

ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ И СИСТЕМЫ

УДК 004.932.2

В. А. ЛЕВЧУК¹, В. А. КОВАЛЕВ¹, В. В. БАРКАЛИН², В. Э. ЛОЗОВСКИЙ²**КОМПЬЮТЕРИЗИРОВАННАЯ ДИАГНОСТИКА МЕЛАНОМЫ НА БАЗЕ ПОИСКА ПОХОЖИХ ДЕРМАТОСКОПИЧЕСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЙ В БАЗЕ ДАННЫХ**¹Объединенный институт проблем информатики НАН Беларуси,
Минск, Беларусь, e-mail: vitali.liauchuk@gmail.com²Белорусский национальный технический университет, Минск, Беларусь,
e-mail: vladislavlozovski@gmail.com

Предлагается метод решения задачи компьютеризированной диагностики новообразований кожи, основанный на поиске изображений в базе данных по содержанию. Предложенный метод отличается достаточной простотой, надежностью, меньшей зависимостью от настроек аппаратуры. При тестировании на открытой базе данных дерматоскопических изображений метод поиска показал результаты, по точности сравнимые с результатами работы гораздо более сложного классического метода. Наилучшее качество диагностики достигалась при комбинировании двух методов.

Ключевые слова: меланомы, диагностика, поиск, база данных, анализ изображений

V. A. LIAUCHUK¹, V. A. KOVALEV¹, V. V. BARKALINE², U. E. LAZOUSKI²**CONTENT-BASE IMAGE RETRIEVAL AS A METHOD FOR COMPUTER-ASSISTED DIAGNOSIS OF MELANOMA BASED ON DERMOSCOPIC IMAGES**¹The United Institute of Informatics Problems of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Belarus,
e-mail: vitali.liauchuk@gmail.com,²Belarusian National Technical University, Minsk, Belarus,
e-mail: vladislavlozovski@gmail.com

A method for computer-aided diagnosis of skin lesions based on image retrieval scheme is proposed. The suggested method is rather simple, reliable and robust. The results of the tests carried out on a publically available image dataset suggest that the performance of the method proposed is comparable with one of a rather complicated conventional method of melanoma diagnosis. The best performance is achieved when combining both methods together.

Keywords: melanoma, diagnostics, retrieval, database, image analysis

Введение. Известно, что количество зарегистрированных случаев рака кожи, включая меланому, постоянно возрастает на протяжении последних нескольких десятков лет. По данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), в настоящее время в мире регистрируется порядка 2–3 млн случаев различных форм рака кожи в год, среди которых около 200 тыс. случаев составляет меланомы. При этом количество смертельных исходов, ассоциированных с меланомой, достигает порядка 46 тыс. в год. Заболеваемость меланомой у представителей белой расы ежегодно увеличивается на 5–10% и составляет в Европе примерно 11,3 на 100 тыс. населения. Согласно имеющимся статистическим данным, число случаев меланомы кожи удваивается примерно за каждые 10–20 лет [1]. В Республике Беларусь заболеваемость меланомой кожи составляет 1–4% в общей структуре злокачественных новообразований человека. В настоящее время точность клинической диагностики первичных меланом кожи врачами общей практики в Республике Беларусь составляет 50–75%, что явно недостаточно для обеспечения эффективной диагностики и лечения заболевания.

В настоящее время достигнуты определенные успехи в области разработки компьютеризированных систем диагностики новообразований кожи, нацеленных на повышение точности клинической диагностики меланомы и уменьшение нагрузки на медицинский персонал [2]. Следует отметить, что в основе большей части таких систем лежат сложные многошаговые процедуры анализа дерматоскопических снимков, включающие в себя алгоритмы предобработки изображений, выделения бликов и нахождения волос, сегментации новообразования, вычисления различных текстурных, цветовых, геометрических характеристик и определенных дерматологических критериев и т. д. Алгоритмы, используемые на каждом шаге, сами по себе могут быть достаточно сложными, каждый из них может иметь свои пороговые значения и управляющие параметры, от правильной настройки которых может существенно зависеть качество их работы. В результате данные программные диагностические решения становятся достаточно сложными, зависимыми от настроек аппаратуры и недостаточно надежными.

Активно развивающаяся концепция **Big Data** [3] предлагает альтернативные подходы к решению такого рода задач. Высказываются предположения, что при наличии подходящих методик анализа огромных массивов данных можно выделять полезные знания из объемных баз данных и использовать их «напрямую» для решения задач распознавания.

Цель настоящей работы – сравнение традиционных методов диагностики меланомы с методом, основанным на сопоставлении входного снимка с образцами из базы данных с известными диагнозами.

Используемая база дерматоскопических изображений. Для сравнения методов компьютеризированной диагностики меланомы использована свободно доступная база данных изображений PH² [4]. Дерматоскопические изображения получены в отделении дерматологии госпиталя Педро Гиспано (г. Матосингос, Португалия). Все изображения получены в одинаковых условиях при помощи системы **Tuebinger Mole Analyzer с оптическим увеличением 20**. Эти снимки представляют собой 8-битные цветные изображения с разрешением 768×560 пикселей. База данных изображений содержит в общей сложности 200 дерматоскопических снимков, включая 80 изображений типичных невусов, 80 изображений атипичных невусов и 40 изображений меланом. База PH² включает в себя медицинские описания каждого снимка, а также экспертную сегментацию новообразований, клинический и гистопатологический диагнозы и оценку нескольких дерматологических характеристик: присутствующие цвета, пигментная сеть, точки/глобулы, наличие радиальной лучистости, областей регресса и бело-голубой вуали. Оценка каждой характеристики проведена экспертом-дерматологом. Примеры исходных изображений представлены на рис. 1.

Классический метод. Первый традиционный метод автоматизированной диагностики меланомы основан на многошаговой процедуре, широко описанной в научной литературе. Метод включает в себя ряд алгоритмов обработки изображений, выделения и описания структур.

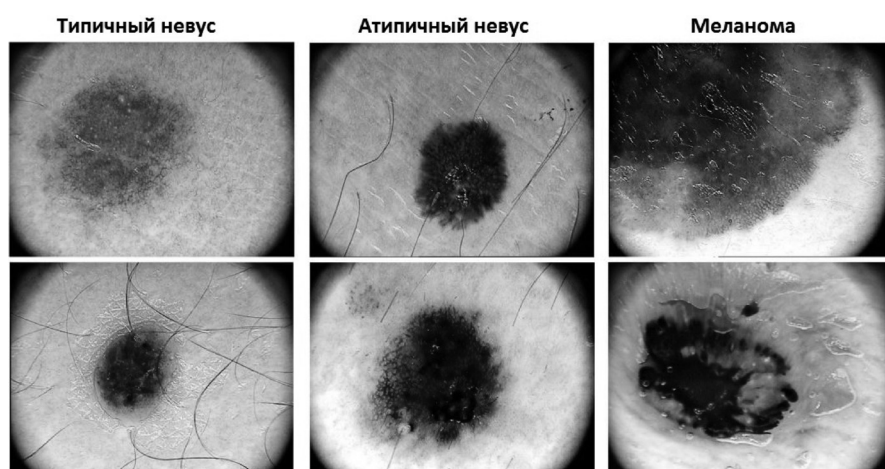


Рис. 1. Примеры дерматоскопических изображений базы данных PH²

Нахождение бликов и волос производилось при помощи алгоритмов, основанных на направленных гауссовых фильтрах [5]. Удаление волос с изображения производилось при помощи алгоритмов закрашивания его выделенных участков.

Процесс *сегментации* состоял из нескольких этапов: преобразование изображения из цветного в серое, удаление волос, размытие, бинаризация по адаптивному порогу. Полученная бинарная маска представляла собой результат сегментации и в дальнейшем использовалась в большинстве алгоритмов описания. Этапы процесса выделения новообразования на дерматоскопическом снимке представлены на рис. 2.

Из возможных характеристик новообразований программно выделялись следующие: степень асимметрии, резкость границ, присутствие определенных цветов, наличие бело-голубой вуали, областей регресса, точек/глобул, пигментной сети, радиальной лучистости.

Для оценки *асимметрии* у бинарной маски новообразования находился центр масс, вычислялись оси инерции и затем оценивалась симметрия относительно выделенных осей. В рамках данной работы вычислялась лишь асимметрия формы, без учета возможной текстурной асимметрии. Для определения показателя *резкости границ* изображение новообразования разделялось на 8 сегментов, в каждом из которых вычислялась энтропия распределения яркостей пикселей, характеризующая степень четкости границы новообразования.

Важную роль в диагностике меланомы кожи играет наличие *бело-голубой вуали*. Для определения последней цветное изображение новообразования переводилось в представление *hue–saturation–value (HSV)*, а затем вычислялась **относительная доля пикселей, удовлетворяющих условиям: $210 < \text{hue} < 240$ и $\text{saturation} > 40$** . Бело-голубая вуаль детектировалась при достижении порогового значения в 5,7%. Вычисленные таким образом признаки присутствия вуали на изображениях базы РН² достаточно хорошо совпали с экспертным мнением, демонстрируя при этом 86% чувствительности и 93% специфичности.

Для определения *цветов*, присутствующих на изображении, использовалась палитра из 6 оттенков, предварительно полученная при помощи алгоритмов квантизации цветового пространства.

Для детектирования *областей регресса* разработан алгоритм, основанный на построении выпуклого множества. Множество точек бинарной маски новообразования достраивалось до выпуклого множества (рис. 3). Из достроенных замкнутых участков выбирался участок наибольшего размера. Если относительный размер выбранного участка превышал заданный порог в 5,2%, то алгоритм отмечал присутствие области регресса.

Точки и глобулы на изображениях находились также при помощи подхода, основанного на практически тех же фильтрах [5], как и в случае с выделением волос. Метод выделения точек/глобул отличался использованием только изотропных (ненаправленных) фильтров.

Пигментные сети детектировались и описывались при помощи многоступенчатой процедуры [6], включающей в себя алгоритмы выделения границ, бинарные операции, алгоритмы выде-

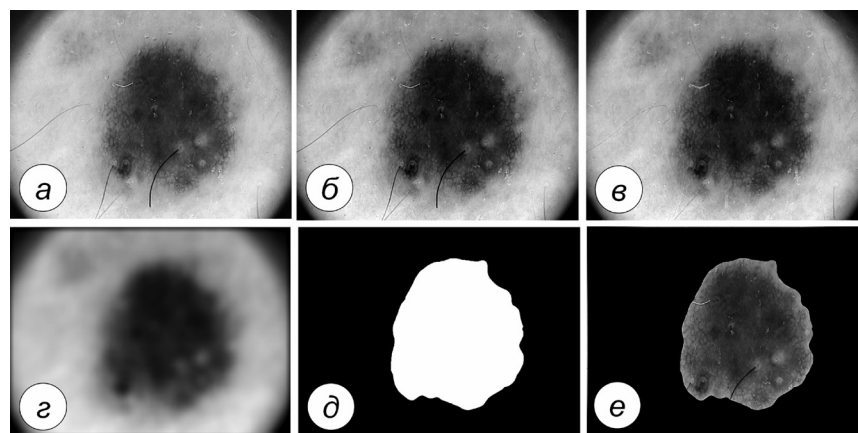


Рис. 2. Сегментация новообразования: *а* – исходный снимок; *б* – серое изображение; *в* – удаление волос; *г* – размытие; *д* – бинаризация по порогу; *е* – результат сегментации

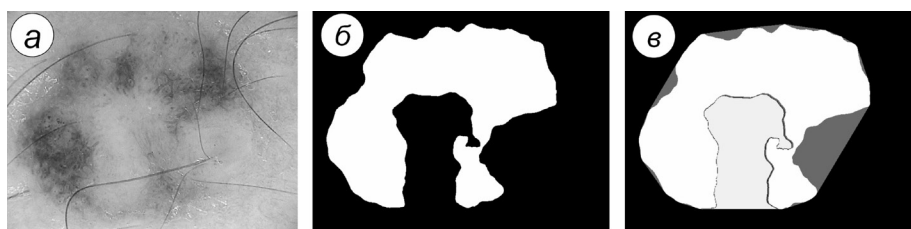


Рис. 3. Детектирование области регресса: *а* – исходное изображение; *б* – бинарная маска новообразования; *в* – достроенное выпуклое множество

ления и описания графов. *Радиальная лучистость* определялась при помощи схожих методов, представленных в [7].

Для автоматического распознавания меланомы использовался классификатор логистической регрессии (**Logistic Regression**), где предикторами являлись описанные выше характеристики новообразований. Точность диагностики меланомы при помощи такого классического метода оценивалась на основе хорошо известной процедуры перекрестной проверки с выбросом одного случая (*leave-one-out cross-validation*).

Метод диагностики на основе поиска. Второй метод компьютеризированной диагностики, предлагаемый в данной работе, реализует известную схему поиска изображений по содержанию (**Content-Based Image Retrieval – CBIR**), в которой из базы данных выбираются несколько изображений, визуальное наиболее похожих на входное изображение. Метод включает в себя следующие шаги.

1. Вычисление дескриптора (вектора признаков) изображения, поданного на вход.
2. Вычисление расстояний в пространстве признаков между дескриптором входного изображения и заранее вычисленными дескрипторами изображений из базы данных.
3. Выбор из базы данных N изображений с минимальным расстоянием между их дескрипторами и дескриптором входного изображения.
4. Подсчет количества M случаев меланомы среди N выбранных изображений. Величина M используется для оценки вероятности меланомы анализируемого новообразования.

В качестве дескрипторов использованы матрицы совместной встречаемости типа «цвет–цвет–расстояние» [8]. Для численной оценки визуальной близости изображений применялась метрика городских кварталов $L1$, представляющая собой нормированную сумму разностей элементов матриц совместной встречаемости двух изображений. В рассматриваемой реализации алгоритма для каждого изображения, поданного на вход, из базы данных выбирались 4 изображения с наименьшими расстояниями $L1$ между их дескрипторами и дескриптором входного изображения.

Поскольку в нашем случае для тестирования методов и поиска в базе данных использовался один и тот же набор изображений, то поиск производился среди всех изображений базы данных, кроме входного изображения, что фактически представляет собой ту же схему *leave-one-out cross-validation*. Исследуемое новообразование относилось к классу «меланома», если среди четырех наиболее похожих изображений из базы данных находилось не менее двух изображений меланомы.

В целях эксперимента оба вышеописанных метода были скомбинированы. Для этого к набору предикторов, используемых в классическом методе, добавлялось также количество M случаев меланомы среди 4 наиболее похожих изображений, полученное методом на основе поиска. Точность распознавания комбинации методов оценивалась также при помощи схемы *leave-one-out cross-validation* и классификатора логистической регрессии, но с использованием величины M в качестве дополнительного дескриптора.

Результаты. Статистические результаты тестирования точности распознавания двух методов диагностики меланомы и их комбинации представлены в виде ROC-кривых и таблицы (рис. 4). Как видно из графиков, точность диагностики меланомы при помощи достаточно простого поиска в базе данных по содержанию сравнима с результатами, полученными при помощи довольно

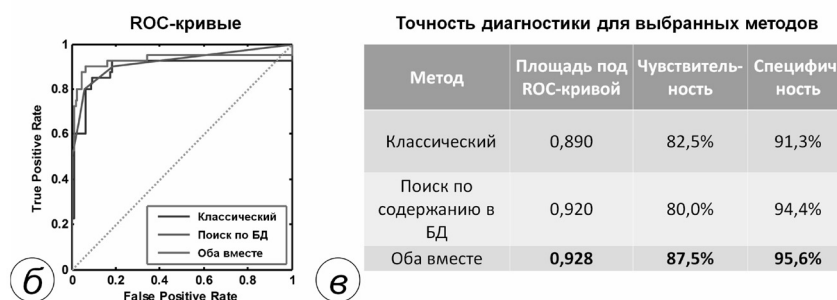
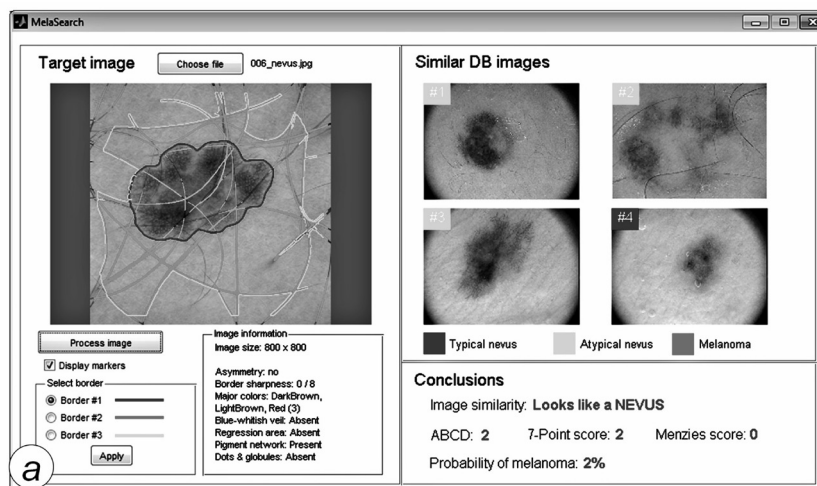


Рис. 4. Результаты оценки производительности предложенных методов: а – внешний вид программы; б – ROC-кривые; в – таблица сравнения двух методов и их комбинации

сложного классического метода, основанного на многошаговой схеме обработки и анализа изображений. Отметим, что наилучшая точность диагностики достигается при комбинировании данных методов.

Разработанные алгоритмы и методы реализованы в программном обеспечении. Программный продукт имеет графический интерфейс и позволяет пользователю контролировать процесс обработки входных данных (рис. 4, а). Программа выполняет функции обработки и описания входного изображения, поиска визуально похожих изображений в базе данных, оценки значений дерматологических критериев, оценки вероятности меланомы. В качестве базы данных изображений новообразований с известными диагнозами использовалась база РН². Онлайн-версия программы доступна по адресу [9].

Заключение. Представленные в работе экспериментальные результаты, полученные на тестовой базе из 200 дерматоскопических изображений, позволяют сделать следующие выводы.

Метод компьютеризированной диагностики меланомы кожи на базе поиска похожих дерматоскопических изображений позволяет достичь точности распознавания меланомы, сравнимой с точностью распознавания классическим методом, основанным на многоступенчатой процедуре анализа изображений; наилучшее качество распознавания наблюдается в случае комбинации методов.

Результат распознавания меланомы предложенным методом может быть использован врачом-дерматологом в качестве «второго мнения» при постановке диагноза новообразования кожи.

Представленная методика требует проведения комплексного тестирования в клинических условиях с использованием более объемной базы данных дерматоскопических снимков.

Список использованной литературы

1. *Siegel, R.* Cancer statistics, 2012 / R. Siegel, D. Naishadham, A. Jemal // *CA: Cancer Journal for Clinicians*. – 2012. – Vol. 62(1). – P. 10–29.
2. *Vestergaard, M.* Automated diagnostic instruments for cutaneous melanoma / M. Vestergaard, S. Menzies // *Seminars in Cutaneous Medicine and Surgery*. – 2008. – Vol. 27(1). – P. 32–36.
3. Data mining with big data / W. Xindong [et al.] // *Knowledge and Data Engineering, IEEE Transactions*. – 2014. – Vol. 26(1). – P. 97–107.
4. A dermoscopic image database for research and benchmarking / T. Mendonca [et al.] // *Proc. of the 35th International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. – Japan, 2013. – P. 5437–5440.
5. *Barata, C.* Detecting the pigment network in dermoscopy images: a directional approach / C. Barata, J. S. Marques, J. Rozeira // *Conf Proc IEEE Eng Med Biol Soc*. – 2011. – P. 5120–5122.
6. Pigment Network Detection and Analysis / M. Sadeghi [et al.] // *Computer Vision Techniques for the Diagnosis of Skin Cancer*. – Jan 2014. – P. 1–22
7. Detection and analysis of irregular streaks in dermoscopic images of skin lesions / M. Sadeghi [et al.] // *IEEE Transaction on Medical Imaging*. – 2013. – Vol 32. – P. 849–61
8. *Kovalev, V.* Color Co-occurrence Descriptors for Querying-by-Example / V. Kovalev, S. Volmer // *Proceedings of the 1998 Conference on MultiMedia Modeling*. – Switzerland, 1998. – P. 32–38.
9. ВТБДВ: Web-Services [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://imlab.grid.by/appmelanoma>. – Дата доступа: 04.03.2015.

Поступила в редакцию 13.03.2015