



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 111210447 B

(45) 授权公告日 2023.05.05

(21) 申请号 202010027735.9

G06T 7/187 (2017.01)

(22) 申请日 2020.01.10

G06T 7/90 (2017.01)

(65) 同一申请的已公布的文献号

G06V 10/762 (2022.01)

申请公布号 CN 111210447 A

G06V 10/764 (2022.01)

(43) 申请公布日 2020.05.29

(56) 对比文件

(73) 专利权人 福建师范大学

CN 109102510 A, 2018.12.28

地址 350117 福建省福州市闽侯大学城福

CN 110223305 A, 2019.09.10

建师范大学科技处

CN 106940889 A, 2017.07.11

(72) 发明人 时鹏 吴崇数 钟婧 王开军

US 2019163950 A1, 2019.05.30

审查员 薛梅

(74) 专利代理机构 福州市博深专利事务所(普

通合伙) 35214

专利代理师 唐燕玲

(51) Int. Cl.

G06T 7/11 (2017.01)

G06T 7/155 (2017.01)

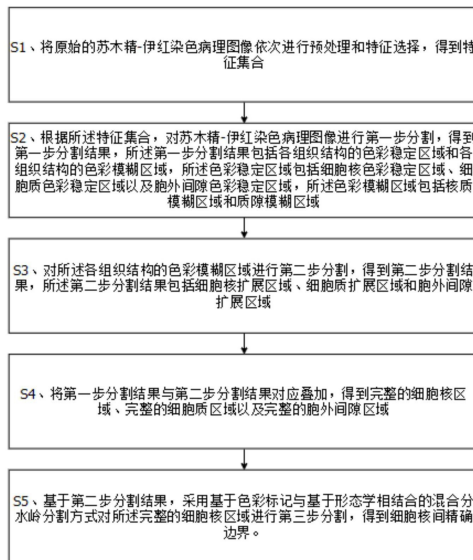
权利要求书2页 说明书7页 附图7页

(54) 发明名称

一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端

(57) 摘要

本发明涉及一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法,根据病理图像中像素的色彩强度信息,对原始图像进行预处理与特征选择,并逐步进行K-means聚类、朴素贝叶斯分类以及分水岭分割三步层次的分割,以得到细胞核间精确边界,病理图像中细胞核的精确边界分割是病理图像分割中的难点,该方法在保证区域正确分割的同时,显著提高了苏木精-伊红染色病理图像细胞核边界的分割精度,进而提高了细胞核计数结果和形态特征测量的准确性。



1. 一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法,其特征在于,包括以下步骤:

S1、将原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行预处理和特征选择,得到特征集合;

S2、根据所述特征集合,对苏木精-伊红染色病理图像进行第一步分割,得到第一步分割结果,所述第一步分割结果包括各组织结构的色彩稳定区域和各组织结构的色彩模糊区域,所述色彩稳定区域包括细胞核色彩稳定区域、细胞质色彩稳定区域以及胞外间隙色彩稳定区域,所述色彩模糊区域包括核质模糊区域和质隙模糊区域;

S3、对所述各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割,得到第二步分割结果,所述第二步分割结果包括细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域;

S4、将第一步分割结果与第二步分割结果对应叠加,得到完整的细胞核区域、完整的细胞质区域以及完整的胞外间隙区域;

S5、基于第二步分割结果,采用基于色彩标记与基于形态学相结合的混合分水岭分割方式对所述完整的细胞核区域进行第三步分割,得到细胞核间精确边界;

步骤S1具体为:

对原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行中值滤波和高斯滤波处理;

将苏木精-伊红染色病理图像按照RGB分解为红色、绿色和蓝色三种单色图像并分别转化为灰度图像,作为三个备选特征;

采用基于层次K-means聚类的苏木精-伊红染色图像分割模型对苏木精-伊红染色病理图像进行分割,得到细胞核区域、细胞质区域和胞外间隙区域的类标签;

分别计算三个备选特征与类标签之间的互信息值;

根据互信息值在RGB色彩空间中进行特征选择,得到特征集合;

步骤S3具体为:

将步骤S2中的各组织结构的色彩稳定区域及其类标签作为训练集,利用朴素贝叶斯分类对各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割。

2. 根据权利要求1所述的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法,其特征在于,步骤S5中得到细胞核间精确边界之后,还包括:

根据所述细胞核间精确边界计算得到对应的特征指标。

3. 一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的终端,包括存储器、处理器及存储在存储器上并可在所述处理器上运行的计算机程序,其特征在于,所述处理器执行所述计算机程序时实现以下步骤:

S1、将原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行预处理和特征选择,得到特征集合;

S2、根据所述特征集合,对苏木精-伊红染色病理图像进行第一步分割,得到第一步分割结果,所述第一步分割结果包括各组织结构的色彩稳定区域和各组织结构的色彩模糊区域,所述色彩稳定区域包括细胞核色彩稳定区域、细胞质色彩稳定区域以及胞外间隙色彩稳定区域,所述色彩模糊区域包括核质模糊区域和质隙模糊区域;

S3、对所述各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割,得到第二步分割结果,所述第二步分割结果包括细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域;

S4、将第一步分割结果与第二步分割结果对应叠加,得到完整的细胞核区域、完整的细胞质区域以及完整的胞外间隙区域;

S5、基于第二步分割结果,采用基于色彩标记与基于形态学相结合的混合分水岭分割

方式对所述完整的细胞核区域进行第三步分割,得到细胞核间精确边界;

步骤S1包括:

对原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行中值滤波和高斯滤波处理;

将苏木精-伊红染色病理图像按照RGB分解为红色、绿色和蓝色三种单色图像并分别转化为灰度图像,作为三个备选特征;

采用基于层次K-means聚类的苏木精-伊红染色图像分割模型对苏木精-伊红染色病理图像进行分割,得到细胞核区域、细胞质区域和胞外间隙区域的类标签;

分别计算三个备选特征与类标签之间的互信息值;

根据互信息值在RGB色彩空间中进行特征选择,得到特征集合;

所述步骤S3包括:

将步骤S2中的各组织结构的色彩稳定区域及其类标签作为训练集,利用朴素贝叶斯分类对各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割。

4. 根据权利要求3所述的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的终端,其特征在于,步骤S5中得到细胞核间精确边界之后,还包括:

根据所述细胞核间精确边界计算得到对应的特征指标。

## 一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端

### 技术领域

[0001] 本发明涉及图像处理领域,具体涉及一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端。

### 背景技术

[0002] 苏木精-伊红(HE)染色法,是石蜡切片技术中最常用的技术之一,将苏木精-伊红染色应用在病理图像分割技术中是医学图像处理技术中最为实用化的技术之一。在医学研究领域,数字化病理分割方法得到了广泛的推广和应用,但由于数据库中苏木精-伊红染色病理图像的数量越来越多,对于图像的全自动分割处理速度提出了越来越高的要求。

[0003] 传统的病理图像分割方法由于染色质量容易受到外界因素的影响,染色的结果会存在较大的差异,且染色后细胞核、细胞质以及胞外间隙之间没有明显的界限,而细胞核形态的多样性会导致在细胞核检测与分割过程中难以建立稳定的形状模型,泛化能力差。

### 发明内容

[0004] 本发明所要解决的技术问题是:提供一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端,能提高对图像全自动分割处理的速度与准确性。

[0005] 为了解决上述技术问题,本发明采用的一种技术方案为:

[0006] 一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法,包括步骤:

[0007] S1、将原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行预处理和特征选择,得到特征集合;

[0008] S2、根据所述特征集合,对苏木精-伊红染色病理图像进行第一步分割,得到第一步分割结果,所述第一步分割结果包括各组织结构的色彩稳定区域和各组织结构的色彩模糊区域,所述色彩稳定区域包括细胞核色彩稳定区域、细胞质色彩稳定区域以及胞外间隙色彩稳定区域,所述色彩模糊区域包括核质模糊区域和质隙模糊区域;

[0009] S3、对所述各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割,得到第二步分割结果,所述第二步分割结果包括细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域;

[0010] S4、将第一步分割结果与第二步分割结果对应叠加,得到完整的细胞核区域、完整的细胞质区域以及完整的胞外间隙区域;

[0011] S5、基于第二步分割结果,采用基于色彩标记与基于形态学相结合的混合分水岭分割方式对所述完整的细胞核区域进行第三步分割,得到细胞核间精确边界。

[0012] 为了解决上述技术问题,本发明采用的另一种技术方案为:

[0013] 一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的终端,包括存储器、处理器及存储在存储器上并可在所述处理器上运行的计算机程序,所述处理器执行所述计算机程序时实现以下步骤:

[0014] S1、将原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行预处理和特征选择,得到特征集合;

[0015] S2、根据所述特征集合,对苏木精-伊红染色病理图像进行第一步分割,得到第一步分割结果,所述第一步分割结果包括各组织结构的色彩稳定区域和各组织结构的色彩模糊区域,所述色彩稳定区域包括细胞核色彩稳定区域、细胞质色彩稳定区域以及胞外间隙色彩稳定区域,所述色彩模糊区域包括核质模糊区域和质隙模糊区域;

[0016] S3、对所述各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割,得到第二步分割结果,所述第二步分割结果包括细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域;

[0017] S4、将第一步分割结果与第二步分割结果对应叠加,得到完整的细胞核区域、完整的细胞质区域以及完整的胞外间隙区域;

[0018] S5、基于第二步分割结果,采用基于色彩标记与基于形态学相结合的混合分水岭分割方式对所述完整的细胞核区域进行第三步分割,得到细胞核间精确边界。

[0019] 本发明的有益效果在于:通过对原始苏木精-伊红染色病理图像的预处理与特征选择,可以得到以色彩强度形式保留不同组织结构色彩信息的二维特征集,降低对图像初步分割的难度;使用K-means聚类对图像进行第一步分割,将属于不同类型的结构组织自动划分,不需要人工标记,可以实现全自动化批量处理;利用朴素贝叶斯分类对图像进行第二步分割并将结果与第一步分割结果中的各组织结构色彩稳定区域对应叠加,可以得到完整的细胞核区域,便于后续对细胞核的分割处理;利用分水岭分割方法第三步分割图像,得到细胞核的精确边界,从而提高对图像全自动分割处理的速度与准确性。

## 附图说明

[0020] 图1为本发明的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法的流程示意图;

[0021] 图2为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法的流程示意图;

[0022] 图3为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的终端的结构示意图;

[0023] 图4为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的高效特征选择的流程示意图;

[0024] 图5为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的第一步分割的过程示意图;

[0025] 图6为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的第二步分割的过程示意图;

[0026] 图7为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的完成朴素贝叶斯分类后的细胞核区域图;

[0027] 图8为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的第一次分水岭分割后的标记灰度图;

[0028] 图9为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的完整分水岭分割的结果图;

[0029] 图10为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的A区域放大图;

[0030] 图11为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的

B区域放大图；

[0031] 图12为本发明实施例的一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端的C区域放大图；

[0032] 标号说明：

[0033] 1、存储器；2、处理器；3、A区域；4、B区域；5、C区域。

### 具体实施方式

[0034] 为详细说明本发明的技术内容、所实现目的及效果，以下结合实施方式并配合附图予以说明。

[0035] 请参照图1-图2，一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法，包括步骤：

[0036] S1、将原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行预处理和特征选择，得到特征集合；

[0037] S2、根据所述特征集合，对苏木精-伊红染色病理图像进行第一步分割，得到第一步分割结果，所述第一步分割结果包括各组织结构的色彩稳定区域和各组织结构的色彩模糊区域，所述色彩稳定区域包括细胞核色彩稳定区域、细胞质色彩稳定区域以及胞外间隙色彩稳定区域，所述色彩模糊区域包括核质模糊区域和质隙模糊区域；

[0038] S3、对所述各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割，得到第二步分割结果，所述第二步分割结果包括细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域；

[0039] S4、将第一步分割结果与第二步分割结果对应叠加，得到完整的细胞核区域、完整的细胞质区域以及完整的胞外间隙区域；

[0040] S5、基于第二步分割结果，采用基于色彩标记与基于形态学相结合的混合分水岭分割方式对所述完整的细胞核区域进行第三步分割，得到细胞核间精确边界。

[0041] 从上述描述可知，本发明的有益效果在于：通过对原始苏木精-伊红染色病理图像的预处理与特征选择，可以得到以色彩强度形式保留不同组织结构色彩信息的二维特征集，降低对图像初步分割的难度；使用K-means聚类对图像进行第一步分割，将属于不同类型的结构组织自动划分，不需要人工标记，可以实现全自动化批量处理；利用朴素贝叶斯分类对图像进行第二步分割并将结果与第一步分割结果中的各组织结构色彩稳定区域对应叠加，可以得到完整的细胞核区域，便于后续对细胞核的分割处理；利用分水岭分割方法第三步分割图像，得到细胞核的精确边界，从而提高对图像全自动分割处理的速度与准确性。

[0042] 进一步的，步骤S1包括：

[0043] 对原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行中值滤波和高斯滤波处理；

[0044] 将苏木精-伊红染色病理图像按照RGB分解为红色、绿色和蓝色三种单色图像并分别转化为灰度图像，作为三个备选特征；

[0045] 采用基于层次K-means聚类的苏木精-伊红染色图像分割模型对苏木精-伊红染色病理图像进行分割，得到细胞核区域、细胞质区域和胞外间隙区域的类标签；

[0046] 分别计算三个备选特征与类标签之间的互信息值；

[0047] 根据互信息值在RGB色彩空间中进行特征选择，得到特征集合。

[0048] 从上述描述可知，通过对原始苏木精-伊红染色病理图像的预处理与特征选择，可以得到以色彩强度形式保留不同组织结构色彩信息的二维特征集，降低对图像初步分割的

难度。

[0049] 进一步的,步骤S3具体为:

[0050] 将步骤S2中的各组织结构的色彩稳定区域及其类标签作为训练集,利用朴素贝叶斯分类对各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割。

[0051] 从上述描述可知,朴素贝叶斯分类具有稳定的分类效率,算法较为简单,对缺失数据不太敏感,适合增量式训练。

[0052] 进一步的,步骤S5中得到细胞核间精确边界之后,还包括:

[0053] 根据所述细胞核间精确边界计算得到对应的特征指标。

[0054] 从上述描述可知,通过提取局部相关特征,对细胞核进行精细分割得到精确边界,可以提高对细胞核分割的准确性,输出与相关特征便于应用于病理图像的分析与研究。

[0055] 请参照图3,本发明还提供一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的终端,包括存储器、处理器及存储在存储器上并可在所述处理器上运行的计算机程序,所述处理器执行所述计算机程序时实现以下步骤:

[0056] S1、将原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行预处理和特征选择,得到特征集合;

[0057] S2、根据所述特征集合,对苏木精-伊红染色病理图像进行第一步分割,得到第一步分割结果,所述第一步分割结果包括各组织结构的色彩稳定区域和各组织结构的色彩模糊区域,所述色彩稳定区域包括细胞核色彩稳定区域、细胞质色彩稳定区域以及胞外间隙色彩稳定区域,所述色彩模糊区域包括核质模糊区域和质隙模糊区域;

[0058] S3、对所述各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割,得到第二步分割结果,所述第二步分割结果包括细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域;

[0059] S4、将第一步分割结果与第二步分割结果对应叠加,得到完整的细胞核区域、完整的细胞质区域以及完整的胞外间隙区域;

[0060] S5、基于第二步分割结果,采用基于色彩标记与基于形态学相结合的混合分水岭分割方式对所述完整的细胞核区域进行第三步分割,得到细胞核间精确边界。

[0061] 从上述描述可知,本发明的有益效果在于:通过对原始苏木精-伊红染色病理图像的预处理与特征选择,可以得到以色彩强度形式保留不同组织结构色彩信息的二维特征集,降低对图像初步分割的难度;使用K-means聚类对图像进行第一步分割,将属于不同类型的结构组织自动划分,不需要人工标记,可以实现全自动化批量处理;利用朴素贝叶斯分类对图像进行第二步分割并将结果与第一步分割结果中的各组织结构色彩稳定区域对应叠加,可以得到完整的细胞核区域,便于后续对细胞核的分割处理;利用分水岭分割方法第三步分割图像,得到细胞核的精确边界,从而提高对图像全自动分割处理的速度与准确性。

[0062] 进一步的,步骤S1包括:

[0063] 对原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行中值滤波和高斯滤波处理;

[0064] 将苏木精-伊红染色病理图像按照RGB分解为红色、绿色和蓝色三种单色图像并分别转化为灰度图像,作为三个备选特征;

[0065] 采用基于层次K-means聚类的苏木精-伊红染色图像分割模型对苏木精-伊红染色病理图像进行分割,得到细胞核区域、细胞质区域和胞外间隙区域的类标签;

[0066] 分别计算三个备选特征与类标签之间的互信息值;

[0067] 根据互信息值在RGB色彩空间中进行特征选择,得到特征集合。

[0068] 从上述描述可知,通过对原始苏木精-伊红染色病理图像的预处理与特征选择,可以得到以色彩强度形式保留不同组织结构色彩信息的二维特征集,降低对图像初步分割的难度。

[0069] 进一步的,步骤S3具体为:

[0070] 将步骤S2中的各组织结构的色彩稳定区域及其类标签作为训练集,利用朴素贝叶斯分类对各组织结构的色彩模糊区域进行第二步分割。

[0071] 从上述描述可知,朴素贝叶斯分类具有稳定的分类效率,算法较为简单,对缺失数据不太敏感,适合增量式训练。

[0072] 进一步的,步骤S5中得到细胞核间精确边界之后,还包括:

[0073] 根据所述细胞核间精确边界计算得到对应的特征指标。

[0074] 从上述描述可知,通过提取局部相关特征,对细胞核进行精细分割得到精确边界,可以提高对细胞核分割的准确性,输出与相关特征用于病理图像的分析与研究。

[0075] 请参照图1-图12,本发明的实施例一为:

[0076] 一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法,具体的,包括如下步骤:

[0077] S1、将原始的苏木精-伊红染色病理图像依次进行预处理和特征选择,得到特征集合;

[0078] 如图4所示,具体的,步骤S1包括:

[0079] 对原始的苏木精-伊红染色病理图像先后进行中值滤波和高斯滤波的预处理;

[0080] 优选的,采用窗口大小为 $5 \times 5$ ,步长为1的中值滤波与高斯滤波;

[0081] 将苏木精-伊红染色RGB病理图像分解为红色、绿色和蓝色三种单色图像并分别转化为灰度图像,作为备选特征;

[0082] 采用基于层次K-means聚类的苏木精-伊红染色图像分割模型对苏木精-伊红染色图像进行分割,根据分割结果,获取细胞核区域、细胞质区域和胞外间隙区域的类标签,作为可靠的分割结果;

[0083] 分别计算各备选特征与类标签之间的互信息值,计算公式如下:

$$[0084] \quad I(X;Y) = \sum_{y \in \Omega_y} \sum_{x \in \Omega_x} p(x,y) \log_2 \left( \frac{p(x,y)}{p(x)p(y)} \right);$$

[0085] 其中, $\Omega_x, \Omega_y$ 分别为X,Y的样本空间; $p(x), p(y)$ 分别为X,Y概率密度函数, $p(x,y)$ 是X,Y的联合概率密度。选择互信息值较大的红色和绿色相应的灰度图像,并将其映射到二维特征空间中组成精简的二维特征集,记为(R,G)。

[0086] S2、根据所述特征集合,对苏木精-伊红染色病理图像进行第一步分割,得到第一步分割结果,所述第一步分割结果包括各组织结构的色彩稳定区域和各组织结构的色彩模糊区域,所述色彩稳定区域包括细胞核色彩稳定区域、细胞质色彩稳定区域以及胞外间隙色彩稳定区域,所述色彩模糊区域包括核质模糊区域和质隙模糊区域;

[0087] 如图5所示,具体的,步骤S2包括:

[0088] 对组合好的二维特征集采用K-means聚类,保存聚类结果及其标签,并采用曼哈顿距离作为相似性度量指标;



[0089] 进一步的,K-means聚类首先随机选取K个样本作为初始的类中心,通过计算每个样本与类中心的距离来划分样本,计算划分后的各类的新的类中心,如此迭代达到给定迭代次数I;曼哈顿距离表示两个点在笛卡尔直角坐标系上的绝对轴距之和,定义如下:

$$[0090] \quad d(i, j) = |x_i - x_j| + |y_i - y_j|;$$

[0091] 其中,  $(x_i, y_i)$  和  $(x_j, y_j)$  为两个样本点特征矢量,  $d(i, j)$  为它们之间的曼哈顿距离。

[0092] 优选的,K为5,I为150。

[0093] 基于苏木精-伊红染色图像中染色细胞核、细胞质以及胞外间隙之间界限较模糊这一特点,将K-means聚类结果定义为以下五类:细胞核色彩稳定区域、核质模糊区域、细胞质色彩稳定区域、质隙模糊区域以及胞外间隙色彩稳定区域。

[0094] S3、对所述各组织结构色彩模糊区域进行第二步分割,得到第二步分割结果,包括细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域;

[0095] 如图6-图7所示,具体的,步骤S3包括:

[0096] 将步骤S2中得到的细胞质色彩稳定区域和胞外间隙色彩稳定区域及其聚类结果与标签作为训练集,利用朴素贝叶斯分类对各组织结构色彩模糊区域进行第二步分割。

[0097] 设  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$  为一个待分类项,每个  $x_i$  为  $X$  的一个特征属性;现有类别集合  $C = (c_1, c_2, \dots, c_m)$  求出在  $X$  的属性条件下所有类别的概率,选取概率最大的类别作为  $X$  的类别标签,得到朴素贝叶斯分类器的公式如下:

$$[0098] \quad V(X) = \underset{c_i \in C}{\operatorname{arg\,max}} \frac{p(c_i) \prod_{k=1}^n p(x_k | c_i)}{p(X)};$$

[0099] 其中,  $V(X)$  为  $X$  的类别标签,对于所有类别  $p(X)$  是一个常数,  $p(c_i)$  为类别先验概率,  $p(x_1 | c_i), p(x_2 | c_i), \dots, p(x_n | c_i)$  为在类别为  $c_i$  的条件下,  $X$  中各特征属性的条件概率,这些都可以从训练集中得到;将分割结果定义为细胞核扩展区域、细胞质扩展区域和胞外间隙扩展区域三类。

[0100] 优选的,为了提高训练精度,在进行朴素贝叶斯分类之前对训练样本进行扩充:

[0101] 取苏木精-伊红染色RGB图像中的红色灰度图像,对其进行窗口大小为  $5 \times 5$ 、步长为1的均值滤波,所得到的特征记为  $R'$ 。用  $R'$  代替原特征集  $(R, G)$  中的  $R$  特征,构成新的二维特征集  $(R', G)$ ,将  $(R, G)$  和  $(R', G)$  一同作为朴素贝叶斯分类器的训练集,对核质模糊区域和质隙模糊区域进行进一步分割。

[0102] S4、将第一步分割结果中的各组织结构色彩稳定区域与第二步分割结果对应叠加,得到完整的细胞核区域、完整的细胞质区域以及完整的胞外间隙区域;

[0103] S5、对所述完整的细胞核区域进行第三步分割,得到第三步分割结果。

[0104] 如图8-图12所示,具体的,步骤S5包括:

[0105] 基于第二步分割结果,采用基于色彩标记与基于形态学相结合的混合分水岭分割方式对完整的细胞核区域进行第三步分割,确定单个细胞核边界。

[0106] 进一步的,第三步分割方法具体为:

[0107] 首先采用色彩标记的分水岭分割方法对所述的完整细胞核区域进行分割,将完整

的细胞核区域转化为灰度图像,在设计初始标记(即区域极小值点)时,取K-means聚类得到的细胞核色彩稳定区域进行二值化处理,去除面积小于 $q$ 像素的区域,并对剩余连通区域中的孔洞进行填充,形成包含封闭细胞核色彩稳定区域的二值图像,将二值图像的各区域映射到完整细胞核区域灰度图像上得到初始标记,并以此进行第一次分水岭分割,把跟临近像素间的相似性作为参考依据,将在空间位置上相近并且灰度值相近的像素点互相连接起来构成一个封闭的轮廓;

[0108] 优选的, $q$ 为20;

[0109] 基于第一次分水岭分割结果,对分割结果进行二值化处理,检测到各个细胞核包含粘连细胞核的共同边界,再由此边界生成细胞核封闭区域内的街区距离图,进行第二次的基于街区距离的分水岭分割,得到最终的分割结果。

[0110] 步骤S5之后还包括:

[0111] 基于最终分割结果,定义并计算相关特征用于苏木精-伊红染色病理图像分析研究。

[0112] 优选的,计算表1内的相关特征。

[0113]

特征	定义
细胞核数量	细胞核区域的连通区域个数
细胞核区域	细胞核区域的总像素数
细胞质区域	细胞质区域的总像素数
胞外间隙区域	胞外间隙区域的总像素数
细胞核区域占比	细胞核区域的总像素数/图像总像素数
细胞质区域占比	细胞质区域的总像素数/图像总像素数
核质比	细胞核区域的总像素数/细胞质区域的总像素数

[0114] 表1

[0115] 请参照图1-图12,本发明的实施例二为:

[0116] 一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的终端,所述终端包括存储器1、处理器2及存储在存储器1上并可在所述处理器2上运行的计算机程序,所述处理器2执行所述计算机程序时实现实施例一中的各个步骤。

[0117] 综上所述,本发明提供一种苏木精-伊红染色病理图像层次分割的方法及终端,通过对原始的苏木精-伊红染色病理图像的预处理与特征选择,得到有色彩强度信息的二维特征集,便于后续的分割;进一步的,对图像进行K-means聚类与朴素的贝叶斯分类,分步分割,得出完整的细胞核区域,缩小分割范围,提高分割的准确性,同时算法的训练样本由聚类自动生成,因此不同染色效果的病理图像会得到符合自身染色特点的训练集,且不需要人工标记样本,可以实现全自动化批量处理;进一步的对细胞核区域进行分水岭分割,通过提取局部相关特征,对细胞核进行精细分割得到精确边界,可以提高对细胞核分割的准确性和鲁棒性;计算并输出特征结果,便于对苏木精-伊红染色病理图像分割技术进行分析与研究。

[0118] 以上所述仅为本发明的实施例,并非因此限制本发明的专利范围,凡是利用本发明说明书及附图内容所作的等同变换,或直接或间接运用在相关的技术领域,均同理包括在本发明的专利保护范围内。

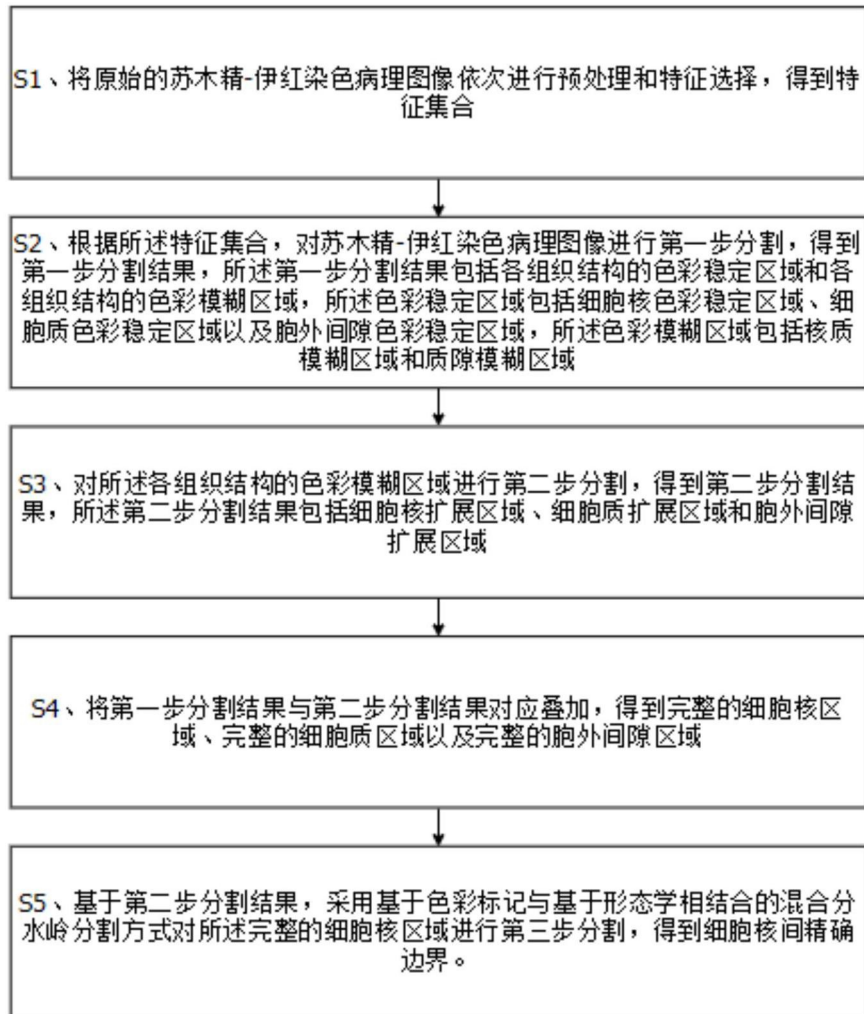


图1

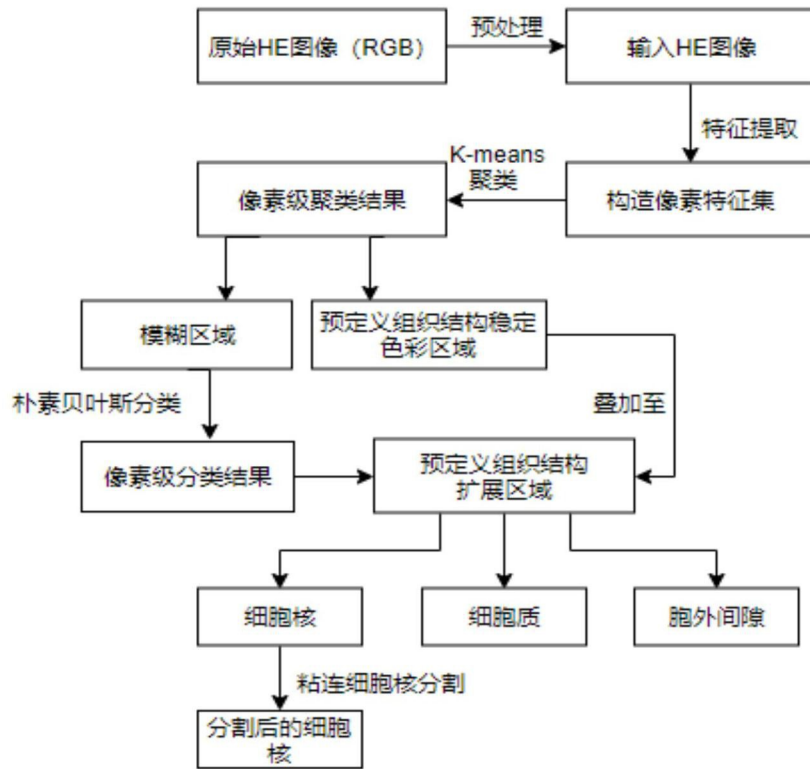


图2

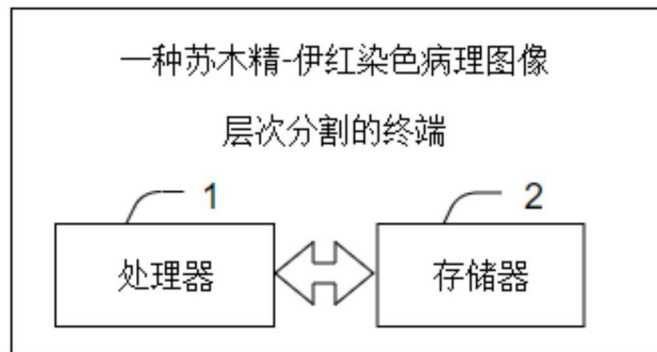


图3

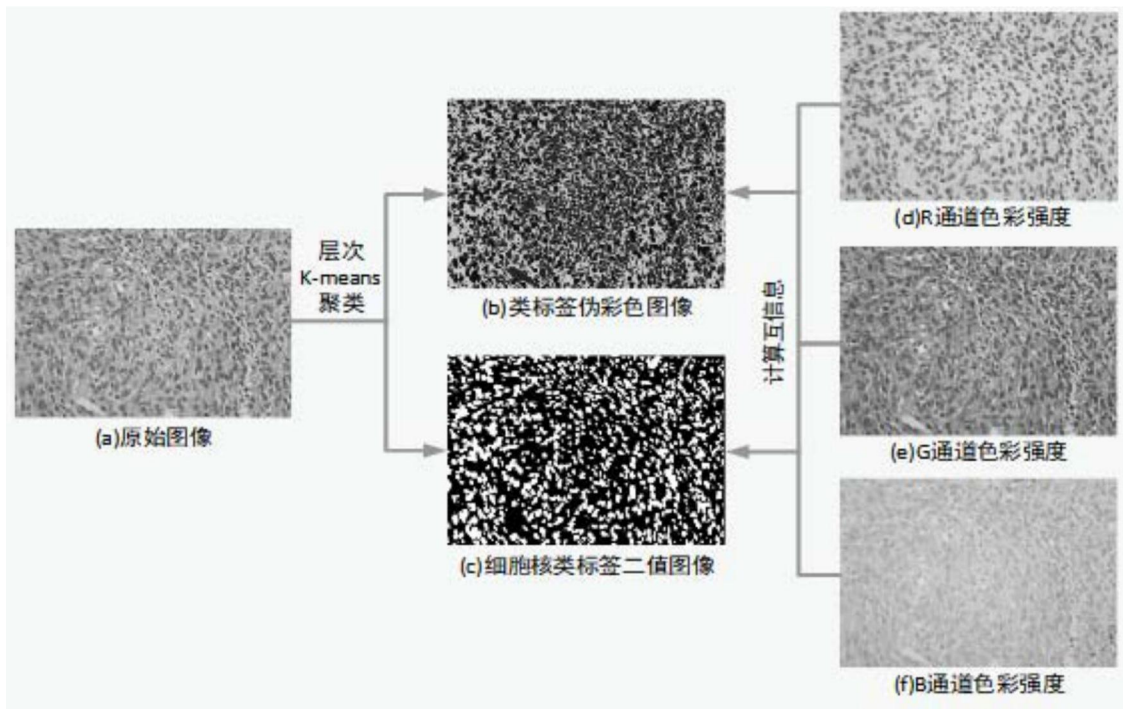


图4

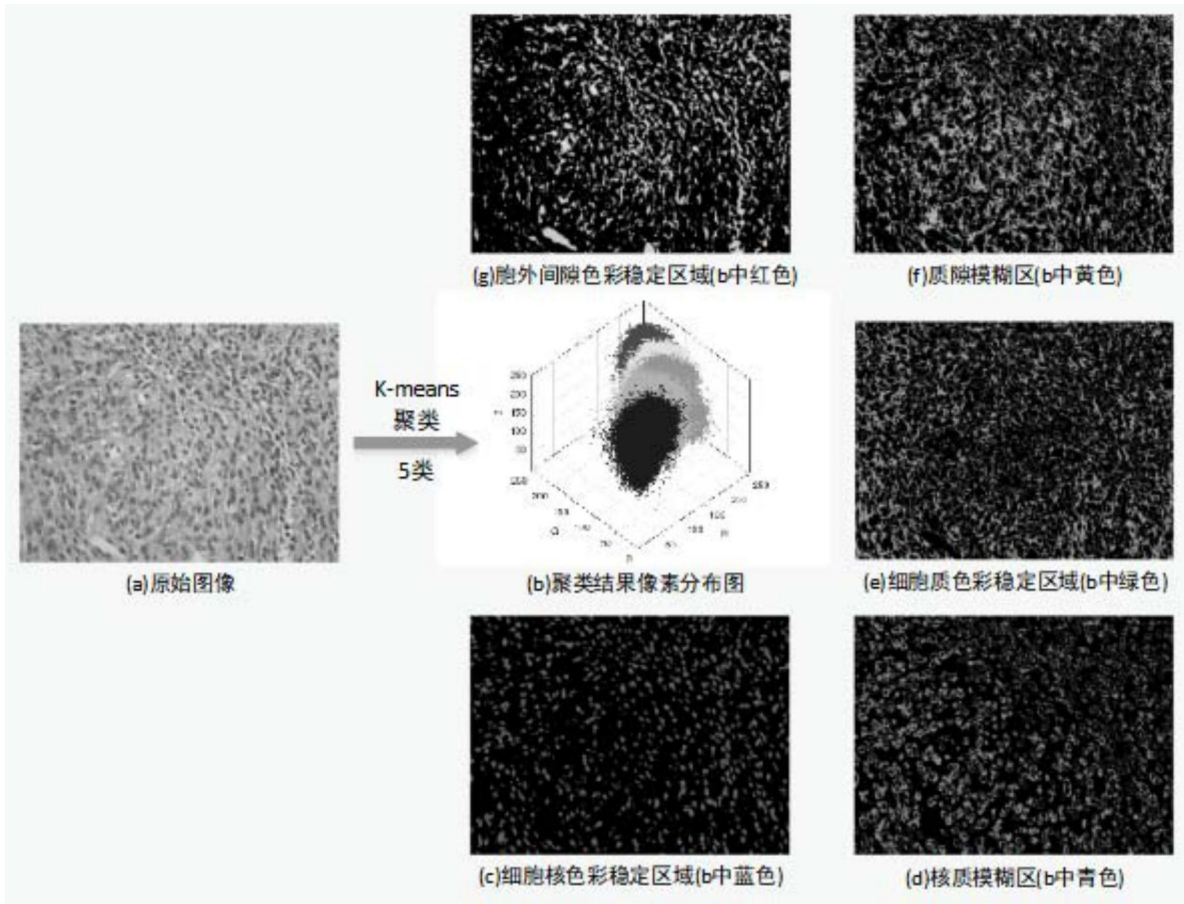


图5

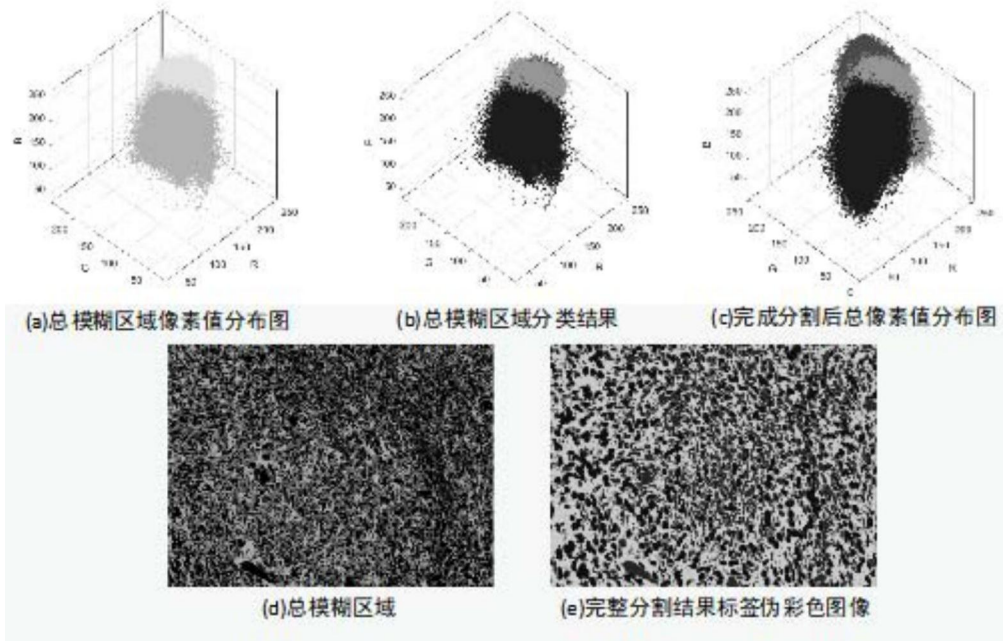


图6

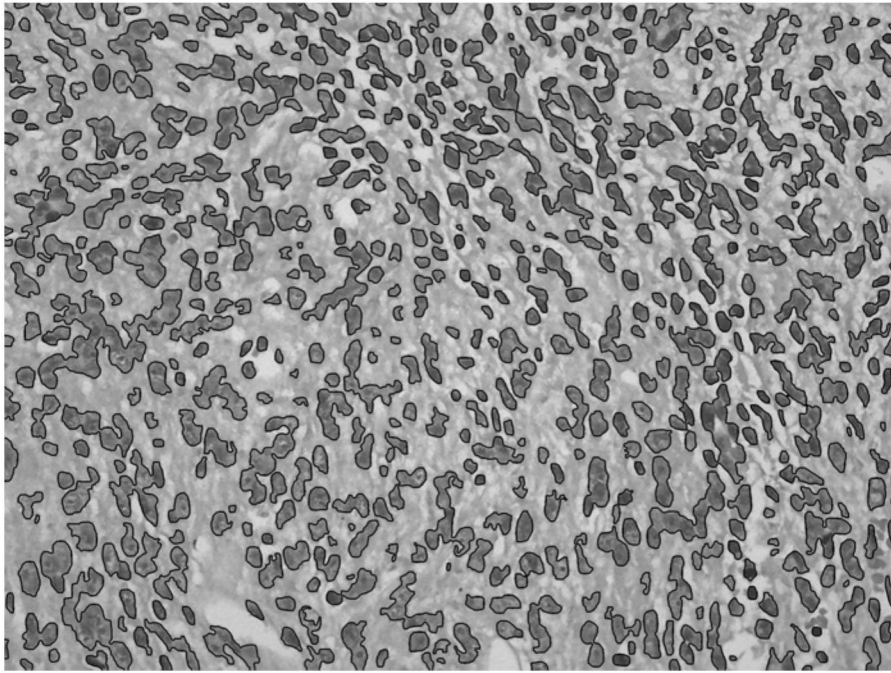


图7

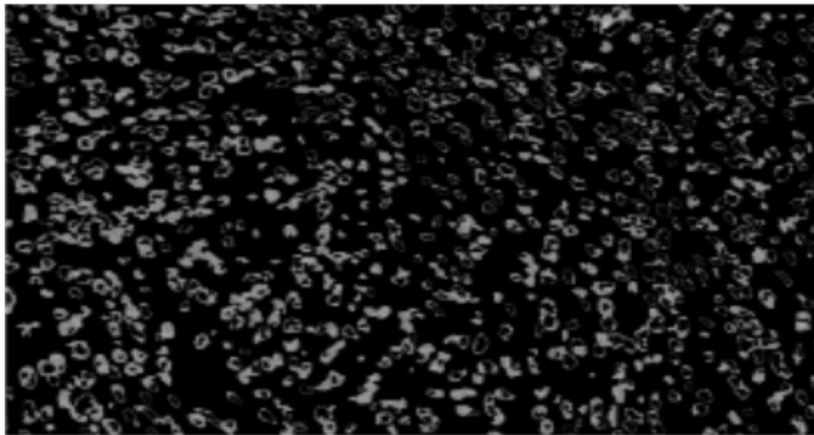


图8

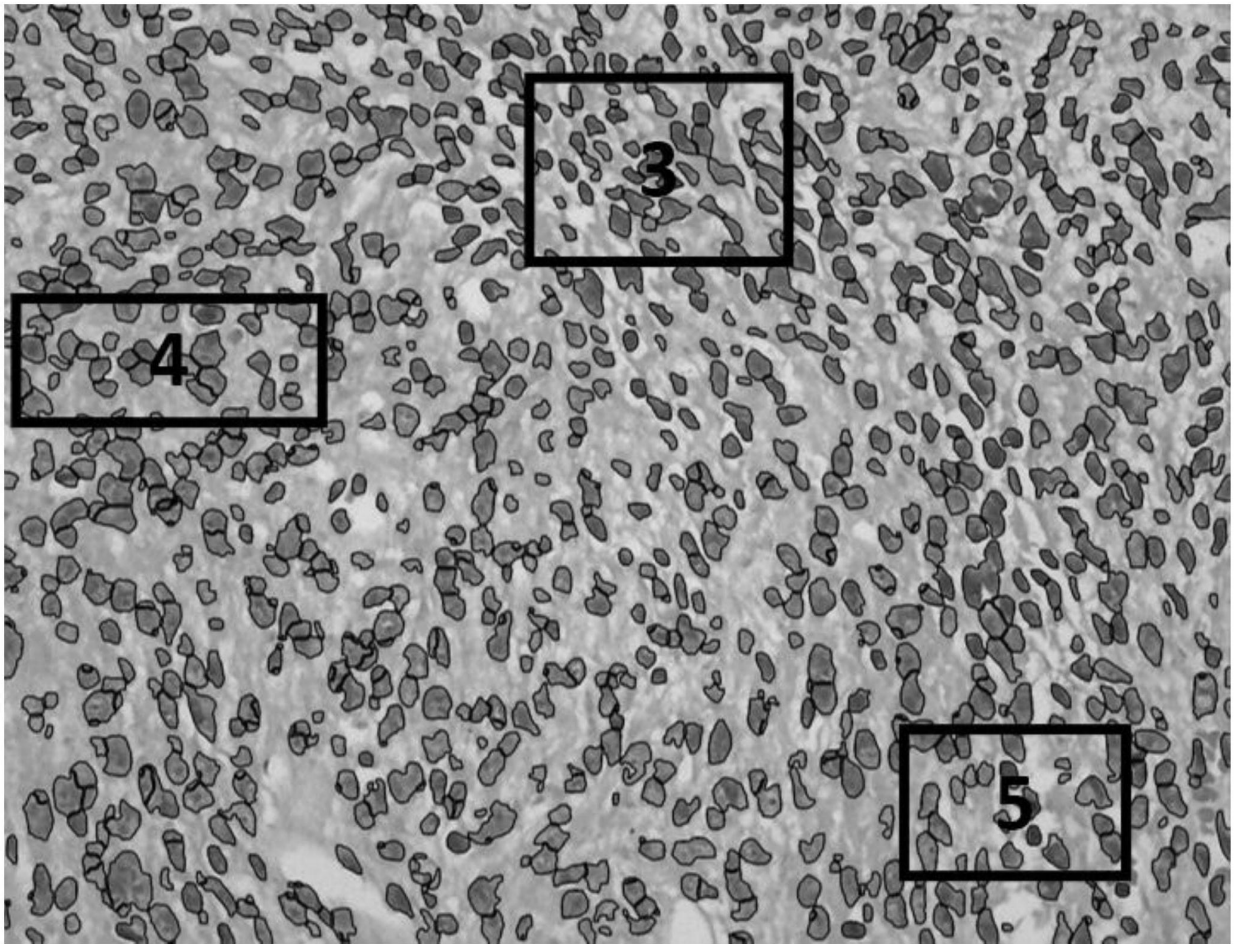


图9



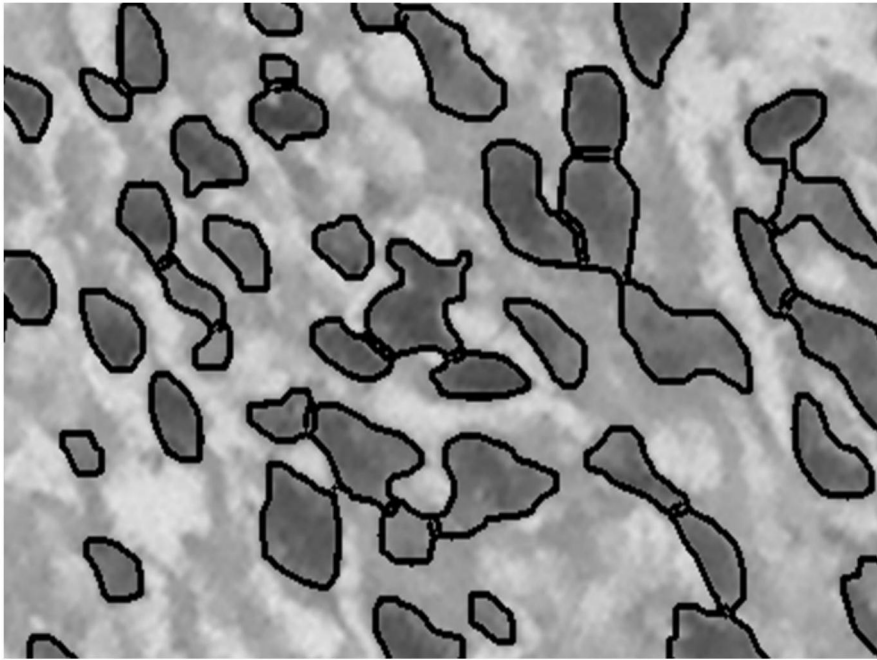


图10

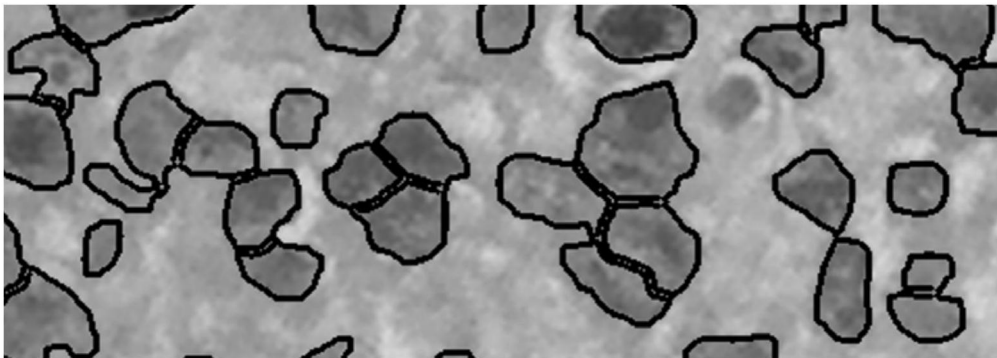


图11

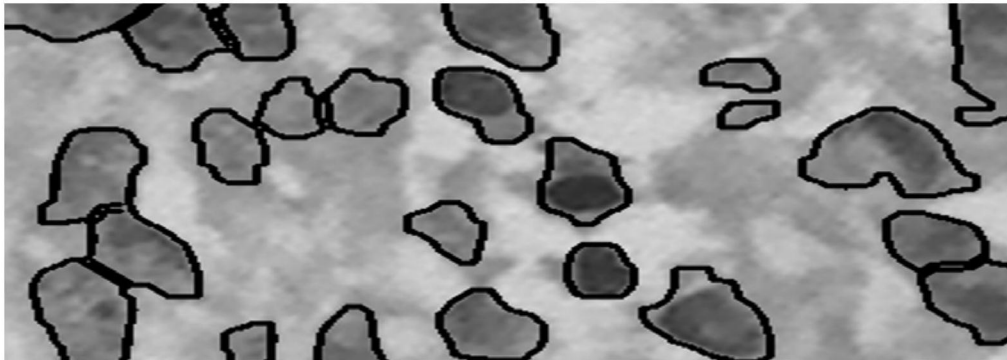


图12