

分割相碰的白血球与红血球的一种新方法

成 德 信

(中国科学院自动化所)

摘 要

本文介绍了一种分割相碰的白血球与红血球的新方法。步骤如下：首先检出没有和红血球相碰的白血球的那部分轮廓线段，然后找出轮廓线段的端点，并按一定规律把每两个端点配对，最后用直线或椭圆曲线把每对端点连起来，形成闭合的白血球轮廓。用这种方法成功地分割了一千多个与红血球相碰的白血球。

一、引 言

在人血白血球自动分类研究中，对于和红血球相碰的白血球，或者弃之拒识，或者经过图象处理的方法，把相碰的红血球与白血球分割开，然后再识别这个白血球。关于分割相碰的血球，国外有先找轮廓上的凹点，再用从成对凹点作出的切线或连线割开相碰血球的方法^[1,2]，有用数学上白化变换来分割相碰血球的方法^[2]。本文介绍一种新的分割方法，首先把没有与红血球相碰的白血球的那部分轮廓线段，即图1中数值为2的象点检出来，然后找出这些轮廓线段的端点并分别配对(见图2)，最后按照每对端点的相互位置，分别用直线或椭圆曲线把它们连接起来，见图3。

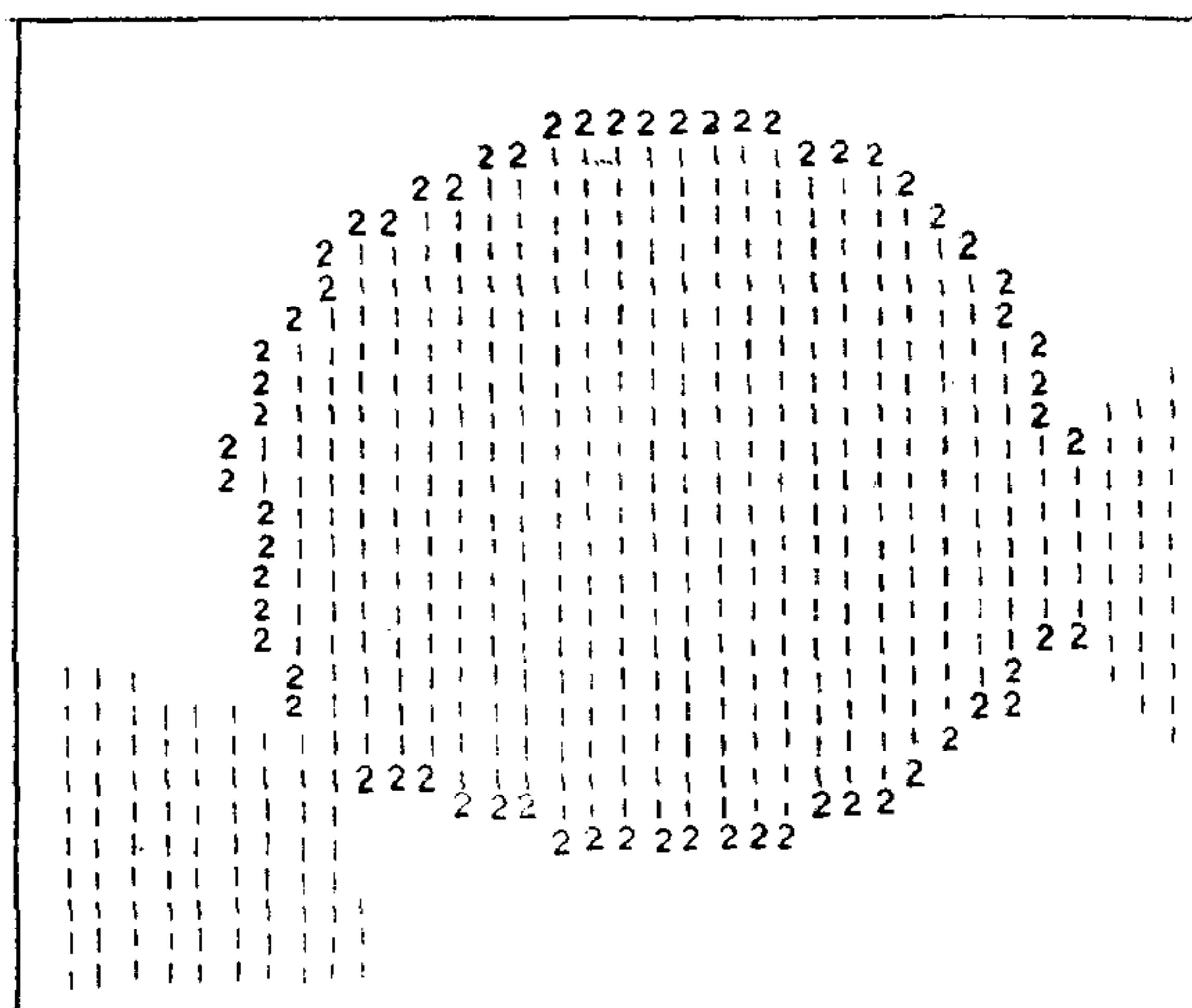


图 1

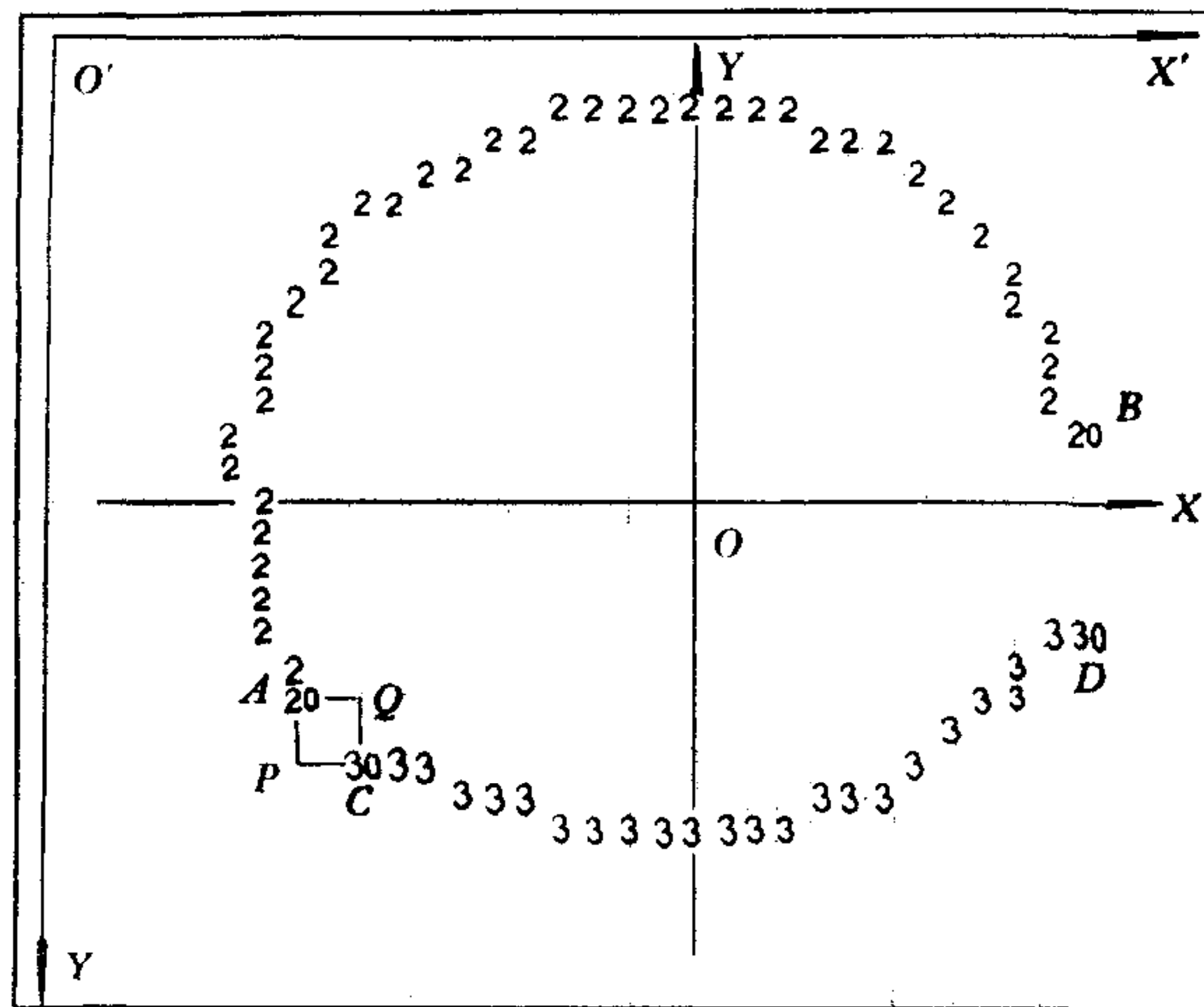


图 2

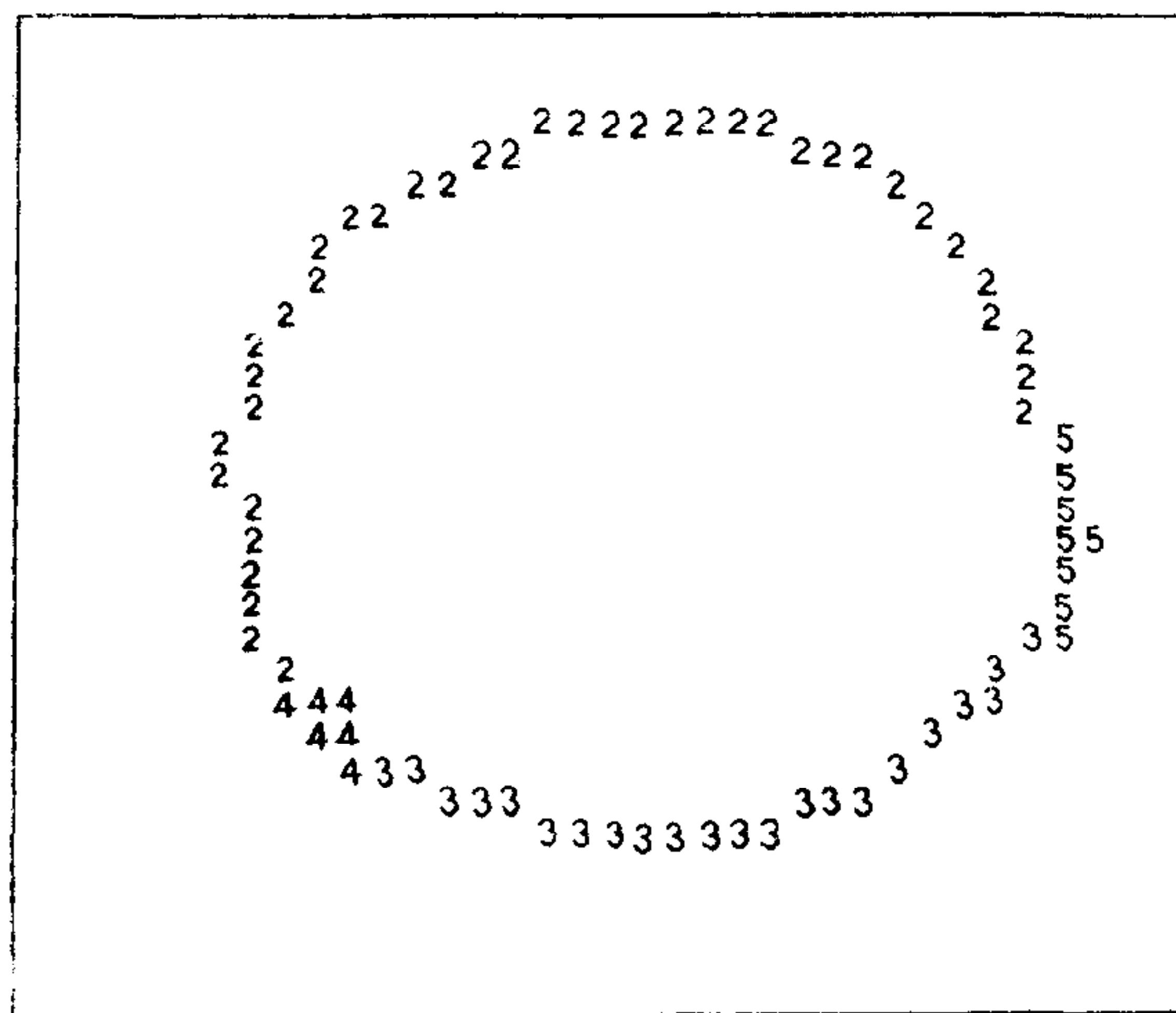


图 3

二、分割过程

先将图象二值化,背景象点赋值 0(图中未画出来),细胞象点赋值 1. 每幅图象有 X 行, Y 列. 象点间距是 0.5μ .

把细胞图象的第 1、第 X 行和第 1、第 Y 列的象点赋值 0. 用四-收缩法^[3] 求出白血球和红血球的共同的轮廓线,在第 2、第 $X - 1$ 行和第 2、第 $Y - 1$ 列中,如果存在轮廓线的话,只能是红血球的,因此要把这两行两列的象点赋值零. 接着把图象的四个角的象点也赋值零. 这样做是为了在收缩过程中图象四周收缩的速度趋于一致. 每个角被清零的区域是等腰直角三角形,其腰长 L 的算式是: 如果 $X \geq Y$, 则 $L = Y/4$, 否则 $L = X/4$. 这样就得到两条白血球与红血球共同的轮廓线段,如图 4 中数值等于 2 的象点. 为

保证分割得正确,在全部被清零的区域内不应有白血球轮廓上的象点,这只要采样窗口比白血球大些就行了.

把经过上面处理后的图象连续收缩六次,再连续膨胀六次,然后和图 4 中的两条轮廓

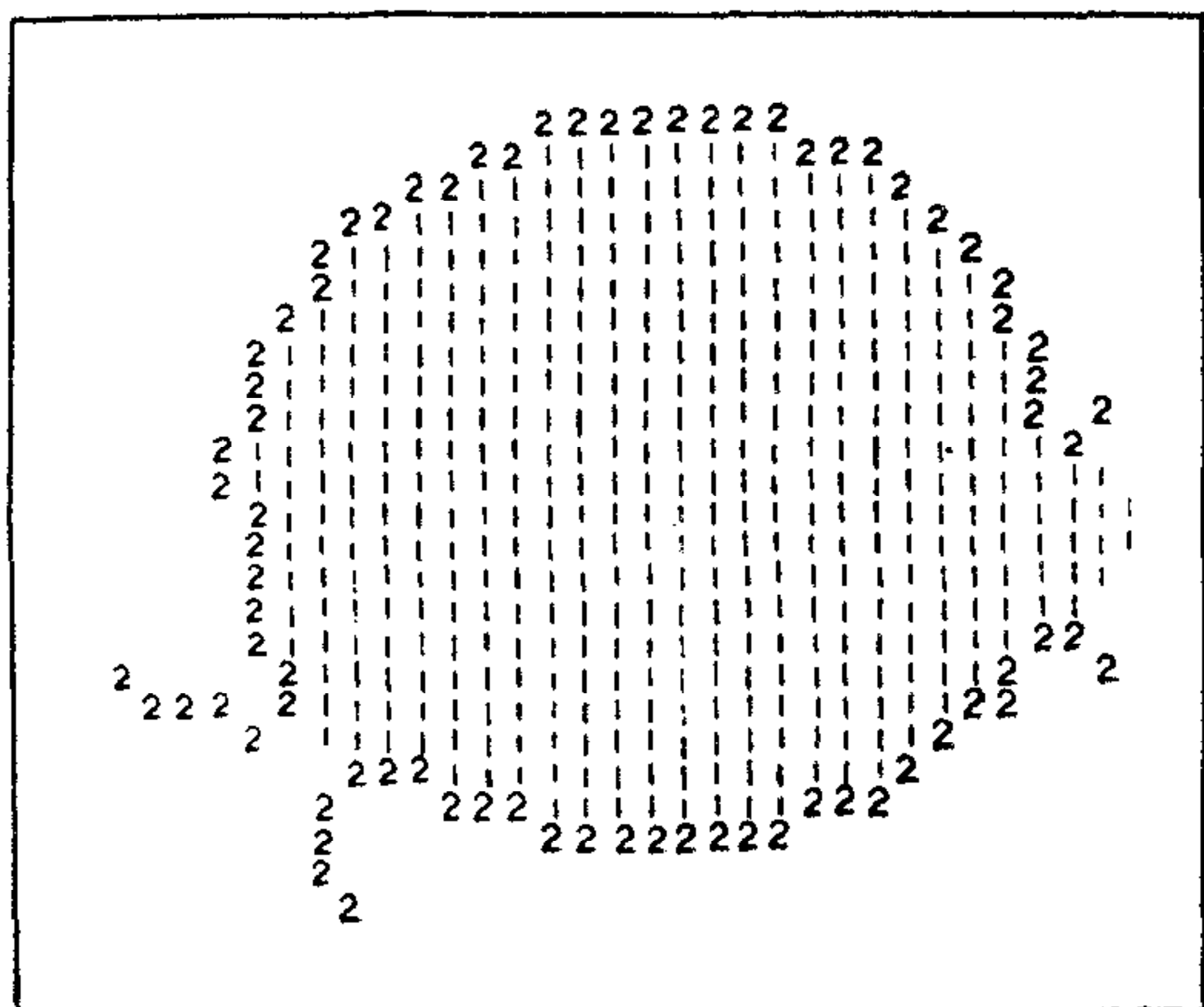


图 4

线段迭加在一起,消除它们之间的零点噪声.这样,白血球轮廓上的象点就和膨胀后的图形紧密地连成一片,而红血球的轮廓仅仅是些孤立的线段,见图 4.把数值为 2 的象点置于 3×3 窗口中心,在它周围的八个象点中,如果数值大于零的象点数大于 2,则该象点的值不变,否则该象点的值由 2 变成零.这样图 1 中的白血球轮廓线段就得到了.为计算方便起见,轮廓线段上象点赋值 1,其余的赋值零.

按照逆时针方向对被检出来的轮廓线段进行等灰级跟踪.给一次跟踪过程中所跟踪到的全部象点赋值 K , K 从 2 起,以后每次加 1.

以图 5 为例,跟踪方向用箭头表示.假定以 B 为起点开始跟踪,到最后返回 B 点结束,其八方向链码(即 Freeman 码)是 $4 \rightarrow 3 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow 5 \rightarrow 4 \rightarrow 5 \rightarrow 6 \rightarrow 2 \rightarrow 1 \rightarrow 0 \rightarrow 1 \rightarrow 0 \rightarrow 7 \rightarrow 7 \rightarrow 0$.对端点 A ,从 C 指向 A 的方向码是 6,从 A 指向 C 的方向码是 2, $|2 - 6| = 4$;对线段上其它点,例如 C 点,从 D 指向 C 的方向码是 5,从 C 指向 A 的方向码是 6, $|6 - 5| = 1$,由此可以找出线段的两个端点,并赋值 $10 \times K$,以示区别,见图 2.如果找不出端点,则轮廓线段是闭合的,说明这个白血球没有和红血球相碰,从而保持形状不变.如果只找出一个端点,则这条轮廓线段需在细化以后才能找出两个端点.

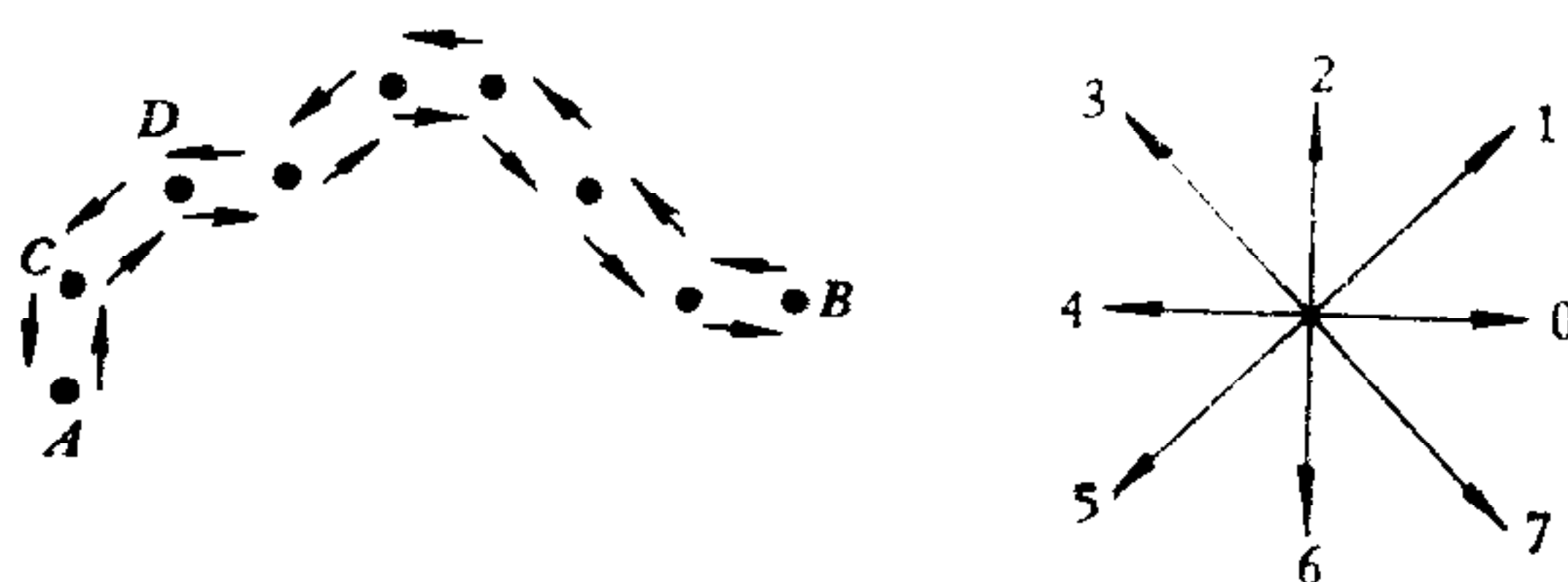


图 5

找出图 2 中所有轮廓象点的形状中心点 O ,它在第 I_0 行、第 J_0 列.计算公式是:

$$I_0 = \sum_{n=1}^N i_n / N,$$

$$J_0 = \sum_{n=1}^N j_n / N.$$

式中 i_n 和 j_n 分别是轮廓上象点所在的行数及列数; N 是轮廓上象点总数.通过 O 点建立 XOY 平面坐标系.按照 OA, OB, OC, OD 分别和 OX 轴夹角的大小把这四个端点排队,顺序是 $DCAB$.但是 D 点和 C 点的值都等于 30,说明它们是同一条线段的两个端

点,因此最后正确的排队顺序是 $CABD$. C 和 A , B 和 D 配成两对.

建立 $X'O'Y'$ 平面坐标系. 在该坐标系中,每个象点的横坐标 j 和纵坐标 i 分别是该点所在的列数及行数. 修复白血球轮廓分两种情形:

1) 如果一对象点在同一列(行),并且它们之间的距离小于 6,就用直线把它们连接起来. 如果它们虽然在同一列(行),但距离大于等于 6,就用 $1/2$ 个椭圆把它们连接起来. 以 $B(J, I_1)$ 和 $D(J, I_2)$ 为例,椭圆的参数是:长半轴 $a = |I_1 - I_2|/2$; 短半轴 $b = a/3$; 椭圆中心坐标 $(J, I_1/2 + I_2/2)$. 椭圆方程为

$$\left[i - \left(\frac{I_1}{2} + \frac{I_2}{2} \right) \right]^2 / a^2 + (j - J)^2 / b^2 = 1.$$

式中 i 和 j 分别是椭圆上象点所在的行数及列数(以下相同).

2) 如果一对端点不在同一行,也不在同一列,就用 $1/4$ 个椭圆把它们连接起来. 以 $A(J_1, I_1)$ 和 $C(J_2, I_2)$ 为例,可供选择的椭圆中心有 $Q(J_2, I_1)$ 和 $P(J_1, I_2)$, 因为 $\overline{OQ} < \overline{OP}$, 所以椭圆中心必定是 Q 点. 其中

$$\overline{OQ} = \sqrt{(I_0 - I_1)^2 + (J_0 - J_2)^2}; \quad \overline{OP} = \sqrt{(I_0 - I_2)^2 + (J_0 - J_1)^2}.$$

椭圆的方程是

$$(i - I_1)^2 / a^2 + (j - J_2)^2 / b^2 = 1.$$

式中 $a = |I_1 - I_2|$; $b = |J_1 - J_2|$.

由于数字图象的离散性,为保证修复后的白血球轮廓完全闭合,也考虑到白血球轮廓并不完全是椭圆,将上述两个椭圆方程修改为

$$\left[i - \left(\frac{I_1}{2} + \frac{I_2}{2} \right) \right]^2 / a^2 + [i - J]^2 / b^2 < 1.1,$$

$$(i - I_1)^2 / a^2 + (j - J_2)^2 / b^2 < 1.1.$$

这样,图象中行数和列数同时满足上述不等式的象点都被找出来,如图 3 中的 4 和 5 所示,保证了修复后的白血球轮廓一定闭合. 对于图 1 中的象点,如果它落在图 3 所示轮廓上面或内部,则予以保留,否则就抹去. 这样就完成了相碰白血球与红血球的自动分割.

三、实验结果与讨论

在实验用的白血球样本中,与白血球相碰的红血球数从 1 到 5 不等,图 1 所举的例子只是用来说明这种分割方法,实际相碰的情况比图 1 复杂得多. 1982 年在 HP-3000 小型计算机上用 FORTRAN-IV 语言对 616 个白血球图象进行了分割,分割得好的有 610 个,占总数的 99%; 1983 年在 NOVA/4 小型计算机上用 FORTRAN-IV 语言对 1384 个白血球图象进行分割,分割得好的有 1379 个,占总数的 99.6%. 分割一个相碰的白血球所需的时间(指 CRT 终端上)平均约 20 秒,程序优化后还可进一步缩短. 分割结果表明这种方法是适合于分割相碰的白血球与红血球的. 首先它检出没有和红血球相碰的白血球的那部分轮廓,尽可能多地保留了白血球的轮廓信息,其次在修复白血球轮廓时,直线,

1/2 和 1/4 椭圆都采用比单纯用直线更符合白血球轮廓的形状。这种方法与国外两种分割方法相比有它自己的特点和长处,并有待于进一步提高。

感谢洪继光、张小固、周迪伟、钱学双、赵晓燕和于光谱同志的指导和协助。

参 考 文 献

- [1] Balbir chand Kailay, R Sadananda and June R Das, An Algorithm for Segmenting Juxtaposed Objects, *PATTERN RECOGNITION*, 13, (1981), 第5期.
- [2] C. C. Li, K. S. Fu, MACHINE-ASSISTED PATTERN CLASSIFICATION IN MEDICINE AND BIOLOGY, *Ann. Rev. Biophys. Bioeng.*, (1980), 9, 393—436.
- [3] H. MAITRE, 图象处理,北京邮电学院译, (1980) 81—86.

A NEW ALGORITHM FOR SEGMENTING AS THE WHITE BLOOD CELL TOUCHING WITH RED BLOOD CELL

CHENG DEXIN

(Institute of Automation, Academia Sinica)

ABSTRACT

In this paper, a new algorithm for segmenting a white blood cell as touching with red blood cells is described. First, detect the parts of contour which do not touch with red cells. Then, find the end points of these parts and select two points as a pair based on a special rule. Finally, connect two end points of each pair with a straight line or a segment of ellipse to form a closed contour of the white cell.

More than 1000 white cells touching with red cells have been segmented successfully by this algorithm.