



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 111833297 B

(45) 授权公告日 2022.12.09

(21) 申请号 202010449387.4

G16H 50/70 (2018.01)

(22) 申请日 2020.05.25

(56) 对比文件

(65) 同一申请的已公布的文献号  
申请公布号 CN 111833297 A

CN 110974220 A, 2020.04.10

CN 111192247 A, 2020.05.22

(43) 申请公布日 2020.10.27

US 2020152326 A1, 2020.05.14

US 2008108101 A1, 2008.05.08

(73) 专利权人 中国人民解放军陆军军医大学第  
二附属医院

US 2017091528 A1, 2017.03.30

US 6151405 A, 2000.11.21

地址 400037 重庆市沙坪坝区新桥正街183  
号

US 2018211380 A1, 2018.07.26

CA 2814110 A1, 2012.05.03

(72) 发明人 彭贤贵 张曦 杨武晨 张诚  
张洪洋 王平 邓小娟 李艺

陈莹. 儿童骨髓细胞形态学诊断结果的研究.《中国实用医药》.2015, (第16期),

李宽等. 细胞图像的分割、纹理提取及识别方法研究.《中国优秀博硕士学位论文全文数据库(博士)信息科技辑》.2014, (第11期), I138-16. (续)

(74) 专利代理机构 广州市华学知识产权代理有限公司 44245

专利代理师 彭敬强

审查员 汪平

(51) Int. Cl.

G06T 7/00 (2017.01)

G06V 20/69 (2022.01)

G06V 10/764 (2022.01)

G06V 10/774 (2022.01)

权利要求书2页 说明书5页 附图4页

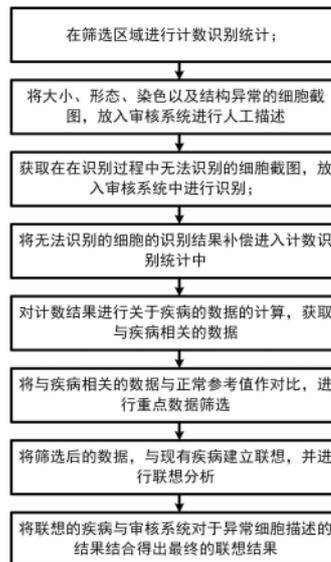
(54) 发明名称

一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法

论,从而提高整体诊断水平。

(57) 摘要

本发明创造属于骨髓细胞形态学检测领域,具体涉及了一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法。本发明创造所采用的技术方案是,一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法,包括以下步骤:S1:对在筛选区域的细胞进行计数识别统计;S2:将大小、形态、染色以及结构异常的细胞截图,放入审核系统进行人工描述。本申请结合骨髓象和血液象的数据以及异常细胞的形态特征展开疾病联想,所筛选出来的疾病精准度高,大量的节省了医生的时间,减少了医生的工作量,提高了医生的诊断效率,而且也可以避免最终报告受到人的专业水平的制约问题,使得最终可以得到一个稳定而规范的诊断结



CN 111833297 B

[接上页]

**(56) 对比文件**

储晓韵.骨髓细胞学图像分析报告系统的建立及其应用.《中国优秀博硕士学位论文全文数据库 (硕士) 医药卫生科技辑》.2014, (第3期), E080-20.

Ramraj Chandradevan等.Machine-based detection and classification for bone marrow.《TECHNICAL REPORT》.USCAP,2019,第98-109页.

1. 一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法,其特征在于,包括以下步骤:

S1:对在筛选区域的细胞进行计数识别统计;

S2:将大小、形态、染色以及结构异常的细胞截图,放入审核系统进行人工描述;

S3:获取在识别过程中无法识别的细胞截图,放入审核系统中进行识别;

S4:将无法识别的细胞的识别结果补偿进入计数识别统计中;

S5:对计数结果进行关于疾病的数据的计算,获取与疾病相关的数据;

S6:将与疾病相关的数据与正常参考值作对比,进行重点数据筛选;

S7:将筛选后的数据,与现有疾病建立联想,并进行联想分析;

S8:将联想的疾病与审核系统对于异常细胞描述的结果结合得出最终的联想结果;

所述的S5包括以下步骤:

C1:设定一个目标统计总数 $c$ ,将 $c$ 除以计数区域的个数,得出每个计数区域应统计的细胞数量为 $d$ ;

C2:将每个计数区域的实际计数量 $e$ 分别与应统计量 $d$ 作比,获得 $\frac{e}{d}$ ;

C3:将每个计数区域内的各类细胞统计的量分别除以 $\frac{e}{d}$ ,获得每个区域内各类细胞在应统计量下的统计量;

C4:将所有计数区域内的相同类型的细胞的统计量作排序;

C5:根据计数区域建立数组,将同一计数区域的各类细胞统计量的排序号放入数组中;

C6:计算数组中排序号的平均值并取整数,命名为 $h$ ;

C7:以 $h$ 作为该计数区域的标准平均值,将该计数区域的各项细胞统计量的排序号与 $h$ 作差,获取绝对值 $f$ ;

C8:若 $f$ 大于等于2,则说明该项细胞的统计量的误差较大,即该计数区域的不具有代表性,则重新选择计数区域,并对该计数区域进行参考性判断;如果 $f$ 小于2,跳转C9;

C9:计算每个计数区域内的各项细胞之间的比值,并将各个区域之间的同类比值作平均值计算,获得最终计算结果;

所述的S7包括以下步骤:

B1:分别对骨髓象和血液象的数据与数据库中的现有疾病进行联想;

B2:建立筛选出的数据与联想疾病之间的相似度和相异度评判体系;

B3:将每种联想疾病的相似度和相异度作对比,当相似度大于相异度时,将该疾病归纳为疑似疾病;

B4:将骨髓象中的疑似疾病与血液象中的疑似疾病名词相匹配;

B5:将完成匹配的疑似疾病的相似度相乘以及相异度相乘,最终得出整体的检测结果对该疾病的相似度和相异度;

B6:将相似度按照从高到低排序,完成对数据的分析和与疾病的联想。

2. 根据权利要求1所述的一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法,其特征在于,所述的S2包括以下步骤:

A1:获取由审核员按照一定格式书写的异常细胞的特征描述;

A2:将异常细胞按照种类放置,并统计每个种类中异常细胞的每个特征的出现次数,并

按照次数排序；

A3: 计算每个特征出现的次数占总特征数的比例；

A4: 查找数据库获取每个特征所对应的现有疾病, 如果一个疾病中出现有多个特征, 则将多个特征的比例相加, 作为异常细胞与该现有疾病的指向度。

3. 根据权利要求1所述的一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法, 其特征在于, 所述的相似度的计算方法为将筛选出的数据与现有疾病对应的数据相比较, 将落入现有疾病数据范围的数据个数与现有疾病的数据个数对比获得相似度。

4. 根据权利要求1所述的一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法, 其特征在于, 所述的相异度的计算方法为将筛选出的数据与现有疾病对应的数据相比较, 将不落入现有疾病数据范围的数据个数与现有疾病的数据个数对比获得相异度。

5. 根据权利要求3或4所述的一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法, 其特征在于, 落入现有疾病数据范围是指其种类与现有疾病的数据种类相同且数值落入现有疾病的数值范围内。

6. 根据权利要求2所述的一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法, 其特征在于, 所述的S8中的结合是指将种类对应的疾病的异常细胞与现有疾病的指向度与疾病联想结果的相似度进行相加, 其最终表示为疾病联想的相似度加异常细胞与现有疾病的指向度, 并按照相两者之和进行最终排序。

7. 根据权利要求1所述的一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法, 其特征在于, 所述的S1包括以下步骤:

D1: 在高倍图像中筛选区域中取若干个计数区域;

D2: 对每个计数区域内的细胞进行识别和计数;

D3: 对每个计数区域进行参考性判断, 如果具有参考性, 跳转D6; 如果不具有参考性, 跳转D4;

D4: 舍弃不具有参考性的区域, 并重新选取计数区域;

D5: 对新选区的计数区域内的细胞进行识别和计数, 跳转D3。

8. 根据权利要求7所述的一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法, 其特征在于, 所述的计数区域包括正计数区域和拓展计数区域, 所述的拓展计数区域位于正计数区域外围, 为正计数区域的延伸; 所述的正计数区域的面积为a个细胞平均面积大小; 所述的拓展计数区域的边界与正计数区域的边界距离为b个细胞平均直径距离; 所述的参考性判断的标准为: 统计每个计数区域内的总计数细胞量, 如果计数个数在t的范围之内, 数据保留, 反之则删除不符合的计数, 并重新选取计数位置, 即当a和t之间的关系符合

$0.5 \leq \frac{t}{a} \leq 0.9$ 时, 该计数区域具有参考性, 否则该计数区域不具有参考性; 所述的细胞平

均面积指所需要检测位置的红细胞系统、粒细胞系统、淋巴细胞系统和单核细胞系统的细胞的平均面积。

## 一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法

### 技术领域

[0001] 本发明创造属于骨髓细胞形态学检测领域,具体涉及了一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法。

### 背景技术

[0002] 骨髓细胞形态学镜检是血液学中关键诊断手段之一,常用于诊断多种病症,包括白血病、多发性骨髓瘤、淋巴瘤、贫血和全血细胞减少。根据世界卫生组织发布的《骨髓恶性肿瘤诊断指南》,在诊断时需要进行详细、精确的显微镜人工检查。正常骨髓含有发育阶段的所有分化细胞,从早期前体干细胞到功能成熟细胞,包括作为大多数血细胞前体的造血干细胞以及被认为是骨髓的守门员细胞的间充质干细胞和内皮干细胞。这些细胞的形态学特征取决于其本身的生物学特性,同时受到涂片、染色和图像采集过程的影响。

[0003] 骨髓形态学报告的诊断结论受人的专业知识水平制约。其中骨髓形态学报告的诊断结论是由实验数据、诊断标准以及疾病个体的症状体征等因素综合分析而来的。不同的镜检者对同一份病例会因为自身的认知水平得出不同的诊断结论,这就会给临床诊断带来疑惑和困难。将临床资料、实验数据和诊断标准标准化、信息化,通过智能手段进行分析评判,可以得到一个稳定而规范的诊断结论,从而提高整体诊断水平。

[0004] 申请号为CN201811168824.4的专利公开了一种基于深度学习的骨髓细胞分类方法及分类装置,其中该方法包括:对骨髓细胞样本图像中的骨髓细胞标注细胞位置及其分类标签;从骨髓细胞样本图像中提取预设尺寸的具有单一分类标签的图像块样本;构建骨髓细胞分类任务的卷积神经网络,然后利用由图像块样本组成的训练集进行训练,得到骨髓细胞分类模型;将骨髓细胞待测图像切割成预设尺寸的多个测试图像块,将多个测试图像块遍历地输入骨髓细胞分类模型,检测出多个测试图像块中的骨髓细胞边缘,并输出骨髓细胞对应的分类标签以及分类置信概率。

[0005] 其不足之处在于,不能对数据进行针对性的筛选和整理,使得医生在进行诊断时需要从各项数据中寻找数据并作对比,浪费了医生的时间和精力。

### 发明内容

[0006] 为了解决现有的关于骨髓细胞形态学的检测系统及装置不能对数据进行针对性的筛选和整理的问题,本发明创造提出了一种可以对数据进行针对性整理和筛选的一种骨髓形态学自动检测系统的疾病联想方法。

[0007] 为了实现上述目的,本发明创造所采用的技术方案是,一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法,包括以下步骤:S1:对在筛选区域的细胞进行计数识别统计;S2:将大小、形态、染色以及结构异常的细胞截图,放入审核系统进行人工描述;S3:获取在在识别过程中无法识别的细胞截图,放入审核系统中进行识别;S4:将无法识别的细胞的识别结果补偿进入计数识别统计中;S5:对计数结果进行关于疾病的数据的计算,获取与疾病相关的数据;S6:将与疾病相关的数据与正常参考值作对比,进行重点数据筛选;S7:将筛选后的

数据,与现有疾病建立联想,并进行联想分析;S8:将联想的疾病与审核系统对于异常细胞描述的结果结合得出最终的联想结果。

[0008] 作为优选,所述的S2包括以下步骤:A1:获取由审核员按照一定格式书写的异常细胞的特征描述;A2:将异常细胞按照种类放置,并统计每个种类中异常细胞的每个特征的出现次数,并按照次数排序;A3:计算每个特征出现的次数占总特征数的比例;A4:查找数据库获取每个特征所对应的现有疾病,如果一个疾病中出现有多个特征,则将多个特征的比例相加,作为异常细胞与该现有疾病的指向度。

[0009] 作为优选,所述的S7包括以下步骤:B1:分别对骨髓象和血液象的数据与数据库中的现有疾病进行联想;B2:建立筛选出的数据与联想疾病之间的相似度和相异度评判体系;B3:将每种联想疾病的相似度与相异度作对比,当相似度大于相异度时,将该疾病归纳为疑似疾病;B4:将骨髓象中的疑似疾病与血液象中的疑似疾病名词相匹配;B5:将完成匹配的疑似疾病的相似度相乘以及相异度相乘,最终得出整体的检测结果对该疾病的相似度和相异度;B6:将相似度按照从高到低排序,完成对数据的分析和与疾病的联想。

[0010] 作为优选,所述的相似度的计算方法为将筛选出的数据与现有疾病对应的数据相比较,将落入现有疾病数据范围的数据个数与现有疾病的数据个数对比获得相似度。

[0011] 作为优选,所述的相异度的计算方法为将筛选出的数据与现有疾病对应的数据相比较,将不落入现有疾病数据范围的数据个数与现有疾病的数据个数对比获得相异度。

[0012] 作为优选,的落入现有疾病数据范围是指其种类与现有疾病的数据种类相同且数值落入现有疾病的数值范围内。

[0013] 作为优选,所述的S8中的结合是指将种类对应的疾病的异常细胞与现有疾病的指向度与疾病联想结果的相似度进行相加,其最终表示为疾病联想的相似度加异常细胞与现有疾病的指向度,并按照两者之和进行最终排序。

[0014] 作为优选,所述的S5包括以下步骤:C1:设定一个目标统计总数c,将c除以计数区域的个数,得出每个计数区域应统计的细胞数量为d;C2:将每个计数区域的实际计数量e分别与应统计量d作比,获得 $\frac{e}{d}$ ;C3:将每个计数区域内的各类细胞统计的量分别除以 $\frac{e}{d}$ ,获得每个区域内各类细胞在应统计量下的统计量;C4:将所有计数区域内的相同类型的细胞的统计量作排序;C5:根据计数区域建立数组,将同一计数区域的各类细胞统计量的排序号放入数组中;C6:计算数组中排序号的平均值并取整数,命名为h;C7:以h作为该计数区域的标准平均值,将该计数区域的各项细胞统计量的排序号与h作差,获取绝对值f;C8:若f大于等于2,则说明该项细胞的统计量的误差较大,即该计数区域的不具有代表性,则重新选择计数区域,并对该计数区域进行参考性判断;如果f小于2,跳转C9;C9:计算每个计数区域内的各项细胞之间的比值,并将各个区域之间的同类比值作平均值计算,获得最终计算结果。

[0015] 作为优选,所述的S1包括以下步骤:D1:在高倍图像中筛选区域中取若干个计数区域;D2:对每个计数区域内的细胞进行识别和计数;D3:对每个计数区域进行参考性判断,如果具有参考性,跳转D6;如果不具有参考性,跳转D4;D4:舍弃不具有参考性的区域,并重新选取计数区域;D5:对新选区的计数区域内的细胞进行识别和计数,跳转D3。

[0016] 作为优选,所述的计数区域包括正计数区域和拓展计数区域,所述的拓展计数区域位于正计数区域外围,为正计数区域的延伸;所述的正计数区域的面积为a个细胞平均面

积大小;所述的拓展计数区域的边界与正计数区域的边界距离为b个细胞平均直径距离;所述的参考性判断的标准为:统计每个计数区域内的总计数细胞量,如果计数个数在t的范围之内,数据保留,反之则删除不符合的计数,并重新选取计数位置,即当a和t之间的关系符合 $0.5 \ll \frac{t}{a} \ll 0.9$ 时,该计数区域具有参考性,否则该计数区域不具有参考性;所述的细胞平均面积指所需要检测位置的红细胞系统、粒细胞系统、淋巴细胞系统和单核细胞系统的细胞的平均面积。

[0017] 本发明创造的有益效果:本申请结合骨髓象和血液象的数据以及异常细胞的形态特征展开疾病联想,所筛选出来的疾病精准度高,大量的节省了医生的时间,减少了医生的工作量,提高了医生的诊断效率,而且也可以避免最终报告受到人的专业水平的制约问题,使得最终可以得到一个稳定而规范的诊断结论,从而提高整体诊断水平。

### 附图说明

- [0018] 图1:疾病联想方法的整体流程示意图
- [0019] 图2:异常细胞的处理示意图
- [0020] 图3:S7过程的流程示意图
- [0021] 图4:关于疾病的数据的计算流程图

### 具体实施方式

[0022] 一种骨髓细胞形态学自动检测系统的疾病联想方法,包括以下步骤:S1:对在筛选区域的细胞进行计数识别统计。S2:将大小、形态、染色以及结构异常的细胞截图,放入审核系统进行人工描述。S3:获取在在识别过程中无法识别的细胞截图,放入审核系统中进行识别。S4:将无法识别的细胞的识别结果补偿进入计数识别统计中。S5:对计数结果进行关于疾病的数据的计算,获取与疾病相关的数据。S6:将与疾病相关的数据与正常参考值作对比,进行重点数据筛选。S7:将筛选后的数据,与现有疾病建立联想,并进行联想分析。S8:将联想的疾病与审核系统对于异常细胞描述的结果结合得出最终的联想结果。

[0023] S1包括以下步骤:D1:在高倍图像中筛选区域中取若干个计数区域。D2:对每个计数区域内的细胞进行识别和计数。D3:对每个计数区域进行参考性判断,如果具有参考性,跳转S2;如果不具有参考性,跳转D4。D4:舍弃不具有参考性的区域,并重新选取计数区域。D5:对新选区的计数区域内的细胞进行识别和计数,跳转D3。

[0024] 计数区域包括正计数区域和拓展计数区域,拓展计数区域位于正计数区域外围,为正计数区域的延伸。正计数区域的面积为a个细胞平均面积大小。拓展计数区域的边界与正计数区域的边界距离为b个细胞平均直径距离。

[0025] 参考性判断的标准为:统计每个计数区域内的总计数细胞量,如果计数个数在t的范围之内,数据保留,反之则删除不符合的计数,并重新选取计数位置,即当a和t之间的关系符合 $0.5 \ll \frac{t}{a} \ll 0.9$ 时,该计数区域具有参考性,否则该计数区域不具有参考性。细胞平均面积指所需要检测位置的红细胞系统、粒细胞系统、淋巴细胞系统和单核细胞系统的细胞的平均面积。

[0026] 其中a的取值范围为200-400。b的取值范围为2-8,具有参考性的计数区域的个数至少为5个。c的取值范围为正计数区域的面积与计数区域个数乘积的一半。

[0027] 具体的a取值为200,b取值为2,计数区域为5个,所以c为500个。

[0028] S2包括以下步骤:A1:获取由审核员按照一定格式书写的异常细胞的特征描述。A2:将异常细胞按照种类放置,并统计每个种类中异常细胞的每个特征的出现次数,并按照次数排序。A3:计算每个特征出现的次数占总特征数的比例。A4:查找数据库获取每个特征所对应的现有疾病,如果一个疾病中出现有多个特征,则将多个特征的比例相加,作为异常细胞与该现有疾病的指向度。

[0029] 对于不能识别的细胞通过审核系统再反馈到总体数据中,使得数据更加准确,极大的减小了误差,提升了数据的参考性。

[0030] S7包括以下步骤:B1:分别对骨髓象和血液象的数据与数据库中的现有疾病进行联想。B2:建立筛选出的数据与联想疾病之间的相似度和相异度评判体系。B3:将每种联想疾病的相似度与相异度作对比,当相似度大于相异度时,将该疾病归纳为疑似疾病。B4:将骨髓象中的疑似疾病与血液象中的疑似疾病名词相匹配。B5:将完成匹配的疑似疾病的相似度相乘以及相异度相乘,最终得出整体的检测结果对该疾病的相似度和相异度。B6:将相似度按照从高到低排序,完成对数据的分析和与疾病的联想。

[0031] 相似度的计算方法为将筛选出的数据与现有疾病对应的数据相比较,将落入现有疾病数据范围的数据个数与现有疾病的数据个数对比获得相似度。

[0032] 相异度的计算方法为将筛选出的数据与现有疾病对应的数据相比较,将不落入现有疾病数据范围的数据个数与现有疾病的数据个数对比获得相异度。

[0033] 落入现有疾病数据范围是指其种类与现有疾病的数据种类相同且数值落入现有疾病的数值范围内。

[0034] S8中的结合是指将种类对应的疾病的异常细胞与现有疾病的指向度与疾病联想结果的相似度进行相加,其最终表示为疾病联想的相似度加异常细胞与现有疾病的指向度,并按照相两者之和进行最终排序。

[0035] 相似度与相异度体系的建立使得数据与疾病之间关系实现了量化,使得联想的结果更加准确。

[0036] 结合骨髓象和血液象的数据以及异常细胞的形态特征展开疾病联想,所筛选出来的疾病精准度高,大量的节省了医生的时间,减少了医生的工作量,提高了医生的诊断效率。且避免了最终报告受到人的专业水平的制约问题,使得最终可以得到一个稳定而规范的诊断结论,从而提高整体诊断水平。

[0037] S5包括以下步骤:C1:设定一个目标统计总数c,将c除以计数区域的个数,得出每个计数区域应统计的细胞数量为d。C2:将每个计数区域的实际计数量e分别与应统计量d作比,获得 $\frac{e}{d}$ 。C3:将每个计数区域内的各类细胞统计的量分别除以 $\frac{e}{d}$ ,获得每个区域内各类细胞在应统计量下的统计量。C4:将所有计数区域内的相同类型的细胞的统计量作排序。C5:根据计数区域建立数组,将同一计数区域的各类细胞统计量的排序号放入数组中。C6:计算数组中排序号的平均值并取整数,命名为h。C7:以h作为该计数区域的标准平均值,将该计数区域的各项细胞统计量的排序号与h作差,获取绝对值f。C8:若f大于等于2,则说明该项

细胞的统计量的误差较大,即该计数区域的不具有代表性,则重新选择计数区域,并对该计数区域进行参考性判断。如果 $f$ 小于2,跳转C9。C9:计算每个计数区域内的各项细胞之间的比值,并将各个区域之间的同类比值作平均值计算,获得最终计算结果。

[0038] 其中 $a$ 的取值范围为200-400。 $b$ 的取值范围为2-8,具有参考性的计数区域的个数至少为5个。 $c$ 的取值范围为正计数区域的面积与计数区域个数乘积的一半。

[0039] 具体的 $a$ 取值为200, $b$ 取值为2,计数区域为5个,所以 $c$ 为500个。

[0040] 本申请通过多点取样,对每个取样点的数据进行参考性分析,然后在将所有取样点的数据进行加权计算,以及将统计数据 and 结果进行人工审核的手段,确保了统计数据的参考性,避免了由于数据缺少参考性而造成误诊的情况。

[0041] 本系统中关于高倍图像来源于自动检测扫描结构,该扫描结构可以扫描产生高中低至少三种放大程度的图像,具体的内容请见与本申请同日申请的关联专利。本申请中S5中的与疾病相关的或关于疾病的数据计算中的疾病时指的该自动检测系统中的人机交互系统中预设的检测疾病,具体相关内容请见与本申请同日申请的关联专利。

[0042] 以上详细描述了本发明创造的较佳具体实施例。应当理解,本领域的普通技术人员无需创造性劳动就可以根据本发明创造的构思作出诸多修改和变化。因此,凡本技术领域中技术人员依本发明创造的构思在现有技术的基础上通过逻辑分析、推理或者有限的实验可以得到的技术方案,皆应在由权利要求书所确定的保护范围内。

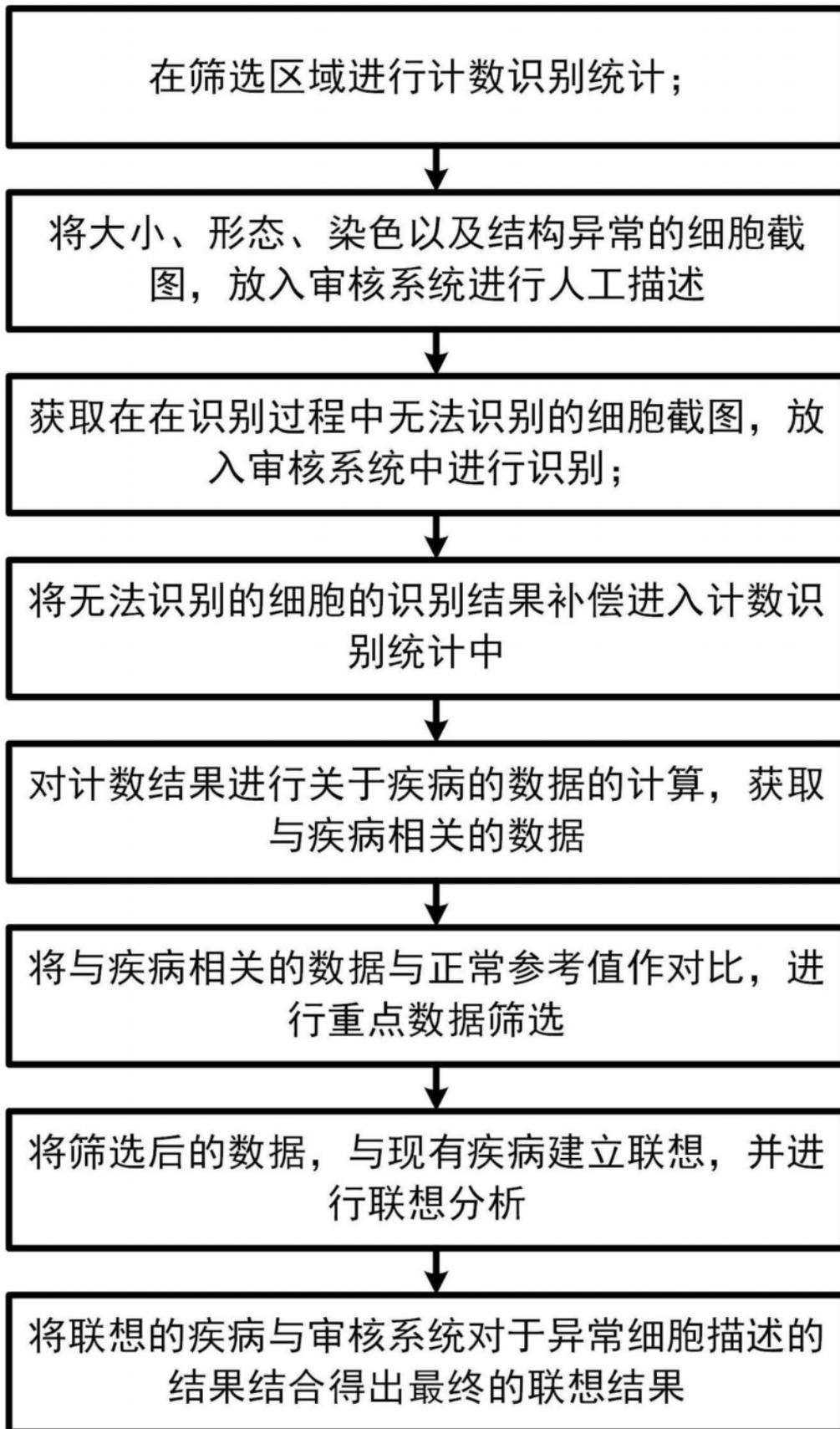


图1

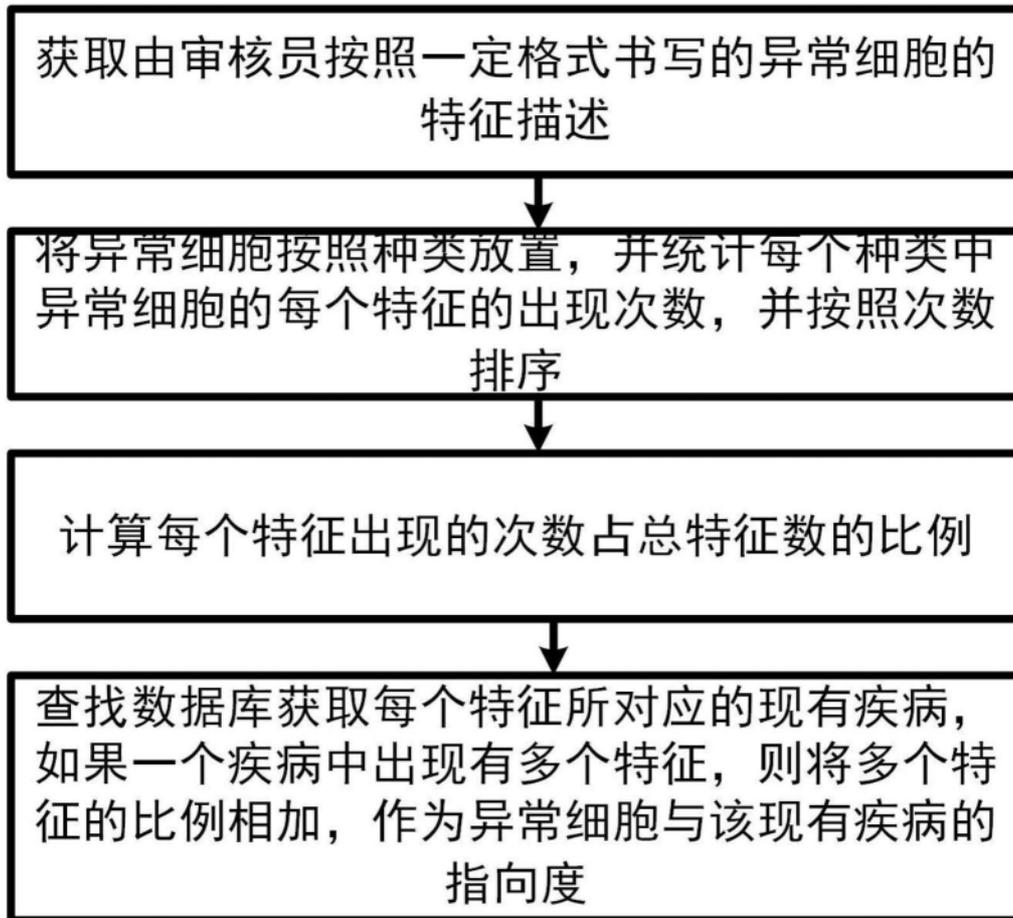


图2

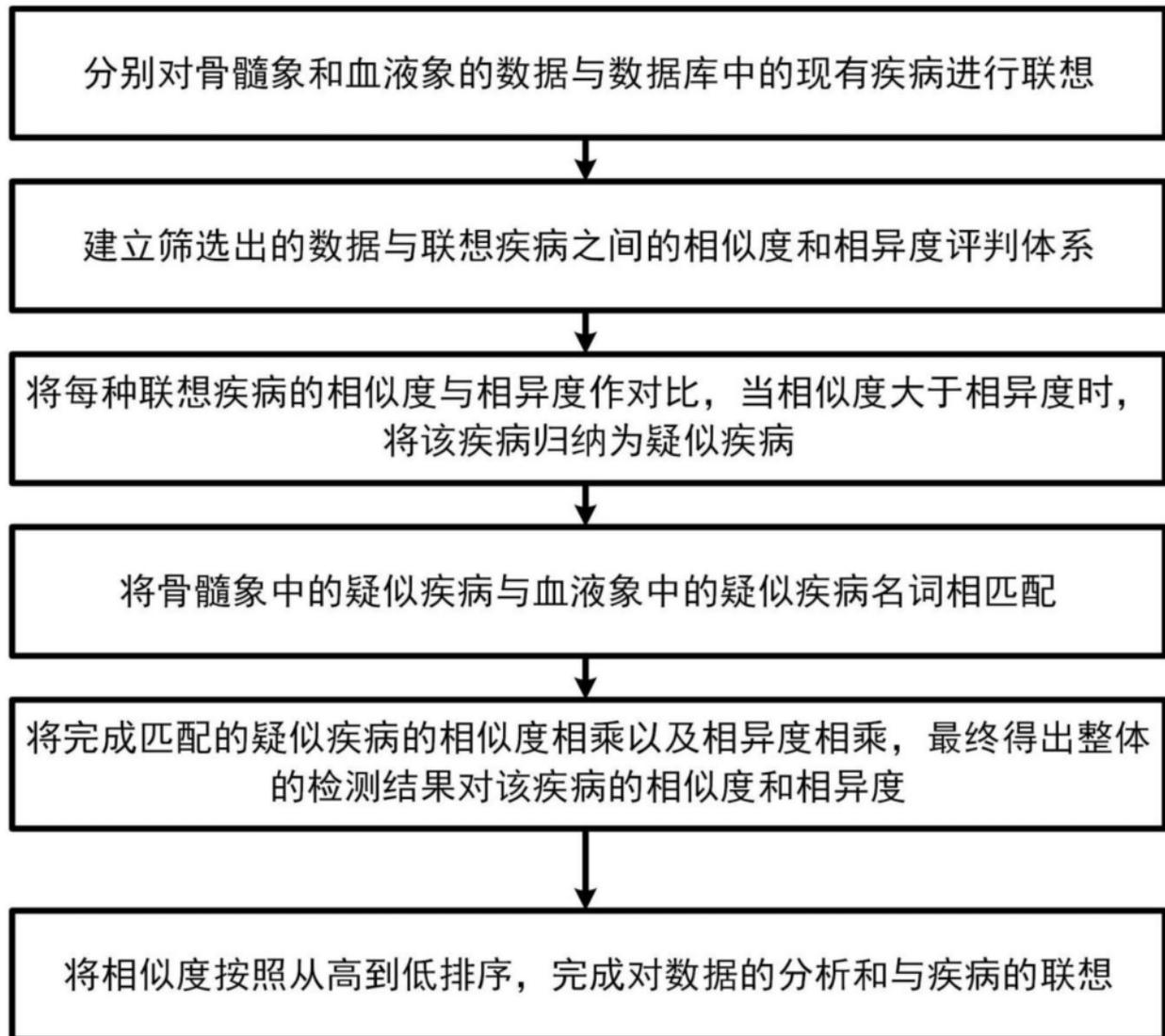


图3

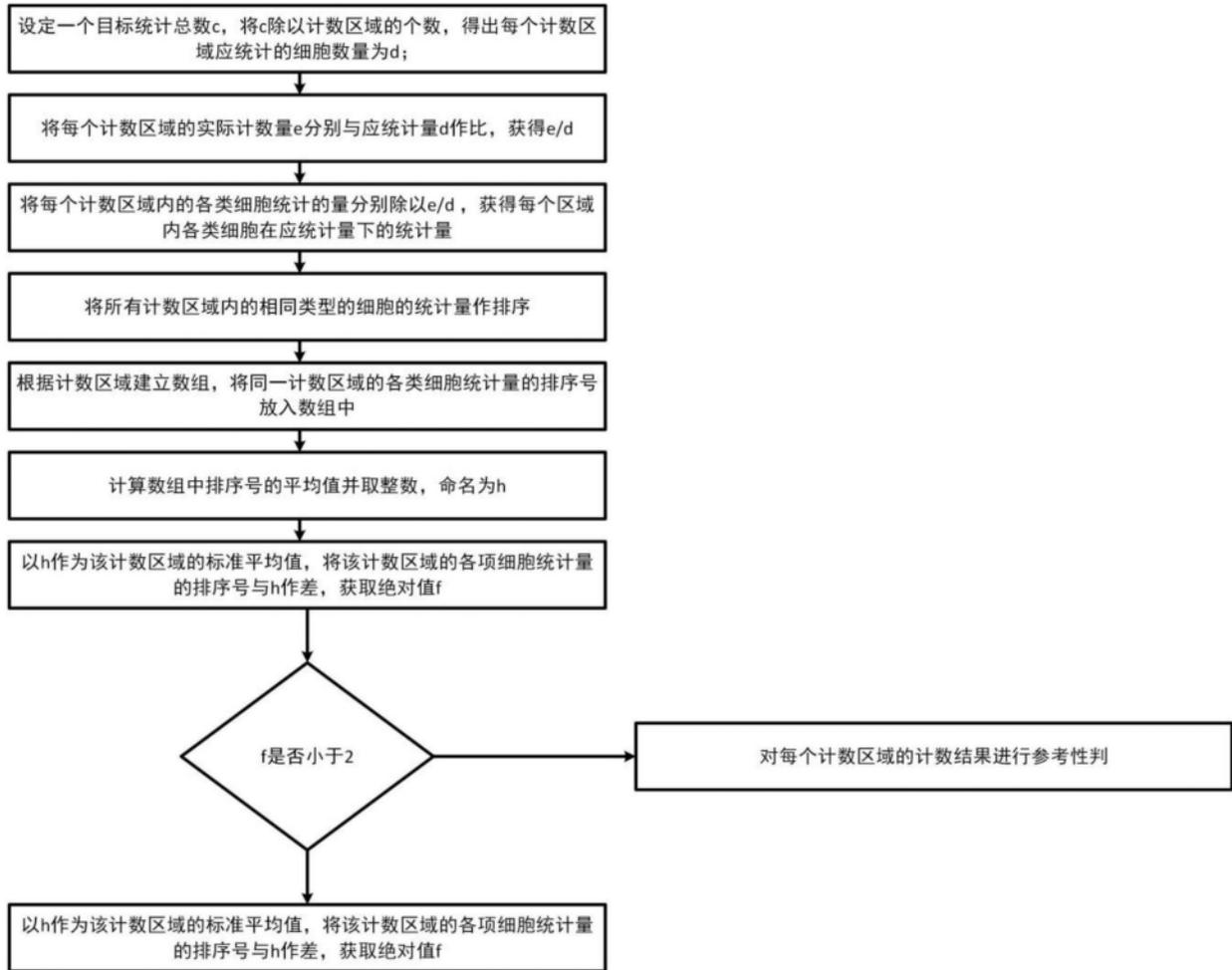


图4