

/ Ю. Ф. Назаров, А. М. Шкилько, В. В. Тихоненко, И. В. Компанец. – Измерительная техника. – 1980. – № 11. – С. 23.

2. Валетов В. А. Оптимизация микрогеометрии поверхностей деталей в приборостроении : [учебное пособие] / Валетов В. А. – Л. : ЛИТМО. – 1989. – С. 100.

3. Гаврилин Д. А. Исследование методов описания формы сложных оптических поверхностей при интерферометрическом контроле : автореф. дис. на соискание ученой степени канд. техн. наук / Гаврилин Д. А. – СПб. : СПбГУ ИТМО, 2003.

4. Беяева А. И. Программно-аппаратный комплекс для микроинтерферометрических исследований А. И. Беяева, А. А. Галуза, А. Д. Кудленко // ПТЭ 2008. – № 5.

5. Ландсберг Г. С. Оптика / Ландсберг Г. С. – М. : Физматлит, 2003. – 848 с.

6. Олійник В. В. Мікроскопія: від оптичної до мікрохвильової / В. В. Олійник // КНУ ім. Т. Шевченка. – 2008. – № 2. – С. 5.

Надійшла 7.9.2012 р.

Рецензент: д.т.н. Кичак В.М.

УДК 004:932.2:616-006.06

Г.М. МЕЛЬНИК

Тернопільський національний економічний університет

## ІНФОРМАЦІЙНА ТЕХНОЛОГІЯ ОПРАЦЮВАННЯ ГІСТОЛОГІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ

*Описано інформаційну технологію аналізу гістологічних зображень. В основі технології лежать структурні методи аналізу зображень. Для оцінки структурних змін в тканинах органів запропоновано метод на основі застосування груп симетрії, що дозволяє отримати інваріантний до повороту, зсуву та масштабу структурний опис зображень.*

*We describe the information technology for digital histological images analysis. Proposed technology based on structural methods of image analysis. To estimate structural changes in the tissues the methods based on the use of symmetry groups is proposed. Those methods provides invariant to rotation, translation and scale structural description of images.*

Ключові слова: гістологічне зображення, цифрова мікроскопія, групи симетрії площини.

### Вступ

Рак є однією з найпоширеніших причин смерті на планеті і за даними ВОЗ до 2030 року глобальна смертність від нього у світі зросте порівняно з 2007 роком у півтора рази і складе 11,5 мільйонів випадків. Діагностування ракових захворювань зазвичай вимагає гістопатологічного дослідження, тобто дослідження пошкоджених тканин людини. Гістологія – це наука, що вивчає закономірності розвитку, будови і функції тканин, а також міжтканинної взаємодії. Об'єкт гістології – тканини – є топологічно і функціонально зв'язані клітинні системи і їх похідні, з яких утворені органи.

Основним методом гістологічного дослідження клітин, тканин і органів є світлова мікроскопія, яка є джерелом гістологічних (ГЗ) та цитологічних (ЦЗ) зображень. Мікрооб'єкти на ГЗ і ЦЗ це клітини, що складаються з ядра, оточеного цитоплазмою. Різні класи клітин або стани однієї клітини можуть відрізнятися як наявністю цитоплазми взагалі, так і формою та кількістю ядер. Структурами на ГЗ є складні об'єкти, що утворені клітинами: шари клітин, стінки судин, залози та ін.

У клінічній практиці при дослідженні злоякісних новоутворень та постановці діагнозу використовується світлова мікроскопія, яка є областю лабораторної діагностики, де домінує трудомісткий суб'єктивний якісний аналіз.

Для автоматизації мікроскопічних досліджень застосовуються системи автоматизованої мікроскопії (САМ). До їх складу входить спеціалізоване програмне і апаратне забезпечення. Актуальність їх розроблення обґрунтована вдосконаленням якості морфологічної діагностики.

Для аналізу ЦЗ та ГЗ на ринку існує широкий ряд програмних засобів та програмно-апаратних комплексів [1]. Всі вони відрізняються по функціональних можливостях, спеціалізації, архітектурі, рівню автоматизації процесу аналізу.

За функціональними можливостями системи можна розділити на такі типи:

- системи отримання зображення з фотокамери, відеокамери або цифрового мікроскопа;
- системи, що містять засоби для ручного інтерактивного вимірювання розмірів мікрооб'єктів та структур, підрахунку їх кількості та статистичного аналізу;
- системи які мають засоби для автоматизованого виділення мікрооб'єктів шляхом підбору параметрів операцій сегментації;
- системи, що містять засоби класифікації зображення, мікрооб'єктів чи станів мікрооб'єкта;
- експертні системи, що дозволяють будувати якісний опис станів мікрооб'єктів.

Рівень функціональності системи та її призначення впливають на її програмну архітектуру. Можна виділити три підходи до побудови програмних засобів систем аналізу ГЗ. Перший орієнтований на роботу

оператора з одним поточним зображенням, над яким виконуються операції, що викликаються з меню. Другий орієнтований на оброблення серії зображень за допомогою окремих модулів (підпрограм), кожен з яких виконує певну операцію. Третій підхід полягає в поєднанні попередніх двох.

З точки зору рівня аналізу зображення системи оброблення ГЗ та ЦЗ можна умовно розділити на три класи (рис. 1). Зазначимо, що засоби для проведення морфометричних вимірювань та підрахунку об'єктів, як правило, присутні у всіх системах. Прості редактори обмежені функціями отримання зображення та ручним вимірюванням лінійних розмірів (ScreenMeter, Motic Images Advanced 3.2).

Системи оброблення ГЗ містять операції детекції клітин та їх класифікації (ВидеоТест-Морфологія 5.0, AnalySIS Five, BioVision, QCapture PRO 6.0, CellProfiler).

Експертні системи аналізу зображень (ЕСАЗ) використовують знання експертів патологоанатомів для опису мікрооб'єктів, характеристик, патологічних процесів у якісних категоріях і висновку про стан зляжкісного процесу (експертна система KIDS [2]).

<i>Задачі опрацювання зображень</i>		
отримання, попереднє оброблення зображення	оброблення зображення	аналіз зображення
<i>Операції</i>		
керування мікроскопом та камерою, нормалізація фону, видалення шумів, підкреслення границь, покращення контрасту та ін.	сегментація, контурний аналіз, текстурний аналіз, детекція об'єктів, класифікація зображень	розпізнавання образів, вивід висновку на основі нечіткої логіки, вивід висновку на основі бази знань
<i>Класи систем</i>		
I. Редактори зображення	II. Системи автоматизованої мікроскопії	III. Експертні системи аналізу зображень

**Рис. 1. Класифікація програмних засобів оброблення гістологічних та цитологічних зображень**

Системи аналізу ГЗ також можна розділити за призначенням (задачею) і відповідним типом результуючої інформації:

- ручне виділення мікрооб'єктів, підрахунок їх кількості, вимірювання числових ознак, статистичне оброблення результатів;
- автоматичне виділення (класифікація) мікрооб'єктів, підрахунок їх кількості, визначення числових ознак, статистичне оброблення результатів;
- вивід висновку про діагноз на основі кількості об'єктів певного класу (цитологія).

Проте для частини діагностичних процесів, що базуються на структурних характеристиках тканин і взаємному положенні клітин математичне та алгоритмічне забезпечення все ще відсутнє. Тому актуальною задачею є розроблення методів і алгоритмів структурного аналізу гістологічних зображень і побудова на їх основі інформаційної технології.

#### **Інформаційні технології опрацювання гістологічних зображень**

Інформаційна технологія – це системно-організована послідовність операцій, що виконуються над інформацією з використанням засобів і методів автоматизації [3, 4]. Операціями є елементарні дії над інформацією. Інформаційна технологія опрацювання зображення розглядається як послідовність операцій з його перетворення у потрібну форму.

Хоча сама технологія залежить від виду розв'язуваної задачі, вона завжди містить операції попередньої обробки для покращення зображення, операції отримання формалізованого представлення зображення (бінаризація, виділення контурів, областей з заданими характеристиками та примітивів та ін.). Процес аналізу виділених примітивів об'єктів часто є заключним етапом технології опрацювання зображень [3].

Інформаційним забезпеченням технології є:

1. направлення на гістологічне дослідження;
2. серію зображень, які відносяться до одного експерименту, зразка або препарату;
3. звіт патолога про гістологічне дослідження.

Узагальнену діаграму технології оброблення ГЗ та ЦЗ в САМ можна представити такою послідовністю операцій (рис. 2) Слід відмітити, що різні системи залежно від рівня складності містять не всі перелічені операції. Більшість САМ обмежуються визначенням числових ознак мікрооб'єктів. Складніші інтелектуальні системи, що базуються на знаннях, визначають тип зляжкісного новоутворення (в інтерактивному або автоматизованому режимах).

Отримання цифрового зображення виконується за допомогою цифрового мікроскопа, фотокамери або слайд-сканера. Операція попереднього оброблення застосовується для усунення дефектів, покращення якості, корекції яскравості та ін. Наступним кроком є детекція простих мікрооб'єктів (клітин) за допомогою різних алгоритмів сегментації в ручному або автоматизованому режимах. Після виділення мікрооб'єктів обов'язковим етапом є обчислення їх геометричних ознак, які використовуються для статистичного аналізу. Для подальшого аналізу застосовують ЕСАЗ, що призначені для розв'язку задач класифікації зображень, розпізнавання об'єктів та виводу висновку про стан об'єктів. ЕСАЗ широко використовують такі методи

штучного інтелекту: якісні міркування, нечітку логіку, штучні нейронні мережі.

Існує ряд проблем, що утруднюють розроблення та впровадження інформаційних технологій у процес діагностики на основі ГЗ.



Рис. 2. Діаграма технології опрацювання гістологічного зображення

Більшість засобів орієнтовані на знання користувачем принципів та методів оброблення зображень. Це відображено в тому, що ГЗ, об'єкти на ньому та дії над зображенням описані в термінах комп'ютерного зору. Ефективне використання такого ПЗ можливе тільки у випадку, коли оператор має відповідну технічну освіту або спеціальну підготовку.

Мінімізація рутинної роботи під час введення ГЗ забезпечується:

- автоматичним вибором інформативних полів зору на основі оцінки локальних і глобальних ознак зображень;
- застосуванням моторизованих мікроскопів, що дозволяє сканувати предметне скло автоматично та отримувати зображення всього зразку у вигляді віртуального слайду;
- застосуванням засобів автоматичної подачі зразків на предметний стіл мікроскопа.

Іншою проблемою є використання інтерактивних алгоритмів, що потребують підстроювання їх параметрів. Результат роботи алгоритму при цьому контролюється користувачем візуально. Послідовність застосування алгоритмів та операторів оброблення зображення також задається вручну. Такі алгоритми повинні виконуватися в інтерактивному режимі:

- для розв'язання проблеми надійності: користувач повністю контролює результати виконання алгоритму шляхом інтерактивного управління;
- для розв'язання питань правової відповідальності: автоматична обробка біомедичних даних часто створює проблему правової відповідальності. Якщо алгоритм виконується під керівництвом користувача, ця проблема знімається.

#### Методи, алгоритми аналізу і синтезу гістологічних зображень

**Пошук зображень в базі даних.** Одним з найбільш важливих аспектів при побудові великомасштабних віртуальних наборів даних для зображень є можливість виконувати запити користувача ефективним способом. Для забезпечення пошуку об'єктів на ГЗ розроблено алгоритмічне забезпечення [5], що використовує ознаки форми та кольору мікрооб'єктів.

Колірна ознака зображення клітин формується як набір значень кольору кожного кластера і його відносного розміру. Введемо позначення:  $A$  – перше зображення,  $K^A$  – кількість кластерів для зображення  $A$ ,  $I_i$  – значення кольору  $i$ -го кластера,  $S_i$  – відносний розмір  $i$ -го кластера. Колірна ознака  $f_A$  для зображення  $A$  визначається так:

$$f_A = \{(I_i, S_i) | I_i \in \{R, G, B\}, R, G, B \in \{0, 1, \dots, 255\}, 0 \leq S_i \leq 1, \sum_{i \in K} S_i = 1, 1 \leq i \leq K^A\}. \quad (1)$$

Для двох заданих зображень  $A$  і  $B$ , їх колірні характеристики є відповідно  $f_A = \{(I_i^A, S_i^A) | 1 \leq i \leq K^A\}$  та  $f_B = \{(I_j^B, S_j^B) | 1 \leq j \leq K^B\}$ . Колір  $I_k^B$ , з зображення  $B$ , який має мінімальну відстань до заданого кольору  $I_i^A$  визначається на основі евклідової відстані  $W$ :

$$k = \arg \min_{j \in K^B} W(I_i^A, I_j^B) \quad (2)$$

Знайдене  $k$  використовується, щоб обчислити міру відстані між  $i$ -м елементом ознаки  $(I_i^A, S_i^A)$  і ознакою  $f_B$ :

$$D[(I_i^A, S_i^A), f_B] = |S_i^A - S_k^B| \cdot W(I_i^A, I_k^B) \quad (3)$$

Відносні розміри областей  $S$  використовуються як вагові коефіцієнти. Так, для кожного кольору в зображенні  $A$  знаходиться найближчий колір із зображення  $B$ .

**Сегментація складних об'єктів.** Для забезпечення адаптивних властивостей САМ пропонується проводити вибір параметрів алгоритму для блоку сегментації складних об'єктів на основі їх розміру. Для виділення складних об'єктів розроблено алгоритм багатопорогової текстурної сегментації на основі математичного сподівання і дисперсії значень точок текстурного поля [6]. В якості текстурних ознак використано просторові моменти першого порядку. Результати застосування алгоритму для дослідження тканин молочної залози наведено у частині 4.

**Структурний аналіз гістологічних зображень.** Для аналізу структурних патологічних змін у тканинах розроблено методи і алгоритми аналізу ГЗ на основі теорії кристалографічних груп [7]. Аналіз ГЗ складається із таких етапів: визначення відповідних точок на контурах мікрооб'єктів, обчислення афінних перетворень між мікрооб'єктами, визначення групи симетрії для групи мікрооб'єктів (частини зображення).

Відповідні точки визначаються на основі дискретних центральних моментів області: обчислюється кут нахилу головної осі, координати центру мас об'єкта [10]. Для області визначаються три відповідні контурні точки, на основі яких визначаються коефіцієнти афінних перетворень. Кожна група симетрії повністю характеризується своїми породжуючими перетвореннями, які можна записати у вигляді коду. Присвоїмо всім можливим перетворенням номери від 1 до  $l$ , а матрицям зсувів від 1 до  $k$ . Комбінацію власне перетворення і зсуву позначимо через верхній і нижній індекс відповідно  $T_k^l$ . Групу симетрії елементарної комірки опишемо через впорядковану послідовність породжуючих перетворень між першим елементарним рисунком (EP) та всіма іншими  $g^*(P) = (T_1^1, T_2^3, \dots, T_k^l)$ . Класифікація групи симетрії зводиться до послідовного співставлення послідовності породжуючих перетворень однієї з 17 груп  $g^*(P)$  із послідовністю утвореною для даного зображення  $g(P)$ . Визначення виду виміряного перетворення  $C$  елементарного рисунку проводиться шляхом його послідовного порівняння з усіма можливими еталонними перетвореннями  $T_j^i, j=1, \dots, m$  для 17 груп симетрії площини і визначення найближчого згідно введеної відстані  $d$ . Відстань  $d(C, T)$  між матрицями двох перетворень  $C = (a_{ij})$  і  $T = (b_{ij})$  розраховується як сума відстаней між відповідними елементами матриць.

$$d(C, T) = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 |a_{ij} - b_{ij}|. \quad (4)$$

Результатом аналізу ГЗ є його опис у вигляді матриць породжуючих перетворень. Матриці в числовому вигляді зберігаються у файл, що є описом даного ГЗ. За цим описом проводиться класифікація зображень, порівняння та пошук в БД.

**Синтез гістологічних зображень.** Для наочності, сприйняття і передачі інформації а також формування навчальних вибірок зображень використовують синтез зображень. Синтез гістологічних зображень здійснено на основі використання плоских кристалографічних груп. В якості непохідного елемента (елементарного зображення) взято зображення клітини, над яким виконано породжуючі перетворення певної групи симетрії. Для моделювання структурних змін у тканинах здійснено параметричні спотворення породжуючих перетворень, в результаті чого отримано ряд структур: регулярні, близько-регулярні, нерегулярні, близько-стохастичні та стохастичні. Узагальнено алгоритм синтезу можна представити наступною послідовністю кроків:

1. Трансляція рапорту;
  - а) генерація рапорту;
  - б) обчислення розміру рапорту;
  - в) обчислення матриці трансляції рапорту;
2. Растеризація площини.

Приклади порівняння алгоритмів синтезу приведено в роботі [8].

#### **Інформаційна модель гістологічного зображення**

Інформаційна модель зображення являє собою сукупність даних, за якими можна однозначно побудувати зображення, і сукупність методів – операцій, за допомогою яких можна сформувати і модифікувати цю модель [9]. Сукупність даних, що описують зображення, складається з дескрипторів. Кількість та тип дескрипторів залежать від самої моделі.

Розглянемо форму представлення зображення на етапах опрацювання та операції, що над ним виконуються (рис. 3). Для аналізу використовуються кольорові зображення в форматах BMP, JPG, TIFF та ін. Вхідне зображення представлено в колірній моделі RGB проте для наступного аналізу перетворюється в моделі Lab та HSV. На етапі нормалізації зображення представлено матрицями кожна з яких містить колірну складову окремої точки. Над вхідним зображенням виконуються операції видалення шумів, нормалізації

фону, згладжування, підкреслення границь та ін.

Наступним етапом є детекція клітин з допомогою операції сегментації на основі апіорної інформації. В якості апіорної інформації може використовуватись форма, колір, розмір клітини. При грубій сегментації, наприклад пороговим розділенням, створюється бінарне зображення. На такому зображенні кожній точці фону відповідає 0 а об'єкту 1. Далі над ним виконується розфарбовування, тобто присвоєння кожній області унікальної мітки. Ця операція завершує етап сегментації. Застосування апіорної інформації про об'єкти полягає у:

- 1) виборі алгоритму сегментації;
- 2) виборі параметрів алгоритму сегментації;
- 3) застосуванні операцій математичної морфології до бінарного зображення;
- 4) відборі областей після грубої сегментації на основі їх характеристик.

Наступним етапом є знаходження контурів детектованих об'єктів. В результаті цієї операції бінарне зображення перетворюється в контурне, де границі об'єкта відповідає 1 а фону та внутрішній області об'єкта 0.

При подальшому аналізі контур об'єктів кодується певним чином. Застосовується кодування з допомогою ланцюгового коду Фрімена, списку координат точок контуру, списку відрізків апроксимованого контуру. Кожен відрізок кодується координатами кінців  $s = \{x_1, y_1, x_2, y_2\}$ . На основі даного представлення визначаються периметр, ознаки форми об'єктів, дискретні моменти та ін.

Після знаходження моментів області лінії головних осей представлено у вигляді координат точки  $(x, y)$  та приростів по осях  $(dx, dy)$ :  $l = \{x, y, dx, dy\}$ . Координати відповідних точок обчислюються шляхом пошуку точок перетину ліній головних осей та відрізків контуру.

Наступним етапом є структурний аналіз зображення. Дерево афінних перетворень  $G = (V, A)$  містить множину вершин  $V$ , що представляють EP, та множину гілок  $A$ . Множина гілок складається з множини гілок зсувів та множини гілок видів перетворень симетрії  $A = L \cup T$ .  $L$  – множина гілок вагами яких є зсуви між елементарними рисунками,  $T$  – множина гілок вагами яких є види перетворень симетрії, які пов'язують два EP.

На основі перетворень перших елементів у рапортах визначаються осі трансляції. На основі зсуву кожного рапорту один відносно одного вздовж осі трансляції визначається послідовність їх запису у деревовидну структуру.

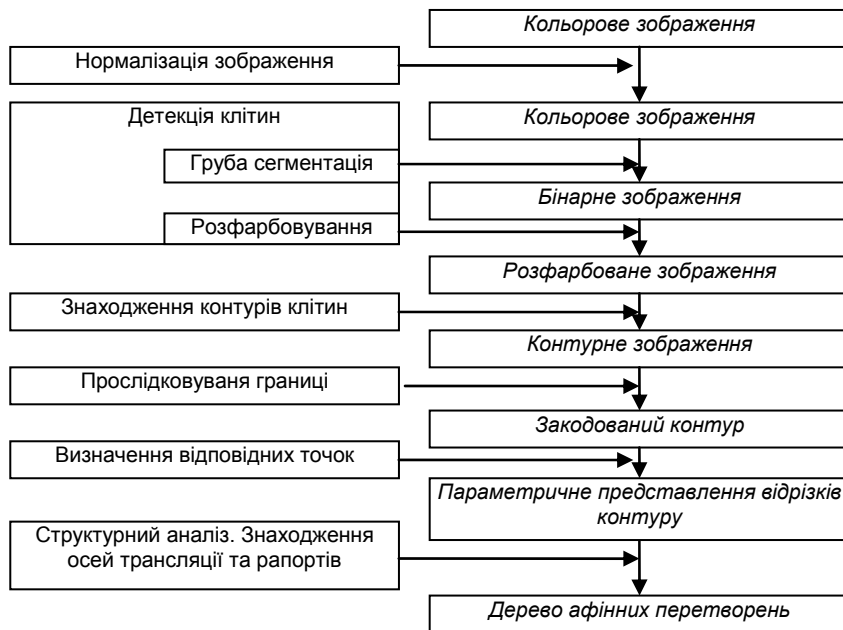


Рис. 3. Етапи перетворення зображення

В якості структури даних для зберігання матриць породжуючих перетворень та матриць спотворень обрано структуру CvMat. Вихідна інформація зберігається у XML файлі з наступною структурою:

```

<?xml version="1.0"?>
<opencv_storage>
<mat_features type_id="opencv-matrix">
<rows>12</rows>
<cols>1</cols>
<dt>f</dt>
<data> ..... </data></mat_features>
</opencv_storage>
  
```

В якості структури даних для збереження дерева афінних перетворень використані послідовності

CvSeq бібліотеки OpenCV. Послідовності – це зв’язані списки різних структур. Послідовність виглядає як симетрична черга, це дуже швидкий інструмент для довільного доступу і для доповнень і видалення з будь-якого кінця, але трохи уповільнений для додавання та видалення об’єктів в середині цієї черги. Чотири основних елементи однієї ланки послідовності – це вказівники на інші послідовності: `h_prev`, `h_next`, `v_prev`, і `v_next` (горизонтально-попереднє, горизонтально-наступне, вертикально-попереднє і вертикально-наступне). Функції бібліотеки OpenCV дозволяють зберігати послідовність також у вигляді XML файлу.

### Технічна реалізація

Розроблене математичне та алгоритмічне забезпечення технології оброблення ГЗ використано при створенні програмного забезпечення САМ. Для написання програмного засобу використано програмне середовище IntelliJIDEA, мови програмування Java, Object Pascal, C++. Для роботи ПЗ необхідна робоча станція на базі операційної системи Windows. Програмний засіб розроблено як розширення (модуль) редактора ImageJ.

Для проведення аналізу вхідного зображення використано бібліотеку операцій програмного засобу ImageJ. До базових можливостей засобу можна віднести: мультиплатформенність, відкритість коду, наявність мови сценаріїв, наявність плагінів, що реалізують базові алгоритми попереднього оброблення зображення. Форматом файлів за замовчуванням для даного засобу є TIFF. У її базовий функціонал закладені можливості відкриття й збереження файлів у форматах GIF, JPEG, BMP, PNG, PGM, FITS, Open DICOM.

Розроблене ПЗ розв’язує такі задачі оброблення ГЗ: створення методики дослідження (сценарію), виконання дослідження в автоматичному режимі, робота з БД, робота з правилами діагностування. Засіб складається з наступних підсистем: редагування та запуск методики дослідження, редагування списку зображень дослідження, редагування правил діагностування, редагування правил діагностування. Модульна структура САМ зображена на рис. 4.

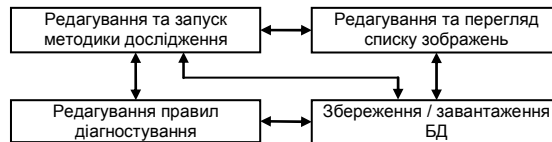
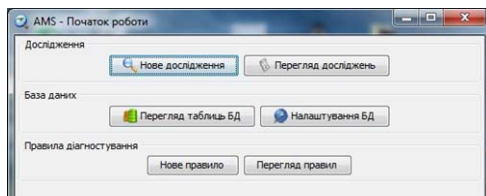


Рис. 4. Структура програмного засобу аналізу ГЗ

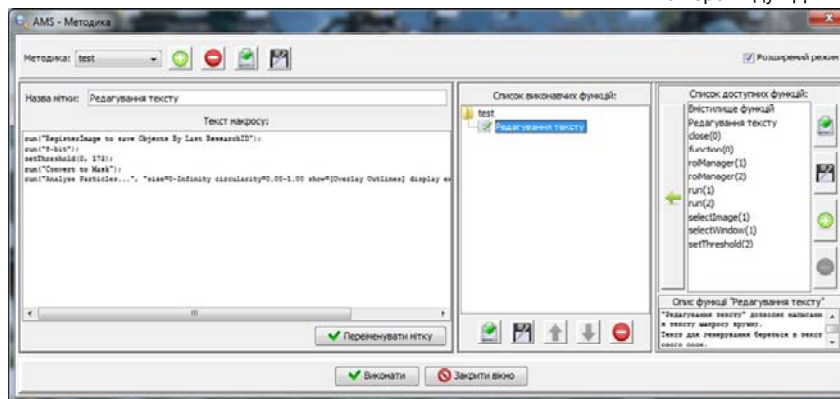
При обробленні ГЗ зображення зберігаються в окрему папку, що відповідає окремому дослідженню. При проведенні дослідження з допомогою САМ для кожного дослідження зберігається назва, дата, час, ПІБ пацієнта, код предметного скла, кратність об’єктива, метод фарбування. Основні вікна програмного засобу зображено на рис. 5.



Початкове вікно

ImageID	Count	Total Area	Average Size	Nuclei	Mean	Mode	Ratio	Mean	Ratio
17	31	141788.0	11794.222	27794	182.42	141.867	0.12388	179.739	187.112
44	31	141788.0	11794.222	27794	182.42	141.867	0.12388	179.739	187.112
142	368	2824.0	7.6468	0.38	284.909	283.0	0.871	2.814	1.982
143	368	2824.0	7.6468	0.38	284.909	283.0	0.871	2.814	1.982
128	368	2824.0	7.6468	0.38	284.909	283.0	0.871	2.814	1.982
129	368	2824.0	7.6468	0.38	284.909	283.0	0.871	2.814	1.982
122	368	2824.0	7.6468	0.38	284.909	283.0	0.871	2.814	1.982
124	3077	1171751.0	381.423	27148	284.704	283.0	0.888	3.022	2.383

Вікно перегляду БД



Вікно створення методики дослідження

Рис. 5. Копії екрану основних вікон розробленого програмного забезпечення

Для того, щоб зменшити вимоги до рівня знань в області комп’ютерного зору користувача було забезпечено можливість створення сценаріїв – методик дослідження, які використовуються для автоматизації часто повторюваних операцій. Методика створюється розробником САМ або користувачем. Готова

методика, що використовує оцінку результатів операції оброблення зображення може здійснювати в автоматизованому режимі.

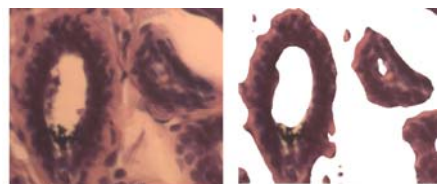
Щоб підтримати розділення ролей користувачів САМ створено два режими роботи з методиками. Перший забезпечує створення сценарію методики на основі наявних в бібліотеці САМ алгоритмів. Кожен алгоритм має набір параметрів значення яких підбираються інтерактивно для досягнення найкращого результату, тобто під контролем користувача. Далі розроблена методика може використовуватися в спрощеному режимі тільки для отримання результату.

Типова структура апаратної частини САМ складається з системи вводу зображень (СВЗ), побудованої на базі мікроскопа, відеокамери або фотокамери, комп'ютера з програмним забезпеченням і принтера. СВЗ є складним компонентом, структура якого залежить від класу системи і вміщує в собі світловий мікроскоп, камеру, фотоадаптер, пристрій зміни поточного об'єктива, пристрій фокусування, пристрій переміщення предметного стола, пристрій подачі зразків та пристрій освітлення. Для рішення проблем підбору комплектації САМ розроблено І-АБО дерева для структурного синтезу апаратної та програмної частин системи [1].

#### Експериментальні результати

Для дослідження ефективності розробленого математичного та алгоритмічного забезпечення проведено тестування системи аналізу ГЗ на базі набору цитологічних і гістологічних зображень Breast Cancer Dataset. Виділення дольок молочної залози з допомогою текстурної сегментації наведено на рис. 6.

Розроблений алгоритм визначення відповідних точок на основі центральних моментів виявляється кращим при дії цілочисельної трансляції та повороту. Величина перекриття співставлених областей за допомогою розробленого алгоритму менша на 8 % у порівнянні з методом січних.



Вихідне зображення Результат сегментації  
Рис. 6. Детекція складних об'єктів на гістологічному зображенні

#### Висновки

Програмне, математичне та алгоритмічне забезпечення для аналізу ГЗ розроблено в рамках тем Міністерства освіти і науки, молоді та спорту України "Розробка та дослідження методів аналізу зображень біомедичної природи" (2008– 2012 рр.) та "Інформаційно-аналітична система для дослідження та діагностування пухлинних (ракових) клітин людини на основі аналізу їх зображень" (2008-2010 рр.). Розроблені методи та алгоритми дозволили підвищити достовірність діагностування злоякісних новоутворень, за рахунок кількісної оцінки патологічних змін в тканинах людини [11].

#### Література

1. Синтез альтернативних рішень при структурному проектуванні систем автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, К.М. Березька, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник // Науковий вісник Українського державного лісотехнічного університету. – 2009. – Т. 19 (5), № 23. – С. 258– 268.
2. Ovalle A. KIDS: A Distributed Expert System for Biomedical Image Interpretation. / Arturo Ovalle, Catherine Garbay // Information Processing in Medical Imaging 1991. – С. 419– 433.
3. Абламейко С.В. Обработка изображений: технология, методы, применение: [учебное пособие] / С. В. Абламейко, Д. М. Лагуновский. – Минск: Амаляфея, 2000. – 304 с.
4. Інформаційні технології та моделювання бізнес-процесів: [навч. посіб.] / О. М. Томашевський, Г. Г. Цегелик, М. Б. Вітер, В. І. Дудук. – К.: "Видавництво "Центр учбової літератури", 2012. – 296 с.
5. Berezsky O. Biomedical Image Search and Retrieval Algorithms / O. Berezsky, G. Melnyk, Yu. Batko // Computing – 2008. – № 7. – С. 108– 114.
6. Березький О.М. Текстура сегментація біомедичних зображень на основі просторових моментів / О.М. Березький, Г. М. Мельник, Ю. М. Батько // Матеріали 4-ї Міжнародної "Комп'ютерні науки та інформаційні технології 2009" науково-технічної конференції. – Львів, 2009. – С. 42– 45.
7. Мельник Г.М. Метод і алгоритми аналізу симетричних зображень / Г.М. Мельник // Штучний інтелект. – 2010. – № 4. – С. 253– 261.
8. Березький О. М. Порівняння алгоритмів синтезу біомедичних зображень / О. М. Березький, Г. М. Мельник // Інтелектуальні системи прийняття рішень і проблеми обчислювального інтелекту (ISDMCГ'2011): Матеріали міжнародної наукової конференції. – Євпаторя, 2011. – Т. 2. – С. 189– 193.
9. Миронов Д. Ф. Компьютерная графика в дизайне / Миронов Д. Ф. – СПб.: БХВ-Петербург, 2008. – 560 с.
10. Мельник Г.М. Метод знаходження відповідних точок на контурах мікрооб'єктів біомедичної природи // Вісник Національного університету "Львівська політехніка" "Комп'ютерні науки та інформаційні технології". – 2012. – № 720. – С. 275– 283.
11. Дацко Т.В. Морфометричні особливості епітелію шийки матки при цитологічному дослідженні дисплазій / Т. В. Дацко, О.М. Березький, Ю.М. Батько та ін // Науково-практичний журнал "Здобутки клінічної і експериментальної медицини" – 2008. – № 2 (9). – С. 112.

Надійшла 26.9.2012 р.  
Рецензент: к.т.н. Коваль В.С.