

ΕΘΝΙΚΟ ΚΑΙ ΚΑΠΟΔΙΣΤΡΙΑΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ
ΣΧΟΛΗ ΘΕΤΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ
ΤΜΗΜΑ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ ΚΑΙ ΤΗΛΕΠΙΚΟΙΝΩΝΙΩΝ

ΔΙΑΤΜΗΜΑΤΙΚΟ ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΜΕΤΑΠΤΥΧΙΑΚΩΝ ΣΠΟΥΔΩΝ
"ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΕΣ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ ΣΤΗΝ ΙΑΤΡΙΚΗ ΚΑΙ ΤΗ ΒΙΟΛΟΓΙΑ"

Αθανάσιος Δ. Μπαλωμένος

Επεξεργασία βακτηριακής εικόνας από time-lapse μικροσκοπία

Περίληψη

Η time-lapse μικροσκοπία επιτρέπει πλέον τη λεπτομερή δημιουργία δεδομένων από δυναμικές κυτταρικές διεργασίες σε επίπεδο μεμονωμένων κυττάρων (singlecelllevel). Πρόσφατες μελέτες έχουν τονίσει τη χρήση και τη σημασία αυτής της τεχνολογίας για τη διερεύνηση του βιολογικού θορύβου στη δυναμική της ρύθμισης των γονιδίων, των competence μονοπατιών, καθώς και των διαφόρων φάσεων της ανάπτυξης και του πολλαπλασιασμού των κυττάρων, μεταξύ άλλων περιοχών. Μαθηματικά και στατιστικά μοντέλα παρουσιάζουν αυξανόμενο ενδιαφέρον για περιγραφή και τον έλεγχο υποθέσεων για τα εν λόγω συστήματα και βασίζονται στην εξαγωγή δεδομένων από τις τεχνικές time-lapse εικονοληψίας που δημιουργούν ακολουθίες από ανεξάρτητα frame εικόνας που αποτελούνται από pixel. Είναι αναμφισβήτητο γεγονός ότι η time-lapse μικροσκοπία είναι ένα ουσιαστικό εργαλείο που επιτρέπει στη συστημική και τη συνθετική βιολογία την ανάλυση χαρακτηριστικών των βακτηρίων και την δυναμικής της εκφράσεις των γονιδίων σε επίπεδο μεμονωμένων κυττάρων. Ωστόσο, η ανάλυση αυτών των δεδομένων είναι πολύ χρονοβόρα και επιρρεπής σε λάθη, δεδομένου ότι πραγματοποιείται από ανθρώπινο χρήστη. Εδώ, αντιμετωπίζουμε το πρόβλημα στα πλαίσια επεξεργασίας εικόνας.

Στα πλαίσια αυτής της διπλωματική εργασίας, αναπτύξαμε μια μεθοδολογία προσδιορισμού των ορίων των κυττάρων (bacterial segmentation) και την παρακολούθηση τους στο πέρασμα του χρόνου (bacterial tracking), ακόμη και σε σχηματισμένες μικροβιακές αποικίες, όπου υπάρχει μεγάλη δυσκολία στον εντοπισμό των μεμονωμένων κυττάρων. Η αυτοματοποιημένη μέθοδος συνδυάζει διάφορες τεχνικές από την επεξεργασία εικόνας μέχρι τη μηχανικής μάθησης για το bacterial segmentation και την παρακολούθηση των κυττάρων από frame σε frame.

Η προτεινόμενη μεθοδολογία δοκιμάστηκε και αξιολογήθηκε με δύο διαφορετικά σύνολα δεδομένων βακτηριακής εικόνας και αρκετά ανεξάρτητα frame. Τα αποτελέσματα είναι πολύ υποσχόμενα. Μεγάλη προσπάθεια δόθηκε έτσι ώστε να

αξιολογηθεί ενδελεχώς η προτεινόμενη μέθοδος και να επεκταθεί η επεξεργαστική δυνατότητα με όσο το δυνατόν περισσότερα είδη εικόνων μικροσκοπίου, για παράδειγμα phase contrast, bright field, and fluorescent και είδη μικροσκοπίων, όπως τα οπτικά και τα συνεστιακά. Επίσης επιδεικνύουμε την ανθεκτικότητα και την αξιοπιστία του προτεινόμενου λογισμικού, ανεξάρτητα από τον τύπο της εικόνας. Η μεθοδολογία είναι πλήρως αυτοματοποιημένη και με υψηλή διεκπεραιωτική ικανότητα χαρακτηριστικά που αποτελούν προαπαιτούμενα στην επίλυση του συγκεκριμένου προβλήματος.

ΘΕΜΑΤΙΚΗ ΕΝΟΤΗΤΑ: Επεξεργασία Εικόνας και Μηχανική Μάθηση

ΛΕΞΕΙΣ ΚΛΕΙΔΙΑ: Κατάτμηση βακτηριακής εικόνας, απαρίθμηση κυττάρων, δημιουργία κυτταρικής γενεαλογίας, εξαγωγή και οπτικοποίηση βακτηριακών χαρακτηριστικών, expectation maximization.