

щина губчатого вещества кости на уровне диафиза; толщина компактного вещества кости на уровне нижнего метафиза; толщина губчатого вещества кости на уровне нижнего метафиза; для костей голени и предплечья: расстояние между наружными поверхностями костей на уровне верхнего метафиза; расстояние между внутренними поверхностями костей на уровне верхнего метафиза; расстояние между наружными поверхностями костей на уровне диафиза; расстояние между внутренними поверхностями костей на уровне диафиза; расстояние между наружными поверхностями костей на уровне нижнего метафиза; расстояние между внутренними поверхностями костей на уровне нижнего метафиза, а также вычисление вальгусных и варусных углов нижней конечности, углов между осью бедра и осью голени, углов между осью плеча и осью предплечья, углов между плоскостями суставов и осью кости.

Таким образом, построение индивидуальной компьютерной модели костной ткани на основе системы распознавания параметров с использованием рентгеновского метода позволит достаточно точно выявить и оценить особенности индивидуального строения костной ткани, четко провести предоперационную подготовку пациента, прогнозировать течение послеоперационного периода, послеоперационного лечения и реабилитации.

УДК 537.363:543.545:532

АВТОМАТИЗАЦИЯ ЭТАПА АНАЛИЗА ХАРАКТЕРИСТИК БЕЛКОВЫХ ФРАКЦИЙ ПРИ ЭЛЕКТРОФЕРЕЗЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ ЖИДКОСТЕЙ

В. О. Петров, О. О. Привалов,
И. В. Степанченко, В. В. Сургутанов,
С. В. Поройский*

*Камышинский технологический институт (филиал
ВолгГТУ), Волгоградский научный центр РАМН
и Администрации Волгоградской области**

Разработаны принципы автоматизации этапа анализа характеристик белковых фракций при электрофорезе белка.

Ключевые слова: электрофорез, автоматизация, белковые фракции.

Одним из достаточно информативных лабораторных тестов, используемых в настоящее время, является электрофорез белков биологических жидкостей (сыворотки крови, мочи, спинномозговой жидкости и др.), который позволяет получить значительную диагностическую информацию.

В работе предлагается алгоритм, лежащий в основе автоматизированной системы, предназначенной для выполнения интерактивных измерений характеристик белковых фракций по растровому изображению анализируемого препарата.

Алгоритм диагностики состоит из следующих основных шагов:

Шаг 1. Сканирование (фотографирование) образца с набором проб. И в первом и во втором случае под этим понимается процесс получения растрового изображения, отражающего наблюдаемую при диагностике картину. Как известно, процесс получения растрового изображения может сопровождаться искажением линейных размеров для сравниваемых проб, вследствие чего адекватность результатов серьезно пострадает. Выход из этой ситуации возможен за счет применения следующего шага.

Шаг 2. Определение допусков и поправочных коэффициентов. Если заранее определиться с методом контроля линейных искажений при получении растровых изображений исследуемых проб, то можно ввести поправочные коэффициенты, которые уточняют в вычисление геометрических показателей распределения белковых фракций. Так как основным показателем в измерении является относительная длина пути, «пройденная» молекулами белка в геле L , то формула для ее вычисления примет вид:

$$L = k \times l,$$

где: l — действительная длина для текущего препарата, а k — поправочный коэффициент.

Шаг 3. Выбор области для контроля. Данный этап подразумевает установку опорных точек А и В вдоль линии движения молекул. Пользователь сам определяет направления сканирования. Но важно, чтобы точка А всегда находилась в начале пути движения белка (рис. 1).

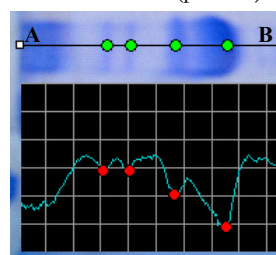


Рис. 1. Определенные на графике зоны локальных минимумов и соответствующие им участки анализируемого изображения

Шаг 4. Построение графика распределения яркости вдоль измеряемого участка. Оценка растрового изображения на визуальном уровне (на глаз) не может дать достаточной точности измерений, необходим более тонкий инструмент определения точек барьера. Таким инструментом может стать график зависимости яркости от «длины» пути сканирования. Резкие впадины будут означать точки барьера. Ориентироваться на графике гораздо легче, соответственно точность в этом случае будет выше, хотя все равно остается влияние человеческого фактора.

На рис. 1 представлен пример такого графика для выборочного теста.

Шаг 5. Установка на графике контрольных точек, соответствующих зонам интереса. Как уже отмечалось, локальные впадины есть интересующие нас барьеры. На рис. 1 дано соответствие показаний на графике зонам задержки белка.

Как видно из рис. 1, такой подход позволяет достаточно точно (на визуальном уровне) определить интересующие нас зоны.

Шаг 6. Автоматическое определение типа белка по результатам измерений. Предполагается, что перед непосредственным анализом происходил этап «обучения» системы. Суть которого заключалась в предварительной калибровке массивов эталонных значений по результатам измерения препарата-образца.

Процесс определения проиллюстрирован на следующей схеме (рис. 2)

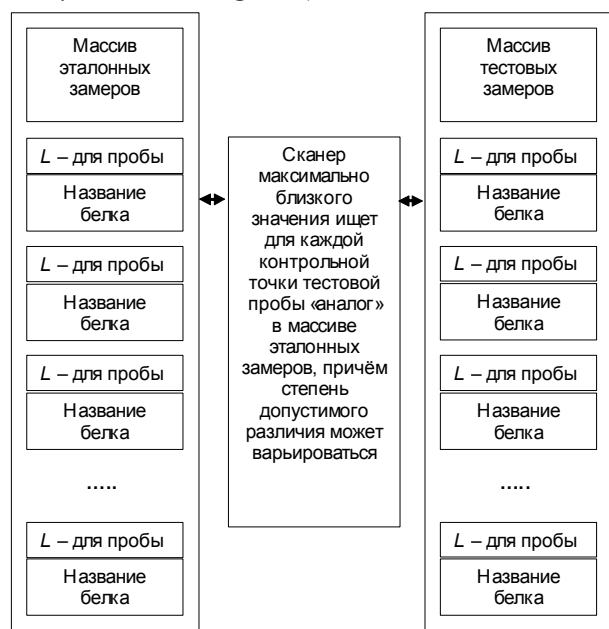


Рис. 2. Схема механизма автоматической идентификации белковых зон по результатам интерактивных измерений

Как следует из схемы, механизм достаточно прост. Для данных, полученных при измерении текущего образца, происходит сопоставление с данными, хранящимися в массиве откалиброванных значений. Белок считается идентифицированным, если будет найдено равное или близкое эталонное значение. Порог, определяющий степень близости, при котором даже максимально приближенный элемент уже не считается объектом аналогичного класса, может варьироваться.

Для метода контроля линейных искажений при получении растровых изображений исследуемых препаратов разработан специализированный алгоритм.

УДК 61:007:681.5

ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДА АКТИВНЫХ КОНТУРОВ ДЛЯ ИНТЕРАКТИВНОГО ВЫДЕЛЕНИЯ ОБЪЕКТОВ НА РАСТРОВЫХ ИЗОБРАЖЕНИЯХ МЕДИКО-БИОЛОГИЧЕСКИХ ПРЕПАРАТОВ

В. О. Петров, О. О. Привалов,
И. В. Степанченко, В. В. Сургутанов,
С. В. Поройский*

*Камышинский технологический институт,
Волгоградский научный центр РАМН и
Администрации Волгоградской области**

Применен метод активных контуров для интерактивного выделения объектов на растровых изображениях медико-биологических препаратов.

Ключевые слова: метод активных контуров, растровые изображения, медико-биологические препараты.

Задача корректного выделения (сегментации) объектов интереса на растровом изображении является одной из важных функциональных составляющих автоматизированных систем распознавания образов. Именно от ее эффективного решения зависит точность расчета морфологических характеристик анализируемого объекта. До настоящего момента не выявлено универсальных способов выделить интересующий фрагмент изображения без знания особенностей прикладной задачи. В большинстве случаев человек принимает решение о выборе алгоритма сегментации, а также о соответствии результатов его работы предъявляемым требованиям.

При решении задачи выбора алгоритма выделения объекта на изображении медико-биологического препарата можно выявить следующие особенности. Во-первых, у объектов на изображениях в большинстве случаев ярко выраженные границы. Во-вторых, объекты имеют монотонную текстуру, что позволяет использовать статистические характеристики при выделении. В-третьих, объекты достаточно рассредоточены по площади растра (обособлены), отличны по цветоярким характеристикам и, как правило, имеют округлые формы.

Одним из подходящих алгоритмов, учитывающим особенности прикладной задачи, можно выделить метод активных контуров.

В основе алгоритма лежит идея деформации исходного внешнего или внутреннего контура, имеющего форму очень грубого приближения к форме выделяемого объекта сдвигающими и расширяющими силами.

Под активным контуром понимается изменяемый контур, который состоит из n точек в двумерном пространстве:

$$V = \{v_1, \dots, v_n\},$$

$$\text{где } v_i = (x_i, y_i), i = \{1, \dots, n\}$$

Каждая точка контура итеративно подходит к границе объекта, решая задачу минимизации