

# ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЙ КОМПЛЕКС ПРОГРАММ АНАЛИЗА ГИСТОЛОГИЧЕСКИХ МЕДИЦИНСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЙ

М. М. Лукашевич, В. А. Станкевич, А. Б. Гуринович  
Кафедра ЭВМ, Белорусский государственный университет информатики и радиоэлектроники  
Минск, Республика Беларусь  
E-mail: lukashevich@bsuir.by, stankevichvera@gmail.com

*В докладе рассмотрен экспериментальный комплекс программ (ЭКП) анализа гистологических медицинских изображений. Приведено его описание и результаты тестирования. Тестирование выполнялось на публичной базе медицинских изображений.*

## ВВЕДЕНИЕ

Автоматический анализ медицинских изображений является одной из активно развивающихся областей медицинской информатики. Областью применения анализа и сегментации изображений преимущественно является исследование и диагностики патологий. С помощью автоматизированных систем можно отслеживать рост и прогрессирование заболеваний, а также делать прогнозы их дальнейшего развития. Применение автоматического анализа не только ускоряет время обработки, но и дает более объективные результаты, избавляя от необходимости

учитывать человеческий фактор. Разработка автоматизированных систем обработки медицинских изображений является наиболее важным и быстро развивающимся направлением в области микроскопических исследований гистологических препаратов [1, 2]. В связи с этим задачей исследований являлась разработка ЭКП анализа гистологических медицинских изображений.

## I. ОБЩЕЕ ОПИСАНИЕ ЭКП

Обобщенная структурная схема разработанного ЭКП анализа гистологических медицинских изображений представлена на рисунке 1.

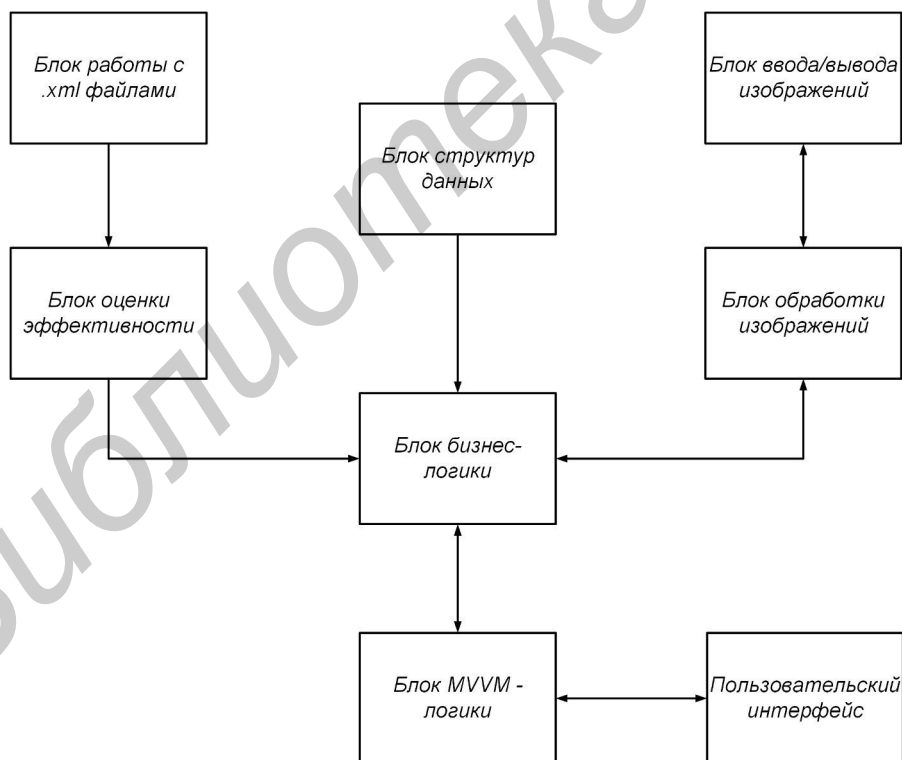


Рис. 1 – Обобщенная структурная схема ЭКП

*Пользовательский интерфейс.* Взаимодействие с пользователем происходит через блок пользовательского интерфейса. Для его разработки использована Windows Presentation

Foundation (WPF) и язык XAML для непосредственной разметки страниц. В блок входят такие элементы как страницы, стили и ресурсы для графического интерфейса.

*Блок MVVM-логики.* Блок MVVM-логики (Model-View-ViewModel) используется для разделения пользовательского интерфейса и логики обработки поступающих от него данных и событий.

*Блок бизнес-логики.* Уровень бизнес-логики служит для связи блоков пользовательского интерфейса и блоков обработки изображений и оценки эффективности. Эта прослойка содержит в себе сервисы с набором методов, отражающих основные функции приложения. Для уменьшения связности между компонентами приложения блок MVVM-логики взаимодействует с сервисами через интерфейсы.

*Блок структур данных.* В данный блок вынесены основные структуры данных, необходимые при работе приложения. Например, классы, представляющие контур, точку, ядро. Через уровень бизнес-логики блок связан с остальными компонентами, что облегчает использование моделей данных без дублирования кода. Данный блок представлен динамической библиотекой (dll).

*Блок работы с .xml файлами.* Предназначен для работы с xml файлами. В .xml-файлах хранятся эталонные данные о центрах ядер клеток, границах объектов и др. для адекватной оценки эффективности ЭКП.

*Блок ввода/вывода изображений.* Отвечает непосредственно за загрузку и сохранение изображений и преобразование их к классу Bitmap.

*Блок оценки эффективности.* В данном блоке производится подсчет статистических данных и оценка эффективности анализа и обработки изображений.

*Блок обработки изображений.* Включает в себя: 1. программный модуль подсчета ядер клеток на изображениях гистологических препаратов, алгоритмическая база которого предложена в [3]; 2. программный модуль инструментальных средств анализа медицинских изображений.

*База изображений* представляет собой абстракцию над внешним источником данных. Изображения могут поступать на обработку из файловой системы путем загрузки их пользователем через диалог выбора файлов.

## II. ТЕСТИРОВАНИЕ КОМПЛЕКСА

Разработанный комплекс адаптирован для тестирования на общедоступной базе гистологических медицинских изображений. Исследуемые гистологические препараты окрашивались гематоксилином и эозином, после чего были получены цифровые изображения (H&E изображения), вошедшие в общедоступную базу медицинских гистологических изображений [4, 5]. Размер изображений – 600 × 600 пикселей, формат – JPEG. Тестовая база состоит из 36 цветных изображений,

которые содержат 7931 ядер клеток. В базе изображений присутствуют снимки различных органов (молочной железы, почек, слизистой оболочки желудка, соединительной ткани, тонкой кишки и т.д.). Координаты центров ядер клеток представлены в виде 36 xml-файлов (для каждого гистологического изображения соответственно). Примеры изображений приведены на рисунке 2.

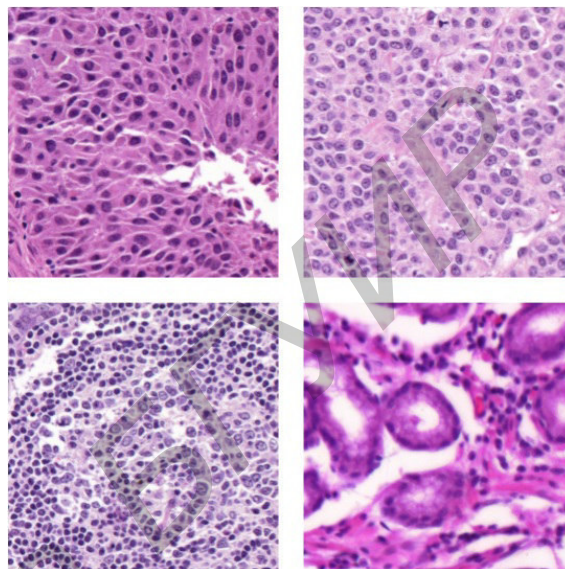


Рис. 2 – Примеры гистологических изображений

Значение F-меры для указанных данных при подсчете ядер клеток равно 0,8926 [3].

## III. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В докладе описан экспериментальный комплекс программ анализа гистологических медицинских изображений. Работа частично выполнена в рамках гранта фонда фундаментальных исследований (договор с БРФФИ № Ф15ЛИТ-031).

1. Irshad, H., Veillard, A., Roux, L. and Racocceanu, D. Methods For Nuclei Detection, Segmentation, and Classification in Digital Histopathology: A Review – Current Status and Future Potential // IEEE Reviews In Biomedical Engineering. – 2014. Vol. 7. – P. 97114.
2. Shengyong Chen, Mingzhu Zhao, Guang Wu, Chunyan Yao and Jianwei Zhang, Recent Advances in Morphological Cell Image Analysis // Hidawi Publishing Corporation: Computational and Mathematical Methoda in Medicine. – Vol. 2012.
3. Лукашевич М.М., Старовойтов В.В. Методика подсчета числа ядер клеток на медицинских гистологических изображениях // Системный анализ и прикладная информатика. – 2016. – № 2. – С. 38-42.
4. Al-Kofahi, Y., Lassoued, W., Lee, W., Roysam, B. Improved automatic detection and segmentation of cell nuclei in histopathology images // IEEE Trans. Biomed. Eng. – 2010. – 57(4). – P. 841852.
5. Al-Kofahi, Y., Lassoued, W., Grama, K., Nath, S.K., Zhu, J., Oueslati, R. et. al. Cell-based quantification of molecular biomarkers in histopathology specimens // Histopathology. – 2011. – 59(1) – P. 4054.