

Andrzej SKALSKI

AGH AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA, KATEDRA METROLOGII,
Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków

Modelowanie struktur anatomicznych dla potrzeb planowania leczenia w procesie radioterapii nowotworu prostaty

Dr inż. Andrzej SKALSKI

Absolwent wydziału Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki Akademii Górniczo-Hutniczej w Krakowie. Obecnie zatrudniony na stanowisku adiunkta w Katedrze Metrologii wyżej wymienionego wydziału. Zainteresowania naukowe koncentrują się wokół zagadnień związanych z analizą i przetwarzaniem obrazów medycznych oraz z modelowaniem systemów pomiarowych. Autor prawie 40 krajowych i międzynarodowych publikacji naukowych z wyżej wymienionych dziedzin.

e-mail: skalski@agh.edu.pl



Streszczenie

W pracy przedstawiono problematykę modelowania struktur anatomicznych zobrazowanych w danych tomograficznych na przykładzie pacjentów z nowotworem prostaty. Modele wiedzy *a priori* umożliwiają znaczące zwiększenie skuteczności segmentacji dla potrzeb planowania leczenia radioterapeutycznego pacjentów z chorobą nowotworową. Opisane i przebadane metody wykorzystywały informację o położeniu pacjenta zapisaną w formacie DICOM, transformację afiniczną oraz jednocześnie deformowalne dopasowanie wielu obrazów wykorzystujące funkcję B-sklejane. Metodologia została przetestowana na rzeczywistych danych tomograficznych. Otrzymane wyniki potwierdzają skuteczność zaprezentowanego rozwiązania z wykorzystaniem połączenia globalnej transformacji i deformowalnego modelowania.

Słowa kluczowe: CT, modelowanie struktur anatomicznych, segmentacja, radioterapia, prostata, dopasowanie obrazów.

Anatomical structure modelling for treatment planning in prostate cancer radiotherapy process

Abstract

In developed countries, prostate cancer is one of the most often tumors in male population. Radiotherapy is a very important treatment in prostate cancer therapy. The most important, difficult and time-consuming part of radiation therapy planning is precise, manual anatomical organ delineation by medical doctors. For this reason development of special, fast, data-robust, automatic or semi-automatic CT data segmentation methods is a crucial and challenging research topic in image-guided radiotherapy. In a solution of this kind *a priori* knowledge of segmentation algorithms can improve the effectiveness considerably. In the paper there is proposed a method for construction of a geometrical and value model of anatomical structures for prostate, bladder, femoral heads and rectum from the CT data making use of groupwise registration. A short state of the art of model building (Section 2) for medical images is shown. The main idea of the described method is average 3D image creation from training images using combination of an affine transform and B-Spline Free Form Deformation in the groupwise framework [17]. As a result, the algorithm provides 3D deformation fields which can be used for mapping manual outlines of anatomical structures connected to training data made by a medical doctor. The model was built using CT data of real patients with prostate cancer. Exemplary results are shown in Fig. 3. This kind of model can be used as *a priori* knowledge in segmentation algorithms like deformable models or level sets. The proposed solution was compared with the affine transform and mapping based on the patient position provided with CT images in DICOM format (Section 3) in a qualitative (Fig. 1) and quantitative (Tab. 1) way. The obtained results are presented and discussed in the paper.

Keywords: CT, anatomical structure modelling, segmentation, radiotherapy, prostate, image registration.

1. Wprowadzenie

Wraz z rozwojem mocy obliczeniowej współczesnych komputerów pojawiła się możliwość stosowania złożonych algorytmów obliczeniowych na potrzeby medycyny, a zwłaszcza danych obrazowych wykorzystywanych w diagnostyce i terapii. Jedną z głównych dziedzin, w której istnieje konieczność wykorzystywania takich algorytmów jest radioterapia wykorzystywana w leczeniu chorób nowotworowych.

Jednym z nowotworów dotyczących polskie społeczeństwo jest rak gruczołu krokowego (RGK). Do czynników ryzyka związane z RGK zalicza się wiek mężczyzny oraz predyspozycje genetyczne. Wybór metody leczenia chorego z RGK jest uzależniony od stopnia zaawansowania choroby nowotworowej, wieku chorego, chorób współistniejących i preferencji pacjenta [1]. W leczeniu radykalnym, miejscowo zaawansowanego RGK, stosuje się leczenie chirurgiczne (zwykle osoby młodsze) lub leczenie radioterapeutyczne (zwykle osoby starsze).

Przed wdrożeniem radioterapii osób chorych wykonywane jest badanie tomograficzne (CT), na podstawie którego przygotowuje się plany leczenia. W tym celu konieczne jest obrysowanie w przekrojach poprzecznych obrazów CT obszaru tkanek objętych procesem nowotworowym GTV (ang. *Gross Tumor Volume*) oraz tych struktur anatomicznych, które powinny być szczególnie chronione przed napromienieniem. W większości przypadków klinicznych obszar objęty chorobą nowotworową obejmuje gruczoł krokowy i pęcherzyki nasienne. Do struktur promieniowrażliwych, które należy chronić przed podaniem zbyt wysokiej dawki zalicza się, pęcherz moczowy, odbytnicę oraz głowy kości udowych (GL, GP).

Klasyczna procedura kliniczna obejmuje ręczne wykonanie obrysów przekrój po przekroju wymienionych struktur przez lekarza. Alternatywą do takiego rozwiązania jest stworzenie półautomatycznego/automatycznego algorytmu wspierającego ten proces. Z punktu widzenia przetwarzania obrazów konieczne jest opracowanie algorytmu segmentacji danych obrazowych.

Segmentacja rozumiana jest tutaj jako podział danych, w tym wypadku CT, reprezentujących poszukiwane struktury anatomiczne oraz tło. Innymi słowy, w wyniku procesu segmentacji otrzymuje się maski o rozmiarach obrazu gdzie wartości przypisane do poszczególnych pikseli/wokseli obrazu wskazują przynależność ich do konkretnych struktur anatomicznych zobrazowanych w danych tomograficznych lub tła. Ze względu na trudności występujące podczas procesu segmentacji dla potrzeb radioterapii RGK wynikających z niskiej jakości danych tomograficznych, z trudności z identyfikacją granic struktur zbudowanych z tkanek miękkich konieczne staje się dostarczenie wiedzy *a priori* dotyczącej poszukiwanych struktur. Takie podejście znacząco zwiększa efektywność algorytmów segmentacji w porównaniu z algorytmami nie wykorzystującymi takiej wiedzy [2].

Celem prezentowanej pracy jest przedstawienie metodologii budowy wiedzy *a priori*, która może zostać wykorzystana podczas segmentacji struktur anatomicznych dostarczając tym samym informacji na temat rozkładu wartości, geometrii czy też położenia poszukiwanych struktur.

W artykule przedstawiono problem budowy wiedzy *a priori* dla potrzeb algorytmów segmentacji na przykładzie danych tomograficznych wykorzystywanych do planowania leczenia RGK.

W rozdziale drugim przedstawiono przegląd metod budowy modeli struktur anatomicznych z obrazowych danych medycznych.

Rozdział 3 zawiera opis przykładowej metodologii z wykorzystaniem połączenia transformacji afinicznej z deformowalnym dopasowaniem obrazów wykorzystującym funkcje B-sklejane.

W rozdziałach 4 i 5 zamieszczono wyniki zastosowania przedstawionej w rozdziale 3 metodologii do rzeczywistych danych tomograficznych.

2. Modelowanie struktur anatomicznych dla potrzeb medycyny

Geometryczne modele struktur anatomicznych dostarczają informację o kształcie, objętości, a często też o przybliżonej lokalizacji poszukiwanych obiektów. Dodatkowo bardzo często modele są wzbogacane o informację dotyczącą rozkładu wartości w danych przynależnych do poszczególnych struktur anatomicznych.

Modele dla potrzeb segmentacji danych medycznych można podzielić na dwie główne grupy. Pierwsza z nich obejmująca metody opisujące kształt w postaci wektorów zawierających współrzędne punktów modelu PDM (ang. *Point Distribution Model*) [3]. Najczęściej z tej grupy metod stosuje się algorytmy *Active Shape Model* (ASM) [4] oraz *Active Appearance Model* (AAM) [5] zaproponowane przez Tima Cootesa. Głównym problemem w tego typu algorytmach jest konieczność wygenerowania zbioru punktów charakterystycznych (w przestrzeni 3D) dla danych treningowych, z których budowany jest model. Punkty charakterystyczne w każdym danych muszą być zgodne z pozostałymi.

Przykładem rozwiązania tego problemu jest algorytm [6], w którym wszystkie dane treningowe są przepróbkowane do tej samej liczby przekrojów z wykorzystaniem interpolacji eliptycznych współczynników deskryptorów Fouriera. Inne podejście zaproponowano w [2]. Do budowy modelu prostaty i odbytnicy wykorzystano technikę ASM w połączeniu z funkcją kosztów uwzględniającą rozkład intensywności w podejściu Bayesa wraz z ograniczeniami wynikającymi z anatomii człowieka [2]. Szczegółowy przegląd metod, problemy występujące w tego typu algorytmach można znaleźć w [7].

Drugą grupę stanowią algorytmy wykorzystujące technikę atlasów statystycznych. Z danych treningowych wypracowuje się zwykle uśredniony obraz. Wyliczone parametry transformacji podczas tworzenia uśrednionego obrazu są wykorzystywane do propagacji obrysów wykonanych przez lekarzy na danych treningowych. Finalnie najczęściej powstaje mapa prawdopodobieństwa określająca prawdopodobieństwo przynależności danego piksela/wokselu do danej struktury anatomicznej. Przegląd typowych strategii budowy atlasów statystycznych można znaleźć w [8]. Acosta et al. [9] zaproponował dopasowanie atlasu do danych za pomocą transformacji afinicznej w połączeniu z deformowalnym dopasowaniem przy pomocy algorytmu *Demons*. W [10] przedstawiono budowę atlasu w oparciu o jednoczesne dopasowanie wielu danych treningowych z zastosowaniem metodologii prezentowanej w rozdziale 3 z korekcją wyników za pomocą metody zbiorów poziomicowych. Połączenie metody atlasów z modelem wykorzystującym PDM w zastosowaniu do obrazów z rezonansu magnetycznego przedstawiono w [11].

Ze względu na trudności ze wskazaniem granicy pomiędzy prostatą a pęcherzem w danych CT próbuje się do segmentacji włączyć informację z innych danych obrazowych takich jak rezonans magnetyczny (MR), w którym tkanki miękkie są lepiej uwidocznione lub projektować różne rozwiązania w zależności od właściwości segmentowanej struktury. Klein et al. [12] zaproponował metodę wykorzystującą deformowalne dopasowanie obrysowanych struktur w obrazach MR, Pasquier, et al. [13] wykorzystał różne techniki dla różnych struktur. Dla prostaty naukowcy skonstruowali model opisany przez 20 punktów należących do struktury, wypracowany na podstawie ręcznych obrysów za pomocą metod ICP (ang. *Iterative Closest Point*) i PCA (ang. *Principal Component Analysis*). Metodę rozrostu obszarów w połączeniu z operacjami morfologicznymi zastosowano do segmentacji pęcherza i odbytnicy. W przypadku odbytnicy segmentacja odbywa-

ła się przekrój po przekroju, a następnie wyniki były propagowane na kolejne przekroje.

3. Konstrukcja modeli dla potrzeb radioterapii prostaty

Dostarczenie wiedzy *a priori* do algorytmów segmentacji może zostać zrealizowane na różne sposoby. Najprostszą metodą jest wykorzystanie informacji o położeniu pacjenta zapisanego w danych CT. Informacja ta zapisana jest w formacie DICOM [14], który jest standardowo stosowany do przechowywania informacji obrazowych w medycynie. Takie podejście nie pozwala skompensować różnic w osiowym ułożeniu ciała, wagi i wzrostu pacjenta.

Globalną kompensację można uzyskać za pomocą transformacji afinicznej:

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} M_{00} & M_{01} & M_{02} & T_x \\ M_{10} & M_{11} & M_{12} & T_y \\ M_{20} & M_{21} & M_{22} & T_z \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{bmatrix} \quad (1)$$

gdzie: $[x', y', z']$ są współrzędnymi po transformacji wokseli obrazu, $[x, y, z]$ - współrzędnymi oryginalnymi, $[T_x, T_y, T_z]$ - parametrami translacji, elementy macierzy M_{ij} reprezentują liniowe transformacje złożone z rotacji wokół każdej z osi, skalowania oraz ścięcia. Dopasowanie obrazów z zastosowaniem transformacji afinicznej nie pozwala uwzględnić lokalnych deformacji struktur anatomicznych, a jedynie skompensować różnice w ułożeniu pacjentów.

Innym podejściem jest już wspomniane w rozdziale 2 wyznaczenie lokalnych przemieszczeń wokseli pomiędzy obrazami, co sprowadza się do wyznaczenia 3D wektorów deformacji za pomocą deformowalnych metod dopasowania obrazów. Jako przykład można podać algorytm *B-Spline FFD* [15] zaproponowany do dopasowania obrazów rezonansu piersi czy też rodzinę metod *Demons* [16] wywodzących się z metody przepływu optycznego. Wspomniane algorytmy zostały zaprojektowane do dopasowania 2 obrazów do siebie. Z punktu widzenia budowy modelu struktur anatomicznych lepsze efekty przynosi stosowanie metod umożliwiających dopasowanie większej liczby obrazów jednocześnie niż dopasowywanie zbioru treningowego do jednego z nich.

Jednym z rozwiązań jest zastosowanie do tej metodologii połączenia transformacji afinicznej wraz z dopasowaniem deformowalnym:

$$T(x, y, z) = T_{local}(T_{global}(x, y, z)) \quad (2)$$

gdzie T_{global} jest transformacją afiniczną opisaną równaniem (1), T_{local} jest modelem deformacji wykorzystującym funkcje B-sklejane. Transformacja afiniczna pozwala skompensować położenie pacjenta, natomiast funkcje sklejące modelują lokalne deformacje w strukturach anatomicznych.

W prezentowanym rozwiązaniu wykorzystano technikę *B-spline Free Form Deformations* (FFD), zaproponowaną przez Ruecketa [15]. FFD może zostać przedstawione jako produkt tensorowy jednowymiarowych sześciennych funkcji B-sklejanych [15]:

$$T_{local}(x, y, z) = (x, y, z) + \sum_{l=0}^3 \sum_{m=0}^3 \sum_{n=0}^3 B_l(u) B_m(v) B_n(w) \Gamma_{i+l, j+m, k+n} \quad (3)$$

gdzie Γ reprezentuje $n_x \times n_y \times n_z$ równomierną siatkę punktów kontrolnych $\varphi_{i,j,k}$, $i = \lfloor x/n_x \rfloor - 1$, $j = \lfloor y/n_y \rfloor - 1$, $k = \lfloor z/n_z \rfloor - 1$, $u = x/n_x - \lfloor x/n_x \rfloor$, $v = y/n_y - \lfloor y/n_y \rfloor$, $w = z/n_z - \lfloor z/n_z \rfloor$. B_l jest l -tą sześcienną B-sklejaną funkcją bazową.

W celu dopasowania większej liczby obrazów tomograficznych wykorzystano jednoczesne dopasowanie wielu obrazów (ang. GR - *Groupwise Registration*) i implementację zaproponowaną w [17].

Bazując na zbiorze N danych tomograficznych $\{I_1, \dots, I_N\}$ możliwe jest zdefiniowanie wspólnego obrazu odniesienia I_R i zbioru transformacji takich, które pozwolą transformować punkty z obrazu odniesienia na dane wejściowe $\{I_1, \dots, I_N\}$ i odwrotnie. Taka metodologia umożliwi umieszczenie w jednym układzie odniesienia informacji na temat struktur anatomicznych na podstawie danych pochodzących od wielu pacjentów. Informacje na temat pól deformacji, które umożliwiają takie transformacje można uzyskać wykorzystując połączenie transformacji afinicznej z deformowalnym dopasowaniem obrazów opisanym w rozdziale 3.

Każdy obraz jest transformowany do jednego układu odniesienia co w konsekwencji prowadzi do wyznaczenia pola deformacji względem niego.

Przedstawione w postaci binarnej maski obrysowanych struktur (1 - obiekt, 0 - tło) są modyfikowane z użyciem wyznaczonych 3D wektorowych pól deformacji. Wyniki tej operacji są dodawane i uśredniane. W ten sposób otrzymujemy się mapę prawdopodobieństwa przynależności wokseli uśrednionego obrazu do konkretnych struktur anatomicznych.

Proces dopasowania obrazów wymaga zastosowania miary podobieństwa umożliwiającej ocenę jakości dopasowania w procesie wyznaczania współczynników transformacji. Ze względu na fakt, iż wszystkie wykorzystywane dane CT pochodziły z jednego urządzenia obrazującego jako miarę podobieństwa wykorzystano sumę kwadratów różnic (ang. *Sum of Squared Differences*).

4. Budowa modelu z wykorzystaniem jednoczesnego dopasowania wielu obrazów

Przedstawioną metodologię przetestowano na danych pochodzących z tomografii komputerowej (*Siemens Somatom Sensation Open*) wykonanych dla potrzeb radioterapii pięciu pacjentów z nowotworem prostaty. Obrazy zostały zarejestrowane z rozdzielczością 0.9355×0.9355 mm w przekrojach poprzecznych rekonstruowanych co 5 mm.

Na rysunku 1 przedstawiono przykładowe dopasowanie obrazów tomograficznych przy wykorzystaniu metodologii opisanej w rozdziale 3. W pierwszym wierszu zamieszczono wyniki nałożenia obrazów z wykorzystaniem informacji o położeniu pacjentów zawartych w danych. Ze względu na różnice osobnicze pacjentów (wzrost, waga, wiek, wielkość i położenie organów) można zaobserwować brak poprawnego nałożenia struktur anatomicznych wraz z różnicami w obrysach zewnętrznych ciała pacjenta. Różnice w położeniu pacjenta można skompensować z wykorzystaniem transformacji afinicznej (rys. 1 - drugi wiersz), jednakże dalej pozostaje problem z lokalną korektą kształtów struktur anatomicznych.

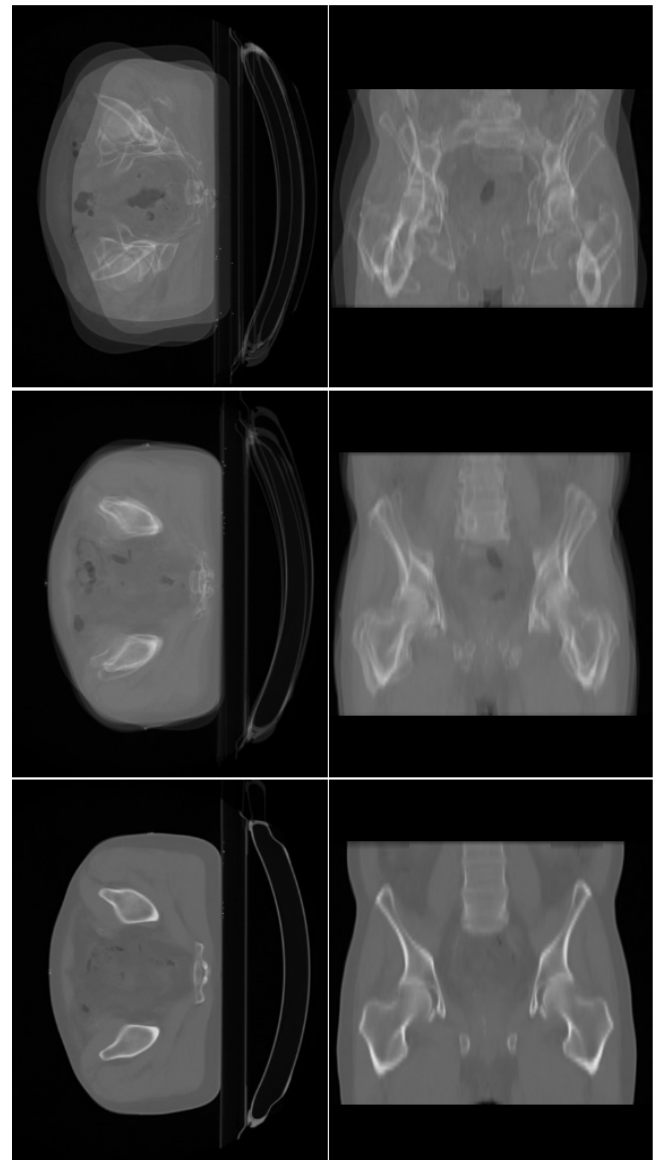
Korekcję lokalnych deformacji pomiędzy danymi pacjentów uzyskano za pomocą podejścia GR [17] (rys. 1 - trzeci wiersz) w połączeniu z transformacją afiniczną.

W idealnym przypadku przeniesienie obrysów struktur z danych pochodzących od wielu pacjentów do jednego układu odniesienia powinno charakteryzować się zerowymi odległościami pomiędzy nimi przy założeniu, że rozmiar i kształt struktur byłyby taki sam. W rzeczywistości to założenie nie jest spełnione na co mają wpływ różnice anatomiczne w populacji. Zastosowanie deformowalnego dopasowania powinno w idealnym przypadku wyznaczyć deformacje pomiędzy nimi. Należy podkreślić fakt, iż sama procedura obrysu przez lekarza jak i możliwe różnice w anatomii powodują, że wyznaczenie deformacji pomiędzy strukturami pochodzącymi od różnych pacjentów nie prowadzi do idealnego odwzorowania.

W celu oceny różnic pomiędzy obrysami przeniesionymi do jednego układu współrzędnych wyliczono odległości pomiędzy obrysami po zastosowaniu poszczególnych podejść. W tabeli 1 przedstawiono maksymalne odległości pomiędzy krawędziami struktur.

Tab. 1. Maksymalne różnice pomiędzy obrysami struktur anatomicznych wykonanymi przez lekarza po zastosowaniu dopasowań. Opis w tekście
Tab. 1. Maximal differences between contours of anatomical structures made by a medical doctor after matching. Description in the text

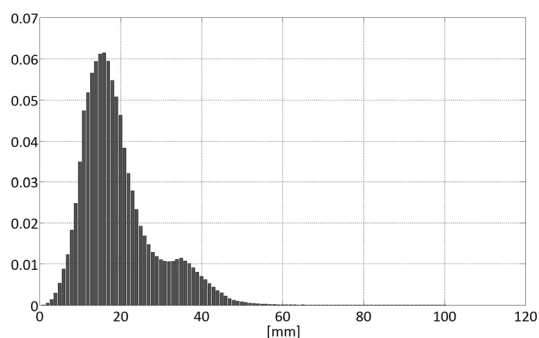
	Położenie pacjenta	Tr. afiniczna	Groupwise registration
GTV	38.30	31.81	16.84
Pęcherz	40.56	22.53	20.58
Odbytnica	37.42	22.68	17.64
GL	44.12	29.94	22.45
GP	48.79	35.65	20.92



Rys. 1. Wyniki dopasowania danych pochodzących od 5 pacjentów z wykorzystaniem: 1 wiersz - informacji dotyczących położenia pacjenta; 2 wiersz - transformacji afinicznej; 3 wiersz - deformowalnego dopasowania obrazów GR
Fig. 1. Results of the CT data registration coming from 5 patients: 1st row - based on information about patient localization; 2nd row - based on affine transformation; 3rd row - based on deformable Groupwise Registration

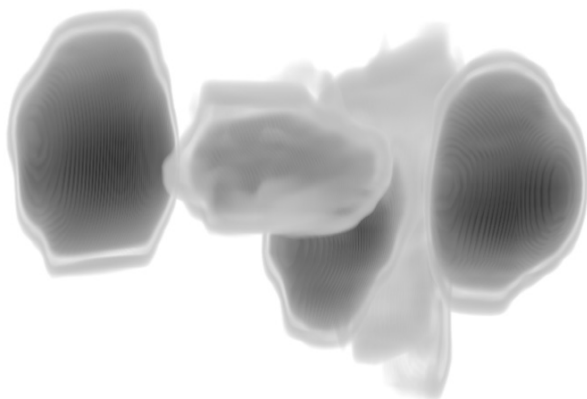
W przypadku wykorzystania tylko informacji o położeniu pacjenta maksymalna różnica między obrysami wynosiła, aż 48.79 mm w przypadku prawej głowy kości udowej. Korekcja położenia z zastosowaniem transformacji afinicznej pozwoliła zredukować tę wartość do 35.65 mm w przypadku tych samych danych. Modelowanie lokalnych deformacji umożliwiło kolejną redukcję różnic o 2 mm w przypadku pęcherza do prawie 25 mm w przypadku prostaty (GTV).

Na podstawie 3D wektorów deformacji uzyskanych po dopasowaniu obrazów za pomocą transformacji afinicznej oraz deformowalnego dopasowania obrazów zbudowano model geometryczny oraz zawierający informację na temat rozkładów wartości w skali HU (ang. *Hounsfield Unit*). Unormowany histogram długości otrzymanych wektorów pokazujący wartości przemieszczeń struktur względem obrazu uśrednionego przedstawiono na rysunku 2. Histogram ten pokazuje różnicę w położeniu wokseli w danych względem średniej z populacji, z której zbudowano model.



Rys. 2. Unormowany histogram długości wektorów przemieszczeń
Fig. 2. Normalized histogram of displacement vector length

Uzyskany model geometryczny obejmujący prostatę, pęcherz moczowy, odbytnicę oraz głowy kości udowych przedstawiono na rysunku 3.



Rys. 3. 3D model struktur anatomicznych (prostate, pęcherz, odbytnica, głowy kości udowych)

Fig. 3. 3D model of anatomical structures (prostate, bladder, rectum, femoral heads)

5. Podsumowanie i wnioski

W artykule przedstawiono metodologię tworzenia modeli struktur anatomicznych pochodzących z danych tomograficznych dla potrzeb radioterapii prostaty. Otrzymane modele mogą stanowić wiedzę *a priori* dostarczaną do algorytmów segmentacji takich jak: deformowalne modele, techniki zbiorów poziomicowych czy też do propagacji punktów charakterystycznych dla zbiorów treningowych w algorytmach wykorzystujących metodologię PDM. Dodatkowo prezentowane podejście umożliwia analizę różnic w geometrii struktur anatomicznych w badanej populacji.

Zaprezentowane metody zostały przetestowane na rzeczywistych danych CT pochodzących od 5 pacjentów z nowotworem prostaty leczonych w Świętokrzyskim Centrum Onkologii w Kielcach.

Prace przedstawione w artykule zostały sfinansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/Narodowe Centrum Nauki, projekt numer NN518 497739. Autor chciałby serdecznie podziękować dr hab. Pawłowi Kukulowiczowi oraz dr Piotrowi Kędzierawskiemu ze Świętokrzyskiego Centrum Onkologii w Kielcach za udostępnienie danych tomograficznych oraz wykonanie manualnych obrysów struktur anatomicznych.

6. Literatura

- [1] (pod red.) Krzakowski M., et al.: Onkologia w Praktyce Klinicznej. tom. 3, supl. C, VIA MEDICA, str. 274–281, Gdańsk, 2007.
- [2] Chen, S., Lovelock, M., and Radke, R.J.: Segmenting the prostate and rectum in CT imagery using anatomical constraints. *Medical Image Analysis* 15 (1), str. 1-11, 2011.
- [3] Cootes T.F., i in.: Training models of shape from sets of examples. *Proceedings of the British Machine Vision Conference*. Leeds, UK, str. 9-18, 1992.
- [4] Cootes T.F., Cooper D., Taylor C.J. and Graham J.: Active Shape Models - Their Training and Application. *Computer Vision and Image Understanding*. 61(1), str. 38-59, 1995.
- [5] Cootes T.F., Edwards G.J. and C.J.Taylor: Active Appearance Models. *Proceedings of European Conference on Computer Vision*. Vol. 2, str. 484-498, Springer, 1998.
- [6] Jeong, Y., Radke, R.: Reslicing axially sampled 3D shapes using elliptic Fourier descriptors. *Medical Image Analysis*, 11(2), str. 197-206, 2007.
- [7] Heimann T., Meinzer H.P.: Statistical shape models for 3D medical image segmentation: A review, *Medical Image Analysis*. 13(4), str. 543-563, 2009.
- [8] Rohlfing T. i in.: Quo Vadis, Atlas-Based Segmentation?. W: J. Suri, D. L. Wilson, and S. Laxminarayan (eds.), *The Handbook of Medical Image Analysis: Segmentation and Registration Models*, Kluwer, 2005.
- [9] Acosta, O., i in.: Atlas Based Segmentation and Mapping of Organs at Risk from Planning CT for the Development of Voxel-Wise Predictive Models of Toxicity in Prostate Radiotherapy. A. Madabhushi et al. (Eds.): *Prostate Cancer Imaging, LNCS 6367*, Springer-Verlag, str. 42-51. 2010.
- [10] Skalski A. i in.: Computed tomography-based radiotherapy planning on the example of prostate cancer: application of level-set segmentation method guided by atlas-type knowledge. *Proc. of the 4th International Symposium on Applied Sciences in Biomedical and Communication Technologies (ISABEL '11)*. ACM. 2011. DOI: 10.1145/2093698.2093840
- [11] Martin, S., Daanen V., Trocraz J.: Atlas-based prostate segmentation using an hybrid registration. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*. 3 str. 485-492, 2008. DOI: 10.1007/s11548-008-0247-0
- [12] Klein, S., i in.: Segmentation of the prostate in MR images by Atlas Matching. *4th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging From Nano to Macro*. str. 1300-1303, 2007.
- [13] Pasquier D., i in.: Automatic segmentation on pelvic structures from Magnetic Resonance images for prostate cancer radiotherapy. *Int. J. Radiation Oncology Biol. Phys.*, 68(2), str. 592-600, 2007.
- [14] Digital Imaging and Communications in Medicine. DICOM. <http://medical.nema.org/>
- [15] Rueckert D., i in.: Nonrigid registration using free-form deformations: application to breast MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(8), str.712-721, 1999.
- [16] Thirion J.P.: Image matching as a diffusion process: an analogy with Maxwell's demon's. *Medical Image Analysis*. 2(3), str. 243-260, 1998.
- [17] Balci, S.K., Golland, P., Wells, W.M.: Non-rigid Groupwise Registration using B-Spline Deformation Model. *The Insight Journal*. DOI=<http://hdl.handle.net/1926/568> 2007.

otrzymano / received: 16.01.2012

przyjęto do druku / accepted: 02.03.2012

artykuł recenzowany / revised paper