

Załącznik nr 2

do wniosku z dnia 08.11.2018 o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego w
dyscyplinie Inżynieria Biomedyczna (wcześniej: Biocybernetyka i Inżynieria
Biomedyczna)

Autoreferat

PRZETWARZANIE I ANALIZA OBRAZÓW MEDYCZNYCH PACJENTÓW Z CHOROBA NOWOTWOROWĄ

Autor:

ANDRZEJ SKALSKI



Spis treści

1	Dane Osobowe i przebieg zatrudnienia w jednostkach naukowych	5
1.1	Imię i nazwisko	5
1.2	Posiadane dyplomy i stopnie naukowe	5
1.3	Przebieg zatrudnienia w jednostkach naukowych	5
2	Wskazanie osiągnięcia naukowego	7
2.1	Tytuł osiągnięcia naukowego	7
2.2	Wykaz publikacji stanowiący osiągnięcie naukowe	7
3	Opis osiągnięcia naukowego	11
3.1	Cel naukowy	11
3.2	Segmentacja GTV dla potrzeb planowania radioterapeutycznego pacjentów z nowotworem prostaty	12
3.3	Segmentacja danych tomograficznych w kontekście minimalizacji inwazyjności zabiegów nerko-oszczędnych	14
3.4	Ewaluacja algorytmów segmentacji danych pacjentów z chorobami nowotworowymi	17
3.5	Ewaluacja algorytmów dopasowania obrazów tomograficznych pacjentek z nowotworem piersi	21
3.6	Podsumowanie	21
4	Pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze	23
4.1	Bibliografia - pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze	23

1 Dane Osobowe i przebieg zatrudnienia w jednostkach naukowych

1.1 Imię i nazwisko

Andrzej Robert Skalski

1.2 Posiadane dyplomy i stopnie naukowe

Magister inżynier	Kraków 2005, Akademia Górniczo-Hutnicza, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki; kierunek: Elektrotechnika; specjalność: Automatyka i Metrologia; praca p.t. „Badania symulacyjne wpływu wybranych algorytmów identyfikacji na dokładność korekcy „w ciemno” dla torów pomiarowych niskiego rzędu”, promotor: dr inż. Jerzy Nabielec.
Doktor nauk technicznych	Kraków 2009, Akademia Górniczo-Hutnicza, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki; dyscyplina: Biocybernetyka i inżynieria biomedyczna; praca p.t. „Segmentacja 3D danych medycznych pochodzących z tomografii komputerowej oraz endoskopowych zapisów wideo”, promotor: prof. dr hab. inż. Tomasz Zieliński.

1.3 Przebieg zatrudnienia w jednostkach naukowych

Luty 2008 - styczeń 2010	Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki, Katedra Metrologii; stanowisko: asystent.
Luty 2010 - obecnie	Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej, Katedra Metrologii i Elektroniki; stanowisko: adiunkt.

2 Wskazanie osiągnięcia naukowego

2.1 Tytuł osiągnięcia naukowego

Przetwarzanie i analiza obrazów medycznych pacjentów z chorobą nowotworową
(Jednotematyczny cykl publikacji)

2.2 Wykaz publikacji stanowiący osiągnięcie naukowe

- [AS1] Andrzej Skalski, Jacek Jakubowski, Tomasz Drewniak. LEFMIS: Locally-oriented Evaluation Framework for Medical Image Segmentation algorithms. *Physics in Medicine and Biology*, 2018, **63**(16), s. 165016(16pp)
doi: 10.1088/1361-6560/aad316
IF = 2.665¹, lista MNiSW = 35 pkt
Udział procentowy = 90%
- [AS2] Marek Wodziński, Andrzej Skalski, Izabela Ciepiela, Tomasz Kuszewski, Piotr Kedzierawski, Janusz Gajda. Improving oncoplastic breast tumor bed localization for radiotherapy planning using image registration algorithms. *Physics in Medicine and Biology*, 2018, **63**(3), s. 035024(19pp)
doi: 10.1088/1361-6560/aaa4b1
IF = 2.665², lista MNiSW = 35 pkt
Udział procentowy = 30%
- [AS3] Andrzej Skalski. An algorithm for evaluating inter-and intra-observer variability of boundary delineation providing local information about deviation for anisotropic image data. *IEEE International Conference on Imaging Systems and Techniques*, Październik 2017, Beijing, Chiny, s. 1-5.
doi: 10.1109/IST.2017.8261548
materiały konferencyjne indeksowane w WoS, lista MNiSW = 15 pkt
Udział procentowy = 100%
- [AS4] Katarzyna Heryan, Andrzej Skalski, Jacek Jakubowski, Tomasz Drewniak, Janusz Gajda. Automatic extraction of the pelvicalyceal system for preoperative planning of minimally invasive procedures. *Metrology and Measurement Systems*, 2017, **24**(1), s. 3-18.
doi: 10.1515/mms-2017-0014

¹Przyjęto wartość z 2017 roku - wartość współczynnika z 2018 roku nieznana

²Przyjęto wartość z 2017 roku - wartość współczynnika z 2018 roku nieznana

IF = 1.523, lista MNiSW = 20 pkt
Udział procentowy = 30%

- [AS5] Andrzej Skalski, Katarzyna Heryan, Jacek Jakubowski, Tomasz Drewniak. Kidney segmentation in CT data using hybrid Level-Set Method with ellipsoidal shape constraints. *Metrology and Measurement Systems*, 2017, **24**(1), s. 101-112.
doi: 10.1515/mms-2017-0006
IF = 1.523, lista MNiSW = 20 pkt
Udział procentowy = 75%
- [AS6] Andrzej Skalski, Jacek Jakubowski, Tomasz Drewniak. Kidney tumor segmentation and detection on Computed Tomography data. *IEEE International Conference on Imaging Systems and Techniques*, Październik 2016, Chania, Grecja, s. 238-242.
doi: 10.1109/IST.2016.7738230
materiały konferencyjne indeksowane w WoS, **lista MNiSW = 15 pkt**
Udział procentowy = 85%
- [AS7] Andrzej Skalski, Artur Kos, Tomasz Zieliński, Piotr Kędzierawski, Paweł Kukołowicz. Prostate segmentation in CT data using active shape model built by HoG and non-rigid Iterative Closest Point registration. *IEEE International Conference on Imaging Systems and Techniques*, Październik 2015, Macau, Chiny, s. 1-5.
doi: 10.1109/IST.2015.7294520
materiały konferencyjne indeksowane w WoS, **lista MNiSW = 15 pkt**
Udział procentowy = 57%
- [AS8] Andrzej Skalski, Jakub Łągwa, Tomasz Zieliński, P. Kędzierawski, Tomasz Kuszewski. Automatic prostate segmentation in MR images based on 3D active contours with shape constraints. *Signal Processing: Algorithms, Architectures, Arrangements, and Applications (SPA)*, Wrzesień 2013, Poznań, s. 246-249.
materiały konferencyjne indeksowane w WoS, **lista MNiSW = 10 pkt³**
Udział procentowy = 65%
- [AS9] Andrzej Skalski, Tomasz Zieliński, Piotr Kędzierawski, Tomasz Kuszewski. CT segmentation based on MRI images in context of prostate radiotherapy planning. *IEEE International Conference on Imaging Systems and Techniques*, Październik 2013, Beijing, Chiny, s. 169-173.
doi: 10.1109/IST.2013.6729685
materiały konferencyjne indeksowane w WoS, **lista MNiSW = 10 pkt⁴**
Udział procentowy = 75%
- [AS10] Andrzej Skalski, Artur Kos, Tomasz Zieliński. Using ASM in CT Data Segmentation for Prostate Radiotherapy. *Computer Vision and Graphics*, wolumen 7594 serii Lecture Notes in Computer Science, Springer, Wrzesień 2012, s. 610-617.
doi: 10.1007/978-3-642-33564-8_73

³Według listy MNiSW z 2013 roku

⁴Według listy MNiSW z 2013 roku

materiały konferencyjne indeksowane w WoS, lista MNiSW = 10 pkt⁵
Udział procentowy = 70%

Sumaryczna wartość współczynnika IF po uzyskaniu stopnia doktora wynosi 16.064 (jednotematyczny cykl publikacji = 8.376), sumaryczna liczba punktów MNiSW po uzyskaniu stopnia doktora wynosi 639.5 pkt (jednotematyczny cykl publikacji = 185 pkt).

W ramach przedstawionego cyklu współautorami publikacji są między innymi lekarze (dr hab. n. med. Tomasz Drewniak, dr n. med. Piotr Kędzierawski, lek. Izabela Ciepela, lek. Jacek Jakubowski) i fizycy medyczni (dr hab. n. med. Paweł Kukołowicz, prof. COI, mgr Tomasz Kuszewski) odpowiedzialni za zgromadzenie obrazowej bazy danych oraz wykonanie obrysów, natomiast nieuczestniczący w przygotowaniu rozwiązań algorytmicznych czy technicznych.

⁵Według listy MNiSW z 2010 roku

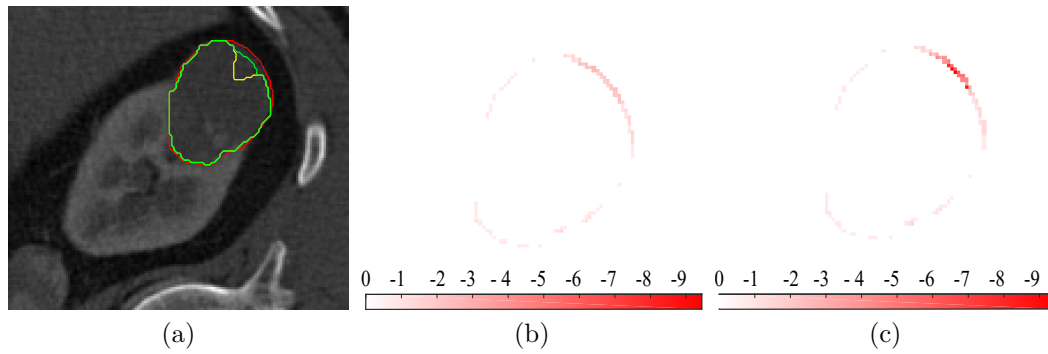
3 Opis osiągnięcia naukowego

3.1 Cel naukowy

Nieustający rozwój techniczny umożliwia zwiększenie skuteczności diagnostyki jak i terapii pacjentów z chorobą nowotworową. Obecnie jedną z głównych ról odgrywają techniki obrazowania medycznego [25, 17] m.in. tomografia komputerowa (CT, ang. *Computed Tomography*) czy rezonans magnetyczny (MRI, ang. *Magnetic Resonance Imaging*). Rozwój algorytmów przetwarzania i analizy obrazów medycznych w kontekście badania pacjentów z chorobą nowotworową następuje wielotorowo. Jednym z głównych nurtów jest automatyzacja budowy trójwymiarowych modeli struktur anatomicznych i/lub zmian patologicznych na podstawie danych obrazowych. Z punktu widzenia algorytmicznego, metody te należą do grupy algorytmów segmentacji (ang. *image segmentation*).

Trójwymiarowe, cyfrowe modele struktur anatomicznych wykorzystywane są między innymi w procesie planowania radioterapeutycznego czy minimalizacji inwazyjności zabiegów chirurgicznych. Metody i algorytmy tworzenia takich modeli były i są w moim kręgu zainteresowań naukowych. Z punktu widzenia samego procesu, czy też zabiegu chirurgicznego istotna jest również dokładność tak przygotowanego modelu. Dokładność ta rozumiana jest jako zdolność do prawidłowego odtworzenia przestrzennej geometrii obiektu, przy czym w przypadku danych obrazujących nowotwór bardzo istotne jest czy otrzymany model obejmuje całą zmianę nowotworową czy też nie, przy jednoczesnej minimalizacji objętości tkanki zdrowej. Przykład takiej sytuacji przedstawiono na rysunku 3.1. Pokazuje on konieczność doboru metod ewaluacji/walidacji nie tylko ze względu na rodzaj problemu numerycznego lub algorytmicznego (segmentacja, dopasowanie obrazów, śledzenie), ale również ze względu na kontekst medyczny. W przykładzie pokazanym na rysunku 3.1 wykorzystanie, któregoś z przykładowych konturów spowodowałoby niewłączenie zmiany nowotworowej w obrys, co mogłoby skutkować błędnym planem leczenia. Podsumowując, celem naukowym prezentowanego osiągnięcia naukowego było opracowanie skutecznych metod segmentacji jak i ewaluacji/walidacji tego typu metod w kontekście danych obrazowych pacjentów z chorobą nowotworową.

Badania naukowe w zakresie przetwarzania i analizy obrazów medycznych są głównym polem moich działań po uzyskaniu stopnia doktora nauk technicznych w 2009 roku. Ta problematyka mieści się w dyscyplinie Inżynieria Biomedyczna (poprzednio: Biocybernetyka i Inżynieria Biomedyczna). Podsumowaniem tych badań jest jednotematyczny cykl publikacji wskazany w rozdziale 2.2, złożony z 10 publikacji, z których 4 stanowią artykuły z czasopism z listy JCR oraz 6 artykułów konferencyjnych indeksowanych w bazie Web of Science. W rozdziałach 3.2, 3.3, 3.4 oraz 3.5 przedstawiono zaproponowane rozwiązania oraz uzyskane wyniki.



Rysunek 3.1: Przykładowe obrysy nowotworu nerki (Rozmiar piksela $0.7422 \times 0.7422 \text{ mm}^2$). (a) Przekrój CT z obrysami (czerwony - obrys eksperta, zielony - obrys nie zawierający całej zmiany nowotworowej o zbliżonej odległości do obrysu eksperta, żółty - obrys z dodatkowym lokalnym błędem estymacji); (b) Odległość z uwzględnieniem znaku pomiędzy czerwonym oraz zielonym konturem; (c) Odległość z uwzględnieniem znaku pomiędzy czerwonym oraz żółtym konturem; Znak minus wskazuje, iż obrys jest lokalnie wewnątrz obrysu odniesienia. [AS1]

W rozdziale 4 pokazano pozostałą działalność naukowo-badawczą wykraczającą poza jednotematyczny cykl.

O istotności prezentowanej tematyki oraz zainteresowaniu nią innych naukowców świadczy między innymi wzrastająca liczba publikacji dotycząca segmentacji obrazów¹. Baza IEEE Xplore zaindeksowała, 4166 (2014 r.), 4500 (2015 r.), 4411 (2016 r.) oraz 4969 (2017 r.) publikacji powiązanych z tą tematyką. Na świecie organizowanych jest wiele prestiżowych konferencji poświęconych przetwarzaniu i analizie obrazów medycznych (np. *The IEEE International Symposium on Biomedical Imaging - IEEE ISBI*, *International Conference On Medical Image Computing & Computer Assisted Intervention - MICCAI*, *IEEE Imaging Systems and Techniques - IEEE IST*, *International Conference of IEEE Engineering in Medicine and Biology Society - IEEE EMBC*) posiadających bardzo rozbudowane sesje dotyczące wspomnianej tematyki.

3.2 Segmentacja GTV dla potrzeb planowania radioterapeutycznego pacjentów z nowotworem prostaty

Jednym z przykładów wykorzystania przetwarzania i analizy obrazów jest radioterapia. Podczas planowania procesu radioterapeutycznego lekarz radioterapeuta obrysowuje w danych z tomografii komputerowej dwa rodzaje struktur. Pierwszy rodzaj to struktury, do których powinno zostać dostarczone promieniowanie (GTV, ang. *Gross Tumor Volume*), natomiast drugi to struktury anatomiczne, które przed tym promieniowaniem powinny być chronione (OAR, ang. *Organ at Risk*). Dodatkowo na bazie GTV wyznaczane są kliniczne objętości docelowe (CTV, ang. *Clinical Target Volume*) uwzględniające dodatkowe marginesy związane z miejscami gdzie może występować zmiana na poziomie molekularnym niewidoczna w obrazowaniu. Ze względu na ruchomość objętości CTV czy też niepewność związaną z ułożeniem pacjenta wprowadza się koncept geometryczny uwzględniający te parametry zwany

¹Dane liczbowe otrzymano poprzez wpisanie hasła kluczowego *image segmentation* w bazie IEEE Xplore (<http://ieeexplore.ieee.org>) z rozróżnieniem roku publikacji, dostęp: 23.09.2018

planową objętością docelową (PTV, ang. *Planning Target Volume*) [3]. Kluczową kwestią pozostaje obrysowanie takich struktur. W swoich badaniach skupiłem się na segmentacji prostaty, która stanowi duże wyzwanie w kontekście wyznaczenia granicy pomiędzy prostatą a okolicznymi strukturami anatomicznymi. Związane jest to z bliskością między innymi pęcherza, który dodatkowo ma przypisane bardzo zbliżone wartości HU (ang. *Hounsfield Unit*) w danych CT. W związku z tym zaproponowałem użycie algorytmu umożliwiającego wykorzystanie wiedzy *a priori* o geometrii segmentowanej struktury.

Algorytmem spełniającym te założenia są Aktywne Modele Kształtu (ASM, ang. *Active Shape Model*) zaproponowane przez Cootes'a [6]. Kształt segmentowanych struktur jest ograniczany przez statystyczny model kształtu, który zawiera zmienność osobniczą wyznaczoną na podstawie zbioru uczącego złożonego z danych obrysowanych przez ekspertów. Metoda ta została zaproponowana w kontekście rozpoznawania twarzy, później wzbogacona o informację dotyczącą tekstury (AAM, ang. *Active Appearance Model*) [9]. Głównym problemem związanym z tymi metodami jest wyznaczenie/wskazanie punktów (ang. *landmarks*) należących do obrysów w zbiorze uczącym. Co istotne, liczba punktów musi być taka sama we wszystkich danych wykorzystywanych do budowy modelu. Dodatkowo, konieczne jest określenie, który punkt odpowiada któremu w pozostałych danych uczących. Właściwość ta znana jest w literaturze jako *correspondence problem* i jest głównie związana z komputerową wizją np. w kontekście stereowizji [19]. W przypadku dwuwymiarowym korespondencję pomiędzy punktami w wielu przypadkach można określić manualnie, zwłaszcza gdy liczba punktów jest stosunkowo niewielka. Niestety w przypadku danych trójwymiarowych na przykład pochodzących z CT jest to niemożliwe.

W kontekście trójwymiarowych danych medycznych zaproponowałem dwa rozwiązania umożliwiające wyznaczenie punktów w danych uczących oraz określenie wzajemnych korespondencji pomiędzy nimi [AS10, AS7]. Pierwsze zaproponowane rozwiązanie jest modyfikacją koncepcji zaproponowanej w kontekście segmentacji serca [11]. Modyfikacja wykorzystuje jednoczesne dopasowanie wielu obrazów (GIR, ang. *Groupwise Image Registration*) [1] w przeciwieństwie do pierwotnego algorytmu wykorzystującego atlasy statystyczne [11]. Dopasowanie obrazów wykorzystujące miary podobieństwa pomiędzy wartościami obrazów (np. suma kwadratów różnic, znormalizowana informacja wzajemna, współczynnik korelacji) jest jednak bardzo czasochłonne zwłaszcza dla większej liczby danych obrazowych. Na wynik dopasowania wpływa zarówno struktura, którą dopasowujemy jak i pozostałe woksele. W konsekwencji, udział w funkcji podobieństwa pomiędzy obrazami zależy od wielkości tej struktury.

Zaproponowanym rozwiązaniem tego problemu jest dopasowanie wykorzystujące tylko struktury anatomiczne obrysowane przez ekspertów, z których budowany jest model statystyczny. Takie podejście przedstawiłem w [AS7]. Idea algorytmu sprowadza się do automatycznej generacji punktów na powierzchni obrysów ekspertów z użyciem dobrze znanego algorytmu *Marching Cubes* [16]. W wyniku powstają chmury punktów/siatki, które mogą zostać dopasowane. Dopasowanie jest przeprowadzane lokalną metodą iteracyjnego najbliższego punktu (ang. *Non-rigid Iterative Closest Point*). Wykorzystanie do dopasowania tylko informacji dotyczącej obrysu minimalizuje wady podejścia bazującego na wartościach obrazów. Poprzez dopasowanie do jednej losowo wybranej chmury/siatki możliwa jest propagacja punktów z tej chmury/siatki na pozostałe obrysy. W wyniku, zapewniona zostaje taka sama liczba punktów w każdym z obrysów oraz wzajemna korespondencja pomiędzy nimi.

Dla każdego z punktów zapamiętywane są również cechy obrazowe. W przeciwieństwie do rozwiązań znanych z literatury bazujących na dopasowaniu obrazów między sobą lub do atlasów statystycznych (np. [11, 10]), zaproponowane rozwiązanie jest szybsze i umożliwia budowę modelu, który uwzględnia dowolne cechy obrazowe (np. histogramy zorientowanych gradientów jak pokazałem w [AS7]).

W sytuacji gdy nie dysponujemy dostatecznie dużą bazą danych konieczną do zbudowania wiarygodnego modelu segmentowanej struktury można wykorzystać inne podejście. W przypadku struktur takich jak prostata pojawia się już wspomniany problem widoczności granicy pomiędzy organami. W takiej sytuacji możliwe jest wykorzystanie innej modalności lepiej obrazującej taką granicę. Ze względu na sposób powstawania obrazów, obrazy MRI lepiej różnicują strukturę tkanek miękkich, a co za tym idzie ułatwiają proces segmentacji. W pracy [AS8] zaproponowałem wykorzystanie trójwymiarowej metody aktywnych konturów [14] z GVF (ang. *Gradient Vector Flow*) [26] do segmentacji prostaty.

Ze względu na znane problemy tego algorytmu z zachowaniem stabilności położenia konturu w miejscach granicy pomiędzy obiektem a tłem (przy niedominującej wartości modułu gradientu) zaproponowałem wprowadzenie dodatkowych ograniczeń dotyczących poszukiwanego obiektu. W tym celu aproksymowano elipsoidy na lekarskich obrysach prostat. Zbadano, zakres zmienności długości półosi elipsoid, które zostały wykorzystane w funkcji korygującej jako dodatkowa energia w równaniu ewolucji konturu [AS8]. Ze względu na fakt, iż proces planowania leczenia radioterapeutycznego wykonywany jest na danych CT konieczne jest przeniesienie wyników segmentacji na te dane. Wykorzystanie CT wynika z zawartej w danych informacji na temat pochłaniania promieniowania rentgenowskiego przez tkanki pacjenta. Takie właściwości tkanek nie są zawarte w danych MRI. W [AS9] wykorzystałem złożenie globalnego (transformacja afiniczna) i lokalnego, multimodalnego dopasowania obrazów (*B-Spline Free Form Deformation* zaproponowanego pierwotnie przez Rueckert'a [18]). Takie podejście umożliwia przeniesienie wyników segmentacji danych MRI na dane CT tego samego pacjenta.

3.3 Segmentacja danych tomograficznych w kontekście minimalizacji inwazyjności zabiegów nerko-oszczędnych

Problem segmentacji struktur anatomicznych pacjentów nowotworowych nie dotyczy tylko kwestii planowania leczenia radioterapeutycznego. Innym ważnym zagadnieniem jest planowanie operacji chirurgicznych w kontekście minimalizacji inwazyjności tych zabiegów. Przykładem takiej procedury może być nefrektomia oszczędzająca (PN, ang. *Partial Nephrectomy*), która polega na usunięciu zmiany nowotworowej nerki i pozostawieniu maksymalnie dużej objętości zdrowej części nerki. Takie podejście stosowane jest głównie w przypadku mniejszych nowotworów. Zapewnia mniejsze komplikacje pooperacyjne przy jednoczesnym zachowaniu podobnych rokowań onkologicznych w porównaniu z całkowitym usunięciem nerki.

Kluczowym zagadnieniem przy tego typu zabiegach jest prawidłowe zaplanowanie procedury. W tym celu konieczna jest wizualizacja lub budowa trójwymiarowego modelu nerki wraz z wyróżnieniem wewnętrznych struktur nerki takich jak: naczynia krwionośne, układ kielichowo-miedniczkowy czy sama zmiana nowotworowa [23].

Jednym z możliwych rozwiązań jest wykorzystanie diagnostycznej tomografii komputerowej, którą każdy pacjent ma wykonywaną przed zabiegiem. W przeciwieństwie do wizualizacji, segmentacja struktur umożliwia również wykonanie pomiarów oraz określenie wzajemnych relacji pomiędzy strukturami anatomicznymi. Przykładowo, informacja o przebiegu naczyń krwionośnych pozwala na przeprowadzenie zamknięcia naczynia zasilającego guza przy jednoczesnym zapewnieniu dopływu krwi do zdrowych tkanek nerki. Dodatkowo, znajomość wzajemnych relacji struktur umożliwia optymalne zaplanowanie trajektorii narzędzia chirurgicznego czy pola operacyjnego.

Najważniejszym zadaniem w budowie trójwymiarowego modelu jest segmentacja nerki oraz zmiany nowotworowej. Do tej pory badania naukowców skupiały się na segmentacji zdrowej nerki (np. [27, 13]). Wynikało to głównie z bardzo dużej zmienności osobniczej spowodowanej różnym rozmieszczeniem, typem i wielkością zmiany nowotworowej. Zmiana może mieć charakter guza lub mieć postać rozproszoną wewnątrz nerki. W konsekwencji uniemożliwia to wykorzystanie najbardziej obiecujących metod wykorzystujących wiedzę *a priori* na temat geometrii struktury. Żeby rozwiązać ten problem zaproponowałem wykorzystanie zmodyfikowanej hybrydowej metody zbiorów poziomicowych (HLS, ang. *hybrid level set*) [28]. Jednym z problemów występujących w pierwotnej metodzie zbiorów poziomicowych jest wykorzystanie tylko informacji gradientowej co w przypadku słabo określonych granic pomiędzy obiektem a tłem prowadzi do nieprecyzyjnej segmentacji. Rozwiązaniem tego problemu było zaproponowanie modelu *Chan-Vese* [4] wykorzystującego informację o wartościach tła oraz obiektu, który podczas ewolucji estymuje między innymi wariancję wewnątrz i na zewnątrz ewoluującego konturu (poziomicy). Takie rozwiązanie będzie nieskuteczne w sytuacji dobrze określonych krawędzi między obiektem i tłem oraz co ważniejsze w omawianym kontekście, w sytuacji zróżnicowanego tła [28]. W przypadku segmentacji nerki, tło rozumiane jako woksele niestanowiące segmentowanej struktury jest bardzo złożone. W skład niego wchodzi między innymi struktury kostne, tkanki miękkie, powietrze wypełniające organy takie jak płuca czy jelita. To przekłada się na bardzo duże zróżnicowanie wartości tła. Podejście hybrydowe [28] rozwiązuje ten problem, wprowadzając jeden parametr będący ograniczeniem dolnym wartości obiektu.

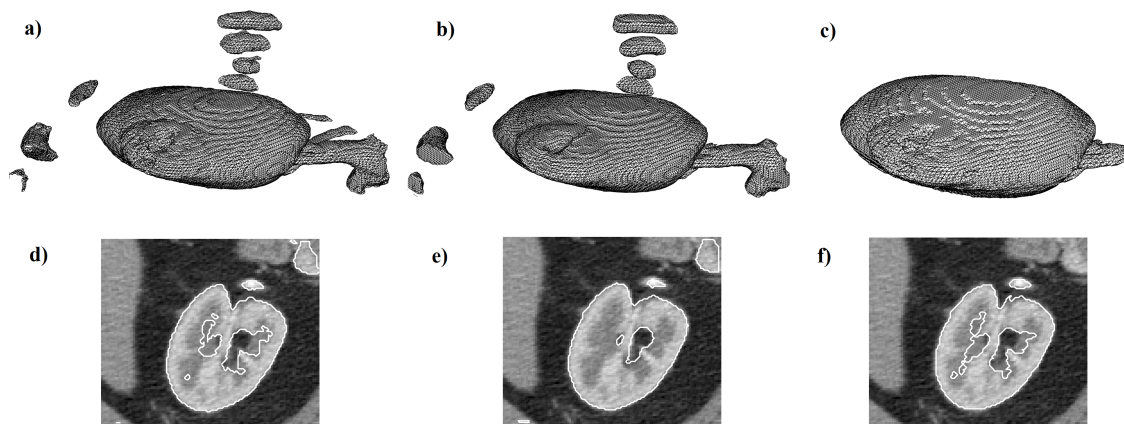
Drugim istotnym problemem występującym przy segmentacji obrazowych danych medycznych jest bliskość innych struktur anatomicznych. W przypadku nerki taką strukturą jest wątroba. W tej sytuacji segmentacja z wykorzystaniem HLS prowadzi do ekspansji ewoluującego konturu na sąsiednie struktury. Sytuację tą obrazuje rysunek 3.2 gdzie możemy zaobserwować proces przelewania na sąsiednie obiekty (Rysunek 3.2 a,b,d,e)

Tabela 3.1: Skuteczność segmentacji nerki [AS5]

	DSC	dH_{\max}	dH_{avg}
wartość średnia	0.862	19.63	2.37
odchylenie standardowe	0.039	4.99	0.62

W związku z tym, w pracy [AS5] zaproponowałem rozszerzenie równania ewolucji o składnik odpowiedzialny za kształt segmentowanego obiektu. W tym przypadku zaproponowałem ograniczenia w postaci elipsoidalnej. Wykorzystanie dodatkowych ograniczeń znacząco redukuje problem ekspansji na sąsiednie struktury. Co więcej, w zależności od pożądanego efektu, zaproponowano dwa warianty ograniczeń,

3.3. SEGMENTACJA DANYCH TOMOGRAFICZNYCH W KONTEKŚCIE MINIMALIZACJI INWAZYJNOŚCI ZABIEGÓW NERKO-OSZCZĘDNYCH



Rysunek 3.2: Wpływ poszczególnych składników równania ewolucji HLS na wynik segmentacji. a) - c) Trójwymiarowa wizualizacja wyników; d) - f) Przykładowy przekrój z wynikami segmentacji (biały kontur). a) i d) tylko składnik odpowiadający za rozkład wartości; b) i e) składnik odpowiadający za rozkład wartości oraz krawędzie; c) i f) składnik odpowiadający za rozkład wartości oraz krawędzie wraz z ograniczeniem na kształt poszukiwanej struktury. [AS5]

które w wyniku zwracają wewnętrzną strukturę nerki lub nerkę jako całość. Ma to istotne znaczenie na kolejnych etapach polegających na zróżnicowaniu struktur wewnątrz nerki. Otrzymane wyniki zostały porównane z obrysami lekarzy. Wyznaczone współczynniki Dice'a (DSC) i maksymalne oraz średnie odległości Hausdorffa (dH_{max} , dH_{avg}) potwierdzają skuteczność zaproponowanego rozwiązania (Tabela 3.1). Takie rozwiązanie może zostać z powodzeniem wykorzystane w systemach planowania zabiegu PN.

Z punktu widzenia planowania zabiegu oprócz samej nerki istotne są również struktury wewnątrz niej. Struktury wewnątrz nerki można wyznaczyć wykorzystując zmodyfikowane klasyczne metody segmentacji. Podobnie jak w przypadku metody zbiorów poziomicowych bardzo często problemem jest ekspansja algorytmów na inne struktury. W tym wypadku wyniki segmentacji mogą być ograniczane wcześniej wysegmentowaną nerką tak jak w [AS4]. W tym przypadku wyniki segmentacji posłużyły do ograniczenia objętości poddanej segmentacji, której celem był układ miedniczkowo-kielichowy.

Tabela 3.2: Macierz pomyłek dla klasyfikacji struktur wewnątrz nerki (10-krotny sprawdzian krzyżowy). [AS5]

		Wynik zaproponowanego algorytmu		
		N. krwionośne	Nerka	Nowotwór
Prawdziwa Klasa	N. krwionośne	80.4%	18.1%	1.4%
	Nerka	5.4%	90.7%	3.8%
	Nowotwór	0.4%	3.6%	96%

Do problemu segmentacji struktur można podejść również wykorzystując metody uczenia maszynowego (ang. *machine learning*). W publikacji [AS6] zaproponowałem takie podejście mające na celu podział wokseli na 3 klasy: naczynia krwionośne, nowotwór, pozostałe struktury nerki. Dla wokseli w obrębie wysegmentowanej nerki zgodnie z metodologią przedstawioną w [AS5] wyznaczono 64-elementowe wektory cech. Jako cechy zaproponowano: znormalizowaną wartość przypisaną do woksela,

wartość średnią, odchylenie standardowe, moduł gradientu, odpowiedzi z detektora krawędzi Harrisa, histogramy kierunków gradientu (HOG, ang. *Histogram of Oriented Gradients*) oraz sumę binarną wysegmentowanego obrazu. Ze względu na nierównomierność rozkładu klas podczas klasyfikacji wykorzystano RUSBoost [20, 21]. Otrzymane wyniki ilościowe (Tabela 3.2) jak i jakościowe dla nowotworów zlokalizowanych wewnątrz jak i na zewnątrz nerki potwierdzają skuteczność zaproponowanego rozwiązania. Według posiadanej wiedzy było to pierwsze znane w literaturze rozwiązanie umożliwiające podział nerki ze zmianą nowotworową na osobne struktury (nerka, naczynia krwionośne, zmiana nowotworowa).

3.4 Ewaluacja algorytmów segmentacji danych pacjentów z chorobami nowotworowymi

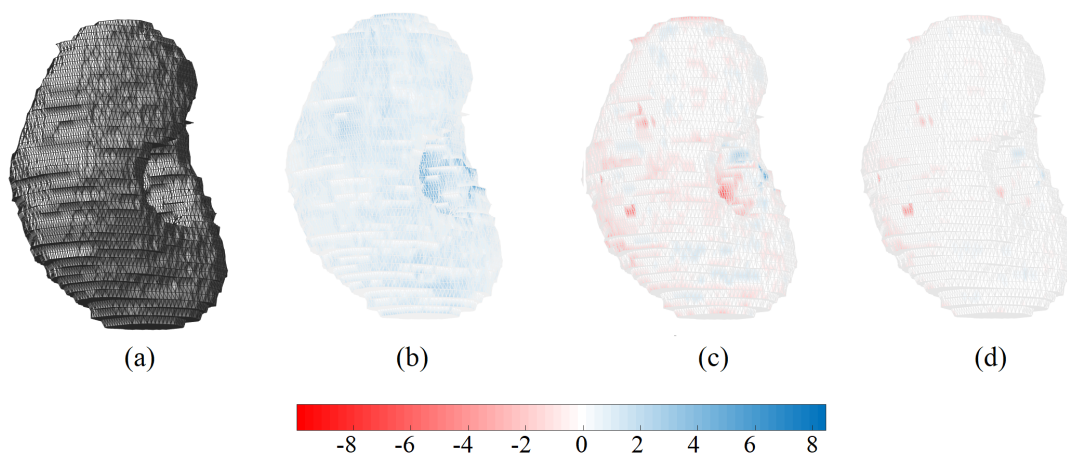
W przypadku algorytmów segmentacji obrazów medycznych bardzo istotne jest przeprowadzenie odpowiedniej ewaluacji/walidacji metody. Błędnie przeprowadzona lub niedostosowana do aplikacji ewaluacja może prowadzić do błędnej diagnozy lub terapii. Obecnie do oceny wyników segmentacji stosuje się porównanie uzyskanych wyników z obrysami ekspertów (lekarzy) poprzez wyliczenie globalnych miar objętościowych (np. współczynnik Dice'a [8]) lub odległościowych (np. odległość Hausdorff'a [12]). Biorąc pod uwagę znane zagadnienia związane z ewaluacją algorytmów segmentacji, nie zawsze takie podejście jest wystarczające.

Pierwsza kwestia dotyczy dostępności obrysów eksperckich. W sytuacji gdy dane obrazowe zostały obrysowane przez więcej niż jednego eksperta lub jeden ekspert obrysował je kilkukrotnie zasadne jest wykorzystanie informacji o rozrzutach w obrysach pomiędzy ekspertami (ang. *inter-observer variability*) lub obrysów tego samego eksperta (ang. *intra-observer variability*) do ewaluacji algorytmów. Bardzo często w takiej sytuacji proponuje się wyznaczenie z dostępnych obrysów struktury anatomicznej "wiarygodnego" obrysu stanowiącego obrys odniesienia (np. [24, 5]). W publikacji [AS3] zaproponowałem inne podejście. Bazuje ono na wykorzystaniu trójwymiarowej Euklidesowej transformacji odległości ze znakiem uwzględniającej anizotropię danych medycznych. W przeciwieństwie do wyznaczania jednego konturu odniesienia zaproponowałem odnoszenie wyników segmentacji do lokalnie wyznaczonego rozrzutu tych obrysów.

Zaletą takiego podejścia jest możliwość lokalizacji obszaru/powierzchni struktury anatomicznej gdzie występują problemy z segmentacją. W szczególności, nie każda część obszaru/powierzchni obiektu jest równie ważna. Przykładowo, w przypadku leczenia pacjentów onkologicznych, kluczowe jest odtworzenie struktury guza, tak aby wszystkie komórki rakowe znajdowały się w wysegmentowanym obiekcie. Inny przykład pokazano w [22]. Autorzy przedstawili problem lokalizacji unaczynienia lub miejsca mocowania więzadła do kości, gdzie wynik segmentacji większy lub mniejszy tylko o 2% objętości struktury może być kluczowy w pewnych rejonach segmentowanego obiektu. Jest to również kwestia określenia konturu odniesienia i jego wiarygodności. W przypadku danych nowotworowych granica pomiędzy guzem a zdrową tkanką często jest rozmyta. Utrudnia to wskazanie granicy pomiędzy tkanką zdrową a nowotworową w jednoznaczny sposób. Innym przykładem są artefakty związane z oddychaniem pacjenta w niektórych rodzajach obrazowania, np. PET / CT [15]. Przedstawione przykłady pokazują, że lepszym rozwiązaniem może

być odnoszenie wyników segmentacji do lokalnie wyznaczonego rozrzutu obrysów eksperckich. [AS1]

Rozwinięciem koncepcji lokalnej estymacji było zaproponowanie dwóch metod ewaluacji wyników segmentacji w zależności od dostępności dodatkowych obrysów eksperckich [AS1]. Pierwszy wariant, zakłada posiadanie zbiorów obrysów tych samych struktur wykonanych przez jednego lub wielu ekspertów. Zaproponowana metoda pozwala na lokalne uwzględnienie rozrzutów eksperckich. W wariacie drugim, gdy dostępny jest tylko jeden obrys struktury możliwe jest określenie lokalnych odległości pomiędzy obrysem a wynikami segmentacji. Co więcej, zaproponowano podejście umożliwiające lokalne określenie typu błędu w obu wariantach. Jest to niezwykle istotne w kontekście danych pacjentów z chorobą nowotworową. Zaproponowana przez ze mnie metoda dostarcza informacji czy w danym obszarze struktury występuje błąd typu pierwszego czy drugiego. Przykład takiej ewaluacji przedstawiono na rysunku 3.3. Wartości rozrzutu są wyliczane lokalnie dla każdego punktu obrysu. Znak informuje o typie błędu: znak plus błąd typu I, znak minus błąd typu II.

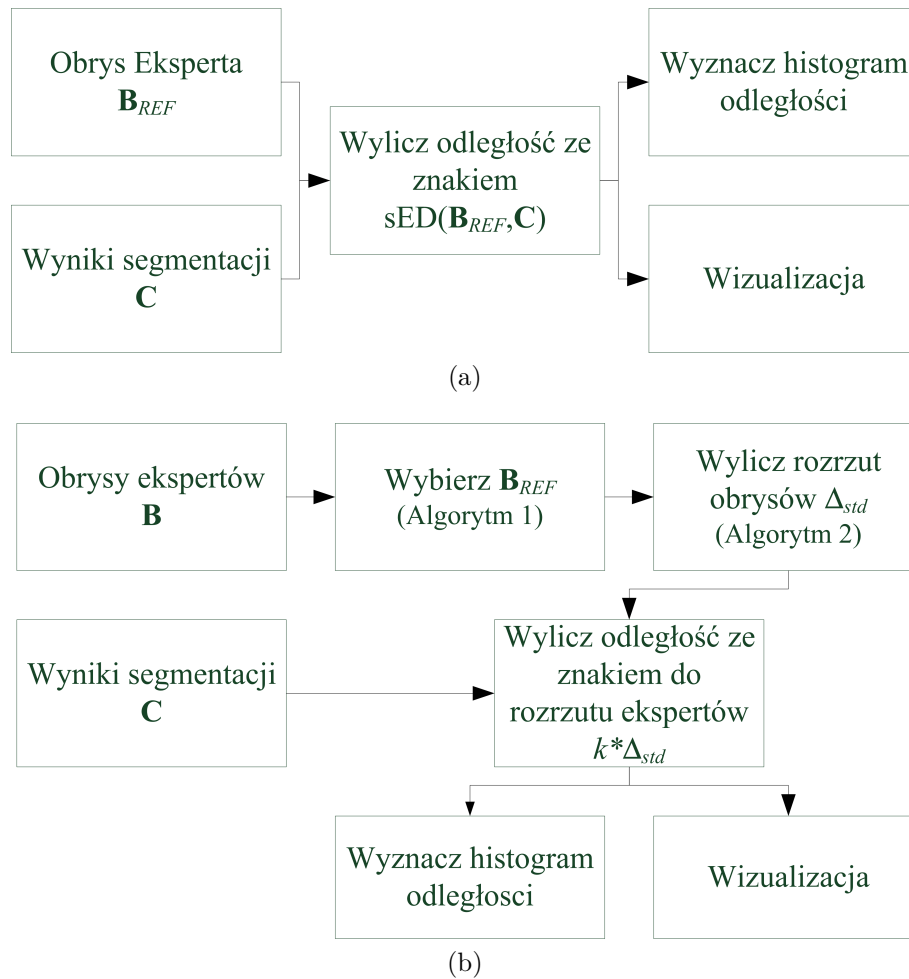


Rysunek 3.3: Przykładowa wizualizacja oceny wyników segmentacji nerki z danych CT (wartości w mm). (a) Powierzchnia nerki; (b) lokalne odchylenie standardowe obrysów eksperckich; (c) odległość pomiędzy obrysem eksperckim a wynikami segmentacji; (d) Odległość pomiędzy lokalnym odchyleniem standardowym obrysów a wynikami segmentacji. [AS1]

Zaproponowana metoda bazuje na czterech conceptach [AS1]:

1. jeżeli dostępne jest więcej obrysów tej samej struktury to powinno się wykorzystać ich rozrzut jako odniesienie podczas ewaluacji;
2. jeżeli wykorzystuje się rozrzut pomiędzy obrysami to powinien być o wyznaczany lokalnie oddzielnie dla każdego punktu segmentowanej struktury;
3. jeżeli nie jest możliwe określenie "prawdziwego" położenia granicy pomiędzy segmentowaną strukturą a tłem, do ewaluacji wyników segmentacji powinno się wykorzystać lokalny rozrzut (jeżeli dostępna jest większa liczba obrysów), a nie pojedynczy obrys.
4. metoda ewaluacji, ze względu na typ danych oraz zastosowanie wyników segmentacji, powinna umożliwiać lokalne rozróżnienie typów błędów.

Schemat blokowy zaproponowanego rozwiązania bazującego na tych założeniach przedstawiono na rysunku 3.4.



Rysunek 3.4: Schemat blokowy zaproponowanej metody ewaluacji; (a) ewaluacja gdy dostępny jest tylko jeden obrys struktury; (b) ewaluacja gdy dostępna jest większa liczba obrysów tej samej struktury. Opis w tekście. [AS1]

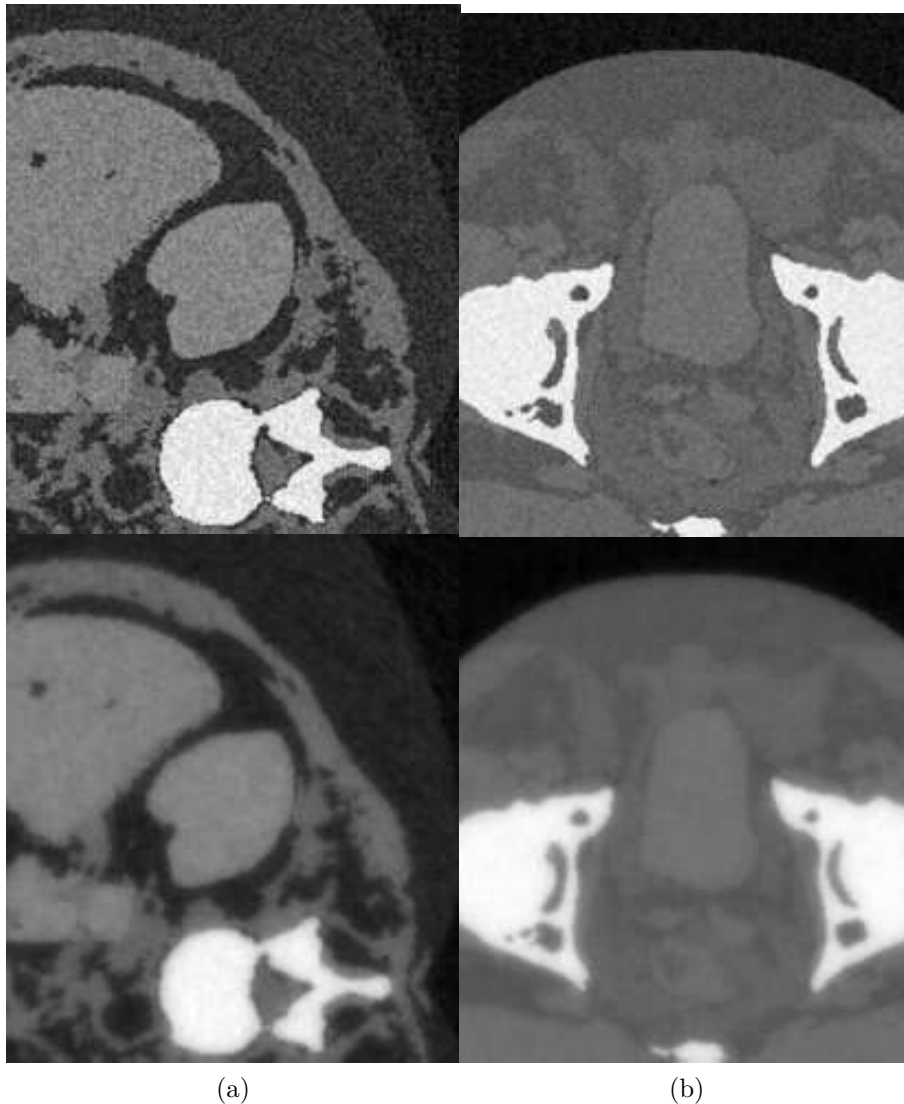
Pierwszy scenariusz zakłada posiadanie tylko jednego obrysu eksperta \mathbf{B}_{REF} oraz wyników segmentacji \mathbf{C} . Wyliczenie odległości ze znakiem $sED(\mathbf{B}_{REF}, \mathbf{C})$ wraz z rzutowaniem odległości zaproponowanym w [AS1] umożliwia przedstawienie wyników w postaci histogramu odległości pomiędzy wynikami segmentacji a obrysem eksperta oraz wizualizacji odległości na trójwymiarowej powierzchni.

W sytuacji gdy więcej obrysów jest dostępnych, możliwe jest wyznaczenie lokalnego rozrzutu ekspertów (Δ_{std}) i odnoszenie wyników segmentacji do niego. Przykładowo, rozrzut może zostać zdefiniowany poprzez krotność lokalnego odchylenia standardowego rozrzutów $k * \Delta_{std}$. Szczegóły implementacyjne algorytmów znajdują się w [AS1].

Skuteczność proponowanego rozwiązania została pokazana nie tylko na rzeczywistych danych tomograficznych ale również na syntetycznych danych ze znaną granicą pomiędzy strukturami. Do generacji danych syntetycznych zaproponowałem metodę składającą się z następujących kroków [AS1]:

- Przygotuj trójwymiarowe binarne maski struktur anatomicznych, które mają występować w danych.

- Przypisz do masek wartości odpowiadające danym strukturom w skali HU.
- Dodaj szum w celu generacji tekstury.
- Zrekonstruuj dane z wykorzystaniem algorytmów rekonstrukcji: *Filtered Back-projection* (FBP) lub *Simultaneous Iterative Reconstruction Technique* (SIRT).



Rysunek 3.5: Dane syntetyczne wygenerowane ze znanymi granicami pomiędzy strukturami (ang. *ground truth*). (a) Przykładowe przekroje syntetycznych wygenerowanych, trójwymiarowych danych tomograficznych przedstawiające nerkę (b) Przykładowe przekroje syntetycznych, trójwymiarowych danych tomograficznych przedstawiające pęcherz. Pierwszy wiersz - rekonstrukcja FBP; Drugi wiersz - rekonstrukcja SIRT [AS1]

Takie podejście zapewniło właściwości danych syntetycznych bardzo zbliżone do rzeczywistych obrazów tomograficznych. Dysponując tego typu danymi posiadamy wiedzę o prawdziwej lokalizacji granicy. Co więcej, ze względu na bardzo duże podobieństwo danych do rzeczywistych obrazów tomograficznych, wyniki ewaluacji są bardziej wiarygodne niż te z wykorzystaniem sztucznych danych przedstawiających abstrakcyjne obiekty. Przykładowe efekty zaproponowanego podejścia przedstawia rysunek 3.5.

3.5 Ewaluacja algorytmów dopasowania obrazów tomograficznych pacjentek z nowotworem piersi

Problem wiarygodnej ewaluacji metod przetwarzania i analizy obrazów nie dotyczy tylko algorytmów segmentacji. Jak pokazano w rozdziale 3.4 metoda ewaluacji powinna uwzględniać również cel działania algorytmów. W przypadku dopasowania obrazów najbardziej popularną metodą ewaluacji jest porównanie położenia pomiędzy punktami charakterystycznymi wskazanymi przez ekspertów a uzyskanymi z dopasowania obrazów. Jako miarę zwykle przyjmuje się błąd dopasowania docelowego (TRE, ang. *target registration error*) [7]. Ograniczeniem przy wykorzystaniu takiego podejścia jest problem dokładności wskazywanych punktów. Czasami bardzo trudno jest wskazać punkty charakterystyczne na dwóch obrazach zwłaszcza w danych trójwymiarowych. W dużo łatwiejszym przypadku wskazywania punktu środkowego cylindrycznych markerów o wymiarach 1x10mm w dwuwymiarowych projekcjach tomografii komputerowej z wiązką uformowaną w stożek (CBCT, ang. *Cone Beam CT*) rozrzut wskazań ekspertów rozumiany jako 3 odchylenia standardowe, w niektórych przypadkach wynosił nawet 1.5mm [AS16p]. Co istotne eksperci wskazywali punkt początkowy i końcowy markera, a środek był wyliczany. Gdy eksperci wskazywali punkt środkowy bezpośrednio rozrzut był znacząco większy. W przypadku danych trójwymiarowych pojawia się również efekt objętości częściowej (ang. *partial volume effect*) [2], który może spowodować błędne wskazanie punktu charakterystycznego przez eksperta.

Oprócz kwestii związanych z dokładnością wskazywanych punktów pojawia się problem z brakiem obiektów w jednych danych, w specyficznych zadaniach dopasowania obrazów. Przykładowo, niemożliwe jest wyznaczenie TRE w przypadku dopasowania obrazów z brakującymi danymi (ang. *image registration with missing data*). Taka sytuacja występuje na przykład dla danych pacjentów onkologicznych po resekcji zmiany nowotworowej. Dopasowując dane przed zabiegiem i po zabiegu resekcji w jednych danych brakuje wokseli reprezentujących nowotwór. Oczywiście uniemożliwia to wskazanie punktów charakterystycznych w danych po resekcji w obrębie zmiany, która została chirurgicznie usunięta. Wskazanie punktów w okolicznych strukturach nie rozwiązuje problemu, ponieważ z punktu widzenia ewaluacji najważniejszy jest obszar guza. W tym kontekście zasadne staje się inne podejście. W [AS2] zaproponowałem wykorzystanie syntetycznych deformacji modelujących efekt resekcji zmiany nowotworowej. Efekt ten można modelować z wykorzystaniem modelu elipsoidy oraz przecięcia dwóch płaszczyzn, które mogą stanowić analog zanikającej objętości łoża nowotworowej oraz blizny powstałej po zabiegu chirurgicznym. Dodatkowo, oba modele mogą zostać połączone aby jednocześnie modelować bliznę oraz zanikającą objętość po usunięciu guza.

3.6 Podsumowanie

W przedstawionym jednotematycznym cyklu publikacji, za najważniejsze osiągnięcia stanowiące, w mojej opinii, znaczący, oryginalny wkład w rozwój dyscypliny inżynieria biomedyczna uważam:

- Opracowanie skutecznego algorytmu segmentacji nerki w danych tomograficznych z dodatkowymi elipsoidalnymi ograniczeniami na kształt ewoluującej

funkcji poziomicowej, które eliminują problem ekspansji na sąsiednie struktury anatomiczne.

- Zaproponowanie metody klasyfikacji wokseli należących do nerki na: naczynia krwionośne, zmiany nowotworowe oraz pozostałe struktury nerki. Wykorzystanie zaproponowanej metody umożliwi budowę trójwymiarowego modelu nerki, który może zostać wykorzystany do planowania zabiegu PN.
- Zaproponowanie dwóch algorytmów propagacji punktów na dane uczące w metodach ASM/AAM i wykorzystanie ich do segmentacji prostaty.
- Opracowanie metody generacji danych syntetycznych, które mogą stanowić etap pośredni walidacji algorytmów segmentacji lub być podstawowym narzędziem oceny w sytuacji braku dostępu do obrysów lekarskich.
- Zaproponowanie metody generacji syntetycznych pól deformacji modelujących geometrię łoża nowotworowej oraz blizny dla potrzeb weryfikacji algorytmów dopasowania obrazów z brakującymi danymi.
- Opracowanie skutecznej i efektywnej metody ewaluacji algorytmów segmentacji, która umożliwi lokalną analizę typów błędów. Wykorzystanie takiego podejścia pozwala na wiarygodną weryfikację algorytmów segmentacji w kontekście segmentacji zmian nowotworowych.

Badania naukowe przedstawione w autoreferacie prowadzone były we współpracy z wieloma ośrodkami w kraju i zagranicą, między innymi: University of Central Lancashire, Preston, Wielka Brytania; The Christie NHS Foundation Trust, Manchester, Wielka Brytania; Communication Sciences Research Center, Cincinnati Children's Hospital Medical Center, Cincinnati, OH, USA; Świętokrzyskie Centrum Onkologii, Kielce; Szpital Miejski Specjalistyczny im. Gabriela Narutowicza w Krakowie; Szpital Specjalistyczny im. Ludwika Rydygiera w Krakowie; Krakowski Szpital Specjalistyczny im. Jana Pawła II; Collegium Medicum UJ, Kraków.

W przyszłości planowany jest rozwój przedstawionych metod, we współpracy z innymi ośrodkami medycznymi oraz naukowymi (m. in. Technical University of Crete, Grecja), umożliwiającymi planowanie trajektorii oraz nawigowanie ruchu narzędzi chirurgicznych podczas zabiegów.

4 Pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze

4.1 Bibliografia - pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze

Poza dorobkiem naukowym wskazanym w cyklu stanowiącym osiągnięcie naukowe moje badania w okresie po uzyskaniu stopnia doktora koncentrowały się głównie na zagadnieniach dotyczących przetwarzania i analizy sygnałów oraz obrazów, w kontekście medycznym, w zakresie:

- rozpoznawania patologii w sygnałach mowy i obrazach HSV (ang. *High Speed Videoendoscopy*). Prace dotyczyły między innymi segmentacji strun głosowych [AS13p], klasyfikacji sygnałów; [AS9p, AS6p, AS11p, AS14p, AS15p],
- śledzenia wczepionych znaczników w projekcjach CBCT [AS16p];
- analizy metrologicznej kontrolera Kinect [AS12p, AS10p];
- opracowania metodyki budowy modeli wewnętrznych struktur nerki [AS8p];
- segmentacji obrazów echokardiograficznych [AS17p];
- prac związanych z dopasowaniem obrazów głównie w kontekście problemu brakujących danych [AS2p, AS3p, AS4p, AS5p, AS1p];
- selekcji cech w kontekście segmentacji obrazów [AS7p].

W załączniku nr 4 do niniejszego wniosku przedstawiono pełny wykaz działalności naukowej, dydaktycznej oraz organizacyjnej m. in.: wykaz projektów naukowo-badawczych, informacje o wykonanych recenzjach manuskryptów artykułów naukowych, informację dotyczące opieki nad studentami i doktorantami, konferencji których byłem organizatorem. Znajdują się tam również wskaźniki bibliometryczne wyliczone w oparciu o bazę Web of Science Core Collection oraz Scopus.

[AS1p] Marek Wodziński, Andrzej Skalski. Resection-based Demons regularization for breast tumor bed propagation. *Image analysis for moving organ, breast, and thoracic images : third international workshop, RAMBO 2018 held in conjunction with MICCAI (Lecture Notes in Computer Science)* ISSN 0302-9743, vol. 11040, Springer, Granada, Spain, September 16 and 20, 2018.

[AS2p] Marek Wodziński, Andrzej Skalski, Piotr Kędzierawski, Tomasz Kuszewski, Izabela Ciepiela. Usage of ICP Algorithm for Initial Alignment in B-Splines

-
- FFD Image Registration in Breast Cancer Radiotherapy Planning. *Polish Conference on Biocybernetics and Biomedical Engineering, (Advances in Intelligent Systems and Computing; ISSN 2194-5357, vol. 647, Springer, Kraków, Poland, September 20-22, 2017, s. 143-152.*
- [AS3p] Marek Wodziński, Andrzej Skalski, Izabela Ciepiela, Tomasz Kuszewski, Piotr Kędzierawski. Volume regularization in explicit image registration used for breast cancer bed localization. *ISBI 2018, 2018 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging* April 4-7, 2018, Washington, USA, s. 173-176.
- [AS4p] Marek Wodziński, Andrzej Skalski, Piotr Kędzierawski, Tomasz Kuszewski. Application of B-splines FFD image registration in breast cancer radiotherapy planning *IWSSIP 2017, International Conference on Systems, Signals and Image Processing*. 22-24 maja 2017, Poznań, Polska, s. 1-5
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS5p] Marek Wodziński, Andrzej Skalski, Izabela Ciepiela, Tomasz Kuszewski, Piotr Kędzierawski. Application of Demons image registration algorithms in resected breast cancer lodge localization. *SPA 2017 : Signal Processing : Algorithms, Architectures, Arrangements, and Applications*, Poznań, 20-22 września 2017, s. 400-405.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS6p] Daria Hemmerling, Joan Rafael Orozco-Arroyave, Andrzej Skalski, Janusz Gajda, Elmar Nöth. Automatic detection of Parkinson's disease based on modulated vowels. *INTERSPEECH 2016*, 8-12 września 2016, San Francisco, USA, s. 1190-1194.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS7p] Artur Kos, Andrzej Skalski, Tomasz P. Zieliński, Diana Gomes, Vítor Sá, Piotr Kędzierawski, Tomasz Kuszewski. Feature selection for automatic CT-based prostate segmentation. *2016 IEEE International Conference on Imaging Systems and Techniques*. 4-6 X 2016, Chania, Crete Island, Greece, s. 243-248.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS8p] Katarzyna Heryan, Andrzej Skalski, Janusz Gajda, Tomasz Drewniak, Jacek Jakubowski. Registration of different phases of contrast-enhanced CT for facilitation of partial nephrectomy. *2016 IEEE International Conference on Imaging Systems and Techniques*. 4-6 X 2016, Chania, Crete Island, Greece s. 255-260.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS9p] Daria Hemmerling, Andrzej Skalski, Janusz Gajda. Voice data mining for laryngeal pathology assessment. *Computers in Biology and Medicine*, 2016 vol. 69, s. 270-276.
IF = 1.836
- [AS10p] Adrian Goral, Andrzej Skalski. Accuracy assessment of Kinect for Xbox One in point-based tracking applications *ICMV 2015, Eighth International Conference on Machine Vision, Proceedings of SPIE vol. 9875*, 19-21 XI 2015, Barcelona, Spain s. 1-6.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)

-
- [AS11p] Daria Panek, Andrzej Skalski, Janusz Gajda, Ryszard Tadeusiewicz. Acoustic analysis assessment in speech pathology detection. *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science* 2015, **25**(3), s. 631–643.
IF = 1.037
- [AS12p] Andrzej Skalski, Bartosz Machura. Metrological analysis of Microsoft kinect in the context of object localization. *Metrology and Measurement Systems* 2015 **22**(4), s. 469–478.
IF = 1.140
- [AS13p] Daria Panek, Andrzej Skalski, Tomasz Zieliński, Dimitar Deliyski. Voice pathology classification based on high-speed videoendoscopy. *EMBC 2015, 37th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 25-29 VIII 2015, Milano, Italy, s.735–738.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS14p] Daria Panek, Andrzej Skalski, Janusz Gajda. Voice pathology detection by fuzzy logic. *I2MTC, 2015 IEEE international Instrumentation and Measurement Technology Conference*, 11-14 V 2015, Pisa, Italy s. 289-293.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS15p] Daria Panek, Andrzej Skalski, Janusz Gajda. Quantification of linear and non-linear acoustic analysis applied to voice pathology detection. *Information technologies in biomedicine vol. 4*, 2014, s. 355–364.
[materiały konferencyjne indeksowane w WoS](#)
- [AS16p] Tom Marchant, Andrzej Skalski, B.J. Matuszewski. Automatic tracking of implanted fiducial markers in cone beam CT projection images. *Medical Physics*, 2012, **39**(3), s. 1322–1334
IF = 2.911
- [AS17p] Andrzej Skalski, Paweł Turcza. Heart segmentation in echo images. *Metrology and Measurement Systems*, 2011 **18**(2), s. 305–314.
IF = 0.764



Bibliografia

- [1] BALCI, S. K., GOLLAND, P., AND WELLS, W. Non-rigid groupwise registration using b-spline deformation model. *The Insight Journal* (2007), 105–121.
- [2] BARRETT, J. F., AND KEAT, N. Artifacts in ct: recognition and avoidance. *Radiographics* 24, 6 (2004), 1679–1691.
- [3] BURNET, N. G., THOMAS, S. J., BURTON, K. E., AND JEFFERIES, S. J. Defining the tumour and target volumes for radiotherapy. *Cancer Imaging* 4, 2 (2004), 153.
- [4] CHAN, T. F., AND VESE, L. A. Active contours without edges. *IEEE Transactions on Image Processing* 10, 2 (2001), 266–277.
- [5] COMMOWICK, O., AKHONDI-ASL, A., AND WARFIELD, S. K. Estimating a reference standard segmentation with spatially varying performance parameters: local map staple. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 31, 8 (2012), 1593–1606.
- [6] COOTES, T. F., TAYLOR, C. J., COOPER, D. H., AND GRAHAM, J. Active shape models-their training and application. *Computer Vision and Image Understanding* 61, 1 (1995), 38–59.
- [7] DATTERI, R. D., AND DAWANT, B. M. Estimation and reduction of target registration error. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention* (2012), Springer, pp. 139–146.
- [8] DICE, L. R. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology* 26, 3 (1945), 297–302.
- [9] EDWARDS, G. J., COOTES, T. F., AND TAYLOR, C. J. Face recognition using active appearance models. In *European Conference on Computer Vision* (1998), Springer, pp. 581–595.
- [10] FRANGI, A. F., NIESSEN, W. J., RUECKERT, D., AND SCHNABEL, J. A. Automatic 3D ASM construction via atlas-based landmarking and volumetric elastic registration. In *Biennial International Conference on Information Processing in Medical Imaging* (2001), Springer, pp. 78–91.
- [11] FRANGI, A. F., RUECKERT, D., SCHNABEL, J. A., AND NIESSEN, W. J. Automatic construction of multiple-object three-dimensional statistical shape models: Application to cardiac modeling. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 21, 9 (2002), 1151–1166.
- [12] HUTTENLOCHER, D. P., KLANDERMAN, G. A., AND RUCKLIDGE, W. J. Comparing images using the hausdorff distance. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 15, 9 (1993), 850–863.
- [13] JIN, C., SHI, F., XIANG, D., JIANG, X., ZHANG, B., WANG, X., ZHU, W., GAO, E., AND CHEN, X. 3d fast automatic segmentation of kidney based on modified aam and random forest. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 35, 6 (2016), 1395–1407.

-
- [14] KASS, M., WITKIN, A., AND TERZOPOULOS, D. Snakes: Active contour models. *International Journal of Computer Vision* 1, 4 (1988), 321–331.
- [15] LIU, C., PIERCE II, L. A., ALESSIO, A. M., AND KINAHAN, P. E. The impact of respiratory motion on tumor quantification and delineation in static PET/CT imaging. *Physics in Medicine & Biology* 54, 24 (2009), 7345.
- [16] LORENSEN, W. E., AND CLINE, H. E. Marching cubes: A high resolution 3d surface construction algorithm. In *ACM siggraph computer graphics* (1987), vol. 21, ACM, pp. 163–169.
- [17] POLLARD, J. M., WEN, Z., SADAGOPAN, R., WANG, J., AND IBBOTT, G. S. The future of image-guided radiotherapy will be MR guided. *The British Journal of Radiology* 90, 1073 (2017), 20160667.
- [18] RUECKERT, D., SONODA, L. I., HAYES, C., HILL, D. L., LEACH, M. O., AND HAWKES, D. J. Nonrigid registration using free-form deformations: application to breast mr images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 18, 8 (1999), 712–721.
- [19] SCHARSTEIN, D., AND SZELISKI, R. A taxonomy and evaluation of dense two-frame stereo correspondence algorithms. *International Journal of Computer Vision* 47, 1-3 (2002), 7–42.
- [20] SEIFFERT, C., KHOSHGOFTAAR, T. M., VAN HULSE, J., AND NAPOLITANO, A. Rusboost: Improving classification performance when training data is skewed. In *Pattern Recognition, 2008. ICPR 2008. 19th International Conference on* (2008), IEEE, pp. 1–4.
- [21] SEIFFERT, C., KHOSHGOFTAAR, T. M., VAN HULSE, J., AND NAPOLITANO, A. Rusboost: A hybrid approach to alleviating class imbalance. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics-Part A: Systems and Humans* 40, 1 (2010), 185–197.
- [22] UDUPA, J. K., LEBLANC, V. R., ZHUGE, Y., IMIELINSKA, C., SCHMIDT, H., CURRIE, L. M., HIRSCH, B. E., AND WOODBURN, J. A framework for evaluating image segmentation algorithms. *Computerized Medical Imaging and Graphics* 30, 2 (2006), 75–87.
- [23] UKIMURA, O., NAKAMOTO, M., AND GILL, I. S. Three-dimensional reconstruction of renovascular-tumor anatomy to facilitate zero-ischemia partial nephrectomy. *European Urology* 61, 1 (2012), 211–217.
- [24] WARFIELD, S. K., ZOU, K. H., AND WELLS, W. M. Simultaneous truth and performance level estimation (staple): an algorithm for the validation of image segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 23, 7 (2004), 903–921.
- [25] WONG, K. H., PANEK, R., BHIDE, S. A., NUTTING, C. M., HARRINGTON, K. J., AND NEWBOLD, K. L. The emerging potential of magnetic resonance imaging in personalizing radiotherapy for head and neck cancer: an oncologist’s perspective. *The British Journal of Radiology* 90, 1071 (2017), 20160768.
- [26] XU, C., AND PRINCE, J. L. Snakes, shapes, and gradient vector flow. *IEEE Transactions on Image Processing* 7, 3 (1998), 359–369.

- [27] XU, Z., BURKE, R. P., LEE, C. P., BAUCOM, R. B., POULOSE, B. K., ABRAMSON, R. G., AND LANDMAN, B. A. Efficient multi-atlas abdominal segmentation on clinically acquired ct with simple context learning. *Medical Image Analysis* 24, 1 (2015), 18–27.
- [28] ZHANG, Y., MATUSZEWSKI, B. J., SHARK, L.-K., AND MOORE, C. J. Medical image segmentation using new hybrid level-set method. In *BioMedical Visualization, 2008. MEDIVIS'08. Fifth International Conference (2008)*, IEEE, pp. 71–76.