

針對血球抹片影像中白血球細胞核切割及分類的方法

Leukocyte Nucleus Segmentation and Recognition in Color Blood-Smear Images

黃德成、洪昆鼎

Der-Chen Huang, Kun-Ding Hung

本論文提出一白血球細胞核切割及分類的方法。通常白血球是以人工透過顯微鏡進行分類。然而，這對醫生或是檢驗人員是個負擔極大的工作，因此，一套自動的白血球切割及分類的系統可以有效減少醫檢人員的負擔。本文中，主要利用白血球細胞核進行切割及分類，因此，文中提出了一個增強細胞核區域顏色強度的方法。在辨識的步驟中，我們利用細胞的紋理特徵，並利用主成分分析 (principle component analysis, PCA) 方法有效地降低特徵的維度。並結合基因演算法及 K-means 分類白血球。即使只使用白血球的細胞核作為分類的依據，實驗結果證實我們仍能得到有效的分類結果。

In this paper, a leukocyte segmentation and recognition method is proposed for leukocyte differential counting. In general, leukocytes are usually manually classified in laboratories by using microscopes. It is a painstaking and subjective task for biologists. An automatic method is essential to reduce the overhead for biologists. The nuclei are used to identify five types of leukocyte in this paper. The leukocyte cell nucleus enhancer is proposed to segment the region we are interested in by enhancing the region of the leukocyte nucleus and suppressing the other region of the blood smear images. In the recognition steps, we reduce features by principle component analysis (PCA) to obtain suitable features. The genetic algorithm based K-means clustering approach is used to classify the five kinds of leukocyte in the reduced dimensions. The experimental results show that even though only leukocyte nucleus features are used for classification in our method, we achieve a high and promised accurate recognition rate.

一、導論

我們人體的免疫系統可以保護我們免於被各種細菌、病毒和其他病原微生物感染，白血球可以識別外在病毒及細胞種類並殺死他們。另外，免疫系統也不斷地偵查身體的異常細胞，例如腫瘤細胞和

病毒感染的細胞的存在，並在發現這種有害細胞時予以破壞。當病毒入侵人體時，保護人體的免疫系統就會被激活並進行保衛身體的活動。在免疫系統中，白血球細胞為主要成分，他們都是從骨髓中的 **multipotent** 細胞所變化而來，白血球細胞包含兩個分類：粒狀細胞及非粒狀細胞。粒狀細胞則包含了

中性粒細胞 (neutrophils)、嗜酸性粒細胞 (eosinophils) 和嗜鹼性粒細胞 (basophils)，非粒狀細胞則有淋巴細胞 (lymphocytes) 和單核細胞 (monocytes)。每個人在不同的年齡，體內的白血球細胞數量會有不同的變化，另外，各種白血球細胞的數量可以用來作為診斷所罹患的疾病的依據。傳統上，白血球細胞數量主要依靠人工計數，但依靠人工計數及判別除了過於主觀外，效率也不夠好。因此，自動且高效率的白血球識別與計數系統的建構對醫學及病理分析為一重要的貢獻⁽¹⁻³⁾。

然而，白血球細胞計數和分類對生物學家來說是一個耗時且費力的工作。一個受過訓練的醫療技師大約需要 15 分鐘來評估和辨識 100 個白血球細胞，且辨識結果很容易受到主觀因素影響而造成錯誤⁽⁴⁾。每年有很多人必須接受血液抹片檢查，此檢查花掉了醫療技師很多時間。由於生物學家的視力和專業知識等主觀因素，診斷的品質和效率可能會因而大打折扣。

本論文提供白血球細胞核的切割及分類的方案，為了因應因染色或拍攝時造成影像品質不同，我們提出了對於顏色及影像大小有自適性的切割方案，此方案可以有效地壓抑影像中非白血球的部分且增強白血球細胞核的部分。在分類上，我們利用由基因演算法決定參數，並以 K-means 分群方案對白血球分類。

1. 白血球的切割文獻

以下介紹幾個細胞切割方案：GB 顏色為基礎的細胞切割⁽⁵⁾、fuzzy 的細胞偵測方案 (FCD)⁽⁶⁾，以及顏色與 active contour 的切割方案 (CACD)⁽⁷⁾。

GB 顏色為基礎的分割方案⁽⁵⁾ 使用功能綠色和藍色來獲得近似白血球細胞的細胞核區域將細胞核切割出來。當 B/G 的值比閾值 (threshold) 更大時，其像素將會被標記為細胞核。接著使用 level set 方案切割整個白血球細胞。

FCD 的方案⁽⁶⁾ 用來追蹤影像序列中的神經幹細胞，在此方案中，使用者可以透過交叉驗證每個 frame 及 frame 之間的異同，以取得更高的準確性。Fuzzy threshold 的方案被套用在此方案以區分

出影像是否為細胞。在此方案中，指定兩個較高和較低的閾值。亮度低於下限閾值的所有像素都設置為 0，較高門檻以上的所有像素都設置為 1，然後剩餘的像素利用其灰階強度線性重新調整其範圍至 (0, 1)。Distance transform 計算某像素到邊緣的距離。最後，maxima transform 和分水嶺方案將影像中的輪廓加以確定。

CACD 方案⁽⁷⁾ 則是取出彩色影像中某個物件的方案。在此方案中，Otsu 方案套用在影像中的綠色部分。利用此閾值，影像中的細胞核的初步輪廓可以被描繪出來。接著利用此大致的輪廓，套用 active contour 的方案中找到精確的細胞質邊界。

2. 白血球的辨識文獻

基於 Em 演算法的方案⁽⁸⁾ 使用統計技術進行三種類型的白血球細胞分類：中性粒細胞、嗜酸性粒細胞和淋巴細胞。此方案將利用 PCA 高維度的特徵空間投射到低維子空間，並使用 EM 演算法來尋找 maximum likelihood 的解。

基於 SVM 的方案⁽⁹⁾ 利用紋理的特徵、形狀和顏色來描述白血球細胞。SVM 原本設計為將數據分為兩類，在此方案則延伸為將白血球細胞分為 5 類。另一種基於 SVM 的方案⁽¹⁰⁾ 將抹片影像轉為 HSL 色域，以切割出細胞核和細胞質區域。在切割之後，再利用顏色和形狀的特徵，以 SVM 分類器分出五種白血球。

在 BMLC 的方案⁽¹¹⁾ 中，利用數學形態學的方案描述白血球細胞的特徵，他們使用 open 的運算取得白血球辨識的特徵。

二、新的白血球切割與辨識方案

1. 白血球細胞核切割

每張白血球抹片影像包含一個或多個白血球。此外還包含了紅血球和其他物質，例如血小板等。為了分割白血球細胞核，我們首先需要確定的白血球細胞的位置。我們所提出的白血球細胞核分割方案包括兩個步驟：白血球細胞核區域增強和細胞分割。詳細的流程描述如下。

(1) 白血球細胞核區域增強

白血球細胞核及細胞質的顏色與亮度常常過於相似，為了解決此問題，我們提出了白血球細胞核區域的增強方法，此方法可以有效地增強白血球細胞核部分並且壓抑非白血球的部分，例如紅血球或背景。我們利用兩種色彩空間來達成：HSV 及 RGB 色彩空間。主要的概念在於此兩種色彩空間的不同性質。

一般來說，染色過後的紅血球的飽和度 (S) 與綠色 (G) 經正規化後亮度的值相似，相對地，細胞核的飽和度與綠色成分差異則很大，因此，細胞核的增強可以簡單地由這兩個概念達成。首先，假設 I 為抹片影像， I_G 及 I_S 為其綠色及飽和度成分，我們將 I_G 及 I_S 藉由 $I_G = \frac{(I_G - G_m) \times 255}{G_M - G_m}$ 及 $I_S = \frac{(I_S - S_m) \times 255}{S_M - S_m}$ 正規化，其中 G_M 、 G_m 、 S_M 及 S_m 分別為 I_G 中的最大值、最小值以及 I_S 中的最大值、最小值。增強過的影像可以表示為：

$$I_E = \begin{cases} I_S & \text{if } I_G = 0, \\ \frac{I_S}{I_G} & \text{otherwise.} \end{cases}$$

圖 1 表示 HSV 中的 S 成分、RGB 中的 G 成分，以及所增強過後的影像，白血球的細胞可以有效地增強，如圖 1(d) 所示。

為了確保我們的方法的有效性，我們測試了由不同條件下取得的影像，如圖 2 所示。其中圖 2(a)、(c)、(e) 為增前強的原圖，(b)、(d)、(f) 則為增強過後的影像。由此實驗可知，即使輸入不同色調的影像，也不會影響本方法的有效性。

(2) 細胞核的切割

經過了白血球核心的增強處理後，白血球細胞核被增強了，其他部分則有效地被抑制，可以讓白血球細胞核更容易透過閾值的方法切割出來。

Otsu⁽¹²⁾ 的切割方法被經常用於自動取得一個合適的閾值。然而，當欲切割的部分所占整張影像的比例較大或較小時，Otsu 的切割方法便不能得到一個適合的閾值。在血液的抹片影像中，白血球往往只占影像中的一小部分，因此利用 Otsu 無

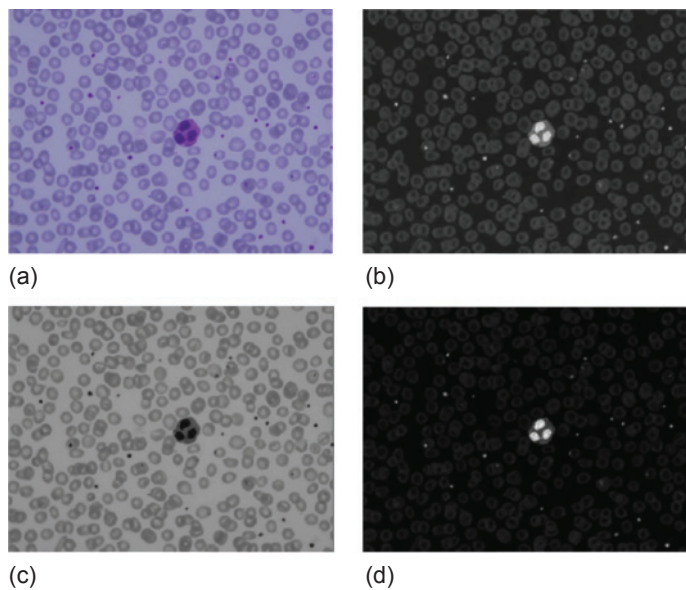


圖 1. (a) 原圖，(b) S 成分，(c) G 成分，以及 (d) 細胞核增強後的影像。

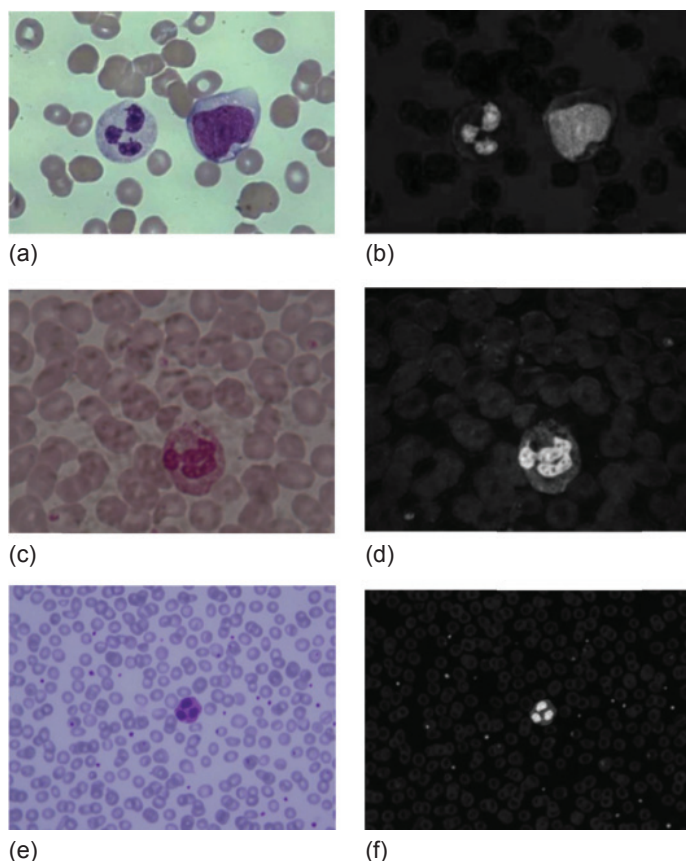


圖 2. 三組影像特性不同的抹片影像及其細胞核增強後的影像。

法得到一個有效的閾值。多重 Otsu 的切割方法可以將影像分類出 C 群，因此，我們動態調整 C 以得到適合的閾值切割出白血球細胞的區域。其中 C 的決定方式如下。

因為白血球所占的面積因圖而異，我們利用以下方法得到一參數值 C ，此 C 則決定要利用 Otsu 方法將影像分成幾群。 C 的決定方式為：

$$C = \begin{cases} \log\left(\frac{P_{i1}}{P_{i2}}\right) & \text{if } \log\left(\frac{P_{i1}}{P_{i2}}\right) < 4, \\ 4 & \text{otherwise.} \end{cases}$$

其中， $P_{i1} = \sum_{n=0}^{128} H_E$ ， $P_{i2} = \sum_{n=129}^{255} H_E$ ， H_E 則是 I_E 的色階分布圖， E 則為其灰階值。經此步驟後，其白血球細胞可以有效地切割出來，圖 3 為其切割後的結果，圖中顯示白血球細胞核可以有效地切割出來，但是與白血球顏色相似的血小板等雜質也一起被切割出來，因此，我們將於下個步驟將雜訊去除掉。

(3) 紅血球面積的估計

一般在血球抹片中會有大量的紅血球。在本文中提出估計紅血球面積的方法。其目的有兩項：其一為當作過濾雜訊的指標；當切割出來的面積過小或過大時，可以透過平均紅血球的面積過濾掉差異過大的雜訊或是染色汙染。另一個用途則是作為辨識時的特徵值。

在我們的血液抹片影像樣本中，紅血球的數量遠遠超過白血球細胞，例如一張影像可能包含多達 200 顆紅血球，但白血球只有 1 或兩顆。我們利用此一特性，計算出一張抹片影像中的平均紅血球細胞面積。

因為在影像中，紅血球常常會互相重疊，在計算紅血球的平均面積時，重疊的紅血球必須要移除，可利用紅血球外觀為橢圓形或圓形的特徵來達到此目的。我們用緊湊度 (compactness) 描述此性質，緊湊度的計算方式如下：

$$Compactness = \frac{4\pi A_e}{P_e^2}$$

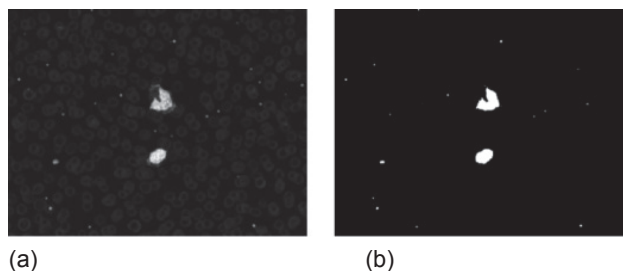


圖 3. (a) 白血球細胞和增強的結果，(b) 其切割過後的結果。

其中， A_e 為物件的面積， P_e 為物件的邊長，當緊湊度越接近 1 時，代表越接近正圓，因為未重疊的紅血球通常為橢圓或圓形，因此我們可以利用此指標過濾掉非紅血球的部分。以下步驟為一張抹片影像中平均紅血球面積的計算方法：

- ① 利用 Otsu 方法將一張原始影像 I 切割出前景 I_e 。
- ② 因為紅血球為圓盤狀，切割過後會得到中間有空缺的紅血球部分，接著將中間的空缺填補起來以利緊湊度的判斷。
- ③ 計算所有物件的緊湊度。
- ④ 將緊湊度 > 1.2 或緊湊度 < 0.8 的物件移除，代表此為雜訊或重疊的血球。
- ⑤ 將剩下的物件依面積小至大排序
- ⑥ 將面積小於第一四分位數及大於第三四分位數的物件移除並計算剩下的物件平均大小，所得即為估計的紅血球面積。

透過緊湊度的過濾，我們得到平均紅血球的面積，接著，在白血球細胞核的切割步驟中，如果切割出來的白血球面積大於紅血球的 4 倍或小於 0.5 倍，該物件將不被視為白血球細胞核。如圖 4 所示，左邊為抹片影像，右邊則判斷為單顆紅血球的影像。

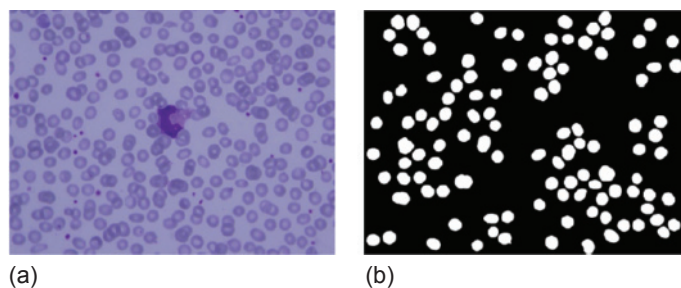


圖 4. (a) 抹片影像，(b) 判斷為單顆紅血球的影像。

2. 灰階共生矩陣的特徵萃取

接著，我們將對白血球進行分類，透過觀察，某些種類的細胞核紋理較平滑而某些則較多顆粒且粗糙。我們利用白血球的紋理做為所萃取的特徵。此步驟中，我們萃取細胞核影像中的灰階共生矩陣 (grey level co-occurrence matrix, GLCM) 來進行分類。假設目標為 $n \times m$ 的影像， $(\Delta x, \Delta y)$ 為位移的參數，灰階共生矩陣 G 的定義如下：

$$G_{\Delta x \Delta y}(i, j) = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^m \begin{cases} 1 & \text{if } I(p, q) = i, I(p + \Delta x, q + \Delta y) = j, \\ 0 & \text{otherwise.} \end{cases}$$

其中， $(\Delta x, \Delta y)$ 的組合為 $(1, 0)$ 、 $(1, 1)$ 、 $(0, 1)$ 、 $(-1, 1)$ 共四種。得到灰階共生矩陣後，我們透過此矩陣計算紋理的特徵值，我們共利 20 種不同的特徵^(4, 13, 14)，透過四種不同的組合，對每顆細胞核而言，我們萃取了 80 組紋理特徵值。

3. 形狀特徵的萃取

在臨床上，白血球通常依照其外觀進行分類，例如大小、形狀、細胞核的數量等等，因此本文中除了紋理特徵外，我們也考慮到形狀的特徵。我們所使用的第一個特徵為白血球與紅血球大小的比值，此動作對白血球大小作一正規化的處理，另外幾個形狀的特徵為：邊長對面積的比值、緊湊度 (compactness)、粗糙度 (roughness)、邊長對凸包 (convex hull) 的比值，總共 5 個形狀特徵。其中緊湊度及粗糙度定義為：

$$Compactness = \frac{4\pi \times Area}{Perimeter^2}$$
$$Roughness = \frac{Convex Hull}{Perimeter}$$

4. Feature Selection

我們在上個步驟中對每個白血球細胞建立了個 80 紋理和 5 個形狀特徵。換句話說，我們利用 85 個維度的資訊來描述一顆白血球細胞，但事實上，並非所有的特徵都對辨識有貢獻。為了降低數

據的維度，並在維度的線性組合中增加數據之間的差異，我們採用主成分分析 (principle component analysis, PCA) 以減少五種類型白血球細胞細胞核的特徵。PCA 試圖找到一組正交的主要成分，盡可能地保留方差的獨立變量。PCA 將特徵由一個高維的空間特徵向量投影到一個低維子空間。利用 PCA，我們可以利用較少的主成分代替所有的特徵當作後續的白血球分類處理。在 PCA 的降維處理中，原本有 85 維的特徵，將會降到 k 維，其中 k 將會大幅小於 85。 k 的選擇則是依據新的特徵向量中，有百分之多少的原始資料量能夠被保留，在本研究中，我們將門檻設定在 95%。

5. K-means 的白血球分群方法

經過 PCA 處理後，我們得到 k 個特徵向量，我們將利用 K-means 對這些特徵分類，以達到辨識的效果。K-means 是效果好且容易實作的一個分群演算法，但因為白血球的變化多樣，往往同一種類的白血球細胞會有多種不一樣的外觀，也因此所擷取的特徵投影在特徵空間上，相同類型的白血球不一定會聚集在投影空間中的相同位置附近。為了克服白血球的這種變異性，我們把白血球分類出不只 5 種類型，接著再把空間中距離相近的叢集進行合併。

三、利用基因演算法取得參數

我們利用 K-means 叢集演算法來達到分類的目的，假設 5 種類型的白血球在空間上會先被分類出 c_1 、 c_2 、 c_3 、 c_4 以及 c_5 群，我們運用基因演算法來決定這 5 個參數。

基因演算法的目的為最佳化一個問題，將變數以基因來表示。染色體一般以簡單的字元串或數字串來代表。首先，演算法隨機生成一定數量的個體，在每一代中，每一個個體都被評估，並通過計算適應度函數 (fitness function) 得到一個適應度數值。種群中的個體被按照適應度排序。

接著是產生下一代個體並組成種群。這個過程是透過選擇和繁殖完成的，其中繁殖包括交配 (crossover) 和突變 (mutation)。選擇則是根據新個

體的適應度進行的。基因演算法依據適應度越高被選擇的機會越高的原則做選擇，而適應度低的，被選擇的機會就低。之後，被選擇的個體進入交配過程。交配父母的染色體相互交換，從而產生兩個新的染色體，子代的產生透過將交配點填入父親的染色體，非交配點則填入母親的。交配點則是隨機產生的。突變步驟中，通過突變產生新的子個體。新個體的染色體隨機突變，通常就是改變染色體的一個位元組 (0 變到 1，或者 1 變到 0)。

經過這一系列的過程 (選擇、交配和突變)，產生的新一代個體不同於初始的一代，並一代一代向增加整體適應度的方向發展，因為最好的個體總是有更高的機會被選擇去產生下一代，而適應度低的個體逐漸被淘汰掉。這樣的過程不斷地重複，直到設定的中止條件達到為止，其終止條件設定為經過 500 代的遺傳，並且最後 10 次的適應值沒有改變⁽¹⁵⁾。

本文中適應值則以 Davies-Bouldin index (DBI)⁽¹⁶⁾ 及分類正確率 (accuracy) 來設計：

$$Fitness = \frac{DBI}{Accuracy}$$

四、實驗結果

1. 切割正確性的衡量

本研究中，為了衡量切割的正確性，使用了兩個衡量切割準確性的依據：relative distance error (RDE)⁽¹⁷⁾ 以及 dice coefficient⁽¹⁸⁾。Yang-Mao 等人⁽¹⁷⁾ 提出 RED 的衡量方法，假設 e_1, e_2, \dots, e_{n_e} 為 E 中的像素， t_1, t_2, \dots, t_{n_t} 為 T 中的像素， E 及 T 分別為切割後的結果及人工圈選的結果， n_e 及 n_t 分別為 E 和 T 中的像素個數，RDE 則定義如下：

$$RED = \frac{1}{2} \left(\sqrt{\frac{1}{n_e} \sum_{i=1}^{n_e} d_{e_i}^2} + \sqrt{\frac{1}{n_t} \sum_{i=1}^{n_t} d_{t_i}^2} \right)$$

$$d_{e_i} = \min \{ \text{distance}(e_i, t_j) | j = 1, 2, \dots, n_t \}$$

$$d_{t_j} = \min \{ \text{distance}(e_i, t_j) | i = 1, 2, \dots, n_e \}$$

其中， $\text{distance}(e_i, t_j)$ 為 e_i 和 t_j 的 Euclidean distance。Dice⁽¹⁸⁾ 則以另外一種方式來來描述切割的正確率，其式子如下所示：

$$dice(E, T) = \frac{2|E \cap T|}{|E| + |T|}$$

2. 白血球細胞核切割結果

圖 5 為切割過後的結果，左邊為原圖，中間為切割後的結果，左邊則為其細胞的放大切割結果。將我們所提出的新切割方法與其他白血球切割的方法做比較，並以 RDE 和 Dice 係數衡量分割的結果。比較我們的方法與 CACD⁽⁷⁾、FCD⁽¹¹⁾ 和 GBCS⁽⁵⁾ 的方法。比較結果標示於表 1 中。對由不同實驗室取得的血液抹片樣本，因為其染劑、光線、影像大小等不一樣，會造成切割上的困難。由實驗結果表示，使用 RGB 和 HSV 色域空間可以有效解決顏色或色調上的問題。另外我們提供一種自適性的閾值決定方法，不論影像中白血球所占的面積大小，本方法也可有效地應用。正因為如此，我們所提出的方法可以套用在大部分的抹片影像上。

3. 白血球分類結果

我們所使用的特徵總共有 85 個維度，對於分群來說是個計算量很大的數字，因此我們利用 PCA 將維度降低至 7 維，圖 6 為將特徵投影到前 3 個最大特徵空間的投影圖。每個細胞核以一個點表示，由圖可以看出相同種類的細胞核並不一定會聚在相同位置上，例如藍色點分布在空間中的兩個群集中。也因此，我們先將每個種類先細分 c_i 個種類，以利正確地分群。

表 1. 白血球細胞核切割結果。

	RED	Dice
本文提出的方法	19.8	0.965
CACD	43.4	0.906
GBCS	36.7	0.913
FCD	33.7	0.924

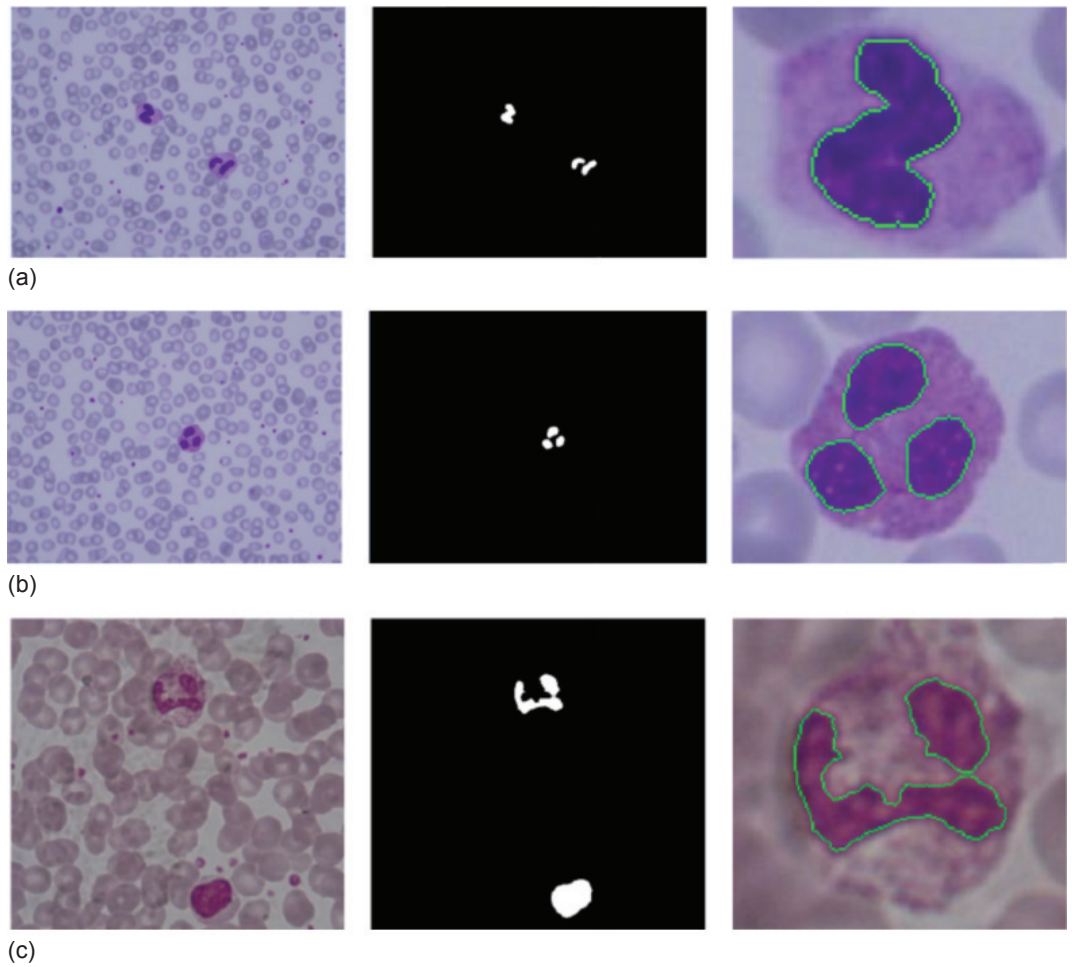


圖 5. 白血球細胞核切割結果。

我們將我們的方法與 KNN (K-th nearest neighbor) 分群法及 SVM (support vector machine) 分類方法做比較，其結果如表 2 所列。

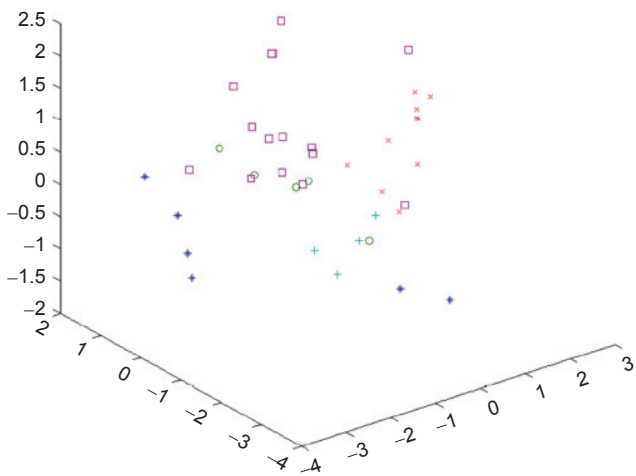


圖 6. 特徵空間的投影圖。

五、結論

白血球分類計數是一個應用廣泛的血液檢查項目，其目的為計算白血球在血液中的數量和比例，以判斷一個人的健康狀況。在本研究中，我們提出了一種白血球的細胞核分割和分類的新方法來協助醫生或檢驗人員，此方法透過紋理和形狀的特徵來

表 2. 白血球分類結果。

	Our method	KNN	SVM based method
Basophil	98%	98%	81%
Eosinophil	98%	82%	76%
Lymphocyte	84.3%	83.2%	87%
Monocyte	93.3%	93%	82%
Neutrophil	81.3%	81%	82%

分類白血球細胞核。實驗中，我們將 85 個維度的特徵降低至 7 維，並且還能保留原始資料 95% 的特性。基因算法則用來選擇最適合的 K-means 分群數。實驗結果顯示，即使只考慮白血球的細胞核，新方法的分類正確率也能高於八成。

參考文獻

1. S. Wick. Human physiology and anatomy: Blood cell histology (1997). Online Available: <http://www.unomaha.edu/hpa/blood.html>.
2. B. K. Timby and N. E. Smith, Introductory Medical-Surgical Nursing Plus LiveAdvise Online Student Tutoring Service. Lippincott Williams and Wilkins (2006).
3. Y.-K. Chan, M.-H. Tsai, D.-C. Huang, Z.-H. Zheng, and K.-D. Hung, *BMC Bioinformatics*, **11** (1), 558 (2010).
4. D. M. U. Sabino, L. da Fontoura Costa, E. Gil Rizzatti, and M. Antonio Zago, *Real-Time Imaging*, **10**, 205 (2004).
5. T. Bergen, D. Steckhan, T. Wittenberg, and T. Zerfass, "Segmentation of leukocytes and erythrocytes in blood smear images," in Engineering in Medicine and Biology Society, 2008., EMBS 2008., 30th Annual International Conference of the IEEE, pp. 3075-3078 (2008).
6. T. Chunming and B. Ewert, *Segmentation and Tracking of Neural Stem Cell*, ser. Lecture Notes in Computer Science., Springer Berlin, vol. 3645 (2005).
7. M. Hamghalam, M. Motameni, and A. Kelishomi, "Leukocyte segmentation in giemsa-stained image of peripheral blood smears based on active contour," in 2009 International Conference on Signal Processing Systems, pp. 103-106 (2009)
8. M. C. Colunga, O. S. Siordia, and S. J. Maybank, "Leukocyte recognition using em-algorithm," in Proceedings of the 8th Mexican International Conference on Artificial Intelligence, ser. MICAI '09. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, 545-555 (2009).
9. D. Ushizima, A. Lorena, and A. de Carvalho, "Support vector machines applied to white blood cell recognition," in Hybrid Intelligent Systems, 2005. HIS '05. Fifth International Conference on, p. 6 (2005).
10. H. Ramoser, V. Laurain, H. Bischof, and R. Ecker, "Leukocyte segmentation and classification in blood-smear images," in Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the, pp. 3371-3374 (2005).
11. N. Theera-Umpon and S. Dhompongsa, *Information Technology in Biomedicine, IEEE Transactions on*, **11** (3), 353 (2007).
12. N. Otsu, *Systems, Man and Cybernetics, IEEE Transactions on*, **9** (1), 62 (1979).
13. L.-K. Soh and C. Tsatsoulis, *Geoscience and Remote Sensing, IEEE Transactions on*, **37** (2), 780 (1999).
14. D. A. Clausi, *Canadian Journal of Remote Sensing*, **28** (1), 45 (2002).
15. P.-Y. Pai, C.-C. Chang, Y.-K. Chan, and M.-H. Tsai, *Information Sciences*, **181** (8), 1463 (2011).
16. D. L. Davies and D. W. Bouldin, *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, **PAMI-1** (2), 224 (1979).
17. S.-F. Yang-Mao, Y.-K. Chan, and Y.-P. Chu, *Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics, IEEE Transactions on*, **38** (2), 353 (2008).
18. L. R. Dice, *Ecology*, **26** (3), 297 (1945).



黃德成先生為國立中正大學資訊工程博士，現任國立中興大學資訊科學與工程系教授。

Der-Chen Huang received his Ph.D. in computer engineering from National Chung Cheng University. He is currently a professor in the Department of Computer Science and Engineering at National Chung Hsing University.



洪昆鼎先生為國立中興大學資訊工程與科學研究所博士班學生。

Kun-Ding Hung is currently a Ph.D. student in the Institute of Computer Science and Engineering at National Chung Hsing University.