

Celem projektu jest zaprojektowanie i ocena w warunkach klinicznych algorytmów automatycznej, wspomaganą komputerowo analizy danych obrazowych uzyskanych podczas badania jamy brzusznej za pomocą tomografii komputerowej (TK) w celu oceny składu ciała pacjenta. Ostatecznym efektem projektu będą algorytmy do automatycznej segmentacji tkanek znajdujących się w jamie brzusznej, takich jak podskórna, trzewna i ektopowa tkanka tłuszczowa (wewnątrzmięśniowa, narządowa) i tkanka mięśniowa z podziałem na grupy mięśni. Segmentacja pozwoli ocenić procentowy skład ciała pacjenta, który jest parametrem diagnostycznym w ocenie ryzyka wielu chorób.

Ocena składu ciała służy między innymi do określenia poziomu otyłości. Otyłość jest jednym z rosnących problemów współczesnej medycyny, głównie ze względu na szeroki zakres powiązanych chorób towarzyszących. Zwiększona otyłość może prowadzić do powikłań takich jak choroby sercowo-naczyniowe, insulinooporność, cukrzyca typu 2, nadciśnienie tętnicze, bezalkoholowa stłuszczeniowa choroba wątroby do kilku rodzajów raka, takich jak rak jelita grubego, pęcherzyka żółciowego, tarczycy, przełyku lub chłoniak i szpiczak mnogi. Niemniej jednak nie całkowity poziom tkanki tłuszczowej jest kluczowy dla ryzyka chorób związanej z otyłością, ale główną rolę odgrywa ilość tkanki tłuszczowej trzewnej. Innym przykładem klinicznego znaczenia oceny tłuszczu trzewnego jest postępowanie z pacjentami onkologicznymi. Ta grupa jest często poddawana obrazowaniu okolicy brzucha za pomocą TK w celu oceny stopnia zaawansowania lub zaplanowania operacji. Po pierwsze, może pomóc w śledzeniu zmian w składzie ciała, co może być korzystne zwłaszcza w przypadku podejrzenia sarkopenii. Po drugie, może być cennym narzędziem do obliczania dawki leków chemioterapeutycznych u otyłych pacjentów, których masa ciała i powierzchnia ciała, zwykle używane do określenia dawki leku chemioterapeutycznego, nie odpowiadają dobrze rzeczywistej beztłuszczowej masie ciała. Z kolei bezpośrednio określona objętość tkanki mięśniowej jest najlepszym parametrem diagnostycznym w kacheksji. Bezpośrednia ocena składu ciała jest jednak ograniczona przez trudność nieinwazyjnego pomiaru masy mięśniowej w warunkach klinicznych. Utrata masy mięśniowej jest również charakterystycznym objawem związanym z sarkopenią. Sarkopenia to zwyrodnieniowa utrata masy mięśni szkieletowych, jakości i siły mięśni związana ze starzeniem się i unieruchomieniem. Tempo utraty mięśni zależy od poziomu aktywności fizycznej, chorób towarzyszących, odżywiania i innych czynników. Cechą charakterystyczną sarkopenii jest utrata beztłuszczowej masy mięśniowej. Zmiana składu ciała może być trudna do wykrycia z powodu otyłości, zmian masy tłuszczu lub obrzęku. Obecnie TK i RM są zalecanymi badaniami do oceny składu ciała, ponieważ umożliwiają precyzyjną segmentację tkanki tłuszczowej i mięśniowej oraz jej podział na poszczególne frakcje. W porównaniu z RM tomografią komputerową wykonuje się częściej ze względu na niższy koszt, krótszy czas trwania i mniejszą podatność na artefakty ruchowe. Ręczna segmentacja tkanek jest jednak bardzo czasochłonna, dlatego ocena składu ciała na podstawie tych technik obrazowania nie jest szeroko stosowana.

Dlatego projekt koncentruje się na poszukiwaniu efektywnych algorytmów do oceny składu ciała. W szczególności algorytmy, które należy opracować, powinny rozwiązać następujące zadania:

1. Korekta obrazu z powodu nieprawidłowego ustawienia pacjenta.
2. Wybór obszaru analizy na podstawie detekcji kręgów i innych kości.
3. Segmentacja tłuszczu podskórnego i trzewnego.
4. Segmentacja mięśni (mięsień czworoboczny, mięsień czworoboczny lędźwiowy, mięśnie proste brzucha, mięśnie skośne zewnętrzne i wewnętrzne brzucha, mięśnie poprzeczne brzucha).
5. Ocena stłuszczenia mięśni i objętości ektopowej tkanki tłuszczowej.
6. Ocena stłuszczenia wątroby.

Segmentacja tkanek na podstawie obrazów TK jamy brzusznej prawie zawsze zaczyna się od progowania obrazów TK na podstawie powszechnie akceptowanych zakresów jednostek Hounsfielda (HU) charakteryzujących tkanki, które mają być segmentowane. Na przykład mięśnie szkieletowe charakteryzują się HU w zakresie od -30 do 149, a trzewna tkanka tłuszczowa zajmuje przedział HU od -151 do -51, który jest zawarty w zakresie HU typowym dla tkanki tłuszczowej podskórnej (od -191 do -31). Co więcej, zakres HU mięśni jest podobny do zakresu HU dla narządów wewnętrznych. Z tych powodów tkanka tłuszczowa po segmentacji tworzy pojedynczy skomplikowany obiekt, którego częścią jest podskórna frakcja tkanki tłuszczowej, a druga część to trzewna frakcja tkanki tłuszczowej. Przypadek mięśni jest jeszcze bardziej skomplikowany, ponieważ po segmentacji mogą być one połączone z wątrobą, nerkami lub naczyniami krwionośnymi. Solidne przygotowanie anatomiczne jest niezbędne do prawidłowego oddzielenia mięśni od narządów wewnętrznych i oddzielenia jednej grupy mięśni od drugiej. Segmentacja tkanek i ich frakcji jest trudnym zadaniem, wymagającym odpowiednich narzędzi (w szczególności regresji i klasyfikacji opartych na AI) do znalezienia skutecznego rozwiązania. Wyniki aktualnie prowadzonych badań pokazują, że nawet uczenie głębokie zastosowane wprost do surowych danych nie działa dobrze. W związku z tym wciąż należy szukać bardziej skutecznych metod, w szczególności metod hierarchicznych, które rozkładają skomplikowany problem segmentacji wielu obiektów z jednego obrazu na prostszą sekwencję podproblemów możliwych do precyzyjnego rozwiązania.