



**Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w  
Krakowie**

**Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki**



**Katedra Metrologii**

---

Autoreferat rozprawy doktorskiej

Mgr inż. Andrzej Skalski

**Segmentacja 3D danych medycznych  
pochodzących z tomografii komputerowej  
oraz endoskopowych zapisów wideo**

Promotor: prof. dr hab. inż. Tomasz Zieliński

---

Kraków, 2009

## 1. Wstęp

Wraz ze wzrostem mocy obliczeniowych współczesnych komputerów obserwuje się dynamiczny rozwój różnego rodzaju metod wspierających pracę lekarza. Powstają systemy, które po pierwsze, usprawniają przeprowadzanie zabiegów medycznych a po drugie, podnoszą możliwości diagnostyczne. Współczesne komputery pozwalają na przetwarzanie, analizę oraz wizualizację ogromnej ilości danych medycznych, pochodzących z różnych źródeł. Najczęściej dane te pochodzą z tomografii komputerowej (CT), rezonansu magnetycznego (MRI), ultrasonografii (USG) czy pozytonowej emisyjnej tomografii komputerowej (PET). Konstrukcja złożonych systemów sprzętowych i programowych, wspierających diagnostykę obrazową, zabiegi oraz procedury medyczne, jest niezmiernie ważna z punktu widzenia lekarza, a w konsekwencji - ma wpływ na życie i zdrowie pacjentów. Część tych systemów umożliwia przedstawienie dwuwymiarowych serii danych pomiarowych w postaci trójwymiarowych, przestrzennych rekonstrukcji struktur anatomicznych. Jako przykłady można podać opisane w pracy doktorskiej: system do wspierania biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej (BAC), system wirtualnej kolonoskopii oraz metody śledzenia znaczników umieszczonych w zmianie nowotworowej wykorzystywane w radioterapii.

Jednym z najważniejszych składników w takich systemach jest moduł odpowiedzialny za segmentację danych. Segmentacja może być rozumiana jako podział danych na rozłączne podzbiory (w przypadku tak zwanej segmentacji „twardej”) w sensie określonego kryterium. W przypadku danych medycznych podzbiory powinny reprezentować określone struktury anatomiczne lub ich części. Przeprowadzenie segmentacji nie jest zadaniem prostym. Zależy w dużej mierze od rodzaju danych, stopnia ich złożoności, wyrazistości krawędzi pomiędzy obiektami zobrazowanymi w danych oraz oświetlenia sceny w przypadku obrazów pochodzących z kamer. Najlepszym dowodem na to jest brak uniwersalnych metod segmentacji nadających się do bezpośredniego stosowania w procedurach medycznych. Metody segmentacji ze względu na otrzymywany rezultat można podzielić na dwie grupy. Pierwsza, zawiera algorytmy segmentacji „twardej”, które jako wynik zwracają informacje o przynależności poszczególnych pikseli/wokseli do konkretnych podzbiorów. Wynik jest kategoryczny, dlatego też niemożliwe jest przypisanie piksela/wokseli do dwóch różnych podzbiorów. Druga grupa algorytmów, noszących zazwyczaj nazwę „miękkich”, określa jedynie prawdopodobieństwo przynależności do poszczególnych podzbiorów, reprezentujących obiekty w obrazie. Ze względu na cel i oczekiwane wyniki w rozprawie ograniczono się do pierwszej z wyżej wymienionych grup algorytmów.

Z powodu rosnącego zapotrzebowania środowiska medycznego na rozwiązania usprawniające codzienną praktykę lekarską, autor rozprawy skupił się w niej na czterech zagadnieniach wynikających ze współpracy z różnymi ośrodkami medycznymi w Polsce i na świecie, których cechą wspólną jest konieczność przeprowadzenia trójwymiarowej segmentacji danych medycznych. Trójwymiarowa segmentacja jest tutaj rozumiana jako proces, w którym wejściem są dane opisane w trójwymiarowej przestrzeni  $(x,y,z)$  lub dwuwymiarowe obrazy zmienne w czasie  $(x,y,t)$ .

Celem pracy było opracowanie skutecznych metod segmentacji danych medycznych. Jak już wspomniano autor skupił się na czterech zastosowaniach. Pierwszym z nich było wyodrębnianie grup węzłów chłonnych, naczyń krwionośnych oraz drzewa oskrzelowego z danych tomograficznych w zastosowaniu do zabiegu biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej. Drugim, stworzenie wydajnego algorytmu wirtualnej kolonoskopii, w skład którego wchodziły moduły odpowiedzialne za: 1) „czyszczenie” danych tomografii komputerowej z wokseli, reprezentujących kontrast podany przed badaniem oraz resztki pokarmowe znajdujące się w jelicie, 2) wyodrębnianie jelita grubego oraz 3) generowanie ścieżki nawigacyjnej dla wirtualnej kamery. Trzecim zagadnieniem obejmowało opracowanie algorytmu wyodrębniania światła krtani w laryngologicznych, endoskopowych zapisach wideo, czwartę zaś - śledzenie

złoty znaczników (markerów), wszczepionych w zmiany nowotworowe, w projekcjach spiralnej tomografii komputerowej z wiązką uformowaną w stożek (CBCT).

Ze względu na zróżnicowanie danych, zadań oraz problemów nie było możliwe stworzenie tylko jednego uniwersalnego narzędzia, nadającego się do rozwiązania wszystkich wyżej wymienionych zagadnień. Biorąc pod uwagę rozmiar danych (np. w przypadku danych CT około 512x512x470 punktów) konieczne było również uwzględnienie czasu obliczeń projektowanych metod.

## 2. Segmentacja struktur okołoskrzelowych w komputerowym systemie wspierającym zabieg igłowej biopsji przezoskrzelowej

Zabieg biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej (BAC) podczas bronchofiberoskopii polega na pobraniu komórek za pomocą cienkiej igły wprowadzonej do tkanki, zwykle węzłów chłonnych, w celu pobrania materiału do dalszych badań. Lekarz jest wyposażony w bronchofiberoskop i na podstawie obrazu z kamery w niej umieszczonej musi zlokalizować miejsce, z którego ma pobrać materiał. Kamera jednak rejestruje i pokazuje widok z wnętrza drzewa oskrzelowego, a ściany drzewa uniemożliwiają zobaczenie węzłów chłonnych. Dlatego pacjent ma wykonywaną tomografię komputerową klatki piersiowej przed zabiegiem. Na otrzymanych przekrojach lekarz lokalizuje grupy węzłów chłonnych, podejrzanych o możliwość występowania w nich zmian chorobowych.

Wykorzystanie danych tomograficznych do wiernej trójwymiarowej wizualizacji struktur anatomicznych takich jak drzewo oskrzelowe, węzły chłonne i naczynia krwionośne, pozwala z jednej strony na wybór odpowiednich miejsc do przeprowadzenia biopsji a z drugiej minimalizuje ryzyko pobrania niewłaściwego materiału oraz uszkodzenia naczyń krwionośnych podczas badania.

W rozprawie zaproponowano dwa algorytmy segmentacji danych tomograficznych klatki piersiowej. Pierwszy bazuje na metodzie wododziałowej. Zaproponowano w nim tzw. „zalewanie” z wcześniej przygotowanych markerów, wyznaczonych przy pomocy procedury bazującej na przekształceniach morfologicznych oraz metodzie adaptacyjnego progowania. Z otrzymanych obiektów użytkownik wybiera maski zawierające poszukiwane struktury anatomiczne, a następnie automatyczny algorytm dokonuje lokalnego wyrównania histogramu tylko dla wybranych przez użytkownika masek, dla których przeprowadzana jest ponowna segmentacja metodą wododziałową.

Drugi algorytm wykorzystuje metodę deformowalnych modeli (DM). Zaproponowano w nim generowanie powierzchni początkowej za pomocą techniki rozrostu obszaru w wersji *confidence connected* (RG). W metodzie tej algorytm wyznacza wartość średnią  $\mu$  oraz odchylenie standardowe  $\sigma$  wartości wokseli znajdujących się w bieżącym obszarze. Obszar jest rozumiany jako zbiór sąsiadujących ze sobą wokseli, spełniających warunek przynależności opisany równaniem:

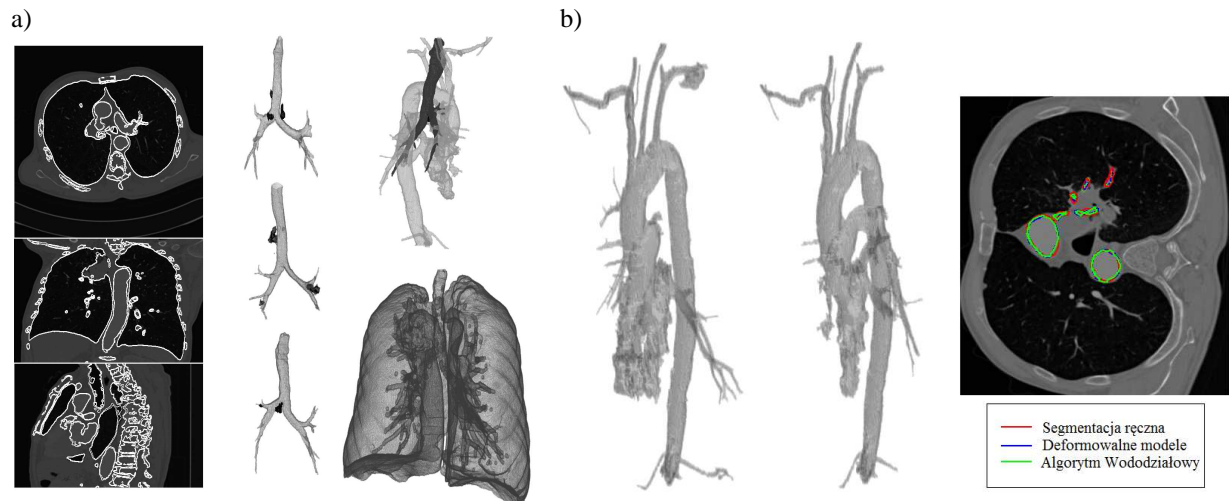
$$I(x, y, z) = [\mu - f \cdot \sigma, \mu + f \cdot \sigma] \quad (1)$$

gdzie  $f$  jest stałym współczynnikiem. Jeżeli nie ma już wokseli spełniających przyjęte kryterium, następuje ponowne wyznaczenie parametrów dla nowego obszaru. Przykładowe wyniki przedstawiono na rysunku 1.

Zaproponowane metody zostały porównane ilościowo. Dla dużych struktur anatomicznych takich jak naczynia krwionośne czy drzewo oskrzelowe wyniki zostały porównane z ręcznym obrysem dokonany przez eksperta. W przypadku węzłów chłonnych ze względu na trudności z obrysowaniem ręcznym zaproponowano przeprowadzenie badań skuteczności segmentacji na wygenerowanym modelu matematycznym, w którym rozkład prawdopodobieństwa intensywności wokseli był zgodny z rozkładem w rzeczywistych danych tomograficznych. Jako miarę skuteczności segmentacji przyjęto zależność uwzględniającą względną liczbę błędnie zakwalifikowanych wokseli:

$$\mathbf{FF}_{3D} = \left( 1 - \frac{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \sum_{z=1}^L |\mathbf{I}_{GT}(x, y, z) - \mathbf{I}_S(x, y, z)|}{\sum_{x=1}^N \sum_{y=1}^M \sum_{z=1}^L \mathbf{I}_{GT}(x, y, z)} \right) \cdot 100\% \quad (2)$$

gdzie  $\mathbf{I}_{GT}$  jest maską otrzymaną z ręcznego wyodrębnienia struktury, natomiast  $\mathbf{I}_S$  - maską otrzymaną z algorytmu. Kwalifikację uznawano za błędną, jeśli woxsel należał do struktury anatomicznej (znajdował się w obrysie dokonany przez eksperta), a nie został wyodrębniony przez algorytm oraz sytuację odwrotną, kiedy algorytm zakwalifikował woxsel, który nie znajdował się w obrysie dokonany przez eksperta. Otrzymane wyniki przedstawiono w tabeli 1.



Rys. 1. a) Przykładowe wyniki segmentacji dla algorytmu RG+DM; b) Porównanie przykładowych wyników. Od lewej: metoda wododziałowa; algorytm RG+DM; Przykładowy przekrój 2D z zaznaczonymi wynikami uzyskanymi przez poszczególne algorytmy.

Tab. 1 Skuteczność segmentacji drzewa oskrzelowego, naczyń krwionośnych oraz modelu węzłów chłonnych, wyznaczona na podstawie zależności (2).

| Struktura anatomiczna | Algorytm Wododziałowy | Algorytm RG+DM |
|-----------------------|-----------------------|----------------|
| Drzewo oskrzelowe     | 87.85%                | 86.33%         |
| Naczynia krwionośne   | 79.04%                | 82.07%         |
| Węzły chłonne         | 87.65%                | 91.33%         |

Algorytm wododziałowy lepiej sobie radzi z wyodrębnianiem drzewa oskrzelowego. Warto tutaj zaznaczyć, iż drzewo oskrzelowe ze względu na wartości woksela znacząco różniące się od wartości woksela odpowiadających tkankom miękkim, jest strukturą anatomiczną nie sprawiającą większych trudności w procesie segmentacji. Jest to konsekwencja dużej wartości modułu gradientu na granicy drzewa oskrzelowego i okolicznych struktur. Biorąc pod uwagę fakt, iż oba algorytmy bazują częściowo na informacji gradientowej, nie dziwi wysoka skuteczność obu algorytmów. Na wartość skuteczności ma wpływ jakość obrysu dokonany przez eksperta, jeżeli tego obrysu dokonałaby inna osoba lub nawet ta sama ale w innym czasie wynik różniłby się od otrzymanego.

W przypadku naczyń krwionośnych różnica w intensywności jest nieznaczna co oczywiście wpływa na proces segmentacji i odpowiednio niższe wskaźniki oceniające dokładność procesu.

### 3. Wirtualna kolonoskopia

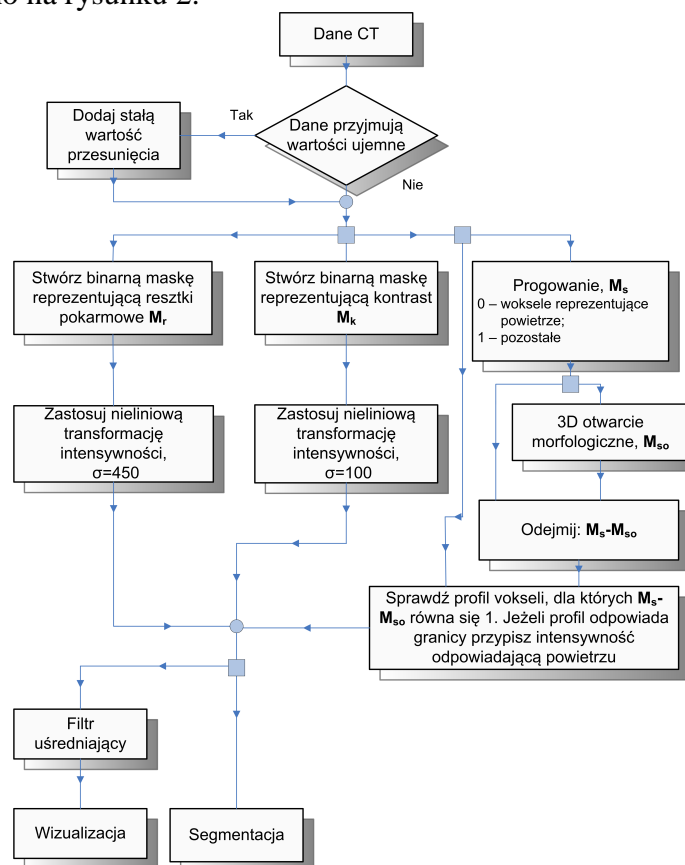
Klasyczna kolonoskopia jest inwazyjną procedurą diagnostyczną, mającą na celu wziernikowanie jelita grubego. Jest ona podstawowym badaniem umożliwiającym zdiagnozowanie chorób jelita grubego, takich jak np.: wrzodziejące zapalenie jelita grubego, choroba Leśniowskiego-Crohna, nowotwory złośliwe jelita grubego, zespół polipowatości rodzinnej. Przed badaniem jelita pacjenta powinny być opróżnione z resztek pokarmowych. Podczas zabiegu wielu pacjentów odczuwa duży dyskomfort fizyczny i psychiczny.

Alternatywnym podejściem jest wykonanie tak zwanej „wirtualnej kolonoskopii”. Wirtualna kolonoskopia ma za zadanie generować obrazy podobne do otrzymywanych w klasycznym badaniu. Obrazy te można uzyskać z danych pochodzących z tomografii komputerowej.

Wirtualna kolonoskopia składa się z następujących kroków:

- Przygotowanie pacjenta.
- Wykonanie tomografii komputerowej jamy brzusznej.
- Rekonstrukcja 3D modelu jelita grubego:
  - „czyszczenie” skanów CT,
  - segmentacja 3D danych CT w celu wyodrębnienia jelita grubego,
  - generacja ścieżki nawigacyjnej (linii centralnej jelita) dla wirtualnej kamery.
- Symulacja ruchu wirtualnej kamery.

W rozprawie zaproponowano kompletną procedurę wirtualnej kolonoskopii. Pierwszą z opracowanych metod jest algorytm czyszczenia danych tomograficznych z wokseli reprezentujących kontrast podany przed badaniem oraz resztki pokarmowe. Schemat blokowy metody przedstawiono na rysunku 2.

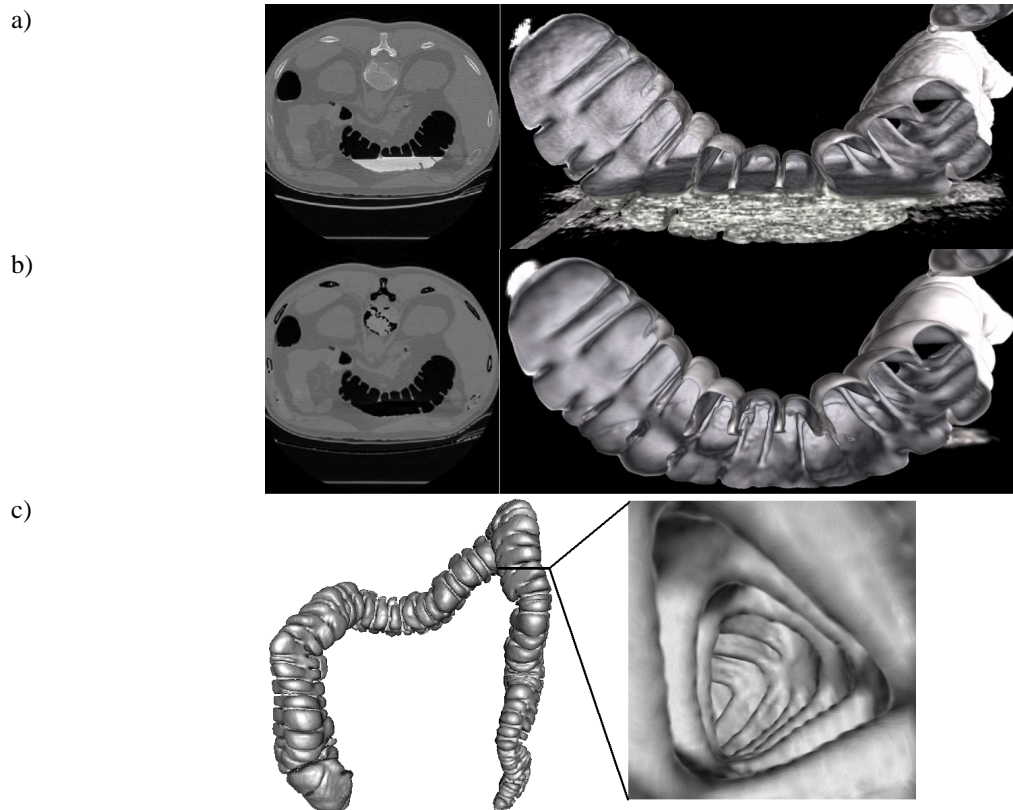


Rys. 2. Schemat blokowy zaproponowanej metody czyszczenia danych tomograficznych.

Głównym elementem algorytmu jest wyznaczenie masek binarnych odpowiadających wokselsom, które mają zostać usunięte. Należy tutaj podkreślić na konieczność odróżnienia

detali reprezentujących fragmenty jelita grubego od wokseli do usunięcia. Detekcja detali w proponowanej metodzie jest przeprowadzana na podstawie analizy profili intensywności otoczenia wokseli, mogących być fragmentem jelita. Po sprawdzeniu i klasyfikacji wokseli stosuje się nieliniową transformację intensywności dla wokseli z poszczególnych masek. Na tak przygotowanych danych przeprowadzana jest segmentacja 3D metodą wododziałową. Następnie wyznaczana jest ścieżka nawigacyjna umożliwiająca symulację ruchu wirtualnej kamery wewnątrz wysegmentowanej struktury. Generacja ścieżki następuje w oparciu o transformację odległości, interpolację funkcjami sklejanymi oraz zbiór reguł gwarantujących poprawne położenie punktów ścieżki wzdłuż całej struktury. W pracy przebadano również wpływ wyboru metryk w transformacji odległości na przebieg oraz czas generacji ścieżki.

Przykładowe wyniki zaprezentowano na rysunku 3.



Rys. 3. a) Wizualizacja fragmentu wysegmentowanego jelita bez operacji czyszczenia cyfrowego; b) Wizualizacja fragmentu wysegmentowanego jelita po czyszczeniu zaproponowaną metodą; c) Wynik segmentacji wraz z przykładowym obrazem wygenerowanym na podstawie ścieżki wyznaczonej metodą opracowaną w rozprawie.

#### 4. Segmentacja strun głosowych w endoskopowych zapisach wideo

Zaburzenia emisji głosu są konsekwencją nieprawidłowej pracy strun głosowych podczas fonacji. Jedną z najszybciej rozwijających się metod diagnostyki patologii oraz zaburzeń mowy jest analiza wysokoczęstotliwościowych, endoskopowych sekwencji wideo HSV (ang. *High Speed Videoendoscopy*) strun głosowych. Laryngologiczne zapisy endoskopowe przedstawiają zarejestrowane cykle wibracji strun głosowych podczas generacji sygnału mowy. Zapisy HSV są zwykle utożsamiane z sekwencją obrazów monochromatycznych o niskim poziomie kontrastu. Charakteryzują się 8 bitowym zakresem zmian intensywności, niską rozdzielczością obrazów (zwykle 128 na 256 pikseli) oraz dużą rozdzielczością czasową (od 900 do 2000 ramek na sekundę).

Zapotrzebowanie środowiska medycznego wiąże się z opracowaniem efektywnego narzędzia wspomagającego analizę funkcjonalną strun głosowych, zobrazowanych w zapisach HSV. W ramach rozprawy doktorskiej zaproponowano dwie metody segmentacji przestrzeni pomiędzy strunami głosowymi, które zostały porównane oraz metodę analizy ruchu strun

głosowych w oparciu o deformowalną metodę dopasowywania obrazów. Pierwsza zaproponowana metoda wykorzystywała algorytm wododziałowy w połączeniu z analizą funkcji gęstości prawdopodobieństwa, używaną do wyznaczenia markerów reprezentujących tło oraz poszukiwany obiekt. Druga metoda opierała się o algorytm zbiorów poziomicowych (ang. *level set*) w połączeniu z zaproponowaną procedurą wyznaczania konturu początkowego dla każdej ramki analizowanych danych. Procedurę tą można przedstawić w następujących punktach:

- Stwórz macierz binarną o wymiarach analizowanej ramki, w której wartości 1 oznaczają piksele, dla których różnica wartości pomiędzy bieżącą ramką a ramką poprzednią jest większa niż 20% maksymalnej wartości intensywności pikseli w ramce przed transformacją niwelującą wpływ rozbłysków.
- Macierz binarną z poprzedniego punktu uzupełnij jedynekami dla pikseli będących wynikiem segmentacji w poprzedniej ramce.
- Przeprowadź filtrację medianową maski binarnej w celu usunięcia pojedynczych punktów.
- Wyznacz prostokąt o minimalnej powierzchni zawierający wszystkie piksele o wartości 1 z poprzedniego punktu.
- Rozszerz otrzymany prostokąt równomiernie w każdym kierunku o 5 pikseli.

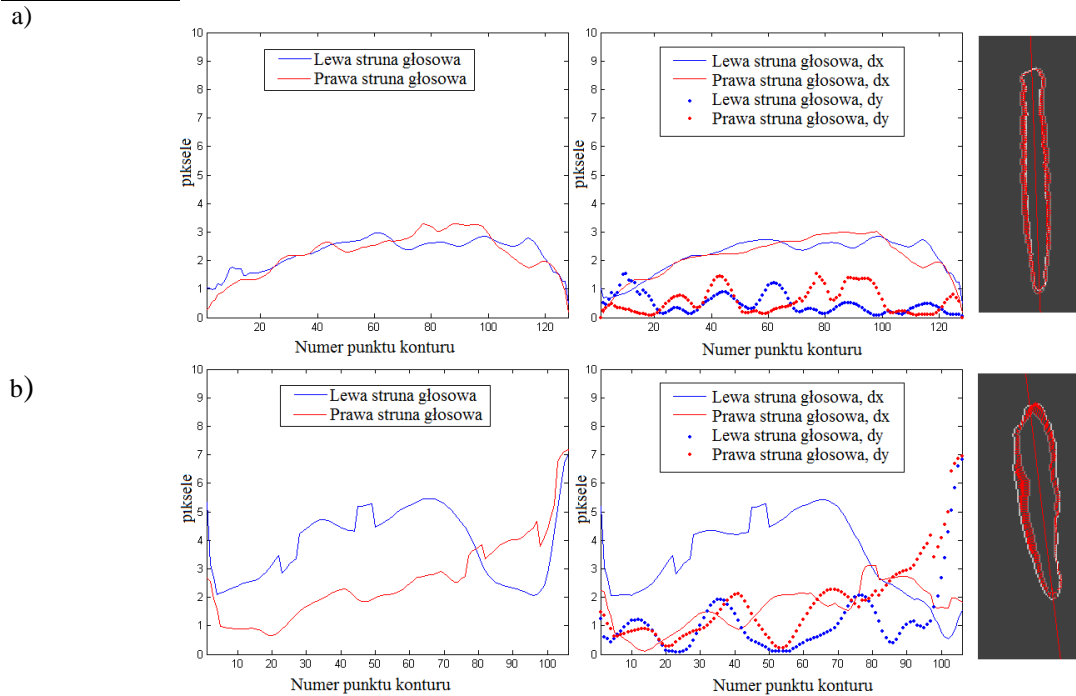
Metody zostały porównane ilościowo za pomocą trzech wskaźników charakteryzujących dokładność segmentacji. Metoda wododziałowa charakteryzowała się niewiele gorszymi wynikami od algorytmu zbiorów poziomicowych, jednakże ze względu na 10-krotnie krótszy czas działania algorytmu wykazała swoją większą przydatność dla dużych zbiorów danych. Dodatkowo zaproponowano metodę analizy ruchu strun głosowych wykorzystującą deformowalne dopasowywanie obrazów algorytmem *B-Spline Free Form Deformation (B-Spline FFD)*.

Na początku jest wykonywana transformacja afiniczna, pozwalająca skorygować przemieszczenia powstałe na skutek ruchu kamery endoskopu. Potem z masek binarnych, otrzymanych w wyniku segmentacji, wyznaczano kontury, dla których wyliczono dwuwymiarowe wektory obrazujące ruch poszczególnych strun głosowych pomiędzy ramkami HSV. Następnie, przy pomocy algorytmu *B-Spline FFD* wyznaczano ten ruch. W celu porównania osobno ruchu lewej i prawej struny głosowej zaproponowano podział otrzymanych konturów na dwie części: pierwsza z nich powinna zawierać punkty konturu należące do lewej struny głosowej, natomiast druga do prawej. Ze względu na możliwe asymetrie w budowie strun głosowych zaproponowano podział na podstawie osi głównej elipsy, posiadającej wszystkie punkty konturu oraz minimalną powierzchnię. Wykorzystując otrzymaną oś główną, można dokonać podziału konturów, otrzymanych w wyniku segmentacji, oraz przypisanych do nich wektorów przemieszczenia otrzymanych w wyniku dopasowania obrazów. Przykładowe wyniki dla strun głosowych bez patologii oraz po terapii laserowej przedstawiono na rysunku 4.

## **5. Automatyczne śledzenie implantowanych znaczników w projekcjach pochodzących z CBCT**

Jedną z metod walki ze zmianami nowotworowymi jest radioterapia. Wykorzystuje ona brak odporności tkanki nowotworowej na promieniowanie. Przed planowanym rozpoczęciem radioterapii, pacjentowi wykonuje się tomografię komputerową, której wyniki wykorzystuje się do zaplanowania procesu leczniczego. Następnie tuż przed napromienianiem zmiany nowotworowej pacjent ma wykonywaną kolejną tomografię, wykorzystywaną do pozycjonowania pacjenta przy użyciu algorytmów dopasowywania obrazów lub do ewentualnej korekcji wiązki napromieniającej. Niestety w sytuacji, gdy zmiana znajduje się w strukturze anatomicznej słabo widocznej w tomografii np. prostaty, pojawia się problem





Rys. 4. Wykresy obrazujące ruch strun głosowych; a) struny bez zmian patologicznych; b) struny po terapii laserowej; Pierwsza kolumna: długości wektorów  $d = \sqrt{dx^2 + dy^2}$ , gdzie  $dx$  i  $dy$  oznaczają składowe wektorów przemieszczenia.

lokalizacji zmiany. Dodatkowo uwzględniając przemieszczenia struktury wywołane ruchem innych organów lokalizacja staje się bardzo trudna lub wręcz niemożliwa. W konsekwencji prowadzi to do konieczności zwiększenia marginesu napromieniowywanych obszarów, co z kolei zazwyczaj powoduje uszkodzenia zdrowych struktur.

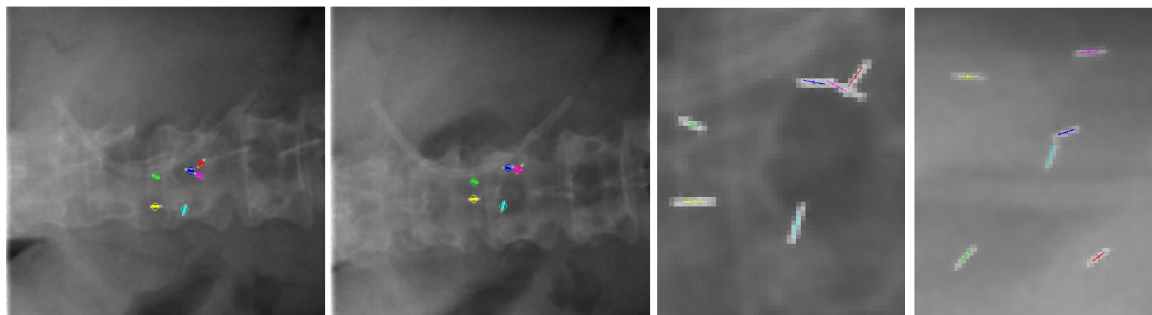
Drugim podejściem jest śledzenie w trakcie napromieniania złotych znaczników (zwykle cylindryczne o wymiarach: 1.5-2mm na 0.8mm na 3mm) wszczepionych w guza lub w jego okolice. Proces śledzenia znaczników może być interpretowany jako zadanie segmentacji, polegające na podziale każdej projekcji na punkty reprezentujące środki znaczników oraz tło. Dodatkowo stawiane są wymagania odnośnie przynależności środków do konkretnych znaczników. Innymi słowy, proponowana metoda musi rozróżniać markery między sobą, tak aby możliwe było określenie położenia konkretnego znacznika.

W rozprawie zaproponowano algorytm śledzenia takich znaczników w projekcjach CBCT. Proponowana metoda śledzenia bazuje na połączeniu i modyfikacji dwóch znanych algorytmów, wykorzystujących różne podejście do optymalizacji funkcji kosztów zdefiniowanej dla potrzeb śledzenia markerów z wiedzą *a priori* na temat przemieszczeń znaczników. Pierwsza z nich, metoda *mean shift* wykorzystuje deterministyczne podejście do procesu optymalizacji, natomiast druga reprezentuje podejście stochastyczne.

W pierwszym etapie użytkownik wskazuje na jednej projekcji położenie znaczników, które mają być śledzone. Zwykle wskazania dokonuje się na pierwszym obrazie z serii projekcji. Pozycja z poprzedniej ramki jest wykorzystywana w dwóch następujących po sobie etapach: predykcji oraz estymacji położenia znaczników. W etapie predykcji, prawdopodobne położenia znaczników w następnej ramce w obrazie są wyznaczane na podstawie estymaty położenia w ramce bieżącej. Proces predykcji w tej metodzie może być rozumiany jako dynamiczny model przemieszczeń znaczników, składający się z deterministycznego modelu propagacji oraz stochastycznego rozrzutu (związanego z wartościami intensywności w obrazach) z korektą przeprowadzaną przy pomocy algorytmu *mean shift*. Następnie w etapie estymacji położenia markerów, dla każdego z potencjalnych położenia markera konstruowana jest funkcja kosztów/punków. Ostatecznie, jako wynik estymacji wybierana jest pozycja, dla której funkcja przyjmuje największą wartość. Proces jest powtarzany dla kolejnych projekcji w danych CBCT.



W pracy doktorskiej przeprowadzono również analizę dokładności estymacji dla rzeczywistych danych oraz pochodzących z fantomu. Wyniki porównano ze wskazaniami 3 ekspertów. Porównanie potwierdziło możliwość zastąpienia ręcznej procedury algorytmem zaproponowanym w pracy. Dodatkowo opisana metoda może zostać wykorzystana do rekonstrukcji obrazów CBCT z uwzględnieniem ruchu bramy urządzenia obrazującego oraz procesu oddychania pacjenta. Przykładowe ramki z estymowanymi położeniami przedstawiono na rysunku 5.



Rys. 5. Wyniki śledzenia markerów na obrazach CBCT – przykładowe ramki.

## 6. Podsumowanie

Metody opracowane w ramach rozprawy zostały zaprojektowane pod kątem konkretnych zastosowań medycznych, jednakże nie ograniczają się one tylko do tych zaprezentowanych przez autora. Wyniki uzyskane dla poszczególnych metod należy uznać za w pełni zadowalające. Opracowane algorytmy mają bardzo duże znaczenie praktyczne i mogą posłużyć do budowy systemów wspierających pracę lekarzy.

Zdaniem autora za oryginalne elementy pracy można uznać:

1. Opracowanie oryginalnej metody wirtualnej kolonoskopii. Zastosowanie nieliniowej funkcji transformującej wartości intensywności w zależności od wstępnej klasyfikacji wokseli na kontrast, resztki pokarmowe, detale jelita grubego i tło. Zastosowanie metody wododziałowej operującej na obrazie gradientowym zamiast algorytmu rozrostu obszarów. Opracowanie algorytmu generacji ścieżki nawigacyjnej, niewymagającego interakcji użytkownika oraz wykorzystującego transformacje odległości oraz interpolacje funkcjami sklejanymi.
2. Opracowanie (wspólnie z B. Matuszewskim) algorytmu śledzenia znaczników w projekcjach CBCT. Autor nie znalazł w literaturze innych rozwiązań dotyczących tego zagadnienia w zastosowaniu do projekcji CBCT. Wykorzystanie algorytmu *mean shift* z rozmiarem jądra dobieranym adaptacyjnie w zależności od rozmiaru i orientacji znacznika w przestrzeni wyznaczanej na podstawie momentów geometrycznych. Zaproponowanie wyznaczania początkowych hipotez położenia na podstawie prawdopodobieństwa zależnego od wartości intensywności pikseli. Skonstruowanie funkcji kosztów/punktów w celu ostatecznego wskazania położenia znaczników w obrazie. Przeprowadzanie analizy dokładności śledzenia w porównaniu ze wskazaniami ekspertów.
3. Wykorzystanie, porównanie oraz dostosowanie metody zbiorów poziomicowych oraz algorytmu wododziałowego do wyodrębniania przestrzeni pomiędzy strunami głosowymi, tzw. głośni, w zapisach HSV. Wykorzystanie funkcji gęstości prawdopodobieństwa, obliczanej na podstawie danych, do wyznaczania markerów tła i obiektu wraz z mechanizmem kontroli. Opracowanie algorytmu służącego do inicjalizacji konturu początkowego w metodzie zbiorów poziomicowych.
4. Zastosowanie metody dopasowywania obrazów *B-Spline Free Form Deformation* do analizy ruchu strun głosowych pomiędzy ramkami, dostarczającej pełnej informacji 2D na temat ruchu krawędzi tych strun.

5. Użycie algorytmu rozrostu obszaru w celu włączenia wstępnej informacji na temat segmentowanych obiektów do metody deformowalnych modeli w zastosowaniu do wyodrębniania struktur anatomicznych okolicy drzewa oskrzelowego.
6. Wykorzystanie popularnej metody wododziałowej do segmentacji struktur okołooskrzelowych.
7. Porównanie zaproponowanych metod segmentacji danych tomograficznych klatki piersiowej. Opracowanie i zastosowanie modelu węzłów chłonnych do porównania proponowanych metod.

## 8. Publikacje doktoranta związane z pracą doktorską

1. B. J. Matuszewski, A. Skalski, T. E. Marchant; "Automatic tracking of implanted fiducial markers in cone beam CT projection images": *Physics in Medicine and Biology*, 2009, w recenzji.
2. A. Skalski, T. Zieliński, M. Duplaga; „Wyodrębnianie struktur anatomicznych okolicy drzewa oskrzelowego z danych tomograficznych”; *Modelowanie i Pomiary w Medycynie: Materiały IX Sympozjum* : Krynica, 10–14 maja 2009, str. 153–156.
3. A. Skalski, T. Zieliński; „Zastosowanie algorytmu wododziałowego do segmentacji strun głosowych w endoskopowych zapisach wideo”; *Modelowanie i Pomiary w Medycynie: Materiały IX Sympozjum*: Krynica, 10–14 maja 2009, str. 149–152.
4. A. Skalski, M. Socha; „Przetwarzanie, analiza i wizualizacja danych medycznych” *Kierunki działalności i współpraca naukowa Wydziału Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki : materiały konferencji zorganizowanej z okazji Jubileuszu 90-lecia AGH*: Kraków, 28–29 maja 2009, str. 225–226.
5. B. Papież, A. Skalski, T. Zieliński, P. Kukołowicz; „Porównanie metod dopasowywania obrazów w zastosowaniu do procedur radioterapii nowotworu gruczołu krokowego”: *Modelowanie i Pomiary w Medycynie: Materiały IX Sympozjum*: Krynica, 10–14 maja 2009, str. 161–166.
6. A. Skalski, T. Zieliński, D. Deliyski, “Analysis of vocal folds movement in high speed videoendoscopy based on level set segmentation and image registration”: *ICSES 2008 International Conference on Signals and Electronic Systems*, September 14–17, 2008, Kraków, Poland, pp. 223–226.
7. J.-K. Shen, B. J. Matuszewski, L.-K. Shark, A. Skalski, T. Zieliński, C. J. Moore; “Deformable image registration – a critical evaluation: Demons, B-spline FFD and spring mass system”: *IEEE MediVis 2008: Fifth International Conference BioMedical Visualization: Information Visualization in Medical and Biomedical Informatics*: 9–11 July 2008 London, United Kingdom, pp. 77–82.
8. A. Skalski, T. Zieliński, „Segmentacja i dopasowywanie cyfrowych obrazów medycznych: przetwarzanie nagrań wideo-endoskopowych strun głosowych oraz danych tomograficznych zmian rakowych”: *Pomiary, Automatyka, Kontrola*, 2008, vol. 54, nr 6, str. 330–333.
9. A. Skalski, M. Socha, M. Duplaga, „Algorytm wyznaczania ścieżki nawigacyjnej do automatycznego ruchu wirtualnej kamery w strukturach anatomicznych”: *Pomiary, Automatyka, Kontrola*, 2007 vol. 53 nr 9bis, str. 421–424.
10. A. Skalski, M. Socha, T. Zieliński, M. Duplaga, “Colon cleansing for virtual colonoscopy using non-linear transfer function and morphological operations”: *Proceedings of the 2007 IEEE International Workshop on Imaging Systems and Techniques*, 4–5 May 2007, Krakow, Poland, pp. 1-5.
11. A. Skalski, M. Socha, T. Zieliński, M. Duplaga, “CT data processing and visualization aspects of virtual colonoscopy”; *EUSIPCO 2007: 15th European Signal Processing Conference*: September 3–7, 2007, Poznań, Poland, pp. 2509–2513.
12. J. Bułat, K. Duda, M. Duplaga, R. Frączek, A. Skalski, M. Socha, P. Turcza, T. P. Zieliński, “Data processing tasks in wireless GI endoscopy: image-based capsule localization & navigation and video compression”: *EMBC 2007 Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, August 23–26, 2007, Lyon, France. pp. 2815–2818.
13. J. Bułat, K. Duda, A. Skalski, M. Socha, P. Turcza, T. Twardowski, T. Zieliński, M. Duplaga; “Image and video processing tasks in computer aided medical interventions on the example of transbronchial biopsy”; „*New trends in audio and video*”: *XI Symposium AES*: September 20–22, 2006 Białystok, pp. 34–42.
14. A. Skalski, M. Socha, T. Zieliński; “The 3D watershed segmentation of CT medical data supported by statistical data analysis”: *ICSES'06: International Conference on Signals and Electronic Systems*: September 17–20, 2006, Łódź, Poland, pp. 301–304.
15. A. Skalski; „Wybrane zagadnienia segmentacji węzłów chłonnych okolicy drzewa oskrzelowego w danych z tomografii komputerowej”: *Pomiary, Automatyka, Kontrola*, 2006, nr 5bis, str. 133–138.