



使用U-Net & Mask R-CNN等深度學習分割技術-於 $RAS^{V12}/SCRIB^{-/-}$ 基因果蠅快速分析非侵入式螢光表現研發抗癌藥物

指導教授：余松年教授
研究學生：謝育昇.....

摘要

癌症(惡性腫瘤)是世界範圍內的一個主要公共衛生問題，為我國第一大死亡原因，也是美國第二大死因。本研究利用深度學習U-Net等模型來提高各式惡性腫瘤分類分割的快速及準確性。

GAL80常被用來抑制UAS的後續基因表現。FLP重組酶可以透過與DNA序列中的FLP識別位點(FRT位點)結合來誘導DNA裂解和重新連接，導致DNA片段的重排或缺失。因此FLP可用於翻轉、剪切、刪除或插入特定基因或DNA片段。eyFLP重組酶在果蠅眼成蟲盤中表現。這項研究發現，在原位致癌基因 Ras^{V12} 與 $scrib^{-/-}$ 敲除基因螢光基因GFP配合，在果蠅中產生螢光腦癌。

本研究所提出的系統為使用U-Net輸入掃描資料進行早期診斷和對抗腫瘤提供理想影像輸入的工具。運用深度學習U-Net模型，提高各式惡性腫瘤分割的準確性。並使用應用RECIST等標準並測量腫瘤體積來評估自動輪廓的預後能力。

方法

1. 影像擷取：

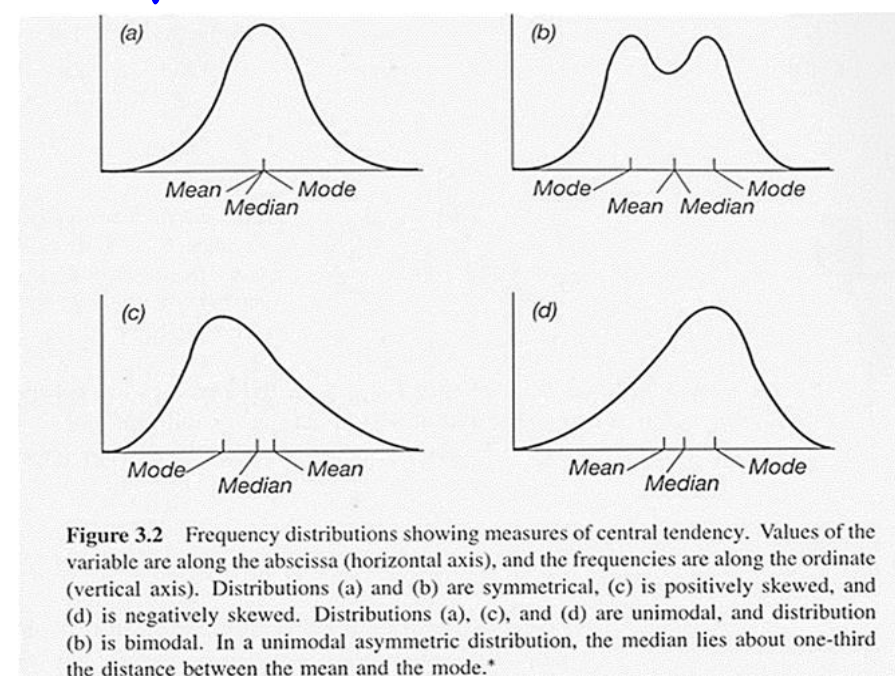
- (1)雷射掃描共軛聚焦顯微鏡 Confocal Microscopy (CM)
- (2)全反射螢光倒立顯微系統 Total Internal Reflection Fluorescence Inverted Microscopy System (TIRF)
- (3) RAS^{V12} 協同 $SCRIB^{-/-}$ 基因剔除，腦部癌症原位轉移螢光表現果蠅
- (4)特殊螢光蛋白細胞

2. 影像前處理、傳統與AI分割region of interest (ROI)

3. 螢光影像數據量化分析：

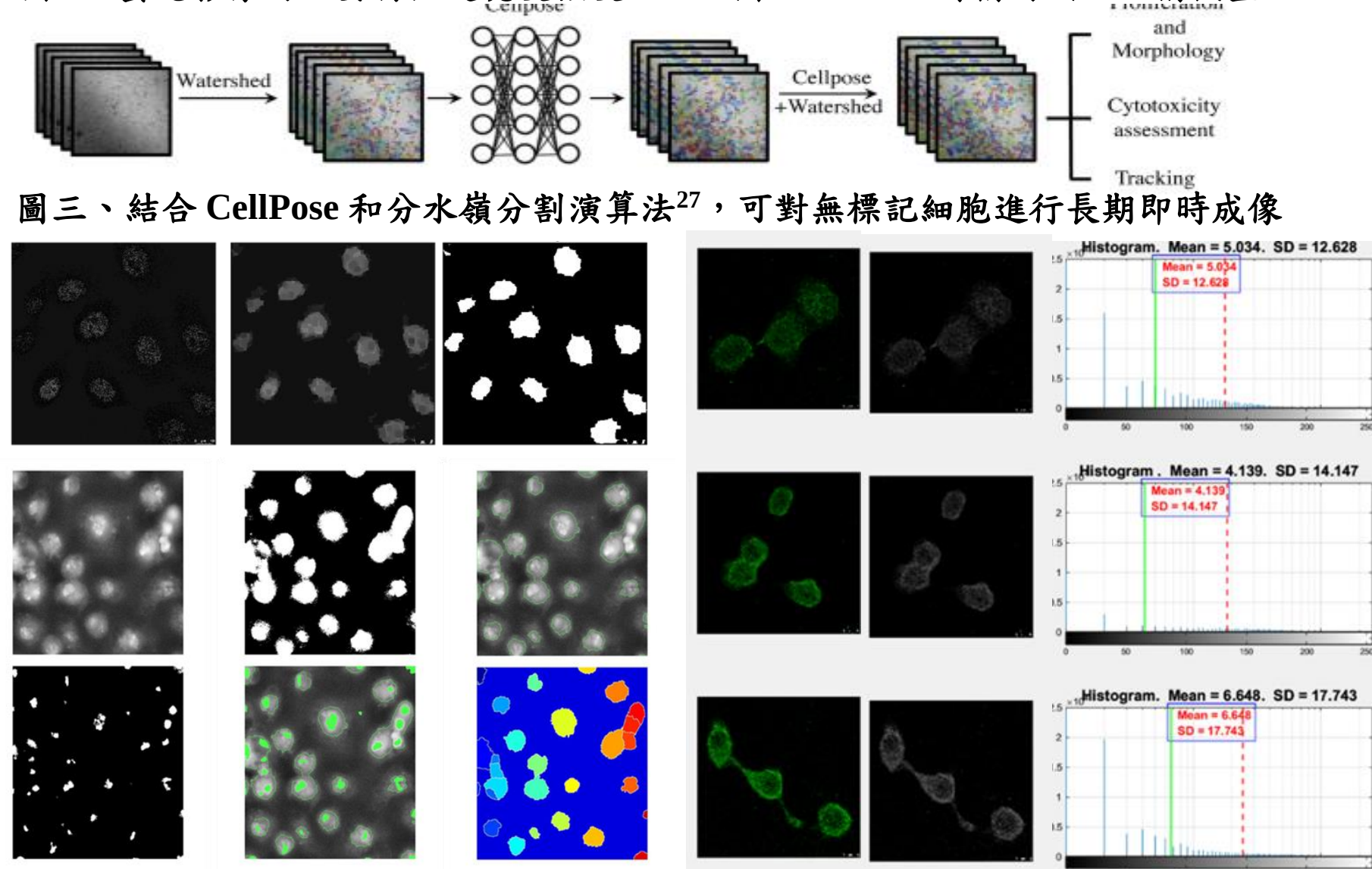
- (1).亮度強度:強度量化，將每個ROI中的螢光信號轉換為數值
- (2).CTCF(corrected total cell fluorescence校正總細胞螢光)

結果

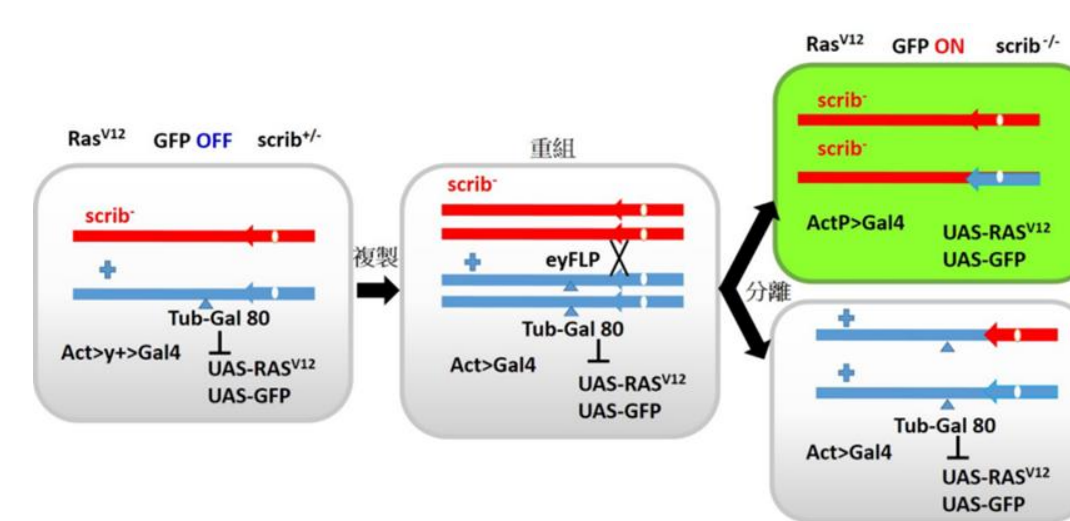


圖一：螢光影像的主要特徵是亮度強度。

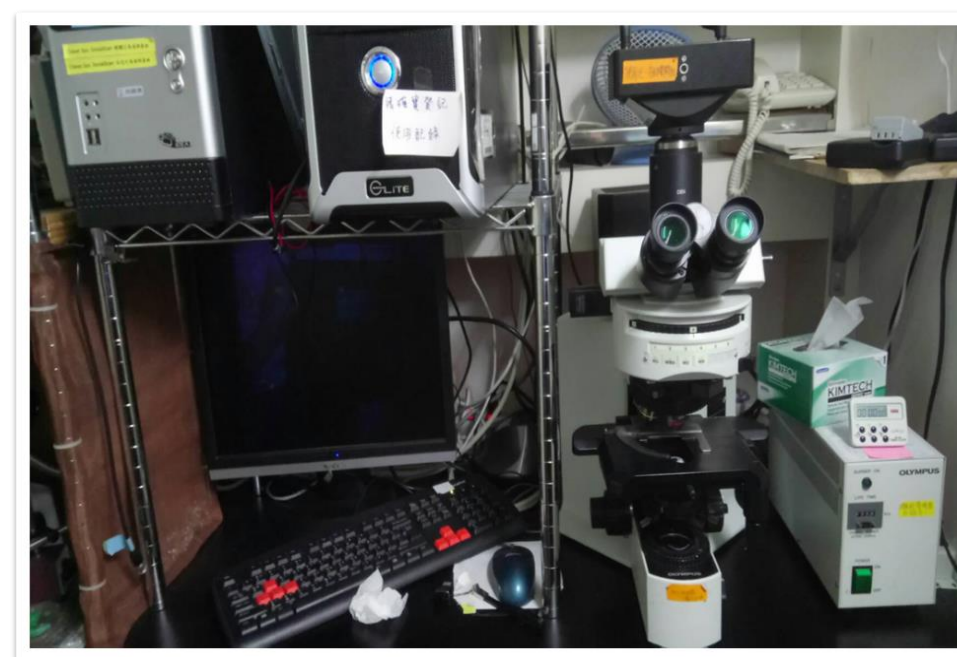
圖二、U-Net對稱的網絡結構模型



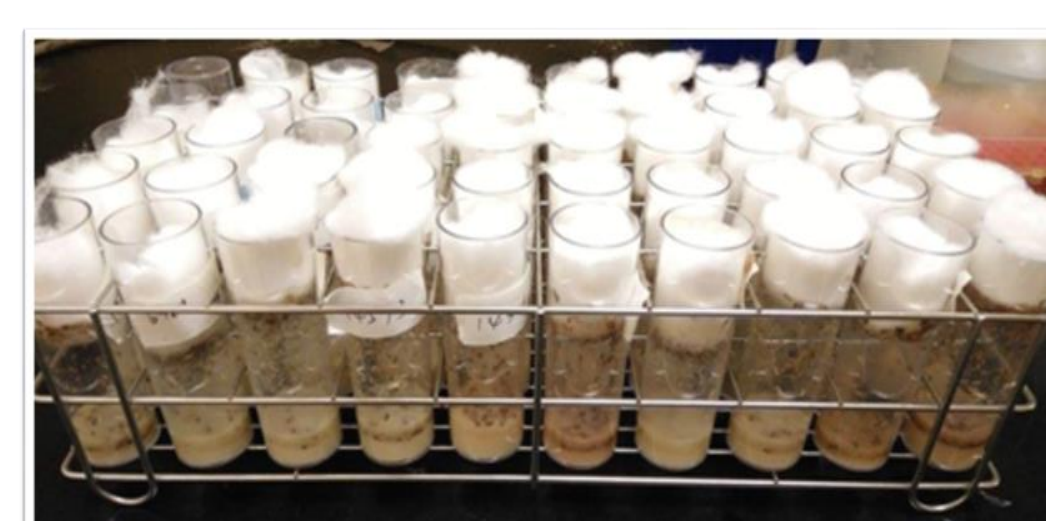
圖四、使用MATLAB傳統方式進行的一連串分析



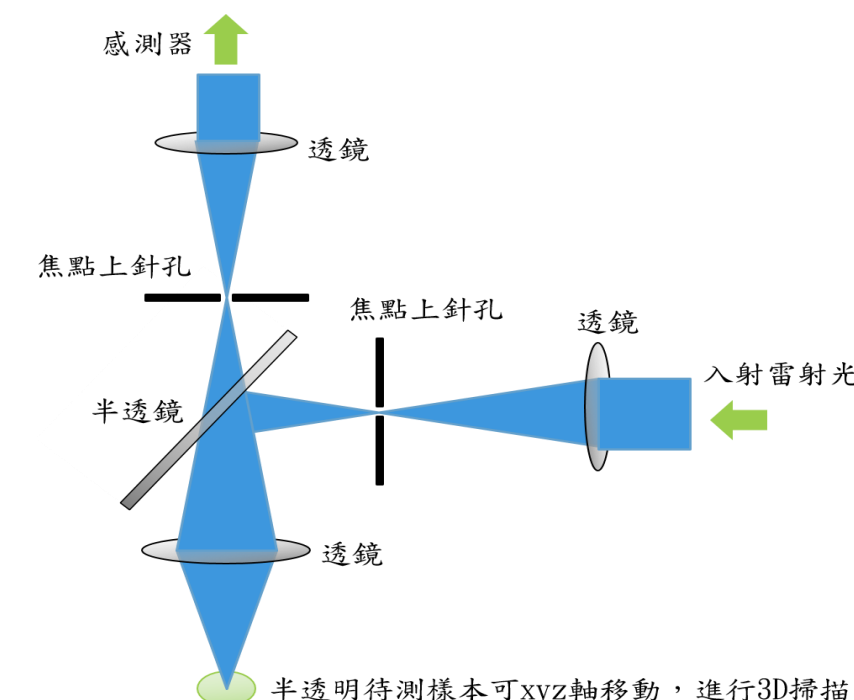
圖六、 $RAS^{V12}/SCRIB^{-/-}$ 基因協同轉移螢光表現機制



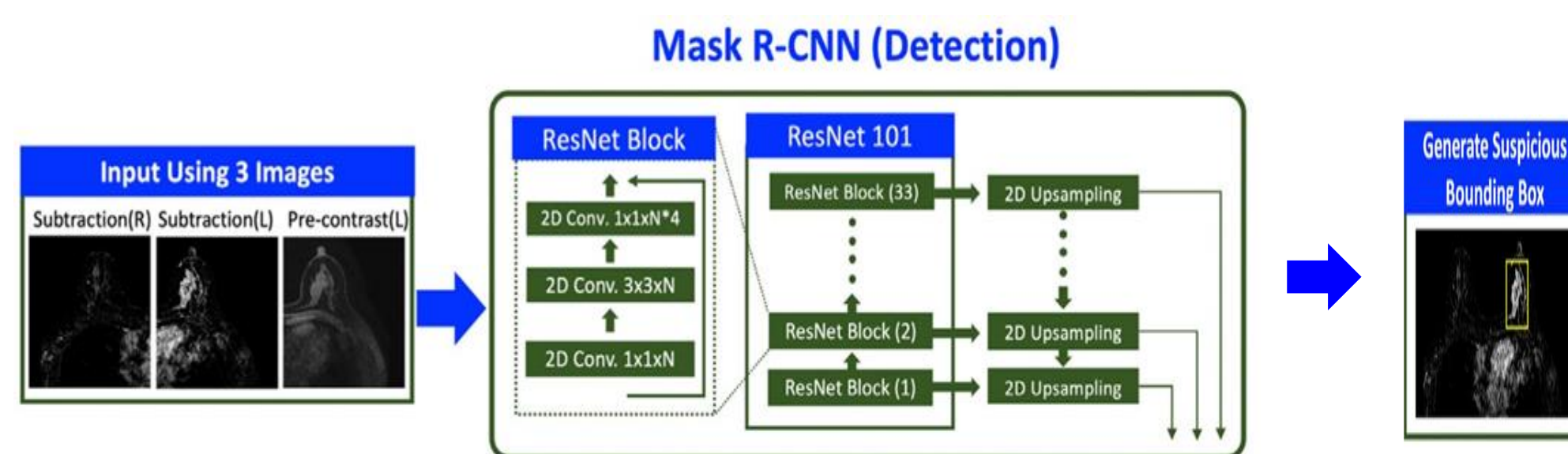
圖八、螢光顯微鏡 (TIRF)



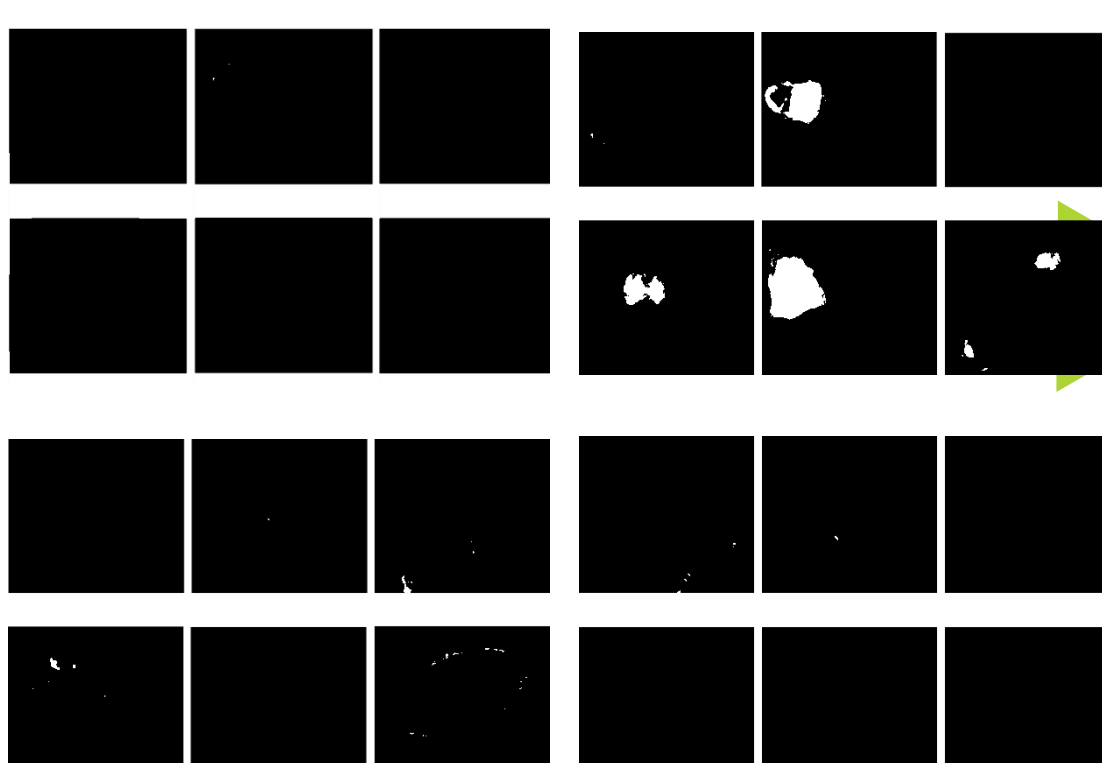
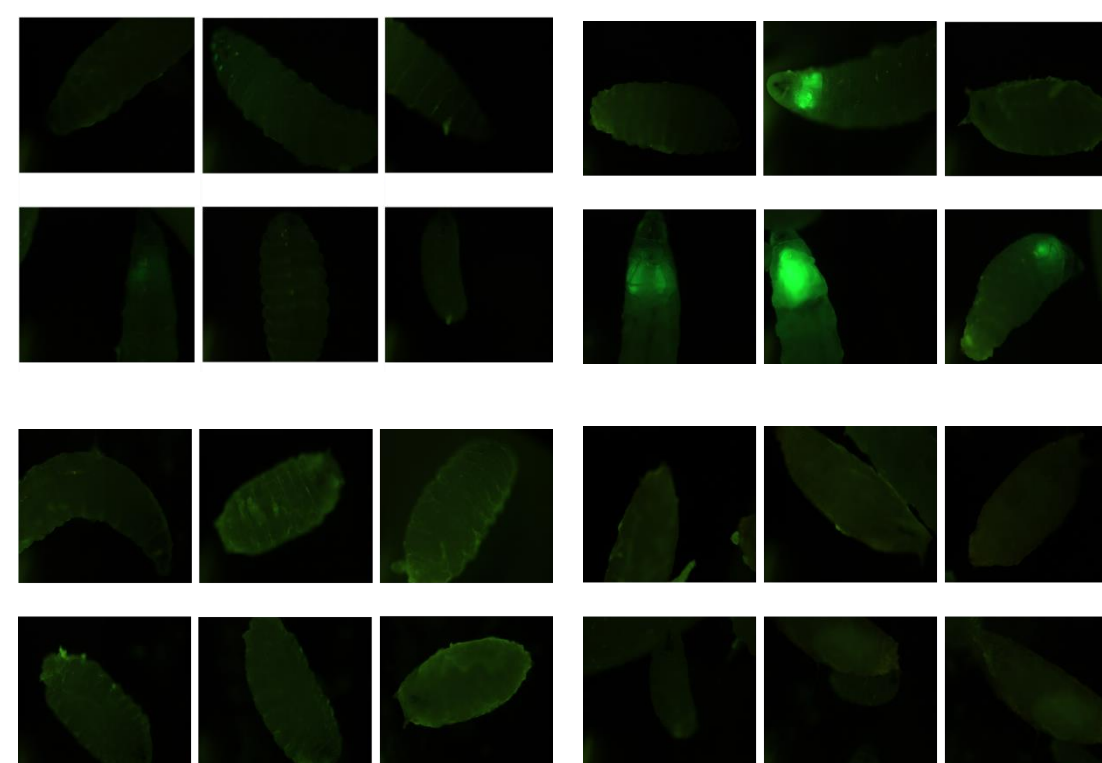
圖七、 $RAS^{V12}/SCRIB^{-/-}$ 基因剔除果蠅株培養



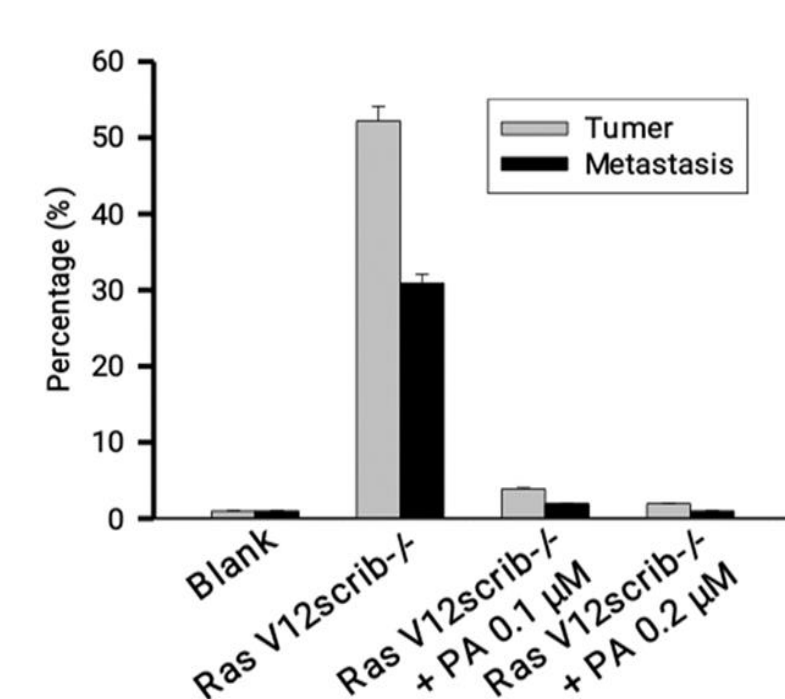
圖九、雷射掃描共軛聚焦顯微鏡 (Confocal Laser Scanning Microscope)原理圖



圖十、Mask R-CNN 架構。使用2D 卷積特徵，



圖十一、觸發螢光癌症和轉移的果蠅(Control group without in situ (non-metastasis) cancer cell metastasis performance.) 圖源及實驗操作:謝育昇



圖十二、比較藥物PA抑制 $RAS^{V12}/SCRIB^{-/-}$ 基因協同表現(給藥組)

結論

結果發現PA 有效抑制 $RAS^{V12}/SCRIB^{-/-}$ 基因與癌症形成和轉移的螢光表達協同作用。這說明PA可以抑制果蠅中GFP標記的 $Ras^{V12}/scrib^{-/-}$ 螢光的癌症形成和轉移。與基於傳統輪廓的方法相比，本研究確認人工智慧深入學習是一種新的工具，用於早期癌症診斷分析。