

Система за анализ и диагностика на цифрови изображения на кръвни проби

Венцислав Николов, Христо Вълчанов

Резюме: В статията е представена система за бърза диагностика на заболявания, засягащи състоянието на кръвните клетки като промени в големината, формата, оцветяването, наличие на включвания в тях и др. Представеното решение се базира на анализ на изображенията на кръвните клетки, чрез определяне на техните контури, чрез които се формира описание и се обучава невронна мрежа за разпознаване. Системата позволява систематизиране на данните за разпространението на заболявания, което дава възможност за изграждане на базирана на Интернет технологиите система за ранно известяване при епидемии.

Ключови думи: Невронни мрежи, диагностика на кръвни проби, обработка изображения

A System for Analysis and Diagnosis of Digital Images of Blood Samples

Ventsislav Nikolov, Hristo Valchanov

Abstract: In this paper a system is presented for fast disease diagnosis concerning the red blood cells state as changes in their size, form, color, foreign substances, etc. The presented solution is based on analysis of the blood images by determination of bloods' edges for description and training of a neural network for recognition. The system allows systemizing the data for disease dissemination that facilitates development of an Internet-based early warning system for epidemics.

Keywords: Neural networks, blood images diagnosis

1. Увод

Автоматизираният визуален анализ на изображения намира все по-широко приложение в софтуерните системи. Неговите предимства са, че осигурява висока скорост и значително намалява броя на хората ангажирани с анализа. Редица заболявания които водят до морфологични изменения на кръвните клетки могат да се идентифицират с помощта на визуален контрол [12]. Такива са например, някои видове малария [5], анемия [13] и др., при които се наблюдават промени във формата, размера или други характеристики на кръвните клетки, настъпили поради външни включвания или патологични изменения. Системите за автоматичен анализ на кръвни проби преодоляват бавната скорост на човешкия анализ, отнемащ до няколко часа. Освен това, в случай на епидемии, се налага бързо диагностициране на голям брой пациенти, което налага ангажирането на голям брой медицински лица. Този брой често е недостатъчен, особено в икономически изостаналите географски региони. Разработването и внедряването на автоматизирани системи, които позволяват в кратки срокове с минимални човешки ресурси да подпомагат диагностиката, могат да позволят увеличаване на скоростта на анализа и да намалят влиянието на човешкия фактор.

В статията е представен подход за изграждане на система за бърза идентификация на заболявания, при които се наблюдават морфологични промени в червените кръвни клетки. Идентификацията се извършва посредством анализ на изображения получени по стандартен USB интерфейс от свързана към микроскоп камера за наблюдение на кръвните проби. Системата се характеризира с малки изисквания по отношение на техническото оборудване - могат да се използват обикновена уеб камера и неспециализиран микроскоп в състояние да увеличава около хиляда пъти картината от кръвните проби.

Известни са редица софтуерни решения използващи различни методи за анализ на цифрови изображения от кръвни проби [9], като например трансформации на Хаф за окръжности [16], хистограми и средни отклонения на сегменти в изображението, параметрични описания [4] и др. Представеното в статията решение се базира на анализ на изображението чрез отделяне на контурите на кръвните клетки и тяхното използване за формиране на описание и обучение на невронна мрежа. Обучението на мрежата включва и последващо класифициране на нови примери на кръвни клетки.

2. Описание на подхода

2.1. Обработка на изображенията

В общия случай микроскопските изображения на кръвните клетки съдържат голям обем информация, което налага използване на техники за бърза обработка и анализ. Целта е да се извлекат т.нар. непроизводни елементи [1], чрез които да се постигне достатъчно пълно описание. Тъй като изображенията на кръвните проби са с голям брой визуални обекти, които трябва автоматично да се анализират, се налага извличането само на определени характеристики от сегментите в изображението. За целта се съставят признаци, всеки от които представлява апроксимираща права линия на контура на кръвна клетка. Един признак се представя чрез вектор от пет елемента $(x_1, y_1, x_2, y_2, \sin, \cos)$, като за тяхното определяне се изпълняват следните стъпки:

- цифрово представяне на изображението;
- определяне на контурите на визуалните обекти (червени кръвни клетки) и тяхното изтъняване [10];
- обхождане на контурите и определяне на контролни точки за обособяване на признаци;
- формиране на описание на обектите в изображението чрез описание на признаците.

2.2. Цифрово представяне

От полученото изображение първоначално се формира двумерна матрица от елементи, всеки от които се състои от четири стойности, съответстващи на силата на трите цветови компоненти (червена, зелена и синя) и степента на прозрачност на съответния пиксел. За да се извършат операциите в следващата фаза, е необходимо всеки елемент на изходната матрица да се третира като атомарен елемент. Това налага трансформация на цифровото представяне по такъв начин, че всеки пиксел да се представи само с едно число, съответстващо на неговата яркост. За целта се извършва преобразуване на цветното изображение в черно-бяло. Алтернативен подход е да се обработва изображението във всяка от цветовите компоненти и комбинирането на резултатите след обработката. Формирането на черно-бяло изображение в системата се извършва, чрез пресмятане на средната стойност на яркостта на всяка цветова компонента.

2.3. Определяне на контурите

Определянето на контурите се базира на откриването на големи градиентни промени в яркостта на черно-бялото изображение [3]. За да се открият такива промени се пресмята производната на функцията на яркостта. При едномерно пространство това се извършва по следния начин:

$$f'(x) = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{f(x + \Delta x) - f(x)}{\Delta x} \quad (1)$$

При разглеждане на двумерното пространство, в представената система се съставя оператор на Превит [2] за откриване на контури в изображението по хоризонтала, вертикала и по диагонал. Изображението се обхожда с конволюционна матрица [11] при което за всеки пиксел с координати (i, j) се извършват изчисления, аналогично на [6]:

$$g(i, j) = \sum_{m=-a}^a \sum_{n=-a}^a f(m, n)h(i - m, j - n), \quad (2)$$

където $a = (k - 1) / 2$, f е яркостта на изображението, а h е конволюционна матрица с размери $k \times k$.

Формула (2) описва формирането на коефициентите определящи наличието на контур.

За различните посоки се съставят различни матрици и когато силата на градиентния скок, определен чрез формула (3), е по-голяма от предварително зададен праг, в съответната точка се маркира наличие на контур, което се използва от следващите етапи на обработката.

$$\text{magn}(\nabla f) = \sqrt{\left(\frac{\partial f}{\partial x}\right)^2 + \left(\frac{\partial f}{\partial y}\right)^2} = \sqrt{M_x^2 + M_y^2}, \quad (3)$$

където

$$\frac{\partial f}{\partial x} = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{f(x + \Delta x, y) - f(x, y)}{\Delta x} \quad (4)$$

$$\frac{\partial f}{\partial y} = \lim_{\Delta y \rightarrow 0} \frac{f(x, y + \Delta y) - f(x, y)}{\Delta y} \quad (5)$$

$$\nabla f = \begin{pmatrix} \frac{\partial f}{\partial x} \\ \frac{\partial f}{\partial y} \end{pmatrix} \quad (6)$$

Посоката на контура се определя по следния начин [15]:

$$\text{dir}(\nabla f) = \tan^{-1}\left(\frac{M_y}{M_x}\right) \quad (7)$$

2.4. Обхождане на контурите и формиране на описание на обектите в изображението

Описанието на кръвните клетки в картината на изображението се формира, чрез следните стъпки:

- обхождане на контурите [8]. Пикселите, принадлежащи на контур, се разглеждат като върхове на граф и се изпълнява обхождане в дълбочина с отброяване в брояч на посетените върхове.

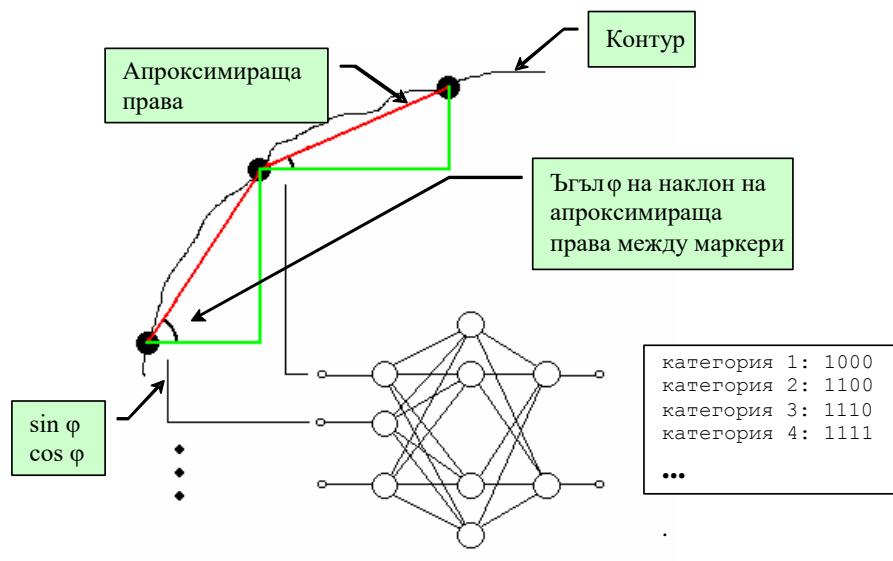
```

checkLineLength((x, y), дължина) {
    пиксел_(x, y)_се_маркира_като_обходен;
    ако_съсед_на_(x, y)_е_контур_и_не_е_обходен
    {
        дължина = checkLineLength(съсед, дължина+1)
    }
    return дължина;
}

```

Ако стойността на брояча е равна на предварително зададена максимална стойност или е достигнат край на линията на контура, се поставя маркер на контролна точка.

- между съседните контролни точки се построяват апроксимиращи прави (фиг.1). Всяка права i се определя еднозначно, чрез координатите на двете крайни точки – (x_1, y_1, x_2, y_2) . Освен тези координати, за всяка права се определя и ъгълът на наклона φ спрямо абсцисата;
- пресмятат се синусът и косинусът на ъгъл φ ;
- окончателно се формира описанието на признак i чрез елементите $(x_1, y_1, x_2, y_2, \sin(\varphi), \cos(\varphi))$.



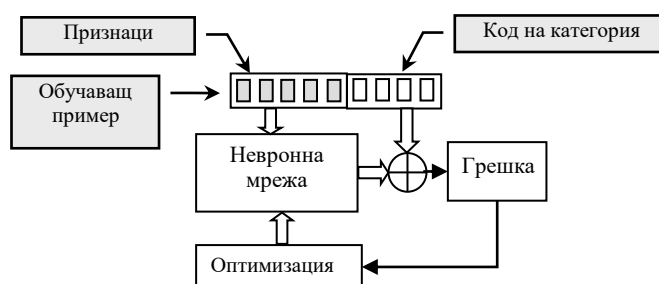
Фиг. 1. Извличане на информация от признаци в изображението за обучение на невронната мрежа

От информацията, описваща признаците, се използват само последните два елемента - $\sin(\varphi)$ и $\cos(\varphi)$. Това позволява да се пренебрегне относителният размер на кръвните клетки от камерата и да се извърши анализ на формата на клетките или наличието на чужди тела в тях. Тези данни освен това приемат стойности само в интервала $-1 \div 1$, което е основно изискване към данните за обучение на невронни мрежи с обратно разпространение на грешката [3]. Използват се едновременно както синус, така и косинус, тъй като ако някоя от апроксимиращите прави е хоризонтална или вертикална, то синусът (респективно косинусът) е нула, което не носи полезна информация за анализа.

3. Обучение на невронната мрежа

След формиране на описанието на контурите на изображенията се пристъпва към обучението на невронната мрежа – фиг.2. Тя е от тип многослоен перцептрон и се обучава по широко използвания алгоритъм с обратно разпространение на грешката.

Броят входове е равен на броя на всички признаци умножен по две, за синус и косинус на всеки признак, а броят на изходите е равен на броя на категориите. Системата поддържа множество възможности за настройка: различни по тип активационни функции, критерии за край на обучението и т. н. След успешно обучение, при достигане на достатъчно малка грешка и валидиране на способността за генерализация, целият контекст, състоящ се от тегла и настройки на невронната мрежа, се съхраняват в XML дърво. При заявка от клиентско приложение, дървото се предава към него, където модулът, след построяване на невронната мрежа в паметта, може да я използва за класификация на нови изображения.



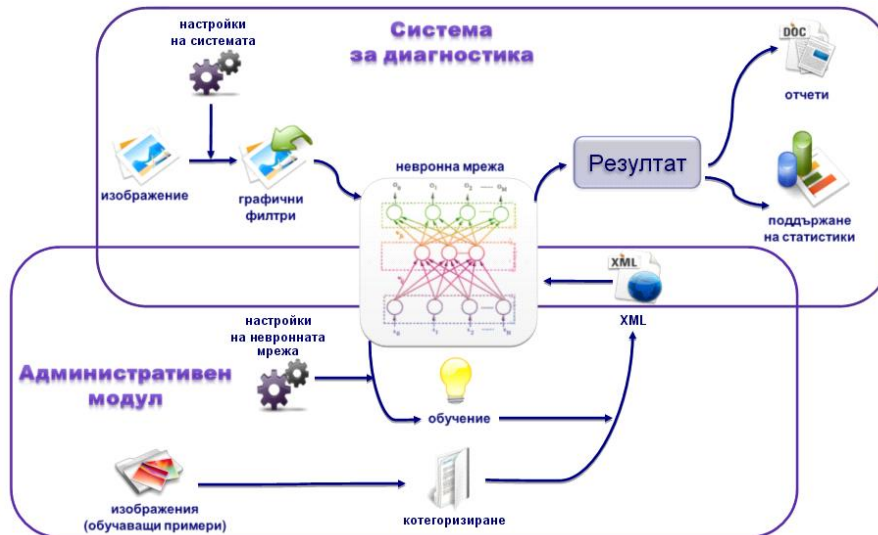
Фиг. 2. Обучение на невронната мрежа

Входно-изходните обучаващи двойки вектори се формират по следния начин:

- входният вектор на всеки обучаващ пример се определя от признаците на съответното изображение. Те се формират след определяне на контурите на кръвните клетки;
- изходният вектор на обучаващия пример се определя, чрез кодиране на съответната категория към която принадлежи изображението [14]. Кодовете на категории са двоични вектори, във всеки елемент на които се записва стойност единица, ако индексът му е по-малък или равен на поредния номер на текущата категория или нула в противен случай.

4. Реализация на системата за диагностика

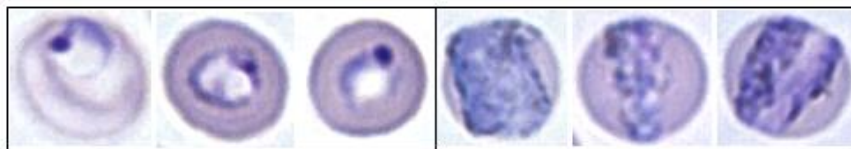
На Фиг.3 е показана структурата на система за диагностика разработена на базата на предложения подход. Тя се състои от административен модул и множество от клиентски модули.



Фиг. 3. Структура на системата за диагностика

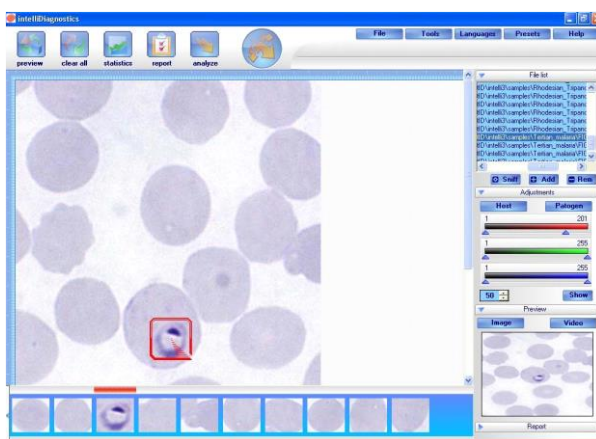
В административния модул се съдържа информация за заболявания, която се предоставя към клиентските модули с помощта на уеб услуги. Информацията се изгражда, чрез предварително структурирани и групирани според заболяванията изображения на кръвни клетки. Класифицирането се извършва от експерти, медицински лица, които предоставят примери за използване – фиг. 4.

След получаване на изображенията, информацията за тях се представя според конекционисткия подход с използване на еднопосочна невронна мрежа, чиято топология и параметри на обучение се определят от представените примери.

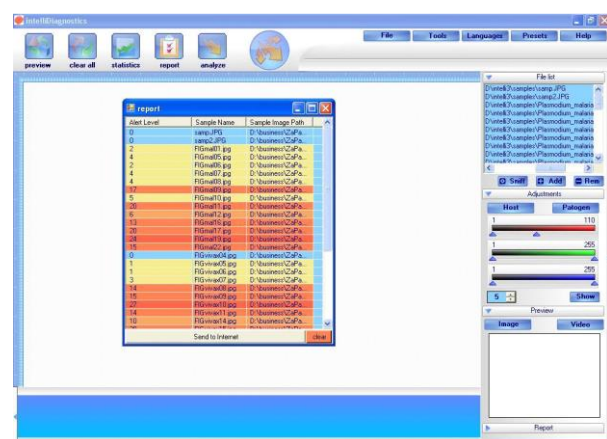


Фиг. 4. Кръвни клетки, класифицирани в две примерни категории на заболявания

Клиентските модули, показани на фиг. 5, могат да инициират заявка за най-актуалните дефиниции на заболявания и да извършат класифициране на подадено изображение. В резултат от заявката, главният модул предоставя обучена невронна мрежа във вид на XML дърво, която се построява в паметта при клиента. XML информацията съдържа архитектурата на невронната мрежа (брой слоеве, брой неврони) и самите тегла на връзките. Функциите на клиентския модул позволяват единствено диагностика посредством определяне на категорията на представеното на входа изображение.



(a)



(b)

Фиг. 5. Анализ на пробите – индивидуална проба (а), пакетен режим (б)

Тъй като подаваните на клиенткия модул изображения на проби могат да са с различно качество, преди прилагане на алгоритмите за анализ се прилагат филтри за цветове, настройки за яркост и др. Към изображението се извършва сегментация, обектите се отделят и се анализират с помощта на заредените от административния модул дефиниции. При откриване на патологични изменения се извършва диагностика на съответните клетки, като наличието на заболяване се посочва в проценти (Фиг.6).

Results:	
Category_1:	97,5519033 %
Category_2:	83,6151824 %
Category_3:	68,7276394 %
Category_4:	52,8033868 %
Category_5:	36,8290293 %
Category_6:	21,2423764 %

Фиг. 6. Резултати при откриване на заболяване

5. Заключение

Представената система използва конекционистки подход за класификация на изображения, представени във вид на матрици от числа, с използване на информацията за предварително формирани класове от изображения. Предстоят експериментални изследвания, на чиято база да се определят оптималните параметри при обработката на изображения и обучението на невронната мрежа. Точността на класифицирането се определя най-вече от броя на представените примери и тяхното правилно разпределение по категории на заболявания. Изграждането на информацията за заболявания на едно централно място и мултиплицирането на клиентските модули за използване на тази информация, съкращава времето за анализ и дава възможност за висока степен на автоматизация. Така по естествен начин експертните знания на медицинските лица могат автоматично да се разпространяват и използват на много места, въпреки географската им отдалеченост.

Цел на бъдеща работа е интегрирането на представената система в цялостна инфраструктура за ранно известяване при епидемии. Тази инфраструктура се предвижда да бъде изградена посредством мобилни устройства, върху които функционира системата за диагностика и облакови услуги, предоставящи отдалечен достъп до централна база с натрупани диагностични знания за заболявания.

Литература

- [1]. Гочев, Г. Компютърно зрение и невронни мрежи, С., изд. на ТУ–София, 1998, стр.251.
- [2]. Павлова, П. Цифрова обработка на изображения. П., изд. на Фондация “Физика, инженерство, медицина – XXI”, 2005, стр. 64.
- [3]. Acharya, T., A. K. Ray. Image Processing: Principles and Applications, Wiley interscience - Ney Jersey, 2005, pp. 425.
- [4]. Bronkorsta, P., et al. On-line detection of red blood cell shape using deformable templates. Pattern Recognition Letters, 2000, vol.21(5), pp. 414-424.
- [5]. Carlton, J., S. Perkins, K. Deitsch. Malaria Parasites. Caister Academic Press, 2013.
- [6]. Dougherty, G. Digital Image Processing for Medical Applications, Cambridge University Press, 2009, pp. 462.
- [7]. Fausett, L. Fundamentals of neural networks. Architectures, algorithms and applications. Prentice Hall, 1994, pp. 461.
- [8]. Jahne, B. Digital image processing, Springer-Verlag, 2002, pp. 598.
- [9]. Jambhekar, N. Red Blood Cells Classification using Image Processing. //Science Research Reporter, 2011, Issue 3, pp. 151-154.
- [10]. Liang, J. A Research on Guided Thinning Algorithm and Its Implementation by Using C#. International Journal of Image Processing (IJIP), ISSN: 1985-2304, Vol. 5 Iss. 5, Computer Science Journals, 2011.
- [11]. Maini, R., H. Aggrarwal. Study and Comparison of Various Image Edge Detection Techniques. International Journal of Image Processing, ISSN: 1985-2304, Vol. 3 Iss. 1, Computer Science Journals, 2009.
- [12]. Meyer-Base, A. Pattern Recognition for Medical Imaging, Elsevier, 2004, pp. 386.
- [13]. Silverberg, D. Anemia. ISBN 978-953-51-0138-3, Intech, 2012.
- [14]. Theodoridis, S., K. Koutroumbas. Pattern recognition, Elsevier, 2008, pp. 984.
- [15]. Trucco, J. CS491E/791E: Computer vision Lectures. Department of Computer Science, University of Nevada, Reno, NV 89557, 2004.
- [16]. Victorian Bioinformatic Consortium. <http://www.vicbioinformatics.com> (07.2015).

За контакти:

Д-р инж. Венцислав Николов
Старши Софтуерен Програмист
Еврориск Системи ООД
9002 Варна
Ул. Генерал Киселов 31
Ел. поща:
vnikolov at eurorisksystems dot com

доц. д-р инж. Христо Вълчанов
катедра „Компютърни науки и технологии“
Технически Университет - Варна
Ел. поща: hristo at tu-varna dot bg