

用户文档

程序安装

安装Python

本程序依赖Python3.6环境。所以第一步为安装Python。推荐安装Python3.6.5。 下载链接|
<http://xzd.197946.com/python3x64.zip>



运行安装包，点击Install Now，您可以勾选上Add Python 3.6 to PATH的选项，这样系统会自动将python和pip添加到环境变量。

Python 3.6.5 (64-bit) Setup

— □ ×



完成安装后，不需要其他操作，点击Close退出安装

配置环境变量

如果您在上一步安装中勾选了Add Python 3.6 to PATH的选项，可以跳过这一步。

如果您没有勾选，可以参照这篇博客进行配置：

<https://blog.csdn.net/bimo123/article/details/89295896>

pip换源

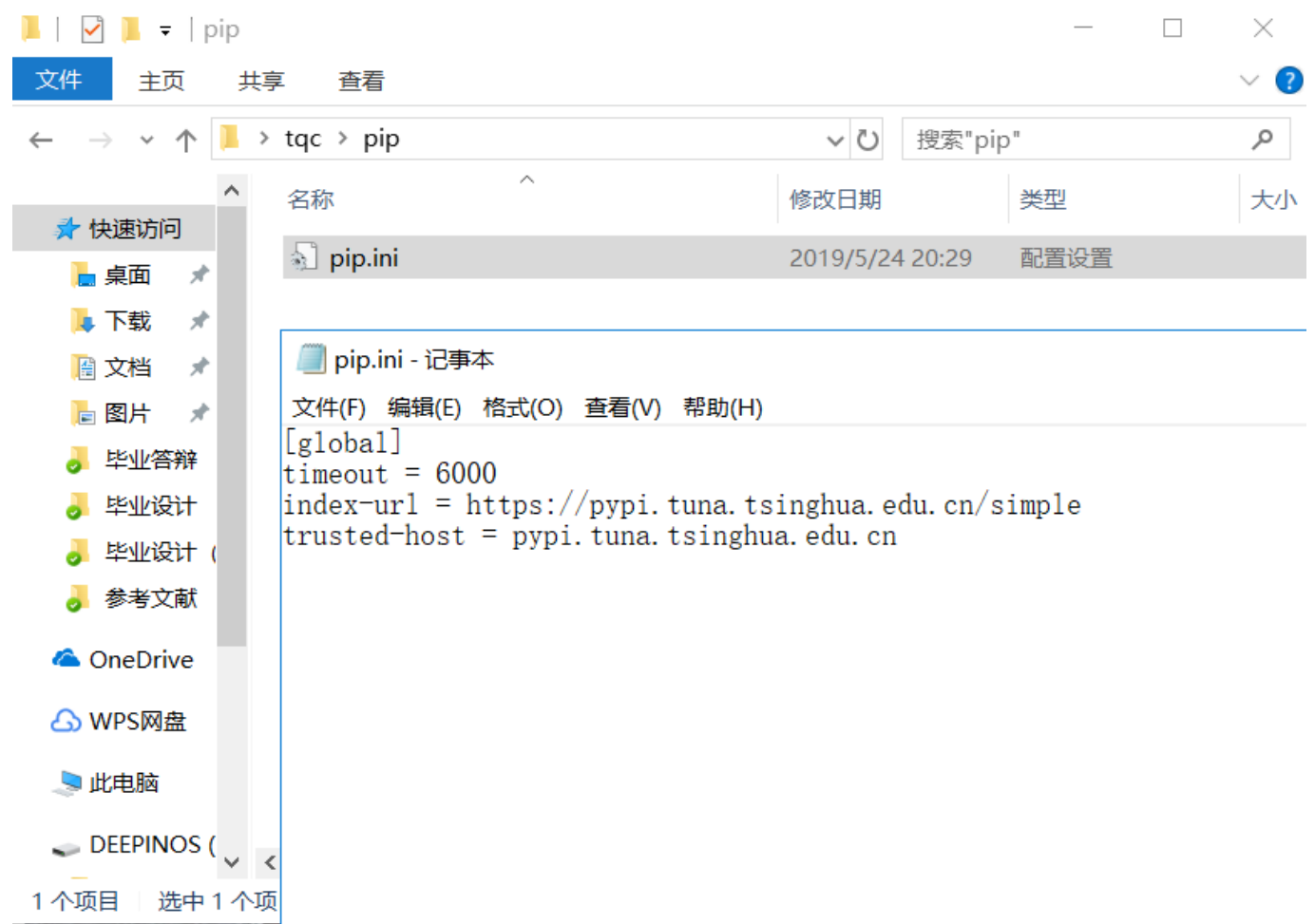
因为本程序的安装需要pip，所以需要对pip进行换源操作

- Windows

win+R 打开用户目录%HOMEPATH%，

在此目录下创建 pip 文件夹，在 pip 目录下创建 pip.ini 文件，内容如下

```
[global]
timeout | 6000
index-url | https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/simple
trusted-host | pypi.tuna.tsinghua.edu.cn
```

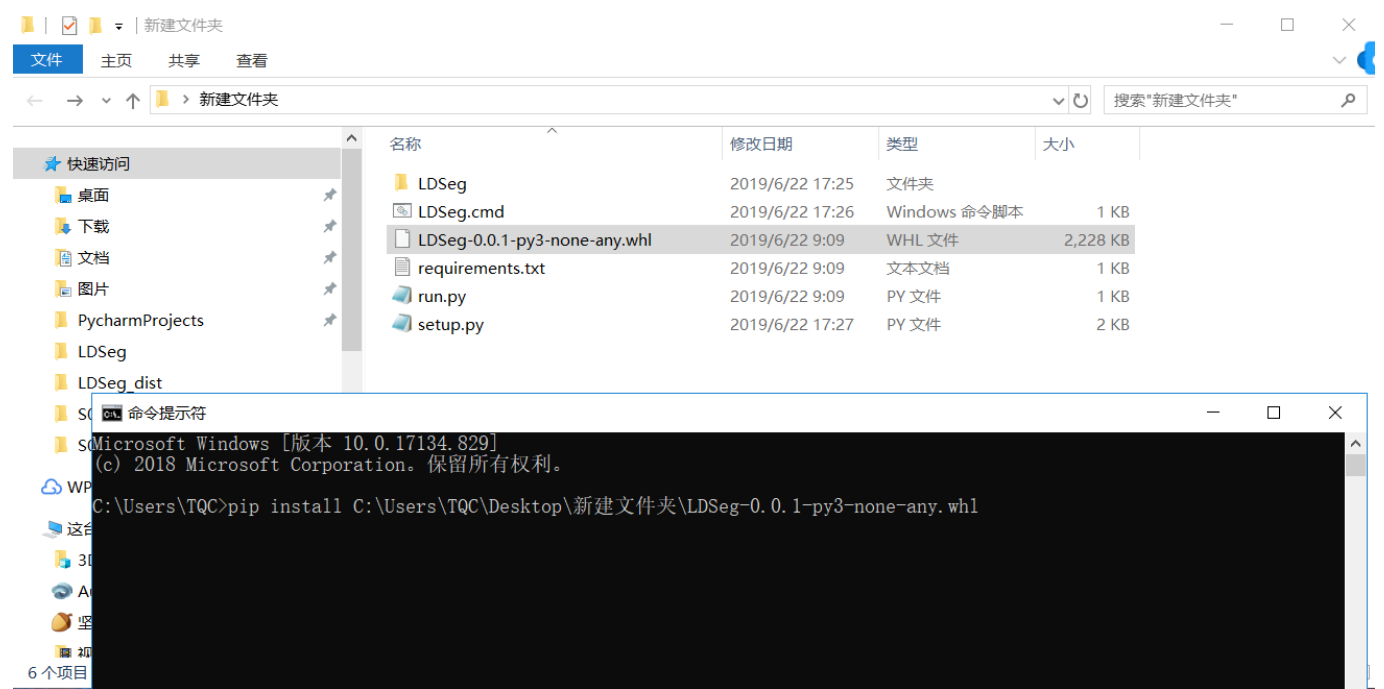


安装依赖与使用

本程序提供运行方法，一种是从源码中运行，另一种是安装whl包后运行

安装whl包后运行

在终端输入`pip install`后，将whl文件拖入终端中，回车进行安装。（请确保已经进行了pip换源以保证安装速度）



在终端中输入LDseg或Python -m LDseg后，可以启动程序

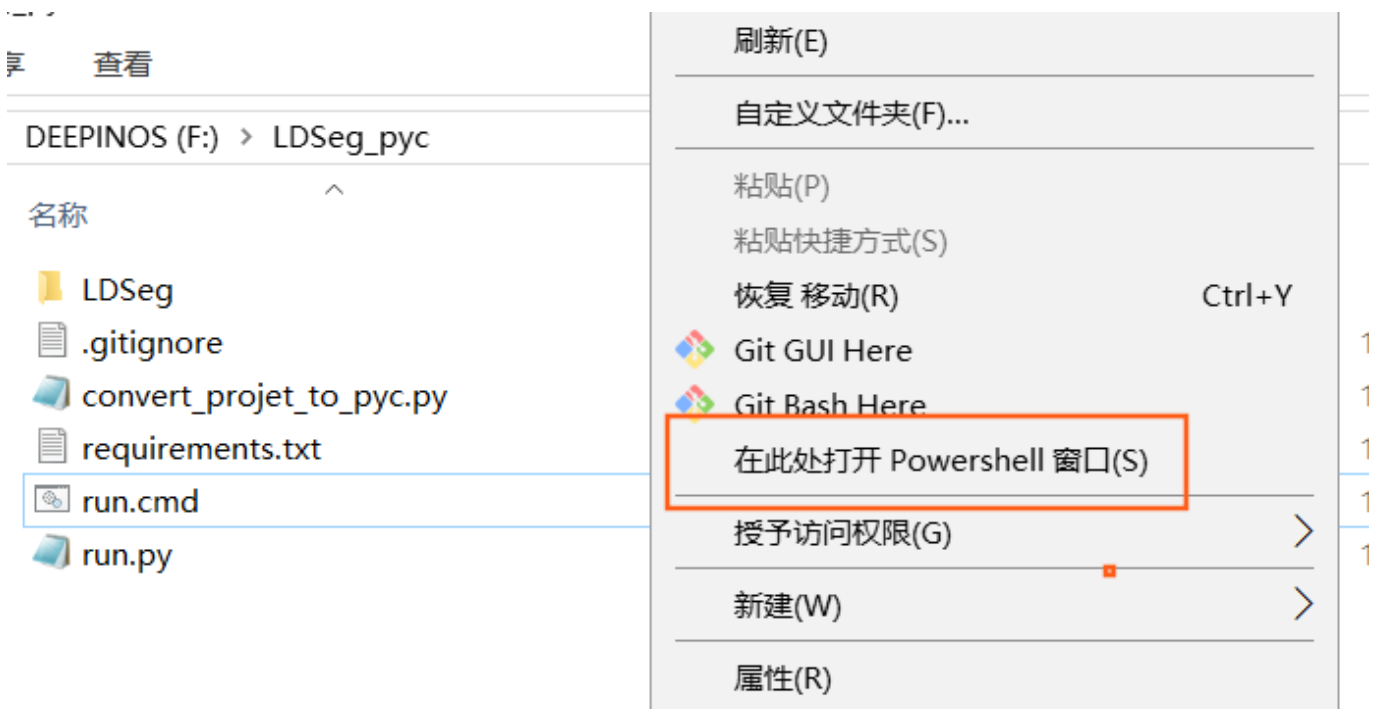
安装依赖后从源码中运行

本程序依赖一些软件包，依赖的包版本如下：

- requirements.txt

```
matplotlib||3.0.2
Pygments||2.3.1
pandas||0.23.4
numpy||1.15.4
scipy||1.1.0
opencv_python||3.4.2.17
PyWavelets||1.0.1
pyperclip||1.7.0
graphviz||0.10.1
PyQt5||5.12.2
imageio||2.5.0
pywt||1.0.6
scikit-image||0.14.1
```

找到项目路径，按住shift键并点击鼠标右键，按S(如果为Windows7及以下系统，按W)，



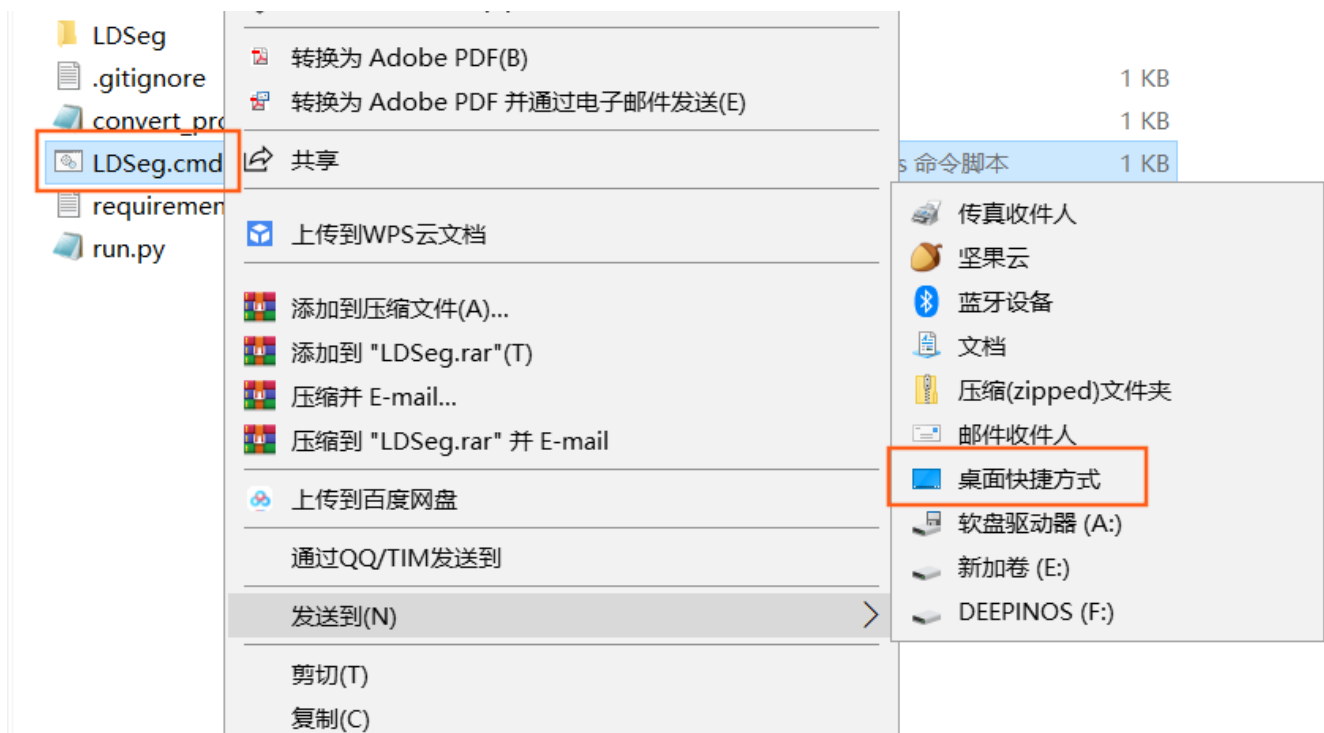
在当前路径下打开终端，输入：

```
pip install -r requirements.txt
```

Python就会自动安装本程序的依赖包，需要您耐心等待一段时间

```
100% | 163kB 10.2MB/s
Collecting idna<2.9,>=2.5 (from requests->pywt==1.0.6->-r requirements.txt (line 9))
  Downloading https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/packages/14/2c/cd551d81dbe15200belcf41cd03869a46
100% | 61kB 20.2MB/s
Collecting chardet<3.1.0,>=3.0.2 (from requests->pywt==1.0.6->-r requirements.txt (line 9))
  Downloading https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/packages/bc/a9/01ffebfb562e4274b6487b4bb1ddec7ca
100% | 143kB 12.8MB/s
Collecting urllib3!=1.25.0,!<1.25.1,<1.26,>=1.21.1 (from requests->pywt==1.0.6->-r requirements.
  Downloading https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/packages/e6/60/247f23a7121ae632d62811ba7f273d0e5
100% | 153kB 11.3MB/s
Collecting toolz>=0.7.3; extra == "array" (from dask[array]>=0.9.0->scikit-image==0.14.1->-r req
  Downloading https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/packages/14/d0/a73c15bbeda3d2e7b381a36afb0d9cd77
100% | 51kB 16.8MB/s
Collecting decorator>=4.3.0 (from networkx>=1.8->scikit-image==0.14.1->-r requirements.txt (line
  Downloading https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/packages/5f/88/0075e461560ale750a0dcfb77f1d9de77
Installing collected packages: scipy, opencv-python, PyWavelets, pyperclip, graphviz, PyQt5-sip,
ator, networkx, six, cloudpickle, scikit-image
  Running setup.py install for toolz ... done
  Running setup.py install for networkx ... done
Successfully installed PyQt5-5.12.2 PyQt5-sip-4.19.17 PyWavelets-1.0.1 certifi-2019.6.16 chardet
etworkx-2.3 opencv-python-3.4.2.17 pillow-6.0.0 pyperclip-1.7.0 pywt-1.0.6 requests-2.22.0 sciki
You are using pip version 9.0.3, however version 19.1.1 is available.
You should consider upgrading via the 'python -m pip install --upgrade pip' command.
```

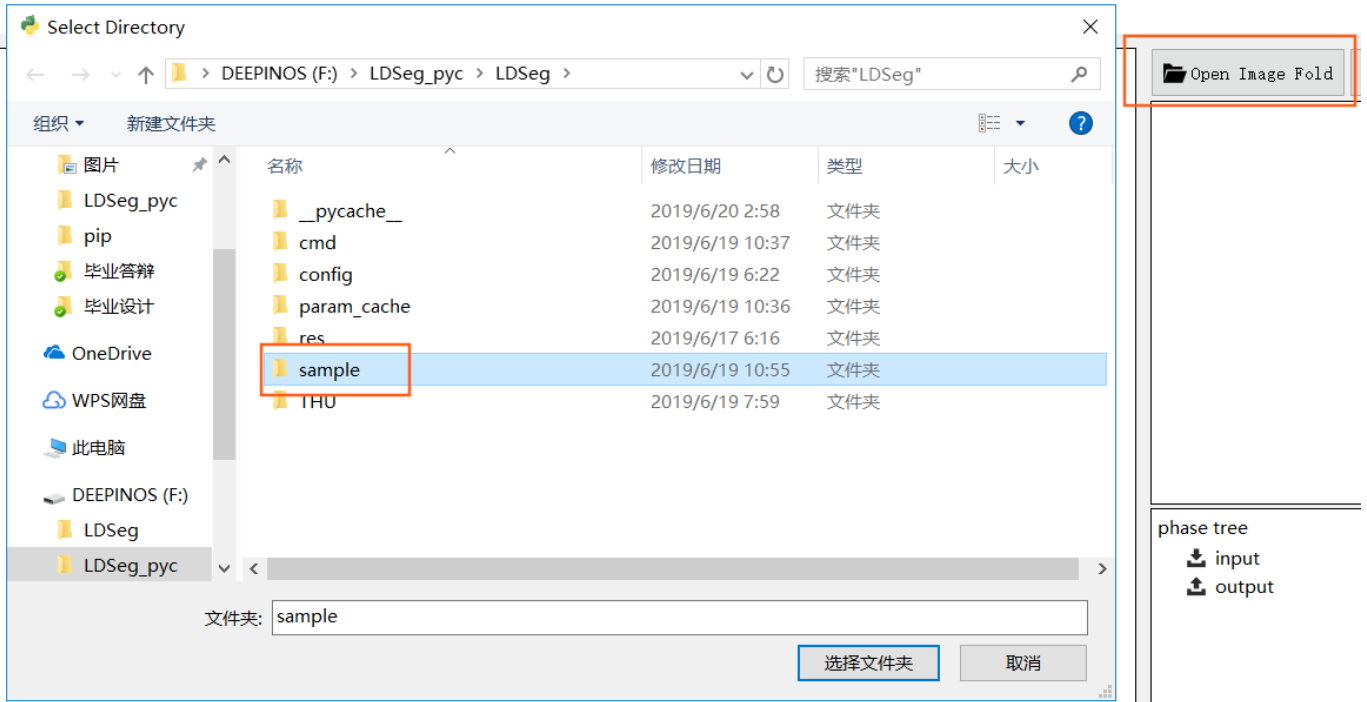
依赖包全部安装成功。



找到项目文件夹中的LDSEg.cmd,鼠标右键，点击发送到>桌面快捷方式,这样我们就将程序的快捷方式添加到了桌面。

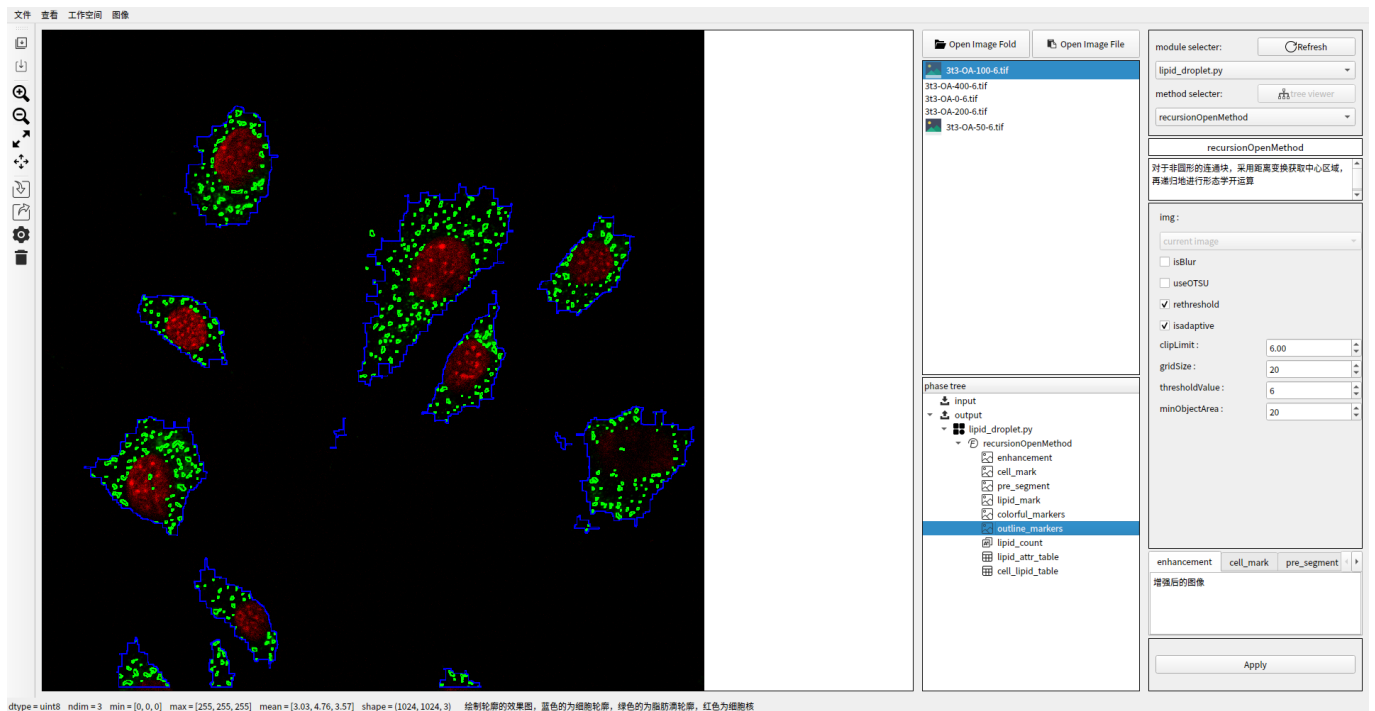
测试使用

我们可以做一些小的测试，测试软件是否正常运行。点击Open Image Fold 文件夹，选择sample文件夹，确定



将测试文件夹导入后，

1. 点击某张图片git
2. 点击Apply应用方法和参数
3. 第二步需要计算大概5秒时间，计算完后点击某个输出结点，这里选择outline_marks

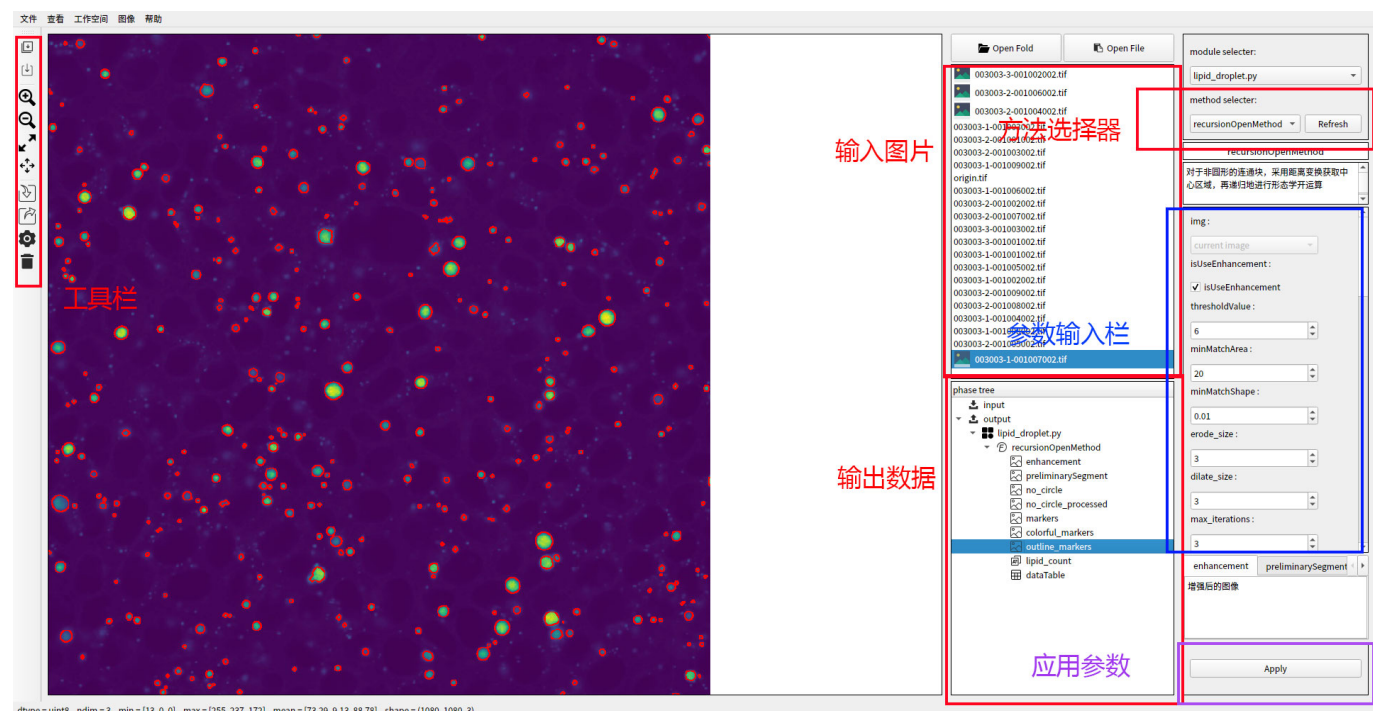


注意事项

1. 对于MacOS操作系统，需要把配置文件config/THU_project.json中的"pyqtImgModel"|"ndarray"改为"pyqtImgModel"|"file"
2. 由于本程序在Linux系统下开发，Windows用户需要用notepad++、sublime等文本编辑器打开源程序，否则换行符不能正常显示

3. 配置文件中"keepZoom"表示不同图片切换时，图片控件仍然保持原来的缩放大小，但是如果对不同尺寸的图片进行切换则会出现bug，就需要把这个字段设置为false
4. 配置文件中如果"autoSave"字段为true，就会把工作空间自动保存到"./workspace.pkl"。虽然方便了操作，但可能会存在bug（如果进行了批量保存，这个文件会变得非常大），可以选择删除workspace.pkl，或者将配置文件中的"autoSave"字段改为false
5. 配置文件中"listWidgetWidth"字段为输入图片和输出数据列表的宽度，"paramWidgetWidth"字段为参数输入栏的宽度，您可以根据自己的需求调大调小（重启软件生效）

操作界面



点击按钮Open Fold可以导入选中文件夹中合法的图片文件到图片列表（合法的文件类型见下表），点击按钮Open File可以导入一张图片文件到图片列表。

选中图片列表中一张图片，并点击右下角Apply按钮（快捷键为Alt+S）后，会在输出数据列表输出一组节点，为各个阶段的返回值。点击感兴趣的返回值（有图片、表格、字符串等类型），就可以查看输出的内容。

基本功能

基本功能介绍

本程序可以用来对脂肪滴图像进行分割，并且可以通过调整一些参数后获取您预期的效果。在完成参数设置后，您可以点击Apply查看程序输出的图像等数据。您可以导入一组图片，并点击菜单图像>批量保存（快捷键为Ctrl+Shift+S）从而进行批量处理。分割得到的脂肪滴数据可以用表格的形式展示，并用csv或xlsx格式保存。

参数释义表

参数名	参数释义
-----	------

参数名	参数释义
img	脂肪滴图像，请保证输入的tiff图 通道0 为细胞核， 通道 1 为脂肪滴
isBlur	是否使用平滑
useOTSU	是否大律法进行预分割
rethreshold	是否对非圆脂滴图像重新使用阈值分割
isadaptive	是否对非圆脂滴图像阈值分割使用自适应阈值
clipLimit	局部直方图增强参数，越大图像对比度越大，分割出的脂滴越多
gridSize	局部直方图增强参数，越大图像对比度越大，分割出的脂滴越多
thresholdValue	预分割时，采用的阈值大小，越小分割出的脂滴越多

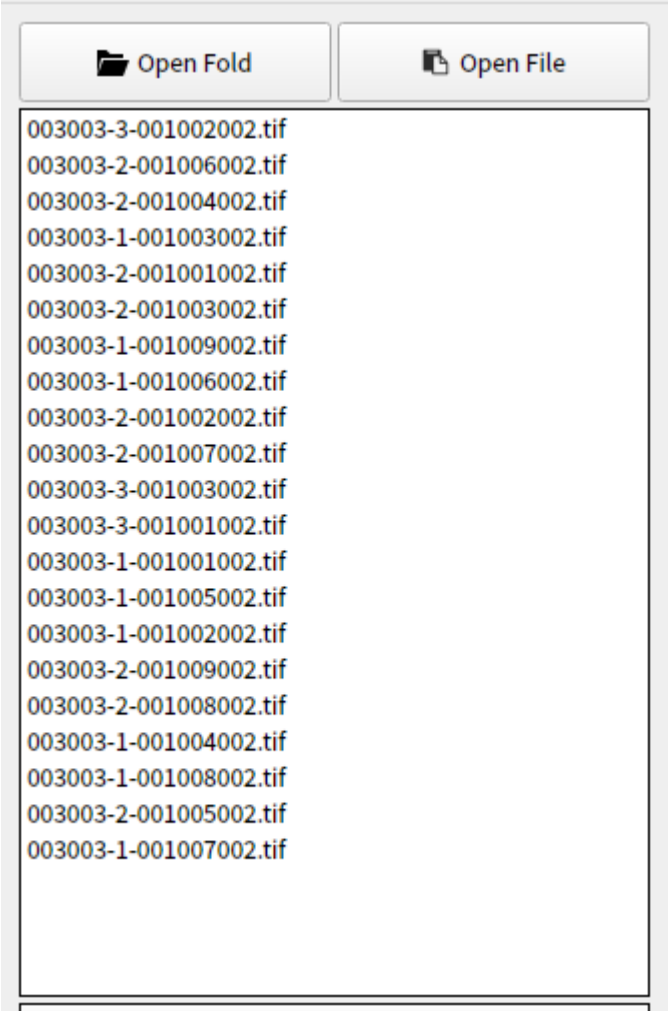
输出数据释义表

返回数据名	返回数据释义
enhancement	增强后的图像
cell_mark	细胞连通块图。选中该输出结点后，右键图片区域点击pypplot后可以查看每个细胞的ID
pre_segment	预分割后的效果图
lipid_mark	脂肪滴连通块效果图,在状态栏中显示的最大值max就是分割得到的脂肪滴数目
colorful_markers	着色的连通块
outline_markers	绘制轮廓的效果图，蓝色的为细胞轮廓，绿色的为脂肪滴轮廓，红色为细胞核
lipid_count	当前方法与参数下，分割得到的脂肪滴数目
lipid_attr_table	分割得到的各个脂肪滴的属性表
cell_lipid_table	各个细胞拥有脂肪滴的数目，cell_ID表示细胞的ID编号(在cell_mark输出结点中查看)，lipid_count表示该细胞脂肪滴总数

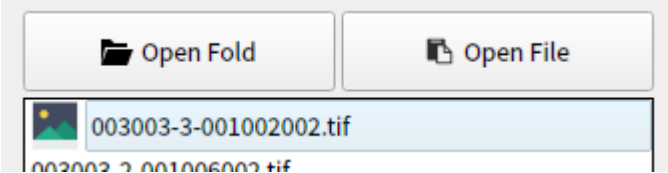
操作流程

下面介绍脂肪滴分割并保存的简单流程：

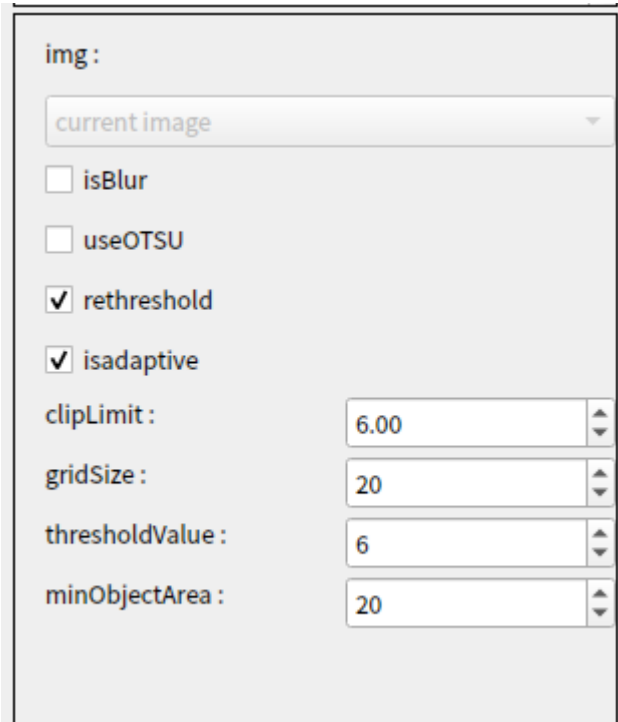
点击Open Fold（快捷键：Ctrl+Shift+O）选择一个全部为脂肪滴图像的文件夹，将图片导入到图片列表。



选中一张图片。图片选中后会被加载，被加载的图片会有图标显示

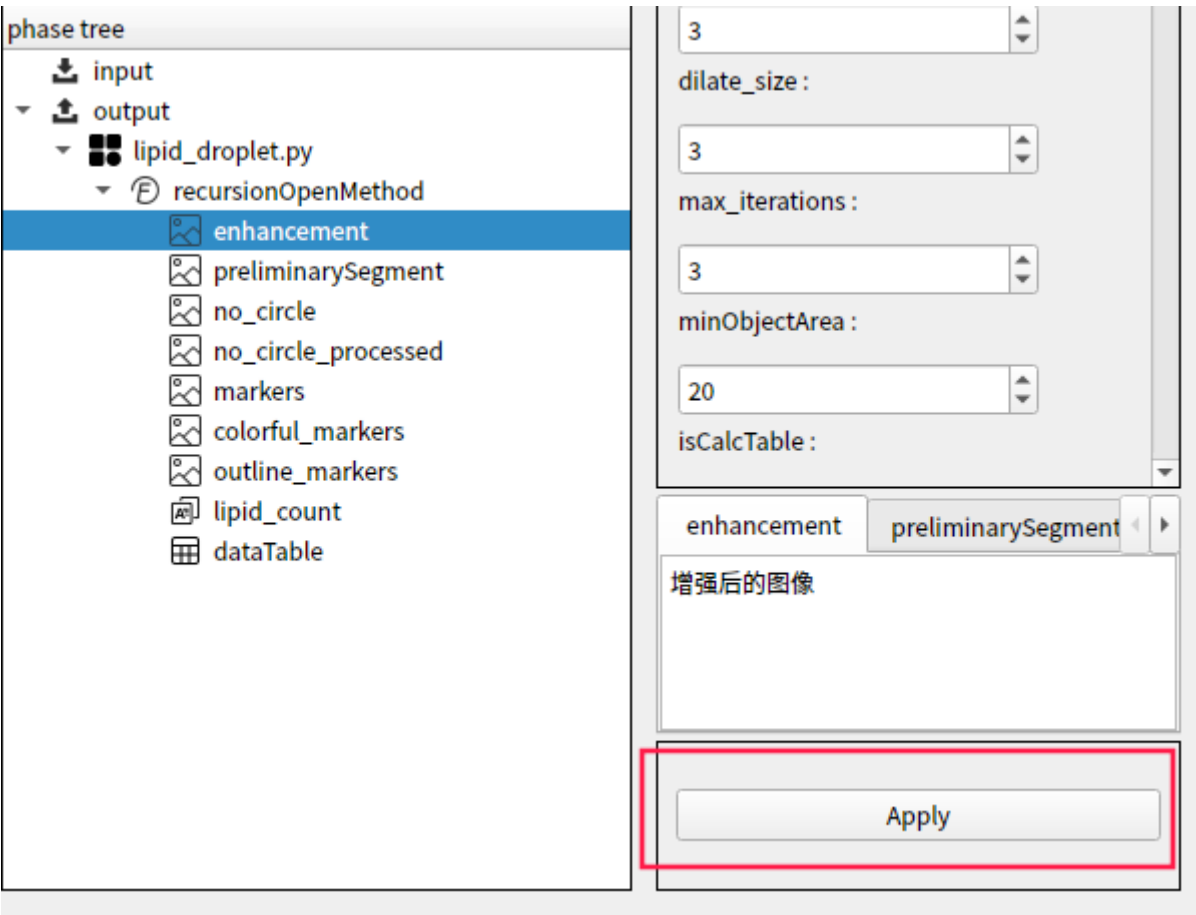


在参数设置栏中设置参数，参数的具体意义见参数释义表。将鼠标停靠在相应的参数设置控件上，会有参数释义显示。



点击Apply，在经过了几秒钟的计算后，会生成输出数据在输出数据栏

输出数据的具体意义见输出数据释义表

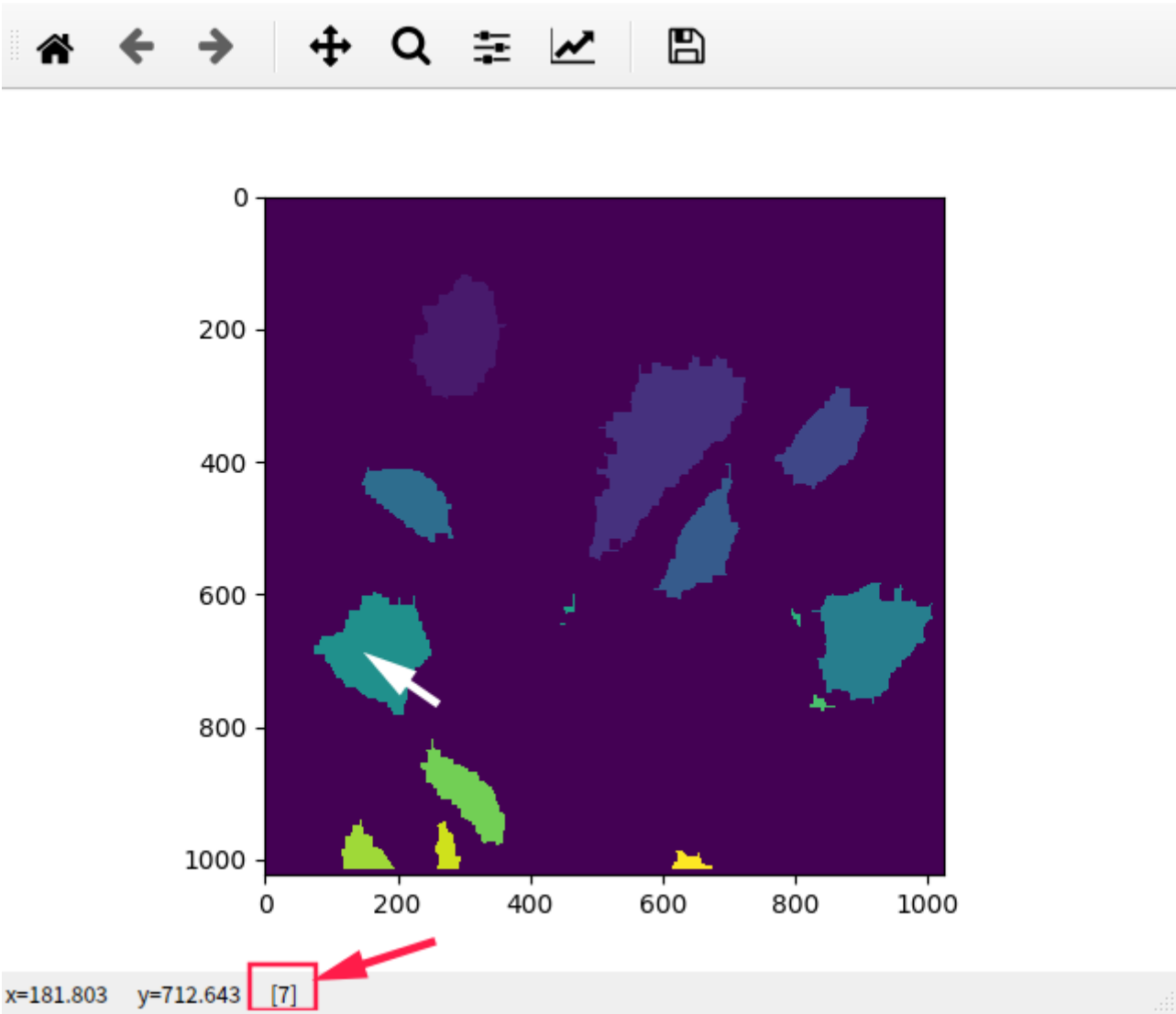


- 点击colorful_markers会得到用不同颜色标记的脂肪滴
- 点击outline_markers会得到标记的脂肪滴轮廓
- 点击lipid_count会得到脂肪滴的数目
- 点击lipid_attr_table会得到各个脂肪滴的数据表


- 点击cell_lipid_table会得到各个细胞拥有的脂肪滴数目的表格



其中cell_lipid_table表格中记录了各个细胞对应的脂肪滴数目。如果您要查看具体某个细胞的ID，先选中cell_mark输出阶段，然后在图像区域点击鼠标右键，再点击pyplot，



在pyplot显示框中将鼠标悬浮在某个细胞上，就可以查看对应的ID

在界面中得到了期望的效果后，如果需要对图片列表中所有的图片进行保存，可以在菜单栏中点击>批量保存（快捷键为Ctrl+Shift+S）,出现下图界面：

	选择	图片名
1	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-100-6.tif
2	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-400-6.tif
3	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-0-6.tif
4	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-200-6.tif
5	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-50-6.tif

	选择	阶段输出名
1	<input type="checkbox"/>	input
2	<input checked="" type="checkbox"/>	cell_lipid_table
3	<input checked="" type="checkbox"/>	cell_mark
4	<input type="checkbox"/>	colorful_markers
5	<input type="checkbox"/>	enhancement
6	<input type="checkbox"/>	lipid_attr_table
7	<input checked="" type="checkbox"/>	lipid_count
8	<input type="checkbox"/>	lipid_mark
9	<input type="checkbox"/>	outline_markers
10	<input type="checkbox"/>	pre_segment

Save Path :

save mode:

save images on single fold

 save images format:

jpg

 save tables format:

csv

current information


文件 /home/tqc/output/3t3-OA-100-6 cell_lipid_table 已保存
文件 /home/tqc/output/3t3-OA-100-6 cell_mark 已保存
文件 /home/tqc/output/3t3-OA-100-6 lipid_count 已保存
文件 /home/tqc/output/3t3-OA-400-6 cell_lipid_table 已保存




进度:



100%

Start

Terminate

左边的列表为图片列表，右边的列表为输出数据列表。可以右键，通过全选或全部选进行筛选。 点击右侧的文件夹按钮，选择输出文件保存的路径。

选择保存模式，为把所有数据保存到一个文件夹，为把数据分门别类地保存在多个文件夹中，推荐使用.

在中选择图片类数据的保存格式。在中选择表格类数据的保存格式

配置文件中默认被批量保存的输出阶段为,,。图片保存为格式，表格保存为格式（字符串默认只能用文本格式，不用选择），则设置如下：

选择		图片名
1	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-100-6.tif
2	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-400-6.tif
3	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-0-6.tif
4	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-200-6.tif
5	<input checked="" type="checkbox"/>	3t3-OA-50-6.tif

选择		阶段输出名
1	<input type="checkbox"/>	input
2	<input checked="" type="checkbox"/>	cell_lipid_table
3	<input checked="" type="checkbox"/>	cell_mark
4	<input type="checkbox"/>	colorful_markers
5	<input type="checkbox"/>	enhancement
6	<input type="checkbox"/>	lipid_attr_table
7	<input checked="" type="checkbox"/>	lipid_count
8	<input type="checkbox"/>	lipid_mark
9	<input type="checkbox"/>	outline_markers
10	<input type="checkbox"/>	pre_segment

Save Path : /home/tqc/output

save mode: save images on single fold save images format: png save tables format: xlsx

current infomation

文件 /home/tqc/output/3t3-OA-100-6 cell_lipid_table 已保存
文件 /home/tqc/output/3t3-OA-100-6 cell_mark 已保存
文件 /home/tqc/output/3t3-OA-100-6 lipid_count 已保存
文件 /home/tqc/output/3t3-OA-400-6 cell_lipid_table 已保存

进度 : 100%

Start

Terminate

点击Start开始进行运算，并保存。（如果需要终止运算线程，点击Terminate）

保存结果如下图所示：

