

光学显微结核杆菌图像的区域分割算法*

徐超¹,周东翔¹,刘云辉²,樊玮虹¹

(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 99077)

摘要:为提高结核杆菌目标的分割精度,提出了一种区域级的光学显微结核杆菌图像分割算法。通过顶帽—底帽变换增强彩色图像对比度,融合图像局部特征和全局信息计算图像梯度,利用分水岭算法实现对图像的初始分割;对分割区域采用相邻区域最大相似度准则进行合并,从而得到完整的目标区域;根据结核杆菌图像的特点,通过分析结核杆菌目标区域的颜色特性,采用多阈值分割的方法滤除区域中的杂质,实现对结核杆菌目标的分割。实验结果表明,可以分割出目标对比度低以及饱和度过低的结核杆菌目标,并且对不同染色背景的图像均能取得较好的分割结果。

关键词:图像处理;图像分割;分水岭;区域合并;结核杆菌

中图分类号:TP391 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-2486(2014)05-079-08

A segmentation algorithm for optical microscopic mycobacterium tuberculosis images based on region segmentation

XU Chao¹, ZHOU Dongxiang¹, LIU Yunhui², FAN Weihong¹

(1. College of Electronics Science and Engineering, National University of Defense Technology, Changsha 410073, China;

2. Department of Mechanical and Automation Engineering, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong 9999077, China)

Abstract:To improve the segmentation accuracy of mycobacterium tuberculosis (MTB) objects, a segmentation algorithm for optical microscopic MTB images in region level was proposed. Top-bottom hat transform was used to enhance the contrast of the color images, and the image gradients were computed by comprising local features and global information of the images. Watershed algorithm was employed to implement the initial segmentation. Segmented regions were then merged by using the maximum similarity criterion in adjacent regions in order to obtain integrated object regions. The method of multi-threshold segmentation in terms of the color characteristics of MTB object regions was adopted to filter the impurities and to realize the segmentation of MTB objects. Experimental results indicate that the proposed algorithm can segment MTB objects which have low contrast and saturation and can obtain well-segmented results for images in different dyeing backgrounds.

Key words: image processing; image segmentation; watershed; region merging; mycobacterium tuberculosis

基于光学显微镜的结核杆菌检测与识别的计算机辅助诊断成为近年来医学图像处理和模式识别领域中的研究热点,而结核杆菌图像目标分割(目标提取)质量的高低是该方法成功与否的关键和基础,良好的目标分割结果可以提高目标检测与识别的准确率,增强计算机辅助诊断方法的可靠性和实用性。

近几年,国内外学者主要针对抗酸染色法采集的光学显微结核杆菌图像开展了深入的研究。2008年Sadaphal等^[1]提出结合目标的先验信息,采用贝叶斯算法分割目标。随后Khutlang等^[2]提出采用混合像素分类器(贝叶斯分类器、线性

回归分类器、二次判别分类器和逻辑线性分类器)的方法分割目标。Costa等^[3]提出在R-G(R与G通道相减)通道中利用像素直方图法确定分割阈值,在对目标进行分割后,通过形态学处理去除杂质目标。由于RGB三通道之间是高度相关的,对任何一个分量的处理都会影响到其他分量,所以部分学者开始寻求在其他颜色空间实现分割的方法。2009年,文献[4]选择在HSV颜色空间的H(色调)通道和S(饱和度)通道采用Otsu^[5]自适应阈值算法分割目标。文献[6]则在YCbCr颜色空间中的Cr通道和CIE Lab空间中的a通道采用基于直方图一阶导数的方法获取目标分割

* 收稿日期:2014-03-19

基金项目:国家自然科学基金资助项目(61375032)

作者简介:徐超(1986—),男,山东滨州人,博士研究生,E-mail:xuchaonudt@gmail.com;

周东翔(通信作者),男,研究员,博士,E-mail:dxzhou@nudt.edu.cn

阈值。文献[7]提出在 HSI 颜色空间采用聚类的方法分割目标像素。Osman 等^[8]在 G 通道和由 C-Y 颜色空间导出的 S 通道采用移动 K 均值算法分割目标。

国内方面,王会莲^[9]提出在灰度空间采用 LOG 算子提取目标的边缘。钟建军^[10]提出在彩色空间对图像进行预处理,即分别对 RGB 三通道进行灰度拉伸实现彩色图像增强,然后再转换到 HSI 空间中做阈值分割。2012 年,翟永平等^[11]提出在 H 通道和 L 通道分别对样本图像进行分割,并将两通道分割后的结果进行“与”操作,用来获取更加精确的分割结果。

上述对结核杆菌目标分割的研究取得了一定进展,但仍存在一些问题亟待解决。首先,现有算法只针对某一类图像能取得较好的分割结果,但结核杆菌图像复杂多样,染色背景的差异、杂质的干扰都会对分割结果产生影响;其次,在图像采集过程中受光照、聚焦算法等因素的影响,所得图像中有的目标对比度低、边缘较弱,再加上结核杆菌目标较小,极易在分割时出现目标丢失的现象;再次,上述采用的阈值分割、聚类分割等算法均是基于像素级的目标分割方法,此类方法会因部分像素的颜色特性差异而破坏目标分割的完整性,导致出现目标“断裂”“残缺”和“孔洞”等现象。因此,寻求从目标的区域颜色特性出发研究结核杆菌图像的分割问题,避免出现上述现象。

文献[12]提出的 gPb-owt-ucm 分割算法针对自然图像^[13]分割取得了很好的效果,其中的边界全局概率 gPb (globalized probability of boundary) 用于计算图像梯度,获取图像的轮廓信息;owt (oriented watershed transform) 则是利用图像梯度进行分水岭变换得到一系列闭合区域,并结合梯度信息重新分配闭合区域边界的权重,边缘清晰、边界强度大的区域所对应的权重越大;最后根据区域边界的权重大小利用 ucm (ultrametric contour map) 算法对所有区域分层合并形成“层次树”,树的底层包含边界权重小的区域,随着层次的不不断提高逐渐去除(即合并)边界权重小的区域,从而使顶层只包含边界权重大的区域,这样通过设定边界权重阈值就可以分割出所需的目标区域。然而利用抗酸染色法采集的一幅结核杆菌图像中,往往既包含边缘清晰、强度大的目标,也包含边缘模糊、强度小的目标,因为 gPb-owt-ucm 算法在区域合并时是按照区域的边界强度依次进行的,若直接将该算法应用于结核杆菌图像的目标分割,会使图像中边界强度不同的目标位于“层次树”

的不同层次中。如果边界权重阈值过大,则会使部分边缘较弱的目标合并到背景当中;如果边界权重阈值过小,则会出现过分割,并产生大量的杂质(我们不感兴趣的目标区域)。

因此按照区域边界强度进行区域合并的方法不适合结核杆菌图像目标的分割,故对 gPb-owt-ucm 算法在区域合并阶段进行了改进,并提出了 gPb-wt-msar (globalized probability of boundary - watershed transform - max similarity of adjacent regions) 算法。该算法是一种基于区域的目标分割方法,不仅可以分割出图像中对比度较低、边缘强度较弱的目标,还能保持目标分割的完整性,避免出现目标“断裂”“残缺”和“孔洞”现象。

1 算法流程

算法流程如图 1 所示,首先将输入的 RGB 图像进行彩色图像增强,接着采用 gPb 算法获取图像梯度,在此基础上利用分水岭变换得到闭合分割区域,实现对图像的初始分割;然后结合区域的颜色信息,按照相邻区域的最大相似度准则进行区域合并;最后,采用多阈值分割的方法针对不同背景情况下的结核杆菌图像分类处理,去除区域中的杂质,得到所需的目标分割图像。

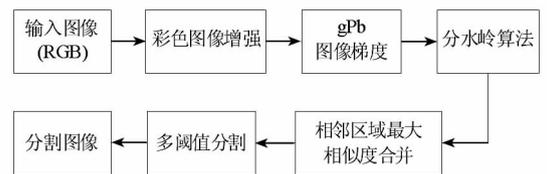


图 1 算法流程

Fig. 1 Flowchart of the proposed algorithm

1.1 结核杆菌图像特点

结核杆菌目标是一种个体极小(一般长 $1\mu\text{m}$ 左右,宽 $0.4\mu\text{m}$ 左右)、形态变化多样的非刚体目标,其外形总体来说呈现细长、略弯曲状,但不同目标之间又存在一些差异,比如在目标长短、粗细、弯曲程度上都存在很多变化。结核杆菌目标在抗酸染色条件下一般呈红色,而图像中的杂质则一般呈蓝色(也存在部分红色、黄色等其他颜色的杂质),图像背景则根据痰液涂片的染色情况呈灰白、浅蓝或浅红色。如图 2 所示,图中(a)是不同背景下的结核杆菌目标,可见不同背景下的目标颜色特性存在一定的差异,同时不同目标之间在形状上也不尽相同;图中(b)则是结核杆菌图像中经常出现的一些杂质,杂质的形状和颜色也具有不确定性,有的杂质与目标颜色相近。

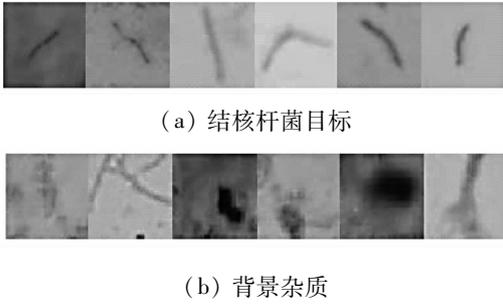


图2 典型结核杆菌目标及杂质

Fig.2 Typical MTB objects and impurities

1.2 彩色图像增强

由于结核杆菌图像在获取时不仅受到外部因素(如光照、相机和聚焦算法等)的影响,复杂的图像背景也会使部分结核杆菌目标不易分辨。因此,为了提高算法的分割精度,更好地把目标与背景区分开,首先对输入的彩色图像进行对比度增强。

由于RGB颜色空间中各分量之间是高度相关的,因此为了确保图像增强后目标的颜色特征保持不变,将输入图像从RGB颜色空间转换到各分量之间相互独立的HSV颜色空间,然后只对目标外形保持较好的V通道(即亮度分量)进行增强操作,从而可以确保增强后的图像其目标色调(H分量)和饱和度(S分量)均保持不变。在对V通道进行增强时,首先利用中值滤波的方法滤除背景中存在的椒盐噪声,以降低噪声对后面增强过程的影响,同时还可以较好地保持目标的边缘信息;然后采用数学形态学中的顶帽—底帽变换,如式(1),增强V通道图像对比度,最后再将增强后的图像转换到RGB颜色空间,方便后续处理。

$$\begin{aligned} f_1 &= f - (f \circ b) \\ f_2 &= f - (f \bullet b) \\ f_i &= (f + f_1) - f_2 \end{aligned} \quad (1)$$

式(1)中 f 为输入图像, b 为结构元素,符号 \circ 表示开运算, \bullet 表示闭运算, f_1 为顶帽变换, f_2 为底帽变换, f_i 为增强结果。根据结核杆菌目标的外形特征, b 采用圆盘形结构可得到较好的效果。图3所示为彩色图像增强结果,图中(a)是原始输入图像,(b)是(a)对应的V通道图像,(c)是对(b)增强后的结果,(d)是增强后的彩色图像显示结果。可以看出,变换后的图像其目标对比度有所增强,这将有利于在下一步计算图像梯度时能获取更清晰的目标边缘,从而可以提高目标分割的精度,尤其是对于那些与周围背景像素颜色特性差异不明显的目标来说,其发挥的作用尤为

重要。当然该方法也会在一定程度上增强背景噪声,使得在分水岭阶段产生一定的过分割,但经过后面的区域合并处理后,并不会对最终分割结果带来影响。

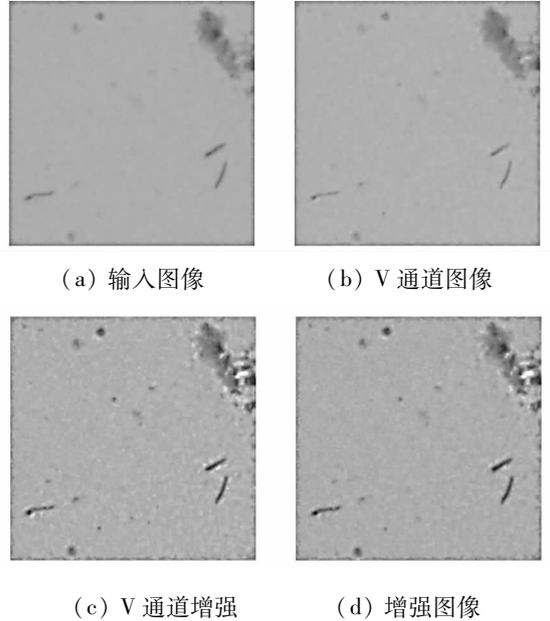


图3 彩色图像增强结果

Fig.3 Results of color image enhancement

1.3 基于gPb的分水岭变换

gPb算法如引言中所述是一种计算图像梯度的方法,该算法包括两个部分:mPb(multiscale probability of boundary)和sPb(spectral probability of boundary),所得梯度结果是两者的加权,如式(2)所示,其中 (x, y) 表示像素坐标, θ 表示梯度方向, α 和 β 分别为mPb和sPb的权重系数。

$$f_{gPb}(x, y, \theta) = \alpha \cdot f_{mPb}(x, y, \theta) + \beta \cdot f_{sPb}(x, y, \theta) \quad (2)$$

文献[14]提出的梯度计算方法是通过对CIE Lab颜色空间中的每个通道以及纹理通道中的各像素在单一尺度(半径)上分别计算8个方向的梯度,然后对在不同通道下获得的像素梯度线性加权求和实现的,是一种基于局部特征的梯度计算方法。而mPb则是在此基础上,计算各像素在3个尺度上的梯度,可以适用于不同尺度大小的目标,进一步增强梯度幅值,同时降低背景噪声对目标梯度的影响。文献[15]提出的Ncuts是把图像分割问题转化为求解一般特征值的问题,并利用其对应的特征向量得到分割图像的方法,此方法可以提取图像中比较显著的边缘响应,是一种基于全局信息的分割方法。sPb则是借鉴该方法的思想,利用mPb求出的梯度建立像素间的相似矩阵,通过求解该矩阵得到17个最小特征值

对应的特征向量, 将其在 8 个方向上进行高斯微分卷积并加权求和实现的。因此, gPb 算法融合了图像的局部特征和全局信息, 能对目标轮廓取得更好的响应。

分水岭 (watershed) 算法是一种基于区域的图像分割算法, 它的基本思想是模拟水流淹没地形的过程。利用分水岭算法对图像做初始分割, 可以将边缘强度较弱、不明显的目标从背景中分割出来, 并可同时获得闭合的连通区域。通过 gPb 算法获取的图像梯度可以当作分水岭变换的“地形”, 模拟水流淹没实现对目标的初始分割。

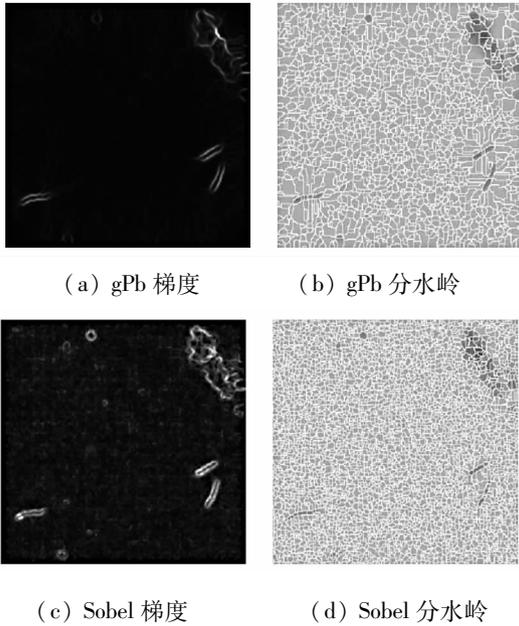


图 4 初始分割结果对比

Fig. 4 Results comparison of initial segmentation

图 4 所示为分别采用两种梯度计算方法得到的初始分割结果。图中 (a) 和 (c) 分别是采用 gPb 算法和 Sobel 算子对图 3 (d) 求得的图像梯度, 而 (b) 和 (d) 则是分别对 (a) 和 (c) 进行分水岭变换得到的结果。变换后的图像被分割成若干个闭合区域, 区域间的交界处就是“分水岭线”。对比图 4 (a) 和 (c) 可以明显地看出, 采用 gPb 算法得到的图像梯度对背景噪声起到了很好的抑制作用, 并且使目标内部梯度平滑、目标轮廓清晰; 同时对比图 4 (b) 和 (d) 可以看出基于 gPb 算法的分水岭变换 (globalized probability of boundary - watershed transform, gPb - wt) 得到的目标区域边缘平滑, 目标周围区域过分割不明显, 因而有利于在区域合并阶段避免杂质区域的干扰, 准确地将目标区域合并在一起。故采用基于 gPb 的分水岭变换实现对目标的初始分割, 对于该步骤产生的过分割现象, 可以利用区域合并

的方法加以解决。

1.4 相邻区域最大相似度合并

在通过 gPb-wt 得到图像的初始分割结果后, 采用相邻区域最大相似度 (max similarity of adjacent regions, msar) 准则进行区域合并。顾名思义就是在某个区域的所有相邻区域中, 选择与其相似度最大的区域, 并且当两者的相似度大于某个阈值时, 将这两个区域合并。采用此种区域合并方法可以减少区域间相似度的计算量, 快速地将过分割的目标区域合并成完整的目标, 并且不同目标之间在区域合并时不相互影响。

1.4.1 获取相邻区域标记

在初始分割后, 每个区域都有自己的编号 (即区域标记), 利用数学形态学方法获取相邻区域标记。首先, 去除初始分割中的“分水岭线”, 然后利用形态学膨胀的方法得到候选区域一个像素宽的外边界, 最后查找外边界上的像素所隶属的区域标记, 如式 (3) 所示。 $\beta(R)$ 表示区域 R 的外边界, B 是由 1 组成的 3×3 大小的结构元素, \oplus 表示膨胀操作。

$$\beta(R) = (R \oplus B) - R \quad (3)$$

1.4.2 区域相似度度量

从图 4 (b) 中可以看出, 初始分割得到的目标区域在形状和大小上无规律可循, 但是同一目标的不同区域之间的颜色却无明显差异, 因此利用区域的颜色信息度量区域间的相似性。通过建立区域的颜色直方图^[16], 将 RGB 的 3 个通道分别量化为 16 个等级, 则每个区域可生成量化等级为 $16 \times 16 \times 16 = 4096$ 的直方图, 然后根据巴氏系数度量区域间的相似性, 如式 (4) 所示。 $\rho(R, Q)$ 表示两区域 R 和 Q 之间的相似度, 其取值范围 $[0, 1]$, 两者的归一化直方图分别为 $hist_R^u$ 和 $hist_Q^u$, u 表示直方图的元素。

$$\rho(R, Q) = \sum_{u=1}^{4096} \sqrt{hist_R^u \cdot hist_Q^u} \quad (4)$$

1.4.3 区域合并流程

如下所述为具体的区域合并流程:

- a) 统计各标记区域的面积和颜色直方图;
- b) 对于候选区域 R_i , 获取它对应的相邻区域标记 A_i , 并计算 R_i 与所有相邻区域间的相似度 ρ_i ;
- c) 选取 ρ_i 中的最大值 $\rho_{i\max}$ (假设该值是区域 R_i 与 R_j 之间的相似度, $j \neq i$), 当满足 $\rho_{i\max} > T$ (T 为合并阈值, 取 $T = 0.78$) 时, 将 R_i 与 R_j 合并, 即将标记为 R_i 的区域替换成 R_j 并更新 R_j 的面积大小与颜色直方图;

d) 进入下一候选区域 R_{i+1} , 转到步骤 b, 直到遍历一次所有区域;

e) 当遍历一次所有区域没有发生区域合并的操作时, 终止合并过程, 按大小顺序更新合并后的区域标记, 否则继续遍历所剩区域。

按照上述区域合并流程, 在步骤 c 中必须设定区域合并的阈值 T , 以此作为区域合并的终止条件。 T 的取值是根据大量实验求取的平均值, 若更换不同的实验数据对合并结果影响不大。

图 5 所示为对图 4(b) 进行区域合并后的结果(为了便于观察, 在此按照区域标记显示伪彩色图像), 图中包含了 40 个连通区域, 在初始分割中过分割的目标已经合并成完整的目标, 但是所剩区域中仍有许多杂质区域没有合并到背景区域中, 这些杂质区域将通过下面的多阈值分割方法去除。

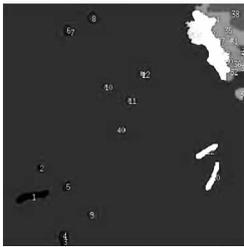


图 5 区域合并结果

Fig. 5 Result of region merging

1.5 多阈值分割

在对增强后的输入图像采用 gPb-wt-msar 算法处理过后, 得到的区域中包含结核杆菌目标、图像背景以及部分杂质。为了进一步优化分割结果, 还需要对得到的连通区域采取相应的后处理。实验表明采用抗酸染色法在不同痰液涂片下采集的结核杆菌图像, 其图像背景有时偏蓝、有时偏红。从而给后处理过程带来较大的困难, 采用单一的颜色阈值在不同染色背景下往往无法取得较好的分割结果。所以根据结核杆菌图像的特点, 通过分析不同背景情况下的结核杆菌目标区域的颜色特性, 采用多阈值分割的方法滤除区域中的杂质。

1.5.1 背景分类

结核杆菌图像中由于目标较小, 背景像素占据图像的大部分区域, 故在区域合并过后选取面积最大的区域 R_{max} 代表背景区域。通过分析 R_{max} 的色调均值, 就可以对不同背景的图像进行分类。事先将输入图像分成 3 类, 红色背景、蓝色背景和白色背景, 对每一类图像抽取 30 幅实验样本, 利用 gPb-wt-msar 算法选取 R_{max} 计算背景色调, 实验

统计结果如图 6 所示。图中横坐标表示图像序列, 纵坐标表示图像的背景色调, 从图中可以看出不同类型图像的背景色调有所不同, 并且红色背景色调分成了两部分, 大于 0 的附近和小于 360 的附近, 这是因为 HSV 空间中色调分量的取值是在 0 到 360 之间循环, 红色背景对应的色调范围包含 0 点(也就是 360)及其两侧附近的区域。

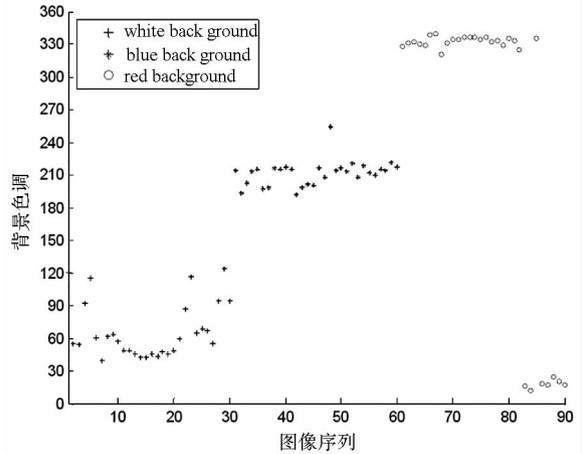


图 6 背景色调统计

Fig. 6 Statistics of background hue

根据样本的背景色调统计结果, 取不同背景之间最短欧式距离对应的两个色调的均值作为背景分类的色调阈值, 经过计算如式(5)所示。

$$\begin{cases} \text{bluebackground} & 158 < H_{R_{max}} \leq 286 \\ \text{whitebackground} & 32 < H_{R_{max}} \leq 158 \\ \text{redbackground} & H_{R_{max}} \leq 32 \text{ or } H_{R_{max}} > 286 \end{cases} \quad (5)$$

其中 $H_{R_{max}}$ 表示区域 R_{max} 的色调均值。通过上述方法获取背景色调的取值范围后, 就可以对输入图像进行分类, 然后针对不同背景的图像再分别设定相应的分割阈值去除图像中的杂质, 以提高目标分割的质量。

1.5.2 目标区域颜色特性分析

杂质去除较常用的方法^[17]是将输入图像转换到 HSV 空间中, 然后根据结核杆菌目标在各通道的颜色特性设定分割阈值来去除杂质。然而不同染色背景图像中结核杆菌的目标颜色特性会发生一定的变化, 如图 2(a) 所示。表 1 所示为 1.5.1 节中所采用的样本图像的目标均值在 H 通道和 V 通道的取值范围。蓝色背景下的目标色调均值(高于 230)要比红色背景和白色背景中的目标色调均值高, 但是其目标亮度均值(最低可为 124)却比红色背景和白色背景中的低。因此, 在去除杂质时应采用多阈值分割, 针对不同染色背景图像设定不同的

阈值,以避免在杂质去除过程中误将目标滤除;同时我们还发现不管背景为何种类型图像,目标在 V 通道(0~255)的亮度均值的上限均小于背景区域 R_{\max} 的亮度均值 $V_{R_{\max}}$,故可以利用 $V_{R_{\max}}$ 作为目标亮度均值的上限。由于目标的饱和度在各类图像中均会出现过低或过高的现象,根据对现有样本中目标饱和度的分析,并参考文献[17]的饱和度阈值,将该阈值范围进一步扩展到[19,150],这样可以在很大程度上确保目标不会因阈值范围过窄而被当作杂质过滤掉。

表 1 结核杆菌在不同背景下的目标颜色特性

Tab. 1 Object color traits of MTB in different backgrounds

image type	H channel	V channel
blue background	>230	>124
white background	>200	>158
red background	>200	>180

按照上面所述采用多阈值分割后,不满足条件的杂质区域将被标记为背景,最后再对像素面积过小(小于 60 像素,因结核杆菌目标面积一般大于 60 像素)的区域进行处理。面积过小的区域可能是杂质,也可能是受图像采集过程中的影响,目标颜色特性产生微弱变化的区域,导致在区域合并时没有满足合并阈值。因此,最后再将面积过小的区域按照相邻区域最大相似度准则合并,此时不设合并阈值,从而尽可能地将面积过小的区域与相邻最相似区域合并。如果该面积过小区域本身属于目标区域,则通过该步骤后会使得该区域重新划分到所在目标区域当中,否则将会被标记为背景区域。

图 7 所示为算法作用在图 3(a)中的分割结果,是将分割得到的二值图像与输入图像求交后的显示结果。图像中的 3 个结核杆菌目标在经过 gPb-wt-msar 和多阈值分割后被完整地分割出来,图像中的杂质也已全部被过滤掉,为下一步的目标分类识别奠定了基础。



图 7 最终分割结果

Fig. 7 Final segmentation result

2 实验结果及分析

算法是在 Ubuntu 系统下利用 Matlab 仿真软件实现的。下面通过对比图像分割结果和分割精度的定量分析来验证算法的性能。

2.1 分割结果对比

选取了 4 组典型的样本图像进行实验,并将本文算法的分割结果与 gPb-owt-ucm、文献[11]进行比较,由于 gPb-owt-ucm 算法针对结核杆菌图像无后处理步骤,所以在后处理时也采用提出的多阈值分割方法。4 组输入图像如图 8 第 1 列所示,从上到下依次是蓝色背景图像、白色背景图像、红色背景图像和轻微离焦图像。

实验结果如图 8 的第 2 列到第 5 列所示,第 2 列为人工分割结果,第 3 列到第 5 列分别为 gPb-wt-msar、gPb-owt-ucm 算法和文献[11]算法得到的分割结果。文献[11]采用像素级分割方法,由于受到目标内部各别像素的影响,使分割后的目标出现了“残缺”“孔洞”以及“断裂”的现象,而 gPb-wt-msar 和 gPb-owt-ucm 则是基于区域级的目标分割,可以减弱个别像素的颜色特性“突变”所带来的影响;由于文献[11]采用单一阈值分割,也使得该算法鲁棒性较差,针对不同背景颜色的图像所得的分割结果差异明显。gPb-wt-msar 和 gPb-owt-ucm 在实验中均采用多阈值分割方法,因此针对不同背景的图像都取得了较好的分割结果。但是 gPb-owt-ucm 与 gPb-wt-msar 相比,在分割时容易将目标合并到背景中导致目标丢失例如红色背景图像的分割结果;也会出现将部分杂质与目标合并的情况,例如蓝色背景图像的分割结果,从而使目标形状发生变化,最终降低目标分割精度,影响到后面的目标识别。

2.2 分割精度定量分析

对 50 幅不同背景颜色的样本图像进行分割,并将各算法分割得到的结果与人工分割结果进行对比,通过计算 Zijdenbos 相似指数 (Zijdenbos Similarity Index, ZSI)^[18] 评估算法的分割精度,该值从分割区域面积和位置两个角度评估算法的分割精度,其具体定义如式(6)所示。 A_1 和 A_2 分别表示实验中所采用的算法和通过人工分割得到的目标区域,ZSI 取值范围[0,1],越接近 1 则说明分割精度越高。

$$ZSI = 2 \frac{|A_1 \cap A_2|}{|A_1| + |A_2|} \quad (6)$$

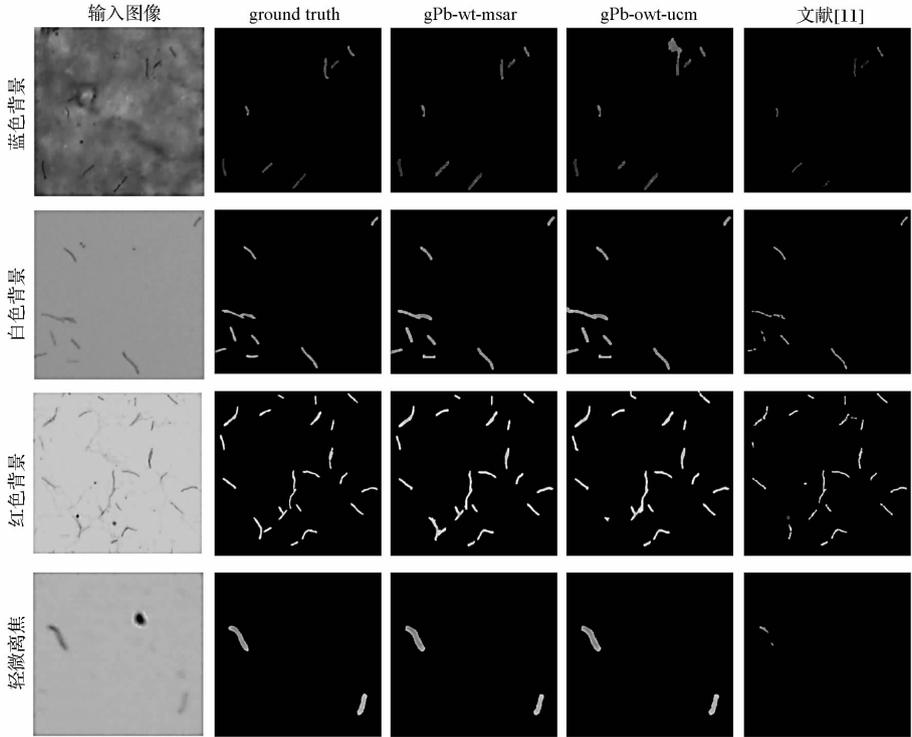


图8 实验结果对比

Fig. 8 Comparison of experimental result

图9所示为各算法所得到的ZSI分割精度曲线,图中横轴表示图像序列,纵轴表示ZSI值。

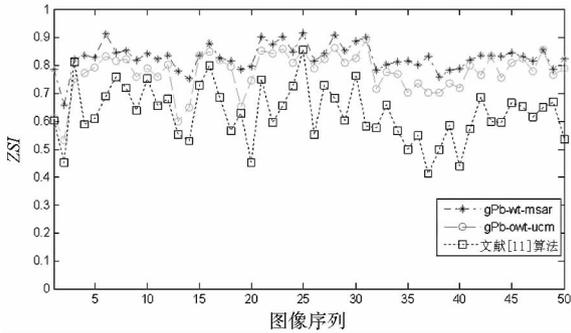


图9 分割精度曲线

Fig. 9 Curves of segmentation accuracy

表2则是图9中各条ZSI曲线所对应的均值 μ_{ZSI} 和标准差 σ_{ZSI} ,两者反映了算法的平均分割精度和鲁棒性。对于结核杆菌图像来说,由于目标面积较小,在分割时稍有偏差就会对ZSI结果带来影响,故针对结核杆菌图像计算的ZSI普遍偏低。

表2 分割精度对比

Tab. 2 Comparison of segmentation accuracy

Algorithm	μ_{ZSI}	σ_{ZSI}
gPb-wt-msar	0.82	0.04
gPb-owt-ucm	0.77	0.07
文献[11]	0.62	0.09

从表2中可以看出,文献[11]的 μ_{ZSI} 最低, σ_{ZSI} 最高,说明在实验中该算法的分割结果精度最低,并且鲁棒性不高;gPb-owt-ucm算法的 μ_{ZSI} 则比文献[11]要高,并且 σ_{ZSI} 要低一些,说明该算法的分割结果优于文献[11];gPb-wt-msar算法的 μ_{ZSI} 最高,并且 σ_{ZSI} 最低,表明本文算法所得分割结果精度最高,并且鲁棒性好,针对不同背景的图片均能取得较好的分割结果。

3 结论

通过上面的实验结果分析可知,针对结核杆菌图像目标分割的gPb-wt-msar算法是一种基于目标区域级的分割算法,比以往基于目标像素级的分割方法能取得更优的分割结果。该算法尤其对那些边缘较弱、不明显的目标能保持较好的分割结果,避免分割时出现目标“断裂”“残缺”和“孔洞”现象,很好地保证了目标分割的完整性,提高了目标分割的精度,结合多阈值分割处理使得该算法对不同染色背景的图片均能得到较好的分割效果。当然,本文算法还存在一定的不足,由于gPb算法计算图像梯度比较耗时,使得本文算法在Intel(R) Core(TM) i3 2.93GHz CPU的硬件环境下,处理大小512×512像素的图像耗时约1min,因此下一步可以着手优化gPb算法,进一步提升算法速度。

参考文献 (References)

- [1] Sadaphal P, Rao J, Comstock G W, et al. Image processing techniques for identifying mycobacterium tuberculosis in Ziehl-Neelsen stains [J]. The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease, 2008, 12(5): 579 - 582.
- [2] 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, 2010, 14(4): 949 - 957.
- [3] Costa M G F, Cicero F F, Sena J F, et al. Automatic identification of mycobacterium tuberculosis with conventional light microscopy [C]//Proceedings of 30th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, 2008: 382 - 385.
- [4] Makkapati V, Agrawal R, Acharya R. Segmentation and classification of tuberculosis bacilli from ZN-stained sputum smear images [C]//Proceedings of IEEE International Conference on Automation Science and Engineering, 2009: 217 - 220.
- [5] Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms [J]. IEEE Systems, Man, and Cybernetics Society, 1979, 9(1): 62 - 66.
- [6] Sotaquira M, Rueda L, Narvaez R. Detection and quantification of bacilli and clusters present in sputum smear samples: a novel algorithm for pulmonary tuberculosis diagnosis [C]//Proceedings of International Conference on Digital Image Processing, 2009: 117 - 121.
- [7] Nayak R, Shenoy V P, Galigekere R R. A new algorithm for automatic assessment of the degree of TB-infection using images of ZN-stained sputum smear [C]//Proceedings of 2010 International Conference on Systems in Medicine and Biology, 2010: 294 - 299.
- [8] Osman M K, Mashor M Y, Jaafar H. Detection of Mycobacterium tuberculosis in Ziehl-Neelsen stained tissue images using zernike moments and hybrid multilayered perceptron network [C]//Proceedings of 2010 IEEE International Conference on Systems Man and Cybernetics (SMC 2010), 2010: 4049 - 4055.
- [9] 王会莲. 结核细胞自动识别系统中关键技术的研究 [D]. 北京: 北京化工大学, 2006: 16 - 21.
WANG Huilian. The research of key techniques for auto recognition tuberculosis cells [D]. Beijing: Beijing University of Chemical Technology, 2006: 16 - 21.
- [10] 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.
- [11] 翟永平, 周东翔, 刘云辉. 基于颜色及梯度统计特征的结核杆菌目标识别 [J]. 国防科技大学学报, 2012, 34(5): 146 - 152.
ZHAI Yongping, ZHOU Dongxiang, LIU Yunhui. Recognition of mycobacterium tuberculosis in microscopic images based on color and gradient feature [J]. Journal of National University of Defense Technology, 2012, 34(5): 146 - 152.
- [12] Arbelaez P, Maire M, Fowlkes C, et al. Contour detection and hierarchical image segmentation [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2011, 33(5): 898 - 916.
- [13] Martin D R, Fowlkes C C, Tal D, et al. A database of human segmented natural images and its application to evaluating segmentation algorithms and measuring ecological statistics [C]. Proceedings of Eighth IEEE Int'l Conference Computer Vision, 2001.
- [14] Martin D R, Fowlkes C C, Malik J. Learning to detect natural image boundaries using local brightness, color and texture cues [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2004, 26(5): 530 - 549.
- [15] Shi J, Malik J. Normalized cuts and image segmentation [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2000, 22(8): 888 - 905.
- [16] Ning J F, Zhang L, Zhang D, et al. Interactive image segmentation by maximal similarity based region merging [J]. Pattern Recognition, 2010, 43(2): 445 - 456.
- [17] 翟永平. 基于显微图像的结核杆菌自动检测关键技术研究 [D]. 长沙: 国防科学技术大学, 2012.
ZHAI Yongping. Automatic detection of mycobacterium tuberculosis using microscopic images [D]. Changsha: National University of Defense Technology, 2012.
- [18] Zijdenbos A P, Dawant B M, Margolin R A, et al. Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: method and validation [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1994, 13(4): 716 - 724.