

при їх передачі та прийомі в телекомунікаційних системах та мережах, ізведено її ймовірностій розподіл для кожного з станів моделі. Розроблена програмна реалізація чотирьох фонемної моделі розпізнавання мовних сигналів. Під час розпізнавання за допомогою розробленого програмного продукту було досягнуто ймовірність розпізнавання 95%.

1. Винчук Т.К. Аналіз, розпізнавання інтерпретація речевих сигналов. Київ: Наукова думка, 1987, С.264.
2. Винчук Т.К., Юхименко О.А. Оцінювання імовірностіх параметрів найпростіших моделей фонем. – Ймовірнісні моделі та обробка випадкових сигналів і полів: міжнародний симпозіум. – Тернопіль, 1993, у. 3, ч. 2, С.11-16.
3. Леонович А.А., Медведєв М.С. Розпізнавання фонем: функціональний и пейроссетовий подходы. Красноярск, КГТУ XXXII Міжнародная конференція. IT+S&E'05, майська сесія. С.106-107.
4. Чорній А.М. Чотирьохфонемна модель розпізнавання мовних сигналів в телекомунікаційних мережах. Зб. наук. пр. «Моделювання та інформаційні технології». Вип.31. – Київ. – 2005, с.111-116.

Поступила 22.05.2008р.

УДК 004.048+004.932

В.В.Турупалов, А.И.Секирин, Т.В.Мартыненко
Донецкий национальный технический университет, г. Донецк

СИСТЕМА ОБРАБОТКИ И КЛАССИФИКАЦИИ МЕДИЦИНСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЭВОЛЮЦИОННЫХ МОДЕЛЕЙ

The system of medicin image processing and classification with use of evolutionary models is proposed. Experimental researches are implemented on the example of histological images. It shows the efficiency of the developed evolutionary processing and segmentation algorithms.

Общая постановка проблемы. Автоматизированная диагностика заболеваний, основанная на анализе визуальной информации, осуществляется посредством выполнения основных этапов: предварительной обработки и сегментации цветных медицинских изображений, получением признаков элементов изображений и постановкой диагноза. Основная цель предварительной обработки состоит в устранении фонового шума и улучшении качества изображения для определения анализируемых областей. После предварительной обработки осуществляется сегментация медицинского изображения и определение признаков – свойств отдельных

элементов изображений без учета пространственной зависимости между ними. Для каждого элемента изображения могут быть определены морфологические, текстурные, фрактальные и яркостные характеристики. Для получения решения используются методы статистического анализа и машинного обучения. Обобщенная функциональная схема системы обработки и классификации медицинских изображений (СОКМИ) приведена на рис. 1.

Недостатками существующих методов являются: низкая точность классификации для медицинских изображений, а также отсутствие эффективного автоматического подбора значений параметров последовательностей операторов обработки изображений. В связи с этим возникает необходимость разработки новых методов и систем обработки и сегментации цветных медицинских изображений.

Постановка задачи оптимизации обработки медицинских изображений. Задача синтеза эффективного алгоритма обработки сегментации изображения (ОСИ) заключается в том, чтобы для изображения заданного вида определить такую последовательность операторов обработки изображений с соответствующими значениями параметров, при которой критерий оценки качества сегментации $F(Z)$ стремился к экстремуму:

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

Точность обработки определяется с помощью оценки целевой функции, которая зависит от специфики исследования и определяется путем сравнения сегментированного изображения M_k с изображением из обучающей выборки S .

Для решения поставленной задачи предложена пошаговая процедура обработки изображения:

$$M_n = \text{operate}\left(S_{i_n}, P^{S_{i_n}}, N_n\right),$$

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

$$N_n = \{n_1, n_2, \dots, n_z(S_{i_n})\}.$$

Поскольку не известно, какая именно цветовая схема обеспечивает наиболее эффективную процедуру сегментации, то предложено представить входное изображение как набор цветовых плоскостей:

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

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

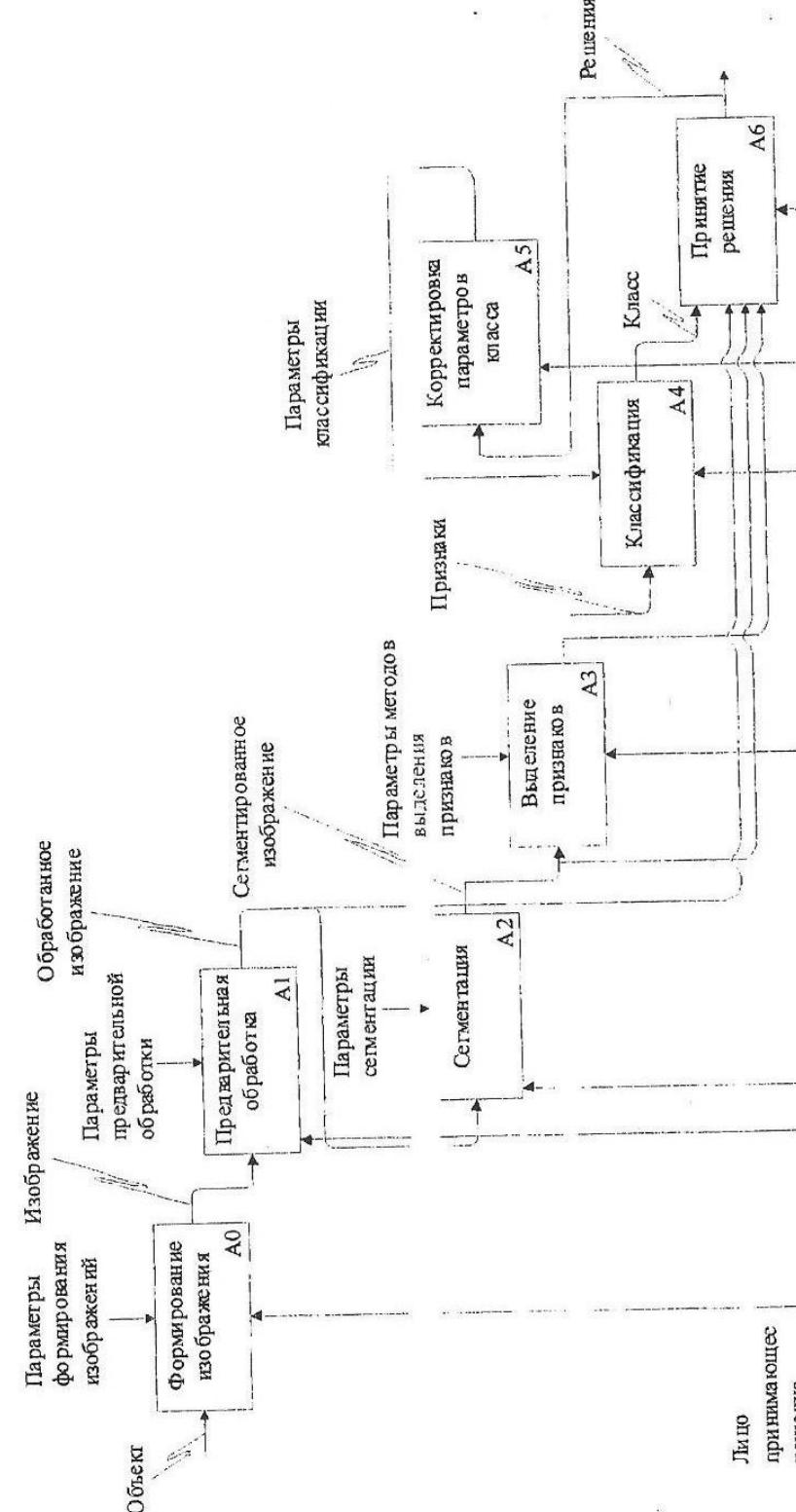


Рис. 1. Обобщенная функциональная схема СОКМИ

Следовательно, первые 12 цветовых плоскостей будут фиксированы:

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

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

$$\begin{aligned} M_{12} &= operate(ClipLo, (CL), (field)), \\ M_{13} &= operate(ClipHi, (CH), (12)), \end{aligned}$$

где $ClipLo$ – операция порогового ограничения, при которой значения пикселей ЦС с номером $field$ ($field \in \{0, 1, 2, \dots, 11\}$) ниже значения параметра CL ($CL \in [0\dots255]$), устанавливаются в 0, остальные сохраняют свои значения; $ClipHi$ – все значения пикселей, которые превышают значение параметра CH ($CH \in [0\dots255]$), устанавливаются в 0, остальные в 1.

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

Построение системы обработки и классификации медицинских изображений. С целью преодоления указанных выше недостатков и решении задачи оптимизации обработки медицинских изображений разработаны следующие модификации генетических алгоритмов (ГА). Первый генетический алгоритм разработан для определения рациональных значений параметров сегментации медицинских изображений [1, 2]. Предложен способ кодирования потенциальных решений (хромосом) в виде вектора значений параметров, разработаны проблемно-ориентированные операторы кроссинговера и мутации. Для оценки точности сегментирования определен набор фитнес-функций (f_A, f_B) и разработана модификация фитнес-функции f_C , учитывающая оценку систематической ошибки поиска в зависимости от значений чувствительности и специфичности.

Второй генетический алгоритм предназначен для построения эффективных алгоритмов обработки цветных медицинских изображений [2]. В котором хромосомы представлены в виде направленных ациклических графов, где нетерминальные узлы являются стандартными операторами обработки изображений, конечные узлы – выходными, а вершины – входными плоскостями изображения. Указанный подход позволяет реализовать практически любой алгоритм обработки изображения, который является последовательностью стандартных операторов. Разработано функциональное множество, представляющее набор операторов обработки изображений; терминальное множество, представленное набором входных и выходных плоскостей. Для разработанного генетического алгоритма предложена фитнес-функция f_D , учитывающая глубину программного графа.

На базе предлагаемого подхода разработана структура системы обработки и классификации медицинских изображений, приведенная на рис. 2. СОКМИ реализована на объектно-ориентированном языке высокого

уровня Delphi 7.0. Разработана в формате СУБД Paradox 7.0 база данных (БД), в которой предусмотрено хранение полученных значений параметров сегментации и алгоритмов обработки изображений гистологических срезов.

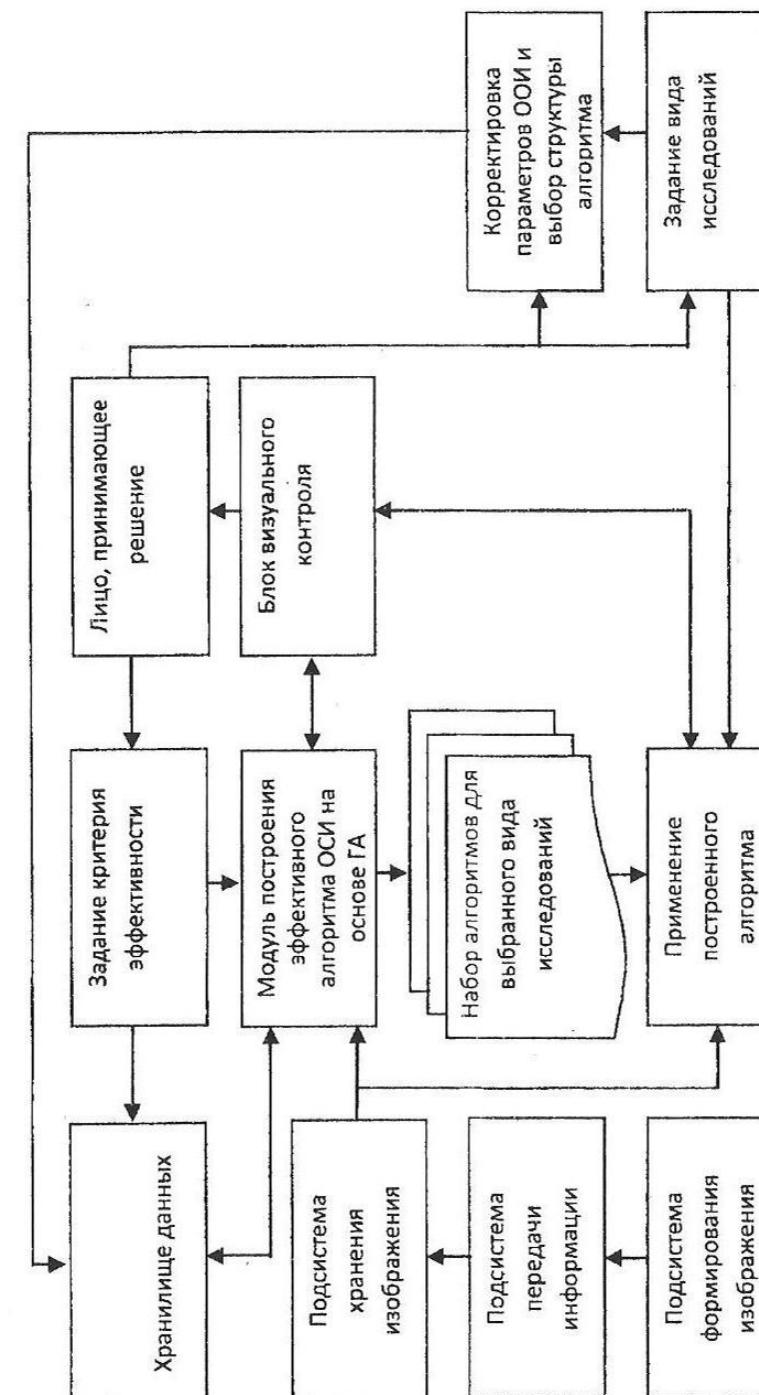


Рис. 2. Структура системы обработки и классификации медицинских изображений на основе эволюционных моделей.

Результаты экспериментальных исследований. С целью определения применимости и повышения эффективности разработанных ГА для алгоритмов обработки и сегментации цветных медицинских изображений были определены рациональные значения параметров для критерии качества полученного решения: количество поколений, мощность популяции; вероятности операторов кроссинговера и мутации. Для проведения экспериментальных исследований был использован набор цветных изображений гистологических срезов, подвергнутых иммуногистохимическим окрашиваниям, полученный на базе патологической анатомии «Донецкого областного клинического территориального медицинского объединения (ДОКТМО)».

В результате проведенных экспериментов с генетическим алгоритмом для определения эффективных значений параметров для построения изображений гистологических срезов определены рациональные значения мощности популяции $S_{POP}=100$ (для f_A), $S_{POP}=25$ (для f_B), $S_{POP}=25$ (для f_C), количества поколений $C_G=8$ (для f_A), $C_G=6$ (для f_B), $C_G=7$ (для f_C). Для определения оптимальных значений параметров операторов кроссинговера и мутации были определены рациональные значения параметров операторов кроссинговера $P_C=0,19$ (для f_A), $P_C=0,12$ (для f_B) и $P_C=0,12$ (для f_C).

Обобщенные данные о полученных результатах модифицированного генетического алгоритма приведены в таблице 1.

Основные результаты экспериментальных исследований для ГА по определению значений параметров сегментации.

Параметр		Целевая функция	
Наименование	Обозначение	f_A	f_B
Мощность популяции	S_{POP}	100	25
Количество поколений	C_G	8	6
Вероятность мутации	P_M	0,19	0,12

При проведении экспериментов с ГА для построения эффективных алгоритмов обработки и сегментации цветных изображений гистологических срезов необходимо определить рациональное значение максимальной глубины программного графа. Результаты проведенной серии экспериментов по определению фитнесс-функции f_D приведены на рис. 3.

Используя полученные значения глубины программного графа, проведены эксперименты по определению рациональных значений мощности популяции и количества поколений, результаты которых приведены на рис. 4.

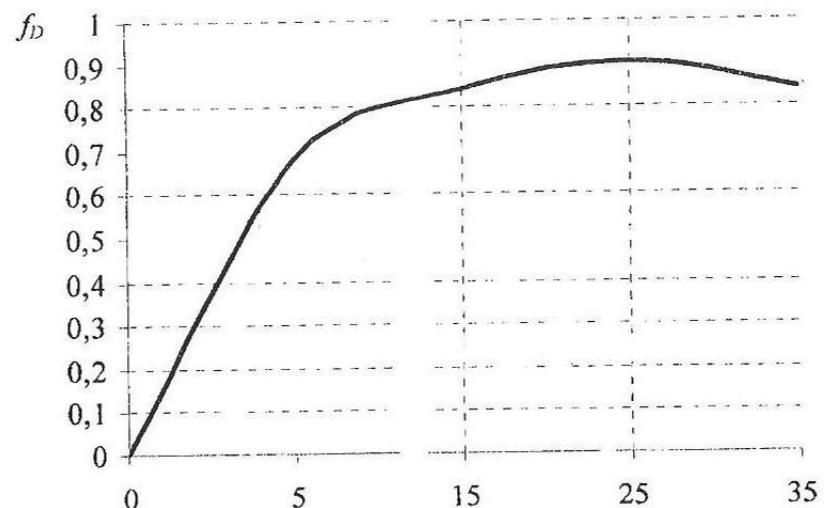


Рис. 3. Зависимость фитнесс-функции f_D от максимальной глубины программного графа (md) для ГА по построению эффективных алгоритмов обработки и сегментации цветных изображений гистологических срезов.

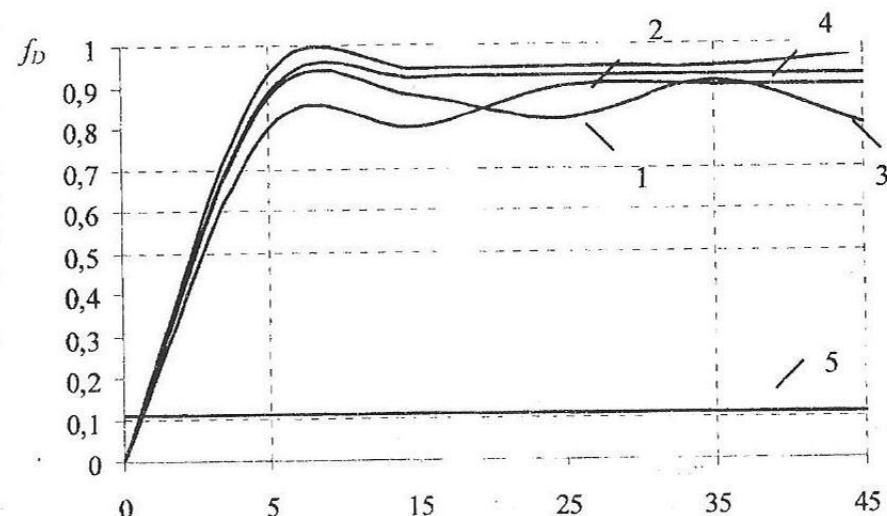


Рис. 4. Зависимость целевой функции f_D от количества поколений (CG) и мощности популяции для ГА по построению эффективных алгоритмов обработки и сегментации цветных изображений гистологических срезов: 1 – для 25 хромосом; 2 – для 50 хромосом; 3 – для 75 хромосом; 4 – для 100 хромосом; 5 – решение, полученное с помощью метода k-средних.

В результате проведенных экспериментов с ГА для построения эффективных алгоритмов обработки и сегментации изображений гистологических срезов определены рациональные параметры программного графа $md=17$ (для f_A), $md=15$ (для f_B), $md=7$ (для f_C) (для f_D). Так же были определены рациональные параметры Марковской популяции $S_{POP}=75$ (для f_A), $S_{POP}=100$ (для f_C), $S_{POP}=75$ (для f_B) и количества поколений $C_G=7$ (для f_A), $C_G=7$ (для f_B), $C_G=7$ (для f_C) и $P_c=0,25$ и $P_M=0,07$ (для f_A), $P_c=0,05$ и $P_M=0,07$ (для f_B), $P_M=0,07$ (для f_C), $P_c=0,75$ и $P_M=0,09$ (для f_D).

Основные результаты экспериментальных исследований для построению эффективных алгоритмов обработки и сегментации изображений гистологических срезов сведены в таблицу 2.

Таблица 2
Основные результаты экспериментальных исследований

Параметр	Обозначение	f_A	f_B	Целевая функция f_C
Наименование				
Глубина программного графа	md	17	15	7
Мощность популяции	S_{POP}	75	75	100
Количество поколений	C_G	7	7	7
Вероятность мутации	P_M	0,07	0,07	0,07
Вероятность кроссинговера	P_C	0,25	0,5	1

Таким образом, при сегментации изображений гистологических срезов наиболее эффективно использовать модифицированную фитнес-функцию с мощностью популяции 25, количеством поколений 7 и вероятностью мутации 0,06, в случае если результат классификации не задает взаимного расположения элементов. В случае если результат сегментации гистологических срезов зависит от взаимного расположения элементов, то необходимо использовать модифицированную функцию f_D с глубиной программного графа 25, мощностью популяции 100 и количеством поколений 8, вероятностями мутации 0,09 и кроссинговера 0,05.

Выводы. Разработана система обработки и классификации медицинских изображений с использованием эволюционных алгоритмов. Экспериментальные исследования на примере изображений гистологических срезов подтвердили эффективность построенных алгоритмов обработки с использованием эволюционных моделей.