

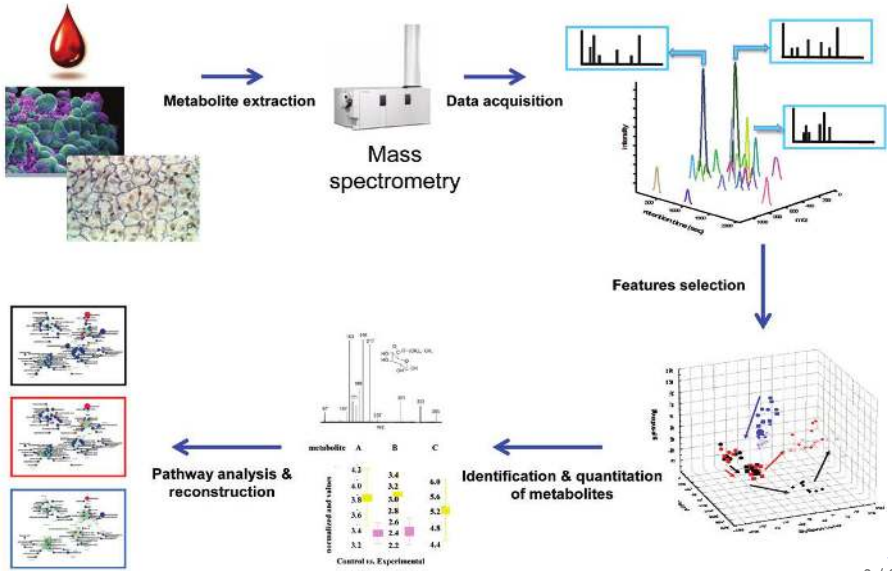
Сегментация результатов MALDI-спектрометрии

Иван Толстогонов

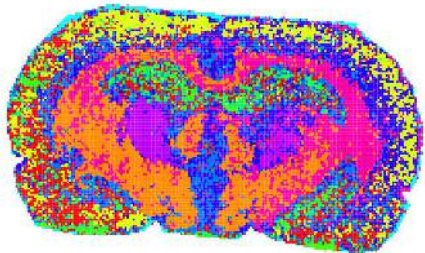
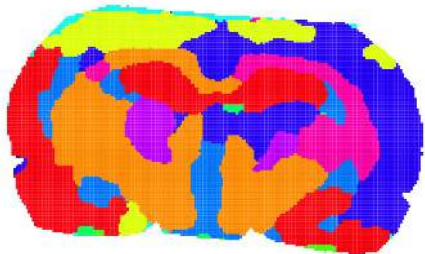
12.12.2015

Руководитель: Сергей Николенко; СПбАУ, ПОМИ РАН, ВШЭ

MALDI-IMS масс-спектрометрия



Что хотим получить?



- Найти структурно-однородные области образца и визуализировать в виде сегментов на изображении.
- Нам интересны скорее биологические характеристики сегментов, нежели само разбиение.

Ранее применявшиеся подходы

- Выделение интересных с биологической точки зрения областей с помощью *SVM*, генетических алгоритмов, эластичной сети.
- *EM*-кластеризация с последующим сглаживанием.
- Разделение на слабо зависимые компоненты.

Приблизительная модель на данный момент

- Делим изображение на клетки, считаем, что интенсивности в разных клетках слабо зависят друг от друга.
- Предполагаем, что внутри пиков интенсивности имеют гамма-распределение.
- Нужно найти

$$\min_w LL(Y, D, w) - \theta TV(w) - \lambda S(w),$$

Где $w^{i,j}$ – распространенность долей веществ в клетке (i, j) ,
 $LL(Y, D, w)$ – функция правдоподобия гамма-распределения,
 $TV(w)$ – мера резкости изображения, $S(w) = \sum_{i,j,l} |w_l^{i,j}|$

- Целевую функцию можно оптимизировать с помощью *PDHG*-алгоритма (Primal-Dual Hybrid Gradient Method).
- В данный момент параметр уменьшения шума не учитывается.

Результаты

- Проанализированы существующие алгоритмы оптимизации (в основном связанные с обработкой изображений), имеющие отношение к задаче.
- Предложены метрики для оценивания результатов модели.
- Оптимизированы некоторые подзадачи используемой версии метода *PDHG*.

Спасибо!