

Krew

Dlaczego krew?



Czym jest krew?

Krew jest rodzajem tkanki łącznej o charakterystycznych właściwościach.

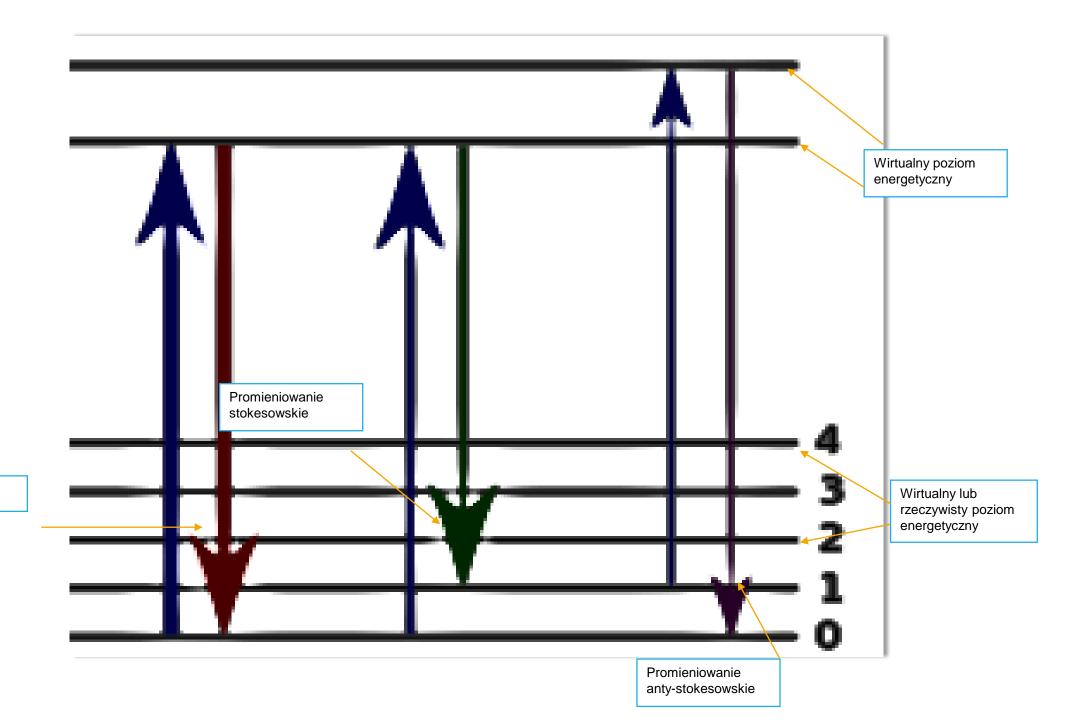
Jest mieszaniną kilku płynów, często opisywaną w literaturze jako emulsja.

Jest zamknięta w organizmach żywych i praktycznie odizolowana od środowiska zewnętrznego.

Promieniowanie Ramana

Promieniowanie ramanowskie

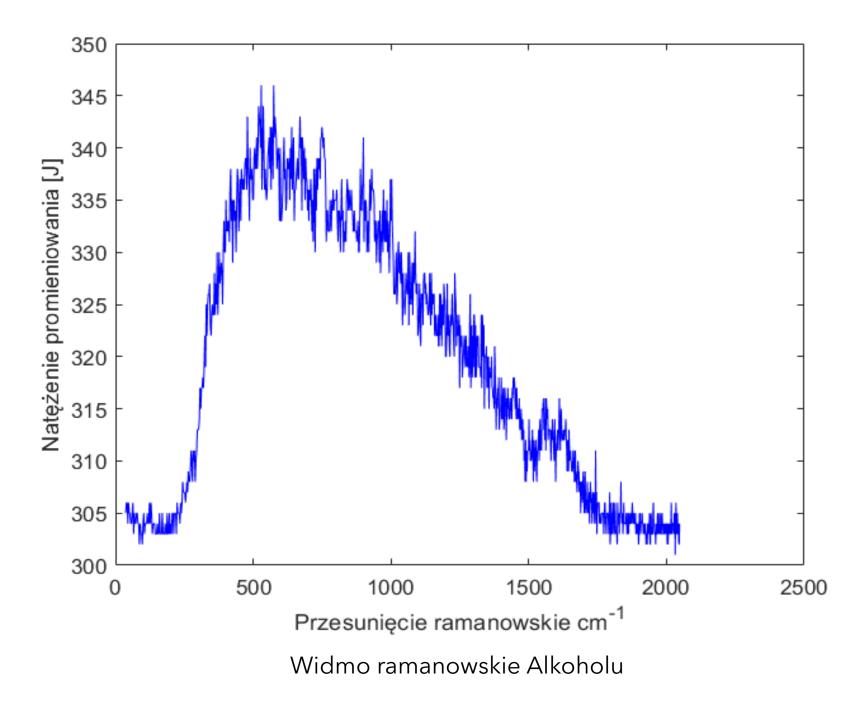
- Promieniowanie jest rozproszonym nieelastycznie promieniowaniem monochromatycznym.
- Rozpraszanie następuje, w wyniku oddziaływania pomiędzy dipolami, indukowanymi w drgającym układzie atomowym, a padającą wiązką.
- W następstwie tego zjawiska, materia zostaje wzbudzona do wyższego poziomu energetycznego, który może być wirtualny lub rzeczywisty.
- W wyniku powrotu do stanu równowagi, czyli do stanu sprzed wzbudzenia, następuje emisja fali o takiej samej długości λ, jak promieniowania wzbudzającego. Samo to zjawisko rozpraszania nosi nazwę rozpraszania Rayleigha.



Promieniowanie Rayleigha

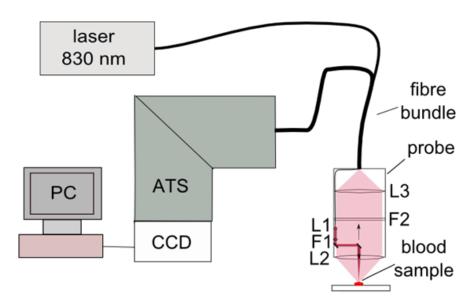
Dlaczego to promieniowanie Ramana?

- Różnica częstości drgań odpowiada, drganiom własnym układów atomowych, oraz drganiom wiązań pomiędzy nimi.
- Jest to cecha unikatowa dla każdego wiązania i atomu.
- Drgania atomowe mają swoje źródło w stanie fizycznym danej substancji.



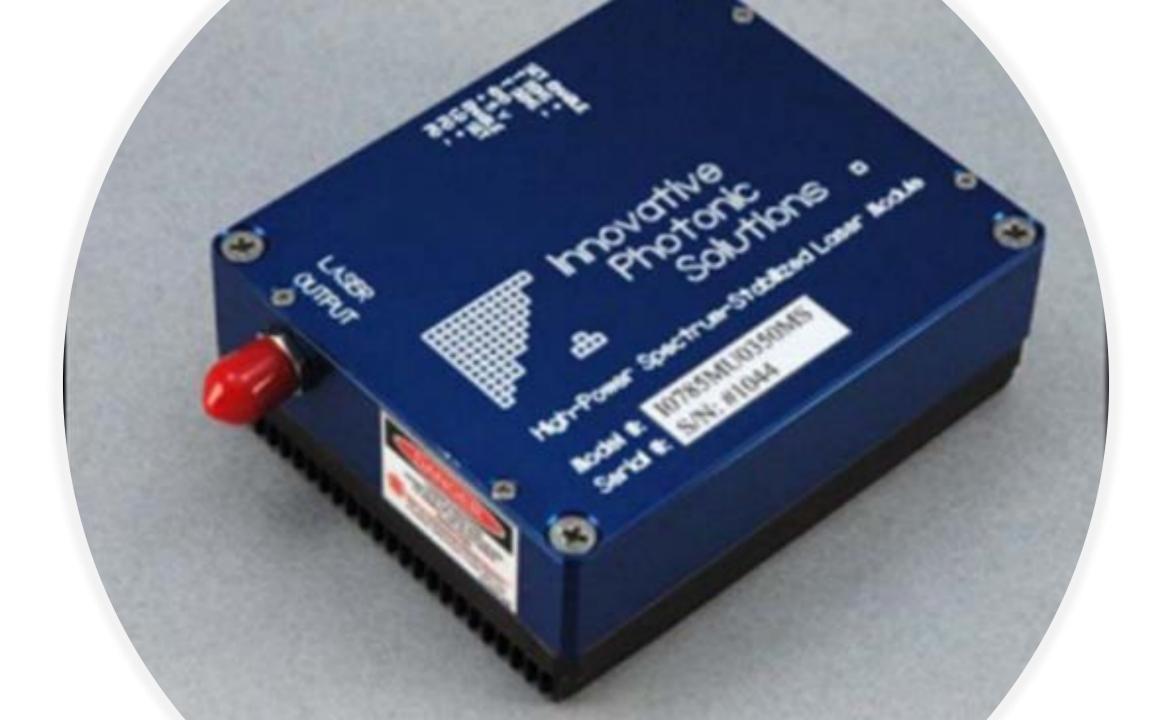
Pomiar

Układ pomiarowy

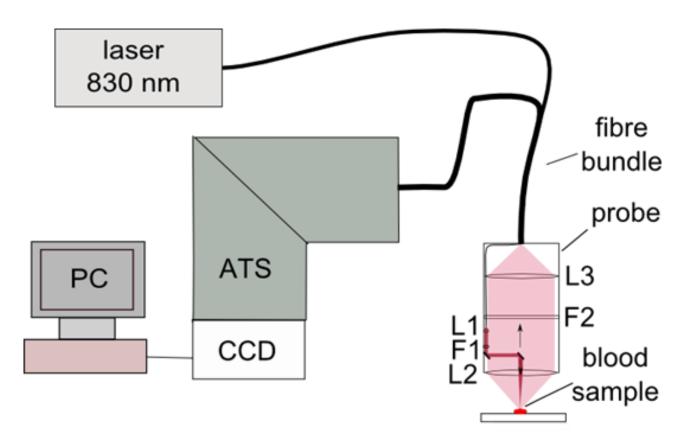


L1,L2, L3 - lenses; F1- laser line filter F2- longpass filter; ATS- axial transmissive spectrograph

- Laser
- Specjalna zamknięta przestrzeń z detektorem
- Stanowisko komputerowe.







L1,L2, L3 - lenses;

F1- laser line filter

F2- longpass filter;

ATS- axial transmissive spectrograph

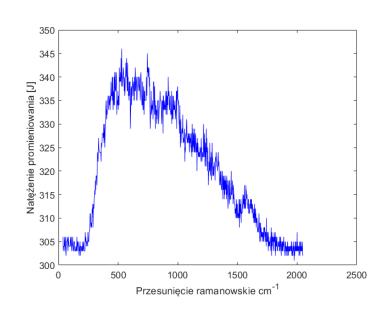
Rodzaje próbek

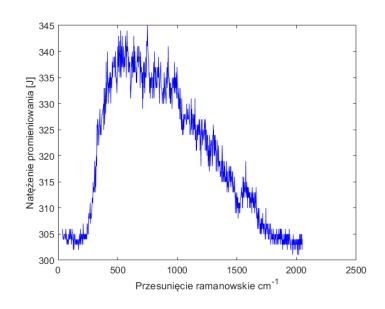




Dane

Jakie próbki badaliśmy?



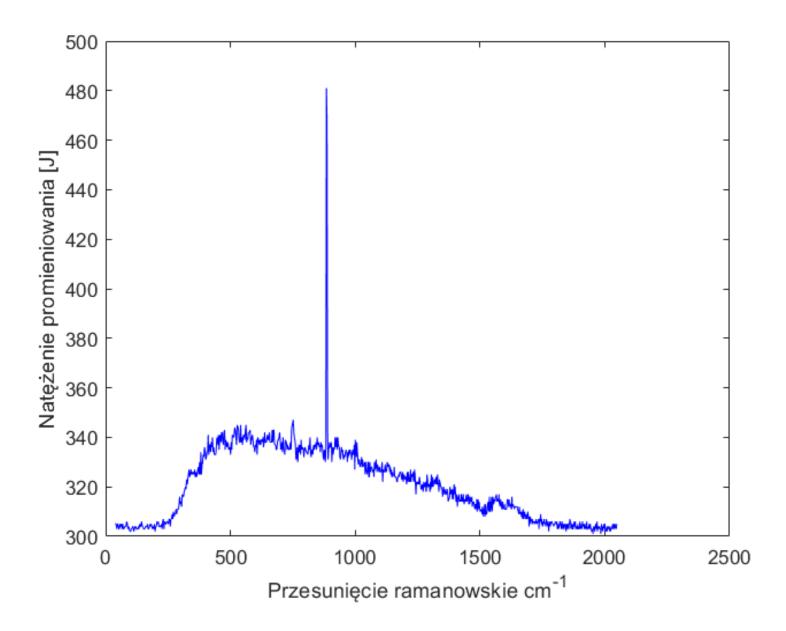


כככ	2765	2766	2767	2768	2769	2770	2771	2772	2773
1000	304	305	304	304	305	303	305	304	304
1001	303	306	305	303	303	303	306	306	305
1002	305	304	305	306	304	303	305	304	305
1003	305	304	305	305	304	304	306	304	304
1004	305	305	303	303	303	304	305	305	303
1005	303	304	304	305	304	304	305	305	305
1006	303	304	303	304	305	305	305	303	30:
1007	304	304	305	304	306	304	305	306	306
1008	304	305	306	305	304	305	304	304	304
1009	304	304	304	303	303	305	305	304	30-
1010	306	304	304	305	304	303	303	305	303
1011	304	305	303	306	305	306	303	304	30-
1012	305	304	304	304	305	303	304	305	304
1013	306	304	305	305	307	303	304	305	30
1014	304	304	305	305	305	305	306	305	30-
1015	305	304	304	305	304	304	305	303	306
1016	304	304	304	306	303	305	304	305	30-
1017	304	304	304	305	305	303	306	304	302
1018	305	305	304	303	303	305	306	305	303
1019	304	305	303	304	304	305	305	304	304
1020	305	304	303	304	306	304	305	306	304
1021	304	305	306	305	306	304	304	305	304
1022	305	304	304	304	304	303	304	304	305
1023	305	304	305	305	303	305	305	304	30-
1024	305	304	304	306	305	307	306	306	30
1025	19	19	19	19	19	19	19	19	19

Widmo ramanowskie psiej krwi.

Widmo ramanowskie ludzkiej krwi.

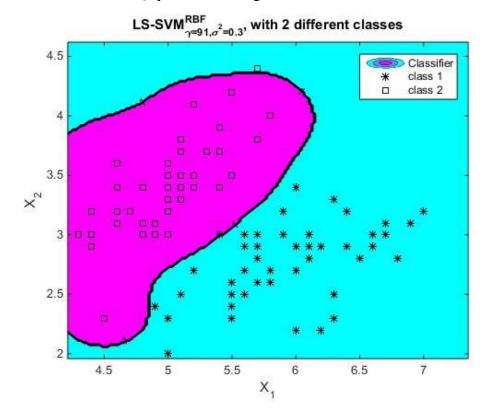
Fragment macierzy z wartościami do przetwarzania.



Matlab

TOOLBOX LSSVM (Least Squares Support Vector Machines)

Toolbox jest udostępniony za darmo na licencji MIT.



10 303 304 305 304 303 303 303 303 303 305 305 305 304 305 302 302 302 302 302 304 304 303 304 303 302 301 303 304 302 302 302 302 303 303 304 303 303 305 303 305 303 304 304 303 19 303 303 305 305 303 303 304 304 303 304 301 302 304 303 303 302 304 301 303 301 303 302 302 303 303 303 303 303 303 304 302 304 303 23 304 305 303 302 303 304 302 302 303 302 303 304 302 303 304 302 303 301 303 303 301 303 302 303 305 303 302 304 302 303 302 303 303 302 25 303 304 301 303 305 303 303 303 302 302 302 303 302 302 304 303 303 302 302 303 305 303 302 304 303 303 303 304 304 304 304 302 303 26 303 303 304 303 300 305 303 303 302 303 302 303 302 303 303 304 303 304 302 303 302 302 303 301 303 303 303 303 302 304 303 303 303 28 303 304 304 305 302 302 304 303 303 303 304 305 303 303 305 301 302 303 303 302 302 304 303 304 304 303 303 301 302 304 302 303 30 304 303 302 303 302 304 301 303 303 302 303 302 303 303 305 303 304 303 305 303 305 303 303 302 304 303 303 301 303 305 302 304 31 304 303 303 304 303 304 302 303 303 303 303 304 302 302 304 305 303 304 303 302 303 303 304 304 303 305 302 304 302 303 303 303 34 302 303 303 305 303 302 304 303 305 304 303 303 302 302 302 303 303 302 305 304 304 303 303 304 304 302 304 303 304 303 302 305 302 38 303 302 302 302 304 301 303 303 303 303 303 302 303 304 307 303 305 303 303 303 303 302 304 303 303 303 302 304 303 302 303 302 303 302 303 301 303 303 302 303 302 303 42 301 303 303 302 304 302 304 304 304 303 304 304 306 302 303 303 305 303 304 304 302 303 302 303 304 303 304 303 305 304 303 304 303 304 303 303 304 303 304 303 49 303 301 303 303 303 302 303 304 303 305 302 303 305 302 303 303 303 303 303 304 303 303 303 302 304 303 302 301 302 303 302 302 302 302 302 303 302 304 304 303 304 302 303 50 303 303 305 306 303 303 303 301 303 303 303 302 304 303 302 304 303 304 302 303 302 302 304 303 303 304 303 304 302 304 304 303 303 302 305 303 303 303 303 303 304 303 303 54 302 303 303 303 303 303 303 304 304 304 303 304 302 301 302 303 304 303 303 304 303 304 303 304 303 304 303 304 303 301 302 303 303 302 303 303 304 305 303

Metoda PCA

Algorytm w kilku krokach

- 1. Zmienne są normalizowane metodą Zscore(standaryzowane)
- 2. Obliczane są składowe główne. Generowana jest macierz kowariancji zmiennych wejściowych.
- 3. Poszukiwane są wartości własne macierzy kowariancji, oraz sortowanie w kierunku malejącym w celu wybrania najbardziej znaczących wektorów.
- 4. Wybór k najbardziej znaczących wartości, czyli reprezentujących największą zmienność danych wejściowych

Metoda PCA

- Została wykorzystana do zmniejszenia liczby wymiarów.
- Pozwoliła oczyścić dane z szumów.
- Umożliwiła unifikację danych z kilku systemów pomiarowych i różnych kamer.

Metoda SVM

Metoda SVM

- Zasada działania algorytmu:
- Znalezienie optymalnych parametrów prostej, która podzieli zbiór na dwie części.
- Jeżeli prosta nie istnieje, szukamy prostej w hiperprzestrzeni, o liczbie wymiarów równej liczbie wymiarów macierzy wejściowych pomniejszonej o jeden.
- Znalezione proste przenoszone są do 2 wymiarów, tworząc łamaną, która jest granicą oddzielająca dane.

Metoda SVM

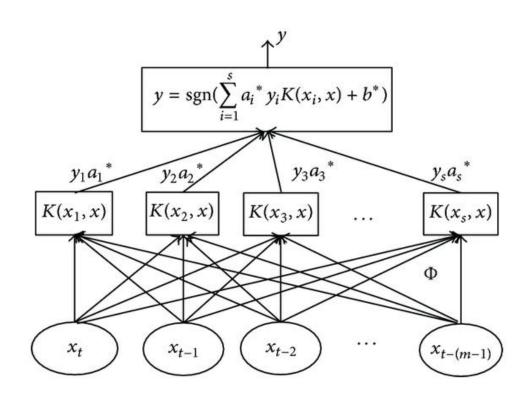
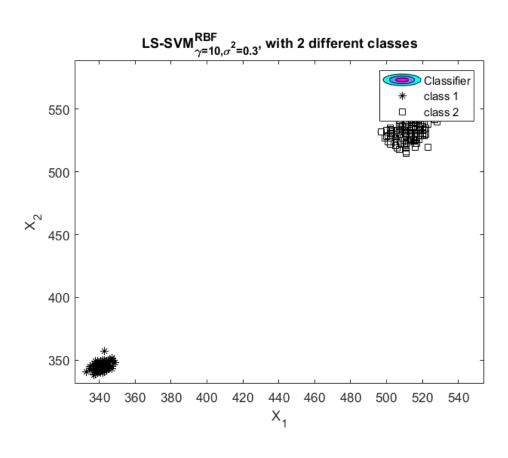
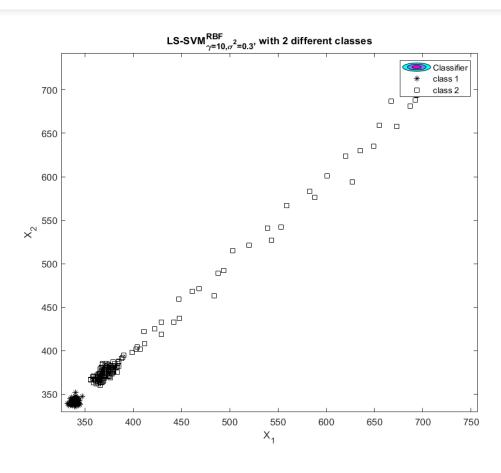


Diagram algorytmu SVM dla wszystkich próbek.



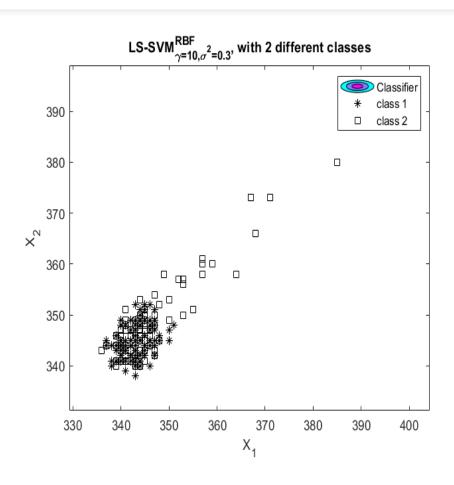
Sklasyfikowane dane alkoholu i pustej płytki pomiarowej

Otrzymany wynik to 100%



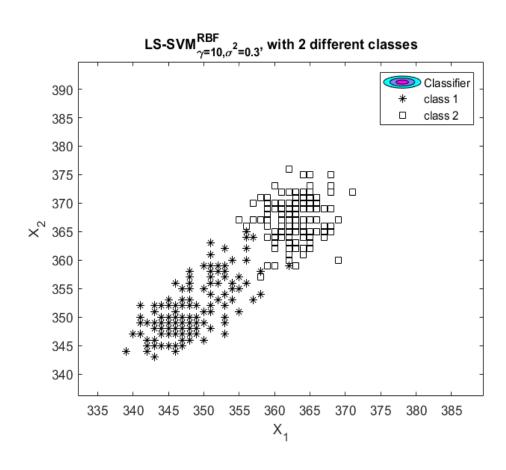
Sklasyfikowane dane krwi psiej (kwadreaty) i ludzkiej (gwiazdki)

Otrzymany wynik to 100%



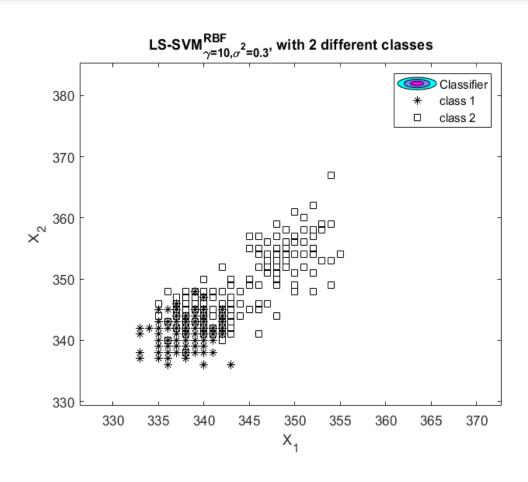
Sklasyfikowane dane krwi 2 różnych psów.

Otrzymany wynik to 61.3%



Sklasyfikowane dane krwi z lekiem i bez leku.

Otrzymany wynik to 91.3%



Pogrupowanie krwi różnych dawców na starym systemie pomiarowym

Otrzymany wynik to 93.3%

Co dalej?

Czy da się rozwijać badania?

- Środowisko badawcze.
- Badanie bezinwazyjne.
- Badanie inwazyjne.
- Prosty układ badawczy
- Więcej danych!

Literatura i pytania

Literatura

- J. Sadlej, Spektroskopia Molekularna, Warszawa: Wydawnictwo Naukowo-Techniczne, 2002.
- · W. Demtröder, Spektroskopia Laserowa, Warszawa: Wydawnictwo Naukowe PWN, 1993.
- M. Drozdowski, Spektroskopia ciała stałego, Poznań: Wydawnictwo Politechniki Poznańskiej, 1996.
- Gardiner and Graves, Practical Raman Spectroscopy, Springer-verlag, 1991.
- Z. Kęcki, Podstawy spektroskopii molekularnej, Warszawa: Wydawnictwo PWN, 1998.
- Kuptsov i A. H. Zhizhin, Handbook of Fourier Transform Raman and Infrared Spectra of Polymers, Elsevier, 1998.
- H. Barańska, A. Łabudzińska i J. Terepiński, Laserowa Spektrometria Ramanowska, Warszawa: Państwowe Wydawnictwo Naukowe, 1981.
- M. KERANEN, M. GNYBA i P. RAERINNE, "Synthesis and Characterization of Optical Sol-Gel Adhesive for Military," Journal of Sol-Gel Science and Technology, tom 0.1023, nr JSST.000048019.00322., 2004.
- M. Gnyba, M. Wróbel, R. Urniaż, T. Myllylä i M. Jędrzejwska-Szczerska, "Detection of propofol concentrations in blood by Raman spectroscopy," Munich, 2015.
- K. Cieślicki, Hydrodynamicze uwarynkowania krążenia mózgowego, Warszawa: Akademicka Oficyna Wydwnicza, 2001.
- M. Szeliga, Data Science i uczenie maszynowe, Warszawa: Wydawnictwo Naukowe PWN SA, 2017.
- K. D. Brabanter, "Issvmlab," 30 9 2019. [Online]. Available: https://www.esat.kuleuven.be/sista/lssvmlab/. [Data uzyskania dostępu: 30 9 2019].
- R. Fisher, "The use of multiple measurements in taxonomic problems"," Annual Eugenics, pp. 179-188, 1936.
- R. Fisher, "https://archive.ics.uci.edu/," 30 wrzesień 2019. [Online]. Available: https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/iris. [Data uzyskania dostępu: 30 wrzesień 2019].
- D. McIlwraith, H. Marmanis i D. Babenko, Inteligentna sieć. Algorytmy przyszłości. Wydanie II, Gliwice: Helion, 2017.
- R. L. McCreery, Raman Spectroscopy for Chemical Analysis, John Wiley & Sons, 2005.