byly výsledky lepší, ani zde ale nedocházelo k detekci rozhraní tuku a pozadí zcela optimálně.

Segmentace subkutánního tuku naproti tomu patřila k přesnějším. V tabulce A.20 je vidět, že až na dva extrémní případy byla segmentace velmi přesná a výsledky se hodně blížily referenčnímu objemu. Tato přesnost navíc byla dosažena při nejkratším operačním času v porovnání s ostatními metodami. V tomto případě také inicializace objektu a pozadí nemusela být tak podrobná jako v případě viscerálního tuku.

Výsledky segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích jsou v tabulce A.21. I přes větší počet pomocných označení objektu a pozadí metoda nebyla schopna dobře rozeznat hranice tuku. Samozřejmě by šlo pro dosažení lepších výsledků přidat označení více, úměrně tomu by však rostl výsledný čas a postup by se tolik nelišil od plně manuální segmentace. Kvůli vynechání nehomogenních oblastí je poměrná chyba v průměru 34 %.

3.4.2 Segmentace jater

Referenční segmentace

Segmentace referenčního objemu jater na rozdíl od segmentace u tukové tkáně probíhala plně manuálně, což bylo umožněno jednodušším tvarem a velikostí jater. I tak byl ale průměrný čas segmentace větší než 20 minut na osobu. Samozřejmě ani zde není manuální

segmentace dokonale přesná, jak lze vidět v tabulce A.22, průměrná chyba je 1,52 %. Z tabulky A.23 je patrné, že při tak malé chybě v objemu jater je chyba stanovení steatózy klinicky nevýznamná.

Postup ZRIR IKEM

Matlabovská aplikace používaná na ZRIR IKEM měla dobré výsledky při vyšším kontrastu jater. S klesajícím kontrastem však byly v segmentaci větší chyby, které bylo nutné manuálně opravit. V závislosti na zvolení prahů v histogramu docházelo buď k tomu, že byla do objektu zahrnuta příliš malá část jater, nebo naopak byly zahrnuty i okolní struktury spojené s játry. Manuální korekce pak byly delší, a méně přesné kvůli možnostem uživatelského prostředí.

Shlukování

U shlukování byla opět podoba výstupního segmentu regulována předpokládaným počtem tříd. Kvalita segmentace hodně závisela na kvalitě vstupních dat a nebylo tedy možné použít univerzální počet tříd pro všechny sady snímků. U snímků s nižším kontrastem byly při zvolení většího množství tříd samostatné pixely reprezentující tuk zahrnuty do jedné třídy s ostatní tukovou tkání. To sice nemělo velký vliv na objem segmentu, ale určitě by se to promítlo do výsledku steatózy. Z toho důvodu bylo nutné u každé sady vyzkoušet více možností a zvolit tu nejvhodnější. Tak bylo dosaženo optimálního výsledku, ale zároveň narostl výsledný čas segmentace. Další nevýhodou byla citlivost na šum. Odstranění samostatných pixelů po segmentaci lze provést pomocí binární operace otevření (eroze následovaná dilatací), zde bylo ale pro co největší zachování výsledného segmentu použita maska. Její tvorba byla rychlá a díky pravidelnosti tvaru jater bylo často možné upravit všechny snímky najednou. V některých případech, kdy byly játra vizuálně spojena s některým z okolních orgánů, metoda také nedokázala rozpoznat jejich hranici. Bylo tak nutné hranici jater opravit manuálně, což opět prodloužilo čas segmentace. Z tabulky A.26 lze vidět, že shlukování dosahovalo v některých případech velmi dobrých výsledků. To bylo zejména u snímků s větším kontrastem a bez spojení jater a okolních orgánů. Průměrný rozdíl ve stanovení steatózy pak je 0,69 %.

Flood filling

Metoda Flood filling patří k jedné z základních segmentačních metod, ale při výběru metod pro segmentaci jater dosahovala nejlepších výsledků ze všech regionově zaměřených metod. Aplikace metody byla velmi rychlá. Prakticky celý segmentační čas byly pouze regulovány parametry pro nastavení nejlepší možné segmentace. V některých případech bylo velmi obtížné nastavit parametry tak, aby segment dobře vystihoval játra, ale zároveň nepřetékal do jiných orgánů. Pokud se nepodařilo získat uspokojivý výsledek, bylo na úkor dobrého vyplnění jater tolerováno přetečení do jednoho orgánu. Následná manuální korekce byla méně časově náročná než optimální stanovení parametrů. I tak lze ale z tabulky A.28 vidět, že odchýlení od reference se často pohybuje kolem 20 %. Aplikace metody je sice velmi jednoduchá, ale nestačí na složitější úlohy.

Level sets

Při segmentaci jater dosahovala metoda level sets v porovnání se segmentací tukové tkáně nejen lepších segmentačních časů kvůli absenci masky a potřebě méně jader, ale hlavně přesnějších výsledků. To především díky pravidelnému a oblému tvaru jater. Bylo tak možné efektivněji regulovat segmentaci pomocí parametrů ovlivňujících formování kontury. Jak je vidět z tabulky A.30, regulace byla poměrně úspěšná. Hranice jater byly špatně zachytávány jen v několika případech s menším kontrastem. Občas také docházelo k přelévání segmentu do jiných orgánů, pokud bylo spojení s játry tak velké, že se jeho prostupem nedokázalo zabránit nastavením parametrů. V těchto případech byly segmenty manuálně opraveny, jelikož se jednalo o velké procentuální chyby, ale jejich oprava byla záležitostí sekund. Poměrná chyba tak pouze v jednom případě přesáhla 10%, jak lze však vidět v tabulce A.31, neměl tento případ velký vliv na stanovení steatózy.

Grow cut

Také u metody grow cut se projevila větší vhodnost použití u jater, oproti segmentaci viscerálního tuku. I zde však docházelo k občasným chybám. Se snižujícím se kontrastem jater přesnost detekce hran rychle klesá. Řešením bylo vkládat označení pozadí až

na hranici jater, což zaručovalo, že ji kontura objektu nepřejde. To je sice mírně časově náročnější oproti náhodnému označování, ale v případě, kdy je potřeba takto označit čtyři až pět snímků, není prodloužení času tolik znatelné. Metoda Grow cut je velmi jednoduchá a rychlá na implementaci, a jak je vidět z tabulky A.32, disponuje i velkou přesností. Dosahuje průměrné relativní chyby chybou 3,06 %, což je nejméně ze všech testovaných postupů pro játra.

Watershed

Poslední metodou byla metoda watershed. Zde šla kvalita výsledné segmentace regulovat mírou označení objektu a pozadí v obraze, nebo parametrem ovlivňující hladkost okrajů. Označování bylo prováděno na každém třetím snímku, jelikož při menším počtu označení rychle klesala přesnost detekce hran, a hrozilo by velké přetečení do okolní tkáně. Přičtení okolního tuku by pak mohlo výrazně ovlivnit výsledek podílu tuku v játrech. Z tabulky A.34 je však vidět, že detekce hran ani tak nebyla optimální a výsledky segmentací se tak řadí mezi horší.

3.4.3 Shrnutí

Výsledky segmentací všech metod byly pro přehlednost shrnuty do tabulek 3.1 až 3.4. Na jejich základě bylo provedeno závěrečné hodnocení. Po konzultaci s pracovníky centra ZRIR IKEM bylo stanoveno, že pro účel této práce bude vhodné zhodnotit výsledky pomocí jednak průměrných hodnot uvedených ve výsledných tabulkách, a pak pomocí Bland-Altmanových grafů, které jsou klasickou metodou pro porovnávání výsledků obdržených pomocí různých metod nebo přístupů.

Segmentace viscerálního tuku byla podle očekávání náročnější než u tuku subkutánního, což se projevilo na obecně větších chybách u všech testovaných metod. Jako nejvhodnější pro tento typ problému byl zvolen postup shlukováním. Jak je vidět z tabulky 3.1, vykazuje na testovacích datech nejmenší relativní chybu, a zároveň i nejmenší směrodatnou odchylku, což implikuje největší spolehlivost vykazovaných výsledků. Současně patří mezi časově méně náročné postupy. Postup používaný na ZRIR IKEM vyšel co do přesnosti nejhůře, přičemž má i jeden z nejdelších segmentačních časů.

Tabulka 3.1: Shrnutí výsledků segmentace viscerálního tuku (průměrný referenční objem $V=1214 \text{ cm}^3$)

Metoda	Postup ZRIR IKEM	Prahování	Shlukování	Spojování oblastí	Level sets	Grow cut
Průměrný rozdíl objemu oproti referenci [cm^3]	237	97	52	152	184	108
SD ¹ [cm^3]	118	61	25	97	104	68
Relativní rozdíl objemu oproti referenci [%]	29	13	6,5	18	21	15
SD [%]	23	14	6,2	15	19	18
Průměrný čas [min:sec]	7:05	4:03	4:17	4:32	8:42	4:05
SD [min:sec]	0:26	0:24	0:29	0:29	0:26	0:24

Tabulka 3.2: Shrnutí výsledků segmentace subkutánního tuku (průměrný referenční objem $V=1368 \text{ cm}^3$)

Metoda	Postup ZRIR IKEM	Prahování	Shlukování	Spojování oblastí	Level sets	Grow cut
Průměrný rozdíl objemu oproti referenci [cm^3]	38	64	36	30	52	25
SD [cm^3]	35	34	23	25	34	27
Relativní rozdíl objemu oproti referenci [%]	4,5	5,0	3,7	3,2	5,9	3,5
SD [%]	8,9	2,3	4,7	5,0	9,2	7,4
Průměrný čas [min:sec]	3:05	5:30	4:28	4:04	7:16	1:14
SD [min:sec]	0:36	0:44	0:29	0:30	0:14	0:19

Výsledky segmentace subkutánního tuku jsou v tabulce 3.2. Na první pohled dosahují hned tři metody velmi podobné přesnosti. Jde o metody shlukování, spojování oblastí a grow cut. Při bližší analýze tabulek s podrobnými výsledky segmentací bylo zjištěno,

¹směrodatná odchylka

že všechny tři metody jsou ovlivněny jedním extrémním případem s velmi malým podílem tuku. Jde navíc o tak specifický případ, že při jeho segmentaci selhaly všechny testované metody. Nejvíce byla tímto extrémem ovlivněna metoda grow cut, která by jinak dosahovala nejmenší relativní chyby i směrodatné odchylky. Tato metoda zároveň dosahuje s výrazným odstupem nejmenšího operačního času. Pro praktické užití při segmentaci subkutánního tuku se tudíž jeví jako nejvhodnější. Postup používaný na ZRIR IKEM přesností zaostával za zmíněnými metodami, ačkoliv jeho operační čas byl kratší než u shlukování a slučování oblastí. Nelze však očekávat, že by při srovnatelném čase dosahoval v porovnání s nimi významně lepších výsledků.

Tabulka 3.3: Shrnutí výsledků segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích (průměrný referenční objem $V=653 \text{ cm}^3$)

Metoda	Postup ZRIR IKEM	Prahování	Shlukování	Spojování oblastí	Level sets	Grow cut
Průměrný rozdíl objemu oproti referenci [cm^3]	80	204	215	204	133	198
SD [cm^3]	46	55	54	33	60	39
Relativní rozdíl objemu oproti referenci [%]	15	33	35	35	26	34
SD [%]	12	7,1	7,3	11	23	13
Průměrný čas [min:sec]	6:19	4:00	3:53	4:21	6:26	3:39
SD [min:sec]	1:41	0:36	0:24	0:25	1:05	0:31

Segmentace snímků postizených artefakty byla provedena pro srovnání metod v extrémních případech, kdy kvalitních snímků nelze dosáhnout ani s předzpracováním. Z tabulky 3.3 je patrné, že žádná z metod v takových případech nedosahuje uspokojivé přesnosti. Nejlepších výsledků dosáhl postup používaný na ZRIR IKEM, přičemž určitý vliv měly určitě nutné manuální korekce v průběhu postupu. Ty se také projeví na celkové segmentační době. Další v pořadí přesnosti byla metoda level sets. Ta byla velmi ovlivněna případem s nízkým podílem tuku, kdy úplně selhala, jelikož relativní chyba byla 99,3 %. Při zanedbání tohoto případu by byla průměrná relativní chyba přibližně polo-

viční, nicméně i tato metoda je časově více náročná. Nejrychlejší metoda shlukování pak dosahuje nejhorších výsledků přesnosti segmentace.

Tabulka 3.4: Shrnutí výsledků segmentace jater (průměrný referenční objem $V=886 \text{ cm}^3$)

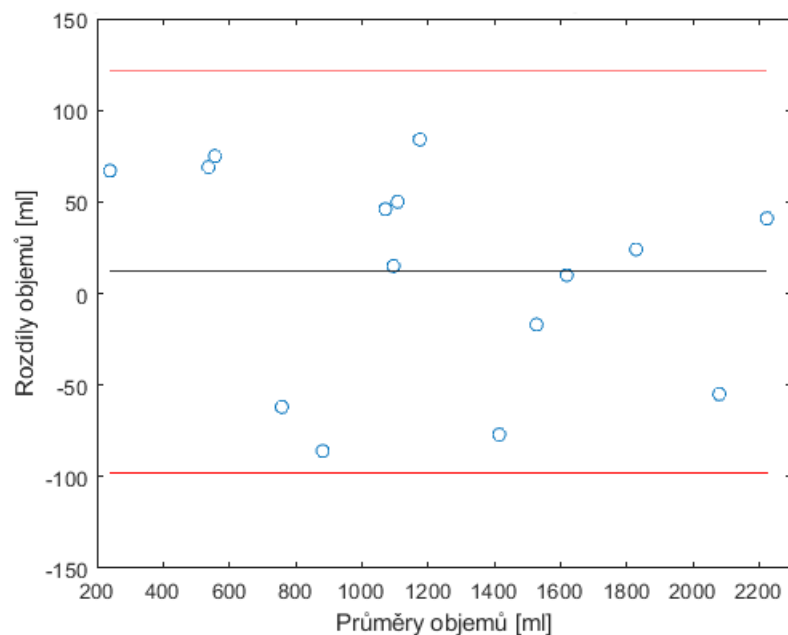
Metoda	Postup ZRIR IKEM	Shlukování	Flood filling	Level sets	Grow cut	Watershed
Průměrný rozdíl objemu oproti referenci [cm^3]	56	53	141	45	28	66
SD [cm^3]	40	35	77	26	21	42
Relativní rozdíl objemu oproti referenci [%]	6,2	6,2	16	4,9	3,1	7,6
SD [%]	4,3	4,1	9,5	2,3	2,2	5,1
Prům. rozdíl steatózy [%]	0,67	0,37	0,56	0,23	0,17	0,49
SD [%]	0,33	0,34	0,42	0,18	0,15	0,29
Průměrný čas [min:sec]	7:35	4:42	2:02	1:59	2:38	2:38
SD [min:sec]	0:59	0:31	0:42	0:28	0:36	0:29

Výsledky segmentace jater jsou shrnuty v tabulce 3.4. Z ní je patrné, že nejmenší relativní chybu prokázala metoda grow cut, která je také soudě dle směrodatné odchylky hodně spolehlivá. Přesnosti segmentace odpovídá i minimální rozdíl při stanovení steatózy. Dále dosáhla dobrých výsledků metoda level sets, jejíž aplikace je oproti předchozí metodě rychlejší, a průměrný rozdíl ve stanovení steatózy je téměř totožný. U postupu zavedeném na ZRIR IKEM byly výsledky méně přesné. Časová náročnost byla kvůli nutným manuálním korekcím z testovaných metod největší, stejně tak jako průměrný rozdíl steatózy. Nutno však dodat, že se i tak tento rozdíl pohyboval v řádu desetin procent, což je vzhledem ke čtyřstupňovému škálování steatózy zanedbatelné.

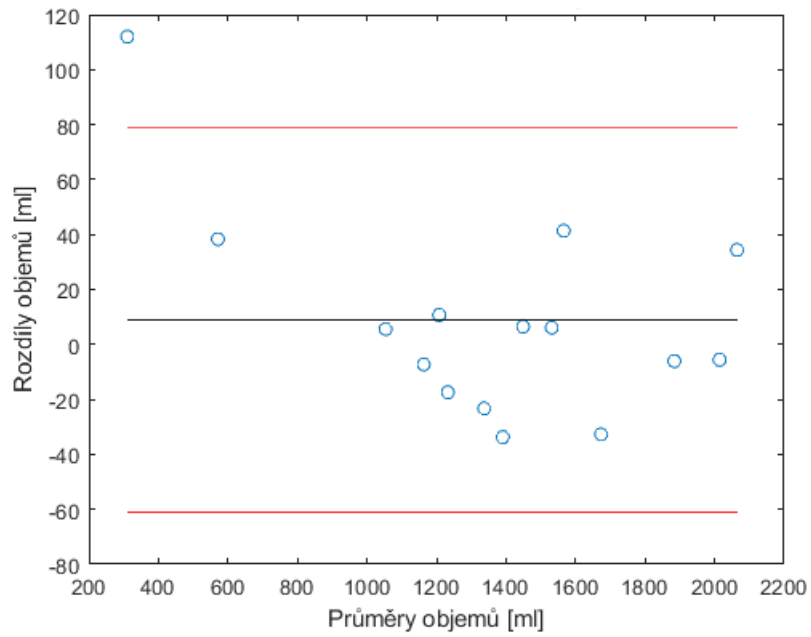
Po vyhodnocení nejvhodnějších metod v jednotlivých úlohách byly pro tyto metody zpracovány Bland-Altmanovy grafy. Ty zobrazují difference objemů srovnávaných metod v závislosti na jejich průměru u jednotlivých měření, pomocí čehož lze odhalit systematické chyby v měření a zároveň upozorovat velké rozdíly v jednotlivých případech. Součástí

je také linie průměrné difference značící tzv. offset, a dvě přímky 95% limitů shody, stanovené jako průměr diferencí $\pm 1,96$ SD. V ideálním případě by všechny body měly být v tomto rozmezí, body mimo něj značí velkou nepřesnost a je třeba je podrobněji analyzovat.

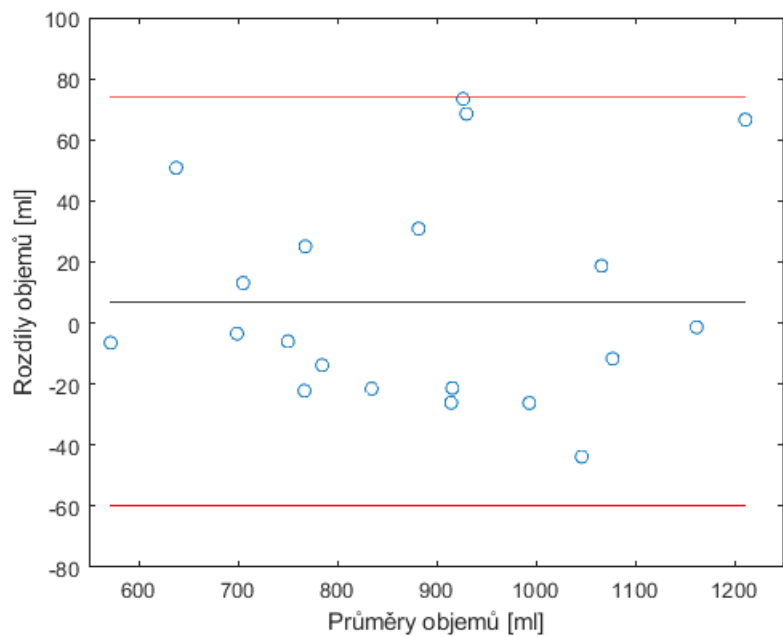
Z grafů 1–3 je vidět, že všechny hodnoty jsou v oblasti rovnoměrně rozdělené, a není z nich patrný žádný trend (ať už rostoucí, nebo klesající), který by ukazoval na systematickou chybu měření. Offsetové linie jsou blízko nule, což vylučuje významné nadhodnocování, či podhodnocování testovaných metod. V případě segmentace viscerálního tuku metodou shlukování a segmentace jater metodou grow cut jsou všechny body uvnitř konfidenčního intervalu a měření tak nemá žádné extrémní hodnoty. U segmentace subkutánního tuku metodou grow cut lze v grafu vidět jednu extrémní hodnotu, která byla blíže prozkoumána při vyhodnocení. Tato hodnota pak posouvá (nevýznamně) nulovou linii do kladných hodnot. Na základě analýzy grafů lze tak konstatovat, že vybrané metody dávají validní výsledky bez významných systematických chyb.



Graf 1: Graf Bland-Altman: Segmentace viscerálního tuku – Referenční objem vs clustering



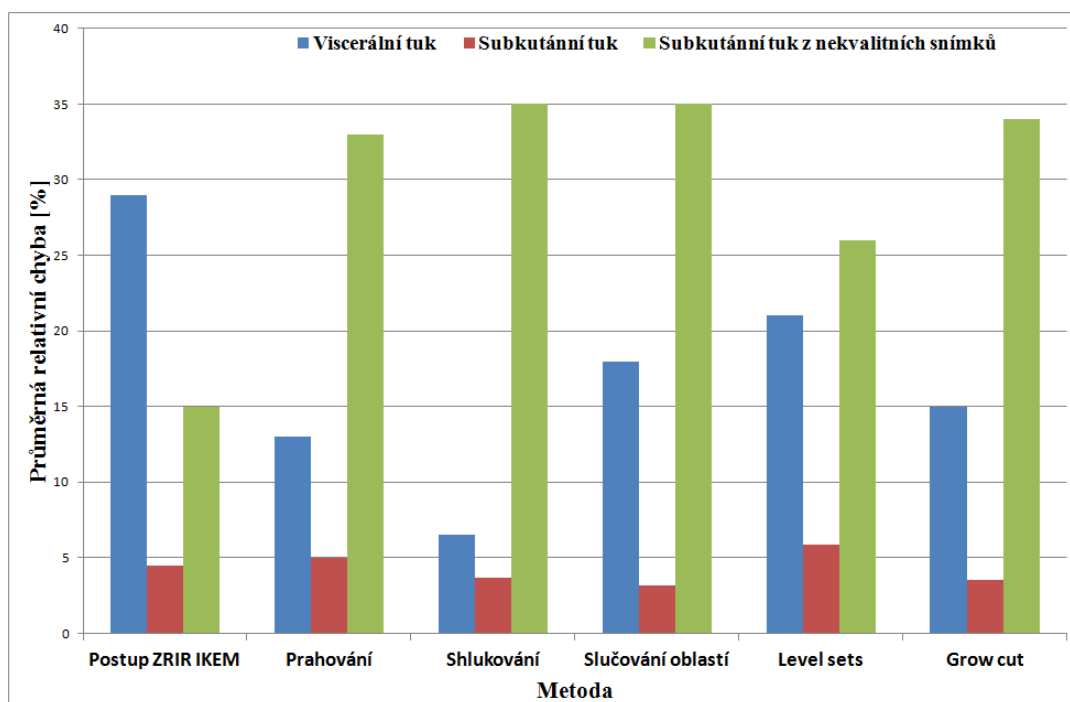
Graf 2: Graf Bland-Altman: Segmentace subkutánního tuku – Referenční objem vs grow cut



Graf 3: Graf Bland-Altman: Segmentace jater – Referenční objem vs grow cut

4 Diskuse

Testování segmentačních metod ukázalo, že výběr vhodné metody pro daný typ úlohy je netriviální a velmi důležitou součástí celého procesu kvantifikace tukové tkáně a jaterní steatózy z MR snímků. Dobře to lze vidět v grafu 4, kde je porovnání všech metod vybraných pro segmentaci tukové tkáně rozlišených dle zájmu segmentace.

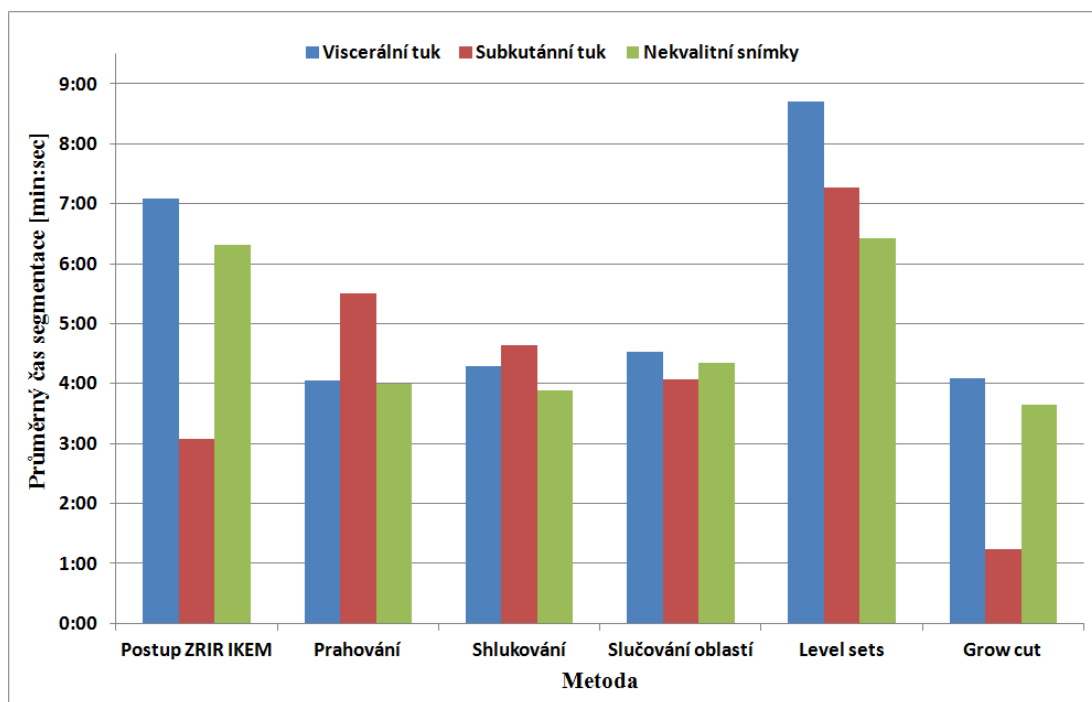


Graf 4: Porovnání metod pro segmentaci tukové tkáně

Z grafu je patrné, že i při segmentaci jedné tkáně se výsledky v rámci jedné metody mohou diametrálně lišit v závislosti na charakteru struktury (velikost, složitost tvaru, přítomnost malých děr, nebo odlehlých ostrůvků), nebo kvalitě obrazu (kontrast struktury, výraznost hran, přítomnost artefaktů). U většiny metod lze pozorovat trend, kdy největší

přesnost vykazují při segmentaci subkutánního tuku, poté u viscerálního tuku, a nejmenší při segmentaci subkutánního tuku snímků postižených artefakty. To je dáno právě jednodušším a pravidelnějším tvarem subkutánního tuku, a zpravidla jeho větším kontrastem a ostřejšími hranami. Jedinou výjimkou v tomto trendu je postup zavedený na ZRIR IKEM, jak už však bylo zmíněno při vyhodnocování metod, velkou roli zde hrála nutná manuální korekce při segmentaci nekvalitních snímků, se kterou se při běžném provádění segmentace na ZRIR IKEM počítá.

Rozdíly v závislosti na charakteru struktury vykazují metody i v časové náročnosti, jak je vidět z následujícího grafu. Tato náročnost je určena především souladem mezi principem metody a charakteru struktury, což je dobře vidět na časech postupu ZRIR IKEM, kdy při segmentaci viscerálního tuku patří metoda k nejpomalejším metodám, avšak při subkutánního tuku naopak k nejrychlejším.



Graf 5: Porovnání segmentačních časů jednotlivých metod pro segmentaci tukové tkáně

Postupy zavedené na oddělení ZRIR IKEM co do přesnosti i rychlosti segmentace zaostávaly, a proto byly pro dané úlohy doporučeny metody jiné. Na základě analýzy výsledků v předchozí kapitole byl pro každou úlohu vybrán nejefektivnější postup seg-

mentace. Pro segmentaci viscerálního tuku zvolena metoda shlukování, pro segmentaci subkutanního tuku a jater pak metoda grow cut. U snímků postižených artefakty byla nejefektivnější metoda level sets, která rovněž vykazovala přijatelné výsledky u zpracování jater. Z výsledků zpracování jater si lze všimnout, že všechny testované metody dosahovaly při stanovení steatózy jater uspokojivých výsledků, kdy největší rozdíl byl u postupu ZRIR IKEM a činil 0,67 %. Tento rozdíl je zanedbatelný převážně v situacích, kdy je zjišťován pouze stupeň steatózy pacienta, jelikož se určují v celé škále stupně pouze čtyři. Při přesném sledování steatózy u jednoho pacienta je pak klinický vliv centrem ZRIR IKEM stanoven rozdílem 2 %, což všechny algoritmy opět splňují. Přesto nelze říci, že by všechny metody byly vhodné, jelikož při rostoucím rozdílu segmentu jater významně klesá hlavní výhoda kvantifikace pomocí MR zobrazování, totiž zhodnocení celého objemu jater při možné nehomogenitě zastoupení tuku.

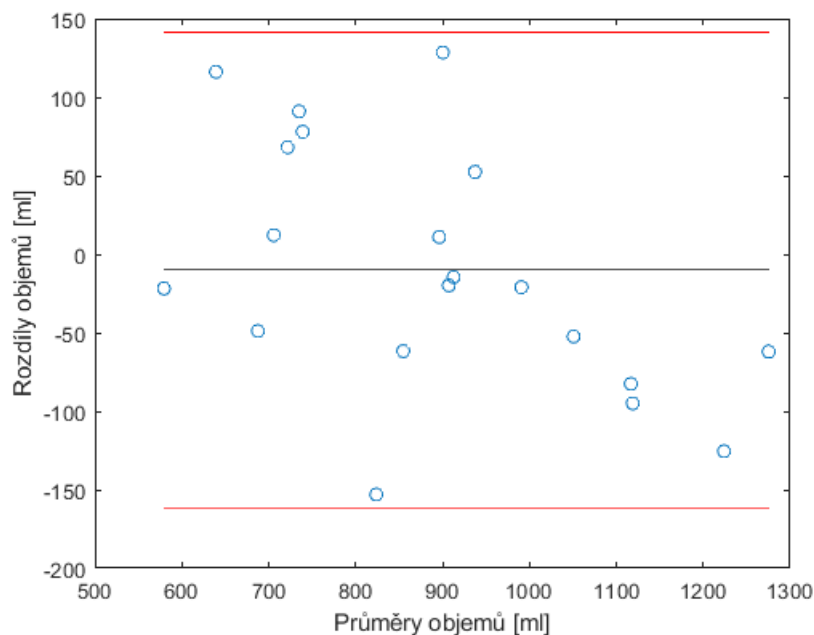
Je vhodné zmínit, že prováděné porovnávání objemů při hodnocení segmentace není absolutně přesné. U některých metod docházelo k drobnému falešnému zvyšování přesnosti v případech, kdy byl segmentován menší objem, který ale zahrnoval i malé díry v objektech, jež výsledný objem navyšovaly. Při segmentaci jater byla tato chyba patrnější, protože se mohla projevit i na rozdílu steatózy. Nicméně pokud byla možná určitá regulace algoritmu, byla snaha tento jev omezit. Obecně se ho ale nezle úplně vyvarovat. Tato chyba byla brána v potaz při závěrečném hodnocení metod. Možnou alternativou měření by bylo pixelové porovnání získaných masek, bohužel nebylo možné ze všech použitých softwarů výsledné masky exportovat. Potíží by byla i tvorba referenční masky ze dvou manuálních segmentací.

Při provádění manuální segmentace jater nebyly do referenčního objemu zahrnuty místa s většími artefakty, nebo většími cévami, které by mohly negativně ovlivnit referenční podíl steatózy. Jak už bylo zmíněno, ne všechny algoritmy byly schopny na malé díry reagovat (pustup ZRIR IKEM, flood filling, level sets, watershed), což se projevilo na větším rozdílu steatózy, ale i na delším operačním čase.

Pro závěrečné vyhodnocení přesnosti metod se nabízelo využití statistického testu. Tomuto typu úlohy a charakteru dat by odpovídalo provedení běžně užívaného párového t-testu. Nicméně párový t-test není pro porovnávání dvou metod měření zcela vhodný, jak

popisuje [58]. Párový t-test totiž testuje nulovou hypotézu, která tvrdí, že průměrný rozdíl mezi metodami je nulový. Posuzuje se tedy, jak moc se metody shodují v průměru, ale chybí informace o jednotlivých měřeních. Test se tak hodí spíše pro stanovení systematické chyby metody, než její přesnosti. Proto byly pro porovnání přesnosti metod použity relativní průměrné chyby a Bland-Altmanovy grafy.

Názorně lze vidět nedostatečnost párových t-testů při hodnocení výsledků metod pro segmentaci jater. U všech metod byla testována shoda střední hodnoty se střední hodnotou referenční segmentace, přičemž metodou s největší p-hodnotou, a tedy největší pravděpodobností platnosti nulové hypotézy, byla metoda watershed (p-value = 0,576). Druhou pak byla metoda grow cut s p-hodnotou nezanedbatelně nižší (p-value = 0,37). Pokud však z výsledků segmentace postupu watershed sestrojíme Bland-Altmanův graf (viz graf 6), lze vidět, že difference metody se pohybují v rozmezí přibližně od -150 do 130 cm³. Při srovnání s grafem 3, je patrné, že rozdíly metody grow cut od reference jsou mnohem menší (přibližně od -40 do 70 cm³). S tím koreluje i přibližně poloviční průměrná relativní chyba, a tak lze metodu grow cut navzdory výsledku párového t-testu považovat za přesnější.



Graf 6: Graf Bland-Altman: Segmentace jater – Referenční objem vs watershed

5 Závěr

Cílem této diplomové práce bylo popsat a seznámit se s principem zobrazování magnetickou rezonancí, zpracovat přehled existujících algoritmů pro segmentaci obrazu, následně vybrat vhodné metody pro segmentaci tukové tkáně a jater a tyto metody testovat na reálných datech a nakonec je porovnat s postupem segmentace, který se standardně používá ve výzkumném oddělení pracoviště radiodiagnostiky a intervenční radiologie (ZRIR) IKEM.

V teoretické části práce byl popsán jev magnetické rezonance, princip jeho využití při medicínském zobrazování a vlastnosti různých typů MR obrazů i s aspekty ovlivňující jejich kvalitu. V další části je vytvořen přehled segmentačních algoritmů. Ty jsou rozděleny podle principů, na kterých jsou založeny, a jsou popsány jejich výhody a nevýhody. Dále byla provedena rešerše dostupných segmentačních nástrojů.

Prvním krokem experimentální části bylo seznámení s obsluhou MR přístroje Siemens Magnetom Trio 3T na ZRIR IKEM, kde byla pod dozorem pracovníků výzkumného centra na dobrovolnících naměřena část testovacích dat. Tato data byla doplněna z databáze centra a všechna poté byla anonymizována pro testování. Při segmentaci tukové tkáně bylo použito 15 sad snímků, přičemž z každé sady bylo vybráno 8 kvalitních snímků pro segmentaci viscerálního a subkutánního tuku a 6 snímků postižených artefakty pro segmentaci subkutánního tuku. Při segmentaci jater bylo použito 20 sad, u kterých bylo zpracováno 14 snímků.

Na základě rešerše segmentačních nástrojů byly vybrány tři nástroje – 3D Slicer, ITK-SNAP a ImageJ, a pomocí nich bylo testováno pět segmentačních metod pro tukovou tkáň a pět metod pro segmentaci jater. Výsledky těchto segmentací byly shrnuty a následně porovnány s postupy segmentací tukové tkáně a jater používaných na ZRIR IKEM. Dále byly pro dané úlohy doporučeny metody, které se na základě testování ukázaly jako efek-

tivnější.

Všechny stanovené cíle byly splněny. Výstupem práce jsou doporučení pro postupy segmentace tukové tkáně a jater, které budou aplikovány výzkumným centrem ZRIR IKEM, ale mohou být využity i jinými institucemi při obdobných epidemiologických studiích.

Literatura

- [1] MESCHER, Anthony L. *Junqueirovy základy histologie*. Praha: Galén, 2018. ISBN 978-80-7492-324-1.
- [2] PI-SUNYER, F. Xavier. *The Epidemiology of Central Fat Distribution in Relation to Disease*. Nutrition Reviews. 2004, 62, S120-S126. ISSN 00296643. Dostupné z: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15387477>.
- [3] GRAFFY, Peter M a Perry J PICKHARDT. *Quantification of hepatic and visceral fat by CT and MR imaging: relevance to the obesity epidemic, metabolic syndrome and NAFLD*. The British Journal of Radiology. 2016, 89 (1062). ISSN 0007-1285. Dostupné z: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26876880>.
- [4] ALBERTI, K.G.M.M., Robert H. ECKEL, Scott M. GRUNDY, et al. *Harmonizing the Metabolic Syndrome*. Circulation. 2009, 120(16), 1640-1645. ISSN 0009-7322. Dostupné z: <https://www.ahajournals.org/doi/10.1161/CIRCULATIONAHA.109.192644>.
- [5] HU, Houchun Harry, Jun CHEN a Wei SHEN. *Segmentation and quantification of adipose tissue by magnetic resonance imaging*. Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine. 2016, 29(2), 259-276. ISSN 0968-5243. Dostupné z: <http://link.springer.com/10.1007/s10334-015-0498-z>.
- [6] HŮLEK, Petr a Petr URBÁNEK. *Hepatologie*. 3. vydání. Praha: Grada Publishing, 2018. ISBN 978-80-271-0394-2.
- [7] MISHRA, Poonam a Zobair M. YOUNOSSI. *Abdominal Ultrasound for Diagnosis of Nonalcoholic Fatty Liver Disease (NAFLD)*. The American Journal of Gastroen-

- terology. 2007, 102(12), 2716-2717. ISSN 0002-9270. Dostupné z: <http://www.nature.com/doi/finder/10.1111/j.1572-0241.2007.01520.x>.
- [8] BROWN, Robert W., Yu-Chung N. CHENG, E. Mark. HAACKE, Michael R. THOMPSON a Ramesh. VENKATESAN. *Magnetic resonance imaging: physical principles and sequence design*. Second edition. Hoboken, New Jersey, 2014. ISBN 978-0-471-72085-0.
- [9] CONSTANTINIDES, Christakis. *Magnetic resonance imaging: the basics*. New York: Boca Raton, 2014. ISBN 978-1-4822-1731-5.
- [10] SEDLÁŘ, Martin, Erik STAFFA a Vojtěch MORNSTEIN. *Zobrazovací metody využívající neionizující záření* [online]. Brno: Masarykova univerzita, 2014 [cit. 2018-08-25]. ISBN 978-80-210-7156-8. Dostupné z: <https://munispace.muni.cz/index.php/munispace/catalog/book/160>.
- [11] REISER, Maximilian, W. SEMMLER a Hedvig HRICAK. *Magnetic resonance tomography*. Berlin: Springer, c2008. ISBN 978-3-540-29354-5.
- [12] DRASTICH, A. *Tomografické zobrazovací systémy*. Skriptum FEKT VUT v Brně, 2004
- [13] LAROBINA, Michele a Loredana MURINO. *Medical Image File Formats*. Journal of Digital Imaging. 2014, 27(2), 200–206. DOI: 10.1007/s10278-013-9657-9. ISSN 0897-1889.
- [14] MECHL, Marek, Jaroslav TINTĚRA a Jan ŽIŽKA. *Protokoly MR zobrazování*. Praha: Galén, c2014. ISBN 978-80-7492-109-4.
- [15] ŽIŽKA, Jan, Jaroslav TINTĚRA a Marek MECHL. *Protokoly MR zobrazování: pokročilé techniky*. Praha: Galén, 2015. ISBN 978-80-7492-179-7.
- [16] DIXON, W T. *Simple proton spectroscopic imaging*. Radiology. 1984, 153(1), 189-194. DOI: 10.1148/radiology.153.1.6089263. ISSN 0033-8419.

- [17] MA, Jingfei. *Dixon techniques for water and fat imaging*. Journal of Magnetic Resonance Imaging. 2008, 28(3), 543-558. DOI: 10.1002/jmri.21492. ISSN 10531807.
- [18] GANGADHAR, Kiran, et al. *MRI evaluation of fatty liver in day to day practice: Quantitative and qualitative methods*. The Egyptian Journal of Radiology and Nuclear Medicine. 2014, 45(3), 619-626. DOI: 10.1016/j.ejrn.2014.05.015. ISSN 0378603X.
- [19] Wise, Richard. *fMRI Acquisition*. [online]. Presentace, University of Cardiff. [cit. 2019-12-01]. Dostupné z: <http://slideplayer.com/slide/3280883/>
- [20] DE GRAAF, Robin A. *In vivo NMR spectroscopy: principles and techniques*. 2nd ed. Hoboken, NJ: John Wiley, c2007. ISBN 978-0470-026700.
- [21] RORDEN, Chris, MORGAN, Paul. *MRI Physics 2: Contrasts and Protocols*. [online]. Presentace, University of South Carolina. [cit. 2019-12-01]. Dostupné z: <https://slideplayer.com/slide/3279600/>.
- [22] EL-BAZ, Ayman S., Xiaoyi JIANG a Jasjit S. SURI. *Biomedical image segmentation: advances and trends*. New York: Boca Raton, 2017. ISBN 978-1-4822-5855-4.
- [23] SHARMA, Neeraj, AmitK RAY, KK SHUKLA, Shiru SHARMA, Satyajit PRADHAN, Arvind SRIVASTVA a LalitM AGGARWAL. *Automated medical image segmentation techniques*. Journal of Medical Physics. 2010, 35(1). DOI: 10.4103/0971-6203.58777. ISSN 0971-6203.
- [24] DHAWAN, Atam. *Medical image analysis*. 2nd ed. Oxford: Wiley-Blackwell, 2011. ISBN 978-047-0622-056.
- [25] PHAM, Dzung L., Chenyang XU a Jerry L. PRINCE. *Current Methods in Medical Image Segmentation*. Annual Review of Biomedical Engineering. 2000, 2(1), 315-337. DOI: 10.1146/annurev.bioeng.2.1.315. ISSN 1523-9829.
- [26] Wirjad, O. *Survey of 3D image segmentation methods*. Technical report, Fraunhofer Institut für Techno-und Wirtschaftsmathematik. 2007, no. 123. Dostupné

z: <https://kluedo.ub.uni-kl.de/frontdoor/deliver/index/docId/1978/file/bericht123.pdf>.

- [27] Tewari P, Surbhi P. *Evaluation of some recent image segmentation method's*. 2016, international conference on computing for sustainable global development (INDIA-Com), pp. 3741–3747. Dostupné z: <https://ieeexplore.ieee.org/document/7724961>.
- [28] NOROUZI, Alireza, Mohd Shafry Mohd RAHIM, et al. *Medical Image Segmentation Methods, Algorithms, and Applications*. IETE Technical Review. 2014, 31(3), 199-213. DOI: 10.1080/02564602.2014.906861. ISSN 0256-4602.
- [29] KATO, Zoltan. *Markov Random Fields in Image Segmentation*. Foundations and Trends in Signal Processing. 2011, 5(1-2), 1-155. DOI:10.1561/20000000035. ISSN 1932-8346.
- [30] MASOOD, Saleha, Muhammad SHARIF, Afifa MASOOD, Mussarat YASMIN a Mudassar RAZA. *A Survey on Medical Image Segmentation*. Current Medical Imaging Reviews. 2015, 11(1), 3-14. DOI: 10.2174/157340561101150423103441. ISSN 15734056.
- [31] YOUSAF, Rehan Mehmood, et al. *A Comparative Study of Various Edge Detection Methods*. 2018, 14th International Conference on Computational Intelligence and Security (CIS). IEEE, 2018, 2018, , 96-99. DOI: 10.1109/CIS2018.2018.00029. ISBN 978-1-7281-0169-9.
- [32] HAN LILI, MA WANJUN a NING YI. *The study of image edge segmentation based on Hough transform*. 2011 International Conference on Electric Information and Control Engineering. IEEE, 2011, 2011, , 1846-1849. DOI: 10.1109/ICEICE.2011.5777370. ISBN 978-1-4244-8036-4.
- [33] PRATONDO, Agus, Sim Heng ONG a Chee Kong CHUI. *Region Growing for Medical Image Segmentation Using a Modified Multiple-seed Approach on a Multi-core CPU Computer*. The 15th International Conference on Biomedical Enginee-

- ring. Cham: Springer International Publishing, 2014, 112-115. IFMBE Proceedings. DOI: 10.1007/978-3-319-02913-9-29. ISBN 978-3-319-02912-2.
- [34] PARAGIOS, Nikos, James DUNCAN a Nicholas AYACHE. *Handbook of biomedical imaging: methodologies and clinical research*. New York: Springer, 2015. ISBN 978-0-387-09748-0.
- [35] PRATAP SINGH, Uday, et al. *Semi-supervised Method of Multiple Object Segmentation with a Region Labeling and Flood Fill*. 2011, 2(3), 175-193. DOI: 10.5121/sipij.2011.2314. ISSN 22293922.
- [36] KASS, Michael, et al. *Snakes: Active contour models*. International Journal of Computer Vision. 1988, 1(4), 321-331. DOI: 10.1007/BF00133570. ISSN 0920-5691.
- [37] LÄTHÉN, Gunnar. *Segmentation methods for medical image analysis: Blood vessels, multi-scale filtering and level set methods*. 2010, Center for Medical Image Science and Visualization, Linköping University, Sweden. ISBN 978-91-7393-410-7.
- [38] HEMALATHA, R.J., et al. *Active Contour Based Segmentation Techniques for Medical Image Analysis*. Medical and Biological Image Analysis. InTech, 2018, 2018-07-04. DOI: 10.5772/intechopen.74576. ISBN 978-1-78923-330-8.
- [39] COHEN, Laurent D. *On active contour models and balloons*. CVGIP: Image Understanding. 1991, 53(2), 211-218. DOI: 10.1016/1049-9660(91)90028-N. ISSN 10499660.
- [40] TSECHPENAKIS, Gavriil. *Deformable Model-Based Medical Image Segmentation*. Multi Modality State of the Art Medical Image Segmentation and Registration Methodologies. Boston, MA: Springer US, 2011, 2011-2-23, , 33-67. DOI: 10.1007/978-1-4419-8195-0-2. ISBN 978-1-4419-8194-3.
- [41] SETHIAN, J. A. *A fast marching level set method for monotonically advancing fronts*. Proceedings of the National Academy of Sciences. 1996, 93(4), 1591-1595. DOI: 10.1073/pnas.93.4.1591. ISSN 0027-8424.

- [42] CHEN, Xinjian a Lingjiao PAN. *A Survey of Graph Cuts/Graph Search Based Medical Image Segmentation: A survey of graph-cut methods*. IEEE Reviews in Biomedical Engineering. IEEE, 2018, 2012, 11, 112-124. DOI: 10.1109/RBME.2018.2798701. ISSN 1937-3333.
- [43] SIRGHIE A. M. *Abdominal fat segmentation using graph cut methods*. Lyngby, Denmark, 2012. Master thesis. Informatics and Mathematical Modeling, Technical University of Denmark. Supervisor: prof. Rasmus Larsen PhD.
- [44] PENG, Bo, Lei ZHANG a David ZHANG. *A survey of graph theoretical approaches to image segmentation*. Pattern Recognition. 2013, 46(3), 1020-1038. DOI: 10.1016/j.patcog.2012.09.015. ISSN 00313203.
- [45] VINCENT, L. a P. SOILLE. *Watersheds in digital spaces: an efficient algorithm based on immersion simulations*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. 1991, 13(6), 583-598. DOI: 10.1109/34.87344. ISSN 01628828.
- [46] ANWAR, Syed Muhammad, Muhammad MAJID, et al. *Medical Image Analysis using Convolutional Neural Networks: A Review*. Journal of Medical Systems. 2018, 42(11). DOI: 10.1007/s10916-018-1088-1. ISSN 0148-5598.
- [47] JABAROUTI, Mostafa a Hamid SOLTANIAN-ZADEH. *Medical Image Segmentation Using Artificial Neural Networks*. Artificial Neural Networks - Methodological Advances and Biomedical Applications. InTech, 2011. DOI: 10.5772/16103. ISBN 978-953-307-243-2.
- [48] ABIODUN, Oludare Isaac, Aman JANTAN, et al. *State of the art in artificial neural network applications: A survey*. Heliyon. 2018, 4(11). DOI: 10.1016/j.heliyon.2018.e00938. ISSN 24058440.
- [49] VEZHNEVETS, V. a V. KONOUCHE. *“GrowCut” - Interactive Multi-Label N-D Image Segmentation By Cellular Automata*. Novosibirsk, 2005. Proceedings of 15th International Conference on Computer Graphics and Vision. GraphiCon 2005, Russia, pp. 150–156.

- [50] GHOSH, Payel, Sameer K. ANTANI, et al. *Unsupervised Grow-Cut: Cellular Automata-Based Medical Image Segmentation*. 2011 IEEE First International Conference on Healthcare Informatics, Imaging and Systems Biology. IEEE, 2011, 40-47. DOI: 10.1109/HISB.2011.44. ISBN 978-1-4577-0325-6.
- [51] RYBA, T., M. JIRIK a M. ZELEZNY. *An automatic liver segmentation algorithm based on grow cut and level sets*. Pattern Recognition and Image Analysis. 2013, 23(4), 502-507. DOI: 10.1134/S1054661813040147. ISSN 1054-6618.
- [52] IGLESIAS, Juan Eugenio a Mert R. SABUNCU. *Multi-atlas segmentation of biomedical images: A survey*. Medical Image Analysis. 2015, 24(1), 205-219. DOI: 10.1016/j.media.2015.06.012. ISSN 13618415.
- [53] KALINIC, H. *Atlas-based Image Segmentation: A Survey*. Zagreb, 2009. Technical report. Department of Electronic Systems and Information Processing, University of Zagreb. Dostupné z: <https://bib.irb.hr/datoteka/435355.jnrl.pdf>
- [54] *ITK-SNAP Version 3.x Downloads* [online]. ITK-SNAP, c2017 [cit. 2019-12-01]. Dostupné z: <http://www.itksnap.org/pmwiki/pmwiki.php?n=Downloads.SNAP3>
- [55] *IMAGEJ Download* [online]. NIH [cit. 2019-13-01]. Dostupné z: <https://imagej.nih.gov/ij/download.html>
- [56] *FIJI Download* [online]. ImageJ [cit. 2019-13-01]. Dostupné z: <https://imagej.net/Fiji/Downloads>
- [57] *Slicer4 Download* [online]. 3D Slicer, c2017 [cit. 2019-19-01]. Dostupné z: <http://download.slicer.org/>
- [58] BLAND, J. M. a D. G. ALTMAN. *Comparing Two Methods of Clinical Measurement: A Personal History*. International Journal of Epidemiology. 1995, 24(Supplement 1), S7-S14. DOI: 10.1093/ije/24.Supplement-1.S7. ISSN 0300-5771.

6 Seznam příloh

- Příloha A – Tabulky s výsledky segmentací
- Příloha B – Přiložené CD
 - text diplomové práce

A Tabulky s výsledky segmentací

Tabulka A.1: Výsledky manuální segmentace viscerálního tuku

Id	objem po první segmentaci [cm ³]	objem po druhé segmentaci [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr [cm ³]	průměr času [min:sec]
1	1248	1187	61	4,98	1217	17:15
2	1118	1090	28	2,54	1104	19:00
3	1157	1109	48	4,26	1133	15:30
4	1492	1548	56	3,68	1520	18:22
5	572	571	1	0,25	571	19:10
6	1804	1877	73	3,95	1841	13:09
7	279	266	12	4,44	272	8:44
8	605	584	21	3,53	594	10:09
9	2231	2257	26	1,17	2244	15:04
10	825	853	28	3,29	839	12:48
11	2065	2041	24	1,17	2053	23:23
12	1109	1079	30	2,74	1094	16:51
13	1598	1650	52	3,18	1624	11:19
14	1356	1399	43	3,15	1377	17:39
15	718	738	20	2,72	728	17:54
Průměr	1212	1217	35	3,01	1214	15:45
SD	544	557	19	1,26	550	3:47

Tabulka A.2: Výsledky manuální segmentace subkutánního tuku

Id	objem po první segmentaci [cm ³]	objem po druhé segmentaci [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr [cm ³]	průměr času [min:sec]
1	1645	1669	24	1,45	1657	11:00
2	2010	2013	3	0,15	2012	11:57
3	1152	1167	14	1,23	1160	5:55
4	1360	1388	28	2,07	1374	10:43
5	348	385	37	10,01	366	23:25
6	1226	1223	3	0,24	1224	12:23
7	595	585	10	1,68	590	16:00
8	1208	1217	9	0,74	1213	9:11
9	1339	1312	27	2,04	1325	8:03
10	1054	1059	5	0,50	1056	12:05
11	2080	2084	4	0,20	2082	11:30
12	1582	1591	9	0,56	1586	11:28
13	1453	1451	2	0,13	1452	11:41
14	1906	1857	49	2,62	1881	14:50
15	1530	1539	8	0,54	1534	10:56
Průměr	1366	1369	16	1,61	1368	12:04
SD	462	455	14	2,38	458	3:49

Tabulka A.3: Výsledky manuální segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích

Id	objem po první segmentaci [cm ³]	objem po druhé segmentaci [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr [cm ³]	průměr času [min:sec]
1	793	810	17	2,13	801	20:46
2	872	864	8	0,90	868	18:51
3	661	641	19	2,96	651	18:34
4	584	562	22	3,91	573	19:26
5	227	247	20	8,55	237	25:05
6	647	607	40	6,32	627	16:54
7	264	288	24	8,79	276	16:53
8	434	422	12	2,74	428	17:42
9	797	739	58	7,59	768	17:32
10	525	496	29	5,63	511	15:47
11	985	930	56	5,83	957	20:02
12	696	673	23	3,42	685	17:14
13	761	753	8	1,12	757	16:35
14	994	947	47	4,84	970	17:23
15	697	670	26	3,87	684	16:49
Průměr	662	643	27	4,57	653	18:22
SD	221	206	15	2,42	213	02:14

Tabulka A.4: Výsledky segmentace viscerálního tuku postupem ZRIR IKEM

Id	referenční objem [cm ³]	postup ZRIR IKEM [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1217	932	286	23,47	7:49
2	1104	955	149	13,47	6:57
3	1133	822	311	27,47	6:32
4	1520	1235	284	18,72	7:03
5	571	117	454	79,54	7:24
6	1841	1759	82	4,43	6:52
7	272	72	201	73,73	7:38
8	594	310	285	47,93	7:16
9	2244	2279	35	1,57	7:31
10	839	409	430	51,28	6:55
11	2053	1786	267	13,00	7:09
12	1094	857	237	21,65	6:52
13	1624	1517	108	6,62	6:26
14	1377	1292	85	6,20	7:40
15	728	387	341	46,80	6:12
Průměr	1214	982	237	29,06	7:05
SD	533	619	118	23,44	0:26

Tabulka A.5: Výsledky segmentace subkutánního tuku postupem ZRIR IKEM

Id	referenční objem [cm ³]	postup ZRIR IKEM [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1657	1696	39	2,34	3:10
2	2012	2072	60	3,00	3:49
3	1160	1236	76	6,58	3:25
4	1374	1425	51	3,71	3:46
5	366	231	136	37,06	2:13
6	1224	1242	18	1,48	3:31
7	590	593	3	0,55	2:56
8	1213	1211	2	0,15	1:51
9	1325	1399	74	5,59	3:24
10	1056	1085	28	2,67	2:49
11	2082	2052	31	1,47	3:48
12	1586	1597	10	0,65	3:11
13	1452	1481	29	2,02	3:19
14	1881	1890	9	0,48	3:04
15	1534	1529	5	0,33	2:01
Průměr	1368	1383	38	4,54	3:05
SD	458	481	35	8,88	0:36

Tabulka A.6: Výsledek segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích postupem

ZRIR IKEM

Id	referenční objem [cm ³]	postup ZRIR IKEM [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	801	654	147	18,39	7:06
2	868	693	175	20,16	6:48
3	651	624	27	4,11	6:59
4	573	475	98	17,11	8:14
5	237	115	122	51,44	1:50
6	627	539	89	14,12	5:39
7	276	211	65	23,57	5:04
8	428	347	81	18,96	4:37
9	768	755	13	1,68	7:21
10	511	463	48	9,41	5:45
11	957	910	47	4,94	6:08
12	685	627	58	8,44	7:09
13	757	733	24	3,18	8:52
14	970	841	130	13,37	8:02
15	684	609	75	10,96	5:19
Průměr	653	573	80	14,66	6:19
SD	213	214	46	11,80	1:41

Tabulka A.7: Výsledky segmentace viscerálního tuku metodou prahování

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace prahováním [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1217	1316	99	8,10	3:59
2	1104	1147	43	3,88	4:02
3	1133	1284	151	13,33	4:18
4	1520	1340	180	11,82	3:56
5	571	408	163	28,57	3:08
6	1841	1786	55	2,99	4:21
7	272	114	159	58,23	4:11
8	594	476	119	19,96	3:42
9	2244	2282	38	1,67	4:40
10	839	744	95	11,38	4:19
11	2053	2061	8	0,40	4:38
12	1094	1192	98	8,94	3:31
13	1624	1640	16	1,00	4:01
14	1377	1575	198	14,35	4:19
15	728	692	36	4,93	3:41
Průměr	1214	1204	97	12,64	4:03
SD	550	602	61	14,28	0:24

Tabulka A.8: Výsledky segmentace subkutánního tuku metodou prahování

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace prahováním [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1657	1758	101	6,09	5:02
2	2012	2115	103	5,13	6:23
3	1160	1266	106	9,18	5:50
4	1374	1482	108	7,83	6:07
5	366	343	23	6,41	6:27
6	1224	1262	38	3,13	6:11
7	590	625	35	5,91	3:49
8	1213	1239	26	2,16	5:16
9	1325	1384	59	4,46	5:33
10	1056	1113	56	5,33	4:49
11	2082	2120	38	1,82	5:58
12	1586	1680	93	5,88	5:41
13	1452	1378	74	5,08	6:08
14	1881	1886	4	0,23	4:56
15	1534	1633	99	6,43	4:27
Průměr	1368	1419	64	5,01	5:30
SD	458	476	34	2,27	0:44

Tabulka A.9: Výsledky segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích metodou prahování

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace prahováním [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	801	522	279	34,8	5:15
2	868	572	296	34,1	5:03
3	651	442	209	32,1	3:54
4	573	376	197	34,4	3:59
5	237	163	74	31,1	3:17
6	627	438	189	30,1	3:51
7	276	130	146	52,7	3:28
8	428	267	161	37,5	3:58
9	768	596	171	22,3	4:10
10	511	326	185	36,2	3:39
11	957	740	217	22,7	4:26
12	685	465	220	32,1	3:11
13	757	561	196	25,9	4:47
14	970	705	266	27,4	3:42
15	684	425	258	37,8	3:31
Průměr	653	449	204	32,8	4:00
SD	213	172	55	7,1	0:36

Tabulka A.10: Výsledky segmentace viscerálního tuku metodou shlukování

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace shlukováním [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1217	1133	84	6,93	4:35
2	1104	1089	15	1,37	3:51
3	1133	1083	50	4,41	3:23
4	1520	1536	17	1,10	4:19
5	571	502	69	12,10	3:08
6	1841	1817	24	1,31	4:17
7	272	206	67	24,50	4:07
8	594	519	75	12,68	4:43
9	2244	2204	41	1,81	4:34
10	839	925	86	10,20	4:25
11	2053	2108	55	2,68	5:08
12	1094	1048	46	4,23	4:28
13	1624	1614	10	0,62	4:26
14	1377	1454	77	5,57	4:14
15	728	790	62	8,52	4:37
Průměr	1214	1202	52	6,53	4:17
SD	550	566	25	6,20	0:29

Tabulka A.11: Výsledky segmentace subkutánního tuku metodou shlukování

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace shlukováním [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1657	1696	39	2,34	3:26
2	2012	2017	5	0,25	5:41
3	1160	1215	56	4,81	4:56
4	1374	1404	30	2,20	4:21
5	366	293	73	20,02	4:58
6	1224	1247	23	1,88	4:10
7	590	618	28	4,71	4:25
8	1213	1260	47	3,86	4:18
9	1325	1388	63	4,73	4:46
10	1056	1061	5	0,43	4:21
11	2082	2017	66	3,15	4:50
12	1586	1578	8	0,52	4:07
13	1452	1467	15	1,05	4:14
14	1881	1896	15	0,77	4:28
15	1534	1597	63	4,11	4:07
Průměr	1368	1384	36	3,66	4:28
SD	458	461	23	4,66	0:29

Tabulka A.12: Výsledky segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích metodou shlukování

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace shlukováním [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	801	516	285	35,5	4:23
2	868	561	307	35,4	3:49
3	651	434	217	33,4	3:37
4	573	367	206	36,0	3:58
5	237	149	88	37,2	3:35
6	627	416	211	33,6	4:42
7	276	127	149	53,9	3:54
8	428	256	172	40,1	3:39
9	768	582	186	24,2	3:50
10	511	314	197	38,6	4:09
11	957	732	226	23,6	4:27
12	685	444	240	35,1	3:51
13	757	552	205	27,1	4:04
14	970	702	268	27,6	3:15
15	684	411	273	39,9	3:13
Průměr	653	438	215	34,7	3:53
SD	213	172	54	7,3	0:24

Tabulka A.13: Výsledky segmentace viscerálního tuku metodou slučování oblastí

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace sluč. oblastí [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1217	1031	186	15,31	3:56
2	1104	985	119	10,75	5:22
3	1133	938	195	17,25	4:42
4	1520	1196	324	21,32	4:04
5	571	246	325	56,90	4:51
6	1841	1728	113	6,14	4:38
7	272	162	111	40,66	4:18
8	594	476	118	19,93	4:49
9	2244	2286	42	1,89	5:40
10	839	515	324	38,59	4:18
11	2053	2094	41	1,99	4:25
12	1094	966	128	11,73	4:32
13	1624	1518	106	6,52	3:49
14	1377	1340	37	2,70	4:34
15	728	625	103	14,15	4:08
Průměr	1214	1074	152	17,72	4:32
SD	550	614	97	15,49	0:29

Tabulka A.14: Výsledky segmentace subkutánního tuku metodou slučování oblastí

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace sluč. oblastí [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1657	1721	64	3,84	3:29
2	2012	2058	46	2,31	4:18
3	1160	1230	70	6,05	3:49
4	1374	1403	29	2,09	3:26
5	366	290	77	20,95	4:18
6	1224	1243	19	1,55	4:34
7	590	580	10	1,74	3:32
8	1213	1210	3	0,23	3:11
9	1325	1375	50	3,77	4:58
10	1056	1087	31	2,91	3:52
11	2082	2057	25	1,21	4:51
12	1586	1592	5	0,32	4:04
13	1452	1460	8	0,54	4:27
14	1881	1890	8	0,44	4:16
15	1534	1538	4	0,24	4:09
Průměr	1368	1382	30	3,21	4:04
SD	458	473	25	5,00	0:30

Tabulka A.15: Výsledky segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích metodou slučování oblastí

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace sluč. oblastí [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	801	567	234	29,3	4:41
2	868	657	211	24,3	4:52
3	651	463	188	28,9	4:07
4	573	351	222	38,8	4:25
5	237	102	135	57,1	3:50
6	627	427	200	31,9	4:52
7	276	121	155	56,1	4:34
8	428	254	173	40,5	4:28
9	768	584	184	23,9	4:46
10	511	306	205	40,1	4:19
11	957	745	213	22,2	4:49
12	685	443	242	35,3	4:08
13	757	560	197	26,0	4:21
14	970	734	236	24,4	3:43
15	684	420	263	38,5	3:29
Průměr	653	449	204	34,5	4:21
SD	213	192	33	10,6	0:25

Tabulka A.16: Výsledky segmentace viscerálního tuku metodou level sets

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou level sets [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1217	1347	130	10,68	8:10
2	1104	1222	118	10,66	7:55
3	1133	964	169	14,91	9:04
4	1520	1353	167	10,96	9:15
5	571	179	392	68,67	8:32
6	1841	1761	80	4,34	8:50
7	272	129	144	52,83	9:10
8	594	527	68	11,40	8:40
9	2244	2129	115	5,14	8:03
10	839	649	190	22,66	9:09
11	2053	2038	14	0,69	8:55
12	1094	843	251	22,94	8:16
13	1624	1303	321	19,77	8:41
14	1377	1110	268	19,43	9:18
15	728	395	333	45,77	8:40
Průměr	1214	1063	184	21,39	8:42
SD	550	602	104	18,78	0:26

Tabulka A.17: Výsledky segmentace subkutánního tuku metodou level sets

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou level sets [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1657	1639	18	1,08	7:04
2	2012	2059	47	2,36	6:51
3	1160	1197	37	3,19	7:14
4	1374	1394	20	1,48	7:17
5	366	223	144	39,22	7:21
6	1224	1244	20	1,63	7:42
7	590	652	62	10,53	6:53
8	1213	1227	14	1,19	7:09
9	1325	1374	49	3,67	7:19
10	1056	1121	64	6,08	7:25
11	2082	2115	32	1,56	7:21
12	1586	1620	34	2,12	7:41
13	1452	1510	58	3,99	7:29
14	1881	1959	78	4,13	7:06
15	1534	1637	103	6,68	7:17
Průměr	1368	1398	52	5,93	7:16
SD	458	487	34	9,24	0:14

Tabulka A.18: Výsledky segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích metodou level sets

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou level sets [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	801	741	60	7,5	6:04
2	868	682	186	21,4	4:59
3	651	602	49	7,5	7:38
4	573	445	128	22,3	6:03
5	237	2	235	99,3	3:39
6	627	572	55	8,7	6:36
7	276	144	133	48,0	7:27
8	428	295	133	31,0	7:11
9	768	703	65	8,5	7:40
10	511	364	147	28,8	6:48
11	957	764	193	20,2	5:13
12	685	470	215	31,4	6:16
13	757	552	205	27,1	6:42
14	970	868	103	10,6	7:01
15	684	591	92	13,5	7:21
Průměr	653	520	133	25,7	6:26
SD	213	231	60	22,6	1:05

Tabulka A.19: Výsledky segmentace viscerálního tuku metodou grow cut

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou grow cut [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1217	1148	70	5,71	4:05
2	1104	1033	71	6,39	3:58
3	1133	928	205	18,07	3:01
4	1520	1456	63	4,17	3:40
5	571	295	276	48,38	3:46
6	1841	1756	85	4,60	4:03
7	272	86	186	68,33	4:13
8	594	509	85	14,33	4:07
9	2244	2323	79	3,54	3:55
10	839	686	153	18,21	4:21
11	2053	1988	65	3,17	4:43
12	1094	1052	42	3,85	4:12
13	1624	1544	80	4,93	4:24
14	1377	1389	11	0,82	4:31
15	728	584	143	19,69	4:29
Průměr	1214	1119	108	14,95	4:05
SD	550	612	68	18,41	0:24

Tabulka A.20: Výsledky segmentace subkutánního tuku metodou grow cut

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou grow cut [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1657	1690	33	1,97	0:51
2	2012	2017	6	0,28	0:54
3	1160	1167	7	0,63	0:59
4	1374	1408	34	2,45	1:05
5	366	254	112	30,56	1:56
6	1224	1241	17	1,42	1:10
7	590	552	38	6,48	1:29
8	1213	1202	11	0,88	1:07
9	1325	1349	23	1,76	1:20
10	1056	1051	6	0,53	1:18
11	2082	2048	34	1,65	1:20
12	1586	1545	41	2,61	1:57
13	1452	1446	6	0,45	0:58
14	1881	1887	6	0,32	1:19
15	1534	1528	6	0,40	0:52
Průměr	1368	1359	25	3,49	1:14
SD	458	477	27	7,39	0:19

Tabulka A.21: Výsledky segmentace subkutánního tuku na nekvalitních snímcích metodou grow cut

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou grow cut [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	801	543	258	32,2	2:53
2	868	602	266	30,6	3:09
3	651	487	164	25,3	3:16
4	573	322	251	43,8	3:50
5	237	80	157	66,3	4:52
6	627	440	187	29,9	3:53
7	276	109	167	60,4	4:12
8	428	286	141	33,1	3:30
9	768	572	196	25,5	3:59
10	511	289	221	43,3	3:40
11	957	747	210	22,0	3:15
12	685	498	187	27,3	3:38
13	757	584	173	22,8	4:18
14	970	735	235	24,3	3:42
15	684	530	154	22,5	2:51
Průměr	653	455	198	34,0	3:39
SD	213	194	39	13,3	0:31

Tabulka A.22: Výsledky manuální segmentace jater

Id	objem první segm. [cm ³]	objem druhé segm. [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr objemu [cm ³]	průměr času [min:sec]
1	1022	1027	5	0,52	1025	27:39
2	743	752	8	1,14	747	17:38
3	1164	1158	6	0,50	1161	16:20
4	660	667	7	1,07	663	19:41
5	717	707	10	1,36	712	22:30
6	1066	1084	18	1,68	1075	26:03
7	895	916	21	2,32	905	21:57
8	904	890	14	1,53	897	20:13
9	955	972	17	1,73	964	24:10
10	956	973	17	1,79	964	27:38
11	774	782	9	1,12	778	19:00
12	752	760	8	1,08	756	21:42
13	787	774	13	1,65	780	16:31
14	687	708	20	2,93	697	15:45
15	1238	1250	12	0,98	1244	25:01
16	971	990	20	2,00	980	17:17
17	560	577	17	2,95	568	13:11
18	895	908	13	1,49	902	14:48
19	1066	1077	10	0,98	1072	28:02
20	830	818	13	1,53	824	13:39
Průměr	882	890	13	1,52	886	20:26
SD	172	173	5	0,65	172	04:42

Tabulka A.23: Výsledky steatózy po manuální segmentaci jater

Id	steatóza po 1. segmentaci [%]	steatóza po 2. segm. [%]	rozdíl [%]	průměrná steatóza [%]
1	20,6	20,6	0,055	20,6
2	3,2	3,2	0,010	3,2
3	4,1	4,1	0,040	4,1
4	3,2	3,2	0,002	3,2
5	3,9	3,9	0,041	3,9
6	13,9	13,9	0,060	13,9
7	5,8	5,9	0,093	5,8
8	4,0	4,0	0,062	4,0
9	7,6	7,6	0,083	7,6
10	4,3	4,3	0,031	4,3
11	3,4	3,4	0,020	3,4
12	3,4	3,4	0,006	3,4
13	3,6	3,5	0,087	3,5
14	5,3	5,4	0,111	5,3
15	10,5	10,4	0,032	10,4
16	4,8	4,8	0,025	4,8
17	3,2	3,3	0,025	3,2
18	3,7	3,7	0,002	3,7
19	16,7	16,7	0,023	16,7
20	3,1	3,0	0,029	3,1
Průměr	6,4	6,4	0,042	6,4
SD	4,9	4,9	0,031	4,9

Tabulka A.24: Výsledky segmentace jater postupem ZRIR IKEM

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace postupem ZRIR IKEM [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr času [min:sec]
1	1025	890	134	13,11	6:59
2	747	733	14	1,90	5:24
3	1161	1110	52	4,44	8:45
4	663	603	60	9,05	6:53
5	712	662	50	6,99	7:01
6	1075	1066	9	0,88	7:52
7	905	810	95	10,55	6:35
8	897	812	86	9,55	8:55
9	964	827	137	14,21	8:45
10	964	872	93	9,60	8:59
11	778	764	14	1,83	8:50
12	756	762	7	0,89	7:42
13	780	771	9	1,15	8:20
14	697	610	88	12,57	7:12
15	1244	1185	60	4,80	6:48
16	980	926	54	5,52	7:09
17	568	570	2	0,30	6:27
18	902	846	55	6,13	8:47
19	1072	993	79	7,37	7:26
20	824	801	23	2,79	7:04
Průměr	886	831	56	6,18	7:35
SD	172	161	40	4,34	0:59

Tabulka A.25: Výsledky steatózy po segmentaci jater postupem ZRIR IKEM

Id	referenční steatóza [%]	steatóza po postupu ZRIR IKEM [%]	rozdíl steatózy [%]
1	20,6	19,7	0,95
2	3,2	4,1	0,87
3	4,1	4,7	0,59
4	3,2	4,1	0,83
5	3,9	4,3	0,46
6	13,9	13,1	0,83
7	5,8	5,9	0,02
8	4,0	4,4	0,39
9	7,6	6,1	1,55
10	4,3	4,8	0,52
11	3,4	4,4	0,97
12	3,4	4,2	0,85
13	3,5	4,3	0,78
14	5,3	5,5	0,18
15	10,4	10,2	0,27
16	4,8	5,1	0,32
17	3,2	3,9	0,70
18	3,7	4,4	0,66
19	16,7	16,0	0,70
20	3,1	3,9	0,85
Průměr	6,4	6,6	0,67
SD	4,9	4,4	0,33

Tabulka A.26: Výsledky segmentace jater metodou shlukování

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou shlukování [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr času [min:sec]
1	1025	1082	57	5,59	4:43
2	747	802	55	7,30	4:29
3	1161	1296	135	11,62	3:48
4	663	563	100	15,05	4:39
5	712	782	70	9,81	4:57
6	1075	1069	7	0,62	5:08
7	905	956	51	5,60	4:50
8	897	978	81	9,02	5:23
9	964	946	17	1,78	4:57
10	964	949	16	1,64	5:41
11	778	851	73	9,35	4:23
12	756	775	19	2,52	5:17
13	780	870	89	11,42	4:13
14	697	702	5	0,70	4:18
15	1244	1151	94	7,53	4:07
16	980	984	3	0,34	4:24
17	568	620	52	9,12	4:01
18	902	924	22	2,47	4:16
19	1072	1019	53	4,93	5:02
20	824	880	56	6,82	5:39
Průměr	886	910	53	6,16	4:42
SD	172	172	35	4,14	0:31

Tabulka A.27: Výsledky steatózy po segmentaci jater metodou shlukování

Id	referenční steatóza [%]	steatóza po segmentaci metodou shlukování [%]	rozdíl steatózy [%]
1	20,6	19,2	1,45
2	3,2	3,2	0,03
3	4,1	4,4	0,34
4	3,2	3,4	0,11
5	3,9	3,9	0,02
6	13,9	13,0	0,94
7	5,8	6,0	0,18
8	4,0	4,3	0,32
9	7,6	7,0	0,60
10	4,3	4,1	0,13
11	3,4	3,6	0,20
12	3,4	3,7	0,35
13	3,5	3,7	0,23
14	5,3	5,1	0,16
15	10,4	10,9	0,43
16	4,8	4,4	0,33
17	3,2	3,4	0,11
18	3,7	3,5	0,17
19	16,7	17,3	0,57
20	3,1	3,7	0,69
Průměr	6,4	6,4	0,37
SD	4,9	4,7	0,34

Tabulka A.28: Výsledky segmentace jater metodou flood filling

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou flood filling [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr času [min:sec]
1	1025	1003	22	2,11	2:36
2	747	665	82	10,97	3:15
3	1161	1052	109	9,38	1:32
4	663	486	177	26,76	2:40
5	712	446	266	37,40	2:55
6	1075	978	97	9,06	1:42
7	905	717	188	20,82	1:54
8	897	731	166	18,54	1:30
9	964	689	275	28,54	1:51
10	964	782	182	18,90	2:31
11	778	707	71	9,11	1:46
12	756	616	139	18,45	1:09
13	780	600	181	23,18	2:56
14	697	680	17	2,46	0:59
15	1244	1107	138	11,07	1:54
16	980	724	256	26,15	1:28
17	568	453	116	20,40	3:01
18	902	688	213	23,67	0:43
19	1072	945	127	11,82	2:26
20	824	818	6	0,67	2:07
Průměr	886	744	141	16,47	2:02
SD	172	186	77	9,54	0:42

Tabulka A.29: Výsledky steatózy po segmentaci jater metodou flood filling

Id	referenční steatóza [%]	steatóza po segmentaci metodou flood filling [%]	rozdíl steatózy [%]
1	20,6	20,0	0,66
2	3,2	3,1	0,09
3	4,1	3,7	0,38
4	3,2	2,8	0,41
5	3,9	3,2	0,69
6	13,9	13,5	0,45
7	5,8	4,9	0,98
8	4,0	3,3	0,72
9	7,6	5,6	1,98
10	4,3	3,5	0,81
11	3,4	3,1	0,31
12	3,4	3,0	0,41
13	3,5	3,3	0,26
14	5,3	4,8	0,47
15	10,4	10,5	0,06
16	4,8	3,8	0,98
17	3,2	2,8	0,41
18	3,7	3,0	0,69
19	16,7	17,1	0,42
20	3,1	3,0	0,01
Průměr	6,4	5,9	0,56
SD	4,9	5,0	0,42

Tabulka A.30: Výsledky segmentace jater metodou level sets

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou level sets [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	průměr času [min:sec]
1	1025	1128	104	10,11	1:37
2	747	761	13	1,78	2:42
3	1161	1218	57	4,88	2:16
4	663	705	42	6,28	2:37
5	712	727	16	2,18	1:53
6	1075	1160	85	7,89	1:46
7	905	875	30	3,36	1:39
8	897	958	61	6,78	1:55
9	964	1017	53	5,54	2:03
10	964	1030	66	6,80	1:29
11	778	798	20	2,61	1:31
12	756	800	44	5,84	1:22
13	780	780	1	0,09	1:48
14	697	665	33	4,67	1:33
15	1244	1164	80	6,45	1:58
16	980	1048	67	6,88	2:18
17	568	589	21	3,62	2:45
18	902	929	27	3,00	3:03
19	1072	1107	35	3,27	1:36
20	824	869	45	5,46	2:07
Průměr	886	916	45	4,87	1:59
SD	172	182	26	2,33	0:28

Tabulka A.31: Výsledky steatózy po segmentaci jater metodou level sets

Id	referenční steatóza [%]	steatóza po segmentaci metodou level sets [%]	rozdíl steatózy [%]
1	20,6	20,6	0,04
2	3,2	2,9	0,27
3	4,1	4,0	0,06
4	3,2	3,1	0,16
5	3,9	3,4	0,50
6	13,9	13,5	0,40
7	5,8	5,4	0,47
8	4,0	3,9	0,13
9	7,6	7,9	0,26
10	4,3	3,8	0,51
11	3,4	3,1	0,29
12	3,4	3,3	0,10
13	3,5	3,2	0,33
14	5,3	4,7	0,57
15	10,4	10,5	0,03
16	4,8	4,8	0,04
17	3,2	3,0	0,28
18	3,7	3,5	0,20
19	16,7	16,7	0,01
20	3,1	3,1	0,01
Průměr	6,4	6,2	0,23
SD	4,9	5,0	0,18

Tabulka A.32: Výsledky segmentace jater metodou grow cut

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou grow cut [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1025	1068	43	4,23	3:12
2	747	753	6	0,81	2:15
3	1161	1163	1	0,12	2:43
4	663	612	51	7,66	3:38
5	712	699	13	1,84	3:03
6	1075	1057	19	1,74	2:51
7	905	927	21	2,35	3:15
8	897	866	31	3,44	2:31
9	964	890	73	7,62	2:27
10	964	896	68	7,10	3:40
11	778	792	14	1,78	2:57
12	756	778	22	2,94	2:46
13	780	755	25	3,22	2:33
14	697	701	3	0,50	1:46
15	1244	1178	67	5,35	3:31
16	980	1007	26	2,67	1:54
17	568	575	7	1,15	1:36
18	902	928	26	2,89	1:49
19	1072	1083	12	1,09	2:23
20	824	845	21	2,60	2:01
Průměr	886	879	28	3,06	2:38
SD	172	170	21	2,22	0:36

Tabulka A.33: Výsledky steatózy po segmentaci jater metodou grow cut

Id	referenční steatóza [%]	steatóza po segmentaci metodou grow cut [%]	rozdíl steatózy [%]
1	20,6	20,9	0,29
2	3,2	3,1	0,03
3	4,1	4,1	0,06
4	3,2	3,2	0,04
5	3,9	4,0	0,10
6	13,9	13,7	0,20
7	5,8	6,1	0,22
8	4,0	3,9	0,08
9	7,6	6,9	0,69
10	4,3	3,9	0,39
11	3,4	3,6	0,14
12	3,4	3,5	0,09
13	3,5	3,5	0,01
14	5,3	5,6	0,26
15	10,4	10,7	0,23
16	4,8	5,0	0,24
17	3,2	3,2	0,08
18	3,7	3,8	0,16
19	16,7	16,6	0,12
20	3,1	3,1	0,04
Průměr	6,4	6,4	0,17
SD	4,9	4,9	0,15

Tabulka A.34: Výsledky segmentace jater metodou watershed

Id	referenční objem [cm ³]	segmentace metodou watershed [cm ³]	rozdíl [cm ³]	poměrný rozdíl [%]	čas [min:sec]
1	1025	1077	52	5,12	2:38
2	747	900	153	20,48	1:52
3	1161	1287	125	10,80	2:26
4	663	712	49	7,37	2:18
5	712	700	12	1,69	3:12
6	1075	1158	83	7,68	2:52
7	905	920	15	1,61	2:29
8	897	917	20	2,22	2:48
9	964	911	52	5,43	2:14
10	964	836	128	13,32	3:24
11	778	700	78	10,02	2:57
12	756	688	68	9,01	2:22
13	780	689	91	11,66	2:01
14	697	581	116	16,64	1:43
15	1244	1306	62	4,98	2:58
16	980	1001	21	2,14	3:11
17	568	590	22	3,83	2:41
18	902	891	11	1,21	2:47
19	1072	1167	95	8,87	3:34
20	824	886	62	7,49	2:19
Průměr	886	896	66	7,58	2:38
SD	172	212	42	5,09	0:29

Tabulka A.35: Výsledky steatózy po segmentaci jater metodou watershed

Id	referenční steatóza [%]	steatóza po segmentaci metodou watershed [%]	rozdíl steatózy [%]
1	20,6	20,3	0,30
2	3,2	3,7	0,54
3	4,1	4,9	0,87
4	3,2	3,9	0,64
5	3,9	4,3	0,38
6	13,9	15,0	1,04
7	5,8	7,0	1,19
8	4,0	4,6	0,64
9	7,6	8,0	0,42
10	4,3	4,2	0,09
11	3,4	3,6	0,23
12	3,4	3,7	0,38
13	3,5	3,7	0,21
14	5,3	5,5	0,19
15	10,4	11,1	0,69
16	4,8	5,4	0,68
17	3,2	3,5	0,31
18	3,7	3,9	0,25
19	16,7	17,2	0,46
20	3,1	3,4	0,37
Průměr	6,4	6,9	0,49
SD	4,9	4,9	0,29