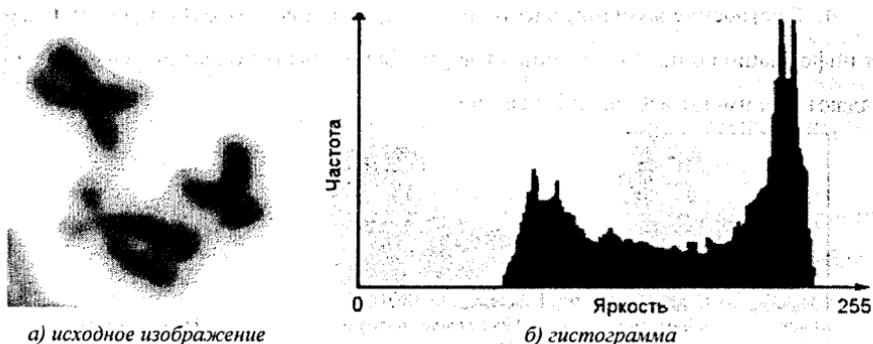


АВТОМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ И РАСПОЗНАВАНИЕ ИЗОБРАЖЕНИЙ ХРОМОСОМ

Макарова Е. В., Назаров П. В., БГУ, Минск

Проблема распознавания изображений в наше время остается актуальной и человек предпринимает все более успешные попытки заменить себя компьютером и автоматизировать этот процесс, строя различные системы распознавания. Программные системы анализа позволяют освободить человека-оператора от рутинной работы с изображениями на производстве и в научных лабораториях. Особенно это существенно при исследовании микрообъектов, поскольку, во-первых, фотография зачастую является единственно возможным способом получить информацию об объекте, не разрушая его; во-вторых, такие фотографии могут содержать большое число микрообъектов одновременно, делая чрезвычайно трудоёмким процесс их анализа. Данная работа посвящена анализу и распознаванию изображений хромосом. Хромосомы различаются по внешним размерам, длине. Задача исследователя – определить пары одинаковых хромосом (кариотипирование) и отследить случаи отрывания плеч хромосом (абберации) в определенной паре. Эта информация может быть использована в дальнейших исследованиях, например, при выявлении мутагенной активности пестицидов на хромосомный набор лягушек. В настоящее время определение параметров хромосом производится визуально и является трудоёмким процессом. Для облегчения работы исследователя было предложено использовать компьютерную обработку изображений.

Примеры получаемых изображений представлены на рис. 1 а. При распознавании изображений можно выделить два этапа. Первый заключается в предварительной обработке данных, а второй – в непосредственном анализе и распознавании объектов. В нашем случае предобработка включала в себя применение алгоритмов повышения контрастности изображения, фильтрацию и сглаживания границ объектов [1, 2, 3].



а) исходное изображение

б) гистограмма

Рис. 1. Исходное изображение хромосом с гистограммой яркости

Для разделения исходных данных на объекты и фон проводилась сегментация изображения. На рис. 1б видны два четких пика, один из которых соответствует фону изображения, а другой – объектам. Выбирая подходящий порог (его значение определяется из гистограммы), изображение переводилось в монохромный режим, где 0 – это цвет фона (яркость исходного пикселя ниже выбранного порога), а 1 – цвет объекта (в противоположном случае).



а) исходное изображение

б) перевод в монохромный режим (без фильтра)

в) перевод в монохромный режим (с фильтром)

Рис. 2. Перевод изображения в монохромный режим

Для анализа хромосомы использовались следующие алгоритмы.

1. Выделение контура изображения (его длина) дает первичную информацию о распознаваемой хромосоме (размер) [1, 2].
2. Построение скелета изображения (объект достаточно узкий и выделение скелета дает полезную информацию) и фильтрация шумов. Их появление связано с неровностью выделения краев, т.к. предложенный алгоритм [1] чувствителен к изменениям края.
3. Определение крайних точек и точек пересечения (центра хромосомы) [2] позволяет отследить количество и длину плеч у хромосомы.

4. Построение функции расстояния от центра масс объекта до контура дает информацию о похожести объектов [4]. Для похожих объектов функции совпадают или имеют небольшие различия.



Рис. 3. Анализ изображения

Для идентификации пар хромосом было предложено использовать искусственную нейронную сеть (НС), т.к. она обладает рядом преимуществ: НС является универсальным классификатором; её отличает устойчивость к шумам и простота применения [5].

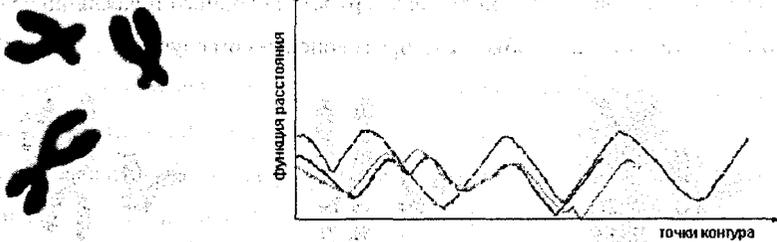


Рис. 4. Вид функций расстояний для трех хромосом

Непосредственно использовать значения построенной функции для распознавания с помощью нейронной сети достаточно сложно, так как от объекта к объекту меняется длина вектора значений функции и, следовательно, требуется различное число входов нейронной сети. Поэтому строилась таблица частот встречаемости каждого уровня. Число уровней определяло число входов НС. В этом случае нет необходимости совмещать точки отсчета функций, что уменьшает погрешность.

Для решения задачи распознавания использовался трехслойный перцептрон с 67 входами и 15 выходом. Внутренние слои содержали по 15 нейронов.

На входы нейронной сети подавались длина контура (1 вход), длина плеч хромосом (4 входа), данные гистограммы (62 входа). Предварительно обученная нейронная сеть относила хромосому к одной из 13 пар или к случаю с пересечением или аберрацией.

Применение предложенного метода позволяет ускорить процесс кариотипирования и облегчить работу исследователя, избавив его от рутинной работы. Предложенные алгоритмы применяются на кафедре генетики и биотехнологии Биологического факультета Белгосуниверситета для анализа влияния пестицидов триазинового ряда на генетический аппарат травяной и остромордой лягушек (*Rana temporaria* и *Rana arvalis*).

Литература. 1. Павлидис Т. Цифровая обработка изображений. М.: "Мир", 1981. 2. Абламейко С. В., Лагуновский Д. М., Обработка изображений. Мн.: "Алмафея", 2000. 3. Фу К., Гонсалес Р., Ли К., Робототехника. М.: "Мир", 1989. 4. Алькоффаиш М. С., и др., Алгоритм идентификации двухмерных объектов в динамических сценах. PRIR'2002, т. 2, с. 188-200. 5. Bishop M. Neural Networks for Pattern Recognition. Oxford: Clarendon Press, 1997.

ВЫБОР ОПТИМАЛЬНОЙ СТРУКТУРЫ НЕЙРОСЕТЕВЫХ МОДЕЛЕЙ ДЛЯ ЗАДАЧИ РАСПОЗНАВАНИЯ ГРАФИЧЕСКОЙ ИНФОРМАЦИИ

Селезнев П. В., БГТУ, Брест

Введение

Под проблемой распознавания графической информации понимают способность машины, то есть компьютера, "понимать", что представлено ему на рассмотрение. Любая задача распознавания сводится к самостоятельной классификации машиной изображения, без помощи человека.

При построении адаптивных систем распознавания перспективным является использование нейронных сетей (НС), которые обладают такими свойствами как обучаемость и способность аппроксимировать любые вычислимые функции. Это позволяет использовать их для построения математических моделей сложных процессов и объектов даже в тех случаях, когда другими способами это сделать затруднительно.

Такой моделью НС, перспективной для распознавания является многослойная нейронная сеть. Для изучения возможностей многослойной нейронной сети предлагалось применить следующий подход.