



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 112270684 B

(45) 授权公告日 2021.04.06

(21) 申请号 202011554677.1

G06T 7/33 (2017.01)

(22) 申请日 2020.12.25

G06T 7/11 (2017.01)

(65) 同一申请的已公布的文献号

G06T 7/136 (2017.01)

申请公布号 CN 112270684 A

G06T 7/155 (2017.01)

G06T 7/194 (2017.01)

(43) 申请公布日 2021.01.26

G06T 7/60 (2017.01)

G06T 7/90 (2017.01)

(73) 专利权人 宁波兰茜生物科技有限公司

地址 315200 浙江省宁波市镇海区骆驼街  
道福业街55号6-1-604室

(56) 对比文件

CN 111751371 A, 2020.10.09

CN 110088804 A, 2019.08.02

US 2013243755 A1, 2013.09.19

(72) 发明人 蒋谊 余莉 韩方剑 黄少冰

廖丽燕

审查员 吴瑶裔

(74) 专利代理机构 湖南兆弘专利事务所(普通

合伙) 43008

代理人 谭武艺

(51) Int. Cl.

G06T 7/00 (2017.01)

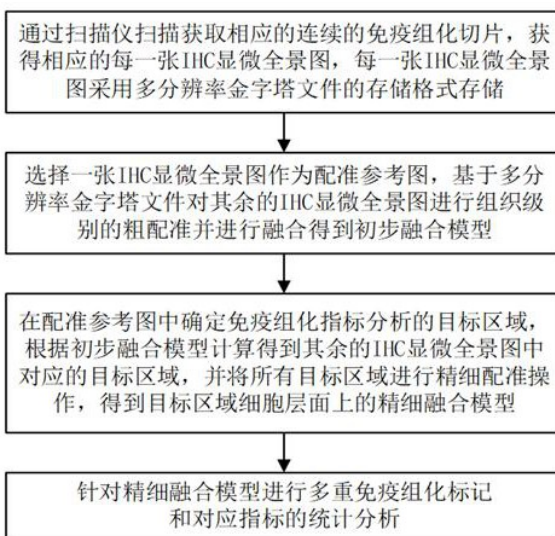
权利要求书2页 说明书6页 附图5页

(54) 发明名称

一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法及系统

(57) 摘要

本发明公开了一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法及系统,本发明能够实现对多组免疫组化显微全景图进行虚拟多重标记及对特定区域进行自动定量分析,在保证各项分析计算指标结果准确的前提下,运用虚拟多重标记对多种不同抗体(或抗原)在同一部位的表达进行对比和观测,并对其表达强度进行客观判读,这可以很好地解决在临床病理工作以及科学研究中对抗体(或抗原)多重标记及进行可靠的定量分析的需求,减去医务人员和科研人员进行手动人工计算分析的繁杂工作,高效辅助医生和科研人员完成免疫组化多重标记后的各项免疫组化指标的分析。



1. 一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在于,包括:

1) 通过扫描仪扫描获取相应的连续的免疫组化切片,获得相应的每一张IHC显微全景图,每一张IHC显微全景图采用多分辨率金字塔文件的存储格式存储;

2) 选择一张IHC显微全景图作为配准参考图,基于多分辨率金字塔文件对其余的IHC显微全景图进行组织级别的粗配准并进行融合得到初步融合模型;

3) 在配准参考图中确定免疫组化指标分析的目标区域,根据初步融合模型计算得到其余的IHC显微全景图中对应的目标区域,并将所有目标区域进行细胞层面的精细配准操作,得到IHC癌组织图片块;

4) 针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析。

2. 根据权利要求1所述的显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在于,步骤1)中通过扫描仪扫描获取相应的连续的免疫组化切片时,单张免疫组化切片的厚度为2~3微米。

3. 根据权利要求2所述的显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在于,步骤2)中基于多分辨率金字塔文件对其余的IHC显微全景图进行组织级别的粗配准并进行融合得到初步融合模型的步骤包括:

2.1) 基于SIFT特征匹配算法对多分辨率金字塔文件中高层分辨率较小的图层进行配准,得到包括平移量、旋转角度和缩放比例在内的配准参数;

2.2) 利用已经得到的配准参数,应用于多分辨率金字塔文件中底层的图像,完成作为配准参考图和其余每一组IHC显微全景图中的每一个图片块的一一配对的初步配准过程;

2.3) 将初步配准好的IHC显微全景图立体叠加,得到初步融合模型。

4. 根据权利要求3所述的显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在于,步骤3)中将所有目标区域进行精细配准操作的步骤包括:再次基于SIFT特征匹配算法对多分辨率金字塔文件中高层分辨率较小的图层进行细胞层面上的配准,得到包括平移量、旋转角度和缩放比例在内的配准参数;利用已经得到的配准参数,应用于多分辨率金字塔文件中底层的图像,完成作为配准参考图和其余每一组IHC显微全景图中的每一个所有目标区域的一一配对的精细配准过程,得到IHC癌组织图片块。

5. 根据权利要求1所述的显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在于,步骤4)中针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析是指针对目标区域进行癌细胞中的阳性细胞数和非阳性细胞数统计,所述阳性细胞包括核阳性细胞,浆阳性细胞和膜阳性细胞。

6. 根据权利要求5所述的显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在于,所述进行癌细胞中的阳性细胞数和非阳性细胞数统计的步骤包括:针对精细配准得到的IHC癌组织图片块,利用颜色解卷积的方法,进行染色通道分离和颜色归一化处理;接着利用分水岭算法,对经预处理之后的图片块,进行分割,分离得到癌组织前景和背景区域;接着通过自动阈值分割、图像膨胀腐蚀操作后,找到每个细胞的轮廓;接着根据颜色、形状,区分得到阳性细胞和非阳性细胞;最后分别统计得到的阳性细胞数和非阳性细胞数。

7. 根据权利要求6所述的显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在于,步骤4)中针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析后还包括根据得到的阳性细胞数 $R_{1,i}$ 和非阳性细胞数 $R_{2,i}$ 计算阳性率的步骤,其中 $i=1,2,3,\dots,N,N$ 为需要

统计的癌组织图片块数量。

8. 根据权利要求7所述的显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,其特征在於,所述根据得到的阳性细胞数 $R_{1,i}$ 和非阳性细胞数 $R_{2,i}$ 计算阳性率的函数表达式为:

$$H_{rate} = \frac{\sum_{i=1}^N R_{1,i}}{\sum_{i=1}^N (R_{1,i} + R_{2,i})}$$

上式中, $H_{rate}$ 为阳性率, $R_{1,i}$ 为阳性细胞数, $R_{2,i}$ 为非阳性细胞数,其中 $i=1,2,3,\dots,N$ , $N$ 为需要统计的癌组织图片块数量。

9. 一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析系统,包括相互连接的微处理器和存储器,其特征在於,所述微处理器被编程或配置以执行权利要求1~8中任意一项所述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的步骤,或者所述存储器中存储有被编程或配置以执行权利要求1~8中任意一项所述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的计算机程序。

10. 一种计算机可读存储介质,其特征在於,所述计算机可读存储介质中存储有被编程或配置以执行权利要求1~8中任意一项所述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的计算机程序。

## 一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法及系统

### 技术领域

[0001] 本发明涉及数字图像处理领域、生物医学工程技术领域以及显微病理自动分析领域,具体涉及一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法及系统。

### 背景技术

[0002] 免疫组织化学(Immunohistochemistry)又称免疫细胞化学。它是组织化学的分支,它是用标记的特异性抗体(或抗原)对组织内抗原(或抗体)的分布进行组织和细胞原位检测技术。作为一种成熟、可靠,经济性强且广泛应用的技术手段,目前在临床病理诊断及科学研究中应用广泛,对于肿瘤组织来源的判断、肿瘤风险的评估、治疗方法的选择,以及各种实验中观测组织、细胞抗体(或抗原)表达的水平及分布范围具有不可替代的作用。

[0003] 传统的免疫组化,一次只能标记一种抗体(或抗原),而且目前对免疫组化的判读均为人工半定量判读,判读的结果往往随机性强,人为干扰大,客观性差,对于同一个细胞或者同一块区域的不同抗体(或抗原)的标记及表达对比,以及研究它们之间的相关性带来了相当的难度及极大的误差。而对比不同抗体(或抗原)标记在同一部位或者同一细胞当中的表达,在临床病理诊断以及众多科学实验场景中是非常必须和必要的,因此,如何能够对抗体(或抗原)多重标记及进行可靠的定量分析成为当前研究的热点。

[0004] 双标免疫组化是现在应用比较好的一种方式,它具有可以同时标记两种抗体(或抗原)的能力,其原理就是根据阳性表达部位和阳性表达区域不同所建立的一种直观的多色定位的染色方法。其标记的对象是两种细胞部位,包括膜+浆型、膜+核型、浆+核型三种组合,但此种方法局限性也很明显,首先它切不可用于膜+膜型,核+核型以及浆+浆型的抗体(或抗原)标记,会影响效果和颜色重叠;其次,由于免疫组化基本原理是抗原抗体结合,同时标记两种抗体(或抗原)容易产生交叉反应,可能导致假阳性或假阴性,这将影响染色的效果和准确性,这也是该方法主要用于科研,而暂时没有在临床病理诊断中广泛应用的原因;最后该方法仅能够同时标记两种抗体(或抗原),无法同时标记多种抗体(或抗原),而且没有根本的解决免疫组化客观判读的问题。

### 发明内容

[0005] 本发明要解决的技术问题:针对现有技术的上述问题,提供一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法及系统,本发明能够实现多组免疫组化显微全景图进行虚拟多重标记及对特定区域进行自动定量分析,在保证各项分析计算指标结果准确的前提下,运用虚拟多重标记对多种不同抗体(或抗原)在同一部位的表达进行对比和观测,并对其表达强度进行客观判读,这可以很好地解决在临床病理工作以及科学研究中对抗体(或抗原)多重标记及进行可靠的定量分析的需求,减去医务人员和科研人员进行手动人工计算分析的繁杂工作,高效辅助医生和科研人员完成免疫组化多重标记后的各项免疫组化指标的分析。

[0006] 为了解决上述技术问题,本发明采用的技术方案为:

[0007] 一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法,包括:

[0008] 1)通过扫描仪扫描获取相应的连续的免疫组化切片,获得相应的每一张IHC显微全景图,每一张IHC显微全景图采用多分辨率金字塔文件的存储格式存储;

[0009] 2)选择一张IHC显微全景图作为配准参考图,基于多分辨率金字塔文件对其余的IHC显微全景图进行组织级别的粗配准并进行融合得到初步融合模型;

[0010] 3)在配准参考图中确定免疫组化指标分析的目标区域,根据初步融合模型计算得到其余的IHC显微全景图中对应的目标区域,并将所有目标区域进行精细配准操作,得到IHC癌组织图片块;

[0011] 4)针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析。

[0012] 可选地,步骤1)中通过扫描仪扫描获取相应的连续的免疫组化切片时,单张免疫组化切片的厚度为2~3微米。

[0013] 可选地,步骤2)中基于多分辨率金字塔文件对其余的IHC显微全景图进行组织级别的粗配准并进行融合得到初步融合模型的步骤包括:

[0014] 2.1)基于SIFT特征匹配算法对多分辨率金字塔文件中高层分辨率较小的图层进行配准,得到包括平移量、旋转角度和缩放比例在内的配准参数;

[0015] 2.2)利用已经得到的配准参数,应用于多分辨率金字塔文件中底层的图像,完成作为配准参考图和其余每一组IHC显微全景图中的每一个图片块的一一配对的初步配准过程;

[0016] 2.3)将初步配准好的IHC显微全景图立体叠加,得到初步融合模型。

[0017] 可选地,步骤3)中将所有目标区域进行精细配准操作的步骤包括:再次基于SIFT特征匹配算法对多分辨率金字塔文件中高层分辨率较小的图层进行细胞层面上的配准,得到包括平移量、旋转角度和缩放比例在内的配准参数;利用已经得到的配准参数,应用于多分辨率金字塔文件中底层的图像,完成作为配准参考图和其余每一组IHC显微全景图中的每一个所有目标区域的一一配对的精细配准过程,得到IHC癌组织图片块。

[0018] 可选地,步骤4)中针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析是指针对目标区域进行癌细胞中的阳性细胞数和非阳性细胞数统计。

[0019] 可选地,所述进行癌细胞中的阳性细胞数和非阳性细胞数统计的步骤包括:针对精细配准得到的IHC癌组织图片块,利用颜色解卷积的方法,进行染色通道分离和颜色归一化处理;接着利用分水岭算法,对经预处理之后的图片块,进行分割,分离得到癌组织前景和背景区域;接着通过自动阈值分割、图像膨胀腐蚀操作后,找到每个细胞的轮廓;接着根据颜色、形状,区分得到阳性细胞和非阳性细胞;最后分别统计得到的阳性细胞数和非阳性细胞数,所述阳性细胞包括核阳性细胞,浆阳性细胞和膜阳性细胞。

[0020] 可选地,步骤4)中针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析后还包括根据得到的阳性细胞数 $R_{1,i}$ 和非阳性细胞数 $R_{2,i}$ 计算阳性率的步骤,其中 $i=1,2,3,\dots,N$ , $N$ 为需要统计的癌组织图片块数量。

[0021] 可选地,所述根据得到的阳性细胞数 $R_{1,i}$ 和非阳性细胞数 $R_{2,i}$ 计算阳性率的函数表达式为:

$$[0022] \quad H_{rate} = \frac{\sum_{i=1}^N R_{1,i}}{\sum_{i=1}^N (R_{1,i} + R_{2,i})}$$

[0023] 上式中,  $H_{rate}$  为阳性率,  $R_{1,i}$  为阳性细胞数,  $R_{2,i}$  为非阳性细胞数, 其中  $i=1, 2, 3, \dots, N$ ,  $N$  为需要统计的癌组织图片块数量。

[0024] 此外, 本发明还提供一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析系统, 包括相互连接的微处理器和存储器, 所述微处理器被编程或配置以执行前述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的步骤, 或者所述存储器中存储有被编程或配置以执行前述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的计算机程序。

[0025] 此外, 本发明还提供一种计算机可读存储介质, 所述计算机可读存储介质中存储有被编程或配置以执行前述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的计算机程序。

[0026] 和现有技术相比, 本发明具有下述优点: 本发明能够实现对多组免疫组化显微全景图进行虚拟多重标记及对特定区域进行自动定量分析, 在保证各项分析计算指标结果准确的前提下, 运用虚拟多重标记对多种不同抗体(或抗原)在同一部位的表达进行对比和观测, 并对其表达强度进行客观判读, 这可以很好地解决在临床病理工作以及科学研究中对抗体(或抗原)多重标记及进行可靠的定量分析的需求, 减去医务人员和科研人员进行手动人工计算分析的繁杂工作, 高效辅助医生和科研人员完成免疫组化多重标记后的各项免疫组化指标的分析。

## 附图说明

[0027] 图1为本发明实施例方法的基本流程示意图。

[0028] 图2为本发明实施例中多分辨率金字塔文件的存储格式示意图。

[0029] 图3为本发明实施例中粗配准的流程示意图。

[0030] 图4为本发明实施例中得到的初步融合模型示意图。

[0031] 图5为本发明实施例中精细配准操作的流程示意图。

[0032] 图6为本发明实施例中得到的精细融合模型示意图。

[0033] 图7为本发明实施例中对每一个癌组织图片块的统计流程。

## 具体实施方式

[0034] 如图1所示, 本实施例显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法包括:

[0035] 1) 通过扫描仪扫描获取相应的连续的免疫组化切片, 获得相应的每一张IHC显微全景图, 每一张IHC显微全景图采用多分辨率金字塔文件的存储格式存储, 如图2所示;

[0036] 2) 选择一张IHC显微全景图作为配准参考图, 基于多分辨率金字塔文件对其余的IHC显微全景图进行组织级别的粗配准并进行融合得到初步融合模型;

[0037] 3) 在配准参考图中确定免疫组化指标分析的目标区域, 根据初步融合模型计算得到其余的IHC显微全景图中对应的目标区域, 并将所有目标区域进行精细配准操作, 得到IHC癌组织图片块;

[0038] 4) 针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析。

[0039] 本实施例中, 步骤1) 中通过扫描仪扫描获取相应的连续的免疫组化切片时, 单张免疫组化切片的厚度为2~3微米。人体细胞的大小在10--20微米之间, 本实施例中单张免疫组化切片的厚度为2~3微米且采取连续切片, 同一个细胞在四到五张切片当中会同时存在。而对这些连续切片进行免疫组化标记(必要时运用双标免疫组化), 然后进行数字切片

扫描,通过精细配对,对其精准的叠加和定位,运用虚拟多重标记对多种不同抗体(或抗原)在同一部位的表达进行对比和观测,并对其表达强度进行客观判读,这可以很好地解决在临床病理工作以及科学研究中对抗体(或抗原)多重标记及进行可靠的定量分析的需求。

[0040] 如图3所示,本实施例步骤2)中基于多分辨率金字塔文件对其余的IHC显微全景图进行组织级别的粗配准并进行融合得到初步融合模型的步骤包括:

[0041] 2.1)基于SIFT特征匹配算法对多分辨率金字塔文件中高层分辨率较小的图层进行配准,得到包括平移量、旋转角度和缩放比例在内的配准参数;

[0042] 2.2)利用已经得到的配准参数,应用于多分辨率金字塔文件中底层的图像,完成作为配准参考图和其余每一组IHC显微全景图中的每一个图片块的一一配对的初步配准过程;

[0043] 2.3)将初步配准好的IHC显微全景图立体叠加,得到初步融合模型,如图4所示。得到初步融合模型可便于医生或科研人员对这些连续IHC切片进行IHC标记。

[0044] 步骤3)在配准参考图中确定免疫组化指标分析的目标区域一般为由医生划定特定区域,对该区域进行免疫组化指标分析。如图5所示,本实施例步骤3)中将所有目标区域进行精细配准操作的步骤包括:再次基于SIFT特征匹配算法对多分辨率金字塔文件中高层分辨率较小的图层进行细胞层面上的配准,得到包括平移量、旋转角度和缩放比例在内的配准参数;利用已经得到的配准参数,应用于多分辨率金字塔文件中底层的图像,完成作为配准参考图和其余每一组IHC显微全景图中的每一个所有目标区域的一一配对的精细配准过程,得到IHC癌组织图片块(癌组织图片块),如图6所示。精细配准操作是在初次配准的基础上进行的,因此精细配准操作相当于在原有的初次配准的基础上进行微调,相对应得到的配准参数都比较小,经此次的微调之后,特定区域能在完成区域当中的细胞与细胞间的精细配准;在精细配准后,完成医生选定区域的精准融合过程,从而进一步对特定区域,完成精准的叠加和定位,方便医生或科研人员运用虚拟多重标记对多种不同抗体(或抗原)在同一部位的表达进行对比和观测,并对其表达强度进行客观判读。对于由医生选定框出来的,需进行IHC多重标记分析的区域,针对参考IHC显微全景图和每一组IHC显微全景图,完成对应的免疫组化分析指标的自动计算,如统计对应区域的免疫组化阳性率等。

[0045] 本实施例中,步骤4)中针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析是指针对目标区域进行癌细胞中的阳性细胞数和非阳性细胞数统计。通过精细配准,一一对应得到每一组的IHC显微全景图中每一个需要进行阳性率统计的图片块;对每块需要进行阳性率统计的图片块,进行癌细胞中的阳性细胞数和非阳性细胞数统计,阳性细胞包括核阳性细胞,浆阳性细胞和膜阳性细胞。

[0046] 如图7所示,本实施例中进行癌细胞中的阳性细胞数和非阳性细胞数统计的步骤包括:针对精细配准得到的IHC癌组织图片块,利用颜色解卷积的方法,进行染色通道分离和颜色归一化处理;接着利用分水岭算法,对经预处理之后的图片块,进行分割,分离得到癌组织前景和背景区域;接着通过自动阈值分割、图像膨胀腐蚀操作后,找到每个细胞的轮廓;接着根据颜色、形状,区分得到阳性细胞和非阳性细胞;最后分别统计得到的阳性细胞数和非阳性细胞数。

[0047] 在完成参考IHC显微全景图和其余每一组IHC显微全景图精细配准之后,可以获取相应的参考IHC显微全景图和其他IHC显微全景图的特定区域的细胞层面上的精细匹配,得

到特定区域的融合模型；医生或科研人员便可以利用该特定区域的精准融合图，进行相应的免疫组化标记和指标的统计分析，如统计对应区域的免疫组化阳性率。

[0048] 本实施例中，步骤4)中针对IHC癌组织图片块进行多重免疫组化标记和对应指标的统计分析后还包括根据得到的阳性细胞数 $R_{1,i}$ 和非阳性细胞数 $R_{2,i}$ 计算阳性率的步骤，其中 $i=1,2,3,\dots,N$ ， $N$ 为需要统计的癌组织图片块数量。

[0049] 根据得到的阳性细胞数 $R_{1,i}$ 和非阳性细胞数 $R_{2,i}$ 计算阳性率的函数表达式为：

$$[0050] \quad H_{rate} = \frac{\sum_{i=1}^N R_{1,i}}{\sum_{i=1}^N (R_{1,i} + R_{2,i})}$$

[0051] 上式中， $H_{rate}$ 为阳性率， $R_{1,i}$ 为阳性细胞数， $R_{2,i}$ 为非阳性细胞数，其中 $i=1,2,3,\dots,N$ ， $N$ 为需要统计的癌组织图片块数量。

[0052] 综上所述，本实施例采用连续切片的方式，运用精准配对技术对连续切片的多种免疫组化标记进行精准配准、三维融合，进而进行三维重建，完成对应区域的多种免疫组化指标标记，并对各种标记的阳性率进行分析判读，从而对多种免疫组化标记在同一区域的表达及分布进行客观的评价和对比；本实施例采用基于双次多分辨率金字塔模型的SIFT快速特征匹配方法，逐步由组织层面的粗配准到细胞级别的精细配准，自动计算得到特定区域的分析结果；基于原始SIFT的特征匹配方法，配准速度缓慢，尤其是如果直接针对底层高分辨全景图进行配准时，速度极其慢，基于此，采用双次多分辨率SIFT配准方法，先基于多分辨率金字塔模型的SIFT快速特征匹配方法，采用高层分辨率低的图像快速完成配准，然后再将配准提取得到的平移量、旋转角度和缩放比例等参数直接引用到底层分辨率高的大图，完成组织层面上显微全景图的配准，而后，指定作为参考的IHC显微全景图中相对应的区域，根据粗配准的结果，对应计算得到其他IHC图上的相应区域，进一步进行精细配准，从而完成细胞级别上精准配对；本实施例在进行阳性细胞和非阳性细胞识别统计时，采用通道分离和颜色归一化预处理、通过区域分割算法分割出得到切片中的组织前景部分，再对得到的组织前景部分进行自动阈值分割，然后采用形态学膨胀腐蚀操作后，找到每个细胞的轮廓，通过颜色和形状等特性，区分得到阳性细胞和非阳性细胞，最后快速完成癌组织区域的阳性细胞区域和非阳性细胞区域的统计，计算阳性率；可以很好地解决在临床病理工作以及科学研究中对抗体（或抗原）多重标记及进行可靠的定量分析的需求，减去医务人员和科研人员进行手动人工计算分析的繁杂工作，高效辅助医生和科研人员完成免疫组化多重标记后的各项免疫组化指标的分析。

[0053] 此外，本实施例还提供一种显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析系统，包括相互连接的微处理器和存储器，该微处理器被编程或配置以执行前述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的步骤，或者该存储器中存储有被编程或配置以执行前述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的计算机程序。

[0054] 此外，本实施例还提供一种计算机可读存储介质，该计算机可读存储介质中存储有被编程或配置以执行前述显微图像免疫组化虚拟多重标记及分析方法的计算机程序。

[0055] 本领域内的技术人员应明白，本申请的实施例可提供为方法、系统、或计算机程序产品。因此，本申请可采用完全硬件实施例、完全软件实施例、或结合软件和硬件方面的实施例的形式。而且，本申请可采用在一个或多个其中包含有计算机可用程序代码的计算机可读存储介质（包括但不限于磁盘存储器、CD-ROM、光学存储器等）上实施的计算机程序产



品的形式。本申请是参照根据本申请实施例的方法、设备(系统)、和计算机程序产品的流程图和/的处理器执行的指令产生用于实现在流程图一个流程或多个流程和/或方框图一个方框或多个方框中指定的功能的装置。这些计算机程序指令也可存储在能引导计算机或其他可编程数据处理设备以特定方式工作的计算机可读存储器中,使得存储在该计算机可读存储器中的指令产生包括指令装置的制造品,该指令装置实现在流程图一个流程或多个流程和/或方框图一个方框或多个方框中指定的功能。这些计算机程序指令也可装载到计算机或其他可编程数据处理设备上,使得在计算机或其他可编程设备上执行一系列操作步骤以产生计算机实现的处理,从而在计算机或其他可编程设备上执行的指令提供用于实现在流程图一个流程或多个流程和/或方框图一个方框或多个方框中指定的功能的步骤。

[0056] 以上所述仅是本发明的优选实施方式,本发明的保护范围并不局限于上述实施例,凡属于本发明思路下的技术方案均属于本发明的保护范围。应当指出,对于本技术领域的普通技术人员来说,在不脱离本发明原理前提下的若干改进和润饰,这些改进和润饰也应视为本发明的保护范围。

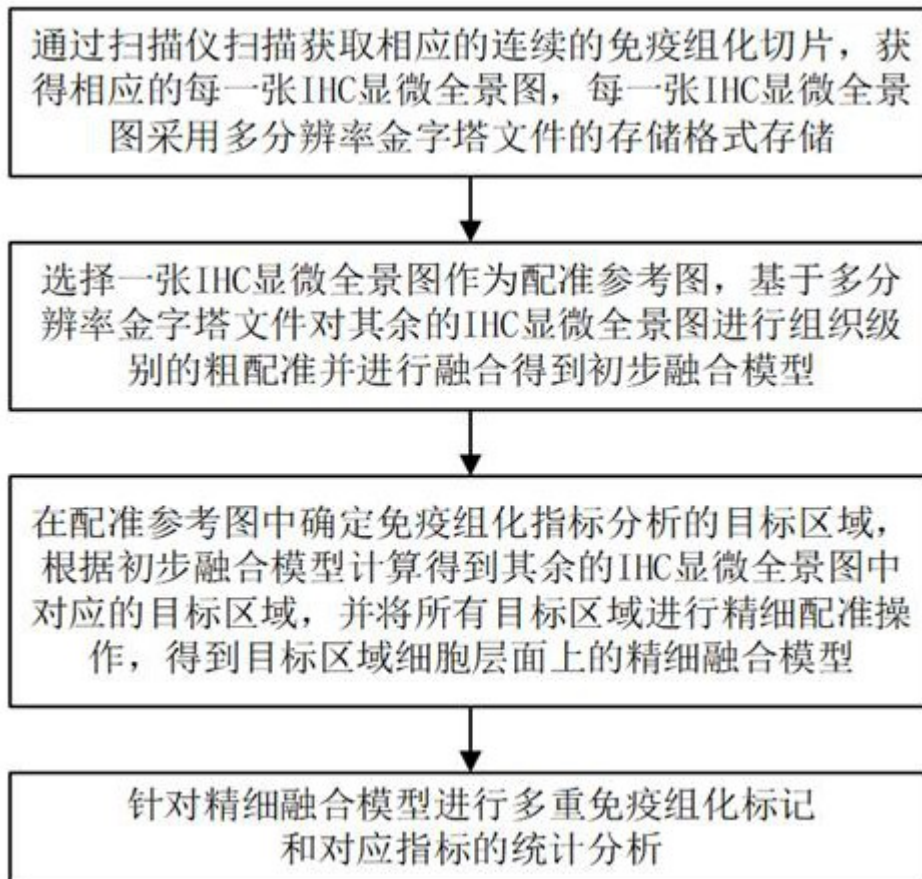


图1

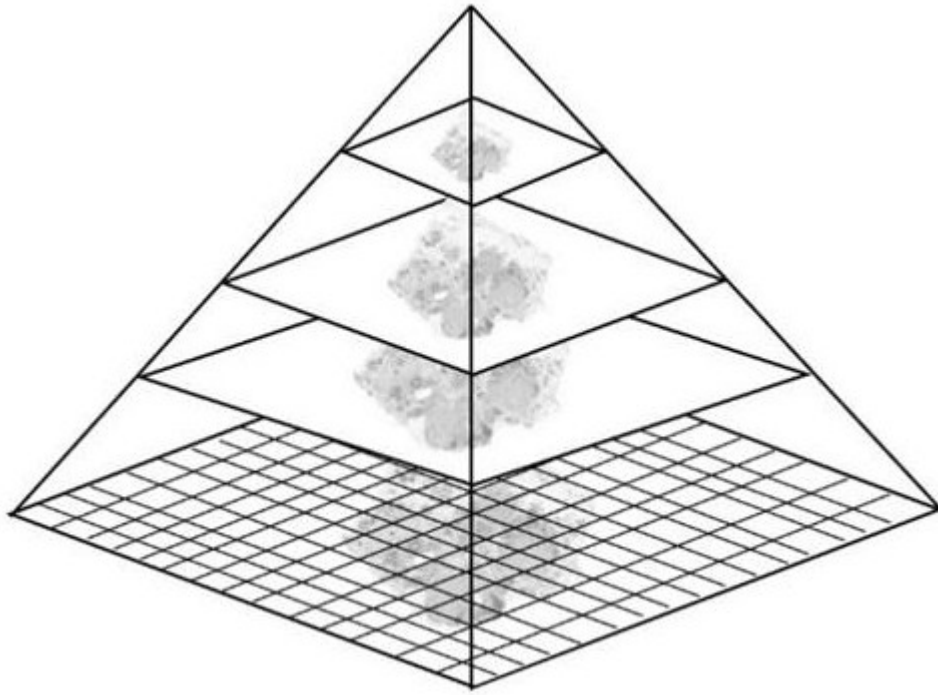


图2

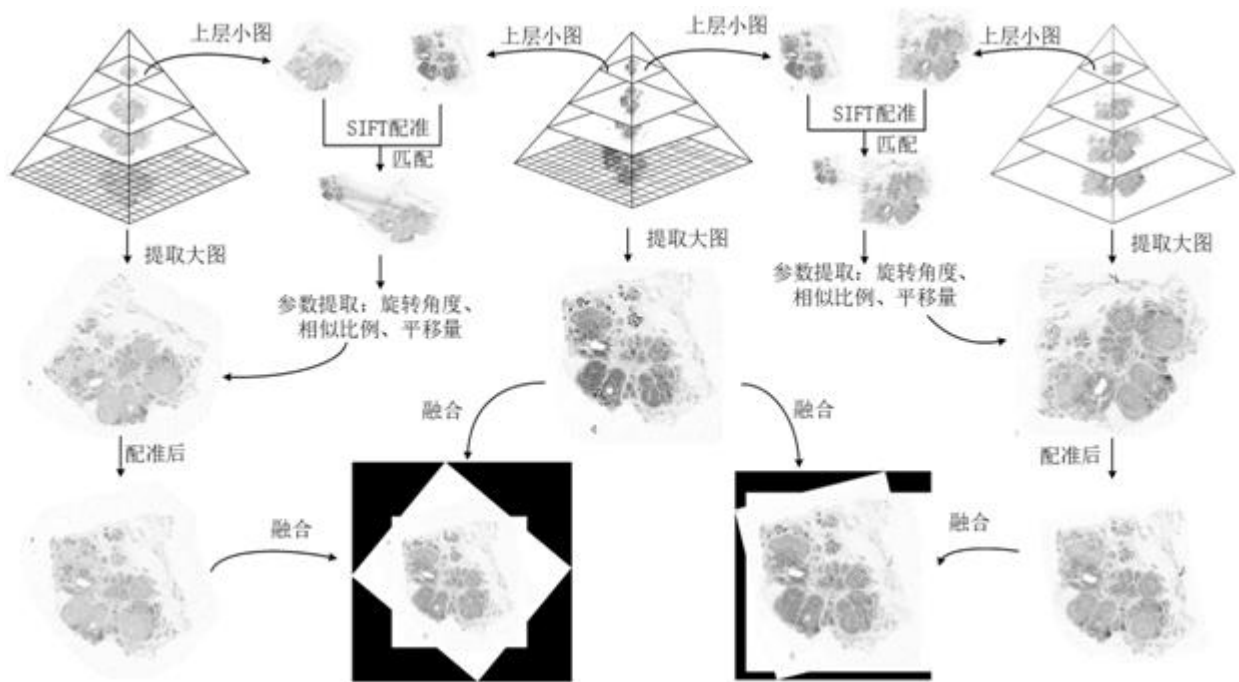


图3

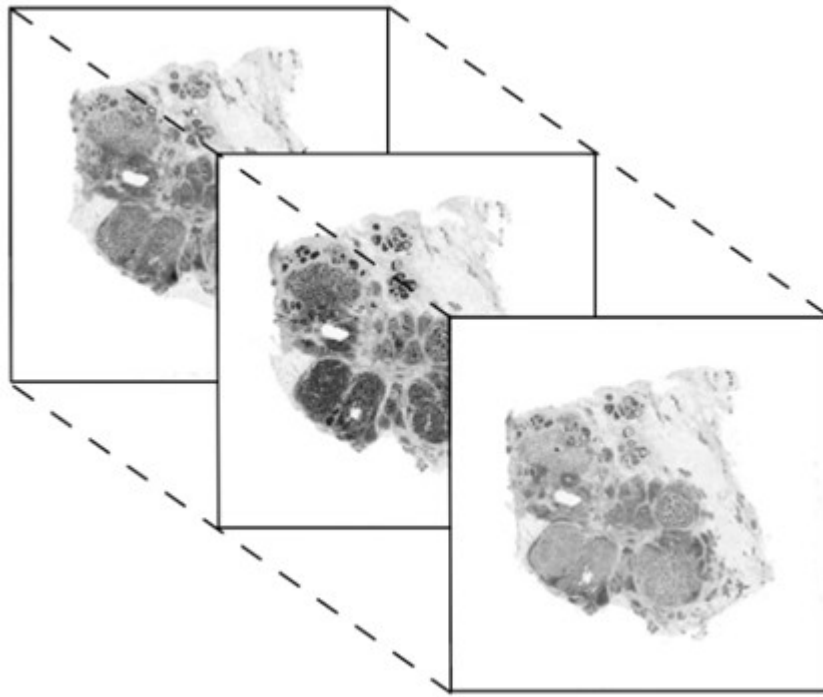


图4

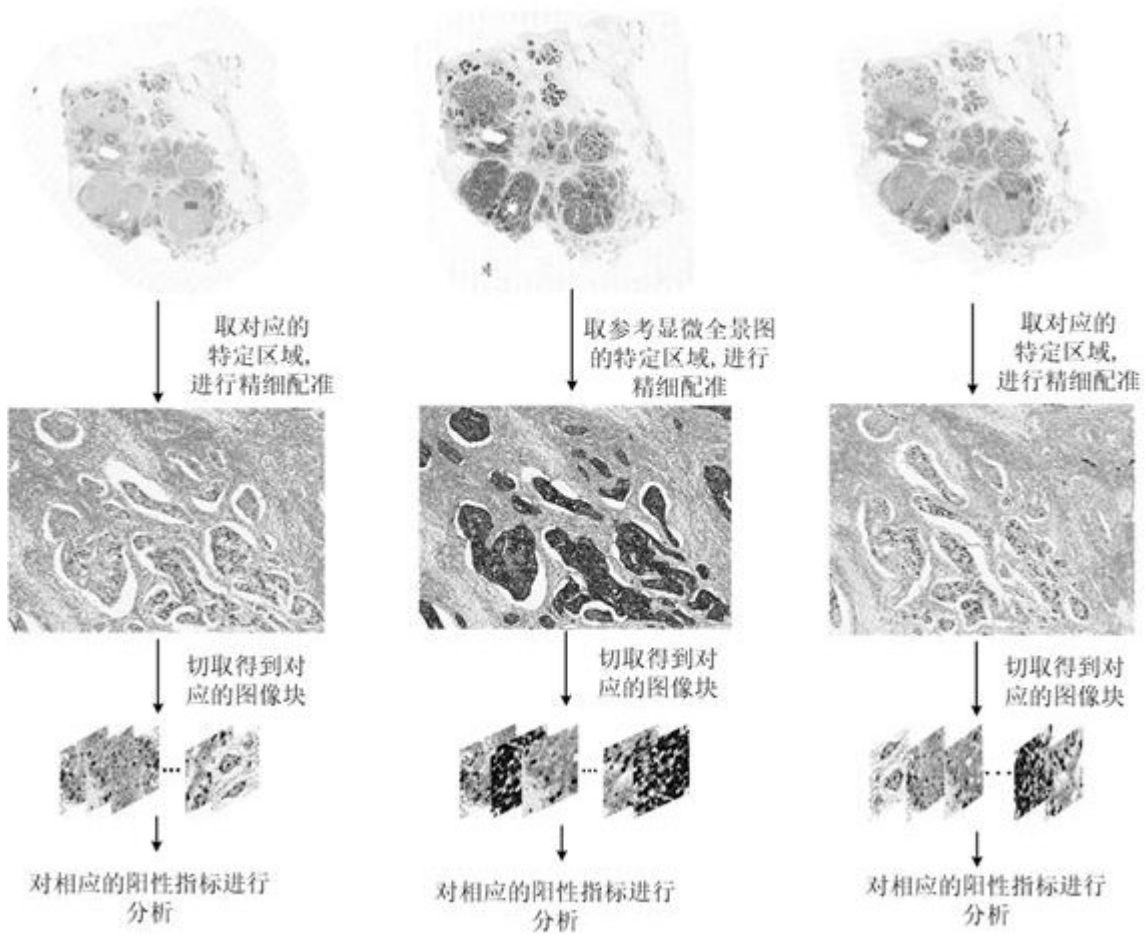


图5

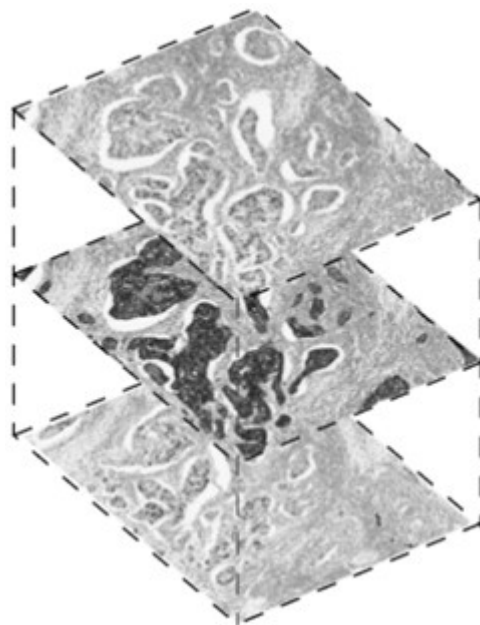


图6

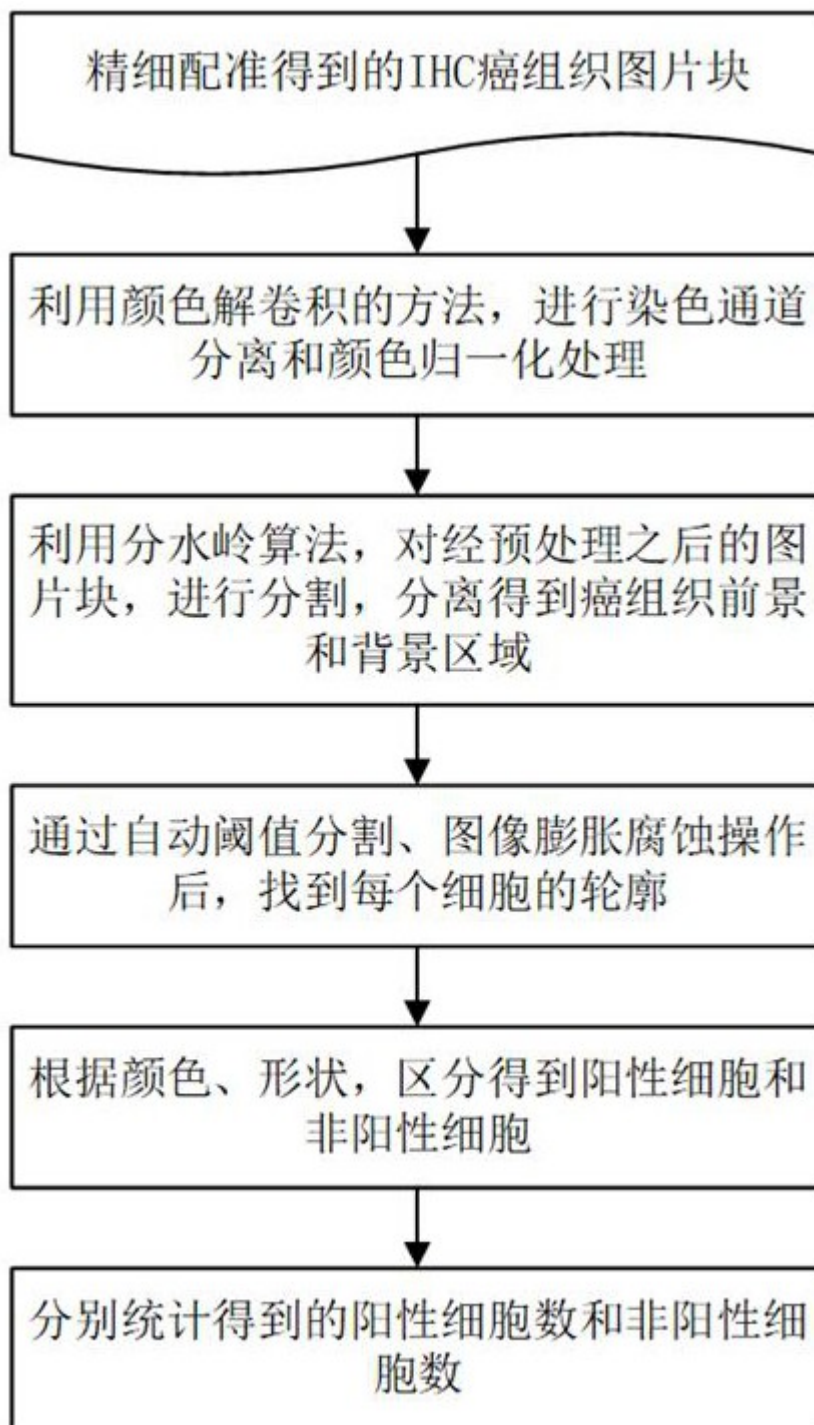


图7