

DOKTORI (PHD) ÉRTEKEZÉS

CSÓKA ÁDÁM

**MAGYAR AGRÁR- ÉS ÉLETTUDOMÁNYI
EGYETEM
KAPOSVÁRI CAMPUS
ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK
DOKTORI ISKOLA**

2025

MAGYAR AGRÁR- ÉS ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM
KAPOSVÁRI CAMPUS

Állattenyésztési tudományok Doktori Iskola

Doktori iskola vezetője:
Prof. Dr. Szabó András
MTA doktora

Témavezető:
Dr. DONKÓ TAMÁS

Állattudományi célú képalkotó vizsgálatok
feldolgozásának fejlesztése elasztikus
regisztráció alkalmazásával

Készítette:
Csóka Ádám

Kaposvár
2025

Tartalomjegyzék

1. Bevezetés	5
1.1. Előzmények	6
2. Célkitűzés	8
3. Irodalmi áttekintés	9
3.1. Roncsolásmentes képalkotó vizsgálati lehetőségek és azok összehasonlítása .	9
3.1.1. Ultrahang (US)	10
3.1.2. CT	11
3.1.3. MRI	13
3.1.4. A roncsolásmentes képalkotó modalitások összehasonlítása	14
3.2. A CT felvételek feldolgozásának lehetőségei	15
3.2.1. Manuális szegmentáció	18
3.2.2. Regisztrációval történő képi szegmentáció	18
3.2.2.1. Regisztráció	19
3.2.2.1.1. Nem-lineáris transzformációk	20
3.2.2.2. Szegmentáció	21
3.2.3. Lineáris módszerek	22
3.2.4. Optimalizáció sokdimenziós tereken - Valószínűségi keresési algoritmusok	23
3.2.4.1. Sztochasztikus keresési algoritmusok	23
3.3. A CT mint vizsgálati eszköz az állattenyésztésben	25
3.3.1. CT vizsgálatokból származó eredmények és azok jelentősége a nyúltenyésztésben	26
3.3.1.1. Örökölhetőség	27
3.3.1.1.1. Az MLD súlyának és méretének örökölhetősége	28
3.3.1.1.2. A hátsó lábizmok súlyának és méretének örökölhetősége	28

3.3.2.	CT vizsgálatokból származó eredmények és azok jelentősége a baromfitenyésztésben	29
3.3.3.	CT vizsgálatokból származó eredmények és azok jelentősége a sertésitenyésztésben	31
4.	Anyag és módszer	35
4.1.	Állatok	35
4.1.1.	Az állatok genotípusa, származási helye és kiválasztási módja	35
4.1.2.	Állatok próbavágása	36
4.2.	CT vizsgálatok	39
4.3.	CT képek feldolgozása	42
4.3.1.	Manuális szegmentáció	42
4.3.2.	Képek utófeldolgozása (Regisztráció)	49
4.3.3.	Adatgyűjtés (jellemzőkinyerés - feature collection)	51
4.3.4.	Adatfeldolgozás és statisztikai analízis	52
4.3.5.	Számítógép teljesítmény és futási idők	55
5.	Eredmények és értékelésük	57
5.1.	Nyulak CT- és vágási adatainak feldolgozásából származó eredmények	57
5.1.1.	Nyúlfej adatok feldolgozása	60
5.2.	Broiler csirkék CT- és vágási adatainak feldolgozásából származó eredmények	64
5.3.	Sertés karkaszok CT- és vágási adatainak feldolgozásából kapott eredmények	66
5.4.	Az atlaszok számának hatása a predikciós teljesítményre	69
5.5.	Eredmények értékelése	70
6.	Következtetések és javaslatok	79
7.	Új tudományos eredmények	83
8.	Összefoglalás	85
9.	Summary	89
10.	Köszönetnyilvánítás	93
11.	Irodalomjegyzék	94
12.	Egyéb források	113

13. A disszertáció témaköréből megjelent publikációk	116
14. A disszertáció témakörén kívül megjelent publikációk	117
15. Szakmai önéletrajz	121
16. Mellékletek	122

Rövidítések jegyzéke

- AI.** Artificial Intelligence (mesterséges intelligencia)
- CT.** Computed Tomography (Komputertomográfia)
- DICOM.** Digital Imaging and Communications in Medicine
- GMM.** Gaussian Mixture Model (Gauss-féle keverékmodell)
- HU.** Hounsfield Unit (Hounsfield-egység)
- KNNR.** K-Nearest Neighbour Regression (Legközelebbi k szomszéd regresszió)
- LMP.** Lean Meat Percentage (Soványhústartalom aránya)
- MATE.** Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
- MINC.** Medical Imaging NetCDF
- MLD.** Musculus Longissimus Dorsi (hosszú hátizom)
- MRI.** Magnetic Resonance Imaging (Mágneses rezonancia képalkotás)
- NIFTI.** Neuroimaging Informatics Technology Initiative
- PCR.** Principal Component Regression (Főkomponens-regresszió)
- PLS.** Partial Least Square (Parciális legkisebb négyzetek módszere)
- PVE.** Partial Volume Effect (Részterfogat hatás)
- RF.** Radio Frequency (Rádiófrekvenciás)
- ROI.** Region Of Interest (Releváns tartomány)
- RTU.** Real-time Ultrasound (Valós idejű ultrahang)
- SA.** Simulated Annealing (Szimulált hűtés)
- US.** Ultrasound (Ultrahang)

1. *Bevezetés*

Az emberiség körülbelül 250 évvel ezelőtt kezdhették el mesterséges szelekcióval kísért fajtákat létrehozni. Az állattenyésztés célja mindig az állatok fejlesztése volt bizonyos fontos tulajdonságok és szempontok – azaz a meghatározott tenyészcél – figyelembe vételével. Ezeket a tulajdonságokat manapság már a társadalom követelményei, kívánságai diktálják. A tenyésztők a saját szempontjaikat figyelembe véve, a kívánt haszon elérése mellett igyekeznek ezeket figyelembe venni. A gyorsabb szelekciós előrehaladás érdekében a 20. század második felétől szükségessé vált a már létező modern képalkotó technikák alkalmazása az állattenyésztésben, mint pl. ultrahang (US), Mágneses rezonancia képalkotás (MRI), Komputertomográfia (CT), amelyek lehetőséget adnak az élő állatok teljes térfogatát lefedő vizsgálatokra, ezzel hatékonyabbá téve a tenyésztési folyamatokat.

Az első CT felvételt a 20. század elején készítették el Londonban. A korai fejletlen technika miatt ezek a vizsgálatok hosszú idő alatt készültek el. A hosszú felvételi időtartam ellenére a képek minősége sem volt tökéletes, mégis jelentős szerepet játszott a humán gyógyításban, betegségek diagnosztizálásában és az operációk tervezésében. Az ezt követő technikai fejlődések és a folyamatos terjedés teret adott a CT más, orvosi területen kívüli felhasználásának, mint pl. az ipari, az állattenyésztési vagy az állati termékek feldolgozásának területén. Az első állattenyésztési célú CT felvételt 1981-ben végezték el a Norvég Agrártudományi Egyetemen. A Pannon Agrártudományi Egyetem, Állattenyésztési Karán, Kaposváron, 1989-ben kettős céllal telepítettek az egyetem campusára egy CT berendezést. Az elsődleges cél a sertések tenyészszelekciójának támogatása, míg másodlagos a humán diagnosztika volt. Az azóta jelentősen kibővült intézet, mai nevén SM KMOK Dr. Baka József Diagnosztikai, Onkoradiológiai, Kutatási és Oktatási Központ, jelenleg is kulcsszerepet tölt be Somogy vármegye és a környék humán egészségügyi ellátásában és a kutatásban egyaránt. Bár az elmúlt években a tevékenységek fókusza elsősorban a humán diagnosztika irányába helyeződött át, az állattenyésztési kutatásokban alkalmazott CT alapú vizsgálatok továbbra is aktív szerepet játszanak, és napjainkban is releváns tudományos eredményeket szolgáltatnak.

1.1. Előzmények

A Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem (MATE) Kaposvári Campusának jogelőd intézményében – Pannon Agrártudományi Egyetem (PATE) Állattenyésztési Karán – már az 1990-es évek elején megkezdődtek a CT alapú állattenyésztési kutatások. Az azóta eltelt több mint három évtized során az intézményben különböző állattenyésztési célú képalkotó eljárások alkalmazásával folytak vizsgálatok, melyek közül a CT kimagasló szerepet tölt be. Az első, Kaposváron végzett CT alapú állattenyésztési vizsgálatok eredményeit 1992-ben nyulakról, majd 1993-ban sertésekről publikálták, röviddel később pedig megjelent egy tanulmány a broilercsirkék teljes testzsírtartalmának becsléséről is (Szendrő és mtsai., 1992; Kövér és mtsai., 1993; Romvári és mtsai., 1994). A sertéseken végzett intenzív CT kísérletek az 1990-es évek végén indultak, és igazolták, hogy élő állatok esetében is megbízhatóan becsülhető a vágóérték, különösen a színhústartalom (Romvári, 2005). A vizsgálatok célja egyúttal a testösszetétel – az izom- és zsírszövet arányának – roncsolásmentes, in vivo meghatározása volt, ami alapvető minőségi előrelépést jelentett a szelekciós gyakorlatban (Romvári, 2005). 1991-ben Berényi és Kövér fejlesztették ki a CTPC nevű programot, amely nagy előrelépést jelentett: lehetővé tette a CT metszetek megjelenítését, a kívánt területek kijelölését, a szövetek izom-, zsír-, csont- és víztartalom alapján történő elkülönítését, valamint hisztogramok előállítását és területi paraméterek számítását (Berényi és Kövér, 1991; Romvári és mtsai., 1996). A kezdeti nehézségeket jól tükrözi, hogy mindehhez saját fejlesztésű szoftverre volt szükség. A világon az első nyúl CT vizsgálatot Kaposváron végezték el (Romvári, 2005). Kezdetben, különböző állatfajok esetében az egyedek testösszetételét és értékmérő tulajdonságait néhány jól meghatározott anatómiai pozícióban készült felvétel manuális szegmentációja alapján határozták meg (Vangen és Allen, 1984; Sehested, 1986; Bentsen és mtsai., 1986; Szendrő és mtsai., 1992). Ilyen értékmérő paraméter például a nyulaknál alkalmazott úgynevezett L-érték, amelyet két anatómiai ponton (2–3. és 3–4. ágyékcsigolya közt) készült keresztmetszeti felvételből a hosszú hátizom (MLD) manuális szegmentációjával, a két terület átlagaként határoznak meg (Szendrő és mtsai., 1992). A kaposvári kutatóhely folyamatos fejlesztésekkel – például a spirális CT technológia bevezetésével az 1990-es évek végén – tovább javította a képalkotás hatékonyságát és pontosságát. A technika fejlődése lehetővé tette a teljes céltér fogat leképezését, eleinte csak kis, majd egyre nagyobb felbontással. A sorozatfelvételek használatának szempontjából több egyszerűsített megközelítés is született a vizsgálatok gyorsabb elvégezhetősége érdekében, például a sorozatkészítés több régióban (Thompson és Kinghorn, 1992), illetve a szeletközökkel végzett sorozatfelvétel (Jopson és mtsai., 1995; Romvári és mtsai., 1996). A sorozatfelvétel egyik előnye, hogy az anatómiai

pontok utólagos azonosítása gyorsabb, mint a vizsgálat során egy-egy meghatározott sík pontos beállítása. Ezt a megközelítést sikerrel alkalmazták a baromfitenyésztésben és hal vizsgálatoknál (Andrássy, 2003; Romvári, 2005). A folyamatos fejlődés életszerűvé tette a képfeldolgozás fejlesztését, a manuális technikák automatikus szegmentációval történő leváltását. 2012-ben már olyan nyúl CT vizsgálatokból származó eredményekről számoltak be Szendrő és mtsai. (2012), amelyek esetén a teljes combizomról készült felvételek viszonylag nagy, 10 mm-es szeletvastagsággal készültek el. A felvételeken küszöbölést alkalmazva automatikus szegmentációt hajtottak végre. A felbontás növelése lehetővé teszi a kisméretű struktúrák pontosabb megkülönböztetését a leképezett objektumon belül, azonban a tapasztalataink szerint az egyszerű küszöbölési technikák alkalmazhatósága nehézkessé válik a megjelenő nagyobb zaj miatt. A probléma megoldására egy új módszert dolgoztunk ki, amelyben küszöbölést, automatikusan felismert anatómiai pontokat és iteratíván felhasznált morfológiai operátorokat alkalmaztunk a szegmentáláshoz (Matics és mtsai., 2020a). A módszer alkalmazhatóságát tekintve némely esetekben korlátokba ütközött a parciális volumen hatás (PVE) miatt. A további módszertani fejlesztések szükségességét a képalkotási technológiák fejlődésével párhuzamosan jelentkező technikai és biológiai kihívások is indokolják.

2. Célkitűzés

A doktori témámhoz kapcsolódó, állattenyésztési CT vizsgálatokra épülő, robusztus, automatikus szegmentációt alkalmazó becslő módszer 2019-ben került kidolgozásra, első tudományos közlésére pedig 2022-ben került sor (Csóka és mtsai., 2022). A módszer különböző állatfajokon alkalmazható, és lehetőséget kínál a CT felvételek automatikus feldolgozására, objektív testösszetételi jellemzők becslésével.

E kutatáshoz kapcsolódóan dolgozatomban az alábbi főbb célkitűzések megvalósítására törekedtem:

- egy szabadon felhasználható programcsomag fejlesztése, amely különböző állatfajok értékes húsrészeinek tömegét képes becsülni CT képek automatikus feldolgozása révén, elasztikus regisztráció, sztochasztikus jellemzőkiválasztás és különféle regressziós módszerek alkalmazásával;
- a kidolgozott becslő módszer részletes ismertetése;
- a módszer gyakorlati tesztelése három állatfaj esetén:
 - Tenyésznnyulaknál: a hosszúhátizom, a bal hátsó végtag izmai, valamint a fej tömegének becslése;
 - Broiler csirkéknél: a mell- és combizmok tömegének becslése;
 - Sertéseknél: különböző darabolt részek tömegének és a sertések színhússzázalékának becslése.

A módszer fejlesztésével és alkalmazásával céltom olyan, képalkotó eljárásokon alapuló, megbízható és reprodukálható adatok előállítására, amelyek hatékonyan támogatják a szelekciós döntéseket az állattenyésztésben.

3. *Irodalmi áttekintés*

A történelem során a gazdálkodók arra törekedtek, hogy az állatokat a tenyésztési céloknak megfelelően szelektálják. Ennek érdekében folyamatosan figyelemmel kísérték az egyes egyedek tulajdonságait, és azokat a példányokat részesítették előnyben, amelyek a kívánt jellemzőkkel rendelkeztek. A szelekció kezdetben elsősorban az állatok külső megjelenésén és teljesítményén alapult, azonban a tudományos ismeretek bővülésével és az új technológiák megjelenésével egyre kifinomultabb módszerek váltak elérhetővé a szelekciós döntések megalapozására. Minden tenyésztési program a tenyésztési célok meghatározásával kezdődik, amely során a szakemberek eldöntik, hogy mely tulajdonságokat kívánják előnyben részesíteni, legyen szó például nagyobb tejhozamról, jobb takarmányhasznosításról vagy a betegségekkel szembeni ellenálló képességről (Oldenbroek és Waaij, 2015). A szelekciós programok hatékony működéséhez azonban elengedhetetlen a jól dokumentált és megbízható adatok megléte. Napjainkban fejlett nem invazív és roncsolásmentes képalkotó eszközöket, például **US** vagy **CT** vizsgálatot alkalmaznak az állatok testösszetételének meghatározására, amelyek képesek megbízható és reprodukálható információkat biztosítani (Kolstad és mtsai., 1996; Prieto és mtsai., 2010; Matics és mtsai., 2014). Ezek a modern technológiák lehetővé teszik a pontosabb szelekciót, mivel objektív és részletes adatokat szolgáltatnak az állatok saját teljesítményéről, genetikai potenciáljáról, szöveti összetételéről. A **CT** által szolgáltatott volumetrikus és geometriailag pontos, radiodenzitás-alapú képek lehetővé teszik a szövetek, szervek vagy különböző testrészek tömegének és térfogatának becslését, ami elősegíti a húsminőség előrejelzését. Ezáltal a módszer jelentős támogatást nyújt a szelekciós programokban, elősegítve a kívánt tulajdonságok célzott fejlesztését, valamint a fenntartható és gazdaságos állattenyésztés megvalósítását különféle haszonállatfajok esetében.

3.1. Roncsolásmentes képalkotó vizsgálati lehetőségek és azok összehasonlítása

Az állattenyésztésben alkalmazott nem invazív képalkotó vizsgálatok lehetőséget biztosítanak az állatok testösszetételének, egészségi állapotának és genetikai potenciáljának pontos és megbízható értékelésére az állatok életének kioltása nélkül. Ezek az eljárások roncsolásmentesek, fájdalommentesek és segítenek a tenyésztési programok hatékonyságá-

nak növelésében. Az ismert módszerek közül a legelterjedtebbek az **US** és a **CT**, kevésbé gyakori az **MRI** berendezések használata. Az **US** széles körben alkalmazott módszer az állattenyésztésben, különösen a hús- és tejtermelő állatok testösszetételének becslésére és a vemhesség vizsgálatára (Newcom és mtsai., 2002; Ginther, 2014; Mohammadi és mtsai., 2014; Themistokleous és mtsai., 2022). A **CT** és röntgenvizsgálatok lehetővé teszik a testösszetétel, a csont- és izomszerkezet részletes vizsgálatát (Donkó és mtsai., 2018; Matics és mtsai., 2020a; Kasza és mtsai., 2021b). Az **MRI** vizsgálatok kevésbé elterjedtek az állattenyésztésben, elsősorban a magas költségük miatt, de egyes kutatások során alkalmazzák elsősorban lágyszövetek (izomszövetek, ízületek, porcok, belső szervek, végtagok vérellátó rendszere stb.) részletes vizsgálatára (Czisch és mtsai., 2001; Lauridsen és mtsai., 2011; Petneházy és mtsai., 2023).

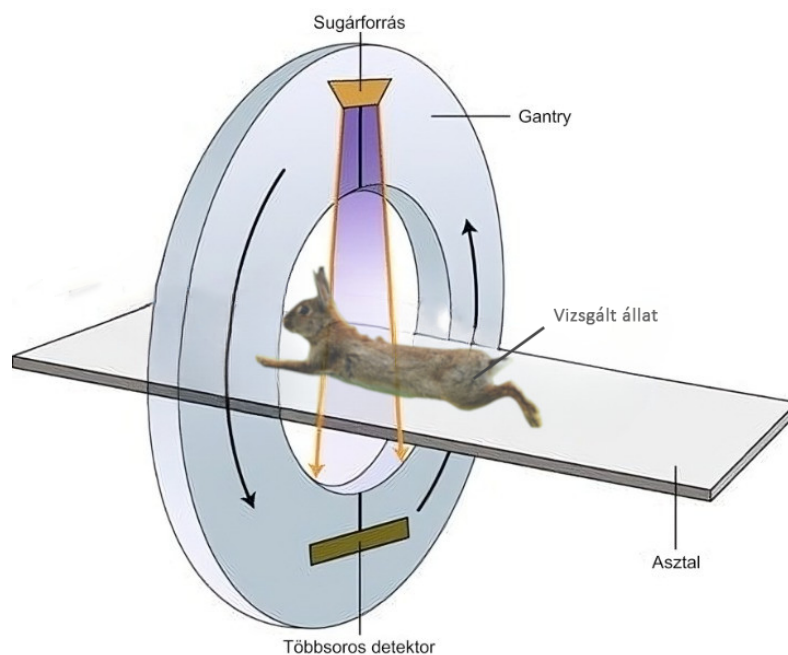
3.1.1. Ultrahang (**US**)

Az **US** az egyik legbiztonságosabb képalkotó eljárás. Alkalmazásának alapja a nagyfrekvenciás hanghullámoknak a test különböző szöveteiről való visszaverődése, amelyeket a készülék érzékel és képpé alakít. Az **US** berendezés fő részei a vizsgálófej (transzducer), központi vezérlőegység és jelfeldolgozó rendszer, kijelző (monitor), billentyűzet és vezérlőpanel, adatfeldolgozó és -tároló rendszer. A vizsgálófej piezoelektromos kristályokat tartalmaz, amelyek elektromos impulzusok hatására rezgésbe jönnek és nagyfrekvenciás hanghullámokat bocsátanak ki. Az **US** hullámok a különböző szövetek határain visszaverődnek. A visszavert hullámokat a transzducer újra érzékeli és elektromos jelekké alakítja. A készülék feldolgozza az érzékelt jeleket, majd egy számítógépes rendszer valós idejű képet generál, amely megjeleníthető a monitoron és eltárolható további felhasználásra. Általános használat során a készülék fekete-fehér kétdimenziós képet alkot. A vizsgálatot végző személy a transzducert mozgatva több szögéből is megfigyelheti a vizsgálandó területet. Az **US** képalkotás az állattenyésztésben széles körben alkalmazott, nem invazív módszer, amely lehetővé teszi az élő állatok testösszetételének és reprodukciós állapotának pontos és objektív meghatározását. A nyúltenyésztésben az **MLD** térfogatát valós idejű ultrahang (**RTU**) segítségével hatékonyan becsülik, a kapott értékek pedig szoros korrelációt mutatnak a boncolásos vizsgálatokkal (Pascual és mtsai., 2004). A sertésstenyésztésben az **US** felvételek lehetővé teszik a hátszalonna-vastagság, a karajmélység (loin depth), valamint az izomközi zsírtartalom becslését élő állatokról készült felvételek alapján (Peppmeier és mtsai., 2023; Liu és mtsai., 2024). A módszer elterjedt a vemhesség korai felismerésében is, különösen a szarvasmarhánál, ahol a vemhesség 26–33. napja között elvégzett vizsgálatok pontos (akár 97%-os) eredményeket szolgáltattak (Fricke, 2002). Az **US** technológia

az elmúlt évtizedekben fontos szerepet töltött be az állattenyésztés különböző területein, és a műszaki fejlődéssel együtt a technológia egyre pontosabb méréseket, nagyobb vizsgálati esetszámot és gyorsabb adatfeldolgozást tesz lehetővé. A keletkező nagy felbontású és összetett képkalkotó adatok értelmezése és feldolgozása egyre inkább automatizált értékelő és képfeldolgozó módszerek alkalmazását igényli, amelyeket napjainkban gyakran mesterséges intelligencia (AI) alapú megközelítésekkel valósítanak meg (Camacho-Pérez és mtsai., 2023; Liu és mtsai., 2024; Wu és mtsai., 2025). A kisállatgyógyászatban is széles körben alkalmazzák az US vizsgálatokat, például a vemhesség és az embrióelhalás diagnosztizálására, a magzati fejlődés nyomon követésére, valamint a szervek méretének, alakjának és elhelyezkedésének meghatározására (Andualet és mtsai., 2017). Emellett lehetőséget nyújt az emésztőrendszer különböző szakaszainak nem invazív vizsgálatára is, beleértve azok pozícióját, átmérőjét, mozgékonyágát, falvastagságát és a lumen tartalmát (Andualet és mtsai., 2017). Az US további alkalmazási területei közé tartozik számos egyéb szerv és elváltozás vizsgálata is, így például nyirokcsomók, daganatok, folyadékgyülemek vagy izom- és ízületi struktúrák értékelése, ami jól szemlélteti a módszer sokoldalúságát (Andualet és mtsai., 2017).

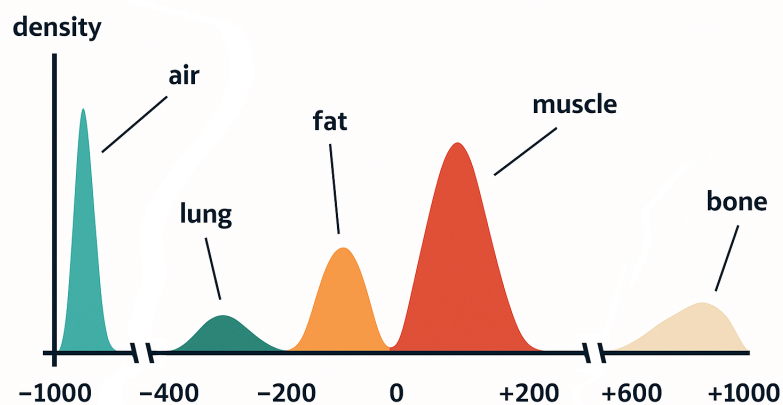
3.1.2. CT

A CT feltalálása Sir Godfrey Hounsfield brit mérnök és Allan MacLeod Cormack dél-afrikai fizikus nevéhez fűződik, akik egymástól függetlenül dolgoztak a CT fejlesztésén. Cormack elméleti munkáját 1963-ban (Cormack, 1963) és 1964-ben (Cormack, 1964) publikálta, amíg Hounsfield 1973-ban (Hounsfield, 1973) közölte eredményeit. 1979-ben megosztva kapták meg a Nobel-díjat munkájukért. A CT elsősorban orvosi, diagnosztikai célú képkalkotó eljárásként lett kifejlesztve, ami a rohamos fejlődésének és a terjedésének köszönhetően egyre szélesebb körben felhasználhatóvá vált, legyen szó állatgyógyászatról (Ohlerth és Scharf, 2007; Velavan, 2024), állattenyésztésről (Nagy és mtsai., 2006; Giles és mtsai., 2009; Matics és mtsai., 2014) vagy ipari (Sun és mtsai., 2012; De Chiffre és mtsai., 2014) felhasználásról. A működés során a vizsgált élőlény egy mozgó asztalon fekszik, amely fokozatosan halad befelé a gantry-be (3.1. ábra). Eközben a röntgensó körkörös forog körülötte, és folyamatosan röntgensugarakat bocsát ki. A detektor a röntgensóval átellenben helyezkedik el és ugyanúgy, mint a röntgensó, forog a vizsgált élőlény körül. A kibocsátott sugarak áthaladnak a testen és a detektorba érkeznek. A kibocsátott sugárzás egy része a folyamat során elnyelődik a vizsgált objektumban. A detektorok által gyűjtött adatokból a rekonstrukciók során kétdimenziós képek, úgynevezett keresztmetszeti szeletek keletkeznek. A CT felvételek több egymást követő szeletekből állnak össze, ame-



3.1. ábra. CT működése

lyek együttesen egy háromdimenziós mátrixot alkotnak. Ezen mátrixok legkisebb térbeli egysége az úgynevezett voxel, amely egyetlen denzitásértéket – az adott térfogat átlagos röntgensugár-elnyelési értékét – tárolja (Bushberg és Boone, 2011). Ezeket az értékeket a Hounsfield-skálán (HU) adják meg, ahol a víz denzitása 0 HU, a levegőé -1000 HU, míg a csontoké $+200$ és $+1000$ HU között mozog (Bushberg és Boone, 2011). A 3.2. ábra a Hounsfield-skála felépítését és a különböző szövetek skálán való tipikus elhelyezkedését szemlélteti (Romvári és mtsai., 1996).



3.2. ábra. Hounsfield-skála (Az ábra Romvári és mtsai. (1996) közleményében található ábra alapján készült)

A röntgensugárzást alkalmazó berendezések azt a tulajdonságot használják ki, hogy a különböző szövetek (csontok, izmok, erek stb.) eltérő mértékben nyelik el a sugárzást. Ezen elven működve képesek információt szolgáltatni az emberi szem számára láthatatlan belső struktúrákról anélkül, hogy fizikai roncsolást okoznának. Ugyanakkor minden vizsgálat sugárterheléssel jár, mivel a röntgensugárzás ionizáló hatású. CT vizsgálat esetén a sugárdózis jóval magasabb, mint egy egyszerű röntgenfelvételnél, ugyanakkor egyszeri alkalmazás során a kockázat alacsony (Bushberg és Boone, 2011). A különböző szövetek jól elhatárolhatók a HU értékek alapján: a zsírszövet alacsony denzitású (negatív HU tartomány), az izmok közepes denzitásúak (enyhén pozitív HU), a csont nagyon magas denzitású (erősen pozitív HU). Ezt kihasználva a testösszetétel elemzése jellemzően szegmentációval (3.2.2.2. fejezet) történik, melynek célja a kép voxeljeinek kategorizálása szövetfajta szerint (izom, zsír, csont stb.). Az egyik legegyszerűbb és máig gyakran alkalmazott megközelítés a küszöbérték (threshold) alapú szegmentálás (3.2. fejezet).

3.1.3. MRI

Az MRI egy olyan képalkotó eljárás, amely erős mágneses teret és rádióhullámokat felhasználva alkot képet a test belső szöveteiről. Az eljárás alapját a hidrogénatomok protonjainak mágneses tulajdonságai adják, amelyek normál körülmények között véletlenszerűen orientált spinállapotban vannak. Erős mágneses tér hatására a protonok spinjei rendeződnek, és kialakul egy nettó magnetizáció, amely meghatározott (Larmor-frekvenciájú) rádiófrekvenciás impulzussal az xy síkban kibillenthető. Az indukált rádiófrekvenciás (RF) impulzusok hatására a protonok magasabb energiaállapotba kerülnek és szinkronizálódik a precessziós mozgásuk (azonos fázisban kezdenek el mozogni). A RF-gerjesztés megszűntetését követően a protonok nagy része visszatér eredeti állapotába, amely folyamatot relaxációnak nevezzük. Két fő relaxációs időtartamot különböztetünk meg:

- T1 relaxációs idő: Az az időtartam, ami alatt a longitudinális magnetizáció a kezdeti érték 63%-ára áll vissza.
- T2 relaxációs idő: Az az idő, ami alatt a transzverzális mágnessétség 37%-ára csökken (az eredeti érték kb. 63%-a eltűnik).

A hidrogénatomok a visszarendeződés közben rádiójelet bocsátanak ki. Ezeket a jeleket a készülék érzékeli. Ezen jelek feldolgozásából részletes anatómiai képek jönnek létre.

Az MRI különböző módszereket alkalmaz a szövetek eltérő tulajdonságainak kiemelésére:

- **T1-súlyozott képek:** a zsírszövetek magas, a víztartalmú szövetek alacsony, az

izomszövet pedig közepes jelintenzitást mutat

- **T2-súlyozott képek:** a víztartalmú szövetek magas, a zsírszövetek mérsékelten magas, míg az izomszövet közepes jelintenzitást mutat

3.1.4. A roncsolásmentes képalkotó modalitások összehasonlítása

Összehasonlítva az egyes modalitások mobilitását, az **US** a mobilis eszközök széles skáláját hozza magával, léteznek mobil **CT** és **MRI** berendezések, azonban a vizsgálatok sok esetben továbbra is nagyrészt helyhez kötöttek, és általában speciális létesítményekhez kapcsolódnak. A kézi **US** készülékek valós idejű vizsgálatot tesznek lehetővé közvetlenül az állatok mellett, akár terepen is alkalmazhatók. Egyre több gyártó nyitott a mobil **CT** és **MR** gyártásának irányába (*Canon Medical Systems - Mobile CT; Siemens Healthineers - SOMATOM On.site; Siemens Healthineers - Mobile MAGNETOM Avanto*) és olyan cégek is megtalálhatók, amelyek létező **CT** és **MR** berendezést alakítanak át mobilissá (*Modular Devices; Meridian; NeuroLogica; madneo - Mobile MRI service; InHealth Group - MRI Fleet*). A mobil **CT** egy olyan „hordozható” képalkotó eszköz, amely lehetővé teszi a helyszíni vizsgálatokat. Ezeket természetesen elsősorban orvosi diagnosztikai célokra (kritikus állapotú betegek vizsgálatára, szűrővizsgálatokhoz) fejlesztették ki, ugyanúgy mint a kezdetek kezdetén a **CT** berendezéseket, de természetesen alkalmazhatók állattenyésztési, állatorvosi célokra is. Dugué és mtsai. (2020) sertés féltettek vizsgálatához egy mobilis, kamionba épített Siemens **CT**-t használtak. Képek minőségét tekintve az **US** képek kevésbé részletesek, korlátozott felbontással rendelkeznek, nem mutatják a finom anatómiai részleteket. A **CT** vizsgálatnál több információ nyerhető ki a célterületről, mint **US**-al. Az **MRI** is részletgazdag képeket produkál, különösen a lágy szövetek esetén. Az **US** állatvizsgálatoknál a súlybecslés egy vagy néhány 2 dimenziós felvétel alapján történik, a teljes célterületről képi információ egyidejűleg nem nyerhető. Az **MRI** és a **CT** berendezések segítségével a teljes céltér fogatról képi felvétel rögzíthető, így a teljes célterületről gyűjtött információk felhasználhatóak a felmerülő kérdések megválaszolására, legyen szó súlybecslésről vagy pl. egészségügyi állapotról.

Az **MRI** vizsgálatok a legidőigényesebbek, akár 15–60 percig is tarthatnak, mindemelllett a három felsorolt eljárás közül a legdrágább. A **CT** és az **US** vizsgálatok csak néhány percet, sőt olykor mindössze néhány másodpercet vesznek igénybe. A **CT** vizsgálatok 2–5-ször költségesebbek, és a vizsgálati díjak jellemzően magasabbak, mint az **US** eljárások esetében.

Az **US** és az **MRI** vizsgálatok nem járnak sugárterheléssel nem károsítják a sejteket, az élő

állatokra nézve általában a stresszen kívül semmilyen káros hatás nem merül fel. A CT viszont sugárterheléssel járó vizsgálati eljárás. Fontos azonban megjegyezni, hogy bár az US és az MRI nem jár sugárzással, mindkét eljárásnak lehetnek speciális biológiai hatásai, amelyeket néhány esetben célszerű figyelembe venni. Az US hullámok mikroszkopikus mértékben felmelegíthetik a szöveteket. Nagy intenzitás vagy hosszú expozíció esetén (pl. Doppler-ultrahangnál) elméleti lehetőség van enyhe szöveti melegedésre, de klinikai hatása minimális. A nagy intenzitású US, buborékokat hozhat létre a folyadékokban (akusztikus kavitációs hatás), amelyek esetleg károsíthatják a sejteket, de ez csak nagyon erős US esetén jelenthet gondot, de ez nem jellemző a klinikai diagnosztikában használt alacsony intenzitású US-re. Az MRI tér mozgathatja vagy felmelegítheti a testben lévő fémekeket. A véletlenül lenyelt vagy valamilyen műtéti eljárás során a szervezetben maradt éles vagy ferromágneses tárgyak (tűk, szögek, üvegdarabok, hosszú drótok) veszélyesek lehetnek, akár átfúrhatják a gyomor- vagy bélfalat vagy valamilyen egyéb problémát okozhatnak a testben. Állatok esetében is nagyon ritkán, de előfordulhat, hogy telepi vagy terepi körülmények között véletlenül fémtárgyat nyelnek le, ami hasonló kockázatot jelenthet az MRI vizsgálatok során.

Az állatenyésztésben az MRI ritkán alkalmazott módszer főként kutatásokra alkalmazzák (pl. genetikai elemzés, anatómiai célú vizsgálatok). Reprodukálhatóság szempontjából az MRI jól reprodukálható, mivel a mágneses tér erőssége és a vizsgálati protokoll szabványosított. A CT vizsgálatok is jól reprodukálhatóak, ha ugyanazzal a sugárdózissal és beállítással végezzük a vizsgálatot. Az US vizsgálatok a legkevésbé reprodukálhatók, mivel az ismételt vizsgálatok képeinek egyezősége nagymértékben függ a kezelő személyzettől, a vevőszonda pozíciójától. Az MRI a legérzékenyebb a mozgásra, a mozgás elmosódott képeket okozhat. A CT a gyors vizsgálat miatt kevésbé érzékeny a mozgásra. A vizsgálatok akár altatás nélkül is elvégezhetőek, ha az állat nyugodt. Az US esetén a mozgás annyiban zavarja a vizsgálatot, hogy a fejegység folyamatos igazítására lehet szükség, ami viszont lassítja, és rontja a reprodukálhatóságot.

3.2. A CT felvételek feldolgozásának lehetőségei

A különböző testrészek súlyának becsléséhez szükséges az élő állatok CT képein a becsülni kívánt testrészt szegmentálni (3.2.2.2. fejezet). Általában a becslő modellhez az ipari vágott súlyokat használjuk fel, amelyek a vágás során folyadékvesztésnek és csonkolásnak vannak kitéve, ezért a regresszió a boncolási folyamat torzítását is modellezni fogja (Gangsei és mtsai., 2016b; Ho és mtsai., 2019). Az újszerű, modern vizsgálati mód-

szerek mellett elengedhetetlen a keletkezett adatok feldolgozásának fejlesztése is, hogy a keletkező nagy adatsorokat megfelelően kezeljük. Kezdetben a CT berendezés korlátozott sebessége miatt az izom mennyiségét, előre meghatározott anatómiai helyeken készült néhány keresztmetszeti képből történt a fontosnak tartott tulajdonság becslése. Általában ezeket a képeket manuálisan szegmentálták (3.2.2.2. fejezet), és a szegmentált régiók regressziója a boncolás során mért súlyokra történt (Scholz és mtsai., 2015). A 2000-es évek elején olyan folyamatos vizsgálati lehetőségek váltak elérhetővé, amelyek lehetővé tették a teljes testet lefedő vizsgálatokat, megnövelve ezzel a keresztmetszeti képek mennyiségét, ami miatt a kézi, manuális feldolgozás időigényes, nehezen elvégezhető feladattá vált. A különféle problémákra javasolt automatikus technikák öt fő megközelítésbe sorolhatók: küszöbölés, statisztikai modellek, klasszikus képfeldolgozási folyamatok, atlasz technikák és gépi tanuláson alapuló módszerek.

Küszöbölés

A küszöbértékeken alapuló technikák az egyszerű és gyors módszerek közé sorolhatók, amelyek a CT-vel kinyert radiodenzitás értékek standard Hounsfield-skáláját használják ki a szövetek elkülönítésére. Bizonyos küszöbértékek általánosan elfogadottak a zsír-, hús- és csontvoxel stb. megkülönböztetésére (Nagy és mtsai., 2006; Vester-Christensen és mtsai., 2009; Font-i-Furnols és mtsai., 2009; Gyovai és mtsai., 2013; Font-i-Furnols és mtsai., 2013; Kasza és mtsai., 2020a). Ezt a módszert elsősorban akkor alkalmazzák, ha az érdekesnek tartott régió (Region of Interest - ROI) radiodenzitás alapján megkülönböztethető, azaz nincsenek hasonló sűrűségű irreleváns szövetek a céltér fogat közelében. A küszöbölési technika során a küszöbölt területek (thresholded regions) voxel számát vagy a hisztogramokat szokás regresszálni a mért súlyokra, ezáltal csökkentve a szisztematikus képi és darabolási hibákat (Gyovai és mtsai., 2013; Xiberta és mtsai., 2017).

Statisztikai modellek

Ezek a módszerek a kép intenzitáseloszlását és a textúrákat elemzik valószínűségi modellek segítségével. Ezek a modellek különösen hasznosak a zajos, heterogén és komplex szerkezetű CT képek feldolgozásában. Ilyenek például a Markov Random Field-ek (Tan és mtsai., 2013; Aziz és mtsai., 2022), Bayes-féle modellek (Jennifer és mtsai., 1995) vagy a Gaussian Mixture Model (GMM-ek)(Chen és Najarian, 2009; Yan és Dong, 2021). A GMM a képen található különböző szövetosztályokat több normál eloszlás kombinációjaként modellezi. Az MRF (Markov Random Field) a képpontok közötti lokális függőségeket modellezi, így segítve a homogén régiók kialakítását és a zaj csökkentését.

Klasszikus képfeldolgozási folyamatok

A klasszikus képfeldolgozási folyamatok a képek zajcsökkentésére (gauss, medián szűrők) (Ng és mtsai., 2013; Makaju és mtsai., 2018), élek kiemelésére (gradiens alapú operátorok: Sobel (Catal és mtsai., 2016), Prewitt (Catal és mtsai., 2016)); másodrendű deriváltakon alapuló módszerek: Laplacian operátor (Du és mtsai., 2024)), geometriai szerkezet módosítására (morfológiai műveletek: erózió, dilatáció, nyitás és zárás) szolgálnak. A CT képelemzésben előszeretettel alkalmazott a fent említett módszerek kombinációja, főleg felvételek előfeldolgozása céljából (Lanzolla és mtsai., 2009; Soni és Rai, 2021; Du és mtsai., 2024).

Atlasz technikák (Atlas-based Techniques)

Az atlasz technikák előre elkészített anatómiai atlaszok felhasználásával végzett képi szegmentációra (3.2.2.2. fejezet) és regisztrációra (3.2.2.1. fejezet) épülnek. Az atlaszokat általában deformálható modellek segítségével igazítják az azonos modalitású felvételekre (Han és mtsai., 2008; Csóka és mtsai., 2022). Léteznek több-atlaszos módszerek is, melyeknél több atlaszt használnak, majd a célképen ezek alapján több szegmentálási javaslat készül, amelyeket végül konszenzus alapján (pl. szavazásos módszerek, súlyozott átlagolás) kombinálnak (Wang és mtsai., 2013). Az általunk kidolgozott multiatlaszos módszerben minden atlaszt felhasználtunk adatgyűjtés céljából. Az így kinyert, nagyszámú változókra valószínűségi keresési algoritmust alkalmaztunk, amely a becslő modell és a modellben felhasznált változók kiválasztását szolgálta (Csóka és mtsai., 2022; Csóka és mtsai., 2025).

Gépi tanulás

A gépi tanulás – például a mélytanulás és a felügyelt tanulás – olyan módszerek, amelyek annotált adatok és képek elemzése révén képesek olyan modellek tanítására, amelyek segítik az automatikus szegmentálást (3.2.2.1. fejezet) és osztályozást (Kou és mtsai., 2024; Sun és mtsai., 2024a; Sun és mtsai., 2024b).

Az egyes automatizált szegmentációs technikák a térbeli jellemzők kinyerésére és az osztályozás-alapú gépi tanulásra épül (Larsen, 2000; Pan és mtsai., 2021), amelyeket Vester-Christensen és mtsai. (2009) is sikeresen alkalmaztak. Ugyanakkor ezek a módszerek gyakran nehezen kezelik az anatómiai és geometriai eltéréseket, míg a klasszikus képfeldolgozási műveleteken alapuló, probléma-specifikus technikák túlságosan specializáltak, így nehezen ültethetők át más feladatokra. Egyfajta alternatívát jelenthet az atlasz-alapú megközelítések, amely többféle stratégiát kínálnak: készülhetnek egy állatpopuláció átlagából vagy egyet-

len kiválasztott egyedből mint atlaszállatból (Kalinic, 2009; Ho és mtsai., 2019). Először Gangsei és mtsai. (2016); Ho és mtsai. (2019) javasolták az egyetlen atlaszon alapuló módszereket, amelyeket Ngo és mtsai. (2016) és Gangsei és mtsai. (2016) sikeresen alkalmaztak hasított testek szegmentálására (3.2.2.1. fejezet). Gangsei és mtsai. (2016) intenzitásatlász 386 kan átlagát foglalta magában, míg Ho és mtsai. (2019) szerint célszerűbb egyetlen állaton alapuló atlaszt használni, mert a több térfogat átlagolása túlságosan elsimíthatja a testrészek határait. Bár a CT-alapú súlybecsléseket számos faj különböző testrészeinél alkalmazták, a legtöbb javasolt technika nehezen adaptálható más problémákra a fajspecifikus lépések, a módszertani korlátok és a nagyméretű, annotált adathalmazok hiánya miatt.

3.2.1. Manuális szegmentáció

A CT képek manuális szegmentációja során a képeken megjelenő anatómiai struktúrák vagy elváltozásokat kézzel körberajzolják (kontúrozzák). Ezt jellemzően orvosi képealkotásra specializálódott szakemberek, állatok esetén az adott állatfaj anatómiáját jól ismerő szakértők végzik. Ez a módszer lehetővé teszi a struktúrák pontos és részletes kijelölését, különösen akkor, ha az automatikus szegmentációs algoritmusok nem elég megbízhatóak, vagy nem képesek megfelelően elkülöníteni a kívánt területet. Fontos megemlíteni, hogy a fejlettebb automatikus szegmentáló algoritmusok gyakran igénylik az előzetesen manuálisan annotált képeket, amelyeket vagy betanítás, vagy közvetlenül az automatikus szegmentáció végrehajtásához használnak fel. Noha időigényes és szubjektív, a manuális szegmentáció továbbra is referenciaértékű („ground truth”) eljárásnak számít különféle kutatásokban és validációs folyamatokban. A manuális szegmentációhoz számos eszközt kínál a szabadon felhasználható, nyílt forráskódú, folyamatos fejlesztés alatt álló 3D Slicer szoftver. A program nemcsak a szegmentációs eszköztárat (Segment Editor) biztosítja, hanem alkalmas 3D képek és hálók (mesh-ek) megjelenítésére, valamint képek regisztrációjára is (Kikinis és mtsai., 2014; *3D Slicer image computing platform* é. n.).

3.2.2. Regisztrációval történő képi szegmentáció

A regisztráció és a szegmentáció általában szoros összefüggésben állnak egymással, kölcsönösen erősíthetik egymást a képfeldolgozásban, különösen az orvosi képelemzés területén (Ashfaq és mtsai., 2022). A szegmentáció során meghatározott struktúrák pontos regisztrációja lehetővé teszi a különböző vagy azonos képmodalitások, illetve eltérő időpontokban készült felvételek összehasonlítását. Emellett a regisztráció lehetőséget nyújt ahhoz, hogy a manuálisan készített szegmentumokat nem szegmentált képekre transzformáljuk

és azokat felhasználva információkhoz jussunk (Csóka és mtsai., 2022; Csóka és mtsai., 2025). A végeredményt ezáltal nagymértékben meghatározhatja a szegmentált területek pontossága.

3.2.2.1. Regisztráció

A képregisztráció (image registration) egy olyan eljárás, amely során két vagy több képet – akár különböző eszközökkel, különböző időpontokban vagy szögekből készítettek – egymásra illesztnek (Zitová és Flusser, 2003). Ennek célja a képek pontos illesztése egy közös koordinátarendszerbe, hogy könnyebb legyen őket összehasonlítani és elemezni (Zitová és Flusser, 2003; Crum és mtsai., 2004). A regisztráció során végbemenő geometriai módosítások összességét transzformációnak nevezzük, amely a képek elmozdítását, elforgatását, skálázását vagy torzítását foglalhatja magában a pontos illeszkedés érdekében. Sok esetben a képregisztráció önmagában nem cél, hanem értéket ad a képekhez, lehetővé teszi, hogy a strukturális (pl. CT, MRI, US), és a funkcionális (pl. PET, SPECT, funkcionális MRI) képek ugyanabban a koordináta-rendszerben legyenek megtekinthetők és elemezhetők (Crum és mtsai., 2004). Az orvostudományban a képregisztráció legkézenfekvőbb alkalmazása a páciensek különböző testhelyzetben készült képsorozatainak „összehangolása”.

A képregisztrációk során alkalmazott geometriai transzformációk két fő kategóriába sorolhatók: lineáris és nem-lineáris transzformációk csoportjába.

Lineáris transzformációk

A lineáris transzformációk olyan geometriai műveletek, amelyek a teljes képre globálisan, azaz egységes módon hatnak, és lineáris matematikai műveletekkel írhatók le. Az alábbi lineáris transzformációk a leggyakrabban használtak a gyakorlatban.

Merev (rigid) transzformáció

A rigid transzformáció a legegyszerűbb lineáris transzformáció-típus, amely csupán eltolást és forgatást enged meg a képen (Athanasiou és mtsai., 2017). Ez a művelet megőrzi az objektumok méretét és alakját, mivel nem jár sem torzítással, sem skálázással, így a képen belüli távolságok és szögek változatlanok maradnak. Két dimenzióban (2D) három szabadsági fokkal rendelkezik: két eltolási komponenssel (x és y irányban) és egy forgási komponenssel. Három dimenzióban (3D) ez hat szabadsági fokra bővül: három eltolási és három forgási komponensre (Yaniv, 2008).

Hasonlósági (similarity) transzformáció

A hasonlósági transzformáció egy speciális lineáris transzformáció, amely az eltolást, forgatást, egyenletes (minden irányban azonos mértékű) skálázást és esetenként a tükrözést is magában foglalja (Pahlberg, 2014). Ez azt jelenti, hogy a képen lévő struktúrák mérete megváltozhat, azonban az arányok és szögek megőrződnek, így az objektumok alakja nem torzul el. A hasonlósági transzformáció 2D-ben négy, míg 3D-ben hét szabadsági fokkal rendelkezik: két- vagy háromdimenziós eltolás, forgatás, valamint egyenletes skálázás.

Affin transzformáció

Az affin transzformáció a rigid transzformáció által megengedett eltolás és forgatás mellett további geometriai módosításokat is lehetővé tesz, mégpedig a skálázást (akár minden irányban különböző mértékben) és a nyírást (Athanasίου és mtsai., 2017). Ezáltal képek közötti eltérés nemcsak méret- és pozícióbeli, hanem nyírás vagy egyéb torzulás is fennállhat, például eltérő képalkotó modalitások vagy komolyabb anatómiai különbségek esetén célszerű alkalmazni. Két dimenzióban hat szabadsági fokkal bír: két eltolás, egy forgatás, két skálázás (x és y irányban) és egy nyírás. Három dimenzióban az affin transzformáció 12 szabadsági fokkal rendelkezik, amely a bonyolultabb térbeli torzulások modellezését is lehetővé teszi (Ghali, 2008).

A lineáris transzformációkat előszeretettel alkalmazzák előfeldolgozási lépésként a nem-lineáris transzformáció előtt, mivel ezek megnövelik a későbbi, összetettebb regisztrációs folyamatok hatékonyságát (Yaniv, 2008; Bhattacharjee és mtsai., 2021; Csóka és mtsai., 2025).

3.2.2.1.1. Nem-lineáris transzformációk A nem-lineáris transzformációk lehetővé teszik a képek lokális eltérő mértékű torzítását. A leggyakrabban használt nem-lineáris transzformáció az orvosi képregisztrációban a B-spline alapú transzformáció (Ghose és mtsai., 2015). A módszer lényege, hogy a képteret egy szabályos rácshálóval fedjük le, és az ezen elhelyezett kontrollpontokhoz rendelt elmozdulások határozzák meg a kép lokális torzítását (Klein és mtsai., 2010). A kontrollpontok elmozdulásaihoz B-spline függvényeket rendelnek, amelyek segítségével a teljes képterületre kiterjesztett, sima és folytonos deformációs mező hozható létre (Klein és mtsai., 2010). A B-spline transzformáció egyik legnagyobb előnye, hogy rendkívül rugalmas, mégis matematikailag stabil megközelítést nyújt a regisztrációhoz (Ghose és mtsai., 2015). A deformációs mező lokálisan szabályozható: a rácsháló sűrűségének növelésével finomabb torzítások modellezhetők, míg ritkább hálóval a globálisabb változások írhatók le (Klein és mtsai., 2010). Az ilyen típusú transzformáció

különösen alkalmas olyan esetekben, ahol az anatómiai struktúrák jelentős, lokális változásokon mentek keresztül, például időbeli nyomon követés során (pl. daganat növekedése, műtét utáni állapot vagy a vizsgált állat fejlődése a két időpont között), vagy eltérő egységek közötti regisztráció során. Mivel a B-spline transzformáció rendkívül sok szabadsági fokkal rendelkezik, ezért a regularizáció (pl. simaság korlátozása) fontos szerepet játszik annak érdekében, hogy elkerüljük a túlillesztést és biztosítsuk az anatómiai konzisztenciát (Klein és mtsai., 2010). A B-spline transzformáció az Elastix regisztrációs keretrendszer egyik központi eleme, ahol gyakran alkalmazzák más transzformációkkal (pl. rigid vagy affin) kombinálva, több lépéses regisztrációs folyamat részeként (Klein és mtsai., 2010; Shamonin és mtsai., 2014). Az Elastix keretrendszer széles körben alkalmazott eszköz az emberi MRI- és CT képek regisztrációjában (Malinsky és mtsai., 2013; Afzali-Hashemi és mtsai., 2018), és számos tanulmány igazolja, hogy állatok CT felvételeinek regisztrációjára is sikeresen használható (Gutierrez és Zaidi, 2012; Yamamoto és mtsai., 2016; Csóka és mtsai., 2022; Csóka és mtsai., 2025).

3.2.2.2. Szegmentáció

A CT alapú súlybecslés legkorszerűbb becslő módszerének a küszöbérték-alapú parciális legkisebb négyzetek módszere (PLS) regresszió számított (Romvári és mtsai., 2006; Font-i-Furnols és mtsai., 2009; Font-i-Furnols és mtsai., 2013). Ennek alkalmazása azonban problémákat vethet fel, mivel a küszöbérték-alapú voxelmeghatározás, illetve a hisztogram-elemzés torzulhat a PVE következtében megjelenő hamis denzitásértékek miatt (Xiberta és mtsai., 2017). A CT berendezések technológiai fejlődésének következtében elérhetővé vált nagyobb térbeli felbontás a képek zajszintjének növekedésével jár együtt, amely tovább nehezíti a képi információk megbízható értelmezését. Feltételezhető, hogy a súlybecslés pontossága jelentősen javítható, ha a voxelintenzitások alapján végzett kvantifikálás vagy a hisztogramok kinyerését megelőzően nagy pontosságú szegmentálást végzünk a CT képeken (Matics és mtsai., 2020a).

A szegmentálás a képfeldolgozás egyik alapvető lépése, amelynek célja a képen belüli struktúrák vagy régiók elkülönítése, vagyis az azonos denzitású, illetve hasonló textúra-jellemzőkkel rendelkező területek csoportosítása (Yu és mtsai., 2023). Az orvosi és állatorvosi képalkotásban a szegmentálás lehetővé teszi a különböző anatómiai részek, szövetek vagy elváltozások pontos azonosítását és kvantitatív elemzését. Bizonyos alkalmazások – például virtuális darabolás esetén – a cél nem feltétlenül a hasonló jelintenzitású struktúrák elkülönítése, hanem anatómián alapuló régiók meghatározása (Csóka és mtsai., 2022). Ezen alkalmazási területet ugyanúgy a képi szegmentálás körébe sorolhatjuk, jóllehet a

megközelítés és az elvárások eltérhetnek a klasszikus szegmentálási feladatoktól.

Az egész állatot lefedő CT vizsgálat jelentős mennyiségű képi adatot eredményez, különösen akkor, ha a felvételek nagy felbontásban készülnek, ezek feldolgozása összetett és erőforrás-igényes feladat (Csóka és mtsai., 2025). Az értékes húsrészek pontos és megbízható becsléséhez elengedhetetlen a releváns anatómiai struktúrák előzetes szegmentálása, mivel csak így azonosíthatók és különíthetők el a különböző szövetek és testtájak, amelyek a későbbi mennyiségi elemzések – például a súlybecslés – alapjául szolgálnak. A manuális szegmentálás azonban rendkívül időigényes a képek nagy felbontása miatt, és jelentős figyelmet igényel még tapasztalt szakértők számára is (Csóka és mtsai., 2022; Csóka és mtsai., 2025). Ennek következtében egyre inkább előtérbe kerülnek az automatikus szegmentálási módszerek, amelyek célja hatékonyság növelése és az emberi erőforrásigény csökkentése. Az egyszerűbb megközelítések, mint például a küszöbérték-alapú szegmentálás, sok esetben nem bizonyulnak elégségesnek, mivel bizonyos szövetek vagy régiók intenzitásértékei átfedést mutatnak, így nehezen különböztethetők meg egymástól. Ennek több oka is lehet, amelyek közül a leggyakoribbak a sűrűségkülönbség hiánya vagy a képeken megjelenő artefaktumok, mint például a sugárkeményedési artefaktum (Brooks és Di Chiro, 1976; Barrett és Keat, 2004), a mozgási artefaktum (Yang és mtsai., 1982; Barrett és Keat, 2004), valamint a részleges térfogati artefaktum (Bankman, 2000; Bushberg és Boone, 2011). A korszerű módszerek, amelyek már különböző területeken beváltak – mint például az AI alapú képelemzés (Chetty és mtsai., 2022; Pereira és mtsai., 2023; Cao és mtsai., 2023; Kou és mtsai., 2024) és a regisztráció alapú szegmentációk (Klein és mtsai., 2010; Marstal és mtsai., 2016) – egyre elterjedtebbek az állattudományban (Schubert és mtsai., 2016; Csóka és mtsai., 2022; Sun és mtsai., 2024a).

3.2.3. Lineáris módszerek

A lineáris módszerek a statisztika és a gépi tanulás területén egyaránt széles körben alkalmazott technikák, amelyek célja egy függő változó előrejelzése egy vagy több független változó alapján. Az egyik legegyszerűbb és legelterjedtebb módszer a lineáris regresszió, amely feltételezi, hogy a magyarázó változók és a célváltozó között lineáris kapcsolat áll fenn. Amennyiben erős korreláció vagy a túlilleszkedés veszélye áll fenn a változók között, célszerű regularizációs módszereket alkalmazni. A ridge regresszió (más néven L2 regularizáció) a modell súlyait bünteti a négyzetes összegük alapján, ezáltal csökkenti a modell komplexitását, és stabilabb becslést eredményez (Hastie és mtsai., 2009). A lasso regresszió (L1 regularizáció) szintén büntetést alkalmaz, de az együtthatók abszolút értékét sújtja, ennek hatására egyes változók súlya pontosan nullává válhat, így automatikus vál-

tozószelekciót is végez (Hastie és mtsai., 2009). A PLS egy olyan módszer, amelyet főként akkor használunk, ha a független változók száma nagy, és erősen korrelálnak egymással. A PLS a főkomponens-elemzéshez hasonlóan új, rejtett komponenseket képez, de ezek a komponensek nemcsak a független változók variációját próbálják megmagyarázni, hanem a célváltozóval való kapcsolatot is maximalizálják (Abdi, 2010). Mindezek a módszerek a lineáris modell keretein belül működnek, és különféle adatstruktúrákhoz, problémákhoz igazodva nyújtanak rugalmas megoldásokat így az állattenyésztésben is széles körben alkalmazhatók, például CT felvételek alapján végzett súlybecslés során.

3.2.4. Optimalizáció sokdimenziós tereken - Valószínűségi keresési algoritmusok

Sok változó esetén célszerű olyan optimalizálást alkalmazni, amelyek képesek a keresési tér szélesebb feltérképezésére. A keresési tér hatalmas lehet, a célfüggvény pedig gyakran bonyolult szerkezetű, tele lokális optimumokkal, amelyek megnehezítik a legjobb megoldás megtalálását (Fouskakis és Draper, 2002). Az ilyen problémák esetén hasznosak lehetnek azok az algoritmusok, amelyek nemcsak a legígéretesebb irányokat követik, hanem véletlenszerű lépéseket is beépítenek a keresésbe, így nagyobb eséllyel térképezik fel a teljes megoldásteret (Fouskakis és Draper, 2002; Hannah, 2015). Az ilyen típusú eljárásokat valószínűségi keresési algoritmusoknak nevezzük. Ezek nem garantálják, hogy mindig a legjobb megoldást találják meg, viszont képesek jó eredményt adni olyan problémáknál is, ahol más módszerek könnyen elakadnak.

3.2.4.1. Sztochasztikus keresési algoritmusok

A sztochasztikus keresési algoritmusok olyan optimalizálási módszerek, amelyek a megoldások keresése során véletlenszerű lépéseket is alkalmaznak. Ezek az algoritmusok nem determinisztikusak, azaz ugyanarra a problémára ismételt futtatások során különböző eredményeket adhatnak. A véletlenszerűség azonban előnyt jelenthet, hiszen segít kiszabadulni a lokális optimumok csapdájából, és lehetővé teszi a keresési tér hatékonyabb feltérképezését. Az ilyen algoritmusok különösen jól működnek olyan problémák esetén, ahol a keresési tér nagy, nem-lineáris vagy bonyolult szerkezetű. Ismertebb keresési algoritmusok:

- **Simulated Annealing (SA)**

Működése a fizikából ismert hőkezelési folyamat elvén alapul, amely során egy anyagot magas hőmérsékletről fokozatosan lehűtenek annak érdekében, hogy részecskéi egy stabil,

alacsony energiájú állapotba rendeződjenek (van Laarhoven és Aarts, 1987). Az algoritmus ezt a jelenséget modellezi: kezdetben egy magas „hőmérsékleten” dolgozik, ahol még a rosszabb megoldásokat is nagy eséllyel elfogadja, majd a hőmérsékletet fokozatosan csökkentve egyre inkább a jobb megoldások irányába halad (Kirkpatrick és mtsai., 1983).

A keresési folyamat során az algoritmus egy aktuális megoldásból indul, és annak szomszédságában generál új, lehetséges megoldásokat. Ha az új megoldás jobb, mint az előző, elfogadja azt. Ha rosszabb, akkor is elfogadhatja, de csak egy bizonyos valószínűséggel. Ez a valószínűségi lépés teszi lehetővé, hogy az algoritmus átmenetileg „visszalépjen” a keresés során, ezzel elkerülve a lokális optimumok csapdáját.

Az SA egyik nagy előnye, hogy kevés feltételt támaszt a célfüggvényekkel szemben, így széles körben alkalmazható, például kombinatorikus optimalizálási feladatok, ütemezési problémák, illetve nem-lineáris függvények esetén is (Ingber, 1993).

- **Genetikus algoritmus (GA)**

A genetikus algoritmus egy evolúciós elven alapuló valószínűségi keresési módszer, amely a természetes szelekció és a genetikai öröklődés folyamatait utánozza az optimalizálás érdekében (Whitley, 1994). Az algoritmus egy megoldáshalmazzal, az úgynevezett populációval indul, ahol minden egyed egy lehetséges megoldást reprezentál (Yadav és Prajapati, 2012). A jobb megoldások „túlélése” és szaporodása során új megoldások jönnek létre keresztezés (crossover) és mutáció révén (Whitley, 1994; Yadav és Prajapati, 2012). Az egyedek értékelését egy úgynevezett illeszkedési (fitness) függvény végzi, amely megmutatja, mennyire jók az adott megoldások (Yadav és Prajapati, 2012).

Az algoritmus célja, hogy generációról generációra egyre jobb megoldásokat állítson elő, miközben fentartja a változatosságot a keresési térben való hatékony mozgás érdekében. A genetikus algoritmusok előnye, hogy jól alkalmazhatók komplex, nagy keresési térrel rendelkező problémákra (Yadav és Prajapati, 2012). Hátrányuk lehet, hogy paramétereik (pl. populációméret, mutációvalószínűség) érzékenyen befolyásolják a teljesítményt, valamint a konvergencia lassú lehet (Beasley és mtsai., 1993).

- **Tabu keresés (Tabu search) (Glover, 1986)**

A Tabu keresés (Tabu Search) egy metaheurisztikus optimalizálási módszer, amelyet Fred W. Glover fejlesztett ki 1986-ban. Célja, hogy a lokális keresési algoritmusokat továbbfejlesztve elkerülje a lokális optimumok csapdáját, és hatékonyabban találjon globális optimumokat.

A Tabu keresés egy iteratív eljárás, amely egy kezdeti megoldásból kiindulva a megol-

dástér szomszédságában keres jobb megoldásokat. Az algoritmus kulcsfontosságú eleme a tabu lista, egy rövid távú memória, amely nyilvántartja a nemrégiben meglátogatott megoldásokat vagy végrehajtott lépéseket. Ez megakadályozza, hogy az algoritmus visszatérjen korábbi megoldásokhoz, így elkerülve a ciklikusságot és a lokális optimumokban való megrekedést.

- **Random Restart Hill Climbing (Catteeuw, 2014)**

A Random Restart Hill Climbing (magyarul: véletlenszerű újraindításos hegymászó algoritmus) egy egyszerű, de hatékony keresési stratégia, amelyet elsősorban olyan optimalizálási problémákra alkalmaznak, ahol a célfüggvény több lokális optimumot tartalmaz. Az algoritmus a klasszikus Hill Climbing (hegymászó) eljárás alapján alapul, amely mindig a jelenlegi megoldás legjobb szomszédjába lép tovább, azonban ez könnyen megrekedhet lokális optimumban.

A Random Restart változat ezt a problémát úgy kerüli el, hogy többször újraindítja a keresést különböző, véletlenszerű kiinduló pontokból. Minden újraindítás során egy új hegymászó keresést indít, és az algoritmus a legjobb megtalált megoldást őrzi meg.

A felsorolt sztochasztikus keresési algoritmusok közül leginkább a GA, a Tabu és a SA alkalmazhatók nagy keresési terek esetén, amelyek hatékonyan képesek bejárni széles megoldási tereket, elkerülve a lokális minimumokat, konvergálnak a globális minimumhoz.

3.3. A CT mint vizsgálati eszköz az állattenyésztésben

A CT költséghatékony non-invazív vizsgálati eljárás, amely volumetrikus és geometriailag pontos radiodenzitás képet szolgáltat, ezért népszerű választás élő állatok testösszetételének vizsgálatára. A szövetek, szervek és testrészek súlyának vagy térfogatának becslése lehetővé teszi a húsminőség előrejelzését különféle haszonállatok, például sertések, szarvasmarhák és juhok esetében Font-i-Furnols és mtsai. (2013); Scholz és mtsai. (2015); Xiberta és mtsai. (2018), és tenyésztési szelekciós programok számára szolgáltat megbízható adatokat különféle fajoknál (pl. sertés, nyúl és juh) (Gyovai és mtsai., 2013; Scholz és mtsai., 2015; Matics és mtsai., 2020a). A gyorsabb és jobb minőségű képfeldolgozás érdekében folyamatos fejlesztések zajlanak, amit a modern módszerek (Pan és mtsai., 2021; Sun és mtsai., 2024a; Csóka és mtsai., 2025) bevezetése is alátámaszt.

3.3.1. CT vizsgálatokból származó eredmények és azok jelentősége a nyúltenyésztésben

A nyulak hasznosítása sokrétű, a világ különböző részein többféle célt szolgálnak, például hús-, gyapjú- és szőrmetermelés, az oktatási és kísérleti célú állatmodellek alkalmazása, valamint a hobbiállatként és kiállítási céllal történő tartás (García és Argente, 2020). A legnagyobb jelentőséggel azonban a hústermelésre irányuló tenyésztés bír. E termelési irány minőségi fejlesztését napjainkban a korszerű technológiák segítik, például a CT vizsgálat, amely hatékony eszközt kínál a szelekciós folyamatok támogatására. A világ legelső nyúl CT vizsgálatát a kaposvári Pannon Agrártudományi Egyetemen végezték, ahol ezután egymást követték a szelekciós célú nyúl CT vizsgálatok. Az intézmény szerkezeti és infrastrukturális változásai ellenére ezek a vizsgálatok a mai napig zajlanak, amelyeket a Medicopus Nonprofit Kft Kutatási Egysége végez, a MATE Kaposvári Campus munkatársaival szoros együttműködésben. A CT alkalmas a nyulak élő állapotban történő vizsgálatára – ezt rengeteg tanulmány bizonyítja – és a kinyert információkból történő különböző értékes húsrészek mennyiségének becslésére, ezáltal az egyedek értéke vágás előtt megbecsülhető. Ezt a lehetőséget használta ki a Kaposváron kifejlesztett Pannon húsnyúl tenyésztési program, amely integrálta a CT-t a szelekciós protokollba (Matics és mtsai., 2014; Kasza és mtsai., 2020a).

A nyúltenyésztési programokban a vonalakat leggyakrabban anyai- és apaivonalra különítik el. Az anyai vonalaknál elsődleges cél a szaporodási teljesítmény javítása, míg az apai vonalaknál az átlagos napi testsúlygyarapodás növelése áll a középpontban (Matics és mtsai., 2014; García és Argente, 2020). Emellett alkalmazásra kerülhetnek többcélú vonalak is, amelyek nemesítése során az alomméret és a növekedési tulajdonságok egyidejű javítására törekszenek, lehetővé téve a komplex tenyésztési célok megvalósítását (Garreau és mtsai., 2004; Khalil és Al-Saef, 2008; García és Argente, 2020). A Kaposváron kifejlesztett Pannon húsnyúl tenyésztési program egy anyai (Pannon Ka) és két apai vonallal (Pannon Fehér és Pannon terminálvonal) működik. Az anyai vonal szelekciója elsősorban az élve született utódok számára irányul, míg az apai vonalak közül a Pannon Fehér esetében az alomsúly, a terminálvonal esetében pedig az átlagos napi testsúlygyarapodás képezi a szelekciós szempontot.

A Pannon Ka esetén a teljes testzsír mennyisége vált a szelekció egyik kritériumává: a 10 hetes korban, élő állaton CT-vel mért zsírarány alapján számított ún. zsírindex segítségével generációkon át két ellentétes vonalat hoztak létre (Kasza és mtsai., 2020a; Cullere és mtsai., 2022). Négy generáción át folytatva a divergens szelekciót, markáns

különbségek alakultak ki a két vonal között. Sovány vonalnál, több testtájon jelentősen kevesebb zsírtartalom mutatkozott, egyedül az **MLD** zsírszintje (LTL - the longissimus thoracis et lumborum) maradt hasonló. A szelekció sikeresen bizonyította, hogy a **CT**-vel mért testszír-jellege genetikai úton megváltoztatható.

A **CT** nemcsak a testszírtartalom, hanem az izomfejlődésre irányuló szelekcióban is alkalmazható. A Pannon Fehér nyúl szelekciós programja 1992-ben indult, és már a kezdetektől tartalmazta a **CT** vizsgálatok alkalmazását is a szelekciós folyamatban. Az akkori technikai korlátok – elsősorban a vizsgálati sebesség és a vizsgálni kívánt állatok száma – miatt a **CT** vizsgálatok során egyedenként csak néhány keresztmetszeti kép készítésére volt lehetőség. Ezek a képek két meghatározott anatómiai régióban, a 2–3. és a 4–5. ágyéki csigolyák közötti szakaszon készültek. A két felvételen szereplő **MLD**-t manuális szegmentációval határozták meg. Az ún. L-érték a két terület átlagaként került kiszámításra (Romvári és mtsai., 1996; Matics és mtsai., 2014). 2004-ig az L-értéket használták, mint kiválasztási kritériumot, amit később a combizom térfogatának becslése váltott fel. A combizomtér-fogat becsléséhez már a teljes célterületet lefedő vizsgálatokra volt szükség a combizom anatómiai elhelyezkedése miatt. A vizsgálatok során 11–12 keresztmetszeti kép készült viszonylag nagy, 10mm-es szeletvastagsággal a medencecsont végétől a térdízületig. A képek feldolgozása során már automatikus, küszöböléses szegmentációt (küszöbérték: 40–120HU) hajtottak végre (Nagy és mtsai., 2006; Szendrő és mtsai., 2012; Gyovai és mtsai., 2013). A szelekciós tulajdonságokat a BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) módszerrel alkalmazásával becsülték (Matics és mtsai., 2014). Matics és mtsai. (2020) egy új, automatikus szegmentációs módszert fejlesztettek ki az **MLD** térfogatának becslésére, amely néhány egyszerű iteratíván felhasznált morfológiai operátoron alapul. A módszer célja azon voxel-ek eltávolítása a bináris képekből, amelyek nem részei semmilyen erősen összefüggő, fokozatosan és egyenletesen változó struktúrának (Csóka és mtsai., 2022). Ezt követően egy újabb módszer került kidolgozásra, amely regisztráción alapuló automatikus szegmentációt alkalmaz. Ez a megközelítés – amely a jelen disszertáció alapját is képezi – alkalmas mind az **MLD**, mind a combizom szegmentálására és ezen testtájak térfogatának megbízható becslésére (Csóka és mtsai., 2022).

3.3.1.1. Örökölhetőség

Az örökölhetőség (h^2) egy adott tulajdonság genetikai meghatározottságának mértékét jelenti: értéke azt mutatja meg, hogy a fenotípusos variancia mekkora hányada tulajdonítható az additív genetikai hatásoknak. A hústermelés szempontjából fontos tulajdonságok – mint a testsúly gyarapodás, a vágási kihozatal és az izomsúly – többnyire közepes örököl-

hetőségűek, ami lehetővé teszi, hogy megfelelő szelekcióval érdemi genetikai előrehaladást érjünk el. A vese körüli (perirenális) zsírszövet arányára egyaránt magas örökölhetőséget kaptak Larzul és mtsai. (2005), valamint Pannon Fehér nyulakon Nagy és mtsai. (2016): előbbinél $h^2 = 0,64$, utóbbinál $h^2 = 0,68 \pm 0,06$. Szintén Pannon Fehér nyulakon a vágási kihozatalra számított h^2 érték némiként elmaradt ezektől $h^2 = 0,55$ (Nagy és mtsai., 2016).

3.3.1.1.1. Az MLD súlyának és méretének örökölhetősége Az MLD – amely a gerincoszlop mentén fut, és lényegében a „nyúlgerinc” izomzatát adja – a nyúl értékes húsrészeinek egyike. Korai kutatások elsősorban az MLD keresztmetszeti területének vagy súlyának örökölhetőségét vizsgálták. Szendrő és mtsai. (2005) számoltak be arról, hogy az MLD keresztmetszeti felületének (ún. L-értékének) örökölhetősége közepesen magas, körülbelül 0,41 a Pannon Fehér fajtában. Ez arra utal, hogy a hátizom mérete erősen genetikai kontroll alatt áll ebben a populációban. Egy korábbi kísérleti szelekciós programban, amelyben a nyulakat 63 napos testsúlyára szelektálták, az MLD nyert színhús rész arányának örökölhetőségét 0,25 értékre becsülték (REML módszerrel) (Lukefahr és mtsai., 1996). Ugyanebben a kísérletben az MLD izom-csont-hús arányának (loin lean-to-bone ratio) örökölhetősége hasonlóan közepes, 0,35 volt (Lukefahr és mtsai., 1996).

Az elmúlt két évtizedben a képalkotó eljárások (US, CT) fejlődésével lehetővé vált az izomsúly pontosabb, in vivo becslése. Ács et al. (2019) a Pannon nagytestű apai vonal nyulai esetében már közvetlenül az MLD térfogatára becsülték az örökölhetőséget, és azt magasnak találták ($h^2 \approx 0,40$ a kétértékű modellben) (Ács és mtsai., 2019). Ez az eredmény megerősíti, hogy az MLD fejlesztése genetikai úton jól lehetséges, különösen olyan vonalakban, ahol a szelekciós célt kifejezetten a vágóérték javítása érdekében módosították.

3.3.1.1.2. A hátsó lábizmok súlyának és méretének örökölhetősége A nyúl hátsó lábai (combjai) adják a hasított test legnagyobb izomsúlyát, a combok izomhányada megközelítőleg kétszerese az MLD súlyának. Érthető módon nagy érdeklődés övezi e testrész genetikai úton történő javíthatóságát. A 2000-es évek elejéig a comb izomzatának közvetlen mérésére kevés lehetőség volt, így többnyire közvetett módon, a hátulsó testfél arányát (azaz a hátulsó negyed százalékos arányát a vágott testben) használták a combhús becslésére. 2004-től az in vivo CT-vel becsült combizom térfogat bekerült a szelekciós kritériumok közé a Pannon Fehér nyulaknál, ezzel felváltva az addig használt L-értéket Gyovai (2011). Gyovai és mtsai. (2008) első eredményei szerint a CT-vel mért combizom térfogat örökölhetősége a Pannon Fehér vonalban viszonylag alacsony-közepes, 0,21 körül.

li. Később, nagyobb adathalmazon végzett becslések ezt némileg magasabbnak találták, Nagy és mtsai. (2013) egy több mint 22 000 egyed adatait felölelő vizsgálatban $h^2 = 0,25$ örökölhetőséget becsült a combizom térfogatára. Újabban a Pannon nagytestű apai vonalban – feltehetően a genetikai varianciák növekedése miatt – 0,42 körüli örökölhetőséget is mértek a hátsó láb teljes izomsúlyára (Ács és mtsai., 2019). Gyovai (2011) doktori értekezésében arról számolt be, hogy a hátulsó testfél arányának örökölhetősége magas, megközelítőleg 0,59 az általa vizsgált Pannon populációban. Ugyanakkor a vágási kitermelés örökölhetősége ebben az állományban csak 0,27 volt, ami arra utal, hogy a hátulsó rész arányának növekedése nem feltétlenül jár együtt a teljes vágási kihozatal arányos javulásával (az előbbi inkább a testarányait, míg az utóbbi a teljes test és a levágott test súlyarányát fejezi ki). Az irodalom tehát azt mutatja, hogy a comb izomzatának örökölhetősége közepes mértékű. Ez kedvező a szelekció szempontjából, hiszen a combizom mennyisége hatékonyan növelhető generációról generációra.

3.3.2. CT vizsgálatokból származó eredmények és azok jelentősége a baromfitenyésztésben

A csirke a világ egyik leggyakrabban tenyésztett madara, hús- és tojástermelése az emberiség legfontosabb fehérjeforrásai közé tartozik (Mottet és Tempio, 2017). A 2021-ig rendelkezésre álló adatok szerint az Európai Unióban a baromfi-hús-fogyasztás megközelítőleg 12,1 millió tonnára nőtt. Az előrejelzések szerint a következő évtizedben ez a mennyiség tovább fog növekedni, az előrejelzések szerint 2033-ra eléri a 12,57 millió tonnát. (Shahbandeh, 2024) A termelésben tapasztalható jelentős állatlétszám fokozott odafigyelést igényel. A csirke értékes húsrészeinek minőségi és mennyiségi értéke egyaránt befolyásolható szelekcióval (Tallentire és mtsai., 2016; Hartcher és Lum, 2020). A broiler csirkék testösszetételének pontos ismerete kulcsfontosságú a baromfitenyésztésben, mivel a nagyobb izomsúly (pl. mellfilé hozam) és az alacsonyabb zsírtartalom közvetlenül befolyásolja a termelés gazdaságosságát és a húsminőséget. Hagyományosan a testösszetétel elemzése vágáson és utólagos kémiai vagy fizikai elemzésen alapult, ami idő- és munkaigényes, valamint az állat életének kioltásával jár. Az utóbbi évtizedekben azonban megjelentek a nem invazív képalkotó módszerek (CT, US), amelyek lehetővé teszik a baromfi testösszetételének mérését anélkül, hogy az állatokat fel kellene áldozni (Bentsen és Sehested, 1989). A csirkék testösszetételének vizsgálatára az általánosan használt módszer az US vizsgálat (Schwarz és mtsai., 2019; Grandhayé és mtsai., 2019). Annak ellenére, hogy az US képek kevésbé részletgazdagok, és nem nyújtanak átfogó információt a teljes célterületről a CT vizsgálatokhoz képest, az irodalom mégis szűkölködik a CT-vel kapcsolatos testösszeté-

telre irányuló publikációkból. Mindezek dacára a jelenlegi CT-vel végzett testösszetétel vizsgálatok számos fontos eredményről számolnak be, amelyek nagy jelentőséggel bírnak a broiler tenyésztés és tartás szempontjából. Az egyik legfontosabb megállapítás, hogy a CT segítségével kapott adatok – különösen a zsírlerakódás mértéke – sokkal pontosabban jelzik az állat valódi testösszetételét, mint a hagyományos, csupán testsúlyra és nemre alapozó becslések (Bentsen és Sehested, 1989). A hasi zsír súlyának előrejelzése lényegesen javult CT alkalmazásával a csak élősúlyt és ivart figyelembe vevő modellhez képest (Bentsen és Sehested, 1989). Egyre inkább teret nyerő módszer a képi szegmentáció és a térfogatszámítás, mely során a CT szeleteken küszöbértékek alapján elkülönítik a zsírszövetet, izomszövetet és csontot (például a Hounsfield-skála megfelelő tartományaival), majd a szegmentált képekből kiszámolják az egyes szövetek térfogatát vagy súlyát. A legújabb tanulmányokban nyílt forráskódú képfeldolgozó szoftver (pl. ImageJ) és egyedi fejlesztésű algoritmusok segítségével automatikusan kiszámítják a képekről az összes sovány (izom) és zsíros szövet súlyát (de Souza Vilela és mtsai., 2021). A CT gyakorlatilag **digitális boncolást** tesz lehetővé, emberi beavatkozás nélkül, amelyből kinyerhetőek a fontos testösszetétel-paraméterek. Donkó és mtsai. (2018) tanulmányukban felhívták a figyelmet arra, hogy az élő állapotban történő tojótyúk vizsgálatok alkalmasak az állatok csontsúlyának, sűrűségének a becslésére. Több kutatás is sikeresen használta a CT vizsgálatokat a tojótyúkok testzsírtartalom, tojásösszetétel és tojástermelés változásainak elemzésére, valamint az ezek közötti összefüggések feltárására (Szentirmai és mtsai., 2013; Milisits és mtsai., 2013; Milisits és mtsai., 2015). A broiler csirkék túlzott zsírlerakódása nem kívánatos (rontja a takarmány-hasznosítást és csökkenti a feldolgozás hatékonyságát), a CT által nyert pontos információ lehetővé teszi a zsírsegeyebb vonalak szelektálását. Kutatások kimutatták, hogy a hasi zsírtartalom örökölhetősége közepesen magas ($h^2=0,4-0,56$), így genetikai úton is jól befolyásolható (Andrássy-Baka és mtsai., 2003). A teljes testzsír százalékára is hasonló örökölhetőségi érték (kb. 0,53) adódott, ráadásul a hasüregi zsír mennyisége szoros korrelációt mutat a teljes testzsírtartalommal (Andrássy-Baka és mtsai., 2003). A broiler csirkék comb- és mellsúlyára vonatkozó örökölhetőségi becslések szintén közepesen magasnak tekinthetők (Le Bihan-Duval és mtsai., 1998; Rance és mtsai., 2002). Mindez azt jelenti, hogy ha a tenyésztők pontos, egyed szintű adatokat kapnak a tenyészállatok testösszetételéről, azt hatékonyan felhasználhatják a szelekcióban a kedvezőbb (soványabb, izmosabb) testalkatú egyedek kiválasztására. A CT-vel mérhető legfontosabb tulajdonságok közé tartozik a mellfilé hozama (mellizomsúly vagy aránya), amely elsődleges gazdasági tényező, illetve a zsírlerakódás (különösen a hasúri zsír) aránya, ami a vágási kihozatalt és a hús minőségét befolyásolja. Több tanulmány megerősítette, hogy a CT-vel becsült mellizom térfogat jól korrelál a vágás után mérhető mellfilé súlyával

(Bentsen és Sehested, 1989), a CT-vel mért zsírdepók pedig a ténylegesen kiolvadt zsír mennyiségével. Ezen információk birtokában a tenyésztők nem pusztán külső alapján (pl. testsúly vagy kondíció becslés) választhatnak, hanem objektív, kvantitatív testösszetétel adatok alapján. Ennek gyakorlati jelentőségét mutatja, hogy a baromfitenyésztésben már megkezdődött a CT integrálása a tenyésztési programokba. Egy vezető pulykatenyésztő vállalat már alkalmazza a CT-t törzsállományában, hogy az egyedek részletes testadatai (pl. mell- és combhús mennyisége) alapján felgyorsítsa a genetikai előrehaladást (*Innovations in R&D: CT Scanning Technology*). Az eredmények azt mutatják, hogy a CT technológia nem kiváltja, hanem kiegészíti a meglévő adatgyűjtési módszereket, így további információkkal szolgál a tenyésztőknek, ami felgyorsítja az olyan komplex tulajdonságok javítását, mint a hízalási napok végére elérhető izomhányad. A CT-vel nyert eredmények jelentős előrelépést jelentenek a precíziós szelekcióban: segítségükkel egészségesebb, jobb takarmány-hasznosítású és a piaci igényeknek jobban megfelelő broiler genotípusok alakíthatók ki. A jövő szegmentációs módszere valószínűleg az AI, különösen a mélytanulás (deep learning), és az automatizált algoritmusok fejlődésén fog alapulni, melyek nagyobb pontossággal, kevesebb emberi beavatkozással, valós időben, és különböző adatformátumokon képesek működni. A mélytanulással történő CT képfeldolgozás már meg is jelent a baromfiágazatban (Sun és mtsai., 2024a; Sun és mtsai., 2024b). A lábsúly alapvető mutató a tenyésztés szempontjából, melyhez Sun és mtsai. (2024) egy broiler lábsúly-becslő rendszert alkotott, amely egy mélytanulós szegmentáción alapuló CT képfeldolgozással egybekötött súlybecslési modellel történik. Ugyancsak Sun és mtsai. (2024) szerint mélytanuláson alapuló sípcsonthosszmérés segíthet a broiler csirke iparágnak abban, hogy hatékonyabban észlelje a broilercomb-betegségek előfordulását és a módszert alkalmasnak tartja a baromfi fajok szélesebb spektrumában történő használatára.

3.3.3. CT vizsgálatokból származó eredmények és azok jelentősége a sertésenyésztésben

A sertésenyésztés a világ egyik legfontosabb állattenyésztési ágazata, amely alapvető szerepet tölt be az élelmezésbiztonságban, a gazdasági értékteremtésben és a vidéki foglalkoztatottság fenntartásában (Haldar és mtsai., 2017). Számos fejlődő ország vidéki háztartásai számára a sertésstartás jelenti a fő megélhetési forrást és a fehérjebiztonság alapját (Haldar és mtsai., 2017). A globális húsfogyasztásban a sertéshús több mint egyharmadot teszi ki (kb. 123 millió tonna) (*Éves húsfogyasztási statisztika 2023*), ezzel a sertés a legnagyobb arányban fogyasztott húsféle világszerte (Chen és mtsai., 2022). A húsfogyasztáson belül a sertéshús aránya különösen magas Ázsiában, elsősorban Kínában,

amely önmagában a globális sertéshústermelés közel felét adja (Chen és mtsai., 2022). Kínában a húsfogyasztás mintegy 60%-át a sertéshús teszi ki, az ország több mint 50 millió tonna sertéshúst állít elő évente (Chen és mtsai., 2022). Emellett Délkelet-Ázsia több országában is meghatározó szerepet tölt be a sertéshúsfogyasztás (Utnik-Banaás és mtsai., 2022; Chen és mtsai., 2022). Európában szintén meghatározó a sertéságazat: 2019-ben az EU kb. 24 millió tonna sertéshúst termelt, ami a globális termelés 21,8%-ának felelt meg (Utnik-Banaás és mtsai., 2022). A sertéshús iránti kereslet növekedését világszerte a népesség gyarapodása, az urbanizáció, a jövedelmek emelkedése és a fokozódó fehérjefogyasztási igény hajtja (Delgado és mtsai., 2001; Latino és mtsai., 2020). A modern sertésenyésztésben egyre hangsúlyosabb a precíziós genetikai szelekció és a fenntartható termelés iránti igény, valamint a húsminőség javításának szempontja. A nagy tenyésztő vállalatok napjainkban genomikai szelekciót alkalmaznak, amellyel jelentősen növelhető a szelekció pontossága és lerövidíthető a generációs intervallum (Knol és mtsai., 2016). A modern tenyésztési programokban egyre nagyobb szerepet kapnak a precíziós, nem invazív adatgyűjtést biztosító technológiák, amelyek alkalmasak a termelési és testösszetéti jellemzők objektív értékelésére. Ide sorolhatók például a CT, az US vizsgálati eljárások, valamint az automatizált mérőrendszerek, amelyek segítségével a sertések testösszetétele és takarmányfelvétele objektív módon, akár valós időben nyomon követhető (Scholz és mtsai., 2015; Pomar és Remus, 2019; Colin és mtsai., 2022).

A CT vizsgálatot először az 1980-as évek elején, Norvégiában alkalmazták sertéseken, állattenyésztési céllal (Skjervold és mtsai., 1981; Vangen és Allen, 1984). Skjervold és mtsai. (1981) 23 darab, 60 kilogram körüli sertést vizsgáltak meg altatva. Minden állatról 8 darab keresztmetszeti felvétel készült jól meghatározott keresztmetszeti síkokban. Az állatokat egy héten belül levágták és a CT-vel megegyező első szelet helyén készítettek egy 1 cm széles metszetet minden karkasz esetén. A zsír-, izom-, és szövetmintákat homogenizálták, majd mintákat vettek kémiai elemzés céljából. A CT felvételeken meghatározták a voxelszámokat ablakolással 5 csoportba rendezve: zsír (-50 HU – 0 HU), fehérje (-10 HU – +50 HU), víz (-25 HU – +25 HU), energiatartalom (-50 HU – +50 HU). Legkisebb négyzetek lineáris regressziós módszert alkalmazva sorrendben következő R^2 értékeket kaptak a CT és kémiai elemzés között a szeletre: 0,89; 0,80; 0,82; 0,85. Ahhoz képest, hogy elég nagy volt a hiba lehetőség, egész biztató eredményeket kaptak. A norvégiai eredmények megalapozták a CT alkalmazhatóságát az állattenyésztésben történő testösszetétel pontos, roncsolásmentes vizsgálatára (Skjervold és mtsai., 1981; Vangen és Allen, 1984; Vangen és mtsai., 1984; Allen és Leymaster, 1985). 90-es években végzett kutatások igazolták, hogy a CT hatékonyan alkalmazható a genotípusok közötti testössze-

tételbeli különbségek feltárására, eltérő húskihozatalú sertésfajták – mint pl. a Landrace és a Duroc – összehasonlításánál (Kolstad és Vangen, 1996; Kolstad és mtsai., 1996).

Magyarország a Kaposvári Egyetem révén az elsők között kapcsolódott be a CT alapú sertés testösszetétel kutatásba a 90-es évek vége felé (Horn és mtsai., 1997; Szabo és mtsai., 1999). Hasonlóan a norvég vizsgálatokhoz kezdetben ezen kísérletek során is a test bizonyos anatómiai pontokhoz köthető helyeken készült keresztmetszeti CT felvételekből (körülbelül 10 másodpercre volt szükség egy 512×512 méretű kép elkészítéséhez) határozták meg a zsírréteg vastagságát, az izom keresztmetszeti területét, illetve a Hounsfield-egységek eloszlását, majd ezekből következtettek a teljes test összetételére (Szabo és mtsai., 1999).

A 2000-es években a CT technológia ugrásszerűen fejlődött: megjelentek a spirális és többszeletes CT berendezések, amelyek lehetővé tették a teljes állat gyors és folyamatos vizsgálatát. Norvégia ismét úttörőként a 2000-es évek vége felé egy korszerű 32 szeletes CT berendezést telepített a központi kanvizsgáló állomáson (Vangen, 2010). Ezzel a húshozam és testösszetétel mérését közvetlenül az élő tenyészkánokon tudták elvégezni, és kiváltották a korábbi tesztrendszert, amelyben a kanok testvéreit hizlalták és vágták le értékelésre (Vangen, 2010). Az új CT vizsgálatok bevezetése drámaian megnövelte a szelekció hatékonyságát: mivel immár magukon a tenyészelőteken tudták meghatározni a színhústartalmat és egyéb fontos tulajdonságokat, számításaik szerint évi 17-30%-kal nagyobb genetikai előrehaladást érhettek el a nemesítési programban (Vangen, 2010). Összehasonlítva, az általuk használt 32 szeletes CT kb. 15 másodperc alatt volt képes egy teljes (120 kg-os) sertés vizsgálatára, mely során kb. 1200 szelet készült (Vangen, 2010), míg a régebbi berendezések kb. 10 másodperc alatt készítették el egy keresztmetszeti képet (Szabo és mtsai., 1999).

Ezzel párhuzamosan más európai országokban is gyakorlati alkalmazás indult el (pl. Egyesült Királyság - *JSR Genetics*; Franciaország - *INRAE/IFIP*; Spanyolország - *IRTA*; Dánia - *Danish Technological Institute - DMRI*; Magyarország - Kaposvári Egyetem).

A CT nagyon sokat fejlődött az évek során és elviekben lehetséges lenne, hogy vágóhídon minden egyes féltestet teljes részletességgel elemezzünk, és ennek alapján döntéseket hozzunk (pl. akár, hogy a sonka vagy szalonna melyik termékcsoporthoz tartozzon). A gyakorlatban azonban a CT jelenleg nem alkalmas arra, hogy a vágóhídi futószalag mellett, óránként több száz féltestet vizsgáljon, a folyamat túl lassú és drága lenne a jelen technika mellett. A CT ipari felhasználása ma leginkább offline módon, ellenőrző vagy kalibráló eszközként használható. Az Európai Unió engedélyezte, hogy a hivatalos osztályozási rend-

szerek (SEUROP minősítés (*Vágósertések vágás utáni minősítése*)) referencia bázisa a CT legyen. Ennek megfelelően számos országban időszakonként kiválasztanak bizonyos vágóhídi tételekből féltesteket, és azokat CT-vel megvizsgálják. Az így kapott nagyon pontos hústartalom értékeket használják fel az ultrahangos (US) vagy optikai minősítőberendezések (pl. AutoFOM, Fat-O-Meater) kalibrációjához, hogy azok a lehető legkisebb hibával becsüljenek (Leighton és mtsai., 2022). Ez egyfajta indirekt ipari alkalmazás, hiszen a CT „meghúzódik a háttérben”, mint etalon.

Az Európai Unió stratégiai jelentőséget tulajdonít az állattenyésztés, ezen belül a sertéságazat kutatásának és fejlesztésének. A PIGWEB projekt jól példázza ezt a törekvést, hiszen a Horizon 2020 program keretében biztosított támogatás révén, nemcsak a kutatási infrastruktúrákhoz való hozzáférés bővül, hanem erősödik az együttműködés a tudományos közösség, az ipar és a társadalmi szereplők között is (*PIGWEB*). A projekt hozzájárul a tudásmegosztás elősegítéséhez, az innováció ösztönzéséhez, valamint hosszú távon a sertéságazat versenyképességének és fenntarthatóságának növeléséhez Európában (*PIGWEB*).

Ahogy a csirkék CT felvételeinek feldolgozásában, úgy a sertésenyésztés képi feldolgozásában is egyre nagyobb szerepet kapnak a korszerű technológiák, mint az AI, különösen a gépi tanulás és a mélytanulás (deep learning) módszerei. Az AI automatizálja és felgyorsítja a hatalmas mennyiségű képi adatok feldolgozását, ezáltal objektív és pontos fenotípusos információt nyújt a szelekcióhoz (Kvam és mtsai., 2018). Kvam és mtsai. (2018) csontváz automatikus detektálását és csigolyaszámának meghatározását valósította meg mélytanulással, amihez azelőtt részben manuális utómunkára volt szükség. Egy kínai kutatócsoport kifejlesztett egy mély neurális hálózatot, amely automatikusan szegmentálja a sertés CT képeit, és ezáltal kiszámítja az élő állat testösszetételét (izom-, zsír- és csontarányát) (Pan és mtsai., 2021). A *Topigs Norsvin (AI)* korábbi ún. „atlasz” módszere már 2016-ban megpróbálta automatikusan felosztani a CT képeket főbb régiókra – sonka, lapocka, fej, hasalja, karaj –, de ez a megoldás nagy számítási kapacitást igényelt (fél órára is szükség volt egy állat feldolgozásához). A legújabb, 2020-ban bevezetett modelljük viszont már mélytanuláson alapul, és kilenc kategóriába sorolja a képpontokat (háttér, rögzítő bölcső, belek, fej, karaj, hasalja, lapocka, sonka és here). AI-t használva (Nordbø és mtsai., 2022) kimutatták, hogy az AI által mért szív- és tüdőterfogatok nemcsak öröklődnek, hanem összefüggnek a hízekonysággal. Összességében az AI – különösen a gépi tanulás és a mélytanulás – forradalmasítja a CT felvételek feldolgozását a sertésenyésztésben.

4. Anyag és módszer

4.1. Állatok

Valamennyi állatot az Európai Parlament és Tanács 86/609/EGK irányelvében (2010) foglalt (*A Bizottság (EU) 2024/1262 felhatalmazáson alapuló irányelve*), a kísérleti és egyéb tudományos célokra felhasznált állatok védelmére vonatkozó előírásoknak megfelelően kezeltük.

4.1.1. Az állatok genotípusa, származási helye és kiválasztási módja

Nyulak

A nyulak esetében CT vizsgálatra összesen 170 egészséges, 10 hetes Pannon Fehér nyulat választottunk ki véletlenszerűen a MATE Kaposvári Campusának Tan- és Kísérleti Üzeméből. A CT vizsgálatot követően az állatok a következő napon próbavágásra kerültek. A manuális szegmentációkhoz korábbi Pannon Fehér szelekciós vizsgálatokból választottunk ki 16 darab CT felvételt. Az összes felhasznált nyúl vizsgálata azonos protokollal készült.

Egy másik vizsgálatban, 30 nagytestű nyulat választottunk ki véletlenszerűen 10 hetes életkorban CT vizsgálatra. Ezek genotípusa eltért a 170 egyedből álló csoportétól.

A kisebb létszámú (30 egyed) nyúlvizsgálatokat kizárólag a fej súlyának becsléséhez használtam fel, és az egyszerűség kedvéért az „A” genotípusú állományként hivatkozom rájuk. A nagyobb létszámú csoportot a fej becslés esetén „B” genotípusú állományként jelölöm. Mindkét genotípusnál 20-20, korábbi vizsgálatokból származó képsorozatot használtam fel a fejek szegmentálásához.

Broiler csirkék

A CT vizsgálatokhoz az állatokat egy előre beállított kísérlet egészséges egyedei közül választottuk ki 10 hetes korban. A kiválasztás vegyes ivarban, fele-fele arányban történt, és a próbavágott állatok testtömege az ivarra jellemző átlagsúlytól legfeljebb $\pm 3-5\%$ -kal térhetett el, összhangban a *Tyúk és Pulyka Teljesítményvizsgálati Kódex IV.* ajánlásával. Összesen 60 db állatot vizsgáltunk meg kb. egy óra leforgása alatt CT-vel, majd ugyanezek

kerültek levágásra a vizsgálatot követő napon. A manuális szegmentációkhoz 16 korábbi CT vizsgálatot választottunk ki véletlenszerűen, ezek ivarát nem ismertük. Az összes állat ugyanahhoz a lassabb növekedésű broiler genotípushoz (TETRA HB Colour) tartozott, a Bábolna Kft. keltetőjéből származott, és a Kaposvári Egyetemen teszttelepén nevelkedett.

Sertések

CT-vel összesen 48 Svájci Nagy Fehér sertés (Swiss Large White) jobb félkarkaszát vizsgáltunk meg. Az állatok az EU Horizont program által finanszírozott PIG-WEB projekt keretében nevelték fel az Agroscope (*Agroscope, Federal Office for Agriculture - FOAG, Switzerland*) kutatóintézetében. Az állatok vágása 22-24 hetes életkorban történt. A jobb feleket mélyhűtve (-20°C) szállították intézetünkbe. A sertések esetében nem állt rendelkezésünkre megfelelő korábbi vizsgálati anyag, ezért a 48 egyed közül véletlenszerűen 5 karkaszt választottunk ki a manuális (virtuális) daraboláshoz. Ezen 5 félkarkasz vágási adatait így nem használtuk fel a statisztikai elemzések során.

Az átláthatóság és az összehasonlíthatóság elősegítése érdekében a vizsgálatokban szereplő állatállományok korábban ismertetett adatait a 4.1. táblázatban rendszereztem.

4.1. táblázat. A vizsgálatokban szereplő állatállományok összegzése

Állatfaj	Genotípus	Egyedszám (n)	Kor (hét)	Manuális szegmentáció (n)*	Célterület
Nyúl	Pannon Fehér (A)	170	10	16	hosszú hátizom
				20	hátsó végtag izmai
Nyúl	B	30	10	20	fej
Broiler csirke	TETRA HB Colour	60	10	16	mellizom, combizom
Sertés	Svájci Nagy Fehér	48	22-24	5	comb, karaj, oldalás, lapocka, félkarkasz

* A manuális szegmentációkhoz felhasznált vizsgálatok száma.

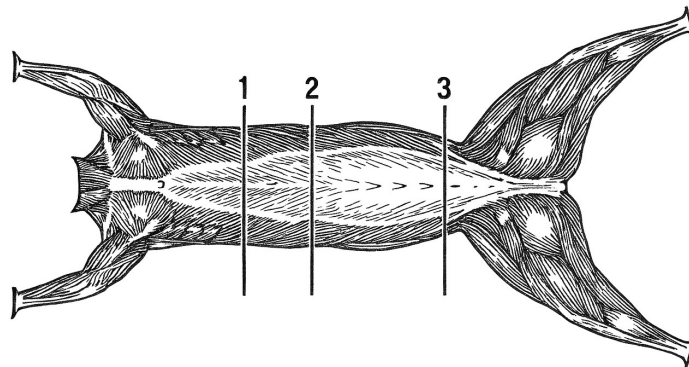
4.1.2. Állatok próbavágása

Nyulak

A nyulak próbavágását és a súlymérést a World Rabbit Science Association ajánlásai alapján, a Blasco és Ouhayoun (1996) által kidolgozott vágási módszer szerint végeztük.

A karkaszok darabolási módját szemlélteti a 4.1. ábra. Az ábrán a vonalak a darabolás során figyelembe vett anatómiai pontok által meghatározott síkokat (darabolás helyét) jelölik:

- 1: 7. és a 8. hátcsigolya közötti sík
- 2: az utolsó hátcsigolya és az első ágyékcsigolya közötti sík
- 3: a 6. és 7. ágyékcsigolya közötti sík



4.1. ábra. Nyúl darabolása Blasco és Ouhayoun (1996) ajánlása alapján, ahol:

- 1- 7. és a 8. hátcsigolya közötti sík
- 2- az utolsó hátcsigolya és az első ágyékcsigolya közötti sík
- 3- a 6. és 7. ágyékcsigolya közötti sík

A darabolás 24 órás hűtést követően, hűtött karkaszon történt. Az **MLD** boncolása során az egyedat hason fekvő helyzetbe helyeztük, hogy a gerinc menti izomzat megfelelően hozzáférhető legyen. Első lépésként két vízszintes metszést végeztünk: az elsőt a 7. és 8. hátcsigolya-, a másodikat pedig a 6. és 7. ágyékcsigolya közötti síkban. Ezek a metszések lehetővé tették az **MLD** azon szakaszának elkülönítését, amely a két sík között helyezkedik el.

A metszéseket követően az izomszövetet a gerincoszlopot alkotó csontos képletektől – elsősorban a harántnyúlványoktól és a gerinc körüli mély fasciáktól – réteges boncolással választottuk le. A kiboncolt **MLD** súlyát ezt követően lemértük.

A hátsó végtag izmainak boncolását a 6. és 7. ágyéki csigolya közötti metszéstől indulva végeztük el. A vizsgálat során a csánkízület disztális részét eltávolítottuk, hogy a comb és medenceövhöz kapcsolódó izomcsoportok torzulás nélkül leválaszthatók legyenek a csontos képletekről. Ezt követően a far, a comb és a medencetájék izmait – beleértve a gluteális, hajlító és feszítő izmokat – réteges boncolással választottuk le, miközben törekedtünk az

izomhasak és tapadási pontok épségének megőrzésére, a későbbi súlymérések pontosságának érdekében.

A 170 egyedet tartalmazó mintasorozat esetében csak a bal-, míg a 30 egyedből álló csoportnál mindkét oldali hátsó végtag izmai kiboncolásra és súlymérésre kerültek.

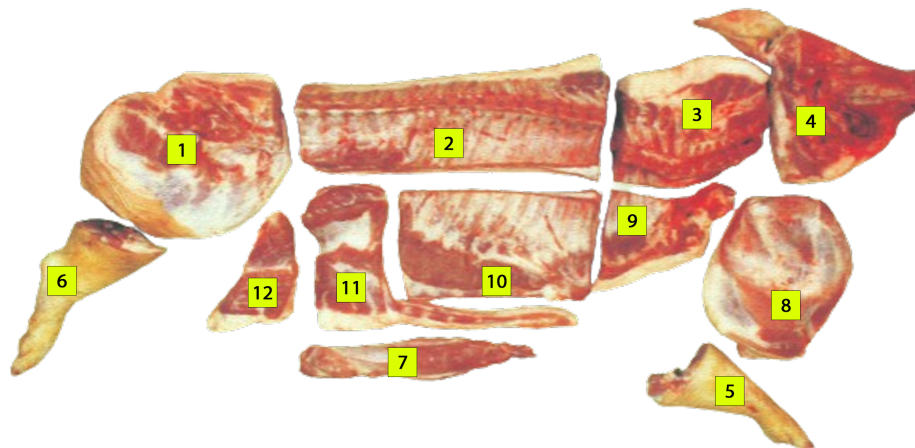
Broiler csirkék

A broiler csirkék vágását követően az értékes húsrészeket azonnal, melegen boncoltuk, majd súlymérésnek vetettük alá. A karkaszok bontása a Jensen (1983) által leírt eljárás szerint történt. Az értékes húsrészek – mell- és combizmok – súlyát szeretnénk CT-vel becsülni, melyek kiboncolása anatómiai szempontok alapján a következőképpen zajlott:

- A mellizmok kiboncolása: a m. pectoralis és a m. supracoracoideus izmokat a carina sterni mentén elválasztottuk a szegycsonttól, majd utóbbit – a membrana sternoclavicularis-ról történő preparálás után – a m. pectoralis-szal együtt előre és oldalra hajtottuk. A tapadási inak átvágását követően a két izmot egyben távolítottuk el. Az így nyert izomcsoport a mellfilé.
- Mivel a comb izmainak kiboncolása időigényes és nem túl egyszerű feladat, ezért ez esetben csak a bal combizom kiboncolása történt meg a következők szerint: a hátsó végtag izmait leválasztottuk a csípő- és ülőcsontról (ala praeacetabularis ilii, facies lateralis ischii). A comb- és szárizmokat a térdízület magasságában különválasztottuk, majd a comb medialis oldalán, a combcsont (femur) mentén bemetszést ejtettünk, és a combcsontot a fejénél fogva, az izmokat leválasztva távolítottuk el. Így nyertük ki a bal combizomzatot.

Sertések

A sertések vágása és bal felének darabolása Walstra és Merkus (1995) szerint történt az Agroscope (*Agroscope, Federal Office for Agriculture - FOAG, Switzerland*) kísérleti vágóhídján. A vágást követően a sertéseket először hasították, majd a két féltestet egyetlen éjszakán át (több mint 15 órán keresztül) hűtötték, ezt követően lemérték a súlyukat. A bal oldalhoz tartozó részekről leválasztották a fejet, a lábvégeket és az első csülköt. Az így kapott darabokat egyedenként, egyedi jelölésű műanyag zsákokba helyezve lefagyasztották, ezzel előkészítve azokat a szállításra. A bal oldali félsertéseket az EU referencia módszer szerint darabolták, a keletkezett darabok súlyát megmérték. Az EU referencia szerinti darabolást a 4.2. ábra szemlélteti.



4.2. ábra. Sertés karkasz darabolása az EU referencia módszer szerint.

Jelölések (karkasz darabolási egységek): 1-comb (leg); 2-karaj (loin); 3-tarja (neck); 4+5-fej és toka (head + cheek); 7+6-elülső csülök és köröm (front shank + front foot); 8-lapocka (shoulder); 9- szegy (jawl); 10-oldalas (belly); 11+12-császárszalonna (ventral part of belly + to ventral part of belly); 13-vesepecsenye (tenderloin)

A darabolás referenciaértéke

A különböző izomcsoportok pontos leválasztása és súlymérése alapvető fontosságú a CT alapú becselőmodellek hitelesítéséhez. Mivel a képfeldolgozáson alapuló tömegbecslés referenciaértékét a darabolás során nyert valós mérések adják, a boncolási eljárások szakszerűsége és reprodukálhatósága közvetlen hatással van a becslések megbízhatóságára. Ennek megfelelően a saját boncolások során egységes módszertant alkalmaztunk, és a partnerintézmények esetében is olyan eljárások eredményeire támaszkodtunk, amelyek a szakirodalomban elfogadott protokollokon alapultak.

4.2. CT vizsgálatok

A próbavágást megelőző napon végeztük el a Pannon Fehér nyulak CT vizsgálatait 2018. január 9-én, a Kaposvári Egyetem Diagnosztikai és Onkoradiológiai Intézetében, Siemens Somatom Sensation Cardiac 16 MDCT berendezéssel az alábbi beállítások használatával: csőfeszültség 140 kV, az expozíció során leadott össz sugárzás mennyisége 90 mAs, 1-es pitch faktoros (asztalsebesség/kollimáció) spirál adatgyűjtéssel. Az átfedő képek rekonstrukciója Siemens Syngo CT VA48A programmal történtek I30f konvolúciós kernellel (convolution kernel), 500mm-es látótérben és szeletenként 512×512 képmátrix-szal.

A 2020. december 2.-án a MATE Kaposvári Campusának kísérleti baromfi telepéről szár-

mazó 60 darab broiler csirke CT vizsgálatát Siemens SOMATOM Definition AS+ CT berendezéssel a Medicopus Nonprofit Kft. munkatársai végezték az SM KMOK Dr. Baka József Diagnosztikai, Onkoradiológiai, Kutatási és Oktatási Központban. A beállított vizsgálati paraméterek a következők voltak: 120 kV csőfeszültség, 120 mAs összsugárzás, spirál adatgyűjtés, 0,5-ös pitch faktoral, 500 mm látótérben. A képek rekonstrukciója Siemens Syngo CT VA48A programmal történt I30f konvolúciós kernellel.

A kisebb létszámú nyúl vizsgálatokat 2022. március 23.-án szintén a Medicopus Nonprofit Kft. dolgozói végezték az SM KMOK Dr. Baka József Diagnosztikai, Onkoradiológiai, Kutatási és Oktatási Központban Siemens SOMATOM Definition AS+ CT berendezéssel. A vizsgálati paraméterek a következők voltak: 120 KV csőfeszültség, 200 mAs összsugárzás, spirál adatgyűjtés, 0,6-os pitch faktor, látótér 500 mm, a szeleten belüli képmátrix 512×512 . Az előző nyúl CT vizsgálatokhoz képest ezeknél a nyulaknál igyekeztünk a nyulak fejét is immobilizálni ugyancsak rögzítő hevederek használatával (4.3. ábra).



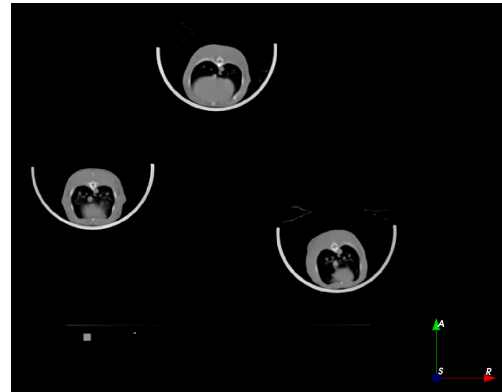
4.3. ábra. Nyúl CT vizsgálat fej immobilizálással

A nyulak és a csirkék CT vizsgálatánál az állatokat élve, anesztézia nélkül, speciális hármastartóban vizsgáltuk a 4.4. ábrán látható módon. A vizsgálatok során az állatokat hevederekkel rögzítettük, annak érdekében, hogy biztosítsuk a standard vizsgálati körülményeket a fektetést illetően. Az állatok a vizsgálatok során hason feküdtek, a fejük előre a CT berendezés irányába nézett. A vályúk félbe vágott PVC csövekből készültek, amelyeket a végeiken habosított PVC lapok rögzítettek a megfelelő térbeli helyzetben.

Ez a kialakítás lehetővé tette az egyes vizsgált egyedek könnyű elkülönítését a CT felvételeken. Higiéniai szempontok miatt a különböző tenyésztőszervezettől származó nyulak vizsgálatához genotípusonként 3-3 vályút készítettünk a folyamatos vizsgálat biztosítása érdekében. A gyakorlatban, amíg egy tartónyi nyúl vizsgálata zajlott, addig a másiktól



(a) A hármás vályú elhelyezése a CT készüléken

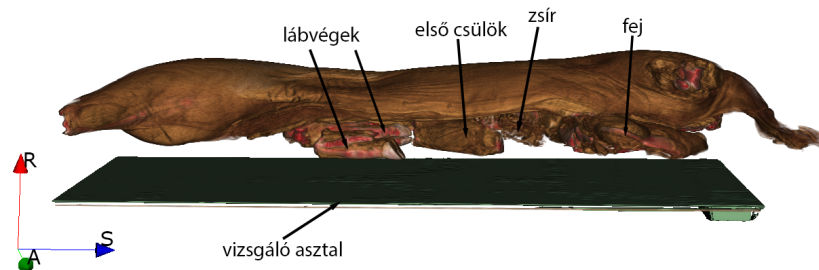


(b) A teljes képsorozatból származó egy darab keresztmetszeti kép

4.4. ábra. CT vizsgálat a hármás vályú alkalmazásával nyulak esetében.

az előző vizsgálat nyulait köttöték ki, míg a harmadikba a következő 3 állatot helyeztük el. A rekonstruált képek felbontása mindkét esetben $0.977 \text{ mm} \times 0.977 \text{ mm} \times 2 \text{ mm}$ volt, ahol 0.977 a szeleten belül felbontást, a 2 mm pedig szeletvastagságot jelenti.

A sertés vizsgálatokat szintén a Siemens SOMATOM Definition AS+ CT-vel a Medicopus Nonprofit Kft. munkatársai végezték a SM KMOK Dr. Baka József Diagnosztikai, Onkoradiológiai, Kutatási és Oktatási Központban. A vizsgálati paraméterek a következők voltak: 120 KV csőfeszültség, 200 mAs össz sugárzás, spirál adatgyűjtés, 1-es pitch faktor, látótér 500 mm a szeleten belüli képmátrix 512×512 . A képek rekonstrukciója Siemens Syngo CT VA48A programmal történtek I30f konvolúciós kernellel. A 4.5. ábra a CT adatokból készült térfogati megjelenítésen (Volume Rendering) keresztül szemlélteti a félkarkaszok elhelyezkedését. A sertés félkarkasz és a vizsgáló asztal közé egy alacsony



4.5. ábra. Sertés jobb félkarkasz vizsgálatának elrendezése

Tengelyjelölések magyarázata: A – anterior, S – superior, R – right

denzitású zártcellás polisztirol lapot (XPS) helyeztünk, amely az alacsony denzitása miatt nem látszik az ábrán. A félkarkasról előzetesen eltávolításra kerültek az első és hátsó lábak, az első csülök, valamint a fej. Ezeket egy előre meghatározott pozícióban úgy he-

lyeztük el a vizsgálóasztalon, hogy ne érintkezzenek egymással. Ahol szükséges volt, a darabok közé – csonkolt félkarkasz és a félkarkaszról eltávolított részek, illetve az első lábak és a csülök közé – vékony, alacsony radiodenzitású polifoamot helyeztünk, ezzel is biztosítva a későbbi szegmentálás megkönnyítését. A karkaszok vizsgálatánál a rekonstruált képek felbontása $0.977 \text{ mm} \times 0.977 \text{ mm} \times 3 \text{ mm}$ volt. Minden vizsgálat az ISO 9001:2015 minőségirányítási és ISO 14001:2015 környezetirányítási rendszer szabályait betartva történt (*ISO 9001:2015 Quality management systems; ISO 14001:2015 environmental management system*).

4.3. CT képek feldolgozása

A CT-vel készült képeket minden egyes esetben **DICOM** (*DICOM File Format*) formátumból **MINC** (Vincent és mtsai., 2004) formátumba konvertáltuk az előfeldolgozáshoz. A nyulak és csirkék vizsgálatához fejlesztett speciális, három állat egyidejű vizsgálatát lehetővé tevő műanyag tartókat egy automatizált folyamat segítségével eltávolítottuk a képekről. A három egyedet elkülönítettük egymástól, majd külön-külön fájlokba mentettük. A külön egyedeket tartalmazó **MINC** képfájlokat **NIFTI** (Neuroimaging Informatics Technology Initiative) (*Neuroimaging informatics technology initiative 2005*) formátumba konvertáltuk. Az így kapott képek tömegközéppontját a koordinátarendszer kezdő pontjához illesztettük. A pontosabb tömegközéppont meghatározás érdekében a képek negatív értékeit nem vettük figyelembe. Ezzel elkerültük, hogy az egyes műtermék, a zaj és az egyéb nem kívánatos képen szereplő dolgok befolyásolják a tömegközéppont helyét. A tapasztalataink szerint a tömegközéppontba történő eltolással robusztusabb regisztráció érhető el. A manuális szegmentáláshoz kiválasztott képek tömegközéppontját is a koordinátarendszer kezdő pontjába mozgattam. A sertések esetében csak egy félkarkasz szerepelt egy vizsgálati sorozaton, ezért ezeknél a felvételeknél csak **DICOM NIFTI** konverziót hajtottunk végre automatikusan eltávolítottuk az asztalt. A képek tömegközéppontját szintén a koordinátarendszer origójába helyeztük.

4.3.1. Manuális szegmentáció

A manuális szegmentációra szánt képeket a 3D Slicer (Kikinis és mtsai., 2014; *3D Slicer image computing platform*) ingyenes szoftver Szegmensszerkesztő (Segment Editor) modulját használva szegmentáltunk. Az egyes manuális szegmentációra szánt fajoknál a 4.2. táblázat mutatja, hogy mely területek kerültek manuális szegmentálásra (virtuális boncolásra).

4.2. táblázat. Az egyes fajok manuálisan szegmentált területei

Állatfaj	Szegmentált rész
	MLD
nyúl (Gen B)	bal hátsó végtag izmai fej koponya
nyúl (Gen A)	fej koponya
broiler	combizom mellizom
sertés	comb karaj oldalal lapocka félkarkasz

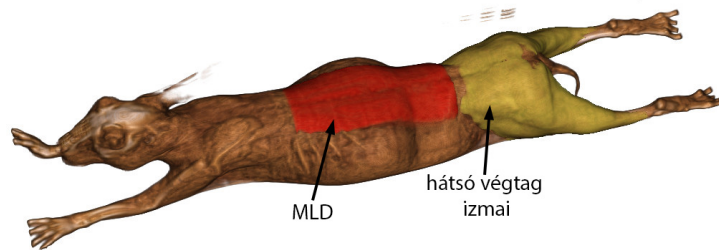
A Szegmensszerkesztőn belül az Ecset (Paint), Rajzoló toll (Draw), Radír (Erase), Rajzolatlan szeletek kiegészítése (Fill between slices), Szigetek (Islands), effekteket használtuk. Ezen effektek mindegyikénél használható a szerkesztési intenzitás tartomány (Editable intensity range), amit az alábbiak szerint állítottam be az egyes részek szegmentálása esetén:

- nyúl **MLD** és bal hátsó végtag izmainak szegmentálás esetén 0 – 200 **HU**
- nyúl koponya szegmentálása esetén 200 – 3071 **HU**
- nyúl fej szegmentálásánál -200 – 3071 **HU**
- broiler csirke mell- és comb izmai esetén 0 – 200 **HU**
- sertés félkarkasz esetén -200 – 3071

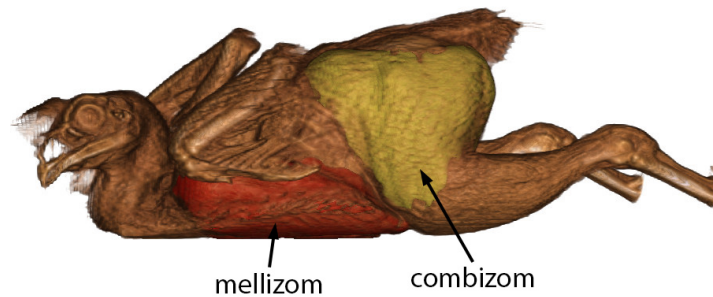
A szegmentálás során az ecsetet, a rajzoló tollat és a radírt használtuk, általában axiális síkban, néha koronális és szagittális síkban javítottuk a szegmentumot és a végén a Szigetek közül a legnagyobb összekapcsolódó sziget megtartásával (Keep largest component) véglegesítettük a kijelölést.

Az **MLD** esetén igyekeztünk a hátsó végtag izmainál használt eszköztárakon kívül a rajzolatlan szeletek kiegészítése (Fill between slices) effekt segítségével gyorsítani a folyamatot, ami sok esetben sikerült is. A szegmentumok létrehozása során igyekeztünk a darabolással azonosan elvégezni a virtuális szeletelést, ezért pl. a nyúl hátizom esetén a 7. és 8. hátcsigolya közötti síktól kezdtük az **MLD** szegmentálását és az utolsó hátcsigolya és

az első ágyékcsigolya közötti síknál fejeztük be. A nyúl értékes húsrészeinek manuálisan létrehozott szegmentumait mutatja be a 4.6. ábra. A broiler csirke értékes húsrészeinek szegmentumai a 4.7. ábrán láthatók, míg a sertés karkasz virtuális darabolását mutatja be a 4.8. ábra.

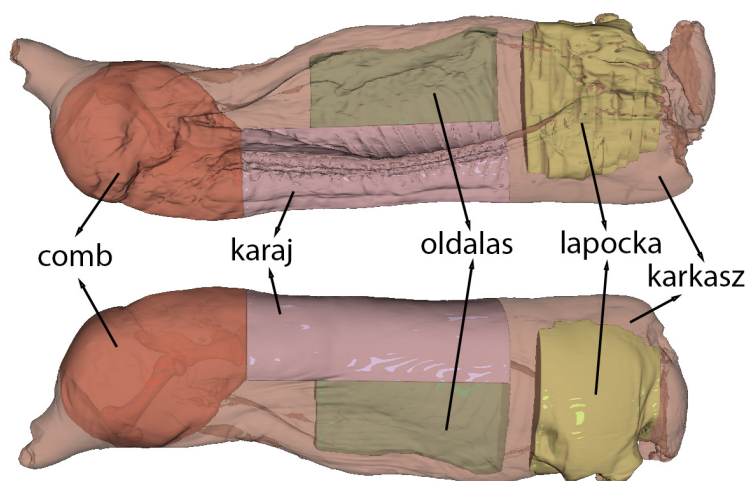


4.6. ábra. A CT vizsgálatokból volume renderelt nyúl a manuálisan szegmentált értékes húsrészek 3D modelljeivel



4.7. ábra. A CT vizsgálatokból volume renderelt broiler csirke a manuálisan szegmentált értékes húsrészek 3D modelljeivel

Egyedül a nyúl koponya és fej szegmentálásánál nem a darabolással megegyező módon állítottam elő a szegmentumokat. Ezeknél a területeknél a reprodukálhatóságra figyelve két virtuális darabolási eljárást dolgoztam ki, amelyekhez a CT felvételen jól azonosítható anatómiai pontokat használtam fel. Az egyik módszer viszonylag egyszerűen definiálható, mivel csupán egyetlen anatómiai pontot kell azonosítani, míg a másik esetében több pont meghatározása szükséges a szegmentumok létrehozásához. Ezen módszereket a következő alfejezetekben részletesen ismertetem.



4.8. ábra. Sertés félkarkasz virtuálisan darabolt részeinek 3D modelljei

Első kidolgozott módszer nyulak fejének és koponyájának szegmentálására

Az első módszer lehetővé tette a fej és a koponya gyors és egyszerű szegmentálását. Az eljárás főbb lépései a következők voltak:

- A csontváz és a teljes test szegmentálását két eltérő küszöbérték alkalmazásával végeztem (küszöbértékek: csontváz 200 – 3071 HU; teljes test -200 – 3071 HU; lásd 4.9. ábra).



(a) Küszöböléssel szegmentált teljes nyúl 3 dimenzióban



(b) Küszöböléssel szegmentált csontváz 3 dimenzióban

4.9. ábra. A kezdeti szegmentumok nyulak esetén

- A CT felvétel axiális síkján megkerestem az orrhoz legközelebb eső bal vagy jobb oldali atlasz szárnyának a proximális részét (proximal edge of the atlas wing).
- Egy szeletet léptem az orr irányába axiális síkban.
- A radír effekt használatával az összes szegmentált területet kitöröltem az aktuális síkban (4.10. ábra).
- A szigetek (Islands) effekt közül a tartsd meg a kiválasztott szigetet (Keep selected island) opciót alkalmazva megtartottam a két szükséges szegmentumot, a fejet



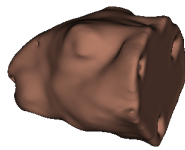
(a) Teljese test szegmentum esetén



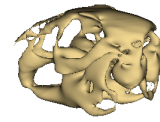
(b) Csontváz szegmentum esetén

4.10. ábra. Nyúlfej és koponya leválasztása a testtől, egy darab axiális síkban történő virtuális vágással (vágás helyét nyíllal jelöltem a képeken).

(4.11a. ábra) és a koponyát (4.11b. ábra).



(a) Fej



(b) Koponya

4.11. ábra. Végleges szegmentumok (nyúlkoponya és nyúlfej)

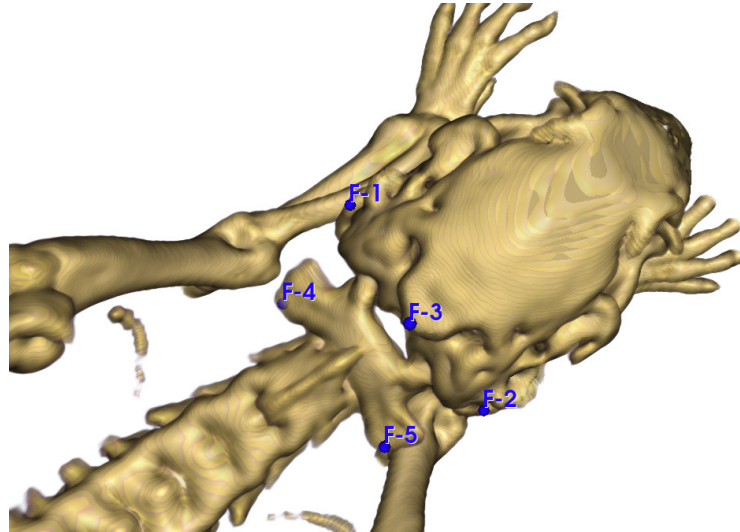
Második kidolgozott módszer nyulak fejének és koponyájának szegmentálására

Ehhez a módszerhez egy betölthető szkript modult (Scripted Loadable Module) dolgoztam ki a 3D Slicerhez, amely a `fitPlanes2Fiducials` nevet kapta (*fitPlanes2Fiducials*). A modul segítségével az axiális sík egyszerűen „megdönthető” a térben elhelyezett pontok (Fiducial points) segítségével, így interpolációs sík – más néven újra formázott szelet (Reformat slice) – nézet hozható létre.

A fej és koponya szegmentálása az alábbi lépésekből épül fel:

- Az előzővel (4.3.1. fejezet) azonosan, két különböző küszöbértékkel szegmentáltam a csontvázat (200 – 3071 HU) (4.9b. ábra) és a teljes nyulat (-200 – 3071 HU) (4.9. ábra).
- 3D slicer Markups moduljának a használatával megjelöltem az alábbi anatómiai pontokat (4.12. ábra):
 - F-1: jobb saroknyúlvány (right angular process)
 - F-2: bal saroknyúlvány (left angular process)
 - F-3: külső nyakszirti gumó (tarkó) (external occipital protuberance)

- F-4: atlasz jobb oldali szárnyának a disztális éle (distal edge of the wing of the atlas on right)
- F-5: atlasz bal oldali szárnyának a disztális éle (distal edge of the wing of the atlas on left)



4.12. ábra. A nyúl koponyájára és az első nyakcsigolyájára felhelyezett anatómiai pontok: F-1: jobb saroknyúlvány, F-2: bal saroknyúlvány, F-3: külső nyakszirti gumó, F-4: atlasz jobb oldali szárnyának a disztális éle, F-5: atlasz bal oldali szárnyának a disztális éle

- Az első három anatómiai pont felhasználásával létrehoztam egy újra formázott szelet nézetet. Ezen sík tengelye mentén haladva azon a síkon, ahol az állkapocs csont már nem látható az összes szegmentált területet töröltem az adott síkban. Ezzel virtuálisan elkülönítettem a koponyát és a fejet a testtől (4.13. ábra).



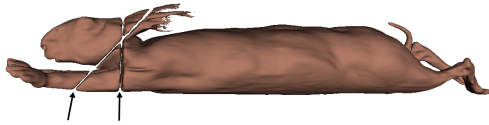
(a) Nyúl modell

(b) Csontváz

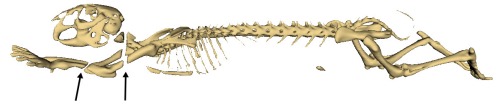
4.13. ábra. Nyúlsegmentumok virtuális vágása 1 síkban (vágás helyét nyíllal jelöltem a képeken)

- Az utolsó három anatómiai pontot felhasználva egy új újra formázott szelet nézetet hoztam létre. Az így létrehozott nézet tengelye mentén haladva a külső nyakszir-

ti gumót elhagyva (F-3) az összes szegmentált területet töröltem a síkban (nyúl szegmentumnál: 4.14a. ábra, csontváz szegmentumnál: 4.14b. ábra).



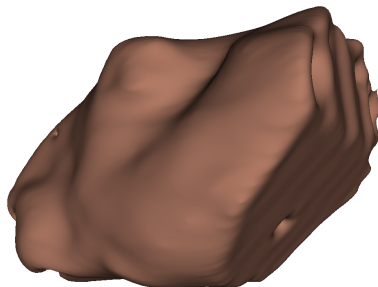
(a) Nyúl modell



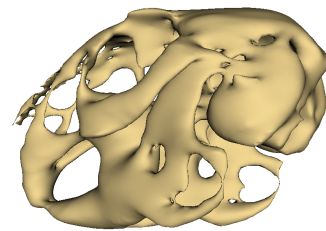
(b) Csontváz

4.14. ábra. Nyúlszegmentumok virtuális vágása 2 síkban (vágások helyét nyilakkal jelöltem a képeken)

- Az előző két pontban leírt virtuális vágás után a szigetek (Islands) effekt közül a tartsd meg a kiválasztott sziget (Keep selected island) használva a két szegmentumot külön-külön megjelenítettem. Ezután a megtartani kívánt részre kattintva (fej: 4.15a. ábra; koponya: 4.15b. ábra) minden felesleges szegmenst eltüntettem.



(a) Fej



(b) Koponya

4.15. ábra. Végleges szegmentumok (nyúlkoponya és nyúlfej)

A második módszernél jól látható, hogy az első síkkal leválasztjuk ugyan a fejet/koponyát a testről azonban a fül nagy része még ott marad (4.13., 4.14. ábra). Tapasztalataink szerint a fül jelenlegi rögzítése nem biztosít teljes immobilizációt, ezért a képeken maradó fül rész nagysága változó lehet. A második sík alkalmazása kiküszöböli ezt a problémát, ugyanis a fül gyakorlatilag teljesen eltávolítható a végleges szegmentumról (4.15. ábra). A második módszer az elsővel ellentétben, viszonylag jól le tudja követni az állat fejének mozgását az anatómiai pontok alapján. Rögzítés nélküli fejpozíció esetén gyakori, hogy az állatok az első végtagokhoz közel helyezik a fejüket, erre a második módszer

kevésbé érzékeny, míg az első módszer gyakorlatilag egyáltalán nem alkalmazható. Az első szegmentálási módot (egysíkú vágás) csak a rögzített fejű, A genotípusú állománnyal azonos genotípusú 20 vizsgálaton lehetett alkalmazni. Mivel a nem rögzített fejű, B genotípusú állománnyal egyező genotípusú 20 vizsgálat során az állatok feje szinte minden esetben hozzáért az elülső végtagokhoz, vagy „kitekert” pozícióban volt, illetve az egyed valamelyik irányba (jobbra vagy balra) kinézett. A második szegmentálási folyamat már mindkét, szegmentálásra szánt vizsgálathalmazon elvégeztető volt, mivel az 5 anatómia pontot felhasználó, kétsíkú virtuális vágás képes volt megbirkózni az előbb említett fej pozícionálási problémákkal.

Ezek alapján a továbbiakban az alábbi rövidítéseket alkalmaztam:

A1 : „A” állományon 1 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok

A5 : „A” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok

B5 : „B” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok

A manuális szegmentálást végző személyek

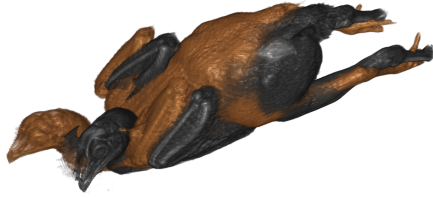
A manuális szegmentálást minden esetben megfelelően felkészített személy végezte. A nyulak szegmentációját agrármérnöki végzettséggel rendelkező szakember, a csirkék szegmentációját a Pécsi Tudományegyetem Egészségtudományi Kar Kaposvári Képzési Központjának orvosi diagnosztikai analitikus szakirányon, radiográfia specializációt végző hallgatója, míg a fej szegmentációját a MATE Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskolájának PhD-hallgatója készítette. Az állatorvos anatómussal minden esetben egyeztettek, aki a szükséges ellenőrzéseket is elvégezte.

4.3.2. Képek utófeldolgozása (Regisztráció)

A regisztrációhoz az Elastix programcsomagot (*Elastix*) használtam, egységes, alapértelmezett paraméterbeállítások mellett (Klein és mtsai., 2010; Shamonin és mtsai., 2014). A módszer többlépcsős illesztést alkalmazott B-spline transzformációs ráccsal (B-spline transformation grid), a hasonlóság mértékét kölcsönös információ (Mutual Information) alapján határozta meg, a transzformációs mező optimalizálását pedig adaptív sztochasztikus gradiensmódszerrel (Adaptive Stochastic Gradient Descent) végezte, legfeljebb 200 iteráción keresztül.

A 4.16. ábra a regisztrációt mutatja be a csirkék példáján, a regisztráció során keletkezett transzformációval a manuális szegmentumokat a nem szegmentált állatokra „áthelyez-

tem”, ezt szemlélteti a 4.17. ábra.

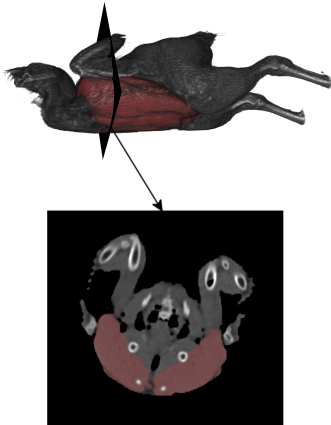


(a) A csirkék elhelyezkedése a regisztráció előtt, miután tömegközéppontjukat a koordinátarendszer origójához igazítottuk.

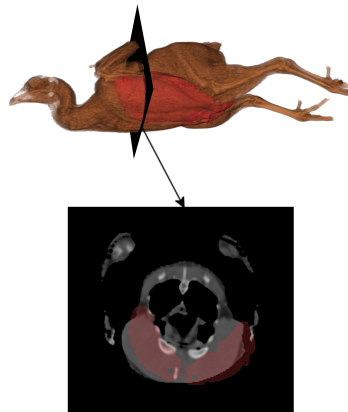


(b) A csirkék elhelyezkedése a regisztráció után. A „fekete” egyedét regisztráltuk és transzformáltuk a „barna” egyedhez.

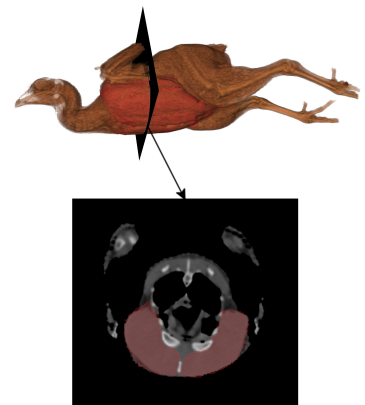
4.16. ábra. A regisztráció alkalmazása csirkék CT felvételeire



(a) A „fekete” csirke és annak a manuális szegmentált mellizma.



(b) A „fekete” csirke manuális szegmentált mellizma a „barna” csirkén (regisztráció előtt).



(c) A „fekete” csirke manuális szegmentált mellizma transzformálva a „barna” csirkére.

4.17. ábra. A piros színnel jelölt manuális szegmentum áthelyezése a nem szegmentált broiler csirkére

Az összes manuálisan szegmentált egyed regisztrálásra került a vele azonos genotípusú, nem szegmentált egyedek CT felvételeire, a hozzájuk tartozó maszkok pedig transzformálva lettek. Ezzel ún. több-atlaszos (multi-atlas) regisztrációs szegmentációt hajtottam végre.

4.3.3. Adatgyűjtés (jellemzőkinyerés - feature collection)

Az transzformált maszkok segítségével több jellemzőt gyűjtöttünk a maszkok által lefedett területekről. Az így kinyert jellemzők a következők voltak:

- voxelek száma,
- voxelek HU értékeinek az összege,
- voxelek átlagos HU értéke,
- szórás (standard deviation),
- ferdeség (skewness),
- csúcsosság (kurtosis),
- hisztogramok, melyek paramétereit a 4.3. táblázat tartalmazza

4.3. táblázat. A hisztogramadatok gyűjtéséhez használt paraméterek az egyes állatfajok szegmentumai esetén.

Állatfaj	Terület (szegmentum)	legkisebb érték [HU]	legnagyobb érték [HU]	Binek száma
nyúl	hosszú hátizom, bal hátsó végtag izmai	0	200	20
	fej	-200	2000	44
	koponya	200	2000	36
broiler	comb-, mellizom	0	200	20
	virtuális darabok	-200	2000	44
sertés	félkarkasz	-200	2000	44
	félkarkasz lmp esetén	-200	200	20

A regisztrációt követően előfordulhat, hogy a transzformált maszkok nem kívánt területeket fedtek le, például izomszegmentáció esetén csontos képleteket vagy alacsony denzitású régiókat érintenek. Ezek a hibák azonban az adatgyűjtés során alkalmazott küszöböléssel korrigálva lettek. A transzformált manuális szegmentumokból átlagos szegmentumokat hoztam létre, amelyek felhasználásával további jellemzőket gyűjtöttem. A 4.4. táblázat foglalja össze, hogy az egyes állatfajok különböző szegmentumainál összesen hány változót (jellemzőt) gyűjtöttünk ki. A kigyűjtött jellemzők száma két összeg szorzataként adódik:

$$(6 + \text{hisztogram-binek száma}) \times (\text{atlaszok száma} + 1)$$

ahol a +1 az átlagos szegmentum miatt szerepel a szorzatban, 6 a felsorolt alapjellemzők számát jelöli (voxelek száma, a voxelek HU értékeinek összege, ...). A félkarkaszok ese-

tében nem volt szükség regisztráció alkalmazására, így atlaszok használatára sem került sor, mivel a szegmentáció egyszerű küszöbérték-alapú módszerrel is elvégezhető volt. A felhasznált CT vizsgálatok száma ebben az esetben 48 darab félsertés volt. Mivel a sertések esetében nem állt rendelkezésre korábbi vizsgálat, az „atlaszok” létrehozásához a 48 egyed közül 5-öt véletlenszerűen választottunk ki. Ezeknek az állatoknak a mért értékeit a regresszió során nem használtuk fel.

4.4. táblázat. Az egyes állatfajok különböző szegmentumainak felhasználásával gyűjtött változók (jellemzők) száma.

Állatfajt	Terület (szegmentum)	Atlaszok száma	Gyűjtött változók száma [db]
nyúl	hát-, bal lábizom	17	442
	fej	21	850
	koponya	21	714
broiler	comb-, mellizom	17	442
sertés	virtuális darabok	6	250
sertés	félkarkasz	0	50
sertés	félkarkasz lmp esetén	0	26

4.3.4. Adatfeldolgozás és statisztikai analízis

A jellemzők száma viszonylag nagy a minták számához képest, és gyakran fennáll a multikollinearitás a hisztogram bin értékei között, ezért a túlillesztés kockázata jelentős. Nem létezik általánosan elfogadott algoritmus a legjobb regressziós modell meghatározására a súlybecslését illetően. A regresszió során alkalmazott magyarázó változók az egyes állatfajok CT alapú szegmentált testtájairól származó jellemzőkön alapulnak. A 4.5. táblázat összefoglalja, hogy mely szegmentumok szolgáltak a független változók kinyerésének alapjául, illetve ezekhez mely súlyalapú célváltozók (függő változók) tartoztak.

A regressziós modell építés során az összes változó felhasználása mellett jellemzők kiválasztást is alkalmaztunk minden egyes változó csoport esetén. A változókat az alábbi kategóriák szerint csoportosítottuk és dolgoztuk fel:

- Egyedi atlasz adatai: különálló csoportok az egyes atlaszok alapján gyűjtött jellemzőkkel;
- átlagatlasz: azonos régiót (pl. az MLD-t) lefedő maszkokat átlagoltuk, majd az így létrehozott átlagos maszk alapján kinyert jellemzőket használtuk;
- Több-atlasz (multi-atlasz): az összes egyedi atlasz és az átlagatlasz alapján nyert

4.5. táblázat. Az egyes állatfajok szegmentált testtájai (a független változók gyűjtéséhez felhasznált szegmentumok) és a hozzájuk tartozó súlyalapú célváltozók (függő változók) összefoglalása.

Állatfajt	Szegmentum	Függő változó
	MLD	MLD súlya
nyúl	hátsó lábak izmai	bal hátsó lábak izmainak súlya
	fej	fej súlya
	koponya	fej súlya
broiler csirke	combizom	combizomok súlya
	mellizom	mellizomok súlya
sertés	jobb karkasz	jobb karkasz súlya
	jobb comb	bal comb izmainak súlya
	jobb karaj	bal karaj súlya
	jobb oldalas	bal oldalas súlya
	jobb lapocka	bal lapocka súlya
	jobb karkasz	bal oldali próbavágásból számolt LMP

jellemzők összessége.

A jellemzők számának a csökkentésére és a regressziós modellek paramétereinek a meghatározására az SA-t használtuk. A regresszióhoz lineáris modellek közül a lineáris, ridge, lasso és PLS regressziót alkalmaztuk, valamint egy nem-lineáris módszert, a K-legközelebbi szomszéd regressziót (K-Nearest Neighbors Regression, KNNR). A regresszióknál a paraméterek az alábbi szerint alakultak:

- Lineáris regresszió: csak egyetlen paraméter került változtatásra.
- PLS regresszió: a komponensek száma 2, 3, ..., $\sqrt{\text{változók száma}}$ tartományban változott.
- Lasso regresszió: a regularizációs tényező értéke 0,01 és 10 között változott.
- Ridge regresszió: a regularizációs tényező értéke 0,01 és 10 között változott.

Az SA paraméterei a következők voltak:

- N=8000 (iterációk száma)
- T = 1 (a rendszer kezdeti hőmérséklete)
- $T_0 = 10^{-7}$ (a minimális, elérendő hőmérséklet)

20-szor ismételt 10-fold keresztvalidációval kapott R^2 értékek alapján történt a modellek kiválasztása. Az összehasonlíthatóság biztosítása érdekében a keresztvalidáció során

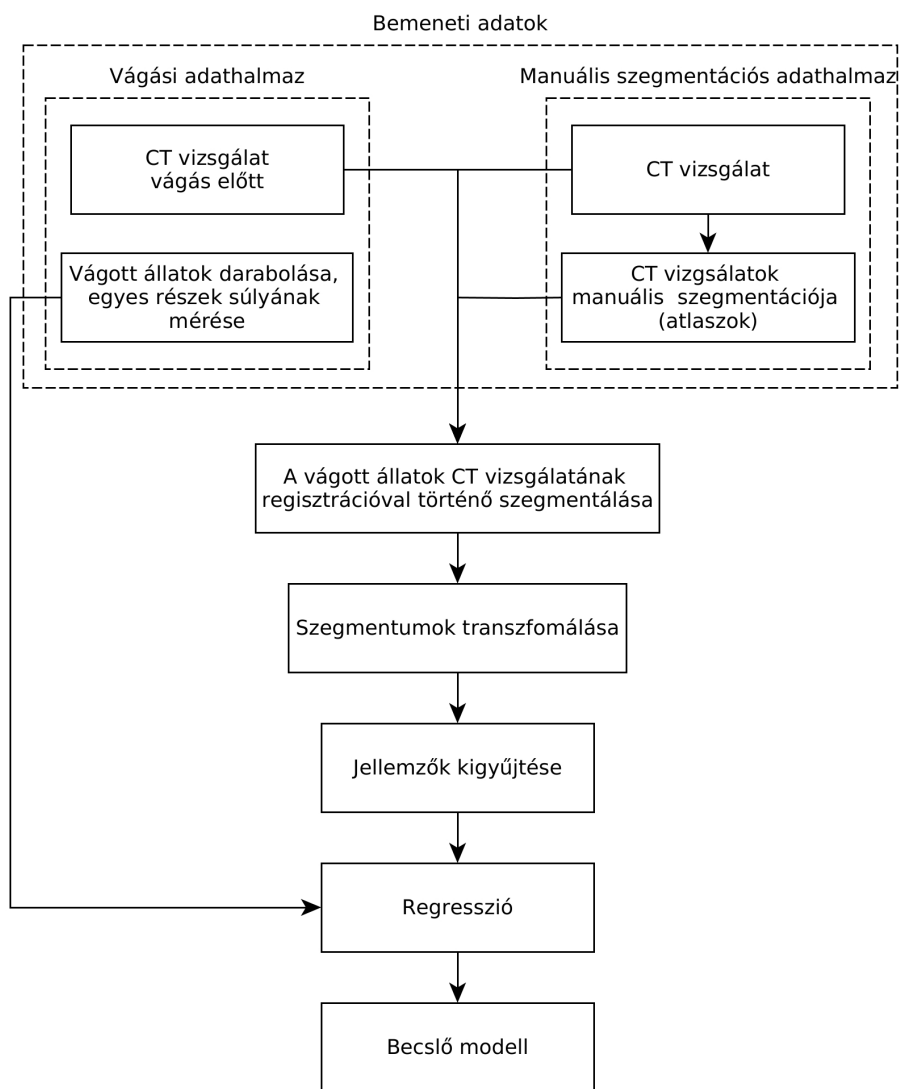
használt véletlenszám-generátor (random seed) rögzítésre került, így minden modellértékelésnél ugyanazokat az adathalmaz-felosztásokat (foldokat) használtuk. E beállításokkal, valamint a korai leállítási szabállyal (amely az optimalizálást, akkor szakítja meg, ha az utolsó 500 iteráció során nem történik javulás). A korai leállítás minden tesztetben aktiválódott (jellemzően 3000 iteráció előtt), ez arra utal, hogy a konvergencia általában $T=0,002$ hőmérséklet környékén következett be. Mivel ez a hőmérséklet még mindig össze mérhető azzal az R^2 javulással, amely egy fontos jellemző bevonásával elérhető. A korai leállítás tehát nem a túl alacsony hőmérséklet, hanem a tényleges javulás hiánya miatt következett be, azaz valódi konvergencia történt, amely megerősíti az optimalizálás során alkalmazott paraméterek helyességét.

A 4.18. ábrán látható folyamatára vizuálisan összefoglalja a teljes feldolgozási folyamatot. A sertés félkarkaszok esetében annyiban tér el a folyamat, hogy nem történt élő állatos vizsgálat a vágás előtt, ebben az esetben kizárólag félkarkasz-vizsgálatokat végeztünk.

A broiler csirkéknél és a Pannon Fehér nyulaknál a 20 ismétléses 10-fold keresztvalidációval kapott R^2 értékek egyik regressziós modellnél sem követtek normál eloszlást a Shapiro-Wilk-teszt alapján, minden esetben a p-érték kisebb volt 3×10^{-10} -nél. A normalitás vizsgálat alapján a különböző atlaszokkal kapott eredmények összehasonlításához Mann-Whitney féle U próbát alkalmaztam, míg a jellemzőkiválasztással és anélkül kapott eredmények összevetésére a Wilcoxon féle előjeles rangösszeg próbát használtam. A nyúlfejek esetében az egyes darabolt részek (nyúlfej, hosszú hátizom, bal hátsó végtag izmai) és a hűtött karkasz közötti kapcsolatok vizsgálatához Spearman-féle korrelációt alkalmaztam.

A több-atlaszos szegmentálás, jellemzőkinyerés és modellkiválasztás lépéseit nyílt forráskódú Python csomagként tettük közzé a GitHub felületen (*maweight*), <https://github.com/cseka7/maweight>. A tesztadatok, valamint az értékeléshez használt Jupyter jegyzetfüzetek (notebook-ok) az alábbi repozitóriumokban érhetők el:

- Nyulak - a nyulak feldolgozásához használt notebook-ok (*Nyulak feldolgozásához használt jupyter notebook-ok*): https://github.com/cseka7/rabbit_ct_weights
- Csirkék - a csirkék feldolgozásához használt notebook-ok: (*Csirkék feldolgozásához használt jupyter notebook-ok*): https://github.com/cseka7/chicken_ct_weights
- Sertés félkarkaszok - a sertés félkarkaszok feldolgozásához használt notebook-ok: (*Sertés fél karkaszok feldolgozásához használt jupyter notebook-ok*): https://github.com/cseka7/pork_ct_weight



4.18. ábra. CT alapú súlybecslő módszer általános folyamatábrája

4.3.5. Számítógép teljesítmény és futási idők

A képfeldolgozáshoz szükséges idők bemutatását a csirkék példáján keresztül szemléltem.

A CT vizsgálatot követően a rekonstruált képeket archiváltuk a szerverünkön. Összesen húsz rekonstruált képet – mindegyiken három csirkével – töltöttünk fel az archiválási célra fenntartott szerverre, körülbelül 40 perc alatt. Ezt követően a képeket letöltöttük egy számítógépre, amely kevesebb mint 12 percet vett igénybe.

Az adatok feldolgozását asztali számítógépen végeztük, amelyen Linux Mint 21.1 operációs rendszer futott. A gép Z490-A PRO alaplappal, Intel Core i9-10850K processzossal,

NVIDIA GeForce, RTX 2060 grafikus kártyával, valamint 60 GB DDR4 típusú memóriával volt felszerelve. A képek előkészítése (adatkonverzió, az egyes egyedek elkülönítése, vizsgálati vályúk eltávolítása) 60 állat esetén összesen 36 percig tartott.

Egy broiler csirke comb- és mellizmainak manuális szegmentálása körülbelül 40–60 percet vett igénybe. Összesen 960 regisztrációt (16 manuálisan szegmentált csirke \times 60 CT felvétel) és 1920 maszktranszformációt (comb- és mellizommaszk \times 960) hajtottam végre, megközelítőleg 3 óra 17 perc alatt. Ezek alapján egy regisztráció és a két hozzá tartozó maszktranszformáció átlagosan 12 másodpercet igényelt.

Egyetlen állatot tartalmazó CT felvételhez 16 atlasz került regisztrálásra, amihez összesen 32 maszktranszformáció társult, ez a folyamat átlagosan 3 perc 17 másodpercet vett igénybe. A jellemzőkinyerés – a comb- és mellizomra vonatkozó jellemzők esetében – teljes egészében kevesebb mint 11 perc volt.

A keresztvalidációval végzett regressziók futási idejét a 4.6. táblázat tartalmazza. A regresszió során a manuális szegmentációból származó teljes jellemzőhalmazt felhasználtuk, amely összesen 442 jellemzőt tartalmazott.

4.6. táblázat. Az egyes modellválasztásokhoz szükséges idő broiler csirkék esetén jellemzőkiválasztással és anélkül.

	Regressziós modellek [pp:mm]					Összesen [hh:pp:mm]
	lineáris	lasso	ridge	PLS	KNNR	
Jellemzőkiválasztással						
Több-atlaszos - comb	05:03	22:00	05:07	24:54	05:09	01:02:13
Több-atlaszos - mellizom	03:54	27:56	11:50	11:34	02:40	00:57:54
Jellemzőkiválasztás nélkül						
Több-atlaszos - comb	00:01	00:08	00:03	00:13	00:48	00:01:13
Több-atlaszos - mellizom	00:01	00:08	00:04	00:13	00:49	00:01:15
Összesen	08:59	50:12	17:04	36:14	08:46	02:02:35

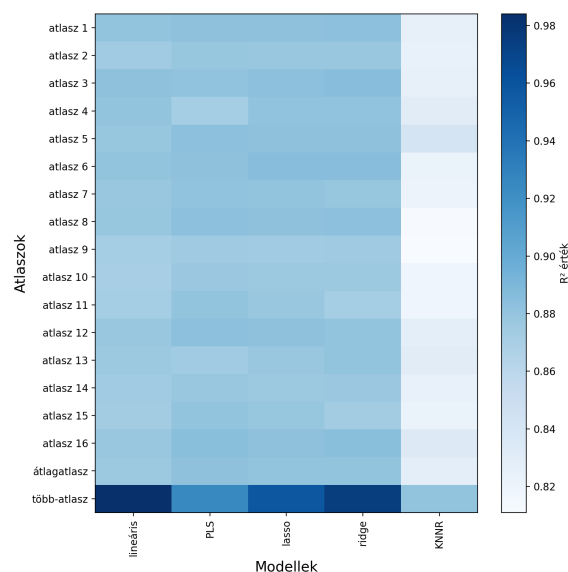
5. Eredmények és értékelésük

5.1. Nyulak CT- és vágási adatainak feldolgozásából származó eredmények

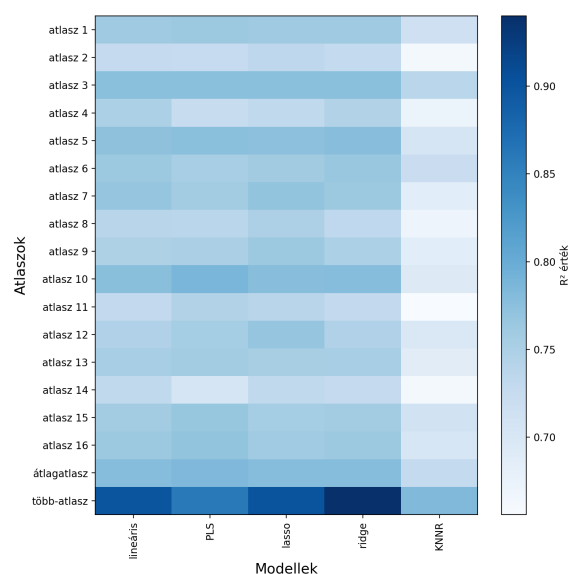
A Pannon Fehér nyulak átlagos élősúlya 2565 ± 204 gramm volt ($n = 170$). A próbavágás során mért MLD és bal hátsó végtag izmainak átlag súlya rendre 143 ± 16 g, 167 ± 14 g volt. A becslési eredményeket a 16 mellékletben található hat táblázat szemlélteti. Ezek a bal hátsó végtag izmainak (16.1, 16.2, 16.3) és az MLD (16.4, 16.5, 16.6) súlyának becslését célzó modellek keresztvalidációs eredményeit mutatják, jellemzőkiválasztással és anélkül. A jellemzőkiválasztással és az anélkül kapott modellteljesítmény (R^2) eredményeket Wilcoxon-féle előjeles rangösszeg próbával hasonlítottam össze (16.18., 16.19. táblázat).

A jellemzőkiválasztással készült modellek szinte minden esetben magasabb R^2 - és alacsonyabb RMSE-értéket adtak. Kivételt csupán a 13-as atlasz PLS modellje jelentett a bal hátsó végtagnál.

A több-atlaszos technika kiemelkedő eredményeket hozott jellemzőkiválasztással mindkét izomcsoport esetén, különösen a lasso, ridge és lineáris regresszióknál. Ezt jól szemlélteti a 5.1. ábra, amely kizárólag a jellemzőkiválasztással kapott keresztvalidációs R^2 értékek hőtérképét mutatja.



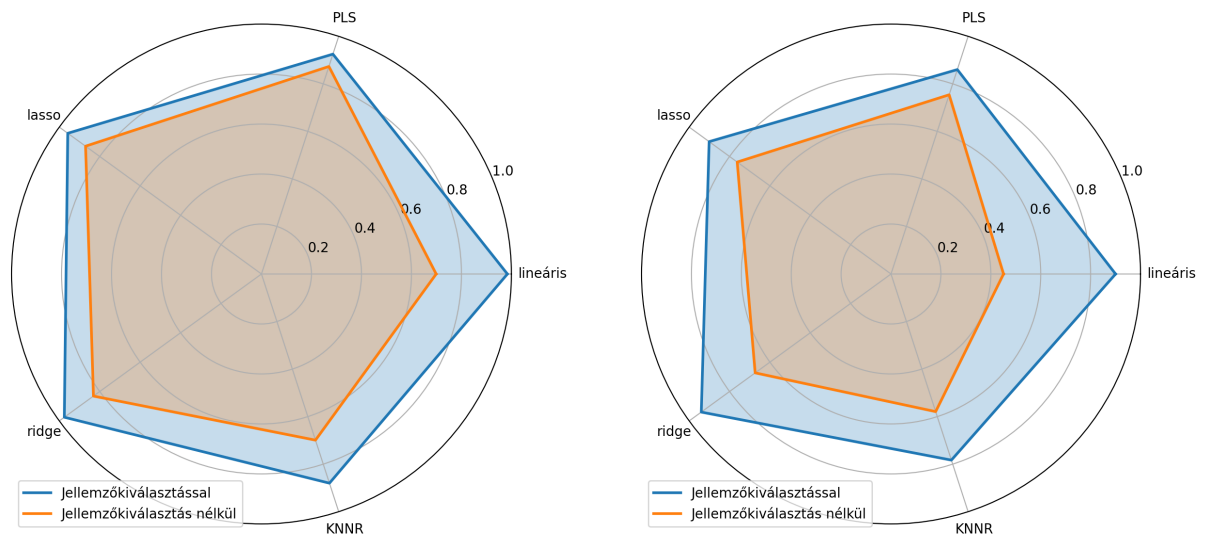
(a) Bal hátsó végtag izmai



(b) Hosszú hátizom

5.1. ábra. A regressziós modellek teljesítménye (R^2) a nyulak különböző izomcsoportjaira jellemzőkiválasztással.

A nem normál eloszlások miatt a típus (atlasz) szerinti összehasonlításnál Mann-Whitney U tesztet alkalmaztam. A típusok összehasonlítását csak a jellemzőkiválasztással kapott R^2 eredményekre végeztem el. Az egyszerűség kedvéért az átlagatlaszt az egyedi atlaszok közé soroltam, hiszen a változók számát illetően nem különbözik azoktól. Nyulak esetén, mindkét értékes húsrészre vonatkozóan, a tesztek nagyon erős szignifikáns ($p < 1,6 \times 10^{-6}$) eltérést mutatattak a több-atlasz és az egyes atlaszok között. Az egyes atlaszok közötti különbségek az esetek többségében nem bizonyultak szignifikánsnak, egyik atlaszról sem mondható el, hogy egyértelműen jobban vagy rosszabul teljesített volna a másiknál. A több-atlaszos megközelítés ezzel szemben minden regressziós technikánál statisztikailag igazoltan jobb eredményeket adott.



(a) Bal hátsó végtag izmai

(b) Hosszú hátizom

5.2. ábra. A regressziós modellek R^2 teljesítménye jellemzőkiválasztással és anélkül, a nyulak értékes izomcsoportjaira több-atlaszos megközelítéssel.

A többatlaszos megközelítéssel kapott eredményeket a 5.2 ábrán radardiagrammal szemléltetem. Jól látható, hogy minden regressziós modell esetén a jellemzőkiválasztás növelte a modellek teljesítményét (R^2) mindkét értékes húsrésznél. A legnagyobb javulást a lineáris regressziónál figyelhető meg, ami nem meglepő, hiszen sem ez a modell, sem a KNNR nem tartalmaz explicit regularizációt vagy dimenziócsökkentést. Utóbbi esetében a javulás mérsékelt maradt, mivel lokális, távolságalapú módszerként kevésbé érzékeny a fölösleges prediktorokra.

A jellemzőkiválasztás esetén kapott keresztvalidációs R^2 (16.1., 16.4. táblázat) és az R^2 értékek szórása (16.2., 16.5. táblázat) alapján a legstabilabb modellek a lasso, ridge és a

lineáris regressziók voltak, melyeket szorosan követett a PLS.

Jellemzőkiválasztás nélkül egyik modell sem nyújtott egyértelműen kiemelkedő teljesítményt. Érdekes, hogy jellemzőkiválasztás nélkül, a több-atlaszos megközelítésnél a jelentősen nagyobb változószám sem rontotta érzékelhetően a keresztvalidációs eredményeket, egyedül a lineáris regressziónál tapasztaltunk számottevőbb teljesítménycsökkenést.

A statisztikai próbák eredményei alátámasztották jellemzőkiválasztás szükségességét nagy számú változó esetén.

A Wilcoxon-féle előjeles rangösszeg próba alapján mindkét esetben (bal hátsó végtag izmai, MLD) az alábbi néhány kivételtől eltekintve a jellemzőkiválasztással alkalmazott regressziók teljesítettek szignifikánsan jobban teljesítettek, mint a jellemzőkiválasztás nélküli regressziós modellek. Kivételek:

- bal hátsó végtag izmainál: PLS regressziónál a 13-as atlasznál, ridge regressziónál a 11-es atlasznál;
- MLD-nél: a lineáris, ridge és lasso regressziónál a 10-es atlasznál.

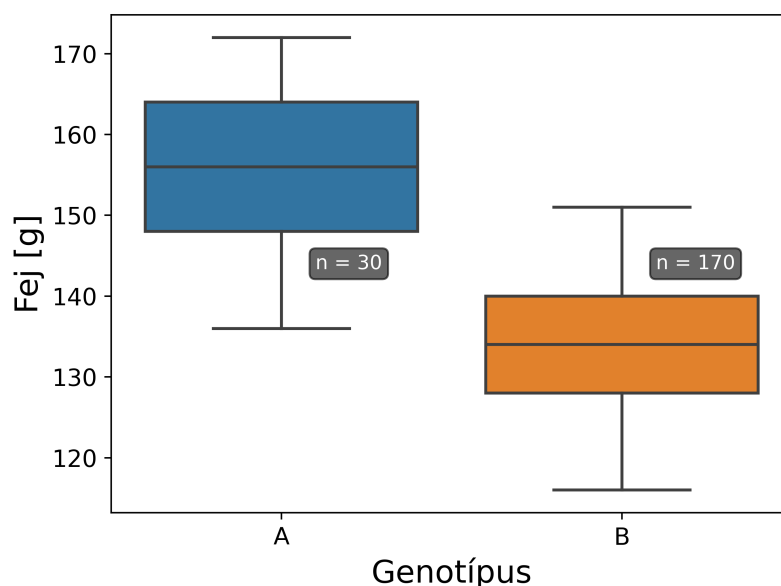
A kivételek esetében ugyan nem mutatkozott statisztikailag szignifikáns különbség, azonban a jellemzőkiválasztással elért R^2 -értékek minden esetben magasabbak, mint a jellemzőkiválasztás nélküli modelleknél — egyetlen kivétellel, a már említett PLS regressziónál a 13-as atlasz teljesítménye.

A 10-es sorszámú atlasz különösen figyelemre méltó, mivel a jellemzőkiválasztás során a több-atlaszos eljárás kivül minden atlasznál minden regressziós modellnél magasabb R^2 -értékeket eredményezett – a PLS kivételével —, ez az atlasz a kiemelkedő prediktív teljesítményére utal.

A több-atlaszos módszereknél kapott p-értékek több nagyságrenddel kisebbek voltak, mint az egyedi vagy átlagatlaszokon alapuló megközelítésekénél. Ez nemcsak a módszer jobb prediktív teljesítményét igazolja, hanem alátámasztja, hogy a nagy mennyiségű adatgyűjtés és azok célzott szelekciója hatékonyan alkalmazható a súlybecslés problémakörének megbízható megoldására.

5.1.1. Nyúlfej adatok feldolgozása

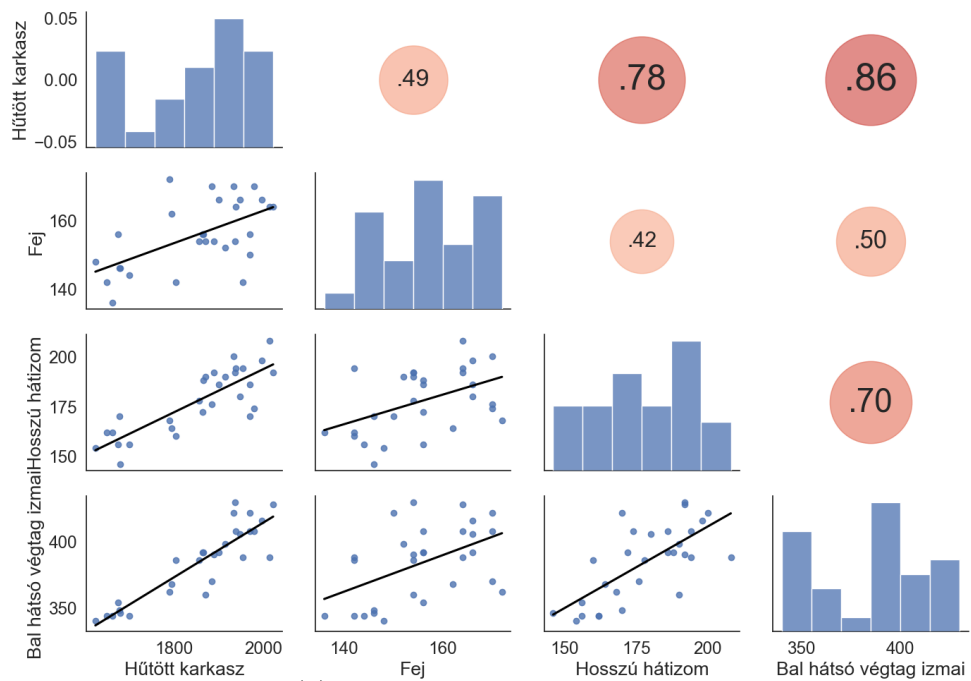
A két különböző genotípusú nyúl fejének tömegére vonatkozó alapstatisztikai mutatókat tekintve az A genotípusú nyulak nyulak feje nagyobb átlagos tömeget (155,9 g) és szórást (10,1 g) mutat, mint a B genotípusúaké (átlag: 134,1 g; szórás: 8,1 g). A minimum és maximum értékek szintén magasabbak voltak az A csoportban. Az 5.3. ábra a két genotípushoz tartozó fejsúlyértékek eloszlását szemlélteti boxplot formájában. Az ábra vizuálisan is megerősíti, hogy az A genotípusú állományra magasabb fejsúlyértékek és nagyobb szórás jellemző. Az élősúly tekintetében az A genotípusú nyulak átlagos értéke 3097 ± 199 g, míg a B genotípusúaké 2565 ± 204 g volt.



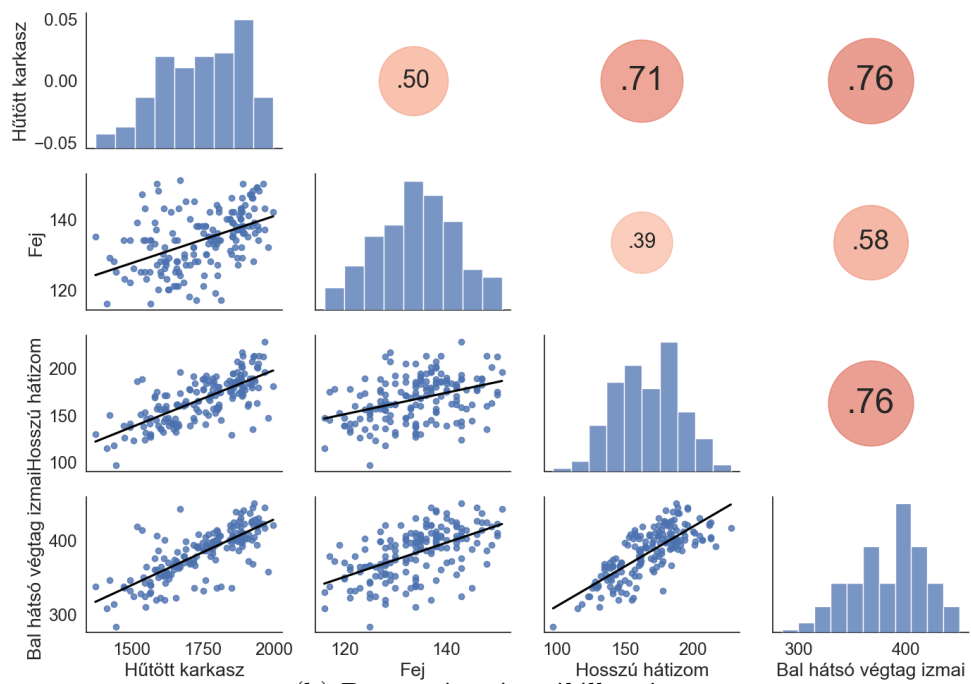
5.3. ábra. Nyúlfejek súlyának boxplot ábrázolása genotípus szerint

Mindkét állomány esetén korreláció elemzéssel vizsgáltam a nyúlfej, a hűtött karkasz és a szelekció szempontjából fontosabb testrészek súlya közötti kapcsolatot. A kapott eredményeket az 5.4. ábra szemlélteti. Az A állományban (5.4a.) a fej súlya valamennyi vizsgált testrész súlyával közepes erősségű korrelációt mutatott. Az értékes húsrészek (hátsó végtag izmai, MLD) és a hűtött karkasz súlya között szoros összefüggés volt megfigyelhető.

A B állomány (5.4b.) esetében a fej és az MLD súlya között csupán gyenge korrelációt tapasztaltunk, míg a többi változóval a fej közepes korrelációt mutatott. Hasonlóan az A állományhoz, a B állomány esetében is magas korreláció volt jellemző az értékes húsrészek és a hűtött karkasz súlya között.



(a) A genotípusú nyúlállomány

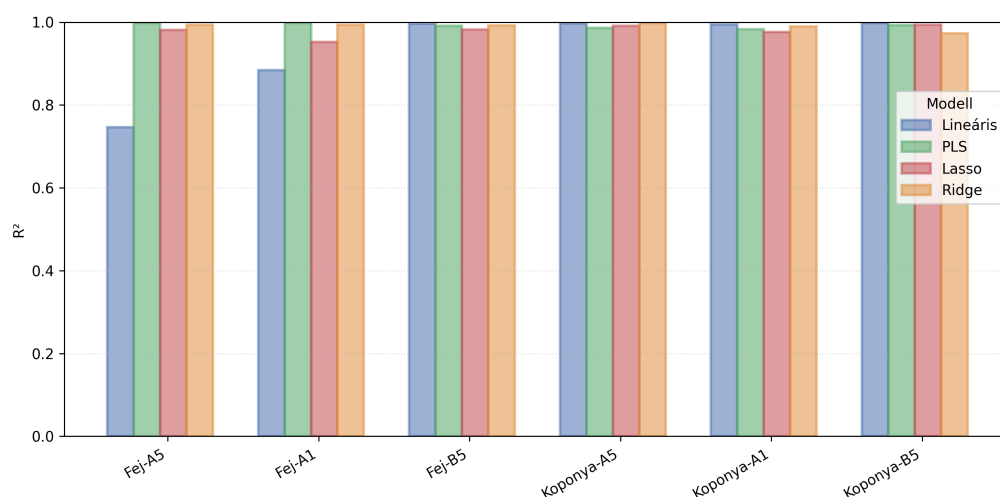


(b) B genotípusú nyúlállomány

5.4. ábra. Az egyes testrészek súlya közötti korrelációk az A és B genotípusú nyúlállományban.

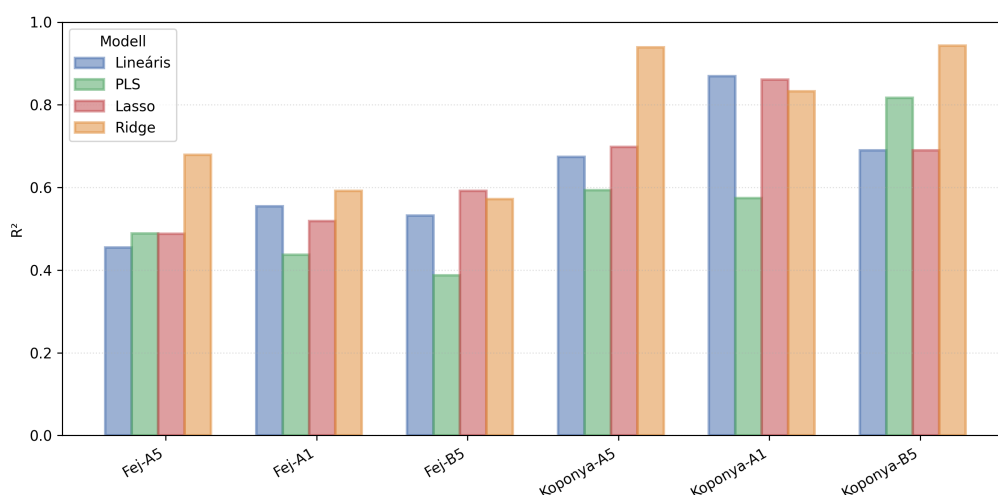
A főatlóban az egyes változók eloszlása, a felső háromszögben a változók közötti korrelációs együtthatók (Spearman), míg az alsó háromszögben a páronkénti összefüggések szórásdiagramjai láthatók a tényleges értékekkel (grammban).

A nyúlfejeknél kizárólag a jellemzőkiválasztással, paraméteres regressziós modellekkel kapott keresztvalidációs R^2 (16.9. táblázat) és $RMSE$ (16.11. táblázat) értékeket közlöm mindkét genotípus esetében. A könnyebb áttekinthetőség kedvéért a két állomány becslésére kapott eredményeket két külön csoportos oszlopdiaagrammal ábrázoltam (5.5., 5.6. ábra). Az A állománynál (5.5. ábra) a fej- és koponyaszegmentumok regressziós modelljeinek eredményeit összehasonlítva megállapítható, hogy az A5 és az A1 módszerrel készült koponyaszegmentumok a lineáris regresszió esetén jobban teljesítettek. Emellett az A1 módszernél a lasso regresszió a fej szegmentumnál esetén minimálisan gyengébb eredményt adott. Minden más esetben a két szegmentum eredményei közel azonosak voltak a különböző regressziós módszereknél. A B5 volt az egyetlen módszer, amelynél mindkét szegmentum minden regressziós eljárásnál azonos, és emellett magas teljesítményt nyújtott. A ridge, PLS és regressziók nyújtották a legmegbízhatóbb eredményeket mind a fej-, mind a koponyaszegmentumokra vonatkozóan, az alkalmazott szegmentációs módszertől (A1, A5, B5) függetlenül.



5.5. ábra. **Nyúlfejek súlyát** becsülő regressziós modellek teljesítménye (R^2) jellemzőkiválasztással, fej- és koponyaszegmentumok felhasználásával az **A** nyúlállománynál.

A B állománynál (5.6. ábra) a koponyaszegmentumok minden modellnél magasabb R^2 értékeket eredményeztek, mint a fej szegmentumok. Kiemelhető a ridge regresszió, amely mindhárom szegmentációs módszerrel (A1, A5, B5) stabil, magas teljesítményt mutatott. Több regressziós modellnél is előfordult, hogy a keresztvalidációs hiba ($RMSE$) nem haladta meg az 1 grammot valamennyi alkalmazott szegmentációs módszernél (A1, A5, B5). A fejnél ez a ridge és a PLS, míg a koponya esetében a lineáris regressziónál volt megfigyelhető.



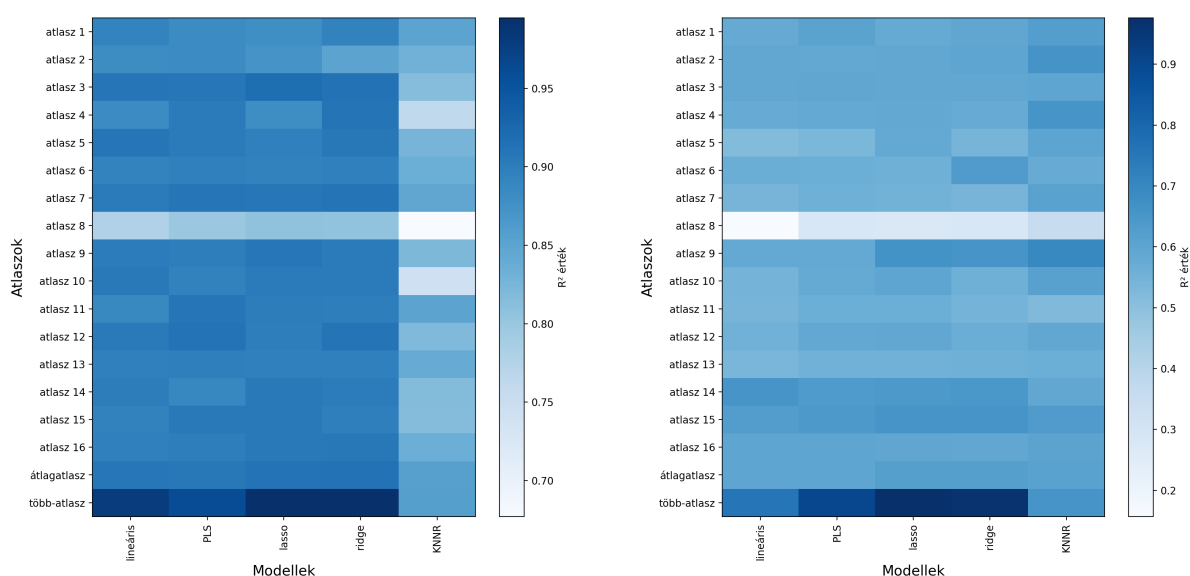
5.6. ábra. **Nyúlfejek súlyát** becsülő regressziós modellek teljesítménye (R^2) jellemzőkiválasztással, fej- és koponyaszegmentumok felhasználásával az **B** nyúlállományánál.

Az A genotípusú állatok szegmentált maszkjait a B genotípusú állományon is felhasználtuk és fordítva, ezért kombinálódik a két genotípus a 16.9., 16.10., 16.11. táblázatokban. Több esetben is váratlan eredményt tapasztaltunk, mert az ellenkező genotípuson használt szegmentumokkal gyűjtött jellemzők jobb eredményt hoztak. Tételens felsorolva ezek a következők voltak:

- A állomány fej súlyának predikciós modelljeinek teljesítményét nézve:
 - B5 fejszegmentumnál a lasso regresszió
 - B5 koponya szegmentumnál a lineáris, a PLS, és a lasso regressziók
- B állomány fej súlyának predikciós modelljeinek teljesítményét nézve:
 - A1 fejszegmentumnál a lineáris regresszió
 - A5 fejszegmentumnál a lasso regresszió
 - A1 koponya szegmentumnál a lineáris, és a lasso regressziók

5.2. Broiler csirkék CT- és vágási adatainak feldolgozásából származó eredmények

A broiler csirkék átlagos élősúlya 2560 ± 400 g volt. A próbavágás során a bal comb és a mell átlag súlya rendre 90 ± 19 g és 337 ± 58 g volt. A becslési eredményeket összesen hat táblázatban foglaltam össze. Ezek a mellizom (16.12., 16.14., 16.13. táblázat) és a bal combizom (16.15., 16.17., 16.16. táblázat) súlyának becslésére szolgáló modellek keresztvalidáció alkalmazásával kapott eredményeit tartalmazzák, jellemzőkiválasztással és anélkül, különböző atlasztípusok – több-atlaszos, egyedi, illetve átlagatlasz – szerint.



(a) Bal hátsó végtag izmai

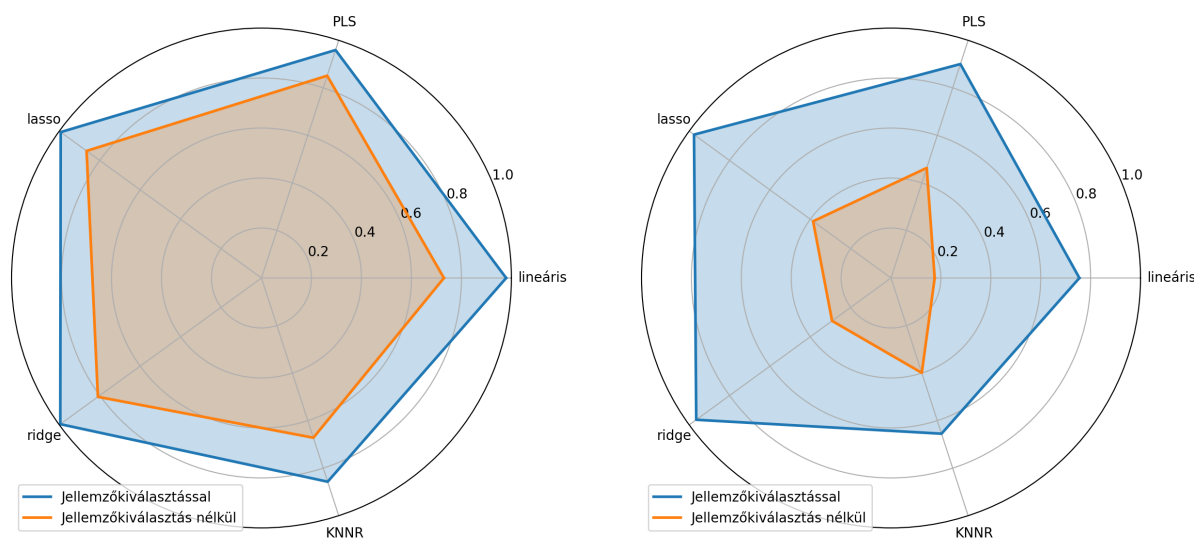
(b) Hosszú hátizom

5.7. ábra. A regressziós modellek teljesítménye (R^2) a broiler csirkék különböző izomcsoportjaira jellemzőkiválasztással.

Mind a comb-, mind a mellizomnál a jellemzőkiválasztással készült modellek magasabb R^2 - és alacsonyabb RMSE értékeket adtak (16.15., 16.12., 16.17., 16.14. táblázat), mint a jellemzőkiválasztás nélküli modellek. A több-atlaszos megközelítés különösen a jellemzőkiválasztással kombinálva hozott kiemelkedő eredményeket, kivételt képez ez alól a bal combizomnál a KNNR regresszió. A kizárólag jellemzőkiválasztással kapott keresztvalidációs R^2 értékeket szemlélteti az 5.1. ábra hőterkép diagrammon, amellyen jól látható, hogy a lasso és ridge regressziók teljesítettek a legjobban mindkét izomcsoport esetén. Észrevehető, hogy mindkét izomcsoportnál a 8. atlasz gyengén teljesített. Az alkalmazott Mann-Whitney U-teszt is szignifikáns különbséget mutatott a 8. atlasz R^2 értékei és a többi atlasz eredményei között minden regresszió esetében ($p < 0.003$). A mellizom-

nál még a gyengébben teljesítő (egyedi atlaszok, átlagatlasz) modellek is megközelítik a több-atlaszos módszerek teljesítményét. Ugyanakkor a 16.13. táblázatban szereplő teljesítménymutatók szórása (R^2 szórás) alapján jól látható, hogy a több-atlaszos megközelítés lényegesen alacsonyabb szórásértékeket eredményezett. A modelteljesítmény tekintetében kiváló ridge és lasso regressziók mellett a lineáris és a PLS modellek is alacsony R^2 szórásértékeket mutattak, amely a modellek stabilitását és megbízhatóságát támasztja alá. A R^2 szórásértékek a bal combizomnál is hasonló eredményeket mutatattak.

A több-atlaszos megközelítéssel kapott eredményeket az 5.8. ábrán látható radar diagrammal szemléltettem, amelyen jól látszik, hogy minden regressziós modell esetén a jellemzőkiválasztással a modellek teljesítménye (R^2) minden esetben magasabb, mint anélkül mindkét értékes húsrésznél. A jellemzőkiválasztás a lineáris regressziónál hozta a legnagyobb javulást, ami nem meglepő, hiszen nem tartalmaz explicit regularizációt vagy dimenziócsökkentést. Ugyanez igaz a KNNR-re is, de ez esetben a javulás mérsékelt maradt, mivel lokális, távolságalapú módszerként kevésbé érzékeny a fölösleges prediktorokra.



(a) Bal hátsó végtag izmai

(b) Hosszú hátizom

5.8. ábra. A regressziós modellek R^2 teljesítménye jellemzőkiválasztással és anélkül, a nyulak értékes izomcsoportjaira több-atlaszos megközelítéssel.

A jellemzőkiválasztással és anélkül kapott keresztvalidációs R^2 értékeket Wilcoxon-féle előjeles rangösszeg próbával hasonlítottam össze (16.18., 16.19. táblázat), amely szinte minden esetben szignifikáns eltérést mutatott, a jellemzőkiválasztás javára. A több-atlaszos módszereknél a p-értékek több nagyságrenddel kisebbek – kivéve a KNNR-t – voltak, mint a többi (egy atlasz, átlagatlasz) esetben. Ez arra utal, hogy a módszer nem-

csak jobb teljesítményt eredményezett, hanem a különbségek statisztikai stabilitása is erősebb.

A broiler csirkék Mann-Whitney U teszttel kapott eredményeknél a nyulaknál megfigyelhető tendenciát tapasztaltunk, kivéve a **KNNR** regressziót, ahol több esetben nem mutatkozott szignifikáns eltérés a több-atlasz és az egyes atlaszok teljesítménye között. Ezzel szemben a többi regressziós módszernél (lineáris, ridge, lasso, **PLS**) nagyon erős ($p < 1,2 \times 10^{-14}$), szignifikáns előnyt jelentett a több-atlasz használata az egyatlaszos, kevesebb jellemzőre épülő modellekkel szemben.

5.3. Sertés karkaszok CT- és vágási adatainak feldolgozásából kapott eredmények

A sertés félkarkasz ($n = 48$), valamint annak főbb darabolt részeinek mért súlyaihoz és az **LMP**-hez kapcsolódó alapstatisztikai jellemzőket az 5.1. táblázat foglalja össze. Az adatok alapján megállapítható, hogy az egyes húsrészek súlya jelentős tartományban változik, ami a karkasz és darabolt részek súlyában megfigyelhető egyedi különbségekre utal.

5.1. táblázat. Sertések bontott részeinek alapstatisztikai mutatói

Mutató	Az egyes bontott részek és LMP					
	comb [g]	karaj [g]	oldalal [g]	lapocka [g]	karkasz [g]	LMP [%]
Minimum	6090	4103	2481	3747	26199	49,8
Maximum	11898	9094	4929	7186	50562	60,3
Átlag	9849	7006	3837	5873	40579	55,9
Szórás	1234	1079	567	731	4873	2,5

Az 5.2. táblázat alapján a lasso regresszió valamennyi darabolt húsrésznél magas R^2 értékeket eredményezett (pl. comb: 0,993; lapocka: 0,996), amelyek alacsony RMSE értékekkel párosultak (comb: 96 g; lapocka: 41 g), ez pedig a modell jó illeszkedését jelenti. A lineáris, ridge és **PLS** modellek szintén stabil teljesítményt mutatnak, azonban jellemzően valamivel nagyobb hibaértékekkel. A **KNNR** modell minden esetben gyengébben teljesített, alacsonyabb R^2 és magasabb RMSE értékekkel.

Az **LMP** esetében – ugyanúgy, mint a darabolt részeknél – a paraméteres regressziós modellek jobban teljesítettek, mint a nemparaméteres **KNNR** regresszió. A paraméteres

modellek közül kiemelkedik a ridge regresszió, amely $R^2 = 0,996$ értéket ért el. Emellett ez a modell bizonyult a legstabilabbnak is, mindössze 0,01 R^2 szórásértékkel (5.3. táblázat).

Az 5.3. táblázat alapján a lasso regresszió több esetben alacsony R^2 szórást mutatott (pl. comb: 0,0284; lapocka: 0,0308), ami a modell eredményeinek stabilitására utal. Ugyanakkor nem minden húsrésznél ez a regresszió bizonyult a legstabilabbnak: az oldalas és a félkarkasz súlyának becslésénél a ridge regresszió, míg a karajnál a lineáris regresszió rendelkezett a legalacsonyabb szórással. A KNNR modell jellemzően a legnagyobb szórásértékeket adta. Az eredmények alapján a karaj súlya becsülhető a legkevésbé megbízható módon, mivel e testrésznél mutatkozik a legnagyobb szórás az egyes modelleknél.

5.2. táblázat. **Sertések bontott részeinek** súlyát becslő regressziós modellek teljesítménye (R^2 , $RMSE$) jellemzőkiválasztás alkalmazásával.

Darabolt egység	R^2				RMSE (g)				
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	KNNR
comb	0,982	0,981	0,993	0,981	0,917	150	154	96	155
karaj	0,952	0,950	0,958	0,950	0,884	218	223	205	224
oldalás	0,969	0,939	0,944	0,980	0,916	95	133	128	77
lapocka	0,986	0,970	0,996	0,987	0,846	78	115	41	77
karkasz	0,9973	0,9975	0,9973	0,9973	0,9707	250	241	251	250
LMP	0,981	0,977	0,975	0,977	0,890	0,35	0,38	0,40	0,38

Megjegyzés: Az R^2 és $RMSE$ értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

5.3. táblázat. **Sertések bontott testrészeinek** súlyát becslő regressziós modellek teljesítményének szórása (R^2 értékek szórása) jellemzőkiválasztás mellett, 10-fold 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazása alapján.

Rész	lineáris				PLS				lasso				ridge				KNNR			
comb	0,07				0,05				0,03				0,08				0,21			
karaj	0,48				0,59				0,58				0,62				1,50			
oldalás	0,25				0,55				0,38				0,16				0,51			
lapocka	0,10				0,18				0,03				0,13				0,79			
karkasz	0,02				0,01				0,02				0,02				0,09			
LMP	0,04				0,07				0,07				0,09				0,27			

5.4. Az atlaszok számának hatása a predikciós teljesítményre

A nyulak és broiler csirkék értékes húsrészeinek predikciós teljesítményét vizsgáltam az atlaszok számának függvényében, azzal a céllal, hogy meghatározzam, miként befolyásolja az atlaszok mennyisége a modellek pontosságát. A nyulaknál (5.1. fejezet) és a csirkéknél (5.1. fejezet) kapott eredmények alapján a regressziós módszerek közül a ridge és lasso modellek bizonyultak a legstabilabbnak, közülük a ridge regressziót választottam az atlaszszám hatásának vizsgálatához.

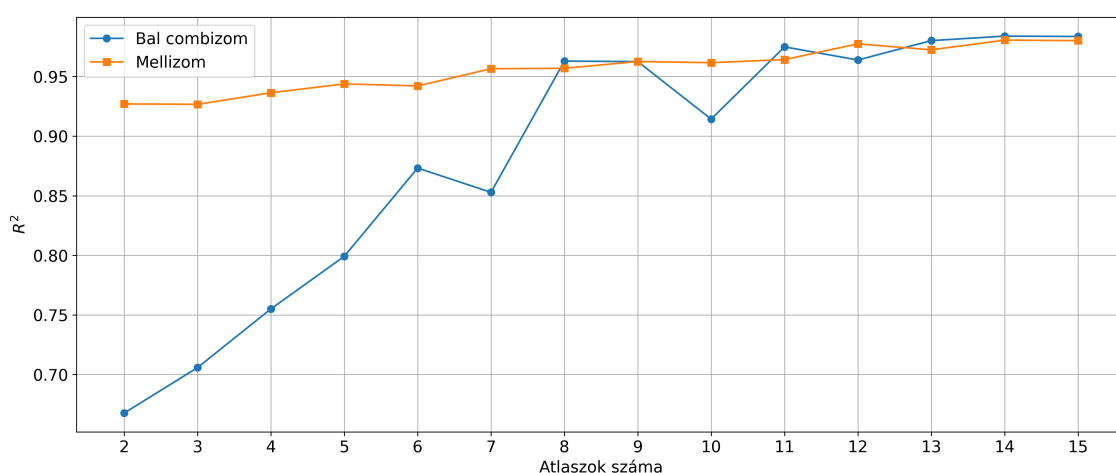
Az 5.9., az 5.10. és az 5.11. ábrák a broiler csirkék esetében szemléltetik a ridge regressziós modellek teljesítményének (R^2) és a teljesítmények szórásának változását az atlaszok számának függvényében, a combizom- és mellizomsúlyának becslésére vonatkozóan. A hozzájuk kapcsolódó futási időket az 5.12. ábra mutatja be. A csirkéknél, és a nyulaknál minden egyes atlaszszám esetén a 16 elérhető atlasz közül véletlenszerűen választottam ki a felhasználásra kerülőket, minden esetben 10 ismétlést hajtottam végre. Az ismétlések során ugyanaz az atlaszkombináció (függetlenül a sorrendtől) nem fordulhatott elő többször.

Az 5.13., az 5.14. és az 5.15. ábrák a nyulak értékes húsrészeire (bal hátsó végtag izmai, MLD) épülő ridge regressziós modellek teljesítményének (R^2) és teljesítményszórásának változását mutatják az atlaszok számának növekedésével. Az eredmények jellemzőkiválasztás alkalmazásával készültek. Az 5.16. ábra a modellillesztéshez szükséges futási időket szemlélteti.

A csirkék bal combizmainál az átlagolt R^2 érték alacsonyabb szintről indul ($\sim 0,67$), de gyors ütemben emelkedik, és 10–12 atlaszszámtól közelíti a mellizomhoz hasonló szintet ($\sim 0,97$) (5.9. ábra). A mellizom becslése már alacsony atlaszszám mellett is magas R^2 értéket mutat ($\sim 0,93$ körül), és az érték enyhe növekedést követően 10 atlasz körül stabilizálódik (5.9.). A hiba mértéke csökken mindkét izom (bal comb, mell) esetén az atlaszok számának növelésével (5.11. ábra). A legnagyobb javulás a combizomnál figyelhető meg, a mellizomnál a javulás fokozatosabb, stabilan csökken. A prediktív eredmények szórása is csökken mindkét húsrész esetén az atlaszszám növekedésével (5.11.). A combizomnál kezdetben magasabb szórás figyelhető meg, de 8–10 atlasz után hasonlóan alacsony szintre esik vissza, mint a mellizomnál. Az átlagos futási idő exponenciálisan nő az atlaszok számának növekedésével, ezt az illesztett görbe is alátámasztja ($R^2 = 0,995$) (5.12. ábra).

A nyulak bal hátsó végtag izmainál az R^2 érték 0,88 körül indul, és fokozatosan emelkedik,

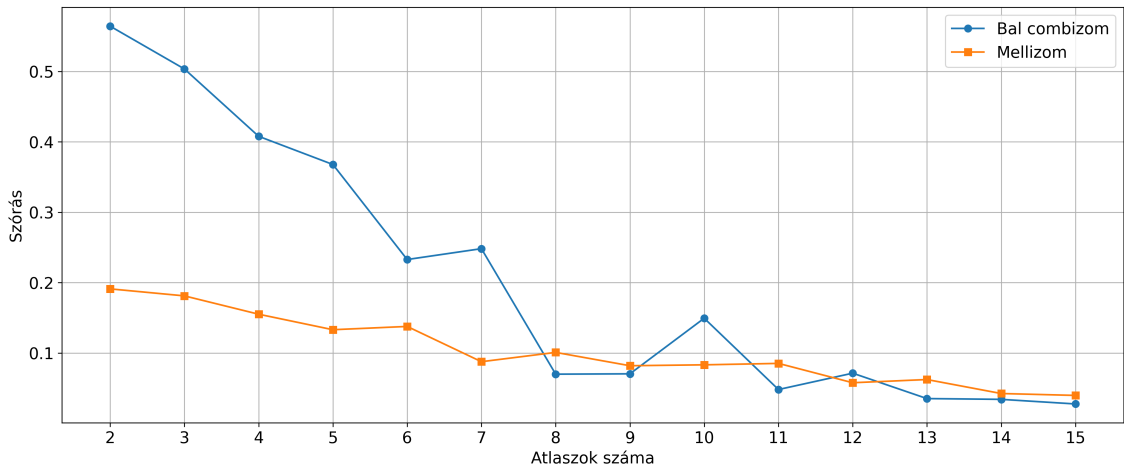
15 atlasznál $\sim 0,97$ (5.13. ábra). Az MLD esetén az R^2 érték alacsonyabb szintről ($\sim 0,78$) indul, és lassabban emelkedik ($\sim 0,93$ körül zárul). Mindkét húsrész (bal hátsó végtag, MLD) esetén csökken az RMSE az atlaszok számának növekedésével (5.15. ábra). Az MLD-nél nagyobb a kezdeti hiba, és a javulás üteme is egyenletesebb. A bal hátsó végtag izmainál a szórás alacsony szintről indul ($\sim 0,07$), és 15 atlasznál 0,03 körüli értékre csökken (5.14. ábra). Az MLD-nél a szórás kezdetben magasabb ($\sim 0,13$), de a tendencia itt is egyenletes csökkenést mutat. A nyulaknál a futási idő kvadratikus jellegű növekedést mutat ($R^2 = 0,971$), de az emelkedés üteme lassabb, mint a csirkéknél (5.16. ábra). A 2 atlaszos futás ~ 4 percig tart, míg 15 atlasznál ~ 27 perc körüli az időigény.



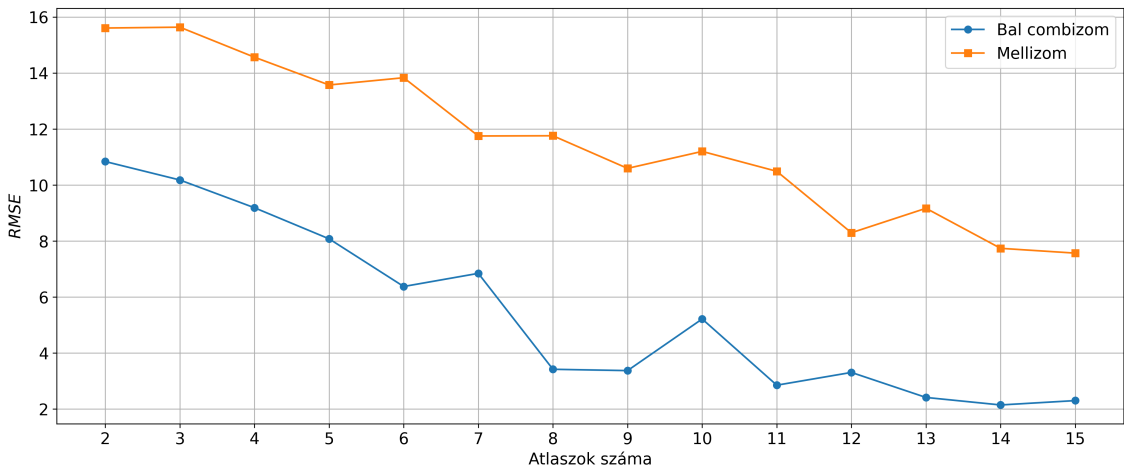
5.9. ábra. Broiler csirkék értékes húsrészeinek (**combizom**, **mellizom**) súlyát becsülő ridge regressziós modellek teljesítményének (R^2) változása jellemzőkiválasztással, az atlaszok számának függvényében.

5.5. Eredmények értékelése

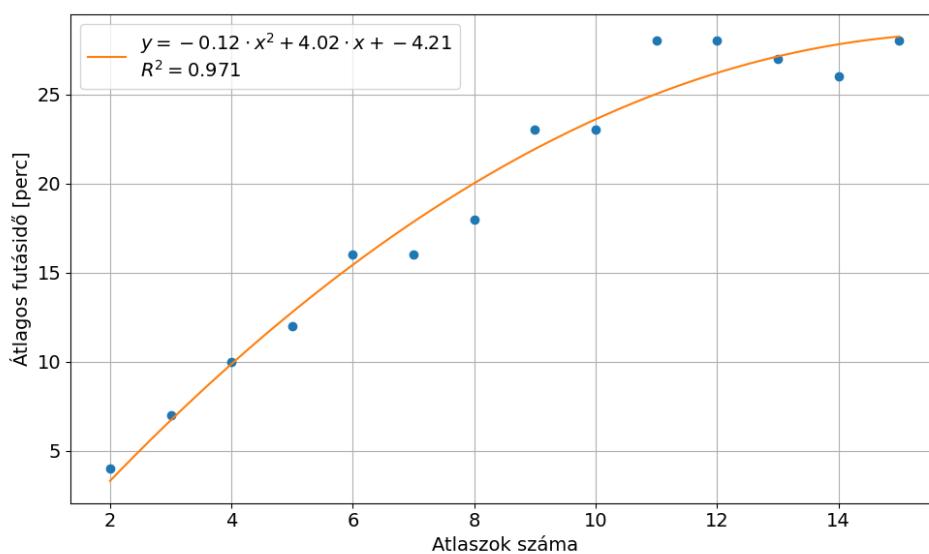
A vizsgálatok alapján egyértelműen megállapítható, hogy a jellemzőkiválasztás jelentősen javította a regressziós modellek teljesítményét, különösen a több-atlasz alkalmazása miatt megnövekedett bemeneti változószámnak köszönhetően. Az alkalmazott regressziós módszerek – például a lasso (L1-regularizáció), a ridge (L2-regularizáció) vagy a PLS – képesek kezelni a magas dimenziót regularizáció, változószelekció, illetve dimenziócsökkentés révén. A lasso automatikusan lenullázza a kevésbé releváns jellemzők súlyait, a ridge csökkenti, de megtartja azokat, míg a PLS ténylegesen dimenziócsökkentéssel oldja meg a prediktorok közötti korreláció problémáját. Nagy számú bemeneti változó esetén – mint amilyen a több-atlaszos megközelítés – ezek a módszerek sem bizonyulnak elegendőnek, ezért célszerű sztochasztikus keresési algoritmusokat, például genetikus algoritmu-



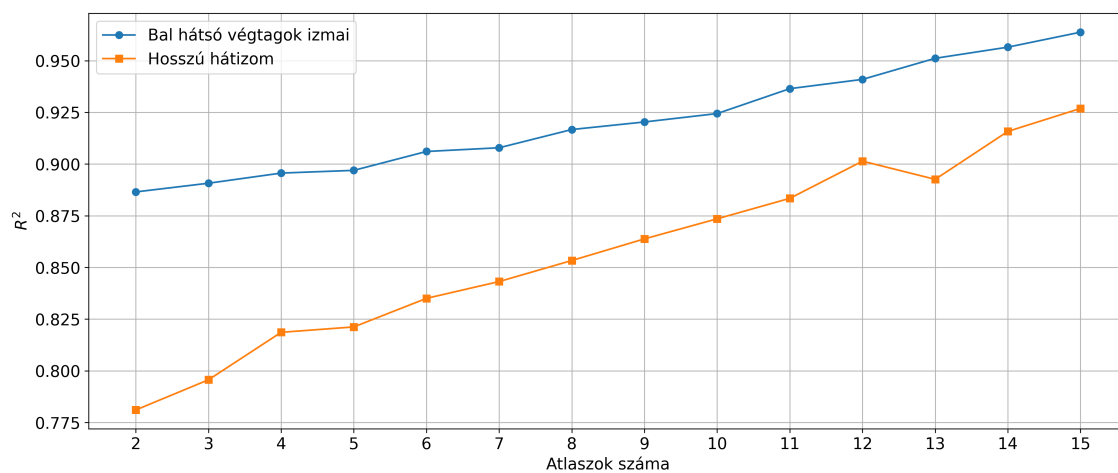
5.10. ábra. Broiler csirkék értékes húsrészeinek (**combizom, mellizom**) súlyát becslő ridge regressziós modellek teljesítményszórásának (R^2 szórás) változása jellemzőkiválasztással, az atlaszok számának függvényében.



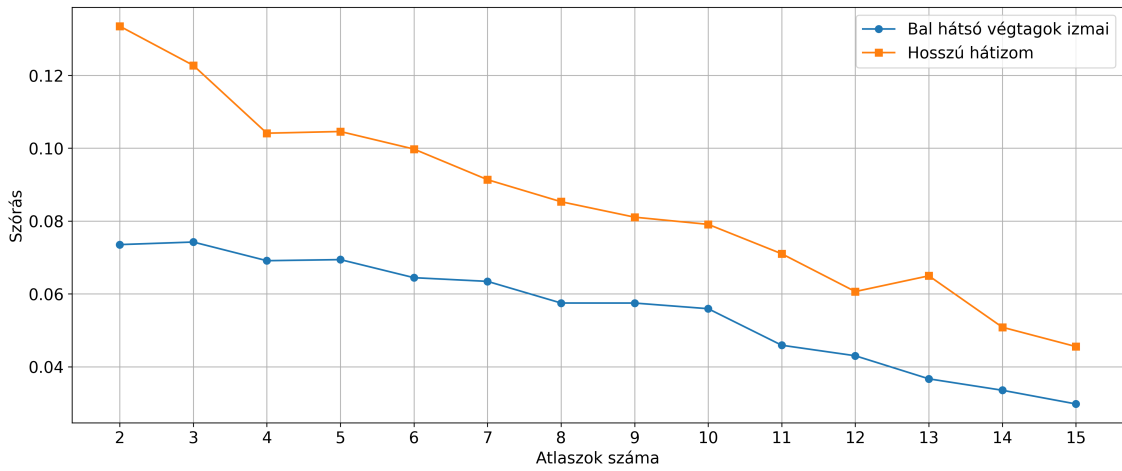
5.11. ábra. Broiler csirkék értékes húsrészeinek (**combizom, mellizom**) súlyát becslő ridge regressziós modellek teljesítményének (RMSE) változása jellemzőkiválasztással, az atlaszok számának függvényében.



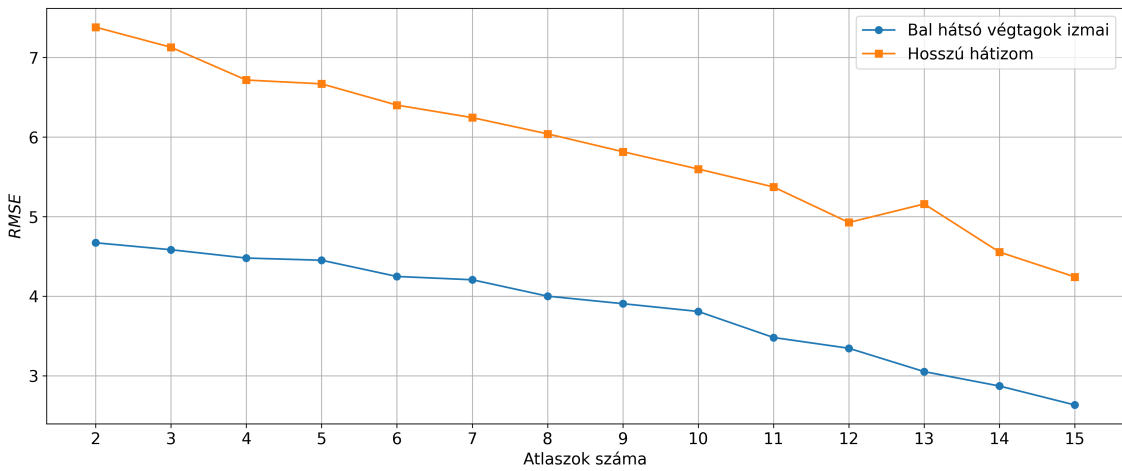
5.12. ábra. A broiler csirkék értékes húsrészeinek becslésére szolgáló ridge regressziós modellek **futási ideje** az atlaszok számának növekedésével.



5.13. ábra. Nyulak értékes húsrészeinek (**bal hátsó végtag izmai, MLD**) súlyát becslő ridge regressziós modellek teljesítményének (R^2) változása jellemzőkiválasztással, az atlaszok számának függvényében.



5.14. ábra. Nyulak értékes húsrészeinek (**bal hátsó végtag izmai, MLD**) súlyát becslő ridge regressziós modellek teljesítményszórásának (**R² szórás**) változása jellemzőkiválasztással, az atlaszok számának függvényében.



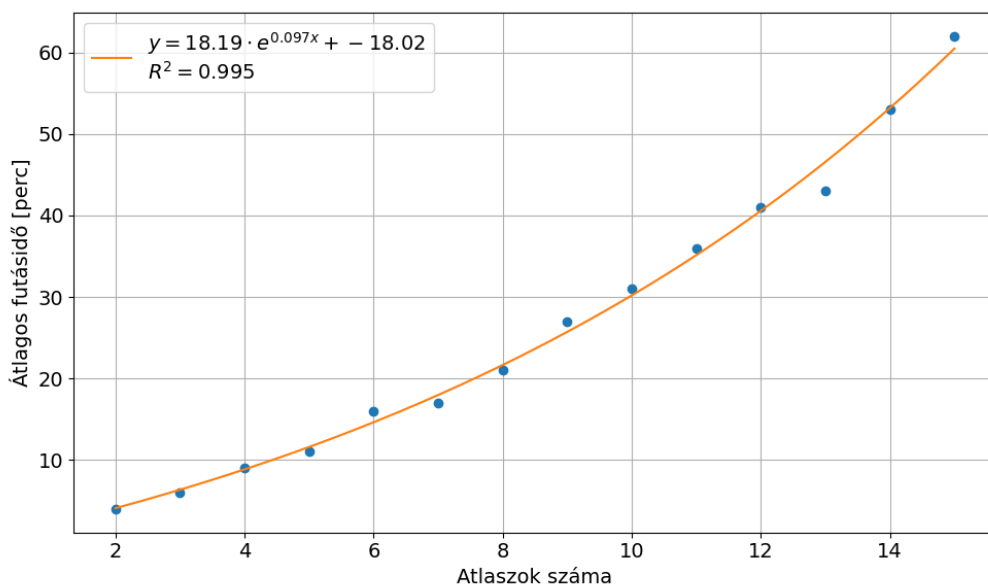
5.15. ábra. Nyulak értékes húsrészeinek (**bal hátsó végtag izmai, MLD**) súlyát becslő ridge regressziós modellek teljesítményének (**RMSE**) változása jellemzőkiválasztással, az atlaszok számának függvényében.

sokat vagy szimulált hűtést alkalmazni a megfelelő leíró egyenlet megtalálása érdekében. A magas dimenziókat önmagukban is jól kezelő regressziós modellek sztochasztikus jellemzőszűrővel kombinálva még hatékonyabbá válhatnak, mivel így tovább növelhető a prediktív teljesítmény és a modell robusztussága. Ezt jól szemlélteti a nyulaknál az MLD izom becslése, ahol a lineáris regresszió R^2 értéke 0,451 volt, míg L2 regularizációval és jellemzőkiválasztással kombinálva 0,94-re emelkedett. Ez a megközelítés ugyanakkor számos esetben jelentősen (akár több százszorosára is) megnövelheti a számítási időt. Jellemzőkiválasztásra már 10–50 változó esetén is érdemes figyelmet fordítani, 50 fölött pedig kifejezetten ajánlott alkalmazni, különösen alacsony mintaszám mellett.

A tapasztalatok azt mutatták, hogy a több-atlaszos megközelítések szinte minden esetben felülmúlták az egyedi vagy átlagatlaszokon alapuló modelleket nemcsak a predikciós pontosság (magasabb R^2 , alacsonyabb RMSE), hanem a stabilitás (alacsonyabb szórás) szempontjából is. Ez alátámasztja, hogy előnyös stratégia a nagy számú bemeneti jellemző, amennyiben azt megfelelő jellemzőkiválasztás követ, amely képes kiszűrni a redundáns vagy zajos változókat. A regressziós módszerek közül a lasso és ridge modellek nyújtották a legkiegyensúlyozottabb és legmegbízhatóbb teljesítményt, míg a KNNR regresszió minden vizsgált faj és izomrégió esetében gyengébben szerepelt, jellemzően alacsonyabb predikciós pontossággal és nagyobb szórással. Ennek alapján a KNNR modell nem tekinthető alkalmasnak az adott predikciós feladatra.

Az alábbi táblázat (5.4. táblázat) az egyik legstabilabb teljesítményt nyújtó ridge regressziós modellek eredményeit foglalja össze, kiegészítve egy fontos mutatóval: a relatív négyzetes középhibával (Relative Root Mean Square Error - RRMSE). A legtöbb esetben az R^2 értékek nagyon magasak, ami arra utal, hogy a modellek jól magyarázzák a súlyadatok varianciájának nagy részét, azaz erős prediktív képességgel rendelkeznek.

A nyúlfejvizsgálatoknál, mivel két különböző genotípusú nyúlállományról van szó, adott volt a lehetőség arra, hogy az egyik genotípuson elkészített szegmentációkat a másik, genotípusú állományon alkalmazzuk. Módszerünk robusztusságát mutatja, hogy az eltérő genotípusokon alkalmazott maszkok is jól működtek sőt, néhány esetben még jobban is teljesítettek, habár a különbség jellemzően minimális volt. Az A állománynál lényegesen jobb eredmények születtek az összes regressziós modellnél, a B állománynál kapott eredményekhez képest. Ez azzal magyarázható, hogy az A állomány vizsgálata során az elülső és hátulsó végtagok rögzítése mellett a fej is rögzítve lett hevederekkel, míg a B állomány esetében a fejek nem voltak rögzítve, így az állat szabadon bármilyen pozícióba helyezhette azt a felvételek során. Ezek alapján megállapítható, hogy a módszer működése igényli a szisztematikus és standardizált vizsgálati körülményeket, amit minden új faj vagy becslé-



5.16. ábra. Nyulak értékes húsrészeinek becslésére szolgáló ridge regressziós modellek futási ideje az atlaszok számának növekedésével.

5.4. táblázat. Szegmentált testrészek súlyának becslési pontossága ridge regresszió alkalmazása esetén (összegző táblázat)

Állatfaj	Szegmentum	Becsült rész	Átlag	Szórás	R ²	RMSE	RRMSE [%]
csirke	mellizom		337 g	58 g	0,995	4,0 g	1,2
	bal combizom		90 g	19 g	0,965	3,5 g	3,9
nyúl	MLD		143 g	16 g	0,940	3,9 g	2,7
	bal hátsó végtag izmai		167 g	14 g	0,975	2,2 g	1,3
nyúl A	fej	fej	156 g	10 g	0,994	0,8 g	0,5
	koponya	fej			0,998	0,4 g	0,3
nyúl B	fej	fej	134 g	8 g	0,572	5,4 g	4
	koponya	fej			0,943	2 g	1,5
sertés	karkasz		40579 g	4873 g	0,980	375 g	0,5
	comb		9849 g	1234 g	0,981	155 g	1,6
	karaj		7006 g	1079 g	0,958	205 g	2,9
	oldalal		3837 g	567 g	0,980	77 g	2
	lapocka		5873 g	731 g	0,987	77 g	1,3
	karkasz	LMP	55,9 %	2,5 %	0,996	0,17 %	0,3

ni kívánt új testrész vizsgálata előtt célszerű felmérni és biztosítani. Az is megfigyelhető volt, hogy a vizsgált, viszonylag fiatal állatok koponyacsontozata még nem volt teljesen fejlett: a CT felvételeken alacsonyabb denzitású (jellemzően <150 HU) struktúraként jelent meg. Az elasztikus regisztráció azonban a magas denzitású anatómiai képletekre támaszkodik, ez a jelenség szintén hozzájárulhatott a pontosság csökkenéséhez. A fej és az értékes húsrészek közötti korrelációk alapján a fejre történő szelekció valószínűleg csak kis mértékben befolyásolná az értékes húsrészek alakulását, ugyanakkor hozzájárulhatna a vágási kitermelés javításához. A fej önálló szelekciós célként nem indokolt, azonban másodlagos szelekciós szempontként való figyelembevétele hasznos lehet, különösen a vágási kitermelés optimalizálása érdekében.

A nyulaknál elért eredmények (MLD: $R^2 = 0,94$, RMSE = 3,9 g; bal hátsó végtag izmai: $R^2 = 0,975$, RMSE = 2,2 g) jelentős előrelépést jelentenek a korábbi manuális és küszöbérték-alapú, valamint az automatikus morfológiai operátorokat alkalmazó eljárásokhoz képest. A 2020-ban publikált tanulmányunkban szereplő módszer (Matics és mtsai., 2020a), az MLD súlyának becslésére LOOT (Leave One Out Training) keresztvalidációval $R^2 = 0,74$ értéket ért el. Ezzel szemben a 2022-ben bemutatott, 5 atlaszt alkalmazó eljárás (Csóka és mtsai., 2022) 20 ismétléses 10-fold keresztvalidációval, ugyanazon adatbázis felhasználva, már $R^2 = 0,83$ értéket produkált, ami 0,09 abszolút és 12% relatív javulást jelentett. A jelen dolgozatban bemutatott, 16 atlaszt alkalmazó módszer ezt tovább javította, $R^2 = 0,94$ értékre, ami 0,11 abszolút és 13% relatív növekedésnek felel meg.

A Pannon Fehér nyulak szelekciós eljárásának a részét képezte a 2004-től 2020-ig Nagy és mtsai. (2006); Matics és mtsai. (2014) által használt módszer, melyet felváltott a morfológiai operátorokra épülő (Matics és mtsai., 2020a) eljárás. Ezutóbbi viszonylag gyorsan 2018-ban felváltott a ma is használt, a doktori tézis alapját képező automatikus eljárás. Az első kettő módszer csak az MLD súlyának becslésére volt használható, míg a jelen tanulmányban ismertetett módszer az MLD és combizmok becslésére is egyaránt alkalmas. Az Ács és mtsai. (2019) által végzett szelekciós index számítás során – amely a vágott test tulajdonságainak javítását célozta – már ezzel a módszerrel becsült súlyértékeket használtak fel. A gyakorlatban ez pontosabb szelekciót és gyorsabb genetikai előrehaladást tesz lehetővé.

Pannon Fehér nyulak bal hátsó végtag izmainak súlyára vonatkozóan a korábbi tanulmányok szerint a CT alapú térfogat és a mért súlyok között számolt korrelációs együttható $R = 0,89$ ($R^2 = 0,79$) volt (Gyovai és mtsai., 2013). A Computers and Electronics in Agriculture folyóiratban közölt tanulmányunkban (Csóka és mtsai., 2022) – 5 atlaszt használva

– a módszer $R^2 = 0,89$ keresztvalidált értéket ért el, ami 0,1 abszolút és 12% relatív javulást jelentett. A jelen disszertációban közölt újabb eredmények 16 atlaszt használva ezt további 0,085 abszolút és 9,5%-os relatív értékkel javították.

Broiler csirkéknél a mellizom esetén a becsült súly 337 g volt, a keresztvalidációs R^2 értéke 0,995, az RMSE mindössze 4 g (1,2% relatív hiba). A combizom esetén 0,965 R^2 és 3,5 g RMSE született. Hasonló eredményt kaptak Oviedo-Rondón és mtsai. (2007) ($R^2 = 0,97$), amikor in vivo US vizsgálatokat alkalmaztak broiler csirkéken a mellizomsúly becslésére. Mivel azonban nem alkalmaztak keresztvalidációt, az illeszkedés alapján számított R^2 érték vélhetően torzított, és nem ad pontos képet a modell tényleges prediktív teljesítményéről.

A jelen vizsgálatban a sertések értékes húsrészei – a comb, a lapocka, a karaj és az oldalas – súlyának becslésére alkalmazott lasso, ridge, lineáris és PLS regressziós modellek keresztvalidáció mellett kiváló pontosságot mutattak. A legjobb eredményeket figyelembe véve a combnál az $R^2 = 0,993$ és RMSE = 96 g, a lapockánál az $R^2 = 0,996$ és RMSE = 41 g, míg a karaj súlyának előrejelzésére kapott értékek $R^2 = 0,958$ és RMSE = 205 g voltak. Az oldalasnál a modell $R^2 = 0,980$ és RMSE = 128 g teljesítményt nyújtott. Ezek az eredmények lényegesen jobbak, mint a Font-i-Furnols és mtsai. (2015) tanulmányban közöltek, ahol 30, 70 és 120 kg-os sertések értékes húsrészeinek súlyait becsülték CT vizsgálatok felhasználásával. A legjobb becslési teljesítményt 30 kg-os súlycsoportnál érték el: combnál $R^2 = 0,83$, lapockánál $R^2 = 0,85$, karajnál $R^2 = 0,76$, míg oldalas esetén $R^2 = 0,58$ értékeket kaptak. Gangsei és mtsai. (2016) elsőik között hívták fel a figyelmet az atlasz alapú szegmentáció állattenyésztési alkalmazásának lehetőségére, és bemutatták, hogyan használható az ún. átlagatlasz a CT képek automatikus virtuális darabolására. Ellentétben az általunk használt több-atlaszos módszerrel, egy 386 kan sertésből készült átlagatlaszt és annak a szegmentumait (comb, lapocka, karaj, oldalas) használták fel.

Az LMP (lean meat percentage) becslésére alkalmazott lineáris regressziós modell meggyőző teljesítményt nyújtott: 20 ismétléses 10-fold keresztvalidáció során elért $R^2 = 0,996$ és RMSE = 0,17 % érték a szakirodalomban eddig közölt eredményekkel összevetve is kiemelkedő pontosságot képvisel. Romvári és mtsai. (2006) PLS alapú modellje már $R^2 = 0,988$ és RMSE = 0,56 % mellett is referenciaértékűnek számított, míg Picouet és mtsai. (2010) egyszerű hisztogramalapú megközelítése $\sim 1,48$ %-os becslési hibát eredményezett. Az US készülékek már az 1960-as évek végére képessé váltak a bőr alatti zsírszövet vastagságának, valamint egyes belső szervek méretének mérésére (Isler és Swiger, 1968), és azóta meghatározó szerepet töltenek be a húsminőség nem invazív becslésében. Az AutoFom III rendszerrel végzett US becsléseket elemző vizsgálatokban (Choi és mtsai.,

2018) a főbb részek prediktív teljesítménye $R^2 = 0,77-0,86$ között alakult, amely szintén alátámasztja, hogy a jelen CT alapú modellek magasabb pontosságot és jobb illeszkedést biztosítanak. A jelen módszer tehát statisztikai és kalibrációs szempontból is versenyképes vagy előnyösebb, így alkalmas lehet más mérőrendszerek (pl. ipari mérő berendezések) hitelesítésére is. Az eredmények továbbá megerősítik a számítógépes tomográfia, mint precíziós eszköz szerepét a vágás előtti és utáni testösszetétel-becslésben, összhangban a nemzetközi szakirodalomban vázolt trendekkel (Font-i-Furnols és mtsai., 2015; Xiberta és mtsai., 2018). A pontos LMP-becslés kulcsfontosságú a SEUROP-minősítési rendszerben (9/1994. (III. 10.) FM rendelet a vágósertések és vágómarhák vágás utáni minősítéséről és a hasított féltetek kereskedelmi osztályba sorolásáról 1994; 136/2011. (XII. 22.) VM rendelet a vágósertések vágás utáni minősítéséről és a hasított féltetek kereskedelmi osztályba sorolásáról 2011), ezért megbízható meghatározása elengedhetetlen.

Az atlaszok számának növelése minden esetben kedvezően befolyásolta a predikciós teljesítményt. Ugyanakkor ez a javulás a feldolgozási idő növekedésével járt együtt, különösen a broiler csirkénél, ahol az időigény exponenciálisan nőtt az atlaszok számával. A broiler csirkék bal combizmainál különösen 2 és 8 atlaszszám között volt tapasztalható jelentős javulás, míg 8 atlasz fölött a teljesítményjavulás lelassult és csak minimális ingadozások voltak megfigyelhetők. A többi vizsgált értékes húsrésznél a prediktív teljesítmény növekedése egyenletesebb, lineáris tendenciát mutatott. A módszer tényleges teljesítőképességének felméréséhez további atlaszok bevonására lenne szükség, mivel az atlaszszám növelésével a modell teljesítménye folyamatos javulást mutatott. A bővítés révén pontosabban feltárhatók lennének a folyamat gyakorlati határai és lehetőségei.

6. Következtetések és javaslatok

A jelen tanulmányban egy általános, automatizált megközelítést mutattam be a haszonállatok különböző testtájainak súlybecslésére. A módszer a humán orvoslásban is használatos több-atlaszos szegmentáción, elasztikus regisztráción és jellemzőkiválasztással kombinált regresszió alapul. A több-atlaszos megközelítésnél nem törekedtünk arra, hogy az egyes szegmentálásokból egyetlen, nagy pontosságú szegmentumot hozzunk létre, hanem ehelyett az ezekből származó statisztikai jellemzőket használtuk fel a regresszió során. A tapasztalatok azt mutatják, hogy viszonylag nagy számú jellemző és kis számú minta esetén célszerű jellemzőválasztást alkalmazni. Esetünkben a jellemzőkiválasztás és a regresszió paraméterek együtt kerültek optimalizálásra. Az egész eljárás egyik fontos előnye, hogy fajonként, minimális manuális annotáció után alkalmazható, akár az adott fajon belül több különböző anatómiai régióra, továbbá képes kezelni az egyedek közti, akár jelentős morfológiai variabilitást.

A több-atlaszos megközelítés valamint a jellemzők és regressziós paraméterek optimalizációja növelte a modellek megbízhatóságát és pontosságát az egyatlaszos illetve a jellemzőkiválasztás nélküli eljárásokhoz képest, amit a csirkék és nyulak értékes húsrészeinek becslése során is alátámasztottam.

A regressziós modellek összehasonlítása során a lasso és a ridge regressziók nyújtották a legjobb eredményeket szinte az összes régió súlybecslése esetén. A lineáris regresszió és a **KNNR** teljesítménye jelentősen elmaradt, különösen akkor, amikor nem alkalmaztam jellemzőkiválasztást. A mellizomnál a lineáris modell, míg a combizomnál a **KNNR** bizonyult a leggyengébbnek, ezért ezek alkalmazását nem javaslom jellemzőszűrés nélküli esetekben.

A nyúltenyésztésben végzett gyakorlati alkalmazás során a módszer jobb prediktív teljesítményt mutatott, mint a korábban alkalmazott, manuális szegmentálásra épülő eljárások (Nagy és mtsai., 2006; Matics és mtsai., 2014), a bal hátsó végtag izmainál mintegy 23%-os, az **MLD** esetében pedig körülbelül 27%-os relatív R^2 -növekedést eredményezve. Ennek köszönhetően a Pannon Fehér nyulak szelektációs programjába 2020-tól a bemutatott technika bevezetésre került a **MATE** Kaposvári Campusán.

A prediktív teljesítmény az atlaszok számának növelésével javult. Ugyanakkor ez a javulás a feldolgozási idő növekedésével járt együtt, különösen a broiler csirkék esetében, ahol

az időigény exponenciálisan nőtt az atlaszok számával. A módszer tényleges teljesítőképességének felméréséhez további atlaszok bevonására lenne szükség, mivel az atlaszszám növelésével a modell teljesítménye folyamatos javulást mutatott.

A vizsgálataim során használt háromállatos CT vályú segítségével a képalkotási folyamat jelentősen felgyorsult, így a CT az US-hez képest akár hatékonyabb alternatívának bizonyulhat nagy egyedszám mellett. Ennek ellenére továbbra is fennáll két jelentős korlát: adott helyhez, intézményhez kötöttség, valamint az ionizáló sugárzás használata. A hátrányok közül az előbbi mobil CT berendezéssel kiküszöbölhető, míg az utóbbi csak bizonyos fokig orvosolható, csökkentett sugárdózis alkalmazásával. Fontos azonban megjegyezni, hogy a sugárterhelés mérséklése a képminőség rovására mehet.

A csirke feldolgozási folyamatot tekintve, a feldolgozási lánc legidőigényesebb eleme a kézi szegmentálás volt (40–60 perc/egyed), míg az atlaszok egy egyedre történő regisztrációja kevesebb mint 4 percet vett igénybe. Érdemes kiemelni azonban, hogy a manuális szegmentálást elegendő egyszer elvégezni, az így létrehozott atlasz ezt követően bármennyi egyed feldolgozásánál újra felhasználható. A teljes folyamat – beleértve a CT vizsgálatot, a képfeldolgozást, a jellemzőkinyerést és a regressziót – három állatra vetítve mindössze körülbelül 22 percet igényelt. Az egyes részfolyamatok időigénye hozzávetőlegesen a következőképpen alakult: 3 perc vizsgálati, 2 perc archiválási, 0,5 perc előfeldolgozási, 10 perc regisztrációs, 0,5 perc jellemzőkinyerési és 6 perc regressziós idő, mely során minden regressziós modell futtatásra került. A két legstabilabb regressziós módszert összevetve (ridge és lasso), az összesített futási időket tekintve (4.6) a ridge körülbelül 17 perc alatt teljesítette ugyanazt a feladatot, amelyet a lasso mintegy 36 perc alatt végzett el. Ezek alapján javasolt a ridge alkalmazása szelekciós célú, CT alapú súlybecslő vizsgálatok esetén.

Időráfordítás szempontjából nagyüzemi szelekciós használat esetén a feldolgozási idő tovább csökkenthető, mivel ilyen környezetben nincs szükség új modellépítésre, csupán a súlybecslés történik meg, ami nagyon rövid idő alatt elvégezhető. Így a teljes feldolgozási idő három egyed esetén akár 16 percre is lecsökkenhet.

A broiler csirkéken végzett vizsgálatok során megerősítést nyert az a feltételezés, hogy a nyulakon kifejlesztett módszer más fajokra is sikeresen átültethető. Ez megalapozza a CT alapú súlybecslés szelekciós célokra való alkalmazását más fajok esetében is.

Sertéseknél a kidolgozott módszert a testsúly, a boncolt részek és az azzal szorosan összefüggő paraméter (LMP) becslésére alkalmaztuk, de ezen kívül a gyűjtött nagy mennyiségű információ további lehetőségeket kínál más jellemzők pl. a kémiai összetétel – ásványianyagtartalom, zsírtartalom, fehérjetartalom – pontos becslésére.

Nyúlfejek súlyának becslésére irányuló vizsgálataim igazolták, hogy a létrehozott szegmentációs maszkok különböző genotípusú nyúlállományokon is hatékonyan alkalmazhatók, ami a módszer robusztusságát és általánosíthatóságát támasztja alá. A teljesítménykülönbségek csekélyek voltak sőt, bizonyos esetekben a „nem saját” genotípuson jobb eredmények születtek, amely alátámasztja a módszer megbízhatóságát változatos populációk esetén. A vizsgálataim alapján továbbá megállapítható, hogy a mérési körülmények – fej rögzítése – jelentős hatással vannak a modell teljesítményére. Ezért javasolt a szisztematikus és standardizált rögzítési protokollok alkalmazása, különösen új fajokra vagy új testtájakra történő modelladaptáció előtt, a módszer megbízható működésének biztosítása érdekében.

A fej és az értékes húsrészek közötti korrelációk alapján a fejre irányuló szelekció várhatóan csak kis mértékben befolyásolná az értékes húsrészek alakulását, ugyanakkor hozzájárulhatna a vágási kitermelés javításához. A fej alapján történő szelekció nem indokolt, azonban másodlagos szelekciós szempontként való figyelembevétele előnyös lehet.

Az atlaszok számának növelése egyértelműen javította a modellek prediktív teljesítményét, és a vizsgálatok alapján a módszer még nem érte el kapacitásának felső határát. További atlaszok bevonása lehetőséget adna a teljesítmény alakulásának részletesebb feltérképezésére, és hozzájárulna a módszer gyakorlati lehetőségeinek és korlátainak pontosabb meghatározásához.

Fontos megemlíteni, hogy a jelen vizsgálatok kizárólag azonos életkorú állatokra terjedtek ki, így a jövőbeli kutatások egyik iránya lehet a módszer érvényességének vizsgálata különböző fejlődési szakaszokban. Ez hozzájárulhatna az eljárás sokoldalúságának növeléséhez, valamint a nagyobb tenyésztési környezetben történő alkalmazhatóságára.

A pontos becslés egyik kulcseleme a szegmentálás minősége. Ezen a területen az AI, különösen a mélytanuló modellek (pl. konvolúciós neurális hálók) jelentős fejlődési potenciált kínálnak. A humán orvoslásban és állatorvosi gyakorlatban már bevált technológiák alapján indokoltnak tartom ezek integrálását a jövőbeli munkám során, különösen nehezebben szegmentálható, kis térfogatú struktúrák esetében.

Összegzésül megállapíthatom, hogy az általunk kifejlesztett, több-atlaszos szegmentáción és jellemzőkiválasztáson alapuló prediktív modell megbízható, pontos és adaptálható különböző állatfajokra és testtájakra egyaránt. A módszer hatékonyabb szelekciós döntéshozatalt tesz lehetővé, csökkenti a kézi munkaráfordítást, és hozzájárul a képalkotási adatok hasznosításához a modern állattenyésztés genetikai alapú fejlesztésében. A nyílt forráskódú eszköztár és a közzétett adatkészletek elősegítik a módszer közösségi validálá-

sát, továbbfejlesztését és új fajokra való adaptálását.

7. Új tudományos eredmények

- Egy általános, automatizált és egyszerűen adaptálható módszert dolgoztam ki gazdasági haszonállatok különböző testtájainak súlybecslésére, számítógépes tomográfia (CT) vizsgálatok feldolgozásával. A módszer nagy előnye, hogy a több-atlaszos megközelítéssel nagyszámú jellemző kerül meghatározásra, ezek csökkentését és a regressziós paraméterek kiválasztását stochasztikus optimalizációval végeztem. Ez az eljárás megbízhatóvá tette a súlybecslési folyamatot.
- Nyulakon végzett alkalmazás során a kidolgozott módszer jelentős prediktív javulást eredményezett: a hosszúhátizom esetén az abszolút R^2 érték 0,2-del, a relatív predikciós teljesítmény pedig 27%-kal nőtt a korábbi morfológiai operátorokra épülő eljáráshoz képest.
- Broiler csirkék esetében először alkalmaztam regisztráció alapú szegmentációs technikát a vizsgált egyedek CT felvételeinek feldolgozására. A teljes automatikus eljárás mindkét vizsgált húsrész (mellizom, bal combizom) esetében megbízható eredményeket hozott. A mellizom súlyát legpontosabban becsülő ridge regressziós modell $R^2 = 0,995$ értéket ért el. A bal combizom esetében a legjobb teljesítményt a lasso modell nyújtotta, $R^2 = 0,976$ prediktív pontossággal.
- A sertéskarkaszok színhússzázalék (LMP) értékét és a darabolt részeinek súlyát keresztvalidációval alkalmazott paraméteres regressziókkal, 0,958-0,9975 közötti R^2 értékekkel tudtuk becsülni az automatikus módszerrel, ami igazolja, hogy az eljárás magas megbízhatósággal alkalmazható sertések vágási értékének megállapítására.
- A nyúlfejek súlybecslése során a módszer jó általánosíthatóságot mutatott, mivel adott genotípusú és testméretű egyedekből származó atlaszok más genotípusú állományokon is eredményesen alkalmazhatók voltak.
- Vizsgálataim szerint az atlaszok számának növelése számottevően javította a regressziós modellek teljesítményét, különösen azoknál az izomcsoportoknál, ahol a kezdeti prediktív pontosság alacsonyabb volt.
- A kidolgozott teljes képfeldolgozó és regressziós folyamat nyílt forráskódú Python csomagként került publikálásra (*maweight*), amelyhez tesztadatok, manuális szegmentációk és Jupyter jegyzetfüzetek (notebook-ok) is elérhetőek a GitHub felüle-

tén (*Nyulak feldolgozásához használt jupyter notebook-ok; Csirkék feldolgozásához használt jupyter notebook-ok; Sertés fél karkaszok feldolgozásához használt jupyter notebook-ok*). A nyílt forráskódú eszköztár és a közzétett adatkészletek elősegítik a módszer közösségi validálását, továbbfejlesztését és további fajokra történő adaptálását.

8. Összefoglalás

Hagyományosan a gazdák és a tenyésztők az állatok tenyész- és húsertékét elsősorban megjelenésük, illetve utódaik teljesítménye alapján ítélték meg. A 2000-es évektől kezdődően egyre nagyobb teret nyertek a fejlett, nem invazív és roncsolásmentes képalkotó technológiák – például az **US** és a **CT** vizsgálat –, amelyek lehetővé tették az állatok testösszetételének pontosabb és objektívebb meghatározását. Az idő előrehaladtával a képalkotó eszközök technológiai fejlődésével párhuzamosan nőtt az egységnyi idő alatt elvégezhető vizsgálatok száma, így az állatpopuláció nagyobb létszámú felmérése vált lehetővé. A keletkező nagyméretű adathalmazok feldolgozásához és értelmezéséhez pedig elengedhetetlenné váltak az automatizált képfeldolgozási és értékelő eljárások.

A disszertáció célja egy általános, automatizálható és adaptálható módszer kidolgozása volt a gazdasági haszonállatok különböző testtájainak súlybecslésére, **CT** vizsgálatok feldolgozásával. A hagyományos, manuális szegmentáláson alapuló technikák időigényesek és nehezen skálázhatók, ezért egy olyan automatizált eljárásra volt szükség, amely képes a nagy mennyiségű képi adat hatékony feldolgozására, miközben megőrzi a becslések pontosságát és megbízhatóságát.

A dolgozatban bemutatott megközelítés a humán orvoslásban alkalmazott több-atlaszos szegmentációs eljárást veszi alapul, amely elasztikus regisztráción keresztül illeszti az egyes atlaszokat a céltárgyra. A javasolt megközelítés abban tér el a hagyományos atlasz technikáktól, hogy nem törekszik összegző atlasz előállítására, hanem az atlaszok felhasználásával szegmentált területek statisztikai reprezentációit közvetlenül a regressziós modellben alkalmazza. Az így kapott viszonylag nagy számú jellemző és kis számú minta miatt a regressziós paraméterek mellett a jellemzők is **SA** eljárásen alapuló optimalizációs eljárással kerültek kiválasztásra. Ez a folyamat számos esetben jelentősen (akár több százszoros mértékben) megnövelheti a számítási időt. A kapott eredmények arra utalnak, hogy nagy számú változó esetén szükség van a jellemzők megfelelő redukciójára a pontosabb előrejelzés érdekében még akkor is, ha az alkalmazott regressziós technika részben képes kezelni a magas dimenziót regularizációval (pl. ridge, lasso), illetve tényleges dimenziócsökkentéssel (pl. **PLS**, **PCR**). A magas dimenziókat önmagukban is jól kezelő regressziós modellek sztochasztikus jellemzőszűréssel kombinálva még hatékonyabbá válhatnak, mivel így tovább növelhető a prediktív teljesítmény és a modell robusztussága. Ezt jól szemléltette

a nyulaknál az **MLD** súlybecslése, ahol a lineáris regresszió R^2 értéke 0,451 volt, míg L2 regularizációval és jellemzőkiválasztással kombinálva 0,94-re emelkedett.

A módszert három állatfaj – nyúl, broiler csirke és sertés – különböző testrészeinek súlybecslésével validáltuk, a boncolás során mért referenciaértékek alapján. A több-atlaszos megközelítés valamint a jellemzők és regressziós paraméterek optimalizációja növelte a modellek predikciójának megbízhatóságát és pontosságát. A regressziós modellek közül a lasso és a ridge regressziók adták a legjobb eredményeket, némely esetben a **PLS** és a lineáris is kiváló eredményeket produkált, míg a **KNNR** módszer minden vizsgált esetben gyengébben teljesített.

A Pannon Fehér nyúl szelekciós programja 1995-ben indult, és már a kezdetektől alkalmazta a **CT** vizsgálatokat a szelekciós folyamatban. Kezdetben a szegmentálás manuálisan zajlott, azonban a folyamatos fejlesztéseknek köszönhetően ma már automatikus **CT** képfeldolgozás és kiértékelés történik. A jelenleg használt módszer a bal hátsó végtag izmainál mintegy 23%-os, az **MLD** esetében körülbelül 27%-os relatív R^2 -növekedést eredményezett a korábbi manuális eljárásokhoz képest. Az elért legjobb becslési pontosság a bal hátsó végtag izomainál $R^2 = 0,94$ (RMSE = 3,9 g), míg az **MLD**-nél $R^2 = 0,94$ (RMSE = 2,2 g) volt. Ez az automatikus módszer 2020-tól a Pannon Fehér nyulak szelekciós programjának részévé vált, lehetővé téve mindkét értékes húsrész súlyának becslését egyetlen **CT** vizsgálat alapján.

A baromfitenyésztésben a legelterjedtebb nem invazív módszer a testössztétel meghatározására az **US** vizsgálat, amely gyorsasága és alacsony költsége miatt különösen népszerű. Ugyanakkor e módszerek korlátozott térbeli felbontása és a szövetek közötti kontraszt hiánya csökkenti a becslések pontosságát. Ezzel szemben a **CT** részletesebb képi információt nyújt, amely lehetővé teszi az izomszövetek pontosabb elkülönítését és kvantifikálását. A broiler csirkéken végzett vizsgálatok során a módszer szintén kiváló prediktív teljesítményt mutatott. A mellizom súlyának becslésére kapott $R^2 = 0,995$ és RMSE = 4 g értékek kiemelkedően magas pontosságot jeleznek. A bal combizom esetében a módszer $R^2 = 0,965$ és RMSE = 3,5 g eredményeket produkált. Hasonló eredményt kaptak Oviedo-Rondón és mtsai. (2007) ($R^2 = 0,97$), amikor in vivo **US** vizsgálatokat alkalmaztak broiler csirkéken a mellizomsúly becslésére, azonban az eredményeik nem keresztvalidációból származtak, ezért nem adnak pontos képet a tényleges prediktív teljesítményről.

Az **US** készülékek már az 1960-as évek végére képessé váltak a bőr alatti zsírszövet vastagságának, valamint egyes belső szervek méretének meghatározására (Isler és Swiger, 1968), és azóta meghatározó szerepet töltenek be a húsminőség nem invazív becslésében.

Az US-szel szemben a számítógépes tomográfia (CT) részletesebb, háromdimenziós képi információt biztosít, amely a testösszetétel pontosabb kvantifikálását teszi lehetővé, különösen az értékes húsrészek becslése során. A sertéseken végzett vizsgálatok során a több-atlaszos szegmentáción alapuló módszer kimagasló pontossággal becsülte meg az értékes húsrészek súlyát. A legjobb eredmények között a comb esetében $R^2 = 0,993$ és $RMSE = 96$ g, a lapockánál $R^2 = 0,996$ és $RMSE = 41$ g, a karajnál $R^2 = 0,958$ és $RMSE = 205$ g, míg az oldalas esetén $R^2 = 0,980$ és $RMSE = 77$ g értékeket értünk el. Az LMP-nél $R^2 = 0,996$ és mindössze 0,17% RMSE mutatkozott, ami különösen fontos eredmény, hiszen ez SEUROP minősítési rendszer (*Vágósertések vágás utáni minősítése*) szempontját képezi. A kapott eredményeink jobbak mint a korábban nemzetközi tanulmányokban (Romvári és mtsai., 2006; Picouet és mtsai., 2010; Font-i-Furnols és mtsai., 2015; Choi és mtsai., 2018) közölt adatok.

A nyúlfej súlyának becslésére vonatkozó eredmények azt mutatták, hogy jól beállított vizsgálati körülmények között a módszer robusztusan működik és képes kezelni a genotípusok közötti anatómiai variabilitást is. Ezt támasztja alá, hogy a genotípusból eredő, illetve azzal összefüggő méretbeli eltérések (pl. nagyobb fejméret) sem korlátozták az atlaszok alkalmazhatóságát, a létrehozott szegmentációs maszkok különböző genotípusú nyúlállományokon is hatékonyan alkalmazhatók voltak. A fej rögzítésének hiánya számottevően rontotta a predikciós pontosságot, ezért a szisztematikus és standardizált rögzítési protokollok bevezetése új fajokra vagy testtípusokra történő adaptáció előtt elengedhetetlen. A vizsgálatokban szereplő fiatal állatok alacsony denzitású koponyaacsontjai szintén hozzájárulhattak az alacsonyabb pontossághoz, mivel az elasztikus regisztráció nagyobb mértékben támaszkodik a magas denzitású képletekre. Ennek kezelésére a jövőben AI-alapú, mélytanulós szegmentálási eljárások alkalmazása jelenthet megoldást.

A vizsgálatok során az atlaszok számának növelése minden esetben javította a prediktív teljesítményt. A broiler csirkék bal combizmainál különösen 2-8 atlasz között volt tapasztalható jelentős teljesítményjavulás, azonban 8 atlasz fölött ez a javulás mérséklődött. Ezzel szemben a többi vizsgált testrésznel – broiler csirke mellizma, illetve nyulaknál a bal hátsó végtag izmai és az MLD – lassú lineáris teljesítménynövekedés volt megfigyelhető az atlaszok számának növelésével. Ezek a javulások a feldolgozási idő növekedésével jártak együtt, különösen a broiler csirkék esetében, ahol az időigény exponenciálisan nőtt az atlaszok számával. A módszer tényleges teljesítőképességének felméréséhez további atlaszok bevonására lenne szükség, hogy a módszer valós határait felfedezhessük.

A módszer legnagyobb előnye az általánosíthatóság. A különböző fajokon végzett sikeres alkalmazás igazolja, hogy megfelelő vizsgálati protokoll kidolgozását követően csak

néhány jól szegmentált referenciafelvételle van szükség a módszer beállításához. A teljes képfeldolgozó és regressziós folyamat nyílt forráskódú Python csomagként került publikálásra (*maweight*), amelyhez kapcsolódó tesztadatok, manuális szegmentációk és Jupyter jegyzetfüzetek (notebook-ok) is elérhetőek a GitHub felületén (*Nyulak feldolgozásához használt jupyter notebook-ok; Csirkék feldolgozásához használt jupyter notebook-ok; Sertés fél karkaszok feldolgozásához használt jupyter notebook-ok*).

Összességében elmondható, hogy a több-atlaszos, jellemzőkiválasztáson alapuló prediktív modell jelentős előrelépést jelent az állattenyésztésben alkalmazott testösszetétel-becslési módszerek terén. A módszer robusztus, jól skálázható és más fajokra is könnyen átvihető, miközben tudományosan megalapozott, nyílt és reprodukálható technikai hátteret biztosít a precíziós állattenyésztéshez.

9. *Summary*

Traditionally, farmers and breeders have assessed the breeding and meat value of livestock primarily based on physical appearance and the performance of their offspring. Since the 2000s, advanced, non-invasive and non-destructive imaging technologies – such as ultrasound (US) and computed tomography (CT) – have gained ground, enabling more accurate and objective assessment of body composition. As imaging technology evolved, the number of examinations that could be performed per unit time increased, making it possible to survey larger populations. At the same time, the processing and interpretation of the resulting large data volumes required the development of automated image processing and evaluation procedures.

The aim of this dissertation was to develop a general, automatable and adaptable method for estimating the weight of different body parts of farm animals based on CT scan data. Traditional manual segmentation techniques are time-consuming and difficult to scale, so there was a need for an automated solution capable of efficiently processing large volumes of imaging data while maintaining the accuracy and reliability of the estimations.

The approach presented in this study is based on multi-atlas segmentation, a technique commonly used in human medicine, where multiple atlases are elastically registered to the target structure. Unlike traditional atlas-based techniques, the proposed approach avoids creating a merged atlas and instead incorporates the statistical representations of the regions segmented using individual atlases into the regression model. Given the resulting high number of features and low sample size, both the regression parameters and features themselves were optimized using a simulated annealing (SA) algorithm. This process can, in some cases, significantly increase computational time, even by several hundred times. The results suggest that in cases involving a large number of variables, appropriate feature reduction is necessary to improve prediction accuracy, even if the applied regression technique can partially handle high dimensionality through regularization (e.g., ridge, lasso) or actual dimensionality reduction (e.g., Partial Least Square-PLS, Principal Component Regression-PCR). Regression models that inherently cope well with high dimensionality can become even more effective when combined with stochastic feature selection, further improving predictive accuracy and model robustness. This was clearly demonstrated in the case of musculus longissimus dorsi (MLD) weight estimation in rabbits, where the R^2

value of a linear regression model improved from 0.451 to 0.94 when combined with L2 regularization and feature selection.

The method was validated using weight estimation of various body parts in three livestock species – rabbit, broiler chicken, and pig – based on reference values obtained during dissection. The combination of the multi-atlas approach with feature and regression parameter optimization enhanced both the reliability and accuracy of the predictions. Among the regression models, lasso and ridge regression yielded the best results, with PLS and linear models also performing well in some cases. In contrast, the k-nearest neighbor regression (KNNR) model consistently produced poorer performance across all species and anatomical regions examined.

The Pannon White rabbit breeding program was launched in 1995 and has employed CT imaging as part of its selection process since its inception. Initially, segmentation was performed manually, but thanks to continuous development, CT image processing and evaluation is now fully automated. The currently applied method led to a relative R^2 increase of about 23% for hind leg muscles and approximately 27% for the MLD compared to previous manual approaches. The best prediction accuracy achieved was $R^2 = 0.94$ (RMSE = 3.9 g) for the left hind leg muscles and $R^2 = 0.94$ (RMSE = 2.2 g) for the MLD. Since 2020, this automatic method has been integrated into the Pannon White rabbit selection program, enabling the estimation of both valuable muscle from CT scan.

In poultry breeding, US is the most widely used non-invasive method for estimating body composition due to its speed and low cost. However, its limited spatial resolution and lack of contrast between tissues can reduce prediction accuracy. In contrast, CT provides more detailed image information, allowing more precise identification and quantification of muscle tissues. In broiler chickens, the proposed method also showed excellent predictive performance. Estimation of breast muscle weight yielded $R^2 = 0.995$ and RMSE = 4 g, indicating outstanding accuracy. For the left thigh muscle, the model achieved $R^2 = 0.965$ and RMSE = 3.5 g. Similar results were obtained by Oviedo-Rondon et al. (2007) with $R^2 = 0.97$ using in vivo US for breast muscle estimation, but their findings were not based on cross-validation and therefore provide a less reliable indication of predictive performance.

Ultrasound devices have been capable of measuring subcutaneous fat thickness and the size of certain organs since the late 1960s (Isler and Swiger, 1968), and have since become essential tools for non-invasive meat quality assessment. Compared to US, CT provides

more detailed three-dimensional image information, allowing more accurate quantification of body composition, particularly for estimating the amount of valuable muscle. In pigs, the multi-atlas segmentation-based method yielded highly accurate weight estimates for valuable meat cuts. Among the best results, the ham achieved $R^2 = 0.993$ and RMSE = 96 g, shoulder $R^2 = 0.996$ and RMSE = 41 g, loin $R^2 = 0.958$ and RMSE = 205 g, and belly $R^2 = 0.980$ and RMSE = 77 g. For LMP, $R^2 = 0.996$ and RMSE = 0.17%, which is particularly important as this is a key parameter in the SEUROP classification system (*Post-Slaughter Grading of Slaughter Pigs*). Our results outperformed those reported in earlier international studies (Romvári et al., 2006; Picouet et al., 2010; Font-i-Furnols et al., 2015; Choi et al., 2018).

The results related to rabbit head weight estimation showed that, under well-controlled conditions, the method operates robustly and can accommodate anatomical variation between genotypes. Importantly, genotype-related size differences (e.g., larger head size) did not limit the usability of the atlases, and the generated segmentation masks proved effective across different rabbit genotypes. However, the lack of proper head fixation significantly reduced prediction accuracy, underscoring the need for systematic and standardized fixation protocols when adapting the method to new species or body regions. In addition, the lower density of skull bones in young animals may have contributed to reduced accuracy, as elastic registration relies more heavily on high-density structures. In the future, the use of artificial intelligence-based (AI-based) deep learning segmentation techniques may offer a solution to this issue.

Increasing the number of atlases consistently improved predictive performance. Performance improved markedly between 2 and 8 atlases for the broiler chicken left thigh muscles, but the rate of improvement decreased beyond 8 atlases. In contrast, a slow linear improvement in performance was observed with increasing atlas numbers in the other regions examined, including the breast muscle in broiler chickens and the left hind limb muscles and MLD in rabbits. However, these gains came at the cost of increased processing time, especially in broiler chickens, where computation time increased exponentially with the number of atlases. To fully assess the method’s capabilities, additional atlas integration would be necessary to reveal its practical limits.

The greatest advantage of the method lies in its generalizability. The successful application across different species shows that, with an appropriate examination protocol, only a few well-segmented reference scans are needed to adapt the method to new contexts. The entire image processing and regression pipeline has been published as an open-source Python package (*maweight*), accompanied by test data, manual segmenta-

tions, and Jupyter notebooks available via GitHub (*Jupyter Notebooks Used for Rabbit Data Processing*; *Jupyter Notebooks Used for Broiler Chicken Data Processing*; *Jupyter Notebooks Used for Processing Pig Half-Carcasses*).

In summary, the multi-atlas, feature selection-based predictive model represents a substantial advancement in livestock body composition estimation. The approach is robust, scalable, and easily transferable to other species, providing a scientifically grounded, transparent, and reproducible technical framework for precision animal breeding.

10. *Köszönetnyilvánítás*

Ezúton szeretném megköszönni a Medicopus Nonprofit Kft., valamint az SM KMOK Dr. Baka József Diagnosztikai, Onkoradiológiai, Kutatási és Oktatási Központ támogatását, amely jelentős mértékben hozzájárult a kutatás megvalósításához.

Köszönettel tartozom Donkó Tamásnak szakmai témavezetéséért, értékes iránymutatásáért és folyamatos támogatásáért a munka minden szakaszában.

Külön hálával tartozom Kovács Györgynek, aki szakmai tanácsaival és elkötelezett támogatásával szinte társtémavezetőként segítette munkámat.

Hálás vagyok Simon Szilvia Eszternek a csirke szegmentálásban nyújtott segítségével, Horváth Tamara közreműködéséért a sertésszegmentálási feladatokban, valamint Farkas Kíra és Ács Virág munkájáért a nyúl szegmentálás területén.

Köszönöm Sipos Tamásnak a kísérletek elvégzésében nyújtott segítségét.

Hálás vagyok Gerencsér Zsoltnak és Farkas Tamás Péternek, hogy szakmai kérdésekben rendelkezésemre álltak, és értékes tanácsaikkal segítették a projekt előrehaladását.

Külön elismerés illeti Petneházy Örsöt anatómiai szaktudásáért, mellyel jelentősen hozzájárult az elemzések pontosságához.

Köszönet illeti továbbá Fajtai Dánielt a képfeldolgozási feladatokban történt segítségnyújtásáért.

Köszönettel tartozom a H2020 PIGWEB projektnek, amely lehetőséget biztosított a projektből származó félsertések Kaposváron végzett CT vizsgálatainak elvégzésére. A PIGWEB projekt az Európai Unió Horizon 2020 kutatási és innovációs programjának támogatásával valósult meg (Grant Agreement No 101004770).

Végezetül szeretném megköszönni feleségemnek a folyamatos biztatást, valamint egész családomnak a támogatást és a türelmet, amely elengedhetetlen volt a munkám során.

Hálás köszönettel tartozom mindazoknak, akik bármilyen formában hozzájárultak a munkámhoz.

11. Irodalomjegyzék

1. Abdi, H. (2010). „Partial least squares regression and projection on latent structure regression (PLS Regression)”. *WIREs Computational Statistics* 2.1, 97–106. old. DOI: [10.1002/wics.51](https://doi.org/10.1002/wics.51).
2. Ács, V., Nagy, I., Donkó, T. (2019). „A Selection Index for Improving the Carcass Traits in the Pannon Large Rabbit Breed”. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis* 67.5, 1125–1129. old. ISSN: 12118516. DOI: [10.11118/actaun201967051125](https://doi.org/10.11118/actaun201967051125).
3. Ács, V., Nagy, I., Donkó, T. (2019). „A selection index for improving the carcass traits in the pannon large rabbit breed”. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis* 67.5, 1125–1129. old.
4. Afzali-Hashemi, L., Hazewinkel, M., Tjepkema-Cloostermans, M. C., van Putten, M. J. A. M., Slump, C. H. (2018). „Detection of small traumatic hemorrhages using a computer-generated average human brain CT”. *Journal of Medical Imaging* 5.02, 1. old. ISSN: 23294310. DOI: [10.1117/1.jmi.5.2.024004](https://doi.org/10.1117/1.jmi.5.2.024004).
5. Allen, P., Leymaster, K. A. (1985). „Machine error in X-ray computer tomography and its relevance to prediction of in vivo body composition”. *Livestock Production Science* 13.4, 383–398. old.
6. Andrásy-Baka, G., Romvári, R., Sütő, Z., Szabó, A., Horn, P. (2003). „Comparative study of the body composition of different turkey genotypes by means of CT (short communication)”. 46, 285–292. old.
7. Andrásy, Zoltánné (2003). „Különböző típusú és genotípusú baromfifajok testösszetételének vizsgálata komputer tomográffal”. PhD értekezés. Kaposvár, Magyarország: Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar, Diagnosztikai és Onkoradiológiai Intézet. URL: https://phd-kaposvar.uni-mate.hu/fajlok/1236673294-de_1195.pdf.
8. Andualem, T., Alemu, B., Tintagu, T., Berhe, N. (2017). „Review on diagnostic approach of ultrasound in Veterinary practice”.

9. Ashfaq, M., Minallah, N., Frnda, J., Behan, L. (2022). „Multi-Modal Rigid Image Registration and Segmentation Using Multi-Stage Forward Path Regenerative Genetic Algorithm”. *Symmetry* 14.8, 1506. old.
10. Athanasiou, L. S., Fotiadis, D. I., Michalis, L. K. (2017). „9 - Validation Using Histological and Micro-CT Data: Registration and Inflation Using IVUS”. *Atherosclerotic Plaque Characterization Methods Based on Coronary Imaging*. Szerk. S. A. Lambros, I. F. Dimitrios, L. K. Michalis. Oxford: Academic Press, 167–180. old. ISBN: 978-0-12-804734-7. DOI: [10.1016/B978-0-12-804734-7.00009-9](https://doi.org/10.1016/B978-0-12-804734-7.00009-9).
11. Aziz, K. A. A., Saripan, M. I., Saad, F. F. A., Abdullah, R. S. A. R., Waeleh, N. (2022). „A Markov random field approach for CT image lung classification using image processing”. *Radiation Physics and Chemistry* 200. The 15th International Symposium on Radiation Physics (ISRP15), 6 - 10 December, 2021, Sunway University, Malaysia, 110440. old. ISSN: 0969-806X. DOI: [10.1016/j.radphyschem.2022.110440](https://doi.org/10.1016/j.radphyschem.2022.110440).
12. Bankman, I. N. (2000). *Handbook of Medical Imaging: Processing and Analysis*. Academic Press series in biomedical engineering. Academic Press. ISBN: 9780120777907. URL: <https://books.google.hu/books?id=bLd81AEACAAJ>.
13. Barrett, J. F., Keat, N. (2004). „Artifacts in CT : Recognition and Avoidance 1 OBJECTIVES”. *Radiographics*, 1679–1691. old.
14. Beasley, D., Bull, D. R., Martin, R. R. (1993). „An overview of genetic algorithms: Part 2, research topics”. *University computing* 15.4, 170–181. old.
15. Bentsen, H. B., Sehested, E. (1989). „Computerised tomography of chickens”. *British Poultry Science* 30.3. PMID: 2819501, 575–589. old. DOI: [10.1080/00071668908417181](https://doi.org/10.1080/00071668908417181).
16. Bentsen, HB, Sehested, E, Kolstad, N, Katle, J (1986). „Body composition traits in broilers measured by computerised tomography.”
17. Berényi, E., Kövér, Gy. (1991). *CTPC: The CT Post Processing Program*. Developed at the CT Biological Centre of the Pannon University of Agricultural Sciences. Internal software documentation.
18. Bhattacharjee, R., Heitz, F., Noblet, V., Sharma, S., Sharma, N. (2021). „Evaluation of a Learning-based Deformable Registration Method on Abdominal CT Images”. *IRBM* 42.2, 94–105. old. ISSN: 1959-0318. DOI: [10.1016/j.irbm.2020.04.002](https://doi.org/10.1016/j.irbm.2020.04.002).

19. Blasco, A., Ouhayoun, J. (1996). „Harmonization of criteria and terminology in rabbit meat research. Revised proposal”. *World rabbit science* 4.2, 93–99. old.
20. Brooks, R. A., Di Chiro, G. (1976). „Statistical limitations in x-ray reconstructive tomography”. *Medical Physics* 3.4, 237–240. old. DOI: [10.1118/1.594240](https://doi.org/10.1118/1.594240).
21. Bushberg, J. T., Boone, J. M. (2011). *The Essential Physics of Medical Imaging*. M - Medicine Series. Wolters Kluwer Health. ISBN: 9780781780575. URL: <https://books.google.hu/books?id=tqM8IG3f8bsC>.
22. Camacho-Pérez, E., Lugo-Quintal, J. M., Tirink, C., Aguilar-Quiñonez, J. A., Gastelum-Delgado, M. A., Lee-Rangel, H. A., Roque-Jiménez, J. A., Garcia-Herrera, R. A., Chay-Canul, A. J. (2023. okt.). „Predicting carcass tissue composition in Blackbelly sheep using ultrasound measurements and machine learning methods”. *Tropical Animal Health and Production* 55.5, 300. old. ISSN: 0049-4747, 1573-7438. DOI: [10.1007/s11250-023-03759-1](https://doi.org/10.1007/s11250-023-03759-1). (Elérés dátuma 2025. 06. 10.).
23. Cao, X., Lu, Y., Yang, L., Zhu, G., Hu, X., Lu, X., Yin, J., Guo, P., Zhang, Q. (2023). „CT image segmentation of meat sheep Loin based on deep learning”. *PLoS ONE* 18.11 November, 1–16. old. ISSN: 19326203. DOI: [10.1371/journal.pone.0293764](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0293764).
24. Catal, R.H., Bayram, B., Seker, D. Z. (2016). „Bone tumor segmentation by gradient operators from CT images”. *Selçuk International Scientific Conference on Applied Sciences (The Selçuk ISCAS 2016)*. 27. köt., 30. old.
25. Catteeuw, D. (2014). „'Guided' restarts Hill-climbing”. English. *In Search of Synergies between Reinforcement learning and Evolutionary Computation, Workshop at the 13th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature*.
26. Chen, Ch., Gong, Y., Yang, L. (2022). „Peasants and pork: The changing contribution of pig farming to rural livelihoods”. *Open Journal of Social Sciences* 10.8, 40–54. old.
27. Chen, W., Najarian, K. (2009). „Segmentation of ventricles in brain CT images using Gaussian Mixture Model method”. 1–6. old. DOI: [10.1109/ICCME.2009.4906676](https://doi.org/10.1109/ICCME.2009.4906676).
28. Chetty, G., Yamin, M., White, M. (2022). „A low resource 3D U-Net based deep learning model for medical image analysis”. *International Journal of Information Technology (Singapore)* 14.1, 95–103. old. ISSN: 25112112. DOI: [10.1007/s41870-021-00850-4](https://doi.org/10.1007/s41870-021-00850-4).

29. Choi, J. S., Kwon, K. M., Lee, Y. K., Joeng, J. U., Lee, K. O., Jin, S. K., Choi, Y. I., Lee, J. J. (2018). „Application of AutoFom III equipment for prediction of primal and commercial cut weight of Korean pig carcasses”. *Asian-Australas J Anim Sci* 31.10, 1670–1676. old. DOI: [10.5713/ajas.18.0240](https://doi.org/10.5713/ajas.18.0240).
30. Colin, B., Germain, S., Pomar, C. (2022). „Early detection of individual growing pigs’ sanitary challenges using functional data analysis of real-time feed intake patterns”. *Communications in Statistics: Case Studies, Data Analysis and Applications* 8.1, 177–198. old. DOI: [10.1080/23737484.2021.1991855](https://doi.org/10.1080/23737484.2021.1991855).
31. Cormack, A. M. (1963). „Representation of a Function by Its Line Integrals, with Some Radiological Applications”. *Journal of Applied Physics* 34.9, 2722–2727. old. ISSN: 0021-8979. DOI: [10.1063/1.1729798](https://doi.org/10.1063/1.1729798).
32. Cormack, A. M. (1964). „Representation of a Function by Its Line Integrals, with Some Radiological Applications. II”. *Journal of Applied Physics* 35.10, 2908–2913. old. ISSN: 0021-8979. DOI: [10.1063/1.1713127](https://doi.org/10.1063/1.1713127).
33. Crum, W. R., Hartkens, T., Hill, D. L. G. (2004). „Non-rigid image registration: theory and practice”. *The British journal of radiology* 77.2, 140–153. old.
34. Csóka, Á., Kovács, Gy., Ács, V., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Szendrő, Zs., Nagy, I., Petneházy, Ö., Repa, I., Moizs, M., Donkó, T. (2022). „A general technique for the estimation of farm animal body part weights from CT scans and its applications in a rabbit breeding program”. *Computers and Electronics in Agriculture* 196, 106865. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2022.106865](https://doi.org/10.1016/j.compag.2022.106865).
35. Csóka, Á., Simon, S. E., Farkas, T. P., Szász, S., Sütő, Z., Petneházy, Ö., Kovács, G., Repa, I., Donkó, T. (2025). „In vivo estimation of chicken breast and thigh muscle weights using multi-atlas-based elastic registration on computed tomography images”. *British Poultry Science* 0.0. PMID: 40116605, 1–7. old. DOI: [10.1080/00071668.2025.2472903](https://doi.org/10.1080/00071668.2025.2472903).
36. Cullere, M., Szendrő, Zs., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Kasza, R., Donkó, T., Dalle Zotte, A. (2022). „Rabbits Divergently Selected for Total Body Fat Content: Changes in Proximate Composition and Fatty Acids of Different Meat Portions”. *Animals* 12.18. ISSN: 2076-2615. DOI: [10.3390/ani12182396](https://doi.org/10.3390/ani12182396).
37. Czisch, M., Coppack, T., Berthold, P., Auer, D. P. (2001). „In vivo magnetic resonance imaging of the reproductive organs in a passerine bird species”. *Journal of Avian Biology* 32.3, 278–281. old. DOI: [10.1111/j.0908-8857.2001.320312.x](https://doi.org/10.1111/j.0908-8857.2001.320312.x).

38. De Chiffre, L., Carmignato, S., Kruth, J.-P., Schmitt, R., Weckenmann, A. (2014). „Industrial applications of computed tomography”. *CIRP Annals* 63.2, 655–677. old. ISSN: 0007-8506. DOI: [10.1016/j.cirp.2014.05.011](https://doi.org/10.1016/j.cirp.2014.05.011).
39. de Souza Vilela, J., Alvarenga, T. I. R. C., Andrew, N. R., McPhee, M., Kolakshyapati, M., Hopkins, D. L., Ruhnke, I. (2021). „Technological Quality, Amino Acid and Fatty Acid Profile of Broiler Meat Enhanced by Dietary Inclusion of Black Soldier Fly Larvae”. *Foods* 10.2, 297. old. ISSN: 2304-8158. DOI: [10.3390/foods10020297](https://doi.org/10.3390/foods10020297).
40. Delgado, Ch., Rosegrant, M., Steinfeld, H., Ehui, S., Courbois, C. (2001). „Livestock to 2020: The Next Food Revolution”. *Outlook on Agriculture* 30.1, 27–29. old. DOI: [10.5367/000000001101293427](https://doi.org/10.5367/000000001101293427).
41. Donkó, T., Tischler, A., Csóka, Á., Kovács, Gy., Emri, M., Petneházy, Ö., Szabó, A., Halas, V., Tossenberger, J., Garamvölgyi, R., Bajzik, G. (2018). „Estimation of bone mineral density and breaking strength of laying hens based on scans of computed tomography for body composition analysis”. *British Poultry Science* 59.4. PMID: 29786455, 365–370. old. DOI: [10.1080/00071668.2018.1471662](https://doi.org/10.1080/00071668.2018.1471662).
42. Du, X., Kong, H., Pan, J., Qi, Z., Li, J. (2024). „Laplacian and bilateral weighted relative total variation sparse angle CT reconstruction”. *Physica Scripta* 99.10, 105212. old.
43. Dugué, C., Prunier, A., Mercat, M.J., Monziols, M., Blanchet, B., Larzul, C. (2020). „Genetic determinism of boar taint and relationship with growth traits, meat quality and lesions”. *Animal* 14.7, 1333–1341. old. ISSN: 1751-7311. DOI: [10.1017/S1751731120000105](https://doi.org/10.1017/S1751731120000105).
44. Font-i-Furnols, M., Brun, A., Tous, N., Gispert, M. (2013). „Use of linear regression and partial least square regression to predict intramuscular fat of pig loin computed tomography images”. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems* 122, 58–64. old. ISSN: 0169-7439. DOI: [10.1016/j.chemolab.2013.01.005](https://doi.org/10.1016/j.chemolab.2013.01.005).
45. Font-i-Furnols, M., Carabús, A., Pomar, C., Gispert, M. (2015). „Estimation of carcass composition and cut composition from computed tomography images of live growing pigs of different genotypes”. *Animal* 9.1, 166–178. old.
46. Font-i-Furnols, M., Teran, M. F., Gispert, M. (2009). „Estimation of lean meat content in pig carcasses using X-ray Computed Tomography and PLS regression”. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems* 98.1, 31–37. old. ISSN: 0169-7439. DOI: [10.1016/j.chemolab.2009.04.009](https://doi.org/10.1016/j.chemolab.2009.04.009).

47. Fouskakis, D., Draper, D. (2002). „Stochastic optimization: a review”. *International Statistical Review* 70.3, 315–349. old.
48. Fricke, P. M. (2002). „Scanning the Future—Ultrasonography as a Reproductive Management Tool for Dairy Cattle”. *Journal of Dairy Science* 85.8, 1918–1926. old. ISSN: 0022-0302. DOI: [10.3168/jds.S0022-0302\(02\)74268-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(02)74268-9).
49. Gangsei, L. E., Kongsro, J., Olsen, E. V., Røe, M., Alvseike, O., Sæbø, S. (2016a). „Prediction precision for lean meat percentage in Norwegian pig carcasses using 'Hennessy grading probe 7': Evaluation of methods emphasized at exploiting additional information from computed tomography”. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 66.1, 17–24. old. DOI: [10.1080/09064702.2016.1174292](https://doi.org/10.1080/09064702.2016.1174292).
50. Gangsei, L. E., Kongsro, J., Olstad, K., Grindflek, E., Sæbø, S. (2016b). „Building an in vivo anatomical atlas to close the phenomic gap in animal breeding”. *Computers and Electronics in Agriculture* 127, 739–743. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2016.08.003](https://doi.org/10.1016/j.compag.2016.08.003).
51. García, M.-L., Argente, M.-J. (2020). „The Genetic Improvement in Meat Rabbits”. *Lagomorpha Characteristics*. Szerk. M.-J. Argente, M. de la Luz García Pardo, P. D. Kevin. Rijeka: IntechOpen. 5. fejt. DOI: [10.5772/intechopen.93896](https://doi.org/10.5772/intechopen.93896).
52. Garreau, H., Piles, M., Larzul, C., Baselga, M., Rochambeau, H. de (2004). „Selection of maternal lines: last results and prospects”. *Proc. 8th World Rabbit Congress*, 7–10. old.
53. Ghali, S. (2008). „Affine Transformations”. *Introduction to Geometric Computing*. London: Springer London, 35–50. old. ISBN: 978-1-84800-115-2. DOI: [10.1007/978-1-84800-115-2_4](https://doi.org/10.1007/978-1-84800-115-2_4).
54. Ghose, S., Holloway, L., Lim, K., Chan, P., Veera, J., Vinod, S. K., Liney, G., Greer, P. B., Dowling, J. (2015). „A review of segmentation and deformable registration methods applied to adaptive cervical cancer radiation therapy treatment planning”. *Artificial Intelligence in Medicine* 64.2, 75–87. old. ISSN: 0933-3657. DOI: [10.1016/j.artmed.2015.04.006](https://doi.org/10.1016/j.artmed.2015.04.006).
55. Giles, L. R., Eamens, G. J., Arthur, P. F., Barchia, I. M., James, K. J., Taylor, R. D. (2009). „Differential growth and development of pigs as assessed by X-ray computed tomography1,2”. *Journal of Animal Science* 87.5, 1648–1658. old. ISSN: 0021-8812. DOI: [10.2527/jas.2008-1437](https://doi.org/10.2527/jas.2008-1437).

56. Ginther, O. J. (2014). „How ultrasound technologies have expanded and revolutionized research in reproduction in large animals”. *Theriogenology* 81.1, 112–125. old. ISSN: 0093-691X. DOI: [10.1016/j.theriogenology.2013.09.007](https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2013.09.007).
57. Glover, Fred (1986). „Future paths for integer programming and links to artificial intelligence”. *Computers & Operations Research* 13.5. Applications of Integer Programming, 533–549. old. ISSN: 0305-0548. DOI: [10.1016/0305-0548\(86\)90048-1](https://doi.org/10.1016/0305-0548(86)90048-1).
58. Grandhaye, J., Lecompte, F., Staub, C., Venturi, E., Plotton, I., Cailleau-Audouin, E., Ganier, P., Ramé, Ch., Brière, S., Dupont, J., Froment, P. (2019). „Assessment of the body development kinetic of broiler breeders by non-invasive imaging tools”. *Poultry Science* 98.9, 4140–4152. old. ISSN: 15253171. DOI: [10.3382/ps/pez112](https://doi.org/10.3382/ps/pez112).
59. Gutierrez, D. F., Zaidi, H. (2012). „Automated analysis of small animal PET studies through deformable registration to an atlas”. *European Journal of Nuclear Medicine and Molecular Imaging* 39.11, 1807–1820. old. ISSN: 16197070. DOI: [10.1007/s00259-012-2188-7](https://doi.org/10.1007/s00259-012-2188-7).
60. Gyovai, P. (2011). „A CT vizsgálat alapján végzett szelekció genetikai elemzése házinyúlban”. PhD disszertáció. Kaposvár: Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar, Mezőgazdasági Termékfeldolgozás és Minősítés Tanszék, 74. old. URL: https://phd-kaposvar.uni-mate.hu/fajlok/1303812159-gyovaip_disszertacio.pdf.
61. Gyovai, P., Nagy, I., Gerencsér, Zs., Metzger, Sz., Radnai, I., Szendrő, Zs. (2008). „Genetic parameters and trends of the thigh muscle volume in Pannon White rabbits.”
62. Gyovai, P., Nagyne-Kiszlinger, H., Nguyen, T. T. T., Donko, T., Radnai, I., Matics, Zs., Gerencser, Zs., Szendro, Zs., Nagy, I. (2013). „Estimation of the body composition of Pannon White rabbits using Computer Tomography and test slaughter”. *Fleischwirtschaft* 93.9, 112–116. old. ISSN: 0015-363X.
63. Haldar, A., Das, D., Saha, B., Pal, P., Das, S., Das, A., Rajkhowa, D.J., Hazarika, S., Datta, M. (2017). „Smallholder Pig Farming for Rural Livelihoods and Food Security in North East India”. *Journal of Animal Research* 7, 471. old. DOI: [10.5958/2277-940X.2017.00070.5](https://doi.org/10.5958/2277-940X.2017.00070.5).
64. Han, X., Hoogeman, M.S., Levendag, P.C., Hibbard, L.S., Teguh, D.N., Voet, P., Cowen, A.C., Wolf, T.K. (2008). „Atlas-Based Auto-segmentation of Head and Neck CT Images”. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MIC-*

- CAI 2008. Szerk. D. Metaxas, L. Axel, G. Fichtinger, G. Székely. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 434–441. old. ISBN: 978-3-540-85990-1.
65. Hannah, L. A. (2015). „Stochastic optimization”. *International Encyclopedia of the Social & Behavioral Sciences* 2, 473–481. old.
66. Hartcher, K. M., Lum, H. K. (2020). „Genetic selection of broilers and welfare consequences: a review”. *World's Poultry Science Journal* 76.1, 154–167. old. ISSN: 17434777. DOI: [10.1080/00439339.2019.1680025](https://doi.org/10.1080/00439339.2019.1680025).
67. Hastie, T., Tibshirani, R., Friedman, J. (2009). *The Elements of Statistical Learning (2nd ed.)*
68. Ho, H., Yu, H. B., Gangsei, L. E., Kongsro, J. (2019). „A CT-image based pig atlas model and its potential applications in the meat industry”. *Meat Science* 148, 1–4. old. ISSN: 0309-1740. DOI: [10.1016/j.meatsci.2018.09.011](https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.09.011).
69. Horn, P., Kövér, Gy., Repa, I., Berényi, E., Kovach, G. (1997). „The use of spiral CAT for volumetric estimation of body composition of pigs (short communication)”. *Archiv fur Tierzucht* 40.5, 445–450. old. URL: <https://www.scopus.com/inward/record.uri?eid=2-s2.0-0040514629&partnerID=40&md5=e6bddc48a41146ad32685060723a15e0>.
70. Hounsfield, G. N. (1973). „Computerized transverse axial scanning (tomography): Part 1. Description of system”. *British Journal of Radiology* 46.552, 1016–1022. old. ISSN: 0007-1285. DOI: [10.1259/0007-1285-46-552-1016](https://doi.org/10.1259/0007-1285-46-552-1016).
71. Ingber, L. (1993). „Simulated annealing: Practice versus theory”. *Mathematical and Computer Modelling* 18.11, 29–57. old. ISSN: 0895-7177. DOI: [10.1016/0895-7177\(93\)90204-C](https://doi.org/10.1016/0895-7177(93)90204-C).
72. Isler, G. A., Swiger, L. A. (1968). „Ultrasonic prediction of lean cut percent in swine”. *Journal of Animal Science* 27.2, 377–382. old.
73. Jennifer, L. Boes, Terry, E. W., M., Charles R. (1995). „Multiple organ definition in CT using a Bayesian approach for 3D model fitting”. 2573. Szerk. R. A. Melter, A. Y. Wu, F. L. Bookstein, W. D. K. Green, 244–251. old. DOI: [10.1117/12.216418](https://doi.org/10.1117/12.216418).
74. Jensen, J.F. (1983). „Method of dissection of broiler carcasses and description of parts”. *World's Poultry Science Association European Federation, Working Group V, Copenhagen, Denmark, Papworth's Pendragon Press, Cambridge, UK*, 32. old.

75. Jopson, N. B., Kolstad, K., Sehested, E., Vangen, O. (1995). „Computed tomography as an accurate and cost effective alternative to carcass dissection.”
76. Kalinic, H. (2009). „Atlas-based image segmentation: A survey”. *Croatian Scientific Bibliography*.
77. Kasza, R., Donkó, T., Matics, Zs., Nagy, I., Csóka, Á., Kovács, Gy., Gerencsér, Zs., Dalle Zotte, A., Cullere, M., Szendrő, Zs. (2020a). „Rabbit Lines Divergently Selected for Total Body Fat Content: Correlated Responses on Growth Performance and Carcass Traits”. *Animals* 10.10. ISSN: 2076-2615. DOI: [10.3390/ani10101815](https://doi.org/10.3390/ani10101815).
78. Kasza, R., Szendrő, Zs., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Nagy, I., Kovács, Gy., Csóka, Á., Petneházy, Ö., Garamvölgyi, R., Repa, I., Donkó, T. (2021b). „Növendéknyulak teljes test zsirtartalmának becslése computer tomográffal (Estimation of total body fat content in growing rabbits by means of computed tomography)”. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 70, 45–57. old. URL: http://real-j.mtak.hu/16449/1/ATT_2021_1_FINALr.pdf#page=47.
79. Khalil, M. H., Al-Saef, A. M. (2008). „Methods, criteria, techniques and genetic responses for rabbit selection: a review”. *Proc. 9th World Rabbit Congress*, 1–22. old.
80. Kikinis, R., Pieper, S. D., Vosburgh, K. G. (2014). „3D Slicer: A Platform for Subject-Specific Image Analysis, Visualization, and Clinical Support”. *Intraoperative Imaging and Image-Guided Therapy*. Szerk. F. A. Jolesz. New York, NY: Springer New York, 277–289. old. ISBN: b978-1-4614-7657-3. DOI: [10.1007/978-1-4614-7657-3_19](https://doi.org/10.1007/978-1-4614-7657-3_19).
81. Kirkpatrick, S., Gelatt Jr., C. D., Vecchi, M. P (1983). „Optimization by simulated annealing”. *science* 220.4598, 671–680. old.
82. Klein, S., Staring, M., Murphy, K., Viergever, M. A., Pluim, J. P. W. (2010). „elastix: A Toolbox for Intensity-Based Medical Image Registration”. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 29.1, 196–205. old. DOI: [10.1109/tmi.2009.2035616](https://doi.org/10.1109/tmi.2009.2035616).
83. Knol, E. F., Nielsen, B., Knap, P. W. (2016). „Genomic selection in commercial pig breeding”. *Animal Frontiers* 6.1, 15–22. old. ISSN: 2160-6056. DOI: [10.2527/af.2016-0003](https://doi.org/10.2527/af.2016-0003).
84. Kolstad, K., Jopson, N. B., Vangen, O. (1996). „Breed and sex differences in fat distribution and mobilization in growing pigs fed at maintenance”. *Livestock Production*

- Science* 47.1, 33–41. old. ISSN: 0301-6226. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(96\)01001-9](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(96)01001-9).
85. Kolstad, K., Vangen, O. (1996). „Breed differences in maintenance requirements of growing pigs when accounting for changes in body composition”. *Livestock Production Science* 47.1, 23–32. old.
86. Kou, X., Yang, Y., Xue, H., Wang, L., Li, L. (2024). „Revealing in vivo broiler chicken growth state: Integrating CT imaging and deep learning for non-invasive reproductive phenotypic measurement”. *Computers and Electronics in Agriculture* 227, 109477. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2024.109477](https://doi.org/10.1016/j.compag.2024.109477).
87. Kvam, J., Gangsei, L. E., Kongsro, J., Schistad Solberg, A. H. (2018). „The use of deep learning to automate the segmentation of the skeleton from CT volumes of pigs1”. *Translational Animal Science* 2.3, 324–335. old. ISSN: 2573-2102. DOI: [10.1093/tas/txy060](https://doi.org/10.1093/tas/txy060).
88. Kövér, György, Horn, Péter, Kovách, Gábor, Pászthy, György (1993). „Computer tomográfiával nyert adatok és a vágóérték-adatok összefüggése sertésekben”. *Kaposvári Állattenyésztési Napok '93*, 76–83. old.
89. Lanzolla, A. M. L., Andria, G., Attivissimo, F., Cavone, G., Spadavecchia, M., Magli, T. (2009). „Denoising filter to improve the quality of CT images”. 947–950. old. DOI: [10.1109/IMTC.2009.5168588](https://doi.org/10.1109/IMTC.2009.5168588).
90. Larsen, R. (2000). „3-D contextual Bayesian classifiers”. *IEEE Transactions on Image Processing* 9.3, 518 – 524. DOI: [10.1109/83.826789](https://doi.org/10.1109/83.826789).
91. Larzul, C., Gondret, F., Combes, S., Rochambeau, H. de (2005). „Divergent selection on 63-day body weight in the rabbit: response on growth, carcass and muscle traits”. *Genetics Selection Evolution* 37.1, 105. old. ISSN: 1297-9686. DOI: [10.1186/1297-9686-37-1-105](https://doi.org/10.1186/1297-9686-37-1-105).
92. Latino, L. R., Pica-Ciamarra, U., Wisser, D. (2020). „Africa: The livestock revolution urbanizes”. *Global Food Security* 26, 100399. old. ISSN: 2211-9124. DOI: [10.1016/j.gfs.2020.100399](https://doi.org/10.1016/j.gfs.2020.100399).
93. Lauridsen, H., Hansen, K., Wang, T., Agger, P., Andersen, J. L., Knudsen, P. S., Rasmussen, A. S., Uhrenholt, L., Pedersen, M. (2011). „Inside Out: Modern Imaging Techniques to Reveal Animal Anatomy”. *PLOS ONE* 6.3, 1–10. old. DOI: [10.1371/journal.pone.0017879](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0017879).

94. Le Bihan-Duval, E., Mignon-Grasteau, S., Millet, N., Beaumont, C. (1998). „Genetic analysis of a selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight”. *British Poultry Science* 39.3, 346–353. old. ISSN: 00071668. DOI: [10.1080/00071669888881](https://doi.org/10.1080/00071669888881).
95. Leighton, P. L. A., Segura, J., Lam, S., Marcoux, M., Wei, X., Lopez-Campos, O., Soladoye, P., Dugan, M. E. R., Juarez, M., Prieto, N. (2022). „Prediction of carcass composition and meat and fat quality using sensing technologies: A review”. *Meat and Muscle Biology* 5.3.
96. Liu, Z., Du, H., Lao, F.-D., Shen, Z.-C., Lv, Y.-H., Zhou, L., Jiang, L., Liu, J.-F. (2024). „PIMFP: An accurate tool for the prediction of intramuscular fat percentage in live pigs using ultrasound images based on deep learning”. *Computers and Electronics in Agriculture* 217, 108552. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2023.108552](https://doi.org/10.1016/j.compag.2023.108552).
97. Lukefahr, S. D., Odi, H. B., Atakora, J. K. (1996). „Mass selection for 70-day body weight in rabbits.” *Journal of Animal Science* 74.7, 1481. old. ISSN: 0021-8812. DOI: [10.2527/1996.7471481x](https://doi.org/10.2527/1996.7471481x).
98. Makaju, S., Prasad, P. W. C., A., Alsadoon, Singh, A. K., Elchouemi, A. (2018). „Lung Cancer Detection using CT Scan Images”. *Procedia Computer Science* 125. The 6th International Conference on Smart Computing and Communications, 107–114. old. ISSN: 1877-0509. DOI: [10.1016/j.procs.2017.12.016](https://doi.org/10.1016/j.procs.2017.12.016).
99. Malinsky, M., Peter, R., Hodneland, E., Lundervold, A. J., Lundervold, A., Jan, J. (2013). „Registration of FA and T1-Weighted MRI Data of Healthy Human Brain Based on Template Matching and Normalized Cross-Correlation”. *Journal of Digital Imaging* 26.4, 774–785. old. ISSN: 1618-727X. DOI: [10.1007/s10278-012-9561-8](https://doi.org/10.1007/s10278-012-9561-8).
100. Marstal, K., Berendsen, F., Staring, M., Klein, S. (2016). „SimpleElastix: A User-Friendly, Multi-lingual Library for Medical Image Registration”. *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops (CVPRW)*, 574–582. old. DOI: [10.1109/CVPRW.2016.78](https://doi.org/10.1109/CVPRW.2016.78).
101. Matics, Zs., Kovács, Gy., Csóka, Á., Ács, V., Kasza, R., Petneházy, Ö., Nagy, I., Garamvölgyi, R., Petrási, Zs., Donkó, T. (2020a). „Automated Estimation of Loin Muscle Mass in Living Rabbits Using Computed Tomography”. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, 63–67. old. DOI: [10.11118/actaun202068010063](https://doi.org/10.11118/actaun202068010063).

102. Matics, Zs., Nagy, I., Gerencser, Zs., Radnai, I., Gyovai, P., Donko, T., Dalle Zotte, A., Curik, I., Szendro, Zs. (2014). „Pannon Breeding Program in rabbit at Kaposvar University”. *World Rabbit Science* 22.4, 287–300. old. DOI: [10.4995/wrs.2014.1511](https://doi.org/10.4995/wrs.2014.1511).
103. Milisits, G., Szentirmai, E., Donkó, T., Budai, Z., Ujvári, J., Áprily, S., Bajzik, G., Sütő, Z. (2015). „Effect of starting body fat content and genotype of laying hens on the changes in their live weight, body fat content, egg production and egg composition during the first egg-laying period”. *British Poultry Science* 56.6, 666–672. old. ISSN: 1466-1799. DOI: [10.1080/00071668.2015.1099612](https://doi.org/10.1080/00071668.2015.1099612).
104. Milisits, Gábor, Donkó, T., Dalle Zotte, A., Sartori, A., Szentirmai, E., Emri, M., Opposits, G., Orbán, A., Pocze, O., Repa, I., Süto, Z. (2013). „Application of computed tomography to assess the effect of egg yolk ratio on body composition in chickens of different genotype and gender at hatch and during the rearing period”. *British Poultry Science* 54.5, 611–619. old. ISSN: 00071668. DOI: [10.1080/00071668.2013.811714](https://doi.org/10.1080/00071668.2013.811714).
105. Mohammadi, V., Ghasemi-Varnamkhashti, M., Ebrahimi, R., Abbasvali, M. (2014). „Ultrasonic techniques for the milk production industry”. *Measurement* 58, 93–102. old. ISSN: 0263-2241. DOI: [10.1016/j.measurement.2014.08.022](https://doi.org/10.1016/j.measurement.2014.08.022).
106. Mottet, A., Tempio, G. (2017). „Global poultry production: Current state and future outlook and challenges”. *World's Poultry Science Journal* 73.2, 245–256. old. ISSN: 17434777. DOI: [10.1017/S0043933917000071](https://doi.org/10.1017/S0043933917000071).
107. Nagy, I., Czakó, B., Ács, V. (2016). „Estimating dominance effects and inbreeding depression of carcass traits in Pannon White rabbits”. *Acta Agraria Kaposváriensis* 20.1, 21–27. old. URL: <https://journal.uni-mate.hu/index.php/aak/article/view/2134>.
108. Nagy, I., Gyovai, P., Radnai, I., Nagyné Kiszlinger, H., Farkas, J., Szendrő, Z. (2013). „Genetic parameters, genetic trends and inbreeding depression of growth and carcass traits in Pannon terminal line rabbits”. *Archives Animal Breeding* 56.1, 191–199. old. DOI: [10.7482/0003-9438-56-018](https://doi.org/10.7482/0003-9438-56-018).
109. Nagy, I., Ibáñez, N., Romvári, R., Mekki, W., Metzger, Sz., Horn, P., Szendrő, Zs. (2006). „Genetic parameters of growth and in vivo computerized tomography based carcass traits in Pannon White rabbits”. *Livestock Science* 104.1, 46–52. old. ISSN: 1871-1413. DOI: [10.1016/j.livsci.2006.03.009](https://doi.org/10.1016/j.livsci.2006.03.009).

110. Newcom, D. W., Baas, T. J., Lampe, J. F. (2002). „Prediction of intramuscular fat percentage in live swine using real-time ultrasound1”. *Journal of Animal Science* 80.12, 3046–3052. old. ISSN: 0021-8812. DOI: [10.2527/2002.80123046x](https://doi.org/10.2527/2002.80123046x).
111. Ng, F., Kozarski, R., Ganeshan, B., Goh, V. (2013). „Assessment of tumor heterogeneity by CT texture analysis: Can the largest cross-sectional area be used as an alternative to whole tumor analysis?”. *European Journal of Radiology* 82.2, 342–348. old. ISSN: 0720-048X. DOI: [10.1016/j.ejrad.2012.10.023](https://doi.org/10.1016/j.ejrad.2012.10.023).
112. Ngo, L., Ho, H., Hunter, P., Quinn, K., Thomson, A., Pearson, G. (2016). „Post-mortem prediction of primal and selected retail cut weights of New Zealand lamb from carcass and animal characteristics”. *Meat Science* 112, 39–45. old. ISSN: 0309-1740. DOI: [10.1016/j.meatsci.2015.10.012](https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2015.10.012).
113. Nordbø, Ø., Sagevik, R., Kongsro, J., Mikkelsen, K., Gjuvsland, A. B., Gaustad, A.-H., Olsen, D., Remme, E. W., Grindflek, E. (2022). „A high-throughput study of visceral organs in CT-scanned pigs”. *Scientific Reports* 12.1. ISSN: 2045-2322. DOI: [10.1038/s41598-022-13253-7](https://doi.org/10.1038/s41598-022-13253-7).
114. Ohlerth, S., Scharf, G. (2007). „Computed tomography in small animals – Basic principles and state of the art applications”. *The Veterinary Journal* 173.2, 254–271. old. ISSN: 1090-0233. DOI: [10.1016/j.tvjl.2005.12.014](https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2005.12.014).
115. Oldenbroek, K., Waaij, L. van der (2015). *Textbook Animal Breeding and Genetics for BSc students*. Centre for Genetic Resources The Netherlands, Animal Breeding és Genomics Centre.
116. Oviedo-Rondón, E. O., Parker, J., Clemente-Hernández, S. (2007). „Application of real-time ultrasound technology to estimate in vivo breast muscle weight of broiler chickens”. *British Poultry Science* 48.2, 154–161. old. ISSN: 00071668. DOI: [10.1080/00071660701247822](https://doi.org/10.1080/00071660701247822).
117. Pahlberg, T. (2014). „Wood Fingerprints: Recognition of Sawn Wood Products”. Dissz. Luleå tekniska universitet.
118. Pan, X., Zhu, J., Tai, W., Fu, Y. (2021). „An automated method to quantify the composition of live pigs based on computed tomography segmentation using deep neural networks”. *Computers and Electronics in Agriculture* 183, 105987. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2021.105987](https://doi.org/10.1016/j.compag.2021.105987).

119. Pascual, J. J., Blanco, J., Piquer, O., Quevedo, F., Cervera, C. (2004). „Ultrasound measurements of perirenal fat thickness to estimate the body condition of reproducing rabbit does in different physiological states”. *World Rabbit Science* 12.1, 7–21. old.
120. Peppmeier, Z. C., Howard, J. T., Knauer, M. T., Leonard, S. M. (2023). „Estimating backfat depth, loin depth, and intramuscular fat percentage from ultrasound images in swine”. *animal* 17.10, 100969. old.
121. Pereira, A., Franco-Gonçalo, P., Leite, P., Ribeiro, A., Alves-Pimenta, M. S., Colaço, B., Loureiro, C., Gonçalves, L., Filipe, V., Ginja, M. (2023). „Artificial Intelligence in Veterinary Imaging: An Overview”. 10.5. ISSN: 23067381. DOI: [10.3390/vetsci10050320](https://doi.org/10.3390/vetsci10050320).
122. Petneházy, Ö., Rück, S., Sós, E., Reinitz, L. Z. (2023). „3D Reconstruction of the Blood Supply in an Elephant’s Forefoot Using Fused CT and MRI Sequences”. *Animals* 13.11. ISSN: 2076-2615. DOI: [10.3390/ani13111789](https://doi.org/10.3390/ani13111789).
123. Picouet, P. A., Teran, F., Gispert, M., Font i Furnols, M. (2010). „Lean content prediction in pig carcasses, loin and ham by computed tomography (CT) using a density model”. *Meat Science* 86.3, 616–622. old. ISSN: 0309-1740. DOI: [10.1016/j.meatsci.2010.04.039](https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.04.039).
124. Pomar, C., Remus, A. (2019). „Precision pig feeding: a breakthrough toward sustainability”. *Animal Frontiers* 9.2, 52–59. old. ISSN: 2160-6056. DOI: [10.1093/af/vfz006](https://doi.org/10.1093/af/vfz006).
125. Prieto, N., Navajas, E. A., Richardson, R. I., Ross, D. W., Hyslop, J. J., Simm, G., Roehe, R. (2010). „Predicting beef cuts composition, fatty acids and meat quality characteristics by spiral computed tomography”. *Meat Science* 86.3, 770–779. old. ISSN: 0309-1740. DOI: [10.1016/J.MEATSCI.2010.06.020](https://doi.org/10.1016/J.MEATSCI.2010.06.020).
126. Rance, K. A., McEntee, G. M., McDevitt, R. M. (2002). „Genetic and phenotypic relationships between and within support and demand tissues in a single line of broiler chicken”. *British Poultry Science* 43.4, 518–527. old. ISSN: 00071668. DOI: [10.1080/0007166022000004426](https://doi.org/10.1080/0007166022000004426).
127. Romvári, R., Dobrowolski, A., Repa, I., Allen, P., Olsen, E., Szabó, A., Horn, P. (2006). „Development of a computed tomographic calibration method for the determination of lean meat content in pig carcasses”. *Acta Veterinaria Hungarica* 54.1, 1–10. old. ISSN: 02366290. DOI: [10.1556/AVet.54.2006.1.1](https://doi.org/10.1556/AVet.54.2006.1.1).

128. Romvári, R., Perényi, M., Horn, P. (1994). „In vivo measurement of total body fat content of broiler chickens by X-ray computerised tomography”. *Znan. Prak. Poljopr. Tehnol.* 24.1, 215–220. old.
129. Romvári, R., Szendrő, Z., Horn, P. (1996). „Studies on the growth of rabbits by X-ray computerised tomography.” *Acta Veterinaria Hungarica* 44.2, 135–144. old.
130. Romvári, R. (2005). „Keresztmetszeti képalkotó eljárások (CT, MRI) állattenyésztési alkalmazási lehetőségei”. MTA doktori értekezés. Kaposvár: Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar. URL: https://real.sztaki.hu/209/1/Romvari_Robert.pdf.
131. Romvári, R., Milisits, G., Szendrő, Zs., Horn, P. (1996). „Measurement of the total body fat content of growing rabbits by X-ray computerised tomography and direct chemical analysis”. 44, 145–151. old.
132. Scholz, A. M., Bünger, L., Kongsro, J., Baulain, U., Mitchell, A. D. (2015). „Non-invasive methods for the determination of body and carcass composition in livestock: dual-energy X-ray absorptiometry, computed tomography, magnetic resonance imaging and ultrasound: invited review”. *Animal* 9.7, 1250–1264. old. ISSN: 1751-7311. DOI: [10.1017/S1751731115000336](https://doi.org/10.1017/S1751731115000336).
133. Schubert, N., Axer, M., Schober, M., Huynh, A. M., Huysegoms, M., Palomero-Gallagher, N., Bjaalie, J. G., Leergaard, T. B., Kirlangic, M. E., Amunts, K., Zilles, K. (2016). „3D reconstructed cyto-, muscarinic M2 receptor, and fiber architecture of the rat brain registered to the waxholm space atlas”. *Frontiers in Neuroanatomy* 10.MAY, 1–13. old. ISSN: 16625129. DOI: [10.3389/fnana.2016.00051](https://doi.org/10.3389/fnana.2016.00051).
134. Schwarz, T., Połtowicz, K., Nowak, J., Murawski, M., Małopolska, M. M., Andres, K., Wojtysiak, D., Jamieson, M., Bartlewski, P. M. (2019). „Quantitative echotextural attributes of pectoralis major muscles in broiler chickens: Physicochemical correlates and effects of dietary fat source”. *Animals* 9.6, 0–12. old. ISSN: 20762615. DOI: [10.3390/ani9060306](https://doi.org/10.3390/ani9060306).
135. Sehested, E. (1986). „In vivo prediction of lamb carcass composition by computerized tomography”. 81 pp. Dissz. Department of Animal Science, Agricultural University of Norway.
136. Shahbandeh, M. *Forecast volume of poultry meat consumed in the European Union (EU 27) from 2015 to 2030**. Közölt: 2024-07-04. URL: <https://www.statista.com>.

com/statistics/545577/poultry-meat-consumption-volume-european-union-28/.

137. Shamonin, D., Bron, E., Lelieveldt, B., Smits, M., Klein, S., Staring, M. (2014). „Fast Parallel Image Registration on CPU and GPU for Diagnostic Classification of Alzheimer’s Disease”. *Frontiers in Neuroinformatics* 7. ISSN: 1662-5196. DOI: 10.3389/fninf.2013.00050.
138. Skjervold, H., Grønseth, K., Vangen, O., Evensen, A. (1981). „In vivo estimation of body composition by computerized tomography”. *Zeitschrift für Tierzucht und Züchtungsbiologie* 98.1-4, 77–79. old. DOI: 10.1111/j.1439-0388.1981.tb00330.x.
139. Soni, A., Rai, A. (2021). „CT Scan Based Brain Tumor Recognition and Extraction using Prewitt and Morphological Dilation”. 1–6. old. DOI: 10.1109/ICCCI50826.2021.9402677.
140. Sun, S., Wei, L., Chen, Z., Chai, Y., Wang, S., Sun, R. (2024a). „Nondestructive estimation method of live chicken leg weight based on deep learning”. *Poultry Science* 103.4, 103477. old. ISSN: 0032-5791. DOI: 10.1016/j.psj.2024.103477.
141. Sun, S., Yang, J., Chen, Z., Li, J., Sun, R. (2024b). „Tibia-YOLO: An Assisted-Detection System Combined with Industrial CT Equipment for Leg Diseases in Broilers”. *Applied Sciences (Switzerland)* 14.3. All Open Access, Gold Open Access. DOI: 10.3390/app14031005.
142. Sun, W., Brown, S. B., Leach, R. K. (2012). „An overview of industrial X-ray computed tomography.” URL: <http://eprintspublications.npl.co.uk/5385/>.
143. Szabo, Cs., Babinszky, L., Verstegen, M. W. A., Vangen, O., Jansman, A. J. M., Kanis, E. (1999). „The application of digital imaging techniques in the in vivo estimation of the body composition of pigs: a review”. *Livestock Production Science* 60.1, 1–11. old. ISSN: 0301-6226. DOI: 10.1016/S0301-6226(99)00050-0.
144. Szendrő, Zs., Horn, P., Kövér, Gy., Berényi, E., Radnai, I., Biróné, E. N. (1992). *Journal of Applied Rabbit Research* 15, 799–809. old.
145. Szendrő, Zs., Metzger, Sz., Nagy, I., Szabó, A., Petrási, Zs., Donkó, T., Horn, P. (2012). „Effect of divergent selection for the Computer Tomography measured thigh muscle volume on productive and carcass traits of growing rabbits”. *Livest. Sci.* 149, 167–172. old.

146. Szendrő, Zs., Romvári, R., Nagy, I., Andrásy-Baka, G., Metzger, Sz., Radnai, I., Bíró-Németh, E., Szabó, A., Vígh, Zs., Horn, P. (2005). „Selection of Pannon White rabbits based on computerised tomography.” URL: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:81454385>.
147. Szentirmai, E., Milisits, Gábor, Donkó, T., Budai, Z., Ujvári, J., Fülöp, T., Repa, I., Süto, Z. (2013). „Comparison of changes in production and egg composition in relation to in vivo estimates of body weight and composition of brown and white egg layers during the first egg-laying period”. *British Poultry Science* 54.5, 587–593. old. ISSN: 00071668. DOI: [10.1080/00071668.2013.811717](https://doi.org/10.1080/00071668.2013.811717).
148. Tallentire, C. W., Leinonen, I., Kyriazakis, I. (2016). „Breeding for efficiency in the broiler chicken: A review”. *Agronomy for Sustainable Development* 36.4. ISSN: 17730155. DOI: [10.1007/s13593-016-0398-2](https://doi.org/10.1007/s13593-016-0398-2).
149. Tan, Y., Schwartz, L. H., Zhao, B. (2013). „Segmentation of lung lesions on CT scans using watershed, active contours, and Markov random field”. *Medical Physics* 40.4, 43502. old. DOI: [10.1118/1.4793409](https://doi.org/10.1118/1.4793409).
150. Themistokleous, K. S., Sakellariou, N., Kioussis, E. (2022). „A deep learning algorithm predicts milk yield and production stage of dairy cows utilizing ultrasound echotexture analysis of the mammary gland”. *Computers and Electronics in Agriculture* 198, 106992. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2022.106992](https://doi.org/10.1016/j.compag.2022.106992).
151. Thompson, J. M., Kinghorn, B. P. (1992). „CATMAN: a program to measure CAT scans for prediction of body components in live animals.”
152. *Tyúk és Pulyka Teljesítményvizsgáló Kódex IV*. (2007). Hen and Turkey Performance Testing Code IV. Budapest: Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal.
153. Utnik-Banaś, K., Schwarz, T., Szymanska, E. J., Bartlewski, P. M., Satoła, Ł. (2022). „Scrutinizing Pork Price Volatility in the European Union over the Last Decade”. *Animals* 12.1. ISSN: 2076-2615. DOI: [10.3390/ani12010100](https://doi.org/10.3390/ani12010100).
154. van Laarhoven, P. J. M., Aarts, E. H. L. (1987). „Simulated annealing”. *Simulated Annealing: Theory and Applications*. Dordrecht: Springer Netherlands, 7–15. old. ISBN: 978-94-015-7744-1. DOI: [10.1007/978-94-015-7744-1_2](https://doi.org/10.1007/978-94-015-7744-1_2).
155. Vangen, O., Allen, P. (1984). „X-ray tomography of pigs. Some preliminary results.” English. 52–66. old.

156. Vangen, O., Standal, N., Walach-Janiak, M. (1984). „Tissue deposition rate in genetically lean and fat pigs estimated by computed tomography (CT).”
157. Velavan, A. (2024). „Advancing Diagnostic Frontiers: The Evolving Role of Computed Tomography in Veterinary Medicine”. *Journal of Indian Veterinary Association* 22.3.
158. Vester-Christensen, M., Erbou, S. G. H., Hansen, M. F., Olsen, E. V., Christensen, L. B., Hviid, M., Ersbøll, B. K., Larsen, R. (2009). „Virtual dissection of pig carcasses”. *Meat Science* 81.4, 699–704. old. ISSN: 0309-1740. DOI: [10.1016/j.meatsci.2008.11.015](https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2008.11.015).
159. Vincent, R. D., Janke, A., Sled, J. G., Baghdadi, L., Neelin, P., Evans, A. C. (2004). „MINC 2.0: a modality independent format for multidimensional medical images”. *10th Annual Meeting of the Organization for Human Brain Mapping*. URL: https://www.bic.mni.mcgill.ca/software/minc/hbm04_poster.pdf.
160. Walstra, P., Merkus, G. S. M. (1995). *Procedures for assessment of the lean meat percentage as a consequence of the new EU reference dissection method in pig carcass classification*. Zeist, The Netherlands: DLO-Research Institute for Animal Science és Health.
161. Wang, H., Suh, J. W., Das, S. R., Pluta, J. B., Craige, C., Yushkevich, P. A. (2013). „Multi-Atlas Segmentation with Joint Label Fusion”. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 35.3, 611–623. old. DOI: [10.1109/TPAMI.2012.143](https://doi.org/10.1109/TPAMI.2012.143).
162. Whitley, D. (1994). „A genetic algorithm tutorial”. *Statistics and computing* 4, 65–85. old.
163. Wu, J., Yang, Y., Yang, W., Zha, C., Hou, L., Zhao, S., Wu, W., Liu, Y. (2025). „Non-destructive and efficient prediction of intramuscular fat in live pigs based on ultrasound images and machine learning”. *Computers and Electronics in Agriculture* 234, 110291. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2025.110291](https://doi.org/10.1016/j.compag.2025.110291).
164. Xiberta, P., Bardera, A., Boada, I., Gispert, M., Brun, A., Font-i-Furnols, M. (2018). „Evaluation of an automatic lean meat percentage quantification method based on a partial volume model from computed tomography scans”. *Computers and Electronics in Agriculture* 151, 365–375. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2018.06.019](https://doi.org/10.1016/j.compag.2018.06.019).

165. Xiberta, P., Boada, I., Bardera, A., Font-i-Furnols, M. (2017). „A semi-automatic and an automatic segmentation algorithm to remove the internal organs from live pig CT images”. *Computers and Electronics in Agriculture* 140, 290–302. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2017.06.003](https://doi.org/10.1016/j.compag.2017.06.003).
166. Yadav, P. K., Prajapati, N. L. (2012). „An overview of genetic algorithm and modeling”. *International Journal of Scientific and Research Publications* 2.9, 1–4. old.
167. Yamamoto, T., Kent, M. S., Wisner, E. R., Johnson, L. R., Stern, J. A., Qi, L., Fujita, Y., Boone, J. M. (2016). „Single-energy computed tomography-based pulmonary perfusion imaging: Proof-of-principle in a canine model”. *Medical Physics* 43.7, 3998–4007. old. DOI: [10.1118/1.4953188](https://doi.org/10.1118/1.4953188).
168. Yan, S., Dong, Y. (2021). „GMM Based Simultaneous Reconstruction and Segmentation in X-Ray CT Application”. Szerk. E. Abderrahim, F. Jalal, Q. Yvain, R. Julien, S. Loïc, 503–515. old.
169. Yang, Ch. K., Orphanoudakis, S. C., Strohbehn, J. W. (1982). „A simulation study of motion artefacts in computed tomography”. *Physics in Medicine & Biology* 27.1, 51. old. ISSN: 0031-9155. DOI: [10.1088/0031-9155/27/1/005](https://doi.org/10.1088/0031-9155/27/1/005).
170. Yu, Y., Wang, Ch., Fu, Q., Kou, R., Huang, F., Yang, B., Yang, T., Gao, M. (2023). „Techniques and Challenges of Image Segmentation: A Review”. *Electronics* 12.5. ISSN: 2079-9292. DOI: [10.3390/electronics12051199](https://doi.org/10.3390/electronics12051199).
171. Zitová, B., Flusser, J. (2003). „Image registration methods: a survey”. *Image and Vision Computing* 21.11, 977–1000. old. ISSN: 0262-8856. DOI: [10.1016/S0262-8856\(03\)00137-9](https://doi.org/10.1016/S0262-8856(03)00137-9).

12. *Egyéb források*

1. *136/2011. (XII. 22.) VM rendelet a vágósertések vágás utáni minősítéséről és a hasított féltetek kereskedelmi osztályba sorolásáról* (2011). Nemzeti Jogszabálytár. URL: <https://njt.hu/jogszabaly/2011-136-20-2Y> (elérés dátuma 2025. 05. 27.).
2. *3D Slicer image computing platform*. Letöltve: 2025-04-07. URL: <https://www.slicer.org/>.
3. *9/1994. (III. 10.) FM rendelet a vágósertések és vágómarhák vágás utáni minősítéséről és a hasított féltetek kereskedelmi osztályba sorolásáról* (1994). Jogkódex. URL: https://jogkodex.hu/jasz/1994_9_fm_rendelet_4031667 (elérés dátuma 2025. 05. 27.).
4. *A Bizottság (EU) 2024/1262 felhatalmazáson alapuló irányelve. 2010/63/EU európai parlamenti és tanácsi irányelvek*. Letöltve: 2025-04-04. URL: https://eur-lex.europa.eu/legal-content/HU/TXT/PDF/?uri=OJ:L_202401262&qid=1743765368424.
5. *Agroscope, Federal Office for Agriculture - FOAG, Switzerland*. Letöltve: 2025-05-28. URL: <https://www.agroscope.admin.ch/agroscope/en/home/topics/livestock/pork.html>.
6. *Canon Medical Systems - Mobile CT*. Letöltve: 2025-03-16. URL: <https://global.medical.canon/products/computed-tomography/mobilect>.
7. *Csirkék feldolgozásához használt jupyter notebook-ok. GitHub*. Jupyter Notebooks Used for Broiler Chicken Data Processing. Letöltve: 2023-10-25. URL: https://github.com/cseka7/chicken_ct_weights.
8. *Danish Technological Institute - DMRI. Franciaország*. Letöltve: 2025-03-28. URL: <https://www.dti.dk/services/dmri/31729>.
9. *DICOM File Format*. Letöltve: 2024-01-09. URL: https://dicom.nema.org/medical/dicom/current/output/chtml/part10/chapter_7.html.
10. *Elastix*. Letöltve: 2025-04-04. URL: <https://elastix.dev/index.php>.

11. *fitPlanes2Fiducials. 3D Slicer modul.* Letöltve: 2024-01-16. URL: <https://github.com/cseka7/fitPlanes2Fiducials-slicer.git>.
12. *InHealth Group - MRI Fleet.* Letöltve: 2025-08-01. URL: <https://www.inhealthgroup.com/mobiles/mri-fleet/>.
13. *Innovations in R&D: CT Scanning Technology.* Letöltve: 2025-03-28. URL: <https://www.hybridturkeys.com/en/news/ct-scanning-offers-possibilities/>.
14. *INRAE/IFIP. Franciaország.* Letöltve: 2025-03-28. URL: <https://eng-sqpov.paca.hub.inrae.fr/projects-partnership/partnerships/industrial-partnerships/ifip>.
15. *IRTA. SPAIN - Computerized tomography.* Letöltve: 2025-03-28. URL: <https://www.thepigsite.com/news/2016/05/ct-scans-a-new-tool-for-the-meat-industry-1#:~:text=IRTA%20owns%20a%20CT%20scan,as%20a%20service%20to%20companies>.
16. *ISO 14001:2015 environmental management system.* Letöltve: 2025-04-04. URL: <https://www.iso.org/files/live/sites/isoorg/files/store/en/PUB100371.pdf>.
17. *ISO 9001:2015 Quality management systems.* Letöltve: 2025-04-04. URL: <https://www.iso.org/files/live/sites/isoorg/files/store/en/PUB100373.pdf>.
18. *JSR Genetics. CT Scans Used To Spot Pigs With The X Factor.* Letöltve: 2025-03-28. URL: <https://www.thepigsite.com/articles/ct-scans-used-to-spot-pigs-with-the-x-factor#:~:text=Image>.
19. *madneo - Mobile MRI service.* Letöltve: 2025-08-01. URL: <https://medneo.co.uk/mobile-mri-service/>.
20. *maweight. GitHub python csomag.* Letöltve: 2021-01-11. URL: <https://github.com/cseka7/maweight>.
21. *Meridian.* Letöltve: 2025-03-16. URL: <https://www.meridianleasing.com/equipment/medical/ct-scanners/mobile-ge-lightspeed-64>.
22. *Modular Devices.* Letöltve: 2025-03-16. URL: <https://www.modulardevices.com/ct-scanners>.
23. *Neuroimaging informatics technology initiative.* Letöltve: 2024-01-09. URL: <https://nifti.nimh.nih.gov/>.

24. *NeuroLogica*. Letöltve: 2025-03-16. URL: <https://www.neurologica.com/blog/what-is-mobile-ct-scan>.
25. *Nyulak feldolgozásához használt jupyter notebook-ok*. *GitHub*. Jupyter Notebooks Used for Rabbit Data Processing. Letöltve: 2021-04-03. URL: https://github.com/cseka7/rabbit_ct_weights.
26. *PIGWEB. An infrastructure for experimental research for sustainable pig production*. Letöltve:2025-03-27. URL: <https://www.pigweb.eu/>.
27. *Sertés fél karkaszok feldolgozásához használt jupyter notebook-ok*. *GitHub*. Jupyter Notebooks Used for Processing Pig Half-Carcasses. Letöltve: 2024-07-17. URL: https://github.com/cseka7/pork_ct_weight.
28. *Siemens Healthineers - Mobile MAGNETOM Avanto*. Letöltve: 2025-08-01. URL: <https://www.siemens-healthineers.com/en-us/magnetic-resonance-imaging/0-35-to-1-5t-mri-scanner/mobile-mri-scanner>.
29. *Siemens Healthineers - SOMATOM On.site*. Letöltve: 2025-03-16. URL: <https://www.siemens-healthineers.com/en-us/computed-tomography/somatom/somatom-on-site>.
30. *Topigs Norsvin (AI). New machine learning model for cuts of pork*. Letöltve: 2025-03-28. URL: <https://topignorsvin.com/news/new-machine-learning-model-for-cuts-of-pork/#:~:text=Quality%20goals>.
31. Vangen, O. (2010). „The effects of including CT in pig breeding programmes”. Letöltve: 2024-03-27. URL: https://agbu.une.edu.au/pig_genetics/pdf/2010/P06-0dd-Vangen-CT.pdf.
32. *Vágósertések vágás utáni minősítése*. Post-Slaughter Grading of Slaughter Pigs. Letöltve: 2025-03-28. URL: <https://faolex.fao.org/docs/pdf/hun15464.pdf>.
33. *Éves húsfogyasztási statisztika*. Letöltve: 2025-03-26. URL: <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/f8c73abe-d26d-4d47-9272-c9b464cc0fc1/content>.

13. *A disszertáció témaköréből megjelent publikációk*

Idegen nyelvű szakfolyóiratban megjelent közlemények

1. **Csóka, Á.**, Kovács, Gy., Ács, V., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Szendrő, Zs., Nagy, I., Petneházy, Ö., Repa, I., Moizs, M., Donkó, T. (2022). „A general technique for the estimation of farm animal body part weights from CT scans and its applications in a rabbit breeding program”. *Computers and Electronics in Agriculture* 196, 106865. old. ISSN: 0168-1699. DOI: [10.1016/j.compag.2022.106865](https://doi.org/10.1016/j.compag.2022.106865).
2. **Csóka, Á.**, Simon, S. E., Farkas, T. P., Szász, S., Sütő, Z., Petneházy, Ö., Kovács, G., Repa, I., Donkó, T. (2025). „In vivo estimation of chicken breast and thigh muscle weights using multi-atlas-based elastic registration on computed tomography images”. *British Poultry Science* 0.0. PMID: 40116605, 1–7. old. DOI: [10.1080/00071668.2025.2472903](https://doi.org/10.1080/00071668.2025.2472903).

Magyar nyelvű szakfolyóiratban megjelent közlemények

1. Donkó, T., **Csóka, Á.**, Petneházy, Ö., Repa, I. (2022). „Komputertomográfia alkalmazása a nyúltenyésztésben (Application of computed tomography in rabbit breeding)”. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 71. 3, 139–147. old. URL: http://real-j.mtak.hu/22359/13/ATT_2022_3_FINALr.pdf#page=5.

Magyar nyelvű konferencia közlemények

1. Donkó, T., **Csóka, Á.**, Gerencsér, Zs., Petneházy, Ö., Repa, I. (2024). „A komputer tomográfia és a képértékelési módszerek fejlődése a nyulak szelekciós célú vizsgálataiban Kaposváron”. *35. Nyúltenyésztési Tudományos Nap [35th Hungarian Conference on Rabbit Production] Kaposvár, 2024. Szeptember 26.* 59–65. old. URL: <https://m2.mtmt.hu/api/publication/35473481>.

14. *A disszertáció témakörén kívül megjelent publikációk*

Idegen nyelvű szakfolyóiratban megjelent közlemények

1. Czeibert, K., Nagy, G., Csörgő, T., Donkó, T., Petneházy, Ö., **Csóka, Á.**, Garamszegi, L. Zs., Kolm, N., Kubinyi, E. (2024). „High-resolution computed tomographic (HRCT) image series from 413 canid and 18 felid skulls”. *Scientific Data* 11. DOI: [10.1038/s41597-024-03572-x](https://doi.org/10.1038/s41597-024-03572-x).
2. Fajtai, D., Tóth, Z., Fekesházy, A., **Csóka, Á.**, Takács, A., Vajda, Zs., Repa, I. (2019a). „Comparing Automated Regional Analysis Techniques of Neurologic 18F-Fluoro-L-DOPA Images”. 46. köt., 795–795. old. DOI: [10.11118/10.1007/s00259-019-04486-2](https://doi.org/10.11118/10.1007/s00259-019-04486-2).
3. Fajtai, D., Tóth, Z., Fekesházy, A., **Csóka, Á.**, Takács, A., Vajda, Zs., Repa, I. (2019b). „Comparison of Cortical Parcellation Based Asymmetry Index Calculation Methods in PET/MRI Epilepsy Diagnostic”. 46. köt., 792–793. old. DOI: [10.11118/10.1007/s00259-019-04486-2](https://doi.org/10.11118/10.1007/s00259-019-04486-2).
4. Kasza, R., Donkó, T., Matics, Zs., Nagy, I., **Csóka, Á.**, Kovács, Gy., Gerencsér, Zs., Dalle Zotte, A., Cullere, M., Szendrő, Zs. (2020b). „Rabbit Lines Divergently Selected for Total Body Fat Content: Correlated Responses on Growth Performance and Carcass Traits”. *Animals* 10.10. ISSN: 2076-2615. DOI: [10.3390/ani10101815](https://doi.org/10.3390/ani10101815).
5. Kasza, R., Szendrő, Zs., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Nagy, I., Kovács, Gy., **Csóka, Á.**, Petneházy, Ö., Garamvölgyi, R., Repa, I., Donkó, T. (2021c). „Növendéknyulak teljes test zsírtartalmának becslése computer tomográffal (Estimation of total body fat content in growing rabbits by means of computed tomography)”. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 70, 45–57. old. URL: http://real-j.mtak.hu/16449/1/ATT_2021_1_FINALr.pdf#page=47.
6. Keszthelyi, S., Binder, A., **Csóka, Á.**, Pónya, Zs., Donkó, T. (2021a). „Computer tomography-assisted visualization of the movement triggered by frost in *Ostrinia*

- nubilalis overwintering in maize stalks”. *Physiological Entomology* 46, 138–144. old. DOI: [10.1111/phen.12353](https://doi.org/10.1111/phen.12353).
7. Keszthelyi, S., Gerbovits, B., Donkó, T., **Csóka, Á.**, Balog, A., Somfalvi-Tóth, K. (2024). „Comparative analysis of hidden damage caused by the stem borer *Ceutorhynchus* species in oilseed rape using computer tomography”. *Agricultural and Forest Entomology*. ISSN: 1461-9555. DOI: [10.1111/afe.12669](https://doi.org/10.1111/afe.12669).
 8. Keszthelyi, S., Pónya, Zs., **Csóka, Á.**, Bázár, Gy., Morschhauser, T., Donkó, T. (2020). „Non-destructive imaging and spectroscopic techniques to investigate the hidden-lifestyle arthropod pests: a review”. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 283–295. old. DOI: [10.1007/s41348-020-00300-6](https://doi.org/10.1007/s41348-020-00300-6).
 9. Keszthelyi, S., Sipos, T., **Csóka, Á.**, Donkó, T. (2021b). „CT-supported analysis of the destructive effects of *Varroa destructor* on the pre-imaginal development of honey bee, *Apis mellifera*”. *Apidologie* 52, 155–162. old. DOI: [10.1111/1744-7917.12753](https://doi.org/10.1111/1744-7917.12753).
 10. Keszthelyi, S., Sipos, T., **Csóka, Á.**, Donkó, T. (2021c). „X-ray based computed tomography, a non-invasive approach in order to assess the damage caused by *Lamprodila festiva* of hidden lifestyle”. *Plant Protection Science* 58.1, 65–69. old. ISSN: 12122580. DOI: [10.17221/78/2021-PPS](https://doi.org/10.17221/78/2021-PPS).
 11. Keszthelyi, S., Szöllősi, D., Strobel, L., Osváth, Sz., Szigeti, K., Pónya, Zs., **Csóka, Á.**, Donkó, T. (2021d). „Novel, X-ray supported kinetic imaging of hidden-lifestyle arthropods”. *Insect Science*, 281–284. old. DOI: [10.1111/1744-7917.12753](https://doi.org/10.1111/1744-7917.12753).
 12. Matics, Zs., Kovács, Gy., **Csóka, Á.**, Ács, V., Kasza, R., Petneházy, Ö., Nagy, I., Garamvölgyi, R., Petrási, Zs., Donkó, T. (2020b). „Automated Estimation of Loin Muscle Mass in Living Rabbits Using Computed Tomography”. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, 63–67. old. DOI: [10.11118/actaun202068010063](https://doi.org/10.11118/actaun202068010063).
 13. Petnehazy, O., Donko, T., Ellis, R., **Csoka, A.**, Czeibert, K., Baksa, G., Zucker, E., Repa, K., Takacs, A., Repa, I., Mariann, M. (2021). „Creating a cross-sectional, CT and MR atlas of the Pannon minipig”. *Anatomia Histologia Embryologia – Journal of Veterinary Medicine Series C* 50, 562–571. old. DOI: [10.1111/ahe.12657](https://doi.org/10.1111/ahe.12657).
 14. Petneházy, Ö., **Csóka, Á.**, Fajtai, D., Echols, S., Donkó, T. (2024). „CT-based 3D reconstruction and basic anatomical analysis of the 3D anatomy of the air sac

system in domestic birds”. *Anatomia Histologia Embryologia - Journal of Veterinary Medicine Series C* 53. ISSN: 0340-2096. DOI: [10.1111/ahc.13022](https://doi.org/10.1111/ahc.13022).

15. Sipos, T., Donkó, T., **Csóka, Á.**, Kiss, T., Keszthelyi, S. (2023a). „Comparative micro-computed tomographic analysis of the structure of brood cells and its effect on the development of the pupae of honey bee (*Apis mellifera*)”. *European Journal of Entomology* 120, 9–14. old.

Idegen nyelvű konferencia közlemények

1. Kasza, R., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Szendrő, Zs., Nagy, I., **Csóka, Á.**, Donkó, T. (2021a). „Connection Between the Computed Tomography (CT) Estimated Total Body Fat Content of Rabbits at 10 Weeks of Age and Before the First Insemination”. *Proceedings of the World Rabbit Congress*, 108–112. old.
2. **Csóka, Á.**, Petneházy, Ö., Fajtai, D., Donkó, T. (2021b). „Automatic Method for Determining the Number of Lumbar and Thoracic Vertebrae in Rabbits”. *Book of abstracts. 29 th Animal Science Days International Symposium*, 23–23. old.

Idegen nyelvű konferencia kiadványban megjelent absztrakt vagy poszter

1. **Csóka, Á.**, Petneházy, Ö., Fajtai, D., Donkó, T. (2021a). „Automatic Method for Determining the Number of Lumbar and Thoracic Vertebrae in Rabbits”. *Book of abstracts. 29 th Animal Science Days International Symposium*. 23–23. old. URL: <https://m2.mtmt.hu/api/publication/32507859>.

Megtartott idegen nyelvű előadás

1. **Csóka, Á.**, Petneházy, Ö., Fajtai, D., Donkó, T. (2021c). „Automatic Method for Determining the Number of Lumbar and Thoracic Vertebrae in Rabbits”. *2021, 29 th Animal Science Days International Symposium*.

Hazai konferencia kiadványban megjelent absztrakt vagy poszter

1. Donkó, T., Jócsák, I., **Csóka, Á.** (2023). „Növényi transzspirációs folyamatok computer tomográfias vizsgálata”. *Alkalmazott Növénytudományi Konferencia : Roncsolásmentes képalkotó technológiák a növénytermesztésben: legújabb eredmények és alkalmazási lehetőségek*, 20–21. old.
2. Keszthelyi, S., Binder, A., **Csóka, Á.**, Donkó, T. (2023a). „A kukoricaszárban telelő kukoricamoly (*ostrinia nubilalis*) lárva fagy által kiváltott mozgásának ct alapú, roncsolásmentes vizsgálata”. *Alkalmazott Növénytudományi Konferencia : Roncsolásmentes képalkotó technológiák a növénytermesztésben: legújabb eredmények és alkalmazási lehetőségek*, 30–30. old.
3. Keszthelyi, S., Sipos, T., **Csóka, Á.**, Donkó, T. (2023b). „A boróka-tarkadísbogár (*lamprodila festiva*) által okozott kártételek röntgen alapú komputer-tomográfia módszerével történő, non-invazív feltérképezése”. *2. Alkalmazott Növénytudományi Konferencia : Roncsolásmentes képalkotó technológiák a növénytermesztésben: legújabb eredmények és alkalmazási lehetőségek, 2023. szeptember 28. Kaposvár : Konferencia-összefoglaló*. 31–31. old. URL: <https://m2.mtmt.hu/api/publication/34168450>.
4. Sipos, T., Kovács, A., Donkó, T., **Csóka, Á.**, Szabó, B., Keszthelyi, S. (2023b). „A modern képalkotási technikák nyújtotta lehetőségek a beporzók védelmében”. *2. Alkalmazott Növénytudományi Konferencia : Roncsolásmentes képalkotó technológiák a növénytermesztésben: legújabb eredmények és alkalmazási lehetőségek, 2023. szeptember 28. Kaposvár : Konferencia-összefoglaló*. 43–44. old. URL: <https://m2.mtmt.hu/api/publication/35465618>.
5. Sipos, T., Lukács, H., Keszthelyi, S., Donkó, T., **Csóka, Á.**, Orsi-Gibicsár, Sz. (2024). „Application of human diagnostic computed tomography in the field of entomological research at the Kaposvár Campus”. *XXVII. Tavaszi Szél Konferencia 2024 - Absztraktkötet*, 639–641. old. URL: <https://m2.mtmt.hu/api/publication/35447806>.

15. *Szakmai önéletrajz*

1987. szeptember 9-én születtem Dunaszerdahelyen. Középiskolai tanulmányaimat a Jedlik Ányos Elektrotechnikai Szakközépiskola és Kereskedelmi Akadémiában végeztem, ahol számítógép-rendszerek szakirányon szereztem érettségit és szakképesítést. Ezt követően a felsőfokú tanulmányaimat a Pécsi Tudományegyetem Természettudományi Karán folytattam, ahol 2012-ben fizikus BSc diplomát, majd 2015-ben fizikus mesterszakos (MSc) végzettséget szereztem informatikus-fizikus szakirányon.

Szakmai pályafutásomat 2015-ben kezdtem a Kaposvári Egyetemen működő Diagnosztikai és Onkoradiológiai Intézetben, ahol állattudományi és ipari, később pedig növényteni képző vizsgálatok feldolgozásával foglalkoztam. E munkakörömet folyamatosan elláttam a különböző szervezeti és intézményi változások során. 2018-tól 2021-ig a Somogy Megyei Kaposi Mór Oktató Kórház keretében működő Dr. Baka József Diagnosztikai, Onkoradiológiai, Kutatási és Oktatási Központban folytattam munkámat, 2016-tól csatlakoztam a Medicopus Nonprofit Kft. csapatához, ahol jelenleg is dolgozom. Tevékenységem középpontjában szinte végig az állattenyésztési célú CT vizsgálatok feldolgozása, valamint a kapcsolódó képfeldolgozási eljárások fejlesztése állt. 2021-ben sikeresen pályáztam az EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-005 számú projekt keretében meghirdetett PhD ösztöndíjra. Ugyanebben az évben előadóként részt vettem az Animal Science Day nemzetközi szimpóziumon. 2021-től részt veszek az Európai Unió Horizon 2020 PigWeb projektjének kutatói konzorciumában. 2024-től tagja vagyok a World Rabbit Science Association (WRSA) szervezetnek.

Angol nyelvből 2015-ben középfokú nyelvvizsgát szereztem, valamint rendelkezem honosított felsőfokú (C típusú) szlovák nyelvvizsgával.

16. *Mellékletek*

16.1. táblázat. A nyulak bal hátsó végtag izommainak súlyát becsülő regressziós modellek teljesítménye (R^2) jellemzőkiválasztással és anélkül.

Típus	Jellemzőkiválasztással				Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	0,880	0,882	0,882	0,883	0,825	0,863	0,871	0,877	0,871	0,657
atlasz 2	0,874	0,879	0,878	0,878	0,824	0,855	0,867	0,871	0,867	0,664
atlasz 3	0,882	0,881	0,883	0,885	0,825	0,863	0,871	0,874	0,874	0,647
atlasz 4	0,880	0,872	0,881	0,881	0,830	0,854	0,870	0,872	0,868	0,655
atlasz 5	0,879	0,883	0,882	0,882	0,842	0,860	0,874	0,874	0,873	0,679
atlasz 6	0,880	0,882	0,885	0,885	0,822	0,863	0,873	0,874	0,874	0,633
atlasz 7	0,878	0,881	0,880	0,879	0,821	0,848	0,866	0,871	0,864	0,689
atlasz 8	0,879	0,883	0,882	0,883	0,812	0,854	0,874	0,875	0,870	0,675
atlasz 9	0,872	0,875	0,874	0,875	0,811	0,842	0,863	0,865	0,858	0,624
atlasz 10	0,871	0,877	0,876	0,876	0,818	0,852	0,865	0,868	0,863	0,643
atlasz 11	0,872	0,880	0,878	0,872	0,818	0,855	0,870	0,872	0,868	0,636
atlasz 12	0,878	0,883	0,882	0,880	0,828	0,856	0,870	0,874	0,865	0,675
atlasz 13	0,876	0,874	0,878	0,880	0,830	0,860	0,875	0,872	0,872	0,673
atlasz 14	0,874	0,878	0,876	0,877	0,824	0,847	0,862	0,869	0,862	0,624
atlasz 15	0,873	0,880	0,879	0,873	0,822	0,853	0,867	0,871	0,866	0,712
atlasz 16	0,878	0,884	0,882	0,884	0,833	0,856	0,873	0,874	0,871	0,646
átlagatlasz	0,876	0,882	0,880	0,880	0,828	0,855	0,871	0,873	0,870	0,653
több-atlasz	0,984	0,925	0,958	0,975	0,880	0,699	0,873	0,870	0,831	0,699

Megjegyzés: Az R^2 értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Az egyes oszlopokban szereplő legmagasabb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.2. táblázat. A nyulak bal hátsó végtag izmainak súlyát becslő regressziós modellek teljesítményét jellemző R^2 értékek szórása.

Típus	Jellemzőkiválasztással				Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	0,078	0,079	0,078	0,075	0,100	0,091	0,088	0,079	0,086	0,109
atlasz 2	0,081	0,080	0,081	0,081	0,102	0,095	0,090	0,084	0,087	0,147
atlasz 3	0,077	0,081	0,077	0,077	0,094	0,091	0,087	0,084	0,083	0,127
atlasz 4	0,078	0,083	0,076	0,077	0,082	0,101	0,087	0,082	0,086	0,118
atlasz 5	0,082	0,080	0,079	0,078	0,080	0,090	0,086	0,084	0,083	0,118
atlasz 6	0,081	0,080	0,079	0,079	0,098	0,097	0,086	0,084	0,086	0,126
atlasz 7	0,086	0,078	0,078	0,078	0,088	0,101	0,087	0,083	0,087	0,123
atlasz 8	0,078	0,075	0,074	0,074	0,097	0,100	0,084	0,080	0,085	0,136
atlasz 9	0,085	0,084	0,084	0,081	0,097	0,103	0,095	0,089	0,093	0,128
atlasz 10	0,086	0,084	0,085	0,082	0,097	0,101	0,093	0,088	0,091	0,136
atlasz 11	0,085	0,080	0,082	0,085	0,111	0,094	0,090	0,084	0,086	0,143
atlasz 12	0,081	0,078	0,077	0,079	0,099	0,097	0,088	0,081	0,090	0,135
atlasz 13	0,081	0,082	0,081	0,076	0,113	0,090	0,082	0,081	0,081	0,139
atlasz 14	0,082	0,080	0,080	0,079	0,096	0,100	0,092	0,083	0,089	0,145
atlasz 15	0,080	0,078	0,078	0,080	0,101	0,098	0,089	0,084	0,086	0,121
atlasz 16	0,084	0,078	0,078	0,080	0,092	0,104	0,091	0,084	0,088	0,157
átlagatlasz	0,082	0,078	0,080	0,079	0,087	0,103	0,090	0,083	0,088	0,144
több-atlasz	0,012	0,055	0,031	0,018	0,072	0,223	0,085	0,080	0,113	0,120

Megjegyzés: Az alkalmazott keresztvalidáció, 10-fold, 20 ismétlés.

A jelentősen alacsony szórásértékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.3. táblázat. A modellelteljesítményt leíró **RMSE** értékek (gramm) jellemzőkiválasztással és anélkül, a nyulak **bal hátsó végtag izmainak súlyát** becsülő modellek esetén.

Típus	Jellemzőkiválasztással				Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	4,8	4,8	4,8	4,8	5,8	5,1	5,0	4,9	5,0	8,1
atlasz 2	4,9	4,8	4,8	4,8	5,8	5,3	5,1	5,0	5,1	8,0
atlasz 3	4,8	4,8	4,7	4,7	5,8	5,1	5,0	4,9	4,9	8,2
atlasz 4	4,8	5,0	4,8	4,8	5,7	5,3	5,0	5,0	5,0	8,1
atlasz 5	4,8	4,8	4,8	4,8	5,5	5,2	4,9	4,9	4,9	7,9
atlasz 6	4,8	4,8	4,7	4,7	5,8	5,1	4,9	4,9	4,9	8,4
atlasz 7	4,8	4,8	4,8	4,8	5,9	5,4	5,1	5,0	5,1	7,7
atlasz 8	4,8	4,7	4,8	4,8	6,0	5,3	4,9	4,9	5,0	7,9
atlasz 9	5,0	4,9	4,9	4,9	6,0	5,5	5,1	5,1	5,2	8,5
atlasz 10	5,0	4,9	4,9	4,9	5,9	5,3	5,1	5,0	5,1	8,3
atlasz 11	5,0	4,8	4,8	5,0	5,9	5,3	5,0	5,0	5,0	8,4
atlasz 12	4,9	4,7	4,8	4,8	5,8	5,3	5,0	4,9	5,1	7,9
atlasz 13	4,9	4,9	4,8	4,8	5,7	5,2	4,9	5,0	5,0	7,9
atlasz 14	4,9	4,9	4,9	4,9	5,8	5,4	5,1	5,0	5,2	8,5
atlasz 15	4,9	4,8	4,8	4,9	5,9	5,3	5,1	5,0	5,1	7,4
atlasz 16	4,8	4,7	4,8	4,7	5,7	5,3	5,0	4,9	5,0	8,2
átlagatlasz	4,9	4,8	4,8	4,8	5,8	5,3	5,0	4,9	5,0	8,2
több-atlasz	1,8	3,8	2,8	2,2	4,8	7,6	4,9	5,0	5,7	7,6

Megjegyzés: Az **RMSE** értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Minden érték mértékegysége: gramm (g). Az egyes oszlopokban szereplő legkisebb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.4. táblázat. A nyulak hosszú hátizmának súlyát becsülő regressziós modellek teljesítménye (R^2) jellemzőkiválasztással és anélkül.

Típus	Jellemzőkiválasztással				Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	0,761	0,763	0,761	0,761	0,715	0,705	0,748	0,752	0,736	0,571
atlasz 2	0,728	0,727	0,734	0,729	0,661	0,678	0,702	0,701	0,708	0,540
atlasz 3	0,775	0,775	0,775	0,775	0,737	0,744	0,757	0,754	0,758	0,575
atlasz 4	0,750	0,723	0,731	0,744	0,673	0,697	0,701	0,712	0,706	0,507
atlasz 5	0,773	0,775	0,774	0,777	0,703	0,740	0,753	0,757	0,757	0,541
atlasz 6	0,763	0,754	0,759	0,765	0,721	0,718	0,738	0,751	0,735	0,583
atlasz 7	0,769	0,758	0,770	0,763	0,686	0,724	0,742	0,741	0,745	0,530
atlasz 8	0,739	0,738	0,749	0,732	0,670	0,688	0,711	0,714	0,704	0,520
atlasz 9	0,747	0,751	0,763	0,750	0,687	0,713	0,732	0,741	0,734	0,499
atlasz 10	0,776	0,788	0,778	0,779	0,692	0,765	0,768	0,777	0,778	0,524
atlasz 11	0,730	0,745	0,739	0,730	0,656	0,704	0,710	0,715	0,712	0,522
atlasz 12	0,746	0,756	0,769	0,746	0,697	0,721	0,740	0,745	0,743	0,535
atlasz 13	0,754	0,757	0,753	0,754	0,688	0,715	0,736	0,739	0,731	0,506
atlasz 14	0,731	0,704	0,731	0,728	0,662	0,655	0,689	0,696	0,688	0,505
atlasz 15	0,757	0,767	0,756	0,757	0,711	0,699	0,747	0,744	0,734	0,531
atlasz 16	0,763	0,770	0,760	0,763	0,702	0,725	0,745	0,747	0,744	0,533
átlagatlasz	0,779	0,784	0,779	0,779	0,729	0,739	0,768	0,768	0,760	0,595
több-atlasz	0,900	0,860	0,901	0,940	0,783	0,451	0,754	0,762	0,673	0,579

Megjegyzés: Az R^2 értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Az egyes oszlopokban szereplő legmagasabb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.5. táblázat. A nyulak hosszú hátizmának súlyát becsülő regressziós modellek teljesítményét jellemző R^2 értékek szórása.

Típus	Jellemzőkiválasztással				Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	0,148	0,147	0,148	0,148	0,122	0,175	0,151	0,140	0,158	0,128
atlasz 2	0,144	0,145	0,143	0,144	0,135	0,183	0,157	0,156	0,158	0,141
atlasz 3	0,137	0,137	0,137	0,137	0,118	0,138	0,137	0,141	0,134	0,138
atlasz 4	0,147	0,162	0,153	0,149	0,147	0,168	0,169	0,162	0,163	0,149
atlasz 5	0,135	0,132	0,130	0,131	0,125	0,157	0,150	0,144	0,141	0,129
atlasz 6	0,157	0,168	0,165	0,156	0,113	0,184	0,174	0,146	0,168	0,132
atlasz 7	0,146	0,158	0,146	0,148	0,151	0,166	0,162	0,158	0,154	0,155
atlasz 8	0,150	0,147	0,141	0,151	0,139	0,185	0,167	0,155	0,163	0,126
atlasz 9	0,155	0,155	0,147	0,153	0,128	0,177	0,164	0,158	0,160	0,138
atlasz 10	0,120	0,115	0,116	0,116	0,125	0,131	0,127	0,118	0,116	0,125
atlasz 11	0,162	0,153	0,148	0,166	0,133	0,183	0,184	0,160	0,163	0,126
atlasz 12	0,160	0,149	0,150	0,160	0,115	0,164	0,161	0,154	0,152	0,150
atlasz 13	0,150	0,148	0,150	0,149	0,135	0,165	0,158	0,152	0,155	0,136
atlasz 14	0,159	0,174	0,159	0,166	0,125	0,219	0,181	0,165	0,184	0,147
atlasz 15	0,162	0,154	0,161	0,161	0,124	0,193	0,171	0,163	0,170	0,141
atlasz 16	0,153	0,146	0,152	0,153	0,122	0,170	0,156	0,153	0,156	0,139
átlagatlasz	0,136	0,131	0,135	0,136	0,135	0,148	0,138	0,139	0,140	0,117
több-atlasz	0,058	0,072	0,058	0,039	0,094	0,289	0,153	0,132	0,176	0,129

Megjegyzés: Az R^2 értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

A jelentősen alacsony szórásértékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.6. táblázat. Modellteljesítményt leíró **RMSE** értékek (gramm) jellemzőkiválasztással és anélkül, a nyulak **MLD-jének** súlyát becsülő modellek esetén.

Típus	Jellemzőkiválasztással				Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	7,7	7,7	7,7	7,7	8,4	8,6	7,9	7,9	8,1	10,3
atlasz 2	8,2	8,2	8,1	8,2	9,2	9,0	8,6	8,6	8,5	10,7
atlasz 3	7,5	7,5	7,5	7,5	8,1	8,0	7,8	7,8	7,8	10,3
atlasz 4	7,9	8,3	8,2	8,0	9,0	8,7	8,6	8,5	8,6	11,1
atlasz 5	7,5	7,5	7,5	7,5	8,6	8,0	7,8	7,8	7,8	10,7
atlasz 6	7,7	7,8	7,7	7,6	8,3	8,4	8,1	7,9	8,1	10,2
atlasz 7	7,6	7,8	7,6	7,7	8,8	8,3	8,0	8,0	8,0	10,8
atlasz 8	8,1	8,1	7,9	8,2	9,1	8,8	8,5	8,4	8,6	10,9
atlasz 9	7,9	7,9	7,7	7,9	8,8	8,5	8,2	8,0	8,1	11,2
atlasz 10	7,5	7,3	7,4	7,4	8,8	7,6	7,6	7,5	7,4	10,9
atlasz 11	8,2	8,0	8,1	8,2	9,2	8,6	8,5	8,4	8,5	10,9
atlasz 12	8,0	7,8	7,6	8,0	8,7	8,3	8,0	8,0	8,0	10,8
atlasz 13	7,8	7,8	7,8	7,8	8,8	8,4	8,1	8,1	8,2	11,1
atlasz 14	8,2	8,6	8,2	8,2	9,2	9,3	8,8	8,7	8,8	11,1
atlasz 15	7,8	7,6	7,8	7,8	8,5	8,7	7,9	8,0	8,1	10,8
atlasz 16	7,7	7,6	7,7	7,7	8,6	8,3	8,0	7,9	8,0	10,8
átlagatlasz	7,4	7,3	7,4	7,4	8,2	8,1	7,6	7,6	7,7	10,0
több-atlasz	5,0	5,9	5,0	3,9	7,4	11,7	7,8	7,7	9,0	10,2

Megjegyzés: Az **RMSE** értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Minden érték mértékegysége: gramm (g). Az egyes oszlopokban szereplő legkisebb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.7. táblázat. Jellemzőkiválasztással és anélkül kapott keresztvalidációs R^2 értékek (16.4. táblázat) összehasonlítása a nyulak **MLD**-jét becslő modellek esetén.

Típus	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	4×10^{-35} ***	2×10^{-15} ***	1×10^{-18} ***	2×10^{-43} ***	7×10^{-76} ***
atlasz 2	2×10^{-21} ***	5×10^{-8} ***	2×10^{-20} ***	6×10^{-12} ***	1×10^{-46} ***
atlasz 3	9×10^{-11} ***	3×10^{-13} ***	2×10^{-20} ***	4×10^{-11} ***	1×10^{-75} ***
atlasz 4	1×10^{-65} ***	1×10^{-23} ***	0,001 **	8×10^{-27} ***	7×10^{-72} ***
atlasz 5	2×10^{-22} ***	3×10^{-10} ***	3×10^{-11} ***	4×10^{-16} ***	4×10^{-82} ***
atlasz 6	1×10^{-14} ***	1×10^{-7} ***	1×10^{-9} ***	3×10^{-39} ***	6×10^{-40} ***
atlasz 7	2×10^{-27} ***	3×10^{-19} ***	1×10^{-28} ***	1×10^{-7} ***	2×10^{-45} ***
atlasz 8	8×10^{-32} ***	1×10^{-36} ***	8×10^{-30} ***	1×10^{-26} ***	5×10^{-39} ***
atlasz 9	1×10^{-15} ***	4×10^{-12} ***	5×10^{-24} ***	4×10^{-12} ***	1×10^{-94} ***
atlasz 10	0,1	5×10^{-15} ***	0,9	0,3	1×10^{-48} ***
atlasz 11	0,0004 **	4×10^{-18} ***	1×10^{-13} ***	3×10^{-32} ***	1×10^{-48} ***
atlasz 12	1×10^{-8} ***	7×10^{-12} ***	1×10^{-9} ***	0×10^{-5} ***	1×10^{-88} ***
atlasz 13	2×10^{-23} ***	3×10^{-22} ***	2×10^{-28} ***	3×10^{-16} ***	5×10^{-65} ***
atlasz 14	1×10^{-44} ***	6×10^{-13} ***	1×10^{-18} ***	2×10^{-42} ***	2×10^{-81} ***
atlasz 15	7×10^{-47} ***	8×10^{-28} ***	2×10^{-26} ***	1×10^{-26} ***	2×10^{-135} ***
átlagatlasz	5×10^{-26} ***	3×10^{-24} ***	8×10^{-15} ***	7×10^{-28} ***	1×10^{-51} ***
több-atlasz	2×10^{-307} ***	2×10^{-70} ***	4×10^{-148} ***	0×10^{00} ***	2×10^{-125} ***

Megjegyzés: *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$

A p-értékek a Wilcoxon-féle előjeles rangösszeg próba alapján lettek számolva. A nem szignifikáns értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem. A nagyon kicsi értékeket félkövér sötétkék kiemeléssel jelöltem.

16.8. táblázat. Jellemzőkiválasztással és anélkül kapott keresztvalidációs R^2 értékek (16.1. táblázat) összehasonlítása a nyulak **bal hátsó végtag** izmainak súlyát becsülő modellek esetén

Típus	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	5×10^{-25} ***	6×10^{-27} ***	1×10^{-06} ***	1×10^{-26} ***	2×10^{-40} ***
atlasz 2	3×10^{-10} ***	1×10^{-15} ***	2×10^{-10} ***	2×10^{-25} ***	2×10^{-98} ***
atlasz 3	4×10^{-10} ***	3×10^{-14} ***	3×10^{-26} ***	1×10^{-51} ***	2×10^{-97} ***
atlasz 4	3×10^{-31} ***	0,006 **	6×10^{-46} ***	2×10^{-31} ***	8×10^{-115} ***
atlasz 5	1×10^{-19} ***	7×10^{-14} ***	3×10^{-19} ***	1×10^{-17} ***	1×10^{-89} ***
atlasz 6	2×10^{-12} ***	1×10^{-15} ***	4×10^{-19} ***	7×10^{-09} ***	1×10^{-79} ***
atlasz 7	1×10^{-61} ***	1×10^{-52} ***	6×10^{-48} ***	1×10^{-37} ***	8×10^{-92} ***
atlasz 8	3×10^{-30} ***	1×10^{-20} ***	1×10^{-18} ***	2×10^{-20} ***	1×10^{-64} ***
atlasz 9	3×10^{-43} ***	2×10^{-23} ***	7×10^{-45} ***	4×10^{-41} ***	4×10^{-94} ***
atlasz 10	2×10^{-07} ***	1×10^{-47} ***	4×10^{-39} ***	1×10^{-28} ***	3×10^{-86} ***
atlasz 11	9×10^{-15} ***	2×10^{-15} ***	2×10^{-21} ***	0,6	1×10^{-71} ***
atlasz 12	4×10^{-34} ***	5×10^{-29} ***	3×10^{-37} ***	1×10^{-34} ***	7×10^{-85} ***
atlasz 13	2×10^{-08} ***	0,6	3×10^{-07} ***	1×10^{-16} ***	5×10^{-64} ***
atlasz 14	2×10^{-28} ***	1×10^{-32} ***	0,0020 **	3×10^{-18} ***	1×10^{-115} ***
atlasz 15	9×10^{-17} ***	7×10^{-19} ***	2×10^{-26} ***	1×10^{-08} ***	9×10^{-31} ***
atlasz 16	6×10^{-31} ***	2×10^{-16} ***	5×10^{-14} ***	3×10^{-33} ***	3×10^{-103} ***
átlagatlasz	6×10^{-9} ***	2×10^{-42} ***	2×10^{-52} ***	8×10^{-27} ***	1×10^{-75} ***
több-atlasz	0×10^{00}	5×10^{-65} ***	7×10^{-188} ***	0×10^{00}	4×10^{-157} ***

Megjegyzés: *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$

A p-értékek a Wilcoxon-féle előjeles rangösszeg próba alapján lettek számolva. A nem szignifikáns értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem. A nagyon kicsi értékeket félkövér sötétkék kiemeléssel jelöltem.

16.9. táblázat. Nyúlfejek súlyát becslő regressziós modellek teljesítménye (R^2) jellemzőkiválasztással, fej- és koponyaszegmentumok felhasználásával, A és B nyúlállomány esetén.

Rész	Módszer	A állomány			B állomány				
		lineáris	PLS	lasso	lineáris	PLS	lasso		
Fej	A5	0,746	0,998	0,981	0,994	0,455	0,489	0,488	0,679
	A1	0,884	0,998	0,952	0,994	0,554	0,437	0,519	0,592
	B5	0,996	0,991	0,982	0,992	0,532	0,387	0,592	0,572
Koponya	A5	0,997	0,986	0,991	0,998	0,674	0,593	0,698	0,939
	A1	0,995	0,983	0,976	0,990	0,869	0,574	0,861	0,833
	B5	0,998	0,993	0,994	0,973	0,690	0,817	0,690	0,943

A jelölések magyarázata:

A5: „A” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

A1: „A” állományon 1 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

B5: „B” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

16.10. táblázat. Nyúlfejek súlyát becslő regressziós modellek teljesítményének szórása (R^2 szórás) jellemzőkiválasztással, fej- és koponyaszegmentumok felhasználásával, A és B nyúlállomány esetén.

Szegmentált rész	Módszer	A állomány			B állomány				
		lineáris	PLS	lasso ridge	lineáris	PLS	lasso ridge		
Fej	A5	2,743	0,020	0,147	0,081	0,197	0,211	0,210	0,159
	A1	1,971	0,029	0,506	0,079	0,187	0,211	0,199	0,161
	B5	0,075	0,185	0,662	0,172	0,210	0,233	0,190	0,194
Koponya	A5	0,034	0,215	0,218	0,017	0,171	0,184	0,161	0,037
	A1	0,150	0,218	1,166	0,327	0,073	0,179	0,081	0,085
	B5	0,040	0,094	0,123	0,225	0,185	0,107	0,174	0,036

A jelölések magyarázata:

A5: „A” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

A1: „A” állományon 1 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

B5: „B” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

16.11. táblázat. **Nyúlfejek súlyát** becslő regressziós modellek teljesítménye (**RMSE**) jellemzőkiválasztással, fej- és koponyaszegmentumok felhasználásával, A és B nyúlállomány esetén

Segmentált rész	Módszer	A állomány			B állomány				
		lineáris	PLS	lasso ridge	lineáris	PLS	lasso ridge		
Fej	A5	5,0	0,4	1,4	0,8	6,0	5,8	5,9	4,6
	A1	3,4	0,5	2,2	0,8	5,5	6,1	5,7	5,2
	B5	0,6	0,9	1,3	0,9	5,6	6,4	5,2	5,4
Koponya	A5	0,5	1,2	1,0	0,4	4,7	5,2	4,5	2,0
	A1	0,7	1,3	1,5	1,0	3,0	3,3	3,1	3,3
	B5	0,4	0,8	0,8	1,6	4,6	3,5	4,6	2,0

A jelölések magyarázata:

A5: „A” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

A1: „A” állományon 1 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

B5: „B” állományon 5 anatómia pont felhasználásával készült szegmentumok alkalmazása

Megjegyzés: Minden érték mértékegysége: gramm (g).

16.12. táblázat. Broiler csirkék mellizomsúlyára vonatkozó regressziós modellek teljesítménye (R^2) jellemzőkiválasztással és anélkül.

Típus	Jellemzőkiválasztással						Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR		lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	
	atlasz 1	0,892	0,882	0,879	0,894	0,850		0,752	0,863	0,860	0,872	0,652
atlasz 2	0,881	0,882	0,871	0,850	0,831		0,721	0,831	0,821	0,827	0,650	
atlasz 3	0,909	0,907	0,919	0,914	0,814		0,615	0,877	0,874	0,878	0,671	
atlasz 4	0,882	0,902	0,880	0,911	0,761		0,818	0,861	0,879	0,881	0,636	
atlasz 5	0,910	0,902	0,896	0,906	0,827		0,646	0,866	0,859	0,863	0,690	
atlasz 6	0,893	0,896	0,894	0,896	0,835		0,779	0,879	0,879	0,879	0,712	
atlasz 7	0,903	0,910	0,908	0,911	0,846		0,733	0,861	0,848	0,867	0,681	
atlasz 8	0,778	0,798	0,807	0,805	0,677		0,629	0,764	0,730	0,758	0,449	
atlasz 9	0,901	0,899	0,907	0,903	0,822		0,749	0,875	0,868	0,875	0,578	
atlasz 10	0,905	0,894	0,903	0,903	0,743		0,813	0,850	0,864	0,851	0,571	
atlasz 11	0,886	0,909	0,900	0,899	0,850		0,755	0,881	0,884	0,889	0,720	
atlasz 12	0,904	0,912	0,899	0,911	0,819		0,600	0,881	0,866	0,870	0,676	
atlasz 13	0,896	0,898	0,896	0,896	0,839		0,758	0,887	0,879	0,884	0,677	
atlasz 14	0,900	0,889	0,905	0,901	0,817		0,772	0,864	0,851	0,866	0,590	
atlasz 15	0,894	0,905	0,905	0,898	0,815		0,721	0,860	0,851	0,863	0,619	
atlasz 16	0,896	0,899	0,905	0,906	0,836		0,623	0,851	0,855	0,866	0,558	
átlagatlasz	0,908	0,906	0,912	0,914	0,855		0,796	0,884	0,893	0,891	0,728	
több-atlasz	0,979	0,959	0,993	0,995	0,857		0,730	0,851	0,865	0,809	0,672	

Megjegyzés: Az F^2 értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Az egyes oszlopokban szereplő legmagasabb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.13. táblázat. Broiler csirkék mellizomsúlyát becsülő regressziós modellek teljesítményére kapott R^2 értékek szórása.

Típus	Jellemzőkiválasztással						Jellemzőkiválasztás nélkül					
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR		
	atlasz 1	0,392	0,359	0,381	0,318	0,375	0,851	0,387	0,422	0,370	0,961	
atlasz 2	0,310	0,308	0,383	0,406	0,383	0,760	0,476	0,471	0,472	0,671		
atlasz 3	0,205	0,229	0,237	0,228	0,477	1,121	0,268	0,287	0,274	0,476		
atlasz 4	0,353	0,213	0,352	0,233	0,572	0,651	0,314	0,294	0,274	0,487		
atlasz 5	0,280	0,260	0,243	0,268	0,393	1,124	0,301	0,333	0,307	0,529		
atlasz 6	0,352	0,366	0,327	0,342	0,353	0,502	0,408	0,392	0,379	0,566		
atlasz 7	0,356	0,237	0,242	0,223	0,688	0,783	0,547	0,581	0,534	1,089		
atlasz 8	0,397	0,349	0,272	0,314	0,470	1,013	0,386	0,434	0,411	0,567		
atlasz 9	0,289	0,263	0,281	0,307	0,355	0,748	0,316	0,385	0,343	0,586		
atlasz 10	0,254	0,261	0,272	0,284	0,630	0,560	0,718	0,579	0,853	0,971		
atlasz 11	0,391	0,258	0,268	0,280	0,346	0,699	0,398	0,301	0,276	0,666		
atlasz 12	0,251	0,253	0,262	0,217	0,401	0,805	0,248	0,292	0,264	0,559		
atlasz 13	0,255	0,255	0,255	0,255	0,418	0,635	0,302	0,345	0,300	0,599		
atlasz 14	0,291	0,284	0,237	0,277	0,291	0,699	0,456	0,410	0,358	1,444		
atlasz 15	0,242	0,208	0,216	0,265	0,388	1,012	0,404	0,260	0,293	0,753		
atlasz 16	0,298	0,238	0,265	0,258	0,345	1,476	0,393	0,264	0,271	0,561		
átlagatlasz	0,267	0,263	0,278	0,274	0,361	0,568	0,323	0,292	0,291	0,466		
több-atlasz	0,048	0,092	0,015	0,009	0,249	0,967	0,567	0,449	0,641	0,739		

Megjegyzés: Az alkalmazott keresztvalidáció: 10-fold, 20 ismétlés. A jelentősen alacsony szórásértékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.14. táblázat. Broiler csirkék mellizomsúlyát becsülő regressziós modellek **RMSE** értékei (gramm) jellemzőkiválasztással és anélkül.

Típus	Jellemzőkiválasztással					Jellemzőkiválasztás nélkül				
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
	atlasz 1	19,0	19,9	20,1	18,8	22,4	28,8	21,4	21,7	20,7
atlasz 2	19,9	19,9	20,8	22,4	23,8	30,5	23,7	24,4	24,0	34,2
atlasz 3	17,5	17,6	16,5	17,0	24,9	35,9	20,3	20,6	20,2	33,2
atlasz 4	19,9	18,1	20,0	17,2	28,3	24,7	21,6	20,2	20,0	34,9
atlasz 5	17,4	18,1	18,6	17,7	24,1	34,4	21,2	21,8	21,4	32,2
atlasz 6	18,9	18,7	18,9	18,7	23,5	27,2	20,1	20,2	20,1	31,0
atlasz 7	18,0	17,3	17,5	17,3	22,7	29,9	21,6	22,5	21,1	32,7
atlasz 8	27,3	26,0	25,4	25,5	32,9	35,2	28,1	30,1	28,5	42,9
atlasz 9	18,2	18,4	17,6	18,0	24,4	29,0	20,5	21,0	20,5	37,6
atlasz 10	17,8	18,8	18,0	18,0	29,3	25,0	22,4	21,3	22,4	37,9
atlasz 11	19,6	17,5	18,3	18,4	22,4	28,6	20,0	19,7	19,3	30,6
atlasz 12	17,9	17,2	18,4	17,3	24,6	36,6	20,0	21,2	20,8	32,9
atlasz 13	18,6	18,5	18,6	18,6	23,2	28,5	19,5	20,1	19,7	32,9
atlasz 14	18,3	19,3	17,8	18,2	24,7	27,6	21,3	22,3	21,1	37,1
atlasz 15	18,8	17,8	17,8	18,5	24,9	30,5	21,6	22,3	21,4	35,7
atlasz 16	18,7	18,4	17,8	17,7	23,5	35,5	22,3	22,0	21,2	38,4
átlagatlasz	17,6	17,7	17,2	16,9	22,0	26,1	19,7	18,9	19,1	30,2
több-atlasz	8,4	11,7	4,9	4,0	21,9	30,1	22,3	21,2	25,3	33,1

Megjegyzés: Az *RMSE* értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Minden érték mértékegysége: gramm (g). Az egyes oszlopokban szereplő legkisebb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.15. táblázat. Broiler csirkék bal combizomsúlyát becsülő regressziós modellek teljesítménye (R^2) jellemzőkiválasztással és anélkül.

Típus	Jellemzőkiválasztással					Jellemzőkiválasztás nélkül				
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
	atlasz 1	0,578	0,605	0,580	0,593	0,621	0,024	0,493	0,527	0,461
atlasz 2	0,589	0,588	0,590	0,596	0,659	-1,587	0,503	0,456	0,486	0,404
atlasz 3	0,590	0,595	0,590	0,590	0,597	0,057	0,508	0,508	0,490	0,440
atlasz 4	0,576	0,583	0,588	0,576	0,653	0,028	0,477	0,486	0,454	0,382
atlasz 5	0,517	0,532	0,585	0,544	0,599	-0,108	0,434	0,363	0,473	0,365
atlasz 6	0,568	0,564	0,558	0,632	0,574	0,212	0,442	0,479	0,521	0,393
atlasz 7	0,542	0,557	0,550	0,542	0,610	-0,024	0,433	0,444	0,460	0,356
atlasz 8	0,157	0,282	0,274	0,284	0,350	-0,694	0,124	0,113	0,125	0,206
atlasz 9	0,583	0,583	0,663	0,656	0,696	-0,156	0,519	0,522	0,538	0,477
atlasz 10	0,546	0,581	0,598	0,558	0,613	0,013	0,441	0,447	0,456	0,374
atlasz 11	0,542	0,564	0,566	0,545	0,523	-0,702	0,428	0,405	0,394	0,245
atlasz 12	0,551	0,587	0,589	0,567	0,590	0,056	0,513	0,483	0,500	0,353
atlasz 13	0,537	0,552	0,551	0,558	0,564	-0,117	0,442	0,455	0,456	0,362
atlasz 14	0,653	0,634	0,641	0,647	0,591	0,176	0,543	0,524	0,552	0,374
atlasz 15	0,625	0,642	0,654	0,656	0,631	-0,023	0,524	0,534	0,502	0,390
atlasz 16	0,598	0,598	0,595	0,590	0,602	0,080	0,506	0,525	0,467	0,322
átlagatlasz	0,596	0,596	0,619	0,618	0,610	0,155	0,511	0,521	0,514	0,342
több-atlasz	0,755	0,900	0,976	0,965	0,655	0,175	0,463	0,386	0,292	0,399

Megjegyzés: Az R^2 értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Az egyes oszlopokban szereplő legmagasabb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.16. táblázat. Broiler csirkék bal combizomsúlyát becsülő regressziós modellek teljesítményére kapott R^2 értékek szórása.

Típus	Jellemzőkiválasztással					Jellemzőkiválasztás nélkül				
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	0,798	0,707	0,648	0,643	0,580	1,423	0,809	0,607	0,860	0,649
atlasz 2	0,712	0,635	0,593	0,667	0,428	7,606	0,760	0,649	0,688	0,667
atlasz 3	0,658	0,677	0,652	0,651	0,464	1,834	0,642	0,544	0,665	0,586
atlasz 4	0,709	0,714	0,560	0,701	0,604	1,782	0,733	0,564	0,745	0,556
atlasz 5	0,756	0,655	0,709	0,601	0,575	2,026	0,820	0,964	0,726	0,617
atlasz 6	0,738	0,688	0,661	0,575	0,635	1,469	0,856	0,823	0,754	0,786
atlasz 7	0,753	0,733	0,605	0,743	0,718	1,828	0,771	0,795	0,731	0,600
atlasz 8	0,676	0,816	0,837	0,693	0,664	2,832	0,872	0,638	0,768	0,810
atlasz 9	0,795	0,805	0,754	0,659	0,551	2,434	0,803	0,614	0,785	0,605
atlasz 10	0,788	0,817	0,663	0,787	0,592	1,721	0,953	0,585	0,732	0,688
atlasz 11	0,815	0,775	0,747	0,774	0,523	3,876	0,839	0,819	0,898	0,932
atlasz 12	0,757	0,681	0,694	0,602	0,489	1,787	0,772	0,586	0,711	0,610
atlasz 13	0,761	0,733	0,600	0,695	0,543	1,757	0,868	0,671	0,747	0,699
atlasz 14	0,610	0,601	0,580	0,480	0,570	1,187	0,804	0,641	0,650	0,668
atlasz 15	0,728	0,713	0,524	0,514	0,571	1,467	0,842	0,533	0,752	0,558
atlasz 16	0,777	0,708	0,671	0,626	0,548	1,528	0,878	0,618	0,833	0,714
átlagatlasz	0,700	0,700	0,609	0,549	0,607	1,204	0,840	0,593	0,757	0,534
több-atlasz	0,272	0,163	0,044	0,082	0,541	1,189	0,836	0,842	0,980	0,660

Megjegyzés: Az alkalmazott keresztvalidáció, 10-fold, 20 ismétlés.

A jelentősen alacsony szórásértékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.17. táblázat. Broiler csirkék bal combizomsúlyát becsülő regressziós modellek **RMSE** értékei (gramm) jellemzőkiválasztással és anélkül.

Típus	Jellemzőkiválasztással					Jellemzőkiválasztás nélkül				
	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
	atlasz 1	12,2	11,8	12,2	12,0	11,6	18,6	13,4	12,9	13,8
atlasz 2	12,1	12,1	12,0	12,0	11,0	30,3	13,3	13,9	13,5	14,5
atlasz 3	12,0	12,0	12,1	12,0	11,9	18,3	13,2	13,2	13,4	14,1
atlasz 4	12,2	12,1	12,1	12,2	11,1	18,5	13,6	13,5	13,9	14,8
atlasz 5	13,1	12,9	12,1	12,7	11,9	19,8	14,2	15,0	13,7	15,0
atlasz 6	12,4	12,4	12,5	11,4	12,3	16,7	14,1	13,6	13,0	14,7
atlasz 7	12,7	12,5	12,6	12,7	11,8	19,0	14,2	14,0	13,8	15,1
atlasz 8	17,3	15,9	16,0	15,9	15,2	24,5	17,6	17,7	17,6	16,8
atlasz 9	12,1	12,1	10,9	11,0	10,4	20,2	13,0	13,0	12,8	13,6
atlasz 10	12,7	12,2	11,9	12,5	11,7	18,7	14,1	14,0	13,9	14,9
atlasz 11	12,7	12,4	12,4	12,7	13,0	24,5	14,2	14,5	14,6	16,4
atlasz 12	12,6	12,1	12,1	12,4	12,1	18,3	13,1	13,5	13,3	15,1
atlasz 13	12,8	12,6	12,6	12,5	12,4	19,9	14,1	13,9	13,9	15,0
atlasz 14	11,1	11,4	11,3	11,2	12,0	17,1	12,7	13,0	12,6	14,9
atlasz 15	11,5	11,3	11,1	11,0	11,4	19,0	13,0	12,8	13,3	14,7
atlasz 16	11,9	11,9	12,0	12,1	11,9	18,0	13,2	13,0	13,7	15,5
átlagatlasz	12,0	12,0	11,6	11,6	11,7	17,3	13,2	13,0	13,1	15,3
több-atlasz	9,3	5,9	2,9	3,5	11,1	17,1	13,8	14,7	15,8	14,6

Megjegyzés: Az *RMSE* értékek 10-fold, 20 ismétléses keresztvalidáció alkalmazásával kerültek meghatározásra.

Minden érték mértékegysége: gramm (g). Az egyes oszlopokban szereplő legkisebb értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem.

16.18. táblázat. Jellemzőkiválasztással és anélkül kapott keresztvalidációs R^2 értékek (16.12. táblázat) összehasonlítása broiler csirkék **mellizomsúlyát** becsülő regressziós modellek esetén.

Típus	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	1×10^{-39} ***	0.1	1×10^{-4} ***	3×10^{-26} ***	7×10^{-60} ***
atlasz 2	5×10^{-49} ***	9×10^{-6} ***	0.01 *	0.06	3×10^{-72} ***
atlasz 3	7×10^{-25} ***	0.008 **	2×10^{-24} ***	4×10^{-18} ***	2×10^{-14} ***
atlasz 4	7×10^{-7} ***	2×10^{-33} ***	0.02 *	3×10^{-19} ***	2×10^{-27} ***
atlasz 5	2×10^{-22} ***	2×10^{-9} ***	2×10^{-6} ***	6×10^{-11} ***	2×10^{-35} ***
atlasz 6	2×10^{-40} ***	3×10^{-14} ***	2×10^{-9} ***	2×10^{-21} ***	2×10^{-24} ***
atlasz 7	8×10^{-72} ***	4×10^{-9} ***	1×10^{-26} ***	8×10^{-15} ***	9×10^{-65} ***
atlasz 8	5×10^{-17} ***	0.004 **	2×10^{-14} ***	6×10^{-10} ***	1×10^{-63} ***
atlasz 9	2×10^{-66} ***	7×10^{-7} ***	2×10^{-22} ***	2×10^{-22} ***	1×10^{-45} ***
atlasz 10	6×10^{-28} ***	6×10^{-15} ***	2×10^{-39} ***	6×10^{-18} ***	2×10^{-34} ***
atlasz 11	7×10^{-34} ***	2×10^{-7} ***	4×10^{-8} ***	4×10^{-6} ***	1×10^{-36} ***
atlasz 12	9×10^{-89} ***	0.0008 ***	0.0004 ***	0.0002 ***	3×10^{-22} ***
atlasz 13	1×10^{-66} ***	0.001 ***	6×10^{-10} ***	3×10^{-7} ***	1×10^{-54} ***
atlasz 14	2×10^{-36} ***	7×10^{-12} ***	5×10^{-22} ***	9×10^{-30} ***	4×10^{-63} ***
atlasz 15	5×10^{-29} ***	7×10^{-16} ***	1×10^{-22} ***	5×10^{-24} ***	5×10^{-52} ***
atlasz 16	8×10^{-69} ***	1×10^{-23} ***	1×10^{-24} ***	9×10^{-28} ***	9×10^{-49} ***
átlagatlasz	2×10^{-23} ***	0.06	8×10^{-7} ***	2×10^{-21} ***	2×10^{-24} ***
több-atlasz	9×10^{-114} ***	1×10^{-74} ***	3×10^{-152} ***	1×10^{-174} ***	4×10^{-56} ***

Megjegyzés: *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$

A p-értékek a Wilcoxon-féle előjeles rangösszeg próba alapján lettek számolva.

A nem szignifikáns értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem. A több nagyságrenddel kisebb értékeket félkövér sötétkék kiemeléssel jelöltem.

16.19. táblázat. Jellemzőkiválasztással és anélkül kapott keresztvalidációs R^2 értékek (16.15. táblázat) összehasonlítása a broiler csirkék **bal combizomsúlyát** becsülő regressziós modellek esetén.

Típus	lineáris	PLS	lasso	ridge	KNNR
atlasz 1	4×10^{-39} ***	3×10^{-27} ***	3×10^{-7} ***	6×10^{-37} ***	3×10^{-23} ***
atlasz 2	2×10^{-56} ***	1×10^{-6} ***	1×10^{-15} ***	2×10^{-16} ***	1×10^{-20} ***
atlasz 3	3×10^{-57} ***	4×10^{-15} ***	3×10^{-9} ***	5×10^{-14} ***	4×10^{-10} ***
atlasz 4	3×10^{-53} ***	1×10^{-18} ***	7×10^{-35} ***	5×10^{-10} ***	1×10^{-18} ***
atlasz 5	2×10^{-15} ***	4×10^{-9} ***	5×10^{-15} ***	0,8	7×10^{-24} ***
atlasz 6	8×10^{-07} ***	0,0004 ***	0,2	1×10^{-05} ***	7×10^{-9} ***
atlasz 7	9×10^{-42} ***	7×10^{-35} ***	6×10^{-11} ***	1×10^{-9} ***	4×10^{-23} ***
atlasz 8	1×10^{-42} ***	5×10^{-7} ***	2×10^{-10} ***	4×10^{-9} ***	1×10^{-13} ***
atlasz 9	3×10^{-30} ***	0,001 **	2×10^{-20} ***	5×10^{-39} ***	1×10^{-33} ***
atlasz 10	8×10^{-43} ***	2×10^{-23} ***	2×10^{-26} ***	2×10^{-11} ***	3×10^{-22} ***
atlasz 11	6×10^{-43} ***	2×10^{-21} ***	3×10^{-9} ***	5×10^{-22} ***	1×10^{-41} ***
atlasz 12	7×10^{-35} ***	0,003 **	3×10^{-8} ***	6×10^{-9} ***	3×10^{-37} ***
atlasz 13	7×10^{-52} ***	3×10^{-15} ***	0,03 *	2×10^{-21} ***	7×10^{-15} ***
atlasz 14	4×10^{-73} ***	2×10^{-15} ***	8×10^{-17} ***	1×10^{-7} ***	6×10^{-18} ***
atlasz 15	3×10^{-75} ***	1×10^{-20} ***	3×10^{-13} ***	6×10^{-40} ***	4×10^{-20} ***
atlasz 16	8×10^{-54} ***	1×10^{-16} ***	3×10^{-13} ***	4×10^{-45} ***	2×10^{-31} ***
átlagatlasz	5×10^{-25} ***	1×10^{-9} ***	5×10^{-14} ***	9×10^{-17} ***	2×10^{-17} ***
több-atlasz	2×10^{-99} ***	1×10^{-114} ***	3×10^{-180} ***	6×10^{-166} ***	4×10^{-40} ***

Megjegyzés: *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$

A p-értékek a Wilcoxon-féle előjeles rangösszeg próba alapján lettek számolva. A nem szignifikáns értékeket félkövér kiemeléssel jelöltem. A nagyon kicsi értékeket félkövér sötétkék kiemeléssel jelöltem.