

C. STRESZCZENIE PROJEKTU

1. Cel prowadzonych badań/hipoteza badawcza

Celem zasadniczym projektu jest opracowanie nowej metody segmentacji komórek i jąder komórkowych na obrazach cytopatologicznych z wykorzystaniem metod geometrii stochastycznej oraz porównanie skuteczności zaproponowanej metody z najnowszymi podejściami proponowanymi w światowej literaturze naukowej. Geometria stochastyczna jest intensywnie rozwijanym działem teorii prawdopodobieństwa zajmującym się analizą losowych wzorców przestrzennych. Modele geometrii stochastycznej wykazały swoją skuteczność w takich obszarach jak analiza mikrostruktur materiałów, astronomia, teledetekcja, stereologia czy sieci bezprzewodowe. Metody geometrii stochastycznej są z powodzeniem stosowane wszędzie tam gdzie mamy do czynienia z heterogenicznymi strukturami, których rozkład w przestrzeni jest losowy. Z bardzo podobnymi problemami spotykamy się w przypadku materiałów biologicznych na obrazach cytologicznych oraz histopatologicznych. **Dlatego można postawić hipotezę**, że modele geometrii stochastycznej pozwolą dokładnie opisać losowe struktury komórek lub jąder komórkowych i wyodrębnić z dużą dokładnością zadane obiekty. Weryfikacja przedstawionej hipotezy będzie wymagała porównania skuteczności segmentacji komórek i jąder komórkowych zaproponowanej metody z innymi metodami znanymi z literatury światowej. Ponadto istotnym celem badań jest zweryfikowanie uniwersalności proponowanej metody segmentacji co będzie wymagało przeprowadzenia testów dla obrazów mikroskopowych pochodzących z różnych problemów cytodiagnosticski.

2. Zastosowana metoda badawcza/metodyka

Zaplanowano przygotowanie trzech baz wirtualnych slajdów, z czego jedna została już przygotowana, a dwie następne będą zbierane w ramach realizacji niniejszego projektu. Akwizycja i opracowanie baz wirtualnych slajdów będzie realizowana z wykorzystaniem skanera slajdów i materiału badawczego Zakładu Patomorfologii Szpitala Wojewódzkiego w Zielonej Górze. System odczytu i przetwarzania wirtualnych slajdów zostanie utworzony dla środowiska Matlab oraz Java. Przeglądarka wirtualnych slajdów w języku Java będzie miała możliwość przetwarzania wirtualnych slajdów z wykorzystaniem algorytmów ładowanych do przeglądarki w postaci wtyczek.

W drugim etapie prac, rozwinięta zostanie metoda segmentacji obszarów slajdów, na których znajdują się jądra komórkowe. Planuje się w tym celu wykorzystać kilka różnych metod w celu ich porównania: progowania, klasteryzacji danych i aktywnych konturów.

Ostatnim etapem przetwarzania obrazu w planowanych badaniach jest odkrycie na obszarach reprezentujących jądra komórkowe pojedynczych jąder z wykorzystaniem losowych modeli geometrii stochastycznej. Zadanie to charakteryzuje się dużym poziomem trudności ze względu na fakt, że jądra komórkowe tworzą losowe struktury, w których obiekty nie posiadają wyraźnych granic a ponadto często nachodzą na siebie. Zbiór takich obiektów można opisać za pomocą procesu punktowego.

Ocena jakości segmentacji oparta zostanie na analizie porównawczej efektywności diagnostycznej systemów z wykorzystaniem proponowanych w projekcie i znanych z literatury światowej metodach segmentacji wzbogaconych o techniki wyznaczania parameterów morfometrycznych, i o wybrane klasyfikatory, bądź zespoły klasyfikatorów. Co najmniej trzy problemy diagnostyczne są brane pod uwagę: diagnostyka nowotworu piersi, klasyfikacja raka płuc, oraz ocena reakcji pacjentów z nowotworami szyi i głowy na radioterapię.

3. Wpływ spodziewanych rezultatów na rozwój nauki, cywilizacji, społeczeństwa

Wyniki uzyskane w ramach projektu przyczynią się do rozwoju technik informatycznych w medycynie oraz umożliwią przeprowadzenie zaawansowanych badań medycznych z zakresu cytologii. W pierwszym przypadku wkład obejmować będzie: opracowanie zespołu metod segmentacji jąder komórkowych lub komórek na obrazach cytologicznych, opracowanie kryteriów pozwalających porównywać skuteczność różnych metod segmentacji jąder komórkowych na wirtualnych slajdach, przygotowanie kompleksowego porównania skuteczności różnych metod segmentacji jąder komórkowych z wykorzystaniem proponowanej metody segmentacji oraz wybranych metod segmentacji znanych z literatury naukowej, jak również opracowanie oprogramowania wspierającego przetwarzanie całych wirtualnych slajdów. W drugim przypadku wkład obejmować będzie: opracowanie metody wczesnego odkrywania odczynów popromiennych dla pacjentów poddanych radioterapii na podstawie analizy cech jąder komórkowych dla materiału pobieranego z błon śluzowych jamy ustnej (opracowanie takiej metody pozwoli na wczesną diagnostykę odczynów popromiennych i podjęcie procedury leczenia minimalizującego efekty takich odczynów), weryfikację hipotezy, że analiza cech jąder komórkowych z materiału pozyskanego za pomocą biopsji cienkoigłowej z nowotworu płuc jest równoważna badaniom immunochemicznym i molekularnym (wykazanie takiej równoważności zmniejszyłoby znacząco koszty procedury diagnostycznej i przyspieszyłoby proces leczenia pacjenta), weryfikację hipotezy, że analiza immunochemiczna materiału z biopsji cienkoigłowej nowotworu piersi jest równoważna analizie immunohistochemicznej (potwierdzenie tej hipotezy umożliwiłoby stosowanie do badań immunochemicznych materiału pozyskanego za pomocą biopsji cienkoigłowej, która jest badaniem znacznie mniej inwazyjnym niż badanie histopatologiczne).