

影像處理及類神經網路於微細胞核自動計數之研究

陳靜怡¹、李錫捷^{1,2}、郭文嘉¹、許光宏³、林姿妙⁴、葉靜如¹

¹元智大學 ²國立金門技術學院 ³長庚大學 ⁴元培技術學院

s927727@mail.yzu.edu.tw, cjlee@kmit.edu.tw, wjkuo@saturn.yzu.edu.tw,
jane@mail.cgu.edu.tw, ninal4018@hotmail.com, s946214@mail.yzu.edu.tw

一、中文摘要

隨著生物醫學應用影像技術來協助判讀的需要增加，以往需要大量顯微鏡操作及人力觀察辨識的工作也日漸需要一套標準化的系統來協助處理，以降低在時間及人力上的大量耗費。以微細胞核 (Micronuclei, MN) 為例，在解讀的過程中除了得耗用大量人力判讀外，其辨識的結果也還存在不少變異性，因為這與專業訓練成熟度存在密切關係，因此極需客觀的資訊工具來數位化這些過程，讓第三者也可以在事後以最迅速的方式來再次確認及給予建議。

本研究主要運用影像技術對細胞影像進行自動化計數，並透過類神經網路對微細胞核 (MN) 做形態辨識，能夠辨識出各式的微細胞核 (Micronuclei)，如：心形、雙核有膜的、雙核有模的微細胞核、無膜但相連的微細胞核、微核已與主核分離的微細胞核。處理過程主要分成影像分析與類神經網路辨識兩部分，希望讓一般實驗室中的顯微鏡也能透過基本的配備改進，及搭配影像技術來完成相同甚至更進階的細胞影像辨識。

關鍵詞：影像處理、微細胞核、類神經網路、細胞辨識、貝氏網路

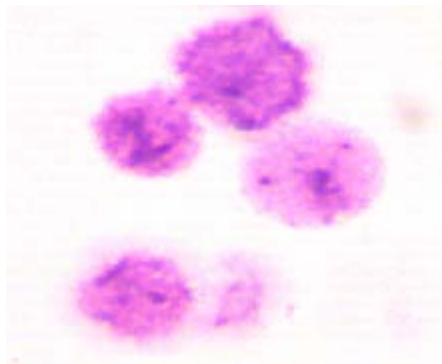


圖 1 顯微鏡下拍攝之細胞

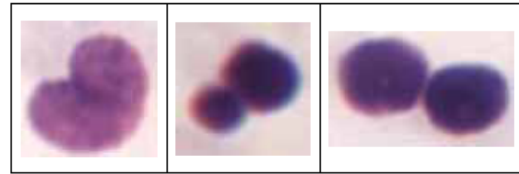


圖 2 微細胞核影像

二、研究目的

1. 數位化玻片資料以便長期保存

在進行細胞影像處理前得先針對玻片做數位化的動作，將顯微鏡下的影像透過 CCD 擷取存檔，此動作的主要優點是增加資料的可讀取性及延長其保存期限。玻片會因為環境以及使用的關係，造成長期使用下的損壞，將其玻片數位化下來後便可以達到永久保存以及方便之後擷取及判別之用。

2. 自動化擷取細胞之特徵值

在顯微鏡下觀察完一片完整的 MN 玻片並同時手拿計數器來計算細胞總數，實在是件相當辛苦且耗時的工作。在本研究中將改以開發的影像分析系統取而代之，針對數位化後的大量細胞影像進行處理，自動將每張影像上的細胞資訊計算出來，輸出以 txt 檔將每張影像上目標物的個數、特徵值及位置資訊等...記載下來，最後利用分析軟體協助判讀大量資料。

3. 透過細胞特徵值之資訊加以辨識微細胞核

以往用人工判別 MN 需要花上很長的時間，時間一長，人的視力以及判別能力也會隨之下降。因此，如果能透過大量 MN 的特徵值數據資訊，找出辨識微細胞核的最佳特徵值組合的話，便可以更有效率的做微細胞核辨識的部份。

三、 研究方法

本研究主要運用影像技術對細胞影像進行自動化計數，並透過類神經網路對微細胞核 (MN) 做形態辨識。系統處理步驟會先將原影像檔轉成灰階影像，運用 Otsu 演算法自動尋找出最佳閾值以進行影像分割，並視情況結合形態學 (Morphology) 技巧，針對取得的二值影像消除雜訊以保留住重要特徵，接著運用面積篩選的方式獲得初步細胞個數估算值，根據從二值影像上取得的輪廓去計算影像形狀特徵值，並將此輪廓套回原始影像以取得內部結構特徵值，再將這些特徵值整合在一起進行簡單的統計分析—如：屬性間的關聯性分析、特徵值對分類結果的貢獻度...等，最後才交由類神經網路進行形態辨識。簡言之，步驟分別為：(1) 色彩轉換，(2) 影像分割，(3) 初步細胞個數估算，(4) 特徵值擷取，(5) 特徵值之統計分析，(6) 影像辨識。

3.1 影像前處理

當發現玻片上染色劑殘留的區域太廣，導致取樣的影像受到過多渲染時，則必須將影像先轉到 HIS 之 color space 做處理，方可進行初步的細胞計數工作。除此，若發現有過多的雜訊干擾則可先透過平滑濾波器 (Smooth Filter) 針對影像中的像素進行積分的處理以達到平滑的效果去除雜訊。同時也可配合形態學 (Morphological) 的方法—erosion、dilation、opening 與 closing...等，利用簡單的 opening 濾波器將太小的元素去除；用 closing 濾波器將細胞內部的小洞填補起來[1,2]。

3.2 影像切割

為了取得目標物的特徵值以利後續之樣型辨識，則有必要對原始影像進行切割。由於本研究要處理的影像為彩色影像，所以要先將影像轉換成灰階影像後，方可進行影像二值化動作，找出目標物的輪廓，接著對目標物進行

定位，將該目標物從原始影像中被讀取出來且另存成新的影像檔。

3.2.1 影像二值化

將影像轉換成二值化的主要目的是為了將影像的前景與背景分開，以利粹取目標物—細胞。本研究採用 Otsu 演算法自動尋找最佳閾值進行影像切割，Otsu 是利用統計學的原理去找出使各群集內 (within-class) 變異數的加權總合為最小、各群集間 (between-class) 差異最大之臨界值，讓細胞影像可以由背景被分離出來。可以確定的是，不少的細胞影像文獻中也實際將 Otsu 演算法應用在影像二值化的過程中，且效果不錯[1,3,4]。圖 3 為本研究的細胞圖例：

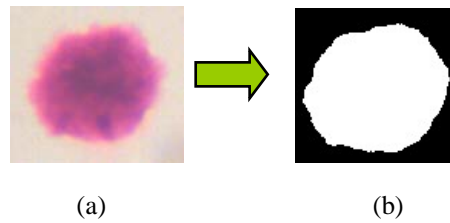


圖 3 (a)原圖 (b)經 Otsu 演算法處理的細胞影像

資料來源：本研究整理本系統會將經過二值化處理後的影像自動儲存成「XXX_t.jpg」檔—XXX 為原檔案名，當作遮罩來進行對原彩色影像取圖的動作。原因是，若單單只就二值影像進行特徵值的擷取將可能遺失不少資訊，例如：程式可能會將兩個以上相連在一起的細胞誤認成單一的細胞，或者將玻片上的雜質 (水漬、染色劑殘留物、灰塵..等) 視成細胞。

3.2.2 影像定位

當影像經二值化處理後目標物已與背景區分開來時，則可透過影像處理的程式去抓取含目標物之最小矩形，接著將最小矩形經過適當旋轉，取得左上角的座標位置，如圖 4 (a)~(c) 所示。經上述步驟處理後，便可結合旋轉後矩形 (見圖 4(c) 紅色虛線) 之長與寬，以

及左上角的座標資訊，向原影像取得目標圖，如圖 4(d)所示，圖 4(e)則為實際取得的細胞影像。

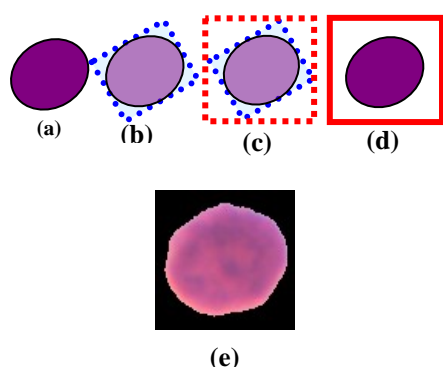


圖 4 (a)原圖 (b)含目標物之最小矩形 (c)旋轉成與 x, y 軸平行的矩形 (d) 從清除過背景的細胞影像中去擷取出經定位後的目標圖 (e)實際影像

另外，若針對微細胞核外放的情況，則在進行影像定位時得對含目標物的最小矩形之長與寬各向外多取三分之一的直徑區域。步驟同上述，取樣方式如圖 5。

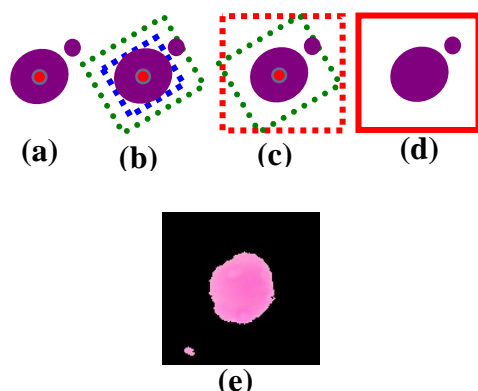


圖 5 (a)原圖；小紅點表示中心位置 (b)藍色虛線為含目標圖的最小矩形，綠色虛線為最小矩形往四周擴張三分之一直徑距離後的矩形 (c)旋轉成與 x, y 軸平行的矩形 (d) 清除過背景的細胞影像中去截取出經定位後的目標圖 (e)實際影像如上圖所示

3.3 初步細胞計數

將二值影像上所有輪廓圈選到的區域進行面積計算，本研究取樣解析度皆為 (1,280 x 1,024) 的分析後將細胞面積門檻值之定在 800 單位，即小於 800 單位的區域便將之視為

雜質干擾，而不列入細胞的總數計算。對於堆疊成群細胞個數之計算方式，系統會將玻片上除了該群以外的細胞之平均面積當成切割標準，以初步估算可能有多少細胞被堆疊在一起。原因是每個受測者的細胞平均大小均不同，為客觀起見，在切割堆疊的細胞群時本研究並不主動擬定標準值來切割細胞。

細胞總數計算到此步驟為止都是以二值影像來完成的，但最終的確認動作必須要對應到原彩色影像細胞之位置，經目標物的內部結構特徵作判斷，才能確定目標物是吸收了染色劑的細胞，還是只是恰巧呈現類似細胞形狀但實質為未沖刷乾淨的染色劑殘留物。因此，計算初步細胞總數的用意在於，事後要有總數來源以扣除掉最終被辨識出為非細胞的目標物個數。下一小節 3.4 中進入”計算影像特徵值”步驟的門檻為面積得介於 800 單位到 7000 單位 (經過 291 筆細胞資料計算求得，當解析度 1,280 x 1,024 時兩細胞平均面積和約 ≤ 7000 單位，因為本研究要辨別的是細胞與微核細胞，微核細胞不會發生在三胞胎以上的情況，因此只需讓門檻值足夠將雙核細胞列入實驗範圍中)。

簡言之，最後的細胞總數計算方式如下：
 $Total_cells = Initial_cells - noncells$
 $Initial_cells$ 為初步的細胞計數， $noncells$ 為經判斷後被排除的非細胞物質， $Total_cells$ 則為細胞總數量，亦為本研究最終要計算微細胞核頻率 (MNF) 的分母。

3.4 影像特徵值



人群微細胞核頻率國際合作計劃 (International Collaborative Project on Micronucleus Frequency in Human Populations; HUMN, HUMN) 有擬定一套判斷標準供各實驗室在計數微細胞核時參考，其他探討微細胞核的相關文獻也有將判斷微細胞影像的標準歸納出來[5,6]，本研究亦實際去諮詢過長庚大學醫務管理所流行病學研究室的研究人員。

3.4.1 從資訊角度解讀人工判斷微細胞核標準

微細胞核的顏色必須要與雙核的顏色一致，否則可能是雜質，而非微細胞核。在顯微鏡下操作，當發現疑似微細胞核的物體時可以調整顯微鏡的光源的大小，再去判斷它的顏色是否與雙核的顏色一致，如果是，便不會與週圍的雜質一起發生反光的現象。這部分是影像擷取下來後便無法調整變通的地方，因此我們只就不再改變顯微鏡狀態時人工的判斷方式來探討。

人工的經驗判斷與資訊工具的解讀方式，本研究將之歸納在下表中：

表 1 以資訊工具解讀微細胞核特徵

人工的經驗判斷	資訊工具的解讀方式
不會發生在三胞胎細胞或三胞胎以上細胞相連的情況	面積要小於 7000 單位的才加以辨識
形狀要完整	邊緣不能太過崎嶇不平
針對個別的細胞，色澤要均勻	飽和度要夠、顏色標準差不能太大
若是雙核細胞的微核則兩個細胞顏色深淺要一致	顏色標準差要小
細胞看起來要扎實	飽和度要夠
形狀是心形的 	從擷取的形狀特徵值（如：圓度、延展度、缺陷率、凸性..等）來推斷
兩個細胞相連 	從擷取的形狀特徵值（如：圓度、延展度、缺陷率、凸性..）

3.4.2 特徵值的擷取

本研究主要將影像特徵值分成形狀資訊與內部結構資訊兩部分：(1) 形狀特徵值：此部分是針對二值影像來做探討，包括了面積

(Area)、周長 (Perimeter)、延展度 (Elongation)、圓度 (Roundness)、緊湊度 (Compactness)、缺陷率 (Defects ratio)、橢圓率指數 (Ellipticity index)、離心率 (Eccentricity)、凸性 (Convexity)、Hu 的 7 個不變矩...等；(2) 內部結構特徵值：此部分是針對原彩色影像來做探討，包括了灰階影像的平均值與標準差、RGB 的個別平均值及標準差、RGB 的關係值、飽和度的平均值 (Saturation_mean)、飽和度的標準差...等。這些參數都會被當作未來訓練類神經的參數，介紹如下：

1. 面積 (Area, A0): 物體邊緣內的總像素和，其中包含所有 0 與 1 的點。

2. 周長 (Perimeter, P0): 物體的邊緣上任一點開始圍繞著邊緣回到起始點的總像素個數。

3. 延展度 (Elongation, E): 值會介於 0 ~ 1 間。物體的短軸除上長軸[7]。若物體越接近圓則 E 值會越趨近於 1，值若越小則表示物體越為扁平。

4. 圓度 (Roundness, R0): 值會介於 0 ~ 1 間。如果是一個圓形的物體它的圓度會剛好等於 1，其餘物體的圓度都將小於 1，圓度愈接近 1 則表示愈圓。

$$R_0 = \frac{4\pi A_0}{(P_0)^2} \quad (1)$$

5. 緊湊度 (Compactness, COMP): 值會介於 0 ~ 1 間。同面積大小的圓周長除上原物體的周長[8]，若物體恰為圓形則緊湊度指標為 1。

$$COMP = \frac{P_{circle}}{P_0} = \frac{2\sqrt{A_0\pi}}{P_0}, A_{circle} = A_0 \quad (2)$$

6. 缺陷率 (Defects_ratio, DR): 值會介於 0 ~ 1 間。物體的最小外接圓面積 (A_circum) 去扣除掉原來的物體面積後，再與最小外接圓相除，所得的比率即稱為缺陷度。

$$DR = \frac{A_{circum} - A_0}{A_{circum}} \quad (3)$$

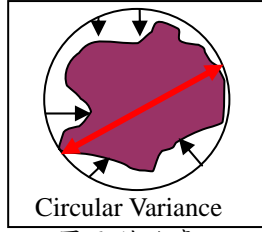


圖 6 缺陷率

7. 橢圓率指數 (Ellipticity index, EI) : 1965 年 Stoddart 提出的橢圓率指數。將物體的半長軸平方乘上圓周率再除上原本的面積即為所求。當物體越是呈現圓形, 則 EI 值會愈接近 1。

$$EI = \frac{\pi * a^2}{A_0} \quad (4)$$

a 代表物體的半長軸 (semi-major axe)

8. 離心率 (Eccentricity, ε) : 此參數與比例大小及方向無關, 只與形狀有關。離心率为兩焦點間的距離與長軸的比值。值會介於 0 ~ 1 之間, 圓為橢圓的特例, 兩焦點的距離為零, 所以圓的離心率为 0, 越是呈線狀的物體其離心率則越接近 1。

$$\varepsilon = \frac{\sqrt{a^2 - b^2}}{a} \quad (5)$$

a 代表物體的半長軸 (semi-major axe),

b 代表物體的半短軸 (semi-minor axe)

9. 凸性 (Convexity, CONV) : 為環繞物體邊緣的凸型外殼邊長 ($P_{convexhull}$) 與原邊長的比率 [8], 如橡皮筋套住物體, 圖 6 之藍色虛線所示。

$$CONV = \frac{P_{convexhull}}{P_0} \quad (6)$$

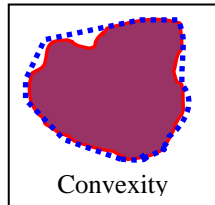


圖 7 凸性

10. 灰階影像的平均值 (Gray_mean, μ_{gray}) :

將原圖轉成灰階圖後, 計算並加總物體輪廓內

的每個像素值, 接著除上物體輪廓內的總像素數, 取得的值代表影像中的平均明度值。

$$\mu_{gray} = \frac{\sum_{i=1}^N X_i}{N} \quad (7)$$

X_i 表示每一像素值, N 代表物體的總像素數

11. 灰階影像的標準差 (Gray_sigma, σ_{gray}) :

將原圖轉成灰階圖後, 計算物體輪廓內的每個像素值與平均值的差, 個別經過平方後, 將之加總起來再除上物體輪廓內的總像素數, 最後再作開根號運算, 即為物體的標準差。

$$\sigma_{gray} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (X_i - \mu_{gray})^2}{N}} \quad (8)$$

N 代表物體的總像素數

12. 紅色值的平均值 (R_mean)、綠色值的平均值 (G_mean)、藍色值的平均值 (B_mean) : 將 RGB 彩色影像分成三個色彩平面來個別進行計算, 統計在各色彩平面中像素於 0 ~ 255 間的分布情況。紅色值的平均值計算方式如下 :

$$\mu_r = \frac{\sum_{i=1}^N R_i}{N} \quad (9)$$

R_i 表示每一像素的紅色值, N 代表物體的總像素數, 其他類推。

13. 紅色值的標準差 (R_sigma, σ_r)、綠色值的標準差 (G_sigma, σ_g)、藍色值的標準差 (B_sigma, σ_b) : 將 RGB 彩色影像分成三個色彩平面來個別進行計算, 計算各色彩平面上每個像素與其平均值差之平方的總合, 再除上總像素值並, 對之開根號後即為所求。紅色值的標準差計算方式如下 :

$$\sigma_r = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (R_i - \mu_r)^2}{N}} \quad (10)$$

R_i 表示每一像素的紅色值, N 代表物體的總像

素數，其他類推。

14. RGB 關係值(RGB_relation, R_{rgb}):此 RGB 關係是專為細胞影像所設計，原因是染色劑的顏色多半呈現紫色，若要有效地排除非細胞物質則可以顏色做為判斷準則之一。本研究對 RGB 關係的定義如下。

$$R_{rgb} = G_mean - |R_mean - B_mean| \quad (11)$$

計算過後的值偏大偏小都不佳，要和同片玻片上其他目標物的 RGB 關係值作比較後才能有定論。

15. 飽和度的平均值 (Saturation_mean, μ_s): 先將 RGB 的彩色圖片轉換到 HIS 的色彩空間上，計算 S 這色彩平面上像素分布的平均值。

$$\mu_s = \frac{\sum_{i=1}^N S_i}{N} \quad (12)$$

S_i 表示每一像素的飽和度值，N 代表物體的總像素數

16. 飽和度的標準差 (Saturation_sigma, σ_s): 先將 RGB 的彩色圖片轉換到 HIS 的色彩空間上，計算 S 這色彩平面上每個像素值與飽和度平均值差之平方的總和，再除上總像素值，並對之開根號後即為所求。

$$\sigma_s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (S_i - \mu_s)^2}{N}} \quad (13)$$

S_i 表示每一像素的飽和度值，N 代表物體的總像素數

17. Hu 的 7 個不變矩 (hu_i): 本研究對 Hu 的 7 個不變矩作了以下的調整，使之取得的皆為正值。

$$hu_i = |\log|\phi_i||, i=1,2...7 \quad (14)$$

ϕ_i 為原本從 Hu 不變矩所計算得來的數值

面積 (Area)、周長 (Perimeter)、延展度 (Elongation)、圓度 (Roundness)、緊湊度 (Compactness)、缺陷率 (Defects ratio)、橢

圓率指數 (Ellipticity index)、離心率 (Eccentricity)、凸性 (Convexity)、Hu 的 7 個不變矩....等形狀參數都不會受物體的方向所影響，因此藉由方向的獨立性可有效地區分物體。而內結構特徵值部分，包含了灰階、RGB 與飽和度的標準差，由於標準差與變異數都是經過相同的數學式子運算得到，定義嚴密確定，靈敏度高，受樣本變動的影響甚微， $n>30$ 後幾乎沒有影響，對各種類型的資料都具有代表性，所以通常被用來當作樣本觀測值分散量數的代表值。變異數或標準差大的，表示彼此間的差異性或分散程度大，所以很適合本研究來觀察細胞顏色均勻與否。RGB 的關係，本研究將之定義成『G 的平均值-|R 的平均值-B 的平均值|』，一般而言偏低者佳，原因是染色劑偏紫色，意味著紅色值與藍色值之分布值必須差不多，且綠色值的成分不應該過高。

四、實驗結果

4.1 數位化玻片程式

此支程式的介面如圖 8 所示，使用者可從 ID 欄位輸入此張玻片的 ID，並選擇要存放的目錄夾，按下 AUTO 按鈕時，程式便與顯微鏡通訊模組取得連線，並同時產生 Preview 視窗，讓使用者可以看到 CCD 下細胞影像的狀況，方便使用者隨時校正顯微鏡的焦距，過程中每張影像被擷取的實際座標資訊也有被記載下來；另外，在程式的 Return Message 欄位上，使用者也可清楚地看到程式與顯微鏡溝通的情況。

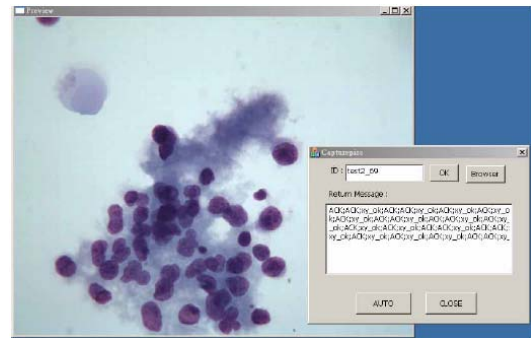


圖8 數位化玻片之程式介面

4.2 影像分析程式

此支程式可以擷取 3.4.2 小節所提到的細胞特徵值外，還包括了一些影像處理的基本功能，如：圖形的放大縮小 (Bilinear)、顏色空間的轉換 (RGB、HIS、L*a*b)、影像二值化 (Threshold、Hue Threshold)、初步細胞計數 (Image Labeling)、邊緣偵測 (Edge Detection – Canny Algorithm) 等功能。

圖 9 是影像要獲取內部結構特徵值分析前所需取得的影像，圖 9 (a) 表示原圖、圖 9 (b) 表示的是原圖經過影像二值化處理後，將背景濾掉後再套回原圖的結果。

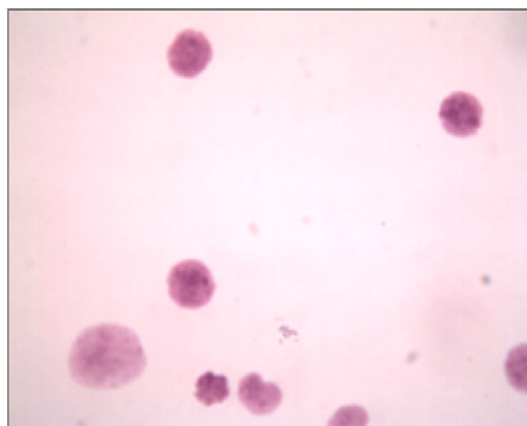


圖 9 (a) 原圖



圖 9 (b) 二值化處理過後，過濾雜訊後的圖

由於玻片影像數量眾多，要一張張處理實在是項相當費時的工作，因此影像分析這支程式中提供了批次處理的功能，使用者只需選取欲開始處理的影像，並定義好要處理到哪個編號，便可以交由程式自動去讀圖及取得細胞特

徵值。批次處理完後程式會收到一個 ”特徵值擷取完畢!”的訊息，這時後便可以在原開啟影像的同一資料夾內取得記載初步估算細胞個數與特徵值資訊的兩個 txt 檔；分別以 Cells count 及 Cells Information 命名之。圖 10 中紅色線所圈選的區域是程式讓使用者可方便觀看處理狀況的地方，平均來看，一分鐘約可以處理 230~300 張影像，處理的速度與影像中是否有目標物存在具正相關，有愈多目標物存在影像中時，處理的速度就會較無目標物的影像稍微緩慢。

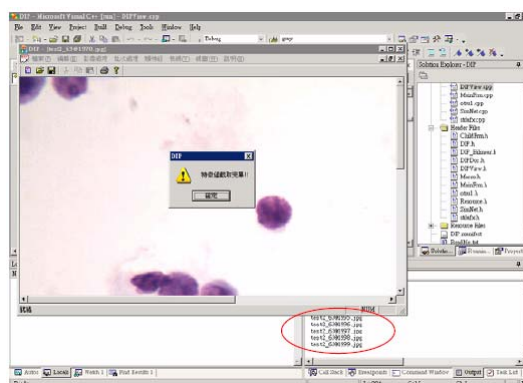


圖 10 影像分析之程式介面

圖 11 (a) ~ (f) 為圖 9 (b) 經二值化處理後所割出的各個單一細胞，每張圖都有其細胞詳細的特徵值資訊，而初步的細胞計數部份就是以所切出的細胞數來計算，取後細胞數目。

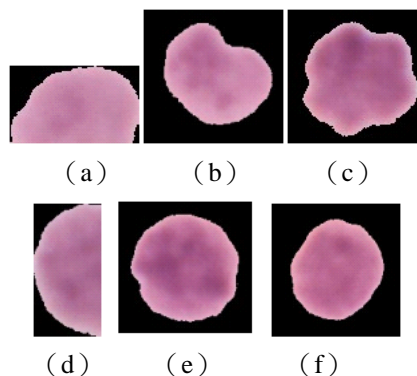


圖 11 經二值化處理後所切割出來的圖

圖 12 (a) 為記載特徵值資訊後的 txt 檔，裡面記載玻片數位化區域中，所有的細胞特徵值

資訊，其特徵值的資訊如上面 3.4.2 節所介紹之所有資訊數據。圖 12 (b) 為初步估計細胞個數執行後所輸出的 txt 檔

Index	getarea	perimeter	elongation_ratio	roundness	defects_ratio
0202508_1.jpg	2794	738.985	0.591647	0.0642932	0.495594
0202508_2.jpg	2286	216.652	0.562517	0.612014	0.488339
02025013_1.jpg	2446.5	238.699	0.902589	0.8198	0.0673862
02025013_2.jpg	1359.5	158.953	0.718147	0.749728	0.354896
02025013_3.jpg	1556	167.882	0.515625	0.693761	0.516318
02025018_1.jpg	4503.5	279.522	0.901219	0.724317	0.138885
02025020_1.jpg	1671.5	469.685	0.481481	0.0952468	0.675626
02025020_2.jpg	9592	981.186	0.641509	0.148419	0.516913
02025026_1.jpg	1882	231.622	0.378986	0.422889	0.667431
02025029_1.jpg	1898.5	208.581	0.649579	0.573289	0.376157
02025029_2.jpg	2723.5	261.924	0.867647	0.49887	0.258072
02025030_1.jpg	2442.5	553.286	0.427379	0.180264	0.795773
02025030_2.jpg	1699.5	324.149	0.223851	0.282255	0.868886
02025030_3.jpg	2552.5	799.11	0.178843	0.05823	0.946647
02025030_4.jpg	4715.5	682.825	0.558594	0.127892	0.704802
02025030_5.jpg	6534	988.69	0.905109	0.0839979	0.556751
02025030_6.jpg	2688	599.044	0.372175	0.0943896	0.848133
02025030_7.jpg	3788	311.421	0.614224	0.889784	0.418782
02025031_1.jpg	3613	969.318	0.549373	0.0483221	0.864343
02025031_2.jpg	1363.5	343.179	0.613333	0.145487	0.691367
02025031_3.jpg	3143.5	724.989	0.661185	0.0751721	0.679219
02025031_4.jpg	4678	1825.38	0.232634	0.0558161	0.928747
02025031_5.jpg	3679	247.622	0.731118	0.75398	0.27317
02025031_6.jpg	2575	510.982	0.691874	0.123969	0.580822
02025031_7.jpg	1188.5	258.007	0.734759	0.22436	0.541297
02025031_8.jpg	1299.5	433.685	0.494136	0.0868555	0.861287
02025031_9.jpg	3385	731.696	0.407379	0.0775748	0.874897
02025031_10.jpg	1722.5	425.345	0.389128	0.119643	0.848288
02025031_11.jpg	4672.5	531.772	0.331155	0.287639	0.773399
02025031_12.jpg	3122.5	963.904	0.661115	0.0423676	0.78865
02025031_13.jpg	2763	622.642	0.198397	0.0895681	0.907387
02025031_14.jpg	4926	828.687	0.887869	0.0897249	0.476857
02025031_15.jpg	4188.5	698.257	0.888042	0.188361	0.617861
02025032_1.jpg	3162	604.617	0.148926	0.188695	0.886891

roundness	defects_ratio	elliptic_variance	ellipticity_index	convexity	
0.495594	2636.44	3.28588	0.382187	28	
0.483239	282.894	1.93551	0.981287	24	
0.8198	110.959	1.87226	0.927933	42	
0.354896	153.931	1.55814	0.935945	29	
0.516318	182.761	2.06747	0.948871	24	
0.724317	289.739	1.16179	0.881916	35	
0.475626	889.573	3.08286	0.445397	27	
0.148419	0.516913	3145.59	0.518725	12	
0.422889	0.667431	287.725	3.00689	17	
0.573289	0.376157	77.9985	1.88297	27	
0.49887	0.258072	427.517	1.33246	16	
0.180264	0.795773	2648.85	4.89452	53	
0.868886	1174.14	7.58867	0.824122	15	
0.946647	6883.67	18.7421	0.658581	28	
0.127892	0.704802	4287.49	3.38756	0.558647	14
0.556751	6888.34	2.75648	0.848505	23	
0.0943896	0.848133	3777.53	6.58871	0.588316	22
0.418782	0.418782	214.656	1.72852	0.812636	21
0.864343	9828.13	7.37152	0.848374	15	
0.691367	0.691367	1346.12	3.24489	0.585589	16
0.0751721	0.679219	3335.8	3.11739	0.585788	17
0.0558161	0.928747	9838.83	12.6179	0.585889	23
0.75398	0.27317	21.7834	1.37584	0.933839	28
0.123969	0.580822	1647.87	2.38188	0.808885	28
0.22436	0.541297	715.261	2.18886	0.652531	16
0.0868555	0.861287	3327.84	7.285	0.451742	13
0.874897	0.874897	7457.23	7.99342	0.598837	15
0.119643	0.848288	1785.41	6.58796	0.622143	19
0.287639	0.773399	2955.88	4.41384	0.688089	21
0.023676	0.78865	3975.58	3.4223	0.333787	26
0.0895681	0.907387	2912.34	18.7883	0.671516	18
0.0897249	0.476857	8575.27	3.88496	0.524086	16
0.188361	0.617861	5356.33	2.61885	0.537473	26
0.188695	0.886891	972.336	0.77897	0.661812	22
0.218926	0.518725	1513.5	2.88238	0.629883	22
0.123251	0.627289	4468.98	2.68247	0.538392	17
0.185426	0.585945	847.393	2.8239	0.575511	14
0.132353	0.385883	3355.29	1.56473	0.435649	18
0.084133	0.7754	2355.29	4.65315	0.589274	16
0.891997	0.788281	2253.74	4.54942	0.448823	21
0.681892	1048.82	2.51188	0.718228	22	
0.247881	0.681526	2842.87	3.13998	0.748562	17
0.8816474	0.788278	3759.9	4.5328	0.588851	15

圖 12 (a) 細胞特徵值資訊 txt 檔

Index	cells	average	add	total_cells	halfcells
0202508	5	4000.00	0	5	4
02025013	4	2120.67	4	8	8
02025015	4	4000.00	0	4	3
02025018	4	4000.00	0	4	3
02025020	6	4000.00	0	6	5
02025025	3	4000.00	0	3	3
02025026	4	4000.00	0	4	3
02025029	5	4000.00	0	5	4
02025030	13	4000.00	11	24	4
02025031	18	2924.81	22	40	4
02025032	15	4422.82	5	20	7
02025033	26	1853.88	5	31	7
02025034	18	1652.28	1	19	3
02025035	24	2074.67	3	27	3
02025036	9	3179.29	7	16	8
02025037	3	1139.88	2	5	1
02025038	13	2221.46	0	13	2
02025039	14	3961.19	5	19	2
02025040	15	3599.72	7	22	1
02025041	11	4173.87	7	18	4
02025042	9	4000.00	0	9	4
02025043	10	4000.00	21	31	5
02025044	5	4342.58	2	7	3
02025045	10	4000.00	0	10	8
02025046	11	4000.00	0	11	4
02025047	8	4000.00	0	8	6
02025048	6	4742.79	18	24	3
02025049	11	5641.28	17	28	4
02025056	4	4000.00	0	4	3

圖 12 (b) 初步細胞計數 txt 檔

五、結論

目前在做細胞玻片辨識時，專家都還是以肉眼的方式來進行，而每個玻片內所含的細胞數目卻是相當的大，所以用肉眼做辨識需要很長的時間，而在長時間的眼力消耗下，在做細胞辨識時難免可能也會有出錯的時候，若藉由數位化玻片然後去做辨識，也可以加速大量資料辨別時所需花費的時間，而且數位化後的玻片資訊保存容易，也沒有玻片經時間一長有發霉或耗損等問題出現，需要核對資料時也相當的方便，增進查詢細胞資訊的效率。

利用訓練類神經來做為 MN 細胞的辨識，其辨識的效果相當不錯，而且加上有充足的細胞特徵值之資訊，讓數位化的辨識效果更能達到一個相當準確的結果，可做為輔助專家在做細胞辨識方面的一個有利工具。

參考文獻

- [1] K.A. Marghani, S.S. Dlay, and B.S. Sharif Univ. of Newcastle upon Tyne (United Kingdom) Andrew J. Sims Freeman Hospital (United Kingdom), “Automated morphological analysis approach for classifying colorectal microscopic images.” 2003 SPIE.
- [2] F. Ortiz, F. Torres, E. De Juan, and N. Cuenca, “Colour Mathematical Morphology For Neural Image Analysis”, Real-Time Imaging, 8 (2002) pp.455-465.
- [3] J.R. Weaver and J.L. Au, “Application of automatic thresholding in image analysis scoring of cells in human solid tumors labeled for proliferation markers.” Cytometry; 29(2):128-35, 1997.
- [4] 張祐育, “子宮內膜異位症之組織影像特徵參數分析”, 南台科技大學, 電機工程所碩士論文, 2004 年
- [5] A. Lozano, M.E. Gonsebatt, A.E. Buenfil, and J. Márquez, “Image Analysis of Cell Micronuclei Micrographs to Evaluate Their Use as Indicators of Cell Damage”, AIP Conference Proceedings, September 15, 2003, Vol 682(1) pp. 211-216.
- [6] 繆紹綱編著, 數位影像處理活用-Matlab, 全華科技圖書股份有限公司, 1999 年
- [7] M. Fenech, W.P. Chang, M. Kirsch-Volders, N. Holland, S. Bonassi, and E. Zeiger, “HUMN project : detailed description of the scoring criteria for the cytokinesis-block micronucleus assay using isolated human lymphocyte cultures”, Genetic Toxicology and Environment Mutagenesis, Elsevier Science, 2002, pp.65-75.
- [8] J. Iivarinen and A. Visa, “An Adaptive Texture and Shape Based Defect Classification”, Proceedings of the 14th International Conference on Pattern Recognition-Volume 1 - Volume 1, August 16 - 20, 1998, Brisbane, Australia .
- [9] 張武修, “HUMN International Collaborative Project on Micronucleus Frequencies in Human Populations 人群微細胞核頻率國際合作計劃-[臺灣計劃]”, <http://www.ym.edu.tw/humn/>
- [10] OpenCV News Group, <http://groups.yahoo.com/group/OpenCV/Image Analysis>”, Real-Time Imaging, 8 (2002) pp.455-465.