

УДК 004.048+004.932

ЭВОЛЮЦИОННЫЕ МЕТОДЫ ОБРАБОТКИ ЦВЕТНЫХ ИЗОБРАЖЕНИЙ НА ПРИМЕРЕ ГИСТОЛОГИЧЕСКИХ СРЕЗОВ

Скобцов Ю.А., Мартыненко Т.В.

Донецкий национальный технический университет, г. Донецк
кафедра автоматизированных систем управления

E-mail: skobtsov@kita.dgtu.donetsk.ua, mart@kita.dgtu.donetsk.ua

Abstract

Skobtsov U.A., Martynenko T.V. In the article new approach to images processing and segmentation is offered on bases of evolutionary models. Experimental researches are confirmed efficiency of the design algorithms of images processing and segmentation with the use of offered approach on the example of histological cuts images.

Общая постановка проблемы. Компьютерные системы диагностики (КСД), основанные на анализе визуальной информации, используются во многих областях науки и техники для решения таких задач, как обнаружение лиц, распознавание слов, в медицинской и технической диагностике, в системах безопасности и т.д. Учитывая количество обрабатываемой диагностической информации, применение информационных технологий в КСД приобретает большое социально-экономическое значение. Актуальность задачи повышения эффективности компьютерных систем диагностики обусловлена как широким спектром применения КСД, так и отсутствием точных методов и алгоритмов обработки и распознавания изображений.

Применение автоматизированных систем обработки и анализа изображений позволяет существенно ускорить процесс обработки визуальной информации, повысить достоверность обнаружения и распознавания изображений объектов. Существующие модели, алгоритмы и разработанные на их основе автоматизированные системы используют ручную подстройку значений параметров и последовательностей операторов обработки изображений, что как правило приводит к снижению качества обработки и сегментации изображений. Поэтому, не смотря на проводимые до настоящего времени исследования, задача обработки и сегментации цветных изображений остается актуальной.

Для преодоления указанных недостатков разработана модификация эволюционного подхода к построению эффективных алгоритмов обработки изображений гистологических срезов [1, 2]. При этом потенциальные решения (хромосомы) представляются в виде направленных ациклических графов, где нетерминальные узлы являются стандартными операторами обработки изображений, конечные узлы – выходными, а вершины – входными плоскостями изображения. Разработаны функциональное и терминальное множества, проблемно-ориентированные операторы кроссинговера и мутации.

Постановка задачи оптимизации обработки изображений. Задача синтеза эффективного алгоритма обработки и сегментации изображения заключается в том, чтобы для определенного класса изображений определить такую последовательность операторов обработки с соответствующими значениями параметров, при которых критерий оценки качества сегментации $F(Z)$ стремится к экстремуму:

$$F(\bar{Z}) = \text{extr } F(Z). \quad (1)$$

При этом точность обработки оценивается с помощью вычисления целевой функции F , которая определяется путем сравнения сегментированного изображения M_k с изображением

ем из обучающей выборки G_1 [1], таким образом здесь используется метод обучения с учителем.

Для решения поставленной задачи предложена пошаговая процедура обработки изображения [2]:

$$M_n = operate(S_{i_n}, P^{S_n}, N_n), \quad (2)$$

где M_n – промежуточное изображение на n -ом этапе обработки;

S_{i_n} – операция обработки изображения (ООИ);

P^S – набор значений параметров ООИ;

n – номер последовательно идущей операции обработки изображения;

i – порядковый номер ООИ из набора доступных;

N_n – набор промежуточных изображений, полученных на предыдущих шагах на основе которых строится изображение M_n :

$$N_n = (n_1, n_2, \dots, n_{z(S_{i_n})}). \quad (3)$$

Поскольку не известно, какая именно цветовая схема обеспечит наиболее эффективную процедуру сегментации, то предложено представить входное изображение в виде набора цветковых плоскостей:

$$I = \{C, R, G, Blue, H, Light, S, L, a, b, u, v\}. \quad (4)$$

Каждая цветовая плоскость содержит значения пикселей изображения в одной из цветковых схем (ЦС): RGB, HLS, Lab и Luv.

Поэтому первые 12 цветковых плоскостей фиксированы следующим образом:

$$\begin{aligned} M_0 = C; \quad M_1 = R; \quad M_2 = G; \quad M_3 = Blue; \\ M_4 = H; \quad M_5 = Light; \quad M_6 = S; \quad M_7 = L; \\ M_8 = a; \quad M_9 = b; \quad M_{10} = u; \quad M_{11} = v. \end{aligned} \quad (5)$$

Таким образом, для решения поставленной задачи достаточно применить к одной из цветковых плоскостей последовательно две операции:

$$M_{12} = operate(ClipLo, (CL), (field)), \quad (6)$$

$$M_{13} = operate(ClipHi, (CH), (12)), \quad (7)$$

где *ClipLo* – операция порогового ограничения, при которой все значения пикселей ЦС с номером *field* ($field \in \{0, 1, 2, \dots, 11\}$) ниже значения параметра *CL* ($CL \in [0 \dots 255]$), устанавливаются в 0, остальные сохраняют свои значения;

ClipHi – все значения пикселей, которые превышают значение параметра *CH* ($CH \in [0 \dots 255]$), устанавливаются в 0, остальные в 1.

В результате выполнения приведенных операций получаем бинарное изображение M_{13} .

Обработка изображений гистологических срезов на основе генетических алгоритмов. Структуру хромосомы – потенциального решения при поиске рациональных значений параметров сегментации цветных изображений гистологических срезов, предлагается представлять следующим образом:

$$Chr_i = [field, CL, CH]. \quad (8)$$

Результатом сегментации является набор однородных областей изображения, сопоставимых по точности с результатами визуального анализа человека-эксперта. Фитнесс-функция должна производить сравнение обработанного изображения с изображением из обучающей выборки (отнесенное к определенному классу). Критерием успешного завершения этапа сегментации может являться близость результатов работы метода сегментации и эталонного разбиения, проведенного человеком-экспертом в ручном режиме. В этом случае в качестве фитнесс-функции может быть выбрана какая-либо степень близости между шаб-

лонным g и обработанным изображением h (в том числе инверсия какой-либо метрики, например, такой как относительное расстояние Хэмминга [3]):

$$f_A = 1 - \frac{1}{MN} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^M |h(i, j) - g(i, j)|, \quad (9)$$

где h и g два цифровых изображения размером $M \times N$.

Очевидно, функция f_A принимает максимальное значение $f_A = 1$ при полном совпадении двух изображений, и минимальное значение $f_A = 0$ при полном несовпадении двух изображений.

Функция f_A зависит только от числа совпавших пикселей изображений, и может быть использована, если критерием успешной сегментации достаточно считать максимальное совпадение пикселей изображения. Однако, если в результате сегментации количество пикселей, принадлежащих одному классу, значительно отличается от количества пикселей, относящихся к другому классу, то использование расстояния Хэмминга в качестве фитнес-функции может привести к противоречивым результатам.

Продемонстрируем выше сказанное на примере сегментации серого изображения (рис. 1,а). Для этого, используя относительное расстояние Хэмминга, сравним заданное экспертом эталонное изображение (рис. 1,б) с полученными при различных значениях порога результатах сегментации (рис. 1,в и рис. 1,г). В первом случае элемент изображения вообще не выделен, а во втором – выделен с некорректным значением порога. Расстояние Хэмминга для обоих случаев равно 0.92, однако очевидно, что в первом случае результат сегментации находится дальше от оптимума, чем второй.

Таким образом, в случае, когда площадь элемента изображения значительно отличается от площади фона, использование инверсии относительного расстояния Хэмминга в качестве фитнес-функции может привести к противоречивым результатам. Для преодоления выявленных противоречий в подобных случаях целесообразно использовать фитнес-функцию, предложенную в [4]:

$$f_B = 1 - \frac{\sqrt{(1 - SP)^2 + (1 - SV)^2}}{\sqrt{2}}, \quad (10)$$

где

$$SV = \frac{\text{card}(\{(i, j) | h(i, j) = 1 \ \& \ g(i, j) = 1\})}{\text{card}(\{(i, j) | h(i, j) = 1\})}, \quad (11)$$

$$SP = \frac{\text{card}(\{(i, j) | h(i, j) = 0 \ \& \ g(i, j) = 0\})}{\text{card}(\{(i, j) | h(i, j) = 0\})}. \quad (12)$$

Здесь величины SV и SP – чувствительность и специфичность, соответственно [4].

В отличие от f_A функция f_B зависит от количества правильно найденных пикселей, относящихся к фону и к элементу изображения. Оптимальное значение $f_B = 1$, когда $SP = SV = 1$ (чем ближе SP и SV к 1, тем ближе к 1 должно быть и значение функции f_B), в противном случае $f_B = 0$, когда $SP = SV = 0$. Для рассмотренного ранее примера значение f_B в первом случае составляет 0.29, а во втором – 0.64.

В ряде случаев целесообразно по-разному оценивать два типа возможных ошибок, возникающих при сегментации: пропуск или неверное выделение элемента. Так, например, в случае, если положительная клетка по своим характеристикам близка к фону, предпочтительнее ошибочно выделить клетку как раковую, чем интерпретировать фрагмент как фон. Поэтому возникает необходимость осуществлять подстройку систематической ошибки поиска в зависимости от значений чувствительности и специфичности.

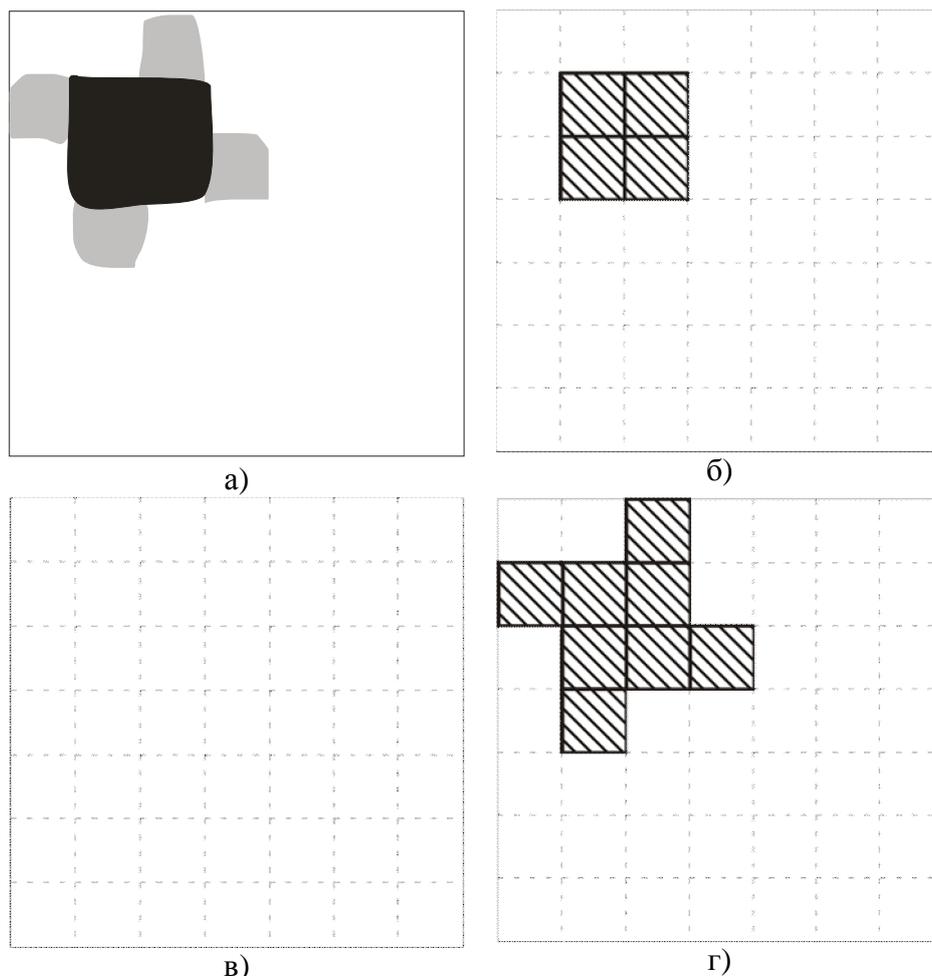


Рис. 1. Пример сегментации изображения:
 а) исходное изображение; б) эталонное изображение; в) результат сегментации 1; г) результат сегментации 2

Для устранения указанного недостатка нами предложена фитнес-функция:

$$f_c = 1 - \frac{\sqrt{(1 - (SP \times (1 - \alpha)))^2 + (1 - (SV \times \alpha))^2}}{\sqrt{8}}, \tag{13}$$

где $\alpha \in [0;1]$ позволяет осуществить подстройку систематической ошибки поиска в зависимости от наивысшей чувствительности (высокое значение α , близкое к 1) и от наивысшей специфичности (низкое значение α , близкое к 0). Таким образом, для решения задачи обработки изображений в качестве фитнес-функций будем использовать f_A, f_B и f_C .

Информационная схема эффективной обработки изображений. Информационная схема эффективной обработки изображений с использованием ГА представлена на рис. 2.3. Входное изображение I_k подвергается сегментации с помощью программы S с набором параметров Chr_j , в результате работы которой получается набор изображений M_{kj} . Найденный оптимальный (относительно введенной целевой функции ЦФ) набор значений параметров для заданного вида гистологического исследования записывается в «репозиторий фенотипов».

Эволюционный процесс выполняется для всех изображений обучающей выборки с различными наборами значений параметров. Набор параметров, обеспечивающий получение наилучшего результата Chr^w сохраняется в «конечном репозитории генотипа», если получено удовлетворительное значение ЦФ.

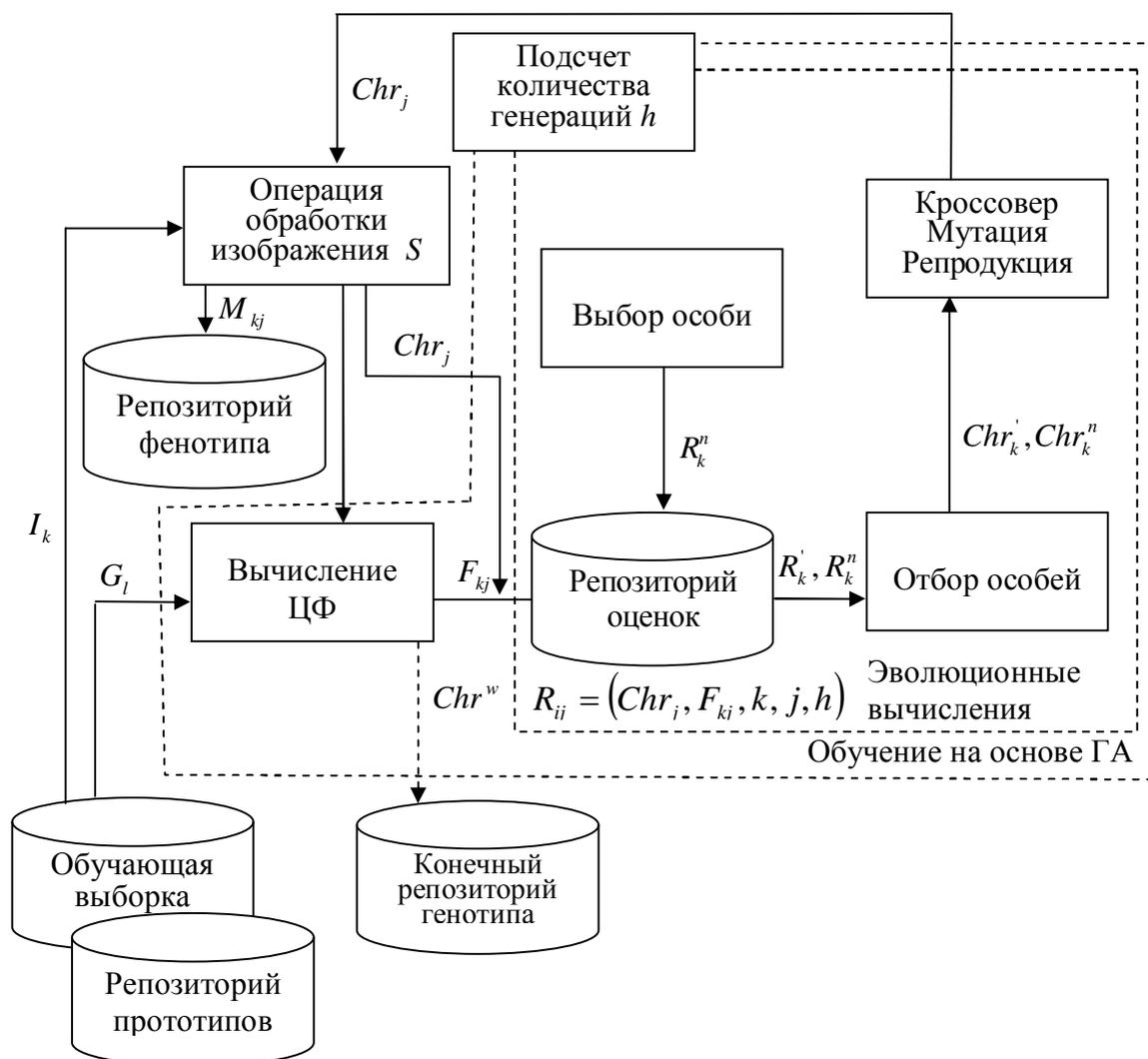


Рис. 2. Информационная схема эффективной обработки изображений с использованием генетических алгоритмов

После определения значения ЦФ запись, содержащая данные о генотипе, значении ЦФ и идентификатор фенотипа (Chr_j, F_{kj}, k, j, h) заносится в базу данных – «репозиторий оценки». Далее ГА выбирает двух особей для выполнения операции кроссинговера. Измененные в этом шаге особи включаются в генотип Chr_j на следующем шаге генерации.

В конце текущей генерации выполняется выбор новых особей. Информация об индивидууме удаляется из репозитория оценки в зависимости от значения вероятности p_h . В свою очередь p_h определяется по ЦФ и возрасту особи (соответствующее значение h). Если значение ЦФ особи превышает значение p_h , то данное решение не будет рассматриваться на следующем шаге.

Построение эффективных алгоритмов обработки изображений гистологических срезов. При сегментации изображений гистологических срезов, таких как лимфатические узлы и железы, необходимо учитывать расположение структурных элементов (рис. 3). Например, при сегментации изображения гистологического среза лимфатического узла (рис. 3) в качестве положительных клеток принимаются клетки, ядра которых вступили в реакцию с красителем и которые находятся внутри лимфатического узла. В свою очередь, лимфатический узел окружен жировой тканью, обладающей светлыми цветовыми характеристиками. Ядра, обладающие сходными цветовыми характеристиками и формой, находящиеся вне узла, при анализе данного вида гистологического исследования не учитываются.

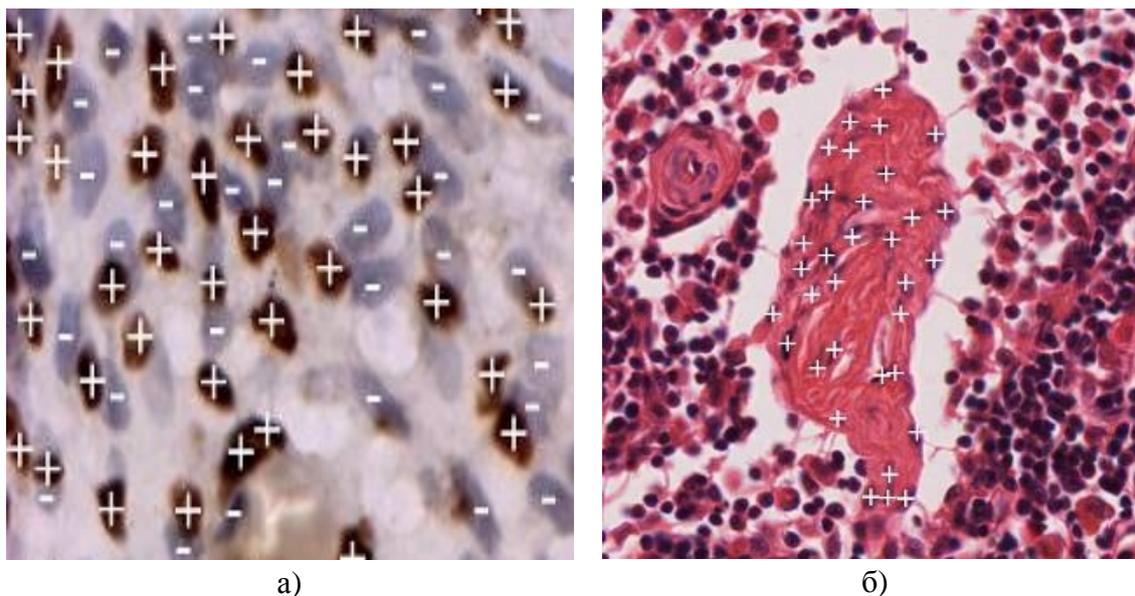


Рис. 3. Фрагменты изображений гистологических срезов:
 а) классификация вне зависимости от взаимоположения элементов;
 б) результат классификации зависит от взаимоположения окружения элемента

В связи с вышесказанным, решение данной задачи может быть проведено в несколько этапов: сначала осуществляется обработка изображения с целью выделения областей интереса, далее – сегментация, выделение признаков и классификация элементов изображения. Каждый из указанных выше этапов может быть реализован с помощью определенной последовательности операторов обработки изображений с соответствующими значениями параметров.

Предложено представить эффективный алгоритм обработки и сегментации изображений гистологических срезов в виде направленного ациклического графа [2]. При построении фитнес-функций для ГА, решающего задачу синтеза эффективных алгоритмов обработки и сегментации изображений гистологических срезов, кроме указанной выше специфики предметной области, необходимо учитывать представление генетической программы в виде графа (рис. 4).

Увеличение глубины программного графа значительно снижает скорость построения алгоритма, что является критичным при необходимости экстренной обработки изображения гистологического среза. Для устранения указанного недостатка предложено ввести штраф глубины программного графа.

Используя понятия чувствительности, специфичности и штрафа глубины программного графа определим новую фитнес-функцию:

$$f_d = \beta \cdot SP \cdot SV, \tag{14}$$

где β – штраф глубины программного графа, который определяется по формуле:

$$\beta = \frac{(md - 0,5 \cdot d - 0,5)}{md - 1}, \tag{15}$$

где d – количество узлов текущей особи;

md – параметр эволюционной программы (ЭП) соответствующий максимальной глубине графа.

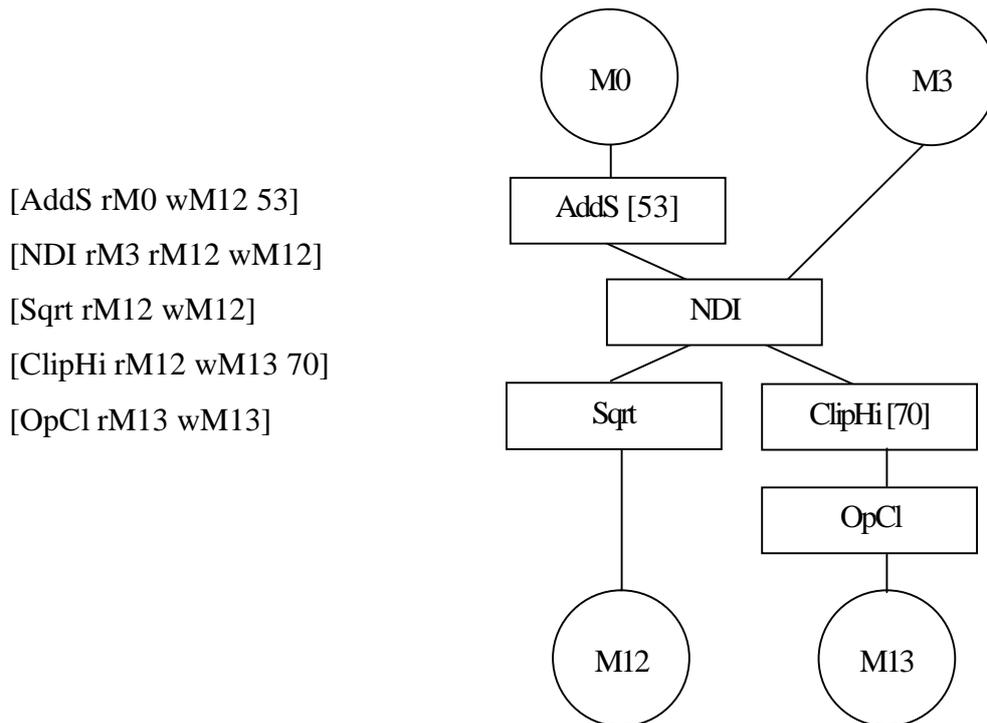


Рис. 4. Сетевое представление хромосомы

Поиск оптимального решения выполняется в процессе эволюции исходной популяции путем последовательного преобразования одного конечного множества решений в другое с помощью генетических операторов репродукции, кроссинговера и мутации. Для того, чтобы обеспечить эффективный выбор точек кроссинговера и сохранить правильные решения в процессе эволюции, предлагается ставить в соответствие каждому ребру программного графа весовой коэффициент несовместимости $K_{нс}$, который определяет насколько два узла должны быть связаны друг с другом. Применение адаптивного оператора кроссинговера на основе коэффициента несовместимости приведено на рисунке 5.

Для подтверждения повышения скорости сходимости эволюционного процесса при применении адаптивного оператора кроссинговера на основе коэффициента несовместимости была проведена серия экспериментов на базе паталого-анатомического отделения Донецкого областного клинического территориального медицинского объединения. Результаты проведенных экспериментов приведены на рисунке 6. Использование разработанного оператора кроссинговера на основе значения коэффициента несовместимости приводит к увеличению скорости сходимости эволюционного процесса и точности сегментации изображений гистологических срезов в среднем на 28% и 88% соответственно.

Результаты сегментации изображений гистологических срезов стромы и лимфатического узла представлены на рисунке 7.

Выводы. Предложен новый подход к обработке и сегментации изображений на основе эволюционных моделей. Экспериментальные исследования на примере цветных изображений гистологических срезов подтвердили эффективность построенных алгоритмов обработки и сегментации с использованием предложенного подхода. В дальнейшем предлагается исследование разработанного подхода для других цветных изображений.

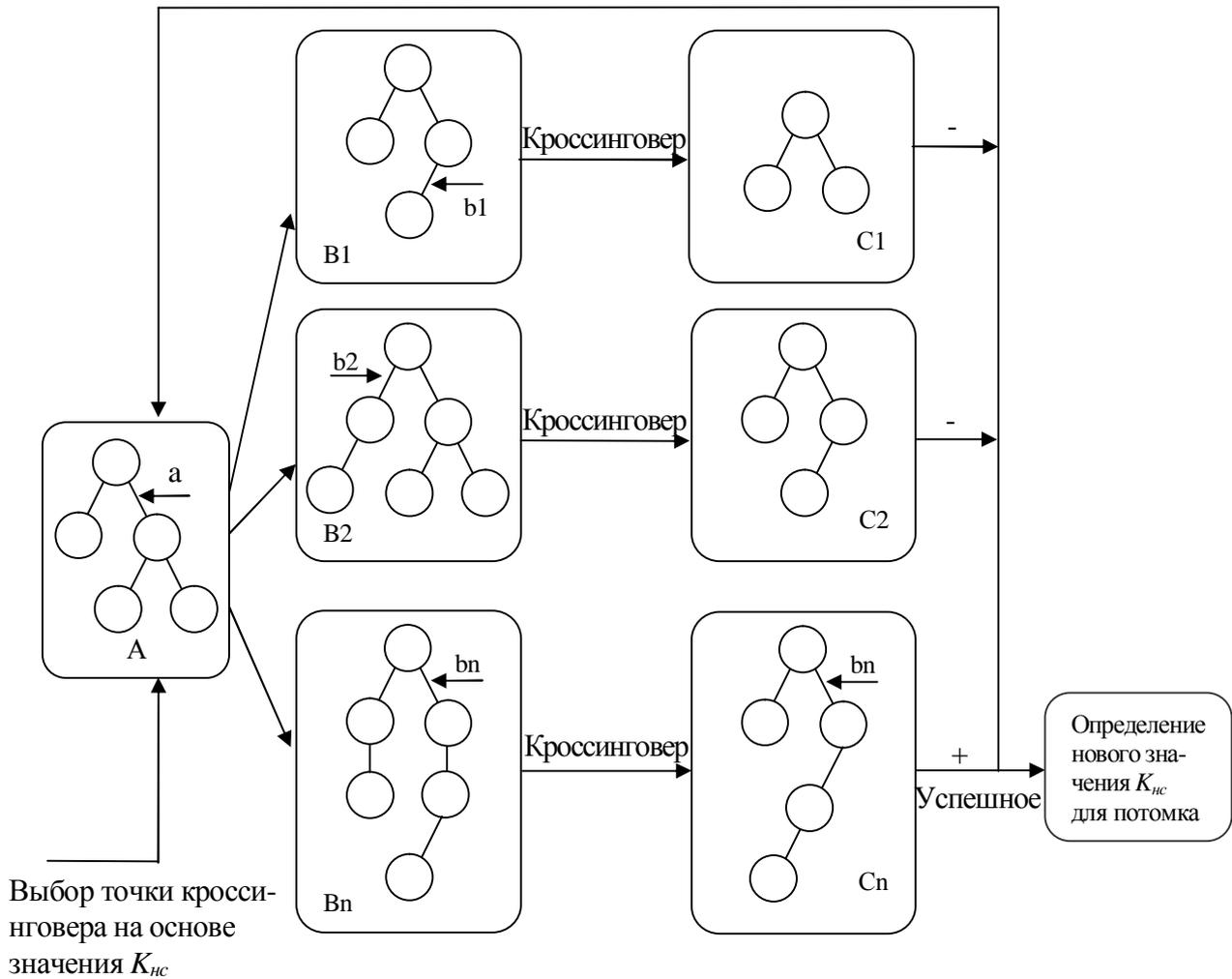


Рис. 5. Применение адаптивного оператора кроссинговера на основе значения коэффициента несовместимости

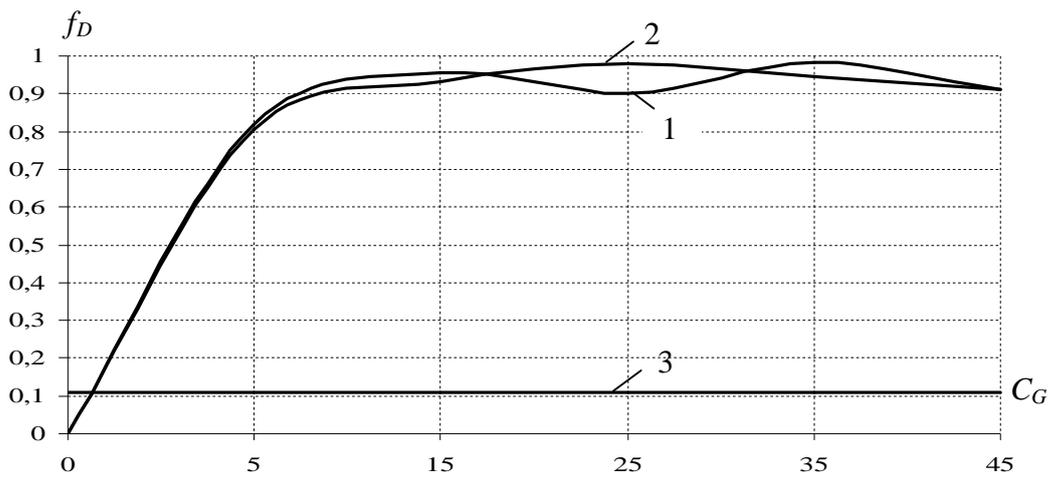


Рис. 6. Зависимость фитнес-функции f_D от количества поколений (C_G): 1 – с использованием классического оператора кроссинговера для деревьев; 2 – адаптивный оператор кроссинговера на основе коэффициента несовместимости; 3 – решение, полученное с помощью метода k -средних

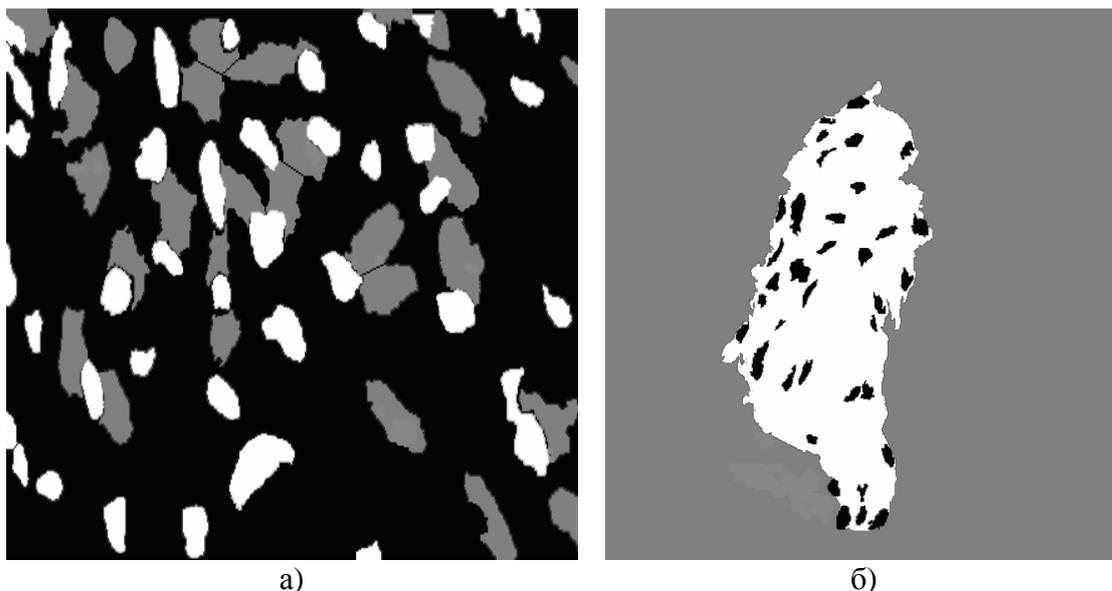


Рис. 7. Результаты сегментации изображений гистологических срезов:

- а) стромы: □ – Класс 1 (отрицательные ядра), □ – Класс 2 (положительные ядра), ■ – Класс 3 (фон);
 б) лимфатического узла: □ – Класс 1 (лимфатический узел), ■ – Класс 2 (положительные ядра), □ – Класс 3 (фон).

Список литературы

1. Скобцов Ю.А., Мартыненко Т.В. Построение эффективных алгоритмов обработки и распознавания изображений гистологических срезов на основе эволюционных моделей // Компьютерные науки и информационные технологии: Тез. докл. междунар. науч. конф., посвященной памяти проф. А.М. Богомолова. – Саратов: Изд-во Сарат. ун-та, 2007. – С. 107-108.
2. Мартыненко Т.В. Инструментальные средства обработки и распознавания изображений гистологических срезов на основе эволюционных моделей // Моделирование и компьютерная графика: Материалы 2-й международной научно-технической конференции. – Донецк, ДонНТУ, Министерство образования и науки Украины, 2007. – С. 246-252.
3. Кофман А. Введение в теорию нечетких множеств. – М.: Радио и связь, 1977 – 432 с.
4. Automatic acquisition of hierarchical mathematical morphology procedures by genetic algorithms / I. Yoda, K. Yamamoto, H. Yamada. Image and Vision Computing. –1999. – P. 749–760.