



Zaawansowana analiza obrazów mikroskopowych pochodzenia biomedycznego oparta na nowatorskich metodach i algorytmach w diagnostyce chorób

**dr hab. inż. Sebastian Student, dr Katarzyna Malarz,
dr hab. inż. Damian Borys, dr inż. Krzysztof Psiuk-Maksymowicz**

**Patrycja Podleśny, Urszula Cojg, Jakub Sarno, Michał Rajzer,
Szymon Szotowski, Mateusz Jasica, Adam Opala**

Przyjęte założenia

Założeniem projektu jest rozwój umiejętności studentów w zakresie przetwarzania obrazów biomedycznych, w tym mikroskopowych i koronarograficznych. Uczestnicy poznali etapy analizy, takie jak akwizycja, wstępne przetwarzanie i segmentacja. W projekcie wykorzystywane były zarówno klasyczne metody (progowanie, morfologia), jak i techniki uczenia maszynowego i głębokiego uczenia do dokładniejszej segmentacji.

Osiągnięte cele

Studenci, biorąc udział w projekcie, opracowali zintegrowane metody i algorytmy do analizy obrazów biomedycznych pochodzących z różnych technik obrazowania, przede wszystkim mikroskopii fluorescencyjnej, wspierając tym samym diagnostykę chorób. Dodatkowo rozwinęli umiejętności miękkie, takie jak wystąpienia publiczne, selekcja i prezentacja kluczowych informacji, a także efektywna współpraca i komunikacja w zespole.

Zastosowane metody realizacji

W części projektu opartym o koronarografię wykorzystano zbiory DCA1 i ICA. Dla ICA zastosowano interpolację nieliniową oraz augmentację (obrot, przybliżenie, zmiana jasności, przesunięcie). Dla obu zbiorów użyto metody CLAHE w celu poprawy kontrastu. Do segmentacji naczyń wieńcowych wykorzystano model DeepLabV3+. Do segmentacji jąder komórkowych wykorzystano dwa zbiory danych: publiczny zestaw NuIns Seg zawierający obrazy różnych tkanek ludzkich i mysich oraz autorski zbiór mikroskopii fluorescencyjnej komórek HeLa opracowany w Centrum Biotechnologii. Przetestowano trzy podejścia: klasyczne metody segmentacji (progowanie, algorytm wododziałowy), modele głębokiego uczenia (DilationCNN, U-Net) oraz podejścia hybrydowe łączące klasyczne techniki przetwarzania obrazu z sieciami neuronowymi.

Osiągnięte wyniki

W projekcie uzyskano wysoką skuteczność segmentacji naczyń wieńcowych z użyciem modelu DeepLabV3+, szczególnie dla zbioru ICA (IoU: 0.89, Dice: 0.94). Zastosowanie augmentacji i CLAHE poprawiło wyniki dla danych łączonych ICA+DCA1. W kwestii komórek podejścia oparte na uczeniu głębokim, szczególnie modele U-Net, przewyższają metody klasyczne pod względem dokładności segmentacji jąder komórkowych, a zastosowanie hybrydowych technik dodatkowo poprawia efektywność w przypadku trudnych, złożonych obrazów.

Inne informacje o projekcie

Studenci upowszechnili uzyskane wyniki poprzez publikację oraz prezentację na ogólnopolskich oraz międzynarodowych konferencjach: XII Śląskie Spotkania Naukowe; Computational Oncology and Personalized Medicine COPM2025; RACOPM monograph; EACR 2025 Congress: Innovative Cancer Science.