

РАЗРАБОТКА ПРОГРАММНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ АНАЛИЗА, 3D-МОДЕЛИРОВАНИЯ И ВИЗУАЛИЗАЦИИ ЛЮМИНЕСЦЕНТНЫХ ИЗОБРАЖЕНИЙ СИСТЕМ РАКОВЫХ КЛЕТОК

Д. А. Черницын

1. ВВЕДЕНИЕ

Изучение и лечение раковых заболеваний является одной из главных задач в современной науке. Одной из областей исследования является визуализация данных изображения, полученных с использованием микроскопов [1]. Активно развивающимся направлением исследований является 3D визуализация систем раковых клеток, позволяющее изучить заболевание под разными пространственными углами и получить больше сведений об изучаемых процессах и клеточных системах.

Цель данной работы – разработка алгоритмов для моделирования трехмерных структур на основе люминесцентных изображений систем раковых клеток.

В ходе данной работы решаются следующие задачи:

1. Исследование существующих алгоритмов для улучшения и практической реализации в решении задач предварительной обработки и анализа изображений, моделирования 3D структур клеток.
2. Разработка программного приложения для визуализации 3D моделей систем раковых клеток.

2. МЕТОДОЛОГИЯ

В работе [2] изложены методологические основы получения, обработки и анализа люминесцентных изображений раковых клеток. Этапы обработки условно разделены на два. Первый этап – предварительная обработка изображения. Используется до анализа объектов изображения. Второй этап – это пост-обработка. Требуется для подготовки изображения к 3D визуализации. Предварительная обработка включает:

1. Фильтр размытия по Гауссу и медианную фильтрацию [3].

Используется выражение

$$G(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}}, \quad (1)$$

где σ^2 – дисперсия случайной величины, x – случайная величина. В рассматриваемой задаче равна отдаленности элемента матрицы свертки от ее центра.

0	1	0
1	1	1
0	1	0

Рис. 1. Матрица свертки медианного фильтра 3x3

Медианная фильтрация заключается в нахождении медианного элемента внутри массива и в заполнении области изображения его значением. Матрица свертки медианного фильтра 3x3 представлена на рисунке 1.

2. Фильтр определения границ изображения с использованием оператора Собеля [3,4]. Графические отображения операторов фильтра представлены на рисунке 2.

-1	0	1
-2	0	2
-1	0	1

Горизонтальный

1	2	1
0	0	0
-1	-2	-1

Вертикальный

Рис. 2. Оператор Собеля 3x3

Алгоритм наложения изображения границ на изображение-оригинал.
Формула наложения изображения границ на изображение оригинал

$$N = (A + B/2)/2, \quad (2)$$

где N – новое значение яркости пикселя, A – значение яркости пикселя оригинала, B – значение яркости пикселя на изображении границ.

Границы накладываются на соответствующий канал изображения.

4. Бинаризация изображения.

Фильтр работает следующим образом: берется пороговое значение цвета, например, $A = 127$. Далее происходит проход по каждому пикселю изображения и осуществляется преобразование его цвета по формуле:

$$X = (R + G + B)/3 \quad (3)$$

где X – среднее значение, R, G, B – значения интенсивности яркости пикселя в каналах изображения Red, Green, Blue.

Далее производится проверка с исходным значением. Если $X < A$, то $X = 0$, иначе $X = 1$.

Вторая часть обработки – это пост-обработка изображения, включает удаление лишних пикселей, определение базовых точек и построение по ним кривых Безье [4].

Кривая Безье – это параметрическая кривая, частный вид сплайна, описываемый полиномом:

$$B(t) = \sum_{i=0}^n P_i b_{i,n}(t), \quad 0 \leq t \leq 1 \quad (4)$$

где P_i – функция компонент векторов опорных вершин, а $b_i, n(t)$ – базисные функции кривой Безье (полиномы Бернштейна).

$$b_{i,n}(t) = \binom{n}{i} t^i (1-t)^{n-i}, \text{ где } \binom{n}{i} = \frac{n!}{i!(n-i)!} \quad (5)$$

где n – степень полинома, i – порядковый номер опорной вершины [6].

Кривая Безье используется для оптимизации и ускорения работы алгоритма в ходе генерации 3D моделей клеток.

Базовым алгоритмом определения объектов на изображении (клеток) является модифицированный алгоритм водораздела, использующий маркеры [4,5,7]. В качестве маркеров используется минимальная и максимальная допустимая интенсивность яркости пикселей на изображении.

Проход цикла алгоритма водораздела осуществляется от максимальной интенсивности до минимальной. После каждой итерации сохраняется количество найденных объектов, их центров и площадей, определенных на предыдущей итерации. В каждой итерации происходит проверка внутри нового объекта с целью определения присутствия более одного объекта из предыдущей итерации. Если объекты найдены, то производится разделение объектов. Определяется точка между центрами объектов, определяется угол отклонения α от осей x, y . Затем выполняется поиск в максимально допустимой границе объекта, внутри которой находится объект текущей итерации (определяются перед главным циклом с помощью минимальной интенсивности яркости), 2-х точек, у которых углы наклона векторов будут равны найденному углу отклонения $\alpha = \alpha + \pi/2$ и $\alpha = \alpha - \pi/2$ соответственно.

3. РЕЗУЛЬТАТЫ

В данной работе исследованы и реализованы алгоритмы обработки и анализа флуоресцентных изображений систем раковых клеток. Исследована чувствительность алгоритма водораздела к шуму. Из-за чрезмерной чувствительности алгоритма появлялись лишние объекты и форма распознаваемых объектов сильно значительно искажается. Частично проблема решается с помощью применения медианной и Гауссовой фильтраций, а также специализированным заданием граничных условий для определения границ внутри цикла алгоритма водораздела.

Результаты работы разработанных алгоритмов представлены на рисунке 3.

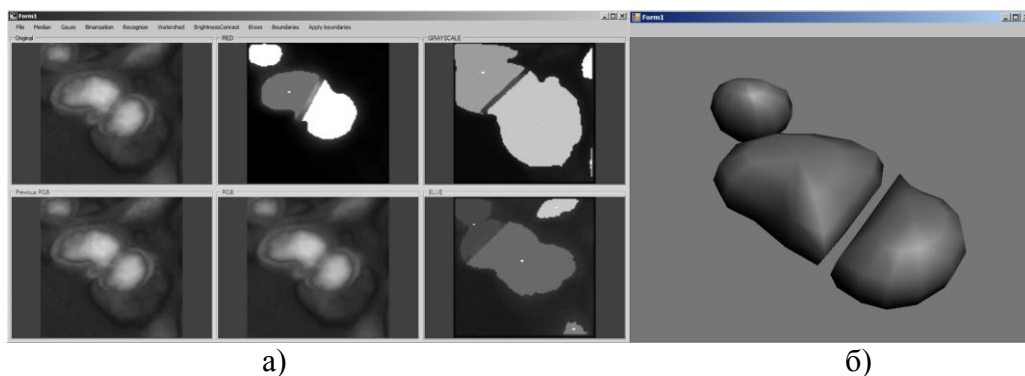


Рис. 3. Результаты работы разработанных алгоритмов на примере анализа и визуализации области изображения систем раковых клеток.

а) Интерфейс приложения по обработке и распознаванию изображений. Отображены исходное изображение, изображение на предыдущем шаге обработки, изображение RGB, канал изображения R, канал изображения G, канал изображения B; б) Интерфейс приложения по построению 3D модели. Отображены объекты, определенные в канале изображения RED.

4. ВЫВОДЫ

В данной работе разработано программное приложение, реализующие алгоритмы обработки, анализа, и 3D моделирования систем раковых клеток. В дальнейшем планируется улучшение реализованных алгоритмов сегментации раковых клеток с целью уменьшения погрешности при построении 3D моделей систем раковых клеток.

Литература

1. O. Ronneberger, D. Baddeley, F. Scheipl, P. J. Verveer, H. Burkhardt, C. Cremer, L. Fahrmeir, T. Cremer, B. Joff, Spatial quantitative analysis of fluorescently labeled nuclear structures: Problems, methods, pitfalls// Chromosome Research (2008) 16:523–562
2. Черницын Д.А., Разработка 3D моделей систем раковых клеток// Сборник работ 69-ой научной конференции студентов и аспирантов Белорусского государственного университета Часть 1, Минск Издательский центр БГУ, 2012, С. 362
3. Красильников Н. Н., Цифровая обработка 2D- и 3D-изображений: учеб. Пособие// СПб.: БХВ-Петербург, 2011, С. 608
4. Р. Гонсалес, Р. Вудс, Цифровая обработка изображений// Техносфера, 2005, С. 1072
5. Р. Гонсалес, Р. Вудс, Цифровая обработка изображений в среде MATLAB// Техносфера, 2006, С. 616
6. Роджерс Д., Адамс Дж., Математические основы машинной графики// Мир, 2001, С. 604
7. Lisitsa Y., Yatskou M., Apanasovich V., Apanasovich T., Studying the advanced segmentation methods with the computer-simulated images// PRIP'2014, UIIP NASB, Minsk, 2014, С.340