

**Doktori (PhD) értekezés
tézisfüzet**

Csóka Ádám

Kaposvár

2025



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Kaposvári Campus

Állattudományi célú képalkotó
vizsgálatok feldolgozásának
fejlesztése elasztikus regisztráció
alkalmazásával

Csóka Ádám

Kaposvár

2025

A DOKTORI ISKOLA

megnevezése: Állattenyésztési tudományok Doktori Iskola

tudományága: Állattenyésztés-tudományok

vezetője: Prof. Dr. Szabó András
MTA doktora, tanszékvezető,
egyetemi tanár
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem,
Élettani és Takarmányozástani Intézet,
Élettani és Állategészségügyi Tanszék

Témavezető: Dr. Donkó Tamás
c. egyetemi docens,
kutatási egység vezető
Medicopus Nonprofit Kft.

.....
Az iskolavezető jóváhagyása

.....
A témavezető jóváhagyása

TARTALOMJEGYZÉK

1. A kutatás előzményei, célkitűzések	3
1.1. Célkitűzések	5
2. Anyag és módszer	6
2.1. A vizsgálatokhoz felhasznált állatfajok bemutatása	6
2.2. CT vizsgálatok	7
2.2.1. Állatok próbavágása	8
2.3. Képfeldolgozás	8
2.3.1. Manuális szegmentáció	9
2.3.2. Képek utófeldolgozása (Regisztráció)	10
2.3.3. Adatgyűjtés (jellemzőkinyerés - feature collection)	11
2.3.4. Adatfeldolgozás és statisztikai analízis	11
3. Eredmények	14
4. Következtetések és javaslatok	16
5. Új tudományos eredmények	18
6. Irodalomjegyzék	20
7. Egyéb források	24
8. A disszertáció témaköréből megjelent publikációk	26

1. A KUTATÁS ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK

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 komputertomográfia (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, rövidebb 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 felvételtől 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 céltérfigat 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.

1.1. CÉLKITŰZÉSEK

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 testösszetételei jellemzők becslésével.

E kutatáshoz kapcsolódóan dolgozatomban az alábbi főbb célkitűzések megvalósítására törekedtem:

- egy szabadon felhasználható programcsomag fejlesztése, amely különböző állatfajok értékes húsrészeinek tömegét képes becsleni 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 célokom olyan, képzalkotó eljárásokon alapuló, megbízható és reprodukálható adatok előállítására, amelyek hatékonyan támogatják a szelekciós döntéseket az állattenyésztésben.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

2.1. A VIZSGÁLATOKHOZ FELHASZNÁLT ÁLLATFAJOK BEMUTATÁSA

A vizsgálatok során három különböző haszonállatfaj – nyúl, broiler csirke és sertés – CT vizsgálatát végeztük el. A súlybecslő módszer alapjául a CT képanyag és az ugyanazon állatok próbavágásaiból származó referenciaadatok szolgáltak.

A nyulak esetében két különböző genotípusú csoportot vizsgáltunk. Az első csoportba 170 darab, 10 hetes Pannon Fehér genotípusú (A genotípusú) nyúl tartozott. A kisebb, 30 egyedből álló csoport esetén olyan nagytestű nyulakat vizsgáltunk, amelyek genotípusa eltért a nagyobb csoportétól (B genotípusú nyulak), ezek szintén 10 hetesek voltak. Mindkét csoport állatait véletlenszerűen választottuk ki egy nagyobb populációból.

A CT vizsgálatokhoz a broiler csirkéket 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 $\pm 3\text{-}5\%$ -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. Az összes állat ugyanahhoz a lassabb növekedésű broiler genotípushoz (TETRA HB Colour) tartozott, a Bábolna Kft. keltetőjéből származott, és a Kaposvári Egyetemen teszttelepén nevelkedett.

A csirkék és a nyulak vizsgálata során egyszerre három egyedet vizsgáltunk altatás nélkül speciálisan erre a célra kialakított hármass vályút alkalmazva, az állatokat hevederekkel rögzítettük. A kisebb létszámú nyulak esetén a fej is rögzítésre került, míg a nagyobb létszámú (Pannon Fehér) vizsgálatok során a fej szabadon mozoghatott.

A sertések esetében 48 Svájci Nagy Fehér (Swiss Large White) genotípusú

egyed jobb félkarkaszát vizsgáltuk meg CT berendezéssel. Az állatokat az Agroscope kutatóintézetében nevelték fel, a PIGWEB projekt keretében. Az állatok vágása 22-24 hetes életkorban történt. Az intézetünkbe félkarkaszokat szállítottak mélyhűtve (-20°C), melyek vizsgálata kiolvasztás után történt meg.

2.2. 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 összsugárzás mennyisége 90 mAs volt, 1-es pitch faktoros (asztalsebbség/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 származó 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, az expozíció során leadott összsugárzás mennyisége 120 mAs volt, spirál adatgyűjtés mellett, 0,5-ös pitch faktorról, 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.

A sertés vizsgálatokat ugyancsak 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 összsugárzás, 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.

Minnden 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*).

2.2.1. ÁLLATOK PRÓBAVÁGÁSA

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 boncolás és darabolást követően az MLD a hosszúhátizom és a fej súlyát lemértük grammos pontosságú mérleggel. A broiler csirkéknél a karkaszok bontása a Jensen (1983) által leírt eljárás szerint történt. Az értékes húsrészek – mell- és combizmok – súlyát a boncolás követően lemértük. A sertések vágása és bal felének darabolása az EU referencia módszernek megfelelő, 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 oldali félsertéseket darabolták, a keletkezett darabok súlyát megmérték.

2.3. KÉPFELDOLGOZÁS

A CT-vel készült képeket minden egyes esetben DICOM (*DICOM File Format*) formátumból MINC (Vincent és mtsai., 2004) formátumba kon-

vertáltuk az előfeldolgozáshoz. Az előfeldolgozás során a három egyedet elkülönítettük egymástól és eltávolítottuk a képekről a vályúkat. Az egyes állatokat tartalmazó **MINC** képfájlokat ezután **NIFTI** (Neuroimaging Informatics Technology Initiative) formátumba konvertáltuk (*Neuroimaging informatics technology initiative* 2005) Minden egyes egyed tömegközéppontját a koordináta rendszer kezdő pontjához illesztettük, a gyorsabb és pontosabb képi regisztráció érdekében. 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.

2.3.1. MANUÁLIS SZEGMENTÁCIÓ

A Pannon Fehér nyulak hosszúhátizom és bal hátsó végtag izmainak a szegmentálásához 16 darab korábbi vizsgálat került felhasználásra. A fejek manuális szegmentációjához nyulaknál mindkét genotípusnál 20-20 darab, korábbi vizsgálat képsorozata került feldolgozásra. Broiler csirkéknél 16, szintén korábbi vizsgálatból származó CT felvételt választottam ki véletlenszerűen a mellizom és a combizom szegmentálásához. A sertések esetében nem állt rendelkezésre korábbi adatbázis, ezért a meglévő 48 egyed közül 5 karkasz került manuális szegmentálással történő – virtuális – darabolásra.

A felvételek manuális szegmentációját a 3D Slicer (Kikinis és mtsai., 2014; *3D Slicer image computing platform*) ingyenes szoftverrel végeztük. Minden állatfajnál a manuális szegmentáció során a mért súlyokhoz kapcsolódó területek kerültek kijelölésre (szegmentálásra). A sertéseknél a soványhústartalom aránya (lean meat percentage - LMP) is meghatározásra került, amit a teljes karkasz felhasználásával becsültünk.

A nyúl koponya és fej szegmentálásánál nem a daraboláshoz illeszkedő szegmentumok kerültek létrehozásra. Ezeknél a területeknél a reprodukálhatóságra figyelve két virtuális darabolási eljárás került kidolgozásra, amelyekhez a CT felvételeken jól azonosítható anatómiai pontok kerültek felhasználásra. Az első módszernél a CT felvétel axiális síkján az orrhoz

legközelebbi atlaszszárny (bal vagy jobb oldal) proximális széle szolgált tájékozódási pontként. E pont alapján axiális síkban történt a fej leválasztása, majd egyszerű küszöböléssel két szegmentum került kialakításra: fej (küszöbértékek: -200 – 3071 HU) és koponya (küszöbértékek: 200 – 3071 HU). A másik eljárás során öt anatómiai pont alapján két síkot hoztam létre, melyek segítségével a fej leválasztása, majd a két szegmentum (fej, koponya) létrehozása történt meg küszöböléssel, az imént ismertetett küszöbértékek alkalmazásával. Első sík létrehozásához használt anatómiai pontok: az atlasz jobb oldali szárnyának disztális éle, az atlasz bal oldali szárnyának disztális éle és a külső nyakszirti gumó voltak. A második sík esetén szintén a külső nyakszirti gumó (tarkó), jobb saroknyúlvány és a bal saroknyúlvány kerültek azonosításra és felhasználásra. Az első szegmentálási módot (egysíkú vágás) csak a rögzített fejű, A genotípusú 20 korábbi CT vizsgálaton lehetett alkalmazni. A B genotípusú 20 korábbi vizsgálatnál az állatok feje szinte minden esetben hozzáért az elülső végtagokhoz, ami ellehetetlenítette a módszer alkalmazását. Ezen kívül több esetben a fej „kitekert” pozícióban volt, illetve valamelyik irányba (jobbra vagy balra) kinézett, ezáltal lehetetlenné tette az azonos szegmentálást az első módszerrel. A második szegmentálási folyamat már mindkét, szegmentálásra szánt vizsgálathalmazon elvégezhető volt, mivel az 5 anatómiai pontot felhasználó, kétsíkú virtuális vágás képes volt megbirkózni a fej pozíciójából származó problémákkal.

2.3.2. KÉPEK UTÓFELDOLGOZÁSA (REGISZTRÁCIÓ)

A regisztrációhoz az Elastix programcsomagot (*Elastix*) használtam, egy-egy, 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. 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 hajtottunk végre. A félkarkaszoknál az LMP becslésénél nem volt szükség regisztráció alkalmazására, így atlaszok használatára sem került sor, mivel a szegmentáció egyszerű küszöbérték-alapú módszerrel is elvégezhető volt.

2.3.3. ADATGYŰJTÉS (JELLEMZŐKINYERÉS - FEATURE COLLECTION)

A transzformált maszkok segítségével jellemzőket gyűjtöttünk (voxelek száma, voxelek HU értékeinek az összege, voxelek átlagos HU értéke, szórás, ferdeség, csúcosság, hisztogramok) a maszkok által lefedett célterületekről.

2.3.4. ADATFELDOLGOZÁS ÉS STATISZTIKAI ANALÍZIS

A súlyok becslésére különböző regressziós módszereket (lineáris, PLS, lasso, ridge, KNNR) alkalmaztunk. A jellemzők száma viszonylag nagy a minták számához képest, és fennáll a multikollinearitás lehetősége a változók között, ezért az összes változó használata mellett jellemzőkiválasztást is alkalmaztunk minden egyes regressziós eljárás esetén. A jellemzők számának a csökkentésére és a regressziós modellek paramétereinek a meghatározására a szimulált hűtést (simulated annealing - SA) használtuk. A regresszióhoz lineáris modellek közül a lineáris, ridge, lasso és parciális legkisebb négyzetek módszere (PLS) regressziót alkalmaztunk, valamint egy nem-lineáris módszert, a K-legközelebbi szomszéd regressziót (K-Nearest Neighbors Regression, KNNR). A regresszióknál a paraméterek az alábbi szerint alakultak:

- Hagyományos lineáris regresszió: csak egyetlen paraméter került változtatásra.
- PLS regresszió: a komponensek száma $2, 3, \dots, \sqrt{\text{változók száma}}$ 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)

A modellek teljesítményének a vizsgálatára 20-szor ismételt 10-fold keresztvalidációt alkalmaztunk.

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 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

3. EREDMÉNYEK

A kidolgozott módszert három állatfaj esetén alkalmaztuk. A CT alapú képfeldolgozásból nyert jellemzők regressziós elemzése lehetővé tette a vágási súlyok pontos becslését, nyulaknál és csirkéknél élő, sertéseknél a vágott állatok felhasználásával.

A nyulaknál a bal hátsó végtag izmainak és az MLD súlyának becslésére, jellemzőkiválasztással kombinálva, a több-atlaszos modellek közül a lineáris, PLS, lasso és ridge regressziók nyújtották a legjobb teljesítményt. A bal hátsó végtag izmai esetén a modellteljesítmény (R^2) 0,925 és 0,975 között alakult, míg az MLD esetében 0,86 és 0,94 között mozgott. Jellemzőkiválasztás nélkül a modellek gyengébben teljesítettek.

A nyúlfejeknél az A genotípusú állománynál jobb becslési pontosságot sikerült elérni, mint a B genotípusnál. A különbség feltehetően arra vezethető vissza, hogy a B állománynál a fejek nem voltak rögzítve a vizsgálatok során. A kapott eredmények igazolták, hogy a létrehozott szegmentációs maszkok különböző genotípusú nyúlállományokon is hatékonyan alkalmazhatók, ami alátámasztja a módszer robusztusságát és általánosíthatóságát, különösen annak fényében, hogy a vizsgált genotípusok között jelentős mértébeli eltérések voltak megfigyelhetők.

A broiler csirkéknél a mellizom és a combizom súlyának becslésére szintén a több-atlaszos, jellemzőkiválasztással támogatott regressziók bizonyultak a leghatékonyabbnak, és azok közül a ridge és a lasso regressziók teljesítettek kiemelkedően (mellizom: $R^2 = 0,995$ és $0,993$; combizom: $R^2 = 0,965$ és $0,976$).

A sertéseknél a főbb húsrészek (comb, lapocka, karaj, oldalas) tömegének becslésére a legjobb eredmények $R^2 = 0,96$ - $0,99$ között alakultak, alacsony hibával. Az LMP predikciójánál a ridge modell $0,996$ -os R^2 értéket és $0,17\%$ -os RMSE-t ért el, ami nagyon jó pontosságot jelent.

Az atlaszszám növelését két fajnál (csirke, nyúl) vizsgáltam jellemzőkivá-

lasztásos több-atlaszos ridge regresszió alkalmazása mellett. Mindkét esetben az atlaszszám növelés javította a prediktív teljesítményt. Ezzel párhuzamosan csökkent a hiba értéke és az R^2 -ek szórása is. Ugyanakkor az atlaszszám növekedése jelentősen növelte a feldolgozási időt, különösen a broiler csirkéknél. A nyulaknál ez a növekedés mérsékeltebb volt.

Mann-Whitney U tesztet alkalmazva összehasonlítottam a többatlaszos technikát a többi, egy atlaszossal. A tesztek nagyon erős szignifikáns ($p < 1,6 \times 10^{-6}$) eltérést mutattak. Az egyes atlaszok összehasonlítása során a különbségek az esetek többségében nem bizonyultak szignifikánsnak, az egyik atlaszról sem mondható el, hogy egyértelműen jobban teljesített volna a másiknál. A több-atlaszos megközelítés ezzel szemben minden regressziós technikánál statisztikailag igazoltan jobb eredményeket adott.

4. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A több-atlaszos szegmentáción alapuló, automatizált megközelítés, hatékonyan alkalmazható különböző állatfajok vágási testrészeinek súlybecslésére. A rendszer előnye, hogy kevés manuális beavatkozás mellett is képes kezelni az anatómiai variabilitást, miközben a jellemzőkiválasztással kombinált regressziós modellek biztosítják a predikció pontosságát és robusztusságát.

A több-atlaszos megközelítés minden vizsgált faj esetén jobb eredményeket nyújtott, mint az egyatlaszos módszerek. A ridge és lasso regressziók stabilan, míg a lineáris és KNNR modellek kevésbé megbízhatóan teljesítettek, különösen jellemzőszűrés hiányában.

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 szelekciós programjába 2020-tól a bemutatott technika bevezetésre került a MATE Kaposvári Campusán.

Az atlaszszám növelésével a prediktív teljesítmény folyamatosan javult, azonban ez a feldolgozási idő emelkedésével is járt. Ennek ellenére a teljes automatizált folyamat lehetővé teszi a nagyüzemi alkalmazást, ahol az értékes húsrészek súlybecslés már minimális időráfordítással megvalósítható.

A nyúlfej súlybecslés eredményei megerősítették a módszer robusztusságát: az eltérő genotípusú állatokon is jól alkalmazhatók voltak a szegmentumok. A mérési körülmények – például a fej rögzítése – jelentős hatással vannak a predikciós teljesítményre, így a standardizált vizsgálati protokoll alkalmazása kiemelten fontos.

Az először nyulakon alkalmazott módszer más fajokra történő adaptációja sikeresnek bizonyult. Broiler csirkéknél és sertéseknél is magas pontosságú eredmények születtek, ami alátámasztja az eljárás általánosíthatóságát. Ser-

téseknél az LMP és a főbb húsrészek súlyának becslése mellett a bemutatott módszer további lehetőséget kínál a kémiai összetétel becslésére is.

Összességében a kifejlesztett módszer pontos, megbízható és széles körben alkalmazható eszközt kínál a testösszetétel objektív, automatizált becslésére, hozzájárulva a tenyészték pontosabb meghatározásához, a szelekciós hatékonyság növeléséhez a modern állattenyésztésben.

5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Egy általános, automatizált és egyszerűen adaptálható módszert dolgoztam ki gazdasági haszonállatok különböző testtájainak súlybecslésére, számítógépes tomográfiás (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.
2. 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.
3. 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 becslő 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.
4. A sertéskarkaszok színhússzázalék (LMP) értékét és a darabolt részecskéik 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.
5. A nyúlfejek súlybecslése során a módszer jó általánosíthatóságot mutatott, mivel adott genotípusú és testméretű egyedekből származó atlaszok más genotípusú állományokon is eredményesen alkalmazhatók voltak.
6. Vizsgálataim szerint az atlaszok számának növelése számottevően

javította a regressziós modellek teljesítményét, különösen azoknál az izomcsoportoknál, ahol a kezdeti prediktív pontosság alacsonyabb volt.

7. 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 felületén (*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.

6. IRODALOMJEGYZÉK

1. 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.
2. Bentsen, HB, Sehested, E, Kolstad, N, Katle, J (1986). „Body composition traits in broilers measured by computerised tomography.”
3. 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.
4. Blasco, A., Ouhayoun, J. (1996). „Harmonization of criteria and terminology in rabbit meat research. Revised proposal”. *World rabbit science* 4.2, 93–99. old.
5. 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).
6. 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.
7. Jopson, N. B., Kolstad, K., Sehested, E., Vangen, O. (1995). „Computed tomography as an accurate and cost effective alternative to carcass dissection.”

8. 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).
9. 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).
10. 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.
11. 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).
12. 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).
13. Nagy, I., Ibáñez, N., Romvári, R., Mekkawy, 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).

14. 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.
15. 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.
16. Romvári, R. (2005). „Keresztmetszeti képalkotó eljárások (CT, MRI) állattenyésztési alkalmazási lehetőségei”. MTA doktori értekezés. Kaposvár: Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar. URL: https://real.szd.mtak.hu/209/1/Romvari_Robert.pdf.
17. 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.
18. Sehested, E. (1986). „In vivo prediction of lamb carcass composition by computerized tomography”. 81 pp. Dissz. Department of Animal Science, Agricultural University of Norway.
19. 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](https://doi.org/10.3389/fninf.2013.00050).
20. Szendrő, Zs., Horn, P., Kövér, Gy., Berényi, E., Radnai, I., Biróné, E. N. (1992). *Journal of Applied Rabbit Research* 15, 799–809. old.
21. 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.
22. Thompson, J. M., Kinghorn, B. P. (1992). „CATMAN: a program to measure CAT scans for prediction of body components in live animals.”

23. *Tyúk és Pulyka Teljesítményvizsgálati Kódex IV.* (2007). Hen and Turkey Performance Testing Code IV. Budapest: Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal.
24. Vangen, O., Allen, P. (1984). „X-ray tomography of pigs. Some preliminary results.” English. 52–66. old.
25. 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.
26. 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.

7. EGYÉB FORRÁSOK

1. *3D Slicer image computing platform*. Letöltve: 2025-04-07. URL: <https://www.slicer.org/>.
2. *Agroscope, Federal Office for Agriculture - FOAG, Switzerland*. Letöltve: 2025-05-28. URL: <https://www.agroscope.admin.ch/agroscope/en/home/topics/livestock/pork.html>.
3. *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.
4. *DICOM File Format*. Letöltve: 2024-01-09. URL: https://dicom.nema.org/medical/dicom/current/output/chtml/part10/chapter_7.html.
5. *Elastix*. Letöltve: 2025-04-04. URL: <https://elastix.dev/index.php>.
6. *ISO 14001:2015 environmental management system*. Letöltve: 2025-04-04. URL: <https://www.iso.org/files/live/sites/isoorg/files/store/en/PUB100371.pdf>.
7. *ISO 9001:2015 Quality management systems*. Letöltve: 2025-04-04. URL: <https://www.iso.org/files/live/sites/isoorg/files/store/en/PUB100373.pdf>.
8. *maweight. GitHub python csomag*. Letöltve: 2021-01-11. URL: <https://github.com/cseka7/maweight>.
9. *Neuroimaging informatics technology initiative*. Letöltve: 2024-01-09. URL: <https://nifti.nimh.nih.gov/>.

10. *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.
11. *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.

8. 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 Pro-*

duction] Kaposvár, 2024. Szeptember 26. 59–65. old. URL: <https://m2.mtmt.hu/api/publication/35473481>.