

# Agytumor Szegmentálás MRI Képeken, Szalientia alapú algoritmussal és Neurális Hálózatokkal<sup>1</sup>

Petra Takács<sup>1,2</sup>, Andrea Manno-Kovács<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup> Gépi Érzékelés Kutatólaboratórium, MTA SZTAKI, Budapest

<sup>2</sup>Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Információs Technológiai és Bionikai kar, Budapest

{takacspetra, andrea.manno-kovacs}@sztaki.mta.hu

**Abstract.** Ez a cikk egy agytumor szegmentáló algoritmust mutat be MRI képeken, ami egy vizuális szalientia modellen alapul. A bemutatott algoritmus a különböző MRI modalitásoknak egy újszerű kombinációját használja fel a tumorok élesebb kiemelésére, egy egészséges sablon segítségével, amit az annotált adatbázis tumor jelzés nélküli szeleteiből generáltunk. Az algoritmus alapjául választott szalientia modell intenzitás és helyi különbségszámítással dolgozik, és a szomszédos szeletek hasonlóságait is figyelembe veszi. A szalientia térkép alapján a tumor körvonalát régió- alapú aktív kontúrral pontosítottuk. Továbbá, a bemutatott algoritmust fuzionáltuk konvolúciós neurális hálózatok perdikciós térképeivel, ami fejlesztette az eredményeket és csökkentette a hálózatok túltanulását, ami az új eseteket eredetileg kevésbé ismerte fel. Az algoritmust a BRATS2015 adatbázison teszteltük, és a kvantitatív eredmények azt mutatták, hogy a hibrid modellek (a szalientia és neurális hálózatok kombinációjából) ígéretes alternatívák lehetnek magasabb szegmentációs teljesítmény elérése érdekében.

**Kulcsszavak:** vizuális szalientia, 3D orvosi képszegmentálás, konvolúciós neurális hálózat

## 1. Bevezetés

A gliómák a leggyakrabban előforduló agytumorok felnőttek esetén [1], körülbelül 30%-át teszik ki az agy- és központi idegrendszeri tumorfajtáknak, 80%-át a rosszindulatú agytumoros eseteknek. A gliómával diagnosztizált pácienseknél különösen fontosak a noninvaszív képalkotási technológiák, mivel az ismételt biopsziák növelik a kockázatot. A CT és MRI felvétel alapú folyamatos monitorozás mára széles körben elfogadott módszer.

A szakirodalom tumor szegmentáló algoritmusait két fő osztályba sorolhatjuk [2]. A *generatív modellek* részletes *a priori* tudáson alapszanak, mint például a megjelenés, lehetséges pozíció, helyzetek, illetve anatómiai és probléma- specifikus információk. Általában az agyszövetet is külön kell szegmentálni [3], [4]. Az általunk

---

<sup>1</sup> Eredeti publikáció: P. Takacs and A. Manno-Kovacs, "MRI Brain Tumor Segmentation Combining Saliency and Convolutional Network Features", [16th International Conference on Content-Based Multimedia Indexing \(CBMI\)](#), La Rochelle, France, September 4-6, 2018.

implementált modellben [3]-hoz hasonló megközelítést alkalmaztunk, és felépítettünk egy egészséges agyszeletekből álló sablont az rendelkezésre álló adatbázisból (T2 és FLAIR vetületekből). A sablon és a bemenetként kapott MRI szelet közötti különbségek kiemelése segíti az esetleges kóros elváltozások detektálását, ugyanakkor az összehasonlítás erősen függ az alkalmazott regisztrációs lépéstől.

A másik nagy csoport a *diszkriminatív modellek*, melyek annotált tanító adathalmazt igényelnek, és ezekből automatikusan építik fel a tudást, előzetes ismeretek nélkül [5], [6]. Hogy minél teljesebben lefedjék a tumor variációkat, például intenzitáskülönbség, vagy alakváltozatok esetén, nagy tanító adatbázisra van szükségük. Manapság a mélytanulási módszerek a diszkriminatív modellek legnépszerűbb képviselői, melyek közül a konvolúciós neurális hálózatokra koncentráltunk munkánkban. Különböző hálózati struktúrákat teszteltünk, például a U-Net-et [7] vagy egy kaszkádosított anizotróp hálózatot, a WT-Net-et [8], tanítóhalmazként alkalmazva az adatbázis véletlenszerűen válogatott elemeit 2 és 3 dimenzióban. A módszerek hátránya, hogy jelentősen függenek a tanító adathalmaztól, és azokban az esetekben, ahol a minták eltérnek az adatbázisban látottaktól, gyengén teljesítenek.

Az említett hátrányok kompenzálásaként kombináltunk egy diszkriminatív és egy generatív modellt, vagyis a tanítást és a beépített tudást.

Orvosi szempontból a tumorok detektálása segítheti a diagnózist, így esetünkben a tumorok lesznek a kép kiemelt területei. Ez motiválta a szaliencia- alapú megközelítést, ami a generatív modellünk alapja. Az algoritmus alapötletét [9] inspirálta a szaliencia- alapú, beépített anatómiai információs modellel. A referált algoritmus, [9], egy pszeudo- RGB szintér modellen alapul, az MRI FLAIR, T2 és T1c modalitásokat felhasználva egy színes kép R, G és B csatornájának, majd ezen színbeli és helyzetbeli különbségeket számítva a tumor lokalizálható. Mivel a tumor intenzitásában eltér az agyszövetétől, és egy tumor egy adott helyre koncentrálódik, ez az ötlet jó kiindulási pontnak bizonyult. Munkánk során továbbfejlesztettük a pszeudo-RGB modellt, illetve a tumor szegmentáló algoritmus hatékonyságának növelésére javasoltunk több kiegészítő technikát.

A cikkben részletes bemutatásra kerül a továbbfejlesztett pszeudo- RGB modell, mely a különböző MRI modalitások mellett egy egészséges agyszeletekből álló sablont alkalmaz az anatómiai tudás reprezentálására, a FLAIR és T2 modalitásokat felhasználva. A színezetbeli és helyzetbeli távolságok számítása mellett figyelembe vesszük a szomszédos MRI szeletek közötti kapcsolatot is, amelyeken a tumorok mérete, pozíciója és formája egymáshoz hasonló. A számított szaliencia térkép jól becsli a tumor helyzetét és méretét. Pontosabb körvonal kiemelése érdekében terület- alapú aktív kontúr alkalmaztunk [10].

Ezek után a saját szaliencia alapú modellünket és az U-Net és WT-Net neurális hálózatok eredményeként kapott valószínűségi térképeket konvolúcióval összefűztük, különböző súlyokkal tesztelve. A kiértékelési eredmények a BRATS 2015 adatbázison azt mutatták, hogy a hibrid modell (ami ötvözi a szaliencia alapú, és a neurális hálózat adta eredményeket) egy ígéretes alternatíva lehet pontosabb tumor szegmentáció eléréséhez.

## 2. Vizuális Szalencia Alapú Tumor Szegmentálás

### 2.1. Pszeudo- RGB modell

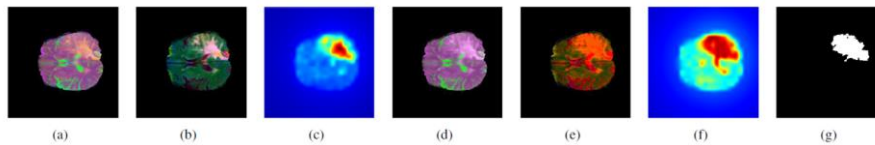
Az alapötlet színes képek konstruálása az elérhető MRI adatokból. Az alapmodell [9] fejlesztéseként, a BRATS2015 adatbázis *FLAIR* és *T2* adataiból épített egészséges sablonokat is beépítettük a színmodellbe. Az annotált tumor jelzéseket vizsgálva olyan szeleteket válogattunk ki, melyeken nincs bejelölt tumor, azaz feltételezhetően egészségesek. Az axiális vetületekhez kigyűjtöttük 200 agyi adatból az összes jelölt tumor nélküli szeletet, és ezeket regisztrálva helyileg és méretben, átlagolva majd Gauss- simítva az eredményt, megalkottuk a tumor nélküli, egészséges agyszeletekből álló sablont ( $HM_{FLAIR}$ ,  $HM_{T2}$ -vel jelölve (1)-es képletben). Hogy az egészséges sablon és az aktuális szelet közti különbségeket (pl. lehetséges tumort) kiemeljük, a G és B csatornákat súlyozott különbségképként definiáltuk. Modellünk így a következőképpen prezentálható:

R: *FLAIR*,

G:  $T2 * \alpha - HM_{T2} * \beta$ , (1)

B:  $FLAIR * \alpha - HM_{FLAIR} * \beta$ ,

Ahol  $\alpha = 1.5$  és  $\beta = 0.2$  paraméterek az elvégzett tesztek figyelembe véve kerültek beállításra. Egyszerű regisztrációt alkalmaztunk, az agyszelet területét (ahol 0-tól különböző értékeket találunk) a sablonban ráillesztettük az aktuálisan vizsgált agyszeletre  $x$  és  $y$  irányban. Hogy még jobban kiemeljük a kontrasztot, a pszeudo-*RGB* képet konvertáltuk CIE  $L^*a^*b^*$  színtérbe, és ezt alkalmaztuk a további lépésekben.



1. ábra: Az eredeti (a-c) és a módosított (d-f) *pszeudo-RGB* modell összehasonlítása; (a) és (d) a *pszeudo-RGB* képek, (b) és (e) az  $L^*a^*b^*$  képek konverzió után, (d) és (f) a számított szalencia képeket mutatják  $8*8$ -as blokkméret esetén, (g) a ground truth.

## 1. Szalencia Térkép a Tumor Detekciójára

A kiindulási szalencia modell, [9], egy színintenzitás és egy hely alapú távolságon alapuló különbségkeresést javasol, blokkokra osztott képszeleteken. Ennek érdekében a képszeleteket  $256*256$  pixelesre méreteztük át. Ezután, az átméretezett képet felbontottuk nem- átfedő blokkokra,  $k*k$  méretben. Így a szalencia számítás ezeken a blokkokon történt. Az  $S_c$  színkülönbség az  $R_i$  blokkra a következőképpen számolható, külön  $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$  csatornánként:

$$S_c(R_i) = \sum_{j,j \neq i} \sqrt{(R_i^{\bar{L}^*} - R_j^{\bar{L}^*})^2 + (R_i^{\bar{a}^*} - R_j^{\bar{a}^*})^2 + (R_i^{\bar{b}^*} - R_j^{\bar{b}^*})^2} \quad \forall i, j \in \{1, \dots, (w/k \times w/k)\}. \quad (2)$$

$R_i^{\bar{ch}}$  az  $i$ . blokk átlagértékét jelenti a  $ch$  színcsatornára kiszámítva.

A motiváció az algoritmusnál, hogy a tumorok, megfigyelések alapján, 1-1 helyen koncentrálódnak, egy összefüggő szalens területet hozva létre. Másrésztől, a tumorjelzéstől távol eső területek kevesebb valószínűséggel tartalmaznak tumort. Így, egy hely alapú szalencia jellemzőt is alkalmazunk az előzőekben kapott szín alapú eredményeket felhasználva:

$$S_{cs}(R_i) = \sum_{j,j \neq i} \frac{1}{1 + d(R_i, R_j)} \times S_c(R_i), \quad (3)$$

Ahol  $d(R_i, R_j)$  az Euklideszi távolsága az  $R_i, R_j$  blokkoknak.

Ezután az  $S_{cs}$  szalencia térképet visszaméretezzük az eredeti,  $240*240$  pixeles méretre bilineáris interpolációval. Hogy a szalencia modell invariáns legyen a helyi jellegzetességek méretére, a szín alapú szalenciát különböző blokkméretekre is számoltuk,  $k = \{8, 16\}$ .

A végső szalencia a kétféle blokkmérettel számolt szalencia térképek átlaga, a [9] cikk ajánlása alapján. Az eredeti algoritmus  $k = \{4, 8, 16, 32\}$  blokkmérettel dolgozik, egyenlő súlyokkal szerepeltetve a különböző blokkméretekkel kapott szalencia térképeket a végső eredményben, de tesztleink alapján nincs különbség a két megközelítés közötti kiértékelésben, viszont csak két blokkmérettel számolva jelentős az időbeli nyereség.

A fentiek mellett újításként, 3D helyi információt is hozzáadtunk a modellhez, hogy kihasználjuk a szomszédos szeleteken lévő tumorok pozíció, méret és formabeli hasonlóságait. Utolsó lépésként így, az aktuális szelet szalencia térképe a súlyozott átlaga az aktuális  $S_{cs}^a$ , az ezt megelőző,  $S_{cs}^p$  és az aktuálisat követő,  $S_{cs}^n$  szeletek szalencia térképeinek:

$$S = w^p \times S_{cs}^p + w^a \times S_{cs}^a + w^n \times S_{cs}^n, \quad (4)$$

Ahol  $w^p$ ,  $w^a$ ,  $w^n$  a különböző súlyértékek, melyeket tesztek alapján optimalizálva  $w^a = 0.4$ -re és  $w^p = w^n = 0.3$ -ra állítottuk.

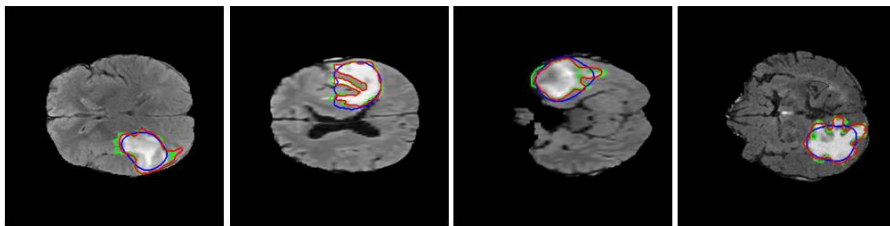
Utolsó lépésként 25\*25-ös átlagoló szűrővel simítottuk a szaliencia térképet.

### 3. Aktív Kontúr Alapú Körvonalkeresés

Az eredeti algoritmus [9] egyik fő hibája, hogy képes ugyan kiemelni a tumorok területét, azonban az egészséges szeleteken, ahol nincs kiugróan elváltozott terület, az egész agyszeletet szaliensnek veszi. Mivel ez jelentős mennyiségű adatot érint, és a hibajelenség ugyanúgy áll fenn a legtöbb esetben, hozzáadtunk a modellhez egy szűrést a tumor körvonal megállapítása előtt. A szaliencia térképet binarizáljuk először, adaptív küszöbvel, ahol  $\gamma = 3.55$  [9], hogy a végleges tumor maszkot megkapjuk:

$$T_\gamma = \frac{\gamma}{M \times N} \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} S(x, y) \quad (5)$$

A binarizált tumor maszk méretét ezután összehasonlítjuk az éppen vizsgált agyszelet területével (ahol a pixelértékek értelmes adatot tárolnak, nem 0 értékű háttérrel), és ha a méretük hányadosa meghaladja a  $T_r$  küszöböt, ( $T_r = 0.425$  tesztelesek alapján), akkor a szaliensnek vélt területet eldobjuk, és a szeletet egészségesnek vesszük. A hányados küszöb a BRATS2015 adatbázisban található tumor jelzések (ground truth) és agyszeletek arányának analizálása alapján született. A szaliencia alapú tumor szegmentálás egy közelített lokalizáció a tumor legvalószínűbb helyére (és méretére). Hogy a komplex alakú tumorok körvonalát pontosabban tudjuk detektálni, régió alapú aktív kontúrt alkalmazunk.



2. ábra: Tumor körvonalának detekciója Chan- Vese aktív kontúrral, kék: szaliencia alapú becslés, vörös: aktív kontúrral kapott körvonal, zöld: ground truth.

A fenti ábra mutatja a körvonal detekció eredményeit, a kék a kezdeti, szaliencia alapú kontúrt jelöli, a vörös az aktív kontúros, javított verziót, és a zöld a ground

truth. A körvonal detekciónál vizsgáljuk, hogy az aktív kontúrral kapott tumor területe mennyivel nőtt az eredeti jelzéshez képest. Ha a növekedés mértéke meghalad egy  $T_r$  küszöböt ( $T_r = 2.5$ ), akkor nem alkalmazzuk a szeletre az aktív kontúr, helyette dilatáljuk a szaliencia alapú becslést. Miután futtattuk a szegmentáló algoritmust az összes képszeletre, hozzáadtunk egy végső szűrést a „false positive” jelzések csökkentésére. A tumor jelzéseket végigkövettük az egymás utáni képszeleteken, és a tumor jelzésekből álló láncok hosszát számoltuk. Ha a képsorozatban kevesebb, mint 10 képen van tumor jelzés, akkor elvetjük, mivel ez feltehetően téves. A maradék képsorozatok esetén a leghosszabbat tartjuk meg, a többit szintén elvetjük.

#### 4. Mélytanulási Módszerek és Szaliencia Térkép Fúziója

Ahogy a bevezetésben felvázoltuk, manapság a neurális hálózatok népszerűek a tumor szegmentálási feladatok megoldására. Habár, a mélytanulási módszerek új eseteket felismerő képessége gyengébb, hosszú újratranításokat igényelhet, ami a valósidejű alkalmazásokat és felhasználást egyaránt megnehezíti. Ez motiválta a „handcrafted” jellemzőket alkalmazó, beépített anatómiai tudású módszerrel való fúziót.

A koncepció alátámasztására két neurális hálózattal kombináltuk a fent bemutatott, szaliencia alapú algoritmust, a U-Net-tel [7] és WT-Net-tel [8]. Az U-Net egy konvolúciós neurális hálózat kifejezetten orvosi képek szegmentálására, aminek az eredménye egy valószínűségi térkép – ahol, amekkora valószínűséggel van tumor az adott pixelen, azzal arányos a képpont intenzitása. A hálózat első fele detektálja a képi információkat, majd a második fele készíti el a magas felbontású szegmentációs térképet.

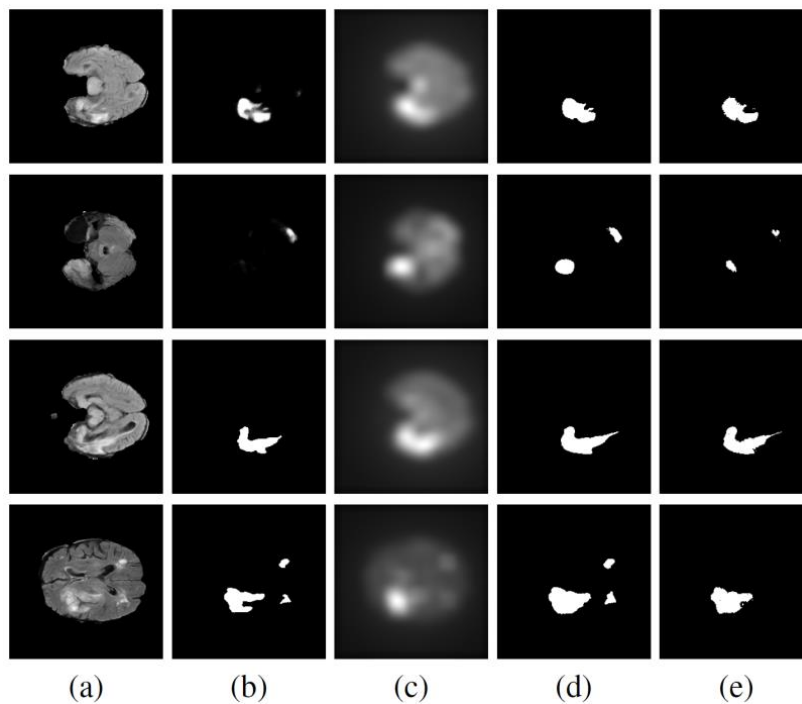
A [8]-ban egy kaszkádosított CNN került bemutatásra agytumorkok különböző részeinek szegmentálására, célzottan a BRATS adatbázisra. A komplex probléma 3 bináris szegmentálási feladatra lett felbontva: a W-Net szegmentálja az egész területét a tumornak („whole”), ennek kimenete egy közelítő terület, ami a következő rész, a T-Net bemenete, ami szegmentálja ezen belül a tumor magját („tumor”). Végül, ennek kimenete az E-Net bemenete, ami kiemeli a növekvő, aktív tumor részt („enhancing”). Mivel esetünkben nem választjuk szét a tumor részeit, a W-Net/T-Net implementációt használtuk fel NiftyNet platformról [11].

Kihasználva mindkét (generatív és diszkriminatív) megközelítés előnyeit, a végső, fuzionált valószínűségi térképet konvolúcióval számítjuk a szaliencia térképből és a neurális hálózatok kimenetéből ( $P_U$  U-Net kimenete és  $P_{WT}$  WT-Net kimenete). A konvolúcióhoz felhasznált súlyok a következők:  $\delta = 0.5$  U-Net-hez és  $\delta = 0.5$  majd  $\delta = 0.75$  WT-Net-hez.

$$S_{\{U,WT\}} = \delta \times S + (1 - \delta) \times P_{\{U,WT\}}, \quad (6)$$

A 3. ábra mutatja be a különböző algoritmusok együttes és különálló teljesítményét. Az első példában az U-Net 2 részre választja szét a tumort, míg a szaliencia alapú megközelítés homogénebb közelítést ad, így a kombinációjuk pontosabban és összefüggően jelzi a tumort. A második példa azt szemlélteti, mikor a neurális hálózat csak egyet talál meg a két tumor jelzés közül, míg a kombináció megtalálja mindkét területet. A WT-Net önmagában is jól teljesít (I. Táblázat), de a pontosság még

tovább növelhető a szaliencia fúzióval, például a 3. példában, a komplexebb körvonalú tumor esetében. A negyedik példa bemutatja, hogy a fúzió esetenként nagyon hasonló a neurális hálózathoz – vagy szaliencia térképhez, így a kombinációjuk szintén jelzi a tévesen felismert részeket is. A két, kisebb bejelölt terület nem része a ground truth-on jelölt tumornak, de a valódi tumor jelzés alakja precízebben lett kiemelve a hibrid modellel.



3. ábra Neurális hálózatok és szaliencia fúziója, 1-2. sor: U-Net; 3-4. sor: WT-Net; (a) Eredeti *FLAIR* kép; (b) neurális hálózat szegmentációjának eredménye; (c) szaliencia térkép; (d) szegmentáció 0.5–0.5-el súlyozott kombinációval (6. képlet); (e) bináris ground truth.

## 5. Kiértékelés

A kiértékelést a BRATS2015 adatbázison végeztük [2], ami 220 HGG és 54 LGG adatot foglal magában (HGG a High- grade glioma, és LGG a low- grade glioma) T1, T1 kontraszt, T2 és FLAIR modalitásokkal. Mindegyik volume  $240*240*155$  pixel nagyságú, radiológusok által annotált ground truth-szal. A kiértékeléshez axiális vetületet használtunk, (ahogy az algoritmus fejlesztéséhez is), ami 155 darab  $240*240$  pixel méretű agyszeletet jelent.

A kiértékelésben a U- Net publikusan elérhető verzióját is alkalmaztuk. Mindegyik modalitást (T1, T1c, T2, FLAIR) felhasználtuk a tanításhoz, 16 bites képszeletekkel és 8-bites ground truth címkékkel. Az adatok véletlenszerűen kiválasztott 90%-a, tanításra lett felhasználva, a fennmaradó 10% tesztelésre. A tanításkor 10 epoch futott le, a tanítási együttható  $1e-4$ , a loss típus bináris kereszt entrópia. A tanító adathalmazból véletlenszerűen kiválasztott 20% a validációs halmaz. Két teszt halmazra végeztünk kiértékelést az összes módszer esetén (I. és II. Teszt). A teljesítmény számszerű kiértékelése ezeken a 22-22 volume-ot tartalmazó halmazokon történt. Összehasonlításként ugyanezek az adatokon teszteltük az eredeti, szaliencia- alapú módszert [9], a WT-Net [8] és U-Net [7] alapú hálókat és általunk fejlesztett módszert is.

Az tesztadatokot a WT-Net NiftyNet implementációjával [11] értékeltük ki. . Az U-Net-hez hasonlóan a WT-Net tanításához is 90% tanító és 10% tesztelő mintát használtunk, a tanítási együttható  $1e-4$ , a veszteség funkció Dice, és a tanításban 20000 epoch szerepelt. Ismét a tanító halmaz 20%-a lett a validációs halmaz.

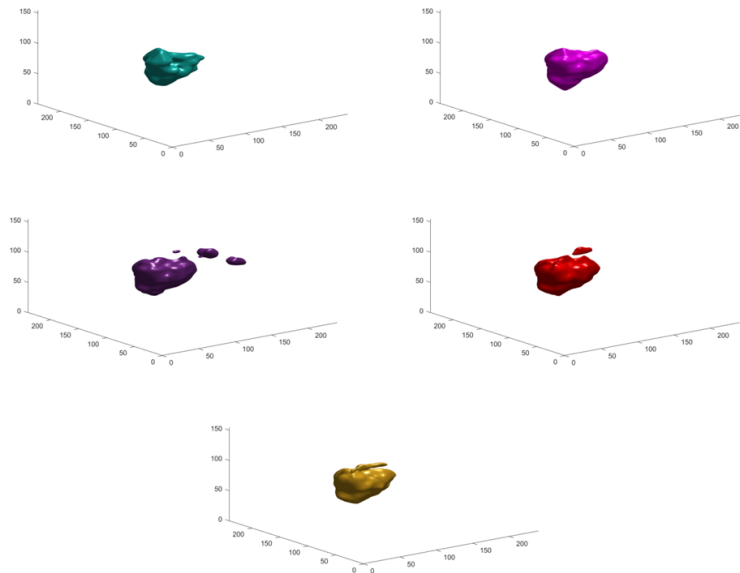
Mindent egybevéve 6820 agyszelet lett kiértékelve a WT-Net-hez és a szalienciával kombinált verzióhoz, és ugyanennyi az eredeti, a fejlesztett szaliencia alapú, és az U-Net alapú módszerhez, illetve a szaliencia és U-Net kombinációjához.

A kiértékelés végén 3D reprezentációt készítettünk a tumorok becsült helyéről, Gauss- simítva az eredményeket. Így a ground truth-on bejelölt és az algoritmusok által adott tumor egyben látható, szeletek helyett (4. ábra).

A kiértékelésben használt metrikáink a pontosság („precision”), felidézés („recall”), TNR és  $F_\beta$  ( $\beta=0.3$ ). A számszerű kiértékelés az 1. táblázatban látható. Az általunk fejlesztett módszer minden mérték szerint javított a kiindulási algoritmuson. A neurális hálózatok esetében a WT-Net magasabb teljesítményt mutat, mint az U-Net, habár megemlítendő, hogy a WT-Net speciálisan az efféle tumor szegmentációkra lett tervezve (a BRATS2017 challenge nyertese volt).

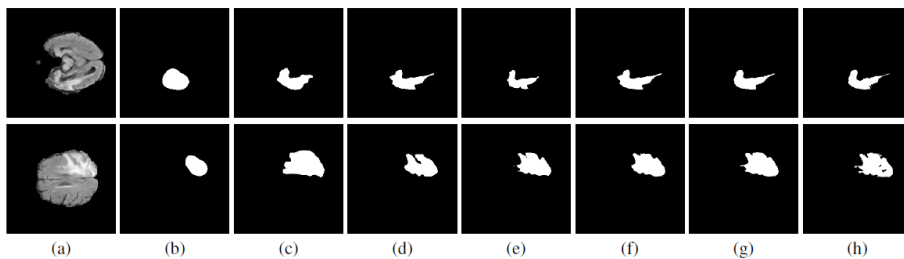
Az U-Net és szaliencia fúzióját  $1/3-2/3$  és  $2/3-1/3$  súlyokkal is teszteltük, de a teljesítmény eltérése nem különbözött jelentősen az  $1/2-1/2$  felosztástól, így csak ennek az eredményeit szerepeltetjük a táblázatban (az  $1/2-1/2$  súlyozás bizonyult a legmagasabbnak.). Továbbá, a szaliencia- alapú algoritmus és a választott neurális hálózatok fúziójával a tumor becslések magasabb precíziót,  $F_\beta$ -t és TNR-t érnek el. A fuzionált eredmények recallban gyengébbek a precízióhoz képest, ami azt jelenti, hogy a fúzió kisebb területet talál meg, de pontosabban.





4. ábra: Agytumor becslések 3D reprezentációja különböző megközelítésekkel, 1. sor: általunk fejlesztett tükzzel és ennek fúziója U-Net-el magentával, 2. sor: U-Net lilával és WT-Net pirossal, 3. sor: ground truth sárgával.

A 4. ábrán 2 példa található a szaliencia alapú és neurális hálózatos eredmények összehasonlítására, 1/2-1/2 súlyozással a hibrid modellek esetében. A tumorok lokalizációja pontos minden algoritmus esetében, de a komplex alakzatok a legjobban a fúziós módszerekkel közelíthetőek.



5. ábra: Szegmentálási eredmények a BRATS2015-ből, (a) eredeti agyszelet, (b) eredeti algoritmus [9], (c) fejlesztett szaliencia alapú algoritmus, (d) U-Net, (e) WT-Net, (f) U-Net és szaliencia 1/2-1/2 súlyozott kombinációja, (g) WT-Net és szaliencia 1/2-1/2 súlyozott kombinációja, (h) ground truth a tumorhoz.

I. TÁBLÁZAT  
BRATS2015-ÖN KIÉRTÉKELT ALGORITMUSOK KVANTITATÍV KIÉRTÉKELÉSE

Algorithm	Test set I				Test set II			
	Precision	Recall	$F\beta$	TNR	Precision	Recall	$F\beta$	TNR
Original [9]	0.5949	0.2497	0.5340	0.8547	0.5766	0.2072	0.5026	0.8520
Proposed	0.8535	0.5328	0.8131	0.9738	0.8636	0.5093	0.8167	0.9756
U-Net [7]	0.6884	0.8812	0.7010	0.9593	0.6917	0.8844	0.7044	0.9674
U-Net + Proposed (0.5 – 0.5)	0.7356	0.8233	0.7422	0.9442	0.7461	0.8161	0.7514	0.9536
WT-Net [11]	0.8205	0.8569	0.8234	0.9748	0.8226	0.8559	0.8253	0.9753
WT-Net + Proposed (0.5 – 0.5)	0.8370	0.8115	0.8348	0.9783	0.7894	0.8626	0.7950	0.9743
WT-Net + Proposed (0.25 – 0.75)	0.8735	0.6443	0.8486	0.9851	0.8656	0.6195	0.8381	0.9890

Összegzésként, az eredmények azt mutatják, hogy a neurális hálózatos és handcrafted technikák együttes alkalmazása ígéretes szegmentálási eredményeket kínál. A fúzió magasabb precíziót és  $F\beta$ -t ér el, mint a neurális hálózatok szeparált eredményei.

## 6. Konklúzió


A cikkben egy újszerű, szaliencia- alapú algoritmus került bemutatásra tumorok automatikus szegmentációjához agyi MRI felvételeken. A módszer egy state-of-the-art megközelítésen alapul, melyekhez különböző fejlesztéseket mutattunk be magasabb teljesítmény elérésére. Egy újfajta, pszeudo- RGB modell használatával, melybe az egészséges agy T2 és FLAIR sablonját építettük be, a tumorok jobban kiemelhetőek. A szaliencia modell fejlesztéseként kihasználtuk a szomszédos agyszeleteken lévő tumorok hasonlóságait, és összefűztük a szomszédos szeletek eredményeit, a színintenzitásbeli és hely alapú szaliencia számolás mellett. A tumorok körvonalának pontosabb becslésére terület- alapú aktív kontúrt alkalmaztunk, a szaliencia- alapú tumor becslésből kiindulva.

A modellünk két különböző, state-of-the-art neurális hálózat (U-Net, WT-Net) eredményeivel lett kombinálva, különböző súlyokat helyezve a szaliencia térképre és a neurális hálózatok predikciós kimeneteire. A kombinált kép integrálja a neurális hálózat absztrakciós képességét és a „kézi” jellemzők beépítését, melytől az új, korábban nem látott esetek feldolgozása hatékonyabbá válhat. A BRATS2015 kvantitatív tesztjei megerősítették, hogy a fejlesztett, szaliencia alapú modell önmagában is hatékony, és a neurális hálózatokkal való kombinációjával a szegmentációs pontosság tovább emelhető.

A jövőben egy kifinomultabb neurális hálózat és „handcrafted jellemzőkre” épülő fúziós modellt tervezünk, egy mély neurális háló megalkotásával, mely a tanítás során közvetlenül veszi figyelembe a szaliencia alapú algoritmus eredményeit.

## 7. Köszönetnyilvánítás

A munka a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) támogatásával, az NKFI Alapból valósult meg a KH-126688 pályázat keretében,

illetve „ az Emberi Erőforrások Minisztériuma” ÚNKP-18-4-PPKE-132 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának támogatásával készült. Manno-Kovács Andrea munkáját a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatta.

## 8. Referenciák

- [1] Eric C Holland, “Progenitor cells and glioma formation,” *Current opinion in neurology*, vol. 14, no. 6, pp. 683–688, 2001.
- [2] Bjoern H Menze, Andras Jakab, Stefan Bauer, Jayashree KalpathyCramer, Keyvan Farahani, Justin Kirby, Yuliya Burren, Nicole Porz, Johannes Slotboom, Roland Wiest, et al., “The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS),” *IEEE Transactions on medical imaging*, vol. 34, no. 10, pp. 1993–2024, 2015.
- [3] Marcel Prastawa, Elizabeth Bullitt, Sean Ho, and Guido Gerig, “A brain tumor segmentation framework based on outlier detection,” *Medical Image Analysis*, vol. 8, no. 3, pp. 275–283, 2004.
- [4] Mikael Agn, Oula Puonti, Ian Law, PM af Rosenschöld and K van Leemput, “Brain tumor segmentation by a generative model with a prior on tumor shape”, *Proceeding of the Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Challenge*, pp. 1-4, 2015.
- [5] Stefan Bauer, Lutz-P Nolte, and Mauricio Reyes, “Fully automatic segmentation of brain tumor images using support vector machine classification in combination with hierarchical conditional random field regularization,” in *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, 2011, pp. 354–361.
- [6] Wei Wu, Albert YC Chen, Liang Zhao, and Jason J Corso, “Brain tumor detection and segmentation in a CRF (conditional random fields) framework with pixel-pairwise affinity and superpixel-level features,” *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, vol. 9, no. 2, pp. 241–253, 2014.
- [7] Olaf Ronneberger, Philipp Fischer, and Thomas Brox, “U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation,” in *International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention*. Springer, 2015, pp. 234–241.
- [8] Wang Guotai, Li Wenqi, Ourselin Sebastien, and Vercauteren Tom, “Automatic brain tumor segmentation using cascaded anisotropic convolutional neural networks,” in *Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries*. Springer, 2018, pp. 179–190.
- [9] Subhashis Banerjee, Sushmita Mitra, B Uma Shankar, and Yoichi Hayashi, “A novel GBM saliency detection model using multi-channel MRI,” *PloS one*, vol. 11, no. 1, pp. e0146388, 2016.
- [10] Tony F. Chan and Luminita A. Vese, “Active contours without edges,” *IEEE Trans. on Image Processing*, vol. 10, no. 2, pp. 266–277, 2001.
- [11] Eli Gibson, Wenqi Li, Carole Sudre, Lucas Fidon, Dzhoshkun I. Shakir, Guotai Wang, Zach Eaton-Rosen, Robert Gray, Tom Doel, Yipeng Hu, Tom Whyntie, Parashkev Nachev, Marc Modat, Dean C. Barratt, Sbastien Ourselin, M. Jorge Cardoso, and Tom Vercauteren, “Niftynet: a deep-learning platform for medical imaging,” *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 158, pp. 113 – 122, 2018.