

# 人机交互信息引导的细胞图像分割<sup>①</sup>

吕 敏, 毛凤翔

(信阳师范学院 华锐学院数计系, 信阳 464000)

**摘 要:** 针对细胞图像对比度低, 胞间粘连等特点, 提出利用计算机和人的模式识别能力相结合完成细胞图像分割的方法. 采用人机交互获取动态阈值并以不同颜色形象标示分割结果. 与 Otsu 法、Kapur 法、Niblack 法等方法相比, 新方法操作简便、分割效果好, 具有较好的使用价值.

**关键词:** 细胞分割; 动态阈值; 人机交互

## Cell Image Segmentation Directed by Human-Computer Interaction Information

LV Min, MAO Feng-Xiang

(Department of Mathematics and Computer Science, Huarui College, Xinyang Normal University, Xinyang 464000, China)

**Abstract:** Considering the low contrast and cell adhesion of cell image, this paper proposes a method to combine the pattern recognition ability of both computer and the human to complete cell image segmentation. It takes human-computer interaction to obtain dynamic threshold and shows the result with different colors. Experimental results show that it has the advantages of easy operation, good segmentation, with better usage value compared with the Otsu method, Kapur method and Niblack method.

**Key words:** cell segmentation; dynamic threshold; human-computer interaction

随着计算机技术的发展, 数字化的医学图像分析已成为临床诊断、病理分析的重要参考依据. 细胞图像的分割是细胞分析的基础. 医学细胞图像由于成像方式和特定环境的原因, 具有细胞粘连的特点, 主要体现在同一组织中密度值和均匀度出现大幅度的变化, 影响了图像的分割<sup>[1]</sup>. 在计算机视觉系统中提出了多种细胞图像分割方法, 可粗略的分为阈值分割法、区域生长法和基于边界的阈值分割法等.

阈值法<sup>[2]</sup>是最为常用的一种图像分割方法, 它通常是利用图像的灰度特征来选择若干个灰度阈值, 以将图像中的每个像素划分到合适的类别中去. 对于杂质较多、粘连严重的图像, 采用阈值法会出现过分割和欠分割现象, 文献[3]使用 K-means 来对细胞质、细胞核及背景进行粗分割, 然后使用改进的梯度矢量流模型(R-GVF) 进行精分割; 文献[4]首先利用大津法(Otsu)提取细胞质, 再使用均值移位(Mean-shift)和 Canny 算子分割细胞核; 人的图像分割<sup>[5]</sup>和模式识别能

力是极其平常的, 但对计算机来说却非常困难, 本文采用人机交互利用计算机和人的模式识别能力<sup>[6]</sup>首先提取出细胞核或者细胞质, 然后再利用改进的拉普拉斯算子分割细胞质或者细胞核, 并以不同颜色形象标示分割结果.

### 1 细胞图像的分割算法

本文采用的细胞图像的分割方法流程如图 1 所示. 图像获取通过 Fileopen 函数实现, 预处理采用 FastBlur 函数实现, 人机交互信息获取和目标标记采用 OnAnalysis 函数实现, 图像分割和胞浆值计算采用 OnCellCore 函数实现.

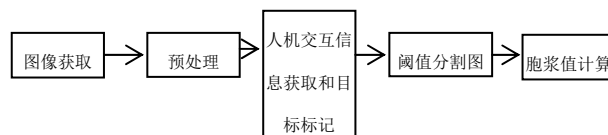


图 1 血细胞图像分割流程图

① 收稿时间:2015-04-20;收到修改稿时间:2015-06-08

### 1.1 图像预处理

细胞图像大致由细胞核、细胞液和胞浆组成. 细胞核周围的细胞液的灰度信息与细胞核灰度接近, 是干扰识别细胞核和细胞液的主要因素. 在识别细胞核和细胞液之前, 先做一些预处理把这些干扰因素去除. 本文采用对图像的横、纵两个方向利用模糊系数进行图像增强的方法

### 1.2 人机交互信息获取和目标标记

对如图 2(a)所示的细胞图像进行灰度统计如图 2(b)所示, 图中灰度值主要集中较亮区域, 没有明显的波峰和波谷, 常用的阈值分割法是不可取的. 基于这种特性, 本文采用人机交互选取要分割的目标区域内的若干像素点, 以人机交互选取的像素点为中心选取窗宽, 在该窗口内采用迭代算法求取初始收敛阈值. 局部阈值的求取与窗宽和选取函数都有关. 窗口大小以不超过最小有效物体的尺寸为宜.  $SXY$  表示中心在  $(seed[q].x, seed[q].y)$ , 尺寸为  $m \times n$  的矩形子图像窗口的坐标组. 以队列表示选取的像素点, 记为  $seed[k]$ ,  $k$  为目标区域内单击鼠标左键的次数,  $seed$  为  $CPoint$  类型.  $m\_aveq$  为某次单击鼠标左键时窗宽内平均像素值, 窗宽内单通道像素点最大值为  $W\_maxq$ , 最小值为  $W\_minq$ , 求出的初始阈值记为  $m\_threadRq$ . 标记图像时采用的阈值条件之一为  $T$ , 开始设置  $W\_maxq$  为 0,  $W\_minq$  为足够大.

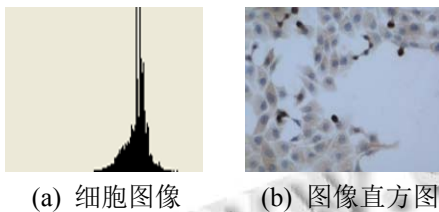


图 2 细胞图像及其灰度统计

$$m\_aveq = \frac{\sum_{(i,j) \in S_{xy}} f(i+seed[q].x, j+seed[q].y)}{m * n} \quad q \in [0, k] \quad (1)$$

$$m\_threadRq = \min(W\_maxq - m\_aveq, m\_aveq - W\_minq) \quad q \in [0, k] \quad (2)$$

$$T \in [m\_ave - m\_threadRq, m\_ave + m\_threadRq] \quad (3)$$

```
Class CPoint{
```

```
Int x;
```

```
Int y;
```

```
}seed[k];
```

在图像内标记满足阈值条件的像素点, 第一次选

取样本像素点和标记目标的流程如图 3 所示. 经过若干次选取, 最终得到某一类目标结果.

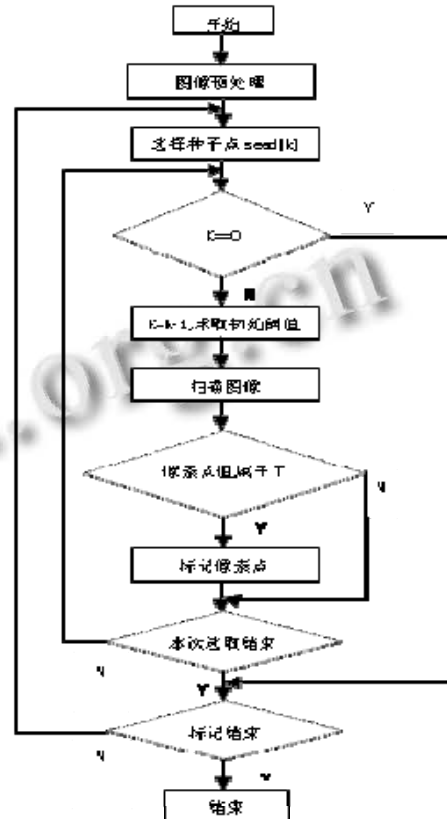


图 3 分割流程

### 1.3 阈值分割图像

首先采用高斯拉普拉斯算子(公式(4))和模糊进行粗分割,  $g1(x,y)$ 为轻度模糊结果,  $g2(x,y)$ 为重度模糊结果,  $Resulu(x,y)$ 为差值结果. 结果图像( $Resulu(x,y)$ )利用滑动条再进行阈值分割. 图 4 是在标记完细胞核之后, 不同的阈值色阶(滑动条控制)所得的结果图. 从图 4 可以看出, 使用者可以根据结果灵活改变滑动条, 得到满意结果.

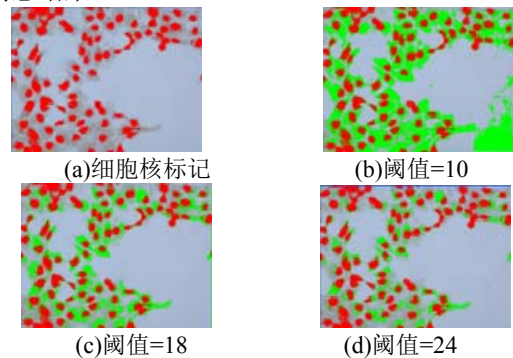


图 4 不同阈值分割结果图

$$\begin{bmatrix} 0 & 2 & 0 \\ 2 & -16 & 2 \\ 0 & 2 & 0 \end{bmatrix} \quad (4)$$

$$T = g1(x, y) - g2(x, y) \quad (5)$$

$$Result(x, y) = \begin{cases} 0 & t < 0 \\ t & 0 < t < 255 \\ 255 & t > 255 \end{cases} \quad (6)$$

### 1.4 胞浆值计算

根据阈值分割的结果, 扫描图像中非标记的区域, 也就是细胞浆的区域, 从而统计出细胞浆的灰度平均值, 用于病理的分析. 严格意义上说这个值是个粗略的数据, 只能为病理分析提供参考. 分析图像得到的胞浆值会以文字的形式显示在窗口的右上方.

## 2 界面实现

人机交互界面的图像分割包含以下两个步骤, 首先, 用户通过视觉定位打开的图像中要提取的目标, 然后在定位点单击鼠标左键, 计算机根据选取的种子点扫描图像, 并标记满足某一阈值的目标区域. 对于欠分割现象, 用户可以继续单击鼠标左键选取目标区域. 对于过分割现象, 用户可以在合适的目标位置单击鼠标右键, 返回到上一步, 直到满意为止. 其次, 用户在界面中拖动滑动条, 计算机根据滑动条数值进行余下目标的分割.

图 5 给出了 vc 环境下的用户界面和命令按钮的放大显示. 界面左上方显示图像和分割结果, 按钮“原图”的作用是在操作的过程中, 查看图像打开时的初始状态. 在界面上单击鼠标右键可返回到上一步操作结果, “当前图像”按钮显示第一步处理后的图像结果, 滑动条为标记好目标之后进行图像分割的第二次动态分割阈值. “保存”按钮可以把分割结果以另存为的形式保存起来, “完成”按钮可以最终标示分割结果并计算出胞浆值. “退出”按钮用来退出程序.



图 5 界面实现

## 3 算法验证与分析

本文主要以细胞之间粘连很紧, 粘连处的凹陷很小的医学图像作为实验对象, 算法在 vc 环境下实现, 图 6 列出了实验结果.

实验结果表明, 对于细胞核和细胞质粘连的细胞图像, 本文算法能较好的分割细胞核、细胞质和胞浆, 分割出的目标区域间对比度和区域内部均匀性都较好. 图 6(a)提取的单一目标细胞核出现了过分割, 不能很好的分离细胞核、细胞质和胞浆. 图 6(b)提取的细胞核目标出现了欠分割, 大量细胞核目标漏掉. 图 6(c)、(d)模糊性较强、噪声多、目标不明显. 本文算法抗噪能力较强, 克服了医学图像处理易受噪声影响的缺陷, 人机交互实现了细胞核、细胞质和胞浆的完整提取, 并以不同的颜色标记对象, 为后续的图像分析和识别提供较好的依据.

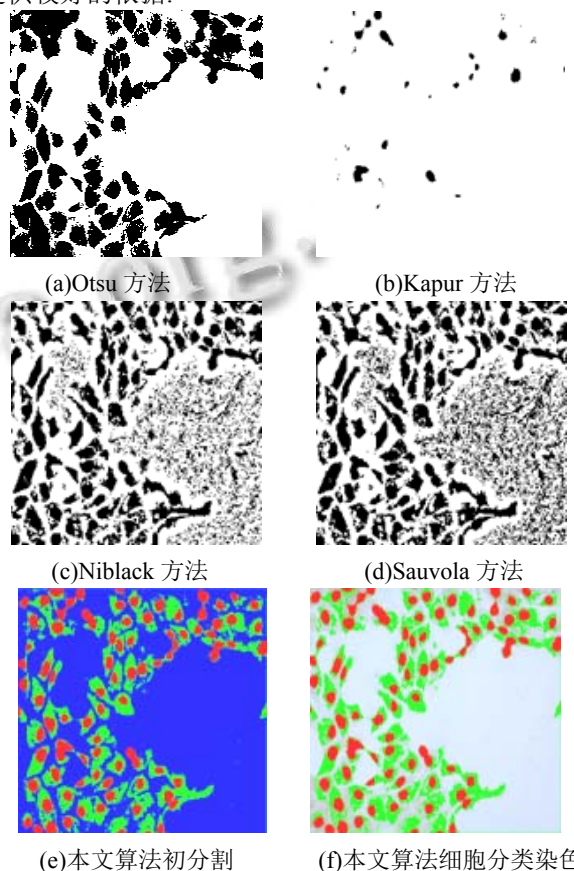


图 6 细胞图像分割结果比较

## 4 结论

为了有效的分割出粘连细胞图像内的组成部分, 本文设计了一种基于交互的种子点的选取方法, 实现了目标的正确分割. 参考点需要人工眼睛识别, 用鼠标进行交互获取, 不同的人, 交互选取的参考点会有差异, 得到的结果会有部分出入, 但能从整体上分割出粘连的目标. 经分析验证, 本算法在细胞图像的分割上是有效的.

### 参考文献

- 1 毛慧华, 王枫红, 陈焜坤, 赖泽鑫. 几种常用 CT 图像分割算法分析和探讨. 计算机与数字工程, 2012, 40(1): 101-105.
- 2 Zhang L, Chen S, Wang T, et al. A practical segmentation method for automated screening of cervical cytology. Proc. of the 2011 International Conference on Intelligent Computation and Bio-Medical Instrumentation. Wuhan, Hubei. IEEE Computer Society. 2011. 140-143.
- 3 Li K, Lu Z, Liu W, et al. Cytoplasm and nucleus segmentation in cervical smear images using radiating GVF snake. Pattern Recognition, 2012, 45(4): 1255-1264.
- 4 Bergmeir C, Silvente MG, Benítez J M. Segmentation of cervical cell nuclei in high-resolution microscopic images: a new algorithm and a web-based software framework. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2012, 107(3): 497-512.
- 5 徐佳. 现代医学细胞显微图像分割改进算法. 计算机与现代化, 2014: 91-93.
- 6 Li N, Tsang IW, Zhou ZH. Efficient optimization of performance measures by classifier adaptation. IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2010, 35(6): 1370-1382.