

## Виртуальные информационные модели в задачах радиологии

*Н.Э. Косых, С.З. Савин, В.Д. Линденбратен*

*Вычислительный центр Дальневосточного отделения Российской академии наук,  
лаборатория медицинской информатики, Хабаровск*

---

---

Виртуальная информационная модель (ВИМ) представляет собой созданную в результате компьютерного моделирования систему, отражающую форму, внутреннюю структуру и функции произвольного биологического объекта. Основная задача ВИМ – воссоздание в компьютерном варианте структурно-функциональных и патологических процессов, происходящих в организме биологического прототипа. Степень схожести модели с реальным биологическим объектом, а также тип самого прототипа могут быть различными, что определяется характером задач, решаемых исследователем [1, 2]. Вне зависимости от поставленных задач даже самая примитивная ВИМ отображается достаточно сложной системой. Ее основными постоянными элементами являются база данных (БД) модели, моделирующие программы (основная и вспомогательная), обращающиеся к БД и осуществляющие непосредственный процесс моделирования, и сценарий, определяющий выбор моделирующих программ и последовательность их использования согласно характеру воссоздаваемой функции. Прообразом ВИМ является первичная информационная модель – набор растровых изображений послойных срезов биологического объекта, представленных графическими файлами BMP-формата.

Идея виртуальной информационной модели основана на концепции многомерной числовой модели организма, которая представляет собой группировки точек в замкнутом пространстве биологического объекта. Эти группировки соответствуют органам и основным системам жизнеобеспечения организма [3]. Каждая точка, помимо своих координатных значений, несет конечный набор логической и числовой информации (числовой код), в той или иной степени характеризующей конкретную анатомическую область, которую представляет данная точка. Между точками в замкнутом пространстве существует комплекс свя-

зей, распространяющихся на все пространство или лишь отдельные его части. Данные связи имитируют функциональные связи, существующие между отдельными частями организма. Построение первичной биоинформационной модели – начало информационного моделирования. В качестве первичной модели может быть послойное МРТ- либо КТ-изображение тела, послойная фотография либо послойные рисунки объекта. В последнем случае речь идет об упрощенной модели. Степень сходства такой модели с биологическим прототипом определяется задачами исследования. В процессе ВИМ из двухмерных графических файлов создается БД в виде электронной таблицы. При этом минимальная точка графического изображения (пиксел) путем преобразования становится строчкой в таблице. Информация, заключенная в каждой точке, одновременно может представлять информационный код, который будет определять свойства этой точки при обращении к ней конкретных прикладных программ, описывающих и решающих частные медико-биологические задачи. Каждая точка представляет собой определенную часть организма-прототипа. Размер такой части определяется разрешающей способностью метода исследования, т.е. тем, насколько подробно описывает ВИМ морфологию организма-прототипа. Вся совокупность точек представляет собой трехмерную информационную решетку, предназначенную для передачи данных и связи без всякого ограничения равномерно во всех шести направлениях. Ограничением для такой передачи является только информационный код конкретных точек, регулирующий отношения между ними. Ввиду наличия большого количества информационных кодов и связей конкретной точки с другими точками виртуальная информационная система может отражать бесчисленное число морфологических и функциональных состояний организма-прототипа.

ВИМ является познавательной-инструментальной, динамической, непрерывной, имитационной и детерминированной. Метод ВИМ дает возможность воссоздать виртуальный организм, с той или иной степенью подобия отражающий не только морфологию, но и модели функционирования биологического прототипа. При этом на стыке биологии и информатики возникают новые научные направления – виртуально-информационная анатомия и физиология. Анатомия организма в рамках виртуального информационного моделирования имеет существенные отличия от классической анатомии. Во-первых, в рамках ВИМ организм строение неотделимо от функции, т.е. анатомия от физиологии. Каждая строчка электронной таблицы, помимо информационного кода, указывающего на принадлежность ее к какой-либо ткани, может содержать информацию о тех или иных биологических константах, а также протекающих в данном месте (подмножестве точек ВИМ) биологических процессах. Во-вторых, каждая точка ВИМ является полифункциональной, т.е. может одновременно содержать информацию о различных локальных физиологических процессах, протекающих при тех или иных условиях. В-третьих, объем и масса части организма-прототипа, соответствующей той или иной точке ВИМ, являются одним из параметров, включаемых в строку электронной таблицы информационной базы данных.

Информационная модель, создаваемая с использованием принципов ВИМ, обладает некоторыми свойствами, особенно важными для имитации состояния живых систем: универсальность – моделируется любой биологический объект, от которого можно получить послойные электронные изображения тем или иным методом лучевой диагностики; реляционная – ВИМ учитывает все необходимое множество связей между элементами, непрерывно поддерживает их динамическое соответствие; полифункциональность – в одной модели может быть одновременно воспроизведено множество функций, характерных для конкретного моделируемого объекта; динамичность – возможность изменения числовых характеристик точек в течение условного времени; фрактальность – каждая точка модели одновременно может отражать все многообразие свойств и характеристик конкретной области биообъекта; иерархичность – каждая точка многоуровневой модели может сама по себе являться отдельной ВИМ; способность к са-

моразвитию – в случае изменения значений числовых характеристик отдельных точек в ВИМ предусмотрено изменение числовых характеристик соседних точек, а также направленности и силы связей между точками.

Рассмотрим пример применения ВИМ в лучевой диагностике и лучевой терапии при исследовании сложных динамических процессов развития новообразований центральной нервной системы (ЦНС). Одним из путей улучшения результатов диагностики и лечения злокачественных новообразований является индивидуализация лечебных программ, осуществляемая с учетом распространенности опухолевого процесса в ЦНС. Вместе с тем принципы оценки распространенности процесса (стадирования) далеко не совершенны. Общий принцип стадирования в онкологии заключается в объединении в отдельные группы (стадии) случаев новообразований со сходной картиной распространенности опухолевого процесса. Предельно возможное количество таких групп колеблется от 4 до 20. Минимальное число групп новообразований наблюдается при четырехстадийной классификации. Значительно большее число признаков стадирования по системе TNM: количество критериев T (размеры первичной опухоли) и N (число пораженных регионарных лимфоузлов) может колебаться от 2 до 4. Критериев M существует только два. В зависимости от той или иной анатомической зоны меняется как число критериев T, N, M, так и их значения. Важный недостаток стадирования по TNM – неоднородность классификационных критериев. Существующие критерии TNM имеют либо количественное, либо вероятностно-прогностическое значение. Под количественными понимаются критерии, описывающие размеры опухоли, размеры и число пораженных лимфоузлов, под вероятностно-прогностическими – критерии, свидетельствующие об операбельности (неоперабельности) процесса, а также возможности выхода опухоли за пределы органа или системы органов при метастазировании. Неоднородность классификационных критериев лежит в основе внутреннего противоречия существующей системы стадирования. Изначально задуманная как универсальная, она, по сути, таковой не является. Критерии TNM не являются универсальными для описания размеров (объема) опухоли в разных частях одного и того же организма. В разных анатомических зонах организма под одним и тем же значением критерия T понимается раз-

ный объем опухолевой ткани. Использование вероятностно-прогностических критериев, одинаковых для всех органов и систем, в силу анатомических особенностей организма невозможно. Все это противоречит принципам универсальности классификации по TNM.

Широкое использование в онкологии КТ и методов восстановления пространственного изображения изучаемых органов на основе трехмерной графики дает большой объем информации о распространении опухолевого процесса большинства локализаций. Однако для классификации по системе TNM используется лишь небольшая часть от всей получаемой при КТ актуальной информации. В существующих системах классификации все опухоли рассматриваются по степени близости к некоему выбранному шаблону. При этом, как правило, теряются индивидуальные особенности распространения конкретных новообразований. На настоящий момент не существует числовых классификаций, позволяющих количественно оценивать опухоль [3]. ЦНС как объект исследования был выбран не случайно. Именно для опухолей в ЦНС нами выявлена информационная малозначимость принципов стадирования по системе TNM. Показано, что отдаленный прогноз зависит не столько от размеров опухоли, сколько от ее локализации и гистологического строения. Основной задачей нашего исследования явилась разработка методологических подходов к использованию ВИМ для определения оптимального соотношения таких параметров, как размер опухоли и ее локализация, при классификации распространенности новообразований в ЦНС. Были созданы модели в виде фронтального среза головного мозга, разными цветами выделены зоны возможного радикального удаления возникающих новообразований. Методом экспертных оценок рассчитан коэффициент вероятности появления после операции изменений, несовместимых с жизнью (индекс неоперабельности). Следующим этапом формирования модели является создание БД. Согласно вышеизложенным принципам ВИМ, стадируемая опухоль, представленная серией послойных изображений (КТ, МРТ, ПЭТ), рассматривается как совокупность точек (пикселей) электронного изображения. Для моделирования различных вариантов опухолевого процесса было разработано программное обеспечение, позволяющее интегрировать информационные модели ЦНС и опухоли [3, 4]. Основными критерия-

ми классификации выбраны отношение площади поверхности опухоли к ее объему, отношение объема опухоли к объему мозга (индекс объемов), среднее значение признака “неоперабельность” в оболочке из окружающей опухоль тканей (индекс “неоперабельности” — ИНО). Помещая модель опухоли одного и того же объема в разные точки информационной модели ЦНС, можно получить разные значения ИНО. Важной задачей при разработке принципов стадирования является определение оптимального сочетания двух признаков: размера опухоли (в данном случае — объема) и ее локализации. Балл распространенности процесса определялся на основе интегральной оценки распространенности опухолевого процесса. Используя упрощенные ВИМ опухолей различных объемов, удалось установить, что операбельным новообразованиям соответствуют значения интегрального балла распространенности от 0 до 0,25. На базе отделения химиотерапии Хабаровского краевого онкоцентра показана принципиальная возможность использования ВИМ при оценке распространенности новообразований ЦНС. Разрабатываемая при этом числовая классификация распространенности опухолевого процесса основана на принципе “непрерывной шкалы” и точно учитывает индивидуальные размеры опухоли, ее форму и локализацию [4, 5]. Перспективность предложенного нами метода стадирования заключается в его универсальном характере, что обуславливает его использование в радиологии для оценки распространения опухолей любых локализаций.

## Список литературы

1. *Золотов Е.В., Ионичевский В.А., Кондратьев А.И., Савин С.З.* Информационное моделирование живых систем. Владивосток: Дальнаука, 1991. 240 с.
2. *Кондратьев А.И., Полумиенко С.К., Савин С.З. и др.* Теоретико-игровой распознающий метод: информационная, алгоритмическая и программная реализация. Владивосток: ДВО АН СССР, 1986. 76 с.
3. *Косых Н.Э., Савин С.З.* Введение в биоинформационные системы. Владивосток: Дальнаука, 2004. 118 с.
4. *Косых Н.Э., Бедняк О.А., Голяк И.В. и др.* Исследование характеристик локальных патологических процессов посредством медицинских компьютерных диагностических систем // Дальневосточная математическая школа-семинар им. акад. Е.В. Золотова: Тез. докл. Владивосток: Дальнаука, 2002. С. 145–146.
5. *Косых Н.Э., Савин С.З., Хоменюк А.В.* Некоторые перспективы использования упрощенных виртуальных моделей в биологии и медицине // Дальневосточная математическая школа-семинар им. акад. Е.В. Золотова: Тез. докл. Владивосток: ДВГУ, 2003. С. 198.

## От редакционной коллегии

В интересной статье Н.Э. Косых с соавторами освещена важная проблема компьютерного моделирования биологических объектов. Постановка этой проблемы представляется нам корректной и перспективной в свете стремительного развития лучевых методов исследования человека и экспериментальных животных на организменном, системном, органном, клеточном и молекулярном уровнях.

Трудности построения виртуальных информационных моделей, отражающих морфологические и функциональные свойства нормальных и патологически измененных тканей и, тем более, клеточных популяций, очевидны. Еще в далеком 1963 г. Хогленд на симпозиуме в Лондоне не без иронии заявил: “Понимание атома – детская игра по сравнению с пониманием детской игры”. По современным данным, у человека 46 хромосом и 10 млн. генов. Общая длина волокон ДНК во всех клетках человека – около 100 млрд. километров. Мозг мухи состоит из 100 тыс. активных клеток, мозг мыши – из 5 млн., мозг обезьяны – из 10 млрд., мозг человека – из 100 млрд. Соединения в мозгу человека – синапсы – созда-

ются со скоростью 3 млрд. в секунду. У каждого нейрона – до 20 000 ответвлений (дендритов), которые окружены 900 млрд. глиальных клеток.

И тем не менее, с помощью современных биологических и лучевых технологий (ПЭТ, МРТ, МСКТ, УЗИ) и их комбинаций уже строятся молекулярные изображения. Создаются модели трансгенной экспрессии, вектора генотерапии, локализации апоптоза, ангиогенеза, энзимной активности (Eugene P. Pendergrass). Решение подобных задач открывает блестящие перспективы как для клинко-радиологической диагностики, так и для принципиально новой лучевой и химиотерапии. В частности, именно на этом пути осуществляют воздействие на молекулярные мишени, вовлеченные в патогенез рака (см. статью А.А. Новик, Т.А. Камилова, В.Н. Цыган в журнале “Вопросы онкологии” (2003. Т. 49. № 6. С. 695–704)).

Хочется надеяться, что новые исследования и статьи не ограничатся принципиальной постановкой этой завораживающей нас проблемы, но будут насыщены и описанием конкретных виртуальных информационных моделей.

## Книги Издательского дома Видар-М

**“Виртуальное хирургическое моделирование на основе данных компьютерной томографии”**, авторы В.Д. Федоров, Г.Г. Кармазановский, Е.Б. Гузеева, В.В. Цвиркун.

В монографии впервые в стране представлены результаты применения трехмерного моделирования на основе данных спиральной компьютерной томографии с болюсным контрастным усилением для изучения индивидуальной анатомии и виртуальных хирургических операций при широком спектре хирургических заболеваний. Показана важная роль использования неионных рентгеноконтрастных веществ для получения исходной информации в различные фазы контрастного усиления компьютерно-томографического изображения. С критических позиций описаны возможности, достоинства и недостатки виртуального моделирования хирургической деятельности.

Монография рассчитана на общих хирургов, сосудистых хирургов, хирургов-гепатологов, врачей-рентгенологов, специалистов по компьютерной томографии и ультразвуковой диагностике. 184 с.

## В следующем номере журнала читайте:

**Н.А. Рабухина. Основные методики рентгенологического исследования в стоматологии**