

**Интеллектуальный скальпель – набор утилит для классификации опухолевых тканей мозга посредством анализа масс-спектров**

**Научный руководитель – Сорокин Анатолий Александрович**

*Поляков Даниил Владимирович*

*Студент (бакалавр)*

Московский физико-технический институт, Москва, Россия

*E-mail: daniil.polyakov@phystech.edu*

В современной нейрохирургии остро стоит следующий вопрос - как удалить опухоль, не вырезав слишком много или слишком мало. Если вырезать ткань с запасом, то велика вероятность потери важной функциональной части мозга. Наоборот, если удалить не всю опухоль, то многократно увеличивается вероятность рецидива. Поэтому требует решения задача определения границы опухоли.

На данный момент есть несколько подходов к решению поставленной задачи. Один из них - позиционирование опухоли до операции по МРТ. Другой подход - помечать раковые маркеры флюоресцентными метками, но флюоресцентная метка быстро выгорает, что затрудняет использование этого метода в длительных операциях и, как следствие, уменьшает удобство использования данного подхода. Окончательная же экспертиза на данный момент проводится с использованием гистологических методов. Экспресс анализ образца ткани требует около 20 минут, полный анализ среза, выполняемый для определения типа пограничной ткани, может занимать несколько дней.

Задача нашей лаборатории состоит в том, чтобы используя данные о тканях, полученные с помощью масс-спектрометрии, сократить время анализа образца и вынесения вердикта о типе ткани до 5-7 минут.

Формальная задача следующая: необходимо построить программное обеспечение, представляющее единый пайплайн, который принимает на вход данные о ткани с масс-спектрометра, а на выходе предсказывает ее тип - здоровая/опухолевая, и в случае опухолевой ткани определяет подтип опухоли.

В лаборатории разработана библиотека для автоматической обработки и классификации тканей мозга на основе анализа их масс-спектров. В настоящее время робастный алгоритм, основанный на методах машинного обучения, достигает точности классификации более 80% [2,3]. При написании пакета использовались языки программирования R и Python 3.

Работа поддержана грантом РФФИ (16-15-10431)

### **Источники и литература**

- 1) Bart J.A. Mertens. Statistical Analysis of Proteomics, Metabolomics, and Lipidomics Data Using Mass Spectrometry. Springer.
- 2) Sorokin A. Feature selection algorithm for spray-from-tissue mass spectrometry. European Journal of Mass Spectrometry. 2017
- 3) Zhvansky E.S. High-resolution mass spectra processing for the identification of different pathological tissue types of brain tumors. European Journal of Mass Spectrometry. 2017