



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 115861275 B

(45) 授权公告日 2024.02.06

(21) 申请号 202211674351.1

US 2022215679 A1, 2022.07.07

(22) 申请日 2022.12.26

CN 109886928 A, 2019.06.14

(65) 同一申请的已公布的文献号

CN 111462036 A, 2020.07.28

申请公布号 CN 115861275 A

CN 114492648 A, 2022.05.13

CN 114549896 A, 2022.05.27

(43) 申请公布日 2023.03.28

CN 114723652 A, 2022.07.08

(73) 专利权人 中南大学

JP W02021038840 A1, 2021.03.04

地址 410000 湖南省长沙市岳麓区麓山南路932号

US 2014214336 A1, 2014.07.31

WO 2021139258 A1, 2021.07.15

(72) 发明人 刘书宁 陈慧珍 胡超 施鹤远
刘荣凯 陈世俊 梁锴 陈黎

胡超等. 全身炎症反应指数预测肝癌颈动脉化疗栓塞疗效的价值.《临床放射学杂志》.2021, 第40卷(第7期), 全文.

(74) 专利代理机构 长沙轩荣专利代理有限公司
43235

陆昕渝; 肖冰; 黄民生; 何岩; 李欣然; 尹超; 冷培恩. 上海东区水质净化厂尾水湿地池水质与蚊幼孳生分析.《华东师范大学学报(自然科学版)》.2018, (第6期), 全文. (续)

专利代理师 李崇章

审查员 李雪娇

(51) Int. Cl.

G06T 7/00 (2017.01)

G06T 7/11 (2017.01)

(56) 对比文件

CN 101542527 A, 2009.09.23

CN 115035017 A, 2022.09.09

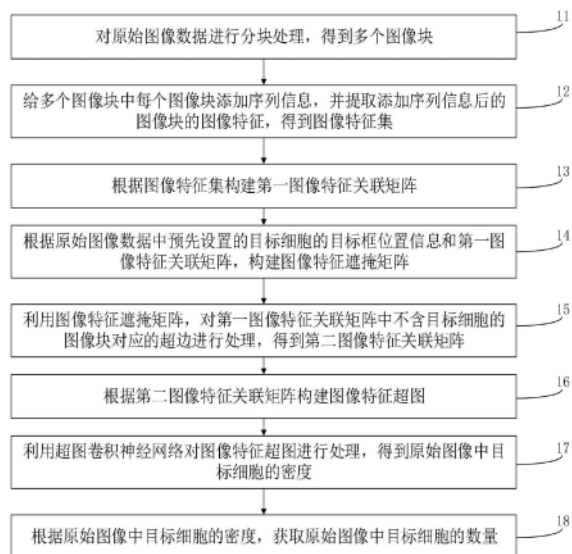
权利要求书3页 说明书10页 附图3页

(54) 发明名称

细胞计数方法、装置、终端设备及介质

(57) 摘要

本申请适用于水质检测技术领域, 提供了一种细胞计数方法、装置、终端设备及介质。其中该方法通过对原始图像数据进行分块, 得到多个图像块; 给每个图像块添加序列信息, 提取其图像特征, 得到图像特征集; 由图像特征集构建第一图像特征关联矩阵; 根据目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵, 构建图像特征遮掩矩阵; 利用图像特征遮掩矩阵对不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理, 得到第二图像特征关联矩阵; 根据第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图; 利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理, 得到原始图像中目标细胞的密度; 根据目标细胞的密度, 获取原始图像中目标细胞的数量。本申请能提高细胞计数的准确性。



CN 115861275 B

[接上页]

(56) 对比文件

Yao Xue, et al..Cell Counting by

Regression Using Convolutional Neural
Network.《Computer Vision-ECCV 2016
Workshops》.2016,第9913卷全文.

1. 一种细胞计数方法,其特征在于,包括:

对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块;

给所述多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集;

根据所述图像特征集构建第一图像特征关联矩阵;所述根据所述图像特征集构建第一图像特征关联矩阵,包括:将所述图像特征集F中每个图像块对应的图像特征作为一节点,并利用K-Means聚类方法对多个节点进行聚类,得到多个簇;将所述多个簇中每个簇作为一超边,根据多个超边构建图像块特征超图;根据所述图像块特征超图,得到所述第一图像特征关联矩阵H;

根据所述原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和所述第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵;

利用所述图像特征遮掩矩阵,对所述第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵;

根据所述第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图;

利用超图卷积神经网络对所述图像特征超图进行处理,得到所述原始图像中目标细胞的密度;所述利用超图卷积神经网络对所述图像特征超图进行处理,得到所述原始图像中目标细胞的密度,包括:通过计算公式

$$X^{(l+1)} = \sigma(D_v^{-1/2} A W D_e^{-1} A^T D_v^{-1/2} X^{(l)} \theta^{(l)})$$

得到目标细胞的密度预测矩阵,其中, $X^{(1)}$ 表示所述超图卷积神经网络第1层输入的图像特征超图矩阵, $X^{(1+1)}$ 表示第1+1层输入的图像特征超图矩阵, $\theta^{(1)}$ 表示超图卷积神经网络第1层的权重, W 表示加强了权重的包含目标细胞的图像块对应的超边的权重矩阵, D_v 表示节点的度矩阵, D_e 表示超边的度矩阵, σ 表示激活函数, A 表示所述第二图像特征关联矩阵;根据所述目标细胞的密度预测矩阵,获取所述原始图像中目标细胞的密度;

根据所述原始图像中目标细胞的密度,获取所述原始图像中目标细胞的数量。

2. 根据权利要求1所述的细胞计数方法,其特征在于,所述原始图像数据包括多个原始图像;

所述对原始图像进行分块处理,得到多个图像块,包括:

根据所述目标细胞的直径 h 对多个原始图像 X 进行分块处理;其中,每个原始图像被分成 p 个图像块, $X = [x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_m]$, x_i 表示第 i 个原始图像, m 表示原始图像的总数量, $p = (H \times W) / (P \times P)$, $P \geq h$, P 表示每个图像块的边长, W 表示原始图像宽度, H 表示原始图像高度, $i = 1, 2, \dots, m$ 。

3. 根据权利要求2所述的细胞计数方法,其特征在于,所述给所述多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集,包括:

通过计算公式

$$z_i = x_{emd}^i + PE = [x_{i1} + PE, x_{i2} + PE, \dots, x_{iq} + PE, \dots, x_{ip} + PE]$$

得到第 i 个原始图像添加序列信息后的所有图像块 z_i ;其中, x_{emd}^i 表示第 i 个原始图像对应的所有图像块, $x_{emd}^i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iq}, \dots, x_{ip}]$, x_{iq} 表示第 i 个原始图像的第 q 个图

像块,PE表示所述序列信息, $q=1,2,\dots,p$;

通过计算公式

$$z_m^{iq} = MSA\left(LN\left(z_{m-1}^{iq}\right)\right) + z_{m-1}^{iq}$$

$$z_m^{iq} = MLP\left(LN\left(z_m^{iq}\right)\right) + z_m^{iq}$$

得到第i个原始图像添加序列信息后的每个图像块的图像特征 z_m^{iq} ;其中, z_m^{iq} 表示第m块编码器中第i个原始图像添加序列信息后的第q个图像块的图像特征;MSA(\cdot)表示多头自注意力,LN(\cdot)表示层归一化,MLP表示多层感知机,m表示编码器的总块数, z_{m-1}^{iq} 表示第m-1块编码器中第i个原始图像添加序列信息后的第q个图像块的图像特征;

按照图像块的序列信息对每个原始图像添加序列信息后的每个图像块的图像特征进行排序,得到所述图像特征集F;其中, $F = \{F_1, F_2, \dots, F_i, \dots, F_m\}$, F_i 表示第i个原始图像的图像特征集合, $F_i = \{F_{i1}, F_{i2}, \dots, F_{ip}\}$, $F_i \in R^{p \times d}$,R表示实数空间,d表示每个图像块的特征维度。

4. 根据权利要求1所述的细胞计数方法,其特征在于,所述根据所述原始图像中目标细胞的目标框位置信息和所述第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵,包括:

根据每个原始图像中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和该原始图像对应的多个图像块,对该原始图像中目标细胞的目标框进行块标定,得到该原始图像中目标细胞的目标框位置向量 L_i , L_i 表示第i个原始图像中目标细胞的目标框位置向量;其中, $L_i \in R^{1 \times p}$;

计算每个原始图像中目标细胞的目标框位置向量 L_i 与所述第一图像特征关联矩阵H的乘积,得到所述图像特征遮掩矩阵M;其中, $M \in R^{p \times e}$,e表示超边的数量。

5. 根据权利要求4所述的细胞计数方法,其特征在于,所述利用所述图像特征遮掩矩阵,对所述第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵,包括:

对所述图像特征遮掩矩阵M和所述第一图像特征关联矩阵H进行点乘处理,得到点乘结果矩阵;

去除所述点乘结果矩阵中不包含目标细胞的图像块对应的超边,并增大所述点乘结果矩阵中包含目标细胞的图像块对应的超边的权重;

根据所述包含目标细胞的图像块对应的超边的权重,对所有包含目标细胞的图像块对应的超边的关联矩阵进行计算,得到所述第二图像特征关联矩阵A。

6. 一种细胞计数装置,其特征在于,包括:

分块模块,用于对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块;

提取模块,用于给所述多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集;

第一构建模块,用于根据所述图像特征集构建第一图像特征关联矩阵;所述根据所述图像特征集构建第一图像特征关联矩阵,包括:将所述图像特征集F中每个图像块对应的图像特征作为一节点,并利用K-Means聚类方法对多个节点进行聚类,得到多个簇;将所述多个簇中每个簇作为一超边,根据多个超边构建图像块特征超图;根据所述图像块特征超图,

得到所述第一图像特征关联矩阵H;

第二构建模块,用于根据所述原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和所述第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵;

第一处理模块,用于利用所述图像特征遮掩矩阵,对所述第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵;

超图模块,用于根据所述第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图;

第二处理模块,利用超图卷积神经网络对所述图像特征超图进行处理,得到所述原始图像中目标细胞的密度;所述利用超图卷积神经网络对所述图像特征超图进行处理,得到所述原始图像中目标细胞的密度,包括:通过计算公式

$$X^{(l+1)} = \sigma(D_v^{-1/2} A W D_e^{-1} A^T D_v^{-1/2} X^{(l)} \theta^{(l)})$$

得到目标细胞的密度预测矩阵,其中, $X^{(1)}$ 表示所述超图卷积神经网络第1层输入的图像特征超图矩阵, $X^{(1+1)}$ 表示第1+1层输入的图像特征超图矩阵, $\theta^{(1)}$ 表示超图卷积神经网络第1层的的权重, W 表示加强了权重的包含目标细胞的图像块对应的超边的权重矩阵, D_v 表示节点的度矩阵, D_e 表示超边的度矩阵, σ 表示激活函数, A 表示所述第二图像特征关联矩阵;根据所述目标细胞的密度预测矩阵,获取所述原始图像中目标细胞的密度;

计数模块,用于根据所述原始图像中目标细胞的密度,获取所述原始图像中目标细胞的数量。

7.一种终端设备,包括存储器、处理器以及存储在所述存储器中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如权利要求1至5任一项所述的细胞计数方法。

8.一种计算机可读存储介质,所述计算机可读存储介质存储有计算机程序,其特征在于,所述计算机程序被处理器执行时实现如权利要求1至5任一项所述的细胞计数方法。

细胞计数方法、装置、终端设备及介质

技术领域

[0001] 本申请属于水质检测技术领域,尤其涉及一种细胞计数方法、装置、终端设备及介质。

背景技术

[0002] 水质检测能够为污水处理厂处理工艺问题提供数据资料和经验,帮助专业人员做出正确的判断,从而设计制定合理的污水处理厂运营方案,最终有效改善污水处理厂出水问题,减轻环境污染。

[0003] 而未经处理的污水混合液样本,其显微图像中含有大量絮状体和杂质,会对目标细胞的检测与统计产生极大的干扰。所以需要在实验室内将污水混合液进行过滤及预处理,以便对目标细胞进行观察。但是这一系列的操作需要很高的成本,所以水质检测中需要使用显微图像的细胞计数技术:通过对污水显微图像进行载体识别(在显微图像中,使用载体选取一种微生物的部分样本,根据载体的特征将该种微生物与背景图片或其他微生物区分开来),以便监视和测定其种类、浓度并预测其在无颗粒状态下的真实数量,最终根据上述数据来评估水体质量。

[0004] 当前主流显微图像的细胞计数方法是面向通用图像的目标计数方法,只是单纯的将目标细胞的特征与图片特征进行拼接来获得目标细胞图像的特征。然而,显微图像中的目标细胞一般体积很小,并且背景中存在很多其他外形相似的细胞,对于目标细胞的计数具有很大的干扰性,这就导致容易提取到背景图片中的空白区域和其他种类微生物的特征,从而导致识别到其他无关物体,进而错误地统计到其他微生物。因此,目前细胞计数方法的准确度较低。

发明内容

[0005] 本申请实施例提供了一种细胞计数方法、装置、终端设备及介质,可以解决细胞计数方法准确性低的问题。

[0006] 第一方面,本申请实施例提供了一种细胞计数方法,包括:

[0007] 对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块;

[0008] 给多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集;

[0009] 根据图像特征集构建第一图像特征关联矩阵;

[0010] 根据原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵;

[0011] 利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵;

[0012] 根据第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图;

[0013] 利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理,得到原始图像中目标细胞的密

度;

[0014] 根据原始图像中目标细胞的密度,获取原始图像中目标细胞的数量。

[0015] 可选的,原始图像数据包括多个原始图像。

[0016] 可选的,对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块,包括:

[0017] 根据目标细胞的直径 h 对多个原始图像 X 进行分块处理;其中,每个原始图像被分成 p 个图像块, $X = [x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_m]$, x_i 表示第 i 个原始图像, m 表示原始图像的总数量, $p = (H \times W) / (P \times P)$, $P \geq h$, P 表示每个图像块的边长, W 表示原始图像宽度, H 表示原始图像高度, $i = 1, 2, \dots, m$ 。

[0018] 可选的,给多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集,包括:

[0019] 通过计算公式

$$[0020] \quad z_i = x_{emd}^i + PE = [x_{i1} + PE, x_{i2} + PE, \dots, x_{iq} + PE, \dots, x_{ip} + PE]$$

[0021] 得到第 i 个原始图像添加序列信息后的所有图像块 z_i ;其中, x_{emd}^i 表示第 i 个原始图像对应的所有图像块, $x_{emd}^i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iq}, \dots, x_{ip}]$, x_{iq} 表示第 i 个原始图像的第 q 个图像块, PE 表示序列信息, $q = 1, 2, \dots, p$;

[0022] 通过计算公式

$$[0023] \quad z_m^{iq} = MSA\left(LN\left(z_{m-1}^{iq}\right)\right) + z_{m-1}^{iq}$$

$$[0024] \quad z_m^{iq} = MLP\left(LN\left(z_m^{iq}\right)\right) + z_m^{iq}$$

[0025] 得到第 i 个原始图像添加序列信息后的每个图像块的图像特征 z_m^{iq} ;其中, z_m^{iq} 表示第 m 块编码器中第 i 个原始图像添加序列信息后的第 q 个图像块的图像特征; $MSA(\cdot)$ 表示多头自注意力, $LN(\cdot)$ 表示层归一化, MLP 表示多层感知机, m 表示编码器的总块数, z_{m-1}^{iq} 表示第 $m-1$ 块编码器中第 i 个原始图像添加序列信息后的第 q 个图像块的图像特征;

[0026] 按照图像块的序列信息对每个原始图像添加序列信息后的每个图像块的图像特征进行排序,得到图像特征集 F ;其中, $F = \{F_1, F_2, \dots, F_i, \dots, F_m\}$, F_i 表示第 i 个原始图像的图像特征集合, $F_i = \{F_{i1}, F_{i2}, \dots, F_{ip}\}$, $F_i \in R^{p \times d}$, R 表示实数空间, d 表示每个图像块的特征维度。

[0027] 可选的,根据图像特征集构建第一图像特征关联矩阵,包括:

[0028] 将图像特征集 F 中每个图像块对应的图像特征作为一节点,并利用K-Means聚类方法对多个节点进行聚类,得到多个簇;

[0029] 将多个簇中每个簇作为一超边,根据多个超边构建图像块特征超图;

[0030] 根据图像块特征超图,得到第一图像特征关联矩阵 H 。

[0031] 可选的,根据原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵,包括:

[0032] 根据每个原始图像中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和该原始图像对应的多个图像块,对该原始图像中目标细胞的目标框进行块标定,得到该原始图像中目标细

胞的目标框位置向量 L_i , L_i 表示第 i 个原始图像中目标细胞的目标框位置向量;其中, $L_i \in \mathbb{R}^{1 \times p}$;

[0033] 计算每个原始图像中目标细胞的目标框位置向量 L_i 与第一图像特征关联矩阵 H 的乘积,得到图像特征遮矩阵 M ;其中, $M \in \mathbb{R}^{p \times e}$, e 表示超边的数量。

[0034] 可选的,利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵,包括:

[0035] 对图像特征遮掩矩阵 M 和第一图像特征关联矩阵 H 进行点乘处理,得到点乘结果矩阵;

[0036] 去除点乘结果矩阵中不包含目标细胞的图像块对应的超边,并增大点乘结果矩阵中包含目标细胞的图像块对应的超边的权重;

[0037] 根据包含目标细胞的图像块对应的超边的权重,对所有包含目标细胞的图像块对应的超边的关联矩阵进行计算,得到第二图像特征关联矩阵 A 。

[0038] 可选的,利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理,得到原始图像中目标细胞的密度,包括:

[0039] 通过计算公式

$$[0040] \quad X^{(l+1)} = \sigma(D_v^{-1/2} A W D_e^{-1} A^T D_v^{-1/2} X^{(l)} \theta^{(l)})$$

[0041] 得到目标细胞的密度预测矩阵,其中, $X^{(1)}$ 表示超图卷积神经网络第1层输入的图像特征超图矩阵, $X^{(l+1)}$ 表示第 $l+1$ 层输入的图像特征超图矩阵, $\theta^{(1)}$ 表示超图卷积神经网络第1层的权重, W 表示加强了权重的包含目标细胞的图像块对应的超边的权重矩阵, D_v 表示节点的度矩阵, D_e 表示超边的度矩阵, σ 表示激活函数, A 表示第二图像特征关联矩阵;

[0042] 根据目标细胞的密度预测矩阵,获取原始图像中目标细胞的密度。

[0043] 第二方面,本申请实施例提供了一种细胞计数装置,包括:

[0044] 分块模块,用于对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块;

[0045] 提取模块,用于给多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集;

[0046] 第一构建模块,用于根据图像特征集构建第一图像特征关联矩阵;

[0047] 第二构建模块,用于根据原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵;

[0048] 第一处理模块,用于利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵;

[0049] 超图模块,用于根据第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图;

[0050] 第二处理模块,利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理,得到原始图像中目标细胞的密度;

[0051] 计数模块,用于根据原始图像中目标细胞的密度,获取原始图像中目标细胞的数量。

[0052] 第三方面,本申请实施例提供了一种终端设备,包括存储器、处理器以及存储在存储器中并可在处理器上运行的计算机程序,处理器执行计算机程序时实现上述的细胞计数方法。

[0053] 第四方面,本申请实施例提供了一种计算机可读存储介质,计算机可读存储介质

存储有计算机程序,计算机程序被处理器执行时实现上述的细胞计数方法。

[0054] 本申请的上述方案有如下的有益效果:

[0055] 在本申请的一些实施例中,通过给多个图像块中每个图像块添加序列信息,能够得到每个图像块对应其原始图像的位置信息,使提取到的图像特征更加精确,从而提高细胞计数的准确性;利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,能够促进包含目标细胞的图像块之间的特征流动,加强了目标细胞间的相关性,提高了细胞计数的准确性。

[0056] 本申请的其它有益效果将在随后的具体实施方式部分予以详细说明。

附图说明

[0057] 为了更清楚地说明本申请实施例中的技术方案,下面将对实施例或现有技术描述中所需要使用的附图作简单地介绍,显而易见地,下面描述中的附图仅仅是本申请的一些实施例,对于本领域普通技术人员来讲,在不付出创造性劳动的前提下,还可以根据这些附图获得其他的附图。

[0058] 图1为本申请一实施例提供的细胞计数方法的流程图;

[0059] 图2为本申请一实施例提供的细胞计数装置的结构示意图;

[0060] 图3为本申请一实施例提供的终端设备的结构示意图。

具体实施方式

[0061] 以下描述中,为了说明而不是为了限定,提出了诸如特定系统结构、技术之类的具体细节,以便透彻理解本申请实施例。然而,本领域的技术人员应当清楚,在没有这些具体细节的其它实施例中也可以实现本申请。在其它情况中,省略对众所周知的系统、装置、电路以及方法的详细说明,以免不必要的细节妨碍本申请的描述。

[0062] 应当理解,当在本申请说明书和所附权利要求书中使用时,术语“包括”指示所描述特征、整体、步骤、操作、元素和/或组件的存在,但并不排除一个或多个其它特征、整体、步骤、操作、元素、组件和/或其集合的存在或添加。

[0063] 还应当理解,在本申请说明书和所附权利要求书中使用的术语“和/或”是指相关列出的项中的一个或多个的任何组合以及所有可能组合,并且包括这些组合。

[0064] 如在本申请说明书和所附权利要求书中所使用的那样,术语“如果”可以依据上下文被解释为“当...时”或“一旦”或“响应于确定”或“响应于检测到”。类似地,短语“如果确定”或“如果检测到[所描述条件或事件]”可以依据上下文被解释为意指“一旦确定”或“响应于确定”或“一旦检测到[所描述条件或事件]”或“响应于检测到[所描述条件或事件]”。

[0065] 另外,在本申请说明书和所附权利要求书的描述中,术语“第一”、“第二”、“第三”等仅用于区分描述,而不能理解为指示或暗示相对重要性。

[0066] 在本申请说明书中描述的参考“一个实施例”或“一些实施例”等意味着在本申请的一个或多个实施例中包括结合该实施例描述的特定特征、结构或特点。由此,在本说明书中的不同之处出现的语句“在一个实施例中”、“在一些实施例中”、“在其他一些实施例中”、“在另外一些实施例中”等不是必然都参考相同的实施例,而是意味着“一个或多个但不是所有的实施例”,除非是以其他方式另外特别强调。术语“包括”、“包含”、“具有”及它们的变

形都意味着“包括但不限于”,除非是以其他方式另外特别强调。

[0067] 针对目前细胞计数方法准确性低的问题,本申请提供了一种细胞计数方法,通过给多个图像块中每个图像块添加序列信息,能够得到每个图像块对应其原始图像的位置信息,使提取到的图像特征更加精确,从而提高细胞计数的准确性;利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,能够促进包含目标细胞的图像块之间的特征流动,加强了目标细胞间的相关性,提高了细胞计数的准确性。

[0068] 如图1所示,本申请提供的细胞计数方法包括以下步骤:

[0069] 步骤11,对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块。

[0070] 在本申请的一些实施例中,上述原始图像数据可以通过上采样(一种把低分辨率图像采样成高分辨率图像的技术手段)获得的多个原始图像,示例性的,上述原始图像数据可以是多个显微图像。

[0071] 对原始图像数据进行分块处理,便于后续提取其图像特征,从而将目标细胞和其他细胞加以区分,也能更好地对不含细胞的图像区域进行处理,减少以上因素(其他细胞和不含细胞的图像区域)对目标细胞计数的干扰。

[0072] 步骤11的具体步骤为:根据目标细胞的直径 h 对多个原始图像 X 进行分块处理;其中,每个原始图像被分成 p 个图像块, $X = [x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_m]$, x_i 表示第 i 个原始图像, m 表示原始图像的总数量, $p = (H \times W) / (P \times P)$, $P \geq h$, P 表示每个图像块的边长, W 表示原始图像宽度, H 表示原始图像高度, $i = 1, 2, \dots, m$ 。

[0073] 值得一提的是,以目标细胞的直径对原始图像进行分块,以便提取到的图像特征尽量是细胞特征而非背景特征,减小细胞计数的误差。图像特征的提取也属于一种提取特征技术(计算机通过影像分析和变换,提取显微图像中属于某种微生物的特征性信息的方法及过程。从初始的一组测量数据开始,并建立旨在提供信息和非冗余的派生值(特征),从而提高后续的学习和泛化过程的效果,并且在某些情况下带来更好的可解释性)。

[0074] 步骤12,给多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集。

[0075] 值得一提的是,对每个图像块添加序列信息,可以使得图像特征蕴含其对应原始图像的位置信息,有利于细胞计数的准确性。对于所有的图像块,上述序列信息的尺寸都是统一的。

[0076] 步骤13,根据图像特征集构建第一图像特征关联矩阵。

[0077] 步骤14,根据原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵。

[0078] 上述图像特征遮掩矩阵能够查询图像特征关联矩阵中不含目标细胞的细胞块对应的超边,并将其去除,从而能够消除空白背景和其他细胞对目标细胞计数的干扰。

[0079] 步骤15,利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵。

[0080] 步骤16,根据第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图。

[0081] 超图是有限集合的子集系统,是离散数学中最一般的结构。其定义如下:超图 H 是一个有序二元组 $H = (X, E)$,其中 X 是一个以节点或顶点(vertices)为元素的非空集合,称为顶点集; E 是 X 的一组非空子集簇,其元素被称为边或超边。

[0082] 步骤17,利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理,得到原始图像中目标细胞的密度。

[0083] 在计算机视觉领域,卷积完成的是对图像特征的提取或者信息的匹配。例如,我们训练区分显微图像的时候,卷积核会被训练,训练的结果就是,卷积核会对微生物之间不同的特征敏感,输出不同的结果,从而达到图像识别的目的。

[0084] 步骤18,根据原始图像中目标细胞的密度,获取原始图像中目标细胞的数量。

[0085] 在一些场景中,可采用目前常用的技术手段或装置利用细胞密度确定细胞数量,完成对原始图像中目标细胞的计数。

[0086] 由上述各个步骤可见,本申请提供的细胞计数方法通过给多个图像块中每个图像块添加序列信息,能够得到每个图像块对应其原始图像的位置信息,使提取到的图像特征更加精确,从而提高细胞计数的准确性;利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,能够促进包含目标细胞的图像块之间的特征流动,加强了目标细胞间的相关性,提高了细胞计数的准确性。

[0087] 下面对步骤12(给多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集)的具体过程做示例性说明。

[0088] 步骤12.1,通过计算公式

$$[0089] \quad z_i = x_{emd}^i + PE = [x_{i1} + PE, x_{i2} + PE, \dots, x_{iq} + PE, \dots, x_{ip} + PE]$$

[0090] 得到第*i*个原始图像添加序列信息后的所有图像块 z_i ;其中, x_{emd}^i 表示第*i*个原始图像对应的所有图像块, $x_{emd}^i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iq}, \dots, x_{ip}]$, x_{iq} 表示第*i*个原始图像的第*q*个图像块,PE表示序列信息, $q=1, 2, \dots, p$ 。

[0091] 步骤12.2,通过计算公式

$$[0092] \quad z_m^{iq} = MSA\left(LN\left(z_{m-1}^{iq}\right)\right) + z_{m-1}^{iq}$$

$$[0093] \quad z_m^{iq} = MLP\left(LN\left(z_m^{iq}\right)\right) + z_m^{iq}$$

[0094] 得到第*i*个原始图像添加序列信息后的每个图象块的图像特征 z_m^{iq} ;其中, z_m^{iq} 表示第*m*块编码器中第*i*个原始图像添加序列信息后的第*q*个图象块的图像特征;MSA(\cdot)表示多头自注意力,LN(\cdot)表示层归一化,MLP表示多层感知机,*m*表示编码器的总块数, z_{m-1}^{iq} 表示第*m-1*块编码器中第*i*个原始图像添加序列信息后的第*q*个图象块的图像特征。

[0095] 步骤12.3,按照图象块的序列信息对每个原始图像添加序列信息后的每个图象块的图像特征进行排序,得到图像特征集F。

[0096] 其中, $F = \{F_1, F_2, \dots, F_i, \dots, F_m\}$, F_i 表示第*i*个原始图像的图像特征集合, $F_i = \{F_{i1}, F_{i2}, \dots, F_{ip}\}$, $F_i \in R^{p \times d}$, R 表示实数空间,*d*表示每个图像块的特征维度。

[0097] 下面对步骤13(根据图像特征集构建第一图像特征关联矩阵)的具体过程做示例性说明。

[0098] 在本申请的一些实施例中,在执行步骤13之前,可以对步骤12获得的图像特征集进行一维卷积,聚合各个图像块中的图像特征,以增强图像特征的局部表达能力。

[0099] 步骤13.1,将图像特征集F中每个图像块对应的图像特征作为一节点,并利用K-Means聚类方法对多个节点进行聚类,得到多个簇。

[0100] K-Means聚类方法又叫k均值聚类算法(k-means clustering algorithm),是一种迭代求解的聚类分析算法,其步骤是,预将数据分为K组,则随机选取K个对象作为初始的聚类中心,然后计算每个对象与各个种子聚类中心之间的距离,把每个对象分配给距离它最近的聚类中心。聚类中心以及分配给它们的对象就代表一个聚类。每分配一个样本,聚类的聚类中心会根据聚类中现有的对象被重新计算。这个过程将不断重复直到满足某个终止条件。终止条件可以是没有(或最小数目)对象被重新分配给不同的聚类,没有(或最小数目)聚类中心再发生变化,误差平方和局部最小。

[0101] 步骤13.2,将多个簇中每个簇作为一超边,根据多个超边构建图像块特征超图。

[0102] 步骤13.3,根据图像块特征超图,得到第一图像特征关联矩阵H。

[0103] 下面对步骤14(根据原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵)的具体过程做示例性说明。

[0104] 步骤14.1,根据每个原始图像中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和该原始图像对应的多个图像块,对该原始图像中目标细胞的目标框进行块标定,得到该原始图像中目标细胞的目标框位置向量 L_i , L_i 表示第i个原始图像中目标细胞的目标框位置向量。

[0105] 其中, $L_i \in \mathbb{R}^{1 \times p}$ 。

[0106] 需要说明的是,第i张图像被分为j块并且对应一个一维的向量 $[0,0,1,\dots,1,0]$,如果第j个图像块中有目标框,则该向量中第j个数字为1,否则为0。

[0107] 步骤14.2,计算每个原始图像中目标细胞的目标框位置向量 L_i 与第一图像特征关联矩阵H的乘积,得到图像特征遮掩矩阵M;其中, $M \in \mathbb{R}^{p \times e}$,e表示超边的数量。

[0108] 下面对步骤15(利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵)的具体过程做示例性说明。

[0109] 步骤15.1,对图像特征遮掩矩阵M和第一图像特征关联矩阵H进行点乘处理,得到点乘结果矩阵。

[0110] 步骤15.2,去除点乘结果矩阵中不包含目标细胞的图像块对应的超边,并增大点乘结果矩阵中包含目标细胞的图像块对应的超边的权重。

[0111] 步骤15.3,根据包含目标细胞的图像块对应的超边的权重,对所有包含目标细胞的图像块对应的超边的关联矩阵进行计算,得到第二图像特征关联矩阵A。

[0112] 下面对步骤17(利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理,得到原始图像中目标细胞的密度)的具体过程做示例性说明。

[0113] 步骤17.1,通过计算公式

$$[0114] \quad X^{(l+1)} = \sigma(D_v^{-1/2} A W D_e^{-1} A^T D_v^{-1/2} X^{(l)} \theta^{(l)})$$

[0115] 得到目标细胞的密度预测矩阵,其中, $X^{(1)}$ 表示超图卷积神经网络第1层输入的图像特征超图矩阵, $X^{(l+1)}$ 表示第l+1层输入的图像特征超图矩阵, $\theta^{(1)}$ 表示超图卷积神经网络第1层的的权重,W表示加强了权重的包含目标细胞的图像块对应的超边的权重矩阵, D_v 表示节点的度矩阵, D_e 表示超边的度矩阵, σ 表示激活函数,A表示第二图像特征关联矩阵。

[0116] 步骤17.2,根据原始图像中目标细胞的密度预测矩阵,获取原始图像中目标细胞的密度。

- [0117] 下面结合具体实施例对本申请提供的细胞计数装置进行示例性的说明。
- [0118] 如图2所示,本申请的实施例提供了一种细胞计数装置,该细胞计数装置200包括:
- [0119] 分块模块201,用于对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块。
- [0120] 提取模块202,用于给多个图像块中每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集。
- [0121] 第一构建模块203,用于根据图像特征集构建第一图像特征关联矩阵。
- [0122] 第二构建模块204,用于根据原始图像数据中预先设置的目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵。
- [0123] 第一处理模块205,用于利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵。
- [0124] 超图模块206,用于根据第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图。
- [0125] 第二处理模块207,利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理,得到原始图像中目标细胞的密度。
- [0126] 计数模块208,用于根据原始图像中目标细胞的密度,获取原始图像中目标细胞的数量。
- [0127] 需要说明的是,上述装置/单元之间的信息交互、执行过程等内容,由于与本申请方法实施例基于同一构思,其具体功能及带来的技术效果,具体可参见方法实施例部分,此处不再赘述。
- [0128] 所属领域的技术人员可以清楚地了解到,为了描述的方便和简洁,仅以上述各功能单元、模块的划分进行举例说明,实际应用中,可以根据需要而将上述功能分配由不同的功能单元、模块完成,即将所述装置的内部结构划分成不同的功能单元或模块,以完成以上描述的全部或者部分功能。实施例中的各功能单元、模块可以集成在一个处理单元中,也可以是各个单元单独物理存在,也可以两个或两个以上单元集成在一个单元中,上述集成的单元既可以采用硬件的形式实现,也可以采用软件功能单元的形式实现。另外,各功能单元、模块的具体名称也只是为了便于相互区分,并不用于限制本申请的保护范围。上述系统中单元、模块的具体工作过程,可以参考前述方法实施例中的对应过程,在此不再赘述。
- [0129] 如图3所示,本申请的实施例提供了一种终端设备,该实施例的终端设备D10包括:至少一个处理器D100(图3中仅示出一个处理器)、存储器D101以及存储在所述存储器D101中并可在所述至少一个处理器D100上运行的计算机程序D102,所述处理器D100执行所述计算机程序D102时实现上述任意各个方法实施例中的步骤。
- [0130] 具体的,所述处理器D100执行所述计算机程序D102时,通过对原始图像数据进行分块处理,得到多个图像块,再给每个图像块添加序列信息,并提取添加序列信息后的图像块的图像特征,得到图像特征集,然后根据图像特征集构建第一图像特征关联矩阵,再根据预先设置的目标细胞的目标框位置信息和第一图像特征关联矩阵,构建图像特征遮掩矩阵,并利用其对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,得到第二图像特征关联矩阵,再根据第二图像特征关联矩阵构建图像特征超图,并利用超图卷积神经网络对图像特征超图进行处理,得到原始图像中目标细胞的密度,最后根据原始图像中目标细胞的密度,获取原始图像中目标细胞的数量。其中,通过给多个图像块中每个图像块添加序列信息,能够得到每个图像块对应其原始图像的位置信息,使提取到的图像

特征更加精确,从而提高细胞计数的准确性;利用图像特征遮掩矩阵,对第一图像特征关联矩阵中不含目标细胞的图像块对应的超边进行处理,能够促进包含目标细胞的图像块之间的特征流动,加强了目标细胞间的相关性,提高了细胞计数的准确性。

[0131] 所称处理器D100可以是中央处理单元(CPU,Central Processing Unit),该处理器D100还可以是其他通用处理器、数字信号处理器(DSP,Digital Signal Processor)、专用集成电路(ASIC,Application Specific Integrated Circuit)、现成可编程门阵列(FPGA,Field-Programmable Gate Array)或者其他可编程逻辑器件、分立门或者晶体管逻辑器件、分立硬件组件等。通用处理器可以是微处理器或者该处理器也可以是任何常规的处理器等。

[0132] 所述存储器D101在一些实施例中可以是所述终端设备D10的内部存储单元,例如终端设备D10的硬盘或内存。所述存储器D101在另一些实施例中也可以是所述终端设备D10的外部存储设备,例如所述终端设备D10上配备的插接式硬盘,智能存储卡(SMC,Smart Media Card),安全数字(SD,Secure Digital)卡,闪存卡(Flash Card)等。进一步地,所述存储器D101还可以既包括所述终端设备D10的内部存储单元也包括外部存储设备。所述存储器D101用于存储操作系统、应用程序、引导装载程序(BootLoader)、数据以及其他程序等,例如所述计算机程序的程序代码等。所述存储器D101还可以用于暂时地存储已经输出或者将要输出的数据。

[0133] 本申请实施例还提供了一种计算机可读存储介质,所述计算机可读存储介质存储有计算机程序,所述计算机程序被处理器执行时实现可实现上述各个方法实施例中的步骤。

[0134] 本申请实施例提供了一种计算机程序产品,当计算机程序产品在终端设备上运行时,使得终端设备执行时实现可实现上述各个方法实施例中的步骤。

[0135] 所述集成的单元如果以软件功能单元的形式实现并作为独立的产品销售或使用,可以存储在一个计算机可读存储介质中。基于这样的理解,本申请实现上述实施例方法中的全部或部分流程,可以通过计算机程序来指令相关的硬件来完成,所述的计算机程序可存储于一计算机可读存储介质中,该计算机程序在被处理器执行时,可实现上述各个方法实施例的步骤。其中,所述计算机程序包括计算机程序代码,所述计算机程序代码可以为源代码形式、对象代码形式、可执行文件或某些中间形式等。所述计算机可读介质至少可以包括:能够将计算机程序代码携带到细胞计数装置/终端设备的任何实体或装置、记录介质、计算机存储器、只读存储器(ROM,Read-Only Memory)、随机存取存储器(RAM,Random Access Memory)、电载波信号、电信信号以及软件分发介质。例如U盘、移动硬盘、磁碟或者光盘等。在某些司法管辖区,根据立法和专利实践,计算机可读介质不可以是电载波信号和电信信号。

[0136] 在上述实施例中,对各个实施例的描述都各有侧重,某个实施例中未详述或记载的部分,可以参见其它实施例的相关描述。

[0137] 本申请提供的细胞计数方法具有如下优点:

[0138] 1.根据已知的细胞直径大小对图像进行切块,并对每一个图像块添加位置信息,进而提取特征,这样得到的特征蕴含了其对应原图的位置信息,更加精确且有效。

[0139] 2.在本申请的一些实施例中,将每一个图像块提取的特征进行一维卷积,以聚合

图像块内的特征,可以增强显微图像中只含有细胞部分的特征的局部表达能力,来更好地和背景进行区分。

[0140] 3. 使用K-Means算法将图像块聚类成簇,并以簇为超边、以图像块为点构建超图。通过使用目标框位置信息形成的遮掩矩阵,来查询并去除不包含细胞的超边,并提高包含细胞的超边的权重。这样促进包含细胞的图像块之间的特征流动,从而提高了细胞计数的有效性和准确性。

[0141] 本领域普通技术人员可以意识到,结合本文中所公开的实施例描述的各示例的单元及算法步骤,能够以电子硬件、或者计算机软件和电子硬件的结合来实现。这些功能究竟以硬件还是软件方式来执行,取决于技术方案的特定应用和设计约束条件。专业技术人员可以对每个特定的应用来使用不同方法来实现所描述的功能,但是这种实现不应认为超出本申请的范围。

[0142] 在本申请所提供的实施例中,应该理解到,所揭露的装置和方法,可以通过其它的方式实现。例如,以上所描述的装置实施例仅仅是示意性的,例如,所述模块的划分,仅仅为一种逻辑功能划分,实际实现时可以有另外的划分方式,例如多个单元或组件可以结合或者可以集成到另一个系统,或一些特征可以忽略,或不执行。另一点,所显示或讨论的相互之间的耦合或直接耦合或通讯连接可以是通过一些接口,装置或单元的间接耦合或通讯连接,可以是电性,机械或其它的形式。

[0143] 所述作为分离部件说明的单元可以是或者也可以不是物理上分开的,作为单元显示的部件可以是或者也可以不是物理单元,即可以位于一个地方,或者也可以分布到多个网络单元上。可以根据实际的需要选择其中的部分或者全部单元来实现本实施例方案的目的。

[0144] 以上所述是本申请的优选实施方式,应当指出,对于本技术领域的普通技术人员来说,在不脱离本申请所述原理的前提下,还可以作出若干改进和润饰,这些改进和润饰也应视为本申请的保护范围。



图1

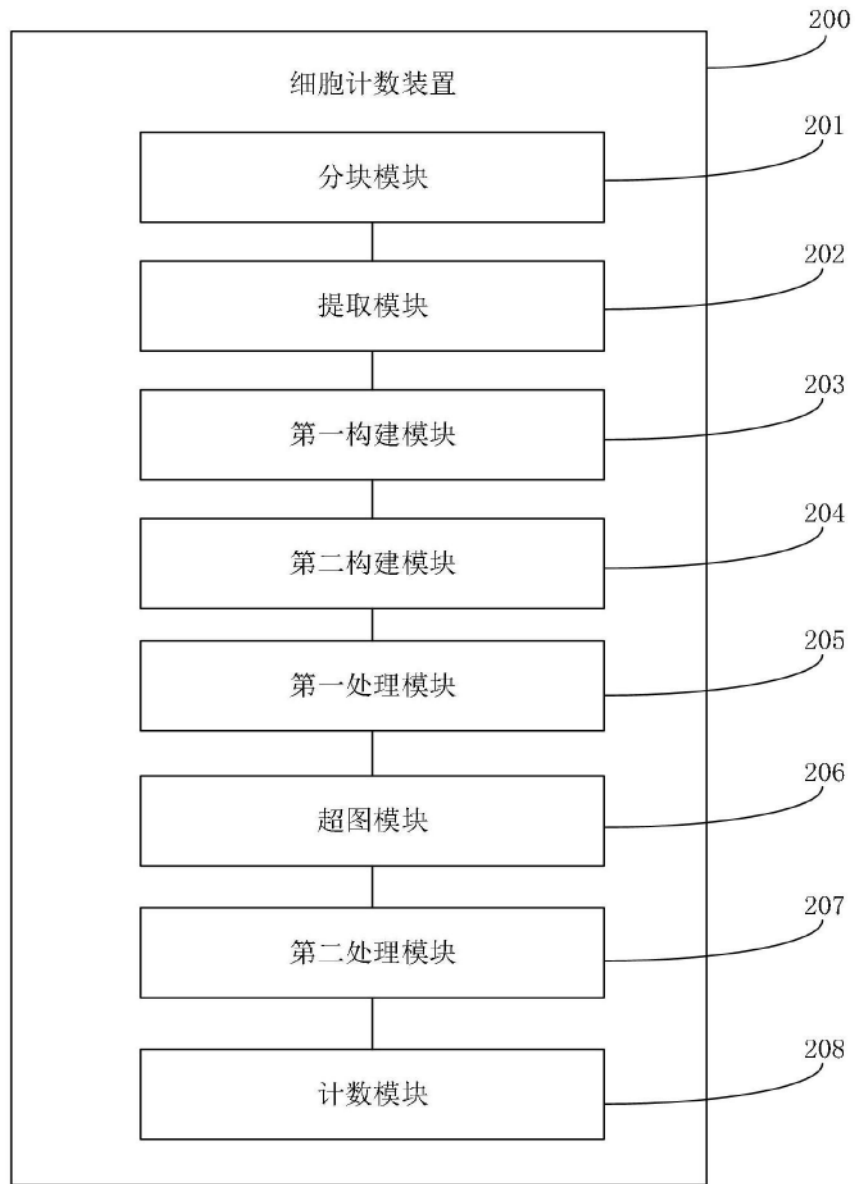


图2

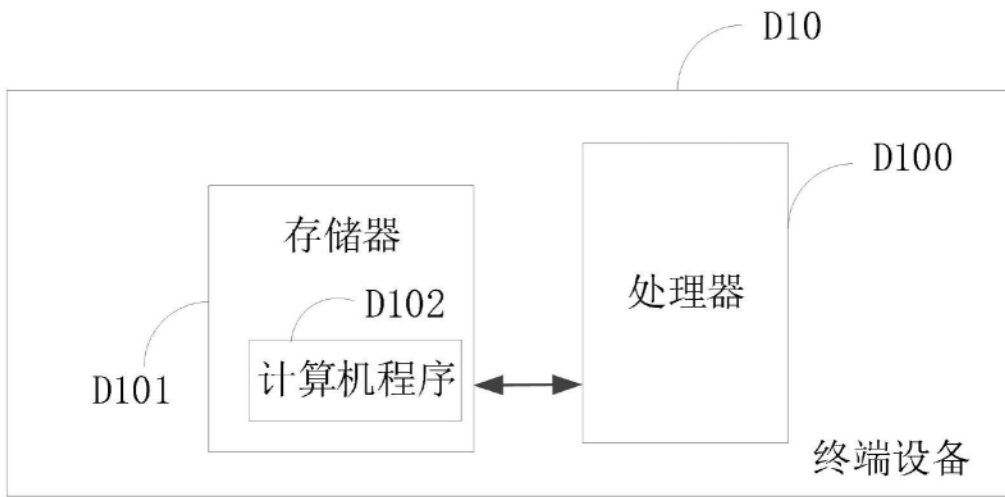


图3