

Śledzenie zmian struktury rogówki na obrazach z tonometru z kamerą Scheimpfluga

Magdalena Jędzierowska¹, Robert Koprowski¹,
Sławomir Wilczyński²

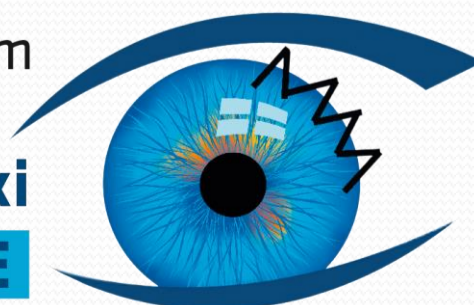
¹ Instytut Inżynierii Biomedycznej, Wydział Nauk Ścisłych i Technicznych, Uniwersytet Śląski w Katowicach, ul. Będzińska 39, 41-200 Sosnowiec

² Katedra i Zakład Podstawowych Nauk Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny z Oddziałem Medycyny Laboratoryjnej w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny, ul. Kasztanowa 3, 41-200 Sosnowiec

Cel pracy

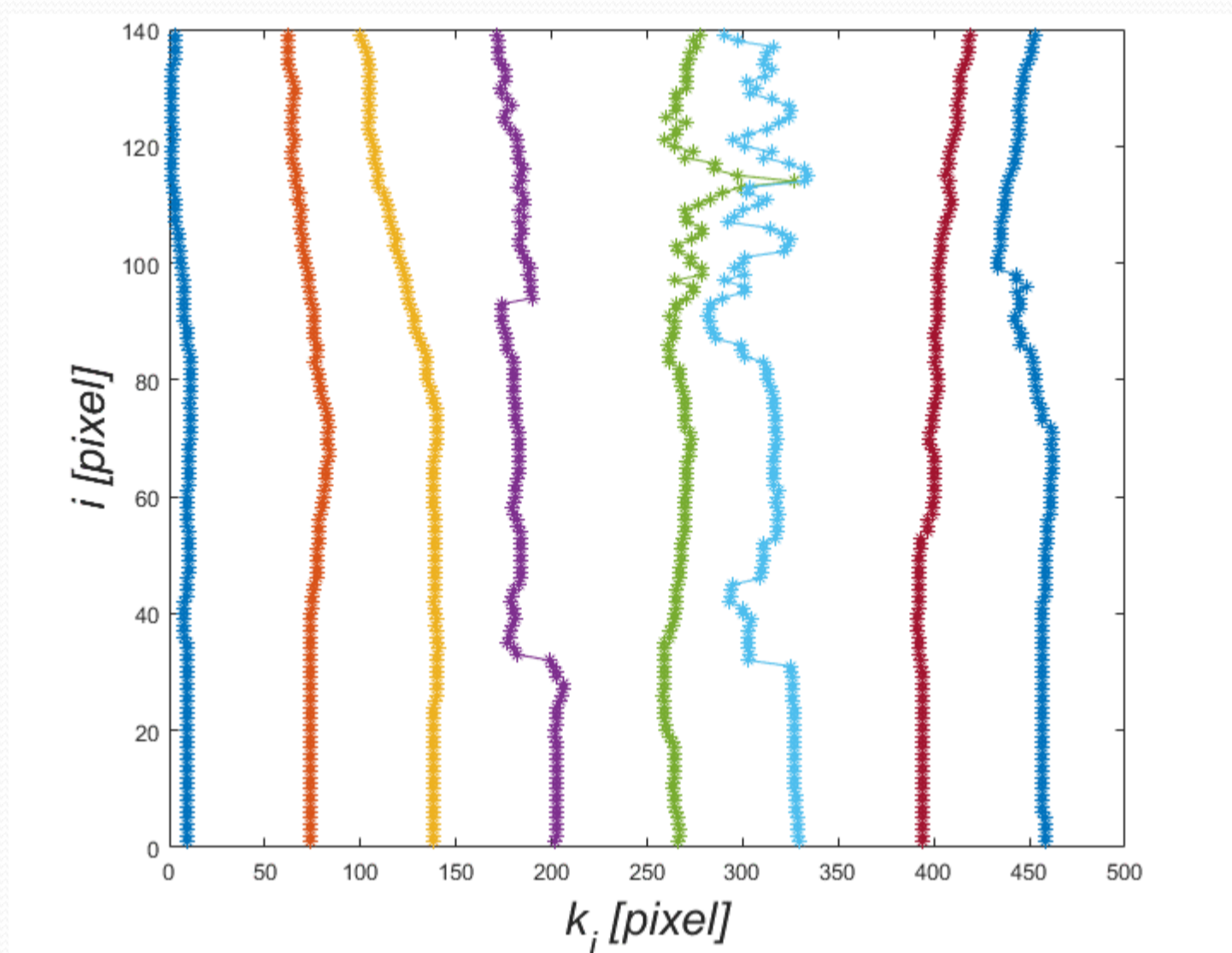
Wykorzystując obecnie technologię wizualizacji rogówki za pomocą kamery Scheimpfluga możliwe jest pozyskanie szeregu parametrów biomechanicznych rogówki pomocnych m.in. w diagnostyce stożka rogówki. Można zauważyć, iż podczas badania tonometrycznego rogówka odkształcając się wykonuje charakterystyczne drgania przyjmujące postać oscylacji. Co więcej, obserwowalne są także zmiany w jej strukturze, mające charakter osobniczy np. w postaci poprzecznych prążków, zamieniających swoje położenie w czasie.

W niniejszej pracy przeprowadzono analizę obrazów rogówki z tonometru Corvis ST pod kątem poszukiwania zależności w obserwowanych zmianach wymienionych powyżej.



Materiały

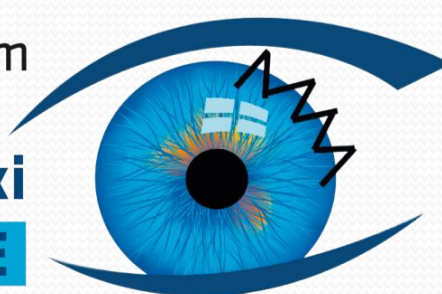
Grupa badawcza obejmowała 20 pacjentów w wieku od 24 do 69 lat, którzy przeszli badanie ciśnienia wewnątrzgałkowego aparatem Corvis ST. Z badań wykluczono pacjentów ze schorzeniami oraz zmianami rogówki mogącymi wpływać na grubość oraz elastyczność tkanki. Dla każdego z badanych pacjentów obrazy wyeksportowane zostały jako seria 140 zdjęć w formacie *.jpg. Sumarycznie do analizy otrzymano 2 800 obrazów 2D.



Rys. 1 Przykładowy wykres śledzenia zmian położenia wybranych obszarów rogówki podczas badania IOP. Na osi poziomej oznaczono wartości k_i , które odpowiadają położeniu danego fragmentu w poziomie, natomiast na osi pionowej oznaczono kolejne wartości i , odpowiadające kolejnym przekrojom rogówki rejestrowanym podczas trwania badania, gdzie $i \in (1, 139)$.

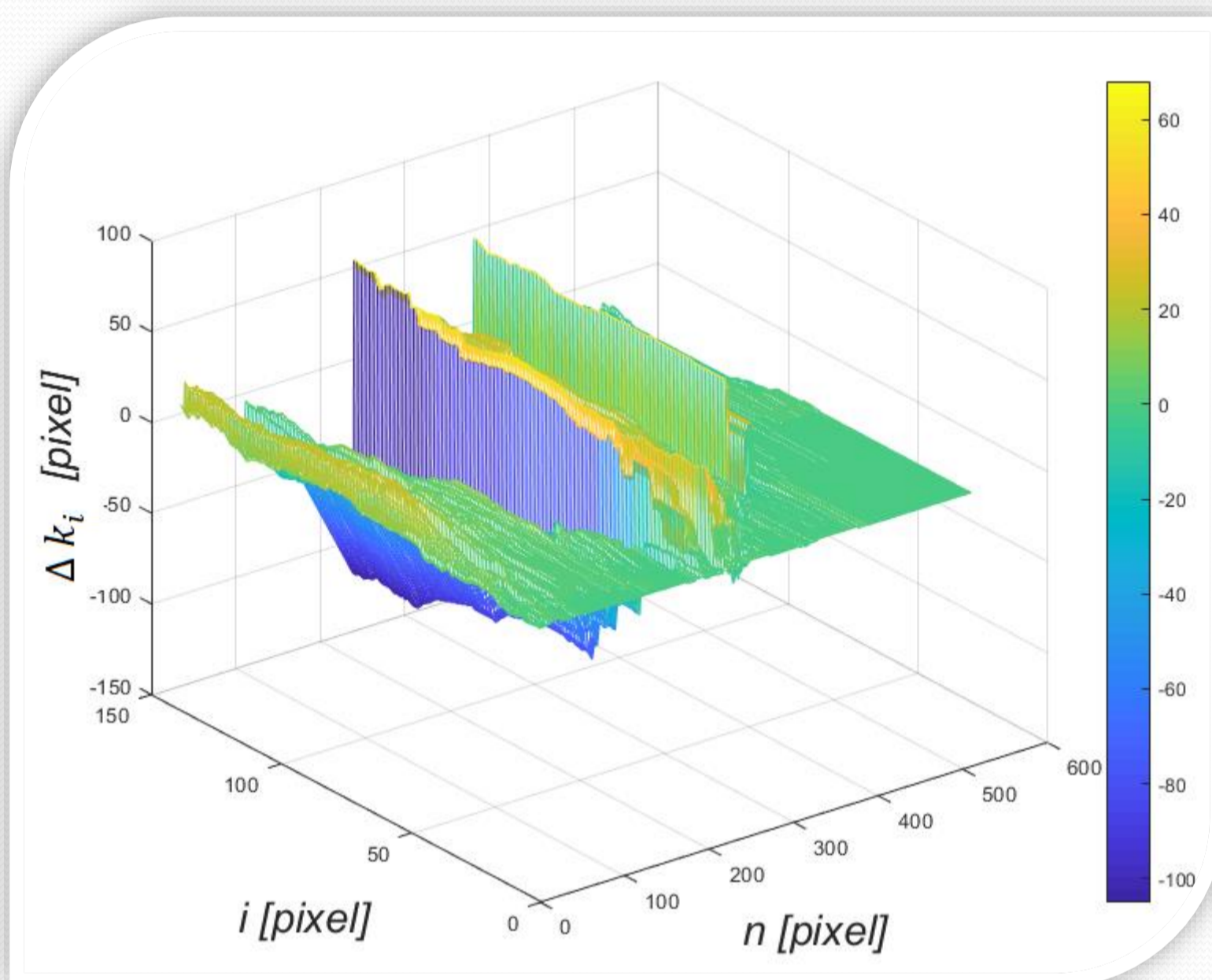
Metody

Wykorzystując narzędzia analizy i przetwarzania obrazów zaproponowano metodę analizy struktury rogówki, która pozwoliła na w pełni automatyczne śledzenie w czasie konkretnych obszarów rogówki, na kolejnych obrazach w sekwencji. Na podstawie uzyskanych wartości przemieszczeń wybranych obszarów w czasie (Rys. 1), dla każdego z 20 pacjentów wyznaczono nowy parametr d . Powyższy parametr wskazuje maksymalne odchylenie od linii wyznaczonej przez dwa punkty opisujące położenie śledzonego obszaru rogówki na początku i końcu badania IOP. Analizę danych przeprowadzono w programie Matlab.



Wyniki

Uzyskane wyniki pozwalają na śledzenie w czasie konkretnych obszarów rogówki, których przemieszczenia według wstępnych wyników cechują się asymetrią (Rys. 2). Dla wszystkich badanych pacjentów parametr d wskazywał na wzrost wartości maksymalnego odchylenia śledzonych obszarów w części środkowej rogówki.



Rys. 2 Wykres 3D przedstawiający różnice pomiędzy położeniem każdego z możliwych analizowanych fragmentów, a każdym kolejnym odpowiadającym mu obszarem w sekwencji dla przykładowego pacjenta. Różnice przemieszczeń pomiędzy kolejnymi obszarami w sekwencji oznaczono jako Δk_i .

Wnioski

Wykorzystanie metod analizy i przetwarzania obrazów pozwala na śledzenie przemieszczeń obserwowanych zmian struktury rogówki widocznych na obrazach Scheimpfluga podczas badania IOP.

