LWT-ARTERY-LABEL: 一种用于自动冠状动脉识别的轻量级框架

Shisheng Zhang¹, Ramtin Gharleghi¹, Sonit Singh², Daniel Moses³, Dona Adikari⁴, Arcot Sowmya², and Susann Beier¹

¹School of Mechanical and Manufacturing Engineering, University of New South Wales, Australia

²School of Computer Science and Engineering, University of New South Wales, Australia

³Department of Radiology, Prince of Wales Hospital, Sydney, Australia ⁴School of Medicine, University of New South Wales, Australia

预印本声明。此项工作已被接受在 IEEE EMBC 2025 (2025 年 7 月 14 日至 17 日,丹麦哥本哈根)发表。预 计于 2025 年 12 月出版。

摘要

冠状动脉疾病(CAD)仍然是全球死亡的主要原因,计算机断层扫描冠状动脉造影(CTCA)作为关键的诊断工具。然而,使用 CTCA 进行冠状动脉分析,例如从计算建模中识别特定动脉特征,是劳动密集型且耗时的。自动标注冠状动脉提供了一个潜在的解决方案,但冠状树固有的解剖学变异性构成了重大挑战。传统的基于知识的标注方法未能充分利用数据驱动的洞察力,而最近的深度学习方法往往需要大量的计算资源并忽视了关键的临

床知识。为了解决这些问题,我们提出了一种将解剖学知识与基于规则的拓扑约束相结合的轻量级方法,以实现有效的冠状动脉标注。我们的方法在基准数据集上达到了最先进的性能,提供了自动冠状动脉标注的一种有前景的替代方案。

1 介绍

冠状动脉疾病(CAD)是全球主要的死亡原因 [1], 计算机断层扫描冠状动脉造影(CTCA)被用作评估冠状动脉狭窄程度的主要诊断工具 [2]。在实践中,冠状动脉分析,例如从计算模型中识别特定动脉特征,可能非常耗时。自动解剖标签工具对于管理大规模筛查人群,在临床和生物医学工程任务中将大有裨益。冠状动脉树由两个主要组成部分构成: 左冠状动脉和右冠状动脉, 这两者均源自主动脉 [3]。感兴趣的主冠状动脉包括左主干(LM)、前降支(LAD)、左回旋支(LCx)、中间支(RI)、对角支(D)、钝缘支(OM)、间隔支(Sep)、右冠状动脉(RCA)和急性边缘动脉(AM),如图 1 所示。LAD、LCx 和 RI 均起源于 LM; Sep 和 D 支源自 LAD; OM起源于 LCx; 而 AM 则来源于 RCA。这些关系形成了结构化数据,其中LM、LAD、LCx 和 RCA 被识别为主动脉,其余为侧支。

几种冠状动脉解剖标记方法已经开发出来 [4,5]。然而,个体之间的显著解剖变异给标记系统带来了困难。分支的数量、每个分支的长度和大小以及分支的方向在个体之间差异很大。先前的工作依赖于配准算法和先验知识 [4,5]。这些方法通常首先识别四条主要动脉 (LM、LAD、LCx 和 RCA),然后再对侧支进行标记 (例如,D、OM、AM等)。然后使用从临床经验中得出的逻辑规则来优化结果。虽然在一定程度上有效,但这些传统方法不是数据驱动的,因此无法利用大数据来提高准确性。

深度学习是机器学习的一个子集,它使用深层神经网络从大型数据集中学习特征 [6]。这种数据驱动的方法可以克服传统方法的局限性,后者通常依赖于耗时、资源密集且对大数据集适应性较差的手动特征提取或基于规则的算法。一些近期的研究已经采用了诸如结合图卷积网络或条件部分残差图卷积网络的 3D ResUNet 模型来进行动脉标记 [7,8]。尽管这些模型是数据驱动的,但它们的训练需要大量的计算资源,并且将此类模型与现有的 CAD 软件集成也存在挑战。此外,它们忽略了纳入临床验证过的先验知识,这本可以提升其有效性和可靠性。

在本文中,我们提出了一种带有基于规则的拓扑约束的神经网络,该网络利用了从提取中心线获得的一组两个几何特征和四个空间特征。这种设计使得神经网络高效且轻量级,便于与其他冠状动脉分析和处理软件集成。基于规则的拓扑约束应用于位置特征以减少误差。此外,我们将方法与现有技术进行了基准测试,证明其达到了最先进的性能。

2 方法

我们提出了所提出的方法(图1),该方法使用神经网络从几何和空间特征中获得标签概率,并通过基于规则的模型纳入拓扑约束。

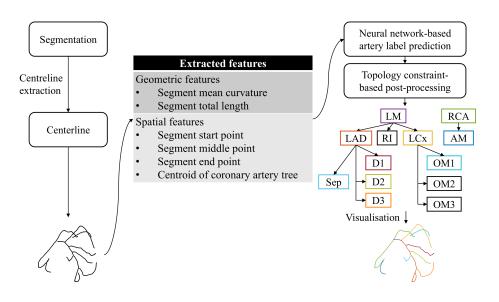


图 1: 所提出方法的流程图。我们从 CTCA 获得冠状动脉分割,并使用 VMTK 提取中心线和几何特征。随后,我们使用神经网络预测动脉标签并应用基于拓扑约束的后处理。最终输出以不同的颜色进行了可视化。

2.1 基于神经网络的动脉标记模型

我们对动脉标记的方法采用中心线骨架模型,该模型利用动脉的长度和曲率。这些骨架模型是从医学图像分割中获得的。为了确保我们方法的广泛适用性,我们不对所使用的分割和骨架化技术施加特定要求。这是一种高效且轻量级的方法,需要较少的特征和浅层神经网络来获得动脉属于候选标签的概率(表1)。该网络包括一个输入层、四个隐藏层和一个输出层。输入层接收14个变量并扩展到50维,然后进行批量归一化。隐藏层调整维度:100、75和50,每个层应用批量归一化和ReLU激活。一个dropout层(20%)随后用于增强泛化能力。输出层将特征映射到13个候选标签。

主要冠状分支很常见,而较小的分支可能并非所有情况下都存在。因此,一些分支标签比主要标签出现频率低,导致数据集不平衡。为了解决这个问题,我们采用焦点损失函数,该函数强调从难以分类的例子中学习并减轻类别不平衡 [9]。焦点损失通过引入一个调制因子来修改标准的交叉熵损

失,这个因子减少了对已正确分类例子的影响,更加关注于错误分类的例子。我们将焦点损失中的 gamma 参数设置为 2。

表 1: 动脉标记的神经网络结构

层	输入维度	输出维度	标准化/激活
Input	14	50	Batch Normalisation, ReLU
Hidden 1	50	100	Batch Normalisation, ReLU
Hidden 2	100	75	Batch Normalisation, ReLU
Hidden 3	75	50	Batch Normalisation, ReLU
Dropout	50	50	20% dropout
Output	50	13	Softmax

冠状动脉分割被转换到右前上坐标系统以保持一致性。我们使用血管建模工具包(VMTK)来提取中心线并从动脉段 [10] 中导出几何特征。首先,我们采用 vmtkcenterlines 模块,该模块处理血管表面以计算中心线几何结构。这包括输入血管分割并定义入口和出口点以引导每个血管的中央路径计算。随后,我们使用 vmtkcenterlinegeometry 模块来分析提取的中心线数据并导出特定的几何特征,包括每段动脉的总长度和平均曲率。空间特征的计算包括每条动脉起点、中点和终点以及整个冠状动脉树质心的笛卡尔坐标,在考虑 CT 扫描间距参数的情况下进行了计算,并且归一化使得CT 扫描图的原点坐标映射到零。这种归一化确保了我们的方法对于 CT 体积中的骨架位置是不变的,消除了对全局对齐的需求。因此,对于每一段 i,我们获得其概率

$$P_i = [P_i^{\text{LM}}, P_i^{\text{LAD}}, P_i^{\text{LCx}}, P_i^{\text{RI}}, P_i^{\text{D1}}, P_i^{\text{D2}}, P_i^{\text{D3}}, P_i^{\text{OM1}}, P_i^{\text{OM2}}, P_i^{\text{OM3}}, P_i^{\text{Sep}}, P_i^{\text{RCA}}, P_i^{\text{AM}}]$$

其中 P_i 是表示段落i属于特定动脉类别的概率向量。

2.2 基于规则的拓扑约束用于后处理

人类血管解剖结构,包括冠状动脉,通常表现出特定的血管排列顺序 [3]。例如,常见的对角支(D1/D2/D3)和边缘开口(OM1/OM2/OM3)动脉一般位于 LAD 和 LCx 动脉下游,向下指向以供应心脏肌肉血液。尽管形态和拓扑结构存在显著变异性,但在推理过程中将此类先验知识作为拓扑约束施加是有价值的。因此,我们将标注任务制定为概率模型,在后处理阶段基于每个分支的概率值构建主要动脉图。

第一步是区分左冠状动脉树和右冠状动脉树。通常,在右前上方坐标系中,左冠状动脉位于 x 轴的正侧,而右冠状动脉位于 x 轴的负侧。首先,我们计算了所有动脉(即右冠状动脉、左冠状动脉及其所有分支)的质心以及每个动脉段的中点。如果一段的中点的 x 坐标小于该段质心的 x 坐标,则这段属于右冠状动脉树;否则,它属于左冠状动脉树。这在算法 1 的第 1-4 行中实现。

第二步是根据先验概率识别 RCA 和 AM 动脉。如果存在多个 RCA 段,则选择概率最高的一个,对 AM 也采用相同的方法。这是第5至8行的内容。

在第三步中,我们为LM、LAD和LCx动脉分配标签。每个标签都被分配给具有最高相应概率的段。这在第9到13行中实现。

在临床研究中,通常会在左前降支和左回旋支之间的近端区域发现 RI 动脉 [11, 12]。我们过程中的第四步涉及验证 RI 存在的预测。如果预测存在 RI,则评估从 RI 起始到 LM 结束的距离是否低于预设阈值,该阈值设定为 3 毫米。如果此距离落在阈值范围内,则确认该段落为 RI 并相应地标记。如果距离超过阈值,则比较该段落属于 D1 或 OM1 的概率。随后根据哪一种概率较高来将该段落的初始 RI 预测替换为 D1 或 OM1。这在第 14-20 行中实现。第五步,通过它们与 LAD 连接的顺序识别对角支 (D1、D2、D3),

并纠正任何差异(第 21-23 行)。类似地,在第六步中,通过其连接到 LCx 来识别缘支(OM1、OM2、OM3),如有需要则进行校正(第 24-26 行)。

最后,在第七步中,该方法检查隔动脉(Sep)是否被预测。如果是,则相应地分配 Sep 标签。这在第 27 至 29 行实现。

Algorithm 1 基于规则的拓扑约束用于后处理

 $\mathbf{\hat{h}}$ 人: 段索引集 $S = \mathbf{\hat{h}}$ $\{1,\ldots,N\}$, 预测标签集 Y $\{\hat{y}_1, \dots, \hat{y}_N\}, \, \, \not\equiv \, \Phi$ N 是段的总数。对于每个片段 $i\in S$, 所有动脉类别上的概率向量 P_i $[P_i^{LM},P_i^{LAD},P_i^{LCx},P_i^{RI},P_i^{D1},P_i^{D2},P_i^{D3},P_i^{OM1},P_i^{OM2},P_i^{OM3},P_i^{Sep},P_i^{RCA},P_i^{AM}]$

输出: 各个片段的动脉标签 LM,LAD,LCx,RI,D1,D2,D3,OM1,OM2,OM3,Sep,RCA,AM

- 1: 步骤 1: 创建右集和左集
- 2: 让 $x_{i,mid}$ = 线段 S_i 的中点的 x 坐标
- 3: 让 x_c = 冠状动脉树的质心的 x 坐标
- 4: 将线段分为右集 $S_{Right} = \{i \in S \mid x_{i,mid} < x_c\}$ 和左集 $S_{Left} = \{i \in S \mid x_{i,mid} \geq x_c\}$
- 5: 步骤 2: 从右侧集合分配 RCA 和 AM
- 6: 查找右集 $S_{RCA} = \{i \in S_{Right} \mid \hat{y}_i = RCA\}$ 和 $S_{AM} = \{i \in S_{Right} \mid \hat{y}_i = AM\}$ 中分别预 测的段落 RCA 和 AM

7:
$$RCA = \begin{cases} S_{\text{RCA}} & \text{if } |S_{\text{RCA}}| = 1 \\ \arg\max_{i \in S_{\text{RCA}}} P_i^{\text{RCA}} & \text{if } |S_{\text{RCA}}| > 1 \end{cases}$$
8: $AM = \begin{cases} \emptyset & \text{if } |S_{\text{AM}}| = 0 \\ S_{\text{AM}} & \text{if } |S_{\text{AM}}| = 1 \\ \arg\max_{i \in S_{\text{AM}}} P_i^{\text{AM}} & \text{if } |S_{\text{AM}}| > 1 \end{cases}$

- 9: 步骤 3: 从左侧集合分配 LM、LAD 和 LCx
- 10: 查找 LM, LAD 和 LCx 预测段分别来自左侧集合 $S_{LM} = \{i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = LM\}$, 10. 且以 LM, LAD 和 LOX 顶侧段分别米目左侧集合 $S_{LM} = \{i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = LAD\}$ 和 $S_{LCx} = \{i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = LCx\}$ 11. $LM = \begin{cases} S_{LM} & \text{if } |S_{LM}| = 1 \\ \arg\max_{i \in S_{LM}} P_i^{LM} & \text{if } |S_{LM}| > 1 \end{cases}$ 12. $LAD = \begin{cases} S_{LAD} & \text{if } |S_{LAD}| = 1 \\ \arg\max_{i \in S_{LAD}} P_i^{LAD} & \text{if } |S_{LAD}| > 1 \end{cases}$ 13. $LCx = \begin{cases} S_{LCx} & \text{if } |S_{LCx}| = 1 \\ \arg\max_{i \in S_{LCx}} P_i^{LCx} & \text{if } |S_{LCx}| > 1 \end{cases}$

11:
$$LM = \begin{cases} S_{\text{LM}} & \text{if } |S_{\text{LM}}| = 1\\ \arg\max_{i \in S_{\text{LM}}} P_i^{\text{LM}} & \text{if } |S_{\text{LM}}| > 1 \end{cases}$$

12:
$$LAD = \begin{cases} S_{\text{LAD}} & \text{if } |S_{\text{LAD}}| = 1\\ \arg\max_{i \in S_{\text{LAD}}} P_i^{\text{LAD}} & \text{if } |S_{\text{LAD}}| > 1 \end{cases}$$

13:
$$LCx = \begin{cases} S_{LCx} & \text{if } |S_{LCx}| = 1\\ \arg\max_{i \in S_{LCx}} P_i^{LCx} & \text{if } |S_{LCx}| > 1 \end{cases}$$

- 14: 步骤 4: 从左侧集合分配 RI
- 15: $S_{RI} = \{ i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = RI \}$
- 16: 让 RI_{start} = 段起点的坐标在 S_{RI} 中
- 17: 让 LM_{end} = 结束点的坐标为 LM 的终点
- 18: 让 $RI_{\text{threshold}}$ 为临床上定义的 LM 终点和 RI 起点之间的最大距离
- 19: $S_{RI} = \{i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = \text{RI and } \operatorname{dist}(RI_{\text{start}}, LM_{\text{end}}) < RI_{\text{threshold}}\}$

20:
$$RI = \begin{cases} \emptyset & \text{if } |S_{RI}| = 0 \\ S_{RI} & \text{if } |S_{RI}| = 1 \\ \arg\max_{i \in S_{RI}} P_i^{RI} & \text{if } |S_{RI}| > 1 \end{cases}$$

- 21: 步骤 5: 从左侧集合分配对角线分支
- 22: $S_D = \{i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = D_1 \text{ or } D_2 \text{ or } D_3\}$
- 23: $\{D_1, D_2, D_3\} = \operatorname{sort}(S_D, \text{key} = \operatorname{position_on_LAD})$
- 24: 步骤 6: 从左侧集合分配 Ostium 边缘分支
- 25: $S_{OM} = \{ i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = OM_1 \text{ or } OM_2 \text{ or } OM_3 \}$
- 26: $\{OM_1, OM_2, OM_3\} = \operatorname{sort}(S_{OM}, \text{key} = \operatorname{position_on_LCx})$
- 27: 步骤 7: 从左侧集合分配间隔动脉
- 28: $S_{Sep} = \{ i \in S_{Left} \mid \hat{y}_i = Sep \}$

29:
$$Sep = \begin{cases} \emptyset & \text{if } |S_{Sep}| = 0\\ S_{Sep} & \text{if } |S_{Sep}| = 1\\ \arg\max_{i \in S_{Sep}} P_i^{Sep} & \text{if } |S_{Sep}| > 1 \end{cases}$$

2.3 数据集

Our study utilised three CTCA datasets. The first dataset, the Coronary Atlas, includes 380 annotated cases sourced from Intra Imaging, Auckland, New Zealand [13, 14]. The study was approved by the institutional review committee and all subjects provided written informed consent. The second dataset is an internal test set comprising 70 patients with suspected CAD from the GeoCAD dataset [15]. Approval was granted by the St Vincent's Hospital Human Research Ethics Committee, Sydney (Ref. 2020/ETH02127) and the NSW Population and Health Service Research Ethics Committee (Ref. 2021/ETH00990). Finally, an external dataset, namely orCaScore [16], comprising 72 annotated cases was also employed for testing purposes [7]. This study was performed in line with the principles of the Declaration of Helsinki.

2.4 实现与评估

对于实现,我们使用了 Windows 11上的 Python 3.10、PyTorch 2.0[17]、Scikit-Learn 1.2[18]和 Numpy 1.24[19]来开发神经网络并整合拓扑约束。使用的 CPU 和 GPU 分别是 i7 13700KF 和 NVIDIA GeForce RTX 3090 Ti。神经网络经过了 64 批次大小的 3,000 轮训练。用于评估方法性能的评价指标包括召回率、精确率和 F1值[20]。我们使用五折交叉验证在冠状图谱数据集上训练我们的模型。使用内部数据集 GeoCAD 和外部数据集或 CaScore进行了基准测试,通过应用基于规则的拓扑约束来精简来自五个训练折叠的平均概率。我们提出的方法的性能通过与几种最先进的方法进行比较来评估,包括 TreeLab-Net[21]、CPR-GCN[8]、CorLab-Net[22]、TaG-Net[23]和

TopoLab[7].

3 结果

我们的方法在内部和外部测试集上都表现良好,如表 2 所总结。在内部测试集中,GeoCAD模型实现了平均召回率为93.06%,精确率为93.41%,F1 分数为93.17%。在外部分测试集或CaScore 上,结果同样稳健,召回率达到了93.21%,精确率为94.00%,F1 分数为93.26%。大多数动脉,包括LM、LAD、LCx、RI、D1、OM1、Sep、RCA 和 AM,显示出的召回率、精确率和F1 分数均在90%左右。然而,对于较小分支如第二和第三对角支(D2 和 D3)以及第二和第三钝缘支(OM2 和 OM3),这些指标相对较低。

表 2: 我们在 GeoCAD 和 or CaScore 数据集上的方法评估(%)。AM 未被包含在 GeoCAD 标注中。每一行显示召回率、精度和 F1 分数。

, , , , , ,	地质计算机辅助设计			或 Ca 分数		
	回忆	精度	F1 分数	回忆	精度	F1 分数
$\overline{\text{LM}}$	95.45	98.44	96.92	100.0	100.0	100.0
LAD	96.97	92.75	94.81	100.0	100.0	100.0
LCx	93.94	89.86	91.85	100.0	100.0	100.0
RI	94.44	94.44	94.44	96.00	60.00	73.85
D1	92.98	94.64	93.81	94.20	92.86	93.53
D2	76.47	81.25	78.79	83.33	88.89	86.02
D3	66.67	66.67	66.67	72.22	92.86	81.25
OM1	86.36	95.00	90.48	84.38	88.52	86.40
OM2	81.82	90.00	85.71	73.53	89.29	80.65
OM3	100.0	100.0	100.0	57.14	100.0	72.73
Sep	94.12	80.00	86.49	97.30	90.00	93.51
RCA	96.77	98.36	97.56	100.0	100.0	100.0
AM	-	-	-	100.0	100.0	100.0
平均值	93.06	93.41	93.17	93.21	94.00	93.26

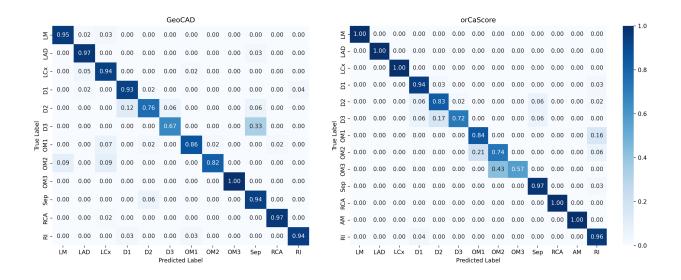


图 2: GeoCAD(左)和 orCaScore(右)标签的混淆矩阵。每行代表预测的百分比,对角线上的数字表示正确预测的百分比。

混淆矩阵(图 2)展示了 13 类分支的结果标签分布。对于 GeoCAD 数据集,两个明显缺失的分支是 D2 和 D3,其中 D2 有 12%被错误地标记为 D1,而 D3 有 33%被错误地标记为 Sep。对于 or CaScore 数据集,具有更多错误分配标签的分支与样本较少的分支高度相关(例如,D3 有 28%,OM2 有 26%,OM3 有 43%是缺失的)。此外,位置相近的分支(如 OM1 和 RI)有时也会被错误地标记。

相比当前领先的标注方法 TopoLab[7], 我们的方法在 or CaScore 数据集上的平均召回率、精度和 F1 分数分别提高了 6.08%、5.69%和 6.03%(表3)。这些平均指标是根据每个动脉类别的段数加权计算的,遵循了 Zhang 等人 [7] 所采用的方法。这确保了指标准确反映了各类别中段分布的情况。我们的方法在模型大小和执行时间上都很高效。它是一个包含 18,438 个参数、大小为 72.02 KB 的紧凑神经网络,在保持高性能的同时使用了 32 位精度,节省了资源。训练过程中,3,000 个周期的总执行时间为 263 秒,平均每周期 87.98 毫秒(实验设置见第 2.4 节)。

表 3: 与其他应用于 orCaScore 数据集的标记方法相比,不同动脉类别的加权平均值							
方法	类别数量	召回率 (%)	精度 (%)	F1 分数(%)			
TreeLab-Net [21]	10	83.35	84.90	83.12			
CPR-GCN [8]	15	82.88	83.61	82.72			
CorLab-Net [22]	11	82.09	83.83	82.15			
TaG-Net [23]	14	82.29	83.41	82.14			
TopoLab [7]	14	87.13	88.31	87.23			
LWT-动脉标签(我们提出的)	13	93.21	94.00	93.26			

4 讨论与结论

本文提出了一种增强的神经网络,该网络结合了基于规则的拓扑约束,并利用 CTCA 体积中的几何和空间信息来准确预测冠状动脉标签。我们的方法使用一组易于获取的特征,减少了计算能力的要求。这种方法可以提高医学冠状动脉图像处理的效率,推动高级计算分析的自动化。

我们的方法有几个局限性。首先,其性能高度依赖于中心线生成过程的质量。中心线提取的不准确可能导致动脉标记错误,影响整个方法的可靠性。其次,为了标准化坐标,我们使用了 CT 扫描的原点。然而,这可能与心脏中心不对齐,如果扫描包括非心脏区域如腹部,可能会导致差异。第三,该方法对于偏离常见临床表现的异常冠状动脉拓扑结构可能效果不佳。这类情况需要额外考虑以确保准确预测并避免误标记。

总之,我们提出的方案为冠状动脉的自动化分析提供了一种有前景的解决方案,并且对计算需求较低。未来的工作将集中在改进中心线提取过程并扩展模型处理非典型冠状动脉结构的能力。

参考文献

- [1] G. A. Roth, C. Johnson, A. Abajobir, F. Abd-Allah, S. F. Abera, G. Abyu, M. Ahmed, B. Aksut, T. Alam, K. Alam *et al.*, "Global, regional, and national burden of cardiovascular diseases for 10 causes, 1990 to 2015," *Journal of the American college of cardiology*, vol. 70, no. 1, pp. 1–25, 2017.
- [2] J. Leipsic, S. Abbara, S. Achenbach, R. Cury, J. P. Earls, G. J. Mancini, K. Nieman, G. Pontone, and G. L. Raff, "Scct guidelines for the interpretation and reporting of coronary ct angiography: a report of the society of cardiovascular computed tomography guidelines committee," *Journal of cardiovascular* computed tomography, vol. 8, no. 5, pp. 342–358, 2014.
- [3] M. Loukas, A. Sharma, C. Blaak, E. Sorenson, and A. Mian, "The clinical anatomy of the coronary arteries," *Journal of cardiovascular translational research*, vol. 6, no. 2, pp. 197–207, 2013.
- [4] G. Yang, A. Broersen, R. Petr, P. Kitslaar, M. A. de Graaf, J. J. Bax, J. H. Reiber, and J. Dijkstra, "Automatic coronary artery tree labeling in coronary computed tomographic angiography datasets," in 2011 Computing in Cardiology. IEEE, 2011, pp. 109–112.
- [5] Q. Cao, A. Broersen, M. A. De Graaf, P. H. Kitslaar, G. Yang, A. J. Scholte, B. P. Lelieveldt, J. H. Reiber, and J. Dijkstra, "Automatic identification of coronary tree anatomy in coronary computed tomography angiography," *The international journal of cardiovascular imaging*, vol. 33, no. 11, pp. 1809–1819, 2017.
- [6] I. Goodfellow, Y. Bengio, A. Courville, and Y. Bengio, Deep learning. MIT press Cambridge, 2016, vol. 1, no. 2.
- [7] Z. Zhang, Z. Zhao, D. Wang, S. Zhao, Y. Liu, J. Liu, and L. Wang, "Topology-preserving automatic labeling of coronary arteries via anatomy-aware connection classifier," in *International conference on medical image computing and computer-assisted intervention*. Springer, 2023, pp. 759–769.
- [8] H. Yang, X. Zhen, Y. Chi, L. Zhang, and X.-S. Hua, "Cpr-gcn: conditional partial-residual graph convolutional network in automated anatomical labeling of coronary arteries," in *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*, 2020, pp. 3803–3811.
- [9] T.-Y. Lin, P. Goyal, R. Girshick, K. He, and P. Dollár, "Focal loss for dense object detection," in *Proceedings of the IEEE international conference on computer vision*, 2017, pp. 2980–2988.
- [10] L. Antiga, M. Piccinelli, L. Botti, B. Ene-Iordache, A. Remuzzi, and D. A. Steinman, "An image-based modeling framework for patient-specific computational hemodynamics," *Medical & biological engineering & computing*, vol. 46, no. 11, pp. 1097–1112, 2008.
- [11] S. Kini, K. G. Bis, and L. Weaver, "Normal and variant coronary arterial and venous anatomy on high-resolution ct angiography," *American Journal of Roentgenology*, vol. 188, no. 6, pp. 1665–1674, 2007.
- [12] M. Fioranelli, C. Gonnella, S. Tonioni, F. D' Errico, and M. Carbone, "Clinical anatomy of the coronary circulation," in *Imaging Coronary Arteries*. Springer, 2013, pp. 1–11.

- [13] P. Medrano-Gracia, J. Ormiston, M. Webster, S. Beier, C. Ellis, C. Wang, A. A. Young, and B. R. Cowan, "Construction of a coronary artery atlas from ct angiography," in *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Springer, 2014, pp. 513–520.
- [14] P. Medrano-Gracia, J. Ormiston, M. Webster, S. Beier, A. Young, C. Ellis, C. Wang, Ö. Smedby, and B. Cowan, "A computational atlas of normal coronary artery anatomy," *EuroIntervention*, vol. 12, no. 7, pp. 845–854, 2016.
- [15] D. Adikari, R. Gharleghi, S. Zhang, L. Jorm, A. Sowmya, D. Moses, S.-Y. Ooi, and S. Beier, "A new and automated risk prediction of coronary artery disease using clinical endpoints and medical imagingderived patient-specific insights: protocol for the retrospective geocad cohort study," *BMJ open*, vol. 12, no. 6, p. e054881, 2022.
- [16] J. M. Wolterink, T. Leiner, B. D. De Vos, J.-L. Coatrieux, B. M. Kelm, S. Kondo, R. A. Salgado, R. Shahzad, H. Shu, M. Snoeren et al., "An evaluation of automatic coronary artery calcium scoring methods with cardiac ct using the orcascore framework," Medical physics, vol. 43, no. 5, pp. 2361–2373, 2016.
- [17] A. Paszke, S. Gross, S. Chintala, G. Chanan, E. Yang, Z. DeVito, Z. Lin, A. Desmaison, L. Antiga, and A. Lerer, "Automatic differentiation in pytorch," in *Proceedings of the 31st Conference on Neural Information Processing Systems (NeurIPS 2017)*, Long Beach, CA, USA, 2017.
- [18] F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort, V. Michel, B. Thirion, O. Grisel, M. Blondel, P. Prettenhofer, R. Weiss, V. Dubourg, J. Vanderplas, A. Passos, D. Cournapeau, M. Brucher, M. Perrot, and E. Duchesnay, "Scikit-learn: Machine learning in python," *Journal of Machine Learning Research*, vol. 12, pp. 2825–2830, 2011.
- [19] C. R. Harris, K. J. Millman, S. J. Van Der Walt, R. Gommers, P. Virtanen, D. Cournapeau, E. Wieser, J. Taylor, S. Berg, N. J. Smith et al., "Array programming with numpy," nature, vol. 585, no. 7825, pp. 357–362, 2020.
- [20] C. M. Bishop and N. M. Nasrabadi, Pattern recognition and machine learning. Springer, 2006, vol. 4, no. 4.
- [21] D. Wu, X. Wang, J. Bai, X. Xu, B. Ouyang, Y. Li, H. Zhang, Q. Song, K. Cao, and Y. Yin, "Automated anatomical labeling of coronary arteries via bidirectional tree lstms," *International journal of computer assisted radiology and surgery*, vol. 14, no. 2, pp. 271–280, 2019.
- [22] X. Zhang, Z. Cui, J. Feng, Y. Song, D. Wu, and D. Shen, "Corlab-net: anatomical dependency-aware point-cloud learning for automatic labeling of coronary arteries," in *International Workshop on Machine Learning in Medical Imaging*. Springer, 2021, pp. 576–585.
- [23] L. Yao, F. Shi, S. Wang, X. Zhang, Z. Xue, X. Cao, Y. Zhan, L. Chen, Y. Chen, B. Song et al., "Tagnet: topology-aware graph network for centerline-based vessel labeling," *IEEE transactions on medical imaging*, vol. 42, no. 11, pp. 3155–3166, 2023.