



Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie

WYDZIAŁ ELEKTROTECHNIKI, AUTOMATYKI, INFORMATYKI
I INŻYNIERII BIOMEDYCZNEJ

KATEDRA AUTOMATYKI I ROBOTYKI

Autoreferat rozprawy doktorskiej

*Algorytmy wizji komputerowej i uczenia maszynowego
w analizie obrazów dermatopatologicznych*

Autor: *mgr inż. Paweł Kłeczek*
Dyscyplina: *Automatyka, Elektronika i Elektrotechnika*
Promotor: *dr hab. inż. Joanna Jaworek-Korjakowska, prof. AGH*

Kraków, 2020

Wstęp

Ze względu na znaczący wzrost na całym świecie wskaźników zachorowań na czerniaka skóry, najgroźniejszej odmiany raka skóry, i spowodowanych nim zgonów wśród populacji rasy białej ewidentną staje się potrzeba opracowania skutecznych i wydajnych (automatycznych) narzędzi diagnostycznych dla dermatopatologii. Tradycyjny, ręczny sposób diagnozowania zmian skórnych – badanie histopatologiczne – ma trzy główne wady: jest podatny na tzw. błąd ludzki, jego wyniki często nie są powtarzalne, a analiza dużych partii preparatów to żmudna czynność. Dzięki zastosowaniu metod wizji komputerowej i uczenia maszynowego do analizy cyfrowych zdjęć preparatów o dużej rozdzielczości możliwe jest rozwiązanie wszystkich trzech wspomnianych problemów – poprawa skuteczności diagnostycznej, zwiększenie powtarzalności uzyskiwanych wyników diagnostycznych, oraz skrócenie czasu niezbędnego na postawienie diagnozy.

Cel pracy

Głównym celem badawczym niniejszej rozprawy było zaproponowanie algorytmicznego rozwiązania wykorzystującego zaawansowane metody przetwarzania obrazów i uczenia maszynowego do określenia struktury tkankowej ludzkiego naskórka na zdjęciach histopatologicznych preparatów skóry barwionych hematoksyliną-eozyną oraz do opracowania systemu automatycznej diagnostyki wybranych typów melanocytowych zmian skórnych na podstawie analizy morfometrii naskórka w danej zmianie. Według najlepszej wiedzy Autora to pierwsza próba automatycznego wyznaczania parametrów morfometrycznych naskórka i wykorzystania tej wiedzy w celach diagnostycznych.

W rozprawie postawiono następującą tezę główną oraz tezy pomocnicze:

Teza główna Zaawansowane metody przetwarzania obrazów oraz uczenia maszynowego umożliwiają szczegółową analizę morfometrii naskórka zmiany skórnej na obrazach histopatologicznych.

Teza I Przy wykorzystaniu zaproponowanych metod segmentacji i analizy obrazu możliwa jest ocena stopnia złośliwości zmiany skórnej.

Teza II Metody uczenia maszynowego pozwalają na sformułowanie podstawowych kryteriów diagnostycznych, możliwych do zastosowania podczas badań histopatologicznych.

Zaproponowane rozwiązanie

Zaproponowane metody oraz cały system diagnostyczny zostały zaprojektowane w celu automatycznej analizy i rozróżniania trzech podstawowych typów skórnych zmian melanocytowych: plam soczewicowatych (zmiany łagodne), znamion łączących dysplastycznych (formy pomiędzy zmianami łagodnymi a złośliwymi) oraz czerniaków (zmiany złośliwe).

W ramach prowadzonych badań opracowano, zaimplementowano i przetestowano poniższe algorytmy oparte na metodach przetwarzania obrazów:

- Automatyczna segmentacja obszaru preparatu histopatologicznego (tkanki) oparta o analizę statystyczną rozkładu koloru w przestrzeni barw CIELAB z wykorzystaniem operacji morfologicznych. Analizowany jest zarówno cały obraz, jak i lokalne otoczenie jego wybranych fragmentów.
- Automatyczna metoda segmentacji warstwy naskórka oparta na analizie rozmieszczenia i kształtów obszarów tła obrazu w obrębie tkanki oraz histogramu stężeń hematoksyliny i eozyny w preparacie, wykorzystująca metody statystyczne i przetwarzania obrazów.
- Automatyczna metoda segmentacji sopli naskórkowych w warstwie naskórka oparta przede wszystkim na analizie krzywizny konturu obszaru celem wykrycia potencjalnych krańców podstaw wypustek oraz na analizie szkieletu obszaru w reprezentacji grafowej (z wykorzystaniem algorytmów grafowych i operacji morfologicznych) celem ostatecznego wyznaczenia podstaw i ich położenia względem osi głównej obiektu.

Każdy z powyższych algorytmów jest w pełni zautomatyzowany i w dużym stopniu oparty na wiedzy dziedzinowej z zakresu morfometrii i właściwości biochemicznych skórnych struktur tkankowych.

Następnie opracowano parametry opisujące morfometrię całej warstwy naskórka w oparciu o umiejscowienie wzdłuż osi głównej warstwy i wartości podstawowych parametrów morfometrycznych sopli naskórkowych. Pozwoliło to na zaproponowanie algorytmu automatycznej klasyfikacji zmian skórnych na podstawie morfometrii ich regionu naskórka, z wykorzystaniem metod uczenia maszynowego – w pracy porównano skuteczność czterech wybranych klasyfikatorów, przy czym najskuteczniejszym okazał się model maszyny wektorów wspierających (SVM). Dokonano również analizy statystycznej zależności między morfometrią naskórka a podstawowymi klasami melanocytowych zmian skórnych z użyciem modelu drzewa decyzyjnego, w celu określenia kryteriów diagnostycznych pod kątem badania histopatologicznego.

Omówienie struktury pracy – treść rozdziałów

W rozdziale 2 omówiono kwestie związane z histologią i histopatologią tkanki skórnej człowieka, zwłaszcza morfometrię komórek i struktur tkankowych budujących ten organ oraz etapy przygotowania preparatów histologicznych (ze szczególnym uwzględnieniem protokołu barwienia hematoksyliną-eozyną oraz możliwych artefaktów powstałych w trakcie procesu przygotowania preparatu). Dokonano przeglądu sprzętu używanego do cyfryzacji preparatów ze szczególnym uwzględnieniem skanerów całych preparatów histologicznych, stanowiących podstawowe narzędzie cyfryzacji w cyfrowej patologii. Omówiono patologię wybranych podstawowych skórnych zmian melanocytowych oraz podsumowano kryteria diagnostyki różnicowej zmian łagodnych i złośliwych. Wreszcie, zwrócono uwagę na problem błędnej diagnostyki zmian złośliwych jako zmian łagodnych, przytoczono wyniki badań nad skalą tego zjawiska, oraz omówiono możliwe jego przyczyny.

Celem tak szczegółowego omówienia aspektów medycznych prowadzonych badań było przede wszystkim zwrócenie uwagi na potencjalne problemy i wyzwania, z jakimi należy się liczyć przystępując do prowadzenia badań naukowych na zdjęciach preparatów dermatopatologicznych – do najistotniejszych należą różnice w wybarwieniu preparatów, zmienne warunki oświetlenia wykonywania zdjęcia preparatu oraz duża niejednorodność obrazów histologicznych i histopatologicznych (nawet w ramach tego samego typu zmian). Natomiast równie istotnym celem było przedstawienie wiedzy dziedzinowej, którą można wykorzystać podczas projektowania algorytmów do automatycznej analizy takich zdjęć – zwłaszcza chodzi o parametry morfometryczne komórek i warstw tkanek, zebrane w Tabeli 2.2.

Rozdział 3 składa się z trzech części. Pierwsza stanowi podsumowanie poszczególnych etapów algorytmu diagnostycznego zaproponowanego w ramach rozprawy. Druga zawiera przegląd dostępnej literatury poświęconej każdemu z tych etapów – krótko opisano w niej działanie poszczególnych zaproponowanych dotychczas metod oraz wskazano ich potencjalnie słabe strony, co stanowi uzasadnienie potrzeby podjęcia badań w tym zakresie (w celu poprawy uzyskiwanych wyników). W ostatniej części opisano zbiór danych użyty do opracowania i weryfikacji poszczególnych etapów algorytmu diagnostycznego zaproponowanego w ramach rozprawy.

Rozdziały 4–7 opisują oryginalny wkład doktoranta w rozwój dyscypliny.

Rozdział 4 omawia zagadnienie segmentacji zdjęcia preparatu na tkankę i tło – to zazwyczaj pierwszy, niezbędny krok każdego algorytmu analizy obrazu zdjęć całych preparatów histopatologicznych, gdyż umożliwia on m.in. poprawę skuteczności algorytmu rozkładu zdjęcia na barwniki (ang. stain deconvolution) oraz analizę morfologiczną struktury tkanek. Nie jest to trywialne zagadnienie, gdyż algorytm segmentacji musi uwzględniać różnice w wybarwieniu zarówno w obrębie pojedynczego zdjęcia, jak i w ramach serii zdjęć. Choć w ostatnich latach zaproponowano kilka metod segmentacji tkanki, zostały one opracowane z myślą o zdjęciach w małej rozdzielczości, rzędu 4–8 $\mu\text{m}/\text{px}$ (gdyż ich celem ma być przede wszystkim usprawnienie procesu skanowania preparatów) – nie nadają się natomiast do zastosowań, w których liczy się precyzyjna segmentacja nawet niewielkich pustych przestrzeni w obszarze tkanki.

W związku z tym zaproponowano automatyczną segmentację obszaru preparatu histopatologicznego (tkanki) w oparciu o analizę statystyczną rozkładu koloru w przestrzeni barw CIELAB z wykorzystaniem operacji morfologicznych. Najpierw wyznaczany jest przybliżony średni kolor tła, który może się różnić pomiędzy zdjęciami ze względu na różnice w użytym oświetleniu (światło może mieć różną temperaturę) – w tym celu konstruowany jest histogram 3D wartości jasności pikseli w przestrzeni barw CIELAB, przy czym uwzględniane są wyłącznie piksele o chromatyczności bliskiej zeru (czyli obszary, gdzie światło oświetlające preparat od spodu nie natrafia na przeszkodę w postaci tkanki), a następnie wyliczana jest średnia ważona pewnej z góry ustalonej liczby przedziałów takiego histogramu. Podstawowa segmentacja tła preparatu odbywa się na podstawie analizy podobieństwa koloru danego piksela obrazu do „średniego” koloru tła preparatu. Ponieważ jednak na granicy tła i tkanki zwykle widać prześwitujące głębsze warstwy tkanki, na koniec dokonywana jest dodatkowa segmentacja – przebiega ona analogicznie do segmentacji podstawowej, jednak wykonywana jest oddzielnie dla każdego obszaru

tła, a „średni” kolor tła takiego obszaru wyznaczany jest jako średnia arytmetyczna koloru pikseli tworzących taki obszar. Wartości parametrów metody zostały dobrane z użyciem metody sekwencyjnego programowania kwadratowego (SQP).

Takie podejście umożliwiło uzyskanie średniej wartości indeksu Jaccarda na poziomie ponad 0.9 dla wszystkich obszarów tła (w porównaniu do ok. 0.7–0.8 dla dotychczas zaproponowanych metod), natomiast dla zadania segmentacji obszarów położonych w obrębie obrysów obszarów tkanki średnia wartość indeksu Jaccarda wynosiła niemal 0.75 (w porównaniu do niecałych 0.25 dla dotychczas zaproponowanych metod). W obu przypadkach odchylenie standardowe uzyskiwanych wartości dla algorytmu zaproponowanego w rozprawie było porównywalne albo wręcz niższe od odchyień uzyskiwanych dla metod opisanych w literaturze.

W rozdziale 5 zaproponowano metodę segmentacji warstwy naskórka. Analiza tej warstwy – jej cech morfometrycznych oraz cech cytologicznych tworzących ją komórek – jest kluczowa dla diagnostyki zmian skórnych. Choć w literaturze opisano już kilka metod segmentacji naskórka, zdaniem Autora zagadnienie to wciąż nie zostało wystarczająco opracowane – dotychczas zaproponowane metody opierają się głównie na kombinacji techniki globalnego progowania z analizą pola powierzchni i kształtu obszarów tkanki, przy czym każda z nich czyni pewne istotne założenia wstępne odnośnie koloru i kontrastu na zdjęciu preparatu (zwykle są to metody opracowane z myślą o konkretnym protokole barwienia stosowanym w jednym wybranym laboratorium). Przykładowo, jedna z trzech zaproponowanych dotychczas metod zakładała, że obszar naskórka jest jednolicie wybarwiony, oraz że na czerwonym kanale obrazu RGB preparatu będzie wyraźnie widoczny kontrast między ciemniejszym obszarem naskórka a jaśniejszym obszarem kolagenu – pierwsze założenie jest z oczywistych względów mało praktyczne, natomiast drugie staje się błędne gdy tylko preparat zostanie nieco intensywniej wybarwiony eozyną. W efekcie metody te radzą sobie słabo z segmentacją zdjęć z innych źródeł, np. gdy to samo barwienie wykonano z użyciem innej jakości odczynników lub gdy użyto skanera preparatów ze źródłem światła o odmiennej temperaturze.

Automatyczna metoda segmentacji warstwy naskórka zaproponowana w rozprawie składa się z trzech etapów. W pierwszym, zgrubna segmentacja dokonywana jest wyłącznie na podstawie kryterium lokalnej „gęstości” tkanki – czyli udziału tkanki w otoczeniu danego piksela obrazu – oraz cech morfometrycznych naskórka (w szczególności jego maksymalnej grubości). Uwzględniane są komórki i struktury tkankowe mogące przypominać tło preparatu, takie jak jasne komórki i desmosomy. Wartości progowe zostały dobrane na podstawie danych medycznych opisanych w literaturze. W tym kroku kwestia wybarwienia preparatu nie odgrywa żadnej roli. W kolejnym kroku zdjęcie zostaje rozłożone na dwa obrazy, reprezentujące poszczególne barwniki (hematoksylinę i eozynę), które służą do skonstruowania histogramu 2D rozkładu stężeń tych barwników – algorytm wykrywa następnie na histogramie dwa piki odpowiadające odpowiednio przede wszystkim komórkom z jądrem (budującym naskórek oraz przydatki skóry) oraz włóknom kolagenowym (budującym warstwę skóry właściwej). Obszary odpowiadające kolagenowi są następnie odrzucane ze wstępnie wysegmentowanego obszaru. Na tym etapie algorytm również nie czyni istotnych założeń odnośnie stopnia wybarwienia preparatu czy jakości użytych

barwników – jego działanie opiera się na elementarnych zasadach biochemii mówiących o tym, które rodzaje materiału biologicznego absorbują który rodzaj barwnika. W ostatnim etapie dokonywana jest ponowna segmentacja w oparciu o analizę „gęstości” i morfometrii, lecz tym razem bazę do analizy stanowi dotychczas wysegmentowany obszar.

Zaproponowana metoda uzyskała czułość 97%, specyficzność 97% oraz precyzję 69% – ta kombinacja stanowi wynik istotnie lepszy od wyników uzyskiwanych przez dotychczas opisane metody, które w szczególności w przypadku niektórych zdjęć miały problem z wykryciem choć małego fragmentu naskórka.

Rozdział 6 opisuje metodę wyznaczania położenia soplei naskórkowych oraz pomiaru cech morfometrycznych każdego z soplei (ich położenia, szerokości podstawy i długości) – wyznaczenie cech takich pojedynczych soplei pozwala następnie na opisanie całego obszaru naskórka za pomocą pewnych indeksów morfometrycznych, które z kolei mają istotne znaczenie podczas dokonywania oceny zmiany skórnej (co zostało opisane w rozdziale 2).

Zaproponowana automatyczna metoda segmentacji soplei naskórkowych w warstwie naskórka jest wieloetapowa i opiera się na wynikach uzyskanych za pomocą wcześniej wspomnianych metod segmentacji tkanki oraz segmentacji naskórka. Pierwszym krokiem jest analiza krzywizny konturu obszaru naskórka, mająca na celu wykrycia potencjalnych krańców podstaw wypustek (w miejscach, gdzie kontur ulega „wklęśnięciu”), połączona z analizą szkieletu obszaru w reprezentacji grafowej (z wykorzystaniem algorytmów grafowych i operacji morfologicznych), dzięki której można wyznaczyć oś główną obszaru naskórka (będącą w przybliżeniu najdłuższą ścieżką w grafie) oraz orientacyjne położenie potencjalnych soplei (w przybliżeniu: gałęzi odchodzących od osi głównej w stronę głębszych warstw skóry). Fuzja wyników tych dwóch analiz umożliwia wstępne wyznaczenie podstaw poszczególnych soplei i ich położenia względem osi głównej naskórka. Ponieważ jednak ciągi przylegających do siebie wypustek naskórka są często traktowane przez dermatopatologów jako pojedyncze duże sople, a z kolei niektóre obszary potraktowane w pierwszym kroku jako pojedyncze sople mogą być w istocie zrostem kilku soplei (gdy zawiera dziury), w drugim kroku takie sytuacje są identyfikowane i odpowiednio opracowywane. Po uzyskaniu dokładnej informacji o położeniu podstaw ostatecznie wyznaczonych soplei można dokonać korekty przebiegu osi głównej naskórka, tym razem analizując szkielet obszaru utworzonego po odjęciu od oryginalnego obszaru naskórka obszarów poszczególnych soplei. Ta operacja daje możliwość precyzyjniejszego wyznaczenia położenia soplei wzdłuż zmiany. Określenie szerokości podstawy sopla jest trywialne (gdyż wcześniej zostały już wyznaczone krańce każdej z podstaw), natomiast określenie długości sopla polega na wyznaczeniu największej odległości geodezyjnej od podstawy sopla najbardziej do poszczególnych pikseli tworzących obszar sopla.

Zaproponowane przez Autora rozwiązanie stanowi pierwszą opisaną w literaturze próbę opisu morfometrii naskórka. Na zdjęciach należących do zbioru testowego, zawierających łącznie 992 sople, algorytm poprawnie rozpoznał 825 sople (83%), zupełnie nie rozpoznał 147 soplei (15%), natomiast błędnie wykrył dodatkowe 42 sople. Warto zwrócić uwagę, że algorytm miał problem głównie z rozpoznawaniem

sopli o minimalnej długości – takich, które przez niektórych patologów mogłyby wręcz nie zostać uznane za sople.

W rozdziale 7 zaproponowano cechy morfometryczne opisujące całą warstwę naskórka, obliczone na podstawie parametrów morfometrycznych poszczególnych soplei naskórkowych, oraz zaprezentowano ich przydatność pod kątem klasyfikacji zdjęcia zmiany melanocytowej.

Zaproponowane cechy to: całkowita długość zmiany, zagęszczenie wszystkich soplei (tj. stosunek całkowitej liczby soplei do długości zmiany), zagęszczenie długich soplei (tj. dany soplel jest uwzględniany tylko wówczas, gdy stosunek jego długości do grubości podstawy naskórka w korzeniu takiego soplea jest odpowiednio wysoki), mediana grubości podstawy naskórka, liczba hiperplastycznych odcinków naskórka (tj. takich odcinków, których grubość w każdym punkcie jest znacznie większa od mediany; dodatkowo przyjęto kryterium minimalnej długości takiego odcinka), zagęszczenie hiperplastycznych odcinków naskórka, oraz zagęszczenie odcinków naskórka pozbawionych soplei (przyjęto kryterium minimalnej długości takiego odcinka).

Zbioru wartości powyższych cechy obliczonych dla zdjęć ze zbioru uczącego użyto do wytrenowania modeli następujących klasyfikatorów: drzewa decyzyjnego, regresji logistycznej, naiwnego klasyfikatora bayesowskiego, oraz maszyny wektorów wspierających. Dla każdego z klasyfikatorów uczono dwa modele – jeden z macierzą kosztu błędnej klasyfikacji zawierającej jednakowe wartości, drugi z dwukrotnie większym kosztem błędnej klasyfikacji zmiany złośliwej jako łagodnej. Po weryfikacji skuteczności modeli na zbiorze testowym dla zadania klasyfikacji „plama soczewicowata, znamię łączące dysplastyczne, czy czerniak” okazało się, że maszyna wektorów wspierających o niejednorodnym koszcie błędnej klasyfikacji uzyskała najwyższą trafność przewidywań: 74.7%, z kolei drzewo decyzyjne o niejednorodnym koszcie błędnej klasyfikacji uzyskało trafność przewidywań na poziomie 73.3% – tym samym zdaniem Autora takie drzewo decyzyjne może pomóc doprecyzować kryteria diagnostyki czerniaka skóry.

Według stanu wiedzy Autora na chwilę obecną zagadnienie automatycznej klasyfikacji zmian melanocytowych na podstawie parametrów morfometrycznych warstwy naskórka nie zostało dotychczas poruszone w literaturze, mimo że publikacje medyczne wskazują na dużą przydatność cech takich jak jednorodność i symetria rozrostu naskórka pod kątem takiej klasyfikacji.

Podsumowanie

Zdaniem Autora najistotniejszym wkładem badań opisanych w dysertacji w rozwój dyscypliny jest opracowanie, zaimplementowanie i przetestowanie kompletnego systemu automatycznej diagnostyki skórnych zmian melanocytowych na cyfrowych zdjęciach histopatologicznych barwionych hematoksyliną-eozyną (wykonanych za pomocą mikroskopów optycznych) w oparciu o analizę morfometrii warstwy naskórka. W szczególności Autor:

- zaproponował metodologię segmentacji obrazu opartą w dużej mierze na analizie pustych przestrzeni wewnątrz obszaru tkanki z wykorzystaniem wiedzy dziedzinowej z zakresu morfometrii analizowanych struktur;
- zaproponował nową metodę ogólnego przeznaczenia służącą do wyznaczania wypustek w konturze obiektu i pomiaru ich morfometrii – opartą na algorytmach grafowych i operacjach morfologicznych – oraz wykazał jej przydatność pod kątem analizy morfometrii warstwy naskórka;
- zaproponował cechy morfometryczne obiektu, które mogą być użyte do opisu poszarpaności jego krawędzi.

System służy do dokonywania automatycznej klasyfikacji zdjęcia histopatologicznego do jednego z trzech podstawowych typów skórnych zmian melanocytowych: plam soczewicowatych (zmiany łagodne), znamion łączących dysplastycznych (formy pomiędzy zmianami łagodnymi a złośliwymi) albo czerniaków (zmiany złośliwe). Składa się z czterech modułów odpowiedzialnych za dokonywanie kolejnych etapów automatycznego potoku przetwarzania obrazu: segmentacji tkanki, segmentacji naskórka, segmentacji sopli naskórkowych i opisie ich morfometrii, całościowym opisie morfometrii naskórka i klasyfikacji zmiany. Pierwsze trzy etapy wykorzystują metody przetwarzania obrazów cyfrowych, natomiast ostatni – metody uczenia maszynowego. Algorytmy w ramach każdego z etapów są w pełni zautomatyzowane i w dużym stopniu opierają się na wiedzy dziedzinowej z zakresu cech morfometrycznych i biochemicznych skórnych struktur tkankowych.

System uzyskał dokładność 74.7% i 86.7% odpowiednio dla zadań klasyfikacji „plama soczewicowata, znamię łączące dysplastyczne, czy czerniak” i „zmiana łagodna czy złośliwa”. Dla tych samych zadań klasyfikacji model drzewa decyzyjnego (wyuczony z użyciem wartości zaproponowanych wskaźników morfometrycznych) uzyskał dokładność 73.3% i 88.0%, i tym samym może zostać użyty do sformułowania kryteriów diagnostycznych związanych z morfometrią naskórka.

Opisane w dysertacji poszczególne etapy wspomnianego systemu stanowią udoskonalone, rozszerzenie wersji algorytmów zaproponowanych przez przez Autora i opublikowanych w czasopiśmie z listy filadelfijskiej oraz w materiałach konferencyjnych:

- **P. Kłeczek**, J. Jaworek-Korjakowska, M. Gorgon. *A novel method for tissue segmentation in high-resolution H&E-stained histopathological whole-slide images*. *Comput. Med. Imaging Graph.*, 2020, vol. 79, 2022, Art. ID 101686, doi: 10.1016/j.compmedimag.2019.101686 [IF (2018) = 3.298]
- **P. Kłeczek**, G. Dyduch, J. Jaworek-Korjakowska, R. Tadeusiewicz. *Automated epidermis segmentation in histopathological images of human skin stained with hematoxylin and eosin*. *Proc. SPIE 10140, Medical Imaging 2017: Digital Pathology*, 101400M (2017), doi:10.1117/12.2249018 [WoS]
- **P. Kłeczek**, M. Lech, G. Dyduch, J. Jaworek-Korjakowska, R. Tadeusiewicz. *Segmentation of black ink and melanin in skin histopathological images*. *Proc. SPIE 10581, Medical Imaging 2018: Digital Pathology*, 105811A (2018), doi:10.1117/12.2292859 [WoS]

- **P. Kleczek**, G. Dyduch, A. Graczyk-Jarzyńska, J. Jaworek-Korjakowska. *A New Approach to Border Irregularity Assessment with Application in Skin Pathology*. Appl. Sci. (Basel), 2019, 9(10), 2022, doi:10.3390/app9102022 [IF (2018) = 2.217]

Co istotne, niektóre elementy systemu są uniwersalne i mogą zostać zastosowane do rozwiązywania innych problemów niż związane z dermatopatologią. W szczególności metoda segmentacji zdjęcia preparatu na tkankę i tło to zwykle obowiązkowy pierwszy krok każdego algorytmu automatycznej analizy obrazu zdjęć całych preparatów histopatologicznych (nie tylko preparatów skóry), algorytm segmentacji naskórka może zostać użyty do poprawy skuteczności innych algorytmów diagnostycznych (np. wykrywających i analizujących rozkład melanocytów w naskórku), z kolei technika segmentacji sopli naskórkowych może zostać zastosowana do analizy morfometrii dowolnego innego typu zmiany skórnej (np. zapalenia).

Zdaniem Autora uzyskane wyniki uprawniają go do uznania, że tezy postawione w rozprawie zostały dowiedzione.