

# 一种医学图像的轮廓提取方法

罗三定, 王建军

(中南大学信息科学与工程学院, 长沙 410083)

**摘要:** 针对医学图像的模糊性和灰度不均导致目标轮廓难以准确提取的问题, 提出使用改进的遗传算法控制主动轮廓模型完成边界提取的方法。采用保优算子保留遗传性状, 选择适当的交叉算子, 在进化后期可实现由整体寻优到局部寻优的转变。实验结果证明, 该方法在提取目标轮廓时抗模糊能力强、鲁棒性好。

**关键词:** 主动轮廓模型; 轮廓提取; 改进的遗传算法

## Contour Extraction Method for Medical Images

LUO San-ding, WANG Jian-jun

(School of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410083)

**【Abstract】** Medical images with fuzzy and non-uniform characteristics make it difficult to accurately extract target contour, aiming at this problem, this paper adopts an improved genetic algorithm to make active contour model finish boundary extraction. It adopts prepotent operator to keep inheritance of quantitative characteristic and select proper crossover operator. In the anaphase stage of the improved genetic algorithm, it solves its changeover from global optimization to local optimization. Experimental results show that it is anti-fuzzy with good robustness in extracting contour of targets.

**【Key words】** active contour model; contour extraction; improved genetic algorithm

### 1 概述

医学图像由于其成像方式及特定环境的原因, 具有模糊和不均匀的特点, 主要体现在在同一组织中密度值和均匀度出现大幅度的变化。医学图像的几何性状较为模糊, 在感兴趣区域的边界位置、拐角以及凸出点难以精确描述, 边缘无法明确确定, 这在很大程度上影响了图像的分割。在计算机视觉系统中, 医学图像分割的方法主要分为阈值分割方法、区域生长法、结合特定理论工具的方法和基于主动轮廓模型的方法。

阈值分割法是处理分离目标与背景的最常见的图像处理方法, 采用单一的全局阈值难以正确完成感兴趣区域的分割。基于直方图法的全局阈值分割是图像分割<sup>[1]</sup>的常用方法, 直方图反映了图像全局的灰度分布, 在目标和背景的灰度有明显差别时效果较好。局部阈值分割法是在局部范围内求取各子块的最佳阈值, 经典 OTSU 法的阈值求取计算量较大, 不能很好地处理部分灰度均匀的区域, 且区域划分大小难以确定。

文献[2]的区域生长法根据预定义的标准, 提取图像中相互连通的区域。该方法一般应用于序列图像处理过程, 描绘面积小且拓扑结构简单的区域, 但在提取每个区域的过程中, 必须人工相应给出一个种子点。这种方法对噪声很敏感, 可能会产生孔状或不连续的区域; 局部影响较大的地方也可能使原本应该连通的区域分离开来。

结合特定理论工具的分割方法有模式识别、模糊技术等。模式识别虽有较高的效率, 但需要人工交互的方式获得训练数据, 对大量的图像数据使用相同的训练样本而没有考虑不同的物理特性可能导致结果不准确。模糊技术的方法不考虑

空间建模, 对噪声和非同质的灰度很敏感<sup>[3]</sup>。

基于主动轮廓模型的方法<sup>[4]</sup>的特点是将图像数据、初始轮廓、收敛轮廓和基于先验知识的约束条件统一于特征提取的过程中。

本文对医学图像的特征进行研究分析后, 采用改进的遗传算法作为外部约束力, 控制曲线在能量最小化的作用下收敛, 直至提取目标边缘。

### 2 Snake模型

主动轮廓模型又称为 Snake 模型, 主要思想是定义一条初始能量函数曲线, 将其初始化在待分割轮廓周围, 在能量函数的极小值条件约束下, 经过不断地演化曲线, 最终收敛到图像轮廓<sup>[4-5]</sup>。

Snake 模型定义为

$$v(s) = [x(s), y(s)]; \quad s \in [0, 1] \quad (1)$$

它由一组控制点组成, 这些点首尾相连构成轮廓线。其中  $x(s)$  和  $y(s)$  表示每个控制点在图像中的坐标位置,  $s$  是以傅里叶变换形式描述边界的自变量。

在控制点上定义的能量函数为

$$E_{\text{total}} = \int_0^1 \left\{ \alpha(s) \left| \frac{\partial}{\partial s} v(s) \right|^2 + \beta(s) \left| \frac{\partial^2}{\partial s^2} v(s) \right|^2 + E_{\text{image}}(v(s)) \right\} ds \quad (2)$$

其中,  $\alpha(s) \left| \frac{\partial}{\partial s} v(s) \right|^2$  为弹性能量, 是  $v(s)$  的一阶导数的模;

**基金项目:** 湖南省科技厅省科技基金资助重点项目(2008WK2005)

**作者简介:** 罗三定(1955—), 男, 教授, 主研方向: 计算机视觉, 数字图像处理; 王建军, 硕士研究生

**收稿日期:** 2009-08-23      **E-mail:** jun112501@yahoo.com.cn

$\beta(s) \left| \frac{\partial^2}{\partial s^2} v(s) \right|^2$  为弯曲能量, 是  $v(s)$  的二阶导数的模; 弹性能量和弯曲能量合称内部能量(内部力), 用于控制轮廓线的弹性形变, 保证曲线的光滑与连续;  $E_{\text{image}}(v(s))$  是外部能量(外部力), 使主动轮廓向目标边缘移动。

### 3 基于改进遗传算法的Snake模型

传统的 Snake 模型采用局部优化方法, 在目标边缘有严重凹凸时, 不能跳出局部搜索的缺陷。文献[6]将传统遗传算法应用于 Snake 模型中, 对收敛算法进行改进, 应用具有全局寻优特点的遗传算法, 使曲线更好地逼近目标边缘。但基于传统遗传算法的主动轮廓模型在收敛中存在着早熟收敛、后期收敛速度慢等问题。

为解决传统算法易陷入局部最小值和收敛不佳的问题并提高目标提取成功率, 本文提出基于改进遗传算法的 Snake 模型。该方法对外部约束条件的算法进行改进。算法采用保优算子、改进的轮盘赌选择方法以及施加罚函数的遗传策略, 在全局范围内分别同时寻找各个局部极值, 加快收敛速度和提高准确性。在设定的变异规则下, 完成由全局搜索到局部搜索的转变。

#### 3.1 新算法的改进

本文将改进的遗传算法应用于 Snake 模型解的优化。该算法主要与控制点, 即基因的数目、初始种群的选择、算子的选择和终止准则的选择有关。

##### 3.1.1 初始种群的构造

初始种群的构造过程如下:

(1) 获取 Snake 模型已离散化的初始轮廓, 在每个控制点  $v_i (i=0, 1, \dots, N-1)$  的邻域内随机取点。

(2) 在每个  $v_i$  邻域内随机选择一个点, 这  $N$  个点构成一个染色体。

(3) 重复步骤(2)  $M$  次, 得到  $M$  个染色体, 在这样构成的种群中, 每个染色体包含的节点个数都相同。

##### 3.1.2 目标函数的选择

目标函数选用 Snake 能量函数, 使其最小化, 即收敛轮廓线无限接近图像的真实边缘轮廓。目标函数  $E_s$  为

$$E_s = \sum_{i=1}^{N-2} E_{\text{int}}(v_{i-1}, v_i, v_{i+1}) + E_{\text{int}}(v_{N-1}, v_0, v_1) + E_{\text{int}}(v_{N-2}, v_{N-1}, v_0) \quad (3)$$

适应度函数为  $f = M - E_s$ , 其中,  $M$  是个足够大的数, 使  $M - E_s > 0$ , 轮廓收敛的过程就是求适应度函数最大值的过

程。实验对选中的每个染色体进行实数编码, 把曲线中对应的离散点按顺序对横、纵坐标进行实数编码。如第  $i$  个染色体可以编码为  $N_i(x_0, y_0, x_1, y_1, \dots, x_M, y_M)$ 。

##### 3.1.3 遗传算子的构造

(1) 选择算子

选择的本质就是染色体的复制, 作用是从目前的种群中选择个体, 并复制到下一代的种群中, 它是生物能够保持性状而达到物种稳定的最主要原因。本文采用改进的轮盘赌选择法作为选择算子, 某个体被选择的概率为

$$P(Y_i = X_i) = \frac{n(X_i)F(X_i)}{\sum_{k=1}^n F(X_k)} \quad (4)$$

其中,  $\{Y_1, Y_2, \dots, Y_n\}$  为由被选中的个体组成的新种群;  $P(Y_i = X_i)$  表示当前种群中个体  $X_i$  被选中的概率;  $n(X_i)$  为个

体  $X_i$  在当前种群中的数量;  $F(X_i)$  表示个体  $X_i$  的适应值,  $\sum_{k=1}^n F(X_k)$  则表示所有个体适应值的总和。

算法先将当前群体中的个体按适应值由大到小进行等级排序。为防止出现种群退化的情况, 采用保优算子保持其遗传性状, 将适应值最高的个体保存起来, 标记为当代最优个体。当下一代种群产生后, 再找出下一代的最优个体, 然后与父代最优个体进行比较, 若子代的适应值较高, 即子代最优个体比父代最优个体更为优秀, 则将子代最优个体取代父代最优个体, 反之则不做任何替换。

除去当代最优个体, 其余染色体采用小生境遗传算法的思想进行处理: 比较 2 个染色体之间的适应度值的大小, 对适应值小于均值一半的个体施加较强的罚函数  $F$ , 极大地降低其适应度。如此处理后, 该个体适应度变得更差, 在后面的进化过程中被淘汰的概率就变得极大, 使得适应度较好的个体保留的机率增大。

(2) 交叉算子

多点交叉的方式为

$$x_i' = \alpha x_i^1 + (1-\alpha)x_i^2$$

$$y_i' = \alpha y_i^1 + (1-\alpha)y_i^2$$

$$x_i'' = (1-\alpha)x_i^1 + \alpha x_i^2$$

$$y_i'' = (1-\alpha)y_i^1 + \alpha y_i^2$$

其中,  $\alpha$  在 0~1 之间;  $x_i'$  表示子代个体  $x$  坐标;  $x_i^1$  父代的个体  $x$  坐标, 1 代表第一条染色体,  $i$  代表染色体中的第  $i$  个点, 其他以此类推。交叉概率一般取值在 0.7~0.9 之间。

(3) 变异算子

变异的本质是修改变异的染色体上的某个点或多个点的坐标值。变异概率很小, 根据式(5)在不同阶段自主设定。

$$P_{\text{mutation}} = \frac{k}{\Delta f} \quad (5)$$

其中,  $\Delta f$  表示适应值的差值;  $k$  是常数。

在进化过程中, 变异概率自行调整, 刺激对真实轮廓的搜索, 实现从整体搜索到局部搜索的转换。先把适应值最低的 10% 染色体记录下来, 使其不能继续向现有的进化方向进化, 促使向另外的方向发展, 以消除早熟现象。同时保留每一代的最优适应值, 与当代的每个染色体的适应值比较, 根据差值确定交叉概率。

在进化前期, 个体差异较大, 变异概率较小。在进化后期, 染色体基本集中在最优解空间的附近区域, 轮廓线已经非常接近图像的真实轮廓。此时变异概率比较大, 有利于跳出局部最优的约束。

##### 3.1.4 终止准则

终止条件对遗传算法的最终结果有很大影响, 本文从 3 个方面加以表现, 即平均适应值的变化落在一定的区域内, 进化代数确定, 或两者同时使用。在主动轮廓模型中, 对算法结束时的适应值大小无法在算法开始前进行评估, 在算法进行到一定程度时, 每个个体的适应度函数值的变化率  $\Delta f$  局限在 5% 以内, 此时算法即可终止。当出现无边缘的情形时, 无法达到上述终止条件, 设定进化代数达到 100 次时, 算法结束。

### 3.2 算法流程

基于改进遗传算法的主动轮廓模型搜索算法流程图如图 1 所示。

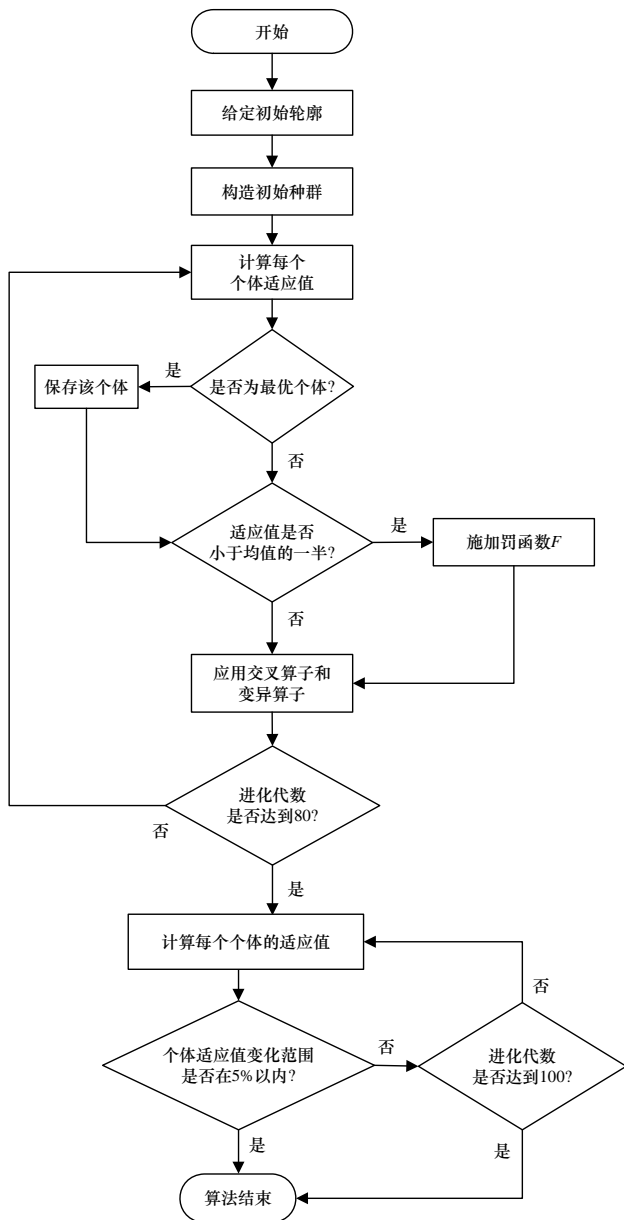


图1 基于改进遗传算法的主动轮廓模型搜索算法流程

#### 4 实验结果与分析

本文主要以含有大量噪声且灰度分别不均、边缘模糊化的医学图像作为实验对象，在 Matlab7.1 下进行，结果如图2所示。

实验结果表明，改进算法提取的轮廓与真实边缘更吻合。与图2(a)相比，图2(b)图模糊性较强、噪声多、边缘不明显，改进算法仍然能够准确地提取轮廓。通过两者提取结果的比较可以看出，本文算法抗噪能力较强，克服了医学图像处理易受噪声影响的缺陷。原算法在模糊性强和凹陷处的处理效果不佳，改进后的遗传算法的处理效果更贴近真实边缘，在噪声较多的图像中具有很好的抗干扰能力，显示出较强的全局化特性；进化后期变异概率的调整实现了局部细节轮廓的完整提取。本文算法在322副序列医学图像中提取轮廓效果较好，原算法的成功率为90%，而本文算法的成功率为99.6%。

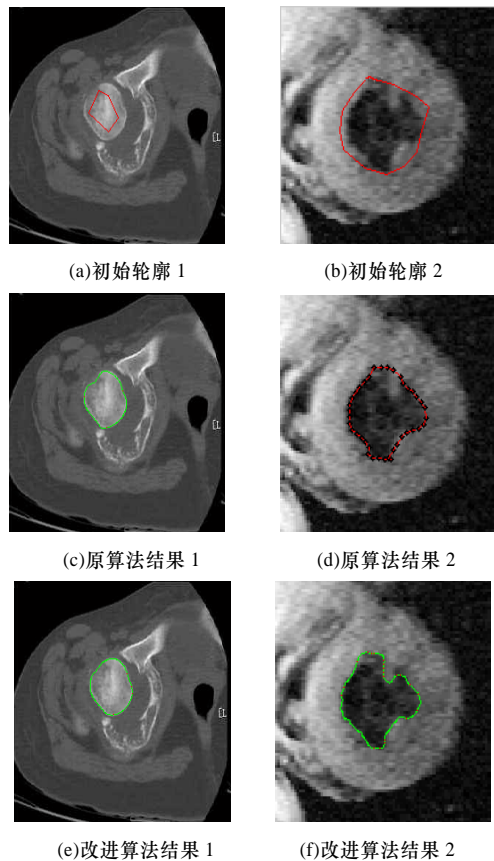


图2 医学图像提取结果

#### 5 结束语

本文将改进的遗传算法应用于模型搜索，在种群中保存最优个体，选择合适的交叉方式，进化后期实现了目标轮廓提取从整体搜索到局部搜索的过渡转变，提取的轮廓效果较好。该方法抗模糊能力强、鲁棒性好，但存在的问题是在无边界的医学图像中，进化后期收敛缓慢，可能产生震荡现象，轮廓难以确定，解决这些问题是下一步的研究方向。

#### 参考文献

- [1] Dong Liju, Yu Ge, Ogunbona P. An Efficient Iterative Algorithm for Image Thresholding[J]. Pattern Recognition Letters, 2008, 29(9): 1311-1316.
- [2] 张发存, 赵晓红, 王 忠, 等. 区域生长法图像分割的数据并行方法研究[J]. 计算机工程, 2004, 30(17): 14-16.
- [3] 王向阳, 王春花. 基于特征散度的自适应FCM图像分割算法[J]. 中国图象图形学报, 2008, 13(5): 906-910.
- [4] Kass M, Witkin A, Terzopoulos D. Snake: Active Contour Models[J]. International Journal of Computer Vision, 1987, 1(4): 321-331.
- [5] Hou Yingbin, Xiao Yang. Active Snake Algorithm on the Edge Detection for Gallstone Ultrasound Images[C]//Proc. of ICSP'08. Beijing, China: [s. n.], 2008.
- [6] 陈允杰, 张建伟. 遗传算法在Snake模型中的应用[J]. 计算机应用, 2004, 24(5): 80-84.

编辑 顾姣健