**- Bibliography entry (Authors, Title, Journal volume:pages, DOI)**

**- Methods and models**

**- Type of data, datasets**

**- Metrics and results**

**- Assumptions, constraints & limitations:**

**- Remark:**

**- 5-10 line summary:**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6237203/>

- Ren J, Karagoz K, Gatza ML, et al. Recurrence analysis on prostate cancer patients with Gleason score 7 using integrated histopathology whole-slide images and genomic data through deep neural networks. *J Med Imaging (Bellingham)*. 2018;5(4):047501. doi:10.1117/1.JMI.5.4.047501

- model analizujący obrazy i odpowiadające im dane genetyczne, obrazy podawane w kolejności wycinania koło siebie, ekstrakcja obrazu AlexNetem, scalenie i LSTM rekurencyjen po obrazach

- Genomic Data Commons – 43 G 3+3, 146 G 3+4, 101 G 4+3, 49 G 4 + 4 WSI

- multitask loss function -analizuje zarówno obraz jak i dane generyczne; mierzyli C-index, wynik 0.74

- poprawność dostarczonych danych, dane wycinane kolumnowo – w przypadku dużych skrawków częściowo traci się ‘sekwencyjność’, loss function zależne od 2 zmiennych – ogranicza prędkość wg mnie

- w miare solidna praca, szczegółowy opis trochę koślawy

<https://arxiv.org/pdf/2008.09352v1.pdf>

@misc{li2020deep,

title={Deep Learning Methods for Lung Cancer Segmentation in Whole-slide Histopathology Images -- the ACDC@LungHP Challenge 2019},

author={Zhang Li and Jiehua Zhang and Tao Tan and Xichao Teng and Xiaoliang Sun and Yang Li and Lihong Liu and Yang Xiao and Byungjae Lee and Yilong Li and Qianni Zhang and Shujiao Sun and Yushan Zheng and Junyu Yan and Ni Li and Yiyu Hong and Junsu Ko and Hyun Jung and Yanling Liu and Yu-cheng Chen and Ching-wei Wang and Vladimir Yurovskiy and Pavel Maevskikh and Vahid Khanagha and Yi Jiang and Xiangjun Feng and Zhihong Liu and Daiqiang Li and Peter J. Schüffler and Qifeng Yu and Hui Chen and Yuling Tang and Geert Litjens},

year={2020},

eprint={2008.09352},

archivePrefix={arXiv},

primaryClass={eess.IV}

}

- przegląd modelu ACDC lung hp; są cnn, unet,

- dane ze szpitala w Chanshy od chorych pacjentów na raka płuc, 4 różne linie komórkowe, 150 + 50 WSI + adnotacje

- dice coeff, max 0.8372

- porównanie metod jedno- i wielomodelowych, tylko segmentacja, inny rodzaj tkanki

- inny rodzaj tkanki, ale wiele metod segmentacyjnych

<https://www.researchgate.net/publication/317301118_Large_scale_tissue_histopathology_image_classification_segmentation_and_visualization_via_deep_convolutional_activation_features>

- Xu, Yan & Jia, Zhipeng & Wang, Liang-Bo & Ai, Yuqing & Zhang, Fang & Lai, Maode & Chang, Eric. (2017). Large scale tissue histopathology image classification, segmentation, and visualization via deep convolutional activation features. BMC Bioinformatics. 18. 10.1186/s12859-017-1685-x.

- alexnet do ekstrakcji, część do klasyfikacji (2 rodzaje SVM), część do segmentacji (zmodyfikowany z MICCAI challenge)

- MICCAI 2014 brain tumor i jakiś zbiór danych WSI raka jelita (department of pathology Zhejiang University of china) 717 skrawków

- S = 2\*iloczyn/suma i acurracy; w porównaniu do MICCAI zawsze 4-5 pkt proc więcej

- porządny artykuł, z nature

<https://arxiv.org/pdf/1905.13208.pdf>

- @misc{li2019attentionbased,

title={An attention-based multi-resolution model for prostate whole slide imageclassification and localization},

author={Jiayun Li and Wenyuan Li and Arkadiusz Gertych and Beatrice S. Knudsen and William Speier and Corey W. Arnold},

year={2019},

eprint={1905.13208},

archivePrefix={arXiv},

primaryClass={cs.CV}

}

- oparte na atencji uczenie wielu instancji, CNN feature extractor + mlp

- Cedars Sinai dataset; 30 WSI G 3, 4, 5, BN,

- accuracy; 85.11

- szczegółowy opis

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6966453/>

- Ryu HS, Jin MS, Park JH, et al. Automated Gleason Scoring and Tumor Quantification in Prostate Core Needle Biopsy Images Using Deep Neural Networks and Its Comparison with Pathologist-Based Assessment. *Cancers (Basel)*. 2019;11(12):1860. Published 2019 Nov 25. doi:10.3390/cancers11121860

- DeepDx Prostate – nie podali szczegółów architektury

- 1833 H&E barwionych skrawków na szkle biopsji igłowej prostaty wraz z oryginalnymi diagnozami szpitalnymi; niepubliczny zbiór danych ze wzgl na przetwarzanie danych osobowych, Korea University Guro Hospital and Hangyang University Medical Center

- kappa coeff; wyniki dla łatwych i średnich skrawków przewyższają dokładnością oryginalne diagnozy, dla trudnych porównywalne

- dane tylko z jednego źródła, błąd związany z adnotacją danych przez 3 róznych histopatologów

- generalnie ok

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6089889/>

- Arvaniti E, Fricker KS, Moret M, et al. Automated Gleason grading of prostate cancer tissue microarrays via deep learning [published correction appears in Sci Rep. 2019 May 16;9(1):7668]. *Sci Rep*. 2018;8(1):12054. Published 2018 Aug 13. doi:10.1038/s41598-018-30535-1

- CNN (MobileNet, małe), segmentacja; testowane wraz z VGG-16, ResNet-50, DenseNet-121 trenowane na wagach ImageNet

- dataset z: Zhong Q, et al. A curated collection of tissue microarray images and clinical outcome data of prostate cancer patients. *Sci Data.*2017;**4**:170014. doi: 10.1038/sdata.2017.14

- kappa score; wyniku trzeba suię doszukać, jest wzmianka, że modele osiągnęły ~65%; mobilenet: Benign 63%, Gleason 3 72%, Gleason 4 58%, Gleason 5 88%

-

- to, że mobilenet wypadł tak dobrze może być lekko podejrzane

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6392455/>

- Ren J, Sadimin E, Foran DJ, Qi X. Computer aided analysis of prostate histopathology images to support a refined Gleason grading system. *Proc SPIE Int Soc Opt Eng*. 2017;10133:101331V. doi:10.1117/12.2253887

- semantic segmentation – deep autoencoder jakiś, u-net bez wykorzystywania wcześniejszych warstw; powiększanie obrazu odbiciami lustrzanymi brzegów; wykonują ekstrakcje cech; propozycja postprocessingu

- nic o danych nie ma, tylko że to wycinki prostaty

- F1 score i precision; 0.8823 precision i 0.8453 F1 score; post processing nieznacznie podniósł te wartości

- jest ok, ale post processing nie jest aż taki kluczowy

<https://www.nature.com/articles/s41746-019-0112-2>

- Nagpal, K., Foote, D., Liu, Y. *et al.* Development and validation of a deep learning algorithm for improving Gleason scoring of prostate cancer. *npj Digit. Med.* **2,**48 (2019). <https://doi.org/10.1038/s41746-019-0112-2>

- model dwuczęściowy: lokalny klasyfikator i klasyfikator przypisujący Geason score całemu WSI; pierwsza część to InceptionV3, zmodyfikowany na w pełni konwolucyjny; ogólny klasyfikator KNN

- 1226 wsi i niezależna walidacja na własnych 331 wsi; The Cancer Genome Atlas, TCGA

-