

BIO-ALGORITHMS AND MED-SYSTEMS

Suplement No. 1
Vol. 6, No. 12
2010



Komitet Bioteknologii
i Inżynierii Biomedycznej
Polskiej Akademii Nauk



Sekcja Inżynierii Biomedycznej
Międzywydziałowa Komisja Nauk
Technicznych
Polska Akademia Umiejętności



Polskie Towarzystwo Sieci
Neuronowych

UNIWESYTET
JAGIELLOŃSKI

AKADEMIA
GÓRNICZO-HUTNICZA

MCSB 2010

Modelowanie
Cybernetyczne
Systemów
Biologicznych



UJ COLLEGIUM MEDICUM

CYFRONET AGH

BIO-ALGORITHMS & MED-SYSTEMS

ARTIFICIAL INTELLIGENCE, BIOINFORMATICS, BIOMEDICAL ENGINEERING, MODELING AND SIMULATION, PATTERN RECOGNITION, TELEMEDICINE, PHILOSOPHY



JOURNAL EDITED BY JAGIELLONIAN UNIVERSITY - MEDICAL COLLEGE - KRAKOW - POLAND

<http://www.bams.cm-uj.krakow.pl>

- 11 Neuroscience of my own subjective perspective
Jan Jakub Trąbka
- 13 Editorial note
Irena Roterman-Konieczna
- 15 Modelowanie cybernetyczne systemu nerwowego od struktur neuropodobnych, przez sieci neuronowe aż do neurocybernetyki
Cybernetic modeling of neural system from neuro-like structures, throw neural networks till neurocybernetics
Ryszard Tadeusiewicz
- 19 Zastosowanie systemów transmisji obrazu, dźwięku i danych w edukacji chirurgicznej
Application of video, audio and data transmission systems in surgical education
Michał Nowakowski, Aleksander Konturek, Wiesław Pyrczak, Piotr Richter, Wojciech Nowak
- 21 Zastosowanie nowoczesnych technologii komunikacyjnych w medycynie
Application of modern communication technology in medicine
Bartek Madej, Andrzej M. Rzepecki
- 23 O czym śnią hydraulicy?
What do plumbers dream about?
Hubert Harańczyk
- 25 Konceptualny model kontroli fizjologicznej funkcji motorycznych, emocjonalnych i poznawczych
Conceptual model of the motor, emotional and cognitive physiological function control
Edward Jacek Gorzelańczyk
- 27 40 lat informatyki medycznej w Akademii Medycznej (aktualnie) Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum (UJ CM)
Forty years of medical informatics in Medical Academy (currently) Jagiellonian University - Medical College (JU CM)
Marek Księżyk, Jan Trąbka, Andrzej Żarnecki, Ryszard Tadeusiewicz, Irena Roterman
- 29 Biokomputerowe zarządzanie informacją w układzie biologicznym człowieka
Biocomputer information management in the biological system human
Adam Adamski
- 31 Możliwości wykorzystania systemu telefonii komórkowej do pomiaru i modelowania ruchu turystycznego
Potential applications of cellular phone systems for measuring and modeling tourist movement
Wiesław Alejziak
- 33 Matematyczny model wspomagania diagnozowania medycznego na podstawie symptomów chorobowych i czynników ryzyka
Mathematical model for medical diagnosis support basis of disease symptoms and risk factors
Andrzej Ameljańczyk
- 35 Modelowanie wzorców medycznych w przestrzeni pajęczynowej
Modeling of medical patterns in the web space
Andrzej Ameljańczyk
- 37 Komputerowa implementacja algorytmu wyznaczania wstępnej diagnozy medycznej
Computer implementation of algorithm of determining preliminary medical diagnosis
Andrzej Ameljańczyk, Paweł Długosz, Marcin Strawa
- 39 Personal wearable monitor of the heart rate variability
Piotr Augustyniak
- 41 Identyfikacja miejsc oddziaływań w kompleksach białko-białko
Identification of protein-protein complexation area
Mateusz Banach, Irena Roterman

- 43 Modelowanie opóźnień występujących w dynamice glukoza-insulina
Modelling of delays in glucose-insulin dynamics
Jerzy Baranowski
- 45 Aplikacja ratująca życie – przyszłość dla epileptyków
Application that can save your life- future for people with epilepsy
Maciej Borówka, Joanna Jaworek, Eliaż Kańtoch, Łukasz Nowicki
- 47 Zastosowanie Spektroskopii Szumu Migotania do analizy sygnału EEG związanego z wyobrażeniem ruchu
The application of flicker noise spectroscopy for analysis of EEG signal related to movement imagination
Anna Broniec
- 49 Badanie stawu biodrowego człowieka przy wykorzystaniu mikrospektroskopii Ramana
Study of the human hip joint using Raman microspectroscopy
Tomasz Buchwald, Marek Kozielski, Zdzisław Błaszczak
- 51 Hybrydowy klasyfikator SVM-RDA dla rozpoznawania struktury białek
A combined SVM-RDA classifier for protein fold recognition
Wiesław Chmielnicki, Katarzyna Stapor
- 53 Interfejs wyboru dla osób ograniczonych ruchowo oparty na EOG
Menu interface for people with physical disabilities based on EOG
Jacek Chodak
- 55 Płeć jako czynnik różnicujący aktywność elektryczną komórek serca - badanie komputerowe
Gender effects on electrical activity in ventricular myocytes: a model study
Jerzy Cieniawa
- 57 Chrapanie jako sygnał nieprawidłowości
Snoring as a sign of abnormality
Klaudia Czopek
- 59 Model sztucznego ramienia poruszanego pneumatycznymi aktuatorami mięśniowymi
Model of artificial arm actuated by pneumatic muscles actuators
Ryszard Dindorf
- 61 Poprawa jakości obrazów uzyskiwanych z gastrokopii kapsułkowej
Image enhancement tasks in capsule gastroscopy
Krzysztof Duda, Mariusz Duplaga, Tomasz Zieliński
- 63 Ewaluacja systemu wspomagania decyzji terapeutycznych u chorych na raka jelita grubego z wykorzystaniem profili informacyjnych integrujących dane kliniczne i genetyczne
The evaluation of the decision support system for colon cancer treatment based on the information profiles integrating clinical and genetic data
Mariusz Duplaga, Konrad Matysiak, Lucjan Stalmach
- 65 Zastosowanie satelitarnej transmisji danych opartej na standardzie DVB/RCS dla potrzeb telekonsultacji specjalistycznych
The application of satellite transmission based on the DVB/RCS standard for second opinion teleconsultations
Mariusz Duplaga, Jacek Dańda, Jerzy Soja, Ewa Niżankowska-Mogilnicka
- 67 Rozwój systemu zapewniającego wsparcie dla pensjonariuszy domu spokojnej starości w oparciu o technologie „inteligentnego domu”
The development of the system supporting the residents of the facility for the elderly based on the „smart home” technologies.
Mariusz Duplaga, Jacek Wszolek, Krzysztof Gajda, Lucjan Stalmach
- 69 Perkolacja przewodnictwa w sieci wody na koloidalnej krzemionce AEROSIL®
Water network percolation transitions in model systems: Degussa AEROSIL fumed silica
Daniel Dziob, Urszula Górka, Bartosz Kiełtyka

- 71 Image based region recognition in gastrointestinal endoscopy
Rafał Frączek, Mariusz Duplaga
- 73 Zastosowanie psychoakustycznej falkowej ekstrakcji cech oraz ilorazowej miary odległości Itakura-Saito w rozpoznawaniu mowy polskiej
Wavelet Perceptual Feature Extraction and Quotient Itakura-Saito Distance Measure for Polish Speech Recognition
Jakub Gałka, Tomasz Jadczyk, Mariusz Ziółko
- 75 Komputerowe modelowanie przewodnictwa zwilżonej krzemionki koloidalnej
Computer modelling of hydrated bulk silica conductivity
Wojciech Ganczarek
- 77 Elektrofizjologiczny system monitorowania pacjenta w ruchu
Electrophysiology-based monitoring system for human in motion
Joanna Jaworek, Eliaż Kańtoch
- 79 Analiza skupień w automatycznej ocenie złośliwości nowotworów piersi
Data Clustering Used for Automated Breast Cancer Malignancy Grading
Łukasz Jeleń, Jerzy Detyna
- 81 Kliniczna weryfikacja komputerowej oceny złośliwości nowotworów piersi
Clinical Validation of Computerized Breast Cancer Malignancy Grading
Łukasz Jeleń, Artur Lipiński, Jerzy Detyna, Michał Jeleń
- 83 Doświadczalnie potwierdzone założenia do opracowania modelu lepkiego przemieszczania się lądowych ślimaków
Experimental clues towards modelling of snail adhesive locomotion
P. Kaczorowski, T. Tyrakowski, W. Pawłowicz, M. Ziółkowski, P. Smuszkiewicz, I. Trojanowska, A. Marszałek,
M. Żebrowska, M. Lampka, I. Hołyńska-Iwan, E. Piskorska, M. Stevesant
- 85 Wpływ rozwoju nowych technologii i nauk medycznych w procesie ewolucyjnym człowieka - przyczynek
Influence of development of new technologies and medical sciences progress in the evolutionary process of the human - contribution
K. Klimowski
- 87 Prawda i fałsz o nieliniowej analizie biosygnatów
The truth and falsities about nonlinear analysis of biosignals
W. Klonowski
- 89 Komputerowa ocena wpływu podaży suplementów diety na ilość dostarczanych do organizmu witamin i związków mineralnych
Computer's evaluation of impact of diet's supplements intake on amount of vitamins and minerals provided to human organism
E. Kolarzyk, J. Kwiatkowski, B. Wójtowicz
- 91 Symulacyjna weryfikacja zalet zastosowania podejścia bayesowskiego w modelowaniu hemodializy z użyciem modelu jednokompartimentowego
Simulation based verification of the bayesian approach advantages in the single-compartment hemodialysis modelling
Przemysław Korohoda
- 93 Generatory sygnału testowego dla elektroencefalografu Mindset MS-1000 z systemem akwizycji danych w Linux OS
Test-signal generators for Mindset MS-1000 electroencephalograph with data acquisition system for Linux OS
Sławomir Kotyra, Grzegorz M. Wójcik
- 95 Założenia upraszczające a zakres zastosowań modeli błon lipidowych
Simplifying assumptions and the scope of application of lipid membrane models
Krystian Kubica

- 97 Keram: nowa aplikacja do identyfikacji i analizy mutacji sprzężonych
Keram: a novel stand-alone application for correlated mutations identification and analysis
Jacek Kuśka, Jacek Leluk, Bogdan Lesyng
- 99 Nitano: aplikacja do obliczania kolokacji wewnątrz- i międzycząsteczkowych w białkach
Nitano: novel inter/intramolecular colocation calculator
Jacek Kuśka, Jacek Leluk, Bogdan Lesyng
- 101 Talana: nowa aplikacja do analizy obszarów zmiennych/konserwatywnych w białkach
Talana: a novel application for protein variability/conservativity calculation
Jacek Kuśka, Jacek Leluk, Bogdan Lesyng
- 103 Wykorzystanie tabletu graficznego do badania wpływu pojedynczej dawki metadonu na sprawność funkcji psychografomotorycznych u osób uzależnionych od opioidów leczonych substytucyjnie
Usage of the graphics tablet to study of impact of a single dose of methadone on the ability of psychographomotor function in opioid-addicted individuals on methadone maintenance
Wojciech Lasoń, Piotr Walecki, Paulina Andryszak, Krzysztof Włodarczyk, Sławomir Biedrzycki, Marcin Ziółkowski, Miłosz Kadziński, Edward Jacek Gorzelańczyk
- 105 Badanie wpływu pojedynczej, terapeutycznej dawki metadonu na funkcje wzrokowej pamięci operacyjnej u osób uzależnionych od opioidów, leczonych w programie terapii substytucyjnej
Study on the impact of a single, therapeutic dose of methadone on the visual working memory functions in individuals addicted to opioids, treated with replacement therapy
Wojciech Lasoń, Piotr Walecki, Marcin Ziółkowski, Krzysztof Włodarczyk, Sławomir Biedrzycki, Edward Jacek Gorzelańczyk
- 107 Człowiek w pułapce rzeczywistości wirtualnej
Man trapped in virtual reality
Anna Latawiec
- 109 Rozwój bioinformatyki we współpracy z uczelniami wietnamskimi. Zasoby aplikacyjne, ich rozwój i wiarygodność
The bioinformatics in cooperation with Vietnamese universities. Software resources, reliability and development
Jacek Leluk
- 111 EKG przez komputer – rejestracja i wstępna analiza biopotencjałów
ECG by computer - registration and initial analysis of bioelectric potentials
Joanna Łudzik, Andrzej Matiołański
- 113 Semantyczne zależności w internetowych zasobach publikacji medycznych
Semantic relations in web resources of medical publications
Joanna Łudzik, Andrzej Matiołański
- 115 Odstępstwa od prawa Gompertza dla najstarszej frakcji w populacji
Deviation from Gompertz law in the oldest old fraction of population
Maria Magdoń-Maksymowicz, Andrzej Maksymowicz
- 117 Wirtualne Laboratorium projektu PL-Grid a nauki przyrodnicze
The PL-Grid Virtual Laboratory for the Life Sciences Domain
Maciej Malawski, Eryk Ciepiela, Tomasz Gubała, Piotr Nowakowski, Daniel Haręźlak, Marek Kasztelnik, Joanna Kocot, Tomasz Bartyński, Marian Bubak
- 121 Ocena dostępnych algorytmów przetwarzania białkowych spektrów masowych
Evaluation of available protein mass spectra pre-processing algorithms
Michał Marczyk
- 123 Wewnętrzne pola siłowe w molekuale białka
Internal force field in protein molecule
Piotr Marek, Irena Roterman

- 125 Zastosowanie modelowania kompartmentowego do szacowania dawek promieniowania jonizującego w diagnostyce medycznej
Application of compartmental modeling for radiation doses estimation in medical diagnosis
Katarzyna Matusiak, Aleksandra Jung
- 127 Terapia fotodynamiczna melanomy. Modelowanie metodą Monte Carlo transportu światła w upigmentowanej skórze ludzkiej
Photodynamic therapy of melanoma. Monte carlo modelling of light transport in human pigmented skin
Zenon Matuszak
- 129 Komputerowa symulacja procesu melanogenezy. Modelowanie zjawiska lag-periodu i procesu przełączeniowego feomelanina - eumelanina
Computer simulation of the melanogenesis. Modelling of the lag-period phenomenon and eumelanin - pheomelanin switching process
Zenon Matuszak, Joanna Kucharska, Szykowna Ewa
- 131 Rekonstrukcja stawu rzekomego goleni przy użyciu gwoździa śródszpikowego, odpiętego T2 - opis przypadku
Reconstruction of crural pseudoarthrosis using an intramedullary T2 Ankle Arthrodesis Nail - a case report
Przemysław Matuszewski, Wojciech Miłkuła, Katarzyna Kiperska-Jagodzińska
- 133 Migracja drutu Kirschnera w kierunku kręgosłupa szyjnego - opis przypadku
K-wire migration towards the cervical spine - a case report
Przemysław Matuszewski, Wojciech Miłkuła, Katarzyna Kiperska-Jagodzińska
- 135 Zastosowanie interpolacji metodą funkcji sklepanych do analizy sygnałów chaotycznych o średniej i wysokiej złożoności wymiarowej
The use of the cubic interpolation for the analysis of the medium- and high-dimensional chaotic signals
Krzysztof Piotr Michalak, Feliks Jaroszyk
- 137 Wykorzystanie tasowania sygnału do określenia optymalnej szerokości okna przy wyznaczaniu złożoności wymiarowej sygnałów wysokowymiarowych
The use of the shuffled signals for the estimation of the proper window width for the calculation of the dimensional complexity of the high-dimensional signals
Krzysztof Piotr Michalak, Feliks Jaroszyk
- 139 Analiza rozgałęzień i kształtu ostrogi na obrazach bronchoskopowych
Analysis of ramifications and carina's shape in bronchoscopic images
Zbigniew Mikrut, Mariusz Duplaga
- 141 Nowatorski system detekcji dla Pozytonowej Tomografii Emisyjnej
Novel detector systems for the positron emission tomography
P. Moskal, S. Niedźwiecki, M. Silarski, J. Smyrski, J. Zdebik, M. Zieliński
- 143 Diki - Proposal of a heterogeneous semantic wiki system for nutritionists
Grzegorz J. Nalepa, Krzysztof Sarapata, Weronika T. Furmańska, Paweł Góra, Krzysztof Kluza, Marta Noga
- 145 Elearning w szkoleniu ciągłym farmaceutów
E-learning in pharmaceutical continuing education in Poland
Krzysztof Nesterowicz, Aleksander Mendyk, Miłosz Polak, Sebastian Polak
- 147 Analiza składowych niezależnych (ICA) w zastosowaniach Brain Computer Interface
Independent Component Analysis in applications of Brain Computer Interface
Leszek Nowak, Bartosz Porębski
- 149 Analiza globalnych ekstremów w zastosowaniach dyskretnej tomografii
Global extremes analysis in applications of discrete tomography
Leszek Nowak, Bartosz Zieliński

- 151 Zastosowanie metody drzew klasyfikacyjnych do analizy czynników ryzyka raka jelita grubego
Analysis some of colorectal cancer clinical risk factors using classification tree method
Ewa Nowakowska-Zajdel, Małgorzata Muc-Wierzoń, Teresa Kokot, Edyta Fatyga, Grażyna Trzpiot, Alicja Ganczarek
- 153 Algorytmy rozpoznawania obrazów w analizie wybranych zmian neurodegeneracyjnych
Pattern Recognition Methods in Analysis of Selected Neurodegenerative Lesions
Marek R. Ogiela, Dariusz Gubernat, Krzysztof Banaszkiewicz
- 155 Nanocząstki jako nośniki leków – dotychczasowe osiągnięcia i cele
Nanoparticles in drug delivery – current achievements and challenges
Barbara Piekarska
- 157 Segmentacja mięśnia sercowego w oparciu o sekwencje obrazów rezonansu magnetycznego
Myocardial segmentation based on magnetic resonance sequences
Tomasz Pięciak
- 159 Wirtualna „Gra” pomiędzy pacjentem i jego chorobą
In silico “Game” between the patient and his/her disease
Wiktor Piłat, Irena Roterman
- 161 „Genomiczni Wirtualni Pacjenci” – metoda e-learningowa nie tylko dla lekarzy
„Genomic Virtual Patients” – the learning way not only for medical doctor
Monika Piwowar, Tomasz Kułaga, Monika Guratowska, Aleksandra Stachoń, Andrzej Kononowicz
- 163 Próba konstrukcji sieci interakcji genów w oparciu o dane eksperymentalne
Proposition of the genes interaction network on the basis of experimental data
Piotr Piwowar, Monika Piwowar
- 165 Od negacji do orientacji
From Negation to Orientation
Maciej Pokora
- 167 Aktualne trendy w diagnostyce i terapii snu
Current Trends in Diagnostics and Therapy of Sleep
Maciej Pokora
- 169 Inżynieria biomedyczna od strony zawiedzonych nadziei
Biomedical Engineering From Perspective of Unfulfilled Hopes
Maciej Pokora
- 171 Funkcjonalność i prostota podstawami projektu odpornego na upływ czasu
Functionality and Simplicity as Basis of the Project Resisting the Passage of Time
Maciej Pokora
- 173 Automatyczna Klasyfikacja Algorytmem Genetycznym Struktur Białkowych przy użyciu dopasowania sekwencji uzyskanej z transformacji Gęstości Hydrofobowości uzyskanej z modelu Rozmytej Kropli Oliwy
Automatic Classification of Protein Structures based on Genetic Algorithm alignment of the Hydrophobicity Difference Profiles obtained from the Fuzzy Oil Drop Model
Łukasz Proszek, Irena Roterman
- 175 Wykorzystanie maszyn wektorów wspierających do analizy semantycznej zdjęć SIAscopowych znamion skóry
Using Support-Vector Machines in Semantic Analysis of SIAscope Skin Lesion Images
Karol Przysłalski
- 177 Nowy algorytm do ekstrakcji cech obrazu odcisku palca bez wstępnego przetwarzania
New algorithm for fingerprints feature extraction without preprocessing
Piotr Rapta, Khalid Saeed
- 179 Reprezentacja kontigu w modelu BioSQL
Extend BioSQL model to represent contig assembly
K. Sarapata, M. Sanak, M. Usarz, Sz. Władyka

- 181 Dyskusja nad definicją życia
The criterion of biological life in the developing robot era
Paweł Spólnik, Leszek Konieczny
- 183 Edukacyjne Diagramy Decyzyjne w Naukach Biomedycznych i Przyrodniczych
Educational Decision Diagrams in Biomedical and Life Sciences
Aleksandra J. Stachoń, Andrzej A. Kononowicz
- 185 Technika laparoskopowego zawieszenia pochwy wykonywana z LSH, TLH lub po klasycznym usunięciu macicy z wykorzystaniem siatki polipropylenowej
Laparoscopic colpopexy technique performed with LSH, TLH, and following an open hysterectomy using polypropylene prostheses
Klaudia Stangel-Wójcikiewicz, Monika Piwowar, Małgorzata Migdał, Anna Maria Popławska
- 187 Polska infrastruktura gridowa – przestrzeń badawcza dla użytkowników
Polish Grid Infrastructure – the research space for scientists
Mariusz Sterzel
- 189 Inteligentny System Telemedyczny do wsparcia diagnostyki badań ABR
Intelligent Telemedical System Supporting the diagnosis of ABR examinations
Piotr Strzelczyk, Ireneusz Wochlik, Andrzej Izworski, Jarosław Bułka, Tomasz Orzechowski
- 191 Prezentacja 4D Motion - nowe perspektywy oddziaływań terapeutycznych
Presentation of 4D Motion - New Perspective in the Therapeutics
Piotr Sych, Iwona Kubiak
- 193 Zależność pomiędzy kulminacją przyrostu na wysokość drzewostanu a wiekiem jego wystąpienia
Relationship between maximum value of annual tree stand height increment and age of its occurrence
Przemysław Sypka
- 197 Komputerowe wspomaganie diagnostyki chorób krtani w oparciu o wyszukiwanie wzorców czasowych w sygnale mowy
Computer Diagnosis of Laryngopathies Based on Temporal Pattern Recognition in Speech Signal
Jarosław Szkoła, Krzysztof Pancerz, Jan Warchoł
- 199 Perfuzyjna tomografia komputerowa w diagnostyce raka prostaty
Perfusion computed tomography in the prostate cancer diagnosis
Jacek Śmietaniński
- 201 Maszyna Brauna - klasyfikator bazujący na elementarnych zjawiskach fizycznych w klasyfikacji wielowymiarowych zbiorów danych
The Braun machine as a classifier based on elementary physical phenomena in the classification of multivariate data sets
Mariusz Święcicki
- 203 Edukacyjny model zaburzeń ruchu gałek ocznych
Educational model simulating eyeball movement disorders
Piotr Walecki
- 205 Układ okoruchowy – modelowanie połączeń neuronalnych
Oculomotor system – brain connectivity modeling
Piotr Walecki, Edward J. Gorzelańczyk
- 207 Kontrola jakości realizacji planów IMRT w aspekcie klinicznym
QA of IMRT plans execution - clinical aspect
Janusz Winiecki, Barbara Drzewiecka
- 209 Wykorzystanie w badaniach nad lekiem algorytmu RandomForest do wczesnej ocena potencjału blokowania kanału potasowego kodowanego przez gen hERG
RandomForest based assessment of the hERG channel inhibition potential for the early drug cardiotoxicity testing
B. Wiśniowska, A. Mendyk, M. Polak, J. Szlęk, S. Polak

- 213 Symulacje utlenionych błon fosfolipidowych
Molecular dynamics simulations of oxidized phospholipid bilayer
Alicja Wizert, Mateusz Lis
- 215 Wpływ pojedynczej dawki metadonu na funkcje psychografomotoryczne u osób uzależnionych od opioidów leczonych substytucyjnie
Studying the impact of a single dose of methadone on the ability of psychomotor function in opioid-addicted individuals on methadone maintenance
Krzysztof Włodarczyk, Paulina Andryszak, Wojciech Lasoń, Piotr Walecki, Miłosz Kadziński, Marcin Ziółkowski, Sławomir Biedrzycki, Edward Jacek Gorzelańczyk
- 217 Analiza skuteczności działania wybranych modeli uwagi
Effectiveness analysis of selected attention models
Małgorzata Włodarczyk, Tomasz Kryjak, Piotr Wolski
- 219 Image processing and recognition methods in classification of fingerprint dermatoglyphic patterns
Hubert Wojtówcz
- 221 Sterowanie procesem wnikanía substancji chemicznych w strukturę biosystemu
Steering of the process of penetration of chemical substances into biosystem structure
Mariusz Wójcik
- 223 Realistyczny model geometrii kręgosłupa w szkieletcie człowieka w systemie Vicon
The realistic model of the spine geometry in the human skeleton in Vicon system
Mirosława Zazulak, Wiesław Chwał, Witold Alda
- 225 Zastosowanie analizy numerycznej widma fluorescencyjnego do identyfikacji właściwości substancji asocjującej z micelą czerwieni Konga
Application of fluorescence spectrum numerical analysis in the process of properties identification of substance associating with Congo red micelle
Grzegorz Zemanek, Anna Drozd-Jagusiak, Barbara Stopa
- 227 Strategie poszukiwań najlepszej ścieżki przez graf reprezentujący hipotezy słów
Strategies of walks through a word lattice in aim of finding the best sentence hypothesis
Bartosz Ziółko, Dawid Skurzok
- 229 Miejsce terapii elektrowstrząsowej i innych metod leczenia fizykalnego w algorytmach leczenia zaburzeń depresyjnych - czyli kiedy je stosować?
The place of electroconvulsive therapy and other methods of physical treatment in the therapeutic algorithms of depressive disorders and when to apply them
Tomasz Zyss
- 231 Technika przezczaszkowej stymulacji magnetycznej w terapii depresji - zalety i wady modelowania komputerowego
Technique of transcranial magnetic stimulation in therapy of depressions - advantages and disadvantages of computer modeling
Tomasz Zyss
- 233 Modelling Eutheria's visual cortex using SNNML language
Michał Żukowski, Wiesław A. Kaminski., Dorota Stanisławek, Jan J. Ruthe, Grzegorz M. Wojcik, Marek Falski

NEUROSCIENCE OF MY OWN SUBJECTIVE PERSPECTIVE

JAN JAKUB TRĄBKA, MD, DSc, PhD

Professor of Neurology and Neurophysiology

In the middle of last century in the American firmament two mathematical stars of the first magnitudes were shining John von Neumann and Norbert Wiener, although the albedo of the first genius eclipsed the brightness of the second. However, G. H. Hardy in his "A Mathematician's Apology" of 1967 put them both on a par in one line. My good fortune has allowed me personally to come into contact with N. Wiener in 1959 when – as a fellow of the Rockefeller Foundation – I turned up at the Massachusetts Institute of Technology (MIT).

At that time I experienced a dilemma, because I was assigned as a research fellow to the state hospital Massachusetts General Hospital (MGH), belonging to the Harvard University. The choice between University lying "up" the Charles River and the famous MIT was difficult, especially that between those two great universities prevailed some great animosities, albeit irrational. I chose them both, and – by a stroke of good fortune again – I was warmly received in both of them. Just in the second day my chief Mary Brazier, Professor at Harvard and an outstanding neuroscientist a pioneer of cross-correlation and autocorrelation studies of electroencephalographic potentials (*Electroencephalogr Clin Neurophysiol.*, 1952, 4, 2, 201-211). At there she personally introduced me to N. Wiener, who has been the object of common interest and already enjoyed a worldwide reputation at that time. And so my medical and mathematical idyllic life began. Wiener willingly admitted me to his new course in mathematics, and saying goodbye reached out to me and said "Call me Norbert". I was totally shocked, but an even greater shock I felt the next day. When I reached the classroom, expecting it to be crowded – because who wouldn't want to listen to a lecture of a brilliant scholar – to my consternation I was a third participant in the room besides two others from Turkey. I skipped not a single lecture, and sometimes, to my joy, I was the only student present, and then not only mathematics was the center of our discussion, but also the neurophysiology and many other topics.

N. Wiener was a store of concepts and ideas, sparing not to anyone new insights, despite miserable status of their research. I noticed instantly, that despite the glitz and medial propaganda Wiener was intellectually isolated at the university. Therefore, his lectures span out by scientific talks and dialogues. N. Wiener was an independent spirit, a genius in comparison to the recognized authority, which caused that the theory of Gibbs probability and stochastic processes stuck to him almost prophetically. A. Einstein did not believe in probability and considered it as a temporary failure of the human mind. N. Wiener, who was characterized by an extreme depth of outlook despite the thick short-sighted glasses, took probability as a real consequence of the cognitive existential regime – to get to know something one must go outside the area of nature, to adopt the role of observer that is to alienate. This means: to judge perspective, to select the position for observation by subjective tastes and predilections, and above all to refer to the support of cognitive apparatus. All of this leads to remoteness from nature, loss of directness and the possibility of making mistakes, where the only thing that is capable of alleviating it is the probabilistic law.

In the MGH I experimented with brainwave range of 200-500 Hz, where N. Wiener proposed to study auto-and cross-correlations and to search countless effects of attraction and repulsion. According to the original Wiener's terminology, unfairly forgotten today, pulling together and away effects were the first detected signs of a natural science of coherence-decoherence symmetry and general principles of responsiveness. Any feedback - the essence of regulation - displayed for the first time by cybernetics, should have been regarded as a special case of general principles of reverberateness and iteration, without which no development would have been thought of. Guy Lyon Playfair and Scott Hill in the book "The Cycles of Heaven" (1978) write: "The Polish scientist Jan Trąbka conducted research on the brains of animals, separating - by the use of a computer - waves with high-frequency up to 500 Hz". As one of first I worked on computers of general use to neurophysiological tasks (e.g. Prometheus design by J. S. Barlow - Barlow J. S., Trąbka J.: "The relationship between photic driving in the EEG and responses to single flashes". *Exc. Med. Int. Congr. Ser.* 1961; 37), also studying the bioelectric activity in human. My Teacher and Friend the neuroscientist M. Brazier of Harvard University and MIT in the publication "Some uses of computers in experimental neurology" (*Exp. Neurol.*, 1960, 2, 123-143) mentioned my carried out idea of a search of high frequency components in brain wave activity. Higher frequencies are more important to the information transmission than lower ones, because they approach the unit needle potentials, therefore to the bioelectrical discharges of a single neuron, located precisely in the frequency band of 200 to 500 Hz (Trąbka J. "High frequency components in brain wave activity". *Electroenceph. Clin. Neurophysiol.*, 1962, 14, 453-464).

During my scientific stay at Harvard University and MGH I was also fortunate to make the acquaintance of a neuroscientist Dr. Rodolfo R. Llinás, and formed a close friendship with him that lasts nearly a half of century already. Outstanding scientific achievements of R. R. Llinás tell us to set him as one of the founding fathers, co-founders of modern neuroscience. Llinás was discovered the dendritic inhibition in central neurons and that vertebrate neurons can generate calcium-dependent spikes, the functional organization of the cerebellar cortex neuronal circuits, the P-type calcium channel in the Purkinje cells, the low threshold spikes generated by low voltage activated calcium conductances in inferior olive and thalamus neurons and the subthreshold membrane potential oscillations in the inferior olive, thalamus and entorhinal cortex. Accordingly, when I was asked by the secretariat of the Swedish Academy of Sciences to suggest a candidate for the prize, without hesitation, as president of the Main Board of the Polish Society of Clinical Neurophysiology of the Polish Academy of Sciences, I pointed at R. R. Llinás. There was a difference of opinions between me and Rodolfo, but the fact that I was a religious fanatic and he was a strong agnostic never turned us. Sympathy and more empathy create tolerance automatically. R. R. Llinás proved it many times, but I also did not lag behind, when I was making efforts at the Jagiellonian University to honor R. R. Llinás with a doctorate honoris causa (we both were not in the Communists good graces). Llinás has received honorary degrees from seven universities now. Friendship with Rodolfo Llinás was also associated with the fact that we had a common passion for science, principally the neuronal oscillations and their relationship with creation of consciousness. Apart from the fact that R. Llinás is a neurophysiologist who does innovative experimental research, the most important is that he is an outstanding thinker. Many of theses formulated by Llinás were confirmed in later studies, such as that the cerebral organization of movement control has contributed to the birth of the mind.

Llinás was fascinated by the 40 Hz oscillation in thalamus-cortical system, where in the iterative activity of the system he has seen main mechanism of the brain function. I, however, no matter how I see the importance (especially as regarding number of connections) of the thalamus-cortex, I consider the thalamus only as a relay station. This station out of itself creates nothing, and constitute merely an advanced (some of the neuroanatomists extract more than forty component nucleus of the thalamus) element of neural control, that collects signals from different regions and sends them in a structured form to the cortex. I think however, that the center searched by Llinás is striatum. In striosomes of striatum are medium-sized densely spiny neurons that play a key role in the creation of dynamic brain information, motor plasticity and associative learning such as dopaminergic control of cortico-striatal Long-Term Synaptic Depression (LTD).

Basal ganglia (BG) are the evolutionary substrate of the mind. Though this may seem absurd, because BG are generators of Fixed Action Pattern (FAP), therefore are connected to the action of releasing automated movement sequences. However, these neural structures are linked into neural circuits that are responsible for different brain functions, from which the motoric and homeostatic functions are primary, while the cognitive functions are among the last products of evolution. There can be distinguished at least five circuits, also called Cortico-Basal-Thalamic loops, through which the basal nucleus are connected with the cerebral cortex via thalamus. Out of these five only two loops: motor and oculomotor carry out functions on the control of motor activity that originally were attributed to the BG. The other three loops: the dorso-lateral prefrontal, lateral orbitofrontal and limbic, are combined in turn with memory, cognition and emotions.

Around the topic of arising of the mind and consciousness my numerous scientific papers that were first heading for neuropsychopharmacology (e.g. antiserotonin activity of 1-methyl-6-methoxy; the effect of 1-methyl-6-methoxy-1,2,3,4-tetrahydro-2-carboline on the central nervous system; 1-methyl-6-methoxy-1,2,3,4-tetrahydrocarboline and D-lysergic acid diethylamide influence on the evoked responses in the associative cortex; determination of the synaptic action of the THC and -butyrolacton derivatives), and then for biocybernetic modeling of neural systems have focused (e.g. EEG signals described by the automatic linguistic analysis; informative value of fractal dimension in analysis of the neuron complexity; fractal consciousness; lacunarity - fractal measures in neuroimaging; the role of the DLPFC and V5/MT cortical areas in saccadic refixations; neuroinformatic modeling the oculomotor control system). I tried to conduct research of this issue during the later scientific work in various research institutions, including Harvard University, Harvard Medical School, Massachusetts General Hospital in Boston and Massachusetts Institute of Technology, Marey's Institute in Paris, Neurophysiologie Clinique in Hôpital de la Salpêtrière in Paris, French Academy of Science, Psychopharmacological Institute, Austrian Academy of Sciences, Stony Brook University in New York and University of Los Angeles, and now as a contractor under the COST (European Cooperation in Science and Technology) actions: B27 - Electric Neuronal Oscillations and Cognition (ENOC), BM0601 - Advanced Methods for the Estimate of Human Brain Activity and Connectivity (NeuroMath), BM0605 - Consciousness: A Transdisciplinary, Integrated Approach. But what I am glad the most, is that during my scientific odyssey I had the opportunity to get to know personally, and work with, such outstanding scientists and unusual extraordinary people. It was the most exciting adventure of my life.

EDITORIAL NOTE

IRENA ROTERMAN-KONIECZNA

Department of Bioinformatics and Telemedicine Jagiellonian University – Medical College

The conference “*Biological Systems Cybernetic Modeling*” is celebrating its 30 anniversary.

The first one has been organized in 1979. The person, who was the “father” of this initiative was prof. Jan Trąbka, who collaborated very intensively with prof. Ryszard Tadeusiewicz – currently the president of the Department of Automatics at University of Science and Technology in Cracow (AGH).

Since the conference has been organized every five years, the current one is the 7th edition. This 30 anniversary of the BSCM conference is in accordance with the 40 anniversary of the Department of Medical Informatics at Medical Academy in Cracow (currently Department of Bioinformatics and Telemedicine at Jagiellonian University Medical College). This is why the honorary president of the Biological Systems Cybernetic Modeling 2010 conference and the founder of the Department of Medical Informatics prof. Jan Trąbka - professor emeritus of Jagiellonian University Medical College has decided to share his own opinions about the history of the neuroscience, the discipline he represents as well as his participation in it.



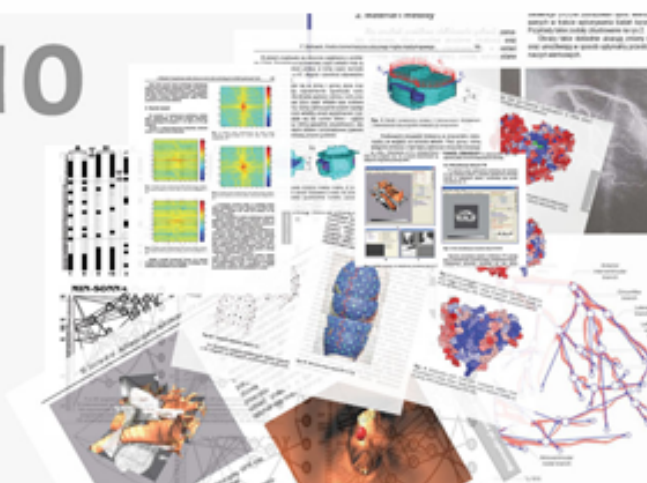
ZAKŁAD BIOINFORMATYKI I TELEMEDYCYN
UNIwersYTET JAGIELLOŃSKI
COLLEGIUM MEDICUM

LABORATORIUM BIOCYBERNETYKI
KATEDRA AUTOMATYKI
AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA W KRAKOWIE



MCSB 2010

Modelowanie
Cybernetyczne
Systemów
Biologicznych



PATRONAT



IEEE
Computational
Intelligence
Society



Komitet Biocybernetyki
i Inżynierii Biomedycznej
Polskiej Akademii Nauk



Sekcja Inżynierii Biomedycznej
Międzywydziałowa Komisja Nauk
Technicznych
Polska Akademia Umiejętności



Polskie Towarzystwo Sieci
Neuronowych

MODELOWANIE CYBERNETYCZNE SYSTEMU NERWOWEGO OD STRUKTUR NEUROPODOBNYCH, PRZEZ SIECI NEURONOWE AŻ DO NEUROCYBERNETYKI

RYSZARD TADEUSIEWICZ

Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki, Katedra Automatyki AGH Kraków

Jednym z najbardziej fascynujących systemów biologicznych, wręcz prowokującym do tego, żeby tworzyć jego cybernetyczne modele, jest system nerwowy, a zwłaszcza jego najbardziej złożona forma – mózg człowieka. Dlatego od początku istnienia konferencji Modelowanie Cybernetyczne Systemów Biologicznych były na tych konferencjach przedstawiane (między innymi) wyniki prac badawczych związanych właśnie z modelowaniem systemu nerwowego. Modele te przechodziły jednak specyficzną ewolucję, której prześledzenie, wraz z dyskusją wniosków, jakie się tu nasuwają, jest przedmiotem tego referatu.

W latach 70. XX wieku, kiedy miała miejsce pierwsza konferencja MCSB, powodem podejmowania prac związanych z modelowaniem elementów (w istocie bardzo drobnych fragmentów!) systemu nerwowego była naukowa ciekawość. Byliśmy ciekawi, czy uda się z pomocą modeli cybernetycznych przedstawić ówczesną wiedzę o strukturze i działaniu komórek nerwowych i niewielkich systemów budowanych z ich użyciem. Jedyne cel tych badań polegał na tym, że zmierzano do uzyskania odpowiedzi na pytanie, w jakim stopniu procesy (statyczne i dynamiczne), uzyskiwane w następstwie badania tych formalnych modeli, korespondują ze zjawiskami, które były obserwowane i opisywane w rzeczywistych systemach nerwowych. Badania te były uciążliwe, ponieważ sprowadzały się do rozwiązywania (często wyłącznie metodami analitycznymi!) równań opisujących proponowane modele. Oczywiście korzystano już wtedy z komputerów, jednak ich użycie było kłopotliwe, bo każdy model wymagał w istocie napisania własnego programu (najczęściej w Fortranie) a dla rozwiązywania problemów trzeba było dostarczać danych w postaci paczek kart dziurkowanych, które w centrum obliczeniowym przetwarzano najczęściej nocami – i nazajutrz można było ocenić wyniki, także niezbyt przyjazne, bo prezentowane wyłącznie w formie alfanumerycznej. Jednak przy użyciu tej techniki, archaicznej z dzisiejszego punktu widzenia, wykonywano bardzo ciekawe modele, odwzorowujące ułtne właściwości komórek i struktur nerwowych często znacznie dokładniej, niż to ma miejsce we współcześnie prowadzonych badaniach. Charakterystyczną cechą badaczy tamtych czasów była także pokora wobec ogromnej złożoności rzeczywistych struktur biologicznego systemu nerwowego. Mając świadomość, jak wielka jest dysproporcja pomiędzy ogromnym stopniem komplikacji strukturalnej i funkcjonalnej prawdziwych struktur nerwowych a ubóstwem wykorzystywanych modeli – te ostatnie nazywano strukturami **neuropodobnymi**, bowiem nikt nie ośmielał się użyć w stosunku do nich określenia „neuronowe”.

To terminologiczne „tabu” zostało jednak przełamane bardzo szybko. W połowie lat 80. odkryto (ku zdziwieniu samych badaczy modeli struktur „neuropodobnych”), że modele te mogą być bardzo przydatne przy rozwiązywaniu różnych praktycznych problemów. Dzięki opublikowaniu w 1986 roku algorytmu *backpropagation* możliwe stało się efektywne uczenie wielowarstwowych nieliniowych sieci, co okazało się odkryciem prawdziwie przełomowym. Sieci takie (wielowarstwowe i nieliniowe) pozwalają na efektywne naśladowanie procesów i zjawisk zachodzących w strukturach różnych obiektów nie mających często żadnego związku z mózgiem czy z biologią jako taką. Dzięki zastosowaniu takiego neuronowego naśladownictwa można rozwiązywać wiele praktycznych problemów związanych na przykład z prognozowaniem różnych zdarzeń, sterowaniem różnych systemów, projektowaniem różnych obiektów czy przetwarzaniem różnych sygnałów. Wszystko to sprawia, że wspomniane modele cybernetyczne struktur neuronowych przestały funkcjonować jako obiekty z pomocą których usiłujemy coś zbadać

i poznać w sferze systemów biologicznych czy metod ich cybernetycznego modelowania, ale zaczęły samodzielnie „karię” jako nowoczesne narzędzia obliczeniowe. Związane z tym były dwie zmiany, jakie mogliśmy odnotować w tych systemach stosunku do omawianych wcześniej sieci neuropodobnych z lat 70. Co ciekawe, prowadziły one jak gdyby w dwóch przeciwstawnych kierunkach.

Pierwsza zmiana polegała na tym, że ranga rozważanych modeli wzrosła, przynajmniej nominalnie. Wynikło to z faktu, że dla wygody formułowania i redagowania różnych opisów budowy i działania tych nowych, praktycznie użytecznych modeli - zastąpiono wcześniej używaną ostrożną i skromną nazwę „sieci neuropodobne”, która była trochę niewygodna w używaniu, zgrabną, ale w istocie buńczuczną i zuchwałą nazwą „sieci neuronowe”. Wielu badaczy zajmujących się sieciami neuropodobnymi wyrażało wątpliwości, czy istotnie nazwa „sieci neuronowe” jest uzasadniona. Domagano się tego, żeby pisać w stosownych publikacjach i książkach „**sztuczne** sieci neuronowe”. Chodziło o to, żeby zaznaczać (poprzez właściwą nazwę), że nie są to wierne modele prawdziwych (biologicznych) sieci neuronowych, tylko narzędzia informatyczne nastawione na maksymalną sprawność rozwiązywania stawianych im zadań. Te słuszne postulaty i trafne argumenty badaczy nie zostały jednak uwzględnione przez praktyków tworzących i stosujących wzmiankowane tu modele fragmentów systemu nerwowego po prostu jako narzędzia sztucznej inteligencji. Obecnie jesteśmy w takiej sytuacji, że przez ponad 20 lat szerokiego używania tych narzędzi pod powszechnie akceptowaną nazwą „sieci neuronowych” wytworzył się usus językowy, którego już się chyba nie zmienia.

W prezentowanym referacie nie zamierzamy oczywiście dążyć do zmiany tych przyzwyczajęń ani nie chcemy postulować zmiany nazwy. Chcemy jednak podkreślić, że nazwa „sieci neuronowe”, przyjmowana powszechnie jako nazwa systemów obliczeniowych wzorowanych na mózgu, okazuje się szczególnie nietrafna gdy przyjrzymy się szczegółom budowy tych modeli. Otóż twórcy sieci neuronowych mając dokładnie zdefiniowane cele praktyczne, bez żenady odrzucili wszystkie te elementy wiedzy na temat biologicznego systemu nerwowego, których modelowanie mogłoby wpłynąć na obniżenie sprawności działania sieci w kontekście rozważanych zastosowań. W efekcie, jako podstawowy budulec przy tworzeniu sieci neuronowych używany jest model neuronu tak bardzo uproszczony, że w kontekście współczesnej wiedzy neurobiologicznej może być wręcz uważany za karykaturę. Podobnie odrzuca się całą bogatą wiedzę na temat struktury połączeń neuronów w rzeczywistym mózgu i używa się sieci, których topologię wyznaczają względy pragmatyczne (budowa warstwowa, połączenia typu „każdy z każdym” itp.). Wskazane tu zabiegi upraszczające, a także liczne inne symplifikacje, które będą wskazane w pełnym tekście referatu, powodują łącznie, że twórcy i użytkownicy sieci neuronowych rzadko tylko mogą być rozważani jako badacze zajmujących się modelowaniem cybernetycznym systemów biologicznych – i sami zresztą wcale do tego miana nie aspirują.

Natura jednak nie znosi próżni. Skoro użytkownicy sieci neuronowych nie korzystali z przebogatych zasobów wiedzy neurobiologicznej, nagromadzono zwłaszcza w latach 90. XX wieku, to pojawił się zaraz na początku bieżącego stulecia odrębny nurt badań, określonych w tej pracy syntetycznym terminem **neurocybernetyka**. Nazwa ta nie jest powszechnie przyjęta, na przykład niekiedy lansowany jest termin neuroinformatyka. Jednak ten ostatni termin nie wydaje się dobry z różnych względów, na przykład ze względu na skojarzenia z bioinformatyką, mającą wyraźnie odmienny zakres znaczeniowy. Nie tracąc czasu na jałowe spory terminologiczne w tej pracy zastosujemy nazwę neurocybernetyka, obejmując nią wszystkie te badania, w których dąży się ponownie do tego, żeby możliwie wiernie modelować rzeczywiste procesy nerwowe niezależnie od tego, czy uzyska się dzięki temu jakieś korzyści praktyczne, czy też zysk będzie miał znaczenie wyłącznie poznawcze.

W referacie omówione zostaną różne grupy prac wchodzących w zakres tego nurtu. Omówione będą prace zmierzające do tworzenia maksymalnie dokładnych modeli pojedynczych neuronów oraz zbiorowości neuronów, a także prace, których celem jest stworzenie całościowych modeli procesów kognitywnych, mentalnych i emocjonalnych. Prace te wykorzystują badania biologiczne pochodzących z ostatnich lat, które nie bez kozery nazywane były „dekadą mózgu”, a także charakteryzują się tym, że cechuje je dążenie do tworzenia modeli maksymalnie wiernych biologicznemu oryginałowi.

CYBERNETIC MODELING OF NEURAL SYSTEM FROM NEURO-LIKE STRUCTURES, THROU NEURAL NETWORKS TILL NEUROCYBERNETICS

RYSZARD TADEUSIEWICZ

Institute of Automatics, AGH University of Science and Technology, Kraków

One of most fascinating biological systems, which just provoke building of cybernetic models, is neural system, and especially – human brain. Therefore since beginning MCSB Conference cybernetic modeling of neural systems was one of key issues included to the conference program. But in fact models presented in particular conferences was different.

In seventies, when the conference began, research related to cybernetic modeling of neural systems was caused only by scientific curiosity. We was very interested, if our knowledge about neural system functioning can be converted into working model, which can simulate real neural system behavior. Developed model was rather complicated, because we attempt to head to most realistic modelling, when solving of model equations was performed using formal (analytical) methods because of lack of proper computers. Nevertheless we can design, develop and study many non-trivial models. Very characteristic was terminology used in seventies. Taking into account many limitations, observed when we compare cybernetic models and real biological neural systems – we did not dare use name “neural system” for our model. Instead of this name we did use name “neuron-like system”, which name expressed our humility.

First neuron-like system was designed only for cybernetic modeling of neural systems and neural processes without any practical application taken into account during planning of conducted research. But in middle eighties unexpectedly good practical applications of such models was encountered. Very simplified models of neural structures turned out wonderful data processing abilities and high usability in many practical applications rather not related to biology of brain, but solving pattern recognition problems, forming models of almost everything for control and forecasting purposes and also collecting knowledge during learning and self-learning (unsupervised learning) processes.

Such systems oriented for practical problem solving was named “neural networks” not regarding fact, that the models used was definitely very primitive ones both in functional abilities of particular elements (named “artificial neurons”) and in general scheme of connections of such “neurons” forming network, which is arbitrary predefined in form so called “multilayer perceptron”.

After almost twenty years of enthusiastic development neural network just now we can observe return of researchers to building most realistic brain-like models. This area of research named neurocybernetics is also discussed in last part of the paper.

ZASTOSOWANIE SYSTEMÓW TRANSMISJI OBRAZU, DŹWIĘKU I DANYCH W EDUKACJI CHIRURGICZNEJ

MICHAŁ NOWAKOWSKI^{1,2}, ALEKSANDER KONTUREK¹, WIESŁAW PYRCZAK³,
PIOTR RICHTER¹, WOJCIECH NOWAK¹

¹III Katedra Chirurgii Ogólnej, ²Zakład Dydaktyki Medycznej, ³Zakład Bioinformatyki
i Telemedycyny Wydział Lekarski UJ CM

Możliwość bezpośredniej obserwacji działań diagnostycznych i terapeutycznych była od zawsze kluczowym elementem edukacji medycznej. Od czasów historycznych uczeń bezpośrednio obserwował nauczyciela przy pracy lub podczas demonstracji a później był bezpośrednio obserwowany. W okresie rozwoju współczesnych metod uniwersyteckiej edukacji medycznej stworzono warunki do zmiany relacji liczbowych pomiędzy uczącym i nauczonymi tworząc grupy instruowane jednocześnie przez jednego nauczyciela. Tworzono również podstawy techniczne do takich metod edukacji. Ich przykłady mamy do dzisiaj, to sale wykładowe, dawniej nazywane *theatrum*. To tam, obserwowany przez studentów doświadczony anatom, patolog czy chirurg demonstrował kluczowe aspekty procedury. Współcześnie takie rozwiązania mają znacznie ograniczone zastosowania. Wymagania wobec poziomu wiedzy i umiejętności lekarzy rosną, sama obserwacja „zza pleców” lub z oddalonej o kilka metrów galerii nie wystarcza. Większość kluczowych aspektów zabiegu diagnostycznego czy terapeutycznego musi zostać przedstawiona znacznie dokładniej. Zwiększenie ilości osób bezpośrednio uczestniczących w wydarzeniach na sali operacyjnej jest niemożliwa ze względu na wymagania sanitarno-epidemiologiczne, techniczne czy też prawne.

Dodatkowe ograniczenie to dyspozycyjność szkolonych i szkolących. Ma to szczególne znaczenie w kształceniu podyplomowym. Konieczność ciągłego doskonalenia zawodowego współzawodniczy z koniecznością wykonywania pracy.

Z tych powodów wszystkie urządzenia i metody, które umożliwiają rejestrację zabiegu i pokazanie go większej ilości osób, najlepiej na sali wykładowej lub w dowolnym innym miejscu są niezwykle atrakcyjne.

Na przykładzie zabiegu laparoskopowego zademonstrujemy użyteczność systemów transmisji do celów edukacji w dziedzinach zabiegowych. Fragmenty wykładu, konsultacji z ekspertem zlokalizowanym w innym ośrodku oraz transmisji elementów zabiegu operacyjnego unaocznia możliwości technologiczne. Oprócz systemów transmisji zademonstrujemy nowoczesne urządzenia do rejestracji obrazu z pola operacyjnego. Na podstawie opisanych powyżej elementów przedstawimy koncepcję nauczania na odległość w dziedzinach zabiegowych, które może być bardzo cennym uzupełnieniem klasycznych metod dydaktyki opartych na bezpośrednim udziale w zabiegu.

Słowa kluczowe: chirurgia, laparoscopia, transmisja danych, nauczanie na odległość.

APPLICATION OF VIDEO, AUDIO AND DATA TRANSMISSION SYSTEMS IN SURGICAL EDUCATION

MICHAŁ NOWAKOWSKI^{1,2}, ALEKSANDER KONTUREK¹, WIESŁAW PYRCZAK³,
PIOTR RICHTER¹, WOJCIECH NOWAK¹

¹III Department of General Surgery, ²Department of Medical Education, ³Department
of Bioinformatics and Telemedicine Jagiellonian University Medical College

Possibility of direct observation of diagnostic and therapeutic procedures has always been a key aspect of medical education. Since historical times student observed his teacher directly during work or demonstrations and later he has been directly observed. During the period of development of university-type methods of medical education conditions for changed student to teacher proportions have been developed by creation of student classes trained by a single teacher.

Technical basis for this type of education has also been developed. Their examples exist until today, they became lecture halls, previously often referred to as *theatrum*. It was there that an experienced anatomist, pathologist or surgeon demonstrated to students key aspects of procedures. Contemporarily those methods have limited applications. Expectations towards the level of knowledge and skills of physicians rise, observation “from behind” or from gallery far, far away is not good enough anymore. Majority of key aspects of each diagnostic or therapeutic procedure needs to be presented in a greater detail. Increasing the number of people directly participating in operating room events is not possible due to sanitary, epidemiological, technical or legal issues.

Additional limitations rise from availability of trainers and trainees. It is especially important in post graduate education. Continuous professional education rivals continuity of work.

For all those reason technical equipment enabling registration of procedure and displaying it to greater number of people, preferably in lecture hall or at best in different location becomes very attractive.

Based on the example of laparoscopy we will demonstrate utility of transmission systems in invasive medical procedures. Fragments of lecture, consultation with an expert in a remote location and transmission of fragments of medical procedure will illustrate technical possibilities. Apart from data transmission system will we also demonstrate modern equipment for registration of video signal from an operating field.

Based on above mentioned elements we will present a concept of distant learning in invasive medicine and surgery which can be a valuable asset to classical methods of education based on direct participation in medical procedure.

Keywords: surgery, laparoscopy, distant learning, data transmission.

ZASTOSOWANIE NOWOCZESNYCH TECHNOLOGII KOMUNIKACYJNYCH W MEDYCYNIE

BARTEK MADEJ¹, ANDRZEJ M. RZEPECKI²

¹*Veracomp S.A. bartek.madej@veracomp.pl*

²*Przedsiębiorstwo Badawczo-Wdrożeniowe TORON a.rzepecki@toron.pl*

Telemedycyna jest jedną z najszybciej rozwijających się dziedzin informatyki i telekomunikacji w ostatnich latach. Dynamiczny rozwój technologiczny pozwala na znaczne usprawnienie obsługi pacjenta w służbie zdrowia. Pojawiające się na rynku rozwiązania dają coraz większe możliwości współpracy między specjalistami, zarówno w obrębie jednej jednostki medycznej, jak również pomiędzy różnymi placówkami.

Dzięki zastosowaniu zaawansowanych systemów telekonferencyjnych możliwe i zarazem coraz bardziej powszechne staje się transmitowanie szkoleń, konferencji, zabiegów operacyjnych oraz konsultacji za pomocą mediów cyfrowych wysokiej rozdzielczości. Systemy te znajdują zastosowanie zarówno w codziennej pracy służby zdrowia, a także w edukacji na odległość oraz szeroko pojętej telemedycynie.

Głównymi korzyściami związanymi z transmisją obrazu i dźwięku wysokiej rozdzielczości są możliwości organizacji konsultacji na odległość, w tym podczas zabiegów operacyjnych, z możliwością udziału tłumacza oraz organizacji spotkań wielodziałowych związanych z funkcjonowaniem jednostek organizacyjnych, oddziałów etc. Rozwiązanie takie pozwala zaoszczędzić zarówno dużo czasu jak i pieniędzy na podróżach, jak również umożliwić konsultacje w miejscach, gdzie dotarcie wyspecjalizowanego personelu jest bardzo kosztowne lub wręcz niemożliwe.

Nowoczesne systemy informatyczne znajdują dodatkowo zastosowanie w codziennej pracy jednostek medycznych usprawniając jej wewnętrzne funkcjonowanie, począwszy od możliwości sprawnej komunikacji wewnętrznej wysokiej jakości, zdalnego kontrolowania stanu pacjenta, powiadomieniach w sytuacjach wymagających interwencji specjalisty, skończywszy na monitorowaniu warunków klimatycznych panujących w pomieszczeniach jak i informowaniu o aktualnym położeniu najbliższego sprzętu specjalistycznego w obrębie danej placówki.

Słowa kluczowe: telemedycyna, teletransmisja, transmisja danych, nowoczesne technologie

APPLICATION OF MODERN COMMUNICATION TECHNOLOGY IN MEDICINE

BARTEK MADEJ¹, ANDRZEJ M. RZEPECKI²

¹Veracomp S.A. bartek.madej@veracomp.pl

²Przedsiębiorstwo Badawczo-Wdrożeniowe TORON a.rzepecki@toron.pl

Telemedicine is one of the fastest growing areas of IT and telecommunications in recent years. The dynamic development of technology enables significant improvement of patients' service in the health sector. Emerging market solutions provide increasing opportunities for cooperation between professionals, both within a single medical unit, as well as between different institutions.

By using advanced teleconferencing systems, broadcasting trainings, conferences, consultations and surgical procedures using high-resolution digital media becomes possible and also increasingly common. These systems are used both in daily work of health professionals, as well as distance learning and widely ment telemedicine.

The main benefits of the transmission of high-resolution image and sound are the possibilities of consultations at a distance organization, including those during surgical procedures, with the participation of an interpreter, and multi-departmental meetings related to the functioning of organizational units, branches, etc.. This solution saves both time and money on travels, as well as allows for consultations in places, where the reach of specialized staff is very costly or impossible.

Modern information systems are also used in everyday work of medical units, improving its inner functioning, from the possibility of effective high quality internal communication, remote monitoring of the patient, notifying situations requiring specialist's intervention, to monitoring the climatic conditions in rooms as well as informing about current nearest location of specialized equipment within the facility.

Słowa kluczowe: telemedicine, teletransmission, data transmission, modern technology

O CZYM ŚNIĄ HYDRAULICY?

HUBERT HARAŃCZYK

Instytut Fizyki Uniwersytetu Jagiellońskiego

Wykład omawia molekularne mechanizmy tworzenia nanostruktur lipidowych w organizmach biologicznych.

Najpierw przedstawione zostaną własności wody, zaczynając od jej anomalii makroskopowych, dalej (i) koncept wiązania wodorowego, struktura i własności lodu i wody ciekłej, polimorfizm lodu, zamarzanie i przechłodzenie wody, izotermy sorpcyjne wody. Następnie omówione zostanie zachowanie (ii) wody związanej w układzie biologicznym, w tym zjawisko perkolacji wody na powierzchniach suchego układu biologicznego, dalej (iii) wpływ własności wody na zdolność przetrwania organizmu żywego w warunkach skrajnej dehydratacji, oraz (iv) odporność organizmu żywego na zamarzanie, zarówno unikanie zamarzania, jak i wymuszanie zamarzania wody związanej przez organizm żywy.

Następnie omówione zostaną (v) współdziałania hydrofobowe odpowiedzialne za tworzenie nanostruktur biologicznych, dalej (vi) mechanizm tworzenia micelli, (vii) warstw jednomolekularnych, wreszcie (viii) dwuwarstw lipidowych oraz (ix) przejścia fazowe w dwuwarstwie lipidowej.

Przedstawione tu zostaną układy, które samoistnie porządkują się wraz ze wzrostem uwodnienia.

Wreszcie zaprezentowana zostanie (x) klasyfikacja Luzzatiego ciekłokrystalicznych faz liotropowych lipidów biologicznych, a dalej skład i struktura (xi) błon biologicznych i (xii) przejścia fazowe w błonie biologicznej, a na koniec (xiii) egzotyczne ciekłokrystaliczne fazy liotropowe błon organizmów żywych.

WHAT DO PLUMBERS DREAM ABOUT?

HUBERT HARAŃCZYK

Institute of Physics, Jagiellonian University

This lecture presents molecular mechanisms of lipid nanostructures formation in biological organisms.

First, water properties are listed, namely the macroscopic anomalies of water, the idea (i) of hydrogen bond, the structure and properties of ice and of liquid water, ice polymorphism, freezing and supercooling of water, sorption isotherms of water. Then the attention will be focused on (ii) bound water behavior in dry biological system, and life strategies in survival of (iii) dessication shock and of (iv) very low temperature (freezing avoidance, freezing tolerance).

Next (v) the hydrophobic effect, and the molecular mechanism of (vi) micells, (vii) lipid monolayers, and (viii) lipid bilayers formation will be reported. The variety of (ix) phase transitions in lipid bilayer will be emphasized.

The systems self-organising with the increase of hydration level will be presented.

Finally the (x) Luzzati's classification of lyotropic liquid crystalline phases, and (xi) the composition, the structure, (xii) the phase transitions of biological membranes, and (xiii) exotic liquid crystalline phases in biomembranes will be shown.

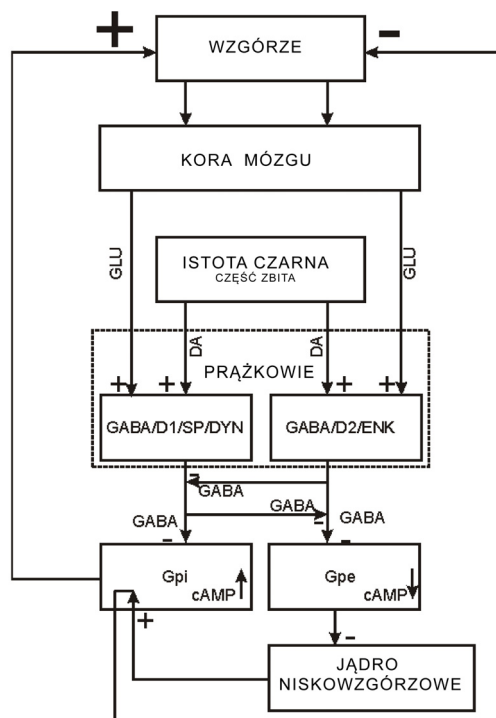
KONCEPTUALNY MODEL KONTROLI FIZJOLOGICZNEJ FUNKCJI MOTORYCZNYCH, EMOCJONALNYCH I POZNAWCZYCH

EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK

*Instytut Psychologii Polska Akademia Nauk w Warszawie
Katedra Podstaw Teoretycznych Nauk Biomedycznych i Informatyki Biomedycznej Collegium Medicum
im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
Regionalny Zespół Opieki Paliatywnej - Dom Sue Ryder Bydgoszcz
Wojewódzki Szpital Dla Nerwowo i Psychicznie Chorych im. dra J. Bednarza w Świeciu n/Wisłą
Zakład Neuropsychologii i Genetyki Behawioralnej Instytut Psychologii,
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy*

Zaproponowano konceptualny model fizjologicznej kontroli funkcji motorycznych, emocjonalnych i poznawczych. Istnieje przynajmniej pięć pętli łączących jądra podkorowe z korą mózgu: ruchowa, okoruchowa, grzbietowo-boczna przedczołowa, oczodołowo-czołowa boczna i limbiczna. Dwie główne struktury pętli są: prążkowie (striatum) i kora mózgu (cerebral cortex). U pacjentów z zaburzeniami funkcjonowania jąder podkorowych występują zaburzenia motoryczne hiper i hipokinetyczne. Uszkodzenia pętli korowo-podkorowych mogą być związane nie tylko z dysfunkcjami motorycznymi, ale także z emocjonalnymi i/lub motywacyjnymi (depresja, mania, lęk, apatia) jak również z osłabieniem funkcji poznawczych i wykonawczych.

Słowa kluczowe: jądra podstawy, pętle korowo-prożkowiowo-wzgórzowe, zaburzenia emocji, zaburzenie funkcji motorycznych, zaburzenia funkcji poznawczych, funkcje wykonawcze.



GLU- kwas glutaminowy; DA – dopamina; GABA - γ-aminomasłowy kwas; D1 – receptor dopaminergiczny D1; D2 – receptor dopaminergiczny D2; SP – substancja P; DYN – dynorfina; ENK – enkefalina; Gpi – gałka biała część wewnętrzna; GPe – gałka biała część zewnętrzna; cAMP – cykliczny adenozyonomonofosforan

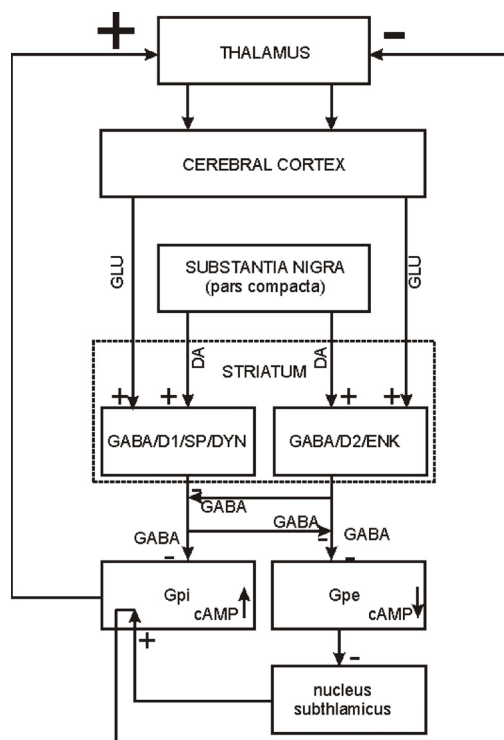
CONCEPTUAL MODEL OF THE MOTOR, EMOTIONAL AND COGNITIVE PHYSIOLOGICAL FUNCTION CONTROL

EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK

*Instytut Psychologii Polska Akademia Nauk w Warszawie
 Katedra Podstaw Teoretycznych Nauk Biomedycznych i Informatyki Biomedycznej Collegium Medicum
 im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
 Regionalny Zespół Opieki Paliatywnej - Dom Sue Ryder Bydgoszcz
 Wojewódzki Szpital Dla Nerwowo i Psychicznie Chorych im. dra J. Bednarza w Świeciu n/Wisłą
 Zakład Neuropsychologii i Genetyki Behawioralnej Instytut Psychologii,
 Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy*

The conceptual model of motor, emotional and cognitive physiological control is proposed. There are at least five basal ganglia-cortical circuits (loops): motor, oculomotor, dorsolateral prefrontal, lateral orbitofrontal and limbic. There are two main regulatory components (structures) in every loop: striatum and cerebral cortex. Patients with basal ganglia disorders suffer from excessive or retarded movements. Dysfunctions of basocortical loops can be associated not only with motor disorders but also with emotional and/or motivational impairments (depression, mania, anxiety, apathy) as well with cognitive and executive perturbations.

Keywords: basal ganglia, frontocortical circuits, emotional deficits, motor deficits, cognitive deficits, executive functions



GLU- glutamate acid; DA – dopamine; GABA – γ-aminobutyric acid; D1 – dopamine D1 receptor; D2 – dopamine D2 receptor; SP – substance P; DYN – dynorphine; ENK – enkephaline; Gpi – globus pallidus pars internalis; GPe – globus pallidus pars externalis; cAMP – cyclic adenosine monophosphate

40 LAT INFORMATYKI MEDYCZNEJ W AKADEMII MEDYCZNEJ (aktualnie) UNIWERSYTET JAGIELLOŃSKI - COLLEGIUM MEDICUM

MAREK KSIEŻYK, JAN TRĄBKA, ANDRZEJ ŻARNECKI, RYSZARD TADEUSIEWICZ,
IRENA ROTERMAN¹

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum,
31-530 Kraków, Łazarza 16, Polska*

40 lat temu Senat Akademii Medycznej im. Mikołaja Kopernika w Krakowie podjął decyzję o utworzeniu Samodzielnej Pracowni Informatyki Medycznej celem rozwijania tej dyscypliny w środowisku medycznym. Pierwszym kierownikiem (lista w kolejności chronologicznej podana jest w nagłówku tego artykułu) tej jednostki był p. mgr Marek Księżyk, który zainicjował działalność głównie w dziedzinie obliczeń statystycznych wykonywanych we współpracy z klinicystami. Tę działalność kontynuował później prof Jan Trąbka, który zainicjował aktywność w dziedzinie biocybernetyki publikując wiele podręczników dotyczących tej tematyki. Umiejętnie łączył swoją głęboką znajomość neurologii z filozofią i cybernetyką, która w tamtych czasach była postrzegana jako bardzo nowatorska i przyszłościowa. Prof Andrzej Żarnecki – specjalista statystyk – zainicjował instalację sieci LAN, co zaowocowało dołączeniem Akademii Medycznej do sieci Internet. Zainaugurowano działalność Szkoły Medycznej dla Obcokrajowców, dla studentów, której nasz Zakład opracował kursy w dziedzinie informatyki medycznej i statystyki. Prof Ryszard Tadeusiewicz zainicjował działalność w dziedzinie telemedycyny. Wszystkie dotychczasowe aktywności są kontynuowane przez kolejnego kierownika – prof Irenę Roterman-Konieczną, która do listy specjalizacji dołączyła także bioinformatykę. Aktywność zespołu pracowników spowodowała także rozwój technik E-learningowych oraz telematyki wspierany wieloletnią współpracą z kierownikiem Zakładu Biocybernetyki AGH – prof. Ryszarda Tadeusiewicza.

Wiele podręczników adresowanych do studentów Wydziału Lekarskiego zostało wydanych w opracowaniach pracowników Zakładu zwłaszcza po roku 1992, kiedy nastąpiło ponowne połączenie Akademii Medycznej z Uniwersytetem Jagiellońskim.

Nazwa od Samodzielnej Pracowni Informatyki Medycznej poprzez Zakład Informatyki Medycznej, Zakład Biocybernetyki, Zakład Biostatystyki była wielokrotnie zmieniana przyjmując obecnie brzmienie Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny. Równie często zmieniana była także lokalizacja naszego zakładu: Kopernika 7, Kopernika 25, Kopernika 17, Krupnicza 11A, Rynek Główny 36 by ostatecznie działać obecnie w dwóch nowoczesnych budynkach przy ul. Kopernika 7E oraz Łazarza 16.

Historia naszego Zakładu jest prawie tak długa jak długa jest historia informatyki w ogóle. Zaczynaliśmy pracując na komputerach typu Odra 1204 z taśmami perforowanymi, komputer Cyber z kartami perforowanymi oraz taśmami magnetycznymi. Byliśmy świadkami pojawienia się komputerów osobistych (PC), dysków przenośnych, pen-drive'ów oraz np. MP3. Wielkości pamięci dyskowych jak i szybkość wykonywania obliczeń zwiększyła się tak dramatycznie, że w najbliższej przyszłości czeka nas praca na komputerach ery peta- czy tera-bitowych. Od samego początku istnienia Zakładu kontynuowana była współpraca z Akademickim Centrum Komputerowym Cyfronet - AGH korzystając z zasobów komputerowych tego ośrodka oraz usług sieciowych. Trzy granty europejskie realizowaliśmy i realizujemy w naszym Zakładzie współpracując m.in. z Chinami, Włochami, Wielką Brytanią, Rumunią i Holandią.

40 lat temu, aby wykonać jakiegokolwiek obliczenie byliśmy zobligowani do samodzielnego napisania programu komputerowego. Nie istniały wówczas żadne biblioteki. Obecnie dzięki sieci Internet bazy danych oraz bazy programów z każdej prawie dziedziny i specjalizacji są dostępne za pośrednictwem Internetu. Byliśmy świadkami realizacji projektu o zasięgu całego globu – sekwencjonowanie genomu ludzkiego, dostęp do którego jest zagwarantowany każdemu mieszkańcowi naszej Planety. Dzisiaj praktyka taka jest codziennością. Byliśmy też świadkami wielkich przemian w dziedzinie politycznej i naukowej. Obie z tych przemian śmiało można nazwać rewolucją.

Pozostaje jednak ciągle aktualne pytanie: Jakimi nowinkami jeszcze zaskoczy nas najbliższa przyszłość? Lub po prostu - Co dalej?

Słowa kluczowe: historia informatyki medycznej w szkole medycznej.

FORTY YEARS OF MEDICAL INFORMATICS IN MEDICAL ACADEMY (currently) JAGIELLONIAN UNIVERSITY - MEDICAL COLLEGE (JUCM)

MAREK KSIĘŻYK, JAN TRĄBKA, ANDRZEJ ŻARNECKI, RYSZARD TADEUSIEWICZ,
IRENA ROTERMAN¹

¹*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Medical College – Jagiellonian University
31-530 Krakow, Lazarza 16, Poland*

Forty years ago Senate of Nicolas Copernicus Medical Academy decided to develop medical informatics and established the Laboratory of Medical Informatics. On the first position on the list of heads of the Department in chronological order given on the top of the abstract is Marek Księżyk who organized the team and initiated the activity oriented mostly on statistical analysis of the medical data collected at the clinics of the Medical Academy. This activity was extended by professor Jan Trąbka, who introduced the biocybernetics and developed this discipline publishing many books. He linked his deep knowledge of the neuronal system with the cybernetics and philosophy. Professor Andrzej Żarnecki is a specialist in biostatistics. He initiated the installation of the local area network (LAN) and its connection to the internet in the Medical Academy and Medical College of the Jagiellonian University. The Medical School for Foreign Students was established and new courses were organized in our Department. Professor Ryszard Tadeusiewicz introduced the elements of telemedicine in our activity. All disciplines initiated by former heads are being continued by Irena Roterman-Konieczna who added also bioinformatics to the list of specializations. The activity of other members of the team results in the development of E-learning techniques and telematics supported by the long lasting collaboration with Prof. Ryszard Tadeusiewicz – head of Laboratory of Biocybernetics AGH.

Many students' manuals were edited by the members of team of the Department. Many new courses have been established for medical students as well as for students of other faculties of Jagiellonian University especially after the reunion of Medical Academy and Jagiellonian University in 1992.

The name of Laboratory of Medical Informatics was changed few times till now as well as the localization moving from Kopernika 7 and Kopernika 25 to Kopernika 17, Krupnicza 11A, Rynek Główny 36 to find finally the permanent localization in Kopernika 7E and Łazarza 16 in two new buildings. The history of our Department is almost as long as the history of computer science. We started the work with perforated paper tapes (Odra 1024), punched cards (Cyber), magnetic tapes (Cyber). We were the witnesses of the appearance of PC computers, portable discs, pen drives, MP3 devices etc. The size of memory as well as the speed of calculations of computers we used in our work changed dramatically looking forward to use the computer centers of tera- and peta-range to be used in a near future. From the very beginning till now we have been collaborating with Academic Computer Center CYFRONET using its powerful computers and its connection to the academic internet network. Three European grants have been undertaken by the team of the Department including the collaboration with China, Italy, England, Germany, Romania and Netherlands.

To run any calculation on computer we were obliged to prepare the programs individually forty years ago. The program libraries did not exist at all. Nowadays the availability of any form of program library as well as large data bases of any subject and any size is very easy by Internet. We were also the witnesses of the World scale project of human genome sequencing, which was almost the dream at the initiation moment. Currently it is of the every day life category. We were the witnesses of unpredictable changes in computer science as well as in politics - both of them of the category of revolution.

As always - when the history is discussed – the important question is in front of us – **what is going to surprise us in the near future?** or simply - **What next?**

Keywords: history of medical informatics in medical school.

BIOKOMPUTEROWE ZARZADZANIE INFORMACJĄ W UKŁADZIE BIOLOGICZNYM CZŁOWIEKA

ADAM ADAMSKI

Uniwersytet Śląski w Katowicach

Życie człowieka nie jest tylko wyłącznie kwestią biologii i biochemii, stanowi również konstrukcję bioelektroniczną, która ma wpływ na zdrowie, chorobę i zachowanie się człowieka. Ta bioelektroniczna konstrukcja tworzy homo electronicusa wraz z jego elektromagnetyczną „osobowością”. W tym nowym paradygmacie bioelektronicznym zaczyna rysować się poznanie człowieka w aspekcie procesów kwantowych zachodzących w układzie scalonym rozumianym jako urządzenie bioelektroniczne przetwarzające, magazynujące i zarządzające informacją. Kwantowy człowiek jest tym samym człowiekiem co anatomiczny i fizjologiczny, tyle, że żyjącym w świecie kwantowego wymiaru. Obok tradycyjnych, dobrze poznanych reakcji biochemicznych zachodzących w organizmach żywych otwiera się dla nauki nowa rzeczywistość, funkcjonująca w oparciu o bioelektroniczny model życia. Jego układ biologiczny składa się z materiału elektronicznego i niektóre struktury biologiczne są traktowane jako molekularne urządzenia elektroniczne, znów biomolekuły DNA, RNA, białka, pigmenty, ale również mikrotubule komórkowe, cytoszkielet i neurony jako biologiczne mikroprocesory (Hameroff S., Rasmussen S. R., 1989, s. 245), enzymy zaś – jako naturalne tranzystory (Cardenas M., 1991, s. 111), mózg jako kwantowy komputer (Hameroff S. 2007).

Szybki rozwój elektroniki molekularnej i biotechnologii doprowadzi do tego, że nasze życie zmuszone będzie do przystosowania się do wymogów biologicznych komputerów i wielu urządzeń elektronicznych rejestrujących informację w mózgu. Proces uczenia programu szkolnego będzie przebiegał o nowy styl nauczania. Zapis informacji w mózgu, będzie przebiegał nie tylko w oparciu o zmysły, ale również za pomocą urządzeń technicznych. Przypominał będzie on zasadę zapisu jak na taśmie magnetofonowej lub płycie kompaktowej. W nowym systemie nauczania ilość informacji w mózgu podwoi się do X potęgi, lecz nie każda psychika z łatwością zaakceptuje ten styl nauczania, co będzie wielokrotnie prowadzić do wielu dysfunkcji w osobowości człowieka.

Literatura

- Cardenas M.L. (1991). Are the transistery enzymes - complexes found in vitro also transistery in vivo? If so, are they physiologically important. *J. Theoret. Biol.* 152, 1, 111-13.
- Hameroff S.R., Rasmussen S. Information processing in microtubules. *Biomolecular automata and nanocomputers*, /W/: Hong F./Ed/. *Molecular Electronics: Biosensors and Biocomputers* Plenum Press. New York - London. Hong F.T./1992.
- Hameroff S. R. The Brain Is Both Neurocomputer and Quantum Computer. *Cognitive Science* 31 (2007) 1035–1045

Słowa kluczowe: biokomputer, informacja, systemy biologiczne, osobowość.

BIOCOMPUTER INFORMATION MANAGEMENT IN THE BIOLOGICAL SYSTEM HUMAN

ADAM ADAMSKI

Uniwersytet Śląski w Katowicach

The life human is not just a matter of biology, is also bioelectronics structure, which has an impact on health, disease and human behavior. This bioelectronics design creates a "homo electronicusa" with its electromagnetic 'personality' in this new paradigm bioelectronics starts to draw a man does not know, in terms of quantum processes occurring in the chip understood as a device bioelectronics treating, storing and managing information. Quantum man is the same man as anatomical and physiological, except that they live in a world of quantum dimension. His system is composed of biological material bioelectronics and some biological structures are treated as molecular electronic devices – biomolecular of DNA, RNA, proteins, pigments, but also the micro-tubule cell, cytoskeleton, and neurons as biological chips (S. Hameroff, SR Rasmussen, 1989, p. 245), and enzymes - as a natural transistors (Cardenas M., 1991, p. 111), the brain as a quantum computer (S. Hameroff 2007).

The rapid development of molecular electronics and biotechnology will lead to the fact that our lives will be forced to adapt to the requirements of biological computers and many electronic devices, recording information in the brain. Learning programs will run his school with a new style of teaching. Record information in the brain, will run not only on the basis of the senses, but also through technical devices. He reminded he will rule on the record as a tape or CD. In the new system of teaching the amount of information in the brain will double the power of X, but not every psychic easy to accept this style of teaching, which will often lead to many dysfunctions of the human personality.

References

- Cardenas ML Transistors Are The enzyme - Complexes Also found in vitro transistors in vivo? If so, are they physiologically important. J.Theoret.Biol.152,1,111-13. 1991.
- Hameroff SR, Rasmussen, S. Information processing in microtubules Biomolecular automata and nanocomputers, /W/: Hong F. /Ed/. Molecular Electronics: Biosensors and Biocomputers Plenum Pres.New York-London. FT/1992
- Hameroff. SR The Brain Is Both Neurocomputer and Quantum Computer. Copyright C Cognitive Science 2007, 31, s.1035-1045.07.

Keywords: biocomputer, information, biological system, human personality.

MOŻLIWOŚCI WYKORZYSTANIA SYSTEMU TELEFONII KOMÓRKOWEJ DO POMIARU I MODELOWANIA RUCHU TURYSTYCZNEGO

WIESŁAW ALEJZIAK

Katedra Gospodarki Turystycznej, Wyższa Szkoła Informatyki i Zarządzania w Rzeszowie

Mierzenie wielkości oraz określanie struktury ruchu turystycznego to jedno z ważnych zadań podmiotów odpowiedzialnych za kreowanie oraz realizację polityki turystycznej. Informacje na ten temat należą bowiem do podstawowych wyznaczników zarządzania turystyką na wszystkich szczeblach administracji państwowej (ogólnokrajowym, regionalnym i lokalnym). Ich znaczenie uwidacznia się nie tylko w działaniach bieżących, ale także (a może przede wszystkim) w programowaniu i planowaniu rozwoju turystyki. W obu tych procesach bardzo istotną rolę odgrywa kwestia kształtowania optymalnych dla danego obszaru (miasta, powiatu, regionu, kraju) rozmiarów oraz przestrzennej, czasowej i rodzajowej struktury ruchu przyjazdowego. Modelowanie ruchu turystycznego w różnych układach przestrzennych wymaga rzetelnych danych. Tymczasem dotychczasowe sposoby rejestracji statystycznej oraz inne metody badania ruchu turystycznego są bardzo niedoskonałe, wpływając tym samym na jakość planowania turystycznego, które bardzo często oceniane jest krytycznie, i to zarówno w krajach o zaawansowanym rozwoju turystyki, jak i tych, które do tego dopiero aspirują.

W artykule przedstawiono podstawowe założenia TelSKART® (Telefonicznego Systemu Komórkowej Analizy Ruchu Turystycznego) - nowej metody badania ruchu turystycznego, która opiera się na wykorzystaniu technologii telefonii komórkowej drugiej i trzeciej generacji (GSM - ang. Global System for Mobile Communications oraz UMTS – ang. Universal Mobile Telecommunications System). Oprócz zaprezentowania samej idei, teoretycznych podstaw oraz najważniejszych technicznych aspektów metody, wskazano na możliwości jej zastosowania w dziedzinie modelowania ruchu turystycznego. Wykorzystano do tego między innymi opinie uzyskane dzięki specjalnej kwerendzie przeprowadzonej wśród kilkudziesięciu wybitnych ekspertów turystyki z kilkunastu krajów świata. W tym celu do każdego z ekspertów, drogą mailową rozesłano kilkustronicowy opis podstawowych założeń metody TelSKART®, prosząc o zapoznanie się z nim oraz wyrażenie własnej opinii na jej temat. W przesłanych do autora listach, eksperci najczęściej odnosili się do takich kwestii jak: oryginalność i innowacyjność metody; opinie na temat jej podstawowych założeń; uwagi i wątpliwości dotyczące technicznych możliwości realizacji badań; najważniejsze zalety i ograniczenia metody oraz sposoby eliminowania tych ostatnich. Szczególnie cenne i inspirujące okazały się opinie i sugestie na temat różnorodnych zastosowań (obecných i przyszłych), które dotyczyły zarówno samej metody TelSKART®, jak i innych innowacyjnych metod badania ruchu turystycznego, w tym zwłaszcza opartych na GIS (Geographic Information System) oraz GPS (Global Positioning System).

Niedoskonałości oficjalnej statystyki turystycznej, które występują praktycznie na całym świecie, przy wzrastającym znaczeniu turystyki jako zjawiska społecznego i gospodarczego, a także przy stale rosnących wymaganiach turystów w zakresie oferty i jakości świadczonych usług, stawiają nowe wyzwania przed polityką turystyczną oraz podmiotami odpowiedzialnymi za zarządzanie tym sektorem w regionach i miejscowościach turystycznych. Jednym z nich jest konieczność monitorowania oraz modelowania ruchu turystycznego oraz towarzyszących mu zjawisk. Wydaje się, że zaprezentowana w tym opracowaniu metoda znakomicie się do tego nadaje.

Słowa kluczowe: ruch turystyczny, pomiar, TelSKART®, nowoczesne technologie, GSM.

POTENTIAL APPLICATIONS OF CELLULAR PHONE SYSTEMS FOR MEASURING AND MODELING TOURIST MOVEMENT

WIESŁAW ALEJZIAK

Chair of Tourism Economy, University of Information Technology and Management in Rzeszow

Measuring the volume and describing the structure of tourist movement seems to be one of the crucial tasks of subjects responsible for creating and executing tourism policy. Information on the above-mentioned parameters constitutes the fundamental factor for tourism management at all levels of state administration (i.e. national, regional, local). Its importance manifests itself not only in current activities but also (or possibly foremost) in programming and planning tourism development. What seems to be of crucial importance in both latter processes is creating a proper volume, as well as dimensional, temporal and generic structure, optimal for a particular area (i.e. a city, county, province, country). Generating and executing tourism policy in different spatial arrangements, in particular modeling tourist movement, requires reliable data. Meanwhile, insofar as applied methods of statistical registration or other related ways of measuring tourist movement prove imperfect, hence affecting negatively the quality of tourism planning. As a matter of fact, planning activities in the tourism sector are frequently criticized both in the countries with highly developed tourism and those still aspiring to such a high-profile status.

The paper presents basic assumptions of Telephone System for Cellular Analysis of Tourist Movement (TelSKART®), which is an innovative method of measuring the volume of tourist movement, using second and third generation of cellular phone technology (i.e. GSM - *Global System for Mobile Communications*, and UMTS - *Universal Mobile Telecommunications System*). Apart from the presentation of the rationale, idea, theoretical technical principles and aspects of TelSKART®, this paper will be further extended with an in-depth analysis of possible advantages and drawbacks of the method, as well as a range of its potential practical applications. Also opinions of Polish and international eminent experts on the proposal of using mobile phones and TelSKART® method in tourist movement research will be taken under consideration. The opinions presented in this paper were gathered via e-mail exchange. The experts were asked about other similar methods known to them and hitherto applied in this kind of research, or they were invited to point to particular researchers or institutions potentially interested in realizing such research projects in the future. Several dozens of opinions from internationally recognized scholars will be included in the method characteristics in this paper. In their responses, the cited experts mostly point to such method-related issues as: genuineness and innovative nature of the method, basic assumptions, comments and reservations, ways of eliminating drawbacks, variety of possible applications of TelSKART® and other innovative methods of tourist movement research, especially GPS (*Global Positioning System*) and GIS (*Geographic Information System*).

Deficiencies in official tourism statistics, observed practically all over the world, alongside with steadily increasing importance of tourism as a social and economic phenomenon, as well as continually rising expectations of tourists related to tourist offer and quality of service, set new challenges for tourism policy and to subjects responsible for managing this sector in tourist spots and regions. Urgent necessity to monitor and model tourist movement and accompanying phenomena are just one of numerous such challenges. The method presented in this publication seems to solve the above problem exquisitely and efficiently.

Keywords: tourist movement, measurement, TelSKART®, mobile phones, GSM.

MATEMATYCZNY MODEL WSPOMAGANIA DIAGNOZOWANIA MEDYCZNEGO NA PODSTAWIE SYMPTOMÓW CHOROBOWYCH I CZYNNIKÓW RYZYKA

ANDRZEJ AMELJAŃCZYK

Wydział Cybernetyki WAT, ul. Gen. Sylwestra Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

W pracy przedstawiono możliwość zastosowania mechanizmów wnioskowania diagnostycznego, wykorzystujących wzorce zdefiniowane w wielokryterialnej przestrzeni danych medycznych pacjenta. Mechanizmy takie mogą być zastosowane w procedurach wspomagania rozstrzygnięć medycznych w węzłach decyzyjnych ścieżek klinicznych na etapie wstępnego diagnozowania. Istotą przedstawionej koncepcji jest algorytm wyznaczania zbioru diagnoz od których nie ma bardziej prawdopodobnych oraz ranking jego elementów.

Proces diagnostyczny został podzielony na dwa etapy: etap wstępnego diagnozowania i etap diagnozowania specjalistycznego. Etap wstępnego diagnozowania realizowany jest na podstawie stwierdzonych symptomów chorobowych oraz czynników ryzyka. Dane te są podstawą budowy dwukryterialnego modelu procesu wspomagania decyzji diagnostycznych. Ideą tego modelu jest możliwość wyznaczania odległości aktualnego stanu zdrowia pacjenta od poszczególnych wzorców jednostek chorobowych zawartych w repozytorium medycznym. Obrazem zbioru wzorców jednostek chorobowych jest zbiór ich „modeli odległościowych” w dwukryterialnej przestrzeni decyzyjnej.

Przyjęta „relacja preferencji diagnostycznych” pozwala ten zbiór uporządkować i wyznaczyć tzw. zbiór Pareto jednostek chorobowych od których nie ma bardziej prawdopodobnych przy stwierdzonym stanie zdrowia pacjenta.

Dodatkową informacją diagnostyczną jest ranking elementów zbioru Pareto, wykorzystujący odległość poszczególnych wzorców jednostek chorobowych od tzw. „utopijnej jednostki chorobowej”.

Wstępna diagnoza medyczna wynikająca z ustalonych symptomów chorobowych oraz czynników ryzyka jest podstawą realizacji drugiego etapu diagnozowania polegającego na wytypowaniu „optymalnego” dla tej diagnozy zestawu badań specjalistycznych.

W pracy dokonano również analizy pozwalającej rozszerzyć prezentowany model o możliwość występowania tzw. chorób współistniejących.

Słowa kluczowe: komputerowy system wspomagania decyzji medycznych, symptomy chorobowe, czynniki ryzyka, wzorce medyczne, optymalizacja wielokryterialna, zbiór Pareto.

MATHEMATICAL MODEL FOR MEDICAL DIAGNOSIS SUPPORT BASIS OF DISEASE SYMPTOMS AND RISK FACTORS

ANDRZEJ AMELJAŃCZYK

Department of Cybernetics WAT, ul. Gen. Sylwestra Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

The paper presents the possibility of diagnostic inference mechanisms, using patterns defined in the multi-space medical data. These mechanisms can be used in procedures to assist settlement of medical decision-making pathways in knots at the preliminary clinical diagnosis. The essence of the approach presented is the algorithm of determining a set of diagnoses from which there is no more likely and the ranking of its elements.

The diagnostic process is divided into two stages: the preliminary stage of diagnosis and specialist diagnosis. The preliminary diagnosis is implemented on the basis of observed symptoms of disease and risk factors. These data are the basis for the construction bicriterial process model of decision support tools. The idea of this model is able to appoint only the current state of health of the patient from different patterns of disease entities in the medical repository. Image of the set patterns of disease entities is the set of their "models of distance in bicriterial decision space.

Adopted "the relationship of diagnostic preference" allows the collection of order and appoint a so-called Pareto set of diseases from which there is no more likely found in the patients health status.

An additional diagnostic information is the ranking of Pareto set, which uses distances of different patterns from the so-called "utopian clinical entity".

The initial medical diagnosis of symptoms resulting from established risk factors for disease and is the basis for implementation of the second stage of diagnosis involving the designation "best" for the diagnosis of a set of specialized examines.

The paper also presents the analysis allows to extend the model with the possibility of so-called coexisting diseases.

Keywords: computer medical decision support system, disease symptoms, risk factors, medical patterns, multicriteria optimization, Pareto set.

MODELOWANIE WZORCÓW MEDYCZNYCH W PRZESTRZENI PAJĘCZYNOWEJ

ANDRZEJ AMELJAŃCZYK

Wydział Cybernetyki WAT, ul. Gen. Sylwestra Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

W pracy przedstawiono możliwości wykorzystania przestrzeni pajęczynowych do modelowania wzorców medycznych takich jak stan zdrowia pacjenta, jednostki chorobowe (choroby) oraz stopień zagrożenia zdrowia pacjenta. Pierwsza część pracy poświęcona została przedstawieniu najważniejszych pojęć z obszaru modelowania pajęczynowego. Między innymi zdefiniowano przestrzeń pajęczynową, najważniejsze klasy funkcji modelowania pajęczynowego (klasy modeli pajęczynowych) oraz ich własności. Zasadnicza część pracy poświęcona jest modelowaniu tzw. przestrzeni życia oraz wzorców chorobowych. Definiując stan zdrowia pacjenta oraz wzorce chorobowe w tej samej „przestrzeni życia” można wprowadzić uogólnione (kompleksowe) wskaźniki jakości stanu zdrowia pacjenta oraz wskaźniki zagrożeń różnymi chorobami. Analizując stopień „podobieństwa” modeli pajęczynowych stanu zdrowia pacjenta i odpowiednich wzorców chorobowych można wnioskować o prawdopodobieństwie występowania odpowiednich jednostek chorobowych u badanego pacjenta. Powyższe pojęcia stanowią podstawę budowy modeli komputerowych systemów wspomagania decyzji medycznych głównie w obszarze diagnostyki medycznej.

W pracy omówiono również wiele innych charakterystyk modeli pajęczynowych obiektów, które mogą być wykorzystywane w analizie jakościowej modelowanych wzorców medycznych. Pozwalają one na konstruowanie algorytmów procesów diagnostycznych oraz precyzyjnego wyznaczania efektów stosowanych terapii lub też konkretnych leków. Mogą również służyć formułowaniu i rozwiązywaniu zadań optymalizacji między innymi w obszarze wyznaczania optymalnych procedur diagnostycznych w aspekcie czasu ich trwania, kosztu oraz skuteczności.

Słowa kluczowe: przestrzeń pajęczynowa, modelowanie pajęczynowe, wzorzec medyczny, model stanu zdrowia pacjenta, przestrzeń życia, komputerowy system wspomagania decyzji medycznych.

MODELING OF MEDICAL PATTERNS IN THE WEB SPACE

ANDRZEJ AMELJAŃCZYK

Department of Cybernetics WAT, ul. Gen. Sylwestra Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

The paper presents possibilities of using web space for modeling medical patterns such as the patients health status, disease entities (diseases) and severity of the patient. The first part is devoted to the presentation of general concepts from the area of web modeling. Among other things, defines the web space, the most important classes of web modeling functions (classes of models) and their properties. The core of the work is devoted to the so-called modeling of living space and patterns of disease. Defining the patients health status and disease patterns in the same "living space" can be introduced generalized (complex) indicators of the quality of patients health status and risk factors. Analysing different degree of "similarity" web models patients health status and related disease patterns can be inferred about the probability of relevant bodies of disease in the examined patient. These categories constitute the construction of computer models of medical decision support systems primarily in the area of medical diagnosis.

The paper also discusses many other characteristics web models of objects that can be used in qualitative analysis of medical pattern models. They allow the construction of diagnostic algorithms and processes determining the precise effects of therapeutic treatments, or specific drugs. They can also be used in formulating and solving optimization problem in the area of diagnostic procedures for determining optimal in terms of their duration, cost and effectiveness.

Keywords: web space, web modeling, medical pattern, model of patient health, living space, a computer medical decision support system.

KOMPUTEROWA IMPLEMENTACJA ALGORYTMU WYZNACZANIA WSTĘPNEJ DIAGNOZY MEDYCZNEJ

ANDRZEJ AMELJAŃCZYK, PAWEŁ DŁUGOSZ, MARCIN STRAWA

Wydział Cybernetyki WAT, ul. Gen. Sylwestra Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

W pracy przedstawiono opis budowy i działania aplikacji komputerowej, pozwalającej ustalić wstępną diagnozę medyczną w oparciu o stwierdzone symptomy chorobowe, czynniki ryzyka oraz ekspercką wiedzę medyczną w zakresie diagnostyki chorób. Wykorzystany algorytm diagnostyczny bazuje na idei pomiaru odległości modelu stanu zdrowia pacjenta od odpowiednio zdefiniowanych wzorców jednostek chorobowych.

Architekturę aplikacji stanowią cztery moduły:

1. GUI – graficzny interfejs użytkownika, wykorzystujący Windows Presentation Foundation (WPF).
2. REASONING MODULE – komponent odpowiedzialny za wykonanie obliczeń zgodnie z wykorzystanym algorytmem.
3. DOMAIN – komponent zawierający klasy opisujące dane, jak też klasy usług operujących na tych danych.
4. CONNECTIVITY – komponent odpowiedzialny za pobieranie danych o chorobach z zewnętrznych systemów informatycznych.

Aplikacja została zrealizowana w oparciu o technologie platformy .NET 3.5. Jako silnik graficzny i API został wykorzystany WPF. Interfejs użytkownika został wykonany przy użyciu oprogramowania Microsoft Expression Blend w wersji 3.0. Jako środowisko programistyczne wykorzystano Microsoft Visual Studio 2008, do którego zaimportowano kod XAML wygenerowany podczas procesu tworzenia GUI. Logikę programu stworzono w języku C#. Kod realizujący połączenia z bazą danych, operacje dodawania oraz filtrację został napisany w zintegrowanym języku zapytań LINQ. Testy przeprowadzono wykorzystując NUnit.

Aplikacja umożliwia lekarzowi po wprowadzeniu danych o stanie zdrowia pacjenta, uzyskać graficzną informację o zbiorze diagnoz od których nie ma bardziej prawdopodobnych oraz ich ranking.

Dane te mogą być wykorzystane do ustalenia kolejnych specjalistycznych badań pacjenta w celu określenia diagnozy ostatecznej.

Słowa kluczowe: komputerowy system wspomagania decyzji medycznych, symptomy chorobowe, czynniki ryzyka, diagnoza medyczna, zbiór diagnoz optymalnych w sensie Pareto.

COMPUTER IMPLEMENTATION OF ALGORITHM OF DETERMINING PRELIMINARY MEDICAL DIAGNOSIS

ANDRZEJ AMELJAŃCZYK, PAWEŁ DŁUGOSZ, MARCIN STRAWA

Department of Cybernetics WAT, ul. Gen. Sylwestra Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

This paper describes the construction and operation of a computer application, which allows to determine the preliminary medical diagnosis based on observed symptoms of disease, risk factors and medical expertise in the diagnosis of diseases. Diagnostic algorithm used is based on the idea of measuring the distance the model from the patients health status, respectively defined patterns of disease entities. Application architecture are four modules:

1. GUI - graphical user interface using Windows Presentation Foundation (WPF).
2. Reasoning MODULE - component responsible for the execution of calculations in accordance with the algorithm utilized.
3. DOMAIN - component contains classes describing the data, as well as class services operating on the data.
4. Connectivity - Component responsible for the collection of data on diseases of the external systems.

The application was developed based on technologies. NET 3.5. As the graphics engine and API has been used WPF. The user interface was done using Microsoft Expression Blend 3.0. As a programming environment that uses Microsoft Visual Studio 2008, which imported the XAML code is generated during the process of creating a GUI. The logic of the program created in C #. Code making calls to the database, adding and filtration operations was written in a language integrated query LINO. Tests carried out using NUnit.

The application enables the physician to enter data about your health, get a set of graphical information about the diagnoses are not more likely, and their ranking. These data can be used to establish more specialized tests to determine the patients ultimate diagnosis.

Keywords: computer medical decision support system, symptoms of disease, risk factors, medical diagnosis, the set of diagnoses optimal in the Pareto sense.

PERSONAL WEARABLE MONITOR OF THE HEART RATE VARIABILITY

PIOTR AUGUSTYNIAK

Institute of Automatics, AGH University of Science and Technology, Kraków

Wireless monitoring of basic vital parameters is currently one of the hottest research areas and prospective application fields as assisted living and home care. Current experiences show, that personalization of the devices helps in refinement of distributed diagnosis calculation.

The aim of the project was to built a prototype of wearable heart rate variability (HRV) monitor being a component of home care surveillance and sleep assessment system. The whole system is a hybrid partly embedded into a smart home infrastructure and partly worn by a supervised person. Both components are personalized by the software settings and dynamically linked executable code. The prototype wearable device is designed to acquire and process the electrocardiogram and to send reports accordingly to a programmed schedule.

The heart rate reported or displayed for diagnostic purposes is usually the average value of seven consecutive RR intervals. Excluding two shorter and one longer intervals from the averaging increases the HR report stability in the presence of missing or extra detections. The instantaneous HR and its beat-to-beat variations (HR variability, or HRV) have been studied for many years, particularly in the framework of investigation of the ANS balance. In periods of stable HR, there are small beat-to-beat variations that result from the balance between the sympathetic system and the parasympathetic system. For this reason any pharmacologic agent that acts over ANS functions also influences the heart rate. Lower rhythms (sinus bradycardia, below 50 bpm), resulting from the prevalence of a parasympathetic system, occur in states of deep relaxation or in athletes with enlarged stroke volume. Higher rhythms (sinus tachycardia, above 110 bpm) are caused by the dominance of a sympathetic system and appear during physical effort or mental stress. The time-domain parameters of the heart rate variability are thus crucial indicators for the human surveillance in everyday life including possible assessment of sleep disorders.

The target device is designed as lightweight and reduced in size and provides a Bluetooth wireless interface and mini-USB connector. It is powered by built-in Li-Ion accumulator charged via USB.

The recording, processing and transmission modes are programmable, what allows the recorder to respond immediately in case of predefined thresholds excess. The regular reporting is organized in delayed packets exchanged during a short transmission session significantly reducing the contribution to the total power consumption from the communication module.

The recorder uses two-channels chest (precordial) leads to detect the heart beats occurrence and type. The beats are next qualified to the time-domain HRV analyzer. Depending on predefined settings and actual parameter values, the data are stored in a buffer and reported in packets in a given time interval or transmitted immediately to the Bluetooth interface of house-embedded monitoring system. Programmable parameters are:

- epoch length – determining the epochs averaging time and thus the borderline between the fast (RMSSD) and slow (SDANN) ANS components (usually set to 5 min),
- tachycardia and bradycardia limits – determining the possible continuous reporting mode (default values are 110 and 50 bpm respectively),
- local variation limit – determining the possible continuous reporting mode in case of HR instability,
- abnormal beats percentage limit – determining the acceptable contribution from non-sinus rhythms,

In case of continuous monitoring the report content is also specified by the software settings and may range from the raw ECG to the tachogram and HRV parameters. The prototype was based on the PXA-270 development kit, but due to very low power consumption (0,5 mW) the migration to a more compact system is considered.

IDENTYFIKACJA MIEJSC ODDZIAŁYWAŃ W KOMPLEKSACH BIAŁKO-BIAŁKO

MATEUSZ BANACH^{1,2}, IRENA ROTERMAN¹

¹Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medium
 Łazarza 16, 31-530 Kraków

²Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej, Uniwersytet Jagielloński,
 Reymonta 4, 30-059 Kraków

Zaprezentowana zostanie metoda rozpoznawania obszarów biorących udział w tworzeniu się kompleksów białko-białko w oparciu o rozkład hydrofobowości. Analiza reszt zaangażowanych w tym procesie została przeprowadzona dla zbioru białek homodimerów pobranych z PDB.

Rozkład gęstości hydrofobowości $\tilde{H}o_j$ w cząsteczce białkowej jest wyrażany poprzez funkcję zaproponowaną przez Levitta [1]:

$$\tilde{H}o_j = \frac{1}{\tilde{H}o_{sum}} \sum_{i=1}^N (H_i^r + H_j^r) \begin{cases} \left[1 - \frac{1}{2} \left(7 \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^2 - 9 \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^4 + 5 \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^6 - \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^8 \right) \right] & \text{for } r_{ij} \leq c \\ 0 & \text{for } r_{ij} > c \end{cases}$$

gdzie H_i^r stanowi hydrofobowość i -tej reszty, a r_{ij} oznacza odległość pomiędzy atomami efektywnymi i -itej i j -tej reszty.

Rozkład hydrofobowości teoretycznej jest wyrażany za pomocą trójwymiarowej funkcji Gaussa tworzącej "rozmytą kroplę oliwy" [2]:

$$\tilde{H}t_j = \frac{1}{\tilde{H}t_{sum}} \exp \left(\frac{-(x_j - \bar{x})^2}{2\sigma_x^2} \right) \exp \left(\frac{-(y_j - \bar{y})^2}{2\sigma_y^2} \right) \exp \left(\frac{-(z_j - \bar{z})^2}{2\sigma_z^2} \right)$$

gdzie Ht_j stanowi teoretyczną wartość hydrofobowości w punkcie (x_j, y_j, z_j) , natomiast $(\sigma_x, \sigma_y, \sigma_z)$ oznacza odchylenie standardowe wzdłuż osi x, y oraz z wyznaczające rozmiar kropli.

"Rozmyta kropla oliwy" jest zdefiniowana analogicznie do modelu "kropli oliwy" opisującego rdzeń hydrofobowy odpowiedzialny za trzeciorzędową strukturę białek [3].

Obydwie wartości hydrofobowości: oczekiwana i obserwowana są poddane normalizacji. Różnice pomiędzy tymi dwoma rozkładami wskazują na specyficzne cechy konkretnych białek:

$$\Delta \tilde{H}_j = (\tilde{H}t_j - \tilde{H}o_j)$$

Nieregularności $(\Delta \tilde{H})$ wyróżniające się jako niedobór hydrofobowości są interpretowane jako potencjalne miejsca dokowania ligandów $(\Delta \tilde{H} < 0)$. Reszty wykazujące nadmiar hydrofobowości $(\Delta \tilde{H} > 0)$ - w szczególności te zlokalizowane na powierzchni białka wskazują na obszary możliwej interakcji białko-białko.

Użyteczność omawianej metody została sprawdzona poprzez analizę klastrowania dla zbioru białek homodimerów otrzymanych z PDB. Zaprezentowane zostaną przykłady struktur o wysokiej oraz niskiej zgodności z modelem.

[1] Levitt M. *J Mol Biol* **1976**, 104, 59–107.

[2] Konieczny L, Brylinski M, Roterman I. *In Silico Biology* **2006**, 6, 15–22.

[3] Kauzmann W. *Adv Protein Chem* **1959**, 14, 1–63.

Słowa kluczowe: bioinformatyka, oddziaływania białko-białko, model rozmytej kropli oliwy, homodimery, analiza klastrowania.

IDENTIFICATION OF PROTEIN-PROTEIN COMPLEXATION AREA

MATEUSZ BANACH^{1,2}, IRENA ROTERMAN¹

¹*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University - Medical College,
 Lazarza 16, 31-530 Krakow, Poland*

²*Faculty of Physics, Astronomy and Applied computer Science; Jagiellonian University,
 Reymonta 4, 30-059 Krakow, Poland*

The technique to recognize the protein-protein interaction in complex creation based on the hydrophobicity distribution is presented. The homodimers available in PDB were selected to analyse the residues responsible for complexation.

The distribution of the hydrophobicity density $\tilde{H}o_j$ in the protein molecule is expressed by the function presented by Levitt [1]:

$$\tilde{H}o_j = \frac{1}{\tilde{H}o_{sum}} \sum_{i=1}^N (H_i^r + H_j^r) \left\{ \begin{array}{l} \left[1 - \frac{1}{2} \left(7 \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^2 - 9 \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^4 + 5 \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^6 - \left(\frac{r_{ij}}{c} \right)^8 \right) \right] \text{ for } r_{ij} \leq c \\ 0 \text{ for } r_{ij} > c \end{array} \right.$$

where H_i^r expresses the hydrophobicity of i -th residue, and r_{ij} denotes the distance between effective atoms of i -th and j -th residue.

The theoretical hydrophobicity distribution is expressed by the three-dimensional Gauss function generating the "fuzzy oil drop" [2]:

$$\tilde{H}t_j = \frac{1}{\tilde{H}t_{sum}} \exp \left(\frac{-(x_j - \bar{x})^2}{2\sigma_x^2} \right) \exp \left(\frac{-(y_j - \bar{y})^2}{2\sigma_y^2} \right) \exp \left(\frac{-(z_j - \bar{z})^2}{2\sigma_z^2} \right)$$

where H_i^r expresses the theoretical hydrophobicity in the (x_j, y_j, z_j) point and $(\sigma_x, \sigma_y, \sigma_z)$ expresses the standard deviations for the directions x , y and z respectively, what measures the size of drop.

The "fuzzy oil drop" is defined in analogy to the "oil drop" model expressing the hydrophobic core responsible for tertiary structure of proteins [3].

Both hydrophobicity values: observed and expected are normalized. The discrepancies between these two dispersions identifies the specificity of particular protein:

$$\Delta \tilde{H}_j = (\tilde{H}t_j - \tilde{H}o_j)$$

The irregularities $(\Delta \tilde{H})$ expressed by the hydrophobicity deficiency are interpreted as the potential ligand binding area $(\Delta \tilde{H} < 0)$. The residues representing the excess of hydrophobicity $(\Delta \tilde{H} > 0)$ - particularly localized on the protein surface are interpreted as the potential area for protein-protein interaction.

Usability of the method was verified through clustering analysis for the homodimers database derived from PDB. The examples of homodimers of high and low accordance with model will be presented.

[1] Levitt M. *J Mol Biol* **1976**, 104, 59–107.

[2] Konieczny L, Brylinski M, Roterman I. *In Silico Biology* **2006**, 6, 15–22.

[3] Kauzmann W. *Adv Protein Chem* **1959**, 14, 1–63.

Keywords: bioinformatics, protein-protein interaction, fuzzy oil drop model, homodimers, clustering analysis.

MODELOWANIE OPÓŹNIEŃ WYSTĘPUJĄCYCH W DYNAMICE GLUKOZA-INSULINA

JERZY BARANOWSKI

Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica, Katedra Automatyki, Kraków

Układy endokrynologiczne często charakteryzują się pulsacyjnym wydzielaniem hormonów. Badania wykazały, że wydzielanie insuliny z trzustki zachodzi w sposób oscylacyjny, z typowym okresem 80–150 min. Dlatego też, u zdrowych osób stężenie insuliny i glukozy we krwi oscyluje. Model dynamiki glukoza-insulina (1)-(3), omawiany w tej pracy, został opracowany przez Sturisa. Model ten opracowano, w ramach próby wyjaśnienia zjawisk leżących u podstaw tych powolnych oscylacji. Wprowadźmy następujące oznaczenia: x_1 to ilość insuliny we krwi, x_2 to ilość insuliny w przestrzeni międzykomórkowej, x_3 to ilość cukru w organizmie, u_g oznacza zewnętrzny dopływ glukozy. Dynamikę układu regulacji glukoza-insulina opisują równania:

$$\dot{x}_1(t) = f_0(x_3(t)) - a_1 x_1(t) + a_2 x_2(t) \quad (1)$$

$$\dot{x}_2(t) = b_1 x_1(t) - b_2 x_2(t) \quad (2)$$

$$\dot{x}_3(t) = u_g(t) + f_1(x_3(t)) - c_1 x_3 f_2(x_2(t)) + f_3(x_1(t - \tau)) \quad (3)$$

W analizie tego nieskończone wymiarowego systemu wygodnie jest skorzystać z aproksymacji skończone wymiarowej. W tej pracy porównujemy różne metody aproksymacji z dokładnym rozwiązaniem systemu uzyskanym metodą kroków. Dodatkowo analizowane są stosowane metody numeryczne. Praca finansowana ze środków na naukę w latach 2008-2011 jako projekt badawczy, umowa nr N N514 414034.

Słowa kluczowe: system z opóźnieniem, dynamika glukoza-insulina, aproksymacja, metody numeryczne.

MODELLING OF DELAYS IN GLUCOSE-INSULIN DYNAMICS

JERZY BARANOWSKI

AGH University of Science and Technology, Institute of Automatic, Krakow, Poland

Endocrine systems are often characterised by a pulsatile secretion of hormones. Experiments have revealed that the release of insulin from the pancreas occurs in an oscillatory fashion with a typical period of 80–150 min. Hence, in healthy subjects the concentration of insulin in the plasma oscillates, and these oscillations are accompanied by variations in the plasma glucose concentration. The insulin-glucose model that is considered in this paper was originally developed by Sturis. The purpose of the model was to provide a possible mechanism for the origin of the slow oscillations. Let us introduce notation: x_1 is the amount of insulin level in plasma, x_2 is the amount of insulin level in intercellular space, x_3 is the amount of glucose in the plasma and intercellular space, u_g is the exogenous glucose supply. Glucose insulin regulatory system dynamics is described by following system of delay differential equations

$$\dot{x}_1(t) = f_0(x_3(t)) - a_1 x_1(t) + a_2 x_2(t) \quad (1)$$

$$\dot{x}_2(t) = b_1 x_1(t) - b_2 x_2(t) \quad (2)$$

$$\dot{x}_3(t) = u_g(t) + f_1(x_3(t)) - c_1 x_3 f_2(x_2(t)) + f_3(x_1(t - \tau)) \quad (3)$$

In order to analyse infinite dimensional system (1)-(3) it is convenient to use its finite dimensional approximation. In this paper different approximations are considered and compared with exact results obtained from the step method. Discussion of applied numerical methods will also be included. Work financed by state science funds for 2008-2011 as a research project. Contract no. N N514 414034.

Keywords: time delay system, glucose-insulin dynamics, approximation, numerical methods.

APLIKACJA RATUJĄCA ŻYCIE – PRZYSZŁOŚĆ DLA EPILEPTYKÓW

MACIEJ BORÓWKA¹, JOANNA JAWOREK², ELIASZ KAŃTOCH², ŁUKASZ NOWICKI¹

¹*Akademia Górniczo- Hutnicza w Krakowie, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki,
Katedra Elektroniki*

²*Akademia Górniczo- Hutnicza w Krakowie, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki,
Katedra Automatyki*

Wstęp

Padaczka jest chorobą powszechną, dotkniętych jest nią ok. 1% społeczeństwa w Polsce (ok. 400 tys.). Ze względu na strach przed kolejnymi napadami padaczki wielu chorych jest społecznie izolowanych, co potęguje poczucie samotności, odosobnienia i rodzi niepełnosprawność.

Cel projektu

Celem projektu jest zaprojektowanie i uruchomienie aplikacji monitorującej zachowanie pacjenta chorego na padaczkę. Zadaniem systemu jest monitorowanie położenia pacjenta wraz z możliwością reakcji w przypadku zagrożenia życia.

W razie ewentualnego ataku padaczki półprzewodnikowe czujniki przyśpieszenia umieszczone na ciele pacjenta natychmiast wykryją drgawki. W takim wypadku informacja o położeniu chorego pochodząca z modułu GPS zostanie niezwłocznie przesłana poprzez sieć komórkową GSM do osoby monitorującej stan pacjentów.

Wyniki

System został przetestowany na 4 ochotnikach. Dokładne wyniki oraz sposób pobierania oraz analizowania sygnału zostaną przedstawione podczas Konferencji MCSB.

Wnioski

Mamy nadzieję, że aplikacja pozwoli osobom cierpiącym na padaczkę powrócić do normalnego trybu życia, a strach przed kolejnymi napadami padaczkowymi zostanie zminimalizowany. Jeżeli jednak taki napad nastąpi pacjent będzie miał świadomość, że kompetentne osoby zostaną o tym poinformowane.

Słowa kluczowe: epilepsja, aplikacja, czujnik przyśpieszenia, GPS, telemedycyna

APPLICATION THAT CAN SAVE YOUR LIFE- FUTURE FOR PEOPLE WITH EPILEPSY

MACIEJ BORÓWKA¹, JOANNA JAWOREK², ELIASZ KAŃTOCH², ŁUKASZ NOWICKI¹

¹AGH University of Science and Technology, Faculty of Electrical Engineering, Automatics, Computer Science and Electronics, Institute of Electronic

²AGH University of Science and Technology, Faculty of Electrical Engineering, Automatics, Computer Science and Electronics, Institute of Automatic

Background

Epilepsy is a common chronic neurological disorder characterized by recurrent unprovoked seizures. These seizures are transient signs and symptoms of abnormal, excessive or synchronous neuronal activity in the brain. About 50 million people worldwide have epilepsy, with almost 90% of these people being in developing countries. For these people the constant threat of a seizure is a considerable health hazard, as in extreme cases an undetected seizure can result in brain damage or death.

Aim of the research

The purpose of the study was to create an accelerometer based application that uses advanced signal processing to detect epileptic seizures. The main role of the application is the quick reaction when the seizure occurs. The system monitors the wearers movements, distinguishing between normal movement and movement associated with a Tonic-clonic seizure. If a seizure is detected, the application will contact and alert the family and the doctor with your status and GPS position.

Results

Testing of correct implementation of the algorithm was carried on several data records performed in The Independent Laboratory of Biocybernetics and the Laboratory of Electronics. The records could be used to check not only the monitoring system and transmission but also communication with the base station. The exact results will be presented during the conference.

Conclusion

Remote medical monitoring systems have developed very fast in recent years. In order to predict complications before patient cause serious harm, we need a wearable, wireless and low power patient device to monitor their electrical charges at real time. We hope that the application will help a lot of families who have to deal with this difficult problem.

Keywords: epilepsy, telemedicine, monitoring system, accelerometer, GPS

ZASTOSOWANIE SPEKTROSKOPII SZUMU MIGOTANIA DO ANALIZY SYGNAŁU EEG ZWIĄZANEGO Z WYOBRAŻENIEM RUCHU

ANNA BRONIEC

Wydział Fizyki i Informatyki Stosowanej, Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie

Osoby cierpiące na różnego rodzaju dysfunkcje ruchowe, potrzebują rozwoju alternatywnych technik kontroli oraz komunikacji z otoczeniem. W przypadku pacjentów, u których występuje zupełny paraliż ruchowy, konieczne staje się zastosowanie metod pozwalających na bezpośrednią komunikację pomiędzy mózgiem a otoczeniem za pomocą komputera. Dlatego badania nad interfejsem mózg-komputer (Brain-Computer Interfaces (BCI) [1]) to rozwijająca się dynamicznie od około 15 lat tematyka, powstała na pograniczu inżynierii, nauk ścisłych oraz biologiczno-medycznych. Jednym z najistotniejszych etapów tworzenia BCI jest analiza sygnału pozwalająca na ekstrakcję cech lub parametryzację sygnału, w taki sposób aby uzyskane cechy lub parametry można było przetłumaczyć na rozkaz maszynowy.

W artykule zaprezentowana została metoda Spektroskopii Szumu Migotania (ang. Flicker Noise Spectroscopy, FNS) w odniesieniu do sygnału EEG. Podstawową ideą metody FNS jest założenie, że cała informacja o układzie zawarta jest w korelacjach występujących w sekwencjach nieregularności występujących w sygnale, tj. piki, skoki, czy nieciągłości pochodnych różnego stopnia. Narzędziami służącymi do ekstrakcji oraz analizy informacji zawartej w sygnale są widmo mocy sygnału oraz momenty różnicowe pierwszego i kolejnych stopni. Metoda FNS jest z sukcesem stosowana w licznych dziedzinach nauki, w której dokonuje się analizy sygnałów rzeczywistych pochodzenia naturalnego, w tym sygnałów biomedycznych [2,3]. Zastosowanie metody FNS obejmuje (1) identyfikację parametrów charakteryzujących dynamikę systemu, (2) identyfikację prekursorów nagłych zmian stanu oraz (3) określenie przepływów informacji poprzez analizę korelacji sygnałów, jednocześnie mierzonych w różnych miejscach przestrzeni.

W artykule zastosowano metodę FNS do analizy sygnału elektroencefalograficznego związanego z wyobrażeniem ruchu prawą ręką. Wynik doświadczenia polegającego na pięćdziesięciokrotnym powtórzeniu wyobrażenia ruchu prawą ręką został przedstawiony w postaci mapy czasowo-częstościowej. Następnie, uśredniony po liczbie powtórzeń sygnał elektroencefalograficzny, poddany został parametryzacji w czasie, zgodnie z założeniami metody FNS. Analiza parametrów opisujących sygnał pozwala na zaobserwowanie zmian wartości parametrów w chwili wyobrażenia ruchu prawą ręką. Metoda FNS pozwoliła dodatkowo na analizę przepływów sygnału elektrycznego poprzez analizę korelacji występujących pomiędzy sygnałem otrzymanym z różnych elektrod.

- [1] Schalk G, McFarland DJ, Hinterberger T, Birbaumer N, Wolpaw JR.: "BCI2000: A General-Purpose Brain-Computer Interface (BCI) System", IEEE Trans Biomed Eng. 2004 Jun;51(6):1034-43.
- [2] Timashev, S. F. & Polyakov Yu. S.: "Review of flicker noise spectroscopy in electrochemistry", Fluctuations & Noise Letters 7(2), 2007, R15-R47.
- [3] Timashev, S. F. & Polyakov Yu. S., Yulmetyev R.M., Demin S.A., Panishev O.Yu., S. Shimojo, J. Bhattacharya: "Analysis of biomedical signals by flicker-noise spectroscopy: Identification of photosensitive epilepsy using magnetoencephalograms", Las. Phys., 2009, 19 (4)

Słowa kluczowe: FNS, elektroencefalografia, BCI

THE APPLICATION OF FLICKER NOISE SPECTROSCOPY FOR ANALYSIS OF EEG SIGNAL RELATED TO MOVEMENT IMAGINATION

ANNA BRONIEC

Faculty of Physics and Applied Computer Science , AGH, Krakow, Poland

People, who are physically disabled and suffering from severe motor disabilities need alternative way of communication technology. For those who are completely paralyzed, direct communication between brain and computer (without any muscle control), is indispensable. For that reasons, the brain-computer interface (BCI) systems are brightly developing subject of scientific research from about 15 years. BCI integrates such field as engineering, exact sciences and biomedical sciences [1]. One of the most essential stages of BCI development is the analysis of electrical brain activity for extraction of specific features or parameterization of this signal and its translation into device control signals.

These studies show the application of the Flicker Noise Spectroscopy (FNS) approach for electroencephalogram (EEG). The basic idea off FNS method is the assumption that main information about a system under study is provided by specific “resonant” components and by sequences of different types of irregularities, such as spikes and jumps and discontinuities in their derivatives of different orders on all levels of the spatiotemporal hierarchy of the system. The main tools to extract and analyze the information contents from the signal are: power spectrum and difference moments of various orders. The FNS method has been applied in various fields of knowledge, where the real, natural signals are under study within biomedical signals[2,3]. FNS can be applied to (1) identify of parameters which characterize the dynamics of a system, (2) to identify of the precursors of abrupt changes in the state and (3) to determine the information flow by analyzing the correlations in signals which are being simultaneously measured in different points in space.

In this article the FNS method has been applied for analysis of EEG signal related to movement imagination. The Results of the experiment that consist in imagination of the fifty times repetition of right hand movement imagination has been presented at time-frequency maps. Consecutive, the electroencephalography signal, averaged by number of repetition, has been parameterized in accordance of FNS assumption. The analysis of the parameters describing the signal shows changes in their values at the moment of hand movement imagination. The FNS method also allows to analyze flows of electric signal by investigation of the correlation between signals measured at different points of space (different electrode).

- [1] Schalk G, McFarland DJ, Hinterberger T, Birbaumer N, Wolpaw JR.: “*BCI2000: A General-Purpose Brain-Computer Interface (BCI) System*”, IEEE Trans Biomed Eng. 2004 Jun;51(6):1034-43.
- [2] Timashev, S. F. & Polyakov Yu. S.: “*Review of flicker noise spectroscopy in electrochemistry*”, Fluctuations & Noise Letters 7(2), 2007, R15-R47.
- [3] Timashev, S. F. & Polyakov Yu. S., Yulmetyev R.M., Demin S.A., Panishev O.Yu., S. Shimojo, J. Bhattacharya: “*Analysis of biomedical signals by flicker-noise spectroscopy: Identification of photosensitive epilepsy using magnetoencephalograms*”, Las. Phys., 2009, 19 (4)

Keywords: FNS, electroencephalography, BCI

BADANIE STAWU BIODROWEGO CZŁOWIEKA PRZY WYKORZYSTANIU MIKROSPEKTROSKOPII RAMANA

TOMASZ BUCHWALD¹, MAREK KOZIELSKI¹, ZDZISŁAW BŁASZCZAK²

¹Wydział Fizyki Technicznej, Politechnika Poznańska, ul. Nieszawska 13A, 60-965 Poznań

²Wydział Fizyki, Uniwersytet Adama Mickiewicza, ul. Umultowska 85, 61-614 Poznań

Przy zastosowaniu mikrospektroskopii Ramana wykonano badania kości stawu biodrowego. Pomiarom spektroskopowym poddano tkankę kostną i chrzęstną głowy kości udowej człowieka. Pomiarów wykonano z wykorzystaniem spektroskopu Ramana (inVia) firmy Renishaw.

Tkanka kostna i chrzęstna posiada zróżnicowaną budowę strukturalną i skład chemiczny. Wytrzymałość kości oraz jej właściwości biomechaniczne zależą między innymi od różnicy w składzie (ilość kolagenu, ilość i jakość minerałów, stosunek ilości składnika mineralnego do składnika organicznego) oraz od właściwości strukturalnych tkanki kostnej (orientacja i sieciowanie kolagenu).

Do analizy zmian w budowie i w składzie tkanki kostnej i chrzęstnej stawu biodrowego człowieka wykorzystane zostały widma rozpraszania Ramana uzyskane z powierzchni stawu. Wyniki pozwoliły określić ilość i jakość poszczególnych składników tkanki kostnej, zmiany powierzchniowe w składzie tkanki oraz orientację włókien kolagenowych w mikroskali.

W zależności od orientacji wektora elektrycznego wiązki wzbudzającej i rozpraszanej, pasma w widmie rozpraszania Ramana tkanki kostnej i chrzęstnej zmieniają swoją intensywność. Pasma mniej czułe na efekty orientacyjne powiązane ze zmianami w składzie chemicznym badanej tkanki kostnej, natomiast pasma bardziej czułe na polaryzację, z orientacją składnika organicznego (włókien kolagenowych) w tkance.

Uzyskane wyniki pokazują wykorzystanie spektroskopii Ramana do mikroanalizy składu i struktury tkanek stawu biodrowego. Wyniki badań spektroskopowych mogą umożliwić ocenę właściwości mechanicznych stawu biodrowego oraz jego podatności na chorobę zwyrodnieniową.

Słowa kluczowe: kość, Raman, mapowanie, orientacja, skład

Badania zostały wykonane w ramach problemu badawczego PB-64-032/10/BW2010 Politechniki Poznańskiej. Autorzy składają podziękowanie lek. med. K. Niciejewskiemu z Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu za przygotowanie próbek kości stawu biodrowego człowieka do badań. Uzyskano zgodę na badania wydaną przez Komisję Bioetyczną przy Okręgowej Radzie Lekarskiej Wielkopolskiej Izby Lekarskiej w Poznaniu (Nr 14/2008 z dnia 27 sierpnia 2008 r.).

STUDY OF THE HUMAN HIP JOINT USING RAMAN MICROSPECTROSCOPY

TOMASZ BUCHWALD¹, MAREK KOZIELSKI¹, ZDZISŁAW BŁASZCZAK²

¹*Faculty of Technical Physics, Poznań University of Technology, Nieszawska 13A,
60-965 Poznań, Poland*

²*Faculty of Physics, Adam Mickiewicz University, Umultowska 85, 61-614 Poznań, Poland*

Raman microspectroscopy was employed to study the bone tissue of the human hip joint. The material studied was the bone and cartilage tissue of the head of the femur. The measurements were made on the Raman spectroscope (inVia) made by Renishaw.

Bone and cartilage tissue have different structures and chemical compositions. The strength of bone and its biomechanical properties are determined the bone tissue chemical composition, such as the amount collagen, amount and quality of mineral components, ratio of mineral components to organic components and structural properties, such as the orientation and cross-linking of collagen.

Changes in the structure and composition of bone and cartilage tissues were studied by analysis of the surface Raman scattering spectra. The results permitted determination of the content and quality of the bone tissue components, surface changes in the bone tissue composition and orientation of collagen fibres on microscale. Intensity of bands in the Raman spectra of bone and cartilage tissue changes according to the polarization of exciting and scattered beams. The bands less sensitive to the orientation effects were related to changes in the chemical composition in the bone tissue studied, while the bands sensitive to polarization were assigned to the orientation of the organic component (collagen fibres) in the tissue.

The results indicate the possibility of the Raman spectroscopy application for microanalysis of composition and structure of the human hip tissues. The data can be helpful in evaluation of the mechanical performance of the hip joint and its susceptibility to degenerative changes.

Keywords: bone; Raman; mapping; orientation; composition

The study was performed within the research project PB-64-032/10/BW2010 of the Poznań University of Technology. The authors are much grateful to lek. med. K. Niciejewski from the Medical University in Poznań for preparation of the material to be studied. The study was approved by the local bioethical commission at the Wielkopolska Medical Chamber in Poznań (No 14/2008 of August 27th, 2008.).

HYBRYDOWY KLASYFIKATOR SVM-RDA DLA ROZPOZNAWANIA STRUKTURY BIAŁEK

WIESŁAW CHMIELNICKI¹, KATARZYNA STĄPOR²

¹*Uniwersytet Jagielloński, Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej*

²*Politechnika Śląska, Instytut Informatyki*

Rozpoznawanie trójwymiarowej (3D) struktury białek jest kluczowym problemem w biologii molekularnej. Białka przejawiają swoje funkcje poprzez te struktury, dlatego też bardzo ważne jest aby znać nie tylko sekwencję reszt aminokwasowych w cząsteczce białka, ale także jej trójwymiarową strukturę. Dzięki zakończeniu wielu projektów sekwencjonowania genomów ilość białek, których struktury trójwymiarowej nie znamy stale rośnie. W literaturze jest opisanych wiele metod pozwalających na rozpoznawanie struktury białek na podstawie sekwencji reszt aminokwasowych.

W opisanych eksperymentach zostały użyte dwa zestawy zbiorów danych (zbiór treningowy i zbiór testowy) zaczerpnięte z bazy danych SCOP (Structural Classification of Proteins) oraz zestawy wektorów cech opracowane przez Dinga i Dubchaka.

W naszej pracy prezentujemy klasyfikator, który łączy klasyfikator SVM (dyskryminatywny) ze statystycznym klasyfikatorem RDA (generatywnym). Jednakże, SVM jest klasyfikatorem binarnym, a problem rozpoznawania struktury białek, to problem wieloklasowy. To, w jaki sposób zastosować klasyfikator binarny do problemu wieloklasowego jest nadal tematem wielu badań. W literaturze proponowano różne metody podejścia do tego problemu.

Jedną z pierwszych i szeroko znanych metod jest strategia każdy-przeciw-każdemu (one-versus-one). W tej strategii stosowany jest schemat, w którym wygrywa klasa, która otrzyma największą liczbę głosów. Aby rozwiązać problem wieloklasowości, w tej metodzie tworzone są binarne klasyfikatory, które klasyfikują wszystkie możliwe pary klas. Każdy z tych klasyfikatorów głosuje na swoją klasę i w ten sposób tworzona jest tablica głosów. W oryginalnym algorytmie klasa, która otrzyma maksymalną liczbę głosów jest rozpoznawana, jako poprawna. Jednakże część z tych binarnych klasyfikatorów jest niewiarygodna. Głosy tych klasyfikatorów wpływają negatywnie na ostateczny wynik. W naszej publikacji prezentujemy strategię doboru wag, (które mogą być traktowane jako miara wiarygodności) do każdego głosu klasyfikatora. Wagi, które oparte są na wartościach funkcji dyskryminacyjnej klasyfikatora RDA. Teraz głosy klasyfikatorów nie są już równo traktowane. Następnie białko z maksymalną liczbą głosów (która teraz jest liczbą rzeczywistą) jest klasyfikowane do odpowiedniej klasy.

Wyniki uzyskane za pomocą proponowanej strategii są obiecujące. Współczynniki rozpoznawania uzyskane przez zastosowane przez nas algorytmy (RDA 55,6%, SVM 58,7%, SVM-RDA 61,8%) są porównywalne z opisywanymi w literaturze (48.8% - 61.2%). Uzyskane rezultaty są zachęcające. Nasze wyniki poprawiają współczynnik rozpoznawania osiągnięty przez metody proponowane w literaturze. Jednakże potrzebne są jeszcze badania, w których rozważone byłyby podobne strategie do innych metod podejścia do wieloklasowego klasyfikatora SVM.

Słowa kluczowe: rozpoznawanie struktury białek, maszyna wektorów wspierających, wieloklasowy klasyfikator, strategia każdy-przeciw-każdemu.

A COMBINED SVM-RDA CLASSIFIER FOR PROTEIN FOLD RECOGNITION

WIESŁAW CHMIELNICKI¹, KATARZYNA STĄPOR²

¹*Jagiellonian University, Faculty of Physics, Astronomy and Applied Computer Science*

²*Silesian University of Technology, Institute of Computer Science*

Predicting the three-dimensional (3D) structure of a protein is a key problem in molecular biology. Proteins manifest their function through these structures so it is very important to know not only sequence of amino acids in a protein molecule, but also how this sequence is folded. The successful completion of many genome-sequencing projects has meant the number of proteins without known 3D structure is quickly increasing. There are several machine-learning methods to detect the protein folds from amino acids sequences proposed in literature.

In experiments described in this paper two data sets (training and testing set) derived from SCOP (Structural Classification of Proteins) database and the feature vectors developed by Ding and Dubchak are used.

In our paper, we present a classifier which combines the SVM (discriminative) classifier with statistical RDA (generative) classifier. However, the SVM is a binary classifier but the protein fold recognition is a multi-class problem and how to effectively extend a binary to the multi-class classifier case is still an on-going research problem. There are many methods proposed to deal with this issue.

One of the first and well-known methods is one-versus-one strategy with max-win voting scheme. In this method the two-way classifiers are trained between all possible pairs of classes. Every binary classifier votes for the preferred class and the voting table is created. Originally a class with maximum number of votes is recognized as the correct class. However some of these two-way classifiers are unreliable. The votes from these classifiers influence the final classification result. In this paper there is a strategy presented to assign a weight (which can be treated as a measure of reliability) to each vote based on values of the discriminant function from RDA classifier. Now, the votes are not equally treated. Therefore, the protein with maximum number of votes (which is now a real number) is classified as the correct class.

The results achieved using the proposed strategies are promising. The recognition rates obtained using these algorithms (RDA 55,6%, SVM 58,7%, SVM_RDA 61,8%) are comparable to those described in literature (48.8% - 61.2%). The obtained results are very encouraging. Our results improved the recognition ratio achieved by other methods proposed in literature but however some extra experiments are needed especially to consider other approaches to the multi-class SVM.

Keywords: protein fold recognition, support vector machine, multi-class classifier, one-versus-one strategy.

INTERFEJS WYBORU DLA OSÓB OGRANICZONYCH RUCHOWO OPARTY NA EOG

JACEK CHODAK

*Wydział Fizyki i Informatyki Stosowanej, Akademia Górniczo-Hutnicza, Kraków, Polska
chodak@novell.ftj.agh.edu.pl*

W artykule opisano propozycję interfejsu wspomagającego osoby niepełnosprawne ruchowo zrealizowanego przy użyciu wzmacniacza typu AC (głowicy EEG) i czterech elektrod wykonanych ze złota. Umieszczenie elektrod zaplanowano w taki sposób aby możliwe było w przyszłości zainstalowanie ich w okularach.

Do sterowania użyto sygnałów EOG (Electrooculogram), które odpowiadają ruchom oka (sakadom) w pionie i w poziomie. Zaprojektowano interfejs kołowy, który podzielono na osiem części. Każdą z części można wybrać poprzez skierowanie wzroku w jeden z ośmiu zdefiniowanych kierunków: góra, góra-prawo, prawo, dół-prawo, dół, dół-lewo, lewo, góra-lewo.

Kalibracja jest jednym z podstawowych problemów w tego typu interfejsach. Przy stosowaniu EOG, każdorazowe rozmieszczenie elektrod jest w większym lub mniejszym stopniu inne od poprzedniego. Zmiana pozycji rozmieszczonych elektrod powoduje konieczność ponownego skalibrowania interfejsu przed kolejnym zastosowaniem gdyż otrzymane sygnały mogą różnić się od poprzednich.

W celu skalibrowania interfejsu zastosowano sieć neuronową ze wsteczną propagacją błędu. Otrzymane dotychczas rezultaty są zadowalające. Zastosowanie wyuczonej sieci podczas wcześniejszej kalibracji skraca czas nauki sieci neuronowej i tym samym czas ponownej kalibracji. Kalibracja polega na wyświetlaniu punktu pojawiającego się losowo w jednym z ośmiu wycinków koła. Jedna część stanowi 1/8 całości koła. Ilość wyświetleń dla każdego wycinka koła w serii jest taka sama. Krotność serii jest uzależniona od wyników kalibracji.

Koło podzielone na osiem równych części stanowi menu. Możliwość wyboru następuje poprzez skierowanie wzroku w odpowiednim kierunku i powrót do centrum koła. Centrum stanowi martwą strefę, w której wszelkie ruchy oka są ignorowane. Wielkość tej strefy jest ustalana podczas kalibracji. W strefie jest wyświetlany wybór pozycji z menu. Jego akceptacja następuje poprzez samowolne zamknięcie oczu na minimalną określoną długość w zadanym przedziale czasowym.

Sposób w jaki przeprowadza się kalibrację okazał się zadowalający, a czas jaki należy poświęcić na kalibrację jest akceptowalny.

Stworzony interfejs stanowi alternatywę dla osób, których upośledzenie uniemożliwia im korzystanie z interfejsów dedykowanych dla osób sprawnych ruchowo. Konfiguracja interfejsu umożliwia przypisanie różnych funkcji do pól wyboru co umożliwia stosowanie go w różnych sytuacjach. Przykładowym praktycznym zastosowaniem interfejsu może być wirtualna klawiatura lub przełącznik włączający/wyłączający urządzenia użytku domowego.

Słowa kluczowe: elektrookulografia (EOG), interfejs człowiek-komputer (HCI), sieci neuronowe, przetwarzanie sygnałów.

MENU INTERFACE FOR PEOPLE WITH PHYSICAL DISABILITIES BASED ON EOG

JACEK CHODAK

*Faculty of Physics and Applied Computer Science, AGH University of Science and Technology, Krakow,
Poland; chodak@novell.ftj.agh.edu.pl*

In the paper an interface for people with physical disabilities is described. The interface was implemented using an AC amplifier (EEG device) and four electrodes made of gold. The electrode placement was planned in such a way that it would be possible in the future to install them in glasses.

EOG (Electrooculogram) signals, which corresponded to saccadic eye movements, were used to implement the interface. The designed circular interface was divided into eight parts, which may be selected by targeting sight into one of the eight defined directions: up, up-right, right, bottom-right, down, down, left, left, up and left.

Calibration is one of the main problems in this type of interfaces. When applying EOG, each time the deployment of the electrodes is more or less different from the previous one. Changing the position of electrodes causes a necessity of re-calibration of the interface before the next use because received signals may be different from the previous ones.

In order to calibrate the interface, a back propagation neural network was used. The received results are satisfactory. The use of a network trained during the previous calibration reduces the learning time of neural network and thus the time of the re-calibration.

Calibration consists of showing a point, which appears randomly in one of the eight sections of the circle. One part is 1/8 of the full circle. Number of displays for each section in the series is the same. The multiplicity of the series depends on the calibration results.

The circle, divided into eight equal parts, is a menu. The choice of a menu item is possible by targeting the sight in the right (proper) direction and back to the center of the circle. The center is a "dead zone" in which all of the eye movements are ignored. The size of this zone is determined during the calibration. The selected item of the menu is displayed in the zone and then approved by closing eyes for a minimum specified time.

The way in which the calibration was implemented has proved satisfactory and the calibration times were acceptable.

This interface is an alternative for people, whose disability prevents them from using interfaces designed for physically fit person. The interface configuration allows to assign different functions to the parts of circle, what allows to use it in different situations circumstances). Virtual keyboard or a on/off switch for household appliances are examples of practical application of the described interface.

Keywords: electrooculography (EOG), human-computer interface (HCI), neural networks, signal processing.

PŁEĆ JAKO CZYNNIK RÓŻNICUJĄCY AKTYWNOŚĆ ELEKTRYCZNĄ KOMÓREK SERCA - BADANIE KOMPUTEROWE

JERZY CIENIAWA

Katedra i Zakład Biofizyki, Uniwersytet Medyczny w Lublinie

W celu badania mechanizmów prowadzących do zróżnicowania aktywności elektrycznej komórek serca w zależności od płci w niniejszej pracy wykorzystano zmodyfikowany model matematyczny komórki lewej komory serca człowieka. Założono, w oparciu o wyniki badań eksperymentalnych na zwierzętach dostępnych w piśmiennictwie, zróżnicowanie ze względu na płeć gęstości szybkiego i wolnego prądu sodowego, przejściowego odkomórkowego prądu potasowego, wolnego prądu potasowego oraz prądu płynącego przez kanały wapniowe typu L. W modelu tym uwzględniono ponadto zróżnicowanie właściwości elektrycznych komórek w poprzek ściany komory. Uzyskane wyniki sugerują, że większy dla płci żeńskiej gradient wolnego prądu potasowego w poprzek ściany komory przyczynia się do obniżenia rezerwy repolaryzacji w porównaniu z płcią męską, co może ułatwiać powstawanie wczesnych potencjałów następnych oraz zwiększa podatność na grożące życiu arytmie komorowe.

Słowa kluczowe: serce, płeć, potencjały czynnościowe.

GENDER EFFECTS ON ELECTRICAL ACTIVITY IN VENTRICULAR MYOCYTES: A MODEL STUDY

JERZY CIENIAWA

Department of Biophysics, Medical University of Lublin

The gender differences in cardiac electrical activity were examined using a modified mathematical model of human ventricular myocytes. Based on recent experimental data available in the literature, we assumed gender-related differences in fast sodium current, slowly inactivating late sodium current, slow delayed rectifier potassium current, transient outward potassium current and calcium current through the L-type channel. In addition, unequal distribution of ion channels, which contributes to transmural electrical heterogeneity, was also taken into account. Our results suggest that larger female transmural gradient of the slow delayed rectifier potassium current contributes to reduced repolarization reserve in female human hearts, which promotes the occurrence of early afterdepolarisations and increases the susceptibility to life-threatening ventricular arrhythmias.

Keywords: heart, gender, action potentials.

CHRAPANIE JAKO SYGNAŁ NIEPRAWIDŁOWOŚCI

KLAUDIA CZOPEK

Doktorantka, Laboratorium Biocybernetyki, Katedra Automatyki, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki; klaudiac@agh.edu.pl

Chrapanie jest powszechnym zjawiskiem zaburzenia snu, które dotyka zazwyczaj mężczyzn, ludzi starszych i otyłych. Wśród dorosłych ludzi możemy rozróżnić chrapiących okazjonalnie oraz notorycznie, przy czym druga grupa stanowi dwadzieścia pięć procent ogółu ludzi chrapiących. Wspomniane rodzaje chrapania mają inny wpływ na jakość snu. Notoryczny chrapiący zazwyczaj ma gorszą jakość snu, w konsekwencji czuje się nie wypoczęty po całej nocy snu.

Medyczne wsparcie jest konieczne dla ludzi chrapiących pragnących mieć dobry, zdrowy sen. Artykuł ten przedstawia zaburzenia wpływające na dobrą jakość snu. Chrapanie, które w przybliżeniu jest periodyczną zaszumioną falą dźwiękową, można analizować dzięki metodom akustycznym, co możliwe jest dzięki zastosowaniu programu MDVP (multidimensional voice program). Program ten generuje wieloparametryczne protokoły, które w łatwy sposób mogą przedstawiać np. zmiany chorobowe. Dodatkowo, parametry te zostają przetworzone do postaci graficznej, co w jeszcze lepszy sposób pozwala na interpretację uzyskanych wyników. Dźwięk chrapania może być również analizowany na podstawie krótkotrwałej transformaty fourierowskiej (STFT). Metoda ta pozwala uzyskać trzy rodzaje informacji, w dziedzinie czasu, częstotliwości oraz na temat amplitudy sygnału.

Prawidłowa interpretacja sygnału akustycznego jest bardzo trudna, co związane jest to ze zmiennością chrapania - oddychania podczas snu. Parametry wyekstrahowane z metod akustycznych dają wiele informacji na temat mechanizmu i zmienności drożności dróg oddechowych, a co za tym idzie na temat chrapania.

Zarejestrowane sygnały chrapania były analizowane na podstawie 60s odcinków. W zależności od tego, czy była to osoba notorycznie, czy sporadycznie chrapiąca, można było zarejestrować od dziecięciu do piętnastu cykli oddechowych. Graficzne ujęcie trójwymiarowego spektrum sygnału akustycznego w prosty sposób pozwala na analizę wyników. Umożliwia analizę każdego zdarzenia chrapania, przy czym uśrednione spektrum takiego zdarzenia pozwala dodatkowo ocenić stopień chrapania. W zależności od rodzaju chrapania, wygląd uśrednionego multispektrum wygląda inaczej oraz wielkości poszczególnych formantów są inne. W interpretacji wyników szczególnie istotna jest dziedzina częstotliwości. Podczas analizy takich spektrów można zauważyć, że energia koncentruje się w dolnych pasmach częstotliwościowych, poniżej 6000 Hz. Zmienność każdego zdarzenia chrapania obserwowana w uśrednionym multispektrum może przynieść ciekawe wnioski.

Obserwacje chrapania podczas różnych etapów snu wskazuje na możliwą zależność chrapania i jego zmian w zależności od fazy snu obserwowanego człowieka. Zauważono, że notorycznie chrapiący ludzie, chrapią więcej w fazie szybkich ruchów gałki ocznej.

W przyszłości planowane jest porównanie sygnału akustycznego z innymi sygnałami biomedycznymi takimi jak EKG, czy EEG, gdzie mamy nadzieję na możliwość wyciągnięcia daleko idących wniosków.

Słowa kluczowe: chrapanie, analiza akustyczna, dobra jakość snu.

SNORING AS A SIGN OF ABNORMALITY

KLAUDIA CZOPEK

Doktorantka, Laboratorium Biocybernetyki, Katedra Automatyki, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki; klaudiac@agh.edu.pl

Snoring is a common sleep disorder that affects people of all ages, although it is most frequent for men and overweight people. Among adults who snore occasionally about twenty five percent are habitual snorers. These two kinds of snoring could have different influence on quality rest during sleep: usually an occasional snorer has good sleep and rest but a habitual snorer is often tired after all night sleep and does not have good quality rest.

Medical support is needed for subjects who snore to get a good night's sleep. This prospective study is aimed to show how sleep disorders influence a good night sleep. Acoustic characteristics of snoring sounds, which are approximately periodic waves with noise, can be analyzed by using a multidimensional voice program e.g. MDVP. Multiple protocols of MDVP can show differences between markers used in an automatic analysis e.g. peak frequency, soft phonation index (SPI), noise to harmonics ratio (NHR), and power ratio. Measurement results compared with norms are shown on polar diagrams that are very easy to interpret. At the same time snoring sounds were analyzed using the short-time Fourier transform (STFT) to determine the frequency and content of local sections of the samples.

Correct interpretation remains a very significant problem in dealing with respiratory sounds, such as snoring and/or breathing. Acoustic analysis techniques give information on the mechanism, loudness, intensity and sites of obstruction of upper airways. Waveforms of snoring events over a period of 60s were analyzed. Depending on the snorer, there are from ten to fifteen respiratory cycles. The subjects have very regular respiratory cycles, unlike typical snoring patients. The frequency domain provides most important information from snoring sound, enabling power analysis and three-dimensional graphs of energy-frequency-time. The averaged spectrum shape of snoring event is represented with values (Hz) of its formats.

Different conditions in which subjects and patients snore can affect formants range. Examining snoring sound signal during sleep, energy was mainly concentrated in low frequencies, below 6000Hz. The main components lie in the low frequency range, at about 130Hz. The spectrum shows a fundamental frequency and formants structure. Also the frequency spectrum changes in every snoring event or during respiratory cycle.

Examining snoring sound signal during various stages of sleep, it was observed that light snorers snored evenly throughout all of them. The most interesting fact was that heavy snorers tend to snore more with maximum snoring intensity in the rapid eye movement sleep phase than in any other stage of sleep. Further conclusions can be made by comparing simultaneously gathered acoustic and electrocardiographic signals.

Keywords: snoring, acoustic analysis, good night's sleep.

Scientific work supported by the Polish State Committee for Scientific Research resources in years 2009-2012 as a research project No. N N518 426736.

MODEL SZTUCZNEGO RAMIENIA PORUSZANEGO PNEUMATYCZNYMI AKTUATORAMI MIĘŚNIOWYMI

RYSZARD DINDORF

*Akademia Górniczo-Hutnicza, Kraków; dindorf@agh.edu.pl
Politechnika Świętokrzyska, Kielce; dindorf@tu.kielce.pl*

Praca dotyczy zagadnienia inżynierii biomedycznej (rehabilitacyjnej), związanego z projektowaniem i modelowaniem sztucznego ramienia (protezy ramienia, egzoszkieletu ramienia lub ramienia bionicznego) poruszanego sztucznymi mięśniami pneumatycznymi (PAM – Pneumatic Artificial Muscle), nazywanymi także jako pneumatycznymi aktuatorami mięśniowymi (PMA – Pneumatic Muscle Actuator). Muskuly pneumatyczne porównywane są z właściwościami naturalnych mięśni szkieletowych. PMA umożliwiają zmniejszenie masy i wymiarów protez, ortez i egzoszkieleatów, a także zminimalizowanie energii potrzebnej do ich poruszania i sterowania. PMA zbudowany jest z promieniowo odkształcalnej rurki wykonanej z gumy, lateksu lub silikonu, oplecionej elastyczną promieniowo rozciągliwą siecią. Sieć ta połączona z mięśniem zakończona jest pewnego rodzaju sztucznymi ścięgnami. Określono model statyczny PMA bazując na jego fizycznych i geometrycznych właściwościach. Na podstawie statycznego modelu fizyczno geometrycznego określono nieliniową siłę PMA w funkcji stopnia skrócenia i ciśnienia. Napełnienie i opróżnianie PMA jest sterowane elektropneumatycznymi zaworami ciśnieniowymi. Zaproponowano fenomenologiczno biomimetyczny model dynamiczny PMA, który powstał na podstawie energetycznego wiskoelastycznego modelu muskułu typu Hilla. Model ten składa się z trzech elementów tłumika, sprężyny i elementu kurczliwego rozłożonych równolegle. Model biomimetyczny muskułu pneumatycznego został uzupełniony o siłę masową jako siłę zewnętrzną. Do modelu dynamicznego PMA wprowadzono równanie masowego przepływu przez przyłącza pneumatyczne oraz równanie dynamiczne ciśnienia. Modele statyczne i dynamiczne PMA zostały wykorzystane do biologicznie inspirowanego modelowania sztucznego ramienia. Model kinematyczny i dynamiczny sztucznego ramienia bazuje na naturalnym modelu układu biceps-triceps. W modelu sztucznego ramienia zastosowano dwa antagonistycznie muskuly pneumatyczne. Model sztucznego ramienia jest poruszany przez jednoczesne napełnianie (skurcz) jednego muskułu i opróżnianie (rozkurczanie) drugiego muskułu. Kąt ugięcia przedramienia w stawie łokciowym zależy od stopnia skurczu i stopnia rozkurczu antagonistycznych muskułów pneumatycznych. Przedramię jest zginane, kiedy muskuł zginacz (biceps) jest napełniany, a muskuł prostownik (triceps) jest opróżniany. Przedramię jest prostowane, kiedy muskuł zginacz (biceps) jest opróżniany, a muskuł prostownik (triceps) jest napełniany. Sterowanie ciśnienia powietrza wewnątrz muskułu pneumatycznego umożliwia poruszanie sztucznego ramienia z zadowalającą dokładnością. Wykonano wirtualny model i animacje sztucznego ramienia z użyciem programu SolidWorks. Analizowano uproszczony model sztucznego ramienia, kiedy przedramię w przegubie łokciowym jest zginane, prostowane i obracane. W animacji sztucznego ramienia wykorzystano układ dwóch par pneumatycznych aktuatorów mięśniowych (PMA). Praca dwóch muskułów pneumatycznych w układzie BMDS (Bi-Muscular Driving System) jest porównywalna do naturalnych mięśni agonistycznych-antagonistycznych. Animacja wirtualnego sztucznego ramienia z uwidocznionymi skurczami i rozkurczami muskułów pneumatycznych dobrze pokazuje zasadę działania zaprojektowanego sztucznego ramienia. Przedstawione modele (kinematyczny, statyczny, dynamiczny i wirtualny) sztucznego ramienia mogą być inspiracją do powstania kolejnych modeli biomimetycznych. Przedstawione modele sztucznego ramienia są wykorzystywane przy projektowaniu egzoszkieleatu ramienia o masie i wymiarach ludzkiego ramienia.

Słowa kluczowe: sztuczne ramie, sztuczny układ mięśniowy, pneumatyczne aktulatory mięśniowe.

MODEL OF ARTIFICIAL ARM ACTUATED BY PNEUMATIC MUSCLES ACTUATORS

RYSZARD DINDORF

AGH University of Science and Technology, Krakow, dindorf@agh.edu.pl
Kielce University of Technology, dindorf@tu.kielce.pl

The paper deals with biomedical engineering (rehabilitation engineering) connected with the design and modelling of artificial arm (prosthetic arm, exoskeleton arm, bionic arm) actuated by pneumatic artificial muscles (PAMs), known also as pneumatic muscle actuators (PMAs). The qualities of pneumatic muscles (PMs) are compared with those of natural skeletal muscles. PMAs enable to decrease the mass and dimensions of prostheses and orthotics devices and exoskeletons, as well as minimize energy necessary for their actuation and controlling. PMA is constructed of a radially deformable pipe made of rubber, latex or silicone, braided with elastic radially tensile net. The net fixed to the muscle ends functions as a kind of artificial tendon. The static model of PMA is determined on the basis of its physical and geometric properties. From the static physical geometric model nonlinear force of PMA in the function of contraction rate and pressure is calculated. The inflating and deflating of PMA is controlled by electro-pneumatic pressure valves. A phenomenological biomimetic dynamic model of PMA constructed on the basis of energetic-viscoelastic Hill-type muscle model is proposed. This model consists of a spring, damping and contractile element arranged in parallel. To the biomimetic model of pneumatic muscle the mass force was added as external force. The mass flow rate equations through pneumatic coupling and dynamic pressure equation were introduced to the dynamic model of PMA. Static and dynamic models of PMA were applied in biologically inspired modelling of artificial arm. The kinematic and dynamic models of artificial arm are based on the model of the natural biceps-triceps system. In the artificial arm model two antagonistic pneumatic muscles are used. The model of artificial arm is actuated by simultaneous inflating (contraction) of one muscle and deflating (relaxation) the other one. Forearm flex angle in elbow joint depends upon contraction rate and relaxation rate of antagonistic pneumatic muscles. The forearm is being bent when muscle flexor (biceps) is inflating, and extensor muscle (triceps) is deflating. The forearm is being straightened when muscle flexor (biceps) is deflating, and extensor muscle (triceps) is inflating. Thanks to air pressure control inside the pneumatic muscle the artificial arm movement with satisfactory precision is possible. The virtual model and animation of artificial arm were conducted by means of Solid Works software. The simplifies model of artificial arm with a forearm in elbow joint flexing-extending and supination-pronation was analyzed. In the animation the system of two pairs of pneumatic muscle actuators (PMA) was used. The operation of two pneumatic muscles in BMDS (Bi-Muscular Driving System) can be compared to that of natural agonistic-antagonistic muscles. The animation of virtual artificial arm with the contraction and relaxation of pneumatic muscles exposed clearly shows the operational principle of the designed artificial arm. The presented models of artificial arm (kinematic, static, dynamic and virtual) are used to design exoskeleton arm of weight and dimensions equivalent to those of human arm and can further the development of future biomimetic models.

Keywords: artificial arm, artificial muscle system, pneumatic muscle actuators.

POPRAWA JAKOŚCI OBRAZÓW UZYSKIWANYCH Z GASTROSKOPII KAPSULKOWEJ

KRZYSZTOF DUDA^{1,4}, MARIUSZ DUPLAGA^{2,4}, TOMASZ ZIELIŃSKI^{3,4}

¹Department of Measurement and Instrumentation, AGH, Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków

²Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Grzegorzewska 20, 31-531 Kraków; mmduplag@cyf-kr.edu.pl

³Department of Telecommunications, AGH, Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków;

{kduda,tzielin}@agh.edu.pl

⁴Centre of Innovation, Technology Transfer and University Development, Uniwersytet Jagielloński;
Czapskich 4, 31-110 Kraków

Endoskopowe badanie przewodu pokarmowego (PP) jest jedną z głównych procedur diagnostycznych w gastroenterologii, pozwalającą na wykrycie zmian chorobowych i pobranie próbek do oceny histopatologicznej. Dążenie do usprawnienia diagnostyki w zakresie odcinków PP trudno dostępnych dla klasycznych endoskopów doprowadziło do opracowania kapsułki endoskopowej. Ponadto, endoskopia kapsułkowa jest bardziej akceptowana przez pacjentów. Chociaż pierwsze zastosowania kapsułki endoskopowej wydawały się ograniczone, obecnie jest ona postrzegana jako narzędzie diagnostyczne górnej i dolnej części PP. Planowane jest wyposażenie kapsułki w możliwość biopsji tkanki w celu zwiększenia jej funkcjonalności diagnostycznej. Dostępne obecnie kapsułki są wyposażone w źródła światła i kamerę, obrazy niskiej rozdzielczości są przesyłane do urządzenia rejestrującego i analizowane po zabiegu. W niniejszym artykule przedstawiono wyniki badań przeprowadzonych w ramach międzynarodowego projektu VECTOR (*Versatile Endoscopic Capsule for gastrointestinal TumOr Recognition and therapy*) finansowanego ze środków 6. Programu Ramowego Unii Europejskiej. Celem projektu było opracowanie kapsułki endoskopowej nowej generacji. Innowacyjne funkcje zaplanowane dla kapsułki w projekcie VECTOR to: 1) aktywne przemieszczanie i 2) bieżąca (*real-time*) transmisja strumienia wideo. Sygnał wideo ma być wykorzystywany nie tylko dla potrzeb diagnostycznych (ocena wspomaganą komputerowo), ale również do automatycznej nawigacji. Jakość obrazów otrzymywanych z kapsułki VECTORa jest obniżona przez typowe czynniki takie jak: zniekształcenia wprowadzane przez szerokokątny system optyczny, ograniczoną rozdzielczość (liczbę pikseli) matrycy, rozmycie spowodowane brakiem ostrości lub ruchem i niejednorodne oświetlenie. W celu złagodzenia skutków powyższych zakłóceń zastosowano zaawansowane metody poprawy jakości obrazów cyfrowych.

Artykuł dotyczy projektowania, implementacji i testowania następujących algorytmów poprawy jakości obrazów:

1) **Korekcja zniekształceń geometrycznych kamery.** Model zniekształceń określony jest przez: a) środek zniekształceń, i b) wielomian zniekształceń. Wielomian zniekształceń opisuje zależność pomiędzy odległościami danego piksela od środka zniekształceń w obrazie idealnym (bez zniekształceń) i zniekształconym. Parametry modelu są określane na podstawie optymalizacji z kryterium kwadratowym. Przed optymalizacją stosowane są zaawansowane metody przetwarzania obrazów w celu uzyskania automatycznego trybu pracy i dużej odporności na zakłócenia (np. niejednorodne oświetlenie). Parametry modelu zniekształceń są wyznaczane tylko raz, po identyfikacji korekcją zniekształconego obrazu odbywa się na bieżąco, tj. z klatki na klatkę.

2) **Super-Rozdzielczość (SR).** Pojęcie SR jest używane w literaturze dla szerokiej klasy algorytmów, których celem jest powiększenie obrazów niskiej rozdzielczości (*low resolution LR*) z jednoczesną rekonstrukcją szczegółów (detali), tj. zawartości wysokoczęstotliwościowej. Oczekuje się, że SR pozwoli pokonać ograniczenia technologiczne związane z rozdzielczością matrycy oraz optyką. Fundamentalne założenie algorytmów SR polega na tym, że dostępny jest zbiór obrazów LR zarejestrowanych z alisingiem i poprzysuwanych względem siebie o niecałkowite krotności piksela. Założenie to jest bardzo adekwatne dla kapsułki endoskopowej przemieszczającej się wewnątrz PP, ponieważ ruch kamery, bicie serca, oddychanie i ruchy perystaltyczne są źródłami podpikselowych przesunięć pomiędzy klatkami. Symulacje z testowymi sygnałami wideo potwierdziły lepszą jakość obrazów SR w porównaniu do interpolacji biliniowej. Obrazy SR były przynajmniej tak dobre, w sensie PSNR, jak obrazy interpolowane jednak przeważnie charakteryzowały się zwiększoną liczbą szczegółów.

3) **Estymacja i usuwanie rozmycia.** W przypadku kapsułki VECTOR głównymi źródłami rozmycia obrazów są: a) ruch kamery lub sceny w trakcie ekspozycji; b) brak ostrości optyki; c) szerokokątna kamera; i d) płyny anatomiczne na soczewkach. W literaturze dobrze opisane są przypadki rozmycia spowodowanego przez brak ostrości, kiedy PSF (*Point Spread Function*) ma kształt okręgu i rozmycia spowodowanego przez ruch, kiedy PSF ma kształt prostokąta (który może być obrócony). W implementacji promień okręgu PSF oraz rozmiar i obrót prostokąta PSF są estymowane w dziedzinie power cepstrum, w której spłot ma postać dodawania.

Słowa kluczowe: kapsułka endoskopowa, obrazy cyfrowe, korekcja zniekształceń kamery, super-rozdzielczość, identyfikacja i usuwanie rozmycia.

IMAGE ENHANCEMENT TASKS IN CAPSULE GASTROSCOPY

KRZYSZTOF DUDA^{1,4}, MARIUSZ DUPLAGA^{2,4}, TOMASZ ZIELIŃSKI^{3,4}

¹*Department of Measurement and Instrumentation, AGH University of Science and Technology,
Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków, Poland*

²*Jagiellonian University Collegium Medicum, Grzegorzewska Str. 20, 31-531 Kraków, Poland
mmduplag@cyf-kr.edu.pl*

³*Department of Telecommunications, AGH University of Science and Technology,
Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków, Poland; {kduda, tzielin}@agh.edu.pl*

⁴*Centre of Innovation, Technology Transfer and University Development, Jagiellonian University,
Czapskich Str.4, 31-110 Krakow, Poland*

Endoscopic examination of gastrointestinal (GI) tract is one of the main diagnostic procedures in gastroenterology enabling the evolution for presence of pathological lesions and sampling of tissue for pathological assessment. In search of diagnostic tools allowing for examination of these parts of GI tract which are less accessible for standard endoscopy with fiber endoscope and which be better acceptable by patients, endoscopic capsule was developed and introduced to gastrointestinal diagnostics. Although first indications for capsule endoscopy were quite narrow, currently it is perceived as a tool enabling diagnostic of upper and lower part of GI. There are plans of coupling the capsule with optical or tissue biopsy option in order to increase its diagnostic impact. Capsules used currently for GI endoscopy are equipped with on-board light source, camera and memory. Low resolution images are stored in memory and are analyzed afterwards, when the capsule left the GI tract.

Research activities presented in the paper were conducted within the VECTOR project (Versatile Endoscopic Capsule for gastrointestinal TumOr Recognition and therapy) carried out within 6th Framework Research and Development Programme of European Union and aimed at design the next generation endoscopic capsule. The main functionalities of the VECTOR capsule include: 1) active movement and 2) real-time transmission of a high resolution video stream. The video is used not only for medical diagnosis but also for automatic image based navigation and computer aided diagnosis. The quality of the images obtained from the VECTOR capsule can be deteriorated by the distortions resulting from the optical system (wide angle lenses), spatial resolution of the sensor, blur effects caused by defocus or/and motion, non-uniform light conditions and others. Advanced image enhancement and restoration methods are applied as a remedy to these problems.

The paper focuses on design, implementation and testing of the following image enhancement algorithms:

1) **Correction of geometrical lens distortion.** The distortion model is determined by: a) the center of the distortion, and b) distortion polynomial. The distortion polynomial relates distances between the center of distortion and the current pixel in undistorted and distorted image. We applied the least-squares optimization for determination of the model of distortions. Before optimization advanced image processing techniques were applied to archive automatic and robust performance. The parameters of geometrical camera distortion are estimated only once. After identification of the lens distortion model the correction is computed in real time by dedicated software.

2) **Super-Resolution (SR).** This term is used, in literature, for many image processing algorithms aimed at enlarging (magnification) of low resolution (LR) images with simultaneous improvement of higher frequency content, i.e. with the reconstruction of the details. SR is expected to overcome limitations of sensors and optics technology. The fundamental assumption of SR algorithms is that the LR images are aliased and sub-pixel shifted in respect to each other. This assumption is particularly well suited for the capsule traveling inside human body as e.g. camera motion, heart beat, breathing and peristaltic motions are sources of natural camera dither. Simulations with test movies confirmed superior performance of the implemented SR algorithm in comparison to bilinear interpolation method. SR reconstructed images are at least as good in PSNR as interpolated ones but usually have greater amount of high-frequency details.

3) **Blur estimation and suppression.** In the case of the VECTOR capsule the main sources of image blur are: a) camera or scene motion during exposition; b) defocus of optics; c) wide-angle lenses; and d) anatomical liquids on the lenses. The two, well established in literature, cases are: blur caused by the defocus, when Point Spread Function (PSF) has the form of a cylinder, and blur caused by the motion, when PSF has the form of a rectangle (possibly rotated). In our implementation the radius of the cylinder or the size and the rotation of the rectangle are estimated in power cepstrum domain where the convolution takes the form of addition.

Keywords: endoscopic capsule, digital images, camera distortion correction, super-resolution, blur identification and removing.

EWALUACJA SYSTEMU WSPOMAGANIA DECYZJI TERAPEUTYCZNYCH U CHORYCH NA RAKA JELITA GRUBEGO Z WYKORZYSTANIEM PROFILI INFORMACYJNYCH INTEGRUJĄCYCH DANE KLINICZNE I GENETYCZNE

MARIUSZ DUPLAGA¹, KONRAD MATYSIAK², LUCJAN STALMACH¹

¹Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum w Krakowie

²Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

Określenie budowy ludzkiego genomu miało stymulujący wpływ na opracowanie strategii diagnostycznych i terapeutycznych opartych na indywidualnym profilu genetycznym każdego pacjenta. Indywidualizacja postępowania może szczególnie duże znaczenie w leczeniu chorób nowotworowych. W wyniku prac projektu MATCH (*"Automated Diagnosis System for the treatment of Colon Cancer by discovering mutations on tumour suppressor genes"*, Contract No 034707; 6. Program Ramowy, ICT for Health) opracowano koncepcję systemu integrującego dane demograficzne, kliniczne i informacje o markerach genetycznych, przede wszystkim genów supresorowych nowotworów dla potrzeb różnicowania decyzji terapeutycznych u chorych na raka jelita grubego. Wspomaganie decyzji w tym systemie opiera się na wynikach analizy klastrowej i stopniu podobieństwa zestawu danych dotyczących nowego pacjenta zarejestrowanego w systemie do klastrowy wyróżnionych w bazie danych.

Taki podejście pozwala na uwzględnienie dostosowanie planów terapeutycznych u konkretnego pacjenta w zależności od wyników obserwacji pacjentów o podobnym profilu informacji klinicznych i genetycznych.

W trakcie prac projektowych opracowano koncepcję systemu, określono wymagania użytkowników reprezentujących środowisko kliniczne i naukowe oraz wprowadzono wstępny pakiet danych w celu testowania funkcjonalności systemu. Z punktu widzenia użytkowników systemu wyróżniono podstawowe zakresy funkcjonalne: zarządzanie danymi pacjenta, poszukiwania wzorców w profilach danych pacjentów zarejestrowanych w systemie oraz wspomaganie decyzji poprzez dopasowanie profili pacjentów. Architektura systemu MATCH oparta została o model SOA (*service oriented architecture*). Do budowy systemu wykorzystano SOAP i usługi sieciowe (*web services*), XML oraz technologie przetwarzania rozproszonego.

W ostatnim etapie przeprowadzono wieloosrodkową ewaluację systemu z udziałem potencjalnych użytkowników decyzji diagnostycznych i terapeutycznych, którzy nie byli zaangażowani w proces analizy wymagań użytkowników. Dla potrzeb ewaluacji przygotowano narzędzie ankietowe pozwalające wyeksponować różne aspekty percepcji przydatności systemu, zarówno z punktu widzenia realizowanych przez niego funkcji jak i kompetencji i specjalizacji użytkowników systemu. Ankieta zawierała pytania pozwalające scharakteryzować grupę użytkowników uczestniczących w ewaluacji systemu (specjalizacja zawodowa, wiek, doświadczenie w pracy z systemami wspomaganie decyzji, doświadczenie w dostępie do baz danych, świadomość potrzeb dotyczących nowych narzędzi eksploracji danych w praktyce onkologicznej i badaniach dotyczących raka). Pytanie zawarte w ankiecie dotyczyły trzech podstawowych kwestii: używalności systemu z punktu widzenia użytkownika, satysfakcji z zakresu funkcjonalności dostępnych w systemie oraz postrzeganego potencjału dotyczącego zastosowań klinicznych i badawczych aplikacji. Wyniki ewaluacji wskazują na duże zainteresowanie środowiska onkologicznego jak i badawczego nowym podejściem do integracji informacji o pacjencie. Potencjalne korzyści z zastosowania systemu zależą od możliwości rozbudowy bazy danych i walidacji działania systemu wspomaganie decyzji opartego o analizę klastrową.

Słowa kluczowe: system wspomaganie decyzji, raka jelita grubego, analiza klastrowa, analiza wymagań użytkowników, ewaluacja systemu.

THE EVALUATION OF THE DECISION SUPPORT SYSTEM FOR COLON CANCER TREATMENT BASED ON THE INFORMATION PROFILES INTEGRATING CLINICAL AND GENETIC DATA

MARIUSZ DUPLAGA¹, KONRAD MATYSIAK², LUCJAN STALMACH¹

¹Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum w Krakowie

²Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

Human genome sequencing stimulated interest in provision of diagnostic and therapeutic strategies based on individual genetic profile of a patient. Personalized approach could be particularly meaningful in oncology. Within the MATCH project (*"Automated Diagnosis System for the treatment of Colon Cancer by discovering mutations on tumour suppressor genes"*, Contract No 034707; 6th Framework Programme, ICT for Health) the concept of the system integrating demographic, clinical and genetic data (mainly related to tumour suppressor genes) was developed to refine decision making in management of patients suffering from colon cancer.

The decision support is based on the cluster analysis and similarity of the data set of a new patient registered in the system to the cluster formed in the data base.

Such approach enables modification of the management plan in specific patient depending on the results obtained in other patient with comparable clinical and genetic profile.

During the project, the concept of the decision support system was elicited, the requirements of the users representing clinical and research community were defined and initial data set necessary for the testing of the system functionality was generated. The main functions of the MATCH system available for the users included: patient data management, cluster analysis in the data base containing all registered patients as well as decision support through information profiles comparison. The architecture of the system was based on the SOA (service oriented architecture) model. The system was developed with tools including SOAP and web services, XML and grid computing.

In the last phase, multicentre evaluation of the system by the users representing potential target communities for the system application. For the evaluation, the survey tool was designed to expose various aspects of users' perception about system value. The survey consisted of the questions enabling the characterisation of the users (professional speciality, age, experience in application of decision support systems, experience in work with data bases, awareness of the need for new tools enabling data exploration in oncological practice and research). Three key areas covered in the survey included system usability, user satisfaction and potential clinical and research applicability. The results of the evaluation indicate a considerable interest of oncological and research communities in options for a new approach for patient data exploration. It was also suggested that future benefits from the system implementation strongly depend extension of the data base size and validation of the decision support based on cluster analysis.

Keywords: decision support system, colon cancer, cluster analysis, user requirements analysis, system evaluation

ZASTOSOWANIE SATELITARNEJ TRANSMISJI DANYCH OPARTEJ NA STANDARDZIE DVB/RCS DLA POTRZEB TELEKONSULTACJI SPECJALISTYCZNYCH

MARIUSZ DUPLAGA¹, JACEK DAŃDA², JERZY SOJA¹, EWA NIŻANKOWSKA-MOGILNICKA¹

¹Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum w Krakowie

²Katedra Telekomunikacji, Akademia Górniczo-Hutnicza im. S.Staszica w Krakowie

Projekt „*Standard and interoperable satellite solution to deploy Health care services over wide areas*” (HEALTHWARE) był realizowany w latach 2005-2008 przez konsorcjum skupiające ok. 20 instytucji z całej Europy w ramach 6. Badawczo-Rozwojowego Programu Unii Europejskiej. Celem projektu były rozwój i integracja satelitarnej platformy telekomunikacyjnej opartej na technologii DVB/RCS dla potrzeb interakcji telemedycznych w różnych obszarach zastosowań. W ramach projektu przeprowadzono analizę wymagań użytkowników w kontekście czterech podstawowych scenariuszy telemedycznych obejmujących

- planowe telekonsultacje pomiędzy pracownikami ochrony zdrowia reprezentującym różne poziomy referencyjne ochrony zdrowia,
- telekonsultacje wspomagające pomoc w stanach nagłych,
- telemonitorowanie stanu pacjenta pozostającego w domu,
- oraz sesje teleedukacyjne w trybie synchronicznym adresowane do środowiska lekarskiego.

Implementację tych scenariuszy zaplanowano w dziedzinie kardiologii, chorób układu oddechowego, onkologii oraz chorób przewlekłych w przypadku telemonitorowania. Sieci pilotażowe powstały w Polsce, Francji, Wielkiej Brytanii, Grecji i na Cyprze.

W ramach telemedycznej sieci pilotażowej ustanowionej na terenie Polski wdrożono telekonsultacje oraz sesje teleedukacyjne pomiędzy placówkami pulmonologicznymi z obszaru południowo-wschodniej Polski. W pierwszych etapach prac projektowych przeprowadzono wstępną ocenę możliwości zastosowania scenariuszy telemedycznych dla usprawnienia komunikacji pomiędzy placówkami medycznymi, a następnie analizę wymagań użytkowników. W wyniku działań informacyjnych wśród lekarzy pulmonologów wytypowano do współpracy konkretne jednostki, szpitale lub oddziały chorób płuc z obszaru województw małopolskiego, świętokrzyskiego i podkarpackiego. Rolę placówki referencyjnej dla tych jednostek pełniła w fazie pilotażowej projektu Klinika Pulmonologii UJCM w Krakowie.

W placówkach pulmonologicznych należących do sieci pilotażowej projektu HEALTHWARE przeprowadzono instalację terminali satelitarnych oraz stanowisk komputerowych wykorzystywanych do realizacji zaplanowanych scenariuszy telemedycznych. Terminale satelitarne VSAT składały się z anteny o średnicy 0,9 m oraz jednostki wewnętrznej podłączanej do niezależnego stanowiska telemedycznego, lub istniejącej na terenie danej placówki sieci komputerowej. Sesje telemedyczne realizowano w oparciu o platformę satelitarną MEDSKY należącą do firmy Telemedicine Technologies S.A, będącą partnerem konsorcjum HEALTHWARE, która zapewniła łącza o maksymalnej przepustowości 1024 kb/s w łączu „w dół” oraz 512 kb/s w łączu „w górę”. W czasie trwania projektu przepustowość łącza została zwiększona.

W wyniku przeprowadzonych testów technicznych uruchomiono dostęp do platformy satelitarnej dla 5 placówek w ramach sieci na terenie Polski. Ponadto, jako narzędzie do realizacji wideotelekonferencji telemedycznych wytypowano oprogramowanie Marratech ze względu na pozytywną ocenę użytkowników reprezentujących środowisko. Po przygotowaniu niezbędnej infrastruktury technicznej i przeszkoleniu użytkowników rozpoczęto trwającą 6 miesięcy fazę ewaluacji, w trakcie której przeprowadzono regularnie sesje telekonsultacyjne pomiędzy Kliniką Pulmonologii i poszczególnymi placówkami wojewódzkimi i rejonowymi (co najmniej 1 raz w miesiącu z daną placówką) oraz wielopunktową sesję teleedukacyjną (także 1 w miesiącu). Zakresem ewaluacji objęto akceptację zaproponowanego rozwiązania przez uczestników sesji telemedycznych, potencjalne korzyści wynikające z ograniczenia przejazdów i przyspieszenia procesu diagnostyczno-terapeutycznego oraz istotne ograniczenia realizacji scenariuszy telemedycznych.

Słowa kluczowe: telemedycyna, telekonsultacje, łącza satelitarne, DVB/RCS, pulmonologia.

THE APPLICATION OF SATELLITE TRANSMISSION BASED ON THE DVB/RCS STANDARD FOR SECOND OPINION TELECONSULTATIONS

MARIUSZ DUPLAGA¹, JACEK DAŃDA², JERZY SOJA¹, EWA NIŻANKOWSKA-MOGILNICKA¹

¹*Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum w Krakowie*

²*Katedra Telekomunikacji, Akademia Górniczo-Hutnicza im. S.Staszica w Krakowie*

The project "Standard and interoperable satellite solution to deploy Health care services over wide areas" (HEALTHWARE) was carried out in years 2005-2008 within 6th Research and Development Framework Program of the European Union by the Consortium of about 20 institutions from all over the Europe. The main aim of the project was the development and integration of satellite telecommunication platform based on DVB/RCS standard for telemedical interactions in diversified areas of health care. The analysis of the users' needs and requirements was completed within the Project in the context of the four main telemedicine scenarios including:

- second opinion teleconsultations between health care professionals representing different referential levels
- teleconsultations supporting the care in emergency states
- telemonitoring of the patients remaining at home
- synchronic teleeducation sessions for medical personnel.

The implementation of all these scenarios was planned within cardiology, pulmonology, oncology and chronic diseases. Pilot networks were developed in Poland, France, Great Britain, Greece and Cyprus.

The pilot telemedicine network established in Poland was located in the southern-eastern part of the country and served for second opinion consultations and teleeducation sessions. In the first phase, the potential for the use of telemedical scenarios for improved communication between health care facilities was made, then the analysis of users' requirements was performed. The dissemination activities undertaken in the respiratory medicine community resulted in the recruitment of specific pulmonary medicine centres (hospitals or wards) from the area of three voivodships: małopolskie, świętokrzyskie and podkarpackie. The role of the referential centre was played by the Department of Pulmonology, Jagiellonian University Medical College in Krakow.

This was followed by the installation of the satellite terminals and telemedical computer stations in pulmonary centres which joined the HEALTHWARE pilot network. VSAT satellite terminals consisted of the antenna (0.9 m diameter) and internal unit linked to independent telemedical station or LAN in the medical facility. Telemedical session were carried out on the basis of satellite MEDSKY platform delivered by the Telemedicine Technologies S.A. belonging to the HEALTHWARE Consortium. It offered the maximum data rate of 1024 kbps (downlink) and 512 kb/s (uplink). During the project activities, the band of the connections was increased.

Technical tests enabled the access to the satellite platform for 5 health care facilities in Poland. As the videoteleconferencing tools for the telemedicine scenarios, the Marratech software package was accepted due to its positive assessment by the end-users. After establishing necessary technical infrastructure and training of the users, the evaluation phase lasting 6 months was started. Regular second opinion consultations between University Department of Pulmonology and regional or local pulmonary centre (at least once monthly per peripheral site) and multipoint teleeducation session (once monthly) were performed. The evaluation was focused on the acceptance of the implemented telemedicine solution by the participants of the scenarios and the improvement of the diagnostic-therapeutic processes. The limitation of telemedical activities were also identified.

Keywords: telemedicine, teleconsultations, second opinion, satellite connections, DVB/RCS, pulmonology.

ROZWÓJ SYSTEMU ZAPEWNIAJĄCEGO WSPARCIE DLA PENSJONARIUSZY DOMU SPOKOJNEJ STAROŚCI W OPARCIU O TECHNOLOGIE „INTELIGENTNEGO DOMU”

MARIUSZ DUPLAGA¹, JACEK WSOŁEK², KRZYSZTOF GAJDA¹, LUCJAN STALMACH¹

¹*Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum w Krakowie*

²*Katedra Telekomunikacji, Akademia Górniczo-Hutnicza im. S.Staszica w Krakowie*

Artykuł przedstawia proces rozwoju i implementacji systemu wykorzystującego technologie „inteligentnego domu”, a także inne narzędzia teleinformatyczne, dla wsparcia osób w starszym wieku pozostających pod opieką instytucjonalną albo żyjących samodzielnie. System został opracowany w ramach projektu „Middleware platform for empowering cognitive disabled and elderly” (MPOWER) finansowanego ze środków 6. Badawczo-Rozwojowego Programu Ramowego Unii Europejskiej i realizowanego przy udziale Instytutu Zdrowia Publicznego, Wydział Nauk o Zdrowiu, UJCM w Krakowie w latach 2006-2008.

Celem projektu MPOWER było zdefiniowanie i wdrożenie otwartej platformy pośredniczącej (middleware) pozwalającej uprościć i przyspieszyć tworzenie i uruchamianie usług adresowanych do osób z zaburzeniami czynności poznawczych oraz osób starszych. Koncepcja projektu zakładała ocenę przydatności opracowanej platformy w oparciu o dwie aplikacje testowe; jedną adresowaną do osób z zaburzeniami poznawczymi spowodowanymi chorobą Alzheimera i wdrożoną w Norwegii oraz drugą wykorzystującą technologie „inteligentnego domu” dla potrzeb osób starszych pozostających w swoim domu lub pod opieką instytucjonalną. Ta druga aplikacja testowa została opracowana w oparciu o wyniki oceny potrzeb użytkowników: osób starszych oraz osób zawodowo związanych z opieką nad osobami starszymi lub niepełnosprawnymi w Polsce.

Rozwój warstwy pośredniczącej, która powstała w ramach projektu MPOWER, opierał się na procesie analizy potrzeb i wymagań użytkowników przeprowadzonych w kilku krajach europejskich i reprezentowanych przez instytucje należące do konsorcjum projektowego (Polska, Norwegia, Austria, Holandia). Strategie zastosowane do analizy wymagań użytkowników reprezentujących przede wszystkim osoby wymagające wsparcia i opiekunów (formalnych i nieformalnych) w poszczególnych ośrodkach nie były jednolite i polegały na badaniach ankietowych, wywiadach oraz zastosowaniu metody K-J.

Analiza wymagań użytkowników z Polski polegała na zastosowaniu badań ankietowych w oparciu o ankietę przygotowaną dla potrzeb projektu i ukierunkowane na zebranie informacji i postrzegania przez użytkowników możliwości wykorzystania technologii „inteligentnego domu” dla potrzeb osób w starszym wieku potrzebujących wsparcia. Użytkownicy mogli rozszerzać swoje wypowiedzi poza odpowiedzi wymagane przez formułę ankiet; były one zapisywane, jako wolny tekst. Wyniki ankiet wykazały, że najważniejsze problemy sygnalizowane przez respondentów należących do grupy osób w starszym wieku >65 rż) obejmowały: brak kontaktu z rodziną i opiekunami, możliwość uruchomienia alarmu w sytuacjach kryzysowych, problemy z poruszaniem, upośledzenie widzenia, problemy wynikające z chorób, upośledzenie słuchu, możliwość kontaktu z pracownikami ochrony zdrowia w domu oraz zapominanie o codziennych aktywnościach. Respondenci należący do grupy opiekunów wskazywali na podobne trudności osób starszych, ale w nieco innej kolejności. Z całej puli usług uwzględnionych w warstwie pośredniczącej opracowanej w ramach projektu, dla konkretnych aplikacji testowych wybrano te, które najbardziej odpowiadały potrzebom reprezentowanych przez konkretne miejsce wdrożenia. Aplikacja testowa związana z technologiami „inteligentnego domu” została wdrożona w Domu Spokojnej Starości w Lubomierzu. Podstawowe funkcjonalności polskiej aplikacji testowej obejmowały monitorowanie środowiska wewnętrznego pomieszczeń, w których przebywają osoby pensjonariusze, możliwość kontaktu z personelem przy pomocy prostej aplikacji telekonferencyjnej, możliwość generowania alarmów w razie sytuacji nagłych zarówno w czasie pobytu wewnątrz domu opieki jak i na zewnątrz, monitorowanie przestrzeni ogólnego dostępu i otoczenia domu opieki przy pomocy kamer oraz lokalizacja GPS osób starszych wychodzących na zewnątrz budynku przy pomocy mobilnego terminala.

Słowa kluczowe: middleware, czujniki, „inteligentny dom”, lokalizacja GPS, aplikacja testowa, osoby starsze

THE DEVELOPMENT OF THE SYSTEM SUPPORTING THE RESIDENTS OF THE FACILITY FOR THE ELDERLY BASED ON THE „SMART HOME” TECHNOLOGIES.

MARIUSZ DUPLAGA¹, JACEK WSZOŁEK², KRZYSZTOF GAJDA¹, LUCJAN STALMACH¹

¹*Jagiellonian University - Medical College, Krakow*

²*Department of Telecommunications, AGH University of Science and Technology, Krakow*

The paper presents the process of the development and implementation of the system exploring „smart home” technologies as well as other advanced teleinformatic tools for the support of elderly persons remaining under institutional care or living independently. The system was developed within the MPOWER project (”Middleware platform for empowering cognitive disabled and elderly”) carried out under the 6. Framework Program of the European Union in the period 2006-2008. The Institute of Public Health, Jagiellonian University Medical College in Krakow belonged to the project consortium.

The main aim of the project was development and implementation of open middleware platform improving creation of the advanced solutions supporting person with cognitive impairments and elderly people. The concept of the project was based on the assessment of the middleware feasibility in two location where the proof-of-concept applications would be installed. The first application was addressed to the person suffering from Alzheimer disease and was implemented in Norway. The second was planned to explore ”smart home” and sensor technologies with benefit to elderly persons living independently or remaining under institutional care.

The development of the middleware platform was stemming from the analysis of users’ needs and requirement. This task was performed in several European countries by the institutions remaining in the structure of the Project Consortium (Poland, Norway, Austria, Netherlands). The strategies used for the analysis of the users’ requirements in relation to persons who needs support and their carers (formal and informal) in consecutive centres were not homogenous and included questionnaires, interviews and K-J method.

The analysis of the users’ requirements in Poland was based on the surveys dedicated for the project and focused on the perception of the users about possibilities of the use of ”smart home” technologies for the support of elderly persons. The users could extend their responses in the form of additional narration. The results of the surveys demonstrated the main problems signalled by the respondents representing elderly population. They included: deficiency of the contacts with the family, the need for the alarm triggering in crisis situations, mobility limitations, sight impairments, problems related to medical conditions, hearing deficiencies, the contacts with health care professionals at home and forgetfulness about every day tasks.

The respondents belonging to the group of carers identified similar problems for the elderly persons, but their sequence differed to some extent.

From the whole range of services included in the MPOWER middleware, the sets of services for specific proof-of-concept applications were chosen. These services were supposed to bring the greatest benefits for the target users in the pilot site. The proof-of-concept application exploring „smart home” technologies was installed and implemented in the Residential House in Lubomierz. The main functionalities covered by it were monitoring of internal environment of the residents’ rooms, the use of teleconferencing for the contact with the personnel, alarm triggering in emergency situations (inside the House and outside), monitoring of public areas and external field with cameras and GPS localisation for elderly persons going outside with mobile terminal.

Keywords: middleware, ambient assisted living, dementia, elderly, ”smart home”, sensors

PERKOLACJA PRZEWODNICTWA W SIECI WODY NA KOLOIDALNEJ KRZEMIONCE AEROSIL[®]

DANIEL DZIOB, URSZULA GÓRSKA, BARTOSZ KIEŁTYKA

*Instytut Fizyki im. M. Smoluchowskiego, Uniwersytet Jagielloński, Reymonta 4, 30-059 Kraków
daniel.dziob@wp.pl*

Praca dotyczy badań perkolacji przewodnictwa w sieci wody na nieprzewodzącym podłożu. Jako materiał wykorzystano aerosil- koloidalną krzemionkę, zbudowaną z kulistych makrocząstek (o średnicy około 10-40 nm w zależności od rodzaju), nieprzewodzących prądu i tworzących mniej lub bardziej zwarte sieci 3D. W badaniach stosowano niskie częstotliwości z zakresu $100\text{Hz} - 20\text{MHz}$. Zbadano dielektryczne właściwości uwodnionych próbek aerosilu w trakcie suszenia. W widmie występuje zależność $\varepsilon' \sim \omega^n$ i $\varepsilon' \sim \omega^k$, przy czym $0.8 < n \approx k < 1$, co wskazuje na mechanizm przewodzenia poprzez przeskoki nośników ładunku pomiędzy zlokalizowanymi położeniami [1,2]. Potwierdzono obecność przejścia perkolacyjnego przy niskiej granicy hydratacji. Krytyczny wykładnik t jest charakterystyczny dla perkolacji przewodnictwa w sieci 2D i zbieżny z wcześniejszymi badaniami nawodnionych systemów biologicznych [3,4]. Oszacowano wartości powierzchni właściwej, określone przez progi perkolacji i porównano je z danymi producenta.

- [1] A.K. Jonscher, *Universal relaxation law*, Chelsea Dielectric Press, London 1996.
- [2] P.M. Suhrman, P. Taylor and G. Smith, *J. Non-Cryst. Solids*, 305, 317 (2002)
- [3] D. Sokolowska, A. Krol-Otwinowska and J. K. Moscicki, *Phys. Rev.E*, 70, 052901 (2004)
- [4] D. Sokolowska, A. Krol-Otwinowska, M. Bialecka, L. Fiedor, M. Szczygiel, J.K. Moscicki, *J. Non-Cryst. Solids*, 353, 4541 (2007)

WATER NETWORK PERCOLATION TRANSITIONS IN MODEL SYSTEMS: DEGUSSA AEROSIL FUMED SILICA

DANIEL DZIOB, URSZULA GÓRSKA, BARTOSZ KIEŁTYKA

*Smoluchowski Institute of Physics, Jagiellonian University, Reymonta 4, 30-059 Krakow, Poland
daniel.dziob@wp.pl*

The work concerns the percolation transition in the water network on the nonconducting basis. As a model we used aerosil fumed silica built up of almost spherical (diameter approx. 10-40nm depending on species) nonconducting particles forming more or less 3D network. We studied low frequency (100Hz – 20MHz) dielectric properties of hydrated hydrophilic aerosil fumed silica samples in the course of dehydration. Dielectric spectra featured low frequency dispersion, $\varepsilon' \sim \omega^n$ and $\varepsilon' \sim \omega^k$ with $0.8 < n \approx k < 1$ clearly indicating the mechanism of “hopping of charge carriers” between localized sites [1,2]. In the low hydration limit the presence of a percolation transition in the conducting network is evident. The critical exponent t is characteristic for 2D networks in hydrated biological systems [3,4]. We evaluated specific surface areas estimated from percolation thresholds and compared them with the manufacturer data.

- [1] A.K. Jonscher, *Universal relaxation law*, Chelsea Dielectric Press, London 1996.
- [2] P.M. Suherman, P. Taylor and G. Smith, *J. Non-Cryst. Solids*, 305, 317 (2002)
- [3] D. Sokolowska, A. Krol-Otwinowska and J. K. Moscicki, *Phys. Rev.E*, 70, 052901 (2004)
- [4] D. Sokolowska, A. Krol-Otwinowska, M. Bialecka, L. Fiedor, M. Szczygiel, J.K. Mościcki, *J. Non-Cryst. Solids*, 353, 4541 (2007)

IMAGE BASED REGION RECOGNITION IN GASTROINTESTINAL ENDOSCOPY

RAFAŁ FRĄCZEK¹, MARIUSZ DUPLAGA^{1,2}

¹*Centre of Innovation, Technology Transfer and University Development, Jagiellonian University,
Czapskich Str.4, 31-110 Krakow, Poland; rafalfr@agh.edu.pl*

²*Jagiellonian University Collegium Medicum, Grzegorzewska Str. 20, 31-531 Kraków Poland,
mmduplag@cyf-kr.edu.pl*

Capsule endoscopy was introduced to gastroenterology with the aim of improvement of the diagnostics means for these parts of gastrointestinal tract which are difficult to reach with a classical endoscopy.

Modern capsules are equipped with an on-board light source, a camera and memory. The next generation capsule that is developed within the VECTOR (Versatile Endoscopic Capsule for gastrointestinal TumOr Recognition and therapy) project will also make it possible to transmit a video stream in real-time.

The video recording generated by the endoscopic capsule during its passage through gastrointestinal tract is of a considerable length and the automatic detection of its specific regions would enhance diagnostic capacity of the procedure.

Therefore, a special algorithm has been developed and implemented in C++. The algorithm is meant to be used for automatic region classification within video recordings (streams) that can be obtained with an endoscopic capsule.

The paper describes the developed algorithm. The entire procedure consists of the following steps:

- 1) **Transformation of the input image to YUV color space.** This conversion is performed because YUV color space is more suitable for further processing than the original RGB space.
- 2) **Classification the current frame.** The main objective is the detection of non-informative frames including artifacts (e.g. light reflections). Exclusion of these frames from the further processing is important for avoidance of further errors during the classification stage. The detection of artifacts is based on pixel color distribution. A frame is considered non-informative if more than 50% pixels are classified as artifacts
- 3) **Calculation of the Homogeneous Texture descriptor for the current frame.** Region recognition is based on image features extracted by using an image descriptor. In order to find the most suitable one, several mpeg-7 and other descriptors were tested. The tests performed by the authors have confirmed that the Homogeneous Texture descriptor is the most suitable descriptor for region recognition. Therefore, each subsequent frame is analyzed with this descriptor. This results in a vector of 62 features that are analyzed in the further steps.
- 4) **Classification with neural networks.** In order to assign an actual region to the frame, all 62 features obtained from the Homogeneous Texture descriptor have to be classified. The optimal classification method was chosen on the basis of several tests. The best results were obtained in case of non-linear neural network as a classifier. Therefore, the algorithm uses four neural networks. Each network is trained to recognize one specific region in a gastrointestinal tract.
- 5) **Post-processing.** The raw values obtained from networks need to be processed to get a useful and human readable output. The first step is linear filtration using a 5-point averaging filter. By applying this filtration, the chances that a frame is misclassified are reduced. The next step involves non-linear mapping. Four values are mapped into one value that indicates a specific region.

The entire algorithm has been optimized and implemented in C++ as a plug-in for the VirtualDub video editor. The tests show that the recognition accuracy attains approximately 92%.

ZASTOSOWANIE PSYCHOAKUSTYCZNEJ FALKOWEJ EKSTRAKCJI CECH ORAZ ILORAZOWEJ MIARY ODLEGŁOŚCI ITAKURA-SAITO W ROZPOZNAWANIU MOWY POLSKIEJ

JAKUB GAŁKA, TOMASZ JADCZYK, MARIUSZ ZIÓŁKO

Katedra Elektroniki, Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
{jgalka, jadczyk, ziolko}@agh.edu.pl

Rozpoznawanie mowy polskiej jest dynamicznie rozwijającą się branżą, na którą pojawia się co raz większe zapotrzebowanie. Nie są obecnie dostępne komercyjnie aplikacje dla języka polskiego pozwalające na rozpoznawanie mowy ciągłej z dużym słownikiem. Prowadzone są jednak badania, które mają na celu zmianę bieżącej sytuacji. Artykuł ten przedstawia nowe metody przetwarzania sygnału mowy w opracowywanym systemie rozpoznawania mowy ciągłej z dużym słownikiem języka polskiego.

W artykule przedstawiony został nowy sposób ekstrakcji i porównywania akustycznie istotnych cech mowy. Sygnał mowy jest dzielony na segmenty specyficzne pod względem akustycznym, które następnie są opisywane zbiorem parametrów uzyskanych za pomocą psychoakustycznej wielorozdzielczej analizy falkowej. Uzyskany w taki sposób wektor cech może zostać poddany klasyfikacji i wykorzystany w rozpoznawaniu mowy oraz mówcy, diagnostyce traktu głosowego, czy też kodowaniu i kompresji mowy. W prezentowanej pracy wykorzystano klasyfikator k -NN oraz zaproponowano nową symetryczną, ilorazową miarę odległości widmowej Itakura-Saito do klasyfikacji segmentów mowy.

Przedstawione metody zostały zrealizowane i użyte w systemie rozpoznawania, działającym w czasie rzeczywistym, w sposób wielowątkowy, na słowniku ponad 10000 najczęściej występujących słów w języku polskim. Fonetyczny dekodera słów został zrealizowany z wykorzystaniem algorytmu Dijkstry. Użycie zmodyfikowanej, ilorazowej miary odległości widmowej Itakura-Saito pozwoliło na uzyskanie poprawy jakości rozpoznania słów o ok. 30% w porównaniu z zarówno klasyczną, symetryczną miarą Itakura-Saito jak i metryką euklidesową.

Słowa kluczowe: rozpoznawanie mowy, ekstrakcja cech, miara Itakura-Saito, analiza falkowa

Praca naukowa finansowana ze środków na naukę w latach 2008-2011 jako projekt rozwojowy MNiSW OR00001905.

WAVELET PERCEPTUAL FEATURE EXTRACTION AND QUOTIENT ITAKURA-SAITO DISTANCE MEASURE FOR POLISH SPEECH RECOGNITION

JAKUB GAŁKA, TOMASZ JADCZYK, MARIUSZ ZIÓŁKO

Department of Electronics, AGH University of Science and Technology
{jgalka, jadczyk, ziolko}@agh.edu.pl

Polish speech recognition is a developing science and business area of interest. No consumer-ready computer application for large vocabulary polish speech recognition has been published yet. However, many efforts have been recently made to change this situation. This paper presents some details on speech processing front-end for large vocabulary polish speech recognition system.

A new way of extraction and comparison of the acoustically relevant speech features are presented. Speech signal is divided into acoustically uniform frames, which are then parameterized with a perceptual multi-resolution wavelet analysis. Obtained feature vectors can be classified and used for speech and speaker recognition, vocal tract diagnostics, speech coding or compression. In presented work a k -NN classifier utilizes a newly introduced quotient symmetrized Itakura-Saito spectral distance measure to illustrate the ability of proposed method to classify phone-like speech units.

Presented methods were implemented in multi-thread real-time recognition system with a dictionary of about 10000 most commonly occurring polish words. Well known Dijkstra's algorithm was used as a word-level phonetic decoder. The use of the modified quotient Itakura-Saito distance measure increased the word recognition ratio by about 30% in comparison to a classical symmetrized Itakura-Saito or Euclidean distance measures.

Keywords: speech recognition, feature extraction, Itakura-Saito measure, wavelet analysis.

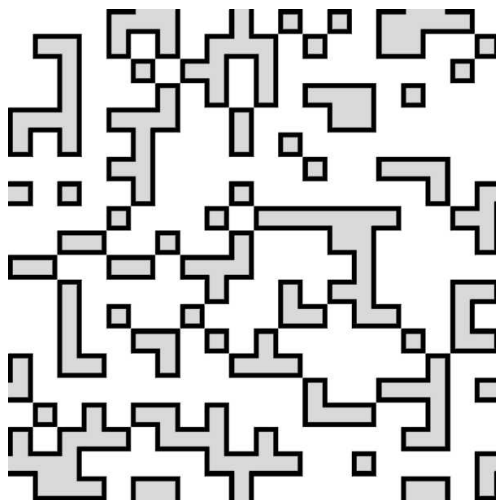
This work was supported by MNISW grant OR00001905.

KOMPUTEROWE MODELOWANIE PRZEWODNICTWA ZWILŻONEJ KRZEMIONKI KOLOIDALNEJ

WOJCIECH GANCZAREK

Instytut Fizyki im. Mariana Smoluchowskiego, Uniwersytet Jagielloński

Zwilżona krzemionka koloidalna jest układem, w którym, z grubsza rzecz ujmując, możemy wyróżnić trzy typy przewodnictwa: (i) przewodnictwo wody niezwiązanej (medium), (ii) przewodnictwo wody związanej (na i przy powierzchni ziaren krzemionki) oraz (iii) śladowe przewodnictwo na wskroś ziaren. Przedstawione zostaną wyniki modelowania zmian przewodnictwa w trakcie stopniowego osuszania zwilżonej krzemionki. Dla uproszczenia modelowania wykonano na układzie 2D; na rysunku 1 przedstawiono przykładowy losowy układ stosowanej w modelu sieci przewodzącej. Podstawą symulacji jest założenie, że nośnik prądu błądzi przypadkowo po takim układzie i usuwanie wody z układu wywołuje sukcesywne ograniczanie ruchu nośnika. W symulacjach zastosowano metody MC błędzenia przypadkowego na sieci typu RRN (*Random Resistor Network*) [1,2]. W obliczeniach stosowana była technika grupy renormalizacji, postulowano także efekty związane z perkolacją sieci przewodzącej. Wyniki symulacji zostaną skonfrontowane z dostępnymi danymi doświadczalnymi (m.in. [3]).



Rys. 1. Ilustracja przykładowego układu sieci stosowanej w modelowaniu. Szare kwadraty odpowiadają ziarnom krzemionki, czarne krawędzie symbolizują wodę związaną, białe obszary – wodę niezwiązaną.

- [1] H.E.Roman, A.Bunde, W.Dietrich, Phys. Rev. B34, 3439 (1986)
- [2] H.E.Roman and M.Yussouf, Phys. Rev. B36, 7285 (1987)
- [3] D.Sokolowska, A.Król-Otwinowska, J.K.Mościcki, Phys. Rev. E70, 052901 (2004)

Słowa kluczowe: zwilżony aerosil, modelowanie przewodnictwa, perkolacja

COMPUTER MODELLING OF HYDRATED BULK SILICA CONDUCTIVITY

WOJCIECH GANCZAREK

Smoluchowski Institute of Physics, Jagiellonian University, Reymonta 4, 30-059 Krakow, Poland

When modeling electric conductivity of hydrated bulk silica aerosil sample three types of conductivity should be considered: i- conductivity of unbounded (bulk) water; ii- conductivity of bounded water (at the free surface of silica grains), and, possibly, iii- trace conductivity across the silica grains. In this preliminary work we studied variation of the system bulk conductivity in the course of desiccation. For simplicity of calculations a simplified 2D network model was considered. In Fig. 1, a typical random arrangement of silica grains-clusters (gray areas) in 2D space is shown; water can fill the rest of space. It is assumed, that the electric charge carrier (i.e., proton) walks randomly throughout available water hydrogen-bond network. The Monte Carlo random walk method on RRN (*Random Resistor Network*) is then used for detailed calculations [1,2]. In calculations we benefited from the renormalization group technique, and considered also effects associated with the conducting network percolation. To mimic the sample dehydration, the available water network was successively restricted by removing water molecules from the system. The results of numerical calculations will be critically compared with the available experimental data (e.g. [3]).

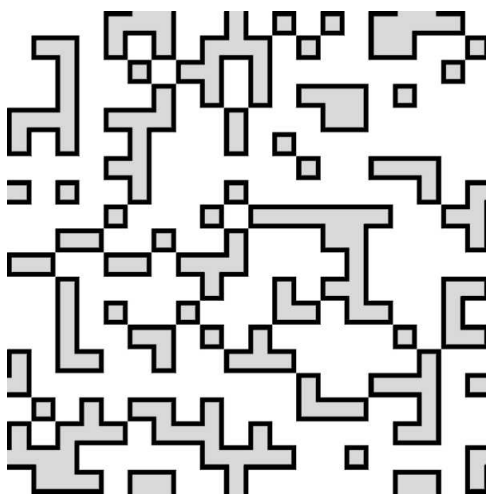


Fig. 1. Typical random arrangement of silica grains-clusters (gray areas) in 2D space. Gray squares correspond to silica, black bounds to bounded water, white spaces to unbounded water.

- [1] H.E.Roman, A.Bunde, and W.Dietrich, Phys. Rev. B34, 3439 (1986).
- [2] H.E.Roman, and M.Yussouf, Phys. Rev. B36, 7285 (1987).
- [3] D.Sokolowska, A.Król-Otwinowska, and J.K.Mościcki, Phys. Rev. E70, 052901 (2004).

Keywords: hydrated aerosil, conductivity modelling, percolation

ELEKTROFIZJOLOGICZNY SYSTEM MONITOROWANIA PACJENTA W RUCHU

JOANNA JAWOREK, ELIASZ KAŃTOCH

*Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie, Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Elektroniki,
Katedra Automatyki*

Cel projektu

Celem projektu jest zaprojektowanie i uruchomienie elektrofizjologicznego systemu monitoringu pacjenta w ruchu. Zadaniem systemu jest monitorowanie podstawowych parametrów życiowych wraz z możliwością reakcji w przypadku zagrożenia życia.

Materiał / technologia

System składa się z bezprzewodowego nadajnika EKG, modułu GPS oraz komputera PC. Sygnał z aparatu EKG jest przesyłany za pośrednictwem technologii Bluetooth do komputera, gdzie podlega analizie i przetworzeniu. W razie wykrycia zagrożenia system przesyła odpowiednią informację do stacji diagnostycznej, która może podjąć interwencję. Dokładne określenie pozycji pacjenta jest możliwe na bazie pozycji uzyskanej z bezprzewodowego odbiornika GPS.

Wyniki

System został przetestowany z wykorzystaniem internetowych baz danych z zapisanymi rekordami EKG jak i na 20 ochotnikach. Uzyskane wyniki wskazują, że zdalny system monitorowania pacjenta może skrócić czas medycznej interwencji w przypadku zagrożenia życia. Dokładne wyniki oraz sposób analizowania sygnału zostaną przedstawione podczas Konferencji MCSB.

Wnioski

System telemedyczny może zostać wykorzystany nie tylko podczas nadzoru medycznego, ale także podczas zdalnej rehabilitacji oraz treningu sportowców.

Słowa kluczowe: EKG, telemedycyna, system monitorujący pacjenta, technologia Bluetooth,

ELECTROPHYSIOLOGY-BASED MONITORING SYSTEM FOR HUMAN IN MOTION

JOANNA JAWOREK, ELIASZ KAŃTOCH

AGH University of Science and Technology, Faculty of Electrical Engineering, Automatics, Computer Science and Electronics, Institute of Automatic

Background

The purpose of the study was to create an electrophysiological wireless patient monitoring system dedicated for human in motion.

Materials and methods

This paper proposes an electrophysiological wireless patient monitoring system which integrates a Wireless ECG signal transmitter, GPS device and a mobile phone to acquire physiological signals and transmit them to a local server via Bluetooth wireless technology. Four kinds of monitor units were specially designed for a wireless communication, including a control center, a local monitor unit, mobile devices (personal digital assistant; PDA), and a Web page (for both patient and doctor). In this project authors concentrate on the combination of electrocardiological systems and pulso oxymetry to monitor human in motion.

The application calculates the waves and integrals of the ECG records but also the mean electrical heart axes and the electrical axes of the T and P waves. It is worth mentioning that analysis of the ECG signal allows us to assess not only the heart function but also the respiration signal. It allows us to assess parameters like: number of breaths in defined period of time or the time between the inspiration and the expiration. The pulse oximeter is in our case of critical importance for patients with respiratory and cardiac problems, for diagnosis of some sleep disorders such as apnea and hypopnea.

Results

Testing of correct implementation of the algorithm was carried on several ECG data records performed in The Independent Laboratory of Biocybernetics. The ECG records were judged by a doctor and could be used to check not only the monitoring system and transmission but also communication with the base station.

Conclusion

Remote monitoring systems that include electrocardiological systems and pulse oximetry as well, can help alleviate the volume of in-office patient follow-ups, can give early warning of cardiac problems that appear at home, allow physicians to monitor more effectively patients, makes follow-up rehabilitation easier.

Keywords: ECG, telemedicine, monitoring system, Bluetooth

ANALIZA SKUPIEŃ W AUTOMATYCZNEJ OCENIE ZŁOŚLIWOŚCI NOWOTWORÓW PIERSI

ŁUKASZ JELEŃ, JERZY DETYNA

*Institute of Materials Science and Applied Mechanics Wrocław University of Technology
Smoluchowskiego 25, 50-370 Wrocław, Polska*

Ocena złośliwości nowotworów jest jednym z najważniejszych czynników, które są brane pod uwagę podczas diagnozy nowotworów piersi. Zależnie od przypisanej oceny dobierany jest odpowiedni sposób leczenia. W celu wyznaczenia złośliwości wyznaczono zbiór cech bazujących na skali Blooma – Richardsona. Według tej skali cechy dzielą się na cechy strukturalne i polimorficzne. Cechy strukturalne obliczane są na podstawie zdjęć z aspiracyjnej biopsji cienkoigłowej o niskim powiększeniu, w celu wyznaczenia grup komórkowych. Natomiast cechy polimorficzne wyznaczane są z preparatów o wysokim powiększeniu i pozwalają na obliczenie cech jądra komórkowego. Skala Blooma – Richardsona jest najczęściej wykorzystywaną skalą przez patologów do przypisania nowotworowi niskiej, średniej lub wysokiej oceny złośliwości. W pracy tej wykorzystano dwie metody analizy skupień. W ogólnym ujęciu analiza skupień wyznacza skupienia i usiłuje przypisać złośliwość nowotworu do jednego ze skupień. Tutaj wykorzystano te metody do klasyfikacji złośliwości nowotworu, jako średniej lub wysokiej. Każda z ocen jest reprezentowana przez skupienie, a z wykorzystaniem algorytmów k – średnich lub expectation – maximization (EM) obserwacjom jest przypisana jedna z ocen złośliwości. Zaprezentowane wyniki pokazują, że opisane metody są wystarczające do automatycznej oceny złośliwości nowotworów.

DATA CLUSTERING USED FOR AUTOMATED BREAST CANCER MALIGNANCY GRADING

ŁUKASZ JELEŃ, JERZY DETYNA

*Institute of Materials Science and Applied Mechanics, Wrocław University of Technology
Smoluchowskiego 25, 50-370 Wrocław, Poland*

Malignancy of a cancer is one of the most important factors that are taken into consideration during breast cancer diagnosis. Depending on the malignancy grade the appropriate treatment is suggested. For the determination of malignancy, a set of features was extracted based on Bloom – Richardson scheme. According to this scheme features are divided to structural and polymorphic features. Structural features are calculated from fine needle aspiration biopsy slides recorded in low magnification to determine cells' groupings. On the other hand, the polymorphic features are derived from high magnification aspirates and allow for the detection of the nuclear features. Bloom – Richardson scheme is the most commonly used by pathologists to assign a low, intermediate or high malignancy grade to a cancer. In this paper we make use of two methods used for cluster analysis. In general, cluster analysis determines clusters and tries to assign the malignancy to one of the clusters. Here, we make use of these methods to classify the cancer malignancy as intermediate or high. Each grade is represented as one cluster and based on the k-means and expectation – maximization (EM) algorithms, the observations are assigned into one of the two malignancy grades. The presented results show that the described methods are suitable for the automated determination of cancer malignancy grades.

KLINICZNA WERYFIKACJA KOMPUTEROWEJ OCENY ZŁOŚLIWOŚCI NOWOTWORÓW PIERSI

ŁUKASZ JELEŃ¹, ARTUR LIPIŃSKI², JERZY DETYNA¹, MICHAŁ JELEŃ²

¹*Institute of Materials Science and Applied Mechanics, Wrocław University of Technology
Smoluchowskiego 25, 50-370 Wrocław, Polska*

²*Zakład Patomorfologii i Cytologii Klinicznej, Akademia Medyczna we Wrocławiu
Borowska 213, 50-556 Wrocław, Polska*

Nowotwory piersi są jednymi z najczęściej rozpoznawanych nowotworów wśród kobiet w średnim wieku. Faktem jest, iż wczesne rozpoznanie pozwala na wyleczenie, podczas gdy nowotwory zdiagnozowane w późnym stadium zaawansowania są praktycznie niemożliwe do wyleczenia. Do precyzyjnej i obiektywnej diagnozy istnieje potrzeba wprowadzenia komputerowej metody oceny złośliwości, która byłaby integralną częścią procesu diagnostycznego. W pracy tej został zaprezentowany system do oceny złośliwości nowotworów. W tym celu wyznaczono 16 cech, które są następnie wykorzystane do klasyfikacji złośliwości do dwóch klas. Każda klasa reprezentuje stopień złośliwości nowotworu według skali Blooma – Richardsona. Według tej skali brane są pod uwagę dwa rodzaje cech. Cechy te są wyznaczane z obrazów zarejestrowanych w dwóch różnych powiększeniach. Trzy cechy strukturalne obliczono na podstawie zdjęć o małym powiększeniu, a trzynaście cech polimorficznych wyznaczono ze zdjęć o dużym powiększeniu. W celu klasyfikacji stopni złośliwości zastosowano sieć neuronową typu perceptron wielowarstwowy. Otrzymano 13.5% współczynnik błędu dla preparatów z biopsji aspiracyjnej cienkoigłowej guzów piersi. W niniejszej pracy przedstawiamy także pierwsze próby kliniczne, które umożliwią weryfikację otrzymanego współczynnika klasyfikacji. Próby kliniczne pokazały, że opisany system pracuje z wysoką dokładnością.

CLINICAL VALIDATION OF COMPUTERIZED BREAST CANCER MALIGNANCY GRADING

ŁUKASZ JELEŃ¹, ARTUR LIPIŃSKI², JERZY DETYNA¹, MICHAŁ JELEŃ²

¹*Institute of Materials Science and Applied Mechanics, Wrocław University of Technology
Smoluchowskiego 25, 50-370 Wrocław, Poland*

²*Zakład Patomorfologii i Cytologii Klinicznej, Akademia Medyczna we Wrocławiu
Borowska 213, 50-556 Wrocław, Polska*

Breast cancer is one of the most often diagnosed cancers among middle-aged women. It is a well known fact that the early diagnosis is crucial and allows for the successful treatment while cancers diagnosed in their late stage are almost impossible to treat. For precise and objective diagnosis there is a need for a computerized method for malignancy grading, which is an integral part of a diagnosis process. In this work we present a classification system for grading cancer malignancy. For this purpose we extracted 16 features that were then used to classify the malignancy into two classes. Each class represents the malignancy of the cancer according to Bloom – Richardson grading scheme. According to that scheme two types of features are considered. These features are extracted from images that were recorded with two different magnifications. Three structural features were calculated from low magnification images and thirteen polymorphic features were derived from high magnification images. To classify the malignancy grades, the multilayer perceptron was used. The obtained error rate of 13.5% was recorded for the fine needle aspiration biopsy of the breast. In this paper we also present first clinical trials that allow for the verification of the obtained classification rate. The clinical trial showed that the depicted system has a high performance.

DOŚWIADCZALNIE POTWIERDZONE ZAŁOŻENIA DO OPRACOWANIA MODELU LEPKIEGO PRZEMIESZCZANIA SIĘ LĄDOWYCH ŚLIMAKÓW

P. KACZOROWSKI¹, T. TYRAKOWSKI¹, W. PAWŁOWICZ¹, M. ZIÓŁKOWSKI², P. SMUSZKIEWICZ³,
I. TROJANOWSKA³, A. MARSZAŁEK^{4,5}, M. ŻEBROWSKA⁴, M. LAMPKA¹, I. HOŁYŃSKA-IWAN¹,
E. PISKORSKA¹, M. STEVESANT¹

¹Katedra Patobiochemii i Chemii Klinicznej, ²Zakład Pielęgniarstwa Psychiatrycznego i ⁴Katedra
Patomorfologii Klinicznej⁴, CM UMK w Bydgoszczy;

³I Klinika Anestezjologii i Intensywnej Terapii i Leczenia Bólu i ⁵Katedra Patomorfologii Klinicznej,
Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

Ścisłe przyleganie do podłoża charakteryzuje zarówno bezruch, jak i jeden ze sposobów poruszania się ślimaków lądowych. Ten tryb poruszania się ślimaków nazywa się lepkiem przemieszczaniem w odróżnieniu od „galopowania”, gdy zwierzę nie przylega całą powierzchnią do podłoża. Uważa się, że seria fal skurczów mięśni przebiegając wzdłuż przylegającej do podłoża powierzchni stopy umożliwia realizację paradoksu – równoczesnego przylegania i ruchu. Rola śluzu, wydzielanego z gruczołów podśluzowych i z niektórych komórek nabłonka, polega na zwiększeniu przylegania, czyli wywołuje efekt kleju, lecz równocześnie śluz stanowi czynnik smarujący, dla powierzchni znajdujących się w ruchu.

W tych badaniach podjęto próbę wyjaśnienia zachowania się tkanki nabłonkowej w lepkiem przemieszczaniu się ślimaków w oparciu o wielokrotnie stosowaną metodę analizy sfilmowanego przez szybę ruchu powierzchni stopy tych stworzeń, a także na podstawie obserwacji zmian obrazu małych pęcherzyków powietrza pod stopą ślimaka w czasie przechodzenia nad nimi fali skurczu, co umożliwia wnioskowanie o zmianach ciśnienia i objętości warstwy śluzowej między stopą a szybą.

Wykazano, że powierzchnia stopy poruszającego się ślimaka dzieli się na obszar nieruchomy – przylegający, stanowiący około 70 % i kilka lub kilkanaście stref poruszających się, co stanowi około 30 % powierzchni stopy. Strefy poruszające się (fale skurczowe) są wąskimi prążkami (każda około 3 % długości całego zwierzęcia) widocznymi prawie przez całą szerokość stopy ślimaka.

Nabłonek w rejonie fali skurczu jest oddalony od podłoża na co najmniej 2 – 3 mm, co powoduje, że ta powierzchnia jest wysklepiona i sfałdowana nad podłożem. Obliczono, że powierzchnia nabłonka w tym obszarze jest większa od obrazu na szybie o co najmniej 20 %.

Z analizy ruchu nabłonka w rejonie fali skurczowej stopy ślimaka wynika, że siły generowane przez włókna mięśniowe działające na nabłonek nie przesuwają go stycznie do podłoża, lecz podnoszą go i opuszczają działając prostopadle do podłoża. W momencie, gdy przez określony punkt na nabłonku stopy ślimaka przechodzi początek fali skurczu, punkt ten jest podnoszony nad podłożem, następnie przemieszcza się wraz z falą skurczu, a w rejonie końca fali skurczowej jest opuszczany na podłoże.

Wstępny model opisujący lepki ruch lądowych ślimaków poświęcony był dwom poniższym zagadnieniom.

Zależność pomiędzy podziałem powierzchni stopy ślimaka na części nieruchome i ruchome w zależności od masy ciała zwierzęcia, jako czynnik ograniczający wielkość zwierzęcia poruszającego się za pomocą lepkiego przemieszczania.

Zależność między prędkością ruchu ślimaka a częstotliwością fal skurczu i długością fal skurczu, może określać jego prędkość we wszystkich reakcjach behawioralnych.

Model oceniono przez porównanie z wynikami doświadczeń i krytycznie przedyskutowano.

Słowa kluczowe: kinematyka ślimaka, lepkie przemieszczanie, ślimaki lądowe.

EXPERIMENTAL CLUES TOWARDS MODELLING OF SNAIL ADHESIVE LOCOMOTION

P. KACZOROWSKI¹, T. TYRAKOWSKI¹, W. PAWŁOWICZ¹, M. ZIÓLKOWSKI², P. SMUSZKIEWICZ⁴,
I. TROJANOWSKA⁴, A. MARSZAŁEK^{3,5}, M. ŻEBROWSKA³, M. LAMPKA¹, I. HOŁYŃSKA-IWAN¹,
E. PISKORSKA¹, M. STEVESANT¹

¹*Departments of Pathobiochemistry and Clinical Chemistry, ²Psychiatric Nursing, ³Clinical Pathomorphology, Collegium Medicum of UMK in Bydgoszcz*

⁴*I Clinic of Anesthesiology and Intensive Care and Pain Therapy, and ⁵Department of Clinical Pathomorphology Poznan University of Medical Sciences*

Firm adhering to the substratum characterizes the behavior of snails in quiescence and also in the type of its locomotion, known as adhesive locomotion. The paradox – to adhere firmly and to move in the same time, is not resolved without doubts until now although some points of the problem were already enlightened. The adhesive locomotion is related to a series of short waves of muscular contraction running along adhering snail foot which are visible as dark bands if the snail moves on a sheet of glass and is observed through it. Mucus, secreted from pedal glands and some pedal epithelial cells, forms thin layer which augments the adherence, so it acts as a glue, but under moving surfaces of snail foot acts as a lubricant.

In this study the problem of participation of pedal epithelium in snail locomotion was addressed by means of recording the movements of snail on a glass sheet with simultaneous analysis of the correlation between the velocities of snail and the foot contraction waves and also of volume changes of small air bubbles under the moving foot waves from what it can be inferred about changes of pressure and volume of mucous layer under the foot of moving snail.

It was shown that the stationary, adhering parts of foot surface of moving snail are about 70% of total and the several moving ones are only about 30% of total. The moving region of foot (the contraction wave) is relatively short (about 3%) as compared to the length of snail and spans the breadth of its foot with the exception of the small rim.

The epithelium in the region of contraction wave is arched above the substratum (about 2 – 3 mm) and is wrinkled in relation to the stationary epithelium. This surface is at least about 30% greater than the image of the region through glass sheet.

From the thorough analysis of epithelial movement in the region of contraction wave it is evident that the muscles acting on the epithelium in the region of contraction wave shift it up and down acting in vertical direction in relation to the substratum. In the moment, when the initial part of contraction wave comes to the specific point of foot epithelium it is shifted up, later on it “floats” in contracting wave above the substratum and in the end region of contraction wave is shifted down on the substratum. Summarizing: In the snail adhesive locomotion the vector of horizontal movement of foot epithelium is realized as temporally separated phases of up, forward and down movements.

The following two problems have been taken into account in the preliminary model of snail adhesive locomotion.

The proportion between stationary and moving parts of pedal surface as related to the mass of snail. This relation is probable limiting factor for animal size in all organisms exerting adhesive locomotion.

The relations between the snail velocity and the contraction waves frequency or the contraction waves length determine the snail speed in its all behavioral reactions.

The model was tested by means of comparison with experimental data and the results were critically discussed.

Keywords: kinematics of snail. adhesive locomotion, land snail.

WPŁYW ROZWOJU NOWYCH TECHNOLOGII I NAUK MEDYCZNYCH W PROCESIE EWOLUCYJNYM CZŁOWIEKA - PRZYPADK

K. KLIMOWSKI

*Politechnika Poznańska, Katedra Sterowania i Inżynierii Systemów
krystian.klimowski@doctorate.put.poznan.pl*

"Dzisiaj ludzkość jest świadkiem rewolucji – rewolucji nauki, która radykalnie przeobrazi nasze życie. Wierzę, że dokonujemy historycznego przejścia z epoki odkryć naukowych do epoki panowania nad nauką" [1]. Tytułami rozpoczyna się druga z trzech części serialu dokumentalnego produkcji BBC pod tytułem *Visions Of The Future: The Biotech Revolution*.

W dzisiejszym świecie wraz z rozwojem techniki zmienia się styl życia człowieka. Tworzą się nowe techno-społeczeństwa. Oprócz rozwoju techniki następuje także bardzo szybki rozwój medycyny i biologii. Coraz więcej rozumiemy także na temat funkcjonowania człowieka jako jednostki jak i prawa rządzące w relacjach społecznych. Niniejszy artykuł przedstawia hipotezy mówiące o możliwych scenariuszach rozwoju społeczeństw gdzie rola nauki i jej efekty stanowią główny czynnik zmian cywilizacyjnych nie spotykanych dotąd w historii ziemi. W artykule zostają podjęte problemy zarówno techniczne związane z badaniami na temat sztucznej inteligencji, autonomicznych robotów mogących funkcjonować niezależnie lub jako urządzenia wspomagające funkcjonowanie człowieka, a także aspekty społeczne z tym związane.

Wraz z rozwojem systemów HMI (Human – Machine Interface) od początków lat 90 XX wieku obsługa nawet najbardziej skomplikowanych urządzeń staje się coraz łatwiejsza. Trend rozwoju tego typu systemów skierowany jest na stworzenie aplikacji wykorzystujących naturalne języki człowieka (mowa, ruch) do sterowania maszynami. Rozwój intuicyjnych systemów HMI pozwala człowiekowi na przystawienie się do obecności maszyn na każdym kroku w życiu codziennym. Urządzenia zaczynają wkraczać w życie człowieka już nie tylko jako pomocnik w pracy (roboty przemysłowe), lecz także jako pomocnicy w domu (np. odkurzacz Roomba), w szpitalach (np. robot pielęgniarka Florence), a także jako towarzysze zabaw (np. piesek Aibo). Robot jako osoba rzeczywista przechodzi do świadomości ludzkiej z kultury magicznej do codzienności dzisiejszego świata. Robot Asimo firmy Honda wygląda i porusza się w sposób bardzo zbliżony do ludzkiego, stąd ludzie którzy mieli okazję go obserwować nie widzą w nim tylko maszyny. Gdy o nim myślą wydaje się być także prawdziwą osobą. Człowiek zawsze dąży do tego aby antropomorfizować rzeczy zbliżone do jego wyglądu.

Prowadzone na całym świecie prace nad sztuczną inteligencją (SI) mają na celu jeszcze efektywniejsze wykorzystanie maszyn. Rozwinięte SI maszyny, kiedy będzie mogła ona decydować o wykonaniu odpowiedniej czynności w następstwie na nieplanowaną sytuację, pozwoli uchronić maszynę jak i jej miejsce pracy przed efektami tych sytuacji. Zagadnienie dotyczy wszystkich obiektów którym człowiek stara się nadać autonomiczność – od pojazdów komunikacji miejskiej, przez inteligentne budynki, po roboty humanoidalne [4, 6].

Jednak możliwość opracowania SI na poziomie porównywalnym z inteligencją ludzką często bywa kwestionowana [7]. Jako granice rozwoju robotyki kognitywnej określa się trudność w modelowaniu inteligencji emocjonalnej oraz samoświadomości. Na dziś dzień wydaje się być niemożliwe zamodelowanie *Lebensweltu*, co wydaje się być konieczne aby nadać maszyną możliwość samookreślenia się. Aby tego dokonać należało by odpowiedzieć na 4 podstawowe pytania na które zwracają uwagę filozofie: (1) jak można uzyskać prawomocną wiedzę na temat rzeczywistości? (2) jakie stany rzeczy istnieją obiektywnie? (3) jakie postępowanie jest moralne? (4) jakie są kryteria piękna?[8].

Wszystko co powyżej zostało przedstawione wiąże się z dążeniem człowieka do posiadania umiejętności kopiowania i manipulowania światem zastanym. Naśladowanie zachowania organizmów żywych od samego początku nauki intrygowało ludzi. I tak rozwój techniki i medycyny pozwala w coraz większej skali na zastępowanie uszkodzonych narządów ciała ludzkiego protezami, działającymi nie gorzej od żywej tkanki. Badania związane z modelowaniem bionicznym zyskują coraz więcej na uwadze [9]. "My jako gatunek zaczynając wkładać w swoje ciało urządzenia IT staniemy się bardziej robotami, a w tym samym czasie technologia stanie się bardziej biologiczna. Sądzę że za 50 lat zobaczymy roboty z większością elementów biologicznych oraz ludzi z elementami elektronicznymi" [3].

Pod koniec trzeciej części serialu *Visions Of The Future*, pt. *The Quantum Revolution* zostaje postawione pytanie, które dobrze podsumowuje prezentowany problem: "Posiadamy zdolności, dzięki genetyce, robotyce, informatyce oraz nanotechnologii, aby kontrolować materię, energię oraz życie na najbardziej podstawowym poziomie. Nigdy wcześniej nie doświadczaliśmy niczego podobnego i to implikuje podstawowe pytanie: co to znaczy być człowiekiem, jakie będzie nasze życie, nasza przyszłość oraz nasze dzieci?" [2][5].

Słowa kluczowe: robotyka kognitywna, roboty humanoidalne, bionika, interfejs człowiek - komputer, sztuczna inteligencja.

Bibliografia:

- [1]. BBC Documentaries *Vision Of The Future: The Biotech Revolution*, serial dokumentalny produkcji BBC Four, prowadzenie H. Kaku, New York University, 2007.
- [2]. BBC Documentaries *Vision Of The Future: The Quantum Revolution*, serial dokumentalny produkcji BBC Four, prowadzenie H. Kaku, New York University, 2007.
- [3]. R. Brooks, *Flesh and Machines*, Pantheon Books, New York, NY, 2002.
- [4]. *From Internet to Robotics – A Roadmap for US Robotics*, Opracowanie konsorcjum amerykańskich uczelni na zlecenie Computing Community Consortium/Computing Research Association, Maj 2009.
- [5]. J. Garreau, *Radical Evolution: The Promise and Peril of Enhancing Our Minds, Our Bodies – and What It Means to Be Human*, Doubleday & Company 2005.
- [6]. *Key Area 1 on "Research Coordination" – EURON Research Roadmaps*, Opracowane przez European Robotics Research Network EURON, Kwiecień 2004.
- [7]. Ł. Kujawa, *Androidy u bram – wywiad z profesorem R. Tadeusiewiczem*, Interia.pl, 2008.
- [8]. A. Pałubicka, *Pojęcie doświadczenia a problem obiektywnego istnienia w nowożytnej filozofii*, Doświadczenie, redakcja T. Buksiński, Instytut Filozofii UAM, Poznań, 2001.
- [9]. E. Tkacz, *Bionika*, Wydawnictwo Naukowo-Techniczne, Warszawa, 2006

INFLUENCE OF DEVELOPMENT OF NEW TECHNOLOGIES AND MEDICAL SCIENCES PROGRESS IN THE EVOLUTIONARY PROCESS OF THE HUMAN - CONTRIBUTION

K. KLIMOWSKI

*Poznan University of Technology, Chair of Control and System Engineering
krystian.klimowski@doctorate.put.poznan.pl*

"Today humankind is witnessing a revolution, a revolution in science that will radically transform all our lives. I believe that we are making the historic transition from the age of scientific discovery to the age of scientific mastery" [1]. With these words is started second of three parts of documentary series of the BBC production under the title *Visions Of The Future: The Biotech Revolution*.

In today's world with progression of the technique a lifestyle of the human is being changed. There are formed new technologies. Apart from the development of the technique a significant growth of medicine and biology is also taking place. More and more we understand also about functioning of the human as an individual's as well as laws ruling in social relations. This paper is advancing hypotheses telling about available scenarios of the development of societies where the role of science and its effects constitute the main factor of civilization changes that have not been seen until now in history of earth. This paper deals with problem related to artificial intelligence, autonomous robots being able to function independently or as boosters functioning of the man, as well as public aspects associated with them.

With the growth of HMI systems (Human – Machine Interface) from beginnings of 90's of the 20th century operation of most complicated devices is becoming more and more simple. Trend growth in systems of this type is directed for creating applications using the natural human languages (speech, move) for controlling machines. Development of intuitive HMI systems allows human for getting used to the presence of machines all along the way in everyday life. Devices are starting entering into human everyday life already not only as a helper in the work (industrial work), but also as a helpers at home (e.g. Roomba vacuum cleaner), at hospitals (e.g. robot nurse Florence), as well as playmates (e.g. Aibo doggy). Robot as real person is proceeding into human awareness from the magic culture to everyday life of today's world. Hondas' Asimo looks and moves in very similar way for human being, hence people which had the chance to observe it they can't see only a machine in it. It seems to be also a real person. Human always aspires in order to anthropomorphization things similar to his appearance.

Conducted worldwide works on the artificial intelligence (AI) have to develop even more effective machines exploitation. Highly developed AI of the machine, when is able to decide about performing proper activity as a result of to the unscheduled situation, will let protect the machine as well as her workspace from effects of these situations. Issue concerns all objects which human is trying to assign full autonomy – from public transport vehicles, through intelligent buildings as well as humanoid robots [4, 6].

However the possibility of AI growth up to comparable level with human intelligence is often questioned [7]. As borders of growth of cognitive robotics are determined a problem in emotional intelligence and self-awareness modeling. Today seems to be impossible to get model of *Lebenswelt*, what seems to be necessary to give machines possibility of self-determining. In order to make it possible answer for 4 basic questions which philosophy is paying attention must be done: (1) how is it possible to acquire the valid wisdom about reality? (2) what states of affairs exist objectively? (3) what behavior is moral? (4) what criteria of the beauty are? [8].

Everything what above was described is connected with the aspiration of human to possessing a skill of copying and manipulating founded world. Imitating life forms from very beginning of science intrigued people. Development of techniques in science and medicine allows widely replacing human body organs after injured with prostheses, working not worse than the living tissue. Researches results in bionics are getting more and more attention [9]. "We, as a species, are starting to put our information-processing technology inside our bodies. And our technologies are becoming more biological. In next 50 years we'll see robots with more biological components and people with more electronic components"[3].

In the end of 3th part of *Visions Of The Future* named *The Quantum Revolution*, a posed question which is good resume of described problem staying: "We have the means, through genetics, robotics, information and nanotechnology, to control matter, energy and life itself at the most basic levels. We've never seen anything like this before, and this is raising profound questions about what it means to be human and what our lives, our futures and our children will be like?"[2][5].

Keywords: cognitive robotics, humanoid robots, bionics, Human - Machine Interface, Artificial Intelligence.

References

- [1]. BBC Documentaries *Vision Of The Future: The Biotech Revolution*, documentary series of the BBC Four production, presented by H. Kaku, New York University, 2007.
- [2]. BBC Documentaries *Vision Of The Future: The Quantum Revolution*, documentary series of the BBC Four production, presented by H. Kaku, New York University, 2007.
- [3]. R. Brooks, *Flesh and Machines*, Pantheon Books, New York, NY, 2002.
- [4]. *From Internet to Robotics – A Roadmap for US Robotics*, Study of an American colleges consortium to order of the Computing Community Consortium/Computing Research Association, May 2009.
- [5]. J. Garreau, *Radical Evolution: The Promise and Peril of Enhancing Our Minds, Our Bodies – and What It Means to Be Human*, Doubleday & Company 2005.
- [6]. *Key Area 1 on "Research Coordination" – EURON Research Roadmaps*, Study of an European Robotics Research Network EURON, April 2004.
- [7]. Ł. Kujawa, *Androids at gates – interview with professor R. Tadeusiewicz*, Interia.pl, 2008 (in Polish).
- [8]. A. Pałubicka, *Comprehending experience but the problem of objective existing in modern philosophy*, Experience, edited by T. Buksiński, Institute of Philosophy, University of Adam Mickiewicz, Poznan, 2001 (in Polish).
- [9]. E. Tkacz, *Bionics*, Science and Technology Publishing House, Warsaw, 2006 (in Polish).

PRAWDA I FAŁSZ O NIELINIOWEJ ANALIZIE BIOSYGNAŁÓW

W. KLONOWSKI

*Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcza Polskiej Akademii Nauk
Ks. Trojdena 4. 02-109 Warszawa; wklon@ibib.waw.pl*

Nie-liniowe metody analizy szeregów czasowych zaczerpnięte z teorii deterministycznego chaosu, geometrii fraktalnej, i dynamiki symbolicznej lepiej nadają się do analizy biosygnatów takich jak EEG niż metody liniowe, ponieważ nie-liniowość i nie-stacjonarność stanowią nieodłączne cechy sygnałów generowanych przez żywe organizmy. Liniowe metody analizy prowadzić do całkiem mylnych wyników [1].

Nawet Parlament Europejski zwrócił uwagę na ważną rolę metod dynamiki nieliniowej w zastosowaniu do analizy biosygnatów. Raport STOA n.t. fizjologicznych i ekologicznych efektów nie-jonizującego promieniowania elektromagnetycznego [2] stwierdza: „Na skutek bardzo nie-liniowej, nie-równowagowej natury organizmów żywych *należy spodziewać się trudności* przy próbach niezależnego potwierdzenia pewnych nie-termicznych efektów zależnych od częstotliwości, gdyż nawet najmniejsza różnica stanów fizjologicznych badanego organizmu i/lub warunków doświadczenia na skutek deterministycznego chaosu może mieć ogromny wpływ na wyniki (s. 20) (...) Przyszłe badania naukowe sponsorowane przez Komisję Europejską powinny uwzględniać następujące rekomendacje: (...) Należy przeprowadzić systematyczne badania nad wpływem zmiennych pól elektromagnetycznych (generowanych przez używane powszechnie telefony komórkowe) na EEG, a o ile tylko możliwe także na MEG, i *należy stwierdzić czy obserwowane ewentualnie zmiany w widmie [tych biosygnatów] są skorelowane ze zmianami poziomu deterministycznego chaosu [w mózgu]* (ss. 23-24)” [tłumaczenie WK, moja kursywa i dodane słowa w nawiasach kwadratowych].

W literaturze naukowej można znaleźć artykuły stwierdzające, że nie-liniowe metody analizy wymagają długich stacjonarnych danych i że metody nie-liniowe są bardzo wrażliwe na szumy, podczas gdy metody liniowe są na szumy znacznie odporniejsze i mogą być stosowane także do sygnałów nie-liniowych; ponadto, „w przypadku EEG nieliniowy charakter sygnału jest raczej wyjątkiem” [3]. Prawda jest akurat przeciwna [1-2] – nie-liniowe metody mogą być stosowane do sygnałów liniowych, a nie odwrotnie, zaś w przypadku biosygnatów takich jak EEG właśnie liniowość jest wyjątkiem - jedynie dla krótkich odcinków czasowych można przyjąć założenie, że sygnał jest liniowy. Istnieją metody nie-liniowe, np. metoda wymiaru fraktalnego Higuchi’ego w domenie czasowej, nie wymagające długich odcinków danych. Wymiar fraktalny Higuchi’ego może być policzony dla okienka zawierającego zaledwie 100 punktów, przy czym wskaźnik ten nie jest bynajmniej bardzo wrażliwy na szumy.

Nowe nie-liniowe metody analizy biosygnatów są coraz bardziej potrzebne w nowoczesnej aparaturze biomedycznej; inaczej żyjąc w XXI wieku będziemy wciąż ‘zanurzeni’ w XIX-wiecznej „liniowej nauce” Fouriera i Markova.

Zademonstrujemy przykłady zastosowań nie-liniowych metod analizy w biomedycynie.

- [1]. Klonowski W. (2009): Everything you wanted to ask about EEG but were afraid to get the right answer *Nonlinear Biomedical Physics* 3:2
<http://www.nonlinearbiomedphys.com/content/pdf/1753-4631-3-2.pdf>
- [2]. European Parliament, Directorate General for Research, Division Industry, Research and Energy, Scientific and Technological Options Assessment (STOA) (2001): The Physiological and Environmental Effects of Nonionising Electromagnetic Radiation, Final Study. Working document for the STOA Panel PE 297.574/F in .St.Luxembourg
http://www.europarl.europa.eu/stoa/publications/studies/20000703_en.pdf
- [3]. Blinowska K.J. (2010) Methods for Determination of Functional Connectivity in Brain, in: *Advances in Biomagnetism –BIOMAG2010*, S.Supek and A.Susac, Eds., IFMBE Proceedings 28, pp. 195-198.

Słowa kluczowe: biosygnaty, EEG, chaos deterministyczny, geometria fraktalna, dynamika symboliczna, nie-liniowość, nie-stacjonarność, nie-równowaga, metody spektralne, szum, wymiar fraktalny Higuchiego

THE TRUTH AND FALSITIES ABOUT NONLINEAR ANALYSIS OF BIOSIGNALS

W. KLONOWSKI

*Nalecz Institute of Biocybernetics and Biomedical Engineering, Polish Academy of Sciences
4 Trojdena St. 02-109 Warsaw, Poland; wklon@ibib.waw.pl*

We demonstrate that non-linear methods of time series analysis taken from Chaos Theory, Fractal Geometry, and Symbolic Dynamics are more appropriate for analysis of biosignals like EEG than linear methods because of intrinsic non-linearity and non-stationarity of signals generated by a living organism. Linear methods of analysis may lead to very misleading results [1].

Even European Parliament emphasized the importance of Nonlinear Dynamics methods in biosignals investigations. STOA report on physiological and environmental effects of non-ionising electromagnetic radiation [2] states: "Difficulties sometimes experienced in attempts to independently replicate certain frequency-specific non-thermal effects *are actually to be expected*, in consequence of the highly non-linear, non-equilibrium nature of living systems, whereby even the slightest differences in the physiological state of the biosystems used and in conditions obtaining in a particular experiment can, in consequence of deterministic chaos, assume singular importance (p.20) (...) Future research sponsored by the EC, should incorporate the following recommendations: (...) That systematic investigation be made of the influence of different kinds of pulsing [EMF] (of real phones) on the human EEG, and ideally on the MEG, and of *whether any observed changes in power spectra are correlated with changes in the level of deterministic chaos* (pp. 23-24)" [my italics - WK].

On the other hand one can find papers stating that nonlinear methods require long stationary data and are very sensitive to noise while linear methods are robust to noise and perform well even for non-linear signals; moreover "in case of EEG signals non-linear character is rather an exception" (cf. [3]). The truth is exactly opposite ([1], [2]) – in biosignals like EEG linearity is rather an exception; only short epochs may be considered as linear. Nonlinear methods may be applied also to linear signals, not oppositely. There exist nonlinear methods (e.g. Higuchi's fractal dimension in time domain) that do not require long epochs, may be used in a window as short as 100 data points for analysis of any signal while being quite robust to noise.

We do need new nonlinear methods of biosignal analysis; otherwise while living in XXI century, we will still be plunged in XIX century 'linear science' of Fourier and Markov. I will demonstrate several examples of applications of nonlinear analysis in biomedicine.

- [1]. Klonowski W. (2009): Everything you wanted to ask about EEG but were afraid to get the right answer *Nonlinear Biomedical Physics* 3:2
<http://www.nonlinearbiomedphys.com/content/pdf/1753-4631-3-2.pdf>
- [2]. European Parliament, Directorate General for Research, Division Industry, Research and Energy, Scientific and Technological Options Assessment (STOA) (2001): The Physiological and Environmental Effects of Nonionising Electromagnetic Radiation, Final Study. Working document for the STOA Panel PE 297.574/F in .St.Luxembourg
http://www.europarl.europa.eu/stoa/publications/studies/20000703_en.pdf
- [3]. Blinowska K.J. (2010) Methods for Determination of Functional Connectivity in Brain, in: *Advances in Biomagnetism –BIOMAG2010*, S.Supek and A.Susac, Eds., IFMBE Proceedings 28, pp. 195-198.

Keywords: biosignal, EEG, Chaos Theory, Fractal Geometry, Symbolic Dynamics, non-linear, non-stationary, non-equilibrium, spectral methods, noise sensitivity, Higuchi's fractal dimension.

KOMPUTEROWA OCENA WPŁYWU PODAŻY SUPLEMENTÓW DIETY NA ILOŚĆ DOSTARCZANYCH DO ORGANIZMU WITAMIN I ZWIĄZKÓW MINERALNYCH

E. KOLARZYK, J. KWIATKOWSKI, B. WÓJTOWICZ

Zakład Higieny i Ekologii, Uniwersytet Jagielloński, Collegium Medicum, Kraków

Wśród elementów zdrowego stylu życia, w powszechnej świadomości znalazła się dbałość o prawidłowy sposób odżywiania. Niejednokrotnie wiąże się to z nadmierną podażą nie tylko węglowodanów, tłuszczów, czy białek, ale także witamin i składników mineralnych. Witaminy i minerały dostarczane są do organizmu jako składniki naturalnych produktów spożywczych oraz w postaci suplementów diety i leków.

Celem pracy było wykazanie faktu przekraczania limitów RDA (poziom zalecanego spożycia) i UL (najwyższy poziom, przy którym nie ma negatywnych skutków dla zdrowia) dla witaminy A i E oraz związków mineralnych (żelazo i jod) poprzez nadmierną suplementację diety.

Jako system modelowy wybrano dobrze zbilansowany jadłospis 50-letniej kobiety i 50-letniego mężczyzny. Zmiany ilościowe po spożyciu suplementów oceniano przy użyciu własnego programu komputerowego do analizy 24-godz. wywiadu żywieniowego, bazującego na tabelach wartości odżywczej (Kunachowicz H. i wsp. IŻŻ – Warszawa, 2005).

Kobieta oprócz pełnowartościowego śniadania, obiadu i kolacji zażyła po jednej tabletkę preparatów Maxiwit oraz Ha-Pantoten optimum. Spowodowało to znaczne przekroczenie wartości RDA dla wit. E, żelaza i jodu oraz górnego limitu (UL) w przypadku witaminy A (3177 µg). Mężczyzna oprócz trzech zasadniczych posiłków (śniadanie, obiad, kolacja) zażył po jednej tabletkę suplementów diety: Centrum i Ha-Pantoten optimum. Skutkowało to, podobnie jak u kobiety, znacznym przekroczeniem RDA oraz UL dla witaminy A (2578 µg). Przewlekła podaż witaminy A może prowadzić do drażliwości, bólu głowy i wypadania włosów oraz kostno-stawowych dolegliwości bólowych.

Efekty zastosowania opracowanego programu komputerowego zostały pokazane na osobach w określonym wieku i dotyczyły wpływu podaży suplementów w przypadku dwóch witamin i dwóch związków mineralnych. Program jest uniwersalny i może mieć zastosowanie w ocenie podaży witamin i minerałów w diecie kobiet i mężczyzn w różnym wieku. Możliwe jest wprowadzenie składu każdego preparatu traktowanego jako suplement diety oraz określenie ich wpływu na wielkość podaży witamin i związków mineralnych. Program będzie wykorzystany w dydaktyce oraz przewidziany jest dla ogółu konsumentów w celu rzetelnej oceny, czy zażywanie „modnych” obecnie suplementów jest konieczne dla pokrycia rzeczywistego zapotrzebowania organizmu na konkretne witaminy i mikroelementy.

Słowa kluczowe: komputerowe wspomaganie symulacji efektów suplementacji, tabele wartości odżywczej, witaminy, związki mineralne.

COMPUTER'S EVALUATION OF IMPACT OF DIET'S SUPPLEMENTS INTAKE ON AMOUNT OF VITAMINS AND MINERALS PROVIDED TO HUMAN ORGANISM

E. KOLARZYK, J. KWIATKOWSKI, B. WÓJTOWICZ

Department of Hygiene and Ecology, Jagiellonian University, Medical College, Krakow

Among healthy life style elements, the care of proper diet is valid in human consciousness. It is often connected with excessive supply not only of carbohydrates, lipids and proteins but also of vitamins and minerals. Vitamins and minerals are supplied to organism as a part of nutrients, diet's supplements and drugs.

The aim of this study was pointing out the fact of exceeding RDA and UL for vitamins A and E and minerals (iron and iodine) during supplementation of the diet. Well balanced diets of 50 –year old woman and 50-year old man were used as a presentation model. The quantitative changes of vitamins and minerals after intake of supplements were evaluated with using own computer program for assessment of 24-hours recalls, based on Food Composition Tables (Kunachowicz H. et al. IŻŻ – Warszawa, 2005). Woman consumed breakfast, lunch and supper of full value and additionally one tablet of Maxiwit and one tablet of Ha-Pantoten optimum. It led to exceeding of RDA for vit. E, iron and iodine and UL for vit. A (3177µg). The man also consumed three meals (breakfast, lunch and supper) and supplements such as Centrum i Ha-Pantoten optimum. The similar effect was observed as in the case of woman. Chronic intake of vit. A may lead to irritability, headache and bone-joint ailments.

The results of own computer program were shown in case of persons at the same age and assessed impact of only chosen supplements including two vitamins and two minerals. The program is universal and may be used in case of all vitamins and minerals and is valid for all women and men, regardless of their age. It is possible to provide the supplements' content and the assessment of their impact on amount of vitamins and minerals provided to human organism. The program will be applied in didactics and may be used by all consumers in order to assess if taking of "trendy" supplements is really necessary.

Keywords: computer's adjustment support of proper supplementation, food composition tables, vitamins, minerals.

SYMULACYJNA WERYFIKACJA ZALET ZASTOSOWANIA PODEJŚCIA BAYESOWSKIEGO W MODELOWANIU HEMODIALIZY Z UŻYCIEM MODELU JEDNOKOMPARTMENTOWEGO

PRZEMYSŁAW KOROHODA

Katedra Elektroniki, AGH, Kraków, Polska

W typowym zastosowaniu modelowania hemodializy, po wstępnej identyfikacji parametrów opisujących model systemu pacjent-maszyna dializująca, możliwe jest wykorzystanie modelu do przewidywania efektów kolejnych zabiegów. W praktyce klinicznej, dzięki swej relatywnej prostocie, najbardziej powszechnie stosowany jest model jednokompartimentowy. Od ponad dwóch dekad badana jest możliwość wprowadzenia do praktyki klinicznej modelu bardziej adekwatnego jednak, jak się okazuje, zbyt skomplikowanego z punktu widzenia oczekiwań i możliwości stacji dializ. Jedną z najważniejszych z przeszkód jest zmienność parametrów otrzymywana z modelowania bazującego na niedużej liczbie wartości pomiarowych. Wyznaczone wartości dość często wykraczają poza oczekiwane zakresy, dając fałszywe wskazania lub powodując odrzucenie wyników modelowania. Dlatego też podejście bayesowskie, wykorzystujące dodatkową wiedzę wstępną na temat populacji - pacjentów, zabiegów itd. - wydaje się być bardzo obiecujące i skupia na sobie ostatnio rosnące zainteresowanie. Motywacją do opisanych poniżej badań stały się publikacje opisujące wyniki uzyskane przy zastosowaniu takiego podejścia w modelowaniu hemodializy: [1] Pfister M., Uehlinger D.E., Hung A.M., Schaedeli F., Sheiner L.B.: A new Bayesian method to forecast and fine tune individual hemodialysis dose, *Hemodialysis International*, 2004, 8: 244-256 and [2] Marsenic O., Zhang L., Zuppa A., Barrett J. S., Pfister M.: Application of Individualized Bayesian Urea Kinetic Modeling to Pediatric Hemodialysis, *ASAIO Journal* ahead-of-print, 17 February 2010, doi: 10.1097/MAT.0b013e3181cf07d2. Opisane w powyższych publikacjach wyniki otrzymano z użyciem gotowego oprogramowania jednak nie przedstawiono żadnych wyników umożliwiających porównanie z zastosowaniem tradycyjnych metod optymalizacyjnych. Podstawowym źródłem uzasadniającym przewagę podejścia bayesowskiego była publikacja: [3] Sheiner L.B., Beal S.L.: Bayesian Individualization of Pharmacokinetics: Simple Implementation and Comparison with Non-Bayesian Methods, *Journal of Pharmaceutical Sciences*, 1982, 71(12): 1344-1348. Raport zwarty w [3] był oparty na prostych modelach, a Autorzy - nie dysponując w początku lat 80. tak efektywnym narzędziem jak MATLAB - zmuszeni byli ograniczyć symulacje do próbki liczącej $N=100$ symulacji. Liczba ta okazała się jednak zbyt mała i zaprezentowane wyniki są obciążone znacznym błędem, wynikającym z małej liczności próbki. Dlatego też stwierdzono, iż brakuje w tym zastosowaniu przekonującego przykładu, wykazującego przydatność podejścia bayesowskiego i określającego przewagę tego podejścia nad inną metodą. Stanowiło to motywację do zaplanowania opisanego poniżej eksperymentu. Wybrano model jedno-kompartimentowy z następującymi parametrami: a) klirens: K , b) objętość dystrybucji: V , c) tempo generacji: G , d) czas dializy: $td=4$ godz. (ustalony) oraz e) tempo ultrafiltracji: $Q=0,05 \times V/td$. Przyjęto, iż stężenie substancji markerowej (moczniaka), $C=C(t)$, powinno być mierzone co 60 minut, poczynając od $t=0$. Przyjęto normalne (gaussowskie) rozkłady parametrów, przy czym w przypadku wylosowania wartości nierealistycznej, losowanie powtarzano. Po wyznaczeniu przebiegów dla wylosowanych konfiguracji parametrów, wartości reprezentujące pomiar stężenia były zniekształcane przez dodanie szumu gaussowskiego. Przyjęto $C(0)=2000\text{mg/L}$; parametry rozkładu szumu były: $mC=0$ (m =średnia), $sC=50\text{mg/L}$ (s =odchyl.stand.). Następnie porównano cztery warianty rekonstrukcji parametrów modelu, nieznanych z góry w rzeczywistym modelowaniu: K, G and V . Metoda (1) polegała na klasycznej minimalizacji sumy kwadratów odchyleń stężeń w punktach pomiarowych. Metoda (2) bazowała na metodzie Bayesa - poprzez minimalizację odpowiednio ważonej sumy kwadratów odchyleń, uwzględniając parametry opisujące znane a-priori rozkłady K, G oraz V : $mK=180\text{mL/min}$, $sK=20\text{mL/min}$; $mG=10\text{mg/min}$, $sG=3\text{mg/min}$; $mV=40\text{L}$, $sV=10\text{L}$. Metoda (3) - jak (2), ale z celowo błędnymi wartościami: $mK=120\text{mL/min}$; $mV=60\text{L}$. Metoda (4) - jak (2), ale dla $sK=60\text{mL/min}$; $sV=30\text{L}$. Dla $N=10000$ symulacji, odtworzone modele były porównywane za pomocą: I) pierwiastka błędu średniokwadratowego stężeń w punktach pomiarowych w odniesieniu do wartości pomiarowych zakładanych, II) analogicznie, ale w odniesieniu do dokładnych wartości stężeń, III) błędu względnego K, G oraz V . W celu umożliwienia odpowiedniego porównania w poniższej tabeli zawarto wartości średnie i odchylenia standardowe wymienionych miar błędów.

typ błędu	I [mg/L]	II [mg/L]	III, K [%]	III, G [%]	III, V [%]
metoda (1)	38,6(±17,4)	24,9(±14,0)	-17,3(±32,9)	27,05(±87,4)	-19,2(±36,2)
metoda (2)	41,0(±17,1)	24,4(±14,1)	-0,3(±10,2)	8,9(±35,4)	-0,03(±11,9)
metoda (3)	41,8(±16,7)	25,7(±14,8)	-18,8(±8,9)	4,0(±33,8)	-19,2(±10,7)
metoda (4)	40,8(±17,1)	24,6(±14,2)	5,7(±29,9)	8,8(±35,5)	6,2(±31,7)

Otrzymane wyniki mogą być wykorzystane do rozmaitych szczegółowych porównań, ale z pewnością przekonująco wykazały, iż metodyka bayesowska wprowadza istotną poprawę w dokładności rozwiązywania opisywanego zadania, jednak pod warunkiem, że znane są poprawne wartości parametrów wykorzystywanych rozkładów. Niestety w praktyce założenie to nie zawsze może być spełnione.

Słowa kluczowe: modelowanie bayesowskie, hemodializa, badania porównawcze

SIMULATION BASED VERIFICATION OF THE BAYESIAN APPROACH ADVANTAGES IN THE SINGLE-COMPARTMENT HEMODIALYSIS MODELLING

PRZEMYSŁAW KOROHODA

Chair of Elelctronic, AGH, University of Science and Technology, Cracow, Poland

The simulation based modelling of the hemodialysis is typically applied so that after identification of the crucial patient-dialysis machine system parameters the prediction of the next treatments efficiency is possible. Because of its relative simplicity the most commonly used model in the clinical practice is still the single-compartment model. The possibility of introduction into the practice of the more adequate but too complicated for the dialysis units two-compartment model has been investigated already for more than two decades. One of the most important obstacle in utilizing it is the variability of the model parameters deduced from limited number of the measurement data. The resulting values quite often turn out to be outside the realistic ranges and thus useless or misleading. Therefore, the Bayesian approach exploiting the a priori knowledge of the population – of patients, treatments etc. – seems to be very promising and has been attracting more attention recently. The reason for the research presented in this presentation has been provided by the papers describing the results obtained with use of such approach in the hemodialysis modelling: [1] Pfister M., Uehlinger D.E., Hung A.M., Schaedeli F., Sheiner L.B.: A new Bayesian method to forecast and fine tune individual hemodialysis dose, *Hemodialysis International*, 2004, 8: 244-256 and [2] Marsenic O., Zhang L., Zuppa A., Barrett J. S., Pfister M.: Application of Individualized Bayesian Urea Kinetic Modeling to Pediatric Hemodialysis, *ASAIO Journal* ahead-of-print, 17 February 2010, doi: 10.1097/MAT.0b013e3181cf07d2. The results described in the mentioned above apers were obtained with use with some external software and no direct comparison with the traditional optimization solution has been provided. The basic reference indicating advantages of the Bayesian solution was: [3] Sheiner L.B., Beal S.L.: Bayesian Individualization of Pharmacokinetics: Simple Implementation and Comparison with Non-Bayesian Methods, *Journal of Pharmaceutical Sciences*, 1982, 71(12): 1344-1348. The report described in [3] was based on rather simple models and the authors, not having in 1982 such a powerful tool like Matlab, limited their simulations to merely one sample of $N=100$ simulations, which proved inadequately small and introduced noticeable bias to the obtained results. Therefore, a lack of relevant convincing comparisons in such application, indicating the suitability of the Bayesian approach and defining its advantages over any other method seemed to emerge and motivated the experiment described below. The single-compartment hemodialysis model has been selected with the following parameters: a) clearance: K , b) distribution volume: V , c) generation rate: G , d) treatment time: $t_d=4$ hours (fixed), and e) ultrafiltration rate: $Q=0.05 \times V/t_d$. The marker (urea) concentration, $C=C(t)$, has been assumed to be measured at 60 minutes intervals, beginning at $t=0$. The parameters had the assumed normal (Gaussian) distributions, however, when the generated values happened to fall outside the realistic ranges the simulation was excluded from the sample. After simulating the treatments with the generated parameters, the concentration values were distorted by the Gaussian noise to simulate the real measurement conditions. For $C(0)=2000\text{mg/L}$, the noise parameters were: $mC=0$ (m =mean), $sC=50\text{mg/L}$ (s =standard dev.). Then, the four-way computations were performed in parallel to reconstruct the modelling parameters - unknown in the real life: K , G and V . The first method (1) was: the classic minimization of the sum of squares of the C values errors at the measurement points, with some limits imposed to eliminate unreasonable results. The second (2): the Bayesian computations via minimization of the relevantly weighted sum of squares, including the parameters describing the a priori known distributions of K , G and V : $mK=180\text{mL/min}$, $sK=20\text{mL/min}$; $mG=10\text{mg/min}$, $sG=3\text{mg/min}$; $mV=40\text{L}$, $sV=10\text{L}$. The third (3): the same as (2), but with wrongly valued selected distribution parameters: $mK=120\text{mL/min}$; $mV=60\text{L}$. Fourth (4): the same as (2) but with: $sK=60\text{mL/min}$; $sV=30\text{L}$. The results after $N=10000$ simulations were compared with use of three error measures: I) RMSE for C at the measurement points referred to the noisy C values, II) RMSE for C at the measurement points, referred to the original C values, III) expressed in % the relative error of K , G or V , respectively, referred to the original values. The table contains the mean($\pm$ stand.dev.) values of the above measures provided to enable comparison between the discussed computing options.

error type	I [mg/L]	II [mg/L]	III, K [%]	III, G [%]	III, V [%]
method (1)	38.6($\pm$ 17.4)	24.9($\pm$ 14.0)	-17.3($\pm$ 32.9)	27.05($\pm$ 87.4)	-19.2($\pm$ 36.2)
method (2)	41.0($\pm$ 17.1)	24.4($\pm$ 14.1)	-0.3($\pm$ 10.2)	8.9($\pm$ 35.4)	-0.03($\pm$ 11.9)
method (3)	41.8($\pm$ 16.7)	25.7($\pm$ 14.8)	-18.8($\pm$ 8.9)	4.0($\pm$ 33.8)	-19.2($\pm$ 10.7)
method (4)	40.8($\pm$ 17.1)	24.6($\pm$ 14.2)	5.7($\pm$ 29.9)	8.8($\pm$ 35.5)	6.2($\pm$ 31.7)

The obtained results may be exploited in several manners for detailed comparisons but, basically, they convincingly indicate that noticeable improvement of the individual parameters accuracy may be obtained with use of the Bayesian approach in the discussed modeling task, provided the proper distribution parameters are known, which is not the assumption that might always be true.

Keywords: Bayesian modelling, hemodialysis, comparative study

GENERATORY SYGNAŁU TESTOWEGO DLA ELEKTROENCEFALOGRAFU MINDSET MS-1000 Z SYSTEMEM AKWIZYCJI DANYCH W LINUX OS

SŁAWOMIR KOTYRA, GRZEGORZ M. WÓJCIK

*Instytut Informatyki, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej
Pl. Marii Curie-Skłodowskiej 1, 20-031 Lublin; gmwojcik@gmail.com*

W Zakładzie Układów Złożonych i Neurodynamiki Instytutu Informatyki Uniwersytetu Marii Curie Skłodowskiej tworzone jest oprogramowanie pozyskujące i przetwarzające dane z urządzenia EEG Mindset MS-1000 produkcji Nolan Computer Systems.

Urządzenie EEG Mindset MS-1000 składa się z 16 kanałowego toru analogowego wzmacniającego sygnały pobrane z elektrod czepka, 16 bitowego konwertera analogowo-cyfrowego i toru transmisji pozyskanych danych do współpracującego komputera w trybie czasu rzeczywistego.

Wymiana poleceń i danych pomiędzy urządzeniem i komputerem odbywa się poprzez interfejs SCSI. Odpowiednio dobrany zestaw poleceń urządzenia umożliwia między innymi ustawienie częstości próbkowania urządzenia, uruchomienie i zatrzymanie procesu próbkowania.

Opracowywany jest kompletny system który zapewni wszechstronną analizę i obrazowanie sygnałów EEG pod kontrolą systemu operacyjnego Linux.

Założeniem projektowym była modułowa budowa systemu, w którym poszczególne moduły są w niewielkim stopniu zależne od siebie, z możliwością swobodnego wyboru aktywnych modułów i kolejności ich uporządkowania. Jako mechanizm komunikacji międzyprocesowej zastosowano łączenie modułów w potok.

Opcjonalnym wyposażeniem urządzenia EEG Mindset MS-1000 jest tzw kalibrator, który jest generatorem sygnału sinusoidalnego o dobrych parametrach. Odchyłka częstotliwości nie przekracza 1%, amplitudy 2% a zawartość harmonicznych nie jest większa od 1%. Zasadniczym przeznaczeniem kalibratora jest wyznaczenie współczynników skalujących umożliwiających skorygowanie błędów urządzenia spowodowanych na przykład tolerancją wykorzystanych elementów elektronicznych.

W pierwszej fazie stworzono program „daemon”, odpowiadający za sterowanie urządzeniem EEG Minset MS-1000 i pozyskujący z niego dane pomiarowe oraz program „oscyloskop” obrazujący je w postaci przebiegów. Na tym etapie do testów wykorzystano kalibrator pełniący funkcję generatora sygnałowego.

Do rzetelnego przetestowania tego modułu programowego niezbędny jest jednak bardziej zaawansowany generator sygnału testowego.

Na rynku dostępne są generatory przeznaczone do testowania urządzeń EEG zwane sztucznymi pacjentami. Zawierają one z reguły pojedynczy generator funkcyjny, generujący przebieg sinusoidalny, prostokątny albo trójkątny o zmiennej częstotliwości.

Aby mieć możliwość bardziej elastycznego kształtowania sygnału testowego zbudowano urządzenie składające się z dwóch niezależnych generatorów funkcyjnych oraz mieszacza generującego sygnał będący sumą tych sygnałów i modulatora kołowego generującego sygnał będący analogowym iloczynem sygnałów składowych.

W pracy przedstawiono rozwiązanie sposobu komunikacji oraz budowę i zasadę działania sztucznych pacjentów EEG zrealizowanych sprzętowo i programowo.

TEST-SIGNAL GENERATORS FOR MINDSET MS-1000 ELECTROENCEPHALOGRAPH WITH DATA ACQUISITION SYSTEM FOR LINUX OS

SŁAWOMIR KOTYRA, GRZEGORZ M. WÓJCIK

*Institute of Computer Science, Maria Curie-Skłodowska University
Pl. Marii Curie-Skłodowskiej 1, 20-031 Lublin, gmwojcik@gmail.com*

In the Division of Complex Systems and Neurodynamics of Computer Science Institute of Maria Curie-Skłodowska University a software for data acquisition and processing is being developed. The software is designed for the Mindset MS-1000 EEG device, manufactured by Nolan Computer Systems. This device contains a 16-channel analog amplifier, a 16-bit analog-to-digital converter and a gathered data transmission trace.

The device control and data interchange is operated by a SCSI interface. An appropriate SCSI commands set makes it possible to control the sampling rate value (64, 128, 256, 512 or 1024 samples per second) and to begin and finish the process of data sampling.

The goal is to develop (under Linux OS) a complete examination system for the versatile analysis and visualization of EEG signals.

The idea of the project is to build a modular system, where individual modules are as much independent as possible, with a wide choice of active modules and an ordering option. A pipe-line was chosen as an inter-process communication background.

A calibrator is an optional equipment for the EEG Mindset MS-1000 device. It is a sinusoidal, 16 Hz, 50 μ V signal oscillator. Signal parameters of this oscillator are good. The deviations are: frequency below 1%, magnitude below 2% and harmonics factor below 1%. The main purpose of this calibrator is to determine scaling factors for data errors corrections - due to factors such as electronic components tolerance, small errors may occur in the process of data gathering.

At the first stage, a daemon program was developed. The role of the daemon is to control the Mindset MS-1000 EEG device and to receive data from it. An oscilloscope program was also developed to show the gathered data on the screen. At this stage the calibrator was used as a signal oscillator.

For a more reliable testing of this system module, a more advanced signal oscillator is necessary. It is possible to buy signal oscillators for the testing of the EEG equipment (sometimes called *artificial patient*), however they usually contain only one function oscillator that generates a single sinusoidal, rectangular or triangular signal with variable frequency.

In order to have a more versatile possibility of shaping the test signal, an oscillator containing two independent function oscillators was built.

Additionally, signals from the function oscillators can be mixed together and analogously multiplied (amplitude modulation).

The paper presents a hardware and software solution giving methods of communication and the construction of the artificial EEG patients.

ZAŁOŻENIA UPRASZCZAJĄCE A ZAKRES ZASTOSOWAŃ MODELI BŁON LIPIDOWYCH

KRYSTIAN KUBICA

Instytut Inżynierii Biomedycznej i Pomiarowej, Politechnika Wrocławska

Błony biologiczne są elementem podstawowej jednostki materii żywej jaką są komórki. Struktura błon biologicznych wynika z własności amfifilowych cząsteczek lipidowych, które w otoczeniu wody tworzą samorzutnie zorganizowane struktury, w tym dwuwarstwy. Dwuwarstwy lipidowe są fizycznym modelem błon biologicznych, dzięki którym można badać procesy biologiczne związane z fazą lipidową. Do takich procesów zaliczyć można: transport bierny, powstawanie i rozpad domen, przemiany fazowe a także powstawanie porów pod wpływem zewnętrznego pola elektrycznego.

Badanie zjawisk membranowych za pomocą błon lipidowych, stanowiących duże uproszczenie błon biologicznych, połączone z badaniami modeli matematycznych ułatwia zrozumienie molekularnych procesów leżących u podstaw danego zjawiska.

Każdy model oparty jest na zbiorze założeń upraszczających, które określają zakres zastosowań danego modelu. Opierając się na prostym modelu, uwzględniającym tylko strukturę części hydrofobowej cząsteczek lipidowych, można śledzić zmiany zachodzące pod wpływem temperatury pomiędzy fazami różniącymi się gęstością upakowania. Uwzględnienie części polarnej cząsteczek lipidowych, wyrażone poprzez iloczyn ciśnienia powierzchniowego i pola powierzchni przypadającej na jedną cząsteczkę, zwiększa zakres poznawczy modelu. Założenie to jednak nie daje możliwości uwzględnienia wpływu takich czynników jak siła jonowa czy obecność cząsteczek wody. Dalsza rozbudowa modelu, poprzez założenie dipolowej budowy części polarnej cząsteczek lipidowych, zwiększa możliwości badawcze modelu. Tak rozszerzony model pozwala dodatkowo śledzić zmiany własności membran zachodzące pod wpływem amfifilowych związków biologicznie aktywnych a także badać proces elektroporacji.

Słowa kluczowe: modele błon biologicznych, badanie własności błon, założenia modeli.

SIMPLIFYING ASSUMPTIONS AND THE SCOPE OF APPLICATION OF LIPID MEMBRANE MODELS

KRYSTIAN KUBICA

Instytut Inżynierii Biomedycznej i Pomiarowej, Politechnika Wrocławska

Biological membranes are components of cell – the basic unit of life. Their structure originates from an amphiphilic properties of lipid molecules (one of the major biological membranes elements) which when surrounded by water spontaneously form organized structures that include bilayers. Bilayer created purely out of lipid molecules is used as a physical model of biological membranes on which one can study the biological processes associated with their lipid phase. These may include: passive transport, formation and decomposition of domains, phase transitions and the formation of pores under the influence of external electric field. Experiments on lipid bilayer coupled with studies of its mathematical models enable to gain the understanding of the aforementioned biological membranes phenomena at the molecular level. Each mathematical model is characterized by a set of simplifying assumptions which determine its application. Developing an uncomplicated model that only takes into account the structure of the hydrophobic lipid molecules, we were able to observe how various density phases responded to the temperature changes. Expanding the model by including polar parts of lipid molecules expressed via a surface pressure multiplied by a surface area per one molecule increased its research functionality. This assumption, however, did not allow to capture some of the factors such as ionic strength or the presence of water molecules. Additional model development done by setting up a dipole structure of polar part of lipid molecules increased further applications of the model. This extended model allowed additionally tracking changes in membrane under the influence of biologically active amphiphilic compounds as well as examining the process of electroporation.

Keywords: models of biological membranes, studies of membrane properties, the assumptions of models

KERAM: NOWA APLIKACJA DO IDENTYFIKACJI I ANALIZY MUTACJI SPRZĘŻONYCH

JACEK KUŚKA^{1,4}, JACEK LELUK^{2,4}, BOGDAN LESYNG^{3,4}

¹Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski; biochemon@biol.uw.edu.pl,

²Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Zielonogórski

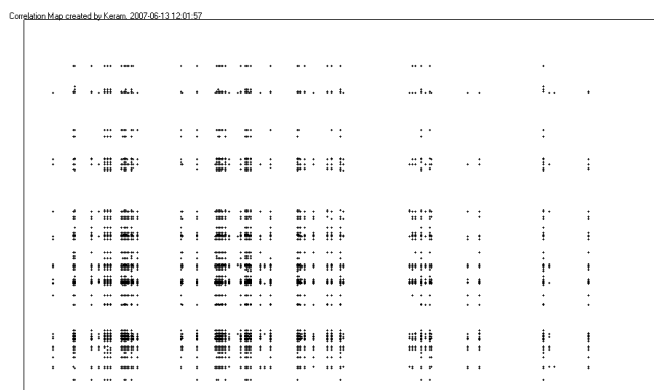
³Wydział Fizyki, Uniwersytet Warszawski

⁴CoE BioExploratorium, Uniwersytet Warszawski

Keram jest samodzielnym programem działającym w środowisku Windows 2000/XP/Vista do identyfikacji i analizy mutacji sprzężonych w białkach. Analiza tego zjawiska dostarcza istotnych informacji o czynnikach stabilizujących strukturę białka i kompleksów białkowych. Zakłada się ogólnie, że sprzężone mutacje pojawiają się równocześnie jako wynik współdziałania reszt położonych blisko siebie. Program Keram opracowany został do wykrywania takich korelacji w zmienności poprzez analizę porównawczą dopasowanych sekwencji homologicznych. Aplikacja pozwala także na wyliczenie odległości między sprzężonymi pozycjami w trzeciorzędowej strukturze białka.

Keram został zastosowany z powodzeniem w analizie zmienności podrodzin kinazowych. Uzyskane wyniki wykazały, że przyjęta teoria mechanizmu sprzężeń odnosząca się jedynie do pozycji bezpośrednio ze sobą oddziałujących nie wyjaśnia w pełni tego zjawiska. Pozycje sprzężone pod względem zmienności mutacyjnej często znajdują się w dużej odległości od siebie i ich bezpośrednia wzajemna interakcja jest niemożliwa. Sprzężenia mutacyjne odnoszą się do par pozycji, lub tworzą klastry większej liczby pozycji, których liczba może przekraczać 10.

Słowa kluczowe: mutacje sprzężone, dopasowanie wielu sekwencji, oddziaływania białko-białko



Rys. 1 Mapa mutacji sprzężonych otrzymana za pomocą programu Keram. Osie pozioma i pionowa reprezentują dwie porównywane sekwencje białkowe. Widoczne punkty obrazują pozycje w sekwencjach, które wykazują wzajemne sprzężenie mutacyjne.

KERAM: A NOVEL STAND-ALONE APPLICATION FOR CORRELATED MUTATIONS IDENTIFICATION AND ANALYSIS

JACEK KUŚKA^{1,4}, JACEK LELUK^{2,4}, BOGDAN LESYNG⁴

¹*Faculty of Biology, Warsaw University, Poland; biochemon@biol.uw.edu.pl*

²*Faculty of Biological Sciences, University of Zielona Góra, Poland*

³*Faculty of Physics, University of Warsaw, Poland*

⁴*CoE BioExploratorium, Warsaw University, Poland*

Keram is a stand-alone Windows 2000/XP/Vista application designed for the detection and analysis of the correlated mutations. Study of this phenomenon provides important information about protein structure stability factors as well as the formation of protein complexes. It is generally assumed that the mechanism of compensation explains the mutations that occur simultaneously. Keram is designed to detect the mutational correlations by comparative analysis of multiple sequence alignments. Additionally a three dimensional structure can be applied to calculate the distance between correlated positions in the protein molecule.

Keram has been successfully applied for the analysis of kinase subfamilies. The obtained data suggest that the mechanism of compensation does not explain utterly this phenomenon which seems to be much more complex and diverse. The residues that are detected as correlated are often placed at very distant positions of the protein structure, therefore the direct mutual interaction between them is impossible. We have detected not only correlated pairs, but also clusters of positions (even more than 10) that reveal correlated changeability.

Keywords: correlated mutations, multiple sequence alignment, protein-protein interaction

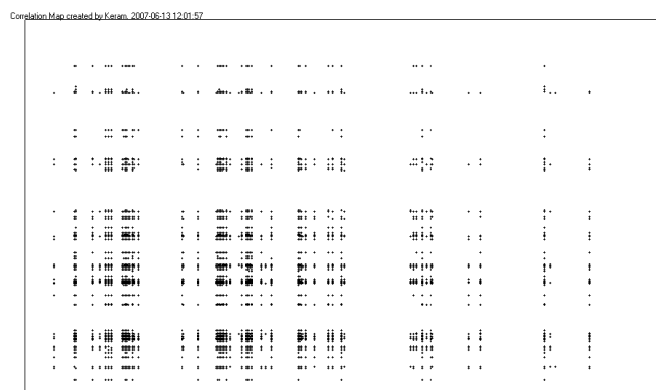


Fig. 1 Map of correlated mutations obtained by Keram. The vertical and the horizontal axes represent two compared sequence. The dots show the positions that reveal correlated mutations.

NITANO: APLIKACJA DO OBLICZANIA KOLOKACJI WEWNĄTRZ- I MIĘDZYCZĄSTECZKOWYCH W BIAŁKACH

JACEK KUŚKA^{1,4}, JACEK LELUK^{2,4}, BOGDAN LESYNG^{3,4}

¹Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski; biochemon@biol.uw.edu.pl

²Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Zielonogórski

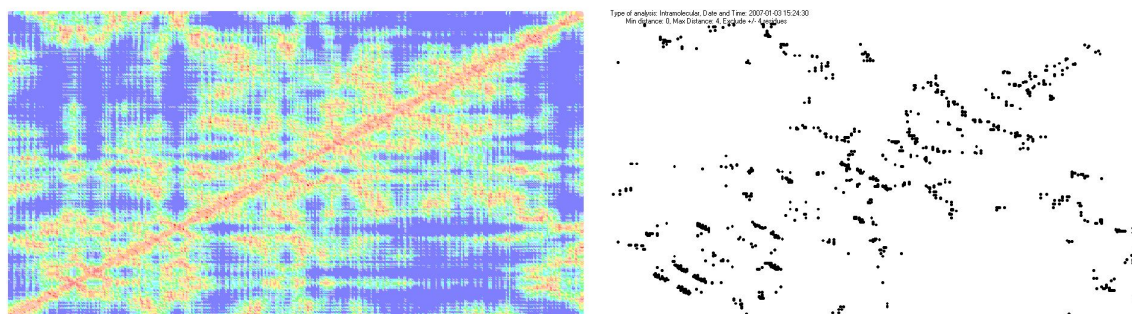
³Wydział Fizyki, Uniwersytet Warszawski

⁴CoE BioExploratorium, Uniwersytet Warszawski

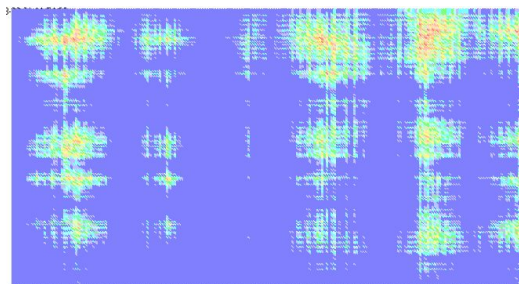
Nitano jest niezależnym programem działającym w środowisku Windows 2000/XP/Vista. Głównym przeznaczeniem tego programu jest obliczanie i wizualizacja kolokacji wewnątrz- i międzycząsteczkowych dla reszt aminokwasów w białkach bezpośrednio oddziałujących ze sobą. Plikiem wejściowym programu jest plik PDB pobrany z bazy struktur białkowych. Aplikacja umożliwia analizę kontaktów w cząsteczce białka, jak również kontaktów występujących między resztami odrębnych łańcuchów/cząsteczek (Rys. 2). Nitano został zastosowany w badaniach białek oraz kwasów nukleinowych. Plik wynikowy zawiera nazwy, numery w sekwencji oraz odległości poszczególnych atomów dla aminokwasów wykazujących kolokację.

Program generuje dwa rodzaje map kontaktów, przedstawiających strukturę w układzie dwuwymiarowym. Umożliwia także przeprowadzenie podstawowej analizy statystycznej otrzymanych wyników. Jest użytecznym narzędziem w projektowaniu leków i kreowaniu ligandów o wysokiej specyficzności. Program jest ogólnodostępny dla celów niekomercyjnych pod adresem: <http://www.bioware.republika.pl>. Charakteryzuje się prostotą obsługi.

Słowa kluczowe: kolokacja aminokwasów, mapy kontaktów, interakcje wewnątrzcząsteczkowe, interakcje międzycząsteczkowe



Rys. 1. Przykład wyniku badań kolokacji w zakresie 5 Angströmów otrzymanych za pomocą programu Nitano. Prawy rysunek obrazuje wynik z wykluczeniem oczywistych kolokacji dla pozycji położonych do 4 miejsc w sekwencji.



Rys. 2. Przykład mapy odległości międzycząsteczkowych. Mapa kolokacji w kompleksie kinazy 1ATP (kod PDB) i związanym z nią inhibitorem peptydowym.

NITANO: NOVEL INTER/INTRAMOLECULAR COLOCATION CALCULATOR

JACEK KUŚKA^{1,4}, JACEK LELUK^{2,4}, BOGDAN LESYNG^{3,4}

¹*Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski; biochemon@biol.uw.edu.pl*

²*Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Zielonogórski*

³*Wydział Fizyki, Uniwersytet Warszawski*

⁴*CoE BioExploratorium, Uniwersytet Warszawski*

Nitano is a stand-alone Windows application. The main purpose of this software is to calculate the intra- or intermolecular residue collocations. A PDB file is an input file. The application enables to analyse the intramolecular contacts as well as the contacts between residues from two separate chains/molecules (see Fig. 2). Nitano can be used for study of proteins and nucleic acids (as pdb files). The output files contain names, numbers and distances of atoms that reveal collocation. The application gives two types of maps that show the structure on a two-dimensional image. Nitano allows to perform basic statistical analysis of obtained results. This application is a useful tool supporting the work of drug designers in creating more specific ligands. The application is freely available for educational and academic purposes at: <http://www.bioware.republika.pl>. Nitano is a user friendly application and does not require any advanced course to be applied for any kind of analysis.

Keywords: residue collocation, contact map, intermolecular/intramolecular interaction.

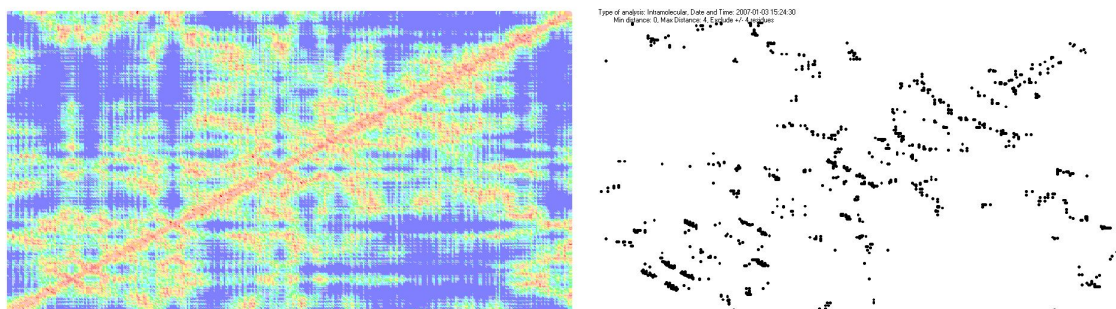


Fig. 1 Example of intramolecular contact map with collocations within 5 Angstroms, obtained with the aid of Nitano. The effect of upstream and downstream exclusion of 4 residues (right figure) allows the visualization of only these interactions that do not result from sequence neighborhood.

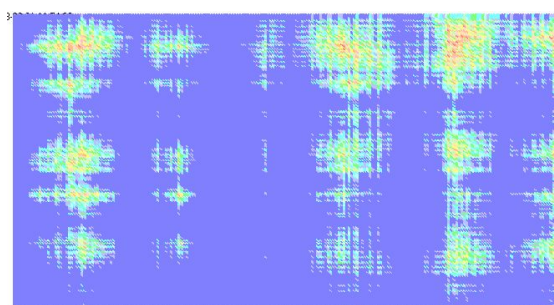


Fig. 2. Example of intermolecular distance map. A map between kinase (PDB code 1ATP) and a peptide inhibitor bound to the chain.

TALANA: NOWA APLIKACJA DO ANALIZY OBSZARÓW ZMIENNYCH/KONSERWATYWNYCH W BIAŁKACH

JACEK KUŚKA^{1,4}, JACEK LELUK^{2,4}, BOGDAN LESYNG^{3,4}

¹Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski; biochemon@biol.uw.edu.pl

²Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Zielonogórski

³Wydział Fizyki, Uniwersytet Warszawski

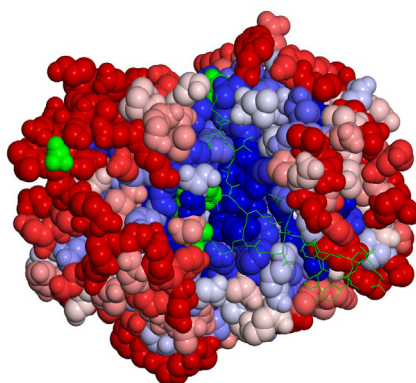
⁴CoE BioExploratorium, Uniwersytet Warszawski

Talana jest niezależnym programem w systemie Windows 2000/XP/Vista przeznaczonym do obliczania stopnia zmienności/konserwatywności w rodzinach białek homologicznych. Do przeprowadzenia analizy wymagane jest poprawne dopasowanie sekwencji homologicznych. Plik wyjściowy generowany przez program Talana zawiera informacje o liczbie aminokwasów/nukleotydów w poszczególnych pozycjach danej rodziny odwołując się do sekwencji konsensusowej, która definiuje tę rodzinę. Generowany jest także plik zawierający skrypt umożliwiający wizualizację profilu zmienności na wzorcowej strukturze przestrzennej badanej rodziny.

Program opcjonalnie przetwarza dwa parametry w pliku PDB, dzięki czemu użytkownik ma więcej możliwości wizualizacji wyniku analizy. Aplikację zastosowano z powodzeniem do szczegółowej analizy zmienności w kilku rodzinach kinaz. Pozwala ona na identyfikację i lokalizację istotnych obszarów cząsteczki dla utrzymania jej stabilności oraz obszarów ważnych funkcjonalnie.

Talana jest użytecznym narzędziem nie tylko w badaniu regionów białek ważnych strukturalnie/funkcjonalnie, ale może być bardzo przydatna w projektowaniu leków, szczególnie w zakresie projektowania specyficznych ligandów enzymatycznych. Program jest ogólnodostępny dla celów niekomercyjnych pod adresem: <http://www.bioware.republika.pl>. Do korzystania z programu wymagany jest przynajmniej system Windows 2000/XP, procesor Pentium IV i 512 MB pamięci operacyjnej.

Słowa kluczowe: zmienność, konserwatywność, reszty istotne funkcjonalnie/strukturalnie, centrum katalityczne



Rys. 1. Profil zmienności dla podrodziny kinaz zależnych od cAMP otrzymany za pomocą programu Talana. Niebieskim kolorem oznaczone są regiony bardzo konserwatywne, czerwonym - regiony wykazujące dużą zmienność. Ligandy i substrat oznaczone są kolorem zielonym.

TALANA: A NOVEL APPLICATION FOR PROTEIN VARIABILITY/CONSERVATIVITY CALCULATION

JACEK KUŚKA^{1,4}, JACEK LELUK^{2,4}, BOGDAN LESYNG^{3,4}

¹*Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski; biochemon@biol.uw.edu.pl*

²*Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Zielonogórski*

³*Wydział Fizyki, Uniwersytet Warszawski*

⁴*CoE BioExploratorium, Uniwersytet Warszawski*

Talana is a stand-alone Windows 2000/XP/Vista application designed for the calculation variability/conservativity within the homologous protein families. The calculation is based on a given multiple sequence alignment of homologous sequences. Talana output file gives the number of amino acids or nucleotides that occupy every position of the consensus sequence. The application also creates a script file that can be used to visualize the variability/conservativity pattern on three dimensional consensus molecule. Talana optionally modifies two values in a PDB file so the user has more opportunities to visualize the variability pattern. The software was successfully used for thorough analysis of several kinase families. It enables to identify the significant structural as well as functional sites.

We suggest that Talana can be used not only for identification of structurally/functionally important regions and/or residues in proteins and nucleic acids, but it can be a useful aid for drug designers in search for specific ligands as well. Talana is freely available for non-commercial users at: <http://www.bioware.republika.pl>. The application requires Windows (XP/2000) with Pentium processor with at least 512MB of RAM.

Keywords: variability, conservativity, significant residues, catalytic centre,

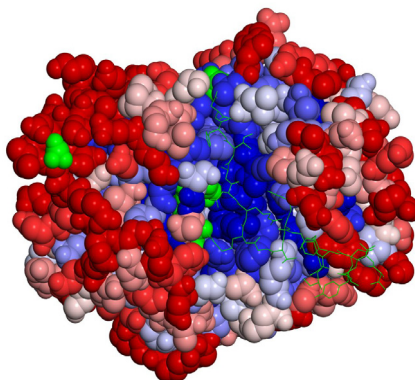


Fig. 1. Variability profile for cAMP dependent protein kinase subfamily obtained by Talana. Blue regions are conservative, red regions are variable. The ligands and substrate are marked as green.

WYKORZYSTANIE TABLETU GRAFICZNEGO DO BADANIA WPŁYWU POJEDYNCZEJ DAWKI METADONU NA SPRAWNOŚĆ FUNKCJI PSYCHOGRAFOMOTORYCZNYCH U OSÓB UZALEŻNIONYCH OD OPIOIDÓW LECZONYCH SUBSTYTUCYJNIE

WOJCIECH LASOŃ¹, PIOTR WALECKI¹, PAULINA ANDRYSZAK², KRZYSZTOF WŁODARCZYK²,
SŁAWOMIR BIEDRZYCKI³, MARCIN ZIÓŁKOWSKI⁴, MIŁOSZ KADZIŃSKI⁵,
EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK^{3,6,7}

¹Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków

²Dom Sue Ryder w Bydgoszczy, Bydgoszcz

³Wojewódzki Szpital dla Nerwowo i Psychicznie Chorych, Świecie

⁴Collegium Medicum w Bydgoszczy UMK w Toruniu, Bydgoszcz

⁵Politechnika Poznańska, Poznań,

⁶Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, Bydgoszcz

⁷Polska Akademia Nauk, Warszawa

Cel

Celem badań jest ocena sprawności grafomotorycznej osób leczonych w programie terapii substytucyjnej uzależnień od opioidów.

Materiały i metody

Zbadano 28 osób, pacjentów Szpitala dla Nerwowo i Psychicznie Chorych w Świeciu. Badania wykonano dwukrotnie, bezpośrednio przed i około 1,5 godziny po doustnym (w postaci płynu) podaniu dawki terapeutycznej metadonu, wykorzystując oryginalny test rysunkowy w wersji zaimplementowanej na tablet graficzny. W pierwszej części testu zadanie polega na jak najdokładniejszym odwzorowaniu kształtów figur geometrycznych wydrukowanych na arkuszu, poprzez rysowanie ręką dominującą po ich konturze zgodnie ze wskazanym kierunkiem. W części drugiej zadaniem osoby badanej jest podpisanie się na arkuszu. W badaniach wykorzystano tablet graficzny Wacom Intuos 2 podłączony do komputera przenośnego. Autorskie oprogramowanie umożliwia natychmiastową analizę podstawowych parametrów ruchu: siły nacisku, czasu wykonania zadania, prędkości i przyspieszenia kreślenia, amplitudy i częstotliwości drżenia ręki. Badanie umożliwia obiektywną ocenę jakościową i ilościową drżeń kończyny górnej (widmo drzeń: odchylenia, prędkości chwilowych i siły nacisku).

Wyniki

W zadaniu kreślenia figur dla widma drzeń odchylen zaobserwowano nieznaczne zmniejszenie średniej amplitudy dla podstawowej składowej 1Hz, przy jednoczesnym zwiększeniu średniej amplitudy dla składowych w zakresie od 2Hz do 16Hz. W zadaniu własnego podpisu zaobserwowano istotne zmniejszenie średniej amplitudy drzeń dla składowych w środkowym zakresie analizy (5Hz do 9Hz).

Dla widma drzeń prędkości chwilowych, zarówno w zadaniu kreślenia figur jak i zadaniu własnego podpisu nie zaobserwowano istotnych zmian w całym zakresie analizy. Nie zaobserwowano również istotnych zmian odchylenia standardowego w widmie prędkości chwilowych. W zadaniu kreślenia figur dla widma drzeń siły nacisku zaobserwowano istotne zmiany w zakresie od 2Hz do 5Hz oraz od 7Hz do 16Hz. W zadaniu własnego podpisu nie zaobserwowano istotnych zmian.

Wnioski

Na podstawie uzyskanych wyników można wnioskować, że pojedyncza dawka metadonu u osób uzależnionych od opioidów powoduje zmniejszenie drzeń kończyny górnej, szczególnie w zakresie częstotliwości podstawowej, co wskazuje na poprawę funkcji psychomotorycznych.

Słowa kluczowe: funkcje poznawcze, terapia substytucyjna, analiza sygnałów biomedycznych.

USAGE OF THE GRAPHICS TABLET TO STUDY OF IMPACT OF A SINGLE DOSE OF METHADONE ON THE ABILITY OF PSYCHOGRAPHOMOTOR FUNCTION IN OPIOID-ADDICTED INDIVIDUALS ON METHADONE MAINTENANCE

WOJCIECH LASOŃ¹, PIOTR WALECKI¹, PAULINA ANDRYSZAK², KRZYSZTOF WŁODARCZYK²,
SŁAWOMIR BIEDRZYCKI³, MARCIN ZIÓŁKOWSKI⁴, MIŁOSZ KADZIŃSKI⁵,
EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK^{3,6,7}

¹Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków

²Dom Sue Ryder w Bydgoszczy, Bydgoszcz

³Wojewódzki Szpital dla Nerwowo i Psychicznie Chorych, Świecie

⁴Collegium Medicum w Bydgoszczy UMK w Toruniu, Bydgoszcz

⁵Politechnika Poznańska, Poznań,

⁶Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, Bydgoszcz

⁷Polska Akademia Nauk, Warszawa

Objective

The aim of this study was to assess the graphomotor skills of people treated with substitution therapy in opiate addiction, in particular, evaluation of the functioning area of the cerebral cortex lying at the intersection of lobes: temporal, parietal and frontal lobes and evaluation of eye-hand coordination.

Materials and Methods

28 persons were examined. The study was performed twice, immediately before and about 1.5 hours after oral administration (in liquid) therapeutic dose of methadone, using the original test version of the implemented drawing on tablet. In the first part of the mission was to test the most accurate mapping of geometric shapes printed on the sheet, by drawing on their dominant hand contour in the direction. In the second part of the test task was to sign people up on the sheet.

The graphics tablet Wacom Intuos 2 connected to laptop was used. Design software allowed an immediate analysis of the basic parameters of motion: force levels, the time of the task, speed and acceleration of the plot, the amplitude and frequency of hand tremors. Studies allow an objective measure of the degree of the dominant hand tremor (tremors spectrum: variation, the instantaneous velocity and force levels).

Results

The task of drafting the figures for the spectral variation observed slight tremors reduced mean amplitude of the primary component of 1Hz, while increasing the average amplitude for the component in the range of 2Hz to 16Hz. The task of its signature observed a significant reduction in the average amplitude of tremors in the middle of the component analysis (5Hz to 9Hz).

For tremors of the spectrum calculator, both in the task of drafting the figures and its own specific signature there was no significant change throughout the analysis. No significant changes were also observed in the spectrum of the standard deviation of the instantaneous speed.

The task of drafting the figures for the spectrum jitters force levels observed significant changes in the range of 2Hz to 5Hz and 7Hz to 16Hz from. The task of its signature there was no significant change.

Conclusion

The results can be concluded that a single dose of methadone in opioid-addicted individuals reduces the dominant hand tremors, particularly in the fundamental frequency, which indicates improvement in psychomotor function.

Keywords: cognitive functions, replacement therapy, biomedical data analysis.

BADANIE WPŁYWU POJEDYNCZEJ, TERAPEUTYCZNEJ DAWKI METADONU NA FUNKCJE WZROKOWEJ PAMIĘCI OPERACYJNEJ U OSÓB UZALEŻNIONYCH OD OPIOIDÓW, LECZONYCH W PROGRAMIE TERAPII SUBSTYTUCYJNEJ

WOJCIECH LASOŃ¹, PIOTR WALECKI¹, MARCIN ZIÓŁKOWSKI², KRZYSZTOF WŁODARCZYK³,
SŁAWOMIR BIEDRZYCKI⁴, EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK^{4,5,6}

¹Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków

²Collegium Medicum w Bydgoszczy UMK w Toruniu, Bydgoszcz

³Dom Sue Ryder w Bydgoszczy, Bydgoszcz

⁴Wojewódzki Szpital dla Nerwowo i Psychicznie Chorych, Świecie

⁵Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, Bydgoszcz

⁶Polska Akademia Nauk, Warszawa

Cel

Celem badania jest ocena wpływu pojedynczej, terapeutycznej dawki metadonu na sprawność funkcjonowania prostej pamięci operacyjnej u osób uzależnionych od opioidów leczonych substytucyjnie.

Materiały i metody

Zbadano 28 osób, pacjentów Szpitala dla Nerwowo i Psychicznie Chorych w Świeciu. Badanie wykonano testem N-back w wersji elektronicznej. Na ekranie monitora prezentowano 25 bodźców wzrokowych, a zadaniem osoby badanej jest naciśnięcie klawisza, na którym znajduje taki symbol liczby, którą osoba badana zaobserwowała przed liczbą aktualnie prezentowaną. Dla poprawnego wykonania testu niezbędne jest utrzymywanie w pamięci operacyjnej informacji dotyczących aktualnie prezentowanego bodźca oraz informacji o bodźcu prezentowanym wcześniej. Test przeprowadzano dwukrotnie: bezpośrednio przed i około 1,5 godziny po podaniu dawki terapeutycznej.

Wyniki

U 20 badanych osób stwierdzono, że średni czas reakcji po podaniu pojedynczej, terapeutycznej dawki metadonu jest istotnie statystycznie krótszy w porównaniu do czasu reakcji zmierzonego przed podaniem leku. U 8 osób zaobserwowano wydłużenie czasu reakcji. Liczba popełnianych błędów po podaniu metadonu nie zmienia się istotnie statystycznie w porównaniu do liczby popełnianych błędów przed podaniem leku.

U 17 pacjentów zaobserwowano poprawę podstawowych wyników testu po podaniu terapeutycznej dawki metadonu. U 11 pacjentów zaobserwowano zmniejszenie (poprawę) średniego czasu reakcji na bodziec (od 17ms do 650ms, średnio o 180ms) przy jednoczesnym zwiększeniu liczby poprawnych reakcji na bodziec - zwiększeniu liczby poprawnych odpowiedzi (od 2 do 5, średnio o 3), a u kolejnych 6 pacjentów zaobserwowano zmniejszenie średniego czasu reakcji (od 19ms do 173ms) przy równoczesnym udzieleniu takiej samej liczby poprawnych odpowiedzi.

U jednego pacjenta średni czas reakcji na bodziec jest nieznacznie większy w porównaniu z czasem reakcji przed podaniem metadonu (550ms do 613ms), ale równocześnie liczba poprawnych reakcji jest większa (88% do 96%), U trzech badanych osób zaobserwowano mniejszy średni czas reakcji (od 25ms do 143ms, średnio o 77,7ms), ale równocześnie zaobserwowano większą ilość popełnionych błędów (od 2 do 5, średnio 3,67).

U 7 osób zaobserwowano większy średni czas reakcji na bodziec jak i równocześnie wzrost ilości poprawnych reakcji. Średnie zwiększenie czasu reakcji dla tej grupy wyniosło 107,3ms - przy rozpiętości wyników od 4ms do 172ms - natomiast średnia liczba popełnianych błędów wzrosła o 2,9 przy rozpiętości od 1 do 5.

Wnioski

Wyniki badań wskazują, że pojedyncza dawka metadonu powoduje poprawę funkcjonowania wzrokowej pamięci operacyjnej u osób uzależnionych od opiatów, uczestniczących w programie leczenia substytucyjnego metadonem.

Słowa kluczowe: funkcje poznawcze, terapia substytucyjna, analiza sygnałów biomedycznych

STUDY ON THE IMPACT OF A SINGLE, THERAPEUTIC DOSE OF METHADONE ON THE VISUAL WORKING MEMORY FUNCTIONS IN INDIVIDUALS ADDICTED TO OPIOIDS, TREATED WITH REPLACEMENT THERAPY

WOJCIECH LASOŃ¹, PIOTR WALECKI¹, MARCIN ZIÓŁKOWSKI², KRZYSZTOF WŁODARCZYK³,
SŁAWOMIR BIEDRZYCKI⁴, EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK^{4,5,6}

¹Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków

²Collegium Medicum w Bydgoszczy UMK w Toruniu, Bydgoszcz

³Dom Sue Ryder w Bydgoszczy, Bydgoszcz

⁴Wojewódzki Szpital dla Nerwowo i Psychicznie Chorych, Świecie

⁵Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, Bydgoszcz

⁶Polska Akademia Nauk, Warszawa

Objectives

The aim of this study is to assess the effect of a single, therapeutic dose of methadone on the ability of a simple visual working memory in individuals addicted to opiate replacement therapy.

Materials and methods

28 people the patients of Hospital for Mentally Sick in Świecie were examined. The study is performed using N-back test in electronic format. The 25 visual stimuli were presented, and the subject's task was to press a key, which represented a symbol of the number, which was observed before the number currently presented. For proper execution of the test is necessary to maintain in memory information on the currently presented stimulus and stimulus information presented earlier. The test was performed twice: immediately before and about 1.5 hours after a therapeutic dose.

Results

In 20 patients the average response time after a single, therapeutic dose of methadone is significantly shorter compared to the response time measured before the administration of the drug. In 8 patients extending the reaction time was observed. Number of errors after administration of methadone did not change significantly compared to the number of errors before giving the medicine.

In 17 patients noticed an improvement in the basic test results after administration of therapeutic doses of methadone. In 11 patients, observed a reduction of the average response time to the stimulus (from 17ms to 650ms, 180ms on average) while increasing the number of correct responses to stimuli - increasing the number of correct answers (from 2 to 5, on average, 3), and in the next 6 patients were observed to reduce the average response time (from 19ms to 173ms), while giving the same number of correct answers.

In one patient, the average response time to a stimulus is slightly larger than the response time before the administration of methadone (550ms to 613ms), but at the same time the number of correct responses is greater (88% to 96%), In 3 patients a shorter average response time (from 25ms to 143ms, on average, 77.7 ms) was observed, but at the same time increased the number of errors made (from 2 to 5, an average of 3.67). In 7 patients were higher average response time was observed and simultaneously increased the number of correct responses.

Conclusion

The results show that a single dose of methadone will improve the functioning of visual working memory in individuals addicted to opiates, participating in methadone replacement therapy.

Keywords: cognitive functions, replacement therapy, analysis of biomedical signals.

CZŁOWIEK W PUŁAPCE RZECZYWISTOŚCI WIRTUALNEJ

ANNA LATAWIEC

Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego w Warszawie

„Stworzone dla ludzi. Stworzone na przyszłości.”
motto jednej z korporacji elektronicznych

W referacie podjęta zostanie próba odpowiedzi na kilka podstawowych, ale ważnych pytań dotyczących rzeczywistości wirtualnej „Stworzonej dla ludzi. Stworzonej na przyszłości”. Po pierwsze, dlaczego człowiek współczesny żyjący w tzw. społeczeństwie informacyjnym wpada w pułapkę rzeczywistości wirtualnej? Po drugie, jaki naprawdę charakter ma rzeczywistość wirtualna? Po trzecie, czy i w jaki sposób można uwolnić się z tej pułapki?

Warto tu podkreślić, że tytułowe pojęcie rzeczywistości wirtualnej potraktowane zostanie jedynie, jako ukłon w stronę zwolenników takiego określania wytworów techniki komputerowej. Przyjęcie pojęcia rzeczywistości wirtualnej pociąga za sobą konieczność uznania ukrytego w nim paradoksu. Termin „rzeczywistość” oznacza coś realnego, ale w terminie „wirtualna” zawarty jest jej nierzeczywisty charakter. Jednocześnie, „virtualis” oznacza także skuteczny, a więc samo pojęcie rzeczywistości wirtualnej sugeruje jej narzędziowy, użyteczny charakter. W tym sensie tzw. rzeczywistość wirtualna jest narzędziem służącym pokonaniu barier istniejących w rzeczywistości. Oba rodzaje obszarów (rzeczywistość i tzw. rzeczywistość wirtualna) stanowią pewną całość, w której funkcjonuje dziś społeczeństwo informacyjne.

W punkcie wyjścia w podjętych analizach wykorzystane zostanie autorskie określenie świata wirtualnego. Pojęcie to, jest moim zdaniem, bardziej trafne niż rzeczywistość wirtualna. W zaproponowanym określeniu zostanie uwypuklona złożoność tego świata oraz wskazana metoda jego tworzenia. Tytułowa pułapka wynika nie tylko z prób urealniania świata wirtualnego, ale także ze specyficznych jego cech. Chodzi tu przede wszystkim o interakcyjność, czyli wzajemne oddziaływanie, i o immersję, czyli tzw. zanurzenie.

Wobec opinii o zgubnym, wręcz negatywnym oddziaływaniu świata wirtualnego na życie współczesnego człowieka, przy formułowaniu odpowiedzi na drugie pytanie, omówiony zostanie nie tylko destrukcyjny, ale i twórczy charakter świata wirtualnego.

Ustosunkowanie się do ostatniego, trzeciego pytania wymaga uznania tezy o tendencji do urealniania przez człowieka świata wirtualnego. Zostanie tu zaproponowane spojrzenie na świat wirtualny w kontekście ujęcia systemowego. Takie podejście, wydaje się uwypuklać granicę między rzeczywistością a światem wirtualnym.

MAN TRAPPED IN VIRTUAL REALITY

ANNA LATAWIEC

Cardinal Stefan Wyszyński University in Warsaw

“Designed for people. Created on the future”
- the motto of one of the corporate electronic

In this essay we'll try to answer for a few basic but important questions about the virtual reality “Designed for people. Created on the future”. Firstly, why the modern man living in the so-called. information society falls into the trap of virtual reality? Secondly, how really is the nature of virtual reality? Third, if it's possible and how to escape from this trap?

It is worth emphasizing that the concept of virtual reality, will be treated only as a nod to supporters of such a determination of the products of computer technology. Adoption of the concept of virtual reality is associated with the need to recognize the paradox implicit in it. The term "reality" means something real, but the term "virtual" is given its unreal nature. At the same time, "virtualis" also means effective, and therefore the very concept of virtual reality suggests its utility and utilitarian character. In this sense, the so-called virtual reality is a tool for overcoming the barriers that exist in reality. Both types of areas (the so-called reality and virtual reality) are a whole, in which today operates the Information Society.

The starting point of undertaken analysis will be use the author's notion of the virtual world. This notion is, in my opinion, more relevant than the virtual reality. In the proposed notion will be highlighted the complexity of the world, and the indicated method of its creation. Title trap arises not only from the trials thus put a virtual world, but also with its specific characteristics. Primarily we're talking about interactivity, or interaction, and immersion, so called dipping.

The opinion of the disastrous, even negative impact on the virtual world of modern life, in formulating responses to the second question will be discussed not only destructive but also creative nature of the virtual world.

Follow-up to the last, the third question requires the thesis to the recognition of the human tendency to make real the virtual world. Proposed here will look at the virtual world in the context of the recognition system. Such an approach seems to highlight the boundary between reality and virtual world.

ROZWÓJ BIOINFORMATYKI WE WSPÓŁPRACY Z UCZELNIAMI WIETNAMSKIMI. ZASOBY APLIKACYJNE, ICH ROZWÓJ I WIARYGODNOŚĆ

JACEK LEŁUK

Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Zielonogórski

Bioinformatyka i modelowanie molekularne jest dziedziną rozwijającą się od 2005 roku na państwowych uczelniach wietnamskich w ramach współpracy z Uniwersytetem Zielonogórskim. Program współpracy wymaga dostępu do kompletnych i rzetelnych biologicznych baz danych oraz specjalistycznych programów aplikacyjnych. Dostęp do genomowych oraz białkowych baz danych nie stanowi problemu z uwagi na powszechną ich dostępność, wysoką jakość serwisu i ciągłą bieżącą aktualizację. Powszechnie dostępne do celów akademickich i badawczych są także wyspecjalizowane bazy, jak np. bazy oferowane przez Centrum Genomu Człowieka Uniwersytetu w Tokio. Również nieodpłatnie dostępna jest niezliczona liczba oprogramowania w dziedzinie bioinformatyki, genomiki i modelowania molekularnego. Jednakże poziom jakości i wiarygodności dostępnego oprogramowania nie zawsze jest wystarczająco wysoki. Grupa polskich badaczy współpracujących z Vietnam National University opracowała i udostępniła wietnamskiemu środowisku akademickiemu szereg oryginalnych aplikacji, spełniając oczekiwania zainteresowanych ośrodków azjatyckich. Aplikacje te dostępne są jedynie na serwerach macierzystych uczelni w Polsce oraz współpracujących uczelni wietnamskich, podnosząc w ten sposób jakość i unikalność usług w tych ośrodkach i wydajnie wpływając na poprawienie poziomu otrzymywanych wyników pracy. Wśród takich aplikacji znajdują się m.in.:

GEISHA - aplikacja realizująca niestatystyczny algorytm semihomologii genetycznej do badań porównawczych sekwencji białkowych i zweryfikowanego dopasowywania sekwencji.

Corm - program do identyfikacji i analizy wewnątrz cząsteczkowych mutacji sprzężonych w białkach

Consensus Constructor - program do konstruowania sekwencji konsensusowych.

SSSS - program do oszacowania istotności obserwowanego stopnia podobieństwa sekwencji.

Talana - program do analizy i wizualizacji profilu zmienności w rodzinach białek homologicznych.

Nitano - program do wykrywania wewnątrz- i międzycząsteczkowych oddziaływań oraz do generowania map kontaktów.

Keram - program do wykrywania i analizy mutacji sprzężonych.

Retamgar - kalkulator odległości międzyatomowych w cząsteczkach białkowych.

Cylanu - program do modyfikowania plików PDB.

SecMaker - generator losowy sekwencji białkowych.

Byrnik - program do porównywania sekwencji.

MMCC - kalkulator lokalizujący centrum masy cząsteczki.

Hypro - program do generowania hydrofobowego profilu białka.

Udostępnione zasoby aplikacyjne przyczyniły się do powstania pierwszego Centrum Bioinformatycznego w tym regionie Azji, zlokalizowanym w Hanoi University of Science. W okresie ostatnich dwóch lat współpraca rozwinęła się obejmując swym zasięgiem kolejne uczelnie wietnamskie. W ramach bilateralnej umowy międzyuczelnianej powstał na Uniwersytecie Zielonogórskim długoterminowy program studiów na trzech poziomach kształcenia dla studentów Vinh University. Obecnie włączyły się do programu współpracy kolejne dwie uczelnie - Hanoi University of Agriculture oraz International University of HCMC. We wszystkich tych ośrodkach akademickich bioinformatyka i modelowanie molekularne odgrywa wiodącą rolę wspólnej działalności edukacyjnej oraz naukowo-badawczej.

Słowa kluczowe: e-learning, edukacja, programy bioinformatyczne, wiarygodność aplikacji, uczelnie wietnamskie

THE BIOINFORMATICS IN COOPERATION WITH VIETNAMESE UNIVERSITIES. SOFTWARE RESOURCES, RELIABILITY AND DEVELOPMENT

JACEK LELUK

Faculty of Biological Sciences, University of Zielona Góra, Poland

Since 2005 the education program at bioinformatics and molecular modeling is being developed in Vietnam national universities with the cooperation of the University of Zielona Góra (Poland). This program requires good support concerning the biological databases and bioinformatics software. A number of good quality and comprehensive genomic and protein sequence databases and protein structure database are freely accessible online for academic use and scientific research. Also there are accessible the specialized genomic databases kindly provided by Human Genome Center at Tokyo University. Similar situation concerns the bioinformatics software. However the quality and reliability of the accessible software is not always very good. Therefore the Polish group cooperating with the Vietnam National University has elaborated and supplied the academic community in Vietnam with the new and original applications. They replenish the current needs of the users studying bioinformatics and raise the quality of the obtained results. The original applications which enrich the VNU bioinformatics resources (and are solely available only in bioinformatics centers in Hanoi and Poland) are:

GEISHA - a nonstatistic application for sequence multiple alignment based on genetic semihomology algorithm.

Corm - application for locating and analysing the intramolecular correlated mutations.

Consensus Constructor - program for consensus sequence construction.

SSSS - program for sequence similarity significance estimation.

Talana - protein variability/conservativity analyzer and visualiser.

Nitano - detection of intra- and intermolecular residue colocations, protein contact map creator.

Keram - program to detect and analyze correlated mutations.

Retamgar - calculator of 2D, 3D, 4D points distance within a protein molecule.

Cylanu - PDB file modifier.

SecMaker - random protein sequence generator.

Byrnik - program for sequence comparison.

MMCC - molecule mass centre calculator.

Hypro - protein hydrophobicity profiler.

These resources contributed in the formation of the first academic Bioinformatics Center in this region of Asia, located at Hanoi University of Science. Within two last years the cooperation has been developed and extended by the long term study program for Vinh University students at University of Zielona Góra. At present two other universities joined the cooperation - Hanoi University of Agriculture and International University of HCMC. In all cases the bioinformatics and molecular modeling play the leading role in both educational and scientific activity.

Keywords: e-learning, education, bioinformatics software, software reliability, Vietnam universities.

EKG PRZEZ KOMPUTER – REJESTRACJA I WSTĘPNA ANALIZA BIOPOTENCJAŁÓW

JOANNA ŁUDZIK, ANDRZEJ MATIOŁAŃSKI
galaktyka88@tlen.pl

*Studenckie Koło Naukowe Telemedycyny i Biocybernetyki, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum
telemedycyna@cm-uj.krakow.pl*

EKG jest od lat uznaną i cenioną metodą badania zmian potencjałów w trakcie depolaryzacji i repolaryzacji komórek mięśnia sercowego. Detekcja sygnału może być dokonywana już jednokanałowym urządzeniem a jego analiza oraz ocena stanowią element profilaktyki lub ułatwiać diagnostykę kardiologiczną.

Nadrzędnym celem pracy jest zainteresowanie jak największej liczby odbiorców problematyką chorób serca jak i szerzeniem ich skutecznej profilaktyki. Zaproponowano do szerokiego stosowania oraz podjęto próbę zbudowania prostego, taniego i łatwego w obsłudze zestawu EKG, który będzie można podłączyć do komputera.

Do badania użyto dwie standardowe elektrody do rejestracji biopotencjałów (EKG, GSR), zbudowane z sensora Ag/AgCl, żelu na bazie gąbki. Elektrody przyklejone do lewej i prawej ręki (odprowadzenie I Einthovena – kończynowe dwubiegunowe) pozwalały zarejestrować różnicę potencjałów. Sygnał wprowadzano przez wejście mikrofonowe karty dźwiękowej (gniazdo mini-jack) komputera. Zarejestrowany sygnał przy pomocy programu Audacity (GNU General Public License GPL) oraz PCScope zaprezentowano w formie wykresu. W celu zwiększenia siły słabego sygnału (rzędu mV) zbudowano prosty wzmacniacz, stanowiący część układu pomiarowego. Przy pomocy programu udało się zredukować szumy i częściowo poprawić jakość sygnału. Otrzymany przebieg zarejestrowanych zmian sygnału poddano analizie.

Przebadanych zostało 8 osób, uzyskując każdorazowo inny zapis. Przeprowadzono także sondę wśród ponad 50 osób. Zdecydowana większość, tj. 72% wykazała zainteresowanie zobaczeniem zapisu rytmu swojego serca na własnym komputerze. Jej wyniki dowodzą potrzeby tworzenia projektów, dzięki którym trudne zagadnienia medyczne w połączeniu z odpowiednim odesłaniem do e-learningowych stron mogą stanowić element zachowań prozdrowotnych a tym samym istotny element profilaktyki.

Opisywany zestaw jest pierwszym krokiem do stworzenia podręcznego urządzenia do badania i diagnostyki chorób serca. Możliwości diagnostyczne urządzenia nie są imponujące, pozwalają jednak na wskazanie pewnego kierunku i podkreślenia wagi badań serca we wczesnym wykrywaniu chorób.

Słowa kluczowe: EKG, badanie serca, profilaktyka

ECG BY COMPUTER - REGISTRATION AND INITIAL ANALYSIS OF BIOELECTRIC POTENTIALS

JOANNA ŁUDZIK, ANDRZEJ MATIOLAŃSKI
galaktyka88@tlen.pl

*Students Scientific Telemedicine and Biocybernetics, Department of Bioinformatics and Telemedicine,
Jagiellonian University, Medical College; telemedycyna@cm-uj.krakow.pl*

ECG has been a long recognized and appreciated method examination of changes in the potentials during depolarization and repolarization of myocardial cells. Signal detection can be made by longer single-channel device, the analysis and evaluation can be an element of prevention or facilitate the diagnosis of cardiac problems. The superior aim of the study is to take interest as much as possible the largest audience in problems of heart disease and spread their effective prevention. It has been proposed to wide use and attempt to build a simple, inexpensive and easy to use set of ECG, which can be connected to a computer. The study used two standard electrodes for recording bioelectric potentials' (ECG, GSR) sensor has been formed of Ag / AgCl, gel-based sponge. Electrodes attached to the left and right hand (lead I Einthoven - bipolar limb) permit register the potentials' difference. Signal introduced by the sound card microphone input (mini-jack connector) on your computer. Signal has been registered using the program Audacity (GNU General Public License GPL) and PCScope presented in graph form. In order to increase a weak signal (row mV) built a simple amplifier, which is part of the measurement system. With the help of the program managed to reduce noise and partly to improve the signal quality. The results of recorded signals' changes were analyzed. It has been tested eight people, with each attained a different result. We also conducted a probe among more than 50 people. The vast majority, ie 72% showed interest in seeing his own record of heart rhythm on own computer. Its results demonstrate the need to create projects that makes difficult medical issues in combination with appropriate reference to the e-learning sites may be an element of health behavior and thus an essential element of prevention. Featured kit is the first step to creating a convenient equipment for testing and diagnosis of heart disease. Diagnostics facilities are not impressive, however, it allows for some indication of the direction, and emphasize the importance of research in early detection of heart disease.

Keywords: ECG, cardiac testing, prevention

SEMANTYCZNE ZALEŻNOŚCI W INTERNETOWYCH ZASOBACH PUBLIKACJI MEDYCZNYCH

JOANNA ŁUDZIK, ANDRZEJ MATIOŁAŃSKI
galaktyka88@tlen.pl

*Studenckie Koło Naukowe Telemedycyny i Biocybernetyki, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum
telemedycyna@cm-uj.krakow.pl*

Ogromna ilość informacji zgromadzonych na stronach Wolnej Encyklopedii *Wikipedia* jest powodem niebywale popularności serwisu. Serwis bazujący na oprogramowaniu *MediaWiki* (projekt wykorzystuje język skryptowy PHP) może także zostać wykorzystany do celów agregacji tekstów naukowym, w tym również o tematyce medycznej.

Najprostszym i zarazem bardzo intuicyjnym modelem wyszukiwania jest tak zwane wyszukiwanie pełno tekstowe oparte na maszynowym przetwarzaniu treści. Podejście to pomimo wielu technik usprawniających (słowa kluczowe, wyrażenia regularne) prezentuje wraz z powiększaniem zbioru danych malejącą trafność wyników wyszukiwania. Wyszukiwanie semantyczne (*semantic search*) oparte na zależnościach pomiędzy obiektami (w naszym przypadku artykułami medycznymi) prezentuje trafniejszy wynik wyszukiwania, pozwala również na wykorzystanie bardziej złożonych zapytań.

Na potrzeby badań stworzona została w Zakładzie Bioinformatyki i Telemedycyny UJCM instancja internetowej encyklopedii medycznej oparta na programie *MediaWiki* i uzupełniona artykułami o charakterze medycznym http://bit-dydaktyka.cm-uj.krakow.pl/ehealth_pl. Stworzony serwis poszerzono o moduł *Sementic MediaWiki*, który umożliwia stosowne formatowanie wprowadzanych treści oraz ich automatyczną analizę semantyczną.

W pracy uruchomiono i wykorzystano wyszukiwanie semantyczne do znajdowania artykułów medycznych w dostępnych zasobach.

Wyszukiwanie semantyczne wprowadza większe możliwości eksploracji zasobów bazy, nie ograniczając się tylko do odnajdywania słowa-klucza, ale także uwzględnia kontekst znajdowanego terminu. W prostszy i bardziej intuicyjny sposób możliwe jest znalezienie szczegółowych relacji pomiędzy artykułami w zbiorach publikacji.

Słowa kluczowe: wyszukiwanie informacji, semantyka, MediaWiki

SEMANTIC RELATIONS IN WEB RESOURCES OF MEDICAL PUBLICATIONS

JOANNA ŁUDZIK, ANDRZEJ MATIOLAŃSKI
galaktyka88@tlen.pl

*Students Scientific Telemedicine and Biocybernetics, Department of Bioinformatics and Telemedicine,
Jagiellonian University, Medical College; telemedycyna@cm-uj.krakow.pl*

The vast amount of information collected under the Free Encyclopedia Wikipedia is a reason for unprecedented popularity of the site. Service based on the MediaWiki software (the project uses the PHP scripting language) can also be used for aggregation of scientific texts, including those with medical issues. The simplest and very intuitive search model is the so-called full-text searching based on automatic content processing.

This approach, despite a number of techniques to improve (keywords, regular expressions) presents simultaneously along with enlarging the data set, decreasing of aptness search results.

Semantic search based on the relation between objects (in our case, medical texts) presents more accurate search result, also allows the use of more complex queries.

For the purpose of research was created in the Department of Bioinformatics and Telemedicine UJCM instance of medical web encyclopedia that is based on program MediaWiki and supplemented by medical themed articles http://bit-dydaktyka.cm-uj.krakow.pl/ehealth_pl

Built service was expanded by MediaWiki Sementic module, which enables the appropriate formatting inserted content and their automatic semantic analysis. In the research has been started and used semantic search to find articles in the available medical resources. Semantic search introduces more opportunities to explore the resource base, it is not limited only to finding the word-key, but also to find the date takes into account the context. In a simpler and more intuitive way it is possible to find a detailed relationship between articles in publications' collections.

Keywords: information retrieval, semantics, MediaWik

ODSTĘPSTWA OD PRAWA GOMPERTZA DLA NAJSTARSZEJ FRAKCJI W POPULACJI

MARIA MAGDOŃ-MAKSYMOWICZ¹, ANDRZEJ MAKSYMOWICZ^{2,3}

¹*Zakład Statystyki Matematycznej, Uniwersytet Rolniczy
Mickiewicza 21, 31-120 Kraków*

²*Zakład Informatyki Stosowanej, Akademia Górniczo-Hutnicza,
Mickiewicza 30, 30-059 Kraków*

³*Wyższa Szkoła Bankowości i Zarządzania w Krakowie
Armii Krajowej 4, 30-150 Kraków*

Wyniki obliczeń numerycznych wskazują na możliwe przyczyny odstępstw od wykładniczego prawa Gomperta opisującego strukturę wiekową w populacji. Zaobserwowana prawidłowość, przynajmniej dla dojrzałych członków powyżej minimalnego wieku rozrodczego, wykazuje wykładniczy wzrost śmiertelności $q(a)$ z wiekiem osobniczym a . W symulacji przejścia od chwili (t) do chwili ($t+1$) otrzymujemy współczynnik śmiertelności definiowany jako ułamek wyeliminowanej z populacji frakcji w wieku a gdy przechodzimy do wieku ($a+1$). Jednak w grupie najstarszych osobników śmiertelność która wciąż rośnie, rośnie wolniej niż przewidywania z prawa Gomperta. Ten „efekt Matuzaleмовy” spowolnienia śmiertelności jest odtwarzany w obliczeniach komputerowych. Dyskutujemy go na podstawie modelowania starzenia biologicznego. Zastosowany model należy do kategorii koncepcji akumulacji niekorzystnych mutacji odpowiedzialnych za starzenie. Model Penny zawdzięcza sukces głównie faktowi, że odtwarza on prawo Gomperta. W tej pracy wprowadzamy modyfikacje klasycznego modelu w kierunku a) uznania fluktuacji progowej liczby T śmiertelnych mutacji i b) przyjęcia częstości niekorzystnych mutacji m u dzieci w chwili narodzin zależnej od wieku a rodzica. Pierwszy z czynników a) można interpretować jako wynik tego, że zegar biologiczny jest włączony w chwili poczęcia i później w czasie narodzin pewne mutacje mogą już być uaktywnione. Drugi przypadek b) może wynikać z tendencji do tego, że starsi rodzice mają mniej zdrowe potomstwo – być może z powodu wyższej częstości mutacji przekazywanych dzieciom. W obu przypadkach otrzymujemy odstępstwa od prawa Gomperta, bardziej wyraźne dla starszych członków. Nie można przedstawić jednoznacznych ilościowych wyników, ponieważ liczebność populacji w najbardziej zaawansowanej wiekowo grupie jest zbyt mała. Prowadzi to do niepewnych danych statystycznych, niemniej ogólna tendencja jest wyraźna. Jest nią malenie śmiertelności w porównaniu z prawem Gomperta.

Słowa kluczowe: ewolucja populacji, starzenie biologiczne, model Penny

DEVIATION FROM GOMPERTZ LAW IN THE OLDEST OLD FRACTION OF POPULATION

MARIA MAGDOŃ-MAKSYMOWICZ¹, ANDRZEJ MAKSYMOWICZ^{2,3}

¹*Department of Mathematical Statistics, AR-Agricultural University
Mickiewicza 21, 31-120 Krakow, Poland*

²*Department of Applied Computer Science, AGH-University of Science and Technology,
Mickiewicza 30, 30-059 Krakow, Poland*

³*The School of Banking and Management in Cracow
Armii Krajowej 4, 30-150 Krakow, Poland*

Results of numerical calculation suggest possible sources of differences from the Gompertz exponential law which describes age structure of population. The observed law, at least for mature members above minimum reproduction age, shows exponential increase of mortality $q(a)$ with age a . In simulated transition from time (t) to next time $(t+1)$ we get mortality, defined as a fraction of items at age a , eliminated from the population when we go from age (a) to $(a+1)$. Among the oldest old, however, the mortality is still on the increase, yet at lower pace that Gompertz law states. This 'Mathuzalem effect' of slowing down mortality is reproduced in computer model calculations. We discuss this effect on the base of Penna model of biological aging. This model belongs to the bad mutation accumulation concept of mechanisms responsible for aging process. The success of the Penna model is justified mainly by the fact that it reproduces the Gompertz law. Here we account on modifications of the classical model towards a) making threshold number T of lethal bad mutations fluctuate and b) having baby's bad mutation rate m at birth time parent age a -dependent. The first factor a) may be interpreted as result that the biological clock starts at fertilization moment and later on, at birth time, some mutations may already become activated. The other case b) represents the known tendency that elderly parents have less healthy children - perhaps due to higher mutation rate passed over to offspring. In both cases we get some deviations from the Gompertz law, more pronounced for elderly members. No definite quantitative suggestion may be offered since the advanced age group is represented by only small fraction of population still in existence. This makes the statistics rather poor, yet general tendency is seen clearly. This is a decrease in mortality as compared with Gompertz law.

Keywords: population evolution, biological aging, Penna model.

WIRTUALNE LABORATORIUM PROJEKTU PL-GRID A NAUKI PRZYRODNICZE

MACIEJ MALAWSKI, ERYK CIEPIELA, TOMASZ GUBAŁA, PIOTR NOWAKOWSKI,
DANIEL HAREŹLAK, MAREK KASZTELNIK, JOANNA KOCOT, TOMASZ BARTYŃSKI, MARIAN BUBAK

ACC Cyfronet AGH, ul. Nawojki 11, 30-950 Kraków, Poland
e.ciepiela@cyfronet.pl

Nauki przyrodnicze, a zwłaszcza biochemia, genetyka i wirusologia, wymagają coraz bardziej zaawansowanych form wsparcia informatycznego. Związane z tym wymagania można podzielić na dwie dziedziny: zapotrzebowanie na większe zasoby obliczeniowe oraz potrzebę opracowania nowych narzędzi programistycznych, umożliwiających skuteczne, kolaboratywne wykorzystanie dostępnych zasobów przez grupy naukowców. O ile głównym celem procesu komputeryzacji nauki pozostaje udostępnianie naukowcom wydajnych centrów obliczeniowych oraz pojemnych repozytoriów danych, o tyle coraz większe znaczenie zyskuje potrzeba tworzenia oprogramowania wspierającego proces kolaboratywnej budowy, wykonywania, publikowania i współdzielenia rezultatów eksperymentów naukowych [1].

Prezentowane przez nas laboratorium wirtualne powstało w ramach projektu ViroLab [2] i rozwijane w projekcie PL-Grid [3] stanowi odpowiedź na przedstawione wyżej wymagania. W jego skład wchodzi narzędzia umożliwiające uruchamianie tzw. eksperymentów wirtualnych (wyrażonych w popularnych językach skryptowych) na rozproszonych zasobach informatycznych udostępnianych przez pięć polskich centrów obliczeniowych. Głównym celem wirtualnego laboratorium jest stworzenie modelu oraz budowa narzędzi wspierających proces eksploracyjnego, inkrementacyjnego prowadzenia badań naukowych z wykorzystaniem skryptów, a także udostępnienie rezultatów tych działań społecznościom badawczym. Wirtualne laboratorium PL-Grid ma zasypać przepaść dzielącą infrastruktury obliczeniowe dużej skali (obecnie trudno dostępne) od użytkowników końcowych – naukowców domenowych, którzy obecnie prowadzą obliczenia i gromadzą ich rezultaty z użyciem swoich biurowych stacji roboczych. Zamiast nakłaniać użytkowników do zmiany ich przyzwyczajeń staramy się opracować środowisko, które z jednej strony będzie dobrze przystosowane do obsługi współczesnej e-nauki, z drugiej zaś – umożliwi użytkownikom wykorzystanie potencjału infrastruktur obliczeniowych dużej skali.

Nasze doświadczenie, zgromadzone podczas budowy wirtualnego laboratorium dla zespołów wirusologów [2, 4, 5], środowiska APPEA dla aplikacji medialnych i bankowych (projekt GREDIA) [6, 7] oraz technologii GridSpace (zaprojektowanej z myślą o doświadczeniach *in-silico*) [8], uzupełniamy rezultatami analizy wymagań użytkowników, przeprowadzonej w pierwszej fazie projektu PL-Grid [3] w toku dyskusji z przedstawicielami rozmaitych dziedzin nauki (m. in. fizyki, chemii i biologii) [9, 10, 11].

W ramach wirtualnego laboratorium PL-Grid aplikacje (nazywane eksperymentami) wykraczają poza prosty schemat instalacji i uruchamiania gotowych pakietów. Tworzenie eksperymentu obejmuje proces inkrementacyjnego lub eksploracyjnego rozwoju oprogramowania. Poszczególne etapy procesu eksperymentowania nie muszą być znane *a priori*, lecz mogą powstawać w oparciu o rezultaty wcześniejszych etapów.

Aby sprostać wymienionym wyżej wymaganiom nasze wirtualne laboratorium konstruujemy w oparciu o rozproszoną architekturę warstwową. Najwyższą warstwę tworzy portal sieciowy, stanowiący główny punkt dostępu do wszystkich mechanizmów laboratorium z każdej stacji roboczej wyposażonej w przeglądarkę WWW. Portal przykrywa warstwę pulpitu doświadczalnego (ang. Experiment Workbench), w ramach której dostępne są rozmaite narzędzia służące do tworzenia eksperymentów, kolaboracji, komunikacji oraz współdzielenia zasobów (np. fragmentów kodu napisanych w popularnych językach skryptowych, takich, jak Ruby, Python czy Perl) [12]. Niżej znajduje się warstwa wykonawcza (ang. Experiment Execution Layer), odpowiedzialna za interpretację kodu wprowadzanego za pośrednictwem portalu oraz jego wykonanie w kontekście indywidualnej przestrzeni doświadczalnych użytkownika na specjalnej maszynie dostępowej zwanej hostem eksperymentów. W skład wirtualnego laboratorium wchodzi również warstwa tzw. gemów – zasobów udostępnianych środowisku naukowemu przez projekt PL-Grid (sieci gridowych, zewnętrznych serwisów oraz repozytoriów danych). Użytkownicy

wirtualnego laboratorium mogą korzystać z tych zasobów w ramach tworzonych przez siebie eksperymentów.

Wirtualne Laboratorium PL-Grid umożliwia polskiej społeczności naukowej dostęp do szerokiej gamy bibliotek i pakietów oprogramowania – m. in. z zakresu symulacji biologicznych (AutoDock, BLAST, ClustalW2, CPMD, Gromacs, NAMD), chemii kwantowej (ACES II, ADF, CFOUR, CHARMM, Dalton, GAMESS, Gaussian, MacroModel, Molcas, Molpro, MOPAC, NWChem, OpenBabel, Siesta, TURBOMOLE) oraz fizyki i matematyki (Mepp, Mathematica, MATLAB). Lista zastosowań Wirtualnego Laboratorium obejmuje ponadto eksperymenty z zakresu biochemii (portal ChemPo, inicjatywa InSilicoLab) oraz wirusologii (ViroLab – the Virtual Patient Experiment). Konsorcjum projektowe pozostaje otwarte na współpracę z zespołami badawczymi pragnącymi skorzystać z zasobów obliczeniowych i narzędziowych projektu PL-Grid.

Podziękowania

Badania opisane w niniejszej pracy są współfinansowane przez Unię Europejską w ramach Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego POIG.02.03.00-00-007/08-00 jako część projektu PL-Grid (www.plgrid.pl) oraz przez ACK CYFRONET AGH (grant 500-08).

Bibliografia

- [1] M. Mitchell Waldrop: Science 2.0: Great New Tool, or Great Risk?, Scientific American, May, 2008, <http://www.scientificamerican.com/sciammag/?contents=2008-05>
- [2] M. Bubak, M. Malawski, T. Gubała, M. Kasztelnik, P. Nowakowski, D. Hareźlak, T. Bartynski, J. Kocot, E. Ciepiela, W. Funika, D. Krol, B. Balis, M. Assel, and A. Tirado Ramos. Virtual laboratory for collaborative applications. In M. Cannataro, editor, Handbook of Research on Computational GridTechnologies for Life Sciences, Biomedicine and Healthcare, r. XXVII, s. 531-551. IGI Global, 2009.
- [3] Projekt PL-Grid, <http://www.plgrid.pl/>
- [4] P.M.A Sloot, Peter V. Coveney, G. Ertayalan, V. Mueller, C.A. Boucher, and M. Bubak: HIV decision Support: from Molecule to Man. Philosophical Transactions of the Royal Society A, t. 367, s. 2691 – 2703, 2009, doi:10.1098/rsta.2009.0043.
- [5] Wirtualne laboratorium projektu ViroLab, <http://virolab.cyfronet.pl>
- [6] D. Hareźlak, P. Nowakowski, M. Bubak, "Appea: A Framework for Design and Implementation of Business Applications on the Grid", Proceedings of Computational Science – ICCS 2008, 8th International Conference Krakow, Poland, czerwiec 2008, t. III, LNCS 5103, Springer, 2008
- [7] Projekt GREDIA, <http://www.gredia.eu>
- [8] Portal środowiska GridSpace, <http://gs.cyfronet.pl>
- [9] M. Malawski, T. Gubała, T. Jadczyk, K. Prymula, I. Roterman i M. Bubak, Applications with Rich User Interface Powered by the GridSpace Virtual Laboratory, Proc. III KUKDM, Zakopane, 18-19 marca 2010, 55-56
- [10] D. Hareźlak, J. Kocot, M. Sterzel, T. Szepieniec i M. Bubak, Virtual Laboratory for in-silico experiments in Computational Chemistry, Proc. III KUKDM, Zakopane, 18-19 marca 2010, 57-58
- [11] P. Nowakowski, E. Ciepiela, T. Gubała, M. Malawski i M. Bubak, Support for the Full e-Experimentation Cycle in the Virtual Laboratory Infrastructure, Proc III KUKDM, Zakopane, 18-19 marca 2010, 68-69
- [12] M. Malawski, T. Bartyński i M. Bubak. Invocation of operations from script-based grid applications. Future Generation Computing Systems, 26(1):138-146, 2010.

THE PL-GRID VIRTUAL LABORATORY FOR THE LIFE SCIENCES DOMAIN

MACIEJ MALAWSKI, ERYK CIEPIELA, TOMASZ GUBAŁA, PIOTR NOWAKOWSKI,
DANIEL HAREŹŁAK, MAREK KASZTELNIK, JOANNA KOCOT, TOMASZ BARTYŃSKI, MARIAN BUBAK

*ACC Cyfronet AGH, ul. Nawojki 11, 30-950 Kraków, Poland
e.ciepiela@cyfronet.pl*

Modern life sciences, particularly simulations in biochemistry, genetics and virology, impose significant requirements on underlying IT infrastructures. Such requirements can be loosely grouped into two general domains: demand for computational resources and demand for new software tools facilitating effective, productive and collaborative exploitation of such resources by a vast range of beneficiaries. While the key goal of supporting scientific experimentation with computerized infrastructures remains the provision of large-scale computational and data storage facilities, it is equally important to supply scientists with tools which enable them to collaboratively develop, share, execute, publish and reuse virtual experiments [1].

The presented Virtual Laboratory, conceived as part of the ViroLab project [2] and currently being extended within the scope of the PL-Grid project [3] aims to respond to these requirements by supplying software which permits the execution of virtual experiments written in popular scripting languages on the distributed resources provided by five Polish computer centers. The goal of the Virtual Laboratory is to propose a model and facilities for exploratory, incremental scripting – already omnipresent in e-scientific research – and make it reusable and actionable for entire communities. It aims to bridge the gap between the oft-inaccessible high performance computing infrastructures and the end user's (i.e. domain scientist's) desktop computer, typically used to run calculations and collate experimental data. Rather than persuade the scientists to change their daily habits, we wish to provide an environment which meshes seamlessly with their style of work, yet extends their experimentation and collaboration potential with the capabilities of high-performance computing clusters.

Our experience gathered through development of the ViroLab Virtual Laboratory for virologists [2, 4, 5], the APPEA runtime environment for banking and media applications in GREDIA project [6, 7] as well as the GridSpace environment [8] for running in-silico experiments, has been augmented with user requirement analysis conducted during the initial phase of PL-Grid project [3], involving groups of scientists from various domains such as physics, chemistry and biology [9, 10, 11].

Within the PL-Grid Virtual Laboratory individual applications are referred to as experiments, which means that they go beyond simple and repeatable execution of installed programs. Indeed, they may involve experimentation or exploratory programming, where the application consists of multiple steps which are not known in advance and often are selected ad-hoc, based on the results of previous steps.

In order to meet these objectives the Virtual Laboratory follows a layered and distributed architecture, which begins with a web Portal (an entry point for the whole Virtual Laboratory) where users can access the Virtual Laboratory from any workstation equipped with a web browser. The portal, in turn, exposes the Experiment Workbench Layer – a common tool-rich workbench for all Virtual Laboratory researchers where they perform their daily experimentation, collaborate, communicate and share resources (such as reusable code written in a number of popular scripting languages, including Ruby, Python and Perl) [12]. Further below lies the Experiment Execution Layer where individual parts of experiments (also called snippets) provided by the users through the Portal are evaluated in the context of a particular user account on the so-called experiment host machine. The Virtual Laboratory also encompasses a layer of gems, i.e. resources available to the PL-Grid community, including PBS clusters, Grids, external services (e.g. Web Services) and data sources (e.g. RDBMSs) that users may make use of in the course of their research activities.

The GridSpace Virtual Laboratory enables easy access and usage of scientific software provided by PL-Grid. The offer includes biological packages (AutoDock, BLAST, ClustalW2, CPMD, Gromacs, NAMD); quantum chemistry applications (ACES II, ADF, CFOUR, CHARMM, Dalton, GAMESS, Gaussian, MacroModel, Molcas, Molpro, MOPAC, NWChem, OpenBabel, Siesta, TURBOMOLE) as well

as mathematics and physics-oriented tools (Mepp, Mathematica, MATLAB). The Virtual Laboratory is also being applied in the domains of biochemistry (the ChemPo portal and the InSilicoLab initiative) and virology (the ViroLab Virtual Patient Experiment). The project consortium is always on the lookout on potential new users and extends an invitation for the Polish scientific community to take advantage of the PL-Grid computing infrastructure and software resources.

Acknowledgements

The research presented in this paper has been partially supported by the European Union within the European Regional Development Fund program no. POIG.02.03.00-00-007/08-00 as part of the PL-Grid project (www.plgrid.pl) and ACC Cyfronet AGH grant 500-08.

References

- [1] M. Mitchell Waldrop: Science 2.0: Great New Tool, or Great Risk?, Scientific American, May, 2008, <http://www.scientificamerican.com/sciammag/?contents=2008-05>
- [2] M. Bubak, M. Malawski, T. Gubala, M. Kasztelnik, P. Nowakowski, D. Harezlak, T. Bartynski, J. Kocot, E. Ciepiela, W. Funika, D. Krol, B. Balis, M. Assel, and A. Tirado Ramos. Virtual laboratory for collaborative applications. In M. Cannataro, editor, Handbook of Research on Computational GridTechnologies for Life Sciences, Biomedicine and Healthcare, r. XXVII, s. 531-551. IGI Global, 2009.
- [3] Projekt PL-Grid, <http://www.plgrid.pl/>
- [4] P.M.A Sloom, Peter V. Coveney, G. Ertayalan, V. Mueller, C.A. Boucher, and M. Bubak: HIV decision Support: from Molecule to Man. Philosophical Transactions of the Royal Society A, t. 367, s. 2691 – 2703, 2009, doi:10.1098/rsta.2009.0043.
- [5] Wirtualne laboratorium projektu ViroLab, <http://virolab.cyfronet.pl>
- [6] D. Harezlak, P. Nowakowski, M. Bubak, "Appea: A Framework for Design and Implementation of Business Applications on the Grid", Proceedings of Computational Science – ICCS 2008, 8th International Conference Krakow, Poland, czerwiec 2008, t. III, LNCS 5103, Springer, 2008
- [7] Projekt GREDIA, <http://www.gredia.eu>
- [8] Portal środowiska GridSpace, <http://gs.cyfronet.pl>
- [9] M. Malawski, T. Gubala, T. Jadczyk, K. Prymula, I. Rotermań i M. Bubak, Applications with Rich User Interface Powered by the GridSpace Virtual Laboratory, Proc. III KUKDM, Zakopane, 18-19 marca 2010, 55-56
- [10] D. Harezlak, J. Kocot, M. Sterzel, T. Szepieniec i M. Bubak, Virtual Laboratory for in-silico experiments in Computational Chemistry, Proc. III KUKDM, Zakopane, 18-19 marca 2010, 57-58
- [11] P. Nowakowski, E. Ciepiela, T. Gubala, M. Malawski i M. Bubak, Support for the Full e-Experimentation Cycle in the Virtual Laboratory Infrastructure, Proc. III KUKDM, Zakopane, 18-19 marca 2010, 68-69
- [12] M. Malawski, T. Bartyński i M. Bubak. Invocation of operations from script-based grid applications. Future Generation Computing Systems, 26(1):138-146, 2010.

OCENA DOSTĘPNYCH ALGORYTMÓW PRZETWARZANIA BIAŁKOWYCH SPEKTRÓW MASOWYCH

MICHAŁ MARCZYK

Instytut Automatyki, Politechnika Śląska, 44-100 Gliwice

Analiza profili masowych płynów ustrojowych przy pomocy spektrometrii MALDI – ToF jest popularną techniką poszukiwania biomarkerów białkowych, które mają potencjalne zastosowanie we wczesnym wykrywaniu i wspomaganiu diagnostyki nowotworów. Typowa strategia przyjęta przy walidacji nowych biomarkerów zakłada dwa podstawowe aspekty. Predykcyjne właściwości odkrytych cech różnicujących muszą być udowodnione poprzez klasyfikację spektrów osób chorych i kontroli. Następnie cechy te muszą zostać powiązane z białkami/peptydami występującymi w analizowanych próbkach. Dlatego większość procedur przetwarzania spektrów masowych opiera się na zmniejszeniu wymiarowości spektrum do jedynie znaczących cech (pików) i założeniu, że każdy pik odpowiada pojedynczemu białku/peptydowi, a pozycje w skali m/z i wysokości znalezionych pików niosą bezpośrednią informację o składzie badanej substancji.

W literaturze pojawiło się kilkadziesiąt różnych podejść przetwarzania spektrów masowych. Jednak do tej pory nie istnieją z góry ustalone standardy wyboru technik najbardziej efektywnych dla tego typu danych. Wyszczególniono jedynie kroki przetwarzania, które powinny zostać wykonane, w celu wydobycia pożądanej informacji z surowych spektrów. W prezentowanej pracy przedstawiono tylko wybrane algorytmy, które porównywano na dwóch płaszczyznach. Zbadano możliwości różnicujące wykrytych cech, poprzez klasyfikację rzeczywistych zbiorów danych oraz zdolności rekonstrukcji białek/peptydów zawartych w testowanej próbce. Ponieważ skład ten nie jest znany, użyto wirtualnej maszyny do wygenerowania sztucznych spektrów.

Pomimo wielu opublikowanych badań, naukowcy zajmujący się poszukiwaniem biomarkerów, wciąż napotykają na wiele poważnych problemów. Istniejące metody przetwarzania spektrów masowych są bardzo wrażliwe na zmiany w protokołach pozyskiwania danych, czy oprzyrządowaniu. Zidentyfikowane biomarkery danego nowotworu różnią się pomiędzy różnymi grupami badawczymi. Kluczowym staje się wybór odpowiednich ustawień użytych metod. Dlatego istnieje ciągła potrzeba testowania nowych procedur oraz zautomatyzowania dostrajania parametrów istniejących algorytmów.

Słowa kluczowe: przetwarzanie spektrów, MALDI – ToF, biomarkery.

EVALUATION OF AVAILABLE PROTEIN MASS SPECTRA PRE-PROCESSING ALGORITHMS

MICHAŁ MARCZYK

Institute of Automatic Control, Silesian University of Technology, 44-100 Gliwice, Poland

Analysis of the profiles of body fluids by MALDI – ToF mass spectrometry is a popular technique used for searching of protein biomarkers that have potential application in early detection and diagnose of a cancer. A typical strategy used in validation of new biomarkers involves two basic aspects. Predictive properties of discovered differing features must be proven by classification of patients and controls spectra. Then, these features must be connected to proteins / peptides present in the analyzed samples. Therefore, most mass spectra pre-processing procedures are based on reducing dimensionality of the spectrum to only significant features (peaks), assuming that each peak corresponds to a single protein / peptide and its position in the m/z scale, and height carry direct information on the composition of the test substance.

In the literature there are several different approaches of mass spectra processing. But so far there are no standards for selection of techniques that are the most effective for this type of data. Only the pre-processing steps that should be done in order to extract the desired information from raw spectra are specified. This paper presents some algorithms that are compared on two levels. By the classification of real data sets differentiating potential of detected features was examined and the ability to reconstruct proteins / peptides in the test sample was checked. Since the composition of the specimen is not known, we used a virtual machine to generate artificial spectra.

Despite many published studies, scientists searching for biomarkers, still encounter many serious problems. Existing methods for mass spectra pre-processing are very sensitive to changes in data collection protocols, or instrumentation. Identified biomarkers of cancer varies between different research groups. The key is to choose the appropriate settings of the methods used. Thus, there is a need to test new procedures and automate the tuning of parameters of existing algorithms.

Keywords: spectra pre-processing, MALDI - TOF, biomarkers.

WEWNĘTRZNE POLA SIŁOWE W MOLEKULE BIAŁKA

PIOTR MAREK^{1,2}, IRENA ROTERMAN¹

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medium
Łazarza 16, 31-530 Kraków*

²*Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej, Uniwersytet Jagielloński,
Reymonta 4, 30-059 Kraków*

Istnieje wiele sił, które są odpowiedzialne za fałdowanie białek oraz za stabilizację białka w jego strukturze natywnej. Cztery pola siłowe reprezentujące różne formy oddziaływań zostały wzięte pod uwagę i zaimplementowane w programie. Te cztery pola to oddziaływania: Van der Waalsa, elektrostatyczne, torsyjne oraz hydrofobowe. Głównym celem pracy było znalezienie specyfiki pola generowanego przez każde z oddziaływań.

Aby znaleźć zależności pomiędzy polami siłowymi powstała aplikacja Force Fields Calculator. Program ten oblicza wartości wspomnianych wcześniej czterech pól siłowych. Danymi wejściowymi jest plik w formacie PDB. Jako rezultat zwracane są: tabela z numerami poszczególnych aminokwasów i wartościami poszczególnych pól siłowych, które wyrażają interakcje z sąsiadującymi aminokwasami (odległość odcięcia 9 Å). Wykres zależności pomiędzy wartościami pól siłowych pozwala rozpoznać charakterystyczne miejsca. Wartości oddziaływań mogą także zostać zapisane do pliku PDB w kolumnach "occupancy" i "beta factor" w zależności od potrzeby. Pozwala to na wizualizację cząsteczki w przestrzeni 3D. Taka prezentacja pozwala na zidentyfikowanie obszarów charakterystycznych w danej molekuły i dlatego nazwane jest to wewnętrznym polem siłowym.

Molekuły dużych rozmiarów same generują pola siłowe pozwalając na zlokalizowanie urozmaiconych fragmentów molekuły.

Zostanie zaprezentowany program jak również wyniki działania tego programu.

Interpretacja wyników jest konieczna do znalezienia specyficznych fragmentów białka. Zróżnicowanie lokalnej charakterystyki jest założeniem ogólnym, aby była możliwość zmian struktury bardzo często powiązanych z biologiczną aktywnością białka.

Słowa kluczowe: białko, pole siłowe, elektrostatyczne, Van der Waals, torsyjne, hydrofobowe.

INTERNAL FORCE FIELD IN PROTEIN MOLECULE

PIOTR MAREK^{1,2}, IRENA ROTERMAN¹

¹*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University - Medical College,
Lazarza 16, 31-530 Krakow, Poland*

²*Faculty of Physics, Astronomy and Applied computer Science; Jagiellonian University,
Reymonta 4, 30-059 Krakow, Poland*

There are lots of forces which are responsible for protein folding and for the stability of protein in its native structural form. Four components expressing different forms of interactions have been taken under consideration and implemented to the program. The types of interactions present in the analysis are: Van der Waals's, electrostatic, torisonal and hydrophobic. The main aim of the work was to identify the specificity of the field generated by each type of interaction if any.

The application named Force Field Calculator was generated. This program calculates the values of the four force fields mentioned above. The input data were taken from PDB. The output presents the list of residues in protein with the values of the energy expressing the interaction with the neighbors (cutoff distance 9 Å). The one-dimensional profile visualizing the magnitude of local interaction (one residue) allows recognition of the regions of specific characteristics. The energy values put into PDB file in the column "occupancy" or "beta factor" allows also the presentation of energy values distribution in 3-D presentation. Such presentation identifies the areas of specific characteristics in protein molecule. This is why it is called "internal force field".

The large size of protein molecule generates the force field for it self allowing localization of the differentiated fragments of the molecule.

The program as well as the results of the analysis will be presented.

The interpretation of final results is expected to identify the specificity of particular fragments of protein molecule. The differentiation of local characteristics is assumed to be necessary to ensure the possible structural changes related very frequently with the biological activity of protein.

Keywords: forcefield, protein, electrostatic, Van der Waals, hydrophobic, torisonal.

ZASTOSOWANIE MODELOWANIA KOMPARTMENTOWEGO DO SZACOWANIA DAWEK PROMIENIOWANIA JONIZUJĄCEGO W DIAGNOSTYCE MEDYCZNEJ

KATARZYNA MATUSIAK, ALEKSANDRA JUNG

*Katedra Fizyki Medycznej i Biofizyki, AGH Akademia Górniczo-Hutnicza, Kraków, Polska;
jung@mail.ftj.agh.edu.pl*

Medycyna nuklearna odgrywa istotną rolę wśród technik diagnostycznych i terapeutycznych. Stosowanie farmaceutyków znakowanych radioizotopami podczas procedur medycznych wiąże się jednak z wystąpieniem narażenia radiologicznego. Określenie dawki, która będzie jednocześnie na tyle wysoka, że da jednoznaczny obraz diagnostyczny, a z drugiej strony będzie bezpieczna dla pacjenta, stanowi jeden z istotnych problemów ochrony radiologicznej. Obecnie istnieje wiele procedur, które pozwalają na szacowanie dawek, co jest wykorzystywane do ich optymalizacji (zredukowania). Jednym z tzw. „złotych standardów” jest metoda opracowana przez Komitet MIRD (Medical Internal Radiation Dose). Obliczenia wykonywane w oparciu o proponowany w powyższej metodzie schemat nie są jednak w pełni precyzyjne, pomijają bowiem informacje dotyczące pacjenta, takie jak waga czy płeć, które mogą mieć znaczący wpływ na zaniżenie lub zawyżenie szacowanego narażenia.

Celem badań było zaproponowanie modelu matematycznego przydatnego w określaniu dawki, który pozwalałby na indywidualizację obliczeń. Zastosowanie w tym przypadku modelu kompartmentowego, pozwala na przewidywanie zachowania się różnych radiofarmaceutyków, uwzględnia bowiem ich czasy przebywania w poszczególnych organach, różne drogi eliminacji oraz ich stopień usuwania, które to czynniki są różne dla różnych pacjentów. Obliczenia oparte o ten wzorzec pozwalają na dokładniejsze obliczenia i indywidualizację dawki, jaką otrzymuje pacjent podczas badania.

W porównywaniu odmiennych typów kinetyki radiofarmaceutyków istotnym czynnikiem różnicującym jest fizyczny czas połowicznego rozpadu. Oceniono więc dwa skrajnie różniące się pod tym względem radiofarmaceutyki. Pierwszy typ kinetyki reprezentowany był przez $^{99m}\text{Tc-EC}$ (EC - etylenodicysteina), który jest wykorzystywany podczas dynamicznego badania nerek. Izotop ^{99m}Tc ma relatywnie krótki fizyczny czas połowicznego rozpadu (~6h) oraz biologicznego usuwania (rzędu minut lub godzin). W drugiej z wybranych procedur wykorzystywany był mocznik znakowany izotopem ^{14}C do oceny zakażenia *Helicobacter pylori* podczas testu oddechowego. Radioizotop ten ma długi fizyczny czas połowicznego rozpadu (5730 lat), natomiast czas biologicznego półrozpadu jest znacząco krótszy (rzędu godzin czy dni). Wartość biologicznego czasu połowicznego zaniku otrzymana doświadczalnie silnie zależała od stanu zdrowia pacjenta dla obu wspomnianych testów. W przypadku aplikacji ^{99m}Tc wartość biologicznego czasu półzaniku związana była ze stopniem upośledzenia czynności nerek, a w przypadku stosowania mocznika znakowanego ^{14}C – ze stopniem zakażenia *Helicobacter pylori*.

Reasumując, szacowanie dawek z wykorzystaniem MIRD może mieć charakter wstępny. W celu uzyskania bardziej szczegółowych i zindywidualizowanych wyników w zakresie szacowania dawki otrzymanej przez pacjenta w trakcie testu diagnostycznego z wykorzystaniem radiofarmaceutyków, sugerowane jest wykorzystanie modelowania kompartmentowego.

Słowa kluczowe: modelowanie kompartmentowe, dawka, medycyna nuklearna

APPLICATION OF COMPARTMENTAL MODELING FOR RADIATION DOSES ESTIMATION IN MEDICAL DIAGNOSIS

KATARZYNA MATUSIAK, ALEKSANDRA JUNG

*Department of Medical Physics and Biophysics, AGH University of Science and Technology,
Krakow, Poland; jung@mail.ftj.agh.edu.pl*

Nuclear medicine performs an important role among different diagnostic and therapeutic techniques. Different pharmaceuticals labeled by various radioisotopes in a variety of clinical procedures are used giving dissimilar exposure to dose. It is a common problem to define a dose which is sufficient to obtain clear diagnostic results and is at the same time as low as possible for the patient. Radiopharmaceutical administration is therefore always combined with hazard but the aim of current research is to reduce it as much as reasonable possible. There are many procedures to estimate the dose for the most popular tests with radiopharmaceutics, one of the gold standards is a method developed by the MIRD (Medical Internal Radiation Dose) Committee. However, calculations done using this protocol are not enough to estimate appropriate doses, as it does not take into account important parameters like patient weight or gender, what causes a relatively high uncertainty.

The aim of this investigation was to propose a proper mathematical model able to solve the mentioned problems. The best choice was the application of the compartment model as it allowed us to distinguish different patients and organs as radiopharmaceutics sources, and to take into consideration variable residence time, the different way and rate of elimination. All those factors gave a more adequate analysis when compared to dose calculation simple protocol.

Two particularly different kinds of radiopharmaceutical's kinetics were considered. Physical decay time of radioisotope was chosen as the distinguishing parameter. Procedure with ^{99m}Tc -EC (EC – ethylenedicycysteine) was tested, where ^{99m}Tc has relatively fast physical (~6h) and biological decay time (range of minutes or hours). The second procedure used ^{14}C labeled urea and in this case physical decay time is long (5730 y) and biological decay time is comparatively short (range of hours or days). The values of biological decay time were obtained experimentally and depended strongly on patient condition, in case of ^{99m}Tc application were connected with result of diagnostic investigation of kidney function and in case of ^{14}C urea test – positive or negative results on presence of *Helicobacter pylori*.

Obtained results showed that MIRD estimation can be used as a preliminary estimation of radiological hazard, for more adequate results application of compartmental modeling is suggested as it gives the opportunity for individualization of results.

Keywords: compartmental modeling, radiation dose estimation, nuclear medicine

TERAPIA FOTODYNAMICZNA MELANOMY. MODELOWANIE METODĄ MONTE CARLO TRANSPORTU ŚWIATŁA W UPIGMENTOWANEJ SKÓRZE LUDZKIEJ

ZENON MATUSZAK

*Katedra Fizyki Medycznej i Biofizyki, Wydział Fizyki i Informatyki Stosowanej
Akademia Górniczo-Hutnicza, al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków
matuszak@novell.ftj.agh.edu.pl*

Spośród metod używanych do leczenia nowotworów w praktyce klinicznej, terapia fotodynamiczna PDT (PDT –Photodynamic Therapy) jest narzędziem stosunkowo nowym. PDT jest adaptacją chemoterapii. Niszczenie komórek nowotworowych w procesie PDT wymaga współpracy trzech elementów: fotouczulacza (PS) tlenu (O_2) oraz światła. W celu zniszczenia tkanki nowotworowej elementy te muszą współdziałać by wytworzyć dostateczne stężenie związków cytotoksycznych, reaktywnych form tlenu ROS (ROS- Reactive Oxygen Species), przede wszystkim tlenu singletowego (1O_2).

Jednym z warunków efektywnej generacji 1O_2 jest uzyskanie dostatecznej intensywności światła w miejscu lokalizacji PS wewnątrz zmiany nowotworowej, a czyni tę kwestię oceny rozkładu intensywności światła w tkance problemem o podstawowym znaczeniu. Rozwiązanie tego problemu jest szczególnie trudne dla tkanek silnie pigmentowanych, których przykładem jest czerniak złośliwy.

W prezentowanej pracy przebadano propagację światła w modelu warstwowym skóry ludzkiej uwzględniającym obecność melaniny (w formie warstwy melanosomów) oraz dla środowisk fantomowych. Równanie transportu promieniowania (RTE) rozwiązano z użyciem metody Monte Carlo (MC), symulacje przeprowadzono dla długości fal 448 nm i 640 nm, co odpowiada wysokiemu i niskiemu poziomowi absorpcji światła przez melaninę. Wyniki (izomapy poziomu intensywności światła) pokazują, że na rozkład pola świetlnego w tkance wpływa zarówno własności absorpcyjne, jak też rozproszeniowe melaniny. Przedyskutowano wpływ ilości melaniny oraz własności optycznych tkanek na efektywność PDT tkanek pigmentowanych.

Słowa kluczowe: terapia fotodynamiczna, melanina, skóra, transport światła, Monte Carlo, modelowanie

PHOTODYNAMIC THERAPY OF MELANOMA. MONTE CARLO MODELLING OF LIGHT TRANSPORT IN HUMAN PIGMENTED SKIN

ZENON MATUSZAK

*Department of Medical Physics and Biophysics, Faculty of Physics and Applied Computer Sciences,
Academy of Mining and Metallurgy, AGH-UST, al. Mickiewicza 30, 30-059 Cracow
matuszak@novell.ftj.agh.edu.pl*

Among many available methods used in clinical practice to treat the cancer tissues, Photodynamic therapy (PDT) is a relatively new tool. PDT is an adaptation of chemotherapy. Elimination of cancerous cells requires simultaneous cooperation of three elements: photosensitizer (PS), oxygen (O_2) and light.

To destroy the cancerous tissue all these elements have to work together to produce a sufficiently high concentration of cytotoxic reagents, reactive forms of oxygen (ROS), mainly singlet oxygen 1O_2 . To effectively generate 1O_2 , light intensity needed for the activation PS should achieve appropriate value in the place of the location of PS within the cancerous lesion. Therefore the issue of evaluation of the light intensity distribution within tissue is a problem of fundamental importance. Solving it is particularly difficult in case of the strongly pigmented tissues, including malignant melanoma.

Light propagation in layered models of the human skin taking into account the presence of melanin (in form of melanosomes layer) and in optical phantoms containing melanin was examined. In this work/presentation light propagation in layered models of the human skin taking into account presence of melanin (in form of melanosomes layer) was examined. Radiance Transport Equation (RTE) was solved using Monte Carlo (MC) method. The simulations were performed for wavelengths of 448 nm and 640 nm, corresponding to the strong and weak light absorption by melanin respectively. Results (isomaps of light intensity) show that the presence of the melanin influences the light field distribution within tissue not only through the absorption, but through scattering processes as well. Influence of optical parameters of the tissue and melanin content on the strategy of PDT of pigmented tissues was discussed.

Keywords: photodynamic therapy, melanin, skin, light transport, Monte Carlo, modeling

KOMPUTEROWA SYMULACJA PROCESU MELANOGENEZY. MODELOWANIE ZJAWISKA LAG-PERIODU I PROCESU PRZEŁĄCZENIOWEGO FEOMELANINA - EUMELANINA

ZENON MATUSZAK, KUCHARSKA JOANNA, SZYKOWNA EWA

*Katedra Fizyki Medycznej i Biofizyki, Wydział Fizyki i Informatyki Stosowanej
Akademia Górniczo-Hutnicza, al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków
matuszak@novell.ftj.agh.edu.pl*

Melaniny są barwnikami szeroko rozpowszechnionymi w przyrodzie, u człowieka występują nie tylko w skórze, ale także w tęczówce oka, nabłonku upigmentowanym dna oka, mózgu, uchu wewnętrznym itd.. Melanina pełni liczne role fizjologiczne, między innymi decyduje o wyglądzie skóry, pełni też rolę fotoochronną.

Pigmenty melaninowe są produkowane jest w wieloetapowym procesie zwanym melanogenezą, który proces rozpoczyna się od aminokwasu tyrozyny. Podstawową rolę w syntezie melaniny odgrywa tyrozynaza. Enzym ten zawiera w centrum aktywnym dwa atomy miedzi. Wyjątkową cechą tyrozynazy jest katalizowanie przez ten enzym dwu reakcji. Tyrozynaza wykazuje aktywność monofenolazy i difenolazy, co prowadzi do istnienia dwu sprzężonych ze sobą cykli enzymatycznych. Fakt ten jest wyjaśniany poprzez istnienie dwu współpracujących cykli enzymatycznych i przejawia się w występowaniu charakterystycznego zjawiska kinetycznego tzw. lag-periodu, opóźnienia w rozpoczęciu przebiegu reakcji enzymatycznej z widoczną szybkością.

W melanogenezie mogą być syntetyzowane dwa rodzaje pigmentu: brązowo-czarna eumelanina oraz czerwono-brązowa feomelanina. Wydajność procesu syntezy feomelaniny związana jest z obecnością związków tiolowych (glutationu, cysteiny) a stosunek pomiędzy Eu-/a feomelaniną w końcowym produkcie melaninie decyduje o końcowym wyglądzie skóry. W badaniach eksperymentalnych stwierdzono, że to właśnie feomelanina produkowana jest jako pierwsza, dopiero później zaczyna dominować synteza eumelaniny, ale każda z granul pigmentu zawiera oba jego rodzaje.

Model kinetyczny aktywności tyrozynazy użyty w symulacjach czasu trwania lag-periodu LPDT (LPDT - lag period duration time) uwzględnia istnienie trzech aktywnych form tyrozynazy: - oxy, - met i - deoxy oraz współdziałanie pomiędzy nimi. W części pierwszej pracy zostały przedyskutowane wyniki symulacji LPDT w zależności od stężeń mono-, difenoli oraz tyrozyny. Wykazano, że rosnące stężenia mono- i difenoli silnie wpływają na redukcję LPDT, co jest w zgodzie z wynikami badań eksperymentalnych.

W części drugiej pracy przedyskutowano jednokompartментowy kinetyczny model przełączeniowy produkcji melaniny oparty o klasyczny schemat reakcji syntezy melaniny znany jako zmodyfikowany schemat Rapera-Masona. Pokazane zostaną wyniki symulacji kinetyki procesu przełączeniowego w oparciu o klasyczny schemat melanogenezy, schemat Rapera-Masona. Symulacje komputerowe potwierdziły wyniki eksperymentu: istnienie mechanizmu przełączeniowego w produkcji eu-/i feomelaniny zależnego od stężenia tioli. Produkcja eumelaniny zaczyna dominować po wyczerpaniu się dostępnych tioli, intensywność produkcji obu rodzajów melaniny zależy od stężeń wszystkich rozważanych reagentów. Uzyskane wyniki umożliwiają głębszy wgląd w mechanizmy kontroli wewnątrz melanosomu.

Słowa kluczowe: melanogeneza, tyrozynaza, melanina, kinetyka, simulation, lag-period, przełączenie

COMPUTER SIMULATION OF THE MELANOGENESIS. MODELLING OF THE LAG-PERIOD PHENOMENON AND EUMELANIN - PHEOMELANIN SWITCHING PROCESS

ZENON MATUSZAK, JOANNA KUCHARSKA, SZYKOWNA EWA

*Department of Medical Physics and Biophysics, Faculty of Physics and Applied Computer Sciences,
Academy of Mining and Metallurgy, AGH-UST al. Mickiewicza 30, 30-059 Cracow
matuszak@novell.ftj.agh.edu.pl*

Melanins are pigments widely-spread in nature. In humans the melanins are present not only in skin, but also in iris, in eye fundus epithelium, brain, inner ear etc. The melanin performs numerous physiological functions, among others it determines skin appearance, it also plays basic role in human photoprotection.

Melanin pigments are produced in the multistage process known as melanogenesis. It starts from amino acid tyrosine. The key enzyme in melanin synthesis process is tyrosinase. This enzyme contains two copper atoms in its active centre. It has an exceptional ability of catalysing two reactions in melanin synthesis process, thus demonstrating so-called monophenolase and diphenolase activity. This fact is explained by the existence of two cooperating enzymatic cycles which manifests in characteristic kinetic behaviour of the enzyme which is known as lag-period phenomenon and consists in delay in start of enzymatic reaction at an observable rate.

During melanogenesis two kinds of pigment are synthesized: brown-black eumelanin and red-brown pheomelanin. Productivity of pheomelanin is dependent on presence and availability of thiols (glutathione and cysteine) and ratio of eumelanin to pheomelanin demonstrates strong influence on final appearance of the skin. It was established experimentally that pheomelanin is produced as first, the synthesis of eumelanin starting later, but every granule of natural pigment contains both kinds of melanin.

Kinetic model of the tyrosinase activity used in simulation of lag-period duration time (LPDT) takes into account three kinetic forms of the enzyme: -oxy, -met and -deoxy and their interactions. Simulations of the LPDT as functions of concentrations of mono- and diphenols and tyrosinase are discussed in part one of the work. It was demonstrated, that the growing concentrations of mono- and diphenols strongly affect the reduction of LPDT, which is in accordance with experimental findings.

In part two of the work the one-compartment kinetic switching model of melanin productivity based on classic reaction scheme of melanogenesis known as modified Raper-Mason scheme is discussed. Computer simulations were conducted for various concentrations of basic reagents, mono- and diphenols, enzymes and thiols. Simulation results confirmed the results of experiments: the existence of switching mechanism dependent on thiol concentration in production of eu- and pheomelanin. The production of eumelanin really starts to dominate in melanin synthesis after the exhaustion of available thiols, intensity of production of both kind of melanins being a function of all considered reagents. The results achieved /make possible deeper understanding of control mechanisms inside the melanosomes.

Keywords: melanogenesis, tyrosinase, melanin, kinetics, simulation, lag-period, switching

REKONSTRUKCJA STAWU RZEKOMEGO GOLENI PRZY UŻYCIU GWOŹDZIA ŚRÓDSZPIKOWEGO, ODPIĘTOWEGO T2 - OPIS PRZYPADKU

PRZEMYSŁAW MATUSZEWSKI, WOJCIECH MIKUŁA, KATARZYNA KIWERSKA–JAGODZIŃSKA

*Oddział Urazowo Ortopedyczny Centrum Rehabilitacji im. prof. M. Weissa "STOCER",
Konstancin – Jeziorna
Ordynator Oddziału: Dr hab. med. Wojciech Mikuła*

W pracy przedstawiono przypadek rekonstrukcji stawu rzekomego goleni po złamaniu wieloodłamowym w 1/3 dalszej z artrozą stawu skokowo – goleniowego i skokowo - piętowego z towarzyszącym zespołem algodystroficznym przy użyciu gwoźdźcia śródszpikowego odpiętowego T2. Omówiono etapy leczenia oraz wyniki funkcjonalne.

Słowa kluczowe: złamanie, Pilon, staw rzekomy, rekonstrukcja, gwoźdź, śródszpikowy.

RECONSTRUCTION OF CRURAL PSEUDOARTHROSIS USING AN INTRAMEDULLARY T2 ANKLE ARTHRODESIS NAIL - A CASE REPORT

PRZEMYSŁAW MATUSZEWSKI, WOJCIECH MIKUŁA, KATARZYNA KIWERSKA–JAGODZIŃSKA

*Oddział Urazowo Ortopedyczny Centrum Rehabilitacji im. prof. M. Weissza "STOCER",
Konstancin - Jeziorna*

Here is presented a case of reconstruction of crural pseudoarthrosis using an intramedullary nail T2, after a comminuted fracture of the 1/3 distal with ankle joint arthrosis and also with algodystrophic syndrome. The particular treatment stages and the functional results were described here.

Keywords: fracture, Pilon, pseudoarthrosis, reconstruction, intramedullary, nail.

MIGRACJA DRUTU KIRSCHNERA W KIERUNKU KRĘGOSŁUPA SZYJNEGO - OPIS PRZYPADKU

PRZEMYSŁAW MATUSZEWSKI, WOJCIECH MIKUŁA, KATARZYNA KIWERSKA–JAGODZIŃSKA

*Oddział Urazowo Ortopedyczny Centrum Rehabilitacji im. prof. M. Weissa "STOCER",
Konstancin - Jeziorna
Ordynator Oddziału: Dr hab. med. Wojciech Mikuła*

Prezentujemy przypadek 49-letniego mężczyzny leczonego operacyjnie w 2006 roku z powodu złamania obojczyka lewego (zespoleńie obojczyka drutem Kirschnera). Po uzyskaniu zrostu złamania pacjent nie zgłosił się celem usunięcia materiału zespalającego. Przyjęty ponownie do Oddziału w 2009 roku z powodu drętwienia lewej kończyny górnej spowodowanego migracją drutu K poprzez trójkąt boczny szyi do szyjnego odcinka kręgosłupa.

Słowa kluczowe: obojczyk, złamanie, migracja, drut, Kirschner.

K-WIRE MIGRATION TOWARDS THE CERVICAL SPINE - A CASE REPORT

PRZEMYSŁAW MATUSZEWSKI, WOJCIECH MIKUŁA, KATARZYNA KIWERSKA–JAGODZIŃSKA

*Oddział Urazowo Ortopedyczny Centrum Rehabilitacji im. prof. M. Weissa "STOCER",
Konstancin - Jeziorna*

This is a case of a 49-year old man that was operated in 2006 because of left clavicle fracture (osteosynthesis using a K-wire).

After the fracture union had been achieved, the patient did not come to the hospital to remove the wire.

Then he was admitted again to the hospital in 2009 because of paresthesias in the left arm caused by K-wire migration through lateral triangle of the neck towards the cervical spine.

Keywords: clavicle, fracture, K-wire, migration.

ZASTOSOWANIE INTERPOLACJI METODĄ FUNKCJI SKLEJANYCH DO ANALIZY SYGNAŁÓW CHAOTYCZNYCH O ŚREDNIEJ I WYSOKIEJ ZŁOŻONOŚCI WYMIAROWEJ

KRZYSZTOF PIOTR MICHALAK, FELIKS JAROSZYK

*Katedra i Zakład Biofizyki, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
ul. Fredry 10, 61-701 Poznań; kmichalak@ump.edu.pl*

Miarą regularności w nieliniowych układach chaotycznych jest tzw. *Złożoność Wymiarowa* sygnału (d_c), którą można wyznaczać np. metodą Takensa-Ellnera lub Grassbergera-Proccacia. Algorytmy te dobrze się spisują w przypadku sygnałów dość regularnych, o złożoności nie przekraczającej $d_c=4$.

W przypadku sygnałów złożoności średniej ($3 < d_c < 5$) lub wysokiej ($d_c > 5$) pojawiają się istotne problemy z oszacowaniem d_c wynikające z konieczności precyzyjnego dobrania szerokości okna (W) do analizy, czyli długości fragmentu sygnału tworzącego jeden punkt w przestrzeni fazowej. Standardowe algorytmy poszukują stabilizacji d_c dla wymiarów zanurzenia $m > 2d_c + 1$. Wraz ze wzrostem m wzrasta jednak również W zgodnie ze wzorem $W = (m-1) \cdot L$, gdzie L (Lag) – odstęp między dwoma punktami serii. Przy niskiej złożoności sygnału akceptowane W jest dość duże i algorytmy działają poprawnie. Jeśli złożoność sygnału jest wysoka, przedział akceptowanego W jest wąski. Zwiększanie m powoduje, że W szybko wzrasta poza akceptowalny zakres. Oszacowanie d_c staje się trudne lub niemożliwe.

Rozwiązaniem jest zastosowanie stałej szerokości okna W przy zroście m . Odstęp L między punktami jest wyliczany ze wzoru $L = W/(m-1)$. Dla ułamkowych wartości L konieczne jest zastosowanie interpolacji pomiędzy danymi punktami serii. W bieżącym eksperymencie zastosowano tzw. interpolację funkcjami sklejanymi (*cubic interpolation*). Idea tej interpolacji to dopasowanie do każdego 2 kolejnych punktów sygnału wielomianu 3 stopnia, tak by w punktach styczności sąsiednie wielomiany miały tę samą pochodną. Dopasowany sygnał, jak i jego pochodna, nie mają wtedy punktów nieciągłości.

Analizie poddano sygnał o złożoności 6.034 będący złożeniem 3 sygnałów zmiennej x z układu równań Lorenza o zbliżonych, ale różnych skalach czasowych i jednakowej amplitudzie. Złożoność wymiarowa oszacowana była algorytmem Takensa-Ellnera przy parametrach algorytmu $I_1=0.99$ i $I_0=0.9999$. Z analizy odrzucono punkty leżące bliżej niż czas autokorelacji sygnału ($\tau=50\text{pkt}$) □□. Uzyskane wyniki jednoznacznie wskazują, że użycie stałej szerokości okna w połączeniu z interpolacją sygnału zdecydowanie poprawia jakość oszacowania złożoności wymiarowej sygnału. Przy podejściu klasycznym – w miarę wzrostu m i wzrastającego proporcjonalnie W wzrasta wartość oszacowania d_c . Nie obserwuje się obszaru plateau na funkcji $d_c = \text{fn}(m)$. Przy podejściu zmodyfikowanym, jeśli do analizy weźmie się stałą wartość W nieprzekraczającą ok. $4-6\tau$, obserwuje się wyraźną stabilizację oszacowywanej d_c dla $m > 2d_c + 1$. Oszacowywana wartość d_c jest różna dla różnych wartości W . Przy pomocy zmodyfikowanego algorytmu możliwe jest jednak bardzo precyzyjne określenie zależności $d_c = \text{fn}(W)$, na którym można poszukiwać bardzo wąskiego w przypadku sygnałów wysokowymiarowych przedziału plateau.

Słowa kluczowe: teoria chaosu deterministycznego, dynamika nieliniowa, złożoność wymiarowa, algorytm Takensa-Ellnera, interpolacja funkcjami sklejanymi.

THE USE OF THE CUBIC INTERPOLATION FOR THE ANALYSIS OF THE MEDIUM- AND HIGH-DIMENSIONAL CHAOTIC SIGNALS

KRZYSZTOF PIOTR MICHALAK, FELIKS JAROSZYK

*Katedra i Zakład Biofizyki, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
ul. Fredry 10, 61-701 Poznań; kmichalak@ump.edu.pl*

The measure of the regularity in the nonlinear chaotic systems is so called Dimensional Complexity of the signal (d_c). It can be estimated by using the Takens-Ellner or Grassberger-Proccacia algorithm. These algorithms work correctly in the case of low-dimensional signals possessing the $d_c < 4$.

In the case of the medium ($3 < d_c < 5$) or high ($d_c > 5$) dimensional signals the significant problems occur during the estimation of d_c . The reason is that the precise value of the window width (W) needs to be taken to the analysis. The W is the length of the fragment of the signal that creates one point in the phase space. The standard algorithms search for the stabilization of d_c for the embedding dimensions m higher than $m > 2 d_c + 1$. Together with the increase of m , W increases according to the formula $W = (m-1) \cdot L$, where L (Lag) stands for the distance between two consecutive points of the series building the point in the phase space. If d_c is low, the acceptable range of W is broad and algorithms work correctly. If d_c is high, the range of the acceptable W is narrow. The increase of m forces the rapid increase of W over the acceptable range. The estimation of d_c is difficult or impossible in this case.

The solution of this problem is the use of the constant W for increasing m . The Lag L between points is calculated by using the formula $L = W/(m-1)$. If L is fractional, the interpolation needs to be applied between the given points of the signal.

The cubic interpolation was applied in the current experiment. The main idea of this interpolation is the fitting of the polynomial of degree 3 to every 2 consecutive points of the signal. The derivatives in the border points of 2 neighboring polynomials have to be equal. The fitted signal and its derivative do not possess any discontinuity points in this case.

The signal having the $d_c = 6.051$, being the composition of 3 Lorenz equation signals (variable x) and possessing similar but different natural time scales and identical amplitudes was analyzed. d_c was estimated by using the Takens-Ellner algorithm. The parameters of the algorithm $I_1 = 0.99$ and $I_0 = 0.9999$ were used. The pairs of points lying closer than the autocorrelation time ($\tau = 50$ pts) were rejected from the analysis.

The obtained results unambiguously point that the use of the constant W in connection with cubic interpolation significantly improves the quality of the estimation of d_c . In the classic approach – the estimated d_c increases together with the increasing m and increasing W . No plateau area is visible in the relation $d_c = \text{fn}(m)$. In the modified approach – if W does not exceed $4-6\tau$, the clear stabilization of d_c is visible for $m > 2d_c + 1$.

The estimated d_c is different for different W -s. Very precise estimation of the relation $d_c = \text{fn}(W)$ is possible, however, that makes possible to estimate precisely the very narrow range of the plateau area in this relation that occurs in the case of high-dimensional signals.

Keywords: chaos theory, non-linear dynamics, dimensional complexity, Takens-Ellner algorithm, cubic interpolation.

WYKORZYSTANIE TASOWANIA SYGNAŁU DO OKREŚLENIA OPTYMALNEJ SZEROKOŚCI OKNA PRZY WYZNACZANIU ZŁOŻONOŚCI WYMIAROWEJ SYGNAŁÓW WYSOKOWYMIAROWYCH

KRZYSZTOF PIOTR MICHALAK, FELIKS JAROSZYK

*Katedra i Zakład Biofizyki, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
ul. Fredry 10, 61-701 Poznań; kmichalak@ump.edu.pl*

Miarą regularności w nieliniowych układach chaotycznych jest tzw. *Złożoność Wymiarowa* sygnału (d_c), którą można wyznaczać np. metodą Takensa-Ellnera lub Grassbergera-Proccacia. W przypadku sygnałów złożoności średniej ($3 < d_c < 5$) lub wysokiej ($d_c > 5$) pojawiają się z reguły istotne problemy z oszacowaniem d_c . Wynikają one z faktu, że konieczne jest precyzyjne dobranie szerokości okna (W) do analizy, czyli długości fragmentu sygnału tworzącego jeden punkt w przestrzeni fazowej. W przypadku sygnałów niskowymiarowych oszacowanie d_c jest z reguły prawidłowe dla dość dużego zakresu W oscylującego z reguły w przedziale $W=1-4\tau$ (τ - czas autokorelacji sygnału). W przypadku sygnałów średnio- i wysokowymiarowych przedział optymalnego W jest z reguły znacznie węższy, bądź też w ogóle nie obserwuje się obszaru plateau na wykresie $d_c=fn(W)$, a jedynie obszar o mniejszej pochyłości, co jest powodem trudności przy oszacowaniu ich d_c .

Tasowanie sygnału to metoda przetwarzania cyfrowego sygnału, której celem jest zniszczenie jego struktury chaotycznej. Polega ona na dokonaniu transformacji Fouriera badanego sygnału, losowym ustawieniu faz poszczególnych częstotliwości składowych i złożeniu sygnału z powrotem poprzez odwrotną transformację Fouriera. Jeśli d_c sygnału potasowanego jest większe niż sygnału oryginalnego, można mówić o istnieniu w badanym sygnale składowej deterministycznej.

Zarówno wartość oszacowania złożoności d_c dla sygnału oryginalnego jak i potasowanego zależą od użytej szerokości okna i rosną wraz z W . Jeśli W jest zbyt małe, d_c^{tas} sygnału potasowanego jest również niedoszacowane i ma zbliżoną wartość do d_c^{oryg} sygnału oryginalnego. Jeśli W jest zbyt duże, d_c^{oryg} jest przeszacowane i zbliża się do d_c^{tas} . Innymi słowy, można się spodziewać, że największa różnica między d_c^{tas} i d_c^{oryg} pojawia się wtedy, gdy szerokość okna jest dobrana optymalnie.

Analizie podano 2 sygnały A i B o $d_c^A=6.051$ i $d_c^B=8.068$ będące złożeniem zmiennych x odpowiednio z 3 i 4 sygnałów Lorenza o zbliżonych, choć różnych skalach czasowych (d_c pojedynczego sygnału Lorenza wynosi 2.017). Przy pomocy algorytmu Takensa-Ellnera określono dla tych sygnałów $d_c^{tas}=fn(W)$, $d_c^{oryg}=fn(W)$ oraz różnice pomiędzy tymi wartościami dla szerokiego zakresu szerokości okna. Użyto wymiarów zanurzenia $m^A=24$ i $m^B=32$, czyli wartości 4x większe niż d_c sygnałów. W algorytmie Takensa-Ellnera przyjęto parametry $I_1^{A,B}=0.9999$ oraz $I_0^A=0.98$ i $I_0^B=0.9992$. Na wykresach $d_c^{oryg}=fn(W)$ nie zaobserwowano wyraźnych obszarów plateau, które mogłyby być podstawą określenia optymalnej wartości W dla oszacowania d_c . Przebieg zależności $d_c^{tas}=fn(W)$ jest bardzo zbliżony do $d_c^{oryg}=fn(W)$, jednak dla wartości W odpowiadających w przybliżeniu $3-5\tau$ oszacowane d_c dla sygnałów potasowanych jest wyraźnie większe niż dla sygnałów oryginalnych. W tym właśnie przedziale W – odpowiadającym prawidłowemu oszacowaniu d_c , zaobserwowano największe różnice między sygnałem oryginalnym i potasowanym.

W przypadku sygnałów wysokowymiarowych wartość W , dla której obserwuje maksimum różnicy między d_c^{tas} i d_c^{oryg} wskazuje więc w przybliżeniu na optymalną wartość szerokości okna, którą należy wybrać do oszacowania d_c sygnału.

Słowa kluczowe: teoria chaosu deterministycznego, dynamika nieliniowa, złożoność wymiarowa, algorytm Takensa-Ellnera, interpolacja funkcjami splekanymi.

THE USE OF THE SHUFFLED SIGNALS FOR THE ESTIMATION OF THE PROPER WINDOW WIDTH FOR THE CALCULATION OF THE DIMENSIONAL COMPLEXITY OF THE HIGH-DIMENSIONAL SIGNALS

KRZYSZTOF PIOTR MICHALAK, FELIKS JAROSZYK

*Katedra i Zakład Biofizyki, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
 ul. Fredry 10, 61-701 Poznań; kmichalak@ump.edu.pl*

The measure of the regularity in the nonlinear chaotic systems is so called Dimensional Complexity of the signal (d_c). It can be estimated by using the Takens-Ellner or Grassberger-Proccacia algorithm. In the case of the medium ($3 < d_c < 5$) or high ($d_c > 5$) dimensional signals the significant problems occur during the estimation of d_c . The reason is that the precise value of window width (W) needs to be taken to the analysis. W is the length of the fragment of the signal that creates one point in the phase space. In the case of the low-dimensional signals the estimated d_c is as a rule correct for the broad range of W oscillating in the area $W = 1 - 4\tau$ (τ - autocorrelation time of the signal). In the case of medium- and high-dimensional signals the range of the correct W is very narrow or even the plateau in the relation $d_c = \text{fn}(W)$ is not observed, but only the area of the lower slope. It is the reason of the difficulties during the estimation of their d_c .

The shuffling of the signal is the method of the digital processing of the signal. Its aim is to destroy the chaotic structure of the signal and to generate the stochastic signal that possesses the same Fourier spectrum like the original one. The shuffling procedure consists of 3 phases: (a) Fourier transformation of the signal, (b) setting the random values of the phases of the consecutive frequencies and (c) invert Fourier transformation that creates so called shuffled signal or surrogate. If the d_c of the shuffled signal (d_c^{shuf}) is higher than the d_c of the original one (d_c^{orig}), one can conclude that the chaotic component exists in the analyzed signal.

Both the estimated d_c^{shuf} -s and d_c^{orig} -s depend on the used W and increase with increasing W . If W is too small, d_c^{shuf} is underestimated and it is similar to d_c^{orig} . If W is too large, d_c^{orig} is overestimated and it is similar to d_c^{shuf} . In other words, one can expect that the highest difference between d_c^{orig} and d_c^{shuf} should be observed approximately if W is chosen correctly.

Two signals A and B possessing the $d_c^A = 6.051$ and $d_c^B = 8.068$, being the composition of 3 and 4 Lorenz signals (variable x) and possessing similar but different natural time scales were analyzed. Their relations $d_c = \text{fn}(W)$ were estimated both for original and shuffled signals by using Takens-Ellner algorithm. Additionally, the relations $d_c^{\text{shuf}} - d_c^{\text{orig}} = \text{fn}(W)$ were analyzed.

The used embedding dimensions were $m^A = 24$ i $m^B = 32$ that correspond approximately to $4d_c$ of the signals. The parameters of the Takens-Ellner algorithm $I_1^{A,B} = 0.9999$, $I_0^A = 0.98$ and $I_0^B = 0.9992$ were used.

No distinct plateau areas were observed in the relations $d_c^{\text{orig}} = \text{fn}(W)$ that could be the bases for the estimation of the correct choice of W for d_c estimation. The relations $d_c^{\text{shuf}} = \text{fn}(W)$ were very similar to $d_c^{\text{orig}} = \text{fn}(W)$, only for W ranging approximately to $3-5 \square$ the estimated d_c -s were significantly higher than for the original signals. The highest differences between d_c^{shuf} and d_c^{orig} were observed approximately in the range of W corresponding to the proper d_c estimation.

One can conclude that in the case of high-dimensional signals, the value of W for which the highest difference $d_c^{\text{shuf}} - d_c^{\text{orig}}$ is observed, is the good estimator of the correct window width that should be taken for the estimation of the dimensional complexity of the signal.

Keywords: chaos theory, non-linear dynamics, dimensional complexity, Takens-Ellner algorithm, cubic interpolation

ANALIZA ROZGAŁĘZIEN I KSZTAŁTU OSTROGI NA OBRAZACH BRONCHOSKOPOWYCH*

ZBIGNIEW MIKRUT¹, MARIUSZ DUPLAGA²

¹*Akademia Górniczo-Hutnicza, Katedra Automatyki,
al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków, Polska; zibi@agh.edu.pl*

²*Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum,
ul. Grzegorzewska 20, 31-531 Kraków, Polska; mmduplag@cyfronet.pl*

Podczas badań bronchoskopowych, przeprowadzanych w ramach projektu BRONCHOVID, zarejestrowano kilkaset cyfrowych filmów. Zostały one opisane w specjalnej bazie danych, głównie pod kątem występowania wybranych jednostek chorobowych. Wybrane klatki posłużyły do konstruowania algorytmów automatycznego wykrywania symptomów chorób.

Przeglądanie filmów i ręczny wybór interesujących klatek jest zajęciem bardzo uciążliwym i czasochłonnym. Duża część filmu to klatki nieostre lub nieistotne z diagnostycznego punktu widzenia. Z tego powodu zaproponowano koncepcję "streszczania", które polega na zaznaczaniu zarówno mało ciekawych fragmentów jak i sekwencji klatek bardzo istotnych.

Klatki obrazujące rozgałęzienia drzewka oskrzelowego należą do najbardziej interesujących. Wykrywanie rozgałęzień pomaga w lokalizacji główicy w drzewie oskrzelowym. Z diagnostycznego punktu widzenia istotne jest określenie kształtu wlotów, a szczególnie wykrycie tzw. zwężeń, czyli zmniejszenia światła otworu. Drugim ważnym zadaniem jest analiza kształtu ostrogi czyli powierzchni pomiędzy wlotami (rozgałęzieniami) drzewa oskrzelowego.

Oba te zadania są zrealizowane przez algorytmy analizy obrazu, opisane w niniejszej pracy. Do wykrywania otworów zastosowano binaryzację wieloprogową. Dla kolejno zwiększających się progów przeprowadzana jest segmentacja i labeling wykrytych obiektów. Każdy wykryty obiekt jest opisywany zestawem współczynników kształtu. Po osiągnięciu progu końcowego każdy ciąg współczynników jest analizowany w przesuwającym się oknie. Obliczana jest średnia w oknie oraz odchylenie standardowe. Dla każdego kroku (progu) sumowane są wartości odchyleń standardowych, obliczonych dla wszystkich współczynników i wyznaczane jest globalne minimum. Położenie minimum określa próg, dla którego zapamiętywane są odpowiadające mu współczynniki. Analiza wartości wybranych współczynników pozwala na wykrycie zwężeń wlotów.

W kolejnym etapie obliczane są odległości pomiędzy wykrytymi obiektami (wlotami). Do dalszej analizy wybierany jest przekrój przez obraz, odpowiadający maksymalnej odległości. Funkcja przekroju w przybliżeniu odpowiada kształtowi ostrogi. Na większości ramek główica bronchoskopu nie znajduje się dokładnie ponad ostrogą. Z tego powodu kształt funkcji przekroju nie jest symetryczny. Lepiej widoczny (dłuższy) fragment przekroju jest wygładzany a następnie określone są jego wielkości charakterystyczne: wysokość, średnie nachylenie oraz wypukłość. Na tej podstawie w bazie danych zapisywana jest informacja o wykrytych zniekształceniach. Uważa się, że poszerzenie lub inne zniekształcenia ostrogi jest poważnym symptomem, świadczącym o istnieniu nowotworu.

Słowa kluczowe: bronchoskopowe filmy, streszczanie filmów, analiza obrazów cyfrowych, binaryzacja wieloprogowa, współczynniki kształtu

* Praca była finansowana ze środków AGH (umowa 11.11.120.612 – pierwszy autor), a w przypadku drugiego autora przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego (grant "BRONCHOVID" nr R13 011 03).

ANALYSIS OF RAMIFICATIONS AND CARINA'S SHAPE IN BRONCHOSCOPIC IMAGES*

ZBIGNIEW MIKRUT¹, MARIUSZ DUPLAGA²

¹*AGH University of Science and Technology, Institute of Automatics,
Mickiewicza Ave 30, 30-059 Krakow, Poland; zibi@agh.edu.pl*

²*Jagiellonian University - Medical College,
Grzegorzewska Str. 20, 31-531 Krakow, Poland; mmduplag@cyfronet.pl*

During the bronchoscopic examinations carried out as a part of the BRONCHOVID project several hundreds of digital video sequences have been registered. They have been described in a dedicated database, mainly with respect to appearance of selected disease entities. Selected video frames have been used for construction of algorithms for automated detection of specific illness symptoms. The review of video sequences and manual selection of interesting frames turned out to be a very tiresome and time-consuming process. Prevailing part of the video sequences comprises frames that are out-of-focus or irrelevant from the diagnostic point of view. Therefore a concept of video summarization ("briefing") has been proposed, which includes marking of both the irrelevant parts and as well as the important frame sequences. The videoframes presenting ramifications of the bronchial tree are treated as the most interesting ones. The detection of ramifications helps in the localization of the bronchoscope tip in the bronchial tree. From the diagnostic point of view the most essential task is the description of orifice cross-section shapes, in particular detection of strictures, or narrowings of the orifice area. The second important task is the shape analysis of the carina, or the area located between the bronchial orifices.

Both tasks are realized by image analysis algorithms, described in the present work. Multithreshold binarization has been used for detection of orifice outlines. For consecutively increasing threshold values a segmentation is carried out and the detected objects are labeled. Thus every detected object is described by a set of shape descriptors. After reaching the final threshold every sequence of coefficients is reanalyzed by a moving window procedure. The average value and standard deviation are calculated within a given window. For every step (threshold value) the standard deviations calculated for all coefficients are summed up and the global minimum is determined. The minimum location determines the threshold value, for which the respective set of coefficients is saved. The analysis of selected coefficient sets allows the detection of the bronchial stenosis.

In the next stage the distances between the detected objects (orifices) are calculated. The image cross-section exhibiting highest distance between the objects is selected for further analysis. The cross-section function approximately determines the shape of the carina. In most videoframes the tip of the bronchoscope is not located right above the carina. Therefore the shape of the cross-section is not symmetric. The better visualized (longer) part of the cross-section is smoothed and the characteristic parameters are determined, namely: height, average inclination and convexity. These are used to generate the information written in the database, concerning the detected distortions. It is widely maintained, that the widening or other distortions of the carina are serious symptoms indicating the existence of carcinoma.

Keywords: bronchoscopic video, video summarization, digital image analysis, multi-thresholding, shape descriptors

* The research of the first author has been supported by the AGH UST grant No. 11.11.120.612. The second author wishes to acknowledge financial support from the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Poland, under the project "BRONCHOVID" (Grant No. R13 011 03).

NOWATORSKI SYSTEM DETEKCJI DLA POZYTONOWEJ TOMOGRAFII EMISYJNEJ

P. MOSKAL, S. NIEDŹWIECKI, M. SILARSKI, J. SMYRSKI, J. ZDEBIK, M. ZIELIŃSKI

Instytut Fizyki, Uniwersytet Jagielloński, 30-059 Kraków, Polska

Prezentacja zawierała będzie opis projektu mającego na celu budowę Pozytonowego Tomografu Emisyjnego w oparciu o nowatorską metodę pozwalającą na jednoczesną diagnostykę całego ciała ludzkiego. Metoda ta jest przedmiotem dwóch zgłoszeń patentowych opartych na technikach wykorzystywanych w eksperymentach fizyki cząstek.

Pozytonowa Tomografia Emisyjna (PET) pozwala na określenie przestrzennego i czasowego rozkładu stężenia wybranej substancji w ciele człowieka. W tym celu pacjentowi podaje się środki farmaceutyczne znaczone izotopami radioaktywnymi emitującymi pozytony. Ponieważ tempo wchłaniania znaczników pozytonowych zależy od rodzaju tkanek, części narządów zmienione chorobowo mogą być zidentyfikowane z dużą precyzją, nawet jeżeli nie jest możliwe wykrycie zmian morfologicznych. Metoda ta okazała się niezmiernie efektywna w szczególności w diagnozowaniu przerzutów nowotworowych. Tomografia PET opiera się na zjawisku anihilacji pozytonów z elektronami, podczas którego ich masa jest konwertowana na energię w postaci kwantów gamma. Rejestracja kwantów gamma za pomocą detektorów promieniowania pozwala na rekonstrukcję ich kierunku lotu oraz zlokalizowanie znaczników radioaktywnych. Obecnie wszystkie komercyjne skanery PET wykorzystują do detekcji nieorganiczne scyntylatory. Do głównych czynników ograniczających obecnie osiąganą precyzję należą nieznana głębokość na jakiej reaguje kwant gamma (tzw. głębokość oddziaływania) oraz niewystarczająca rozdzielczość czasowa detektorów nieorganicznych uniemożliwiająca wykorzystanie informacji o różnicy czasów rejestracji kwantów przez detektory (tzw. czas przelotu). Ponadto, obecne rozwiązania nie pozwalają na przeprowadzanie obrazów tomograficznych całego ciała jednocześnie.

W prezentacji przedstawione zostaną rozwiązania dla urządzenia pozwalającego na określenie zarówno pozycji uderzenia kwantów anihilacyjnych w detektor jak i czasu oraz głębokości oddziaływania. Urządzenie to składa się z komory scyntylacyjnej zbudowanej ze scyntylatorów organicznych otaczających ciało pacjenta. Opiszemy dwa możliwe rozwiązania: (i) tomograf zbudowany z pasków scyntylacyjnych poprzekładanych folią ołowianą tworzących wielowarstwowe cylindry, (ii) tomograf zbudowany z płyt scyntylacyjnych. Zastosowanie szybkich scyntylatorów pozwoli na wykorzystanie różnicy czasu rejestracji kwantów anihilacyjnych. Rozwinięta metoda pozwoli na użycie cienkich warstw materiału detekcyjnego z możliwością pomiaru głębokości oddziaływania kwantów gamma oraz określenia ich czasu przelotu. Pozwoli to na zwiększenie rozmiarów komory diagnostycznej bez istotnego zwiększenia kosztów produkcji.

Badania i rozwój tej technologii prowadzone są w Instytucie Fizyki Uniwersytetu Jagiellońskiego, podczas gdy Centrum Innowacji, Transferu Technologii i Rozwoju Uniwersytetu poszukuje firm i instytucji zainteresowanych jej rozwojem, testowaniem i zastosowaniem.

Słowa kluczowe: Pozytonowa Tomografia Emisyjna, diagnostyka medyczna, scyntylatory organiczne, detekcja promieniowania gamma.

NOVEL DETECTOR SYSTEMS FOR THE POSITRON EMISSION TOMOGRAPHY

P. MOSKAL, S. NIEDŹWIECKI, M. SILARSKI, J. SMYRSKI, J. ZDEBIK, M. ZIELIŃSKI

Institute of Physics, Jagiellonian University, 30-059 Cracow, Poland

The presentation will comprise a description of the project aiming at the construction of Positron Emission Tomograph based on novel method allowing for simultaneous diagnostic of the whole human body. The method is a subject of two patent applications which are based on the techniques used in the particle physics experiments.

Positron Emission Tomography (PET) permits to determine the spatial and temporal distribution of concentrations of selected substances in the body. To this end, the patient is administered pharmaceuticals marked with radioactive isotope emitting positrons. Since the rate of assimilation of marked pharmaceuticals depends on the type of the tissues, sections of the diseased cells can be identified with high accuracy, even if they are not yet detectable via morphological changes. The method is proved to be extremely effective in particular in locating and diagnosing of cancer metastases. The PET uses the fact that the electron and positron annihilate while contact with each other and their mass is converted to energy in the form of gamma quanta. PET permits to locate the radioactive marker by the use of radiation detectors, allowing to reconstruct the direction of flight of annihilation quanta. Currently, all commercial PET devices use inorganic scintillator materials as radiation detectors. Among main factors limiting presently achievable accuracy are the problem of unknown depth at which gamma quantum reacts (referred to as DOI - depth of interaction), the problem of insufficient time resolution of non-organic detectors preventing them from the effective usage of the information of the time difference between the arrival of the gamma quanta to the detectors (TOF - time of flight) and, finally, present solutions do not allow to perform a tomographic image of the whole body at the same time.

In this contribution we will present solution for the device allowing determination of the impact position as well as time and depth of interaction of the annihilation gamma quanta.

The device is comprised of scintillation chamber consisting of organic scintillators surrounding the body of the patient. We will discuss two possible solutions:

(i) the tomograph which will be build out of scintillating strips interlaced with the lead foils forming multilayer cylinders, and (ii) the tomograph which will be built out of the scintillation plates. The application of the fast scintillators will enable to take advantage of the difference between time of the registration of the annihilation quanta. The invented method will permit to use a thick layers of detector material with the possibility of measuring the depth of the gamma quantum interaction (DOI) and the determination of their time of flight (TOF), and will allow for increasing the size of the diagnostic chamber without a significant increase of costs.

The research and development of this technology are conducted at the Institute of Physics of the Jagiellonian University, and in parallel the Centre for Innovation, Technology Transfer and University Development (CITTRU) is looking for companies and institutions interested in technology development, its testing and application.

Keywords: Positron Emission Tomography, medical diagnostics, organic scintillators, gamma rays detection.

DIKI - PROPOSAL OF A HETEROGENEOUS SEMANTIC WIKI SYSTEM FOR NUTRITIONISTS

GRZEGORZ J. NALEPA, KRZYSZTOF SARAPATA², WERONIKA T. FURMAŃSKA,
PAWEŁ GÓRA², KRZYSZTOF KLUZA, MARTA NOGA

AGH University of Science and Technology; {gjn,wtf,kluza}@agh.edu.pl
²*Jagiellonian University - Medical College*

Nutritional science is a cross-disciplinary field related to various other disciplines, such as biology, biochemistry, medicine and toxicology. Planning a proper diet, which satisfies nutritional needs and reduces the risks of diseases, is a complex task. Such a plan has to take individual patient dietary needs into account, especially their disorders in which certain foods are contraindicated. The background for this task is extensive and covers knowledge about food and dishes, minerals, technological foods additives E and chemical compounds, as well as health and diseases.

This knowledge is distributed in a number of books, websites and journals [1,2,3]. There is also a significant number of databases covering some of the topics mentioned above. Some well-accepted taxonomies of diseases, living organisms and nutritional substances are publicly available. However, they are usually restricted to a certain discipline and fail to discover complex relations among concepts originating from various fields. To make responsible decisions, a nutritionist should be aware of these multidimensional relations among concepts.

Semantic Wiki have been developed to make the content and structure of web systems more accessible to machines. Semantic Wiki gives the possibility to structure information and annotate it with the description of its meaning for easy reuse and exchange. This enhances presentation by displaying semantically related information and improves search accuracy by knowledge processing and logical reasoning.

The paper discusses a proposal of a computer-aided system, which supports dietitians in developing nutritional programs. A prototype Wiki-based system, Diki (Diki Wiki) is introduced, including its functionality and architecture outline. It is developed and used by students during a course for medical schools and constitutes a rich educational aid. Knowledge is entered into the system by students of dietetics and medicine, according to predefined guidelines using a simple and intuitive interface. They can reconsider and organize the system contents, as well as reuse existing knowledge concerning various characteristics of a given concepts, including its relations to other concepts. Concepts are grouped into categories, which conform to existing taxonomies. These taxonomies build a background ontology, in which some relations may be discovered automatically. Semantic annotations make it possible to answer complex queries and allow the system to support decisions. Depending on the underlying wiki system, certain reasoning mechanisms may be implemented [4,5]. Knowledge about certain concepts can be partially reused from external sources. This can be accomplished either by importing data from existing databases or by using various network interfaces.

1. Willett W.C. Stampfer M.J. (2003). Rebuilding the Food Pyramid. *Scientific American* 288 (1): 64–71.
2. Holland B., Welch, A.A., Unwin, I.D., Buss, D.H., Paul, A.A. & Southgate, D.A.T. (1991B). *McCance and Widdowson's The Composition of Foods*, 5th edition, Royal Society of Chemistry, Cambridge.
3. Kunachowicz H., Nadolna I., Przygoda B., Iwanow K.. *Tabele składu i wartości odżywczej żywności*. Wydawnictwo Lekarskie PZWL, Warszawa 2005.
4. M. Krötzsch, S. Schaffert, and D. Vrandečić. Reasoning in semantic wikis. In G. Antoniou, U. Aßmann, C. Baroglio, S. Decker, N. Henze, P.-L. Pătrânjan, and R. Tolksdorf, editors, 3rd Reasoning Web Summer School, volume 4636 of LNCS. Springer, 2007.
4. Nalepa, G.J.: PIWiki - a generic semantic wiki architecture. In Ngoc Thanh Nguyen, Ryszard Kowalczyk, eds.: 1st International Conference on Computational Collective Intelligence - Semantic Web, Social Networks & Multiagent Systems. Volume LNAI 5796., Springer (2009) 345-356

Keywords: nutritional science, diet, semantic wikis, knowledge representation

ELEARNING W SZKOLENIU CIĄGŁYM FARMACEUTÓW

KRZYSZTOF NESTEROWICZ¹, ALEKSANDER MENDYK², MIŁOSZ POLAK¹, SEBASTIAN POLAK¹

¹*Pracownia Farmakoepidemiologii i Farmakoekonomiki Wydział Farmaceutyczny Collegium Medicum Uniwersytet Jagielloński, ul. Medyczna 9, 30-688, Kraków, Polska*

²*Katedra i Zakład Technologii Postaci Leku i Biofarmacji Wydział Farmaceutyczny Collegium Medicum Uniwersytet Jagielloński, ul. Medyczna 9, 30-688, Kraków, Polska
krzysztof.nesterowicz@gmail.com*

Platformy e-learningowe stają się ważnym narzędziem w procesie szkoleń ciągłych dla farmaceutów i innych specjalistów opieki zdrowotnej. Dostęp do Internetu nie jest już barierą, a umiejętności obsługi komputera zwykłych użytkowników stają się coraz bardziej zaawansowane. W Polsce szkolenie ciągłe farmaceutów jest obowiązkowe w celu zachowania prawa wykonywania zawodu. Farmaceuci otrzymują punkty za branie udziału w rozmaitych kursach, treningach i konferencjach. Obecnie ponad 50% czynnych zawodowo farmaceutów w Polsce, czyli ponad 11.000 profesjonalistów, uczestniczy w kursach organizowanych przy użyciu platform e-learningowych. Istnieją trzy dostępne i niezależne od siebie systemy. Platforma e-learningowa farmacja.edu.pl została stworzona przez dydaktyków z Wydziału Farmaceutycznego Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego. Platforma udostępnia kursy elektroniczne dla farmaceutów z całej Polski. Wszystkie kursy są uznawane przez okręgowe izby aptekarskie i po ich odbyciu otrzymuje się certyfikaty poświadczające zdobycie „twardych” punktów edukacyjnych. Zarejestrowani uczestnicy wnoszą opłatę za uczestnictwo w każdym z kursów. Zakończenie kursu wiąże się ze zdaniem testu. Ostatnio Uniwersytet Medyczny w Łodzi udostępnił portal e-umed.lodz.pl. Kursy na tej platformie są skierowane nie tylko do farmaceutów, ale również do lekarzy, którzy również są objęci procesem ciągłej edukacji jako przedstawiciele opieki zdrowotnej. Tutaj kursy są udostępniane bezpłatnie. Na koniec szkolenia użytkownicy otrzymują certyfikaty określające ilość uzyskanych punktów edukacyjnych, które są zobligowani zbierać w celu utrzymania licencji na wykonywanie zawodu farmaceuty lub lekarza. e-duk@cja jest największym i najlepiej rozwiniętym systemem przeznaczonym do ciągłych szkoleń farmaceutów. Pierwsza wersja systemu e-duk@cja oparta na nauczaniu przez Internet została udostępniona w lutym 2005 roku i była wspólnym projektem Krakowskiej Okręgowej Izby Aptekarskiej i Wydziału Farmaceutycznego Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego. W pierwszej fazie uczestnikami szkoleń byli tylko farmaceuci zarejestrowani w Okręgowej Izbie Aptekarskiej w Krakowie. W następnych latach w systemie zarejestrowali się również farmaceuci z pozostałych okręgowych izb aptekarskich i w tym momencie z platformy korzystają kursanci z wszystkich dwudziestu okręgowych izb aptekarskich w Polsce. Okręgowe izby aptekarskie uznają certyfikaty ukończenia kursów, dzięki którym farmaceuci otrzymują punkty edukacyjne honorowane przez Studium Kształcenia Podyplomowego Wydziału Farmaceutycznego Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego.

Celem projektu e-duk@cja jest rozwój systemów nauczania na odległość dla farmaceutów objętych szkoleniami ciągłymi. Materiały dydaktyczne, przed umieszczeniem na platformie e-duk@cja, muszą być zaakceptowane przez Komitet Naukowy, w skład którego wchodzi trzech profesorów farmacji. Wszystkie zamieszczone tutaj kursy razem z testami zaliczeniowymi są udostępnione nie odpłatnie. Dziś e-duk@cja ma więcej niż 11.000 tysięcy aktywnych użytkowników, 18 szkoleń, za które łącznie można uzyskać 32 punkty edukacyjne, około 600 wizyt różnych użytkowników dziennie i ponad 2 miliony odwiedzin strony rocznie. Nowe funkcje, ułatwiające korzystanie z platformy, są wprowadzane regularnie przez administratorów systemu. Ostatnim udogodnieniem było wprowadzenie możliwości automatycznego wygenerowania certyfikatu po zaliczeniu kursu.

Stały wzrost liczby użytkowników dowodzi, że ten rodzaj kształcenia jest ważnym elementem w szkoleniu ciągłym farmaceutów.

[1] Brandys J., Mandyk A., Polak S., & Polak M., An e-learning system for pharmacist continuing education in Poland, *Pharmacy Education*, March 2006; 6(1): 65–70.

[2] Mandyk A., Polak M., Polak S., System e-duk@cja wczoraj, dziś i jutro, *Aptekarz Polski*, styczeń 2009, nr 29/7.

[3] Nesterowicz K., Short communication, International Conference on Virtual Patient, June 5th–6th 2009, Krakow, Poland.

[4] Nesterowicz K., E-learning in Pharmacy Education, *European Pharmaceutical Students' Association Newsletter*, Volume 16, Edition 3, July 2009.

Słowa kluczowe: elearning, szkolenie ciągłe farmaceutów

E-LEARNING IN PHARMACEUTICAL CONTINUING EDUCATION IN POLAND

KRZYSZTOF NESTEROWICZ¹, ALEKSANDER MENDYK², MIŁOSZ POLAK¹, SEBASTIAN POLAK¹

¹ *Unit of Pharmacoepidemiology and Pharmacoeconomics Faculty of Pharmacy Jagiellonian University
Medical College, Medyczna 9 Street, Kraków 30-688, Poland*

² *Department of Pharmaceutical Technology and Biopharmaceutics Faculty of Pharmacy Jagiellonian
University Medical College, Medyczna 9 Street, Kraków 30-688, Poland*

e-Learning systems have become important tools in the process of continuing education of pharmacists and other healthcare specialists. Access to the Internet is no longer an obstacle and the computer skills of ordinary users are constantly advancing. In Poland the continuing education of graduated pharmacists is obligatory in order to keep their professional license valid. Therefore pharmacists receive credits by taking part in various courses, training and conferences. Nowadays more than 50% of Polish vocationally active pharmacists, which means above 11,000 professionals, take part in courses organized with use of e-learning platforms. There are three available and independent from each other systems. The e-learning platform farmacja.edu.pl is created by educators from the Faculty of Pharmacy Warsaw Medical University. The platform provides e-courses for pharmacists from all over Poland. All courses are recognized by local pharmaceutical chambers and certified in order to obtain educational "hard" credits. Registered users are charged for taking part in each course. To complete a course one needs to pass a test. The recently established portal e-umed.lodz.pl is provided by Medical University in Łódź. The courses are directed not only to pharmacists but also to physicians who are involved in the continuing education process as healthcare professionals. The courses are free of charge. At the end of the course users obtain certificates and are granted with validated educational credits which they need to gather to keep their permission to work as pharmacists or physicians. e-duk@cja is the largest and most developed system dedicated to pharmacist continuing education. The first version of the Internet based learning system e-duk@cja was launched in February 2005 and was a common project of the Krakow Regional Pharmaceutical Chamber and Faculty of Pharmacy Jagiellonian University Medical College. At the early stages, participants of the e-courses were only pharmacists from the Regional Pharmaceutical Chamber in Krakow. In following years pharmacists from other regional pharmaceutical chambers joined to the system and nowadays there are users from all twenty regional pharmaceutical chambers in Poland. All twenty regional chambers accept courses and certificates granted by validated on the national level Centre of Postgraduate Education managed by the Faculty of Pharmacy in Krakow.

Before being published in e-duk@cja the learning materials need to be approved by the Scientific Committee which consists of three professors of pharmacy. All these courses including testing procedure are provided online free of charge. The aim of the e-duk@cja project is to develop a distance learning system for the life-long educational needs of pharmacists. For today e-duk@cja has more than 11,000 active users, 18 courses, 32 credits, ca. 600 independent users' visits daily and above 2 million hits per year. New functionalities from both administrative and meritorious parts are introduced on a regular basis. The newest development was chosen on the functionality and practicality level and includes automatic certification, and ready-for-print certificate generation.

Constant increase in users' number proves that this kind of pharmaceutical vocational development is an important element of postgraduate education.

[1] Brandys J., Mendyk A., Polak S., & Polak M., An e-learning system for pharmacist continuing education in Poland, *Pharmacy Education*, March 2006; 6(1): 65–70.

[2] Mendyk A., Polak M., Polak S., System e-duk@cja wczoraj, dziś i jutro, *Aptekarz Polski*, styczeń 2009, nr 29/7.

[3] Nesterowicz K., Short communication, International Conference on Virtual Patient, June 5th-6th 2009, Krakow, Poland.

[4] Nesterowicz K., E-learning in Pharmacy Education, *European Pharmaceutical Students' Association Newsletter*, Volume 16, Edition 3, July 2009.

Keywords: e-learning, life-long learning, pharmacy continuing education

ANALIZA SKŁADOWYCH NIEZALEŻNYCH (ICA) W ZASTOSOWANIACH BRAIN COMPUTER INTERFACE

LESZEK NOWAK¹, BARTOSZ PORĘBSKI²

^{1,2}Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej, Uniwersytet Jagielloński,
ul. Reymonta 4, 30-059 Kraków

¹dr.leszek.nowak@gmail.com, ²bartosz.porebski@gmail.com

W niniejszym artykule zaprezentowano przegląd stosowanych obecnie bezinwazyjnych metod interfejsu między mózgiem a komputerem (*Brain Computer Interface*, BCI) oraz stosowanych w nich metod przetwarzania sygnałów, ze szczególnym naciskiem na analizę składowych niezależnych. Omówione zostaną takie interfejsy, jak: elektroencefalografia (EEG), funkcjonalny magnetyczny rezonans jądrowy (fMRI) oraz magnetoencefalografia (MEG). Porównana zostanie ich skuteczność, a także zaprezentowane zostaną najnowsze osiągnięcia: zarówno w medycynie, jak również zastosowania w przemyśle rozrywkowym.

Ze względu na specyfikę pozyskiwanych danych oraz występowanie licznych szumów, zarówno generowanych przez organizm, jak i pochodzących z zewnątrz, bezinwazyjne metody interfejsu między mózgiem a komputerem są silnie zależne od zastosowanych metod przetwarzania sygnałów. Przedstawione zostaną metody wstępnej obróbki danych, oraz dwie wiodące metody statystyczne: analiza głównych składowych (*Principal Component Analysis*, PCA) oraz analiza składowych niezależnych (*Independent Component Analysis*, ICA). Szczególnie ICA jest niezwykle obiecującym narzędziem, pozwalającym na wskazanie obszarów aktywności mózgu oraz występujących wzorców czasowych fal mózgowych. Konceptyjną podstawą tej metody jest rozdzielenie wielowymiarowego sygnału na składowe o jak największej niezależności statystycznej. Wprowadzone zostaną w tym celu pojęcia kurtozy oraz negentropii. W dalszej części artykułu wyłożone zostaną podstawy matematyczne problemu oraz zaprezentowany zostanie algorytm fastICA, pozwalający na łatwą implementację w programach obliczeniowych.

Słowa kluczowe: neuroinformatyka, brain computer interface, analiza statystyczna, analiza głównych składowych, analiza składowych niezależnych, ICA, negentropia, przetwarzanie sygnałów biomedycznych, EEG, Firm.

INDEPENDENT COMPONENT ANALYSIS IN APPLICATIONS OF BRAIN COMPUTER INTERFACE

LESZEK NOWAK¹, BARTOSZ PORĘBSKI²

^{1,2}*Faculty of Physics, Astronomy and Applied Computer Science, Jagiellonian University,
ul. Reymonta 4, 30-059 Kraków*

¹*dr.leszek.nowak@gmail.com*, ²*bartosz.porebski@gmail.com*

This paper presents review of currently used non-invasive methods of Brain Computer Interface (BCI) and methods of signal processing applied therein, with particular emphasis on independent component analysis (ICA). Various interfaces will be discussed, such as the ElectroEncephaloGraphy (EEG), functional Magnetic Resonance Imaging (fMRI) and MagnetoEncephaloGraphy (MEG). Their performance will be compared, and the latest developments will be presented: both in medicine, as well as applications in the entertainment industry.

Due to the nature of obtained data and the presence of strong noise factors: both generated by the organism itself, as well as external ones, non-invasive methods of Brain Computer Interface are heavily dependent on the methods of signal processing. Methods for data preprocessing and two leading statistical methods will be presented: Principal Component Analysis (PCA) and Independent Component Analysis (ICA). In particular, ICA is a very promising tool, allowing the identification of areas of brain activity and brainwaves time patterns. Conceptual basis of this method is the separation of multidimensional signal into components with the highest statistical independence. Kurtosis and negentropy concepts will be introduced for this purpose. The remainder of this article will consider the mathematical foundations of this problem and fastICA algorithm, which allows easy implementation into computational applications.

Keywords: neuroinformatics, brain computer interface, statistical analysis, principal component analysis, independent component analysis, ICA, negentropy, biomedical signal processing, EEG, fMRI.

ANALIZA GLOBALNYCH EKSTREMÓW W ZASTOSOWANIACH DYSKRETNEJ TOMOGRAFII

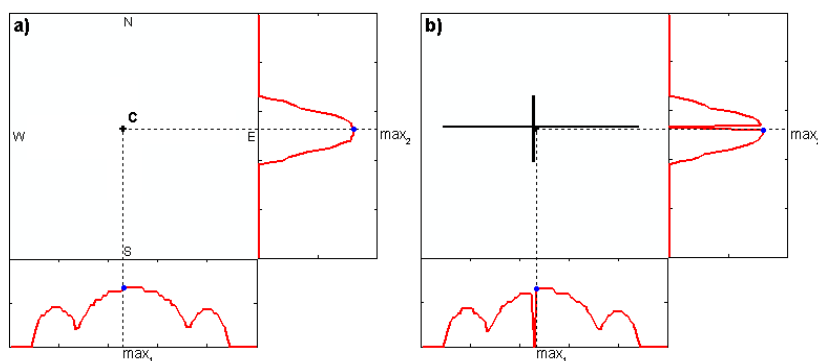
LESZEK NOWAK¹, BARTOSZ ZIELIŃSKI²

¹Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej, Uniwersytet Jagielloński,
 ul. Reymonta 4, 30-059 Kraków

²Instytut Informatyki, Uniwersytet Jagielloński, ul. Łojasiewicza 6, 30-348 Kraków
¹dr.leszek.nowak@gmail.com, ²bartosz.zielinski@uj.edu.pl

Jednym z podstawowych problemów tomografii dyskretnej jest rekonstrukcja funkcji $f: a \rightarrow \{0,1\}$, gdzie a jest skończonym podzbiorem $\mathbb{Z}^n$ ($n \geq 2$), ze skończonej liczby projekcji. Punkty obrazu, dla których funkcja f przyjmuje wartość 1 zwykle nazywać się punktami obiektu, a pozostałe – punktami tła. Istnieje wiele metod wykorzystujących podstawowe metody matematyki dyskretnej, teorię dystrybucji, a nawet algorytmy genetyczne do rekonstrukcji funkcji f .

Proponowany algorytm rozwiązujący problem rekonstrukcji funkcji f , analizuje ekstrema globalne dwóch projekcji. Podejście to zakłada, że wartość funkcji f dla wszystkich punktów jest na wstępie równa 0. Rekonstrukcja rozpoczyna się od wyszukania globalnych maksimów w obu dostępnych projekcjach (rys.1a, indeksy $\max_1$ i $\max_2$) i wyznaczenia początkowego punktu analizy (rys.1a, punkt C). Wartość funkcji w tym punkcie ustawiana jest na 1, po czym wartości obydwu projekcji dekrementowane są w indeksach odpowiadających punktowi C (w tym przypadku w indeksach $\max_1$ i $\max_2$). W kolejnym kroku rozpatrywane są punkty które leżą w tym samym wierszu lub w tej samej kolumnie co punkt C. W wyniku takich operacji, wartości projekcji w indeksach odpowiadających punktowi C wynoszą 0 (rys.1b). Następnie wyznaczany jest kolejny punkt C. Analiza kończy się w momencie, gdy wartości projekcji we wszystkich indeksach są równe 0.



Rys.1. Początkowy punkt analizy C wraz z odpowiadającymi mu indeksami $\max_1$ i $\max_2$ przed (a) i po (b) pierwszym kroku analizy.

Przedstawiony algorytm jest konkurencyjny w stosunku do dotychczas opublikowanych algorytmów, ponieważ nie tylko jest bardziej efektywny i zwraca obraz którego projekcje są identyczne z projekcjami wejściowymi, ale także wykazuje większą skuteczność w przypadku obrazów zawierających spójne obiekty, które dominują w dyskretnej tomografii. Podsumowując, algorytm ten może być wykorzystywany w praktycznych zastosowaniach owej dziedziny.

Słowa kluczowe: dyskretna Tomografia, rekonstrukcja funkcji, rekonstrukcja obrazu, analiza globalnych maksimów

GLOBAL EXTREMES ANALYSIS IN APPLICATIONS OF DISCRETE TOMOGRAPHY

LESZEK NOWAK¹, BARTOSZ ZIELIŃSKI²

¹Faculty of Physics, Astronomy and Applied Computer Science, Jagiellonian University,
 ul. Reymonta 4, 30-059 Kraków

²Institute of Computer Science, Jagiellonian University, ul. Łojasiewicza 6, 30-348 Kraków
¹dr.leszek.nowak@gmail.com, ²bartosz.zielinski@uj.edu.pl

One of the most important problems in discrete tomography is to reconstruct function $f: \alpha \rightarrow \{0,1\}$, where α is a finite subset of $\mathbb{Z}^n$ ($n \geq 2$), from the finite set of projections. To simplify, points of image for which function f equals 1 will be called object points, and the other ones -background points. There are a lot of methods dedicated for this problem, which employ basic methods of discrete mathematic, distribution theory, and even genetic algorithms for f function reconstruction.

In this paper, new algorithm for function f reconstruction is proposed. It analyses global extremes of two projections. For this purpose, it is assumed that initial values of function f are equal 0 for every point. The reconstruction process starts with searching the global maxima of both projections (fig.1a, indexes $\max_1$ and $\max_2$) and computing the initial point of analysis (fig.1a, point C). Function value for this point is set to 1 and values of projections in corresponding indexes are decremented (in this case for indexes $\max_1$ and $\max_2$). In the next step, points belonging to the same row or column as point C are analyzed. As a result of such operation, projection values in the indexes corresponding to point C are equal 0 (fig.1b). In the final step, successive point C is calculated. The analysis stops when value of projections in every index equals 0.

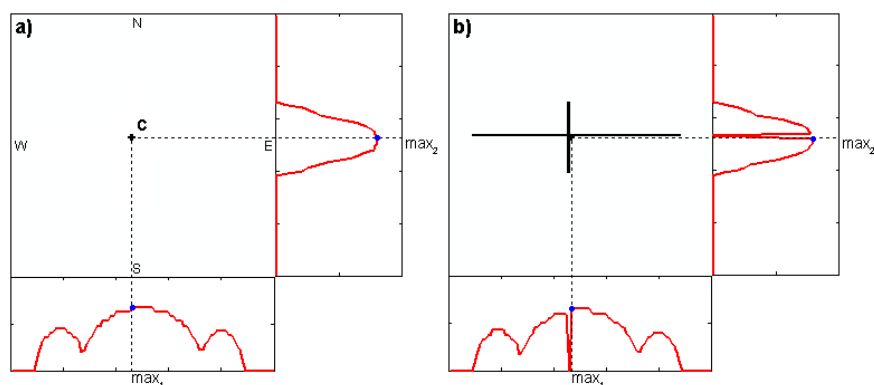


Fig.1. Initial point of analysis (point C) and its corresponding indexes before (a) and after (b) first step of analysis.

Presented algorithm is competitive with the other algorithms, due to the fact, that it is effective, returns projections identical with original ones and is most effective in case of images with consistent objects. Therefore it can be used in practical applications of discrete tomography, as most reconstructed images in this domain are consistent.

Keywords: discrete tomography, function reconstruction, image reconstruction, global maxima analysis

ZASTOSOWANIE METODY DRZEW KLASYFIKACYJNYCH DO ANALIZY CZYNNIKÓW RYZYKA RAKA JELITA GRUBEGO

EWA NOWAKOWSKA-ZAJDEL¹, MAŁGORZATA MUC-WIERZGOŃ¹, TERESA KOKOT¹,
EDYTA FATYGA¹, GRAŻYNA TRZPIOT², ALICJA GANCZAREK²

¹*Katedra i Oddział Kliniczny Chorób Wewnętrznych, Śląski Uniwersytet Medyczny, Bytom*

²*Zakład Statystyki, Akademia Ekonomiczna im. Karola Adamieckiego, Katowice*

W Polsce rak jelita grubego należy do nowotworów zajmujących drugie miejsce pod względem zachorowalności i jest trzecią przyczyną zgonów wśród pacjentów onkologicznych. Jako czynniki ryzyka wymienia się: czynniki środowiskowe, wewnętrzne i genetyczne.

Celem pracy jest zastosowanie nieparametrycznej metody drzew klasyfikacyjnych do analizy czynników ryzyka w grupie 200 chorych na raka jelita grubego.

Dane wykorzystane do analizy zestawiono na podstawie dokumentacji medycznej tych pacjentów. Uwzględniono: wiek, płeć, stopień zaawansowania nowotworu, typ histopatologiczny, masę ciała, stężenie glukozy w surowicy oraz występowanie schorzeń współistniejących.

Słowa kluczowe: metoda drzew klasyfikacyjnych, rak jelita grubego, czynniki ryzyka.

Badanie współfinansowane z grantu Nr NN 404167234

ANALYSIS SOME OF COLORECTAL CANCER CLINICAL RISK FACTORS USING CLASSIFICATION TREE METHOD

Running title: Classification tree analysis in colorectal cancer risk factors

EWA NOWAKOWSKA-ZAJDEL¹, MAŁGORZATA MUC-WIERZGON¹, TERESA KOKOT¹,
EDYTA FATYGA¹ GRAŻYNA TRZPIOT², ALICJA GANCZAREK²

¹*Department of Internal Diseases, Medical University of Silesia, Bytom*

²*Department of Statistics, The Karol Adamiecki University of Economics, Katowice*

Classification tree is a nonparametric method that has been used in many clinical and medical settings to identify high risk patients and to help create clinical guidelines. The aim of the analysis was to identify characteristic factors describing groups of patients suffering from colorectal cancer with different stage of disease. Clinical data from medical documentation of the patients with colon cancer were analyzed. Qualitative variables such as sex, clinical stage, histopathology type of cancer and malignancy, weight classes, glucose level class and coexistence with other illnesses were used in the analysis.

Keywords: classification tree method, colorectal cancer, risk factors.

The study was supported in part by a Ministry of Scientific Research and Information Technology Grant NN 404167234

ALGORYTMY ROZPOZNAWANIA OBRAZÓW W ANALIZIE WYBRANYCH ZMIAN NEURODEGENERACYJNYCH

MAREK R. OGIELA¹, DARIUSZ GUBERNAT¹, KRZYSZTOF BANASZKIEWICZ²

¹*Akademia Górniczo-Hutnicza, Katedra Automatyki, Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków
mogiela@agh.edu.pl, gubdar@gmail.com*

²*Collegium Medicum UJ, Katedra Neurologii, ul. Botaniczna 3, 31-503 Kraków
krzysban@cm-uj.krakow.pl*

Tematem pracy będzie przedstawienie wybranych metod komputerowej analizy zobrażeń diagnostycznych mózgowia, pozyskiwanych techniką rezonansu magnetycznego, i ukazujących zmiany neurodegeneracyjne, charakterystyczne dla jednostek chorobowych typu PSP (Postępujące Porażenie Nadjądrowe) i PD (choroba Parkinsona). W pracy zostaną przybliżone cechy charakterystyczne schorzeń będących przedmiotem badań, a w szczególności zmiany morfologiczne wybranych struktur anatomicznych mózgowia, objawy zewnętrzne, obraz kliniczny pacjentów oraz metody ich leczenia. Zaprezentowane zostaną także sposoby diagnostyki PSP i PD, ze szczególnym naciskiem na problem jednoznacznego rozpoznania konkretnego zespołu parkinsonowskiego podczas diagnostyki różnicowej. Ponadto praca będzie zawierała informacje na temat podstawowych operacji związanych z komputerowym rozpoznawaniem zobrażeń diagnostycznych z objawami PSP i PD, czyli przetwarzania wstępnego, segmentacji, sposobów ekstrakcji informatywnych cech obrazu oraz metod rozpoznawania. Operacje te zostaną wykorzystane do lokalizacji oraz ekstrakcji konkretnych struktur mózgowia, które następnie zostaną poddane analizie pod kątem detekcji zmian neurodegeneracyjnych towarzyszących PSP i PD. Zademonstrowane zostaną także algorytmy klasyfikacji danych przypadków chorobowych, wynikiem czego będą informacje, które będą mogły być miarodajnym wskaźnikiem podczas procesu diagnostycznego.

Słowa kluczowe: rozpoznawanie obrazów, wspomaganie diagnostyki medycznej, przetwarzanie obrazów medycznych, choroba Parkinsona, postępujące porażenie nadjądrowe

PATTERN RECOGNITION METHODS IN ANALYSIS OF SELECTED NEURODEGENERATIVE LESIONS

MAREK R. OGIELA¹, DARIUSZ GUBERNAT¹, KRZYSZTOF BANASZKIEWICZ²

¹*AGH University of Science and Technology, Institute of Automatics
Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków, Poland
mogiela@agh.edu.pl, gubdar@gmail.com*

²*Jagiellonian University Medical College, Department of Neurology
ul. Botaniczna 3, 31-503 Kraków, Poland
krzysban@cm-uj.krakow.pl*

This paper presents the way of application of pattern recognition methods in analysis of selected neurodegenerative brain changes that are related to Parkinson's disease (PD) and Progressive supranuclear palsy (PSP). Clinically, it is important to differentiate patients with PSP from those with PD, because the efficacy of drugs against PSP is different (poor or absent response), from that against PD. This publication presents characteristics of PD and PSP, such as: morphological changes of the midbrain, signs and symptoms, causes, diagnosis and methods of treatment. This paper will also provide an information about segmentation, pattern classification methods, and other image preprocessing techniques that can be useful in analysis of MRI images with PSP and PD's symptoms.

Keywords: pattern recognition, computer-aided diagnosis, medical image processing, Parkinson's disease, Progressive supranuclear palsy.

NANOCZĄSTKI JAKO NOŚNIKI LEKÓW – DOTYCHCZASOWE OSIĄGNIĘCIA I CELE

BARBARA PIEKARSKA

*Katedra Biochemii Lekarskiej, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum
31-416 Kraków, Kopernika 7*

Istotnym problemem badań współczesnej farmakologii jest możliwość kierowania leków do wybranego typu tkanki, a nawet do określonego przedziału subkomórkowego. Wraz z rozwojem nanotechnologii, pozwalającej projektować i wytwarzać cząstki o rozmiarach 5-1000 nm, pojawiły się liczne badania nad zastosowaniem nanocząstek jako nośników leków. Budowa chemiczna nanocząstek jest niezmiernie zróżnicowana – od krzemianu lub złota, poprzez syntetyczne polimery i modyfikowane białka, aż do liposomów i syntetycznych LDLs. Niesiony przez nanocząstki lek może być niewielką cząsteczką organiczną ale także białkiem lub kwasem nukleinowym. W opracowaniu tego typu nośników ważne są: (1) Możliwość specyficznego dostarczenia leku do tkanki docelowej (co jest szczególnie istotne w przypadku leków o wysokiej toksyczności, gdyż pozwala ograniczyć efekty uboczne). W tym celu wykorzystuje się przeciwciała (lub ich fragmenty) lub inne białka, których receptory są obecne na powierzchni docelowych komórek. (2) Otrzymanie nanocząstek nie ulegających szybkiej eliminacji przez układ odpornościowy (w tym celu na powierzchni umieszcza się hydrofilne cząsteczki glikolu polietylenowego). (3) Zdolność do ochrony "ładunku" przed degradacją lub denaturacją. Jest to szczególnie istotne gdy niesione jest białko lub siRNA. Szczególne zainteresowanie budzą te nanocząstki, które mogą przenikać przez barierę krew-mózg, ograniczającą dostęp wielu leków do centralnego układu nerwowego. Dotychczasowe badania (niektóre już w fazie prób klinicznych) dają nadzieję na możliwość zastosowania nanocząstek w terapii m.in. chorób układu nerwowego, infekcji wirusowych, nowotworów a także w terapii genowej.

Słowa kluczowe: nanocząstki, terapia celowana

NANOPARTICLES IN DRUG DELIVERY – CURRENT ACHIEVEMENTS AND CHALLENGES

BARBARA PIEKARSKA

*Chair of Medical Biochemistry, Jagiellonian University – Medical College
Kopernika 7, 31-416 Kraków, Poland*

A major challenge to modern pharmacology is the possibility of delivering a drug to specific tissues and, moreover, to specific subcellular compartments. Nanotechnology allows to design and produce particles in the 5-1000 nm size range, which became an important candidates for the drug-carrier roles. The chemical composition of nanoparticles ranges from silica or gold, through synthetic polymers and modified proteins, up to liposomes and synthetic LDLs. The carried drugs can be either low molecular weight organic compounds or polymers like proteins and nucleic acids. The designers' goals are: (1) Precise delivery of the drug to specific target (this - in case of toxic drugs - allows to reduce side effects). Antibodies (or their antigen binding fragments), or other proteins that bind to cell-surface receptors expressed in target cells are used for this purpose. (2) Construct nanoparticles with surface properties that allow to avoid elimination by the immune system (hydrophilic polyethylene glycol attached to the surface helps to obtain "stealth" particles). (3) Capability of the nanoparticle to protect the "cargo" against destruction or denaturation. This is especially the case, when an easily degradable molecule like siRNA or protein is delivered. Of great interest are applications of nanoparticles that concern their possible role in drug delivery to the central nervous system - inaccessible to many therapeutic agents because of the existence of the blood-brain barrier. Researchers showed promising results that relate to nanoparticle-based site-specific drug delivery for treatment of cancers, central nervous system diseases, viral infections. Some nanoparticle drug delivery systems are already in clinical trials.

Keywords: nanoparticle, targeted drug delivery/

SEGMENTACJA MIĘŚNIA SERCOWEGO W OPARCIU O SEKWENCJE OBRAZÓW REZONANSU MAGNETYCZNEGO

TOMASZ PIĘCIAK

*Akademia Górniczo-Hutnicza, Katedra Automatyki, Laboratorium Biocybernetyki,
al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków
pieciak@agh.edu.pl*

Analiza odkształceń mięśnia sercowego (ang. strain) jest nową metodą diagnostyczną stosowaną w kardiologii. Zaawansowana regionalna ilościowa analiza czynności mięśnia sercowego podczas skurczu i rozkurczu pozwala na ocenę mechaniki serca. Wykonanie analizy wiąże się z uprzednim zaprojektowaniem algorytmu segmentacji obszaru śródsierdzia.

W pracy przedstawiono metodę ekstrakcji mięśnia sercowego z sekwencji obrazów pochodzących z badania kardiologicznego rezonansu magnetycznego (CMR – Cardiovascular Magnetic Resonance). Obszary wsierdzia są wyznaczane przez parametryczny algorytm aktywnego konturu wraz siłą ograniczającą GVF (ang. Gradient Vector Flow), wsparty detekcją krawędzi na bazie reguł logiki rozmytej. Adaptacyjne próbkowanie punktów reprezentujących krzywą pozwala na jej optymalne dopasowanie do zawartości obrazu. Wyznaczone w ten sposób granice wsierdzia, poprawione i uzupełnione za pomocą otoczki wypukłej oraz deskryptorów Fouriera, stanowią punkt wyjścia dla detekcji obszaru nasierdzia. Ograniczony w ten sposób obszar mięśnia sercowego jest przesłanką do analizy przewężeń lokalnych oraz odkształceń kierunkowych w czasie pełnego cyklu pracy serca. Analiza opiera się na podstawie o obrazów CMR uzyskanych w osi krótkiej lewej komory. Pomiar dokonywany jest w kierunku promienia lewej komory (ang. radial).

Do głównych osiągnięć pracy należą nowatorskie zastosowanie logiki rozmytej w przetwarzaniu obrazów, udoskonalenie i wykorzystanie modelu aktywnego konturu w zadaniu segmentacji, a także formalny opis krzywych reprezentujących granice śródsierdzia.

Słowa kluczowe: segmentacja mięśnia sercowego, aktywny kontur, odkształcenia mięśnia sercowego, logika rozmyta, deskryptory Fouriera, kardiologiczny rezonans magnetyczny.

MYOCARDIAL SEGMENTATION BASED ON MAGNETIC RESONANCE SEQUENCES

TOMASZ PIĘCIAK

*AGH University of Science and Technology, Institute of Automatics, Bio-Cybernetics Laboratory,
al. Mickiewicza 30, 30-059 Krakow, Poland
pieciak@agh.edu.pl*

A strain analysis is a novel diagnostics method used in the cardiology. An advanced regional quantitative analysis of the myocardium during a systole and diastole allows to diagnose a cardiac cycle. Realization of the analysis requires an myocardial segmentation algorithm.

In this paper a myocardial segmentation method from cardiovascular magnetic resonance sequences (CMR) has been presented. The endocardium areas are calculated using active contour algorithm with gradient vector flow forces. Apart from this, algorithm uses a fuzzy logic approach to detect edges. Additionally, discrete points on the curve are adaptively sampled. As a result curve match to image contents. Designated endocardium boundaries are being corrected and supplemented by convex hull and Fourier descriptors are being a starting point for the epicardium area detection. Based on the endocardium and the epicardium boundaries which limit myocardium it is possible to realize analysis a local stenosis detection and directional strain during the cardiac cycle. The analysis is based on CMR images of left ventricle which were acquired in short axis of left ventricle and radial direction.

The most important achievements presented in this paper are fuzzy logic application in the image processing, the active contour segmentation method improvements and the formal descriptions of myocardium boundaries.

Keywords: myocardial segmentation, active contour, myocardial strain, fuzzy logic, Fourier descriptors, cardiovascular magnetic resonance.

WIRTUALNA „GRA” POMIĘDZY PACJENTEM I JEGO CHOROBA

WIKTOR PIŁAT^{1,2}, IRENA ROTERMAN¹

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum,
Łazarza 16, 31-530 Kraków, Polska,*

²*Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej, Uniwersytet Jagielloński,
Reymonta 4, 30-059 Kraków, Polska.*

Długo trwająca przewlekła choroba powoduje znużenie uciążliwościami wynikającymi z ograniczeń procesu terapeutycznego i obniża poziom optymizmu i wiary w powodzenie terapii.

Uciążliwości codziennego zmagania się z chorobą, i stres z tym związany absorbują uwagę pacjenta, pogarszają jego samopoczucie psychiczne. Choremu często nie są obce takie uczucia jak lęk, gniew, bezradność, zaprzeczenie, izolacja. Możliwa jest też inna sytuacja, gdy chory odczuwa pozorną poprawę stanu zdrowia może skutkować utratą motywacji do podejmowania wysiłków związanych ze stosowaniem się do zaleceń lekarza. Aby uczynić współpracę lekarza z pacjentem bardziej wydajną wprowadzono element gry do relacji między pacjentem i lekarzem. Gra jednak odbywa się między pacjentem i jego chorobą. Zakłada się pozytywny efekt procesu terapeutycznego uzyskać się wprowadzając emocje mobilizujące pacjenta do wygrania.

Poprzez odpowiednie przedstawienie zmian stanu zdrowia i jego pożądanego stanu, uwaga pacjenta jest kierowana na uzyskanie konkretnego efektu zdrowotnego. Wprowadzenie relacji gry pomiędzy pacjentem a jego chorobą ma na celu wywołanie pozytywnej emocjonalnej reakcji chorego.

Sprowadzenie stanu zdrowia chorego do wirtualnego świata gry może też dać mu inne spojrzenie na sytuację która go dotyczy i zaowocować akceptacją faktu choroby i konieczności leczenia. Może to być niezbędnym krokiem do przełamania psychicznych barier i podjęcia współpracy z lekarzem.

Niewątpliwą zaletą jest implementacja takiej gry w postaci web application, umożliwiając pacjentom i ich lekarzom łatwy i szybki dostęp do niej poprzez web browser.

Architektonicznie program tego typu można podzielić na interfejs użytkownika oraz serwer.

Specyfika danych jakie przetwarzane są w grze i jej dostępność poprzez sieć Internet podlega regulacjom prawnym i narzuca zastosowanie mechanizmów ochrony przed nieuprawnionym dostępem. Należy być świadomym że nie istnieje jeden słuszny sposób wizualizacji stanu gry który by w jednakowy sposób oddziaływał na każdego z pacjentów. Odbiór wizualizacji jest cechą osobniczą.

Konieczne jest scharakteryzowanie grupy pacjentów, u których wykorzystanie programu tego typu przynosi korzyści w terapii. Kolejnym ważnym zagadnieniem jest sposób doboru parametrów stanu zdrowia, które są używane do wizualizacji stanu gry. Ważnym elementem jest też ostrożne wprowadzanie reakcji na negatywne efekty terapii (lub jej zaniedbania) aby nie pogarszać stanu pacjenta elementem przegranej.

Słowa kluczowe: relacja pacjent-choroba, psychoterapia, gra.

IN SILICO “GAME” BETWEEN THE PATIENT AND HIS/HER DISEASE

WIKTOR PIŁAT^{1,2}, IRENA ROTERMAN¹

¹*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University – Medical College
Lazarza 16, 31-530 Krakow, Poland,*

²*Faculty of Physics, Astronomy and Applied Computer Science, Jagiellonian University,
Reymonta 4, 30-059 Krakow, Poland*

The long lasting disease makes the patient less optimistic and less active in his/her faith with the illness. The hope decreases according to length of the disease duration.

Daily struggle with the disease, and stress associated with the disease absorb the patient influencing the mental health. The patient often feels such emotions as anxiety, anger, helplessness, denial, isolation. An attempt is presented to overcome these problems and wake up the positive motivation. To make the collaboration of the patient and the doctor more active, the element of game has been introduced to the relation between the patient and the disease. The activity to win is assumed to have the very good influence of the therapy curriculum.

Using the appropriate representation of changes in health status and the expected state of health, the patient's attention is directed to achieve specific health effect. Using the relationship between the patient and his disease is to start an emotional reactions. Showing the patient's health status in a virtual game can introduce a different perspective on the current situation and help him accept the fact of the disease and necessary treatment. This may be helpful step to break the mental barriers and start the cooperation with the doctor. Making the easy to use available through a web browser is a big advantage of implementing such a game as a web application. Application architecture consists of the interface and the server.

The web-server collecting the history of the therapy (drug application, diet, physical treatments etc) with graphic interface is assumed to make the patient aware of the relation between the medical treatment and the results of the therapy. The specificity of the data processed in the game, which are available on the Internet, requires the application of regulations and legal mechanisms to protect against unauthorized access.

The treatment history in form of the numbers (results of medical examination) is not convincing for majority of the patients. The introduction of the graphic interface makes the analysis more comprehensive and easy to be accepted. The graphic interface is of high importance for the cognitive reasons. One shall precisely recognize the emotions of patients who differ in gender and age. These are the most important aspects for proper emotional reaction to be called to erect the game emotion and the strong expectation to win the game in which the disease is the opponent for the patient. The attempt to offer the server satisfying the expectation is presented.

The documentary part of the work is complete however the graphic part seems to be quite poor due to low level of multimedia application. We should be aware that there is no one correct way of visualizing the state of the game, which would influenced in the same way on each of the patients. First of all the cognitive research shall be undertaken to satisfy the gender/age dependent expectation must be undertaken in the future. It is necessary to characterize this group of patients who use this type of program is beneficial in therapy. Another important thing that should be examined is the way of selection of the health parameters that are used to visualize the game for patients. Undesirable situation is the deterioration of the patient's health in spite of his efforts is a highly visible position in the game, shows the failure and has the opposite effect than intended.

Keywords: patient-disease relation, psycho-therapy, game.

„GENOMICZNI WIRTUALNI PACJENCI” – METODA E-LEARNINGOWA NIE TYLKO DLA LEKARZY

MONIKA PIWOWAR, TOMASZ KUŁAGA, MONIKA GURATOWSKA, ALEKSANDRA STACHOŃ,
ANDRZEJ KONONOWICZ

*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum,
ul. Św. Łazarza 16, 31-530 Kraków, Polska*

Stworzony w Collegium Medicum UJ „Genomiczny Wirtualny Pacjent”, przedstawia przypadek 6-letniego chłopca z problemami gastrycznymi. Tego nietypowego wirtualnego pacjenta wykorzystano do prezentacji narzędzi genetycznych i bioinformatycznych, służących do zrozumienia mechanizmu powstawania rzadkiej choroby dziedzicznej.

Poprzez wykorzystanie interaktywnego środowiska internetowego, studenci zaznajamiani są z rzadkimi schorzeniami, niezależnie od dostępności pacjentów oraz nabywają ważne umiejętności diagnostyczne bez ryzyka dla realnego procesu diagnostycznego. Dzięki jasnym instrukcjom, wyczerpującym komentarzom eksperta oraz klarownej strukturze przypadku - podziałem na poszczególne etapy, studenci uczą się obsługiwać najbardziej znane bazy genetyczne takie jak: OMIM, BLAST, czy GEO. Aby wzmocnić efekt edukacyjny, przypadek zawiera różnorodne elementy multimedialne (zdjęcia, skany wyników, kariotypy, drzewa genealogiczne) oraz opatrzony jest odnośnikami do odpowiednich stron internetowych omawiających poszczególne techniki laboratoryjne (RFLP, mikromacierze).

Wirtualni pacjenci nie tylko dla lekarzy pomagają studentom rozwijać umiejętności analityczne oraz wskazuje nowe perspektywy zastosowania genomiki (oraz innych dziedzin) w postrzeganiu świata. Stopniowe budowanie kompetencji w pojedynczych zadaniach pozwala studentowi zyskać doświadczenie i pewność siebie, jakże przydatną w rozwiązywaniu bardziej skomplikowanych problemów naukowych.

Słowa kluczowe: Wirtualny Pacjent, e-nauczanie, genomika.

„GENOMIC VIRTUAL PATIENTS” – THE LEARNING WAY NOT ONLY FOR MEDICAL DOCTOR

MONIKA PIWOWAR, TOMASZ KUŁAGA, MONIKA GURATOWSKA, ALEKSANDRA STACHOŃ,
ANDRZEJ KONONOWICZ

*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University – Medical College,
Św. Łazarza 16 st, 31-530 Cracow, Poland*

“Genomic VP” created at UJ CM is presented. The case study of 6-yr old boy with digestive problems was used as a way to understand how to use genetic and bioinformatical tools to understand the mechanisms that cause the uncommon disease.

By using an interactive learning environments students can learn relevant skills without risk for real patients. Students get acquainted with uncommon diseases regardless of patients availability. Using a clearly structured process, they learn to use the most popular genetic databases like: OMIM, BLAST and GEO. To support the learning process, links to corresponding tutorials for RFLP method and microarrays experiment as well as websites such NCBI, PubMed are provided. Manifold multimedia (pictures, blood tests results, pedigrees of the patients, patient’s karyotype) are used to enrich the presented case and to facilitate the learning process.

This process is designed to help students strengthen analytical skills and provide them with the perspective to appreciate how genomics is not just a collection of methods but has become an enhanced way of seeing life. Building gradually competence in single task lets students have an experience of success and gives them confidence when dealing with more complex situations.

Goals:

- Application of VP programs in biological sciences
- Improving teaching methodology using the computer assistance
- To facilitate of the usual curriculum
- time and labour saving

Results:

- Better understanding of difficult topics
- Repetition possible- improvement observed by the student

Keywords: Virtual Patient, e-learning, genomics

PRÓBA KONSTRUKCJI SIECI INTERAKCJI GENÓW W OPARCIU O DANE EKSPERYMENTALNE

PIOTR PIWOWAR¹, MONIKA PIWOWAR²

¹*Katedra Metrologii, Akademia Górniczo-Hutnicza, Al. Mickiewicza 30, 30-059, Kraków, Polska*

²*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum,
ul. Św. Łazarza 16, 31-530 Kraków, Polska*

W opracowaniu przedstawiono algorytm interakcji genów z wykorzystaniem danych eksperymentalnych z bazy Gene Expression Omnibus, które zastosowano do diagramów powiązań genów. Rezultaty analiz interakcji genów dotyczą ich ekspresji w czasie.

Dynamiczny rozwój analiz genomicznych w ostatnich latach, takich jak technologia mikromacierzowa oraz spektroskopia masowa, spowodował, że sieci regulacji genów (GNR) znalazły się w centrum zainteresowania wielu ośrodków naukowych na świecie. Niezwykle przydatną metodą okazało się oznaczanie ekspresji genów w czasie. Obecnie dane tego typu gromadzone są min. w bazie Gene Expression Omnibus (GEO). Ogólnodostępne diagramy interakcji genów zgromadzone w bazie danych Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) zostały także wykorzystane w proponowanym rozwiązaniu.

Słowa kluczowe: sieć ekspresji genów.

PROPOSITION OF THE GENES INTERACTION NETWORK ON THE BASIS OF EXPERIMENTAL DATA

PIOTR PIWOWAR¹, MONIKA PIWOWAR²

¹*Department of Measurement and Instrumentation, AGH – University of Science and Technology, Al. Mickiewicza 30, 30-059, Cracow, Poland*

²*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University – Medical College, Św. Łazarza 16 st, 31-530 Cracow, Poland*

In the paper an algorithm that try to infer the network of gene–gene interactions is presented. This is achieved by a experimental data taken from Gene Expression Omnibus and applied to diagrams of gene–gene-interaction. The results show gene–gene interactions in time domain.

Gene regulatory network (GNR) focus attention many research center nowadays.

Recent developments in large-scale genomic technologies, such as DNA microarrays and mass spectroscopy have made the analysis of gene networks more feasible. An increasingly popular is one of the most methods for studying a wide range of biological systems - time series expression experiments which are accessible from Gene Expression Omnibus database. There are also many diagrams of gene–gene interactions studied, described in Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes database that was applied to study.

Keywords: gene expresion network.

OD NEGACJI DO ORIENTACJI

MACIEJ POKORA

Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. M. Nałęcz, PAN, Warszawa

Z własnego modelu błędnika *CREx* (Combined Rotational Exposure) wynika domniemanie, że przyporządkowanie negacji NIE gestom głowy występującym podczas oglądu otoczenia nastąpiło prawdopodobnie w ten sposób, że kiedy nasi przodkowie nie mieli zamiaru przystać na otrzymaną propozycję - zanim odpowiedzieli NIE wpierw przezornie rozglądali się na boki, ażeby móc w porę zapobiec ewentualnemu atakowi, albo zaplanować drogę ucieczki. Bowiem w przeciwieństwie do akceptacji negacja zawsze zwiększa ryzyko wywołania ataku. Prawdopodobnie takie niewerbalne rozglądanie się na boki osoby indagowanej, połączone z oscylacyjnymi ruchami głowy wokół jej osi pionowej, z czasem stało się synonimem ekspresji NIE. Skojarzenie jej z maksymalnym poziomem sumarycznej stymulacji kanałów półkolistych ma również inny związek z ewolucją, skoro to właśnie najsilniej stymulująca nasz układ orientacji **negacja** ($CREx_{max} = 1$) częściej bywa motorem postępu, niż stymulująca błędnik najsłabiej **akceptacja** ($CREx_{min} = 0,5$). Bowiem trudno zaproponować cokolwiek twórczego, jeżeli nie poprzez zanegowanie stanu obecnego. Ale dla osiągnięcia sukcesu konieczny jest zarówno wysiłek indywidualny, jak i zespołowy, bo w konsekwencji indywidualnego epizodu twórczej negacji może powstać nowe, lepsze rozwiązanie, ale wprowadzenie go wymaga grupowej akceptacji przez realizatorów. Wahanie głową na boki wyraża niepewność MOŻE, i ta ekspresja pośrednia pomiędzy NIE a TAK przybiera również wartość pośrednią 0,8 względnego poziomu stymulacji. Zgodność biologii ze zjawiskami kulturowymi wydaje się weryfikować model.

Uwarunkowania kulturowe wywołują etniczne podobieństwa oraz zróżnicowania. W Indiach, gdzie mylna odpowiedź jest mniejszym złem niż przyznanie się do niewiedzy, gesty głowy są często tylko potwierdzeniem udziału w konwersacji. U Greków wyraz „*nai*” (czytaj: ne) oznacza TAK, choć słowo „*ne*” kojarzy się raczej z zaprzeczeniem niż z przytaknięciem. W efekcie tej konfuzji Grecy nie są w swych gestach głowy jednolici, podobnie jak Bułgarzy, którzy zapewne przejęli to od sąsiadów.

Uzupełniony o wzrok, dotyk, sieć receptorów kinestetycznych oraz ośrodki w hipokampie i mózdzku - błędnik stymuluje rozwój mózgu u dzieci, zapewnia nam bezpieczeństwo, umożliwia balansowanie ciałem i orientację w przestrzeni. Znamienne, że słowo „**orientacja**” zawiera człon **ORIENT**. Bowiem właśnie w Chinach ok. 3 tysięcy lat temu powstał kompas drogowy w postaci dwukółki z drewnianym mechanizmem różnicowym i umieszczoną na nim figurą, która ręką wskazywała stały kierunek niezależnie od kierunku drogi. Również w Państwie Środka w 1088 roku Shen Kua skonstruował kompas magnetyczny. Czy nie ta bogata tradycja w odnajdywaniu drogi - obok pracowitości, kreatywności oraz wytrwałości Chińczyków i roztropności elit - pomaga dzisiaj nowemu światowemu liderowi w obejmowaniu wiodącej pozycji w przemyśle, ekonomii, nauce?

Słowa kluczowe: błędnik, modelowanie błędnika, gestykulacja głową, orientacja

FROM NEGATION TO ORIENTATION

MACIEJ POKORA

M. Nalecz Institute of Biocybernetics and Biomedical Engineering, PAS, Warsaw

From my labyrinth *CREx* model (Combined Rotational Exposure) the presumption appears that the assignment of negation to a head gesture occurring during the overview of the environment got probably in such a way that when our ancestors had no intention to accept the received proposal - prior to responding "NO" - they first looked cautiously around to the sides in aim to prevent any possible attack in time, or to plan an escape, because in contrast to acceptance the negation always increases the risk of causing an attack. Such a non-verbal glancing to the sides by the inquired person, with oscillatory movements of the head around its vertical axis, has probably become with time synonymous with the expression of NO. The maximum level of the combined stimulation of the semicircular canals is apparently another link with evolution since **negation** is linked to the head gesture most stimulating of our vestibular system (*CREx* max = 1), and it brings progress more often than the **acceptance** assigned to the head gesture least stimulating the labyrinth (*CREx* min = 0.5). Indeed, it is difficult to suggest anything creative, if not by negating the *status quo*. But for success necessary are both efforts - of an individual, and a team, because an individual episode of creative denial may bring in a consequence a new solution, but its implementation requires acceptance by the group of implementers. Shaking the head from side to side means the uncertainty, and expression MAYBE - intermediate between YES and NO - carries also intermediate value of relative level of stimulation (*CREx* = 0.8). Compliance of cultural phenomena and biology seems to verify the model.

Cultural background evokes ethnic similarities and differences. In India, where the erroneous response is a lesser evil than straight admission of ignorance, head gestures are often only the proof of participation in a conversation. Among the Greeks the word „*nai*” (read: nae) means YES, although the sound „*nae*” is associated with a denial rather than nodding. In effect there is a confusion by lack of uniformity of the head gestures in Greece, and Bulgarians probably took it from their neighbors.

Supplemented by sight, touch, a network of kinesthetic receptors, and centers in the cerebellum and the hippocampus - the labyrinth stimulates brain development in children, provides us with security, facilitates the body balancing and orientation in space. It is quite significant that the word „**orientation**” includes a member **ORIENT**. Indeed, in China about 3 thousand years ago the road compass was invented, a two-wheeler with wooden differential mechanism and placed-on the statue which arm indicated a pre-set direction regardless of the meanders of the road. Also in the Middle Kingdom in 1088 Shen Kua has developed the magnetic compass. Is not that rich tradition in finding the way - besides creativity, hard-working attitude and perseverance of the Chinese, with prudence of their elites - helping them today in taking up world leadership in industry, economy, science?

Keywords: labyrinth, labyrinth model, head gestures, orientation

AKTUALNE TRENDY W DIAGNOSTYCE I TERAPII SNU

MACIEJ POKORA

Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. M. Nałęcz, PAN, Warszawa

Inżynieria biomedyczna coraz częściej wkracza w zagadnienia snu, co wynika z potrzeby pomocy w zaburzeniach tej formy odpoczynku, stwarzając przy tym nowe możliwości diagnostyki w stanach czasowego wyłączenia świadomości, gdy organizm poddaje się procesom regeneracyjnym i funkcjonuje spontanicznie, bez maskowania. Prawdopodobnie mózg ewoluował do wykorzystania codobowego odpoczynku dla przetwarzania informacji z poprzedniego dnia w myśl zasady: pobieraj za dnia, przetwarzaj nocą. Stopniowo odkrywamy procesy poznawcze zachodzące podczas snu, gdy nasz mózg bezwiednie zajmuje się wzmacnianiem pamięci, analizą danych oraz rozwiązywaniem problemów [<http://www.sciam.com/article.cfm?id=how-snoozing-makes-you-smarter>].

Ponieważ automaty wyręczają nas w wysiłku fizycznym, obniża się wydolność współczesnego człowieka i powszechne tendencje do otyłości powiększają zagrożenia zdrowia i życia od bezdechu obturacyjnego podczas snu (OBPS). Zbyt płytki i przerywany sen w nocy wywołuje senność w ciągu dnia, co obniża wydajność w pracy i zwiększa również ryzyko spowodowania wypadku. Częste, długotrwałe bezdechy sprzyjają zawałom serca i udarom mózgu. Nieleczony bezdech przyczynia się do niewydolności serca, choroby niedokrwiennej serca, arytmii, nadciśnienia tętniczego i/lub płucnego, oraz do zmian cukrzycowych. Leczenie OBPS nie jest łatwe wobec systemowego kompromisu gdy dla regeneracji organizmu niezbędne jest możliwie pełne zwiótnienie mięśni w głębszych fazach snu, ale z zachowaniem drożności nosogardzieli dla sprawnej wentylacji płuc.

M.in. w NASA, IBIB PAN i Fraunhofer Institut Duisburg, zainicjowano badania nad łózkami interaktywnymi, ukierunkowane na ograniczenie patogenicznego deficytu motorycznego podczas codobowego odpoczynku. Przy wymuszaniu ruchów oscylacyjnych ciała bez zakłócania snu wskazany jest optymalny dobór amplitudy i częstotliwości. Sprzęganie oscylacji łóżka z rytmem pracy serca osoby śpiącej oznacza umiarkowane zmiany rytmu, charakterystyczne dla pracy serca w normie, ale też dla tempa „*rubato*” stosowanego przez Fryderyka Chopina w wielu znakomitych kompozycjach.

Gdy rosną koszty leczenia schorzeń wynikających z pogorszonej jakości snu w efekcie bezdechu, gdy nasilają się trendy do zastosowania telemedycyny oraz mało-inwazyjnych pomocy aparaturowych, i gdy polisomnografia wciąż nie zapewnia obiektywnej, automatycznej analizy - celowe staje się opracowanie przenośnego systemu monitorowania snu z uproszczoną hipnografią. Słabość standardowych badań polisomnograficznych wynika m.in. z faktu, że prowadzone są one w laboratoriach przyszpitalnych, gdzie warunki do spania są odmienne od domowych, zazwyczaj gorsze, co upośledza jakość snu osoby badanej, a w konsekwencji obniża wiarygodność diagnostyki.

Słowa kluczowe: sen, monitorowanie snu, diagnostyka snu, uproszczona hipnografia

CURRENT TRENDS IN DIAGNOSTICS AND THERAPY OF SLEEP

MACIEJ POKORA

M. Nalecz Institute of Biocybernetics and Biomedical Engineering, PAS, Warsaw

Biomedical engineering is increasingly entering into the issues of sleep, due to the need for assistance in disorders of this type of rest, while creating new opportunities for diagnostics in the states of temporary unconsciousness when the body is subjected to regenerative processes and does function spontaneously, without masking. Probably our brain has evolved to use nightly rest for the processing of information from the previous day according to the rule: download in the daytime, process over the night. Gradually we discover the cognitive processes that occur during sleep when our brain is being unconsciously engaged in tasks of strengthening of the memory, data analysis and problem solving [<http://www.sciam.com/article.cfm?id=how-snoozing-makes-you-smarter>].

Automatic machines release us from physical activity and reduce the capacity of humans resulting in common trends of obesity leading to health risks from obstructive sleep apnea (OSA). Too shallow and fragmented sleep at night causes daytime sleepiness, which diminishes productivity at work and also increases the risk of causing an accident. Frequent, prolonged apnea promote heart attacks and brain strokes. If left untreated, sleep apnea contributes to heart failures, ischemic heart diseases, arrhythmia, artery and/or pulmonary hypertension, and diabetes. Treatments are not easy under conditions of systemic compromise if the least possible muscle tonus is beneficial for the optimal regeneration of the whole body during deeper stages of sleep, at the same time badly affecting the air flow through the nasopharynx necessary for proper ventilation of the lungs.

Including at NASA, IBBE and the Fraunhofer Institute in Duisburg, pioneering research on interactive beds was initiated, aimed at limiting the pathogenic motor deficits during rest cycles and to provide higher comfort in sleep. While enforcing oscillating movements of the body without sleep disturbance necessary is to apply adequate stroke and frequency. Linking the bed oscillations to the heartbeat of sleeping person leads to moderate changes in rhythm, characteristic in the normal heart, also reassembling the pace „*rubato*” used by Frederick Chopin in many of his famous compositions.

With raising costs of treating illnesses caused by the reduced quality of sleep due to the apnea, with trend to intensify the applications of telemedicine and least-invasive support equipments, when polysomnography is still not able to provide an objective, automated analysis - apparently it makes sense to develop a portable sleep monitoring system with simplified hypnography. The weakness of standard polysomnographic systems results, among others, from the fact that they are conducted in laboratories where the sleeping conditions are different from home, usually worse, which impairs the quality of sleep of the person tested, and in consequence it reduces the reliability of diagnosis.

Keywords: sleep, sleep monitoring, sleep diagnostics, simplified hypnography

INŻYNIERIA BIOMEDYCZNA OD STRONY ZAWIEDZONYCH NADZIEI

MACIEJ POKORA

Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. M. Nałęcz, PAN, Warszawa

Jeżeli przedstawiciele Parlamentu Europejskiego ogłoszenie przez WHO pandemii A/H1N1 określili mianem jednego z największych medycznych skandali, to należałoby przyjrzeć się trendom w dziedzinie inżynierii biomedycznej, ażeby lepiej zrozumieć, z czego np. wynika chwiejna polityka antynowotworowa. Badania Norwegian Institute of Public Health w Oslo na grupie 119 472 kobiet w wieku 50-64 lat wykazały, że występowanie progresywnych zmian nowotworowych wśród kobiet poddawanych co 2 lata mammografii było o 22% wyższe niż w grupie kontrolnej 109 784 kobiet w tym samym przedziale wiekowym, ale które nie brały udziału w tej profilaktyce [Zahl i in. 2008]. Autorzy sugerują, iż szkodliwa jest ekspozycja Rtg badanych tkanek przy ucisku, ale nie wykluczyli też że zmiany nowotworowe ustępują samoistnie. Badania w 5 krajach potwierdziły, że co trzeci zdiagnozowany mammograficznie nowotwór okazuje się niegroźny, choć często bywa niepotrzebnie leczony [Jørgensen 2009]. Ryzyko „nad-diagnostyki” rośnie i zamiast efektów profilaktycznych wywoływane są choroby, o czym donosiły źródła niezależne [www.rense.com/general76/exoe.htm].

Sklaniają do refleksji wyniki badań [Sekhri i in. 2008] przeprowadzonych na pacjentach z dusznicą bolesną, która jest częstym symptomem choroby serca i jej diagnostyka jest istotnym problemem, gdyż cierpi na nią co 50 osoba. Zanalizowano progresję tej choroby u 8 176 pacjentów na podstawie zapisów EKG. Dla polepszenia diagnozy 60% pacjentów poddano wysiłkowemu EKG, i w tej podgrupie u 1 422 pacjentów przeprowadzono również rutynowy wywiad lekarski. Gdy po kilku latach zweryfikowano rejestry medyczne z zaistniałymi epizodami ataków serca, wtedy okazało się, że analiza wykazała niewiększą przydatność wysiłkowego EKG dla skutecznego prognozowania przebiegu choroby, od klasycznego zbadania pacjenta oraz lekarskiego wywiadu. Nieomal połowa nagłych epizodów kardiologicznych przytrafiła się pacjentom, u których badanie EKG nie wykazało żadnych niepokojących objawów i autorzy cytowanego artykułu stwierdzili, że wysiłkowe EKG nie miało większego znaczenia dla trafności prognoz, natomiast wywiad z pacjentem okazał się narzędziem skuteczniejszym od procedur bioinżynierii medycznej.

Badania przeprowadzone na dużych grupach pacjentów przez renomowane ośrodki wskazują na potrzebę większej ostrożności i bardziej obiektywnej oceny faktycznych zalet nowych procedur i technologii. Podobnych błędów jest więcej i dlatego w badaniach trendów *Foresight 2008* nacisk położono na subiektywne oceny szerszego gremium uczestników bez zawężania do ocen ekspertów. Już jeden z pionierów scjencjometrii Florian Witold Znaniecki (1882-1958) postulował ażeby na rzeczywistość patrzeć „**oczyma jej uczestników**”, a nie „absolutnego obserwatora”. Zatem i w tym aspekcie powoli powracamy do źródeł, bowiem już starożytni przestrzegali, że *humane errarum est*.

Słowa kluczowe: nad-diagnostyka nowotworowa, wysiłkowe EKG, weryfikacja trendów

BIOMEDICAL ENGINEERING FROM PERSPECTIVE OF UNFULFILLED HOPES

MACIEJ POKORA

M. Nalecz Institute of Biocybernetics and Biomedical Engineering, PAS, Warsaw

If the representatives of the European Parliament have identified the announcement of H1N1 pandemic by the WHO as one of the biggest medical scandals, we have to look at trends in the field of biomedical engineering, for example in order to understand better the unstable anti-cancer policy today. The research executed by the Norwegian Institute of Public Health in Oslo [Zahl et al. 2008] in a group of 119 472 women aged between 50-64 showed that the prevalence of progressive tumor among women undergoing mammography every 2 years was 22% higher than in the control group of 109 784 women in the same age range, but which did not participate in the prevention program. The authors suggest that X-ray exposure of bruised tissue might be harmful, but also not ruled out is that the tumors disappear spontaneously. Another survey in five countries confirmed that a third of cancers diagnosed by mammography turns out to be harmless, though often are unnecessarily treated [Jørgensen 2009]. The risk of 'over-diagnosis' is raised, and instead of increasing preventive effects - the diseases are caused, as reported by independent sources [www.rense.com/general76/exoe.htm].

Worth for our attention are results of research [Sekhri et al. 2008] carried out on patients with angina, which is a common symptom of heart disease and its diagnosis is an important issue because one in every 50 persons suffers from coronary angina. Study analyzed the progression of the disease in 8 176 patients on the basis of ECG records. To improve the diagnosis 60% of patients underwent exercise ECG, and in this subgroup of patients in 1,422 cases a routine medical history was also recorded. After several years these medical records were verified with episodes of heart attacks which occurred. Then it turned out that the usefulness of exercise ECG was not greater for effective prediction of the disease progression than classic i.e. resting ECG and the medical interview. Almost half of cardiac events have happened to the patients whose ECG did not reveal any alarming signs. The authors found that the exercise ECG was of little significance for the accuracy of forecasts, and an interview with the patient turned out to be more effective tool than bioengineering procedures.

These studies of large groups of patients by renowned centers call for greater caution and more objective assessment of actual benefits of the new procedures and technologies. Similar mistakes are common and that is why during *Foresight 2008* studies of trends emphasis was put on the subjective assessment by the wider body of participants without restricting to the experts' assessments. Already one of the pioneers of scientometry Florian Witold Znaniecki (1882-1958) has postulated to look at reality „**through the eyes of its participants**” rather than of „absolute observer”. Hence, gradually we are coming back to the sources because already the ancients were aware that *humane errarum est*.

Keywords: cancer over-diagnostics, exercise ECG, trends verification.

FUNKCJONALNOŚĆ I PROSTOTA PODSTAWAMI PROJEKTU ODPORNEGO NA UPŁYW CZASU

MACIEJ POKORA

Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. M. Nałęcz, PAN, Warszawa

Lower Extremity Telescopic Orthosis *LETOR* to oryginalny i wciąż konkurencyjny w świecie prefabrykowany sprzęt dla prewencji hipokinezy po urazach rdzenia kręgowego. Funkcjonalny od pierwszej pionizacji, w usprawnianiu lokomocyjnym, diagnostyce, aż do zaopatrzenia w domu. Pochylenie kolumny wprzód ułatwia balans tułowia podczas stania i inicjowanie faz przeniesienia podczas chodu. Podatna i skracana kolumna polepsza aferencję i przyspiesza rehabilitację. Brak przegubu kolana i zewnętrzne mocowanie ułatwiają zakładanie i zapewniają komfort w spoczynku. Jeden rozmiar umożliwia dopasowanie do indywidualnych kształtów kończyn u ok. 90% dorosłych, co w odróżnieniu od ortotyki konwencjonalnej pozwala na wypróbowanie i uniknięcie rozczarowań.

- 1982 Patent 135586, 1983 patent 140171, 1983 wzór użytkowy, 1999-2011 znak towarowy **LETOR**
1984 Wdrożenie w Konstancinie: śr. ok. 100 sztuk/rok, w Polsce zaopatrzone ok. 1 400 pacjentów.
1986 Licencja sprzedana za gotówkę dla Svensk Handikappteknik AB, Sztokholm, Szwecja.
1987 Wdrożenie w 3D Orthopedics Inc, Dallas TX, USA, 1987-91 wytworzono ok. 900 sztuk *TPO*.
1988 Wersja z włókien węglowych wykonana przez firmę GOTEK mbH, Niemcy.
1989 Powołanie do International Scientific Committee, ISPO World Congress, Kobe, Japonia.
Publikacja w Orthopedics, USA, 12 (6), 851-4: Limbird T.J., Stills M., Elliott D., Wharton G.
2000 Nieautoryzowana wersja oferowana pod nazwą *LEVATE* przez ProWALK GmbH, Niemcy.
2001 Doktorat: Model aktywizacji pionizacyjno-lokomocyjnej pacjentów z porażeniem k. dolnych.
Seminarium u potentata Otto Bock HealthCare GmbH, Duderstadt, Niemcy, sprzedaż do prób.
2002 Weryfikacja wykorzystania w ramach grantu KBN 4T11E00823 na grupie 57 użytkowników:
akceptacja 75-80% (sprzęt konwencjonalny ok. 50%), korzyści zdrowotne z ćwiczeń u 67%.
2004 Unikatowe wdrożenie: Shandong Orthotics & Prosthetics Rehabilitation Center, Jinan, Chiny.
2006 Włączenie do programu edukacji w renomowanym National Center for Prosthetics & Orthotics University of Strathclyde, Glasgow - WHO Collaborating Centre for Research & Training PO.
2007 Pokora M.: The *LETOR* orthosis. w monografii: Report, ISPO-USAID-WHO Consensus Conference: Appropriate Lower Limb Orthotics for Developing Countries, Hanoi 06, 273-80. *LETOR* wśród 68 innowacyjnych opracowań w angielskim katalogu Polskiej Akademii Nauk.

Sumaryczny obrót na tej koncepcji z Polski osiągnął miliona euro. Modułarna i lekka (1,2 kg) ortoza jest kontynuacją naszego wkładu w postęp orto-protetyki, bo dzisiejsza **Protetyka Modułarna** wyewoluowała - **po 27 latach kontrowersji** i po pierwszej ISPO Consensus Conference w 1990 - z koncepcji *Immediate Post-Operative Fitting* prof. Mariana Weissa z 1963. To są procesy powolne: w 2008 autorzy protezy i-LIMB dostali nagrodę Royal Academy of Engineering **po 45 latach** badań.

Słowa kluczowe: ortoza, ortotyka modułarna, zaopatrzenie natychmiastowe, paraplegia

FUNCTIONALITY AND SIMPLICITY AS BASIS OF THE PROJECT RESISTING THE PASSAGE OF TIME

MACIEJ POKORA

M. Nalecz Institute of Biocybernetics and Biomedical Engineering, PAS, Warsaw

Lower Extremity Telescopic Orthosis *LETOR* is an original and still world competitive pre-fab equipment for the prevention of hypokinesia after spinal cord injury. Functional from the very first standing exercises, and gait training, through assessment, to supply for home use. Frontal slant of the column helps the body balance while standing, and helps to initiate the swing phase. Semi-elastic shortening column improves afferentation and accelerates rehabilitation process. Lack of a knee joint and external fixing facilitates donning and comfort at rest. One size fits the shapes of individual limb in ca. 90% of adults - thus unlike standard orthoses *LETOR* can be tried out to avoid disappointment.

- 1982 Patent № 135586, 1982 Patent № 140171, 1983 reg. design, 1999-2011 **LETOR** trademark.
- 1984 Fabrication in Konstancin, approx 100 units per year, approx 1,400 patients fitted in Poland.
- 1986 License sold for cash for Svensk Handikappteknik AB, Stockholm, Sweden.
- 1987 Know-how transfer to 3D Orthopedics Inc., Dallas TX, USA, 900 *TPO* units supplied 1987-91.
- 1988 Version of carbon fiber made by GOTEK mbH, Germany.
- 1989 Appointment to the International Scientific Committee, ISPO World Congress, Kobe, Japan.
- Publication in Orthopedics USA 12 (6), 851-4 by Limbird TJ., Stills M., Elliott D., Wharton G.
- 2000 Unauthorized version offered under the name „*LEVATE*” by the ProWALK GmbH, Germany.
- 2001 PhD thesis: Model of standing-up/locomotion activation in patients with paralyzed lower limbs.
- Seminar at Otto Bock HealthCare GmbH, Duderstadt, Germany, and sale of the assessment set.
- 2002 KBN 4T11E00823 grant: verification of the usefulness among random 57 users: acceptance ca. 75-80% (conventional orthotics approx 50%), health benefits of exercises claimed by 67%.
- 2004 Know-how transfer to Shandong Prosthetics & Orthotics Rehabilitation Center, Jinan, China.
- 2006 System inclusion to education program at renown National Center for Prosthetics & Orthotics, University of Strathclyde, Glasgow - WHO Collaborating Centre for Research & Training PO.
- 2007 Pokora M.: The *LETOR* orthosis. in the monograph: Report, ISPO-USAID-WHO Consensus Conference on Appropriate Lower Limb Orthotics for Developing Countries, Hanoi 06, 273-80.
- LETOR* among 68 innovative developments in the catalogue by Polish Academy of Sciences.

Total turnover on this concept from Poland reached 1 million euro. Modular and lightweight (1.2 kg) orthosis is a continuity of our contribution to the progress of ortho-prosthetics because today's **Modular Prosthetics** has evolved - **after 27 years** of controversies - and after the very first in the history of the ISPO Consensus Conference in 1990 - from the 1963 *Immediate Post-Operative Fitting* concept authored by Prof. Marian Weiss from Konstancin. These processes are slow: Scottish bionic i-LIMB won the Royal Academy of Engineering 2008 award after **45 years** of development.

Keywords: orthosis, modular orthotics, instant fitting, paraplegia

AUTOMATYCZNA KLASYFIKACJA ALGORYTMEM GENETYCZNYM STRUKTUR BIAŁKOWYCH PRZY UŻYCIU DOPASOWANIA SEKWENCJI UZYSKANEJ Z TRANSFORMACJI GĘSTOŚCI HYDROFOBOWOŚCI UZYSKANEJ Z MODELU ROZMYTEJ KROPLI OLIWY

ŁUKASZ PROSZEK^{1,2,3}, IRENA ROTERMAN¹

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków, Polska*

²*Instytut Podstawowych Problemów Techniki, Polska Akademia Nauk, Warszawa, Polska*

³*Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej, Uniwersytet Jagielloński, Warszawa, Polska*

Znajdowanie podobieństw między białkami jest ważnym problemem bioinformatycznym. W przeszłości podjęto wiele prób klasyfikacji struktur. W niniejszym artykule przedstawione jest nowe podejście do tego problemu. Przedstawione są także wyniki uzyskane z analizy próbnego zbioru struktur.

Uważa się, że gęstość hydrofobowości (ΔH) uzyskana jako różnica pomiędzy teoretycznym rozkładem hydrofobowości opisanym przez model rozmytej kropli oliwy, a rozkładem empirycznym zawiera informacje o białku, e.g. o strukturze, czy miejscu aktywnym. W oparciu o ten fakt podjęta została próba klasyfikacji (grupowania) struktur białkowych w oparciu o profile ΔH .

Dwuwymiarowy profil ΔH został przetłumaczony na dwie jednowymiarowe sekwencje zawierające informacje o kształcie profilu. Opisany jest algorytm tej transformacji. Następnie została podjęta próba klasyfikacji struktur białkowych poprzez uzbieźnianie sekwencji profilu ΔH .

Uzbieźnianie sekwencji profilu ΔH wykonywane jest przy użyciu algorytmu genetycznego. W pracy opisany jest ten algorytm. Opisane są także zastosowane operatory genetyczne, takie jak mutacja, krzyżowanie oraz funkcja przystosowania.

Słowa kluczowe: Bioinformatyka, Algorytmy Ewolucyjne, Inteligencja Obliczeniowa, Struktura Białkowa

AUTOMATIC CLASSIFICATION OF PROTEIN STRUCTURES BASED ON GENETIC ALGORITHM ALIGNMENT OF THE HYDROPHOBICITY DIFFERENCE PROFILES OBTAINED FROM THE FUZZY OIL DROP MODEL

ŁUKASZ PROSZEK^{1,2,3}, IRENA ROTERMAN¹

¹*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University – Medical College, Kraków*

²*Institute of Fundamental Technological Problems, Polish Academy of Sciences, Warszawa, Poland*

³*Faculty of Physics, Astronomy and Applied Computer Science, Jagiellonian University, Kraków, Poland*

Discovery of similarities between proteins is an important bioinformatics problem. Many such attempts were carried out in the past. In this paper a new attempt at solving this problem is described. The obtained results from a test run on a sample population are shown also.

Hydrophobicity Density Profiles (ΔH) obtained from the difference of theoretical hydrophobicity – based on the Fuzzy-Oil-Drop model – and the empirical hydrophobicity, are shown to convey information about the protein, e.g. structure or active site location. Based on that fact, an attempt to use the ΔH profile to analyze protein similarity was undertaken.

The two-dimensional ΔH profile of a protein was transformed to two one-dimensional sequences that carry information about the profile's shape. The algorithm of transformation is described. Following that an attempt to classify the proteins based on the ΔH profile sequence alignment was carried out.

The ΔH profile sequence alignment was done using a genetic algorithm. The genetic algorithm is described. The genetic operators, such as mutation, crossover and the fitness function are described also.

Keywords: Bioinformatics, Evolutionary Algorithms, Computational Intelligence, Protein Structure.

WYKORZYSTANIE MASZYN WEKTORÓW WSPIERAJĄCYCH DO ANALIZY SEMANTYCZNEJ ZDJĘĆ SIASCOPOWYCH ZNAMION SKÓRY

KAROL PRZYSTALSKI

*Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej, Uniwersytet Jagielloński,
ul. Reymonta 4, 30-059 Kraków; kprzystalski@gmail.com*

Co roku widoczne jest coraz większe znaczenie diagnostyki wspomaganej komputerowo, a także coraz bardziej dokładnych urządzeń diagnostycznych, których skuteczność poprawnego wykrywania znamion o charakterze złośliwym wynosi obecnie 93% [1]. Diagnostyka wspomagana komputerowo jest bardzo często oparta na analizie dużej ilości zdjęć znamion. Jednym z problemów jest wyszukiwanie tak dużej bazy danych zdjęć o konkretnych cechach charakterystycznych.

Tak jak czerniak skóry, tak i inne choroby skóry posiadają pewne cechy charakterystyczne widoczne na zdjęciach dermatoskopowych. Aby poprawnie wyekstrahować cechy znamienia ze zdjęć należy zastosować semantyczną analizę zdjęć.

Artykuł przedstawia nowe podejście do semantycznej analizy zmian barwnikowych znamion skóry. Pierwszą fazą podejścia jest segmentacja zdjęć. Do segmentacji wykorzystywany jest algorytm JSEG [2,3] ze względu na wysoki poziom skuteczności oraz szybkość działania. Kolejnym etapem jest zbudowanie wektora cech dla każdego z obiektów. Następnie tworzony jest wektor klas. Z bazy 400 zdjęć znamion o różnym charakterze wybierane są losowo obiekty do dwóch zbiorów: uczącego oraz klasyfikowanego. Losowanie powtarzane jest 100 razy dla każdego ze zbiorów. Dodatkowo zbiory są pogrupowane w pięć grup, gdzie każda grupa ma inny stosunek danych uczących do klasyfikowanych. Do analizy tych danych wykorzystywany jest algorytm maszyn wektorów wspierających [4]. Wynikiem jest średnia ze 100 prób dla każdego zbioru.

W niniejszym artykule podejście jest innowacyjne, ponieważ zastosowano zdjęcia wielowarstwowe znamion skóry. Zdjęcia zrobione są przy pomocy fal świetlnych w kilku długościach: światło widzialne, UV, bliska podczerwień. Dzięki temu na zdjęciach widoczne są niższe warstwy skóry, co skutkuje wyższą skutecznością klasyfikacji, ponieważ daje większą wiedzę niż w przypadku zwykłych zdjęć dermatoskopowych.

Bibliografia

- [1] Govindan K., Smith J., Knowles L., Harvey A., Townsend P., Kenealy J., Journal of Plastic, Assessment of nurse-led screening of pigmented lesions using SIAscope, Journal of Reconstructive & Aesthetic Surgery 60, 639-645, 2007
- [2] Chuan Yu-Chang, Hung-Jen Wang, Chi-Fang Li, Semantic analysis of real-world images using support vector machine, Expert Systems with Applications 36, 20560-20569, 2009
- [3] Deng Y., and Manjunath S. B., Unsupervised segmentation of color-texture regions in images and video, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence 23(8), 800-810, 2001
- [4] Cortes C., and Vapnik V., Support-vector network, Machine Learning 20(3), 273-297, 1995

Słowa kluczowe: analiza semantyczna, SVM, SIAscope, czerniak skóry, JSEG

USING SUPPORT-VECTOR MACHINES IN SEMANTIC ANALYSIS OF SIASCOPE SKIN LESION IMAGES

KAROL PRZYSTALSKI

*Faculty of Physics, Astronomy and Applied Computer Science, Jagiellonian University
Reymonta 4, 30-059 Krakow; kprzystalski@gmail.com*

The importance of computer aided diagnostics is increasing every year. Also diagnostic devices improve, with success rate of proper diagnosis of malignant skin lesion exceeding 93% [1]. Computer aided diagnostics is very often based on analysis of large databases of skin lesions. The problem is how to search this kind of databases for lesions with some concrete characteristics.

Malignant melanoma just like other skin diseases has some special characteristics that can be seen on dermatoscope images. For proper extraction of lesion features, semantic analysis of images should be done.

This article presents a new approach to semantic analysis of pigmented skin lesion. First, images are segmented. JSEG algorithm is used [2,3] because of its effectiveness and performance. Next, feature vector is build for each segmented object. After that, class vector needs to be prepared. From a database of 400 skin lesion images with different characteristics, random objects for each group are chosen. Additionally all groups are divided into five groups where each of them has another ratio of training to test data. SVM [4] algorithm is used for analysis. The result is an average of 100 samplings of each group.

Approach presented in this article is innovative, because multi-layered skin lesion images were used. These images were done using a few light wavelengths like: visible light, UV and infrared. Thanks to this lower skin layers are captured what improves classification effectiveness, because more layers provide more data than commonly used dermatoscopic images.

References:

- [1] Govindan K., Smith J., Knowles L., Harvey A., Townsend P., Kenealy J., Journal of Plastic, Assessment of nurse-led screening of pigmented lesions using SIAscope, Journal of Reconstructive & Aesthetic Surgery 60, 639-645, 2007
- [2] Chuan Yu-Chang, Hung-Jen Wang, Chi-Fang Li, Semantic analysis of real-world images using support vector machine, Expert Systems with Applications 36. 20560-20569, 2009
- [3] Deng Y., and Manjunath S. B., Unsupervised segmentation of color-texture regions in images and video, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Inteligence 23(8), 800-810, 2001
- [4] Cortes C., and Vapnik V., Support-vector network, Machine Learning 20(3), 273-297, 1995

Keywords: semantic analysis, SVM, SIAscope, malignant melanoma, JSEG

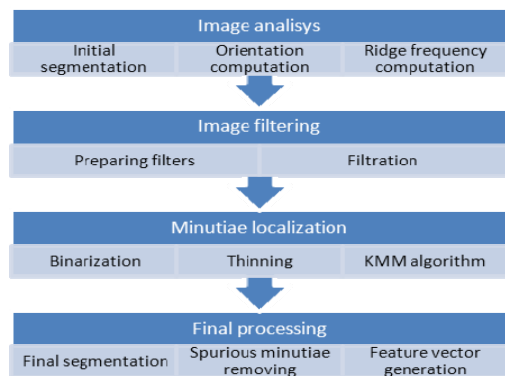
NOWY ALGORYTM DO EKSTAKCJI CECH OBRAZU ODCISKU PALCA BEZ WSTĘPNEGO PRZETWARZANIA

PIOTR RAPTA¹, KHALID SAEED²

Wydział Fizyki i Informatyki Stosowanej AGH, Kraków
¹piotr.rapta@gmail.com, ²saeed@agh.edu.pl

Słowa kluczowe: biometria, ekstrakcja cech, odciski palców, minucje, filtr Gabora, wektor cech

Istnieją dwie zasadnicze metody rozpoznawania odcisków palców. Pierwsza polega na porównywaniu przebiegu linii papilarnych konfrontowanych wzorców, natomiast w drugiej przedmiotem analizy są pewne szczególne elementy geometrycznego wzoru, tworzonego przez linie. W obydwóch metodach odciski palców są reprezentowane przez zbiór danych o określonej strukturze. Trudność procesu analizy polega na dużej zmienności, której podlega ta struktura dla kolejnych rejestracji tego samego odcisku palca. Procedura rozpoznania dla wszystkich metod jest podobna i przebiega według schematu, w którym najpierw system musi dopasować jak najlepiej wzorzec i badaną próbkę, następnie określić podobieństwo obydwóch wzorców i na tej podstawie podjąć decyzję.



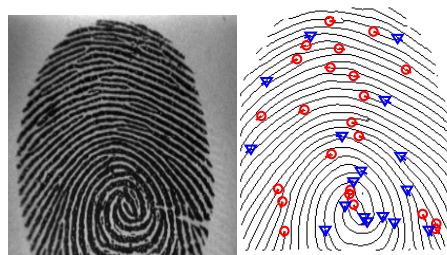
Rys.1. Ogólna struktura opracowanego algorytmu.

W celu poprawnej lokalizacji minucji na obrazie odcisku palca, potrzebny jest cały szereg czynności, dzięki którym zdobywamy wiedzę o wielu istotnych jego właściwościach. Często spotykane algorytmy wykorzystują przetwarzanie wstępne (w rozumieniu: poprawy jasności, kontrastu czy wyrównania histogramu) aby poprawić jakość obrazu, jednakże przedstawiony w tej pracy algorytm nie wymaga takich czynności (nie poprawiają one uzyskiwanych rezultatów). Zamiast przetwarzania wstępnego występuje analiza wstępna obrazu pozwalająca na prawidłową jego filtrację. Analizując obszerną literaturę, można stwierdzić, że najlepsze aktualnie opisywane wyniki uzyskuje się stosując

dość złożoną filtrację, która uwzględnia kierunek i częstotliwość filtrowanego obrazu. Dlatego też opracowany algorytm bazuje na filtrze Gabora, który wydaje się idealny do poprawiania jakości obrazu linii papilarnych. Po wykonaniu filtracji obrazu następuje szereg czynności mających na celu zlokalizowanie punktów charakterystycznych (tzw. minucji), a następnie zbiór takich punktów zostaje zweryfikowany pod kątem prawdziwości. Ostatnim etapem algorytmu jest utworzenie wektora cech składającego się z położenia danego typu minucji oraz kąta nachylenia linii papilarnej w miejscu wystąpienia minucji.

Zaproponowany w pracy algorytm został zaprojektowany w środowisku Matlab, dzięki temu każdy etap pracy z łatwością można przedstawić w formie graficznej.

Przykładowe końcowe efekty pracy algorytmu zostały przedstawione na rysunku 2.



Rys. 2. Odcisk palca oryginalny oraz jego ścieniony odpowiednik z zaznaczonymi minucjami i ich kierunkami (zakończenia linii – okręgi oraz rozwidlenia – trójkąty).

W pracy autorzy zaprezentują swój algorytm ze szczegółami. Będą również podane porównania algorytmu i jego wyniki testowania z innymi znanymi algorytmami, na przykład w pracach [1, 2].

Literatura

- [1] Raymond Thai. *Fingerprint Image Enhancement and Minutiae Extraction*. The University of Western Australia, 2003.
- [2] Tomohiko Ohtsuka, Daisuke Watanabe, Hiroyuki Aoki. *Fingerprint Core and Delta Detection by Candidate Analysis*. Conference on Machine Vision Applications, May 16-18, 2007, Tokyo, Japan.

NEW ALGORITHM FOR FINGERPRINTS FEATURE EXTRACTION WITHOUT PREPROCESSING

PIOTR RAPTA¹, KHALID SAEED²

*Faculty of Physics and Applied Computer Science,
 AGH University of Science and Technology, Krakow, Poland
¹piotr.rapta@gmail.com, ²saeed@agh.edu.pl*

Keywords: biometrics, feature extraction, fingerprints, minutiae, Gabor filtering, feature vector

There are mainly two methods for fingerprints identification. The first one is based on examining the geometric pattern of the fingerprint minutiae and comparing it with the patterns available in the database for classification and hence recognition. In the other method only some particular elements of the minutiae (called the characteristic points or the features) are analyzed instead. In both approaches, the fingerprints image is described by a set of information data of definite structure. The difficulty in the image analysis process lies in the enormous changeability of the structure in the successive registrations of the same fingerprints. The techniques used in the classification and matching of fingerprints can be of the same nature in both methods. The same procedure and steps are used before taking the decision of image recognition.

a correctly selected effective filter can successfully replace these time consuming steps.

Analyzing the state of the art in the available literature, one can conclude that best results can be achieved by applying a complex filtering system that takes into consideration both the direction and frequency of the image to be filtered. Based on Gabor filter, an algorithm is worked out and presented in this work. The experimental results have proved the algorithm perfection in improving the quality of the fingerprint images.

The algorithm was implemented in Matlab and therefore it is under steady modification and improvement as each step can be easily visualized graphically to check for further analysis.

An example that illustrates the final results is presented in Fig. 2.

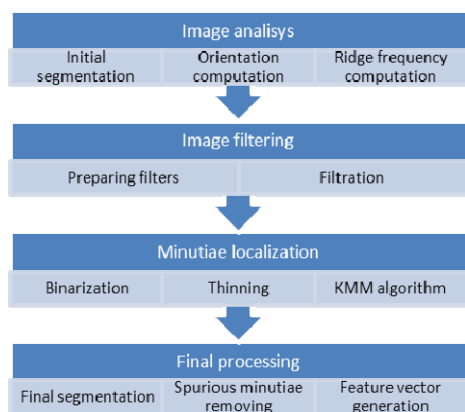


Fig. 1. The general structure of the worked out algorithm.

In any of the analysis methods, the minutiae should be precisely localized on the fingerprint image. And in order to achieve that, most of the fingerprints recognition methods use the preprocessing steps to improve the image quality. This implies brightness and contrast improvement or equalizing the image histogram. However, the presented algorithm in this paper does not require any of these preprocessing steps. The authors have shown that

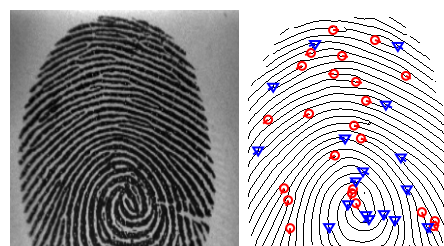


Fig. 2. The original fingerprint image and its thinned form with the minutiae and their direction marked on it. The circles refer to the termination while the triangles to the bifurcation.

In the regular paper the authors will present the algorithm in detail and will also compare the results with other algorithms [1, 2].

References

- [1] Raymond Thai. *Fingerprint Image Enhancement and Minutiae Extraction*. The University of Western Australia, 2003.
- [2] Tomohiko Ohtsuka, Daisuke Watanabe, Hiroyuki Aoki. *Fingerprint Core and Delta Detection by Candidate Analysis*. Conference on Machine Vision Applications, May 16-18, 2007, Tokyo, Japan.

REPREZENTACJA KONTIGU W MODELU BIOSQL

K. SARAPATA, M. SANAK, M. USARZ, SZ. WŁADYKA

Uniwersytet Jagielloński – Collegium Medicum

Praca dotyczy poszerzenia projektu BioSQL o właściwość związaną z pełną reprezentacją w strukturze relacyjnej danych w formacie GenBank. Zaproponowano rozwiązanie zapisu w strukturze BioSQL'a danych dotyczących sposobu zestawiania sekwencji (format EMBL CO lines) z tzw. kontigów. Ten typ danych pojawia się w plikach GenBank klasy CON, które obejmują: sekwencje zestawione z sekwencji zachodzących na siebie lub sekwencje powstałe z podziału zbyt dużych sekwencji (podział uwzględnia zakładki, aby zachować pełną informację).

Proponowane rozwiązanie umożliwia przechowanie kompletu informacji z części CONTIG pliku GenBank. W tym celu została zaprojektowana nowa tabela „taxon_sequence” zawierająca dane lokalizacyjne lub mapujące. Podstawowa koncepcja wiąże się z umieszczeniem tych danych w części „Bioentry with Taxon and Namespace” BioSQL. Uznano za merytorycznie uzasadnione przechowywanie w strukturze BioSQL informacji o przynależności sekwencji do organizmu w kontekście bazy taksonomicznej. Mimo tego, że niektóre z sekwencji mają pochodzenie sztuczne, np. laboratoryjne, ich źródło odwołuje się do naturalnej organizacji DNA obecnej w organizmie wzorcowym.

Słowa kluczowe: BioSQL, taksonomia, GenBank, contig

EXTEND BIOSQL MODEL TO REPRESENT CONTIG ASSEMBLY

K. SARAPATA, M. SANAK, M. USARZ, SZ. WŁADYKA

Jagiellonian University – Medical College

The aim of the presented work is to improve compatibility of GeneBank format with BioSQL database. A solution has been proposed to facilitate storage and insertion of data included in GeneBank format block and representing contig sequences. Records of GeneBank tagged CON (CONstructed from others) contain instructions to build large-scale objects, i.e. chromosomes or the whole genome, from other GeneBank records. The information included in contig sequences consists of a list of other GeneBank accession numbers and sequence ranges in basepairs. There are three distinct types of CON records: a class of CON records which are scaffolds built from the sequence overlapping contigs from the Whole Genome Shotgun data, a class resulting from splitting large complete genomes into multiple pieces and a class of data in the CON division which were derived from "segmented sets" aligned following sequencing of genomic clones. The novelty of the presented approach consists in exploiting Bioentry with Taxon and Namespace part of BioSQL structure. The implementation requires a new table named „taxon_sequence”, which stores mapping data and relates to other BioSQL data. A satisfactory solution was obtained by storing accession numbers of sequence data in the context of the taxonomic structure. The method is especially useful for sequences of large-scale data that retain origin of their initial constructs. This is possible, because even sequences of laboratory clones have their biological origin clearly marked.

Keywords: BioSQL, taxonomy, GenBank, contig

DYSKUSJA NAD DEFINICJĄ ŻYCIA

PAWEŁ SPÓLNIK, LESZEK KONIECZNY

Katedra Biochemii Lekarskiej, ul. Kopernika 7, 31-034 Kraków

Rozszerzająca się wiedza biologiczna pozwala coraz lepiej poznawać mechanizmy, którymi kieruje się przyroda. Stale jednak problem życia jako zjawiska nie ma jednoznacznego wyjaśnienia. Zorganizowane samodzielnie funkcjonujące układy biologiczne określa się zwykle jako układy żywe. Jest to definicja ogólna i nie określa ściśle granic życia. Toczy się spór o kryteria zaliczania niektórych tworów biologicznych do układów żywych. Cechy i własności tworów przyrody, które nazywamy żywymi można wytłumaczyć ich automatyzmem. Trudno pogodzić się jednak z prostym utożsamieniem układu biologicznego z automatem. Współczesna technika a szczególnie robotyzacja tworzy automaty coraz bardziej zbliżone do organizmów żywych. Nie należą one jednak do świata przyrody, który ma swoje prawa i reguły. Należy do nich przede wszystkim programowane umieranie - proces, który jest krytycznym elementem programu przyrody jako pewnej całości. Wynika on z filozofii przyrody i jest warunkiem utrzymywania jej równowagi, rozwoju i ewolucji. Program śmierci mają wszystkie prawidłowe indywidua biologiczne. Wyraża się on zdeterminowaną liczbą podziałów komórki, starzeniem się, apoptozą. Wyznaczenie w programie procesu, jakim jest życie, etapu końcowego – śmierci wymaga uwzględnienia elementu czasu i wprowadzenia mechanizmu zegarowego. Analiza cech tworów biologicznych stojących na granicy świata żywego i nieożywionego pozwala zbliżyć się do odkrycia minimalnego zestawu genów i ich funkcji odpowiedzialnych za to, co utożsamiamy z życiem. Układem dla badań w tym celu może być erytrocyt. Ma on naturę biologiczną z racji pochodzenia, ale w dojrzałej funkcjonalnie formie nie może się rozmnażać. Zachowuje on kontrolowany automatycznie zrównoważony metabolizmu zapewniający mu niezbędną dla funkcji prawidłowość środowiska wewnętrznego. Erytrocyt wykonuje intensywną pracę reagując automatycznie na zmianę warunków otoczenia. Ostre, nie płynne, często specyficzne gatunkowo pod względem czasu zakończenia życia krwinek dowodzi istnienia zaprogramowanego mechanizmu śmierci.

Konieczność istnienia takiego rozwiązania podyktowana jest przymusem wymiany krwinek na młode oraz kontrolowaniem ich rozpadu. Proces ich zaprogramowanego umierania nazwano eryptosis.

Według przyjętych kryteriów erytrocyt jest więc w przeciwieństwie do wirusów jednostką żywą. Jest automatem i ma wyznaczony przyrodniczo czas życia. Mechanizm determinujący śmierć krwinki jest mechanizmem specyficznym dla erytrocytów i dowodzi wagi uniwersalności problemu umierania w przyrodzie.

Żywym można więc nazwać wytwór przyrody ożywionej, który wykazuje cechy samodzielności jako efekt własnego automatyzmu i ma określony zgodny z programem przyrody program własnego działania z narzuconym, mierzalnym w układzie ograniczeniem czasowym.

Słowa kluczowe: kryteria życia, erytrocyt

THE CRITERION OF BIOLOGICAL LIFE IN THE DEVELOPING ROBOT ERA

PAWEŁ SPÓLNIK, LESZEK KONIECZNY

Chair of Medical Biochemistry, Kopernika 7, 31-034 Krakow, Poland

Biological knowledge is expanding rapidly, delving deep into nature's mechanisms. However, the essence of life as a molecular process still remains unclear. As mechanical robots grow increasingly advanced, it becomes harder to formulate a clear definition of life.

Organized and independently operating biological systems are commonly thought to be living. Unfortunately, these characteristics are too general and altogether insufficient to accurately delimit the boundaries of life. The problem of the relation of many primitive biological entities to the living world is still open. The properties of self-dependent biological systems clearly derive from their highly organized automatic nature. It remains unclear, however, whether all attributes of biological life may be related to automatism.

The programmed death and clock mechanisms commonly associated with living creatures are not specific for robots. The comparative analysis of genomes of primitive biological organisms seems to be the most promising approach, which may eventually lead to the understanding of life at the molecular level and its definition.

The erythrocyte appears to be of particular interest as a model of a living system that is at a boundary. Its biological origin, automatically controlled metabolism, and programmed death sharply defined in time qualify it as the living structure, even though it is completely deprived of a genetic apparatus. Despite the fact that its metabolism is primitive in comparison to that of other living cells, the erythrocyte plays an important 'technical' role in the organism and may thus be treated as a biological robot. However, its membership among living systems seems to be well-founded.

Keywords: criterion of life, erythrocyte.

EDUKACYJNE DIAGRAMY DECYZYJNE W NAUKACH BIOMEDYCZNYCH I PRZYRODNICZYCH

ALEKSANDRA J. STACHOŃ^{1,2}, ANDRZEJ A. KONONOWICZ¹

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum*

²*Zakład Antropologii Fizycznej, Akademia Wychowania Fizycznego we Wrocławiu*

Jedną z zalet e-nauczania jest możliwość dopasowania sposobu prezentacji wiedzy do indywidualnych preferencji uczących się osób, a także do konkretnego celu dydaktycznego. Narzędziem elektronicznym opartym na modelu diagramu blokowego, które sprawdza się w nauczaniu procedur diagnostycznych i terapeutycznych w medycynie są ścieżki kliniczne. Ścieżki kliniczne mogą być tworzone i rozbudowywane w specjalnych programach komputerowych np. w aplikacji *BIT Pathways* stworzonej w Zakładzie Bioinformatyki i Telemedycyny UJ CM. Program ten wykorzystywany jest podczas zajęć dydaktycznych na Wydziale Lekarskim Uniwersytetu Jagiellońskiego.

Uniwersalność modelu *BIT Pathways* pozwala na tworzenie ścieżek (edukacyjnych diagramów decyzyjnych) również w innych dziedzinach wiedzy - przedstawiane były już ścieżki chemiczne, a także statystyczne. Obecnie trwają dalsze prace nad konstruowaniem nowych typów ścieżek i wdrożeniem ich w nauczaniu przedmiotów biomedycznych i przyrodniczych. Prezentowane przykłady edukacyjnych diagramów antropologicznych dotyczą oceny wieku osobnika na podstawie uzębienia, a także zarostu szwów czaszkowych i kostnienia szkieletu. Ścieżka z pogranicza auksologii i medycyny sportowej dotyczy diagnozowania płci osobnika na różnych poziomach skomplikowania organizmu (płeć genetyczna, płeć gonadalna, płeć genitalna, płeć somatyczna i psychiczna). Powstała również ścieżka botaniczna służąca, jako pomoc w rozpoznawaniu gatunków roślin występujących w Polsce.

Dla potrzeb prezentowanego projektu edukacyjne diagramy biomedyczne i przyrodnicze zostały umieszczone na administrowanym przez autorów portalu i udostępnione grupie studentów. Przedstawiamy wyniki pracy studentów ze ścieżkami, a także ich opinie dotyczące różnych aspektów posługiwania się nowym dla nich narzędziem dydaktycznym. Nasze doświadczenia pokazują, iż ścieżki mogą być z powodzeniem wykorzystane na różnych etapach edukacji, także akademickiej, do prezentacji wiedzy z wielu dziedzin. Ponadto wdrażanie elektronicznych narzędzi do prowadzonych tradycyjnymi metodami kursów przyczynia się do podniesienia ich wartości edukacyjnej poprzez zwiększenie różnorodności dostępnych sposobów prezentacji wiedzy.

Słowa kluczowe: edukacyjne diagramy decyzyjne, diagramy blokowe, e-learning.

EDUCATIONAL DECISION DIAGRAMS IN BIOMEDICAL AND LIFE SCIENCES

ALEKSANDRA J. STACHOŃ^{1,2}, ANDRZEJ A. KONONOWICZ¹

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum*

²*Zakład Antropologii Fizycznej, Akademia Wychowania Fizycznego we Wrocławiu*

One of the benefits brought by e-learning is the possibility to dynamically adjust the way of knowledge presentation to individual students' preferences and also to specific educational objectives. Clinical pathways for instance are examples of block diagram-based graphical organizers for learning diagnostic and therapeutic procedures in medicine. They form an alternative method of informing about evidence-based medical facts to that presented by text-rich scientific papers. Clinical pathways may be designed in special authoring programs. One of them is *BIT Pathways*, created at the Department of Bioinformatics and Telemedicine of Jagiellonian University, and already applied in several educational activities at the faculty of medicine.

Due to the flexibility of the *BIT Pathways* data model it is possible to create pathways (educational decision diagrams) also in other disciplines than medicine. Chemical and statistical pathways have been already presented in previous papers. Currently we are at the stage of constructing new types of pathways in various disciplines of biomedicine and life sciences. The new examples of educational diagrams from anthropology show how to evaluate the developmental age on the basis of dentition, skull sutures and skeletal ossification. Our pathways in ontogenesis and sport medicine inform about procedures of gender recognition at different levels of body complexity (genetic gender, gonadal gender, genital gender, somatic and psychical gender). We designed also one botanic pathway for tree identification.

For the purpose of this study some of the newly developed educational pathways were published on the Internet and made accessible to a group of students. In this paper we present results of knowledge transfer in an educational self-study scenario employing these pathways. We report also on students' opinions on different aspects of learning with this new didactic tool in comparison to alternative presentation methods. Our experience suggests that pathways can be applied on different educational, also academic, levels to instruct in various biomedical and life sciences. In addition, we believe that introduction of electronic graphical organizers to traditional courses may contribute to better education by augmenting the variety of methods by which knowledge can be presented to the students.

Keywords: Educational Decision Diagrams, Graphic Organizers, Block Diagrams, E-learning

TECHNIKA LAPAROSKOPOWEGO ZAWIESZENIA POCHWY WYKONYWANA Z LSH, TLH LUB PO KLASYCZNYM USUNIĘCIU MACICY Z WYKORZYSTANIEM SIATKI POLIPROPYLENOWEJ

KLAUDIA STANGEL-WÓJCIKIEWICZ¹, MONIKA PIWOWAR², MAŁGORZATA MIGDAŁ¹,
ANNA MARIA POPLAWSKA³

¹Department of Gynecology and Oncology, Jagiellonian University – Medical College
of Kraków, ul. Kopernika 23, 31-501 Kraków, Poland

²Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University – Medical College
of Kraków, ul. Św. Łazarza 16, 31-530 Kraków, Poland

³Jagiellonian University - Medical College, Faculty of Medicine, Jagiellonian University of Kraków,
ul. Św. Anny 12, Kraków, Poland

Cel pracy: Celem pracy była ocena modyfikacji laparoskopowego zawieszenia pochwy

Materiał i metodyka: Procedura podwieszenia pochwy zakładała wprowadzenie siatki do przestrzeni rektalno-pochwowej z podszyciem jej do więzadeł krzyżowych a następnie zewnątrz otrzewnowo do powięzi.

28 kobiet z wypadaniem narządu rodowego w stopniu II lub III wg POPQ (pelvic organ prolapse quantification) ukończyło 36 miesięczną obserwację.

Wyniki: W okresie 36 miesięcy nie obserwowaliśmy ponownego obniżenia szczytu pochwy. Sześć kobiet zgłosiło ból w okolicy wszycia siatki do powięzi w pierwszy tydzień od zabiegu, trzy pacjentki z grupy LSH (laparoscopic supracervical hysterectomy), dwie z grupy po wcześniejszym usunięciu macicy oraz jedna z grupy zabiegu TLH (total laparoscopic hysterectomy).

Stwierdzono zależność statystyczną pomiędzy rozpoznaniem a rodzajem zabiegu operacyjnego oraz między stopniem POPQ a czasem trwania zabiegu. Istotnie statystycznie okazały się być następujące średnie wartości: wiek, czas trwania zabiegu, czas hospitalizacji, objętość utraconej krwi i rodzaj zabiegu operacyjnego.

Wnioski: Laparoskopowa modyfikacja podwieszenia szczytu pochwy z wykorzystaniem materiału syntetycznego jest technicznym wyzwaniem. Krzywa nauki opisywanego zabiegu pokazuje znaczną poprawę wyników operacji w czasie. Konieczne są dalsze badania, które pozwolą na ocenę długoterminową efektów terapeutycznych.

Słowa kluczowe: podwieszenie pochwy, laparoscopia, wypadanie narządu rodowego, polipropylen.

LAPAROSCOPIC COLPOPEXY TECHNIQUE PERFORMED WITH LSH, TLH, AND FOLLOWING AN OPEN HYSTERECTOMY USING POLYPROPYLENE PROSTHESES

KLAUDIA STANGEL-WÓJCIKIEWICZ¹, MONIKA PIWOWAR², MAŁGORZATA MIGDAŁ¹,
ANNA MARIA POPLAWSKA³

¹*Department of Gynecology and Oncology, Jagiellonian University – Medical College
of Kraków, ul. Kopernika 23, 31-501 Kraków, Poland*

²*Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University – Medical College
of Kraków, ul. Św. Łazarza 16, 31-530 Kraków, Poland*

³*Jagiellonian University - Medical College, Faculty of Medicine, Jagiellonian University of Kraków,
ul. Św. Anny 12, Kraków, Poland*

The authors have no commercial, property, or financial interest in the products or companies described in this article.

Corresponding author: Klaudia Stangel-Wójcikiewicz MD, PhD, Gynecology and Oncology Department, Collegium Medicum Jagiellonian University, ul. Kopernika 23, 31-051 Kraków, Poland
E-mail: ksw@cm-uj.krakow.pl

Study objective: Our purpose was to assess a modification of laparoscopic colpopexy technique.

Design: Retrospective case analysis

Setting: University teaching hospital

Patients: A total of 28 patients with stage II and III organ prolapsed POPQ (pelvic organ prolapsed quantification).

Interventions: The rectovaginal space was dissected at the superior aspect of the posterior vaginal fascia and a mesh was sutured to this fascia.

Measurements and Main Results: 28 patients completed a follow-up after 36 months. No recurrences of the vagina fault prolapse were observed. Six cases of abdominal pain at the level of the trocars placing were recorded in a week after surgery. Three of these were found in the group after LSH (laparoscopic supracervical hysterectomy) and two in the group after a previous hysterectomy and one in group after TLH (total laparoscopic hysterectomy). There are statistical significant dependences between diagnosis and operation type and POPQ and operation time. Statistical significance among mean values of quantitative variables as: age, Mean operation time, Mean length of hospital stay, Mean estimated blood loss and operation type variable is observed.

Conclusion: The modification of laparoscopic colpopexy, although technically challenging, may be learned quickly. It shows rapid improvement in operative time without subjecting the patient to undue risk. Further studies are required to determine the long-term tolerance and outcome of the procedure.

Keywords: colpopexy, laparoscopy, pelvic organ prolapse, polypropylene

POLSKA INFRASTRUKTURA GRIDOWA – PRZESTRZEŃ BADAWCZA DLA UŻYTKOWNIKÓW

MARIUSZ STERZEL

ACK Cyfronet AGH

Struktura i rozwój polskiej infrastruktury gridowej wspierana jest przez projekt PL-Grid w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka. Głównym celem Projektu jest budowa trwałej infrastruktury gridowej, bazującej na klastrach komputerowych. Infrastruktura ta ma zaspokoić potrzeby polskich naukowców dotyczące mocy obliczeniowych i systemów składowania danych. Aby zapewnić bezproblemową współpracę pomiędzy różnymi grupami naukowców w Polsce i na świecie budowana infrastruktura będzie kompatybilna i interoperatybilna z obecnym gridem europejskim i światowym. System będzie również skalowalny, tak aby umożliwić dołączenie lokalnych zasobów uniwersyteckich czy platform technologicznych. Dostęp do infrastruktury oferowany w ramach projektu PL-Grid jest darmowy dla wszystkich naukowców polskich oraz osób prowadzących badania naukowe we współpracy z jednostkami naukowymi w Polsce. Dostęp do zasobów oparty jest o mechanizm grantów obliczeniowych przyznawanych zwykle na okres jednego roku. Główni wykonawcy Projektu PL-Grid to pięć polskich centrów Komputerów Dużej Mocy. Koordynatorem Projektu jest z ACK Cyfronet AGH.

Spółeczności naukowe są centrum uwagi projektu PL-Grid. Stąd też duża część aktywności projektowych poświęcona jest wsparciu dla użytkowników i ułatwianiu im dostępu do nowej technologii. W chwili obecnej projekt udostępnia szereg narzędzi i serwisów ułatwiających podstawowe czynności wykonywane przez użytkowników platformy gridowej. Obejmują one rejestrację użytkowników w infrastrukturze PL-Grid, aplikowanie o specyficzne zasoby, obliczeniowe czy też pamięci masowe w ramach grantu obliczeniowego oraz system wsparcia dla użytkowników – helpdesk. Równolegle z wymienionymi powyżej serwisami platform obliczeniowa PL-Grid oferuje dostęp do szeregu pakietów oprogramowania naukowego z takich dziedzin nauki jak chemia, biologia, fizyka czy technologia materiałowa. Istnieje również możliwość wykorzystania praktycznie każdej aplikacji pracującej w środowisku UNIX/Linux. W takich przypadkach oferujemy wsparcie technologiczne i pomoc w dostosowaniu specyficznej aplikacji do platformy gridowej. W szczególnych przypadkach, jeśli jest to wymagane, istnieje możliwość wykorzystania zaawansowanych mechanizmów ochrony aplikacji przed nieautoryzowanym użyciem.

W prezentacji przedstawimy pokrótce niezbędne kroki, które wymagane, są aby badacz mógł zostać użytkownikiem platformy PL-Grid. Podstawowe aspekty dotyczące samej infrastruktury będą omówione razem z procedurą rejestracji, dostępnymi zasobami i systemem pomocy helpdesk. Zademonstrujemy również przykłady wykorzystania infrastruktury PL-Grid przez jej użytkowników.

Projekt PL-Grid jest częścią Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka. Szczegółowe informacje o projekcie dostępne są na stronie Projektu: www.plgrid.pl

Słowa kluczowe: obliczenia gridowe, narodowa infrastruktura gridowa, oprogramowanie naukowe, dostęp do platformy gridowej.

POLISH GRID INFRASTRUCTURE – THE RESEARCH SPACE FOR SCIENTISTS

MARIUSZ STERZEL

ACK Cyfronet AGH

The design and development of Polish Grid Infrastructure is supported by national project PL-Grid. The main goal of the project is to build long-term sustainable grid infrastructure based on computer clusters to fulfil the needs concerning computing resources and storage capabilities of polish scientists. To assure international cooperation between various scientists this infrastructure will be compatible and interoperable with existing European and worldwide Grid. The system will be scalable enough to attach local university resources or technology platforms. The access to the grid infrastructure offered in the framework of the PL-Grid project is free of charge for scientists and all persons conducting research, which is connected with a university or a scientific institute in Poland. The access is based on a mechanism of computational grants usually valid for one year with possibility of extension. The actors of the project currently consist of five Polish High Computing Centres led by ACC Cyfronet AGH.

Scientific communities are the focal points of the PL-Grid project. Therefore a large fraction of the PL-Grid activities is devoted to lower users' distraction caused by new technology. To this end project provides several tools and services simplifying most vital tasks performed by users including registration as a user on the infrastructure, application for specific computing and/or storage resources within a computational grant and helpdesk. Together with the mentioned services the PL-Grid platform offers access to variety of scientific software packages from many science domains including chemistry, physics, biology or material science. It is also possible to utilise any UNIX/Linux software application on PL-Grid infrastructure. In such cases we offer our help and expertise in adjusting specific software application to grid platform together with mechanisms to protect it against unauthorised usage.

In this short introduction we will point out the key steps needed to become PL-Grid infrastructure user. Basic aspects concerning the infrastructure itself will be presented together with registration procedure, available resources and available software or ways of gaining help. Aside technical details users' successful stories concerning utilisation of PL-Grid infrastructure will be demonstrated as well.

The PL-Grid project is part of Operational Program: Innovative Economy. For more information please visit the project web page: www.plgrid.pl

Keywords: grid computing, national grid infrastructure, scientific software, grid access.

INTELIGENTNY SYSTEM TELEMEDYCZNY DO WSPARCIA DIAGNOSTYKI BADAŃ ABR

PIOTR STRZELCZYK¹, IRENEUSZ WOCHLIK², ANDRZEJ IZWORSKI³, JAROSŁAW BUŁKA⁴,
⁵TOMASZ ORZECOWSKI

Akademia Górniczo-Hutnicza, Katedra Automatyki, Al. Mickiewicza 30, 30-073 Kraków, Polska
¹pit@agh.edu.pl, ²wolo@agh.edu.pl, ³izwa@agh.edu.pl, ⁴bulek@agh.edu.pl, ⁵fando@agh.edu.pl

W pracy przedstawiono system informatyczny, który w inteligentny sposób wspiera otorynolaryngologa w diagnozowaniu badania słuchowych potencjałów wywołanych z pnia mózgu. Badanie to jest podstawową metodą wykorzystywaną przy ocenie słuchu u noworodków. Jest ono łatwe do wizualizacji, lecz trudne do zdiagnozowania. Prezentowany system informatyczny wykorzystuje zaawansowane metody przetwarzania sygnałów oraz autorski algorytm wspierający lekarza w wyznaczaniu charakterystycznych punktów badania. Opisano telemedyczne możliwości systemu oraz wyszczególniono korzyści płynące z charakteru tej aplikacji. Podkreślono również korzyści i możliwości, jakie wprowadza do tej dziedziny medycyny opisany inteligentny system informatyczny.

Słowa kluczowe: telemedycyna, ABR, inteligentne systemy informatyczne.

INTELLIGENT TELEMEDICAL SYSTEM SUPPORTING THE DIAGNOSIS OF ABR EXAMINATIONS

PIOTR STRZELCZYK¹, IRENEUSZ WOCHLIK², ANDRZEJ IZWORSKI³, JAROSŁAW BUŁKA⁴,
⁵TOMASZ ORZECOWSKI

Akademia Górniczo-Hutnicza, Katedra Automatyki, Al. Mickiewicza 30, 30-073 Kraków, Polska
¹pit@agh.edu.pl, ²wolo@agh.edu.pl, ³izwa@agh.edu.pl, ⁴bulek@agh.edu.pl, ⁵fando@agh.edu.pl

The paper presents a software system that supports in a intelligent way ENT doctor in the diagnosis of auditory brainstem responses. This examination is the basic method used to evaluate the hearing of newborns. It is easy to visualize but difficult to diagnose. The presented system uses advanced signal processing methods and authors algorithms supporting the doctor in determining the characteristic points of the medical examination. The telemedical possibilities of the system were described and the benefits of the character of this application were specified. It also highlights the benefits and possibilities which the described intelligent software system introduces to this field of medicine.

Keywords: telemedicine, ABR, intelligent software systems.

PREZENTACJA 4D MOTION - NOWE PERSPEKTYWY ODDZIAŁYWAŃ TERAPEUTYCZNYCH

PIOTR SYCH, IWONA KUBIAK

Wyższa Szkoła Administracji w Bielsku-Białej

Projekt "4D Motion" jest rezultatem wieloletnich doświadczeń polsko-australijskiej firmy Applied Multimedia Technologies w dziedzinie elektroniki, informatyki i muzyki. Połączenie tych dziedzin pozwoliło na stworzenie innowacyjnych urządzeń do terapii, fizjoterapii i muzykoterapii, które mogą wspomóc lub w przyszłości zastąpić tradycyjne metody leczenia. Najnowsze urządzenie autorstwa AMT - „4D Motion” jest elektronicznym instrumentem z „niewidzialnymi strunami”, które są wiązkami podczerwieni. Umożliwia to sterowanie dźwiękiem i obrazem poprzez ruch ludzkiego ciała. Wytwarzane przez instrument dźwięki i obrazy mają niezliczone możliwości w programowaniu. Pozwala na to specjalne oprogramowanie umożliwiające tworzenie nieograniczonej ilości zastosowań (m.in. tworzenia zestawów efektów dźwiękowych lub gier o charakterze edukacyjnym i terapeutycznym). Pierwszoplanową zaletą urządzenia, która czyni je efektywnym w terapii różnego rodzaju zaburzeń fizycznych i psychicznych, jest jego zdolność do koordynowania widzenia, słyszenia i ruchu, które współdziałają równocześnie w leczeniu fizycznych i psychicznych zaburzeń. Pierwsze badania, przeprowadzane na WSA w Bielsku-Białej we współpracy z UKW w Bydgoszczy, mają na celu sprawdzenie skuteczności 4D Motion w leczeniu dysleksji, której jedną z podstawowych przyczyn są zaburzenia koordynacji wzrokowo-słuchowo-ruchowej.

Słowa kluczowe: 4D Motion, dysleksja, fizjoterapia, sterowanie podczerwienią

Konsultacja: dr hab. Edward Gorzelańczyk prof. nadzw. Uniwersytetu Kazimierz Wielkiego w Bydgoszczy

PRESENTATION OF 4D MOTION - NEW PERSPECTIVE IN THE THERAPEUTICS

PIOTR SYCH, IWONA KUBIAK

Wyższa Szkoła Administracji w Bielsku-Białej

The "4D Motion" project has emerged as a result of research in the field of electronics, information technology and music made by the Polish-Australian firm "Applied Multimedia Technologies".

The interdisciplinary cooperation has allowed to create an innovatory therapeutic equipment for physiotherapy and music therapy, that is capable of assisting conventional treatment methods and, replacing them in future.

The latest equipment of AMT's invention, the 4D Motion is an electronic instrument with the invisible strings which are, in fact, the beams of infraerd rays. The ivisible infraerd strings are able to command the sound and image using movements of the human body.

Tha capabilities of the sound and images generated by this instrument are limitless. The limitless features result from the dedicated software that creates virtually unlimited number of applications (such as, for example sets of sound effects and games both educational and therapeutic).The basic advantage of the instrument is its coordinative feature: vision, hearing and movement are concurrently cooperating when used in treatment of physical and psychological disorders. The pilot studies of the effectiveness of 4D Motion currently performed by the Academy of Administration and Psychotherapy in cooperation with University of Kazimierz Wielki in Bydgoszcz aim at treatment of dyslexia which is disturbance in vision-hearing-motion coordination.

Keywords: 4D Motion, dyslexia, physiotherapy, Infrared Sensor

Consultation: dr hab. Edward Gorzelańczyk prof. nadzw. Uniwersytetu Kazimierz Wielkiego in Bydgoszcz

ZALEŻNOŚĆ POMIĘDZY KULMINACJĄ PRZYROSTU NA WYSOKOŚĆ DRZEWOSTANU A WIEKIEM JEGO WYSTĄPIENIA

PRZEMYSŁAW SYPKA

*Katedra Elektroniki, Akademia Górniczo-Hutnicza,
 al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków; sypka@agh.edu.pl*

STRESZCZENIE

W pracy przedstawiono metodykę skonstruowania analitycznej zależności wiążącej kulminację przyrostu na wysokość drzewostanu z wiekiem jego wystąpienia. Obliczenia zostały przeprowadzone dla łącznie 19 krzywych wzrostu dla dwóch gatunków (buk i świerk) z powierzchni trzebieżowych, reprezentujących wszystkie bonitacje wzrostowe.

Słowa kluczowe: wzrost drzewostanu; kulminacja przyrostu na wysokość; wiek wystąpienia kulminacji przyrostu

1. WPROWADZENIE

Podstawową rolę w dynamice wzrostu drzewostanu odgrywa jakość siedliska leśnego. Najlepiej ugruntowanym w nauce i praktyce leśnej sposobem wyrażania jakości siedliska leśnego jest bonitacja wzrostowa, najczęściej przedstawiana za pomocą liczby oznaczającej klasę bonitacyjną, lub jako wysokość przeciętną drzewostanu osiągniętą przez dany gatunek w umownym wieku 100 lat.

Przedmiotem pracy jest obserwowana w praktyce badawczej [1] zależność pomiędzy kulminacją przyrostu na wysokość drzewostanu (ΔH_m) a wiekiem jego wystąpienia (A_m). Celem pracy jest przedstawienie wielkości przyrostów maksymalnych w zależności od wieku drzewostanu, w którym ten przyrost wystąpił.

2. MODEL WZROSTU DRZEWOSTANU

Według koncepcji Czarnowskiego [2] wysokość rówieśnego zbiorowiska drzew może zostać wyrażona następującym wzorem:

$$H(A) = \begin{cases} 2 \cdot \Delta H_m \cdot A_m \cdot \left[\frac{A}{A_m} - \ln \left(1 + \frac{A}{A_m} \right) \right] & \text{for } A \leq A_m \\ 2 \cdot \Delta H_m \cdot A_m \cdot \left[\ln \left(1 + \frac{A}{A_m} \right) + 1 - 2 \cdot \ln(2) \right] & \text{for } A \geq A_m \end{cases} \quad (1)$$

gdzie: ΔH – przyrost roczny drzewostanu na wysokość [m] w kolejnych latach wzrostu A ,
 ΔH_m – maksymalny przyrost roczny drzewostanu na wysokość [m] następujący w wieku A_m [lata].

Wzór (1) ma stosunkowo łatwy do zinterpretowania sens przyrodniczy, bowiem wartości obydwóch występujących w nim współczynników obliczanych w procesie identyfikacji odnoszą się bezpośrednio do cech drzewostanu dających się pomierzyć w terenie – maksymalnego przyrostu rocznego na wysokość ΔH_m oraz wieku A_m , w którym przyrost ten wystąpił. ΔH_m jest przejawem sił wzrostowych danego gatunku, natomiast A_m można nazwać reakcją gatunku na napotkane warunki bytowania. Na dobrym siedlisku wzrost na wysokość jest duży w młodym wieku, gdy siedlisko jest słabsze aktywność wzrostowa drzew maleje i kulminuje w późniejszym wieku.

3. ZALEŻNOŚĆ WIĄŻĄCA ΔH_m Z A_m

Do rozważań zostały wybrane dane z powierzchni trzebieżowych odnoszące się do „konkretnie” rosnących drzewostanów, z zabiegami trzebieżowymi o różnym nasileniu [5]. Analizie zostały poddane następujące gatunki: buk trzebież B oraz świerk trzebież B.

W pierwszym etapie badań zostały wyznaczone parametry A_m oraz ΔH_m według (1) dla każdej z krzywych bonitacyjnych w obrębie każdego gatunku. Obserwowana w praktyce zależność pomiędzy tymi parametrami może być przedstawiona analitycznie przy pomocy wzoru:

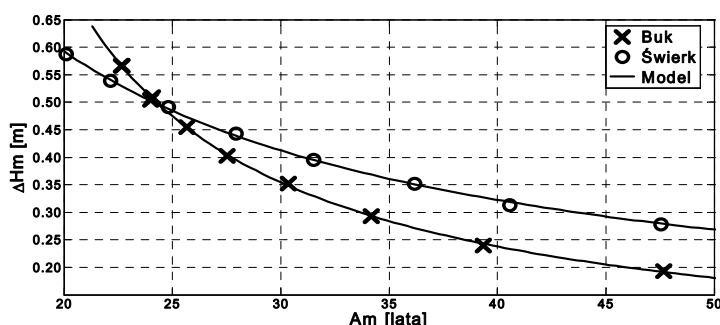
$$\Delta H_m = \frac{\alpha}{A_m - \beta} + \gamma \quad (2)$$

gdzie: α, β, γ są współczynnikami do wyliczenia w procesie identyfikacji wzoru. Wyniki identyfikacji wzoru (2) zostały przedstawione odpowiednio w tabeli 1 oraz na rysunku 1.

Tabela 1. Parametry estymacji wzorem (2) wraz z testami zgodności

	α	β	γ
BUK	6.47	10.91	0.02
ŚWIERK	10.81	0.00	0.05

	$100R^2$ [%]	δ [m]	μ [%]
BUK	99.96	0.003	0.665
ŚWIERK	99.93	0.003	0.753



Rys. 1. Zależność pomiędzy ΔH_m od A_m (2)

4. WNIOSKI

Obserwowana w praktyce zależność pomiędzy kulminacją przyrostu na wysokość drzewostanu a wiekiem jego wystąpienia może zostać opisana analitycznie za pomocą wzoru (2) z bardzo dużą dokładnością. Bardzo ważną kwestią stanowi interpretacja przyrodnicza występujących w zależności (2) parametrów α , β oraz γ . Oparta na przesłankach przyrodniczych zależność analityczna pomiędzy ΔH_m a A_m może pozwolić opracować wzór, pozwalający na obliczanie jakości siedliska, czy rocznej produkcji biomasy, na podstawie zmierzonej w terenie wysokości oraz wieku drzewostanu.

5. References

- [1] Borowski M: Przyrost drzew i drzewostanów, PWRiL, Warszawa 1974
- [2] Czarnowski M. S: Zarys ekologii roślin lądowych, 1978
- [3] Richards F. J: *A flexible growth function for empirical use*, Journal of Experimental Botany 10: 290–300, 1959
- [4] Suliński J: *Metoda obliczania rocznej produkcji biomasy w zbiorowisku leśnym w zależności od wysokości i wieku drzewostanu*, Acta Agr. Et Silvestria XLV: 89-118, 2007
- [5] Wiedemann E: *Ertragstafeln wichtiger Holzarten bei verschiedener Durchforstung*, Verlag M. u. H. Schaper, Hannover, 1957

RELATIONSHIP BETWEEN MAXIMUM VALUE OF ANNUAL TREE STAND HEIGHT INCREMENT AND AGE OF ITS OCCURRENCE

PRZEMYSŁAW SYPKA

*Department of Electronics, University of Science and Technology,
 al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków; sypka@agh.edu.pl*

ABSTRACT

The subject of the paper is to find an analytical formula describing a relationship between the maximum value of an annual tree stand height increment and the age at which it takes place. The 19 height growth benchmarks representing all site quality indexes of two species: beech and spruce were taken into consideration.

Keywords: tree-stand growth model; maximum value of annual stand growth increment; age of annual stand growth increment occurrence

1. INTRODUCTION

The site quality index is the most important factor affecting the dynamic of a tree-stand growth. The site quality index is usually expressed by a Roman number (absolutely useless in modelling) or by the average height of 100 years old tree stand for giving species.

The goal of this paper is to find an analytical formula, combining the maximum value of an annual height increment (ΔH_m) and the age at which it takes place (A_m). The relationship of these biometrical features of tree stand is observed in the field – the higher site quality is, the higher maximum value of an annual growth increment is. Moreover the culmination point of annual growth increment occurs earlier than in the tree stand with the lower site quality class.

2. TREE STAND HEIGHT GROWTH MODEL

Referring to Czarnowski's theory [2], the height of an even-aged tree stand may be computed by the following formula:

$$H(A) = \begin{cases} 2 \cdot \Delta H_m \cdot A_m \cdot \left[\frac{A}{A_m} - \ln \left(1 + \frac{A}{A_m} \right) \right] & \text{for } A \leq A_m \\ 2 \cdot \Delta H_m \cdot A_m \cdot \left[\ln \left(1 + \frac{A}{A_m} \right) + 1 - 2 \cdot \ln(2) \right] & \text{for } A \geq A_m \end{cases} \quad (1)$$

where: ΔH – an annual height increment [m] in consecutive growing years A , ΔH_m – the maximum annual height increment [m], which takes place in the age of A_m [years].

The formula (1) may be easily interpreted from a biological point of view because both parameters in the formula (1) are related to measurable in the field biometric features of tree stands, especially of cone-shaped coniferous stands. The culmination point of a height increment ΔH_m may be interpreted as a manifestation of stand growth ability and the A_m – age of the ΔH_m occurrence – may be understood as tree stand's response to growth conditions.

3. RELATIONSHIP BETWEEN ΔH_m AND A_m

Two species of tree stands were analysed: a deciduous one (B type thinning beech) and a coniferous one (B type thinning spruce). All calculations were carried out on the basis of data on tree heights taken from the growth tables [5]. It means that data were referred to tangible tree stands with specific thinning techniques with similar intensity. Apart of the yield tables, the growth tables contain indisputable results of tree stand height measurements in experimental areas in the field. Such measurement results fulfil all requirements of empirical data.

In the beginning pairs of parameters (A_m and ΔH_m) were estimated for all stands growing benchmarks, separately for each species. The field-observed relationship between the maximum value of annual growth increment and the age of its occurrence may be analytically expressed by the formula:

$$\Delta H_m = \frac{\alpha}{A_m - \beta} + \gamma \quad (2)$$

where: α, β and γ mark coefficients to be calculated during the identification of the model equation. The results of identification are presented in Figure 1 and Table 1.

Table 1. Model coefficients (2) with results of goodness of fit

	α	β	γ
BUK	6.47	10.91	0.02
ŚWIERK	10.81	0.00	0.05

	$100R^2$ [%]	δ [m]	μ [%]
BUK	99.96	0.003	0.665
ŚWIERK	99.93	0.003	0.753

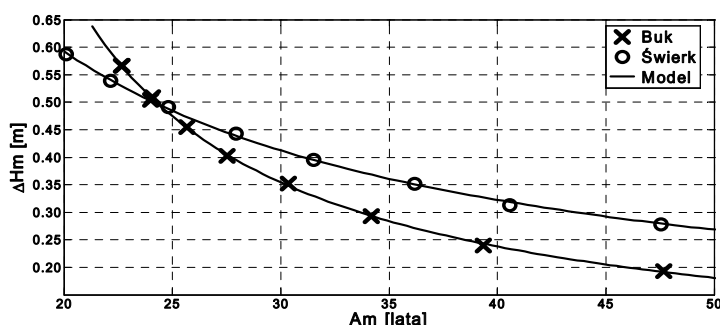


Fig. 1. Relationship between ΔH_m and A_m (2)

4. CONCLUSIONS

The field-noticeable relationship between the maximum value of an annual stand height increment and the age of its occurrence can be analytically expressed by the (2) with very high accuracy. The essential subject for the future research is to investigate the proper meaning of parameters α, β and γ from the ecological point of view. On the other hand, the influence of the smoothing function (2) on ΔH_m and A_m values should be also taken into consideration. Based on ecological assumptions relationship between ΔH_m and A_m may allow to work out a formula to calculate a site quality class or annual biomass productivity from field measurements of tree stand height and age.

5. References

- [1] Borowski M: Przyrost drzew i drzewostanów, PWRiL, Warszawa 1974
- [2] Czarnowski M. S: Zarys ekologii roślin lądowych, 1978
- [3] Richards F. J: *A flexible growth function for empirical use*, Journal of Experimental Botany 10: 290–300, 1959
- [4] Suliński J: *Metoda obliczania rocznej produkcji biomasy w zbiorowisku leśnym w zależności od wysokości i wieku drzewostanu*, Acta Agr. Et Silvestria XLV: 89-118, 2007
- [5] Wiedemann E: *Ertragstafeln wichtiger Holzarten bei verschiedener Durchforstung*, Verlag M. u. H. Schaper, Hannover, 1957

KOMPUTEROWE WSPOMAGANIE DIAGNOSTYKI CHORÓB KRTANI W OPARCIU O WYSZUKIWANIE WZORCÓW CZASOWYCH W SYGNALE MOWY

JAROSŁAW SZKOŁA¹, KRZYSZTOF PANCERZ¹, JAN WARCHOŁ²

¹*Instytut Informatyki Biomedycznej, Wyższa Szkoła Informatyki i Zarządzania w Rzeszowie
ul. Sucharskiego 2, 35-225 Rzeszów*

²*Katedra i Zakład Biofizyki, Uniwersytet Medyczny w Lublinie
ul. Jaczewskiego 4, 20-090 Lublin*

Badania dotyczą opracowania metod bezinwazyjnej diagnostyki wybranych chorób krtani. Rozważane są dwa schorzenia krtani: obrzęk Reinkego oraz polip krtani. Diagnostyka oparta jest o inteligentną analizę wybranych parametrów sygnału mowy (fonacji) pacjentów. Informatyczne systemy wspomaganie diagnostyki medycznej zyskują coraz większą popularność na świecie. Jedną z ich zalet jest automatyzacja procesu diagnostyki. Poza tym systemy takie opierają się na obiektywnych pomiarach i obserwacjach wybranych parametrów. Opracowane podejście jest podejściem bezinwazyjnym. W porównaniu z bezpośrednimi metodami diagnostyki podejście takie ma kilka zalet. Przede wszystkim jest wygodne dla pacjenta, ponieważ czynnik pomiarowy, jakim jest mikrofon znajduje się poza narządem głosowym, co umożliwia swobodną artykulację. Poza tym różne czynniki fizjologiczne i psychologiczne pacjentów niejednokrotnie utrudniają wykonanie diagnozy przy pomocy metod bezpośrednich. Z punktu widzenia klinicznego wczesna diagnostyka umożliwia podjęcie skutecznego leczenia bez uciekania się do zabiegów chirurgicznych. Problem chorób krtani staje się coraz częściej spotykanym problemem zdrowotnym w różnych grupach zawodowych.

Większość dotychczas opracowanych metod opiera się tylko na analizie statystycznej widma sygnału mowy lub analizie falkowej. Zastosowanie tych metod nie zawsze rozstrzyga w sposób jednoznaczny klasyfikację pacjenta. Dlatego też w prezentowanych badaniach proponujemy podejście hybrydowe, które dodatkowo bazuje na analizie sygnału w dziedzinie czasu. Wstępne obserwacje próbek sygnałów dla pacjentów z grupy kontrolnej oraz grup ze stwierdzonymi patologiami wyraźnie wskazują na deformacje wzorcowej artykulacji mowy w określonych przedziałach czasowych. Stosowanie metody widmowej nie pozwala na detekcję specyficznych zmian w sygnale mowy. W proponowanym podejściu, kluczowym elementem staje się opracowanie sposobu wykrywania wzorców czasowych i ich powtarzalności w badanych przebiegach. Daje to możliwość wykrywania wszelkich nienaturalnych zaburzeń w artykulacji wybranych fonemów, co jest podstawą klasyfikacji diagnostycznej pacjentów. W systemie hybrydowym proponujemy wykorzystanie sieci neuronowej uwarunkowanej czasowo, tj. sieci, która posiada możliwość wyekstrahowania wzorca artykulacji fonemu dla danego pacjenta (artykulacja jest bowiem cechą osobniczą pacjenta) oraz możliwość oceny jego powtarzalności w całym badanym przebiegu. Ze wstępnych obserwacji wynika, że znaczące zmiany powtarzalności w czasie występują z dużym nasileniem u pacjentów z kliniczną diagnozą jednostki chorobowej.

Przeanalizowano próbki dźwiękowe mowy osób z dwóch grup badawczych. Pierwsza z nich utworzona została z osób, u których nie stwierdzono zaburzeń fonacji. Było to potwierdzone opinią foniatri. W jej skład wchodziło 40 osób (20 kobiet i 20 mężczyzn) z różnych grup społecznych (studenci, pracownicy fizyczni i umysłowi). Wszystkie osoby były niepalące, nie miały kontaktu z toksycznymi substancjami mogącymi mieć wpływ na stan fizjologiczny strun głosowych. Drugą grupę tworzyli pacjenci Kliniki Otolaryngologii Akademii Medycznej w Lublinie z klinicznie potwierdzoną dysfonią, na skutek obrzęku Reinkego (Oedema Reinke) lub polipu krtani (Polypus laryngis). Badania poprzedzone były serią ćwiczeń oddechowych oraz instrukcją o sposobie artykulacji. Zadaniem wszystkich badanych osób było wypowiadać polskie samogłoski „A”, „I”, „U” w odosobnieniu, z przedłużoną fonacją, możliwie jak najdłużej, bez intonacji i każdą na osobnym wydechu.

Słowa kluczowe: wspomaganie diagnostyki, choroby krtani, wzorce czasowe, sieci neuronowe.

Badania naukowe finansowane ze środków na naukę MNiSW jako projekt badawczy własny nr N N516 423938.

COMPUTER DIAGNOSIS OF LARYNGOPATHIES BASED ON TEMPORAL PATTERN RECOGNITION IN SPEECH SIGNAL

JAROSŁAW SZKOŁA¹, KRZYSZTOF PANCERZ¹, JAN WARCHOŁ²

¹*Institute of Biomedical Informatics, University of Information Technology and Management in Rzeszów
ul. Sucharskiego 2, 35-225 Rzeszów, Poland*

²*Department of Biophysics, Medical University of Lublin
ul. Jaczewskiego 4, 20-090 Lublin, Poland*

Research concerns designing methods of a non-invasive diagnosis of selected larynx diseases. Two diseases are considered: Reinke's edema and laryngeal polyp. The diagnosis is based on an intelligent analysis of selected parameters of a patient speech signal (phonation). Computer tools supporting medical diagnosis become increasingly more popular worldwide. One of their advantages is automation of a diagnosis process. Moreover, such systems base on objective measurements and observations of selected parameters. A proposed approach is non-invasive. Comparing them to direct methods shows that it has several advantages. It is convenient for the patient because a measurement instrument (in this case, a microphone) is located outside the voice organ. This enables free articulation. Moreover, different physiological and psychological patient factors impede making a diagnosis with using the direct methods. From the clinical point of view, an early diagnosis enables taking an effective treatment without surgical procedures. The problem of larynx diseases has become an increasingly serious health problem in different occupational groups.

The majority of methods proposed to date are based only on the statistical analysis of the speech spectrum as well as the wavelet analysis. An application of such methods does not always adjudicate patient classification in a unique way. Therefore, in our research, we propose a hybrid approach, which is additionally based on a signal analysis in the time domain. Preliminary observations of signal samples for patients from a control group and patients with a confirmed pathology clearly indicate deformations of standard articulation in precise time intervals. An application of the spectrum analysis does not enable detection of individual disturbances in a speech signal. In the proposed approach, designing a way for recognition of temporal patterns and their replications becomes the key element. It enables detecting all non-natural disturbances in articulation of selected phonemes. This is the basis for diagnostic classification of patients. In the hybrid system, we propose to use neural networks conditioned by time, i.e., networks with the capability of extracting the phoneme articulation pattern for a given patient (articulation is an individual patient feature) and the capability of assessment of its replication in the whole examined signal. Preliminary observations show that significant replication disturbances in time appear for patients with the clinical diagnosis of disease.

Sound samples were analyzed. Experiments were carried out on two groups of patients. The first group included 40 patients (20 men and 20 women) without disturbances of phonation. Most of them was confirmed by phoniatriest opinion. Patients came from different social groups (students, laborers, office workers). All patients were non-smoking, so they did not have contact with toxic substances which can have an influence on the physiological state of vocal folds. The second group included patients of Otolaryngology Clinic of the Medical University of Lublin in Poland. They had clinically confirmed dysphonia as a result of Reinke's edema (Oedema Reinke) or laryngeal polyp (Polypus laryngis). Experiments were carried out by a course of breathing exercises with instruction about a way of articulation. A task of all examined patients was to utter separately polish vowels: "A", "I", and "U" with extended articulation as long as possible, without intonation, and each on separate expiration.

Keywords: diagnosis support system, laryngopathies, temporal patterns, neural networks.

This research has been supported by the grant No. N N516 423938 from the Polish Ministry of Science and Higher Education.

PERFUZYJNA TOMOGRAFIA KOMPUTEROWA W DIAGNOSTYCE RAKA PROSTATY

JACEK ŚMIETAŃSKI

*Instytut Informatyki Uniwersytetu Jagiellońskiego, ul. Łojasiewicza 6, 30-348 Kraków
jacek.smietanski@ii.uj.edu.pl*

Jedną z głównych przyczyn wciąż wysokiej śmiertelności wśród chorych na raka prostaty jest zbyt późne wykrycie obecności tego nowotworu. Istniejące trudności diagnostyczne skłaniają do poszukiwania nowych, lepszych metod, np. specyficznych biomarkerów czy technik zaawansowanej diagnostyki obrazowej. Jedną z propozycji, mających potencjał do zwiększenia wykrywalności wczesnego raka prostaty, jest perfuzyjna tomografia komputerowa. Metoda ta od kilku lat testowana jest w krakowskim oddziale Centrum Onkologii. Jednak perfuzyjny obraz stercza jest mało wyrazisty i trudny w interpretacji, dlatego podjęto próbę opracowania algorytmów wykorzystujących techniki komputerowego przetwarzania i rozpoznawania obrazów, co – jak się wydaje – może wydatnie ułatwić proces poszukiwania i właściwej lokalizacji nowotworu.

Zaproponowany algorytm uzyskał obiecujące wyniki na danych testowych, te jednak nie do końca były reprezentatywne, uwzględniały bowiem zbyt małą liczbę przypadków, w tym mało osób zdrowych. Stąd konieczność rozszerzenia badań na szerszą grupę pacjentów, co wiąże się z potrzebą opracowania prostej metody automatycznej weryfikacji wskazań algorytmu z potwierdzoną inną metodą lokalizacją nowotworu. Najbardziej wiarygodną metodą porównawczą jest ocena histopatologiczna preparatów pooperacyjnych. Nie może być ona jednak stosowana u wszystkich pacjentów, a odmienna płaszczyzna obrazowania nastręcza dodatkowych trudności.

Słowa kluczowe: rak prostaty, perfuzyjna tomografia komputerowa, przetwarzanie obrazów, sztuczna inteligencja

PERFUSION COMPUTED TOMOGRAPHY IN THE PROSTATE CANCER DIAGNOSIS

JACEK ŚMIETAŃSKI

*Institute of Computer Science, Jagiellonian University, ul. Łojasiewicza 6, 30-348 Kraków
jacek.smietanski@ii.uj.edu.pl*

One of the main causes of – still high – mortality among patients suffered from the prostate cancer is too late detection of its presence. Existing diagnostic difficulties induce to seek new, better diagnostic methods, for example specific biomarkers or advanced imaging techniques. One of the proposals with the potential to increase an early detection of prostate cancer is the perfusion computed tomography. This method was tested for some years in the Oncology Center, Cracow. Unfortunately the perfusion prostate images are not clear and difficult to interpret. Therefore an attempt was made to develop algorithms using the image processing and pattern recognition techniques, which - as it seems - can greatly facilitate the process of searching the correct cancer location.

The results of proposed algorithm are promising, but the test data were not fully representative, because of too few cases, including the few healthy patients analyzed. Hence the need for more research on a larger group of patients is obvious. It means that the simple method for automatic verification of proposed locations with confirmed indications made using another technique, must be created. The most reliable verification technique is a histological evaluation of postoperative specimens. However, it cannot be used in all cases, also a different plane of imaging makes additional difficulties.

Keywords; prostate cancer, perfusion computed tomography, medical image analysis, pattern recognition

MASZYNA BRAUNA - KLASYFIKATOR BAZUJĄCY NA ELEMENTARNYCH ZJAWISKACH FIZYCZNYCH W KLASYFIKACJI WIELOWYMIAROWYCH ZBIORÓW DANYCH

MARIUSZ ŚWIĘCICKI

*Politechnika Krakowska, Instytut Informatyki, Kraków, Polska
mswiecic@pk.edu.pl*

W ostatnich latach nastąpił wzrost zainteresowania biologią jako źródłem inspiracji do rozwiązywania wielu problemów obliczeniowych z zakresu przetwarzania danych, sztucznej inteligencji, optymalizacji. Motywacją tego zainteresowania było i jest dokonanie wyodrębnienia mechanizmów, które są wykorzystywane przez systemy naturalne i próba ich adaptacji do efektywnego rozwiązywania problemów z wyżej wymienionych dziedzin. Przykładem efektywnego wykorzystania naturalnych mechanizmów mogą być sztuczne sieci neuronowe, algorytmy genetyczne, algorytmy ewolucyjne. Alternatywną drogą poszukiwania naturalnych modeli obliczeniowych w stosunku do biologii, mogą być próby wykorzystania elementarnych zjawisk fizycznych w przetwarzaniu danych.

Artykuł ten prezentuje mechanizm przetwarzania danych, który wykorzystuje zjawiska ruchu cząstek w polu elektrycznym. W pierwszej części tego artykułu zostaną przedstawione prawa fizyczne, które zostały wykorzystywane do przetwarzania informacji przez element przetwarzający zwany maszyną Brauna.

W drugiej części artykułu, zostaną omówione elementy powyższego elementu przetwarzającego oraz zostanie przedstawiony jego mechanizm funkcjonowania i algorytmy uczenia maszyny Brauna. Trzecia część artykułu, przedstawia rezultaty obliczeń wykonanych przy zastosowaniu powyższego modelu dla zagadnień związanych z klasyfikacją wielowymiarowych danych. Podczas testów okazało się, że odpowiedzi generowane przez maszynę Brauna są równie dobre jak to ma miejsce w przypadku porównawczych algorytmów. Na podstawie przeprowadzonych badań można powiedzieć, że model maszyny Brauna jest bardzo interesującym modelem obliczeniowym ze względu na swoją małą złożoność obliczeniową. Czas uczenia maszyny Brauna był co najmniej kilkadziesiąt razy mniejszy niż to miało miejsce w przypadku pozostałych algorytmów, przy takim samym lub mniejszym poziomie błędów w fazie testowania.

Słowa kluczowe: maszyna Brauna, algorytmy klasyfikujące, drążenie danych.

THE BRAUN MACHINE AS A CLASSIFIER BASED ON ELEMENTARY PHYSICAL PHENOMENA IN THE CLASSIFICATION OF MULTIVARIATE DATA SETS

MARIUSZ ŚWIĘCICKI

Cracow University of Technology, Institute of Computer Science, Cracow, Poland
mswiecic@pk.edu.pl

This article presents a data processing mechanism that uses the phenomena occurring during movements of particles in the electric field. The aforementioned occurrences have already been widely used in construction of Braun's cathode ray tube. In the first part of the article physical rights will be presented which have been used in data processing by a processing element called Braun's machine. In this paper we have presented the results of the machine tests for the notions connected with the classification multidimensional data. Functioning of this Braun's machine has been based on principles which govern the particles in motion in electric field. The internal structure of the neuron presented in this paper has been based on the architecture of a cathode-ray tube – Braun's tube. In subsequent chapters based on the architecture of Braun's tube a general model has been presented whose generalization refers to any dimension of data and any dimension of visualising space. In this paper we have presented the functioning principle of the generalized neuron model and discussed thoroughly the functions of individual machine elements in the process of data processing performed by machine. For a Braun's machine model described this way a Braun's machine training algorithm has been proposed as well as response computing algorithms. In the final chapter we have presented the results of the Braun's machine tests for the notions connected with the classification of multidimensional data. During this type of tests it appeared that the responses generated by Braun's machine were equally good as comparative algorithms, or even in some case their quality was better. On the basis of the conducted research it can be said that the machine model is a very interesting computational model due to its limited computational complexity. The time of training of this machine was at least several dozen times shorter than it occurred with other algorithms with the same or lower level of errors in testing phase

Keywords: Braun's machine, classifier algorithm, data mining.

EDUKACYJNY MODEL ZABURZEŃ RUCHU GAŁEK OCZNYCH

PIOTR WALECKI

Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum

W pracy pokazany został model symulujący porażenia określonych mięśni zewnątrzgałkowych i nerwów czaszkowych. Adaptacja danych neurologicznych przyczyniła się do zbudowania dwóch wersji symulatora zaburzeń ruchu gałek ocznych.

Model przeznaczony jest dla lekarzy, którzy podczas badania fizykalnego spotykają się z zaburzeniami ruchu oczu oraz nieprawidłowym funkcjonowaniem mechanizmów odpowiedzialnych za sterowanie motoryką powieki i żrenicy. Komputerowy system symuluje naturalne ruchy gałek ocznych (wywołanie ruchu następuje poprzez fiksowanie wzroku na kursorze myszki) w postaci interaktywnego i animowanego pacjenta. Zachowanie pacjenta zobrazowane zostało przez dynamicznie zmieniające się i interaktywne modele twarzy, oparte na seriach fotografii, które można dowolnie zmieniać i dodawać nowe wersje. Poniżej zdjęcia twarzy znajduje się panel, na którym można wybierać (dla każdego oka osobno) określone warianty uszkodzeń w obrębie układu okoruchowego.

W podstawowym modelu zasymulowano zaburzenia ruchu oczu, powieki i żrenicy występujące w przypadku porażenia mięśni okoruchowych. Model symuluje również inne charakterystyczne zaburzenia jak patologiczny oczopląs i oscylacje oraz zez. Implementacja modelu symulującego zaburzenia ruchu oczu wykorzystywana jest w celach edukacyjnych. Planowane jest dalsze uzupełnienie modelu o symulacje zaburzeń ruchu gałek ocznych występujących w przypadku takich chorób jak m.in. schizofrenia czy choroba Parkinsona.

Słowa kluczowe: zaburzenia ruchu gałek ocznych, modelowanie, edukacja.

EDUCATIONAL MODEL SIMULATING EYEBALL MOVEMENT DISORDERS

PIOTR WALECKI

Department of Bioinformatics and Telemedicine, Jagiellonian University – Medical College

A model that simulates specific extraocular muscles palsy and cranial nerves paralysis is presented. The model is designed for physicians who, during the physical examination, encounter eyeball movement disorders and abnormal functioning of mechanisms for controlling motility of the eyelid and the pupil. A computer system simulates the natural movements of the eyes (fixations of vision on mouse cursor stimulates virtual eyeball movement) in the form of an interactive and animated virtual patient. Behavior of the patient is illustrated by dynamic and interactive models of the face, based on a series of photographs that can be upgraded and new versions can be added. The panel for setting the damage within the oculomotor system parameters (for each eye separately) is located below the photo of the face. The basic model simulates eyeball, eyelid and pupil movement disorders occurring in the case of extraocular muscle paralysis. The model simulates also other specific eyeball movement disorders such as pathological oscillations, nystagmus and strabismus.

Implementation of the model simulating the abnormal eye movement is used for educational purposes. Further complementing the simulation model of eye movement disorder occurring in diseases, e.g. schizophrenia and Parkinson's disease, is planned.

Keywords: eyeball movement disorders, modeling, education

UKŁAD OKORUCHOWY – MODELOWANIE POŁĄCZEŃ NEURONALNYCH

PIOTR WALECKI¹, EDWARD J. GORZELAŃCZYK²

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków*

²*Instytut Psychologii, Polska Akademia Nauk, Warszawa*

W pracy zaprezentowano model połączeń neuronalnych układu okoruchowego.

Sieć połączeń okulomotorycznych odnosi się zarówno do struktur anatomicznych oraz połączeń funkcjonalnych (zależności statystycznych) pomiędzy różnymi jednostkami w układzie nerwowym. Za pomocą pomiaru i modelowania ruchu gałek ocznych możemy analizować jeden z najważniejszych dla organizmów żywych mechanizmów neurobiologicznych, jakim jest integracja czuciowo-ruchowa. Układ okoruchowy posiada niewielką i dobrze określoną ilość stopni swobody w porównaniu do innych układów motorycznych. Dlatego wydaje się być bardzo dobrym układem do modelowania funkcji mózgu. Pomimo, iż zachowanie człowieka charakteryzuje się olbrzymią złożonością, nieporównywalną do innych organizmów, to często jest ona realizowana za pomocą układów sensoryczno-motorycznych o stosunkowo prostej budowie. Analiza budowy układów czuciowych i ruchowych przyczynia się w ten sposób do lepszego zrozumienia funkcjonowania bardziej złożonych struktur centralnego systemu nerwowego.

Słowa kluczowe: system okoruchowy, połączenia neuronalne, modelowanie

OCULOMOTOR SYSTEM – BRAIN CONNECTIVITY MODELING

PIOTR WALECKI¹, EDWARD J. GORZELAŃCZYK²

¹*Zakład Bioinformatyki i Telemedycyny, Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medium, Kraków*

²*Instytut Psychologii, Polska Akademia Nauk, Warszawa*

The paper presents a model of neuronal connectivity of the oculomotor system. The oculomotor connectivity refers to a pattern of anatomical structure and functional links (statistical dependencies) between distinct units within a nervous system. By measurement and modeling of eye movement, we can analyze one of the most important neurobiological mechanisms of living organisms, which is sensory-motor integration. Oculomotor system has a small well-defined number of degrees of freedom compared to the other motor systems. Therefore, it appears to be a very good system to model brain function. Although human behavior is characterized by enormous complexity, incomparable to other organisms, it is often implemented through sensory-motor systems with relatively simple construction. Analysis of the sensory and motor systems contribute in this way to a better understanding of the operation of more complex structures of the central nervous system.

Keywords: oculomotor system, brain connectivity, modeling

KONTROLA JAKOŚCI REALIZACJI PLANÓW IMRT W ASPEKcie KLINICZNYM

JANUSZ WINIECKI, BARBARA DRZEWIECKA

Zakład Fizyki Medycznej, Centrum Onkologii w Bydgoszczy

Wstęp

Radioterapia z modulacją intensywności promieniowania (IMRT) jest jedną z najbardziej wyrafinowanych metod stosowanych w radioterapii. Polega na intencjonalnym różnicowaniu dawki tak, aby jej przestrzenny rozkład możliwie najdokładniej odzwierciedlał kształt guza nowotworowego, przy jednoczesnej ochronie narządów krytycznych. Efekt modulacji dawki osiągany jest poprzez ciągłe (sliding window) lub dyskretne (step&shoot) zmiany położenia listków kolimatora w funkcji czasu. Złożoność, a przede wszystkim dynamika procesów zachodzących w trakcie realizacji planów leczenia, takich jak przeciekanie promieniowania pomiędzy sąsiadującymi listkami czy efekty brzegowe zachodzące na granicy listków powodują, iż wpływ tych zjawisk na dawkę jest jedynie w sposób statystyczny uwzględniany przez systemy planowania leczenia. Uważa się, iż jedynym wiarygodnym sposobem oceny dawki pochłanianej przez obszar tarczowy i tkanki sąsiadujące jest dozymetryczna weryfikacja generowanego rozkładu dawki wykonywana przed rozpoczęciem terapii. Najczęściej porównanie realizowanej fluencji z oczekiwaną odbywa się na drodze algorytmu gamma uwzględniającego zarówno lokalne rozbieżności w dawce, jak i ewentualne przesunięcie obu matryc w przestrzeni.

Cel pracy

Tradycyjne, komercyjne systemy weryfikacji planów dynamicznych, z uwagi na otrzymywane przy ich pomocy zazwyczaj wyłącznie ilościowe wyniki analizy, dają tylko częściowe wyobrażenie na temat jakości leczenia. Wyniki te w wielu przypadkach korespondują z całkowitą powierzchnią detektora lub jego fragmentem, nie zaś z napromienianym w istocie jego fragmentem.

Celem pracy było opracowanie metody weryfikacji opartej o algorytm gamma, pozwalającej ocenić ewentualne rozbieżności pomiędzy dawką oczekiwaną a realnie pochłanianą przez poszczególne narządy.

Materiał i metoda

W celu zautomatyzowania procesu weryfikacji planów IMRT stworzono własne oprogramowanie pozwalające analizować otrzymane rozkłady dawki metodą gamma. Fluencje generowane przez aparat terapeutyczny rejestrowane są zarówno przy użyciu dozymetrii portalowej, jak i klisz rentgenowskich. Otrzymane wyniki przedstawiane są w postaci histogramów wiążących powierzchnię pola z odpowiadającą jej wartości indeksu gamma. Przestrzenny rozkład parametru gamma oddają *mapy gamma*, które w prezentowanym rozwiązaniu nakładane są na obrazy struktur anatomicznych (DRR).

Wyniki i wnioski

Opisywana metoda posłużyła w ciągu ostatnich miesięcy do weryfikacji blisko 200 planów terapeutycznych, spośród których ponad 65% stanowiły nowotwory regionu głowa-szyja, a 25% - nowotwory głowy. Obrazy uzyskiwane w wyniku nałożenia map gamma na DRR są wyjątkowo przydatne w ocenie jakości napromieniania poszczególnych tkanek. W kilku przypadkach, pomimo pozornie niekorzystnych histogramów gamma, z uwagi na rozdrobienie i umiejscowienie obserwowanych rozbieżności w dawce (tkanki nie będące krytycznymi), podjęto decyzję o rozpoczęciu leczenia. Z uwagi na czasochłonność procedury przygotowania alternatywnego planu IMRT, nierzadko po nieudanej weryfikacji pacjent rozpoczyna terapię w technice tradycyjnej o mniejszym potencjale w zakresie ochrony ważnych narządów i eskalowania dawki w objętości guza.

Słowa kluczowe: IMRT, kontrola jakości, metoda gamma, DRR, narządy krytyczne

QA OF IMRT PLANS EXECUTION - CLINICAL ASPECT

JANUSZ WINIECKI, BARBARA DRZEWIECKA

Zakład Fizyki Medycznej, Centrum Onkologii w Bydgoszczy

Background

The intensity modulated radiation therapy (IMRT) is a one of the most sophisticated methods of radiotherapy. The concept of IMRT is an intentional diversification of dose distribution to escalate the dose inside the tumour body and simultaneously protect critical organs. The modulation effect is obtained by smooth (sliding window) or discrete (step & shoot) changing the position of MLC leafs during the treatment. The dynamics and complexity of processes which occur during dynamic plans execution (dose leakage, the “tongue and groove” effect and other) make the influence of these effects very difficult to predict. Treatment planning systems take their contribution only statistically into account.

It is believed, that the only one reliable method to estimate the quality is the pre-treatment dosimetric control of the fluence generated by the treatment unit. On usual it performed on the way of Gamma Evaluation method which takes into consideration the dose difference between the acquired and the predicted dose distribution as well as the spatial displacement between analyzed points to provide a γ -index as a result of verification for each point.

Aim

The conventional QA procedures, because of their usually only quantitative outcomes give partial imagination about the quality of the treatment. It is observed that the results of verification correspond sometimes much more with a total area of the detector matrix, than the actually irradiated volume. It happens probably because the field border in case of IMRT is not in fact precisely defined.

The aim of the investigation was to develop the procedure of IMRT plans verification based on Gamma Evaluation concept and capable of recognizing the deviations between calculated and acquired dose distribution, but also of specifying which tissue they refer to.

Materials and methods

To perform the verification of IMRT treatment the home-made software has been created and clinically examined. The fluencies generated by treatment units used to be saved with the help of EPID as well as film dosimetry. As a result of verification γ -histograms are created. The histograms combine the value of γ -index with an area of corresponding part of the field. To present spatial distribution of γ -value, the 2D γ -maps are generated. Finally the images are with corresponding DRRs combined.

Results and conclusions

During last months we have examined nearly 200 dynamic plans as described above. Head-and-neck (H&N) plans amount to 65% and typical head tumours about 25% of a total number of plans, which have been analyzed. The images obtained when the γ -maps with DRRs combining, are very useful when the estimation IMRT treatment is performed. However the quantitative outcomes of verification look sometimes formally bad, the disintegration and the location of deviations (which are visible only when the procedure described above is performed) make the treatment still acceptable. The IMRT-plan preparing is a very time consuming procedure, and on usual the patient starts the treatment with the conventional 3D conformal (3D CRT) radiotherapy, if the verification of IMRT plan was not successful. It should be emphasized, that 3D CRT plans are much easier to execute, but they are not able to escalate the dose in the region of cancer and at the same time protect the critical organs (lenses, optical nerve, spinal cord) as good as IMRT

Keywords: IMRT, QA, Gamma Evaluation, DRR, OAR.

WYKORZYSTANIE W BADANIACH NAD LEKIEM ALGORYTMU RANDOMFOREST DO WCZESNEJ OCENA POTENCJAŁU BLOKOWANIA KANAŁU POTASOWEGO KODOWANEGO PRZEZ GEN HERG

B. WIŚNIEWSKA¹, A. MENDYK², M. POLAK¹, J. SZŁĘK², S. POLAK¹

¹Pracownia Farmakoepidemiologii i Farmakoekonomiki Wydział Farmaceutyczny UJ CM
ul. Medyczna 9, 30-688 Kraków

²Katedra Technologii Postaci Leki i Biofarmacji Wydział Farmaceutyczny UJ CM,
ul. Medyczna 9, 30-688 Kraków

Wstęp

Zespół nabytego przedłużonego odcinka QT (LQTS) może być bezpośrednią przyczyną arytmii komorowej, a jednym z najczęściej wywołujących ten efekt – w warunkach klinicznych określany jako Torsade de Pointes (TdP) – czynnikiem, są leki. Zespół LQTS i samo zjawisko torsad są w największej mierze wynikiem zaburzenia (zahamowania) przepływu jonów potasowych przez kanał jonowy kodowany przez gen hERG (*ang. human ether-a-go-go related gene*) i prądu jonowego I_{Kr} w późnej fazie repolaryzacji. Powinowactwo leków do kanału hERG, związane z tym ryzyko blokowania przepływu jonów potasowych i zagrażające życiu przypadki zaburzenia homeostaty elektrycznej serca doprowadziły w ostatnich latach do wycofania lub ograniczenia stosowania wielu leków. Efektem tego jest również regulowana przez instytucje zajmujące się rejestracją i nadzorem nad bezpieczeństwem stosowania leków, konieczność dogłębnej oceny ryzyka toksyczności, w tym w warunkach *in vitro* na hodowlach komórkowych z transfekowanym genem hERG (m.in. technologia oceny przepływu rubidu, wiązania radioligandów lub leków znakowanych fluorescencyjnie czy w końcu będąca złotym standardem dla badań *in vitro* metoda elektrofizjologiczna) oraz *in vivo* na modelach zwierzęcych (izolowane serca). Stosowanie tych technik wiąże się z utrudnieniami (ekonomiczne, praktyczne (wydajność) czy etyczne), stąd metody skringingu z wykorzystaniem technik realizowanych w warunkach *in silico* są coraz częściej stosowane. Stworzenie efektywnego modelu *in silico* dla wczesnej oceny kardiotoxyczności leków było celem opisywanego badania.

Metodyka

W trakcie prac wykorzystano wcześniej przygotowaną i opublikowaną bazę danych, która jest dostępna w portalu projektu naukowego CompTox (www.tox-portal.net). Preprocesing obejmował przekształcenie oryginalnych wartości IC50 (wartość IC50 określa stężenie leku dla którego zaobserwowano 50% blok prądu jonowego) otrzymanych w doświadczeniach przeprowadzanych w warunkach *in vitro*. W tym celu wykorzystano przygotowane i opisane we wcześniejszej pracy czynniki skalujące. Ostateczny zbiór zawierał 447 rekordów danych, które wykorzystano do tworzenia i wewnętrznej walidacji otrzymanych modeli. Aby zapewnić najwyższą możliwą jakość modeli, całość procesu walidacji obejmowała trzy etapy: walidacja wewnętrzna, którą przeprowadzono w oparciu o klasyczną metodę 10-cio krotnego wzajemnego sprawdzania, w procedurze rygorystycznej wykorzystano pary zbiorów uczący-testowy gdzie w zbiorze testowym separowano całość informacji dla wybranych leków. Trzeci etap to walidacja zewnętrzna w oparciu o 62 rekordy danych (odpowiednio 33 dla leków nie występujących w zbiorze natywnym oraz 29 opisujących leki wcześniej opisane, jednak dla których wartości IC50 zostały uzyskane na innych modelach komórkowych *in vitro*). W trakcie prac wykorzystano algorytm Random Forest (maksymalnie 10, 50 lub 100 generowanych drzew, przy założeniu braku ograniczeń dla ilości rozgałęzień) dostępny w programie WEKA. Wektor wejściowy obejmował 1034 parametry opisujące warunki przeprowadzanego doświadczenia *in vitro* (3), właściwości fizykochemiczne leku (7) oraz jego strukturę z wykorzystaniem techniki „odcisku cząstki” (chemical fingerprint) - 1024. Wyjście miało charakter binarny, gdzie wartością progową dla IC50, zgodnie z wytycznymi literatury, było stężenie 1 μM (odpowiednio 0-lek bezpieczny IC50>1 μM , 1-lek potencjalnie niebezpieczny IC50<1 μM).

Wyniki

Skuteczność najlepszego otrzymanego modelu w teście 10-cio krotnego wzajemnego sprawdzania wyniosła 85% (1-88%, 0-82%) przy średniej wartości ROC (pole powierzchni pod krzywą odbiorca-operator) 0.92. Rygorystyczne 10-cio krotne wzajemne sprawdzanie wybranego modelu spowodowało obniżenie jego całokowitej skuteczności do 72% (1-72%, 0-72%) przy wartości ROC równej 0.791. Wyniki analizy zdolności ekstrapolacji modelu z wykorzystaniem zbioru zewnętrznego zostały podzielone na trzy grupy: wszystkie 62 rekordy danych (całość – 73%, 1-62%, 0-81%), 33 nowe rekordy danych opisujące leki nie występujące w zbiorze pierwotnym (całość – 73%, 1-62%, 0-81%) oraz 29 rekordów dla leków prezentowanych w trakcie tworzenia modelu (całość–83%, 1-78%, 0-91%).

Wnioski

Otrzymany z wykorzystaniem techniki RandomForest model dzięki wysokiej czułości i specyficzności, relatywnie łatwych do otrzymania danych wejściowych opisujących strukturę cząsteczki leku oraz elastyczności może być rozpatrywany, jako test skринingowy oceny kardiotoxyczności na wczesnym etapie badań nad lekiem.

Słowa kluczowe: RandomForest, drzewa decyzyjne, hERG, prąd jonowy I_{Kr}, predykcja kardiotoxyczności, Torsade de Pointes

RANDOMFOREST BASED ASSESSMENT OF THE HERG CHANNEL INHIBITION POTENTIAL FOR THE EARLY DRUG CARDIOTOXICITY TESTING

B. WIŚNIEWSKA¹, A. MENDYK², M. POLAK¹, J. SZŁĘK², S. POLAK¹

¹Unit of Pharmacoeconomics and Pharmacoeconomics Faculty of Pharmacy Jagiellonian University
Medical College, Medyczna 9 Street, Kraków 30-688, Poland

²Department of Pharmaceutical Technology and Biopharmaceutics Faculty of Pharmacy Jagiellonian
University Medical College, Medyczna 9 Street, Kraków 30-688, Poland

Introduction

Acquired long QT syndrome (LQTS) can lead to fatal ventricular arrhythmia and one of the most common reasons for developing LQTS seen in clinical settings as Torsade de Pointes (TdP) are drugs. LQTS syndrome and TdP are principally caused by the inhibition of the potassium channels encoded by hERG (the human ether-a-go-go related gene). The potassium channels and ionic currents (I_{kr} , I_{to} , I_{ks} and others) together with calcium and sodium channels and currents (I_{CaL} , I_{Na} respectively) are the key elements of the electrophysiological interplay in heart. Drugs affinity to hERG channels and life-threatening interferences in heart electrophysiology resulted in withdrawal of many substances from the pharmaceutical market and some other drugs were black-boxed as potentially dangerous. Nowadays regulations describing potential drugs studies require in depth assessment of the hERG affinity including various *in vitro* (rubidium-flux assays, radioligand binding assays, *in vitro* electrophysiology measurements, fluorescence-based assays based on the various cell lines) and *in vivo* (isolated hearts) tests. Mentioned previously techniques are connected either with cost and effectiveness or ethical obstacles especially at the early stage of the drug development. Therefore accurate screening tests of the drug candidates become appreciable and are widely used. The main objective of the work was to develop a reliable *in silico* screening model for the *in vitro* potassium channel inhibition prediction.

Materials and methods

Database used for the modeling purposes was recently published and is freely available from the CompTox project website (www.tox-portal.net). Pre-processing included recalculation of the original output (IC50 value – concentration of a drug which causes 50% inhibition of the ionic current) derived from the *in vitro* experiments, with use of the scaling factors described in a separate publication. Final set contains 447 records which were utilized during the modeling and validation levels. Three various validation modes were applied to the model performance assessment to ensure highest possible reliability of the final model: standard 10-fold cross validation procedure (10-fold CV), enhanced 10-fold cross validation (whole drugs excluded from test sets) and validation on external test set of 62 records for both previously present (different *in vitro* models) and absent in native dataset drugs. Random Forest algorithm with either 10 or 50 or 100 generated trees and unlimited tree depth implemented in WEKA software was used. The input consisted of 1034 parameters describing *in vitro* setting (3), physico-chemical properties (7), and structure (so called chemical fingerprint - 1024). Output had a binary characteristic with IC50 equal to 1 μ M concentration as the safety threshold value (encoded as 0-safe, 1-unsafe).

Results

The performance of the best model estimated in simple 10-fold CV was 85% (1-88%, 0-82%) with an average ROC accuracy of 0.92. Implementation of rigorous 10-fold CV procedure resulted in decrease in total accuracy to 72% (1-72%, 0-72%) with ROC value equal to 0.791. Test on the external set consists of three measures: all 62 records (total – 73%, 1-62%, 0-81%), 33 'new' records describing previously unknown drugs (total – 73%, 1-62%, 0-81%) and 'old' records describing previously present drugs (total – 83%, 1-78%, 0-91%).

Conclusions

Developed RandomForest model due to its high specificity and sensitivity, relatively easy to obtain description of new chemical entity as well as flexibility (user-friendly) can be considered as the screening model for the cardiotoxicity testing purposes at the early stage of the drug development.

SYMULACJE UTLENIONYCH BŁON FOSFOLIPIDOWYCH

ALICJA WIZERT, MATEUSZ LIS

*Międzywydziałowe koło naukowe "MICELA", Politechnika Wrocławska,
Wybrzeże Wyspiańskiego 27, 50-370 Wrocław.*

Błona biologiczna jest kluczowym elementem strukturalnym komórki, który decyduje o transporcie masy i informacji. Jest także miejscem gdzie zlokalizowane są gradienty potencjałów chemicznych. Powszechnie uważa się, że procesy utleniania fosfolipidów są przyczyną wielu stanów patologicznych, do których zaliczyć można m. in. miażdżycę czy chorobę Alzheimera. Wpływ poziomu utlenienia badany był od lat metodami doświadczalnymi. Jednakże powszechnie stosowany makroskopowy opis modyfikowanych błon nie pozwalał na zrozumienie molekularnych podstaw obserwowanych zjawisk.

W pracy przedstawiono analizę wpływu utlenienia fosfolipidów za pomocą symulacji komputerowej wykonanej metodą dynamiki molekularnej. Zastosowanie tej techniki pozwoliło na analizę właściwości utlenionej dwuwarstwy lipidowej na poziomie molekularnym. W szczególności opracowano algorytm pozwalający na badanie poziomu przepuszczalności błony dla wody. Zbadano również wpływ poziomu (między 50% a 100%) oraz sposobu utlenienia na stabilność błon. Przeprowadzono łącznie 8 symulacji, które pozwoliły na analizę zachowania się agregatów lipidowych uformowanych z utlenionych lipidów oraz ich wpływu na powstawanie porów.

W symulacjach wzięto pod uwagę dwa typy produktów utlenienia łańcucha diolejofofosfatydylocholiny (DOPC): amfifilowy aldehyd oraz całkowicie hydrofobowy łańcuch węglowodorowy. Ponieważ grupa aldehydowa łańcucha wykazuje powinowactwo względem wody, stąd wnikanie wody będzie zachodziło szybciej i ze zwiększoną intensywnością. Jeśli zaś produktem utlenienia lipidu będzie silnie hydrofobowy alkan, to nie weźmie on czynnego udziału w tworzeniu kanału wodnego. W wyniku przeprowadzonych symulacji stwierdzono, że procesy wiodące do destabilizacji dwuwarstwy lipidowej będą silnie zależały od rodzaju produktów utleniania fosfolipidów.

Literatura (najistotniejsze pozycje)

- [1] L. Cwiklik, P. Jungwirth, Massive oxidation of phospholipid membranes leads to pore creation and bilayer disintegration, Chem. Phys. Lett. 486 (2010) 99.
- [2] J. Wong-ekabut, Z. Xu, W. Triampo, I-M. Tang, D. P. Tieleman, Effect of Lipid Peroxidation on the Properties of Lipid Bilayers: A Molecular Dynamics Study, Biophys J. 93 (2007) 4225.

Słowa kluczowe: dynamika molekularna, błona fosfolipidowa, utlenianie lipidów

MOLECULAR DYNAMICS SIMULATIONS OF OXIDIZED PHOSPHOLIPID BILAYER

ALICJA WIZERT, MATEUSZ LIS

*Międzywydziałowe koło naukowe "MICELA", Politechnika Wrocławska,
Wybrzeże Wyspiańskiego 27, 50-370 Wrocław.*

Biological membrane is a key structural element of the cell. It influences transportation of the mass and information. It is also a place where chemical potential gradients are localized. It is believed that oxidized membrane phospholipids are involved in various pathological conditions including inflammation, atherosclerosis, cancer, type 2 diabetes, and Alzheimer's disease. Oxidation process used to be investigated using experimental methods but, a coherent overall view of the causalities is still lacking due to insufficient understanding of the cellular and molecular mechanisms.

In this paper we present the analysis of the influence of phospholipids oxidation using molecular dynamics technique. Application of molecular dynamics allowed examination on a molecular level. In particular we introduce an algorithm for measuring bilayer permeability to water. We also examine influence of oxidation level (between 50% and 100%) and oxidation products on membrane stability and its properties. We conducted 8 simulations, which allowed to analyze the behavior of the lipid aggregates formed from oxidized lipids and their involvement in pore creation.

In our simulations we examine two types of oxidation products of dioleoylphosphatidylcholine (DOPC) chain: amphiphilic aldehyde and completely hydrophobic hydrocarbon chain. Because of the fact that aldehyde group of the chain shows affinity to water, penetration of the bilayer is faster and more intense. If the product of oxidation is strongly hydrophobic alkane, it does not take part in pore creation. As a result of conducted simulations we claim, that processes leading to disintegration of the lipid bilayer strongly depend on oxidation product type.

Keywords: molecular dynamics, membrane phospholipids, oxidation of lipids

WPŁYW POJEDYNCZEJ DAWKI METADONU NA FUNKCJE PSYCHOGRAFOMOTORYCZNE U OSÓB UZALEŻNIONYCH OD OPIOIDÓW LECZONYCH SUBSTYTUCYJNIE

KRZYSZTOF WŁODARCZYK¹, PAULINA ANDRYSZAK¹, WOJCIECH LASOŃ², PIOTR WALECKI²,
MIŁOSZ KADZIŃKI³, MARCIN ZIÓŁKOWSKI⁴, SŁAWOMIR BIEDRZYCKI⁵,
EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK^{5,6,7}

¹*Dom Sue Ryder w Bydgoszczy, Bydgoszcz*

²*Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków*

³*Politechnika Poznańska, Poznań*

⁴*Collegium Medicum w Bydgoszczy UMK w Toruniu, Bydgoszcz*

⁵*Wojewódzki Szpital dla Nerwowo i Psychicznie Chorych w Świeciu, Świecie*

⁶*Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, Bydgoszcz*

⁷*Polska Akademia Nauk, Warszawa*

Cel

Celem badań jest ocena wpływu pojedynczej, terapeutycznej dawki metadonu na funkcjonowanie psychomotoryczne osób uzależnionych od opioidów. Oceniono funkcjonowanie wzrokowo-przestrzennej pamięci operacyjnej, zdolność łączenia dwóch zasad działania, koordynację wzrokowo-ruchową oraz umiejętność przełączania się na nowe kryterium działania po wyuczeniu się jednej zasady reagowania.

Materiały i metody

Zbadano 28 osób, pacjentów programu substytucyjnego Szpitala dla Nerwowo i Psychicznie Chorych w Świeciu, w tym 6 kobiet i 22 mężczyzn. Pacjentom podawano doustnie (w postaci płynu) terapeutyczną dawkę metadonu (od 30mg do 130mg). Sprawność grafomotoryczną zbadano testem rysunkowym wykonywanym na tablicy graficznej. Pacjenci wykonywali Test Łączenia Punktów Reitana (części A i B), zaimplementowany w oryginalnej wersji elektronicznej. W części A oceniającej sprawność psychomotoryczną zadanie polega na łączeniu kolejno punktów od 1-25, a w części B, oceniającej umiejętność przełączania uwagi na nowe kryterium działania, test polega na naprzemiennym łączeniu punktów od 1-13 i liter od A-L w ten sposób, że kolejną liczbę łączy się z kolejną literą alfabetu: 1-A-2-B-3-C itd. Miarą jakości wykonania testu jest czas uzyskany w obu częściach oraz poprawność wykonania obu części. Pacjenci wykonują test dwukrotnie – bezpośrednio przed i około 1,5 godziny po podaniu dawki terapeutycznej.

Wyniki

Po podaniu pojedynczej dawki metadonu zaobserwowano:

- Brak istotnie statystycznie zmiany liczby popełnianych błędów (błędny wybór kolejnego punktu, niewłaściwa kolejność)
- zmniejszenie czasu wykonania zadania (część A)
- zwiększenie średniej prędkości kreślenia linii
- istotnie statystycznie zmniejszenie wartości odchylenia standardowego prędkości chwilowej
- zwiększenie zróżnicowania długości kreślonych linii pomiędzy badanymi (część A i B)
- zwiększenie zróżnicowania czasu wykonania zadania (część B)

Wnioski

Stwierdzono, że po podaniu metadonu wartości podstawowych parametrów ruchu nie różnią się istotnie statystycznie w porównaniu do wartości otrzymanych przed podaniem leku. Zaobserwowano równocześnie szybsze i bardziej płynne wykonanie zadania, przy czym stwierdzono istotne różnice osobnicze. Dotyczy to szczególnie części B testu, gdzie ocenie poddana została umiejętność do przełączania się na nowe kryterium. Na podstawie uzyskanych wyników można wnioskować, że podanie metadonu u osób uzależnionych od opioidów poprawia funkcjonowanie psychomotoryczne u większości pacjentów.

Słowa kluczowe: funkcje poznawcze, terapia substytucyjna, analiza sygnałów biomedycznych

STUDYING THE IMPACT OF A SINGLE DOSE OF METHADONE ON THE ABILITY OF PSYCHOMOTOR FUNCTION IN OPIOID-ADDICTED INDIVIDUALS ON METHADONE MAINTENANCE

KRZYSZTOF WŁODARCZYK¹, PAULINA ANDRYSZAK¹, WOJCIECH LASOŃ², PIOTR WALECKI²,
MIŁOŚ KADZIŃKI³, MARCIN ZIÓŁKOWSKI⁴, SŁAWOMIR BIEDRZYCKI⁵,
EDWARD JACEK GORZELAŃCZYK^{5,6,7}

¹*Dom Sue Ryder w Bydgoszczy, Bydgoszcz*

²*Uniwersytet Jagielloński - Collegium Medicum, Kraków*

³*Politechnika Poznańska, Poznań*

⁴*Collegium Medicum w Bydgoszczy UMK w Toruniu, Bydgoszcz*

⁵*Wojewódzki Szpital dla Nerwowo i Psychiczenie Chorych w Świeciu, Świecie*

⁶*Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, Bydgoszcz*

⁷*Polska Akademia Nauk, Warszawa*

Objective

The aim of this study is to assess the psychomotor skills of people treated with replacement therapy in opiate addiction. The visual-spatial working memory, the ability to connect two principles of action, eye-hand coordination and the ability to switch to a new criterion for action after learned the previous one.

Material and methods

28 persons were examined. The study was performed twice, immediately before and about 1.5 hours after oral administration (in liquid) therapeutic dose of methadone, using the TMT test (Trail Making Test A & B) implemented in the original electronic version. In the first part A of psychomotor performance evaluation task consists of combining successive points from 1-25. In part B the ability to switch attention to a new criterion is assessed. The test consists of alternate connecting points from 1-13 and letters from A-L to the effect that another number associated with the next letter of the alphabet: A-1-2-B-3-C, etc. measure the quality of the test time is obtained in both parts and the correct implementation of the two parts. Patients perform the test twice, immediately before and about 1.5 hours after a therapeutic dose. Design software allowed an immediate analysis of the basic parameters of motion: force levels, the time of the task, speed and acceleration of the plot.

Results

After a single dose of methadone were observed:

- no statistically significant changes in the number of errors (wrong choice of the next point, wrong order)
- reduction in time for the task (Part A)
- increase the average speed of plot lines
- significantly reducing the value of the standard deviation of the instantaneous velocity
- increase the diversity of the length of the line plotted between the study (Part A and B)
- increase the diversity of the task execution time (Part B)

Conclusion

The single dose of methadone in opioid-addicted individuals do not differ significantly the basic parameters of motion compared to values obtained before drug administration. The same time faster and smoother implementation of the task was observed, with a significant individual variation. This applies particularly to Part B of the test, which assesses ability to switch to a new criterion. The results can be concluded that the administration of methadone in patients addicted to opioids improves psychomotor function in most patients.

Keywords: cognitive functions, replacement therapy, analysis of biomedical signals

ANALIZA SKUTECZNOŚCI DZIAŁANIA WYBRANYCH MODELI UWAGI

MAŁGORZATA WŁODARCZYK¹, TOMASZ KRYJAK², PIOTR WOLSKI³

¹Międzywydziałowa Szkoła Inżynierii Biomedycznej, AGH Kraków

²Katedra Automatyki, Laboratorium Biocybernetyki, AGH Kraków

³Instytut Psychologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

Celem pracy była empiryczna weryfikacja dwóch komputerowych modeli uwagi egzogennej człowieka. Modele te pozwalają na przewidywanie położenia prawdopodobnych miejsc koncentracji wzroku na oglądanym obrazie statycznym.

Pierwszym z testowanych modeli, był zestaw algorytmów sztucznego widzenia opracowany przez Ittiego, Kocha i Niebura [1], odwołujący się do koncepcji wyrazistości (*saliency*). Zakłada on, że uwaga automatyczna kierowana jest w różne miejsca pola widzenia na podstawie analizy cech fizycznych środowiska wzrokowego (jasności, koloru, orientacji, tekstury). Efektem działania modelu są tzw. mapy wyrazistości (*saliency*), które umożliwiają określenie elementu najbardziej wyróżniającego się z otoczenia i skierowania w ten punkt uwagi. Drugi z weryfikowanych modeli opiera się na podejściu bayesowskim [2]. Bazuje on na określeniu wyrazistości danego piksela w oparciu o rozkłady prawdopodobieństwa, które są wyznaczane na podstawie zbioru obrazów uczących. Jedną z wersji metody stosuje do ekstrakcji cech filtry DoG (Difference of Gaussians) [2]. Inna wersja w celu uzyskania map atrybutów wykorzystuje metodę ICA (*Independent Component Analysis*) [2].

Podstawą do weryfikacji modeli było porównanie zgodności wyliczonych przez algorytmy oczekiwanych punktów koncentracji uwagi z rzeczywistym ruchem oczu osób badanych. Wykorzystując algorytmy udostępnione przez autorów modeli [3][4], wykonano analizę wybranych obrazów. Następnie przeprowadzono pomiary urządzeniem śledzącym ruch gałek ocznych (*eye-tracker*), które pozwoliło zarejestrować punkty koncentracji uwagi osób badanych na danym obrazie. Dodatkowo, skuteczność modeli zbadano eksperymentalnie wykorzystując opracowane przez Posnera [5] zmodyfikowane zadanie *cuing task*. Osobie badanej prezentowany był obraz (wskazówka), a następnie na tym obrazie pojawiał się bodziec wizualny i mierzono czas reakcji na jego pojawienie się. Przyjęto założenie, iż pojawienie się bodźca w punkcie, w którym wcześniej wystąpił element przyciągający uwagę, spowoduje przyspieszenie reakcji.

Badania przeprowadzono na zbiorze ponad 90 różnorodnych, neutralnych emocjonalnie, obrazów naturalnych i syntetycznych oraz dodatkowo na obrazach przedstawiających reklamy, jak również wybrane strony internetowe. Wstępne wyniki wskazują na potencjalną przydatność zastosowanego schematu do badania skuteczności i doskonalenia modeli uwagi.

Literatura:

- [1] L. Itti, C. Koch, and E. Niebur, "A model of saliency-based visual attention for rapid scene analysis", IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 20 no. 11, pp. 1254-1259, 1998r.
- [2] L. Zhang, M. H. Tong, T. K. Marks, H. Shan, and G. W. Cottrell, "SUN: A Bayesian framework for saliency using natural statistic". Journal of Vision, vol. 8, no. 7:32, pp. 1-20, 2008r.
- [3] <http://www.saliencytoolbox.net/>
- [4] <http://journalofvision.org/8/7/32/supplement/supplement.html>
- [5] Posner, M. I., & Cohen, Y. "Components of visual orienting". W: H. Bouma & D. G. Bouwhuis (Eds.), Attention and performance X (pp. 531–555). Hillsdale, NJ: Erlbaum 1984r.

Słowa kluczowe: modelowanie uwagi, punktu koncentracji uwagi, paradygmat posnerowski, śledzenie ruchu gałek ocznych

EFFECTIVENESS ANALYSIS OF SELECTED ATTENTION MODELS

MAŁGORZATA WŁODARCZYK¹, TOMASZ KRYJAK², PIOTR WOLSKI³

¹Międzywydziałowa Szkoła Inżynierii Biomedycznej, AGH Kraków

²Katedra Automatyki, Laboratorium Biocybernetyki, AGH Kraków

³Instytut Psychologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

The aim of this study was an empirical verification of two computer models of exogenous human attention. These models allow to predict the likely fixations on a static image.

The first tested model was a set of artificial vision algorithms, developed by Itti, Koch and Niebur [1], referring to the concept of saliency. It assumes that attention is automatically directed to different locations on the basis of the visual environment's characteristics analysis (brightness, color, orientation, texture). The result of this method is a saliency map, which enables to specify the most distinctive element of the image and direct attention to this location. The second verified model was based on Bayesian approach [2]. It defines the saliency of a pixel on the basis of probability distributions, which are determined according to a set of training images. One version of this method uses DOG (*Difference of Gaussians*) filters for feature extraction [2]. Another version uses the ICA (*Independent Component Analysis*) method in order to define a saliency map [2].

The basis for the verification of the models was a comparison between fixations, calculated by the algorithms, and the actual eye movements of subjects. Using the algorithms provided by the authors of the models [3][4] an analysis of selected images was performed. Then a study using an eye-tracker was carried out, which allowed to register the fixations of people in a given image. In addition, the effectiveness of the models was verified in experimental studies using the developed by Posner [5] modified cuing task. An image was presented to the subject, then on this image a visual stimulus appeared and the reaction time was measured. It was assumed that the emergence of a stimulus at the point, where previously an attention attracting element appeared, would accelerate the reaction

The study was conducted on a set of over 90 different, emotionally neutral, natural and synthetic images and in addition on images of advertisement and selected web pages. Preliminary results indicate the potential usefulness of the used schema for testing the efficiency and refinement of attention models.

References:

- [1] L. Itti, C. Koch, and E. Niebur, "A model of saliency-based visual attention for rapid scene analysis", IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 20 no. 11, pp. 1254-1259, 1998r.
- [2] L. Zhang, M. H. Tong, T. K. Marks, H. Shan, and G. W. Cottrell, "SUN: A Bayesian framework for saliency using natural statistic". Journal of Vision, vol. 8, no. 7:32, pp. 1-20, 2008r.
- [3] <http://www.saliencytoolbox.net/>
- [4] <http://journalofvision.org/8/7/32/supplement/supplement.html>
- [5] Posner, M. I., & Cohen, Y. "Components of visual orienting". W: H. Bouma & D. G. Bouwhuis (Eds.), Attention and performance X (pp. 531–555). Hillsdale, NJ: Erlbaum 1984r.

Keywords: attention modeling, saliency, the Posner's paradigm, eye-tracking

IMAGE PROCESSING AND RECOGNITION METHODS IN CLASSIFICATION OF FINGERPRINT DERMATOGLYPHIC PATTERNS

HUBERT WOJTOWICZ

Doktorant - Katedra Automatyki, Wydziału EAIe Akademii Górniczo-Hutniczej

Paper describes application of image processing and pattern recognition methods in classification of fingerprints. Fingerprint classifiers, which are part of an automatic system for rapid screen diagnosing of trisomy 21 (Down Syndrome) in infants, are created and discussed.

The system is a tool supporting anthropologist by automatic processing of dermatoglyphic prints and detecting features indicating presence of genetic disorders in infants. Images of dermatoglyphic prints are pre-processed before the classification stage to extract features analyzed by the Support Vector Machines algorithm. Experiments are conducted on the database of the Collegium Medicum Jagiellonian University in Cracow.

STEROWANIE PROCESEM WNIKANIA SUBSTANCJI CHEMICZNYCH W STRUKTURĘ BIOSYSTEMU

MARIUSZ WÓJCIK

*Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica, Wydział Inżynierii Materiałowej i Ceramiki
Katedra Biomateriałów, Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków*

Analiza literatury dotyczącej zagadnień procesów wnikania przez membrany organiczne takie jak tkanka skórna lub kostna, substancji zarówno leczących jak i tych szkodliwych, wymaga dalszych badań, ponieważ obecne opisy są niewystarczające dla nowych wyzwań pomiarowych związanych ze stosowanymi współcześnie substancjami w formule tak chemicznej jak i mechanicznej. Problematyka ta jest szczególnie ważna w doborze odpowiednich aktywnych substancji, które przyspieszą lub opóźnią w znany sposób proces przenikania właściwego leku przez membranę organiczną w strukturę biosystemu poddanego określonej postępowaniu medycznemu dla osiągnięcia założonego celu. Przykładem zastosowania może być wnikanie przez tkankę skórną substancji typu kofeina, teofilina stymulujących centralny system nerwowy zarówno dla opóźnienia procesu zmęczenia lub zwiększenia wytrzymałości i odporności fizycznej jak i podniesienia czujności lub zdolności poznawczych człowieka. Innym przykładem jest wnikanie leku w tkankę kostną z implantu, w którego strukturze znajduje się lek uwalniany według skonstruowanego scenariusza oddziaływania. Znajomość kinetyki procesu wnikania w obu różnych sytuacjach medycznych pozwoli określić parametry dla sterowania tym zjawiskiem. Stwarza to możliwości dla opracowania nowych konstrukcji w postaci na przykład nowej generacji sensorów stosowanych w nawigacji chirurgicznej przy skomplikowanych operacjach usuwania komórek rakowych głowy i szyi i zapewnieniu lokalnego leczenia. Przegląd literatury pokazuje, że procesy wnikania były opisywane za pomocą głównie mechanizmu dyfuzyjnego ale bliższa analiza zagadnienia ujawnia, że jest to niekiedy zbyt duże uproszczenie problemu.

Autor zaproponował w inżynierii materiałowej nowe ujęcie zagadnienia wnikania leku z implantu kompozytowego na podstawie statystycznych szacowań procesu transportu ujętych w odpowiednią metodę wariacyjną ale widzi również zastosowania medyczne tej metody. Wyznacznikiem jest tu analiza kontroli procesu w oparciu o kształt entropii Boltzmanowskiej przybliżonej tutaj rozkładem beta w postaci $E(E_{max}-E)$, gdzie E oznacza sumę energii kinetycznej i potencjalnej elementu wnikającego.

Entropię tę uważamy za hamiltonian rozważanego przez nas procesu wariacyjnego w postaci całki $\int_0^t H(x(t), \dot{x}(t), ...) dt$. Odpowiedni proces wariacyjny w postaci $\delta \int_0^t H(x(t), \dot{x}(t), ...) dt = 0$ umożliwia

znalezienie i prześledzenie optymalnej trajektorii transportu cząstek w głąb środowiska biologicznego na podstawie aproksymacji potencjałów oddziaływań pomiędzy medium transportowanym a środowiskiem transportującym.

Odpowiadające tej wariacji równanie Eulera np. w postaci $\frac{\partial}{\partial x_i}(E - E^2) - \frac{d}{dt} \frac{\partial}{\partial \dot{x}_i}(E - E^2) = 0$, wyznacza te

optymalne trajektorie dla omawianego procesu transportu wnikania.

Chcąc uzyskać postęp w metodach leczenia ściśle lokalnego trzeba pewne procedury badawcze ponownie przeanalizować co autor w poszczególnych przypadkach już dokonał. Istotą proponowanego rozwiązania jest próba lepszej kontroli procesu wnikania i możliwości sterowania tym procesem. Kontrola polega w tym przypadku na uzyskaniu oczekiwanego postępu w leczeniu w wyniku działania znanymi parametrami tak przebiegu procesu jak i właściwościami substancji farmakologicznych o oczekiwanych potencjałach oddziaływania ze środowiskiem określonym zazwyczaj przez farmakologów. Wydaje się, iż proponowane nowe podejście pozwala na lepsze rozpoznanie procesu wnikania ponieważ wzbogaca dotychczasową formułę analiz dyfuzyjnych, a procesy analizowane za pomocą aparatu matematycznego nie zawsze są dyfuzyjne. Ta nowa propozycja jest też wyzwaniem dla przemysłu farmaceutycznego do podjęcia współpracy.

Słowa kluczowe: postępy medycyny, sterowanie procesami, analiza wnikania leku

STEERING OF THE PROCESS OF PENETRATION OF CHEMICAL SUBSTANCES INTO BIOSYSTEM STRUCTURE

MARIUSZ WÓJCIK

*AGH University of Science and Technology, Faculty of Material Science and Ceramics
 Department of Biomaterials, Av. Mickiewicza 30, 30-059 Cracow*

The analysis of literature relating questions of processes of penetration through organic membranes such as skin tissue or osseous of the substance both treating as well as harmful require more far investigations, because the present descriptions are insufficient for the new measuring challenges connected with applied contemporarily substances in chemical as well as in mechanical formula. Problem is particularly important in selection of suitable active substances which will accelerate or delay in well-known manner the process of penetration of the proper medicine through organic membranes into biosystem structure subjected for specific medical proceeding for achievement of a declare aim. The penetration through skin tissue of substance of type as the caffeine, theophylline stimulating the central nervous system can be an example of use for deceleration of process of fatigue or the enlargement of durability and the physical resistance as well as the upward movement of vigilance or the man's cognitive abilities. Penetration in osseous tissue of medicine from implant is an other example where it is delivered according to constructed script of medicine interaction. Acquaintance of kinetics of process penetration in both different medical situations will permit to qualify parameters for steering of this phenomenon. It creates then the possibilities for study of new constructions as for instance new generation of sensors applied in surgical navigation in compiled operations of removing the cancer cells of head or the neck for assurance of the local treatment. The review of literature shows, that processes of penetration have been described mainly by the aim of the diffusive mechanism but the closer analysis of question discloses that this is sometimes too simplification of the problem.

Author proposed the new formulation of question of penetration of medicine from composite implant basing on statistical estimation of the process of transportation captured in suitable variation method in material engineering but he also sees the medical uses of this method. The analysis of control of process is determinant in support about shape of Boltzmann's entropy here approximated in beta distribution in form as $E (E_{max} - E)$, where E marks the sum of kinetic energy and potential of penetrating element. Entropy is considered as a Hamiltonian of discussed variation process in the form of following

integral $\int_0^t H(x(t), \dot{x}(t), \dots) dt$. The suitable variation process in the following form $\delta \int_0^t H(x(t), \dot{x}(t), \dots) dt = 0$

makes the possibility for finding and tracing the optimum trajectory of transportation of elementary entities into the biological system on basis of an approximation of interaction potentials between transferred medicine and the transferring medium. Euler's equation which response of the mention variation process

in an exemplified formula as $\frac{\partial}{\partial x_i} (E - E^2) - \frac{d}{dt} \frac{\partial}{\partial \dot{x}_i} (E - E^2) = 0$ creates these optimum trajectories of the

transportation process of penetration.

To obtain the progress in closely local method of medical treatment one should be again done in analyze of some investigative procedures what already author have executed in the individual cases. The test of better control of process penetration is the creature of proposed solution and the possibility of steering of this process. The control depends in this case on obtainment of expected progress in medical treatment as a result of the working of well-known parameters in the course of process as well as properties of pharmacological substances having needed potentials activity usually described by pharmacologists. It seems, that proposed new approach allows on better diagnosis of process penetration because it enriches the hitherto exists formula of diffusive analyses, because the analyzed processes by the aim of mathematical apparatus were not always diffusive. This new proposal is also the challenge for pharmaceutical industry to undertaking the co-operation.

Keywords: progress of medicine, steering of the processes, analysis of medicine penetration.

REALISTYCZNY MODEL GEOMETRII KRĘGOSŁUPA W SZKIELECIE CZŁOWIEKA W SYSTEMIE VICON

MIROŚŁAWA ZAZULAK¹, WIESŁAW CHWAŁA², WITOLD ALDA³

¹Katedra Automatyki AGH, ²Akademia Wychowania Fizycznego w Krakowie, ³Katedra Informatyki AGH

Kręgosłup ludzki jest bez wątpienia jednym z najistotniejszych elementów budowy ciała żywego organizmu. Jest on wszechstronnie badany ze względu na pełnione przezeń funkcje, jak również z powodu licznych patologii i urazów będących jego udziałem. Z punktu widzenia biomechaniki jest również najbardziej złożoną strukturą, a jego dynamiczna analiza ruchu ciągle wymaga opracowania bardziej szczegółowych modeli i przeprowadzania licznych badań.

Wśród technik śledzenia, a następnie analizowania ruchu człowieka do najlepszych i najpowszechniejszych należy metoda *motion capture*, w wersji, w której za pomocą zestawu skalibrowanych kamer rejestruje się ruch odbłaskowych znaczników przytwierdzonych do ciała człowieka. Na rynku zastosowań profesjonalnych zdecydowanym liderem tej metody jest system VICON, oferujący również oprogramowanie do trójwymiarowej rekonstrukcji ruchu, jego analizy i wizualizacji. Oferowane przez VICON modele kompletnego szkieletu człowieka, bądź jego fragmentów mają jednak charakter uproszczony. Są zazwyczaj wystarczające do wizualizacji i analizy np. ruchu kończyn, jednak już do szczegółowego badania ruchu kręgosłupa nie nadają się – tym bardziej, że kręgosłup jest właściwie tylko zamaskowany czworoscianami. Potrzebę precyzyjnego modelu kręgosłupa zgłaszają między innymi ortopedzi i rehabilitanci pracujący z systemem VICON.

Celem niniejszej pracy jest zbudowanie szczegółowego komputerowego modelu geometrii kręgosłupa i wmontowanie go w dostępne modele szkieletu człowieka, wykorzystywane w systemie VICON. Praca stanowi tylko niewielki przyczynek w tworzeniu kompletnego modelu kręgosłupa i jego weryfikacji. Jest on jednak niezbędny do dalszych badań.

Artykuł szczegółowo omawia tworzenie modeli poszczególnych kręgów. W trakcie prac wykorzystywano równolegle technikę skanowania trójwymiarowego kręgów oraz technikę modelowania od zera z wykorzystaniem programów do modelowania 3D (w naszym przypadku użyto programu Blender).

W miarę dokładnie jest przedstawiony uniwersalny format danych .obj (stworzony przez firmę Alias-Wavefront) i użyty do przechowywania informacji o kształcie powierzchni obiektu, a także o jego barwie, nałożonej teksturze itp.

Omówione są formaty danych systemu VICON oraz ich wzajemne relacje: pliki znaczników .mkr, pliki globalnych parametrów modelu .mp, pliki struktury modelu opisane .mod, a przede wszystkim kolejne kroki łączenia ich z obiektami geometrycznymi do wizualizacji.

THE REALISTIC MODEL OF THE SPINE GEOMETRY IN THE HUMAN SKELETON IN VICON SYSTEM

MIROŚŁAWA ZAZULAK¹, WIESŁAW CHWAŁA², WITOLD ALDA³

¹*Katedra Automatyki AGH*, ²*Akademia Wychowania Fizycznego w Krakowie*, ³*Katedra Informatyki AGH*

The human spine is definitively one of the most important parts of a living body. Because of its functions and many pathologies or injuries that involve the spine, it is a subject of a comprehensive research. From biomechanical point of view, this organ is the most complicated structure, and a dynamic analysis of its motion still requires more detailed models be created.

Among techniques for motion tracking and analysis, the best and most popular is *motion capture* approach, where motion of reflective markers fixed to the human body is recorded by a system of calibrated video cameras. For the professional use, the system offered by the Vicon company is currently treated as a leader of this method. The Vicon's system includes software for 3D motion reconstruction, analysis and visualization. Models of a complete or partial human skeleton used in Vicon systems, are simplified. They are usually sufficient for visualization and analysis of motion of the limbs, but they are not sufficient for research of detailed motion of the spine. A precise model of the spine is mostly needed for orthopedists and physiotherapists using Vicon system.

The purpose of this paper is to build an accurate computer model of the geometry of the spine and insert it into the available skeleton models, used in Vicon. This work is only a small part of the creation of a complete spine model as well as a verification of its correctness, but it is indispensable for further study.

The paper describes the process of creating models of the vertebrae. During research, authors simultaneously used two techniques: 3D scanning of the vertebrae and computed modeling in 3D graphics software (Blender in our case).

A universal data format: .obj (created by Alias-Wavefront company) used to keep the information about surface shape of an object, its colour, texture etc. is presented in details.

In a discussion on Vicon data formats and relations between them, several file types are taken under consideration: marker files, .mkr, global model parameters files, .mp, files of the model structure: .mod. But first of all, step-by-step instructions of how to connect the files with geometrical objects for the visualization purposes, are presented.

ZASTOSOWANIE ANALIZY NUMERYCZNEJ WIDMA FLUORESCENCYJNEGO DO IDENTYFIKACJI WŁAŚCIWOŚCI SUBSTANCJI ASOCJUJĄCEJ Z MICELĄ CZERWIENI KONGO

GRZEGORZ ZEMANEK, ANNA DROZD-JAGUSIAK, BARBARA STOPA

*Katedra Biochemii Lekarskiej Uniwersytetu Jagiellońskiego - Collegium Medicum,
Kopernika 7, 31-034 Kraków, Polska*

Analiza numeryczna widma fluorescencyjnego czerwieni Kongo (podział na kanały odpowiadające barwom składowym) wraz z oddzieleniem szumów za pomocą programu graficznego umożliwiła identyfikację właściwości substancji asocjującej z micelą czerwieni Kongo. Statystyczna analiza tak uzyskanych danych będzie zaprezentowana.

Czerwień Kongo jest barwnikiem bis-azowym, którego cząsteczki w roztworach wodnych asocjują tworząc micelę o kształcie taśmy z obdarzonymi ładunkiem bocznymi grupami aminowymi i sulfonowymi eksponowanymi w kierunku hydrofilnego rozpuszczalnika z możliwością tworzenia z nim wiązań wodorowych. Składający się z pierścieni aromatycznych rdzeń hydrofobowy pojedynczej cząsteczki wiąże się z pierścieniami aromatycznymi innych cząsteczek tworząc układ supramolekularny. Kształt i plastyczność miceli taśmowej, wynikająca z niekowalencyjnych połączeń między cząsteczkami monomeru pozwala na dopasowanie się do odsłoniętych i uporządkowanych struktur hydrofobowych. Ze względu na wielkość cząsteczki, barwniki supramolekularne, w odróżnieniu od nie agregujących substancji o podobnej budowie chemicznej, mają ograniczoną możliwość przenikania do wnętrza większości natywnych białek. Z tego powodu cząsteczki czerwieni Kongo również nie wchodzą do żywych komórek otoczonych nienaruszoną błoną fosfolipidową, natomiast mogą się wiązać z receptorami na powierzchni komórek.

W roztworach wodnych o pH obojętnym Czerwień Kongo absorbuje światło widzialne z maksimum absorpcji 500 nm. Zachowanie barwnika zmienia się po związaniu do polimerów takich jak celuloza lub do niektórych białek. Wiązanie wpływa na właściwości spektralne, manifestujące się zmianą widma absorpcyjnego czerwieni Kongo w stronę fal dłuższych. Określenie warunków umożliwiających emisję światła widzialnego przez molekuły czerwieni Kongo może pozwolić na lepsze poznanie mechanizmu wiązania się tego barwnika do ligandów zarówno białkowych jak i niebiałkowych.

Słowa kluczowe: Czerwień Kongo, fluorescencja, analiza numeryczna, białka, barwniki supramolekularne.

APPLICATION OF FLUORESCENCE SPECTRUM NUMERICAL ANALYSIS IN THE PROCESS OF PROPERTIES IDENTIFICATION OF SUBSTANCE ASSOCIATING WITH CONGO RED MICELLE

GRZEGORZ ZEMANEK, ANNA DROZD-JAGUSIAK, BARBARA STOPA

*Chair of Medical Biochemistry, Jagiellonian University - Medical College,
Kopernika 7, 31-034 Krakow, Poland*

A numerical analysis of the fluorescence spectrum of Congo red (division into channels corresponding to constituent colors) with the noise separated using a graphical program made it possible to identify the properties of substance associating with the micelle of Congo red. A statistical analysis of thus obtained data shall be presented.

The particles of Congo red, a diazo dye, associate in aqueous solutions, forming a ribbon-like micelle with charged amino and sulfo side groups exposed to a hydrophilic solvent that may form hydrogen bonds with them. The hydrophobic core of a single molecule is composed of aromatic rings and bonds with the aromatic rings of other molecules, forming a supramolecular assembly. The shape and plasticity of the ribbon-like micelle, which are both the result of non-covalent bonds between monomer particles, allow it to fit into bare and ordered hydrophobic structures. Due to the size of their particles supramolecular dyes, unlike non-aggregating substances of similar chemical constitution, have a limited capability of penetrating into the interior of most native proteins. It is for this very reason that Congo red particles do not enter live cells surrounded by an intact phospholipid membrane; they may, however, bond with the receptors on the surface of cells.

In aqueous solutions with neutral pH, Congo red absorbs visible light with a maximum absorption of 500 nm. The behavior of the dye changes after bonding with polymers such as cellulose or with certain proteins. The bonding affects its spectral properties – the absorption spectrum of Congo red shifts towards longer waves. The determination of conditions in which Congo red molecules emit visible light may lead to a better understanding of the mechanism through which this dye bonds with both protein and non-protein ligands.

Keywords: Congo red, fluorescence, numerical analysis, proteins, self-assembling dyes.

STRATEGIE POSZUKIWAŃ NAJLEPSZEJ ŚCIEŻKI PRZES GRAF REPREZENTUJĄCY HIPOTEZY SŁÓW

BARTOSZ ZIÓŁKO, DAWID SKURZOK

*Department of Electronics, AGH University of Science and Technology
Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków, Poland
bziolko@agh.edu.pl*

Automatyczne rozpoznawanie mowy ciągłej jest nadal poważnym wyzwaniem, zwłaszcza dla języka polskiego, będącego językiem wysoce fleksyjnym. Rozpoznawanie izolowanych słów jest rozwiązaniem technicznym niewystarczającym dla większości zastosowań. Aby umożliwić bardziej skomplikowane zadania, na przykład dyktowanie, konieczne jest budowanie zdań z dużej liczby możliwych słów. Hipotezy słów są zwykle podobne akustycznie do siebie, co oznacza, że często mogą być różnymi odmianami tego samego słowa. Wybranie spośród nich poprawnej hipotezy zdania jest skomplikowanym zadaniem.

Istnieją dwie typowe struktury, które mogą być użyte do modelowania zdania z hipotez słów: lista najlepszych propozycji lub graf skierowany, będący siatką. Lista n najlepszych hipotez jest prostsza w realizacji, ale nie zapewnia takiej jakości jak graf, umożliwiając rozpatrzenie większej liczby kombinacji bardzo podobnych do siebie akustycznie słów. Dlatego w systemie rozpoznawania mowy Akademii Górniczo - Hutniczej zdecydowaliśmy się na użycie grafu.

Klasyfikator mowy szuka słów z nagrań różnych długości, w przybliżeniu równych czasowi wymawiania słowa. Wszystkie hipotezy są oceniane przez porównywanie ze słowami występującymi w słowniku, używając metryki edycyjnej. Wybierana jest najlepsza hipoteza dla danego słowa (pod kątem czasu trwania). Wówczas algorytm przechodzi do nagrań rozpoczynających się bezpośrednio po końcu wybranej hipotezy. Występuje zawsze kilka równoległych hipotez z różnymi słowami. Algorytm łączy je, jeżeli ich początki i końce sobie odpowiadają. W ten sposób powstaje siatka do dalszego użycia.

Typową strategią poszukiwania najlepszej ścieżki przez siatkę słów jest zastosowanie algorytmu Viterbiego. W przypadku naszego systemu, chcemy przede wszystkim zmniejszyć ilość krawędzi w grafie, poprzez rozcięcie połączeń między słowami niewystępującymi w statystykach 2-słów. Dysponujemy statystykami zebranymi z ponad 10 gigabajtów tekstu. Uważamy, że są wystarczająco reprezentatywne. W większości przypadków, można założyć, że jeśli nie ma odnotowanego połączenia dwóch słów, to nie mogą one po sobie występować w poprawnym zdaniu. Ta strategia umożliwi znaczne zmniejszenie stopnia komplikacji siatki. Pozwoli to przeprowadzać obliczenia w czasie rzeczywistym, nawet z zastosowaniem dużego słownika.

Słowa kluczowe: rozpoznawanie mowy, modelowanie języka, szukanie najlepszej ścieżki w grafie

Praca była finansowana z grantu MNiSW OR00001905.

STRATEGIES OF WALKS THROUGH A WORD LATTICE IN AIM OF FINDING THE BEST SENTENCE HYPOTHESIS

BARTOSZ ZIÓŁKO, DAWID SKURZOK

*Department of Electronics, AGH University of Science and Technology
Al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków, Poland
bziolko@agh.edu.pl*

Automatic recognition of continuous speech is still a serious challenge, especially for Polish, as a highly inflective language. Recognition of isolated words is not enough for several applications. Sentences have to be build from a large number of word hypotheses for more complicated tasks like dictating. These hypotheses are typically acoustically similar, which means they can be often different inflective versions of a same word. Choosing a correct sentence hypothesis from them is complicated.

There are two typical structures which can be used to model a sentence from word hypotheses: n-best list and a lattice. N-best list is easier in implementation, while a lattice outperforms it thanks to ability of taking more similar combinations into account. This is why in the AGH speech recognition system, we decided to use a lattice.

Speech classifier searches for words for several speech recordings of different lengths, approximately equal to a time necessary to pronounce a word. All hypotheses are evaluated by comparing to words from a dictionary using Levenshtein distance. The strongest version of a particular word (according to its length) is chosen. Then the algorithm proceeds for the recording exactly following the end of the chosen hypothesis. There are always several, parallel hypothesis with different words. The algorithm connects them, if their beginnings and endings fit each other. Then a lattice is ready for further use.

A typical strategy to search for a best path through a word lattice is by applying Viterbi algorithm. In our case, we want first, to reduce the number of edges in the lattice by cutting off the connections between words which do not appear in 2-grams. These are word statistics, collected by us from over 10 GB of text. We think that they are representative enough and in the very most of cases it can be assumed that if there is no 2-gram, the two words cannot appear one after the other in a correct sentence. This strategy will allow us to reduce a lattice substantially, allowing to conduct calculation in real time, even with a large vocabulary.

Keywords: speech recognition, Language modeling, searching for a best path in a graph.

This work was supported by MNISW grant OR00001905.

MIEJSCE TERAPII ELEKTROWSTRZĄSOWEJ I INNYCH METOD LECZENIA FIZYKALNEGO W ALGORYTMACH LECZENIA ZABURZEŃ DEPRESYJNYCH - CZYLI KIEDY JE STOSOWAĆ?

TOMASZ ŻYSS

Klinika Psychiatrii Dorosłych, Szpital Uniwersytecki UJCM, Kraków

Badania kliniczne prowadzone na dużych grupach pacjentów oraz obserwacje kliniczne pozwalają na określenie najbardziej optymalnych metod terapii. Może zostać opisana piramida terapeutyczna (schody terapeutyczne) - informująca od jakich to form terapii należy rozpoczynać leczenie w danej jednostce chorobowej (leczenie pierwszego wyboru), oraz jak leczyć na dalszych etapach, kiedy to terapia pierwszego wyboru okaże się nieefektywna lub też za mało efektywna. Piramida terapii drugiego i dalszego wyboru może być czasem wielostopniowa. W ten sposób powstają algorytmy leczenia, tj. schematy postępowania pozwalające lekarzowi na zoperacjonalizowanie procesu terapeutycznego.

W leczeniu zaburzeń depresyjnych - w związku z polietiologicznym podłożem - wykorzystuje się tak leczenie farmakologiczne, jak psychoterapię oraz kilka metod fizykalnych, do których należą stosowane już od 70 lat XX w. elektrowstrząsy EW, jak również nowe techniki (badane w okresie dwóch ostatnich dekad) w rodzaju stymulacji nerwu błędnego VNS, głębokiej stymulacji mózgu DBS, przezczaszkowej stymulacji magnetycznej TMS, wstrząsów magnetycznych MST/MCT czy przezczaszkowej stymulacji stałoprądowej tDCS.

Terapia elektrowstrząsowa jest praktycznie jedyną z dawnych fizykalnych metod leczenia psychiatrycznego, której udało się dotrzeć do czasów współczesnych - głównie w związku z wysoką skutecznością oraz daleko idącym bezpieczeństwem. Terapia EW umieszczana jest zwykle na najdalszym/ostatnim etapie drabiny terapeutycznej (np. 6 etap wg Algorytmu Teksańskiego). Rygorystyczne trzymanie się czasu koniecznego na sprawdzenie skuteczności każdego nowego etapu drabiny terapeutycznej (2 miesiące) powodowałoby jednak, iż zabiegom EW pacjent byłby poddawany dopiero po około pół roku wypróbowywania kolejnych form farmakoterapii oraz zmagania się ze zwykle dość dotkliwymi klinicznymi objawami zaburzeń depresyjnych. Stąd też algorytmy terapeutyczne swoją drogą, a doświadczenie kliniczne swoją drogą - powoduje, iż w określonych przypadkach celowe i wskazane jest znacznie wcześniejsze podejmowanie decyzji o konieczności poddania chorego terapii elektrowstrząsowej.

Z wymienionych powyżej metod fizykalnych - oprócz terapii elektrowstrząsowej - jedynie stymulacja nerwu błędnego VNS została dopuszczona we wskazaniu przewlekłych lekoopornych i nawracających zaburzeń depresyjnych. Pozostałe metody uznawane są za eksperymentalne, a ich stosowanie ma charakter bardziej poznawczy niż aplikacyjny - stąd też nie są one ujmowane w algorytmach terapeutycznych. Skądinąd ich realna skuteczność jawi się być jako niezbyt wysoka.

Stymulacja VNS jest metodą jeszcze bardziej inwazyjną niż zabiegi EW - głównie z powodu konieczności chirurgicznego implantowania pacjentowi układu stymulatora.

Badania literaturowe pozwoliły na zidentyfikowanie pewnej sprzeczności w zakresie operacjonalizacji stosowania VSN. W związku ze swoją znaczną inwazyjnością powinna być stosowana już rzeczywiście jako metoda ostatniego wyboru. Badania kliniczne wykazały jednak, iż największą skuteczność VNS wykazuje w łagodnych i umiarkowanych postaciach zaburzeń depresyjnych. Te jednak dość dobrze poddają się oddziaływaniom farmakoterapii i trudno sobie wyobrazić pacjenta z niezbyt nasilonymi objawami chorobowymi, który może liczyć na efektywną farmakoterapię i który to miałby poddawać się inwazyjnej i słabo odwracalnej procedurze implantowania zespołu stymulatora do VSN.

Literatura:

Zyss T.: Elektrowstrząsy: wprowadzenie do bioelektrycznej natury zaburzeń depresyjnych. Wydawnictwo Medyczne. Kraków, 2009.

Słowa kluczowe: depresja, terapia, algorytmy, elektrowstrząsy, metody fizykalne.

THE PLACE OF ELECTROCONVULSIVE THERAPY AND OTHER METHODS OF PHYSICAL TREATMENT IN THE THERAPEUTIC ALGORITHMS OF DEPRESSIVE DISORDERS AND WHEN TO APPLY THEM

TOMASZ ZYSS

Department of Adult Psychiatry, University Hospital UJCM, Cracow

Clinical studies performed on large groups of patients as well as clinical observations allow for determination of the optimum methods of therapy. A therapeutic stepladder can be described, informing what forms of therapy should start the treatment in a given disease unit and how the treatment should progress at the subsequent stages if the first selected therapy proves ineffective or too little effective. At the second and further stages, the therapeutic stepladder may consist of several steps. This is the way to create algorithms of treatment, i.e., schemes of conduct allowing the physician to operationalize the therapeutic process.

Therapy of depressive disorders - due to their polyetiological background - uses pharmacological treatment, psychotherapy and several physical methods which include ECT applied since 1970s as well as new techniques (researched within the last two decades) like vagus nerve stimulation (VNS), deep brain stimulation (DBS), transcranial magnetic stimulation (TMS), magnetoconvulsive therapy (MST/MCT) and transcranial direct current stimulation (tDCS).

Electroconvulsive therapy is practically one of the old physical methods of psychiatric treatment, which managed to survive up today - mostly due to its high effectiveness and significant safety. ECT is usually placed at the remotest stage of the therapeutic stepladder (e.g., Stage 6 by the Texan Algorithm). However, strict adherence to the prescribed periods of time necessary to check the effectiveness of every stage of the therapeutic stepladder (2 months) might cause that the patient would be subjected to ECT only after half a year of testing various subsequent forms of pharmacotherapy and suffering from usually rather acute clinical symptoms of depressive disorder. Hence, therapeutic algorithms have their own rules but clinical experience causes that in definite cases it is appropriate and recommended to make the decision concerning administration of ECT to a patient much earlier.

Among the above mentioned physical methods - apart from electroconvulsive therapy - only the vagus nerve stimulation (VNS) has been accepted for administration in treatment of chronic, drug-resistant, recursive depressive disorders. The remaining methods are recognized as experimental and their administration is of cognitive rather than regular character - therefore they are not included in therapeutic algorithms. Moreover, their actual effectiveness seems relatively low.

Vagus nerve stimulation (VNS) is a method even more invasive than ECT - mostly because it is necessary to perform surgical implantation of a stimulator to the patient.

Literature studies have allowed for identification of certain contradiction in practical application of VNS. Due to its highly invasive character it should be applied as the last choice method. However, clinical investigations have shown that VNS is most effective in treatment of mild and moderate forms of depressive disorders. These, however, can well be treated with pharmacotherapy and it is hard to imagine a patient with moderate symptoms of the disorder who can receive effective pharmacological treatment and who would be ready to submit to an invasive and hardly reversible procedure of implantation of a VNS stimulator.

Literature:

Zyss T.: Electroconvulsive therapy: introduction in to the bioelectrical nature of depressive disorders. (Cracow) Medical Publishers. Cracow, 2009.

Keywords: depression, therapy, algorithms, electroconvulsive therapy, physical methods.

TECHNIKA PRZECZASZKOWEJ STYMULACJI MAGNETYCZNEJ W TERAPII DEPRESJI - ZALETY I WADY MODELOWANIA KOMPUTEROWEGO

TOMASZ ŻYSS

Klinika Psychiatrii Dorosłych, Szpital Uniwersytecki UJCM, Kraków

Przeczaszkowa stymulacja magnetyczna (TMS = transcranial magnetic stimulation) jest metodą neurofizjologiczną wykorzystującą silne impulsowe pole magnetyczne do pobudzania struktur mózgowych. Od początku lat 90 ubiegłego wieku podjęto badania nad potencjalnym efektem przeciwdepresyjnym techniki TMS. W założeniach stymulacja magnetyczna TMS miała stać się metodą leczenia zaburzeń depresyjnych alternatywną do metody elektrycznej, tj. elektrowstrząsów (EW; ECT = electroconvulsive therapy) i bezpieczniejszą od niej - bo nie wywołującą czynności napadowej EEG.

Po prawie 2 dekadach badań własnych oraz innych autorów nad stymulacją TMS wiadomo jest, iż nie spełniły się pokładane w tej metodzie nadzieje psychiatrów. Okazało się, iż efekt przeciwdepresyjny jest słaby. Dzięki technikom modelowania komputerowego stało się możliwe przeanalizowanie zjawisk towarzyszących tak stymulacji magnetycznej TMS, jak i metodzie referencyjnej jaką są elektrowstrząsy EW.

Badania własne przeprowadzono w dwóch trójwymiarowych wielowarstwowych modelach ludzkiej głowy: w prostym modelu sferycznym oraz bardziej złożonym modelu realistycznym.

Badania modelowe pozwoliły ostatecznie znaleźć przyczyny małej skuteczności metody TMS. Wyjaśnieniem są wartości prądów płynących w odpowiednich warstwach głowy (zwłaszcza w korze mózgowej) pod wpływem wymuszenia napięciowego (EW) lub indukowanych stymulacją zmiennym polem magnetycznym (TMS). Różnice sięgają 2-3 rzędów wielkości. Zmniejszają się wprawdzie w sytuacji zabiegów EW wykorzystujących możliwe słabe parametry stymulacji oraz stymulacji magnetycznej TMS z maksymalnymi wartościami amplitudy pola magnetycznego. Problemem jest jednak fakt, iż zbyt słabe parametry stymulacji EW prowadzą do zabiegów typu poronnego (zbyt krótka czynność napadowa), które nie mają klinicznej skuteczności. Z kolei stymulacja TMS z maksymalnymi wartościami indukcji pola magnetycznego - uniemożliwia (głównie w związku ze znaczącymi problemami termicznymi) stosowanie większych częstotliwości (kilkadziesiąt herców) oraz dłuższych czasów stymulacji (kilkadziesiąt sekund - kilka minut), które wydają się być niezbędne do uzyskania efektu terapeutycznego.

Różnice w wartości prądów płynących w poszczególnych warstwach głowy uwidoczniły się w obu modelach komputerowych. Wyniki z wcześniejszych badań przeprowadzonych w modelu sferycznym zostały błędnie zinterpretowane - jako wyraz bezpieczeństwa stymulacji magnetycznej. Tak samo uczyniło również kilku innych autorów zgłębiających ten temat w latach 90. Wyniki ówczesnych badań nie stały się „zaporą” przed kontynuowaniem dopiero niedawno co rozpoczętych badań klinicznych nad rolą TMS w terapii depresji, jako metody muszącej być - ze względu na wyniki badań numerycznych - mało lub mniej skutecznej niż EW. Dopiero mała skuteczność licznych badań klinicznych przeprowadzonych w kolejnych latach zmusiła do ponownej krytycznej analizy wyników - w tym również tych pochodzących z modeli komputerowych. Stało się jasne, iż bezpieczeństwo danej metody terapeutycznej ma drugorzędne znaczenie w sytuacji braku lub niewielkiej skuteczności tej metody.

Praca przedstawia kilka ograniczeń metod numerycznych.

Literatura:

Zyss T. (red.): Zabiegi elektrowstrząsowe i przeczaszkowa stymulacja magnetyczna: porównanie technik przy pomocy modelowania komputerowego. (Krakowskie) Wydawnictwo Medyczne. Kraków, 2009.

Słowa kluczowe: depresja, terapia, przeczaszkowa stymulacja magnetyczna, modelowanie

TECHNIQUE OF TRANSCRANIAL MAGNETIC STIMULATION IN THERAPY OF DEPRESSIONS - ADVANTAGES AND DISADVANTAGES OF COMPUTER MODELING

TOMASZ ZYSS

Department of Adult Psychiatry, University Hospital UJCM, Cracow

Transcranial magnetic stimulation (TMS) is a neurophysiological method using a strong impulsive magnetic field to stimulate brain structures. Studies on the potential antidepressant effect of TMS have been conducted since the beginning of the 1990s. In its assumptions, magnetic stimulation TMS was to become a method of treatment of depressive disorders alternative to electroconvulsive therapy (ECT) and safer than the latter, since it did not evoke seizure activity in EEG.

After nearly two decades of our own investigations and studies of other authors on TMS it has become known that the psychiatrists' hopes pinned on this method have been shattered. It turned out that the antidepressant effect is weak. Thanks to the techniques of computer modeling it was possible to analyze the phenomena accompanying both magnetic stimulation TMS and the reference method, namely, ECT.

Our own investigations were carried out in two three-dimensional multi-layer models of human head - in a simple spherical model and in a more complex realistic one.

Model studies have allowed for final recognition of the cause of the little effectiveness of TMS method. It can be explained by the values of currents that flow within the appropriate layers of the head (in particular in the brain cortex) forced by voltage (in ECT) or induced by stimulation with a changeable magnetic field (in TMS). The differences amount to 2-3 orders of magnitude (100-1000x), although they decrease a little in the situation of ECT procedures using possibly weak parameters of stimulation, and magnetic stimulation TMS with the maximum values of the magnetic field amplitude. The problem, however, consists in the fact that too low parameters of ECT bring about abortive procedures (too short seizure activity), which are clinically ineffective. In turn, TMS using the maximum values of the magnetic field induction makes it impossible (mostly due to thermal difficulties) application of higher frequencies (several dozen Hz) and longer stimulation time (several dozen seconds to a few minutes), which seem necessary to achieve a therapeutic effect.

The differences in the values of currents flowing in particular layers of the head manifested themselves in both computer models. The results of the earlier studies conducted in the spherical model were misinterpreted as a proof of safety of magnetic stimulation. The same mistake was made by several other authors studying this problem in the 1990s. The results of those investigations did not inhibit the newly started clinical studies on the role of TMS in therapy of depressions as the method that has to be - due to the results of numerical investigations - little effective or, at least, less effective than ECT. It was only the little effectiveness revealed by the numerous clinical studies conducted in the subsequent years that forced the researchers to carry out a new critical analysis of the results - including also those obtained in computer models. It has become clear that safety of a given therapeutic method is of lesser importance in the face of little or no effectiveness of this method.

The work discusses several limitations of numerical methods.

Literature:

Zyss T. (ed.): Electroconvulsive treatment and transcranial magnetic stimulation: comparison of techniques by help of computer modeling. (Cracow) Medical Publishers. Cracow, 2009.

Keywords: depression, therapy, transcranial magnetic stimulation, modeling.

MODELLING EUTHERIA'S VISUAL CORTEX USING SNNML LANGUAGE

MICHAŁ ZUKOWSKI¹, WIESŁAW A. KAMINSKI., DOROTA STANISLAWEK, JAN J. RUTHE,
GRZEGORZ M. WOJCIK AND MAREK FALSKI

*Institute of Computer Science, Maria Curie-Skłodowska University,
pl. Marii Curie-Skłodowskiej 5, 20-031-Lublin, Poland*

At this abstract we present the new idea of Eutheria's visual cortex model which has been developed with a use the new, specialized language SNNML (Simple Neural Network System Modelling Language) in conjunction with the advanced biologically realistic neural simulator and graphical interface NeuralEye. In the simulation one generates a script in the snnmlpp application (SNNML Preprocessor) using the Velocity template engine. Appropriate neurons networks are generated for a specified number of units and simulations are carried out for defined number of time steps. Obtained in the simulation activity is handled by NeuralEye tool, which allows analysis and various graphical presentations of the action potentials. The spatial structure and connections within simulated neuronal networks are imaging as well. Processing of stimuli of sight within the retina is performed in Virtual Retina Simulator.

Examined neuronal networks have modular structure. The main information is sent through direct connections leading from the retinal ganglion cell population to the population of Lateral geniculate nucleus (LGN) relay cells. The inhibitory LGN neurons are located among the lateral geniculate relay cells. They form synapses with the ganglion cells which also connect with the closest lying relay cells. The projections of LGN inhibitory cells lead in turn to relay cells, which are further connected to neurons of the primary visual cortex layer 4C. Striate cortex neurons are represented by simple cells (pyramidal neurons) arranged in cortical columns and one layer of input spiny stellate neurons. The specific parameter of the network determines the number of columns, thereby affecting the number of basic fields of the first layer of neurons (ganglion cell population). In our model 12 columns of equal numbers of cells responsive to specific slope edge in their reception field form the hypercolumn. Slope changes every 15 ° in the range 0°-165° and covers all possible stimulus positions. Third type simulated V1 neurons, the so called inhibitory basket cells, are placed on the axis of the columns. Hypercolumn created this way may be used as a cloneable module, because it consists of columns able to process all stimulation in the selected area of the visual field. Number of ganglion cells forming a single aggregate field is varying and adjusted to the number of simulated cells in the retina VirtualRetina system. Hypercolumn's arrangement in simulated visual cortex mimics the morphological structure using a geometric Braitenbergs' model as a basis. The columns responding to the stimulus of the slope differing by ± 15 degrees are placed in the neighbourhood of each column. The hypercolumn consists of columns arranged in such order, that their stimulating edge angle changes clockwise or counterclockwise. The number of hypercolumns of each type is approximately equal.

Further work developing new connections between neuron population as well as creation of other V1 neuron types is in progress.

Keywords: Hodgkin-Huxley neurons, visual cortex modelling, neural simulations

