

11. *Li X. and Ma E.* // Phys. Rev. Lett. 47, 1981, 1788.
12. *He X. G. and Valencia G.* // Phys. Rev. D 66, 2002, 013004.
13. *Hsieh Ken, Schmitz Kai, Yu Jian-Hao and Yuan C.-P.* // Global Analysis of General SU(2)×SU(2)×U(1) Models with Precision Data, 2010.
14. Интернет-адрес: <http://www.linearcollider.org/>.

## **РАЗРАБОТКА АЛГОРИТМОВ 3D МОДЕЛИРОВАНИЯ СИСТЕМ РАКОВЫХ КЛЕТОК**

**Д. А. Черницын**

### **ВВЕДЕНИЕ**

В настоящее время существует множество методов и программных средств для построения 3D моделей объектов на основе их двумерных изображений. Это использование 3D сканера (лазерная триангуляция, лазерные сканеры времени полета, лазерные сканеры со сдвигом фазы [1]), метод генерации 3D модели по фотографиям [2].

Основной проблемой является то, что вышеприведенные методы разработаны для объектов макромира. Для объектов микромира набор методов и программных средств ограничен. Например, E-Cell Simulation Environment 3D [3] или Virtual cell [4]. Однако данные программные продукты предназначены для моделирования жизни клеток. Программы не содержат процедуры трехмерного моделирования клеток из изображений. Именно решение этой проблемы является целью данной работы. Для получения изображений раковых клеток используется люминесцентная микроскопия.

Целью данной работы является разработка алгоритмов трехмерного моделирования систем раковых клеток.

В работе решаются следующие задачи:

- коррекция люминесцентных изображений систем раковых клеток;
- анализ изображений;
- разработка алгоритмов построения 3D моделей;
- разработка программного пакета, реализующего алгоритмы анализа и моделирования систем клеток.

### **МЕТОДОЛОГИЯ**

В работе [5] кратко изложены основы методологий получения, обработки и анализа люминесцентных изображений раковых клеток. В ходе анализа используется процедура бинаризации изображения. Далее группировка пикселей изображения производится с использованием кла-

стерного анализа. Данный метод выбран вследствие его высокой эффективности кластеризации, наглядности и относительной простоты программной реализации. В данной работе рассмотрены несколько наиболее оптимальных методов кластерного анализа.

Задача кластерного анализа состоит в определении координат положения клеток, их формы, размеров. Кластеризуемыми объектами являются пиксели бинаризованного изображения. Пиксели хранят информацию об их расположении по координатам  $X$  и  $Y$ . По ним определяются клетки.

Из иерархических методов кластерного анализа можно выделить методы ближнего соседа и средней связи. Из неиерархических методов выделен метод кратчайшего незамкнутого пути, т.к. он наименее подвержен шуму.

После выделения кластеров, т.е. определения координат местоположения и формы клеток, производится аппроксимация границ сплайнами. Для этого выполняется выделение некоторых точек граней клеток с целью создания по ним контура сплайна (с использованием кривой Безье [6]).

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

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

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

$$b_{i,n}(t) = \binom{n}{i} t^i (1-t)^{n-i}, \quad \text{где } \binom{n}{i} = \frac{n!}{i!(n-i)!}, \quad (2)$$

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

Кривая Безье нужна для оптимизации и ускорения работы в ходе реализации 3D моделей клеток.

Для программирования алгоритмов моделирования выбран язык C#, обеспечивающий высокую скорость работы. Программное обеспечение разрабатывается для использования в ОС Windows.

### **3D МОДЕЛИРОВАНИЕ**

Схема моделирования систем раковых клеток представлен на рис. 1.

Разработаны три программных приложения:

1. Приложение для обработки изображения. Задача приложения состоит в получении бинаризованного и максимально оптимизированного изображения для последующего анализа. Используются

фильтры яркости, контрастности, размытия, бинаризации, коррекции тонов и другие.

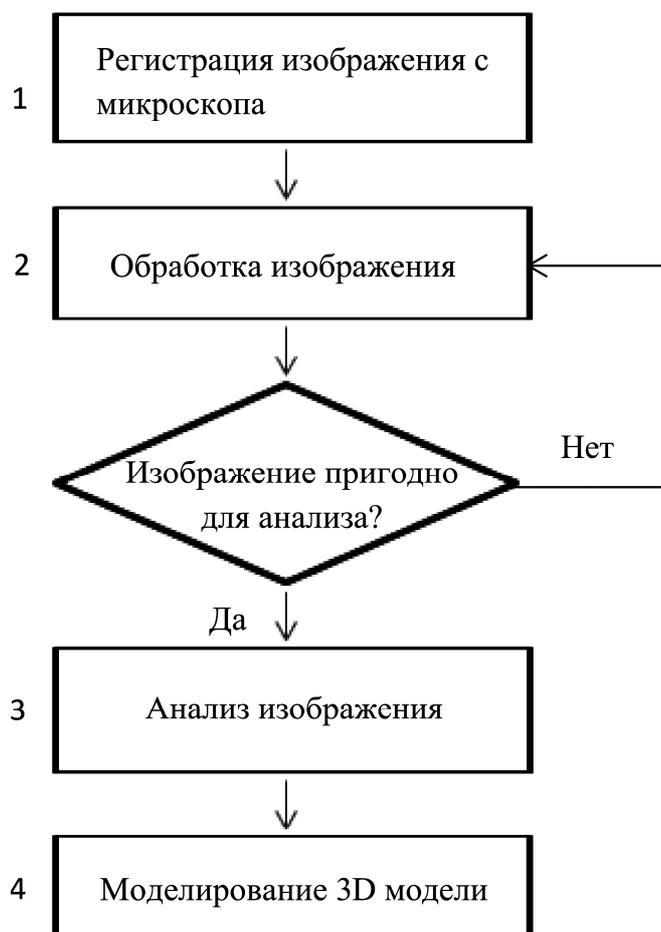


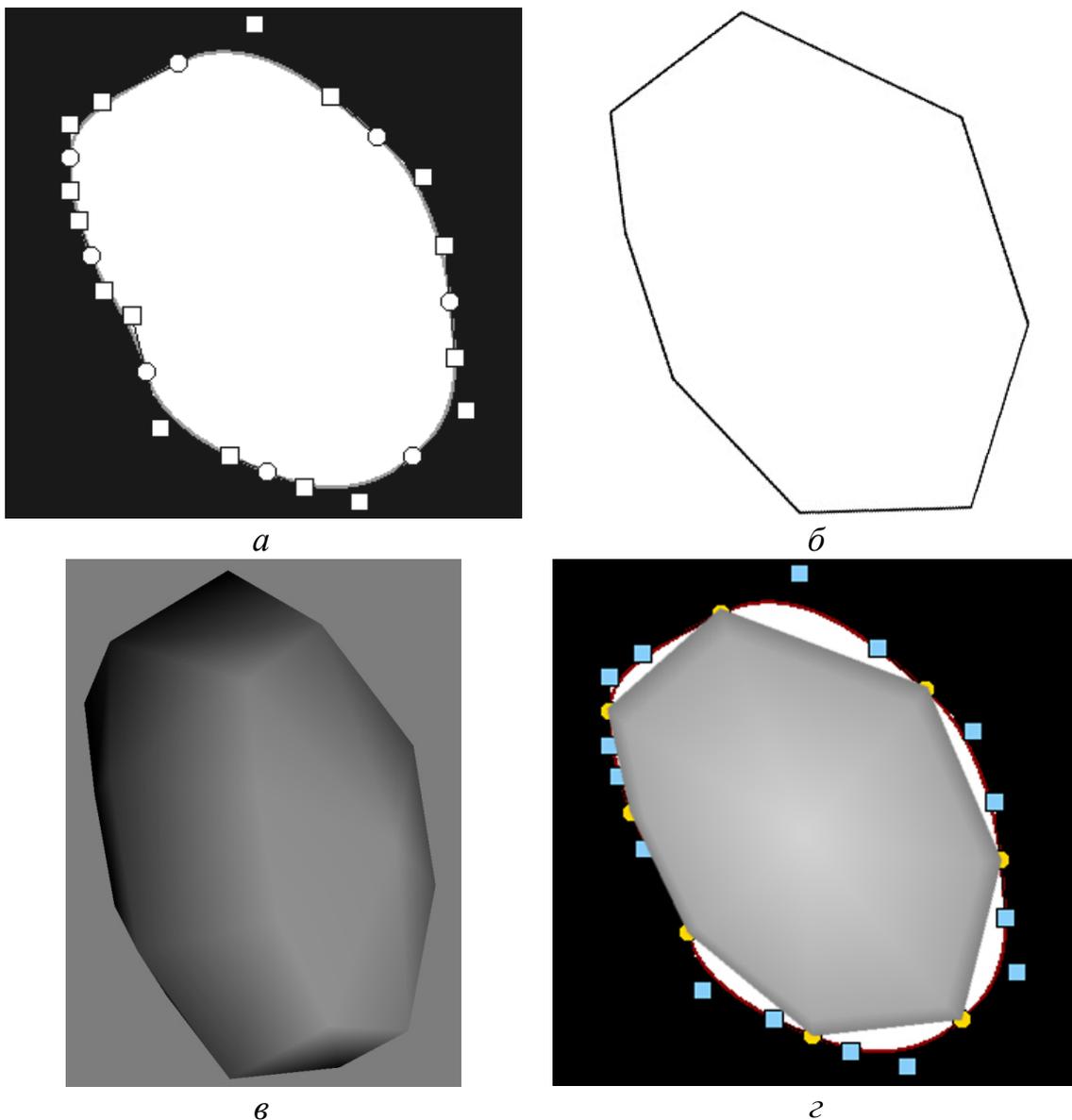
Рис. 1. Блок-схема алгоритма моделирования

2. Приложение для создания кривых Безье. Здесь выполняется анализ изображения и построение кривых сплайнов. Задача данного этапа получить координаты положения клеток и запись координат в файл.

3. Приложение по моделированию изображения по координатам, сгенерированных одним из предыдущих приложений. Задача приложения состоит в выполнении интерполяции по оси  $Z$  точек 3D модели, координаты которых получены на основе главных точек кривых Безье (точек, лежащих на границе каждой клетки). Далее необходимо соединить вершины, чтобы составить из них треугольники (полигоны). 3D модель состоит из полигонов. Для простоты разработки присвоим каждой вершине индекс. В итоге имеем главный список, состоящий из списков координат каждой точки ребра. В списке хранятся координаты положения в пространстве, индекс и координата UV развертки (если используются текстуры) или ее цвет (если окрашиваем модель одним цветом).

## РЕЗУЛЬТАТЫ МОДЕЛИРОВАНИЯ

На рис. 2 представлен процесс 3D моделирования клетки по главным вершинам сплайна.



*Рис. 2.* Процесс 3D-моделирования клетки:  
*а* – моделирование сплайна по форме клетки, *б* – построение главного ребра клетки по главным точкам кривой Безье, *в* – интерполяция ребра по оси *Z*, *г* – сравнение результата с исходным сплайном

Погрешности вычислений во многом зависят от самого изображения клеток. Также часть информации теряется в ходе анализа. Это второй по значимости этап. Его статистические ошибки зависят от метода кластеризации. Погрешность при использовании кривых Безье минимальна, если мы используем большое разрешение изображения. Кривые Безье нужны для упрощенного создания самой 3D модели. Само построение

модели не несет практически никакой погрешности по осям X и Y (оси самого изображения), т.к. строит модель по точкам, полученным в результате выполнения предыдущих этапов. Погрешности по оси Z не определены, т.к. мы не имеем информации о расположении точек в трехмерном пространстве.

## **ВЫВОДЫ**

В данной работе разработаны алгоритмы анализа, моделирования, и программные средства для исследования систем раковых клеток на основе их двумерных люминесцентных изображений. В ходе работы выявлено, что погрешность моделирования существенно зависит от самого изображения и результатов его анализа. Погрешность при построении 3D модели отсутствует. Существует минимальная погрешность при выводе модели на экран.

## **Литература**

1. *Jecić S., Drvar N.* The Assessment of structured light and laser scanning methods in 3D shape measurement // 4th International Congress of Croatian Society of Mechanics. Bizovac, Croatia. 2003. С. 237–244.
2. *Fitzgibbon A., Zisserman A.* Automatic 3D model acquisition and generation of new images from video sequences. University of Oxford. С. 8.
3. Интернет-адрес: <http://ecell3d.iab.keio.ac.jp/index.html>.
4. Интернет-адрес: <http://www.nrcam.uchc.edu/>.
5. *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.
6. *Роджерс Д., Адамс Дж.* Математические основы машинной графики // Мир. 2001. С. 604.

## **МЕТАЛЛИЧЕСКИЕ НАНОЧАСТИЦЫ КАК ЭФФЕКТИВНЫЕ РАССЕИВАЮЩИЕ ЦЕНТРЫ ДЛЯ ФОТОВОЛЬТАИКИ**

**В. И. Шевцова, М. Л. Антонович, М. Р. Боровой, А. Г. Новиков**

## **ВВЕДЕНИЕ**

С развитием солнечной энергетики и увеличением доли солнечных элементов в общемировой выработке электроэнергии первоочередную важность приобретает вопрос снижения стоимости и увеличения КПД солнечных элементов. В настоящее время большая часть производимых солнечных элементов изготавливается из пластин монокристаллического кремния толщиной 180–350 мкм, что обуславливает их высо-