

# 精子运动图象的多目标检测与分割

匡宇 游志胜 王开平 杨红雨

(四川大学计算机图象图形研究所, 成都 610064)

**摘要** 采用差图象动目标检测、窗口自适应分割等技术实现了精子目标的快速检测定位和分割, 克服了因目标亮度不均造成的分割误差和目标丢失。利用形态特征鉴别静止精子和大小差不多的杂质, 为高效实用的 CASA (Computer Aided Sperm Analysis) 系统奠定了基础。

**关键词** 精子运动分析 动目标检测 图象分割

## 0 引言

精子运动特征分析是检测精子功能的一个重要手段, 它在临床诊断与生殖研究方面都有很重要的意义。计算机辅助精子运动特征分析 CASA (Computer Aided Sperm Analysis) 的研究受到重视。Davis 等<sup>[1]</sup>研究了 CASA 计算出的 14 种参数及其临床意义, Owen 等<sup>[2]</sup>研究了基于精子活动图象序列的 CASA 技术及采样帧频对运动参数精度的影响, WHO (World Health Organization 国际卫生组织) 推荐的采集频率标准应在 30FPS - 60FPS 左右。国外已经有基于专用硬件的商品 CASA 系统问世<sup>[3]</sup>。国内也有一些研究工作发表。李艳斌等<sup>[4]</sup>间隔一秒采集一帧, 共采集 4 帧, 分割是在单帧图象基础上进行的, 其采样帧频与 WHO 推荐的最低值相距甚远, 计算出的参数精度较差。陈天洲等<sup>[5]</sup>对同一样本采样 2 种图象: 即单帧静止图象和运动序列的迭加图象, 然后对单帧图象进行目标分割计数, 从迭加图象中直接检测出运动轨迹。我们在大量的实验中发现, 迭加图象中常有不少运动较慢的目标迭成一团, 难以抽取轨迹; 即使有了轨迹也难以确定各采样瞬间精子头部的准确位置, 从而影响对文献[1]中介绍的大多数参数的计算。王开平等<sup>[6]</sup>直接采集二值图象序列, 采样帧频为 12.5FPS, 构成了一个有实用价值的 CASA 系统。但是这种技术分割精度差; 由于分割是逐帧进行的, 在多目标环境(一般一个视场中有数十个目标)下需要使用一个较为复杂跟踪算法来确定

各个精子的轨迹<sup>[6]</sup>; 另外, 在区别静止的精子目标与精子头大小差不多的杂质目标方面也有困难。

本文在文献[6]的基础上研制了新一代的微机 CASA 系统, 其特点是(1)实时采集 25 或 50FPS、分辨率为 768 × 567 的 8 位的灰度图象序列; (2)基于图象序列的运动目标检测和定位; (3)目标附近的有限窗口的自适应分割; (4)利用形态特征自动区别静止精子和差不多大小的杂质。

## 1 精子运动图象序列的实时采集

精子样本的制备以及系统的组成基本如文献[6]所示, 只是采集子系统采用文献[7]中所述“基于 NSP 概念的结构”, 如图 1 所示:

图象序列以 25FPS (PAL) 或 30FPS (NTSC) 的视频速率实时采集存入微机内存, 对 768 × 567 的 8 位的灰度图象, 256MB 内存可以按 25FPS 持续采集 20 秒。我们选择持续采集 2 秒左右, 这是因为: (1) 根据文献[2]的分析, 对 CASA 系统, 采样帧频十分重要, 最好达到 50 - 60FPS, 而持续时间达 2 秒以上对精度已经没有什么影响, 这当然是因为精子运动的杂乱无章性所致。(2) 采样时视场固定, 如果时间过长, 会有不少精子游出视场, 而视场外的精子又可能在采样过程中游入视场中, 这将会对自动跟踪与分析计算造成不利。

为了达到更高的采集帧频, 可以将序列中的每帧图象按奇偶场分拆开来, 然后分别插值生成 2 帧

灰度图象,这样就可以使样本图象序列的帧频达到 50-60FPS。图 2 中(a)-(d)为 25FPS 样本序列的连续 4 帧。图中精子呈现蝌蚪状,有长尾,其运动包括形心运动和摆动。图中有不动的精子存在,也有大小形状与精子头差不多的杂质;仔细观察不难发现,尽管采取了限制措施,精子的运动也不全在二维平面上,难免有深度方向上的运动,这就造成了有的目标时隐时现;再加上同一帧中目标图象的灰度也不

尽相同,这就要求我们不能采用简单的统一门限的分割方法。基于以上分析,我们采取的步骤如下:(1)用差图象法快速实现动目标的检测与定位;(2)在动目标位置附近的窗口内进行自适应的精确分割;(3)从图象序列中选取一帧,减除动目标后,对其中的静止目标进行粗分割和定位。(4)对(3)进行滤波和筛选,对可能目标进行区域细分割,利用形态鉴别静止目标和杂质。以下详细介绍上述内容。

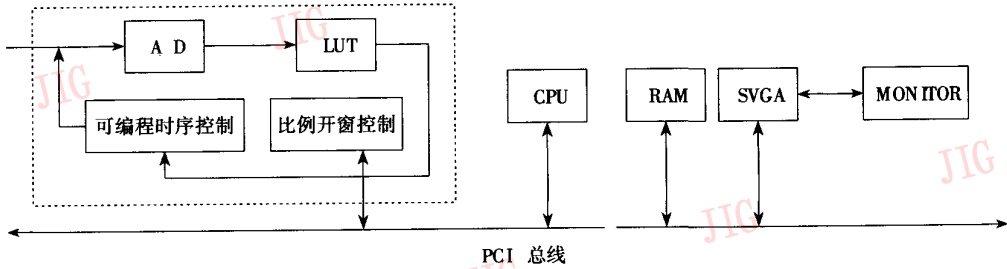


图 1

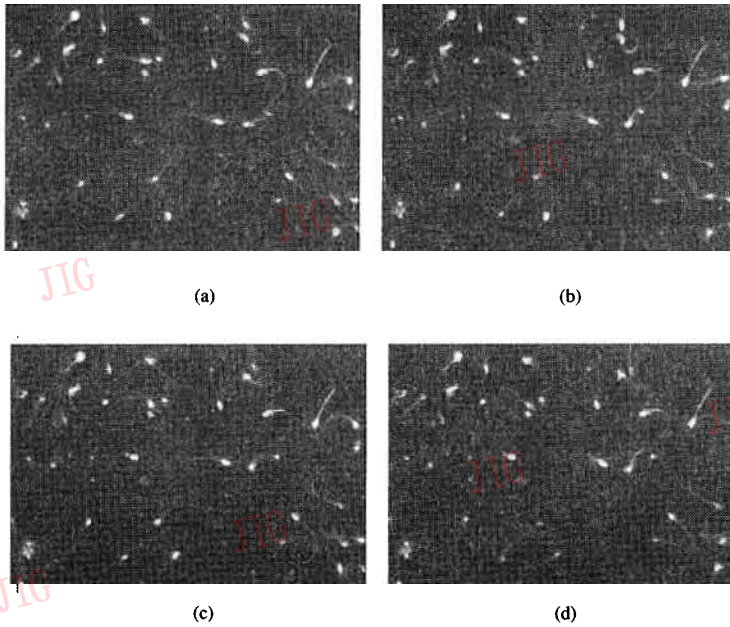


图 2 原图序列

## 2 运动目标检测定位

运动目标的检测是直接利用帧间块绝对平均误差(MAD)阈值来进行的,具体的方法如下:

设  $f_k$  为第  $k$  帧图象,将图象分作  $M \times N$  大小的子块,定义  $B_k(i, j)$  为第  $k$  帧图象的位置  $(i, j)$  处的

子块,  $B_{k-1}(i, j)$  为第  $k-1$  帧图象的位置  $(i, j)$  处的子块,则定义帧间块绝对平均误差(MAD)为

$$MAD(i, j) = \frac{1}{MN} \sum_{m=0}^{M-1} \sum_{n=0}^{N-1} |B_k(i+m, j+n) - B_{k-1}(i+m, j+n)| \quad (1)$$

定义基于帧间块 MAD 的阈值分割映射函数:

$$g_k(i+m, j+n) = \begin{cases} f_k(i+m, j+n), & MAD(i, j) > T \\ 0 & \end{cases} \quad (2)$$

$$m = 0, 1, \dots, M-1; \quad n = 0, 1, \dots, N-1$$

阈值  $T$  代表物体相对运动的状况。位置  $(i, j)$  处的子块即为运动目标的区域, 可以通过调节子块的大小来达到不同的效果。

### 3 自适应目标分割

对检测出的运动目标区域, 使用基于灰度直方图的门限分割方法, 门限选取采用了熵关联 (Entropy Correlation) 的方法<sup>[9]</sup>。定义一个离散随机变量  $X$  的关联函数为:

$$C_x(t) = - \ln \sum_{i \geq 0} P_i^2$$

$X = X_0, X_1, \dots; P_i = P(X = X_i)$  是  $X = X_i$  的概率密度。现把图象的背景和目标定义为 2 个类  $A_1$ 、 $A_2$ , 则类  $A_1$  和  $A_2$  的关联函数定义为:

$$C_{A_1}(t) = - \ln \sum_{i=0}^t \left( \frac{P_i}{P(A_1)} \right)^2,$$

$$\text{与 } C_{A_2}(t) = - \ln \sum_{i=t+1}^{255} \left( \frac{P_i}{P(A_2)} \right)^2$$

其中:

$$P(A_1) = \sum_{i=0}^t P_i, \quad P(A_2) = \sum_{i=t+1}^{255} P_i,$$

$$P(A_1) + P(A_2) = 1 \quad (3)$$

现定义优化准则函数为:

$$\begin{aligned} \Phi(t) &= C_{A_1}(t) + C_{A_2}(t) \\ &= - \ln \sum_{i=0}^t \left( \frac{P_i}{P(A_1)} \right)^2 - \ln \sum_{i=t+1}^{255} \left( \frac{P_i}{P(A_2)} \right)^2 \\ &= - \ln \frac{G_{A_1}(t) \times G_{A_2}(t)}{P(A_1)^2 \times P(A_2)^2} \\ &= - \ln(G_{A_1}(t) \times G_{A_2}(t)) + 2 \ln(P(A_1) \times P(A_2)) \end{aligned} \quad (4)$$

其中

$$G_{A_1}(t) = \sum_{i=0}^t P_i^2, \quad G_{A_2}(t) = \sum_{i=t+1}^{255} P_i^2 \quad (5)$$

则最优门限定义为

$$T = \arg_t(\max(\Phi(t))) \quad (6)$$

经过门限分割后, 再对分割图象做一次滤波, 滤除其中的小颗粒, 即得到各个目标了。大量的实验表明, 在采集帧频足够高时, 相邻 2 帧间精子运动位移量不大于精子头线度 ( $4-6\mu\text{m}$ ), 也就是说同一精子对应的目标在相邻帧迭加时会有一部分重叠, 这就使

目标跟踪相对简单, 无须复杂的跟踪算法, 采用简单的“近邻准则”即可。这也是 WHO 推荐  $\text{FPS} \geq 30$  的初衷之一。

### 4 静止目标与杂质的鉴别

动目标分割完成后, 对静止目标无须再进行逐帧分割, 只需固定选取一帧, 从中减去与该帧对应的动目标, 作为静止目标分割的基础。具体做法是: (1) 选用本文第 3 节各窗口分割门限的均值为门限, 对整幅图进行简单的门限分割。(2) 利用精子头大小的先验知识, 滤除过大过小的目标和扣除动目标后的残余。(3) 搜索可能的静止目标。(4) 鉴别静止目标是精子还是杂质。关键在第 4 步, 此时得到的静止目标中可能既包括杂质又包括精子。由于精子形状特别 (是由近似椭圆或圆的头部和细长的尾部组成), 可以通过形状因素来区别精子目标和杂质目标; 但是又由于图象中存在一些与精子头形状很相似的杂质目标, 而在分割时有一些精子目标的尾部已经被分割掉了, 只剩下头部信息, 那么对于这部分精子目标和杂质目标就存在十分相似的形状因子; 如果靠简单的形状因子来区分精子目标和杂质目标, 可能造成误判。据此本文提出了如下的解决方法: (1) 对分割得到静止目标进行边界跟踪, 求得每个目标的周长面积。进一步算出形状因子来排除掉形状因子与精子头差别过大的目标。形状因子定义为  $f = \left| \frac{4\pi S}{L^2} - 1 \right|$ ,  $S$  为目标面积,  $L$  为目标周长。(2) 在原始图象对应位置作区域生长, 目的是得到精确的形状。(3) 生长出的区域具有长尾者 (形状因子  $f > T$ ) 则为精子目标。

### 5 结果与讨论

实验表明, 本文提出的方法能够快速有效的检测分割出运动精子目标和静止精子目标, 排除大小与精子头差不多的假目标 (杂质)。区域自适应门限分割在相当大程度上避免了目标亮暗不利的不良影响。图 3 是最终精子目标检测图象序列中的一帧。

对因精子三维运动造成个别目标在某些帧亮度特弱的情况, 即使采用自适应分割, 也只能分割出较小的亮点区域。如果孤立对待, 会被作为杂质滤除, 可在跟踪阶段根据前后帧关联信息判断该位置是否有漏检发生, 并用分割出的小点中心坐标作为该帧精

子头的中心位置,应当是一种可以接受的解决办法。

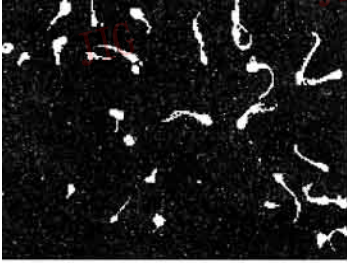


图3 分割结果

### 参考文献

- 1 Davis R O *et al.* New measures of sperm motion. *J Andrology*, 1992, 13(2).
- 2 Owen D H *et al.* Sampling factors influencing accuracy of sperm kinematic. *J Andrology*, 1993, 14(3).
- 3 CellTrak/s Automated Sperm Analysis System Operator's Manual
- 4 李艳斌,等. 精子显微图象分析系统. NSIG'94,7.
- 5 陈天州,等. 精子图象的形态分析. NSIG'96,8.
- 6 王开平,等. MIAS 计算机辅助精子运动分析系统的设计和实现. *计算机应用*,1997,1.
- 7 游志胜,等. 微机图象分析的新进展. *计算机应用*,1997,1.
- 8 吴焱,等. 序列图象中动目标分割. NSIG'94,7.
- 9 Jui-Cheng Yen *et al.* A New criterion for automatic multilevel thresholding. *IEEE trans on image processing*, 1995,4(3).

## Multi-Targets Detection and Segmentation of Moving Sperm

Kuang Yu, You Zhisheng, Wang Kaiping and Yang Hongyu

(*Institute of Computer Image & Graphics, Sichuan University, Chengdu 610064*)

**Abstract** Fast Detection and Segmentation of Moving Sperm targets was performed based on MAD analysis and adaptive thresholding. Static sperms was discriminated from false target via their differences in shape features so as to build a good foundation for an effective Computer Aided Sperm Analysis system (CASA).

**Keywords** Sperm motion analysis, Moving targets detection, Image segmentation