

基于颜色及梯度统计特征的结核杆菌目标识别*

翟永平¹, 周东翔¹, 刘云辉²

(1. 国防科技大学 电子科学与工程学院, 湖南 长沙 410073;
2. 香港中文大学 机械与自动化工程系, 中国 香港)

摘要: 提出一种基于颜色及梯度统计特征的结核杆菌目标识别算法。首先基于 HSV 颜色空间进行图像预分割, 然后在 CIE $L^*a^*b^*$ 颜色空间进行自适应分割以提取目标精细几何形状。为了适应背景的复杂变化, 基于色调一致性假设对疑似目标进行色调一致性检验并剔除大部分伪目标。为了将重叠粘连目标从伪目标中分离出来, 提出两个梯度统计特征, 然后结合目标的面积、周长、长宽比、圆形成度、粗糙度等形态特征, 组成 7 维特征向量送入贝叶斯分类器进行分类。实验结果表明, 本文算法能适应标本、染色及图像背景等复杂变化, 目标识别率可达 91%。

关键词: 结核杆菌; 显微图像; HSV 颜色空间; 贝叶斯分类器; 形状描述子; 梯度特征
中图分类号: TP391 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-2486(2012)05-0146-07

Recognition of mycobacterium tuberculosis in microscopic images based on color and gradient feature

ZHAI Yongping¹, ZHOU Dongxiang¹, LIU Yunhui²

(1. College of Electronic Science and Engineering, National University of Defense Technology, Changsha 410073, China;
2. Department of Mechanics and Automation Engineering, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong, China)

Abstract: A color and gradient feature based image segmentation and recognition algorithm is proposed for Mycobacterium Tuberculosis (TB) objects in microscopic images. First, the input color image was pre-segmented based on the HSV color space using the threshold method according to the prior information. Then, the original image was transformed to the CIE $L^*a^*b^*$ color space, and the L component image was segmented using an adaptive threshold method to get finer segmentation result. In order to accommodate the complex variety of image background, all the suspected objects were verified according to the "hue consistence" assumption and the false objects were rejected. To identify the TB bacilli, the algorithm used five shape feature descriptors, including the area, the perimeter, the ratio of width to height, the compactness and the roughness, and two gradient feature descriptors, the gradient magnitude weighted average (GMWA) and the gradient magnitude variance average (GMVA) respectively, and makes the judgment through Bayes classifier. Experimental results show that the proposed algorithm can accommodate the complex variety of specimens and the image background, and a high recognition rate (91%) can be obtained.

Key words: mycobacterium tuberculosis; microscopic image; HSV color space; Bayes classifier; shape feature descriptor; gradient feature

肺结核是危害人类健康的严重疾病^[1], 传统的诊断方法是依靠病理专家通过显微镜观察来自患者痰液的细菌病理切片, 并依据专家的经验给出诊断结果。这种方法严重依赖于专家的知识经验和经验, 非常耗时且无法给出定量结果。因此, 将图像处理技术引入肺结核检测显得尤为重要^[2]。

Veropoulos 等^[3-4]最先将图像处理技术应用到结核杆菌的自动检测中, 利用结核杆菌的形态特征进行目标分类及识别。之后, Forero 等^[5-6]充分利用结核杆菌的颜色信息, 并结合目标的形态特征采用 K 均值聚类方式进行目标分类。在

以上工作的基础上, 文献[7]构造了结核杆菌形态数据库, 并采用混合高斯模型对目标形态特征进行建模, 然后利用贝叶斯分类器进行分类。文献[8]基于 HSV 颜色空间进行结核杆菌目标的识别。另外, 文献[9-12]对结核杆菌目标识别中的一些细节问题进行了研究, 比如目标断裂边缘的连接问题、颜色空间的选择问题、目标形态描述子的选取问题等。近几年, 国内也有学者^[13-15]对结核杆菌目标的检测进行了研究并取得了一些初步成果。

以上研究初步解决了结核杆菌目标识别问

* 收稿日期: 2012-03-05

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60975023)

作者简介: 翟永平(1982—), 男, 甘肃陇南人, 博士研究生, E-mail: talkshow88@gmail.com;
周东翔(通信作者), 男, 副教授, 博士, 硕士生导师, E-mail: dxzhou@nudt.edu.cn

题,但也存在几个问题:首先,图像分割阈值的选取往往根据经验获得,当染色及光照等因素变化时,分割效果将变得很差,造成目标的漏检或误检;其次,这些算法对目标形态的描述过于理想,所选形态描述子无法准确反映目标的形态特征;再次,目前可查阅的文献中均未考虑重叠目标的检测,甚至有文献将重叠目标当作杂质剔除掉,在实际应用中,这是不允许的。

针对以上问题,本文提出相应的解决方案。首先,在图像分割的颜色空间上选取了 HSV 和 CIE $L^*a^*b^*$ 颜色空间,选取 HSV 颜色空间主要考虑到结核杆菌目标的色调和背景及杂质存在显著差异,选取 CIE $L^*a^*b^*$ 颜色空间是为了利用 L 通道可以近似保持目标几何形状的特点使得分割结果更加精细,以便于后续的目标形态分析。其次,为了克服由分割阈值设置不当导致的误分割问题,提出色调一致性假设,采取由粗到精的分割模式,逐步缩小阈值范围,直至获取正确分割;再次,通过大量实验,遴选出目标的面积、周长、长宽比、圆形度、粗糙度等 5 个形态特征作为结核杆菌目标的形态描述子,为了解决重叠粘连目标和伪目标的分类问题,提出两个梯度统计特征并结合目标的形态特征,组成 7 维特征向量送入贝叶斯分类器进行分类。最后,基于自行研发的结核杆菌检测系统进行了算法的验证,结果表明:本文算法目标识别计数精度达到 91%,目标检测的灵敏度和特异度分别达到 97% 和 86%。

1 算法流程

图 1 给出了图像分割算法流程。首先,将图像从 RGB 颜色空间转换到 HSV 颜色空间,并对 H 通道图像进行预分割,然后将图像转换到 CIE $L^*a^*b^*$ 颜色空间,并对 L 通道图像进行自适应阈值分割,将这两次分割结果进行融合,即可得到粗分割结果。然后进行色调一致性检验,首先对粗分割后的二值图像进行 Blob 分析以获取每个连通块的信息,并以这些连通块为掩模对 H 通道图像进行色调一致性检验,经过检验后,图像中的绝大多数伪目标将被剔除,剩下结核杆菌目标(包括简单无分支的目标和重叠粘连目标)和一些颜色跟结核杆菌目标非常相似但形态存在差异的伪目标。对这些目标,基于形态特征和梯度特征进行进一步的分类及识别,图 2 给出了分类算法流程。首先,对分割后的二值图像进行 Blob 分析,提取出每个连通块的面积、周长、长宽比、圆形度及粗糙度这 5 个形态特征参数,然后对每个连通块进行形态学膨胀运算,得到扩展有效区域,以这些扩展有效区域为掩模,提取原始图像的梯度统计特征,包括梯度幅值加权均值(GMWA)和梯度幅值方差均量(GMVA),将这两个梯度特征和以上 5 个形态特征组成 7 维特征向量送入贝叶斯分类器进行分类,分类后将伪目标剔除,将简单无分支目标和重叠粘连目标分别采用不同的计数策略进行计数,以获取最终的检测结果。

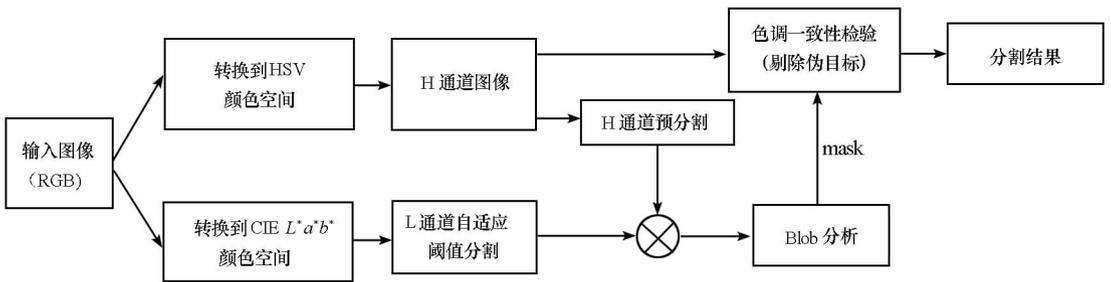


图 1 图像分割算法流程

Fig. 1 Flowchart of the proposed segmentation method

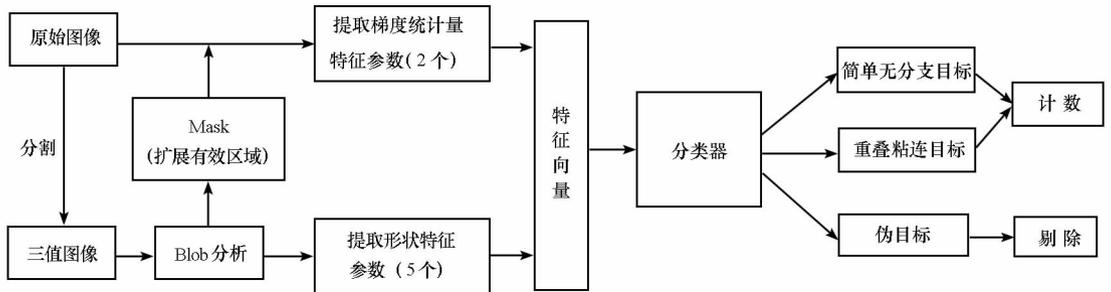


图 2 目标分类算法流程

Fig. 2 Flowchart of the proposed classification method

2 算法细节

2.1 图像分割

2.1.1 HSV 颜色空间图像预分割

结核杆菌区别于背景及其他杂质的一个显著特征是其颜色一般呈紫红色(如图 3(a)),而杂质一般呈蓝色,背景根据光源情况呈灰白、浅蓝或浅黄色。为了有效利用结核杆菌的颜色信息,我们选取 HSV 颜色空间进行图像的预分割。通过对大量图像的分析发现,结核杆菌目标的色调值分布在一定的范围内,相对比较稳定,而饱和度和亮度值则差异比较大,没有明显的规律性。因此,将图像从 RGB 颜色空间转换到 HSV 颜色空间后仅对其 H 通道图像进行分割,分割的阈值上限固定为 360,而阈值下限的选取则比较困难。由于不同标本具体的染色情况存在差异,图像采集时,光照也会存在变化,因此一般情况下,不同标本图像的分割阈值下限都是不一样的,我们无法选取一个具有广泛适应性的阈值,因此,只能考虑“最坏”的情况,也即当染色严重偏蓝或由于白平衡不好导致图像泛蓝,这种情况下,结核杆菌目标几乎“淹没”在背景及杂质中,而且分割阈值的下限也最低。如果分割阈值满足了这种“最坏”的情况,那么对其他情况,除了会引入大量伪目标外,结核杆菌目标都会被保留下来。通过对大量染色及光照情况复杂的图像的分析,选取分割的阈值下限为 240,这个阈值基本能满足“最坏”的情况。图 3(a)、(b)分别给出了典型结核杆菌图像及其 H 通道图像,对其进行预分割后结果如图 3(c)。

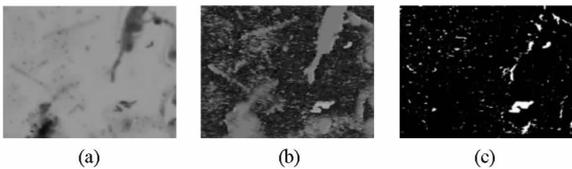


图 3 典型结核杆菌目标及其 H 通道图像、H 通道预分割结果
Fig.3 Typical microscopic image of TB, its hue channel image and pre-segmentation result

2.1.2 保持目标几何形状的自适应分割

图像经 H 通道分割后,大部分背景被剔除掉,但分割结果非常粗糙(图 3(c)),目标几何形状存在严重失真(尤其注意到图中原先不粘连在一起的目标经分割后粘连在一起了),这是由于 H 通道无法保持目标的精细几何形状。实际上,彩色图像中目标的几何形状是由各分量共同决定的,也就是说,无论将图像转换到任何颜色空间,该颜色空间中单个分量是无法给出目标精细几何

形状的,但在一些颜色空间中,某些分量可以近似保持目标的几何形状,比如 HSV 色彩空间中的 V 分量,CIE $L^*a^*b^*$ 色彩空间中的 L 分量,但这些分量对目标几何形状的保持能力是有差异的。在 HSV 色彩空间中,V 分量不具有亮度或照度的意义,其保持目标几何形状的能力相对较弱,而在 CIE $L^*a^*b^*$ 色彩空间中,L 分量具有亮度(或照度)的意义,因此其保持目标几何形状的能力较强。图 4(a)、(b)分别给出了图 3(a)的 L 通道和 V 通道图像,从图中可以看出 L 通道图像目标几何形状非常清晰,而 V 通道图像几何形状存在明显失真。基于此分析,将图像转换到 CIE $L^*a^*b^*$ 色彩空间,然后对其 L 通道进行自适应分割以提取目标形状。

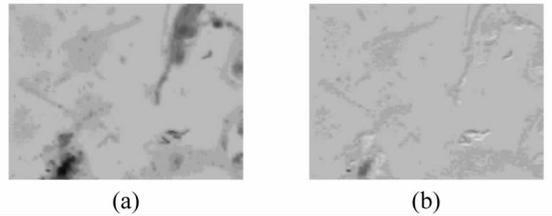


图 4 L 通道图像和 V 通道图像对比

Fig.4 L channel image and V channel image

自适应阈值方法最早用于光照不一致情况下灰度图像的分割,本文将这种方法应用到结核杆菌图像的分割中,主要利用自适应模板尺度的变化来控制不同尺寸(大小)的目标的保留或剔除,由于结核杆菌目标的尺寸一般在一定的范围内,因此若选取合适的模板尺寸,则可以将结核杆菌目标保留下来,而将背景及杂质剔除。本文采用高斯加权法来获取自适应分割阈值,对于给定像素 $L(x,y)$,其阈值 $T(x,y)$ 由该像素点的邻域和高斯核函数卷积值决定:

$$T(x,y) = L(x,y) * G_{\sigma}(x,y) - b \quad (1)$$

式中 $G_{\sigma}(x,y)$ 为高斯核函数,其标准差 σ 的大小决定了自适应掩模的大小, b 为一适当常数。自适应掩模的大小直接决定着哪些尺寸的目标被提取出来,掩模越小,分割结果越精细,小尺寸的目标将被提取出来,但对于大尺寸目标来说,则会出现过分割现象,因此为了提取一定尺寸的目标,必须设置合理的掩模尺寸,既不能因为掩模过小而导致目标被“分解”(如图 5(a),由于采用 7×7 的高斯掩模,其尺寸远小于结核杆菌目标的尺寸,因此目标被“分解”成为单个像素),也不能因为掩模过大而使得不必要的大目标被提取出来(如图 5(b),由于采用尺寸远大于结核杆菌目标的高斯掩模(131×131),因此大部分大尺寸的杂质被

提取出来)。根据结核杆菌目标在图像中的相对大小(由结核杆菌目标的实际大小、显微镜物镜的放大倍数、显微镜适配器的放大倍数及 CCD 相机的分辨率等因素共同决定),经试验确定当图像大小为 800×600 时,掩模大小取 31×31 ,自适应常数取 $b = 5$ 时能给出比较好的处理结果(如图 5(c)),将此结果和 H 通道预分割结果(图 3(c))进行“与”操作即可得到分割结果(如图 5(d)),图中大部分背景及杂质被剔除掉了,但还存在一些伪目标,这些伪目标可以分为两类:一类是由于 H 通道预分割的阈值跟实际情况不符合,对这种情况我们采用“色调一致性检验”即可剔除;另一类是这些伪目标本身的颜色跟结核杆菌目标的颜色很相似,对这类伪目标利用形态及梯度特征进行剔除。

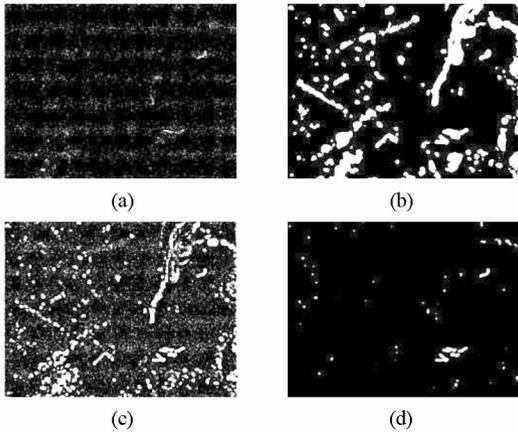


图 5 L 通道自适应阈值分割及最终分割结果

Fig.5 Adaptive threshold results and the final segmentation result

2.1.3 色调一致性检验

通过观察大量结核杆菌样本发现:虽然不同标本的结核杆菌目标颜色差异较大,但是同一标本中(尤其是同一幅图像中),不同结核杆菌目标的色调值差异非常小,几乎“一致”,我们称此现

象为同一标本的目标色调一致性。根据此现象,若同一幅图像中出现色调均值差异较大的两个或两个以上的疑似目标,那么有理由认为这些目标中肯定存在伪目标。因此,可以根据先验知识首先确定哪个目标最有可能是真目标,以该目标的色调均值为基准,对剩余目标进行判决,即可获得这些疑似目标是真目标的“可信度”。通过进一步分析发现,目标色调均值越大,其为真目标的可能性越大,因此,可以首先选取色调均值最大的目标为基准,然后计算其他目标和基准目标色调均值的比值,比值越大,其为真目标的可信度越大。通过设置合理的可信度阈值即可将伪目标剔除,通过大量实验发现,可信度阈值设置为 0.9 可以取得很好的效果。

2.2 目标分类

图像经过分割和色调一致性检验后,大量伪目标被剔除了,但仍存在很多和结核杆菌目标颜色非常相近的伪目标,这些伪目标大多形状和梯度特征与结核杆菌目标存在较大差异,因此本文基于形状和梯度统计特征进行目标的分类判决。

2.2.1 样本准备及形态特征选取

采用半自动方式选取结核杆菌目标(包括简单无分支的目标和重叠目标),图像大小统一为 64×64 像素,并提取其轮廓,将目标轮廓存入结核杆菌形态库,目前我们已经建立了包括 3000 个典型结核杆菌目标的形态库,其中简单无分支目标(称为第一类目标)1864 个,重叠目标(称为第二类目标)1136 个。同时,我们还建立了负样本库,这些负样本是由颜色和结核杆菌目标相近而形态不一致的杂质组成。图 6 给出形态库中部分图像,其中第一行是简单无分支目标,第二行是重叠粘连目标,第三行是伪目标(负样本)。

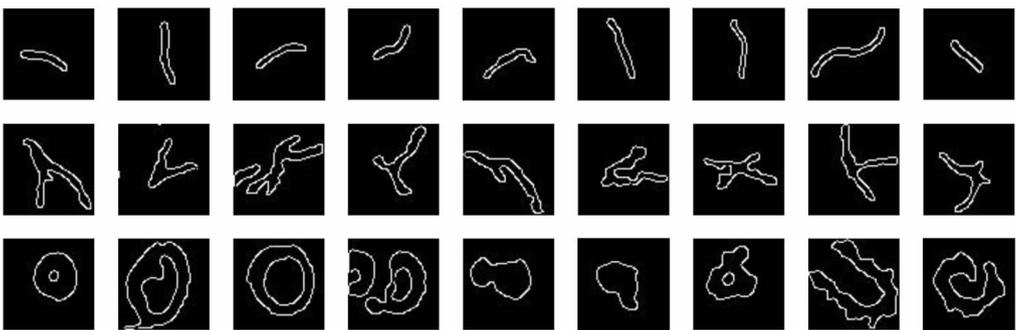


图 6 结核杆菌形态库中部分图像

Fig.6 Samples in TB shape data set

观察库中目标的形态特征可发现这三类目标形态存在一定的差异(见表 1)。目标形态特征的

描述子有很多,包括傅里叶描述子、Hu 矩,还有几何参数,比如面积、周长、长宽比等。通过实验发现傅里叶描述子受边缘噪声的影响很大,而结核杆菌目标由于形状变化较为剧烈,因此 Hu 矩不适宜。而几何统计特征,比如面积、周长、长宽比等参数在图像大小一致的情况下相对比较稳健。由于第二类目标相对第一类目标而言,形态比较复杂,轮廓存在多个“外凸”点,因此选取粗糙度进行这两类目标的分类,粗糙度定义为目标周长和其外接多边形周长的比率,粗糙度越大,目标轮廓越“粗糙”,因此第一类目标具有较小的粗糙度,而第二类目标的粗糙度较大。负样本以圆形目标居多,因此选取圆形成度进行描述,圆形成度用来描述连通块形状接近圆形的程度,其取值范围在 0 到 1 之间,圆形成度越大,目标越接近圆形。综上,本文选取面积、周长、长宽比、圆形成度、粗糙度这五个参数组成目标的形态特征描述向量。

表 1 不同类目标的形态特征分析

Tab. 1 Shape feature of three different objects

| 目标 | 形态特征 | 可用形态描述子 |
|-----------|-----------------------------|-------------|
| 简单无分支目标 | 细长略弯曲,有些呈 S 形状,面积、长宽比在一定范围内 | 面积、周长、长宽比 |
| 重叠粘连目标 | 轮廓较粗糙,面积、周长普遍大于简单无分支目标 | 面积、周长、粗糙度 |
| 伪目标 (负样本) | 形态较复杂,以圆形伪目标居多,但各种情况都有可能出现 | 面积、粗糙度、圆形成度 |

2.2.2 梯度统计特征

对于重叠粘连目标和负样本,其形态特征往往很复杂,甚至存在形态特征非常相似(尤其是其二值图像)的不同类目标,仅依赖以上 5 个形态参数无法获取很好的分类性能。本文提出两个梯度特征统计量以提高分类器的性能。

(1) 梯度幅值加权均值

通过分析样本发现:重叠粘连目标所对应的原始图像区域其目标边缘脉络比较清晰(图 7 中第一行),而伪目标所对应的原始图像区域灰度变化较平缓(图 7 中第二行),没有明显的边缘脉络走向。本文提出梯度幅值加权平均量来表达这种区别。

首先定义有效计算区域的概念,所谓有效计算区域是指参与梯度计算的所有像素点的集合构成的区域,这个区域和目标形态相似,为不规则区域。图 8(b)中白色区域 Ω 为图 8(a)中原始图像

的有效计算区域,这可通过对原始图像二值化获得。为了保证区域 Ω 将待辨识目标块全部包括在区域中,可对区域 Ω 进行扩展,形成扩展有效区域,图 8(c)中白色区域 Ω^+ 即为扩展有效区域,该区域可通过对区域 Ω 进行形态学膨胀运算获得。

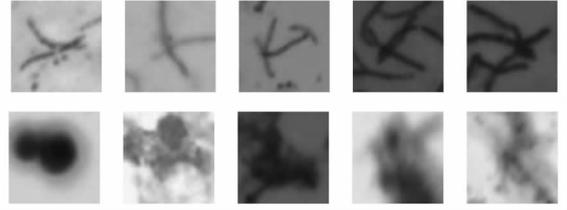


图 7 重叠粘连目标和伪目标样本

Fig. 7 Overlapped objects and false objects

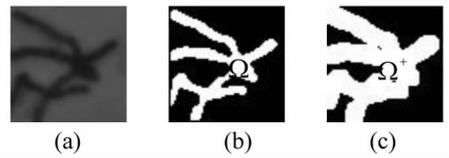


图 8 有效计算区域

Fig. 8 Valid calculation region

设扩展有效区域 Ω^+ 的面积为 A ,以该区域为掩模对原始图像区域进行梯度分析。若原始图像中点 (x,y) 处的图像梯度幅值为 $m(x,y)$,则梯度幅值加权平均量 $GMWA$ (Gradient Magnitude Weighted Average) 定义如下:

$$GMWA = \frac{1}{A} \sum_{(x,y) \in \Omega^+} a(x,y)m(x,y) \quad (2)$$

其中 $a(x,y)$ 为加权系数,定义为

$$a(x,y) = \frac{m(x,y)}{\sum_{(x,y) \in \Omega^+} m(x,y)} \quad (3)$$

$a(x,y)$ 的作用在于抑制小梯度值而增强大梯度值,这主要是考虑到重叠粘连目标内部梯度较大的像素数目占整个块像素总和的比例较大,而伪目标则反之,因此,经过 $a(x,y)$ 加权后两类块的平均梯度将出现非常显著的差异。将式(3)代入式(2)可得

$$GMWA = \frac{\sum_{(x,y) \in \Omega^+} m^2(x,y)}{A \sum_{(x,y) \in \Omega^+} m(x,y)} \quad (4)$$

(2) 梯度幅值方差均量

重叠粘连目标其梯度幅值的变化量或者说波动量比较大,而伪目标的梯度幅值波动较小,这里采用梯度的二阶统计量方差来表达这种变化。设扩展有效区域 Ω^+ 的面积为 A ,点 (x,y) 处的图像梯度幅值为 $m(x,y)$,则梯度幅值方差均量 $GMVA$ (Gradient Magnitude Variance Average) 定

义如下:

$$GMVA = \frac{1}{A} \sum_{(x,y) \in \Omega^+} \{m(x,y) - E[m(x,y)]\}^2 \quad (5)$$

其中 $E[m(x,y)]$ 为 $m(x,y)$ 的数学期望:

$$E[m(x,y)] = \frac{1}{A} \sum_{(x,y) \in \Omega^+} m(x,y) \quad (6)$$

2.2.3 分类器训练及性能评估

获取样本共 4305 个(其中第一类 1864 个,第二类 1136 个,负样本 1305 个),对每个样本提取其形态特征 5 个,梯度统计特征 2 个,组成 7 维特征向量,然后采用交叉验证方式进行分类器的训练和性能评估。本文分别测试了朴素贝叶斯分类器、K 近邻、马氏距离这三类分类器,分类的效果用灵敏度(Sensitivity)和特异度(Specificity)两个指标进行评价。灵敏度也称为正确识别率,是指某个样本本来属于某一类(比如 A 类),经过分类器分类后也确实分为 A 类的概率或百分比,跟灵敏度相对应的是特异度,是指某一个样本本来不属于某一类,经过分类器分类后也确实没有被分到这一类的概率或百分比,显然,灵敏度越高和特异度越高,分类器的性能越好。为了评估本文提出的梯度统计特征对分类器性能的影响,分别测试了仅采用 5 个形态特征进行分类和采用包括梯度特征在内的 7 个特征进行分类的效果。表 2 给出了测试结果。

表 2 不同分类器的分类性能比较

Tab.2 The performance of different classifiers

| | 仅采用 5 维特征向量 | | 采用 7 维特征向量 | |
|-------|-------------|--------|------------|--------|
| | 灵敏度 | 特异度 | 灵敏度 | 特异度 |
| K 近邻 | 91.12% | 91.27% | 95.56% | 96.21% |
| 马氏距离 | 90.55% | 92.92% | 95.85% | 96.82% |
| 朴素贝叶斯 | 93.25% | 92.11% | 98.23% | 97.15% |

从测试结果来看,朴素贝叶斯分类器的性能明显高于 K 近邻和马氏距离,而且加入 2 个梯度统计特征后,分类器的性能得到明显改善,灵敏度和特异度分别从 92.25% 和 92.11% 提高到 98.23% 和 97.15%。这也说明本文所提的两个梯度统计特征是有效的。最后,将全部 4305 个样本作为训练样本对贝叶斯分类器进行训练,然后将训练好的分类器以 XML 文件形式存储在计算机中以供后续结核杆菌检测使用。

3 实验结果

3.1 实验平台

将本文算法应用到自行研发的全自动结核杆

菌检测系统中(如图 9),该系统采用 Olympus 显微镜光路系统及大恒 CCD 相机采集图像,其中物镜放大率为 100 倍(油镜),其数值孔径为 1.25, CCD 相机分辨率为 1392×1040 (141M)。载物台为自行研发的三轴运动平台,该平台在电机的驱动下可沿 X,Y,Z 三轴运动。软件基于 VC6.0 和 OpenCV1.0 开发。

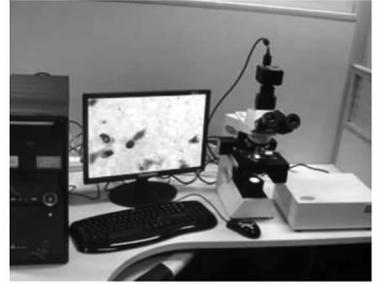


图 9 自行研发的全自动结核杆菌检测系统
Fig.9 The automatic TB identification system

3.2 实验设计及结果

设计两组实验进行算法性能测试。

(1) 单图像目标个数检测精度

用该系统采集 100 副抗酸染色结核杆菌图像,这些图像来自不同结核病人的痰液标本,然后用本文算法进行目标分类并计数,计数规则为:第一类目标和第二类目标单独计数,伪目标直接剔除。定义目标个数检测精度 δ 如下

$$\delta = \left(1 - \frac{|N_d - N_t|}{N_t}\right) \times 100\% \quad (7)$$

上式中 N_d 代表本文算法在每幅图像中检测出的结核杆菌目标数量, N_t 代表图像中实际的结核杆菌目标数量,显然 N_d 越接近 N_t , 识别精度 δ 越高。计算每幅图像的检测精度,然后将 100 幅图像的结果平均,得到平均检测精度。结果表明第一类目标个数检测精度为 91%, 第二类目标个数检测精度为 83%。这个结果和以上分类器性能评估的结果存在一定差距,这是由于分类器性能评估中没有考虑图像分割误差造成的影响,而实际上由于玻片制作工艺及病人病情的差异,各种情况均可能遇到,因此图像分割不可能达到很高的精度,从而导致系统把部分形状跟结核杆菌非常相似的伪目标误判为第一类或第二类目标。由于在结核杆菌诊断中,当目标数量达到一定程度后,精确计数已经不再需要,因此,83% 的第二类目标检测精度和 91% 的第一类目标检测精度可以满足实际系统的需求。

(2) 灵敏度和特异度实验

获取阳性玻片(标本)100 个,阴性玻片(标

本)50 个,利用以上系统进行检测。每个玻片检测 300 个视野,然后对玻片的性质(阳性还是阴性)进行判决。判决结果用灵敏度和特异度进行表示,灵敏度也称“真阳性率”,是指标本本身为阳性,检测结果也确实为阳性的概率或百分比,特异度也称为“真阴性率”,是指标本本身为阴性,检测结果也确实为阴性的概率或百分比。显然灵敏度越高,漏检率越低,而特异度越高,误检率也越低。实验结果表明,100 个阳性玻片中,有 97 个玻片全部检测呈阳性,也即灵敏度达到 97%,剩余 3 个玻片由于目标数量非常少而造成漏检。50 个阴性玻片中,有 43 个检测呈阴性玻片,也即特异度达到 86%。分析误检的玻片发现,这些玻片中存在大量与结核杆菌目标颜色相似的背景和杂质,虽然形态及梯度特征与结核杆菌存在差异,但是不明显,说明在下步的研究中还必须引入其他特征进行分类器的训练和目标识别,以进一步提高检测的特异度。

4 结 论

本文将图像处理与模式识别技术应用用于结核杆菌的自动检测中,并着力解决复杂背景条件下结核杆菌显微图像的分割及目标识别问题。首先根据结核杆菌目标的颜色特征在 HSV 颜色空间对 H 通道图像进行预分割,以剔除大部分杂质和背景,然后在 CIE $L^* a^* b^*$ 颜色空间利用 L 通道可近似保持目标几何形状的特点进行自适应分割,以提取目标精细几何形状,将两次分割结果融合形成粗分割结果。为了克服背景、染色等条件的变化,提出色调一致性假设,并进行色调一致性检验以剔除大部分伪目标。为了将重叠粘连目标与伪目标进行分类,提出两个梯度统计特征,然后结合目标的面积、周长、长宽比、圆形成度、粗糙度等形态特征,组成 7 维特征向量送入贝叶斯分类器进行分类。最后,基于自行研发的结核杆菌检测系统进行了算法的验证,结果表明:本文算法目标识别计数精度达到 91%,目标检测的灵敏度和特异度分别达到 97% 和 86%。目前该算法已成功应用于自行研发的全自动结核杆菌检测系统中,可望为结核病诊断的自动化和智能化发挥有效作用。

参考文献 (References)

- [1] World Health Organization, Global tuberculosis control-epidemiology, strategy, financing [M]. Geneva, Switzerland, WHO Press, 2009.
- [2] Zhai Y P, Liu Y H, Zhou D X, et al. Automatic identification of mycobacterium tuberculosis from ZN-stained sputum smear: Algorithm and system design [C]//Proceedings of IEEE International Conference on Robotics and Biomimetics (ROBIO2010). Tianjin, 2010: 41 - 46.
- [3] Veropoulos K, Campbell C, Learmonth G, et al. The automatic identification of tubercle bacilli using image processing and neural computing techniques [C]//Proceedings of the Eighth International Conference on Artificial Neural Networks, 1998, 2: 797 - 802.
- [4] Veropoulos K, Campbell C, Learmonth G, et al. The Automated identification of tubercle bacilli in sputum - a preliminary investigation [J]. Analytical and Quantitative Cytology and Histology, 1999, 21(4): 277 - 281.
- [5] Forero M, Sierra E, Alvarez J, et al. Automatic sputum color image segmentation for tuberculosis diagnosis [C]//Proceedings of the SPIE, San Diego, 2001: 251 - 261.
- [6] Forero M, Sroubek F, Cristbal G. Identification of tuberculosis bacteria based on shape and color [J]. Real-time Imaging, 2004, 10(4): 251 - 262.
- [7] Forero M, Sroubek F, Cristbal G. Automatic identification of Mycobacterium tuberculosis by Gaussian Mixture Models [J]. Journal of Microscopy, 2006, 223(2): 120 - 132.
- [8] Makkapati V, Agrawal R, Acharya R. Segmentation and classification of Tuberculosis Bacilli from ZN-stained sputum smear images [C]//Proceedings of 5th Annual IEEE Conference on Automation Science and Engineering Bangalore, India, August, 2009: 217 - 220.
- [9] Khutlang R, Krishnan S, Dendere R, et al. Classification of Mycobacterium tuberculosis in images of ZN-stained sputum smears [J]. IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine, 2009, 14(4): 949 - 957.
- [10] Raof R A A, Salleh Z, Sahidan S I, et al. Color thresholding method for image segmentation algorithm of Ziehl-Neelsen sputum slide images [C]//Proceedings of 5th International Conference on Electrical Engineering, Computing Science and Automatic Control (CCE 2008), Mexico City, 2008.
- [11] Khutlang R, Krishnan S, Whitelaw A, et al. Detection of tuberculosis in sputum smear images using two one-class classifiers [C]//IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro, ISBI'09, 2009: 1007 - 1010.
- [12] Khutlang R, Krishnan S, Whitelaw A, et al. Automated detection of tuberculosis in Ziehl-Neelsen-stained sputum smears using two one-class classifiers [J]. Journal of Microscopy, 2010, 237(1): 96 - 102.
- [13] 于桂玲. 基于计算机辅助的结核病检测及图像处理系统 [D]. 北京: 北京化工大学, 2006.
YU Guilin. Tuberculosis detection and image processing system based on computer-aided [D]. Beijing: Beijing University of Chemical Technology, 2006. (in Chinese)
- [14] 孙涵璇. 显微图像结核杆菌提取技术研究 [D]. 北京: 北京航空航天大学, 2010.
SUN Hanxuan. Research on extraction technology of mycobacterium tuberculosis in the microscopic image [D]. Beijing: Beijing University of Aeronautics and Astronautics, 2010. (in Chinese)
- [15] 钟建军. 结核菌动态显微图像智能识别关键技术研究 [D]. 上海: 东华大学, 2009.
ZHONG Jianjun. The research of key technology on the intelligent recognition and counting of tubercle bacillus of dynamic micrograph [D]. Shanghai: Donghua University, 2009. (in Chinese)