علوم و مهندسي كامپيوتر
نشريه علمي پژوهشي انجمن كامپيوتر ايران
مجلد ۱، شماره ۳ (الف)، پائيز۱۳۸۲
صفحات ۱۳-۲۱
مقاله عادی

پردازش و فشرده‌سازي تصاوير ريزآرايه به روش خط لوله

شادرخ سماوي* محمد داور پناه جزي* نادر كريمي* شهرام شيراني**

* دانشكده مهندسی برق و كامپيوتر، دانشگاه صنعتي اصفهان، اصفهان، ايران
**دانشكده مهندسی برق و كامپيوتر، دانشگاه مک مستر، كانادا

چكيده

در دهة اخير، علم ژنتيک و به ويژه ژنتيک ملكولي دستخوش تحولات بسياري زيادي شده است. يكي از اين تحولات، ظهور فناوري ريزآرايه[۱] مي‌باشد. ريزآرايه ابزاري بسيار قدرتمند جهت مطالعه و آناليز رفتار هزاران ژن به طور همزمان بوده و نقش مهمي را در كشف و تشخيص بيماري‌ها و همچنين بررسي روش‌هاي درمان آنها بر عهده دارد. يكي از گلوگاه‌هاي موجود در اين زمينه، زمان لازم جهت پردازش تصاوير حاصل از آزمايش‌هاي مربوطه مي‌باشدكه امروزه به صورت روال‌هاي نرم‌افزاري انجام مي‌شود. از سوي ديگر، هر مطالعة تحقيقاتي كه توسط ريزآرايه انجام مي‌شود، مشتمل بر صدها تصوير است كه هر يک حجم زيادي از حافظه را جهت ذخيره‌سازي اشغال مي‌كنند. در اين مقاله، معماري جديدي بر اساس خط‌لوله جهت پردازش، فشرده‌سازي و ارسال بلادرنگ تصاوير ريزآرايه، ارائه شده است. طرح پيشنهادي، پيمانه‌اي، قابل گسترش و مناسب جهت پياده‌سازي توسط سلول‌هاي استاندارد VLSI بوده و پيچيدگي سخت‌افزاري آن فقط تابعي از پهناي تصوير مي‌باشد. همچنين زمان لازم جهت پردازش، فشرده‌سازي و ارسال تصويري با ابعاد ۲۵۶ در ۲۵۶ توسط آن، از مرتبه ميلي‌ثانيه برخوردار مي‌باشد.

كلمات كليدي : پردازش تصوير، فشرده‌سازي تصوير، خط‌لوله، ريزآرايه، DNA، ژنتيک مولكولي

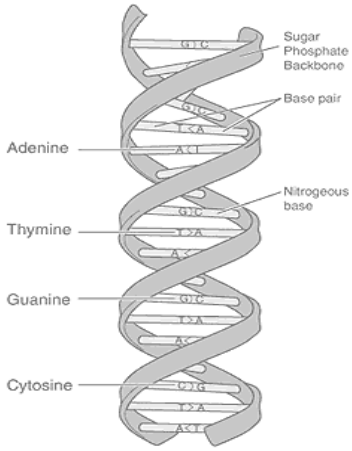
۱- مقدمه

در چند سال گذشته، ژنتيک ملكولي به يكي از جالبترين و بزرگترين زمينه‌هاي تحقيقاتي تبديل شده است. با توجه به جوان بودن اين علم و سرمايه‌گذاري‌هاي زيادي كه در دو دهة اخير در جهت توسعه و گسترش آن به عمل آمده است، هر ساله ميزان قابل توجهي بر حجم دانش ژنتيک ملكولي بشر افزوده مي‌شود. DNA[۲] ماده وراثتي تمام موجودات زنده مي‌باشد و واحدهاي تشكيل دهنده آن نوكلئوتيد[۳] ناميده مي‌شوند. هر نوكلئوتيد شامل يك تركيب فسفردار، نوعي قند و يكي از چهار نوع تركيب نيتروژن‌دار با نام‌هاي adenine (A)، guanine (G)، cytosine (C) و thymine (T) است. هر يک از اين تركيبات يک base ناميده مي‌شود. طرز قرار گرفتن base ها در مقابل يكديگر به گونه‌اي است كه هميشه Aدر مقابل T و C در مقابل G قرار مي‌گيرد و همين خاصيت است كه باعث به وجود آمدن ساختار مارپيچ‌دوگانه[۴] DNA شده است. baseهايي كه در مقابل هم قرار مي‌گيرند، مكمل[۵] ناميده مي‌شوند. با اعمال گرماي مناسب به ملكول DNA، پيوند بين baseهاي مكمل شكسته شده و مارپيچ دوگانه، به دو رشتة‌منفرد[۶] و مكمل تغيير ماهيت مي‌دهد. از سوي ديگر وقتي دو رشتة‌منفرد و مكمل هم درکنار يكديگر قرار گيرند، در شرايط خاصي مجدداً به يك مارپيچ دوگانه تبديل مي‌شوند.

اين عمل دورگه‌سازي[۷] نام دارد و يكي از مهمترين خواص ملكول DNA مي‌باشد. شكل۱ بخشي از يک مولكول را نشان می دهد.

ژن‌ها قسمت‌هايي از ملكول DNA هستند و اطلاعات زيستي[۸] يك ژن در توالي نوكلئوتيدهاي آن نهفته است. فرايندي كه در آن اين اطلاعات باعث توليد پروتئين در سلول مي‌شود، تجلي يا تظاهر ژني[۹] نام دارد و شامل دو مرحلة رونويسي[۱۰] و ترجمه[۱۱] است. كپي برداري اطلاعات ژنتيكي ملكول DNA توسط نوعي ملكول به نام mRNA [۱۲]را رونويسي و ساختن يك نوع خاص از پروتئين بر اساسmRNA توليد شده را، ترجمه مي‌نامند.

پروتئين‌ها نقش اصلي و اساسي را در زندگي موجودات زنده ايفا مي‌كنند. به طوري كه رشد و فعاليت هر موجود، فرايند هماهنگ شدة تعداد زيادي از ملكول‌هاي گوناگون پروتئيني است. تغييري جزئي در توالي نوكلئوتيدهاي يك ژن، سبب اختلال در فرايند تظاهر ژني شده و عدم ساخت صحيح پروتئين در زمان و مكان را در بر دارد. اين امر مي‌تواند باعث بروز انواع بيماري‌ها و نابساماني‌ها، نظير انواع بيماري‌هاي ارثي و بيماري‌هايي كه منشاء ژنتيكي دارند از جمله انواع سرطان‌ها و غيره گردد[۳,۲,۱]. يكي از راه‌هاي مطالعه بر روي ژن‌ها، بررسي فرايند تظاهر ژني است.در روش‌هاي معمول براي اين كار، در هر آزمايش فقط مي‌توان رفتار يک ژن را مورد بررسي قرار داد[۴]. از سوي ديگر تعداد آزمايش‌هايي كه براي شناسايي كامل ژن‌هاي يک موجود زنده لازم است، بسيار زياد مي‌باشد.به طوري كه مخمر[۱۳] به‌تنهايي داراي ٦١١٦ ژن مختلف است كه برای شناخت آنها نياز به بررسی هفتصد هزار فرايند تجلی ژني مي‌باشد[۵].



شكل ١- بخشي از يک ملكول DNA

در انسان نيز تقريباً سه بيليون base وجود دارد كه به صورت ١٠٠ ,٠٠٠ ژن مختلف سازمان يافته‌اند. هر يک از اين ژن‌ها داراي طول، توالي، و عملكرد مشخصي مي‌باشند. همانطور كه مشاهده مي شود روش‌هاي معمولي مطالعه بر روي ژن‌ها فاقد كارايي لازم جهت اين كار بوده و انجام برخي از آزمايش‌ها ممكن است سال‌ها به طول بيانجامد.

امروزه نياز به فناوري‌هايي با كارايي بسيار بالا جهت مطالعة ژن‌ها و همچنين تاثير داروها و شرايط محيطي بر روي عملكرد آنها كاملاً محسوس است. يكي از اين فناوري‌هاي جديدكه در بخش دوم اين مقاله بررسي مي‌شود، استفاده از ريزآرايه است. با بكارگيري اين تكنولوژي، مطالعه در مورد حضور، ميزان فعاليت و نوع توالي هزاران ژن بطور همزمان قابل انجام است. همچنين به علت نرخ بالاي همزماني، ريزآرايه به ابزاري بسيار قدرتمند جهت آناليز و مطالعات ژنتيكي تبديل شده است. سرعت زياد، كاهش نيروي انساني جهت انجام آزمايش‌ها، كاهش بافت نمونة مورد نياز، قيمت تمام شده بسيار پايين به ازاي هر ژن و همچنين حجم زياد اطلاعاتي كه تنها در يك آزمايش بدست مي‌آيد را مي‌تـوان از مزاياي ايــن فناوري به حساب آورد[۶].

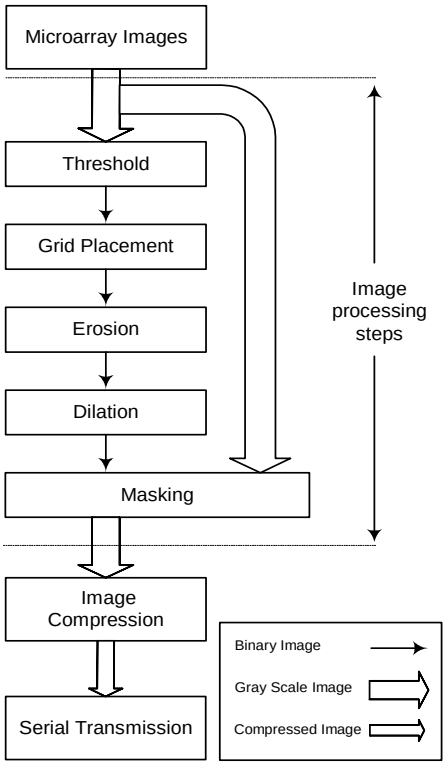
اگرچه با استفاده از ريزآرايه زمان لازم جهت دستيابي همزمان به اطلاعات زيادي از ژن‌ها كاهش چشمگيري يافته است، ولي يكي از مشكلات اصلي در اين زمينه، زمان لازم جهت پردازش تصاوير بدست آمده از اين آزمايش مي‌باشد[۸,۷].

ابعاد اين تصاوير وابسته به نوع آزمايش و بسيار بزرگ بوده و در برخي كاربردها ممكن است تا ٢٠٠٠ در ۶٠٠٠ نقطه و يا حتي بيشتر نيز باشند[۹]. از سوي ديگر تعداد تصاوير توليد شده در كاربردهاي مختلف ريزآرايه بسيار زياد است. براي مثال در برخي كارخانه‌هاي داروسازي، سالانه ده‌ها هزار تصوير ريزآرايه با ابعاد مختلف توليد مي‌شود[۱۰]. در نتيجه پردازش و فشرده‌سازي اين تصاوير، از مراحل زمانبر در اين آزمايش بوده و از گلوگاه‌هاي موجــود در اين زمينه به حساب مي‌آيند.

عمليات پردازشي امروزه معمولاً به صورت نرم‌افزاري انجام شده و زمان لازم جهت آناليز تصاوير بسته به نوع آزمايش و تجربه كاربر، بين چند دقيقه تا چندين ساعت متغير مي‌باشد [۱۲،۱۱].تنها روش سخت‌افزاري موجود در اين زمينه نيز بر پايه شبكه‌هاي عصبي سلولي بوده و با استفاده از يک تراشة آنالوگ/ديجيتال به نام[١٤]CNN-UM انجام شده است. در اين روش به اطلاعات تمام نقاط تصوير به صورت همزمان نياز است و نتيجه نيز به صورت موازی از آن خارج مي شود. در نتيجه به دليل محدوديتی كه در تعداد پايه های ورودی و خروجی يک مدار مجتمع وجود دارد, اندازه تصويری كه پردازش مي شود نمی تواند از حد مشخصي بزرگتر باشد[۱۱،۷].

با ظهور بيماري‌هاي جديد نظير SARS[١٥] و AIDS[١٦] و مطالعاتي كه در مورد پروژه‌هاي ژنوم انساني[١٧] در حال انجام است[۱۳]، نياز به پردازش و فشرده‌سازي تصاوير ريزآرايه به صورت Real-Time از اهميت بالايي برخوردار است. در مقالة حاضر، روش جديدي بر اساس خطلوله[١٨] جهت پردازش، فشرده‌سازي و ارسال تصاوير ريزآرايه به صورت تقريباً Real-Time ارائه شده است. پردازش Real-Time تصاوير ريزآرايه مي‌تواند باعث افزايش سرعت در حصول نتايج اين آزمايش شود،كه امروزه در بسياري از موارد فرايند بسيار زمانگير است[۱۵,۱۴].

شكل٢ بلوک دياگرام معماري ارائه شده را نشان مي‌دهد. توضيحات مربوط به مراحل ارائه شده در اين دياگرام، در ادامه مقاله ارائه شده است.



شكل ٢- مراحل انجام شده توسط معماري پيشنهادي

ساختار مقاله به اين ترتيب است كه در بخش دوم خلاصه‌اي از فناوري ريزآرايه بيان مي‌شود. لزوم پردازش تصاوير ريزآرايه و مراحل آن در بخش سوم بررسي شده است. معماري پيشنهادي قسمت پردازش تصوير در بخش چهارم ارائه مي‌گردد. بخش پنجم به فشرده‌سازي و ارسال تصاوير ريزآرايه اختصاص داشته و معماري پيشنهادي سازگار با معماري خطلوله براي اين قسمت‌ها در آن ارائه مي‌شود. در بخش ششم نتايج شبيه‌سازي و پياده‌سازي‌هاي انجام گرفته بيان شده و معماری پيشنهاد شده با روش های موجود مقايسه شده است. بخش هفتم نيز به نتيجه گيری اختصاص دارد.

٢- فناوری ريزآرايه

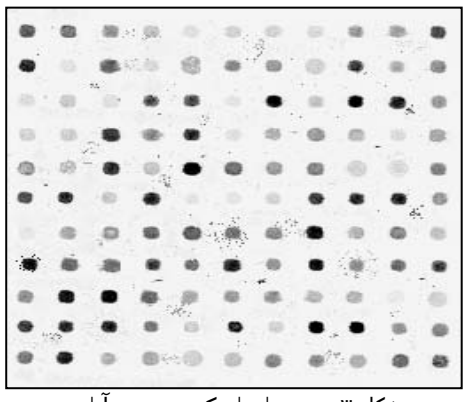
ريزآرايه تكه‌اي همانند لام ميكروسكوپ و از جنس شيشه يا سيليكون با ابعادي معمولاً در حدود ۴ * ٢ سانتيمتر مي‌باشد. بر روي هر ريزآرايه بعضاً تا ٨٠٠٠ نوع رشته منفرد با قطر ٧۵ تا ١٠٠ ميكرومتر در فاصله‌اي درحدود١۵٠ميكرومتر به صورت منظم ماتريسي قرار گرفته است. توالي اين رشته‌ها كه شناساگر[١٩] نام دارند، از قبل مشخص بوده و بسته به نوع آزمايش انتخاب مي‌شود. هر شناساگر شامل ميليون‌ها رشته منفرد يكسان بوده و وقتي بر روي ريزآرايه قرار مي‌گيرد، Spot ناميده مي‌شود.

روش‌هاي مختلفي براي ساخت ريزآرايه وجود دارد. يكي از آنها استفاده از يک نوع روبات به نام Arrayer است. Arrayer مي‌تواند تعداد زيــادي از شناساگرها را به صورت يك ماتريس دو بعدي با موقعيت‌هاي مشخص بر روي بستر ريزآرايه قراردهد. يكي ديگر از روش‌ها، بر پايه استفــاده از فوتوليتوگــرافي[۲۰] است كه در ساخت نيمه هادي‌ها هم از آن استفاده مي‌شود. تعداد Spot ها در ريزآرايه‌هايي كه با اين روش ساخته مي‌شوند، بسيار زياد است. به طوري كه در يک ريزآرايه با ابعاد ۱/۴ * ۱/۳ سانتيمتر مي‌توان ۴۰۰,۰۰۰ نوع شناساگر مختلف، كه هر يک ۲۵ نوكلئوتيد طول دارد را در كنار يكديگر قرار داد. به دليل استفاده از روش فوتوليتوگرافي در ساخت ريزآرايه‌ها، گاهي به آنها ميكروچيپ هم اطلاق مي‌شود [۱۶,۱۲]. اساس كار ريزآرايه‌ها بر پايه قابليت دورگه‌سازي استوار است. در هر آزمايش، مقداري mRNA (بين ۰/۵ تا ۲/۵ ميكروگرم) از بافت مورد آزمايش جدا شده و توسط مواد فلوروسنس نشاندار[۲۱] مي‌گردد. سپس توسط فرايندي به‌نام رونويسي معكوس[۲۲] به cDNA [۲۳] تبديل مي‌شود. در اكثر موارد جهت مقايسه، مطالعه بيشتر و همچنين بررسي رفتار يك ژن خاص در شرايط مختلف مثل بيماري، تاثير دارو و يا شرايط محيطي، mRNA علاوه بر بافت سالم از بافتي كه داراي شرايط ذكر شده است نيز جدا شده و با رنگ‌هاي متفاوت (معمولا سبز و قرمز) نشاندار مي‌گردد.

مخلوطي از cDNA هاي نشاندار در مجاورت ريزآرايه قرارگرفته تا درصورتي كه مكمل آنها در ميان شناساگرها موجود باشد، دورگه‌سازي صورت پذيرد. بعد از گذشت زمان لازم جهت اين امر، ريزآرايه شسته شده و فقط رشته‌هاي منفرد نشاندار شده‌اي كه با شناساگرهاي مكملشان دورگه شده‌اند، باقي مي‌مانند. سپس با تاباندن اشعة ليزر با طول موج‌هاي مشخص به سطح ريزآرايه، از آن توسط CCD[۲۴] عكس‌برداري مي‌شود. تصاوير بدست آمده، نتيجه آزمايش ريزآرايه مي‌باشد و براي استخراج نتايج در كامپيوتر ذخيره مي‌شود. در اين تصاوير سطح روشنايي Spot ها حائز اهميت بوده و نشان دهنده ميزان فعاليت و سطح تجلي ژن‌هاي مورد آزمايش است. سطح تجلي و در نتيجه تعداد كپي‌هايي كه در مرحله رونويسي از يک ژن توليد مي‌شود در شرايط عادي و شرايط ذكر شده متفاوت است. لذا سطح روشنايي هر Spot با توجه به رفتار ژن مربوط به آن متفاوت مي‌باشد[۱۸,۱۷,۶,۴]. امروزه ريزآرايه‌ها در بسياري از رشته‌هاي پزشكي، زيست‌شناسي و كشاورزي بكار مي‌روند. از مهمترين كاربردهاي آن مي‌توان به كشف ساختمان ژنتيكي بيماري‌هاي جديد و تشخيص روش‌هاي درمان آنها، كشف داروهاي جديد و بررسي تاثيرآن بر بيماري‌ها، تحقيقات در زمينة بيماري‌هاي سرطاني، شناسايي آفت‌هاي گياهي و سم‌شناسي اشاره كرد[۱۹].

شكل۳ نمونــه‌اي از يک تصوير ريزآرايه با ابعاد ۲۵۶ * ۲۵۶ پيكسل و متوسط قطر Spot، ۱۰ پيكسل را نشان مي‌دهد كه داراي نويز پس‌زمينه و نقاط اضافي مختلفي غير از Spot ها مي‌باشد[۲۰].

همان گونه كه در اين شكل مشاهده مي‌شود، تصاوير ريــزآرايه داراي نظم



شكل ۳- نمونه اي از يک تصوير ريزآرايه

ماتريسي خاصي هستند كه آنها را نسبت به تصاوير ديگر متمايز مي‌نمايد. پردازش اين نوع تصاوير مي توانند.توسط سخت‌افزارهاي خاص منظوره انجام شود.

۳- پردازش تصاوير ريزآرايه

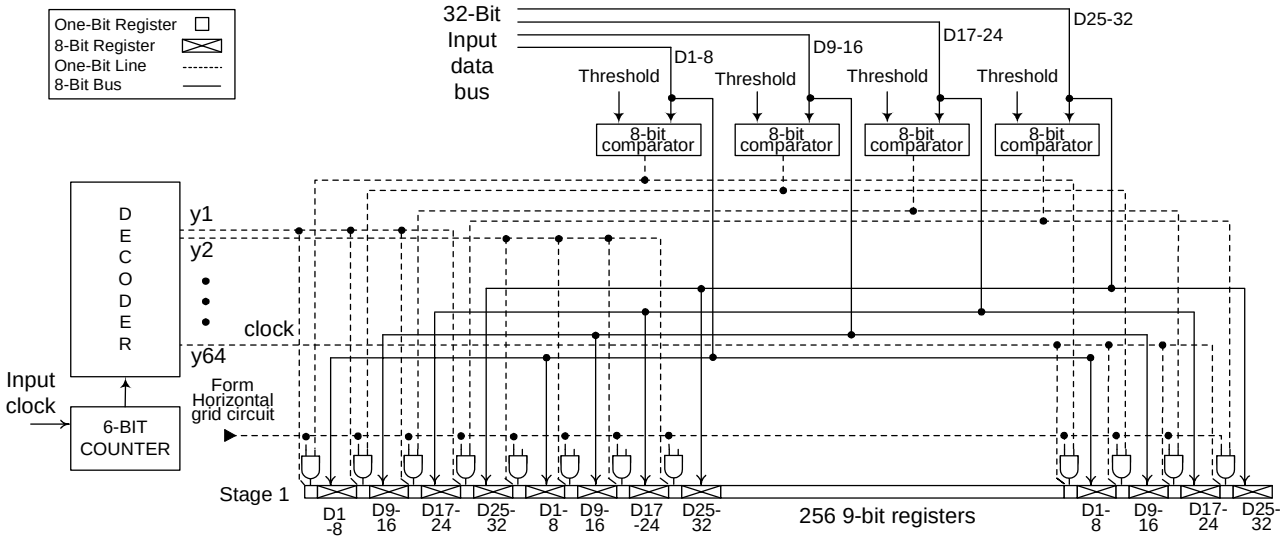
قبل از استخراج نتايج آزمايش، اجراي برخي عمليات پردازشي بر روي تصاوير لازم است. اين عمليات جهت تفكيک Spot هاي سالم از ساير نواحي و همچنين حذف نويزهاي ناشي از رسوب شناساگرها، دورگه شدن‌هاي نادرست، و يا وجود اجسام اضافي مانند ذرات غبار بر روي سطح ريزآرايه انجام مي‌شود[۲۱,۱۲,۹]. بخش پردازش تصوير شكل۲ بلوک دياگرام مراحل لازم را نشان مي‌دهد. در ادامه جزئيات هر يک از اين مراحل بررسي شده است.

حذف نويز ناشي از پس‌زمينه : در اثر باقي ماندن مقداركمي از مواد استفاده شده بر روي سطح ريزآرايه پس از شستشو، علاوه برSpot ها ساير نقاط ريزآرايه هم ممكن است بخشي از نور تابيده شده را منعكس كنند. با مقايسه سطح روشنايي هر نقطه از تصوير با يک مقدار آستانه مي‌توان نقاطي كه سطح روشنايي آنها از مقدار آستانه كمتر است را مشخص كرد. براي حذف اين نقاط به ازاي هر پيكسل از تصوير يک بيت الگو در نظر گرفته مي‌شود. اگرسطح روشنايي آن پيكسل از مقدار آستانه كمتر باشد اين بيت "۰" و در غير اين صورت "۱" خواهد بود. با اين كار تصوير خاكستري‌گونه[۲۵] به سياه و سفيد تبديل شده و از آن در مراحل بعدي استفاده خواهد شد. اين تصوير سياه وسفيد، نقشة باينري[۲۶] ناميده مي‌شود. تعداد نقاط صفر موجود در نقشة باينري، تابعي از سطح آستانة انتخاب شده مي‌باشد. در اين مرحله از پردازش علاوه برحذف نويز ناشي از پس‌زمينه،Spot هايي كه سطح روشنايي آنها از سطح آستانه كمتر است نيز حذف مي‌شوند. وجود اين Spot ها به دليل عدم ساخت صحيح ريزآرايه است.

اعمال كردن Grid [۲۷]: در زمان ساخت ريزآرايه مكان مشخصي براي قرار گرفتن هر Spot در نظر گرفته مي‌شود. Spot هايي كه به دليل وجود خطا در فرايند ساخت در مكان صحيح خود قرار نگرفته‌اند و يا Spot هايي كه در اثر شستشوي ريزآرايه از محل خود كنده و جابجا شده‌اند، به عنوان Spot هاي غير معمول قلمداد شده و بايستي حذف شوند. براي اين كار از يک ساختار Grid از پيش تعيين شده استفاده مي شود. با AND كردن نقاط متناظر Grid و نقشة باينري، Spot هايي كه در محل مناسب قرار ندارند و در نتيجه با Grid داراي نقاط مشترک هستند، به قطعات كوچكتر تقسيم شده و و در مرحله بعدي پردازش حذف خواهند شد.

حذف Spot هاي كوچک: در اين مرحله نويزهايي كه سطح روشنايي آنها از مقدار آستانه بيشتر و Spot هايي كه به علت كم دورگه‌شدن مساحت آنها از اندازة طبيعي كوچكتر است، حذف مي‌شوند. همچنين Spot هايي كه در محل مناسب قرار نداشته و در مرحله قبل تكه‌تكه شده‌اند نيز به عنوان نويز تلقي شده وحذف خواهند شد. براي اين منظور از دو الگوريتم مورفولوژي[۲۸] Erosion و Dilation استفاده شده است[۲۲]. ابتدا الگوريتم مورفولوژي Erosion با المان‌ساختاري مناسب بر روي نقشه باينري انجام مي‌شود. نتيجه اين عمل حذف تمام مناطقي است كه اندازة آنها از المان‌ساختاري كوچكتر مي‌باشد. علاوه بر نواحي ذكر شده، اطراف Spot ها نيز متناسب با شكل هندسي المان‌ساختاري حذف خواهد شد. با اعمال الگوريتم Dilation, اطراف Spot هايي كه در قسمت قبل حذف شده بود, مجدداً به آنها اضافه شده و متناسب با شكل المان‌ساختاري بازسازي مي‌شوند.

مرحله Masking : پس از اعمال Grid و انجام عمليات مورفولوژي بر روي نقشة باينري، تصوير اصلي پردازش شده از روي تصوير اوليه و نقشه باينري پردازش شده، بدست مي‌آيد. به طوريكه سطح روشنايي نقاطي كه بيت الگو در آنها صفر است، صفر و سطح روشنايي ساير نقاط بدون تغيير باقي مي‌ماند.



شکل ۴- گام اول خطلوله

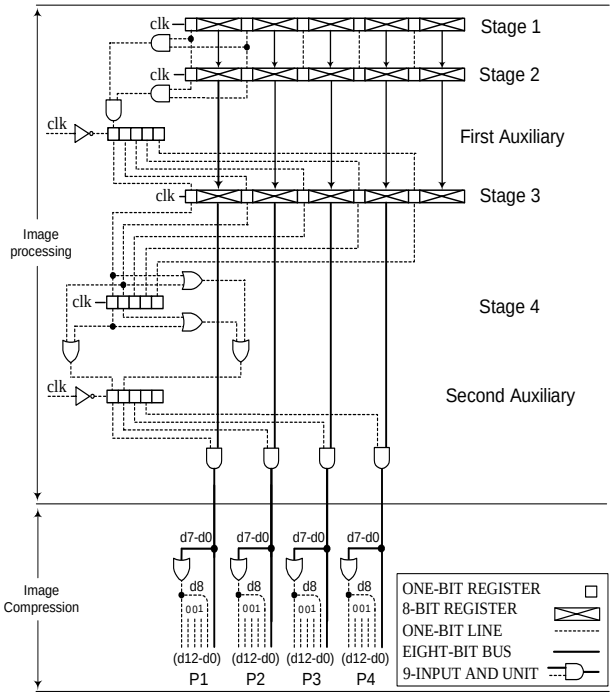
این کار با AND کردن بیت الگو با تک‌تک بیت‌هاي سطح روشنايي هر نقطه قابل انجام است. به این ترتیب نویــزهاي پس‌زمینه و اطــراف Spot ها حذف شــده و نقاط داخل Spotها که در بردارندهٔ اطلاعات مورد نیاز است، دست نخورده باقي ميمانند.همانطور که ملاحظه مي‌شود مراحل پردازش تصاویر ریزآرایه به صورت پشت سر هم بوده و يكي پس از ديگري بر روي تصاوير انجام مي‌شود. لذا با در نظر گرفتن ساختمان منظم و ماتريسي اين تصاوير، پياده‌سازي مراحل پــردازشي آنها توسط معماري خطلوله، بسيار مناسب مي‌باشد. در ادامه به توضيح معماري خطلوله پيشنهادي، پرداخته مي‌شود.

۴- پردازش تصاویر ریزآرایه توسط معماري خطلوله

در این بخش جزئیات معماري خطلوله پیشنهادي ما براي پردازش تصاویر ریزآرایه ارائه مي‌گردد[۲۳]. براي هر سطر تصویر ۲۵۶ پیکسل و براي نمایش سطح روشنايي هر پیکسل، ۸ بیت در نظر گرفته شده است. همچنین اطلاعات تصویر توسط یک گذرگاه ۳۲ بیتی از طرف قسمت تولید تصویر به ساختار خطلوله منتقل مي‌شود. شکل۴ گام اول معماري خط لوله را نشان مي‌دهد. در این گام دو مرحلهٔ حذف نویز پس زمینه و اعمال Grid با هر پالس ساعت خط لوله بر روی یک سطر از تصویر انجام می شود. با اعمال هر پالس ساعت محلی, اطلاعات سطح روشنایی چهار نقطه از یک سطر تصویر, وارد مقایسه کننده های ۸ بیتی شده و بعد از اعمال Grid, در رجیسترهای گام اول ذخیره می شود. خروجي اين مقايسه كننده‌ها همان نقشه باينري مي‌باشد. براي اعمال Grid، سيگنالي كه توسط بخش توليد كننده Grid افقي توليد مي‌شود با نقشه باينري هر سطر AND شده و نتيجه به همراه سطح روشنايي هر نقطه، در رجيسترهاي ۹ بيتي ذخيره مي‌گردد. اعمال Grid به صورت عمودي به دليل ثابت بودن مكان آن، توسط صفر كردن بيت مربوط به نقشه باينري محل‌هاي مورد نظر صورت مي‌گيرد. بخش توليد سيگنال‌هاي Grid افقي توسط يک ماشين حالت ساده پياده‌سازي شده است.

شکل ۵- المان‌ساختاري در (الف) Erosion, (ب) Dilation

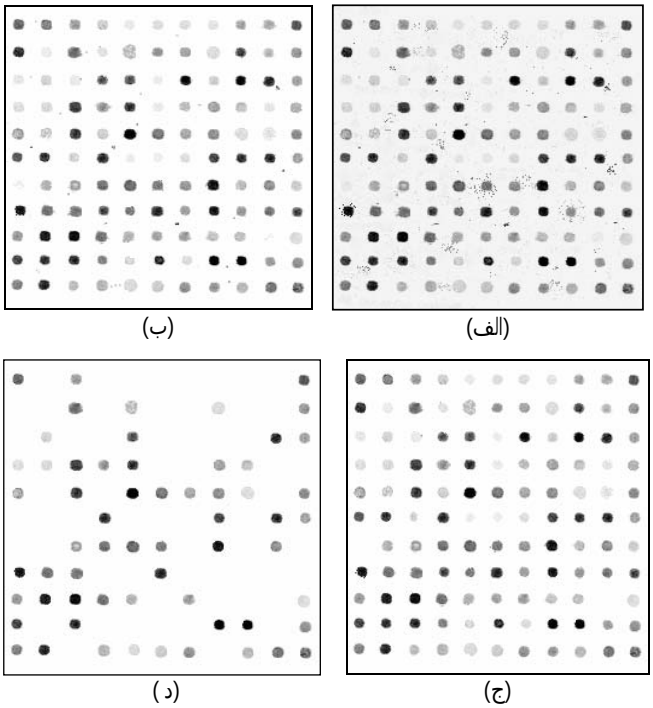
براي پياده‌سازي الگوريتم مورفولــوژي نيــاز به يك المــان ساختــاري مناسب مي باشد. شكل هندسي المان‌ساختاري، نقش مهمي در كيفيت Spot هاي باقي‌مانده دارد. در اين مقاله از يک المان‌ساختاري ۲ *۲ استفاده شده است.
در شكل ۵ مركز المان‌هاي‌ساختاري استفاده‌شده براي Erosion و Dilation نشان داده شده است. بخش فوقانی شکل ۶ گام های لازم جهت پیاده سازی الگوریتم های مورفولوژی را نشان می دهد. درگام‌هاي۲ و۳ عمل Erosion با المان‌ساختاري ۲ * ۲ بر روي نقشه باينري انجــام شده و نتيجه در رجيستــرهاي كمكي شماره ۱



شکل۶- مدار بخش پردازش و فشرده‌سازي تصوير

ذخيره مي‌شود. به اين ترتيب كه در گام۲ نقاط سطر$j+1$ و در گام۳ نقاط سطر j ، از نقشه باينري تصوير اصلي در الگوريتم Erosion شركت مي‌كند و نتيجه نيز در گوشه بالا و سمت چپ المان‌ساختاري جايگزين مي‌شود.جهت سادگي شكل فقط پنج بيت از رجيسترهاي كمكي و الگوريتم‌هاي مورفولوژي نيز فقط براي يک

نقطه از تصوير نشان داده شده است. عمل Dilation نيز با كمک گيت‌هاي OR بعد از رجيسترهاي گام‌هاي ۳ و ۴، بر روي نقشه باينري انجام مي‌شود. در اينجا نيز از رجيسترهاي كمكي شماره ۲ جهت نگهـداري نتيجه كه در گوشـه پايين و سمت راست المان‌ساختاري جايگزين مي‌شود، استفاده شده است.



شكل ۷- تصاويراصلي و پردازش شده

براي اعمـال كـردن الگوريتم Dilation ، بايد خارج از تصويـر اصلي يک رديف پيكسل با سطح روشنايي صفر در نظر گرفته شود. در غير اين صورت پيكسل‌هايي از رديف اول، كه متعلق به Spot ها بوده و در اثرErosion از بين رفته‌اند، بازسازي نمي‌شوند. به همين منظور در لبه پايين‌رونده پالس ساعت خطلوله محتواي رجيسترهاي كمكي شماره يک، صفر شده تا در لبه بالا رونده سومين پالس محتواي رجيستر كمكي شماره دو، سطر فرضي ذكر شده را توليد نمايد. در ساختار ارائه شده با لبه پايين‌رونده سومين پالس خطلوله حاصل Dilation رديف اول نقشه باينري و سطر فرضي ذكر شده، در رجيسترهاي كمكي شماره ۲ قرار مي‌گيرد.

با استفاده از نقشه باينري بدست آمده و اطلاعات سطح روشنايي هر سطر، اطلاعات يک سطر از تصوير پردازش شده، توليد و براي فشرده‌سازي آماده مي‌شود. خروجي‌هاي هشت بيتي، در واحدهاي AND نه ورودي بعد از رجيسترهاي كمكي شماره ۲، در هر پالس ساعت خطلوله، سطوح روشنايي نقاط يک سطر از تصوير پردازش شده را نشان مي‌دهد. در اين واحدها بيت ورودي سمت چپ با تک‌تک بيت‌هاي ورودي سمت راست AND شده و يک خروجي هشت بيتي را توليد مي‌كند. ساير قسمت‌هاي مدار مربوط به فشرده‌سازي بوده و در بخش بعد توضيح داده مي‌شود.

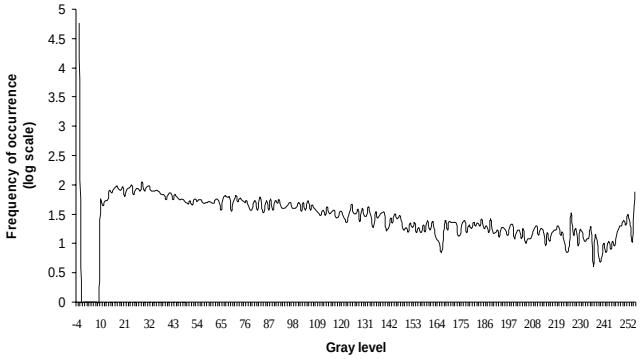
شكل ۷ نمونه‌اي از يک تصوير ريزآرايه و تصاويري كه در نتيجة انجام عمليات پردازشي ذكر شده توليد شده‌اند، را نشان مي‌دهد. همانطور كه در شكل۷-(الف) مشاهده مي‌شود، تصوير اوليه علاوه بر Spot ها، شامل نويزهاي مختلفي مي‌باشد. در شكل‌هاي۷- (ب)، ۷-(ج) و۷- (د) به ترتيب المان‌هاي‌ساختاري ۲ * ۲ , ۵ * ۵ و ۹ * ۹ بر روي تصوير اصلي اعمال شده است. در شكل ۷ -(ب) نويزهايي كه اندازة آنها از المان‌ساختاري بزرگتر بوده، باقي‌مانده است. در شكل۷ - (د) علاوه بر نويزها، Spotهايي كه اندازه آنها از المان‌ساختاري كوچكتر بـوده است نيز حذف شده‌اند. در شكل ۷- (ج) تمامي نويـزها حـذف شده و فقط Spotهاي سالم باقي مانده است. اندازه المان‌ساختاري بر اساس نوع ريزآرايه و ابعاد Spot ها و كيفيت تصوير انتخاب مي‌شود و نقش مهمي در نتيجه آزمايش دارد.

۵- فشرده‌سازي و ارسال تصاوير ريزآرايه توسط معماري خطلوله

هر مطالعة تحقيقاتي توسط ريزآرايه، مشتمل بر صدها تصوير مي‌باشد كه هر يک از آنها حجم زيادي براي ذخيره‌سازي اشغال مي‌كند. از آنجا كه ابزارهاي پردازش آناليز اين تصاوير هنوز در حال توسعه هستند و همچنين نتايج بدست آمده از يک آزمايش معمولاً جهت استفاده‌هاي بعدي نگهداري مي‌شود، لذا فشرده‌سازي و انتقال اين تصاوير از اهميت ويژه‌اي برخوردار است[۲۴]. به طوركلي روش‌هاي فشرده‌سازي تصاوير را مي‌توان به دو گروه عمده بدون اتلاف[۲۹] و با اتلاف[۳۰] تقسيم بندي نمود. در روش‌هاي بدون اتلاف تصوير بازيابي شده با تصوير اوليه كاملاً يكسان بوده و هيچ گونه خطايي (از نظر فشرده‌سازي) در آن ايجاد نمي‌شود. نرخ فشرده‌سازي در اين روش‌ها متغير بوده و وابسته به تابع چگالي احتمال سطح روشنايي نقاط تصوير مي‌باشد. از مهمترين روش‌هاي اين گروه مي‌توان به انواع كد هافمن[۳۱] و كد شمارش تكرار نقاط[۳۲] اشاره كرد. در روش‌هاي با اتلاف، امكان بازيابي دقيق و بدون خطاي اطلاعات فشرده شده وجود ندارد و بخشي از جزئيات تصوير در عمل فشرده‌سازي از بين مي‌رود. از روش‌هاي مطرح اين گروه مي‌توان چندي كردن برداري[۳۳] و روش فشرده‌سازي تبديلي[۳۴] را نام برد [۲۵]. با توجه به اهميت سطح روشنايي هر Spot، معمولاً براي فشرده‌سازي تصاوير ريزآرايه از روش‌هاي بدون اتلاف استفاده مي‌شود.

در تصاوير ريزآرايه متوسط قطر Spot ها و همچنين فاصله آنها از يكديگر كاملاً مشخص بوده و در نتيجه داراي ساختمان ماتريسي تقريباً ثابتي هستند. علاوه بر اين، انجام آناليزهاي آماري بر روي تصاوير پردازش شده (توليد هيستوگرام) نشان مي‌دهد كه برخي از سطوح روشنايي داراي احتمال وقوع بسيار بالا و برخي داراي احتمال وقوع بسيار پاييني هستند. مخصوصاً كه در هر تصوير بطور متوسط در حدود ۸۰ درصد از نقاط داراي سطح روشنايي صفر مي‌باشند. در نتيجه روش‌هاي فشرده‌سازي بدون اتلاف كه بر اساس تابع توزيع احتمال سطوح روشنايي عمل می كنند, قابل اجرا است[۲۶] . شكل۸ هيستوگرام يک تصوير پردازش شده را نشان مي‌دهد. لازم به ذكر است براي تصاوير واقعي ريزآرايه، استفاده از سطح آستانة كمتر از ۱۰ موجب باقي ماندن نويز در تصوير مي‌شود. همچنين اگر از سطح آستانه بزرگتر از ۲۰ استفاده شود، علاوه بر نويزها بخشي از Spot ها نيز از بين مي‌روند. به همين دليل مقدار ۱۰ به عنوان سطح آستانه در نظر گرفته شده است. در مراجع [۲۷,۲۶,۲۴] روش‌هاي متعددي جهت فشرده‌سازي تصاوير ريزآرايه ارائه شده و در تمامي آنها فشرده‌سازي با استفاده از نرم‌افزار صورت گرفته است.

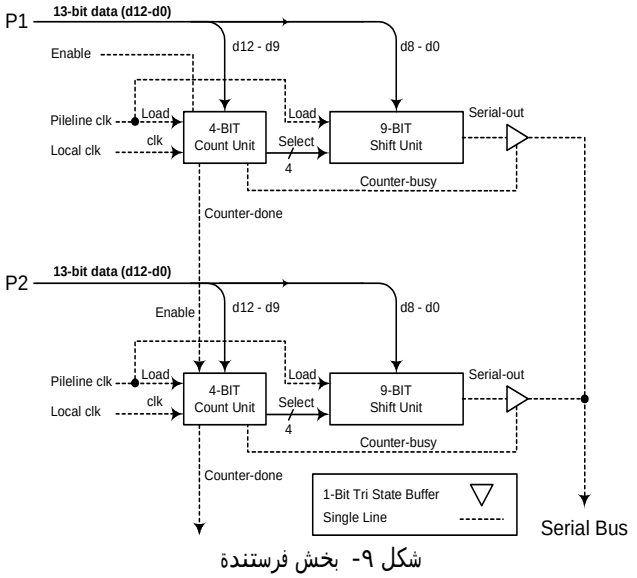
در نتيجه محدوديت بسيار كمتري از نظر نحوه انجام فشرده‌سازي، نسبت به روش‌هاي سخت‌افزاري در آنها وجود دارد. نرخ فشـرده‌سازي بدست آمده در مراجع



شكل ۸- هيستوگرام تصاوير پردازش شده

[۲۷,۲۶] به ترتیب در حدود ۵ و ۸ می‌باشد. جهت سازگاري با ساختار خطلولة بخش پردازش تصوير، بايد در هرگام اطلاعات يك سطر از تصوير را فشرده كرده و براي ارسال آماده نمود. در ساختار خطلوله پهناي پالس اصلي مشخص است و عملياتي كه در هرگام انجام مي‌شود نيز بايد داراي تاخير ثابتي باشد. از طرف ديگر طول اطلاعات فشرده شده براي هر سطر از تصوير، تابعي از توزيع سطوح روشنايي نقاط آن سطر مي‌باشد. در نتيجه فضاي لازم جهت نگهداري آنها و هچنين تعداد پالس ساعت محلي لازم جهت ارسال آنها متغير است. بخش فشرده‌سازي طرح پيشنهادي بگونه‌اي است كه مي‌تواند بدون در نظرگرفتن توزيع سطوح روشنايي هر سطر، اطلاعات آن را فشرده كرده و به صورت سريال ارسال نمايد. در ادامه به جزئيات مربوط به معماري پيشنهادي جهت فشرده‌سازي تصاوير ريزآرايه پرداخته مي‌شود.

از آنجا كه درصد بالايي از نقاط داراي سطح روشنايي صفر مي‌باشند در طرح پيشنهادي، فشرده‌سازي فقط براي سطوح روشنايي صفر صورت گرفته است. اين عمل به اين ترتيب انجام شده است كه به جاي هر سطح روشنايي صفر، فقط از يك بيت "۰" و به جاي ساير سطوح روشنايي، از يك بيت "۱" در سمت چپ سطح روشنايي مربوطه، استفاده شده است. استفاده از بيت"۱" جهت توانايي تفكيك بيت‌هاي صفر موجود در ساير سطوح روشنايي بوده و براي عمل بازيابي تصوير نقش حياتي دارد. ويژگي مهم كدهاي توليد شده با اين روش آن است كه هيچ كلمه كدي بعنوان پيشوند و يا قسمت اوليه كلمه كد ديگري بكار نمي‌رود. اين خاصيت را قاعده پيشوند[۳۵] مي‌نامند و ازآن جهت بازيابي اطلاعات كد شده در روش كدگزاري هافمن استفاده مي‌كنند.در ادامه به توضيح مدار طراحي شده جهت فشرده‌سازي تصاوير پردازش شده مي‌پردازيم. گيت‌هاي OR موجود در قسمت پايين شكل ۶ بيت اضافي ذكر شده (d۸) را توليد مي‌نمايد. علاوه بر آن بر اساس خروجي گيت OR رشته ۱۰۰۱ (عدد ۹) و يا ۰۰۰۱ (عدد يک) به سمت چپ رشته ۹ بيتي توليد شده براي هر نقطه (d۰ - d۸) اضافه مي‌شود. رشته‌هاي اضافه شده (d۹ -d۱۲) جهت نشان دادن تعداد بيت‌هاي معتبر(۱ يا ۹) در رشته ۹ بيتي است و در بخش فرستنده سريال استفاده مي‌شود. همانطوركه مشاهده شد اطلاعات



شكل ۹- بخش فرستندة

فشرده شده به‌ازاي هر نقطه، داراي طول متفاوتي نسبت به ساير نقاط مي‌باشد. ارسال يک کد با طول متغير در يک ساختار خطلوله که در آن پهناي پالس اصلي ثابت است کار بسيار مشکلي است. زيرا تعداد پالس‌هاي لازم جهت ارسـال کد فشـرده شده هر نقطـه قبل از توليـد آن مشخص نيست. در روش فشرده‌سازي ارائه شده حداکثر اين طول ۹ مي‌باشد و طراحي بخش فرستنده بر اساس آن انجام شده است[۲۸].

براي ارسال اطلاعات مربوط به هر نقطه از يک سطر تصوير , از يک واحد فرستنده مستقل استفاده می شود. هر فرستنده دارای يک واحد شيفت و يک واحد شمارش می باشد. طول واحد شيفت برابر با حداکثر طول کد فشرده شده يعنی ۹ بيت و طول واحد شمارش برابر با تعداد بيت های لازم جهت نمايش اين مقدار حداکثر (۴ بيت) در نظر گرفته شده است. شکل۹ بخش فرستندة سريال را نشان مي‌دهد. در اين شکل براي سادگي فقط دو واحد فرستنده نشان داده شده است.

با رسيدن لبه بالا رونده پالس اصلي خطلوله، رشته۱۳ بيتي توليد شده به ازاي هر نقطه (d۰- d۱۲) در واحدهاي شيفت و شمارش مربوط به آن نقطه ذخيره مي‌گردد. مقداري كه در واحد شمارش ذخيره مي‌شود (d۹ -d ۱۲) نشان دهنده تعداد بيت‌هاي معتبر ذخيره شده در واحد شيفت است. بلافاصله پس از بار شدن واحدهاي فرستنده، سيگنال Enable مربوط به اولين واحد فعال شده و باعث مي‌گردد بيت‌هاي معتبر موجود در واحد شيفت كه توسط محتواي واحد شمارش مشخص مي‌شوند، توسط ساعت محلي به ترتيب به خروجي واحد شيفت ارسال شوند. سيگنال‌هاي Select مكان بيت‌هايي كه بايد ارسال شوند را مشخص مي‌كنند. در طول اين مدت سيگنال Counter_Busy واحد شمارش نيز فعال بوده و خروجي واحد شيفت را به گذرگاه سريال هدايت مي‌كند. پس از صفر شدن محتواي واحد شمارش، سيگنال Counter_Busy غير فعال شده و ارتباط بين خروجي واحد شيفت و گذرگاه سريال قطع مي‌شود. در همين زمان سيگنال Counter_Done نيز فعال شده و واحد بعد شروع به كار مي‌كند.

همانطوركه مشاهده مي‌شود، فشرده‌سازي داده‌ها و ارسال سريال آنها كاملاً مستقل از يكديگر هستند. به اين ترتيب كه ارسال داده‌هاي مربوط به يک سطر، و فشرده‌سازي داده‌هاي مربوط به سطر بعدي به طور همزمان انجام مي‌شود. نسبت بين پالس ساعت محلي در اين گام و پالس ساعت اصلي خطلوله بر اساس طول اطلاعات فشرده شده براي سطري كه پس از فشرده‌سازي بيشترين طول را دارد، انتخاب مي‌شود. متوسط اين حداكثر طول توسط شبيه‌سازي قابل محاسبه است.

۶- بررسي نتايج

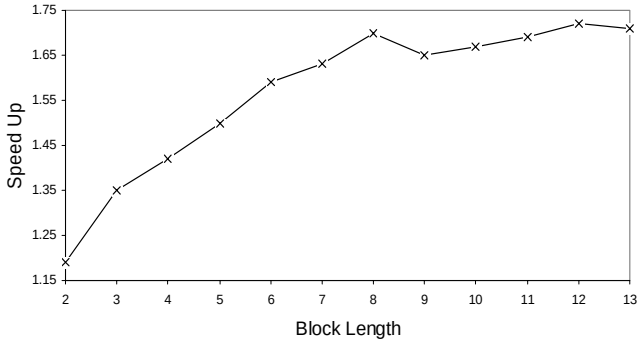
در اين بخش نتايج شبيه‌سازي و پياده‌سازي‌هاي صورت گرفته، ارائه شده است. براي ارزيابي روش فشرده‌سازي پيشنهاد شده به دليل خطلوله بودن آن نمي‌توان از روش‌هاي معمول نظير نرخ فشرده‌سازي و يا متوسط تعداد بيت بر سطح روشنايي استفاده كرد. زيرا براي ارسال اطلاعات هر سطر تعداد پالس‌هاي ثابتي نياز است كه برابر است با تعداد بيت‌هاي سطري كه بيشترين طول را پس از فشرده‌سازي دارد. در نتيجه جهت ارزيابي از نسبت تعداد پالس هاي لازم جهت ارسال اطلاعات يک سطر قبل از فشرده‌سازي (۲۰۴۸ پالس ساعت در اين معماري) به تعداد پالس‌هاي لازم جهت ارسال اطلاعات فشرده شده در بدترين سطر استفاده مي‌شود. اين معيار در حقيقت ميزان افزايش سرعت[۳۶] خطلوله را نشان مي‌دهد. اگر L حداكثر قطر Spotها، N حداكثر تعداد Spot ها در هر رديف و W پهناي خط لوله‌باشد، حداقل نرخ افزايش سرعت خطلوله از رابطه زير محاسبه مي‌شود.

$$Speed\ up = \frac{8W}{W + 8NL} \qquad (۱)$$

در اين رابطه با توجه به ۸ بيتي بودن سطوح روشنايي، صورت كسر تعداد پالس‌هاي لازم جهت ارسال سطري شامل W پيكسل و بدون فشرده‌سازي را نشان مي‌دهد. مخرج كسر در رابطه (۱)، نشان دهنده حداكثر تعداد پالس‌هاي لازم جهت ارسال بدترين سطر بعد از فشرده‌سازي مي‌باشد. بدترين سطر زماني است كه عمل فشرده‌سازي بر روي سطري كه بر قطر Spot ها منطبق است، انجام شود. در اين حالت تعداد پالس‌هاي لازم جهت ارسال اطلاعات فشرده شدة مربوط

سطوح روشنايي غيرصفر و صفر به ترتيب 9NL و W – NL خواهد بود. همانطور كه مشاهده مي‌شود، برخلاف روش‌هاي فشرده‌سازي نرم‌افزاري كه در آنها نرخ فشرده‌سازي تابعي از تعداد صفرهاي تصوير است، در معماري‌هاي ارائه شده، تعداد نقاط غير صفر هر سطر پارامتر اصلي مي‌باشد.

پس از پردازش سطوح روشنايي هر سطر، نتيجه به صورت رشته‌اي از صفرها و يک‌ها خواهد بود. اين رشته را مي‌توان به بلوک‌هاي ۲ بيتي مجاور يا ۳ بيتي مجاور يا الي ۱۳ بيتي مجاور هم تقسيم نمود. و سپس عمل فشرده‌سازي را روي اين بلوک‌هاي مجاور هم اعمال كرد. نتيجة اين فشرده‌سازي، افزايش سرعتي را براي خطلوله در بر دارد. شكل ۱۰ اين افزايش سرعت را بر حسب اندازة بلاک‌هاي مذكور نشان مي‌دهد.



شكل۱۰- افزايش سرعت خط لوله به ازاي طول

تمامي بخش‌هاي معماري پيشنهادي بر روي FPGA هاي مدل Virtex II از شركت Xilinx به صورت نرم‌افزاري، سنتز شده است. جدول ۱ نتايج حاصل از اين عمل را نشان مي‌دهد. در اين جدول تعداد CLB[۳۷] هاي استفاده شده و درصدآن نسبت به كل منابع موجود در FPGA هاي مختلف و همچنين تعداد

جدول ۱- نتايج پياده‌سازي معماري پيشنهادي

FPGA type	Employed CLB Slices	PU (%)	Employed IOBs	PU (%)
2V6000bf975	6627	19.61%	36	5.26%
2V8000bf975	6627	14.22%	36	5.26%
2V10000bf975	6627	10.78%	36	5.26%
PU : Percent of assets being utilized				

پايه‌هاي ورودي- خروجي استفاده شده و درصد آن، نشان داده شده است.

همانطور كه مشاهده مي‌شود با توجه به منابع استفاده شده، پياده‌سازي يک معماري با تعداد ستون‌هاي ۵۱۲ و يا بزرگتر بسادگي قابل انجام است. پيچيدگي سخت‌افزاري معماري‌هاي ارائه شده براي تصويري با ابعاد $N * N$ برابر با $O(N)$ مي‌باشد و با افزايش ابعاد تصوير به صورت خطي افزايش پيدا مي‌كند. در معماري خطلوله ارائه شده، مدت زمان لازم جهت ارسال يک بيت در بخش فرستنده برابربا۴/۱۰۹ نانوثانيه مي‌باشد. اگر معماري بدون فشرده‌سازي در نظر گرفته شود در گام آخر خطلوله، ۲۰۴۸ بيت اطلاعات به‌ازاي هر سطر از تصوير بايد ارسال شود. نتايج شبيه‌سازي نشان دهنده اين مطلب است كه بخش ارسال سريال بيشترين تاخير را بين گام‌هاي خطلوله ايجاد مي‌كند. بنابراين تاخير هر گام خطلوله در حالت بدون فشرده‌سازي برابر با ۸/۴۱۵ ميكروثانيه است. از آنجا كه در معماري ارائه شده، با ۴ پالس ساعت خطلوله، اطلاعات سطر اول تصوير پردازش شده ارسال مي‌گردد، بنابراين مدت زمان لازم جهت پردازش و ارسال يک تصوير با ابعاد ۲۵۶ * ۲۵۶ به صورت سريال برابر ۸/۴۱۵ * (۴+۲۵۵) يعني ۲/۱۷۹ ميلي ثانيه خواهد بود. با توجه به نرخ افزايش سرعت بدست آمده در شكل۱۰ مي‌توان مدت زمان لازم جهت پردازش، فشرده‌سازي و ارسال سريال تصويري با ابعاد ۲۵۶ * ۲۵۶ را به‌ازاي طول بلوک‌هاي مختلف محاسبه كرد. براي مثال با استفاده از طول بلوک ۸ بيت مي‌توان به افزايش سرعتي در حدود ۱/۷۰ دست يافت و در نتيجه مدت زمان پردازش، فشرده‌سازي و ارسال سريال تصويري با ابعاد ذكر شده، برابر۱/۲۸۱ ميلي‌ثانيه خواهد بود.

اين در حالي است كه در روش ارائه شده در مراجع [۱۲,۷] كه بر پايه استفاده از شبكه عصبي سلولي مي‌باشد، مدت زمان لازم جهت پردازش يک تصوير با ابعاد ۶۴ * ۶۴ بدون فشرده‌سازي و ارسال سريال در حدود ۷ ميلي‌ثانيه بوده و در ساير روش‌هاي موجود نيز اين زمان از مرتبه دقيقه مي‌باشد.

۷- نتيجه‌گيري

امروزه ريزآرايه ابزاری بسيار قدرتمند جهت مطالعات و تحقيقات ژنتيكي به شمار آمده و در زمينه‌هايي چون پزشكي، زيست‌شناسي وكشاورزي كاربر فراوان دارد. از گلوگاه‌هاي موجود در اين آزمايش، مدت زمان لازم جهت آناليز تصاوير بدست آمده و همچنين حجم بالاي فضاي مورد نياز براي ذخيره‌سازي آنها مي‌باشد. در اين مقاله معماري جديدي براي پردازش، فشرده‌سازي و ارسال تصاوير ريزآرايه به صورت خطلوله ارائه شد. ساختارهاي پيشنهادي پيمانه‌اي و قابل گسترش مي‌باشند. پيچيدگي سخت‌افزاري آنها نيز تابعي از پهناي تصوير بوده و كاملاً مستقل از طول آن است. شبيه‌سازي‌ها و سنتز نرم‌افزاري انجام شده، نشان دهندة صحت مطالب عنوان شده و برتري نتايج نسبت به روش شبكه عصبي سلولي مي‌باشد.

مراجع

[1] J. L. DeRisi, V. R. Iyer, and P. O. Brown, "Exploring The Metabolic and Genetic Control of Gene Expression on a Genomic Scale," *Science*, vol. 278, pp. 680-686, 1997.

[2] S. K. Moore, "Making Chips to Probe Genes," *IEEE Spectrum*, vol. 38, pp. 54-60, March 2001.

[3] F. W. Robert, *Molecular Biology*, *McGraw-Hill*, 2003.

[4] S. J. Mohan, D. S. Brar, and B. S. Ahloowalia, *Molecular Techniques in Crop Improvement*, Kluwer Academic Publishers, 2002.

[5] O. Alter, P. O . Brown, and D. Botstein, "Generalized Singular Value Decomposition For Comparative Analysis of Genome-Scale Expression Data Sets of Two Different Organisms," *Proc. of National Academy of Science*, vol. 100, no. 6, pp. 3351-3356, 2003.

[6] P. O. Brown and D. Botstein, "Exploring The New World of The Genome With DNA Microarrays," *Nature Genetics*, vol. 21, pp. 33-37, 1999.

[7] P. Arena, L. Fortuna, and L. Occhipinti, "DNA Chip Image Processing Via Cellular Neural Networks, *Proc. of IEEE Intl Symp. on Circuits and Systems*, vol. 3, pp. 345-348, 2001.

[8] R. C. Y. Cheung, and C.J.S. deSilva, "Analysis of Gene Microarray Images," *Proc. of IEEE 6th Intl Conf. on Neural Information*, vol. 2, pp. 627–632, 1999.

Computers and signal Processing, Victoria, B.C., Canada, vol.2, pp. 1012 -1015, 2003.

[24] R. Jornsten, B. Yuy, and W. Wang, "Compression Of Microarray Images," *Proc. of the IEEE Intl Symp. on Biomedical Imaging*, pp. 38-41, 2002.

[25] K. Sayood, *Introduction to Data Compression*, Morgan Kaufmann Publishing Co., 2nd Edition, 2000.

[26] N. Faramarzpour, and S. Shirani, " Lossless DNA Microarray Image Compression," *Thirty-Seventh IEEE Asilomar conference on Signal, Systems, and Computers*, 2003.

[27] R. Jornsten, B. Yuy, W. Wang, and K. Ramchandram, "Compression of CDNA and Inkjet Microarray Images," *Proc. of Intl Conf. on Image Processing*, vol. 3, pp. 961-964, 2002.

[28] S. Samavi, S. Shirani, , N. Karimi, and N. Faramarzpour, " DNA Microarray Image Compression by Pipeline Architecture," *The Thirty-Seventh IEEE Asilomar conf. on Signal, Systems, and Computers*, pp. 2176-2179, 2003.

[1] Microarray
[2] Deoxyribonucleic Acid
[3] Nucleotide
[4] Double Helix
[5] Complementary
[6] Single Strand
[7] Hybridization
[8] Biological Information
[9] Gene Expression
[10] Transcription
[11] Translation
[12] Messenger Ribonucleic acid
[13] Yeast
[14] Cellular Neural Network Universal Machine
[15] Severe Acute Respiratory Syndrome
[16] Acquired Immune Deficiency Syndrome
[17] Human Genome
[18] Pipeline
[19] Probe
[20] Photolithography
[21] Labeling
[22] Reverse-Transcription
[23] Complementary DNA
[24] Charged Coupled Device
[25] Gray Scale
[26] Binary Map
[27] Grid Placement
[28] Morphology
[29] Loss Less Compression methods
[30] Lossy Compression Methods
[31] Huffman Coding
[32] Run Length Encoding
[33] Vector Quantization
[34] Transform Coding
[35] Prefix rule
[36] Speed up
[37] Control Logic Block

[9] J. Hirata, J. Barrera, , R. F. Hashimoto, and D. O. Dantas, "Microarray Gridding by Mathematical Morphology," *Proc. of IEEE XIV Brazilian Symp. on Computer Graphics and Image Processing*, pp. 112-119, 2001.

[10] X.Y. Zhang, et al, "Signal processing techniques in genomic engineering," *Proc. of IEEE*, vol. 90, no. 12, pp. 1822-1833, 2002.

[11] M.Eisen , "Scanalyse," http://rana.lbl.gov/EisenSoftware.htm, 1998.

[12] P. Arena, M. Bucolo, L. Fortuna, and L. Occhipinti, "Cellular Neural Networks For Real-Time DNA Microarray Analysis," *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, vol. 21, pp. 17-25, Mar/Apr 2002.

[13] The Human Genome Program, http://www.doegenomes.org.

[14] F. Azuaje, "Making Genome Expression Data Meaningful: Prediction and Discovery of Classes of Cancer Through a Connectionist Learning Approach, " *Proc. of the IEEE Intl Symp. on Bio-Informatics and Biomedical Engineering*, pp. 208-213, 2000.

[15] C. Uehara and I. Kakadiaris, "Towards Automatic Analysis of DNA Microarrays," *Proc. of the Sixth IEEE Workshop on Applications of Computer Vision*, pp. 57-62, 2002.

[16] Gene Chip Probe Array Technology, http://www.affymetrix.com/technology/index.affx.

[17] S. J. Brignac and et al. "A Proximal CCD Imaging System For High-Throughput Detection of Microarray – Based Assays," *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, vol. 18, no. 2, pp. 120-122, Mar/Apr 1999.

[18] M. K. Szczepanski and et al. "Enhancement of The DNA Microarray Chip Images," *Proc. of The 14th Intl Conf. on Digital Signal Processing*, vol. 1, pp. 395-398, 2002.

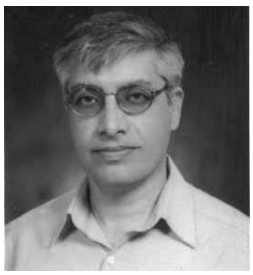
[19] A. K. Whitchurch, "Gene Expression Microarrays," *IEEE Potentials Magazine*, vol. 21, pp. 30-34, 2002.

[20] Bioinformatics Group of The ISREC (Swiss Institute for Experimental Cancer Research) http://www.isrec.isb-sib.ch/DEA/module8/P5_chip_image/images.

[21] L. Milanesi, and R. Rizzi, "Microarray Imaging Data Pre Processing," *Proc. of the IEE-EMBS Special Topic on Molecular , Callular and Tissue Engineering , pp*. 182-183, 2002.

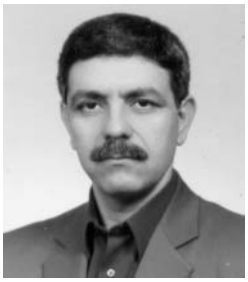
[22] R. Gonzalez, and R. Woods, *Digital Image Processing*, Second Edition, Prentice Hall, 2002.

[23] S. Samavi, S. Shirani, and N. Karimi, "A Pipeline Structure for Analysis of DNA Microarrays, *Proc. of the IEEE Pacific Rim Conf. on Communications*,



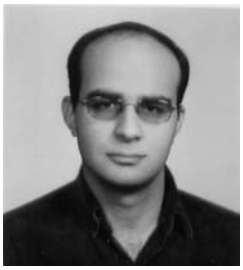
دكتر شادرخ سماوی دارای مدرک کارشناسی از دانشگاه ایالتی کالیفرنیا (۱۳٦۱)، کارشناسي ارشد مهندسي برق از دانشگاه Memphis (۱۳٦٤) و دكتري برق از دانشگاه ایالتی میسی سیپی (۱۳٦۸) می‌باشند. ایشان هم اکنون دانشیار دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر دانشگاه صنعتی اصفهان هستند و زمینه‌هاي تحقيقاتي نامبرده عبارتند از طراحی برای بهینه‌سازی مدارات محاسباتی و پیاده‌سازی سخت‌افزاری الگوریتم‌های پردازش تصویر. آدرس پست الکترونیکی نامبرده عبارتست از :

Samavi96@cc.iut.ac.ir



دكتر محمد داور پناه جزی دارای مدرک کارشناسی از مدرسة عالي برنامه‌ريزي و كاربرد كامپيوتر (۱۳٥٦)، كارشناسي ارشد مهندسي كامپيوتر از دانشگاه CALTECH (۱۳٥۷) و دكتري سيستم‌هاي اطلاعاتي از دانشگاه منچستر (۱۳۷٥) می‌باشند. ایشان از سال ۱۳٥۷ تا کنون عضو هيات علمي گروه كامپيوتر در دانشگاه صنعتي اصفهان هستند و زمينه‌هاي تحقيقاتي نامبرده عبارتند از سيستم‌هاي اطلاعاتي، مهندسي نرم‌افزار، پايگاه داده‌ها و آموزش الكترونيكي. آدرس پست الکترونیکی نامبرده عبارتست از :

mdjazi@cc.iut.ac.ir



مهندس نادر كريمي تحصیلات کارشناسی خود را در رشتة سخت‌افزار با رتبة اول از دانشگاه آزاد اسلامی اراک در سال ۱۳۸۰ به پایان رسانید و متعاقب آن در سال ۱۳۸۳ در رشته معماری سیستم‌های کامپیوتری از دانشگاه صنعتی اصفهان با رتبه اول فارغ التحصیل شد. زمینه‌هاي تحقيقاتي نامبرده عبارتند از VHDL Programming، پیاده‌سازی سخت‌افزاری الگوریتم‌های پردازش تصویر، الگوریتم‌های CORDIC و طراحی سخت افزار برای بهینه‌سازی شبکه‌های عصبی و کاربرد آنها در پردازش تصاویر. آدرس پست الکترونیکی نامبرده عبارتست از :

nader_ karimi@yahoo.com

دكتر شهرام شيرانی دارای مدرک کارشناسی از دانشگاه صنعتی اصفهان (۱۳٦۸)، کارشناسي ارشد مهندسي پزشکی از دانشگاه صنعتی امیرکبیر (۱۳۷۳) و دكتري برق از دانشگاه British Columbia (۱۳۷۹) می‌باشند. ایشان هم اکنون عضو هیات علمی دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر دانشگاه مک مستر کانادا هستند و زمینه‌هاي تحقيقاتي نامبرده عبارتند از سیستم‌های کامپیوتری چند رسانه‌ای، شبکه‌های ارتباطی چندرسانه‌ای، فشرده‌سازی اطلاعات در ارتباطات چند رسانه‌ای، ارتباطات بصری، پردازش تصاویر ثابت و متحرک و طراحی معماری‌هایVLSI جهت پردازش بلادرنگ سیگنال‌ها و تصاویر. آدرس پست الکترونیکی نامبرده عبارتست از :

shirani@mcmaster.ca