

Autoreferat

dr inż. Joanna Jaworek-Korjakowska

20 grudnia 2018

1. Dyplomy i stopnie naukowe	2
2. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych	2
3. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki	3
3.1 Tytuł osiągnięcia	3
3.2 Lista prac wchodzących w zakres osiągnięcia	3
3.3 Wprowadzenie	4
3.4 Motywacja, założenia i cel badań	5
3.5 Omówienie osiągnięcia	8
3.6 Podsumowanie	30
4. Pozostałe osiągnięcia naukowo - badawcze	33
4.1 Udział w projektach badawczo - rozwojowych	33
4.2 Statystyki bibliometryczne	36
4.3 Nagrody i wyróżnienia	37
4.4 Staże zagraniczne i współpraca naukowa	38
4.5 Recenzje naukowe	39
5. Działalność dydaktyczna i organizacyjna	40
5.1 Kształcenie kadr	40
5.2 Zajęcia dydaktyczne	40
5.3 Działalność organizacyjna	41

Jaworek

1. Dyplomy i stopnie naukowe

Doktor nauk technicznych, 2013

Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej
Tytuł rozprawy: Analiza i detekcja struktur lokalnych w czerniaku złośliwym.
Dyscyplina naukowa: Biocybernetyka i Inżynieria Biomedyczna

Magister inżynier, 2010

Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki
Kierunek: informatyka stosowana (studia jednolite magisterskie)
Temat: System elektrofizjologicznego nadzoru człowieka w ruchu.

Inżynier, 2011

Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej
Kierunek: inżynieria biomedyczna
Temat: Mobilna platforma służąca do automatycznej detekcji zespołów QRS.

2. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych

- 2018– nadal **Adiunkt naukowo-dydaktyczny**, Katedra Automatyki i Robotyki,
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej,
Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
- 2014 – 2017 **Adiunkt naukowo-dydaktyczny**, Katedra Automatyki i Inżynierii Biomedycznej,
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej,
Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
- 2012 – 2014 **Asystent naukowo-dydaktyczny**, Katedra Automatyki i Inżynierii Biomedycznej,
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej,
Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
- 2010 – 2012 **Asystent naukowo-dydaktyczny**, Katedra Automatyki,
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki,
Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
- 2009 – 2010 **Staż asystencki**, Katedra Automatyki,
Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki,
Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie

3. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.):

3.1. Tytuł osiągnięcia

Cykl publikacji powiązanych tematycznie zatytułowany:

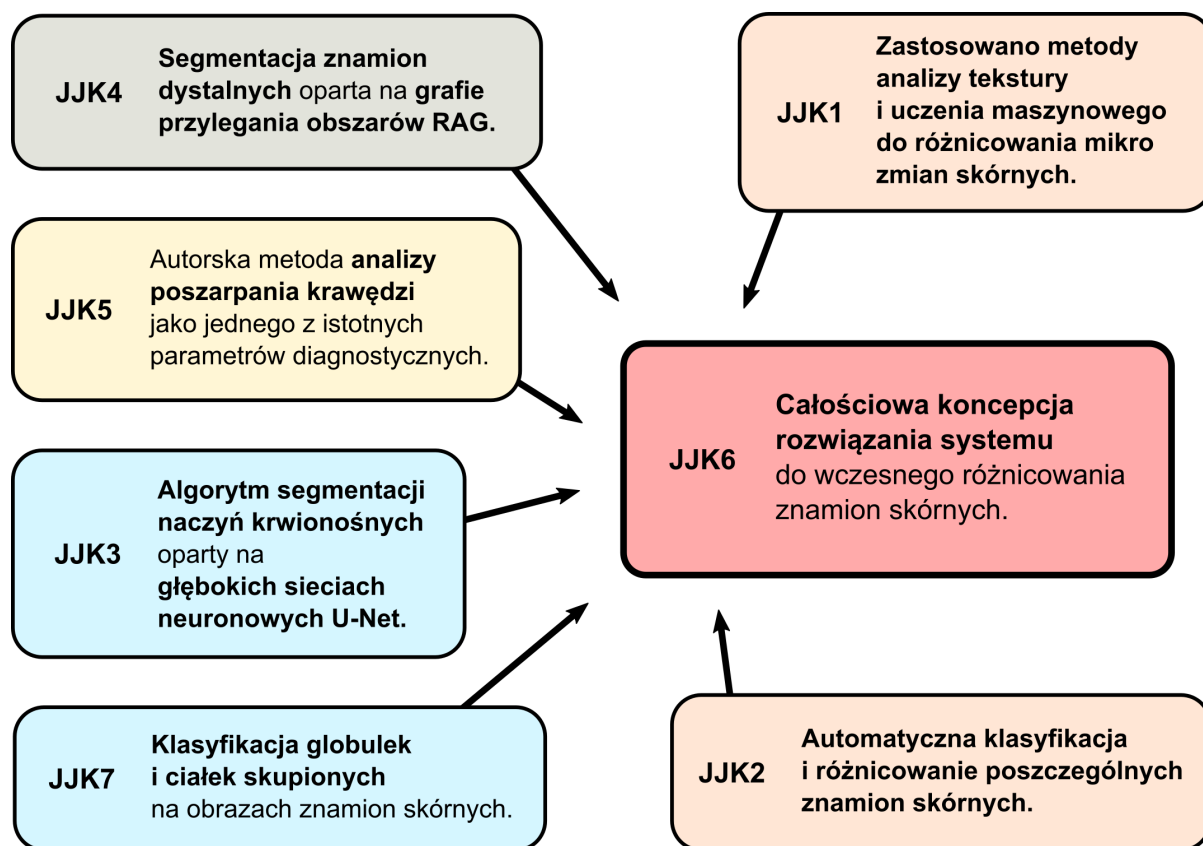
„Metodologia przetwarzania, analizowania i klasyfikacji obrazów zmian melanocytowych z wykorzystaniem algorytmiki i uczenia maszynowego.”

3.2. Lista prac wchodzących w zakres osiągnięcia

- [JKK1] **Jaworek-Korjakowska J.:** *Computer-aided diagnosis of micro-malignant melanoma lesions applying support vector machines*, BioMed Research International, vol. 2016, pp. 1 - 8, 2016 * IF = 2.476, 25 pkt. MNiSW *
- [JKK2] **Jaworek-Korjakowska J., Kłeczek P.:** *Automatic classification of specific melanocytic lesions using artificial intelligence*, BioMed Research International, vol. 2016, pp. 1 – 17, 2016 * IF = 2.476, 25 pkt. MNiSW *
- [JKK3] **Jaworek-Korjakowska J.:** *A deep learning approach to vascular structure segmentation in dermoscopy colour images*, BioMed Research International, vol. 2018, pp. 1 - 8, 2018 * IF = 2.583, 25 pkt. MNiSW *
- [JKK4] **Jaworek-Korjakowska J., Kłeczek P.:** *Region adjacency graph approach for acral melanocytic lesion segmentation*, Applied Sciences (Basel), vol. 8, pp. 1 – 14, 2018 * IF = 1.689, 25 pkt. MNiSW *
- [JKK5] **Jaworek-Korjakowska J.:** *Novel method for border irregularity assessment in dermoscopic color images*, Computational and Mathematical Methods in Medicine, vol. 2015, pp. 1 - 11, 2015 * IF = 0.887, 15 pkt. MNiSW *
- [JKK6] **Jaworek-Korjakowska J., Kłeczek P.:** *eSkin: study on the smartphone application for early detection of malignant melanoma*, Wireless Communications & Mobile Computing, vol. 2018, pp. 1 – 11, 2018 * IF = 0.869, 25 pkt. MNiSW *
- [JKK7] **Jaworek-Korjakowska J., Tadeusiewicz R.:** *Assessment of dots and globules in dermoscopic color images as one of the 7-point check list criteria*, Proceedings of IEEE International Conference on Image Processing (ICIP 2013): September 15–18, 2013, Melbourne, Australia, pp. 1456 – 1460, 2013 * Web of Science , 10 pkt. MNiSW *

3.3. Wprowadzenie

Osiągnięcie naukowe zostało przedstawione w postaci cyklu 7 publikacji powiązanych tematycznie. Publikacje te będą dalej identyfikowane przez swoje numery od JJK1 do JJK7. Na poniższym diagramie zaprezentowano powiązania pomiędzy merytoryczną zawartością poszczególnych publikacji, wskazujące, że mamy tu do czynienia z monotematycznym zbiorem wzajemnie uzupełniających się publikacji. Na rysunku przy każdej publikacji zaznaczono te elementy ich treści, które będąc indywidualnym wkładem autorki, stanowią elementy składające się na osiągnięcie naukowe zatytułowane „*Metodologia przetwarzania, analizowania i klasyfikacji obrazów zmian melanocytowych z wykorzystaniem algorytmiki i uczenia maszynowego*” (Rys. 1).



Rys. 1: Diagram cyklu publikacji powiązanych tematycznie wchodzących w skład osiągnięcia naukowego. Poszczególne kolory oznaczają kolejne etapy procesu analizowania zdjęć dermoskopowych.

Cykl publikacji zawiera 6 artykułów opublikowanych w czasopiśmie należącym do listy Journal Citation Reports (JRC) oraz jedną publikację konferencyjną uwzględnioną w bazie Web of Science. Sumaryczny *impact factor* wymienionych prac wynosi 10.980, a liczba punktów ministerialnych 150. Zgodnie z oświadczeniami współautorów dołączonymi do

wniosku, jestem głównym autorem wszystkich publikacji, z czego trzy publikacje są wyłącznie mojego autorstwa. Zestawienie prac zostało przedstawione w Tabeli 1.

Tabela 1: Zestawienie prac z cyklu publikacji.

	Publ.	Rok wydania	Udział [%]	Impact factor (IF 5 letni)	Punkty MNiSW	Liczba cytowań
	[JJK1]	2016	100	2.476 (2.931)	25	6 (13)*
	[JJK2]	2016	60	2.476 (2.931)	25	11 (20)*
	[JJK3]	2018	100	2.583 (2.931)	25	0 (0)*
(1)	[JJK4]	2018	90	1.689 (1.855)	25	0 (0)*
	[JJK5]	2015	100	0.887 (1.506)	15	8 (9)*
	[JJK6]	2018	50	0.869 (1.095)	25	1 (0)*
(2)	[JJK7]	2013	95		10	9 (15)*
			Suma:	10.980 (13.249)	150	35 (57)*

(1) – publikacje z listy JCR

(2) – publikacje konferencyjne

* – cytowanie wg bazy Web of Science,

w nawiasie podano wartości zgodne z Google Scholar

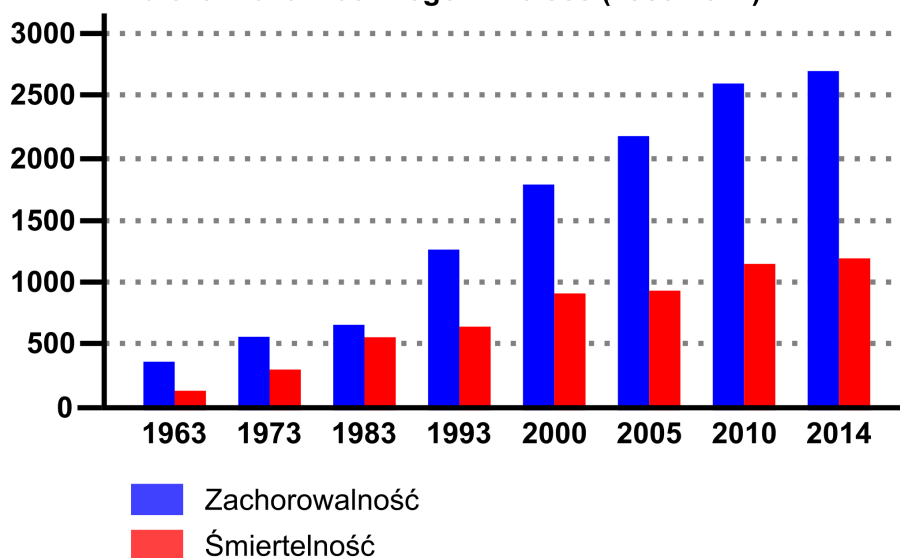
20 grudnia 2018

Cykl publikacji przedstawia algorytmiczne rozwiązania rzeczywistych problemów występujących podczas przetwarzania i analizy zdjęć dermoskopowych obrazujących znamiona skórne. Metody, które zostały opracowane, zaimplementowane i przetestowane wykorzystują modele uczenia maszynowego, głębokie sieci neuronowe, oraz rozwiązania algorytmiczne. W dalszej części przedstawione zostaną zrealizowane cele badawcze oraz szczegółowo omówione poszczególne osiągnięcia.

3.4. Motywacja, założenia i cel badań

Czerniak skóry wywodzi się z komórek barwnikowych - melanocytów - i choć występuje znacznie rzadziej od pozostałych typów nowotworów skóry, odznacza się najwyższą agresywnością i śmiertelnością [1]. Czerniaki charakteryzują się także błyskawicznym tempem wzrostu i wysokim stopniem złośliwości często dając przerzuty do innych narządów m.in. okolicznych węzłów chłonnych, płuc, czy mózgu [2]. W ciągu kilku ostatnich dekad, na całym świecie, odnotowano trzykrotny wzrost przypadków czerniaka skóry i związanego z nim wskaźnika śmiertelności wśród populacji rasy białej. Podobny trend zaobserwowano także w Polsce (Rys. 2).

**Statystyki zachorowalności i śmiertelności
na czerniaka złośliwego w Polsce (1983-2014)**



Rys. 2: Liczba odnotowanych przypadków rozpoznania czerniaka skóry w Polsce w latach 1980 - 2014 [3].

Dotychczas nie opracowano skutecznej metody leczenia czerniaka złośliwego. Co więcej, większość przypadków rozpoznawana jest w zaawansowanym stadium rozwoju, kiedy to metody uzupełniające leczenie chirurgiczne, takie jak chemioterapia, radioterapia, czy immunoterapia wykazują bardzo niską skuteczność.

Ze względu na dużą zachorowalność na nowotwory skóry onkologia dermatologiczna stała się szybko rozwijającą się dziedziną. Postęp zauważany jest zarówno w badaniach podstawowych, nowatorskich metodach klasyfikowania zmian, jak i powstawaniu nowych, skuteczniejszych metod leczenia i diagnozowania. Jednym z głównych zadań współczesnej dermatologii jest wykrywanie czerniaka we wczesnym stadium rozwoju, gdyż to daje gwarancję szybkiego powrotu do zdrowia z pominięciem uciążliwego leczenia. W świetle powyższych danych niezwykle istotnym zagadnieniem staje się profilaktyka oraz wczesna diagnostyka czerniaka skóry. Odróżnienie czerniaka złośliwego od innych typów zmian barwnikowych skóry, na przykład znamion łagodnych, nie jest jednak prostym zadaniem i stanowi wyzwanie nawet dla doświadczonych dermatologów. Badacze tematu zauważyli, że młodzi i niedoświadczeni dermatolodzy oraz lekarze rodzinni mają duże trudności z poprawną oceną wizualną zmian skórnych. Jedynie specjaliści uzyskali czułość i swoistość diagnostyczną¹ na poziomie odpowiednio 90 % i 59 % [4, 5]. Dla pozostałych lekarzy wskaźniki te były istotnie niższe, na poziomie około 62 – 63 % [6].

¹ Czułość (ang. *true positive rate, sensitivity, SE, TPR*) – jest miarą zdolności danego testu do rozpoznawania choroby: $TPR = \frac{TP}{TP+FN}$.

Swoistość (specyficzność, ang. *true negative rate, specificity, SP, TNR*) – jest miarą zdolności danego testu do poprawnego wykluczenia choroby: $TNR = \frac{TN}{TN+FP}$.

Najważniejszym elementem pozwalającym na wczesne wykrycie czerniaka jest badanie skóry pacjenta przy pomocy dermatoskopu (mikroskopia epiluminescencyjna) lub wideodermatoskopu. Popularna metoda diagnostyczna ABCD, która jest oparta przede wszystkim na parametrach geometrycznych, nie pozwala na poprawne zakwalifikowanie około 50% czerniaków w tym szczególnie czerniaków we wczesnym stadium (o średnicy < 5mm).

Powyższe doniesienia stały się główną motywacją do opracowania metod wczesnej diagnostyki medycznej. Badanie te zostały rozpoczęte w trakcie studiów i kontynuowane w ramach pracy doktorskiej.

Do najważniejszych rozwiązań algorytmicznych zaproponowanych w ramach pracy doktorskiej zatytułowanej *Analiza i detekcja struktur lokalnych w czerniaku złośliwym* (2013) należą:

1. Algorytm wstępnego przetwarzania obrazów dermoskopowych
2. Algorytm rozpoznawania i zamalowywania włosów na obrazach dermoskopowych celem uzyskania dokładniejszych wyników segmentacji.
3. Segmentacja zmiany skórnej oparta na algorytmie rozrostu obszarów. W ramach badań porównano skuteczność najczęściej stosowanych metod segmentacji.
4. Algorytmy do detekcji i klasyfikacji poszczególnych struktur lokalnych w zmianie skórnej zgodnie ze stosowaną 7-punktową metodą diagnostyczną. Obecność struktur lokalnych oraz ich ułożenie – regularne bądź nieregularne - pozwalają na różnicowanie melanocytowych znamion skórnych jako złośliwych lub łagodnych.

Biorąc pod uwagę powyższe informacje, dotychczasowy stan wiedzy, dostępny sprzęt medyczny oraz istniejące metody diagnostyczne, określono cele badawcze, **których głównym założeniem było opracowanie metodologii bazującej na algorytmice i sztucznej inteligencji celem wspierania wczesnej diagnostyki różnicowej czerniaka złośliwego.**

W ramach osiągnięcia:

1. Zastosowano **metody analizy tekstury i uczenia maszynowego do różnicowania melanocytowych mikrozmiarów skórnych (< 5mm)** [JKK1].
2. Zaproponowano, zaimplementowano i przetestowano **metodę służącą do diagnostyki różnicowej melanocytowych zmian skórnych pozwalającą na ich podział na cztery główne typy**: znamię Clarka, znamię Spitz/Reeda, znamię błękitne oraz czerniak złośliwy [JKK2].
3. Zaimplementowano system oparty na **głębokich sieciach neuronowych U-Net do segmentacji naczyń krwionośnych** w dermoskopowych obrazach znamion skórnych [JKK3].

4. Wykorzystano **grafy przylegania obszarów RAG do segmentacji znamion dystalnych** [JJK4].
5. Zaproponowano nową i dokładniejszą metodę do **analizy poszarpania krawędzi** [JJK5].
6. Zaobserwowano i przeanalizowano zależności między ułożeniem struktur lokalnych, a diagnozą medyczną. Na tej podstawie zaproponowano nowy i dokładniejszy **algorytm do klasyfikacji kropek i ciałek skupionych** [JJK7].
7. Przedstawiono **całościową koncepcję systemu do wczesnej diagnostyki znamion skórnych** [JJK6].

Prace naukowe były realizowane w ramach krajowych projektów badawczych:

[JJK-P1] Wykorzystanie metod przetwarzania obrazów i sztucznej inteligencji (systemy ekspertowe) w rozpoznawaniu i diagnostyce różnicowej czerniaka złośliwego, 2011/01/N/ST7/06783, **Narodowe Centrum Nauki, Preludium**, Kierownik, 131 700,00 zł, 2011-2015

Granty dziekańskie w ramach działalności statutowej AGH:

[JJK-P2] Analiza parametrów geometrycznych w czerniaku złośliwym, 15.11.120.408, Kierownik, 2014-2015

[JJK-P3] Rozpoznawanie czerniaka złośliwego w gałce ocznej, 15.11.120.495, Kierownik, 2015

[JJK-P4] Aplikacja mobilna do analizowania mikrozmian skórnych, 15.11.120.883, Kierownik, 2017-2018

[JJK-P5] Analiza barwnikowych zmian skórnych na podstawie wzorców i kolorów, 15.11.120.635, Kierownik, 2018

[JJK-P6] Analiza zmian skórnych na dłoni i podeszwach, 15.11.120.883, Wykonawca, 2018

[JJK-P7] Wykorzystanie głębokich sieci neuronowych we wczesnej diagnostyce zmian skórnych, 15.11.120.735, Kierownik, 2018-2019

3.5. Omówienie osiągnięcia

W dobie dynamicznego rozwoju sprzętu medycznego, w szczególności aparatów dermoskopowych do analizowania znamion skórnych, wydajniejsza i mniej inwazyjna stała się akwizycja danych pomiarowych, w tym obrazów medycznych. Łącząc ze sobą bardzo dokładne obrazowanie medyczne z algorytmami przetwarzania obrazów oraz zaawansowanymi metodami uczenia maszynowego otrzymujemy narzędzie, które w sposób kompletny i precyzyjny jest w stanie wskazać jednostkę chorobową.

Przedmiotem osiągnięcia było opracowanie metod algorytmicznych wspierających diagnostykę różnicową czerniaka złośliwego. W ramach badań przeprowadzono przegląd materiałów naukowych dotyczących zagadnień wczesnego diagnozowania czerniaka złośliwego oraz komputerowego analizowania barwnikowych znamion skórnych.

Opracowane i przedstawione algorytmy automatycznej klasyfikacji zmian melanocytowych zostały przetestowane na zdjęciach dermoskopowych z *Interactive Atlas of Dermoscopy* G. Argenziano i in. [29]. Zdjęcia dermoskopowe zamieszczone w atlasie zostały wykonane w dwóch szpitalach uniwersyteckich (Uniwersytet w Neapolu, Włochy oraz Uniwersytet w Grazu, Austria) i zapisane na dysku CD-ROM w formacie JPEG. Dokumentację każdego obrazu dermoskopowego wykonano przy użyciu aparatu Dermaphot (Heine, Optotechnik, Herrsching, Niemcy) i aparatu fotograficznego (Nikon F3) zamontowanego na mikroskopie stereoskopowym (Wild M650, Heerbrugg AG, Szwajcaria) o różnych rozdzielczościach w zakresie od 0,033 do 0,5 mm/piksel. Wszystkie zdjęcia zamieszczone w bazie zostały ocenione przez ekspertów w dziedzinie dermatologii i dermatoskopii z dużym doświadczeniem klinicznym. Do każdego przypadku zostały dołączone dodatkowe informacje takie jak płeć i wiek pacjenta, umiejscowienie i średnica zmiany, wyniki dla poszczególnych metod diagnostycznych ABCD i 7-punktowej oraz wynik diagnostyki różnicowej, czyli określenie do którego typu zmiany melanocytowej dany przypadek należy. Ponadto, wyniki badań ekspertów zostały zweryfikowane podczas analizy materiały histopatologicznego pobranego w trakcie biopsji.

Opracowanie algorytmów mogących znaleźć realne zastosowanie we wspomaganie diagnostyki medycznej [JKK1, JJK2, JJK6] stało się możliwe dzięki wspólnej pracy z ekspertami i lekarzami m.in. z obszaru nauk podstawowych i medycznych, którzy inicjując projekt wskazali medyczne problemy badawcze, a na etapach końcowych zweryfikowali otrzymane wyniki.

W ramach prowadzonych badań konsultowano pomysły i rozwiązania z takimi międzynarodowymi ośrodkami jak Uniwersytet w Neapolu, Włochy (Prof. Giuseppe Argenziano), Uniwersytet w Brisbane, Australia (Prof. Peter H. Soyer), Redwood Stanford Medicine Outpatient Centre, Stanford, CA, USA (Kavita Sarin).

Prezentowane rozwiązania w ramach osiągnięcia naukowego można podzielić na trzy zasadnicze grupy:

- Algorytmy wspierające wstępne przetwarzanie obrazów dermoskopowych [JKK4]
- Algorytmy do analizy kluczowych parametrów diagnostycznych [JKK3, JJK5, JJK7]
- Automatyczne systemy do klasyfikacji znamion skórnych [JKK1, JJK2, JJK6]

Algorytmy wstępnego przetwarzania obrazów dermoskopowych takie jak redukcja szumu i artefaktów, czy segmentacja znamion skórnych zostały opracowane z dużą skutecznością, a ich przegląd można znaleźć w [JKK1, JJK2, 1]. W niniejszym osiągnięciu naukowym przedstawiono rozwiązanie pozwalające na detekcję znamion dystalnych na obrazach dermoskopowych wykorzystując w pierwszej kolejności **algorytm SLIC** do nadmiernej segmentacji i tworzenia superpiskeli, a następnie **grafy przylegania obszarów RAG** do ustalenia relacji występujących między poszczególnymi obszarami oraz ostatecznej segmentacji [JKK4]. Podczas analizowania zdjęć dermoskopowych pochodzących z różnych części ciała okazało się, że dotychczas stosowane metody segmentacji nie dawały wystarczająco dobrych rezultatów podczas segmentacji znamion dystalnych, które w charakterystyczny sposób różnią się od pozostałych poprzez pogrubienie warstwy rogowej naskórka.

Kolejny etap przetwarzania obrazów dermoskopowych to najczęściej wyznaczenie kluczowych parametrów diagnostycznych bazujących na dwóch stosowanych algorytmach różnicujących znamiona skórne: metoda ABCD oraz metoda 7-punktowa. W ramach osiągnięcia opracowano trzy metody pozwalające na ocenę następujących cech:

- poszarpania krawędzi zmiany skórnej [JKK5],
- segmentacji naczyń krwionośnych [JKK3],
- algorytmu klasyfikującego kropki i ciałka skupione [JKK7].

Metody analizy poszarpania krawędzi, które zostały zaproponowane przez innych naukowców, bazują przede wszystkim na ocenie złożonych deskryptorów kształtu do których należą sygnatura kształtu (ang. *Shape Signature*), deskryptor Fouriera (ang. *Fourier Descriptor*), czy moment Zernike'a (ang. *Zernike Moments*). W ramach omawianej pracy badawczej [JKK5] zaproponowano autorskie podejście do **analizowania poszarpania krawędzi**, bazujące na odpowiednim podziale brzegu zmiany na cztery części, co pozwala uzyskać bardzo dokładną jednowymiarową reprezentację brzegu.

Segmentacja naczyń krwionośnych na dermoskopowych obrazach znamion skórnych jest zagadnieniem niezwykle trudnym co spowodowane jest znaczną złożonością obrazu oraz sporą liczbą struktur lokalnych w nich występujących. Zastosowanie znanych i dotychczas opracowanych metod segmentacji nie przyniosło pozytywnych rezultatów. W ciągu ostatnich kilku lat nastąpił gwałtowny rozwój **głębokich sieci neuronowych** ze szczególnym uwzględnieniem **głębokich sieci konwolucyjnych i ich modyfikacji**. Ta technologia bardzo szybko stała się jednym z popularnych i obiecujących obszarów w dziedzinie sztucznej

inteligencji, przyczyniającej się do rozwiązania aktualnych problemów w takich obszarach jak rozpoznawanie obiektów, tłumaczenie maszynowe, czy rozpoznawanie mowy. Zastosowanie architektury **sieci konwolucyjnej U-Net** do detekcji naczyń krwionośnych pozwoliło na ich segmentację z bardzo dużą precyzją [JKK3].

W kolejnej pracy zaprezentowano autorskie podejście do **klasyfikacji kropek i ciałek skupionych** oceniając ich rozłożenie jako jednorodne lub niejednorodne. Ocena regularności rozłożenia struktur lokalnych w zmianach skórnych wymaga odpowiedniego podziału zmiany na obszary, co zostało szczegółowo przedstawione w [JKK7]. Kropki i ciała skupione zostały odróżnione od pozostałych struktur przy pomocy analizy parametrów geometrycznych. Zaobserwowano i przeanalizowano zależności między ułożeniem struktur lokalnych, a ich medyczną klasyfikacją. Na tej podstawie wyliczono odpowiednie parametry i zaproponowano **algorytm klasyfikacji bazujący na drzewach decyzyjnych** [JKK7].

Najczęściej podejmowanym obszarem badawczym z zakresu komputerowego wspomaganie w dermatologii jest automatyczna klasyfikacja zmian skórnych jako łagodnych bądź złośliwych [1]. Opracowane zostały metody wyznaczające parametry w oparciu o medyczne algorytmy diagnostyczne takie jak analiza 7-punktowa, analiza globalnego wzoru, metoda ABCD, czy metoda Menziesa. W czasie realizowania badań w literaturze fachowej brak było rozwiązań dotyczących klasyfikacji znamion melanocytowych do poszczególnych klas, co stanowi bardzo ważną informację diagnostyczną. Metoda taka pozwala bowiem zarówno na wyselekcjonowanie zmian stanowiących zagrożenie dla zdrowia pacjenta i wymagających usunięcia operacyjnego, jak również wybranie grupy znamion o wysokim ryzyku zezłośliwienia (np. znamiona Clarka czy znamiona Spitz), które wymagają monitorowania. W ramach prowadzonych prac zdecydowano się zrealizować dwie nowatorskie ścieżki badawcze. W niniejszym osiągnięciu naukowym przedstawiono **autorskie algorytmy wyznaczania oryginalnych wektorów cech, uwzględniających specyfikę analizowanego problemu**. W pierwszej kolejności zdecydowano się na **zaimplementowanie i przetestowanie automatycznego systemu klasyfikującego i rozróżniającego poszczególne znamiona skórne** do których należą znamię Clarka, Reeda, Spitz, błękitne i czerniak złośliwy [JKK2]. W ramach pracy przeanalizowano ponad 90 parametrów wykluczając cechy nieistotne i skorelowane. Znaczna liczba dostępnych metod uczenia maszynowego pozwala na przetestowanie szeregu modeli z odpowiednimi parametrami oraz wybór optymalnego rozwiązania. W ramach pracy zaimplementowano narzędzie, które **przeanalizowało kilka technik klasyfikacji m.in. drzewa decyzyjne, algorytm k-najbliższych sąsiadów, regresję logistyczną oraz metodę wektorów nośnych (SVM)**, wskazując najlepszą metodę. Zapotrzebowanie na takie rozwiązanie wynika w tym przypadku z konieczności precyzyjnego określenia zaawansowania zmiany skórnej oraz wskazania tych które będą podlegały częstej obserwacji. Na zakończenie warto jeszcze raz podkreślić, że dokonana w niniejszej pracy klasyfikacja ma charakter pionierski, gdyż znakomita większość badań skupia się na zaliczaniu zmiany tylko do jednej z dwóch kategorii: „zmiana złośliwa” bądź „zmiana łagodna”.

Drugie nowatorskie podejście dotyczyło opracowania **automatycznego systemu do klasyfikacji melanocytowych mikrozmian skórnych** [JKK1]. Podczas implementacji systemów różnicujących znamiona skórne zauważono, że ich podział na znamiona zaawansowane (>5 mm) oraz mikroznamiony (≤ 5 mm) pozwala na zwiększenie skuteczności diagnostycznej. W ramach badań przeanalizowano te same parametry dla wszystkich znamion skórnych wraz z podziałem ze względu na średnicę. Okazało się, że różne parametry pozwalają poprawnie klasyfikować zmiany zaawansowane oraz zmiany niewielkie. Powyższe wnioski pozwoliły na opracowanie oddzielnego systemu do automatycznej klasyfikacji mikrozmian skórnych opartym na wiedzy dziedzinowej z zakresu dermatologii. Istotnym elementem wprowadzonym w metodologii ekstrakcji cech, która w założeniu tych badań miała w jak najlepszym stopniu odpowiadać specyficzności danego problemu, było opracowanie **ponad 100 parametrów diagnostycznych** opartych na medycznych algorytmach różnicowania i globalnych teksturach, które pozwoliły na wskazanie optymalnych cech informatywnych dla klasyfikacji. Zmiany klasyfikowano za pomocą algorytmu wektorów wspierających (SVM).

Poniżej przedstawiono wykaz prac wchodzących w skład osiągnięcia, wskazano ich cel naukowy oraz omówiono najważniejsze osiągnięte rezultaty.

[JKK1] Jaworek-Korjakowska J.: *Computer-aided diagnosis of micro-malignant melanoma lesions applying support vector machines*, BioMed Research International, vol. 2016, pp. 1 - 8, 2016 * IF = 2.476, 25 pkt. MNiSW *

Cel: opracowanie metodologii pozwalającej na wczesną diagnostykę różnicową zmian melanocytowych o średnicy mniejszej niż 5 mm w oparciu o rozpoznawanie wzorców oraz metody uczenia maszynowego:

- Opracowanie oddzielnego zestawu cech dla mikrozmian skórnych.
- Opracowanie metody selekcji cech, które najlepiej dyskryminują mikrozmiany skórne.
- Wskazanie odpowiedniego algorytmu klasyfikacyjnego w celu uzyskania jak najlepszego rezultatu różnicowania znamion skórnych.

Stan wiedzy: problem analizowania mikrozmian skórnych został opisany w dwóch artykułach naukowych i dotyczył jedynie aspektów medycznych, nie przedstawiał natomiast rozwiązania technicznego. W pracy [7] opisano 22 przypadki kliniczne o średnicy zmiany poniżej 3mm. Przeanalizowano parametry geometryczne oraz struktury lokalne, a skuteczność diagnostyczna oparta na metodzie ABCD, okazała się bardzo niska. W 2006 roku ta sama grupa badaczy przeanalizowała bazę zdjęć zawierającą 200 przypadków klinicznych uzyskując czułość na poziomie 43 % przy 91 % swoistości [8].

Zaproponowane rozwiązanie: analizując powyższe badania wybrano kluczowe parametry wektora cech co pozwoliło osiągnąć poprawę w różnicowaniu znamion skórnych. W ramach prowadzonych badań zaimplementowano system do automatycznej analizy mikrozmian skórnych składający się z pięciu etapów do których kolejno należą: wstępne przetwarzanie, segmentacja zmiany, ekstrakcja i selekcja cech oraz klasyfikacja. Algorytmy wstępnego przetwarzania jak i segmentacji zostały opracowane podczas wcześniejszych badań, dlatego w tej pracy przedstawiono przede wszystkim wektor cech, proces dyskretyzacji i skalowania, selekcję cech oraz klasyfikację. Kluczowym zadaniem w realizacji tego projektu było wskazanie parametrów minimalizujących błąd klasyfikacji obiektu. Analiza cech obrazu pozwala ujawnić te właściwości obiektów, które nie są widoczne bezpośrednio podczas wzrokowej oceny. Dla omawianego problemu badawczego wektor cech składał się ze 105 parametrów m.in. **współczynników kształtu, parametru odległości symetrii (ang. *symmetry distance*), parametrów określających zróżnicowanie koloru oraz cech tekstury**. Wyznaczono dziesięć współczynników kształtu (m.in. zwartość, centryczność, długość rzutów), które są niezmiennicze ze względu na typowe przekształcenia związane z przekształcaniem obrazu. Miara odległości symetrii została zaproponowana przez Prof. Andrew Ng w 1997 roku i jest często używanym parametrem do oceny asymetrii zmiany [1]. Analiza zróżnicowania koloru oparta jest na analizie intensywności oraz poszczególnych kanałów w przestrzeni RGB:

$$I(x, y) = \sqrt{R^2(x, y) + G^2(x, y) + B^2(x, y)}$$

$$cv_1 = \log \frac{\sigma(R)}{\mu(R)}, cv_2 = \log \frac{\sigma(G)}{\mu(G)}, cv_3 = \log \frac{\sigma(B)}{\mu(B)}, cv_4 = \log \frac{\sigma(I)}{\mu(I)}$$

Wśród właściwości obrazu charakteryzujących teksturę wyróżnia się m.in. ziarnistość, kontrast, kierunkowość, linearność, regularność i szorstkość. Bardzo istotna okazała się ekstrakcja cech teksturalnych, która w sposób jakościowy opisuje badane znamię skórne. Do analizy tekstur zastosowano macierz współwystąpień poziomów szarości GLCM (ang. *gray-level co-occurrence matrix*) oraz macierz jednorodnych ciągów pikseli GLRLM (ang. *gray level run length matrix*). Macierz GLRLM, inaczej macierz koincydencji lub histogram drugiego rzędu, określa relacje między kolorami par pikseli, co pozwala ocenić jak często określone poziomy szarości występują w danej konfiguracji przestrzennej. Macierz GLRLM to inaczej macierz jednorodnych ciągów pikseli, gdzie w danym kierunku zliczane są długości ciągów pikseli o ustalonym poziomie szarości. Wyznaczenie GLCM i GLRLM nie wnosi istotnej informacji w procesie klasyfikacji tekstury dlatego wprowadzono dodatkowe współczynniki, wśród których można wyróżnić kilka szczególnie istotnych: entropia, energia, kontrast, korelacja, czy jednorodność.

Skalowanie wartości cech, które jest częścią wstępnej obróbki danych, umożliwia bezpośrednią porównywalność cech wyrażoną w różnych jednostkach. Skalując cechę, najlepszym postępowaniem jest wybór takiego przedziału wartości, aby średnia wartość przeskalowanej cechy wynosiła zero, co wymagane jest przed zastosowaniem większości metod klasyfikacji. Wektor cech przeskalowano stosując metodę min-max, gdzie dla przedziału $[-1,1]$ wzór przyjął postać:

$$\hat{x} = 2 \frac{x - x_{min}}{x_{max} - x_{min}}$$

W celu optymalizacji wektora cech wykorzystano model selekcji cech CPS, który oparty jest na badaniu korelacji pomiędzy cechami. Jako globalną miarę stosuje się korelację liniową Pearsona, natomiast lokalnie stosowana jest symetryczna niepewność.

W przypadku metody CFS przydatność danego podzbioru atrybutów pod kątem zadania klasyfikacji wyznaczana jest na podstawie heurystyki oceny zarówno zdolności prognostycznej każdej z cech z osobna, jak też stopnia redundancji pomiędzy nimi. Heurystykę oceny podzbioru cech ZC zawierającego k cech opisuje wzór:

$$r_{ZC} = \frac{k\bar{r}_{Zl}}{\sqrt{k + k - (k - 1)\bar{r}_{ll}}}$$

gdzie \bar{r}_{Zl} to średnia wartość korelacji cecha-klasa, a \bar{r}_{ll} to średnia wartość korelacji cecha-cecha. Aby uniknąć problemu przeuczenia dokonano redukcji wymiarowości przestrzeni cech do 26 wymiarów.

Ostatni etap to klasyfikacja danych przy pomocy metody wektorów nośnych (ang. *Support Vector Machines*, SVM). Zadanie klasyfikacji polega na stworzeniu na podstawie zbioru uczącego takiego modelu, który przypisze obiektom etykiety reprezentujące klasy decyzyjne. Przyporządkowanie to powinno możliwie wiernie oddawać stan faktyczny, co można zweryfikować za pomocą zbioru testowego. Przewaga metody wektorów podpierających nad innymi algorytmami uczenia maszynowego polega na tym, że podział ten jest realizowany przez znalezienie hiperpłaszczyzny rozdzielającej jako odpowiednik płaszczyzny w przestrzeni wielowymiarowej, która maksymalizuje margines oddzielający każdy punkt od hiperpłaszczyzny. Większość algorytmów uczenia maszynowego opiera się na zasadzie minimalizacji ryzyka doświadczalnego (ang. *empirical risk minimization*), która minimalizuje błąd dla danych uczących. Natomiast SVM opiera się na zasadzie minimalizacji ryzyka strukturalnego (ang. *structural risk minimization*), w przypadku której minimalizacji podlega górne ograniczenie błędu uogólnienia. Oznacza to, że SVM jest mniej narażony na przeuczenie niż metody stosujące zasadę minimalizacji ryzyka doświadczalnego.

Osiągnięte rezultaty: w tabeli [JK1 – Table 1] przedstawiono wyniki klasyfikacji w formie macierzy pomyłek. Zaproponowany system oparty na klasyfikatorze SVM uzyskał czułość równą 90 % oraz swoistość na poziomie 96 %. Krzywa ROC (ang. *receiver operating characteristic curve*), która jest graficzną prezentacją efektywności modelu predykcyjnego poprzez przedstawienie charakterystyki jakościowej klasyfikatorów binarnych powstałych z modelu przy zastosowaniu wielu różnych punktów odcięcia, okazała się korzystna. Pole powierzchni pod krzywą ROC wyniosło odpowiednio AUC=93,24 %, co na podstawie porównania z pracami innych autorów można uznać za bardzo dobry wynik.

[JK2] **Jaworek-Korjakowska J., Kłeczek P.:** *Automatic classification of specific melanocytic lesions using artificial intelligence*, BioMed Research International, vol. 2016, pp. 1 – 17, 2016 * IF = 2.134, 25 pkt. MNiSW *

Cel: opracowanie metody diagnostyki różnicowej melanocytowych zmian skórnych, pozwalającej na ich podział na cztery główne typy — znamię Clarka, znamię Spitz, znamię błękitne oraz czerniaka złośliwego — na podstawie zdjęć dermoskopowych:

- Opracowanie zestawu cech, który jest w stanie różnicować poszczególne typy znamion skórnych.
- Opracowanie metody selekcji cech, które najlepiej dyskryminują poszczególne typy znamion skórnych.
- Użycie różnych predyktorów, a następnie porównanie wyników i wskazanie najlepszego klasyfikatora.

Stan wiedzy: dotychczas naukowcy skupiali się jedynie na rozwiązaniach informatycznych klasyfikujących znamiona skórne jako łagodne lub złośliwe. Opracowany algorytm klasyfikacji jest w pełni autorskim pomysłem i zgodnie z posiadaną wiedzą podobne rozwiązania nie były wcześniej opracowywane. W literaturze (w trakcie prowadzenia badań) brak rozwiązania klasyfikującego zmiany melanocytowe do czterech głównych typów. Warto zaznaczyć, że na chwilę obecną w literaturze fachowej nie ma opisanych badań dotyczących tej tematyki, stąd niniejsza praca ma nadal charakter nowatorski.

Zaproponowane rozwiązanie: zaimplementowany system do automatycznej klasyfikacji melanocytowych zmian skórnych na podstawie zdjęć dermoskopowych w którym kluczowym zadaniem była ekstrakcja i wybór najistotniejszych cech oraz klasyfikacja. Kluczowym zadaniem w realizacji tego projektu była ekstrakcja cech, wskazanie parametrów minimalizujących błąd klasyfikacji oraz sam proces klasyfikacji. Dla omawianego problemu badawczego początkowo Wyznaczono 6 współczynników kształtu (m.in. maksymalną średnicę, wariancję rozkładu odległości radialnej i

zwartość w ujęciu Haralicka [22]), które są niezmiennicze względem typowych przekształceń obrazu. W ramach analizy zróżnicowania koloru zmiany wyznaczono m.in. liczbę znaczących kolorów obecnych na obszarze zmiany (na podstawie analizy odległości między środkami czterech klastrów pikseli wyznaczonych w przestrzeni barw CIELab z użyciem metody k średnich), koncentryczność klastrów odpowiadających pikselom o zbliżonej barwie [23], oraz odległość L_1 i L_2 między histogramami 3D obliczonymi dla regionów zmiany na podstawie wartości ich pikseli w przestrzeni barw CIELab skwantowanej do $4 \times 8 \times 8$ przedziałów [23]. Cechy tekstury obejmują standardowe miary wyliczane na podstawie macierzy GLCM i GLRLM, przy czym miary oparte o macierz GLRLM zostały obliczone bez rozróżniania orientacji ciągów. W przypadku asymetrii dokonano podziału obszaru zmiany na trzy różne sposoby - na część centralną i brzeżną, na połowy odpowiednio wzdłuż osi wielkiej i małej, oraz na ćwiartki (tj. jednocześnie wzdłuż osi wielkiej i małej) - i w obrębie każdej z tak uzyskanych grup podobszarów obliczono wariancję wartości cech kształtu, koloru i tekstury. Dodatkowo dla każdej z ćwiartek obliczono wskaźnik asymetrii zaproponowany przez Stoeckera i in. [24]:

$$R_{Q_i} = \frac{f_{Q_i}}{f_W}$$

gdzie f_{Q_i} oznacza wartość cechy f dla i -tej ćwiartki, a f_W to wartość tej cechy dla całego obszaru zmiany.

Ponieważ zmienna decyzyjna ma rozkład dyskretny, aby móc zastosować metodę wyboru najistotniejszych cech w oparciu o korelację, dokonano wcześniejszej dyskretyzacji cech numerycznych stosując metodę zaproponowaną przez Fayyada i Irani'ego [25]. Aby zapewnić poprawne działanie algorytmów uczenia maszynowego analizujących odległości między punktami w przestrzeni cech (np. SVM) wartości cech powinny mieć zbliżony rząd wielkości. W tym celu przeskalowano wartości każdej z cech numerycznych x do przedziału $[-1; 1]$, zapewniającego stabilność numeryczną wspomnianych algorytmów. W przypadku cech o rozkładzie normalnym zastosowano standaryzację Z:

$$\hat{x} = \frac{x - \bar{x}}{s}, \text{ gdzie } \bar{x} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i \text{ oraz } s = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2$$

natomiast w przypadku cech nie posiadających rozkładu normalnego dokonano normalizacji min-max:

$$\hat{x} = 2 \frac{x - x_{min}}{x_{max} - x_{min}}$$

Normalność rozkładu była weryfikowana za pomocą testu statystycznego χ^2 .

Ponieważ zbiór danych użyty w badaniu nie zawierał zbliżonej liczby reprezentantów każdej z klas (m.in. znamion Clarka było trzy razy więcej niż znamion błękitnych), aby klasy liczniejsze nie zdominowały procesu nauki klasyfikatorów, dokonano nadpróbkowania mało licznych klas metodą SMOTE [26].

Aby uniknąć problemu przeuczenia dokonano redukcji wymiarowości przestrzeni cech do 20 wymiarów stosując metodę CFS, polegającą na wyborze cech mocno skorelowanych ze zmienną przewidywaną i w niewielkim stopniu skorelowanych z innymi cechami [JKK1]. Do porównywania zmiennych dyskretnych metoda CFS wykorzystano tzw. niepewność symetryczną (ang. symmetric uncertainty) określoną jako [27]:

$$SU(X, Y) = 2 \left[\frac{H(X) + H(Y) - H(X, Y)}{H(X) + H(Y)} \right],$$

gdzie $H(A)$ to marginalna entropia zbioru A , a $H(A, B)$ to entropia łączna zbiorów A i B .

Ostatni etap to klasyfikacja danych przy użyciu wybranego modelu predykcyjnego. Dokonano oceny skuteczności następujących modeli: k najbliższych sąsiadów (dla $k=\{3,5,10,15\}$), regresji logistycznej, drzewa decyzyjnego, oraz maszyny wektorów nośnych (SVM). W przypadku drzewa decyzyjnego użyto współczynnika Gini-Simpson jako miary zróżnicowania zbioru. Granicę decyzyjną SVM-ów wyznaczono z użyciem radialnej funkcji bazowej (RBF) – głównie ze względu na fakt, że użyty w badaniu zbiór danych nie jest separowalny liniowo.

Ponieważ w badanym problemie klasyfikacji występują cztery klasy decyzyjne, dokonano dekompozycji problemu klasyfikacji do wielu klas na podproblemy klasyfikacji binarnej, których wyniki zostały scalone w ostateczne rozwiązanie za pomocą strategii "zwycięzca bierze wszystko".

W diagnostyce czerniaka błąd pierwszego rodzaju (potraktowanie czerniaka jako zmiany łagodnej) ma znacznie poważniejsze konsekwencje niż błąd drugiego rodzaju (potraktowanie zmiany łagodnej jako czerniaka), stąd oceniając skuteczność modeli predykcyjnych przyjęto koszt popełnienia błędu pierwszego rodzaju czterokrotnie wyższy od kosztu popełnienia błędu drugiego rodzaju.

Wstępne eksperymenty wykazały, że najskuteczniejszym modelem predykcyjnym jest SVM, dlatego dokonano wyboru jego optymalnych parametrów - kosztu błędnej klasyfikacji oraz rozmiaru jądra funkcji bazowej - metodą przeszukiwania siatki (ang. *grid search*). W metodzie tej dyskretna przestrzeń parametrów jest przeszukiwana w sposób wyczerpujący - oceniana jest każda możliwa kombinacja wartości parametrów. Oceny danej kombinacji dokonano z użyciem stratyfikowanej walidacji krzyżowej metodą Monte Carlo (stratyfikacja ma za zadanie zapewnić

zbliżony rozkład klas w zbiorze uczącym i testowym), przy czym każdorazowo zbiór testowy zawierał 10% wszystkich przypadków.

Osiągnięte rezultaty: w tabeli [JK2 – Table 2] zestawiono wyniki klasyfikacji 1-vs-all oraz całościowej dla wszystkich badanych typów klasyfikatorów. Spośród pięciu badanych typów klasyfikatorów zdecydowanie najlepsze wyniki uzyskał klasyfikator SVM. Wykazywał on najwyższą ogólną dokładność ($ACC_{ALL} = 0,9296$), natomiast dla drugiego w kolejności klasyfikatora, regresji logistycznej, $ACC_{ALL} = 0,8028$. Należy szczególnie podkreślić wynik klasyfikacji 1-vs-all dla czerniaka złośliwego, najgroźniejszego spośród znamion, w której SVM okazał się najbardziej skutecznym typem klasyfikatora. Jego wrażliwość i pole powierzchni pod krzywą ROC wyniosły odpowiednio: $TPR_{MM} = 0,9677$ i $AUC_{MM} = 0,9614$. Niższa wartość specyficzności SVM w stosunku do drzewa decyzyjnego nie stanowi w przypadku badanego zagadnienia znaczącego problemu. Oznacza ona bowiem błędną klasyfikację znamion Clarka lub znamion Spitz jako czerniaka złośliwego, a nie odwrotnie.

[JK3] **Jaworek-Korjakowska J.:** *A deep learning approach to vascular structure segmentation in dermoscopy colour images*, BioMed Research International, vol. 2018, pp. 1 - 8, 2018 * IF = 2.583, 25 pkt. MNiSW *

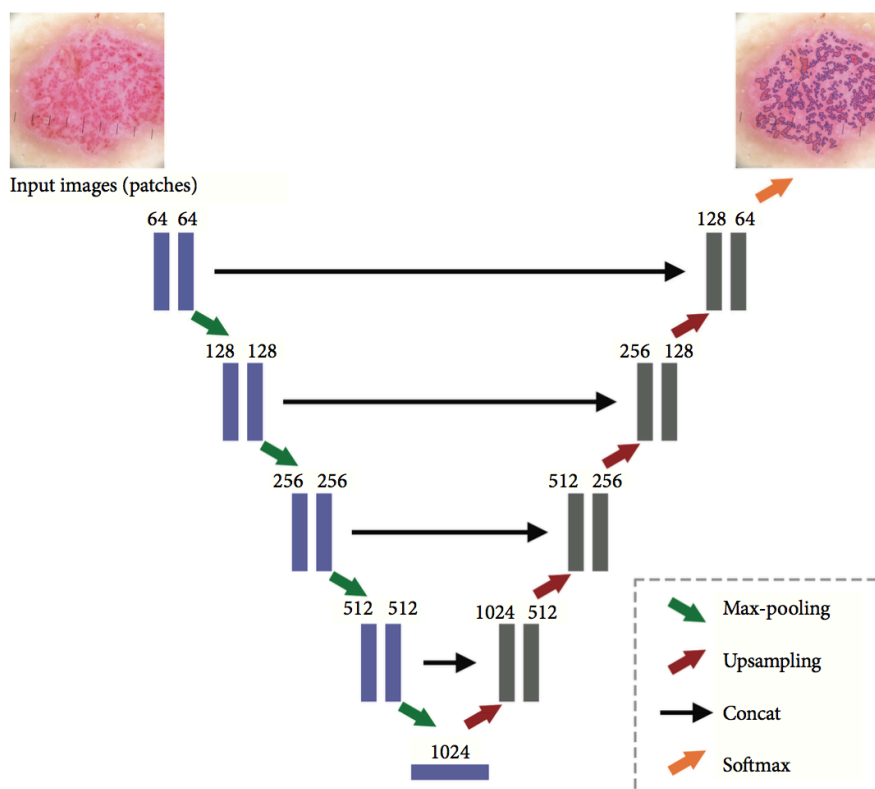
Cel: celem pracy było zbadanie efektywności architektury sieci konwolucyjnej w procesie automatycznej segmentacji naczyń krwionośnych:

- Możliwość zastosowania głębokich sieci neuronowych do rozwiązania problemu segmentacji naczyń krwionośnych.
- Określenie topologii i procesu uczenia sieci U-Net.

Stan wiedzy: zgodnie z aktualną wiedzą, w literaturze opisano tylko kilka rozwiązań służących do wykrycia struktury naczyniowej na dermoskopowych obrazach barwnych. Kharazmi i in. w pracy [18] zaproponowali metodę opartą na stosowych autoenkoderach do kompleksowego wykrywania naczyń skórnych. Proponowane rozwiązanie wykazały dokładność wykrywania 95,4% dla różnych wzorców naczyniowych. W pracy [19] zaprezentowano metodę identyfikacji nietypowych naczyń krwionośnych. Klasyfikacja pikseli dokonywana jest w przestrzeni barw HSL. Autorzy pracy zaznaczają, że w niektórych przypadkach algorytm błędnie klasyfikował obszary, co świadczy o niskiej specyficzności. Dodatkowo, zaproponowane rozwiązania do detekcji naczyń krwionośnych opisano w [20, 21].

Zaproponowane rozwiązanie: standardowe metody nie dające pozytywnych rezultatów zastąpiono konwolucyjnymi sieciami neuronowymi (ang. *convolutional neural networks*, CNN). Różne warianty takich sieci, będące elementem głębokich sieci neuronowych, są tworzone do rozwiązywania bardzo skomplikowanych problemów

związanych z przetwarzaniem i analizowaniem obrazów. W tym przypadku zastosowano sieć konwolucyjną U-Net będącą architekturą w klasie koderów - dekodeków, gdzie koder redukuje przestrzenny wymiar obiektu stosując warstwę redukującą (ang. *pooling layer*), podczas gdy dekodek odzyskuje detale obiektu stosując warstwę nadpróbkowania (ang. *upsampling*) (Rys. 3).

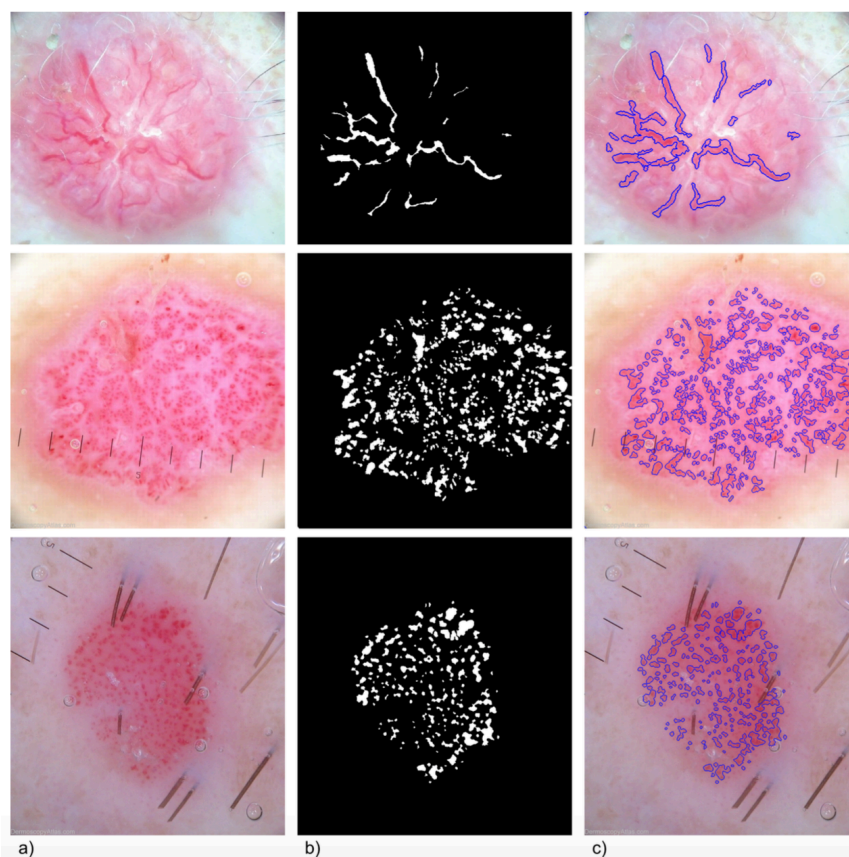


Rys. 3: Architektura zaimplementowanej sieci U-Net do segmentacji naczyń krwionośnych. Lewa strona sieci to część kodująca, natomiast prawa pełni funkcję dekodera danych.

Część kodująca architektury U-Net to typowa sieć konwolucyjna, natomiast część dekodująca zamiast funkcji redukującej wykorzystuje warstwę nadpróbkowania oraz funkcję konkatencji. Rysunek 3 przedstawia dokładną topologię sieci U-Net z wyszczególnieniem poszczególnych warstw i ich rozmiarów. Tworzenie stosów warstw konwolucyjnych umożliwia uzyskanie topologii, która efektywnie tworzy cechy jako mapy cech złożonych danych wejściowych. Pierwsza część sieci powtarza typową operację konwolucyjną o rozmiarach 3×3 z funkcją aktywacji, a następnie znajduje się warstwa redukująca. W ramach badań zastosowano funkcję aktywacji ReLu (ang. *Rectified Linear Unit*), która zdefiniowana jest jako $f(x) = \max(0, x)$. Warstwa redukująca, zwana również *subsampling layer*, ma za zadanie zmniejszyć wielkość analizowanego obszaru. Zmniejszenie wymiarów pozwala warstwie konwolucyjnej, występującej po danej warstwie typu *redukującej*, na objęcie swoim zasięgiem większej ilości cech, czyli większej powierzchni obrazu. W ramach pracy zastosowano warstwę określaną mianem warstwy redukującej do maksimum

(ang. *max-pooling*), co wiązało się ze stworzeniem siatki 2×2 i wybraniem neuronu o maksymalnej wartości funkcji aktywacji w każdym fragmencie. Następujące po sobie warstwy konwolucyjne i redukujące skutkują zwiększeniem informacji o tym co analizujemy, niż o miejscu w którym informacja się znajduje. Zadaniem drugiej części sieci U-Net jest odzyskanie informacji przestrzennej celem przeprowadzenia poprawnej segmentacji. W tym celu stosowana jest warstwa konwolucyjna nadpróbkująca (ang. *upsampling, up-convolution*), która wydłuża składową poprzez zastosowanie algorytmu najbliższego sąsiada (ang. *nearest neighbour algorithm*). Dodatkowo, wykorzystywana jest funkcja konkatencji (ang. *concatenation function*), która łączy wyjścia pierwszej części sieci U-Net (kodera) z wejściami drugiej części (dekodera). Proces ten wyraźnie poprawia zarówno skuteczność jak i czas trenowania. W ostatniej warstwie sieci wykorzystano funkcję Softmax do obliczenia prawdopodobieństwa wyjściowego. Funkcja Softmax lub inaczej znormalizowana funkcja wykładnicza, jest uogólnieniem funkcji sigmoidalnej. Transformuje ona K-wymiarowy wektor wartości rzeczywistych do K - wymiarowego wektora wartości w zakresie $(0, 1)$. Wyznacza znormalizowane wartości funkcji wykładniczej. W połączeniu z funkcją błędu opartą na entropii wzajemnej pozwala szacować przy pomocy perceptronu wielowarstwowego prawdopodobieństwa przynależności do poszczególnych klas.

Osiągnięte rezultaty: zaproponowany algorytm uzyskał średnią wartość współczynnika Dice'a (DSC) równą 0.84, czułość 0.85 i swoistość 0.81. Dla dwóch zbiorów binarnych X i Y współczynnik Dice'a zdefiniowana jest jako: $DSC = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|}$. Miara Dice'a przyjmuje wartości w zakresie $[0.0, 1.0]$. Doskonały klasyfikator lub model segmentacji osiąga wartość DSC równą 1.0. Średnia wartość DSC wyniosła 0.84. Rysunek 4 przedstawia przykładowe wyniki segmentacji naczyń krwionośnych. Uzyskane wyniki są poprawne i pozwalają na kontynuację analizy obrazów dermoskopowych w kierunku klasyfikacji ułożenia naczyń krwionośnych.



Rys. 4: Wyniki zaimplementowanego algorytmu bazującego na sieci U-Net: a) obraz dermoskopowy przed wstępnym przetwarzaniem, b) wynik segmentacji, c) obraz oryginalny z nałożonym obrysem wysegmentowanych naczyń krwionośnych.

[JK4] **Jaworek-Korjakowska J.**, Kłeczek P.: *Region adjacency graph approach for acral melanocytic lesion segmentation*, Applied Sciences (Basel), vol. 8, pp. 1 – 14, 2018
 * IF = 1.689, 25 pkt. MNiSW *

Cel: implementacja algorytmu używającego grafy przylegania obszarów RAG do segmentacji zmian dystalnych na zdjęciach dermoskopowych:

- Wykonanie wstępnej segmentacji obrazu metodą SLIC.
- Wyodrębnienie wektorów cech dla każdego segmentu na obrazie.
- Uzyskania ostatecznego wyniku segmentacji w drodze analizy grafu przylegania obszarów.
- Porównanie rozwiązania z innymi metodami segmentacji.

Stan wiedzy: zgodnie z posiadaną wiedzą w literaturze opisano tylko jedno rozwiązanie segmentujące zmiany skórne akralne - Iyatomi et al. w swojej pracy zaproponował połączenie metody progowania Otsu z metodą rozrostu obszarów [12]. Algorytmy segmentacji zmian skórnych umiejscowionych na tułowiu, kończynach, czy twarzy zostały już opracowane, a szczegółowe badania i wyniki znajdują się w [1, 13].

Powyższe rozwiązania wykorzystują progowanie, rozrost obszarów i metody oparte na aktywnym konturze. W [14] opisano segmentację opartą na głębokich sieciach neuronowych wykorzystującą sieci FCN (ang. *Fully Convolutional Networks*) do automatycznej detekcji zmian skórnych. Pomimo oczywistego braku dedykowanych algorytmów do segmentacji znamion dystalnych, zaproponowano kilka metod ich klasyfikacji na podstawie rozpoznawania wzorców [15, 16].

Zaproponowane rozwiązanie: wykorzystano cztero – etapowy algorytm składający się z przetwarzania wstępnego, segmentacji superpikseli algorytmem SLIC (ang. *Simple Linear Iterative Clustering*), grafu przylegania obszarów RAG oraz łączenia hierarchicznego obszarów.

Algorytm SLIC pozwala grupować piksele w regiony poprzez zjawisko nadmiernej segmentacji (ang. *oversegmentation*) tworząc superpiksele. Opiera się na metodzie klasteryzacji k-średnich (ang. *k-means*) wykonywanej w 5 - wymiarowej (5d) przestrzeni c_k zdefiniowanej przez wartości L^* , a^* , b^* i współrzędne x, y pikseli.

$$c_k = [l_k, a_k, b_k, x, y_k]$$

Algorytm SLIC grupuje piksele nie tylko w percepcyjne, ale także semantyczne znaczenia obrazu. Aby wykonać operację SLIC, należy dostosować następujące parametry: K - liczba segmentów (superpiksele), σ - szerokość jądra wygładzającego Gaussa i współczynnik kompaktowości (ang. *compactness*) - parametr równoważący bliskość przestrzeni kolorów z przestrzenią obrazu. Dla liczby segmentów K , każdy superpiksel będzie zawierał szacunkowo N/K pikseli.

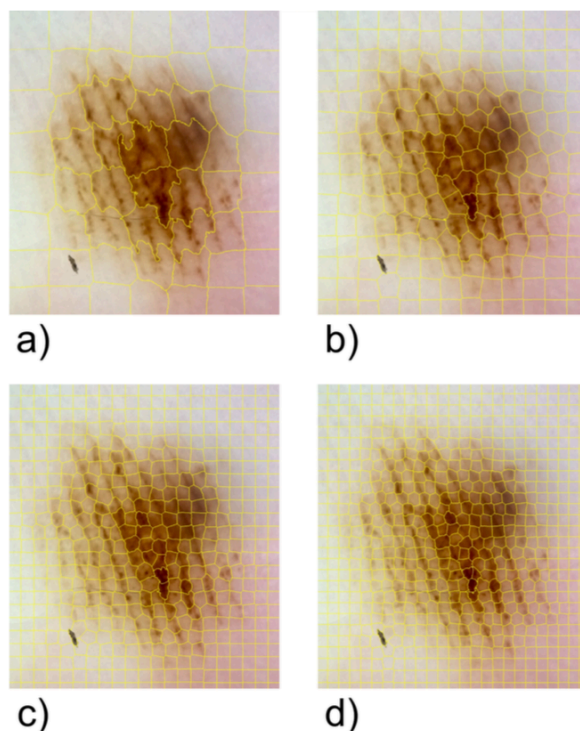
Ponieważ odległość euklidesowa daje błędne rezultaty dla większych odległości w przestrzeni kolorów CIE Lab, zastosowano odległość D_s będącą sumą odległości d_{LAB} i odległości płaszczyzny d_{xy} znormalizowanej przez wartość $S = \sqrt{N/K}$.

$$D_s = d_{LAB} + \frac{m}{S} d_{xy}$$

gdzie, $d_{LAB} = \sqrt{(l_k - l_i)^2 + (a_k - a_i)^2 + (b_k - b_i)^2}$,

$$d_{xy} = \sqrt{(x_k - x_i)^2 + (y_k - y_i)^2}.$$

Algorytm SLIC (jak większość algorytmów segmentacji) ma tendencję do faworyzowania małych regionów o podobnych kolorach i właściwościach. Rysunek 5 pokazuje, w jaki sposób podobne obszary obrazu są pogrupowane w superpiksele w zależności od liczby segmentów K .



Rys. 5: Wyniki działania algorytmu SLIC z różnym parametrem K określającym liczbę segmentów: a) 50, b) 200, c) 400 oraz d) 800 segmentów.

W tak dokonanej nadmiernej segmentacji do połączenia podobnych i sąsiadujących regionów w prawidłowe obiekty wymagania skutecznego algorytmu spełniają metody oparte na grafach.

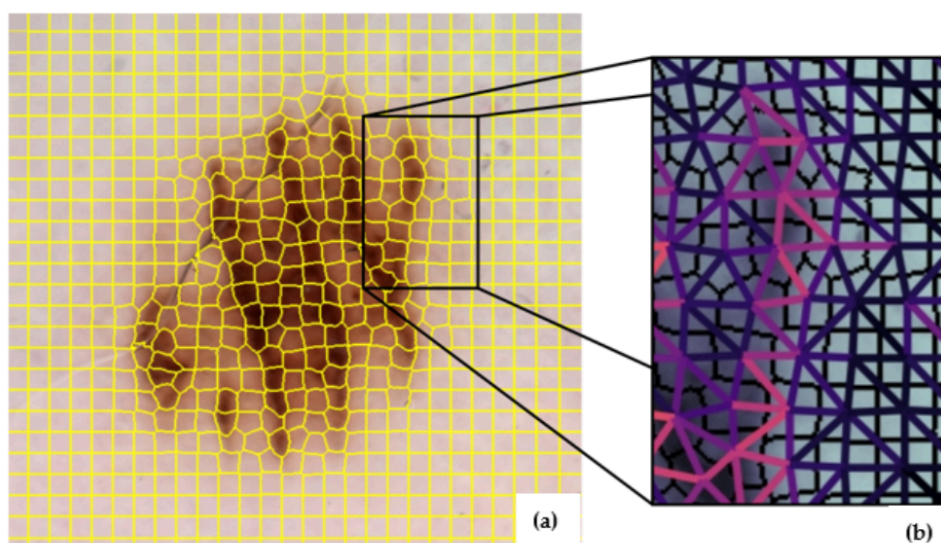
Grafy szczególnie dobrze ujawniają relacje między poszczególnymi strukturami. Wierzchołki grafów najczęściej przedstawiają obszary, a krawędzie relacje między nimi. Jako najbardziej kompleksowy wybrano graf przylegania obszarów RAG. Węzły w grafie RAG reprezentują obszary, a łuki grafu łączą dwa węzły, jeżeli odpowiadające im obszary przylegają do siebie. Każdy region jest połączony ze wszystkimi swoimi bezpośrednimi sąsiadami, a ciężar takiego połączenia jest proporcjonalny do podobieństwa między tymi dwoma regionami, jak zaproponował Tremeau w [17]. Każdy region R_i jest reprezentowany przez dwie metryki rozkładu koloru: μ_i i σ_i , gdzie μ_i jest średnią wartością koloru zbioru pikseli w regionie, podczas gdy σ_i jest odchyleniem standardowym:

$$\sigma = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \mu)^2}, \text{ gdzie } \mu = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i$$

Waga krawędzi e_{ij} , która łączy dwa regiony R_i i R_j , oblicza się za pomocą odległości Fishera:

$$d^2(R_i, R_j) = d^2(\vec{\mu}_i, \vec{\mu}_j) = \begin{cases} \frac{(N_{R_i} + N_{R_j}) \|\vec{\mu}_i - \vec{\mu}_j\|^2}{N_{R_i} \sigma_i^2 + N_{R_j} \sigma_j^2}, & \sigma_i, \sigma_j \neq 0 \\ \|\vec{\mu}_i - \vec{\mu}_j\|^2, & \sigma_i, \sigma_j = 0 \end{cases}$$

gdzie N_{R_i}, N_{R_j} odnosi się do zbioru pikseli w każdym regionie. Rysunek 6 przedstawia wynik tworzenia grafu przylegania dla obszarów posegmentowanych metodą SLIC.



Rys. 6: Przestrzenne widoki relacji regionu: (a) superpiksele, (b) graf przylegania RAG. Po etapie wyliczenia wag krawędzi, algorytm wybiera te pary segmentów, które mają najniższą wartość kryterium łączenia. Jako kryterium łączenia segmentów wybrano różnicę średnich:

$$K_1(R_i, R_j) = |M_1(R_i) - M_1(R_j)|$$

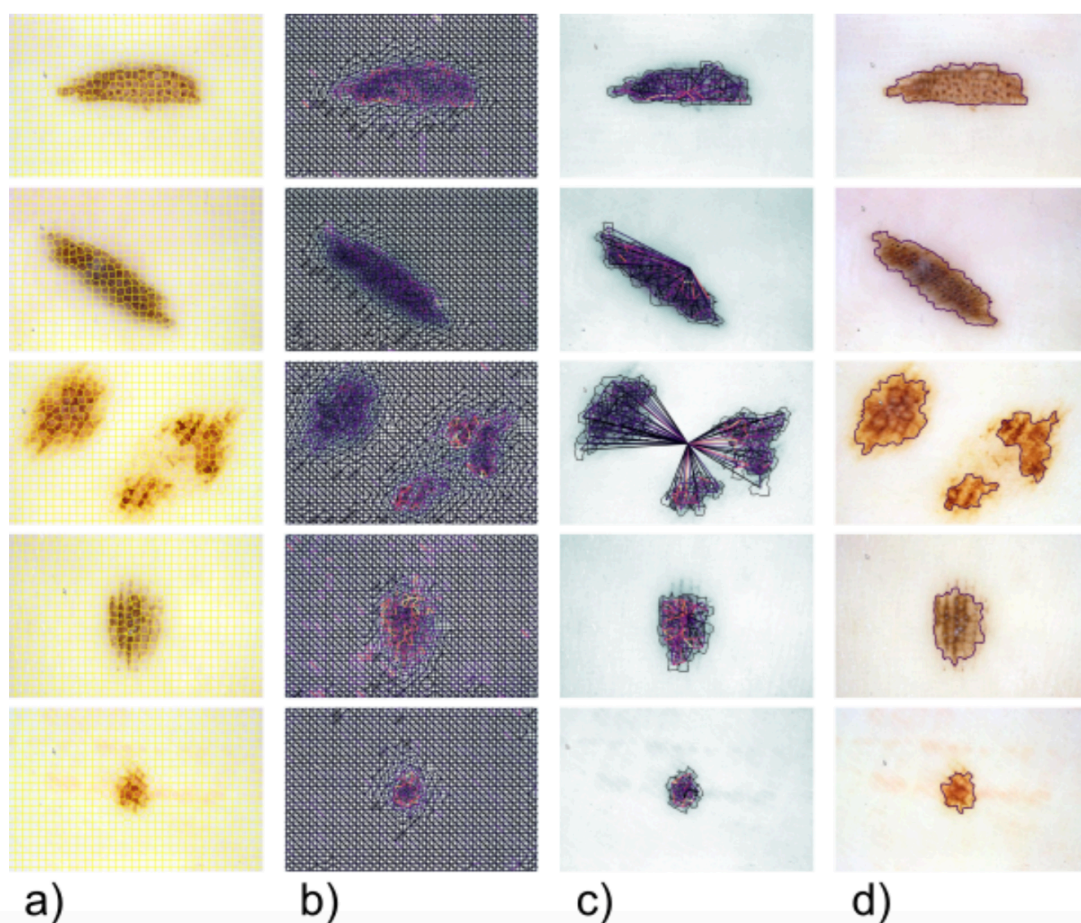
$$M_1(R_i) = \frac{\sum N_{R_i}}{N}$$

gdzie, $M_1(R)$ - średnia arytmetyczna wszystkich pikseli $\in R$.

Systematyczny wzrost najbardziej jednorodnych obszarów, który jest kontrolowany przez wartość graniczną (próg) podaną przez użytkownika.

Osiągnięte rezultaty: zaproponowany algorytm został przetestowany na 134 zdjęciach dermoskopowych i osiągnął średnią wartość współczynnika Dice'a (DSC) 0.85, dokładność (ACC) 0.91, precyzję (PRC) 0.89, czułość (SE) 0.87 i swoistość (specyficzność, SP) 0.88. W tabeli [JK5 – Table 1] porównano działania zaproponowanego algorytmu segmentacji z wykorzystaniem grafów RAG z innymi popularnymi formami segmentacji, co ostatecznie potwierdziło słuszność podjętej metodyki.

Dodatkowo, na rysunku 7 przedstawiono poszczególne etapy zaproponowanego algorytmu do segmentacji znamion skórnych.



Rys 7.: Wyniki uzyskane za pomocą metody segmentacji opartej na RAG: a) obraz podzielony na superpiksele za pomocą algorytmu SLIC, b) wizualizacja grafu RAG dla regionów, c) hierarchiczne łączenie regionów, d) nałożenie konturu segmentacji na obraz oryginalny znamion dystalnych.

[JK5] **Jaworek-Korjakowska J.:** *Novel method for border irregularity assessment in dermoscopic color images*, Computational and Mathematical Methods in Medicine, vol. 2015, pp. 1 - 11, 2015 * IF =0.887, 15 pkt. MNiSW *

Cel: opracowanie skutecznej metody do detekcji poszarpań krawędzi w analizowanych obiektach ze szczególnym uwzględnieniem obrazów dermoskopowych melanocytowych zmian skórnych:

- Uzyskanie jednowymiarowej reprezentacji konturu pozwalającej na wykrycie lokalnych ekstremów.
- Porównanie proponowanego rozwiązania ze znanymi deskryptorami kształtu.

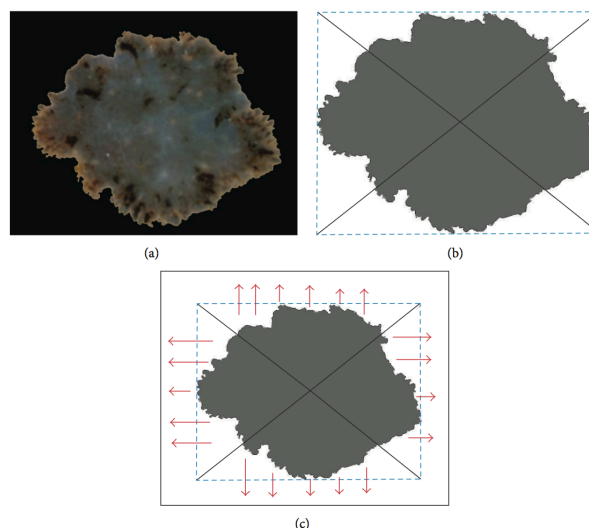
Stan wiedzy: jednowymiarową (1D) reprezentacją brzegu (konturu) obiektu uzyskuje się zazwyczaj jako funkcję zmiennej miary odległości od określonego punktu. Wszystkie znane funkcje m.in. odległość funkcji kąta $r(\theta)$, funkcja zmiennej kroczącej jak i najbardziej znane deskryptory takie jak sygnatura kształtu (ang. *Shape Signature*), deskryptor Fouriera (ang. *Fourier Descriptor*), czy moment Zernike'a (ang. *Zernike Moments*) jako punkt odniesienia przyjmują środek ciężkości (centroid) obiektu. Jeżeli poszarpania brzegu na konturze ułożone są radialnie wtedy powyższe metody pozwalają na ich lokalizację. Jednak w przypadku większości obiektów medycznych poszarpania nie są rozmieszczone regularnie, a zmiany skórne cechują się tendencją do rozrostu w określonym kierunku co utrudnia lub nawet uniemożliwia wykrycie wszystkich ekstremów.

Zaproponowane rozwiązanie: w celu jak najlepszego odwzorowania poszarpania krawędzi opracowano metodę, która w pierwszym etapie polega na odpowiedniej rotacji obiektu, tak aby najdłuższa średnica była równoległa do osi x . W następnym kroku figura zostaje podzielona na cztery części co pozwala uzyskać bardzo dokładną jednowymiarową reprezentację brzegu. W pierwszym etapie obliczona zostaje średnica Fereta oraz kąt Fereta, co pozwala określić i wykonać rotację obiektu. Rotacja o kąt θ wykonywana jest zgodnie ze wzorem:

$$\begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{bmatrix} \begin{bmatrix} w \\ z \end{bmatrix}$$

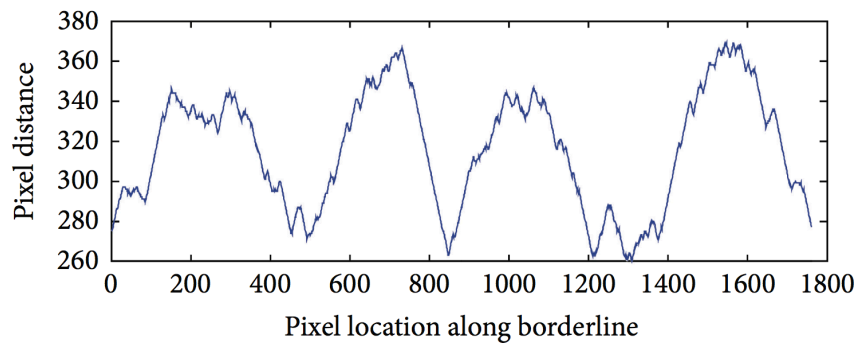
gdzie (w, z) reprezentują współrzędne pikseli w obrazie oryginalnym, a (x, y) w obrazie po rotacji.

W kolejnym kroku wyznaczany jest prostokąt ograniczający, a obwód zostaje podzielony na cztery części zgodnie metodą przedstawioną na rysunku 8.



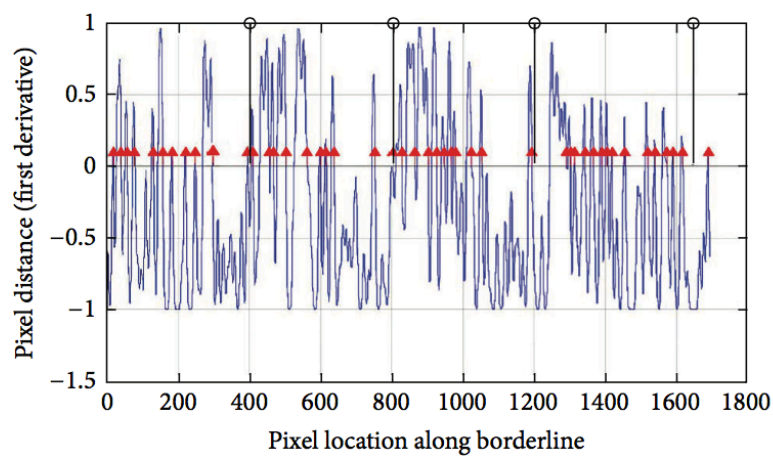
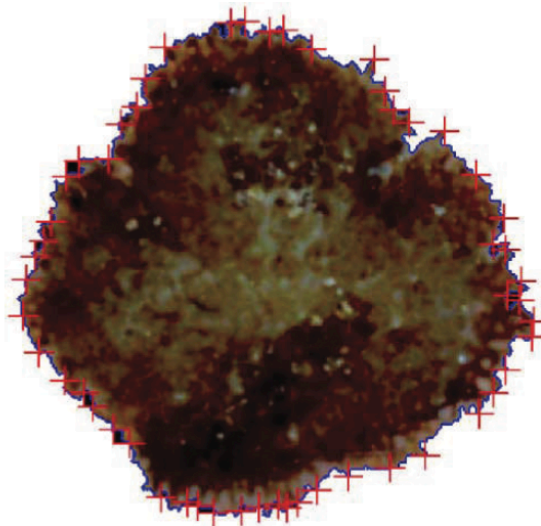
Rys. 8: Rotacja obiektu oraz podział konturu na cztery części w celu lepszego zobrazowania poszarpań występujących na krawędzi.

Kolejny etap algorytmu to obliczanie odległości euklidesowej pomiędzy poszczególnymi odcinkami obwodu, a osią x i y . Rozwiązanie to pozwala na odwzorowanie obwodu zmiany z zachowaniem większości poszarpań (Rys. 9).



Rys. 9: Jednowymiarowa reprezentacja brzegu obiektu.

W celu wyeliminowania szumu oraz niewielkich zniekształceń funkcja jest wygładzona przy pomocy filtru Gaussa.



Rys. 10: Wynik detekcji poszarpań na konturze zmiany.

Następnie wyliczona zostaje pochodna sygnału. Wykres pochodnej przedstawia miarę szybkości zmian wartości funkcji (odległości) względem zmian jej argumentów (pikseli). Warunek konieczny i wystarczający istnienia maksimum lokalnego w punkcie $x_0 \in (a, b)$ jest wtedy i tylko wtedy, gdy istnieje takie $\delta > 0$, że:

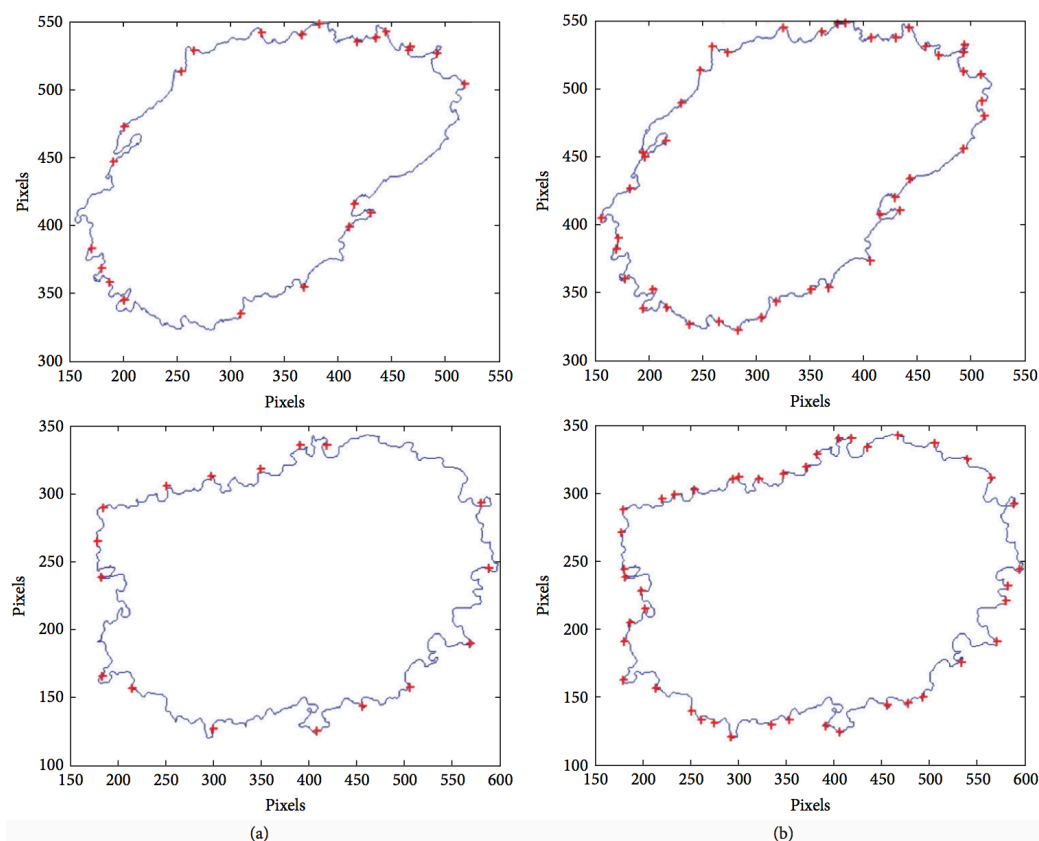
$$f'(x_0) = 0,$$

$$f'(x) > 0, \quad \text{for } x \in (x_0 - \delta, x_0),$$

$$f'(x) < 0, \quad \text{for } x \in (x_0, x_0 + \delta).$$

Rysunek 10 przedstawia wyniki detekcji poszarpań krawędzi.

Osiągnięte rezultaty: zaimplementowane rozwiązanie zostało przetestowane na 350 zdjęciach dermoskopowych zawierających pojedyncze zmiany skórne. Algorytm osiągnął czułość 91% oraz precyzję (wartość predykcyjna dodatnia) na poziomie 89 %. Do badań porównawczych przyjęto metodę sygnatury kształtu jako najbardziej skuteczną z opartych na środku ciężkości z uwagi na odporność na skalowanie (Rys. 11).



Rys. 11: Porównanie dwóch metod detekcji poszarpań krawędzi: a) sygnatura kształtu, b) zaimplementowana metoda.

Rysunek 11 przedstawia porównanie wyników dla obydwu metod: (a) sygnatury kształtu oraz (b) zaproponowanego algorytmu. Ze względu na brak spełnienia warunku zachowania prostopadłości poszarpań w stosunku do środka ciężkości zmiany skórnej sygnatura kształtu wykazała niską skuteczność.

[JJK6] **Jaworek-Korjakowska J., Kłeczek P.:** *eSkin: study on the smartphone application for early detection of malignant melanoma*, *Wireless Communications & Mobile Computing*, vol. 2018, pp. 1 – 11, 2018 * IF = 0.869, 25 pkt. MNiSW *

Cel: opracowanie całościowej koncepcji i prototypu system mobilnego do wczesnej diagnostyki czerniaka złośliwego:

- Opracowanie architektury treści oraz interakcji pomiędzy poszczególnymi elementami systemu.

Stan wiedzy: spośród 39 aplikacji mobilnych związanych z diagnostyką zmian skórnych, dostępnych w 2015 r. dla użytkowników produktów firmy Apple, jedynie cztery automatycznie oceniały ryzyko czerniaka i tylko jedna posiadała rzetelne wyniki badań klinicznych. Pozostałe pełniły funkcję edukacyjną lub prawidłowego pozyskania zdjęcia w celu późniejszej oceny przez dermatologa. Z najnowszych rozwiązań automatycznej diagnostyki na podstawie zdjęcia wykonanego aparatem komórkowym wyróżnić można SkinVision, Lubax i DermaCompare [JJK6]. Tylko twórcy SkinVision przeprowadzili i upublicznili testy kliniczne zastosowanej metody diagnostycznej. Choć uzyskane przez nich wskaźniki dla całości klasyfikacji są obiecujące (czułość 0.73, specyficzność 0.83, dokładność 0.81), to jednak wartość predykcyjna dodatnia dla czerniaka wynosi zaledwie 49%, oznacza to, że wykrycie czerniaka było prawdziwe w mniej niż połowie przypadków.

Zaproponowane rozwiązanie: celem przedstawienia koncepcji jest zobrazowanie systemu oraz opisanie powiązań między jego poszczególnymi elementami. Podczas opracowywania koncepcji przeanalizowano takie kwestie techniczne jak: bezpieczeństwo transmisji informacji medycznej, dostępność odpowiednio szybkiego łącza internetowego, wybór serwerów oraz określenie typu baz danych. Proponowany system składa się ze strefy użytkownika, czyli aplikacji mobilnej dostępnej dla klienta, oraz części serwerowej systemu, czyli serwerów obliczeniowych oraz baz danych. Przedstawione w artykule rozwiązanie wykorzystuje wyniki cyklu publikacji poświęconych tej tematyce [JJK1-JJK5, JJK7].

Do zadań części aplikacyjnej zaliczamy:

- interfejs użytkownika z możliwością logowania oraz zmieniania podstawowych ustawień prezentacji wyników klasyfikacji znamion skórnych,
- możliwości wykonania zdjęcia lub wybrania z już zapisanych,

- komunikacja z serwerem,
- sprawdzanie połączenia z Internetem.

Do zadań wykonywanych przez część serwerową należy:

- komunikacja z urządzeniem mobilnym (serwer ogólny),
- obliczanie parametrów, klasyfikacja znamion, porównywanie znamion (serwer obliczeniowy),
- identyfikacja użytkowników umożliwiająca logowanie - na podstawie porównania z danymi w bazie użytkowników (serwer ogólny),
- archiwizacja danych medycznych (zdjęcia, parametry, wynik klasyfikacji) w bazie zdjęć.

Wymagania funkcjonalne szczegółowo przedstawiono na diagramie czynności służącemu modelowaniu aktywności i zakresu odpowiedzialności poszczególnych części systemu bądź użytkowników.

[JK7] **Jaworek-Korjakowska J.**, Tadeusiewicz R.: *Assessment of dots and globules in dermoscopic color images as one of the 7-point check list criteria*, Proceedings of IEEE International Conference on Image Processing (ICIP 2013) : September 15–18, 2013, Melbourne, pp. 1456 – 1460, 2013 * Web of Science , 10 pkt. MNiSW *

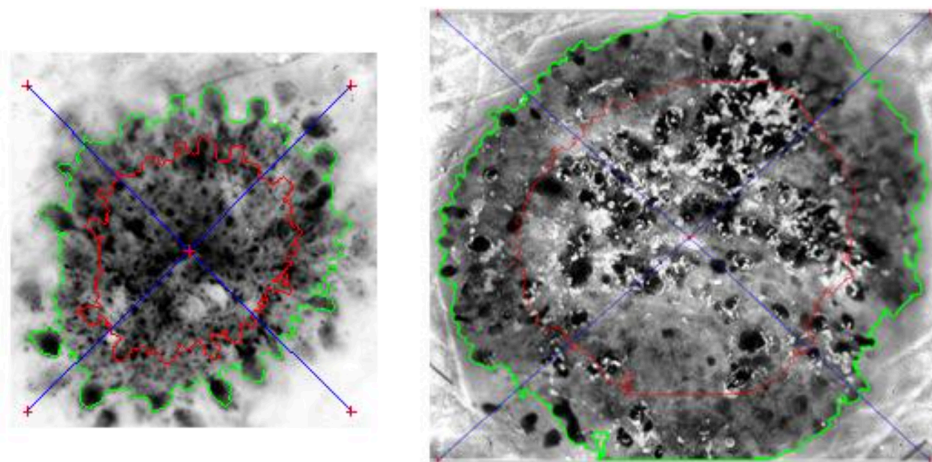
Cel: wybór i opracowanie efektywnej metody klasyfikacji kropek i ciałek skupionych w zmianach melanocytowych jako ważnego parametru diagnostycznego w metodzie 7 - punktowej.

Stan wiedzy: w dotychczasowych badaniach detekcji kropek i ciałek skupionych w czerniaku złośliwym wykorzystano operacje morfologiczne [9]. Badania i wyniki zostały przedstawione w sposób poglądowy, podkreślając złożoność problemu i obrazując wstępne wyniki detekcji bez podania skuteczności metody.

Próby klasyfikacji pozostałych struktur lokalnych takich jak siatka barwnikowa, czy obszary regresji przedstawiono w [10] wykorzystując drzewa decyzyjne LMT. W pracy nie omówiono klasyfikacji kropek i ciałek skupionych będących przedmiotem naszych badań. Przegląd rozwiązań dotyczących detekcji poszczególnych struktur lokalnych w czerniaku złośliwym można znaleźć w [1].

Zaproponowane rozwiązanie: kropki i ciałka skupione są to okrągłe, najczęściej czarne lub brązowe struktury lokalne, które charakteryzują się zróżnicowaną wielkością i często są nierównomiernie rozłożone. Z medycznego punktu widzenia istotą klasyfikacji tych struktur jest ich rozmieszczenie – regularne lub nieregularne. Podczas segmentacji, przy pomocy metody progowania Otsu, rozpoznane zostają także inne struktury lokalne, dlatego konieczna jest ocena kształtu na podstawie parametrów geometrycznych takich jak na przykład cyrkularność, współczynnik skupienia, czy

współczynnik proporcji. Następnie zmiana skórna podlega podziałowi na osiem części o porównywalnej powierzchni (Rys. 12).



Rys. 12: Podział zmiany skórnej na 8 części w celu przeprowadzenia klasyfikacji określającej regularność rozłożenia kropek i ciałek skupionych.

W pracy wykorzystano metodę klasyfikacji kropek i ciałek skupionych przy pomocy drzewa hybrydowego LMT (ang. *Logistic Model Tree*), które w każdym liściu wylicza funkcję regresji logistycznej. Dla każdego regionu mierzone są następujące parametry: liczba kropek i ciałek skupionych oraz procent powierzchni zajętej przez omawianą strukturę lokalną. Drzewo decyzyjne składa się z węzłów decyzyjnych, w których są wykonywane testy określonych atrybutów, oraz węzłów końcowych (liści), które wskazują wartości docelowego atrybutu. Zmiana jest klasyfikowana jako regularna jeżeli zbliżona liczba kropek i ciałek skupionych znajduje się w poszczególnych ćwiartkach jak i w centralnych lub peryferyjnych obszarach.

Osiągnięte rezultaty: Zaimplementowane rozwiązanie zostało przetestowane na 100 zdjęciach dermoskopowych zawierających 8 przypadków bez kropek i ciałek skupionych, 43 przypadki regularnie rozmieszczonych i 49 nieregularnie. Algorytm osiągnął czułość (SE) 93 % oraz swoistość (SP) 98 %.

3.6. Podsumowanie

Specyfikacja podjętych prac badawczych polegała na opracowaniu rozwiązań zmierzających do wydobywania istotnych, a ukrytych, informacji medycznych zawartych w otrzymanym materiale diagnostycznym, którym w przedstawianym osiągnięciu były obrazy dermoskopowe melanocytowych znamion skórnych. Wspólna praca z ekspertami medycznymi i lekarzami pozwoliła na opracowanie algorytmów przetwarzania i analizy

obrazów mogących znaleźć realne zastosowanie we wczesnej diagnostyce medycznej. Wymienione osiągnięcia wykorzystujące zaawansowane rozwiązania techniczne (np. głębokie sieci neuronowe) wpisują się w rozwijającą się w wielu obszarach inżynierii biomedycznej gałąź komputerowego wspomaganie diagnostyki medycznej. Możliwość dokładnej diagnostyki zmiany, określenia jej typu i ryzyka zezłośliwienia, nie tylko pozwoli na wyselekcjonowanie zmian stanowiących potencjalne zagrożenie dla zdrowia pacjenta i wymagających usunięcia operacyjnego, ale również dostarczy wskazówek pomagających określić, które zmiany nie wymagają ekstrakcji. Biopsja to rutynowa procedura medyczna, lecz podobnie jak każdy inny zabieg chirurgiczny niesie ze sobą ryzyko powikłań. Co więcej, operacja wycięcia kawałka skóry w przypadku okolic twarzy pozostawia trwałe, widoczne blizny. Zmniejszenie liczby niepotrzebnych biopsji jest więc efektem pożądanym. Takie podejście pozwala na przewidywanie zachowania się zmiany w przyszłości, określenie terminów kolejnych wizyt w celu monitorowania zmian zachodzących na ciele pacjenta, a tym samym zmniejszenie liczby nowotworów wykrywanych dopiero w zaawansowanym stadium choroby.

Podsumowując, do najważniejszych osiągnięć włączonych w zakres wniosku habilitacyjnego należą:

- System do **różnicowania mikrozmian skórnych** [JKK1].
- System **do diagnostyki różnicowej melanocytowych zmian skórnych pozwalających na ich podział na cztery główne typy** [JKK2].
- Algorytm **segmentacji naczyń krwionośnych** [JKK3].
- Algorytm **segmentacji znamion dystalnych** [JKK4].
- Algorytm do **analizy poszarpania krawędzi** [JKK5].
- System do **klasyfikacji kropek i ciałek skupionych** [JKK7].
- **Całościowej koncepcji systemu w tym mobilnego do wczesnej diagnostyki znamion skórnych** [JKK6].

Bibliografia

- [1] Korotkov K., Garcia R.: *Computerized analysis of pigmented skin lesions: a review*, Artificial intelligence in medicine, vol. 56(2), pp. 69-90, 2012
- [2] Barnhill R. et al.: *Cutaneous melanoma, pathology of melanocytic nevi and melanoma*. Ed. by Barnhill R., Piepkorn M., Busam K., Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2014.
- [3] *Zachorowania i zgony na nowotwory złośliwe w Polsce*. Krajowy Rejestr Nowotworów, Centrum Onkologii - Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie. 2016. <http://onkologia.org.pl/raporty/>
- [4] Menzies S. et al.: *The performance of SolarScan: an automated dermoscopy image analysis instrument for the diagnosis of primary melanoma*, Archives of Dermatology, vol. 141(11), pp. 1388-1396, 2005

- [5] Burroni M. et al.: *Melanoma computer-aided diagnosis: reliability and feasibility study*, Clinical Cancer Research, vol. 10(6), pp. 1881-1886, 2004
- [6] Ronneberger O., Fischer P., Brox T.: *U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation*, Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015; Eds. Springer International Publishing, 2015
- [7] Bono A., Bartoli C., Baldietal M.: *Micromelanoma detection. A clinical study on 22 cases of melanoma with a diameter equal to or less than 3 mm*, Tumori, vol. 90(1), pp. 128–131, 2004
- [8] Bono A., Tolomio E., Trincone S. et al.: *Micro-melanoma detection: a clinical study on 206 consecutive cases of pigmented skin lesions with a diameter ≤ 3 mm*, British Journal of Dermatology, vol. 155(3), pp. 570–573, 2006
- [9] Yoshino S., Tanaka T., Tanaka M., Oka H.: *Application of morphology for detection of Dots in tumor*, SICE 2004 Annual Conference, vol. 1, pp.591-594, 2004
- [10] Leo G., Paolillo A., Sommella P., Fabbrocini G., Rescigno O.: *A software tool for the diagnosis of melanomas, Automatic implementation of the 7-Point Check List method*, IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference, pp. 886 – 891, 2010
- [11] Wadhawan T., Situ N., Lancaster K., Xiaojing Y., Zouridakis G.: *SkinScan@: A portable library for melanoma detection on handheld devices*, IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro, pp.133-136, 2011
- [12] Iyatomi H., Oka H., Celebi M., Hashimoto M., Hagiwara M., Tanaka M., Ogawa K.: *An improved Internet-based melanoma screening system with dermatologist-like tumor area extraction algorithm*, Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 32(7), pp. 566-579, 2008
- [13] Celebi M.E., Schaefer G., Iyatomi H., Stoecker W.V.: *Lesion Border Detection in Dermoscopy Images*, Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 33(2), pp. 148-153, 2009
- [14] Bozorgtabar B., Sedai S., Roy P.K., Garnavi R.: *Skin lesion segmentation using deep convolution networks guided by local unsupervised learning*, IBM Journal of Research and Development, vol. 61(4), pp. 1-8, 2017
- [15] Iyatomi H., Oka H., Celebi M.E., Ogawa K., Argenziano G., Soyer H.P. et al: *Computer-Based Classification of Dermoscopy Images of Melanocytic Lesions on Acral Volar Skin*, Journal of Investigative Dermatology, vol. 128(8), pp. 2049–2054, 2008
- [16] Abbas Q., Celebi M.E., Serrano C., Garcia I.F., Ma G.: *Pattern classification of dermoscopy images: A perceptually uniform model*, Pattern Recognition, vol. 46(1), pp. 86-97, 2013
- [17] Tremeau A., Colantoni P.: *Regions adjacency graph applied to color image segmentation*, IEEE Transactions on Image Processing, vol.9(4), pp. 735-744, 2000
- [18] Kharazmi P., Zheng J., Lui H., Jane Wang Z., Lee T.K.: *A computer-aided decision support system for detection and localization of cutaneous vasculature in dermoscopy images via deep feature learning*, Journal of Medical Systems, vol. 42, pp. 1-11, 2018

- [19] Betta G., Leo G.D., Fabbrocini G., Paolillo A., Sommella P.: *Dermoscopic image-analysis system: estimation of atypical pigment network and atypical vascular pattern*, IEEE International Workshop on Medical Measurement and Applications, pp. 63-67, 2006
- [20] Fabbrocini G., Vita V.D., Cacciapuoti S., Leo G.D. et al.: *Automatic diagnosis of melanoma based on the 7-point checklist*, Computer Vision Techniques for the Diagnosis of Skin Cancer, Springer Berlin Heidelberg: Berlin, Heidelberg, pp. 71-107, 2014
- [21] Kharazmi P., AlJasser M.I., Lui H., Wang Z.J., Lee T.K.: *Automated detection and segmentation of vascular structures of skin lesions seen in dermoscopy, with an application to basal cell carcinoma classification*, IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, vol. 21(6), pp. 1675-1684, 2017
- [22] Haralick R.M.: *A measure for circularity of digital figures*, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, vol. 4(4), pp. 394–396, 1974
- [23] Choi J.W., Park Y.W., Byun S.Y., Youn S.W.: *Differentiation of benign pigmented skin lesions with the aid of computer image analysis: a novel approach*, Annals of Dermatology, vol. 25(3), pp. 340–347, 2013
- [24] Stoecker W.V., Li W.W., Moss R.H.: *Automatic detection of asymmetry in skin tumors*, Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 16(3), pp. 191–197, 1992
- [25] Fayyad U., Irani K.: *Multi-interval discretization of continuous-valued attributes for classification learning*, Proceedings of the 13th International Joint Conference on Artificial Intelligence, vol. 2, pp. 1022–1029, 1993
- [26] Chawla N.V., Bowyer K.W., Hall L.O., Kegelmeyer W.P.: *SMOTE: synthetic minority over-sampling technique*, Journal of Artificial Intelligence Research, vol. 16, pp. 321–357, 2002
- [27] Witten I.H., Frank E.: *Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques*, Morgan Kaufmann, San Francisco, Calif, USA, 2005
- [28] Otsu N.: *A threshold selection method from gray-level histograms*, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, vol.9(1), pp. 62-66, 1979
- [29] Argenziano G., Soyer H. P., De Giorgio V. et al.: *Interactive Atlas of Dermoscopy* (Book and CD-ROM), Edra Medical Publishing and New Media, Milano, Italy, 2000

4. Pozostałe osiągnięcia naukowo – badawcze

4.1. Udział w projektach badawczo – rozwojowych

Realizowane projekty badawcze w ramach współpracy z innymi ośrodkami naukowymi można podzielić tematycznie względem zagadnień jakimi się zajmuję.

Tematyka badawcza I

Zakażenie bakterią *Clostridium difficile* (ang. *Clostridium difficile infection*, CDI) stało się w ostatnich latach jednym z najistotniejszych zakażeń szpitalnych. W okresie tym zaobserwowano wzrost zarówno częstości zachorowań o ciężkim przebiegu, a także wyższą śmiertelność. W ramach prowadzonych badań zaimplementowano automatyczny system do identyfikacji cytotoksyczności indukowanej przez toksynę komórkom gospodarza na podstawie charakterystycznych zmian morfologicznych.

Projekty badawcze

Praca była realizowana w ramach następujących projektów badawczych:

- National Institutes of Health R56 AI127455 (Matthew Bogyo)
- Howard Hughes Medical Institute Medical Research Fellows program, Stanford Medical Scientist Training Program (Megan Garland)
- AGH University of Science and Technology Statute Funds 11.11.120.714 (Joanna Jaworek-Korjakowska)
- Wrocław University of Science and Technology grant 0402/0088/17 (Urszula Libal)
- Wrocław University of Science and Technology Statute Funds 0401/0195/17 (Marcin Sieńczyk)

Publikacje

[J1] Garland M., **Jaworek-Korjakowska J.**, Libal U., Bogyo M., Sieńczyk M.: *An automatic analysis system for high-throughput Clostridium Difficile toxin activity screening*, Applied Sciences (Basel), vol. 8(9), pp. 1–14, 2018 [IF 1.689]

Tematyka badawcza II

Badania nad zastosowaniem metod przetwarzania i analizy obrazów do **oceny nowych metod leczenia chorób naczyń wieńcowych serca przy wykorzystaniu dostępnych modalności obrazowania**. Celem projektu było zbadanie zawartości informacyjnej w obrazach NIRS (ang. *near infrared spectroscopy*) oraz OCT (ang. *optical coherence tomography*) i detekcja charakterystycznych obszarów z wyliczeniem parametrów świadczących o chorobie miażdżycowej. Ocena ilościowa jak i jakościowa otrzymanych

zmian patologicznych pomaga w ocenie stopnia zaawansowania choroby miażdżycowej i decyzji o dalszym leczeniu.

Projekty badawcze

- Grant dziekański w ramach działalności statutowej AGH 15.11.120.508 (Kierownik Elżbieta Pociask)

Publikacje

- [J1] Pociask E., **Jaworek-Korjakowska J.**, Malinowski K., Roleder T., Wojakowski W.: *Fully automated lipid pool detection using near infrared spectroscopy*, Computational and Mathematical Methods in Medicine, pp. 1-6, 2016 [IF 0.937]
- [J2] Pociask E., Malinowski K., Ślęzak M., **Jaworek-Korjakowska J.**, Wojakowski W., Roleder T.: *Fully automated lumen segmentation method for intracoronary optical coherence tomography*, Journal of Healthcare Engineering, Article ID 1414076, 2018 (In press) [IF 1.261]

Tematyka badawcza III

Badania nad identyfikacją zmian w morfometrii naskórka spowodowanej przez skórne zmiany melanocytowe. Badania te skupiały się przede wszystkim na opracowaniu precyzyjnej metody segmentacji naskórka na cyfrowych zdjęciach histopatologicznych.

Projekty badawcze

- Działalność statutowa AGH 11.11.120.612
- Analiza morfometrii ludzkiego naskórka na zdjęciach histopatologicznych, 2016/23/N/ST7/01361, Narodowe Centrum Nauki, Preludium, Kierownik – Paweł Kłeczek

Publikacje

- [J1] Kłeczek P., Lech M., Dyduch G., **Jaworek-Korjakowska J.**, Tadeusiewicz R.: *Segmentation of black ink and melanin in skin histopathological images*. Proc. SPIE 10581, Medical Imaging 2018: Digital Pathology, 105811A, 2018
- [J2] Kłeczek P., Dyduch G., **Jaworek-Korjakowska J.**, Tadeusiewicz R.: *Automated epidermis segmentation in histopathological images of human skin stained with hematoxylin and eosin*. Proc. SPIE 10140, Medical Imaging 2017: Digital Pathology, 101400M, 2017
- [J3] Kłeczek P., Mól S., **Jaworek-Korjakowska J.**: *The accuracy of H&E stain unmixing techniques when estimating relative stain concentrations*. PCBBE 2017: Advances in Intelligent Systems and Computing, Springer, pp. 87–97, 2017

Tematyka badawcza IV

Badania nad zastosowaniem metod inteligencji obliczeniowej oraz uczenia maszynowego w klasyfikacji różnego rodzaju danych biomedycznych. W ramach badań przeanalizowano możliwość oceny grubości zmiany skórnej, rozpoznawania emocji, czy detekcji zmian w gałce ocznej.

Projekty badawcze

- Wykorzystanie metod przetwarzania obrazów i sztucznej inteligencji (systemy ekspertowe) w rozpoznawaniu i diagnostyce różnicowej czerniaka złośliwego, 2011/01/N/ST7/06783, **Narodowe Centrum Nauki, Preludium**, Kierownik, 131 700,00 zł, 2011-2015

Granty dziekańskie w ramach działalności statutowej AGH

- Rozpoznawanie czerniaka złośliwego w gałce ocznej, 15.11.120.495, 2015, Kierownik
- Analiza barwnikowych zmian skórnych na podstawie wzorców i kolorów, 15.11.120.635, 2018, Kierownik
- Wykorzystanie głębokich sieci neuronowych we wczesnej diagnostyce zmian skórnych, 15.11.120.735, 2018-2019, Kierownik

Rozdziały w monografiach:

[J1] **Jaworek-Korjakowska J.**, Tadeusiewicz R.: *Melanoma thickness prediction*, Simulations in medicine : pre-clinical and clinical applications (ed. Irena Roterman-Konieczna), Walter de Gruyter, pp. 179-193, 2015

[J2] Pięciak T., **Jaworek-Korjakowska J.**, Gorgoń M.: *Sieci neuronowe w przetwarzaniu obrazów medycznych*, Inżynieria biomedyczna : podstawy i zastosowania. T. 9, Sieci neuronowe w inżynierii biomedycznej (zespół red. monografii Władysław Torbic [et al.] ; red. tomu Ryszard Tadeusiewicz [et al.]), Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT, pp. 105-127, 2013

Publikacje:

- [J1] Gouverneur P., **Jaworek-Korjakowska J.**, Köping L., Shirahama K., Kłeczek P., Grzegorzek M.: *Classification of physiological data for emotion recognition*. ICAISC 2017: Artificial Intelligence and Soft Computing, pp. 619–627, 2017
- [J2] **Jaworek-Korjakowska J.**, Kłeczek P., Grzegorzek M., Shirahama K.: *Automatic Detection of blue-whitish veil as the primary dermoscopic feature*. ICAISC 2017: Artificial Intelligence and Soft Computing, pp. 649–657, 2017

- [J3] **Jaworek-Korjakowska J.**, Kłeczek P., Tadeusiewicz R.: *Detection and classification of pigment network in dermoscopic color images as one of the 7-point checklist criteria*. PCBBE 2017: Advances in Intelligent Systems and Computing, Springer, pp. 174–181, 2017
- [J4] **Jaworek-Korjakowska J.**: *Artificial neural networks in the diagnosis of pigmented skin lesions: a review*, *Bio-Algorithms and Med-Systems*, spec. iss.: E-learning techniques in medicine, vol. 11(2), eA36, 2015
- [J5] **Jaworek-Korjakowska J.**, Tadeusiewicz R.: *Determination of border irregularity in dermoscopic color image of pigmented skin lesions*, 36th annual international conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC 2014), pp. 6459–6462, 2014
- [J6] Pięciak T., **Jaworek J.**, Gorgoń M.: *Neural networks for medical image processing*, *Bio-Algorithms and Med-Systems (Print) / Jagiellonian University. Medical College*, vol. 7(4), pp.101-110, 2011

4.2. Statystyki bibliometryczne

Łączna liczba publikacji naukowych (bez publikacji popularnonaukowych) wynosi **46** w tym **24** po uzyskaniu stopnia doktora.

Publikacje naukowe:

- **9 artykułów w czasopismach z listy Journal Citation Reports (JCR)**
- **Sumaryczny impact factor publikacji wynosi 15.069**
- 18 artykułów indeksowanych w bazie Web of Science (1 artykuły w trakcie indeksowania)
- 2 rozdziały w monografiach
- 9 referatów w materiałach konferencyjnych

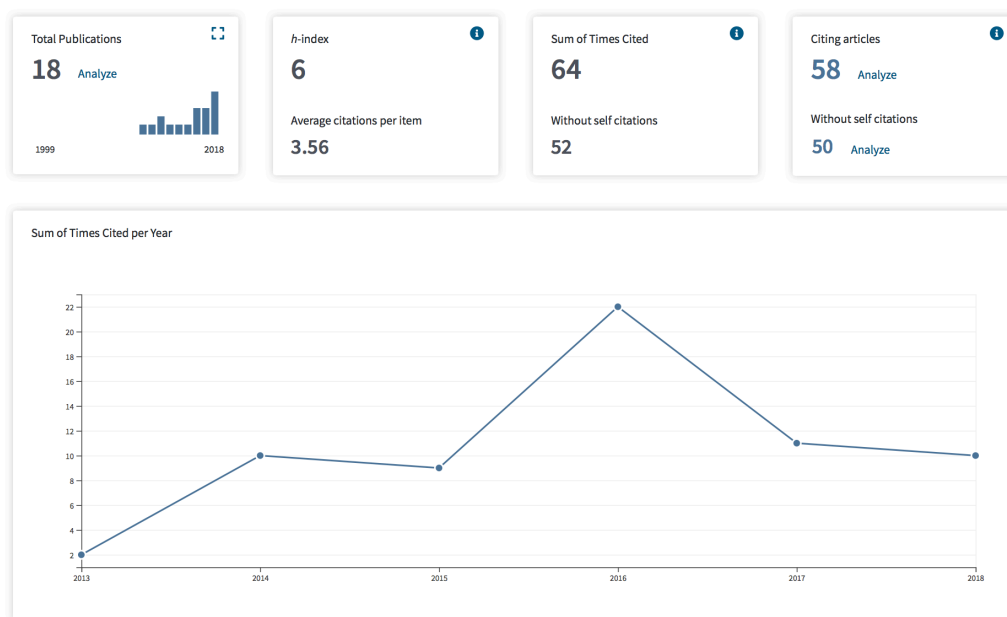
Poniższe tabele przedstawiają statystyki bibliometryczne opublikowanych prac naukowych:

Tabela 2: łączny impact factor wg JCR dla publikacji wchodzących w skład cyklu oraz dla wszystkich publikacji wg daty publikacji (opublikowane w 2018 – za rok 2017).

Publikacje	IF	5-year IF	Punktacja MNiSW
Z cyklu	10.980	13.249	150
Wszystkie	15.069	18.116	303

Tabela 3: Dane bibliometryczne według różnych baz danych.

Baza	Liczba publikacji	Liczba cytowań		Indeks Hirscha
		wszystkie	Bez autocytowań	
Web of Science	18	64	52	6
Google Scholar	30	169	-	9
Scopus	25	133	97	8



Rys. 12: Zrzut ekranu z systemu Web of Science dla kryteriów wyszukiwania: Joanna Jaworek-Korjakowska oraz J. Jaworek (AGH, przed 2012) – dnia 20.12.2018.

4.3. Nagrody i wyróżnienia

- **Stypendium MNiSW dla wybitnych młodych naukowców, 2017-2020**
- 2018, Zespołowa **Nagroda Rektora AGH** I stopnia za działalność organizacyjną
- 2015: **Laureat programu Top 500 Innovators** - program Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego: 04.07-04.09.2015 - Uniwersytet Stanforda - Stanford Center for Professional Development: Science Management Commercialization
- **Dyplom najlepszego dydaktyka Wydziału EAIiB w roku akademickim 2017/2018**

- 2017, Indywidualna **Nagroda Rektora AGH** III stopnia za osiągnięcia naukowe
- 2017, Indywidualna **Nagroda Rektora AGH** III stopnia za osiągnięcia dydaktyczne
- 2014: wyróżniona praca naukowa (contribution paper): *Determination of Border Irregularity in Dermoscopic Color Images of Pigmented Skin Lesions*, 36th Annual International IEEE EMBS Conference, EMBC 2014, Chicago, USA
- Stypendystka Małopolskiej Fundacji Stypendialnej „Sapere Auso”- za osiągnięcia naukowe 2008/2009, 2009/2010, 2010/2011
- Stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego za szczególne osiągnięcia naukowe na rok akademicki 2009/2010

4.4. Staże zagraniczne i współpraca naukowa

Odbyte staże naukowe w zagranicznych jednostkach badawczych:

07-09.2015 - Uniwersytet Stanforda, USA - Stanford Center for Professional Development: Science Management Commercialization - program stażowo-szkoleniowy. Tematyka szkolenia: współpraca nauki z gospodarką, zarządzanie badaniami naukowymi, komercjalizacja wyników badań, ochrona własności intelektualnej. Laureat programu Top 500 Innovators - program Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

05-06.2015 - staż naukowy, podoktorski, Research Group for Pattern Recognition, Department ETI, University of Siegen, Niemcy, wymiana w ramach programu Erasmus - opracowanie metod rozpoznawania wzorców we wczesnej diagnostyce czerniaka złośliwego. Wykład oraz seminarium dotyczące algorytmów w przetwarzaniu zdjęć dermoskopowych.

10.03-25.04.2014 - staż naukowy, podoktorski, Research Group for Pattern Recognition, Department ETI, University of Siegen, Niemcy, wymiana w ramach programu Erasmus - opracowanie algorytmów rozpoznawania struktur lokalnych w czerniaku złośliwym. Udział w seminariach, egzaminach. Wykład oraz seminarium dotyczące algorytmów w przetwarzaniu zdjęć dermoskopowych.

Współpraca naukowa z jednostkami zagranicznymi i krajowymi:

2015 - nadal: Stanford University, USA, Katedra Patomorfologii, Bogyo Lab, Prof. Matthew Bogyo, Megan Garland, Tytuł projektu: An automatic analysis system for high-throughput Clostridium Difficile toxin activity screening.

Wspólna publikacja:

Garland M., **Jaworek-Korjakowska J.**, Libal U., Bogyo M., Sieńczyk M.: *An automatic analysis system for high-throughput Clostridium Difficile toxin activity screening*, Applied Sciences (Basel), vol. 8(9), pp. 1–14, 2018 [IF 1.689] (25 pkt MNiSW)

2014 - nadal: Research Group for Pattern Recognition, Department ETI, University of Siegen, Niemcy. Opracowanie algorytmów wstępnego przetwarzania zdjęć dermoskopowych oraz algorytmów klasyfikacji czynności życiowych człowieka (w tym emocji).

Wspólne publikacje:

Gouverneur P., **Jaworek-Korjakowska J.**, Köping L., Shirahama K., Kłeczek P., Grzegorzek M.: *Classification of physiological data for emotion recognition*. ICAISC 2017: Artificial Intelligence and Soft Computing, pp. 619–627, 2017 (15 pkt MNiSW)

Jaworek-Korjakowska J., Kłeczek P., Grzegorzek M., Shirahama K.: *Automatic detection of blue-whitish veil as the primary dermoscopic feature*. ICAISC 2017: Artificial Intelligence and Soft Computing, pp. 649–657, 2017 (15 pkt MNiSW)

2016- nadal: Jagiellonian Centre for Experimental Therapeutics (JCET): Opracowanie algorytmów analizy i klasyfikacji obszarów stłuszczenia wątroby.

4.5. Recenzje naukowe

Recenzent artykułów w czasopismach z listy JCR (najważniejsze):

- Biomedical Signal Processing and Control (Elsevier, IF 1.4)
- IEEE Transactions on Cybernetics (IF 3.5)
- Measurement (Elsevier, IF 2.2)
- Information Sciences (Elsevier, IF 4.3)
- Computers in Biology and Medicine (Elsevier, IF 2.2)

Recenzowałam ponad 40 referatów dla międzynarodowych konferencjach naukowych. Wśród nich znalazły się między innymi:

- IEEE EMBC (IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 2014-2017)
- IEEE ISBI (International Symposium on Biomedical Imaging 2014-2017)
- IEEE BHI (Biomedical and Health Informatics, 2015-2017)

5. Działalność dydaktyczna i organizacyjna

5.1. Kształcenie kadr

Promotor pomocniczy w trwającym przewodzie doktorskim mgr inż. Pawła Kłeczka w dyscyplinie Biocybernetyka i Inżynieria Biomedyczna: *Analiza morfometrii naskórka na obrazach histopatologicznych zmian skórnych*.

Promotorem przewodu jest Pan prof. dr hab. inż. Ryszard Tadeusiewicz.

Sprawowałam opiekę nad 14 pracami magisterskimi i 14 pracami inżynierskimi.

Praca realizowana przez mgr inż. Pawła Kłeczka otrzymała wyróżnienie podczas konkursu PTIB na najlepszą pracę magisterską w 2015 r.

5.2. Zajęcia dydaktyczne

Dyplom najlepszego dydaktyka Wydziału EAIiB AGH w roku akademickim 2017/2018

Studia doktoranckie:

- **Analiza obrazów medycznych, Wydział EAIiB AGH, semestr 5, 2014 - nadal**

Wykłady:

- **Uczenie maszynowe (Automatyka i robotyka, II stopień I rok, 2017 – nadal)**
- **Advanced methods in machine learning (Informatyka, II stopień II rok, 2017 – nadal)**
- **Przetwarzanie i analiza obrazów medycznych (Automatyka i robotyka, II stopień II rok, 2018 – nadal)**

Laboratoria, ćwiczenia, projekty:

- **Uczenie maszynowe (Automatyka i robotyka, II stopień I rok, 2017 – nadal)**
- **Advanced methods in machine learning (Informatyka, II stopień II rok, 2017 – nadal)**
- **Przetwarzanie i analiza obrazów medycznych (Automatyka i robotyka, II stopień II rok, 2018 – nadal)**
- **Wprowadzenie do uczenia maszynowego (Inżynieria biomedyczna, II stopień I rok, 2017)**

- Formalne podstawy informatyki (Inżynieria biomedyczna, I stopień I rok, 2009 -2014)
- Algorytmy i struktury danych (Inżynieria biomedyczna, I stopień I rok, 2014 - 2017)
- Programowanie komputerów (Inżynieria biomedyczna, I stopień II rok, 2010 - 2017)
- Podstawy telemedycyny (Inżynieria biomedyczna, II stopień I rok, 2010 - 2012)

5.3. Działalność organizacyjna

Pełnione funkcje:

- **Zastępca Przewodniczącego Wydziałowej Komisji Rekrutacyjnej EAliIB AGH** (2013 – nadal)
- Członek grupy eksperckiej TOP 500 Innovators działającej przy Ministerstwie Nauki i Szkolnictwa Wyższego (2015-2016)
- Sekretarz redakcji Polskie Stowarzyszenie Sztucznej Inteligencji (2014)
- Współorganizator międzynarodowych konferencji naukowych: MCSB (2010), OKIBEDU(2012), PCBBE (2017)
- Opiekun Koła Naukowego Bioinżynierii Implant (2012 - 2016)
- Organizator Polish-American Innovation Bridge we współpracy z Konsulatem Generalnym USA w Krakowie (2015-2016)
- Współorganizator Sesji Kół Naukowych AGH (2011-2015)
- Współorganizator Festiwalu Nauki w Krakowie (2009)

Jestem członkiem następujących naukowych organizacji:

- International Dermoscopy Society
- IEEE Engineering in Medicine and Biology Society
- Polskie Stowarzyszenie Sztucznej Inteligencji

Jęzorek