

Многофункциональный информационно-вычислительный комплекс анализа и диагностики изображений

Г.М. Попова, В.Н. Степанов, Ю.О. Дружинин, И.Ф. Дятчина

Аннотация. Рассматривается архитектура автоматизированного многофункционального комплекса анализа и идентификации разнотипных объектов по их изображениям для дифференцированной диагностики состояний объектов и биомедицинских препаратов в целом. Комплекс с элементами консультативной экспертной системы ориентирован на коллективное использование разными специалистами в рамках локальной сети.

Ключевые слова: анализ, обработка изображений, распознавание образов, компьютерная морфометрия и диагностика.

Введение

В настоящее время наблюдается неуклонный рост биологических исследований в биомедицинской практике, в частности, морфометрических исследований объектов медико-биологических материалов. До сих пор большинство морфометрических анализов и исследований мазков, препаратов (гематологических, гистологических, цитологических, цитогенетических и многих других), проводятся ручным способом под микроскопом, с помощью микрометра ведутся измерения и проводится визуальный подсчет биологических объектов в препаратах. В связи с тем, что значительная часть объектов имеет сложную структуру и форму, «ручная» идентификация очень трудоемка и не исключает субъективизма и личностных факторов при оценке состояния препаратов, что сказывается на точности, надежности и достоверности оценок препаратов.

Для решения указанного круга задач в биомедицинских лабораториях начинают получать широкое распространение системы автоматиче-

ского анализа и диагностики состояния биологических препаратов, основанные на применении компьютерных методов обработки, анализа, распознавания, идентификации и классификации изображений микрообъектов [1-6]. Компьютерные анализаторы изображений объектов позволяют объективизировать исследования, вести их дифференцированный счет при большом объеме выборки и получать при диагностике препаратов количественную, в том числе и принципиально новую, морфометрическую информацию, необходимую для проведения мониторинга и управления процессом лечения.

Однако, программное обеспечение таких анализаторов, в основном, ориентировано на конкретную диагностическую задачу, предназначено для обработки и анализа конкретных препаратов только с определенными типами объектов, причем, как правило, с использованием специальных красителей. Кроме того, высокая стоимость подобных систем препятствует оснащению ими каждого рабочего места врача-биолога, что в лабораторной практике приводит к удорожанию проводимых исследований.

Целью настоящей работы является разработка автоматизированного многофункционального информационно-вычислительного комплекса анализа и диагностики объектов по изображениям на основе универсальных технологических средств (методов, моделей, алгоритмов, программ), учитывающих: разнообразие анализируемых биомедицинских объектов на изображениях, получаемых как со светового, так и с флуоресцентного микроскопа; необходимость объективизации количественно-дифференциальной диагностики состояний препаратов; возможность коллективного использования такой системы специалистами разного профиля для решения своих конкретных научных и практических задач, в том числе мониторинга и прогнозирования на своих рабочих местах.

1. Структура многофункционального комплекса «Морфолог-Сеть»¹

Для достижения поставленных целей были исследованы технологические средства автоматизации процессов обработки (включающей преобработку, фильтрацию, выделение контура объектов и составляющих их элементов и т.д.), морфометрического анализа, идентификации, классификации и количественно-дифференциальной диагностики разнотипных (по структуре, форме, текстуре) объектов медико-биологической природы². Разработана методика построения моделей клеточных и тканевых структур для идентификации и диагностики разнотипных объектов, представленных изображениями в кадре поля видимости микроскопа. Разработано программное обеспечение, ориентированное на широкого пользователя.

Все исследования и разработки проводились и ведутся в настоящее время применительно к актуальным задачам современной медицины.

¹ Многофункциональный комплекс «Морфолог-Сеть» разработан в Институте проблем управления им. В.А. Трапезникова РАН при поддержке РАН в рамках программы «Фундаментальные науки – медицине».

² Под количественно-дифференциальной диагностикой изображений объектов в препарате понимается обнаружение аномалий, патологических отклонений от нормы с определением типа объекта и раздельного их счета по всему препарату.

Совместно с биологами Эндокринологического научного центра РАМН (ЭНЦ РАМН) была проведена работа по обоснованию необходимости компьютерного морфометрического анализа сперматозоидов для оценки их функционального состояния (способности к оплодотворению), за счет объективизации дифференциальной диагностики, получения принципиально новой количественной информации и возможности увеличения объемов их выборки [3]. С биологами ФГУ «Российского научного центра рентгенорадиологии Росздрава (ФГУ РНЦ РР) были выполнены работы по исследованию и разработке методов количественно-дифференциальной диагностики доброкачественных и предопухолевых процессов, рака предстательной железы на основе новых методов морфометрического анализа, идентификации и классификации эпителиальных структур по их изображениям [4]. Для компьютерной автоматической оценки степени повреждения молекул ДНК, вызванных канцерогенными факторами окружающей среды, была создана программа – анализатор «комет» на основе разработанных новых методов обработки, анализа и параметризации изображений кометоподобных объектов (синтезированных из флуоресцирующих точек разной яркости) [6].

На основании исследований системных и прикладных технологических средств, процедур анализа изображений объектов, пожеланий пользователей-биологов, разнообразия их задач в области биомедицины был создан автоматизированный многофункциональный комплекс диагностики объектов на изображениях, получаемых как со светового, так и с флуоресцентного микроскопа. Комплекс с элементами консультативной экспертной системы ориентирован на коллективное использование (в режиме разделения времени) разными специалистами в рамках локальной сети. Причем он позволяет пользователям разных специальностей в одной диагностической лаборатории независимо решать на своих рабочих местах профильные научные и практические задачи, включая мониторинг больных для контроля эффективности проводимого лечения, ранней диагностики рецидивов, прогнозирования развития заболевания и т.п.

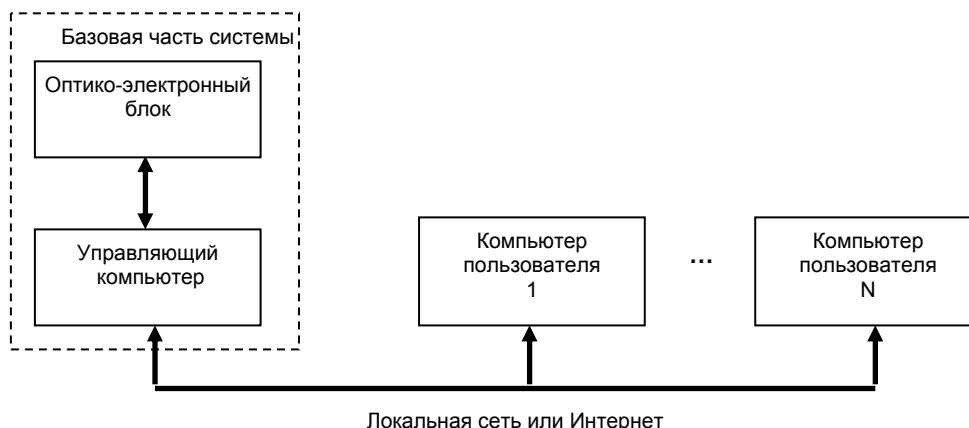


Рис. 1. Структура аппаратных средств многофункционального комплекса анализа и диагностики изображений объектов

Система (Рис. 1) содержит базовую часть для централизованного использования, которая состоит из управляющего компьютера, высокочувствительного микроскопа с автоматически управляемым сканирующим столиком, с приводом фокусировки, драйверами программного управления и с устройством видеоввода (цифровая камера), причем управляющий компьютер объединен сетью с персональными компьютерами пользователей, которые используют все структуры данных и программные средства, подготовленные в базовой части системы разработчиком или разработанные самим пользователем для решения частной задачи.

2. Формальное описание объектов по их изображениям

Успешное решение проблем диагностики, принятия решений и прогнозирования существенным образом зависят от формального описания сложных по структуре объектов и построения их модели. Построение модели объекта по его изображению представляет собой формализацию, необходимую для определения основных признаков, связей, закономерностей, присущих объекту-оригиналу и препарату в целом. При этом математическая модель объекта на изображении должна отражать основные свойства, необходимые для распознавания и идентификации их в системе.

Обобщенная математическая модель рассматриваемых биологических объектов, представленных изображениями в препаратах, оперирует с объектами на изображениях визу-

альных сцен. Изображение согласно формализации, предложенной [7, 8], может быть представлено в виде:

$$B(x,y) \in W(D),$$

где $B(x,y)$ – изображение, D – поле зрения микроскопа, x,y – координаты в поле зрения.

$$(x, y) \in D \subset R^2 \mid 0 \leq B(x,y) \leq I,$$

где I – максимальная яркость (для полутонного) или номер диапазона сегментации (для цветного) изображения, R – множество действительных чисел.

$$x \in X, y \in Y, X = [-a, a]; Y = [-b, b], D = X \times Y,$$

где \times - декартово произведение.

В этом случае под объектом понимается конечное точечное множество:

$$C = \{(x, y) \in D \mid Q(x, y) = 1\},$$

где Q – предикат, устанавливающий правило соответствия точек поля зрения объекту, по которому элемент множества относится к объекту. Элемент множества не относится к объекту, если $Q(x, y) = 0$, т.е. $(x, y) \notin C$.

Объект (элемент объекта) представляет собой связную область – множество одинаково размеченных точек на изображении $\{x, y\}$, для каждой пары которых можно найти соединяющий их путь, проходящий через соприкасающиеся точки, принадлежащие области. В качестве объектов выбираются форменные элементы, отличающиеся цветом, размером, формой и текстурой. При сегментации и формировании связных областей изображений (объектов и их внутренних элементов), как пра-

вило, используется цвет как наиболее простая и выраженная его характеристика.

Для формализации описания объектов, представленных изображениями, были определены понятия «простого», «сложного» объекта, конгломерата, на основании которых строится их формальное описание.

«Простой» объект или форменный элемент – это связанная область изображения (C_l), образованная путем объединения одинаково размеченных пикселей $\{x, y\}$, т.е. точек со сходными цветовыми признаками $COL_{r,l}\{x, y\}$, принадлежащими одному цветовому диапазону ($r = 1 \div R$ – цветовой диапазон), и идентифицируемая именем элемента или простого объекта.

«Сложный» объект (C_k) состоит из группы связанных областей $C_l \in C_k$, где $l = 2 \div L$ число разных связанных областей, идентифицируемых конкретными именами элементов, входящих в C_k , идентифицируемого именем сложного объекта.

Данные понятия позволяют отождествить простые распознаваемые связанные области C_l с форменными элементами структуры объекта C_k .

Конгломерат (патологический клон) (C_j)³ – это объединение обычно однородных сложных объектов (C_k), не имеющих четко выраженной структуры в пространстве и практически не разделяемых при сегментации. Он отличается целым рядом признаков, имеющих непосредственное значение для прогнозирования развития заболевания и выбора оптимальной стратегии лечения.

Для определения и формирования характерных признаков микрообъектов было введено понятие логической структуры объекта и конгломерата.

Структура объекта $\{STR\}$ – это объединение (U) множества одноименных и/или разноименных элементов C_l , образующих сложный объект.

$$STR C_k = \bigcup_{l=2}^L C_l, \quad (1)$$

где L – максимальное число элементов в объекте. Объединение может быть представлено в виде одного или нескольких логических выра-

³ Конгломерат, патологический клон – это комплексы, скопления слившихся, сжатых, наложенных друг на друга C_k объектов, детерминирующих обычно опухолевую прогрессию.

жений, где литералы – разноименные элементы, образующие структуру объекта, семантически связываются логическими операторами И, ИЛИ, ИСКЛЮЧАЮЩЕЕ ИЛИ, НЕ ($\wedge, \vee, \oplus, \neg$). Открывающая и закрывающая скобки интерпретируются как уровни вложения элементов. Они отражают иерархию сложных элементов (вхождение простого или сложного элемента произвольного уровня в состав сложного элемента более высокого уровня).

Некоторые сложные объекты типа клетки крови, мокроты в норме всегда имеют одну цитоплазму (1Ц) и одно ядро (1Я)⁴, но при патологии могут иметь два и более ядер (НЯ), их обобщенная структура имеет вид:

$$STR C_k = [(1Ц \wedge 1Я) \vee (1Ц \wedge НЯ)],$$

возможны случаи, когда ядра в клетке слиты (ΣЯ) и их количество не подлежит счету, тогда структура имеет вид: $STR C_k = [(1Ц \wedge \Sigma Я)]$. Примеры более сложных клеточных и тканевых структур объектов представлены в [3, 4].

Структура конгломерата, как уже говорилось, – это объединение множества одноименных объектов C_k , т.е.

$$STR C_j = \bigcup_{k=2}^K C_k = (\Sigma Ц \wedge \Sigma Я),$$

где K – максимальное число объектов в конгломерате, $\Sigma Ц$ – слитые цитоплазмы, $\Sigma Я$ – слитые между собой ядра клеточных структур.

Иногда ядра в конгломератах отчетливо видны, не слиты и хорошо сегментируются, параметризуются и считаются. В этом случае структура конгломерата имеет вид:

$$STR C_j = (\Sigma Ц \wedge НЯ),$$

где $НЯ$ – максимальное количество отсегментированных ядер, на основании которых возможно судить о количестве C_k скоплений клеток в конгломерате.

Для распознавания и классификации объектов по их изображениям помимо основных признаков (цвета и структуры), определяющих тип объекта, формируются характерные, отличительные особенности каждого из них путем

⁴ Заметим, что структуры некоторых лейкоцитов в норме имеют более сложный вид, в цитоплазме возможны – зернистость, вакуоли, в ядре – нуклеолы, вакуоли и т.д. [2, 8].

морфологического анализа и исследования их геометрических, топологических и статистических параметров.

Каждая связная область (форменный элемент C_l) характеризуется своими индивидуальными существенными признаками и описывается множеством атрибутов в виде $A_l = \{A_1, a_1, \dots, A_i, a_i, \dots, A_N, a_N\}$, где каждый элемент множества – это упорядоченная пара (A_i, a_i) , A_i – имя атрибута, a_i – его значение. Значение любого атрибута задается константой или интервалом, которые могут быть как безразмерными, так и размерными величинами. Тогда каждый тип объекта C_k соответственно своей структуре будет описываться совокупностью количественных и качественных признаков атрибутов A_l .

Полученная совокупность признаков каждой связной области C_l образует их морфометрическое описание:

$$MOR_l = \{COL_l, \{A_i, a_i\}_l\}, \quad (2)$$

где $l = 1, \dots, L$, $i = 1, \dots, N$.

Тогда каждый разноименный объект C_k , в соответствии со сложностью своей структуры (STR), будет описываться совокупностью морфологических признаков (параметров) каждого элемента C_l :

$$MOR = \bigcup_{l=2}^L \{MOR\}_l = \bigcup_{l=2}^L \{COL, \{A_i, a_i\}\}_l. \quad (3)$$

Используя методологию анализа изображений объектов путем формирования их структурного описания STR (1) и параметризованного описания всех значащих их элементов C_l (3), система в автоматическом или интерактивном режиме определяет имя объекта – NAM. Таким образом, в результате анализа исходных изображений объектов по их изображениям и формализации знаний врачей формируется обобщенная формальная модель объекта в виде:

$$MOD_m = \{NAM, STR, MOR\}_m, \quad (4)$$

где: $m = 1, 2, \dots, M$,

M – количество разноименных объектов, которые могут присутствовать в исследуемом препарате.

Следует отметить, что построению обобщенной математической модели (формального описания) объекта по изображению предшествуют следующие процедуры:

- формирование компьютерного визуального банка разнотипных образцов изображений всех типов анализируемых объектов (в норме и патологии) с описанием характерных признаков, порождающих то или иное заболевание;

- построение обобщенного структурного описания всех типов исследуемых объектов, которое формируется на основе описаний всех элементов, составляющих и характеризующих каждый тип его структуры, с учетом их семантической взаимосвязи, на основе банка изображений объектов, конгломератов и знаний экспертов;

- построение параметризованного описания всех значащих элементов структур разнотипных нормальных и аномальных объектов, что позволяет определить и выявить совокупность информативных признаков всех типов исследуемых объектов, закономерности их (признаков) появления и связи между ними.

Обобщенная математическая модель объекта (главным образом, структурная модель) оправдала себя, и прежде всего, на этапе взаимодействия с экспертом – носителем знаний по конкретному типу объектов. Системы логических выражений, описывающие объекты через входящие в их состав элементы, хорошо воспринимаются биологами, что позволяет значительно сократить время на разработку программного обеспечения.

В системе структурная модель объекта формируется в графическом виде, с учетом условно принятых псевдоцветов его элементов.

Следует заметить, что хотя моделируемые сложные объекты часто состоят из большого числа связных элементов, они допускают декомпозицию на простые элементы на этапе сегментации, что позволяет идентифицировать их, как и сложные объекты в целом. Идентификация же сложных конгломератов, не поддающихся детальной декомпозиции, сталкивается с принципиальными трудностями на этапе сегментации и с невозможностью их автоматической идентификации. Для идентификации типа конгломерата можно использовать некоторые относительные геометрические признаки типа отношения суммарной площади ядер к суммарной площади цитоплазмы ($\Sigma Я / \Sigma Ц$), некоторые цветовые и текстурные признаки (контраст,

яркость и т.д.). Обычно при оценке препарата в целом считаются отдельно: одноименные многоядерные клетки, однотипные конгломераты (клоны), выполняется дифференцированный счет всех разноименных одноядерных клеток, которые, как и конгломераты опухолевых клеток, решающим образом влияют на диагностику состояния всего препарата в целом.

Вместе с тем отметим, что иногда возможен определенный разрыв между моделью и непосредственной реализацией программы. Фактически модель дает полное представление о составе объекта, о степени взаимных связях (преимущественно о вхождении элементов одного уровня в сложный элемент более высокого уровня) и очень мало относительно конфигурации в пространстве входящих в их состав простых элементов. Это приводит к тому, что для построения программ распознавания помимо модели необходимо привлекать некоторую дополнительную, неформализованную информацию, которая сосредотачивается в атрибутах.

4. Программное обеспечение системы «Морфолог–Сеть»

Программное обеспечение управляющего компьютера системы «Морфолог-Сеть» имеет модульную архитектуру, которая позволяет наращивать его функциональность без внесения изменений в основные программные модули и создавать пользователю специализированные модули под новые задачи. Управляющий компьютер выполнен в виде последовательно исполняемых программных модулей:

- модуля ввода в компьютер изображений кадров с биологического препарата,
- модуля предобработки, включая фильтрацию шумов и помех в кадре,
- модуля сегментации всех объектов на изображении кадра путем интерактивного порогового преобразования в пространствах цветовых признаков HSV или RGB,
- модуля логической фильтрации, который в интерактивном режиме удаляет все объекты, не подлежащие анализу,
- модуля построения контуров элементов объектов на отсегментированном изображении согласно их обобщенной структурной модели,

- модуля параметризации изображений объектов, вычисления геометрических, топологических, статистических параметров объектов,
- модуля идентификации и классификации объектов согласно их изображениям,
- модуля интегральной оценки состояния препарата и принятия решений.

Важной составной частью программного обеспечения системы является интеллектуальный модуль формализации знаний специалистов предметной области, предназначенный для интерпретации, формализации и структурирования знаний пользователя в терминах процедур и программных структур системы, для приведения семантического описания исследуемых типов объектов к виду, удобному для распознавания, интерпретации правил по выработке диагностических заключений о состоянии препарата. Данный модуль функционально связан с модулями: сегментации, параметризации объектов, идентификации и классификации объектов, а также с модулем интегральной оценки состояния препарата для формирования правил дифференцированной диагностики как объектов, так и состояния препарата в целом. На Рис.2 представлены программные модули управляющего компьютера базовой части системы.

Модуль ввода изображений считывает в управляющий компьютер анализируемые изображения объектов либо из файлов различных форматов, либо по кадрам или фрагментам⁵ с препарата, установленного на микроскопе, имеющего устройство видеоввода с разными типами интерфейсов, например, twain, rvcam и др.

Модуль предварительной обработки изображения кадра предназначен для подготовки изображения к сегментации путем снижения уровня шумов и помех, который в зависимости от требований поставленной задачи использует различные типы фильтров: «размытие по Гауссу», медианный, контрастирующий и т.д. В системе (для подготовки изображения к сегментации) используется фильтрация – «размытие по Гауссу». В процессе фильтрации пиксели изображения подвергаются следующему преобразованию:

⁵ Кадр – изображение препарата поля видимости микроскопа. Фрагмент – часть кадра, которая содержит только изображение, подлежащее обработке.

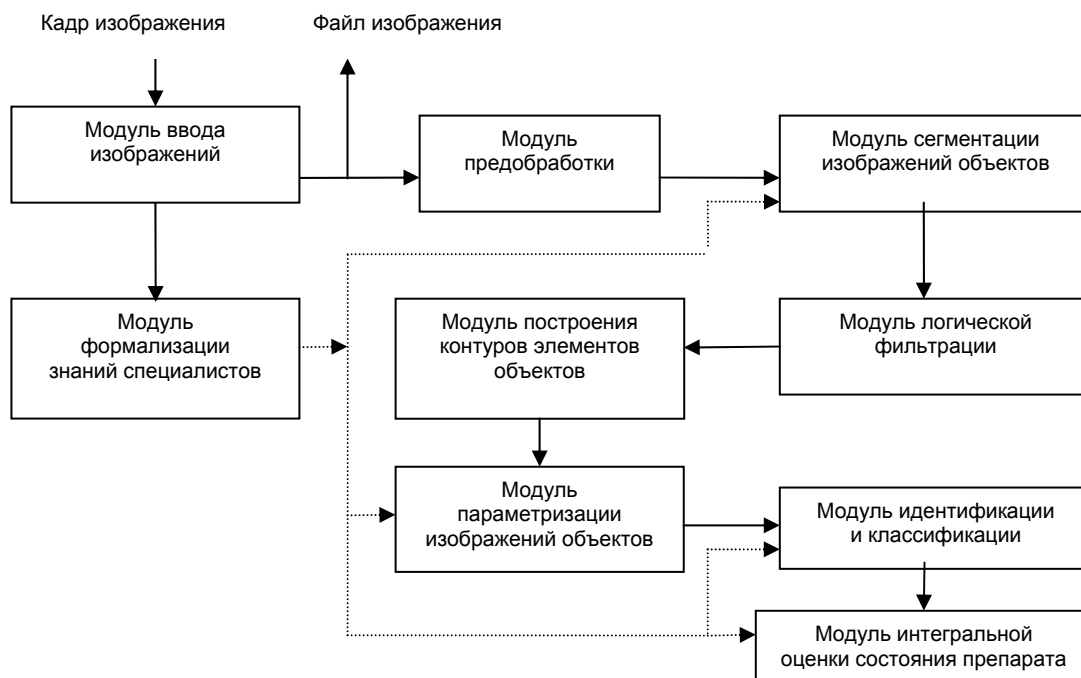


Рис. 2. Программные модули управляющего компьютера базовой части системы

$$L_{new}(i, j) = \sum_{p=1}^M \sum_{q=1}^M L(i - \frac{M+1}{2} + p, j - \frac{M+1}{2} + q) H(p, q),$$

где L – старое значение яркости каждого канала, L_{new} – новые значения, $M = \frac{XR}{4000}$ – размерность фильтра, X – кратность объектива, R – горизонтальное разрешение матрицы камеры в пикселях, $H(p, q)$ – весовая функция окна. Размерность фильтра вычисляется, исходя из кратности оптической системы микроскопа и разрешения матрицы видеокамеры.

Модуль сегментации используется для преобразования естественных цветов всех изображений объектов и их внутренних элементов, введенных в компьютер в виде кадра, фрагмента, в псевдоцвета (согласно обобщенной структурной модели). Сегментация выполняется за один проход обработки путем интерактивного порогового преобразования в трехмерном пространстве цветовых признаков RGB или HSV (Hue, Saturation, Value – цветность, насыщенность, уровень). В режиме настройки интерактивно определяются пороги преобразования путем указания пользователем на исходном изображении областей, соответствующих элементам объектов. Каждая область запоминается

как массив опорных точек, обладающих эталонными цветовыми признаками для каждого однотипного элемента всех объектов в кадре. Сегментация осуществляется на основе сравнения расстояния в пространстве цветовых признаков между текущей точкой изображения и опорными точками, указанными пользователем. Текущая точка считается принадлежащей тому элементу объекта, расстояние до опорной точки которого минимально. Данное расстояние можно модифицировать путем специально введенных для каждого элемента коэффициентов, настройка которых выполняется с помощью движков в интерактивном режиме. Такая настройка позволяет изменять положение границ между элементами и тем самым производить тонкую настройку границ областей сегментации за счет увеличения/уменьшения площадей этих областей.

Для ускорения процесса сегментации результаты изменения параметров ее настроек (массивов опорных точек, коэффициентов приоритета элементов, отвечающих за смещение границы между элементами) отображаются в реальном времени в окне предварительного просмотра. Вследствие больших объемов вычислений при задании порогов сегментации

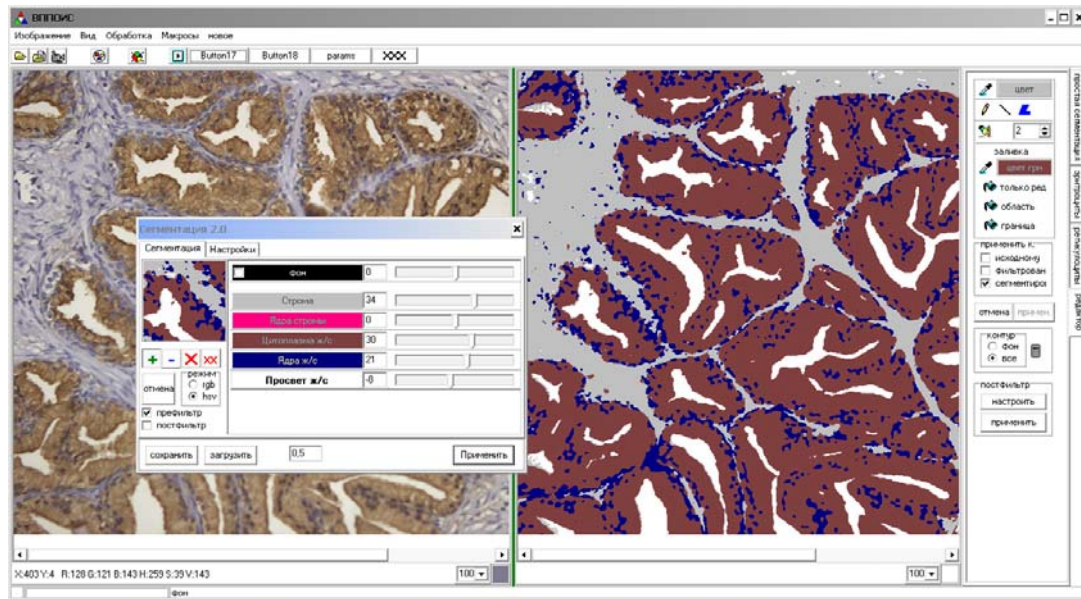


Рис.3. Рабочее окно интерактивного модуля сегментации

окно предварительного просмотра ограничено размером 100x100 пикселей. Оно отображает результаты сегментации при каждом изменении настроек (значений порогов). Такие локальные преобразования областей (элементов объектов) обеспечивают эффективную обработку тонкоструктурных областей. Рабочее окно интерактивного модуля сегментации показано на Рис. 3.

Настройка проводится один раз для каждой серии препаратов, далее сегментация проводится автоматически. Она становится как бы специализированной для данной серии препаратов, хотя при изменении свойств красителей препаратов со временем возможна подстройка.

Модуль логической фильтрации отсеgmentированного изображения удаляет в кадре в интерактивном режиме все объекты и элементы, не подлежащие анализу, с помощью фильтров по площади объектов и по наличию или отсутствию общей границы.

Модуль построения контуров элементов преобразует растровое изображение объектов к семантическому описанию в виде контуров и хорд, согласно структурному описанию. Преобразование происходит с использованием метода заполнения ограниченной области «с затравкой» (floodfill). При нахождении контуров учитывается вложенность элементов. Более подробная информация о трех последних модулях изложена в [9, 10].

Последующие модули работают с описанием объектов, и их работа зависит от задачи пользователя.

Модуль параметризации объектов выполняет расчет геометрических, топологических и статистических параметров всех анализируемых объектов и их внутренних элементов, причем весь морфометрический анализ выполняется с учетом уже готовых блоков (подпрограмм) и возможности их наращивания. Окончательные диагностические признаки для идентификации разнотипных объектов формируются на основе среднестатистических значений их параметров.

Модуль идентификации и классификации объектов выполняет данные процедуры на основе сформированных диагностических признаков - параметров с использованием логических деревьев или нейронных сетей.

Модуль интегральной оценки состояния препарата проводит дифференцированный счет всех типов объектов, которые влияют на диагностику его состояния, и на основании сформированных в модуле формализации знаний специалистов правил диагностики препарата выдает компьютерное заключение о его состоянии в целом. Пример использования модуля в зависимости от задачи пользователя приведен в [4].

Особо следует остановиться на **модуле формализации знаний специалистов** (пользо-

вателей), который представляет собой комплекс программ, реализующих диалог пользователя с системой, для:

- формирования постановки задачи,
- формализации знаний пользователя об анализируемых объектах, с описанием их особенностей, с указанием патологических изменений при их появлении в препарате,
- формирования структурной модели объекта,
- выработки правил по идентификации и диагностике объектов по их изображениям,
- формирования правил диагностики состояний анализируемых препаратов, на основе количественно-дифференциальной диагностики объектов и их количественного соотношения в препарате,
- формирования правил принятия решений, рекомендаций, сообщений о характере процесса заболевания, на основе присутствия в препарате той или иной патологии, либо возникших неопределенностей при его диагностике.

При поддержке данного модуля пользователь либо выбирает наиболее близкую задачу из списка ранее решенных, либо путем пассивного диалога (инициатива его ведения принадлежит программной системе) формулирует свою постановку задачи и вводит всю необходимую по ней информацию.

Запросы к пользователю в системе строятся в виде шаблонов, т.е. в виде текстов запросов и специальных полей, предназначенных для занесения туда ответов. Конечным результатом работы модуля является текстовая формулировка задачи, структурно - параметрическая модель каждого типа объектов, а также списки значимых или, как минимум, подлежащих вычислению параметров и примеры изображений каждого типа объектов. Вся эта информация поступает в базу данных MS SQL Server и в дальнейшем используется пользователем для решения задачи на своем рабочем месте с использованием стандартных средств системы либо разработчиками для создания специализированного модуля решения данной задачи.

Программное обеспечение персональных компьютеров пользователей.

Как уже говорилось, управляющий компьютер объединен сетью с персональными компьютерами разных пользователей (Рис. 1), имею-

щих аналогичные программные модули сегментации, логической фильтрации, формирования и выделения контуров элементов объектов, параметризации объектов, распознавания и классификации объектов и модуля интегральной оценки состояния препарата. Эти модули используют все настройки (в виде готовых программных макросов) и программные средства, подготовленные в базовой системе разработчиком или самим пользователем (система позволяет это в режиме диалога) во время обучения системы и подготовки профильно-ориентированных процедур, необходимых для решения индивидуально поставленной задачи пользователя по диагностике состояния препарата, по организации морфометрического мониторинга.

В дальнейшем пользователь, имея все эти средства в виде готовых программных макросов, может использовать (по желанию) базовую часть системы только для ввода в компьютер изображений кадров анализируемых им препаратов. На Рис. 4 представлена максимальная конфигурация программных модулей пользователя, штриховыми линиями обведены модули, необходимые пользователю при минимальной конфигурации.

В случае совпадения текущей задачи пользователя с ранее решенной задачей в системе все структуры данных и программные средства, сгенерированные модулем формализации знаний специалистов, а также все настройки модулей могут быть использованы пользователем на своем рабочем месте без предварительной обработки.

Отметим, что предложенные программные модули системы и ее архитектура дают пользователю возможность самостоятельно (без создания специализированных модулей) решать в базовой системе свои задачи стандартными средствами обработки и анализа объектов по их изображениям. Если же разработка таких модулей все же окажется необходимой, то их интеграция в систему не затронет уже созданные модули предварительной обработки и сегментации, а преобразование изображения к семантическому описанию объектов на нем будет выполнено уже имеющимися универсальными средствами.

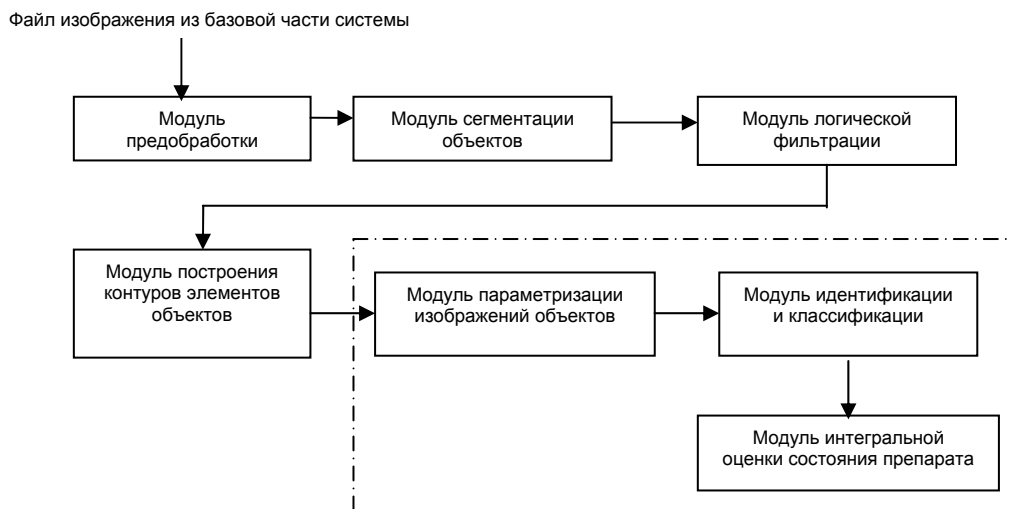


Рис.4. Максимальная конфигурация программных модулей пользователя

Все структуры данных и программные средства обработки и анализа каждого разноименного типа объекта, подготовленные в модулях базовой части системы, могут использоваться в аналогичных модулях на рабочем месте пользователя (по сети или через Интернет), затратившего решение поставленной им задачи. В дальнейшем пользователь использует базовую часть системы исключительно для формирования файлов изображений объектов своих анализируемых препаратов.

5. Режимы работы системы

Автоматизированная многофункциональная система анализа и идентификации объектов по их изображениям работает в двух режимах: обучения и собственно автоматического распознавания изображений объектов на диагностируемых препаратах.

При обучении системы необходимо:

- создать визуальный банк типичных образцов изображений объектов, надежно верифицированных состояний анализируемых препаратов;
- создать базу данных параметров (сформированных наборов признаков - среднестатистических значений параметров и их интервалов), используемых для идентификации и построения математических моделей разноименных объектов по их изображениям;
- построить предварительный классификатор для идентификации объектов и формирования

диагностически значимых индивидуальных признаков или их совокупностей;

- принять решение о возможности и целесообразности использования структурно - параметрических моделей разноименных объектов для их идентификации и диагностики анализируемых состояний препаратов в целом.

Схема информационных потоков для принятия решений об использовании моделей объектов для диагностики анализируемых состояний препаратов представлена на Рис. 5.

Затем информативные признаки-параметры каждого надежно идентифицированного объекта обучающей выборки (согласно структурно - параметрической модели) поступают на обучение нейронной сети. В качестве базовой нейронной сети выбрана статическая двухслойная сеть прямой передачи сигнала (функция `newff()` Matlab), но можно использовать и другие, более сложные сети.

В режиме распознавания вычисленные в модуле морфометрического анализа параметры текущих объектов подаются на вход обученной нейронной сети для их идентификации и классификации. В этом случае система автоматически вычисляет значимые параметры объектов, на основании которых они идентифицируются, дифференцированно подсчитываются. Затем на основании правил идентификации состояний препаратов по составу и соотношению присутствия тех или иных патологически измененных клеточных структур система принимает решение – формирует заключение о состоянии препарата.

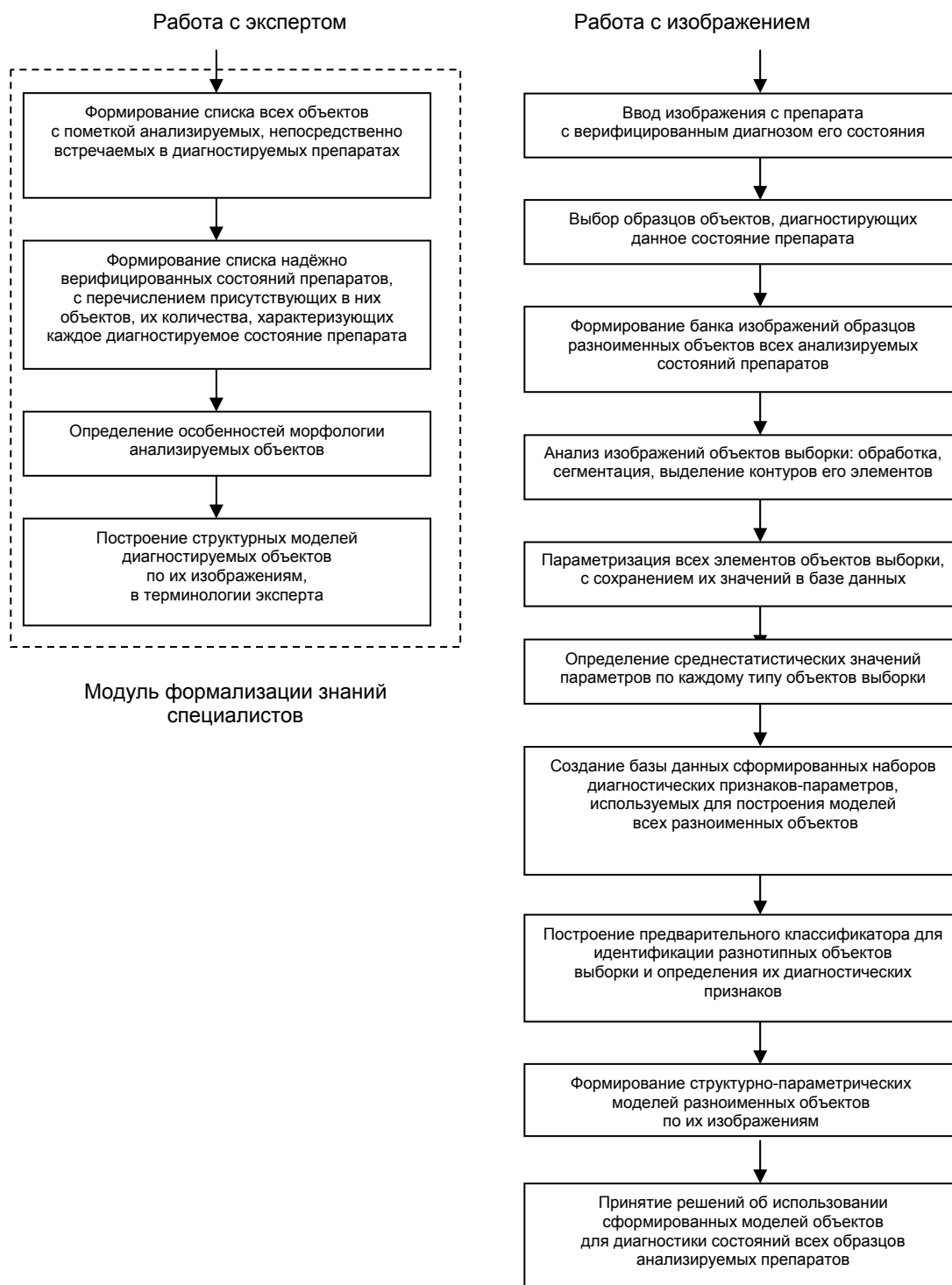


Рис.5. Схема информационных потоков

Заключение

Проведенные экспериментальные исследования⁶ подтвердили, что предлагаемые технологические средства комплекса «Морфолог-Сеть» и сам комплекс могут быть использованы для решения научно-исследовательских и практических задач в области анализа и диагностики объектов медико-биологической природы. Представляется возможным использование системы специалистами в клинко-диагностических, научно-исследовательских лабораториях медико-биологических учреждений и учебных заведениях. В частности, для создания и изучения новых методов диагностики заболеваний на основе объективной морфометрии, осуществления мониторинга по результатам анализов с визуальными изображениями материалов, прогнозирования развития заболевания и выбора оптимальной стратегии лечения.

Заметим, что возможно использование данной системы в фармакологической, пищевой отраслях для идентификации и подсчета микроорганизмов в пробах продуктов, необходимых при микробиологическом контроле в процессе производства. В материаловедении система может быть полезна для анализа и оценки зернистости и пористости в металлах и других твердых материалах.

Разработанные методы и программные средства были внедрены в лабораториях: эндокринологического научного центра РАМН (ЭНЦ РАМН) (г. Москва), ФГУ «Российского научного центра рентгенорадиологии Росздрава (ФГУ РНЦ РР) (г. Москва); ФГУП Российского Федерального ядерного центра – Всероссийского научно-исследовательского Института экспериментальной физики (г. Саров); медицинского радиологического научного центра

РАМН (г. Обнинск), Тихоокеанского океанологического института им. В.И. Ильичева ДВО РАН (г. Владивосток).

Литература

1. Автандилов Г.Г. «Медицинская морфометрия». М., «Медицина», 1990, с. 342-351.
2. «Автоматизация процессов анализа изображений медико-биологических микрообъектов». /Сб. трудов под ред. И.В. Прангишвили, Г.М. Поповой, Вып. 7 М.: ИПУ, 1998.
3. Компьютерный морфометрический анализ изображений сперматозоидов / Г.М. Попова, Ю.О. Дружинин, В.Н. Степанов и др. // Системный анализ и управление в биомедицинских системах. - 2004. - Т. 3.- № 4. - С. 282 – 288.
4. Количественная диагностика онкологических заболеваний предстательной железы с использованием компьютерного анализатора «Морфолог-Сеть» / Г.М. Попова, Ю.О. Дружинин, В.Н. Степанов и др. // Системный анализ и управление в биомедицинских системах. - 2006. - Т. 5.- № 4. - С. 943 – 954.
5. «Современные микроскопические исследования в биологии и медицине». Сборник статей. М., «Лаборатория», 2006, с. 108-113, 134-136.
6. Программно-аппаратный комплекс оценки индивидуальной радиочувствительности онкологических больных с использованием метода «комет» / Г.М. Попова, Ю.О. Дружинин, В.Н. Степанов и др. // Альманах клинической медицины. 2008 Т. XVII. Ч. 1. С.368-371.
7. Горохватский В.А., Ереско Ю.Н., Путятин Е.П., Стрельченко В.И. Локализация объектов на изображениях визуальных сцен // Автотометрия. 1990. № 6. С. 3 – 7.
8. Дружинин Ю.О., Попова Г.М. Информационная технология описания и морфометрического анализа изображений микрообъектов // Автоматика и телемеханика. -2001. - №4. - С. 135 – 147.
9. Попова Г.М., Степанов В.Н. Анализ и обработка изображений медико-биологических микрообъектов // Автоматика и телемеханика. 2004. № 1. С. 131-142.
10. Попова Г.М., Степанов В.Н., Дружинин Ю.О. Интерактивный метод обработки цветных изображений объектов биологической природы для получения их семантического описания. // Системный анализ и управление в биомедицинских системах. Т. 8, № 3, 2009, С. 741-746.

Попова Галина Михелевна. Ведущий научный сотрудник Института проблем управления им В. А. Трапезникова РАН, Москва. Окончила Московский ордена Ленина энергетический Институт в 1964 г. Кандидат технических наук, старший научный сотрудник, автор более 60 научных публикаций. Область научных интересов – технологические средства (методы, модели, алгоритмы) информационных вычислительных систем, интеллектуальный анализ данных и распознавание образов по их изображениям. E-mail: gmpopova@ipu.rssi.ru.

⁶ Список задач, решенных в системе: счет эритроцитов в препарате, счет ретикуляцитов на 10000 эритроцитов, построение кривой Прайс-Джонса, морфометрический анализ сперматозоидов, морфометрический анализ изображений «ДНК-комет», морфометрическая диагностика доброкачественных и злокачественных новообразований предстательной железы.

Степанов Василий Николаевич. Старший научный сотрудник Института проблем управления им В. А. Трапезникова РАН, Москва. Окончил Московский Институт радиотехники электроники и автоматики в 2001 г. Кандидат технических наук, автор 25 научных работ. Область научных интересов - обработка и анализ изображений, интеллектуальные компьютерные системы. E-mail: vnstepanov@yandex.ru.

Дружинин Юрий Олегович. Старший научный сотрудник Института проблем управления им В. А. Трапезникова РАН, Москва. Окончил Московский Институт нефтехимической и газовой промышленности им. И.М. Губкина в 1981 г. Кандидат технических наук, автор 25 научных работ. Область научных интересов – обработка изображений, нейронные сети. E-mail: ydruzhin@ipu.rssi.ru.

Дятчина Ирина Федоровна. Научный сотрудник Института проблем управления им В. А. Трапезникова РАН, Москва. Окончила Московский Институт радиотехники электроники и автоматики в 1982 г. Автор более 20 работ. Область научных интересов - обработка и анализ изображений. Тел. 8(495)3349061.