

ТЕРНОПІЛЬСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ ЕКОНОМІЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ «ЛЬВІВСЬКА ПОЛІТЕХНІКА»
МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ

Кваліфікаційна наукова
праця на правах рукопису

Піцун Олег Йосипович



УДК 004.89+004.932

ДИСЕРТАЦІЯ

**МЕТОДИ І ЗАСОБИ ОПРАЦЮВАННЯ БІОМЕДИЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ В
СИСТЕМАХ АВТОМАТИЗОВАНОЇ МІКРОСКОПІЇ**

05.13.23 – Системи та засоби штучного інтелекту
05 «Технічні науки»

Подається на здобуття наукового ступеня кандидата технічних наук
Дисертація містить результати власних досліджень. Використання ідей,
результатів і текстів інших авторів мають посилання на відповідне джерело

 О. Й. Піцун

Науковий керівник:
Березький Олег Миколайович
доктор технічних наук, професор

Ідентичність всіх примірників дисертації
ЗАСВІДЧУЮ

Вчений секретар спеціалізованої вченої ради

 А. С. Батюк/



Львів – 2018

АНОТАЦІЯ

Піцун О.Й. Методи і засоби опрацювання біомедичних зображень в системах автоматизованої мікроскопії. – Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня кандидата технічних наук (доктора філософії) за спеціальністю 05.13.23 «Системи та засоби штучного інтелекту» – Національний університет «Львівська політехніка», Міністерство освіти і науки України, Львів, 2018..

Підготовка здійснювалась на кафедрі комп'ютерної інженерії Тернопільського національного економічного університету Міністерства освіти і науки України.

Спеціалізована вчена рада Д35.052.14 при Національному університеті «Львівська політехніка» Міністерства освіти і науки України.

Дисертація присвячена розробці методів підвищення якості і точності оброблення, сегментації і класифікації біомедичних зображень в системах автоматизованої мікроскопії.

У першому розділі «Аналіз методів, алгоритмів і програмних засобів опрацювання зображень» проведено аналіз методів та алгоритмів низького, середнього та високого рівнів комп'ютерного зору, здійснено аналіз біомедичних зображень і систем автоматизованої мікроскопії, визначено їх переваги та недоліки.

Аналіз існуючих методів попереднього оброблення показав необхідність розробки адаптивних методів оброблення цитологічних і гістологічних зображень для зменшення рівня імпульсного шуму та вирівнювання рівня яскравості. Основними недоліками цитологічних і гістологічних зображень є значний рівень шуму, неоднорідність освітлення, відсутність чітких контурів мікрооб'єктів (ядер клітин).

Проведений аналіз сучасних програмних засобів для оброблення, аналізу та класифікації зображень, на основі запропонованих критеріїв дозволив

виділити їх переваги та недоліки, що дозволило врахувати дані критерії в процесі розробки системи автоматизованої мікроскопії для аналізу цитологічних і гістологічних зображень. Недоліком існуючих систем є відсутність адаптивних засобів опрацювання зображень, відсутність адаптивних графічних інтерфейсів для різних типів лікарів (лікуючий лікар, лікар-діагност, лікар – експерт, адміністратор), що значно ускладнює роботу лікарів та не дозволяє у повній мірі проводити дослідження.

Проведений аналіз сучасних систем автоматизованої мікроскопії для опрацювання гістологічних і цитологічних зображень показав, що більшість систем володіють функціоналом лише для оброблення зображень. Звідси випливає необхідність розробки системи із спеціалізованим функціоналом та інтерфейсом окремо для лікуючого лікаря, лікаря – діагноста, експерта і адміністратора системи.

У другому розділі «Методи і алгоритми опрацювання гістологічних і цитологічних зображень» розроблено адаптивний метод попереднього оброблення зображень, що базується на алгоритмах фільтрації, алгоритмах правил гістограмного вирівнювання і дозволяє покращити якість гістологічних і цитологічних зображень на 16%. Існуючі методи автоматичного покращення якості зображень ґрунтуються на операціях лише із гістограмою зображення. У базі знань на основі експериментальних досліджень зберігається інформація про вхідні параметри зображення (середній рівень червоного, зеленого, синього каналів, середній рівень яскравості) та правила їх опрацювання. Розроблено метричний метод кількісної оцінки якості сегментації, що базується на використанні метрик Громова – Хаусдорфа та Громова – Фреше. Метод базується на основі алгоритмів перетворення не опуклих полігонів у опуклі, алгоритму зважених хорд і дозволяє знаходити найменші відстані між контурами та областями зображень, що дало можливість покращити точність оцінки результатів сегментації на 12%. Підвищення точності оцінки сегментації зображень дозволяє підвищити якість сегментації біомедичних зображень, що полегшує процес діагностування. Розроблено метод автоматичного вибору

алгоритмів сегментації на основі використання метрик Громова-Фреше, Громова-Хаусдорфа, що дало можливість автоматично вибирати алгоритми сегментації та їх параметри. Для формування бази знань підбору алгоритмів сегментації в залежності від вхідних параметрів зображення було протестовано близько 300 цитологічних та гістологічних зображень. Найкращі результати показали алгоритми сегментації: k-means, k-найближчих сусідів, порогова сегментація та їх комбінації.

У третьому розділі дисертації «Класифікація гістологічних і цитологічних зображень» розроблено узагальнену структуру гібридної інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії, що включає в себе альтернативні канали опрацювання інформації та базу знань. Використання декількох алгоритмів та засобів класифікації зображень дозволяє підвищити точність класифікації. Автором удосконалено структури згорткової нейронної мережі для класифікації гістологічних і цитологічних зображень, що дозволило підвищити точність класифікації порівняно із існуючими класифікаторами (SVM, k-means) в середньому на 20 %. Згорткова нейронна мережа складається із чергування згорткових та субдискретизуючих шарів. Послідовність цих шарів, їх вхідні параметри (розміри вікон), функція активації визначають структуру нейронної мережі. Автором проведено порівняльний аналіз результатів класифікації за допомогою ЗНМ та сучасних класифікаторів. Результати роботи ЗНМ було порівняно із відомими аналогами: машиною опорних векторів, методом k – ближчих сусідів, методом k – середніх. Точність класифікації для цитологічних зображень склала – 93 %, для гістологічних – 90 %.

Формування навчальної вибірки для проведення комп'ютерних експериментів здійснювалось на основі бази даних цифрових гістологічних і цитологічних зображень передракових та ракових станів молочної залози «ВРСІ2100», що налічує близько 2100 зображень поділених на класи.

У четвертому розділі «Структура та компоненти інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії» розроблено узагальнену структуру і компоненти інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії для опрацювання

гістологічних і цитологічних зображень, яка на відміну від існуючих аналогів, володіє адаптивним графічним інтерфейсом, віддаленою базою даних, базою знань алгоритмів попереднього оброблення, сегментації і класифікації зображень та є багатокористувацькою програмною системою. Наведено діаграми – послідовності роботи з системою для лікуючого лікаря, лікаря-діагноста, експерта, адміністратора. Також на основі оцифрованих гістологічних і цитологічних зображень розроблено базу даних передракових і ракових станів молочної залози, що дало змогу сформувати навчальну та контрольну вибірки для згорткових нейронних мереж. Наведено даталогічну модель реляційної бази даних, що є складовою частиною програмного комплексу. Таблиці бази даних призначені для зберігання інформації про користувачів системи, пацієнтів, проведені дослідження, кількісні та якісні характеристики ядер клітин.

До ключових переваг розробленої системи можна віднести наявність засобів класифікації зображень, модуль обліку пацієнтів та наявність адаптивних графічних інтерфейсів для різних типів користувачів. Також, на відміну від систем ДиаМорф, QCapture PRO, AMS – Diagnosis передбачено механізми захисту від атак на базу даних. На відміну від систем ImageJ, ImagePro Plus, BioImage XD передбачено модуль пошуку елементів на зображенні за шаблоном.

Ключові слова: метрика, сегментація, кількісна оцінка сегментації, біомедичні зображення, згорткові нейронні мережі, система автоматизованої мікроскопії.

ПЕРЕЛІК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Наукові праці, в яких опубліковано основні наукові результати дисертації

1. Березький О.М. Методи, алгоритми та програмні засоби опрацювання біомедичних зображень: монографія / [О.М. Березький, Ю.М. Батько, К.М. Березька, С.О. Вербовий, Т.В. Дацко, Л.О. Дубчак, І.В. Ігнатев, Г.М. Мельник, В.Д. Николюк, О.Й. Піцун]; під наук. ред. Березький О.М., Тернопіль . ТНЕУ «Економічна думка», 2017. - 330 с.
2. Berezsky O.M. Evaluation methods of image segmentation quality / O.M Berezsky, O.Y. Pitsun // Радіоелектроніка, інформатика, управління.- 2018.- №1. – С. 41-61

3. Піцун О.Й. Адаптивний метод попередньої обробки гістологічних та цитологічних зображень / О. Й. Піцун // Вісник НУ «Львівська політехніка» Комп'ютерні науки та інформаційні технології. – Львів. – 2017. – №864. – С.111-119
4. Березький О.М. Адаптивний метод сегментації зображень на основі метрик / О.М. Березький, О.Й. Піцун // Науковий вісник НЛТУ України : збірник науково-технічних праць. Львів : РВВ НЛТУ України. – 2018. – №. 28(3). – С.122-126
5. Березький О.М. Класифікація гістологічних та цитологічних зображень на основі згорткових нейронних мереж / О.М. Березький, О.Й. Піцун, А.Р. Боднар, Т.М. Долинюк // Штучний інтелект. – Київ. – 2017. – №1 (75). – С. 29-37.
6. Berezsky O. M. Regions Matching Algorithms Analysis to Quantify the Image Segmentation Results / O.M. Berezsky, G. M. Melnyk, Y. M. Batko, O.Y. Pitsun // Sensors & Transducers. – 2017. – Vol. 208, Issue 1. – pp. 119-128

Наукові праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації

7. Піцун О.Й. Алгоритми попереднього оброблення біомедичних зображень на базі бібліотеки OpenCV / О.Й. Піцун, А.Р. Боднар // Сучасні комп'ютерні інформаційні технології: Матеріали VI Всеукраїнської школи-семінару молодих вчених і студентів 20-21 травня, 2016р.: – Тернопіль: ТНЕУ, 2016. С. 81-83.
8. Піцун О.Й. Модуль авторизації та аутентифікації користувачів системи автоматизованої мікроскопії / О.Й. Піцун, П.Б. Лящинський, П.Б. Лящинський // Сучасні комп'ютерні інформаційні технології: Матеріали VI Всеукраїнської школи-семінару молодих вчених і студентів 20-21 травня, 2016р.: – Тернопіль: ТНЕУ, 2016. - С. 129-130.
9. Березький О.М. Аналіз метрик знаходження відстані між областями зображень для кількісної оцінки результатів сегментації / О.М. Березький, Г.М. Мельник, Ю.М. Батько, О.Й. Піцун // ISDMCI'2016. XII міжнародна наукова конференція. Інтелектуальні системи прийняття рішень та проблеми обчислювального інтелекту 24-28 травня 2016р. – Херсон: Видавництво ПП Вишемирський В.С., 2016. – С. 252-253.
10. Berezsky O. Automated Processing of Cytological and Histological Images / O. Berezsky, O. Pitsun // Proceedings of XII International Conference Perspective Technologies and methods in mems design (MEMSTECH 2016) 20-24 April, 2016, Lviv-Polyana, Ukraine, pp. 51-53.
11. Batko Y. Graphical interface of hybrid intelligent systems for biomedical imaging analysis / Y. Batko, G. Melnyk, O. Pitsun // Proceedings of the 2016 IEEE First International Conference on Data Stream Mining & Processing (DSMP) 23-27 August, 2016, Lviv, Ukraine, pp. 121-124.
12. Berezsky O. Regions Matching Algorithms Analysis to Quantify the Image Segmentation Results / O. Berezsky, G. Melnyk, Y. Batko, O. Pitsun //

- Proceedings of the IEEE International Conference «Computer Science and Information Technologies» CSIT'2016, Lviv. Ukraine - 6-10 September, 2016. pp. 33-36.
13. Berezsky O. Access distribution in automated microscopy system / O. Berezsky, L. Dubchak, O. Pitsun // 14th International Conference The Experience of Designing and Application of CAD Systems in Microelectronics (CADSM), 21-25 Feb. 2017, Lviv, Ukraine, 2017 - P. - 241 – 243.
 14. Berezsky O. Computer diagnostic tools based on biomedical image analysis / O. Berezsky, O. Pitsun, S. Verbobyu, T. Datsko, A. Bodnar // 14th International Conference The Experience of Designing and Application of CAD Systems in Microelectronics (CADSM), 21-25 Feb. 2017, Lviv, Ukraine, 2017 - P. 388 – 391.
 15. Berezsky O. Computation of the minimum distance between non-convex polygons for segmentation quality evaluation / O. Berezsky, O. Pitsun // XIIth International Scientific and Technical Conference Computer Sciences and Information Technologies. CSIT 2017. 5-8 Sept. 2017 – p. 183-186.
 16. Berezsky O. GPU – based biomedical image processing / O. Berezsky, O. Pitsun, L. Dubchak, P. Lyaschynsky, P. Lyaschynsky // Proceedings of XIV International Conference Perspective Technologies and methods in mems design (MEMSTECH 2018) 18-22 April, 2018, Lviv-Polyana, Ukraine, pp. 96-99.

Наукові праці, які додатково відображають наукові результати дисертації

17. Березький О.М. Інтелектуальна система автоматизованої мікроскопії аналізу гістологічних та цитологічних зображень / О.М. Березький, О.Й. Піцун, П.Б. Ляцинський, П.Б. Ляцинський, Г.М. Мельник // Штучний інтелект. – Київ. – 2017. – №2 (76). – С. 51-61.
18. Березький О.М. Розроблення реляційної бази даних інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, О.Й. Піцун, С.О. Вербовий, Т.В. Дацко // Науковий вісник НЛТУ України : збірник науково-технічних праць. Львів : РВВ НЛТУ України. – 2017. – №. 27(5). – С.125-129.
19. Березький О.М. Розподіл доступу в інтелектуальній системі автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, О.Й. Піцун, Л.О. Дубчак // Системи обробки інформації, –Харків. – 2017. – №4 (150). – С. 223-230
20. Березький О.М. Segmentation algorithms of biomedical images: development and quantitative evaluation / О.М. Березький, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун // Штучний інтелект. – Київ. – 2016. – №3 (73). – С. 104-116.
21. Березький О.М. Системи автоматизованої мікроскопії: стан та перспективи розвитку / О.М. Березький, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун // Вісник Хмельницького національного університету. – 2016. – №2 (235). – С. 61-68.
22. Комп'ютерна програма «Інтелектуальна система діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу гістологічних та

цитологічних зображень "HIAMS"» / О.М. Березький, О.Й. Піцун, Г.М. Мельник, П.Б. Ляцинський, П.Б. Ляцинський. // Свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір №75360 від 14.12.2017 р.

23.База даних цифрових гістологічних та цитологічних зображень передракових та ракових станів молочної залози «ВРСІ2100». /О.М. Березький, Г.М. Мельник, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун, В.Д. Николюк, Т.В. Дацко // Свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір №75359 від 14.12.2017 р.

SUMMARY

Pitsun O.Y. Methods and means of biomedical images processing in automated microscopy systems – The manuscript.

The thesis for the degree of Candidate of legal sciences on specialty 05.13.23 - The systems and means of artificial intelligence. – Lviv Polytechnic National University, Ministry of Education and Science of Ukraine, Lviv, 2018.

Preparation was carried out at the Department of Computer Engineering of Ternopil National Economic University of the Ministry of Education and Science of Ukraine.

Specialized Academic Council D35.052.14 at the Lviv Polytechnic National University.

The thesis is devoted to solving the scientific problem of constructing methods for quantitative estimation of segmentation quality and biomedical images classification.

Developed for the first time:

- method of metric quantitative evaluation of the quality of biomedical segmentation, which, due to the use of Gromov-Hausdorff and Gromov-Frechet metrics, ensures an increase in the accuracy of segmentation evaluation;

- the method of automatic selection of algorithms for biomedical images segmentation, which, due to the use of metrics, knowledge base and adaptation of algorithms to the type of images, increases the accuracy of segmentation.

Improved:

- a method for the cytological and histological images processing, which, through the use of knowledge base, filtering algorithms, histogram alignment rules and adaptation to the type of images, provides improvement of their quality.

In the first section "Analysis of methods, algorithms and software tools for image processing" the analysis of methods, algorithms of low, medium and high levels of computer vision, analysis of biomedical images, automated microscopy systems, their advantages and disadvantages were determined.

Analysis of existing methods of pretreatment showed the need to develop adaptive methods for processing cytological and histological images to reduce the level of pulse noise and leveling the brightness level.

The conducted analysis of modern systems of automated microscopy for the processing of histological and cytological images showed that most systems have a functional only for image processing. Also, the analysis showed the need to develop a system with a specialized functionality and interface for the treating physician, diagnostic doctor, expert and system administrator.

In the second section "Development of methods and algorithms for the processing of histological and cytological images" an adaptive method of pre-processing of images based on filtration algorithms, algorithms of rules of histogram alignment is developed and allows to improve the quality of histological and cytological images by 16%. The author developed a metric method for quantifying the quality of segmentation, based on the use of the Gromov-Hausdorff and Gromov-Frechet metrics. The method is based on the algorithms for the transformation of non-convex polygons in a convex, the weighted chord algorithm and allows us to find the smallest distances between contours and areas of images, which made it possible to improve the accuracy of estimating the results of segmentation by 12%. The author developed the method of automatic selection of segmentation algorithms based on the use of Gromov-Frechet metrics, Gromov-Hausdorff, which enabled to automatically select segmentation algorithms and their parameters.

In the third section of the dissertation "Classification of histological and cytological images" a generalized structure of the hybrid intelligent system of

automated microscopy is developed, which includes alternative channels of information processing and knowledge base. The author improved the structure of the convolutional neural network for the classification of histological and cytological images, which increased the accuracy of classification compared with existing classifiers (SVM, k-means) by an average of 20%.

In the fourth section "Development of Architecture and Components of the Intelligent System of Automated Microscopy" a generalized architecture and components of the intelligent system of automated microscopy for the processing of histological and cytological images are developed, which, unlike from existing analogues, has an adaptive graphical interface, a remote database, a knowledge base of previous algorithms processing, segmentation and image categorization and is a multi-user software system. Also, based on digitized histological and cytological images, a database of precancerous and cancerous mammary glands was developed that made it possible to form training and control choices for convolutional neural networks. The developed software system, unlike the existing ones (DiaMorph, QCapture PRO, AMS-Diagnosis, ImageJ, ImagePro Plus, BioImage XD), allows simultaneous operation of several physicians regardless of location.

Keywords: metric, biomedical images, convolutional neural networks, segmentation, automated microscopy system.

LIST OF PUBLICATIONS BY THE SUBJECT OF DISSERTATION

Publications, in which the main scientific results of the dissertation are published

1. Berezky O.M. Methods, algorithms and software tools for the processing of biomedical images: monograph / [O.M. Berezky, Yu.M. Batko, K. M., Berezka, S.O. Verbovy, T.V. Datsko, L.O. Dubchak, IV Ignat'ev, G.M Melnik, V.D. Nikoluk, O.Y. Pitsun]; under the sciences. Ed. Berezky O.M, Ternopil. TNEU "Economic Thought", 2017. – P.330
2. Berezsky O.M. Evaluation methods of image segmentation quality / O.M Berezsky, O.Y. Pitsun // Radioelektronika, informatics, management.-2018.-№1. - P. 41-61.
3. Pitsun O.Y. Adaptive method of preliminary processing of histological and cytological images / O.Y. Pitsun // Bulletin of the National University of Lviv

- Polytechnic. Computer Science and Information Technologies. - Lviv - 2017 - № 864. - P.111-119.
4. Berezky O.M. Adaptive method of image segmentation based on metrics / O.M. Berezky, O.Y. Pitsun // Scientific Bulletin of NLTU of Ukraine: a collection of scientific and technical works. Lviv: RVB NLTU of Ukraine. - 2018. - № 28 (3). - P.110-123
 5. Berezky O.M. Classification of histological and cytological images based on convolutional neural networks / O.M. Berezky, O.Y Pitsun, A.R Bodnar, T.M. Dolinyuk // Artificial Intelligence. - Kiev - 2017 - №. 1 (75). - P. 33-42.
 6. Berezsky O. M. Regions Matching Algorithms Analysis to Quantify the Image Segmentation Results / O.M. Berezsky, G. M. Melnyk, Y. M. Batko, O.Y. Pitsun // Sensors & Transducers. – 2017. – Vol. 208, Issue 1. – P. 44-49.

Publications certifying the approbation of the materials of the dissertation

7. Pitsun O.Y. Algorithms for preliminary processing of biomedical images based on Opencv / O.Y. Pitsun, AR Bodnar // Modern computer information technologies: Materials of the VI All-Ukrainian school-seminar for young scientists and students May 20-21, 2016: - Ternopil: TNEU, 2016. P. 81-83.
8. Pitsun O.Y. Authorization and authentication module for users of the system of automated microscopy / O.Y. Pitsun, P.B. Lyashinsky, P.B. Lyaschinsky // Modern computer information technologies: Materials of the VI All-Ukrainian school-seminar of young scientists and students May 20-21, 2016: - Ternopil: TNEU, 2016. p. 129-130.
9. Berezky O.M. Analysis of metrics for finding the distance between image areas for quantifying the results of segmentation / O.M. Berezky, GM Melnik, Yu.M. Father, O.Y. Pitsun // ISDMCI'2016. XII International Scientific Conference. Intelligent decision making systems and computing intelligence problems May 24-28, 2016. - Kherson: Publishing House of PP Vyshemirsky VS, 2016. - pp. 252-253.
10. Berezsky O. Automated Processing of Cytological and Histological Images / O. Berezsky, O. Pitsun // Proceedings of XII International Conference Perspective Technologies and methods in mems design (MEMSTECH 2016) 20-24 April, 2016, Lviv-Polyana, Ukraine, pp. 51-53.
11. Batko Y. Graphical interface of hybrid intelligent systems for biomedical imaging analysis / Y. Batko, G. Melnyk, O. Pitsun // Proceedings of the 2016 IEEE First International Conference on Data Stream Mining & Processing (DSMP) 23-27 August, 2016, Lviv, Ukraine, pp. 121-124.
12. Berezsky O. Regions Matching Algorithms Analysis to Quantify the Image Segmentation Results / O. Berezsky, G. Melnyk, Y. Batko, O. Pitsun // Proceedings of the IEEE International Conference «Computer Science and Information Technologies» CSIT'2016, Lviv. Ukraine - 6-10 September, 2016. pp. 33-36
13. Berezsky O. Access distribution in automated microscopy system / O. Berezsky, L. Dubchak, O. Pitsun // 14th International Conference The Experience of

- Designing and Application of CAD Systems in Microelectronics (CADSM), 21-25 Feb. 2017, Lviv, Ukraine, 2017 - pp. - 241 – 243.
14. Berezsky O. Computer diagnostic tools based on biomedical image analysis / O. Berezsky, O. Pitsun, S. Verbobyy, T. Datsko, A. Bodnar // 14th International Conference The Experience of Designing and Application of CAD Systems in Microelectronics (CADSM), 21-25 Feb. 2017, Lviv, Ukraine, 2017 - pp. 388 – 391.
 15. Berezsky O. Computation of the minimum distance between non-convex polygons for segmentation quality evaluation / O. Berezsky, O. Pitsun // XIIth International Scientific and Technical Conference Computer Sciences and Information Technologies. CSIT 2017. 5-8 Sept. 2017 – pp. 183-186.
 16. Berezsky O. GPU – based biomedical image processing / O. Berezsky, O. Pitsun, L. Dubchak, P. Lyaschynsky, P. Lyaschynsky // Proceedings of XIV International Conference Perspective Technologies and methods in mems design (MEMSTECH 2018) 18-22 April, 2018, Lviv-Polyana, Ukraine, pp. 96-99.

Publications, which additionally reflect the scientific results of the dissertation

17. Berezky O.M. Intelligent system of automated microscopy of histological and cytological images analysis / O.M. Berezky, O.Y. Pitsun, P.B. Lyashinsky, P.B. Lyashinsky, G.M Melnik // Artificial Intelligence. - Kiev - 2017 - № 2 (76). - pp. 51-61.
18. Berezky O.M. Development of the Relational Database of the Intelligent System of Automated Microscopy / O.M. Berezky, O.Ya. Pitsun, S.O. Verbovy, T.V. Datsko // Scientific Bulletin of NLTU of Ukraine: Collection of Scientific and Technical Works. Lviv: RVB NLTU of Ukraine. - 2017. - № 27 (5). - pp.125-129.
19. Berezky O.M. Distribution of access in the intelligent system of automated microscopy / O.M. Berezky, O.Y. Pitsun, L.O. Dubchak // Information Processing Systems, -Kharkiv. - 2017 - No. 4 (150). - pp. 223-230.
20. Berezkyi O.M. Segmentation algorithms of biomedical images: development and quantitative evaluation / O.M. Berezky, Yu.M. Father, GM Melnik, S.O. Verbovy, O.Y. Pitsun // Artificial Intelligence. - Kiev - 2016 - № 3 (73). - pp. 104-116.
21. Berezky O.M. Systems of automated microscopy: the state and prospects of development / O.M. Berezky, S.O. Verbovy, O.I. Pitsun // Bulletin of the Khmelnytsky National University. - 2016 - No. 2 (235). - pp. 61-68.
22. Computer program "Intelligent system of diagnosis of breast cancer precursors on the basis of histological and cytological images analysis" HIAMS "/ O.M. Berezky, O.Y. Pitsun, GM Melnik, P.B. Lyashinsky, P.B. Lyashinsky // Certificate of registration of copyright for work #. 75360 dated 14.12.2017
23. Database of digital histological and cytological imaging of the precancerous and breast cancer states of the "BPCI2100". /O.M. Berezky, G.M. Melnik, S.O. Verbovy, O.H. Pitsun, V.D. Nikoluk, T.V. Datsko // Certificate of registration of copyright for work No. 75359 dated 14.12.2017

ЗМІСТ

ВСТУП.....	15
РОЗДІЛ 1. Аналіз методів, алгоритмів і програмних засобів опрацювання зображень	21
1.1 Аналіз біомедичних зображень	21
1.2 Аналіз методів і алгоритмів опрацювання зображень	24
1.2.1 Попереднє оброблення зображень	26
1.2.2 Сегментація зображень.....	28
1.2.3 Методи та алгоритми високого рівня опрацювання зображень	31
1.3 Аналіз методів оцінки якості сегментації.....	34
1.4 Аналіз програмних засобів опрацювання зображень.....	37
1.5 Аналіз систем автоматизованої мікроскопії.....	39
1.6 Висновки до розділу 1	43
РОЗДІЛ 2 Методи опрацювання зображень	45
2.1 Адаптивний метод оброблення гістологічних і цитологічних зображень	45
2.2 Метричний метод кількісної оцінки якості сегментації	52
2.2.1 Метрика Громова-Фреше	53
2.2.2 Метричний метод кількісної оцінки якості сегментації	55
2.2.3 Алгоритми формування опуклих полігонів із не опуклих	58
2.2.4 Алгоритм знаходження відстані Хаусдорфа між випуклими полігонами	60
2.2.5 Алгоритм знаходження дискретної відстані Фреше.....	62
2.2.6 Алгоритм співставлення областей на основі зважених хорд.....	64
2.2.7 Комп'ютерні експерименти	65
2.3 Метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації на основі метрик ..	66
2.4 Висновки до розділу 2	72
РОЗДІЛ 3 Класифікація гістологічних і цитологічних зображень	73
3.1 Узагальнена структура системи класифікації	73
3.2 Нейромережевий метод і алгоритми класифікації гістологічних і цитологічних зображень.....	77

	14
3.3 Порівняння алгоритмів класифікації зображень	86
3.4 Навчання згорткових нейронних мереж на графічних процесорах з використанням технології CUDA.....	91
3.5 Навчальна вибірка для комп'ютерних експериментів	95
3.5.1 Навчальна вибірка для попереднього оброблення і сегментації	96
3.5.2 Навчальна вибірка для системи класифікації зображень	97
3.6 Висновки до розділу 3	98
РОЗДІЛ 4 Структура та компоненти інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії	99
4.1 Узагальнена структура інтелектуальної системи	99
4.2 Реляційна база даних інтелектуальної системи	107
4.3 Безпека та розподіл ролей в системі автоматизованої мікроскопії	113
4.4 Тестування інтелектуальної системи	120
4.5 Апробація результатів дисертаційного дослідження	125
Висновки	131
Список Використаних Джерел.....	133
ДОДАТОК А. Лістинг коду основних модулів розробленої системи.....	152
ДОДАТОК Б. Акти впровадження результатів дисертаційного дослідження .	161

ВСТУП

Актуальність теми: Одним із базових напрямків світової науки у 21-ому столітті є розвиток фундаментальних і прикладних наук про здоров'я людини. Найбільша смертність населення планети спричинена серцево-судинними та онкологічними захворюваннями. Нобелівський лауреат Девід Балтімор сказав про ракові клітини так: «Рак – це армія клітин, яка змагається з нашими методами лікування так, що, я впевнений, ми будемо змушені вести цю битву постійно». Отже, дієвими способами боротьби з онкологічними захворюваннями є рання діагностика.

Програмно-апаратні засоби відіграють одну з головних ролей при діагностуванні онкологічних захворювань. Для опрацювання біомедичних (цитологічних, гістологічних, імуногістохімічних) зображень використовують системи автоматизованої мікроскопії (САМ). Апаратне забезпечення цих технічних засобів містить мікроскоп, відеокамеру та обчислювальний засіб (робочу станцію, ноутбук).

Програмне забезпечення сучасних САМ включає в основному методи та алгоритми опрацювання мікроскопічних зображень на низькому (попереднє оброблення) та середньому (сегментація, контурний і текстурний аналізи) рівнях комп'ютерного зору. Але в них практично відсутні сучасні методи та алгоритми опрацювання зображень на високому рівні (класифікація зображень).

Основними користувачами САМ є лікарі-діагности: цитологи і гістологи. Представлені на ринку системи не є багатокористувацькими. Особливістю теперішньої процедури постановки діагнозу є залучення багатьох експертів, які можуть бути територіально віддалені. САМ з елементами телемедицини дозволяють підвищити швидкість та продуктивність роботи медичного персоналу.

Сегментація біомедичних зображень є важливою складовою САМ і дозволяє виділити досліджувані мікрооб'єкти. Використання кількісних критеріїв дозволяє об'єктивно оцінити якість сегментації, що підвищує точність

дослідження.

Особливою популярністю на теперішній час, для задач класифікації зображень, користуються згорткові нейронні мережі (ЗНМ), які на вході отримують зображення, а на виході дають мітку класу. Однією з основних проблем при роботі з ЗНМ є час навчання. Але, розвиток потужностей графічних процесорів дозволяє різко зменшити час навчання цих нейронних мереж.

Розроблені методи та алгоритми опрацювання зображень використовують наукові досягнення українських і закордонних дослідників. Значний внесок у розробку методів та алгоритмів опрацювання зображень зробили: Gonsales R., Prewitt J. M. S., Шапиро Л. (попереднє оброблення, сегментація, розпізнавання зображень), Абламейко С.В., Недзьведь А.М. (опрацювання біомедичних зображень), Медовий В.С. (системи автоматизованої мікроскопії), Шлезінгер М. I., Alt H., Atallah M. J., Zhang Y. J., Rote G., (порівняння зображень на основі метрик), Воробель Р.А. (попереднє оброблення зображень), Боюн В.П (апаратні засоби для аналізу зображень), Машталір В.П., Пелешко Д.Д. (сегментація зображень), Тимченко Л.І., Яровий А.А (сегментація, розпаралелення алгоритмів опрацювання зображень), Бодяньський Є.В., Ткаченко Р.О., Цмоць І.Г. (алгоритми класифікації з використанням нейронних мереж).

Незважаючи на значний доробок вітчизняних і закордонних вчених залишаються нерозв'язаними наукові задачі опрацювання біомедичних зображень на різних рівнях комп'ютерного зору.

Тому підвищення якості і точності оброблення, сегментації і класифікації біомедичних зображень в системах автоматизованої мікроскопії є актуальною науковою задачею.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами і темами.

Дисертаційна робота виконувалась у рамках держбюджетної науково – дослідної роботи кафедри комп'ютерної інженерії Тернопільського національного економічного університету «Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування передракових станів на основі аналізу зображень» (Державний реєстраційний номер 1016U002500), яка виконувалась

згідно наказу Міністерства освіти України за результатами конкурсного відбору проектів наукових досліджень.

Мета і задачі дослідження. Метою дослідження є розроблення, удосконалення та розвиток методів, алгоритмів опрацювання, класифікації, сегментації та оцінювання біомедичних зображень з підвищеною точністю.

Для досягнення поставленої мети у дисертаційній роботі розв'язуються такі завдання:

- 1) провести аналіз існуючих методів, алгоритмів та засобів оброблення біомедичних зображень в системах автоматизованої мікроскопії;
- 2) розробити метод кількісної оцінки якості сегментації на основі метрик Громова – Фреше та Громова – Хаусдорфа;
- 3) розробити метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації та їх параметрів;
- 4) вдосконалити метод попереднього оброблення цитологічних та гістологічних зображень;
- 5) розвинути структуру згорткової нейронної мережі для класифікації цитологічних та гістологічних зображень;
- 6) програмно реалізувати багатокористувацьку інтелектуальну систему автоматизованої мікроскопії;
- 7) реалізувати базу даних гістологічних і цитологічних зображень передракових і ракових станів молочної залози.

Об'єкт дослідження – процеси опрацювання цитологічних та гістологічних зображень.

Предмет досліджень – методи попереднього оброблення зображення, методи кількісної оцінки сегментації на основі метрик Фреше та Хаусдорфа, структура та моделі згорткових нейронних мереж.

Методи дослідження. Для проведення досліджень застосовуються методи теорії алгоритмів, теорія метрик для порівняння зображень в метриках Фреше та Хаусдорфа, теорія нечіткої логіки для формування правил опрацювання зображень, методи комп'ютерного зору для попереднього оброблення

зображень, технології об'єктно – орієнтованого програмування для програмної реалізації інтелектуальної САМ.

Наукова новизна отриманих результатів полягає в наступному:

Вперше розроблено:

- метод метричної кількісної оцінки якості сегментації біомедичних зображень, який за рахунок використання метрик Громова – Хаусдорфа та Громова – Фреше забезпечує підвищення точності оцінювання сегментації;
- метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації біомедичних зображень, який за рахунок використання метрик, бази знань та адаптації алгоритмів до типу зображень забезпечує підвищення точності сегментації.

Удосконалено:

- метод опрацювання цитологічних та гістологічних зображень, який за рахунок використання бази знань, алгоритмів фільтрації, правил гістограмного вирівнювання та адаптації до типу зображень, забезпечує покращення їх якості;

Отримали подальший розвиток нейромережевий метод класифікації цитологічних та гістологічних зображень, який за рахунок комбінації згорткових і субдискретизуючих шарів забезпечує підвищення точності класифікації.

Практичне значення одержаних результатів.

В результаті виконання дисертаційного дослідження:

- на основі розроблених методів та алгоритмів програмно реалізовано багатокористувацьку систему автоматизованої мікроскопії з адаптивними алгоритмами опрацювання зображень та адаптивними графічними інтерфейсами для різних типів користувачів (авторське право №75360);

- на основі експериментальних досліджень зображень передракових і ракових станів молочної залози реалізовано базу даних для системи автоматизованої мікроскопії (авторське право № 75359).

Розроблені методи підвищують точність оцінки результатів сегментації на 12%, забезпечує підвищення якості гістологічних і цитологічних зображень на 16% та підвищують точність класифікації порівняно із існуючими класифікаторами(SVM, k-means) в середньому на 20 %.

Результати дисертаційного дослідження впроваджено у Тернопільському обласному патологоанатомічному бюро, Тернопільському державному медичному університеті (кафедра патологічної анатомії з секційним курсом та судової медицини) і ТЗоВ «Інститут біомедичних технологій» для розв'язання задач цитологічних і гістологічних досліджень. Теоретичні та практичні результати використано у навчальному процесі для вивчення дисциплін «Методи розпізнавання зображень і комп'ютерний зір», «Комп'ютерні системи штучного інтелекту», «Мережеве програмування», «Паралельні та розподілені обчислення», а також під час виконання курсових і дипломних робіт на кафедрі комп'ютерної інженерії факультету комп'ютерних інформаційних технологій Тернопільського національного економічного університету.

Особистий внесок. Усі наукові результати дисертаційної роботи отримані автором самотійно. Одноосібно опубліковано працю [15]. У друкованих працях, опублікованих у співавторстві, автору належить: [3, 130, 117, 129, 161] – дослідження метрик знаходження відстаней між полігональними областями, [162] – розроблено адаптивний метод попереднього оброблення зображень, [143, 145] – розроблено структури ЗНМ для класифікації цитологічних та гістологічних зображень, [155, 163] – розроблено реляційну базу даних системи автоматизованої мікроскопії, [157, 116, 164] – розроблено інтелектуальну САМ, [124, 154, 156, 158] – розроблені структури та програмні модулі системи автоматизованої мікроскопії HIAMS, наведено порівняльний аналіз з аналогами, [136] – розроблено структуру системи класифікації зображень, [135] – розроблено метод перетворення неопуклих полігональних областей в опуклі для пошуку мінімальної відстані між просегментованими об'єктами, [132] – розроблено метод кількісної оцінки якості сегментації зображень, [137] – розроблено метод автоматичного підбору алгоритмів сегментації та їх

параметрів, [159] – розроблено систему класифікації біомедичних зображень засобами графічних процесорів.

Апробація результатів дисертації. Основні результати дисертаційної роботи апробовані на: міжнародній науковій конференції «Досвід проектування і застосування САПР в мікроелектроніці», (CADSM 2017), Львів – Поляна, Україна, 2017; XII International Conference Perspective Technologies and methods in mems design (MEMSTECH 2016), Львів – Свалява, Україна, 2016; IEEE First International Conference on Data Stream Mining & Processing (DSMP), Львів, Україна, 2016; IEEE International Conference «Computer Science and Information Technologies» (CSIT'2016), Львів, Україна, 2016, 2017; Всеукраїнської школі-семінарі молодих вчених і студентів (АСІТ 2016), Тернопіль, Україна, 2016; міжнародній науковій конференції (Інтелектуальні системи прийняття рішень та проблеми обчислювального інтелекту ISDMCI'2016), Херсон, Україна, 2016.

Публікації. За матеріалами дисертації опубліковано 23 друковані праці: 1 монографію, 9 статей у наукових фахових виданнях України (з них 1 статтю включено до міжнародної наукометричної бази Web of Science, 7 статей включено до міжнародної наукометричної бази Index Copernicus, 1 одноосібна стаття), 1 статтю у науковому періодичному виданні іноземної держави, що включено до міжнародних наукометричних баз, 10 публікацій – у матеріалах та тезах доповідей конференцій, 2 свідоцтва про реєстрацію авторського права на твір.

Структура дисертації. Дисертація складається зі вступу, чотирьох розділів, висновків, списку використаних джерел і додатків. Робота містить 133 сторінки основного тексту, 45 рисунків та 25 таблиць. Загальний обсяг дисертації – 166 сторінок, список літературних джерел налічує 166 найменувань. Дисертація містить 2 додатки, розміщених на 14 сторінках.

РОЗДІЛ 1. АНАЛІЗ МЕТОДІВ, АЛГОРИТМІВ І ПРОГРАМНИХ ЗАСОБІВ ОПРАЦЮВАННЯ ЗОБРАЖЕНЬ

Проаналізовано біомедичні зображення та здійснено їх класифікацію. Проведено аналіз методів і алгоритмів опрацювання біомедичних зображень. Проаналізовано основні бібліотеки та програмні пакети опрацювання зображень. Проведено порівняльний аналіз систем автоматизованої мікроскопії.

1.1 Аналіз біомедичних зображень

Сучасна медична діагностика нерозривно пов'язана з візуалізацією внутрішніх структур біомедичних об'єктів.

Медична візуалізація (медична інтроскопія) — це методика і процес створення візуальних зображень внутрішніх органів з метою проведення клінічного аналізу і медичного втручання [1].

В наукових дослідженнях медична візуалізація є субдисципліною в області біомедичної інженерії, медичної фізики або медицини в залежності від контексту: отримання зображень (наприклад, рентгенографія), біомедична інженерія, медична фізика та інформатика.

Зображення служить для подання інформації у візуальному вигляді. Воно є однією з найбільш зручних форм представлення інформації при діагностуванні органів людини в медицині [1].

Медичне зображення — це структурно-функціональний образ органів людини, призначений для діагностики захворювань і вивчення анатомофізіологічної картини організму [2].

Біомедичне зображення — це структурно-функціональний образ органів людини і тварин, призначений для діагностики захворювань і вивчення анатомофізіологічної картини організму [3].

Медичні зображення не завжди забезпечують необхідну інформацію для однозначної ідентифікації захворювань. Поділ медичних зображень за

критеріями є умовним [2,4]. Виділено такі критерії класифікації біомедичних зображень: спосіб отримання зображення, тип зображення та розмірність зображення.

Класифікацію біомедичних зображень наведено у таблиці 1.1.

Таблиця 1.1

Класифікація біомедичних зображень

Критерій класифікації		
За способом отримання зображення	За типом зображення	За розмірністю
<ul style="list-style-type: none"> - Цифрова радіологія - Комп'ютерна томографія - Ядерний магнітний резонанс - Ультразвук - Мікроскопія 	<ul style="list-style-type: none"> - RGB зображення (мікроскопія, еластографія, термографія) - Зображення в градаціях сірого (рентгенографія, томографія) - Чорно – біле (ультразвукове дослідження) 	<ul style="list-style-type: none"> - 2D (всі зображення незалежно від способу отримання) - 3D (послідовність радіологічних зображень, томографічне зображення динамічного об'єкта;)

Рентгенографічні зображення – це 2D зображення в форматі градаціях сірого, що способом отримання відносяться до класу цифрової радіології (рисунок 1.1 (а)). Такий механізм візуалізації використовує широкий промінь рентгенівського випромінювання для отримання зображення. Рентгеноскопія зображує внутрішні структури організму подібно радіографії, але використовує рентгенівські промені при більш низькій потужності дози [5]. Аналіз методів і моделей цифрової корекції та підвищення якості растрових зображень у рентгенографії відображено в роботах [6, 7].

Результатом магнітно - резонансної томографії є 2D або 3D зображення в градаціях сірого (МРТ зображення). Перевагою використання 2D МРТ зображень (рисунок 1.1 (б)) є вища швидкість формування зображень у порівнянні з 3D. Також 2D зображення краще підходять для дослідження довгих

судин. Перевагою використання 3D зображень є висока просторова роздільна здатність у порівнянні з 2D та відображення об'єкту у тривимірному просторі [8]). Позитрон-емісійна томографія (ПЕТ) (рисунок 1.1 (в)) — метод, заснований на застосуванні радіофармпрепаратів, мічених ізотопами, які і є випромінювачами позитронів.

Результатом ультразвукового дослідження є 2D або 3D зображення. 2D зображення – це двовимірне чорно-біле зображення (рисунок 1.1 (г)). Результат дослідження з використанням 3D зображень є об'ємне, тривимірне RGB зображення. Ультразвукове дослідження (УЗД) використовує високочастотні звукові хвилі, які по-різному відбиваються від тканини і утворюють зображення.

Ехокардіографія - метод ультразвукової діагностики, що спрямований на дослідження морфологічних і функціональних змін клапанного апарату серця. Результатом ехокардіографія є чорно-біле зображення (рисунок 1.1 (г)). Принцип дії методу базується на здатності ультразвуку відбиватися при взаємодії із середовищами різної акустичної щільності [9]. Даний метод дозволяє встановити стан м'яких тканин, визначити товщину стінок серця, стан клапанного апарату, обсяг порожнин серця. Тактильна візуалізація (ТВ) (рисунок 1.1 (е)) є медичним методом візуалізації, який переводить дотик в цифрове зображення

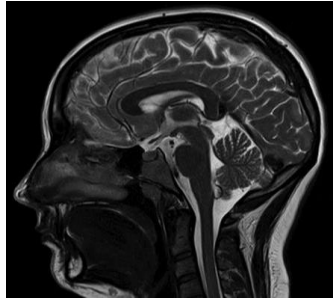
Імуногістохімія (ІГХ) — це аналітичний метод визначення протеїнів у клітинах біологічних тканин на основі реакції антиген-антитіло. Результатом імуногістохімічного дослідження є двовимірне RGB зображення (рисунок 1.1 (є)). ІГХ можна проводити на свіжезаморожених зразках або, найчастіше, на фіксованих в формаліні та залитих у парафінові блоки тканини [10].

Гістологічні та цитологічні зображення – це RGB зображення, що формуються в результаті мікроскопічного дослідження. Гістологія - це важливий компонент діагностичної медицини та інструмент для вивчення патогенезу та біології таких процесів, як рак. Біоматеріалом для гістологічного дослідження можуть бути зразки різних тканин - шкіри, слизових оболонок, м'язів (рисунок 1.1(з)) [11].

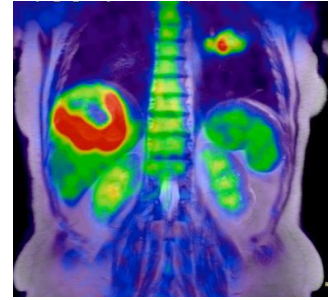
Цитологічними називають ті зображення, де клітини знаходяться поза межами тканини (рисунок 1.1 (ж)). Цитологічний метод дозволяє виявляти різні патології в розвитку клітин. В основі дослідження лежить той же принцип, що і при гістологічному аналізі матеріалу біопсії, - морфологічний.



а) Рентгенографічне зображення



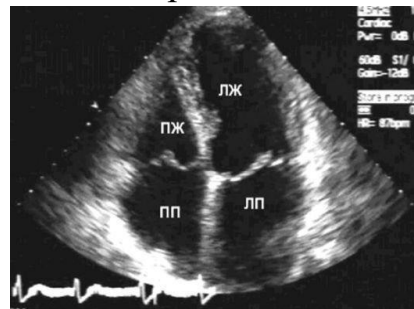
б) МРТ зображення



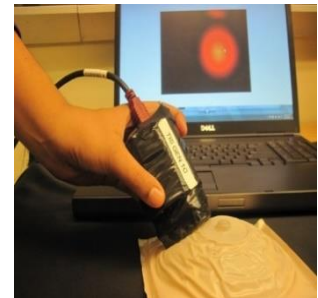
в) ПЕТ зображення



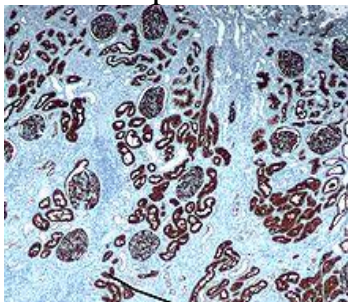
г) УЗД зображення



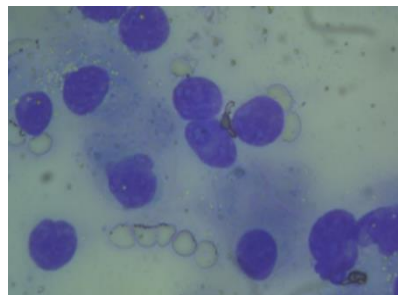
д) ехокардіографічне зображення



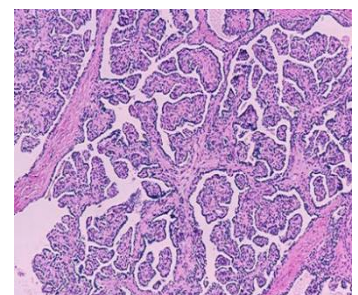
е) ТВ зображення



є) імуногістохімічне зображення



ж) цитологічне зображення



з) гістологічне зображення

Рисунок 1.1 – Приклади медичних зображень

1.2 Аналіз методів і алгоритмів опрацювання зображень

Опрацювання зображень — будь-яка форма оброблення інформації, де вхідні дані подаються зображенням. Виділяють такі типові задачі опрацювання

зображень: розпізнавання об'єктів, виділення характеристик об'єктів, визначення форми об'єктів, визначення переміщення об'єктів [12]. Комп'ютерний зір — теорія та технологія створення машин, які можуть проводити виявлення, стеження та класифікацію об'єктів [13]. У роботі [14] авторами проведено аналіз сучасних технічних засобів опрацювання зображень. До технологій опрацювання зображень належить: попереднє оброблення зображень, сегментація, контурний та текстурний аналіз, класифікація і розпізнавання зображень [15].

Пов'язані з цими етапами рівні опрацювання називаються відповідно: нижнім, середнім та високим рівнями відповідно. Класифікацію рівнів комп'ютерного зору наведено на рисунку 1.2.

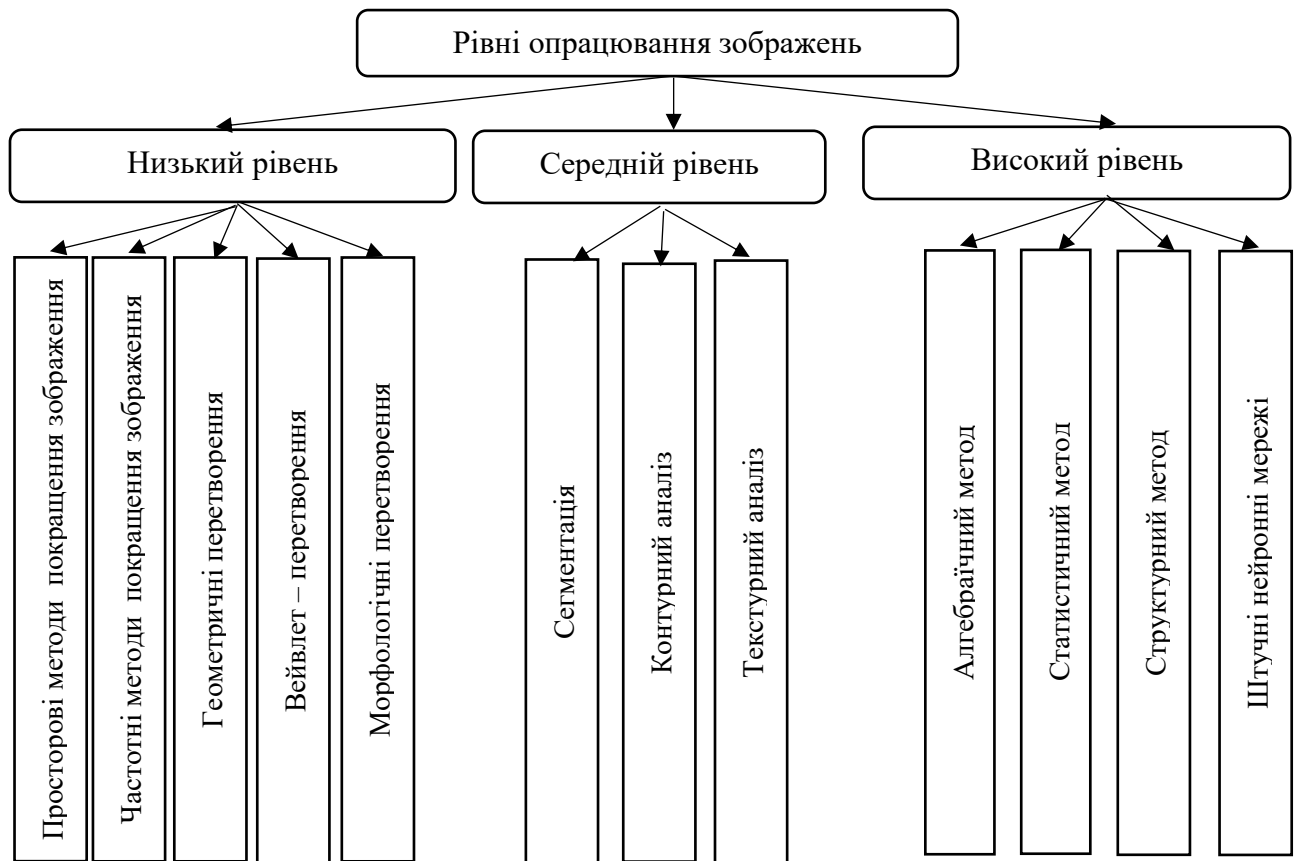


Рисунок 1.2 – Рівні опрацювання зображень

Медицина є однією із основних галузей застосування комп'ютерного зору. Опрацювання та класифікація медичних зображень є завданнями, що активно досліджуються протягом останніх 15 років [16]. Прикладом інформації, яка може бути отримана з біомедичних зображень є виявлення пухлин, атеросклерозу або

інших злоякісних змін. У роботах [17, 18] розглядаються та узагальнюються застосування технологій обробки цифрових зображень на гістологічних зображеннях для виявлення раку молочної залози. У роботах [19, 20] проаналізовано сучасні алгоритми та виділено широкий спектр наукових проблем, що виникають в галузі автоматизованої мікроскопії.

1.2.1 Попереднє оброблення зображень

Важливим етапом опрацювання зображення є попереднє оброблення. Адже, від цього залежить якість зображення та точність результатів на виході середнього та високого рівнів комп'ютерного зору.

На зображення впливають шуми різної природи, що негативно відображається на наступних етапах. Виділяють два основних види шумів: адитивний гаусовий та імпульсний шуми [21]. Імпульсний шум може бути ідентифікований як складова частина досліджуваного об'єкту. У більшості випадків шум формується на етапі передачі зображення по каналах зв'язку [22]. Класифікацію методів фільтрації зображень наведено на рисунку 1.3.

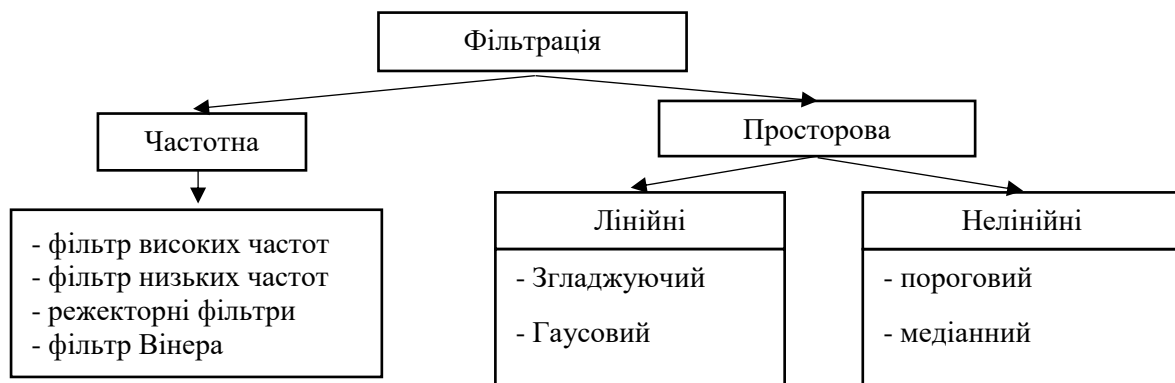


Рисунок 1.3 – Класифікація цифрових фільтрів

Фільтрацію зображень застосовують для зменшення рівня гаусових та імпульсних шумів. У роботі [23] наводяться підходи до попередньої обробки зображень на основі їхньої здатності знижувати рівень шуму. У роботі [24] розроблено вдосконалений обчислювальний підхід, що базується на градієнтному фільтрі зображень. Розроблений підхід дозволяє ефективно

виявляти контури об'єктів і зменшувати неінформативну інформацію, створену з фону і текстури.

Частотні фільтри здійснюють подавленням однієї смуги частот. Виділяють фільтри високих частот (ФВЧ), фільтри нижніх частот (ФНЧ). Фільтр, що послаблює низькі частоти та пропускає високі називається високочастотним фільтром. Фільтр, що послаблює високі частоти та одночасно пропускає нижні називається низькочастотним фільтром [25, 26].

Алгоритми просторової фільтрації проаналізовано у роботах [27, 28]. Алгоритм медіанної фільтрації має хороші шумозаглушувальні ефекти, але його складність обчислення є високою. У роботі [26] розроблено покращений алгоритм медіанної фільтрації. може міняти розмір вікна в залежності від рівня шуму. Обчислювальна складність алгоритму зменшується до $O(N)$ і ефективність зниження шуму покращується.

Коригування рівнів яскравості використовується для виділення окремих мікрооб'єктів [30]. Моделі опрацювання зображень, які враховують умови його освітлення розглянуто у роботі Воробля Р.А. [31].

Існуючі методи автоматичного покращення якості зображень ґрунтуються на операціях із гистограмою зображення [32]. Методи, метою яких є видозміна законів розподілу, є гістограмні методи [33]. Виділяють такі сучасні методи покращення зображень:

- 1) Гістограмне вирівнювання (HE),
- 2) Контрастно - адаптивне вирівнювання гистограми (CLAHN),
- 3) Multi Scale Retinex (MSR).

У роботі [32] наведено алгоритм підвищення якості зображень в різних колірних просторах на основі методу CLAHN. Для оцінки запропонованого алгоритму використовується серія оціночних показників, таких як середнє значення, контрастність, ентропія, метрика кольорів .

Алгоритм MSR звужує динамічний діапазон вхідного зображення із збереженням локальних контрастів [34].

Застосування вейвлет – перетворень в процесі опрацювання зображень

розглянуто у роботах Наконечного А.Й. та Федака В.В. [35].

1.2.2 Сегментація зображень

Сегментація - це процес розділення цифрового зображення на набір сегментів. Метою сегментації є спрощення та зміна представлення зображення для полегшення аналізу [13].

У роботах [36-39] розглянуто та проведено аналіз різних підходів до класифікації алгоритмів сегментації. Машталір В.П. [40] наводить методи сегментації зображень у великих базах даних з використанням щільності розподілу інформації. У роботах [41-43] проводиться аналіз основних методів сегментації об'єктів на цифровому зображенні, а також дається аналіз ефективності застосування цих методів для сегментації об'єктів нерегулярного вигляду. Графічне представлення методів сегментації наведено на рисунку 1.4.

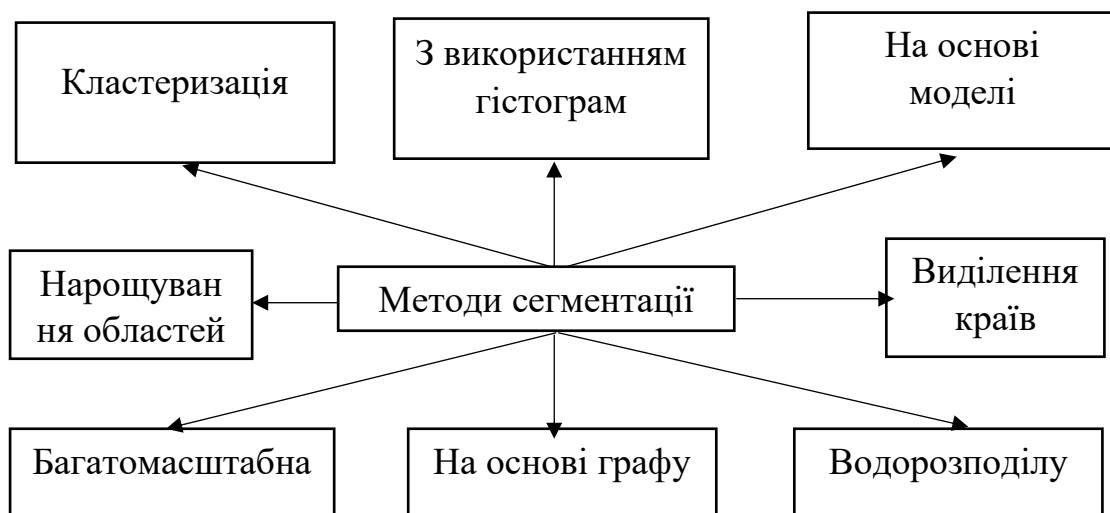


Рисунок 1.4 – Методи сегментації зображень

Одним із найчастіше застосовуваних методів кластеризації є метод k-середніх. Перевагою даного методу є висока швидкість оброблення. Основною метою даного методу є мінімізація середньо-квадратичного відхилення точок кластерів від центру кластерів [44, 45].

Ключовою перевагою використання методу гістограм для сегментації є те, що для його застосування потрібний один прохід по пікселях. У цьому методі гістограма обчислюється по всім пікселям зображення і її мінімуми і максимуми

використовуються, щоб знайти кластери на зображенні. Аналіз алгоритмів сегментації на основі гістограми наведено у роботі [46].

Виділення країв – метод, що використовує перепад яскравості на границях областей для виокремлення окремих областей. Недоліком даного методу є те, що деякі області на зображенні не мають чітких границь, що у свою чергу не дозволяє у повній мірі виділити об'єкт. Автор статті Sujatha P. [47] наводить аналіз результатів роботи таких алгоритмів виділення країв: Sobel, Prewitt та Roberts. Алгоритм Prewitt [48] широко застосовується для виділення горизонтальних та вертикальних країв. Даний алгоритм показав кращі результати на основі значень інтенсивності. Алгоритм Sobel базується на згортці зображення з невеликими сепарабельними цілочисельними фільтрами в вертикальному і горизонтальному напрямках.

У сегментації методом розрізу графа пікселі асоціюється вершиною, а ваги ребер визначають (не) подібність сусідніх пікселів.. Faliu Yi [49] аналізує алгоритми сегментації на основі графів і поділяє їх на три групи: швидкісний граф, інтерактивний граф, сегментація за попередньо виділеними областями.

Метод водоподілу базується на виділенні областей за допомогою алгоритмів математичної морфології. Водоподіл – це хребет, що ділить області річкових систем. Недоліком звичайного методу водоподілу є надмірна сегментація зображень та відповідно спотворення результатів. Застосування маркерів максимально розв'язує дану проблему. Schüffler [50] наводить метод сегментації клітин, що базується на водоподілі та використовує маркер ядра клітини і множинні мембранні маркери, що автоматично обираються на основі їх кореляції.

Для нарощування областей часто використовуються функції енергії, функції Байеса, вейвлети і властивості фракталів, а також апарат нейронних мереж. Нарощування областей можна проводити різними способами. Найбільш простим є поточкове нарощування. Інші способи засновані на моделях, подібних активному контуру [51], і Snake-моделі [52].

Алгоритм «Змій» широко використовуються в обробленні медичних зображень і сегментації. Основний недолік алгоритму «Змій» полягає в тому, що вплив внутрішньої енергії має тенденцію надмірно витягати модель, вироджуючи її в пряму [53].

Контурний аналіз застосовують для опису, зберігання, порівняння і пошуку об'єктів, представлених у вигляді своїх зовнішніх обрисів – контурів. У системах комп'ютерного зору найпопулярнішими видами кодування контуру є код Фрімена, двовимірне кодування, полігональне кодування. Виділяють такі методи контурного аналізу [54]: метод активних контурів, метод активних контурів без попереднього виділення границь, детектор Кенні.

Текстурні методи під час аналізу використовують дифузні властивості аналізованого об'єкта. Більшість алгоритмів сегментації на основі однієї функції енергії мають такі недоліки, як повільна конвергенція та складність підбору параметрів [55]. Автори [56] пропонують методику, яка об'єднує метод машинного навчання з моделлю активних контурів на основі області. Автори [57] представили методику сегментації кольорових зображень на основі пікселів, використовуючи метод опорних векторів та метод нечітких С-середніх. У роботі [58] здійснено класифікацію зображень методами k-nearest-neighbor (kNN), random forests classifier (RanForest), методом опорних векторів для класифікації медичних зображень, враховуючи особливості текстури.

Статистичний текстурний аналіз базується на обчисленні матриць суміжності, котрі враховують як рівні яскравості, так і відносне розташування об'єктів. З використанням матриць суміжності, обчислюють текстурні ознаки, такі як кутовий момент, кореляція, контраст, ентропія [59].

Структурні методи аналізу областей зображень базуються на тому, що текстура складається з регулярно або майже регулярно повторюваних сукупностей розділених примітивів (мікротекстур), котрі розташовані по деякому правилу розміщення та ієрархічно об'єднуються в просторово впорядковані структури (макротекстури) [60].

1.2.3 Методи та алгоритми високого рівня опрацювання зображень

Технологія глибинного навчання показала вражаючу ефективність у різних завданнях комп'ютерного зору, таких як класифікація зображень, виявлення об'єктів і семантична сегментація [61].

В основі алгебраїчного підходу лежить ідея індуктивного породження математичних об'єктів через узагальнене індуктивне правило. Виділяються базисні алгоритми і моделі розпізнавання та застосовуються операції, що дозволяють породжувати нові алгоритми. Визначаються умови, при яких дане сімейство алгоритмів є базисним відносно введених операцій, а також властивості, якими повинна володіти модель. Формуються методи побудови сімейства таких алгоритмів. Таким чином, алгебраїчний підхід в задачах розпізнавання і прогнозування забезпечує реалізацію ідеології, що дозволяє синтезувати алгоритм, який при виконанні певних нежорстких умов розв'язує конкретну задачу [52].

Основою логічного підходу служить булева алгебра та її логічні оператори, в першу чергу, оператор IF (якщо). При цьому вихідні дані зберігаються в базі даних у вигляді аксіом, а правила логічного висновку як відношення між ними. Прикладом практичної реалізації логічних методів є дерева рішень і нечітка логіка. [63, 64].

Структурний підхід застосовується до завдань розпізнавання образів, в яких важлива інформація про структуру конкретного об'єкта. Від процедури розпізнавання потрібно не тільки, щоб вона могла визначити клас об'єкту, а й виявити таку інформацію про об'єкт, яка не дозволяє віднести його до іншого класу. Структурне розпізнавання образів реалізується за допомогою алгоритмів зіставлення графів. Байєсівський класифікатор вважається базовим в структурному підході до класифікації зображень [65].

Статистичні методи розпізнавання образів – один із напрямів теорії розпізнавання образів, в основі якого лежить представлення про клас об'єктів як про ансамбль реалізацій деякої випадкової величини. Цю випадкову величину з визначиними статистичними характеристиками зазвичай називають

статистичною моделлю класу об'єктів, що розпізнаються. Якщо задано статистичні моделі об'єктів, то методами математичної статистики можна побудувати алгоритм розпізнавання [66].

Штучні нейронні мережі (ШНМ) - це математичні моделі і їх програмні або апаратні реалізації, побудовані за принципом організації та функціонування біологічних нейронних мереж. На вхід ШНМ подаються навчальні дані і запускається алгоритм навчання, який автоматично аналізує структуру даних і генерує залежність між входом і виходом [67]. Виділяють такі основні методи навчання: з вчителем, з підкріпленням без вчителя. Метод навчання з учителем вимагає, щоб система примусово навчалася за допомогою наявної множини прикладів «об'єкт-відповідь» з метою визначення відповіді для об'єктів, які не належать наявній множині прикладів [68].

Під час навчання з підкріпленням пари правильних входів/виходів не надаються, а недостатньо оптимальні дії явно не виправляються.

Навчання без вчителя — один зі способів машинного навчання, в процесі якого система навчається виконувати поставлене завдання, без втручання людини.

Ткаченко Р.О., Цмоць І.Г. у роботі [69] на основі комплексного підходу та ієрархічної компонентно-орієнтованої технології аналізують інтелектуальні компоненти інтегрованих автоматизованих систем управління. У роботі [70] наведено нейроподібні методи, алгоритми та структури обробки сигналів і зображень у реальному часі.

У роботі [71] запропоновано нейро-фаззі систему для розв'язання завдань послідовного нечіткого кластерування даних, що дозволяє опрацьовувати вектори спостережень за умов обмеженого числа даних в оброблюваній вибірці.

Згорткова нейронна мережа (ЗНМ) поєднує в собі виділення елементарних ознак зображення, формування більш складних ознак та власне розпізнавання. У роботі [72] досліджується застосування ЗНМ для розпізнавання великих за розміром зображень. У роботі [73] наведено аналіз сучасних систем опрацювання зображень, виділено їх переваги та недоліки для класифікації

зображень для раннього виявлення раку грудей. Принципи застосування ЗНМ у медичних цілях наведено у роботах [74-79].

У роботі [80] пропонується паралельна методика навчання нейронної мережі з використанням Compute Unified Device Architecture (CUDA). У галузі медичної візуалізації графічні процесори у деяких випадках є вирішальними для забезпечення практичного використання алгоритмів, що вимагають обчислень [81]. У статті [82] проведено аналіз сучасного стану застосування паралельних обчислень в медицині на основі технології CUDA з використанням графічних процесорів. Методи та засоби організації високопродуктивних паралельно-ієрархічних обчислювальних систем із рекурсивною архітектурою наведено у роботах [83, 84].

Яровий А.А. та Тимченко Л.Д. у роботах [85, 86] значну увагу приділяють розпаралеленню процесів опрацювання зображень.

Метод опорних векторів (SVM) - набір алгоритмів навчання з учителем, що застосовується в задачах класифікації та регресійного аналізу. Особливістю методу опорних векторів є постійне зменшення емпіричної помилки класифікації. Застосування методу SVM для класифікації медичних зображень розглянуто у роботах [87 - 92].

Алгоритм AdaBoost - це алгоритм посилення класифікаторів, шляхом об'єднання їх в комітет. AdaBoost є адаптивним в тому сенсі, що кожен наступний комітет класифікаторів будується по об'єктах, невірно класифікованих попередніми комітетами. Результати роботи алгоритму AdaBoost розглянено у роботах [93, 94].

Баєсівський класифікатор — це класифікатор, що використовує теорему Баєса для визначення ймовірності належності елемента до одного з класів. Якщо можна визначити, якому класу належить об'єкт, то класифікатор вкаже, що ймовірність належності до даного класу дорівнює одиниці. В інших випадках класифікатор побудує вектор, компоненти якого є ймовірностями належності до того чи іншого класу. Детальніше принцип роботи баєсівського класифікатора наведено у роботі [95].

1.3 Аналіз методів оцінки якості сегментації

Підбір алгоритму сегментації для опрацювання певного типу зображень – досить тривалий та трудомісткий процес. Виділяють два способи оцінки якості сегментації: об'єктивний та суб'єктивний. Ключовий недолік суб'єктивних способів оцінки якості сегментації полягає у тому, що оцінки робляться людиною. На рисунку 1.5 наведено класифікацію критеріїв оцінки якості сегментації.

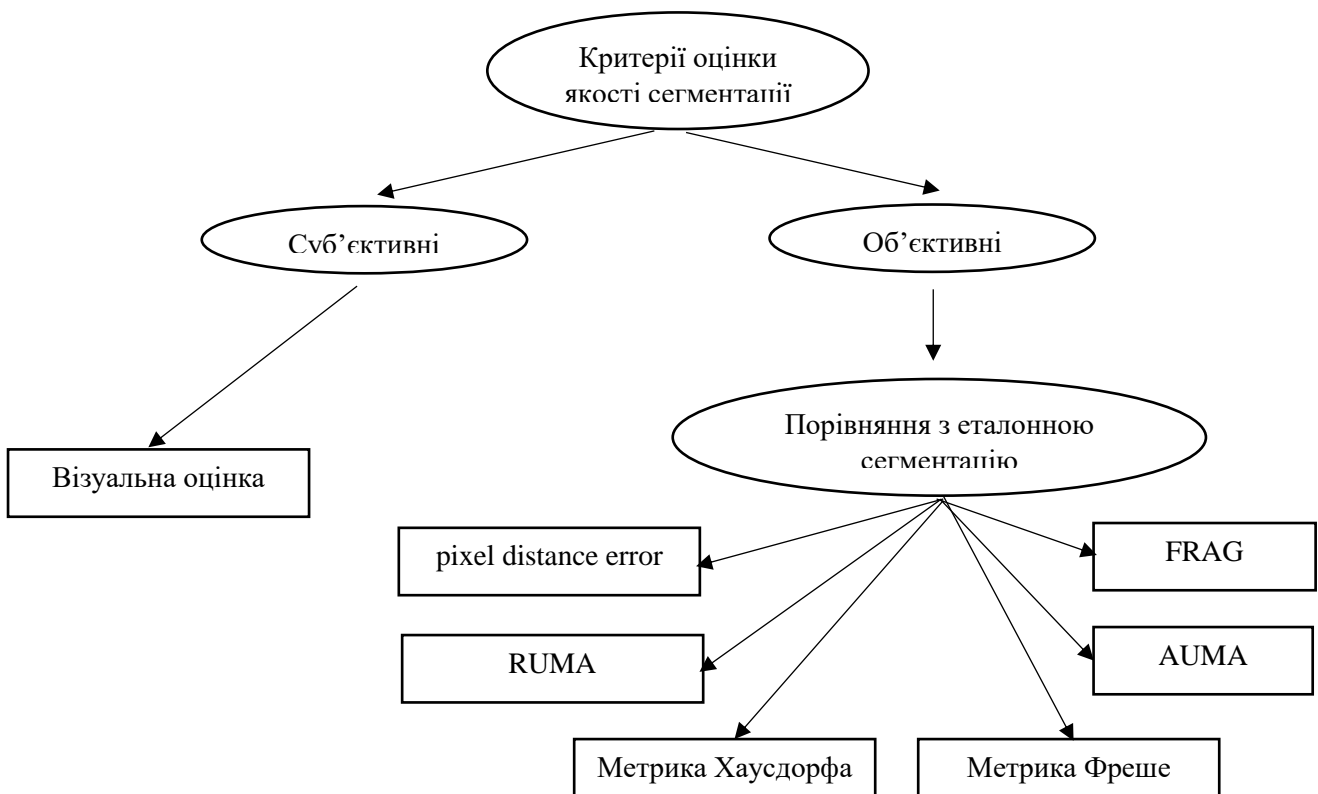


Рисунок 1.5 – Класифікація критеріїв оцінки якості сегментації

Об'єктивні критерії оцінки сегментації використовують кількісні показники, а не візуальні. Zhang та Mattana [96] вважають, що точність виділення окремих об'єктів може слугувати оцінкою якості сегментації.

Автори Lee, Chung та Park [97] ввели критерій вірогідності помилки сегментації на основі підрахунку неправильно класифікованих пікселів під час оцінки методів порогової сегментації. Критерій «pixel distance error» (PDE) обчислює відстані між пікселями у вихідному та сегментованому зображеннях.

У роботі [98] представлено критерій FOM для обчислення відстані між отриманим пікселем в результаті сегментації та "правильним" розташуванням пікселя.

Критерій RUMA [99], використовує параметри геометричні досліджуваного об'єкта.

Алгоритми для порівняння результатів сегментації за допомогою метрик базуються на відомих метриках Фреше та Хасдорфа.

Mario A. Lopez та Shlomo Reisner [100] запропонували алгоритм, що зменшує кількість вершин опуклого полігону для заданої похибки ξ в метриці Хаусдорфа. Автори Н. Alt та L. Scharfz [101] запропонували за допомогою діаграм Вороного обчислювати відстань Хаусдорфа між алгебраїчними плоскими кривими. L.P. Chew, K. Kedem [102] розробили алгоритм для знаходження мінімальної відстані Хаусдорфа в метриках L_i та L_∞ . Отримана обчислювальна складність становить $O(n^2 \log^2 n)$. С. Knauer, M. Scherfenberg [103] розробили метод пошуку по заданому патерну зображення, який має найменшу відстань в метриці Хаусдорфа. V. Alvarez [104] розробив метод пошуку відстані на основі метрики Хаусдорфа для d – вимірному простору. Задача апроксимації такого дерева розв'язана за поліноміальний час. Atallah [105] розробив алгоритм для пошуку відстані Хаусдорфа між випуклими полігонами. Обчислювальна складність алгоритму складає $O(m*n)$, де m та n – вершинами першого та другого полігонів відповідно.

Праця Н. Alt, M. Godau [101] присвячена розробці алгоритмів для знаходження відстані між параметрично заданими кривими. Обчислювальна складність становить $O(mn \log mn)$. У роботі [102] розроблено алгоритм обчислення дискретної відстані Фреше для полігональних кривих. Обчислювальна складність становить $O(m^2 n^2)$, де m та n – кількість відрізків на першій та другій кривій. Rote G. [107] запропонував алгоритм обчислення відстані Фреше між кривими, які задані множинно $m+n$ лінійно апроксимованих відрізків. Обчислювальна складність рівна $O(m * n)$. К. Vuchin [106] розробив

алгоритм знаходження відстані Фреше для полігональних областей. Алгоритм має поліноміальну складність. В роботі [108] для замкнених полігональних кривих автори отримали обчислювальну складність $O(m * n)$ для метрики Фреше. Н.-К. Ahn [109] розробив алгоритм для знаходження дискретної відстані Фреше з неточно заданими вершинами, а обчислювальна складність складає $O(d * m * n)$ для d – вимірного простору. У роботі [110] наведено алгоритм для знаходження відстані Фреше між неплоскими поверхнями. Автори досягли поліноміального часу в L_∞ метриці. J. Gudmundsson, M. Smid [111] запропонували алгоритм для знаходження подібності полігональних дерев в метриці Фреше із поліноміальною складністю.

Одним із найпростіших методів кількісної оцінки сегментації є відношення правильно виділених пікселів на досліджуваному зображенні до еталонного зображення. Однак, даний підхід є простим і не завжди надійним. Критерій Pixel Distance Error враховує не лише належність неправильно ідентифікованих пікселів до певного об'єкту (сегменту), але й враховує розміщення пікселів до даного сегменту [112].

Критерій AUMA (absolute ultimate measurement accuracy) обчислюється за формулою:

$$AUMA_f = |R_f - S_f|,$$

де R_f – значення ознаки f , отримане на еталонному зображенні, S_f – значення ознаки f , отримане на досліджуваному зображенні [113].

Коефіцієнт RUMA обчислюється за допомогою такого перетворення:

$$RUMA_f = \frac{|R_f - S_f|}{R_f} * 100 ,$$

де R_f – значення ознаки f , отримане на еталонному зображенні, S_f – значення ознаки f , отримане на досліджуваному зображенні. В якості ознак для обчислення критеріїв AUMA та RUMA використовують площу, периметр,

окружність, відношення сторін та ін. В результаті чим ближче отримане значення до нуля, тим вища оцінка сегментації [114].

1.4 Аналіз програмних засобів опрацювання зображень

На даний момент існує велика кількість програмних пакетів та бібліотек для роботи з різними типами зображень. Найпопулярніші бібліотеки для роботи з графікою наведено на рисунку 1.6.

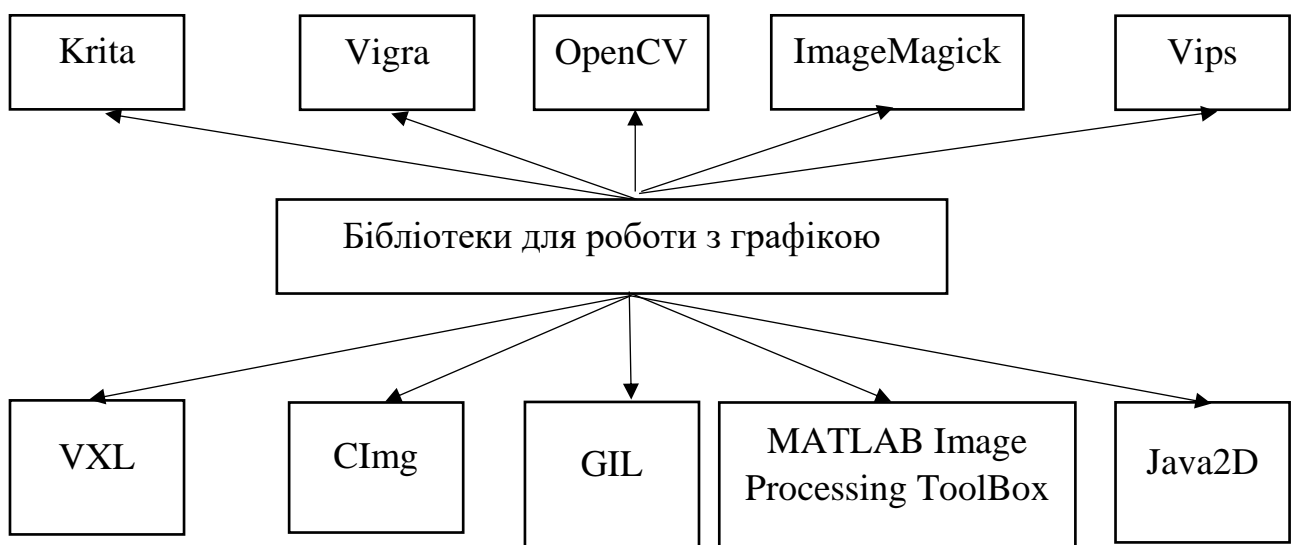


Рисунок 1.6 – Бібліотеки для роботи із зображеннями

CImg - бібліотека, в якій реалізовані інноваційні ефекти оброблення зображень, такі як замальовування (inpainting) зіпсованих або зашумлених зображень.

Java2D – бібліотека, що дозволяє працювати з зображеннями різних форматів, кольірними просторами, алгоритмами оптимізації зображення зображення і текстом.

OpenCV — бібліотека функцій та алгоритмів комп'ютерного зору з відкритим кодом. OpenCV надає функціонал для розпізнавання об'єктів на фотографіях, перетворення зображень, застосування методів машинного

навчання. Бібліотека вміщує понад 2500 алгоритмів машинного навчання та комп'ютерного зору.

MATLAB Image Processing Toolbox – інструмент для оброблення зображень в середовищі MATLAB. Даний Toolbox володіє базовими функціями для роботи з зображеннями, аналізу та покращення якості зображень.

Порівняльну характеристику бібліотек для роботи з зображеннями наведено у таблиці 1.2.

Таблиця 1.2

Порівняльна характеристика бібліотек опрацювання зображень.

Бібліотека	Переваги	Недоліки
OpenCV	перетворення зображень в інші базиси; наявність методів та алгоритмів усіх рівнів комп'ютерного зору; наявність інтерфейсів для мов програмування: Python, Java, MATLAB, C++	відсутність стабільної версії
MATLAB Image Processing Toolbox	Збільшення можливостей управління додатковими засобами в GUI; зчитування і запис даних в файл медичного формату; перегляд декількох зображень;	орієнтована на дослідницьку роботу

Продовження таблиці 1.2.

CImg	проста у застосуванні;	не оптимізована; неструктурована документація.
Java2D	об'єктно-орієнтована архітектура; повнофункціональна.	із закритим кодом.
Krita	оптимізована для інтерактивної роботи;	не оптимізована; проблеми з великими зображеннями.
Vigra	працює з великими зображеннями; зручна документація.	орієнтована здебільшого на дослідницьку роботу
VIPS	працює з великими за розміром зображеннями; працює з різними колірними моделями.	великий обсяг; не оптимізована.
VXL	працює з великими за розміром зображеннями;	давно не оновлялась; оптимізована лише для простих зображень в RGB форматі

Більшість бібліотек володіють стандартним набором алгоритмів низького та середнього рівнів комп'ютерного зору. Перевагою таких інструментів як OpenCV та MATLAB Image Processing Toolbox є ширший набір алгоритмів у порівнянні з іншими та постійний супровід зі сторони розробників.

Крім програмних засобів опрацювання зображень існує напрям розробки апаратних засобів для опрацювання зображень. Так в роботах Боюна В.П. [115] приділено велику увагу розробці та дослідженню апаратних засобів для аналізу зображень.

1.5 Аналіз систем автоматизованої мікроскопії

Методи та алгоритми для аналізу зображень надають спеціалізовані програмні системи. Система автоматизованої мікроскопії (САМ) — це програмно - апаратна система, що дозволяє автоматизувати процес постановки діагнозу. САМ складаються з двох складових: апаратної (мікроскоп,

відеокамера) та програмної. Існуючі системи володіють обмеженим набором алгоритмів опрацювання зображень та не мають спеціалізованих графічних інтерфейсів для різних типів користувачів. [116, 117].

Серед найпопулярніших САМ можна виділити такі: ВидеоТест Морфо 5.2, AnalySIS Five, BioVision, МЕКОС-Ц2, Ariol, ImageJ, TissueFAXS, BioImageXD, analySIS FIVE, ДиаМорф, Motic Images Advanced 3.2.

S. Kankaanpää та P. Raavolainen у статті [118] описують системи автоматизованої мікроскопії BioImageXD. Розроблене програмне забезпечення застосовують для візуалізації багатоканальних стеків та для складної 3D обробки.

Малов А. М. [119] наводить методику комп'ютерного оброблення багатоспектральних зображень препаратів, які використовуються в медико-біологічних дослідженнях. Розроблена методика готує в інтерактивному режимі засоби для здійснення автоматичного вимірювання морфометричних параметрів мікрооб'єктів.

Значний вплив на розвиток та впровадженні систем автоматизованої мікроскопії в медицині зробили С.В. Абламейко, А. М. Недзьведь [122].

Brigitte Séroussi [120] аналізує систему OncoDoc для підвищення якості досліджень для діагностування раку молочної залози. OncoDoc є системою підтримки прийняття рішень, яка призначена для забезпечення терапевтичних рекомендацій для хворих на рак молочної залози.

Vrekoussis T [121] аналізує дослідження в області імуногістохімії раку молочної залози з використанням програмного забезпечення ImageJ

Усі з розглянутих САМ володіють функцією попереднього оброблення зображення та визначення характерних ознак. Недоліками ImageTool, ИМАДЖЕР-ЦГ та ScreenMeter є відсутність можливості використання додаткових плагінів.

Значну увагу дослідженню САМ приділив Медовий В.С. [123]. Програмні системи BioVision, ВидеоТест, МЕКОС-Ц2, TissueFAXS PLUS, Ariol володіють

БД для зберігання зображень та результатів дослідження. До того ж МЕКОС-Ц2 надає механізм роботи з віддаленою БД.

Image-Pro Plus вміщує велику кількість інструментів для обчислення характеристик мікрооб'єктів. TissueFAXS дозволяє проводити багатоканальне захоплення зображення, виділення окремих клітин, роботу із замороженими і парафіновими зрізами.

Програмний комплекс Axiol у порівнянні з іншими системами дозволяє здійснювати підключення до дев'яти робочих станцій. Такий підхід дозволяє взаємодіяти між собою декільком користувачам одночасно та отримати доступ до різних препаратів та результатів досліджень. Результати проведених досліджень зберігаються у базі даних для подальшого оброблення та формування статистики

Ключовою перевагою Axiol та BioVision є можливість використання Grid технології для швидшого оброблення інформації.

Порівняльну характеристику систем автоматизованої мікроскопії [124] наведено у таблиці 1.3 (+ наявність, - відсутність, +/- наявність додаткового модуля).

Таблиця 1.3

Порівняльна характеристика САМ на низькому рівні оброблення зображень

Критерії	Image j	Axio Visison	BioImage XD	moti c	QCapture PRO	Icy	Image Pro Plus	Micro Manager	analySIS FIVE
Контрастування	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Зміна рівня яскравості	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Фільтри:									
Гаусовий	+	+	+	+	+	+	+	+	+/-
Медіанний	+	+	+	+	+	-	+	+/-	+/-
Усереднюючий	+	+	-	-	-	-	-	+/-	+/-
Швидке перетворення Фур'є	+	+	+	+	+	-	+	+	+

Недоліками таких систем, як Image-Pro Plus, Cell D, QCapture PRO 6.0 у порівнянні з іншими, є відсутність можливості передачі даних в зовнішнє програмне середовище.

Порівняльну характеристику алгоритмів середнього рівня оброблення зображень наведено у таблиці 1.4.

Таблиця 1.4

Порівняльна характеристика алгоритмів середнього рівня

CAM	Метод K – means	Розумні ножиці	Snakes	Метод водорозподілу	Алгоритм Крускала	Grab Cut	Mean shift	Кодування контурів	RANSAC	Перетворення Хафа
Image J	+	+/-	+	+	+/-	+/-	+	-	+	+/-
Axio Vision	+	-	+	+	+	+	-	+/-	-	+
BioImage	+	+	+	+	+	-	-	+/-	+	+/-
Motic	+	-	+	-	+	-	-	-	+	-
QCapture	+	+	-	+	-	-	-	+/-	+	+
Image Pro	+	-	+	-	+	+	-	-	-	+
Icy	+	-	-	+	-	-	+	-	-	-
Micro Manager	+	+/-	+	+/-	-	+/-	-	-	+	+

Такі CAM як BioImageXD та AxioVisison володіють найбільшим набором реалізованих алгоритмів сегментації. CAM ImageJ дозволяє інсталиувати додаткові програмні модулів.

Порівняльну характеристики систем автоматизованої мікроскопії на високому рівні опрацювання зображень зображено у таблиці 1.5.

Таблиця 1.5

Порівняльна характеристика CAM на високому рівні опрацювання зображень

Критерії	Image J	Axio Vision	BioImage XD	motic	QCapture PRO	Icy	Image Pro Plus	Micro Manager	analySIS FIVE
Автоматична адаптація до зображення	-	-	+	-	-	-	+	-	-
Детектування об'єктів	+/-	+/-	-	-	-	-	+/-	+/-	-

Продовження таблиці 1.5.

Порівняння зображень	-	+	+	+	+	+	+	-	-
Класифікатори нейронні мережі SVM	- +/-	+ -	- -	- -	- +/-	- -	- +	- +/-	- -

В результаті проведеного аналізу можна зробити висновок, що сучасні САМ мають у своєму складі основні алгоритми опрацювання зображень. Однак, у них немає адаптивного графічного інтерфейсу для лікуючого лікаря, лікаря – діагноста, адміністратора, експерта.

Отже, актуальним завданням є розробка інтелектуальної САМ для раннього діагностування передракових станів молочної залози.

1.6 Висновки до розділу 1

У даному розділі проаналізовано основні методи та алгоритми на низькому, середньому та високому рівнях комп'ютерного зору, здійснено аналіз біомедичних зображень і систем автоматизованої мікроскопії та отримано такі результати:

- 1) Проаналізовано існуючі методи і алгоритми опрацювання зображень на низькому, середньому та високому рівнях комп'ютерного зору. Виділено їхні переваги та недоліки, що дало можливість сформулювати ефективні алгоритми для опрацювання біомедичних зображень в системах автоматизованої мікроскопії.
- 2) Здійснено аналіз біомедичних зображень на основі виділених критеріїв, обґрунтовано важливість опрацювання гістологічних і цитологічних зображень в системах автоматизованої мікроскопії для постановки діагнозу в онкології.
- 3) Проведено аналіз сучасних програмних засобів для оброблення, аналізу та класифікації зображень, на основі запропонованих критеріїв, що

дозволило виділити їх переваги та недоліки і дало можливість використати функції цих засобів у розробленні інтелектуальної САМ.

- 4) Проведено аналіз існуючих систем автоматизованої мікроскопії та їх модифікацій, виділено їх переваги та недоліки і показано відсутність в їх складі інтелектуальних засобів опрацювання зображень та обґрунтовано розробку інтелектуальної САМ для діагностування передракових станів молочної залози.

РОЗДІЛ 2 МЕТОДИ ОПРАЦЮВАННЯ ЗОБРАЖЕНЬ

У розділі розроблено метод автоматичного оброблення зображень на низькому рівні, метричний метод кількісної оцінки якості сегментації та метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації та їх параметрів.

2.1 Адаптивний метод оброблення гістологічних і цитологічних зображень

Існуючі методи автоматичного покращення якості зображень ґрунтуються на операціях із гистограмою зображення. Виділяють такі методи покращення якості зображень: multi scale retinex (MSR), histogram equalization (HE), contrast-limited adaptive histogram equalization (CLAHE).

Для гістограмного вирівнювання спочатку проводиться розрахунок гістограми вхідного зображення. Наприклад, для зображення з діапазоном яскравостей 0...255 гістограма представляє собою таблицю із 256 чисел. Кожне число показує кількість точок на зображенні, що володіє певною яскравістю.

Алгоритм MSR звужує динамічний діапазон вхідного зображення із збереженням локальних контрастів у темних і яскравих областях. Багатомірний MSR алгоритм є зваженою сумою одновірних SSR (Single Scale Retinex) алгоритмів. Загальним недоліком існуючих методів є недостатня якість зображень після оброблення. Тому необхідно розробити метод попереднього оброблення зображень.

Опишемо розроблений адаптивний метод попереднього оброблення зображень [15].

Нехай задано I_m – вхідне зображення. Представимо дане зображення у матричній формі (2.1).

$$I_m = \begin{bmatrix} a_{0,1} & \cdots & a_{0,N-1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{M-1} & \cdots & a_{M-1,N-1} \end{bmatrix}, \quad (2.1)$$

де a_{ij} – елемент зображення.

Метод адаптивного оброблення зображень складається з таких кроків:

1. Оцінка зашумленості зображень.

Медіанну фільтрацію представимо у вигляді перетворення виду:

$$Im^l = M(Im) \quad (2.2)$$

При медіанній фільтрації значення кожного пікселя представляє собою усереднену величину пікселів у його околі [125]. В якості маски медіанний фільтр використовує двовимірне вікно з центральною симетрією. Вираз для двовимірної медіанної фільтрації представимо у вигляді:

$$Im_{i,j}^l = \text{med}[Im_{i+s,j+t}; (s,t) \in W]; i,j \in Z^2, \quad (2.3)$$

де $Im_{i,j}^l$ - елемент матриці зображення після фільтрації;

$W_{s,t}$ - елемент масиву апертури зображення з розміром $m \times n$;

$Im_{i,j}$ - елемент матриці вхідного зображення. Для проведення фільтрації даним фільтром обрано вікно розміром 5×5 .

На наступному етапі відбувається кількісна оцінка зашумленості зображення. Для цього застосовуємо значення пікового відношення сигналу до шуму (PSNR) [126]. Для обчислення цього значення потрібно розрахувати середньоквадратичне відхилення (MSE) між двома зображеннями.

$$MSE = \frac{1}{mn} \sum_{i=0}^{m-1} \sum_{j=0}^{n-1} |Im^l(i,j) - Im(i,j)|^2, \quad (2.4)$$

де Im^l та Im - профільтроване та оригінальне зображення відповідно, розміром $m \times n$. Величина PSNR визначається так:

$$PSNR = 10 \log_{10} \left(\frac{MAX_I^2}{MSE} \right), \quad (2.5)$$

де MAX_I - це максимальне значення, яке приймається пікселем зображення.

2. Налаштування параметрів фільтрації.

В результаті проведення експериментальних досліджень із цитологічними та гістологічними зображеннями було підібрано такі параметри фільтрації:

$$\begin{cases} mw = 5 \times 5, & gw = 3 \times 3; PSNR \leq 24 \text{ dB} \\ mw = 3 \times 3, & gw = 3 \times 3; PSNR > 24 \text{ dB} \end{cases}, \quad (2.6)$$

де mw – розмір вікна медіанного фільтра, gw – розмір вікна гаусового фільтра.

3. Фільтрація зображень.

Для зменшення рівня адитивного шуму застосуємо гаусовний фільтр.

Представимо перетворення таким виразом:

$$Im^{II} = gw * Im^I \quad (2.7)$$

Вираз для операцію згортки гаусового фільтра для пікселя з координатами x, y такий.

$$G_{\sigma}(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}}, \quad (2.8)$$

де σ – радіус вікна згортки.

Для зменшення рівня імпульсного шуму застосуємо медіанний фільтр з розміром вікна mw . Представимо фільтрацію зображення таким перетворенням:

$$Im^{III} = mw * Im^{II}, \quad (2.9)$$

де Im^{II} – вхідне зображення, mw – вікно фільтра, Im^{III} – зображення після фільтрації.

4. Еквалізація гістограми.

Еквалізацію гістограми представимо через перетворення H :

$$Im^{IV} = H(Im^{III}), \quad (2.10)$$

де Im^{IV} – зображення із новим значенням гістограми, Im^{III} – вхідне зображення.

5. Підбір параметрів коригування яскравості зображення.

Для коригуванні яскравості зображення знайдемо середній рівень його яскравості:

$$Y = \frac{1}{n} \sum_{i=0}^n 0.299 * R_i + 0.587 * G_i + 0.114 * B_i, \quad (2.11)$$

де n – загальна кількість пікселів на зображенні, R_i , G_i , B_i - значення червоного, зеленого та синього каналів i – го пікселя зображення відповідно [127, 128].

Обчислення середніх значень каналів RGB здійснено згідно виразів:

$$R = \frac{1}{N} \sum_{p=1}^N R_p \quad (2.12)$$

$$G = \frac{1}{N} \sum_{p=1}^N G_p \quad (2.13)$$

$$B = \frac{1}{N} \sum_{p=1}^N B_p \quad (2.14)$$

Для адаптивного налаштування параметрів яскравості експериментально підібрано такі параметри α :

$$\alpha = \begin{cases} 40; Y \leq 1 \\ 35; 1 < Y \leq 2 \\ 33; 2 < Y \leq 4 \\ 30; 4 < Y \leq 7 \\ 28; 7 < Y \leq 13 \\ 25; 13 < Y \leq 30 \\ 20; 30 < Y \leq 100 \\ 15; 100 < Y \leq 200 \\ 4; Y > 200 \end{cases} \quad (2.15)$$

6. Коригування яскравості зображення.

На основі визначеного параметру α здійснюємо таке перетворення зображення:

$$Im^V = \alpha * Im^{IV} \quad (2.16)$$

Найоб'єктивніше доцільно оцінювати результати роботи алгоритмів автоматичного покращення якості зображень на основі правильно виділених мікрооб'єктів після етапу сегментації. Відсоток правильно виділених ядер клітин на зображенні, який обчислюється за формулою:

$$p = \frac{a}{b} * 100 \quad (2.17)$$

де p – відсоток правильно виділених мікрооб'єктів (ядер клітин), a – кількість мікрооб'єктів, виділених на обробленому зображенні, b - кількість мікрооб'єктів, виділених на зображенні, обробленому експертом. Розділимо тестову вибірку на 3 категорії за рівнем складності виділення мікрооб'єктів: низький, середній та високий. На рисунку 2.1 наведено середнє значення правильно виділених мікрооб'єктів за допомогою існуючих методів покращення якості зображень для трьох категорій складності. Критеріями поділу зображення на 3 рівні складності є ступінь зашумленості, нерівномірність освітленості та відсутність чітких контурів.

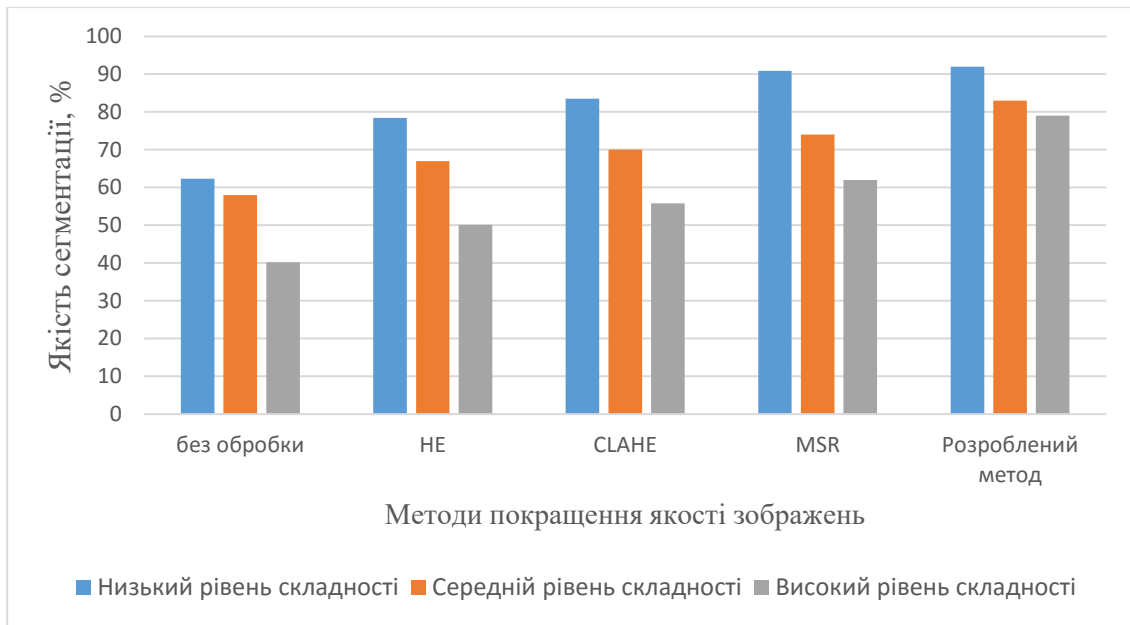


Рисунок 2.1 – Порівняння алгоритмів покращення якості зображення (HE - Histogram Equalization, CLAHE - Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization, MSR - Multiscale Retinex)

Для кількісної оцінки міри подібності зображення, обробленого відомими алгоритмами та зображення, оброблене експертом, було використано критерій SSIM (індекс структурної подібності). Різниця між двома зображеннями A та B з однаковим розміром $N \times N$ обчислюється за формулою:

$$SSIM(A, B) = \frac{(2\mu_A\mu_B + c_1)(2\sigma_{AB} + c_2)}{(\mu_A^2 + \mu_B^2 + c_1)(\sigma_A^2 + \sigma_B^2 + c_2)}, \quad (2.18)$$

де μ_A, μ_B – середні значення A та B відповідно; σ_A^2, σ_B^2 – дисперсія; σ_{AB} – коваріація A та B ; $c_1 = (k_1L)^2$;

$c_2 = (k_2L)^2$; L – діапазон пікселів; $k_1 = 0,01$; $k_2 = 0,03$ – константи.

Комп'ютерні експерименти. На рисунку 2.2 наведено результати сегментації алгоритмами k-means та threshold після оброблення зображення.

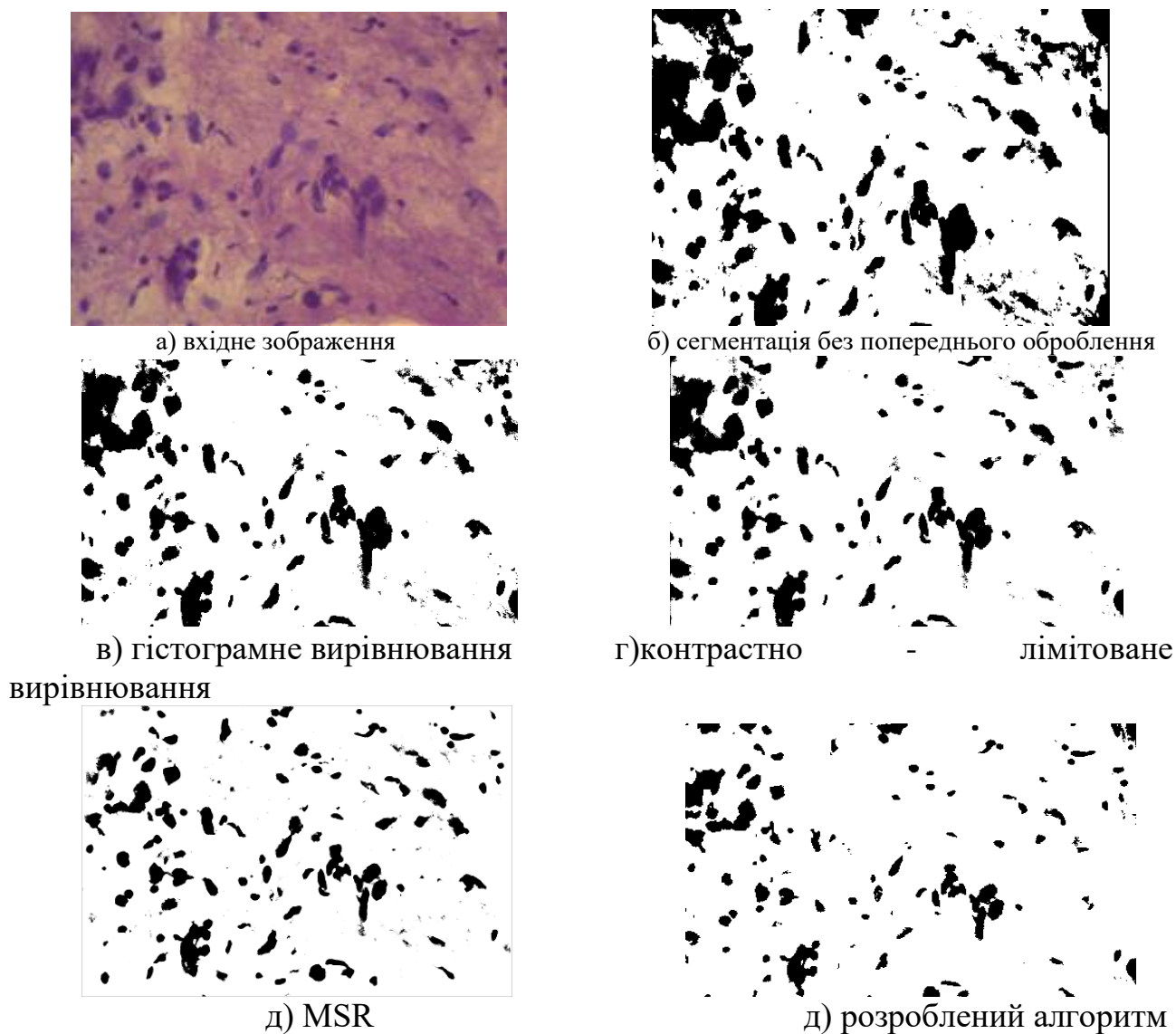


Рисунок 2.2 – Порівняння алгоритмів автоматичного покращення якості зображень

Порівняльну характеристику роботи алгоритмів автоматичного покращення якості зображень за критерієм SSIM наведено у таблиці 2.1.

Таблиця 2.1

Порівняльна характеристика роботи алгоритмів автоматичного покращення якості зображень за критерієм SSIM

№ зображення	Сегментація без попереднього оброблення	HE	CLAHE	MSR	Розроблений алгоритм
1	0.576	0.652	0.678	0.709	0.778

Продовження таблиці 2.1

2	0.601	0.676	0.679	0.658	0.704
3	0.709	0.78	0.82	0.859	0.976
4	0.421	0.454	0.5	0.523	0.523
5	0,586	0.602	0.607	0.7	0.631

Отже, розроблений метод і алгоритм, що його реалізує дозволяє значно підвищити якість оброблення зображення та відповідно підвищити якість сегментації.

2.2 Метричний метод кількісної оцінки якості сегментації

Для знаходження відстаней між зображеннями використаємо метрики Хаусдорфа, Фреше. Для знаходження найменших відстаней між зображеннями використаємо метрики Громова-Хаусдорфа та Громова-Фреше [129].

Дамо основні визначення метрик.

Метрика Фреше. Для двох кривих $f : [a, b] \rightarrow X$ і $g : [a', b'] \rightarrow X$ відстань Фреше між ними рівна:

$$d_F = \inf_{\alpha, \beta} \sup_{t \in [0, 1]} d(f(\alpha(t)), g(\beta(t))), \quad (2.19)$$

де $d(x, y)$ – евклідова відстань між точками x і y , α та β – довільні неперервні неспадні функції з проміжку $[0, 1]$ на проміжки $[a, b]$ та $[a', b']$ відповідно. Значення функції $\alpha(0) = 0$ і $\alpha(1) = 1$, і аналогічно для функції β [130, 131].

Метрика Хаусдорфа. Для метричного простору (X, d) хаусдорфовою метрикою d_H називається метрика на сукупності \mathfrak{Z} всіх непорожніх компактних підмножин X , яка задається так:

$$d_H^X(A, B) := \max \left\{ \max_{x \in A} \min_{y \in B} d(x, y), \max_{y \in B} \min_{x \in A} d(x, y) \right\}. \quad (2.20)$$

Метрики Громова–Хаусдорфа. Ця відстань між двома компактними множинами A і B рівна:

$$d_{GH}(A, B) := \inf_{X, f, g} d_H^X(f(A), g(B)), \quad (2.21)$$

де $f: A \rightarrow X$, $g: B \rightarrow X$ – ізометричні вкладення у деякий метричний простір (X, d) [161].

2.2.1 Метрика Громова-Фреше

Є дві параметризовані криві у метричних просторах $\gamma_i: [0, 1] \rightarrow X_i$, $i=1, 2$.

(X_i, d_i) – метрика, $t \rightarrow \gamma_i(t) \in X_i$.

Вкладаємо ізометрично $j_i: X_i \rightarrow Z$, $i=1, 2$, (Z, d) (рисунок 2.3).

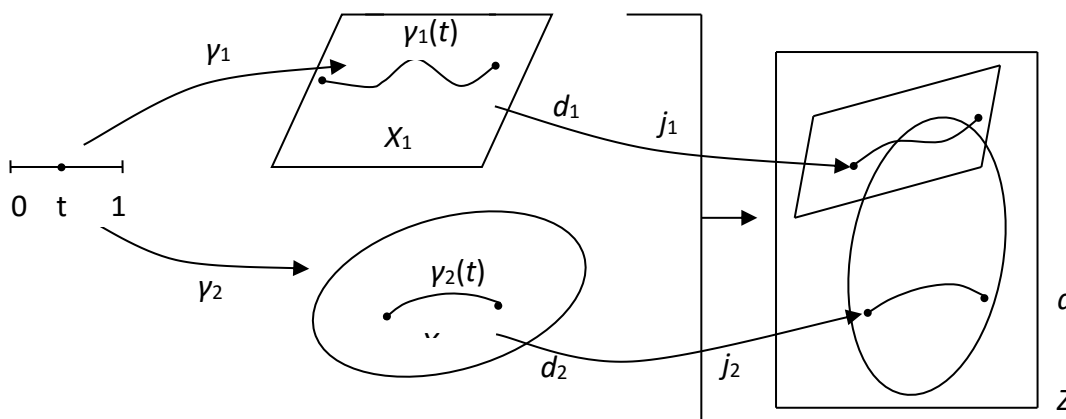


Рисунок 2.3 – Графічне представлення метрики Громова -Фреше

Тоді беремо відстань Фреше між $j_1\gamma_1$ та $j_2\gamma_2$,

$$d_F(j_1\gamma_1, j_2\gamma_2) \quad (2.22)$$

Тоді інфімум таких (2.22) по всіх ізометричних вкладеннях j_1, j_2 і є відстанню Громова-Фреше

$$d_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) = \inf_{j_1, j_2, Z} d_F(j_1\gamma_1, j_2\gamma_2) \quad (2.23)$$

Версія для площини \mathbf{R}^2 .

$$\gamma_1, \gamma_2 : [0, 1] \rightarrow \mathbf{R}^2.$$

Тоді:

$$\tilde{d}_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) = \inf_{j_1, j_2, \mathbf{R}^2} d_F(j_1\gamma_1, j_2\gamma_2) = \inf_{j_1, j_2, \mathbf{R}^2} d_F(j_2^{-1}j_1\gamma_1, \gamma_2) = \inf_{j_1, j_2, \mathbf{R}^2} d_F(j\gamma_1, \gamma_2) \quad (2.24)$$

$$\tilde{d}_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) = \inf_{j: \mathbf{R}^2 \rightarrow \mathbf{R}^2} d_F(j\gamma_1, \gamma_2).$$

Доведена така теорема:

Теорема: Функція d_{GF} є метрикою.

Доведення. Спочатку перевіримо коректність означення. Маючи два метричні простори X_1 і X_2 розглянемо їх букет $Z = X_1 \vee X_2$, тобто склеїмо в них довільні дві відмічені точки x_1^0 і x_2^0 .

Означимо метрику d в букеті за формулою:

$$d(x, y) = \begin{cases} d_i(x, y), & \text{if } x, y \in X_i. \\ d_1(x, x_1^0) + d_2(x_2^0, y), & \text{if } x \in X_1, y \in X_2. \end{cases}$$

Перевіримо означення метрики для d_{GF} .

Зрозуміло, що $d_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) \geq 0$. Крім того, $d_{GF}(\gamma, \gamma) = 0$ для кожного γ .

Зауважимо, що з означення випливає, що $d_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) \geq d_{GF}(\gamma_1([0, 1]), \gamma_2([0, 1]))$.

Якщо $d_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) = 0$, то звідси випливає, що $d_{GF}(\gamma_1([0, 1]), \gamma_2([0, 1])) = 0$, а тому можна вважати, що $\gamma_1([0, 1]) = \gamma_2([0, 1])$. Останнє ототожнення у випадку вкладених кривих дає рівність $\gamma_1 = \gamma_2$ з точністю до параметризації.

Симетричність функції d_{GF} очевидна.

Перевіримо нерівність трикутника. Нехай $\gamma_i : [0,1] \rightarrow X_i$, $i = 1,2,3$ – параметризовані криві. Нехай $d_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) = a$, $d_{GF}(\gamma_2, \gamma_3) = b$. Нехай $\varepsilon > 0$. Існують метричні простори Z_{12} та Z_{23} , і ізометричні вкладення:

$$j_i : X_i \rightarrow Z_{12}, i = 1,2,$$

$$k_i : X_i \rightarrow Z_{23}, i = 2,3,$$

такі, що

$$d_F(j_1\gamma_1, j_2\gamma_2) < a + \varepsilon,$$

$$d_F(k_2\gamma_2, k_3\gamma_3) < b + \varepsilon.$$

Нехай $Z = Z_{12} \cup_{k_2 j_2^{-1}} Z_{23}$.

Іншими словами, Z одержується з $Z_{12} \cup Z_{23}$ ототожненням кожної точки вигляду $j_2(x)$ з точкою $k_2(x)$, $x \in X_2$.

При цьому метрика d на Z задається формулою:

$$d(x, y) = \begin{cases} d'(x, y), & \text{if } x, y \in Z_{12}. \\ d''(x, y), & \text{if } x, y \in Z_{23}. \\ \inf\{d'(x, j_2(z)) + d''(k_2(z), y) \mid z \in X_2\}, & \text{if } x \in Z_{12}, y \in Z_{23}. \end{cases}$$

(Тут d' – метрика на Z_{12} , d'' – метрика на Z_{23}).

Тепер з нерівності трикутника для d_F випливає, що

$$\begin{aligned} d_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) &\leq d_F(j_1\gamma_1, k_3\gamma_3) \leq d_F(j_1\gamma_1, j_2\gamma_2) + d_F(k_2\gamma_2, k_3\gamma_3) < a + b + 2\varepsilon = \\ &= d_{GF}(\gamma_1, \gamma_2) + d_{GF}(\gamma_2, \gamma_3) + 2\varepsilon \end{aligned}$$

Оскільки $\varepsilon > 0$ довільне, одержуємо потрібну нерівність.

2.2.2 Метричний метод кількісної оцінки якості сегментації

Після процесу сегментації отримуємо множину сегментів, які не перетинаються. Одержані сегменти лінійно апроксимуємо та отримуємо

множину полігонів. Вони в загальному випадку є не опуклими. Отже, задача зводиться до порівняння двох не опуклих полігонів після алгоритму сегментації та експерта. Розглянемо два не опуклі полігони P і Q (рисунок 2.4).



Рисунок 2.4 - Полігони P і Q після сегментації

Розіб'ємо полігони P і Q на множини опуклих полігонів, тобто $P = P_1 \cup \dots \cup P_i \cup \dots \cup P_n$, $Q = Q_1 \cup \dots \cup Q_j \cup \dots \cup Q_m$. Кожний із опуклих полігонів P_i і Q_j представимо у вигляді $P_i = C_{P_i} \cup O_{P_i}$, де C_{P_i} і O_{P_i} – контур (зовнішня границя) та внутрішня область P_i -го опуклого полігону відповідно. Аналогічно і для полігону

$$Q: Q_j = C_{Q_j} \cup O_{Q_j} \quad (2.25)$$

Тоді отримаємо

$$P = (C_{P_1} \cup O_{P_1}) \cup \dots \cup (C_{P_i} \cup O_{P_i}) \cup \dots \cup (C_{P_n} \cup O_{P_n}) | V, \quad (2.26)$$

$$Q = (C_{Q_1} \cup O_{Q_1}) \cup \dots \cup (C_{Q_j} \cup O_{Q_j}) \cup \dots \cup (C_{Q_m} \cup O_{Q_m}) | W.$$

Представимо останні вирази у вигляді

$$P = (C_{P_1} \cup \dots \cup C_{P_i} \cup \dots \cup C_{P_n}) \cup (O_{P_1} \cup \dots \cup O_{P_i} \cup \dots \cup O_{P_n}), \quad (2.27)$$

$$Q = (C_{Q_1} \cup \dots \cup C_{Q_j} \cup \dots \cup C_{Q_m}) \cup (O_{Q_1} \cup \dots \cup O_{Q_j} \cup \dots \cup O_{Q_m}).$$

Позначимо

$$C_{P_1} \cup \dots \cup C_{P_i} \cup \dots \cup C_{P_n} = V_1, \quad (2.28)$$

$$O_{P_1} \cup \dots \cup O_{P_i} \cup \dots \cup O_{P_n} = V_2, \quad (2.29)$$

$$C_{Q_1} \cup \dots \cup C_{Q_j} \cup \dots \cup C_{Q_m} = W_1, \quad (2.30)$$

$$O_{Q_1} \cup \dots \cup O_{Q_j} \cup \dots \cup O_{Q_m} = W_2. \quad (2.31)$$

Тоді відстань між полігонами P і Q рівна сумі відстаней між контурами та внутрішніми областями опуклих полігонів P_i і Q_j . Відстань між областями рівна:

$d_1(V_1, W_1) = \inf\{\varepsilon_1 > 0 \mid \forall i = \overline{1, n}, \exists j = \overline{1, m}, \text{ таке, що } d_H(O_i, O_j) \leq \varepsilon_1 \text{ і навпаки } \forall j = \overline{1, m}, \exists i = \overline{1, n}, \text{ таке, що } d_H(O_i, O_j) \leq \varepsilon_1\}$, d_H – відстань Хаусдорфа.

Аналогічно для обчислення відстаней між контурами: $d_2(V_2, W_2) = \inf\{\varepsilon_2 > 0 \mid \forall i = \overline{1, n}, \exists j = \overline{1, m}, \text{ таке, що } d_F(C_i, C_j) \leq \varepsilon_2 \text{ і навпаки } \forall j = \overline{1, m}, \exists i = \overline{1, n}, \text{ таке, що } d_F(C_i, C_j) \leq \varepsilon_2\}$, d_F – відстань Фреше.

Метричний метод кількісної оцінки якості сегментації (ММКОЯС) ґрунтується на сукупності алгоритмів, які забезпечують знаходження найменших відстаней між зображеннями. Ця сукупність включає множину таких алгоритмів: алгоритм формування опуклих полігонів із не опуклих, алгоритм зважених хорд, алгоритм знаходження відстані Хаусдорфа, алгоритм визначення дискретної відстані Фреше.

Покроково ММКОЯС представимо так [132]:

1. Формування множини опуклих полігонів із заданих.
2. Проведення ізометричних перетворень для накладання опуклих полігонів з максимальним перетином.
3. Знаходження відстані Фреше для опуклих полігонів.
4. Знаходження відстані Хаудорфа для опуклих полігонів.
5. Знаходження найменшої відстані між полігонами на основі зваженої метрики (метрик Фреше та Хаудорфа) між полігонами P і Q згідно виразу: $D = \alpha d_H + \beta d_F$, де α, β – вагові коефіцієнти. Необхідно знайти $D \rightarrow D_{\min}$.

2.2.3 Алгоритми формування опуклих полігонів із не опуклих

Знаходження відстані Хаусдорфа між двома довільними полігонами дуже обчислювально затратна задача. У дисертації М. Goda доведена теорема про те, що для двох опуклих множин відстань Хаусдорфа рівна відстані між границями цих множин [133].

Теорема. Нехай задано A, B – дві непорожні випуклі множини, тоді відстань Фреше $d_F(dA, dB) = d_H(dA, dB) = d_H(A, B)$ для двох границь рівна відстані Хаусдорфа для границь і дорівнює відстані Хаусдорфа між двома множинами.

Існують ряд ефективних (обчислювально простих) алгоритмів для знаходження відстані між опуклими областями. Тому першою задачею є формування опуклих полігонів із не опуклих. Розглянемо алгоритми перетворення не опуклих полігонів у опуклі.

Алгоритм триангуляції [134]. Триангуляція – метод, який дозволяє розбити будь-яку фігуру на трикутники. Оскільки трикутник є опуклою фігурою, то триангуляція неопуклої фігури приведе до її розбиття на опуклі. Найпоширенішими алгоритмами триангуляції є алгоритм відсікання «вух» та монотонна триангуляція.

Ідея алгоритму відсікання «вух» полягає в послідовному відсіканні трикутників («вух»). Вершина v_i називається «вухом», якщо діагональ проведена з v_{i-1} до v_{i+1} лежить строго у внутрішній області багатокутника P (рисунок 2.6).

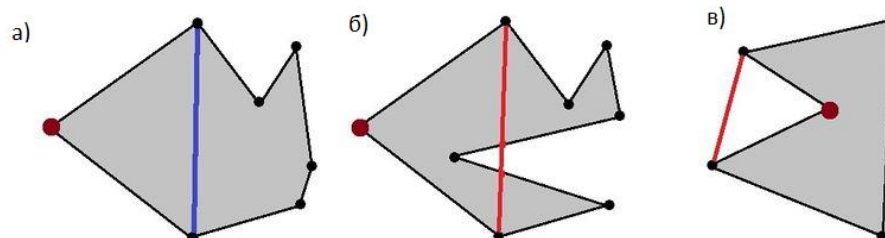


Рисунок 2.6 – Визначення вершини-вуха
(випадок а – «вух», випадок б, в – ні)

Будемо розглядати вершини багатокутника в порядку обходу. Індексуння вершин для зручності будемо вести по модулю n , тобто $v_{-1} = v_{n-1}$ і $v_0 = v_n$. Якщо вершина v_i є вухом, побудуємо діагональ $v_{i-1} v_{i+1}$ і відріжемо трикутник від $\Delta v_{i-1} v_i v_{i+1}$ від P . В іншому випадку переходимо до наступної вершині v_{i+1} в порядку обходу.

При знаходженні кожного «вуха» від багатокутника P відсікається трикутник, що складається з самого «вуха» і його двох суміжних вершин. Наприкінці алгоритму, коли всі «вуха» від P відрізані, залишається тільки один трикутник. Як нескладно бачити, триангуляція будується коректно.

Спочатку в багатокутнику міститься $O(n)$ «вух». Неважко зрозуміти, що в процесі відрізання вух, суміжні точки можуть теж ставати «вухами». У результаті триангуляції утворюється $n-3$ діагоналі, відповідно максимальна кількість вершин, які в процесі можуть ставати «вухами» $2n-6$. Разом загальна кількість «вух» буде $O(n)$. Визначити, чи є вершина «вухом» можна за $O(n)$, оскільки використовується алгоритм визначення належності точки трикутнику - це $O(1)$. Таким чином загальний процес відрізання «вух» займе $O(n^2)$. Неопуклих вершин всього $O(1)$, кожна з них обробляється за константу, тому загальний час для їх оброблення $O(n)$. Списки ребер і вершин будуються за лінійний час, додавання ребра і видалення вершини в кожному з них працює за константу. Загальний час рівний $O(n^2)$. Оскільки зберігаємо тільки два списки то пам'ять лінійна.

Алгоритм розбиття не опуклого полігону на опуклі області.

Нехай задано полігон P , який представлено вершинами $V = \{v_0, v_1, \dots, v_{n-1}\}$, де n – кількість вершин у полігоні.

Алгоритм формування опуклих полігонів складається з таких кроків [135]:

1. Починаючи з крайньої верхньої вершини шукаємо ті вершини, внутрішні кути α_i яких більші за 180° . Тоді отримуємо масив $B = \{b_0, b_1, \dots, b_m\}$, де m – кількість вершин, що відповідають умові $\alpha_i > 180^\circ$.
2. З'єднуємо послідовно отримані вершини b_i , починаючи з крайньої

верхньої та отримаємо полігон P_1 .

3. Для отриманого полігону P_1 повторюємо крок 1.

4. Повторюємо кроки 1,2 до полігонів P_i доти, поки внутрішній кут для кожної вершини не буде відповідати умові $\alpha_i < 180^\circ$. Таким чином утворюється набір випуклих полігонів.

Графічно роботу алгоритму наведено на рисунку 2.8.

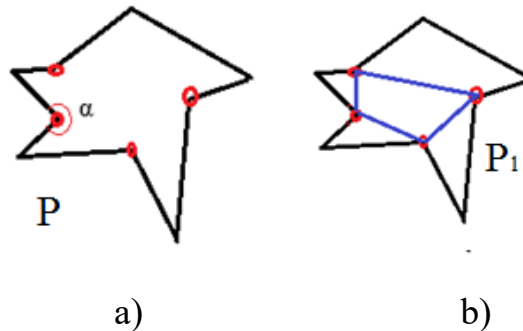


Рисунок 2.8 - Розбиття неопуклого полігону на опуклі (а – полігон P , внутрішні кути яких більше 180 градусів, б – полігон P_1 опуклих областей)

Обчислювальна складність алгоритму становить $O(n + m)$, де n – кількість вершин полігону.

2.2.4 Алгоритм знаходження відстані Хаусдорфа між випуклими полігонами

В основі алгоритму М. J. Atallah для знаходження відстані Хаусдорфа для багатокутників що перетинаються, є знаходження деякої фігури P , що визначається так:

$$P = (P_1 \cup P_2) \setminus (P_1 \cap P_2) \quad (2.32)$$

Тобто, P – це область P_1 або P_2 , яка не є результатом перетину їх внутрішньої частини. Іншими словами, це сукупність частинок P_1 або P_2 , які в них не спільні. Область P складається з m не опуклих частин.

Розглянемо задачу обчислення області перетину $P \cap Q$ двох опуклих полігонів P і Q . За винятком особливо обумовлених випадків будемо припускати, що два полігони перетинаються не вироджено: перетин двох ребер відбувається в одній єдиній точці, яка не є вершиною якого-небудь полігону. Враховуючи таке припущення про невиродженість, завжди отримаємо, що полігон $P \cap Q$ складається з поперемінних ланцюжків з P і Q . Кожна пара послідовних ланцюжків з'єднується в точці перетину, в якій перетинаються кордони полігонів P і Q (рисунок 2.7).

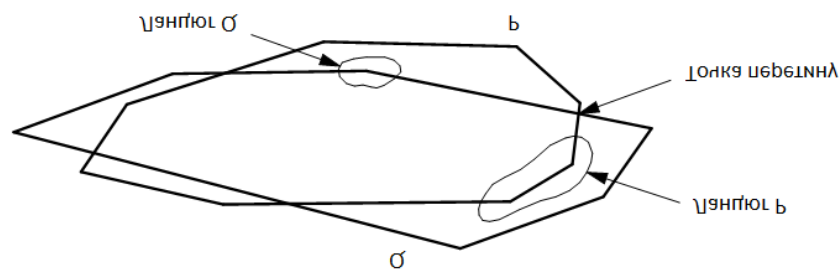


Рисунок 2.7 – Структура багатокутника перетину $P \cap Q$

Для двох заданих на вході опуклих полігонів P і Q алгоритм визначає вікно на ребрі полігону P і ще одне вікно на ребрі полігону Q . Ідея полягає у просуванні цих вікон уздовж меж полігону у міру формування полігону перетину $P \cap Q$: вікна ніби проштовхують один одного вздовж границі своїх відповідних полігонів в напрямку за годинниковою стрілкою для пошуку точок перетину ребер. Оскільки точки перетину виявляються в тому порядку, в якому вони розташовуються навколо полігону $P \cap Q$, полігон перетину виявляється сформованим, коли деяка точка перетину буде виявлена вдруге. В іншому випадку, якщо не буде виявлено жодної точки перетину після достатнього числа ітерацій, то значить границі полігонів не перетинаються. У цьому випадку потрібно додатковий простий тест, чи не міститься одна полігон всередині іншого або вони зовсім не перетинаються.

Для пояснення роботи виявляється досить корисним ввести поняття серпа. Кожен з них обмежений ланцюжком, взятої від полігону P , і ланцюжком від

полігону Q , обмежених двома послідовними точками перетину. Внутрішнім ланцюжком серпа буде та частина, яка належить полігону перетину. Відзначимо, що полігон перетину оточений парним числом серпів, внутрішні ланцюжка яких поперемінно є частинами границь полігонів P і Q .

У термінах серпів алгоритм пошуку полігону перетину проходить дві фази. У процесі першої фази вікно p полігону P і вікно q полігону Q переміщуються в напрямку по руху годинникової стрілки до тих пір, поки вони не будуть встановлені на ребрах, що належать одночасно одному того ж серпу. Кожне вікно починає свій рух з довільною позиції. Тут для стислості будемо використовувати один і той же символ p для позначення як вікна полігону P , так і ребра в цьому вікні. Тоді термін "початок p " буде ставитися до точки початку ребра у вікні полігону P , команда "просунути p " означатиме, що необхідно перемістити вікно полігону P на наступне ребро. Аналогічним чином буквою q будемо позначати як вікно полігону Q , так і ребро у вікні. Іноді ребра p і q будемо вважати поточними ребрами.

Під час фази 2 p і q продовжують переміщатися в напрямку за часовою стрілкою, але на цей раз вони рухаються в унісон від одного серпа до єдиному серпу. Перед тим як будь-яке вікно перейде з поточного серпа до наступного, ребра p і q перетнуться в точці перетину, що з'єднує обидва «серпи». Полігон перетину будується саме під час другої фази. Перед кожним переміщенням p кінцева точка ребра p заноситься в полігон перетину, якщо ребро p належить внутрішньому ланцюжку поточного серпа аналогічним чином перед переміщенням q фіксується кінцева точка ребра q , якщо q належить внутрішньої ланцюжку поточного серпа. Обчислювальна складність алгоритму рівна $O(l)$, $l = \max(n, m)$, де n, m – кількість вершин полігону P і Q відповідно.

2.2.5 Алгоритм знаходження дискретної відстані Фреше.

Математично, дискретну відстань Фреше можна розрахувати згідно формули (2.33) [154]:

$$d_{dF}(f, g) = \max \left\{ \begin{array}{l} d_E(f_n, g_m) \\ \min \left\{ \begin{array}{l} d_{dF}(\langle f_1 \dots f_{n-1} \rangle, \langle g_1 \dots g_m \rangle), \forall n \neq 1 \\ d_{dF}(\langle f_1 \dots f_n \rangle, \langle g_1 \dots g_{m-1} \rangle), \forall m \neq 1 \\ d_{dF}(\langle f_1 \dots f_{n-1} \rangle, \langle g_1 \dots g_{m-1} \rangle), \forall n \neq 1, m \neq 1 \end{array} \right. \end{array} \right. , \quad (2.33)$$

де $d_{dF}(f, g)$ – дискретна відстань Фреше,

$d_E(f_n, g_m)$ – евклідова відстань між точками.

Для обчислення дискретної відстані Фреше існує декілька алгоритмів. Перший алгоритм був запропонований Альтом та Годом [101]. Його обчислювальна складність дорівнює $O(pq \log^2 pq)$. Набагато простіший алгоритм запропонували Томас Ейтер та Хейкі Маніла [160]. Його можна легко запрограмувати, а складність виконання становить $O(pq)$. Даний алгоритм можна описати так: нехай $P [0, p]$, $Q [0, m]$ – полігональні криві. $\sigma(P) = (u_1, u_2, \dots, u_p)$, $\sigma(Q) = (v_1, v_2, \dots, v_q)$ – сегменти відповідних кривих. Сукупність L між P та Q є послідовністю:

$$L = (u_{a_1}, v_{b_1}), (u_{a_2}, v_{b_2}), \dots, (u_{a_m}, v_{b_m}), \quad (2.35)$$

де $a_1 = 1, b_1 = 1, a_m = p, b_m = q$.

Сукупність довжин послідовності L позначається $\|L\|$ та знаходиться за формулою:

$$\|L\| = \max_{i,j=1,\dots,m} d(u_{a_i}, v_{b_j}), \quad (2.36)$$

де $d(u_{a_i}, v_{b_i})$ – відстань між точками u_{a_i} та v_{b_j} .

$d(u_{a_i}, v_{b_i})$ знаходиться із наступних умов:

1) якщо $i=1$ та $j=1$, то дана відстань знаходиться, як евклідова відстань між

$$\text{точками: } dE = \sqrt{(v_{b_j} - u_{a_i})^2};$$

2) якщо $i>1$ та $j=1$, тоді відстань знаходиться за формулою:

$$\max\{d(u_{a_{i-1}}, v_1), dE(u_{a_i}, v_1)\};$$

3) якщо $i=1$ та $j>1$, тоді відстань знаходиться за формулою:

$$\max\{d(u_1, v_{b_{j-1}}), dE(u_1, v_{b_j})\};$$

4) якщо $i>1$ та $j>1$, тоді відстань знаходиться за формулою:

$$\max\{\min(d(u_{a_{i-1}}, v_{b_j}), d(u_{a_{i-1}}, v_{b_{j-1}}), d(u_{a_i}, v_{b_{j-1}})), dE(u_1, v_{b_j})\};$$

Таким чином, шукається максимальна із відстаней між першою точкою із кривої P та усіма точками кривої Q . Відстань Фреше у даному випадку знаходиться так:

$$\delta_{dF}(P, Q) = \min_{i=1, \dots, m} \|L\|_i \quad (2.37)$$

В результаті, отримана мінімальна зі всіх максимальних відстаней і буде відстанню між кривими у метриці Фреше.

2.2.6 Алгоритм співставлення областей на основі зважених хорд.

Для двох полігонів $O_1 = (p_1, p_2, \dots, p_m)$ і $O_2 = (q_1, q_2, \dots, q_n)$, які задані вершинами, проведемо хорди (рисунок 2.8).

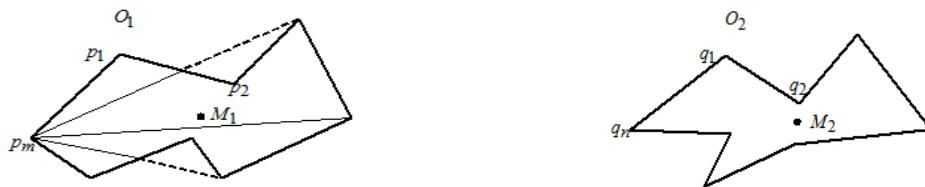


Рисунок 2.8 – Графічне представлення алгоритму зважених хорд

Для полігону O_1 заданого m вершинами, отримаємо множину хорд $\{h_1, h_2, \dots, h_k\}$, де $k = \frac{m(m-3)}{2}$. Для полігону O_2 , який заданий n вершинами – множину хорд $\{l_1, l_2, \dots, l_p\}$, де $p = \frac{n(n-3)}{2}$. Отже, для випадку повного перебору, отримаємо таку обчислювальну складність $O(n^2 \cdot m^2)$.

Для зменшення обчислювальної складності відсортуємо хорди шляхом зважування, використовуючи такі коефіцієнти:

а) коефіцієнт відносної довжини хорди (2.38)

$$\delta_{l_i} = \frac{l_i}{l_{\max}}, \quad (2.38)$$

де l_i – довжина i -ої хорди полігону,

l_{\max} – довжина максимальної хорди полігону;

б) коефіцієнт перекриття полігону хордою (2.39)

$$\delta_{o_i} = \frac{l_{o_i}}{l_i}, \quad (2.39)$$

де l_{o_i} – довжина i -ої хорди полігону, що належить внутрішній області полігону,

l_i – довжина i -ої хорди полігону.

На основі заданих коефіцієнтів δ_{l_i} і δ_{o_i} формуємо коефіцієнти (2.40)

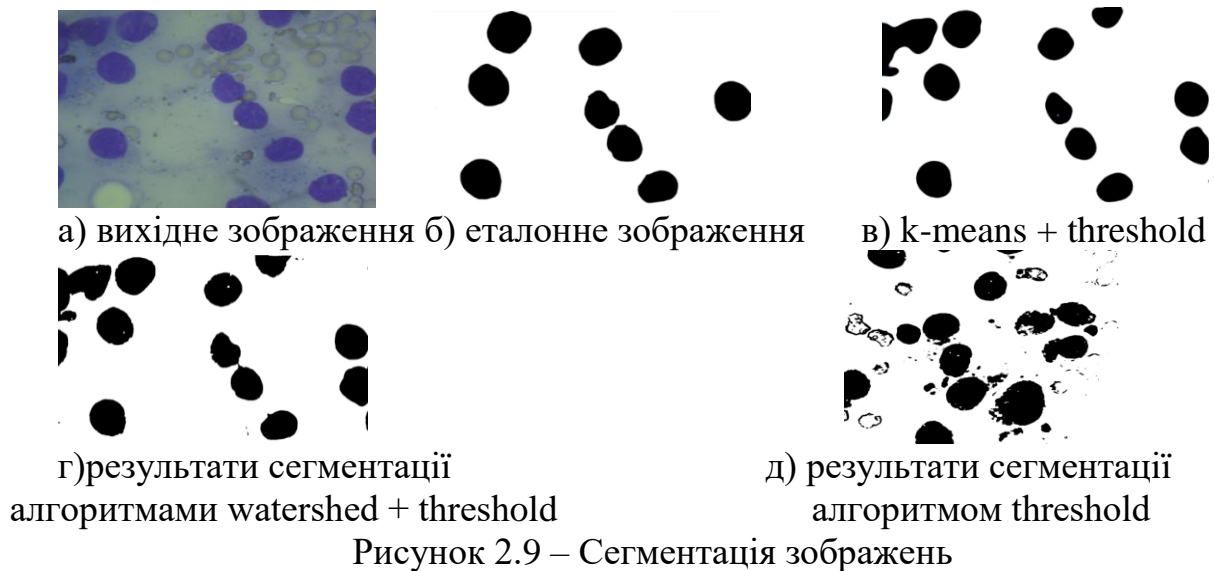
$$W_i = \alpha \delta_{l_i} + \beta \delta_{o_i}, \quad (2.40)$$

де α та β – вагові коефіцієнти, що обираються з множини значень $[0..1]$ і $\alpha + \beta = 1$

Тоді масив зважених хорд для полігону O_1 рівний $\{h_{W_1}, h_{W_2}, \dots, h_{W_k}\}$, а для O_2 – $\{l_{W_1}, l_{W_2}, \dots, l_{W_p}\}$.

2.2.7 Комп'ютерні експерименти

Для оцінки якості сегментації групи мікрооб'єктів використаємо цитологічні зображення. На рисунку 2.9 наведено еталонне та просегментовані алгоритмами `thresholding`, `k-means`, `watershed` зображення. Для цього використаємо метрики Хасдорфа, Фреше, Громова – Хаусдорфа, Громова – Фреше.



У таблиці 2.2 наведено результати оцінки якості сегментації зображень, наведених на рисунку 2.5.

Таблиця 2.2

Порівняльний аналіз сегментації зображень на основі метрик

Метрика	б) -> б)	б) -> в)	б) -> г)	б) -> д)
Хаусдорфа	0	19.20	21.37	46.57
Громов-Хаусдорфа	0	19.20	21.37	46.57
Фреше	0	36.76	26.4	52.77
Громова – Фреше	0	36.76	24.18	52.77
Зважена метрика	0	27.98	22.78	49.67

В результаті аналізу даних в таблиці 2.2 можна зробити висновок, що метрики Громова – Фреше та Громова – Хаусдорфа показали найкращі результати.

2.3 Метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації на основі метрик

Процес сегментації зображень є трудомістким і не завжди вдається виконати його в автоматичному режимі. В результаті комп'ютерних експериментів було протестовано сучасні алгоритми сегментації та їх комбінації та підбрано межі параметрів алгоритмів [136].

Метод вибору алгоритмів сегментації та їх параметрів представимо у вигляді послідовності кроків [137]:

1. Визначення вхідних параметрів зображення (рівень яскравості, середні значення червоного, зеленого та синього каналів);
2. Сегментація зображення. На даному етапі застосовуються такі алгоритми: порогова сегментація, метод водорозподілу, метод k – середніх. Для порогової сегментації застосовується набір значень нижнього порогу (35 - 175) з кроком 5. Метод k – середніх для тестування використовує набір різних значень прапорців.
3. Оцінка сегментації. Кожне зображення порівнюється із еталонною сегментацією, проведеною експертом. Для оцінки подібності між зображеннями застосовуються метрики і параметр FRAG. Додатково використовується експертна оцінка.
4. Найкращий результат записується до бази даних знань для подальшого формування правил.

Графічне представлення послідовності етапів тестування алгоритмів сегментації гістологічних і цитологічних зображень наведено на рисунку 2.10.

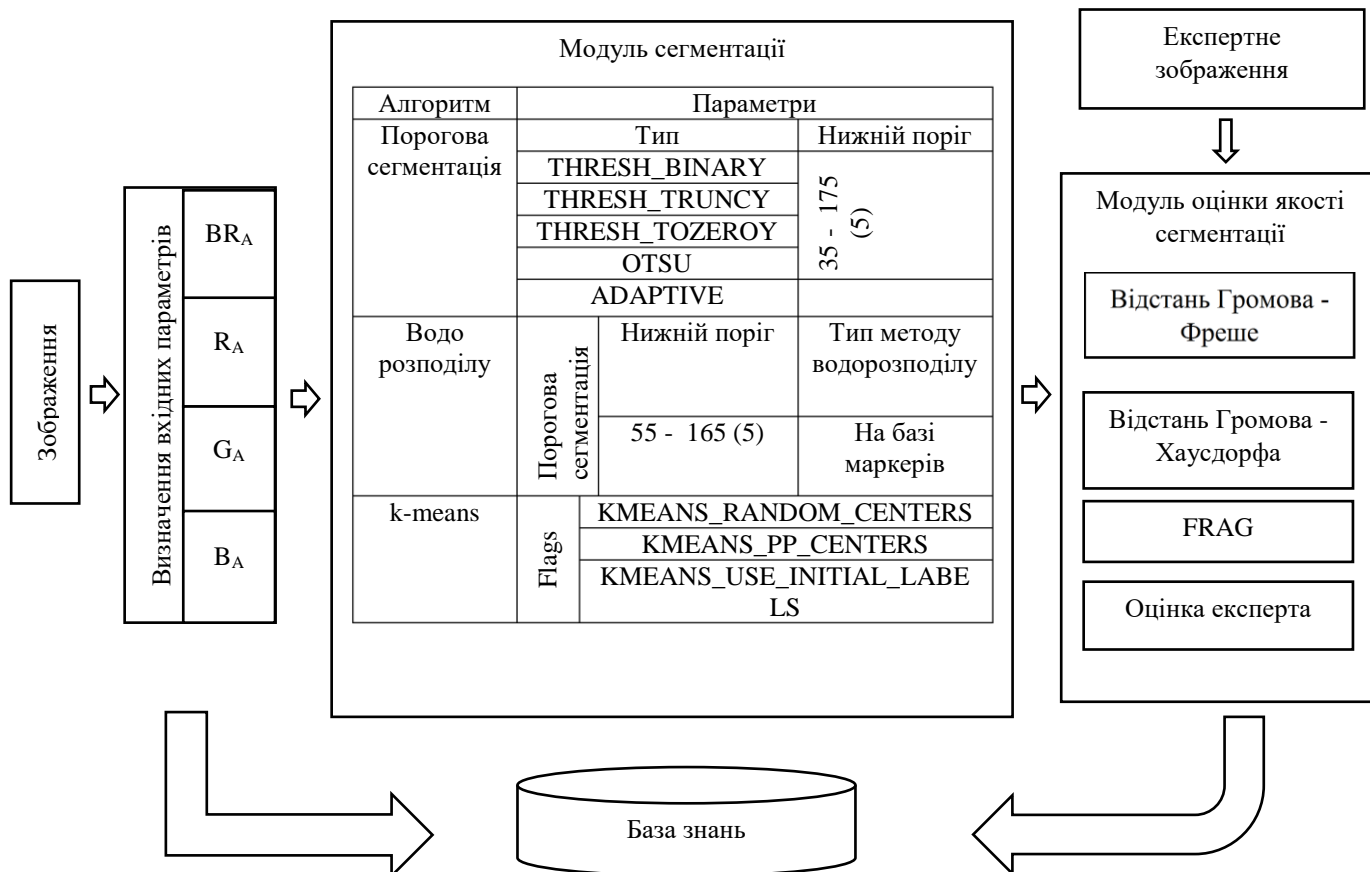


Рисунок 2.10 – Етапи тестування алгоритмів сегментації зображень

. Етапи автоматичної сегментації наведено на рисунку 2.11.

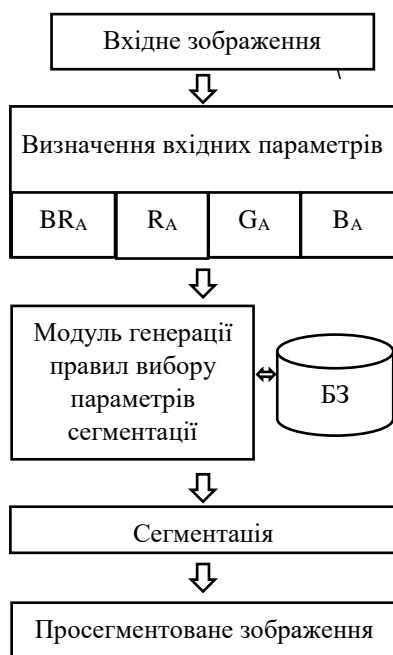


Рисунок 2.11 - Етапи автоматичної сегментації зображень.

Послідовність кроків етапів автоматичної сегментації такий:

1. Завантаження зображення;
2. Виділення вхідних параметрів зображення (рівень яскравості, середні значення червоного, зеленого та синього каналів);
3. Пошук алгоритму сегментації та його параметрів у базі даних;
4. Сегментація вибраним алгоритмом;
5. Збереження результату.

Структура бази даних. База даних для зберігання результатів навчання системи складається з двох таблиці. Таблиця «InputParameters» призначена для зберігання інформації про вхідні параметри зображення. Наприклад, рівень яскравості, середні значення каналів RGB зображення. Таблиця «AlgorithmParameters» призначена для зберігання результатів навчання. Таблиця складається з полів, де зберігається інформація про найкращий алгоритм та його параметри в залежності від вхідних параметрів зображення.

Структуру таблиць наведено на рисунку 2.12.

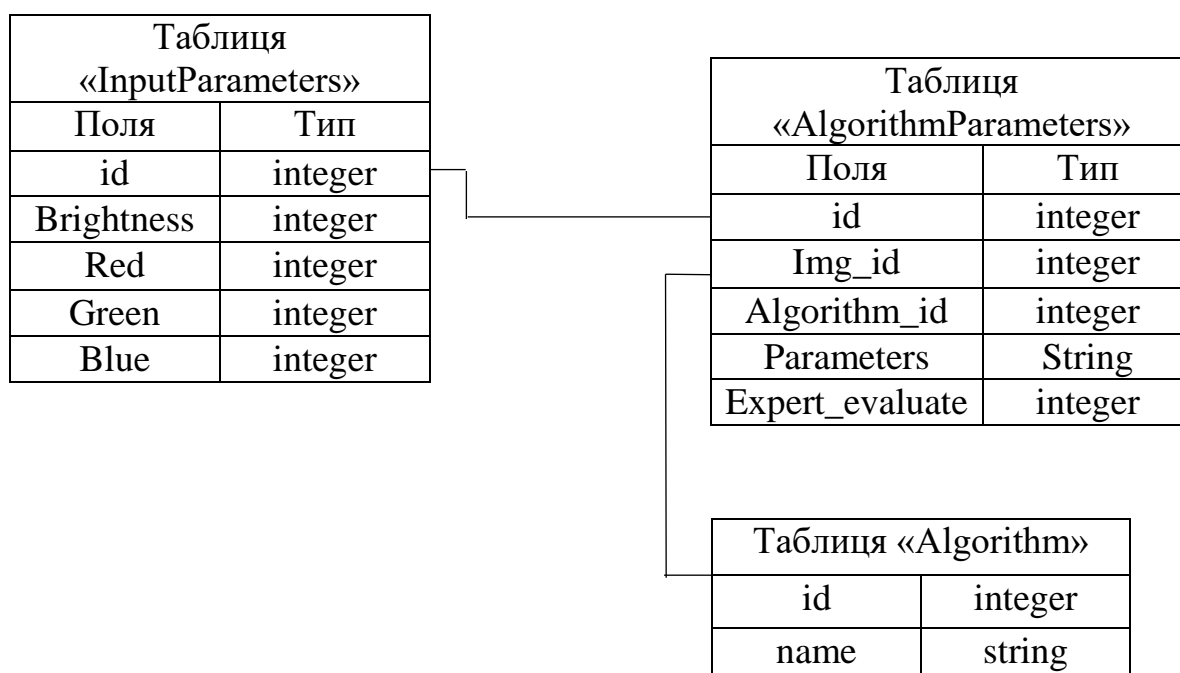


Рисунок 2.12 – Структура таблиц бази даних

Для кожної групи вхідних параметрів на основі експертних оцінок було виділено лінгвістичні оцінки розподілу алгоритмів сегментації та їх параметрів в залежності від вхідних параметрів. У таблиці 2.3 наведені лінгвістичні оцінки значень сегментації зображень, де ДН – дуже низька якість, Н- низька якість, С – середня, В – висока якість сегментації.

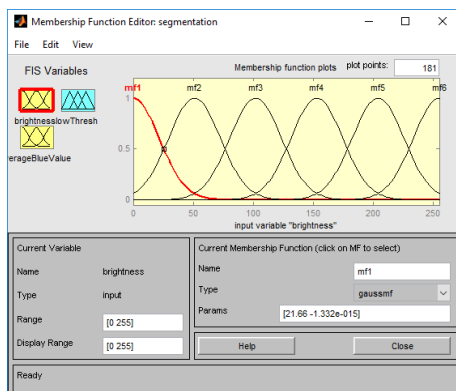
Таблиця 2.3

Лінгвістичні оцінки методів сегментації зображень

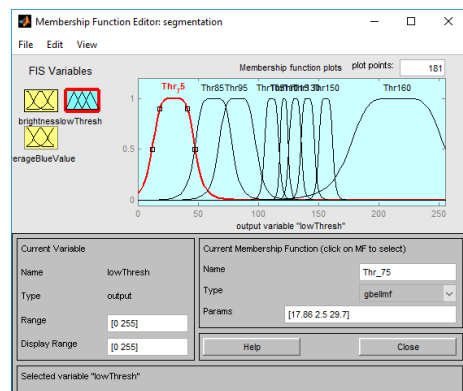
Нижнє порогове значення Алгоритм	65	85	95	105	120	140	160
THRESHOLD thresh_binary	ДН	ДН	Н	С	С	Н	Н
THRESHOLD thresh_otsu	Н	Н	Н	В	С	С	Н
THRESHOLD thresh_binary + thresh_otsu	С	С	С	В	В	С	Н
WATERSHED thresh_binary + thresh_otsu	С	С	В	В	В	С	С

Модель бази нечітких знань побудовано у редакторі Fuzzy Logic Toolbox. Характеристиками терму «Brightness» є такі значення: «Дуже низький», «Низький», «Середній», «Високий», «Дуже високий» та означають рівень яскравості вхідного зображення. Функція належності – гаусівська. Функцію належності змінної «Brightness» наведено на рисунку 2.13.

Терм «averageBlueValue» характеризує рівень синього каналу RGB зображення у проміжку від 0 до 255 та складається із 6 значень.



а) brightness



б) lowThresh

Рисунок 2.13 – Функція належності змінних

Вікно дії правил зображено на рисунку 2.14

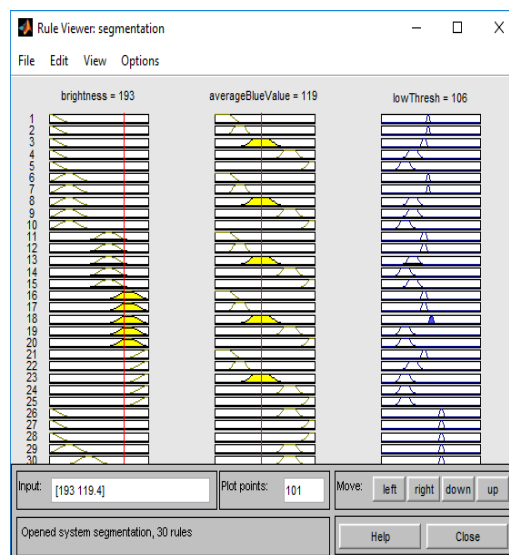


Рисунок 2.14 – Приклад реалізації правил за допомогою Fuzzy Logic Toolbox

Комп'ютерні експерименти. Для прикладу розглянемо результати порогової сегментації з різними значеннями нижнього порогу l , наведеними на рисунку 2.15.



Рисунок 2.15 – Порогова сегментація зображень

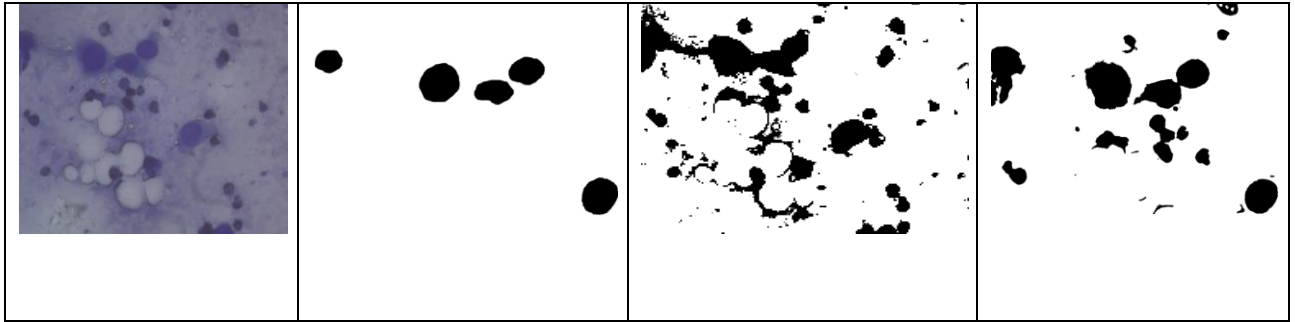
Результати роботи системи автоматичного підбору параметрів сегментації гістологічних та цитологічних зображень наведено у таблиці 2.4. Вхідними даними у таблиці є початкове зображення, маска оброблена експертом, результат автоматичної порогової сегментації програмним засобом ImageJ та результат роботи розробленого модуля.

Таблиця 2.4

Результати сегментації

Вхідне зображення	Експертне оброблення	Автоматична сегментація (ImageJ)	Розроблений модуль

Продовження таблиці 3.4.



Виходячи із вищенаведених результатів, можна зробити висновок, що розроблена система автоматичного підбору параметрів сегментації дає кращі результати у порівнянні із методами автоматичної сегментації програмного комплексу ImageJ.

2.4 Висновки до розділу 2

- вперше розроблено метричний метод кількісної оцінки якості сегментації, що базується на використанні метрик Громова – Хаусдорфа та Громова – Фреше. Метод базується на основі алгоритмів перетворення не опуклих полігонів у опуклі, алгоритму зважених хорд і дозволяє знаходити найменші відстані між контурами та областями зображень, що дало можливість покращити точність оцінки результатів сегментації на 12%.
- вперше розроблено метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації на основі використання метрик Громова-Фреше, Громова-Хаусдорфа, що дало можливість в автоматично вибирати алгоритми сегментації та їх параметри.
- розвинуто метод адаптивного оброблення зображень, що базується на алгоритмах фільтрації, алгоритмах правил гістограмного вирівнювання і дозволяє покращити якість гістологічних і цитологічних зображень на 16%.

РОЗДІЛ 3 КЛАСИФІКАЦІЯ ГІСТОЛОГІЧНИХ І ЦИТОЛОГІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ

Розроблено узагальнену структуру системи класифікації гістологічних і цитологічних зображень. Розроблено нейромережевий метод і алгоритми класифікації гістологічних і цитологічних зображень. Проведено порівняльний аналіз роботи згорткової нейронної мережі та алгоритмів SVM, k-means, k-nearest neighbour. Проведено порівняльний аналіз процесу навчання ЗНМ між CPU та GPU з використанням технології CUDA.

3.1 Узагальнена структура системи класифікації

Задача класифікації – це задача розбиття множини об'єктів на класи, всередині кожного з яких вони вважаються подібними один на одного, та мають однакові властивості й ознаки. При цьому рішення здійснюється на основі аналізу значень атрибутів (ознак) [138]. У машинному навчанні завдання класифікації відноситься до розділу навчання з учителем. Виділяють такі види класів при класифікації [139]:

- двокласова;
- багатокласова класифікація;
- класи, що перетинаються;
- класи, що не перетинаються;
- нечіткі класи.

У теорії нейронних мереж, щоб перевірити здатність моделі до узагальнення, всю вибірку поділяють на дві множини [140, 141]:

- 1) навчальна;
- 2) тестова.

Узагальнену структуру системи класифікації цитологічних і гістологічних зображень [142, 143] наведено на рисунку 3.1.

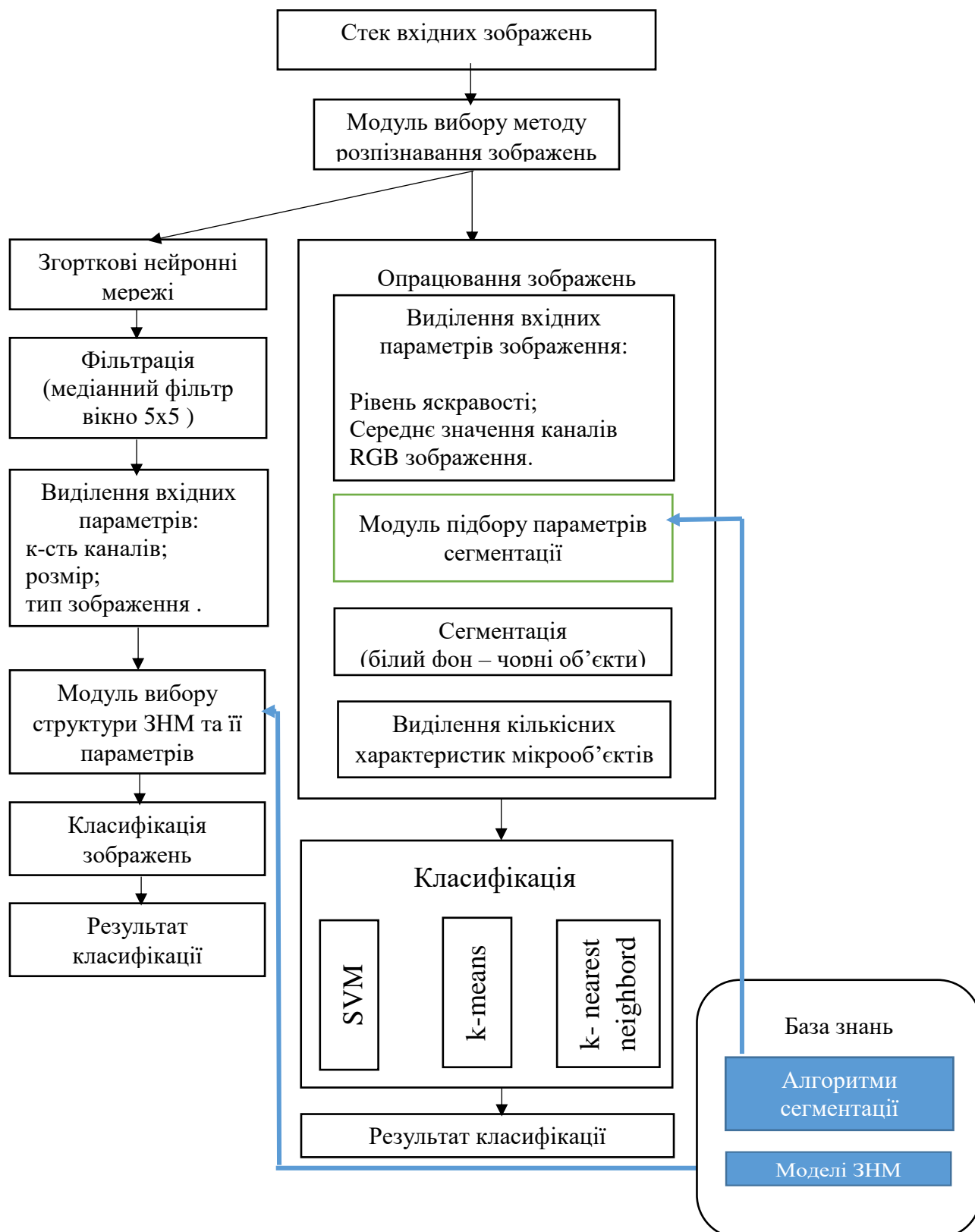


Рисунок 3.1 – Узагальнена структура системи класифікації гістологічних і цитологічних зображень

Система класифікації цитологічних і гістологічних зображень складається з двох базових компонентів: ЗНМ і множини сучасних класифікаторів. Вхідними даними для обох блоків є мікроскопічні зображення, що надходять від відеокамери. Фото досліджуваних зразків формують стек RGB зображень з високою роздільною здатністю. Зображення зберігаються в окремій директорії, назва якої кодується номером медичної картки пацієнта та датою створення зображень.

Перевагою використання ЗНМ є відсутність попереднього оброблення зображень, однак особливості навчання та роботи нейронних мереж потребують значних часових затрат. На даний момент існує велика кількість алгоритмів класифікації, серед яких можна виділити такі: SVM, k – means, k – nearest neighbor. Недоліком застосування даних алгоритмів є потреба у обробленні мікроскопічних зображень на низькому та середньому рівнях комп'ютерного зору для подальшого виділення та обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів.

Алгоритм класифікації гістологічних і цитологічних зображень такий:

1. Завантаження стеку вхідних зображень;
2. Класифікація за допомогою ЗНМ.
 - 2.1 Фільтрація. Застосування медіанного фільтру з розміром вікна 5x5 пікселів для зменшення рівня шуму;
 - 2.2 Виділення параметрів вхідного зображення. Зображення оцінюється такими характеристиками: середній рівень гистограми, середні значення червоного, зеленого та синього каналів, розмір зображення;
 - 2.3 Підбір структур ЗНМ та їх параметрів. Правила застосування структур ЗНМ зберігаються у базі знань;
 - 2.4 Застосування обраної структури ЗНМ до зображень та вивід результату із вказанням відсоткового співвідношення.
3. Використання сучасних класифікаторів:
 - 3.1 Отримання інформації про характеристики вхідного зображення (крок 2.2);

- 3.2 Підбір алгоритмів сегментації та їх параметрів. Складність виділення мікрооб'єктів на гістологічних і цитологічних зображеннях полягає у низькій якості зображень та їх різнотипності. В якості базових алгоритмів сегментації обрано такі: k-means, метод водорозподілу, порогова сегментація та їх комбінації. Також у базі знань знаходиться інформація про параметри кожного алгоритму, наприклад значення нижнього та верхнього порогів;
- 3.3 Підрахунок кількісних характеристик мікрооб'єктів. Після етапу сегментації зображення представляються у форматі (білий фон, чорні мікрооб'єкти). Кожний клас передракових станів характеризується певною структурою, будовою ядер клітин. Кожне ядро описується такими показниками: площа, периметр, довжина головної осі, кут нахилу до осей;
- 3.4 Застосування алгоритмів класифікації. У базі знань знаходять правила підбору алгоритмів (SVM, k – means, k – nearest neighbor).
- 3.5 Вивід результатів.

Застосування сучасних класифікаторів вимагає попереднього оброблення мікроскопічних зображень. Точність класифікації залежить від якості виділення ядер клітин та подальшого підрахунку їх характеристик. Враховуючи неоднорідність освітлення вхідного зображення, наявність нечітко виражених контурів ядер клітин експериментальним чином було розроблено базу знань для підбору алгоритмів попереднього оброблення зображень та сегментації. Алгоритми для попереднього оброблення та сегментації цитологічних і гістологічних зображень в загальному випадку є різними.

Правила підбору класифікаторів в залежності від вхідних даних наведено у таблиці 3.2. Основним критерієм підбору класифікаторів та їх параметрів є обсяг вхідних даних, оскільки від нього залежить продуктивність роботи алгоритмів.

Таблиця 3.2

Правила підбору класифікаторів

Вхідні дані	Вихідні дані	
Кількість вхідних даних	Класифікатор	Обсяг навчальної вибірки
Цитологія		
< 100	SVM	50
100 – 200	k-means	100
200 – 300	k-means	200
> 300	k-means	250
Гістологія		
< 100	SVM	50
100 – 200	k- nearest neighbord	100
200 – 300	k-means	200
> 300	k- nearest neighbord	250

3.2 Нейромережевий метод і алгоритми класифікації гістологічних і цитологічних зображень

Завданням нейронної мережі є віднесення вхідного зображення до певного класу. ЗНМ забезпечують часткову стійкість до змін масштабу, зсувів, поворотів, зміні ракурсу і інших спотворень. ЗНМ об'єднують три архітектурні ідеї, для забезпечення інваріантності до зміни масштабу, повороту, зсуву і просторових спотворень на зображенні:

- локальні рецепторні поля (забезпечують локальну двовимірну зв'язність нейронів);
- загальні вагові коефіцієнти синапсів (забезпечують детектування деяких характеристик в будь-якому місці зображення і зменшують загальне число вагових коефіцієнтів);
- ієрархічна організація з просторовими підвибірками.

ЗНМ складається з послідовності згорткових, дискретизуючих та повнозв'язних шарів. Загальну структуру ЗНМ наведено на рисунку 3.2.

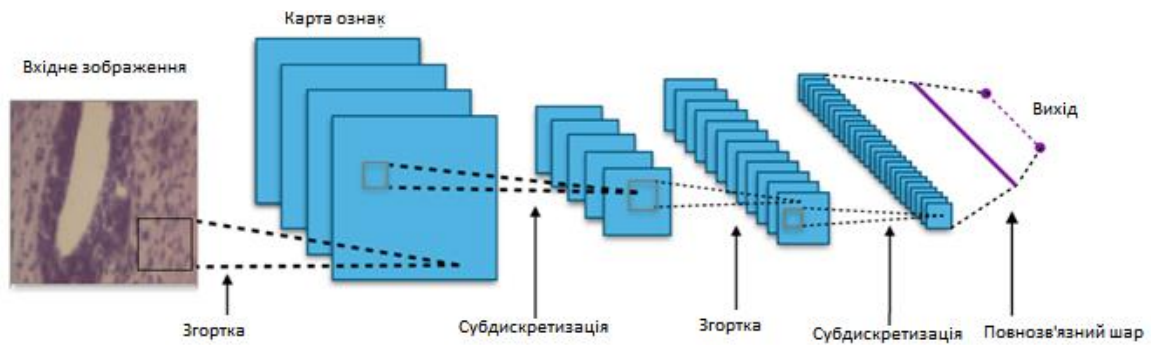


Рисунок 3.2 – Загальна структура ЗНМ

Вхідний шар враховує двомірну топологію зображення і складається з декількох карт (матриць). Карта може бути одна, в тому випадку, якщо зображення представлено в градаціях сірого, в іншому випадку – 3 карти, де кожна карта відповідає зображенню з конкретним каналом (червоним, синім і зеленим). Вхідні дані кожного значення пікселя нормалізуються в діапазон від 0 до 1 за формулою:

$$f(P, P_{\min}, P_{\max}) = \frac{P - P_{\min}}{P_{\max} - P_{\min}}, \quad (3.1)$$

де f - функція нормалізації;

P - значення пікселя (від 0 до 255);

P_{\min} - мінімальне значення пікселя;

P_{\max} - максимальне значення пікселя.

Перші два типи шарів: згортковий (convolutional) та субдискретизуючий (subsampling), чергуючись між собою, формують вхідний вектор ознак для багатошарового перцептрона. Згортковий шар є набором карт, у кожній карті є синаптичне ядро (фільтр). Кількість карт визначається вимогами до задачі. Якщо застосувати велику кількість карт, то підвищується якість розпізнавання, але збільшується обчислювальна складність. Експерти з області застосування ЗНМ рекомендують в більшості випадків брати співвідношення один до двох, тобто кожна карта попереднього шару пов'язана з двома картами згорткового шару.

Ядро є фільтром або вікном, яке ковзає по всій області попередньої карти і детектує певні ознаки об'єктів. Якщо розмір ядра малий, то мережа не зможе виділити будь-які ознаки, якщо занадто великий, то збільшується кількість зв'язків між нейронами. Розмір ядра вибирається таким чином, щоб розмір карт згорткового шару був парним, що дозволяє не втрачати інформацію при зменшенні розмірності в субдискретизуючому шарі. Ядро є системою поділюваних ваг або синапсів, що є однією із головних особливостей згорткової нейромережі. У звичайній багат шаровій мережі дуже багато зв'язків між нейронами, що уповільнює процес детектування. У ЗНМ - навпаки, загальні ваги дозволяють скоротити число зв'язків і дозволяють знаходити одну і ту ж ознаку по всій області зображення. Операція згортки може бути представлена формулою (3.2) :

$$(h * g) = \sum_{k,l} h[m - k, n - l] * g[k, l], \quad (3.2)$$

де h - вихідна матриця зображення,

g - ядро (матриця) згортки,

m, n – розміри зображення,

k, l – розміри ядра згортки.

Неформально цю операцію можна описати таким чином: вікном розміру ядра g проходимо з заданим кроком зображення h , на кожному кроці поелементно множимо вміст вікна на ядро g , результат підсумовується і записується в матрицю результату [122]. У згортковому шарі кожен вихідний нейрон з'єднаний тільки з певною (невеликою) областю вхідної матриці. У спрощеному вигляді цей шар описується так:

$$x^l = f(x^{l-1} * g^l + b^l), \quad (3.3)$$

де x^l - вихід шару l ,

$f()$ - функція активації,

b - коефіцієнт зсуву,

При цьому розмір вихідних матриць зменшується та описується виразом:

$$x_j^l = f\left(\sum_i x_i^{l-1} * g_j^l + b_j^l\right) \quad (3.4)$$

де x_j^l - карта ознак j (вихід шару l),

$f()$ - функція активації,

b_j - коефіцієнт зсуву для карти ознак j ,

g_j - ядро згортки номер j ,

x_i^{l-1} - карти ознак попереднього шару.

Субдискретизуючі шари в ЗНМ здійснюють зменшення розміру вхідної карти ознак. Для цього існує декілька способів, в даному випадку розглянемо метод вибору максимального елемента. Вся карта ознак поділяється на осередки 2x2 елемента, з яких вибираються максимальні за значенням [143]. Формально субдискретизуючий шар описується так:

$$x^l = f(a^l * subsample(x^{l-1}) + b^l), \quad (3.5)$$

де x^l - вихід шару l ,

$f()$ - функція активації,

a, b - коефіцієнти,

$subsample()$ - операція вибірки локальних максимальних значень.

У повнозв'язному шарі вхідні нейрони цього під'єднані до всіх активацій в попередньому шарі [144]. Даний шар проводить підрахунок оцінки класу, і на вихід подає вектор, розмірністю N (кількість класів).

Одним з найважливіших аспектів будь-якої нейронної мережі є функція активації, яка вносить в мережу нелінійність. Існують такі поширені функції

активації: сигмоїдальна, гіперболічний тангенс і «випрямляюча» функція. Останнім часом все більшої популярності набуває «випрямляюча» функція активації.

У кусково-лінійній функції значення функції активації дорівнює мінімальному допустимому, якщо вхідне значення менше порогового, інакше - максимально допустимому. Сигмоїдальна функція дозволяє підсилювати слабкі сигнали і не насичує сильні сигнали. Прикладом сигмоїдальної функції активації може служити логістична функція, що задається так:

$$\delta(x) = \frac{1}{1+e^{-x}} \quad (3.6)$$

Недоліками сигмоїдальної функції активації є те, що насичення сигмоїд приводить до затухання градієнтів;

Гіперболічний тангенс приймає на вході довільне дійсне число, а на виході дає дійсне число в інтервалі від -1 до 1. Гіперболічний тангенс так само як і сигмоїда може насичуватися.

Функція активації «випрямляч» ReLU (rectified linear unit) реалізує простий пороговий перехід в нулі та обчислюється за формулою:

$$f(x) = \max(0, x) \quad (3.7)$$

Її переваги:

- у порівнянні з сигмоїдною ReLU реалізований за допомогою простого порогового перетворення матриці активацій в нулі;
- ReLU не насичується.

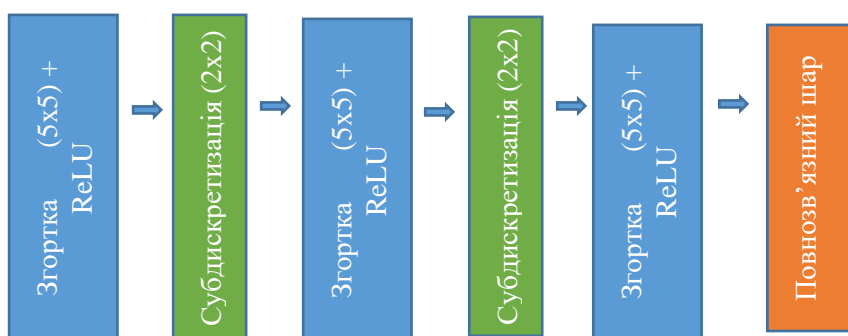
Її недоліки:

- не достатньо надійна в процесі навчання. Великий градієнт, що проходить через ReLU, може привести до такого оновлення ваг, що даний нейрон ніколи більше не активується [145].

Поширені структури для класифікації зображень наведено на рисунку 3.3 (Зг – згортковий шар, С – суб дискретизуючий, П – повнозв'язний).



а) AlexNet



б) LeNet

Рисунок 3.3 – Поширені структури ЗНМ

В результаті експериментальних досліджень класифікації цитологічних і гістологічних зображень розроблено нові структури ЗНМ.

Розглянемо ці структури ЗНМ (рисунок 3.4).

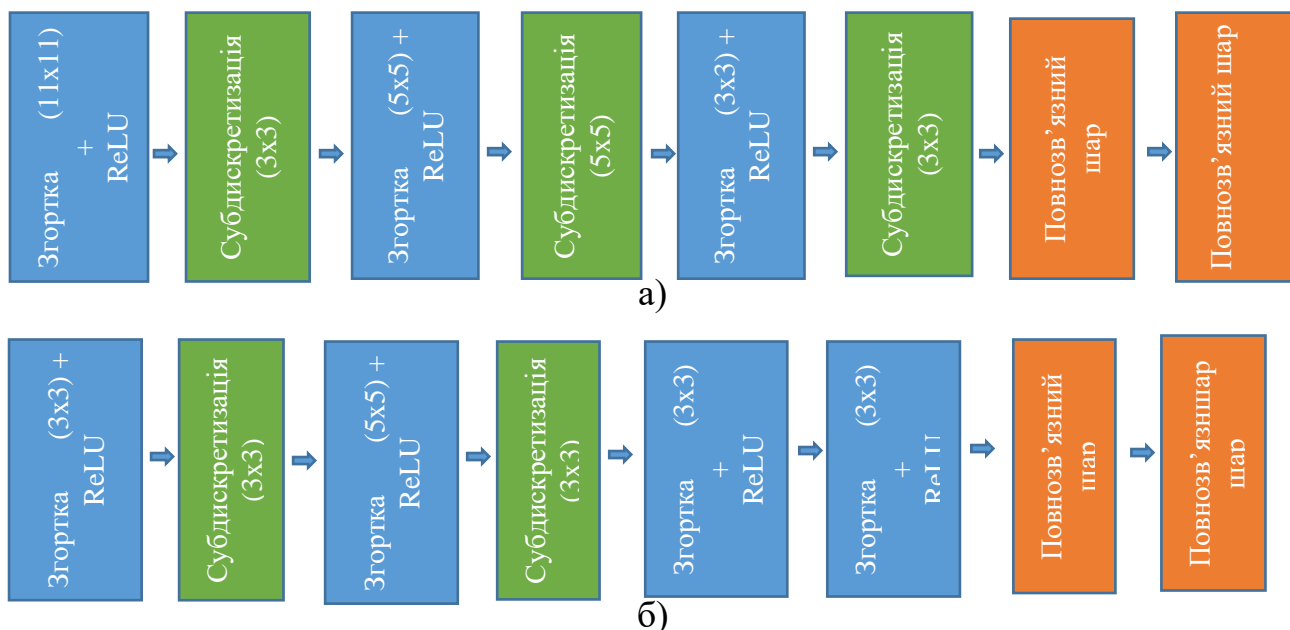


Рисунок 3.4 – Розроблені структури ЗНМ для класифікації цитологічних і гістологічних зображень

Для окремих шарів згортки експериментальним чином підібрано вікна розміром 11x11, 5x5, 3x3 пікселі. Для субдискретизуючого шару підібрано вікно розміром 3x3 пікселі. В якості функції активації обрано – RELU.

Загальну структуру класифікації зображень з використанням ЗНМ наведено на рисунку 3.5.



Рисунок 3.5 – Загальна структура класифікації зображень з використанням ЗНМ

Нейромережевий метод класифікації зображень базується на алгоритмі навчання ЗНМ і алгоритмі класифікації зображень. Опишемо покроково ці алгоритми.

Алгоритм навчання ЗНМ такий:

1. Завантаження зображень;
2. Попереднє оброблення. Попереднє оброблення включає виділення параметрів вхідного зображення;
3. Адаптивний підбір параметрів яскравості, контрастності, морфологічних операцій, гістограмне вирівнювання;
4. Вибір структури мережі, налаштування параметрів мережі;
5. Зберігання результатів навчання в файл.

Алгоритм класифікації зображень такий:

1. Завантаження зображень;
2. Попереднє оброблення;
3. Завантаження файлу з навченою ЗНМ та початок класифікації;
4. Вивід результату роботи мережі.

На основі проведених експериментів сформовано набір правил підбору структур ЗНМ для класифікації. Вхідними даними є розмір зображень і його тип (RGB зображення або зображення в градаціях сірого). Точність і швидкість опрацювання кольорових зображень і зображень у градаціях сірого значно відрізняється. Тому застосовувати одну і ту ж структуру ЗНМ недоцільно. Послідовність шарів та їх вхідні параметри є визначальними критеріями, що характеризують структуру ЗНМ. Структура ЗНМ із великою кількістю шарів буде тривалий час обробляти великі за розміром зображення. Правила підбору параметрів структури ЗНМ наведено у таблиці 3.1.

Правила підібрано таким чином, щоб максимально зменшити тривалість навчання і роботи нейронної мережі, при цьому залишаючи якість класифікації на оптимальному рівні.

Таблиця 3.1

Параметри структури ЗНМ в залежності від вхідних даних зображень

Вхідні дані		Вихідні дані	
Розмір зображення, пікселі	Тип зображення	Структура ЗНМ	Розмір ядра згортки
< 100 x 100	RGB	рис. 3.5 (а)	3x3
	градації сірого	AlexNet	3x3
100 x 100 – 500 x 500	RGB	рис. 3.5 (b)	3x3
	градації сірого	LenNet	5x5
500 x 500 – 1500 x 1500	RGB	рис. 3.5 (а)	5x5
	градації сірого	рис. 3.5 (b)	5x5
1500 x 1500 – 2500 x 2500	RGB	AlexNet	5x5
	градації сірого	AlexNet	5x5
> 2500 x 2500	RGB	LenNet	5x5
	градації сірого	AlexNet	5x5

Комп'ютерні експерименти. Результати роботи структур в залежності від кількості епох наведено на рисунку 3.5.

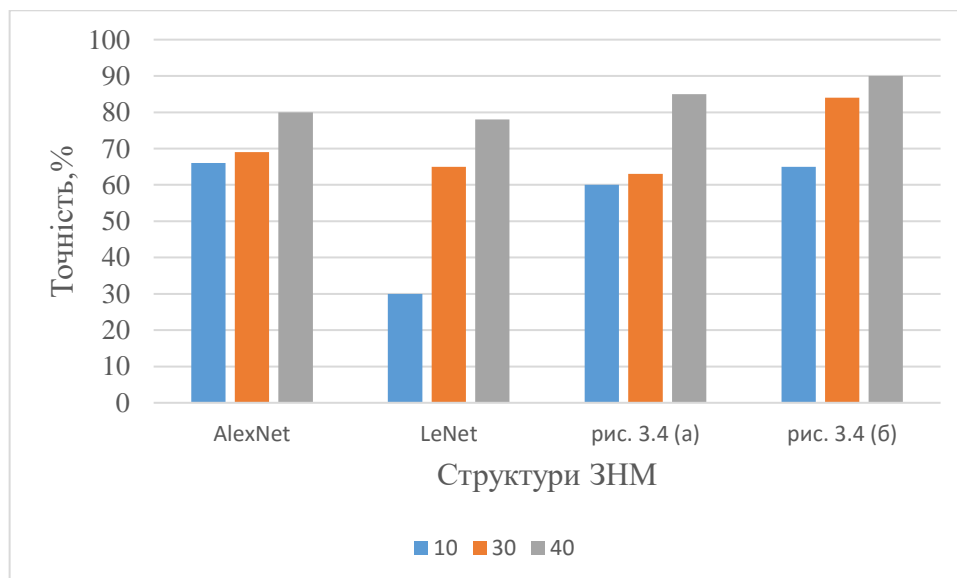


Рисунок 3.5 – Результати роботи структур ЗНМ

Епоха – це один період дискретизації, що включає в себе процес прямого поширення, зворотнього поширення, функції втрат і оновлення ваг.

Експерименти проводились над однією і тією ж вибіркою цитологічних зображень, але з різною кількістю епох. В результаті аналізу можна зробити висновок, що якість класифікації залежить від кількості епох.

Порівняльний аналіз класифікаторів цитологічних зображень наведено на рисунку 3.6.

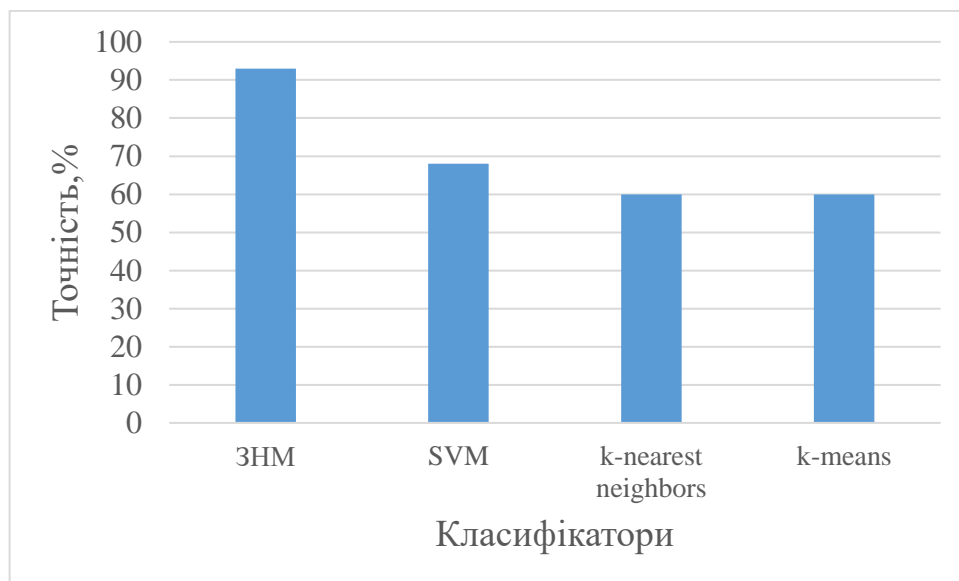


Рисунок 3.6 - Порівняльний аналіз класифікації цитологічних зображень

Як видно з рисунку 3.6 згортові нейронні мережі показали найкращі результати у порівнянні з алгоритмами k-nearest neighbors, k-means, SVM. До того ж ЗНМ не вимагають значного попереднього оброблення зображень, виділення мікрооб'єктів і підрахунку кількісних характеристик мікрооб'єктів .

Як видно з представлених графіків точність роботи ЗНМ для класифікації гістологічних зображень раку молочної залози прямо пропорційно залежить від розміру навчальної вибірки та кількості епох під час навчання.

3.3 Порівняння алгоритмів класифікації зображень

Класифікація об'єкта — номер або найменування класу, що видається алгоритмом класифікації в результаті його застосування до даного конкретного

об'єкту. Формування навчальної вибірки є складним та важливим етапом, оскільки від її якості залежить точність результату. При побудові систем для класифікації даних в більшості випадків єдиною апіорної інформацією є навчальна вибірка, що містить дані про значення ознак об'єктів розпізнавання і відповідно класи, що відносяться до цих об'єктів [146]. Класифікація об'єктів навчальної вибірки в загальному випадку здійснюється експертом і вважається вірною, оскільки перевірити її правильність неможливо [147].

Для розв'язання проблеми неправильно підібраної навчальної вибірки найбільш часто використовується два підходи. У першому відбувається відмова від наявної класифікації об'єктів, виконується кластеризація об'єктів навчальної вибірки і за її результатами кожному об'єкту ставиться у відповідність номер класу, отриманий автоматично [148, 165]. Даний підхід застосовують у тих випадках, коли немає можливості отримати додаткові дані. Відповідно до другого підходу, використовуються дані про класифікацію об'єктів колективом незалежних експертів, і класифікація об'єктів визначається за допомогою обробки результатів класифікацій кожним експертом [149].

Вхідними елементами навчальної вибірки є цифрові зображення, отримані від відеокамери, встановленої на мікроскоп. Зображення характеризується такими показниками:

- тип зображення (RGB, в градаціях сірого, чорно – біле тощо);
- глибина кольору (16 біт, 8 біт, 1 біт);
- роздільна здатність (640x480, 800x600, 1024x768, 1600x1200);

Якщо такі дані апіорно не можуть бути отримані, то в якості експертів може виступати множина правил рішення, побудованих на основі вихідної вибірки. З часом збільшується набір досліджуваних даних, що вимагає постійного оновлення навчальної вибірки і, як наслідок, коригування правил рішення класифікації.

Для цитологічних зображень навчальну вибірку поділено на такі класи:

- цито - фібро – кістозна мастопатія;
- цито – кістозна мастопатія;

- цито – непроліферативна – фібро мастопія;
- цито – непроліферативна мастопатія.

Навчальна вибірка для гістологічних зображень складається із таких класів:

- гісто – непроліферативна мастопатія;
- гісто – фіброаденома;
- гісто – фіброзно – кістозна мастопатія;
- гісто – листовидна – фіброаденома.

Для зручності навчальна вибірка зберігається у файлі формату «.json». Даний формат дозволяє обмінюватись інформацією та описує об'єкти чи інші структури даних. Приклад файлу зберігання навчальної вибірки наведено на рисунку 3.7.

```

1 {
2   "samples": [
3     [18308.5, 230071.4, 180.23507690429688],
4     [15740.5, 197800.96, 158.88540649414062],
5     [8073.5, 101454.59, 136.70018005371094],
6     [11252, 141396.8, 135.45396423339844],
7     [12934, 162533.44, 144.84104919433594],
8     [12324, 154867.95, 146.3167266845703],
9     [51329, 645019.24, 336.535400390625],
10    [36473, 458333.24, 266.5491027832031],
11    [67593, 849398.69, 350.2588195800781],
12    [53850.5, 676705.34, 325.0845947265625],
13    [65974, 829053.73, 372.7800598144531],
14    [29006, 364500.15, 241.86849975585938],
15    [999.5, 12560.09, 41.682708740234375],
16    [938, 11787.26, 40.17817306518555],
17    [619, 7778.58, 32.9571647644043],
18    [1026.5, 12899.38, 42.41792297363281],
19    [1155, 14514.16, 44.824520111083984],
20    [1136, 14275.4, 44.418006896972656],
21    [28258, 355100.5, 269.19659423828125],
22    [10021.5, 125933.88, 131.72976684570312],
23    [11716.5, 147233.88, 132.52174377441406],
24    [10851, 136357.69, 122.39543914794922],
25    [13908, 174773.08, 144.4619903564453],
26    [12462, 156602.11, 148.38894653320312]
27   ],
28   "labels": ["cyt_neprolif_mast", "cyt_neprolif_mast", "cyt_neprolif_mast", "cyt_neprolif_mast", "cyt_neprolif_mast", "cyt_neprolif_mast",
29             "cyt_nep_fibr_mast", "cyt_nep_fibr_mast", "cyt_nep_fibr_mast", "cyt_nep_fibr_mast", "cyt_nep_fibr_mast", "cyt_nep_fibr_mast",
30             "cyt_kist_mast", "cyt_kist_mast", "cyt_kist_mast", "cyt_kist_mast", "cyt_kist_mast", "cyt_kist_mast",
31             "cyt_fibr_kist_mast", "cyt_fibr_kist_mast", "cyt_fibr_kist_mast", "cyt_fibr_kist_mast", "cyt_fibr_kist_mast", "cyt_fibr_kist_mast"]
32 }
33

```

Рисунок 3.7 – Файл із кількісними ознаками мікрооб'єктів у форматі .json

У (1) зберігаються кількісні ознаки ядер клітин, наприклад площа ядра, окружність, довжина головної осі. У (2) зберігаються назви класів до яких відносяться кількісні ознаки кожного ядра.

Для оцінки якості класифікації було підбрано навчальну вибірку із 4 класів окремо для гістологічних і цитологічних зображень. Для кожного класу було підбрано тестову вибірку із нових даних та відображено відсоток правильно класифікованих об'єктів.

Результати класифікації цитологічних зображень методом k – найближчих сусідів наведено на рисунку 3.8.

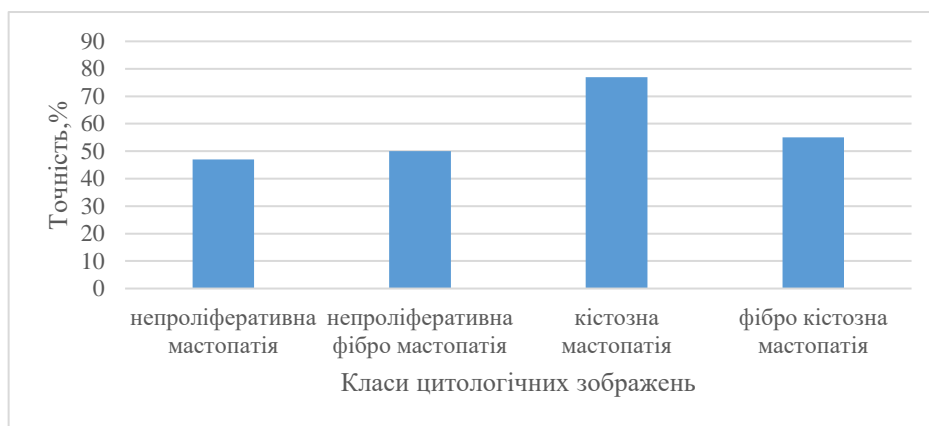


Рисунок 3.8 - Результати класифікації цитологічних зображень методом k – найближчих сусідів

В результаті аналізу можна зробити висновок, що діагноз «кістозна мастопатія» показав найкращі результати класифікації. Відсоток правильно класифікованих мікрооб'єктів для класу «кістозна мастопатія» склав 77%.

Результати класифікації гістологічних зображень методом k – найближчих сусідів наведено на рисунку 3.9.

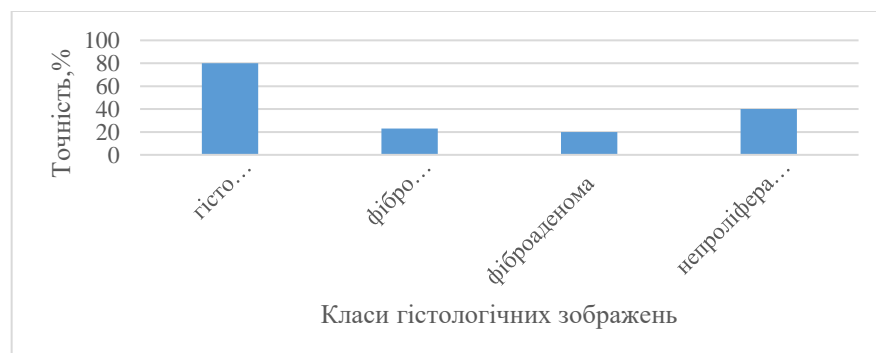


Рисунок 3.9 - Результати класифікації гістологічних зображень методом k – найближчих сусідів.

В результаті аналізу можна зробити висновок, що якість класифікації гістологічних зображень знаходиться на низькому рівні. Лише діагноз «лістовидна фіброаденома» показав результат 80%.

Результати класифікації цитологічних зображень з використанням методу опорних векторів наведено на рисунку 3.10.

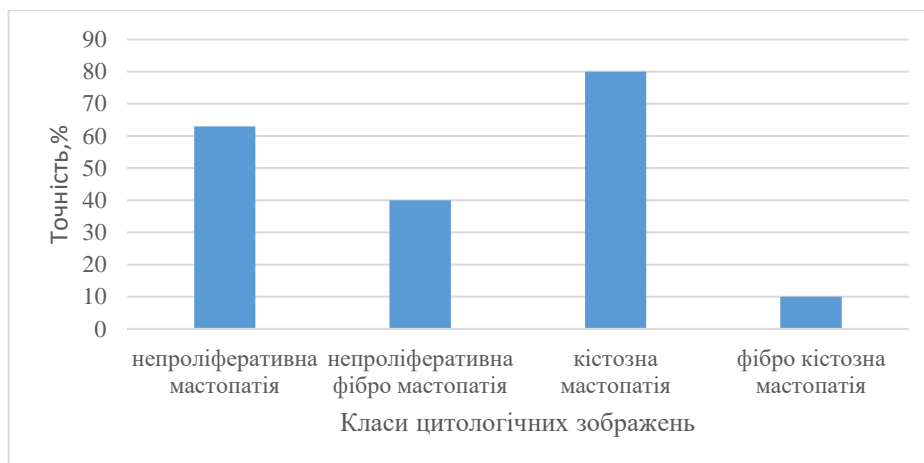


Рисунок 3.10 - Класифікації цитологічних зображень з використанням методу опорних векторів

В результаті аналізу можна зробити висновок, що клас «кістозна мастопатія» показав найкращий результат у порівнянні з іншими класами. Клас «фібро кістозна мастопатія» показав найгірші результати.

Результати класифікації гістологічних зображень з використанням методу опорних векторів наведено на рисунку 3.11.

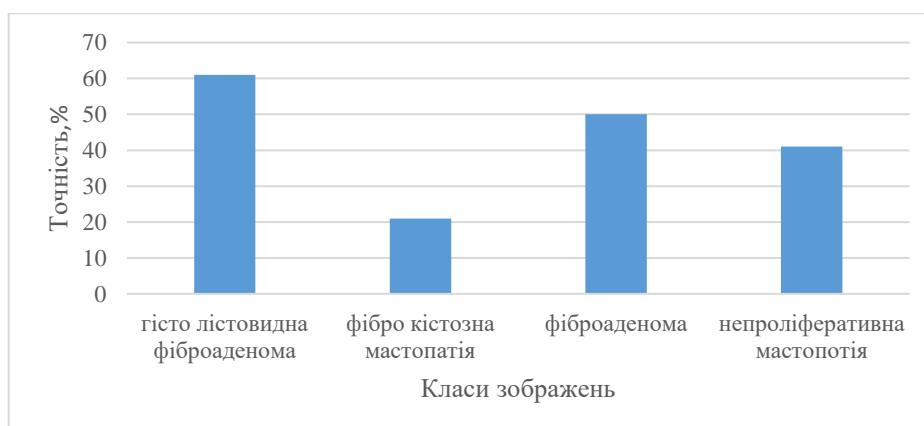


Рисунок 3.11 - Результати класифікації гістологічних зображень з використанням методу опорних векторів

Аналізуючи дані на рисунках 3.10 та 3.11 можна зробити висновок, що метод опорних векторів краще працює з гістологічними зображеннями.

3.4 Навчання згорткових нейронних мереж на графічних процесорах з використанням технології CUDA

Розпаралелювання програм - процес адаптації алгоритмів, записаних у вигляді програм, для їх ефективного виконання на багатопроцесорні обчислювальні системі. Автоматичне розпаралелювання – конвертування вихідного коду в багатопотоковий код.

Значним обмеженням розвитку нейромережевих алгоритмів є високі обчислювальні витрати [150]. Розпаралелення ЗНМ наведено на рисунку 3.12 (AE – загальна кількість епох, SE – номер поточної епохи, Aim – загальна кількість зображень навчальної вибірки, Sim – номер поточного зображення). Для підвищення продуктивності системи операції згортки, субдискретизації над кожним зображенням відбуваються в окремих потоках. На етапі навчання кожний потік отримує зображення та здійснює операції згортки, знаходження помилки, зворотнього поширення помилки. Кожний потік працює із власним зображенням, тому не витрачається час на очікування надходження даних з попереднього шару.

Після етапу навчання відбувається валідація та перевірка навченої мережі. Апаратно-програмний комплекс CUDA (Compute Unified Device Architecture) дозволяє використовувати процесори відеокарт (GPU) як прискорювачі наукових і інженерних розрахунків і проводити обчислення, що за ефективністю можна порівняти з сучасними кластерними системами [151].

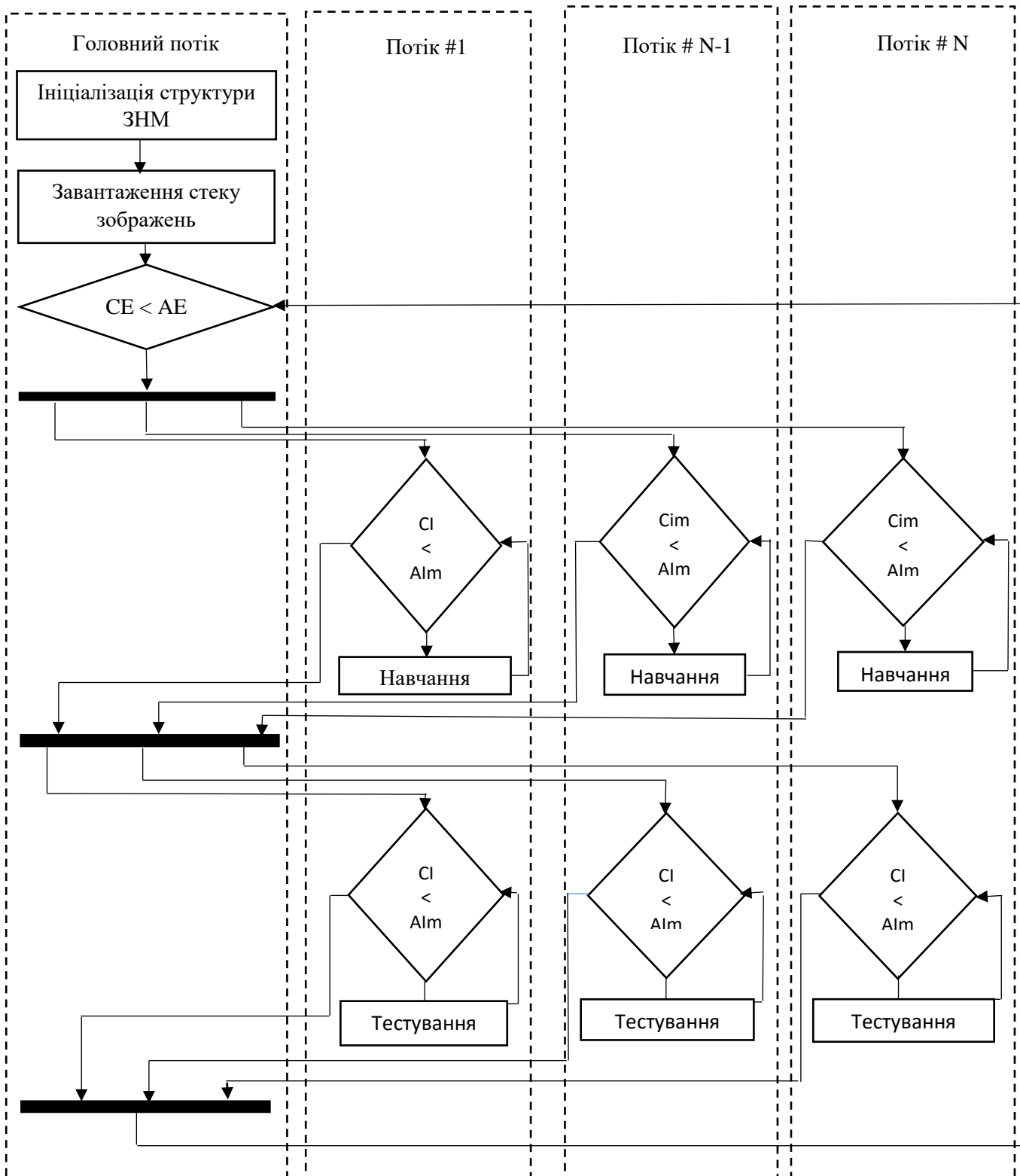


Рисунок 3.12 – Розпаралення процесу роботи ЗНМ на CPU

Виконання команд на кластері відбувається відповідно до архітектури MIMD (багато потоків команд, багато потоків даних - коли набір процесорів незалежно виконує різні набори команд, які обробляють різні набори даних), а в

середовищі CUDA використовується архітектура SIMD (один потік команд, багато потоків даних - коли декілька процесорів виконують одну і ту ж команду над різними даними, зазвичай елементами масиву) [152].

GPU орієнтований на виконання програм з великим обсягом даних і розрахунків і є масивом потокових процесорів (Streaming Processor Array), що складається з кластерів текстурних процесорів (Texture Processor Clusters, TPC). TPC складається з набору мультипроцесорів (SM – Streaming Multi-processor), кожен з яких містить кілька потокових процесорів (SP – Streaming Processors) або ядер (у сучасних графічних процесорах к-сть ядер перевищує 1024). Просторово – часову форму представлення двох шарів ЗНМ наведено на рисунку 3.13.

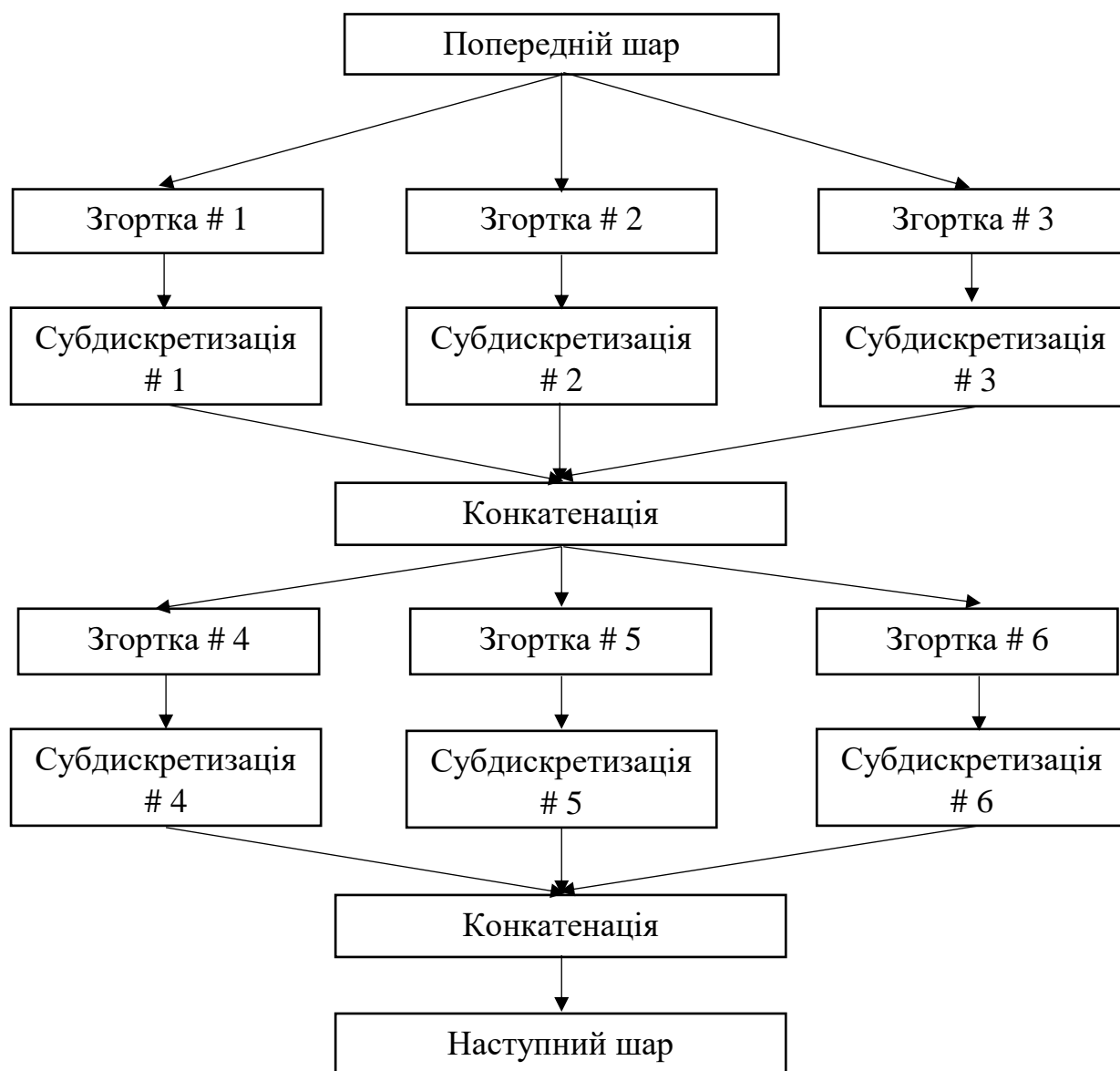


Рисунок 3.13 – Просторово – часова форма представлення двох шарів ЗНМ

CUDA для розрахунків використовує велику кількість окремих потоків. Всі вони групуються в ієрархію – grid / block / thread.

Верхній рівень – grid – відповідає ядру й об'єднує всі потоки, що виконують дане ядро. Grid – одновимірний або двовимірний масив блоків (block). Кожен блок (block) є 1 / 2 / 3 - мірним масивом потоків (threads). При цьому кожен блок є повністю незалежний набір скоординованих між собою потоків. Потоки з різних блоків не можуть між собою взаємодіяти.

Після обчислення карт ознак для кожної згортки необхідно агрегувати дані, наприклад застосувавши конкатенацію.

Час навчання нейронної мережі в більшій мірі залежить від кількості класів на які поділені зображення, ніж від кількості самих зображень. На швидкість навчання впливає багато факторів, одним з них є величина норми навчання, що впливає на перерахунок вагових коефіцієнтів нейронів. Чим більша ця норма, тим швидше мережа буде навчатися, чим менша – тим повільніше. Якщо задати норму навчання дуже великою або, навпаки, дуже малою, то правильність результатів може суттєво знизитися. Зазвичай, норму навчання приймають в межах від 0.01 до 0.000001.

Параметр F1 Score – це число від нуля до одного, що пояснює, наскільки успішними були тренування мережі. Це аналогічно до відсотка, 1 - найкращий результат, а нуль – найгірший. Фактично, F1 Score - це вірогідність того, що результати мережі є правильними.

Для експериментів було вибрано два види зображень: цитологічні та гістологічні. Для побудови нейронної мережі використано бібліотеку DL4J, яка дозволяє використовувати графічний процесор для обчислень. Навчання проводилось на вибірці із 150 зображень. Навчальну вибірку цитологічних зображень поділено на такі класи:

- цито – кістозна – мастопатія;
- цито – мастопатія;
- цито – непроліферативна – фібро – мастопатія;
- рак.

Порівняльний аналіз часу навчання нейронної мережі для класифікації цитологічних зображень для GPU та CPU наведено на рисунку 3.14.

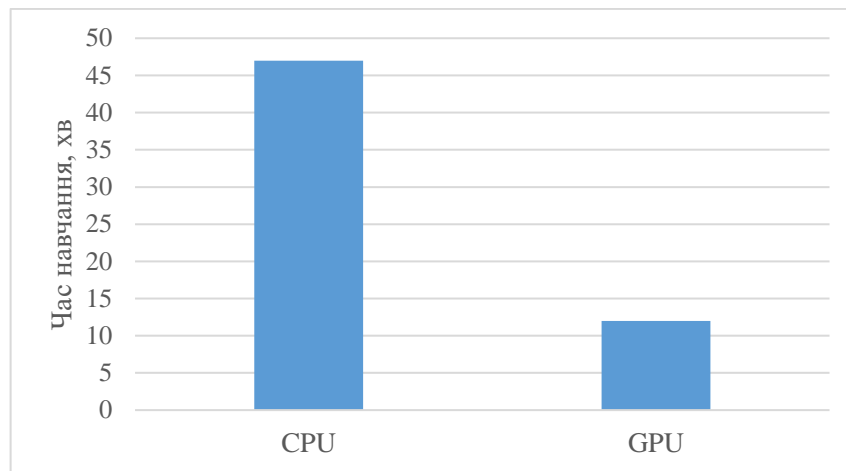


Рисунок 3.14 – Порівняльний аналіз результатів навчання нейронної мережі для класифікації цитологічних зображень для GPU та CPU

Навчальну вибірку гістологічних зображень поділено на такі класи:

- гісто – непроліферативна – мастопатія;
- гісто – лістовидна – фіброаденома;
- гісто – фіброзно–кістозна–мастопатія;
- гісто – фіброаденома.

В результаті аналізу можна зробити висновок, що графічний процесор дає прискорення приблизно в чотири рази. Час навчання нейронної мережі в більшій мірі залежить від кількості класів на які поділені зображення, ніж від кількості самих зображень.

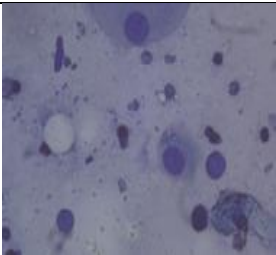
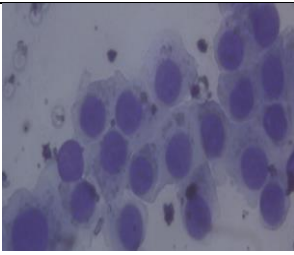
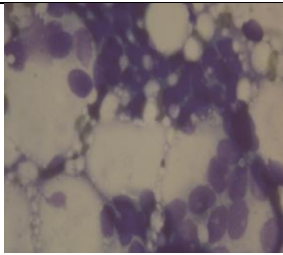
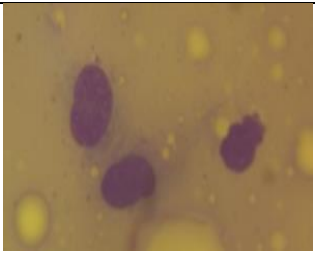
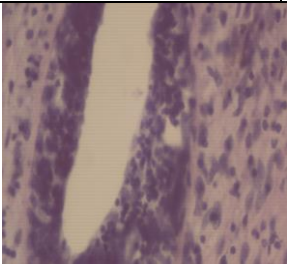
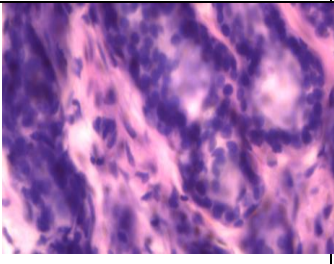
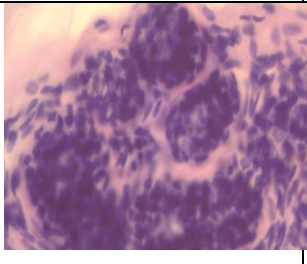
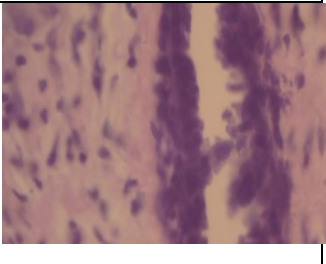
3.5 Навчальна вибірка для комп’ютерних експериментів

Формування навчальної вибірки для проведення комп’ютерних експериментів здійснювалось на основі бази даних цифрових гістологічних і цитологічних зображень передракових та ракових станів молочної залози «ВРСІ2100» [153], що налічує близько 2100 зображень поділених на класи.

Приклади зображень наведено у таблиці 3.4.

Таблиця 3.4

Приклади цитологічних і гістологічних зображень

Цитологія			
мастопатія	кістозна мастопатія	непроліферативна мастопатія	фіброаденома
			
Гістологія			
листовидна мастопатія	фіброзно-кістозна мастопатія	непроліферативна мастопатія	фіброаденома
			

Як видно з таблиці 4.3 зображення поділено на 4 класи, що характеризують певний тип патологій.

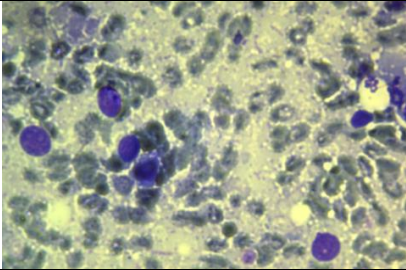
3.5.1 Навчальна вибірка для попереднього оброблення і сегментації

Для тестування розроблених методів було відібрано близько 300 зображень із бази даних «ВРСІ2100», що представляють вищенаведені класи патологій.

Параметри зображення наведено у таблиці 3.5.

Таблиця 3.5

Параметри досліджуваних зображень

Параметри	Значення
Цитологічне зображення	
Ширина, пікселі	3264
Висота, пікселі	2448
Глибина кольору, біт	24
Розмір, Мб	22.8
тип	bmp
Роздільна здатність, пікселі/дюйм	72

На початковому етапі методів оброблення зображень відбувається виділення таких показників зображення:

- значення яскравості;
- середнє значення червоного, зеленого і синього каналів.

3.5.2 Навчальна вибірка для системи класифікації зображень

Вхідними даними системи класифікації є гістологічні та цитологічні зображення. У таблиці 3.6 наведено параметри навчальної вибірки для класифікації засобами ЗНМ.

Таблиця 3.6

Параметри навчальної вибірки для класифікації засобами ЗНМ

параметр	значення
К-сть зображень	50-150
Розміри, пікселі	200x200, 150x150, 100x100, 50x50
К-сть класів	4
К-сть епох	20-50

Продовження таблиці 3.6.

Відношення навчальної вибірки до тестової	70:30
Функція активації	ReLU

3.6 Висновки до розділу 3

- розроблено узагальнену структуру гібридної інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії, що включає в себе альтернативні канали опрацювання інформації (канал згорткових нейронних мереж і канал класифікаторів) та базу знань, що дало можливість збільшити точність класифікації зображень;
- удосконалено структури згорткової нейронної мережі для класифікації гістологічних і цитологічних зображень, на основі комбінації згорткових та субдискретизуючих шарів та їх вхідних параметрів, що дозволило підвищити точність класифікації порівняно із існуючими класифікаторами(SVM, k-means) в середньому на 20 %;
- проведено порівняльний аналіз результатів класифікації за допомогою ЗНМ та класифікаторів: SVM, k-means, k-nearest neighbour. Результати роботи ЗНМ було порівняно із відомими аналогами: машиною опорних векторів, методом k – ближчих сусідів, методом k – середніх. Точність класифікації для цитологічних зображень склала – 93 %, для гістологічних – 90 %.

РОЗДІЛ 4 СТРУКТУРА ТА КОМПОНЕНТИ ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ СИСТЕМИ АВТОМАТИЗОВАНОЇ МІКРОСКОПІЇ

Розроблено узагальнену структуру гібридної інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії. Наведено структуру апаратних та програмних компонент інтелектуальної системи, описано структуру таблиць бази даних. Проведено порівняльний аналіз із існуючими аналогами, виділено їх переваги та недоліки.

4.1 Узагальнена структура інтелектуальної системи

Інтелектуальна система автоматизованої мікроскопії складається з двох основних частин: апаратної та програмної частини. До апаратної частини входять такі елементи: світловий мікроскоп, відеокамера, робоча станція. Програмна частина складається із програмних модулів, написаних на мові програмування Java 8. Компоненти комплексу HIAMS (гібридна інтелектуальна система автоматизованої мікроскопії) наведено на рисунку 4.1.

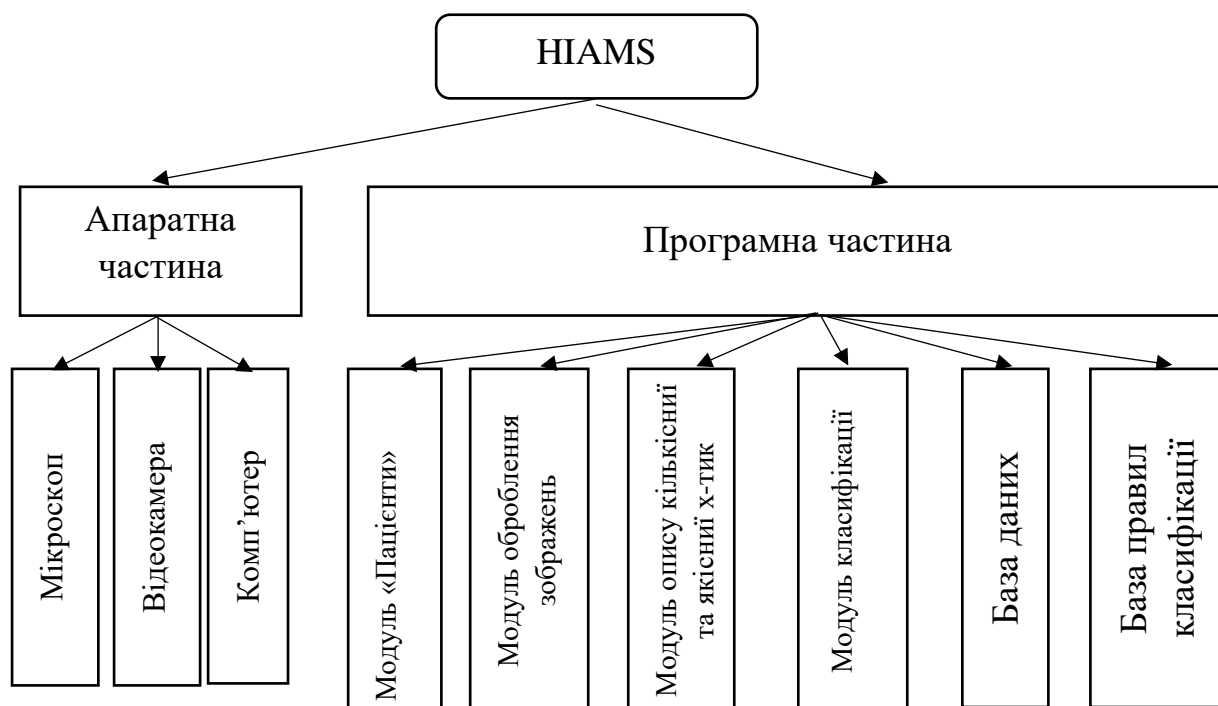


Рисунок 4.1 – Компоненти інтелектуальної САМ

Характеристику мікроскопа Bresser Erudit ICD 20x-40x наведено у таблиці 4.1.

Таблиця 4.1

Характеристика мікроскопа Bresser Erudit ICD 20x-40x

Параметр	Опис
тип мікроскопа	світловий / оптичний, біологічний
тип насадки	бінокулярна
матеріал оптики	оптичне скло
насадка	поворотна на 360 °
кут нахилу окулярної насадки	45 °
Збільшення, крат	20-40
Діаметр окулярної трубки, мм	23,2
окуляри	WF16x
об'єктиви	4x, 10x, 40xs (підпружинений)
підсвічування	світлодіодне

Відеокамера з'єднана з робочою станцією та передає цифрове зображення по каналах зв'язку для подальшого оброблення. Цифрові камери-окуляри для мікроскопів дозволяють робити фотознімки, записувати відео досліджуваних зразків і обробляти збережені зображення на комп'ютері. Така камера під'єднується до оптичного порту мікроскопа замість окуляра. Характеристики цифрової відеокамери Delta Optical DLT-Cam Basic 2MP наведено у таблиці 4.2.

Таблиця 4.2

Характеристики відеокамери Delta Optical DLT-Cam Basic 2MP

Параметр	Опис
Матриця	1/3 "CMOS, роздільна здатність - 2 MP
Максимальний розмір картинки	1600 * 1200 px

Динамічний діапазон	71дБ
Розрядність	12 біт
Вивід (інтерфейс)	USB 2.0 (480Мб/сек)
Посадковий діаметр	23.2мм

Програмний комплекс HIAMS складається із окремих модулів, призначених для забезпечення обміну повідомленнями між користувачами, авторизації, реєстрації, розподілу доступу до системи, оброблення зображень, класифікації, аналізу кількісних та якісних характеристик мікрооб'єктів, обліку пацієнтів, постановки та перегляду діагнозу, збору та аналізу статистики користувачів [154].

Характеристика розробленого програмного забезпечення:

- мова програмування: Java, PHP;
- база даних: mysql;
- бібліотека алгоритмів комп'ютерного зору: openCV;
- фреймворк для побудови графічного інтерфейсу: JavaFX, jfoenix;
- операційна система: Windows, Unix.

За основу для проектування архітектури розробленої САМ взято шаблон проектування MVC [154]. Шаблон MVC передбачає поділ систем на три частини:

- модель даних;
- вид (інтерфейс користувача);
- модуль керування.

Використовується для відокремлення даних (моделі) від інтерфейсу користувача (вигляду) так, щоб зміни інтерфейсу користувача мінімально вплинули на роботу з даними, а зміни в моделі даних могли здійснюватися без змін інтерфейсу користувача.

Узагальнену структуру інтелектуальної САМ представлено на рисунку 4.2.

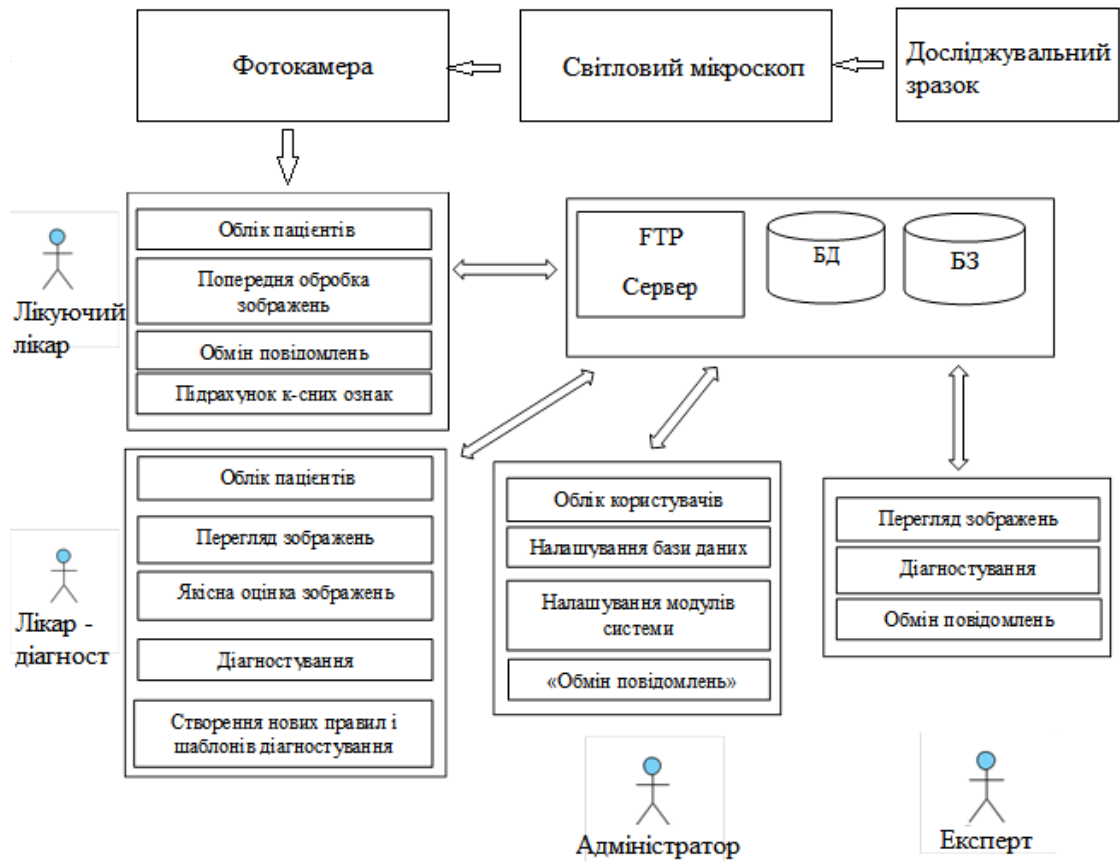


Рисунок 4.2 – Узагальнена структура інтелектуальної САМ

Діаграму пакетів наведено на рисунку 4.3. Пакет «Controllers» отримує сигнали у вигляді реакції на дії користувача і передає дані у модель. Методи класу «EditUserController»(рисунку 4.4), забезпечують редагування даних.

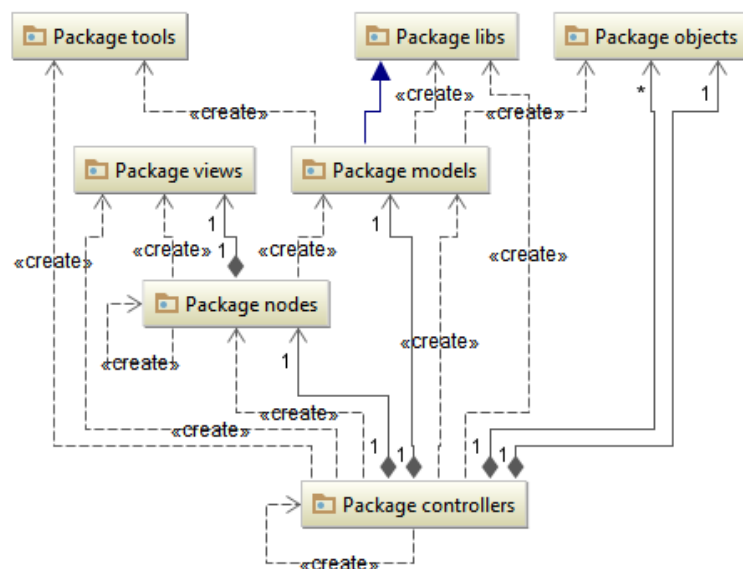


Рисунок 4.3 – Діаграма пакетів проекту

Поле «role_user» є «випадаючим» списком з якого адміністратор може вибрати роль користувача, наприклад, лікуючий лікар, лікар – діагност, експерт, адміністратор.

C EditUsersController	
f surname_of_user	TextField
f name_of_user	TextField
f fathurname_of_user	TextField
f role_user	ComboBox<Roles>
f login_of_user	TextField
f password_of_user	PasswordField
f auth_key_of_user	PasswordField
f editUsersModel	EditUsersModel
f users	Users
f listOfRoles	ObservableList<Roles>
m EditUsersController()	
m update()	void
m initialize()	void
m initialize(URL, ResourceBundle)	void

Рисунок 4.4 - Поля та методи класу «EditUserController»

Метод «EditUsersController () » є конструктором даного класу. Конструктор - це спеціальний метод, який викликається при створенні нового об'єкта. Не завжди зручно формувати всі змінні класу при створенні його екземпляру. Іноді простіше, щоб значення були б створені за замовчуванням при створенні об'єкта. Конструктор потрібен для автоматичної ініціалізації змінних. Метод «update () » призначений для оновлення інформації про користувача в БД. Поля та методи класу «EditUsersModel» наведено на рисунку 4.4. Методи даного класу безпосередньо взаємодіють з БД. «EditUsersModel ()» є конструктором класу. Метод «getRoleList ()» повертає список ролей користувачів системи. Контролер отримує цей список та передає у спеціальне поле вікна графічного інтерфейсу. Метод «addToDB ()» заносить нову інформацію про користувача у БД. За допомогою статичних методів інформація про зміну даних користувачів в системі записується в БД та виводиться у модулі «Статистика» для адміністратора.

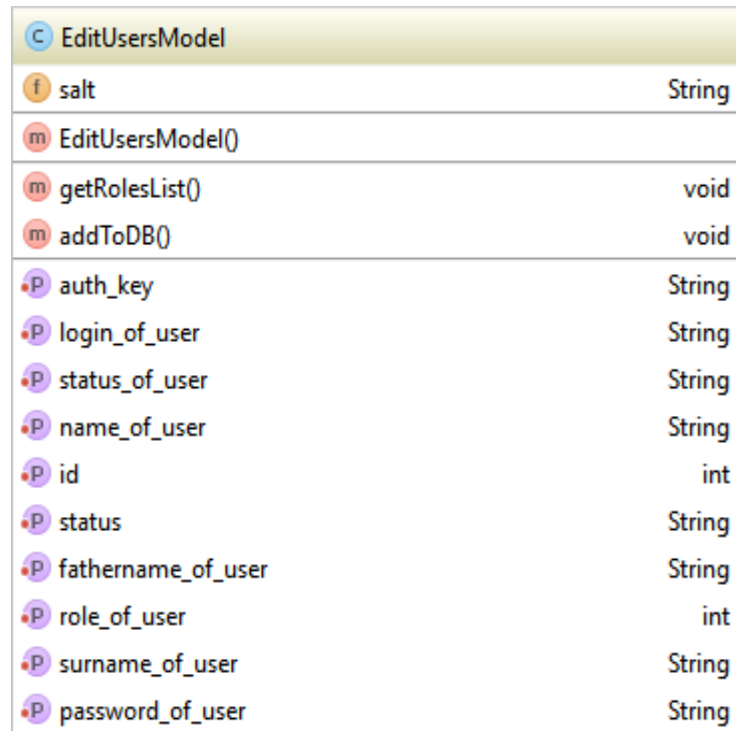


Рисунок 4.5 - Поля та методи класу «EditUsersModel»

Засоби для зручного та інтуїтивно зрозумілого виводу інформації на екран зберігаються у пакеті «views». UML діаграму вмісту пакету «views» для редагування інформації про користувачів наведено на рисунку 4.6.

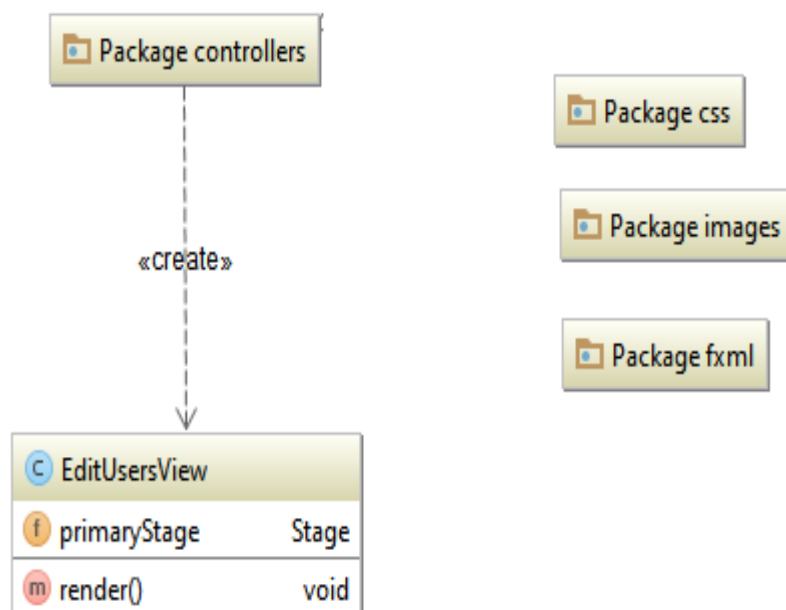


Рисунок 4.6 - UML – діаграма (редагування користувачів)

У контролері створюється об'єкт класу «EditUsersView», який у свою чергу завантажує fxml – файл, що вміщує графічні елементи та поля форми для вводу інформації.

У методі «render ()» викликається файл з розміткою «EditUsersView.fxml». У пакеті “css” зберігаються файли стилів, що відповідають за форму, колір, шрифт, розміщення елементів графічного інтерфейсу.

У пакеті «images» знаходять зображення, що виступають в ролі іконок для більшої наочності.

Для прикладу розглянемо клас «AdminController». Поля та методи класу «AdminController» наведено на рисунку 4.7. У правій частині наведено тип даних кожного поля даного контролера. Наприклад, поле «adminModel» має тип AdminModel та призначене для створення об'єкту класу AdminModel.

Поля з структурою даних «TableColumn<>» призначені для зберігання даних про користувачів системи.

Поля з типом даних «Button» призначені для оброблення подій, пов'язаних з натиском на певні кнопки. Наприклад, підтвердження пошуку, додавання користувачів тощо. Перелік функцій та їх призначення такий:

- search() – пошук записів про користувачів в базі даних;
- addUser() – додавання інформації про нового користувача;
- editUser() – редагування інформації про користувача;
- deleteUser() – видалення інформації про користувача;
- viewStatistics() – перегляд статистики, включаючи дії користувачів системи.

AdminController	
f adminModel	AdminModel
f usersData	ObservableList<Users>
f backupUsersData	ObservableList<Users>
f table	TableView<Users>
f surname_of_user	TableColumn<Users, String>
f name_of_user	TableColumn<Users, String>
f fathername_of_user	TableColumn<Users, String>
f id	TableColumn<Users, Integer>
f status_of_user	TableColumn<Users, String>
f login_of_user	TableColumn<Users, String>
f password_of_user	TableColumn<Users, String>
f addUser	Button
f editUser	Button
f removeUser	Button
f searchButton	Button
f close	Button
f search	TextField
f count	Label
f pagination	Pagination
f dataSize	int
f rowsPerPage	int
AdminController()	
m search()	void
m addUser()	void
m close()	void
m viewstatistics()	void
m editUser(ActionEvent)	void
m deleteUser()	void
m updateCount(int)	void
m initialize()	void
m createPage(int)	Node

Рисунок 4.7 – Поля та методи класу «AdminController»

Поля та методи, що належать класу «AuthController» наведено на рисунку 4.8.

AuthController	
f login	TextField
f password	PasswordField
f SignIn	Button
f authModel	AuthModel
m initialize()	void
m checkIt()	void
m SignIn()	void
•P dialogStage	Stage

Рисунок 4.8 – Поля та методи класу «AuthController»

4.2 Реляційна база даних інтелектуальної системи

Інформаційні системи різного масштабу активно впроваджуються в медичних та дослідницьких закладах. Зі збільшенням кількості, різновидів медичних досліджень та відповідно збільшенні обсягу даних виникає потреба у структуризації даних.

Сучасні інформаційні системи важко уявити без використання баз даних. У медичних системах бази даних використовуються для зберігання та оброблення інформації про пацієнтів, результати дослідження тощо. Наявність бази даних дозволяє проволити статистичний аналіз та формувати нові правила діагностування.

БД є ключовим елементом більшості інформаційних систем, в тому числі і спеціалізованих. Особливу увагу науковці приділяють особливостям проектування та роботі з БД в медицині [154].

Основним трендом останніх років є застосування алгоритмів кластеризації і класифікації даних в медицині, зокрема для діагностування ракових та передракових станів молочної залози. У розробленій системі для цілей класифікації і кластеризації використовуються кількісні характеристики ядер клітин (площа, периметр, окружність, кут нахилу, діаметр Ферета тощо).

В процесі діагностування беруть участь декілька типів користувачів, наприклад лікуючий лікар, лікар – діагност, експерт, адміністратор. Здебільшого ці лікарі не знаходяться в одному приміщенні, тому розробка системи, що дозволяє віддалено працювати декільком лікарям одночасно та незалежно від територіального розташування є актуальним завданням.

Віддалена база даних забезпечує можливість одночасної роботи великої кількості лікарів. Для підключення до бази даних необхідно вказати хост, пароль, порт. Дану інформацію користувачі отримують від адміністратора під час реєстрації.

Гістологічні та цитологічні зображення, отримані в результаті мікроскопічних досліджень характеризуються високою роздільною здатністю та

великим об'ємом даних. Для зберігання файлів в системі використовується ftp – сервер. Шлях до зображення шифрується алгоритмом md5. Також шифруються назви директорії з медичним номером пацієнта та директорія з назвою дослідження.

Відмовостійкість є невідомою частиною будь-якого програмного додатку, особливо медичного застосування. Наявність віддаленої бази даних значно підвищує продуктивність системи та полегшує взаємодію між користувачами. Однак, наявність технічної проблеми з сервером бази даних чи файловим сервером може унеможливити коректну роботу. Для підвищення відмовостійкості системи застосовують реплікацію даних.

Реплікація – одна з технік масштабування баз даних. Суть даного підходу полягає у тому, що дані постійно копіюються з одного сервера на інший. Структуру master-slave реплікації наведено на рисунку 4.7.

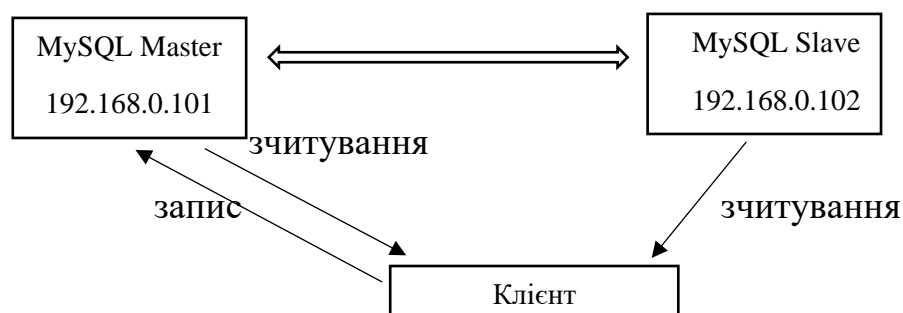
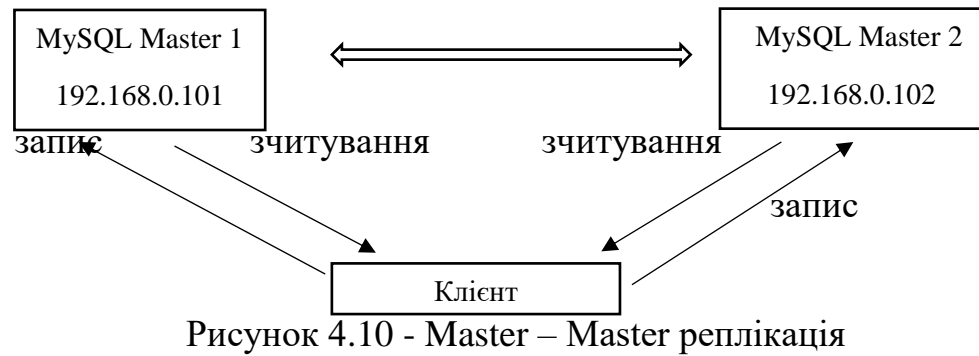


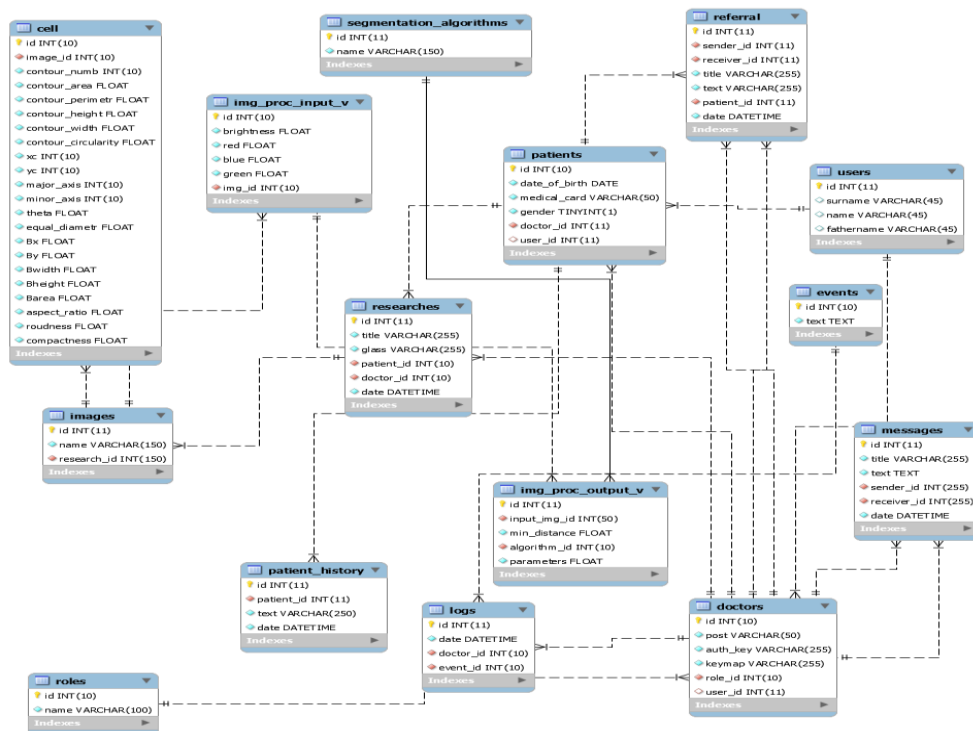
Рисунок 4.9 - Master-slave реплікація

У Master-slave реплікації існують декілька серверів для зчитування даних і один сервер для здійснення операцій редагування, додавання чи видалення записів. Master – Master реплікація здійснює розподіл навантаження між серверами бази даних. Master-slave реплікації забезпечує можливість зчитування та додавання, редагування та видалення інформації на серверах.

Структуру Master – Master реплікації наведено на рисунку 4.8.



Даталогічну модель розробленої бази даних наведено на рисунку 4.11.



Хост, паролі та порт для підключення до БД користувачі отримують під час реєстрації в системі [155].

У таблиці «Users» знаходяться поля для зберігання даних лікарів, медичний персонал, що працює із системою. Поле «role_id» є ідентифікатором ролі користувача, наприклад, лікуючий лікар, експерт, адміністратор. Структуру таблиці «Users» наведено у таблиці 4.3.

Таблиця 4.3

Структура таблиці «Doctors»

Поле	Тип даних	Пояснення
id	int(10)	ідентифікатор
surname	varchar (100)	Прізвище
name	varchar (100)	Ім'я
fathurname	varchar (100)	По-батькові
post	varchar (100)	посада
auth_key	varchar (100)	Ключ авторизації
role_id	int(10)	Ідентифікатор ролі користувача в системі
login	varchar (100)	Логін
password	varchar (100)	Пароль

Логін та пароль створюються лише за участю адміністратора. Функції реєстрації без відома адміністратора не передбачено. У таблиці передбачено поля для зберігання персональної інформації про користувачів та посаду, яку обіймає лікар. Поле «role_id» є ідентифікатором однієї з ролей в системі, наприклад значення «1» відповідає за лікуючого лікаря, «2» – лікаря –діагноста, «3» – експерта, «4» – адміністратора [155].

У таблиці «Patients» зберігається інформація про пацієнтів, що включає ПІБ пацієнта, дату народження, номер медичної картки, стать та ідентифікатор лікуючого лікаря. Інші лікарі також можуть переглядати інформацію про пацієнта, але за постановку кінцевого діагнозу відповідає лікуючий лікар. Лікар – діагност, експерт відправляють інформацію лікуючому лікарю.

Таблиця 4.4

Структура таблиці «Patients»

Поле	Тип даних	Пояснення
id	int(10)	ідентифікатор

Продовження таблиці 4.4

medical_card	varchar (100)	Номер медичної картки
gender	boolean	стать
doctor_id	varchar (100)	Ідентифікатор лікуючого лікаря для даного пацієнта
surname	varchar (100)	Прізвище
name	varchar (100)	Ім'я
fathename	varchar (100)	По-батькові
date_of_birth	date	Дата народження

Для постановки діагнозу потрібно врахувати усі попередні дослідження, скарги пацієнта, зауваження, пропозиції щодо лікування, тому зберігання історії хвороби в базі даних є критично важливою функцією. Історія хвороби пацієнта знаходиться в таблиці «Patient_history». У даній таблиці передбачено поля для зберігання інформацію про діагноз, дату постановки діагнозу та лікаря, що поставив діагноз .

Усі дії, пов'язані з додаванням чи редагуванням записів заносяться у базу даних з врахуванням особи, що змінила дані та часом. Усі направлення, зроблені лікарями зберігаються у таблиці «referral». Структуру таблиці БД «referral» наведено у таблиці 4.5.

Таблиця 4.5

Структура таблиці «referral»

Поле	Тип даних	Пояснення
id	int(10)	ідентифікатор
sender_id	int (10)	Ідентифікатор відправника
receiver_id	int (10)	Ідентифікатор отримувача
date	Datetime	Дата створення повідомлення
title	varchar (100)	Заголовок

Використання механізму електронних направлень дозволяє підвищити швидкість опрацювання даних, позбутись паперової роботи та підвищити надійність передачі інформації. Також такий підхід не потребує участі пацієнта в процесі передачі направлення від лікаря до лікаря. Ключовими є поля «sender_id» та «receiver_id», що відображають ідентифікатори відправника (наприклад лікуючого лікаря) та отримувача (наприклад лікаря-діагноста). Даний підхід дозволяє підвищити надійність передачі інформації та уникнути непорозумінь, пов'язаних із людським фактором.

Таблиця «researches» призначена для зберігання інформації про проведені дослідження та вміщує такі поля: назва дослідження, номер досліджуваного скла, ідентифікатор пацієнта з таблиці «Patients», ідентифікатор користувача з таблиці «Doctors». Для зручності роботи лікарів на екран виводить прізвище, ім'я, по-батькові пацієнтів. Вибірка відбувається з двох таблиць.

Приклад SQL запиту для додавання нового запису про дослідження:

```
INSERT INTO researches (name, num_glass, patient_id,
user_id) VALUES ("research6", "241764", 5, 9);
```

Опрацювання цитологічних і гістологічних зображень є ключовим етапом в розробленій системі. В процесі постановки діагнозу декілька лікарів можуть переглядати та обробляти зображення, тому досліджувані зображення зберігаються в базі даних та фізично на FTP сервері.

Після етапу попереднього оброблення та сегментації проводиться етап обчислення кількісних ознак мікрооб'єктів, які зберігаються в базі даних для подальшої класифікації. У таблиці «cell» зберігається інформація про площу, периметр, висоту, ширину, окружність контуру, координати центру, кут нахилу головної осі, ширину, висоту обмежуючого прямокутника, діаметр Ферета кожного ядра.

4.3 Безпека та розподіл ролей в системі автоматизованої мікроскопії

Телемедицина – це галузь медицини, яка використовує телекомунікаційні та електронні інформаційні (комп'ютерні) технології для надання медичної допомоги і послуг в сфері охорони здоров'я в точці необхідності. Засобом зв'язку між клієнтом і комп'ютерною системою медичного закладу є Інтернет [166]. Звідси впливають усі проблеми захисту інформації, що використовується в телемедицині, з точки зору інформаційної системи та мережі. Телемедицина поділяється на локальну та глобальну. Локальна телемедицина дозволяє працювати усім учасникам в локальній (Intranet) мережі. Звідси впливають основні загрози цілісності та стійкості інформації, що опрацьовується, а саме:

- несанкціонований доступ до паролей чи конфіденційної інформації,
- порушення прав доступу та політики безпеки працівниками,
- відмова апаратного чи програмного забезпечення.

В глобальній медичній консультативно-діагностичній системі в ролі клієнта виступають підсистеми консультативно-діагностичних пунктів чи центрів, а сервер виконує роль накопичувача та координаційно-технічного центру [5].

Найнебезпечнішими для глобального типу інформаційних систем є:

- несанкціонований доступ до паролей чи конфіденційної інформації,
- порушення прав доступу,
- атаки типу «відмова в обслуговуванні»,
- «пряма» атака,
- віруси,
- сучасні атаки по побічних каналах витоку інформації.

Застосування всіх відомих методів захисту даних інформаційної системи та мережі не гарантує збереження цілісності даних, тому розробка нових підходів залишається актуальною задачею [166].

З метою побудови стійкої телемедичної системи, яка відповідає усім вимогам, запропоновано такі складові політики безпеки.

1. Загальні вимоги до ОС та ПК:

- версія Windows 7/10 з метою шифруванні диску, де знаходиться база даних чи система вцілому;
- наявність антивірусної програми і антишпигунських програм;
- база даних повинна знаходитись на сервері, що є недоступним користувачам системи, крім адміністратора;
- системний блок сервера опломбовується для запобігання підключення додаткових апаратних засобів зчитування і передачі інформації.

2. Вимоги до адміністрування:

а) рівні доступу і відповідні їм права:

- адміністратор – доступ до системи, ПЗ, бази даних – має право надавати права і рівні доступу користувачам на певний час чи на постійно, вносити зміни в ПЗ чи базу даних, проводити аутентифікацію користувачів, проводити перевірку і зміну політики безпеки;

– лікуючий лікар – доступ до системи через власний інтерфейс, доступ до бази даних, доступ до інформації про пацієнта, доступ до засобів відео- та аудіозв'язку, передача даних по мережі (за допомогою електронного цифрового підпису (ЕЦП) чи записом в журналі телемедицини, згідно наказу МОЗ №681) – має право обирати лікаря-консультанта, здійснювати аудіо- та відеозв'язок, вносити зміни в базу даних, передавати зашифровані дані про пацієнта, підтверджуючи їх за допомогою ЕЦП чи записом в журналі телемедицини, згідно наказу МОЗ №681;

– лікар-консультант – доступ до системи через свій інтерфейс, доступ до засобів відео- та аудіозв'язку, передача даних по мережі – має право доступу до даних, що передає лікуючий лікар, здійснювати запит про додаткову інформацію про пацієнта (крім прізвища та ім'я пацієнта), ставити діагноз та передавати його

лікуючому лікареві, підтверджуючи його своїм ЕЦП записом в журналі телемедицини, згідно наказу МОЗ №681;

– лаборант – доступ до системи через власний інтерфейс, внесення даних в базу даних з підтвердженням своєї особи (через ідентифікацію чи ЕЦП), передача та отримання повідомлень від лікуючого лікаря.

b) Проведення аутентифікації лікарів-консультантів [156]:

– для підтвердження особи лікаря-консультанта адміністратор може вимагати документи, які підтверджують кваліфікацію лікаря, а також час від часу здійснювати, крім ідентифікації та аутентифікацію;

– при здійсненні доступу користувачів до системи повинна здійснюватись їх ідентифікація.

3. Захист бази даних:

– гістологічні зображення зберігаються під зашифрованими номерами, відповідно до особи пацієнта, в незміненому стані;

– вся інформація про пацієнта зберігається в зашифрованому вигляді;

– доступ до бази даних здійснюється через ідентифікацію, відповідно до прав доступу.

4. Передача даних по мережі:

– ідентифікація лікуючого лікаря та лікаря-консультанта перед здійсненням консультації та передачі даних;

– гістологічні зображення передаються по мережі або записуються на віртуальний диск в незміненому вигляді без вказання прізвища та імені пацієнта;

– необхідна додаткова інформація передається в зашифрованому вигляді за допомогою симетричного чи асиметричного крипто алгоритму;

Враховуючи усі вказані вимоги можна розробити телемедичну систему, яка буде працездатною та стійкою до атак.

У процесі опрацювання гістологічних та цитологічних зображень та постановки діагнозу бере участь різна кількість лікарів. Тому, налагодження комунікації та взаємодії між ними є складним та важливим завданням [158].

Більшість з існуючих САМ не володіють спеціалізованим графічним інтерфейсом користувача для лікуючого лікаря, лікаря-консультанта, лаборанта чи експерта. До того ж, процес обміну інформацією між користувачами (лікарями) є непрактичним, а у деяких САМ взагалі відсутній [157].

Користувачів САМ та їх функції наведено у таблиці 4.7.

Таблиця 4.7

Функції користувачів САМ

Лікуючий лікар	Лікар - діагност	Експерт	Адміністратор
<ul style="list-style-type: none"> - Перегляд та додавання інформації про нових пацієнтів; - Додавання результатів дослідження - Обмін інформацією між користувачами ; - Опрацювання зображень (попереднє оброблення, сегментація); - Формування ознак мікрооб'єктів; 	<ul style="list-style-type: none"> - Конфіденційний перегляд, додавання інформації про пацієнта та досліди; - Перегляд зображень дослідження; - Формування файлу з кількісними ознаками мікрооб'єктів; - Опис якісних характеристик зображення; - Класифікація зображень 	<ul style="list-style-type: none"> - Обмін повідомленнями з іншими лікарями; - Перегляд інформації про дослід пацієнта; - Формування звіту по дослідженню; - Консультування лікарів. 	<ul style="list-style-type: none"> - Додавання, редагування, видалення інформації про користувачів (лікарів); - Перегляд та аналіз статистики; - Контроль доступу користувачів до системи; - Формування звітів.

Лікуючий лікар відіграє ключову роль в системі автоматизованої мікроскопії. До його обов'язків входить:

- 1) перегляд та аналіз отриманих в результаті дослідів зображень;

2) попереднє оброблення зображень: покращення якості, фільтрація, виділення області інтересу (ROI), застосування морфологічних операцій, налаштування параметрів сегментації, контурний аналіз, обчислення кількісних характеристик ядер клітини;

3) постановка попереднього діагнозу;

4) збереження записів про дослід в БД;

5) обмін повідомленнями з іншими користувачами. Наприклад, лікуючий лікар може проконсультуватись з експертом щодо кожного окремого діагнозу [5].

Лікуючий лікар, використовуючи власний обліковий запис, авторизується в системі. Система підключається до віддаленої бази даних та FTP – сервера. Більшість часу лікуючий лікар працює з інформацією про власних пацієнтів, модулем обміну повідомленнями та з модулем опрацювання цитологічних та гістологічних зображень.

Лікар – консультант володіє такими функціями:

1) перегляд обмеженої інформації про пацієнтів у зашифрованому вигляді;

2) перегляд зображень, що відносяться до обраного досліді;

3) якісна оцінка зображень за певним шаблоном;

4) постановка діагнозу та інформування лікуючого лікаря;

5) побудова нових правил і шаблонів діагностування.

Експерт здійснює консультацію лікуючих лікарів та лікарів – діагностів. Особливістю його роботи є те, що він може знаходитись поза межами установи. Тому наявність механізму роботи з віддаленою базою даних та FTP – сервером спрощує процес діагностування та за рахунок думки експерта підвищує їх точність.

Діаграму послідовності дій для лікуючого лікаря при роботі з розробленою САМ наведено на рисунку 4.12.

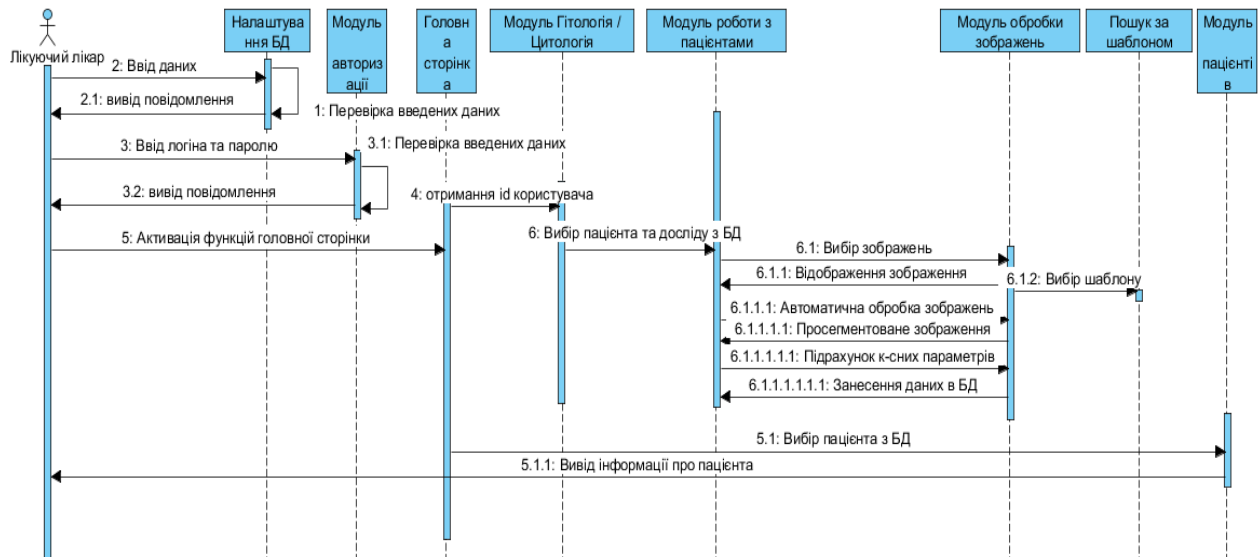


Рисунок 4.12 – Діаграма послідовності «Лікуючий лікар»

Після запуску програми користувач вказує дані для підключення до бази даних та FTP – сервера. У разі успішного підключення активується блок авторизації в системі. Користувач вводить свій логін і пароль і після перевірки активується головне вікно програми. Якщо користувача ідентифіковано, САМ активує доступні для даного користувача модулі. Лікуючий лікар працює з модулем «Пацієнти». У модулі «Пацієнти» зберігається інформація про пацієнтів та результати досліджень. Модуль «Гістологія» або «Цитологія» володіє набором інструментів для опрацювання зображень, що включає в себе алгоритми низького, середнього та високого рівня комп'ютерного зору. Результати кількісної оцінки ядер клітин зберігаються у базі даних.

Лікар – діагност здійснює постановку діагнозу, базуючись на результатах дослідження лікуючого лікаря. В процесі роботи лікар-діагност має доступ до таких модулів:

- 1) аналіз результатів досліджень;
- 2) класифікація зображень;
- 3) кількісна та якісна оцінка мікрооб'єктів;
- 4) робота з іншими учасниками САМ;
- 5) формування шаблонів оцінки зображень;

б) постановка діагнозу.

Діаграму послідовності дій для лікаря – діагноста наведено на рисунку 4.13.

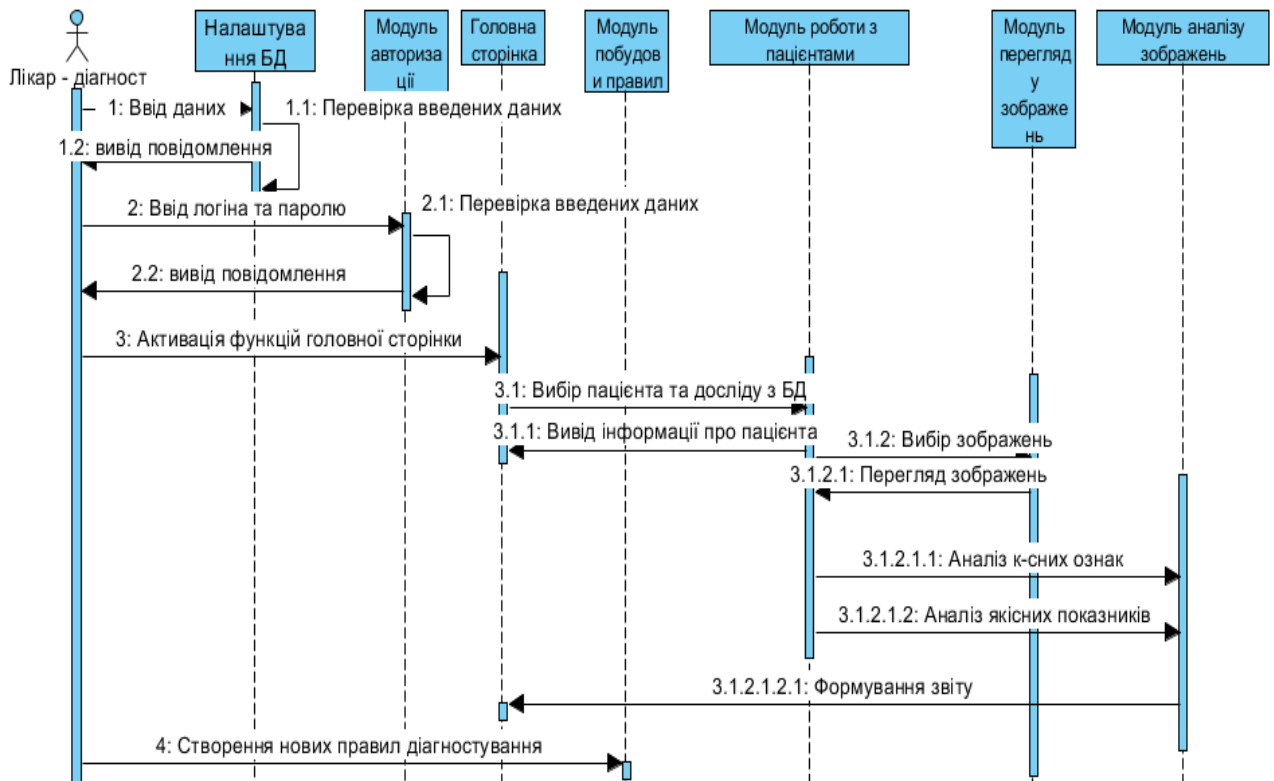


Рисунок 4.13 – Діаграма послідовності «Лікар - діагност»

Завданням експерта у системі автоматизованої мікроскопії є надання консультацій для лікарів – діагностів. Діаграму послідовності для експерта наведено на рисунку 4.14.

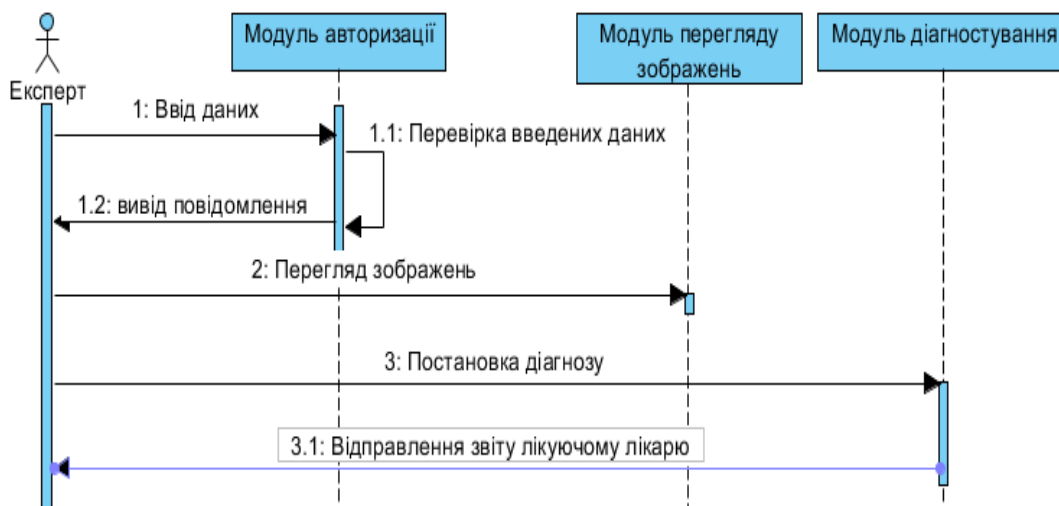


Рисунок 4.14 – Діаграма послідовності «Експерт»

4.4 Тестування інтелектуальної системи

4.4.1 Базові модулі інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії

Графічний інтерфейс головного вікна інтелектуальної САМ «HIAMS» наведено на рисунку 4.15. Висувна панель вміщує графічні елементи для налаштування доступу до бази даних mySql і FTP – сервера для зберігання зображень для кожного дослідження [158].

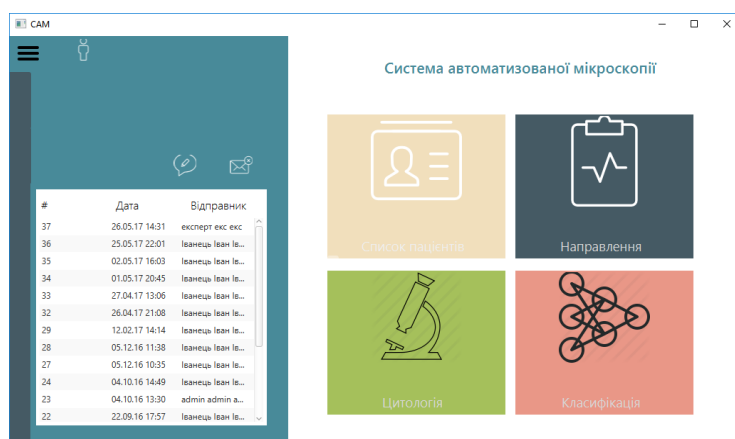
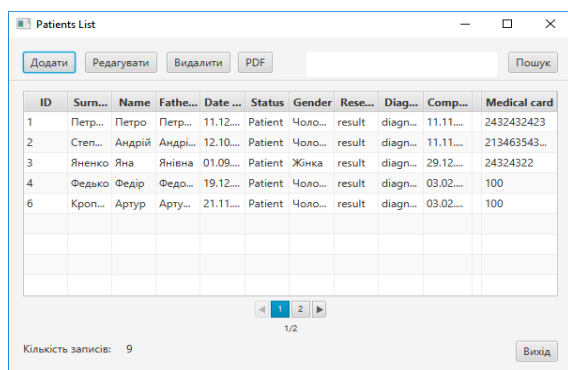
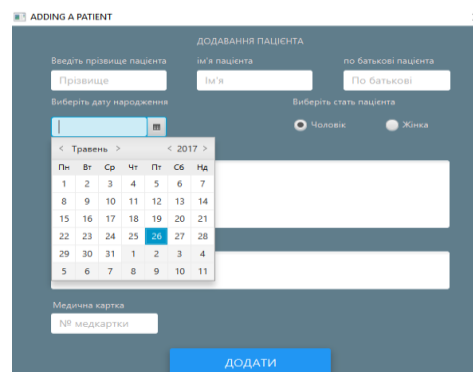


Рисунок 4.15 – Головне вікно розробленої САМ

Приклад вікна для перегляду пацієнтів наведено на рисунку 4.16 (а). На рисунку 4.16 (б) наведено графічний інтерфейс вікна для додавання нового пацієнта. Модуль «Перегляд пацієнта» дозволяє здійснювати сортування досліджень за датою, постановку діагнозу, перегляду результатів досліджень, перегляду персональної інформації.



а)



б)

Рисунок 4.16 – Модуль «Пацієнти»

Основною перевагою розробленої системи є простота інтерфейсу, а саме – лікарям не потрібно розуміти усі нюанси роботи FTP сервера, зображення автоматично завантажені на комп'ютер з яким працює лікар після вибору пацієнта та досліді [154]. Для забезпечення конфіденційності інформації директорії із зображеннями шифруються. Приклад графічного інтерфейсу вікна для опрацювання зображень наведено на рисунку 4.17.

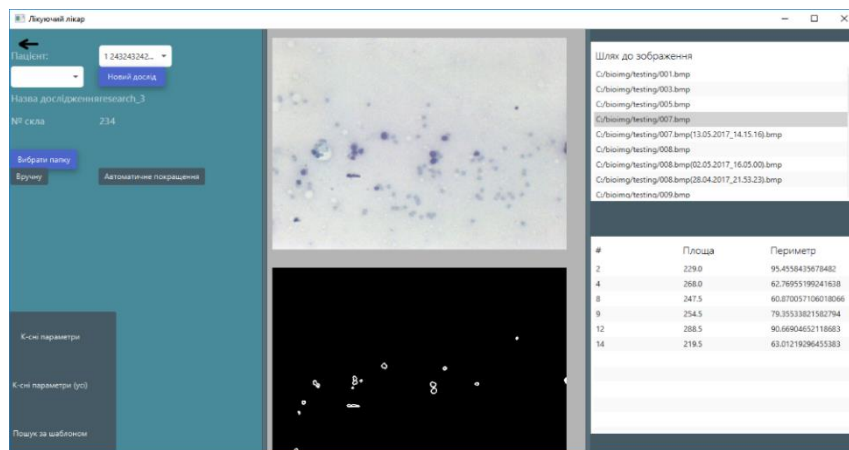
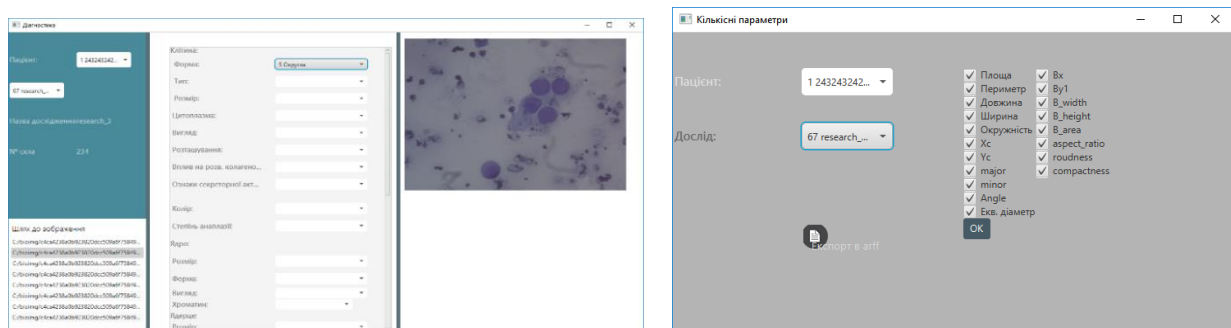


Рисунок 4.17 – Модуль опрацювання зображень

Основними критеріями оцінки цитологічних та гістологічних зображень є кількісні та якісні оцінки. Таблиця «cell» вміщує поля для зберігання характеристик зображення. Поле «image_id» зберігає ідентифікатор кожного досліджуваного зображення. Графічний інтерфейс для опису кількісних та якісних характеристик наведено на рисунку 4.18.



а) якісні характеристики

б) кількісні характеристики

Рисунок 4.18 – Опис кількісних та якісних характеристик зображення

Адміністратор САМ займається обліком користувачів даної системи, реєстрацією, зміною паролів (основного та додаткового), переглядом статистики активності користувачів, пошуком інформації, формуванням звітів. Графічний інтерфейс вікна модулю адміністрування розробленої САМ наведено на рисунку 4.19.

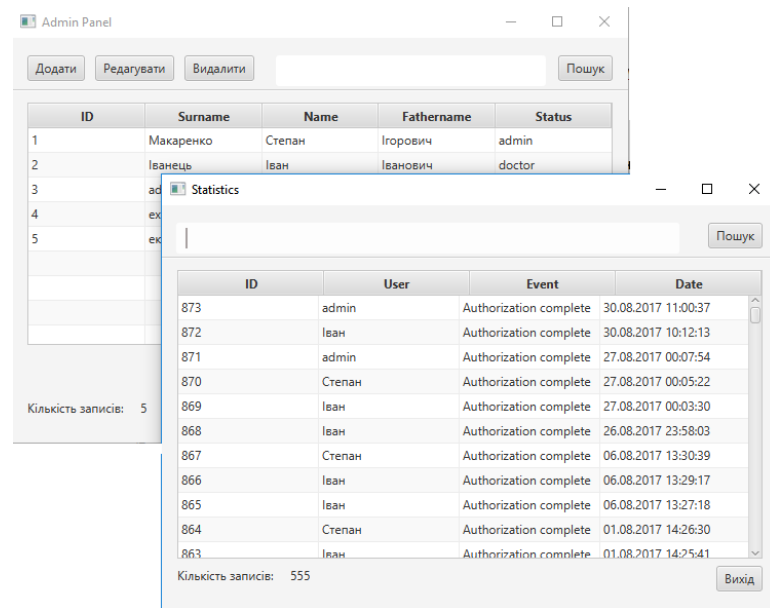


Рисунок 4.19 - Графічний інтерфейс вікна модулю адміністрування

Лікарі не володіють інформацією про особливості застосування алгоритмів класифікації чи алгоритмів комп'ютерного зору, тому потрібно розробити зручний графічний інтерфейс для модуля класифікації зображень [159]. Вікно модуля класифікації зображень з використанням ЗНМ наведено на рисунку 4.20.

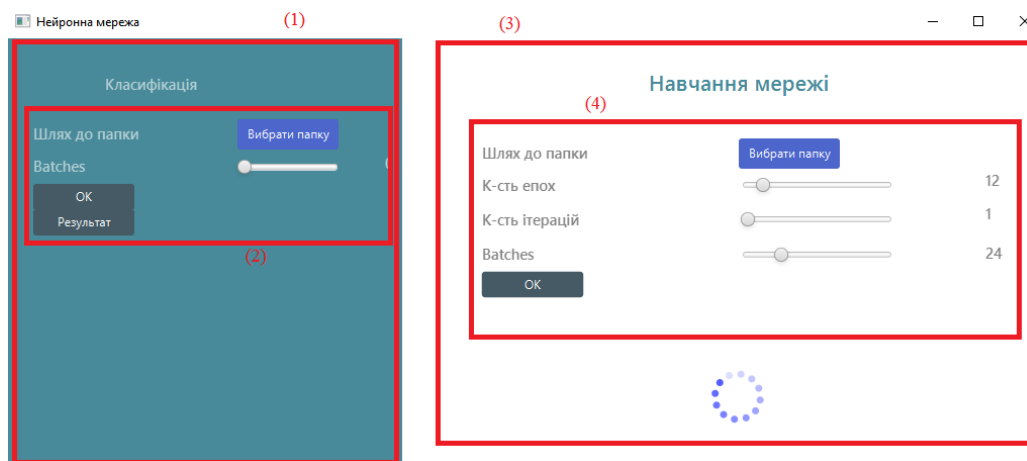


Рисунок 4.20 – Графічний інтерфейс вікна модуля класифікації зображень

(1)– Блок тестування ЗНМ. Користувачу потрібно вибрати директорію із тестовою вибіркою та вказати розмір batches за допомогою повзунка. Після опрацювання користувачу відображаються результати класифікації як показано на рисунку 4.21.

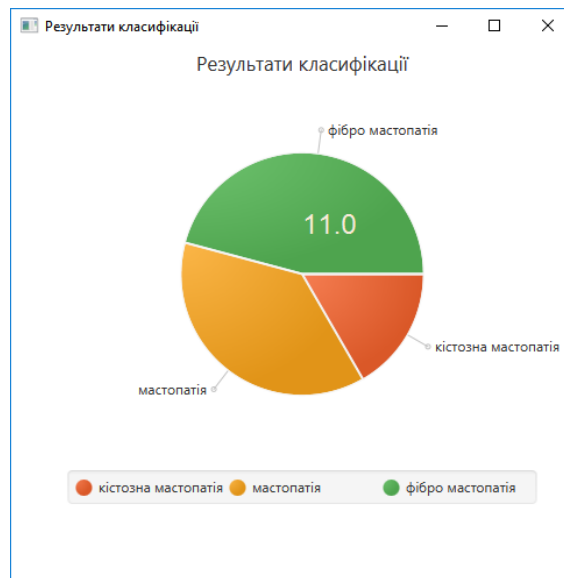


Рисунок 4.21 – Вікно результату класифікації

(2) - Блок налаштування параметрів ЗНМ.

(3)– Блок навчання ЗНМ. Користувачу потрібно вибрати директорію з маркованими зображеннями.

(4) - Блок налаштування параметрів навчання ЗНМ. Окрім вибору директорії із навчальною вибіркою, користувач за допомогою повзунка вказує кількість епох, кількість ітерацій та розмір batches.

4.4.2 Порівняння систем автоматизованої мікроскопії із гібридною інтелектуальною системою.

До найбільш розповсюджених на ринку систем автоматизованої мікроскопії (САМ) відносять такі: МЕКОС-Ц2, TissueFAXS, AnalySIS Five, BioVision, ВидеоТест Морфо 5.2, BioImageXD, Ariol, ImageJ, analySIS FIVE, Motic Images Advanced 3.2, ДиаМорф, Motic ВидеоТест Морфо 5.2, Cell D.

Продовження таблиці 4.6

Логування дій користувачів	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
Захист інформації										
Авторизація користувачів	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+
Додаткова автентифікація										
Захист від SQL – ін'єкцій	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
Забезпечення конфіденційності інформації пацієнтів	-	-	+	-	+	-	-	-	+	+
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
Пошук елемента за шаблоном	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+
Облік пацієнтів	-	-	-	-	-/+	-	-	+	-/+	+

В результаті порівняльного аналізу систем автоматизованої мікроскопії можна зробити висновок, що розроблена САМ задовольняє усі вимоги до ПЗ та може успішно використовуватись у сучасних телемедичних системах. До ключових переваг можна віднести наявність засобів класифікації зображень, модуль обліку пацієнтів та наявність адаптивних графічних інтерфейсів для різних типів користувачів. Також, на відміну від систем ДиаМорф, QCapture PRO, AMS – Diagnosis передбачено механізми захисту від атак на базу даних. На відміну від систем ImageJ, ImagePro Plus, BioImage XD передбачено модуль пошуку елементів на зображенні за шаблоном.

4.5 Апробація результатів дисертаційного дослідження

Для перевірки достовірності розроблених методів були проведені експериментальні дослідження на прикладі цитологічних і гістологічних зображень з бази даних «ВРСІ2100».

Для тестування розробленого методу кількісної оцінки якості сегментації було підібрано 300 зображень, оброблених алгоритмами сегментації. Порівняльний аналіз метрик для знаходження мінімальної відстані між отриманими та еталонними (обробленими експертом) зображеннями наведено у таблиці 4.7.

Таблиця 4.7

Порівняльний аналіз метрик

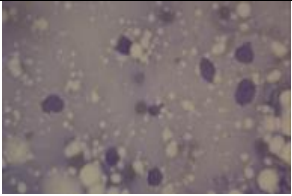
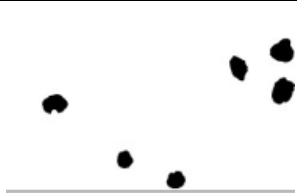

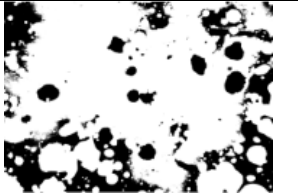
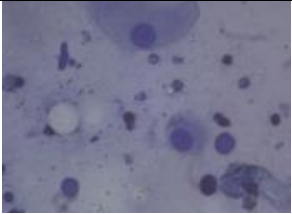
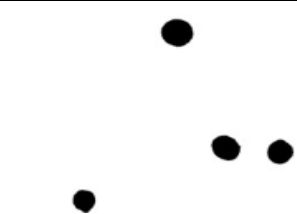
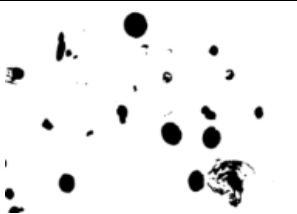

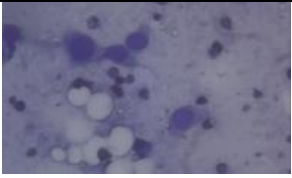
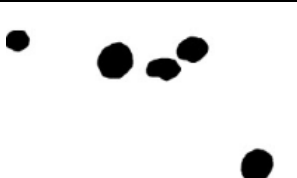


Зображення 1	Зображення 2	Середнє значення (Метрика Хаусдорфа + Метрика Фреше)	Середнє значення (Метрика Громова - Хаусдорфа + Метрика Громова - Фреше)
		123.89	119.43
		211.24	171.3
		177.81	160.25
		197.13	180.01
		92.64	66.37

Враховуючи дані, наведені вище, можна зробити висновок, що комбінація метрик Громова – Хаусдорфа та Громова – Фреше з використанням ізометричних перетворень над полігонами показали кращий результат у порівнянні з існуючими підходами.

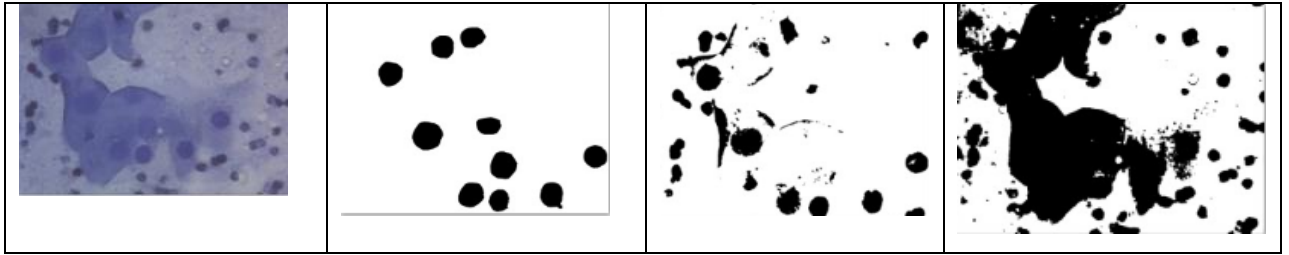
Для порівняння результатів роботи розроблених методів адаптивного опрацювання зображень на етапах попереднього оброблення та сегментації було проведено експерименти із вибіркою зображень обсягом близько 300 екземплярів. Аналогом виступив метод автоматичної сегментації однієї з найпоширеніших систем аналізу біомедичних зображень ImageJ. Результати порівняльного аналізу наведено у таблиці 4.8.

Таблиця 4.8

Порівняльний аналіз методів автоматичної сегментації

Оригінальне зображення	Оброблене експертом	Розроблений метод	ImageJ
			
			
			

Продовження таблиці 4.8



Для оцінки ефективності методів автоматичної сегментації введемо критерій *ISE* (Image Segmantation Efficiency), що визначається як відношення кількості правильно класифікованих ядер клітин (*PCC*) до загальної кількості клітин (*TCN*) і визначається наступною формулою:

$$ISE = \frac{PCC}{TCN} * 100.$$

Результати проведених експериментів наведено на рисунку 4.9.

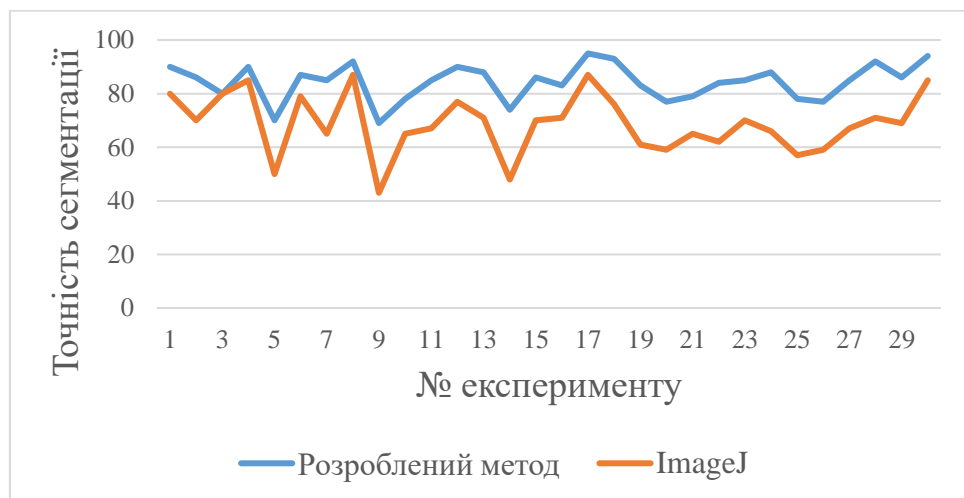


Рисунок 4.9 – Результати порівняння методів автоматичної сегментації

Як видно з вищенаведеного рисунку розроблений метод автоматичної сегментації, що включає в себе етап адаптивного попереднього оброблення показав кращі результати у порівнянні з системою ImageJ в середньому на 16%.

У таблиці 4.10 наведено результати навчання (у вибірках використовувалися зображення розміром 200x150 пікселів) ЗНМ.

Таблиця 4.10

Порівняльний аналіз результатів навчання ЗНМ
(Ц – цитологічні зображення, Г – гістологічні зображення)

Тип	К-сть зображень	К-сть класів	К-сть епох	Відношення навч. даних до тестових	Ф-ція активації	Норма навчання	Час навчання (GPU), хв	Час навчання (CPU), хв	F1 Score, %
Ц	86	4	50	0.7	ReLU	0.01	20	80	75
	86	4	60	0.8	ReLU	0.01	23	87	85
	86	4	50	0.7	sigmoid	0.01	21	84	40
	86	4	60	0.8	LReLU	0.01	30	114	78
	86	4	55	0.7	ReLU	0.01	25	98	90
	86	4	50	0.8	ReLU	0.01	15	64	93
Г	92	2	60	0.8	ReLU	0.01	11	55	100
	92	2	50	0.6	ReLU	0.01	10	49	72
	92	2	60	0.8	SeLU	0.01	13	59	100
	92	2	50	0.6	SeLU	0.01	5	30	80
	92	4	50	0.8	ReLU	0.01	20	80	90

Як видно з таблиці 4.11, графічний процесор дає прискорення приблизно в чотири рази.

Порівняльний аналіз класифікаторів наведено на рисунку 4.23.

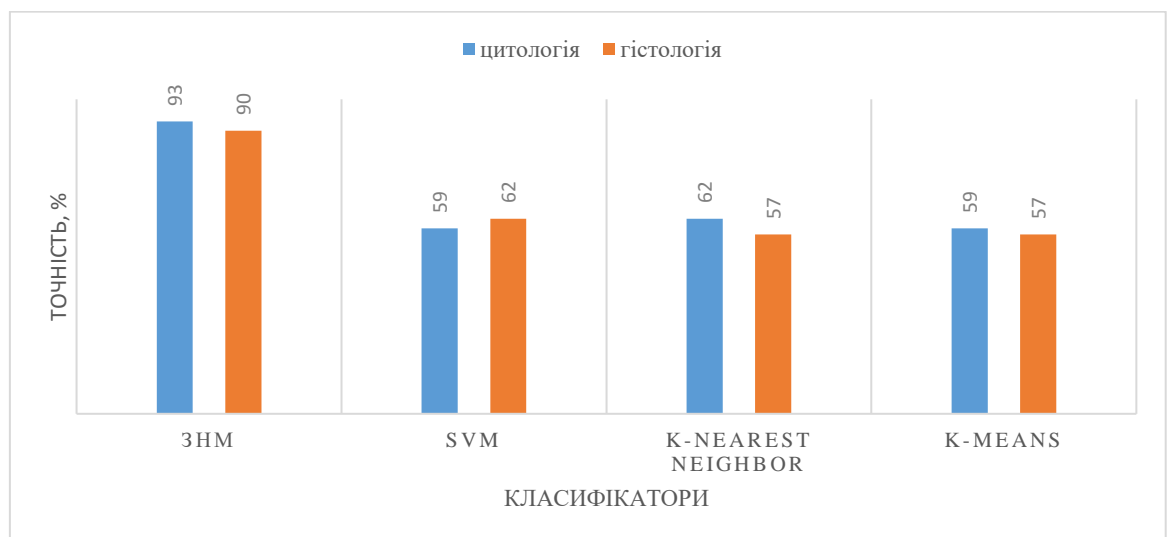


Рисунок 4.23 - Порівняльний аналіз класифікації цитологічних зображень

Як видно з рисунку 4.23 згорткові нейронні мережі показали найкращі результати у порівнянні з алгоритмами k-nearest neighbors, k-means, SVM. До того ж ЗНМ не вимагають значного опрацювання зображень, виділення мікрооб'єктів та підрахунку кількісних характеристик мікрооб'єктів. Однак, даний тип нейронних мереж потребує наявності значних обчислювальних ресурсів.

4.6 Висновки до розділу 4

1. Розроблено загальну структуру гібридної інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії для опрацювання гістологічних та цитологічних зображень.
2. Проведено порівняльний аналіз із існуючими аналогами, що дозволило зробити висновок, що розроблена система HIAMS володіє рядом функцій для підвищення зручності роботи лікарів. До основних переваг розробленої системи можна віднести: наявність адаптивних графічних інтерфейсів для різних типів користувачів, модуль класифікації зображень на основі ЗНМ та сучасних алгоритмів, модуль обліку пацієнтів, модуль аналізу кількісних та якісних характеристик цитологічних та гістологічних зображень.
3. Розроблена програмна система на відміну від існуючих (ДиаМорф, QCapture PRO, AMS – Diagnosis, ImageJ, ImagePro Plus, BioImage XD) дозволяю проводити одночасну роботу декількох лікарів незалежно від місця розташування.

ВИСНОВКИ

У дисертаційній роботі на основі отриманих теоретичних та експериментальних досліджень розв'язано актуальну наукову задачу побудови методів кількісної оцінки якості сегментації та класифікації біомедичних зображень, які на відміну від існуючих зменшують похибки сегментації та збільшують точність класифікації зображень в системах автоматизованої мікроскопії.

При цьому отримано такі результати:

1. Проведено аналіз існуючих методів, алгоритмів та засобів опрацювання зображень, проаналізовано біомедичні зображення, виділено їх переваги і недоліки та сформульовано мету та завдання дослідження.

2. Вперше розроблено метричний метод кількісної оцінки якості сегментації, що базується на використанні метрик Громова – Хаусдорфа та Громова – Фреше. Метод базується на основі алгоритмів перетворення не опуклих полігонів у опуклі, алгоритму зважених хорд і дозволяє знаходити найменші відстані між контурами та областями зображень, який підвищує точність оцінки результатів сегментації на 12%.

3. Вперше розроблено метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації на основі використання метрик Громова-Фреше, Громова-Хаусдорфа, бази знань, що дало можливість автоматично вибирати алгоритми сегментації та їх параметрів.

4. Удосконалено метод адаптивного оброблення зображень, що базується на алгоритмах фільтрації, правил гістограмного вирівнювання і забезпечує підвищення якості гістологічних і цитологічних зображень на 16% .

5. Отримав подальший розвиток нейромережевий метод класифікації гістологічних і цитологічних зображень, на основі комбінації згорткових та субдискретизуючих шарів та їх вхідних параметрів, що дозволило підвищити

точність класифікації порівняно із існуючими класифікаторами (SVM, k-means) в середньому на 20 %;

6. Розроблено узагальнену структуру і компоненти інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії для опрацювання гістологічних та цитологічних зображень, яка на відміну від існуючих аналогів, володіє адаптивним графічним інтерфейсом, віддаленою базою даних, базою знань алгоритмів попереднього оброблення, сегментації і класифікації зображень та є багатокористувацькою програмною системою.

7. На основі оцифрованих гістологічних та цитологічних зображень розроблено базу даних передракових і ракових станів молочної залози, що дало змогу сформувати навчальну та контрольну вибірки для згорткових нейронних мереж.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Візуалізація медико-біологічних даних. Обробка й аналіз медичних зображень «Медична інформатика» / упор. Рисована Л.М., Радзішевська Є.Б. – Харків : ХНМУ, 2016. – 23 с.
2. Королук И.П. Медицинская информатика : Учебник / И.П. Королук. – 2 изд., перераб. и доп. – Самара : ООО «Офорт»: ГБОУ ВПО «СамГМУ». 2012. – 244 с.
3. Березький О.М. Методи, алгоритми та програмні засоби опрацювання біомедичних зображень: монографія / [О.М. Березький, Ю.М. Батько, К.М, Березька, С.О. Вербовий, Т.В. Дацко, Л.О. Дубчак, І.В. Ігнатєв, Г.М. Мельник, В.Д. Николук, О.Й. Піцун]; під наук. ред. Березький О.М., Тернопіль . ТНЕУ «Економічна думка», 2017. - 330 с.
4. Кузнецова Л.А. Анализ проблематики использования изображений в цифровом формате в медицинской практике / Л.А. Кузнецова, М.А. Мельник, К.А. Катилова // Системи обробки інформації. 2016. – № 4. – 169-171 с.
5. Дороничева А.В. Методы Распознавания Медицинских Изображений Для Задач Компьютерной Автоматизированной Диагностики / А.В. Дороничева, С.З. Савин // Современные проблемы науки и образования. – 2014. – № 4. – 10 – 18 с.
6. Яровий А.А. Проектування системи цифрової корекції та підвищення якості растрових зображень у сфері рентгенографії / Яровий А.А., Арсенюк І.Р., Пасічник Д.Г. // Інформаційні технології та комп'ютерна інженерія. – 2017. – №1(38). – С. 72-77
7. Яровий А.А. Аналіз методів і моделей цифрової корекції та підвищення якості растрових зображень у сфері рентгенографії / А.А. Яровий, Д.Г. Пасічник // Вимірювальна та обчислювальна техніка в технологічних процесах. – 2016. – №3(56). – С. 136-142.

8. Федьків С. В. Магнітно-резонансна томографія в кардіології: інформаційно-методичний посібник / С. В. Федьків ; під ред.: В. М. Коваленка, В. М. Корнацького. — К., 2013. — 60 с.
9. Рыбакова М.К. Практическое руководство по ультразвуковой диагностике, Эхокардиография / М.К. Рыбакова, М. Н. Алехин, В. В. Митьков //Издательский дом Видар, Москва, 2008, 512 с
10. George L. Иммуногистохимические методы: Руководство / Ed. by George L. Kumar, Lars Rudbeck.: ДАКО / Пер. с англ. под ред. Г.А.Франка и П.Г.Малькова. – М., 2011. – 224 с.
11. Барінов Е. Ф. Гістологія, цитологія та ембріологія. Кн.1: Цитологія і загальна ембріологія: навч. посіб. для студ. вищ. мед. навч. закл. IV рівня акредитації / Е. Ф. Барінов, Ю. Б. Чайковський . – К. : Медицина — 2010. — 216 с.
- 12.. Потапов А. А. Новейшие методы обработки изображений / А. А. Потапов, А. А. Пахомов, С. А.. Никитин.— М.: Физматлит, 2008. — 496 с.
13. Шапиро Л. Компьютерное зрение / Л. Шапиро, Дж. Стокман — М. : Бином. Лаборатория знаний, 2006. — 752 с.
14. Chitradevi B. An Overview on Image Processing Techniques / B. Chitradevi, P.Srimathi // International Journal of Innovative Research in Computer and Communication Engineering. – Vol. 2 (11). – 2014. – pp. 6466-6472
15. Піцун О. Й. Адаптивний метод попередньої обробки гістологічних та цитологічних зображень / О. Й. Піцун. // Вісник НУ «Львівська політехніка» Комп'ютерні науки та інформаційні технології. – 2017. – №864. – С. 111–119.
16. Jayashree Kalpathy-Cramer. Evaluating performance of biomedical image retrieval systems – an overview of the medical image retrieval task at ImageCLEF 2004–2013 / Alba García Seco de Herrera, Dina Demner-Fushman, Sameer Antani, Steven Bedrick, and Henning Müller // Comput Med Imaging Graph. – 2015. – pp. 55–61.
17. Aswathy M. A. Detection of breast cancer on digital histopathology images: Present status and future possibilities / M. A. Aswathy, M. Jagannath // Informatics in Medicine Unlocked. – 2017. – Vol. 8. – P. 74-79

18. Lyashenko V. Contour Detection and Allocation for Cytological Images Using Wavelet Analysis Methodology / V. Lyashenko, O. Kobylin, R. Matarneh, Y. P. Putyatin // International Journal of Advance Research in Computer Science and Management Studies. – 2016. – Vol. 4(1) . – P. 85-94.
19. James A.P., Medical Image Fusion: A survey of the state of the art / A.P. James, B. V. Dasarathy // Information Fusion. – 2014.
20. Waseem K. M. A Survey: Image Segmentation Techniques / K. M. Waseem // International Journal of Future Computer and Communication, Vol. 3, No. 2, April 2014. – P. 89 -93.
21. Бондіна Н.М. Порівняння алгоритмів фільтрації медичних зображень за оцінками їх якості / Н.М. Бондіна, О.С. Калмичков, О.А. Козіна // Вісник НТУ "ХПІ". Серія: Інформатика та моделювання. – Харків: НТУ "ХПІ". – 2013. – № 39 (1012). – С. 15 – 21.
22. Хрящев Д.А. Об одном методе анализа цифрового изображения с применением гистограмм / Д.А. Хрящев / - Вестник АГТУ. Сер.: Управление вычислительная техника и информатика – 2010 - №1 – С. 109-113.
23. Adatrao S. An analysis of different image preprocessing techniques for determining the centroids of circular marks using hough transform / S. Adatrao, M. Mittal // 2nd International Conference on Frontiers of Signal Processing (ICFSP). - 15-17 Oct. 2016. –pp. DOI: 10.1109/ICFSP.2016.7802966
24. Kaur P. Contour Detection of Gradient Images Using Morphological Operator and Transform Domain Filtering / P. Kaur, A. Gupta // 2015 IEEE International Conference on Computational Intelligence & Communication Technology – 2015. – P. 107-111.
25. Гонсалес Р. Цифровая обработка изображений / Р. Гонсалес, Р. Вудс // Техносфера. – 2012. – С. 1104
26. Gupta M. Image Denoising with Linear and Non-Linear Filters: A REVIEW / Mrs. Bhumika Gupta, Mr. Shailendra Singh Negi // IJCSI International Journal of Computer Science Issues. – Vol. 10(6). – 2013. – P. 149 - 153.

27. Tyapkin V.N. Spatial filtering algorithms in adaptive multi-beam hybrid reflector antennas / V. N. Tyapkin, I. N. Kartsan, D. D. Dmitriev, A. E. Goncharov // International Siberian Conference on Control and Communications (SIBCON) – Omsk, Russia. – 2015.
28. Gustavo C.-V. Advances in Hyperspectral Image Classification: Earth Monitoring with Statistical Learning Methods / C.-V. Gustavo, T. Devis, L. Bruzzone, J. Benediktsson // IEEE Signal Processing Magazine. – 2014. – V. 31(1). – P. 45 – 54 DOI: 10.1109/MSP.2013.2279179
29. Zhu Y. An Improved Median Filtering Algorithm for Image Noise Reduction / Youlian Zhu, Cheng Huang // Physics Procedia. – V. 25. – 2012. – P. 609 – 616
30. Reza A.M. Realization of the Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization (CLAHE) for Real-Time Image Enhancement / A.M. Reza // The Journal of VLSI Signal Processing-Systems for Signal, Image, and Video Technology (2004) Vol. 38(1). – P. 35–44.
31. Воробель Р.А. Моделі опрацювання зображення, які враховують умови його освітлення / Р. А. Воробель // Відбір і обробка інформації. - 2015. - №. 42. - С. 75-79
32. Zhanga Q. Biological weight selection of multi-scale retinex via artificial bee colony algorithm./ Q. Zhanga, H. Duana // Optik.2014. – Vol. 125. – P.1434- 1438
33. Chryahchev D.A. Ob odnom method analiza tayfrovogo izobrazhenia s pryumenuniem histogram / D.A. Chryahchev // Vestnyk AGTY.Ser.: Upravlenie vuchyslitel'naja tehnika I informatyka. – 2010. – Vol. 1.
34. Jang C.Y. A fast multi-scale retinex algorithm using dominant SSR in weights selection. / C.Y. Jang, J.H. Lim, Y.H. Kim // ISOC-2012. – P. 37-40.
35. Nakonechny A. Adaptive wavelet thresholding for image denoising using sure minimization and clustering of wavelet coefficients / A. Nakonechny, V. Fedak // Technical Transactions. Electrical Engineering, Wydawnictwo Polytechniki Krakowskiej vol. 2-E/2015, pp. 197-210.
36. Masood S. A Survey on Medical Image Segmentation / S. Masood, M. Sharif, A. Masood, M. Yasmin // Current Medical Imaging Reviews. – 2015. – Vol. 11. – P. 3-14.

37. Yeo S. Y. Segmentation of biomedical images using active contour model with robust image feature and shape prior / S. Y. Yeo, X. Xie, I. Sazanov, P. Nithiarasu // *International Journal for Numerical Methods in Biomedical Engineering*. – 2014. – Vol. 30 (2) – P. 232-248.
38. Divya S. Analysis of contour evolution methods for segmentation of medical images / S. Divya, K. B. Jayanthi // *2015 International Conference on Innovations in Information, Embedded and Communication Systems (ICIIECS)* – 2015. – P. 11-14.
39. Campadelli P. A segmentation framework for abdominal organs from CT scans / P. Campadelli, E. Casiraghi, S. Pratisoli // *Artificial Intelligence in Medicine*, Vol. 50(1), September 2010. – P. 3-11, ISSN 0933-3657
40. Машталир В. П. Сегментация изображений в больших базах данных с использованием плотности распределения информации / В. П. Машталир, С. И. Богучарский // *Електротехнічні та комп'ютерні системи*. - 2014. - № 14. - С. 119-123
41. Романенко І.О. Аналіз ефективності сучасних методів сегментації цифрових зображень / І.О. Романенко // *Системи обробки інформації*, 2016, № 3 (140) – С. 172-174
42. Ахметшин А.М. Нечеткая сегментация слабоконтрастных радиологических изображений / А.М. Ахметшин, Л.Г. Ахметшина // *Клиническая информатика и Телемедицина*, 2010. – № 7(6). – С. 37-42
43. Norouzi A. Medical Image Segmentation Methods, Algorithms, and Applications / *IETE Technical Review* . – 2014. – Vol. 31. – P. 199-213
44. Dhanachandra N. Image Segmentation Using K-means Clustering Algorithm and Subtractive Clustering Algorithm / N. Dhanachandra, K. Manglem, Y. J. Chanu // *Procedia Computer Science*. – 2015. – V. 54. – P. 764-771. doi.org/10.1016/j.procs.2015.06.090
45. Moftah H.M. Adaptive k-means clustering algorithm for MR breast image segmentation / H.M. Moftah, A. T. Azar, E. T. Al-Shammari, N. I. Ghali // *Neural*

- Computing and Applications, Springer London, June 2014, Vol. 24 (7), - P. 1917–1928
46. Küçükkülahlı E. Histogram-based automatic segmentation of images / E. Küçükkülahlı, P. Erdoğmuş, K. Polat // *Neural Computing and Applications* .- July 2016, Vol. 27(5), - P. 1445–1450
47. Sujatha P. Performance Analysis of Different Edge Detection Techniques for Image Segmentation / P. Sujatha, K. K. Sudha // *Indian Journal of Science and Technology*. – 2015. – Vol 8(14), DOI: 10.17485/ijst/2015/v8i14/72946
48. Prewitt J. M. S. Object enhancement and extraction / J. Prewitt, B. Lipkin, A. Rosenfeld // *Picture Processing and Psychopictorics*. - Eds. New York: Academic, 1970. – P. 75-149.
49. Faliu Yi Image segmentation: A survey of graph-cut methods / Faliu Yi, Inkyu Moon // *International Conference on Systems and Informatics (ICSAI2012) Yantai, China*. – 2012. – P. 1936-1941.
50. Schüffler P.J. Automatic single cell segmentation on highly multiplexed tissue images / Peter J. Schüffler, Denis Schapiro, Charlotte Giesen, Hao A. O. Wang, Bernd Bodenmiller, Joachim M. Buhmann // *Cytometry*. – Vol. 87(10). – 2015. – P. 936–942.
51. Lin Y. Active-contour-based segmentation of medical image series / Y. Lin, Jie Tian, Huiguang He, Xingfei Ge, Fuping Zhu // *Proceedings of SPIE* – Vol. 4615. – 2002. – P. 137- 147
52. Недзьведь А.М. 2D-сегментация изображений компьютерной томографии на основе комплексного анализа окрестности / А.М.Недзьведь, А.М.Белоцерковский, Р.С.Исмаил-Заде, А.П.Казакевич// *Таврический Вестник Информатики и Математики*. – №2 – С. 121
53. Jiang H. Liver Segmentation Based on Snakes Model and Improved GrowCut Algorithm in Abdominal CT Image / Huiyan Jiang, Baochun He, Zhiyuan Ma, Mao Zong, Xiangrong Zhou, and Hiroshi Fujita // *Computational and Mathematical Methods in Medicine*. – 2013

- 54.Сакович И.О. Обзор основных методов контурного анализа для выделения контуров движущихся объектов / И.О. Сакович, Ю.С. Белов // Инженерный журнал: наука и инновации .— 2014 .— №12. – С.8.
- 55.Chen S. Image segmentation with one shape prior – A template-based formulation / S. Chen, D. Cremers, R. J. Radke // Image and Vision Computing. – 2012. – Vol. 30, No. 12. – P. 1032-1042
- 56.Pratondo A. Integrating machine learning with region-based active contour models in medical image segmentation / A. Pratondo, C.-K. Chui, S.-H. Ong // Journal of Visual Communication and Image Representation. – 2017. – Vol. 43. – P. 9
- 57.Wang Z. Image quality assessment: From error visibility to structural similarity / Z. Wang, A. C. Bovik, H. R. Sheikh and E. P. Simoncelli // IEEE Transactions on Image Processing. – 2004. – Vol. 13(4). – P. 600—612.
- 58.Huber M. B. Texture feature ranking with relevance learning to classify interstitial lung disease patterns / Markus B. Huber, Kerstin Bunte, Mahesh B. Nagarajan, Michael Biehl // Artificial Intelligence in Medicine, Vol. 56(2), October 2012, P. 91-97, ISSN 0933-3657, <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2012.07.001>
- 59.Юдин Д.А. Применение метода экстремального обучения нейронной сети для класстфикации областей изображения / Д.А. Юдин, В.З. Магергут// Научные ведомостиБелГУ, Серия: Информатика. – 2013. - № 8(151). – С. 95-103.
- 60.Харалик Р.М. Статистический и структурный подходи к описанию текстур / Р.М. Харалик // ТИИЕР. – 1979. – №5. – С. 98-120.
- 61.Zhao B. A survey on deep learning-based fine-grained object classification and semantic segmentation / Bo Zhao, Jiashi Feng, Xiao Wu // International Journal of Automation and Computing – Vol. 14(2). – P. 119–135
- 62.Поспелов Д.А. Искусственный интеллект . – В 3-х кн. Кн. 2. Модели и И86 методы: Справочник / Под ред. Д. А. Поспелова – М.: Радио и связь, 1990. – 304 с.
- 63.Breiman L. Classification and Regression Trees / Leo Breiman, Jerome Friedman, Charles J. Stone, R.A. Olshen // Taylor & Francis. –1984. – С. 368.

64. Zadeh L. Fuzzy Sets / L. Zadeh // *Information and Control*. – 1965. — Vol.8. — P. 338—353.
65. Шлезингер М. Десять лекцій по статистическому и структурному распознаванию / М. Шлезингер, В. Главач. — К.: Наук. думка, 2004. — 535 с.
66. Глушков В.М. Энциклопедия кибернетики / В.М. Глушков, Н.М. Амосов, И.А. Артеменко // Том 2. – Киев. – 1974.
67. Пелешко Д.Д. Метод збільшення роздільної здатності зображень на основі штучних нейронних мереж / Д. Д. Пелешко, І. В. Ізонін, Р.О. Ткаченко, Д.А. Батюк // *Вісник Львівського державного університету безпеки життєдіяльності* – 2015. – №11. – С. 47-56
68. Patela V.L. The coming of age of artificial intelligence in medicine / Patela V.L., Shortliffeab E.H., Stefanellc M. // *Artificial Intelligence in Medicine*. – Vol. 46(1). – 2009. – P. 5-17
69. Інтелектуальні компоненти інтегрованих автоматизованих систем управління: монографія / М.О. Медиковський, Р.О. Ткаченко, І. Г. Цмоць, Ю.В. Цимбал, А.В. Дорошенко, О.В. Скорохода. – Львів : Видавництво Львівської політехніки, 2015. – 280 с.
70. Нейроподібні методи, алгоритми та структури обробки сигналів і зображень у реальному часі: монографія / Ю. М. Рашкевич, Р. О. Ткаченко, І. Г. Цмоць, Д. Д. Пелешко. Львів: Видавництво Львівської політехніки, 2014. 256 с.
71. Бодянський Є.В. Послідовне нечітке кластерування на основі нейро-фаззі підходу / Є.В. Бодянський, А. О. Дейнеко, Я. В. Куценко // *Радіоелектроніка, інформатика, управління*. - 2016. - № 3. - С. 30-38
72. Simonyan K. Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition / Karen Simonyan, Andrew Zisserman // *ICLR 2015 – May 7 - 9, 2015*
73. Abdelhafiz D. Survey on deep convolutional neural networks in mammography / Dina Abdelhafiz, Sheida Nabavi, Reda Ammar, Clifford Yang // *Conference: 2017 IEEE 7th International Conference on Computational Advances in Bio and Medical Sciences* At: Orlando, FL, USA.- 20 November 2017 DOI10.1109/ICCABS.2017.8114310
74. Zhang X. Whole mammogram image classification with convolutional neural networks / Xiaofei Zhang , Yi Zhang, Erik Y. Han , Xiaoqin Wang // *2017 IEEE*

- International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM) (2017)
Kansas City, MO, USA Nov. 13, 2017 to Nov. 16, 2017 . – P. 700-704
75. Qing Li Medical image classification with convolutional neural network / Qing Li, Weidong Cai, Xiaogang Wang, Yun Zhou, David Dagan Feng, Mei Chen // 2014 13th International Conference on Control Automation Robotics & Vision (ICARCV) - Singapore, Singapore - 10-12 Dec. 2014 DOI: 10.1109/ICARCV.2014.7064414
76. Khoshdeli M. Feature-based Representation Improves Color Decomposition and Nuclear Detection Using Convolutional Neural Network / Mina Khoshdeli, Bahram Parvin // IEEE Transactions on Biomedical Engineering. - 02 June 2017 DOI: 10.1109/TBME.2017.2711529
77. Wan T. Automated grading of breast cancer histopathology using cascaded ensemble with combination of multi-level image features / T. Wan, J. Cao, J. Chen, Z. Qin // Neurocomputing. – 2017. – Vol. 229. – P. 34-44.
78. Jerez J. M. Missing data imputation using statistical and machine learning methods in a real breast cancer problem / José M. Jerez, I. Molina, P. J. García-Laencina, E. Alba, N. Ribelles, M. Martín, L. Franco // Artificial Intelligence in Medicine, Volume 50, Issue 2, October 2010, P. 105-115, ISSN 0933-3657, <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2010.05.002>.
79. Bekhuis T. Screening nonrandomized studies for medical systematic reviews: A comparative study of classifiers / T. Bekhuis, D. Demner-Fushman, // Artificial Intelligence in Medicine. – Vol. 55(3). – July 2012. – P. 197-207, ISSN 0933-3657, <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2012.05.002>
80. Zhang S. Parallel back-propagation neural network training technique using CUDA on multiple GPUs / S. Zhang, P. Gunupudi, Q.-J. Zhang // 2015 IEEE MTT-S International Conference on Numerical Electromagnetic and Multiphysics Modeling and Optimization (NEMO) – 2015
81. Eklund A. Medical image processing on the GPU - Past, present and future / A. Eklund, P. Dufort, D. Forsberg, S. M. LaConte // Medical Image Analysis. – 2013. – Vol. 17(8) – P. 1073-1094.

82. Kalaiselvi T. Survey of using GPU CUDA programming model in medical image analysis / T. Kalaiselvi, P. Sriramakrishnan, K. Somasundaram // *Informatics in Medicine Unlocked*. – 2017. – Vol. 9. – P. 133-144.
83. Яровий А. А. Методи та засоби організації високопродуктивних паралельно-ієрархічних обчислювальних систем із рекурсивною архітектурою : монографія / А. А. Яровий. – Вінниця: ВНТУ, 2016. – 363 с.
84. Яровий А. А. Паралельно-ієрархічне перетворення плямоподібних зображень на основі GPU-орієнтованої апаратної платформи / А. А. Яровий, І.Р. Арсенюк, М.С. Матейчук, С.Г. Кашубін, Т.Д. Польгуль // *Вісник Хмельницького національного університету: Технічні науки*. – 2014. – №6(219). – С. 127-133.
85. Яровий А.А. Проектування системи цифрової корекції та підвищення якості растрових зображень у сфері рентгенографії / Яровий А.А., Арсенюк І.Р., Пасічник Д.Г. // *Інформаційні технології та комп'ютерна інженерія*. – 2017. – №1(38). – С. 72-77
86. Timchenko L. The method of parallel-hierarchical transformation for rapid recognition of dynamic images using GPGPU technology / L. Timchenko, A. Yarovy, N. Kokriatskaya, S. Nakonechna, L. Abramenko, T. Jawicki, P. Popiel, L. Yesmakhanova : [Photronics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments], (September 28, 2016), *Proceedings SPIE 10031*. – 2016. – <http://dx.doi.org/10.1117/12.2249352>.
87. Abdullah N Image classification of brain MRI using support vector machine / N. Abdullah, U. K. Ngah, S. A. Aziz // *IEEE International Conference on Imaging Systems and Techniques*. – Penang, Malaysia. – 2011. DOI: 10.1109/IST.2011.5962185
88. Çamlica Z. Medical Image Classification via SVM Using LBP Features from Saliency-Based Folded Data / Z. Çamlica, H.R. Tizhoosh, F. Khalvati // *IEEE 14th International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA)*. - Miami, FL, USA. – 2015 DOI: 10.1109/ICMLA.2015.131
89. Lo C. S. Support vector machine for breast MR image classification / C. S. Lo, C.-M. Wang // *Computers & Mathematics with Applications*. – V. 64(5). – 2012. – P. 1153-1162 doi.org/10.1016/j.camwa.2012.03.033

90. Adankon M.M. Non invasive classification system of scoliosis curve types using least-squares support vector machines / M. M. Adankon, J. Dansereau, H. Labelle, F. Cheriet // *Artificial Intelligence in Medicine*, Volume 56 (2), October 2012, P. 99-107, ISSN 0933-3657, <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2012.07.002>
91. Fei B. Hyperspectral imaging and spectral-spatial classification for cancer detection / B. Fei, H. Akbari, L. V. Halig // *2012 5th International Conference on BioMedical Engineering and Informatics – 2012.* – P. 62-64.
92. Wang X.-Y. A pixel-based color image segmentation using support vector machine and fuzzy C-means / X.-Y. Wang, X.-J. Zhang, X.-Y. Yang, J. Bu // *Neural Networks.* – 2012. – Vol. 33. – P. 148-159.
93. Minz A. MR Image Classification Using Adaboost for Brain Tumor Type / A. Minz, C. Mahobiya // *IEEE 7th International Advance Computing Conference (IACC).* – 5-7 Jan. 2017. – Hyderabad, India DOI: 10.1109/IACC.2017.0146
94. Nithyapriya G Detection and Segmentation of Brain Tumors using AdaBoost SVM / G. Nithyapriya, C . Sasikumar // *International Journal of Innovative Research in Computer and Communication Engineering.* – Vol. 2(1). – 2014. – P. 2323-2328.
95. Ruiz P. Bayesian Active Remote Sensing Image Classification / P. Bayesian, J. Mateos, G. Camps-Valls, R. Molina, A. K. Katsaggelos // *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing.* – Vol. 52, Issue: 4, April 2014. – pp. 2186 – 2196
96. Zhang Y.J. A review of recent evaluation methods for image segmentation / Y.J. Zhang // *Proc. of Sixth International Symposium on Signal Processing and its Applications(ISSPA 2001).* – Vol.1. – 2001. – P.148-151
97. Lee S.U. A comparative performance study of several global thresholding techniques for segmentation / S.U. Lee, S.Y. Chung, R.H.Park // *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, Vol.52(2). – 1990. – P. 171-190.
98. Zhang Y.J. Segmentation evaluation using ultimate measurement accuracy/ Y.J. Zhang, J.J.Gerbrands // *Proceedings CVPR.* – Vol. 1657. – 1992. – P.449-460

99. Zhang Y.J. Objective and quantitative segmentation evaluation and comparison / Y.J. Zhang, J.J. Gerbrands // *Signal Processing*, Vol.39, No.1-2, 1994, pp.43-54
100. Lopez M. Hausdorff approximation of convex polygons / M. A. Lopez, S. Reisner // *Computational Geometry*. – 2005. – Vol. 32(2). – P.139–158. DOI: 10.1016/j.comgeo.2005.02.002
101. Alt H. Computing the Fréchet distance between two polygonal curves / Alt H., M. Godau // *Int. J. of Computational Geometry and Applications*. – 1995. – Vol 5. – P.75-91.
102. Chew L. P. Getting around a lower bound for the minimum Hausdorff distance / L. P. Chew, K. Kedem // *Computational Geometry*. – 1998. – Vol. 10 (3). – P. 197-202. DOI: S0925-7721(97)00032-1
103. Knauer C. Approximate nearest neighbor search under translation invariant hausdorff distance / C. Knauer, M. Scherfenberg // *International Journal of Computational Geometry*. – 2011. – Vol. 21(3). – P. 369–381. DOI: S0218195911003706
104. Alvarez V. Approximating the minimum weight spanning tree of a set of points in the Hausdorff metric / V. Alvarez, R. Seidel // *Computational Geometry*. – 2010. – Vol. 43. – P. 94-98.
105. Atallah M.J. Computing Some Distance Functions Between Polygons / M. J. Atallah; C. Celso // *Computer Science Technical Reports*. – 1990. - Vol . 9. - pp.11-20
106. Buchin K. Computing the Fréchet distance between simple polygons / K. Buchin, M. Buchin, C. Wenk // *Computational Geometry*. – 2008. – Vol. 44(1-2). – P. 2–20. DOI: 10.1145/1137856.1137870
107. Rote G. Computing the Fréchet distance between piecewise smooth curves / G. Rote // *Computational Geometry*. – 2007. – Vol. 37. – P. 162–174. DOI: 10.1016/j.comgeo.2005.01.004
108. Schlesinger M. I. Frechet Similarity of Closed Polygonal Curves / M. I. Schlesinger, E. V. Vodolazskiy, V. M. Yakovenko // *International Journal of*

- Computational Geometry. – 2016. – Vol. 26. – P. 53–66. DOI: 10.1142/S0218195916500035
109. Computing the discrete Fréchet distance with imprecise impute / [H.-K. Ahn, C. Knauer, M. Scherfenberg et al.] // International Journal of Computational Geometry. – 2016. – Vol. 22. – P. 27–44. DOI: 10.1142/S0218195912600023
110. Computing the Fréchet distance between folded polygons / [A. F. Cook, Anne Driemel, Jessica Sherette et al.] // Computational Geometry. – 2015. – Vol. 50. – P. 1-16.
111. Gudmundsson J. Fast algorithms for approximate Fréchet matching queries in geometric trees / J. Gudmundsson, M. Smid // Computational Geometry. – 2015. – Vol. 48. – P. 479–494. DOI:10.1016/j.comgeo.2015.02.003
112. Betanzos A.A. Analysis and evaluation of hard and fuzzy clustering segmentation techniques in burned patient images / A.A. Betanzos // IVC. – Vol. 18(13). – 2000. – P. 1045-1054
113. Zhang Y.J. Objective and quantitative segmentation evaluation and comparison / Y.J. Zhang, J.J. Gerbrands // Signal Processing. – Vol. 39. – 1994. – P. 43-54.
114. Zhang Y.J. Segmentation evaluation using ultimate measurement accuracy / Y.J. Zhang, J.J. Gerbrands // SPIE. – Vol. 1657. – 1992. – P. 449-460.
115. Боюн В.П. Сприйняття і обробка зображень в системах реального часу / В.П. Боюн // Штучний інтелект. – 2013. – №3. – С. 114-125
116. Berezsky O. Access distribution in automated microscopy system / O. Berezsky, L. Dubchak, O. Pitsun // 14th International Conference The Experience of Designing and Application of CAD Systems in Microelectronics (CADSM), 21-25 Feb. 2017, Lviv, Ukraine, 2017 - P. - 241 – 243
117. Березький О.М. Segmentation algorithms of biomedical images: development and quantitative evaluation / О.М. Березький, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун // Штучний інтелект. – Київ. – 2016. – №3 (73). – С. 104-116.

118. Kankaanpää P. BioImageXD: an open, general-purpose and high-throughput image-processing platform / P. Kankaanpää, L. Paavolainen, S. Tiitta / *Nat Methods*. – 2012. – Vol. 9(7). – P. 683-692 .
119. Малов А. Компьютерная обработка биомедицинских многоканальных изображений с использованием визуализации меры сходства с эталоном (ДиаМорф) / А. М. Малов, Т. А. Шереметьева, Г. Н. Филиппов // *Известия ВУЗов. Сер, Приборостроение*. -СПб.:Издание Санкт-Петербургского государственного института точной механики. - № 52(8). – 2009. – С. 74-49.
120. Séroussi B. ONCODOC: a successful experiment of computer-supported guideline development and implementation in the treatment of breast cancer / B. Séroussi, J. Bouaud, E. Antoine // *Artif Intell Med*. – 2001. – Vol. 22(1). – P. 43-64.
121. Vrekoussis T. Image analysis of breast cancer immunohistochemistry-stained sections using ImageJ: an RGB-based model / T. Vrekoussis, V. Chaniotis, I. Navrozoglou, V. Dousias // *Anticancer Res*. Vol. 29(12). – 2009. – P. 4995-5003.
122. Абламейко С.В. Обработка оптических изображений клеточных структур в медицине / С.В. Абламейко, А. М. Недзведь // Минск: НАН Беларуси, Объед. ин-т проблем информатики. – 2005. – 156 с.
123. Медовый В.С. Информационные автоматизированные системы микроскопии для анализа биоматериалов. Врач и информационные технологии / В.С. Медовый // *Медицина и высокие технологии*. – 2004. – № 6. – С. 32-37
124. Березький О.М. Системи автоматизованої мікроскопії: стан та перспективи розвитку / О.М. Березький, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун // *Вісник Хмельницького національного університету*. – 2016. – №2 (235). – С. 61-68.
125. Bronikov A.V. Kombinirovaniy algorithmy filtracii zashymlenych signalov I izobrazheniy / A.V. Bronikov, Yu.E. Voskoboynikov // *Avtometria*. – 1990. – Vol 1.
126. Wang X.-Y. A pixel-based color image segmentation using support vector machine and fuzzy C-means / X.-Y. Wang, X.-J. Zhang, X.-Y. Yang, J. Bu // *Neural Networks*. – 2012. – Vol. 33. – P. 148-159.

127. Rahman Z.U. Multi-scale retinex for color image enhancement / Z.U. Rahman, D.J. Jobson, G. A. Woodell // Proc. IEEE Int. Conf. on Image Processing. – Vol. 3. – 1996. – p. 1003-1006.
128. Yang X.S. Cuckoo search via Levy flights. / X.S. Yang, S. Deb // Proceedings of the world congress on nature and biologically inspired computing (NaBIC). – 2009. – P. 210-214
129. Березький О.М. Аналіз метрик знаходження відстані між областями зображень для кількісної оцінки результатів сегментації / О.М. Березький, Г.М. Мельник, Ю.М. Батько, О.Й. Піцун // ISDMCI'2016. XII міжнародна наукова конференція. Інтелектуальні системи прийняття рішень та проблеми обчислювального інтелекту 24-28 травня 2016р. – Херсон: Видавництво ПП Вишемирський В.С., 2016. – С. 252-253
130. Berezsky O. M. Regions Matching Algorithms Analysis to Quantify the Image Segmentation Results / O.M. Berezsky, G. M. Melnyk, Y. M. Batko, O.Y. Pitsun // Sensors & Transducers. – 2017. – Vol. 208(1). – pp. 44-49.
131. Березький О.М. Segmentation algorithms of biomedical images: development and quantitative evaluation / О.М. Березький, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун // Штучний інтелект. – Київ. – 2016. – №3 (73). – С. 104-116
132. Berezsky O.M. Evaluation methods of image segmentation quality / O.M Berezsky, O.Y. Pitsun // Радіоелектроніка, інформатика, управління.- 2018.- №1. – С. 41-61.
133. Godau M. On complexity of measuring between geometric objects in higher dimensions PhD thesis, Department of Computer Science, Freie UniversittBerlin, 1990.
134. Университет ИТМО. Триангуляция полигонов (ушная + монотонная). [Електронний ресурс] - Режим доступу: http://neerc.ifmo.ru/wiki/index.php?title=Триангуляция_полигонов
135. Berezsky O. Computation of the minimum distance between non-convex polygons for segmentation quality evaluation / O. Berezsky, O. Pitsun // XIIth

- International Scientific and Technical Conference Computer Sciences and Information Technologies. CSIT 2017. 5-8 Sept. 2017 – P. 183-186
136. Berezsky O. Automated Processing of Cytological and Histological Images / O. Berezsky, O. Pitsun // Proceedings of XII International Conference Perspective Technologies and methods in mems design (MEMSTECH 2016) 20-24 April, 2016, Lviv-Polyana, Ukraine, P. 51-53.
137. Березький О.М. Адаптивний метод сегментації зображень на основі метрик / О.М. Березький, О.Й. Піцун // Науковий вісник НЛТУ України : збірник науково-технічних праць. Львів : РВВ НЛТУ України. – 2018. – №. 28(3). – С.110-123
138. Марченко О.О., Россада Т.В. Актуальні проблеми Data Mining: Навчальний посібник для студентів факультету комп'ютерних наук та кібернетики. — Київ. — 2017. — 150 с.
139. Sokolova M. A systematic analysis of performance measures for classification tasks / M. Sokolova, L. Guy // Information Processing and Management. – Vol. 45. – 2009. – P. 427–437
140. Рассел С. Искусственный интеллект: современный подход, 2-е изд.: Пер с англ. – М. : ООО «И.Д. Вильямс», 2016. – 1408 с.
141. Рассел С. Искусственный интеллект: современный подход, 2-е изд.: Пер с англ. – М. : ООО «И.Д. Вильямс», 2016. – 1408 с.
142. Струбицький П. Побудова Дискретних Моделей Як Процес Машинного Навчання / П. Струбицький, І. Струбицька // Матеріали Міжнародної науково-технічної конференції молодих учених та студентів. Актуальні задачі сучасних технологій – Тернопіль 19-20 грудня 2012.
143. Березький О.М. Класифікація гістологічних та цитологічних зображень на основі згорткових нейронних мереж / О.М. Березький, О.Й. Піцун, А.Р. Боднар, Т.М. Долинюк // Штучний інтелект. – Київ. – 2017. – №1 (75). – С. 33-42.
144. Dalle J. Automatic breast cancer grading of histopathological images. / J. Dalle, W. Leow, D. Racoseanu, A. Tutac, T. Putti // In 30th Annual International

- Conference on Engineering in Medicine and Biology Society, pages 3052–3055. IEEE, 2008
145. Berezsky O. Computer diagnostic tools based on biomedical image analysis / O. Berezsky, O. Pitsun, S. Verbobyu, T. Datsko, A. Bodnar //14th International Conference The Experience of Designing and Application of CAD Systems in Microelectronics (CADSM), 21-25 Feb. 2017, Lviv, Ukraine, 2017 - P. 388 – 391.
146. Волченко Е.В. Построение обучающей выборки w-объектов на основе коллективного решения группы экспертов / Е.В. Волченко // «Штучний інтелект».- 2011 – №1. – С. 147-153
147. Лапко А.В. Непараметрические модели распознавания образов в условиях малых выборок / А.В. Лапко, В.А. Лапко, С.В. Ченцов // Автометрия. – 1999. – № 6. – С. 105-113.
148. Ширяев В.И. Использование адаптивных методов распознавания образов в задачах принятия решений / В.И. Ширяев, Б.М. Кувшинов // Искусственный интеллект. – 2002. – № 4. – С. 526-533.
149. Городецкий В.И. Методы и алгоритмы коллективного распознавания: обзор / В.И. Городецкий, С.В. Серебряков // Труды СПИИРАН. – Вып. 3, Т. 1. – СПб. : Наука, 2006. – С. 139-181.
150. Кульчин, Ю.Н. Нейро-итерационный алгоритм томографической реконструкции распределенных физических полей в волоконно-оптических измерительных системах / Ю.Н. Кульчин, Б.С. Ноткин, В.А. Седов // Компьютерная оптика. – 2009. – Т. 33, № 4. –С. 446-455
151. Fatica M. CUDA for High Performance Computing / M. Fatica // Materials of HPC-NA Workshop 3, January 2009.
152. Изотов П.Ю Технология Реализации Нейросетевого Алгоритма В Среде Cuda На Примере Распознавания Рукописных Цифр / П.Ю. Изотов, С.В.Суханов, Д.Л Головашкин // Компьютерная оптика . – Т 34, №2. – 2010. – С. 243-251
153. База даних цифрових гістологічних та цитологічних зображень передракових та ракових станів молочної залози «ВРСІ2100». /О.М.

- Березький, Г.М. Мельник, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун, В.Д. Николук, Т.В. Дацко // Свідощтво про реєстрацію авторського права на твір №75359 від 14.12.2017 р.
154. Березький О.М. Інтелектуальна система автоматизованої мікроскопії аналізу гістологічних та цитологічних зображень / О.М. Березький, О.Й. Піцун, П.Б. Ляцинський, П.Б. Ляцинський, Г.М. Мельник // Штучний інтелект. – Київ. – 2017. – №2 (76). – С. 51-61.
155. Березький О.М. Розроблення реляційної бази даних інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, О.Й. Піцун, С.О. Вербовий, Т.В. Дацко // Науковий вісник НЛТУ України : збірник науково-технічних праць. Львів : РВВ НЛТУ України. – 2017. – №. 27(5). – С.125-129.
156. Піцун О.Й. Модуль авторизації та аутентифікації користувачів системи автоматизованої мікроскопії / О.Й. Піцун, П.Б. Ляцинський, П.Б. Ляцинський // Сучасні комп'ютерні інформаційні технології: Матеріали VI Всеукраїнської школи-семінару молодих вчених і студентів 20-21 травня, 2016р.: – Тернопіль: ТНЕУ, 2016. - С. 129-130.
157. Березький О.М. Розподіл доступу в інтелектуальній системі автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, О.Й. Піцун, Л.О. Дубчак // Системи обробки інформації, –Харків. – 2017. – №4 (150). – С. 223-230.
158. Batko Y. Graphical interface of hybrid intelligent systems for biomedical imaging analysis / Y. Batko, G. Melnyk, O. Pitsun // Proceedings of the 2016 IEEE First International Conference on Data Stream Mining & Processing (DSMP) 23-27 August, 2016, Lviv, Ukraine, pp. 121-124.
159. Berezsky O. GPU – based biomedical image processing / O. Berezsky, O. Pitsun, L. Dubchak, P. Lyaschynsky, P. Lyaschynsky // Proceedings of XIV International Conference Perspective Technologies and methods in mems design (MEMSTECH 2018) 18-22 April, 2018, Lviv-Polyana, Ukraine, P. 96-99.
160. Eiter Th. Computing Discrete Fréchet Distance [Text] / Thomas Eiter, Mannila Heikki // International Journal of Computational Geometry & Applications. – 1994: pp. 1-7.

161. Berezsky O. Regions Matching Algorithms Analysis to Quantify the Image Segmentation Results / O. Berezsky, G. Melnyk, Y. Batko, O. Pitsun // Proceedings of the IEEE International Conference «Computer Science and Information Technologies» CSIT'2016, Lviv. Ukraine - 6-10 September, 2016. – P. 33-36.
162. Піцун О.Й. Алгоритми попереднього оброблення біомедичних зображень на базі бібліотеки Opencv / О.Й. Піцун, А.Р. Боднар // Сучасні комп'ютерні інформаційні технології: Матеріали VI Всеукраїнської школи-семінару молодих вчених і студентів 20-21 травня, 2016р.: – Тернопіль: ТНЕУ, 2016. С. 81-83.
163. База даних цифрових гістологічних та цитологічних зображень передракових та ракових станів молочної залози «ВРСІ2100». /О.М. Березький, Г.М. Мельник, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун, В.Д. Николук, Т.В. Дацко // Свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір №75359 від 14.12.2017 р.
164. Комп'ютерна програма «Інтелектуальна система діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу гістологічних та цитологічних зображень "НІАМС"» / О.М. Березький, О.Й. Піцун, Г.М. Мельник, П.Б. Ляцинський, П.Б. Ляцинський. // Свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір №75360 від 14.12.2017 р.
165. Roux L. Mitosis detection in breast cancer histological images: an ICPR 2012 contest / L. Roux // J. Pathol. – 2013, Vol. 4(1). – P. 8–14.
166. Дубчак Л.О. Телемедицина: сучасний стан та перспективи розвитку / Л.О. Дубчак // Системи обробки інформації. — 2017. — № 1(147). – С. 144-146.

ДОДАТОК А

ЛІСТИНГ КОДУ ОСНОВНИХ МОДУЛІВ РОЗРОБЛЕНОЇ СИСТЕМИ

StartApp.java

```
package sample.nodes;
import javafx.application.Application;
import javafx.application.Platform;
import javafx.concurrent.Task;
import javafx.stage.Stage;
import org.opencv.core.Core;
import sample.libs.Messages;
import sample.objects.Messenger.Messenger;
import sample.libs.Session;
import sample.models.CheckerModel;
import sample.models.DbModel;
import sample.objects.Sending;
import sample.views.CheckerView;
import java.io.IOException;

public class StartApp extends Application {

    public static boolean DONE = false;
    private Stage primaryStage;

    public static void main(String[] args) {

        System.loadLibrary(Core.NATIVE_LIBRARY_NAME);
        launch(args);
    }

    @Override
    public void start(Stage primaryStage) throws Exception {
        CheckerView checkerView = new CheckerView();
        checkerView.render();
        Task<Void> task = new CheckerModel();
        Thread tasks = new Thread(task);
        tasks.start();
    }

    public static void startAuth() throws IOException
    {
        DbModel db = new DbModel();
        if(db.checkDbConnection() == true) {

            AuthModule auth = new AuthModule();
            auth.authDialog();
        }
    }
}
```



```

    }else{
        Messages.error("Помилка БД!", "Не встановлено з'єднання з БД", "БД");
    }
}

/**
 * ВИКЛИК ГОЛОВНОГО ВІКНА
 * @throws IOException - IOException
 */
public static void startMainPage() throws IOException{
    Platform.runLater(new Runnable() {
        @Override
        public void run(){
            try {
                MainApp mainApp = new MainApp();
            } catch (Exception e) {}
        }
    });
}

/**
 *
 * @throws IOException - IOException
 */
public static void PersonalPatientPage() throws IOException{
    Platform.runLater(new Runnable() {
        @Override
        public void run(){
            try {
                PersonalPatientPageModule personalPatientPage = new PersonalPatientPageModule();
            } catch (Exception e) {}
        }
    });
}

public static void adminPage()throws IOException{
    try {
        Admin admin = new Admin();
    }catch (Exception e){
        System.err.println(e);
    }
}

public static void laborantPage(){
    try {
        Laborant laborant = new Laborant();
    }catch (Exception e){
        System.err.println(e);
    }
}

```

```

public static void diagnosisDoctor(){
    try {
        DiagnosisDoctor diagnosisDoctor = new DiagnosisDoctor();
    } catch (Exception e){
        System.err.println(e);
    }
}

public static void likDoctorPage() throws IOException{
    try {
        LikDoctorPageModule likDoctorPageModule = new LikDoctorPageModule();
    } catch (Exception e){
        System.err.println(e);
    }
}

public static void convolutionNeuralNet() throws IOException{

    try {
        ConvolutionNeuralNetModule convolutionNeuralNetModule = new
ConvolutionNeuralNetModule();
    } catch (Exception e) {
        e.printStackTrace();
    }
}

public static void showDBSettingsPage() throws IOException{

    DBConnectionModule db = new DBConnectionModule();
    db.showDbConnectDialog();
}

public static void showFTPSettingsPage() throws IOException{

    FTPConnectionModule db = new FTPConnectionModule();
    db.showFTPConnectDialog();
}

public static void showMessage(Messenger messenger){
    if(Session.getKeyValue("activeStatus") == "1") {
        ShowMessageModule showMessageModule = new ShowMessageModule();
        showMessageModule.showMessageDialog(messenger);
    } else {
        Messages.error("Помилка авторизації!", "Увійдіть в систему", " ");
    }
}

public static void showSendingMessage(Sendings sendings){
    if(Session.getKeyValue("activeStatus") == "1") {
        ShowSendingMessageModule showMessageModule = new ShowSendingMessageModule();
        showMessageModule.showSendingMessageDialog(sendings);
    }
}

```

```

    }else{
        Messages.error("Помилка авторизації!", "Увійдіть в систему", " ");
    }
}

public static void writeMessage(){
    if(Session.getKeyValue("activeStatus") == "1"){
        writeMessageModule writeMessageModule = new writeMessageModule();
        writeMessageModule.writeMessageDialog();
    }else{
        Messages.error("Помилка авторизації!", "Увійдіть в систему", " ");
    }
}

public static void writeSendingMessage(){
    if(Session.getKeyValue("activeStatus") == "1"){
        writeSendingMessageModule writeMessageModule = new writeSendingMessageModule();
        writeMessageModule.writeSendingMessageDialog();
    }else{
        Messages.error("Помилка авторизації!", "Увійдіть в систему", " ");
    }
}
}

```

AuthController.java

```

package sample.controllers;

import javafx.fxml.FXML;
import javafx.scene.control.Button;
import javafx.scene.control.PasswordField;
import javafx.scene.control.TextField;
import javafx.stage.Stage;
import sample.models.AuthModel;
import java.sql.SQLException;
/**
 * Created by Oleh on 30.04.2016.
 * @author Oleh Pitsun
 */
public class AuthController {
    @FXML
    private TextField login;
    @FXML
    private PasswordField password;
    @FXML
    private Button SignIn;
    AuthModel authModel;
    private Stage dialogStage;
}

```

```

//private boolean okClicked = false;

@FXML
private void initialize() {
}

public void checkIt() throws SQLException, Exception {
    authModel = new AuthModel();
    authModel.setLogin(login.getText());
    authModel.setPassword(password.getText());
    authModel.comparePassword();
    authModel.signingIn();
}

public void setDialogStage(Stage dialogStage) {
    this.dialogStage = dialogStage;
}

/**
 * Returns true if the user clicked OK, false otherwise.
 * @return
 */
// public boolean isOkClicked() {
//     //return okClicked;
// }

/**
 * Called when the user clicks ok.
 */
@FXML
public void SignIn() throws Exception {

    System.out.print("Ok");
    this.checkIt();
    dialogStage.close();
    //CurrentStage.getStage().close();
}
}

```

LikDoctorModel.java

```

package sample.models;

import sample.controllers.LikDoctorController;
import sample.controllers.QuantitativeParametersController;
import sample.libs.*;
import sample.objects.Image.ImageList;
import sample.objects.Patients.PatientCollection;
import sample.objects.Research.ResearchCollection;

```

```

import java.io.File;
import java.sql.SQLException;
import java.util.ArrayList;
import java.util.Locale;

/**
 * Created by oleh on 10.07.2016.
 */
public class LikDoctorModel extends SQLiteDatabase{
    private int id;
    public int counts;
    private String medical_card, surname, fathename, name, num_glass;
    private ArrayList imagePathList = new ArrayList();

    public LikDoctorModel() throws SQLException {sqlSetConnect();}

    public void createFolder(String pathToFolder){
        try {
            //new File(pathToFolder + "/pretreated").mkdir();
        }catch (Exception e){
            System.err.println(e);
        }
    }
    /**
     * отримання списку пацієнтів для даного лікаря(користувача)
     * @throws SQLException
     */
    public void getPatientList() throws SQLException{

        int doctor_id = Integer.valueOf(Session.getKeyValue("id"));
        sqlExecute("SELECT * FROM patients ORDER BY ID DESC");// WHERE doctor_id
= "+doctor_id+""");

        LikDoctorController.comboBoxData.clear();
        while(resultSet.next()) {
            setData();
            counts++;
            LikDoctorController.comboBoxData.add(new PatientCollection(id, medical_card,
surname, name, fathename));
            QuantitativeParametersController.comboBoxData.add(new PatientCollection(id,
medical_card));
        }
    }

    public void setData() throws SQLException
    {
        this.medical_card = resultSet.getString("medical_card");
        this.surname = resultSet.getString("Surname");
        this.id = Integer.valueOf(resultSet.getString("ID"));
        this.name = resultSet.getString("Name");
    }
}

```

```

        this.fathername = resultSet.getString("Fathername");
    }

    public void setResearchData() throws SQLException{
        this.id = Integer.valueOf(resultSet.getString("ID"));
        this.name = resultSet.getString("name");
        this.num_glass = resultSet.getString("num_glass");
    }

    /**
     * отримання списку дослідів для даного пацієнта
     * @param patientID - ідентифікатор пацієнта
     * @throws SQLException
     */
    public void getResearchesByPatient(int patientID) throws SQLException{

        int doctor_id = Integer.valueOf(Session.getKeyValue("id"));
        //sqlExecute("SELECT * FROM researches WHERE patient_id = "+patientID+" AND
user_id = "+doctor_id+"");
        sqlExecute("SELECT * FROM researches WHERE patient_id = "+patientID+"");

        LikDoctorController.comboBoxResearchData.clear();
        while(resultSet.next()) {
            setResearchData();
            LikDoctorController.comboBoxResearchData.add(new ResearchCollection(id, name,
num_glass));
            QuantitativeParametersController.comboBoxResearchData.add(new
ResearchCollection(id, name, num_glass));
        }
    }

    /**
     * Отримуємо список зображень для дослідіду
     * @param research_id - ідентифікатор дослідіду
     */
    public void getImageByResearch(int research_id){

        sqlExecute("SELECT * FROM images WHERE research_id = "+research_id+" ");
        try {
            LikDoctorController.imageListData.clear();
            while(resultSet.next()) {
                LikDoctorController.imageListData.add(new
ImageList(resultSet.getString("image_path"),
                Integer.valueOf(resultSet.getString("id"))));
            }
        } catch (SQLException e) {
            e.printStackTrace();
        }
    }

    /**

```

```

*
* @param patientId - ідентифікатор пацієнта
* @param researchName - назва досліджу
* @param researchGlass - номер скла
* @return
*/
public int setNewResearchForPatient(int patientId, String researchName, String
researchGlass){

    int research_id = 0;

    try {
        int doctor_id = Integer.valueOf(Session.getKeyValue("id"));
        sqlInsertExecute("INSERT INTO researches (name, num_glass, patient_id, user_id)"
+ "VALUES (" + "" + researchName + "" +
        + "" + researchGlass + "" + "" + patientId + "" + "" + doctor_id + "" + ")");
        sqlExecute("SELECT id FROM researches WHERE patient_id=" + patientId + " AND
name=" + researchName + "");
        if(resultSet.next()) {
            research_id = Integer.valueOf(resultSet.getString("id"));
        }
    } catch (Exception ex) {
        ex.printStackTrace();
    }
    return research_id;
}

/**
* формування списку зображень в директорії
* @param dir - шлях до директорії
*/
public void selectFileseFromDir(File dir, int research_id){

    final String[] mask = { ".png", ".jpg", ".jpeg", ".bmp" };
    File[] files = dir.listFiles();
    for (int i = 0; i < files.length; i++) {
        String fileName = files[i]
for (String s : mask) {
            if (fileName.toLowerCase(Locale.US).endsWith(s)) {
                if (files[i].isFile()) {
                    imagePathList.add(files[i].getAbsolutePath());
                }
            }
            if (files[i].isDirectory()) {
                selectFileseFromDir(files[i], research_id);
            }
        }
    }
    prepareImageToInsert(research_id);
}

```

```

/**
 * Перебір зображень із списку для додавання в бд
 * @param res_id - research_id
 */
private void prepareImageToInsert(int res_id){
    for(int i = 0; i < imagePathList.size(); i++){
        this.addImageToDB(imagePathList.get(i).toString(), res_id);
    }
}

/**
 * Додавання шляху до зображення в бд
 * @param imgPath - повний шлях до файлу
 * @param research_id - research_id
 */
private void addImageToDB(String imgPath, int research_id) {
    try {
        imgPath=imgPath.replace("\\','/");

        sqlInsertExecute("INSERT INTO images (research_id, image_path)" + "VALUES
("+research_id+", "+imgPath+"");
        sqlExecute("SELECT id FROM images WHERE research_id="+research_id+" AND
image_path="+imgPath+"");
        if(resultSet.next()) {
            LikDoctorController.imageListData.add(new ImageList(imgPath,
Integer.valueOf(resultSet.getString("id"))));
        }
    } catch (Exception ex) {
        ex.printStackTrace();
    }
} // void addToDB

```


ДОДАТОК Б
АКТИ ВПРОВАДЖЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДИСЕРТАЦІЙНОГО
ДОСЛІДЖЕННЯ

АКТ ВПРОВАДЖЕННЯ
результатів прикладної розробки
«Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування
передракових станів молочної залози на основі аналізу зображень»
(№ держреєстрації 0116U002500)
від «27» 02 2018 р.

1. Пропозиції для впровадження: Комп'ютерна програма «Інтелектуальна система діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу гістологічних та цитологічних зображень».

2. Установа розробник: Тернопільський національний економічний університет, 46009, м. Тернопіль, вул. Львівська 11, кафедра комп'ютерної інженерії, завідувач кафедри Березький О.М., ДВНЗ «Тернопільський державний медичний університет імені І.Я. Горбачевського МОЗ України», 46001, м. Тернопіль, вул. майдан Волі, 1, кафедра патологічної анатомії з секційним курсом судової медицини, доцент Дацко Т.В.

3. Джерело Інформації: Березький О.М. Алгоритми сегментації біомедичних зображень: розробка та кількісна оцінка /О.М. Березький, Ю.М. Батько, Г.М. Мельник, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун // Штучний інтелект – 2016 – №3(73) – 2016. – С.104-115.

Березький О.М. Розроблення реляційної бази даних інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, О.Й. Піцун, С.О. Вербовий, Т.В. Дацко // Науковий вісник національного лісотехнічного університету України: Збірник науково-технічних праць. - Львів: РВВ НЛТУ України.- 2017. –Т. 27, № 5 – С.125-29.

4. Базова установа, яка проводить впровадження: відділ біопсійної діагностики Тернопільського патологоанатомічного бюро, 46002, Тернопіль, вул. Клінічна 1.

5. Термін впровадження: березень-листопад 2017 року.

6. Форма впровадження: в прозекторську практику: інформаційний лист.

Завідувач відділу біопсійної діагностики
 Тернопільського патологоанатомічного бюро,
 лікар вищої категорії



Николук В. Д.

«ЗАТВЕРДЖУЮ»

Проректор з наукової роботи
ДВНЗ «Тернопільський державний
медичний університет
імені І.Я. Горбачевського МОЗ України»
професор Кліщ І.М.
«20/02» 2018 р.



АКТ ВПРОВАДЖЕННЯ

1. Пропозиції для впровадження: «Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу зображень» (№ держреєстрації 0116U002500).

2. Установа розробник: Тернопільський національний економічний університет, 46009, м. Тернопіль, вул. Львівська 11, кафедра комп'ютерної інженерії, завідувач кафедри професор Березький О.М., ДВНЗ «Тернопільський державний медичний університет імені І.Я. Горбачевського МОЗ України», 46001, м. Тернопіль, майдан Волі, 1, кафедра патологічної анатомії з секційним курсом та судовою медициною, доцент Дацко Т.В.

3. Джерело Інформації:

Березький О. М. Розроблення реляційної бази даних інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії / Березький О. М., О. Й. Піцун, С. О. Вербовий, Т. В. Дацко // Науковий вісник національного лісотехнічного університету України: Збірник науково-технічних праць. - Львів: РВВ НЛТУ України.- 2017. –Т. 27, № 5 – С.125–129.

4. Базова установа, яка проводить впровадження: Кафедра патологічної анатомії з секційним курсом та судовою медициною ДВНЗ «Тернопільський державний медичний університет імені І.Я. Горбачевського МОЗ України», майдан Волі, 1, м. Тернопіль, Україна, 46001.

5. Термін впровадження: березень-грудень 2017 року.

6. Форма впровадження: наукова робота кафедри, в навчальний процес: матеріали лекцій та практичних занять з патоморфології.

Відповідальний за впровадження:

професор кафедри патологічної анатомії з
секційним курсом та судовою медициною

ДВНЗ «Тернопільський державний медичний
університет імені І.Я. Горбачевського МОЗ України»
д.м.н., професор

Сельський П. Р.

АКТ ВПРОВАДЖЕННЯ
результатів прикладної розробки
«Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування
передракових станів молочної залози на основі аналізу зображень»
(№ держреєстрації 0116U002500)
від « 12 » 02 2018 р.

1. **Пропозиції для впровадження:** Комп'ютерна програма «Інтелектуальна система діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу гістологічних та цитологічних зображень».
2. **Установа розробник:** Тернопільський національний економічний університет, 46009, м. Тернопіль, вул. Львівська 11, кафедра комп'ютерної інженерії, завідувач кафедри Березький О.М.
3. **Джерело Інформації:** Березький О.М. Системи автоматизованої мікроскопії: стан та перспективи розвитку / О.М. Березький, С.О. Вербовий, О.Й. Піцун // Вісник Хмельницького національного університету. – 2016. – №2 (235). – С. 61-68.
 Березький О.М. Розподіл доступу в інтелектуальній системі автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, Л.О. Дубчак, О.Й. Піцун // Системи обробки інформації – 2017. – №4. – С. 223-229.
 Березький О.М. Розроблення реляційної бази даних інтелектуальної системи автоматизованої мікроскопії / О.М. Березький, О.Й. Піцун, С.О. Вербовий, Т.В. Дацко // Науковий вісник національного лісотехнічного університету України: Збірник науково-технічних праць. - Львів: РВВ НЛТУ України.- 2017. –Т. 27, № 5 – С.125-29.
4. **Базова установа, яка проводить впровадження:** ТзОВ «Інститут біомедичних технологій», 46001, Тернопіль, вул. Січових Стрільців, 8А.
5. **Термін впровадження:** березень-листопад 2017 року.
6. **Форма впровадження:** дослідно-експериментальна робота.

Директор ТзОВ «Інститут біомедичних технологій»



В.В. Бігуняк

Бігуняк В.В.

«ЗАТВЕРДЖУЮ»

Проректор з наукової роботи
Тернопільського національного
економічного університету
проф. Задорожний З.- М. В.



Задорожний З.- М. В.
_____ 03 2018 р.

АКТ

про впровадження результатів дисертаційної роботи

Піцуна Олега Йосиповича

на тему «Методи і засоби опрацювання біомедичних зображень в системах автоматизованої мікроскопії»

Ми, комісія у складі завідувача кафедри комп'ютерної інженерії, керівника науково – дослідної роботи д.т.н., професора Березького О.М., старшого наукового співробітника науково-дослідної роботи, к.м.н., доцента кафедри патологічної анатомії з секційним курсом судової медицини Тернопільського державного медичного університету (ТДМУ) імені І.Я. Горбачевського Дацко Т.В. та директора науково – дослідного інституту інноваційного розвитку та державотворення д.е.н., проф. Монастирського Г.Л., склали даний акт у тому, що при виконанні прикладної розробки ТНЕУ «Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування передракових станів на основі аналізу зображень»(Державний реєстраційний номер 1016U002500) використано такі результати дисертаційної роботи Піцуна Олега Йосиповича:

- 1) метод метричної кількісної оцінки якості сегментації біомедичних зображень, який за рахунок використання метрик Громова – Хаусдорфа та Громова – Фреше забезпечує підвищення якості оцінювання сегментації;
- 2) метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації біомедичних зображень, який за рахунок використання метрик, бази знань та адаптації алгоритмів до типу зображень забезпечує підвищення якості сегментації;
- 3) метод опрацювання цитологічних та гістологічних зображень, який за рахунок використання бази знань, алгоритмів фільтрації, правил гістограмного вирівнювання та адаптації до типу зображень, забезпечує покращення їх якості;
- 4) нейромережевий метод класифікації цитологічних та гістологічних зображень, який за рахунок комбінації згорткових і

- субдискретизуючих шарів забезпечує підвищення точності класифікації;
- 5) багатокористувацьку систему автоматизованої мікроскопії з адаптивними алгоритмами опрацювання зображень та адаптивними графічними інтерфейсами для різних типів користувачів (свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір № 75360);
 - 6) на основі експериментальних досліджень зображень передракових і ракових станів молочної залози реалізовано базу даних для системи автоматизованої мікроскопії (свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір №75359).

Керівник науково – дослідної роботи,
д.т.н., професор

Березький О.М.

Директор науково – дослідного інституту
інноваційного розвитку та державотворення,
д.е.н., професор

Монастирський Г.Л.

Старший науковий співробітник
науково – дослідної роботи
к.м.н. доцент кафедри патологічної анатомії з
секційним курсом судової медицини
(ТДМУ) імені І. Я. Горбачевського

Дацко Т.В.