

СИСТЕМА АВТОМАТИЗИРОВАННОЙ КЛАССИФИКАЦИИ ХРОМОСОМ ЧЕЛОВЕКА

Новыйдарский Д.Ю., Поворознюк А.И.
НТУ «ХПИ», ул. Курникова 2, г. Харьков, Украина, 61002,
dmitry.novdar@gmail.com

Актуальность. На современном этапе наблюдается внедрение информационных технологий, в частности, в медицину. При этом, кроме общих задач информатизации, происходит автоматизация некоторых видов врачебной деятельности с помощью создания специализированных медицинских систем поддержки принятия решения. Актуальность данной задачи четко прослеживается в такой прикладной области как генетика. Для выявления риска появления генетических заболеваний существуют методы оценки распределения количества хромосом человека по группам. Традиционно этот процесс выполняется вручную квалифицированным врачом генетиком при анализе снимков, сделанных с помощью электронного микроскопа. Поэтому создание системы автоматизированного распределения хромосом человека по группам с целью повышения достоверности результата и сокращения времени является актуальным.

Цель работы – разработка математической модели, выделение информативных признаков и кластеризация хромосом, а также разработка программного обеспечения (ПО) системы.

Для реализации поставленной цели выполняются следующие действия. Преобразование снимков с электронного микроскопа в нужный формат для дальнейшей работы с ними. Выполняется общая фильтрация (фильтром Гаусса) и сегментация фрагмента (оператором Кэнни) [1].

Формируется множество информативных признаков $X = \{x_1, x_2\}$, где: x_1 – высота хромосомы, x_2 – ширина хромосомы. Заданы классы хромосом $\Omega = \{\Omega_1, \dots, \Omega_7\}$. Параметры каждого класса представлены в табл. 1.

Выполняется кластеризация по этим признакам, результаты которой показаны на рис. 1.

Подсчитывается общее количество хромосом, а также определяется к какой из категорий отнести ту или иную хромосому.

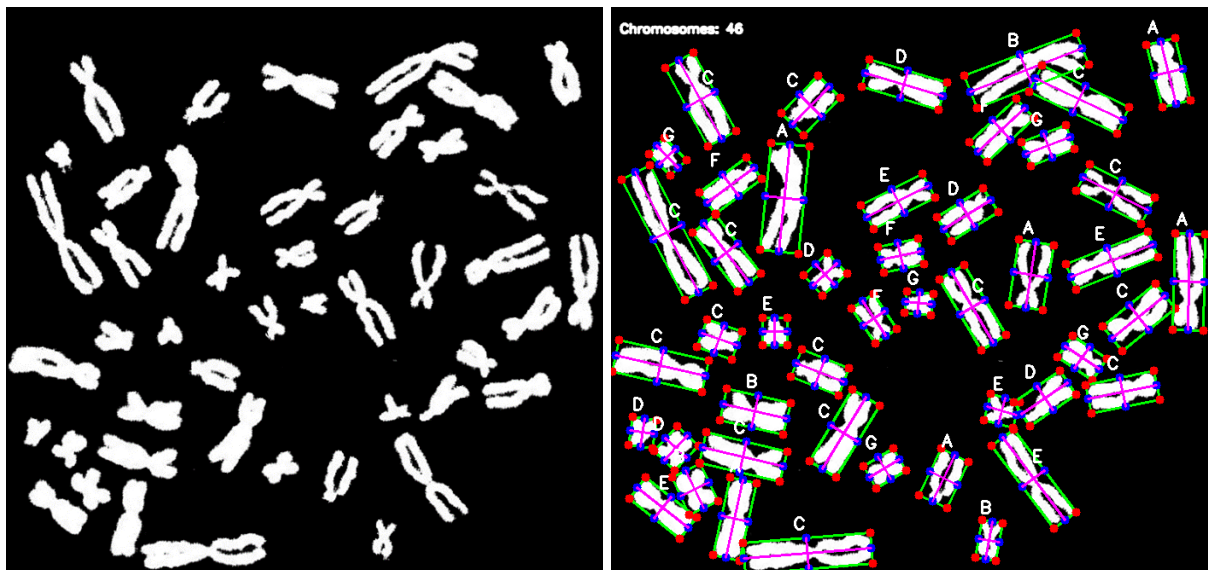
В разработке программного обеспечения использовался язык программирования Python, графический фреймворк PyQt, расширение Py2exe и библиотека компьютерного зрения OpenCV.

Вывод. Разработана математическая модель и её программная реализация. Результаты работы протестированы на реальных снимках, что

Таблица 1

Денверская международная классификация хромосом человека

Класс, Ω	Группа	Номер	Размер, мкм	Характеристика
Ω_1	A	1–3	11–8,3	1 и 3 – метацентричные, большие, 2 – субметацентричная
Ω_2	B	4–5	7,7	Большие, субметацентричные
Ω_3	C	6–12, X	7,2 – 5,7	Средние, субметацентричные
Ω_4	D	13–15	4,2	Средние, акроцентричные
Ω_5	E	16–18	3,6 – 3,2	Мелкие субметацентричные, 18 – акроцентричные
Ω_6	F	19–20	2,2 – 2,8	Самые мелкие, метацентричные
Ω_7	G	21–22, Y	2,3	Самые мелкие, акроцентричные



а) б)

Рисунок 1 – Результаты кластеризации

а – входное изображение, б – изображение после кластеризации и классификации.

подтверждает корректность математической модели и работоспособность ПО. В качестве перспективы выступает улучшение математической модели за счет детализации формального описания признаков.

Список литературы

1. Бойко Д.А. Основные этапы обработки изображений при проектировании биотехнических систем в медицинской радиологии / Д.А. Бойко, А.И. Поворознюк, А.Е. Филатова // Збірник наукових праць Харківського університету Повітряних Сил. – Харків : ХУПС, 2012. – Вип. 2(31). – С. 85-88.