

**ІНФОРМАТИКА, ОБЧИСЛЮВАЛЬНА ТЕХНІКА
ТА АВТОМАТИЗАЦІЯ**

УДК 681.325

Л.С. Андрушко, студ.
Т.М. Локтікова, ст. викл.
Д.В. Яновський, магістр
Житомирський інженерно-технологічний інститут

**АЛГОРИТМ ОБРОБКИ ТА РОЗПІЗНАВАННЯ ЗОБРАЖЕНЬ
ДЛЯ ВПРОВАДЖЕННЯ МЕТОДУ БІОЛОГІЧНОЇ ДОЗИМЕТРІЇ
НА ОСНОВІ МІКРОЯДЕРНОЇ ТЕХНІКИ**

(Представлено д.т.н., проф. Б.Б.Самотокіним)

Розроблено алгоритм обробки та розпізнавання зображень клітин периферійної крові людини з метою автоматизації методу біологічної дозиметрії, що заснований на аналізі хромосомних аберацій. Було проведено моделювання алгоритму.

Біологічні основи проблеми

Проблема безпосереднього визначення дози іонізуючого випромінювання, яку поглинув біологічний об'єкт, – одна з найактуальніших у сучасній дозиметрії і протирадіаційному захисті. Під дією радіації в молекулах ДНК відбуваються подвійні розриви, які можуть викликати відокремлення окремих фрагментів спадкового матеріалу. Такі пошкодження структури хромосом відносяться до хромосомних аберацій. Наявність математичної залежності між кількістю хромосомних аберацій та дозою опромінювання дозволяє використовувати їх як міру радіаційного ураження. Спосіб визначення дози опромінення за біологічними наслідками отримав назву біологічної дозиметрії. Класичним методом біодозиметрії є метафазний аналіз хромосом. Він включає підрахунок всіх видимих ушкоджень спадкового матеріалу у клітинах, які знаходяться в метафазі. Цей метод характеризується високою чутливістю, але є надзвичайно складним на етапі підрахунків. Він вимагає багато часу і спеціальної підготовки у виконавців. Метод мікроядерної біодозиметрії [1, 2] заснований на підрахунку кількості хромосомних аберацій в культурі клітин лімфоцитів периферійної крові людини. Клітинна культура, зупинена на стадії ранньої телофази, має вигляд двоядерних клітин. Аберантні фрагменти хромосом залишаються поза межами ядер, утворюючи так звані мікроядра. У такому вигляді їх добре видно під мікроскопом і можна підрахувати. Між кількістю мікроядер і дозою іонізуючої радіації існують певні чисельні співвідношення, які дозволяють реконструювати дозу опромінення.

Загальна структура алгоритму

З метою автоматизації методу мікроядерної біологічної дозиметрії пропонується алгоритм обробки та розпізнавання зображень клітин крові, що здійснює аналіз хромосомних аберацій.

Структурна схема алгоритму зображена на рис. 1. Вихідне зображення (розрізнення 1419x1596 пікселів, глибина кольору 8 бітів), що було використано при розробці запропонованого алгоритму, наведено на рис. 2.

Алгоритм умовно можна розділити на три етапи:

- пошук двоядерної клітини на зображенні;
- аналіз пошкодженості границь двоядерної клітини;
- аналіз хромосомних аберацій у двоядерній клітині.

Кожен етап алгоритму має таку загальну структуру:

- попередня обробка зображення;
- виділення контура на зображенні;
- розпізнавання контура.

Було проведено моделювання алгоритму із застосуванням програмного пакета Visual C++ 6.0 в операційній системі Windows 98.

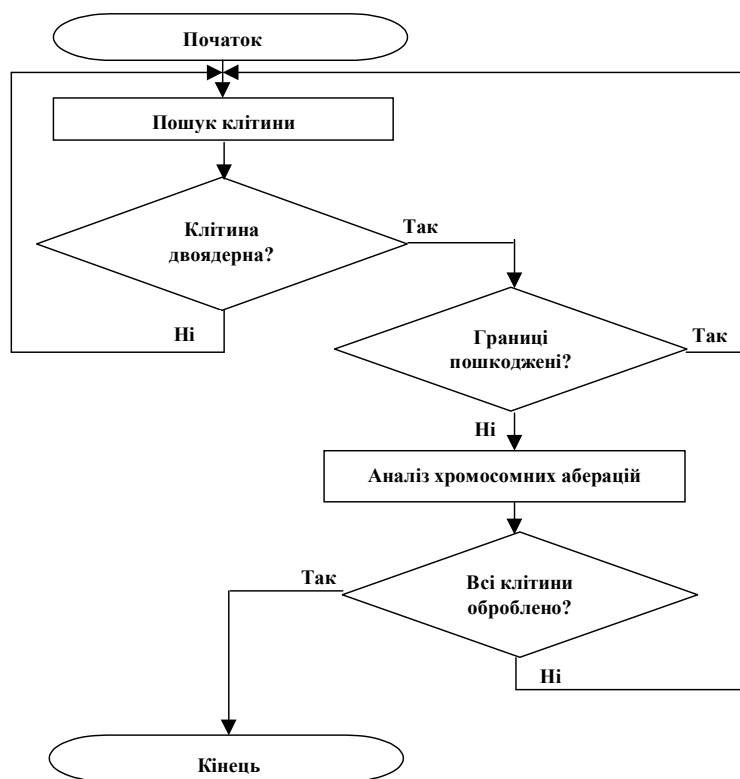


Рис.1. Структурна схема алгоритму

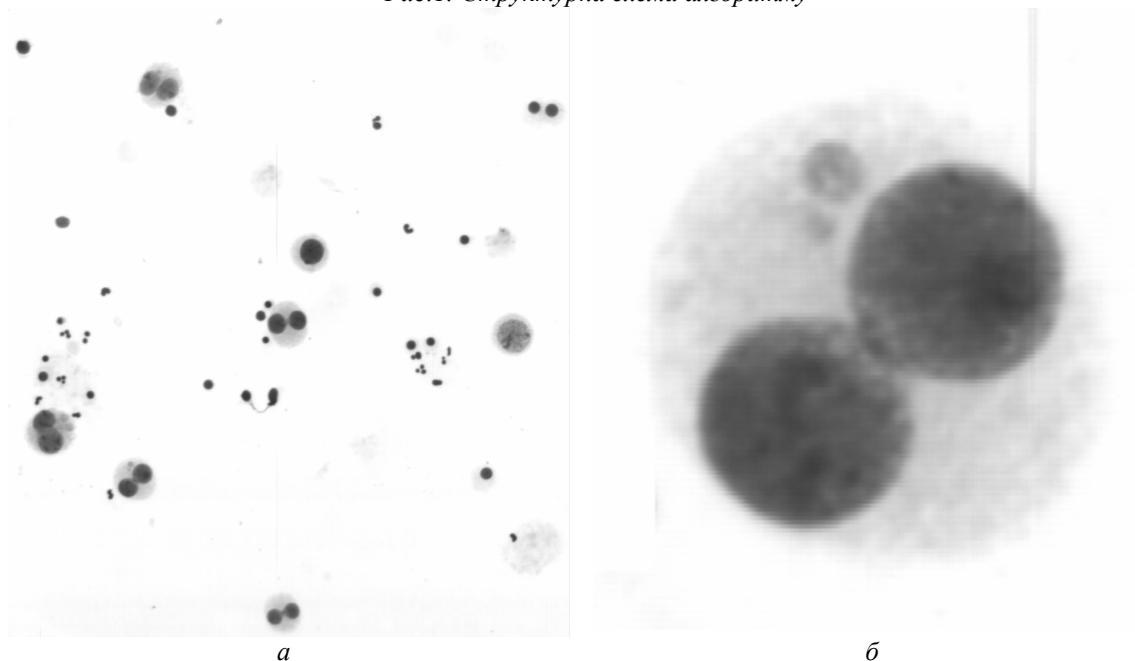


Рис. 2. Вихідне зображення (а) та двоядерна клітина з двома хромосомними абераціями (б)

Пошук двоядерної клітини на зображенні

Пошук двоядерної клітини на зображенні, в свою чергу, складається з двох етапів:

- 1) пошук клітини;
- 2) розпізнавання двоядерної клітини.

На першому етапі спочатку проводиться бінаризація вихідного зображення з фіксованим порогом [3], внаслідок чого зображення розбивається на однорідні за яскравістю області – ядра клітин, заповнені чорним кольором, на білому фоні. Потім проводиться стоншення цих областей до лінії товщиною в один піксель за допомогою ітераційного методу [8], який забезпечує збереження неперервності границь, що є

основною вимогою до алгоритмів стоншення. Результатом останньої процедури є контури ядер клітин. Після цього виконується підрахунок пікселів, що складають кожний замкнутий контур на зображенні, з метою виявлення області, в якій знаходиться клітина. Для усунення дії шумів аналізуються тільки ті області, які мають певну кількість пікселів у контурі.

При розпізнаванні двоядерної клітини аналізується область на вихідному зображенні, що знайдена на попередньому етапі. Слід відмітити, що розпізнаються тільки ті клітини, які містять одне чи два ядра.

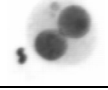
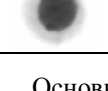
Розпізнавання пропонується проводити за контурним представленням зображення, оскільки контур об'єкта містить найбільш повну та об'єктивну інформацію.

На підставі огляду та аналізу основних підходів до розпізнавання об'єктів за контурним представленням, а саме: простота реалізації алгоритму розпізнавання, розпізнавання довільно розташованих об'єктів, тобто формування ознак, інваріантних до просторових перетворень зображення та часткової деформації контура найбільшої уваги заслуговують структурні методи розпізнавання за контурним представленням зображення [4], що передбачають дослідження будови і взаємного розташування частин контура, оскільки в алгоритмах реалізації цих методів присутні лише операції додавання, множення та порівняння, що легко реалізуються апаратно та не потребують багато часу на виконання.

Таким чином, для розпізнавання пропонується застосовувати метод, що базується на розрахунку характеристик взаємного розташування дотичних до контура в кожній його точці і дотичних до допоміжних фігур, причому здійснюється визначення центра ваги та перенесення в нього початку координат [5, 6]. Результатом застосування цього методу є набір ознак, інваріантний до просторових перетворень об'єкта: зсуву, зміни масштабу, повороту.

Результати розпізнавання наведені в табл. 1. Набір ознак для еталонного контура двоядерної клітини було отримано експериментально. Як видно з табл. 1, набори ознак, що характеризують одноядерну та двоядерну клітини, досить різні, що дозволяє їх розпізнати. Як критерій, за яким проводиться розпізнавання, пропонується використати середньоквадратичне відхилення набору ознак, що характеризує клітину, від еталонного набору. Якщо це значення знаходиться в певних межах, клітина вважається двоядерною, інакше – одноядерною. Внаслідок наявності помітної різниці між вказаними відхиленнями метод розпізнавання, що був використаний, показав досить високу якість розпізнавання одноядерних та двоядерних клітин.

Таблиця 1

	Набір ознак						Середньоквадратичне відхилення
Еталон	21,13	13,11	16,29	14,67	12,95	21,37	—
	25	12,74	17,15	5,88	11,76	26,96	11,36
	21,72	11,23	14,23	25,09	16,47	10,86	15,28
	8,14	5,81	36,04	31,97	6,97	10,46	32,85

Основною процедурою виділення контура на даному етапі є бінаризація. Вибір методу бінаризації накладає певні вимоги на застосування алгоритмів фільтрації та впливає на якість результату процедури стоншення. Таким чином, бінаризація проводилась за методом, що заснований на визначенні перепадів яскравості [7], та за пороговими методами [3]. Вибір порога здійснювався наступними шляхами:

- 1) безпосередньо за гістограмою яскравості зображення [4];
- 2) за дискримінантним критерієм [3];
- 3) за градієнтним критерієм [3].

Найкращі результати показав метод з вибором порога за градієнтним критерієм, згідно з яким для кожного рівня яскравості i обчислюється середнє значення модуля градієнта:

$$d_i = \frac{1}{n_i} \sum_{(x,y) \in S_i} \left[\left(\frac{\partial f}{\partial x} \right)^2 + \left(\frac{\partial f}{\partial y} \right)^2 \right]^{1/2}, \tag{1}$$

де S_i – множина точок, що мають яскравість i ;

n_i – потужність множини S_i .

За поріг обирається рівень t , для якого d_i – максимальне.

Недоліком даного методу є його чутливість до шуму, вплив якого можна знизити за допомогою використання усереднюючого фільтра [4].

Стоншення границь областей здійснюється за тим же алгоритмом, що був застосований на етапі пошуку клітини.

Результати застосування порогової бінарizaції за градієнтним критерієм та алгоритму стоншення наведені на рис. 3.

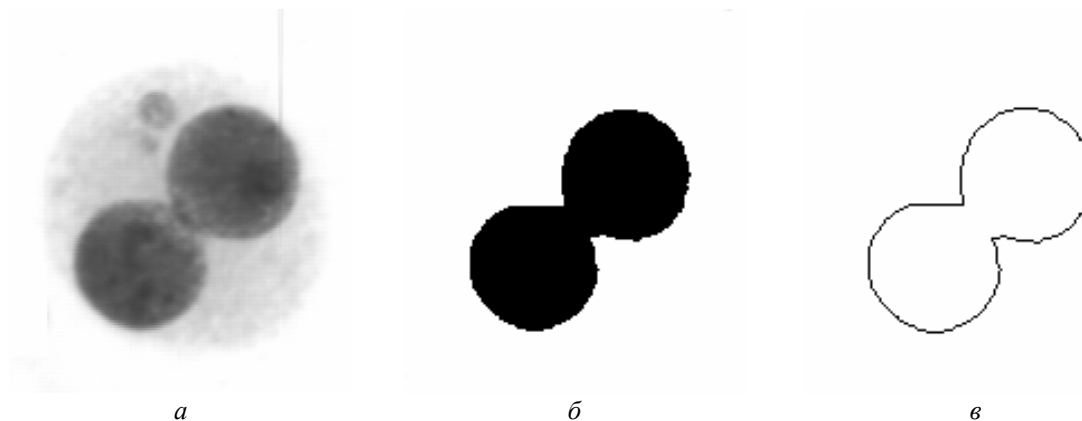


Рис. 3. Вихідне зображення (а), результати застосування порогової бінарizaції за градієнтним критерієм (б) та алгоритму стоншення (в)

Аналіз пошкодженості границь двоядерних клітин

Наступним етапом алгоритму є аналіз пошкодженості границь двоядерних клітин (рис. 1).

Попередня обробка зображення проводиться за тією ж схемою, що й на етапі розпізнавання двоядерних клітин. Але у даному випадку використовується метод бінарizaції, заснований на визначенні перепадів яскравості [8], суть якого полягає в тому, що в кожній точці зображення знаходиться швидкість зміни функції яскравості. Якщо величина швидкості в даній точці достатньо велика, то ця точка сприймається як гранична, інакше – як точка фону.

Для визначення границь клітин було використано оператор Превітта [8]. Аналіз пошкодженості країв проходить наступним чином:

- 1) визначається центр ваги контура, який окреслює край клітини;
- 2) знаходиться відстань від центра ваги до найдальшої R_{max} та найближчої R_{min} точок контура;
- 3) знаходиться абсолютна похибка між відстанню від центра ваги до кожної точки контура та величиною $R = (R_{max} + R_{min})/2$.

Края клітини вважаються непошкодженими, якщо:

- 1) усереднене значення абсолютної похибки знаходиться в певних межах;
- 2) різниця між площею, яку охоплює контур, та площею кола радіусом R не перевищує певної величини.

Аналіз хромосомних аберацій у двоядерній клітині

У зв'язку з тим, що хромосомні аберації не досить чітко помітні, вихідне зображення потребує застосування методів, що могли б підвищити якість зображення та полегшити подальший його аналіз. Таким чином, пропонується підвищити контрастність зображення. Для цього застосовувалися наступні методи:

- локальне та глобальне вирівнювання гістограми [7, 9];
- підкреслення границь за допомогою операторів Превітта та Собеля [8];
- медіанна фільтрація [4];
- підкреслення границь за екстремальним критерієм [7];
- розтяг гістограми [7];
- нелінійне перетворення гістограми [9, 10].

Найкращий результат продемонструвало застосування деяких із перелічених методів в наступній послідовності:

- 1) усереднюючий фільтр (розмір вікна 3x3);
- 2) медіанний фільтр (розмір вікна 9x9);
- 3) підкреслення границь за екстремальним критерієм (розмір вікна 5x5);

- 4) медіанний фільтр (розмір вікна 5x5);
- 5) розтяг гістограми яскравостей.

Робота усереднюючого фільтра полягає в заміні значення яскравості в поточному пікселі на середню яскравість, обчислену у вікні розміром 3x3 з центром у цьому пікселі.

Медіанний фільтр представляє собою вікно, що ковзає та охоплює непарну кількість пікселів. Яскравість центрального пікселя замінюється медіаною яскравостей пікселів зображення у вікні.

Підкреслення границь за екстремальним критерієм здійснюється у вікні розміром 5x5, в якому підраховуються мінімальне та максимальне значення яскравості. Центральному елементу вікна присвоюється таке значення екстремуму, яке знаходиться ближче до нього.

Розтяг гістограми яскравостей проводиться за наступними формулами:

$$e = \begin{cases} 0, & f < f_1, \\ f, & f_1 \leq f \leq f_2, \\ 0, & f > f_2. \end{cases} \quad (2)$$

$$g = \left(\frac{e - f_1}{f_2 - f_1} \right) \cdot f_{max}, \quad (3)$$

де f – значення яскравості до обробки зображення фільтром;

g – значення яскравості після обробки зображення фільтром;

f_1 – поріг бінаризації за градієнтним критерієм;

$f_2 = f_{max} = 255$ – максимальне значення яскравості.

Результат дії цих фільтрів наведено на рис. 4, б.

Після підвищення контрастності зображення проводиться порогова бінаризація з вибором порога за градієнтним критерієм та стоншення (рис. 4, в, г).

Хромосомною аберацією вважається контур, що містить певну кількість пікселів.

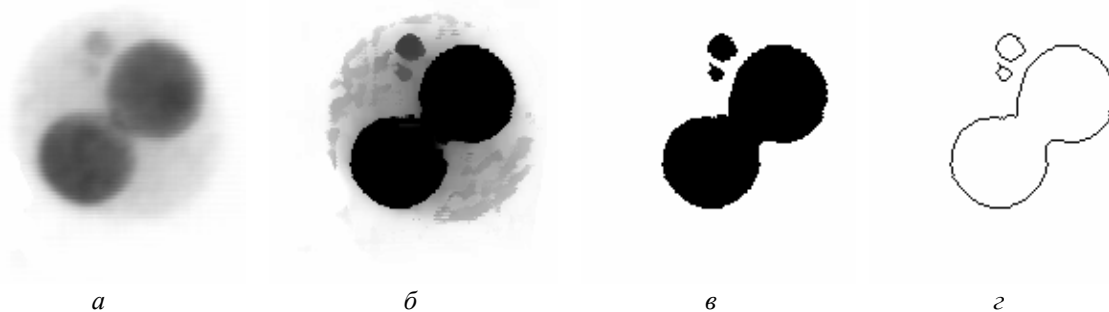


Рис. 4. Вихідне зображення (а), результати застосування послідовності фільтрів (б), порогової бінаризації за градієнтним критерієм (в) та стоншення границь (г)

Висновки

Беручи до уваги всі наведені пояснення та результати моделювання, розроблений алгоритм обробки та розпізнавання зображень може бути використаний для автоматизації методу мікроядерної біологічної дозиметрії.

ЛІТЕРАТУРА:

1. *A.Vral, H.Thierens and L.de Ridder.* Micronucleus induction by Co γ -rays and fast neutrons in ataxia telangiectasia lymphocytes//Int.J.Radiat.Biol., 1996. – Vol. 70, no.2. – PP. 171–176.
2. *H. Thierens, A.Vral, L.de Ridder, N.Touil, M.Kirsch-Volders, V.Lambert and C.Laurent.* Inter-laboratory comparison of cytogenetic endpoints for the biomonitoring of radiological workers // Int.J.Radiat.Biol., 1999. – Vol. 75, no. 1.– PP. 23–34.
3. *Бакут П.А., Колмогоров Г.С., Ворновицкий И.Э.* Сегментация изображений: методы пороговой обработки // Зарубежная радиоэлектроника. – 1987. – № 10. – С. 6–24.
4. *Абламейко С.В., Лагуновский Д.М.* Обработка изображений: технология, методы, применение. – Минск: Институт технической кибернетики НАН Беларуси, 1999. – 300 с.
5. *David McG. Squire, Terry M. Caelli.* Invariance Signatures Characterizing contours by their departures from invariance // Computing Science Center, University of Geneva, 1997. – № 4.
6. *Локтикова Т.Н., Остринский Е.А.* Структурный метод формирования инвариантных признаков при распознавании изображений // Вісник ЖІТІ. – 2000. – № 16. – С. 142–147.
7. *Isaac N. Bankman.* Handbook of Medical Imaging Processing and Analysis. – San Diego, San Francisco, New York, Boston, London, Sydney, Tokyo: Academic Press, 2000. – 901 p.
8. *Бакут П.А., Колмогоров Г.С., Ворновицкий И.Э.* Сегментация изображений: методы выделения границ областей // Зарубежная радиоэлектроника. – 1987. – № 10. – С. 25–45.
9. *Воробель Р.А.* Теорія контрастності зображень як основа побудови методів їх перетворень // Збірник доповідей Четвертої Всеукраїнської міжнародної конференції “Оброблення сигналів і їх зображень та розпізнавання образів”, Київ, 1998.– С. 7–10.
10. *Воробель Р.А., Журавель І.* Методи регулювання контрастності напівтонових зображень // Збірник доповідей Четвертої Всеукраїнської міжнародної конференції “Оброблення сигналів і їх зображень та розпізнавання образів”, Київ, 1998.– С. 143–144.

АНДРУШКО Леся Сергіївна – студентка 5-го курсу факультету інформаційно-комп’ютерних технологій Житомирського інженерно-технологічного інституту.

Наукові інтереси:

– комп’ютерна обробка сигналів.

ЛОКТИКОВА Тамара Миколаївна – старший викладач кафедри автоматичного управління в технічних системах Житомирського інженерно-технологічного інституту.

Наукові інтереси:

– цифрова обробка сигналів та розпізнавання образів.

ЯНОВСЬКИЙ Дмитро Валерійович – магістрант 5-го курсу факультету інформаційно-комп’ютерних технологій Житомирського інженерно-технологічного інституту.

Наукові інтереси:

– комп’ютерна обробка сигналів.

Подано 03.09.2001

Андрушко Л.С., Локтікова Т.М., Яновський Д.В. Алгоритм обробки та розпізнавання зображень для впровадження методу біологічної дозиметрії на основі мікроядерної техніки

Андрушко Л.С., Локтікова Т.Н., Яновський Д.В. Алгоритм обработки и распознавания изображений для внедрения метода биологической дозиметрии на основе микроядерной техники.

Andrushko L., Loktikova T., Yanovsky D. Algorithm of processing and recognition of the images for introduction of a biological dozimetry method on the basis of micronuclear engineering

УДК 681.325

Algorithm of processing and recognition of the images for introduction of a biological dozimetry method on the basis of micronuclear engineering / L.Andrushko, T.Loktikova, D.Yanovsky

With the purpose of automation of biological dozimetry method which is based on the analysis of the chromosome aberrations the algorithm of processing and recognition of the images, which contain peripheral blood cells of the man, is submitted. Modeling of algorithm was carried out.

УДК 681.325

Алгоритм обработки и распознавания изображений для внедрения метода биологической дозиметрии на основе микроядерной техники / Л.С. Андрушко, Т.Н. Локтікова, Д.В. Яновський

Представлен алгоритм обработки и распознавания изображений клеток периферийной крови человека с целью автоматизации метода биологической дозиметрии, основанного на анализе хромосомных aberrаций. Было проведено моделирование алгоритма.