

М. И. РЫЩЕНКО, студент, НТУ «ХПИ»

МЕТОД ИДЕНТИФИКАЦИИ ДВУХМЕРНЫХ ГРАФИЧЕСКИХ ОБЪЕКТОВ

Розглянуто задачу ідентифікації двовірних графічних об'єктів, отриманих унаслідок експериментальних досліджень. Створені бази даних для розпізнавання двовірних графічних об'єктів із застосуванням штучної нейронної мережі. Запропоновані правила трансформації введеного зображення із графічного в матричний вигляд.

The tasks of identification of two-dimensional graphical objects derived from experimental are given. A database for the recognition of two-dimensional graphical objects using artificial neural network are created. The transformation rules introduced by the image of a graphic in a matrix form are proposed

Вступление. Одним из наиболее актуальных направлений в искусственном интеллекте является компьютерное зрение. Создание экспертной системы, позволяющей самостоятельно производить анализ данных, может служить отличным фундаментом для точного распознавания графических объектов.

Анализ литературы. На основе проведенного анализа литературы, осуществлен выбор искусственной нейронной сети. Показано, что адекватное составление базы данных играет ключевую роль в повышении достоверности двухмерных графических объектов[1,2].

Целью статьи является разработка метода, позволяющего автоматизировать процесс обработки графического объекта, в частности распознавание и идентификация хромосомного набора человека.

Основной раздел. Существующие методики, способные производить распознавание образов, имеют существенные недостатки, связанные отсутствием способности адаптироваться к конкретным объектам. Более результативным является применение альтернатив, позволяющих модели самонастраиваться. Это следует реализовывать с помощью искусственной нейронной сети, использующей разделенную модель нейронов и вероятностно-статистический анализ растровых массивов.

Наиболее типичным случаем распознавания двухмерных объектов является распознавание хромосомного набора человека. Точность и эффективность распознавания хромосомом зависит от хорошо подобранных и откалиброванных эталонных представителей каждой хромосомы.

На рис. 1 приведены примеры пар хромосом характерных для человека [3]. Изображение представляет собой графический файл, то есть последовательность кодовых знаков. Однако для распознавания необходимо преобразовать этот зашифрованный код в матричное представление нулей и единиц (0 – не закрашенные, 1 – закрашенные). Современные программы распознавания используют матрицы с высоким разрешением. Для составления базы данных каждой хромосоме были подобраны 5 представителей в виде матрицы с разрешением 12*16. Это матрица является оптимальной и дает высокие результа-

ты распознавания объектов благодаря хорошо подобранной ИСНС.

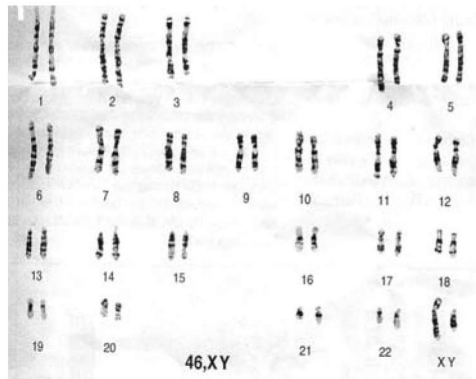


Рисунок 1 – Типовые наборы хромосом

Процесс ввода заключается в закрашивании белого поля рецепторов, черными точками. Поле рецепторов состоит из 192-ух квадратных клеток. На рис. 2 приведен пример заполнения поля рецептора 15–мя точками, в результате которого получается графически-цифровое изображение 8-ой хромосомы. Такое разрешение является невысоким, но достаточным для изображения отличимых друг от друга хромосом.

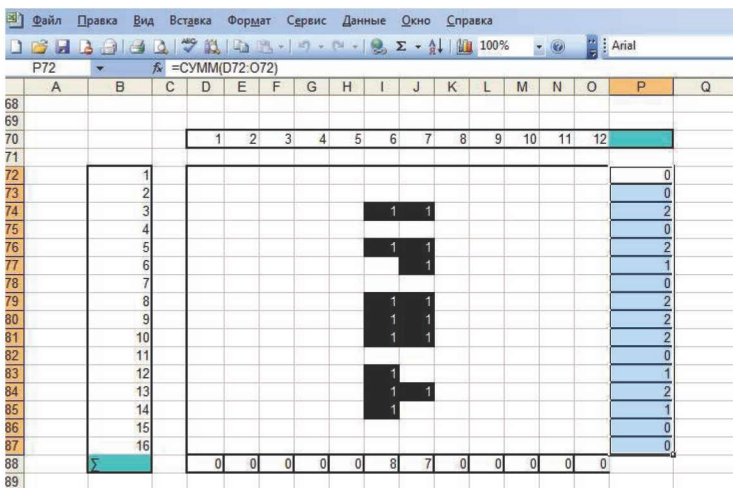


Рисунок 2 – Представление хромосомы в графическом редакторе

Если размеры объекта изображения не совпадают с размером матрицы 12*16, необходимо привести его к этому разрешению путем операции сжатия/растяжения в любом графическом ПО. Для анализа изображения необходимо декодировать его в матричный вид, используя программу WinHex. Дан-

ные представлены в 16-ой системе исчисления [4].

После получения матричной записи в виде массива программы, следующим этапом является обработка поступившего на вход изображения с БД, для последующего распознавания. Основной целью поставленной задачи было, не просто добиться распознавания образов, а построить самообучающуюся модель без учителя, применяя вероятностно-статистический анализ с использованием минимальной БД представителей каждой хромосомы. Эта модель эквивалентна по своим свойствам с ИНС Хопфилда [5]. В таких сетях весовые коэффициенты синапсов рассчитываются только однажды перед началом функционирования сети на основе информации об обрабатываемых данных, и все обучение сети сводится именно к этому расчету. Запоминаемые векторы должны иметь бинарный вид. После этого происходит расчет весовых коэффициентов по следующей формуле:

$$w_{ij} = \frac{1}{N} \sum_{d=1...m} X_{id} X_{jd}, \quad (1)$$

где N – размерность векторов, m – число запоминаемых выходных векторов, d – номер запоминаемого выходного вектора, X_{ij} – i -я компонента запоминаемого выходного j -го вектора.

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | |
|----|---|---|---|----|----|----|-----|-----|----|----|----|----|----|
| 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| 2 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 |
| 3 | 0 | 1 | 3 | 1 | 4 | 39 | 38 | 3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 90 |
| 4 | 0 | 2 | 3 | 1 | 3 | 5 | 5 | 2 | 1 | 0 | 1 | 0 | 23 |
| 5 | 0 | 0 | 4 | 1 | 4 | 37 | 34 | 3 | 2 | 0 | 0 | 0 | 85 |
| 6 | 0 | 0 | 4 | 1 | 3 | 5 | 38 | 3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 55 |
| 7 | 0 | 0 | 5 | 1 | 4 | 5 | 5 | 2 | 1 | 0 | 0 | 0 | 23 |
| 8 | 0 | 0 | 5 | 1 | 4 | 37 | 36 | 3 | 1 | 0 | 1 | 0 | 88 |
| 9 | 0 | 0 | 2 | 2 | 4 | 35 | 35 | 3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 82 |
| 10 | 0 | 0 | 1 | 1 | 4 | 33 | 32 | 3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 75 |
| 11 | 0 | 0 | 1 | 1 | 4 | 32 | 27 | 3 | 1 | 0 | 1 | 0 | 70 |
| 12 | 0 | 0 | 2 | 1 | 3 | 5 | 5 | 2 | 1 | 0 | 0 | 0 | 19 |
| 13 | 1 | 0 | 1 | 1 | 4 | 36 | 5 | 2 | 1 | 0 | 0 | 0 | 51 |
| 14 | 0 | 0 | 1 | 1 | 4 | 40 | 34 | 3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 84 |
| 15 | 0 | 1 | 1 | 1 | 3 | 28 | 4 | 2 | 1 | 2 | 0 | 0 | 43 |
| 16 | 0 | 2 | 1 | 2 | 3 | 5 | 3 | 2 | 1 | 0 | 1 | 0 | 20 |
| 17 | 0 | 0 | 1 | 2 | 3 | 5 | 2 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 15 |
| Σ | | 1 | 3 | 37 | 19 | 57 | 351 | 307 | 40 | 18 | 2 | 4 | 0 |

Рисунок 3 – Сумматорная матрица точечных весов

Для каждой из 23 исследуемых пар хромосом были построены две таблицы: названные сумматорными матрицами точечных весов и точечных вероятностей. Эти матрицы представляли собой таблицы, содержащие соответственно суммарные значения точечных весов и точечных вероятностей для введенных эталонов. Были подсчитаны суммы весов по вертикальным и горизонтальным составляющим в количестве соответственно 12 и 16 значений. На примере 8-ой хромосомы, приведена сумматорная матрица точечных весов (рис. 3).

Сумматорная таблица точечных вероятностей (приведена на рис. 4) имеет такое же структурное представление, но в отличие от первой, содержит сумматорные точечные вероятности, которые были условно разделены на четыре диапазона (0, 0.25], (0.25, 0.5], (0.5, 0.75], (0.75, 1.00] и ассоциированы с цветовой палитрой для визуального выделения доминирующих и рецессивных вероятностей:

Диапазоны вероятностей и соответствие цветов точек.

(0, 0.25] – белые точки (рецессивные)

(0.25, 0.5] – светло-серые точки (рецессивные)

(0.5, 0.75] – темно-серые точки (доминирующие)

(0.75, 1.00] – черные точки (доминирующие)

Это дает суммарную визуальную картину вероятностного распределения точек каждого символа на поле рецептора.

| | A | B | C | D | E | F | G | H | I | J | K | L | M | N | O | P | Q |
|----|---|----|---|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|---|
| 46 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 47 | | | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | | |
| 48 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 49 | | 1 | | 0.03 | 0.02 | 0.01 | 0.01 | 0.04 | 0.04 | 0.04 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.28 | |
| 50 | | 2 | | 0.03 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.76 | 0.91 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 1.89 | |
| 51 | | 3 | | 0.03 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.15 | 0.15 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 0.52 | |
| 52 | | 4 | | 0.03 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.91 | 0.83 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 1.96 | |
| 53 | | 5 | | 0.03 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.15 | 0.78 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 1.14 | |
| 54 | | 6 | | 0.03 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.79 | 0.93 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 1.93 | |
| 55 | | 7 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.78 | 0.78 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 1.75 | |
| 56 | | 8 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.83 | 0.84 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 1.86 | |
| 57 | | 9 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.91 | 0.76 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.04 | 0.01 | 1.88 | |
| 58 | | 10 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.91 | 0.56 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.04 | 0.02 | 1.69 | |
| 59 | | 11 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.12 | 0.12 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.02 | 0.44 | |
| 60 | | 12 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.76 | 0.18 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 1.16 | |
| 61 | | 13 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.84 | 0.78 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 1.84 | |
| 62 | | 14 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.02 | 0.04 | 0.53 | 0.23 | 0.04 | 0.02 | 0.01 | 0.04 | 0.04 | 1 | |
| 63 | | 15 | | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.04 | 0.04 | 0.04 | 0.04 | 0.04 | 0.01 | 0.04 | 0.04 | 0.33 | |
| 64 | | 16 | | 0.01 | 0.03 | 0.01 | 0.01 | 0.04 | 0.04 | 0.04 | 0.01 | 0.04 | 0.01 | 0.04 | 0.04 | 0.32 | |
| 65 | | Σ | | 0.28 | 0.22 | 0.16 | 0.29 | 0.64 | 8.56 | 7.97 | 0.61 | 0.36 | 0.16 | 0.41 | 0.33 | | |
| 66 | | | | | | | | | | | | | | | | | |

Рисунок 4 – Сумматорная матрица точечных вероятностей

Выводы. Полученные результаты позволяют судить о возможности эффективного применения математического аппарата искусственных нейронных сетей для идентификации двухмерных графических объектов, в частности, набора хромосом человека. При этом достоверность идентификации пар хромосом при автоматизации всего процесса повышается на 12-15 % в зависимости от типов сравниваемых классов.

Список литературы: 1. *Круглов В.В., Борисов В.В.* Искусственные нейронные. Теория и практика : 2-е изд., стереотип. – М.: Горячая линия – Телеком, 2002. – 382с. : ил. 2. <http://www.nplg.gov.ge/dlibrary/collect/0002/000206/Ph.D.%20-%20DISSERTATION%20-%20%20Alexey%20Oganezov.pdf>. 3. <http://ru.wikipedia.org/wiki/Кариотип>. 4. <http://www.winhex.com/winhex/>. 5. *А.Б. Барский* Нейронные сети: распознавание, управление, принятие решений. – М.: Финансы и статистика, 2004. – 179 с.

Поступила в редколлегию 15.03.2011.