

Szkoła Doktorska Technologii Informatycznych i Biomedycznych PAN

TIB PAN

Tematyka badań: Analiza obrazów i metody uczenia maszynowego zastosowane do automatycznej detekcji zmian przedrakowych w cytologii ginekologicznej.

Opiekun, kontakt, instytucja w której projekt będzie wykonywany

Dr hab. Anna Korzyńska, prof. IBIB PAN (akorzynska@ibib.waw.pl, tel. 226597030 w. 224, pokój 123), Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. M. Nałęczca PAN, ul. Trojdena 4, 02-109 Warszawa

Opis projektu: Rak szyjki macicy jest jednym z najbardziej śmiertelnych i najczęściej spotykanych nowotworów złośliwych we współczesnym świecie [1]. Powszechnie wiadomo, że rozwojowi tego raka można zapobiec, jeśli kobiety poddają się regularnie badaniom przesiewowym. Ocena rozmazu z kanału i tarczy szyjki macicy jest najczęstszym badaniem stosowanym we wczesnej diagnostyce raka szyjki macicy jako metoda przesiewowa. Może być wykonywana przy użyciu barwienia Papanicolaou w dwóch technikach: klasycznej i opartej o fazę płynną. Mikroskopowa ocena rozmazów jest podatna na błędy z powodu omyłności ludzkiej percepcji wzrokowej, a ponadto proces oceny jest żmudny i czasochłonny. Dlatego korzystne jest opracowanie narzędzia diagnostycznego wspomaganego komputerowo, aby ocena cytologii była bardziej jednoznaczna i wiarygodna [2, 3].

Celem tego projektu jest zaproponowanie narzędzia do automatycznego wykrywania zmian przedrakowych (w szczególności jąder komórkowych świadczących o zawansowaniu procesu nowotworzenia) w rozmazie cytologicznym i wspomaganie procesu badań przesiewowych przez skrócenia czasu pracy cytodiagnostów, np.: eliminując preparaty zawierające rozmaz w normie. W efekcie więcej czasu można poświęcić na preparaty wskazane jako pozytywne lub niejednoznaczne.

Literatura opisuje takie systemy [4, 5], ale system opracowany w ramach tego projektu powinien wykonywać segmentację komórki (jądra i cytoplazmy) w oparciu o sztuczną inteligencję (AI) i być w pełni automatyczny. W naszym laboratorium mamy doświadczenia w zastosowaniu głębokiego uczenia maszynowego w zakresie analizy preparatów histologicznych barwionych histochemicznie pochodzących z biopsji mniejszych gruczołów ślinowych [6] i segmentacji fibroblastów [7] z sekwencji obrazów mikroskopowych, dokumentujących zachowanie komórek w hodowli.

Bibliografia:

1. Ahmedin Jemal, Melissa M. Center, Carol DeSantis and Elizabeth M. Ward; "Global Patterns of Cancer Incidence and Mortality Rates and Trends", 2010, Cancer Epidemiology, Biomarkers & Prevention vol 19(8); DOI: 10.1158/1055-9965.EPI-10-0437
2. William Wasswa, Andrew Ware, Annabella Habinka, Basaza-Ejiri, Johnes Obungoloch; "A pap-smear analysis tool (PAT) for detection of cervical cancer from pap-smear images", BioMedical Engineering OnLine, 2019, vol 18(1):16; issn1475-925X, 10.1186/s12938-019-0634-5
3. Ling Zhang, Le Lu, Isabella Noguez, Ronald M. Summers, Shaoxiong Liu, Jianhua Yao; "DeepPap: Deep Convolutional Networks for Cervical Cell Classification" arXiv:1801.08616v1 [cs.CV] 25 Jan 2018
4. William Wasswa, Andrew Ware, Annabella Habinka, Basaza-Ejiri, Johnes Obungoloch; "A review of image analysis and machine learning techniques for automated cervical cancer screening from pap-smear images" Computer Methods and Programs in Biomedicine; Vol 164: 15-22; 10.1016/j.cmpb.2018.05.034
5. Keluo Yao, Rulong Shen, Anil Parwani, Zaibo Li; "A comprehensive study of telecytology using robotic digital microscope and single Z-stack digital scan for fine-needle aspiration-rapid on-site evaluation" Journal of Pathology Informatics 2018, 9:4910.4103/jpi.jpi_75_18
6. Anna Korzynska, Jakub Zak, Krzysztof Siemion, Lukasz Roszkowiak, Dorota Pijanowska; "CNN support to diagnostics in Sjögren's Syndrome ", PCBEE 2019.
7. Lukasz Roszkowiak, Jakub Zak, Krzysztof Siemion, Joanna Kinasiewicz and Anna Korzynska; "Fibroblast segmentation in microscopic brightfield images with convolutional neural network", PCBEE 2019.