

УДК 004.4

**Разработка программного продукта для подсчета клеточных структур
гистологических снимков роговицы**Е.О. Ковалев, А.Ю. Архипов

Научный руководитель: д.т.н. Е.О. Филиппова

Национальный исследовательский Томский политехнический университет,
Россия, г. Томск, пр. Ленина, 30, 634050E-mail: eok18@tpu.ru**Development of a software product for counting cellular structures
in histological corneal images**E.O. Kovalev, A.Y. Arkhipov

Scientific Supervisor: Dr. E.O. Filippova

Tomsk Polytechnic University, Russia, Tomsk, Lenin str., 30, 634050

E-mail: eok18@tpu.ru

Abstract. Manual cell counting is commonly used for the quantitative assessment of cellular structures; however, it is labor-intensive, time-consuming, and prone to fatigue. Most automated cell counting methods are expensive and require expert involvement. The use of image analysis software provides an affordable yet reliable automated cell counting solution, particularly for histological corneal image analysis. This study aims to develop a software product for counting cellular structures in histological corneal images. The program is implemented in Python within the Visual Studio Code environment and features a graphical user interface created with Tkinter. The software allows users to load images, mark different cell types by mouse clicks, and save annotations and statistics in Excel format. Testing was conducted on 50 histological images of Wistar rat corneas stained with hematoxylin and eosin. The software automatically identifies and counts fibroblasts, lymphocytes, macrophages, mast cells, basophils, eosinophils, and neutrophils. Initial testing revealed an issue with displaying resized images on the canvas, which made annotation difficult. Future modifications are planned to address this problem. The developed software successfully provides direct annotation of cellular structures in images and automated cell counting.

Key words: image analysis, cell counting, histological corneal images, software development.

Введение

Гистопатология имеет решающее значение для диагностических и терапевтических решений при многих болезненных состояниях. Морфометрия является базовым методом в исследовании гистопатологии, так как она обнаруживает структурные и морфологические aberrации в образцах, и, без сомнения, вносит элемент точности в поддержку диагностического решения. Морфометрический подход включает классификацию и сортировку элементов, методы подсчета точек и пересечений, различных клеток [1, 2].

Ручной подсчет клеток как количественной оценки клеточных структур является трудоемким, утомительным процессом и отнимает много времени. С другой стороны, большинство автоматизированных методов подсчета клеток являются дорогостоящими и требуют для работы экспертов. Таким образом, использование программного обеспечения для анализа изображений позволяет получить доступ к недорогому, но надежному автоматизированному подсчету клеток, в частности – анализу клеточных структур срезов глазного яблока.

Цель исследования, разработка программного продукта для подсчета клеточных структур гистологических снимков роговицы.

Экспериментальная часть

Программный продукт был реализован на языке программирования Python, среда – Visual Studio Code. Программа представляет собой графический инструмент для работы с изображениями, позволяющий пользователю загружать изображения, отмечать на них точки различных типов с помощью щелчков мыши, а также сохранять измененное изображение и статистику, содержащую количество нажатий для каждого типа в файл. Используется библиотека Tkinter для создания графического интерфейса, Pillow для обработки изображений и Pandas для сохранения данных в Excel в разрабатываемом программном приложении.

Программа была апробирована на 50 гистологических снимках роговицы, окрашенных гематоксилином и эозином. Гистологические снимки были получены путем окрашивания гематоксилином и эозином срезов роговицы крыс-самцов породы Wistar массой 250 г., полученных в ходе проведения эксперимента по изучению регенераторных процессов в роговой оболочке (разрешение этического комитета № 3898 от 24.11.2014 г).

Результаты

Согласно разработанной программе, после загрузки изображение становится доступным для разметки различных клеток. Интерфейс программы представлен на рис. 1. В данном продукте предложено определить следующие клеточные структуры на гистологических снимках роговицы: фибробласты, лимфоциты, макрофаги, тучные клетки, базофилы, эозинофилы, нейтрофилы. Каждая клеточная структура отмечена определенным цветом для дальнейшей разметки. Размеченные на изображении клеточные структуры автоматически подсчитываются в окне подсчета клеток. Стоит отметить, что после загрузки изображение открывается и считывается с помощью библиотеки Pillow. Далее создается его копия, которая уменьшается до размера не более 700×700 пикселей, чтобы уместиться в окне, и очищается список ранее отмеченных точек, сбрасывается статистика (все счетчики нажатий обнуляются) и обновляется элемент с текстовой информацией, чтобы показать, что количество всех типов клеток снова 0.



Рис. 1. Интерфейс программы

После разметки изображения пользователь может нажать кнопку Save Image для сохранения измененного изображения с нанесенными обозначениями клеток, выбрать имя файла и его расположение, и сохранить в формате .png. Пользователь также может нажать

кнопку Save counts to Excel, чтобы сохранить статистику о нажатиях в виде таблицы в формате .xlsx. Вид таблицы представлен на рис. 2.

	A	B
1	Name	Count
2	Фибробласты	1
3	Лимфоциты	1
4	Макрофаги	1
5	Тучные клетки	1
6	Базофилы	1
7	Эозинофилы	1
8	Нейтрофилы	1

Рис. 2. Сохранение статистики в формате .xlsx

Согласно проведенной апробации, разработанный программный продукт позволяет вести подсчет различных клеточных структур на каждом гистологическом снимке роговицы. Выявлено, что уменьшенное изображение при его загрузке помещается не на холст, а в выделенную область, что затрудняет процесс редактирования. Планируется модификация программного продукта для устранения выявленных проблем.

Заключение

В результате разработана программа позволяет отмечать клеточные структуры прямо на загруженном изображении срезов роговицы и автоматически вести подсчет каждого типа клеток.

Список литературы

1. Collan Y., Torkkeli T., Kosma V.-M., Pesonen E., Kosunen O., Jantunen E., Mariuzzi G.M., Montironi R., Marinelli F., Collina G. Sampling in diagnostic morphometry: the influence of variation sources // Pathology - Research and Practice. – 1987. – Vol. 182, № 3. – P. 401–406. DOI: 10.1016/S0344-0338(87)80077-8.
2. Collan Y., Torkkeli T., Pesonen E., Jantunen E., Kosma V.M. Application of morphometry in tumor pathology // Analytical and Quantitative Cytology and Histology. – 1987. – Vol. 9, № 2. – P. 79–88.