

基于凹点方向线的粘连药品图像分割方法

李宏辉^{1,2,3,4}, 郝颖明^{2,3,4}, 吴清潇^{2,3,4}, 段红旭^{2,3,4}, 周静^{2,3,4}

(1. 中国科学院大学, 北京 100049; 2. 中国科学院沈阳自动化研究所, 沈阳 110016; 3. 中国科学院光电信息处理重点实验室, 沈阳 110016; 4. 辽宁省图像理解与视觉计算重点实验室, 沈阳 110016)

摘要: 在利用视觉技术进行药品检测的过程中, 药品相互粘连的图像会给后续的特征提取工作带来很大的困难, 针对此问题提出了一种基于凹点方向线的粘连图像分割方法。首先依据颜色距离对药品图像进行预分割; 然后对不同颜色的预分割图像进行4链码运算, 寻找所有的凹点, 并对所有的凹点进行标记; 最后根据每一个凹点得到方向线, 根据方向线进行配对, 将配对凹点的连线作为分割线。实验结果表明, 该算法具备良好的准确性和通用性。

关键词: 粘连分割; 颜色距离; 链码; 凹点配对; 凹点方向线

中图分类号: TP391.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-3695(2013)09-2852-03

doi:10.3969/j.issn.1001-3695.2013.09.074

Based on concave point direction line adhesion drug image segmentation method

LI Hong-hui^{1,2,3,4}, HAO Ying-ming^{2,3,4}, WU Qing-xiao^{2,3,4}, DUAN Hong-xu^{2,3,4}, ZHOU Jing^{2,3,4}

(1. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 2. Shenyang Institute of Automation, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China; 3. Key Laboratory of Optical-Electronics Information Processing, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China; 4. Key Laboratory of Image Understanding & Computer Vision, Shenyang 110016, China)

Abstract: For using visual technology in the process of drug testing, drug mutual adhesion image will bring a lot of difficulties to subsequent feature extraction. For this problem, this paper presented a segmentation method based on the concave point direction line. It mainly made the color image segmentation in advance according to the color distance, then took 4 chain code to different color segmentation images to find all concave points and marked all the concave points. Then it got the direction line according to all concave points and matched the concave points, took the pairing concave points attachment as a parting line. The test results show that the algorithm has a good accuracy and generality.

Key words: adhesion segmentation; color distance; chain code; concave point matching; concave point line direction

0 引言

全自动药品单剂量分包机是一种将一次用药量的片剂或胶囊包入同一个药袋内的设备, 该设备在装袋分包的过程中, 难免会出现错误。在利用机器视觉技术对药片分包检测过程中, 所采集到的药品图像经常会出现粘连或聚堆的情况, 如果不能很好地处理药品粘连问题, 会严重影响后续图像特征的提取工作, 因此研究粘连药品图像分割方法具有重要的实际意义。

最近几年, 在图像处理领域, 很多学者针对粘连图像分割问题做了不少的研究工作^[1~8]。文献[1]中提出了使用图像边缘和区域相结合的方法, 分割方法比较繁琐; 文献[2]提出了基于形态学的多尺度分割方法, 但如果两个物体发生粘连且粘连处面积过大时, 会把粘连图像分割成多个目标; 文献[3]提出了一种基于先验知识的流域分割算法, 该方法必须有先验知识为前提, 灵活性差; 文献[4]提到了分水岭(watershed)分割算法, 此算法对粘连较大的情况不适用; 文献[5]在分析Otsu法的基础上, 提出了结合类间距离和类内距离对图像进行分割的方法, 该算法必须做到对类内和类间距离的正确定义;

文献[6]提出了基于距离变换的分水岭分割算法, 虽然在分割数量上较准确, 但分割结果的准确性不高; 文献[7]提到了基于轮廓的分割方法, 只能针对粘连排列比较明显且规则的图像; 文献[8]中提出了使用极限腐蚀和条件膨胀结合的粘连分割方法, 方法虽然简单, 但是分割效果不是很好。

在常见的药品中, 大多数均为凸多边形。若发生粘连, 粘连处一般会形成凹点, 而不同的药品种类粘连的程度也会不同, 因此凹点匹配法更适用于粘连药品图像的分割。基于凹点配对的图像分割算法大致包括以下三个步骤: 寻找粘连图像的边界、寻找边界的凹点、凹点配对分割。

凹点配对过程中最重要的步骤是确定图像匹配的凹点对。匹配的凹点对是用于粘连分割的一个点对, 通过连接匹配凹点对的线段可将待分割的图像分割为两部分, 该分割曲线段就称为分割线。现有的凹点配对算法主要有以下三种: a) 从粘连区域凹点序列中选取一组起始点和结束点, 利用一个代价函数从起始点到结束点依次搜寻一条使该代价函数最小的路径^[9], 但是如何寻找合适起始点和终止点在文献中并未提及; b) 将粘连区域凹点序列中的最大曲率点作为起始点, 并将离该起始点最近的第一个凹点作为终止点来实现粘连区域的分

收稿日期: 2012-12-11; 修回日期: 2013-01-28

作者简介: 李宏辉(1986-), 男, 山东烟台人, 硕士研究生, 主要研究方向为计算机视觉、图像处理(lihonghuiwj@163.com); 郝颖明(1966-), 女, 辽宁沈阳人, 研究员, 硕导, 博士, 主要研究方向为计算机视觉、三维检测; 吴清潇(1978-), 男, 副研究员, 博士, 主要研究方向为机器视觉; 段红旭(1988-), 男, 硕士, 主要研究方向为图像处理; 周静(1975-), 女, 副研究员, 博士, 主要研究方向为计算机视觉。

割,但是仅以该条件进行的凹点配对效果不理想;c)根据药品的粘连情况,使用不同凹点配对方法的智能分割方法,对于有轻微粘连的情况可以根据待配对凹点之间的距离是否小于给定的阈值来判断是否匹配,而对于粘连严重的情况,该算法从某一凹点出发,按照灰度值局部最小的原则沿与等间隔的两个相邻边界点夹角的平分线方向寻找分割线^[10],该算法假设粘连区域之间存在一个狭长的非药品区域,因此该算法对于物体粘连严重的情况不适用。

综上所述,基于凹点配对分割的方法还面临着两个问题:a)准确找出所有的凹点;b)凹点的正确配对。本文针对现有基于凹点配对的粘连图像分割算法存在的问题进行了深入的研究,提出了一种新的基于凹点配对方向线的粘连药品图像分割方法,包括彩色图像预分割和凹点配对两大步骤。其大体流程如图1所示。

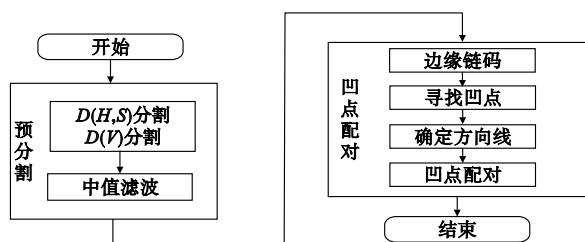


图1 本文算法流程

1 药品图像的预分割

药品图像的预分割采用基于 HSV 颜色距离的分割方法,图像平滑采用中值滤波的方法。

颜色距离主要反映了不同颜色在像素灰度级数值上的差距,它是进行彩色图像分割的一种基本依据。而区域生长是一种事先根据定义的准则将像素或种子区域聚合成更大区域的一个扩散过程,被广泛应用于图像分割领域中。本文主要以 Androutsos 等人针对 HSV 颜色空间进行实验的结果为依据,结合 HSV 彩色模型中 H 和 S 的性质,定义了 H 和 S 两个空间的距离:

$$D(H, S) = \sqrt{(k_1 \times (1 - \cos(\pi/2 \times \Delta H)))^2 + (k_2 \times \Delta S \times \sin(\Delta S))^2}$$

其中: k_1 和 k_2 分别是色调因子和饱和度因子; ΔH 代表两点间 H 空间差值的绝对值; ΔS 代表两点间 S 空间差值的绝对值; $D(H, S)$ 代表两像素点之间 H, S 空间的距离。根据上述的定义,通过大量的实验得到 $k_1 = 60, k_2 = 50$ 。再根据 HSV 模型中 V 空间与颜色信息无关的特性,对 V 空间颜色距离进行定义:

$$D(V) = \sqrt{k_3 \times \Delta V^2}$$

其中: k_3 为明度因子,通过实验可以确定 $k_3 = 10$; ΔV 代表两点间 V 空间差值的绝对值。区域生长分割算法首先选取一个种子点,在种子点的连通区域中,以颜色距离 $D(H, S)$ 小于等于阈值 1.9 且 $D(V)$ 小于等于阈值 0.65 作为生长条件,将所有满足条件且连通的像素点合并为一个区域。图2给出了基于 HSV 颜色距离的彩色图像分割结果,其中(a)和(c)是原始彩色图像,(b)和(d)是图像分割的结果。分割结果中,以不同灰度值表示不同颜色的药品,灰度值从低到高依次表示棕红色、绿色、黄色、灰色和白色(见电子版)。

2 凹点配对分割粘连药品图像

2.1 链码方法寻找图像的凹点

1)边界链码 图像经过预分割和平滑处理之后,得到了

药品区域和背景区域,采用 8 方向模板方法依次寻找边缘,并将图像的 UV 值保存在数组中,模板定义如图3所示,用中心像素点 X 指向它的 8 邻域方向来定义,取值分别为 1~8,按顺时针方向递增。用 8 连通方法得到连续边界信息,再对得到的边缘进行链码运算得到凹点。经过前期的链码方法得到图像目标的边界信息后,从边界的任意一点顺时针依次搜寻边界链码,通过判断可以得到图像的凹点。

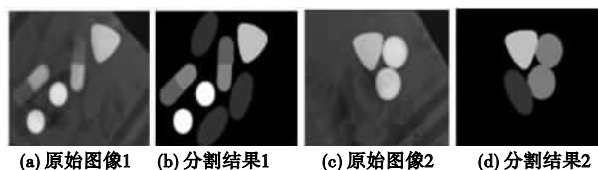


图2 基于HSV颜色距离分割结果

2)根据叉乘结果选取凹点 即凹点的确定,使用向量叉乘的方法确定边界上的凹点。两个向量 a 和 b 叉乘结果定义为

$$a \times b = |a| |b| \sin(\theta)$$

其中: θ 为向量 a 到向量 b 的夹角,叉乘方向满足右手螺旋准则。以列扫描找到的第一个边缘点作为起点,向量 a 表示对得到的链码以距离步长 K 的两个点的 UV 值,由起点指向终点的矢量作为向量 a ,以向量 a 的终点作为向量 b 的起点,以同步长 K 得到向量 b 。向量关系如图4所示。

8	1	2
7	X	3
6	5	4

图3 模板定义

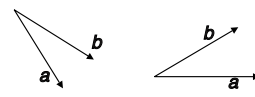


图4 a在b的顺时针方向(凹)

对图像边界进行 K 链码运算,其中步长 K 视具体情况而定,在本文中选取 $K=4$,然后将 K 链码结果进行叉乘运算得到四链码结果的集合 Se 。若两个向量叉乘运算结果大于阈值 Th ,则此两个向量位于凹点周围,反之则位于非凹点周围。根据上述结论,将结果集合 Se 中满足凹点特性条件的结果进行标记,得到一系列位于凹点周围的点的多个集合,再将每个集合中绝对值最大的那个点作为该集合的凹点,依次对其他点集合进行同样的处理,最后得到图像中所有的凹点。

2.2 基于方向线的凹点配对

凹点配对就是将满足某种条件的凹点进行归类。在此把凹点分为外凹点和内凹点两大类。外凹点就是沿着图像的外边缘依次寻找得到的凹点,其中外边缘是指被非药品区域包围且紧邻非药品区域,属于药品图像区域的像素点组成的闭合的曲线。所谓的内凹点就是沿着图像的内边缘依次寻找得到的凹点,其中内边缘是指包围非药品区域且紧邻非药品区域,属于药品图像区域的像素点组成的闭合曲线。凹点配对遵循两个原则:外凹点先与内凹点配对,内外凹点各自配对。

a)凹点个数为2。无须判断,两个凹点直接相连。

b)凹点数大于2。将凹点分类为内凹点和外凹点,外凹点首先与内凹点配对。若满足配对条件,直接配对;若不满足配对条件,再与外凹点配对。内凹点配对同上。

c)基于方向线的凹点配对。在内外凹点配对过程中,如何配对是难点,基于上述原因,本文引入了基于凹点方向线的配对方法,具体步骤如下:

(a)首先以任意一个凹点作为起点,依次与其他所有的凹点进行连线配对,计算得到该凹点的方向簇和距离簇。凹点方向簇是指该凹点与其他每个凹点连线斜率的集合;凹点距离簇是指该凹点与其他每个凹点距离(指欧式距离)的集合。

(b)构造三个不同的圆模板,半径大小分别为3、4、5。对每个圆模板,将模板中心对应于凹点所在位置,再根据该凹点的属性(属于内凹点还是外凹点),以经过该凹点的边缘为界,统计边界外且在模板范围内未被标记的像素点集合 $\{X_{a1}, \dots, X_{am}\}$ 和 $\{Y_{a1}, \dots, Y_{in}\}$ 。再分别求 X_i 平均值($\bar{X}_i$)和 Y_i 平均值($\bar{Y}_i$):

$$\bar{X}_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n X_{ij}, \bar{Y}_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n Y_{ij}$$

(c)根据不同的模板分别获得的三个 X_i 和 Y_i ,再加上凹点本身的 X 和 Y 四个点使用最小二乘法进行直线的拟合得到该凹点的方向线。

(d)根据该凹点的方向线,选择与该凹点直线方向簇最近的直线作为该凹点的分割线,若出现多条直线满足的情况下,取最小距离的直线作为该凹点的分割线。

(e)依次遍历图像中的每一个未配对的凹点,直至结束。

3 实验结果及分析

3.1 实验平台

为验证本文提出的粘连药品图像分割方法,建立了药品分割实验系统(图5)。实验系统由球形光源、彩色相机、药品样本等组成,实现了本文提出的凹点分割算法,其软件界面如图6所示。

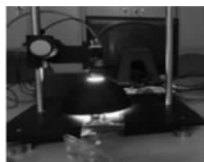


图5 实验系统

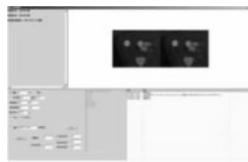


图6 软件界面

3.2 算法验证及分析

实验选取了不同种类的粘连药品图像作为样本,对300幅不同的图像进行实验,并与极限膨胀腐蚀算法以及分水岭分割方法进行了比较。实验结果表明,本文提出的粘连图像分割方法明显好于现有的两种分割方法。图7~10给出了四组分割结果:图7是药品粘连程度较大的分割结果;图8是不同药品相粘连的分割结果;图9是同种药品粘连的分割结果;图10是内外凹点配对的分割结果。各图中(a)为原始图像;(b)为手动分割结果;(c)为极限膨胀腐蚀分割结果;(d)为分水岭分割结果;(e)为本文算法分割结果。

为了能够客观地描述算法间的差别,以手动分割结果作为标准,为此以差度值作为评价标准,即

$$S = D/T$$

其中: D 代表手动分割与所用算法分割所得的两幅图像作差后,得到的图像中非零像素点总数; T 代表位于手动分割线上的像素总数。 S 值越小表明该算法与手动分割差度越小,分割效果越好。表1说明了不同算法与手动分割的差度值比较,可以看出本文的算法与手动分割的差度值最小。

实验平台使用的相机所获取的图像大小为 246×329 ,实验算法运行在CPU为Intel E7200 2.53 GHz的PC上,采集大量图像反复运行该算法,平均运行时间为300 ms,满足一般的实时性要求。

4 结束语

本文针对粘连药品图像分割问题,提出了一种基于凹点配

对方向线的粘连药品图像分割方法,该算法主要使用了凹点方向线和最小距离相结合的凹点配对方法,能够很好地克服粘连图像过度分割的问题,而且在运算过程中无须进行多次腐蚀与膨胀操作,因此能够保持不规则药品图像的边缘信息,使得分离后的药品图像变形小,便于后续药品特征分析。

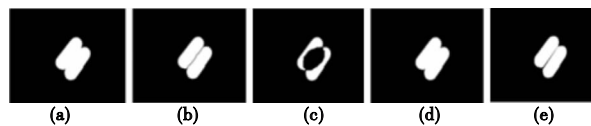


图7 实验结果1

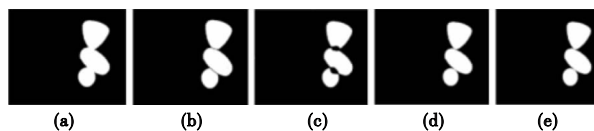


图8 实验结果2

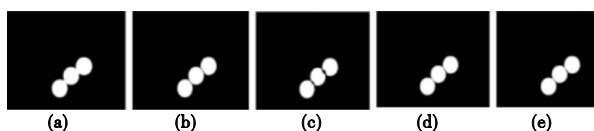


图9 实验结果3

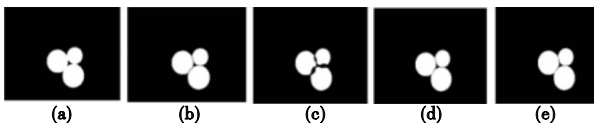


图10 实验结果4

表1 不同算法得到的差度值对比

图像	极限膨胀腐蚀	分水岭	手动分割	本文算法
图片1	2.12	1	0	0.14
图片2	1.23	0.026	0	0.02
图片3	0.98	0.034	0	0.03
图片4	1.01	0.021	0	0.01

参考文献:

- [1] 许向阳,宋恩民,金良海,等.边缘和区域多阶段结合的图像分割[J].小型微型计算机系统,2011,32(5):943-946.
- [2] SCHMITT O, HASSE M. Morphological multiscale decomposition of connected regions with emphasis on cell clusters[J]. Computer Vision and Image Understanding, 2009, 113(2): 188-201.
- [3] 凌云,王一鸣,孙明,等.基于机器视觉的大米外观品质检测装置[J].农业机械学报,2005,36(3):71-74.
- [4] 丁伟杰,范影乐,庞全.一种改进的基于分水岭算法的粘连分割研究[J].计算机工程与应用,2007,43(10):70-72.
- [5] 蔡艳梅,吴庆宪,姜长生.改进的Otsu的图像分割[J].光电与控制,2007,14(6):118-119.
- [6] 江林佳,朱煜.SEM材料图像目标区域分割[J].华东理工大学学报,2007,33(6):861-864.
- [7] SimFor. RV-Sold[EB/OL]. (2010-12-08). <http://www.simfor.es/en/products/product.php?p=8>.
- [8] SHATADAL P, JAYAS D S, BULLEY N R. Digital image analysis for software separation and classification of touched grains II: classification[J]. Trans of the ASAE, 1995, 38(2): 645-649.
- [9] LESTER J M, WILLIAMS H A, WEINTRAUB B A, et al. Two graph searching techniques for boundary finding in white blood cell images[J]. Computers in Biology and Medicine, 1979, 8(4): 293-308.
- [10] JI Liang. Intelligent splitting in the chromosome domain[J]. Pattern Recognition, 1989, 22(5): 519-532.