

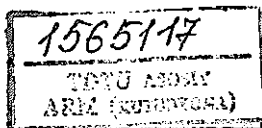
1.2
18

МИНИСТЕРСТВО ВЫСШЕГО И СРЕДНЕГО
СПЕЦИАЛЬНОГО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ
УЗБЕКИСТАН

ТАШКЕНТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ТЕХНИЧЕСКИЙ
УНИВЕРСИТЕТ
имени АБУ РАЙХАНА БЕРУНИ

**Программы и системы
медицинской диагностики**

Учебно-методическое пособие



Ташкент -2011

УДК 621.3

Васильева С.А., Гаибназаров Б.Б., Алимова З.А.
Программы и системы медицинской диагностики: Учебное
пособие. Ташкент: ТашГТУ, 2011.

В данном пособии рассмотрены основные алгоритмы обработки биомедицинской информации, используемые при построении компьютерных медицинских диагностических комплексов. Приводятся примеры, иллюстрирующие применение методы обработки медико-биологических данных. Оно предназначено для студентов-бакалавров по направлению 5521500 «Приборостроение».

Печатается по решению научно-методического совета
Ташкентского государственного технического университета
имени Абу Райхана Беруни.

Рецензенты К.Н Закиров, канд. мед. наук, зам. глав. врача
Республиканского специализированного центра им. акад В.
Вахидова;

Ш.М Гулямов, докт. техн. наук, проф. ТашГТУ.

© Ташкентский государственный технический
университет, 2011

Глава 1. Общие принципы построения компьютерных медицинских систем сбора и обработки данных медико-биологических исследований

1.1. Назначение и особенности компьютерных медицинских систем сбора и обработки данных медико-биологических исследований

Компьютерные системы эффективно используются для автоматизации решения самых разнообразных задач, возникающих в процессе проведения медико-биологических исследований (МБИ). К числу этих задач относятся:

1) первичная обработка информации: фильтрация, линеаризация, учет данных калибровки измерительного тракта и т. д.;

2) вторичная обработка, характер которой полностью определяется целями и задачами конкретного исследования;

3) представление результатов вторичной обработки в терминах конкретной медицинской проблемы;

4) интерпретация результатов - сравнение с теоретической моделью, выявление объективных закономерностей исследуемых показателей биологического объекта, выявление некоторых следствий из полученных результатов для последующей экспериментальной проверки, сопоставление с ранее полученными результатами;

5) принятие решения о необходимости корректировки программы проведения исследований либо состава привлекаемого оборудования. Заметим, что перечисленные выше задачи присущи любой системе автоматизации экспериментальных исследований и в этом смысле компьютерные системы автоматизации МБИ можно рассматривать как разновидность систем автоматизации экспериментальных исследований, сохраняющие многие черты, присущие подобным системам. Это важно, поскольку системы автоматизации эксперимента исторически раньше, чем в биологии и медицине, начали применять при исследованиях и испытаниях технических систем. В этой области накоплен значительный опыт разработки математического,

алгоритмического и программного обеспечения, который успешно может использоваться в компьютерных системах поддержки МБИ.

Однако наряду с наличием общих признаков, которые позволяют рассматривать проблему создания компьютерных систем автоматизированной обработки данных МБИ как разновидность общей проблемы автоматизации экспериментальных исследований, существует ряд специфических особенностей подобных систем, которые необходимо учитывать. К ним относятся:

1. Специфика самого объекта исследования, в отличие от систем автоматизации экспериментальных исследований технических объектов и систем, которые в большинстве случаев основаны на априорном знании структуры математической модели исследуемого объекта. Для таких сложных структур, какими являются биологические системы, построение подобных моделей весьма затруднительно, так как во многих случаях не существует фундаментальных биологических теорий, позволяющих установить адекватное математическое описание взаимосвязей между показателями, характеризующими их состояние.

2. Чрезвычайно высокая роль субъективного фактора в общем числе факторов, определяющих эффективность систем автоматизированного анализа данных МБИ. Биология и медицина - та область человеческой деятельности, где по-прежнему интуиция специалиста очень важна. Следствием этого факта остается достаточно скептическое отношение части медицинских специалистов к возможности применения компьютерных технологий, наличие психологических барьеров, связанных со стремлением сохранить существующие приемы организации МБИ.

3. Сложность формализации задач анализа данных МБИ и интерпретации результатов. Это связано с тем, что специалисты, участвующие в формулировке проблемы и проведении МБИ (медики, биологи, химики и т.д.), и специалисты, обеспечивающие получение результатов на основе методов математического (прежде всего статистического) анализа данных, в большинстве случаев достаточно сложных, имеют

различную базовую подготовку. Как правило, специалисты в области биологии и медицины интуитивно понимают свои проблемы, но не всегда могут сформулировать их в математических терминах и, кроме того, имеют весьма туманное представление о том, каковы возможности статистических методов анализа и современных компьютеров для реализации этих методов.

Напротив, специалисты, владеющие методами обработки данных, не всегда правильно интерпретируют природу и характер экспериментальных результатов, не понимая особенностей биологических процессов, их порождающих. Это приводит к опасности формального анализа данных, результаты которого могут противоречить биологической сути данных. Рассмотренные нами особенности процесса создания систем автоматизации МБИ на основе информационных технологий показывают, что существенное влияние на реализацию подобных систем оказывает сложность самого биологического объекта. Учитывая это, представляется полезным рассмотреть классификацию биологических систем в зависимости от сложности их структуры. Ранее подобный анализ проведен в [1], где выделен ряд классов биологических систем и обоснована структура математического аппарата, - используемого для их исследования. Рассмотрим вкратце идею классификации, ранее предложенной в [1].

В основу классификации положены такие свойства биологических систем, как сложность и уровень организации. Поясним смысл этих понятий применительно к анализу структуры биологической системы. Обозначим m - количество возможных состояний, в которых может находиться система. Количественной оценкой максимальной сложности системы называется величина $N_{\max} = \log m$.

В зависимости от значения $N_{\max}$ биологические системы можно подразделить на три класса:

- простые ($0 < N_{\max} < 3$);
- сложные ($3 < N_{\max} \leq 6$);
- очень сложные ($N_{\max} > 6$).

Предположим, что система может находиться в одном из возможных состояний с вероятностью p_i , $i=1, \dots, m$. Тогда

неопределенность функционирования биологической системы может быть выражена следующим образом:

$$H = - \sum_{i=1}^m p_i \log p_i.$$

Каждому значению энтропии H можно поставить в соответствие величину относительной организации биологической системы: $R=1-R/H_{\max}$. С учетом введенных характеристик в [1] предложена следующая классификация биологических систем.

1. Вероятностная система ($0 < R \leq 0.1$), отличающаяся высокой степенью неопределенности структуры. К подобным системам относятся системы биологического организма, условно-рефлекторные акты, поведенческие реакции и т.д.

2. Детерминированная система ($0.3 < R \leq 1$). Это системы управления функционированием внутренних органов биологического организма, системы, обеспечивающие постоянство внутренних параметров систем организма.

3. Вероятностно-детерминированные биологические системы ($0.1 < R \leq 0.3$), совмещающие оба свойства.

Примерами такого рода систем могут служить системы управления параметрами внутренней среды организма с выраженной нервной компонентой регуляции. Еще более глубокая классификация может быть получена на основе комбинации показателей неопределенности H и относительной организации R биологических систем. По этим признакам биологические системы могут быть подразделены следующим образом:

1. Простые детерминированные ($0 < H_{\max} < 3$ и $0.3 < R < 1$).
2. Простые вероятностно - детерминированные ($0 < H_{\max} < 3$ и $0.1 < R \leq 0.3$).
3. Простые вероятностные ($0 < H_{\max} < 3$ и $0 < R \leq 0.1$).
4. Сложные детерминированные ($3 < H_{\max} < 6$ и $0.3 < R \leq 1$).
5. Сложные вероятностно-детерминированные ($3 < H_{\max} \leq 6$ и $0.1 < R < 0.3$).
6. Сложные вероятностные ($3 < H_{\max} < 6$ и $0 < R \leq 0.1$).
7. Очень сложные детерминированные ($H_{\max} > 6$ и $0.3 < R \leq 1$).

8. Очень сложные вероятно детерминированные ($N_{\max} > 6$ и $0.1 < R \leq 0.3$).

Очень сложные вероятностные ($N_{\max} > 6$ и $0 < R \leq 0.1$). Подобная классификация биологических систем представляет интерес прежде всего с точки зрения выбора математического аппарата, составляющего основу программно-математического обеспечения компьютерных систем автоматизации МБИ. Так, эффективным инструментом решения задач анализа детерминированных биологических объектов и систем является аппарат дифференциального и интегрального исчисления, линейной и нелинейной алгебры, теории автоматического управления. Для решения задач, связанных с исследованием вероятностных биологических систем, используются методы теории вероятностей, случайных процессов, случайных полей. Также активно используются методы теории информации, массового обслуживания.

1.2. Методы медико-биологических исследований как объект автоматизации

Для того чтобы классифицировать тот или иной объект необходимо достаточно ясно представлять его основные особенности. С этой точки зрения не являются исключением и методы экспериментальных МБИ, если рассматривать их как объект автоматизации. Вот почему целесообразно с общих позиций рассмотреть эти методы, чтобы выявить их основные особенности, накладывающие отпечаток на реализацию компьютерных автоматизированных систем. Классификацию методов МБИ можно проводить с различных позиций - главное, чтобы эта классификация имела содержательный смысл в контексте рассматриваемой проблемы автоматизации подобных исследований. С этой точки зрения можно классифицировать методы МБИ, например, по способам получения информации о функциональном состоянии исследуемого биологического объекта [2]:

- электрофизиологические;
- физико-механические;
- рентгенологические;

- радиологические;
- химические;
- физико-химические;
- акустические.

Приведенная классификация имеет определенный смысл, так как различные по своему физическому характеру методы получения информации поддаются автоматизации с различной степенью сложности. Более того, различные методы могут менять сам характер требований, предъявляемых к реализации компьютерных систем.

Например, если речь идет об электрофизиологических исследованиях, когда исходная информация представлена в виде электрического сигнала, содержание процесса автоматизации, а следовательно, требования к реализации информационных систем, сводится в основном к автоматизации процессов съема и обработки результатов исследований, представлению в наглядной форме итоговых данных. Напротив, если рассматривать методы МБИ, основанные на результатах химического анализа, то наибольшую проблему вызывает автоматизация получения исходной информации, так как трудно автоматизировать многочисленные операции, связанные с введением различных реактивов, встряхиванием сосудов и т.д. Зачастую для каждого конкретного исследования требуется проектировать специализированную компьютерную систему, автоматизирующую те или иные этапы проведения исследований назначением и способом организации.

Характер проводимых исследований и их цели накладывают свой отпечаток на гибкость структуры компьютерной системы. С этих позиций представляется полезным рассмотрение ранее предложенной в [2] классификации методов по следующим признакам:

- характер исследований;
 - цели исследований;
 - способ организации медико-биологического эксперимента.
- Схема, отражающая содержание подобной классификации, приведена на рис. 1.1.

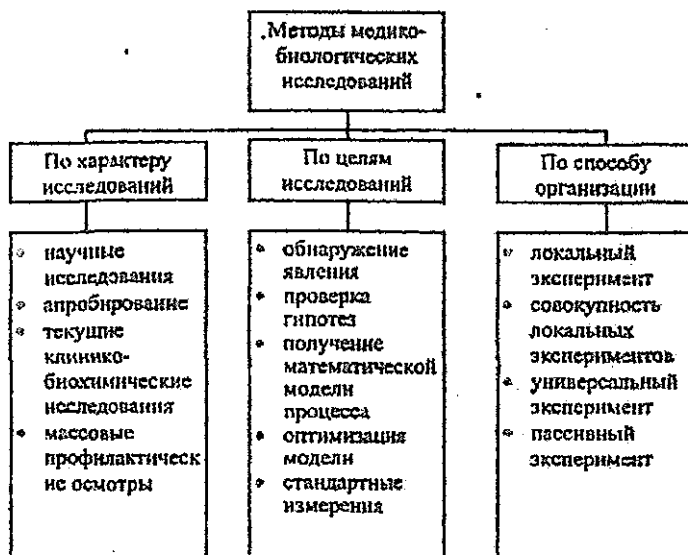


Рис.1.1. Классификация методов медико-биологических исследований по способам их организации.

С точки зрения приведенной классификации, исследования научного плана, когда эксперимент направлен на обнаружение нового явления или эффекта имеют наиболее высокую степень начальной неопределенности, следствием чего является необходимость изменения схемы эксперимента по мере получения результатов. Поэтому компьютерные системы, обеспечивающие автоматизацию научных исследований, должны отличаться гибкостью структуры, возможностью её быстрой перестройки. Напротив, автоматизация стандартных измерений, программа которых полностью определена и строго регламентирована действующими протоколами, требует применения компьютерных систем, обеспечивающих максимальный уровень автоматизации всех операций. По способу организации МБИ с точки зрения особенностей их автоматизации различают:

- локальные исследования, направленные на получение информации об отдельно взятом параметре, характеризующем

функционирование определенного органа или системы организма (температура, кровяное давление, ЭКГ и т.д.);

- * совокупность локальных исследований, когда проводится анализ нескольких параметров для получения более полной информации о функционировании определенного органа или системы организма;

- * многоцелевые исследования, в процессе которых выявляются взаимосвязи между различными параметрами, характеризующими состояние исследуемого биологического объекта;

- * активные исследования, в процессе которых осуществляется целенаправленное изменение тех или иных параметров внешней среды, например, медикаментозное воздействие для выявления степени их влияния на те или иные системы организма;

- * пассивные исследования предполагают пассивное наблюдение за изменением интересующего нас показателя без воздействия на биологический объект.

1.3. Типы данных биомедицинских исследований и их характеристики

Всю совокупность данных МБИ и, как следствие, методов их автоматизированного анализа можно разделить на две большие группы: детерминированные и статистические.

Детерминированные данные имеют место в тех случаях, когда известен вид функциональной зависимости, связывающей значения исследуемых клинико-биохимических показателей. Лишь в сравнительно немногих случаях, да и то в виде первого приближения, можно считать, что реальная зависимость, связывающая некоторые исследуемые показатели биологического объекта, носит детерминированный характер.

Причем, если вид функциональной зависимости определен полностью, то с информационной точки зрения он не представляет интереса для исследователя и не может выступать в качестве объекта автоматизированного анализа, так как не несет никакой новой информации. Поэтому практически речь идет о задачах, когда вид функциональной зависимости

известен с точностью до некоторой совокупности параметров, получение оценок которых и является предметом анализа. В абсолютном большинстве случаев оказывается, что анализируемые показатели являются недетерминированными, статистическими. Именно такая природа данных представляет наибольший интерес и наибольшую сложность с точки зрения методов анализа, целью которых в этом случае является выявление некоторых объективных закономерностей, отражающих связь исследуемых показателей для принятия дальнейших решений.

Существует большое число различных классификаций статистических данных [3]. Представляется целесообразным выделить те из них, которые встречаются в МБИ или полезны как удобная математическая модель, достаточно адекватная исследуемому процессу. Причем, поскольку в дальнейших разделах мы более подробно остановимся на статистических моделях данных медико-биологических исследований, сейчас ограничимся лишь кратким их перечислением. По своей физической природе статистические данные могут представлять собой:

1) случайные величины X , принимающие в каждом новом опыте, проводимом в неизменных условиях, новое значение X_i (где i -номер опыта), причем заранее неизвестно какое. Случайные величины бывают скалярными и векторными. Несколько скалярных случайных величин $X_1, X_2, \dots, X_m$, рассматриваемых совместно, образуют векторную случайную величину размерности m . В свою очередь, скалярные и векторные случайные величины могут быть дискретными и непрерывными. Непрерывной называется случайная величина, возможные значения которой непрерывно заполняют некоторый интервал на числовой оси. Дискретной называется случайная величина, которая может принимать только конечное, счетное число возможных значений.

Примерами непрерывных случайных величин могут служить данные биохимического исследования, например, концентрации ферментов, аминокислот или органических кислот в биологическом материале пациентов, которые могут принимать любые случайные значения на действительной оси.

Примером дискретных случайных данных медико-биологических исследований могут служить результаты клинического обследования пациента, заключающиеся в выявлении определенной совокупности клинических симптомов и признаков, регистрируемых по принципу "есть"- "нет". То есть факт наличия/отсутствия каждого из клинических признаков может интерпретироваться с точки зрения последующего анализа как случайная величина, способная принимать два дискретных значения: 1 - если признак регистрируется в процессе обследования, и 0 - в противном случае. Существенный объем данных МБИ представляют результаты субъективной регистрации степени проявления некоторых показателей состояния биологического объекта, количественно выражаемые тестовыми баллами (типичный пример - результаты врачебного осмотра по выявлению степени проявления тех или иных клинических симптомов). Особенностью анализа такой группы данных (случайных по своей природе) является то, что для них предпосылки классических статистических методов (например, предположения о каком-либо конкретном, чаще всего нормальном законе распределения) не выполняются.

Единственной надежной основой для выводов в такой ситуации являются соотношения между значениями исследуемого показателя на уровне "больше-меньше". Для анализа таких данных используется переход от их числовых значений к рангам, представляющим номер, который занимает то или иное значение в упорядоченной по какому-либо правилу совокупности измерений;

2) случайные функции. Если некоторая случайная переменная X зависит от скалярного аргумента t и при каждом фиксированном значении последнего является случайной величиной, то переменная $X(t)$ называется случайной функцией. Примерами случайных функций, регистрируемых в процессе медико-биологических исследований, могут служить зависимости основных антропометрических показателей (рост, вес, окружность головы) от возраста;

3) случайные поля. При анализе результатов МБИ возникает необходимость анализа показателей, значения

которых изменяются случайным образом в зависимости от координат рассматриваемой точки в пространстве и времени. Случайные факторы, аргументом которых являются векторы, называются случайными полями. Причем, если компоненты вектора представлены только координатами пространства, то такое случайное поле называется пространственным. Если же в состав аргументов случайного поля входит также и время, то такое случайное поле называется пространственно-временным. Примером случайного поля в процессе обработки и анализа данных МБИ может служить обработка рентгенорадиологических изображений, задаваемых случайными значениями интенсивности видеосигнала $R(x,y)$ в определенной точке изображения с координатами (x,y) .

Мы рассмотрели краткую классификацию данных МБИ, тип которых в существенной степени влияет на выбор методов обработки и анализа данных. Таким образом, многообразие структур биологических объектов и систем, методов проведения МБИ, типов регистрируемых данных определяет многообразие вариантов практической реализации информационных систем, обеспечивающих автоматизацию различных этапов проведения подобных исследований. Однако, несмотря на огромное многообразие вариантов их реализации, можно выделить ряд общих моментов, присущих подобным системам. Эти общие моменты непосредственно следуют из самой логики проведения медико-биологического исследования.

1.4. Типовые функции и структуры компьютерных медицинских систем сбора и обработки данных биомедицинских исследований

На рис. 1.2 приведена типовая структура биотехнической системы автоматизации МБИ, основу которой составляют компьютерные средства обработки и анализа данных.

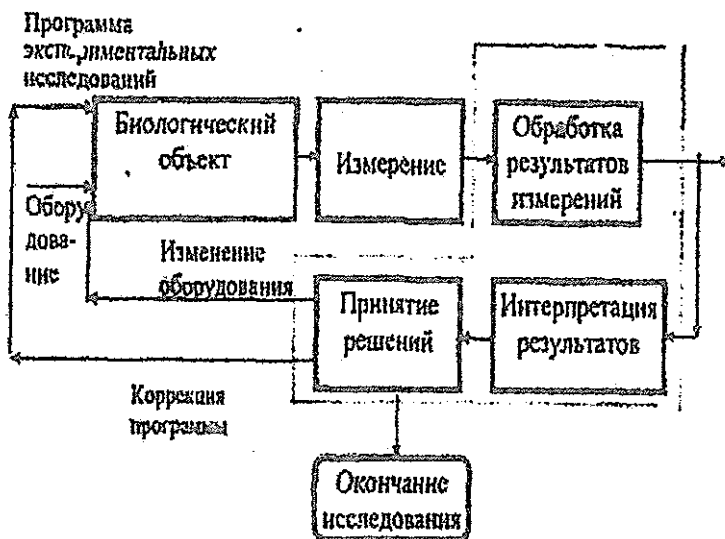


Рис. 1.2. Типовая структура биотехнической автоматизации системы медико-биологических исследований.

Удобство такого представления заключается в том, что данная схема позволяет рассматривать медико-биологическое экспериментальное исследование в виде биотехнической системы, представляющей собой комплекс элементов, взаимодействующих в интересах решения задач эксперимента. К ним относятся:

1. Программы проведения эксперимента.
2. Исследуемый биологический объект.
3. Технические средства (оборудование), обеспечивающие получение измерительной информации.
4. Вычислительные средства, обеспечивающие автоматизированную обработку измерительной информации, представление и интерпретацию полученных результатов в соответствии с целями исследования.
5. Экспериментатор, осуществляющий на основе автоматизированной обработки данных эксперимента принятие решения о завершении исследования, либо в случае

необходимости коррекции программы и изменения состава используемого оборудования. Различные этапы медико-биологического исследования, представленные на приведенной структурной схеме, в разной степени поддаются автоматизации. В большей степени возможности современных компьютерных технологий распространяются на процессы сбора, накопления измерительной информации, её обработки и наглядного (в соответствии с целями и задачами медико-биологического исследования) представления результатов. В существенно меньшей степени эти возможности распространяются на процессы интерпретации результатов и принятия решений, которые остаются пока недостаточно формализованными.

6. Перечисленные функции компьютерных систем сбора, обработки и анализа данных являются типовыми, наиболее общими функциями любых систем. Однако, в зависимости от назначения конкретной системы, от масштабов решаемых ею задач возможны различные варианты практической реализации, обеспечивающие выполнение этих функций. Применяемые на практике современные компьютерные системы сбора обработки и анализа результатов, как правило, имеют иерархическую структуру. Нижний уровень составляют компьютерные системы, обеспечивающие автоматизацию решения задач исследования на отдельной экспериментальной установке; средний уровень образуют компьютерные системы научно-исследовательских лабораторий и клиник; верхний уровень - компьютерные системы, автоматизирующие решение задач научно-исследовательских институтов, научных центров или клиник. Современные компьютерные системы нижнего уровня обычно представлены персональной ЭВМ с достаточно развитым периферийным оборудованием (рис. 1.3).

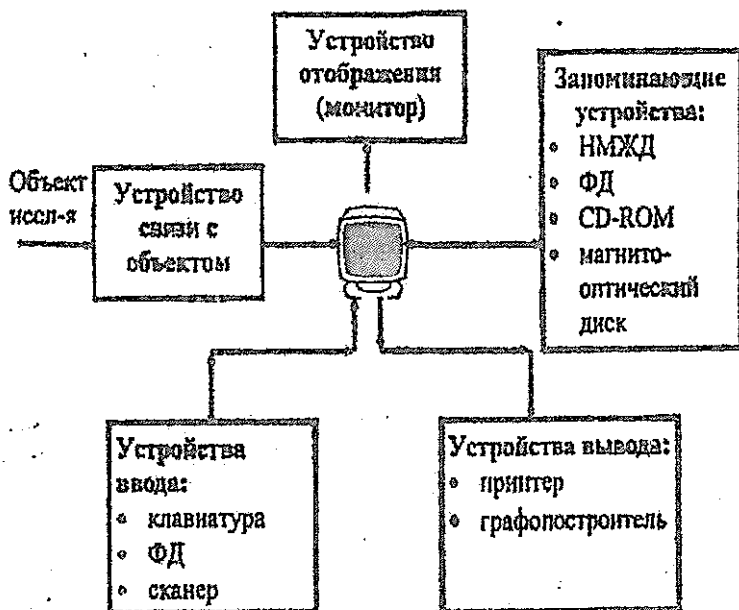


Рис.1.3. Типовая структура компьютерной системы нижнего уровня.

Компьютерные системы, обеспечивающие решение задач среднего уровня, представляют собой объединение некоторого числа компьютерных систем нижнего уровня в локальную компьютерную сеть (рис 1.4).



Рис.1.4. Типовая структура компьютерной системы среднего уровня.

Подобную структуру имеют компьютерные системы, обеспечивающие решение задач верхнего уровня, которые представляют собой объединение на основе локальной сети компьютерных систем среднего уровня.

1.5. Структура математического обеспечения компьютерных медицинских систем сбора, обработки и анализа данных медико-биологических исследований

Выше мы рассмотрели типовые функции, реализуемые компьютерными системами обработки и анализа данных МБИ, наиболее важными из которых, отражающими специфику и разнообразие целей исследования и типов экспериментальных данных, являются обработка результатов, их интерпретация в соответствии с целями исследования и управление экспериментом.

Основой реализации вышеперечисленных типовых функций является соответствующее проблемно-ориентированное программно-математическое обеспечение (ПМО). Укрупненная структура ПМО приведена на рис. 1.5.

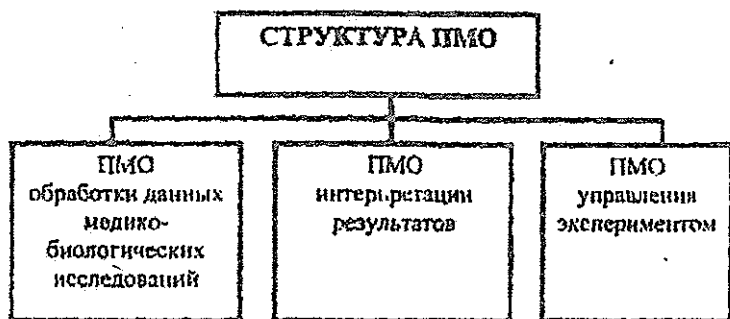


Рис.1.5. Структура математического обеспечения компьютерных медицинских систем сбора, обработки и анализа данных медико-биологических исследований.

Рассмотрим более подробно математические методы, составляющие основу ПМО обработки и анализа результатов медико-биологических исследований.

1.5.1. Математическое обеспечение обработки данных медико-биологических исследований

Структура математических методов, наиболее часто используемых для обработки информации в компьютерных системах автоматизации МБИ, основанная на данных [2], приведена на рис. 1.6.

Рассмотрим более подробно содержание перечисленных выше методов.

1. Методы фильтрации. Позволяют компенсировать или ослабить влияние погрешностей измерения, объективно присутствующих в измерительном тракте и тракте передачи информации, на точность оценки интересующих нас показателей.

и

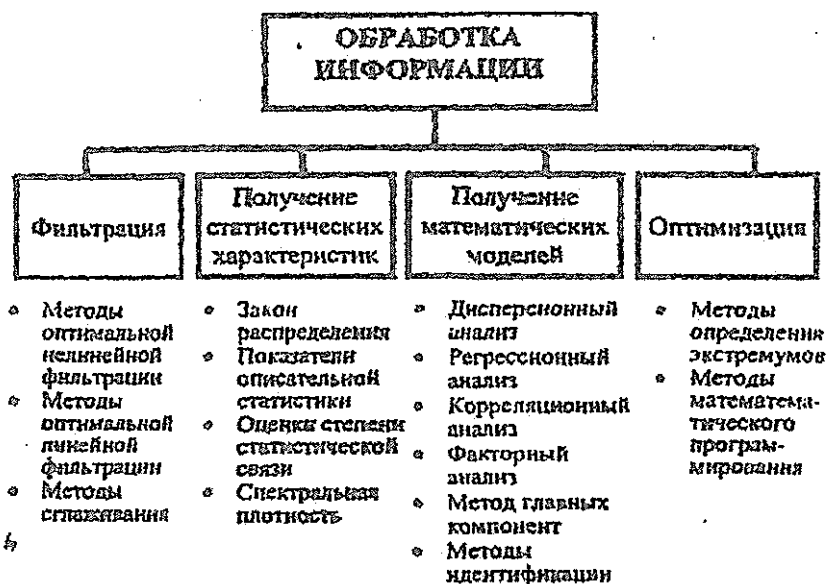


Рис.1.6. Структура методов обработки медико-биологической информации.

Известны разные по сложности методы, позволяющие с разной точностью получать решение задач фильтрации. Наиболее простыми являются методы сглаживания, направленные на выделение детерминированных компонент сигнала. В основе таких методов лежит априорное знание параметрической структуры функции, описывающей изменение сигнала.

Задача сводится к получению оценок неизвестных параметров функции, оптимальных в смысле некоторого критерия, на основе реальных измерений. На практике все большее применение находят методы оптимальной фильтрации, так как они позволяют в том или ином виде учитывать временную динамику сигналов и особенности процесса измерений. В свою очередь, методы оптимальной фильтрации подразделяются на следующие:

- методы оптимальной нелинейной фильтрации,

используемые в тех случаях, когда связь между оцениваемым параметром и его измерением описывается нелинейной зависимостью;

- методы оптимальной фильтрации Калмана, используемые для оценки сигналов на основе линейных моделей в условиях гауссовских ошибок измерений.

2. Методы получения статистических характеристик данных медико-биологических исследований. Для описания статистических свойств данных МБИ используются различные статистические характеристики [2].

Исчерпывающее представление о статистических свойствах интересующего нас случайного показателя биологического объекта дает закон распределения его значений. Чтобы задать закон распределения значений случайного показателя необходимо указать множество его значений и распределение вероятностей на этом множестве. Возможны различные формы представления законов распределения вероятностей случайного показателя:

- для дискретных случайных показателей таблица распределения или закон распределения;

- для непрерывных случайных показателей функция распределения и плотность распределения вероятностей. Современный аппарат математической статистики обладает достаточно широким набором методов, позволяющих на основе обработки выборочных значений некоторого показателя биологического объекта или процесса получать в той или иной форме закон его распределения (метод гистограмм, критерии согласия Колмогорова-Смирнова, ω^2 , χ^2)

В некоторых случаях получение закона распределения сопряжено со значительными трудностями, тогда для описания статистических свойств могут использоваться методы описательной статистики. Методы описательной статистики позволяют получать простые количественные характеристики, отражающие те или иные свойства распределения случайных показателей. К числу таких статистических характеристик относятся:

1. Показатели положения, описывающие положение исследуемых данных на числовой оси: выборочное среднее,

медиана, мода.

2. Показатели, характеризующие степень разброса значений исследуемого показателя относительно своего центра. К ним относятся: выборочная дисперсия, стандартное отклонение, стандартная ошибка или дисперсия оценки математического ожидания, минимальное и максимальное значение выборки, размах выборки, нижняя и верхняя квартили распределения. Все перечисленные показатели позволяют оценить, насколько кучно основная масса экспериментальных данных группируется относительно центра.

3. Показатели, характеризующие степень асимметрии исследуемого распределения: коэффициент асимметрии, коэффициент эксцесса.

Для описания статистических свойств случайных процессов используются методы, основанные на их спектральном представлении в виде суммы гармонических колебаний со случайными амплитудами и случайными фазами на различных неслучайных частотах:

$$X(t) = \sum_{i=0}^{\infty} A_k \cos(\omega_k t - \varphi_k)$$

Функция $S(\omega)$, характеризующая распределение дисперсий случайного процесса $X(t)$ по частотам непрерывного спектра, называется спектральной плотностью случайного процесса. Часто в процессе МБИ мы сталкиваемся с ситуацией, когда в результате проведения исследования измеряются сразу несколько параметров, характеризующих состояние исследуемого объекта. В этом случае возникает вопрос о том, насколько эти параметры связаны между собой, либо эти признаки следует считать проявляющимися независимо. Методы определения статистической связи признаков. Эти методы существенно различаются в зависимости от того, в какой шкале измерены исследуемые параметры. В зависимости от типа данных эти методы разделяются на следующие группы.

1. Методы оценки статистической связи качественных признаков, то есть признаков, регистрируемых по принципу "да - нет". Примером данных данного типа могут служить результаты клинического обследования, представляющие собой

регистрацию факта наличия ("да") или отсутствия ("нет") того или иного симптома.

2. Методы статистической связи признаков, измеряемых в порядковой шкале. Примером таких данных могут служить результаты, регистрируемые в виде тестовых баллов.

3. Методы статистической связи признаков, измеряемых в количественной шкале.

3. Методы получения математических моделей биологических объектов или процессов. К числу таких методов можно отнести следующие:

1. Метод дисперсионного анализа. Предназначен для исследования биологических объектов, состояние которых определяется входными переменными или факторами, имеющими качественный характер (метод лечения, тип лекарственного препарата). При этом ставится задача выявить, является ли данная переменная влияющей и насколько сильно это влияние по сравнению с другими факторами. Основные методы решения данной задачи - параметрический метод на основе критерия Стьюдента, используемый в случаях, когда распределение значений, соответствующих различным факторам, является нормальным, и непараметрические методы (Манна-Уитни, Уилкоксона, Краскела-Уоллиса), если распределение отличается от нормального.

2. Методы регрессионного анализа. Предназначены для получения математической модели, устанавливающей связь между выходной переменной y и набором входных переменных $x_1, x_2, \dots, x_n$ в виде уравнения регрессии:

$$y = f(x, a) + E,$$

где $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ - вектор входных переменных; f - нелинейная функция, известная с точностью до параметров $a = (a_1, a_2, \dots, a_k)^T$; y - показатель состояния биологического объекта, соответствующий определенным значениям входных переменных.

На практике вид функции $y = f(x, a)$ обычно неизвестен, поэтому используют её разложение в ряд по некоторой системе базисных функций с последующим переходом к модели, линейной по оцениваемым параметрам:

$y = a^T f(x) + E = f^T(x)a + E$. Задача построения модели в этом случае сводится к оценке неизвестных параметров $a = (a_1, a_2, \dots, a_k)^T$ на основе обработки ограниченного числа измерений значений входных переменных и выходной переменной.

3. Методы корреляционного анализа. Обычно применяются при изучении биологических объектов, показатели, состояния которых $x_1, x_2, \dots, x_n$ изменяются самопроизвольно. Более того, в рамках корреляционного анализа предполагается, что совместное распределение исследуемых переменных подчиняется нормальному закону распределения. Целью исследования биологического объекта в этом случае является получение коэффициентов корреляции, устанавливающих статистическую связь между различными показателями состояния исследуемого объекта. Для количественной оценки такой связи используется корреляционная матрица.

$$K_{\Sigma} = \begin{vmatrix} 1 & r_{12} & \dots & r_{1n} \\ r_{21} & 1 & \dots & r_{2n} \\ r_{31} & r_{32} & \dots & r_{3n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & 1 \end{vmatrix}$$

где r_{ij} -оценки коэффициентов парной корреляции между компонентами x_i, x_j .

4. Методы факторного анализа. Применяются на ранних этапах исследования, когда начинают поиск закономерностей, присущих тому или иному явлению. Метод факторного анализа также опирается на наблюдения над биологическими объектами, показатели состояния которых $x_1, x_2, \dots, x_n$ изменяются самопроизвольно. Его идея заключается в том, чтобы выделить из всей совокупности показателей такое ограниченное их число, которое и определяет в основном изменчивость исследуемого явления. При этом в качестве исходного описания используют корреляционную матрицу.

5. Метод главных компонент. Как и факторный анализ,

этот метод предусматривает определение при помощи корреляционной матрицы набора переменных (главных компонент), которые описывают большую часть рассеивания переменных $x_1, x_2, \dots, x_n$.

6. Методы идентификации. Включают в свой состав различные методы, предназначенные для получения математических моделей, учитывающих динамические характеристики исследуемых биологических объектов.

4. Методы оптимизации. Предназначены для нахождения такой комбинации факторов, влияющих на биологический объект, при которых выбранный показатель оптимальности принимает экстремальное (минимальное или максимальное) значение. Для решения задач оптимизации могут использоваться различные методы – методы отыскания безусловного экстремума, методы математического программирования (линейного, нелинейного, целочисленного), принцип максимума и другие.

1.5.2. Математическое обеспечение интерпретации результатов

Если подходить с общих позиций методы интерпретации результатов можно разделить на три группы (рис. 1.7).

Методы проверки статистических гипотез являются основой статистического анализа и позволяют строить заключения относительно тех или иных закономерностей исследуемых процессов на основе сравнения их реального распределения с теоретической моделью.

Методы дискриминации моделей позволяют решать проблему выбора одного из нескольких конкурирующих представлений (моделей), описывающих свойства биологического объекта. Методы классификации имеют целью обоснованное отнесение ситуаций, явлений, объектов к одному из классов. При этом предполагается, что объекты, принадлежащие одному классу, обладают набором свойств, отсутствующих у объектов другого класса.



Рис.1.7. Структура методов интерпретации результатов медико-биологических исследований.

1.5.3. Математическое обеспечение управления медико-биологическим экспериментом

Цель любого медико-биологического исследования выявление взаимосвязей некоторых показателей биологического объекта, т.е. получение в том или ином виде математической модели. Для этого в процессе проведения медико-биологического эксперимента биологический объект подвергается некоторым воздействиям и исследуется его состояние, соответствующее этим воздействиям. Оказывается, что точность построения математической модели зависит от того, как и в какой последовательности выбирать точки наблюдения (входные воздействия).

Главной целью методов планирования эксперимента является оптимальный выбор точек в факторном пространстве (тех конкретных воздействий, которые подаются на вход исследуемого биологического объекта) и последовательности их использования для построения с максимальной точностью экспериментальной модели исследуемого объекта. Для этой цели в современной математической теории планирования эксперимента разработан ряд методов. К ним относятся:

Методы выделения существенных факторов, основное назначение которых - выделение из всей совокупности

переменных или исследуемых факторов, относящихся к объекту исследования, группы существенных, подлежащих дальнейшему детальному изучению.

Методы планирования экстремального эксперимента, главной целью которых является экспериментальная оптимизация, в смысле некоторого критерия качества, параметров объекта исследования. Планирование при исследовании механизмов явлений предполагает оптимальную дискриминацию моделей на основе опытных данных. Под дискриминацией моделей в этом случае понимается проблема выбора одного из нескольких конкурирующих представлений или моделей, описывающих свойства исследуемого объекта. Планирование регрессионного анализа данных экспериментальных исследований, целью которого является получение оптимальной регрессионной модели, наилучшим образом описывающей функциональную связь параметров исследуемого объекта:

$$y=f(x_1, \dots, x_n, \theta_1, \dots, \theta_m)+\varepsilon,$$

где y – показатель выхода объекта исследования; $x_1, \dots, x_n$ – входные переменные; $\theta_1, \dots, \theta_m$ – параметры регрессионной модели; ε – случайная помеха.

Экстраполяционные планы. Данная задача возникает тогда, когда область использования модели не совпадает с областью планирования исходного эксперимента, по результатам которого строится модель.

1.6. Технология разработки медицинских программных комплексов обработки медико-биологической информации на основе структурного системного анализа

Проблема разработки и создания информационных систем обработки медико-биологических данных заключается в том, что в процесс разработки вовлечены группы специалистов, обладающих разной базовой подготовкой, пользующиеся различной терминологией, которые, тем не менее, должны работать совместно. Это, во-первых, будущие пользователи

системы (медики, биологи), формирующие требования к проектируемой информационной системе, исходя из целей и задач медико-биологического исследования; во-вторых, проектировщики, определяющие варианты программной и технической реализации системы в соответствии с предъявленными требованиями, и, в-третьих, программисты, обеспечивающие непосредственное кодирование алгоритмов обработки данных.

При этом типичной является ситуация, когда пользователи интуитивно понимают свои проблемы, но не могут выразить их в технических терминах и зачастую имеют весьма туманное представление о том, какую пользу им могут принести компьютеры. Проектировщики и программисты, напротив, с энтузиазмом настаивают на необходимости автоматизации обработки данных медико-биологических исследований, но не всегда знают, что является наилучшим для конкретного исследования, не понимают медико-биологических аспектов тех процессов, которые должны быть автоматизированы. Вследствие вышеперечисленных обстоятельств разработка любой информационной системы не является идеальной прямой линией, а оказывается спиральной [4].

Считается, что идеальная разработка идет по прямой линии от формирования требований к системе, к её проектированию, непосредственному программированию и последующим испытаниям (рис. 1.8).

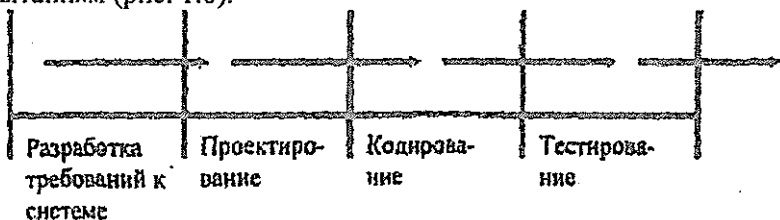


Рис.1.8. Идеальная схема процесса разработки информационной системы.

Однако реальный процесс проектирования, даже хорошо управляемый, является итерационным: после формирования

требований выполняется часть проектирования, в процессе проектирования возникает необходимость уточнения требований, после чего вновь проектирование, затем переход к кодированию, в процессе которого возникает необходимость уточнения некоторых проектных решений и т.д. (рис.1.9).

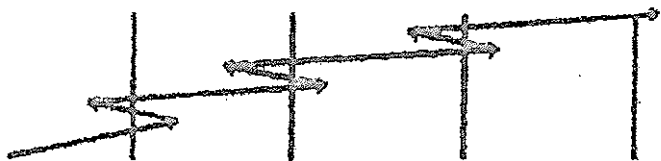


Рис.1.9. Реальная схема организации процесса разработки информационной системы.

Такой спиральный процесс проектирования обусловлен объективными проблемами, с которыми мы сталкиваемся в процессе разработки и создания информационной системы поддержки МБИ. Можно выделить пять специфических аспектов, осложняющих разработку подобных систем.

1. Сложность технической интерпретации всех аспектов МБИ, на автоматизацию которых ориентирована перспективная система. Следствием является типичная ситуация, смысл которой передаёт следующая фраза: "Мы создали технически совершенную систему, но она оказалась не совсем тем, что хотели получить пользователи". Разработчик в процессе обсуждения будущей системы с пользователями не всегда получает понятные и исчерпывающие объяснения требований к ней, поскольку пользователи не придают особого значения некоторым свойствам системы, важным с точки зрения её последующей реализации.

ОВ

Например, врач говорит, что он хотел бы иметь каждое утро отчет, формируемый информационной системой, содержащий результаты клинико-биохимических исследований за предыдущий день. Но возникает важный, с точки зрения последующей реализации системы, вопрос приоритетности: что более существенно - чтобы такой отчет предоставлялся каждое

утро, строго в 8 час. 30 мин., даже если не решены какие-либо вопросы, или, чтобы готовился исчерпывающий отчет, без каких-либо нерешенных вопросов, даже если его формирование протянется до 11 час. Вот почему разработчик будущей системы должен уметь помочь пользователю выработать требования к системе обработки данных путем уточнения тех деталей, которые пользователю не кажутся важными.

2. Пользователи (врачи, химики, биологи), как правило, не имеют достаточных знаний о проблеме обработки информации, чтобы судить, что является выполнимым, а что нет. Информация о компьютерах, публикуемая в средствах массовой информации, не дает специальных и точных представлений о том, что они могут или не могут реализовать. Эту ситуацию можно сравнить, например, с представлениями людей о строительстве дома. Даже если человек никогда не занимался постройкой дома, он в течение жизни имел возможность находиться во внутренних помещениях дома, и у него сложились определенные представления, достаточные для того, чтобы понять замысел архитектора. При работе над проектом будущего дома архитектор обсудит требования своих клиентов, а затем создаст макет будущего дома. Заинтересованные люди могут визуальнo оценить макет, сопоставить его со своими представлениями и ясно понять, что же они, в конце концов, получают. Иная, более сложная ситуация возникает при проектировании информационной системы. Она, прежде всего, обусловлена сложностью создания модели того, что мы собираемся разработать. Методы структурного анализа позволяют нам создать графическую модель системы, которая играет такую же роль, как и макет жилого здания.

3. Проектируя систему обработки данных МБИ, мы очень быстро можем столкнуться с чрезмерным количеством подробных сведений, как о деталях самого исследования, так и о будущей системе. Если не иметь какой-либо схемы или структурной организации этих данных, то очень скоро мы испытаем чрезмерную перегрузку фактами. В основе структурного системного анализа лежит нисходящий принцип, состоящий в том, что модель системы имеет многоуровневую структуру и позволяет взглянуть на систему в целом, а затем

вернуться к детальному анализу каждого фрагмента по мере необходимости.

4. Документ, содержащий подробные данные о проектируемой информационной системе (спецификация системы, генеральный проект), определяет отношения между пользователем и разработчиками системы. Однако часто пользователям бывает чрезвычайно трудно понять этот документ из-за обилия технических терминов и понятий, которые в нем используются. Сегодня пользователи часто делают попытку овладеть содержанием этого документа, а кончается это словами: "ну, я думаю, эти компьютерщики знают, что делают". Только когда завершенная система будет установлена, пользователь получает нечто, что он может понять и на что отреагировать, но к тому времени это будет уже запоздалая реакция. Если же генеральный проект все же может быть написан так, чтобы было понятно пользователю, он не будет достаточно продуктивным для проектировщиков и программистов, которые должны создавать систему. В такой ситуации часто в повторном режиме проводится повторный анализ данных, логики процессов, которые должны быть автоматизированы в терминах, понятных программисту.

Все перечисленные выше трудности, с которыми мы сталкиваемся в процессе разработки информационных систем, обработки данных МБИ, показывают, какую остроту приобретает необходимость использования на этапе проектирования наглядной логической модели будущей системы, то есть модели, позволяющей четко донести до сведения пользователей, даже не обладающих глубокими знаниями в области современных технологий обработки данных, что система будет, и что она не будет выполнять. Это критически важный момент с точки зрения последующих временных и финансовых затрат на исправление допущенных ошибок. Внесение изменений на бумаге стоит не дорого, внесение изменений на этапе программирования - в несколько раз дороже, а изменения, вносимые в уже функционирующую систему, требуют существенно больших затрат. Мы не можем позволить себе ждать, пока пользователи "увидят, что они получили", прежде чем они осознают, чего они хотят.

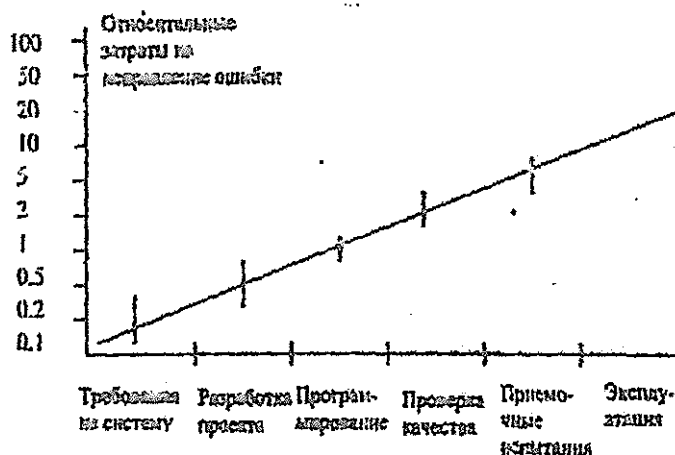


Рис. 1.10. Сравнительные затраты на исправление ошибок, выявленных на разных этапах создания информационной системы.

В качестве подтверждения приведем график (рис. 1.10), который отражает сравнительные затраты на исправление ошибки, возникшей в процессе разработки системы обработки данных [4]. График отражает сравнительные затраты, связанные с исправлением ошибки в зависимости от стадии разработки информационной системы, на которой эта ошибка была обнаружена. Так, ошибка, обнаруженная на стадии разработки требований (после того, как пользователи проанализируют модель будущей системы), может стоить 0.2 условных единицы, в то время как та же ошибка, обнаруженная тогда, когда система вводится в эксплуатацию, будет стоить 10 условных единиц, т. е. в 50 раз дороже.

Приведенная зависимость убедительно доказывает, как важно начинать проектирование с построения логической модели будущей информационной системы.

Какими же возможностями для построения моделей информационных систем мы располагаем? У нас нет возможности показать пользователю живую реальную модель

системы. Пользователям трудно вообразить, как новая система будет обслуживать их потребности, пока она не введена в действие. Методология структурного системного анализа дает возможность сформировать лучшую модель системы по сравнению с моделями, которые использовались до настоящего времени.

Поскольку мы не в состоянии на этапе проектирования представить реальную модель системы, используем ее" вербальное описание. Это вроде бы позволит создать некую модель системы, понятную пользователю. Однако использование естественного языка для описания сложной системы приведет к документу такого большого объема, что пользователь уже не сможет воспринять едино все части такого описания. Если мы не можем создать макет системы, а естественный язык слишком неточен и многословен, остается шанс использования изобразительных возможностей. Единственное изображение системы, существующее до настоящего времени, - это блок-схема. Хотя одна блок-схема может стоять тысячи слов, она ограничивает возможности разработчика: использование стандартных символов для построения блок-схемы обязательно приводит к тому, что модель будущей системы сводится к конкретизации её физической реализации.

Модель системы должна показать путь к достижению цели, но не диктовать пути конкретной реализации. Сам факт изображения блок-схемы означает, что необходимо принять решение о том, каким образом будет осуществляться ввод информации: с клавиатуры, с дискеты или со сканера, какие программы будут обеспечивать выполнение тех или иных функций и т. д. Все эти решения являются содержанием работы проектировщика. Они возникают после того, как сформированы согласованные с пользователем требования на систему. Сформировать же эти требования, опираясь на представление модели системы в виде блок-схемы, очень трудно. Несмотря на то, что некоторые опытные пользователи могут научиться читать блок-схемы, но для большинства они остаются "визуальным жаргоном". Структурный системный анализ позволяет преодолеть недостатки рассмотренных нами

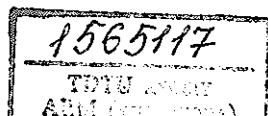
традиционных способов представления модели
информационной системы.

1.6.1. Краткие основы структурного системного анализа проектов информационных систем

Основу структурного системного анализа составляют инструментальные средства и методы, появившиеся в результате развития структурного программирования и структурного проектирования [4]. Основополагающей концепцией структурного анализа является построение графической логической модели информационной системы, которая дает возможность пользователям, проектировщикам и программистам получить ясную и общую картину будущей системы; уяснить, как сочетаются между собой компоненты системы, и как она будет отвечать потребностям пользователей. До разработки методологии структурного системного анализа не было возможности показать основные логические функции и потребности системы, очень быстро разработчик утонул в детализации физической реализации системы, что приводило к ситуации, когда пользователь за деревьями не видел леса.

Базовым элементом структурного анализа, позволяющим построить визуальную графическую модель будущей информационной системы, является логическая диаграмма потоков данных. В диаграмме потоков данных используются четыре базовых символа: квадрат – источник или приёмник данных; стрелка – поток данных; закруглённый прямоугольник – процесс, который преобразует поток данных; прямоугольник без правой стороны – накопитель данных.

В структурном системном анализе эти символы и понятия, которые они обозначают, даются на логическом, а не на физическом уровне. Поток данных может физически содержаться в письме, в телефонном звонке или переходе от программы к программе, т. е. в любом варианте прохождения данных от одного объекта или "процесса к другому. Процесс может предусматривать любую комбинацию ручных или автоматизированных действий. Накопителем данных могут быть: ящик для хранения карточек, таблица в памяти, файл на



диске. Таким образом, структурный анализ делает различие между аналитической работой над проектом будущей информационной системы (где определяется, что система должна делать) и собственно проектированием (где конкретизируется, как именно система будет работать).

Методология структурного системного анализа предполагает построение системы сверху вниз за счет последовательной детализации:

- получают диаграмму потоков данных всей системы;
- разрабатывают детализированные диаграммы потоков данных;
- определяют детали структур данных и логики процессов;
- переходят к проектированию модульной структуры программы.

То есть методология структурного анализа предполагает анализ проектируемой системы сверху вниз, проектирование сверху вниз, разработку сверху вниз, тестирование системы сверху вниз. Любая разработка информационной системы представляет собой итерационный процесс. Всегда следует быть готовым уточнить логическую модель с учетом информации, полученной при использовании первой версии системы. Подчеркнем преимущества, обусловленные использованием структурного анализа:

- пользователи получают намного более живое представление о разрабатываемой системе из логических диаграмм потоков данных, чем в случае использования повествовательного текста или блок-схемы, поэтому резко уменьшается вероятность создания системы, которая, будучи сама по себе отличной, не удовлетворяет потребностям пользователя;
- при представлении системы в виде логической диаграммы потоков данных неправильное понимание и спорные моменты проявляются значительно раньше;
- диаграмма потоков данных очень четко показывает границу между теми процессами, которые могут быть автоматизированы, и теми, которые не допускают возможность автоматизации;
- использование логической графической модели

позволяет сократить дублирование усилий, наблюдаемое при создании информационных систем.



Рис.1.11. Логическая диаграмма потоков данных верхнего уровня.

Рассмотрим пример построения логической диаграммы потоков данных, использованный в несколько иной редакции в [4]. Пусть ставится задача автоматизации деятельности фармацевтической компании, которая получает от больниц заказы на лекарственные препараты, заказывает их у соответствующего производителя и выполняет заказ на лекарства после их получения. В рамках структурного системного анализа построение модели будущей системы начинается с диаграммы потоков данных верхнего уровня (рис. 1.11).

Из приведенной диаграммы видно, что каждый заказ на лекарственные препараты должен, прежде всего, пройти проверку на корректность заявки. Проверяется: во-первых, существует ли или доступно такое лекарство, для чего в структуре системы должен быть предусмотрен некоторый накопитель данных, в котором собраны сведения о существующих типах лекарственных препаратов; во-вторых, проверяется платежеспособность заказчика, для чего предусмотрен некоторый накопитель данных, в котором

собраны сведения о наличии задолженностей у тех или иных лечебных учреждений по ранее выполненным заказам.

Учитывая, что рассматриваемая нами фармацевтическая компания обслуживает сеть лечебных учреждений, всякий заказ, прошедший проверку на корректность, должен быть сначала помещен в хранилище данных, где группируются заказы, адресованные определенному производителю. После того, как будет накоплена группа заказов, они должны быть оформлены в виде единой сводной заявки (процесс на диаграмме "сбор заявки производителю"). Очевидно, что оформление такой заявки требует знания реквизитов производителя, для чего в структуре системы должен быть предусмотрен некоторый накопитель данных, в котором собраны сведения о производителях.



Рис.1.12. Диаграмма потоков данных, детализирующая перемещение материальных потоков.

Результатом выполнения всех перечисленных выше действий является оформленная заявка на лекарственные препараты, адресованная конкретному производителю. Видим, что приведенная диаграмма пока еще отличается достаточно низкой степенью детализации процессов, но и в таком виде она позволяет будущему пользователю получить предварительное представление о функционировании будущей автоматизированной системы, не перегружая его излишней детализацией технических вариантов её реализации. Представленная в таком виде модель будущей системы позволяет пользователю уже на этапе формирования задания на программирование (до её программной реализации) понять, в какой степени она отвечает его запросам.

Следующий уровень конкретизации модели предполагает детализацию действий, связанных с получением лекарственных препаратов от производителя.

Производитель высылает вместе с запрашиваемыми лекарственными препаратами накладную, детализирующую содержание посылки. Эту накладную следует сверить с заказом, чтобы убедиться, что мы получили нужное количество лекарственных препаратов. Где нам следует искать содержание заказов? Очевидно, что должен быть другой накопитель данных (возможное название "заказы производителям"). После того, как мы получили в свое распоряжение нужные лекарственные препараты, мы можем составить и отправить заказы отдельным больницам. Диаграмма потоков данных, соответствующая следующему уровню детализации операций, приведена на рис. 1.12

Дальнейший уровень конкретизации диаграммы потоков данных, иллюстрирующей логику функционирования будущей системы, предполагает детализацию таких действий как оформление счета для больницы и обработка получаемого от неё платежа; оплата счетов от производителя.

Детализацию перечисленных выше действий в виде совокупности процессов, потоков данных и накопителей данных завершает построение логической модели, иллюстрирующей все возможности будущей системы (рис. 1.13).

Заметим, что, используя диаграмму потоков данных, мы не

отражаем перемещение самих лекарственных препаратов. С точки зрения проектирования информационной системы, лекарственные препараты не являются данными и поэтому они не включаются в диаграмму потоков данных.

Нас интересуют только элементы типа накладных, которые являются носителями информации о лекарственных препаратах. Каждый из показанных на диаграмме процессов, в свою очередь, может быть детализирован при помощи более подробной диаграммы потоков данных более низкого уровня.

На рис. 1.14 показан пример детализации процесса "Сбор заявки для производителя".

Рассмотренная нами диаграмма потоков данных принципиально отличается от представления функционирования системы в виде блок-схемы. Это отличие заключается в том, что использование стандартных символов при построении блок-схемы будущей системы предполагает конкретизацию физической реализации системы (например, конкретизацию способа ввода данных, перечень подпрограмм, обеспечивающих выполнение отдельных операций и т. д.). То есть представление первоначальной модели в виде блок-схемы приводит к излишней детализации, малопонятной большинству пользователей, мешающей им получить полное представление обо всех логических требованиях и ограничивающей обсуждение альтернативных вариантов.

Необходимость разработки блок-схем алгоритмов, обеспечивающих функционирование будущей системы, возникает на стадии её физической реализации, на стадии программирования, то есть после того, как логическая структура системы однозначно понята и принята потребителем. Таким образом, средства структурного системного анализа позволяют построить модель будущей автоматизированной системы, имеющей следующие преимущества:

- пользователи хорошо ее понимают и полностью с ней согласны;

- она содержит только логические требования к системе и не навязывает способов её физической реализации (это прерогатива проектировщиков или программистов);

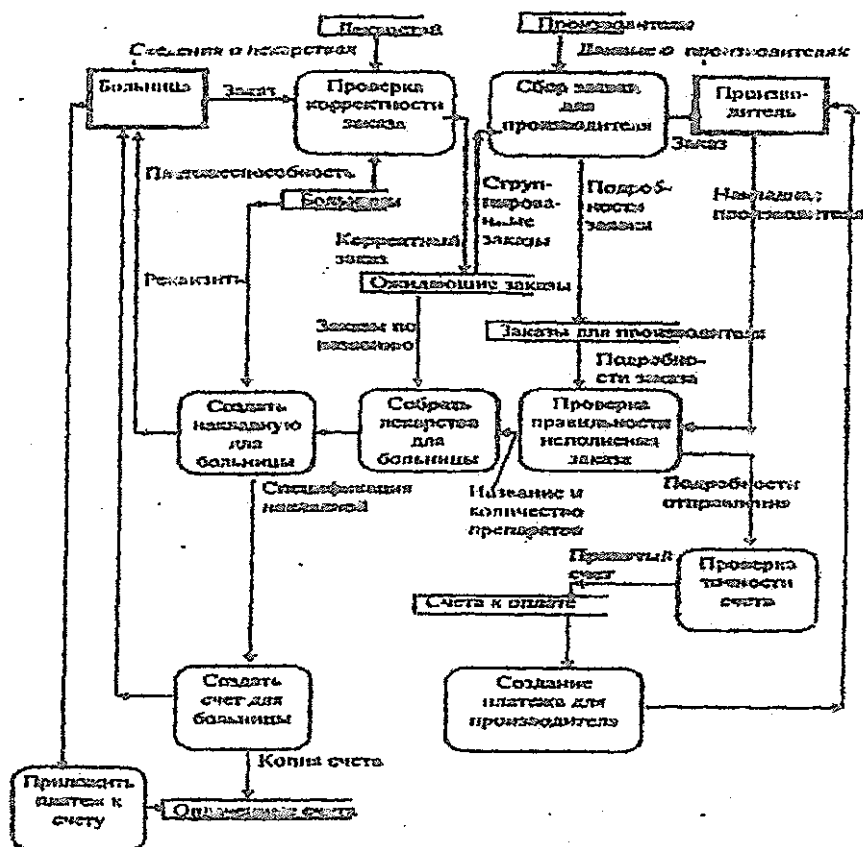


Рис. 1.13. Диаграмма потоков данных, детализирующая перемещение финансовых потоков.

• в ней отражены предпочтительные варианты и компромиссные решения.

Следовательно, построение логической модели, позволяющей четко донести до сведения пользователей, что будущая система будет и что не будет выполнять, является критически важным моментом с точки зрения последующих затрат на исправление допущенных ошибок.

Естественно, все вышеизложенное представляет собой

самое краткое изложение центральной идеи структурного системного анализа проектов информационных систем. Более подробное изложение можно найти в книге [4].

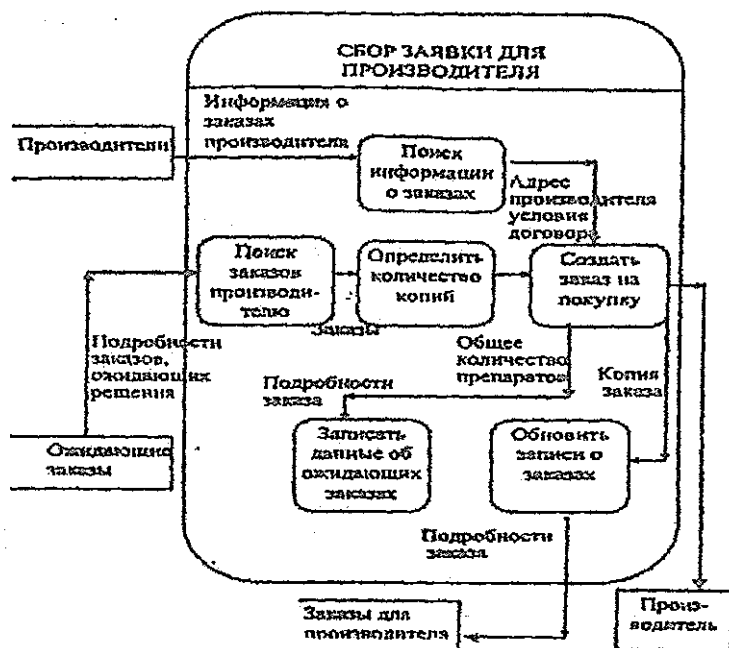


Рис. 1.14. Детализация процесса «Сбор заявки от производителя».

Глава 2. Компьютерные медицинские системы обеспечения документооборота и информационной поддержки медико-биологических исследований

В главе 1 были сформулированы основные задачи, возникающие в процессе проведения медико-биологических исследований, для решения которых привлекаются компьютерные медицинские системы. Первой и наиболее важной из таких задач является задача сбора и накопления результатов исследований. В настоящее время существует обширный класс систем, реализующих функции сбора, накопления и длительного хранения и представления данных МБИ. Рассмотрим основные принципы, положенные в основу подобных систем.

2.1. Особенности автоматизации документооборота

Компьютерные системы автоматизации документооборота и информационного обеспечения медико-биологических исследований предназначены для:

- накопления информации о проводимых исследованиях и их результатах;
- длительного хранения накопленной информации и её оперативного представления по требованию пользователей;
- составления сводных отчетов различных типов (ретроспективные отчеты по отдельным пациентам и группам пациентов; отчеты по отдельным видам исследований; отчеты о текущей работе исследовательского центра);
- выявления объективных закономерностей исследуемых процессов на основе последующего статистического анализа накопленных данных.

Практическая реализация перечисленных функций в составе автоматизированных систем сталкивается с некоторыми проблемами, главными из которых являются: многообразие документов. Как правило, каждый этап деятельности, связанной с проведением медико-биологических исследований (назначение тех или иных диагностических операций, анализов, их проведение, представление результатов), требует наличия

отдельного документа. Их общее количество определяется как числом обследуемых пациентов, так и числом различных функциональных клинических или лабораторных исследований, относящихся к каждому пациенту. При этом компьютерная система должна обеспечивать соответствие каждого анализа и отвечающего ему документа; необходимость учета человеческого и машинного факторов. Полностью избавиться от составления части документов вручную сегодня невозможно. При этом документы, заполненные от руки, должны быть не только удобными для использования врачом, но и пригодны для непосредственного ввода в машину.

Документы, полученные с использованием компьютерной системы, должны быть достаточно полными и читаемыми; разнообразие методов исследований, что затрудняет разработку некоторой универсальной отчетной формы. Для регистрации результатов различных групп исследований приходится использовать свою, адаптированную к специфике этих исследований форму отчетного документа.

В ряде случаев при формулировке результатов анализов невозможно обойтись без текстовой информации, что усложняет возможность использования ЭВМ при составлении подобных документов; влияние применяемого оборудования. Речь идет как о конкретной аппаратуре, используемой в процессе проведения тех или иных исследований, так и вычислительных средствах, технические характеристики и возможности которых также влияют на автоматизацию документооборота.

2.2. Электронная история болезни: требования к содержанию, структура и форма представления информации, формализация сбора, хранения и представления информации

До последнего времени в большинстве случаев история болезни формировалась ручной регистрацией всей совокупности данных о пациенте в структуре карты обследования. При этом, как правило, традиционные медицинские записи (история болезни) содержат массу плохо структурированной информации, где детали и второстепенные

факты затрудняют анализ собранных сведений и, как следствие, 'становятся иногда причиной неверных' диагностических решений. Кроме того, форма записей, их состав в значительной степени произвольны. Одним из возможных направлений устранения недостатков, присущих традиционной форме представления истории болезни, является внедрение в практику МБИ средств автоматизации, обеспечивающих формализацию на основе единых стандартов операций сбора, хранения данных и их представления в виде электронной истории болезни. Необходимость широкого внедрения компьютерных систем автоматизации документооборота в практику медицинских учреждений связана с все возрастающим объемом медицинской информации.

Например, ежегодная информация о каждом пациенте, проходящем профилактический осмотр, с учетом объема и структуры диагностических исследований (приблизительно 50 диагностических параметров) составляет ориентировочно 20Кбайт (что равнозначно приблизительно 4 страницам текста формата А4). Учитывая, что в медицинском учреждении областного уровня в течение года накапливается информация о 10000 пациентах, суммарный объем хранимой информации достигает 200 Мбайт (это при условии, что каждый пациент обратился один раз). На практике объем информационного массива будет ещё больше за счет повторных посещений, увеличения частоты посещений с учетом возраста и т.д.

Ясно, что обработка и хранение таких объемов информации, при одновременном обеспечении оперативного доступа к ней, возможны только при самом широком использовании компьютерных систем.

Электронная история болезни - это документ, содержащий полные данные, полученные в результате опросов больных и членов их семей, разного рода исследований (клинических/параклинических, биохимических, молекулярно-генетических).

Вся информация, содержащаяся в электронной истории болезни, может быть разделена на 4 группы в зависимости от формы представления данных:

- текстовая информация (фамилия, имя, отчество, пол, дата

рождения, место работы, профессия, жалобы пациента, заключения врачей, описание анамнеза заболеваний и т. д.);

- числовая информация (уровень артериального давления, результаты лабораторных исследований и т. д.);
- графическая информация (запись ЭКГ, ЭЭГ);
- образная (рентгеновские снимки, данные компьютерной томографии и т.п.).

С содержательной точки зрения, вся информация может быть подразделена на несколько частей. Обычно выделяют: идентификационную часть, содержащую: а) данные о самом пациенте: фамилия, имя, отчество, год и месяц рождения, место жительства; б) номера медицинских записей ближайших родственников, проходивших обследование; в) постоянные в течение жизни физиологические характеристики (пол, группа крови);

административную часть (вспомогательную): место работы, специальность, номер карточки социального страхования, номер карточки медицинского страхования;

медицинскую часть, в том числе: а) полученную от пациента, заключения участвующих в обследовании (окулист, невропатолог, гастроэнтеролог и т. д.), жалобы пациента, анамнез (хронология развития) заболевания; б) результаты осмотра, результаты инструментальных исследований;

рентгенорадиологические исследования, ЭКГ, ЭЭГ; результаты лабораторных обследований (анализ крови, мочи, биохимический анализ биологического материала); в) предварительный диагноз, включая впечатления врачей; г) окончательное решение; д) указания на терапевтические и диагностические процедуры: предписанные лекарственные препараты или диета, хирургические процедуры, физиотерапия, назначение повторного посещения, направления к другим специалистам.

Итак, мы выделили некоторые особенности электронной истории болезни, которые в существенной степени влияют на выбор программных средств, обеспечивающих её реализацию, а именно, необходимость хранения различной по форме представления информации: числовой, графической, образной,

текстовой. С учетом данной особенности истории болезни наиболее удобной программной основой для её реализаций являются системы управления базами данных (СУБД). Современные программные средства предлагают достаточно широкий набор разнообразных СУБД, позволяющих в структурированном виде хранить и просматривать различную информацию.

К наиболее известным СУБД можно отнести: MS Access, которая сегодня поставляется в составе пакета MS Office, Delphi, Oracle, Ms FoxPro, Clarion. Основу любой из перечисленных выше СУБД составляет база данных, выраженная в том или ином формате электронная таблица, строки которой представляют собой номер записи (уникальный, индивидуальный код пациента), а столбцы (поля БД) объединяют результаты исследований. Преимущество использования СУБД как основы создания электронной истории болезни обусловлено тем, что современные СУБД:

1) дают возможность размещения в пределах одной записи самой разнородной информации, текстовой, числовой, графической, образной;

Уникаль ный код пациента	Текстовое поле (строка)	Число вое поле	Логиче ское поле	Блок текста	Образ ное поле
1					
2					
...	...	...	...	...	...
.....					
N					

2) обеспечивают возможность объединения информации, размещенной в различных БД, связывая их по уникальному коду пациента. Размещение всего объема данных по некоторому пациенту в составе различных баз данных позволяет существенно повысить оперативность доступа к интересующей врача медицинской информации;

3) имеют развитые механизмы обеспечения оперативного

доступа к информации за счет операций индексации записей, сортировки и поиска по совокупности критериев, формируемых пользователем. Необходимость использования таких механизмов вызвана тем, что эксплуатационные качества системы автоматизации, документооборота во многом определяются тем, насколько, оперативно реализуются функции поиска интересующей специалиста медицинской информации, какое разнообразие возможностей анализа информации обеспечивает система. Вопрос обеспечения оперативности не стоит остро, пока список пациентов невелик. В этом случае доступ к любой информации открывается путем простой прокрутки списка. Однако в тех случаях, когда список исчисляется сотнями и тысячами пациентов, получение нужной информации путем листания списка становится весьма затруднительным. В этих условиях возникает острая необходимость разработки механизмов оперативного доступа к информации путем сортировки списка (например, выделения из общего списка пациентов определенной возрастной группы, разделение всего списка по признаку пола и т. д.), поиска по совокупности ключей (например, интересуют пациенты определенной возрастной группы, которые проходили обследование в определенный календарный период и у которых обнаружено определенное заболевание);

4) обладают средствами автоматической генерации разнообразных отчетных форм;

5) обладают развитыми возможностями импорта-экспорта информации.

Одним из обязательных условий, которое должно выполняться в процессе создания электронной истории болезни, является максимальное использование стандартизированной номенклатуры названий симптомов, болезней, их стадий и вариантов. То есть все данные о пациенте и используемая в медицинских записях терминология должна соответствовать стандартам, вестись с учетом международных классификаторов болезней. Примером такого международного классификатора может служить МКБ10 «Международная статистическая классификация болезней и проблем, связанных со здоровьем, десятый пересмотр».

Кроме этого, в интересах стандартизации медицинской документации можно использовать справочник SNOMED-International, содержащий 130000 медицинских терминов. Наиболее известным является американский стандарт электронного обмена медицинскими документами Health Level. Стандартом хранения и передачи медицинских изображений (электрокардиографических, реографических, рентгенографических, томографических) является стандарт DICOM.

Учитывая, что значительную долю информации в структуре электронной истории болезни составляет текстовая информация, а также то, что заполнение электронной истории болезни обеспечивается ручным вводом информации с клавиатуры компьютера, возникает опасность появления ошибок и неточностей, обусловленных субъективными особенностями оператора, обеспечивающего ввод информации, его квалификацией. В этих условиях особую важность в процессе разработки электронной истории болезни приобретает обеспечение достоверности медицинской информации. Существуют разные приемы, направленные на повышение достоверности, наиболее распространенными из которых являются следующие:

1) максимальное использование системы справочников. Справочники объединяют некоторые стандартные текстовые конструкции, которые используются при заполнении электронной карты. Например: пол (мужской, женский), справочники областей, районов, городов, используемые для ввода места жительства пациента, справочники диагнозов заболевания и т. д. Применение справочников позволяет заменить операцию ввода текстовой информации (сопряженную с ошибками) операцией выбора тех или иных позиций из заранее сформированного на основе справочника меню. Это очень важно с точки зрения достоверности последующего анализа медицинской информации - например, последующего анализа данных пациентов, сгруппированных в зависимости от района проживания, или анализа данных пациентов с некоторым общим диагнозом заболевания. В этом случае наличие ошибок в написании этих ключевых признаков приведет к тому, что система на основе формализованных

процедур не сможет правильно классифицировать отдельных больных;

2) логический контроль данных. Позволяет в некоторых случаях блокировать неверный ввод данных. Например, дата рождения не может быть отрицательной величиной, как не может быть более поздней, чем текущая дата. Очевидно, что возраст пациента вряд ли превышает 100 лет, возраст пациента должен точно соответствовать разности текущей даты и даты рождения. То есть логический контроль данных целесообразно использовать при вводе числовых данных, для которых известны достоверные диапазоны их возможных значений;

3) максимальное исключение субъективных факторов в процессе заполнения электронной истории болезни. В наибольшей степени влияние субъективных факторов проявляется при сборе и заполнении анамнестической информации, то есть текстовой информации, отражающей возрастную динамику развития заболевания. Анамнестическая информация формируется в результате расспроса врачом самого больного и его ближайших родственников. Очевидно, что полученная таким образом информация чрезвычайно субъективна.

Она во многом зависит от интуиции самого врача, уточняющего в результате расспроса те или иные предположения, которые он выдвигает на основе фундаментальных медицинских знаний. Достоверность такой информации также зависит от того, насколько хорошо пациент помнит прошлые события, связанные с развитием заболевания. Вместе с тем достоверность анамнестической информации оказывает значительное влияние на достоверность предположений относительно диагноза, которые в дальнейшем выдвигает врач.

С целью уменьшения влияния субъективных факторов на достоверность анамнестической информации при заполнении электронной истории болезни используются специальные весьма подробные анамнестические вопросники. Типичный анамнестический вопросник строится по иерархическому принципу: после ответа на один из основных вопросов формулируется ряд уточняющих дополнительных вопросов.

Вопросы обычно объединяются в группы, например, по темам: социальные данные, состояние здоровья к данному моменту; привычки; опасные условия работы; история семьи и брака; обзор здоровья в прошлом; медикаментозное лечение, врачебное обслуживание в прошлом, перенесенные операции, рентгенорадиологические исследования.

Объем анамнестических вопросников, используемых в различных странах, иллюстрируют следующие цифры (по данным [2]):

Страна	Количество вопросов, используемых в процессе уточнения анамнеза
РФ	500
Япония	120
США	143
ФРГ	167

4) использование механизмов проверки достоверности медицинских записей. Учитывая, что значительную часть записей, включаемых в состав электронной истории болезни, составляет информация, полученная путем расспроса врачом больного и его родственников (жалобы, анамнез заболевания), возникает необходимость какой-либо оценки достоверности такой информации.

Повышение достоверности медицинской информации может достигаться разными путями. Для повышения достоверности информации, полученной от пациента, при заполнении электронной карты необходимо вопросы формулировать таким образом, чтобы ответ не сводился к выбору только одного из двух вариантов ("да" "нет"), но допускал некоторый набор альтернатив. Например, вопрос: "Удовлетворены ли вы своей работой" может предусматривать несколько вариантов ответов: "Полностью удовлетворен", "Она могла бы быть лучше", "Я не удовлетворен работой ", "Я хочу переменить место работы ", "Я очень подавлен своей работой ".

Другой путь повышения достоверности медицинской информации при формировании электронной истории болезни

предполагает использование формализованных количественных показателей для оценки достоверности ответов. Для этого вопросник должен быть составлен таким образом, чтобы одни и те же вопросы повторялись несколько раз, в различных формулировках. Это позволяет условно разделить ответы на правдивые положительные ТР (когда положительный ответ подтверждает объективную информацию), ложные положительные FP (когда положительный ответ не подтверждает объективную информацию), правдивые отрицательные TN (когда отрицательный ответ подтверждает объективную информацию), ложные отрицательные FN (когда отрицательный ответ не соответствует объективной информации). В дальнейшем такое деление используется для расчета числовых характеристик, достоверности положительных и отрицательных ответов:

$$P=TP/(TP+FP); N=TN/(TN+FN).$$

То обстоятельство, что значительная часть информации, регистрируемой в объеме электронной истории болезни, представляет собой текстовую информацию, создает проблемы, связанные не только с оценкой её достоверности, но и проблемы, связанные с хранением такой информации. Поэтому серьезное внимание при создании компьютерных систем информационного обеспечения уделяется различным методам, направленным на уменьшение потребных объемов памяти, необходимых для хранения медицинской информации. К таким методам относятся:

1) использование уже упомянутых стандартных вопросников, которое позволяет свести проблему хранения свободного текста (предъявляющего значительные требования к ресурсам запоминающих устройств, так как для хранения каждого символа требуется приблизительно 1 байт памяти) к запоминанию комбинаций вариантов вопросов и ответов (рис. 2.1);

2) применение методов сжатия текста.

Вопросники позволяют формализовать текстовую информацию и тем самым снять проблему потребной памяти ЭВМ. Однако не вся медицинская информация может быть формализована с помощью вопросников. Значительная часть

медицинской информации представляет собой свободный текст, который вряд ли удастся когда-либо полностью исключить. Для того чтобы в некоторой степени уменьшить объемы потребной памяти ЭВМ, прибегают к операции сжатия текста. В основе одного из возможных методов сжатия текста лежит идея кодирования текста с помощью словаря. Словарь должен содержать основные, наиболее часто употребляемые термины (слова) или словосочетания. Кодирование текста состоит в замене исходных слов на условные коды, соответствующие каждому слову в словаре.

Очевидно, что общий объем словаря не должен быть слишком большим, чтобы объемы памяти на его хранение не превышали ту экономию, которая достигается в результате такого кодирования. В среднем при таком способе сжатия удастся уменьшить потребный объем памяти для хранения медицинской информации примерно на 40 %;



Рис. 2.1. Оптимизация хранения медицинской информации на основе использования каталогов стандартных вопросов и ответов.

3) использование периодической процедуры архивации данных. По мере накопления данных объем памяти, необходимой для её хранения, может превысить ресурсы ЭВМ. Кроме того, возрастание количества записей приводит к существенным временным затратам на поиск интересующей врача информации. Для исключения подобных ситуаций используется операция архивации, когда из состава актуальных БД, исключаются данные по больным, в соответствии с некоторым критерием. Чаще всего в архив отправляются данные по пациентам за прошлые годы. При этом система обеспечения документооборота должна обеспечивать возможность работы с архивными данными.

В качестве основы для сбора и хранения всей информации в структуре электронной истории болезни могут использоваться различные типы персональных ЭВМ. Требования к характеристикам ПЭВМ (объем потребного дискового пространства для накопления медицинской информации, объем оперативной памяти, тип процессора и его тактовая частота, тип видеокарты и т.д.) определяются, исходя из анализа следующих показателей:

- * допустимые задержки на обновление основных экранов, обеспечивающих взаимодействие пользователя с компьютерной системой;
- * допустимые задержки на выполнение операций сортировки, поиска информации;
- * ожидаемый объем памяти для хранения медицинской информации.

2.3. Пример реализации электронного регистра больных с наследственными болезнями обмена веществ

Главное меню регистра больных с наследственными болезнями обмена веществ (НБО) [5, 6] представлено следующими опциями, исчерпывающими набор его функциональных возможностей:

- * опция "Регистрация". Обеспечивает ввод и корректировку всей совокупности данных, выявленных в процессе клинического, биохимического и молекулярно-

генетического обследования пациентов с последующей их печатью;

- ♦ опция "Справочники". Обеспечивает ввод и отображение данных, используемых для регистрации результатов биохимического обследования. К ним относятся: список органических и аминокислот, измеряемых в процессе биохимического обследования, с возможностью ввода и корректировки нормальных значений концентраций, список лизосомных и митохондриальных ферментов, список очень длинноцепочечных жирных кислот, а также каталог направляющих организаций и каталог окончательных диагнозов;

- ♦ опция "Биохимическая диагностика". Содержит справочную информацию о правилах сбора биологического материала, выполнение которых необходимо для проведения биохимических и молекулярно-генетических исследований;

- ♦ опция "Информационно-поисковая диагностическая система (ИПДС)". Обеспечивает: возможность просмотра списка: нозологических классов наследственных болезней обмена веществ; нозологических форм с возможностью оперативного просмотра их исчерпывающего клинического описания; основных диагностических признаков каждой нозологической единицы, биохимических маркеров заболевания. Кроме того, пользователю доступен каталог основных клинических симптомов и биохимических маркеров, характеризующих класс НБО. Указанная опция также обеспечивает возможность автоматизированного поиска диагнозов на основе данных клинического и/или биохимического обследования пациентов;

- ♦ опция "Сервис". Обеспечивает ввод, отображение и корректировку основных данных об организации пользователя для их последующего использования на типовых бланках заключений. Кроме того, указанная опция обеспечивает доступ к экранам, реализующим функции создания архива пациентов.

Доступ со стороны пользователя к функциональным возможностям электронного регистра достигается на основе использования системы экранов. На рис. 2.2 приведена компоновка основного экрана просмотра списка пациентов,

снабженного набором функциональных клавиш (ФК), размещенных на горизонтальной и вертикальной панели, реализующих разнообразные возможности просмотра, ввода, корректировки и печати результатов обследования по каждому из пациентов, сортировки списка пациента в соответствии с многочисленными признаками, задаваемыми пользователем.

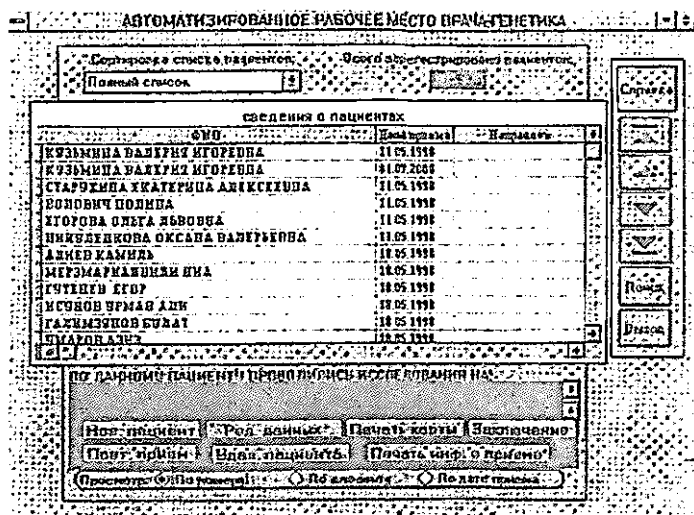


Рис.2.2. Компонировка основного экрана просмотра списка.

Набор ФК, располагаемых на горизонтальной панели основного экрана, обеспечивает возможность выполнения следующих функций:

- Ввод данных о новом пациенте.
- Регистрация данных повторного приема пациента.
- Удаление пациента из списка.
- Печать карты пациента.
- Печать списка пациентов, прошедших обследование в определенный календарный период.
- Печать типовых форм заключений биохимического обследования.
- Редактирование данных обследования.

Доступ к экранам, обеспечивающим редактирование данных клинического, биохимического и молекулярно-генетического обследования, осуществляется активизацией ФК "Редактирование". После нажатия данной клавиши пользователю отображается экран (рис. 2.3), содержащий список всех диагностических операций, проводимых по конкретному пациенту.

АВТОМАТИЗИРОВАННОЕ РАБОЧЕЕ МЕСТО ПРАКТИКЕНТИКА

Редактирование данных

ИЗЫСКАНА НАПЕРИЯ ИГРЕДНА 4 11 05 1993

Клиническая фенотип	☒ Карта гистологического осмотра	X
Количествен- ная анализ методологии	☐ Постгистологический анализ	X
	☐ Биохимический анализ	
	☐ Анализы тканей	
Лабораторные исследования	☐ Анализ гистологических препаратов	X
	☐ Анализ биохимических препаратов	
	☐ Анализ гистологических препаратов	
ДНК- исследования	☐ ДНК-анализ	
	☐ ДНК-анализ с БДН	
	☐ Протокол диагностики	

Пресмотр Вывод

Рис.2.3. Экран редактирования данных клиничко-биохимических исследований.

Символ "X", помещенный справа, указывает на те диагностические исследования, которые реально проводились по данному пациенту. Доступ к результатам конкретных обследований обеспечивается выбором соответствующей позиции списка. Ядро рассматриваемого регистра НБО составляет электронная история болезни. Редактирование электронной истории болезни обеспечивается заполнением соответствующих текстовых полей экрана редактирования данных. Набор ФК экрана редактирования электронной истории болезни обеспечивает регистрацию:

- жалоб пациента;
- результатов осмотра пациента врачом;
- анамнестических данных, характеризующих развитие заболевания; предполагаемого диагноза;
- назначений биохимических исследований, которые должны быть проведены для подтверждения (или исключения) выдвинутого предполагаемого диагноза;
- окончательного диагноза.

Завершающая позиция заполняется после выполнения всего объема биохимических или молекулярно-генетических исследований и верификации на их основе окончательного диагноза. Заполнение данного поля осуществляется выбором соответствующей строки меню окончательных диагнозов. Список окончательных диагнозов формируется - пользователем заранее путем создания каталога "Окончательный диагноз", доступ к которому обеспечивается активизацией опции "Справочники" главного горизонтального меню программы.

Кроме регистрации данных клинических исследований, электронный регистр НБО обеспечивает ввод и корректировку результатов лабораторных тестов (биохимических и ДНК-исследований). Перечень результатов лабораторных исследований включает в себя:

- регистрацию значений концентрации митохондриальных ферментов (лактат, пируват, кетоновые тела) с отображением автоматически формируемых возрастных норм перечисленных выше показателей и их отношений. Указанные показатели имеют абсолютную значимость для диагностики класса митохондриальных болезней;
- регистрацию значений концентраций аминокислот с возможностью ввода и корректировки текущих значений концентраций в крови или моче пациента и отображением нормальных значений;
- регистрацию значений концентраций органических кислот, используемых в процессе биохимической верификации НБО;
- редактирование значений концентраций очень длинноцепочечных жирных кислот (ОДЦЖК). Процесс редактирования реализуется посредством отображения списка

ОДЦЖК, а также полей для ввода текущих значений их концентраций с автоматическим пересчетом отношений концентраций и отображением нормальных значений концентраций. Нормальные значения концентрации ОДЦЖК формируются пользователем заранее;

- редактирование данных скрининговых исследований;
- редактирование значений концентраций лизосомных ферментов. Пользователю отображается экран редактирования, содержащий сформированный заранее список лизосомных ферментов, используемых в процессе биохимической верификации НБО, а также поля для ввода текущих значений их концентраций в лейкоцитах, плазме или фибробластах пациента. Кроме того, для каждого из лизосомных ферментов, включенных в список, отображаются нормальные значения концентраций. Список лизосомных ферментов, а также нормальные значения концентрации для каждого из них формируется пользователем заранее;

- редактирование данных ДНК-исследований;
- редактирование результатов пренатальной диагностики.

Практическая реализация возможностей редактирования данных обследования опирается на систему справочников, представленных следующим набором каталогов:

- список и нормальные значения органических кислот в биологическом материале пациента;
- список и нормальные значения аминокислот в биологическом материале пациента;
- список и нормальные значения концентраций лизосомных ферментов в биологическом материале пациента;
- список и нормальные уровни митохондриальных ферментов;
- список и нормальные уровни ОДЦЖК;
- список направляющих организаций;
- список окончательных диагнозов.

Пользователь имеет возможность корректировать и расширять каждый из перечисленных каталогов в соответствии с индивидуальными особенностями организации процесса медико-генетического консультирования.

Важнейшими функциями рассматриваемого электронного

регистра ИБО являются её справочно-информационные функции и функции автоматизации поиска предполагаемого диагноза по совокупности результатов клинического обследования. Регистр реализует широкий набор информационно-поисковых функций.

1) Просмотр информации о нозологических единицах (рис. 2.4). В рассматриваемом регистре использовано унифицированное структурированное представление клинического фенотипа, включающее следующий обязательный набор рубрик: "КЛИНИКА", "ЭТИОЛОГИЯ", "ГЕНЕТИКА", "ПАТОГЕНЕЗ", "ЛАБОРАТОРНЫЕ ДАННЫЕ", "БИОХИМИЧЕСКИЙ ФЕНОТИП", "ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНАЯ ДИАГНОСТИКА", "ЛЕЧЕНИЕ", "ПРОФИЛАКТИКА".

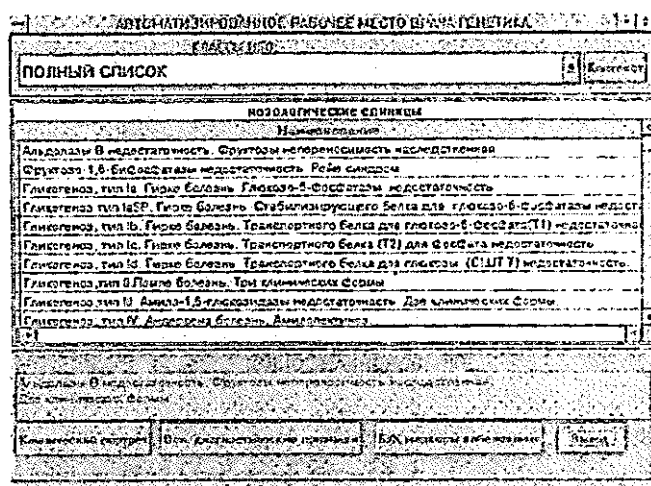


Рис. 2.4. Экран доступа к справочной информации о каждой из ИБО.

2) Поиск диагноза по совокупности клинических признаков и/или биохимических маркеров. Реализация функции поиска диагноза обеспечивается вызовом экрана выбора клинических признаков и биохимических маркеров, регистрируемых у пациента (рис. 2.5).

АВТОМАТИЗИРОВАННОЕ РАБОЧЕЕ МЕСТО ВРАЧА-ГЕТЕТИКА

ГРУППЫ КЛИНИЧЕСКОГО ПЕРЛАДКА

Полностью

КЛИНИЧЕСКИЕ ПРИЗНАКИ

Нормальное развитие

Симптомы развития плода - "Терминальное место"
Аномалии роста и развития
Ростовые плоды
Гипотермия плода
Гипертрофия плода
Задержка интраутробного роста/развития плода
Многоплодие
Несовместимые с жизнью плоды в роде
Скелетные аномалии плода
Переломы костей плода
Геморрагии в плоде
Плоды мертвые

Поиск по алфавиту

а	б	в	г	д	е	ж	з	и	к	л	м	н	о	п
р	с	т	у	ф	х	ц	ч	ш	щ	э	ю	я		

Сохранить

Отмена

Рис.2.5. Компонировка экрана формирования симптомокомплекса пациента.

После того, как сформирован перечень симптомов и признаков, наблюдаемых у больного, обеспечивается автоматический поиск диагноза, в результате которого пользователю отображается иерархически упорядоченный список заболеваний, в описании которых встречаются выделенные признаки. Причем верхние позиции списка занимают те диагнозы, которые в наибольшей степени соответствуют клинической картине заболевания (рис. 2.6).

АВТОМАТИЗИРОВАННОЕ РАБОЧЕЕ МЕСТО ВРАЧА-ТЕПЛИКА

Набор признаков для поиска: Состояние: Состояние:

НОЗОЛОГИЧЕСКИЕ ЕДИНИЦЫ

НОС	Наименование
4	Мукополидоз, тип II, "Г" - клеточная болезнь
3	Мукополисахаридоз, тип VI (MPS VI) Марсано-Пами синдром
3	Мукополисахаридоз, тип I (MPS I) Ханта-Белзони. Две клинических формы
3	Мукополисахаридоз, тип I (MPS I) Гурлер синдром, Шейн-Берман синдром, Гурлер-Шейн синдром
2	Мукополидоз, Две клинических формы
2	Мукополисахаридоз, Две клинических формы
2	Мукополисахаридоз, тип VI (MPS VI) Сала синдром
1	Слизидоз, Нейраминидоз недостаточности. Две клинических формы
1	Галактозиллидоз. Три клинических формы
1	Нарушение транспорта мочи Манган-Бирман (старый синдром) Синдром деградирующей

Мукополидоз, тип II "Г" - клеточная болезнь

Клинический диагноз: Клинический диагноз: Клинический диагноз: Клинический диагноз:

Клинический диагноз: Клинический диагноз: Клинический диагноз: Клинический диагноз:

Рис.2.6. Экран отображения результатов автоматизированного поиска диагноза.

2.4. Автоматизированные медико-экологические регистры

Загрязнение окружающей среды вследствие техногенной деятельности человека поставило перед здравоохранением задачу глобального и регионального анализа влияния экологических факторов на здоровье населения, в первую очередь детского. Так, известно, что химические соединения, обладающие иммунотоксическим эффектом, могут задержать развитие иммунной системы плода и ребенка. С экопатогенными влияниями связываются различные формы аллергического диатеза (атонический, аутоаллергический), иммунодефицитные состояния. Воздействие повышенных концентрации свинца в крови матерей отражается на интеллектуальном развитии детей - при многофакторном регрессионном анализе получены статистически значимые зависимости с индексами умственного развития и

психомоторным развитием, выявлено влияние рассматриваемого воздействия на снижение слуха.

При ориентации на регулярную и сравнительно широкую оценку патологических эффектов техногенного загрязнения биосферы речь должна идти о создании системы биомониторинга на популяционном уровне, который предполагает оценку качества среды для проживания и выделение групп населения с различной чувствительностью к экопатогенным воздействиям [7, 8]. Решение этих задач должно базироваться на совокупном анализе:

1) связи конкретных заболеваний с определенными факторами загрязнения окружающей среды;

2) наследственного предрасположения к этим заболеваниям;

3) динамики функциональных характеристик организма. Медико-экологический мониторинг предполагает единовременный анализ состояния здоровья населения и уровня загрязнения окружающей природной среды по конкретным химическим веществам и их соединениям с учетом их подразделения на 4 класса токсичности:

- I - очень высокотоксичные,
- II - высокотоксичные,
- III - умеренно токсичные,
- IV - потенциально токсичные.

При этом должен быть предусмотрен учет распространенности "маркерных" заболеваний (аллергические, анемии, минимальная мозговая дисфункция и умственная отсталость, врожденные пороки развития (ВПР), злокачественные новообразования) для текущего и отдаленного прогноза влияния техногенно обусловленных факторов и районирования территории по уровню опасности для здоровья.

Широкое использование медико-экологических регистров в системе здравоохранения позволит формировать рекомендации по ограничению воздействия определенных веществ на организм, т.е. по дифференцированному проведению природоохранных мероприятий, реорганизации или закрытию производств. Для достижения этой цели в структуре медико-экологических регистров предусмотрено решение следующих

задач:

- мониторинг степени загрязнения окружающей среды как по отдельным компонентам, так и по суммарным их эффектам (в случае одинаковой направленности патогенного действия);
- анализ заболеваний, которые могут служить маркерами экологического неблагополучия в данном регионе;
- периодическое уточнение взаимосвязи уровней заболеваемости с характером и уровнем химического загрязнения окружающей среды;
- создание медико-экологических баз данных по "маркерным" (избранным) нозологическим группам для территорий различного уровня с возможностью их интегрирования с нижнего уровня на верхний, т.е. объединения статистических данных от района к области и выше, что может быть достигнуто при создании глобальной компьютерной сети, охватывающей (в перспективе) территорию всей страны (фактически национальный регистр); при этом следует предусматривать создание не только административно-территориальных (локальных) регистров, но и региональных систем, охватывающих территории, подвергающиеся воздействиям токсических веществ с предприятий сопредельных областей (химический след, радиационный след) в соответствии с преобладающей розой ветров;
- медико-экологическое зонирование (ранжирование) территорий в соответствии с различной степенью угрозы для здоровья; динамический медико-экологический анализ;
- прогнозирование изменений в состоянии здоровья населения при снижении концентрации вредных веществ в окружающей среде, т.е. оценка медицинской эффективности природоохранных мероприятий.

Специфика состояния здоровья в конкретном ареале обусловлена тем, что параметры, определяющие его в совокупности, существенно меняются от места к месту, под воздействием факторов окружающей среды и биологических особенностей популяции. В связи с этим изучение структуры размещения групп людей с различными уровнями здоровья и территориальных особенностей факторов окружающей среды является информационной базой, на основе которой

складывается пространственный подход и методика биоэкологического мониторинга.

Учет связи качественных и количественных характеристик изучаемых объектов позволяет (методами кластерного анализа) перейти к многоступенчатому районированию территории, что предполагает возможность выделения зон с различной, заранее заданной, степенью экологической опасности. Решение этих задач в полном объеме (а не в виде выборочных исследований) возможно практически только при использовании компьютеризированных информационных систем, в базах данных которых будут накапливаться сведения о заболеваемости по выбранным заболеваниям и показателям загрязнения окружающей среды. Ранее, в России была разработана автоматизированная государственная информационная система (АГИС) "Здоровье населения - окружающая среда", обеспечивающая сбор и анализ информации о состоянии здоровья населения (по показателям заболеваемости) и факторах окружающей природной среды, ее обуславливающих.

В программе учитываются характер и уровень загрязнения атмосферного воздуха (в том числе максимально разовые концентрации вредных веществ и предельно допустимые концентрации), метеопараметры, качество питьевой воды, Шумовой режим на основных транспортных магистралях и в жилой зоне. Компьютерная система поддержки медико-экологического мониторинга территории "ЭКОМЕД" [8], созданная в Московском НИИ педиатрии и детской хирургии, позволяет одновременно контролировать на изучаемой территории как медицинские показатели (состояние здоровья детей по выбранным "маркерным" группам патологии), так и параметры химического загрязнения атмосферного воздуха, оценивая (на основе множественной регрессии) характер связи между ними.

В отличие от АГИС "Здоровье населения - окружающая среда", в этой системе осуществлялся анализ временной связи состояния здоровья детей по маркерным заболеваниям с интенсивностью загрязнения атмосферного воздуха по месту их жительства на основе расчетных показателей по рассеянию

ксенобиотиков. В Кемерово, проводился мониторинг умственного недоразвития у детей для оценки его распространенности в условиях сильно загрязненного промышленного города, с учетом социальных факторов и наличия психических заболеваний в семьях. Анализ зависимости состояния здоровья от качества окружающей среды послужил основой для расчета прогноза изменений в здоровье населения. Институтом системного анализа РАН предложена компьютерная система для экологического прогноза при решении народнохозяйственных задач, включающая оценку состояния здоровья населения при изменении характеристик окружающей социальной и природной среды (концентрация загрязнителей в воздухе, воде и пище, уровень рождаемости, заболеваемость и медицинское обслуживание, климатические факторы).

Суммируя все вышеизложенное о проблеме мониторинга, можно сформулировать требования к автоматизированной медико-экологической системе, которая, как указывается в [7-9], должна обеспечивать решение следующих задач:

- группировка медико-экологических данных для определения зон со сходным уровнем загрязнения; построение математических моделей для оценки вклада отдельных ингредиентов (или конкретных предприятий) в реализацию заболевания (состояния);

- многофакторный статистический анализ взаимосвязей заболеваемости детей (по конкретной выбранной хронической патологии) с суммарной интенсивностью техногенного загрязнения территории, определяемой сочетанным воздействием ряда факторов на организм ребенка;
- сравнительный анализ (во времени) и моделирование медико-экологической ситуации для оценки влияния на организм изменений в характере и уровне загрязнений окружающей среды;

- визуальное представление медико-экологической информации с помощью компьютеризированной карты (с возможностью ее масштабирования) для наглядного анализа ситуации на текущий момент времени и при снижении уровня загрязнения или при планировании ввода в действие новых

производств. Рекомендации по мероприятиям, снижающим заболеваемость за счет улучшения экологической обстановки, должны разрабатываться на основе регулярного анализа вклада отдельных факторов в интегральный показатель загрязненности окружающей среды. Соотнесение уровней заболеваемости с характером загрязнения окружающей среды (по расчетным данным по рассеянию химических веществ в соответствии с результатами их измерений СЭС и другими службами) даст возможность выделять зоны проживания с различной степенью угрозы для здоровья населения.

Динамический анализ этих данных, в процессе их накопления, позволит выявлять регулярные и "случайные" отклонения, что может послужить основой для прогнозирования влияния загрязненности атмосферы конкретными соединениями на уровень заболеваемости населения города (области, региона, республики). На этой основе могут формироваться обоснованные предложения по целенаправленному улучшению состояния окружающей среды. Целесообразно сочетание построенных по единому принципу и взаимно дополняющих друг друга административно-территориальных, построенных на учете "маркерных" заболеваний, и проблемно ориентированных региональных регистров (генетический, онкологический, радиационный). Известно, что в зависимости от наследственной предрасположенности отмечается различный уровень чувствительности организма в отношении факторов загрязнения среды, что должно учитываться при формировании групп риска по экпатологии. Однако формирование чувствительных и резистентных к экологическим факторам групп населения до настоящего времени распространения не получило, хотя это единственно эффективный путь профилактики и превентивной терапии. Решение этой проблемы связано с объединением усилий педиатров, генетиков и санитарных врачей, использующих системы целенаправленного медико-экологического мониторинга для организации дифференцированной профилактики хронических заболеваний (в том числе врожденных пороков развития) с учетом динамически изменяющейся экологической обстановки.

Глава 3. Компьютерные медицинские системы интеллектуальной поддержки диагностических решений

В настоящее время активно развиваются компьютерные медицинские технологии, ориентированные на поддержку диагностических решений врача. В данной главе будут рассмотрены общие принципы построения подобных систем и некоторые примеры их практической реализации.

3.1. Особенности процесса диагностики заболеваний как объекта автоматизации

Для того чтобы автоматизировать те или иные процессы, необходимо достаточно ясно представлять их основные особенности. С этой точки зрения не является исключением и процесс медицинской диагностики, если, рассматривать его как объект автоматизации. Вот почему представляется целесообразным с общих позиций рассмотреть содержание этого процесса для выявления тех основных этапов, автоматизация которых в наибольшей степени способствует повышению качества и эффективности диагностики и лечения.

Традиционная схема обследования пациента может быть представлена в виде биотехнической системы, включающей в себя два основных этапа (рис 3.1):

1) предварительная диагностика заболевания на базе медицинских учреждений в регионе проживания больного, реализуемая традиционными средствами клинических функциональных исследований (методы исследований ЦНС, сердечно-сосудистой системы, ЖКТ, органов дыхания, органов зрения, слуха, компьютерная томография, рентгенорадиологические исследования и т. д.). Результаты клинических функциональных исследований обобщаются врачом в виде карты клинического обследования, в которой на основе проведенных исследований регистрируются факты наличия/отсутствия патологических проявлений тех или иных морфофункциональных показателей больного (клинических симптомов и признаков) и формируется предварительный

диагноз;

2) окончательная верификация диагноза в специализированных медицинских учреждениях на основе лабораторных (биохимических или молекулярно-генетических) методов исследований.

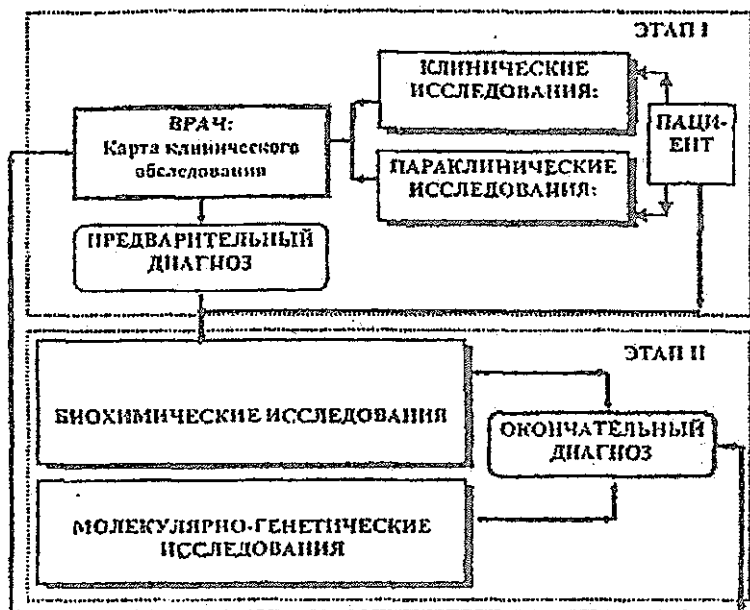


Рис. 3.1. Структура существующей биотехнической системы диагностики заболеваний.

С учетом ограниченности медицинских учреждений, способных проводить такие углубленные исследования, требование оперативности постановки диагноза, а главное то, что биохимические и молекулярно-генетические методы мало эффективны в условиях полной неопределенности относительно предполагаемого диагноза, становится очевидной важность максимально точного решения задачи предварительной диагностики именно на основе данных клинических функциональных исследований.

Однако проведение предварительной диагностики на основе данных только клинических/параклинических исследований осложняется тем, что число заболеваний, в общем случае соответствующее числу этиологических факторов, на несколько порядков превышает число молекулярных механизмов, ведущих к формированию клинического фенотипа. Это приводит к близости клинической манифестации различных по своей природе заболеваний. Указанное обстоятельство чрезвычайно ограничивает возможность постановки диагноза врачом на основе субъективного анализа результатов исследований. Сегодня это приводит к тому, что процент ложноположительных и ложно-отрицательных диагнозов для пациентов, направляемых на биохимические и молекулярно-генетические исследования, оказывается недопустимо большим. Это, в свою очередь, влечет дополнительные (весьма значительные) материальные затраты на постановку диагноза, значительно увеличивает сроки постановки диагноза, а значит, выработку рекомендаций по лечению, а в некоторых случаях - к невозможности достоверной верификации диагноза.

Вот почему разработка программных диагностических систем, позволяющих в текущем сеансе наблюдения на основе автоматизированного анализа данных формировать решение относительно предполагаемого диагноза, становится острой проблемой современной медицины.

В свою очередь, конкретный подход к решению задачи автоматизации диагностики прежде всего определяется составом и характером данных, объективно доступных для формализации задачи. Рассмотрим этот вопрос более подробно.

3.2. Цель автоматизации диагностики. Характер и состав исходных данных, используемых в задачах автоматизации медицинской диагностики. Традиционные подходы к автоматизации диагностики

С точки зрения дальнейшей формализации задачи, данные обследования могут быть представлены в виде вектора измеряемых параметров $S = (s_1, \dots, s_n)^T$, регистрируемых в

процессе исследования пациента. Как правило, в распоряжении разработчика системы автоматизированной диагностики имеются результаты обследования (карты) ограниченного числа $N_i, i=1, \dots, m$ больных с верифицированным диагнозом $Y_i, i=1, \dots, m$, образующие в совокупности выборку реализаций $S^N, i=1, \dots, N_i, i=1, \dots, m$ вектора измеряемых параметров, соответствующего диагнозу $Y_i, i=1, \dots, m$. Перечень диагнозов $Y_i, i=1, \dots, m$, доступных для анализа, образует множество допустимых диагнозов Y , которое и определяет конкретную специализацию проектируемой системы.

Поставим задачу разработки алгоритмов, позволяющих на основе регистрации в текущем сеансе наблюдения больного совокупности признаков, характеризуемых вектором S^* , формировать решение о наличии некоторого диагноза Y_i на ограниченном множестве Y допустимых диагнозов.

Сформулированная задача есть известная в теории принятия решений задача классификации или распознавания [10] с фиксированным объемом выборки, общей целью которой является обоснованное отнесение наблюдаемого набора признаков $S_i^*, i=1, \dots, n$ к некоторому классу (диагнозу Y_i). В зависимости от объемов наблюдений $N_i, i=1, \dots, m$, объективно доступных для анализа, могут использоваться различные подходы к решению подобных задач, различающиеся способами формализованного представления связи между допустимыми исходами и измеряемыми параметрами. Их можно классифицировать как детерминированный, нечеткий, статистический.

Детерминированный подход [10] отражает минимальный уровень априорной информированности о характере связи возможных состояний $Y_i, i=1, \dots, m$ и измеряемых параметров $S_k, k=1, \dots, n$. Он полезен в тех случаях, когда объемы выборок $N_i, i=1, \dots, m$ ограничены настолько, что не позволяют использовать ни субъективный опыт специалистов-экспертов (что характерно для нечеткого подхода), ни выявить какие-либо статистические закономерности связи исследуемых диагнозов и

наблюдаемых признаков, что характерно для статистического подхода.

Нечеткий подход [11-14], развитие которого связано с появлением экспертных систем, основан на модели, использующей нечеткие соответствия между исследуемыми возможными исходами Y_i , $i=1, \dots, m$ и измеряемыми параметрами S_k , $k=1, \dots, n$, задаваемые лингвистическими значениями истинности ("очень правдивое", "довольно правдивое", ... "очень ложное"), организованными в виде матрицы. Матрица лингвистических значений истинности (ЛЗИ) формируется заранее на основе опросов специалистов-экспертов. Для количественных оценок предпочтительности каждого из возможных исходов Y_i , $i=1, \dots, m$ ЛЗИ преобразовывают в числовые значения истинности (ЧЗИ) с использованием функции принадлежности.

Нечеткий подход целесообразен в тех случаях, когда число предшествующих наблюдений достаточно для установления "нечеткой" связи между допустимыми состояниями (диагнозами) и измеряемыми параметрами на основе обобщения субъективного опыта экспертов, но ещё недостаточно для описания этой связи на уровне статистических закономерностей.

Статистический подход [10, 15] используется в тех случаях, когда число предшествующих наблюдений достаточно для выявления в том или ином виде статистических закономерностей связи допустимых состояний Y_i , $i=1, \dots, m$ и измеряемых параметров S_k , $k=1, \dots, n$. Теоретической основой для решения задачи классификации в этом случае являются традиционные методы статистической теории принятия решений.

В свою очередь, с точки зрения различных подходов к учету статистических характеристик связи допустимых состояний и измеряемых параметров, традиционные статистические методы принятия решения могут быть классифицированы следующим образом.

1. Методы принятия решения, предполагающие знание априорных вероятностей $P(Y_i)$, $i=1, \dots, m$ исследуемых состояний

Y_i , и многомерной плотности вероятности $p(S/Y_i)$, измеряемых параметров для каждого из исследуемых состояний.

2. Параметрические методы, предполагающие, что вид функции условной плотности $p(S, \theta/Y_i)$ вектора измеряемых параметров S для допустимых состояний Y_i известен с точностью до параметров θ .

3. Непараметрические методы принятия решений, предполагающие, что вид распределения вероятностей измеряемых параметров $p(S, \theta/Y_i)$ неизвестен, но статистика наблюдений достаточна для установления вида распределений.

4. Методы принятия решений, не предполагающие априорное знание многомерной функции условной плотности $p(S, \theta/Y_i)$, но предполагающие априорное знание структуры критерия принятия решения. Статистика наблюдений в этом случае используется для оценок параметров критерия принятия решения.

Рассмотрим более подробно программно-математическую основу компьютерных систем поддержки диагностических решений врача, реализующих перечисленные выше подходы.

3.3. Компьютерные медицинские системы поддержки диагностических решений на основе методов детерминированной классификации

Задача детерминированной классификации предполагает разделение пространства измеряемых параметров S на взаимно непересекающиеся области, каждая из которых соответствует некоторому диагнозу. Математически эта задача может быть сформулирована с помощью разделяющей функции.

Пусть имеется m возможных состояний $Y_i, i=1, \dots, m$, и вектор параметров $S=(s_1, \dots, s_n)^T$. Тогда разделяющая функция $R_i(S)$, относящаяся к диагнозу $Y_i, i=1, \dots, m$, определяется таким образом, что если вектор признаков S соответствует диагнозу Y_i , то величина $R_i(S)$ должна быть наибольшей:

$$R_i(S) > R_j(S), i, j = 1, \dots, m, i \neq j.$$

В теории принятия решений известны различные

способы представления разделяющих функций, удовлетворяющих приведенному выше неравенству:

1. Линейные разделяющие функции

$$R_i(S) = \sum_{k=1}^n w_{ik} s_k,$$

где w_{ik} - "весовые" коэффициенты, определяющие степень связи измеряемых признаков s_k , $k=1, \dots, n$ и диагнозов Y_i , $i=1, \dots, m$. Ограниченность использования линейных разделяющих функций применительно к проблеме автоматизации медицинской диагностики обусловлена следующими причинами:

- в рамках такого представления невозможно учесть взаимосвязь между измеряемыми параметрами, тогда как очевидно, что факт регистрации некоторых симптомов и признаков (подтверждение наличия патологических изменений показателей) в некоторых случаях сопровождается одновременным патологическим изменением других показателей;
- сложностью практического определения весов w_{ik} , определяющих вклад каждого из измеряемых показателей в решение о наличии у пациента того или иного диагноза.

Отчасти эти недостатки удастся преодолеть на основе полиномиального представления решающих функций.

2. Полиномиальные разделяющие функции.

Полиномиальная разделяющая функция степени r имеет вид

$$R_i(S) = \sum_{k=1}^n w_{ik} f(s_k); f(s_k) = s_{k1}^{n_1} s_{k2}^{n_2} \dots s_{kr}^{n_r}, \quad n_1, n_2, \dots, n_r \in (0, 1).$$

Очевидно, что практическая реализация полиномиальной разделяющей функции также сталкивается с рядом сложностей, связанных с отсутствием обоснованных рекомендаций по выбору приведенного разложения, в наилучшей степени отвечающего характеру эмпирических данных.

3. Классификатор по минимальному расстоянию. Наиболее распространенным видом разделяющей функции применительно к системам медицинской диагностики является

классификатор по минимальному расстоянию, который в векторном виде может быть представлен следующим образом:

$R(S^*) = AS^*$, где A - формируемая на этапе проектирования матрица размерности $(m \times n)$ устанавливающая связь между фактами появления измеряемых параметров s_k , $k=1, \dots, n$ для каждого из исследуемых диагнозов Y_i , $i=1, \dots, m$. Элементы матрицы $A\{a_{ik}\}$ определяются следующим образом: $\{a_{ik}\}=1$, если параметр, s_k хотя бы однажды встретился в процессе предшествующих наблюдений пациентов, для которых достоверно установлен факт наличия диагноза Y_i , $\{a_{ik}\}=0$ - в противном случае. S^* - текущий вектор параметров размерности $(n \times 1)$ с элементами: $s_k=0$, если параметр наблюдается в текущем сеансе наблюдения; 0 - в противном случае. $R(S^*)=(R_1(S^*), \dots, R_m(S^*))^T$ - вектор размерности $(m \times 1)$, компоненты которого определяют рейтинг каждого из исследуемых исходов для текущей реализации вектора наблюдаемых параметров.

Результатом автоматизированного анализа при таком подходе является иерархически упорядоченный перечень возможных состояний Y_i , $i=1, \dots, m$, выстраиваемых по их рейтингу R_i , определяемому количеством совпадений измеряемых параметров, участвующих в априорном описании каждого из диагнозов и текущего набора измеряемых параметров.

Ниже приведена табл. 3.1, иллюстрирующая фрагмент матрицы A применительно к системе автоматизированной диагностики различных форм наследственных мукополисахаридозов (МПС).

Безусловным достоинством такого подхода является простота его практической реализации и, как следствие, высокое быстроедействие численных процедур, его реализующих, даже при достаточно высокой размерности m -пространства Y возможных состояний Y_i , $i=1, \dots, m$ и размерности n -пространства измеряемых параметров S_k , $k=1, \dots, n$.

Таблица 3.1

Пример представления матрицы А

Симптом Диагноз	Грыжи	Гепатоспленомегалия	Дизостоз	*	Помутнение роговицы	Неврологические расстройства	Макроглобулия
МПСІГ	1	1	1	*	1	1	1
МПСІГ/Ш	1	1	1	*	1	1	1
МПСІШ	1	1	1	*	0	1	1
МПСІТФ	1	1	1	*	0	1	0
МПСІПФ	1	1	1	*	0	1	1
МПСІП	1	1	1	*	0	0	01
МПСІV	0	0	1	*	1	1	0
МПСVІ	1	0	1	*	1	1	0

Это обстоятельство сегодня во многом определяет доминирующие позиции детерминированного подхода к проектированию автоматизированных систем медицинской диагностики. К числу прикладных систем, реализованных в рамках указанного подхода, можно отнести, например, ряд систем в области диагностики наследственных заболеваний, для которых (в силу их объективно редкого характера) объем априорной информации ограничен настолько, что делает невозможным использование любого другого подхода (нечеткого, статистического).

Принципиальный недостаток алгоритмов, реализуемых в рамках детерминированного подхода, заключается в отсутствии оценок достоверности принимаемого в рамках детерминированного подхода решения. Поэтому системы медицинской диагностики, реализованные в рамках детерминированного подхода, снабжаются развитой подсистемой справочно-информационной поддержки, позволяющей специалисту-исследователю сформулировать окончательное решение на основе собственного опыта и квалификации.

В качестве примера компьютерной системы поддержки диагностических решений врача, реализованной на основе детерминированного подхода, рассмотрим «Информационно-поисковую диагностическую систему для наследственных

болезней обмена веществ (ИПДС НБО)» [6].

В ИПДС НБО входят следующие функциональные модули: подсистема справочно-информационной поддержки диагностики НБО;

- подсистема автоматизированного поиска диагнозов на основе данных клинического, параклинического и биохимического обследования пациентов.

Подсистема справочно-информационной поддержки диагностики ИБО. База данных наследственных болезней обмена в составе ИПДС НБО включает полное описание 246 нозологических единиц, подразделенных на 22 класса в соответствии с существующей классификацией. Форма представления клинического фенотипа в структуре ИПДС НБО не имеет аналогов в мировой литературе, поскольку использует принципиально новые подходы к описанию нозологических единиц. Уникальными особенностями данной ИПДС являются:

- а) динамический подход к описанию клинических фенотипов, характеризующий все стадии развития болезни от манифестации до исхода в отличие от перечня основных диагностических симптомов и признаков;

- б) включение в обобщенный клинический портрет всех описанных в литературе нозологических форм для каждой наследственной болезни обмена;

- в) представление клинического описания каждой нозологической единицы, как в виде динамического обобщенного портрета, так и в виде статического перечня основных диагностических признаков (ОДП);

- г) введение в портрет каждой нозологической единицы исчерпывающей медицинской информации, включающей, кроме клиники заболевания, также характеристику его этиологии, генетики, механизмов молекулярного патогенеза и патоморфологии, лабораторные данные, описание биохимического фенотипа, параклинического обследования, дифференциальной диагностики, методов лечения и профилактики.

На рис. 3.2. приведен пример реализации экрана, обеспечивающего доступ со стороны специалиста к клиническому портрету каждого из заболеваний.

АВТОМАТИЗИРОВАННОЕ РАБОЧЕЕ МЕСТО ВРАЧА-ПЕДИАТРА						
КЛАССЫ НБО						
БОЛЕЗНИ УГЛЕВОДНОГО ОБМЕНА						
физиологические единицы						
Наименование						
Альдолазы В недостаточность. Фруктозы непереносимость наследственная						
Фруктозо-1,6-бисфосфатазы недостаточность. Райе синдром						
Гликогенос, тип Ia. Гирке болезнь. Глюкозо-6-фосфатазы недостаточность						
Гликогенос тип IaSP. Гирке болезнь. Стабилизирующего белка для глюкозо-6-фосфатазы недост						
Гликогенос, тип Ib. Гирке болезнь. Транспортного белка для глюкозо-6-фосфата (T1) недостаточ						
Гликогенос, тип Ic. Гирке болезнь. Транспортного белка (T2) для фосфата недостаточность						
Гликогенос, тип Id. Гирке болезнь. Транспортного белка для глюкозы (GLUT 7) недостаточность						
Гликогенос, тип II. Помпе болезнь. Три клинических формы						
Гликогенос, тип II. Амило-1,6-галактозидазы недостаточность. Для клинических форм						
Гликогенос, тип IV. Андерсена болезнь. Амилоидотичес						
Альдолазы В недостаточность. Фруктозы непереносимость наследственная						
Для клинических форм						
Добавить Изменить Классификатор Добавить Просмотр Добавить Просмотр Добавить Просмотр Добавить Выход						

Рис. 3.2. Экран просмотра обобщенного клинического портрета НБО.

Кроме базы данных НБО, подсистема справочно-информационной поддержки включает в себя:

- словарь-классификатор клинических симптомов и признаков, включающий 1080 наименований клинических симптомов и признаков, объединенных в 108 морфофункциональных групп;

- словарь-классификатор биохимических маркеров, характеризующих НБО, включающий 934 наименования.

Подсистема автоматизированного поиска диагнозов на основе данных клинического, параклинического и биохимического обследования пациентов. Автоматизированный поиск диагноза осуществляется путем маркировки пользователем комбинации клинических и/или биохимических показателей, выявленных в процессе обследования больного. В результате автоматизированного поиска диагноза пользователю отображается иерархически упорядоченный на основе

рассмотренного выше детерминированного классификатора перечень возможных диагнозов, причем во главе списка стоит тот диагноз, который в наибольшей степени соответствует результатам проведенного обследования (рис. 3.3).

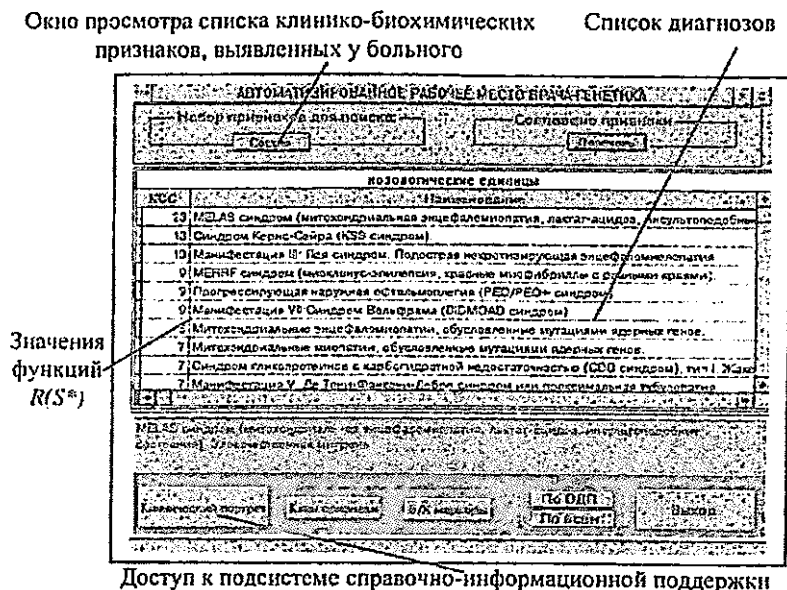


Рис.3.3. Экран представления результатов автоматизированного поиска диагноза.

ИПДС снабжена инструкцией по технической эксплуатации и вводной лекцией, характеризующей класс НБО в целом, что позволяет реализовать в структуре данной диагностической программы, наряду с функцией поддержки диагностических решений функцию обучения врачей.

3.4. Компьютерные медицинские системы поддержки диагностических решений, использующие процедуры нечетких выводов

В основе экспертных систем медицинской диагностики лежит нечеткая связь между диагнозами и симптомами, устанавливаемая на основе знаний, полученных специалистами-экспертами в конкретной области диагностики за долгие годы. В настоящее время проведено много исследований медицинских систем, использующих нечеткие выводы. Мы рассмотрим одну из таких прикладных систем, известную как «Система расспроса больных и предварительной диагностики» [14]. Однако прежде рассмотрим базовые понятия теории нечетких множеств, необходимые для понимания дальнейшего изложения [13].

3.4.1. Понятие нечеткого множества

Определение 1. Предметной областью или полным множеством X будем называть совокупность исследуемых объектов или элементов, рассматриваемых совместно. При этом через x будем обозначать отдельные структурные элементы полного множества.

Определение 2. Пусть A - некоторое множество, определенное на полном множестве X . Характеристической функцией $\mu_A(x)$ множества A называется функция, определяющая условия, которым должен удовлетворять структурный элемент x , чтобы принадлежать множеству A .

Определение 3. Множество A называется четким множеством, если его характеристическая функция (функция принадлежности) $\mu_A(x)$ может принимать одно из двух возможных значений: $\mu_A(x) = 0$, если $x \notin A$; $\mu_A(x) = 1$, если $x \in A$.

Таким образом, четкое множество позволяет однозначно разделить все структурные элементы предметной области в зависимости от наличия или отсутствия у них каких-либо свойств, задаваемых этим множеством.

Пример четкого множества. Пусть полное пространство X обозначает совокупность людей. Тогда определим множество A , например, как множество мужчин (или множество женщин).

Очевидно, что таким образом определенное множество A - четкое множество, так как оно формирует половой признак, позволяющий однозначно разделить все структурные элементы на две группы.

Однако в реальном мире не всегда удастся однозначно разделить структурные элементы, используя характеристическую функцию, определяющую наличие или отсутствие заданного свойства или признака двумя уровнями (1 или 0; «да»-«нет»). Например, пусть по-прежнему полное пространство X обозначает совокупность людей. Определим множество A -обаятельный мужчина (или обаятельная женщина). Очевидно, что смысл этого определения нам понятен, но сказать однозначно принадлежит ли конкретный мужчина или конкретная женщина множеству A , только с помощью понятий «да»-«нет» очень сложно.

То есть в данном случае мы имеем дело с нестрогими свойствами исследуемых объектов, задаваемых нечетким множеством A .

Заметим, что подобная нечеткость задания признаков исследуемых объектов является весьма распространенной в диагностической практике. Приведем в качестве примера перечень симптомов, используемых в процессе диагностики наследственных заболеваний: «большой, выступающий живот», «высокое небо», «арковидное небо» и т.д. Ясно, что приведенные симптомы суть нечеткие понятия, так как не конкретизируется, каким должен быть живот, чтобы его можно было классифицировать как «большой, выступающий».

Впервые термин «нечеткое множество» ввел в 1965 году профессор Калифорнийского университета Заде, который предложил для описания их свойств расширить двузначные оценки 0, 1 («да»-«нет») до неограниченного множества значений оценки выше 0 и ниже 1.

Определение 4. Множество A , задаваемое характеристической функцией $\mu_A(x)$, называется нечетким множеством, если его характеристическая функция, определенная на полном множестве X , может принимать любое значение в интервале $[0,1]$.

То есть определение нечеткого множества можно

интерпретировать следующим образом: величина функции принадлежности $\mu_A(x)$ определяет субъективную оценку степени принадлежности некоторого структурного элемента X множеству A .

Возвратимся к использованному нами примеру. $\mu_A(x)=0,8$ означает, что конкретный мужчина (женщина) по своим качествам попадает под определение «обаятельного» мужчины (женщины), но в то же время обладает некоторыми качествами, которые в полной мере не соответствуют иному понятию.

Определив понятие нечеткого множества, рассмотрим, как механизм нечетких выводов может быть использован в упомянутой нами ранее медицинской экспертной системе - «Системе расспроса больных и предварительной диагностики».

3.4.2. Формирование данных и знаний для выводов в Системе расспроса больных и предварительной диагностики

В данной системе в максимальной степени автоматизирована традиционная процедура расспроса врачом больного.

Пациент рассказывает врачу о своих симптомах, врач выделяет среди них наиболее существенные, с учетом их соответствия одному из заболеваний, используя при этом фундаментальные медицинские знания и собственный опыт. Затем врач более детально расспрашивает больного о симптомах, связанных с вероятным заболеванием. Именно такая последовательность (алгоритм) выхода на предполагаемый диагноз реализована в Системе расспроса больных и предварительной диагностики. Этот алгоритм может быть представлен графически в виде схемы (рис. 3.4).

Для формализации описанной выше процедуры выхода на предполагаемый диагноз необходимо установить общие взаимосвязи между диагнозами и симптомами. Кроме того, очевидно, необходима некоторая количественная мера такой связи как для диагнозов с точки зрения их симптомов, так и для симптомов с точки зрения предполагаемых диагнозов.

Рассмотрим в качестве примера взаимосвязь простуды (диагноз) и кашля (симптом). Отношения между ними

исчерпывающе описываются тремя следующими утверждениями:

1) «простуда и кашель взаимосвязаны» (степень истинности данного утверждения -0.9);

2) «если есть кашель, то налицо простуда» (степень истинности данного утверждения - 0.8);

3) «при простуде возможен кашель» (достоверность такой взаимосвязи - 0.6).

Введем следующие обозначения. Пусть по-прежнему $Y_1, \dots, Y_m$ – множество предполагаемых диагнозов, определяющих медицинскую специализацию системы поддержки диагностических решений; $s_1, \dots, s_n$ множество симптомов, характеризующих указанные диагнозы. Обозначим через Y_i , $i=1, \dots, m$; s_j , $j=1, \dots, n$; R_{ij} следующие утверждения: Y_i - имеет место диагноз Y_i ; s_j - наблюдается симптом s_j , R_i - диагноз Y_i и симптом s_j взаимосвязаны.

В рамках нечеткого подхода, реализованного и рассматриваемой системе Расспроса больных, предполагается, что каждое из приведенных утверждений несет в себе некоторую степень недостоверности и в этом смысле их можно интерпретировать как нечеткие множества. Кроме указанных утверждений, для формализации этапов описанного выше алгоритма выхода на предполагаемый диагноз на основе нечетких выводов введем следующие их логические комбинации: $P_j = s_j \rightarrow OR(R_{ij} \& Y_i)$; $P_{ij} = (R_{ij} \& Y_i) \leftarrow s_j$, где $\leftarrow$ - операция импликации (отображения), устанавливающая такое соответствие между множествами, при котором различным элементам из одного множества ставятся в соответствие элементы из другого; OR (дизъюнкция) - логическое сложение; $\&$ (конъюнкция) - логическое умножение.

Иными словами, P_j есть утверждение следующего вида: «если наблюдается симптом s_j , то на основании взаимосвязи между болезнями и симптомами R_{ij} может иметь место, по крайней мере, один из диагнозов $Y_1, \dots, Y_m$ »; P_{ij} - утверждение: «если имеет место диагноз, Y_i , то на основании связи между диагнозами и симптомами R_{ij} должен наблюдаться симптом s_j ».

Матрица R с элементами R_{ij} , устанавливающая связи между диагнозами и симптомами, объединяет знания,

формируемые на этапе проектирования экспертной системы на основе обобщения опыта специалистов, накопленного ими в процессе диагностики определенного класса заболеваний.



Рис. 3.4. Алгоритм последовательного уточнения диагноза.

В рассматриваемой системе факты регистрации врачом симптомов, $s_j, j=1, \dots, n$, а также выдвигаемые им предположения относительно возможных диагнозов $Y_i, i=1, \dots, m$ и взаимосвязи R_{ij} между болезнями и симптомами, формируемые на этапе проектирования, несут в себе элементы недоверности, задаваемые лингвистическими значениями истинности (ЛЗИ). ЛЗИ позволяют установить следующие уровни достоверности указанных утверждений: VT - «очень правдивое»; RT - «довольно правдивое»; PT - «возможно правдивое»; PF - «возможно ложное»; RF - «довольно ложное»; VF - «очень ложное»; UN - «неизвестное».

Ниже приводится фрагмент матрицы R_{ij} , выраженной ЛЗИ, иллюстрирующий нечеткую связь между заболеваниями почек и

характеризующими их симптомами (табл. 3.2).

Подобным образом, используя ЛЗИ, врач устанавливает достоверность информации о симптомах, наблюдаемых у больного.

Таблица 3.2.

Фрагмент матрицы ЛЗИ в Системе расспроса больных и предварительной диагностики

Симптомы Диагнозы	Объем мочи уменьшен	Объем мочи увеличен	Пенистая моча	Мутная моча	Кровь в моче
Острый нефрит			RT		RT
Нефротический синдром		VT	VT		
Почечная нед-сть	PT		RT		
Почечно-камен- ная болезнь			PT		RT
Воспаление мочевого пузыря			PT	RT	

3.4.3. Структура алгоритма формирования выводов в системе расспроса больных и предварительной диагностики

Итак, информация, используемая в процессе диагностики (регистрация симптомов, предположения о возможных диагнозах, взаимосвязи между диагнозами и симптомами), включает недостоверность, выраженную ЛЗИ. Для последующей программной реализации алгоритма диагностики необходимо сформировать количественные оценки достоверности, соответствующие ЛЗИ. Для этого ЛЗИ преобразуются в числовые значения истинности (ЧЗИ) с использованием функций принадлежности. Функции принадлежности, как уже указывалось ранее, позволяют количественно выразить субъективные оценки, формируемые на основе обобщения опыта специалистов-экспертов.

Функции принадлежности, использованные в Системе расспроса больных и предварительной диагностики, имеют вид, приведенный на рис. 3.5.

Здесь α - параметр, задаваемый пользователем, устанавливающий его требования к достоверности выводов, формируемых в результате работы нечеткого алгоритма. Путем

варьирования этого параметра (выбора α -сечения) врач-диагност может изменять числовые значения истинности для соответствующих лингвистических значений, что обеспечивает необходимую гибкость выводов.

Использование сформированных значений ЧЗИ позволяет логические операции (импликации, дизъюнкции и конъюнкции) в приведенных ранее выражениях для P_i , P_{ij} представить в виде операций объединения и пересечения отрезков ЧЗИ. Это, в свою очередь, позволяет формализовать алгоритм диагностики на основе процедуры нечетких выводов. Этот алгоритм предполагает такую последовательность операций на основе разделения функции специалиста-диагноста и возможностей автоматизированной диагностики в рамках рассматриваемой системы.

1. Специалист-диагност в результате осмотра пациента, регистрации его жалоб, анализа сопроводительной медицинской документации формирует перечень симптомов s_j , наблюдаемых у больного с указанием их достоверности, выраженной ЛЗИ, и задает параметр α -сечения, определяющий его требования к достоверности выводов.

2. В программном комплексе с использованием заранее сформированных функций принадлежности для заданного α -сечения осуществляется преобразование нечетких знаний, заданных матрицей ЛЗИ R_{ij} , в матрицу ЧЗИ, а также оценка ЧЗИ симптомов, наблюдаемых у больного.

3. С использованием информации в виде ЧЗИ решаются уравнения для P_i , P_{ij} , в результате чего формируется ограниченное множество $\{Y_i^\alpha\}$ возможных диагнозов с оценками их достоверности и соответствующий им перечень симптомов, которые должны наблюдаться у больного. Возможны различные исходы.

Множество $\{Y_i^\alpha\} \neq \emptyset$ не пустое. В этом случае врач, опираясь на данные о симптомах, сформированные в результате работы алгоритма, собственные знания и опыт, путем расспроса больного уточняет симптомы, которые должны наблюдаться у больного в соответствии с предполагаемым диагнозом. После уточнения списка симптомов процедура повторяется.

Множество $\{Y_i^\alpha\}$ пустое, т. е. нет ни одного диагноза, который удовлетворял бы соотношениям для P_i, P_{ij} . В этом случае рекомендуется уменьшить значение параметра α -сечения, отражающего точность выводов, и повторить процедуру, либо повторно расспросить больного о симптомах, скорректировать первоначальный перечень симптомов и вновь повторить процедуру выводов.

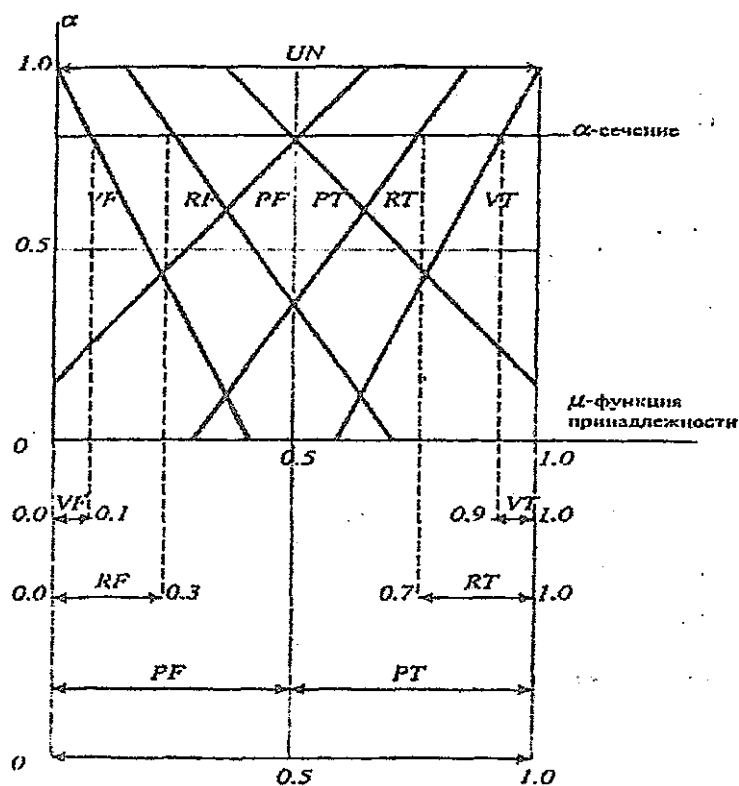


Рис. 3.5. Формирование ЧЗИ с использованием функций принадлежности в Системе расспроса больных и предварительной диагностики.

3.5. Компьютерные медицинские системы поддержки диагностических решений на основе статистических методов распознавания

3.5.1. Статистический подход к проблеме классификации

Рассмотрим кратко основы метода статистической классификации [3,10]. Пусть $S=(s_i, i=1,...,N)^T$ – случайный вектор признаков, характеризующих состояние исследуемого биологического объекта или процесса. Введем множество исходов $Y_j, j=1,...,m$ (диагнозов), определяющее конкретную медицинскую специализацию системы поддержки диагностических решений врача. Будем полагать, что для каждого исхода $Y_j, j=1,...,m$ известны N -мерная функция плотности вероятности вектора признаков $S, P(S/Y_j)$ и вероятность $P(Y_j)$, характеризующая частоту, с которой заболевание Y_j встречается в популяции. Предположим, что в результате проведенного диагностического исследования у некоторого пациента зарегистрирован набор признаков S^* .

Статистическая классификация проводится путем минимизации вероятности ошибочного распознавания с помощью определения решающей функции $\delta(S^*)=\delta_j$, означающей, что для наблюдаемого набора признаков S^* имеет место исход Y_j , т. е. справедлива гипотеза $H_0: S^* \rightarrow Y_j$.

В статистической теории принятия решений доказано, что оптимальное решение Y_i , обеспечивающее минимальный средний риск (вероятность ложной классификации), может быть определено с помощью байесовского решающего правила. В соответствии с ним оптимальным (в смысле минимума вероятности ошибочного распознавания) является решение о наличии такого исхода(диагноза), для которого неравенство

$$P(S^*/Y_i)P(Y_i) \geq P(S^*/Y_j)P(Y_j)$$

выполняется для любого номера $j \neq i$.

Таким образом, практическая реализация статистических методов классификации предполагает последовательное решение следующих задач:

- на первом этапе по результатам наблюдения случайного

вектора признаков получают оценки функций условной плотности распределения в виде $P(S/Y_j)$ и оценки вероятностей $P(Y_j)$, $j=1, \dots, m$;

- на втором этапе, предполагая известными $P(S/Y_j)$ и $P(Y_j)$, регистрируемый в текущем сеансе наблюдения вектор S^* относят к некоторому классу Y_j .

Именно получение оценок функций условной плотности распределения вероятностей $P(S/Y_j)$, $j=1, \dots, m$ является основным и важнейшим этапом реализации статистических методов классификации, существенным образом влияющим на достоверность формируемого решения. Сегодня существует много способов разрешения проблемы оценивания плотности по результатам наблюдений. К наиболее известным относятся следующие: метод ядерных функций, проекционные методы, метод гистограмм, метод максимума правдоподобия со штрафными функциями, метод решета и др.

Рассмотрим структуру алгоритма, использующего байесовское решающее правило для поддержки решений врача. В [16] описан алгоритм прогнозирования результатов лечения переломов головки плечевой кости, базовыми элементами которого являются:

1) Y_j , $j=1, \dots, m$ – множество решений, образующих полную группу несовместных событий, характеризующих исходы переломов. Использовалась следующая шкала оценок: Y_5 – отличный результат, Y_4 – хороший, Y_3 – удовлетворительный, Y_2 – неудовлетворительный, Y_1 – неизлечимые последствия травмы;

2) $S=(s_i, \dots, s_N)^T$ – случайный вектор признаков, регистрируемых в процессе лечения перелома. При оценке результатов лечения учитывались такие же показатели анатомического и функционального восстановления поврежденной конечности, рентгенорадиологические показатели посттравматического развития поврежденного сегмента. Компоненты s_i , $i=1, \dots, N$ вектора признаков представляют собой дискретные случайные числа, которые могут принимать одно из конечного набора возможных значений $s_{i1}, s_{i2}, \dots, s_{imi}$ где m_i – количество возможных значений 1-го признака. В рамках такого дискретного представления

компоненты вектора признаков характеризуют степени проявления того или иного признака, выраженные в тестовых баллах. Кроме того, полагалось, что компоненты вектора признаков являются независимыми случайными числами.

Основу для разработки алгоритма прогнозирования составили карты наблюдения больных с определенно установленными исходами, на основе которых формировались выборки реализаций $S^j, V_j, j = 1, \dots, N, j = 1, \dots, 5$ вектора признаков для каждого из исходов Y_j .

Как указывалось выше, первым этапом решения задачи статистической классификации является получение оценок функций плотности, вероятности распределения вектора признаков для каждого из исходов. В рассматриваемой задаче с учетом независимости компонент вектора признаков выражения для получения оценок функции плотности приобретает более простой вид:

$$P(S/Y_j) = \prod_{i=1}^N P(s_i/Y_j), \quad j = 1, \dots, m,$$

где $P(s_i/Y_j)$ – вероятность признака при наличии исхода Y_j . В качестве оценок указанных вероятностей использовались значения чистоты, с которой встречался каждый из рассматриваемых признаков $s_i, i = 1, \dots, N$ среди больных с установленным исходом $Y_j, j = 1, \dots, m$. Заметим, что возможность использования значений частоты как оценки истинной вероятности обоснована только при достаточно большом объеме выборки реализаций. Если же выборка, доступная для анализа, имеет ограниченный объем, подобная замена может привести к недопустимым ошибкам классификации. Модификация метода статистической классификации, адаптированная к условиям, когда выборка реализаций вектора признаков ограничена, рассмотрена в следующем разделе.

Учитывая, что статистическая классификация строится на основе сравнения величин $P(S^*/Y_i), P(Y_i), P(S^*/Y_j), P(Y_j), j \neq i$, в [16] предложено в качестве основы «принятия решений использовать следующий логарифмический критерий:

$$I_j = 10 \log P(Y_j) + \sum_{i=1}^N 10 \log P(s_i / Y_j).$$

Правило принятия решения, основанное на использовании «индекса» исхода I_j , в этом случае формулируется следующим образом: для наблюдаемого у больного набора признаков для каждого из несовместных исходов рассчитываются значения I_j , $j=1, \dots, m$. В качестве предпочтительного исхода Y_i принимается такой, для которого рассчитанное значение I_i превышает остальные более чем в λ раз, где λ - пороговая величина, задаваемая априорно. Если же не существует исхода, удовлетворяющего указанному условию, результат классификации считают неопределенным.

3.5.2. Реализация компьютерных медицинских систем поддержки диагностических решений на основе вероятностно – гарантирующего подхода

В задачах классификации и принятия решений при фиксированной выборке наблюдений существенное значение имеет то, как учтены неопределенности исходных данных. Рассмотрим те основные предположения, на которые опираются традиционные статистические методы классификации.

Предполагается, что результатом классификации может быть один из возможных исходов $y_1, y_2, \dots, y_m$, образующих множество возможных исходов Y . Перед тем, как выбрать решение относительно возможного исхода из множества Y наблюдается случайный вектор $S(s_1, s_2, s_3, \dots, s_n)^T$, связанный с исходами $y_1, y_2, \dots, y_m$. Предполагается также, что известны реализации $S^{N_i}, V_i = 1, \dots, N_i$; $i = 1, \dots, m$ вектора признаков S , соответствующие фактам объективного наличия каждого из допустимых исходов y_i , $i = 1, \dots, m$. N_i - количество наблюдений, в процессе которых имел место исход Y_i . Считается, что для каждого допустимого исхода y_i , $i = 1, \dots, m$ известна многомерная функция плотности вероятности вектора признаков S , $P(S/Y_i)$ и вероятности $P(Y_i)$ допустимых исходов

$y_i, i = 1, \dots, m$.

Показано [10], что при сделанных предположениях минимизация вероятности ошибочной классификации достигается при использовании байесовского решающего правила, в соответствии с которым оптимальным решением Y_i для наблюдаемого вектора признаков S является такое, для которого неравенство $F_i(S) \geq F_j(S)$, (где $F_i(S) = P(Y_i)P(S/Y_i)$, $F_j(S) = P(Y_j)P(S/Y_j)$) выполняется для любого $j \neq i$.

Таким образом, реализация традиционных статистических методов классификации с фиксированным объемом выборки достигается в два этапа: на первом этапе по результатам $S^{(i)}$ наблюдения случайного вектора признаков $S = (s_1, s_2, s_3, \dots, s_n)^T$ получают оценку условных плотностей вероятности $P(S/Y_i)$ и вероятностей $P(Y_i)$ допустимых исходов; на втором этапе, считая известными $P(S/Y_i)$ и $P(Y_i)$ наблюдаемый вектор S относят к некоторому исходу $y_i, i = 1, \dots, m$.

Проблема, однако, состоит в том, что оценки $P(S/Y_i)$ и $P(Y_i)$ как любые статистические оценки, полученные обработкой выборки наблюдений ограниченного объема, содержат случайную ошибку, т. е. характеризуются некоторой статистической неопределенностью. Неучет этой неопределенности в рамках традиционных методов может приводить к ошибкам классификации и, как следствие, к неверным выводам.

С целью преодоления этой трудности предложен вероятностно-гарантированный подход к проблеме классификации [17-20], который отличают два момента:

- интерпретация функций плотности $P(S/Y_i), i = 1, \dots, m$ и вероятностей $P(Y_i), i = 1, \dots, m$ как неопределенных факторов, задаваемых на доверительном множестве $W(\beta)$ вероятностной меры β ;

- использование вероятностного критерия для построения решающего правила в отличие от апостериорного среднего риска решения, принятого в традиционных статистических методах классификации.

3.5.2.1. Математическая постановка и алгоритм решения задачи вероятностно-гарантированной классификации

Введем случайно-неопределенный вектор ω размерности $2m$, имеющий блочную структуру: $\omega = (\omega^1, \omega^2, \dots, \omega^m)^T$. ω^j – вектор с компонентами $\omega^j = (\eta_i, \xi_i)^T$ где компонента $\eta_i = P(Y_i)$ характеризует неопределенность значений вероятности $P(Y_i)$ исхода Y_i , возникающую вследствие ограниченности выборки наблюдений; $\xi_i = \xi_i(S)$ характеризует неопределенность вероятности вектора признаков S для исхода Y_i . Случайно неопределенный вектор ω задается на доверительном параллелепипеде $W(\beta)$ вероятностной меры β , образованным пересечением доверительных интервалов для вероятностей

$$\xi_i(S)_{\min} \leq P(S/Y_i) \leq \xi_i(S)_{\max}, \eta_{\min} \leq P(Y_i) \leq \eta_{\max}, i = 1, \dots, m$$

С учетом неопределенности значений вероятностей $P(S/Y_i)$ $P(Y_i)$, $i = 1, \dots, m$

решающее условие можно представить в следующем виде:

$$F_i(S, \omega) \geq F_j(S, \omega), \text{ где}$$

$$F_i(S, \omega) = \eta_i, \xi_i(S), F_j(S, \omega) = \eta_j, \xi_j(S), j = 1, \dots, m; j \neq i \quad (3.1)$$

При наличии случайно-неопределенных факторов со проверка условия (3.1) возможна лишь в вероятностном смысле. С учетом этого использован вероятностный критерий, в рамках которого для наблюдаемого вектора признаков S оптимальным является такое решение задачи классификации, при котором условие (3.1) выполняется с гарантированным уровнем доверительной вероятности β

$$P\{F_i(S, \omega) \geq F_j(S, \omega)\} \geq \beta \quad (3.2)$$

При этом значение доверительной вероятности β характеризующее уровень достоверности решения, который реально может быть достигнут, уточняется в процессе построения решающего правила. Дальнейшее изложение конкретизирует схему формирования решающего правила, оптимального в смысле вероятностного критерия (3.2).

Формализация структуры решающего условия, оптимального с точки зрения вероятностного критерия (3.2), опирается на анализ проекций множества достижимости V ,

определенного, в пространстве функций $F_i(S, \omega), i=1, \dots, m$ и характеризующего разброс их значений, обусловленный влиянием случайно-неопределенных факторов: $V = \{F_i(S, \omega), \omega \in W(\beta)\}$. Из (3.1) следует, что множество достижимости V , определенное в R^m , где множество $W(\beta)$ параллелепипед в R^{2m} , является параллелепипедом в R^n (рис. 3.6).

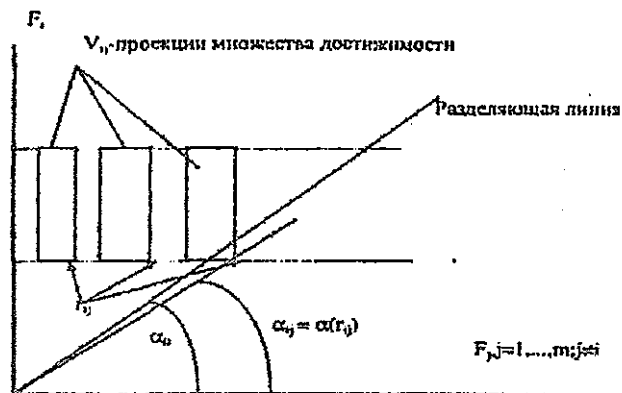


Рис.3.6. Формализация структуры решающего условия.

С учетом этого, правило, обеспечивающее отыскание решения, достоверность которого гарантирована доверительной вероятностью β , сводится к совместному анализу для каждого из исходов $Y_i, i=1, \dots, m, m-1$ значений углов $\alpha_{ij} = \alpha(r_{ij}), j \neq i$, определяющих угловое положение проекций граничной точки $r_{ij}(F_{imin}, F_{imax})$ множества достижимости в плоскости F_iOF_j с последующим выбором одного из них на основе проверки неравенства:

$$\alpha_i = \min_{j \neq i} \alpha_{ij} > \alpha_0, i = 1, \dots, m; j \neq i, \quad (3.3)$$

где $\alpha_0 \in [\pi/4, \pi/2]$ - угол наклона разделяющей линии в плоскости F_iOF_j ; α_{ij} - угол, определяющий положение соответствующей проекции $r_{ij}(F_{imin}, F_{imax})$ граничной точки множества достижимости:

$$tg(\alpha_{ij}) = F_{i\min}(S, \omega) / F_{j\max}(S, \omega) \quad (3.4)$$

Разделяющая линия представляет собой проекцию разделяющей гиперплоскости, определенной в R^m , на соответствующую плоскость $F_i OF_j$. Очевидно, что выполнение указанного условия для некоторого исхода Y_i одновременно означает выполнение вероятностного условия (3.2). Поскольку в соответствии с (3.1) функции $F_i(S, \omega), i=1, \dots, m$ – линейные по компонентам η_i, ξ_i вектора неопределенных факторов ω , а множество $W(\beta)$ – параллелепипед, их минимальное $F_{i\min}(S, \omega)$ и максимальное $F_{i\max}(S, \omega)$ значения достигаются в соответствующих вершинах доверительного параллелепипеда $W(\beta)$:

$$F_{i\min}(S, \omega) = \eta_{i\min} \xi_{i\min}(S), F_{i\max}(S, \omega) = \eta_{i\max} \xi_{i\max}(S). \quad (3.5)$$

В рамках предложенной структуры решающего условия (3.3) можно выделить два фактора, влияющих на достоверность выводов: скалярный параметр, характеризующий угловое положение разделяющей линии (угол α_0 в правой части решающего условия); само доверительное множество $W(\beta)$ неопределенных факторов, координаты вершин которого непосредственно влияют на положение проекций граничной точки множества достижимости. За счет оптимизации указанных факторов можно добиться снижения вероятности ошибочной классификации в рамках решающего правила, определенного в соответствии с (3.3). Рассмотрим решение задач параметрической оптимизации решающего условия (3.3).

Схема оптимизации параметров решающего условия основана на анализе положения двух областей: Ω_1, Ω_2 . Область Ω_1 объединяет проекции $r_{ij}, i, j=1, \dots, m, j \neq i$ граничных точек множества достижимости, рассчитанные для всех возможных исходов $Y_i, i=1, \dots, m$ по реализациям вектора наблюдений $S^{V_i}, V_i=1, \dots, N_i; i=1, \dots, m$, для которых подтвержден факт

объективного наличия каждого из исходов Y_i . Область Ω_2 объединяет граничные точки множества достижимости, рассчитанные для всех возможных исходов Y_i , $i=1, \dots, m$ по реализациям вектора наблюдений S^{V_i} , $V_i=1, \dots, N_j$; $i=1, \dots, m$, $j \neq 1$, для которых подтвержден факт объективного отсутствия каждого из исходов Y_i (рис. 3.6).

Глава 4. Компьютерные медицинские системы обработки изображений в медико-биологической практике

4.1. Перечень основных задач автоматизированной обработки и анализа медицинских изображений

Информационные сигналы, имеющие место в различных медико-биологических исследованиях, весьма разнообразны. Одно из центральных мест среди них занимают изображения – двумерные случайные поля, предназначенные для зрительного восприятия. Именно поэтому имеет смысл рассмотреть методы обработки медицинских изображений и их реализацию в компьютерных системах. Рассмотрим некоторые типы изображений, наиболее часто используемых в медико-биологических исследованиях.

4.1.1. Получение и анализ рентгенодиаграмм

Анализ рентгенограмм, очень распространенная диагностическая операция, характеризуется высоким общим процентом ошибочных диагнозов. Это обусловлено тем, что рентгенорадиологические изображения – теневые двумерные изображения трехмерных тел. Их специфическим свойством является взаимное наложение теней объектов, расположенных по ходу излучения, что затрудняет интерпретацию изображения. Поэтому при исследовании конкретный орган стремятся контрастировать, вводя в него препараты, резко меняющие относительно окружающих объектов его радиационную прозрачность. Вместе с тем ясно, что необходимая информация содержится и в неконтрастированном изображении и можно попытаться сделать её доступной специалисту, применяя соответствующие методы обработки.

Рентгенорадиологические изображения создаются изображающими системами (ИС), входящими в состав рентгеновской аппаратуры. ИС обычно включает в себя датчик, формирующий электрический сигнал, величина которого связана с интенсивностью воспринимаемого излучения; устройство преобразования и передачи сигнала и синтезатор

изображения, осуществляющий визуализацию информации (рис. 4.1).

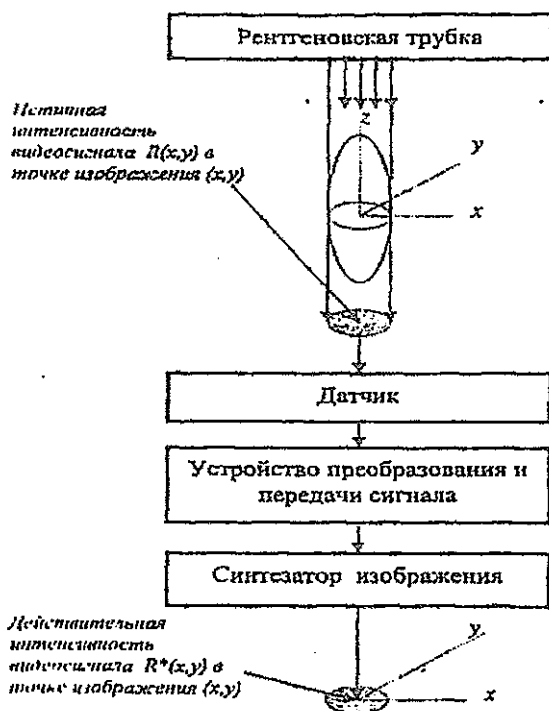


Рис.4.1. Функциональная схема изображающей системы.

На рисунке использованы следующие обозначения: $R(x,y)$ функция, описывающая теоретически идеальное рентгенорадиологическое изображение объекта, т.е. яркость в определенной точке (x,y) плоскости экрана на выходе идеальной изображающей системы; $R^*(x,y)$ – яркость изображения на выходе реальной изображающей системы, которое подвергается искажениям в процессе преобразования и передачи видеосигнала, а следовательно, отличается от $R(x,y)$.

При компьютерной обработке изображение $R(x,y)$ задается на некотором дискретном множестве точек (пикселей)

$i=0,1,2,3 \dots M, j=0,1, \dots, N$ в виде $R(I,j)$ причем шаги квантования $\delta x, \delta y$ для каждой из координатных осей $x=i\delta x, y=j\delta y$ могут быть различными.

Следует отдельно остановиться на таком важном моменте, как качество получаемого рентгеновского изображения. Известно, что под ним понимают максимально большое количество мелких деталей (легочный рисунок, структура костей и др.). Преимущество цифровой обработки состоит в том, что динамический диапазон детекторов приемного устройства аппарата гораздо шире такового у рентгеновской пленки, что позволяет с помощью компьютерной обработки добиться оптимального качества изображений. Из процесса получения изображения исключен такой этап, как проявление рентгеновской пленки. Другими словами, при цифровой рентгенографии с отработанными режимами съемки достаточно сложно получить плохой снимок. В качестве примеров рентгеновской аппаратуры, в которой реализована цифровая обработка рентгенограмм, можно привести используемые в диагностическом процессе цифровые рентгеновские аппараты «Пульмоскан — 760» и «Пульмоскан — 760У» («Унискан»),

Одним из важнейших эксплуатационных требований, предъявляемых к медицинским системам, использующим компьютерную обработку изображений, безусловно, является простота интерфейса, обеспечивающего взаимодействие пользователя с программным обеспечением. «Пульмоскан» и «Унискан» имеют достаточно удобные для пользователя программы лаборанта и врача-рентгенолога. Есть простые и понятные читателю инструкции по работе с программами, так что даже далекие от компьютера люди за короткое время уверенно осваивают их.

Аппараты «Пульмоскан» и «Унискан» имеют и удобную систему архивации рентгеновских изображений, с возможностью быстрого поиска и динамического наблюдения за пациентами. Также есть возможность работы через компьютерные сети и это является перспективным направлением в развитии диагностических технологий.

Очевиден и экономический эффект от использования

цифровой техники за счет отсутствия пленочной графики и связанного с ней процесса проявления. Например, в масштабах областной больницы введение в строй цифровых рентгеновских аппаратов приводит почти к двукратной экономии пленки и растворов при даже несколько возросшем объеме работы.

Для удобства работы цифровые рентгеновские аппараты, как правило, комплектуются некоторыми дополнительными устройствами и функциями, например:

- автоматизированные коллиматоры, позволяющие задавать рабочие поля с клавиатуры компьютера или пульта у пациента, а также устанавливать необходимые фильтры;
- рентгенопрозрачная кровать с регулируемой высотой и устройствами фиксации пациента с подголовником;
- возможность нанесения меток на снимок (простых геометрических фигур, стрелок, текста, выносок) и проведения элементарных измерений (длина, площадь, углы, плотность);
- возможность просмотра и редактирования данных пациента;
- возможность отбора снимков по различным критериям: за период; снимки определенной группы пациентов; снимки, проведенные одним лаборантом, описанные одним врачом;
- поддержка DICOM-стандарта.

4.1.2. Компьютерная аксиальная томография

Компьютерная аксиальная томография (КАТ) наиболее ярко демонстрирует, как с использованием методов цифровой обработки изображений, получаемых в процессе рентгенорадиологических исследований, добиться существенного повышения их информативности. Это достигается за счет реконструкции трехмерного изображения исследуемых органов с высоким разрешением.

Возможность воссоздания трехмерного изображения некоторого органа достигается путем его направленного облучения рентгеновскими лучами под различными углами с последующей математической обработкой результатов.

Функциональная схема установки, реализующей КАТ [21] (рис.4.2), включает:

- сканирующую рентгеновскую установку с рентгеновскими трубками и детекторами;

- компьютерную систему с набором периферийных устройств;

- консоль управления и индикации с монитором;

- блоки сопряжения рентгеновской установки с компьютером.

Рассмотрим основные функции, реализуемые перечисленными блоками.

Сканирующая рентгеновская установка обеспечивает последовательное поточечное просвечивание исследуемого органа рентгеновским лучом с регистрацией его ослабления соответствующим детектором. Наиболее часто используется линейное сканирование, при котором источник рентгеновского излучения и детектор, установленные на раме, перемещаются синхронно по прямой в определенной плоскости.

В результате такого перемещения формируется теневая функция, определенная в дискретном числе точек, значения которой пропорциональны степени поглощения рентгеновского излучения в зависимости от толщины и плотности тканей исследуемого органа. После завершения цикла линейного сканирования рама поворачивается на некоторый угол и процесс повторяется.

Таким образом, в результате рентгенорадиологического исследования формируется некоторая совокупность теневых проекций, описываемых теневыми функциями, соответствующих результатам просвечивания исследуемого органа в разных ракурсах.

В дальнейшем путем математической обработки в ЭВМ по этим проекциям восстанавливается изображение, соответствующее внутренней структуре органа в определенном сечении.

Для получения объемного изображения органа сканирующая установка, кроме того, поступательно перемещается в направлении, перпендикулярном секущей плоскости. За счет этого обеспечивается послойная пространственная реконструкция исследуемого органа.

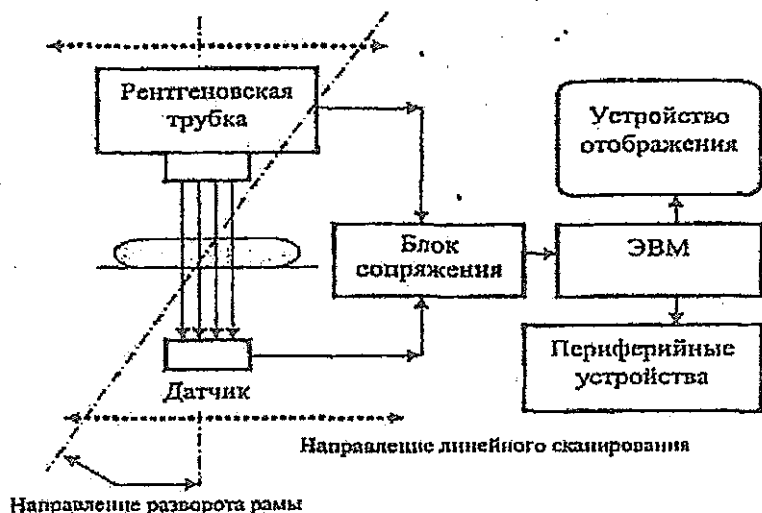


Рис.4.2. Функциональная схема установки компьютерной аксиальной томографии.

В следующих разделах, посвященных анализу методов обработки изображений, мы чуть подробнее остановимся на методах, составляющих основу программно-математического обеспечения пространственной реконструкции изображений.

4.1.3. Получение и цифровая обработка микроизображений, регистрируемых в процессе медико-биологических исследований

Значительный объем в структуре медико-биологических исследований составляют изображения, получаемые с помощью микроскопов. Система анализа подобных микроскопических изображений включает в себя три сопряженных блока (рис. 4.3).

Во-первых, это оптическое устройство, формирующее изображение, такое, как стереомикроскоп или микроскоп. Второй блок — блок передачи и хранения информации, включающий в себя видеокамеру, цифровую фотокамеру или сканер, подключенные к компьютеру.

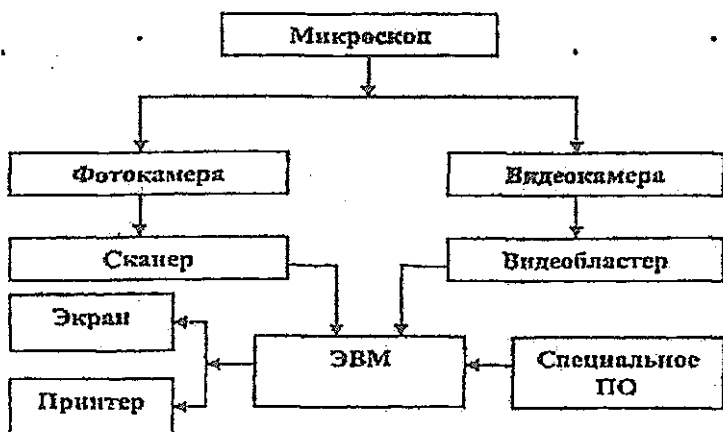


Рис.4.3. Структура системы автоматического анализа микроскопических изображений.

Тип решаемых задач, особенности обработки и форма представления результатов определяет третий компонент системы – ЭВМ и установленное на ней программное обеспечение. При этом блоки должны быть согласованы между собой так, чтобы изображение, сформированное микроскопом, в процессе его передачи на компьютер и последующей обработки испытывало минимальные искажения.

В системе может использоваться любой микроскоп, который предусматривает или, по крайней мере, позволяет осуществлять сопряжение с видео- или фотокамерой.

Видеокамера, фотокамера, видеобластер и сканер (в системе может использоваться либо подсистема «фотокамера – сканер» либо подсистема «видеокамера – видеобластер») являются важными составляющими системы и предназначены сохранить и передать полученное от микроскопа изображение с минимальными искажениями в ЭВМ. Естественно, чем выше разрешение и чувствительность камеры, а также разрешение видеобластера или сканера, тем более полно изображение, которое они формируют, соответствует оригиналу.

Выбор той или иной камеры, например, цветной или

черно-белой, определяется задачами, стоящими перед исследователем. Необходимая разрешающая способность видеокамеры определяется размерами исследуемых объектов изображения и используемым увеличением микроскопа.

Компьютер и установленное на нем программное обеспечение должны обеспечивать передачу и обработку оцифрованного изображения в реальном масштабе времени с минимальными искажениями. Разрешающая способность и другие характеристики монитора, вплоть до размера экрана, соответствуют устанавливаемой видеокамере и задачам, для решения которых используется система.

Рассмотрим кратко принцип работы подобной системы. С помощью оптического устройства изображение снимается с поверхности образца. Так как отражение и поглощение света для различных областей изображения вследствие наличия особенностей в плотности, толщине, химическом составе, различное, в результате получается полутоновое изображение. Полученное изображение передается видеокамерой в персональный компьютер, который под управлением специально разработанного программного обеспечения осуществляет автоматический или полуавтоматический анализ полученного изображения.

4.1.4. Получение и цифровая обработка видеонизображений

В принципе схема, рассмотренная нами в предыдущем разделе, позволяет осуществлять обработку видеонизображений, поступающих от любого источника. Автоматизированные системы обработки видеонизображений (АСОИЗ) могут быть использованы для решения задач сбора, обработки, хранения и выдачи информации о разнообразных биологических объектах. В качестве вычислительных средств для обработки информации в АСОИЗ широко используются ЭВМ различного типа.

Обобщенная структурная схема АСОИЗ представлена на рис. 4.4.

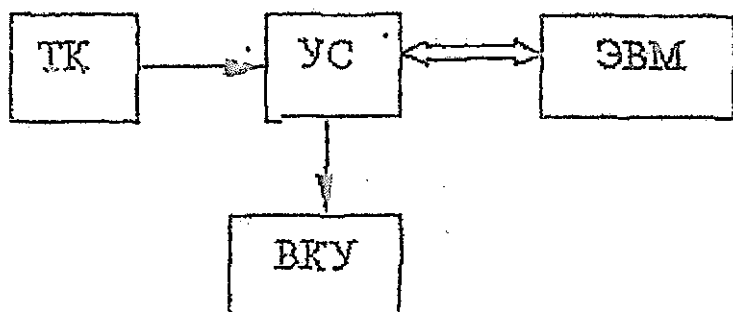


Рис.4.4. Обобщённая структура схемы АСОИЗ.

Она включает телекамеру ТК (телевизионный монитор, видеомэгнитофон и др. устройства), устройство сопряжения УС, ЭВМ и видеоконтрольное устройство ВКУ. Телекамера осуществляет преобразование оптического изображения в аналоговый электрический сигнал. Устройство сопряжения обеспечивает:

- преобразование аналогового сигнала в цифровой код (дискретизация, квантование, кодирование);
- хранение кадра цифрового изображения в буферном оперативном запоминающем устройстве (ОЗУ);
- обмен данными между буферными ОЗУ и ЭВМ;
- преобразование цифрового кода в аналоговый сигнал для контроля процесса обработки изображений на экране ВКУ.

4.2. Задачи и методы цифровой обработки изображений

Рассмотренные выше функциональные схемы получения медицинских изображений позволяют выделить три группы задач, возникающих в процессе их цифровой обработки:

1. Улучшение качества изображений. Необходимость повышения качества изображений вызвана тем, что большинство изображений в процессе их формирования (фотографирования, сканирования и т.д.) подвергаются влиянию ряда негативных факторов (вибрация фотокамеры, неравномерность движения сканирующего элемента и т.д.),

приводящих к появлению малоконтрастных и зашумленных участков. Для решения подобных задач могут использоваться методы коррекции нелинейных искажений, коррекции динамических искажений, фильтрации помех;

2.Повышение информативности изображений. Методы повышения информативности изображений включают выделение существенных, с точки зрения целей медико-биологического исследования, признаков путем линейной фильтрации и нелинейных преобразований видеосигнала, использования решающих алгоритмов, геометрических преобразований – преобразования вида проекций, объемная реконструкция объекта по его проекциям;

3. Измерительная и диагностическая обработка. Одной из основных целей подобной обработки является получение тех или иных геометрических характеристик изображения. Это бывает важно в тех случаях, когда развитие патологических процессов сопровождается изменением размеров, формы пораженного органа и других его геометрических параметров. Кроме того, в некоторых случаях диагностическая информация может быть заключена в статистических характеристиках изображения, которые могут нести информацию об изменении, например, текстуры тканей исследуемого органа.

4.3. Специализированные программные пакеты обработки и анализа медицинских изображений

Рассмотренные в предыдущем разделе методы обработки изображений в разной мере реализованы в специализированных программных пакетах. Ниже приводится перечень наиболее известных программных продуктов, ориентированных на автоматизацию обработки медицинских изображений.

AMIDE – программа для просмотра, совмещения и анализа наборов анатомических и медицинских изображений.

DICOM – библиотека для языка программирования Perl, позволяющая работать с DICOM-совместимыми медицинскими графическими файлами. Может использоваться для перемещения, интерпретации и архивирования DICOM-файлов.

Eviewbox DICO Java project – программа для просмотра

изображений в формате DICOM и реконструкции их в двух- и трехмерные изображения.

MagCAD – набор инструментальных средств для реконструкции трехмерной сетки из медицинских изображений.

Medical image analysis – инструментальные средства для обработки медицинских изображений.

MIND – программа запроса DICOM-изображений. Может запрашивать DICOM-сервер по любому из четырех уровней запроса (пациент, анализ и изображение) и сохранять результаты.

MultiSlice – система планирования радиотерапии и обработки медицинских изображений, включая автоматическую сегментацию изображений, полученных с компьютерного томографа. Может загружать изображения непосредственно с компьютерного томографа.

XmedCon – программа преобразования медицинских графических форматов (поддерживаются: Acr/Nema 2.0, Analyze (SPM), DICOM 3.0, Ecat/Matrix 6.4, InterFile3.3, Gif87a/89a.)

Глава .5. Компьютерные технологии обработки результатов медико-биологических исследований, имеющих форму биоэлектрических сигналов

В процессе обработки результатов исследования функционального состояния организма достаточно часто возникают ситуации, когда исходная информация имеет форму графика, отражающего изменение электрического сигнала, непосредственно регистрируемого средствами функциональных исследований. Примерами подобных данных могут служить результаты:

- электроэнцефалографических исследований;
- электромиографических исследований;
- реографических исследований;
- электрокардиографических исследований.

Главная задача, которая возлагается на системы автоматизированной обработки подобных данных, состоит в извлечении тех или иных информативных показателей, имеющих диагностическую значимость.

5.1. Задачи и методы компьютерной обработки данных электроэнцефалографических исследований

Электроэнцефалография (ЭЭГ) – метод исследования электрической активности головного мозга. Результаты ЭЭГ представляют собой зависимости, характеризующие изменение электрических потенциалов головного мозга, регистрируемых с помощью электродов, закрепляемых на черепе пациента. Анализ большого объема экспериментальных данных показал, что результаты ЭЭГ обладают некоторыми устойчивыми статистическими свойствами. Известно [2], что в общем случае ЭЭГ может быть описана как сумма реализации нестационарного (неэргодического) процесса и некоторой квазипериодической составляющей (рис. 6.1). В ряде случаев эта зависимость может быть аппроксимирована гауссовским случайным процессом.

То обстоятельство, что результаты ЭЭГ представляют собой реализации случайных процессов, затрудняет

возможность выявления диагностически значимых закономерностей на основе их визуального анализа и требует привлечения средств компьютерной обработки. К настоящему моменту разработаны многочисленные методы и алгоритмы, составляющие основу специализированного программного обеспечения обработки и анализа результатов ЭЭГ.

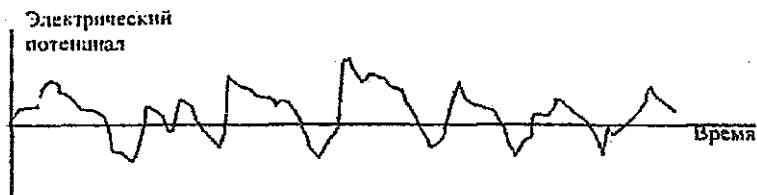


Рис.6.1. Пример графического представления результатов ЭЭГ.

Использование методов компьютерной обработки ЭЭГ позволяет:

1. Формировать более объективную оценку изменений биоэлектрической активности головного мозга.
2. Проводить объективный контроль уровня дезинтеграционных процессов в головном мозге у больных с различной патологией центральной нервной системы.
3. Повысить точность и наглядность представления данных, полученных в ходе ЭЭГ исследования.
4. Выявить невидимые на глаз нарушения общемозговой ритмики и уточнение локализации источника патологической активности в структурах головного мозга.
5. Выявить тенденции изменения функциональной активности головного мозга, которые, в совокупности с клинической картиной, приобретают конкретный смысл и позволяют лечащему врачу рассматривать динамику изменений существенной или несущественной.

Сегодня наиболее часто используются следующие методы анализа результатов ЭЭГ: метод прямой аналогии; методы корреляционного и спектрального анализа; методы фильтрации и прогнозирования; методы распознавания образов.

Метод прямой аналогии. Основан на определении амплитудных и частотных характеристик ЭЭГ и последующего сопоставления характеристик фактического ЭЭГ сигнала с эталонными формами, соответствующими определенным состояниям центральной нервной системы. Для этого используются следующие характеристики ЭЭГ зависимостей:

1) число пересечений в единицу времени среднего уровня (уровня, соответствующего среднему на интервале наблюдения значению графика энцефалограммы);

2) среднее число пересечений среднего уровня первой и второй производной графика энцефалограммы;

3) среднее и максимальное значение амплитуды сигнала на определенном отрезке времени.

Достоинством метода прямой аналогии является простота его программной реализации. Однако его реализация требует выполнения ряда операций, которые не могут быть формализованы. К ним относятся: выделение наиболее информативных участков ЭЭГ, установка необходимых пороговых значений для последующего принятия решения; выделение и исключение из процедуры анализа сбойных участков ЭЭГ. Поэтому данный метод, как правило, реализуется на основе диалогового режима взаимодействия специалиста с программным обеспечением. Но даже привлечение в процессе анализа субъективных возможностей специалиста не освобождает данный метод от ряда присущих ему принципиальных недостатков.

К таким недостаткам относятся:

- ограниченная разрешающая способность метода;
- неучет статистических свойств ЭЭГ как случайного процесса, знание которых позволяет повысить информативность результатов анализа.

Наличие указанных недостатков приводит к тому, что метод прямой аналогии часто используется в комплексе с другими, более совершенными методами, например, методами корреляционного и спектрального анализа.

5.2. Примеры специализированных диагностических компьютерных комплексов для регистрации и анализа ЭЭГ

Рассмотренные в предыдущем разделе методы реализуются в составе аппаратно-программных комплексов, объединяющих как функции съема биопотенциалов мозга, так и их автоматизированной обработки. Несмотря на разнообразие типов диагностических компьютерных систем для регистрации и анализа ЭЭГ, можно выделить ряд особенностей, присущих большинству из них. К ним относятся:

- высокое качество усиления цифрового сигнала, низкий шум, высокая чувствительность, что обеспечивает максимальное качество считывания ЭЭГ данных;

- использование для целей обработки ЭЭГ сигналов компьютерных станций, оснащенных, как правило, мощными операционными системами (например, Windows 2000), сетевыми картами, мышью, клавиатурой, CD-приводом и магнитооптическими дисковыми устройствами;

- возможность вывода сигналов правого и левого полушария одновременно с окрашиванием в один из цветов для распознавания и сравнения;

- наличие средств тестирования контакта кабелей и электродов с отображением результатов тестов на мониторе компьютерной станции;

- отдельная широкополосная запись каждого канала с возможностью последующего ремонта, фильтрации и др.;

- использование в структуре программного обеспечения компьютерной станции специализированных программных пакетов обработки и анализа ЭЭГ (типа Multi View) с возможностями картирования напряжений, сравнения амплитуды и фазы между каналами, частотного анализа, автоматической детекции сходных форм волн;

- возможность дистанционного мониторинга ЭЭГ через компьютерную сеть;

- использование видеокамеры для вывода синхронизированного с ЭЭГ изображения пациента на экран для дифференциации эпилептических и нормальных движений;

■ использование блока подсоединения электродов на 32/64/128/192 каналов;

■ использование программ редактирования интересующих отрезков ЭЭГ;

■ наличие программ для автоматического выделения в реальном времени пиков и ритмических нарушений, иерархическое распределение и мониторинг групп пиков по сходной морфологии и топографическому распределению;

■ наличие программ просмотра, анализа, картирования, монтажа, фильтрации и спектрального анализа ЭЭГ.

Примерами современных российских и зарубежных специализированных диагностических компьютерных комплексов для регистрации и анализа ЭЭГ могут служить:

1) Электроэнцефалограф компьютерный Neurotravel N24D Mini (в стационарном и переносном исполнении) – система регистрации, хранения и исследования электроэнцефалограмм, состоящая из блока пациента (8 входных каналов, питание от батарейки или аккумулятора), фотостимулятора, комплекта электродов, компьютерной системы визуализации, архивирования и исследования ЭЭГ (печать на внешнем принтере ПК – до 32-х выходных каналов).

2) Электроэнцефалограф компьютерный Neurotravel N24D Base – система регистрации, хранения и исследования ЭЭГ, состоящая из блока пациента (24 или 32 входных канала), фотостимулятора, комплекта электродов, компьютерной системы визуализации, архивирования и исследования ЭЭГ (печать на внешнем принтере ПК – до 32-х выходных каналов).

3) Электроэнцефалограф компьютерный Neurotravel N 24D Base (модифицированный) – система регистрации электроэнцефалограмм, состоящая из блока пациента (32 входных канала), фотостимулятора, комплекта электродов и термопринтера. Программирование каналов ЭЭГ и параметров усиления. Ввод с клавиатуры и печать данных пациента. Автоматический и ручной режим фотостимуляции. Хранение набора монтажей и протоколов автоматической фотостимуляции в памяти прибора.

4) Электроэнцефалографическая система Neurotravel N 24D Point – система регистрации, хранения и исследования

электроэнцефалограмм, состоящая из блока пациента (24 или 32 входных канала), фотостимулятора, комплекта электродов, компьютерной системы визуализации, архивирования и исследования ЭЭГ, термопечатающего устройства.

5) Электроэнцефалографическая система Neurotravel N 24D Point SUPER Net – электроэнцефалографическая система экспертного класса со станцией ревизии для работы в компьютерной сети медучреждения, состоящая из блока пациента (32 входных канала), термопечатающего устройства, фотостимулятора, комплекта электродов, компьютерной системы визуализации, архивирования и исследования ЭЭГ-Архивация на внешних носителях, вызванные потенциалы, когерентность, поддержка эксперимента, программа для написания ЭЭГ-заключений, системы для работы электроэнцефалографа в общей компьютерной сети со станциями ревизии (для передачи ЭЭГ записей на станции ревизии с последующим анализом), станции ревизии с компьютером (для удаленного доступа к электроэнцефалографам и анализа полученных записей).

6) Электроэнцефалограф компьютерный Нейровизор БММ/АТЕС – система регистрации, хранения, и исследования электроэнцефалограмм, состоящая из блока пациента (8 входных каналов), фотостимулятора, комплекта электродов, компьютерной системы визуализации, архивирования и исследования ЭЭГ.

7) Электроэнцефалограф компьютерный Нейроскоп/АТЕС-система регистрации, хранения и исследования электроэнцефалограмм, состоящая из блока пациента (16 входных каналов), фотостимулятора, комплекта электродов, компьютерной системы визуализации, архивирования и исследования ЭЭГ.

8) Электроэнцефалограф компьютерный Нейровизор БММ/АТЕС – система регистрации, хранения и исследования электроэнцефалограмм, состоящая из блока пациента (24 входных канала), фотостимулятора, комплекта электродов, компьютерной системы визуализации, архивирования и исследования ЭЭГ.

9) Neurotravel Video – цифровая система для синхронной с

ЭЭГ видеозаписи пациента (без видеомэгнитофона, непосредственно на жесткий диск компьютера).

10) Neurotravel Archive – система архивирования ЭЭГ на внешних носителях. Локализация источников патологической электрической активности при эпилепсии, травмах, инсультах, опухлях.

11) EEG WIZARD заключение по ЭЭГ. Программа построена по принципу экспертной системы и позволяет даже неопытному врачу построить заключение по принятой ЭЭГ.

12) Neurotravel E.P – программный блок для исследования длиннолатентных и коротколатентных вызванных потенциалов от световой или звуковой стимуляции.

13) Neurotravel Experiment – поддержка эксперимента (программное обеспечение для управления системой извне, экспорт результатов анализа ЭЭГ, подготовка экспортированных данных для последующей статистической обработки).

14) Neurotravel Net – система для работы электроэнцефалографа в общей компьютерной сети со станциями ревизии (для передачи ЭЭГ записей для последующего анализа).

5.3. Задачи и методы компьютерной обработки данных электроэнцефалических исследований

Электромиография – метод исследования электрических сигналов (вызванных потенциалов), обусловленных биоэлектрической активностью мышц. Характер электромиограммы определяется конкретными биофизическими процессами, протекающими в мышечном аппарате, структурой мышц, электрическими и диэлектрическими свойствами биологических тканей [24, 25].

Анализ электромиографической кривой включает на первом этапе выделение электрических потенциалов мышц на фоне возможных помех (артефактов) и затем, на основном этапе, – диагностическую оценку собственно ЭМГ.

Предварительная оперативная оценка осуществляется по экрану осциллографа и акустическим сигналам, возникающим при выводе усиленной ЭМГ на громкоговоритель.

Окончательный анализ с количественной характеристикой ЭМГ и клиническим заключением производят после обработки полученных данных на ЭВМ.

Артефактными потенциалами в ЭМГ называются потенциалы, не связанные собственно с активностью мышечных элементов, а вызванные такими причинами, как движение электрода вследствие его неплотной фиксации на коже, прикосновения к электроду, соединительным проводам, частичный обрыв соединительного провода. Наиболее часто встречающимся видом помехи является наводка 50 Гц от устройств эксплуатации промышленного тока.

Анализ собственно ЭМГ предполагает установление связи между определенными характеристиками потенциалов и патологическими феноменами, соответствующими им. В рамках данного метода регистрируются:

параметры вызванных потенциалов (ВП) мышц и нервов: потенциал действия (ПД нерва), М-ответ, Н-рефлекс, F-волна. При этом предметом анализа являются следующие параметры: латентный период, форма, амплитуда, длительность ВП;

число функционирующих ДВ;

скорость прохождения импульса (СПИ) по двигательным и чувствительным волокнам в различных сегментах нервного ствола.

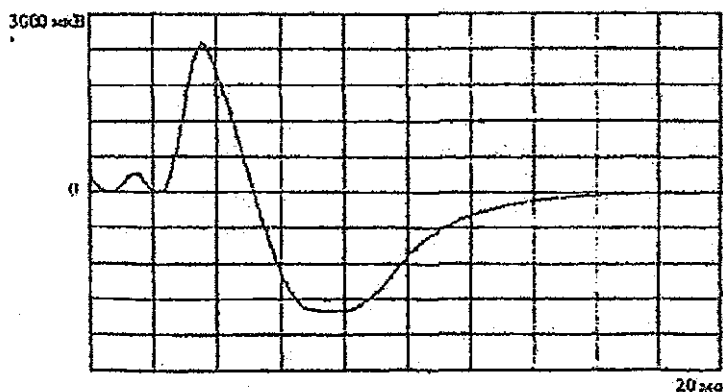


Рис.6.2. Структура М-ответа.

М-ответ представляет собой суммарный синхронный разряд ДЕ мышцы в ответ на электрическое раздражение нерва. Обычно М-ответ регистрируют с помощью поверхностных (накожных) электродов. При изучении М-ответа анализируется интенсивность порогового раздражения, латентный период ВП, его форма, амплитуда, длительность, а также связь этих показателей (рис. 6.2).

Порог М-ответа — минимальное электрическое раздражение, способное вызвать М-ответ. Грубое повышение порога наблюдается при поражении нерва или мышцы. Определяют также интенсивность раздражения, вызывающего М-ответ максимальной амплитуды (максимальный М-ответ). Амплитуду М-ответа определяют как от негативного до позитивного пика, так и от негативного пика до изолинии. Длительность М-ответа определяется в миллисекундах как время прохождения импульса с момента первого отклонения от изолинии до момента возврата к ней. Длительность латентного периода определяется как разность времени между моментом стимуляции и моментом появления М-ответа. Длительность латентного периода, прежде всего, используют для определения СПИ по двигательным волокнам нерва. Максимальная амплитуда М-ответа — ответ всех ДН, находящихся под электродными пластинами. Минимальная по амплитуде ступень отклонения от изолинии отражает ответ ДЕ с наиболее низким порогом. Таким образом, делением величины максимальной амплитуды на величину минимальной можно получить представление о числе функционирующих ДЕ в мышце. Общее число функционирующих ДЕ определяется по формуле $n = A/a$, где n — число ДЕ в мышце; A максимальная амплитуда М-ответа, a — минимальная амплитуда М-ответа (амплитуда отдельной ДЕ).

Изменение числа функционирующих ДЕ может наступить не только при органическом поражении мотонейронов, периферических нервных волокон и мышц, но и при функциональных сдвигах в работе сегментарно-периферического нейромоторного аппарата.

Н-рефлекс является рефлекторным ответом мышцы при электрическом раздражении нервного ствола и отражает

синхронный разряд значительного числа ДЕ. Первый элемент в названии «Н-рефлекс» соответствует первой букве фамилии ученого, впервые описавшего этот вызванный потенциал мышцы в 1918 г. (Hoffmann).

Н-рефлекс появляется при силе раздражения, подпороговой для М-ответа. По мере увеличения амплитуды Н-рефлекса появляется минимальный по амплитуде М-ответ. В дальнейшем при усилении раздражения амплитуда Н-рефлекса достигает максимума и начинает уменьшаться, а амплитуда М-ответа увеличивается. При силе раздражения, максимальной для М-ответа, Н-рефлекс, как правило, уже не определяется (рис. 6.3).

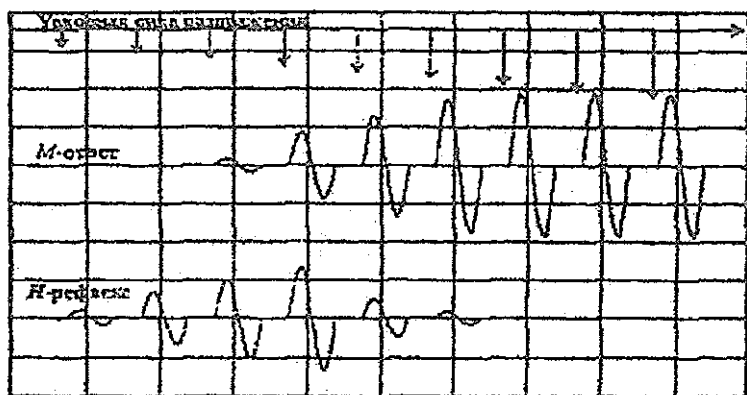


Рис.6.3. Соотношение амплитуд М-ответа и Н-рефлекса при постепенном увеличении силы раздражения.

При ЭМГ-исследованиях изучаются следующие параметры Н-рефлекса: латентный период, порог и динамика изменения амплитуды при увеличении силы стимуляции, соотношение максимальных амплитуд Н-рефлекса и М-ответа (в процентах), форма и длительность Н-рефлекса.

При раздражении максимальными стимулами двигательных волокон лучевого, локтевого, срединного, большеберцового нервов, кроме М-ответа, возникает дополнительное негативно-позитивное отклонение потенциала с

большим латентным периодом. Это колебание носит название F-волны и отличается высоким порогом, низкой амплитудой, нерегулярностью возникновения, вариабельностью формы, амплитуды и латентности.

Анализируют латентный период, амплитуду и форму F-волны, сопоставляя ее параметры с М-ответом и Н-рефлексом (рис. 6.4).

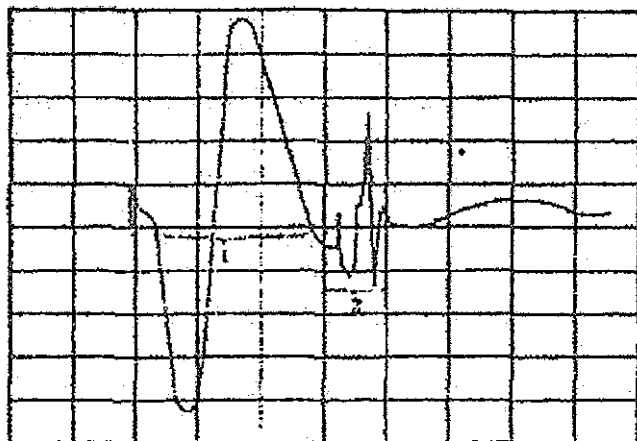


Рис.6.4. М-ответ (1) и F-волна (2) в мышцах при стимуляции срединного нерва в области локтя.

ПД нерва обусловлен электрической активностью волокон периферических нервов в ответ на электрическое раздражение нервного ствола. При изучении ПД нервов обращают внимание на интенсивность порогового раздражения, форму, амплитуду и длительность ВП, его латентный период. При постепенном повышении силы раздражения амплитуда ПД нерва увеличивается и, как правило, достигает максимальной величины при силе стимула, еще не обеспечивающей максимальный по амплитуде М-ответ.

Скорость проведения импульса по двигательным волокнам вычисляется по формуле СПИ по двигательным волокнам нерва; Р – расстояние между проксимальной и дистальной точками

стимуляции нерва; L_n — латентный период М-ответа при стимуляции нерва в проксимальной точке; L_d — латентный период М-ответа при стимуляции нерва в дистальной точке.

5.4. Математическое обеспечение процесса компьютерной обработки ЭМГ

Рассмотренные выше характеристики ЭМГ позволяют выделить ряд типовых задач, которые возникают в процессе их компьютерной обработки. К ним относятся [22]:

- выявление и устранение артефактов;
- выявление и анализ характерных элементов сигналов;
- количественная оценка перечисленных выше характерных показателей, как на основе непосредственного измерения элементов сигнала (длительность, амплитуда и т.д.), так и в результате вычисления различных статистических характеристик;
- интерпретация результатов (автоматизированная диагностика).

Рассмотрим в качестве примера структуру алгоритма, обеспечивающего решение наиболее важной из перечисленных задач, — задачи выработки диагностических решений на основе результатов ЭМГ-исследований. Описанный далее алгоритм обеспечивает разграничение наследственных моторно-сенсорных нейропатий первого (НМСН 1А, IX) и второго (НМСН 2) типа на основе автоматизированного анализа данных ЭМГ-исследований.

В математической постановке задача разграничения ПМСН может быть интерпретирована как задача классификации, целью которой является обоснованное отнесение вектора признаков (регистрируемых ЭМГ-параметров) к одному из исследуемых типов НМСН.

В процессе стимуляционной ЭМГ-диагностики НМСН регистрируется следующий набор параметров, образующих в совокупности вектор признаков: $s = (s_1, s_2, \dots, s_9)^T$, s_1, s_2, s_3 — характеристики дистального сегмента срединного нерва: скорость прохождения импульса (СПИ), длительность

латентного периода (ДЛ1), длительность М-ответа (ДМ2); s_4, s_5, s_6 - характеристики проксимального сегмента срединного нерва: скорость прохождения импульса (СПИ2), длительность латентного периода (ДЛ2), длительность М-ответа (ДМ2); s_7, s_8, s_9 - характеристики большеберцового нерва: скорость прохождения импульса (СПИ3), длительность латентного периода (ДЛ3), длительность М-ответа (ДМ3). Множество решений y представлено тремя исследуемыми типами НМСН:

y_1 - НМСН тип 1А, y_2 - НМСН тип 1Х, y_3 - НМСН 2.

В математической постановке задача сводится к разработке решающего правила (диагностического алгоритма), позволяющего обоснованно относить вектор признаков, наблюдаемый у больного в текущем сеансе диагностики к одному из допустимых исходов: $s \rightarrow y$.

Строгая реализация статистических методов распознавания требует знания многомерных функций $p(s / y_i)$, $i = 1, 2, 3$ условной плотности вероятности значений ЭМГ-параметров для каждого типа НМСН. Получение подобных оценок является серьезной проблемой в условиях ограниченности выборки пациентов с тарифицированным типом НМСН, а также при отсутствии обоснованных предположений относительно закона распределения ЭМГ-параметров.

Учитывая это, использована структура алгоритма разграничения НМСН, основанного на предварительных оценках для каждого из исследуемых типов НМСН диапазонов дискриминантных значений ЭМГ-параметров с последующей упорядоченной проверкой принадлежности измеренных у пациента ЭМГ-параметров рассчитанным диапазонам.

В качестве диапазонов дискриминантных значений для каждого из типов НМСН принимался диапазон таких значений параметров, частота появления которых для некоторого типа НМСН статистически значимо (на уровне значимости 0.05) превышала частоту его появления для любого другого типа НМСН. Основу формирования диапазонов дискриминантных значений ЭМГ-параметров составил генетический регистр семей

с НМСН. Проверка статистической значимости различий частот ЭМГ-параметров проводилась стандартным методом с использованием критерия Стьюдента. Границы дискриминантных интервалов для параметров ЭМГ приведены в табл. 6.1.

Таблица 6.1

Диапазоны дискриминантных значений ЭМГ параметров
для различных типов НМСН

ЭМГ – параметр	НМСН 1А	НМСН1Х (мужчины)	НМСН1Х (женщины)	НМСН2
СПИ1(м/с)	≤ 26	[26-34]	[36-42]	≥ 42
ДЛ1 (мс)	[8-14]			≤ 5
ДМ1 (мс)	[22-24]			≥ 10
СПИ2(м/с)	≤ 26	[34-38]	[42-46]	≥ 58
СПИ3(м/с)	≤ 26	[26-31]	[31-36]	≥ 38
ДМ3(мс)	≥ 19			≤ 10
ДЛ3(мс)	[13-18]			≤ 8

С целью обеспечения максимальной достоверности распознавания НМСН в рамках разработанного алгоритма проведена оптимизация программы ЭМГ-исследований, определяющая порядок проверки различных параметров по степени убывания их дифференцирующих возможностей. С этой целью были рассмотрены различные варианты программ проверки ЭМГ-параметров, для каждого из которых с использованием выборки больных с установленным типом НМСМ оценивалась частота ложноположительных и ложноотрицательных заключений в результате диагностического прогноза. В качестве оптимальной программы ЭМГ-измерении выбиралась та, которая обеспечивает максимальную достоверность диагностического прогноза.

Аналогичным образом оценивался состав наиболее информативных с точки зрения разграничения типов НМСН ЭМГ-параметров. К числу слабо информативных относились те параметры, исключение которых не приводило к заметному процентному увеличению ложных прогнозов.

В результате была сформирована блок-схема алгоритма,

оптимального как с точки зрения последовательности измерений, так и с точки зрения состава ЭМГ-параметров. С целью подтверждения достоверности разграничения типов НМСН с помощью разработанного алгоритма было проведено имитационное моделирование на выборке больных с подтвержденным молекулярно-генетическими исследованиями типом НМСН. В результате моделирования оценивался процент ложноположительных и ложноотрицательных диагностических прогнозов для различных типов НМСН. Результаты приведены в табл. 6.2.

Таблица 6.2.

Достоверность диагностического прогноза типов НМСН

Тип НМСН	Ложноположительные заключения (%)	Ложноотрицательные заключения (%)
НМСН-1А	2	2
НМСН-1Х	2	5
НМСН-2	4	1

5.5. Примеры компьютерных медицинских комплексов, используемых в процессе ЭМГ-исследований

Ниже рассматривается принцип построения программно-аппаратного комплекса Нейро-МВП-24, реализующего функции автоматизированной обработки ЭМГ.

В состав Нейро-МВП-24 входят следующие элементы: 4 – канальный предусилитель на штативе; основной блок; набор стимуляторов; комплект поверхностных и игольчатых отводящих электродов с кабелями: паста для подготовки кожи и электропроводный электродный гель; педаль; настольный или портативный персональный компьютер с цветным струйным или черно-белым лазерным принтером; программное обеспечение.

Прибор Нейро-МВП-24 является примером многофункционального компьютерного комплекса, который обладает следующими возможностями получения и обработки ЭМГ:

регистрация до 4-х каналов электромиограммы;
магнитная стимуляция периферических нервов для последующего классического анализа параметров М-ответа и скорости распространения возбуждения по нервным волокнам;
• наличие подробной базы данных, содержащей нормативные ЭМГ-показатели, учитывающие возраст, пол и рост пациента;
автоматизированное формирование протоколов ЭМГ-обследований с возможностью их редактирования;
вывод на принтер протокола обследования или любого его фрагмента в виде текста и графиков;
автоматическое ведение электронного архива обследований, содержимое которого может быть распечатано в любой момент;
поддержание гибкой системы картотек обследований с произвольно задаваемыми русскоязычными названиями;
• возможность одновременного просмотра и сопоставления нескольких обследований в многооконном режиме работы при динамическом наблюдении пациента;
■ удобный и интуитивно понятный интерфейс, позволяющий легко освоить и творчески использовать программу электромиографа, а также максимально облегчить, упростить и ускорить работу врача.

5.6. Содержание процесса компьютерной обработки данных электрокардиологических исследований

Типовой состав программно-аппаратного комплекса, обеспечивающего проведение электрокардиологических (ЭКГ) исследований, включает [22]:

- 1) устройства съема электрических сигналов – электроды, которые закрепляются непосредственно на теле пациента и представляют собой проводники специальной формы;
- 2) усилитель сигнала, предназначенный для усиления сигналов до уровня, необходимого для работы аналого-цифрового преобразователя (АЦП). Кроме усиления, эти устройства осуществляют фильтрацию сигналов для удаления низкочастотных и высокочастотных составляющих, а также

снижения уровня сетевых помех;

3) АЦП, осуществляющий преобразование входных аналоговых сигналов в цифровую форму для ввода и дальнейшей обработки в персональном компьютере (ПК). В процессе преобразования непрерывный электрический сигнал превращается в совокупность дискретных значений напряжения, которые измеряются с определенной точностью и подаются на вход ПК. Важнейшими характеристиками АЦП являются частота квантования и точность преобразования сигнала. Обычно в компьютерной электрокардиографии используют 256 или 512 отсчетов в секунду, что позволяет вводить ЭКГ практически без искажений. Цифровая обработка сигналов (ЦОС) является базовым принципом для разработки функциональной структуры современных многоканальных электрокардиографов. Качество ЦОС в значительной мере определяется качеством аналого-цифрового преобразования (АЦП), которое, в свою очередь, в значительной мере зависит от качества выделения электрокардиографического сигнала. Для выделения электрокардиографического сигнала обычно используют инструментальные усилители и аналоговую фильтрацию;

4) генератор калибровочных сигналов предназначен для определения истинного уровня снимаемого биосигнала путем сравнения со значением калибровочного сигнала.

5) персональный компьютер с набором периферийных устройств и специальным программным обеспечением анализа ЭКГ. На основе современных персональных компьютеров (ПК) возможна разработка системы для проведения большинства методов ЭКГ исследований. Портативные ПК класса NoteBook по своим функциональным возможностям приближаются к настольным, что позволяет создавать такие системы для различных условий применения. При использовании 32-разрядной операционной системы класса Windows 95/98/NT, библиотек обработки сигналов оптимизированных по скорости выполнения, а также новых технологий визуализации Direct Draw и Direct 3D возможно получение результатов исследования в реальном времени. Создание программного обеспечения из отдельных компонентов на основе спецификации Common

Object Model с поддержкой OLE и ActiveX документов обеспечивает необходимую мобильность ЭКГ системы.

Сравнение ЭКГ, формируемых электромеханическим самописцем (аналоговая ЭКГ) и посредством компьютерной регистрации (компьютерной ЭКГ), позволяет сделать следующие выводы:

1. Основные погрешности аналоговой регистрации ЭКГ значительно выше, чем при компьютерной регистрации.

2. Компьютерная регистрация позволяет применить современные технологии обработки ЭКГ и получить большое количество новых характеристик (спектр ЭКГ, фазовый портрет сердца и другие данные).

3. Компьютерная регистрация ЭКГ позволяет избежать и искажений, которые неизбежно возникают при сетевых наводках (50-100 Гц) и др.

4. Компьютерная регистрация ЭКГ позволяет легко автоматизировать процесс обработки электрокардиограмм. Что существенно, как для ускорения получения информации, так и при отсутствии высококвалифицированных кардиологов.

5.7. Программно-математическое обеспечение и существующие медицинские аппаратно-программные комплексы обработки ЭКГ

Программное обеспечение комплексов контроля ЭКГ обеспечивает автоматизацию следующих основных этапов электрокардиологического исследования:

предварительная подготовка; проведение исследования, запись ЭКГ; отбор и редактирование записей: выделение характерных элементов и измерение параметров ЭКГ; интерпретация результатов и формирование заключения; документирование данных исследования.

Предварительная подготовка предполагает настройку аппаратно-программного комплекса путем конкретизации количества регистрируемых каналов, системы отведения биопотенциалов, частоты дискретизации сигнала и т.д. На этом этапе данные о пациенте (паспортные данные, предварительный диагноз, сведения о приеме лекарственных препаратов) вводятся

в базу данных программного комплекса.

На этапе записи ЭКГ регистрируемый сигнал отображается на экране монитора, что позволяет визуально выделять и регистрировать записи, свободные от артефактов и наводок. Учитывая, что на экране монитора сигнал отображается в реальном времени, а значит, возникают трудности его цифрового анализа, осуществляется запись сигнала в базу данных ЭКГ для ее последующего анализа. Для записи стандартной электрокардиограммы первичное преобразование сигнала и цифровую форму должно производиться с темпом 500 – 1000 отсчетов в секунду в каждом измерительном канале. Такой темп ввода позволяет, с одной стороны, использовать простые аналоговые фильтры при усилении ЭКГ сигнала, с другой стороны, обеспечивает приемлемую вычислительную сложность алгоритмов цифровой фильтрации сигнала в соответствии с требованиями стандартов. Для хранения и последующей обработки достаточным темпом регистрации следует признать 180 – 250 отсчетов в секунду. Указанное прореживание обеспечивается на этапе цифровой фильтрации.

Отбор и редактирование данных проводятся после записи ЭКГ в базу данных и предполагает выделение участков ЭКГ сигналов для их последующего анализа. На этом этапе используется более медленное воспроизведение сигналов на экране монитора с возможностью их остановки, для более глубокого анализа.

Следующим этапом являются выделение характерных графических элементов и измерение параметров ЭКГ. Основное содержание данного этапа функционирования программного обеспечения составляет распознавание характерных зубцов (P , Q , R , S , T) на ЭКГ (рис. 6.5).

Задача распознавания состоит в определении точек начала и окончания каждого характерного зубца ЭКГ, определении максимумов и их идентификации. Для решения этой задачи в составе существующих серийных компьютерных электрокардиографов реализованы разнообразные методы обработки.

Наиболее широкое распространение получил метод первой и второй производных [38]. Указанный метод позволяет

определять точки перегиба ЭКГ, а также локальные минимумы и максимумы.

По минимальному значению первой производной можно найти место возможного расположения комплекса QRS. Это значение приходится на нисходящую ветвь линии, соединяющей пики зубцов R и S, т. е. линию, имеющую наибольшую крутизну, и находится как максимальное значение ЭКГ в пределах интервала времени 0.064 с, предшествующего точке минимума первой производной. Пик S определяется как наименьшее значение сигнала на интервале 0.046 с после точки минимума первой производной. Вершина Q находится как наименьшее значение сигнала, предшествующее зубцу R. Начало комплекса QRS определяется по значению производной на участке длиной 0.18 с, предшествующей вершине Q. Поиск зубцов P и R производится в заранее заданных диапазонах: зубец P на отрезке 0.26 с влево от зубца R, зубец T вправо от комплекса QRS.

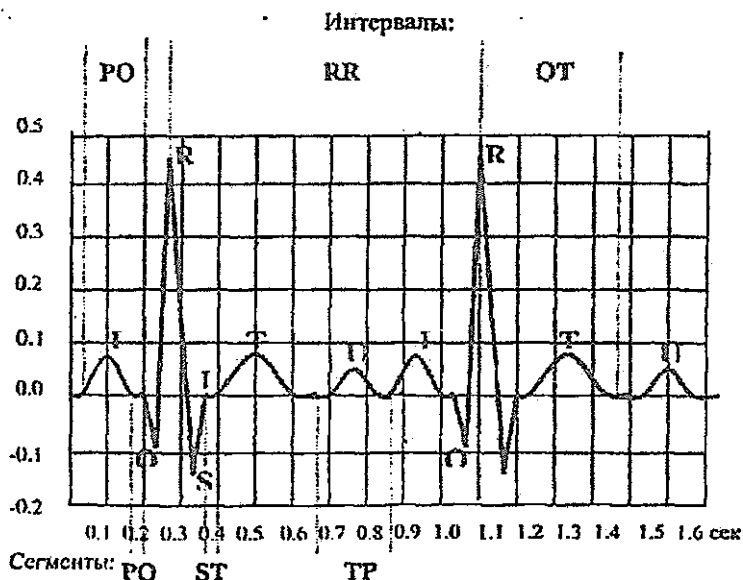


Рис. 6.5. Структура ЭКГ.

Для устранения многочисленных мелких зубцов на ЭКГ, искажающих истинные точки перегиба и максимумы сигнала, используют аппроксимацию сигнала сплайн-функциями или полиномами различных порядков.

Эта задача также решается методом цифровой фильтрации. Например, после предварительной фильтрации осуществляется выделение QRS-комплекса ЭКГ с использованием цифрового фильтра верхних частот (подавляются частоты ниже 5 Гц), дифференцирующего фильтра и операции детектирования (определения модуля) сигнала. Далее сигнал поступает на вход процедуры обнаружения QRS-комплекса, которая представляет собой логический алгоритм, основанный на пороговых правилах и адаптирующийся к уровню электрокардиосигнала и текущей частоте сердечных сокращений. Для каждого обнаруженного QRS-комплекса определяются его начальная и конечная точки, а также опорная точка, используемая при измерении смежных RR-интервалов.

Рассмотренная схема обеспечивает эффективную обработку ЭКГ здоровых людей, так как при наличии той или иной патологии возможно значительное изменение структуры сигнала, сопровождающееся расщеплением зубца Р, появлением дополнительных пиков.

Известен другой способ обработки ЭКГ, в котором для локализации QRS-комплекса используется вторая производная сигнала. Для этого в начальный момент регистрации сигнала в течение 3-5 с производится определение ЭКГ канала с максимальным значением второй производной, после чего выделяется фрагмент последовательности отсчетов второй производной в данном канале в качестве образца для поиска последующих QRS комплексов. Последовательность отсчетов вторых производных в данном канале в дальнейшем подвергается корреляционному анализу, обеспечивающему поиск наиболее подобных фрагментов последовательности и принятия решения об обнаружении следующего комплекса. При регистрации ЭКГ длительностью 10-30 с такой алгоритм обеспечивает высокую вероятность обнаружения QRS-комплексов при низком уровне ложных обнаружений. При длительном мониторингировании ввиду вариабельности формы

ЭКГ алгоритм усложняется с целью периодического уточнения используемого канала и образцового фрагмента. На основе *QRS* комплексов производятся регистрация *RR* интервалов и дальнейшее распознавание элементов ЭКГ.

В рамках такого метода *PQ* интервал определяется по минимуму варибельности вторых производных сигналов во всех каналах на интервале 0,03-0,05 с за 0,05-0,15 с до *QRS* – комплекса.

Кроме рассмотренных выше методов, признаки ЭКГ получают с помощью построения математических моделей, отражающих амплитудно-временные и другие свойства сигнала. Для этого можно использовать, например, разложение ЭКГ по некоторым специально выбранным функциям. Информация о признаках ЭКГ при этом может содержаться в коэффициентах разложения. Более того, функции могут быть подобраны таким образом, чтобы коэффициенты разложения обладали малой чувствительностью к неинформативным признакам. Применяются также методы адаптивного квантования, в которых используется различная частота отсчетов для представления комплексов *QRS*, сегментов *PQST*. Другим способом, позволяющим получить аналитическое описание сигнала ЭКГ, является кусочно-линейная аппроксимация.

Завершающим этапом анализа ЭКГ сигнала являются интерпретация результата и оформление заключения. На этом этапе на основе измерений и расчетов параметров ЭКГ производится выделение основных электрокардиологических синдромов.

Используются различные методы идентификации и анализа характерных изменений ЭКГ сигналов. Например, описан алгоритм, позволяющий проводить идентификацию аритмий. В нем все обнаруженные *QRS* комплексы разбиваются на кластеры (до 5 кластеров) по сходству их форм при помощи алгоритма динамической классификации. Алгоритм классификации основан на сочетании двух методов оценки сходства форм *QRS* комплексов: линейного решающего правила (использующего четыре параметра формы комплексов – ширину, размах, площадь зубцов, смещение относительно нулевой линии) и коэффициента взаимной корреляции.

Каждому из сформированных кластеров присваивается один из трех идентификаторов: «норма», «патология» или «неопределенность». Измеренные алгоритмом смежные RR интервалы и результаты классификации форм *QRS*-комплексов служат основой для выявления нарушений ритма. Аритмии, представляющие непосредственную угрозу для жизни пациента, распознаются подобным алгоритмом не позже чем через 10 с после их возникновения. Информация об остальных нарушениях ритма выдается по окончании каждой минуты анализа. Распознаются следующие виды аритмий: наджелудочковые экстрасистолы; желудочковые экстрасистолы (в том числе ранние, групповые, полиморфные); выпадения *QRS*-комплексов; эпизоды желудочковой бигеминии и тригеминии; эпизоды мерцательной аритмии.

При автоматизированной интерпретации ЭКГ применяются многие известные методы интерпретации экспериментальных данных и, прежде всего, алгоритмы обучающегося и самообучающегося типа. Во многих случаях считают заранее известными классы, к которым следует отнести распознаваемые ЭКГ. Например, существующие стандарты включают следующие диагностические классы:

- нарушение функции синусового узла;
- эктопические импульсы и ритмы;
- синдром ускоренного предсердно-желудочкового возбуждения;
- трепетание предсердий и желудочков;
- положение электрической оси сердца;
- острые перегрузки различных отделов сердца;
- нарушение проведения импульсов (блокада);
- нарушение коронарного кровоснабжения миокарда;
- ишемическая болезнь сердца.

Задача в этом случае заключается в отнесении признаков, характеризующих ЭКГ, регистрируемую у больного, к одному из перечисленных классов.

Классифицирующее правило может формироваться различными способами, одним из которых является метод таблиц или метод ветвлений. Другой подход связан с использованием байесовских решающих алгоритмов. Кроме

этого, классификация может строиться на основе методов дискриминантного анализа. В дискриминантном анализе каждая ЭКГ представляется точкой в многомерном пространстве признаков, ее характеризующих. Точки, соответствующие ЭКГ с некоторым диагнозом, располагаются в некоторой подобласти пространства признаков. Классификация в этом случае заключается в разграничении классов сигналов – текущего и эталонного, соответствующего некоторой патологии. В настоящее время в процедурах распознавания ЭКГ наибольшее применение находят методы линейного и квадратичного дискриминантного анализа, различающиеся видом используемой разделяющей поверхности.

Другим вариантом такой многомерной классификации является кластерный анализ. В этом случае вычисляется определенным образом расстояние между классифицируемой и эталонной ЭКГ.

Также для интерпретации ЭКГ может использоваться многомерный корреляционный анализ, основанный на вычислении коэффициентов корреляции между исследуемой ЭКГ и эталонами, соответствующими определенным классам ЭКГ.

В последние годы для решения задач анализа данных ЭКГ применяются методы теории информации. В качестве примера можно привести результаты использования таких параметров теории информации, как энтропия первого, второго и третьего порядка для количественного анализа ЭКГ сигналов.

Рассмотрим теперь некоторые примеры существующих отечественных и зарубежных компьютерных комплексов обработки ЭКГ, используемые в диагностической практике.

Группой специалистов Ростовского государственного медицинского университета разработан комплекс программ, предназначенный для проведения компьютерного анализа электрокардиограмм детей и подростков и формирования синдромного заключения о функциональном состоянии сердечно-сосудистой системы пациента. Программный пакет реализует процедуру диалога с пользователем, ввод и оцифровку электрокардиосигнала, выделение клинически значимых элементов ЭКГ, определение их параметров и

формирование диагностического заключения, печать результатов и занесение их при необходимости в базу данных. Съем калибровочного и кардиосигналов производится с помощью шестиканального кардиографа в два этапа: сначала от стандартных отведений, а затем, после перенесения электродов, от грудных отведений. Ввод сигналов в ЭВМ осуществляется аналого-цифровым преобразованием.

Входная информация должна находиться в файле на дисковом накопителе. В её структуру входят: время записи ЭКГ; ФИО и возраст обследуемого; 12 значений кардиосигнала по одному от каждого из вышеперечисленных отведений, зарегистрированных в определенный отсчет времени. Количество отсчетов равно 2048.

Выходной документ представляет собой заключение о состоянии сердечно-сосудистой системы обследуемого пациента. В нем даются наиболее информативные фрагменты ЭКГ по всем 12 отведениям; таблица амплитуд и длительностей зубцов, комплексов и интервалов кардиосигналов; синдромное заключение.

В основу алгоритма поиска положена процедура получения разностных функций первого и второго порядка от дискретизированного сигнала на их основе обобщенной функции. В последующем определяются амплитудные и временные характеристики зубцов и интервалов, проводится расчет ряда показателей, включающих в себя угол электрической оси сердца, критерии гипертрофии миокарда предсердий и желудочков, индекс Макрузе, индекс Долабчана.

Полученные результаты используются для блока синдромной диагностики. В его основе лежит анализ амплитудно-временных характеристик элементов ЭКГ, значений расчетных показателей и сравнение их с нормативными значениями для соответствующего возраста пациента.

На этом этапе формируется заключение о том, соответствует ли анализируемая ЭКГ возрастной норме, и если нет, то какие именно отклонения идентифицированы.

Проводится определение отклонений по следующим группам:

- анализ сердечного ритма, выявление аритмии, расчет средней частоты сердечных сокращений:

- определение положения электрической оси сердца;
- определение нарушений ритма сердца;
- нарушение проводимости;
- гипертрофии миокарда предсердий и желудочков;
- нарушение процессов реполяризации.

После завершения работы всех диагностических блоков создается матрица предварительных заключений, из которых формируется результирующее заключение, которое выдается на печать.

Комплекс компьютерной обработки ЭКГ «Vector» позволяет повысить диагностическую точность электрокардиографического метода при дифференциальной диагностике ранних и сложных комбинированных форм поражения миокарда. Комплекс состоит из кардиорегистратора фирмы «ATES MEDICA», компьютера и пакета программ автоматизированного анализа.

Программы автоматизированного анализа реализуют алгоритмы автоматической дифференциальной диагностики основных патологий сердца и комплекс программ, позволяющий врачу проверять, уточнять и корректировать автоматически полученные заключения. Алгоритмы автоматической диагностики созданы на основе статистического анализа параметров ЭКГ. Используются параметрические и непараметрические методы анализа, что позволяет с высокой степенью надежности (от 80 до 100%) диагностировать различные формы увеличения предсердий и гипертрофии желудочков сердца, в том числе их ранние стадии, различные локализации очагово-рубцового поражения миокарда, в том числе в сочетании с гипертрофиями и внутрижелудочковыми блокадами и др.

Компьютерная система картирования ЭКГ «Decarto» основана на использовании множественных электрокардиографических отведений и оригинальных методик автоматизированного анализа данных. Она позволяет повысить надежность и точность электрокардиографического заключения по наиболее распространенным типам поражения миокарда.

Система позволяет проводить дифференциальную диагностику многих сложных форм поражения миокарда, не распознаваемых или редко распознаваемых при традиционном ЭКГ обследовании. Среди них различные виды кардиомиопатий, сочетание ишемических и гипертрофических изменений миокарда, комбинированная гипертрофия желудочков. Кроме того, прекордиальное картирование часто является единственным методом обнаружения и локализации перенесенного инфаркта миокарда.

Регистрация электрического потенциала сердца осуществляется в 35 точках на передней поверхности грудной клетки и в точках традиционной регистрации на левой и правой руках и правой ноге. Затем данные вводятся в компьютер.

Устойчивые диагностические результаты данного метода достигаются использованием новых современных подходов к анализу данных. Для оценки прекордиальных карт использован метод локальной оценки плотности распределения электрокардиографических параметров. Метод позволяет существенно увеличить эффективность дифференциальной диагностики наиболее сложных электрокардиографических синдромов. Точность диагностики достигает 70%, при том, что традиционные методы электрокардиографии выявляют комбинированную гипертрофию желудочков не более чем в 40% случаев.

В комплект поставки входят прекордиальный пояс ПК-35 и коммутатор отведений фирмы «Тонус», кардиорегистратор и программа работы с ЭКГ-12 фирмы «АТЕС MEDICA SOFT», пакет программ автоматизированного анализа прекордиальных картограмм, разработанный в РКНПК МЗ РФ.

Кроме этого, существует большое число приборов, отображающих ЭКГ на дисплее компьютера, имеющих возможности компьютерной обработки данных и печати данных обследований на обычной бумаге. К ним относятся:

■ Easy ECG (ATES MEDICA – Италия) 12-канальный компьютерный электрокардиограф с количественным анализом ЭКГ и мониторингом, печатью на обычной бумаге и интерпретацией;

■ Custo Norm (CUSTO MED – Германия) – 12-канальный

интерпретирующий электрокардиограф для регистрации ЭКГ покоя и с нагрузкой, с печатью на обычной бумаге (формат А4, А5), с возможностью подключения монитора для просмотра ЭКГ;

■ ArchiWin 4210 (ESAOTE BIOMEDICA – Италия) – 12-канальный ЭКГ с 9" экраном и термопринтером, программное обеспечение для стресс-тестов, велоэргометр Ergocard II или беговая дорожка Ergormile 770;

■ Custo Tera (CUSTO MED – Германия) система регистрации и анализа длительной ЭКГ, состоящая из твердотельного носимого рекордера Custo Flash и программного обеспечения анализа длительной ЭКГ;

■ Custo Tera/Screen (CUSTO MED – Германия). Система включает в себя компактный комби-рекордер «Screen 200» и программное обеспечение для одновременного мониторингирования ЭКГ и артериального давления.

■ Cardiolight (MEDSET – Германия). Система включает в себя трехканальный рекордер «FMC HR» с ЖК-экраном и памятью на съемной флэш-карте, программное обеспечение мониторингирования и анализа длительной ЭКГ.

5.8. Задачи и методы компьютерной обработки и анализа данных реографических исследований

Реография – электрический метод исследования кровенаполнения тканей и органов на основе измерения их электрического сопротивления переменному току, подаваемому от специального генератора [18]. Как правило, такое измерение осуществляется с помощью специального измерительного моста. Существуют различные методики реографических исследований. Реоэнцефалография (РЕГ) – неинвазивное исследование кровотока головного мозга. Дает возможность изучать объемное пульсовое кровенаполнение в главных сосудистых бассейнах, оценивать тонус сосудов различного калибра и состояние венозной гемодинамики, осуществлять постановку функциональных проб и индивидуальный подбор лекарственных средств.

Реовазография (РВГ) – исследование кровоснабжения

конечностей. В компьютерном варианте позволяет автоматически распознавать разновидности магистрального и коллатерального кровотока, определять уровень артериальной окклюзии, диагностировать нарушения венозного оттока. Несет в себе широкие возможности для постановки всевозможных функциональных и фармакологических проб. Автоматически осуществляет дифференцированный подбор консервативной терапии при облитерирующих поражениях сосудов.

Реоофтальмография (РОГ) – способ исследования кровотока глаза. Позволяет осуществить отбор больных на оперативное лечение глаукомы, контроль интенсивности консервативной терапии глаукомы, оценку результатов оперативного лечения. По РОГ можно уточнить вид глаукомы и косвенно рассчитать неинвазивным методом величину внутриглазного давления. Реоофтальмография – единственный способ оценки кровоснабжения глаза, незаменимый для правильного подбора очков и контактных линз. Так как кровоснабжение глаз тесно связано с кровенаполнением головного мозга, то диагностический суперэффект достигается при параллельной регистрации двух каналов РОГ и двух-четырех каналов РОГ с последующим их автоматическим анализом.

Реокардиография (РКГ) – метод исследования кровоснабжения сердца. Дает возможность рассчитать, наряду с основными показателями центральной гемодинамики, объемы циркулирующей крови и плазмы, что позволяет оперативно решать вопросы о проведении регидратационной и дегидратационной терапии, возмещении кровопотери и осуществлять текущий контроль над проводимой терапией,

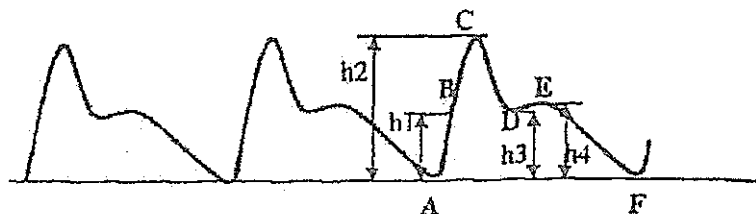


Рис.6.6. Структура реограммы.

Реогепатография (РГГ) – метод исследования кровотока печени. Дает возможность объективизировать дифференциальный диагноз хронического гепатита и цирроза печени, своевременно уловить их клиническую взаимотрансформацию.

Реоренография (РРГ) – неинвазивный способ исследования почечного кровотока. Используется при диагностике почечной недостаточности, форм артериальной гипертонии, при отслеживании эффективности диуретиков и всевозможных вазоактивных препаратов.

Реоутерография (РУГ) – неинвазивный метод исследования кровотока в матке и органах малого таза. Делает возможной раннюю диагностику угрожающих сосудистых расстройств в первой и второй половинах беременности, при миомах матки и других гинекологических заболеваниях.

Реография предстательной железы (РПрГ) – уникальный метод количественного исследования кровоснабжения этого органа. Заболевания простаты во многих случаях влекут за собой недостаточность ее кровоснабжения, что приводит к выраженным расстройствам копулятивной функции у мужчин. Именно поэтому диагностика и лечение патологии предстательной железы составляют одну из ведущих проблем андрологии, эффективное решение которой сегодня немыслимо без учета состояния кровотока в этом органе.

В основе реографического исследования лежит измерение электрического сопротивления, складывающегося из сопротивления контактов «электрод-кожа» и сопротивления исследуемых тканей. Последнее сопротивление главным образом связано с электрическими свойствами крови, поскольку кровь наиболее электропроводная среда тела. Изменение или увеличение количества крови приводит к соответствующему изменению электрического сопротивления органа.

Типичная форма реограммы (РГ) и характеризующие ее признаки представлены на рис. 6.6.

С большой степенью правдоподобности можно считать, что огибающая реографического сигнала $r(t)$ представляет собой импульсный случайный процесс, характеризующийся слабой вариабельностью характеристик от импульса к импульсу. Это

позволяет рассматривать зависимость $r(t)$ как детерминированную. Такой близкий к детерминированному характер РГ позволяет достаточно просто проводить анализ артефактов (искажений, присутствующих в измерительном тракте) и патологических нарушений. Признаком наличия указанных эффектов может служить нарушение периодичности РГ. Возможности компьютерной обработки сосредоточены в основном на решении следующих задач:

- 1) выявление и устранение артефактов;
- 2) выявление и анализ характерных точек на РГ и последующий расчет информативных параметров;
- 3) интерпретация результатов (выявление патологических нарушений).

Основу анализа реограмм составляет группа параметров, которые условно подразделяются на качественные и количественные.

К *качественным* относятся параметры, характеризующие форму РГ: вид вершины (закругленная, плоская, арковидная и т.д.), характер подъемов и спусков кривой, наличие дополнительных форм.

Количественные показатели отражают ее амплитудно-временные характеристики: интервал времени от появления зубца R на ЭКГ до точки A на РГ (t_{RA}), характеризующий время распространения волны от сердца до исследуемого органа, промежутки времени t_{AB} , t_{BC} , t_{AC} , t_{AF} , амплитудные характеристики РГ: h_1 , h_2 , h_3 , h_4 . Приведенные количественные показатели в дальнейшем используются для расчета некоторых диагностически значимых характеристик:

■ реографический индекс $РИ=0,1h_2/h_0$, характеризующий относительное кровенаполнение исследуемой ткани; h_0 -- уровень калибровочного сигнала, получаемого при разбалансировке измерительного моста реографа на величину 0,1 Ом;

- коэффициент тонического напряжения; $KTH=h_2/h_3$;
- диокротический индекс $ДИ= h_3/h_4$;
- индекс эластичности $ИЭ= h_1/h$ и др.

Таким образом, наиболее важным этапом анализа РГ, для

реализации которого используются методы автоматизированной обработки, является выделение характерных точек РГ: *A, B, C, D, E, F*. Для этого совместно с исходной кривой РГ используют дифференцированную РГ. На практике действуют следующие правила выделения характерных точек: точку *A* определяют как первую точку РГ после появления зубца *R* на ЭКГ; точка *B* соответствует моменту первого локального максимума производной $r(i)$; точка *C* соответствует первому максимуму кривой РГ; точка *D* – локальный минимум сигнала РГ после точки *C*; точка *E* – локальный максимум РГ, следующий за точкой *D*; точка *F* совпадает с точкой следующего импульса.

Интерпретация результатов анализа РГ заключается в отнесении регистрируемой зависимости к одному из эталонных сигналов, хранящихся в памяти компьютера. В данном случае применимы все методы, которые используются в процедурах диагностического анализа ЭКГ. В некоторых случаях решение задачи классификации достигается соотношением рассчитанных количественных характеристик РГ с диапазонами их значений для того или иного диагноза. Подобный алгоритм, основанный на использовании диапазонов дискриминантных значений, был рассмотрен нами применительно к анализу данных электромиографических исследований.

Рассмотрим в качестве примера некоторые типы компьютерных реографов, используемых в диагностической практике.

Реоанализатор *КРЕДО-АТЕС (Россия)* – программно-аппаратный комплекс для исследования гемодинамики головного мозга методом РЭГ и выявления заболеваний сосудов конечностей методом РВГ. При работе в режиме РЭГ реоанализатор позволяет выявлять ранние стадии церебрального атеросклероза, вегетососудистой дистонии, диагностировать мигрень, черепно-мозговую травму, геморрагический и ишемический инсульт, а также окклюзию внутренней сонной артерии. При работе в режиме РВГ реоанализатор позволяет выявлять облитерирующие заболевания артерий и вен нижних конечностей: атеросклероз, эндартериит, диабетическую ангиопатию, тромбоз и др.

Технические характеристики:

- 4 реографических канала, 1 канал ЭКГ;
- рабочая частота измерительного тока 100 кГц;
- подключение к компьютеру – через последовательный порт;
- минимальные требования к компьютеру: P-166, 32 Мб ОЗУ, жесткий диск 2Гб, видеокарта 4 Мб, операционная система Windows.

Функциональные возможности комплекса:

- одновременная визуализация на экране дисплея в реальном времени и в режиме «стоп-кадра» реограмм и их первых производных;
- быстрое проведение обследований по стандартным протоколам, в том числе с функциональными пробами; конструирование врачом своих собственных протоколов обследования;
- автоматические измерения основных параметров реоволны и вычисление реографических индексов;
- сохранение результатов обследования и данных пациента в базе данных;
- многооконный режим работы, позволяющий визуально сравнивать результаты нескольких обследований (в том числе архивных);
- формирование автоматизированного текстового заключения в формате Word с учетом возраста пациента, предварительного диагноза и результатов предшествующих обследований пациента, хранящихся в базе данных;
- распечатка на принтере кривых РЭГ (РВГ), результатов их анализа и текстового заключения.

Рео-Спектр-3- многофункциональный компьютерный реограф, позволяющий быстро, безболезненно и безопасно исследовать кровообращение практически в любом органе больного. Рео-Спектр, дополняя классический анализ реограмм современными способами компьютерной обработки данных (автоматический анализ реографических кривых, проведение трендового мониторинга, постановка функциональных проб, динамическое наблюдение за перераспределением крови между различными сосудистыми бассейнами), значительно расширяет диагностические возможности клинической реографии.

В состав комплекса входят:

- реографический блок на стойке (работает с компьютером через последовательный порт);
- комплект электродов, отводящих кабелей и креплений для выбранных методик (РВГ, РКГ, РЭГ, РПГ и т.д., ЭКГ);
- настольный или портативный персональный компьютер Pentium со струйным или лазерным принтером;
- программное обеспечение для регистрации, анализа и хранения реограмм.

Основные функции прибора:

- количественная оценка центральной гемодинамики;
- исследование величины кровенаполнения различных органов;
- исследование тонуса и эластичности сосудов разного калибра;
- оценка состояния венозной гемодинамики;
- автоматический анализ результатов функциональных проб;
- индивидуальный подбор лекарственных средств и их дозировок;
- комплексная оценка состояния вегетативной нервной системы;
- возможность использования разнообразных реографических методик как изолировано, так и во взаимосвязи друг с другом.

Литература

1. Гельман В.Я. Медицинские приборно-компьютерные системы. – С.-Пб.: СПбМАПО, 1997.
2. Биоуправление: теория и практика. -Новосибирск: Наука, 1988. (ред. Штарк М.Б. Василевский Н.Н.).
3. Биоуправление 2: теория и практика-Новосибирск: Наука, 1993. (ред. Штарк М.Б.).
4. Биоуправление 3: теория и практика. – Новосибирск: Наука, 1998. (ред. Штарк М.Б.).
5. Автоматизированные медико-технологические системы. В 3-х частях. Монография/ А. Г. Устинов, В. А. Ситарчук, Н. А. Кореневский; под ред. А. Г. Устинова. Курск. Гос. техн. ун-т. Курск. -1995.
6. Власов В.В. Эффективность диагностических исследований. -М.: Медицина, 1988 - 256 с.
7. Гельман В.Я. Компьютерный анализ медицинских данных. – С.-Пб.: СПбМАПО, 1998.
8. Гельман В.Я. Медицинская информатика: практикум. – С.-Пб: Питер, 2001.
9. Зилов В.Г., Судаков К.В., Эпштейн О.И. Элементы информационной биологии и медицины: Монография. – М.: МГУЛ, 2000.-248 с.
10. Вероятностные методы в вычислительной технике/ А.В. Крайников и др. -М.: Высш. шк., 1996.-312 с.
11. Дюк В., Эммануэль В. Информационные технологии в медико-биологических исследованиях. – С.-Пб.: Питер, 2003.
12. Попечителев Е.П. Аналитические исследования в медицине, биологии и экологии: Учеб.пособие для вузов. – М.:Высш.шк., 2003. -279 с.
13. Кудрина В.Г. Медицинская информатика: Учеб. пособие. – М.: РМАПО, 1999.
14. Маслак А.А. и др. Компьютерные системы биотехнологических исследований. -М:ВНИИиТИБП, 1993.- 431 с.
15. Герасевич В.А. Самоучитель. Компьютер для врача. – С.-Пб.: БХВ-Петербург, 2002.
16. Физика визуализации изображений в медицине: В 2х

томах./Под ред. С.Уэбба (Пер.с англ.).– М: Мир.–1991.– 816 с.

17. Блажис А.К., Дюк В.А. Телемедицина. – С.-Пб.: Спецлит, 2001.

18. Кобринский Б.А. Телемедицина в системе практического здравоохранения. - М.: МЦФЭР, 2002. - 176 с.

19. Синицын В.Е., Морозов С.П. Медицина в Интернете.-М.: Издательский дом "Видар-М".2003. - 104 с.

20. Кулаичев А.П. Компьютерная электрофизиология в клинической практике. - М.: НПО Информатика и компьютеры, 1999. - 329 с.

21. Данилова Н.Н., Крылова А.Л. Физиология высшей нервной деятельности.-М: Изд-во МГУ.–1989.– 399 с.

22. Куприянов М.С., Матюшкин Б.Д. Цифровая обработка сигналов: процессоры, алгоритмы, средства проектирования. –С.-Пб.: Политехника. 1999.–592 с.

23. Лишук В. А. Интеллектуальное обеспечение диагностики и лечения нарушений кровообращения // Лекции по сердечно-сосудистой хирургии. Под ред. Л.А. Бокерия. В 2-х т. Т. I. - М.: Издательство НЦССХ им. А.Н. Бакулева РАМН, 1999. – 348 с.

24. Мурашко В.В., Струтынский А.В. Электрокардиография: Учебное пособие.–М: МЕДпресс.– 2000.–312 с.

25. Чирейкин Л.В., Шурыгин Д.Я., Лабутин В.К. Автоматический анализ электрокардиограмм.– Л.:Медицина.–1977.– 248с.

ОГЛАВЛЕНИЕ

Глава 1. Общие принципы построения компьютерных медицинских систем сбора и обработки данных медико-биологических исследований.	3
1.1. Назначение и особенности компьютерных медицинских систем сбора и обработки данных медико-биологических исследований.	3
1.2. Методы медико-биологических исследований как объект автоматизации.	7
1.3. Типы данных биомедицинских исследований и их характеристики.	10
1.4. Типовые функции и структуры компьютерных медицинских систем сбора и обработки данных биомедицинских исследований.	13
1.5. Структура математического обеспечения компьютерных медицинских систем сбора, обработки и анализа данных медико-биологических исследований. ...	17
1.5.1. Математическое обеспечение обработки данных медико-биологических исследований.	18
1.5.2. Математическое обеспечение интерпретации результатов.	24
1.5.3. Математическое обеспечение управления медико-биологическим экспериментом.	25
1.6. Технология разработки медицинских программных комплексов обработки медико-биологической информации на основе структурного системного анализа.	26
1.6.1. Краткие основы структурного системного анализа проектов информационных систем.	33
ГЛАВА 2. Компьютерные системы обеспечения документооборота и информационной поддержки медико-биологических исследований.	41
2.1. Особенности автоматизации документооборота.	41
2.2. Электронная история болезни: требования к содержанию, структура и форма представления информации, формализация сбора, хранения и представления информации.	42
2.3. Пример реализации электронного регистра больных с	

наследственными болезнями обмена веществ.	52
2.4. Автоматизированные медико-экологические регистры.	60
ГЛАВА 3. Компьютерные медицинские системы интеллектуальной поддержки диагностических решений.	66
3.1. Особенности процесса диагностики заболеваний как объекта автоматизации.	66
3.2. Цель автоматизации диагностики. Характер и состав исходных данных, используемых в задачах автоматизации медицинской диагностики. Традиционные подходы к автоматизации диагностики.	68
3.3. Компьютерные медицинские системы поддержки диагностических решений на основе методов детерминированной классификации.	71
3.4. Компьютерные медицинские системы поддержки диагностических решений, использующие процедуры нечетких выводов.	78
3.4.1. Понятие нечёткого множества.	78
3.4.2. Формирование данных и знаний для выводов в Системе расспроса больных и предварительной диагностики.	80
3.4.3. Структура алгоритма формирования выводов в системе расспроса больных и предварительной диагностики.	83
3.5. Компьютерные медицинские системы поддержки диагностических решений на основе статистических методов распознавания.	86
3.5.1. Статистический подход к проблеме классификации.	86
3.5.2. Реализация компьютерных медицинских систем поддержки диагностических решений на основе вероятностного-гарантирующего подхода.	89
3.5.2.1. Математическая постановка и алгоритм решения задачи вероятностно-гарантированной классификации. ...	91
Глава 4. Компьютерные медицинские системы обработки изображений в медико-биологической практике.	95
4.1. Перечень основных задач автоматизированной обработки и анализа медицинских изображений.	95

4.1.1. Получение и анализ рентггенорадиограмм.	95
4.1.2. Компьютерная аксиальная томография.	98
4.1.3. Получение и цифровая обработка микроизображений, регистрируемых в процессе медико- биологических исследований.	100
4.1.4. Получение и цифровая обработка видеоизображений.	102
4.2. Задачи и методы цифровой обработки изображений. .	103
4.3. Специализированные программные пакеты обработки и анализа медицинских изображений.	104
Глава 5. Компьютерные технологии обработки результатов медико-биологических исследований, имеющих форму биоэлектрических сигналов.	106
5.1. Задачи и методы компьютерной обработки данных электроэнцефалографических исследований.	106
5.2. Примеры специализированных диагностических компьютерных комплексов для регистрации и анализа ЭЭГ.	109
5.3. Задачи и методы компьютерной обработки данных электромиографических исследований.	112
5.4. Математическое обеспечение процесса компьютерной обработки ЭМГ.	117
5.5. Примеры компьютерных медицинских комплексов, используемых в процессе ЭМГ-исследований.	120
5.6. Содержание процесса компьютерной обработки данных электрокардиологических исследований.	121
5.7. Программно-математическое обеспечение и существующие медицинские аппаратно-программные комплексы обработки ЭКГ.	123
5.8. Задачи и методы компьютерной обработки и анализа данных реографических исследований.	133
Литература.	140

Редактор Ахметжанова Г.М.

Подписано к печати 19.04.2011 г. Формат 60х84 1/16.

Объем 8,38 п.л. Тираж 50 экз. Заказ № 327.

Отпечатано в типографии ТГТУ. г.Ташкент,
ул.Талабалар 54. тел: 246-63-84.