

**Міністерство освіти і науки України  
Тернопільський національний економічний університет**

*На правах рукопису*

УДК 004.932.2

Батько Юрій Мирославович

**АНАЛІЗ ЦИТОЛОГІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ В  
СИСТЕМАХ АВТОМАТИЗОВАНОЇ МІКРОСКОПІЇ**

Спеціальність 05.13.23 – *Системи та засоби штучного інтелекту*

**Дисертаційна робота на здобуття вченого ступеня**

**кандидата технічних наук**

Науковий керівник  
доктор технічних наук,  
доцент, Березький О.М.

Тернопіль – 2013

## ЗМІСТ

ВСТУП .....	4
РОЗДІЛ 1. АНАЛІЗ МЕТОДІВ, АЛГОРИТМІВ І ПРОГРАМНИХ ЗАСОБІВ АНАЛІЗУ ЗОБРАЖЕНЬ.....	12
1.1 Основні напрямки розвитку штучного інтелекту .....	12
1.2 Аналіз цитологічних зображень і методи діагностування онкологічних захворювань .....	14
1.3 Методи та алгоритми аналізу зображень.....	19
1.3.1 Сегментація.....	19
1.3.2 Алгоритми проходження контуру.....	24
1.3.3 Класифікація геометричних перетворень.....	27
1.3.4 Скелетизація областей зображення.....	30
1.4 Аналіз систем автоматизованої мікроскопії.....	32
1.4.1 Апаратні засоби.....	33
1.4.2 Програмні засоби .....	35
Постановка задач дисертаційного дослідження .....	37
Висновки до розділу 1 .....	39
РОЗДІЛ 2. МЕТОДИ СЕГМЕНТАЦІЇ ТА КОНТУРНОГО АНАЛІЗУ ЗОБРАЖЕНЬ .....	40
2.1 Метод сегментації зображень на основі попередніх розміток.....	40
2.2 Метод проходження контуром з можливістю зворотного ходу.....	49
2.3 Метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації.....	56
Висновки до розділу 2 .....	70
РОЗДІЛ 3. АЛГОРИТМИ АНАЛІЗУ ТА ПЕРЕТВОРЕННЯ КОНТУРІВ І ОБЛАСТЕЙ ЗОБРАЖЕНЬ .....	71
3.1 Алгоритм виділення мікрооб'єктів на основі об'єднання однорідних областей.....	71
3.2 Алгоритми перетворення контурів в афінному просторі .....	77

3.3 Алгоритми перетворення контурів та областей в топологічному просторі .....	84
3.3.1 Алгоритм визначення скелету зображення .....	84
3.3.2 Алгоритми перетворення контурів зображень із заданою похибкою .....	90
3.3.3 Алгоритми перетворення областей зображень із заданою похибкою .....	97
3.4 Порівняння алгоритмів перетворення контурів в афінному та топологічному просторах .....	103
Висновки до розділу 3 .....	110
РОЗДІЛ 4. ПРОГРАМНІ КОМПОНЕНТИ СИСТЕМИ АВТОМАТИЗОВАНОЇ МІКРОСКОПІЇ .....	111
4.1 Структура програмної системи .....	111
4.2 Програмні модулі системи автоматизованої мікроскопії .....	124
4.2.1 Модуль сегментації .....	124
4.2.2 Модуль перетворення контурів та областей .....	131
4.3 Тестування програмної системи .....	137
Висновки до розділу 4 .....	144
ВИСНОВКИ .....	145
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ .....	147
Додаток А .....	166

Копіювати заборонено

## ВСТУП

**Актуальність теми.** Онкозахворювання – важлива проблема XXI століття. Боротьба людей з злоякісними пухлинами залишається однією з першочергових задач медичної науки. За інформацією Міністерства охорони здоров'я кількість хворих на рак в Україні щороку зростає приблизно на пів відсотка. Сьогодні на онкозахворювання хворіють 165 тисяч людей, а до 2020 року ця цифра збільшиться до 200 тисяч на рік. Проте виявлення хвороби на 1-2 стадіях дозволяє провести своєчасне лікування та забезпечує до 99% одужання хворого. Профілактика та раннє виявлення пухлин є однією з важливих задач лікарів-онкологів.

Бурхливий розвиток електронної мікроскопії розширює можливості онкоморфологів у вивченні закономірностей розвитку пухлин. Для виявлення структурних змін форми використовуються методи гістологічного дослідження, імуногістохімії. Недоліками цих методів є тривалість проведення, висока вартість реагентів. Ще одним методом діагностики є цитологічне дослідження. Цитологічний аналіз подібний до гістологічного за такими критеріями: мета дослідження (визначення патологічного процесу в тканинах живих організмів), методичної бази (морфологічне дослідження), об'єкту дослідження (елементи патологічних ділянок органів та тканин), методів забарвлення ядра, цитоплазми та інших структурних елементів клітини. Проте цитологічне дослідження, на відміну від гістологічного, вимагає меншої кількості матеріалу (мазок, відбиток), який можна приготувати за декілька хвилин без застосування спеціальної апаратури, та дозволяє проводити діагностування на ранніх стадіях протікання хвороби. Цитологічне дослідження проводиться у випадках неможливої проведення біопсії, при необхідності детального вивчення особливості структури клітин, швидкого отримання результатів (огляд хворого в умовах поліклініки, масовий профілактичний огляд).

За допомогою цитологічного дослідження проводиться оцінка стану клітин епітелію, мезотелію, гормональної активності у жінок, аналіз динаміки загоювання ран та впливу гормональної терапії, контроль степені патологічних змін ракових клітин, встановлення природи патологічного процесу, знаходження метастазів пухлин та ракових клітин в місцях операційного розрізу. Особливо важливими результати цитологічних досліджень є при аналізі пористих, крихких мас, кісткових тканин, дрібних джерел захворювання, що не придатні до гістологічного дослідження.

При верифікації попереднього діагнозу та подальшому лікуванні доцільніше використовувати отримані за допомогою мікроскопа цитологічні зображення досліджуваних зразків. Цитологічні зображення – це кольорові зображення тканин живих організмів, що є подібними мікрооб'єктами (при відсутності патології) з слабо вираженими контурами, кольорова гама залежить від використаних фарбників. Аналіз цитологічних зображень складається із операцій виділення мікрооб'єктів, визначення характерних особливостей та оцінки отриманих характеристик лікарем. Для збільшення швидкодії опрацювання зразків та зменшення впливу людського фактору на отримані результати діагностики використовуються програмно-апаратні системи автоматизованої мікроскопії (САМ). Перевагами використання САМ є можливість налаштування режимів роботи в залежності від поставлених задач, наприклад, швидкість аналізу під час хірургічної операції або мінімізація похибки виділення мікрооб'єктів під час виявлення передракових станів. Питаннями розробки САМ займались зокрема Г. Автандилов, О. Єгорова, В. Медовий та багато інших. Аналіз існуючих САМ показав відсутність алгоритмів автоматичного виділення та перетворення мікрооб'єктів на ЦЗ. Використання стандартних алгоритмів не завжди дає можливість отримати необхідні для аналізу дані. Розробка та верифікація таких методів ускладнена особливостями цитологічних зображень та обмеженістю обсягів тестових вибірок.

Для виділення мікрооб'єктів в САМ використовують три підходи: ручний, автоматизований та автоматичний. Автоматичне та автоматизоване виділення ґрунтується на використанні алгоритмів сегментації цифрових зображень. Аналіз існуючих методів сегментації (Р. Воробель, Р. Гонсалес, В. Грицик, Р. Дуда, В. Машталір, У. Претт., Є. Путятін, К. Смеляков, В. Сойфер, П. Харт, Л. Шапіро, М. Шлезінгер), показав, що не існує універсального алгоритму розбиття зображення на однорідні області, що приводить до залежності похибки результатів сегментації від характеристик самого зображення. Серед проаналізованих алгоритмів проходження контуром (Т. Павлідіс, У. Претт, В. Сойфер, Я. Фурман тощо) було відзначено залежність результатів роботи алгоритмів від вибору критерію зупинки та повторної перевірки деяких точок зображення, що сповільнює роботу алгоритмів. Під час аналізу алгоритмів перетворення на основі скелетів (Х. Блюм, Л. Местецкий, Дж. Серра, Б. Яне) було відмічено складність алгоритмів приведення до ізоморфного виду двох не ізоморфних скелетів.

Зростаючі вимоги щодо ефективності роботи та достовірності результатів аналізу породжують необхідність створення нових та удосконалення існуючих методів та алгоритмів аналізу цитологічних зображень.

Отже, важливою та актуальною є науково-технічна задача розроблення методів аналізу зображень для підвищення рівня автоматизації оброблення цитологічних зображень в системах автоматизованої мікроскопії.

**Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами.** Робота виконувалась відповідно до напрямків наукової діяльності кафедри комп'ютерної інженерії Тернопільського національного економічного університету. Наукові результати були отримані під час реалізації наступних науково-дослідницьких тем:

“Інформаційно-аналітична система для дослідження та діагностування пухлинних (ракових) клітин людини на основі аналізу їх зображень ” (№ДР 0108U002109) – автором розроблено структуру та реалізовано програмну частину інформаційно-аналітичної системи, запропоновано метод і алгоритм

проходження контуром та алгоритм виділення клітин на основі попередніх розміток;

“Клініко-морфологічні зміни систем організму при цукровому діабеті і тиреопатіях у віковому аспекті” (№ДР 0108U001542) - автором розроблено класифікацію методів сегментації біомедичних зображень;

“Розробка та дослідження методів аналізу зображень біомедичної природи” (№ДР 0107U012222) - автором досліджено існуючі методи сегментації та опису біомедичних зображень та розроблено метод сегментації на основі попередніх розміток.

**Мета і задачі дослідження.** Методом дослідження є розроблення методів та програмних засобів аналізу зображень для підвищення рівня автоматизації опрацювання цитологічних зображень.

Для досягнення поставленої мети необхідно розв’язати такі задачі:

- здійснити аналіз методів і алгоритмів аналізу зображень з метою виявлення їх недоліків;
- провести аналіз цитологічних зображень та систем автоматизованої мікроскопії;
- розробити метод та алгоритми сегментації на основі попередньої розмітки цитологічних зображень для знаходження мікрооб’єктів на них;
- розробити метод автоматичного визначення алгоритму сегментації на основі критеріїв однорідності зображення та аналізу гістограми розподілу яскравості для визначення оптимального алгоритму сегментації;
- вдосконалити метод виявлення контуру шляхом проходження границею об’єкта з функцією фільтрації контурної лінії для знаходження контурів мікрооб’єктів;
- вдосконалити методи перетворень типу „контур-контур” і „область-область” для цитологічних зображень;
- синтезувати структуру дерева рішень для побудови програмної складової системи автоматизованої мікроскопії;

– провести комп'ютерне моделювання розроблених алгоритмів аналізу цитологічних зображень та здійснити їх програмну реалізацію.

**Об'єкт дослідження:** процеси аналізу цитологічних зображень.

**Предмет дослідження:** методи сегментації, контурного аналізу та перетворення цитологічних зображень і програмні засоби їх аналізу.

**Методи досліджень.** При виконанні поставлених у дисертаційній роботі задач, застосовувалися методи теорії алгоритмів (для аналізу розроблених методів та алгоритмів), теорії графів (для приведення скелетів до ізоморфного виду), теорії нечіткої логіки (для визначення оптимальних алгоритмів сегментації), технологій структурного та об'єктно-орієнтованого програмування (для розробки системи автоматизованої мікроскопії).

**Наукова новизна отриманих результатів.** В дисертаційній роботі досліджено та розроблено нові методи та засоби аналізу цитологічних зображень в системах автоматизованої мікроскопії, при цьому було отримано такі наукові результати:

Вперше розроблено:

– метод сегментації кольорових цитологічних зображень на основі попередніх розміток, який на відміну від існуючих поєднує декілька різних критеріїв оцінки однорідності областей, що дає змогу підвищити точність знаходження мікрооб'єктів на них;

– метод автоматичного вибору алгоритму сегментації цитологічних зображень на основі аналізу критеріїв оцінки однорідності областей та аналізу гістограми розподілу яскравості за допомогою методів нечіткої логіки, що забезпечив мінімальну похибку розбиття вхідного зображення.

**Вдосконалено:**

– метод виявлення контуру шляхом проходження границею об'єкта з функцією фільтрації контурної лінії, що забезпечило отримання зв'язного контуру з відсіканням малоінформативних елементів.

**Отримали подальший розвиток:**



– методи перетворень типу „контур-контур” і „область-область” на основі перетворення скелетів, які на відміну від існуючих аналогів дають змогу проводити перетворення із заданими похибками перетворення контурів та областей мікрооб’єктів.

**Практичне значення отриманих результатів:**

– використання розробленого алгоритму сегментації цитологічних зображень на основі попередніх розміток забезпечило збільшення кількості коректно розмічених та зменшення “невизначених” точок на границях мікрооб’єктів;

– використання алгоритму автоматичної сегментації цитологічних зображень з використанням апарату нечіткої логіки дало змогу автоматизувати та підвищити швидкодію процесу сегментації;

– використання алгоритму знаходження контурів мікрооб’єктів на основі проходження контуру забезпечило підвищення швидкодії процесу знаходження та відсікання малоінформативних елементів контуру на етапі проходження;

– використання алгоритмів перетворення типу „контур-контур” і „область-область” на основі перетворення скелетів, що забезпечило проведення перетворення мікрооб’єктів із заданою похибкою;

– розроблено структуру та програмно реалізовано систему автоматизованої мікроскопії “MorphoSys” (*система здійснює завантаження зображень, автоматизовану сегментацію, обчислення інформативних та морфометричних ознак мікрооб’єктів, їх статистичне оброблення та вивід результатів аналізу*).

Результати дисертаційного дослідження використано у Тернопільському обласному патологоанатомічному бюро для розв’язання задач цитологічних досліджень. Теоретичні та практичні результати використано у навчальному процесі, а також під час виконання курсових і дипломних робіт на кафедрі комп’ютерної інженерії факультету комп’ютерних інформаційних технологій Тернопільського національного економічного університету (ТНЕУ).

**Особистий внесок здобувача.** Всі наукові результати, що подані у дисертаційній роботі, отримано автором особисто. У наукових працях, опублікованих у співавторстві, автору належать: [2, 16] – метод проходження контуром з можливістю зворотного ходу; [3, 9, 14] – структура програмної системи та проведення експериментів; [1, 4, 8, 10, 22] – метод сегментації зображень на основі попередніх розміток; [5, 18, 19] – визначення похибок перетворення та проведення експериментів; [7, 15, 17] – алгоритм виділення мікрооб’єктів на цитологічних зображеннях; [11] – метод вибору алгоритмів сегментації на основі аналізу характеристик зображення; [12, 13, 20, 21] – експериментальні дослідження автоматизованої системи опрацювання цитологічних зображень.

**Апробація результатів дисертації.** Основні результати наукових досліджень неодноразово доповідалися на міжнародних та всеукраїнських конференціях, семінарах, зокрема: International Conference Modern Problems of Radio Engineering, Telecommunication and Computer Science TCSET’2006 (м. Славськ, 2006 р.), International Conference on Computer Science and Information Technologies CSIT’2007 (м. Львів 2007 р.), Intellectual Systems of Decision-Making And Problems of Computational Intelligence ISDMCI’2008 (м. Євпаторія, 2008р.), 5<sup>th</sup> International Workshop on Intelligent Data Acquisition and Advanced Computing Systems: Technology and Applications IDAACS’2009 (Італія, 2009), International Conference on Computer Science and Information Technologies CSIT’2009 (м. Львів 2009 р.), X<sup>th</sup> International Conference Modern Problems of Radio Engineering, Telecommunication and Computer Science TCSET’2010 (м. Славськ, 2010 р.), Міжнародний форум "Регіони знань: Україна в європейському просторі – науки –інновацій для ревіталізації та процвітання територій" (м. Тернопіль 2010 р.), International Conference on Computer Science and Information Technologies CSIT’2011 (м. Львів 2011 р.), VIIIth International Conference Perspective Technologies and Methods in Mems Design MEMSTECH’2012 (м. Поляна-Свалява, 2012 р.), International Conference on Computer Science and Information Technologies CSIT’2012 (м. Львів 2012 р.),

Intellectual Systems of Decision-Making and Problems of Computational Intelligence ISDMCI'2013 (м. Євпаторія, 2013 р.), а також на наукових семінарах кафедри комп'ютерної інженерії факультету комп'ютерних інформаційних технологій ТНЕУ (2009-2013 рр.).

**Публікації.** Основні результати дисертаційної роботи відображені у 23 наукових працях, у тому числі 9 статей у фахових виданнях, які входять до переліку фахових видань, 1 у закордонному науковому виданні, 11 матеріалів міжнародних науково-технічних конференцій та 1 свідоцтво про реєстрацію авторського права.

**Структура та обсяг дисертації.** Дисертаційна робота складається із вступу і чотирьох логічно пов'язаних між собою розділів, 7 додатків, висновків списку використаних джерел із 175 найменувань. Обсяг дисертації 189 сторінках, основна частина викладена на 146 сторінках. Робота проілюстрована 58 рисунками та 30 таблицями.

Копіювати заборонено

## РОЗДІЛ 1. АНАЛІЗ МЕТОДІВ, АЛГОРИТМІВ І ПРОГРАМНИХ ЗАСОБІВ АНАЛІЗУ ЗОБРАЖЕНЬ

У даному розділі розглянуто основні напрямки досліджень в області штучного інтелекту, показано важливість задачі сприйняття та розпізнавання образів. Проаналізовані характерні особливості цитологічних зображень та методи їх дослідження. Проведено аналіз методів та алгоритмів сегментації, контурного аналізу під час оброблення кольорових зображень. Виділено переваги та недоліки сучасних систем автоматизованої мікроскопії та побудовано їх узагальнену структуру.

### 1.1 Основні напрямки розвитку штучного інтелекту

У найзагальнішому значенні штучний інтелект (ШІ) – це науковий напрямок, в рамках якого ставляться і розв’язуються завдання апаратного або програмного моделювання тих видів людської діяльності, які традиційно вважаються інтелектуальними [75].

ШІ поділяють на дві парадигми: нейрокібернетику (штучний розум) та кібернетику “чорного ящика” (машинний інтелект).

Перша парадигма базується на моделюванні роботи головного мозку людини. Для другої парадигми не суттєво, яка конструкція “думаючого” пристрою, головне, щоб на задані вхідні дані він реагував так само, як людський розум.

Основними напрямками досліджень в галузі ШІ є:

– розробка природно-мовного інтерфейсу між людиною та комп’ютером: задачі аналізу та генерації текстів, їх внутрішнього представлення, вияв знань, необхідних для розуміння текстів;

- інтелектуальне математичне моделювання та автоматичне доведення теорем;
- інтелектуальні роботи, що здатні до самонавчання та самоорганізації;
- комп'ютерний переклад;
- комп'ютерні віруси та антивірусні програми;
- комп'ютерні ігри;
- розробка експертних систем, розробка моделей представлення знань, створення баз знань, що утворюють ядро експертних систем, виявлення та представлення знань експертів в експертних системах.

Ще одним важливим напрямком ШІ є сприйняття та розпізнавання образів. Проблеми розуміння та логічного мислення в процесі оброблення візуальної та мовної інформації, спрямовані на розпізнавання за ознаками класифікації та ідентифікації об'єктів візуальної, звукової та іншої інформації.

Під візуальним образом будемо розуміти інформацію, яка отримана за допомогою органів зору. Зображення – це проекція візуального образу на площину.

Під час процесу сприйняття та розпізнавання зображень виділяють такі задачі: синтез, обробка та аналіз [163].

Аналіз зображення – це процес отримання опису (математичного, структурного тощо) вхідного цифрового зображення.

Синтез зображення – це процес візуального представлення зображення отриманого за допомогою комп'ютера на основі опису (математичного, структурного тощо) зображення [175].

Оброблення зображення – це зміна вхідного зображення з метою отримання нового зображення з необхідними корекціями.

Процедуру аналізу зображень прийнято розглядати відповідно до так званої парадигми Марра [129]. Ця парадигма стверджує, що аналіз зображень спирається на декілька послідовних рівнів висхідної інформаційної лінії: від точкового представлення (растрове зображення, неструктурована інформація) до символного (векторні і атрибутивні дані в структурованій формі, реляційні

структури) і повинна здійснюватися на основі модульного принципу за допомогою таких етапів аналізу:

- попереднє оброблення зображення;
- первинна сегментація зображення;
- виділення геометричної структури видимого поля;
- визначення відносної структури і семантики видимої сцени.

Пов'язані з цими етапами рівні опрацювання називають аналізом нижнього (фільтрація шумів, аналіз гістограм тощо), середнього (сегментація, контурний аналіз тощо) і високого (геометричні перетворення, класифікація, розпізнавання тощо) рівнів [163]. У той час як існує багато наукових робіт по розв'язанню задач оброблення зображень на низькому рівні, то алгоритми середнього та високого рівнів продовжують залишатися центральним полем наукових досліджень.

Оскільки в системах автоматизованої мікроскопії використовуються такі етапи: отримання зображень попереднє оброблення, виділення мікрооб'єктів, обчислення їх характерних ознак, то під час проведення дослідження будуть розроблені методи та алгоритми аналізу та оброблення цитологічних зображень для середнього та високого рівнів.

## 1.2 Аналіз цитологічних зображень і методи діагностування онкологічних захворювань

Онкологічні захворювання – це загальна назва, яка налічує понад 200 злоякісних новоутворень (пухлин), при яких на шкірі, слизових оболонках або в різних органах людини починається неперервний поділ клітин [115]. Виділяють доброякісні пухлини (новоутворення, патологічний процес, зумовлений обмежено-неконтрольованим розмноженням клітин, без ознак метастазування) та злоякісні пухлини (патологічний процес, зумовлений неконтрольованим розмноженням клітин, інвазією та метастазуванням) [121]. Для постановки діагнозу при онкологічному захворюванні використовуються такі методи:

рентгенологічне дослідження, ультразвукове дослідження (УЗД), комп'ютерна томографія (КТ), мамографічне дослідження, гістологічне дослідження, цитологічне дослідження (Рисунок 1.1). Перераховані методи базуються на аналізі біомедичних зображень (БМЗ).

Біомедичні зображення – це структурно-функціональні образи людських органів, що використовуються для діагностики хвороб та спостереження за анатомофункціональною картиною організму та отримані за допомогою біомедичної апаратури [124].

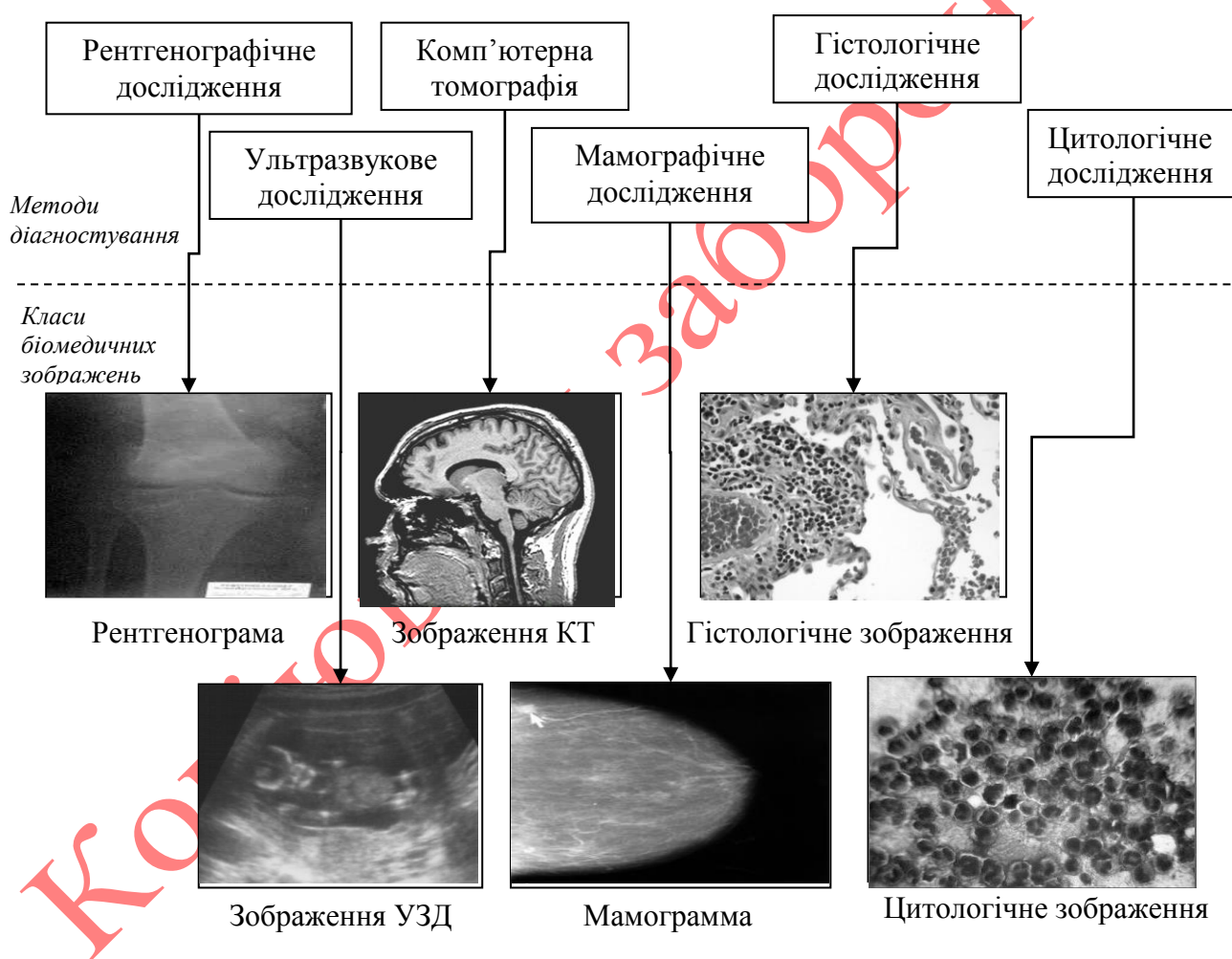


Рисунок 1.1 – Методи дослідження онкологічних захворювань

БМЗ надають великий обсяг інформації про пацієнта, проте, самі по собі вони недостатні, оскільки потрібний додатковий аналіз і інтерпретація в контексті історії хвороби пацієнта [114-126].

Основними методами діагностики онкологічних захворювань є такі:

1) Цитологічне дослідження, яке передбачає дослідження морфологічних ознак окремих клітин та їх взаєморозташування в тканинних комплексах. Основною його метою є знаходження відхилень значень морфометричних ознак досліджуваних клітин від ознак здорових клітин такого ж типу.

2) Гістологічне дослідження новоутворень базується на дослідженнях клітин та тканинних структур патологічно змінених тканин. Перевагою є висока точність отриманих результатів, недоліками є складність отримання зразків уражених тканин для проведення досліджень.

3) Імуногістохімія – це аналітичний метод визначення протеїнів (антигенів) в клітинах біологічних тканин на основі реакції антиген-антитіло. Вона проводиться шляхом нанесення антитіл, що мають здатність зв'язуватись виключно з досліджуваним протеїном на тонкий шар (4-5 мкм) досліджуваної тканини. Перевагою методу є висока точність отриманих результатів, недоліком – висока вартість реагентів.

Про важливість цитологічних досліджень свідчить той факт що, цитологічне дослідження мазків з шийки матки є обов'язковими при діагностиці раннього раку, так як забезпечує одержання об'єктивної інформації на тканинному і клітинному рівнях [152]. Важливу роль в цитологічних дослідженнях при діагностуванні органів живих організмів відведено в роботах Садикова [148], Селькова [150], Подистова [143], Хаскера [29] та багатьох інших лікарів-науковців. Перевагами цитологічного методу є: більш проста технологія, ніж при гістологічному методі, для виготовлення препаратів потрібно небагато матеріалу; пункційні та аспіраційні біопсії є малотравматичними, так само як і ексfolіативні. Препарати для мікроскопічного вивчення можна виготовити за кілька хвилин. Недоліком цитологічного аналізу є необхідність забору матеріалу безпосередньо з місця ураження.

Цитологічний метод найбільш точно описує природу пухлини та забезпечує встановлення правильного діагнозу більше ніж у 90% хворих при I-



ій стадії захворювання (93,7% при II-ій стадії та 94,6% – при III-ій). Похибки дослідження в першу чергу пов'язані з якістю зразка [168].

При цитологічному дослідженні враховують такі цитоморфологічні критерії: клітинний (форма, величина клітини, ядра, ядерно-цитоплазматичний індекс, колір, збереженість ядра тощо), функціональний (наявність в цитоплазмі крапель жиру, пігментних зерен, вміст РНК тощо), структурний (розташування клітин поодинокі, пластами чи структурами, схожість на розетки, колбочки, пучки, реакція на коливальну пробу), фон цитологічного препарату (детрит, дрібні білкові зерна, слиз, жирові вакуолі, кристали холестерину тощо). Об'єктами цитологічних досліджень є клітинний матеріал, отриманий шляхом пункції, відбитком видалених тканин, а також виділення організму [132]. Приклади опису мікрооб'єктів при різних типах раку наведено в таблиці А.1.

Якщо за основу взяти значення вартості проведення дослідження та достовірність отриманих результатів, то перевагу слід віддати гістологічному та цитологічному методам. Проте цитологічне дослідження має велику перевагу над гістологічним, а саме можливість визначення дисплазій, що дозволяє діагностувати пухлину на ранніх етапах розвитку, що збільшує шанси правильності постановки діагнозу. Порівняння інформативності методів діагностування наведено у таблиці 1.1 [168]:

Таблиця 1.1 - Степінь інформативності методів діагностування раку молочної залози (%)

Стадія	Клінічний метод			Рентгенологічний метод			Цитологічний метод		
	вірний	сумнів	хибний	вірний	сумнів	хибний	вірний	сумнів	хибний
I	52,2	23,9	23,9	40,0	25,7	34,3	69,1	13,2	17,7
II	87,3	8,0	4,7	84,5	8,7	6,8	93,7	2,9	3,4
III	94,0	3,6	2,4	92,1	4,9	3,0	94,6	2,4	3,0
Всього	83,6	9,0	7,4	79,5	10,4	10,1	90,0	4,4	5,5

Цитологічний метод дослідження базується на аналізі цитологічних зображень.

Цитологічні зображення – це мікроскопічні зображення препаратів, що містять клітини та їхні складові частини (ядро, вакуолі тощо) [132].

Цитологічні зображення володіють такими особливостями:

- слабо виражені контури мікрооб'єктів (незначні перепади рівня яскравості на границях областей, що відповідають мікрооб'єктам);
- залежно від міри оптичного збільшення зображень одні мікрооб'єкти виділяються краще, а інші втрачаються;
- стабільність кольорової палітри для зображень зразків, виготовлених при застосуванні відомих фарбників.

Мікрооб'єктами на цитологічних зображеннях є окремі клітини, які розміщені випадковим чином. Основні компоненти клітини: ядро, цитоплазма. Сукупність прийомів для кількісної оцінки параметрів клітинних і тканинних структур на цитологічних препаратах (або їх зображеннях) називають морфометричними методами. Для кількісного опису об'єктів на цитологічних зображеннях використовують такі ознаки [120, 122]: площа клітини, площа ядра клітини, оптична щільність ядра клітини за шкалою градацій "сірого", площа цитоплазми клітини.

Для якісного опису об'єктів на цитологічних зображеннях використовують такі ознаки [120, 122]: границі цитоплазми (чіткі, нечіткі), форма клітини (округла, овальна, витягнута, веретеноподібна), локалізація вакуолей (по периферії, біля ядра), форма ядра (округла, овальна), контур ядра (рівний, нерівний), поліморфізм ядер (виражений слабо, значний), нашарування ядер клітин, наявність внутрішньоядерних включень, вакуолей в ядрі (є, немає), кількість ядерців (одиночні, множинні), їх розташування (центральне, ексцентричне).

На основі аналізу особливостей цитологічних зображень та мікрооб'єктів на них можна зробити висновок, що для виділення мікрооб'єктів під час цитологічного дослідження необхідно використовувати алгоритми сегментації на основі виділення областей. Використання алгоритмів на основі підкреслення границь є не ефективним, оскільки мікрооб'єкти можуть мати нечіткі границі.

### 1.3 Методи та алгоритми аналізу зображень

#### 1.3.1 Сегментація

На сучасному етапі зображення стали невід'ємною частиною людського життя, а також важливою частиною багатьох галузей техніки. Широке використання цифрових зображень ставить відповідні задачі до алгоритмів їх оброблення, а саме: покращення якості, виділення та опис мікрооб'єктів, аналіз форми (контурів) тощо. Комп'ютеризовані процедури широко використовуються для полегшення сприйняття біомедичних зображень в тому числі і при аналізі цитологічних зображень.

Під час проведення цитологічних досліджень для отримання даних необхідно виділити мікрооб'єкти на зображенні. Для цього необхідно використати процедуру поділу вхідного зображення на однорідні за певним критерієм області, які в подальшому можуть відповідати мікрооб'єктам або бути їх структурними частинами.

Сегментація кольорового зображення – це процес виділення на зображенні однієї або декількох областей, що задовольняють деякому критерію однорідності [111].

Сегментація зображення приводить до поділу зображення на області з подібними характеристиками. Основна ознака для проведення сегментації – це яскравість для монохромного зображення та кольорова компонента для кольорового зображення. Також, для проведення сегментації використовуються границі зображення та текстура. Розглянемо основні групи методів сегментації, що використовуються під час аналізу цитологічних зображень.

Одним із найбільш відомих методів є порогова сегментація. Цей метод використовується для контрастних зображень. Так, порогова сегментація застосовується в сполученні з морфологічними операціями дилатації й ерозії, а вибір порога, як правило, ґрунтується на апріорній інформації про мікрооб'єкти, що виділяються. Перевагами цих методів є висока швидкість опрацювання

зображень і наявність теоретичного обґрунтування. Проте, у більш складних випадках, наприклад, при дослідженні клітин, що мають слабо контрастні границі або при нерівномірному фоні ці методи не можуть використовуватись.

Морфологічна сегментація – це інший підхід до розв’язання задачі сегментації. Вона зводиться до пошуку контуру клітини, що найкраще відповідав би її границі. Це досягається за допомогою морфологічного градієнта. Проте, наявність великої кількості помилкових віток і внутрішніх контурів не дозволяє розв’язати задачу. Очевидна висока складність таких методів, і, як наслідок, низька швидкодія і висока трудомісткість.

Третя група – це методи сегментації нарощування областей. Нарощування областей широко застосовується при аналізі цитологічних зображень, оскільки часто структура тканини є фоном і не дозволяє виділити клітину, тому що її елементи мають яскравість і рівні перепадів яскравості, що збігаються з яскравістю фону. Як правило, вибір стартових точок сегментації відбувається або випадково, або за допомогою людини-оператора на підставі визначеної апріорної інформації.

Ще одна група методів базується на принципах кластерного підходу. Під час сегментації на зображенні вибираються центри кластерів, а далі послідовно проводиться перевірка всіх точок на відстань до центрів у деякій метриці. Недоліком даної групи алгоритмів є необхідність попередньо задавати кількість кластерів. Його можна подолати, використовуючи нейромержевий підхід [106]. Недоліком використання нейромереж є етап навчання, що значно збільшує час аналізу.

На сьогоднішній день не існує теорії сегментації. Як результат, не існує єдиного універсального методу сегментації зображення [155]. Найчастіше використовують набір спеціалізованих методів для певного класу задач. Оскільки методи є спеціалізованими, то необхідно мати критерії оцінювання їх продуктивності. Р. Харлак та Л. Шапіро [30] запропонували такий якісний критерій для сегментації зображення: області сегментованого зображення повинні бути загальноприйнятими та однорідними щодо деякої

характеристики; сусідні області сегментації повинні суттєво відрізнятися одна від одної відносно обраної характеристики; границі кожного сегменту повинні бути простими, неперервними та просторово точними.

У більшості практичних завдань якість сегментації розглядається як міра подібності двох зображень: сегментованого експертом та сегментованого відповідними алгоритмами [154]. Якість сегментації зображення може визначатися як на суб'єктивному (якісному) так і на об'єктивному (кількісному) рівнях [80].

Суб'єктивні критерії - це критерії візуального сприйняття, отримані в процесі аналізу деякою групою експертів. Найбільшого поширення набув метод оцінок, при якому користувач оцінює якість зображення в балах по певній шкалі, вважаючи, що ідеальне зображення (просегментоване експертом в ручному режимі) має максимальний бал. Цей метод дозволяє оцінити такі характеристики зображення як правильність виділення контурів, областей, кольорів тощо. Основні шкали оцінок при використанні методу порівняння приведені в таблиці (таблиця 1.2) [96].

Таблиця 1.2 – Основні шкали суб'єктивного оцінювання якості сегментації

Нормалізована шкала	П'ятибальна шкала		Семибальна шкала недоліків
	Шкала якості	Шкала недоліків	
<b>1</b>	<b>5</b> (відмінно)	<b>5</b> (непомітні)	<b>1</b> (непомітні)
<b>0,875</b>	-	-	<b>2</b> (ледь помітні)
<b>0,75</b>	<b>4</b> (добре)	<b>4</b> (помітно, проте недоліки не суттєві)	<b>3</b> (помітно, проте недоліки не суттєві)
<b>0,625</b>	-	-	<b>4</b> (спотворюють, проте не суттєво)
<b>0,5</b>	<b>3</b> (задовільно)	<b>3</b> (помітно, вносять спотворення)	<b>5</b> (частково заважають порівнянню зображень)
<b>0,25</b>	<b>2</b> (не задовільно)	<b>2</b> (заважають)	<b>6</b> (заважають порівнянню зображень)
<b>0</b>	<b>1</b> (дуже погано)	<b>1</b> (сильно заважають)	<b>7</b> (неможливо порівняти зображення)

Об'єктивні критерії – це критерії, що отримані внаслідок порівняння (знаходження різниці) кількісних ознак сегментованого та еталонного (сегментованого експертом) зображень. Ці критерії часто використовуються в САМ для визначення кількісної оцінки якості сегментації. Основними критеріями є [162, 175]:

- 1) критерій кількості однорідних областей (визначається як абсолютне значення різниці кількості однорідних областей сегментованого та еталонного зображень);
- 2) відхилення значення кольорової ознаки (для кольорового зображення) або рівня яскравості (для монохромного зображення) пікселя від середнього значення кольорової ознаки (яскравості) однорідної області;
- 3) середньоквадратичний критерій;
- 4) критерій максимальної похибки;
- 5) критерій абсолютної похибки.

Недоліком цих критеріїв є отримання значення якості сегментації на основі характерних ознак відповідних пікселів, проте без врахування зв'язків між самими пікселями.

Аналіз алгоритмів сегментації, які репрезентують методи сегментації приведені в таблиці 1.3.

Таблиця 1.3 – Аналіз алгоритмів сегментації

Назва алгоритму	Переваги	Недоліки
1	2	3
Алгоритм на основі порогової обробки	Відсутність потреби в додатковій вхідній інформації (при автоматичному визначенні значень порогів). Простота реалізації. Висока швидкодія.	Чутливість до шумів та дефектів зображення. Складність автоматичного вибору порогів сегментації при нечітких піках гістограми розподілу яскравості (кольорової компоненти). Відсутність використання інформації про просторові характеристики точок (об'єктів) на зображенні.
Алгоритми підкреслення границь	Результат сегментації найбільш подібний до результатів сегментації експертом. Простота реалізації. Висока швидкодія.	Чутливі до впливу шумів. Складність роботи з слабкоконтрастними зображеннями. Необхідна додаткова обробка отриманих результатів (об'єднання окремих елементів границі об'єктів).
Алгоритм k-середніх	Процес сегментації може відбуватись без попереднього навчання. Простота реалізації.	Складність вибору центрів кластерів. Необхідна додаткова обробка отриманих однорідних областей для виділення об'єктів.
Адаптивна кластеризація	Можливість корегувати центри кластерів в процесі обробки зображення Використання інформації про просторові характеристики точок	Вплив шумів на процес адаптивного визначення центрів кластерів. Складність алгоритму роботи.

	(об'єктів) на зображенні.	
Алгоритм на основі нарощування областей	Отримуються однорідні області, що не перетинаються. Під час сегментації використовується інформація про просторові характеристики точок (об'єктів) на зображенні.	Складність вибору стартових точок. Результат сегментації залежить від вибору стартових точок. Складність роботи алгоритму.
Алгоритм на основі розриву та злиття	Використання інформації про просторові характеристики точок (областей) на зображенні. Відмінні результати на зображеннях з невеликою кількістю однорідних областей.	Складність визначення однозначних ознак однорідності областей Чутливі до впливу шумів.
Алгоритми на основі штучних нейронних мереж	Стійкі до впливів шумів. Можливість самонавчання.	Необхідна початкова апріорна інформація для процесу навчання. Результат сегментації напряму залежить від якості навчання. Складність нейронної мережі залежить від розмірності вхідного зображення.
Алгоритми на основі теорії графів	Існують швидкі алгоритми сегментації.	Характеристики локальних точок є важливішими за глобальні ознаки областей. Складність визначення ваг вузлів та гілок графа.
Сегментація на основі фізичних властивостей об'єктів	Відмінні результати при виборі правильної моделі об'єкта. Стійкість до шумів та дефектів зображення (тіні, засвітлення зображення тощо).	Складність алгоритмів сегментації. Алгоритми обмежені сферами застосування Необхідна початкова інформація про форму об'єктів.

В залежності від характерних ознак мікрооб'єктів (кількість мікрооб'єктів на зображенні, типу мікрооб'єкта та структури границі) на цитологічних зображеннях і на основі визначених переваг алгоритмів сегментації здійсимо класифікацію мікрооб'єктів та алгоритмів їх сегментації (таблиця 1.4).

Таблиця 1.4 – Класифікація мікрооб'єктів та алгоритмів їх сегментації

Кількість мікрооб'єктів	Тип мікрооб'єктів	Структура границі	Алгоритм
Одиночні мікрооб'єкти	Мікрооб'єкти одного типу	границі чіткі	Порогова сегментація, високочастотна фільтрація.
		границі не чіткі	Водоподіл, кластеризація.
	Мікрооб'єкти різних типів	границі чіткі	Порогова сегментація, кластеризація, нарощування областей.
		границі не чіткі	Водоподіл, кластеризація.

Групи мікрооб'єктів	Мікрооб'єкти одного типу	границі чіткі	Порогова сегментація, високочастотна фільтрація.
		границі не чіткі	Водоподіл, кластеризація.
	Мікрооб'єкти різних типів	границі чіткі	Кластеризація, нарощування областей, водоподіл.
		границі не чіткі	Водоподіл, кластеризація.

Розглянувши властивості цитологічних зображень, відмітимо, що для сегментації доцільно використовувати алгоритми на основі порогової сегментації (коли об'єкти мають чіткі границі та не накладаються один на одного) або взаємозв'язків між точками. Тому актуальною задачею є розроблення методу та алгоритмів сегментації на основі зв'язків між сусідніми точками.

### 1.3.2 Алгоритми проходження контуру

Під час проведення цитологічних досліджень важливу роль відіграє аналіз форми досліджуваного мікрооб'єкта [5,7,11,14]. Зокрема, зміна форми у мікрооб'єкта може сигналізувати про його перехід з одного стану в інший (дистрофія, некробіоз, некроз), що в свою чергу ілюструє процес протікання хвороби. В природі форму мікрооб'єкта визначають стінки клітини та стан внутрішніх структурних елементів клітини. На цитологічному зображенні форму описує границя мікрооб'єкта.

Границя об'єкта – це частина об'єкта, яка містить велику кількість інформації про форму об'єкта та слабо залежить від кольору та текстури зображення [165].

Проходження контуру (contour tracing) – це етап отримання дискретного сигналу, що описує границі оцифрованого мікрооб'єкта [54].

Вимоги до алгоритмів проходження контуру такі:

- зменшення обсягів пам'яті для зберігання;
- зменшення часу та складності подальшої обробки;



– отримання інформативних ознак об'єкта.

Виділення контуру може відбуватись двома шляхами: підкресленням границь мікрооб'єкта шляхом фільтрації вхідного зображення або шляхом проходження внутрішнім контуром однорідної області.

Основні алгоритми виділення границь мікрооб'єкта такі: алгоритм змії, алгоритм Кенні, фільтрації на основі операторів Собеля, Лапласа, Превіта тощо [32-34,55,87]. Вони базуються на підкресленні різких перепадів яскравості, які характерні границям об'єктів. Результатом їх роботи є набір незв'язних областей. Для отримання зв'язного контуру необхідно провести додаткову обробку.

Відомо такі алгоритми виділення областей: порогова сегментація, кластеризація, нарощування областей, алгоритм водоподілу, блочна сегментація тощо [32-34,55,87]. Вони базуються на об'єднанні пікселів в однорідні області на основі деякого критерію однорідності. Результатом їх роботи є набір однорідних областей. Для отримання опису контуру об'єкта необхідно використати алгоритми проходження контуром.

На даний час відомі такі алгоритми проходження контуром:

1) Алгоритм „жука” (Square Tracing Algorithm) [54], основною перевагою якого є простота. Проходження контуром здійснюється на основі двох простих правил: якщо значення активного пікселя дорівнює одиниці (активний піксель знаходиться в точці яка належить об'єкту), то проводиться поворот ліворуч, в іншому випадку, коли значення активного пікселя дорівнює нулю (активний піксель знаходиться в точці, яка не належить об'єкту), то проводиться поворот праворуч). Алгоритм зупиняє свою роботу, якщо він повернувся в стартову точку.

2) „Moore-Neighbor Tracing” [54] – алгоритм базується на покроковій перевірці всіх сусідніх точок з метою знаходження наступної контурної точки. Зупинка роботи алгоритму відбувається при його поверненні в стартову точку.

3) „Redial Sweep” [54] – даний алгоритм є модифікацією попереднього. Основна його відмінність полягає в точці початку обходу активного пікселя. В

даному алгоритмі це точка, що була визнана контурною на попередньому кроці алгоритму, а не точка з якої відбувся перехід на активний піксель.

4) „Theo Pavlidi’s Algorithm” [54] – основною ідеєю алгоритму є використання групи з трьох пікселів для визначення наступного контурного пікселя. Перевірку здійснюють шляхом послідовної перевірки сусідніх точок з строго визначеною послідовністю.

Ці алгоритми широко використовуються для проходження та опису контуру. Практично для кожної мови програмування існують бібліотеки з реалізованими алгоритмами, наприклад, для Matlab [13].

Основним їх недоліком є залежність від складності контуру та критерію зупинки. Алгоритми чутливі до мікрооб’єктів, контур яких містить відгалуження товщиною в один піксель. Це може привести як до помилкового завершення роботи алгоритмів, так і до некоректного виділення контуру. Аналогічна проблема може виникнути, якщо мікрооб’єкт складається з двох і більше частин, що з’єднані між собою тільки одиночними пікселями. Інший недолік алгоритмів полягає у недосконалих критеріях зупинки (повернення в стартову точку, проходження певної точки декілька разів), що призводять до некоректних результатів роботи.

Окрім форми, контур має ряд інших характеристик, зокрема тип зв’язності, що задається під час кодування контуру. Контур може бути 4-зв’язним або 8-зв’язним. Якщо контур 4-зв’язний, то координати двох сусідніх точок, що належать контуру об’єкта, можуть відрізнитись тільки по осі абсцис або тільки по осі ординат. Якщо контур 8-зв’язний, то координати двох сусідніх точок, що належать контуру об’єкта, можуть відрізнитись по осі абсцис і/або по осі ординат.

Іншим критерієм може бути структура контуру: проста (форма мікрооб’єкта немає малоінформативних відгалужень та мікрооб’єкт знаходиться окремо від інших), з однопіксельними відгалуженнями (на контурі мікрооб’єкта присутні малоінформативні відрости, які є наслідком дефекту під час препарції досліджуваного зразка), складні (мікрооб’єкти дотикаються або

накладаються один на одного, утворюючи при цьому хибний мікрооб'єкт, який при можливості необхідно коректно роз'єднати).

В загальному контури мікрооб'єктів можна розділити за такими критеріями: типом зв'язності, структурою контуру, формою (Рисунок 1.2):



Рисунок 1.2 – Класифікація контурів цитологічних мікрооб'єктів

### 1.3.3 Класифікація геометричних перетворень

Під час проведення досліджень окрім аналізу взаєморозташування мікрооб'єктів та їх внутрішньої структури, для визначення ступенів протікання патологічних процесів використовують аналіз зміни форми мікрооб'єктів за деякий проміжок часу.

Геометричні перетворення - це взаємно однозначні відображення прямої, площини або простору на самого себе. Зазвичай розглядають такі сукупності геометричних перетворень, що кожна кінцеву послідовність перетворень можна замінити одним перетворенням. Зворотне перетворення також належить даній сукупності. Такі сукупності геометричних перетворень утворюють так звану групу перетворень. Прикладами геометричних перетворень, що утворюють групу перетворень, можуть бути афінні перетворення, проєкційні перетворення тощо [94].

Підгрупою афінної групи перетворень є група подібності (що містить перетворення зсуву, повороту і зміни масштабу). В той же час афінна група є підгрупою загальної лінійної групи, а група евклідових перетворень є частковим випадком афінної групи перетворень. Тому можна визначити таку ієрархічну структуру:

$$\text{евклідові перетворення} \subset \text{афінні перетворення} \subset \text{проекційні перетворення} \subset \text{топологічні перетворення}$$

Евклідові перетворення. Сцену іноді можна розглядати як тверде тіло, коли взаємні деформації її елементів в тривимірному просторі не допускаються. Аналогічно площину іноді можна вважати жорсткою (такою, що не деформується). Жорстким рухам площини відповідає підгрупа Евклідових перетворень, що містить лише перетворення зсуву та повороту, які математично можна записати як:

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = R \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix},$$

де  $(x, y)$  - початкові координати точки об'єкта;

$(t_x, t_y)$  - коефіцієнти перетворення;

$(x', y')$  - координати точки об'єкта після перетворення.

Оскільки перетворення Евклідової групи не деформують об'єкт, то вони не можуть бути використані під час аналізу цитологічних зображень.

Афінне перетворення – це перетворення, яке три довільні точки  $M_1, M_2, M_3$ , що лежать на одній прямій, переводить в три точки  $M'_1, M'_2, M'_3$ , які також лежать на одній прямій. Прикладами афінних перетворень є рух, подібність, гомотетія. Афінне перетворення є найзагальнішим взаємно однозначним відображенням площини на площину, при якому зберігаються

прямі лінії. Оскільки група афінних перетворень має деякі обмеження, зокрема умова перетворення паралельних ліній в паралельні, то у випадку складного контуру виникають значні похибки перетворення.

Проекційні перетворення. Проекційне перетворення пов'язане з відображенням тривимірної візуальної інформації на двовимірну площину. При перетворенні точки на тривимірній сцені і на зображенні представляються в проекційних просторах як вектори в однорідних координатах. Проекційні перетворення, в загальному, не зберігають паралельності ліній. Властивістю, що зберігається при проекційному перетворенні, є так звана колінеарність точок: три точки, що лежать на одній прямій (тобто колінеарні), після перетворення залишаються лежати на одній прямій. Проекційна геометрія є основним математичним базисом для комп'ютерної графіки та машинного зору.

Топологічні перетворення. Якщо множина  $X \times Z$  є топологічним простором, тобто для її точок визначені поняття околу та сусідства, то зображення, представлене сукупністю точок, може бути розглянуто як топологічний об'єкт, тобто описано в термінах топологічних елементів: зв'язних областей, границь областей, зв'язних лінійно незалежних точок. Таким чином, представлення зображення у вигляді списку або множини точок дозволяє для аналізу зображень використовувати топологічні методи.

Задачу перетворення зображення можна розв'язати за допомогою таких підходів:

а) перетворення на основі аналітичних функцій: для групи точок знаходиться аналітична функція перетворення [70]. Аналітичні функції визначаються таким чином, щоб під час виконання перетворення похибка в характерних точках була мінімальною;

б) деформація типу "резинка". Даний підхід реалізує модель [70], в якій на плоску резину наноситься рисунок, після чого деякі точки на резині зміщуються;

с) перетворення на основі скелетів [70]. Цей підхід ґрунтується на описі об'єкта на основі скелету. Під час перетворення проводиться перетворення не цілого зображення, а лише його скелету з подальшим відновленням

початкового об'єкта. Прикладом використання даного підходу є алгоритм перетворення на основі циркулярної фігури [70].

Важливою перевагою топологічного опису є його нечутливість до сильних деформацій зображення, що включають усі перетворення подібності, якщо зв'язувати з кожним зображенням деяку характерну точку, з якої починається обхід. Тому для перетворення областей із складними контурами (контури мають велику кількість випуклостей та увігнутостей) слід використовувати перетворення в топологічному просторі.

#### 1.3.4 Скелетизація областей зображення

Аналіз алгоритмів перетворення в топологічному просторі показав, що перетворення на основі скелетів мають ряд переваг: зменшення розмірності представлення мікрооб'єктів, незначна кількість арифметичних операцій, допустима похибка перетворення задається наперед, зберігається топологічна структура скелета об'єкта [74]. Недолік даного підходу такий: необхідність проведення додаткових розрахунків з метою визначення скелету зображення.

Поняття скелету вперше було запропоноване в роботі Х.Блюма [20] як результат перетворення серединних осей або перетворення осей симетрій. В евклідовому просторі скелет визначається як геометричне місце розташування центрів максимальних вписаних в об'єкт кіл для 2D та сфер для 3D об'єктів. Для дискретного випадку поняття скелету можна представити у вигляді метафори „пожежі в степу” [169].

Скелетизація – це процес обробки бінарного зображення об'єкта результатом якого є скелет. Скелет забезпечує просте і компактне представлення форми, що зберігає більшість топологічних характеристик та розміри оригінальної форми об'єкта. Приклад виділення скелету за допомогою максимально вписаних кіл наведено на рисунку (Рисунок 1.4):

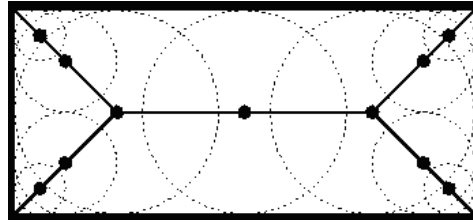


Рисунок 1.3 – Приклад виділення скелету

Основні методи виділення скелетів такі:

- метод просторових трансформацій;
- метод на основі діаграм Вороного;
- метод стоншення.

Метод на основі просторових трансформацій полягає в визначенні ваг точок, які належать об'єкту. Вага точки визначається як мінімальна відстань від точки до контуру об'єкта по горизонталі чи вертикалі (для 4-зв'язності), а також по діагоналях (для 8-зв'язності). Точки з максимальними вагами визнаються такими, що формують скелет об'єкта.

Метод на основі діаграм Вороного [172] характеризується розбиттям вхідного об'єкта на множину підобластей, таких що формуються з точок, які є найближчі до деякої точки. Скелетизація на основі методу діаграм Вороного є трудомістким процесом, особливо на великих та складних об'єктах.

Під час методу стоншення використовуються операції морфологічної обробки зображень. Даний метод полягає у послідовному видаленні точок, які належать контуру об'єкта з метою отримання ліній шириною одну точку. Його перевагами є збереження топології та форми вхідного об'єкта, ширина отриманого скелету рівна одній точці.

Відомі такі алгоритми скелетизації: алгоритм скелетизації на основі визначення топологічних вузлів [143], на основі визначення просторових моментів [144], на основі розповсюдження хвилі [147], алгоритм Зонга-Суня [148] тощо.

Недоліками скелетизації в дискретному зображенні є залежність результатів скелетизації від похибки дискретизації, типу опису зв'язків між

сусідніми точками області (4- або 8-зв'язні), характеру (кривизни) контурної лінії області.

Одним з недоліків процесу скелетизації є отримання скелету з великою кількістю надлишкових гілок. Для відсікання таких гілок існують декілька алгоритмів. Зокрема, в роботі [170] пропонується відсікання малоінформативних гілок на основі евристичних правил. Недоліком даного алгоритму є складність кількісної оцінки роботи алгоритму. В роботі [171] запропонований алгоритм відсікання малоінформативних віток на основі зміни контурної лінії.

У ряді робіт продемонстровано використання скелетизації для роботи з мікрооб'єктами на біомедичних зображеннях: виявлення паразитів (червів) на біомедичних зображеннях[175], виявлення кров'яних капілярів на зображенні людського мозку[176] та інші.

Перевагами використання опису об'єкта на основі скелетів є: інваріантність до повороту, масштабування, мінімальний вплив дефектів цифрового зображення. Недоліком є складність відновлення об'єкта без додаткових метаданих.

#### 1.4 Аналіз систем автоматизованої мікроскопії

Система автоматизованої мікроскопії – це програмно-апаратний комплекс для проведення діагностичних досліджень біомедичних зображень [116]. Серед фірм-розробників САМ (або їх структурних модулів), що працюють зараз на українському, російському і закордонних ринках є такі: ВидеоТест(Росія), ЗАО Медицинские Компьютерные Системы (МЕКОС)(Росія), Biomedical Photometrics Inc(США), Bioview(Японія), “AccuMed International”(США), “CompuCyte Corporation” (США), “СУТУС Corporation” (США), “NeoPath” (США), “Roche Image Analysis Systems”(США), “Becton Dickinson”(США), “Kontron Electronic” (Німеччина), “Leika” (Німеччина). Узагальнену структуру САМ приведено на рисунку 1.4:





Рисунок 1.4 – Узагальнена структура САМ

Перевагою модульної структури САМ є можливість адаптації системи до поставлених задач. Адаптація може проводитись як і шляхом заміни апаратних модулів так і установкою нових програмних засобів аналізу зображень [116].

#### 1.4.1 Апаратні засоби

Апаратна складова САМ, як правило, має модульну будову та складається з системи вводу інформації (камера, мікроскоп), комп'ютера (ПК), системи виводу інформації (монітор, принтер).

Камера (Рисунок 1.4) - пристрій для отримання цифрових зображень в форматах BMP, JPEG та нестиснуте зображення RAW. За допомогою функції програмної системи встановлюються параметри роботи системи: величина витримки, корекція гами кольорів, контраст та яскравість, баланс білого, коефіцієнти чутливості по окремих колірних каналах та інші параметри. У таблиці 1.5 наведено узагальнені вимоги до камер, що використовуються в існуючих САМ.

Таблиця 1.5 – Узагальнені технічні вимоги до параметрів цифрової камери.

Формат сенсора	1/2.5"
Розмір пікселя	2.2 мкм × 2.2 мкм
Роздільна здатність	2592 × 1944
Кріплення об'єктива	C і CS-mount, адаптерне кільце
Макс. частота кадрів	8 fps (2592*1944) 30 fps (640*480)
Час експозиції	1мс.-0.3с.
Баланс білого	Автоматичний/Ручний
Метод сканування	Прогресивний
Затвор	Електронний (electronic rolling shutter)
Чутливість	0.53В/Лк*сек (550 нм)
Відношення сигнал/шум	40.5 дБ
Динамічний діапазон	>60 дБ

Іншим важливим елементом є мікроскоп. Основні технічні вимоги до характеристик мікроскопа наведені в таблиці 1.6.

Таблиця 1.6 – Технічні вимоги до характеристик мікроскопа

Клас, тип	Робочий біологічний мікроскоп прохідного світла
Візуальна насадка	Обертання на 360°, коректування діоптрій 5, коректування відстані між зіницями 55-75 мм, повне відхилення світла на фотографічну трубу, система виправлення зображення
Оптика	Окуляр із збільшеним полем зору 10× (18 мм), ахроматичні парафокальні об'єктиви 4×/NA 0.10, 10×/NA 0.25, 40×/NA 0.65, 100×/NA 1.25 (імерсійне масло), збільшення 40×-1000×
Предметний стіл	Грубе і точне регулювання фокусу: коаксіальні двосторонні верньєри з макро- і мікрометричним регулюванням. Градуйована шкала, коаксіальні гвинти управління. Пересувний столик з мікрометричним регулюванням.
Освітлення	Галогенове освітлення (220/6 В-20 Вт), плавне регулювання освітлення.
Фотоадаптація	Адаптований для фотографування і використання CCD-камери
Стандартні аксесуари	синій конверсійний фільтр, один 500 мА плавкий запобіжник, одна галогенова лампа 6 В, 20 Вт, 7 мл пляшка імерсійного масла, протизапорошений чохол.

Для функціонування програмної складової необхідна робоча станція (комп'ютер). Її конфігурація визначає швидкість оброблення потоку цифрових даних та надійність функціонування системи [116]. В таблиці наведено основні характеристики робочої станції (Таблиця 1.7)

Таблиця 1.7 – Технічні вимоги до робочої станції

Процесор	від 2 ГГц
ОЗП	від 2Гб
Блок постійної пам'яті (HDD)	1 Тб
Монітор	від 21 дюйма
Материнська плата	необхідна
Відеокарта	необхідна
Пристрій друку результатів	принтер (лазерний)
Мережеве обладнання	необхідне (від 100Мб/с)

Характерними особливостями сучасних систем є високий рівень автоматизації, можливість віддаленої роботи на робочому місці та зменшення залежності від медичної відеодіагностичної апаратури. Для передачі та зберігання біомедичних зображень і даних використовуються такі стандарти: ASTM, ASC X12, IEEE/MEDIX, NCPDP, HL7, DICOM.

#### 1.4.2 Програмні засоби

Під час проведення цитологічних досліджень в ручному режимі, вся відповідальність за отримані результати лягає на людину-експерта, що в свою чергу ставить вимоги до її кваліфікації. Основною перевагою використання програмних засобів є перехід від суб'єктивного та якісного аналізу до об'єктивного та кількісного. Основним недоліком при цьому є складність розробки методів та алгоритмів для функціонування САМ. Типова структура програмної складової САМ наведена на рисунку 1.4:

Програмні комплекси оброблення цитологічних зображень дозволяють отримувати зображення за допомогою фотокамери, відеокамери, сканера, зчитування з уже існуючого файлу. Результати досліджень виводяться на екран у табличній формі і у вигляді графіків, та на друк. Точність вимірювання забезпечується калібруванням програм за допомогою об'єкта-мікрометра або калібруючої лінійки.

Для визначення кращих програмних продуктів, що представлені на ринку, було проведено їх порівняння за такими параметрами:

– спосіб вводу інформації: зображення приймається із давача в реальному часі (підтримка найпоширенішої на сьогоднішній день технології MCI/TWAIN) чи завантаження з жорстких носіїв даних;

– режими роботи алгоритмів сегментації: ручний (оператор в ручному режимі виділяє об'єкти інтересу на зображенні), автоматизований (оператор вводить деяку початкову інформацію після чого програма проводить сегментацію самостійно) чи автоматичний (система на основі запрограмованих алгоритмів та відомих параметрів проводить сегментацію самостійно);

– попереднє оброблення вхідного зображення – забезпечення програми можливістю додаткової обробки зображення (видалення шумів, корекція яскравості, контрасту, фільтрація, виділення поля уваги тощо);

– обчислення характерних ознак – набір ознак, що компактно описують зображення. Найбільш використовувані параметри такі: периметр, площа, ядерно-цитоплазматичне відношення, обчислення кутів тощо;

– обчислення статистичних ознак – інформація про групу об'єктів інтересу. До даного класу ознак відносять середнє значення, середньоквадратичне відхилення, максимальне (мінімальне) значення тощо;

– вивід інформації у візуальному форматі – можливість побудови діаграм, гістограм, графіків тощо;

– взаємодія з іншим програмним забезпеченням – можливість обміну інформацією з іншими програмними засобами, наприклад MS Word, MS Excel, MS Access, FoxPro тощо;

– використання скриптів – присутність вбудованої мови (шаблонів) для написання скриптів для пакетного оброблення даних;

– технічна документація – наявність додаткової інформації про систему.

Результати порівняння наведено в таблиці 1.8:

Таблиця 1.8 – Порівняння систем автоматизованої мікроскопії

№	Назва програми	Отримання даних з віддаленого джерела	Наявність конвертора форматів файлів	Попередня обробка зображення	Конвертація інші кольорові бази	Виділення об'єктів в ручному / автоматизованому / автоматичному режимі	Обчислення характеристичних ознак	Використання плагінів	Використання сценаріїв	Формування звітів	Передача даних в зовнішнє програмне забезпечення	Друк	Налаштування параметрів роботи програми	Калібрування програми	Наявність системи допомоги
1	ImageTool v.2.00	+	+	+	+	+/-/-	+	-	+	+	-	+	+	-	+
2	ImageWarp	-	+	+	-	+/-/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
3	„ИМАДЖЕР-ЦГ”	-	+	+	-	+/-/-	+	-	-	+	-	+	+	-	+
4	ВидеоТесТ-Морфо 3.2	+	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
5	ВидеоТесТ-Морфология 5.0	+	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6	Micromed Images	+	+	+	-	+/-/-	+	-	+	+	+	+	+	-	+
7	ScreenMeter	-	-	+	-	+/-/-	+	-	-	+	-	-	+	-	+
8	ImageExpert Pro 3	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
9	ImageExpert™ Gauge	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
10	AnalySIS Five	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
11	BioVision	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
12	QCapture PRO 6.0	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
13	Motic Images Advanced 3.2	+	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	+	+	+	-	+
14	MCID™ Core	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
15	Image-Pro Plus 6.2	+	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
16	MetaMorph 7.5	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
17	ImageJ (NIH, USA)	-	+	+	+	+/-/-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
18	Pixels	-	-	+	-	+/-/-	+	-	-	+	-	+	+	-	+
19	NIH Image	-	+	+	+	+/+/-	+	+	+	+	+	+	+	-	+
20	Xite v3.45	-	-	+	-	+/-/-	+	-	-	+	-	+	+	-	+

Як видно з наведених результатів, лідерами на сьогоднішній день є: Motic Images Advanced 3.2, ВидеоТесТ-Морфология 5.0, ImageJ. В даних програмних засобах присутні всі необхідні функції для проведення цитологічних досліджень, починаючи від етапу отримання зображення до формування звітів.

#### Постановка задач дисертаційного дослідження

Проведений аналіз засвідчив актуальність розроблення методів сегментації, контурного аналізу та перетворення областей для забезпечення автоматизації процесу аналізу ЦЗ в САМ. Для розроблення даних методів аналізу ЦЗ необхідно розв'язати такі задачі (Рисунок 1.5):

- здійснити аналіз методів і алгоритмів аналізу зображень;

- провести аналіз цитологічних зображень та систем автоматизованої мікроскопії;
- розробити метод та алгоритми сегментації на основі попередньої розмітки для знаходження мікрооб'єктів на цитологічних зображеннях;
- розробити метод автоматичного визначення алгоритму сегментації на основі критеріїв однорідності зображення та аналізу гістограми розподілу яскравості для визначення оптимального алгоритму сегментації;
- вдосконалити метод знаходження контурів мікрооб'єктів на основі проходження контуру з можливістю зворотного ходу для знаходження контурної функції мікрооб'єктів;
- вдосконалити методи перетворень типу „контур-контур” і „область-область” для цитологічних зображень;
- синтезувати структуру дерева рішень для побудови програмної складової системи автоматизованої мікроскопії;
- провести комп'ютерне моделювання розроблених алгоритмів аналізу цитологічних зображень та здійснити їх програмну реалізацію.

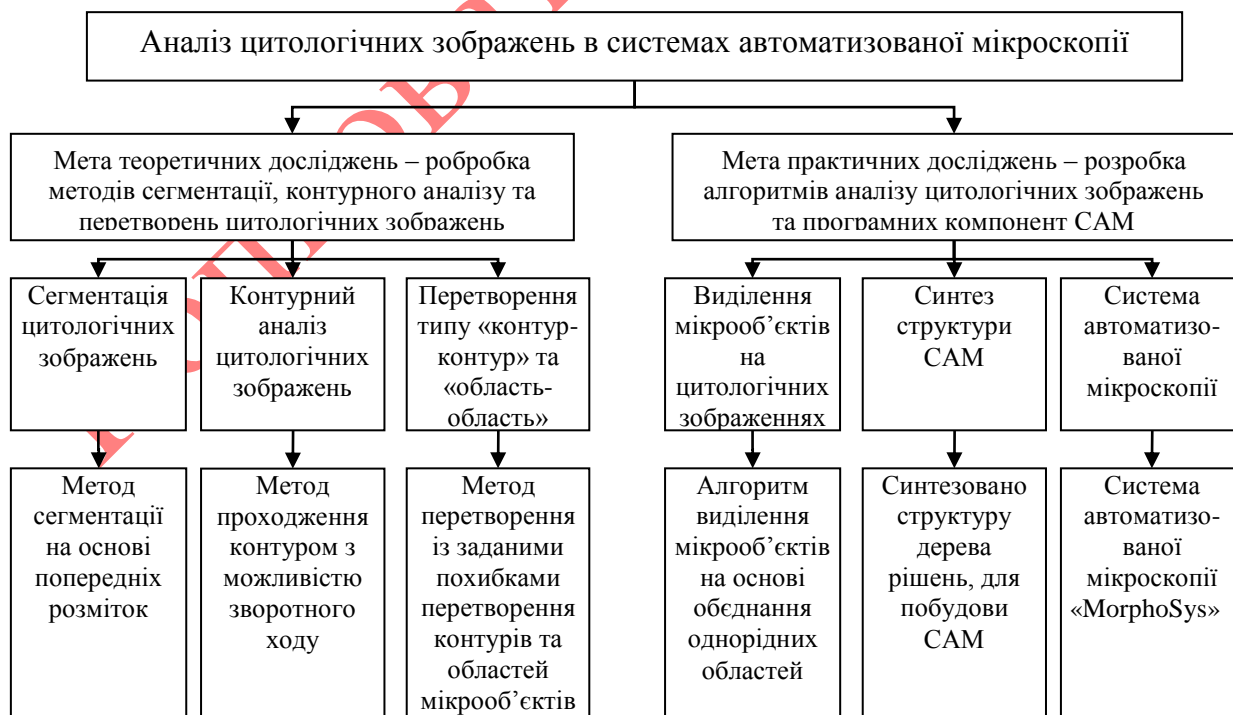


Рисунок 1.5 – Основні задачі дисертаційного дослідження

## Висновки до розділу 1

В даному розділі проаналізовано сучасні методи та засоби аналізу цитологічних зображень в САМ та отримано такі результати:

1) Проведено аналіз напрямків досліджень у галузі штучного інтелекту і показано актуальність задачі розпізнавання образів і аналізу зображень.

2) Проведено аналіз біомедичних зображень та методів їх дослідження, показано актуальність цитологічних досліджень під час діагностування онкологічних захворювань.

3) Аналіз відомих методів сегментації для виділення мікрооб'єктів на цитологічних дослідженнях дав змогу показати відсутність універсального методу сегментації, що робить актуальною задачу розробки методу сегментації на основі попередніх розміток.

4) Аналіз методів проходження контуром показав необхідність розробки методу визначення контуру з функцією фільтрації (відсікання малоінформативних включень), що дав змогу точніше описувати форму мікрооб'єктів.

5) Проведено аналіз структурних елементів САМ, що дозволило показати відсутність модулів автоматичної сегментації та перетворення зображень.

## РОЗДІЛ 2. МЕТОДИ СЕГМЕНТАЦІЇ ТА КОНТУРНОГО АНАЛІЗУ ЗОБРАЖЕНЬ

Проведений в першому розділі аналіз показав, що основними задачами при автоматизованому аналізі цитологічних зображень є:

- отримання вхідного зображення;
- виділення мікрооб'єктів на цитологічному зображенні;
- визначення характерних ознак мікрооб'єктів, для подальшої постановки діагнозу лікарем-онкологом.

В даному розділі подано результати розробки: методу сегментації на основі попередніх розміток, метод автоматичного вибору алгоритму сегментації цитологічних зображень та удосконалено метод проходження контурів (Рисунок 2.1).

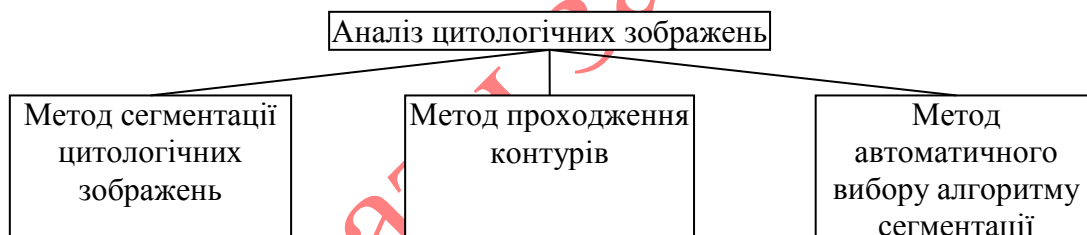


Рисунок 2.1 – Структура методів аналізу цитологічних зображень

### 2.1 Метод сегментації зображень на основі попередніх розміток

Даний метод сегментації полягає в розбитті кольорового зображення на однорідні області, обчислення коефіцієнту зв'язку між сусідніми точками та сегментації на основі об'єднання точок шляхом аналізу сумарного коефіцієнту зв'язку між точками.



Задано зображення  $Im$ .

Розмітка – це процес розбиття вхідного зображення на однорідні області:

$$P = \sum O_j$$

Множина розміток – це набір розміток отриманих на основі характеристик вхідного зображення:

$$P_s = \{P_i\}, i = 1..k,$$

де  $k$  - кількість попередніх розміток.

Підсумкова розмітка – це об'єднання однорідних областей, отриманих на основі симетричної різниці однорідних областей при кожній попередній розмітці:

$$Im = (O_{1,1} \cap O_{2,1}) \cup (O_{1,1} \cap O_{2,2}) \cup \dots \cup (O_{k-1,n} \cap O_{k,l}),$$

де  $k$  - кількість попередніх розміток;

$n$  - кількість однорідних областей при першій розмітці;

$l$  - кількість однорідних областей при другій розмітці.

Необхідно знайти:

$$Im_s - Im_e = (O_{s,1} \Delta O_{e,1}) \cup (O_{s,1} \Delta O_{e,2}) \cup \dots \cup (O_{s,n} \Delta O_{e,l}) \rightarrow \min,$$

де  $n = l$  - кількість однорідних областей для кожного з розмічених зображень.

Введемо позначення:

$Im_i$  – вхідне зображення розмічене за допомогою  $i$ -го типу розмітки.

$O_{ij}$  –  $j$ -та однорідна область на вхідному зображенні розмічена за допомогою  $i$ -го типу розмітки.

$M_k(x, y, z)$ ,  $x = 1..l$ ,  $y = 1..m$ ,  $z = 1..8$  - масив коефіцієнтів взаємозв'язків для  $k$ -ої розмітки.  $l$  - ширина вхідного зображення,  $m$  - висота вхідного зображення,  $z$  - кількість сусідніх пікселів.

$M_{sum}$  – масив сумарних коефіцієнтів взаємозв'язків, який рівний:

$$M_{sum} = \sum_{k=1}^n M_k,$$

де  $n$  – кількість попередніх розміток, що використовується в процесі сегментації.

Визначення. Розміткою назвемо процес розбиття вхідного зображення  $Im$  на масив однорідних областей  $O_j$  на основі критерію однорідності  $KO$ . Критерій однорідності визначається попередньо на основі аналізу вхідного зображення  $Im$ , тобто:

$$Im \xrightarrow{KO} \sum_{j=1}^n O_j$$

Твердження. Взаємозв'язок між двома сусідніми точками  $Im(x_1, y_1)$  та  $Im(x_2, y_2)$  буде рівний одиниці, якщо ці точки знаходяться в одній області відносно деякого критерію однорідності області, та рівний 0, якщо в різних:

$$R = 1, Q(Im(x_1, y_1)) = Q(Im(x_2, y_2)),$$

$$R = 0, Q(Im(x_1, y_1)) \neq Q(Im(x_2, y_2)),$$

де  $Im(x_1, y_1)$  та  $Im(x_2, y_2)$  - дві сусідні точки;

$Q(Im(x_1, y_1))$  - ідентифікатор однорідної області до якої належить точка  $Im(x_1, y_1)$ ;

$Q(Im(x_2, y_2))$  - ідентифікатор однорідної області до якої належить точка  $Im(x_2, y_2)$ ;

$R$  - коефіцієнт зв'язку між двома сусідніми точками.

Визначення. Сумарний коефіцієнт зв'язку між двома сусідніми точками  $Im(x_1, y_1)$  та  $Im(x_2, y_2)$  визначається як сума зв'язків при  $n$  розмітках.:

$$R_{sum} = \sum R_i, i = 1..n,$$

де  $R_{sum}$  - сумарний коефіцієнт зв'язку між двома сусідніми точками  $Im(x_1, y_1)$  та  $Im(x_2, y_2)$ ;

$n$  - кількість попередніх розміток, що використовуються в процесі сегментації.

Метод сегментації на основі попередніх розміток включає такі етапи:

1) Проведення попередньої розмітки для отримання множини  $\{Im_i\}, i = \overline{1, n}$ .

$$Im_i = \sum_j O_j,$$

2) Зведення задачі сегментації до однокритеріальної шляхом адитивної згортки результатів попередньої розмітки зображення.

3) Проведення об'єднання точок зображення в однорідні області на основі коефіцієнту зв'язку між сусідніми точками, з метою мінімізації значення похибки між отриманою сегментацією та еталонним зразком.

Розглянемо окремі етапи методу сегментації на основі попередніх розміток.

Алгоритми попередньої розмітки можуть обиратись довільним чином. Область зображення з стабільними зв'язками буде визнаватись однорідною (Рисунок 2.2 ).

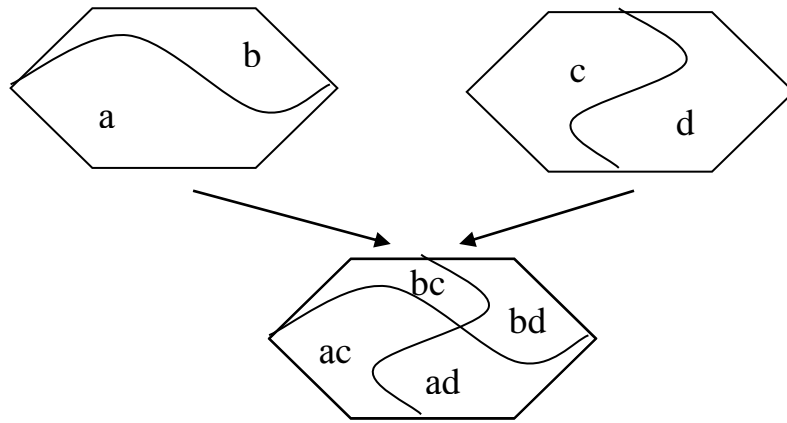


Рисунок 2.2 – Схема сегментації зображення

Послідовність кроків для отримання сегментованого зображення такі:

- 1) Проводимо розбиття вхідного зображення  $Im$  на однорідні за деяким критерієм області за допомогою  $n$  розміток.
- 2) Формуємо масив коефіцієнтів взаємозв'язків  $M_k$  між сусідніми точками для кожної з  $n$  розміток вхідного зображення.
- 3) Формуємо масив сумарних коефіцієнтів взаємозв'язків  $M_{sum}$  між сусідніми точками для кожної з  $n$  розміток вхідного зображення.
- 4) Проводимо групування точок вхідного зображення  $Im$  в однорідні області на основі масиву сумарних коефіцієнтів зв'язків  $M_{sum}$ .

Попередня розмітка може проводитись трьома способами.

**Ручний.** Розмітку зображення проводять  $n$  користувачів незалежно один від одного шляхом ручного виділення однорідних областей. Даний підхід трудомісткий та носить суб'єктивний характер, оскільки попередня розмітка проходить під впливом людського фактору. Перевагою даного підходу є те, що кількість попередніх розміток може бути мінімальною.

**Автоматизований.** Розмітка проводиться з використанням  $n$  відомих методів сегментації, проте користувач самостійно задає вхідні параметри. Перевагою даного підходу є: висока точність та швидкодія, збільшення об'єктивності попередньої розмітки.

Автоматичний. Попередня розмітка проходить на основі автоматичного аналізу вхідного зображення, наприклад, аналізу гістограми розподілу яскравостей та визначення різних порогів належності до однорідної області.

Для автоматичної попередньої розмітки зображення можливий перехід від тривимірного представлення кольору (наприклад, кольорового базису RGB) до одновимірного. Представлення зображення в одновимірному просторі дозволяє проводити автоматичний аналіз гістограм розподілу кольорів відомими алгоритмами визначення порогів.

Для завершення процесу сегментації необхідно згрупувати точки вхідного зображення в однорідні області, на основі взаємозв'язків між сусідніми точками. Для цього використовуються такі правила:

1) Якщо сумарний коефіцієнт зв'язку між двома сусідніми точками є максимальним для цілого зображення, сусідні точки належали до однієї однорідної області на усіх проведених розмітках, то такі сусідні точки об'єднуються в однорідну область  $O_j$ .

2) Якщо сумарний коефіцієнт зв'язку між точкою  $Im(x_1, y_1)$  та однією з сусідніх точок  $Im(x_2, y_2)$ , не є максимальним для цілого зображення, проте більший відносно всіх інших сусідів, то такі точки об'єднуються в однорідну область  $O_j$  (Рисунок 2.3,а);

3) Якщо точка  $Im(x_1, y_1)$  має однаковий сумарний коефіцієнт зв'язку з двома (чи більше) сусідніми точками  $M_{sum}(x_1, y_1, z) = M_{sum}(x_2, y_2, z) = M_{sum}(x_3, y_3, z)$ , то вона приєднується до тієї однорідної області, до якої належать більшість сусідніх точок з відповідним значенням сумарного коефіцієнту зв'язку (Рисунок 2.3,б).

4) Якщо точка  $Im(x_1, y_1)$  має однаковий сумарний коефіцієнт зв'язку з двома (чи більше) сусідніми точками, які не належать до однієї однорідної області  $Im(x_2, y_2) \in O_i$ ,  $Im(x_3, y_3) \in O_j$ ,  $i \neq j$ , то точка приєднується до області з якою є більше сусідніх точок (Рисунок 2.3,в).

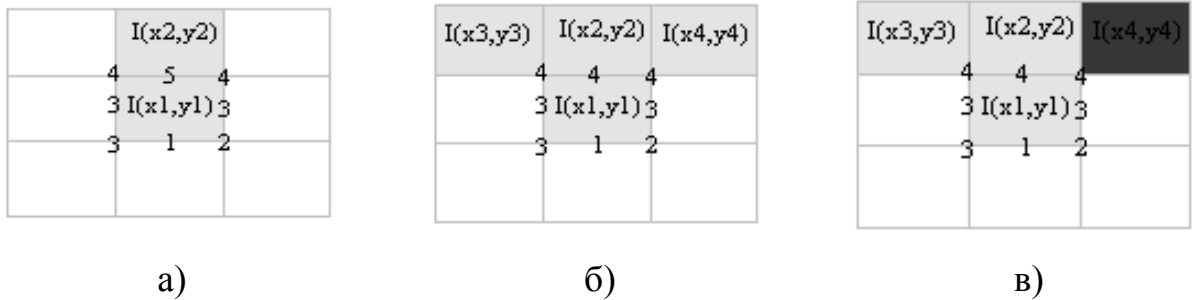


Рисунок 2.3 – Приклади об'єднання точок в однорідні області

Результатом роботи методу є набір однорідних областей. Оскільки об'єкти на зображенні, як правило, складаються з групи однорідних областей, то для виділення об'єктів на зображенні слід провести процедуру додаткового об'єднання однорідних областей.

Для визначення групи методів, які найбільш подібні до запропонованого, була проведена класифікація, яка на відміну від існуючих дає змогу однозначно класифікувати відповідні методи.

Відомо декілька підходів до класифікації методів сегментації: Фу [28], Пала [48], Скарбека і Кошана [35], Лючеса та Мітра [36]. Вони базуються на таких критеріях: властивостях точок, областей, границь областей, апріорних знаннях про об'єкти тощо. Іншими критеріями, на основі яких проводиться їх поділ є такі: тип зображення (кольорові, напівтонові, бінарні), характер проходження процесу сегментації (паралельна або послідовна обробка) [37]. Проте дані характеристики не є однозначними. Наприклад, порогова сегментація може здійснюватись як в паралельному так і в послідовному режимах, обробляти як бінарні, так і напівтонові зображення. Це призводить до неоднозначності в класифікації методів сегментації. В даній роботі запропоновано такі критерії, які дозволяють більш повно класифікувати алгоритми сегментації (Рисунок 2.4):

- на основі властивостей точок;
- на основі властивостей взаємозв'язків між точками;
- на основі властивостей областей;
- на основі властивостей текстури;

– на основі підкреслення границь.

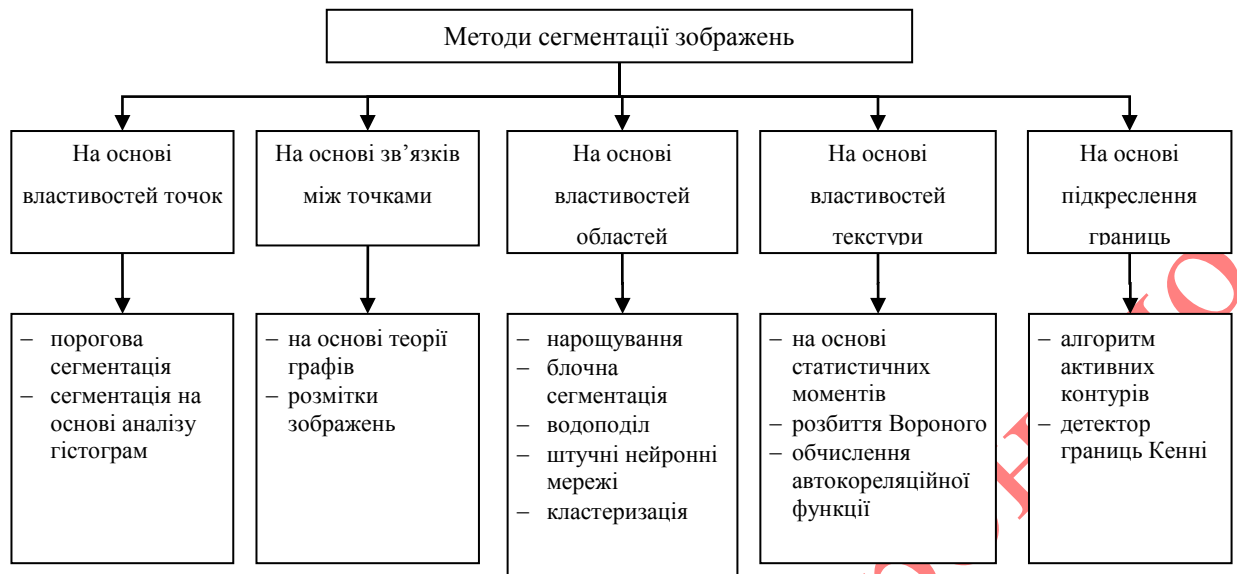


Рисунок 2.4 – Класифікація методів сегментації

Методи на основі властивостей точок. Рішення про віднесення точки до однорідної області приймається на основі аналізу характеристик самої точки (яскравість, характеристики кольорової компоненти). Даний тип методів рекомендується використовувати для зображень, в яких наперед відома апріорна інформація про характеристики однорідних областей. Перевагою даного класу є швидкодія, оскільки прийняття рішення про віднесення точки до однорідної області приймається для кожної точки окремо. Недоліком є складність вибору (обчислення) апріорної інформації на зображеннях з великою кількістю однорідних областей із подібними характеристиками.

Методи на основі властивостей взаємозв'язків між точками. Рішення про віднесення точки до однорідної області приймається на основі аналізу рівня взаємозв'язків між сусідніми точками. Даний клас методів рекомендується використовувати для зображень на яких важко обчислити характеристики однорідних областей. Перевагою даного класу є точність, оскільки прийняття рішення про віднесення точки до однорідної області приймається на основі рівня взаємозв'язків, який отримується на основі різних характеристик. Недоліком є складність методів сегментації.

Методи на основі властивостей областей. Рішення про віднесення точки до однорідної області приймається на основі аналізу характеристик групи точок (яскравість, кольорова характеристика, положення точки на зображенні). Даний клас методів рекомендується використовувати для зображень, на яких однорідні області суттєво відрізняються одна від одної. Перевагою даного класу є універсальність та автоматизація процесу сегментації. Недоліком є незадовільні результати на зображеннях з великою кількістю однорідних областей із подібними характеристиками.

Методи на основі властивостей текстури. Рішення про віднесення точки до певної однорідної області (класу) приймається на основі аналізу подібності вектора текстурних ознак в цій точці. Такі методи рекомендується використовувати для зображень, на яких присутні повторювані області.

Перевагою даного класу методів є виділення областей з однаковою текстурою, а недоліком – складність алгоритмів сегментації.

Методи на основі підкреслення границь. Рішення про віднесення точки до однорідної області приймається на основі аналізу характеристик самої точки (яскравість, кольорова характеристика). Перевагою даного класу є швидкодія, оскільки прийняття рішення про віднесення точки до однорідної області приймається для кожної точки окремо. Недоліками методів є присутність розривів границь (для алгоритмів на основі фільтрації) або складність визначення вхідної апріорної інформації (наприклад, алгоритм активних контурів).

Запропонована класифікація базується на основних типах характеристик на основі яких приймається рішення про віднесення точки до відповідної однорідної області. Тому її можна вважати більш універсальною, порівняно з відомими класифікаціями.

Використання взаємозв'язків пікселів в деякому околі має ряд переваг в порівнянні з використанням характеристик окремих точок:

- можливість використання для зображень довільного типу;



- збільшена стійкість до сегментації зображень, об'єкти на яких знаходяться в безпосередній близькості один від одного. Ця перевага дозволяє використовувати даний метод для сегментації цитологічних зображень;
- зменшення впливу шумів та спотворень вхідного зображення на загальний результат сегментації за рахунок аналізу зображення декількома алгоритмами попередньої розмітки;
- зменшення кількості „невизначених” точок, тобто точок, які знаходяться на границях областей і з однаковою вірогідністю можуть належати двом областям.

Недоліки є такі:

- складність процесу сегментації;
- вплив попередньої розмітки на результати роботи. Але даний вплив можна зменшити, збільшуючи кількість попередніх розміток.

## 2.2 Метод проходження контуром з можливістю зворотного ходу

В результаті виділення мікрооб'єктів на цитологічних зображеннях та подальшої процедури бінаризації (1 – мікрооб'єкт, 0 – фон) утворюється бінарне зображення з виділеними мікрооб'єктами, що представлені у вигляді однорідних областей. Геометричні характеристики цих областей є важливими ознаками для аналізу мікрооб'єктів і сприйняття зображення в цілому. Біологічні системи зорового сприйняття, як показують дослідження, використовують головним чином границі меж, а не розділення об'єктів за яскравістю. У багатьох випадках найбільш інформативними є характеристики границь областей. Для отримання координат точок контуру необхідно виконати процедуру виявлення контуру шляхом проходження границею області.

Введемо такі визначення:

Стартовий піксель  $Im_s(x, y)$  – піксель, з якого починається обхід границею об'єкта. Вибір стартової точки проводиться довільно, наприклад, крайній лівий верхній піксель, що належить об'єкту.

Кінцевий піксель  $Im_e(x, y)$  – піксель, при потраплянні на який алгоритм завершує свою роботу.

Активний піксель  $Im_a(x, y)$  – піксель, що знаходиться в середині розмітаної сітки.

Сусідній піксель  $Im_n(x, y)$  – піксель, який межує з активним пікселем.

Контурний піксель  $Im_k(x, y)$  – піксель, що належить контуру об'єкта.

Фоновий піксель  $Im_f(x, y)$  – піксель, що належить фону зображення.

Сусідній контурний піксель  $Im_{kn}(x, y)$  – піксель, що належить контуру об'єкта та межує з активним пікселем.

Розмітна сітка – сітка, що служить для вибору послідовності перевірки сусідніх пікселів (Рисунок 2.5):

8	1	2
7	$Im_a(x, y)$	3
6	5	4

Рисунок 2.5 – Приклад розмітаної сітки

Проаналізувавши переваги та недоліки існуючих методів, розроблено наступний метод проходження контуром з можливістю відсікання малоінформативних відгалужень контуру об'єкта, який представлено послідовністю кроків:

- 1) Проводиться пошук стартового пікселя  $Im_s(x, y)$ .
- 2) Проводиться пошук сусіднього контурного пікселя  $Im_{kn}(x, y)$  за годинниковою стрілкою.
- 3) Проводиться пошук сусіднього контурного пікселя  $Im_{kn}(x', y')$  проти годинникової стрілки.

4) Якщо отримані сусідні контурні пікселі в п. 2 та в п. 3 співпадають  $Im_{kn}(x, y) = Im_{kn}(x', y')$ , то активний піксель визнається як фоновий  $Im_f(x, y)$  і виключається з подальшої обробки та здійснюється перехід до п. 8.

5) Якщо отримані сусідні контурні пікселі не співпадають  $Im_{kn}(x, y) \neq Im_{kn}(x', y')$ , то стартовий піксель визнається також і кінцевим  $Im_s(x, y) = Im_e(x, y)$ . Сусідній контурний піксель, отриманий на кроці 2, заноситься в масив контурних пікселів і йому присвоюється мітка активного пікселя  $Im_{kn}(x, y) = Im_a(x, y)$ .

6) Проводиться пошук наступного сусіднього контурного пікселя  $Im_{kn}(x, y)$ . Послідовність перевірок сусідніх контурних точок відбувається на основі розмітаної сітки. Пікселі перевіряються за годинниковою стрілкою. Позиція стартової перевірки  $d$  визначається як  $(d'+2) \bmod 8$ , де  $d'$  – позиція, з якої було знайдено активний піксель  $Im_a(x, y)$ . Пошук завершується при знаходженні наступного контурного пікселя або до перевірки всіх сусідніх контурних пікселів.

7) Якщо сусідній піксель є контурним та не співпадає з кінцевим пікселем, то він заноситься в масив контурних пікселів і йому присвоюється мітка активного пікселя  $Im_{kn}(x, y) = Im_a(x, y)$  та проходить перехід до п. 6.

8) Якщо знайдений сусідній піксель розмічений на попередніх кроках пошуку, але не співпадає з кінцевим пікселем  $Im_{kn}(x, y) \neq Im_e(x, y)$ , то активний піксель визнається малоінформативним, видаляється з масиву контурних точок, індексується як піксель фону. Статус активного пікселя присвоюється попередньому контурному пікселю.

9) Якщо знайдений контурний піксель співпадає з кінцевим пікселем  $Im_{kn}(x, y) = Im_e(x, y)$  та кількість точок, що належать контуру, більша за одиницю, то завершити.

Результатом роботи є масив зв'язних контурних точок. На рисунку 2.6,а проілюстровано процес знаходження двох сусідніх контурних пікселів  $P$  та  $D$ , при цьому було відкинуто пікселі  $A, B, C$ , оскільки вони є сусідніми відносно

пікселя  $P$ , але не є контурними. На рисунку 2.6,б наведено покрокове проходження контуру об'єкта, суцільними стрілками показано перевірки які мали негативний результат, пунктирними – позитивний. При коректному завершенні роботи алгоритму отримуємо масив точок  $\{A_1, A_2, \dots, A_m\}$ , що утворюють контур об'єкта або повідомлення про помилку, при негативному результаті.

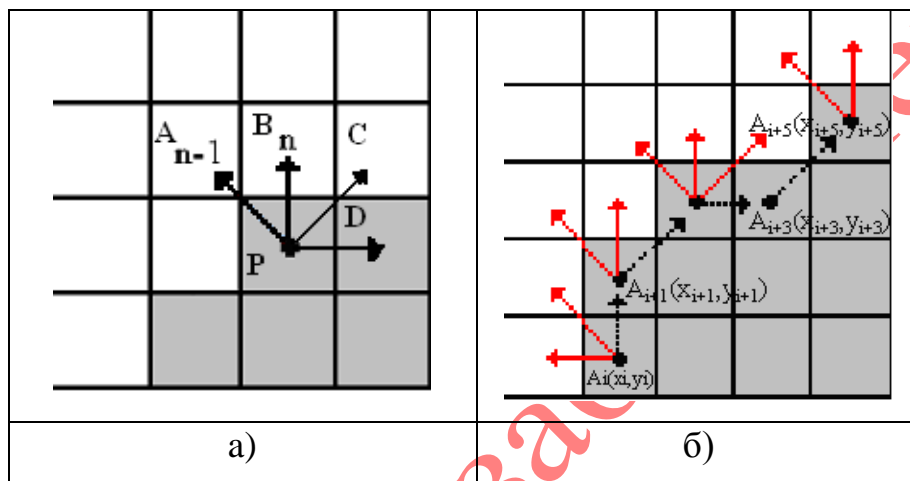


Рисунок 2.6 - Приклади роботи алгоритму “Backward contour tracing”:

а) Приклад вибору наступного пікселя для перевірки; б) Приклад перебору проходженням контуром алгоритмом “Backward contour tracing” (пунктирні стрілки – позитивні перевірки, світлі – негативні)

Результати порівняння алгоритмів проходження контуру наведено в таблиці 2.1.

Таблиця 2.1 – Порівняння параметрів роботи алгоритмів проходження контуром

Алгоритм	Проходження 4-зв'язного контуру	Проходження 8-зв'язного контуру	Кількість перевірок необхідних для отримання позитивного результату
Алгоритм „Жука”	+	-	1-4
Moore-Neighbor Tracing	+	+	1-7
Redial Sweep	+	+	1-8
Theo Pavlidi's Algorithm	+	+	(1-3)x3
“Backward contour tracing”	+	+	1-6

Перевагами даного методу є:

- робота з 8-зв'язними контурами;
- незалежність від вибору початкового пікселя;
- висока швидкодія за рахунок зменшення точок для аналізу, наприклад, в порівнянні з алгоритмом „Redial Sweep” може скласти до 25% (Таблиця 2.1);
- можливість відкату роботи. Необхідно зазначити, що принцип відкату роботи алгоритму проходження контуром раніше не використовувався. Використання відкату роботи дозволяє уникати зациклення алгоритму, відкидання малоінформативних пікселів та можливість коректної роботи з складними контурами.

Можливе формування зв'язного контуру мікрооб'єкта, без відкидання малоінформативних пікселів. У цьому випадку малоінформативні пікселі не відносяться до фону зображення, а залишаються в матриці контурних точок із присвоєнням їм відповідної мітки.

Для аналізу запропонованого методу проходження контурів мікрооб'єктів із можливістю зворотного ходу розглянемо різні структури контурної лінії мікрооб'єктів (Рисунок 2.7):

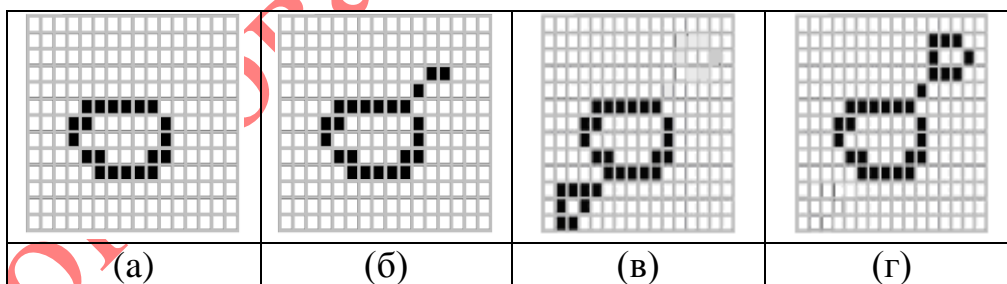


Рисунок 2.7 – Приклади можливих форм зовнішнього контуру об'єктів: а) звичайний контур; б) фігура з однопіксельним відгалуженням; в), г) об'єкти, що складаються з декількох частин з'єднаних за допомогою одного пікселя.

Проаналізувавши наведені структурні схеми форм мікрооб'єктів можна зробити такі висновки:

Для проходження простого контура (Рисунок 2.7,а) можна використати будь-який з відомих алгоритмів проходження контуром. Якість проходження завжди буде відмінна.

Якщо об'єкт має однопіксельні відгалуження (Рисунок 2.7,б), то в залежності від обраного алгоритму можливо отримати некоректні результати. Зокрема, можлива ситуація зациклення роботи або некоректна зупинка роботи алгоритму, через це необхідно коректно вибрати критерії зупинки роботи. Тому, важливою перевагою запропонованого алгоритму, є можливість повернення на один крок назад, що дає змогу не тільки уникнути стадії зависання роботи, але і видаляти малоінформативні однопіксельні відгалуження на етапі проходження контуром. Критерій зупинки вибирається на основі апріорних знань про мікрооб'єкт.

Об'єкт складається з декількох частин з'єднаних однопіксельними зв'язками (Рисунок 2.7,в; 2.7,г). Така структура зовнішнього контуру є найскладнішою для обробки та аналізу. Такий контур може описувати як один мікрооб'єкт так і декілька об'єктів, які межують (накладаються) один на одного. Тому результат обробки буде залежати від вибору стартової точки та критерію зупинки. В залежності від вибору стартової точки алгоритми виділять тільки ту частину, до якої належить стартова точка. Іншим негативним результатом може бути об'єднання зовнішніх контурів сусідніх мікрооб'єктів. Тому, опрацювання мікрооб'єктів з такою структурою потребує додаткової попередньої обробки. Під час аналізу мікрооб'єкта з даною формою запропонований метод роз'єднає його на дві частини. Однопіксельний зв'язок буде вважатись малоінформативним, що є повторенням дій експертів під час ручного виділення контурів.

Для верифікації розробленого методу, реалізовано програмний засіб. В роботі приведені результати обробки цитологічного мікрооб'єкту різними алгоритмами проходження контуром (Рисунок 2.8).

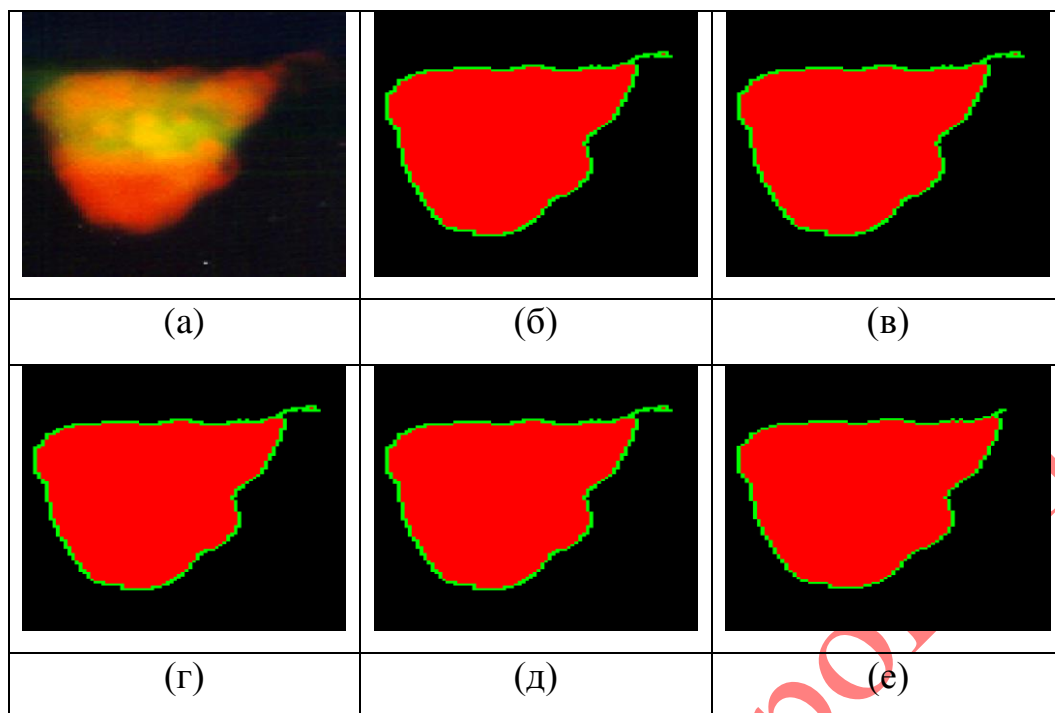


Рисунок 2.8 - Контури об'єкта: а) вхідне зображення, б) алгоритм „Жука”, в) алгоритм Moore-Neighbor Tracing, г) алгоритм Radial Sweep, д) Theo Pavlidi's Algorithm, е) “Backward contour tracing”.

Результати моделювання алгоритмів наведено у таблиці 2.2.

Таблиця 2.2 –Порівняння роботи алгоритмів проходження контуром

Алгоритм	Периметр , точки	Периметр , %	Кількість перевірок	Кількість перевірок, %
Алгоритм „Жука”	336	100%	675	100%
Moore-Neighbor Tracing	241	72%	1052	156%
Radial Sweep	241	72%	1276	189%
Theo Pavlidi's Algorithm	241	72%	854	127%
“Backward contour tracing”	224	67%	828	123%

За еталонний було обрано алгоритм «Жука», оскільки він простий в реалізації та результат його роботи є завжди результативним. Результати досліджень дозволили зробити такі висновки:

- для проходження 8-зв'язних контурів можна використовувати усі алгоритми окрім алгоритму „жука” (це пояснюється його специфікою: рух відбувається тільки в горизонтальному або вертикальному напрямках);

- найменше операцій слід виконати для алгоритму „жука”. Це пояснюється нехтуванням діагональних напрямів під час проходження контуру. Перевірка додаткових пікселів не набагато збільшує кількість необхідних операцій. Винятком є контури з великою кількістю діагональних частин, тоді алгоритм „жука” значно поступається іншим. Для інших алгоритмів обсяг обчислень приблизно однаковий.

Алгоритм проходження контуру дозволяє відкинути малоінформативні відгалуження з подальшого аналізу, оскільки в ньому передбачена процедура відкату роботи. Проте, при необхідності отримання повного зв'язного контура об'єкту, передбачена можливість обробки малоінформативних відгалужень.

Отриманий зв'язний контур об'єкта у вигляді послідовності координат точок може бути додатково проаналізований. Наприклад, для зменшення обсягів пам'яті для зберігання контура можна провести процедуру апроксимації.

### 2.3 Метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації

В загальному випадку недоліками алгоритмів автоматичної сегментації є складність визначення параметрів процесу розбиття зображення на однорідні області при допустимій похибці сегментації. Хибне встановлення апріорних параметрів може привести до спотворення результатів сегментації, що в подальшому може ускладнити (зробити неможливим) аналіз вхідних зображень. При збільшенні рівня допустимої похибки можна отримати декілька



“вірних” розбиттів, проте збільшується ймовірність втрати деяких однорідних областей (частин мікрооб’єктів).

Одним з важливих етапів процесу автоматичної сегментації є контроль за достовірністю отриманих результатів. Критеріями контролю є [4]:

- однорідність областей (за яскравістю, кольором, текстурою тощо);
- відсутність невеликих “дир” всередині областей;
- точність границь областей;
- чітка різниця між сусідніми однорідними областями;
- відсутність точок, що з однаковою ймовірністю можуть належати

двом або більше сусіднім однорідним областям.

Окрім вимог до якості сегментації іншими критеріями можуть бути такі: часові затримки, трудоемність процесу, обсяг пам’яті та можливість розпаралелення тощо [37].

Оскільки алгоритми сегментації ґрунтуються на різних критеріях розбиття, то під час вибору алгоритму перейти від багатокритеріальності до однокритеріальності.

Постановка задачі. Нехай дано поле зору:

$$P = \{(x, y) \mid 0 \leq x \leq W - 1, 0 \leq y \leq H - 1\},$$

де  $W$  та  $H$  висота та ширина прямокутної ділянки поля зору. На даному полі зору задане зображення  $Im$ . Крім цього задана множина алгоритмів сегментації  $\{A_{Si}\}, i = \overline{1, P}$ .

Сегментація полягає в розбитті початкового зображення на однорідні області, які не перетинаються, тобто  $Im = \bigcup_{i=1}^r O_i$ , де  $r$  – кількість однорідних областей на зображенні згідно вибраного критерію однорідності, причому:

$$O_i \cap O_j = \emptyset.$$

Відома сегментація виконана людиною-експертом у даній предметній області (люди не експерти виконують сегментацію по різному)

$$Im^{Se} = O_1^{Se} + O_2^{Se} + \dots + O_m^{Se}.$$

Сегментація після кожного алгоритму сегментації буде різною:

$$Im^{ASi} = O_1^{ASi} + O_2^{ASi} + \dots + O_m^{ASi},$$

де  $i$  - номер алгоритму сегментації  $i = \overline{1, P}$ .

Похибка сегментації після виконання  $i$ -го алгоритму рівна:

$$\Delta Im^{ASi} = Im^{Se} - Im^{ASi} = (O_1^{Se} - O_1^{ASi}) + (O_2^{Se} - O_2^{ASi}) + \dots + (O_m^{Se} - O_m^{ASi})$$

Необхідно знайти:

$i$ -тий номер алгоритму сегментації:

$$i = \arg \min_{AS} \rho(Im^{Se}, Im^{ASi})$$

де  $\rho$  - задана метрика.

Метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації.

Як відомо, результати роботи алгоритмів сегментації можна оцінити після проведення процесу сегментації. З метою забезпечення вибору найкращого алгоритму сегментації для вхідного зображення необхідно володіти апріорною інформацією про характеристики зображення та алгоритми сегментації. Апріорною інформацією для вхідного зображення є аналіз гістограм розподілу яскравості та каналів кольорів у відповідній моделі представлення. Метод

автоматичного вибору алгоритму сегментації представимо у такій послідовності кроків.

Крок 1. Завантаження зображення  $I_m$ .

Крок 2. Перевірка зображення на наявність об'єктів із наперед відомими характеристиками (шаблони). Якщо шаблон відомий, то використовуються алгоритми сегментації на основі пошуку об'єктів за шаблонами. Перехід на крок 11.

Крок 3. Перевірка зображення на наявність тільки двох кольорів (бінарне зображення). Якщо зображення бінарне, то використовуються алгоритми порогової сегментації з автоматичним визначенням порогу на основі аналізу гістограм. Перехід на крок 11.

Крок 4. Аналіз гістограми розподілу яскравості. Якщо на гістограмі присутні декілька чітко видимих піків, то використовуються алгоритми порогової сегментації. Пороги в даному випадку вибирається як мінімальне значення гістограми розподілу між піками. Перехід на крок 11.

Крок 5. Розбиття зображення на окремі комірки  $Q_{i,j}$  розміром  $N \times M$  (значення  $N$  та  $M$  не повинні перевищувати 10% значень ширини та висоти вхідного зображення).

$$I_m = \{I_m(x, y) \subset Q_{i,j} \mid x \in i * k, y \in j * l\},$$

де  $i = \overline{0, W / N - 1}$ ,  $j = \overline{0, H / M - 1}$ ;

$k = \overline{0, N - 1}$ ,  $l = \overline{0, M - 1}$ ;

$W$  та  $H$  - висота та ширина зображення  $I_m$ .

Приклад розбиття зображення представлено на рисунку 2.9:

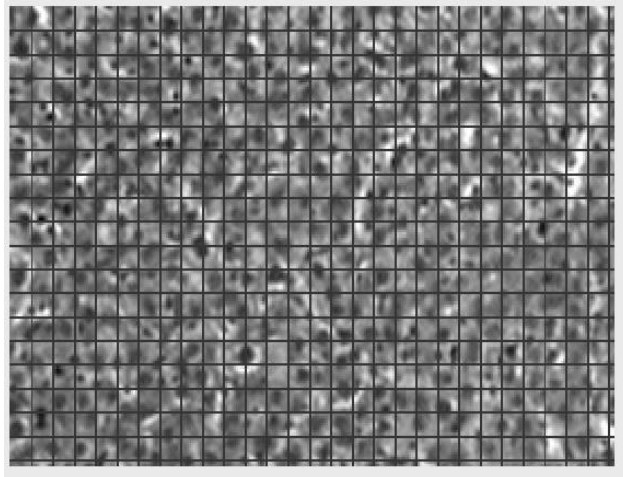


Рисунок 2.9 – Приклад розбиття вхідного зображення на окремі комірки

Крок 6. Нарощування неповних комірок. Якщо крайні комірки сформовані з недостатньої кількості точок, то необхідно до зображення приєднати точки шляхом дзеркального копіювання. Приклад приєднання точок наведено на рисунку 2.10.

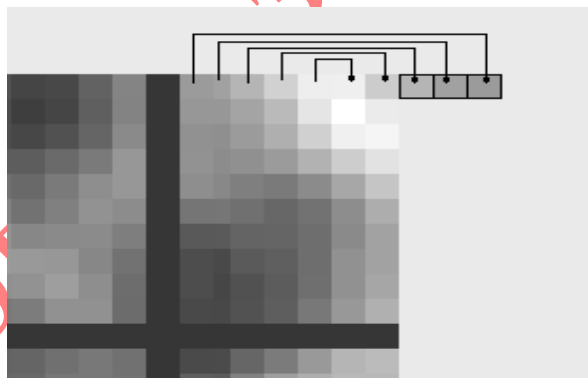


Рисунок 2.10 – Приклад формування повної комірки

Крок 7. Обчислення середнього значення яскравості  $\bar{B}_{i,j}$  та кожного з каналів базису  $RGB$ :  $\bar{C}_{r_{i,j}}, \bar{C}_{g_{i,j}}, \bar{C}_{b_{i,j}}$  для трьох комірок:

$$\bar{B}_{i,j} = \frac{\sum_{x=N*i}^{N*(i+1)} \sum_{y=M*j}^{M*(j+1)} Im(x, y)}{N * M},$$

$$i = \overline{0, W / N - 1}, \quad j = \overline{0, H / M - 1}.$$

Середні значення для каналів  $\overline{Cr}_{i,j}, \overline{Cg}_{i,j}, \overline{Cb}_{i,j}$  обчислюються аналогічно.

Крок 8. Обчислення кількості точок для кожної комірки  $D_{i,j}$ , значення яскравості для яких відрізняється від середнього більше за поріг  $t$ .

$$D_{i,j} = \begin{cases} D_{i,j} + 1, & |\overline{B}_{i,j} - Im(x, y)| \leq t \\ D_{i,j}, & \text{else} \end{cases},$$

де  $x = \overline{N * i, N * (i + 1) - 1}$ ,  $y = \overline{M * j, M * (j + 1) - 1}$ . Значення порогу  $t$  було отримано експериментальним шляхом. Якщо  $D_{i,j} \geq (M * N) * 0,75$ , то використовуються алгоритми блокової сегментації з автоматичним визначенням порогу на основі аналізу гістограм. Перехід на крок 11.

Під подібністю сусідніх точок будемо розуміти відсутність різниці в значеннях їх показника яскравості (для градацій сірого) або кольорового компонента (для кольорових зображень).

Під однорідністю зображення будемо розуміти відсутність (наближення до нуля) різниці в значеннях показників яскравості (для градацій сірого) та кольорової компоненти (для кольорових зображень) для всіх точок зображення.

Крок 9. Визначення коефіцієнта подібності між сусідніми точками при їх восьмизв'язності.

$$K(x, y) = \sum_{z=1}^8 k(x_z, y_z), \quad |x - x_z| \leq 1, \quad |y - y_z| \leq 1$$

$$k(x_z, y_z) = \begin{cases} 1, & \Delta \geq \sqrt{(R - R_z)^2 + (G - G_z)^2 + (B - B_z)^2} \\ 0, & \text{else} \end{cases},$$

де  $\Delta$  - порогове значення для подібності сусідніх пікселів, при цьому різниця між відповідними складовими кольорового базису не повинна перевищувати 10, тобто  $|R - R_z| \leq 10$ ,  $|G - G_z| \leq 10$ ,  $|B - B_z| \leq 10$ . Значення порогів визначено експериментально.

Крок 10. Визначення рівня однорідності для вхідного зображення  $Im$ . Для характеристики рівня однорідності введено коефіцієнти  $K_{pic1} \dots K_{pic4}$ , які обчислюються на основі кількості точок з певними коефіцієнтами подібності.

а)

$$K_{pic1} = \begin{cases} K_{pic1} + 1, & (K(x, y) = 7) \text{ or } (K(x, y) = 8) \\ K_{pic1}, & \text{else} \end{cases};$$

б)

$$K_{pic2} = \begin{cases} K_{pic2} + 1, & (K(x, y) = 0) \text{ or } (K(x, y) = 1) \text{ or } (K(x, y) = 2) \\ K_{pic2}, & \text{else} \end{cases};$$

в)

$$K_{pic3} = \begin{cases} K_{pic3} + 1, & (K(x, y) = 5) \text{ or } (K(x, y) = 6) \\ K_{pic3}, & \text{else} \end{cases};$$

г)

$$K_{pic4} = \begin{cases} K_{pic4} + 1, & (K(x, y) = 3) \text{ or } (K(x, y) = 4) \\ K_{pic4}, & \text{else} \end{cases}.$$

Визначаємо максимальне значення коефіцієнта:

$$\max(K_{pic1}, K_{pic2}, K_{pic3}, K_{pic4}).$$

Тоді рівень однорідності вхідного зображення буде рівний:

1) Значення коефіцієнта  $K_{pic}$  рівне:  $K_{pic} = \frac{K_{pic1}}{M \times N}$ , при  $K_{pic1} \rightarrow \max$ . При цьому виділимо зображення першого типу, коли  $K_{pic} \geq 0.875$  або другого типу при умові  $0.875 > K_{pic} \geq 0.5$ .

2) У випадку коли  $K_{pic2} \rightarrow \max$ , значення  $K_{pic} = 1 - \frac{K_{pic2}}{M \times N}$ . При умові  $K_{pic} \leq 0.125$  зображення буде четвертого типу, а при  $0.5 > K_{pic} > 0.125$  - третього.

3) Коли коефіцієнт  $K_{pic3} \rightarrow \max$ , то значення  $K_{pic} = \frac{K_{pic3}}{M \times N}$ . Визначимо зображення другого типу, при  $K_{pic} \geq 0.5$ .

4) У випадку максимального значення четвертого коефіцієнту, тобто  $K_{pic4} \rightarrow \max$ , значення  $K_{pic} = 1 - \frac{K_{pic4}}{M \times N}$ . При цьому визначимо зображення третього, якщо  $K_{pic} \leq 0.5$ .

Відповідно до певного рівня однорідності виберемо алгоритми сегментації.

Зображення першого типу. Зображення з однорідною або градієнтною заливкою, або з великими однорідними об'єктами. Рекомендується використовувати алгоритми водоподілу.

Зображення другого типу. Зображення з однорідними об'єктами, присутні зміни кольору або яскравості на границях об'єктів. Рекомендується використовувати порогову сегментацію з декількома порогами.

Зображення третього типу. Зображення з невеликими однорідними об'єктами, значення кольорової компонента або яскравості сусідніх об'єктів

можуть бути подібними. Однорідні об'єкти можуть включати в себе не однорідні елементи. Рекомендується використовувати кластерний аналіз.

Зображення четвертого типу. Зображення з великою кількістю малих однорідних об'єктів з не чіткими змінами кольору або яскравості на границях об'єктів. Зображення слабо піддається сегментації. Можливо об'єкти мають не однорідну структуру і характеризуються певною текстурою. Рекомендується використовувати сегментацію на основі взаємозв'язків між сусідніми точками.

Вибір алгоритму сегментації на основі нечіткої логіки.

Для вибору алгоритму сегментації використаємо Fuzzy Logic Toolbox, що входить до складу Matlab. Визначимо такі лінгвістичні змінні: кількість піків гістограми, швидкодія роботи алгоритму, тип вхідного зображення, тип алгоритма. Для кожної лінгвістичної змінної задамо терм-множину:

1) Кількість піків гістограми (*gis*) – характеризує кількість піків гістограми розподілу яскравості на зображенні:

$$gis = \{“one”, “few”, “much”\}.$$

2) Швидкодія роботи алгоритмів (*time*) – визначає час роботи різних алгоритмів сегментації на робочих станціях з ідентичними технічними характеристиками:

$$time = \{“fast”, “norm”, “slow”\}.$$

3) Тип зображення (*eq*) – визначає тип вхідного зображення на основі аналізу його характеристик:

$$eq = \{“min”, “mmin”, “mmax”, “max”\}.$$

4) Тип алгоритму (*alg*) – визначає алгоритм сегментації, який оптимальний для даного типу вхідного зображення:



$$alg = \{“thred”, “ thredN”, “block”, “water”, “class”, “textur”\}.$$

Для кожної з терм-множини визначимо функцію належності. Функція належності будується шляхом статистичної обробки результатів опитування експертів. Експертні оцінки виставляються за бінарною шкалою: 1 – наявність у елемента множини характеристик відповідної терм-множини, 0 – відсутність. Приклад опитування експертів для змінної «швидкодія алгоритмів» наведено у таблиці 2.3:

Таблиця 2.3 – Результати опитування експертів (швидкодія алгоритмів, с)

	терм	[0-1)	[1-2)	[2-3)	[3-4)	[4-5)	[5-6)	[6-7)	[7-8)	[8-9)	[9-10)
Експерт 1	fast	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
	norm	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
	slow	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Експерт 2	fast	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0
	norm	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0
	slow	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Експерт 3	fast	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
	norm	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
	slow	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Експерт 4	fast	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0
	norm	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0
	slow	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1

Аналіз результатів опитування проводиться за формулою:

$$MF_{l_j}(x_i) = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K b_{j,i}^k, \quad i = \overline{1, n},$$

де  $K$  - кількість експертів;

$l_j$  -  $j$ -та нечітка множина;

$x_i$  -  $i$ -тий елемент універсальної множини;

$b_{j,i}^k$  - думка  $k$ -го експерта про належність  $x_i$  елемента до множини  $l_j$ .

Результати аналізу опитування експертів наведено в Таблиці 2.4

Таблиця 2.4 – Результати опрацювання думки експертів

терм	[0-1)	[1-2)	[2-3)	[3-4)	[4-5)	[5-6)	[6-7)	[7-8)	[8-9)	[9-10)
fast	4	4	2	0	0	0	0	0	0	0
	1	1	0,5	0	0	0	0	0	0	0
norm	0	0	0	2	4	4	2	0	0	0
	0	0	0	0,5	1	1	0,5	0	0	0
slow	0	0	0	0	0	0	0	2	4	4
	0	0	0	0	0	0	0	0,5	1	1

Графічно результати аналізу опитування експертів представлені на рисунку 2.11.



Рисунок 2.11 – Результати аналізу думки експертів

Існує понад десяток типових форм кривих для задання функцій належності. Найбільшого поширення набули: трикутна, трапецеїдальна і

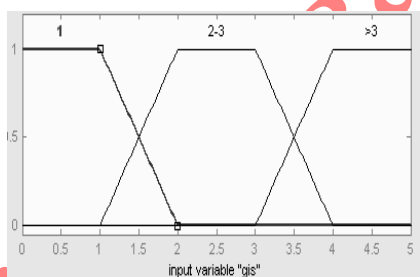
Гауссова функції належності [172]. Експериментально було визначено (Рисунок 2.11), що для лінгвістичної змінної «швидкодії роботи алгоритмів» форма функції належності – трапецеїдальна.

Трапецеїдальна функція належності визначається четвіркою чисел  $(a, b, c, d)$  і її значення в точці  $x$  обчислюється згідно виразу:

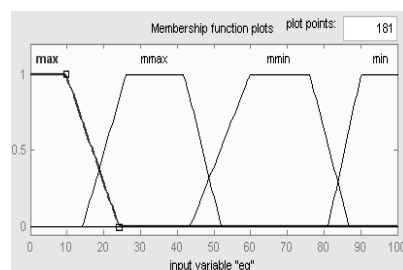
$$MF(x) = \begin{cases} 1 - \frac{b-x}{b-a}, & a \leq x \leq b \\ 1, & b \leq x \leq c \\ 1 - \frac{x-c}{d-c}, & c \leq x \leq d \\ 0, & \text{в інших випадках} \end{cases}$$

При  $(b-a)=(d-c)$  трапецеїдальна функція належності набирає симетричного вигляду.

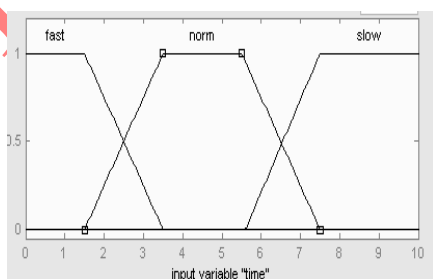
Аналогічно проводиться аналіз для інших лінгвістичних змінних. На рисунку 2.12 наведено приклади функцій належності для всіх лінгвістичних змінних.



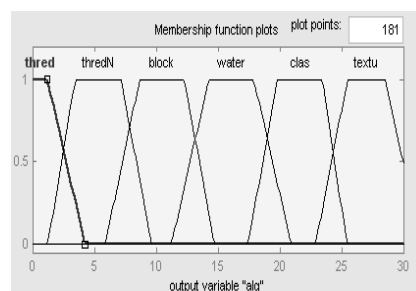
а) функція належності gis



б) функція належності eq



в) Функція належності time



г) функція належності alg

Рисунок 2.12 – Приклади функцій належності для введених терм-множин

Основою для проведення операції нечіткого логічного висновку є база правил, що містить нечіткі висловлення у формі "якщо-то" і функції належності для відповідних лінгвістичних термів. При цьому повинні дотримуватися наступні умови:

- 1) існує хоча б одне правило для кожного лінгвістичного терма вихідної змінної;
- 2) для будь-якого терма вхідної змінної є хоч би одне правило, в якому цей терм використовується як передумова (ліва частина правила).

За допомогою редактора правил сформовано базу із 36 правил (Рисунок 2.13).

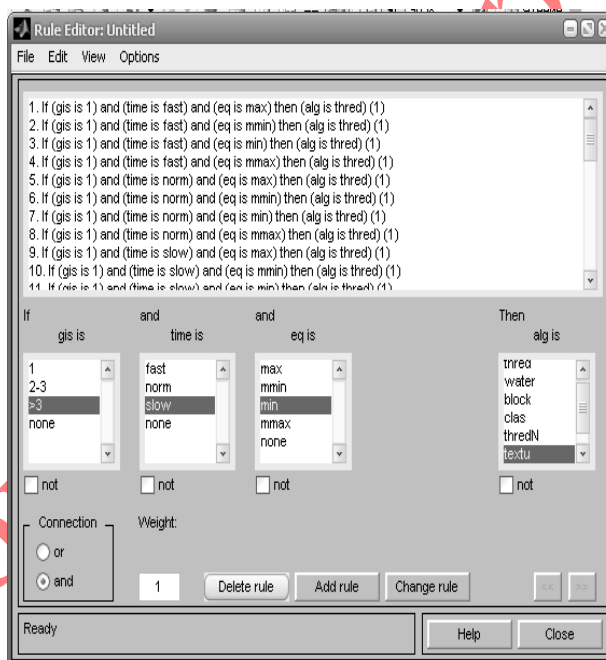


Рисунок 2.13 – Головне вікно редактора правил

Приведемо приклади сформованих правил:

- 1) Якщо кількість порогів 3 і час завершення роботи алгоритму сегментації до 2 секунд та зображення першого типу, то використовуємо метод порогової сегментації з декількома порогам:

*if gis="2-3" and time="fast" and eq="mmax" then alg="thredN":*

2) Якщо кількість порогів 5 і час завершення роботи алгоритму сегментації до 5 секунд та зображення третього типу, то використовуємо метод водоподілу:

*if gis=">3" and time="norm" and eq="mmin" then alg="class".*

3) Якщо кількість порогів 4 і час завершення роботи алгоритму сегментації до 5 секунд та зображення четвертого типу, то використовуємо метод кластерного аналізу:

*if gis=">3" and time="norm" and eq="min" then alg="class".*

Алгоритми нечіткого висновку розрізняються головним чином видом використовуваних правил, логічних операцій і різновидом методу дефазифікації. Розроблені моделі нечіткого висновку Мамдані, Сугено, Ларсена, Цукамото.

Механізм Мамдані – це найбільш поширений спосіб логічного висновку в нечітких системах. В ньому використовується мінімаксна композиція нечітких множин. Даний механізм включає наступну послідовність дій:

- 1) процедура фазифікації: визначаються степені істинності, тобто значення функцій належності для лівих частин кожного правила (передумов);
- 2) нечіткий висновок;
- 3) композиція або об'єднання отриманих усічених функцій, для чого використовується максимальна композиція нечітких множин;
- 4) дефазифікація або приведення до чіткості. Існує декілька методів дефазифікації. Наприклад, метод найменших максимумів.

В результаті отримана нечітка система вибору оптимального алгоритму сегментації.

Крок 11. Виконання вибраного алгоритму сегментації зображення.

Використання даного підходу забезпечує автоматичний вибір оптимального алгоритму сегментації для проведення попередньої розмітки.

Висновки до розділу 2

Вперше розроблено:

- метод сегментації на основі попередніх розміток, який на відміну від існуючих поєднує декілька різних критеріїв однорідності областей, що дає змогу підвищити точність знаходження мікрооб'єктів на цитологічних зображеннях;

- метод автоматичного вибору алгоритму сегментації на основі аналізу критеріїв однорідності областей зображення та аналізу гістограми розподілу яскравості за допомогою методів нечіткої логіки, що дало змогу автоматично вибирати оптимальний алгоритм сегментації.

Вдосконалено:

- метод виявлення контуру шляхом проходження границею об'єкта з функцією фільтрації контурної лінії, що забезпечило отримання зв'язного контуру з відсіканням малоінформативних елементів.

### РОЗДІЛ 3. АЛГОРИТМИ АНАЛІЗУ ТА ПЕРЕТВОРЕННЯ КОНТУРІВ І ОБЛАСТЕЙ ЗОБРАЖЕНЬ

В даному розділі для виділення мікрооб'єктів на цитологічних зображеннях було розроблено алгоритм об'єднання однорідних областей в окремі мікрооб'єкти. Отримали подальший розвиток методи і алгоритми перетворення типу «контур-контур» та «область-область», а саме досліджено вплив часткових похибок апроксимації на загальний результат перетворення. Проведено порівняння результатів перетворення зображень в афінному та топологічному просторах.

#### 3.1 Алгоритм виділення мікрооб'єктів на основі об'єднання однорідних областей

Для виділення мікрооб'єктів на сегментованому цитологічному зображенні необхідно провести процес об'єднання окремих однорідних областей. Проаналізувавши будову клітини можна зробити такі висновки:

- ядро клітини має овальну форму та його яскравість є нижчою, відносно забарвлення всієї клітини;
- зміна яскравості в середині ядра клітини відсутня або відбувається поступово;
- на границях ядра клітини спостерігається різкий перепад яскравості;
- зміна яскравості в цитоплазмі клітини відбувається поступово;
- на границях клітини також спостерігається різкий перепад яскравості, проте не такий різкий як у ядрі.

На основі даних спостережень побудовано переріз клітини (Рисунок 3.1):

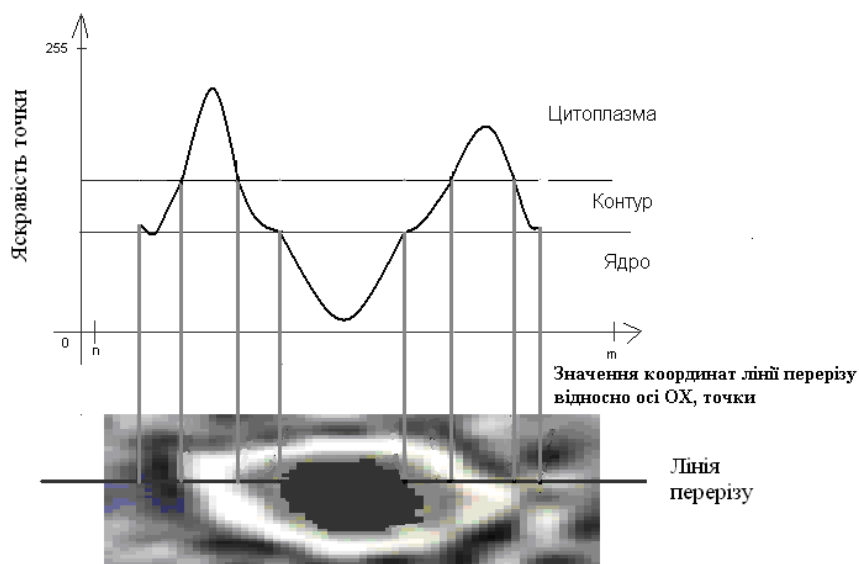


Рисунок 3.1 – Переріз клітини та функція зміни яскравості даного перерізу.

Введемо позначення:

$N_i$  - ядро клітини. Область вхідного зображення, яка відповідає ядру клітини.

$ON_i$  - Область ядра клітини. Однорідна область, яка повністю або частково включає ядро клітини.

$Cell_i$  - Клітина. Область вхідного зображення, яка відповідає клітині.

$OCell_i$  - Область клітини. Область зображення, яка повністю або частково включає в себе клітину.

Визначення. Сусідніми областями  $O_1$  та  $O_2$  будемо вважати області контури яких дотикаються (відмічено пунктиром) (Рисунок 3.2).

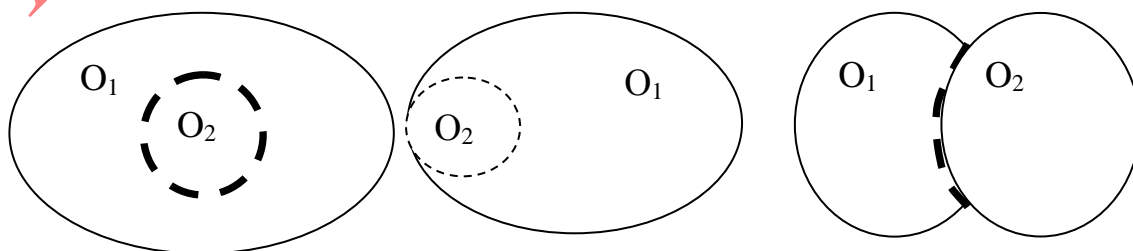


Рисунок 3.2 – Приклади сусідніх областей



На основі отриманої моделі клітини та масиву ядер клітин, запропоновано такий алгоритм виділення клітин:

- 1) знаходження областей ядер клітин  $\{ON_q\}$  на вхідному зображенні;
- 2) визначення однорідних областей, які відповідають областям ядер, з метою знаходження масиву ядер клітин  $\{N_k\}$ ;
- 3) приєднання всіх сусідніх однорідних областей, що межують з  $N_i$ -тим ядром, утворюючи  $OCell_i$ -ту область клітини;
- 4) нарощування  $OCell_i$  області клітини, для знаходження країв  $Cell_i$ -тої клітини;
- 5) якщо перевірено весь масив ядер клітин, то алгоритм завершує роботу, інакше перехід на етап 3 та перевірка  $N_{i+1}$  ядра.

Знаходження областей ядер клітин на зображенні. Для знаходження точок, що можуть належати ядрам клітин проводимо порогову сегментацію монохромного вхідного зображення:

$${}^2m \xrightarrow{{}^2m_b(x,y) = \begin{cases} 1, {}^2m(x,y) < t \\ 0, {}^2m(x,y) \geq t \end{cases}} {}^2_{2m_b} .$$

Значення параметра порогової сегментації  $t = 90$  (встановлене за замовчуванням) може корегуватись користувачем. Після операції порогової обробки отримуємо бінаризоване зображення на якому виділено окремі однорідні групи пікселів, що можуть відповідати областям ядер клітин  $\{ON_q\}$ . Для відсіювання хибних областей ядер клітин проводимо перевірку інформаційних характеристик виділених однорідних областей: площа  $A(ON_i)$  та колоподібність  $Circl(ON_i)$ :

$$0,9 * A(O_e) \leq A(ON_i) \leq 1,1 * A(O_e),$$

де  $A(O_e)$  - значення площі еталонної області ядра.

$$0,8 \leq \text{Circl}(ON_i) \leq 1,2,$$

$$\text{де } \text{Circl}(ON_i) = \frac{A(ON_i)}{P(ON_i)^2}$$

Результатом даного етапу є масив областей ядер клітин  $\{ON_q\}$ .

Знаходження однорідних областей вхідного зображення, що відповідають областям ядрам клітин. Для цього співставляємо масив однорідних областей  $\{O_m\}$  та маси областей ядер клітин отриманих на попередньому етапі  $\{ON_q\}$ .

Під час співставлення можуть виникнути такі випадки:

Випадок 1. Область ядра  $ON_i$  повністю співпадає з однорідною областю  $ON_i = O_j$ . В даному випадку однорідна область  $O_j$  визнається ядром клітини  $N_k$ .

Випадок 2. Область ядра  $ON_i$  повністю включається в однорідну область  $ON_i \in O_j$  та площа області ядра займає не менше 50% площі однорідної області  $A(ON_i) \geq 0,5 * A(O_j)$ . В даному випадку область ядра  $ON_i$  визнається неповною, а однорідна область  $O_j$  визнається ядром клітини  $N_k$  (Рисунок 3.3,а).

Випадок 3. Область ядра  $ON_i$  повністю включається в однорідну область  $ON_i \in O_j$  та площа області ядра займає менше 50% площі однорідної області  $A(ON_i) < 0,5 * A(O_j)$ . В даному випадку область ядра  $ON_i$  визнається неправильно визначеною та видаляється з подальшого розгляду (Рисунок 3.3,б).

Випадок 4. Однорідна область  $O_j$  повністю включається в область ядра  $O_j \in ON_i$  та площа однорідної області займає не менше 90% площі області ядра  $A(O_j) \geq 0,9 * A(ON_i)$ . В даному випадку область ядра  $ON_i$ , а однорідна область  $O_j$  визнається ядром клітини  $N_k$  (Рисунок 3.3,в).

Випадок 5. Область ядра  $ON_i$  повністю включається в декілька однорідних областей  $ON_i \in O_1, ON_i \in O_2, \dots, ON_i \in O_m$  та площа області ядра займає не менше 50% площ кожної з однорідних областей  $A(ON_i) \geq 0,5 * A(O_1), A(ON_i) \geq 0,5 * A(O_2), \dots, A(ON_i) \geq 0,5 * A(O_m)$ . В даному випадку область ядра  $ON_i$  визнається визначеною не повністю. Ядру клітини  $N_k$  відповідає область утворена об'єднанням однорідних областей  $R_1 \cup R_2 \cup \dots \cup R_m$  (Рисунок 3.3,г).

Випадок 6. Область ядра  $ON_i$  повністю включається в декілька однорідних областей  $ON_i \in O_1, ON_i \in O_2, \dots, ON_i \in O_m$ . Площа області ядра займає не менше 50% площ деякої множини з однорідних областей, а в інших площа перетину є меншою  $A(ON_i) \geq 0,5 * A(O_1), A(ON_i) \geq 0,5 * A(O_2), \dots, A(ON_i) < 0,5 * A(O_m)$ . В даному випадку область ядра  $ON_i$  визнається визначеною некоректно. Область, утворена об'єднанням однорідних областей, для якої виконується умова 50% визнається ядром клітини  $N_k$  (Рисунок 3.3,д).

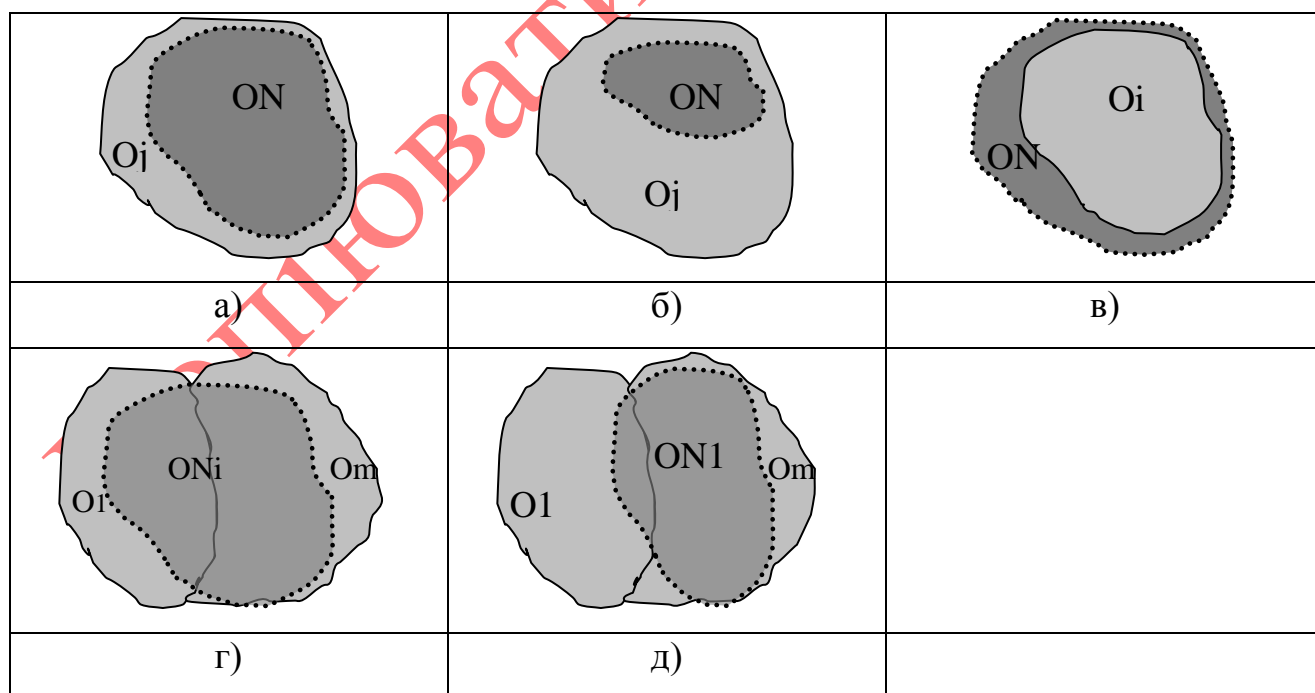


Рисунок 3.3 – Приклади накладання однорідних областей

Результатом даного етапу є масив ядер клітин  $\{N_k\}$ .

Приєднання сусідніх однорідних областей, що межують з  $N_i$ -тим ядром, утворюючи  $OCell_i$ -ту область клітини. Базуючись на апіорній інформації про те що навколо ядра в недеформованих клітинах розміщена цитоплазма, приєднуємо всі однорідні області що є сусідніми до ядра клітини. При приєднанні однорідних областей проводиться перевірка на дві умови:

- однорідна область є сусідньою до областей, які відповідають ядру клітини;
- яскравість однорідної області є вищою за яскравість ядра, в іншому випадку дана клітина визнається деформованою і дане ядро виключається з подальшого аналізу.

Результатом роботи даного етапу є масив ядер клітин  $\{OCell_i\}$  з частково визначеною цитоплазмою.

Формування повної клітини. Відбувається нарощування  $OCell_i$  області, для знаходження країв  $Cell_i$ -тої клітини. Нарощення відбувається шляхом послідовної перевірки областей, що є сусідніми до  $OCell_i$ , та на основі таких правил:

- однорідна область є сусідньою до областей, які відповідають області  $OCell_i$ ;
- яскравість однорідної області відрізняється від яскравості однорідної області що належить до  $OCell_i$  не більше, ніж поріг  $\Delta t = 10$ . Якщо різниця яскравостей більша за заданий поріг, то дана область визнається граничною, приєднується до області клітини, але виключається з подальшої перевірки на нарощування області клітини  $OCell_i$ .

Результатом даного етапу є масив клітин  $\{Cell_i\}$ .

Для відсіювання хибно виділених клітин проводимо додаткові дослідження масиву  $\{Cell_i\}$ :

перевірка відповідності площі клітини. Площа еталонної клітини може визначатись на основі апіорній інформації або шляхом аналізу масиву  $\{Cell_i\}$ .

$$0,9 * A(Cell_e) \leq A(Cell_i) \leq 1,1 * A(Cell_e),$$

де  $A(R_{etal})$  - значення площі еталонної клітини.

$$0,8 \leq Circl(Cell_i) \leq 1,2,$$

$$\text{де } Circl(Cell_i) = \frac{A(Cell_i)}{P(Cell_i)^2}.$$

Результатом даного етапу є масив клітин  $\{Cell_i\}$ .

Запропонований алгоритм виділення клітин на біомедичних зображеннях має ряд переваг:

- поєднання інформації про форму клітини та однорідні області розташовані на зображенні забезпечило підвищення рівня автоматизації виділення клітин;
- зменшення впливу шумів та інших дефектів вхідного зображення на результати оброблення;
- перевірка коректності виділення клітин.

До недоліків слід віднести:

- складність процесу визначення порогів для автоматичного виділення клітин.

### 3.2 Алгоритми перетворення контурів в афінному просторі

Нехай задано два об'єкти  $Obj_1$  та  $Obj_2$ . Виділимо на них зовнішні контури  $C_1 = \{(x_{1i}, y_{1i}) \in Obj_1, i = \overline{1, n}\}$  та  $C_2 = \{(x_{2j}, y_{2j}) \in Obj_2, j = \overline{1, m}\}$ , де  $n, m$  - кількість точок, що належать відповідному контуру. Необхідно знайти перетворення  $C_2 = Q_{12}(C_1)$  таке, щоб задовольняло умову мінімальної похибки  $\varepsilon$  відображення між відповідними точками:

$$\varepsilon = \sqrt{(x_{2i} - x_{1i})^2 + (y_{2i} - y_{1i})^2} \rightarrow \min$$

де  $(x_1, y_1)$  та  $(x_2, y_2)$  - відповідні точки на контурах  $C_1$  та  $C_2$ .

Для перетворення двох контурів достатньо використати такі перетворення: масштабування, відображення, перенос, поворот відносно довільної точки або осі. Оскільки перераховані вище перетворення входять в групу афінних перетворень, то перетворення  $Q_{12}$  представимо у вигляді матриці

афінних перетворень  $\begin{bmatrix} a & b & 0 \\ c & d & 0 \\ l & m & 1 \end{bmatrix}$ . Коефіцієнти  $a, b, c, d$  відповідають за локальне

масштабування, відображення, поворот, перенос, а  $l, m$  за перенос вздовж осі  $OX$  та  $OY$ .

В загальному вигляді афінне перетворення, що описує відображення одного двомірного простору в інший, містить шість параметрів та має вигляд:

$$\begin{bmatrix} x_{2i} \\ y_{2i} \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_{1i} & y_{1i} & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a & b & 0 \\ c & d & 0 \\ l & m & 1 \end{bmatrix}, i = \overline{1,3}$$

Для знаходження відповідних параметрів достатньо визначити три пари відповідних точок на контурах  $((x_{1i}, y_{1i}), (x_{2i}, y_{2i})), (x_{1i}, y_{1i}) \in C_1, (x_{2i}, y_{2i}) \in C_2$ . Вибрані відповідні точки повинні задовільняти умову мінімальної похибки відображення  $\varepsilon$ .

Проаналізуємо два методи знаходження коефіцієнтів афінного перетворення:

- на основі знаходження трьох пар відповідних точок;
- на основі аналізу характеристичних точок контуру.

Перший метод реалізується за допомогою двох алгоритмів:

- а) алгоритм визначення трьох точок контуру шляхом виділення максимальної хорди і серединного перпендикуляра;
- б) алгоритм січних прямих.

Другий метод реалізується за допомогою алгоритму визначення характерних точок і знаходження коефіцієнтів афінних перетворень за допомогою методу найменших квадратів (MLS).

Алгоритм знаходження трьох точок на контурі полягає в визначенні двох максимально віддалених точок контуру. Для цього проводимо відрізок максимальної довжини  $AB = L_{\max}$ , кінці якого належать контуру об'єкта. Третю точку визначаємо як таку, що належить серединному перпендикуляру, контуру та максимально віддалена  $CO > C'O$  від середини відрізка  $AB$  точки  $O$ . Приклад знаходження трьох точок наведено на рисунку (Рисунок 3.4,а).

Алгоритм січних прямих полягає у побудові прямих, які перетинають контур, з деякої стартової точки  $A$  через заданий кут  $\alpha$ . В результаті перетину контуру  $n$  прямими отримуємо  $n$  точок перетину. Із множини точок перетину вибираються три точки, які мінімізують похибку відображення між відповідними координатами на заданих контурах (Рисунок 3.4,б).

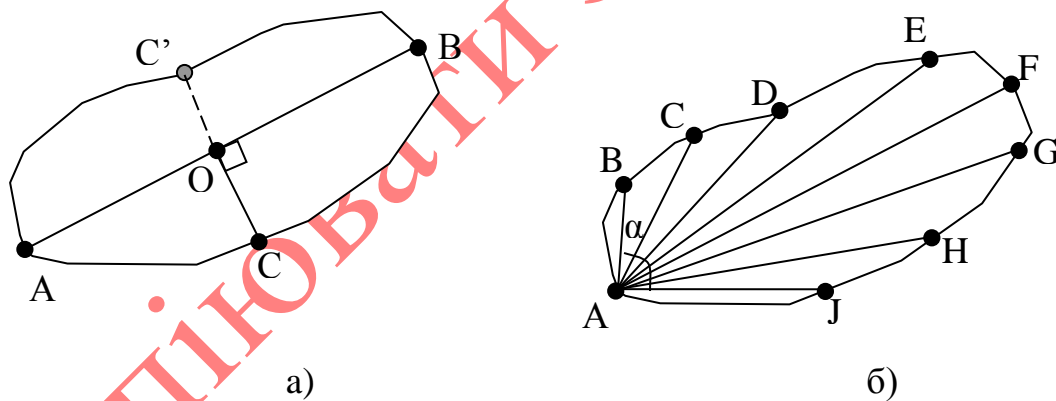


Рисунок 3.4 - Приклади вибору трьох вузлових точок

Використання алгоритмів, що базуються на знаходженні трьох пар точок для перетворення складних контурів приводить до значних похибок перетворення. Три пари відповідних точок не завжди можуть точно передати відмінності між парою складних контурів. Тому для складних контурів слід використовувати алгоритми, що ґрунтуються на знаходженні характеристичних точок.

Характеристичними точками вважатимемо точки, що відповідають точкам максимуму, мінімуму, перегину і максимальної кривизни контуру об'єкта.

Для знаходження характеристичних точок представимо контур об'єкта  $C$  у вигляді функції доцентрових відстаней  $R(C) = \sqrt{(x_i - x_o)^2 + (y_i - y_o)^2}$  та розіб'ємо на елементарні відрізки  $C = \{c_i\}, i = \overline{1, n}$  (Рисунок 3.5). Довжина елементарного відрізка визначена експериментально і рівна 5 сусіднім точкам, що належать контуру об'єкта.

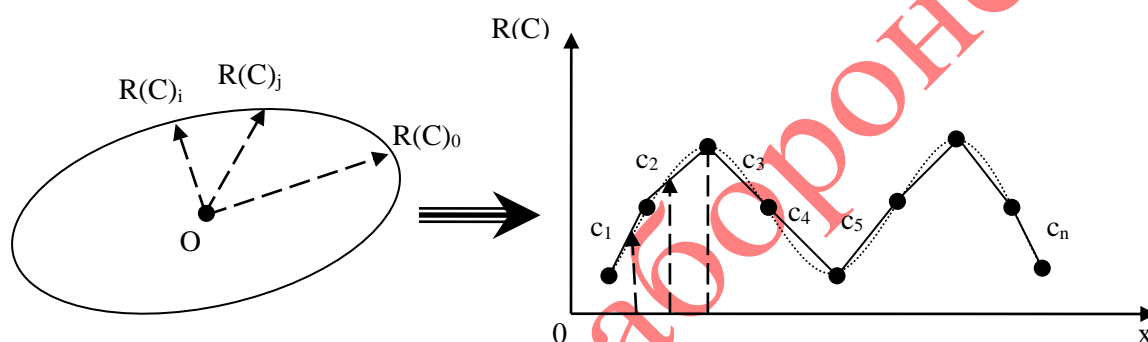


Рисунок 3.5 - Контур зображення після розбиття на елементарні відрізки

Кожний елементарний відрізок характеризується довжиною та кутом нахилу. Похідна функції при досягненні максимуму або мінімуму міняє свій знак, а отже кутівий коефіцієнт, що визначає кут нахилу, також міняє знак. Отже, для знаходження максимуму або мінімуму кривої необхідно використати зміну кутівого коефіцієнту

$$k_i = \frac{y_{i+1} - y_i}{x_{i+1} - x_i},$$

де  $x_i, x_{i+1}$  – абсциси сусідніх точок,  $y_i, y_{i+1}$  – їх ординати.

Степінь випуклості або вгнутості кривої характеризує кривизна. Тому необхідно визначати кривизну кривої на проміжках випуклості або вгнутості. Коефіцієнт середньої кривизни визначається згідно виразу



$$K_{cp} = \frac{\alpha}{|c_i| + |c_{i+1}|},$$

де  $\alpha$  – кут суміжності між елементарними відрізками  $c_i$  і  $c_{i+1}$ ,

$$|c_i| = \sqrt{(x_{i+1} - x_i)^2 + (y_{i+1} - y_i)^2}, \quad |c_{i+1}| = \sqrt{(x_{i+2} - x_{i+1})^2 + (y_{i+2} - y_{i+1})^2} -$$

довжини відрізків  $c_i$  і  $c_{i+1}$ . Кут суміжності рівний

$$\alpha = \arctg \left| \frac{k_1 - k_2}{1 + k_1 k_2} \right|,$$

де  $k_1, k_2$  – кутові коефіцієнти відповідно елементарних відрізків  $c_i$  і  $c_{i+1}$ .

Виходячи із проведеного аналізу можна виділити три критерії для визначення характерних точок:

- зміна знаку кутових коефіцієнтів сусідніх елементарних відрізків;
- максимальне значення коефіцієнту середньої кривизни на проміжках випуклості або вгнутості;
- границя зміни кута між елементарними відрізками (задається дослідним шляхом).

Таким чином, виділивши характерні точки, отримуємо масив координат точок  $\{(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_i, y_i), \dots, (x_n, y_n)\}$ .

Після визначення характерних точок визначимо функцію похибки:

$$\varepsilon(a, b, c, d, l, m) = \sum_{i=1}^n \left( (ax_{1i} + cy_{1i} + l - x_{2i})^2 + (bx_{1i} + dy_{1i} + m - y_{2i})^2 \right) \rightarrow \min$$

Обчисливши шість часткових похідних функції похибки  $\varepsilon$  по кожному з шести невідомих параметрів і прирівнявши їх до нуля, отримаємо шість рівнянь. Запишемо їх в матричній формі:

$$\begin{bmatrix} \sum x_{1i}^2 & \sum x_{1i}y_{1i} & \sum x_{1i} & 0 & 0 & 0 \\ \sum x_{1i}y_{1i} & \sum y_{1i}^2 & \sum y_{1i} & 0 & 0 & 0 \\ \sum x_{1i} & \sum y_{1i} & n & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sum x_{1i}^2 & \sum x_{1i}y_{1i} & \sum x_{1i} \\ 0 & 0 & 0 & \sum x_{1i}y_{1i} & \sum y_{1i}^2 & \sum y_{1i} \\ 0 & 0 & 0 & \sum x_{1i} & \sum y_{1i} & n \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a \\ c \\ l \\ b \\ d \\ m \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum x_{2i}x_{1i} \\ \sum x_{2i}y_{1i} \\ \sum x_{2i} \\ \sum y_{2i}x_{1i} \\ \sum y_{2i}y_{1i} \\ \sum y_{2i} \end{bmatrix}$$

Для отримання коефіцієнтів афінних перетворень необхідно розв'язати дану систему рівнянь.

Для порівняння результатів роботи запропонованих алгоритмів розроблено програмний модуль в інформаційно-аналітичній системі "MorphoSys". Експерименти проводились на цитологічних зображеннях. Результати експериментальних дослідів алгоритмів (на основі трьох точок (а), алгоритм на основі МНК (б), алгоритм січних прямих (с)) визначення коефіцієнтів афінних перетворень наведено в таблиці 3.1:

Таблиця 3.1 – Похибки перетворення мікрооб'єктів в афінному просторі

Номер експерименту	Алгоритм	Похибка ( $\varepsilon$ )			
		Навчальна вибірка		Контрольна вибірка	
		$\varepsilon \min$	$\varepsilon \max$	$\varepsilon \min$	$\varepsilon \max$
1	а	0,51	6,11	1,31	4,12
	б	1,88	4,18	1,18	3,97
	с	1,21	4,02	2,27	4,13
2	а	0,18	4,73	2,82	8,46
	б	1,31	1,99	0,89	6,98
	с	0,94	2,17	1,25	4,77
3	а	2,01	3,92	3,54	5,22
	б	1,92	3,42	1,19	4,02
	с	1,74	3,78	2,43	4,12

Навчальна вибірка – це точки, на основі яких обчислюються коефіцієнти афінних перетворень, контрольна вибірка – не характеристичні точки контуру.

Аналіз отриманих експериментальних результатів показав, що використання алгоритму на основі методу найменших квадратів забезпечує мінімальну похибку перетворення. На графіку наведено залежність значення похибки перетворення від кількості характеристичних точок контуру (Рисунок 3.6).

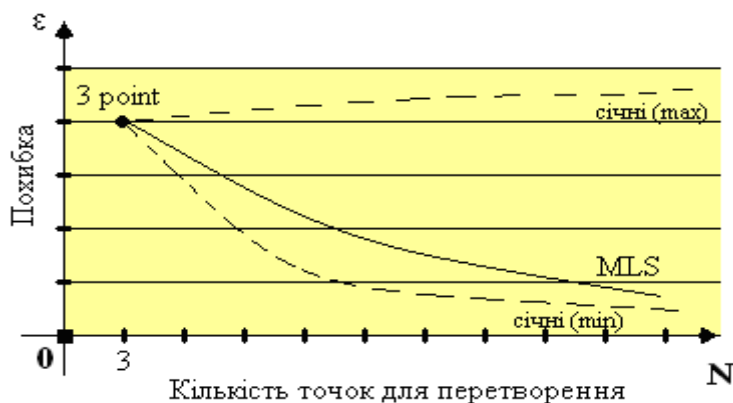


Рисунок 3.6 - Графік залежності похибки відображення від кількості вузлових точок

Результати порівняння кількості операцій при обчисленні коефіцієнтів афінних перетворень наведено на рисунку (Рисунок 3.7).



Рисунок 3.7 - Графік залежності кількості обчислень від кількості вузлових точок

На основі отриманих результатів можна зробити такі висновки:

1) Похибка відображення для алгоритму трьох точок є константою, оскільки точки обираються одні і ті самі. Для алгоритму МНК є обернено

пропорційною кількості вузлових точок. Похибка відображення алгоритму січних прямих залежить від характеру обраних точок, тому знаходиться в деякому діапазоні.

2) Похибка коефіцієнтів афінних перетворень залежить від характеру контуру об'єкта. Найбільшу залежність проявляє алгоритм трьох точок. Алгоритм січних прямих менш залежний, оскільки є можливість вибору комбінації точок характеристичних точок. Характер контурної функції мало впливає на результати, отримані за допомогою алгоритму МНК.

3) Кількість операцій для обчислення коефіцієнтів афінного перетворення для алгоритму трьох точок залишається константною, прямо пропорційно залежить від кількості вузлових точок для алгоритму МНК та експоненціально зростає для алгоритму січних прямих.

### 3.3 Алгоритми перетворення контурів та областей в топологічному просторі

Розглянемо послідовно алгоритми перетворення контурів і областей в топологічному просторі. Для перетворення контурів здійснимо кусково-лінійну апроксимацію контурів. Перетворення областей здійснимо на основі перетворень скелетів областей.

#### 3.3.1 Алгоритм визначення скелету зображення

Алгоритм визначення скелету зображення представимо так:

1) Контур  $C_i$  апроксимується за допомогою кусково-лінійної апроксимації;

$$C_i \xrightarrow{\text{апроксимація}} C'_i$$

2) Послідовно проходимо кожною точкою, що належить апроксимованому контуру  $C'_i(x, y), x, y \in N$ , послідовно відкладаючи відрізки паралельні осям  $OX$  та  $OY$ . Кінцем відрізка вважається остання точка, яка

належить відріжку та контуру об'єкта. На основі відкладених відрізків проводиться спроба вписати квадрати з максимальною площею. Точка перетину діагоналей вписаного квадрата буде належати скелету  $S_i$  об'єкта (Рисунок 3.8).

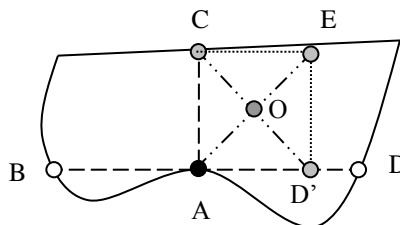


Рисунок 3.8 – Приклад вписаного квадрата

3) За допомогою морфологічних операцій нарощування та утоншення отримуємо скелет товщиною в одну точку.

4) Проводимо відсікання малоінформативних віток на основі критеріїв втрати площі (3.1) та критерію втрати контурної лінії (периметру) (3.2).

$$K_A = \left(1 - \frac{A_i}{A_o}\right) * 100\%, \quad (3.1)$$

де  $A_i$  - площа об'єкта відновленого на основі скелета, без  $i$ -ї кінцевої вітки.

$A_o$  - площа об'єкта відновленого на основі скелета.

$$K_P = \left(1 - \frac{P_i}{P_o}\right) * 100\%, \quad (3.2)$$

де  $P_i$  - довжина контуру об'єкта відновленого на основі скелета, без  $i$ -ї кінцевої вітки.

$P_o$  - довжина контуру об'єкта відновленого на основі скелета.

Результатом роботи алгоритму скелетизації є мінімальний скелет об'єкта товщиною в одну точку.

Отриманий скелет як правило не однорідний, тому проводиться процедура з'єднання окремих елементів скелету. Для утворення однорідного скелету необхідно з'єднати кінцеві вузли окремих елементів скелета. Кінцевим вузлом вважатимемо вузол, що належить скелету об'єкта та має тільки одного сусіда, що також належить скелету. Якщо вузол має менше ніж вісім сусідів (лежить на краю зображення) то відсутні сусідні точки визнаються такими, що не належать скелету об'єкта.

Для утворення однорідного скелету необхідно виконати такі кроки:

- 1) Визначити множину кінцевих вузлів скелета  $\{Pe_i\}$ ;
- 2) Послідовно для кожного кінцевого вузла  $Pe_i$  проводимо пошук найближчого до нього кінцевого вузла  $Pe_j$ . Перевірка проводиться вікном з довжиною сторони  $l=5 \cdot \Delta$ , де  $\Delta$  - максимальне значення довжини сторони вікна пошуку. Якщо пару кінцевих вузлів не було знайдено, а довжина ребра вікна пошуку менша за порогове значення  $\Delta$ , то значення довжини ребра збільшується на два;
- 3) Якщо для кінцевого вузла  $Pe_i$  було знайдено пару  $Pe_j$ , то дані кінцеві вузли з'єднуються відрізком та вибувають з подальшого аналізу;
- 4) Якщо для кінцевого вузла  $Pe_i$  не було знайдено пару  $Pe_j$ , то даний кінцевий вузол вибувають з подальшого аналізу без втрати статусу кінцевого вузла.

Значення висоти вікна пошуку, для пошуку максимального ребра  $\Delta$  визначається користувачем на основі апріорної інформації про об'єкт або шляхом корекції на основі візуальної перевірки цілісності скелета.

Іншим недоліком виділеного скелета можуть бути порожнини в самому скелеті. Для усунення даного недоліку проводиться операція нарощування скелету. Нарощування скелету відбувається шляхом додавання точок, що не належать скелету  $Im(x, y) \notin S_i$ , якщо хоча б три сусідні точки належать скелету  $\sum (Im(x \pm 1, y \pm 1) \in S_i) \geq 3$ .

$$S_i \xrightarrow{\text{нарощування}} S_i'$$

Після процедури нарощування для отримання скелету товщиною в одну точку необхідно провести процедуру утоншення. Утоншення скелету відбувається шляхом видалення точок, що межують більше ніж з трьома точками, які належать скелету.

$$S_i' \xrightarrow{\text{утоншення}} S_i''$$

Для усунення дрібних розривів в структурі скелета проводиться додаткова фільтрація скелету мікрооб'єкта на основі масок (Рисунок 3.9):

0	1	0			0	0	0			1	0	0			0	0	1		
0	0	0			1	0	1			0	0	0			0	0	0		
0	1	0			0	0	0			0	0	1			1	0	0		

Рисунок 3.9 – Приклади масок для усунення розривів між елементами скелету

Результатом нарощування, утоншення, фільтрації є однорідний зв'язний скелет товщиною в одну точку з визначеними кінцевими точками.

Для опису скелету у вигляді  $S(V, E)$ , де  $V$  - вузли скелета,  $E$  - ребра скелета, необхідно визначити вузлові точки та визначити ребра. Вузол скелета – це точка з'єднання декількох ребер скелета. Для визначення вузлів скелета послідовно проводиться перевірка точок, що належать скелету  $I(x, y) \in S_i$ . Вузлом визнається точка скелету, якщо в неї є більше 2-ох сусідніх точок, які належать скелету. Якщо вузол має менше ніж вісім сусідів (лежить на краю зображення) то відсутні сусідні точки визнаються такими, що не належать скелету об'єкта.

Ребро скелета – лінія, що з'єднує два кінцеві вузли, кінцевий вузол та вузол або два вузли скелета. Для знаходження ребер скелета необхідно виконати такі кроки:

- 1) Визначити множину кінцевих вузлів  $\{Pe_i\}$ .
- 2) Для кожного з кінцевих вузлів шляхом проходження скелетом визначити суміжний вузол.
- 3) Точки, що були визначені на попередньому етапі та сформували ребра, видалити з подальшого розгляду;
- 4) Якщо в скелеті ще є не визначені точки  $\sum(S_i(x, y)) > 0$ , то визначити нові кінцеві точки та повернутись на крок 2.

Проходження скелетом відбувається шляхом послідовного пошуку сусідніх точок на основі алгоритму “Backward contour tracing”. Критерієм зупинки алгоритму проходження є попадання в вузол або кінцевий вузол скелета об'єкта. Результатом роботи алгоритму проходження є визначення всіх пар суміжних вузлів (Рисунок 3.10).

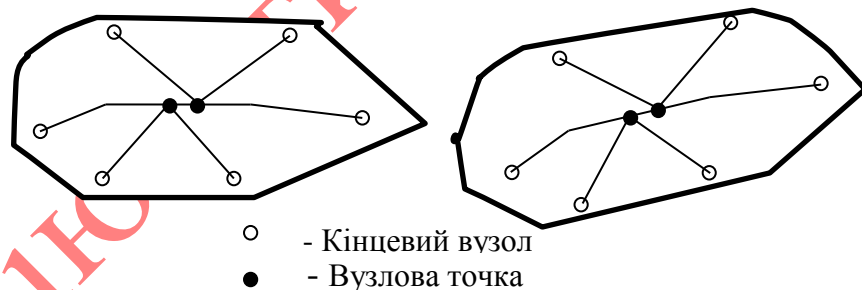


Рисунок 3.10 – Приклад виділення кінцевих вузлів та вузлів скелета

Одним з основних недоліків визначення скелету є велика кількість малоінформативних ребер скелету. Надлишкові ребра скелету призводять до збільшення трудомісткості процесу аналізу скелета, тому необхідно провести процедуру відсікання малоінформативних ребер для знаходження мінімального скелету.



Мінімальним скелетом вважатимемо скелет з мінімальною кількістю ребер, що описує об'єкт з допустимою похибкою.

Для знаходження мінімального скелету області проводиться відсікання малоінформативних віток на основі критерію втрати площі  $K_A$  (3.1) та критерію втрати контурної лінії (периметру)  $K_P$  (3.2).

Алгоритм знаходження мінімального скелету. Для визначення мінімального скелету необхідно виконати такі кроки:

1) Визначити множину кінцевих ребер скелета  $\{Ee_i\}$ . Кінцевим ребром вважати ребро, яке є інцидентним до кінцевого вузла скелета;

2) Для кожного кінцевого ребра визначити коефіцієнти втрати площі  $K_A$  (3.1) та критерію втрати контурної лінії (периметру)  $K_P$  (3.2);

3) Визначити кінцеве ребро, для якого коефіцієнти втрати площі та контурної лінії будуть мінімальними  $K_A(Ee_i) \rightarrow \min$  або  $K_P(Ee_i) \rightarrow \min$ .

4) Якщо коефіцієнт втрати площі менший за допустиме порогове значення  $K_A(Ee_i) \leq \Delta A$  та коефіцієнт втрати контурної лінії менший за допустиме порогове значення  $K_P(Ee_i) \leq \Delta P$ , то дане ребро видалити з скелету, як малоінформативне. Повернутись на крок 2.

5) Якщо коефіцієнт втрати площі більший за допустиме порогове значення  $K_A(Ee_i) > \Delta A$  або коефіцієнт втрати контурної лінії більший за допустиме порогове значення  $K_P(Ee_i) > \Delta P$ , то завершити роботу.

Результатом роботи алгоритму є мінімальний скелет об'єкта. На рисунку 3.11 проілюстровано роботу запропонованого алгоритму відсікання малоінформативних ребер скелета:

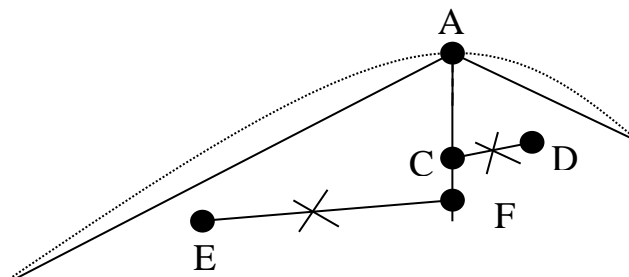


Рисунок 3.11 – Приклад роботи алгоритму відсікання малоінформативних ребер скелета.

На рисунку 3.12 наведено приклади відкидання малоінформативних ребер скелету, а в таблиці 3.2 наведена статистична інформація.

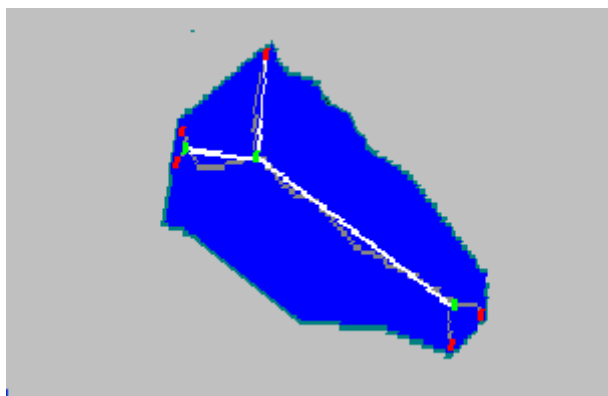


Рисунок 3.12 – Приклад відсікання малоінформативних ребер (скелет мікрооб'єкта виділено білим кольором).

Таблиця 3.2 – Приклад відсікання малоінформативних ребер скелета

Тип скелета	Кількість ребер скелета	Кількість кінцевих вузлів	Кількість вузлів	Площа об'єкта відновленого на основі скелета
До відсікання ребер	7	5	3	100%
Після відсікання ребер	3	3	1	97%

Як показали експериментальні дані, було відкинуто майже 50% ребер скелета, що дозволило зменшити час аналізу скелету та обсяги пам'яті для зберігання. При цьому втрати при відновленні мікрооб'єкта становлять лише 3%, що є цілком допустимим.

### 3.3.2 Алгоритми перетворення контурів зображень із заданою похибкою

Постановка задачі:

Нехай задано два зображення  $Im_1$  та  $Im_2$ . Представимо їх у вигляді  $Im_1 = C_1 \cup O_1$ ,  $Im_2 = C_2 \cup O_2$ , де  $C_1, C_2$  – контури, а  $O_1, O_2$  – внутрішні області зображень [91]. Контури  $C_1, C_2$  є зв'язними та замкненими, тобто:

$$C_1 = \{C_1(x_i, y_j) \mid (x_i, y_j) \rightarrow (x_m, y_n); m \in \{i-1, i, i+1\}, n \in \{j-1, j, j+1\}, i, j = \overline{1, l}, x_1 = x_l, y_1 = y_l\}; \quad (3.3)$$

$$C_2 = \{C_2(x_i, y_j) \mid (x_i, y_j) \rightarrow (x_m, y_n); m \in \{i-1, i, i+1\}, n \in \{j-1, j, j+1\}, i, j = \overline{1, k}, x_1 = x_k, y_1 = y_k\}. \quad (3.4)$$

Згідно теореми Жордана [125] для замкнених областей існує перетворення  $T$ , тобто  $C_2 = T(C_1)$ . Задаємо похибку перетворення  $\varepsilon_T$ , з якою необхідно здійснити перехід від  $C_1$  до  $C_2$ , тобто  $C_2 = T(C_1)$ , де  $T$  – ідеальне перетворення. Оскільки ідеальне перетворення невідоме між контурами  $C_1$  і  $C_2$ , то будемо відшукувати перетворення між апроксимованими контурами  $C'_1$  і  $C'_2$ . Тоді  $C'_2 \approx T'(C'_1)$ , де  $T'$  – реальне перетворення між  $C'_1$  і  $C'_2$ . Тоді похибка перетворення рівна  $\varepsilon_T = C_2 - T'(C_1)$ . У метриці  $L_\infty$  похибка рівна  $\varepsilon_T = \max\{x_i - x'_i; y_i - y'_i\}, i = \overline{1, N}$ .

Необхідно знайти похибку перетворення  $\varepsilon_T$  та її складові.

Похибки перетворення типу «контур – контур»

Апроксимуємо контури  $C_1$  і  $C_2$  за допомогою неперервних параметричних кривих  $C_{\alpha 1}$  і  $C_{\alpha 2}$ , де  $C_{\alpha i} = \{C_j(\theta, \alpha), \theta \in [0, T]\}, i = \overline{1, 2}, j = \overline{1, s}$ , де  $s$  – кількість кусково-знайдених кривих.

Параметр  $\theta$  задає положення точки на кривій  $C(\theta, \alpha)$ , а  $\alpha \in A$  задає конкретну криву в деякому класі.

Неперервна параметрична крива апроксимована відрізками кривих

$$C_j(\theta, \alpha), \text{ тобто } C_{\alpha 1} = \bigcup_{j=1}^u C_j(\theta, \alpha), \quad C_{\alpha 2} = \bigcup_{j=1}^w C_j(\theta, \alpha), \text{ де } u \text{ і } w \text{ – кількість}$$

апроксимованих відрізків першого і другого контурів відповідно.

$$\text{Для кожної кривої } C_\alpha \text{ вводимо величину: } \eta(C_{\alpha 1}, C'_1) - \inf_{\alpha \in A} \eta(C_{\alpha 1}, C'_1) \leq \varepsilon_1$$

$$\text{та } \eta(C_{\alpha 2}, C'_2) - \inf_{\alpha \in A} \eta(C_{\alpha 2}, C'_2) \leq \varepsilon_2, \text{ де } \varepsilon_1 \text{ і } \varepsilon_2 \text{ похибки апроксимації першої і}$$

другої кривих.

Тоді отримаємо функції  $C_1 \rightarrow r_1 = f_1(\theta)$ ,  $C_2 \rightarrow r_2 = f_2(\theta)$ .

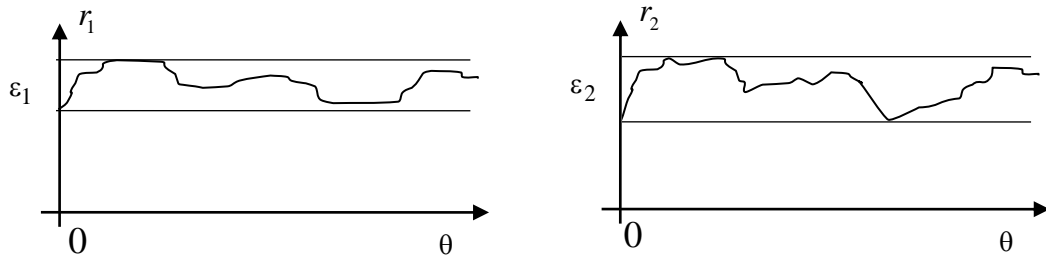


Рисунок 3.13 – Функції першого та другого контурів.

Твердження. Верхня границя похибки перетворення між двома контурами  $C_1$  та  $C_2$  рівна

$$\varepsilon_T = \varepsilon_{C_2} + T^r \varepsilon_{C_1}. \quad (3.5)$$

Доведення.

За означенням похибка перетворення рівна  $\varepsilon_T = C_2 - T^r(C_1)$ .

Перетворення  $T^r$  [90] можна визначити так:

$$T^r(x, y) = \left( \frac{b_2 - a_2}{b_1 - a_1} (x - a_1) + a_2; \varphi_{21}^k(x') \right), \quad (3.5)$$

де  $x' = \frac{b_2 - a_2}{b_1 - a_1} (x - a_1) + a_2$  – абсциса,  $\varphi_{21}^k(x')$  – ордината. На рисунках 3.13 зображено

сегмент першого контура, який апроксимований функцією  $\varphi_{11}^k(x)$  і сегмент другого контура, який апроксимований функцією  $\varphi_{21}^k(x')$ .

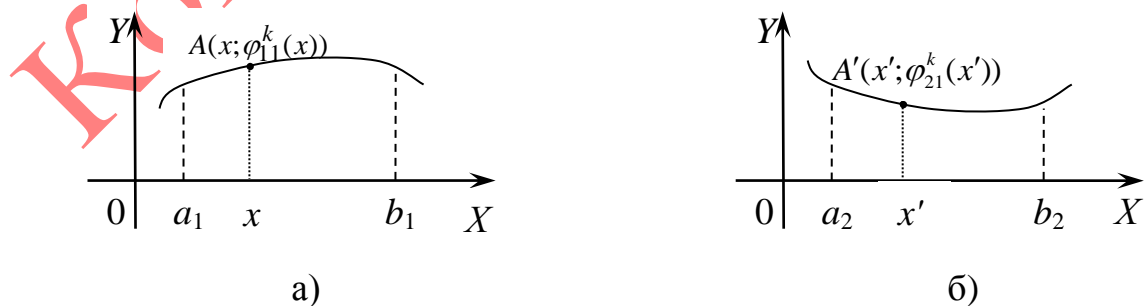


Рисунок 3.14 – Приклади сегментів двох контурів: сегмент першого контуру(а), сегмента другого контуру(б).

Визначимо похибку  $\varepsilon_T$  через похибки складових. Вона рівна  $\varepsilon_T = \varepsilon_{C_2} + \varepsilon_{T^r} C_1 + T^r \varepsilon_{C_1} + \varepsilon_{T^r} \varepsilon_{C_1}$ . Оскільки  $\varepsilon_{T^r} \ll \varepsilon_{C_2}$  і  $\varepsilon_{T^r} \ll \varepsilon_{C_1}$  то вираз для  $\varepsilon_T$  матиме вигляд  $\varepsilon_T = \varepsilon_{C_2} + T^r \varepsilon_{C_1}$ , що й треба було довести.

Приведемо алгоритм визначення похибки перетворення контурів.

Алгоритм визначення похибки перетворення типу «контур – контур»:

1) Для двох заданих зображень  $Im_1$  і  $Im_2$ , використавши алгоритм проходження контуром “Backwand contour tracing” [86], отримуємо контури, тобто множини точок  $C_1$  і  $C_2$ , які без розривів товщиною в один піксель представляють зовнішні границі зображень.

2) В отриманих зв’язних контурах  $C_1$  і  $C_2$  ( $C_1 \rightarrow r_1(\theta)$ ,  $C_2 \rightarrow r_2(\theta)$ ) виділимо характерні точки на основі таких критеріїв: а) зміни знаку кутових коефіцієнтів сусідніх елементарних відрізків; б) максимального значення коефіцієнту середньої кривизни на проміжку випуклості або вгнутості; в) границі зміни кута між елементарними відрізками, тобто отримуємо незв’язні контури  $C'_1$ ,  $C'_2$ .

3) Для знайдених двох масивів контурів  $C'_1$ ,  $C'_2$ , де  $C'_1 = \{C'_{10}, C'_{11}, \dots, C'_{1n}\}$ ,  $C'_2 = \{C'_{20}, C'_{21}, \dots, C'_{2m}\}$ , проводимо апроксимацію з використанням сплайнового наближення кривими  $r_\alpha = r(\theta, \alpha)$ ,  $\theta \in [0, T]$ , де  $T = 2\pi$  – період обходу функції. Параметр  $\theta$  задає положення точки  $r(\theta, \alpha)$  на кривій, а вектор параметрів  $\alpha \in A$  визначає конкретну криву у класі поліноміальних функцій.

Наближення відшукується у вигляді  $P(\theta) = \sum_{i=0}^n a_i \theta^i$ ,  $i \leq 3$ , тобто обмежуємося поліномами не більше третього степеня. Для всіх точок  $\theta \in [0, T]$  повинна виконуватися умова  $|r(\theta) - P(\theta)| \leq \varepsilon$ .

Для кожного контура  $r'_1$ ,  $r'_2$  необхідно знайти кількість сегментів при заданій похибці апроксимації

$$r'_1 = \bigcup_{j=1}^l \left\{ \left( \theta, \sum_{i=1}^n a_{ij} \theta_j^i \mid \theta_j \in [0, 2\pi] \right) \right\}, \text{ де } a_{ij}, \theta_j \in R, n \leq 3.$$

$$r'_2 = \bigcup_{j=1}^m \left\{ \left( \theta, \sum_{i=1}^n a_{ij} \theta_j^i \mid \theta_j \in [0, 2\pi] \right) \right\}, \text{ де } a_{ij}, \theta_j \in R, n \leq 3.$$

Для кожного контура  $r'_1, r'_2$  похибка апроксимації рівна:  $|r'_1(\theta) - P(\theta)| \leq \varepsilon_1$  та  $|r'_2(\theta) - P(\theta)| \leq \varepsilon_2$  і відповідно отримується різна кількість сегментів  $l$  і  $m$ .

Для проведення перетворення контурів необхідно щоб  $l = m$ . Кількість сегментів на контурі зростає, в якого похибка апроксимації більша.

4) У випадку, коли  $\varepsilon_1 + \varepsilon_2 \geq \varepsilon_T$  необхідно зменшити похибки апроксимації контурів.

Якщо  $\varepsilon_1 > \varepsilon_2$  збільшуємо кількість апроксимуючих кривих контура  $C'_1$  і коли  $\varepsilon_1 < \varepsilon_2$  аналогічні дії проводимо для  $C'_2$ .

5) Здійснюємо перетворення сегментів контуру  $C'_1$  у відповідні сегменти контуру  $C'_2$  (3.5).

б) Похибку перетворення знаходимо, використовуючи вираз.

В якості тестової вибірки було обрано більше 100 цитологічних зображень з мікрооб'єктами різної форми. Для проведення процесу перетворення двох мікрооб'єктів, необхідно виконати ряд операцій попередньої обробки. На першому етапі проводимо сегментацію вхідного зображення за допомогою алгоритму на основі попередніх розміток. На другому етапі, використавши алгоритм проходження контуром "Backwand contour tracing" [86], отримуємо контури виділених мікрооб'єктів. Приклад вхідного зображення після попереднього оброблення та виділених мікрооб'єктів наведено на рисунку 3.15.

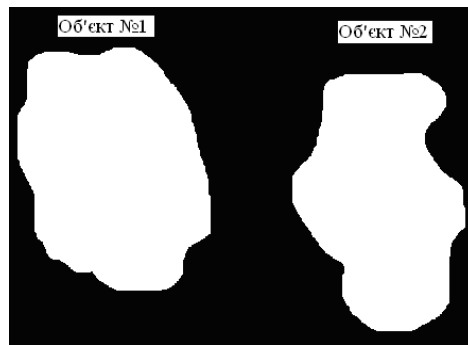


Рисунок 3.15 – Виділені мікрооб'єкти

Для проведення апроксимації знаходиться масив характерних точок, на основі якого проводиться наближення контурної функції кривими першого, другого та третього порядків з врахуванням максимально допустимої похибки апроксимації. Якщо похибка окремого апроксимуючого відрізка більша за допустиму, то дана частина контуру розбивається на дві однакові частини і проводиться повторна спроба апроксимації. Якщо похибка окремих апроксимуючих відрізків менша за задане експертом значення, то прирівнюємо кількість апроксимуючих відрізків для двох мікрооб'єктів. На останньому етапі, на основі отриманих апроксимуючих відрізків, знаходимо коефіцієнти перетворення типу «контур – контур».

На рисунку 3.16 відображено приклад апроксимації функції двох контурів мікрооб'єктів, а також приклад порівняння результатів проведеного перетворення.

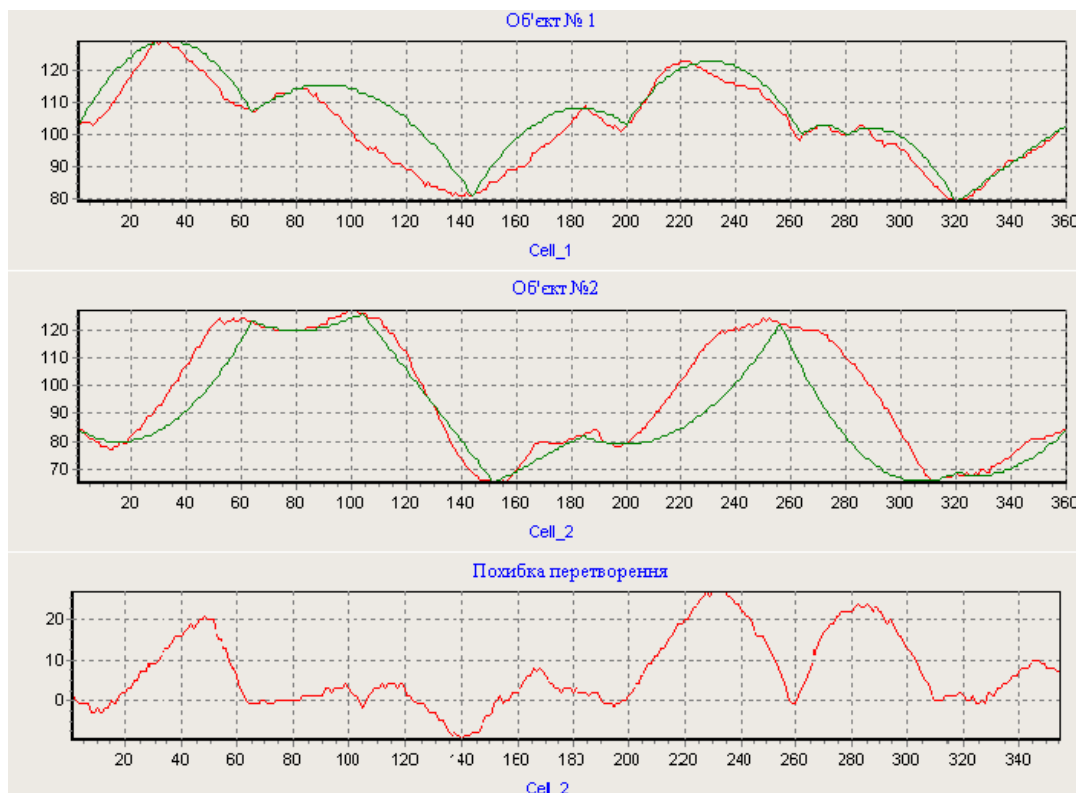


Рисунок 3.16 – Апроксимація контурів та похибка перетворення типу «контур - контур».

На рисунку 3.16 показано, що максимальна похибка перетворення буде тоді, коли похибки відповідних апроксимуючих відрізків є максимальними.

У таблиці 3.3 наведено результати експериментальних досліджень вибірки зображень, похибки перетворення в яких були максимальними.

Таблиця 3.3 – Похибки перетворення типу «контур – контур»

Номер експерименту	Макс. похибка 1-ої кривої, (піксел)	Макс. похибка 2-ої кривої, (піксел)	Макс. похибка перетворення, (піксел)
1	11	30	27
2	9	10	9
3	3	9	8
4	14	20	18
5	19	15	15
6	13	15	15
7	21	30	27
8	12	10	11
9	8	9	8



### 3.3.3 Алгоритми перетворення областей зображень із заданою похибкою

Постановка задачі:

Нехай задані зображення  $Im_1$  та  $Im_2$ . Представимо їх у вигляді:

$$Im_i = C_i \cup O_i, \quad i = \overline{1,2},$$

де  $C_i$  – контур,  $O_i$  – внутрішня область.

Згідно теореми Жордана [125] для замкнутих областей існує перетворення, яке перетворює одну область в іншу область, тобто  $O_2 = Q(O_1)$ , де  $Q$  – ідеальне перетворення області  $O_1$  в область  $O_2$ . Реальне перетворення  $Q^r$  знаходиться над апроксимованими областями  $O'_1$  і  $O'_2$  за допомогою виразу  $O'_2 = Q^r(O'_1)$ . Похибку перетворення будемо визначати як площу  $S$  симетричної різниці областей  $O_2$  і  $O'_2$ , тобто  $\delta_T = S(O_2 \Delta Q^r(O_1))$ .

Необхідно знайти складові похибки перетворення  $\delta_T$ .

Для двох заданих зображень  $Im_1 = C_1 \cup O_1$  та  $Im_2 = C_2 \cup O_2$  області  $O_1$  та  $O_2$  є замкненими обмеженими областями на площині  $\mathbf{R}^2$ . Контури  $C_1$  і  $C_2$  є межами областей  $O_1$  та  $O_2$ , тобто  $C_1 = \partial O_1$ ,  $C_2 = \partial O_2$ . Як відомо [20], скелет області визначається так:  $D \in O; pr(D) = \{D' \in \partial O \mid |D' - D| = \inf_{D'' \in \partial O} |D'' - D|\}$ ,  $D'' \in \partial O$ . Тоді цю множину називають метричною проекцією точки  $D$ .

Для евклідової метрики використовується таке означення скелета:

$$sk(O) = \{C' \in \partial O \mid \exists D \in O \text{ та } pr(D) = C'\}.$$

Точка належить скелету, якщо вона є центром максимально вписаного в область круга. Використаємо не евклідову метрику, а  $l_\infty$  метрику, тобто метрику, що задана формулою  $|A - B| = \max\{|x_1 - x_2|, |y_1 - y_2|\}$ , де  $(x_1, y_1)$  – координати т.  $A$ ,  $(x_2, y_2)$  – координати т.  $B$ .

Для  $l_\infty$  метрики точка належить скелету якщо вона є центром максимально вписаного в область квадрата зі сторонами, паралельними координатним осям.

Як показано в роботі [102], що у випадку кусково-лінійної межі області її скелет також є кусково-лінійним. Крім цього доведено, що якщо область є однозв'язною, то її скелет є деревом. Звідси випливає, що скелет в даному випадку є скінченим об'єднанням відрізків.

Підсумовуючи вище приведені міркування, можна сказати, що для однозв'язних областей скелет є деформаційним ретрактом області, тобто  $O \rightarrow sk(O)$ . Скелет є графом без циклів, тобто його можна представити у вигляді  $sk(O) = (V, E)$ , де  $V$  – множина вершин, а  $E$  – множина гілок.

Перетворення типу «область – область»  $O_1 \rightarrow O_2$  зведемо до перетворення скелетів  $sk(O_1) \rightarrow sk(O_2)$ .

Заміна областей скелетами дає змогу перейти від двомірного до одномірного перетворення. Це спрощує задачу перетворення, але приводить до появи похибки відтворення області за її скелетом. В загальному випадку скелетизація – це некоректна задача [133]. Початковий скелет кожної області є зашумленим. Тому постає задача видалення шумових гілок.

У статті [102] введено поняття  $\varepsilon$ -скелету і показано, що  $\varepsilon$ -скелетом називається скелет, для якого виконується умова:

$$sk_{\varepsilon}(O) = \{x \in \text{Int}O \mid \text{diam } pr(x) \geq \varepsilon\},$$

$$pr(x) = \left\{ y \in \partial O \mid |x - y| = \min_{y' \in O} |x - y'| \right\}.$$

Початковий скелет розкладається на  $\varepsilon$ -скелети, тобто  $sk(O) = \bigcup_{i=1}^n sk_{\varepsilon_i}(O)$ .

Представимо скелет області у вигляді  $sk(O) = (V, E, W)$ , де  $W$  – множина ваг гілок скелету. Дана множина  $W = \{\varepsilon_1, \varepsilon_2, \dots, \varepsilon_n\}$  складається з  $\varepsilon_i$  ваг точок гілок  $e_i \in E$ .

При розкладі початкового скелета  $sk(O)$  на  $\varepsilon$ -скелети справедливо

$$sk(O) \supset sk_{\varepsilon_1}(O) \supset sk_{\varepsilon_2}(O) \supset \dots \supset sk_{\varepsilon_n}(O),$$

тобто кожен наступний скелет є підграфом початкового графа. Ця операція відсікання гілок називається «обрізанням» початкового скелета.

Нехай  $\delta_{sk(O)}$  – похибка відтворення області  $O$  за її скелетом. Тоді «обрізання» гілок скелету проводимо до виконання умови  $S(sk(O), sk_\varepsilon(O)) \leq \delta_{sk(O)}$ , де  $S$  – площа симетричної різниці між початковою областю  $O$  та областю  $O'$ , відтвореною за допомогою  $\varepsilon$ -скелета. З кожною точкою  $k \in sk(O)$  зв'язаний максимальний порожній квадрат області  $O(k) = \{o : d(o, k) \leq a(k)\}$ , де  $a(k)$  – сторона квадрата з центром в точці  $k$ .

Об'єднання  $O_{sk} = \bigcup_{k \in sk(O)} O(k)$  – множина максимально порожніх квадратів з центрами на гілках скелету  $sk(O)$ , яка співпадає із самою областю  $O$ .

Для оцінки похибки перетворення між областями  $O_1 \rightarrow O_2$  використаємо симетричну різницю:  $\delta_T = S(O_2 \Delta Q^r(O_1))$  і  $\delta_{O_1}$ ,  $\delta_{O_2}$  – похибки відтворення областей  $O_1$  та  $O_2$  за їх скелетами. При цьому справедливе таке твердження.

Твердження. Верхня границя похибки перетворення між двома областями рівна:  $\delta_T \approx \delta_{O_1} + \delta_{O_2}$ .

Доведення.

За означенням похибка перетворення рівна  $\delta_T = S(O_2 \Delta Q^r(O_1))$ . Представимо її у вигляді  $\delta_T = O_2 \setminus Q^r(O_1) \cup Q^r(O_1) \setminus O_2$ . Обчислимо відносну похибку симетричної різниці. Вона рівна :

$$\delta_T = \delta_{O_2} + \delta_{Q^r} \delta_{O_1} + \delta_{Q^r} \delta_{O_1} + \delta_{O_1} = \delta_{O_1} + \delta_{O_2} + 2\delta_{Q^r} \delta_{O_1}.$$

Оскільки  $\delta_{Q^r} \ll \delta_{O_1}$  то  $\delta_T \approx \delta_{O_1} + \delta_{O_2}$ .

Алгоритм визначення похибки перетворення типу «область – область»

Алгоритм визначення похибки перетворення типу «область – область», використовуючи запропонований метод перетворення областей на основі перетворень скелетів представимо у вигляді послідовності таких кроків:

1. Представимо контури зображень  $Im_1$  і  $Im_2$  в полярній системі координат  $C_1 \rightarrow r_1(\theta)$ ,  $C_2 \rightarrow r_2(\theta)$ .
2. Апроксимуємо знайдені контури кусково-лінійними функціями

$$C_i = \bigcup_{j=1}^n \{ \theta, a_j \theta + b_j \mid \theta \in [0, T] \}, \quad a_j, b_j, \theta \in \mathbb{R}, \quad i = \overline{1, 2}$$

із заданими похибками апроксимації контурів  $\delta_{C_1}$ ,  $\delta_{C_2}$ .

3. Використовуючи алгоритми, які розроблені в статтях [90, 102] знайдемо скелети областей  $sk_1(O_1)$  і  $sk_2(O_2)$  в  $l_\infty$  метриці.

4. Представимо отримані скелети у вигляді  $sk_1(O_1) = (V_1, E_1, W_1)$ ,  $sk_2(O_2) = (V_2, E_2, W_2)$ .

5. На основі введених множин ваг точок гілок скелетів  $W_1$  та  $W_2$ , проводимо регуляризацію скелетів.

6. Оцінюємо похибки відтворення скелетів областей  $\delta_{O_1}$  та  $\delta_{O_2}$ .

7. Знаходимо похибку перетворення  $\delta_T = \delta_{O_1} + \delta_{O_2}$ .

В свою чергу похибка відтворення області рівна сумі похибки апроксимації контура області  $\delta_C$  і похибки відтворення за допомогою скелета апроксимованої області  $\delta_{sk(O)}$ , тобто:  $\delta_O = \delta_C + \delta_{sk(O)}$ .

Експериментальні дослідження.

Для знаходження похибки перетворення типу «область – область» програмно реалізовано ряд розроблених алгоритмів: алгоритм апроксимації контуру із заданою похибкою апроксимації, алгоритм виділення скелету, алгоритм «обрізання» малоінформативних гілок скелету на основі критеріїв втрати площі та периметру, алгоритм обчислення похибки перетворення типу «область – область» та ряд інших допоміжних алгоритмів. Для проведення експериментів були використані цитологічні зображення, отримані в Тернопільському державному університеті ім. І. Я. Горбачевського.

Для визначення функції перетворення та обчислення похибки перетворення типу «область – область» необхідно виконати такі кроки: завантажити вхідне цитологічне зображення та провести попереднє оброблення, за допомогою алгоритму сегментації на основі попередніх розміток виділити мікрооб'єкти на вхідному зображенні, визначити контурні функції мікрооб'єктів за допомогою алгоритму проходження контуром з

можливістю зворотного ходу, провести апроксимацію контурів мікрооб'єктів із заданою похибкою. Приклад виділених мікрооб'єктів приведено на рисунку 3.17.

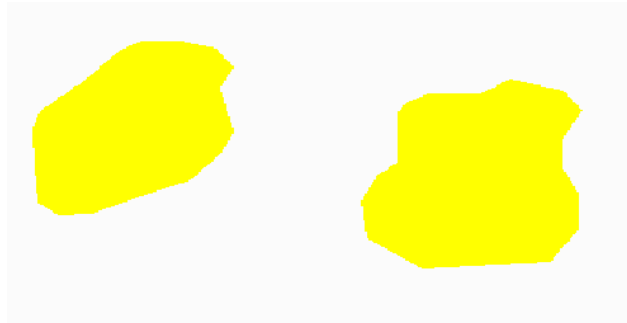


Рисунок 3.17 – Приклад виділення та апроксимації контурів двох мікрооб'єктів

На наступному етапі здійснено обчислення координат точок, що належать скелетам відповідних мікрооб'єктів. Оскільки скелетизація проводиться над мікрооб'єктами представленими у цифровому форматі, тому отриманий скелет містить незв'язні між собою частини, містить “діри”, та велику кількість надлишкових точок, що приводить до утворення великої кількості малоінформативних віток. Приклад виділення скелетів наведено на рисунку 3.18. Для усунення даного недоліку використано морфометричні операції дилатації та ерозії, що дозволило отримати скелети мікрооб'єктів товщиною гілки в один піксел.

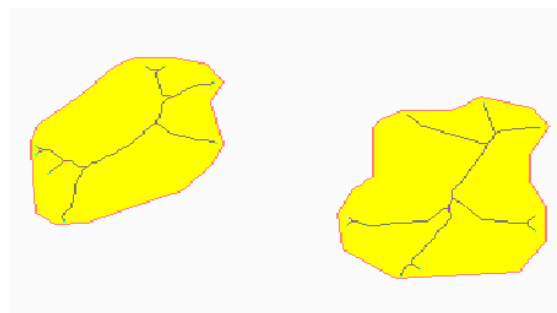


Рисунок 3.18 – Приклад виділених скелетів товщиною гілки в один піксел

Після застосування морфометричних операцій залишаються малоінформативні гілки скелетів, які необхідно видалити на основі критеріїв

втрати площі та втрати периметру, що дозволило зменшити складність процесу перетворення не перевищуючи при цьому допустиму похибку.

В результаті проведення комп'ютерних експериментів було опрацьовано понад 100 цитологічних зображень патологічних клітин долькового раку молочної залози.

Перетворення типу «область – область» були здійснені в афінному [103] і топологічних просторах. Експерименти показали, що похибки перетворення в афінному просторі в 2-3 рази більші за похибки перетворення в топологічному просторі.

Максимальні похибки перетворення типу «область – область» в топологічному просторі приведені в таблиці 3.4.

Таблиця 3.4 – Результати визначення похибок перетворення типу «область – область»

Номер експерименту	Площа першого мікрооб'єкта (піксел)	Площа другого мікрооб'єкта (піксел)	Похибка перетворення типу «область – область»(%)
1	10832	11776	1,81
2	8562	7456	2,03
3	14036	12754	1,58
4	10856	11562	2,38

Узагальнений алгоритм перетворення зображень із заданою похибкою виглядає так:

1. Задаємо максимальну похибку перетворення зображень  $\Delta_m$  і вхідні зображення  $Im_1$  та  $Im_2$ .

2. Представимо вхідні зображення  $Im_1$  і  $Im_2$  у вигляді  $Im_1 = C_1 \cup O_1$ ,  $Im_2 = C_2 \cup O_2$ , де  $C_1, C_2$  – контури, а  $O_1, O_2$  – внутрішні області зображень.

3. Визначаємо похибку перетворення контурів на основі виразу:  

$$\varepsilon_C = \varepsilon_{C_2} + T^r \varepsilon_{C_1}.$$

4. Знаходимо скелети областей  $O_1$  і  $O_2$ :  $sk_1(O_1)$  і  $sk_2(O_2)$ .

5. Використовуючи розроблений алгоритм перетворення областей на основі перетворення їх скелетів, визначасмо похибку перетворення:

$$\delta_R = \delta_{O_1} + \delta_{O_2}.$$

6. Знаходимо похибку перетворення зображень:  $\Delta_I = \delta_R + \varepsilon_C$ .

7. У разі, коли похибка перетворення зображень  $\Delta_I > \Delta_m$ , зменшуємо похибки перетворень контурів  $\varepsilon_C$  і областей  $\delta_R$  відповідно.

Максимальні похибки перетворення областей наведені в таблиці 3.5.

Таблиця 3.5 – Похибок перетворення зображень

Номер експерименту	Макс. похибка перетв. контурів, (%)	Максим. похибка перетворення областей (%)	Максим. похибка перетворення зображень (%)
1	0,02	1,81	1,83
2	0,012	2,03	2,04
3	0,006	1,58	1,59
4	0,016	2,38	2,4

3.4 Порівняння алгоритмів перетворення контурів в афінному та топологічному просторах

Для порівняння роботи алгоритмів перетворення проаналізуємо цитологічне зображення (Рисунок 3.19). Обчислення коефіцієнтів афінних перетворень проводиться для таких алгоритмів: МНК (Таблиця 3.6), трьох точок (Таблиця 3.7) і січних (Таблиця 3.8):

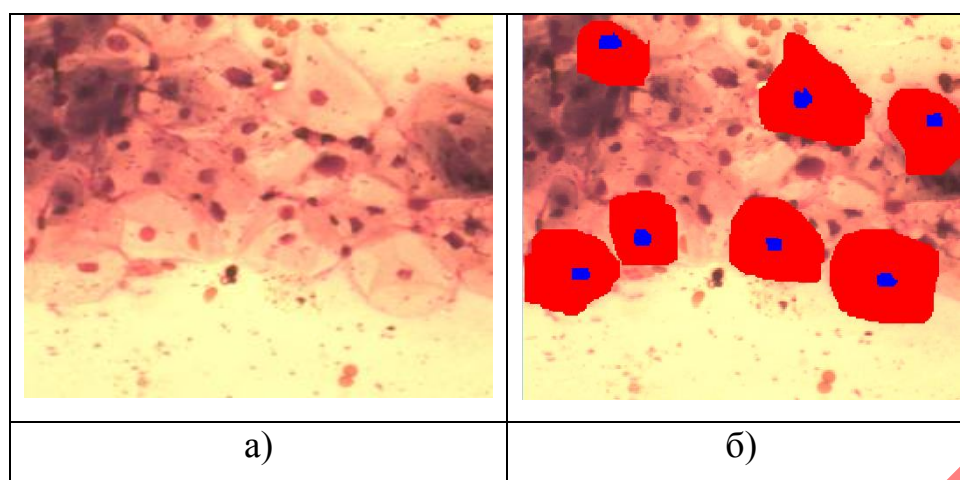


Рисунок 3.19 – Приклад виділення мікрооб’єктів на біомедичному зображенні: вхідне зображення(а), виділені мікрооб’єкти (б).

Таблиця 3.6 – Коефіцієнти афінних перетворень для алгоритму 3-точок

№ Клітини	a	b	c	d	l	m
1	0.94905	1.04479	0.11347	0.00627	-2.1954	2.77948
2	1.05928	-0.22723	0.4693	0.74815	2.12555	4.90837
3	1.0866	0.52369	0.7005	0.38661	0.59601	3.03678
4	0.69593	0.68594	0.93441	0.07061	1.03278	1.62955
5	1.01836	1.11876	0.91284	0.55612	0.19439	3.07004
6	0.94835	-0.08598	0.98022	0.75304	2.20309	0.15025

Таблиця 3.7 – Коефіцієнти афінних перетворень для алгоритму МНК

№ Клітини	a	b	c	d	l	m
1	-1.08813	-0.26454	0.08965	-1.10028	-25.43976	3.91379
2	0.06216	-0.70117	1.02909	-0.0242	25.9067	2.10967
3	-0.74112	0.38231	-0.44183	-0.81728	-16.93997	-13.50732
4	-0.47265	0.01841	0.03326	-0.67817	-14.0557	-7.40498
5	-1.11668	-0.20201	0.03092	-1.04144	-17.57992	-14.04994
6	0.40297	-0.10504	0.25849	0.53374	12.8589	2.95362

Таблиця 3.8 – Коефіцієнти афінних перетворень для алгоритму січних

№ Клітини	a	b	c	d	l	m
1	-1.28714	-0.36433	0.07785	-1.12372	-11.43543	4.11301
2	0.16216	0.10131	1.02142	-0.12542	19.9088	2.40865
3	0.17441	0.45731	-0.49273	-0.86548	-14.937	-14.50663
4	-0.47265	0.01841	0.03326	-0.67817	-14.0557	-7.40498
5	-1.13098	-0.29745	0.14309	-1.36544	-7.57002	-4.04387
6	0.47857	-0.17764	-0.15832	0.44374	10.00159	2.97832



Для перевірки точності отриманих коефіцієнтів афінних перетворень проводиться перевірка похибок в характеристичних точках. Під час тестування обчислювались такі показники:

–  $\Delta_{\min}$  мінімальна відстань між координатами характеристичної точки та відповідної їй точки, отриманої за допомогою коефіцієнтів афінних перетворень;

–  $\Delta_{\max}$  максимальна відстань між координатами характеристичної точки та відповідної їй точки, отриманої за допомогою коефіцієнтів афінних перетворень;

–  $\Delta_{ser}$  середнє значення відхилень в характеристичних точках. Даний параметр обчислюється за формулою:

$$\Delta_{ser} = \frac{\sum_{k=1}^N \delta_k}{N},$$

де  $\delta_k$  - похибка в  $k$ -й характерній точці;

$N$  - кількість характерних точок.

Результати тестувань наведені в таблиці 3.9.

Таблиця 3.9 – Значення похибок у характеристичних точках

Алгоритм	$\Delta_{\min}$	$\Delta_{ser}$	$\Delta_{\max}$
3-точки	5,84	34,2	88,39
МНК	3,43	16,81	45,72
січні	0,21	21,82	145,63

Розглянувши отримані результати можна зробити висновки:

Алгоритм, що базується на алгоритмі трьох точок, має найбільшу мінімальну похибку, що пояснюється неоптимізованим визначенням точок на контурі. Проте даний алгоритм є найшвидшим.

Використання алгоритму, що базується на МНК має найкращий показник середньої похибки. Даний результат досягається завдяки тому, що при обчисленні коефіцієнтів афінного перетворення враховуються всі характерні точки контуру об'єкта.

Алгоритм січних показав найменшу похибку між реальними та обчисленими даними. Проте в окремих випадках похибка перетворення була найбільшою серед запропонованих алгоритмів. Це пояснюється тим, що при обчисленні коефіцієнтів вибираються тільки три точки з масиву характерних точок. Тому ці точки слід вибирати, так, щоб вони давали мінімальну середню похибку.

Для знаходження коефіцієнтів перетворень виду „контур-контур” в топологічному просторі були використані вище описані алгоритми. В результаті обробки зображення були отримані такі дані (Таблиця 3.10):

Таблиця 3.10 – Значення функції перетворень в топологічному просторі

Об'єкти 1-2	Контур C1	Інтервали C1	Функції C1	Контур C2	Інтервали C2	Функції C2	Функція перетворення
	1	[18;16]	$y1=-1,26x+286$	1	[209;203]	$y2=2x-541$	$T=3x+155$
	2	[16;35]	$y1=-0,4x+111$	2	[203;183]	$y2=-1,37x+426$	$T=-1,05x+220$
	3	[35;54]	$y1=-1,81x+276$	3	[183;185]	$y2=13x-3,43E03$	$T=0,0625x+181$
	4	[54;18]	$y1=-0,722x+166$	4	[185;209]	$y2=-1,68x+540$	$T=0,682x+139$
1-3	1	[111;127]	$y1=-0,125x+127$	1	[215;244]	$y2=-0,48x+237$	$T=1,81x+13,8$
	2	[127;19]	$y1=0,8x+81,8$	2	[244;266]	$y2=0,107x+105$	$T=-0,204x+270$
	3	[19;111]	$y1=5,17x-1,17$	3	[266; 215]	$y2=1,37x-145$	$T=-0,613x+278$
1-4	1	[161;126]	$y1=-0,833x+76,8$	1	[179;275]	$y2=-3,88x+794$	$T=-2,74x+621$
	2	[126;101]	$y1=-0,05x+43,5$	2	[275;269]	$y2=-0,6x+191$	$T=0,24x+245$
	3	[101;69]	$y1=0,258x+18,9$	3	[269;249]	$y2=-0,1x+72,7$	$T=0,625x+206$
	4	[69;42]	$y1=-0,48x+99,5$	4	[249;223]	$y2=-1,6x+458$	$T=0,963x+183$
	5	[42; 161]	$y1=0,08x+23,1$	5	[223; 179]	$y2=0,07x+6,71$	$T=0,583x+198$
...	...	...	...	...	...	...	...

Для перевірки точності отриманих коефіцієнтів геометричних перетворень використаємо такі критерії:

–  $\Delta_{\min}$  мінімальна відстань між координатами точки кінця апроксимуючого відрізка та відповідної їй точки, отриманої за допомогою коефіцієнтів геометричних перетворень;

–  $\Delta_{\max}$  максимальна відстань між координатами точки кінця апроксимуючого відрізка та відповідної їй точки, отриманої за допомогою коефіцієнтів геометричних перетворень;

–  $\Delta_{ser}$  середнє значення відхилень в точках, що відповідають кінцям апроксимуючих відрізків. Даний параметр обчислюється за формулою:

$$\Delta_{ser} = \frac{\sum_{k=1}^N \delta_k}{N},$$

де  $\delta_k$  - похибка в  $k$ -й характерній точці;

$N$  - кількість характерних точок.

Результати тестувань наведені в таблиці (Таблиця 3.11).

Таблиця 3.11 – Значення похибок для перетворення виду „контур-контур”

№ об'єктів	$\Delta_{\min}$	$\Delta_{ser}$	$\Delta_{\max}$
1 → 2	0	0,022	1,09
1 → 3	0,002	0,044	1,24
1 → 4	0	0,012	0,89
1 → 5	0,01	0,081	1,38
1 → 6	0,003	0,05	0,96
1 → 7	0	0,01	0,71

Як видно з отриманих результатів перетворення контурів в топологічному просторі мають більшу точність. Це легко пояснити, оскільки під час перетворень контур описується не як три точки, а як послідовність апроксимуючих прямих. Невеликі похибки, що були отримані під час тестування можна пояснити похибками округлення під час проведення математичних обчислень (Рисунок 3.20).

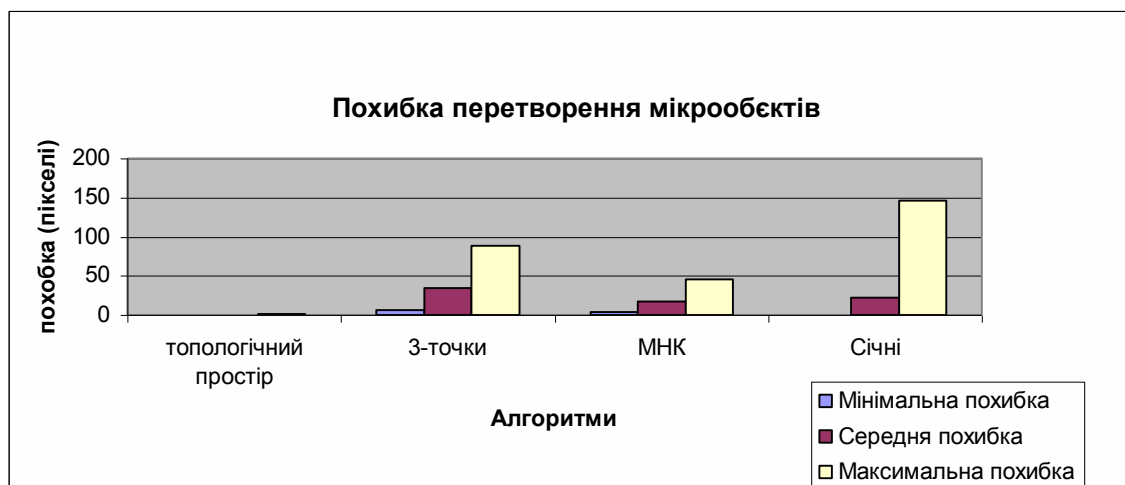


Рисунок 3.20 – Порівняння значень похибок перетворення типу „контур-контур” для різних алгоритмів

Отримані результати перетворення показали доцільність використання саме топологічного простору для перетворення складних контурів, проте зростає складність алгоритмів контурного аналізу для отримання коефіцієнтів перетворень.

Проведемо порівняння результатів точності відтворення площі об'єктів. Під площею будемо вважати частину зображення, яку буде описувати відтворений контур. За еталонне значення площі об'єкта візьмемо значення площі об'єкта з лінійно-апроксимованим контуром (Рисунок 3.21).

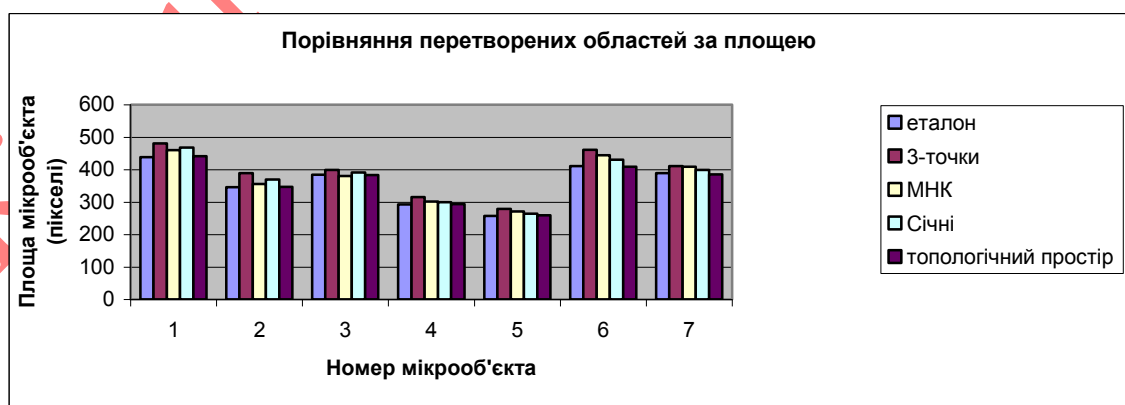


Рисунок 3.21 – Порівняння значень площі для відображених областей при різних алгоритмах

Отримані значення показали, що похибка перетворення в топологічному просторі є незначною  $\Delta_{top} = [1;4]$ . Її можна пояснити похибкою округлення під час математичних обчислень. Похибки алгоритмів визначення коефіцієнтів геометричних перетворень в афінному просторі є набагато суттєвішими  $\Delta_{afn} = [10;43]$ . Проте слід зазначити, що за еталонну область було прийнято, область з кусково-лінійно апроксимованим контуром, що в деякій мірі збільшило точність отриманих результатів в афінному просторі. Результати тестувань підтвердили думку, що для перетворення об'єктів доцільніше використовувати топологічний простір.

Однією з переваг використання афінного простору є обсяги пам'яті, що необхідні для зберігання даних для проведення перетворення. Під час використання афінного простору необхідно зберігати лише інформацію про шість коефіцієнтів. При використанні топологічного простору обсяги необхідної пам'яті залежать від кількості сегментів контуру (для перетворення виду „контур-контур”) та кількості віток (для перетворення виду „область-область”). На рисунку 3.22 можна побачити різницю в необхідних обсягах пам'яті.

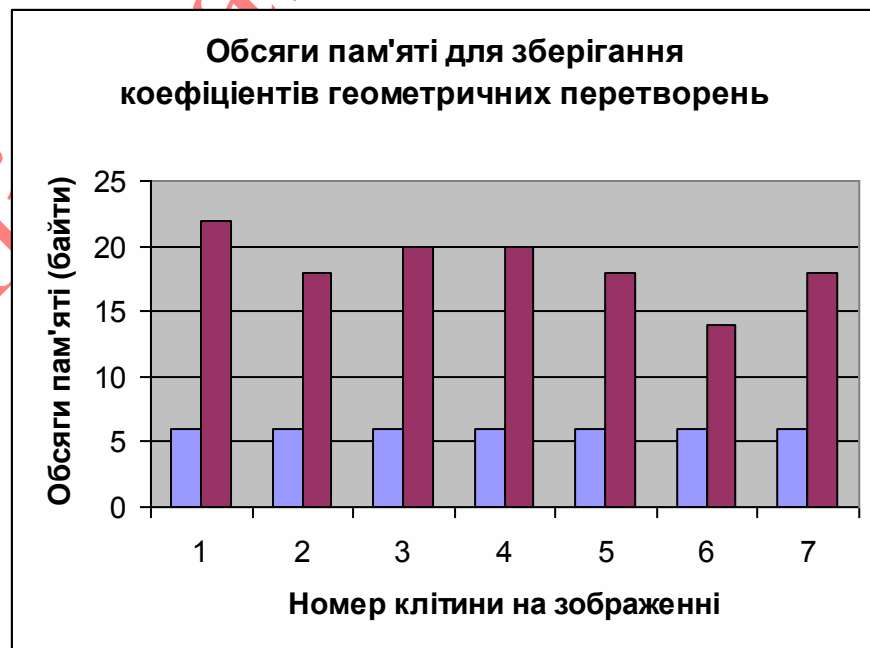


Рисунок 3.22 – Затрати пам'яті для зберігання коефіцієнтів перетворень

До переваг перетворень в афінному просторі виду „контур-контур” та „область-область” слід віднести високу швидкодію та невеликі обсяги пам’яті для зберігання коефіцієнтів афінних перетворень. До недоліків: низьку точність отриманих результатів, що можна пояснити тим, що трьох точок не завжди достатньо для опису контуру.

До переваг в топологічному просторі слід віднести високу точність отриманих результатів. До недоліків складність алгоритмів перетворень та необхідність відповідного опису мікрооб’єктів (вирівнювання кількості сегментів у відповідних контурах, знаходження відповідних ребер в скелетах мікрооб’єктів).

### Висновки до розділу 3

Запропоновано алгоритм виділення мікрооб’єктів на біомедичних зображеннях на основі нарощування ядер, що дозволило виділяти до 95% клітин при автоматичній сегментації, зменшити впливу шумів на результати виділення, на 10-15% збільшити кількість правильно виділених клітин відносно відомих аналогів (Motic);

Отримав подальший розвиток алгоритм відсікання малоінформативних ребер скелету на основі критерію втрати площі та критерію втрати довжини контурної лінії. Використання даного алгоритму дозволило зменшити обсяги пам’яті для опису скелету та збільшити швидкодію аналізу цитологічних зображень.

Отримані результати показали більшу доцільність використання для перетворення складних об’єктів топологічного простору, оскільки точність перетворень виду "контур-контур" та "область-область" є більшою.

## РОЗДІЛ 4. ПРОГРАМНІ КОМПОНЕНТИ СИСТЕМИ АВТОМАТИЗОВАНОЇ МІКРОСКОПІЇ

### 4.1 Структура програмної системи

Для написання програмного засобу для проведення тестування використовувалось програмне середовище Borland Delphi 7.0. Програмне середовище – це комплекс програмних засобів, що дозволяють реалізувати принципи швидкого програмування програм RAD (Rapid Application Development). Дане середовище має ряд переваг, зокрема:

- широкі можливості по написанню, компіляції та відлагодженню програмних засобів;
- зручний та інтуїтивний інтерфейс (головне вікно);
- наявність додаткових вікон, для пришвидшення роботи з програмним кодом (інспектор об'єктів, дерево об'єктів тощо);
- великий набір компонент та інструментів;
- наявність компонент для роботи з графікою;
- можливість підключення додаткових бібліотек та компонентів;
- можливість створення консольних та діалогових програмних засобів;
- наявність бази підказок та файлів з додатковою інформацією про команди середовища та компоненти.

Для роботи програми необхідна робоча станція на базі операційної системи Windows. Ця операційна системи має такі переваги:

- широка розповсюдженість операційних системи сімейства Windows;
- велика кількість користувачів, що мають навички роботи з даною системою;
- наявність програмних засобів для проведення додаткової обробки зображення перед завантаженням в програму аналізу;
- інтуїтивність та зручність роботи в операційній системі.

Назва та область застосування програмного засобу. Система автоматизованої мікроскопії “MorphoSys” В системі реалізований повний комплекс необхідний для проведення досліджень, починаючи від отримання зображень, закінчуючи виводом статистичної інформації у зручному для користувача вигляді. Концепція автоматизації процесів реалізована шляхом можливості проходження деяких процесів без втручання оператора, а саме виділення мікрооб’єктів, обчислення характерних ознак та формування звітів тощо.

Розроблена система призначена для проведення морфометричних (цитологічних та гістологічних) досліджень цифрових біомедичних зображень в медичних закладах та лабораторіях. Розроблена система може функціонувати як самостійний програмний засіб так і взаємодіяти з іншими програмними продуктами, наприклад, MS Excel. Для взаємодії з зовнішніми апаратними пристроями використовується стандарт TWAIN, що дозволяє використовувати більшість сучасних периферійних пристроїв.

Функціональні можливості системи:

- калібрування та встановлення параметрів роботи системи
- отримання вхідних зображень як зі сховищ даних так і за допомогою відеореєструючої апаратури (фото та відеокамери, сканери);
- проведення попередньої обробки зображення (корекція яскравості, контрасту, виділення полів інтересу, масштабування тощо );
- виділення мікрооб’єктів в трьох режимах роботи: ручному, автоматизованому, автоматичному;
- обчислення характерних ознак мікрооб’єктів (площа, периметр, ядерно-цитологічний індекс тощо);
- проведення додаткової статистичної обробки (обчислення середнього, мінімального, максимального значень, визначення закону розподілу тощо);
- формування звітів у зручному для перегляду форматі (текстовий, табличний, діаграми);



- зберігання отриманих результатів у електронній базі даних або вивід на друк.

Структурна схема системи автоматизованої мікроскопії. Проведена класифікація та аналіз існуючих структур САМ дає можливість побудувати дерево І-АБО для вибору структури в залежності від заданих функцій і характеристик (рисунок 4.1) (дугами позначено ребра, що виходять з вершин І). Проектування системи вимагає визначення області її застосування, кратності збільшення для конкретного медичного дослідження, розмірів мікрооб'єктів інтересу та рівня автоматизації.

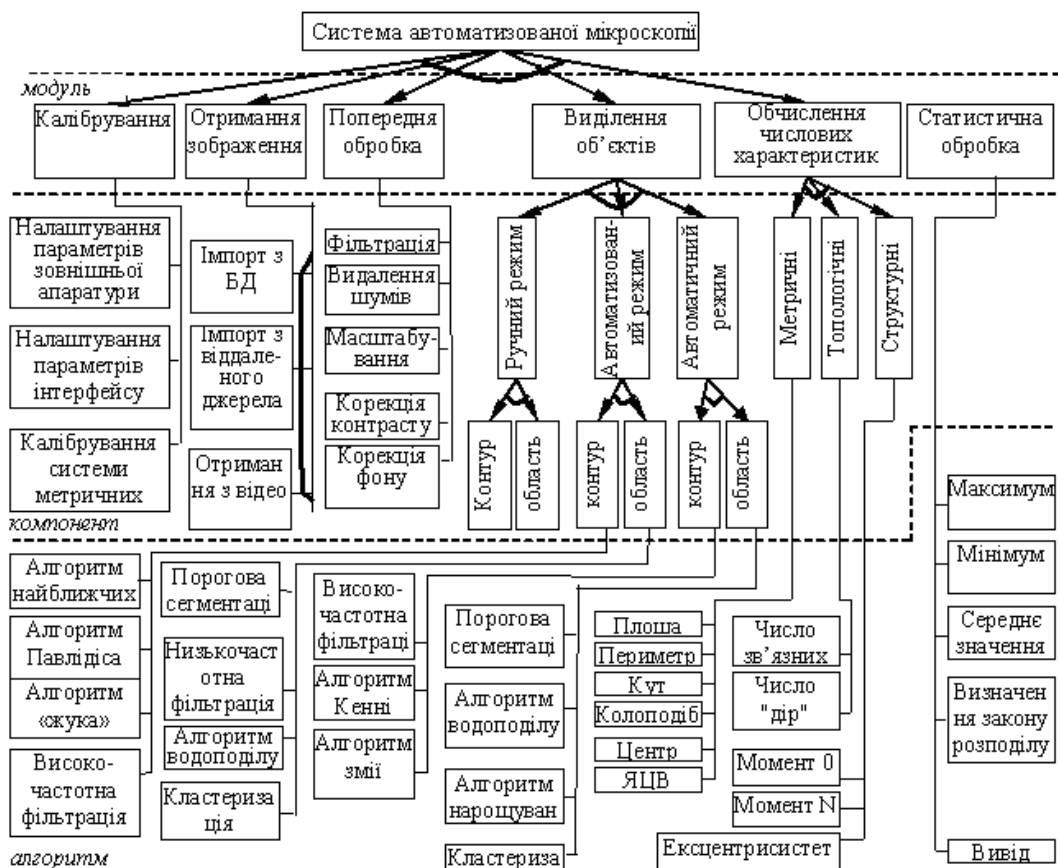


Рисунок 4.1 – Дерево І-АБО для формування альтернативних структур системи автоматизованої мікроскопії.

Серед основних функцій системи є такі:

Калібрування, включає основні можливості налаштування параметрів роботи системи (інтерфейсу користувача, інтерфейсу з периферійними

пристроями та зовнішнім програмним забезпеченням, метричних відношень тощо). Відсутність даного вузла може призвести до отримання хибних результатів (метричні відношення), збоїв при отриманні/передачі даних з зовнішніх пристроїв чи програмних засобів, дискомфортна робота з програмним продуктом. Складність реалізації – вище середньої, цінова вартість – висока.

Отримання зображень – дозволяє отримувати дані з запам'ятовуючих пристроїв або з відеореєструючої апаратури. Даний вузол повинен бути в системі обов'язково. Складність реалізації – середня, цінова вартість – не висока.

Редагування зображень – включає основні можливості редагування вхідного зображення без зміни інформативності (копіювання, інверсія, зміна кольорового базису тощо). Відсутність даного вузла може вплинути на зручність роботи з програмним продуктом, проте його відсутність є допустимою. Складність реалізації – середня, цінова вартість – не висока.

Попередня обробка – включає основні можливості редагування вхідного зображення пов'язані з виділенням (підкресленням) інформативних частин зображення (фільтрація, видалення шумів, корекція гама, яскравості, тощо). Відсутність даного вузла може вплинути на результати роботи системи та збільшити складність обробки даних. Відсутність даного вузла є можливою при умові високого аналізу зображень високої якості. Складність реалізації – висока, цінова вартість – висока.

Виділення мікрооб'єктів – дозволяє виділити мікрооб'єкти в полі зору. Проводиться в трьох режимах: ручний (виконується тільки оператором), автоматизований (система працює самостійно, проте оператор встановлює початкові параметри та проводить навчання), автоматичний (система працює самостійно). Даний вузол повинен бути в системі обов'язково. Складність реалізації – висока, цінова вартість – висока.

Обчислення числових характеристик – обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів. На сьогоднішній день існує багато

характеристичних ознак, проте при аналізі гістологічних (цитологічних) зображень використовується тільки частина з них (площа, периметр, ЯЦВ, центр об'єкта тощо). Даний вузол повинен бути в системі обов'язково. Складність реалізації – висока, цінова вартість – висока.

Статистична обробка – дозволяє отримати додаткові дані на основі аналізу характеристичних ознак. Може виконуватись як внутрішніми засобами системи так і з використанням зовнішнього програмного забезпечення. Використання математичних апаратів спеціалізованих зовнішніх програмних засобів є ефективним та дозволяє зменшити складність системи. Даний вузол може бути відсутнім, проте це може вплинути на якість вихідних даних. Складність реалізації – середня, цінова вартість – не висока.

Вивід даних – дозволяє виводити отримані дані у зручному для користувача форматі. Даний вузол повинен бути в системі обов'язково. Складність реалізації – висока, цінова вартість – висока.

Серед компонент системи автоматизованої мікроскопії присутні:

Налаштування параметрів зовнішніх апаратних засобів – даний модуль забезпечує встановлення параметрів взаємодії програмної складової системи з зовнішніми апаратними пристроями (принтерів, сканерів, відеореєструючою апаратурою, носіями інформації тощо).

Налаштування параметрів інтерфейсу програми – даний модуль відповідає за встановлення параметрів роботи самого програмного середовища (підключення/відключення робочих модулів, встановлення параметрів роботи алгоритмів при обробці даних, встановлення розміру, кольору, формату шрифтів, вибір робочої мови тощо).

Калібрування системи метричних відношень – модуль забезпечує калібрування метричних відношень в системі. Калібрування проводиться з метою відображення результатів роботи програми в реальних одиницях (міліметри, мікрометри, нанометри тощо), а не у відносних одиницях (пікселях). Калібрування проводиться за допомогою об'єкт-мікрометра, сітки або шляхом вибору відповідних відношень серед наданих розробником. При

метричних дослідженнях процедура калібрування відіграє одну з ключових ролей.

Калібрування системи не проводиться – програмна складова системи працює з параметрами встановленими розробниками. Внесення змін в параметри роботи системи неможливе.

Завантаження існуючих зображень – функція забезпечує ввід вхідного зображення з запам'ятовуючого пристрою.

Отримання файлу з відеореєструючої апаратури – зображення отримується за допомогою фото- чи відеокамери та передається через відеоадаптер. Дана функція забезпечує отримання даних в інтерактивному режимі, що дозволяє оперативно проводити аналіз даних.

Отримання з буферу – зображення отримується з буферу обміну інформації, що дозволяє аналізувати зображення отримані за допомогою інших програмних засобів.

Отримання з віддаленого джерела – дані поступають з віддаленого джерела. Дана функція дозволяє аналізувати дані, що були зроблені за допомогою іншого програмно-апаратного комплексу, але файл даних має супроводжуватись додатковою інформацією для коректного аналізу (дані для проведення калібрування системи).

Імпорт з власної БД – обробка структурованих даних, що зберігаються у власній базі даних системи. Функція використовується для аналізу змін в серії зображень.

Імпорт з зовнішньої БД – обробка структурованих даних, що зберігаються у зовнішній базі даних системи.

Виділення частини зображення – обмеження частини зображення для подальшого аналізу, відмінне від поля зору (інколи може співпадати).

Копіювання частини зображення – виділення частини зображення з занесенням в буфер обміну для подальшого опрацювання.

Видалення частини зображення – заміна частини зображення фоном або зображенням, що заміняє фон.

Поворот зображення джерела – зміна розташування зображення на деякий кут. Поворот виконується відносно центра зображення.

Конвертація в інший кольоровий базис – зображення конвертується в інший кольоровий базис.

Редагування зображення відсутнє – попереднє редагування зображення не проводиться. Якість зображення вважається достатньою.

Правильний розрахунок контрасту необхідний для отримання гармонійного розподілу яскравості. Це дуже важливо, оскільки баланс яскравості має сильний вплив на сприйняття освітлюваного об'єкту. В ідеалі, контраст між освітлюваним об'єктом і його найближчим оточенням не повинен перевищувати 3, а контраст між об'єктом і загальним фоном – 10.

Масштабування – процес збільшення (зменшення) розмірів зображення. Якщо масштаб менше одиниці, то зображення зменшується, якщо більше, то збільшується. При масштабі рівному одиниці зображення зберігає свої розміри без змін.

Видалення шумів – процес корекції вхідного зображення метою якого є видалення дефектів зображення, що утворились внаслідок документування зображення (шуми відеореєструючої апаратури, шуми каналів передачі даних тощо). Для видалення (накладання) шумів використовуються фільтри.

Фільтрація – процес обробки зображення під час якого підсилюються (послаблюються) певні деталі зображення. Фільтрація проводиться за допомогою масок різної розмірності. На сьогоднішній день найчастіше використовуються маски розмірністю  $3 \times 3$ ,  $5 \times 5$ ,  $7 \times 7$ , використання масок більшої розмірності призводить до збільшення обчислень.

Вивід даних на друк. Даний модуль реалізовано за допомогою класів: `PrinterSetupDialog` та `PrintDialog`. Методи класу `PrinterSetupDialog` дозволяють провести попередню діагностику пристрою друку, визначити його тип, параметри друку, перевірити готовність до роботи. `PrintDialog` – клас, що реалізує стандартне вікно Windows для роботи з пристроями друку. Поєднання цих двох класів дозволило реалізувати можливість роботи з усіма пристроями

друку, що зареєстровані в системі.

На основі проведеного аналізу систем морфометричного аналізу побудовано множину продукційних правил для синтезу альтернативних варіантів створення програмної складової САМ під конкретне дослідження. Основними критеріями, які впливають на вибір системи є: якість вхідних даних, тип мікрооб'єктів, види числових характеристик мікрооб'єктів та їх статистичні характеристики.

Побудуємо множину продукційних правил вибору альтернативних рішень, використовуючи такі параметри:

- 1) медична область: цитологія, гістологія, гематологія, аналіз хромосом, телемедицина;
- 2) тип джерела даних: локальні, глобальні;
- 3) якість вхідних зображень: зашумлені, незашумлені;
- 4) рівень автоматизації;
- 5) підходи до виділення об'єктів;
- 6) необхідні характеристичні ознаки;
- 7) тип досліджуваних об'єктів: окремі об'єкти, групи об'єктів;
- 8) спосіб видачі результатів: власними засобами, за допомогою зовнішнього програмного забезпечення.

Приведемо фрагмент продукційних правил вибору структур програмної системи для морфометричного аналізу.

ЯКЩО медична область цитологія І клас системи спеціалізований

ТО режим роботи автоматизований.

ЯКЩО медична область цитологія

ТО система складається з модуля вводу інформації, модуля попередньої обробки, модуля виділення об'єктів, модуля визначення інформативних характеристик, модуля статистичної обробки.

Інформація з робочої множини послідовно зіставляється з посилками правил для виявлення успішного зіставлення. Сукупність відібраних правил складає так звану конфліктну множину. Для рішення конфлікту інтерпретатор

має критерій, за допомогою якого він вибирає єдине правило після чого воно спрацьовує. Це виражається в занесенні фактів, що створюють висновок правила, в робочу множину або в зміні критерію вибору конфліктуючих правил. Якщо у висновок правила входить назва якої-небудь дії, то вона виконується (наприклад, починає виконуватися процедура і так далі).

На основі дерева І-Або та множини продукційних правил обрано структуру системи автоматизованої мікроскопії (Рисунок 4.2):



Рисунок 4.2 – Структура системи автоматизованої мікроскопії

Порядок роботи системи. Для коректного функціонування системи необхідно послідовно виконувати ряд кроків (Рисунок 4.3):

- 1) Якщо система активується перший раз або були втрачені параметри налаштування, то провести калібрування роботи системи;
- 2) Завантажити зображення з бази даних або відеореєструючої апаратури;
- 3) Якщо вхідне зображення низької якості, то провести попередню обробку;

- 4) Провести процедуру виділення мікрооб'єктів. Режим роботи обирається в залежності від рівня кваліфікації оператора;
- 5) Обчислити характерні ознаки виділених мікрооб'єктів;
- 6) Якщо для постановки діагнозу необхідна додаткова інформація, то використати вбудовані функції проведення статистичної обробки;
- 7) Сформуванати звіт, зберегти в базу даних, при необхідності зробити паперову копію отриманих результатів.

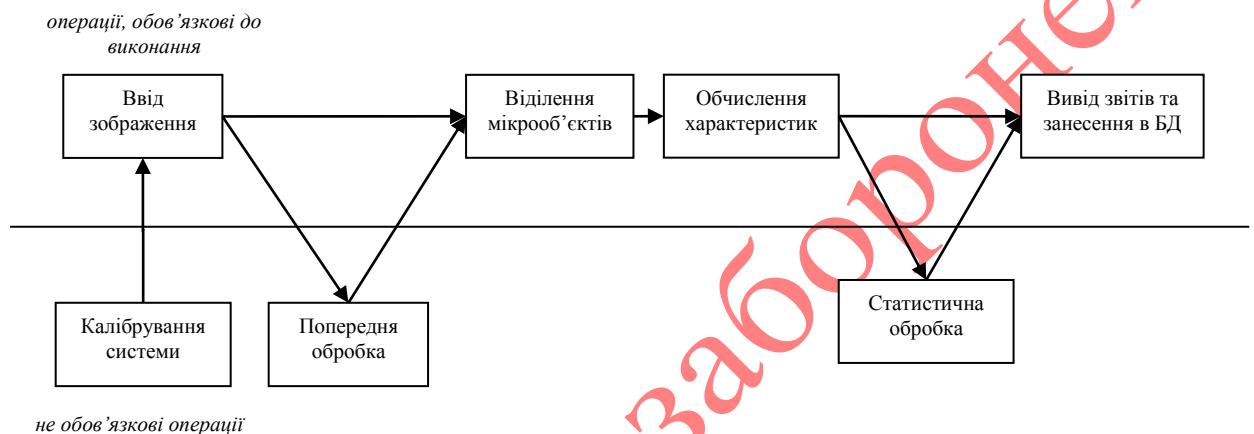


Рисунок 4.3 – Схема функціонування системи автоматизованої мікроскопії

Структура взаємодії між класами в системі. Під час реалізації програмної системи був використаний об'єктно-орієнтований підхід програмування, тому основні функціональні модулі системи були реалізовані у вигляді класів. Для реалізації інтерфейсу користувача були використані класи, що входять до складу VCL бібліотеки (бібліотеки візуальних компонентів від фірми Borland для сімейства операційних систем Windows). На рисунку 4.4 наведено схему взаємодії класів:



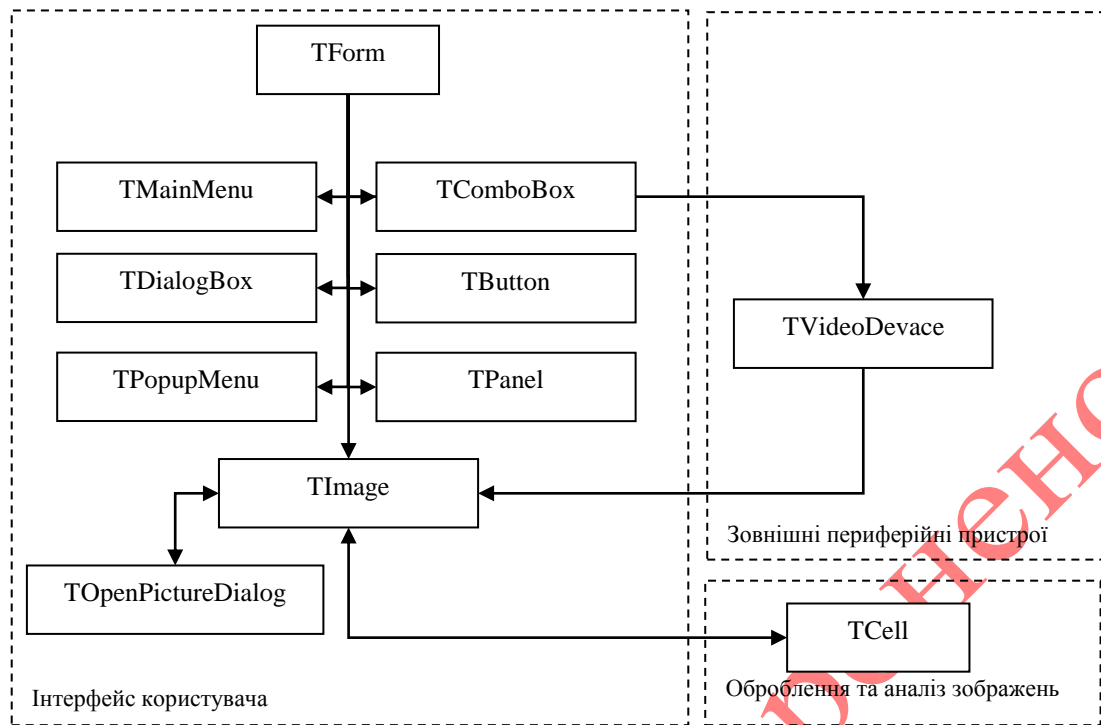


Рисунок 4.4 – Схема взаємодії класів в системі автоматизованої мікроскопії

Клас TForm – реалізує головне вікно програмної системи. На екземплярі даного класу розміщуються всі візуальні класи, що формують інтерфейс системи автоматизованої мікроскопії.

Клас TMainMenu – реалізує візуальний вигляд головного меню системи.

Класи TComboBox, TButton, TPopupMenu, TDialogBox – реалізують систему перемикачів, для пришвидшення доступу користувача до відповідних функцій системи (завантаження, друк, режим роботи, вихід тощо).

Клас TPanel – клас-контейнер для об'єднання схожих за функціональними можливостями перемикачів, контролює коректність вводу інформації шляхом перевірки на активність тільки одного перемикача з групи.

Клас TImage – основний клас для роботи з зображеннями, забезпечує відображення цифрових зображень, а також надає можливість проводити операції як над окремими точками так і над цілими областями зображення.

Клас TOpenPictureDialog – організовує діалог для завантаження цифрових зображень з електронних носіїв даних.

Клас TVideoDevase – клас, в якому реалізовані основні функції роботи з відеореєструючими пристроями (перевірка наявності відео пристроїв, встановлення параметрів їх роботи, отримання фото та відео зображень тощо).

Інформація про виділені об'єкти зберігається у класі TCell. Окрім основної інформації про виділений об'єкт (площа периметр, масив точок, що формують об'єкт) даний клас дозволяє зберігати інформацію про деякі статистичні властивості об'єкта (довжина великої осі, характерні точки).

Параметри класу TCell наведено в таблиці 4.1:

Таблиця – 4.1 Параметри класу Tcell.

Назва параметру	Можливі значення	Опис параметру
Number	Натуральне число	Унікальний ключ-ідентифікатор для кожного мікрооб'єктом.
Perimetr	Дійсне число	Зберігається інформація про довжину контурної лінії. Периметр мікрооб'єкта визначається як сума відстаней між сусідніми точками контуру мікрооб'єкта: $P = \sum_{i=1}^{N-1} \sqrt{(x_i - x_{i+1})^2 + (y_i - y_{i+1})^2}$
Contour	Масив пар натуральних чисел	Зберігається масив координат точок, що відповідають зв'язному контуру мікрооб'єкта.
Area	Натуральне число	Зберігається значення площі мікрооб'єкта. Площа мікрооб'єкта рівна сумі всіх точок, що йому належать $Area = \sum_{i=1}^N \text{Im}(x_i, y_i)$ (на досліджуваних мікрооб'єктах відсутні "дірки").
Matrix	Масив пар натуральних чисел	Зберігається масив координат точок, що належать мікрооб'єкту.
ColorCell	Натуральне число	Значення забарвлення виділеного мікрооб'єкта.
ANucleo	Натуральне число	Значення площі ядра клітини.
ACytop	Натуральне число	Значення площі цитоплазми.
NCE	Дійсне число	Значення ядерно-цитологічного відношення. Характеристика, що використовується під час постановки діагнозу при цитологічному дослідженні.
A,B,C	Пари натуральних чисел	Координати трьох характерних точок, визначених для обчислення коефіцієнтів афінних перетворень
MaxX, MinX, MaxY, MinY	Натуральні числа	Максимальні (мінімальні) значення
k,b	Дійсні числа	Коефіцієнти рівняння $y = kx + b$ , що описує велику вісь об'єкта.
M	Пара натуральних чисел	зберігаються значення координат середини великої осі.
Compactnist	Дійсне число	Коефіцієнт, що характеризує наближеність форми мікрооб'єкта до кола $T = 4\pi \left( \frac{A}{P^2} \right)$ . Для кола дане відношення рівне 1.
SplauunV, SplauunN	Структура даних	Набір коефіцієнтів, що описують криві для апроксимації контуру мікрооб'єкта.

Для забезпечення автономної роботи розробленого класу під час його розробки, було визначено такі методи (Таблиця 4.2):

Таблиця 4.2 – Основні методи класу TCell.

Назва методу	Опис методу
LoadImage()	Завантаження інформації про мікрооб'єкт.
SaveImage()	Збереження інформації про мікрооб'єкт.
Prohid_contoure()	Реалізує алгоритм проходження контуром з можливістю зворотного ходу. Визначення периметру мікрооб'єкта.
zamal_image()	Метод зафарбування області, що відповідає мікрооб'єкту заданим кольором. Визначення площі мікрооб'єкта.
CentralLine()	Метод реалізує алгоритм пошуку великої осі мікрооб'єкта.
TPoint()	Алгоритм пошуку трьох точок для афінного перетворення.
Aprox()	Метод реалізує апроксимацію контуру мікрооб'єкта кривими першого та другого порядків.
AproxLine()	Метод реалізує апроксимацію контуру мікрооб'єкта кривими першого порядку.
Skelet()	Алгоритм визначення мінімального скелету мікрооб'єкта.
RGBtoHSL()	Перекодування з кольорового базису RGB в HSL.

Опис інтерфейсу користувача. Для зручності роботи з програмою було спроектовано інтуїтивно зрозумілий інтерфейс (Рисунок 4.5), що забезпечує швидке опанування програмою користувачами.

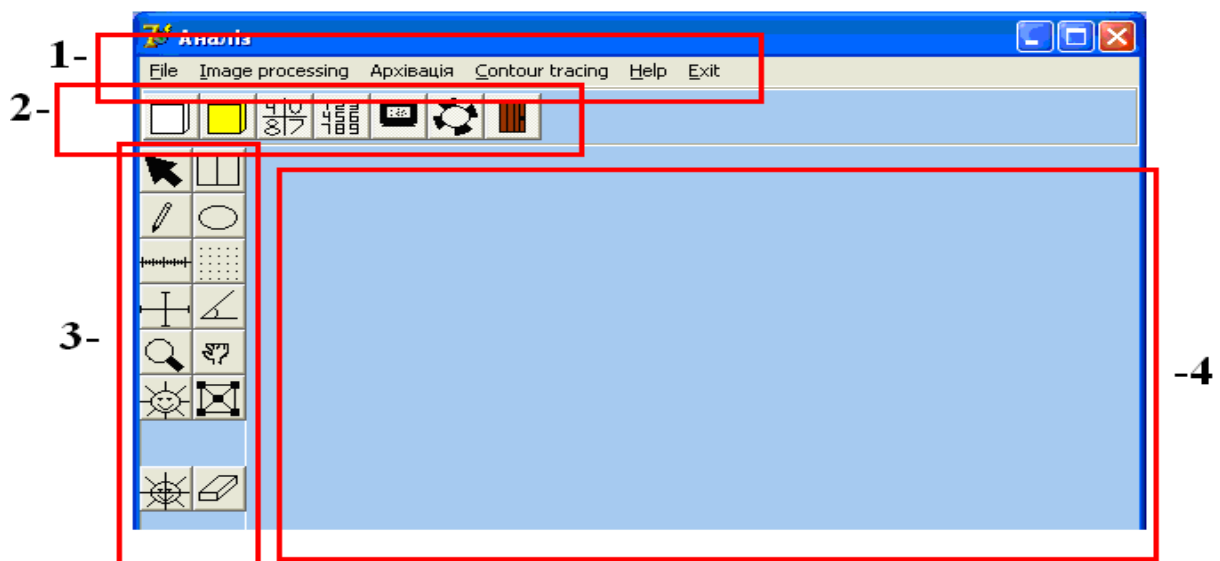


Рисунок 4.5 – Загальний вигляд основного вікна програми

Головне вікно програмної системи складається з ряду блоків (Рисунок 4.5):

1) Меню управління програмою – активує основні модулі системи (завантаження файлів, попередня обробка, визначення мікрооб’єктів та їх характеристик, формування звітів та зберігання їх в базу даних).

2) Меню швидкого доступу – забезпечує швидкий доступ до елементів системи.

3) Меню інструментів – активує набір інструментів для обробки зображення (ручне виділення мікрооб’єктів, масштабування, вимірювання метричних характеристик (відстань, кут тощо), активація вимірювальної сітки).

4) Основна робоча область програми.

## 4.2 Програмні модулі системи автоматизованої мікроскопії

### 4.2.1 Модуль сегментації

Сегментація є складовою частиною великого розділу цифрового оброблення зображень – аналізу зображень і представляє собою розділення або розбиття зображення на області за певними ознаками, що характеризують ці області або зображення в цілому.

Особливе значення сегментація набуває при автоматизації досліджень мікроскопічних медичних об’єктів, а саме сегментації клітин або їхніх складових частин, наприклад, цитологічних препаратів. Це обумовлено тим, що сегментація є невід’ємною частиною процесів розпізнавання і класифікації, що, у свою чергу, відіграє велику роль у медичній діагностиці. В останні тридцять років у багатьох країнах світу були початі спроби повної автоматизації цього процесу з метою підвищення якості діагностики самого широкого кола захворювань. Інформація, що отримана в результаті сегментації, може бути використана для раннього виявлення впливів несприятливих факторів навколишнього середовища, для прогнозу плинущей лейкозів, лімфосарком, анемії

і інших захворювань. Тому даний модуль займає важливе місце в загальній структурі системи автоматизованої мікроскопії.

Модуль сегментації складається з набору процедур та функцій, які реалізують алгоритми виділення мікрооб'єктів на біомедичних зображеннях. Етапи роботи модуля сегментації наведені на рисунку (Рисунок 4.6):

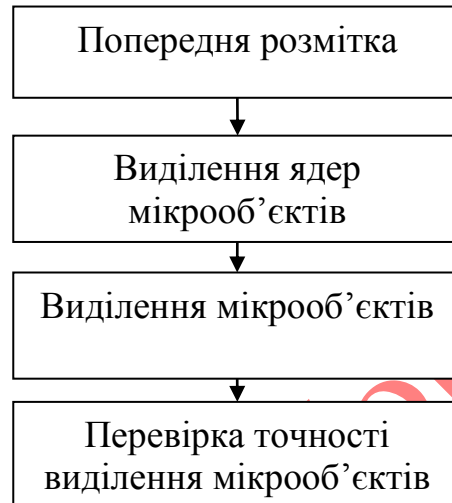


Рисунок 4.6 – Етапи роботи модуля сегментації цитологічних зображень

Попередня розмітка проводиться на основі деякого набору алгоритмів. Кількість алгоритмів та самі алгоритми обираються користувачем на основі апріорної інформації про тип вхідного зображення (при автоматизованій сегментації) або згідно деякого набору алгоритмів (при автоматичній сегментації). Набір алгоритмів при автоматичній попередній розмітці формувався на основі таких правил:

- кількість однорідних областей відрізняються не більше як на 10%;
- кожний наступний алгоритм уточнює результат попередньої розмітки, а не повторює вже існуючий.

Для тестування розробленого алгоритму було використано зображення з різними характеристиками. На рисунку 4.7 наведено приклади типових зображень для різних алгоритмів сегментації.

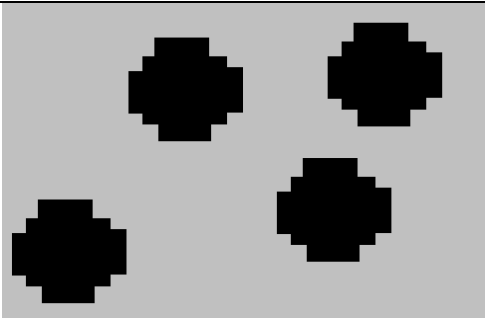
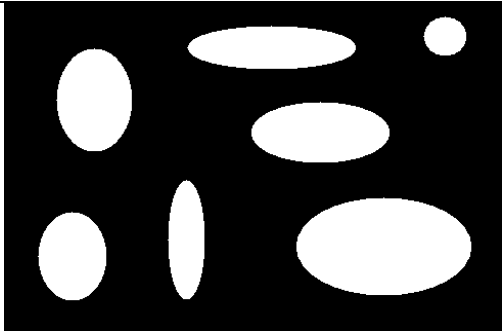
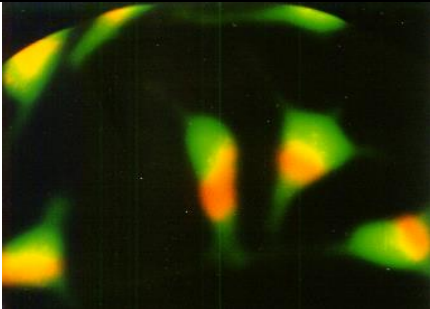
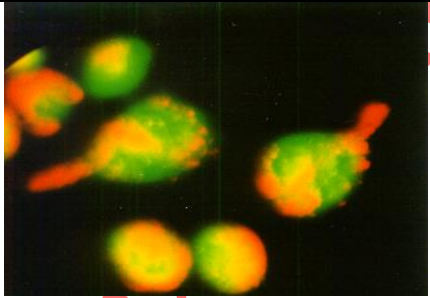
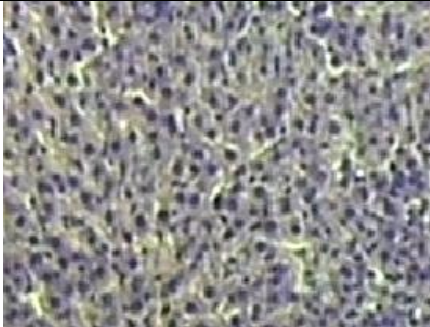
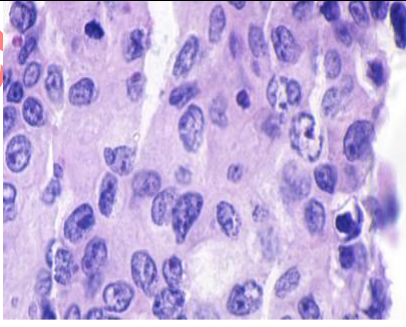
	
а) на основі шаблонів	б) порогова сегментація
	
в) блочна сегментація	г) порогова сегментація з n порогами
	
д) метод водоподілу	е) кластерний аналіз

Рисунок 4.7 – Приклад результату роботи алгоритму визначення алгоритмів сегментації

В якості параметрів порівняння результатів попередньої розмітки обрано час та похибку роботи алгоритмів.

На рисунку 4.8 наведено порівняльну діаграму швидкодії роботи алгоритмів (наведено середні значення після проведення 50 експериментів). Під час реалізації в код програми була внесена затримка 0,001с після опрацювання кожної точки зображення з метою підвищення точності оцінки часу роботи алгоритму. Розмір вхідного зображення рівний  $300 \times 250$  точок.

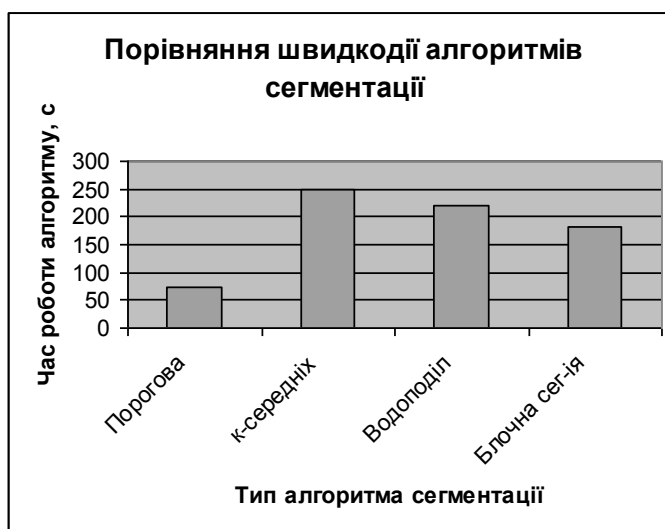


Рисунок 4.8 – Порівняння часу роботи алгоритмів сегментації

Аналіз результатів, показує, що алгоритм порогової сегментації розділив вхідне зображення в 2-3 рази швидше за інші. Це пояснюється більшою обчислювальною складністю алгоритмів кластерного аналізу, водоподілу, та блочної сегментації.

Здійснено порівняння точності результатів сегментації виконаної різними алгоритмами з розміткою людини-експерта (Рисунок 4.9).



Рисунок 4.9 – Порівняння точності роботи алгоритмів сегментації

Результати досліджень показали, що алгоритми порогової та блочної сегментації більш чутливі до точок, що знаходяться на границі між двома однорідними областями.

Аналіз алгоритмів сегментації на основі критерію швидкодія/точність (Рисунок 4.10).



Рисунок 4.10 – Порівняння роботи алгоритмів сегментації за критерієм швидкодія точність

Результати експериментів показують, що вибраний алгоритм попередньої розмітки опрацював зображення за допустимий час та з максимальною точністю.

Перевагами розробленого алгоритму попередньої розмітки є:

- можливість роботи з зображеннями різних типів (бінарні, кольорові, з однотипними та різнотипними об'єктами на зображенні тощо);
- можливість вибору оптимального алгоритму сегментації на основі критерію швидкодія/точність;
- підбір вхідних параметрів для роботи алгоритмів сегментації, наприклад, значення та кількість порогів для порогової сегментації або тип шаблону для зображень з однотипними об'єктами.

Недоліком запропонованого алгоритму є:

- додаткові часові затрати на попередній аналіз вхідного зображення, тому даний алгоритм доцільно використовувати для групи зображень.

Результатом роботи даного етапу є зображення з виділеними на ньому однорідними областями (Рисунок 4.11).



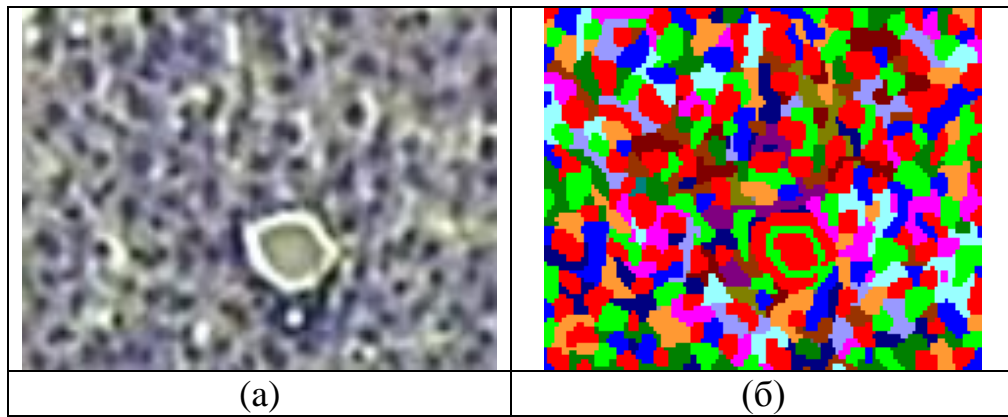


Рисунок 4.11 – Приклад розбиття зображення на однорідні області: вхідне зображення (а), зображення розбите на однорідні області (б)

Виділення ядер мікрооб'єктів. Оскільки однією з характеристик цитологічних та гістологічних зображень є мікрооб'єкти, оточені складним за геометричними і оптичними характеристиками фоном, то доцільніше виділяти не самі мікрооб'єкти, а їх ядра. Ядра на зображеннях характеризуються областями з низьким рівнем яскравості. Тому для їх виділення доцільно використовувати алгоритм порогової сегментації за яскравістю (Рисунок 4.12).

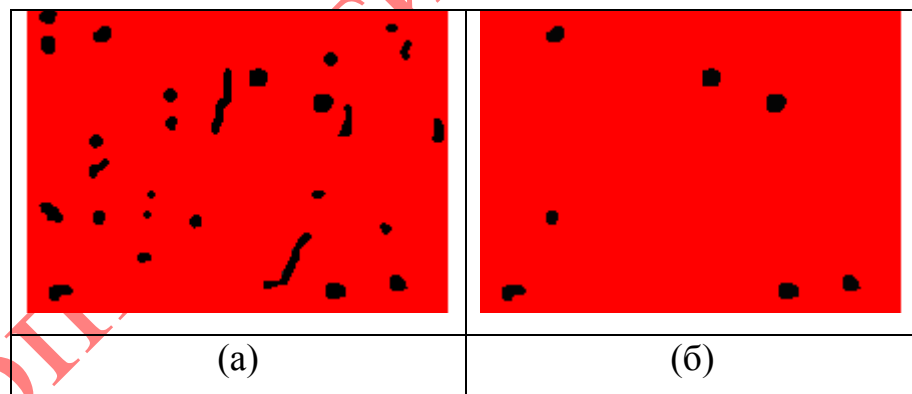


Рисунок 4.12 – Приклад виділення ядер мікрооб'єктів: однорідні області, що можуть відповідати ядрам мікрооб'єктів (а), виділені ядра мікрооб'єктів, що задовольняють умовам колоподібності та площі (б).

Значення порогу може встановлюватись користувачем на основі апріорної інформації про тип мікрооб'єктів. Для автоматичного виділення шляхом аналізу гістограми розподілу яскравості на зображенні та виділення їх піків.

Перевірка точності виділення ядер відбувається на основі критеріїв площі та колоподібності. Більш детально це описано в пункті 3.1. Результатом роботи даного етапу є зображення з виділеними на ньому ядрами мікрооб'єктів  $Im_n$  (Рисунок 4.12,б).

Для встановлення відповідності між виділеними ядрами та масивом однорідних областей проводимо процедуру порівняння  $Im_s$  та  $Im_n$ . Алгоритм порівняння двох зображень описано в пункті 3.1.

Виділення мікрооб'єктів. Для виділення мікрооб'єктів на зображенні проводиться процедура нарощування ядер мікрооб'єктів. Нарощування проводиться шляхом послідовного додавання сусідніх до ядра однорідних областей. Правила додавання ґрунтуються на аналізі розподілу значення параметру яскравості мікрооб'єктів на цитологічних та гістологічних зображеннях. Правила нарощування описані в пункті 3.1.

$$Im_n \xrightarrow{\text{іаdіuоdдit} \text{ } \ddot{y} \text{ } \ddot{y}a\ddot{a}\ddot{d}} Im'_c$$

Результатом роботи даного етапу є зображення з виділеними кандидатами в мікрооб'єкти  $Im'_c$  (Рисунок 4.13).

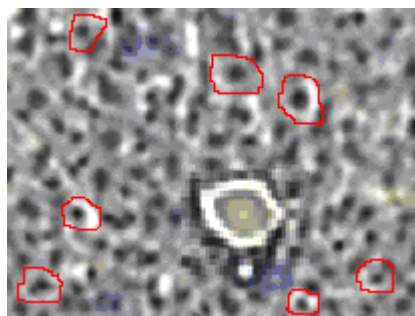


Рисунок 4.13 – Біомедичне зображення з виділеними мікрооб'єктами

Перевірка точності виділення мікрооб'єктів. Для перевірки точності виділення мікрооб'єктів проводиться перевірка на відповідність. Перевірка проводиться на основі характеристичних ознак: площі та колоподібності.

Значення параметрів перевірки можуть встановлюватись користувачем в ручному режимі або на основі аналізу виділених кандидатів в мікрооб'єкти шляхом визначення серед них еталонного. Еталонне значення  $Cell_e$  визначається як середнє значення з поміж усіх виділених кандидатів.

$$(Cell_e) = \frac{\sum_{i=1}^n Cell_i}{n},$$

де  $n$  - кількість виділених кандидатів.

Після відкидання хибно виділених мікрооб'єктів проводиться процедура розфарбування. Під час розфарбування кожному мікрооб'єкту присвоюється унікальний ідентифікаційний номер. Також ідентифікаційний номер присвоюється кожному пікселю, що належить до однорідної області, яка відповідає мікрооб'єкту.

Результатом роботи даного етапу є масив виділених мікрооб'єктів  $\{Ob_i\}$ .

#### 4.2.2 Модуль перетворення контурів та областей

Виділення контурів об'єктів. Визначення контуру відбувається на основі „алгоритму проходження контуром з зворотним ходом”. Результатом роботи алгоритму є масив контурів об'єктів. Контури зберігаються у вигляді двовимірних масивів.

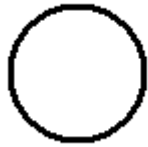
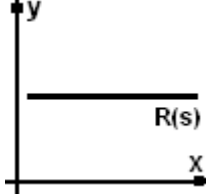

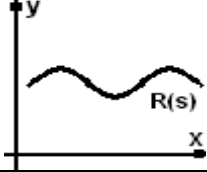

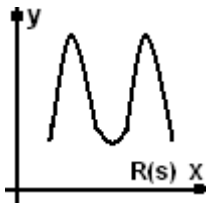
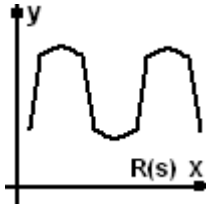
$$Obj_i \xrightarrow{\text{contur\_tracind}} C_i.$$

Окрім структури контуру важливою є також інформація про форму об'єкта. В таблиці приведено основні типи форм об'єктів та якісний опис їхніх функцій доцентрових відстаней (Таблиця 4.3). Функція доцентрових відстаней

$R(s)$  визначається як відстань від центру об'єкта до кожної точки контуру і обчислюється за формулою:

$$R(s) = \sqrt{(x_c - x_o)^2 + (y_c - y_o)^2}$$

Таблиця 4.3 – Приклади можливих форм цитологічних мікрооб'єктів

№ п/п	Назва форми	Вигляд	Якісний опис функції доцентрових відстаней форми	Вигляд функції доцентрових відстаней
1	2	3	4	5
1	Кругла		Пряма лінія без явних приростів (спадів) функції доцентрових відстаней	
2	Овальна		Крива з двома фронтами наростання. Наростання (спад) чітко помітний але повільний	
3	Витягнута		Крива з двома чітко видимими фронтами наростання (спаду). Відстань між вершинами фронтів наростання невелика.	
4	Овоїдна		Піки фронту наростання (спаду) мають протяжний характер. Фронти наростання мають однакову довжину та висоту	

Серед інших типів форм, що виділяються при дослідженні об'єктів на біомедичних зображеннях слід відмітити: бобовидна, полігональна, пластинчата, овоїдопластинчата, веретеноподібна, видовжено-бобова, пластинчато-багатогранна, кубічна, призматична, неправильна, нечіткоокругла, пірамідальна, булавоподібна, палочкоподібна, напівмісяцева, овоїдо-витягнута.

При позитивному завершенні функція повертає значення периметру області, в іншому випадку повертається код помилки.

Апроксимація контуру. Проводиться кусково-лінійна апроксимація контуру мікрооб'єкта (Рисунок 4.14).

$$C_i \xrightarrow{\text{апроксимація}} C_i^*$$

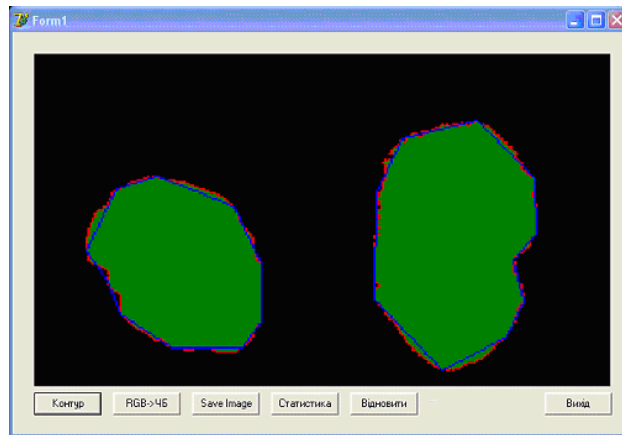


Рисунок 4.14 – Приклад кусково-лінійної апроксимації

Вирівнювання контурів об'єктів. Для знаходження коефіцієнтів перетворення зрівнюємо кількість прямих, які апроксимують контури відповідних об'єктів. Для отримання однакової кількості прямих, на контурі з меншою кількістю апроксимуючих прямих проводимо пошук та розбиття максимальної апроксимуючої прямої на дві рівні частини. Дану процедуру проводимо поки контури не матимуть рівну кількість апроксимуючих прямих.

Знаходження рівнянь перетворень контурів. Для знаходження коефіцієнтів перетворення необхідно представити прями, за допомогою яких апроксимовано контур, у вигляді рівняння виду  $y = kx + b$ . Де коефіцієнти  $k$  та

$b$  визначаються як  $k = \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1}$ ,  $b = y_1 - \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} \cdot x_1$ . На основі пари відповідних

контурних прямих  $y$  та  $y'$  записуємо рівняння перетворення

$T = \frac{x_2 - x_1}{x_2 - x_1} \cdot x - \frac{x_2 - x_1}{x_2 - x_1} \cdot x_2 + x_2$ . Дані рівняння визначаються для всіх пар прямих, які описують контур.

Виділення скелету. Відбувається на основі вписування квадратів в межі об'єктів. При цьому виконується умова, що хоча б дві вершини квадрата лежать на контурі об'єкта. Масив пікселів, що відповідають точкам перетину діагоналей квадратів утворюють скелет об'єкта.

$$\tilde{N}_i^* \xrightarrow{\text{підприємство}} S_i$$

Під час роботи процедура послідовно обчислює довжину відрізків, які можна провести з активної точки, при умові що всі точки, що формують відрізок належать об'єкту. Проводиться спроба провести вісім ліній: вгору, вниз, вліво, вправо, вгору-наліво, вгору-направо, вниз-наліво, вниз-направо. Після завершення процедури обходу вибирається відрізок з максимальною довжиною. Вважаючи, що кінці відрізка є вершинами вписаного квадрата проводиться спроба відтворити даний квадрат. За умовою алгоритму скелетизації, точка, що лежить на перетині діагоналей вписаного квадрата з максимальною площею буде належати скелету (Рисунок 4.15,а). Для перевірки чи квадрат є вписаний, проводимо перевірку, щоб усі точки, що належать квадрату також належали і об'єкту. Якщо серед точок, що належать квадрату присутні такі, що не належать об'єкту, даний квадрат визнається не вписаним і вилучається з подальшого аналізу, а відрізок на основі якого була спроба вписати квадрат – хибним. Якщо максимальний відрізок виявився хибним, то проводиться перевірка наступного за довжиною відрізка. Якщо з точки можна провести два і більше відрізків однакової довжини, то необхідно провести перевірку кожного з них. Результатом роботи процедури є множина точок, що формують скелет об'єкта (Рисунок 4.15,б).

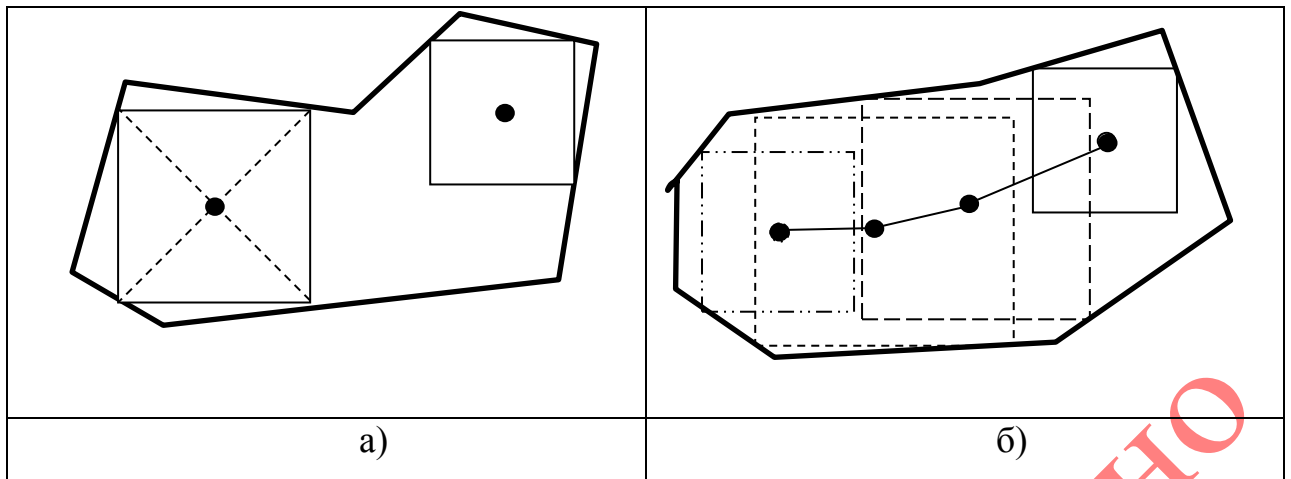


Рисунок 4.15 – Виділення скелета. а) – приклад вписування квадратів, б) – приклад формування скелета

З'єднання окремих елементів скелета. Проводиться об'єднання окремих елементів скелету в один. Об'єднання відбувається на основі інформації про розташування елементів. Об'єднання проводиться якщо відстань між двома найближчими точками, що належать різним скелетам, менша за деякий поріг  $\Delta$ .

Алгоритм формування цілісного скелета базується на ідеї, що розриви в скелеті мають невеликий характер, тобто відстань між кінцями віток скелета є мінімальною. Тому послідовно проводимо перевірку всіх кінцевих пікселів скелета. Кінцевим пікселем вважатимемо піксель, що належить скелету об'єкта та має тільки одного сусіда, що також належить скелету. Перевірка проводиться вікном довжина сторони якого послідовно збільшується від одного до заданого порогу  $\Delta$ . Якщо під час перевірки був виявлений кінцевий піксель, то дані пікселі вважаються такими, що утворюють розрив. Після виявлення пікселів розриву вони з'єднуються відрізком з кінцями у відповідних пікселях, а самі пікселі втрачають маркер кінцевих.

Нарощування скелета. Відбувається додаванням пікселів до скелету об'єкта, якщо навколо пікселя, який не належить скелету об'єкта є хоча б три пікселі, що належать скелету. Дана процедура проводиться для усунення порожнин в структурі скелета.

$$S_i \xrightarrow{\text{іаdііоdаdіі } \bar{y}} S_i'$$

Стоншення скелета. Для відкидання пікселів, що є малоінформативними проводиться фільтрація скелету об'єкта. Під час фільтрації відкидаються пікселі, які межують більше ніж з трьома пікселями, що належать скелету.

$$S_i' \xrightarrow{\text{утоинення}} S_i''$$

Фільтрація. Для усунення дрібних розривів в структурі скелета проводиться додаткова фільтрація скелету об'єкта.

$$S_i'' \xrightarrow{\text{фільтрація}} S_i^*$$

Визначення кінцевих пікселів скелетів. Кінцевим пікселем скелета вважатимемо піксель, що належить скелету об'єкта  $Pe_{ij}(x, y) \in S_i^*$  і має лише одного сусіднього пікселя, який належить скелету  $K(Pe_{ij}(x, y)) = 1$ . Проводиться послідовна перевірка всіх пікселів, що формують скелет на наявність сусідніх пікселів, які також належать скелету. Якщо піксель має менше ніж вісім сусідів (лежить на краю зображення) то відсутні сусідні пікселі визнаються такими, що не належать скелету об'єкта.

Визначення вузлових пікселів скелетів. Вузловим пікселем скелета вважатимемо піксель, який належить скелету об'єкта  $Pn_{ij}(x, y) \in S_i^*$  та має більше двох сусідніх пікселів, що належать скелету об'єкта  $K(Pn_{ij}(x, y)) > 2$ . Проводиться послідовна перевірка масиву пікселів скелету на наявність більше ніж двох сусідніх пікселів, які також належать скелету. Якщо піксель розміщений на краю зображення (має менше восьми сусідніх пікселів), то всі відсутні пікселі вважаються такими, що не належать скелету об'єкта.



Формування масиву ліній скелетів. Лінією скелета будемо вважати лінію, яка проходить між двома кінцевими, кінцевим та вузловим або двома вузловими пікселями скелета. На першому етапі проводиться проходження пікселями скелета починаючи з кінцевих пікселів. Проходження скелетом відбувається шляхом послідовного пошуку сусідніх пікселів. Критерієм зупинки алгоритму проходження є попадання в вузловий чи кінцевий піксель скелета об'єкта. Результатом роботи алгоритму проходження є знаходження для кожного кінцевого пікселя відповідного пікселя, з яким він утворює лінію скелета. На другому етапі проводиться з'єднання вузлових точок між собою. З'єднання проходить шляхом трасування скелету об'єкта з метою знаходження лінії, яка з'єднає сусідні вузлові точки.

Знаходження рівнянь перетворень скелетів. Для знаходження коефіцієнтів перетворення необхідно представити вітки скелетів, у вигляді рівняння виду  $y = kx + b$ . На основі пари відповідних віток  $y$  та  $y'$  запишемо рівняння перетворення  $T = \frac{x_2 - x_1}{x_2' - x_1'} \cdot x - \frac{x_2 - x_1}{x_2' - x_1'} \cdot x_2' + x_2$ . Дані рівняння визначаються для всіх пар відповідних віток скелетів.

#### 4.3 Тестування програмної системи

Система автоматизованої мікроскопії "MorphoSys" призначена для спостереження, діагностики та аналізу медичної інформації в оперативному режимі. Серед основних можливостей системи є отримання цифрових зображень зрізів тканин, виділення та опис мікрооб'єктів на них, статистичне оброблення отриманої інформації, робота з базою даних, формування звітів у зручному для користувача вигляді. Система працює з багатьма загально прийнятими форматами (BMP, JPEG тощо), що дозволяє обробляти більшість вхідних зображень без залучення сторонніх програмних засобів. Для отримання зображень з відеореєструючої апаратури використовується технологія TWAIN, що підтримується більшістю розробників апаратних засобів. Для виділення

мікрооб'єктів на зображенні реалізовано три алгоритми з різними швидкостями роботи та точністю отриманих даних. Серед розроблених функцій оброблення та аналізу зображення є такі: масштабування, виділення поля зору, перекодування в різні кольорові базиси, проведення додаткових вимірів (відстані, кутів, відношень між двома відрізками, площі, периметра, ядерно-цитологічного відношення тощо).

Проаналізуємо результати роботи алгоритмів на прикладі цитологічних зображень. Серед особливостей даного типу зображень є наявність подібних мікрооб'єктів (клітин), що дозволяє використовувати їх для досліджень запропонованих алгоритмів.

На першому етапі проводиться завантаження цитологічного зображення (Рисунок 4.16,а) та виділення мікрооб'єктів на ньому (Рисунок 4.16,б).

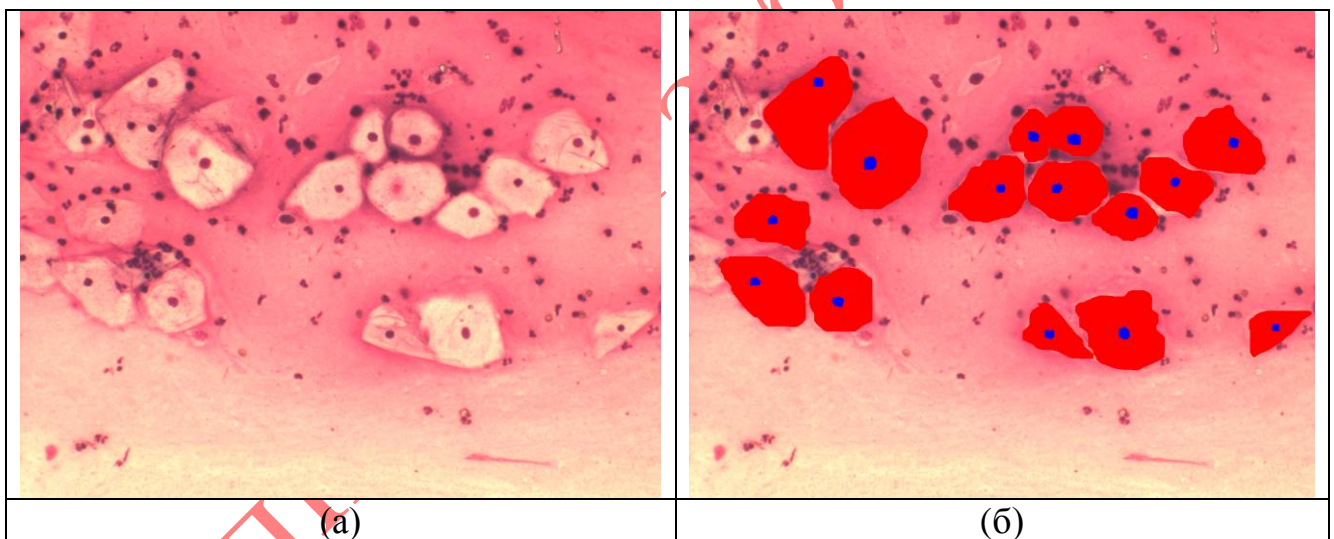


Рисунок 4.16 – Приклад роботи програми: вхідне зображення (а), зображення з виділеними мікрооб'єктами (б)

Після виділення мікрооб'єктів обчислюється ряд статистичних характеристик мікрооб'єктів: площа ядра, площа клітини, площа цитоплазми, ядерно-цитоплазматичне відношення (Таблиця 4.4).

Таблиця 4.4 – Статистичні результати оброблення вхідного зображення

№ Клітини	Площа ядра	Площа клітини	Площа цитоплазми	ЯЦВ
1	568	10362	9794	0,057995
2	512	9565	9053	0,056556
3	408	6632	6224	0,065553
4	285	16269	15984	0,01783
5	349	16176	15827	0,022051
6	362	17338	16976	0,021324
7	294	13222	12928	0,022741
8	611	33998	33387	0,018301
9	347	26259	25912	0,013391
10	410	14578	14168	0,028938
11	313	18759	18446	0,016968
12	297	13895	13598	0,021841
13	472	22748	22276	0,021189
14	215	7405	7190	0,029903
15	322	9257	8935	0,036038
Середнє значення	384,33	15764	15380	0,030041
Мінімальне значення	215	6632	6224	0,013391
Максимальне значення	611	33998	33387	0,065553
Стандартне відхилення	29,012	1924,6	1914,3	0,0042853

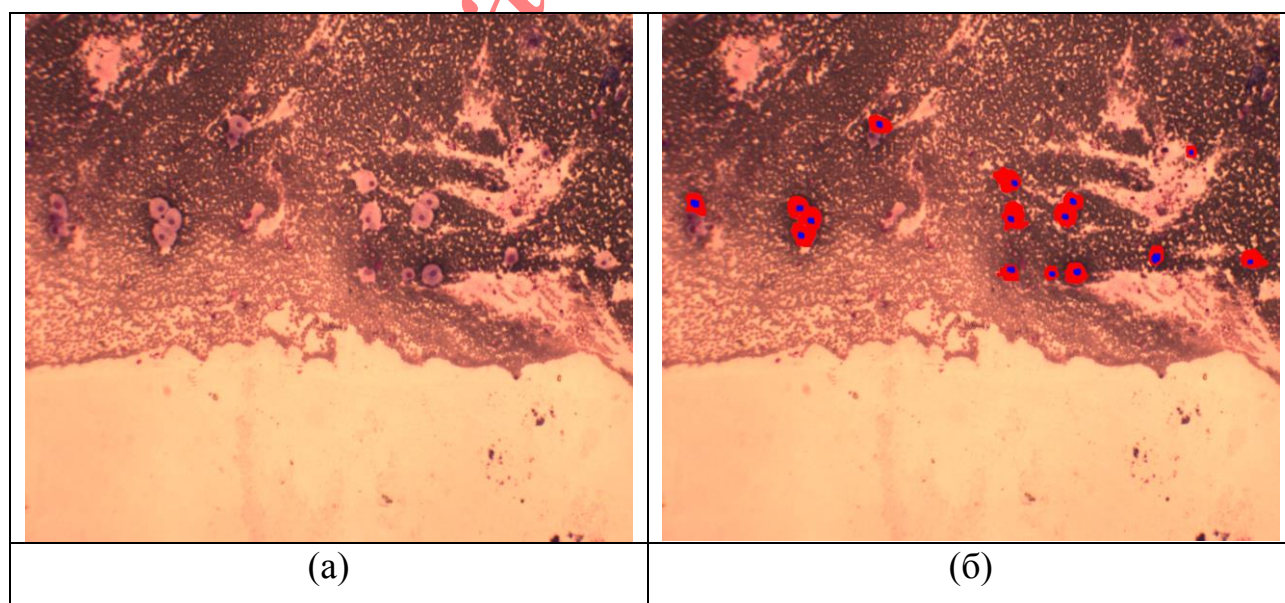


Рисунок 4.15 – Приклад роботи програми: вхідне зображення (а), зображення з виділеними мікрооб'єктами (б).

Таблиця 4.5 – Статистичні результати оброблення вхідного зображення

№ Клітини	Площа ядра	Площа клітини	Площа цитоплазми	ЯЦВ
1	156	1579	1423	0,10963
2	156	1780	1624	0,096059
3	155	1430	1275	0,12157
4	151	1385	1234	0,12237
5	136	1978	1842	0,073833
6	139	2221	2082	0,066763
7	152	1061	909	0,16722
8	140	1832	1692	0,082742
9	179	1542	1363	0,13133
10	115	693	578	0,19896
11	289	1007	718	0,40251
12	236	1476	1240	0,19032
13	175	1139	964	0,18154
14	83	488	405	0,20494
15	95	1557	1462	0,064979
Середні значення	157,13	1411,2	1254,1	0,14765
Мінімальні значення	83	488	405	0,064979
Максимальні значення	289	2221	2082	0,40251
Стандартне відхилення	13,216	121,3	121,75	0,022141

Виділення скелету відбувається на основі вписування квадратів в межі об'єктів. При цьому виконується умова, що хоча б дві вершини квадрата лежать на контурі об'єкта. Масив пікселів, що відповідають точкам перетину діагоналей квадратів утворюють скелет об'єкта. Під час скелетизації послідовно обчислюється довжина відрізків, які можна провести з точки контуру, при цьому всі точки, що формують відрізок, належать мікрооб'єкту. Проводиться спроба провести вісім ліній: вгору, вниз, вліво, вправо, вгору-наліво, вгору-направо, вниз-наліво, вниз-направо. Після завершення процедури обходу вибирається відрізок з максимальною довжиною. Вважаючи, що кінці відрізка є вершинами вписаного квадрата проводиться спроба відтворити даний квадрат. За умовою алгоритму скелетизації, точка, що лежить на перетині діагоналей вписаного квадрата з максимальною площею, буде належати скелету. Результатом роботи процедури є множина точок, що формують скелет мікрооб'єкта.

Для отримання скелету проводимо додатковий аналіз отриманої множини. Використовуючи процедури нарощування та стоншення отримуємо зв'язний скелет.

Для видалення надлишкових та малоінформативних гілок проводимо процедуру відсікання віток. Гілка вважається малоінформативною якщо відсоток втраченої об'єктом площі при відновленні на основі скелету буде меншим за деяке порогове значення  $\Delta$ . Приклад відсікання малоінформативних гілок можна побачити на рисунку (Рисунок 4.16). В наведеному прикладі сірі гілки вважаються малоінформативними, а білі формують скелет мікрооб'єкта.

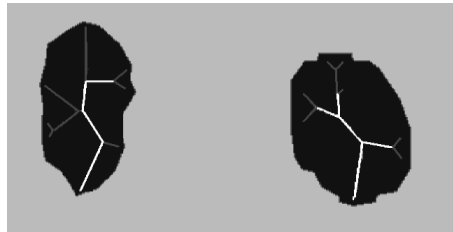


Рисунок 4.16 – Мікрооб'єкти з визначеними ребрами скелетів: білі - основні ребра, сірі - малоінформативні

Для визначення коефіцієнтів перетворення необхідно привести скелети об'єктів до ізоморфного виду. Для цього представляємо скелети у вигляді дерев. Коренем дерева вважаємо вершину з максимальним степенем. Древа зводяться до ізоморфного виду шляхом додавання штучних гілок. Приклад приведення до ізоморфного виду наведено на рисунку 4.17, гілки позначені чорним кольором відповідають початковому дереву, а сірим – штучні. Вага штучних гілок встановлюється близькою до нуля.

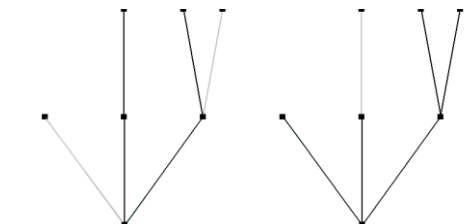


Рисунок 4.17 – Приклад нарощування двох не ізоморфних дерев. Чорні лінії – основні лінії, сірі – додані штучно

Приведення скелетів до ізоморфного стану дозволяє визначити пари відповідних гілок скелетів, що є необхідною умовою для знаходження коефіцієнтів перетворення виду „область-область”.

Результати перетворення областей зображень, приведених на рисунку подано в таблиці 4.6:

Таблиця 4.6 – Визначення функції перетворення

Скелет $sk_1$	Апроксимовані функції скелету $sk_1$	Скелет $sk_2$	Апроксимовані функції скелету $sk_2$	$Q_{12}$
[125;123]	$y1=-18x+2,27E03$	[208;242]	$y2=-0,176x+135$	$T=-17x+2,33E03$
[159;123]	$y1=0,222x+31,7$	[245;242]	$y2=10,3x-2,4E03$	$T=0,0833x+232$
[123;109]	$y1=-0,571x+129$	[242;271]	$y2=-0,724x+267$	$T=-2,07x+497$
[109;87]	$y1=0,682x-7,32$	[271;255]	$y2=0,938x-183$	$T=0,727x+192$
[109;27]	$y1=-0,378x+108$	[271;300]	$y2=-1,38x+445$	$T=-0,354x+310$
[109;103]	$y1=-4x+503$	[271;286]	$y2=0,667x-110$	$T=-2,5x+544$

Ринок сьогодні пропонує САМ різного класу та рівня автоматизації. На велику увагу заслуговують системи з відкритими вихідним кодом та великою кількістю автоматизованих операцій. Збільшення кількості автоматизованих операцій зменшує вплив людського фактору на отримані результати, що в свою чергу підвищує об'єктивізм поставленого діагнозу.

Розраховано кількість автоматизованих операцій при аналізі цитологічних зображень. Результати порівняння наведено в таблиці 4.7, причому ручні операції позначено літерою «р», автоматичні – літерою «а» .

Таблиця 4.7 – Операції опрацювання цитологічних зображень в САМ

САМ	Ціна, у.о.	Попереднє оброблення	Віртуальний слайд	Розшир. глибина фокусу	Сегментація по інтенсивності	Сегментація по текстурі	Сегментація контурна	Детекція ядер клітин	Детекція цитоплазми	Детекція шарів	Оцінка структурних змін	Рівень автоматизації, %
Carl Zeiss AxioVision 4.8.2	3000	р	а	а	а	р	а	р	р	р	р	40
ImagePro Plus	5500	р	а	а	а	р	р	р	р	р	р	30
Cell Profiler	0	р	а	а	а	а	а	р	р	р	р	50
Відеотест Морфологія 5.2	4280	а	а	а	а	а	а	р	р	р	р	60
ImageJ	0	а	р	а	а	а	а	р	р	р	р	50
Розроблена САМ	1500	а	р	а	а	а	а	р	р	а	а	70

Порівняльний аналіз підтверджує ефективність розробленої САМ, оскільки її застосування дозволило збільшити кількість автоматизованих операцій на 10% у порівнянні з системою-аналогом Відеотест Морфологія (Росія).



Рисунок 4.18 – кількість автоматизованих операцій

Проведено експериментальні дослідження оперативності опрацювання зображень епітеліального шару шийки матки. Розмір тестової вибірки склав 400 зображень. Застосування розробленої технології дозволило зменшити середній час опрацювання з 10 до 6,1 хв. Перспективним напрямом подальших досліджень є використання розробленого коефіцієнта структурної атипії як

діагностичної ознаки при вивченні патологічних процесів у різних органах людини.

#### Висновки до розділу 4

На основі запропонованих методів та алгоритмів спроектовано структуру та розроблено інформаційно-аналітичну систему аналізу біомедичних зображень "MorphoSys". Описано структурні особливості основних модулів системи.

Наведено результати експериментальних досліджень аналізу біомедичних зображень. Визначено коефіцієнти перетворення виду "контур-контур" та "область-область" для мікрооб'єктів.

Тестування розроблених алгоритмів підтвердило їх ефективність. Похибка результатів перетворення, отриманих за допомогою запропонованих методів та алгоритмів менша в середньому на 15-20% на відміну від відомих рішень.



## ВИСНОВКИ

У дисертаційній роботі на основі отриманих теоретичних та експериментальних досліджень розв'язано актуальну наукову задачу – розроблено методи та алгоритми сегментації на основі попередніх розміток та автоматичним вибором алгоритму сегментації, удосконалено метод проходження контуром з можливістю відсікання малоінформативних елементів, отримали подальший розвиток методи перетворення типу “контур-контур” та “область-область” для реалізації системи автоматизованої мікроскопії аналізу цитологічних зображень. При цьому отримано такі наукові результати:

1. Досліджено та проведено класифікацію відомих алгоритмів сегментації, визначено характерні особливості цитологічних зображень, що дало змогу обґрунтувати вибір групи алгоритмів для проведення процесу сегментації цитологічних зображень.

2. Розроблено метод сегментації на основі попередніх розміток в якому поєднання декількох різних критеріїв однорідності дозволило збільшити кількість коректно роз'єднаних сусідніх областей на 10-15%, на 5-9% зменшити кількість „невизначених” точок.

3. Розроблено метод автоматичного визначення алгоритму сегментації на основі аналізу критеріїв однорідності зображення та аналізу гістограми розподілу яскравості за допомогою методів нечіткої логіки, що забезпечило автоматизацію процесу сегментації та зменшило час аналізу вхідних зображень.

4. Вдосконалено метод виявлення контуру шляхом проходження границею об'єкта з функцією фільтрації контурної лінії, що забезпечило отримання зв'язного контуру з відсіканням малоінформативних елементів.

5. Отримали подальший розвиток методи перетворень типу „контур-контур” і „область-область” на основі перетворення скелетів та наперед заданої похибки, що забезпечило зменшення похибки перетворення типу “область-область” на 15%.

6. Синтезовано структуру дерева рішень для побудови програмної складової інтелектуальних систем автоматизованої мікроскопії, що забезпечило генерування множини альтернативних рішень для розробки структури програмної складової відносно поставлених задач.

7. Програмно реалізовано інтелектуальну систему автоматичної мікроскопії, що виконує сегментацію, обчислення інформативних ознак мікрооб'єктів, структурний опис цитологічних зображень, статистичне оброблення даних в якій використання високоефективних алгоритмів дозволило підвищити швидкість аналізу зображень у 1,2 рази в порівнянні з відомою системою-аналогом (ВидеоТесТ-Морфологія 5.2 фірми ВидеоТесТ).

Копіювати заборонено

## СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

- 1) Acharya T. Image processing : principles and applications / Tinku Acharya, Ajoy K. Ray.– by John Wiley & Sons – 2005 –428p.
- 2) Anoraganingrum D. Cell Segmentation with Adaptive Region Growing / Anoraganingrum D., Kröner S., Gottfried B. – University of Bremen – Germany – 2000.
- 3) Argyris G. 3D Terrain Modelling of the Amyntaio–Ptolemais Basin // G. Argyris, I. Kapageridis, A. Triantafyllou. – 2nd International Workshop in “Geoenvironment and Geotechnics”, Milos island. – Greece , 2008.
- 4) Bai X. Skeleton Pruning by Contour Partitioning with Discrete Curve Evolution. // X. Bai, L. J. Latecki, W.–Yu. Liu / Ieee transactions on pattern analysis and machine intelligence, vol. 29, – no. 3,– march – 2007 – pp.1–14.
- 5) Baldock R. Image Processing and Analysis A Practical Approach / Richard Baldock, Jim Graham – oxford university press – 2000– 300p.
- 6) Barnard K. Learning the Semantics of Words and Pictures / Barnard K., Forsyth D.–Computer Division, University of California, Berkeley – 2000.
- 7) Batko Yu. Algorithm of determination of image contours of biological nature / Yu. Batko, O. Berezsky // Proceedings of international conference "Modern problems of radio engineering, telecommunications and computer science" TCSET 2006, 28 February – 4 March 2006, Lviv, Ukraine. – 2006. – pp. 642–644.
- 8) Belongie S. Color– and Texture–Based Image Segmentation Using EM and Its Application to Content–Based Image Retrieval / Belongie S., Carson C., Greenspan H., Malik J. – ICCV '98. – 1998.
- 9) Berezsky O. M. Models and algorithms of synthesis of symmetric images in a strip and a plane / O. M. Berezsky // Information technologies and Systems. – 2006 – V.9, № 1. – pp. 95–100.
- 10) Berezsky O. Image Search and Retrieval Application / O. Berezsky, G. Melnyk, Yu. Batko // Proceedings of the International conference on computer

science and information technologies (CSIT'2007), September 27- 29, 2007. – L.: Ukrainski tehnologii, 2007. – P. 121–122.

11) Berezsky O. Biomedical Image Search and Retrieval Algorithms / Berezsky O., Melnyk G., Batko Yu. // Computing. – 2008. – Vol. 7 – pp. 108–114.

12) Berezsky O. M. Design of computer systems for biomedical image analysis / O. M. Berezsky, K. M. Berezska, G. M. Melnyk, Y. M. Batko // Proceedings of the X–th International Conference "The Experience of Designing and Application of CAD Systems in Microelectronics" CADSM'2009, 24–28 February 2009, Lviv–Polyana, Ukraine. – Lviv, 2009. – pp.186–192.

13) Berezsky O. Synthesis of Complex Images on the Basis of Theory of Crystallographic Groups / O. Berezsky, G. Melnyk, Yu. Batko, Yu. Kurylyak // Proceedings of IEEE 5th International Workshop on Intelligent Data Acquisition and Advanced Computing Systems: Technology and Applications (IDAACS' 2009), September 21–23 2009, Rende (Cosenza), Italy. – Ternopil, 2009. – pp.409–413.

14) Berezsky O. Automated system of biomedical image analysis / O. Berezsky, Yu. Batko, G. Melnyk // Proceedings of the International Conference Modern Problems of Radio Engineering, Telecommunication and Computer Science TCSET'2010. – Slavske, 2010 –P. 108.

15) Berezsky O. Modern Trends in Biomedical Image Analysis System Design / O. Berezsky, G. Melnyk, Yu. Batko // Biomedical engineering trends in electronics, communications and software – Rijeka, Croatia: InTech, 2011. – P. 461–480.

16) Berezsky O. Vision-based Medical Expert System / O. Berezsky, K. Berezska, Yu. Batko, G. Melnyk //6th International Scientific and Technical Conference «Computer Sciences and Information Technologies» (CSIT'2011, Lviv, Ukraine, November 16–19), 2011. – P. 49-50.

17) Berezsky O. Algorithm of image segmentation basis of previous labelling. / O. Berezsky, K. Berezska, Y. Batko, G. Melnyk // 6th International Scientific and Technical Conference “Computer Sciences and Information Technologies” (CSIT'2011). – Lviv, 2011. – P. 286–287.

- 18) Berezsky O. Contour Correspondence Points Detection for Biomedical Image Analysis / O. Berezsky, Yu. Batko, G. Melnyk // Proceedings of VII-th International Conference on Perspective Technologies and Methods in MEMS Design, May 11-14, 2011, Polyana – L.: Publishing House Vezha&Co, 2012. – P. 57-59.
- 19) Berezsky O. M. Algorithms choice for automatic image segmentation / O. M. Berezsky, Batko Yu. M. // Proceedings of the VIIth International Scientific and Technical Conference, CSIT 2012, 20-24 November 2012, Lviv, Ukraine – Lviv: Publishing Lviv Politechnic – P. 211-213.
- 20) Blum H. A Transformation for Extracting New Descriptors of Shape, Models for the Perception of Speech and VisualForm // H. Blum – MIT Press – 1967 – pp.363–380.
- 21) Canny J.F. Finding edges and lines in images. / J.F. Canny – Master’s thesis, – MIT, Cambridge, – 1983.
- 22) Carvalho M. Morphological segmentation of yeast by image analysis / Marco A.G. de Carvalho, Roberto de A. Lotufo, Michel Couprie – Image and Vision Computing – Volume 25 – Issue 1 – 2007 – pp.34–39.
- 23) Chan D.–Yu. A Contour Tracking Approach Using Progressive Boundary Marking and Synchronous Redundancy Pruning for Noisy Images // D.–Yu.Chan, Ch.–Li Chiu, – Department of information Engineering, National Chiayi University, Chia–Yi. – Taiwan, 2001 – pp. 261–267.
- 24) Changa S. Biomedical Image Skeletonization: A Novel Method Applied to Fibrin Network Structures. / S. Changa, C. A. Kulikowskia, S. M. Dunnb, and S. Levy // MEDINFO 2001 – Amsterdam: IOS Press., – 2001. – pp. 901–905.
- 25) Chen C. H. Texture Analysis / The Handbook of Pattern Recognition and Computer Vision (2nd Edition) // , L. F. Pau, – 1998.
- 26) Cheng H.D. Color image segmentation: advances and prospects / H.D. Cheng, X.H. Jiang, Y. Sun, Jingli Wang – Pattern Recognition v.34 –2001 – pp. 2259–2281.

- 27) Freeman H. On the Encoding of Arbitrary Geometric Configurations. / H. Freeman // IRE Trans. on Electr. Comp. – 1961 – vol. EC-10, No. 2 – pp. 260–268.
- 28) Fu K. A survey on image segmentation // K. Fu, J. Mui Pattern Recognition – 1981– Vol.13 – pp.3–16.
- 29) Hacker, N.F. Cervical cancer // Practical gynecologic oncology / Eds J.S Berek, N.F. Hacker. Third Edition. Philadelphia (USA): Lippincott Williams and Wilkins. – 2000. – P. 345 - 405.
- 30) Haralick R. M. Image Segmentation Techniques / R. M. Haralick, L. G. Shapiro // Computer Vision, Graphics and Image Processing. – 1985. – pp.100–132.
- 31) Harrison S.J. The influence of shape and skeletal axis structure on texture perception. // Sarah J. Harrison – Journal of Vision – 2009 – 9 – pp.1–21.
- 32) Hlavac V. Image Processing, Analysis, and Machine Vision, International Student Edition // V. Hlavac, M. Sonka, R. Boyle – Thomson Learning, part of the Thomson Corporation – 2008 – 829p.
- 33) Jian Wu. Skeleton Extraction of Cerebrovascular Image Based on Topological Nodes // Jian Wu, Guangming Zh., Jie X. – Proceedings of the 2009 International Symposium on Information Processing (ISIP'09) – Huangshan, P. R. China, – August 21–23, – 2009, – pp. 159–162.
- 34) Kiyko V.M. Recognition of objects in images of paper based line drawings / V. M. Kiyko. Third Intern. Conf. on Document Analysis and Recognition. – Monreal: 1995. – pp. 970–973.
- 35) Lam L. Thinning Methodologies // Lam L., Lee S.–W., Ching Y.Suen. – A Comprehensive Survey / IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence. – Vol.14, – 1992. – pp. 869–885.
- 36) Lasztovicza L. Neural network based microcalcification detection in a mammographic CAD system. / L. Lasztovicza, B. Pataki, N. Szekely // IEEE International Workshop on Intelligent Data Acquisition and Advanced Computing systems: Technology and Applications. – Lviv, Ukraine, 2003. – pp. 123–128.

- 37) Li C. H. Regularized Color Clustering in Medical Image Database / C. H. Li, P. C. Yuen – Ieee transactions on medical imaging, VOL. 19, – 2000 – pp. 1150–1155.
- 38) Lucchese L. Color Image Segmentation: A State-of-the-Art Survey, Image Processing, Vision, and Pattern Recognition. / L. Lucchese, S. Mitra // Proceedings of the Indian National Science Academy (INSA-A) – New Delhi, India, – 2001 – pp. 207–221.
- 39) Machado A. M.C. An Iterative Algorithm for Segmenting Lanes in Gel Electrophoresis Images / Alexei M. C. Machado, Mario F. M. Campos, Ari M. Siqueira, Osvaldo S. F. De Carvalho. – 1997.
- 40) Magee D. R. Building Shape Models from Image Sequences using Piecewise Linear Approximation/ D. R. Magee, R. D. Boyle – University of Leeds – 1998.
- 41) Malpica N. Applying watershed algorithms to the segmentation of clustered nuclei // N.Malpica N., Ortiz de Solorzano, J.J.Vaquero. Cytometry. – 1997. – V. 28. – pp. 289–297.
- 42) Marques J. P. Pattern Recognition Concepts, Methods and Applications / J. P. Marques de Sa –Springer–2001 – 317p.
- 43) Michael S. Practical algorithms for image analysis : description, examples, and code / Michael Seul, Lawrence O'Gorman, Michael J. Sammon. – Cambridge University Press – 2000 – 295p.
- 44) Montanari U. A method for obtaining skeletons using a quasi-Euclidean distance. // Montanari. U. – U. J. ACM – 1968 – pp. 600–624.
- 45) Nakano T. An image recognition algorithm using relationships between segmented coarse regions / Teppei Nakano, Takashi Morie– International Congress Series v.1291 – 2006 – pp. 241– 244p.
- 46) Nielsen M. What Do Features Tell about Images? / Nielsen M. ,Lillholm M. – Scale space and morphology in computer vision : third international conference, scale space 2001, Vancouver, Canada, July, 7–8, 2001 ; proceedings – Springer – 2001 – pp. 39–50.

- 47) Ogniewicz R.L. Hierarchic Voronoi Skeletons. // R.L.Ogniewicz, O. Kubler – Pattern Recognition, – №3 – 1995 – pp. 343–359.
- 48) Pal N. A survey on image segmentation techniques // N. Pal, S. Pal – Pattern Recognition – 1993– Vol. 26– pp.1277–1294.
- 49) Pavlidis T. Algorithms for Graphics and Image Processing / T. Pavlidis – US, Rockville, Maryland: Computer Science Press, 1982. – 438 p.
- 50) Perner P. Image mining: issues, framework, a generic tool and its application to medical–image diagnosis // Engineering Application of Artificial Intelligence. – 2002. – № 15 – pp. 205–216.
- 51) Petrou M. Image Processing : the fundamentals / M. Petrou , Bosdogianni P. – John wiley & sons, ltd – 1999 – 334p.
- 52) Pierre D. Adaptive Thresholding for the DigitalDesk / Pierre D. Wellner – EuroPARC Technical Report EPC – 1993 – pp. 93–110.
- 53) Potty Ch. Energy Minimization of Contours Using Boundary Conditions / Chandran S. A.K. Potty –Ieee transactions on pattern analysis and machine intelligence, – VOL. 20, – NO. 5, – 1998 – pp. 546–549.
- 54) Pratt W.K. Digital Image Processing: PIKS Inside, Third Edition. William K. Pratt / John Wiley and Sons, Inc., New York. – 2001–736p.
- 55) Ramesh B.V. Crossing Edge Detection and Contour Tracing for Segmentation of Cervical Cell Nucleus // B.V. Ramesh, S. Raghunandan, K.R. Ramakrishnan. – Defense Science Journal. – 1993. – Vol 43., No 3. July– pp. 223 – 228.
- 56) Ranzato M. Automatic recognition of biological particles in microscopic images / M. Ranzato, P.E. Taylor, J.M. House, R.C. Flagan, Y. LeCun, P. Perona – Pattern Recognition Letters – Volume 28 –Issue 1 –2007 – pp. 31–39.
- 57) Rizvandi N., Skeleton analysis of population images for detection of isolated and overlapped nematode c.elegans. // N.Rizvandi, F. Rooms, W. Philips – 16th European Signal Processing Conference (EUSIPCO 2008), – Switzerland, – August 25–29, – 2008 – pp. 346–351.



- 58) Robinson G.S. Color Edge Detection, Proceeding SPIE Symposium on Advances in Image Transmission Techniques / Robinson G.S., – Vol. 87, – San Diego – California – August– 1976. – pp. 126-133.
- 59) Rodenacker K. A feature set for cytometry on digitized microscopic images // K. Rodenacker, E.Bengtsson – Analysis Cell Pathology – 2003. – V. 25, N. 1. – pp. 1–36.
- 60) Russ J. Image processing Handbook:Fourth Edition / John C. Russ – CRC Press LLC – 2002.
- 61) Serra J. Image analysis and mathematical morphology. / Serra J. – Academic press inc. (London) ltd. – 1982 – 610p.
- 62) Shaked D. Pruning medial axes. // Shaked D., Bruckstein A. M.– Computer Vision and Image Understanding, Vol. 69, – No. 2, – 1998, – pp. 156–169.
- 63) Skarbek W. Color Image Segmentation – A Survey / W. Skarbek, A. Koschan // Technischer Bericht, Technical University of Berlin – Berlin, 1994 – pp. 94–32.
- 64) Tsapatsoulis N. Facial Image Indexing in Multimedia Databases / N. Tsapatsoulis, Y. Avrithis, S. Kollias – Pattern Analysis & Applications Vol4 – 2001 – pp. 93–107.
- 65) Vanhamel I. Automatic Watershed Segmentation of Color Images / I. Vanhamel, H. Sahli, I. Pratikakis – Mathematical morphology and its applications to image and signal processing – 2002–pp.207–215.
- 66) Wu K. Live sell image segmentation / Wu K., Gauthier D., Levine M.D. – IEEE Transactions on Biomedical Engineering – 1995 – pp.1–12.
- 67) Xiang B. Skeleton Pruning by Contour Partitioning with Discrete Curve Evolution // B. Xiang, Longin J. Liu W.–Yu – Ieee transactions on pattern analysis and machine intelligence, – vol. 29, – №. 3, – 2007 – pp.1–14.
- 68) Yang L. Unsupervised segmentation based on robust estimation and color active contour models // L.Yang ,P.Meer , D.Foran – IEEE Trans. on Information Technology in Biomedicine. – 2005. – V. 9. – pp. 475–486.

69) Zenkour K. Skeletonization of Noisy Images via the Method of Moment // K. Zenkour, H. El Fadili, H. Qjidaa – Colloque GRETSI, 11–14 septembre 2007 – P. 905–908.

70) Zhang T. Y. A fast parallel algorithm for thinning digital patterns // Zhang T. Y., Suen. C. Y. – Commun. ACM, – vol. 27, № 3 – 1984 – P. 236-239.

71) Zhang J. Analysis of segmentation performance on super-resolved images. / J. Zhang, X. Yuan –Proceedings of the 4th International Workshop on Texture Analysis and Synthesis, – 2005 – P. 155–160.

72) Zhang Y. Advances in Image And Video Segmentation. // Y. Zhang Y. – USA: IRM Press, – 2006 – 457 P.

73) Zhang J. Contour Clustering Analysis For Building Reconstruction From Lidar Data // J. Zhang, L. Li, W. Jiang – The International Archives of the Photogrammetry, Remote Sensing and Spatial Information Sciences. – Beijing, 2008. – Vol. XXXVII. – Part B3b.– pp. 135–143.

74) Žitkevičius E. On skeletonization of blood vessels in angiographic mri images of human brain// E. Žitkevičius, D. Grigaitis, D. Navakauskas – 124x information technology and control, – Vol.36, №.4 – 2007, – pp. 372–376.

75) Аверкин А. Н. Толковый словарь по искусственному интеллекту./ А. Н. Аверкин, М. Г. Гаазе-Рапопорт, Д. А. Поспелов // М.: Радио и связь. – 1992. – 256 с.

76) Автандилов Г. Г. Медицинская морфометрия. Руководство. / Г. Г. Автандилов – М.: Медицина, 1990. – 384 с.

77) Автандилов Г. Г. Основы количественной патологической анатомии. / Г. Г. Автандилов – М.: Медицина, – 2002. – 240 с.

78) Анисимов Б. В. Распознавание и цифровая обработка изображений:/ Анисимов Б. В., Курганов В. Д., Злобин В. К – М.: Высш. шк., 1983.– 295 с.

79) Афанасьев Ю. И. Гистология, цитология и эмбриология / Ю. И. Афанасьев, Н. А. Юрина, Е. Ф. Котовский и др. – М.: Медицина, – 2003. – 737с.

80) Баринаова О. Методы сегментации изображений: Автоматическая сегментация / Баринаова О., Вежневцев А.– Научно–образовательный сетевой

журнал, посвященный компьютерной графике, машинному зрению и обработке изображений „Графика и Мультимедиа” [Электронный ресурс] – Режим доступа до статті <http://cgm.graphicon.ru/content/category/5/27/62/> 2006.

81) Батько Ю.М. Аналіз алгоритмів виділення контурів зображень / О. М. Березький, Ю. М. Батько // Вісник Національного університету "Львівська політехніка". Комп'ютерні науки та інформаційні технології. – 2006. – № 565. – сс. 212–216.

82) Батько Ю. М. Аналіз сучасних підходів визначення інформаційних ознак зображень / Ю. М. Батько – Вісник Хмельницького національного університету – 2007 – Т.1, № 2. – сс. 128–133.

83) Батько Ю.М. Інформаційно–аналітична система дослідження та діагностування пухлинних клітин на основі аналізу їх зображень / О. М. Березький, Ю. М. Батько, Г. М. Мельник. // Вісник Хмельницького національного університету. – 2008. – № 3, Т.1. – С.120–130.

84) Батько Ю.М. Комп'ютерна система аналізу біомедичних зображень / О. М. Березький, Ю. М. Батько, Г. М. Мельник // Вісник Національного університету "Львівська політехніка". Комп'ютерні науки та інформаційні технології. – 2009. – № 650. – С. 11–18.

85) Батько Ю. М. Метод сегментації зображень на основі попередніх розміток зображення / Ю. М. Батько, О. М. Березький, Г. М. Мельник // Матеріали 4-ї Міжнародної науково–технічної конференції "Комп'ютерні науки та інформаційні технології 2009", 15–17 жовтня, 2009, Україна, Львів – Львів, 2009. – С. 48–52.

86) Батько Ю. М. Алгоритм проходження контуром об'єкта з використанням зворотного ходу / Ю. М. Батько, О. М. Березький // Штучний інтелект – 2009 – №3 – С. 516–523.

87) Батько Ю.М. Метод і алгоритми сегментації біомедичних зображень на основі попередніх розміток. // Ю.М. Батько – Штучний інтелект – 2010 – №4 – сс. 140–149.

88) Батько Ю.М. Методи сегментації біомедичних зображень / О.М. Березький, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник // Вісник Хмельницького національного університету. – 2010. – №1. – С.188– 195.

89) Батько Ю. М. Метод та алгоритми перетворення типу „контур-контур” та „область-область” / Ю. М. Батько // Вісник національного університету „Львівська політехніка” Комп’ютерні науки та інформаційні технології – Львів – 2011. – №710. – С. 262-269.

90) Березский О. Н. Топологические методы и алгоритмы преобразования контуров и областей плоских изображений / О. Н. Березский // Проблемы управления и информатики. – 2010. – № 5. – С. 123–131.

91) Березький О.М. Оцінка похибок перетворення мікрооб’єктів на цитологічних зображеннях / О.М. Березький, К.М. Березька, Г.М. Мельник, Ю.М. Батько // Збірник праць конференції “Интеллектуальные системы принятия решений и проблемы вычислительного интеллекта (ISDMCI’2013). – Євпаторія, 2013. – С. 169–171.

92) Березький О. М. Перетворення контурів зображень в афінному просторі / О. М. Березький, К. М. Березька, Ю. М. Батько, Г. М. Мельник. // Матеріали міжнародної конференції „Интеллектуальні системи прийняття рішень і проблеми обчислювального інтелекту” – Т.3, Ч.1 – Євпаторія, 2008. – с.51–55.

93) Березький О. М. Теоретико–груповий підхід до аналізу та синтезу складних зображень / О. М. Березький // Матеріали ІХ всеукраїнської міжнародної конференції „Оброблення сигналів і зображень та розпізнавання образів”, УКРОБРАЗ’2008, 3–7 листопада, Київ, Україна – К., 2008. – с. 173–176.

94) Березький О.М. Морфометричні особливості епітелію шийки матки при цитологічному дослідженні дисплазій / О. М. Березький, Т.В. Дацко, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник, Я.Я. Боднар, Л.І. Косило // Науково–практичний журнал "Здобутки клінічної і експериментальної медицини". – 2008. –№2(9). – с.112.

95) Березький О.М. Перетворення контурів зображень в афінному просторі. // О.М.Березький, К.М.Березька, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник /

Збірник праць конференції “Интеллектуальні системи прийняття рішень и проблемі вічислительного інтелекта (ISDMCI’2008)” – Євпаторія – 2008 – с. 57–61.

96) Березький О. М. Алгоритми статистичної обробки біомедичних зображень. / О. М. Березький, К. М. Березька, Г. М. Мельник // Матеріали міжнародної науково–практичної конференції "Інтеллектуальні системи прийняття рішень та проблеми обчислювального інтелекту" (ISDMCI'2009), 18–22 травня 2009 р., – Херсон, 2009. – с. 23–29.

97) Березький О. М. Методи та алгоритми перетворення контурів зображень в афінному просторі // Вісник Національного університету "Львівська політехніка". Комп’ютерні науки та інформаційні технології. – 2009. – № 638. – с. 185–189.

98) Березький О. М. Текстура сегментація біомедичних зображень на основі просторових моментів / О. М. Березький, Ю. М. Батько, Г. М. Мельник // Матеріали 4-ї Міжнародної науково–технічної конференції "Комп’ютерні науки та інформаційні технології 2009", 15–17 жовтня, 2009, Україна, Львів – Львів, 2009 – с. 42–45.

99) Березький О. М. Цитометричні показники епітелію шийки матки при різних ступенях дисплазій за цитологічного дослідження / О. М. Березький, Ю.М. Батько, Т.В. Дацко, Г.М. Мельник, Я.Я. Боднар, І.А. Дацко, Т.К. Головата // Збірник матеріалів конференції "Здобутки клінічної та експериментальної медицини" 4 червня 2009 р., Тернопіль – Тернопіль, 2009. – 96с.

100) Березький О.М. Морфометричний аналіз протокового епітелію молочної залози при непроліферативних мастопатіях за цитологічного дослідження / О.М. Березький, Ю.М. Батько, Т.В. Дацко, Г.М. Мельник, Я.Я. Боднар, І.А. Дацко, В.Д. Волошин // Збірник матеріалів науково–практичної конференції "Морфологічний стан тканини і органів систем організму в нормі та патології" 10–11 Червня 2009 р., Тернопіль. – Тернопіль, 2009. – с.47–48.

101) Березький О.М. Синтез альтернативних рішень при структурному проектуванні систем автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, К.М.

Березька, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник // Вісник Національного університету "Львівська політехніка". Комп'ютерні науки та інформаційні технології. – 2009. – № 638. – с. 64–72.

102) Березький О. Топологічне перетворення областей: випадок неізоморфних скелетів / О. Березький // Відбір і обробка інформації : зб. наук. праць. – 2010. – Вип. 33. – С. 67-74.

103) Березький О.М. Порівняння алгоритмів перетворення зображень в афінному та топологічному просторах / О.М. Березький, Ю.М. Батько // Збірник праць конференції “Интеллектуальные системы принятия решений и проблемы вычислительного интеллекта (ISDMCI’2011). – Євпаторія, 2011. – С. 68–71.

104) Березький О.М. Топологічні методи аналізу біомедичних зображень / О.М. Березький, К.М. Березька, Г.М. Мельник, Ю.М. Батько // Збірник праць конференції “Интеллектуальные системы принятия решений и проблемы вычислительного интеллекта (ISDMCI’2012). – Євпаторія, 2012. – С. 320–322.

105) Березький О.М. Метод вибору алгоритмів автоматичної сегментації біомедичних зображень / О.М. Березький, Ю.М. Батько // Системи обробки інформації. – Харків. – 2013. – № 2(109). – С. 246–251.

106) Програмний комплекс „Биоскан” [Електронний ресурс] – Режим доступу –<http://itlab.anitex.by/bioscan/about.html>.

107) Вежневц А.П. Методы классификации с обучением по прецедентам в задаче распознавания объектов на изображениях / Вежневц А.П. – Новосибирск – Труды конференции Graphicon–2006 – 2006 – с.166–173.

108) Гланц С. Медико–биологическая статистика. Пер. с англ. / С. Гланц – М.: Практика, 1998. – 459 с.

109) Глушков Г.А. Компьютерная графика / Глушков Г.А. – Харьков – „Фолио”– 2000–500с.

110) Головка В.А. Нейроинтеллект: теория и применение. Книга 2: Самоорганизация, отказоустойчивость и применение нейросетей. / Головка В.А. – Брест– Изд. БПИ – 1999 – 288с.

- 111) Гонсалес Р. Цифровая обработка изображений / Р. Гонсалес, Р. Вудс – М. – Техносфера – 2005.–1072с.
- 112) Гонсалес Р. Цифровая обработка изображений в среде MATLAB / Гонсалес Р., Вудс Р., Эддинс С. Москва: Техносфера, 2006. – 616с.
- 113) Грузман И.С. Цифровая обработка изображений в информационных системах: Учебное пособие / И.С. Грузман, В.С. Киричук, В.П. Косых, Г.И. Перетягин, А.А. Спектор // Новосибирск: Изд-во НГТУ. – 2002. – 352 с.
- 114) Дарченко А.О. Автоматизация и компьютеризация цитологических исследований в гематологии / А. О. Дарченко, И. П. Романов, А. П. Крениций // Биомедицинские технологии и радиоэлектроника. – 2003. – №2. – С. 55–61.[114]
- 115) Егорова О. В. Компьютерная микроскопия / О. В. Егорова, Е. И. Клыкова, В. Г. Пантелеев – М.: Техносфера, 2005. – 300 с.
- 116) Егорова О. В. С микроскопом на "ты". Шаг в XXI век. Световые микроскопы для биологии и медицины. / О. В. Егорова – М.: Издательство "Репроцентр М" – 2006 – 416 с.
- 117) Журавель И.М. Оценка визуального качества цифровых изображений / –"Краткий курс теории обработки изображений" / Консультационный центр MATLAB компании softline [Электронный ресурс] – Режим доступа до статті <http://matlab.exponenta.ru/imageprocess/book2/3.php>.
- 118) Звіт про науково–дослідну роботу на тему: "Інформаційно–аналітична система для дослідження і діагностування пухлинних (ракових) клітин людини на основі аналізу їх зображень" (заключний) / [О.М. Березький, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник та ін.] – Тернопіль: ТНЕУ, 2009. – 257с.
- 119) Ильясова Н.Ю. Применение искусственных нейронных сетей для оценивания диагностических параметров на биомедицинских изображениях / , Д.Е.Липка, А.В.Куприянов – Институт систем обработки изображений РАН – <http://rec14.smr.ru/publications/12.pdf>.

120) Итенберг И.И. Аналитический метод представления геометрической информации / Итенберг И.И., Бутенков С.А., Семерий О.С., Бачило С.А. –3-я Международная конференция DSPA'2000 –2000р.

121) Кіт О. М. Хірургія / О. М. Кіт та інш. // Тернопіль: Укрмедкнига. – 2004. – 644 с.

122) Комп'ютерна програма «Інформаційно-аналітична система для дослідження та діагностування пухлинних (ракових) клітин людини «Morphosys» («Morphosys») / Березький О.М., Батько Ю.М., Дацко І.А., Мельник Г.М. // Свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір № 35888 від 30.11.2010 р.

123) Коневский О. Л. Адаптивная морфологическая обработка бинарных контуров // О. Л. Коневский – Электронный журнал «Исследовано в россии» [Электронный ресурс] – Режим доступа до статті <http://zhurnal.ape.relarn.ru/articles/2001/149.pdf> – 2001– с.1722–1731.

124) Королюк И.П. Медицинское изображение как основа медицинской визуализации. /И.П. Королюк // Медицинская визуализация. - 2012. - № 5. - С. 113-125.

125) Косневски Ч. Начальный курс алгебраической топологии. / Ч. Косневски // М.: Мир. – 1983. – 304 с.

126) Круг П.Г. Нейронные сети и нейрокомпьютеры / Круг П.Г. – М.: Издательство МЭИ, – 2002. – 176с.

127) Куликова Л.И. Выбор оптимальных условий аналитического описания контурных объектов в задачах анализа изображений и распознавания образов / Куликова Л. И., Махортых С. А. – Электронный научный журнал „Исследовано в россии” [Электронный ресурс] – Режим доступа до статті – <http://zhurnal.ape.relarn.ru/articles/2005/144.pdf>– 2005 – с.1501–1511.

128) Маврин Г.Н. Алгоритм маркерного водораздела для сегментации зерен металлов / Маврин Г.Н., Сафонов И.В. –3-я Международная конференция DSPA'2000 –2000.



129) Марр Д. Зрение. Информационный подход к изучению представления и обработки зрительных образов. / Д. Марр // - М.: Радио и связь. – 1987. – 356 с.

130) Матвеев С.В. Представление изображения в виде укрупненной блочной структуры. / – Препринт ИФВЭ – Противино – 1997 – 9с.

131) Медовый В. С. Автоматизированная микроскопия биоматериалов / В. С. Медовый, А. А. Парпара, А. М. Пятницкий, Б. З. Соколинский, В. Л. Демьянов // Здоровоохранение и медицинская техника. – 2005 – № 4(18). – с. 42–43.

132) Местецкий Л. М. Математические методы распознавания образов. Курс лекций. / Л. М. Местецкий – М.:Ф-т ВМиК МГУ, кафедра ММП, – 2004 – 85с.

133) Местецкий Л. “Непрерывная морфология бинарных изображений: фигуры, скелеты, циркуляры” // Л. Местецкий – Москва:ФИЗМАТЛИТ – 2009. – 288с.

134) Мищенко А.С. Краткий курс дифференциальной геометрии и топологии. / А.С. Мищенко, А.Т. Фоменко – М.: Физматлит, 2004. – 304с.

135) Мошкин В.И. Техническое зрение роботов / В.И. Мошкин, А.А. Петров, В.С. Титов, Ю.Г. Якушенков; Под общ. Ред. Ю.Г. Якушенкова. – М.:Машинстроение – 1990г. – 272с.

136) Мурашов Д.М. Метод автоматизированной сегментации изображений цитологических препаратов на основе модели активного контура. // Д.М. Мурашов – Труды МФТИ – 2009 – №1 – Том 1 – с.80–89.

137) Никитин О. Р. Экспериментальное исследование методов сжатия медицинских изображений / О. Р. Никитин, Е. А. Архипов, А. С. Пасечник // Автоматика и телемеханика. – 2004. – №3. – с. 21–27.

138) Опыр Н.В. Выделение контуров бинарного изображения. / Н.В. Опыр // Отбор и обработка информации. – 1988. – Вып. 2(78). – С. 81-84.

139) Павлидис Т. Алгоритмы машинной графики и обработки изображений / Павлидис Т. – 1981 – 396с.

140) Патрик Э. Основы теории распознавания образов: / Патрик Э. Пер. с англ.–Под ред. Б. Р. Левина. – М.: Сов. радио, – 1980 – 408 с.

141) Петровский Б. В. Краткая Медицинская Энциклопедия. В трех томах. Издание второе. / Под ред. Б. В. Петровского – М.: "Советская Энциклопедия" – 1989. – Т.2 – 608с.

142) Плекин В.Я. Алгоритм распознавания изображений с использованием вейвлет–преобразования / Плекин В.Я., Малышев А.В.– 3–я Международная конференция DSPA'2000 –2000.

143) Подистов, Ю.И. Сопоставление результатов цитологического исследования и данных молекулярно-биологического метода HYBRID CAPTURE II у больных предраком шейки матки / Ю.И.Подистов // Клиническая лабораторная диагностика 2005. – № 8. – С. 43 - 45.

144) Понизовский Б.И. Сегментация и оценка параметров кровеносных сосудов на рентгеновских изображениях для обнаружения стеноза / Понизовский Б.И. – 5–я Международная конференция „Цифровая обработка изображений и ее применение” DSPA'2003 – 2003г.

145) Путятин Е.П. Нормализация и распознавание изображений / Е.П.Путятин [Электронный ресурс] – Режим доступа до статті <http://sumschool.sumdu.edu.ua/is-02/rus/lectures/pytyatin/pytyatin.htm>.

146) Решетов И. В. Комплекс пространственно–цветовых координат кожных новообразований / И. В. Решетов, К. Г. Кудрин, И. Н. Спиридонов // Биомедицинские технологии и радиоэлектроника. – 2004. – №10. – С. 55–61.

147) Рудковская Д. Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы / Д. Рудковская, М. Пилиньский, Л. Рутковский – М.– Телеком – 2006 – 452с.

148) Садикова Н.В. Стандартизация забора материала и его адекватность в обеспечении качества цитологического скрининга / Н.В. Садикова // Новости клинической цитологии России. 1998. –Т. 2. – № 3-4. – С. 131.

149) Свами М. Графы, сети и алгоритмы: Перевод с английского. // М. Свами, К. Тхуласираман – М: – "Мир" – 1984 – 455с.

150) Сельков С.А. Ранняя диагностика и лечение предраковых состояний шейки матки / С.А. Сельков, С.В. Рищук, Д.Ф. Костючек., Г.Н. Веденева // *Акушерство и гинекология.* – 2005. – № 3. – С. 17 – 20.

151) Семенов С.М. Распознавание некоторых объектов на изображениях, получаемых со спутников / С.М. Семенов, А.В. Татарников – *Солнечно-земная физика.* Вып. 5 – 2004 – с.80–83.

152) Серебров, А.И. Рак матки / А.И. Серебров. // М.: Медицина. – 1968. – 323 с.

153) Скорб С.В. Метод построения контура текстурно–однородной области на космическом фотоизображении / Скорб С.В.–Труды XXXIII Молодежной школы–конференции –2002.

154) Смеляков К.С. Методологические основы параметрической настройки критериев для решения задачи сегментации изображений объектов нерегулярного вида / К.С. Смеляков // *Системи управління, навігації та зв'язку.* – 2009. – № 1(9). – С. 18-22.

155) Смеляков К.С. Методы сегментации изображений объектов нерегулярного вида, особенности их применения и перспективы развития / К.С. Смеляков // *Системи управління, навігації та зв'язку.* – 2011. – № 3(19). – С.100-104.

156) Сойфер В.А. Методы компьютерной обработки изображений / Под ред. В.А. Сойфера. – 2–е изд., испр. – М.: ФИЗМАТЛИТ, – 2003. – 784 с.

157) Спиридонов А.В. Автоматизированная классификация лейкоцитов / А. В. Спиридонов, Н. С. Кондратова, И. А. Коренкова// *Биомедицинские технологии и радиоэлектроника.* – 2003. – № 12. – с. 7–12.

158) Тимофеев А.В. Адаптивные робототехнические комплексы. / А.В. Тимофеев // Л.: Машиностроение. – 1988. – 332 с.

159) Тимченко Л. І. Сегментація кліток на мікроскопічних зображеннях цитологічних, гематологічних і гістологічних препаратів. / Л. І. Тимченко, Я. Г. Скорюкова // *Оптико–електронні інформаційно–енергетичні технології.* – №1(3) – 2002. – с. 108–114.

160) Тимченко Л. І. Метод покращення результатів сегментації гемоцитологічних зображень. / Л. І. Тимченко, Я.Г. Скорюкова. // Оптико–електронні інформаційно–енергетичні технології. – № 1–2(5–6), – 2003. – С. 46–49.

161) Уэбба С. Физика визуализации изображений в медицине: В 2–х томах. Т.1: Пер. с англ. / Под ред. С.Уэбба. – М.: Мир, – 1991. – 408 с.

162) Фисенко В.Т. Компьютерная обработка и распознавание изображений В.Т. Фисенко, Т.Ю. Фисенко – СПб: СПбГУ ИТМО, – 2008. – 192 с.

163) Форсайт Д.А. Компьютерное зрение: современный подход. / Форсайт Д.А., Понс Ж.– Пер. с англ. – М.–издательский дом „Вильямс” – 2004 – 928с.

164) Фурман Я. А. Цифровые методы обработки и распознавания бинарных изображений / Фурман Я. А., Юрьев А. Н., Яншин В. В. .– Красноярск: Изд–во Краснояр. ун–та, – 1992г–248 с.

165) Фурман Я.А. Введение в контурный анализ; приложения к обработке изображений и сигналов / Я.А.Фурман, А.В Кривецкий, А.К. Передреев, А.А. Роженцов, Р.Г. Хафизов, И.Л. Егوشيца, А.Н. Леухин; Под ред. Я.А. Фурмана. – 2–е изд., испр. – М.: ФИЗМАТЛИТ, – 2003. – 592 с.

166) Хорн Б.К.П. Зрение роботов: Хорн Б.К.П. Пер с англ. – М.: Мир – 1989 – 487 с.

167) Чен К. MATLAB в математических исследованиях: Пер. с англ. / Чен К., Джиблин П., Ирвинг А. – М.: – Мир,– 2001. – 346с.

168) Чиссова В.И. Ошибки клинической онкологии / В.И. Чиссова, А.Х, Трахтенберг // М.: ГЭОТАР-Медиа. – 2009. – 768 с.

169) Шапиро Л. Компьютерное зрение: Пер. с англ. / Л. Шапиро, Дж. Стокман – М.:Бином. Лаборатория знаний, – 2006. – 752 с.

170) Шлезингер М.И. Математические средства обработки изображений / Шлезингер М.И. – К., – Наукова думка – 1989 – 200с.

171) Шлезінгер М.І. Синтаксичний аналіз та розпізнавання друкованих нотних текстів / М.І. Шлезінгер, Б.Д. Савчинський, М.О. Анохіна – Управляющие системі и машині – № 4. – 2003. – с. 30–38.

172) Штовба С.Д. Проектирование нечетких систем средствами Matlab / С.Д. Штовба // М.: «Горячая линия - Телеком». – 2007. – 286 с.

173) Яковенко М.К. Статистические описатели структуры / М.К. Яковенко / 5-я Международная конференция „Цифровая обработка изображений и ее применение” DSPA’2003 – 2003г.

174) Яне Б. Цифровая обработка изображений. / Б. Яне //– М.: Техносфера, – 2007 – 584 с.

175) Ярославский Л.П. Введение в цифровую обработку изображений / Ярославский Л.П. – М. – Сов. радио – 1979 –312с.

Копіювати заборонено

## Додаток А

Таблиця А.1 – Аналіз особливостей різних типів онкологічних захворювань при цитологічному дослідженні

Орган	Тип онкологічного захворювання	Особливості зміни форми при патології
1	2	3
Шийка матки	Неінвазивний рак	Диспластичні зміни епітелію базального, парабазального та проміжного слоїв.
	Плоскоклітковий зроговілий рак	В поверхневому та проміжному шарі епітелію атипіві елементи з розвинутою цитоплазмою, частина клітин видовжена. Люмінесценція ядра яскраво жовта, цитоплазми рожева та червона.
	Плоскоклітковий незроговілий крупноклітковий рак	Атипічні клітини в проміжного та парабазального шарів. Клітини неправильної округлої, овоїдної багатогранної форм. Ядра та ядерця – укрупнені. Цитоплазма – розвинута слабо. Люмінесценція ядер червона, жовто-зелена; цитоплазма – рожева, червона.
	Плоскоклітковий незроговілий дрібноклітковий недеференційований рак	Клітини – невеликі з однаковою формою. Присутні багатоядерні клітини. Поодинокі ядра. Цитоплазма не розвинута. Люмінесценція ядер – переважають жовті кольори, цитоплазма – червонувата.
	Залозиста гіперплазія ендометрія	Клітини більші за звичайні. Ядра укрупнені (до 67% площі клітини), світло-зеленого кольору та рівними контурами. Ядерця збільшені. Цитоплазма розвинута з рівними контурами зеленого та рожево-червоного кольорів. Присутні окремо лежачі ядерця.

Продовження таблиці А.1

1	2	3
	Атипова залозиста гіперплазія	Поліморфізм величини, форми та кольору клітин призматичного епітелію та їх ядер. Контури клітин не рівні, зелено-жовтого кольору, ядерця укрупнені. Цитоплазма укрупнена (рожевого та червоного кольорів). Признаки дистрофії та некроза.
	Аденокарцинома	Явно виражений поліморфізм та атипія клітин залозистого епітелію. Клітини – укрупнені, овоїдної, веретеновидної, неправильної форми. Ядра округлі, різної форми, жовтого кольору. Цитоплазма – слаборозвинута, зеленого, оранжевого, червоного кольору. Ядерця укрупнені.
	Хоріонкарцинома	Клітини з крупними прозорими ядрами зеленого кольору, цитоплазма темно-зеленого кольору з червоними вкрапленнями. Ядерця – укрупнені. В зразку присутні багатоядерні клітини з укрупненою цитоплазмою та великою кількістю ядер округлої форми. Зустрічаються клітини з бульбашкоподібними округлої форми ядрами з слабо вираженою цитоплазмою.
Молочна залоза	Дисплазія (Фібозна форма)	Мала кількість клітин в зразку. Клітини мало чим відрізняються від здорових. Частина клітин має зменшені розміри, в цитоплазмі присутні гранули. Люмінесценція – зеленого з відтінками жовтого кольору.
	Дисплазія (Протокова форма)	Клітини подібні до здорових, але з менш чіткими границями. Розміри збільшені не суттєво: клітини (11,09+-0,7 мкм), ядра (6,75+-0,32 мкм), ядерця (1,15+-0,088 мкм). Частина клітин та ядер овоїдної, дещо витягнутої форми.

Продовження таблиці А.1

1	2	3
	Дисплазія (долькова форма)	Зразки містять значну кількість клітин однорідного та гіперплазованого залозевого епітелію. Присутні поодинокі ядра.
	Дисплазія (кістозна форма)	Зразок взятий з центру захворювання характеризується однорідними клітинами залозевого епітелію, фіброцитами. В зразках взятих з границь кісти присутні однорідні клітини залозевого епітелію, пласти та ряди еозинофільного епітелію, макрофаги та гістоцити. Розмір клітин еозинофільного епітелію неоднаковий (від 11 до 50 мкм в залежності від місця взяття зразка). Форма – кубічна, призматична, багатогранна. Ядра округлої форми (7-8 мкм), розміщені посередині клітини, зелено-жовтого кольору. Присутні 1-2 ядерця. Цитоплазма темно-зеленого кольору та містить велику кількість гранул.
	Дисплазія (проліферативна форма)	Клітини неправильної, кубічної та призматичної форми, дещо збільшеного розміру: клітини (11,95±0,58 мкм), ядра (7,62±0,39 мкм), ядерця (1,26±0,4595 мкм). Ядра бузкового кольору, округлої, овоїдної, овоїдно-витягнутої форми. Цитоплазма зеленого кольору, розвинута помірно. Границі клітин не чіткі.
	Дисплазія (малігнізована форма)	Частково присутній поліморфізм та збільшені розміри клітин, ядер, ядерця. Присутні атипові клітини схожі за формою на клітини кубічного та призматичного епітелію. Ядра жовто-зеленого кольору, збільшені з неправильною формою. Цитоплазма - слабо розвинута, тускло-зеленого, червоного кольорів. Зустрічаються голі ядра. Не чіткі границі клітин.

Продовження таблиці А.1



1	2	3
	Фіброаденома	Епітеліальні клітини збільшені. Ядра - зеленуваті з відтінком жовтого, округлої форми. Ядерця збільшені. Цитоплазма в основному відсутня.
	Кліткова внутрішньо-протокова фіброаденома	Присутні клітини фібропластів з признаками поліморфізму. Ядра (жовто-зеленого кольору) та ядерця (блідо-жовтого кольору) укрупнені. Цитоплазма – тускло-зеленого кольору, слабовиражена.
	Рак	Наявна атипія з чіткими признаками поліморфізму. Велика кількість багатоядерних клітин. Колір клітин залежить від типу барвників. Цитоплазма збільшена.

Копіювати заборонено

## ДОДАТОК Б

### Вихідний код процедури сегментації зображень

```

procedure Segment(Sender: TObject);
var
  i,j : integer;
  s1,s2 : integer;
  temp,temp2 : byte;
  tempmatrix : array [0..1000,0..1000] of byte;
begin
  //додавання точок які лежать біля контуру ядер, якщо вони належать одному кластеру.
  // визначення контурів ядер
  repeat
  temp:=0;
  for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
    for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
      begin
        if MaskNucleus[i,j] >0 then
          begin
            for s1:=-1 to 1 do
              for s2:=-1 to 1 do
                begin
                  if ((MaskNucleus[i+s1,j+s2] = 0) and (Pixels[i+s1,j+s2].Numbercluster =
                    Pixels[i,j].Numbercluster)) then
                    begin
                      MaskNucleus[i+s1,j+s2] := MaskNucleus[i,j];
                      Inc(Cell[MaskNucleus[i,j]].area);
                      Cell[MaskNucleus[i,j]].matrix[Cell[MaskNucleus[i,j]].area,1] := i+s1;
                      Cell[MaskNucleus[i,j]].matrix[Cell[MaskNucleus[i,j]].area,2] := j+s2;
                      if Cell[MaskNucleus[i,j]].MinXY[1] > i+s1 then Cell[MaskNucleus[i,j]].MinXY[1] :=
i+s1;
                      if Cell[MaskNucleus[i,j]].MinXY[2] > j+s2 then Cell[MaskNucleus[i,j]].MinXY[2] :=
j+s2;
                      if Cell[MaskNucleus[i,j]].MaxXY[1] < i+s1 then Cell[MaskNucleus[i,j]].MaxXY[1]
:= i+s1;
                      if Cell[MaskNucleus[i,j]].MaxXY[2] < j+s2 then Cell[MaskNucleus[i,j]].MaxXY[2]
:= j+s2;
                      temp :=1;
                    end;
                  end;
                end;
              end;
            end;
          end;
        until (temp = 0);

  For i:=1 to markpixel do
  begin
  //проходження контуром ядра
    Contour(i);
  // промальовка контуру ядра
    Cell[i].paintCONTOUR($0000FF00);
  end;

```

```

//підрізання відростів біля ядер
for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
  for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
    begin
      tempmatrix[i,j]:= MaskNucleus[i,j];
      if MaskNucleus[i,j] =2 then
        begin
          temp :=0;
          for s1:=-1 to 1 do
            for s2:=-1 to 1 do
              begin
                if (MaskNucleus[i+s1,j+s2] = 0) then
                  begin
                    inc(temp);
                  end;
                end;
              if (temp) < 3 then
                begin
                  tempmatrix[i,j] :=0;
                end
              end;
            end;
          end;
        for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
          for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
            begin
              MaskNucleus[i,j] := tempmatrix[i,j];
            end;
          end;
        for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
          for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
            begin
              if MaskNucleus[i,j] =2 then
                begin
                  for s1:=-1 to 1 do
                    for s2:=-1 to 1 do
                      begin
                        if (MaskNucleus[i+s1,j+s2] = 0) then
                          begin
                            MaskNucleus[i+s1,j+s2] := 3;
                            //MaskNucleus[i,j] := 1;
                          end;
                        end;
                      end;
                    end;
                  end;
                end;
              end;
            end;
          repeat
            temp :=0;
            for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
              for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
                begin
                  if ((MaskNucleus[i,j] =3) or (MaskNucleus[i,j] =2)) then
                    begin
                      for s1:=-1 to 1 do

```

```

        for s2:=-1 to 1 do
            begin
                if ((MaskNucleus[i+s1,j+s2] = 0) and (Pixels[i+s1,j+s2].Numbercluster =
Pixels[i,j].Numbercluster))then
                    begin
                        MaskNucleus[i+s1,j+s2] := 3;
                        temp := 1;
                    end;
                end;
            end;
        end;
    until (temp = 1);
}
for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
    for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
        begin
            if MaskNucleus[i,j] =3 then
                begin
                    for s1:=-1 to 1 do
                        for s2:=-1 to 1 do
                            begin
                                if (MaskNucleus[i+s1,j+s2] = 0) then
                                    begin
                                        MaskNucleus[i+s1,j+s2] := 4;
                                        //MaskNucleus[i,j] := 1;
                                    end;
                                end;
                            end;
                        end;
                    end;
                end;
            repeat
                temp :=0;
                for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
                    for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
                        begin
                            if (MaskNucleus[i,j] =4) then
                                begin
                                    for s1:=-1 to 1 do
                                        for s2:=-1 to 1 do
                                            begin
                                                if ((MaskNucleus[i+s1,j+s2] = 0) and (Pixels[i+s1,j+s2].Numbercluster =
Pixels[i,j].Numbercluster))then
                                                    begin
                                                        MaskNucleus[i+s1,j+s2] := 4;
                                                        temp := 1;
                                                    end;
                                                end;
                                            end;
                                        end;
                                    end;
                                end;
                            until (temp = 1);
                            //додавання пікселів якщо вони світліші
                            repeat
                                temp :=0;

```



```

    if (temp) < 4 then
      begin
        tempmatrix[i,j] :=0;
        inc(temp2);
      end
    end;
  end;
end;
for i:=1 to Form1.Image1.Picture.Width-2 do
  for j:=1 to Form1.Image1.Picture.Height-2 do
    begin
      MaskNucleus[i,j] := tempmatrix[i,j];
    end;
  until (temp2 = 0);

```

```

For i:=1 to markpixel do
  For j:=1 to Cell[i].area do
    begin
      Form1.Image1.Canvas.Pixels[Cell[i].matrix[j,1],Cell[i].matrix[j,2]]:=Cell[i].color;
    end;
  Form1.Image1.Repaint;
  ShowMessage('End cell');

```

```

For i:=1 to markpixel do
  begin
    Contour(i);
    if Cell[i].area < strtoint(Form1.Edit1.Text) then Cell[i].active := false;
    if Cell[i].active then Cell[i].paintCONTOUR(Cell[i].color);
  end;
  for i:=1 to markpixel do
    begin
      if Cell[i].active then
        for j:=1 to Cell[i].perumetr do
          begin
            Form1.Image3.Canvas.Pixels[Cell[i].matrixCotour[j,1],Cell[i].matrixCotour[j,2]] :=
            $000000FF;
          end;
        end;
      Form1.Image3.Canvas.Refresh;
    end;
  end;

```

## ДОДАТОК С

### Вихідний код функції проходження контуром

```

function prohid_contoure (InImage: Tbitmap; X,Y:integer; Next: integer;
color,marker_color,fon_color : integer; var contour: array of TPoint; var perumetr:integer) : integer;
var
p: byte;
begin
//781
//602
//543
p:=0;
if Next = 1 then
begin
if ((X+1)<(InImage.Width)) and((Y-1)>-1) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y-1] = marker_color then
begin
if ((X+1)=contour[0].X) and ((Y-1)=contour[0].Y) then
begin
Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perumetr >1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perumetr].X := 0;
contour[perumetr].Y := 0;
dec(perumetr);
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=2;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perumetr].X,contour[perumetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perumetr);
Result := -1;
exit;

```

```

end
else
begin
if perumetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perumetr);
contour[perumetr+1].X := 0;
contour[perumetr+1].Y := 0;
Result := -2;
exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y-1] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X+1;
contour[perumetr].Y := Y-1;
InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y-1] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X+1,Y-1,7,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,2,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,2,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end;
if Next = 2 then
begin
if (X+1)<(InImage.Width) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y] = marker_color then
begin
if ((X+1)=contour[0].X) and ((Y)=contour[0].Y) then
begin
Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perumetr >1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perumetr].X := 0;
contour[perumetr].Y := 0;
dec(perumetr);

```



```

if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=2;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perumetr].X,contour[perumetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perumetr);
Result := -1;
exit;
end
else
begin
if perumetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perumetr);
contour[perumetr+1].X := 0;
contour[perumetr+1].Y := 0;
Result := -2;
exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X+1;
contour[perumetr].Y := Y;
InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X+1,Y,8,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,3,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,3,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);

```

```

end;
end;
if Next = 3 then
begin
if ((X+1)<(InImage.Width)) and((Y+1)<InImage.Height) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y+1] = marker_color then
begin
if ((X+1)=contour[0].X) and ((Y+1)=contour[0].Y) then
begin
Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perimetr >1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perimetr].X := 0;
contour[perimetr].Y := 0;
dec(perimetr);
if (contour[perimetr].X-contour[perimetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perimetr].X-contour[perimetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=-1 then p:=2;
end;
if (contour[perimetr].X-contour[perimetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perimetr].Y-contour[perimetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perimetr].X,contour[perimetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perimetr);
Result := -1;
exit;
end
else
begin
if perimetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perimetr);
contour[perimetr+1].X := 0;
contour[perimetr+1].Y := 0;
Result := -2;

```

```

exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y+1] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X+1;
contour[perumetr].Y := Y+1;
InImage.Canvas.Pixels[X+1,Y+1] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X+1,Y+1,1,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,4,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,4,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end;
if Next = 4 then
begin
if ((Y+1)<InImage.Height) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X,Y+1] = marker_color then
begin
if ((X)=contour[0].X) and ((Y+1)=contour[0].Y) then
begin
Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perumetr >1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perumetr].X := 0;
contour[perumetr].Y := 0;
dec(perumetr);
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=2;

```

```

end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perumetr].X,contour[perumetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perumetr);
Result := -1;
exit;
end
else
begin
if perumetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perumetr);
contour[perumetr+1].X := 0;
contour[perumetr+1].Y := 0;
Result := -2;
exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X,Y+1] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X;
contour[perumetr].Y := Y+1;
InImage.Canvas.Pixels[X,Y+1] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X,Y+1,2,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,5,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end;
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,5,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end;
if Next = 5 then
begin
if ((X-1)>-1) and((Y+1)<InImage.Height) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y+1] = marker_color then
begin
if ((X-1)=contour[0].X) and ((Y+1)=contour[0].Y) then
begin

```

```

Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perumetr > 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perumetr].X := 0;
contour[perumetr].Y := 0;
dec(perumetr);
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=2;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perumetr].X,contour[perumetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perumetr);
Result := -1;
exit;
end
else
begin
if perumetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perumetr);
contour[perumetr+1].X := 0;
contour[perumetr+1].Y := 0;
Result := -2;
exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y+1] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X-1;
contour[perumetr].Y := Y+1;

```

```

InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y+1] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X-1,Y+1,3,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,6,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,6,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end;
if Next = 6 then
begin
if ((X-1)>-1) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y] = marker_color then
begin
if ((X-1)=contour[0].X) and ((Y)=contour[0].Y) then
begin
Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perumetr >1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perumetr].X := 0;
contour[perumetr].Y := 0;
dec(perumetr);
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=2;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perumetr].X,contour[perumetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perumetr);
Result := -1;

```

```

exit;
end
else
begin
if perumetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perumetr);
contour[perumetr+1].X := 0;
contour[perumetr+1].Y := 0;
Result := -2;
exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X-1;
contour[perumetr].Y := Y;
InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X-1,Y,4,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,7,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,7,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end;
if Next = 7 then
begin
if ((X-1)>-1) and((Y-1)>-1) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y-1] = marker_color then
begin
if ((X-1)=contour[0].X) and ((Y-1)=contour[0].Y) then
begin
Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perumetr >1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perumetr].X := 0;
contour[perumetr].Y := 0;

```

```

dec(perumetr);
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=2;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perumetr].X,contour[perumetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perumetr);
Result := -1;
exit;
end
else
begin
if perumetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perumetr);
contour[perumetr+1].X := 0;
contour[perumetr+1].Y := 0;
Result := -2;
exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y-1] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X-1;
contour[perumetr].Y := Y-1;
InImage.Canvas.Pixels[X-1,Y-1] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X-1,Y-1,5,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end
else
begin
prohid_contoure (InImage,X,Y,8,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end
else
begin

```



```

prohid_contoure (InImage,X,Y,8,color, marker_color, fon_color,contour,perumetr);
end;
end;
if Next = 8 then
begin
if ((Y-1)>-1) then
begin
if InImage.Canvas.Pixels[X,Y-1] = marker_color then
begin
if ((X)=contour[0].X) and ((Y-1)=contour[0].Y) then
begin
Result := 2;
exit;
end
else
begin
if perumetr >1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
contour[perumetr].X := 0;
contour[perumetr].Y := 0;
dec(perumetr);
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=1;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=8;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=7;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=0 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=6;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=2;
end;
if (contour[perumetr].X-contour[perumetr-1].X)=-1 then
begin
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=1 then p:=3;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=0 then p:=4;
if (contour[perumetr].Y-contour[perumetr-1].Y)=-1 then p:=5;
end;
prohid_contoure (InImage,contour[perumetr].X,contour[perumetr].Y,p,color,marker_color,
fon_color,contour,perumetr);
Result := -1;
exit;
end
else
begin
if perumetr = 1 then
begin
InImage.Canvas.Pixels[X,Y] := fon_color;
dec(perumetr);
contour[perumetr+1].X := 0;
contour[perumetr+1].Y := 0;

```

```
Result := -2;
exit;
end;
end;
end;
end;
if InImage.Canvas.Pixels[X,Y-1] = color then
begin
inc(perumetr);
contour[perumetr].X := X;
contour[perumetr].Y := Y-1;
InImage.Canvas.Pixels[X,Y-1] := marker_color;
prohid_contoure (InImage,X,Y-1,6,color,marker_color, fon_color,contour,perumetr);
```

Копіювати заборонено