



(12)发明专利申请

(10)申请公布号 CN 111488921 A

(43)申请公布日 2020.08.04

(21)申请号 202010237666.4

(22)申请日 2020.03.30

(71)申请人 中国科学院深圳先进技术研究院
地址 518055 广东省深圳市南山区深圳大学
学城学苑大道1068号

(72)发明人 刁颂辉 秦文健 侯嘉馨 田引黎
谢耀钦 熊璟

(74)专利代理机构 北京市诚辉律师事务所
11430

代理人 耿慧敏

(51)Int.Cl.

G06K 9/62(2006.01)

G06N 3/04(2006.01)

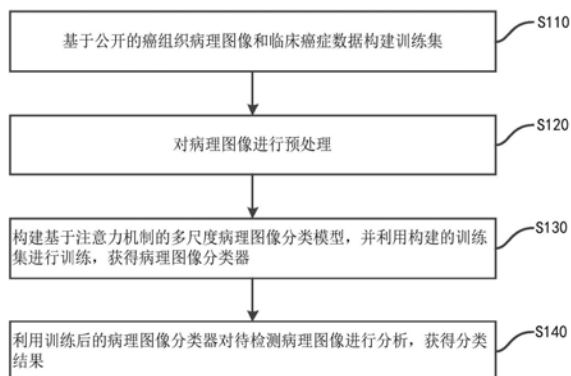
权利要求书2页 说明书7页 附图3页

(54)发明名称

一种全景数字病理图像智能分析系统及方法

(57)摘要

本发明公开了一种全景数字病理图像智能分析方法和系统。该方法包括：将待分析的病理图像切片输入到基于注意力机制的卷积神经网络模型，进行病理图像不同尺度的特征，并将所提取的特征进行融合，获得融合特征；将所述融合特征输入到经训练的病理图像分类器，获得病理图像切片是否包含癌变的分类结果。本发明实现智能化地全景数字病理图像分析，考虑不同尺度的特征并且赋予权重，有效节约人工对数据进行分析归类的成本，同时避免了对医生技术水平过度依赖的问题，并大量节省了医生的人力物力成本，使得更多癌症患者能够得到及时诊治。



1. 一种全景数字病理图像智能分析方法,包括以下步骤:

将待分析的病理图像切片输入到基于注意力机制的卷积神经网络模型,进行病理图像不同尺度的特征,并将所提取的特征进行融合,获得融合特征;

将所述融合特征输入到经训练的病理图像分类器,获得病理图像切片是否包含癌变的分类结果。

2. 根据权利要求1所述的全景数字病理图像智能分析方法,其中,根据以下步骤获得所述融合特征:

将待分析的病理图像切片依次输入所述基于注意力机制的卷积神经网络的每个特征层进行对应尺度的特征提取,并经处理使得各层特征具有相同的分辨率和通道;

将所提取的特征进行级联和融合,获得融合特征;

将融合特征通过一层全连接层后输入经训练的病理图像分类器,得出各类概率。

3. 根据权利要求1所述的全景数字病理图像智能分析方法,其中,根据以下步骤获得待分析的病理图像切片:

将病理图像切成预设维度的二维切片;

将切好的病理图像块输入至深度卷积网络,经过一次卷积操作,获得三维特征的病理图像切片。

4. 根据权利要求1所述的全景数字病理图像智能分析方法,其中,在所述提取不同尺度的特征的过程中,特征计算模型表示为:

$$N_{out}(N_{in}, C_{in}) = bias + \sum_{k=1}^{C_{in}} weight(w_k, k) * input(N_{in(k)}, k)$$

其中,“*”为二维卷积运算, N_{out} 为输出的特征向量, $N_{in(k)}$ 为前一层的第k个通道的特征向量, C_{in} 为前一层的通道总数, w_k 为第k个通道的权重, $bias$ 为偏置值。

5. 根据权利要求1所述的全景数字病理图像智能分析方法,其中训练病理图像分类器的损失函数表示为:

$$loss(P_{(i,j)}, P_{class(i,j)}) = weight(class) \cdot \{ \log [\sum_{i=0}^W \sum_{j=0}^H \sum_{k=1}^{C_{in}} \exp (weight(w_k, k) * P_{(i,j)})] - \sum_{i=0}^W \sum_{j=0}^H \sum_{k=1}^{C_{in}} (weight(w_k, k) * P_{class(i,j)}) \}$$

其中, $P_{(i,j)}$ 表示输入图像的像素的分类结果, $P_{class(i,j)}$ 表示输入图像像素的分类标签, $weight(class)$ 表示该类别指定权重, C_{in} 表示通道总数, k 表示第k个通道, $weight(w_k, k)$ 表示得到的各通道的注意力机制权值, (i, j) 代表每一个像素的位置, W 和 H 分别为图像的长和宽。

6. 根据权利要求1所述的全景数字病理图像智能分析方法,其中,所述分类结果包括癌变、良性组织和炎症。

7. 根据权利要求1所述的全景数字病理图像智能分析方法,其中,所述待分析的病理图像切片是根据图片像素尺寸随机添加有黑、白、红像素的噪声图片。

8. 根据权利要求2所述的全景数字病理图像智能分析方法,其中,所述分类结果是利用softmax得出的各类的概率信息。

9. 一种全景数字病理图像智能分析系统,包括:

特征提取单元:用于将待分析的病理图像切片输入到基于注意力机制的卷积神经网络

模型,进行病理图像不同尺度的特征,并将所提取的特征进行融合,获得融合特征;

分类单元:用于将所述融合特征输入到经训练的病理图像分类器,获得病理图像切片是否包含癌变的分类结果。

10.一种计算机可读存储介质,其上存储有计算机程序,其中,该程序被处理器执行时实现权利要求1至8任一项所述方法的步骤。

一种全景数字病理图像智能分析系统及方法

技术领域

[0001] 本发明涉及医疗图像处理技术领域,更具体地,涉及一种全景数字病理图像智能分析系统及方法。

背景技术

[0002] 目前肿瘤病理诊断和后期统计分析是基于病理医生工作经验和知识积累完成分析,其评判结果容易受主观性影响,癌症的亚型分类较多,部分亚型之间也有类似的特征,而且大量病理数据人工分析不仅耗时,并且过度疲劳也很容易影响分析结论。根据国际上最新临床研究成果表明,人工对H&E肿瘤细胞核的统计分析很容易产生误差,细胞核百分比统计过错评估高达45%,而且分析结果因病理医生不同有很大的差异性,对于同一肿瘤,操作者间差异性10%-95%动态变化范围,很容易造成假阴性诊断结果。分析结果不准确将直接影响患者的治疗方案,这给患者带来极大生命危险。病理检查是目前临床癌症诊断的金标准。病理医生的癌症诊断主要依赖于通过显微镜捕获的组织样本图像的视觉检查。然而对于病理医生来说,需要结合自己长期积累的临床分析经验来判断例如鼻炎癌病理切片中是否有癌变,该方法不仅费时,而且对医生的专业知识要求极高。

[0003] 近年来,随着人工智能技术的快速发展,计算机辅助诊断(Computer Aided Diagnosis,CAD)在医学领域取得了很大成功。CAD在病理图像的诊断中的主要方法包括传统的机器学习和近年较为流行的深度学习。传统的机器学习需要手动提取图像特征,然后通过分类器进行分类。该方法的分析效果主要依赖于前期手动特征提取的效果。相比于传统方法,深度学习无需手动特征提取,能够自动挖掘病理图像深层特征,直接进行端到端优化。虽然CAD技术在病理图像领域已经取得了不少成功,然而,在实际算法的搭建中,仍然是以单一尺度的特征进行分析,而忽略了不同尺度的特征。

[0004] 总之,目前病理图像分析存在的主要问题是:病理医生的诊断需要耗费较长的时间,而且对医生专业能力要求很高;传统的机器学习方法对病理图像进行分析,主要依赖于提取特征的效果,这对研究人员的专业知识要求较高。现有的基于深度卷积网络的特征提取主要针对单一特征,对不同倍率下的特征考虑较少,而临床实际诊断均是在图像的不同尺度下进行分析。

发明内容

[0005] 本发明的目的是克服上述现有技术的缺陷,提供一种全景数字病理图像智能分析系统及方法,采用基于注意力机制的深度多尺度特征卷积网络对数字全景病理图像进行分类,以解决病理全景图像因尺度大、形态复杂引起的特征信息表征不充分问题,最终实现数字病理图像全自动智能分析。

[0006] 根据本发明的第一方面,提供一种全景数字病理图像智能分析方法,该方法包括以下步骤:

[0007] 将待分析的病理图像切片输入到基于注意力机制的卷积神经网络模型,进行病理

图像不同尺度的特征,并将所提取的特征进行融合,获得融合特征;

[0008] 将所述融合特征输入到经训练的病理图像分类器,获得病理图像切片是否包含癌变的分类结果。

[0009] 在一个实施例中,根据以下步骤获得所述融合特征:

[0010] 将待分析的病理图像切片依次输入所述基于注意力机制的卷积神经网络的每个特征层进行对应尺度的特征提取,并经处理使得各层特征具有相同的分辨率和通道;

[0011] 将所提取的特征进行级联和融合,获得融合特征;

[0012] 将融合特征通过一层全连接层后输入经训练的病理图像分类器,得出各类概率。

[0013] 在一个实施例中,根据以下步骤获得待分析的病理图像切片:

[0014] 将病理图像切成预设维度的二维切片;

[0015] 将切好的病理图像块输入至深度卷积网络,经过一次卷积操作,获得三维特征。

[0016] 在一个实施例中,在提取不同尺度的特征的过程中,特征计算模型表示为:

$$[0017] \quad N_{out}(N_{in}, C_{in}) = bias + \sum_{k=1}^{C_{in}} weight(w_k, k) * input(N_{in}(k), k)$$

[0018] 其中,“*”为二维卷积运算, N_{out} 为输出的特征向量, $N_{in}(k)$ 为前一层的第k个通道的特征向量, C_{in} 为前一层的通道总数, w_k 为第k个通道的权重, $bias$ 为偏置值。

[0019] 在一个实施例中,训练病理图像分类器的损失函数表示为:

$$[0020] \quad loss(P_{(i,j)}, P_{class(i,j)}) = weight(class) \cdot \{\log [\sum_{i=0}^W \sum_{j=0}^H \sum_{k=1}^{C_{in}} \exp (weight(w_k, k) * P_{(i,j)})] - \sum_{i=0}^W \sum_{j=0}^H \sum_{k=1}^{C_{in}} (weight(w_k, k) * P_{class(i,j)})\}$$

[0021] 其中, $P_{(i,j)}$ 表示输入图像的像素的分类结果, $P_{class(i,j)}$ 表示输入图像像素的分类标签, $weight(class)$ 表示该类别指定权重, C_{in} 表示通道总数, k 表示第k个通道, $weight(w_k, k)$ 表示得到的各通道的注意力机制权值, (i, j) 代表每一个像素的位置, W 和 H 分别为图像的长和宽。

[0022] 在一个实施例中,所述分类结果包括癌变、良性组织和炎症。

[0023] 在一个实施例中,所述待分析的病理图像切片是根据图片像素尺寸随机添加有黑、白、红像素的噪声图片。

[0024] 在一个实施例中,所述分类结果是利用softmax得出的各类的概率信息。

[0025] 根据本发明的第二方面,提供一种全景数字病理图像智能分析系统。

[0026] 该系统包括:

[0027] 特征提取单元:用于将待分析的病理图像切片输入到基于注意力机制的卷积神经网络模型,进行病理图像不同尺度的特征,并将所提取的特征进行融合,获得融合特征;

[0028] 分类单元:用于将所述融合特征输入到经训练的病理图像分类器,获得病理图像切片是否包含癌变的分类结果。

[0029] 与现有技术相比,本发明的优点在于,所提出的基于注意力机制的深度多尺度特征卷积网络的病理图像分析是一种全自动分析方法,无需对病理图像进行手动特征提取,避免了分析结果对病理图像特征知识的过度依赖,而且考虑了不同的尺度特征,并相应自动化地赋予权重,从而能有效的节省分析时间,提高分析效率。

[0030] 通过以下参照附图对本发明的示例性实施例的详细描述,本发明的其它特征及其优点将会变得清楚。

附图说明

[0031] 被结合在说明书中并构成说明书的一部分的附图示出了本发明的实施例,并且连同其说明一起用于解释本发明的原理。

[0032] 图1是根据本发明一个实施例的全景数字病理图像智能分析方法的流程图;

[0033] 图2是根据本发明一个实施例的神经网络模型的示意图;

[0034] 图3是根据本发明一个实施例的训练深度神经网络的流程图;

[0035] 图4是根据本发明一个实施例的实验结果示意图。

具体实施方式

[0036] 现在将参照附图来详细描述本发明的各种示例性实施例。应注意到:除非另外具体说明,否则在这些实施例中阐述的部件和步骤的相对布置、数字表达式和数值不限制本发明的范围。

[0037] 以下对至少一个示例性实施例的描述实际上仅仅是说明性的,决不作为对本发明及其应用或使用的任何限制。

[0038] 对于相关领域普通技术人员已知的技术、方法和设备可能不作详细讨论,但在适当情况下,所述技术、方法和设备应当被视为说明书的一部分。

[0039] 在这里示出和讨论的所有例子中,任何具体值应被解释为仅仅是示例性的,而不是作为限制。因此,示例性实施例的其它例子可以具有不同的值。

[0040] 应注意到:相似的标号和字母在下面的附图中表示类似项,因此,一旦某一项在一个附图中被定义,则在随后的附图中不需要对其进行进一步讨论。

[0041] 本发明提供的全景数字病理图像智能分析,是基于注意力机制的多尺度病理图像识别方法。简言之,该方法利用公开病理图像数据集进行训练,设计的训练网络是基于注意力机制的深度多尺度特征卷积网络,通过提取不同尺度的特征,再结合注意力机制,通过网络框架学习相应的尺度权重,并将其进行融合以获取病理图像更丰富的特征表达,从而实现病理图像的精准分类。进一步地,根据所得训练模型可实现对临床病理图像样本的分析。

[0042] 具体地,参见图1所示,本发明实施例提供的全景数字图像智能分析方法包括以下步骤:

[0043] 步骤S110,基于公开的癌组织病理图像和临床癌症数据构建训练集。

[0044] 搜集含有不同亚分型(例如,含癌变、良性组织如淋巴或周边组织、炎症等)的公开癌组织病理图像以及临床癌症数据集并做标记,构建包含不同亚分型类别的癌组织病理图像的训练集。

[0045] 步骤S120,对病理图像进行预处理。

[0046] 为提高后续训练的精度,可对病理图像进行预处理,例如,根据图片原有像素尺寸添加噪声图片,以避免因切片质量(例如染色不均)或包含血管等无关组织对诊断造成的影响。噪声图片以随机单色(黑(0,0,0)、白(255,255,255)、红(255,0,0))为主。

[0047] 步骤S130,构建基于注意力机制的多尺度病理图像分类模型,并利用构建的训练集进行训练,获得病理图像分类器。

[0048] 在此步骤中,建立基于注意力机制的多尺度特征卷积病理图像分类模型,使用步骤S120所得到的病理图像对不同的病理图像分类模型进行深度学习训练。

[0049] 在一个实施例中,结合图2和图3所示,模型训练过程的步骤包括:

[0050] 步骤S131:建立基于注意力机制的多尺度特征融合病理图像分类模型例如,参见图2所示,所建立的基于注意力深度多尺度卷积网络模型(Attention-based Deep Multiple-scale Convolutional Neural Network,ADMCNN)包括多个特征层,分别表示为ADMCNN $56 \times 56 \times 64$ 、ADMCNN $28 \times 28 \times 128$ 、ADMCNN $14 \times 14 \times 256$ 和ADMCNN $7 \times 7 \times 512$ 。

[0051] 步骤S132,将获得的病理图像切成大小为 224×224 的patch。

[0052] 步骤S133:将切好的病理图像块输入至深度卷积网络,经过第一次卷积操作,获得大小为 $112 \times 112 \times 64$ 的特征。

[0053] 步骤S134:将经步骤S133获得特征输入到所建立的基于注意力机制的多尺度病理图像分类模型,通过多个卷积层提取特征。

[0054] 在提取特征的过程中,分别以卷积层参数作为注意力机制的参数。将提取到的特征输入下一个卷积层,使得各层特征具有相同的分辨率和通道,以便后续处理。其相应的特征计算模型表示为:

$$[0055] \quad N_{out}(N_{in}, C_{in}) = bias + \sum_{k=1}^{C_{in}} weight(w_k, k) * input(N_{in(k)}, k) \quad (1)$$

[0056] 其中,“*”为二维卷积运算, N_{out} 为输出的特征向量, $N_{in(k)}$ 为上一层的第k个通道的特征向量, C_{in} 为上一层的通道总数, w_k 为第k个通道的权重,bias为偏置值,input表示输入,weight表示权重。

[0057] 在本发明实施例中,针对临床实际考虑了图像的多个特征并且每个特征所赋予的权重不同的特征的需要,引入注意力机制,以得到与尺度对应的权重图,用于表示各尺度及像素的重要性。

[0058] 步骤S135,然后将这些特征进行级联使其进行融合成一个大小为 $28 \times 28 \times 128$ 的特征。

[0059] 步骤S136,将融合后的特征通过一层全连接层。

[0060] 步骤S137,经过全连接层后的特征输入病理图像分类器,通过softmax得出各类概率。

[0061] 依据上述步骤设计结合了注意力机制的损失函数模型如下:

$$[0062] \quad loss(P_{(i,j)}, P_{class(i,j)}) = weight(class) \cdot \{\log [\sum_{i=0}^W \sum_{j=0}^H \sum_{k=1}^{C_{in}} \exp(weight(w_k, k) * P_{(i,j)})] - \sum_{i=0}^W \sum_{j=0}^H \sum_{k=1}^{C_{in}} (weight(w_k, k) * P_{class(i,j)})\} \quad (2)$$

[0063] 其中, $P_{(i,j)}$ 表示输入图像的像素的分类结果 $P_{class(i,j)}$ 表示输入图像像素的分类标签,weight(class)表示该类别指定权重, C_{in} 表示通道总数,k表示第k个通道,weight(w_k, k)表示在步骤S134之后计算得到的各通道的注意力机制权值,(i,j)代表每一个像素的位置,W和H分别为图像的长和宽。

[0064] 在此步骤中,使用softmax进行归一化,得到每个尺度中各位置像素点的相对重要性。

[0065] 重复上述过程对模型进行训练,直到收敛,获得经训练的病理图像分类器。

[0066] 步骤S140,利用训练后的病理图像分类器对待检测的病理图像进行分析,获得分类结果。

[0067] 利用经训练的病理图像分类器可对待分析的目标病理图像进行分析,获得分类结

果。与训练过程类似,将待分析临床病理全切片进行预处理,对预处理后的病理图像输入深度卷积网络进行特征提取。进一步地,将提取的特征输入病理分类网络分类器,获取分析结果。

[0068] 为进一步理解,仍结合图3所示,以鼻炎癌病理图像为例,模型训练和分析预测过程包括:

[0069] 步骤S310,搜集含有炎症、淋巴及癌症的公开鼻炎癌病理图像;

[0070] 步骤S320,对病理图像进行预处理;

[0071] 步骤S330,建立多尺度特征卷积病理图像分类模型,使用预处理后所得到的病理图像对病理图像分类模型进行深度学习训练,得到基准病理图像分类器;

[0072] 步骤S340,获取临床癌症的数字病理切片数据;

[0073] 步骤S350,类似步骤S320的病理图像预处理;

[0074] 步骤S360,将预处理后的病理图像输入深度卷积网络进行特征提取;

[0075] 步骤S370,将提取的特征输入病理图像分类器,获取分析结果。

[0076] 需要说明的是,上述实施例仅是示意性,本领域技术人员在不违背本发明精神的前提下,可作适当变型或改变,例如,采用现有技术的其它多分类函数来代替softmax函数;在基于注意力机制的多尺度病理图像分类模型中设置更多的卷积层以提取更多不同尺度的特征;采用其他或变型的损失函数来衡量模型训练的精度;将原始训练样本进行剪切、压缩或拉伸操作后得到的变换样本作为训练集。

[0077] 相应地,本发明还提供一种全景数字病理图像智能分析系统,用于实现上述方法的一个方面或多个方面。例如该系统包括:特征提取单元,其用于将待分析的病理图像切片输入到基于注意力机制的卷积神经网络模型,进行病理图像不同尺度的特征,并将所提取的特征进行融合,获得融合特征;分类单元,其用于将所述融合特征输入到经训练的病理图像分类器,获得病理图像切片是否包含癌变的分类结果。

[0078] 综上,相对于现有技术,本发明实施例的优点包括:在公开数据集上进行训练,对临床数据进行调整进一步学习,并最终在临床数据进行测试,解决了临床标注数据集有限的局限性;采用了基于注意力机制的多尺度特征卷积网络进行特征融合,获取更丰富的特征表示,使得分析效果更好;将淋巴作为单独一类,对其进行分类,降低了将淋巴错分为癌症的误诊率。

[0079] 为进一步验证本发明的效果,在鼻咽癌癌变图像上进行验证,将从20倍数字病理切片中采集病理图像建立的数据集作为测试数据集。以“图像是否包含癌变区域”这一分类问题的ROC曲线(受试者工作特征曲线)作为指标,对一张数字病理全切片图像(20倍下约 50000×50000 像素)进行分析的平均时间作为计算复杂度指标,结果如图4所示,其中纵坐标是真阳性率(True Positive Rate),横坐标是假阳性率(False Positive Rate),分别展示了cancer(癌变组织),lymph(淋巴组织),inflame(良性组织)的AUC,分别是0.862268,0.868492,0.855835,可见,本发明针对数字病理图像,能够获得准确的分类结果。

[0080] 综上所述,本发明通过构建基于注意力机制的深度多尺度特征卷积网络的病理图像分类器,实现癌症的全自动分析。本发明从技术角度上结合了临床的实际分析步骤,考虑不同尺度的特征并且赋予权重,有效节约人工对数据进行分析归类的成本,同时避免了对医生技术水平过度依赖的问题,并大量节省了医生的人力物力成本,使得更多癌症患者能

够得到及时诊治。

[0081] 本发明可以是系统、方法和/或计算机程序产品。计算机程序产品可以包括计算机可读存储介质,其上载有用于使处理器实现本发明的各个方面的计算机可读程序指令。

[0082] 计算机可读存储介质可以是可以保持和存储由指令执行设备使用的指令的有形设备。计算机可读存储介质例如可以是一——但不限于——电存储设备、磁存储设备、光存储设备、电磁存储设备、半导体存储设备或者上述的任意合适的组合。计算机可读存储介质的更具体的例子(非穷举的列表)包括:便携式计算机盘、硬盘、随机存取存储器(RAM)、只读存储器(ROM)、可擦式可编程只读存储器(EPROM或闪存)、静态随机存取存储器(SRAM)、便携式压缩盘只读存储器(CD-ROM)、数字多功能盘(DVD)、记忆棒、软盘、机械编码设备、例如其上存储有指令的打孔卡或凹槽内凸起结构、以及上述的任意合适的组合。这里所使用的计算机可读存储介质不被解释为瞬时信号本身,诸如无线电波或者其他自由传播的电磁波、通过波导或其他传输媒介传播的电磁波(例如,通过光纤电缆的光脉冲)、或者通过电线传输的电信号。

[0083] 这里所描述的计算机可读程序指令可以从计算机可读存储介质下载到各个计算/处理设备,或者通过网络、例如因特网、局域网、广域网和/或无线网下载到外部计算机或外部存储设备。网络可以包括铜传输电缆、光纤传输、无线传输、路由器、防火墙、交换机、网关计算机和/或边缘服务器。每个计算/处理设备中的网络适配卡或者网络接口从网络接收计算机可读程序指令,并转发该计算机可读程序指令,以供存储在各个计算/处理设备中的计算机可读存储介质中。

[0084] 用于执行本发明操作的计算机程序指令可以是汇编指令、指令集架构(ISA)指令、机器指令、机器相关指令、微代码、固件指令、状态设置数据、或者以一种或多种编程语言的任意组合编写的源代码或目标代码,所述编程语言包括面向对象的编程语言——诸如Smalltalk、C++等,以及常规的过程式编程语言——诸如“C”语言或类似的编程语言。计算机可读程序指令可以完全地在用户计算机上执行、部分地在用户计算机上执行、作为一个独立的软件包执行、部分在用户计算机上部分在远程计算机上执行、或者完全在远程计算机或服务器上执行。在涉及远程计算机的情形中,远程计算机可以通过任意种类的网络——包括局域网(LAN)或广域网(WAN)——连接到用户计算机,或者,可以连接到外部计算机(例如利用因特网服务提供商来通过因特网连接)。在一些实施例中,通过利用计算机可读程序指令的状态信息来个性化定制电子电路,例如可编程逻辑电路、现场可编程门阵列(FPGA)或可编程逻辑阵列(PLA),该电子电路可以执行计算机可读程序指令,从而实现本发明的各个方面。

[0085] 这里参照根据本发明实施例的方法、装置(系统)和计算机程序产品的流程图和/或框图描述了本发明的各个方面。应当理解,流程图和/或框图的每个方框以及流程图和/或框图中各方框的组合,都可以由计算机可读程序指令实现。

[0086] 这些计算机可读程序指令可以提供给通用计算机、专用计算机或其它可编程数据处理装置的处理器,从而生产出一种机器,使得这些指令在通过计算机或其它可编程数据处理装置的处理器执行时,产生了实现流程图和/或框图中的一个或多个方框中规定的功能/动作的装置。也可以把这些计算机可读程序指令存储在计算机可读存储介质中,这些指令使得计算机、可编程数据处理装置和/或其他设备以特定方式工作,从而,存储有指令的

计算机可读介质则包括一个制造品,其包括实现流程图和/或框图中的一个或多个方框中规定的功能/动作的各个方面的指令。

[0087] 也可以把计算机可读程序指令加载到计算机、其它可编程数据处理装置、或其它设备上,使得在计算机、其它可编程数据处理装置或其它设备上执行一系列操作步骤,以产生计算机实现的过程,从而使得在计算机、其它可编程数据处理装置、或其它设备上执行的指令实现流程图和/或框图中的一个或多个方框中规定的功能/动作。

[0088] 附图中的流程图和框图显示了根据本发明的多个实施例的系统、方法和计算机程序产品的可能实现的体系架构、功能和操作。在这点上,流程图或框图中的每个方框可以代表一个模块、程序段或指令的一部分,所述模块、程序段或指令的一部分包含一个或多个用于实现规定的逻辑功能的可执行指令。在有些作为替换的实现中,方框中所标注的功能也可以以不同于附图中所标注的顺序发生。例如,两个连续的方框实际上可以基本并行地执行,它们有时也可以按相反的顺序执行,这依所涉及的功能而定。也要注意的,框图和/或流程图中的每个方框、以及框图和/或流程图中的方框的组合,可以用执行规定的功能或动作的专用的基于硬件的系统来实现,或者可以用专用硬件与计算机指令的组合来实现。对于本领域技术人员来说公知的是,通过硬件方式实现、通过软件方式实现以及通过软件和硬件结合的方式实现都是等价的。

[0089] 以上已经描述了本发明的各实施例,上述说明是示例性的,并非穷尽性的,并且也不限于所披露的各实施例。在不偏离所说明的各实施例的范围和精神的情况下,对于本技术领域的普通技术人员来说许多修改和变更都是显而易见的。本文中所用术语的选择,旨在最好地解释各实施例的原理、实际应用或对市场中的技术改进,或者使本技术领域的其它普通技术人员能理解本文披露的各实施例。本发明的范围由所附权利要求来限定。

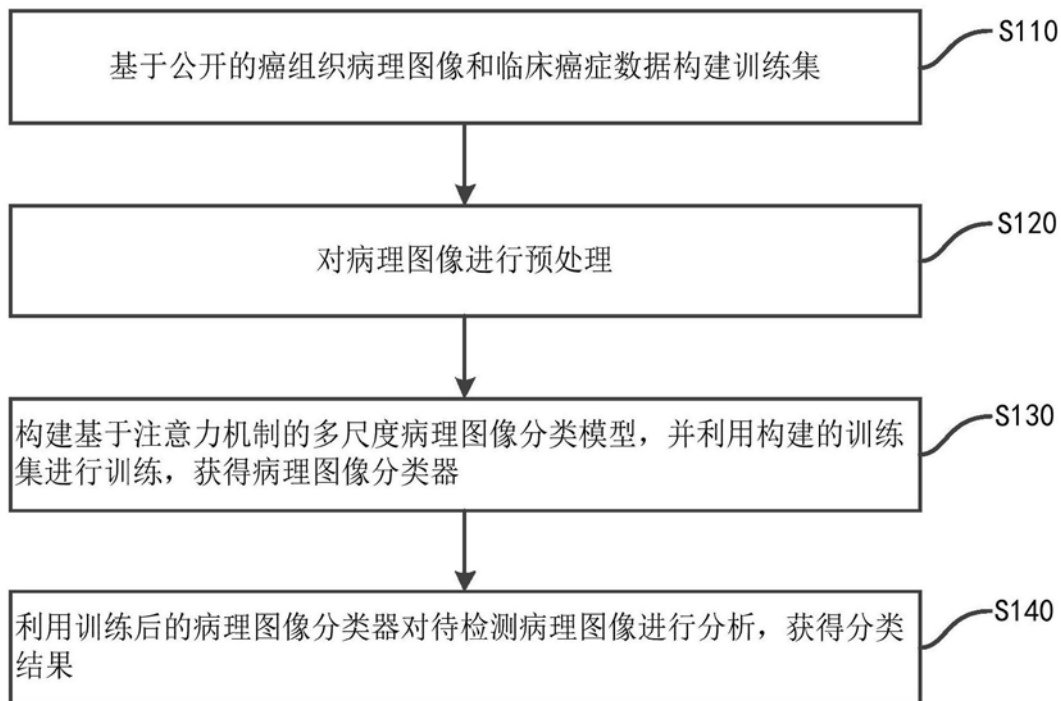


图1

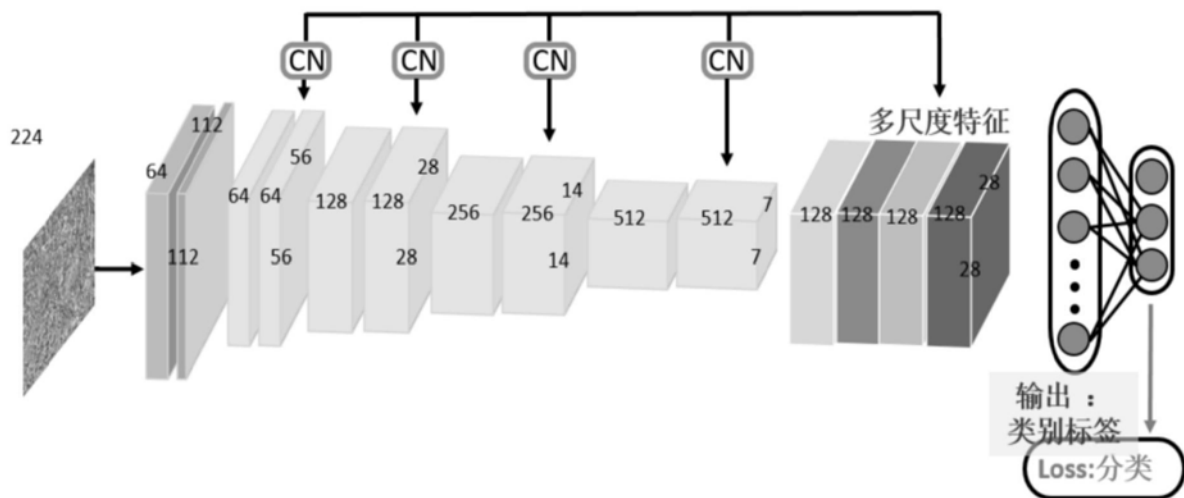


图2

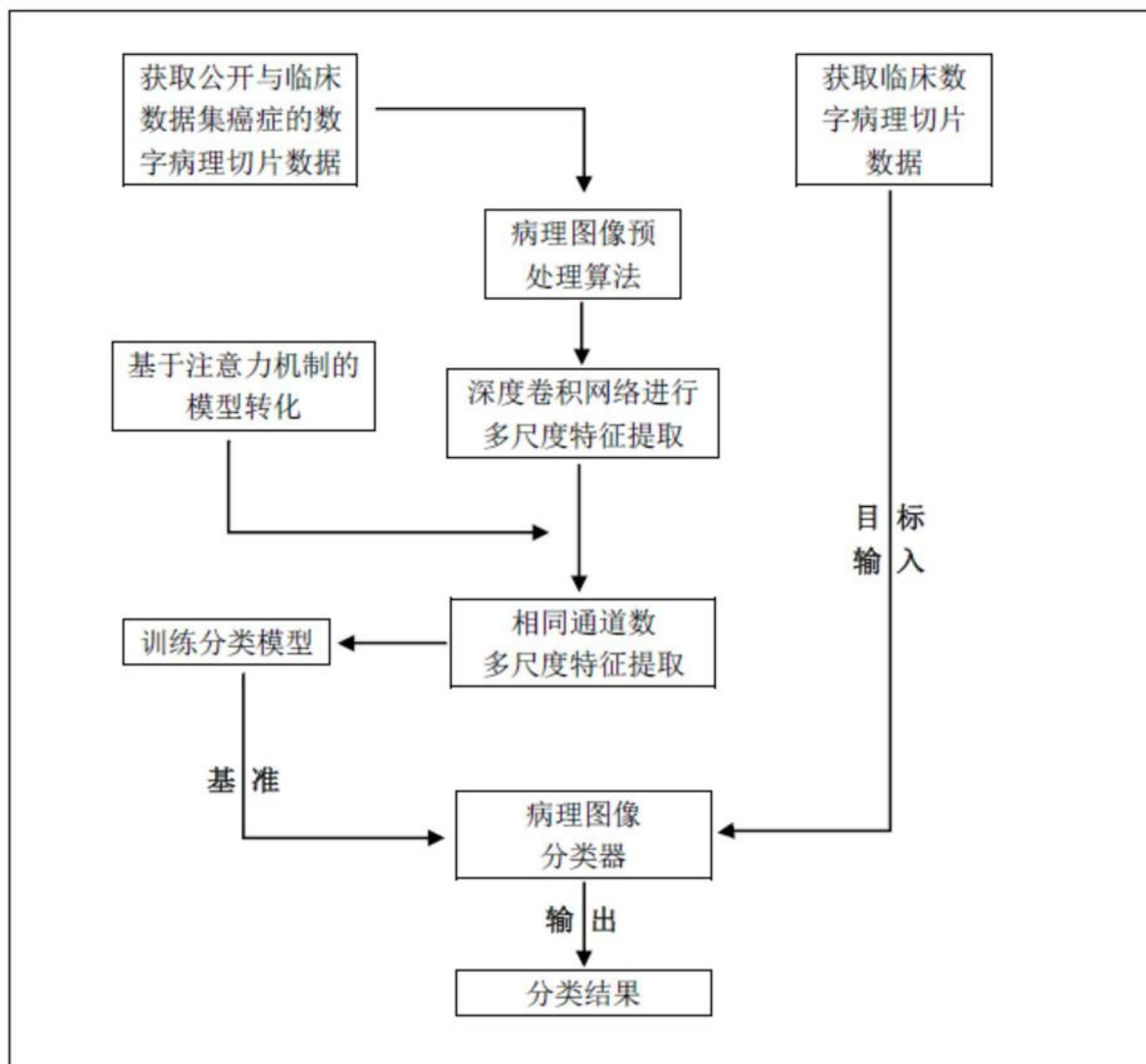


图3

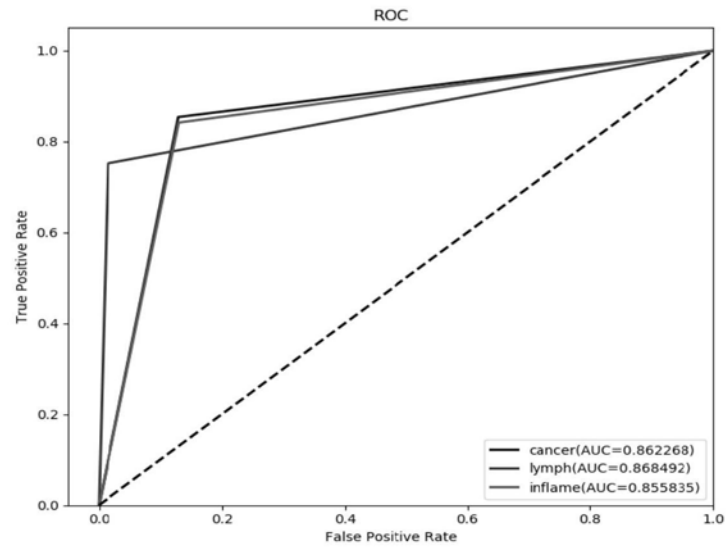


图4