



## (12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 102013102 A

(43) 申请公布日 2011.04.13

(21) 申请号 201010568802.4

(22) 申请日 2010.12.01

(71) 申请人 华中科技大学

地址 430074 湖北省武汉市洪山区珞喻路  
1037 号

(72) 发明人 汪国有 林晨 郑馨 刘建国

(74) 专利代理机构 华中科技大学专利中心  
42201

代理人 朱仁玲

(51) Int. Cl.

G06T 7/00 (2006.01)

G06K 9/00 (2006.01)

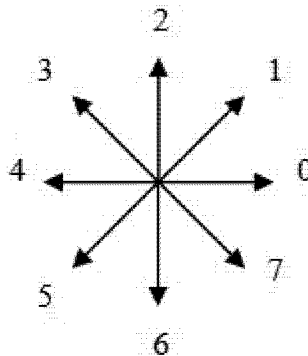
权利要求书 2 页 说明书 4 页 附图 1 页

### (54) 发明名称

一种图像中的粘连细胞分割方法

### (57) 摘要

本发明提出一种图像中的粘连细胞分割方法,首先对图像进行二值化,接着对二值图做距离变换,得到各点的距离值。再在距离图中检测局部极值点,筛选过后得到代表细胞的中心点。然后对距离图做 watershed 分割,根据各子块中心与细胞中心的距离确定子块与细胞的隶属关系。最后对毗邻多个子块的中间块进行再分割,使分割结果更为精细。本方法有效地解决了传统分水岭分割中易出现的过分割及误分割现象,对多细胞粘连有较好的适用性。



1. 一种图像中的粘连细胞分割方法，用于分离图像中粘连的多个细胞，该方法包括如下步骤：

步骤一，对含有粘连细胞的图像进行二值化，将图像中的粘连细胞作为前景色进行标记，其余的为背景色，得到二值图，再对上述二值图做距离变换，在距离变换的过程中记录下各个点到最近背景点的距离值，保存为距离图；

步骤二，确定真实细胞的中心点

首先，在所述距离图中搜索局部极大值点，即距离值大于其八邻域点的距离值的点，以这些局部极大值点为起始点对所述二值图作 watershed 分割，得到分割后的区域图；

其次，对所有的局部极大值点进行筛选，去除符合筛选条件的局部极大值点，剩余的极大值点每个均代表单个血细胞的中心点，其中，所述筛选的条件为：(1) 该局部极大值点的距离值低于预设的阈值  $D$ ；(2) 该局部极大值点的距离值小于任一阈值点的距离值，其中所述阈值点指与当前局部极大值点的距离低于门限阈值  $T$  的局部极大值点；

步骤三，计算区域图中各区域中心与各上述中心点的距离，从而获得各区域与各单个血细胞的距离值，使每个区域归属于与之距离值最小的血细胞，完成血细胞的初步分割，其中，所述的区域中心指区域中距离值最大的点；

步骤四，对初步分割的边界进一步修正

检测获取与两个或两个以上区域毗邻的区域，在上述获取的毗邻区域的边界上搜索用于分割的连接角点，利用该连接角点对当前区域重新分割，分割得到的区域分属于与各自相邻的区域。

通过上述步骤，即完成粘连细胞的分割。

2. 根据权利要求 1 所述的粘连细胞分割方法，其特征在于，上述步骤四的具体过程为：

(1) 检测获取连接点

获得所述毗邻区域的边界上的连接点，连接点是指边界上未与细胞相邻的点或与两个以上细胞相邻的点；

(2) 获取代表点

上述连接点组成一段或多段连续的连接线，每段连接线连接两个或两个以上细胞，为每段连接线记录下其连接的细胞编号，并将连接线中链码差绝对值最大的点作为该连接线的代表点，也即所述的连接角点；

(3) 获得切割线对细胞进行切割

针对区域毗邻的每个细胞，寻找与该细胞相关的连接线的代表点，如果只有一个相关代表点，则不进行切割，如果有多个代表点，则取链码差绝对值最大的两点，将连接两代表点的直线作为切割线；

(4) 区域合并

当所有毗邻细胞处理完毕后，当前区域被分割成一个区域或多个子区域，根据各子区域边界毗邻的细胞决定其应归属的细胞，将其与该细胞进行区域合并，完成最终分割。

3. 根据权利要求 2 所述的粘连细胞分割方法，其特征在于，所述的链码差具体通过如下步骤计算得到：

## (1) 用链码表示区域边界

按逆时针方向搜索区域边界像素点，起始点链码值标记为 0，其余各点  $i$  的链码值由当前点的链码  $C[i]$  与其前一点  $C[i-1]$  的相对关系决定，即当  $C[i]$  相对于  $C[i-1]$  作逆时针旋转时，按偏角的大小取值  $0 \sim 7$ ，即根据偏角大小为  $0^\circ$ 、 $45^\circ$ 、 $90^\circ$ 、 $135^\circ$ 、 $180^\circ$ 、 $225^\circ$ 、 $270^\circ$  和  $315^\circ$  分别对应取  $0 \sim 7$  的自然数，将各点链码值保存于数组  $C[Q]$  中， $Q$  为边界像素点数；

## (2) 计算相对链码

对于边界上的任意一点  $i$  都有前一点指向此点的链码  $C[i]$  和此点指向后一点的链码  $C[i+1]$ ，相对链码是指  $C[i+1]$  和  $C[i]$  的相互关系， $C[i+1]$  相对于  $C[i]$  作逆时针旋转时，相对链码按偏角的大小取值  $1 \sim 3$ ，即根据偏角为  $45^\circ$ 、 $90^\circ$  和  $135^\circ$  时分别对应取  $1 \sim 3$  的正整数；作顺时针旋转时，相对链码按偏角的大小取值  $-1 \sim -4$ ，即根据顺时针偏角为  $45^\circ$ 、 $90^\circ$ 、 $135^\circ$  和  $180^\circ$  时，分别对应取  $-1 \sim -4$  的负整数，即相对链码  $R[i]$  的计算公式为：

$$R[i] = (C[i+1]-C[i]+8) \text{MOD} 8 \quad (3)$$

$$R[i] = R[i]-8, \text{ 如果 } R[i] > 3$$

## (3) 计算绝对链码

绝对链码则是指从起始点开始相对链码的累加值，起始点的绝对链码  $A[0]$  为 0，其它任一点的绝对链码  $i$  的计算公式为：

$$A[i] = A[i-1]+R[i] \quad (4)$$

其中， $A[i-1]$  为当前点的前一点的绝对链码。

## (4) 计算链码差

当前点和前两点的绝对链码之和称为三点链码和：

$$S[i] = A[i]+A[i-1]+A[i-2] \quad (5)$$

其中  $S[i]$  表示三点链码和，三点链码和将整个圆周分成 24 份，其值相差 1 相当于角度相差  $15^\circ$ ，从而得到链码差的计算公式：

$$U[i] = S[i+3]-S[i] \quad (6)$$

其中  $U[i]$  代表链码差。

## 一种图像中的粘连细胞分割方法

### 技术领域

[0001] 本发明涉及图像中的粘连细胞的分割方法，应用于分离图像中粘连的多个细胞。

### 背景技术

[0002] 在血液的染色图片中，常常会遇到细胞粘连的情况，为准确获取每个细胞的形态信息，我们必须对这些粘连的细胞进行分离。国内外在粘连细胞的分离方面已有一些研究，目前采用的方法主要有以下几种：

[0003] 1. 基于形态学的分水岭分割方法

[0004] 分水岭分割方法，是一种基于拓扑理论的数学形态学的分割方法，其基本思想是把图像看作是测地学上的拓扑地貌，图像中每一点像素的灰度值表示该点的海拔高度，每一个局部极小值及其影响区域称为集水盆，而集水盆的边界则形成分水岭。分水岭的概念和形成可以通过模拟浸入过程来说明。在每一个局部极小值表面，刺穿一个小孔，然后把整个模型慢慢浸入水中，随着浸入的加深，每一个局部极小值的影响域慢慢向外扩展，在两个集水盆汇合处构筑大坝，即形成分水岭。

[0005] 形态学分水岭算法的优点是边界连续，在种子点选取较好的情况下，分割结果稳定。由于种子点的选取是通过连续腐蚀或者通过先做距离变换再通过某个阈值来选取的，该算法对微弱边缘响应良好，但易受噪声影响，存在过分割和误分割问题，迭代膨胀计算量较大，适用于形态无明显凹陷，噪声较小，细胞外形规则的情况。

[0006] 2. 基于边界角点配对的分割方法

[0007] 边界角点配对法，是将图像中的物体边界用封闭的连续像点表示，通过分析边界上各点与相邻点的关系得到该点所在边界区段的走向，即凹入，凸起或趋于平滑，以一阈值限定得到所有凹点。将所有凹点按照一定规则进行匹配后得到分割结果。

[0008] 该方法直观，简单，且实现快速。但凹点的选择基于轮廓，对轮廓上毛刺和噪声敏感，且存在凹点不能精确求取，凹点配对的困难。

[0009] 3. 基于类圆的分割方法

[0010] 基于类圆的分割方法以血细胞形状呈类圆为前提，首先寻找物体边界上距离最远的两点 a 和 b，以 a 和 b 距离的一半作为外接圆的半径，a 与 b 连线的中点作为外接圆的圆心画圆，检测物体边界上距离圆心最近的两点，如果该两点的连线满足一定的条件，则连接两点分割细胞，并继续递归分割，否则分割结束。

[0011] 该方法的优点是充分利用了血细胞的先验信息，对于圆形细胞分割效果好。但在实际操作中，由于细胞形状呈多样性，且切割条件判定复杂，常使分割出现较大偏差。

### 发明内容

[0012] 本发明的目的在于，针对现有方法的不足提出一种粘连细胞分割方法，通过对

过分割区域进行重分割，避免传统分水岭分割带来的过分割与误分割。

[0013] 本发明提出的方案如下：

[0014] 步骤一，对图像进行二值化，将图像中的粘连细胞作为前景色进行标记，其余的为背景色，得到二值图。对上述二值图做距离变换，在距离变换的过程中记录下各个点到最近背景点的距离值，保存为距离图。

[0015] 步骤二，确定真实细胞的中心点

[0016] 首先，在距离图中搜索局部极大值点，即距离值大于其八邻域点的距离值的点，以这些局部极大值点为起始点对二值图作水域分割，得到分割后的区域图。

[0017] 其次，对所有的局部极大值点进行筛选，去除符合筛选条件的局部极大值点，剩余的极大值点每个均代表单个血细胞的中心点。其中，筛选的条件为：(1) 该局部极大值点的距离值低于门限阈值  $D$ ；(2) 该局部极大值点的距离值小于任一阈值点的距离值，其中所述阈值点指与当前局部极大值点的距离低于门限阈值  $T$  的局部极大值点。

[0018] 步骤三，计算区域图中各区域中心与各中心点的距离，获得各区域与各单个血细胞的距离值，使每个区域归属于与之距离值最小的血细胞，完成血细胞的基本分割。其中，所述的区域中心指区域中距离值最大的点。

[0019] 步骤四，对分割边界进一步修正。检测与两个或两个以上区域相邻的区域，在该区域的边界上搜索代表点，连接代表点对当前区域重新分割，分割得到的区域分属于与各自相邻的区域。

[0020] 本发明能够达到的有益效果如下：

[0021] 由于血细胞形态各异，其距离图中存在较多伪极值点，这些点易造成传统分水岭分割中的过分割现象，解决过分割的基本方法是简单地进行区域合并，但原本由伪极值点分割得到的区域不论归属于哪个区域都将造成误分割。而本发明提出的方法通过筛选极值点可以有效地避免过分割。消除过分割后，对过分割区域进行重分割，分割结果更符合人眼观测的结果。

## 附图说明

[0022] 图 1：3x3 倒角距离变换模板示意图

[0023] 图 2：八连通链码模板示意图

## 具体实施方式

[0024] 下面结合附图和具体实施例对本发明作进一步说明。

[0025] 步骤一，将含有粘连细胞的图像进行阈值分割，将图像中的粘连细胞作为前景色进行标记，其余的为背景色，得到二值图  $f(x, y)$ ，对该二值图  $f(x, y)$  做倒角距离变换，得到图中各点的距离值，保存为距离图  $d(x, y)$ 。

[0026] 二值图数据为宽  $w$ ，高  $h$  的 0-1 型矩阵，其中 0 表示背景点，1 表示前景点。

[0027] 步骤二，确定真实细胞的中心点

[0028] (1) 在距离图  $d(x, y)$  中搜索局部极大值点（局部极大值点指该点的距离值大于其八邻域各点的距离值），将其坐标值保存于数组  $p[N]$ ，其中  $N$  为检测到的局部极大值点的个数。以这些局部极大值点为起始点对二值图  $f(x, y)$  进行水域分割，得到区域块图

area[M], M 为水域分割得到的总区域个数。

[0029] (2) 根据以下两个原则筛选局部极大值点

[0030] 依次检测数组 p[N] 中的各点, 当满足式 (1) 时, 去除当前点。

[0031]  $d(p[t_1]) < D, 0 \leq t_1, t_2 < N$  (1)

[0032] 其中, D 是阈值, 为常数, 本实施例中取为常见细胞半径值的一半。

[0033] 然后对数组 p[N] 中剩余的点进行两两配对, 如果两点距离小于门限阈值 T 则继续进行判断, 如果满足式 (2) 则去除距离值较小的点, 保留距离值较大的点。其中, T 为常数, 本实施例中取为常见细胞直径的三分之一。

[0034]  $\|p[t_1]-p[t_2]\| < \min(d(p[t_1]), d(p[t_2])), 0 \leq t_1, t_2 < N, t_1 \neq t_2$  (2)

[0035] p[N] 中最终保留的为真实细胞的中心点。

[0036] 步骤三, 在区域块图 area[M] 中寻找每个区域块中距离值最大的点作为该区域的中心点。对每个区域中心点依次进行处理: 在 p[N] 中寻找与当前区域中心点距离最近的细胞中心点, 并将当前区域标记为该细胞的一部分。所有区域计算完毕后, 得到初步的粘连细胞分割图。

[0037] 步骤四, 修正分割边界。

[0038] 首先, 寻找毗邻两个或多个细胞的区域。根据区域块图 area[M] 统计各区域的边界点所毗邻的细胞编号, 当细胞编号多于一个且区域内不包含细胞中心点时, 即为毗邻两个或多个细胞的区域, 标记该区域。

[0039] 其次, 对于已标记的区域, 计算其边界链码差, 计算步骤如下:

[0040] (1) 用链码表示区域边界

[0041] 按逆时针方向搜索区域边界, 起始点链码值标记为 0, 其余各点 i 的链码值由当前点 C[i] 与其前一点 C[i-1] 的相对关系决定。当 C[i] 相对于 C[i-1] 作逆时针旋转时, 按偏角的大小取值 0~7, 分别对应逆时针旋转 0°、45°、90°、135°、180°、225°、270°、315°。如图 2 所示, 箭头起点为前一点 C[i-1], 箭头终点为当前点 C[i]。将各点链码值保存于数组 C[Q] 中, Q 为边界像素点数。

[0042] (2) 计算相对链码

[0043] 对于边界上的任意一点 i 都有前一点指向此点的链码 C[i] 和此点指向后一点的链码 C[i+1], 相对链码是指 C[i+1] 和 C[i] 的相互关系。C[i+1] 相对于 C[i] 作逆时针旋转时, 按偏角的大小取值 1~3, 分别对应逆时针旋转 45°、90°、135° 作顺时针旋转时, 相对链码取值 -1~-4, 分别对应顺时针旋转 45°、90°、135°、180°。式 (3) 为相对链码 R[i] 的计算公式。

[0044]  $R[i] = (C[i+1]-C[i]+8) \text{MOD} 8$  (3)

[0045]  $R[i] = R[i]-8$ , 如果  $R[i] > 3$

[0046] (3) 计算绝对链码

[0047] 绝对链码则是指从起始点开始相对链码的累加值, 起始点的绝对链码 A[0] 为 0, 其它任一点的绝对链码 i 的计算公式如式 (4) 所示:

[0048]  $A[i] = A[i-1]+R[i]$  (4)

[0049] 其中, A[i-1] 为当前点的前一点的绝对链码。

[0050] (4) 计算链码差

[0051] 当前点和前两点的绝对链码之和称为三点链码和，可由式 (5) 求得。

$$[0052] \quad S[i] = A[i] + A[i-1] + A[i-2] \quad (5)$$

[0053] 其中  $S[i]$  表示三点链码和，三点链码和将整个圆周分成 24 份，其值相差 1 相当于角度相差  $15^\circ$ ，从而得到链码差的计算公式，如式 (6) 所示。

$$[0054] \quad U[i] = S[i+3] - S[i] \quad (6)$$

[0055] 其中  $U[i]$  代表链码差。

[0056] 最后，对细胞连接部分进行精细修正，计算步骤如下：

[0057] (1) 检测连接点。对于已标记的区域，检测其边界上的连接点，连接点是指边界上未与细胞相邻的点和与两个及以上细胞相邻的点。

[0058] (2) 检测代表点。上述连接点将组成一段或多段连续的连接线，每段连接线连接两个或两个以上细胞，为每段连接线记录下其连接的细胞编号，并将连接线中链码差绝对值最大的点作为该连接线的代表点。

[0059] (3) 作切割线。针对区域毗邻的每个细胞，寻找与该细胞相关的连接线的代表点，如果只有一个相关代表点，则不进行切割，如果有多个代表点，则取链码差绝对值最大的两点，将连接两点的直线作为切割线。

[0060] (4) 区域合并。当所有毗邻细胞处理完毕后，当前区域被分割成一个区域或多个子区域，根据各子区域边界毗邻的细胞决定其应归属的细胞，将其与该细胞进行区域合并，分割最终完成。

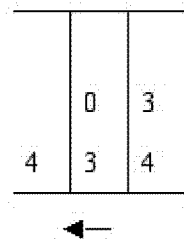
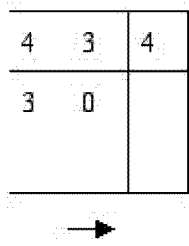


图 1

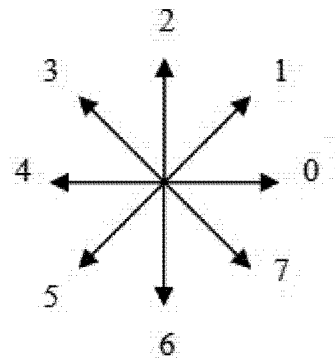


图 2